

不同生态环境下短季棉早熟及相关性状的混合遗传

董娜¹, 李成奇¹, 王清连^{1*}, 艾尼江², 胡根海¹, 张金宝¹

(1.河南科技学院棉花研究所/河南省高等学校作物分子育种重点学科开放实验室,河南新乡 453003;

2.新疆石河子农业科技开发研究中心棉花研究所,新疆石河子 832000)

摘要:分别在河南新乡和新疆石河子2个生态环境下,对短季棉早熟及相关性状进行了主基因-多基因混合遗传分析。结果表明,除花铃期和衣分外,其它性状在2个环境中均检测到主基因。2个环境生育期的最适模型相同且主基因与多基因分量趋势一致,果枝始节、铃重虽最适模型相同,但主基因与多基因分量趋势相反,苗期、蕾期、花铃期、衣分、果枝始节高度2个环境最适模型不同。生育期在不同生态环境早期选择有效,果枝始节高度和果枝始节可作为鉴定早熟性的可靠形态指标。2个环境生育期、蕾期和果枝始节高度均以主基因遗传为主,其它性状均分别以主基因遗传为主或以多基因遗传为主,针对各性状的遗传模式提出了具体的育种策略。

关键词:生态环境;短季棉;早熟及相关性状;主基因-多基因;混合遗传

中图分类号:S562.032 **文献标识码:**A

文章编号:1002-7807(2010)04-0304-08

Mixed Inheritance of Earliness and its Related Traits of Short-season Cotton under Different Ecological Environments

DONG Na¹, LI Cheng-qi¹, WANG Qing-lian^{1*}, AI Ni-jiang², HU Gen-hai¹, ZHANG Jin-bao¹

(1. Cotton Research Institute, Henan Institute of Science and Technology/Key Discipline Open Laboratory on Crop Molecular Breeding, Henan Institute of Higher Learning, Xinxiang, Henan 453003, China; 2. Cotton Research Institute, Shihezi Agricultural Sci & Tec Research Center of Xinjiang, Shihezi, Xinjiang 832000, China)

Abstract: Major gene-polygene mixed inheritance model was generated to analyze the genetics of earliness and its related traits of short-season cotton by using six generations including earliness variety Baimian 2 (P_2) and genetic standard line TM-1 (P_1) in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.), and their F_1 , B_1 , B_2 , and F_2 grown in the Yellow River Valley Region (Xinxiang, Henan, Environment I) and Northwest Inland Region (Shihezi, Xinjiang, Environment II), respectively. The results indicated that major genes were always detected under two environments in all traits except flower and boll period as well as lint percentage. Under two environments, optimum genetic models of growth period were identical, and the tendencies of their major gene heritability proportion were also consistent as well as that of polygene. Although optimum genetic models of fruit branch beginning site and boll weight under two environments were identical, the tendencies of their major gene heritability proportion were opposite as well as that of polygene. Optimum genetic models of seedling period, bud period, flower and boll period, lint percentage and height of fruit branch beginning site were all different under two environments. Under two environments, total heritability tendencies of growth period, seedling period, bud period, height of fruit branch beginning site and fruit branch beginning site were more stable than other traits, in which total heritability of growth period was always the highest of all, indicating selection was efficient in early generations under different ecological environments, height of fruit branch beginning site and fruit branch beginning site might be considered as credible morphological indices to identify earliness of short-season cotton. Under two environments, growth period, bud period and height of fruit branch beginning site were all mainly controlled by major gene; seedling period, flower and boll period, fruit branch beginning site and lint percentage were all mainly controlled

收稿日期:2010-02-02 **作者简介:**董娜(1981-),女,硕士研究生,dongna1229@163.com;*通讯作者,wangql@hist.edu.cn

基金项目:国家转基因生物新品种培育科技重大专项(2008ZX08005-002、2008ZX08005-001);国家棉花现代产业技术体系研究与建立(nycytx-06-09);“十一五”国家科技支撑计划项目(2006BAD01A05-27);河南省重点科技攻关计划项目(092102110025);河南省杰出人才工程计划(084200510008)

by major gene and polygene, respectively; boll weight was mainly controlled by polygene and major gene, respectively. To improve breeding efficiency, single cross recombination or simple backcross should be adopted for the traits mainly controlled by major gene, while polymerization backcross or recurrent selection to cumulate positive alleles should be adopted for the traits mainly controlled by polygene.

