

用 RAPD 标记检测与杨树生长 和物候期有关的 QTLs*

李金花¹⁾ 苏晓华¹⁾ 张绮纹¹⁾ Louis Zsuffa²⁾

(1) 中国林业科学研究院林业研究所, 100091, 北京; 2) 多伦多大学林学系, M5S 3B3, 加拿大多伦多;
第一作者 28 岁, 女, 硕士)

摘要 取美洲黑杨(母本)和青杨(父本)杂交获得的 F₂ 群体样本 80 株, 应用 RAPD 标记检测与 F₂ 群体 3 个数量性状(苗高、地径和封顶期)有关的 QTLs。在 F₂ 群体中, 一年生苗高、地径和封顶期性状表现显著分离, 基本符合正态分布。单因子方差分析检测出与苗高、地径和封顶期性状相关的 7 个、6 个和 3 个标记座位, 并计算了各标记对相关性状变异的贡献率。与数量性状相关的标记有不同的亲本来源。t 检验结果表明, 各标记显带型和不显带型组性状均值的差异显著或极显著(两个标记除外); 与各性状相关标记的显带型或不显带型的频率, 在各性状上的分布有异同。双因子方差分析结果表明, 在与性状相关联的标记中, 有两组 QTLs 互作组合与苗高性状相关联。

关键词 美洲黑杨; 青杨; F₂ 群体; RAPD 标记; 数量性状基因座位(QTL)

分类号 S722.3

林木的生长、材性和抗性等重要经济性状多属数量性状。自从 Sax^[1] 首次报道了菜豆种子大小和种皮颜色之间存在关联以来, 人们就开始利用数量性状基因座位(QTL)和遗传标记的连锁分析来定位 QTL, 陆续报道了一些数量性状与形态学、同工酶标记的连锁^[2~4]。RAPD、RFLP 等分子标记的发展, 使得许多学者在几年之内对 10 多个树种进行了遗传图谱的构建^[5], 为数量性状座位(QTL)的检测和定位研究奠定了基础^[5~9]。目前, 利用分子遗传图谱已检测到与光亮桉(*Eucalyptus nitens* Maid.) 的苗高及叶面积指数^[10]和抗冻性^[11]、巨桉(*E. grandis* Hill ex Smoth) 和尾叶桉(*E. urophylla* S. T. Blake) 的无性繁殖力^[12]、巨桉的生长和木材品质^[13]、冈尼桉(*E. gunnii* Hook. F.) 和蓝桉(*E. globulus* Labill.) 的生长率、叶形及分枝^[14]、火炬松(*Pinus taeda* L.) 的木材比重和树高^[15]及辐射松(*P. radiata* D. Don) 的树干生长指数^[16]等性状相互关联的分子标记, 利用其进一步开展林木标记辅助选择育种和分子育种, 有助于提高林木选择育种的效率, 对林木的遗传育种研究具有重要意义^[17]。

1 材料和方法

1.1 材料与性状考查

从美洲黑杨(*Populus deltoides* Marsh) 为母本和青杨(*P. cathayana* Rehd.) 为父本杂交产

* 本文为 1995 年林业部指南项目“杉木、杨树遗传图谱构建及数量性状位点(QTL)定位研究”和 1997 年国家“九五”攀登计划项目“人工林木材性质及其生物形成与功能性改良机理的研究”的一部分。

1998-08-21 收稿。

生的大量 F_1 杂种中,选出了几个优良品种。1996年利用其中的两个品种再杂交产生 F_2 代近1 000个单株,建立了美洲黑杨 × 青杨 F_2 构图植物群体,均定植于中国林科院苗圃内,随机排列,株行距 30 cm × 50 cm。1997年按分层抽样方法从 F_2 群体中抽取 80 个个体作为构图群体样本,构建了美洲黑杨 × 青杨分子遗传连锁图谱^[5,6]。1996年秋季(8月9日)开始对 F_2 群体逐株记载封顶期,换算成每株个体的封顶期距 8月9日的天数;封顶后对 F_2 群体的株高和地径性状进行测量。

