



利用陆地棉置换系进行海岛棉主要性状基因的染色体定位

栾明宝, 郭香墨*, 张永山, 姚金波, 刘海菊, 褚丽

(中国农业科学院棉花研究所, 农业部棉花遗传改良重点实验室, 河南 安阳 455000)

摘要:利用海岛棉染色体置换陆地棉一对染色体或染色体臂的置换系,进行主要农艺性状、抗黄萎病性和纤维品质基因染色体定位。结果表明,海岛棉1号染色体可以增加株高;16、17、18、4号染色体携带降低铃数基因;22Lo、22Sh、16、11Sh、26Lo号染色体可以提高衣分;大部分染色体降低铃重。16、26Lo染色体可以增强抗黄萎病性。对纤维品质性状分析表明,14Sh、26Lo号染色体可以提高纤维长度;14Sh、15Sh号染色体可以提高强度;4号染色体可以降低麦克隆值;22Sh、16、22Lo、11Sh号染色体可以提高伸长率。推测这些染色体上可能具有对应性状的基因。

关键词:陆地棉;海岛棉;农艺性状;置换系;染色体定位

中图分类号:S562.032 **文献标识码:**A

文章编号:1002-7807(2008)01-0070-03

Gene Location of Main Traits in Specific Chromosome or Chromosome Arms of *G. Barbadense* by Using Chromosome Substitution Lines

LUAN Ming-bao, GUO Xiang-mo*, ZHANG Yong-shan, YAO Jin-bo, LIU Hai-ju, CHU Li

(Cotton Research Institute, CAAS, Key Laboratory of Cotton Genetics Improvement, Ministry of Agriculture, Anyang, Henan 455000, China)

Abstract: It is very valuable to locate specific chromosome or chromosome arms with genes for agronomic traits, *Verticillium* wilt and fiber quality using chromosome substitution lines. The results reviewed that the chromosome 1 from 3-79 can increase plant height, chromosomes 16, and 26Lo, can improve *Verticillium* wilt resistance, chromosomes 16, 17, 18, and 4, reduced boll number per plant, and chromosomes 22Lo, 22Sh, 16, 11Sh, 26Lo, can increase lint percentage. Many chromosomes can reduce boll weight. For fiber quality performance, chromosomes 14Sh and 26Lo increased fiber length, chromosomes 14Sh, 15Sh increased fiber strength; chromosome 4 reduced micronaire and chromosomes 22Sh, 16, 22Lo, as well as 11Sh increased elongation. The results provided information in trait performance related to substituted chromosomes or chromosome arms.

Key words: upland cotton; *G. barbadense*; agronomic traits; substitution lines; chromosome location

陆地棉(*G. hirsutum* L.)产量水平高,但纤维品质和抗黄萎病性差;海岛棉(*G. barbadense* L.)纤维品质优良,抗黄萎病性好,但产量水平低。因此发掘和聚合陆地棉和海岛棉有利基因,同步提高产量、纤维品质和抗逆性,一直是研究的热点^[1-2]。由于海岛棉和陆地棉的有性杂交后代

分离世代长,整套基因的重组不可避免会导入许多不利基因,因此利用海岛棉有利基因的努力效果不佳。陆地棉染色体置换系是把海岛棉1对染色体或染色体臂导入陆地棉,因此其遗传背景较简单,研究置换系主要性状的基因效应,不但为常规技术改良陆地棉提供了有效信息和手段,而且

收稿日期:2007-03-14

作者简介:栾明宝(1978-),男,在读博士,luanmingbao2002@126.com; * 通讯作者, guoxm@cricaas.com.cn

基金项目:农业部跨越计划项目(项目编号:2003-2);科技部支撑计划项目(2006BAD01A05-16)

为基因的精确定位奠定了基础。国内外对置换系进行分析评价和重要农艺性状基因进行染色体定位已有不少报道^[3-8],但主要集中在产量、纤维品质等性状,对抗病性没有涉及,而且利用的置换系较少。本文利用 2005 年从美国农业部作物学实验室引进的 16 个陆地棉置换系,进行产量、品质、抗黄萎病等性状的染色体定位,以了解这些性状与染色体的关联,为陆地棉置换系在育种上的利用提供依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料

试验采用 2005 年从美国农业部作物学实验室引进的 16 个陆地棉置换系、TM-1、3-79。16 个陆地棉置换系是以 TM-1 为遗传背景,以海岛棉 3-79 的一条染色体或染色体臂置换了 TM-1 相对应的染色体或染色体臂。其中 CSB01 表示 TM-1 的第一条染色体被 3-79 的第一条染色体所置换;CSB05Sh 表示 TM-1 的第 5 条染色体的短臂被 3-79 的第 5 条染色体的短臂所置换;CSB22Lo 表示 TM-1 的第 22 条染色体长臂被 3-79 的第 22 条染色体的长臂所置换。TM-1 是陆地棉的标准系^[7],3-79 是海岛棉的遗传标准系。

