

一种杂交鲤四种经济性状的 QTL 定位分析

吕伟华, 匡友谊, 郑先虎, 曹顶臣, 李超, 鲁翠云, 孙效文*

(中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070)

摘要:以柏氏鲤和荷包红鲤抗寒品系杂交 F_2 1 个家系的 92 尾个体为材料,用 300 个微卫星 (SSR) 标记构建了遗传连锁图谱,其长度为 2 471.7 cM,标记间平均间隔为 10.75 cM,在此基础上对体长 (SL)、体厚 (BT)、体高 (H) 和体质量 (W) 进行 QTL 定位分析。共检测到 17 个 QTL 区间分布于 6 个连锁群。4 个体长的 QTL 中,位于 LG5、LG7 和 LG19 的 QTL 为显著水平 ($P < 0.05$),位于 LG32 的 QTL 为极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 5.14% ~ 10.2%;4 个体厚的 QTL 中,位于 LG11 (两个 QTL) 和 LG32 上的 QTL 为显著水平 ($P < 0.05$),位于 LG5 的 QTL 达极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 6.42% ~ 8.43%;6 个体高的 QTL 中, LG5, LG10, LG11, LG19, LG32 上的 QTL 为显著水平 ($P < 0.05$), LG7 上达极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 5.92% ~ 8.95%;3 个体质量的 QTL 中,位于 LG5 和 LG7 上的为显著水平 ($P < 0.05$),可解释表型变异率为 5.55% 和 8.36%, LG32 上达极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 6.44%。本研究采用了两个不同品系的杂交子代作为作图群体,丰富了 QTL 研究群体的多样化,为今后不同鲤品系或品种间的 QTL 在全基因组水平上的比较和共性 QTL 的发掘等奠定基础,进而指导鲤分子育种。

关键词:鲤; 连锁图谱; 数量性状基因位点; 经济性状

中图分类号: Q 348; S 917.4

文献标志码: A

鲤 (*Cyprinus carpio*) 的大多数经济性状属于数量性状。数量性状是受多基因控制,相对于一个或者几个基因控制的体质量性状而言,其遗传基础较为复杂,利用常规育种方法很难从基因水平上对目标性状进行改良。分子生物学技术的发展使得遗传标记得到更为广泛的应用,水产生物中遗传标记应用的一个重要方面是进行数量性状基因位点 (quantitative trait loci, QTL) 的作图。由于数量性状基因位点存在主效基因效应,因此通过构建遗传连锁图谱,寻找主效基因或与主效基因紧密连锁的分子标记是当前鲤经济性状研究的重点之一,也是现在遗传育种中应用标记辅助选择 (marker-assisted selection, MAS) 的理论基础。

自 2004 年 Sun 等^[1]用黑龙江鲤和柏氏鲤杂

交的单倍体胚胎构建了鲤的第一张连锁图谱以来,鲤的分子育种研究不断深入,国内外研究学者利用 AFLP、SSR 和 SNP 等不同的分子标记构建了多张鲤遗传连锁图谱^[2-3],为鲤的 QTL 研究提供了重要的前提条件。目前,利用重组自交系群体、雌核发育群体、全同胞和 F_2 等群体分别进行了生长相关性状^[4-7]、饲料转化率^[8]、肌纤维切面积和肌纤维密度^[9]等性状 QTL 定位分析。此外,生化指标方面,毛瑞鑫等^[10]利用 SSR 标记对鲤乳酸脱氢酶 (lactate dehydrogenase, LDH) 活性进行了 QTL 定位,发现 HLJE222 位点与 LDH 活性相关的基因连锁。抗寒方面,常玉梅等^[11]将 12 个 EST 标记与低温性状进行了相关分析,其中与低温性状显著相关的 CC009 和 CC115 分别定位在鲤连锁图谱的第 38 号和第 2 号连锁群上。

收稿日期:2012-08-07 修回日期:2012-11-29

资助项目:国家重点基础研究发展计划 (2010CB126305); 公益性行业 (农业) 科研专项 (200903045); 国家“八六三”高技术研究发展计划 (2011AA100402); 黑龙江水产研究所基本科研业务费专项 (2009HSYZX-SJ-08)

