

新疆高品质陆地棉纤维品质性状遗传分析研究

艾先涛, 李雪源*, 王俊铎, 吐尔逊江, 莫明, 孙国清, 沙红
(新疆农科院经济作物研究所, 乌鲁木齐 830091)

摘要:以 9-1696×CCRI 35 配置单交组合及其衍生世代, 利用该组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 和 B_2 6 世代群体的纤维品质性状, 采用世代平均值法、主-多基因混合遗传模型分离分析法对该组合纤维长度、整齐度、比强度和伸长率 4 个纤维品质性状做遗传分析。结果表明: (1) 4 个纤维品质性状均以加性遗传为主, 同时检测出显著的上位性效应。经模型适合性检验, 纤维长度和伸长率两个纤维品质性状符合加性-显性-上位性遗传模型。比强度和整齐度性状符合加性-上位性遗传模型。(2) 比强度和伸长率符合两对加性-显性-上位性主基因十多基因混合遗传模型, 其主基因遗传率分别为: 比强度(47.80%)、伸长率(20.07%)。纤维长度和整齐度遗传受主基因和多基因共同控制。

关键词: 陆地棉; 纤维品质; 遗传分析

中图分类号: S562.032 文献标识码: A

文章编号: 1002-7807(2009)02-0107-08

Analysis on Fiber Quality Traits Inheritance of High Quality Upland Cotton in Xinjiang

AI Xian-tao, LI Xue-yuan*, WANG Jun-duo, TU Er-xun-jiang, MO Ming, SUN Guo-qing, SHA Hong

(Institute of Economic Crops, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, China)

Abstract: Based on the data of field experiment of six generations (P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 、 B_2) from the upland cotton cross (9-1696×CCRI 35), the inheritance of four traits of fiber quality were studied by the methods of generation means, major gene-polygene mixed inheritance model. The major results are as follows: 1) The heredity of fiber quality traits were mostly additive, as well as epistasis. Through Chi-Square test, the traits of fiber length and elongation expressed additive dominant and epistatic effects, and the traits of strength and uniformity expressed additive and epistatic effects. 2) It was showed that strength and elongation adapted to two major genes plus polygene model, and the major genes express additive dominant and epistatic effects. The major-genes heritability were 47.80% of strength, 20.07% of elongation. Fiber length and uniformity were controlled by both major-gene and polygene.

Key words: upland cotton; fiber quality; inheritance analysis

近年来,国内外对棉花纤维品质性状的遗传规律进行了大量的研究。主要采用双列杂交和 6 世代群体平均值分析的分析方法,对性状的基因整体效应研究,可分解为加性和非加性(显性和上

位性)遗传效应,但不能分解出单个基因的效应。研究发现许多控制数量性状遗传的基因在遗传效应上是有大小差异的,效应较大的基因可以表现出主基因的特性,效应相对较小的基因可表现为

收稿日期: 2007-07-25

作者简介:艾先涛(1979-)男,助研; * 通讯作者, yixiantao@sina.com

基金项目:新疆维吾尔自治区“十五”高新技术项目(200311101)

微基因特性,性状的遗传表现为主基因加多基因的混合遗传模式。

本研究将运用世代平均值的遗传分析方法和主-多基因混合遗传模型分离分析方法,从两个不同的方面揭示 9-1696×中棉所 35 组合纤维品质性状的遗传规律,为挖掘利用新疆优质陆地棉资源做一些基础工作,并为新疆棉花高品质纤维品质的辅助选择提供早期选择依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

以优质自育中长绒陆地棉新陆中 9 号改良稳定系 9-1696 为母本(P_1),中棉所 35 为父本(P_2),配制 F_1 、 F_2 、 B_1 和 B_2 群体。

1.2 田间试验设计

用 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 和 B_2 共 6 个世代群体在新疆农科院库车棉花育种基地布置田间试验。田间试验为随机区组设计,3 次重复,采用矮密早种植模式。定苗后,对 P_1 、 P_2 、 F_1 三个群体随机挂牌,各 100 株。对 F_2 、 B_1 和 B_2 三个群体分别随机挂牌

248 株、200 株、200 株,收获株数分别是 183、187、189 株。田间管理与当地大田生产相同。

1.3 性状考察

分单株收获霜前花测定纤维品质。纤维品质由农业部纤维品质检验测试中心利用 HVI900 仪测试完成,包括 2.5% 跨距长度、纤维比强度、纤维整齐度、麦克隆值和伸长率。

