



孔清泉,邓艳凤,王涛,等.基于BSA-Seq和RNA-Seq挖掘棉花果枝长度候选基因[J].江西农业大学学报,2026,48(4):1051-1065.

Kong Q Q,Deng Y F,Wang T,et al.Mining candidate genes for length of cotton fruit branches by BSA-Seq and RNA-Seq in cotton [J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2026,48(4):1051-1065.

基于BSA-Seq和RNA-Seq挖掘棉花果枝长度候选基因

孔清泉,邓艳凤*,王涛,杨秀,叶泽华,刘慧君,肖水平*

(江西省经济作物研究所,江西 南昌 330000)

摘要:【目的】利用I式果枝和II式果枝棉花作为亲本,构建F₂分离群体,从群体中挑选极端单株,采用混合分组分析法(BSA-Seq)和RNA测序法(RNA-Seq),定位与棉花果枝长度相关的候选基因。【方法】采用目标性状差异较大的亲本构建群体,以I式果枝棉花品系J201791为父本、II式果枝棉花品系Gan218为母本进行配组,构建棉花F₂分离群体。根据F₂群体单株中部果枝(从下往上数第5~8层)平均长度选择极端性状单株构成极端混池。对两亲本及2个混池进行测序分析,经数据质控后挖掘单核苷酸多态性(SNP)和插入缺失(InDel)位点差异,采用多种计算方法定位目标性状关联候选区间。同步开展亲本转录组测序,取样部位为亲本中部果枝的同一果枝层、同一果节处茎秆;结合转录组测序获得的差异基因及其功能注释,挑选与果枝长度性状相关的候选基因。【结果】测序共得到3 087 675个SNP变异位点,482 160个InDel个变异位点,用于性状候选区域定位,研究主要采用SNP-index法、ED法、GPS法、Gprime法寻找候选区域,最终在D07染色体上定位到与果枝长度关联较稳定的5个关联区域,区间范围为2.00 Mbp,区间内共包含120个基因。结合亲本间差异表达基因(llog₂FoldChange>1、P<0.05)及其功能注释,共挑选出5个候选基因:GH_D07G0894、GH_D07G0896、GH_D07G0910、GH_D07G0884、GH_D07G1194。【结论】本研究将果枝长度相关基因定位于D07染色体,筛选出5个基因GH_D07G0894、GH_D07G0896、GH_D07G0910、GH_D07G0884、GH_D07G1194,这些基因可能通过介导不同植物激素信号通路调控棉花果枝长度。后续将对这些基因进行转基因、基因沉默、基因过表达等遗传转化分析,观察果枝表型变化,系统解析棉花果枝长度的遗传机制。

关键词:棉花;株型育种;果枝长度;BSA-seq;RNA-Seq;候选基因

中图分类号:S562

文献标志码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号:1000-2286(2026)04-1051-15

CSTR:32399.14.aauj.2026085



Mining candidate genes for length of cotton fruit branches by BSA-Seq and RNA-Seq in cotton

Kong Qingquan, Deng Yanfeng*, Wang Tao, Yang Xiu,
Ye Zehua, Liu Huijun, Xiao Shuiping*

收稿日期:2026-01-10 修回日期:2026-03-03 接受日期:2026-03-06

基金项目:江西省自然科学基金重点项目(20252BAC250120)、农业生物育种国家科技重大专项(2023ZD0403804-05)和江西省棉花与蚕桑产业技术体系(JXARS-09)

Project supported by the Natural Science Foundation of Jiangxi Provincial(20252BAC250120), National Science and Technology Major Project on Agricultural Biological Breeding(2023ZD0403804-05) and Jiangxi Cotton and Sericulture Industry Technology System(JXARS-09)

作者简介:孔清泉,助理研究员,硕士,orcid.org/0009-0007-0376-9906,kqq111111@163.com;*共同第一作者;*通信作者:肖水平,高级农艺师,博士,主要从事棉花分子遗传育种研究,orcid.org/0000-0002-8232-2286,shuipingxiao@163.com

©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取CC BY-NC-ND协议

(Jiangxi Economic Crops Research Institute, Nanchang 330000, China)

Abstract: [Objective] The F_2 isolated populations were constructed by using type I fruit branches and type II fruit branch cotton as parents. Extreme single plants were selected from the populations, and BSA-Seq and RNA-Seq were combined to locate the candidate genes related to the length of cotton fruit branches. [Method] The population was constructed by using parents with significant differences in target traits. The I-style fruit-branch cotton variety J201791 was used as the father and the II-style fruit-branch cotton variety Gan218 was used as the mother to form the cotton F_2 isolation population. Based on the average length of the middle fruiting branches of individual plants in the F_2 population (from the 5th to the 8th layer from bottom to top), individual plants with extreme traits were selected to form an extreme mixed pool. Sequencing analysis was conducted on the two parents and two mixed pools. For the data after quality control, the differences between single nucleotide polymorphism (SNP) and insertion and deletion (InDel) were analyzed through association for the data after quality control. At the same time, transcriptome sequencing was performed on the parents. The stems at the same fruit node in the same fruit branch layer of the middle fruit branch of the parents were selected for transcriptome sequencing. Combined with the differentially expressed genes and functional annotations obtained from transcriptome sequencing, candidate genes related to the length of the fruit branch were selected. [Result] A total of 3 087 675 SNP variations and 482 160 InDel variations were generated from the sequencing data. After filtering, they were used for gene localization. The SNP-index method, ED method, GPS method, and Gprime method were adopted to search for candidate regions. Eventually, five relatively stable associated regions associated with the length of fruit branches were located on chromosome D07 chromosome. The interval range was 2.00 Mbp, and a total of 120 genes were included within the interval. Combined with the differentially expressed genes between parents ($\log_2\text{FoldChange} > 1$, $P < 0.05$) and functional annotation, five candidate genes were selected, GH D07G0894, GH D07G0896, GH D07G0910, GH D07G0884, GH D07G1194. [Conclusion] In this study, the genes related to fruit branch length were located on chromosome D07, and five genes, namely GH D07G0894, GH D07G0896, GH D07G0910, GH D07G0884, and GH D07G1194, were screened out. These genes may affect the length of fruit branches by regulating the signaling pathways of different plant hormones. The next step will be to conduct genetic transformation analyses such as transgenesis, silencing, and overexpression on these genes. To find out differences in phenotypes will help to comprehensively reveal the genetic mechanism of cotton fruit branch length.