1.2 亲本、 F_1 及 F_2 群体的 RAPD 分析

DNA 提取、引物筛选和 RAPD 分析为苏晓华等^[6]的方法。

1.3 数据处理

采用以标记为基础的 Marker-based(MB)法,即根据标记基因型的种类将分离群体划分为两个亚群体:组 1 和组 0,采用单因子方差分析法比较不同标记基因型群体间数量性状的差异,以获得与数量性状有关的 QTLs(即与数量性状紧密连锁的标记座位)。用组间方差与总方差的比值求得这一 RAPD 标记产生的性状变异占性状总变异的百分率,即标记对该性状变异的贡献率(QTL 产生的变异占表型总变异的百分比)。

记录与数量性状相关联标记的亲本来源。对标记显带型和不显带型组性状均值进行 t 检验。

以用单因子方差分析检测出的与数量性状有关的任意两个 RAPD 标记为因子,应用统计软件 SYSTAT 对性状进行双因子方差分析,以获得与数量性状有关的 QTLs 互作组合。用标记互作方差与总方差的比值,求得任意两个标记互作产生的性状变异占性状总变异的百分率,即互作标记对该性状变异的贡献率(QTLs 互作产生的变异占表型总变异的百分比)。

2 结果与分析

2.1 性状表型分布及其变异

在苗高、地径和封顶期 3 个数量性状上,母本美洲黑杨和父本青杨的性状表型值差异显著,其中美洲黑杨的生长较青杨快,青杨的封顶期早于美洲黑杨,两者杂交产生的 F_1 代杂种优势显著,性状整齐一致。

苗高、地径和封顶期 3 个性状在 F_2 群体样本中表现为显著分离。苗高、地径和封顶期的偏度和峭度分别为 0.67、-0.91, 0.99、0.56, 0.75、-1.36,表明这 3 个数量性状的分离基本没有偏离正态分布,适用于作遗传分析。

2.2 F_2 群体的 RAPD 分析

79 个多态性引物的 PCR 扩增反应产生出 180 条多态性带,大小为 220 ~ 2 545 bp。在 79 个引物中,4 个引物均扩增出 5 条多态性带,6 个引物均扩增出 4 条多态性带,23 个引物均扩增出 3 条多态性带,23 个引物均扩增出 2 条多态性带,13 个引物均扩增出 1 条多态性带,平均每个引物扩增出 2.3 个多态性片段。

χ^2 分析结果表明,在这 180 个标记中,155 个标记的分离符合 3 : 1, 20 和 50 个标记显著和极显著地偏离这一分离比例(共占 13.3%)。其中 110 个标记被分成 20 个连锁群,另外 58 个标记不与其它任何标记连锁,表明该 180 个标记代表了杨树基因组 78 个以上独立的座位^[6]。

2.3 与数量性状有关的 QTLs

在 F_2 群体中, 与苗高性状极显著相关的标记座位有 1 个, 为 RPJ05-3; 显著相关的标记座位 6 个, 分别为 RPL15-2、RPH07-2、RPN04-2、RPL15-3、RPJ09-3 和 RPN02-1, 这些标记座位对苗高性状变异的联合贡献率为 45.94%。与地径性状极显著相关的标记座位有 2 个, 分别为 RPC06-2 和 RPH07-2; 显著相关的标记座位有 4 个, 分别为 RPL15-2、RPH01-1、RPC18-1 和 RPN04-2, 这 6 个标记座位对地径性状变异的联合贡献率为 41.17%。与封顶期显著相关的标记座位有 3 个, 分别为 RPN04-2、RPL05-3 和 RPJ06-1, 其对封顶期性状变异的联合贡献率为 19.13% (表 1)。

