

陆地棉纤维细度相关性状的遗传及相关性分析

邵艳华, 李俊文, 唐淑荣, 刘爱英, 石玉真, 褚平, 桑文东, 孟俊婷, 袁有禄*

(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:利用主基因与多基因混合遗传模型的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 四世代联合分析方法, 研究了棉花纤维细度相关性状的遗传, 进一步明确了主基因存在的普遍性。同时, 对克隆值密切相关的纤维线密度及成熟度比率进行了 F_2 、 $F_{2,3}$ 家系的主基因-多基因单世代分析, 初步判定线密度也存在一对主基因。性状间的遗传相关分析表明, 克隆值及成熟度比率与整齐度分别呈极显著正相关和不相关, 该两个性状与其它性状的相关性两个世代表现不一致; 线密度与整齐度呈正相关, 与伸长率呈极显著负相关, 与长度、强度及衣分不相关。线密度与各性状的相关性要比克隆值和成熟度比率稳定, 受环境影响小, 有必要加强线密度的选择及深入研究。

关键词:陆地棉; 纤维细度; 主基因; 多基因; 遗传相关

中图分类号: S562.032 **文献标识码:** A

文章编号: 1002-7807-(2008)-04-0289-06

Genetic and Correlation Analysis on Fiber Fineness-related Traits in Upland Cotton (*G. hirsutum* L.)

SHAO Yan-hua, LI Jun-wen, TANG Shu-rong, LIU Ai-ying, SHI Yu-zhen, CHU Ping, SANG Wen-dong, MENG Jun-ting, YUAN You-lu*

(Cotton Research Institute of the Chinese Academy of Agricultural Sciences; Key Laboratory of Cotton Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Anyang, Henan 455000, China)

Abstract: The method of joint analyses of multiple generations with P_1 , P_2 , F_1 and F_2 of major gene plus polygene mixed inheritance model was used to analyze the genetics of fiber fineness related traits in the study. The results showed that fiber strength, length and uniformity were controlled by one or two major gene and poly genes. Micronaire was as an indication of both fineness (linear density) and maturity (degree of cell-wall development). The method of major gene plus polygene inheritance model with single segregating generation of F_2 or $F_{2,3}$ were used to analyze the traits of linear density and maturity ratio. The results showed that there was one major gene for linear density. And the correlation analysis indicated that it was possible to produce long, strong and uniform fibers with good elongation. Micronaire was positive significantly correlation with uniformity and the inconsistent correlation of two generations with length, strength and elongation. Maturity ratio was not significantly correlated with uniformity and the inconsistent correlation with other traits. Linear density was positive significantly correlated with uniformity, negative significantly with elongation and no signification with fiber length, strength and lint percentage. This indicated linear density was more stable than micronaire and maturity ratio, so it is necessary to strengthen the study of linear density.

Key words: upland cotton; fiber fineness; major gene; polygene; genetic correlation

目前 QTL 作图的结果以及利用新的统计工具对已有实验数据的重新分析, 发现对许多数量

性状来说, 控制性状遗传的基因在效应大小上是有差异的, 表现为主基因和多基因混合遗传的模

式^[1]。Elkind等^[2]最先提出了一个单基因-多基因遗传模型;Elston^[3]等最早利用分离分析方法分析数量性状主基因的存在;后来,盖钧镒等^[4-5]也提出了多世代主基因-多基因混合遗传的统计方法,这些方法在棉花上已经得到应用。

本研究利用主基因与多基因的遗传分析方法^[4],对具有不同产量性状及纤维品质性状的亲本所配置组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 四世代的纤维细度相关的品质性状及 F_2 、 $F_{2,3}$ 家系纤维细度性状的单世代遗传分析,明确陆地棉细度相关性状是否存在主基因及遗传效应大小,为进一步分子标记辅助育种提供参考信息。

1 材料和方法

1.1 材料

选用一个 F_2 群体,亲本组配为SGK156×HS427-10,于2004年夏天在安阳配制 F_1 ,2004年冬天海南 F_1 自交加代繁殖,2005年种植 F_2 。亲本SGK156是多年自交的抗虫亲本材料,来自河北国家半干旱工程研究中心,麦克隆值多年测定均小于4.2;亲本HS427-10是来自美国农业部南方平原农业研究中心的高强纤维种质系,强度高,麦克隆值也多年偏高,在5.0以上。

