

## 鲤头长、体厚、体高性状的 QTL 定位及遗传效应分析

王宣朋<sup>1,2</sup>, 张晓峰<sup>1</sup>, 李文升<sup>1,2</sup>, 张天奇<sup>1,3</sup>, 孙效文<sup>1\*</sup>

(1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070;

2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;

3. 大连海洋大学生命科学与技术学院, 大连 116023)

**摘要:** 用 174 个 SSR、41 个 EST、345 个 SNP 标记对以镜鲤良种后代为祖父母本所培育的杂交 F<sub>2</sub> 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。利用 MapQTL 5.0 区间作图法 (interval mapping, IM) 和多 QTL 区间定位法 (MQM mapping, MQM) 进行 QTL 检测, 通过置换实验 (1 000 次重复) 确定连锁群显著性水平阈值。在对体高、头长、体厚的区间定位中, 共检测到 6 个与体高性状相关的 QTLs 区间, 分布在 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG10 (HLJE469-SNP1491)、LG12 (SNP0922-HLJ1316)、LG13 (SNP0937-HLJ328)、LG25 (SNP1041-HLJ594)、LG35 (SNP1425-SNP0389) 等 6 个连锁群上, 解释表型变异范围为 20.0% ~ 43.3%。其中, SNP1339-SNP1490 区间 LOD 值最大为 3.64, 解释表型变异 35.4%。6 个与头长相关的 QTLs, 分布在 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG12 (HLJ071-HLJ336)、LG13 (SNP0937-HLJ328)、LG24 (SNP1359-SNP0586)、LG24 (SNP1016-SNP0326)、LG25 (HLJ382-HLJ348) 等 5 个连锁群上, 其中 LG24 (SNP1359-SNP0586) 解释表型变异达到 50.2%。检测到 10 个与体厚相关的 QTLs, 分布在 LG1、LG8、LG9、LG10、LG12、LG34、LG35、LG38、LG41 等 9 个连锁群上, 解释表型变异范围是 16.1% ~ 68.8%, 其中 LG38 (HLJ1331-HLJ487) 和 LG41 (HLJ688-HLJE6) 解释表型变异分别达到 60.8% 和 68.8%, 是体厚性状的主效 QTLs 区间。

**关键词:** 鲤; 头长; 体高; 体厚; 数量性状定位

**中图分类号:** S 917

**文献标识码:** A

鲤是重要水产经济动物, 由于水产养殖业的快速发展, 对高产量、抗逆性的优质品系选育的需要, 近年来在鲤遗传连锁图构建和 QTL 定位研究领域做了许多研究<sup>[1-7]</sup>。Sun 等<sup>[1]</sup>选来自鲤 (*Cyprinus carpio*) 和 柏氏鲤 (*C. pellegrini* Tchang) 杂交子一代的其中 1 个雌性产生的 46 个单倍体胚胎作为构建遗传连锁图的家系, 利用 MAP Manager 软件把 272 个标记 (105 个 EST、110 个微卫星、57 个 RAPD) 分配到 50 个遗传连锁群, 筛选到 4 个与耐低温性状相关的 RAPD 标记; 张研<sup>[2]</sup>等采用大头鲤与荷包红鲤抗寒品系杂交产生的 F<sub>2</sub> 雌核发育群体, 利用 183 个

微卫星标记构建鲤遗传连锁图谱, 并对鲤体长性状进行了 QTL 定位和遗传效应分析; 刘继红<sup>[8]</sup>等用 265 个 AFLP 标记、127 个微卫星标记、37 个 EST-SSR 标记和 16 个 RAPD 标记对大头鲤/荷包红鲤抗寒品系的 F<sub>2</sub> 雌核发育群体的头长、眼径、眼间距、体重、体长进行了定位, 找到相应主效区间。

镜鲤是鲤中重要的养殖品种, 但在构建镜鲤遗传连锁图谱和相关性状 QTL 定位等方面的研究报道较少。体高、体厚、头长三种性状是衡量表型分化的重要指标, 本研究以 SSR、EST、SNP3 种共显性标记对镜鲤良种后代为祖父母本所培育的

收稿日期: 2010-07-16 修回日期: 2010-08-26

资助项目: 水产分子育种共性技术的建立与应用 (200903045)

通讯作者: 孙效文, Tel: 0451-84862646, E-mail: sunxw2002@163.com

杂交 F<sub>2</sub> 群体的 68 个个体的基因组进行扫描, 构建了一张中等密度的遗传连锁图, 并对体高、体厚、头长 3 种衡量表型分化的性状<sup>[9]</sup> 作初步的 QTL 定位, 找到分别影响体高、体厚、头长性状的主效区间, 为鲤体高、体厚、头长 3 种性状深入的研究和最终应用于育种实践奠定了基础。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

实验选用的镜鲤均采于黑龙江水产研究所松浦试验站, 构建的做图群体为杂交 F<sub>2</sub> 群体。祖父母为早期被国家鉴定为良种的德国镜鲤选育系的后代, 经微卫星分子标记检测遗传差异, 进行配组, 共建立 35 个家系。父母本来自 35 个家系混合养殖的群体, 为经两个冬季强化培育的 2 龄成熟个体, 经微卫星分子标记检测亲本个体遗传距离 0.64, 建立单家系共 68 个个体, 6 个月后测量体高、体厚、头长。

### 1.2 研究方法

**表型性状的度量** 根据伍献文<sup>[10]</sup> 的测量方法采用精度为 0.02 毫米的游标卡尺进行体高、头长、体厚性状的测定和计算。将鱼体放在测量板上, 测量的具体对象: 体高为鱼体最高处的垂直距离; 头长为自吻端至鳃盖骨后缘的垂直距离; 体宽为鱼体左右侧的最大距离。