表 1 单因子方差分析检测 F_2 群体中与数量性状关联的 RAPD 标记

性状	RAPD 标记	组间平方和	组内平方和	组内均方	总平方和	自由度	<i>P</i> 值	贡献率%
<i>H</i>	RPJ05-3	0.355 1	3.849 4	0.049 4	4.204 6	1, 78	0.008 92 ^{**}	8.45
<i>H</i>	RPL15-2	0.301 4	3.903 2	0.050 0	4.204 6	1, 78	0.016 35 [*]	7.17
<i>H</i>	RPH07-2	0.291 1	3.913 5	0.050 2	4.204 6	1, 78	0.018 37 [*]	6.92
<i>H</i>	RPN04-2	0.284 2	3.920 4	0.050 3	4.204 6	1, 78	0.019 87 [*]	6.76
<i>H</i>	RPL15-3	0.263 7	3.940 9	0.050 5	4.204 6	1, 78	0.025 06 [*]	6.27
<i>H</i>	RPJ09-3	0.227 6	3.910 8	0.050 8	4.204 6	1, 78	0.037 52 [*]	5.41
<i>H</i>	RPN02-1	0.208 6	3.996 0	0.051 2	4.204 6	1, 78	0.047 06 [*]	4.96
<i>D</i>	RPC06-2	0.450 7	3.971 3	0.050 9	4.422 0	1, 78	0.003 90 ^{**}	10.19
<i>D</i>	RPH07-2	0.406 0	4.016 0	0.051 5	4.422 0	1, 78	0.006 29 ^{**}	9.18
<i>D</i>	RPL15-2	0.269 4	4.152 6	0.053 2	4.422 0	1, 78	0.027 32 [*]	6.09
<i>D</i>	RPH01-1	0.242 0	4.178 0	0.053 6	4.422 0	1, 78	0.036 75 [*]	5.47
<i>D</i>	RPC18-1	0.236 5	4.185 5	0.053 7	4.422 0	1, 78	0.039 01 [*]	5.35
<i>D</i>	RPN04-2	0.214 7	4.207 3	0.053 9	4.422 0	1, 78	0.049 50 [*]	4.89
<i>T</i>	RPN04-2	298.188 5	3 553.299 0	45.555 1	3 851.487 5	1, 78	0.012 45 [*]	7.74
<i>T</i>	RPL05-3	248.386 6	3 603.100 9	46.193 6	3 851.487 5	1, 78	0.023 02 [*]	6.45
<i>T</i>	RPJ06-1	190.212 1	3 661.275 4	46.939 4	3 851.487 5	1, 78	0.047 56 [*]	4.94

注: 性状栏 *H* 为苗高, *D* 为地径, *T* 为封顶期。* * 和 * 分别为 P 值 < 0.01 和 P 值 < 0.05 的显著水平。

2.4 与性状相关标记的亲本来源、基因型性状均值 *t* 检验及基因型频率分布

2.4.1 与苗高性状相关的 QTLs 与苗高性状相关的 7 个标记座位中, 5 个来源于母本美洲黑杨, 2 个来源于父本青杨。RPJ05-3、RPL15-2 和 RPL15-3 的显带型组与不显带型组苗高性状均值的差异极显著, RPH07-2、RPN04-2 和 RPJ09-3 的差异显著, RPN02-1 的不显著 (表 2)。其中, RPN04-2 的不显带型组均值大于显带型的均值, 其余 6 个标记座位的显带型组大于不显带型的均值。

各标记的显带型在苗高性状上的频率分布基本相同, 近似于连续的正态分布, 但它们的不显带型频率分布不同, 其中 RPN04-2 的不显带型频率分布偏向于苗高高值区域, 其它 6 个标记座位的不显带型频率分布偏向于苗高低值区域 (图 1)。

2.4.2 与地径性状相关的 QTLs 与地径相关的 6 个标记座位中, 2 个来源于母本美洲黑杨, 4 个来源于父本青杨。RPC06-2、RPH07-2 和 RPH01-1 的显带型组与不显带型组地径性状均值的差异极显著, RPL15-2 和 RPN04-2 的显著, RPC18-1 的不显著。其中, RPC18-1 和 RPN04-2 不显带型组大于显带型组的均值, 其它 4 个标记座位的显带型组均值大于不显带型组均值。

