

## 镜鲤头长及头长体长比性状的主效 QTL 挖掘

单云晶<sup>1,2</sup>, 鲁翠云<sup>2</sup>, 张晓峰<sup>2</sup>, 李超<sup>2</sup>, 程磊<sup>2</sup>, 孙效文<sup>2\*</sup>

(1. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁 大连 116023;

2. 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:**为挖掘镜鲤头长及头长体长比性状的主效 QTL 区间, 实验利用 368 个 SSR、336 个 SNP 标记对镜鲤良种后代杂交 F<sub>1</sub> 群体的 68 个个体进行基因型检测, 运用 JoinMap 4.0 软件构建遗传连锁图谱。该图谱包含 535 个分子标记并被分配到 50 个连锁群上, 覆盖基因组总长度为 2 244.66 cM, 标记间平均距离为 4.63 cM。利用 MapQTL 5.0 (interval mapping, IM) 区间作图法进行 QTL 检测。结果显示, 共得到 2 个与头长相关的 QTL 区间, 分别分布在 LG21 和 LG42, 可解释型变异分别为 28.2%、32.6%; 6 个与头长体长比性状相关的 QTL 位于 LG8、LG15、LG18、LG21、LG39、LG40, 可解释表型变异范围是 16.4%~49.3%。全部 QTL 区间中贡献率大于 20% 的主效 QTL 有 7 个, HL-21 和 HL-42 是头长性状的主效区间; HBR-8、HBR-15、HBR-21、HBR-39 和 HBR-40 是头长体长比性状的主效 QTL 区间。利用 SPSS 的一般线性模型 (GLM) 针对另一群体进行验证, 结果表明 HLJ692 与镜鲤头长体长比显著相关。

**关键词:** 镜鲤; 头长; 头长体长比; 遗传连锁图谱; 数量性状基因座 (QTL)

**中图分类号:** Q 343.1<sup>+</sup>5; S 965

**文献标志码:** A

鲤 (*Cyprinus carpio*) 是我国重要的淡水经济鱼类之一, 在我国天然捕捞业和淡水养殖业中均占有相当大的比重<sup>[1]</sup>。近年来, 在鲤养殖生产中出现抗病力差、生长速率缓慢等生产性状衰退现象, 并逐渐成为制约中国鲤养殖业发展的重要因素。利用分子辅助育种技术对鲤进行深度遗传改良是解决办法之一。鱼类的数量性状受多基因控制, 遗传机制复杂且易受环境影响, 表现为连续变异。控制数量性状的基因在基因组中的位置称为数量性状基因座 (quantitative trait locus, QTL)<sup>[2]</sup>。经济性状的 QTL 发掘可以为分子辅助育种研究提供工具和信息。目前, 鲤重要经济性状的 QTL 定位研究已经取得了很大的进展<sup>[3-7]</sup>, 主要集中在体质量、体长、体高等生长性状。

头长 (head length, HL) 是鱼类重要的生长指标, 头长体长比 (head length and body length

ratio, HBR) 是测量鱼类框架数据的重要组成部分, 在传统分类学中占有重要的地位<sup>[8]</sup>。目前, 已经鉴定到的头长性状 QTL 区间较少, 刘继红<sup>[9-10]</sup>等应用多种分子标记对大头鲤 (*Cyprinus pellegrini*) / 荷包红鲤 (*Cyprinus carpio val. wuyuanensis*) 抗寒品系的雌核发育群体的头长进行了定位, 找到相应主效区间 LG2 (*qHS-2-1*)、LG3 (*qHS-3-1*)、LG40 (*qHS-40-1*) 以及 LG4 (*qHS-4-2* 和 *qHS-4-3*), 但其图谱密度较低, 使用不方便且重复性差。王宣朋等<sup>[11]</sup>用 560 个分子标记包括 SSR、EST-SSR 和 SNP 标记对以镜鲤良种后代为祖父母本所培育的群体基因组进行扫描, 构建了一张中等密度的遗传连锁图, 并定位了 6 个与头长相关的 QTL 区间。鲁翠云等<sup>[12]</sup>在此图谱的基础上, 增加了部分标记, 重新构建了一个含有 535 个标记 (249 个 SSR 标记、286 个 SNP), 平均

收稿日期: 2014-01-11 修回日期: 2014-03-03

资助项目: 国家“八六三”高技术研究发展计划 (2011AA100402-5); 农业部“九四八”项目 (2011-G12)