Key words: ecological environment; short-season cotton; earliness and its related traits; major gene-polygene; mixed inheritance

我国人多地少,棉花主产区又是粮食主产区,短季棉品种的选育和推广,是缓解粮棉争地矛盾、实现粮棉双丰收的有效途径^[1]。因此,了解短季棉重要性状的遗传规律对指导短季棉育种意义重大。迄今,国内外对短季棉早熟及相关性状的遗传研究已有较多报道^[2-6],这些研究多数基于经典数量遗传学方法,把控制某一性状的多个微效基因作为整体进行分析,估计基因的总效应,但不能解析单个基因的效应。现代数量遗传学理论认为,数量性状不仅是一种多基因模式,还存在主基因模式和主基因-多基因模式。盖钧镒等^[7-10]发展了一套完整的植物数量性状主基因与多基因混合遗传模型和分析方法。目前,该方法已在水稻^[7]、大豆^[9]、小麦^[11]、玉米^[12]、烟草^[13]等作物上得到了广泛应用,在棉花的产量和品质性状方面^[14-17]应用较多,但在早熟及相关性状方面研究应用较少。范术丽^[18]曾通过构建陆地棉组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 4世代群体,分析了黄河流域棉区短季棉早熟及相关性状的主基因-多基因遗传规律,揭示了主基因存在的普遍性。

百棉2号是由河南科技学院利用系谱法选育成的短季棉新品种,表现出生育期短、丰产性突出、品质优良、抗病虫性好等优良特点^[19]。本试验以短季棉品种百棉2号和陆地棉遗传标准系TM-1形成的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2 6世代群体为材料,利用主基因-多基因混合遗传模型和分析方法,分别在黄河流域棉区和西北内陆棉区2个不同的生态环境下,研究了短季棉早熟及相关性状的基因效应和遗传模式,旨在为探讨不同生态环境下短季棉早熟及相关性状的遗传规律、QTL检测以及短季棉生态育种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

短季棉品种百棉2号来自河南科技学院棉花研究所,已连续自交多代;TM-1是陆地棉遗传

标准系,来自美国农业部南方平原农业研究中心作物种质资源实验室,在我国长江、黄河流域以及西北内陆棉区种植均表现晚熟。

1.2 试验方法

1.2.1 性状考查。分别在黄河流域棉区的河南新乡(环境I)和西北内陆棉区的新疆石河子(环境II)两个生态环境下,种植 P_1 、 P_2 、 B_1 、 B_2 、 F_1 和 F_2 6个世代,顺序排列。田间管理与当地大田生产相同。按单株考查早熟及相关性状。早熟性状包括生育期(出苗期至吐絮期的天数)、苗期(出苗期至现蕾期的天数)、蕾期(现蕾期至开花期的天数)、花铃期(开花期至吐絮期的天数)、果枝始节和果枝始节高度;子棉收获后室内考种获得2个早熟相关性状:铃重和衣分。

1.2.2 统计分析。数据分析采用盖钧镒等^[10]提出的主基因-多基因混合遗传模型的多世代联合分析方法。通过综合考虑极大对数似然函数值、AIC值判别和适合性检验,确定最优模型,并估算出相应的主基因与多基因效应值、方差等遗传参数。