通信作者:孙效文, E-mail: sunxw2002@163.com

本实验采用300个微卫星标记对柏氏鲤和荷包红鲤抗寒品系杂交 F_2 代进行连锁图谱的构建,并对体长(SL)、体厚(BT)、体高(H)和体质量(W)进行QTL定位分析,以期找到与性状紧密连锁的分子标记,为今后QTL精确定位分析,候选基因的筛选与克隆奠定基础,加快鲤分子育种进程。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验鱼由黑龙江水产研究所松浦试验站培育。以体型具有明显差异的云南柏氏鲤(*Cyprinus pellegrini* Tchang)和荷包红鲤(*Cyprinus carpio wuyuanensis*)抗寒品系为亲本,2000年杂交产生 F_1 ,2006年 F_1 自交获得 F_2 ,饲养于水族箱内,2008年5月从其中1个家系中选92尾进行生长性状的测量和基因型分析。

1.2 表型性状的测量

对作图群体进行了体长(SL)、体厚(BT)、体高(H)和体质量(W)进行了测量,性状测量根据中华人民共和国国家标准《养殖鱼类种质检验》第3部分性状测定(GB/T 18654.3-2008)进行。

1.3 标记选择及PCR产物扩增

本实验使用的300个(包含77个EST-SSR)微卫星标记,8个Koi系列微卫星标记^[12],其余均为本实验室自行开发。

PCR反应体系为15 μ L,其中包括5 U/ μ L Taq DNA聚合酶0.2 μ L(Sangon)、10 \times PCR buffer(10 mmol/L Tris-HCl,50 mmol/L KCl,2.0 mmol/L MgCl₂ and 0.01% gelatin, pH 8.3)1.5 μ L,dNTPs(2 mmol/L)1.5 μ L,上下游引物10 μ mol/L各0.5 μ L、20 ng的模板DNA 1 μ L。PCR反应程序为94 $^{\circ}$ C预变性3 min;94 $^{\circ}$ C变性30 s,退火温度48~64 $^{\circ}$ C 30 s,72 $^{\circ}$ C延伸30 s,共25

个循环;72 $^{\circ}$ C延伸5 min。扩增产物经8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测,采用EpsonPerfection V100扫描仪扫描成像,Gel-Pro Analyzer 4.5软件分析电泳图谱。

1.4 数据分析方法

采用Joinmap 4.0软件^[13]构建遗传连锁图谱,分析模型为CP(cross pollinators),作图函数为Kosambi函数^[14],取LOD \geq 4及最大重组率为0.4作为确定连锁群的阈值。绘制图谱利用软件Mapchart 2.2^[15]。

QTL作图采用Haley等^[16]建立的线性回归分析方法,用GridQTL^[17]软件进行分析(<http://gridqt1.cap.ed.ac.uk>),用染色体范围的Permutation检验(Permutate chromosome-wide,1000次)确定QTL位点的显著性阈值,用Bootstrap(1000次)确定QTL的95%置信区间长度作为精细定位的区间^[18],本研究采用的数学模型:

$$Y_i = a + bX_i + e_i$$

式中, Y_i 为第*i*个后代的表型值, a 为家系的平均效应值, b 为家系的QTL的效应, X_i 为后代*i*个体遗传父本配子的概率, e_i 是残差效应。

本研究中所有标记的基因型数据采用本实验室自行编写的软件(专利号:ZL200710144749.3)进行数据统计和格式转化。

2 结果

2.1 性状分布

利用SPSS 13.0计算4种性状的最大值、最小值、平均值、标准差、峰度和偏度,并作Shapiro-Wilk正态分布检验,以 $P > 0.05$ 为是否符合正态分布的显著性阈值,结果显示 P 值均大于0.05,符合正态分布(表1)。

表1 体长、体厚、体高和体质量范围及正态分布检验

Tab.1 Normal distribution test for standard length, body thickness, body height and body weight