通信作者: 孙效文, E-mail: sunxw2002@163.com

图谱距离由 6.31 cM 缩小到 4.63 cM 的高密度图谱。鉴于头长在鲤不同品种之间变异很大,在部分品种选育中也作为重要的选育指标,本研究用加密后的图谱,定位了头长和头长体长比性状的 QTL 区间,并用相对较大群体对 QTL 区间侧翼及核心标记进行了验证,旨在挖掘控制这 2 个性状且可便于育种应用的主效 QTL。

本实验以镜鲤全同胞家系为材料,在王宣朋等<sup>[11]</sup>研究的基础上又增加了分子标记的数目和种类,选取 704 个多态性标记(包含 368 个 SSR 标记和 336 个 SNP 标记)对以镜鲤良种后代为父母本所培育的杂交  $F_1$  群体的 68 个个体进行基因型检测,运用 JoinMap 4.0 软件包构建遗传连锁图,构建了一个相对饱和的连锁图谱,并对头长、头长体长比性状进行了 QTL 分析,目的是对这 2 种性状进行精细定位,以期对鲤分子标记辅助育种工作提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料及表型值测量

实验全部鲤样本采自黑龙江水产研究所松浦实验站。作图群体亲本来自德国镜鲤选育系,并以  $F_1$  68 个个体为主要研究对象<sup>[12]</sup>。在水族箱饲养 3 个月后,根据中华人民共和国国家标准《养殖鱼类种质检验》第 3 部分性状测定原则(GB/T 18654.3-2008)对作图群体头长、体长 2 个性状进行测量。选取以该群体为亲本的  $F_2$  为验证群体,共养殖 400 尾,在水族箱饲养 3 个月后,采集样本 271 尾,以头长、头长体长比最大和最小各 10% 取样,对获得的头长、头长体长比主效 QTL 区间进行验证。

### 1.2 DNA 提取及基因型分析

采用酚氯仿抽提方法提取基因组 DNA<sup>[13]</sup>。选取 704 个共显性标记,包括本实验室自主开发的 368 个 SSR 标记和 336 个 SNP 标记对样本进行基因型分析,SNP 标记通过对镜鲤 cDNA 文库

进行 454 测序获得。PCR 反应体系为 15  $\mu$ L,包括 100 ng DNA,10 mmol/L Tris-Cl(pH 8.3),50 mmol/L KCl,1.5 mmol/L  $MgCl_2$ ,200  $\mu$ mol/L dNTP,0.2 mmol/L 引物和 1 U *Taq* DNA 聚合酶。PCR 反应程序:94  $^{\circ}C$  变性 3 min;94  $^{\circ}C$  变性 30 s,复性温度 50~60  $^{\circ}C$  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% 聚丙烯酰胺凝胶电泳和银染后,用 Gel-Pro Analyzer 4.5 软件进行基因分型。SNP 标记的基因型分析利用 Illumina 的 SNP 芯片平台进行。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。

### 1.3 QTL 分析及验证

采用 JoinMap 4.0 软件<sup>[14]</sup>构建遗传连锁图谱,分析模型为 CP(cross pollinators),作图函数为 Kosambi 函数,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 Mapchart 2.2<sup>[15]</sup>。用 QTL 5.0<sup>[16]</sup> 软件进行分析,用 Permutation 检验(1 000 次)确定 QTL 的 95% 置信区间长度作为精细定位的区间<sup>[17]</sup>。

验证时采用 SPSS 13.0 进行性状的正态分布检验,用一般线性模型(general linear models, GLM)进行标记和性状的相关性分析,采用 Permutation 检验确定基因型效应的显著性水平(10 000 次),用 Duncan 氏多重比较分析各基因型均值之间的差异性。

## 2 结果

### 2.1 表型性状分析

利用 SPSS 13.0 计算 2 种性状的平均值、偏度、峰度、最小值、最大值和  $P$  值,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 测量鲤体长、头长以及头长体长比正态分布检测

Tab. 1 Normal distribution test for body length, head length, and head length and body length ratio

	平均值 mean	偏度 skewness	峰度 kurtosis	最小值 minimum	最大值 maximum	$P$ 值 $P$ -value
体长/cm body length	18.851	1.368	0.27	15.36	22.731	0.101
头长/cm head length	5.345	-0.183	-0.067	4.33	6.342	0.859
头长体长比 HBR	0.284	0.117	-1.014	0.252	0.312	0.068