2 结果与分析

2.1 生育期的混合遗传

短季棉突出的特点是生育期较短、早熟、生长发育进程快^[20]。为此,本研究将生育期作为短季棉早熟性的重点性状,首先对其进行了遗传分析。

2.1.1 生育期的次数分布。将2个环境生育期各世代的次数分布列于表1。由表1可知,2个环境中生育期 F_1 的平均值均介于 P_1 、 P_2 之间,趋近于 P_2 ,表明棉花早熟对晚熟呈不完全显性;2个环境分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 均存在超亲分离现象,在环境I中主要表现为超低亲分离,在环境II中主要表现为超高亲分离,说明生育期在不同环境中的基因表达可能存在差别;2个环境生育期分离世代的次数均呈明显的单峰偏态或多峰分布,表明其遗传方式可能表现为主基因与多基因的混合遗传。

表 1 生育期各世代的次数分布

Table 1 Frequency distribution of growth period in each generation

环境	世代	生育期的次数分布														平均值	标准差	
		93	99	105	111	117	123	129	135	141	147	153	159	165	171			177
I	P ₁						10	2									122.17	1.40
	F ₁		15	9	1												99.28	3.10
	P ₂		11	1													96.50	2.24
	B ₁	1	6	17	29	20	18	3									110.79	7.58
	B ₂	8	68	22	5	1											97.56	4.06
	F ₂	2	72	81	41	7	6	3									102.47	6.49
II	P ₁								3	8	1						143.67	3.37
	F ₁							2	15	6	2						134.32	2.45
	P ₂							9	3								127.75	3.92
	B ₁							2	4	46	24	16	6				142.63	6.12
	B ₂									32	19	42	2				145.13	5.83
	F ₂									25	29	60	50	22	8	1	151.79	7.75

2.1.2 生育期的最适模型确定。利用 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 6 世代联合分析方法, 对 2 个环境的生育期进行了遗传分析。根据遗传模型选择的原则, 2 个环境生育期 E 模型的 AIC 值均最小 (表 2)。适合性检验结果显示, 环境 I 中 E 模型除个

别统计量显著外其它统计量都不显著, 即都通过; 环境 II 中 E 模型所有统计量都通过 (表 3)。综合考虑认为生育期在 2 个环境中的最适模型均为 E 模型, 即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因模型。

表 2 生育期各遗传模型的 AIC 值

Table 2 AIC values of different genetic models of growth period

模型	环境 I	环境 II	模型	环境 I	环境 II	模型	环境 I	环境 II
A-1	2905.72	3150.12	B-5	3133.39	3152.85	D-4	2843.07	2878.63
A-2	3006.30	3149.74	B-6	3131.39	3150.85	E	2816.10	2800.80
A-3	3155.40	3150.82	C	2871.15	2865.40	E-1	2825.11	-
A-4	2939.90	3105.09	C-1	2876.52	3134.87	E-2	2836.56	3158.20
B-1	2836.71	2927.54	D	2848.31	2822.17	E-3	2846.96	3014.54
B-2	2838.49	3154.81	D-1	2841.78	2846.47	E-4	2878.40	3152.20
B-3	3065.12	3156.77	D-2	2839.78	2844.47	E-5	2880.44	3154.20
B-4	2969.59	3150.06	D-3	2867.16	2879.49	E-6	3020.14	3171.91