性状 trait	平均值 mean	偏度 skewness	峰度 kurtosis	最小值 minimum	最大值 maximum	P
体长 SL	(21.38 \pm 2.45) cm	0.26	0.07	16.50 cm	28.90 cm	0.53
体厚 BT	(4.08 \pm 0.67) cm	0.34	-0.24	2.70 cm	6.00 cm	0.33
体高 H	(7.44 \pm 0.90) cm	-0.03	-0.73	5.70 cm	9.40 cm	0.26
体质量 W	(313.11 \pm 107.46) g	0.40	-0.17	120.00 g	646.00 g	0.12

2.2 遗传连锁图谱特征

本实验选取的 300 个标记均能稳定扩增,构建的图谱中包含 279 个标记,分布于 49 个连锁群上,图谱长度为 2 471.7 cM,标记间平均间隔为 10.75 cM,连锁群的长度范围 2.9 ~ 165.9 cM,最大的连锁群上有 12 个标记,平均每个连锁群上有 5.7 个标记。

2.3 QTL 定位分析

对体长、体厚、体高和体质量进行 QTL 分析(表 2),共检测到 17 个 QTL 区间分布于 6 个连锁群(图 1)。4 个体长的 QTL,其中 LG5 (HLJE104-HLJ617), LG7 (HLJE588-HLJ563), LG19 (HLJ1093-HLJ476) 连锁群的 QTL 为显著水平 ($P < 0.05$), LG32 (HLJ693-HLJE499) 上的 QTL 为极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 5.14% ~ 9.56%,各 QTL 区间的效应并不一致,其中 LG19 为负效应, LG5、LG7、LG32 均为正向效应;4 个体厚的 QTL,位于 LG11 (HLJE9-HLJ44, HLJ177-HLJ551) 和 LG32 (HLJ693-

HLJE499) 为显著水平 ($P < 0.05$), LG5 (HLJE283-HLJ617) 上的 QTL 达极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率分别为 6.54%、6.98%、6.42% 和 8.43%,其中 LG11 (HLJE9-HLJ44) 为负向效应,另外两个为正向效应;6 个体高的 QTL,位于 LG5 (HLJE104-HLJ617), LG10 (HLJ1144-HLJ1241), LG11 (HLJ551-HLJ440), LG19 (HLJ1093-HLJ476), LG32 (HLJ693-HLJE499) 上为显著水平 ($P < 0.05$),可解释表型变异率为 5.92% ~ 7.79%, LG7 (HLJE588-HLJ563) 达到极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 8.95%, LG5、LG7、LG32 为正向效应,其余 3 个为负向效应;3 个体质量的 QTL,位于 LG5 (HLJE104-617) 和 LG7 (HLJE588-HLJ563) 上为显著水平 ($P < 0.05$),可解释表型变异率为 5.55% 和 8.36%, LG32 (HLJ693-HLJE499) 上达极显著水平 ($P < 0.01$),可解释表型变异率为 6.44%,均为正向效应。

表 2 GridQTL 的结果
Tab. 2 The results of GridQTL

性状 trait	连锁群 linkage group	位置 location	标记区间 marker interval	QTL 效应 QTL effect	F 值 F value	解释表型变异率/% phenotypic variation
SL	LG5	27 ~ 38	HLJE104-HLJ617	1.407 3 ± 0.589	5.72 *	5.14
	LG7	23 ~ 30	HLJE588-HLJ563	1.620 9 ± 0.51	10.2 *	9.56
	LG19	4 ~ 10	HLJ1093-HLJ476	-1.386 5 ± 0.52	7.02 *	6.47
	LG32	0 ~ 22	HLJ693-HLJE449	2.035 4 ± 0.66	9.36 **	9.02
BT	LG5	1 ~ 38	HLJE284-HLJ617	0.46 ± 0.15	9.01 **	8.43
	LG11	12 ~ 17	HLJE9-HLJ44	-0.37 ± 0.14	7.07 *	6.54
	LG11	35 ~ 38	HLJ177-HLJ551	-0.45 ± 0.17	8.09 *	6.98
	LG32	0 ~ 22	HLJ693-HLJE499	0.47 ± 0.18	6.97 *	6.42
H	LG5	29 ~ 38	HLJE104-HLJ617	0.54 ± 0.21	6.48 *	5.92
	LG7	21 ~ 31	HLJE588-HLJ563	0.58 ± 0.19	9.55 **	8.95
	LG10	81 ~ 88	HLJ1144-HLJ1241	-0.49 ± 0.19	6.85 *	6.29
	LG11	37 ~ 50	HLJ551-HLJ440	-0.55 ± 0.19	7.33 *	6.78
	LG19	0 ~ 9	HLJ1093-HLJ476	-0.56 ± 0.19	8.35 *	7.79
	LG32	0 ~ 22	HLJ693-HLJE490	0.64 ± 0.24	6.9 *	6.34
W	LG5	30 ~ 38	HLJE104-HLJ617	63.20 ± 25.56	6.11 *	5.55
	LG7	22 ~ 30	HLJE588-HLJ563	66.50 ± 22.25	8.94 *	8.36
	LG32	0 ~ 22	HLJ693-HLJE490	77.28 ± 29.23	6.99 **	6.44