## 2.2 QTL 结果分析

用于 QTL 定位的遗传连锁图谱,共有 535 个标记(249 个 SSR 和 286 个 SNP)分布在 50 个连锁群上,总图距为 2 244.66 cM,标记间平均间隔为 4.63 cM。用 QTL 5.0<sup>[16]</sup> 软件对镜鲤头长、头长体长比性状的 QTL 进行定位分析,基于整体 LOD 值水平取 2.3 为阈值<sup>[18]</sup>,共检测到 8 个 QTL 区间分布于 7 个连锁群上(表 2)。2 个与头长相关的 QTL 位于 HL-21 (SNP1392-HLJE299) 和 HL-42 (SNP0562-SNP0109),可解释表型变异分别为 28.2% 和 32.6%,HL-21 的置信区间最大为 14.50 cM。6 个与头长体长比相关的 QTL 位于 HBR-8 (SNP1221)、HBR-15 (SNP0002)、HBR-18 (HLJ1042-SNP0046)、HBR-21 (SNP1392-

SNP0818)、HBR-39 (HLJ322) 和 HBR-40 (SNP0026),可解释表型变异范围为 16.4% ~ 49.3%。其中,HBR-8 LOD 值最大(4.67),可解释表型变异为 49.3%;HBR-42 的 LOD 值最小(2.43),可解释的表型变异为 32.6%。HBR-40 置信区间最小,为 2.00 cM。头长和头长体长比在 LG21 几乎定位在同一个 QTL 区间(SNP1392-HLJE299、SNP1392-SNP0818)。以可解释表型变异大于 20%<sup>[19]</sup> 的 QTL 区间作为主效 QTL,共获得 7 个主效 QTL,包括 2 个头长主效 QTL 和 5 个头长体长比主效 QTL,HL-21 和 HL-42 是头长性状的主效区间,HBR-8、HBR-15、HBR-21、HBR-39 和 HBR-40 是头长体长比性状的主效 QTL 区间(图 2)。

表 2 头长、头长体长比性状的主效 QTL 定位  
Tab.2 QTL related to head HL and HBR

性状 traits	数量性状基因座位 QTL	连锁群 linkage group	对应标记 marker interval	最大 LOD 值 LOD <sub>max</sub>	可解释表型变异/% explain variance	置信值/cM confidence interval
头长 HL	HL-21	21	SNP1392-HLJ643	2.87	28.20	14.50
	HL-42	42	SNP0562-SNP0109	2.43	32.60	3.37
头长体长比 HBR	HBR-8	8	HLJ423	4.67	49.30	6.00
	HBR-15	15	SNP0002	2.63	25.10	2.00
	HBR-18	18	HLJ1042-SNP0046	2.61	16.40	2.08
	HBR-21	21	SNP1392-SNP0818	2.76	29.60	13.00
	HBR-39	39	HLJ322	2.84	26.40	2.92
	HBR-40	40	SNP0026	3.97	46.50	2.00