**基因型分析** 利用 PCR (polymerase chain reaction) 扩增方法对本实验的 F<sub>2</sub> 群体进行基因型检测。引物来自: (1) 已公开发表<sup>[2-4,8]</sup> 的 174 个微卫星标记和 41 个 EST 标记。(2) 实验室从鲤 cDNA 中开发的 345 个 SNP 标记。引物均由上海生工生物工程有限公司合成。PCR 反应体系为 15  $\mu$ L, 其中包括 1 U *Taq* DNA 聚合酶

(Sangon)、1  $\times$  PCR Buffer (10 mmol/L Tris-HCl, 50 mmol/L KCl, 2.0 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, and 0.01% gelatin, pH 8.3)、dNTPs 各 200 mmol/L, 上下游引物各 0.1 mmol/L、100 ng 的模板 DNA。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% 聚丙烯酰胺凝胶电泳和银染后进行个体基因型检测。

**连锁图谱构建及 QTL 定位** 用 GEL-PRO<sup>[17]</sup> 等软件进行数据统计, 选用在群体中具有多态性并且符合孟德尔分离比的分子标记, 遗传连锁图采用 JoinMap 4.0<sup>[11]</sup> 软件构建, 分子标记多态性按软件推荐方法读取, 0.4 作为最大重组值, LOD 值大于 3 构建连锁群, Kosambi 方法换算成图距 (cM)。QTL 分析采用 MapQTL 5.0<sup>[12]</sup> 进行, 先进行 Kruskal-Wallis (K-W) 测验, 然后对可能存在 QTL 的区间进行区间作图 (Interval mapping, IM) 和多 QTL 作图 (MQM mapping, MQM) 分析, 根据 van Ooijen 等<sup>[13]</sup> 推荐的方法选择余因子 (cofactor), 以 2.5 为 QTL 存在与否的 LOD 阈值, 并通过该软件进行置换检测 (permutation test), 确定 QTL 的真实性。

## 2 结果

### 2.1 体高、头长、体厚测定结果

利用 SPSS 13.0 软件计算体高、头长、体厚 3 种性状的最大值、最小值、平均值和标准差并作 K-S 单样本正态分布检验, 以  $P > 0.05$  为是否符合正态分布的显著性阈值。结果如表 1 所示。体高、头长、体厚 3 种性状测量表型值经 K-S 检验的  $P$  值分别为 0.069、0.107、0.672 均大于 0.05, 3 种性状测量值均符合正态分布。

表 1 体高、头长、体厚性状测量范围

Tab.1 Measurement range of body height, head length and body thickness

性状 traits	最大值 (cm) max	最小值 (cm) mini	平均值 (cm) mean $\pm$ SD	$P$
体高 body height	9.71	6.54	8.22 $\pm$ 0.63	0.069
头长 head length	6.34	4.33	5.34 $\pm$ 0.41	0.107
体厚 body thickness	5.28	3.38	4.22 $\pm$ 0.36	0.672

### 2.2 遗传图谱的构建

采用 JoinMap 4.0 构建遗传连锁图, 共有 560 个标记发生连锁, 包括 174 个 SSR 标记、41 个 EST 标记和 345 个 SNP 标记, 分布在 50 个连锁

群上, 最大连锁群包含 60 个标记, 平均每个连锁群有 11.2 个标记, 图谱总长度为 3 295.92 cM, 最长连锁群的图距为 198.1 cM, 最小的图距为 1.5 cM, 标记间平均间距为 7.21 cM, 41 个 EST 标记

分别分配在 25 个连锁群上,基本满足 QTL 分析的需要。

### 2.3 QTL 区间定位结果

在对体高、头长、体厚的区间定位中,共检测到 6 个与体高性状相关的 QTLs 区间,分布在 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG10 (HLJE469-SNP1491)、LG12 (SNP0922-HLJ1316)、LG13 (SNP0937-HLJ328)、LG25 (SNP1041-HLJ594)、LG35 (SNP1425-SNP0389)等 6 个连锁群上(表 2,图 1),解释表型变异范围为 20.0% ~ 43.3%。其中,SNP1339-SNP1490 区间 LOD 值最大为 3.64,解释表型变异 35.4%,各区间加性效应方向并不一致,LG10 (HLJE469-SNP1491)加性效应为负向,其余为正向。6 个与头长相关的 QTLs,分布在 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG12 (HLJ071-HLJ336)、LG13 (SNP0937-HLJ328)、LG24 (SNP1359-SNP0586)、LG24 (SNP1016-

SNP0326)、LG25 (HLJ382-HLJ348)等 5 个连锁群上(表 2,图 2),其中,LG24 (SNP1359-SNP0586)解释表型变异达到 50.2%,LG1 (SNP1339-SNP1490)加性效应为负向。检测到 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG8 (HLJ423-SNP1268)、LG9 (HLJ029-HLJ474)、LG10 (HLJE469-SNP1491)、LG12 (HLJ1316)、LG34 (SNP0594-SNP0902)、LG35 (HLJ429-HLJ322)、LG38 (HLJ1331-HLJ487)、LG41 (HLJ688-HLJE6)等 10 个与体厚相关的 QTLs,分布在 9 个连锁群上(表 2,图 3),解释表型变异范围是 16.1% ~ 68.8%,其中 LG38 (HLJ1331-HLJ487)和 LG41 (HLJ688-HLJE6)解释表型变异分别达到 60.8%和 68.8%。LG9 (HLJ029-SNP0264)、LG35 (HLJ429-HLJ322)加性效应为负向。图 4、图 5、图 6 分别是体高、头长、体厚 3 个性状相应 QTLs 位点在连锁群上分布(图中黑色部分)。