注: * 表示 F 检验显著水平 ($P < 0.05$), ** 表示 F 检验极显著水平 ($P < 0.01$)。

Notes: * indicates F -value at significant level ($P < 0.05$), ** indicates F -value at very significant level ($P < 0.01$).

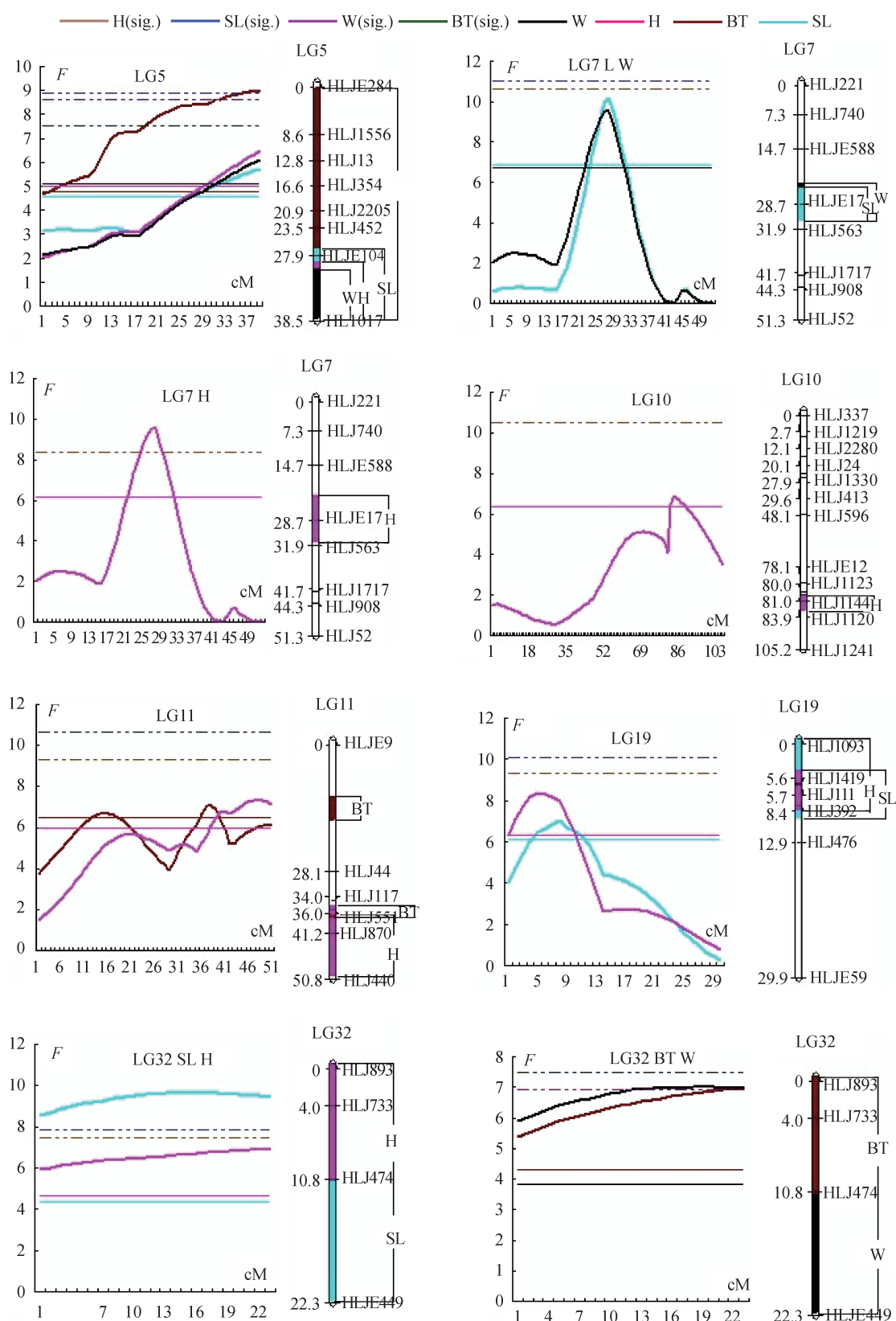


图 1 4 种性状 17 个 QTL 在 6 个连锁群上相对位置和 F 值检验曲线

图中不同性状用不同颜色表示；虚线代表 99% 的显著性阈值；实线代表 95% 显著性阈值；连锁群上不同颜色区域为 QTL 的位置。

Fig.1 Relative location and F -value graphs of four QTL intervals in six LGs

Different color represents different traits; dotted line represents significant level 1%; solid line represents significant level 5%; QTL location of different color in LGs.

3 讨论

QTL 成簇分布现象在动植物中均有报道^[19-20]。Ulloa 等^[21]研究发现,92 个农艺和纤维品质性状的 QTL 中,49% 的集中于 2 个染色体。水产动物中,Wang 等^[22]在亚洲鲈生长性状 QTL 研究中发现,体质量、体长和全长的 QTL 集中于 LG2 上的 Lca371 标记。本研究中 4 个性状共检测到 17 个 QTL,分布于 6 个连锁群上。