Keywords: cotton; plant type breeding; fruit branch length; fruit branches; BSA-seq; RNA-Seq; candidate genes

【研究意义】棉花株型结构是重要的农艺性状,开展棉花株型结构研究,对构建高光效群体、培育适宜机采的棉花品种以及推行密植矮轻简化栽培具有重要意义,也是现阶段棉花育种工作的重要方向。在进行株型结构利用时存在两大问题,一是种质资源匮乏,二是可供选择参考的理论依据欠缺,这间接阻碍了当前棉花株型育种的进程。株型性状遗传解析是开展棉花理想株型育种的理论基础。棉花株型性状主要包括:株高、果枝数、果枝类型、叶枝数等,这些性状均由复杂的数量性状基因控制,受基因型 and 环境的共同影响。利用传统育种方法改良这些性状的难度较大,且株型性状与产量、品质、早熟性等性状存在相关关系^[1-2]。当前陆地棉花品种可分为有短果枝和长果枝两类。王博然^[3]通过探究不同果枝类型陆地棉品种(系)间差异性 & 生产力表现,发现 I 型棉花品种的产量高于 II 型棉花品种。棉花果节因品种不同可分为多节(无限果枝)、1 节(有限果枝)和无果节类型(零式果枝)3 种。蕾铃直接着生在叶腋内称为零式果枝;果枝只有 1 个果节,顶端丛生几个蕾铃,称为有限果枝;果枝有数节的称为无限果枝。杜雄明^[4]在前人研究基础上,根据果枝节间长度将无限果枝分为 I 式(果枝长度 2~5 cm)、II 式(长度在 5~10 cm)、III 式(10~15 cm)和 IV 式(节间长度大于 15 cm)。【前人研究进展】随着测序技术的发展,下一代测序

(next-generation sequencing, NGS)技术为目标性状的遗传分析提供了一个新的有效手段,全基因组重测序被用于精细定位和多态性鉴定。将NGS和混合分组分析法(bulked segregant analysis sequencing, BSA-Seq)结合,可为目标基因的精细定位和克隆提供高效技术手段^[5-7],该方法对分子标记的依赖性低、基因分型的时间短,能大幅缩短数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)定位的时间,提高研究效率。利用该方法已成功定位到饲料油菜植株粗蛋白相关QTL、大豆叶片提前黄化衰老基因、胡麻耐盐相关基因位点、棉花早熟相关QTL和番茄花序分枝基因^[8-12]。吴夏明等^[13]以高、矮株番木瓜材料为亲本构建F₂分离群体,定位到0.93 Mb的区间,筛选得到4个候选基因。李成奇等^[14]应用主基因-多基因混合遗传模型,对由短季棉百棉2号和TM-1形成的P1、P2、F₁、B1、B2、F₂群体进行棉花株型性状遗传研究,结果表明果枝长度、高度/果枝长度同时受主基因与多基因,Wang等^[15]利用陆地棉重组自交系开展相关研究,检测到3个果枝长度相关的QTLs。徐剑文等^[16]以I式果枝品系苏机棉125和II式果枝品种泗抗1号为亲本,构建棉花F₂分离群体,采用BSA-Seq法在A3染色体上定位到1个与果枝节间长度关联的区域,区间范围为0.80 Mb,李夏轩^[17]以陆地棉标准系TM-1和自然突变体短果枝材料川农72318为实验材料,通过BSA测序找到调节果枝长度的候选基因*GhSBI*;该基因已完成克隆和鉴定,编码调控赤霉素合成的转录因子,过量表达该基因会导致GA水平下降^[18]。

【本研究切入点】目前,对棉花果枝长度的判断多以田间直观观察为主,缺乏理论支撑。为了适应机械化种植模式、构建高光效群体,本研究利用前期筛选的株型紧凑棉花材料和株型松散、高大的棉花材料构建F₂分离群体,采用BSA-seq和RNA-seq技术挖掘与果枝长度相关的基因。【拟解决的关键问题】以本课题组选育的I式果枝棉花品系J201797为父本,II式果枝Gan218为母本,构建F₂作图群体。采用BSA-Seq技术对两亲本和2个混池进行重测序分析,结合亲本间RNA-seq测序结果,定位与果枝长度相关的基因,为棉花果枝长度主效调控基因的克隆提供理论依据,同时为棉花紧凑型株型育种奠定重要基础。

1 材料与方法

1.1 材料

2023年冬季,在海南省三亚市南繁科研基地,以本课题组选育的II式果枝棉花品系Gan218为母本、I式果枝棉花品系J201791为父本,杂交获得F₁种子;2024年夏季,在江西省经济作物研究所试验基地种植F₁种子,自交获得F₂种子,管理同当地大田。

1.2 方法

1.2.1 株型性状调查

2025年夏季,在江西省经济作物研究所试验基地种植两亲本和253株F₂分离群体,行距为80 cm,行长6.67 m,株距25 cm,管理同当地大田。待立秋打顶后调查两亲本和群体每个单株的株高、中部果枝长度(从下往上数第5~8层)、中部果枝果节数(从下往上数第5~8层)、中部果枝夹角(从下往上数第5~8层)、果枝数、始果枝节位、始果枝高度等株型性状,每个亲本调查20株。采用Excel 2019录入数据,采用SPSS 20.0软件进行统计分析。

1.2.2 DNA混池构建和测序

2025年秋季,根据F₂群体单株中部果枝平均长度的测定结果,在群体中挑选极端单株,分别命名为长果枝池LB-pool和短果枝池SB-pool,每个混池挑选极端性状单株各25株,亲本各选1株。取群体的极端单株和亲本幼嫩叶片,液氮速冻,放入-80℃冰箱保存。利用CTAB法提取混池和亲本的DNA,混池内每个单株的DNA等量混合,DNA样品经0.8%琼脂糖凝胶电泳检测质量,同时采用紫外分光光度计对DNA进行定量,合格后委托南京派森诺生物科技股份有限公司建库测序,文库插入片段450 bp。在Illumina NovaSeq测序平台上对文库进行2×150 bp的双端测序。

1.2.3 BSA测序数据分析

对测序得到的下机数据(raw data)采用FastQC(<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>)进行质量评估并过滤掉一些带接头、低质量的reads,得到clean reads,用于后续生物信息学的分

析。采用bwa(0.7.12-r1039)的mem算法^[19],将经过过滤后得到的高质量数据比对到参考基因组([https://www.cottongen.org/species/Gossypium hirsutum/ZJU-AD1 v2.1](https://www.cottongen.org/species/Gossypium%20hirsutum/ZJU-AD1%20v2.1))。基于比对结果,采用GATK 软件进行单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphisms, SNP)、插入缺失(insertion and deletion, InDel)的变异检测^[20]。采用 ANNOVAR 软件结合参考基因组注释信息对变异位点进行注释^[21]。在关联分析之前,对变异位点过滤得到高质量的 SNP 和 InDel 标记,随后采用 SNP-index 法、ED 法、GPS 法、Gprime 法,根据关联阈值判断候选区域。

1.2.4 RNA-seq 测序

待立秋打顶后,取亲本中部果枝同一果枝层的第一果节处茎秆(第六层第一果节),每个亲本取3次生物学重复,RNA的提取和测序由南京派森诺生物科技股份有限公司完成。

2 结 果

2.1 亲本材料株型性状分析

棉花打顶后调查亲本材料株型相关性状,由表 1 可知,在主茎性状中,两亲本的始果枝节位、始果枝以上高度、始果枝以上节间平均长度无显著差异, P 值分别为 0.82、0.18、0.17;始果枝高度、始果枝以下节间平均长度、株高均呈显著差异, P 值分别为 2.61×10^{-8} 、 5.96×10^{-6} 、 4.66×10^{-5} 。鉴于始果枝节位、果枝层、始果枝以上高度差异均不显著,由此推断两亲本的株高差异主要受始果枝高度影响。