表2 F₂群体与性状相关标记的亲本来源和基因型性状均值的t检验结果

性状	RAPD 标记	标记 来源	显带标记型(组1)			不显带标记型(组0)			均值差异的t检验		
			个数	均值	标准误	个数	均值	标准误	自由度	t 值	P 值
H	RPJ05-3	P ₁	55	0.62	0.03	25	0.48	0.03	68.9	3.145 7	0.002 4 ^{**}
H	RPL15-2	P ₂	53	0.62	0.03	27	0.49	0.04	65.1	2.660 5	0.009 8 ^{**}
H	RPH07-2	P ₁	53	0.62	0.03	27	0.49	0.04	57.6	2.493 2	0.015 6 [*]
H	RPN04-2	P ₁	68	0.55	0.03	12	0.72	0.06	17.6	-2.765 5	0.012 9 [*]
H	RPL15-3	P ₂	53	0.62	0.04	27	0.50	0.03	75.1	2.653 1	0.009 7 ^{**}
H	RPJ09-3	P ₁	65	0.60	0.03	15	0.47	0.06	22.3	2.150 9	0.042 6 [*]
H	RPN02-1	P ₁	65	0.60	0.03	15	0.47	0.06	20.5	1.977 2	0.062 3
D	RPC06-2	P ₂	60	0.53	0.03	20	0.36	0.04	49.8	3.636 7	0.000 7 ^{**}
D	RPH07-2	P ₁	53	0.54	0.03	27	0.39	0.04	59.6	2.9442	0.004 6 ^{**}
D	RPL15-2	P ₂	53	0.53	0.03	27	0.40	0.04	59.7	2.358 9	0.021 6 [*]
D	RPH01-1	P ₂	64	0.52	0.03	16	0.38	0.04	37.2	2.801 9	0.008 0 ^{**}
D	RPC18-1	P ₂	64	0.46	0.04	16	0.59	0.06	19.1	1.730 7	0.099 6
D	RPN04-2	P ₁	68	0.46	0.03	12	0.61	0.05	19.4	-2.508 8	0.021 1 [*]
T	RPN04-2	P ₁	68	34.93	0.85	12	40.33	1.69	17.5	-2.962 9	0.008 5 ^{**}
T	RPL05-3	P ₂	61	34.75	0.89	19	38.89	1.51	32.2	-2.417 0	0.021 5 [*]
T	RPJ06-1	P ₂	63	34.94	0.91	17	38.71	1.35	33.0	-2.369 9	0.023 8 [*]

注: ** 和* 分别为P 值< 0.01 和P 值< 0.05 的显著水平; P₁ 为母本美洲黑杨, P₂ 为父本青杨。

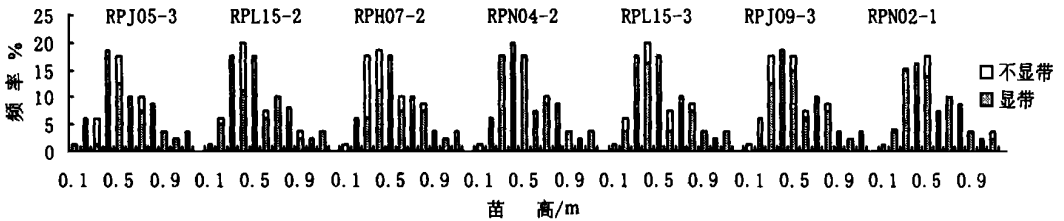


图1 与苗高相关联的标记基因型频率分布

各标记的显带型频率在地径性状上的分布基本相同且连续, 偏向于性状的低值区域。但它们的不显带型频率分布不同, 其中RPN04-2 和 RPN04-2 的不显带型频率分布偏向于中值区域。其它4个标记座位的不显带型频率分布偏向于地径的低值区域(图2)。