1.2 方法

1.2.1 性状调查。2005年夏季在河南安阳中国农科院棉花研究所试验地种植两亲本 P_1 、 P_2 及 F_1 各2行, F_2 种植298株,将 F_2 代单株自交获得 $F_{2,3}$ 家系种子;2006年种植 P_1 、 P_2 、 F_1 及 $F_{2,3}$ 家系273个。行长8m,行距0.8m,株距0.25m,管理同大田。对亲本 P_1 、 P_2 、 F_1 及 F_2 单株进行产量相关性状的田间调查,亲本及 F_1 各调查10株。所有亲本、 F_1 和 F_2 收单株, $F_{2,3}$ 家系混收30铃测定纤维品质。纤维样品送农业部纤维检测中心进行品质测定。10g以上的样品直接用HVI900测定,包括纤维长度、强度、麦克隆值、伸长率和整齐度。用WIRA细度/成熟度电子测试仪测定麦克隆值、线密度和成熟度比率,取纤维样品5g。

1.2.2 性状遗传分析方法。应用主基因+多基因混合遗传模型四世代联合分析方法及单世代数量性状分离分析方法,包括一个主基因、两个主基因、多基因、一个主基因+多基因和两个主基因+多基因共24个模型,通过AIC值判别及一组适合性检验,包括均匀性检验、Smirnov检验和Kolmogorov检验,共有5个统计量: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 (均匀性检验)、 nW^2 (Smirnov检验)和Dn

(Kolmogorov检验)。从中选择最适模型,并由此估计出相应的主基因与多基因效应值、方差及有关遗传参数。采用SPSS软件对 F_2 及 $F_{2,3}$ 家系的产量及品质数据进行表型相关分析。

2 结果与分析

2.1 纤维细度相关品质性状的联合世代分析

利用 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 四个世代联合分析方法,对组合SGK156×HS427-10的纤维细度相关品质性状进行主基因与多基因混合遗传分析模型分析。

2.1.1 纤维长度的遗传分析。组合SGK156×HS427-10两亲本平均值相差1.94个单位, F_1 及 F_2 的分布介于双亲之间,分布范围重叠较大,但最多单株数所在范围不同(表1)。根据AIC值最小准则,纤维长度的最适模型为E-1模型,即两对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,适合性检验全部通过(表2)。表3中,两主基因均以加性效应为主,分别为1.2664和0.8285,显性效应均为负值,多基因加性和显性效应方向相反,两主基因累积遗传率达71.76%,多基因遗传率为12.08%,总遗传率达83.83%。

2.1.2 纤维强度遗传分析。组合中两亲本平均值相差2.83个单位, F_1 的分布介于双亲之间, F_2 的分布低于低亲值,存在超亲分离现象(数据未列出)。AIC的计算结果表明,最小AIC值为1634.178,纤维强度的最适模型是D-0模型,即一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型,且适合性检验全部通过。主基因的加性和显性效应分别为-1.616,-1.5851,主基因的遗传率较大,为42.59%,多基因的遗传率为2.45%,总遗传率为45.04%(表3)。

2.1.3 麦克隆值遗传分析。两亲本均值相差0.72, F_1 及 F_2 的分布介于双亲之间, F_2 的覆盖范围较大,且存在个别超低亲的单株(数据未列出)。对于该组合,C-0模型的AIC值最小为691.019,E-6模型的AIC值为691.993(表4),与C-0模型相近,对该两个模型进行适合性检验,E-6模型的5个参数达显著,而C-0模型全部通过,最终确定C-0模型为最适模型。多基因的加性和显性效应均为负值,以加性效应为主,多基因的遗传率为39.36%。

2.1.4 纤维整齐度的遗传分析。整齐度性状在两亲本中差别不大, F_1 及 F_2 的分布介于双亲之间。AIC的计算结果表明,E-6模型为最适模型,其适合性检验大部分全通过,只有2个参数达到