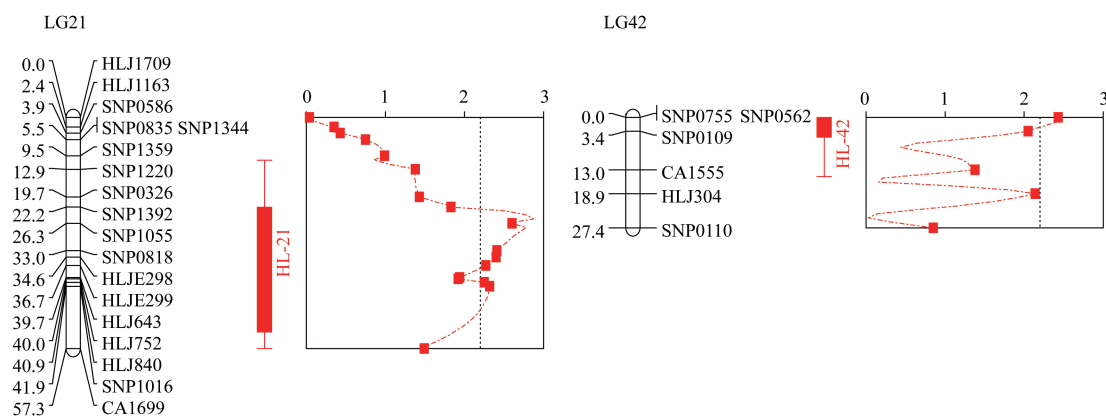


图 1 头长性状的主效 QTL 定位及其 LOD 值曲线

X 轴表示 LOD 值;Y 轴表示标记的位置

Fig.1 Mapping of QTL and LOD curves associated with HL traits in common carp

The X-axis represents the LOD, and the Y-axis indicates the position of marker

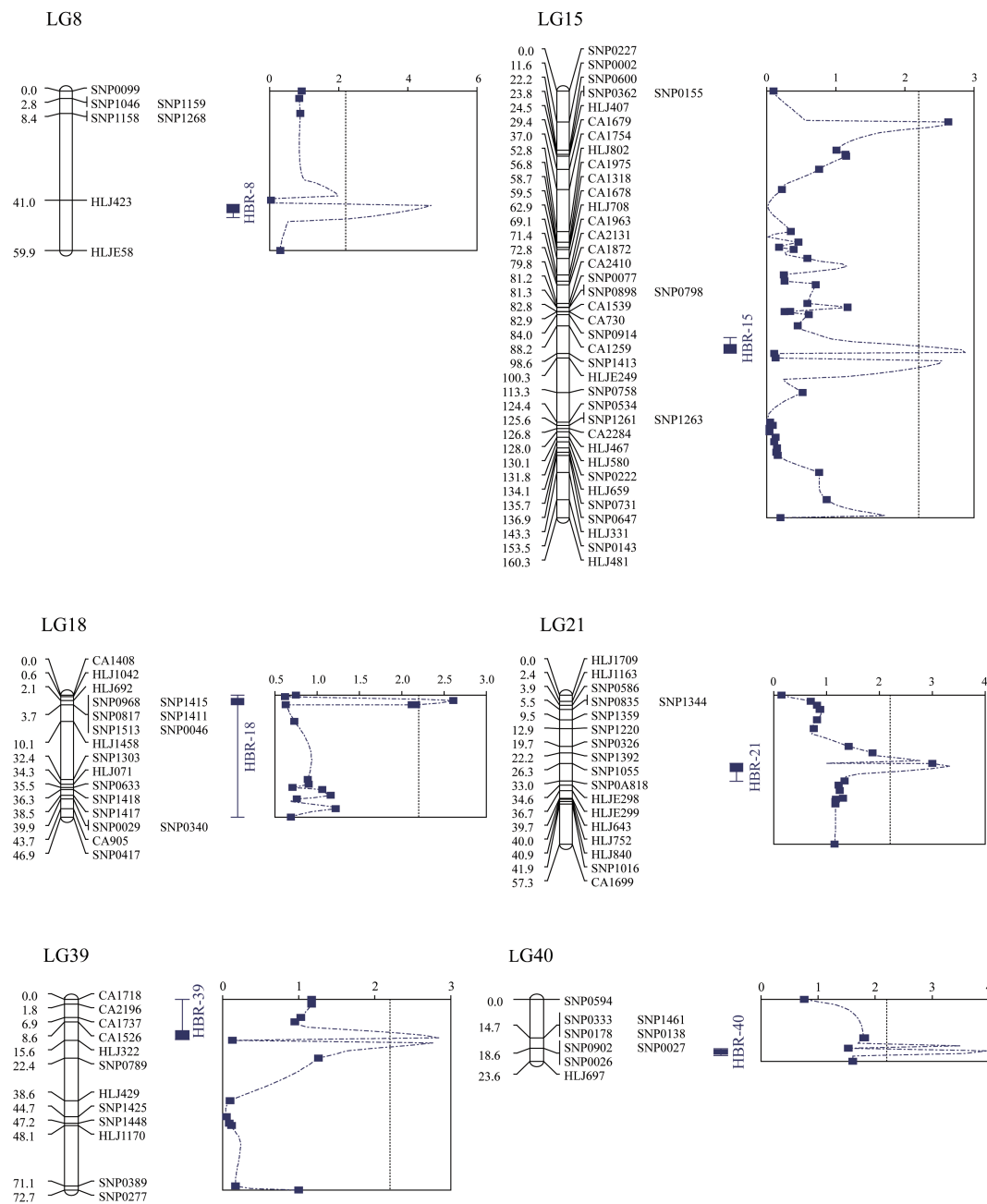


图2 头长体长比性状 QTL 的定位及其 LOD 值曲线

X 轴表示 LOD 值;Y 轴表示标记的位置

Fig.2 Mapping of QTL and LOD curves associated with HBR traits in common carp

The X-axis represents the LOD, and the Y-axis indicates the position of marker

### 2.3 QTL 结果验证

为验证所筛选标记在不同群体中的适用性,从该 68 个体中选取两个个体配组(遗传距离阈值 0.5~0.7),产生的  $F_2$  家系作为验证群体,共养殖 400 尾,在水族箱饲养 3 个月后采集样本 271 尾,以目标性状最大和最小各 10% 取样,对获得的头长、头长体长比主效 QTL 区间进行验证。对该群