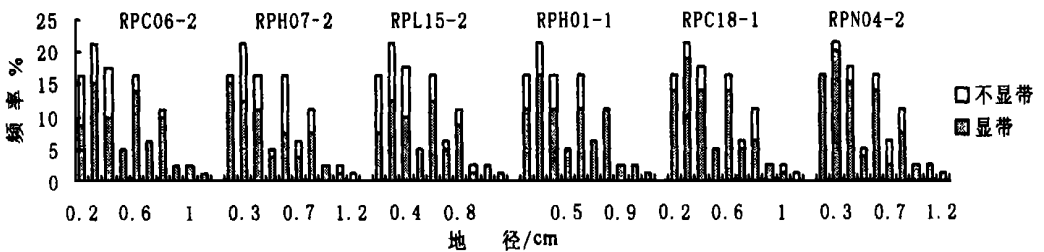


图2 与地径相关联的标记基因型频率分布

2.4.3 与封顶期性状相关的QTLs 与封顶期相关的3个标记座位中, 1个来源于母本美洲黑杨, 2个来源于父本青杨。RPN04-2 的显带型组与不显带型组的封顶期性状均值差异极显

著, RPL05-3 和 RPJ06-1 的显著(表 2)。3 个标记的显带型组性状均值均小于不显带组的均值。

各标记的显带型频率在封顶期性状上的分布相同, 均连续且近似正态分布, 并趋于封顶期的高值区域。3 个标记的不显带型频率分布也偏向于封顶期的高值区域(图 3)。

2.5 与 3 个数量性状相关标记座位的互作情况

用双因子方差分析法分析了与 3 个性状相关的任两个 QTLs 中与各数量性状相关的标记座位的互作情况。结果表明, 有 2 组标记座位的互作对苗高的作用显著, 它们是 RPN04-2 \times RPL05-3 和 RPH01-1 \times RPL05-3, 对苗高性状变异的贡献率为 4.57% 和 5.05% (表 3)。其中, 在单因子方差分析结果中(表 1), RPN04-2 与苗高、地径和封顶期显著相关, RPL05-3 与封顶期显著相关, RPH01-1 与地径显著相关。

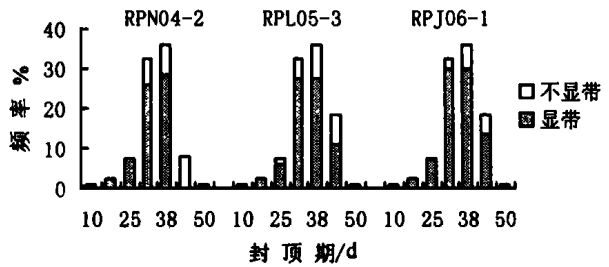


图 3 与封顶期关联的标记基因型频率分布

表 3 双因子方差分析检测与性状相关的 QTLs 互作

性状	标记 A	标记 B	方差				自由度	P_A 值	P_B 值	$P_{A \times B}$ 值	贡献率 %
			SS_A	SS_B	SS_{AB}	SS_T					
H	RPN04-2	RPL05-3	0.456 1	0.019 4	0.199 4	8.709 8	1, 1, 1, 76	0.000 3**	0.529 2	0.046 2*	4.57
H	RPH01-1	RPL05-3	0.019 4	0.217 4	0.054 3	4.253 8	1, 1, 1, 76	0.009 9**	0.746 0	0.038 9*	5.05

注: ** 和* 分别为 $P < 0.01$ 和 $P < 0.05$ 的显著水平。

3 讨 论

树高和胸径是林木材积性状的构成因子, 也是杨树育种中需要改良的重要数量性状。经典的数量遗传学研究表明, 数量性状之间存在明显的相关性, 主要原因之一是存在一因多效或者由于紧密连锁地处于同一染色体区间的不同座位控制所引起的。本研究为解释这类性状复杂的遗传背景及性状之间的相互关系提供了依据, 即与某一数量性状关联的标记同时也与其它性状相关联。例如 F_2 群体苗高和地径的相关系数为 0.875 2, 在本研究结果中 RPN04-2 标记与苗高、地径和封顶期 3 个性状均关联, 标记 RPL15-2、RPH07-2 与苗高和地径两个性状均关联。