表 1 亲本材料株型性状统计
Tab.1 The comparison of plant-type traits in parents

性状 Trait	J201791			Gan218		
	变异幅度 Variation range	平均数±标准差 Mean±SD	变异系数/% CV	变异幅度 Variation range	平均数± 标准差 Mean±SD	变异 系数/% CV
始果枝节位 The position of first fruiting branch	4.00~7.00	5.88±0.99	16.84	5.00~8.00	5.95±1.05	17.65
始果枝高度/cm The height of first fruiting branch	14.20~24.10	18.55±2.47	13.32	18.70~30.50	25.07±3.15**	12.56
始果枝以下节间平均长度/cm The internode length of below the first fruit branch	2.37~4.25	3.22±0.57	17.70	3.00~5.30	4.29±0.66**	15.38
株高/cm Plant height	69.00~88.00	78.47±5.58	7.11	76.00~100.00	88.00±6.91**	7.85
果枝层 Fruiting branch number	13.00~19.00	15.06±1.68	11.16	12.00~18.00	15.04±1.74	11.57
始果枝以上高度/cm The height of above first fruit branch	50.70~71.20	59.92±5.90	9.85	48.60~75.70	62.88±7.32	11.64
主茎始果枝以上节间平均长度/cm The internode length of stem above the first fruit branch	3.42~5.09	4.02±0.48	12.00	3.50~4.80	4.18±0.26	6.22
中部果枝长度/cm The length of middle fruit branch	7.53~14.73	12.09±1.83	15.14	19.60~37.80	29.00±4.40**	15.17
中部果枝果节数 Middle node number	2.00~3.25	2.71±0.45	16.61	3.00~5.80	4.68±0.66**	14.10
中部果枝节间平均长度/cm Middle average internode length	3.50~6.20	4.56±0.72	15.79	5.30~7.10	6.25±0.49**	7.84
中部果枝夹角/(°) Middle fruiting branch angle	46.25~67.50	56.7±6.24	11.01	53.80~72.50	64.67±5.64**	8.72

**表示品系之间差异极显著($P<0.01$)
** represents extreme significances between the lines($P<0.01$).

就中部果枝相关指标而言,J201791 中部果枝长度极显著短于 Gan218, P 值为 3.83×10^{-17} 。将果枝长度分解为果节数和果枝节间平均长度 2 个性状后发现,J201791 的果枝果节数、果枝节间平均长度极显著短于 Gan218, P 值分别为 9.01×10^{-13} 、 1.91×10^{-10} 。对比上述 3 个性状,果枝长度的亲本间差异性最大,Gan218 的中部果枝长度是 J201791 的 2.40 倍,因此两亲本株型性状差异最明显的是中部果枝长度。J201791 中部果枝节间长度 4.56 cm,属于 I 式果枝类型;Gan218 中部果枝节间长度 6.25 cm,属于 II 式果枝类型^[4](图 1、表 1)。此外,J201791 的中部果枝夹角也极显著小于 Gan218, P 值为 1.78×10^{-4} 。

2 个亲本之间共有 7 个性状存在极显著差异,由于两亲本的中部果枝长度差异最明显,选择中部果枝长度开展进一步研究。



图 1 亲本材料果枝比较

Fig.1 The comparison of fruiting branch phenotypes in parents

2.2 F₂群体性状统计分析

F₂ 分离群体基本性质统计分析和正态分布检验如图 2、表 2 所示,F₂ 群体各性状的变异系数为 10.40%~26.58%,中部果枝长度最大值为 41.25 cm,最小值为 9.00 cm,平均值为 24.04 cm,偏度系数为

表 2 F₂分离群体基本性状统计分析及正态分布

Tab.2 Statistic analysis and normal distribution test for F₂ population

性状 Trait	F ₂ 分离群体 F ₂ Segregation population							
	J201791	Gan218	变异幅度 Variation range	均值 Average	标准差 Standard deviation	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	变异系数/% CV
始果枝节位 The position of first fruit branch	5.88	5.95	4.00~9.00	5.75	1.06	0.82	0.51	18.43
始果枝高度/cm The height of first fruit branch	18.55	25.07	14.90~34.30	22.37	3.66	0.95	1.10	16.36
株高/cm Plant height	78.47	88.00	60.00~107.00	80.61	8.38	0.08	-0.07	10.40
果枝层 Node number	15.06	15.04	9.00~20.00	13.94	2.09	-0.01	-0.42	14.99
中部果枝长度/cm The length of middle fruit branch	12.09	29.00	9.00~41.25	24.04	6.42	0.23	-0.43	26.58
中部果枝果节数 Middle node number	2.71	4.68	1.75~6.25	4.00	0.96	0.03	-0.69	24.00
中部果枝夹角/(°) Middle fruit branch angle	56.7	64.67	46.25~80.50	64.22	6.77	-0.33	-0.31	10.54

0.23,峰度系数为-0.43,偏度和峰度的绝对值均小于1,呈现出单峰连续分布,近似正态分布,没有明显的比例关系。其中, F_2 群体中最短单株果枝长度为9 cm,而最长单株果枝长度为41.25 cm,最短与最长均超过了双亲[J201791 平均长度(12.09±1.83) cm,Gan218 平均长度(29.00±4.40) cm]。数量性状在遗传上的特点包括:连续变异、受环境影响较大、多基因控制。 F_2 代果枝长度出现了超亲分离优势,属于典型的数量性状特征,因此适于QTL分析。此外,始果枝高度也出现了超亲优势。

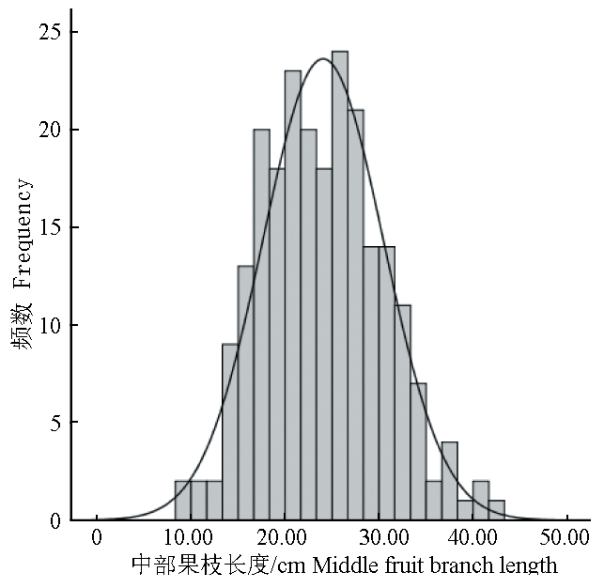


图2 F_2 群体中部果枝长度分布

Fig.2 Distribution of middle fruit branch length in F_2 population

2.3 BSA-seq 测序数据分析

BSA-seq 共获得4组样本的重测序数据,分别是父本 J201791、母本 Gan218、混池 LB-pool、混池 SB-pool,测序结果见表3。有效测序数据 clean reads 数量最小的是 Gan218,为369 399 260条,最大的是 SB-pool,为535 924 744条。混池的 reads 数量和 clean reads 总量均多于亲本。样本 Q20 介于99.34%~99.37%,Q30 介于96.90%~96.98%,GC 含量均高于35%。将 clean reads 比对到陆地棉参考基因组,比率为98.24%~99.47%,亲本平均测序深度为20.98~25.15 $\times$,混池平均测序深度为28.27~29.69 $\times$ 。整体测序数据良好可用于后续BSA-seq分析。