1.4 分析方法

数据分析采用主-多基因混合遗传模型的单世代和多世代的联合分析方法^[1-4]。通过极大似然法估计分布参数,用 AIC 值判别和一组适合性检验,选择最适模型,并估算出相应的主基因与多基因效应值、方差及有关遗传参数。

2 结果与分析

2.1 6 世代平均值分析

对该组合 6 世代群体平均值数据运用加性-显性-上位性 6 参数模型进行分析^[5-7],并估计 4 个纤维品质性状在 F_2 群体中的广义遗传率(表 1)。

表 1 6 世代平均值分析

Table 1 Analysis of average value for six generations

		纤维长度	整齐度	比强度	伸长率
一阶参数	均值	30.03±0.61**	85.04±0.46**	29.55±0.90**	9.01±0.24**
	加性	1.04±0.10**	0.82±0.09**	2.67±0.16**	0.23±0.048**
	显性	1.93±1.41	0.31±1.10	0.87±2.19	-1.12±0.58**
	上	1.57±0.60**	1.39±0.45**	2.93±0.89**	-1.47±0.24**
	位	-1.27±0.35**	-1.03±0.31**	1.40±0.61*	-0.21±0.16
	性	0.09±0.87	2.92±0.70**	3.38±1.39*	3.60±0.36**
二阶参数 F_2	表型方差	3.19	1.57	5.83	0.46
	环境方差	1.27	1.05	2.83	0.24
	基因方差	1.92	0.52	3.00	0.23
	广义遗传率	60.23	32.90	51.49	48.62

从表 1 可以看出:纤维长度存在极显著的正向加性效应、显性效应、加×加上位性效应和极显著的负向加×显上位性效应。 F_1 代的纤维长度性状具有中亲优势,且显性效应为正值,显×显效应不显著,说明显性效应对其杂种优势的重要性;整齐度存在极显著的正向加性效应、加×加、显×显上位性效应和极显著的负向加×显上位性效应,显性效应不显著;比强度存在极显著的正向加性效应、加×加、加×显、显×显上位性效应,显性效应不显著。 F_1 代在整齐度和比强度性状上具有超亲或中亲优势,但它们的显性效应不显著,这是因为显×显上位性效应较大,说明上位性效应对纤维整齐度性状和比强度性状杂种优势的重要

性;伸长率存在显著的正向加性效应和显×显上位性效应和极显著的负向显性效应和加×加上位性效应, F_1 代在该性状上具有超亲优势,但显性效应为负,这是因为显×显上位性效应较大,说明显×显上位性作用的重要性。其加性效应为正值,而加×加上位性效应为负值,因此在纯系中加性效应对伸长率更为重要。卡平方测验表明 4 个纤维性状均适合所选遗传模型。

利用对广义遗传率的估计方法^[8],分别计算各纤维品质性状的广义遗传率。纤维长度为 60.19%、比强度为 51.46%、伸长率为 50%。说明这三个性状基因遗传率高,受环境影响小,有利于进行分子标记辅助选择育种。而整齐度的广义

遗传率仅为 32.90%,说明整齐度性状受环境影响较大,不适合运用分子标记辅助选择育种。

2.2 主-多基因混合遗传模型分析

运用 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 、 B_2 6 世代联合分析计算 4 个纤维品质性状的 24 种遗传模型的 AIC 值(表 2)。选择 AIC 值相对低的一个或几个候选遗传模型,并对 4 个纤维品质性状的候选遗传模型进行适合性检验(表 3)。纤维品质性状的似然比测验见表 4。4 个纤维品质性状的最适遗传模型的一阶分布参数列于表 5。根据模型的一阶分布参数,估计出 4 个纤维品质性状的遗传参数(表 6)。

从表 2 可以看出纤维长度性状的 B-1、C-0、D-0 三个遗传模型的 AIC 值都相对最小,经最适模型适合性检验(表 3),三个模型都比较适合。通过似然比的卡方测验,模型间的差异也不显著,但 C-0 模型的 AIC 值在这三个模型中最小。因此,本组合纤维长度的遗传可能为多基因遗传模式,但还需经以后的 QTL 定位结果来验证最适遗传模型。通过表 5 的成分分布平均数得到的遗传参数估计(表 6)可以看出,在 C-0 模型下,纤维长度性状在 F_2 群体中的多基因遗传率为 60.73%,加性效应为 1.044354,显性效应为 1.93477928,效应方向相同。