表 2 QTL 区间分析结果及遗传效应估计  
Tab.2 Analysis of QTL and estimation of genetic effects

性状 traits	连锁群 linkage group	在连锁群上的位置(cM) location	标记区间 marker interval	加性效应 additive effect	解释表型变异(%) explain variation
体高 body height	LG1	49.849 ~ 54.170	SNP1339-SNP1490	0.22	35.4
	LG10	0.000 ~ 11.000	HLJE469-SNP1491	-0.07	24.7
	LG12	11.069 ~ 13.069	SNP0922-HLJ1316	0.04	20.0
	LG13	90.650 ~ 109.256	SNP0937-HLJ328	0.06	29.6
	LG25	22.935	SNP1041-HLJ594	0.04	20.7
	LG35	52.477 ~ 66.487	SNP1425-SNP0389	0.28	43.3
头长 head length	LG1	49.849 ~ 54.170	SNP1339-SNP1490	-0.07	30.1
	LG12	91.745 ~ 99.100	HLJ071-HLJ336	0.05	23.8
	LG13	90.650 ~ 109.256	SNP0937-HLJ328	0.25	40.0
	LG24	61.546 ~ 69.546	SNP1359-SNP0586	0.28	50.2
	LG24	111.555 ~ 122.028	SNP1016-SNP0326	0.04	23.1
	LG25	89.702 ~ 90.702	HLJ382-HLJ348	0.26	41.7
体厚 body thickness	LG1	49.849 ~ 54.170	SNP1339-SNP1490	0.06	33.2
	LG8	19.608 ~ 29.608	HLJ423-SNP1268	0.32	55.5
	LG9	0.000 ~ 9.000	HLJ029-SNP0264	-0.32	55.7
	LG9	40.414 ~ 47.414	SNP0264-HLJ474	0.07	33.6
	LG10	31.961 ~ 56.175	HLJE469-SNP1491	0.01	16.1
	LG12	16.015	HLJ1316-HLJ639	0.03	21.1
	LG34	0.000 ~ 4.000	SNP0594-SNP0902	0.06	30.1
	LG35	10.000 ~ 16.000	HLJ429-HLJ322	-0.03	21.2
	LG38	28.000 ~ 30.000	HLJ1331-HLJ487	0.27	60.8
	LG41	69.299 ~ 95.299	HLJ688-HLJE6	0.29	68.8

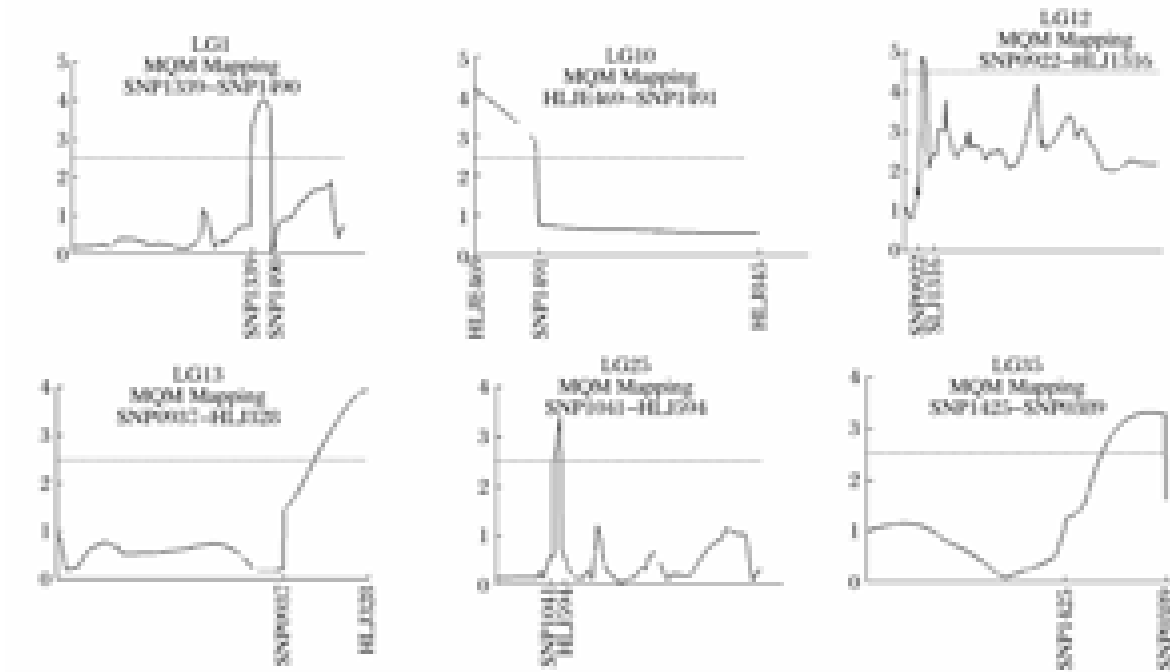


图1 体高性状 QTL 定位的 LOD 值曲线

X 轴表示标记的位置;Y 轴表示 LOD 值;(---)代表 LOD 阈值 2.5。

Fig.1 LOD curves for evidence of body height's QTL

The X-axis indicates the position of marker, and the Y-axis represents the LOD to 2.5.