1.2 试验方法

2006 年在河南安阳中国农业科学院棉花研究所和山东夏津金秋种业试验田安排试验,田间设计均采用完全随机区组设计,9 次重复。单行区,行长 6 m,行距 0.8 m。田间管理与其它试验相同。

考察和测试农艺性状,抗黄萎病性,产量构成因子,纤维品质性状。试验田为黄萎病自然均匀感染病田,在黄萎病发生高峰期调查发病级别并计算病情指数。2 个地点的数据采用 SAS 软件进行联合分析,以 glm、Duncan 作显著性测验。

2 结果与分析

2.1 农艺性状的染色体定位

由表 1 可知,CSB01 株高显著高于 TM-1;CSB04 显著低于 TM-1;CSB17、CSB22Lo 极显著低于 TM-1,表明染色体 1 上可能具有株高增效基因,而 4、17、22Lo 染色体上具有株高减效基因。CSB15Sh、CSB22Sh 具有高的果枝节位,差异达到极显著水平,说明 15Sh、22Sh 染色体具有提高果枝节位的基因。CSB11Sh、CSB4、CSB18、

CSB5Sh 具有高的黄萎病指,CSB16、CSB26Lo 染色体具有低的黄萎病指,说明 16、26Lo 染色体具有抗黄萎病基因。

2.2 产量构成因子的染色体定位

表 1 表明,16、17、18、4 号染色体置换系单株铃数显著或极显著低于 TM-1,表明在这几条染色体上具有抑制铃数增加的基因。22Lo、22Sh、16、11Sh、26Lo 置换系衣分极显著高于 TM-1,说明海岛棉 3-79 的相应染色体携带衣分增效基因。除 2、6、12Sh、15Sh、16 号染色体置换系,其它置换系与 TM-1 比铃重均较低,推测铃重可能受多条染色体控制。

2.3 品质性状的染色体定位

由表 1 可以看出,14Sh、26Lo 染色体置换系纤维长度分别极显著和显著高于 TM-1,表明这两条染色体对提高陆地棉纤维长度有利。而 17、18、11Sh、16、22Sh、22Lo 置换系纤维长度极显著低于 TM-1,表明这几条染色体上具有抑制纤维长度表达的基因。17、18 号染色体置换系整齐度指数显著低于 TM-1,22Sh、11Sh、4、16 号染色体极显著低于 TM-1,说明整齐度指数抑制基因存在于这几条染色体。与 TM-1 相比,14Sh、15Sh 号染色体置换系的比强度高,22Lo、22Sh、11Sh、16 号染色体置换系具有低的比强度,说明前者具有比强增效基因,后者具有减效基因。22Lo、22Sh、26Lo、18 号染色体应具有麦克隆值增效基因,而 4 号染色体的抑制基因对陆地棉降低麦克隆值、提高纤维品质有利用价值。22Sh、16、22Lo、11Sh 号染色体的纤维伸长率极显著高于 TM-1,表明这几条染色体带有提高纤维伸长率的有利基因。17、18、1、26Lo、15Sh 号染色体与伸长率抑制表达基因有关。综合分析各个染色体置换系的纤维品质,发现海岛棉 14Sh 号染色体具有较多的纤维品质优良基因。

3 结论

本研究利用 16 个陆地棉置换系对主要性状进行了染色体定位,结果表明,同一性状受多条染色体控制,一条染色体上具有控制多种性状的基因。这与前人结果一致^[3-6,8]。研究发现,海岛棉 1 号染色体可以增加株高;16、26Lo 染色体可以增强抗病性;16、17、18、4 号染色体具有降低铃数基因;22Lo、22Sh、16、11Sh、26Lo 号染色体可以提高衣分,与 Saha^[6]的结果 2、6、16、18、5Sh、22Lo、22Sh 可以提高衣

分相比,有3个染色体(22Lo,22Sh,16)一致;大部分染色体降低铃重。14Sh、26Lo号染色体可以提高纤维长度,支持了Saha^[6]14Sh可以提高纤维长度的观点;14Sh、15Sh号染色体可以提高强度;4号染色体可以降低麦克隆值;22Sh、16、22Lo、11Sh号染色体可以提高伸长率。尤其值得注意的是,本研究认为,海