体头长、体长 2 个性状进行测量。通过 SPSS 对表型性状进行分析,均符合正态分布。以最大和最小各 10% 取样,从上述群体中分别选取头长极大的 27 尾(6.11~6.92 cm)、极小的 27 尾(3.23~4.89 cm);头长体长比极大的 27 尾(0.314~0.348)、极小的 27 尾(0.249~0.270)用于验证分析。8 个 QTL 区间包括侧翼标记 5 个,峰值标

记 15 个,其中含有 6 个微卫星标记(HLJE298、HLJE299、HLJ322、HLJ692、HLJ497、HLJ1042)( $P < 0.05$ ),用以上 6 个标记来验证这些位点与头长、头长体长比性状的相关性。

利用 GLM 检验 6 个微卫星标记位点与镜鲤头长、头长体长比性状的相关性。在 6 个微卫星位点中,只有 HLJ692 与验证群体的头长体长比呈显著相关( $P < 0.05$ );HLJE298、HLJE299、

HLJ322、HLJ497、HLJ1042 这 5 个标记的头长、头长体长比性状相关性没有达到显著水平。对 HLJ692 位点进行不同基因型多重比较,结果显示,在位点 HLJ692 中,基因型 AB 在头长体长比极大群体中出现的频率显著高于比值极小的群体,说明 AB 基因型可能与头长体长比性状呈正相关;AA 及 BB 基因型在两群体中差异不显著(图 3,图 4)。

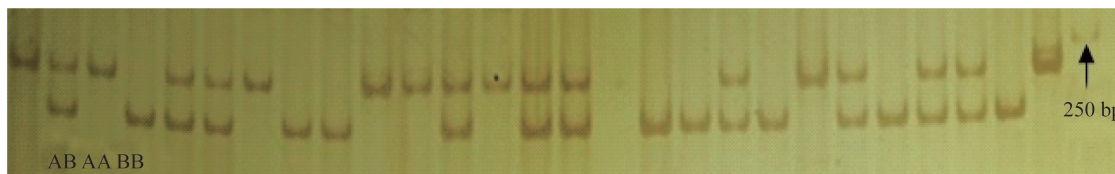


图 3 引物 HLJ692 扩增镜鲤头长体长比极大群体的电泳效果

Fig. 3 Electrophoretic patterns of primer HLJ692 between the maximum HBR population

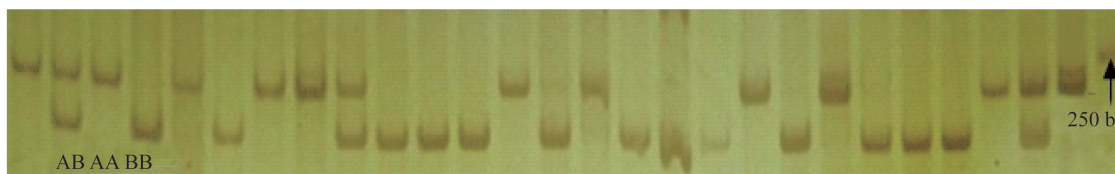


图 4 引物 HLJ692 扩增镜鲤头长体长比极小群体的电泳效果

Fig. 4 Electrophoretic patterns of primer HLJ692 between the minimum HBR population

### 3 讨论

在水产动物分子标记辅助育种中,为了提高对目标性状的选育效率,首先需要获得控制该性状的基因或者分子标记。鱼类大多数的经济性状都是数量性状,开展经济性状的 QTL 定位是实现分子标记辅助选育的第一步。连锁图谱是 QTL 定位的必备工具,目前,我国主要水产养殖动物已经构建了中等密度的遗传连锁图谱。鲤是开展遗传图谱构建和 QTL 定位较早的鱼类,目前已经制备了以微卫星和 SNP 为主的图谱,并在经济性状主效基因发掘中起到了重要作用<sup>[20]</sup>。

头长是鱼类的重要选育指标,但对头长性状的 QTL 研究少见报道,刘继红等<sup>[9]</sup>对大头鲤/荷包红鲤抗寒品系的雌核发育群体的头长进行了定位,找到相应主效区间。王宣朋等<sup>[11]</sup>对镜鲤头长性状作过初步定位。