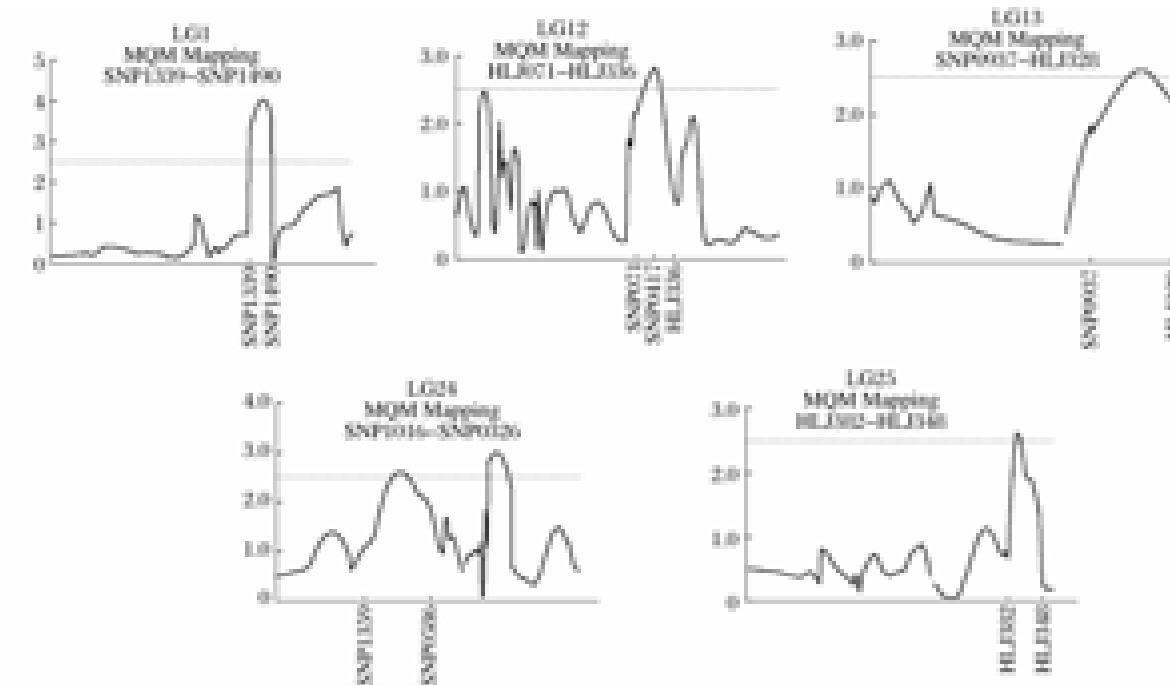


图2 头长 QTL 定位的 LOD 值曲线

X 轴表示标记的位置;Y 轴表示 LOD 值;(---)代表 LOD 阈值 2.5。

Fig.2 LOD curves for evidence of head length's QTL

The X-axis indicates the position of marker, and the Y-axis represents the LOD to 2.5.

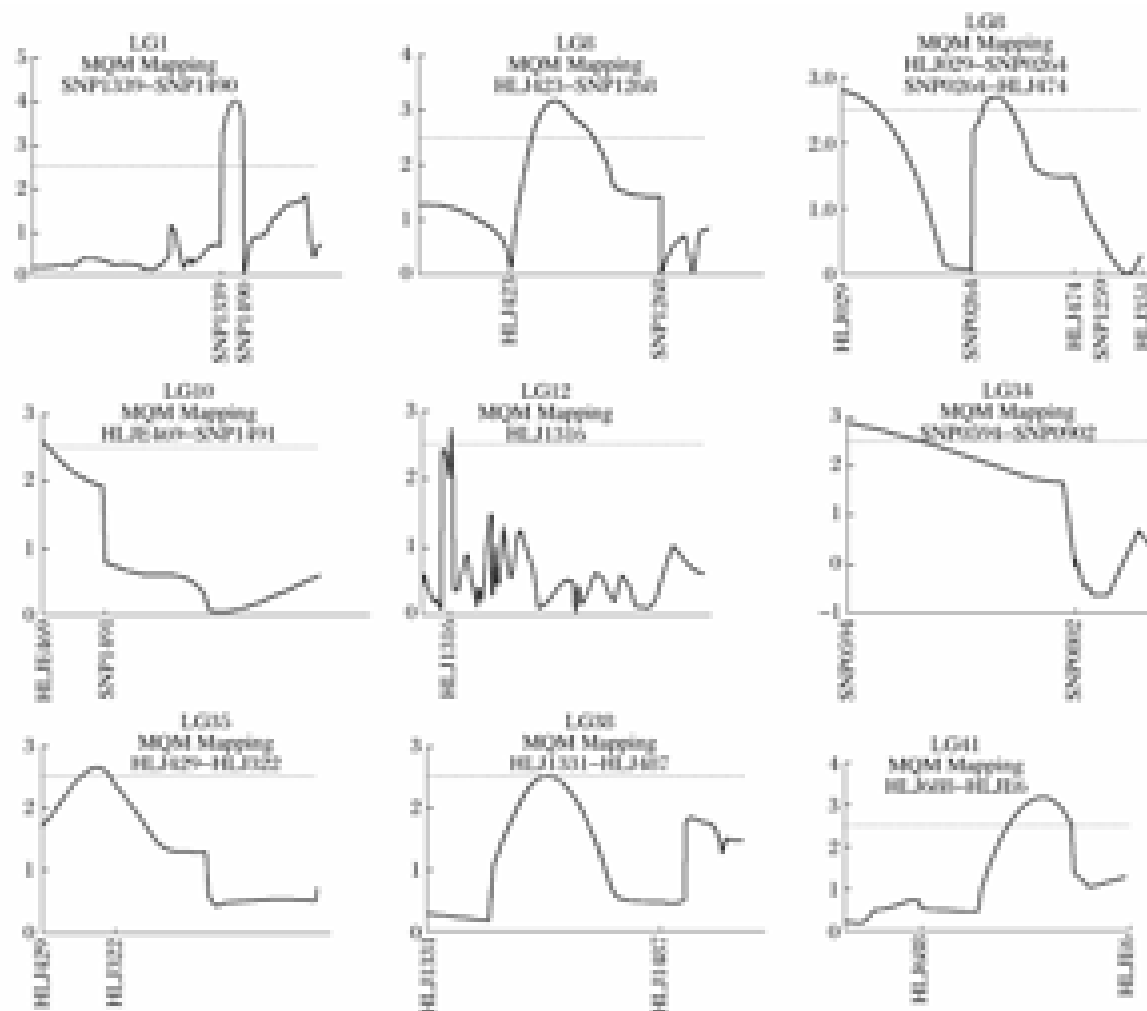


图3 体厚 QTL 定位的 LOD 值曲线

X轴表示标记的位置;Y轴表示 LOD 值;(---)代表 LOD 阈值 2.5。

Fig. 3 LOD curves for evidence of body thickness's QTL

The X-axis indicates the position of marker, and the Y-axis represents the LOD to 2.5.