从表 2 可以看出,纤维整齐度性状的 C-0、D-0、E-0 模型的 AIC 值都相对较小。经最适模型适合性测验(表 3),三个模型都比较适合。通过似然比的卡方测验,模型间的差异不显著。但 C-0 模型的 AIC 值最小,可推断该组合纤维整齐度的遗传符合多基因的遗传模式,需经以后的 QTL 定位结果来验证最适遗传模型。由表 6 可以看出,在 C-0 模型下,多基因的加性效应为 0.8169365,显性效应为 0.3151795,该性状在 F_2 群体中的多基因遗传率为 33.57%。

从表 2 可以看出,比强度性状的 E-1 模型的 AIC 值最小,经模型适合性测验(表 3),除了亲本 P_2 的 U_3 统计量显著之外,其余统计量均不显著。所以,E-1 模型的适合性比较好。由此可推断,本组合比强度性状遵循两对主基因十多基因混合遗传的模式。由表 6 可以看出,在 E-1 模型下,其两个主基因的加性效应分别为 -0.3099 和 -0.3234,显性效应分别为 -2.1289 和 -2.1302,主

基因 a 和 b 的加 \times 加效应为 2.7916,主基因 a 的加性 \times 主基因 b 的显性互作效应为 0.5319,主基因 a 的显性 \times 主基因 b 的加性互作效应为 0.5396,主基因 a 和 b 的显 \times 显互作效应为 3.0348。该性状在 F_2 群体中的主基因遗传率较高,为 47.7957%,多基因遗传率低,为 5.99%。

从表 2 看出,伸长率性状的 C-0、D-0 和 E-0 模型的 AIC 值比较接近,经模型适合性测验(表 3),除三处的统计量达到显著或极显著以外,其余统计量均为不显著,模型适合性较好。通过似然比的卡方测验,C-0 和 D-0 模型都与 E-0 模型有显著的差异,而 E-0 模型的 AIC 值最低,因此 E-0 模型是伸长率的最适模型。所以推断本组合的纤维伸长率遗传可能是遵循两对主基因十多基因混合遗传的模式。在 E-0 模型下,其两个主基因的加性效应分别为 0.4284 和 0.354,显性效应分别为 -0.1105 和 -0.1087,主基因 a 和 b 的加 \times 加效应为 0.1549,主基因 a 的加性 \times 主基因 b 的显性互作效应为 -0.4102,主基因 a 的显性 \times 主基因 b 的加性互作效应为 -0.3376,主基因 a 和 b 的显 \times 显互作效应为 0.108。该性状在 F_2 群体中的主基因遗传率为 20.07%,多基因遗传率为 32.67%。

将六世代平均值分析结果(表 1)与主-多基因混合遗传模型分析结果(表 6)对比可以看出,世代平均值法是从性状的整体效应出发来研究其遗传规律,而主-多基因混合遗传模型是分别研究主基因和多基因的遗传效应,但其总的遗传效应和世代平均值分析方法得出的结果吻合。

2.3 纤维品质各性状间的相关性分析

对 9-1696 \times 中棉所 35 号组合 F_2 群体的 180 个单株的纤维品质性状进行相关分析,可知纤维长度与整齐度、比强度、伸长率间存在极显著的正相关,与克隆值有极显著的负相关。整齐度与纤维长度、比强度和伸长率存在显著正相关。比强度与纤维长度、整齐度有极显著正相关,与伸长率有极显著负相关。伸长率与纤维长度有极显著正相关,与比强度、克隆值有极显著负相关(表 7)。这与前人对纤维品质性状之间的相关性研究基本一致。且本研究构建的群体,纤维长、强、细更容易聚合在一起,更有利于选育优质纤维品种,是较好的育种群体。

表2 用 IECM 算法估计各种纤维品质性状在各种遗传模型下的 AIC 值

Table 2 AIC value of all fiber quality traits estimated by IECM algorithm under all genetic models

	纤维长度	整齐度	比强度	伸长率
A-1	2690.822	2504.106	3388.468	—
A-2	2690.046	2529.709	3387.944	—
A-3	2699.632	2506.270	3438.172	—
A-4	2700.449	2474.957	3448.241	—
B-1	2646.244	2405.981	3295.448	—
B-2	2666.630	2494.411	3371.257	—
B-3	2759.505	2563.390	3551.188	—
B-4	2698.973	2529.864	3409.780	—
B-5	2700.090	2502.888	3439.313	—
B-6	2705.170	2500.887	3437.315	—
C-0	2643.297	2357.775	3318.080	1535.883
C-1	2677.216	2496.598	3424.503	1639.579
D-0	2647.315	2361.792	3312.300	1536.200
D-1	2667.058	2460.402	—	—
D-2	2665.067	2458.520	—	—
D-3	2665.378	2458.615	3342.440	1619.600
D-4	2665.264	2458.526	3303.817	1553.790
E-0	2656.583	2369.235	3299.458	1535.439
E-1	2651.596	2388.0269	3267.441	1555.431
E-2	2684.693	2502.460	3384.438	1601.294
E-3	2652.136	2421.411	3336.943	1590.337
E-4	2678.722	2500.380	3399.463	1641.181
E-5	2681.011	2502.388	3428.453	1643.518