除位于体高 LG10 上的 QTL 外,其余 16 个 QTL 均有不同程度的重叠,不同性状有相同的 QTL 区间,呈现成簇分布的特点。如,体长的 4 个 QTL 和体质量 3 个 QTL 具有重叠区,体高的 7 个 QTL 和体质量的 3 个 QTL 区间也具有重叠区间。同时,与该群体单标记回归分析的结果^[23]相比,与体厚显著相关的 HLJ44 和 HLJE9,均位于 LG11 上的体厚 QTL 区间内,而与体长、体厚、体质量 3 个性状显著相关 HLJ870,也与 LG11 上体高的 QTL 区间一致。这可能与 4 种性状的相关系数有关,4 种性状的相关系数在 0.808 ~ 0.953,均为显著相关,王宣朋等^[24]在进行鲤生长性状 QTL 分析也得出相同的结论,发现与体质量和体厚都显著相关的标记 14 个,而两性状的相关系数为 0.896。

经典数量遗传学假定性状相关是由于基因多效性或基因紧密连锁引起的,一些研究表明相关性状的 QTL 往往定位于同一染色体的相同或相邻区段上。根据 QTL 定位结果,一些研究者推论一因多效是性状相关的主要原因^[25],而有的学者则认为基因连锁是性状相关的主要原因^[26]。本研究中我们认为 QTL 同时控制 4 个性状是由于一因多效,而不是紧密连锁。如果是紧密连锁在长期的进化过程中总会由于重组等原因被打破,QTL 的效应方向也会不一致,我们发现这些性状 QTL 效应方向是一致的,这种现象与郑先虎等^[7]的研究一致。

本研究与以往鲤 QTL 结果相比较也有相同或重叠的区间,如位于 LG19 体长和体高的 QTL 区间与刘继红等^[4]LG3 上头长相关的 QTL 区间重叠;杨晶等^[27]利用回交群体的单标记回归得到的与体长和体高显著相关的 HLJ111,位于本研究 LG19 上的体长和体高 QTL 区间内。但仅有少数与以往 QTLs 重叠,大部分不重叠或仅个别标记相同,课题组其他研究人员通过多群体 QTL 的比

