

彩色陆地棉与海岛棉种间杂交后代 主要性状遗传效应分析

王巧玲, 李 哲, 梁云娟
(河南科技学院, 河南 新乡 453003)

摘要: 对彩色陆地棉 H₄₄ 与海岛棉新海 1 号的杂交后代, 采用回交类型分析法, 分析形态性状、产量性状和品质性状的遗传规律。结果表明: 株高、果枝数、果节数、第一果枝第一果节长度和单株结铃数的平均显性度和相对优势率都较大, 杂种优势明显。铃重、衣分、绒长的广义遗传率(h^2_B)较高, 狭义遗传率(h^2_N)也较高, 这些性状适宜在杂种早期世代进行选择; 而单株结铃数、单株皮棉理论产量、整齐度的广义遗传率较高, 狭义遗传率则较低, 这些性状适宜在杂种晚期世代进行选择。铃重、衣分、绒长的最少基因对数 K 值较大, 这给彩色陆地棉与海岛棉杂交后代的利用带来较大的困难; 而单株结铃数的最少基因对数 K 值小, 后代则比较容易出现重组类型。

关键词: 彩色陆地棉; 海岛棉; 种间杂交; 遗传效应分析

中图分类号: S562 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-3268(2009)04-0018-04

Genetic Analysis on Main Traits of the Hybrid of Colored Upland Cotton (*G. hirsutum*) and Sea-island Cotton (*G. barbadense*)

WANG Qiao-ling, LI Zhe

(Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003, China)

Abstract: Genetic mechanism of characters of morphology, yield and quality of the hybrid of colored *G. hirsutum* L. H₄₄ and *G. barbadense* L. Xinhai 1 were analyzed using a backcross typical analysis method. The results showed that the heterosis and average dominance was obvious for those traits of F₁, which were plant height, fruit branches per plant, fruit nodes per plant, the 1st fruit node's length of 1st fruit branch and bolls per plant. Boll weight, lint percentage and fiber length have higher broad and narrow heritability, and should be selected in the earlier generations. However, bolls per plant, theoretic yield per plant and fiber regularity had higher broad heritability and lower narrow heritability, and should be selected in the later generations. The minimum number of genes of boll weight, lint percentage and fiber length had higher K values, which posed great difficulty to the use of hybrid of *G. hirsutum* L. colored and *G. barbadense* L.. The minimum number of genes of bolls per plant had lower K values, and recombination types would easily appear in the hybrid generations.

Key words: Colored *G. hirsutum* L.; *G. barbadense* L.; Interspecific cross; Inheritance

彩色棉纤维含有天然色素, 不需要化学染料染色, 因此, 彩色棉具有“绿色、生态、环保”的特点。近些年, 随着人们生活水平的提高, 彩色棉及其制品备

受人们青睐^[1~3]。但由于彩色棉育种起步较晚, 品质性状和产量性状都不尽人意, 尤其是品质性状, 其表现为纤维长度短, 比强度差, 麦克隆值过低。如常规

收稿日期: 2008-11-25

基金项目: 河南省重大科技攻关项目(0422010100)

作者简介: 王巧玲(1957-), 女, 河南偃师人, 高级实验师, 本科, 主要从事遗传学实验教学与研究。

棕色棉品种纤维长度一般在 27mm 左右, 比强度一般在 20cN/tex(HVICC), 麦克隆值在 3.0 左右, 不能满足纺织工业的需要^[1,2,4]。李红等对棕色棉与长绒陆地棉杂交后代主要性状的遗传效应进行了研究, 为彩色棉育种提供了理论依据^[5]。

海岛棉具有优良的纤维品质, 一般纤维长度在 35mm 以上, 比强度在 40cN/tex(HVICC)以上, 麦克隆值多数为 A 级(3.7~4.0), 是纺织高支纱和精梳纱及特种织物不可缺少的原料^[6,7]。同时, 海岛棉还具有抗黄萎病的基因, 很适合作为改良彩色陆地棉遗传组成的亲本材料, 将彩色陆地棉和海岛棉进行种间杂交, 不但能提高彩色棉的品质, 且可以提高其抗黄萎病的能力^[8]。但多数育种者的实践证明, 要使彩色陆地棉和海岛棉杂交重组, 往往收效甚微, 究其原因, 主要是对彩色陆地棉和海岛棉种间杂交后代基因重组的遗传规律了解不够, 不能采取有效的育种措施所致。