3 讨论

3.1 棉花数量遗传规律

吴振衡等利用陆地棉杂交组合的 P_1 、 F_1 、 P_2 、 B_1 、 B_2 及 F_2 6 个世代群体的数据,采用 Mather 的加—显—上遗传模型分析,得出棉花纤维品质性状除了受加性和显性效应作用外,还受上位性效应的影响^[9]。别墅等得出纤维长度和强度以加性效应为主^[10]。袁有禄等利用陆地棉杂交及 F_1 世代的数据,采用完全双列杂交分析法,得出纤维长度、比强度、细度、伸长率以加性效应为主^[11-13]。郭志丽利用海陆单交组合及其衍生后代,采用世代平均值分析法研究表明,各种纤维品质性状均以加性遗传为主,同时纤维长度和整齐度性状还存在显著的显性效应^[14]。综上所述,纤维长度、强度、伸长率的遗传以加性效应为主,同时还存在上位性效应。本研究表明,纤维长度、整齐度、比强度和伸长率都存在显著的加性效应和上位性效应,纤维长度和伸长率同时存在显性效应。这与前人的研究结果是一致的。

袁有禄通过对 14 个组合进行主-多基因混合

遗传模型分析得出,在 12 个组合的纤维品质性状存在主基因控制^[11]。殷剑美对陆地棉杂交组合的研究结果得出,纤维长度、强度和伸长率符合“一对主基因十多基因”遗传模型,整齐度性状符合多基因模型^[15]。郭志丽采用主-多基因混合遗传模型分析表明,纤维长度符合多基因遗传模型,纤维比强度符合两对主基因十多基因模型,纤维整齐度和麦克隆值符合一对主基因十多基因模型^[14]。本研究表明,比强度性状由主基因控制,这与前人研究结果相同。但由于杂交组合不同,在主基因的对数上有所不同。本研究得出控制比强度性状的主基因有两对。在本研究中,纤维长度和整齐度的遗传模型不确定,可能符合“一对主基因十多基因”遗传模型,也可能符合多基因遗传模型,这与前人的研究结果也不相同,可能与采用的杂交组合不同有关,还需经 QTL 定位结果进行进一步的验证。纤维强度和伸长率符合“两对主基因十多基因”的混合遗传模型,与前人的结果相一致。