较研究发现,QTL 在不同群体间是变化的,标记的贡献率在不同群体间也存在差异,但群体间存在共享的 QTL,其主要原因可能为:1) 标记并不是在鲤所有群体中均有多态性,不同群体由于遗传背景不一样,标记连锁相也会存在差异,同一性状的 QTL 在其中发生分离的位置、数目和效应不完全相同;2) 由于先前发表鲤图谱密度普遍不高,我们可能并未定位出控制性状的主效 QTL 和主效基因,大多数 QTL 与主效基因并不是紧密连锁,导致各群体 QTL 不一致;3) 还可能是控制性状的主效基因在不同群体或家系间是变化的,不固定。因此,应尽量保持 QTL 定位的群体与育种的群体在遗传背景上的一致性,或者 QTL 结果只在特定的某些群体或家系中加以应用。

本研究中将位于 QTL 区间的 28 个标记(图 1)通过鲤全基因组序列进行延长并通过 NCBI 数据库的 BLAST 与斑马鱼基因组进行核酸序列同源性比对。结果有 5 个序列与斑马鱼基因组具有同源关系,但仅有 HLJE104 对应于 APOLIPOPROTEIN L1 (APOL1) 蛋白的编码区,位于斑马鱼的 Chromosome2,其同源性为 89%,其余 4 个未发现同源基因,HLJE104 位于体长、体高、体质量和体厚 4 种性状共同 QTL 区间。APO L1 是人类高密度脂蛋白中的一类属于 APOLIPOPROTEIN L 家族,由 Duchateau 等^[28]1997 年在人类的胰脏中发现,普遍存在于胎盘、肺、肝、心和胰脏等器官^[29],与人类高密度脂蛋白(HDL)的形成及细胞免疫应答等方面有密切的关系^[30-31]。在水产研究中对于载脂蛋白家族在基因水平上的报道比较少^[32],Concha 等^[33]在鲤中发现 ApoA-I 可能为 HDL 的一种组成成分,参与皮肤免疫应答。关于 APOL1 在水产动物基因水平上研究至今还没有报道。

本实验以体型差异明显的云南柏氏鲤和荷包红鲤抗寒品系为亲本建立了含有 92 个子代个体的家系,300 对 SSR 标记构建了遗传连锁图谱并对体长等 4 种经济性状进行了 QTL 定位分析,获得 17 个 QTL 区间分别与体长等 4 种经济性状具有紧密连锁关系,解释表型变异率为 5.15% ~ 9.56%。首次通过鲤全基因组序列进行延长并进行 BLAST 比对,得到在人类 HDL 重要组成成分 APOL1 蛋白,在鱼类研究中并没有报道,其具体功能注释还需要进一步研究。随着鲤基因组装配

和注释的不断完善,利用全基因组信息对鲤 QTL 研究和功能基因的挖掘会起巨大的推动作用。

参考文献:

- [1] Sun X W, Liang L Q. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance [J]. *Aquaculture*, 2004, 238 (1 - 4): 165 - 172.
- [2] Cheng L, Liu L, Yu X, *et al.* A linkage map of common carp (*Cyprinus carpio*) based on AFLP and microsatellite markers [J]. *Animal Genetics*, 2010, 41 (2): 191 - 198.
- [3] Zheng X H, Kuang Y Y, Zhang X F, *et al.* A genetic linkage map and comparative genome analysis of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellites and SNPs [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2011, 286 (3 - 4): 261 - 277.
- [4] 刘继红, 张研, 常玉梅, 等. 鲤鱼 (*Cyprinus carpio* L.) 头长、眼径、眼间距 QTL 的定位 [J]. *遗传*, 2009, 31 (5): 508 - 514.
- [5] 王宣朋, 张晓峰, 李文升, 等. 鲤头长、体厚、体高性状的 QTL 定位及其遗传效应分析 [J]. *水产学报*, 2010, 34 (11): 1645 - 1655.
- [6] 张天奇, 张晓峰, 谭照君, 等. 镜鲤体长性状的 QTL 定位分析 [J]. *遗传*, 2011, 33 (11): 1245 - 1250.
- [7] 郑先虎, 匡友谊, 鲁翠云, 等. 镜鲤体长、体高、体厚性状 QTL 定位分析 [J]. *遗传*, 2011, 31 (12): 1366 - 1373.
- [8] 李欧, 曹顶臣, 张研, 等. 利用 EST-SSR 分子标记研究鲤的饲料转化率性状 [J]. *水产学报*, 2009, 33 (4): 624 - 631.
- [9] Zhang Y, Xu P, Lu C Y, *et al.* Genetic linkage mapping and analysis of muscle fiber-related QTLs in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. *Marine Biotechnology*, 2011, 13 (3): 376 - 392.
- [10] 毛瑞鑫, 刘福军, 张晓峰, 等. 鲤鱼乳酸脱氢酶活性的 QTL 检测 [J]. *遗传*, 2009, 31 (4): 407 - 411.
- [11] 常玉梅, 高国强, 徐丽华, 等. 鲤 EST 标记与耐低温性状的相关性分析及定位 [J]. *动物学研究*, 2010, 31 (6): 581 - 586.
- [12] David L, Rajasekaran P, Fang J, *et al.* Polymorphism in ornamental and common carp strains (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by AFLP analysis and a new set of microsatellite markers [J]. *Molecular Genetic and Genomics*, 2001, 266 (3): 353 - 362.
- [13] Van Ooijen J W. JoinMap[®] 4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations [M]. Wageningen; Kyazma B. V, 2006.
- [14] Kosambi D D. The estimation of map distances from recombination values [J]. *Annals of Human Genetics*, 1943, 12 (1): 172 - 175.
- [15] Voorrips R E. MapChart; Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs [J]. *Journal of Heredity*, 2002, 93 (1): 77 - 78.
- [16] Haley C S, Knott S A, Elsen J M. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares [J]. *Genetics*, 1994, 136 (3): 1195 - 1207.
- [17] Seaton G, Hernandez J, Grunchev J A, *et al.* A grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets [C]. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Brazil, August 13 - 18, 2006.
- [18] Darvasi A, Soller M. A simple method to calculate resolving power and confidence interval of QTL map location [J]. *Behavior Genetics*, 1997, 27 (2): 125 - 132.
- [19] Hiendleder S, Thomsen H, Reinsch N, *et al.* Mapping of QTL for body conformation and behavior in cattle [J]. *Journal of Heredity*, 2003, 94 (6): 496 - 506.
- [20] 覃鸿妮, 晏萌, 王召辉, 等. 玉米籽粒中花色苷和黑色素含量的 QTL 分析 [J]. *作物学报*, 2012, 28 (2): 275 - 284.
- [21] Ulloa M, Meredith W R J. Genetic linkage map and QTL analysis of agronomic and fiber quality traits in an intraspecific population [J]. *Journal of Cotton Science*, 2000, 4 (3): 161 - 170.
- [22] Wang C M, Bai Z Y, He X P, *et al.* A high-resolution linkage map for comparative genome analysis and QTL fine mapping in Asian seabass, *Lates calcarifer* [J]. *BMC Genomics*, 2011, 12: 174.
- [23] 吕伟华, 赵元凤, 匡友谊, 等. 鲤四种经济形状的微卫星分析 [J]. *水产学杂志*, 2011, 24 (4): 43 - 49.
- [24] 王宣朋, 张晓峰, 李文升, 等. 利用 SSR、EST-SSR、SNP 标记对鲤食物转化率、体厚、体质量 3 种性状的分析 [J]. *中国水产科学*, 2011, 18 (3): 565 - 573.
- [25] 叶少平, 张启军, 李杰勤, 等. 用培矮 64S/日本晴 F2 群体对水稻 6 个农艺性状的 QTL 定位 [J]. *中国水稻科学*, 2007, 21 (1): 39 - 43.
- [26] 李仕贵, 马玉清, 何平, 等. 不同环境条件下水稻生育期和株高的 QTL 分析 [J]. *作物学报*, 2002, 28 (4): 546 - 550.
- [27] 杨晶, 张晓峰, 储志远, 等. 鲤的微卫星标记与体质量、体长、体高和吻长的相关分析 [J]. *中国水产*