本研究对鲤鱼头长、头长体长比进行 QTL 定位分析,共检测到 8 个 QTL 区间分布于 7 个连锁群上。2 个与头长相关的 QTL 位于 LG21

(SNP1392-HLJE299) 和 LG42 (SNP0562-SNP0109)、6 个与头长体长比相关的 QTL 位于 LG8 (SNP1221)、LG15 (SNP0002)、LG18 (HLJ1042-SNP0046)、LG21 (SNP1392-SNP0818)、LG39 (HLJ322) 和 LG40 (SNP0026)。其中,HL-21、HL-42 可解释表型变异为 28.2% 和 32.6%,是影响 HL 性状的主效区间;HBR-8、HBR-15、HBR-21、HBR-39 和 HBR-40 可解释表型变异分别为 49.3%、25.1%、29.6%、26.4% 和 46.5%,是影响比值性状的主效区间。与王宣朋等<sup>[11]</sup>结果相比,本研究所获得的头长 QTL 置信区间要小。这些可解释表型变异大的区间将来可以作为主效 QTL,这对于镜鲤分子标记辅助育种具有潜在的应用价值<sup>[21]</sup>。本研究发现,在 LG21 上,头长(23.2 ~ 37.7 cM)、头长体长比性状(23.2 ~ 26.2 cM)有相同的 QTL 区间,表明这些 QTL 区间与多个性状相关,可以推断出基因的多效性存在控制一系列相关性状的特点。

本研究定位的头长性状 QTL 并没有和王宣朋等<sup>[11]</sup>定位区间一致,与头长体长比相关的 QTL

区间 LG39 (HLJ322) 和 LG40 (SNP0026) 与王宣朋等<sup>[11]</sup> 得出的与体厚相关的 QTL 区间 LG34 (SNP0594-0902) 和 LG35 (HLJ429-HLJ322) 有重叠, 但大部分未能找到相同的 QTL 区间。标记密度的差异会影响到 QTL 定位的灵敏度。彭茂民等<sup>[22]</sup> 利用不同遗传背景且不同类型水稻 (*Oryza Sativa*) 群体对剑叶形态的 QTL 进行研究分析, 结果表明 2 个群体的 QTL 定位结果在染色体分布范围、整体数量、具体的 QTL 区间位置、各个 QTL 的加性效应和贡献率都有比较明显的差异。赵芳明等<sup>[23]</sup> 在水稻重要性状的 QTL 鉴定和稳定性分析中指出, 水稻大多数 QTL 区间是不稳定的, 并且不同研究者对同一性状所获得的 QTL 研究结果存在较大差异。上述结论还说明, 控制性状的主效基因可能不是固定的, 随着图谱标记的改变, 图谱距离和精细程度也随之变化, 从而影响 QTL 结果。在使用 F<sub>2</sub> 群体对所得区间基因座位进行验证时, 微卫星标记 HLJ692 与镜鲤的头长体长比性状显著性相关, 其他微卫星座位并没有表现出明显相关性, 表明在生长背景不同的群体中 QTL 定位结果也会不同, 但部分微卫星座位如 HLJ692 标记在 2 群体中均存在显著差异, 该位点可在选育镜鲤头长体长比性状中提供辅助育种依据。当然, 在微卫星标记辅助选育时还应考虑多个位点的关联效应, 行之有效的微卫星标记还有待开发。

本次实验针对头长及头长体长比性状共发掘了 8 个 QTL 区间, 由于 QTL 通常是微效的<sup>[24]</sup>, 所以获得的 QTL 核心标记仍需要进一步研究和验证。分子辅助育种作为目前研究的热点, 具有诱人的应用前景, 微卫星标记在育种研究中检测方便, 既适合实验室常规检测, 又适合高通量检测, 在分子辅助育种中更有优势。