数量性状的连续变异是由于微效多基因的累加作用再加上环境条件的影响而产生的。本研究检测出与苗高、地径和封顶期关联的 7, 6 和 3 个标记座位的联合贡献率分别高达 45.94%, 41.17%, 19.13%, 但各标记座位对性状的贡献率较小(4.89% ~ 10.19%), 表明其均为微效多基因。

本研究中单因子方差分析检测到与封顶期性状关联的 RPL05-3 与苗高性状不关联, 但双因素方差分析检测发现, 其分别与 RPN04-2 和 RPH01-1 (均与苗高性状相关) 的互作与苗高性状相关联, 且互作对苗高的贡献率为 4.57% 和 5.04%, 表明互作对苗高的作用微小。

方差分析法是一种传统分析方法, 虽不能同区间作图法一样确定 QTL 在基因组上的准

确位置,但能检测到与该性状紧密连锁的标记位点,且此两种方法所获得的结果基本一致。根据本项研究结果,可在所构建的遗传连锁图谱上确定与 QTL 紧密连锁的标记座位所在的染色体区域,从而为确定 QTL 在染色体上的准确位置迈出了第一步。

应用与数量性状紧密关联的标记或连锁的 QTL,将进一步提高选择育种效率。例如, Tanhuanpaa 等^[18]在油菜 F₂ 群体中检测到一个与种子软脂酸紧密连锁的 RAPD 标记,且为主效基因(贡献率达 85%);标记基因型的性状均值差异显著,显带型与不显带型频率分布表现为极端分离,显带型和不显带型分别与性状高值和低值显著关联。本研究中检测到与性状相关的标记座位均为微效基因,显带型与不显带型频率并不集中分布于性状的两个极端。因此,在该研究的基础上,增加 RAPD 标记数量和 QTL 研究群体样本,准确检测出控制性状的标记座位,有利于开展林木性状标记辅助选择育种。

RAPD 技术所需的 DNA 量少,操作简便、快速,经济成本低,而且不需使用同位素,目前在火炬松^[9,15]、桉树^[10,12,14,19]、杨树^[20]等的 QTL 研究中都得到了应用。虽然 RAPD 是显性标记,但本研究结果进一步说明,RAPD 技术提供的标记位点多(1 个引物可扩增出 5 条多态性带),并能快速检测出与性状关联的标记或紧密连锁的 QTLs,因而很适合作为分子标记辅助选择的手段,从而加速林木育种工作。

参 考 文 献

- 1 Sax K. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics*, 1923, 8: 552 ~ 560.
- 2 Soller M, Brody T, Genizi A, et al. On the power of experimental designs for the detection of linkage between markers loci and quantitative loci in crosses between inbred lines. *Theor. Appl. Genet.*, 1976, 47: 35 ~ 39.
- 3 徐云碧,朱立煌.分子数量遗传学.北京:中国农业出版社,1994.7~8,114~129.
- 4 Gerber S, Lascoux M, Kremer A. Relation between protein markers and quantitative traits in maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.), *Silvae Genetica*, 1997, 46(5): 286 ~ 291.
- 5 苏晓华.美洲黑杨(*Populus deltoides* Marsh)与青杨(*P. cathayana* Rehd.)杂种分子遗传连锁图谱构建研究:[学位论文].南京:南京林业大学森林资源与环境学院,1998.
- 6 苏晓华,张绮纹,郑先武,等.美洲黑杨(*Populus deltoides* Marsh) × 青杨(*P. cathayana* Rehd.)分子连锁图谱的构建. *林业科学*, 1998, 34(6): 29 ~ 37.
- 7 Darvasi A, Weinreb A, Minke V, et al. Detecting marker-QTL linkage and estimating QTL gene effect and map location using a saturated genetic map. *Genetics*, 1993, 134: 943 ~ 951.
- 8 Wu R, Jr Bradshaw H D. Molecular genetics of growth of development in *Populus* (Salicaceae). *Mapping quantitative trait loci affecting leaf variation*. *American Journal of Botany*, 1997, 84(2): 143 ~ 153.
- 9 Knott S A, Neal D B, Sewell M M, et al. Multiple marker mapping of quantitative trait loci in an pedigree of loblolly pine. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 94: 810 ~ 820.
- 10 Byrne M, Murrell J C, Owen J V, et al. Identification and mode of action of quantitative trait loci affecting seedling height and leaf area in *Eucalyptus nitens*. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 94: 674 ~ 681.
- 11 Byrne M, Murrell J C, Owen J V, et al. Mapping of quantitative trait loci influencing frost tolerance in *Eucalyptus nitens*. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 95: 975 ~ 979.
- 12 Grattapaglia D, Bertolucci F L G, Sederoff R. Genetic mapping of QTLs controlling vegetative propagation in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla* using a pseudo-testcross mapping strategy and RAPD marker. *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 90: 933 ~ 947.
- 13 Grattapaglia D, Bertolucci F L G, Penchel R, et al. Genetic mapping of quantitative trait loci controlling growth and