表 3 生育期遗传模型的适合性检验

Table 3 Tests for goodness-of-fit about genetic models of growth period

环境	模型	世代	U ₁ ²	U ₂ ²	U ₃ ²	_n W ²	D _n
I	E	P ₁	0.001(0.9742)	0.237(0.6263)	4.298*(0.0381)	0.1460(>0.05)	0.2322(>0.05)
		F ₁	0.339(0.5602)	0.042(0.8372)	2.057*(0.1515)	0.1668(>0.05)	0.2152(>0.05)
		P ₂	0.005(0.9456)	0.003(0.9596)	0.004(0.9507)	0.0853(>0.05)	0.2253(>0.05)
		B ₁	1.819(0.1774)	1.371(0.2416)	0.291(0.5895)	0.3024(>0.05)	0.1110(>0.05)
		B ₂	4.092*(0.0431)	5.062*(0.0245)	1.356(0.2442)	0.6300*(<0.05)	0.1621*(<0.05)
		F ₂	0.422(0.5160)	0.534(0.4650)	0.165(0.6842)	0.1209(>0.05)	0.0677(>0.05)
II	E	P ₁	0.025(0.8737)	0.164(0.6854)	1.010(0.3150)	0.0559(>0.05)	0.1920(>0.05)
		F ₁	0.554(0.4565)	0.059(0.8074)	3.644(0.0563)	0.2387(>0.05)	0.2279(>0.05)
		P ₂	0.001(0.9815)	0.018(0.8933)	0.200(0.6551)	0.0659(>0.05)	0.2125(>0.05)
		B ₁	0.102(0.7500)	0.030(0.8630)	3.704(0.0543)	0.2434(>0.05)	0.1327(>0.05)
		B ₂	0.606(0.4361)	0.792(0.3734)	0.296(0.5864)	0.1876(>0.05)	0.1114(>0.05)
		F ₂	0.799(0.3714)	0.812(0.3676)	0.020(0.8871)	0.1516(>0.05)	0.0806(>0.05)

注: * 表示在 0.05 水平上显著; U₁²、U₂²、U₃²: 均匀性检验; _nW²: Smirnov 检验; D_n: Kolmogorov 检验。

2.1.3 生育期的遗传参数估计。由表 4 得知,环境 I 中,生育期 2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应均为负值,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性,其中加-加互作、加-显互作、显-显互作为正效应,显-加互作为负效应;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 89.059%、61.9% 和 85.09%, 故在 B_1 代选择效率最高;分离世代主基因遗传率平均为 67.464%,多基因遗传率平均为 11.219%,以主基因遗传为主,总遗传率为 78.683%。环境 II 中,生育期 2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应一正一负,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性,其中加-加互作、显-加互作、显-显互作为正效应,加-显互作为负效应;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 81.156%、79.225% 和 88.228%, 故在 F_2 代选择效率最高;分离世代主基因遗传率平均为 78.926%,多基因遗传率平均为 3.943%,以主基因遗传为主,总遗传率为 82.870%。

2.2 苗期的混合遗传

环境 I 中,苗期最适模型为 E 模型 (2 对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型)。2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应均为负值,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 83.557%、73.467% 和 78.088%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主。环境 II 中,苗期最适模型为 D-2 模型 (1 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型)。主基因的加性效应为正值,无显性效应;多基因加性效应和显性效应均为正值,势能比大于 1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 67.46%、73.34% 和 72.138%, B_2 代选择效率最高;以多基因遗传为主 (表 4)。

2.3 蕾期的混合遗传

环境 I 中,蕾期的最适模型为 D 模型 (1 对加性-显性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型)。主基因的加性效应为正值,显性效应为负值,加性效应大于显性效应;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 90.326%、59.869% 和 79.606%, B_1 代选择效率最高;以主基

因遗传为主。环境 II 中,蕾期的最适模型为 E 模型 (2 对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型)。2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应均为负值,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 81.016%、56.352% 和 60.936%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主 (表 4)。

2.4 花铃期的混合遗传

环境 I 中,花铃期的最适模型为 E 模型 (2 对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型)。2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应一正一负,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 83.667%、40.272% 和 77.548%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主。环境 II 中,花铃期的最适模型为 C 模型 (加性-显性-上位性多基因模型)。分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 67.991%、64.291% 和 69.933%, F_2 代选择效率最高;以多基因遗传为主 (表 4)。

2.5 果枝始节高度的混合遗传

环境 I 中,果枝始节高度的最适模型为 E 模型 (2 对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型)。2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应均为负值,加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 74.898%、74.564% 和 71.616%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主。环境 II 中,果枝始节高度的最适模型为 E-3 模型 (2 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型)。2 对主基因的加性效应一正一负,无显性效应;多基因的加性效应和显性效应均为正值,势能比小于 1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因 + 多基因遗传率分别为 68.213%、51.227% 和 64.114%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主 (表 4)。