### 3 讨论

#### 3.1 连锁图谱的构建

本研究首次采用镜鲤杂交  $F_2$  作为作图群体,该群体的特点是异质、含有很多基因型、遗传上高度杂和、构建快速、一年可成。选择杂交群体可以检测到更多的多态性标记,标记覆盖基因组率高,标记密度可以达到较高水平,有利于 QTL 的定位。分子标记选用具有分布广泛、共显性、孟德尔遗传、多态性高、重复性好和能用 PCR 扩增等优点<sup>[1]</sup> 的微卫星 (SSR)、表达序列标签 (EST)、单核苷酸多态性 (SNP) 等 3 种常见的标记类型,利用 JoinMap 软件包构建鲤的遗传连锁图谱,采用“基于隐含遗传向量重构的最小化重组事件”的算法

和模拟退火算法进行标记间的排序,用 GIBs 抽样和空间抽样进行多点分析<sup>[14-18]</sup>,自动判别标记分离类型,使用最强交联信息来确定标记的位置,相比于其它作图工具,JoinMap 的优势就在于它是图形界面和模拟退火的排序算法。可视的图形界面使该软件包操作简单易学,模拟退火算法可以跳出局部极限值的束缚得到全局最优解,结果更可靠。Sun 等<sup>[1]</sup> 构建的第一代鲤遗传连锁图谱包含 262 个标记,以 SSLP 标记为主分布在 50 个连锁群上,总图距 5 789 cM,最大连锁群 349 cM。高国强等<sup>[19]</sup> 以 AFLP 为主要标记构建的鲤遗传连锁图谱含有 246 个标记分布在 50 个连锁群上,总图距 2 786.64 cM,最大连锁群 437.46 cM,最小图距 2.01 cM,标记间平均距离 14.68 cM,图谱