显著水平。其主基因遗传率较低,仅为 0.41%,多基因遗传率为 33.97%。

2.1.5 纤维伸长率的遗传分析。两亲本均值相差不大,F₁ 的分布介于双亲之间,F₂ 存在大量超

双亲分离的单株。AIC 的计算结果表明,C-0 模型的 AIC 值最小,但其最适模型的适合性检验有 6 个达显著。综合 AIC 值和适合性检验结果,该性状没有最适模型,不能估计伸长率的遗传效应。

表 1 纤维长度性状表型的频率分布
Table 1 The distribution of fiber length

纤维长度	27	<28	<29	<30	<31	<32	<33	<34	<35	平均值	方差	个数
P ₁			1	3	11	27	11	2		31.46	0.94	55
P ₂		2	6	9	8	1				29.52	0.97	26
F ₁			1	12	17	16	5	1		30.84	1	52
F ₂	1	4	29	65	77	55	13	10	2	30.41	1.67	256

表 2 纤维长度的遗传模型适合性检验
Table 2 Test for goodness of fit about genetic models of fiber length

性状	模型	世代	U ₁ ²	U ₂ ²	U ₃ ²	nW ²	Dn
纤维长度	E-1	P ₁	0.170(0.680)	0.061(0.805)	0.369(0.544)	0.192	0.150(0.187)
		P ₂	0.016(0.898)	0.008(0.931)	0.715(0.398)	0.065	0.090(0.193)
		F ₁	0.000(1.000)	0.020(0.887)	0.322(0.570)	0.042	0.090(0.278)
		F ₂	0.000(0.998)	0.008(0.931)	0.115(0.734)	0.044	0.040(0.085)

注:括号内的数字为显著性概率。

表 3 四世代联合分析的纤维品质性状的遗传参数
Table 3 The estimated genetic parameters of fiber quality traits using P₁、P₂、F₁ and F₂ generations

参数	长度	整齐度	麦克隆值	强度	伸长率
模型	E-1	E-6	C-0	D-0	C-0
d	-	-0.0975	-	-1.6160	-
h	-	-	-	-1.5851	-
d _a	1.2664	-	-	-	-
d _b	0.8285	-	-	-	-
h _a	-0.3755	-	-	-	-
h _b	-0.2557	-	-	-	-
[d]	-1.1229	-0.2283	-0.4074	-	-0.0146
[h]	0.9947	0.1202	-0.2235	-	-0.0220
σ _P ²	1.6724	1.7014	0.4024	4.5408	0.1099
h _{mg} ²	0.7176	0.0041	-	0.4259	-
h _{pg} ²	0.1208	0.3397	0.3936	0.0245	0.9172

表 4 四世代纤维强度和麦克隆值不同遗传模型的 AIC 值
Table 4 AIC values of different genetic models about fiber strength and macronaire

模型	AIC		模型	AIC	
	强度	麦克隆值		强度	麦克隆值
A-1	1703.909	701.973	B-2	1701.203	701.688
A-2	1704.957	709.830	B-3	1704.034	706.647
A-3	1710.892	707.990	B-4	1703.689	710.285
A-4	1717.470	730.403	B-5	1701.705	700.058
D-0	1634.178	692.067	B-6	1705.003	702.775
D-1	1698.298	701.496	E-0	1641.681	698.157
D-2	1705.464	701.804	E-1	1636.411	692.631
D-3	1705.474	701.821	E-2	1694.300	697.504
D-4	1705.474	701.821	E-3	1698.915	694.431
C-0	1638.398	691.019	E-4	1697.225	693.152
C-1	1703.467	699.810	E-5	1774.936	707.601
B-1	1641.480	697.347	E-6	1691.473	691.993

2.2 F₂ 及 F_{2,3}家系的单世代分析

由于亲本数据不全,对由 WIRA 棉纤维细度/成熟度电子测试仪测定的麦克隆值、线密度和成熟度比率等3个性状分别进行 F₂ 代及 F_{2,3}家系的单世代分析,初步预测是否有主基因存在。表5中,AIC的计算结果表明 F₂ 代麦克隆值的最适模型是 A-1,即一对主基因模型;F_{2,3}家系的麦克隆值最适模型是 A-0,即无主基因模型,适合性检验全部通过。F₂ 与 F_{2,3}家系数据不相一致的原因可能是两