- 科学,2010,17(4):721-730.
- [28] Duchateau P N, Pullinger C R, Orellana R E, *et al.* Apolipoprotein L, a new human high density lipoprotein apolipoprotein expressed by the pancreas [J]. *The Journal of Biological Chemistry*, 1997, 272 (41):25576-25582.
- [29] Freedman B I, Kopp J B, Langefeld C D, *et al.* The apolipoprotein L1 (APOL1) gene and nondiabetic nephropathy in African Americans [J]. *Journal of the American Society of Nephrology*, 2010, 21 (9): 1422-1426.
- [30] Zhaorigetu S, Kaini R, Wan G H, *et al.* ApoL1, a BH3-only lipid-binding protein, induces autophagic cell death [J]. *Autophagy*, 2008, 4(8):1079-1082.
- [31] Vanhollenbeke B, Nielsen M J, Watanabe Y, *et al.* Distinct roles of haptoglobin-related protein and apolipoprotein L-I in trypanolysis by human serum [J]. *PNAS Microbiology*, 2007, 104 (10): 4118-4123.
- [32] Lewellyn L, Ramsurn V P, Wigham T, *et al.* Cloning, characterization and expression of the apolipoprotein A-I gene in the sea bream (*Sparus aurata*) [J]. *BBA Gene Structure and Expression*, 1998, 1442(11):399-404.
- [33] Concha M I, Milina S, Oyarzún C, *et al.* Local expression of apolipoprotein A-I gene and a possible role for HDL in primary defence in the carp skin [J]. *Fish & Shellfish Immunology*, 2003, 14 (3): 259-273.

Quantitative trait locus analysis of four economic traits in one kind of common carp

LV Weihua, KUANG Youyi, ZHENG Xianhu, CAO Dingchen, LI Chao, LU Cuiyun, SUN Xiaowen*
(Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China)

Abstract: In this study, the reference panel contained 92 individuals, which were a F2 family obtained by mating of F1 hybrids derived from crossing Barbless carp (*Cyprinus pellegrini*) with Hebao-cold tolerance red carp (*Cyprinus carpio wuyuanensis*), and the genetic linkage map was constructed with 300 microsatellites, which was used to detect the QTLs for standard length (SL), body thickness (BT), body height (H) and body weight (W) in the panel by GridQTL software. The results showed that 17 related QTLs distributed in the 6 linkage groups were obtained. Four QTLs related to standard length, of which the linkage group of LG5, LG7, LG19 and LG32 were at 5% significant level, but LG32 was at 1% significant level, accounting 5.14%, 10.2%, 7.02%, 9.36% of phenotypic variation, respectively. Four QTLs were identified for body thickness in LG11, LG19, which were at 5% significant level, QTL based on LG5 1% was at significant level, accounting for 6.54%, 6.42% and 8.43% of phenotypic variation, respectively. Six QTLs were associated with body height in LG5, LG7, LG10, LG11, LG19 and LG32. LG7 was at 1% significant level, whereas the others were at 5% significant level, accounting 8.95%, 6.34%, 5.92%, 6.29%, 6.78%, 7.79% of phenotypic variation. Three QTLs were responsible for body weight and LG5, LG7 were at 5% significant level and LG32 was at 1% significant level, which accounted for 6.44%, 5.55%, 8.36%. Hybrid progenies crossed by two carp strains have been used in this study, which enriched the diversity of QTL population. It is a foundation for further QTL comparative analysis with whole genome level, and common QTL identification in different strains or breeds of carp. It will also be of great assistance in marker-assisted selection (MAS) in common carp.

Key words: *Cyprinus carpio*; genetic linkage map; QTL; economic trait

Corresponding author: SUN Xiaowen. E-mail: sunxw2002@163.com