表 3 4 个纤维品质性状候选遗传模型的适合性检验

Table 3 Adaptive test of candidated genetic models of four fiber quality traits

性状	模型	极大对数似然值	世代	统计量				
				U1	U2	U3	nW ²	Dn
比强度	E-1	-1618.7	P ₁	0.164(0.6852)	0.138(0.7099)	0.007(0.9347)	0.0895	0.0889
			F ₁	0.108(0.7420)	0.172(0.6783)	0.148(0.7008)	0.0370	0.0669
			P ₂	0.514(0.4733)	1.815(0.1779)	6.816**	0.3356	0.1302
			B ₁	0.012(0.9113)	0.013(0.9095)	0.001(0.9813)	0.0438	0.0489
			B ₂	0.081(0.7758)	0.197(0.6574)	0.451(0.5020)	0.0669	0.0540
			F ₂	0.254(0.6145)	0.624(0.4296)	1.460(0.2269)	0.1134	0.0663
	B-1	-1313.1	P ₁	0.070(0.7906)	0.024(0.8759)	2.732(0.0983)	0.1501	0.1040
			F ₁	0.091(0.7624)	0.200(0.6547)	0.382(0.5364)	0.0751	0.0870
			P ₂	0.065(0.7986)	0.018(0.8937)	2.319(0.1278)	0.1110	0.1024
			B ₁	0.493(0.4824)	0.250(0.6172)	0.520(0.4709)	0.0844	0.0653
			B ₂	1.423(0.2329)	0.729(0.3933)	1.454(0.2279)	0.2044	0.0787
			F ₂	3.122(0.0773)	2.006(0.1566)	1.386(0.2391)	0.3835	0.0964
纤维长度	C-0	-1311.6	P ₁	0.026(0.8721)	0.045(0.8327)	2.157(0.1419)	0.1310	0.1035
			F ₁	0.085(0.7710)	0.244(0.6212)	0.721(0.3958)	0.0813	0.0917
			P ₂	0.026(0.8720)	0.360(0.5484)	3.155(0.0757)	0.1247	0.1245
			B ₁	0.091(0.7633)	0.082(0.7741)	0.000(0.9852)	0.0493	0.0478
			B ₂	0.022(0.8824)	0.005(0.9455)	0.716(0.3973)	0.0485	0.0467
			F ₂	0.005(0.9464)	0.033(0.8564)	0.215(0.6430)	0.0420	0.0467
	D-0	-1311.7	P ₁	0.026(0.8721)	0.045(0.8328)	2.156(0.1420)	0.1309	0.1035
			F ₁	0.085(0.7709)	0.244(0.6211)	0.722(0.3955)	0.0813	0.0917
			P ₂	0.026(0.8720)	0.360(0.5483)	3.157(0.0756)	0.1247	0.1245
			B ₁	0.091(0.7627)	0.083(0.7738)	0.000(0.9840)	0.0494	0.0479
			B ₂	0.022(0.8819)	0.005(0.9454)	0.722(0.3956)	0.0487	0.0468
			F ₂	0.005(0.9462)	0.033(0.8560)	0.216(0.6423)	0.0420	0.0467
整齐度	C-0	-1168.9	P ₁	0.005(0.9411)	0.039(0.8435)	0.253(0.6147)	0.1583	0.1139
			F ₁	0.142(0.7067)	0.236(0.6272)	0.235(0.6276)	0.1049	0.0943
			P ₂	0.131(0.7174)	0.375(0.5405)	1.095(0.2953)	0.0888	0.0887
			B ₁	0.091(0.7623)	0.081(0.7754)	0.001(0.9760)	0.0655	0.0534
			B ₂	0.226(0.6342)	0.036(0.8497)	1.177(0.2780)	0.0876	0.0652
			F ₂	0.005(0.9416)	0.024(0.8776)	0.110(0.7396)	0.0870	0.0589
	D-0	-1168.9	P ₁	0.005(0.9411)	0.039(0.8438)	0.252(0.6156)	0.1583	0.1139
			F ₁	0.142(0.7068)	0.235(0.6275)	0.234(0.6284)	0.1049	0.0943
			P ₂	0.131(0.7174)	0.374(0.5407)	1.093(0.2958)	0.0887	0.0887
			B ₁	0.092(0.7622)	0.081(0.7755)	0.001(0.9752)	0.0655	0.0534
			B ₂	0.226(0.6342)	0.036(0.8499)	1.179(0.2775)	0.0877	0.0652
			F ₂	0.005(0.9421)	0.024(0.8778)	0.111(0.7386)	0.0870	0.0590
伸长率	E-0	-1166.6	P ₁	0.006(0.9397)	0.052(0.8198)	0.382(0.5365)	0.1635	0.1148
			F ₁	0.147(0.7017)	0.266(0.6059)	0.336(0.5619)	0.1074	0.0940
			P ₂	0.135(0.7133)	0.411(0.5215)	1.302(0.2539)	0.0927	0.0905
			B ₁	0.020(0.8888)	0.017(0.8962)	0.000(0.9844)	0.0409	0.0415
			B ₂	0.211(0.6463)	0.021(0.8838)	1.423(0.2329)	0.0868	0.0685
			F ₂	0.005(0.9418)	0.044(0.8333)	0.312(0.5762)	0.0925	0.0609
	C-0	-757.9	P ₁	0.276(0.5993)	0.052(0.8192)	1.255(0.2626)	0.1506	0.1265
			F ₁	0.034(0.8529)	0.108(0.7423)	0.357(0.5502)	0.0671	0.0821
			P ₂	0.129(0.7196)	0.235(0.6276)	0.302(0.5823)	0.1891	0.1608
			B ₁	0.569(0.4505)	0.342(0.5588)	0.341(0.5593)	0.3383	0.0983
			B ₂	1.604(0.2054)	0.196(0.6579)	44.567**	1.4492**	0.1656*
			F ₂	0.017(0.8953)	0.071(0.7901)	0.308(0.5789)	0.0955	0.0596
D-0	-756.1	P ₁	0.287(0.5919)	0.043(0.8355)	1.551(0.2129)	0.1574	0.1288	
		F ₁	0.036(0.8490)	0.091(0.7624)	0.223(0.6369)	0.0658	0.0796	
		P ₂	0.136(0.7127)	0.275(0.6001)	0.450(0.5023)	0.1936	0.1616	
		B ₁	1.444(0.2295)	1.222(0.2690)	0.054(0.8162)	0.4512	0.1169	
		B ₂	1.604(0.2054)	0.196(0.6579)	44.572**	1.4494**	0.1656*	
		F ₂	0.000(0.9859)	0.031(0.8597)	0.407(0.5233)	0.1001	0.0670	
E-0	-749.7	P ₁	0.342(0.5586)	0.013(0.9100)	3.288(0.0698)	0.1955	0.1392	
		F ₁	0.046(0.8306)	0.033(0.8557)	0.010(0.9195)	0.0676	0.0771	
		P ₂	0.170(0.6805)	0.494(0.4820)	1.482(0.2234)	0.2209	0.1652	
		B ₁	0.068(0.7944)	0.134(0.7139)	0.209(0.6476)	0.0969	0.0640	
		B ₂	1.733(0.1880)	0.156(0.6930)	44.591**	1.4653**	0.1669*	
		F ₂	0.007(0.9311)	0.001(0.9691)	0.032(0.8572)	0.0869	0.0639	