年的环境差异引起的,也可能是由于纤维品质测定所需的样品用量少,样品均一度不同,从而导致两世代差异较大。F₂ 与 F_{2,3}家系线密度的最适模型都是 A-1 模型,即一对主基因模型,且适合性检验全部通过。F₂ 代以加性效应为主,F_{2,3}家系以显性效应为主,显性效应都为负值,主基因遗传率分别为 54.35%和49.09%,结果基本一致。F₂ 代及 F_{2,3}家系的成熟度比率的最适模型分别为 B-6 和 A-0 模型,适合性检验全部通过。

表5 细度相关性状单世代分析的遗传模型及 AIC 值

Table 5 The genetic models and their AIC values of single generation analysis on fiber fineness related traits

性状	麦克隆值		线密度		成熟度比率	
	F ₂	F _{2,3}	F ₂	F _{2,3}	F ₂	F _{2,3}
模型	A-1	A-0	A-1	A-1	B-6	A-0
AIC	530.709	187.585	2277.459	1998.819	-390.007	-512.847

2.3 F₂ 及 F_{2,3}家系产量及细度相关品质性状的表型相关分析

对 F₂ 及 F_{2,3}家系的主要产量性状铃重、衣分(数据未列出),品质性状纤维长度、整齐度、麦克隆值、强度、伸长率及由 WIRA 棉纤维细度/成熟度电子测试仪测定的麦克隆值(数据未列出)、线

密度和成熟度比率两组对应数据进行表型相关分析。表6结果显示除了成熟度比率未达显著水平,即不相关外,其他性状均达到极显著正相关,表明用 F_{2,3}家系的数据对分离世代 F₂ 代进行验证是有效的。

表6 F₂ 与 F_{2,3}家系纤维品质性状对应数据的相关系数与显著性

Table 6 Correlation coefficients and significances among fiber qualities in F₂ corresponding F_{2,3} families

参数	长度	整齐度	麦克隆值	强度	伸长率	线密度	成熟度比率
R	0.620**	0.215**	0.290**	0.502**	0.471**	0.209**	0.088

注: * 表明 0.05 的显著水平, * * 表明 0.01 的显著水平,后同。

2.3.1 纤维主要品质性状间的相关性。由表7可以看出,对于多数性状,两年的数据比较一致。

纤维长度与强度、整齐度呈极显著正相关,但与强度的相关系数最高,两年分别为 0.626 和 0.757,

表7 F₂ 代各性状间及 F_{2,3}家系各性状间产量与品质性状间相关系数及其显著性

Table 7 Correlation coefficients and significances among yield traits and fiber qualities in F₂ and F_{2,3} families

性状	铃重	衣分	长度	整齐度	麦克隆值	强度	伸长率	线密度
衣分 F ₂	-0.261**							
衣分 F _{2,3}	-0.163*							
长度 F ₂	0.164*	-0.344**						
长度 F _{2,3}	0.051	-0.437**						
整齐度 F ₂	0.139	-0.094	0.363**					
整齐度 F _{2,3}	-0.085	0.053	0.197**					
麦克隆值 F ₂	0.554**	0.088	-0.006	0.241**				
麦克隆值 F _{2,3}	-0.072	0.361**	-0.423**	0.214**				
强度 F ₂	0.151*	-0.316**	0.626**	0.557**	-0.049			
强度 F _{2,3}	0.000	-0.428**	0.757**	0.229**	-0.308**			
伸长率 F ₂	-0.290**	0.240**	-0.557**	-0.576**	-0.273**	-0.823**		
伸长率 F _{2,3}	0.076	0.193**	-0.446**	-0.333**	-0.125	-0.683**		
线密度 F ₂	0.390**	0.140	-0.112	0.226**	0.754**	-0.020	-0.242**	
线密度 F _{2,3}	0.020	0.111	-0.111	0.177*	0.548**	0.037	-0.298**	
成熟度比率 F ₂	0.451**	-0.045	0.042	0.086	0.645**	-0.002	-0.158*	0.231**
成熟度比率 F _{2,3}	-0.160*	0.285**	-0.422**	-0.018	0.404**	-0.436**	0.218**	-0.397**