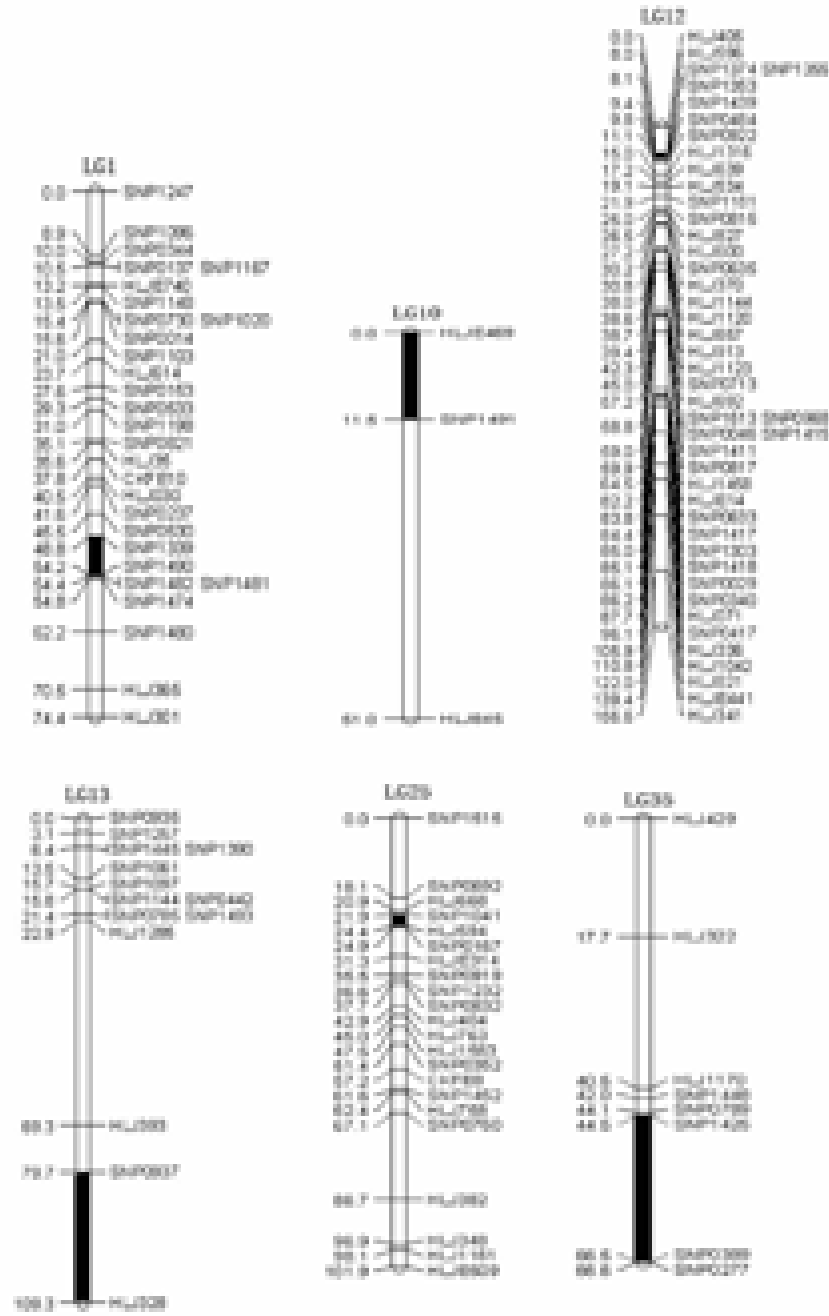


图4 鲤体高性状的 QTL 定位

Fig. 4 Mapping of QTLs associated with body height traits in common carp

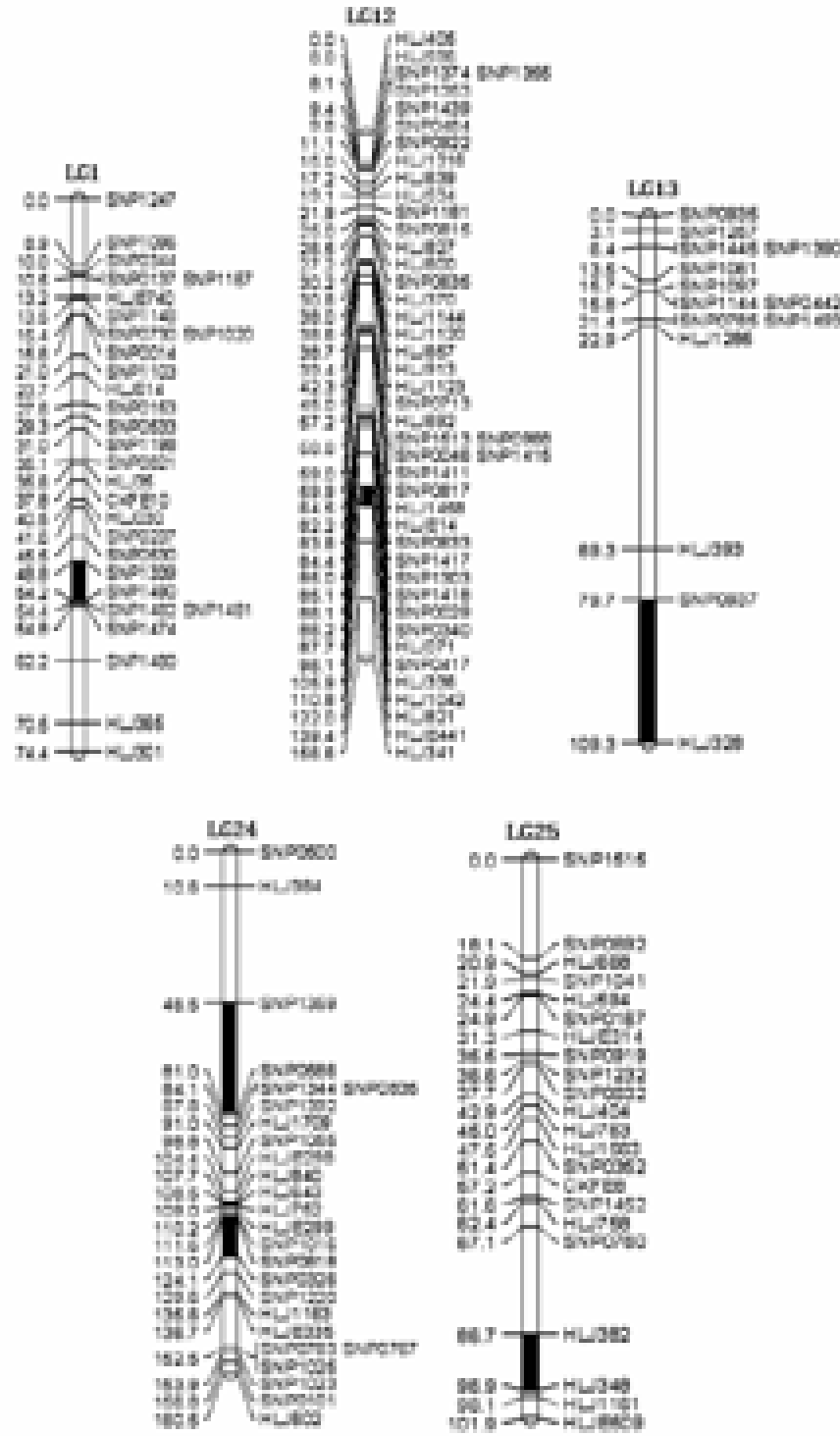


图 5 鲤头长性状的 QTL 定位

Fig. 5 Mapping of QTLs associated with head length traits in common carp





覆盖率 66.56%。本文采用 JoinMap 软件包构建的遗传图谱含有 174 个 SSR 标记、41 个 EST 标记和 345 个 SNP 标记共计 560 个标记,分布在 50 个连锁群上。最大连锁群包含 60 个标记,平均每个连锁群有 11.2 个标记,图谱总长度为 3 295.92 cM,图谱覆盖率为 76.26%,最长连锁群的图距为 198.1 cM,最小的图距为 1.5 cM,标记间平均间距为 7.21 cM,41 个 EST 标记分别分配在 25 个连锁群上。QTL 分析要求遗传图谱不仅要在同一物种不同家系和群体间进行比较,而且需要在不同物种间进行比较基因组作图,这就要求图谱应当包括 EST 等 I 型标记,还要各种标记相结合,用微卫星标记作锚定位点,微卫星用于种内不同群体和家系间的比较和整合,再用 SNP、EST 等标记增加标记密度;连锁群数应该等于该生物体单倍体染色体数;图谱覆盖率要高。与以往研究结果相比<sup>[1,19]</sup>本文构建的鲤遗传连锁图谱覆盖率更高;标记类型要好;标记密度高,标记间图距小,同时满足 QTL 分析的基本需要。

### 3.2 QTLs 区间的准确度

在已有的鲤数量性状 QTL 定位研究方面,构建图谱所选用的分子标记为单一的微卫星标记<sup>[15]</sup>。但任何一种分子标记在基因组内分布都是不均匀的<sup>[16]</sup>。因此,本研究综合选用了 SSR、EST-SSR、SNP 多种分子标记,使分子标记尽量多地覆盖鲤的染色体,从而提高图谱的覆盖率。