表 4 三个纤维品质性状的候选遗传模型的似然比测验

Table 4 Analogical test of candidated genetic models of three fiber quality traits

性状	模型比较	自由度	χ	χ _{0.05}	差异显著性
纤维长度	B-1~C-0	3	2.9466	7.81	不显著
	D-0~C-0	2	0.0182	5.99	不显著
	B-1~D-0	1	2.9284	3.84	不显著
整齐度	E-0~C-0	8	4.5392	15.51	不显著
	D-0~C-0	2	0.0174	5.99	不显著
	E-0~D-0	6	4.5566	12.59	不显著
伸长率	E-0~C-0	8	16.44422	15.51	显著
	D-0~C-0	2	3.68286	5.99	不显著
	E-0~D-0	6	12.76136	12.59	显著

表5 4个纤维性状最适模型的各成分一阶分布参数
Table 5 All element distributing parameters of most suitable models of four fiber quality traits

性状	模型	成分分布均值						
		μ_1	μ_2	μ_3	μ_4	μ_5	μ_6	
纤维长度	C-0	32.65	32.05	30.56	31.61	31.21	31.02	
整齐度	C-0	87.25	88.27	85.61	86.43	86.12	85.93	
比强度	E-1	μ_1	μ_2	μ_3	μ_4	μ_5	μ_6	
		35.17	33.70	29.71	36.12	32.06	32.05	32.74
		μ_{51}	μ_{52}	μ_{53}	μ_{54}	μ_{61}	μ_{62}	μ_{63}
		29.38	28.26	28.25	34.03	34.44	30.38	29.51
		μ_{64}	μ_{65}	μ_{66}	μ_{67}	μ_{68}	μ_{69}	
		30.37	31.06	29.94	29.48	29.93	35.71	
伸长率	E-0	μ_1	μ_2	μ_3	μ_4	μ_5	μ_6	
		7.77	8.50	7.32	8.31	7.28	7.28	7.26
		μ_{51}	μ_{52}	μ_{53}	μ_{54}	μ_{61}	μ_{62}	μ_{63}
		7.48	7.46	7.46	6.96	8.87	7.84	7.85
		μ_{64}	μ_{65}	μ_{66}	μ_{67}	μ_{68}	μ_{69}	
		7.84	7.82	7.81	7.71	7.81	7.31	

表6 6个世代联合估计4个纤维品质性状的群体的遗传参数
Table 6 Populational genetic parameters of four fiber quality traits combined and estimated by six generations

遗传参数	纤维长度	整齐度	比强度	伸长率	
	C-0	C-0	E-1	E-0	
一阶遗传参数	a_a	—	—	-0.3099	0.4284
	a_b	—	—	-0.3234	0.354
	d_a	—	—	-2.1289	-0.1105
	d_b	—	—	-2.1302	-0.1087
	i	—	—	2.7916	0.1549
	j_{ab}	—	—	0.5319	-0.4102
	j_{ba}	—	—	0.5396	-0.3376
	l	—	—	3.0348	0.108
	$[a]$	1.044354	0.8169365	3.3643	-0.5943
	$[d]$	1.93477928	0.3151795	5.2763	-3.8424
二阶遗传参数	σ_p^2	3.194967	1.567905	5.8277	0.463273885
	h_{mg}^2	—	—	47.7957%	20.07%
	h_{pg}^2	60.73%	33.57%	5.99%	32.67%