可能与较紧密的连锁或一因多效有关;与伸长率呈极显著负相关。长度与麦克隆值的相关性,两年的数据不一致, $F_{2,3}$ 代呈极显著负相关,而 F_2 代两性状并不相关。强度与各性状的相关性同长度一致。麦克隆值与整齐度呈极显著正相关,与伸长率的相关性上两世代不一致, F_2 代呈显著负相关,而 $F_{2,3}$ 代两性状并不相关。

2.3.2 产量性状与主要品质性状间的相关性。铃重与衣分呈显著或极显著负相关,与整齐度不相关。而铃重与其它品质性状的相关关系,两世代不一致,其与长度、强度、麦克隆值、伸长率的相关性,均是 F_2 代呈显著或极显著正相关, $F_{2,3}$ 代却不相关。衣分与长度、强度呈极显著负相关,与伸长率呈极显著正相关,与整齐度不相关。而衣分与麦克隆值的相关性,两世代不一致, F_2 代两性状并不相关,而 $F_{2,3}$ 代呈极显著正相关。这些结果表明高衣分材料,其纤维品质可能较差。

2.3.3 麦克隆值、线密度、成熟度比率与其它性状间的相关性。由 HVI900 测得的麦克隆值与纤维细度成熟度电子测试仪测定的麦克隆值(数据未列出)的相关性呈极显著正相关,两世代相关系数分别为 0.898 和 0.891,极为相近,两台仪器的测试结果比较一致,表明了测试方法造成的误差较小,数据有效。麦克隆值又可细分为细度和成熟度。

麦克隆值与线密度的相关性很高,呈极显著正相关,两世代相关系数的最高值可达 0.823;麦克隆值与成熟度比率也呈极显著正相关,但相比较而言,线密度对麦克隆值的决定作用更强,利用线性回归方程得到的结果也证明了这一点。

线密度与整齐度呈显著或极显著正相关,与伸长率呈极显著负相关,与长度、强度及衣分不相关,线密度与铃重的相关性,两世代数据不一致, F_2 代两性状呈显著正相关,而 $F_{2,3}$ 代两性状不相关。

成熟度比率与整齐度不相关。从成熟度比率与其它品质性状的相关性看,均是 F_2 代两性状不相关, $F_{2,3}$ 代两性状呈极显著负相关;而与线密度的相关性为两世代数据完全相反, F_2 代呈极显著正相关, $F_{2,3}$ 代却为极显著负相关;其与伸长率也是两世代相反, F_2 代相关系数为-0.158,呈显著负相关,而 $F_{2,3}$ 代呈极显著正相关。成熟度比率与产量性状铃重、衣分的相关系数,两世代也存在较大差异,其与铃重在 F_2 代的相关系数

为 0.451,达到极显著正相关,而 $F_{2,3}$ 代呈-0.160,达到显著负相关;其与衣分 F_2 代不相关,而 $F_{2,3}$ 代呈极显著正相关。

3 结论与讨论

目前,越来越多的研究结果^[6-14]打破了以往认为的棉纤维品质为典型的数量性状遗传方式的观点,表明纤维强度等品质性状是由少数主基因控制的。本研究利用 P_1 、 P_2 、 F_1 及 F_2 四世代联合分析方法明确了在纤维强度、长度、整齐度上均存在一到两对主基因,与前人的研究结果基本一致^[1-3,15-16],这为进一步的分子验证奠定了基础。同前人的研究比较,主基因遗传力大小上存在一定差异,可能是由于材料不同或环境差异造成的。为克服单世代试验精确度低的缺点,本研究利用 F_2 和 $F_{2,3}$ 家系两组对应数据的单世代分析,初步判定了目前研究较少的反应纤维细度指标的纤维线密度上也存在一对主基因。而成熟度比率因两年相关性未达显著性水平,故难以判断该性状是否也存在主基因。