本研究用 MapQTL 5.0 中的区间作图法(interval mapping, IM)检测 QTLs,区间作图法具有以下特点:能从支撑区间推断 QTL 的可能位置;可利用标记连锁图在全染色体组系统地搜索 QTL,如果一条染色体上只有一个 QTL,则 QTL 的位置和效应估计趋于渐进无偏;QTL 检测所需的个体数大大减少。但 IM 也存在不足:QTL 回归效应为固定效应;无法估算基因型与环境间的互作(Q×E),无法检测复杂的遗传效应(如上位效应等);当相邻 QTLs 相距较近时,由于其作图精度不高, QTLs 间相互干扰导致出现 Ghost QTL;一次只应用两个标记进行检查,效率很低。为克服这些不足,本研究先用区间作图法检测到 QTLs,再用 MapQTL 5.0 中的多 QTL 区间定位(MQM mapping),以  $P=0.05$  为显著性阈值检测 QTLs,并通过进行 1 000 次置换检测(permutation test)确定 QTL 的真实性。

体高、头长、体厚是数量性状,易受环境影响,处于不同发育时期的群体<sup>[20-21]</sup>,所检测的 QTLs 区间和效应不尽相同,在同一发育时期内,所检测到的 QTLs 区间和效应基本一致。本研究只采用了一个群体,在同一环境下养殖 6 个月,个体间均处于幼鱼阶段,消除了环境因素和不同发育阶段对性状的影响,性状测量严格按照伍献文<sup>[10]</sup>的方法,尽力规避测量误差,在一定程度上消除了 QTLs 检测的误差。根据以上结论本研究结果基本可靠,可以作为辅助育种的参考。

### 3.3 体高、头长、体厚性状的 QTL 定位

张仪凤等<sup>[5]</sup>在对柏氏鲤和荷包红鲤抗寒品系自交  $F_2$  的研究中找到 7 个与体高性状显著相关的标记,徐美佳<sup>[22]</sup>在对大头鲤荷包红鲤雌核发育群体研究中找到同时与体高、体厚性状相关的两个标记,但这些标记在本研究中均未得到扩增,原因可能是分析群体的差异和电泳检测方法的不同所致。在水稻经济性状 QTL 定位研究过程中<sup>[23-24]</sup>,发现所能解释的表型变异超过 20% 的 QTL 区间为该性状的主效 QTL 区间。本研究结果中 LG35(SNP1425-SNP0389)与体高性状极显著相关,解释表型变异达到 43.3%,为影响体高性状的主效区间。刘继红等<sup>[8]</sup>在对大头鲤荷包红鲤雌核发育群体 QTL 定位研究中共检测到 5 个与头长性状相关的 QTL,分别定位于鲤连锁图谱的 LG2、LG3、LG40 和 LG4 上,最大的 LOD 值为 7.94,可解释的表型变异在 11.5%~34.9%。5 个与头长性状相关的 QTL 加性效应值均为负值。本研究找到的 6 个与头长相关的 QTLs,分布在 LG1(SNP1339-SNP1490)、LG12(HLJ071-HLJ336)、LG13(SNP0937-HLJ328)、LG24(SNP1359-SNP0586)、LG24(SNP1016-SNP0326)、LG25(HLJ382-HLJ348)等 5 个连锁群上,解释表型变异范围 23.1%~50.2%,加性效应方向不一致,其中 LG13(SNP0937-HLJ328)、LG24(SNP1359-SNP0586)、LG25(HLJ382-HLJ348)解释表型变异分别为 40.0%、50.2%、41.7%,加性效应均为正向,是影响头长性状的主效区间,与刘继红等<sup>[8]</sup>结果相比,本研究获得的头长 QTLs 区间置信图距要小。与体厚性状显著相关的 10 个 QTLs 区间中, LG8(HLJ423-SNP1268)、LG9(HLJ029-SNP0264)、LG38(HLJ1331-HLJ487)、LG41(HLJ688-HLJE6)解释表型变异分别为 55.5%、55.7%、60.8%、

68.8%,贡献率极高,加性效应方向不一致,是影响体厚性状的主效区间。在西红柿经济数量性状研究中发现<sup>[25]</sup>,与西红柿高含糖量性状紧密连锁的 QTL 区间所覆盖的距离为 9.2 cM,并且将该区间成功克隆用以分子辅助育种的研究。本研究获得的几个 QTL 区间接近或小于 10 cM 的 LG1 (SNP1339-SNP1490)、LG9 (HLJ029-SNP0264)、LG9 (SNP0264-HLJ474)、LG12 (HLJ1316-HLJ639)、LG12 (SNP0922-HLJ1316)、LG12 (HLJ071-HLJ33)、LG24 (SNP1359-SNP0586)、LG25 (HLJ382-HLJ348)、LG25 (SNP1041-HLJ594)、LG34 (SNP0594-SNP0902)、LG35 (HLJ429-HLJ322)、LG38 (HLJ1331-HLJ487) 等 12 个区间可以直接用于图位克隆的研究和育种研究;其中 LG1 (SNP1339-SNP1490) 区间同时与体高、头长、体厚三个性状紧密连锁,也证明了一因多效的结论。检测到的与体高性状显著相关的 6 个 QTLs,与头长显著相关的 6 个 QTLs,与体厚显著相关的 10 个 QTLs,在各性状内加性效应方向均不完全一致,表明三种性状均由多基因控制。