表3 样品测序数据

Tab.3 Sequencing data of samples

样本名称 Sample name	Reads 总数 Reads num	过滤后 reads Clean reads	Q20/%	Q30/%	GC/%	比对率/% Mapping rate	平均测序深度 Average sequencing depth
J201791	473 788 104	464 826 650	99.34	96.94	35.68	98.24	25.15
Gan218	376 445 410	369 399 260	99.35	96.90	35.63	99.47	20.98
LB-pool	521 125 682	511 549 458	99.35	96.93	35.51	99.46	28.27
SB-pool	546 121 484	535 924 744	99.37	96.98	35.59	99.41	29.69

2.4 SNP、InDel 变异检测和注释

SNP是指在基因组水平上单个碱基对发生替换、缺失或增加等变异所引起的DNA序列多态性^[22]。InDel是指基因组中小片段的插入和缺失序列^[23]。根据各池的 clean reads 定位到参考基因组上的结果,统计各样品与参考基因组之间SNP和InDel的变异信息。通过检测、过滤、注释,4个池最终筛选出3 087 675个SNP位点,其中非同义变异23 280个,获得终止密码子变异485个,丢失终止密码子变异121个,SNP变异位点多分布于内含子、基因间区段以及转录起始位点上游1 kb位置,比在外显子区域的变异多(表4)。InDel变异共有482 160个,其中移码缺失突变488个,移码插入突变333个,获得终止密码子变异23个,

丢失终止密码子变异 11 个,位于内含子区域的变异 28 378 个,位于基因间区域的变异 386 752 个,InDel 变异位点也多存在于内含子、转录位点上下游和基因间区段,比在外显子区域的变异多(表 5)。

表 4 SNP 检测注释结果统计
Tab.4 SNP detection and annotation result statistics

项目 Item	类型 Type	数量 Number	比例/% Percentage
变异位于外显子区域 Exonic	同义 SNP	13 224	0.43
	非同义 SNP nonsynonymous	23 280	0.75
	获得终止密码子突变	485	0.02
	丢失终止密码子突变	121	0
	未知功能的位点	124	0
	剪接接头上下游 2 bp 的区域	153	0
	内含子区域	130 317	4.22
	基因间区域	2 635 681	85.36
	转录起始位点上游 1 kb 的区域	154 056	4.99
	转录终止位点下游 1 kb 的区域	122 433	3.97
	转录起始位点上游和下游的区域	7 801	0.25
	注释的 SNP 变异总数	3 087 675	100.00

表 5 InDel 检测注释结果统计
Tab.5 InDel detection and annotation results statistics

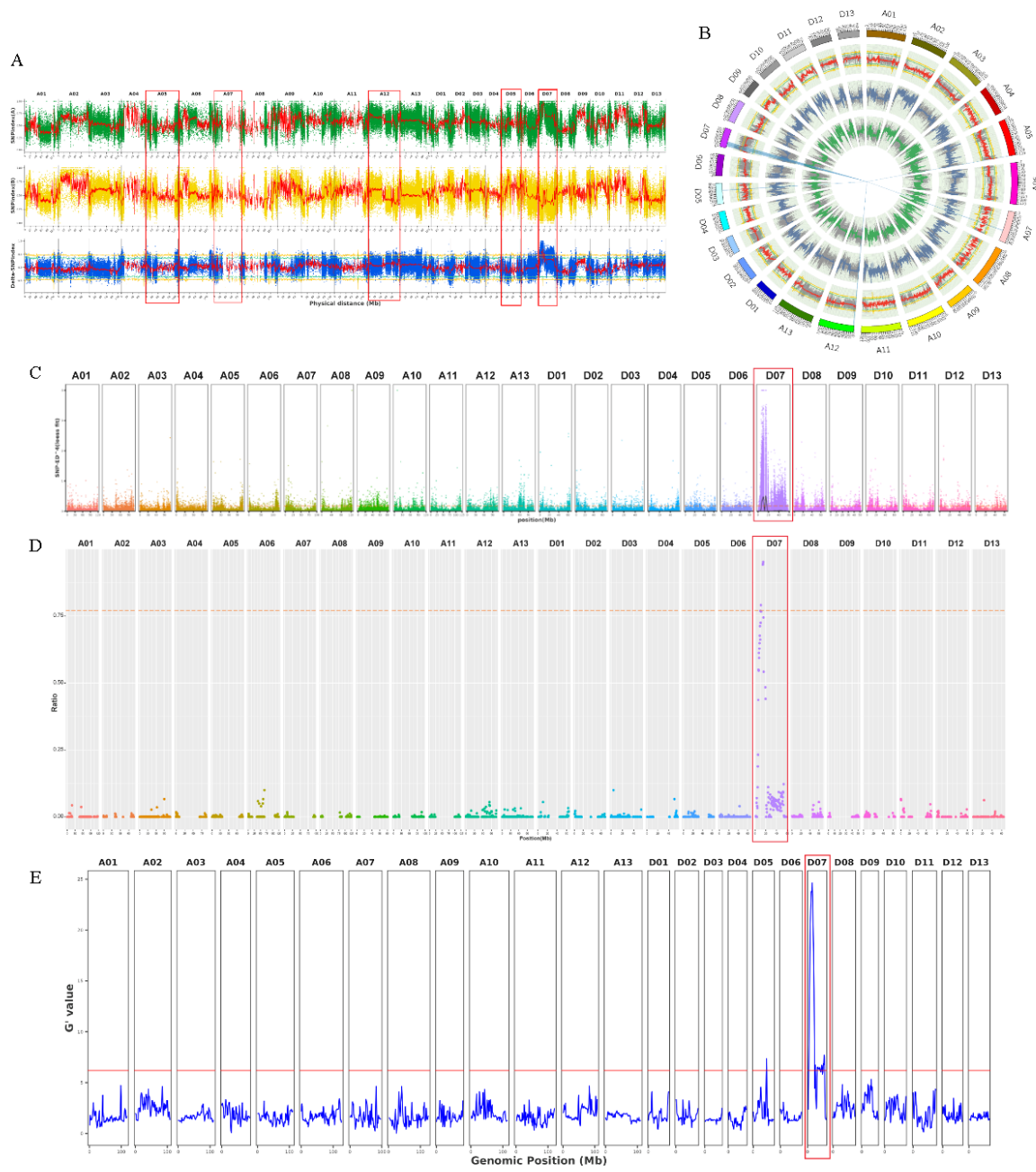
项目 Item	类型 Type	数量 Number	比例/% Percentage
变异位于外显子区域 Exonic	移码缺失导致蛋白编码基因的读框改变	488	0.10
	移码插入导致蛋白编码基因的读框改变	333	0.07
	非移码缺失	345	0.07
	非移码插入	305	0.06
	获得终止密码子的 InDel	23	0
	丢失终止密码子的 InDel	11	0
	未知功能的位点	12	0
	剪接接头上下游 2 bp 的区域	66	0.01
	内含子区域	28 378	5.89
	基因间区域	386 752	80.21
	5' UTRR 区域	3	0
	转录起始位点上游 1 kb 的区域	36 009	7.47
	转录终止位点下游 1 kb 的区域	27 549	5.71
	转录起始位点上游和下游的区域	1 886	0.39
	注释的 InDel 总数	482 160	100.00