鉴此, 采用回交类型分析法的遗传试验设计^[9], 通过彩色陆地棉和海岛棉杂交, 对种间杂交后代主要经济性状的基因作用形式进行了研究, 分析其杂交后代的性状表现和遗传规律, 旨在为实现彩色陆地棉和海岛棉优良基因的重组提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

以海岛棉品种新海 1 号做父本(P₁), 彩色陆地棉种质资源材料 H₄₄ 做母本(P₂), 杂交后得 F₁ 代; F₁ 代分别和两亲本 P₁、P₂ 回交, 得 B₁、B₂ 代; F₁ 代自交得 F₂ 代, 得到本试验所用的 6 个世代群体: P₁、P₂、F₁、B₁、B₂、F₂。

1.2 方法

1.2.1 种植方法 试验于 2007 年在河南科技学院棉花育种试验田进行。将 6 个世代群体在同一条件下, 种植成 6 个小区, 行距 1.2m, 株距 0.4m, 行长 6m, 行数依不同世代而定; 亲本、F₁ 代各种 3 行, B₁、B₂ 代各种 6 行, F₂ 代种 8 行。

1.2.2 调查方法 在吐絮盛期, 选择生长正常和吐絮正常的植株调查、取样。P₁、P₂、F₁ 代选择典型植株调查, B₁、B₂、F₂ 代生长正常的植株全部调查。调查株高、果枝数、果节数、第一果枝节位、第一果枝第一果节长度、单株结铃数等形态性状和产量性状指标。

1.2.3 室内考种 棉铃采摘以后, 进行室内考种, 测得铃重、衣分、单株皮棉理论产量、绒长、整齐度等产

量性状和品质性状指标。

1.2.4 分析方法 采用回交类型分析法估算各性状的遗传率(h^2), 分析控制各性状基因的遗传效应, 利用双亲和 F₁ 代的平均值估算各世代性状的平均显性度(\bar{d})、相对优势率(H)、利用 Castle—Wright 公式估算最少基因对数(K), 所采用的主要公式如下:

$$\text{①平均显性度 } \bar{d} = \frac{F_1 - \frac{1}{2}(P_1 + P_2)}{\frac{1}{2}(P_1 - P_2)}$$

$$\text{②相对优势率 } H = \frac{F_1 - \frac{1}{2}(P_1 + P_2)}{\frac{1}{2}(P_1 - P_2)} \times 100\%$$

$$\text{③广义遗传率 } h_B^2 = \frac{V_{F_2} - V_e}{V_{F_2}} \times 100\%$$

$$\text{④狭义遗传率 } h_N^2 = \frac{V_A}{V_{F_2}} \times 100\%$$

其中, V_A 、 V_e 和 V_{F_2} 分别表示加性方差、环境方差和表型方差。

⑤最少基因对数估计采用 Castle—Wright 公式:

$$K = \frac{(P_1 - P_2)^2}{8(\sigma_{F_2}^2 - \sigma_P^2)}, \sigma_P^2 = \frac{1}{2}(V_{P_1} + V_{P_2})$$

2 结果与分析

2.1 F₁ 代基因效应分析

从表 1 可以看出: 株高、果枝数、果节数、单株结铃数等性状的平均显性度均远远大于 1, 说明这 4 个性状除了受加性效应和显性效应的影响外, 还可能有超显性作用及基因位点间互作效应。