#### 参考文献:

- [1] Quan Y C, Sun X W, Liang L Q. Microsatellite variation among four breeding populations of common carps [J]. Zoological Research, 2005, 26 (6): 595 - 602. [全迎春, 孙效文, 梁利群. 应用微卫星多态分析四个鲤鱼群体的遗传多样性. 动物学研究, 2005, 26(6): 595 - 602.]
- [2] Li W S, Liu C, Zhang X F, et al. Mapping QTLs related to body weight of mirror carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Genomics and Applied Biology, 2011, 30(4): 316 - 324. [李文笙, 刘翠, 张晓峰, 等. 镜鲤体重的 QTL 定位. 基因组学与应用生物学, 2011, 30(4): 316 - 324.]
- [3] 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(4): 165 - 172.
- [4] Zhang Y, Liang L Q, Chang Y M, et al. Mapping and genetic effect analysis of quantitative trait loci related to body size in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Hereditas, 2007, 29(10): 1243 - 1248. [张研, 梁利群, 常玉梅, 等. 鲤鱼体长性状的 QTL 定位及其遗传效应分析. 遗传, 2007, 29(10): 1243 - 1248.]
- [5] Hou N, Zhang Y, Lu C Y, et al. Genetic potential analysis of Germany mirror carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellite markers [J]. Hereditas, 2007, 29(12): 1509 - 1518. [侯宁, 张研, 鲁翠云, 等. 微卫星 DNA 标记分析德国镜鲤的遗传潜力. 遗传, 2007, 29(12): 1509 - 1518.]
- [6] Zhang Y F, Zhang Y, Lu C Y, et al. Correlation analysis of microsatellite DNA markers with body weight, length and height of common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Hereditas, 2008, 30(5): 613 - 619. [张义凤, 张研, 鲁翠云, 等. 鲤鱼微卫星标记与体重、体长和体高性状的相关分析. 遗传, 2008, 30(5): 613 - 619.]
- [7] Liang L Q, Sun X W. Mapping cold tolerance strain on genetic linkage map of common carp [J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2003, 18(4): 278 - 281. [梁利群, 孙效文. 鲤耐寒性状分子标记在遗传连锁图上的定位. 大连水产学院学报, 2003, 18(4): 278 - 281.]
- [8] Yan X C, Liang L Q, Sun X W, et al. Comparison of the morphological characteristics between two types of backcross progenies from the common and crucian carp [J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2007, 38(6): 797 - 800. [闫学春, 梁利群, 孙效文, 等. 鲤鲫杂交两种回交子代鱼的形态特征比较. 东北农业大学学报, 2007, 38(6): 797 - 800.]
- [9] Liu J H, Zhang Y, Chang Y M, et al. Mapping QTLs related to head length, eye diameter and eye cross of common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Hereditas, 2009, 31(5): 508 - 514. [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. 遗传, 2009, 31(5): 508 - 514.]
- [10] Liu J H, Zhang Y, Chang Y M, et al. Mapping QTLs