2.5 关联分析筛选果枝长度区域

2.5.1 SNP-index 分析法

在开展关联分析之前,先对 SNP 进一步过滤筛选,筛选条件:保留 2 个亲本基因型纯合且不一致的 SNP 位点;去除亲本深度低于 5×的位点;去除子代混池深度低于 5×的位点。最终得到 73 389 个高质量 SNP 位点,用于后续基因定位。SNP-index 法通过计算混池间的基因型频率差异,寻找混池之间基因型频率的显著差异,用 $\Delta(\text{SNP-index})$ 统计,进行标记关联分析。将 SNP 通过 Index 算法进行标记与性状的关联分析,利用 2 个亲本的 SNP 数据,分别计算出 2 个混池每个位点的 SNP-index 值(突变位点遗传物质来源于某 1 个亲本的频率)以及 $\Delta\text{SNP-Index}$ (2 个混池之间 SNP-Index 的差值),通过 $\Delta\text{SNP-index}$ 衡量混池间等位基因频率差异,观测可能与性状分离相关的位点。利用标记在基因组上的位置,对同 1 条

染色体上标记的 SNP-index 值,以滑窗的方式进行拟合,经过 10 000 次置换检验,选取 95%(绿色)置信水平作为筛选阈值,得到 SNP-index 和 Δ SNP-index 在染色体上的分布图(图 3A),以及 SNP-index 法定位结果的 Circos 图(图 3B)。共筛选到 8 个目标区域,A05 染色体 110 200 000~110 845 161 bp、A07 染色体 62 700 000~64 000 000 bp、A12 染色体 1 000 000~2 700 000 bp、D05 染色体 41 500 000~42 500 000 bp、D07 染色体 5 600 000~12 600 000 bp、D07 染色体 12 500 000~13 600 000 bp、D07 染色体 13 500 000~17 000 000 bp、D07 染色体 17 800 000~20 600 000 bp,区间总长度 19.05 Mb(表 6)。



A:SNP-index 值分布;B:SNP-index 关联分析结果;C:ED 法关联分析结果;D:GPS 法关联分析结果;E:Gprime 法关联分析结果

A:SNP-index value distribution chart;B:SNP-index correlates results;C:ED correlates results;D:GPS correlates results;E:Gprime correlates results

图 3 SNP 关联分析

Fig.3 SNP association analysis

2.5.2 欧氏距离分析法(euclidean distance,ED 法)

ED 法利用测序数据寻找混池间存在显著差异的标记,并以此评估与性状关联的区域。根据得到的混

池间SNP位点集及基因型的深度信息,计算不同混池间各突变型的频率距离,即ED值,采用距离差异来反映标记与目标区域的连锁强度。理论上,BSA项目构建的2个混池间除了目标性状相关位点存在差异,其他位点均趋向于一致,非目标位点的ED值应趋向于0,ED值越大表明该标记在两混池间的差异越大。选取超过5千分位数阈值线的区域作为性状相关的候选区域,得到定位结果图(图3C)。筛选到2个目标区域,分布在D07染色体6 462 220~11 912 317 bp、13 394 723~17 090 003 bp之间的9.15 Mb内。

2.5.3 GPS法(Graded Pool-Seq)

GPS法是利用测序数据中的SNP信息,通过比较2个混池之间的SNP频率差异来定位与目标性状相关的基因区域,通过Ridit分析法计算混池每个位点的等位基因频率,检验判断是否显著偏离标准分布,再采用滑窗法进行降噪处理,即计算滑窗400 kb内 $-\ln(P\text{-value})$ 值大于10的位点数与滑窗内总位点数的比值,该值越大与性状越关联。GPS定位结果如图3D所示。筛选到5个候选区域,在D07染色体15 200 000~15 599 999 bp、14 800 000~15 199 999 bp、14 400 000~14 799 999 bp、10 800 000~11 199 999 bp、10 000 000~10 399 999 bp之间的2.00 Mb区间(表6)。

表 6 关联区域分析
Tab.6 Analysis and statistics of regional association

关联分析类型 Association analysis type	染色体编号 Chromosome ID	起始位置 Start	终止位置 End	关联区域大小/Mb Region size
SNP-index 法关联结果 SNP-index correlates results	A05	110 200 000	110 845 161	0.65
	A07	62 700 000	64 000 000	1.30
	A12	1 000 000	2 700 000	1.70
	D05	41 500 000	42 500 000	1.00
	D07	5 600 000	12 600 000	7.00
	D07	12 500 000	13 600 000	1.10
	D07	13 500 000	17 000 000	3.50
	D07	17 800 000	20 600 000	2.80
总长度 Total length				19.05
ED 法关联结果 ED correlates results	D07	6 462 220	11 912 317	5.45
	D07	13 394 723	17 090 003	3.70
总长度 Total length				9.15
GPS 法关联结果 GPS correlates results	D07	15 200 000	15 599 999	0.40
	D07	14 800 000	15 199 999	0.40
	D07	14 400 000	14 799 999	0.40
	D07	10 800 000	11 199 999	0.40
	D07	10 000 000	10 399 999	0.40
总长度 Total length				2.00
Gprime 法关联结果 Gprime correlates results	D05	41 130 424	41 594 506	0.46
	D07	3 455 634	21 462 485	18.01
	D07	23 395 891	24 625 966	1.23
	D07	29 773 133	39 801 049	10.03
	D07	41 962 228	45 684 597	3.72
	D07	47 776 839	53 297 634	5.52
总长度 Total length				38.4
关联区域 Correlates result	D07	15 200 000	15 599 999	0.40
	D07	14 800 000	15 199 999	0.40
	D07	14 400 000	14 799 999	0.40
	D07	10 800 000	11 199 999	0.40
	D07	10 000 000	10 399 999	0.40
总长度 Total length				2.00

2.5.4 Gprime 分析法

GPrime 法是通过比较混池在 SNP 的等位基因频率是否具有显著差异,从而定位与目标性状相关联的位点并对其进行注释。利用 R 语言中的 QTLseqr 包进行 G 统计值分析^[24],以 2 Mb 为窗口计算 G 统计值,选取 q 值为 0.001 对应的 Gprime 值作为阈值线确定候选区域,Gprime 值分布结果见图 3E。选出 6 个关联区域,在 D05 染色体的 41 130 424~41 594 506 bp、D07 染色体的 3 455 634~21 462 485 bp、D07 染色体的 23 395 891~24 625 966 bp、D07 染色体的 29 773 133~39 801 049 bp、D07 染色体的 41 962 228~45 684 597 bp、D07 染色体的 47 776 839~53 297 634 bp 之间,总长度 38.40 Mb(表 6)。

2.5.5 定位候选区域

选取 4 种分析方法中稳定重复出现的区间为候选区间,候选区间为 D07 染色体上的 5 个关联区域,总长度 2.00 Mb,19 521 个变异位点,120 个基因。根据这些变异位点的注释可知,其中亲本间存在的非同义突变 150 个,获得终止密码子的突变 5 个,非移码突变 11 个(表 6、表 7)。

表 7 候选区域内多态性标记位点注释
Tab.7 Annotation of candidate polymorphism marker sites

项目 Item	变异类型 Sort	数量 Number
外显子区域 Exonic	移码缺失导致蛋白编码基因的读框改变	5
	移码插入导致蛋白编码基因的读框改变	8
	非移码缺失	4
	非移码插入	4
	非同义突变的 SNP	179
	获得终止密码子的 SNP	5
	同义突变的 SNP	131
	基因间区域	16 382
	内含子区域	859
	剪接接头上下游 2 bp 的区域	1
	转录终止位点下游 1 kb 的区域	788
	转录起始位点上游 1 kb 的区域	1 142
	转录起始位点上游和下游的区域	13
	位点总数	19 521