岛棉的14Sh、15Sh染色体可以提高比强度。同时,Kohel^[7]利用TM-1与3-79的F₂分离群体进行纤维品质性状的QTL定位,也在14、15染色体上检测到了控制纤维比强度的QTL,进一步表明利用置换系进行农艺性状染色体定位的可靠性。

表1 各置换系及TM-1、3-79主要性状比较

Table 1 Comparison of main traits of CS-B lines, TM-1, and 3-79

名称	株高/cm	果枝节位/个	黄萎病指	铃数/个	衣分/%	铃重/g	长度/mm	整齐度/%	比强度/(cN·tex ⁻¹)	麦克隆值	伸长率/%
CSB01	85.08*	7.51	38.75	7.13	31.8	5.32*	28.94	82.85	29.32	4.27	6.22**
CSB02	75.86	7.21	34.30	6.92	32.7	5.71	29.11	83.46	29.39	4.61	6.59
CSB04	71.51*	7.24	54.29*	3.58**	30.5	4.84**	28.57	81.63**	28.55	3.99**	6.61
CSB05Sh	76.66	7.67	47.32*	8.04	31.0	5.35*	29.49	83.38	28.98	4.67	6.39
CSB06	79.98	7.86	35.41	8.03	32.8	5.88	29.00	83.44	29.77	4.38	6.45
CSB07	79.60	6.93	41.22	7.86	32.8	5.41*	28.64	83.16	28.41	4.41	6.59
CSB11Sh	74.73	7.01	64.40*	6.92	34.2**	4.12**	27.83**	81.73**	27.69**	4.29	6.69**
CSB12Sh	79.53	7.20	33.33	7.35	31.0	6.11	29.08	83.49	29.45	4.64	6.44
CSB14Sh	76.48	7.71	31.38	6.36	30.8	4.79**	30.83**	84.19	30.71*	4.59	6.37
CSB15Sh	78.04	9.08**	31.11	5.88	32.0	5.60	29.60	83.56	30.61*	4.52	6.17**
CSB16	75.54	7.86	22.97*	4.63*	35.4**	5.69	27.3**	81.4**	26.26**	4.56	6.75**
CSB17	69.82**	8.14	45.05	4.01**	32.1	4.99**	27.94**	82.57*	28.65	4.41	6.33*
CSB18	80.26	7.31	50.32*	3.73**	32.7	5.04**	28.03**	82.57*	28.8	5.08**	6.26**
CSB22Lo	68.95**	8.01	35.92	7.12	36.7**	4.43**	26.84**	82.82	22.52**	5.56**	6.7**
CSB22Sh	84.51	8.46**	36.52	7.44	36.4**	5.22**	26.83**	81.98**	26.33**	5.41**	6.77**
CSB26Lo	72.82	7.89	24.71*	6.87	33.6**	4.56**	29.96*	83.9	28.98	5.33**	6.18**
TM-1	80.88	7.69	37.90	7.49	31.3	5.83	29.22	83.66	29.48	4.43	6.38
3-79	121.93**	8.45**	11.66**	3.7**	32.7	3.71**	36.21**	87.05**	41.23**	4.36	5.16**

注:*,**分别表示与TM-1之间的差异达0.05和0.01显著水平

参考文献:

- [1]张金发,龚振平,孙济中. 陆地棉与海岛棉种间杂种产量品质优势的研究[J]. 棉花学报,1994,6(3):140-145.
- [2]张小全,王学德. 细胞质雄性不育陆地棉与海岛棉间杂种优势初步研究[J]. 棉花学报,2005,17(2):79-83.
- [3]KOHTEL R J, Endriaai J E, White T G. An evaluation of *Gossypium barbadense* L. chromosome 6 and 17 in the *G. hirsutum* L. genome[J]. Crop Sci, 1977, 17(3):404-406.
- [4]马家璋, Kohel R J. 棉花六个代换系的评价[J]. 作物学报,1983,9(3):145-150.
- [5]任立华,张天真. 陆地棉7个置换系的遗传评价[J]. 作物学报,2001,27(6):993-999.
- [6]SAHA S, Wu Ji-xiang, Jenkins J N. Effect of chromosome substitutions from *Gossypium barbadense* L. 3-79 into *G. hirsutum* L. TM-1 on agronomic and fiber traits [J]. J Cotton Sci, 2004,8:162-169.
- [7]KOHTEL R J, Yu J. Molecular mapping and characterization of traits controlling fiber quality in cotton [J]. Euphytica,2001,121:163-172.
- [8]REN Li-hua, Guo Wang-zhen, Zhang Tian-zhen. Identification of quantitative trait loci (QTLs) affecting yield and fiber properties in chromosome 16 in cotton using substitution line[J]. Acta Botanica Sinica,2002,44(7):815-820. ●