注:C-0模型是指多基因遗传模型;E-0模型为两对主基因十加显上位多基因遗传模型;E-1为两个加显性主基因十加显多基因模型; a_a 为主基因a的加性效应; a_b 为主基因b的加性效应; d_a 为主基因a的显性效应; d_b 为主基因b的显性效应; i 主基因a和主基因b的加×加效应; j_{ab} 为加性(a)×显性(b)效应; j_{ba} 为加性(b)×显性(a)效应; l 为主基因a和主基因b的显×显效应; $[a]$ 、 $[d]$ 分别代表多基因加性效应和多基因显性效应; σ_p^2 是指群体表型方差; h_{mg}^2 是指主基因方差占表型方差的比例即主基因遗传率; h_{pg}^2 是指多基因方差占表型方差的比例即多基因遗传率。

表7 各纤维品质性状间的相关系数
Table 7 The relative coefficient between all fiber quality traits

	整齐度	比强度	伸长率	麦克隆值
纤维长度	0.43608**	0.24711**	0.25896**	-0.54998**
整齐度	1	0.18424*	0.17987*	0.04747
比强度		1	-0.21278**	-0.11790
伸长率			1	-0.48655**

3.2 数量性状遗传规律的研究方法

孟德尔对属性性状的遗传研究采用了分离分析方法。但经典数量遗传学认为数量性状遗传体系中存在多数易受环境影响的效应较小的基因,难以从遗传试验中检测出个别基因,因而着眼于从群体水平上研究数量性状基因体系的总体效

应,并从遗传方差的分解中去探测基因效应的存在与相对重要性。此时对数量性状遗传体系的研究有两类主要的方法,一类是Mather提出的世代平均数法。通过 P_1 、 F_1 、 P_2 、 B_1 、 B_2 及 F_2 等世代平均数间遗传效应的差异估计多基因体系加性、显性、上位性的总体效应值。这是一级统计数的分析方法。另一类是Comstock等北美学派数量遗传学家提出的遗传方差组分析法。从群体的一组随机个体按照一定的遗传交配设计,如双列杂交、NC I、NC II等,从杂种间方差中分解出加性、显性和上位性方差等成分,由测验这些遗传方差的显著性,测验存在某种遗传效应的变异,从而明确该种遗传效应在该群体中的相对重要性。这是二

级统计数的分析方法。显然,这两种方法是从一组基因的总体上得到了有关遗传效应及其相对重要性的信息。随着 QTL 作图的结果以及利用新的统计工具对已有试验数据的重新分析发现,对许多数量性状来说(如水稻的株高、水稻对白叶枯病和稻瘟病的抗性),控制植物数量性状基因的效应大小不同,而且其表现受环境的影响。效应大的基因在一般试验条件下通过适当的方法可以检测出来,称之为**主基因**;效应较小的基因在一般试验条件下即使通过专门的技术,仍然测不出来,称之为**微效基因或多基因**。一个数量性状的遗传体系可能由主基因组成,也可能由多基因组成,还可能同时存在主基因和多基因。因此建立了鉴别主基因和多基因的存在及其确定主基因遗传效应等参数的主-多基因混合遗传模型分析方法。主-多基因混合遗传模型分析法是孟德尔分离分析方法在数量性状遗传研究中的延伸。由此可见,世代平均值分析法和主-多基因混合遗传模型分析法是随着对数量性状的不不断认识而产生的。前者把控制某一性状的全部基因作为一个整体研究其遗传规律,后者是把控制某一性状的全部基因按其效应大小分开,然后分别对效应不同的基因研究其遗传规律。从某一遗传效应的大小来看,后者的全部遗传效应总和应与前者相等。本研究选用这两种研究方法,对棉花的纤维品质性状的遗传规律进行了研究,研究结果证明了上述结论。

3.3 主-多基因混合遗传模型分析法探讨

主-多基因混合遗传模型分析法是伴随着对数量性状认识的进一步深化而产生的,因此它更符合数量性状实际的遗传特点。其次,主-多基因混合遗传模型可以将效应不同的基因分开,从相对微观的角度对数量性状的遗传规律进行研究,揭示出了更多的遗传信息,对育种工作具有重要的意义。例如,一个数量性状有少数主基因控制,在育种实践中可以采用杂交、回交转移主基因;如果一个数量性状由多基因控制,则需通过轮回选择集中增效基因或通过聚合回交转移这一多基因性状;如是受到主基因和多基因共同控制,可明确是主基因为主,还是多基因为主,或者二者同等重要,从而采用相应的育种方法进行改良数量性状。因此,利用主-多基因混合遗传模型分析对数量性状遗传体系研究,不仅具有遗传学上的理论意义,而且还有育种学上的实际意义。