- related to body weight and full size of common carp (*Cyprinus carpio*) [J]. Journal of Guangdong Ocean University, 2009, 29(4): 19 - 24. [刘继红, 张研, 常玉梅, 等. 鲤鱼 (*Cyprinus carpio* L.) 体重和体长 QTL 的定位. 广东海洋大学学报, 2009, 29(4): 19 - 24.]
- [11] Wang X P, Zhang X F, Li W S, *et al.* Mapping and genetic effect analysis of quantitative trait loci related to head length, body height, and body thickness of common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. Journal of Fisheries of China, 2010, 34(11): 1645 - 1655. [王宣朋, 张晓峰, 李文升, 等. 鲤头长、体厚、体高性状的 QTL 定位及遗传效应分析. 水产学报, 2010, 34(11): 1645 - 1655.]
- [12] Lu C Y, Xu H, Zhang M Z, *et al.* Identification of significant correlation microsatellite markers with eye diameter and eye cross of mirror carp, *Cyprinus carpio* L. [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2013, 20(3): 490 - 498. [鲁翠云, 徐浩, 张明昭, 等. 镜鲤眼径及眼间距性状显著相关的微卫星标记筛选. 中国水产科学, 2013, 20(3): 490 - 498.]
- [13] Sambrook J. Molecular cloning: A laboratory manual [M]. Third Edition. Beijing: Science Press, 2002 [萨姆布鲁克, 拉塞尔. 分子克隆实验指南(第3版). 北京: 科学出版社, 2002.]
- [14] van Ooijen J W, Voorrips R E. JoinMap Version 4.0: Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations [M]. Wageningen: Plant Research International, 2006.
- [15] Kosambi D D. The estimation of map distances from recombination values [J]. Annals of Human Genetics, 1944, 12(1): 172 - 175.
- [16] van Ooijen J W, Voorrips R E. JoinMap Version 3.0: software for the calculation of genetic linkage maps [M]. Wageningen: Plant Research International, 2001.
- [17] Seaton G, Hernandez J, Grunchev J A, *et al.* A grid portal for QTL mapping of compute intensive datasets [J]. Belo Horizonte, 2006, 8(1): 13 - 18.
- [18] Zhou M P, Zhang X, Ren L J, *et al.* Preliminary genetic linkage map of wheat constructed by JoinMap 3.0 [J]. Jiangsu Journal of Agriculture Science, 2003, 19(3): 133 - 138. [周森平, 张旭, 任丽娟, 等. 用 JoinMap 3.0 初步构建小麦遗传连锁图. 江苏农业学报, 2003, 19(3): 133 - 138.]
- [19] Tan Y F, Xing Y Z, Li J X, *et al.* Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid [J]. TAG Theoretical and Applied Genetics, 2000, 101(5-6): 823 - 829.
- [20] Zheng X H, Kuang Y Y, Lü W H, *et al.* A consensus linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) to compare the distribution and variation of QTLs associated with growth traits. Science of China: Life Science, 2013, 43(2): 159 - 167. [郑先虎, 匡友谊, 吕伟华, 等. 基于整合图谱的鲤生长相关性状 QTL 的分布及变异规律. 中国科学: 生命科学, 2013, 43(2): 159 - 167.]
- [21] Zheng X, Kuang Y, Zhang X, *et al.* A genetic linkage map and comparative genome analysis of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellites and SNPs [J]. Molecular Genetics Genomics, 2011, 286(3-4): 261 - 277.
- [22] Peng M M, Yang G H, Zhang J J, *et al.* QTL analysis for flag leaf morphological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under different genetic backgrounds [J]. Chinese Journal of Rice Science, 2007, 21(3): 247 - 252. [彭茂民, 杨国华, 张菁晶, 等. 遗传背景下水稻剑叶形态性状的 QTL 分析. 中国水稻科学, 2007, 21(3): 247 - 252.]
- [23] Zhao F M, Zhu H T, Ding X H, *et al.* Detection of QTLs for traits of agronomic importance and analysis of their stabilities using SSSLs in rice [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2007, 40(3): 447 - 456. [赵芳明, 朱海涛, 丁效华, 等. 基于 SSSL 的水稻重要性状 QTL 的鉴定及稳定性分析. 中国农业科学, 2007, 40(3): 447 - 456.]
- [24] Zheng X H. Genetic linkage map and QTL analysis of growth-related and meat quality traits in common carp [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2012. [郑先虎. 鲤连锁图谱及生长、肉质性状 QTL 定位研究. 上海: 上海海洋大学, 2012.]

## Excavating the main effect of quantitative trait loci related to head length, head length and body length ratio in mirror carp (*Cyprinus carpio*)

SHAN Yunjing<sup>1,2</sup>, LU Cuiyun<sup>2</sup>, ZHANG Xiaofeng<sup>2</sup>, LI Chao<sup>2</sup>, CHENG Lei<sup>2</sup>, SUN Xiaowen<sup>1,2\*</sup>

(1. College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China;

2. Heilongjiang Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China)

**Abstract:** In this study, the purpose is to excavate the main effect of quantitative trait loci related to head length, head length and body length ratio in mirror carp (*Cyprinus carpio* L.). A group of F<sub>1</sub> hybrids common carp including 68 individuals was used to construct a linkage map using 535 markers, which were arranged to 50 groups covering 2 244.66 cM genetic distance with an average space of 4.63 cM. MapQTL5.0 software was conducted to detect the quantitative trait loci (QTL) for HL and HBR using interval mapping (IM). Results showed that two QTLs were identified for head length on the linkage groups of LG21 (SNP1392-HLJ643), LG42 (SNP0562-SNP0109), which explained 14.9% to 32.6% of the total variation of the head length; six QTLs were responsible for head length and body length ratio associated with the linkage groups of LG8 (HLJ423), LG15 (SNP0002), LG18 (HLJ1042-SNP0046), LG21 (SNP1392-SNP0818), LG39 (HLJ322), LG40 (SNP0026), which explained 16.4% to 49.3% of the phenotypic variations. Seven QTLs explaining above 20%, HL-21 and HL-42 were major QTLs associated to the head length of common carp; HBR-8, HBR-15, HBR-21, HBR-39 and HBR-40 were major QTLs associated to the head length and body length ratio. These results indicated that it was highly probable that these QTLs were the main regions of the head length, head length and body length ratio development. SPSS general linear model (GLM) verified another group, and results showed that the HLJ692 was significant correlation for mirror carp head length and body length ratio ( $P < 0.05$ ).

**Key words:** *Cyprinus carpio*; head length; head length and body length ratio; linkage map; QTL

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