#### 参考文献:

- [1] Sun X, Liang L. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L) and mapping of a locus associate with cold tolerance [J]. *Aquaculture*, 2004, 238(1):165-172.
- [2] 张研,梁利群,常玉梅,等. 鲤体长性状的 QTL 定位及其遗传效应分析 [J]. *遗传*, 2007, 29(10):1243-1248.
- [3] 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 [J]. *遗传*, 2007, 29(12):1509-1518.
- [4] 张义凤,张研,鲁翠云,等. 鲤微卫星标记与体重、体长和体高性状的相关分析 [J]. *遗传*, 2008, 30(5):613-619.
- [5] 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 [J]. *大连水产学院学报*, 2003, 18(4):278-281.
- [6] 孙效文,鲁翠云,梁利群,等. 磁珠富集法分离草鱼微卫星分子标记 [J]. *水产学报*, 2005, 29(4):482-486.
- [7] 孙效文. 鱼类分子育种学 [M]. 北京:科学出版社, 2010.
- [8] 刘继红,张研,梁利群,等. 鲤体重和体长的 QTL 定位 [J]. *广东海洋大学学报*, 2007, 29(4):19-24.
- [9] 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 [J]. *东北农业大学学报*, 2007, 38(6):797-800.
- [10] 伍献文. 中国鲤科鱼类志 [M]. 上海:上海科学技术出版社, 1964.
- [11] Han Z G, Wang C B, Song X L, et al. Characteristics, development and mapping of *Gossypium hirsutum* derived EST-SSRs in allotetraploid cotton [J]. *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 112(3):430-439.
- [12] van Ooijen J W, Voorrips R E. JoinMap Version 3.0: software for the calculation of genetic linkage maps [M]. Plant Research International, Wageningen, the Netherlands, 2001.
- [13] van Ooijen J W, Boer M P, Jansen R C, Maliepaard C I. MapQTL4.0: software for the calculation of QTL positions on genetic maps [M]. Plant Research International, Wageningen, the Netherlands, 2002.
- [14] Jansen R C, Stam P I. High resolution of quantitative traits into multiple loci via interval mapping [J]. *Genetics*, 1994, 136:1447-1454.
- [15] Wei D, Lou Y, Sun X. Isolation of microsatellite markers in the common carp [J]. *Zool Res*, 2001, 22(3):238-241.
- [16] 岳志芹,孔杰,戴继勋. 水产动物遗传连锁图谱的研究现状及应用展望 [J]. *遗传*, 2004, 26(1):97-102.
- [17] Chistiakov D A, Hellemans B, Haley C S, et al. A microsatellite linkage map of European sea bass *Dicentrarchus labrax* L. [J]. *Genetics*, 2005, 170:1821-1826.
- [18] Stam P. Construction of integrated genetic linkage maps by means of a new computer package: JoinMap [J]. *The Plant Journal*, 1993, 3(5):739-744.
- [19] 高国强,常玉梅. 利用 onemap 构建鲤遗传连锁图谱 [J]. *水产学报*, 2010, 34(5):649-655.
- [20] Lldiko M, Somorjai L, Danzmann R G, et al. Distribution of temperature tolerance quantitative tract loci in Arctic Charr (*Salvelinus alpinus*) and inferred homologies in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. *Genetics*, 2003, 165(3):1443-1456.
- [21] Reid D P, Szanto A, Glebe B. QTL for body weight and condition factor in Atlantic almon (*Salmo salar*): comparative analysis with rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and Arctic Charr (*Salvelinus alpinus*) [J]. *Heredity*, 2005, 94(2):166-172.
- [22] 徐美佳,张研,鲁翠云,等. 利用 EST-SSR 座位对鲤几种生长性状的单标记回归分析 [J]. *湖南农业大*

- 学学报,2009,35(2):35-38.
- [23] Tan Y F, Xing J X, Li S B, *et al.* Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, anelite rice hybrid[J]. *Theor Appl Genet*,2000,101: 823-829.
- [24] Xing Y Z, Tan Y F, Xu C G, *et al.* Mapping quantitative trait loci for grain appearance traits of rice using a recombinant inbred line population[J]. *Journal Integrative Plant Biology*, 2001, 43: 721-726.
- [25] Fridman E, Pleban T, Jamir D. A recombination hotspot delimits a wild species quantitative trait locus for tomato sugar content to 484 bp within an invertase gene[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2000, 97(9): 4718-4723.

## Mapping and genetic effect analysis of quantitative trait loci related to head length, body height, and body thickness of common carp (*Cyprinus carpio* L.)

WANG Xuan-peng<sup>1,2</sup>, ZHANG Xiao-feng<sup>1</sup>, ZHANG Tian-qi<sup>1,3</sup>, LI Wen-sheng<sup>1,2</sup>, SUN Xiao-wen<sup>1\*</sup>

(1. Heilongjiang Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China;

2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;

3. College of Aqua-life Science and Technology, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China)

**Abstract:** A group of F<sub>2</sub> hybrids common carp including 68 individuals was used to construct a linkage map using 560 markers (174 SSR markers, 41 EST-SSR markers and 345 SNP markers). Quantitative traits loci (QTLs) associated with body height, head length, body thickness were identified by interval mapping and MQM Mapping of the software MapQTL5.0. A linkage group wide permutation test (1 000 replicates) determined the significance of the maximum LOD value over the various intervals analyzed for each linkage group. Six QTLs were identified for body height on the linkage groups of LG1 (SNP1339-SNP1490), LG10 (HLJE469-SNP1491), LG12 (SNP0922-HLJ1316), LG13 (SNP0937-HLJ328), LG25 (SNP1041-HLJ594), LG35 (SNP1425-SNP0389), which explained 20.0% to 43.3% of the total variation of the body height. The LOD value of SNP1339-SNP1490 is 3.64, which is the highest and explaining 35.4% of the total variation of the body height. Six QTLs were associated with on the linkage groups of LG1 (SNP1339-SNP1490), LG12 (HLJ071-HLJ336), LG13 (SNP0937-HLJ328), LG24 (SNP1359-SNP0586), LG24 (SNP1016-SNP0326), LG25 (HLJ382-HLJ348), in which LG24 (SNP1359-SNP0586) explained the total variation of the head length reaching 50.2%. Ten QTLs were responsible for body thickness on nine linkage groups explaining 16.1% and 68.8% of the total variation of the body thickness respectively, in which LG38 (HLJ1331-HLJ487) and LG41 (HLJ688-HLJE6) explaining 60.8% and 68.8% of the total variation of the body thickness respectively. They were major QTLs associated to the body thickness of common carp.

**Key words:** common carp (*Cyprinus carpio*); head length; body height; body thickness; quantitative trait locus

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