2.6 RNA-seq 差异基因

2.6.1 RNA-seq 测序数据分析

各样品 Q30 碱基百分比均不小于 96.49%,GC 含量大于 35%;比对统计结果显示,各样品的 Reads 比对至参考基因组的比对效率大于 98.45%,测序数据可用于差异基因筛选。

表 8 测序深度及覆盖度统计
Tab.8 Sequencing depth and coverage statistics

样本 Sample	过滤后 reads Clean reads	GC/%	Q20/%	Q30/%	比对率/% Total_Mapped
J201791_1	43 793 520	43.03	99.26	96.74	99.00%
J201791_2	49 974 242	43.05	99.22	96.49	98.89%
J201791_3	41 302 870	43.13	99.27	96.80	98.96%
Gan218_1	39 138 600	42.94	99.37	97.02	98.82%
Gan218_2	45 824 428	43.06	99.28	96.82	98.84%
Gan218_3	43 358 456	43.07	99.27	96.77	98.45%

2.6.2 样本 PCA 分析

PCA(principal components analysis)主成分分析,通过线性变换,将高维数据降低至二维或三维,同时保持各方差贡献最大的特征,即降低数据复杂度。当有多个样品时,根据基因表达值对各样品进行 PCA 主成分分析,距离越近表明样本间相似性越高。样本测序的 PCA 结果(图 4)表明,每个材料的 3 个取样

之间重复性较好,且J201791和Gan218差异明显,可用于寻找差异基因。

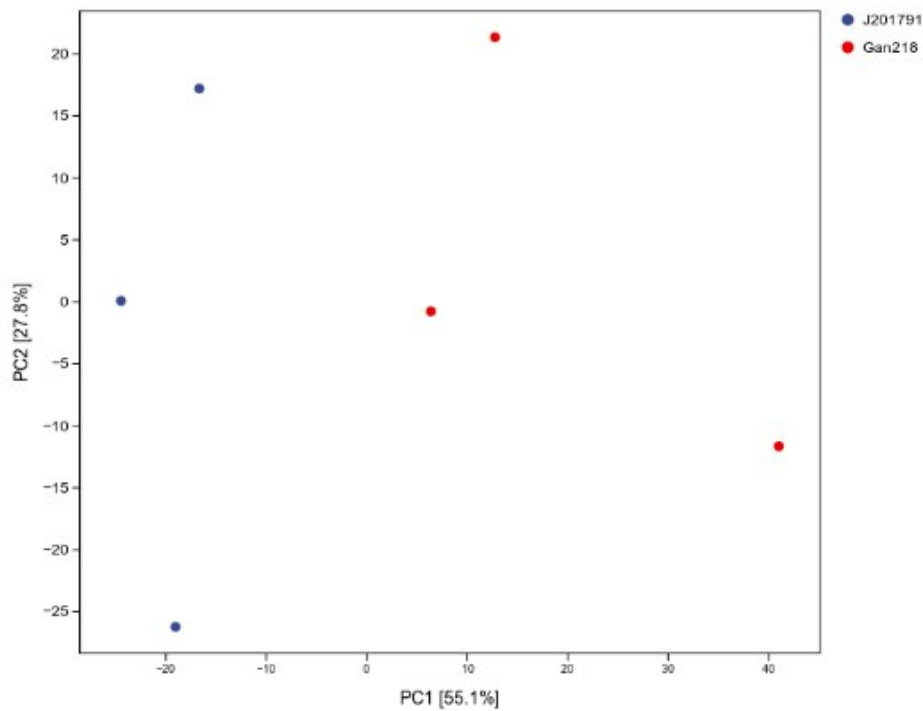


图4 样本PCA分析

Fig.4 PCA analysis plot of sample

2.6.3 差异表达基因分析

采用Deseq2对基因表达进行差异分析,筛选差异表达基因条件为:表达差异倍数 $\log_2\text{FoldChange}>1$,显著性 $P<0.05$,共筛选出3 882个差异基因,其中2 876个上调基因,1 006个下调基因。目标区域D07号染色体上含有差异表达基因21个,并对相关基因在亲本间的表达量进行了热图分析,其中上调表达基因14个,下调表达基因7个(图5)。

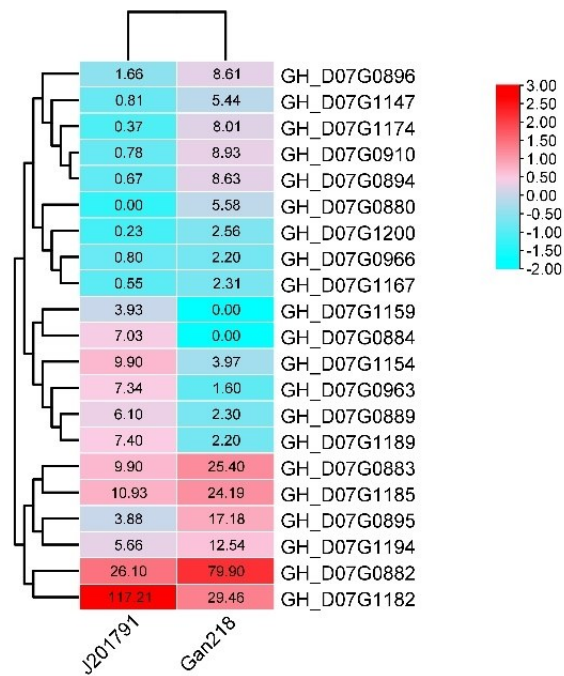


图5 D07号染色体上亲本间21个差异表达基因热图分析

Fig.5 Heat map analysis of 21 differentially expressed genes between parents on Chromosome D07

2.7 BSA定位结合转录组测序确定果枝长度调控基因

BSA分析结果表明果枝长度相关基因被定位在D07染色体,5个区间,共计120个基因。结合亲本转录组测序分析的差异表达基因,经 $\log_2\text{FoldChangel}>1$ & $P<0.05$ 筛选,且在候选区域内的差异基因有21个。经功能注释后,筛选到5个基因可能与棉花果枝长度相关:GH_D07G0894(transcription factor JUNGBRUNNEN 1 isoform X1)、GH_D07G0896(aspartyl protease family protein 2)、GH_D07G0910(VQ motif-containing protein 22-like)、GH_D07G0884(hypothetical protein ES319_D07G089400v1)、GH_D07G1194(F-box protein At2g27310-like)确定为果枝长度相关候选基因,用于下一步功能验证分析。

3 讨 论

采棉机对棉花株型有特定要求,适合机采的品种一般具备株高矮、果枝始节高、株型紧凑、果枝短且夹角小、吐絮集中等特征^[2]。本研究所用品系J201791果枝长度较短、结铃性好、吐絮集中,是改良果枝长度、培育适合机采棉的理想亲本材料;Gan218果枝较长、结铃性好、品质优、抗虫性好,在中熟棉花品种选育中显示出良好的亲本特性。