表 1 各性状的平均显性度(\bar{d})和相对优势率

性状	P ₁	P ₂	F ₁	\bar{d}	H
株高(cm)	89.38	76.65	106.48	3.678	28.26
果枝数(个)	12.50	11.83	13.40	39.000	10.15
果节数(个)	39.67	39.50	55.20	183.706	39.45
第一果枝节位	8.50	6.83	7.00	-0.796	-8.68
第一果枝第一果节长度(cm)	12.95	8.52	13.96	1.456	30.04
铃重(g)	4.19	3.87	3.48	-3.438	-13.65
衣分(%)	35.28	22.66	29.38	0.065	1.42
单株结铃数(个)	23.00	22.00	30.40	15.800	35.11
单株皮棉理论产量(g)	34.00	19.29	31.08	0.603	16.64
绒长(mm)	34.33	18.78	27.22	0.086	2.50
整齐度(%)	54.26	82.50	78.00	-0.682	14.14

第一果枝第一果节长度的平均显性度稍大于 1, 说明该性状受加性效应和显性效应的影响外, 也存在着一定的超显性作用和基因互作效应。

衣分、单株理论产量、绒长等性状的平均显性度大于 0 而小于 1, 说明这 3 个性状主要受加性效应和不完全显性效应的影响。

第一果枝节位、整齐度等性状的平均显性度为负,绝对值大于0小于1,说明这2个性状除受加性效应影响以外,还存在部分显性效应影响,负数说明该性状偏向于小值亲本。

铃重的平均显性度的绝对值大于1,说明该性状受加性效应和显性效应的影响外,还可能受基因互作效应的影响,负数说明该性状偏向于小值的亲本。

平均显性度越大,杂种优势就越大。从表1可以看出:在新海1号和H₄₄杂交组合中,株高、果枝数、果节数、单株结铃数等性状的杂种优势均非常明显;第一果枝第一果节长度的杂种优势也较明显;衣分、单株皮棉理论产量、绒长等性状有较小的杂种优势;第一果枝节位、铃重、整齐度等性状的杂种优势为负向效应,且F₁代性状偏向于小值亲本,与文献[5]的研究是一致的。

2.2 F₁代相对优势率分析

从表1的相对优势率(H)值可以看出:第一果枝节位、铃重的相对优势率远小于0,说明低节位对高节位、小铃对大铃是显性,杂种优势为负向效应。

衣分、绒长的相对优势率较小,说明显性作用非常小,几乎不存在,主要是加性效应的影响,杂种优势的表现不明显。

株高、果枝数、果节数、第一果枝第一果节长度、单株结铃数、单株理论产量、整齐度等性状的相对优势率较大,说明具有较高的杂种优势。

2.3 产量性状和品质性状的遗传率分析

从表2可以看出:铃重、衣分、绒长等性状的广义遗传率(h_B^2)较高,狭义遗传率(h_N^2)也较高,说明这些性状的表现型变异大部分是遗传分量所致,所以,这些性状在杂交后代的早期世代进行选择,可以有较好的选择效果。

单株结铃数、单株理论产量、整齐度等性状的广义遗传率较高,狭义遗传率则相对较低,说明这些性状的变异主要受显性效应的影响,因此,这些性状应在杂交后代的晚期世代进行选择,才可能有较好的选择效果。

表2 产量性状和品质性状的遗传率

性状	环境方差 V_e	加性方差 V_A	显性方差 V_D	表型方差 V_{F_2}	广义遗传率 h_B^2 (%)	狭义遗传率 h_N^2 (%)
铃重(g)	0.115	0.30	0.205	0.62	81.5	48.4
衣分(%)	3.625	17.74	17.215	38.58	90.6	46.0
单株结铃数	39.800	21.13	34.180	95.11	58.2	22.2
单株皮棉理论产量(g)	20.255	99.68	480.155	600.09	96.6	16.6
绒长(mm)	0.135	26.99	20.835	47.96	99.7	56.3
整齐度(%)	40.835	51.84	77.035	169.71	75.9	30.5

在育种工作中,不同的杂交组合以及不同的性状,所采用的试验方法不同,遗传率的估测结果都可能有一定的差异,这就需要通过多次试验,总结规律,才能更好的提高选择效果^[5,8~10]。

2.4 最少基因对数估计

在海陆杂交后代的选择和利用中,产量性状和纤维长度是主要指标,现根据公式,估算铃重、衣分、单株结铃数和绒长等重要性状的最少基因对数值为:

(1)铃重的最少基因对数:

$$K = \frac{(4.19 - 3.87)^2}{8[0.62 - 0.5 \times (0.631 + 0.605)]} = 6.4 \approx 7$$

(2)衣分的最少基因对数:

$$K = \frac{(35.28 - 22.66)^2}{8[38.58 - 0.5 \times (39.86 + 32.526)]} = 8.34 \approx 9$$

(3)单株结铃数的最少基因对数:

$$K = \frac{(23 - 22)^2}{8[95.11 - 0.5 \times (105.24 + 84.91)]} = 3.57 \approx 4$$

(4)绒长的最少基因对数:

$$K = \frac{(54.26 - 82.5)^2}{8[47.98 - 0.5 \times (44.41 + 42.85)]} = 6.95 \approx 7$$

最少基因对数为双亲控制某一性状相差的可能最少基因对数。由以上结果可以看出:铃重、衣分、绒长的K值分别为7、9、7,说明双亲控制这些性状的基因对数相差较大。这些多基因控制的性状,多基因之间及多基因与其他性状的基因之间,都会存在着不同程度的连锁,这就给海陆杂交的利用带来较大的困难。在育种实践中,必须通过扩大群体,以解决后代某些性状连锁和重组的问题。单株结铃数的K值为4,说明双亲控制该性状的基因对数相差较小,后代则比较容易出现重组类型。

3 小结与讨论

1) 从本试验结果可以看出:采用彩色陆地棉种质资源材料H₄₄作母本与海岛棉品种杂交,F₁代的部分性状如铃重,偏向于数值较小的亲本,小铃对大铃具有部分显性效应,因此,在利用海岛棉品种与彩色陆地棉品种杂交后代选育彩色棉品种时,需要选择起点比较高的彩色陆地棉品种做亲本,逐步改良和提高彩色陆地棉品种的性状才能达到较好的效果。

2) 株高、果枝数、果节数、单株结铃数等性状的平均显性度远远大于1,其后代的杂种优势非常明显,表现植株高大、多枝、多节、多铃,在利用杂种优势时应注意F₁代株形的表现;第一果枝第一果节长度的平均显性度稍大于1,其后代的杂种优势也较大,只要选择适当的亲本即可控制F₁代表现;衣分、单株理论产量、绒长等性状的平均显性度大于0而小于1,

其 F₁ 代具有一定的杂种优势, 但表现不明显; 第一果枝节位、铃重、整齐度等性状的平均显性度为负值, 其后代的杂种优势为负向效应, 偏向于数值较小的亲本。

3) 铃重、衣分、绒长等性状的广义遗传率 (h^2_B) 较高, 狭义遗传率 (h^2_N) 也较高, 对这些性状可在杂交后代的早期世代开始连续进行选择, 会有较好的选择效果; 而单株结铃数、单株理论产量、整齐度等性状的广义遗传率较高, 狭义遗传率相对较低, 这些性状则要在杂交后代的晚期世代进行选择, 并注意扩大群体, 才能收到较好的效果。

4) 在杂交育种中, 选择双亲最少基因对数 (K) 较小的组合, 有利于降低育种的盲目性。若选择双亲最少基因对数较大的组合, 由于起点较低, 目标的出现不集中, 就增加了育种的难度。

5) 彩色棉纤维与棉花的形态性状、产量性状以及纤维品质性状间的遗传关系及海陆杂种基因位点间可能存在的互作效应, 还有待于进一步研究探讨。

参考文献:

- [1] 李源和. 彩色棉在挑战——中国首次彩色棉研讨会论文集 [C]. 北京: 金盾出版社, 2007.
- [2] 邓福军, 汤振江, 张哲锋, 等. 彩色棉的科研现状与发展前景 [C] // 中国棉花学会 2004 年会议论文集汇编. 北京: 中国农业出版社, 2004: 114—127.
- [3] 邱新棉. 天然彩色棉研究与发展前景 [J]. 棉花学报, 2004, 16(4): 249—254.
- [4] 汤寿伍, 赵天鹏, 张振南. 新疆天然彩色棉的研究现状与应用 [J]. 中国棉花, 2005, 32(5): 4—5.
- [5] 李红, 李哲, 崔秀珍, 等. 棕色棉与长绒陆地棉杂交后代遗传参数估计 [J]. 河南农业科学, 2008(11): 47—49, 54.
- [6] 徐崇志, 李青, 曹新川. 彩色陆地棉与海岛棉种间杂种优势及其主要性状的遗传分析 [J]. 中国棉花, 2003, 30(6): 17—19.
- [7] 李哲, 杨金玉, 崔秀珍. 海陆杂交种纤维品质性状应用研究 [J]. 中国棉花, 2007, 34(10): 13—15.
- [8] 杜雄明, 刘国强, 周怀勤. 彩色棉种质鉴定及新品种选育 [J]. 中国农学通报, 1997, 13(6): 47—48.
- [9] 朱军. 遗传模型分析方法 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 56—255.
- [10] 董合林. 特色棉优质高产栽培技术 [M]. 北京: 金盾出版社, 2007: 67—82.

(上接第 17 页)

- [4] 李学伍, 肖治军, 张改平, 等. 鸡传染性法氏囊病疫苗毒株的生物学特性研究 [J]. 河南农业科学, 2003(1): 40—42.
- [5] Agrez M V, Shafren D R, Gu X, *et al.* Integrin alpha v beta 6 enhances coxsackievirus B1 lytic infection of human colon cancer cells [J]. *Virology*, 1997, 239: 71—77.
- [6] Bergelson J M, Cunningham J A, Droguett G, *et al.* Isolation of a common receptor for coxsackie B viruses and adenoviruses 2 and 5 [J]. *Science*, 1997, 275: 1320—1323.
- [7] Berger E A, Murphy P M, Farber J M. Chemokine receptors as HIV-1 coreceptors: roles in viral entry, tropism and disease [J]. *Annual Review of Immunology*, 1999, 17: 657—700.
- [8] Bewley M C, Springer K, Zhang Y B, *et al.* Structural analysis of the mechanism of adenovirus binding to its human cellular receptor, CAR [J]. *Science*, 1999, 286: 1579—1583.
- [9] Hirai K, Calnek B W. *In vitro* replication of infectious bursal disease virus in established lymphoid cell lines and chicken B lymphocytes [J]. *Infect Immun*, 1979, 25(3): 964—970.
- [10] Ogawa M, Yamaguchi T, Setiyono A, *et al.* Some characteristics of a cellular receptor for virulent infectious bursal disease virus by using flow cytometry [J]. *Arch Virology*, 1998, 143(12): 2327—2341.
- [11] Nieper H, Muller H. Susceptibility of chicken lymphoid cells to infectious bursal disease virus does not correlate with the presence of specific binding sites [J]. *J Gen Virol*, 1996, 77: 1229—1237.
- [12] Setiyona A, Hayashi T, Yanaguchi T, *et al.* Detection of cell membrane proteins that interact with virulent infectious bursal disease virus [J]. *J Vet Med Sci*, 2001, 63(2): 219—221.
- [13] Setiyona A, Yanaguchi T, Ogawa M, *et al.* Isolation of monoclonal antibodies that inhibit the binding of infectious bursal disease virus to LSCC-BK3 cells [J]. *J Vet Med Sci*, 2001, 63(2): 215—218.
- [14] Yip C W, Yeung Y S, Ma C M, *et al.* Demonstration of receptor binding properties of VP2 of very virulent strain infectious bursal disease virus on vero cells [J]. *Virus Res*, 2006, 123(1): 50—56.
- [15] Lin T W, Lo C W, Lai S Y, *et al.* Chicken heat shock protein 90 is a component of the putative cellular receptor complex of infectious bursal disease virus [J]. *J Virology*, 2007, 81(16): 8730—8741.
- [16] Sia S K, Kim P S. Protein grafting of an HIV-1-inhibiting epitope [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, 100(17): 9756—9761.
- [17] Smith B J, McKimm-Breshkin J L, McDonald M, *et al.* Structural studies of the resistance of influenza virus neuraminidase to inhibitors [J]. *J Med Chem*, 2002, 45(11): 2207—2212.