通过产量和品质性状的相关性分析,纤维长度、强度、整齐度间呈极高的正相关,与伸长率呈显著负相关。两个世代相关性状数据的变化表明纤维长、强度好,整齐及伸长率小等性状易聚合到一起,但长度、强度与衣分呈极显著的负相关,表明依然存在产量与棉纤维内在品质的负相关,要实现丰产和优质的结合难度仍然大。

麦克隆值与整齐度呈极显著正相关,与纤维长度、强度、伸长率的相关性两世代不一致;成熟度比率与整齐度不相关,与其它性状的相关性两个世代表现不一致;线密度与整齐度呈显著以上正相关,与伸长率呈极显著负相关,与长度、强度及衣分不相关。其原因在于成熟度比率可能受环境影响较大,导致其与各性状的相关性两世代数据差异较大。相对而言,线密度与各性状的相关性要比麦克隆值和成熟度比率稳定,而且 F_2 代和 $F_{2,3}$ 家系的主基因遗传也较一致,受环境影响小,有必要加强线密度的选择及深入研究。

当然,两世代数据不太一致的原因,也可能是纤维检测时取样量较少造成的。本研究采用单株或混收 30 铃棉样,同一样品基因型并不一致,从而造成两世代的差异。

致谢:

南京农业大学章元明教授提供了主基因-多基因遗传模型分析软件并对分析方法给予指导,特此表示感谢。

参考文献:

- [1] 袁有禄,张天真,郭旺珍,等. 棉花高品质纤维性状的主基因与多基因遗传分析[J]. 遗传学报, 2002, 29(9):827-834.
- [2] ELKIND Y, Cahaner A. A mixed model for the effects of single gene, polygenes and their interaction on quantitative traits[J]. Theor Appl Genet, 1986, 72:377-383.
- [3] ELSTON R C. The genetic analysis of quantitative trait differences between two homozygous lines[J]. Genetics, 1984, 108: 733-744.
- [4] 盖钧镒,章元明,王健康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003:169-219.
- [5] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传, 2005, 27(1):130-136.
- [6] 袁有禄. 棉花优质纤维特性的遗传及分子标记研究[D]. 南京:南京农业大学, 2000.
- [7] LOSISEL P, Goffinet B, Monod H, et al. Detecting a major gene in an F₂ population [J]. Biometrics, 1994, 50:512-516.
- [8] MEREDITH W R J. Cotton breeding for fiber strength[C] // Proceedings from Cotton Fiber Cellulose: Structure, Function, and Utilization conference. Memphis, TN:National Cotton Council of America, 1992:289-302.
- [9] MAY O L, Green C C, Roach S H, et al. Registration of PD93001, PD93002, PD93003, PD93004 germplasm lines of upland cotton with brown lint and high fiber quality[J]. Crop Sci, 1994, 34:542.
- [10] MAY O L, Jividen G M. Genetic modification of cotton fiber properties with single and high volume instruments[J]. Crop Sci, 1999, 39:328-333.
- [11] 唐文武,肖文俊,黄英金,等. 优异纤维品质陆地棉和转基因抗虫棉的杂种优势和亲缘相关性[J]. 棉花学报, 2006, 18(2):74-78.
- [12] 宋美珍,喻树迅,范术丽,等. 短季棉主要农艺性状的遗传分析[J]. 棉花学报, 2005, 17(2):94-98.
- [13] 石玉真,刘爱英,李俊文,等. 陆海种间杂交纤维品质性状的遗传及其 F₁ 群体优势分析[J]. 棉花学报, 2008, 20(1):56-61.
- [14] 汤飞宇,程 锦,黄文新,等. 高品质陆地棉与不同类型品种杂种的遗传及优势分析[J]. 棉花学报, 2008, 20(3):170-173.
- [15] 殷剑美,武耀廷,朱协飞,等. 陆地棉产量与品质性状的主基因与多基因遗传分析[J]. 棉花学报, 2003, 15(2):67-72.
- [16] 王淑芳,石玉真,刘爱英,等. 陆地棉纤维品质性状主基因与多基因混合遗传分析[J]. 中国农学通报, 2006, 22(2):157-161. ●