培育株型紧凑的棉花品种有利于棉花密植、提高光能利用、适宜机械化收获等,对棉花生产能起到减轻劳动强度、降低生产成本、增产增效的作用。本研究利用2个果枝长度具有显著差异的材料作为亲本,构建 F_2 分离群体,有利于获得超分离群体,扩大变异范围,且该群体简单易构建、成本低、时长短。本研究综合采用BSA-seq技术和亲本RNA-seq,试验材料、筛选基因的分析方法均与研究目的相一致,且2种技术代表了当前基因挖掘的主流技术。研究通过SNP-index法、ED法、GPS法、Gprime法等分析方法筛选候选区域和基因,方法先进、结果稳健,为后续基因的克隆和功能鉴定奠定了坚实的基础。

在海岛棉中,Si等^[25]在海岛棉的D07染色体上定位到与零式果枝相关的基因;刘杰^[26]利用分子标记将海岛棉零式果枝基因定位到D07染色体上约600 kb的区间内,其中包含1个金鱼草CEN(CENTRORADIALIS)同源基因,是零式果枝基因可能的候选基因,命名为GhCEN;翟腾飞^[27]利用陆地棉长果枝品种中棉所35和海岛棉短果枝品系海170杂交建立 F_2 群体,将短果枝 cl 基因定位到A07和D07染色体上。目前针对I式果枝相关QTL的定位研究还鲜见报道。已有研究^[16]表明,陆地棉短果枝性状受不完全显性基因控制,在D07染色体上已定位的基因之外还有其他基因控制棉花果枝长度。本研究挖掘到的I式果枝关联QTL同样定位在D07染色体上。

果枝长度往往与植物的光合作用、激素信号传导、细胞分裂伸长等多个方面的代谢活动有关。GH_D07G0894编码的JUNGBRUNNEN1(JUB1)转录因子,属于NAC家族成员,已被确定为植物生长和胁迫反应的中心调控因子,具有调控植物生长和胁迫反应的功能^[28-29]。有研究^[30]表明,NAC转录因子参与调控生长发育,过表达TaSNAC8-6A能激活各种干旱响应基因和生长素信号基因,进而促进根系发育,增加侧根数目,提高水分利用效率并增强小麦的抗旱能力。GH_D07G0896编码的天冬氨酸蛋白酶家族蛋白2,是一种含有真核生物天冬氨酸蛋白酶结构域的蛋白质。在植物中,该蛋白可能具有天冬氨酸型内肽酶活性,参与蛋白水解过程,并且在植物的细胞壁中发挥作用,广泛地参与植株的生长和发育。曹申全^[31]研究表明,天冬氨酸蛋白酶可参与毛果杨木材形成;木材形成主要经历次生维管形成层细胞分裂、木质部细胞膨胀伸长、次生细胞壁加厚和程序性细胞死亡等多个复杂的生物学过程。GH_D07G0910基因编码含有VQ基序的蛋白22类似物,VQ基序的蛋白质是一类植物特有的转录因子,在植物生长、发育和防御反应中起着关键作用,通常参与植物中的信号转导、转录调控及胁迫响应等过程。GH_D07G0884编码的蛋白是已知表达但功能尚未完全表征的蛋白质,在J201791(I式果枝)中表达量显著高于Gan218(II式果枝),由于其表达量差异较为明显,因此作为候选基因进一步研究。GH_D07G1194是一种与拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)AT2G27310基因编码的F-box蛋白具有相似性的蛋白,F-box蛋白在植物生长发育、激素信号转导、应对逆境胁迫中均发挥着重要的调节作用^[32]。因此,推测这些基因可影响棉花果枝长度的伸长,需对其进一步研究。

上述研究均证实,这5个基因可能通过调控不同植物激素信号通路参与果枝长度发育调控。后续将

通过转基因、基因沉默、基因过表达等遗传转化分析,观测表型差异,以此系统解析调控棉花果枝长度的遗传机制。

4 结 论

本研究以J201791(I式果枝)和Gan218(II式果枝)为亲本构建F₂群体,通过群体中部果枝长度表型分布分析,采用多种BSA-seq定位方法筛选出候选区域;结合亲本差异表达基因,参考基因注释信息,将果枝长度相关基因定位在D07染色体上,筛选出5个候选基因:GH_D07G0894、GH_D07G0896、GH_D07G0910、GH_D07G0884、GH_D07G1194。本研究结果为棉花株型育种提供了宝贵的基因资源,后续通过克隆、鉴定候选基因的功能,开发相关的分子标记,能够推动紧凑型棉花的分子育种研究和新品种培育工作,提高对棉花株型遗传、生理生化 and 分子调控机制的认识。

参考文献 References:

- [1] 齐海坤,严根土,王宁,等.株型育种在机采棉应用中的研究进展[J].中国农业信息,2016(2):75-77.
Qi H K, Yan G T, Wang N, et al. Progress of plant type breeding used in mechanical harvest[J]. China Agricultural Information, 2016(2): 75-77.
- [2] Song X L, Zhang T Z. Quantitative trait loci controlling plant architectural traits in cotton[J]. Plant Science, 2009, 177(4): 317-323.
- [3] 王博然.南疆不同果枝类型棉花品种(系)生产力比较研究[D].阿拉尔:塔里木大学,2023:61.
Wang B R. Comparative study on the productivity of different cotton varieties (lines) with different fruiting branch types in South Xinjiang[D]. Aral: Tarim University, 2023: 61.
- [4] 杜雄明.棉花果枝类型划分的统一化[J].中国棉花,1996(4):19.
Du X M. The unification of cotton branch classification[J]. China Cotton, 1996(4): 19.
- [5] Takagi H, Abe A, Yoshida K, et al. QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations[J]. Plant Journal for Cell & Molecular Biology, 2013, 74(1): 174-183.
- [6] Trick M, Adamski N M, Mugford S G, et al. Combining SNP discovery from next-generation sequencing data with bulked segregant analysis (BSA) to fine-map genes in polyploid wheat[J]. BMC Plant Biology, 2012, 12: 14.
- [7] Mokry M, Nijman I J, Dijken A V, et al. Identification of factors required for meristem function in Arabidopsis using a novel next generation sequencing fast forward genetics approach[J]. BMC Genomics, 2011, 12: 256.
- [8] 吴宇瑶,钟伟,张云怡,等.基于BSA-seq技术的饲料油菜植株粗蛋白含量QTL定位研究[J/OL].贵州农业科学, 2025-09-28. <https://link.cnki.net/urlid/52.1054.S.20250928.1331.002>.
Wu Y Y, Zhong W, Zhang Y Y, et al. QTL Mapping of Crude Protein Content in Forage Rape Plants Based on BSA-seq Technology[J/OL]. Guizhou Agricultural Sciences, 2025-09-28. <https://link.cnki.net/urlid/52.1054.S.20250928.1331.002>.
- [9] 李世宽,洪慧龙,付佳祺,等.BSA-Seq结合RNA-Seq技术挖掘大豆叶片提前黄化衰老基因[J].作物学报,2024,50(2):294-309.
Li S K, Hong H L, Fu J Q, et al. Mine the genes of premature yellowing and aging in soybean leaves by BSA-seq combined with RNA-seq technology[J]. Acta Agronomica Sinica, 2024, 50(2): 294-309.
- [10] 张艳萍,叶春雷,齐燕妮,等.基于BSA-Seq定位胡麻耐盐相关基因位点[J].北方园艺,2025(3):27-34.
Zhang Y P, Ye C L, Qi Y N, et al. Salt-tolerant gene mapping of flax using BSA-seq analysis[J]. Northern Horticulture, 2025(3): 27-34.
- [11] Ma L, Hu T L, Kang M, et al. Identification of candidate genes for early-maturity traits by combining BSA-seq and QTL mapping in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2024, 23(10): 3472-3486.
- [12] 孔济升,刘志强,马静,等.基于BSA-seq技术定位番茄花序分枝基因[J].中国蔬菜,2025(2):56-63.
Kong J S, Liu Z Q, Ma J, et al. Mapping of inflorescence branching genes in tomato based on BSA-seq[J]. China Vegetables, 2025(2): 56-63.
- [13] 吴夏明,周陈平,杨敏,等.基于BSA-seq的番木瓜株高候选基因定位[J].生物技术通报,2025,41(9):54-61.