在本研究中,主-多基因混合遗传模型所涉及

的遗传模型共有 5 大类,24 个遗传模型。分别是:一对主基因(A)、两对主基因(B)、多基因(C)、一对主基因十多基因(D)、两对主基因十多基因(E)。当测验的最适遗传模型只包含一对主基因时,可按 Bayes 方法计算出分离世代各个个体归属于各主基因型的后验概率,根据最小概率原理和后验概率值大小判别该个体的主基因型可能归属,可用于辅助选择育种。当最适遗传模型包含两对及两对以上的主基因时,也可进行 Bayes 后验概率测验。但其个体所属基因型的概率值较小,一般最大在 50%~60%,用于辅助选择育种意义不大。因此,在本研究中没有进行 Bayes 后验概率的计算。

参考文献:

- [1] GAI Jun-yi, Wang Jian-kang. Identification and estimation of a QTL model and its effects[J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 97:1162-1168.
- [2] 盖钧镒. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因十多基因时的多世代联合分析[J]. *作物学报*, 2000, 26(4):385-391.
GAI Jun-yi. A joint analysis of multiple generations for QTL models extended to mixed two major genes plus polygene[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(4):385-391.
- [3] 盖钧镒. 试验统计方法[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.
GAI Jun-yi. Test of statistical methods[M]. Beijing: China Agricultural Publishing House, 2000.
- [4] 盖钧镒, 章元明, 王建康. 利用回交 B_1 和 B_2 及 F_2 群体鉴定数量性状两对主基因十多基因混合遗传模型[J]. *生物数学学报*, 2000, 15(3):358-366.
GAI Jun-yi, Zhang Yuan-ming, Wang Jian-kang. Identification mixed two major genes plus polygene models through backcross B_1 , B_2 and F_2 [J]. *Journal of Mathematical Biology*, 2000, 15(3):358-366.
- [5] MATHER K, Jinks J L. Biometrical genetics [M]. 2nd ed. London:Chapman and Hall Ltd, 1971.
- [6] MATHER K, Jinks J L. Introduction to biometrical genetics[M]. London:Chapman and Hall Ltd, 1977.
- [7] MATHER K, Jinks J L. Biometrical genetics [M]. 3rd ed. London:Chapman and Hall Ltd, 1982.
- [8] 马育华. 植物育种的量遗传学基础[M]. 南京:江苏科学技术出版社, 1982.
MA Yu-hua. Plant breeding based on the number of genetics[M]. Nanjing: Jiangsu Science and Technolo-

- gy Publishing House, 1982.
- [9] 吴振衡, 刘定俊, 莫惠栋. 陆地棉数量性状的遗传分析[J]. 遗传学报, 1985, 12(5): 344-349.
WU Zhen-heng, Liu Ding-jun, Mo Hui-dong. Inheritance analysis on number qualities of upland cotton [J]. Acta Genetica Sinica, 1985, 12(5): 344-349.
- [10] 别墅, 周有耀. 陆地棉纤维性状的遗传分析[J]. 北京农业大学学报, 1993, 19(1): 27-33.
BIE Shu, Zhou You-yao. Inheritance analysis on fiber qualities of upland cotton [J]. Beijing Agricultural University, 1993, 19(1): 27-33.
- [11] 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.
YUAN You-lu, Zhang Tian-zhen, Guo Wang-zhen, et al. Major-polygene effect analysis of super quality fiber properties in upland cotton [J]. Acta Genetica Sinica 2002, 29(9): 827-834.
- [12] 袁有禄, 张天真, 郭旺珍. 棉花纤维品质性状的遗传稳定性分析[J]. 棉花学报, 2002, 14(2): 67-70.
YUAN You-lu, Zhang Tian-zhen, Guo Wang-zhen. Genetic stabilizing of fiber qualities in upland cotton [J]. Cotton Science, 2002, 14(2): 67-70.
- [13] 袁有禄. 陆地棉优质纤维品质性状遗传与分子标记[D]. 南京: 南京农业大学, 2002.
YUAN Y L. Inheritance and molecular mark of super quality fiber properties in upland cotton (*G. hirsutum* L.) [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2002.
- [14] 郭志丽. 棉花纤维品质及相关性状遗传模型与 QTL 分析[D]. 北京: 中国农业大学, 2003.
GUO Zhi-li. Cotton fiber qualities and genetic model and analysis QTL: [D]. Beijing: China Agricultural University, 2002.
- [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.
YIN Jian-mei, Wu Yao-ting, Zhu Xie-fei, et al. Major-polygene effect analysis of yield and qualities in upland cotton (*G. hirsutum* L.) [J]. Cotton Science, 2003, 15(2): 67-72.