- wood quality trait in *Eucalyptus grandis* using a maternal half-sib family and RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.*, 1996, 144: 1205 ~ 1214.
- 14 Vaillancourt R, Potts B M, Manson A E, et al. Using RAPD to detect QTLs in an interspecific F₂ hybrid of *Eucalyptus*, CRC for temperate hardwood forestry- IUFRO, Theme 6. Emerging Technologies, Hobart, 1995, 432 ~ 433.
 - 15 Groover A, Devey M, Fiddler T, et al. Identification of quantitative trait loci influencing wood specific gravity in an outbred pedigree of loblolly pine. *Genetics*, 1994, 138: 1293 ~ 1300.
 - 16 Emebiri L C, Devey M E, Matheson A C, et al. Linkage of markers to NESTUR, a stem growth index in radiata pine seedlings. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 95: 119 ~ 124.
 - 17 Plomion C, Durel C E, Verhaegen D. Marker-assisted selection in forestry breeding programs as illustrated by two examples: Maritime pine and *Eucalyptus*. *Annales des Sciences Forestieres (Paris)*, 1996, 53(4): 819 ~ 848.
 - 18 Tanhuanpaa P K, Vilkkij P, Vilkkij H J. Identification of a RAPD marker for palmitic-acid concentration in the seed oil of spring turnip rape (*Brassica rapa* ssp. *oleifera*). *Theor. Appl. Genet.*, 1995, 91: 477 ~ 480.
 - 19 Verhaegen D, Plomion C, Gion J M, Poitel M, et al. Quantitative trait dissection analysis in *Eucalyptus* using RAPD markers: 1. Detection of QTL in interspecific hybrid progeny, stability of QTL expression across different ages. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 95: 597 ~ 608.
 - 20 Jr Bradshaw H D, Stettler R F. Molecular genetics of growth and development in *Populus*. Mapping QTLs with large effects on growth, form, and phenology traits in a forest tree. *Genetics*, 1995, 139: 963 ~ 973.

Detection of QTLs for Growth and Phenology Traits of Poplar Using RAPD Markers

Li Jinhua¹⁾ Su Xiaohua¹⁾ Zhang Qiwen¹⁾ Louis Zsuffa²⁾

(1)The Research Institute of Forestry, CAF, 100091, Beijing, China; 2) Toronto University, M5S 3B3, Toronto, Canada)

Abstract The objective of the study is to investigate QTLs associations with three quantitative traits (height, diameter and top closure) within 80 F₂ seedlings of a cross between a *Populus deltoides* female and a *P. cathayana* male by using RAPD makers. Single-factor analysis of variance was used to determine the significance of difference among genotypic classes. Seven, six and three markers were respectively found to be associated with height, diameter and top closure, which jointly explained 45.94%, 41.17% and 19.13% of the total phenotypic variance. Two-way analysis of variance was used to detect the significance of interaction between putative QTLs. Two interactions of three markers were found to be associated with height, and each explained 4.57% and 5.05% of the phenotypic variance respectively. One of the three markers was associated with height, diameter and top closure, one was associated with diameter and the other with top closure.

Key words *Populus deltoides*; *P. cathayana*; F₂ population; RAPD; Quantative Trait Loci (QTL)