- Wu X M, Zhou C P, Yang M, et al. Gene mapping of plant height in papaya based on BSA-seq[J]. Biotechnology Bulletin, 2025, 41(9): 54-61.
- [14] 李成奇, 王清连, 董娜, 等. 棉花株型性状的遗传分析[J]. 江苏农业学报, 2011, 27(1): 25-30.
- LI Q C, Wang Q L, Dong N, et al. Inheritance of plant architecture traits in upland cotton (*G. hirsutum* L.)[J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2011, 27(1): 25-30.
- [15] Wang B H, Wu Y T, Huang N T, et al. QTL mapping for plant architecture traits in upland cotton using RILs and SSR markers[J]. Acta Genetica Sinica, 2006, 33(2): 161-170.
- [16] 徐剑文, 刘剑光, 赵君, 等. 利用 BSA-seq 发掘棉花适宜机采的果枝长度相关 QTL[J]. 棉花学报, 2019, 31(4): 319-326.
- Xu J W, Liu J G, Zhao J, et al. The identification of QTL associated with cotton fruit branch length suitable for mechanized harvest utilizing BSA-seq[J]. Cotton Science, 2019, 31(4): 319-326.
- [17] 李夏轩. GhSBI 基因调控棉花果枝节间长度的功能研究[D]. 郑州: 郑州大学, 2021: 38.
- Li X X. Function research of *GHSBI* gene in regulation of internode length of cotton fruit branches [D]. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2021: 38.
- [18] Zhong W P, Wu L X, Li Y, et al. *GhSBII*, a *CUP-SHAPED COTYLEDON 2* homologue, modulates branch internode elongation in cotton[J]. Plant Biotechnol Journal, 2024, 22(11): 3175-3193.
- [19] Li H, Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform[J]. Bioinformatics 2009, 25(14): 1754-1760.
- [20] Zhu P Y, He L Y, Li Y Q, et al. Correction: OTG-snp caller: an optimized pipeline based on TMAP and GATK for SNP calling from ion torrent data[J]. PLoS One, 2015, 10(9): e0138824.
- [21] Wang K, Li M, Hakonarson H. ANNOVAR: functional annotation of genetic variants from next-generation sequencing data[J]. Nucleic Acids Research, 2010, 38(16): e164.
- [22] 国钰环, YAMAMOTO Naoki, 彭正松, 等. 基于转录组数据的三雌蕊小麦中 SNP/InDel 位点的挖掘[J]. 华北农学报, 2021, 36(5): 35-42.
- Guo Y H, YAMAMOTO N, Peng Z S, et al. Mining SNP / InDel loci in three pistils wheat based on transcriptome data[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2021, 36(5): 35-42.
- [23] 牟少华, 岳祥华, 李娟, 等. 基于重测序的 4 个秆形变异毛竹变型的全基因组序列分析[J]. 分子植物育种, 2021, 19(23): 7818-7828.
- Mou S H, Yue X H, Li J, et al. Genomic sequence analysis of four culm shape variants of moso bamboo based on re-sequencing[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(23): 7818-7828.
- [24] Magwene P M, Willis J H, Kelly J K. The statistics of bulk segregant analysis using next generation sequencing[J]. PLoS Computational Biology, 2011, 7(11): e1002255.
- [25] Si Z F, Liu H, Zhu J K, et al. Mutation of *SELF-PRUNING* homologs in cotton promotes short-branching plant architecture[J]. Journal of Experimental Botany, 2018, 69(10): 2543-2553.
- [26] 刘杰. 棉花零式果枝性状候选基因功能的初步分析[D]. 阿拉尔: 塔里木大学, 2017: 39-41.
- Liu J. Preliminary analysis of function for candidate nulliplex-branch gene in cotton [D]. Alal: Tarim University, 2017: 39-41.
- [27] 翟腾飞. 棉花短果枝基因 *cl* 的精细定位[D]. 重庆: 西南大学, 2015: 27.
- Zhai T F. Fine mapping of short fruiting branch gene *cl* in cotton [D]. Chongqing: Southwest University, 2015: 27.
- [28] AHMAD A. 陆地棉 JUB1 家族基因表达及 *GhJUB1_3* 基因的抗旱性功能分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2024: 45.
- AHMAD A. Expression analysis of JUNGBRUNNEN1 (*JUB1*) gene family and functional analysis of *GhJUB1_3* gene under drought in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences Thesis, 2024: 45.
- [29] 孟洪玉, 刘亚楠, 武峻新, 等. 南瓜 NAC 转录因子家族鉴定及生物信息学分析[J/OL]. 生物技术通报, 2026-03-05. <https://link.cnki.net/urlid/11.2396.Q.20260305.0938.002>.
- Meng H Y, Liu Y N, Wu J X, et al. Identification and analysis of the NAC transcription factors family in *Cucurbita moschata* Duch. [J/OL]. Biotechnology Bulletin, 2026-03-05. <https://link.cnki.net/urlid/11.2396.Q.20260305.0938.002>.

- [30] Mao H D, Li S M, Wang Z X, et al. Regulatory changes in *TaSNAC8-6A* are associated with drought tolerance in wheat seedlings [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(4): 1078-1092.
- [31] 曹申全. 毛果杨天冬氨酸蛋白酶基因 *API7* 和 *AP64* 调控木材形成的功能研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2021: 116.
Cao S Q. Functional study of *Populus trichocarpa* aspartic protease genes *API7* and *AP64* during wood formation[D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2021: 116.
- [32] 秘彩莉, 刘旭, 张学勇. F-box 蛋白质在植物生长发育中的功能[J]. *遗传*, 2006, 28(10): 1337-1342.
Bi C L, Liu X, Zhang X Y, et al. The function of F-box protein in plant growth and development[J]. *HEREDITAS*(Beijing), 2006, 28(10): 1337-1342.

(责任编辑:熊淑琪)



第一作者简介:孔清泉,助理研究员,硕士。在江西省经济作物研究所主要从事棉花遗传育种工作,参与国家自然科学基金、江西省自然科学基金面上项目、农业生物育种重大项目子课题、江西省棉花与蚕桑产业技术体系等。主持江西省农牧渔科研项目1项,参与审定江西省审定品种2个。



通信作者简介:肖水平,高级农艺师,研究室主任,博士研究生。主要从事棉花分子遗传育种研究工作,选育棉花新品种11个,获省科技进步奖二等奖1项,省农牧渔业技术改进二等奖1项,主持参与国家重点研发计划、国家转基因重大专项、国家生物育种重大专项、国家自然科学基金项目、省自然科学基金等国家和省部级科研项目10余项,发表论文30余篇,获授权国家专利10余项,参与发布地方标准3项。