2.6 果枝始节的混合遗传

果枝始节在 2 个环境中的最适模型均为 D-2 模型 (1 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型)。环境 I 中,主基因的加性效应为正值,无显

表 4 短季棉早熟及相关性状的遗传参数估计
Table 4 Estimates of genetic parameters of earliness and its related traits of short-season cotton

参数	生育期/d			蕾期/d			花铃期/d			果枝始节高度/cm			果枝始节			铃重/g			衣分/%			
	I	II	E	I	II	E	I	II	C	I	II	E-3	I	II	D-2	I	II	E-3	I	II	C	
<i>m</i>	101.780	138.850	36.947	35.970	23.468	30.449	44.304	74.096	16.322	17.79	6.814	5.518	4.25	3.90	37.20	38.690						
<i>d</i>	-	-	-	2.759	3.739	-	-	-	-	-	1.389	0.680	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>h</i>	-	-	-	0.000	-3.656	-	-	-	-	-	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>d_a</i>	5.443	10.933	1.969	-	-	5.036	3.054	-	2.835	-0.61	-	-	0.19	0.66	1.15	-	-	-	-	-	-	-
<i>d_b</i>	10.944	9.607	3.876	-	-	6.540	5.526	-	3.782	1.18	-	-	-0.43	0.68	1.10	-	-	-	-	-	-	-
<i>h_a</i>	-0.421	4.374	-1.349	-	-	-2.393	0.870	-	-2.361	0.000	-	-	0.000	0.000	-1.86	-	-	-	-	-	-	-
<i>h_b</i>	-0.291	-3.034	-0.686	-	-	-3.396	-0.534	-	-1.440	0.000	-	-	0.000	0.000	0.47	-	-	-	-	-	-	-
<i>i</i>	4.624	1.826	1.066	-	-	3.013	2.940	-	1.223	-	-	-	-	-	-0.02	-	-	-	-	-	-	-
<i>j_{ab}</i>	0.417	-2.694	0.120	-	-	-4.908	-0.435	-	-0.221	-	-	-	-	-	-0.32	-	-	-	-	-	-	-
<i>j_{ba}</i>	-2.988	0.959	-1.724	-	-	-4.908	-0.438	-	-1.689	-	-	-	-	-	-2.80	-	-	-	-	-	-	-
<i>l</i>	5.713	0.689	3.604	-	-	3.382	1.958	-	5.920	-	-	-	-	-	2.85	-	-	-	-	-	-	-
[<i>d</i>]	-	-	-	0.056	-	-	-	-	-	-	-	2.75	-	-	0.176	0.72	-0.77	-	2.66	-	-	-
[<i>h</i>]	-	-	-	3.781	-	-	-	-	-	-	-	0.60	-	-	0.33	0.54	-0.31	-	-	-	-	-
<i>h²_{mg}%</i> B ₁	64.296	69.326	78.748	1.795	61.653	73.654	28.459	1.020	65.844	57.534	64.234	1.576	7.843	30.215	57.65	1.27	-	-	-	-	-	-
B ₂	56.162	79.225	37.478	4.159	1.034	34.161	40.272	1.053	47.552	46.367	60.409	1.731	31.638	55.247	20.12	1.16	-	-	-	-	-	-
F ₂	81.933	88.228	71.345	72.138	60.373	40.752	62.539	0.513	71.616	47.067	61.950	43.722	29.915	67.500	40.88	0.68	-	-	-	-	-	-
<i>h²_{mg}%</i> B ₁	67.464	78.926	62.524	26.031	41.020	49.522	43.756	0.862	61.671	50.323	62.197	15.676	23.132	50.987	39.55	1.04	-	-	-	-	-	-
B ₂	24.763	11.830	4.809	65.665	28.673	7.362	55.208	66.971	9.054	10.679	0.446	49.234	45.652	49.288	3.082	69.098	-	-	-	-	-	-
F ₂	5.738	0.000	35.989	69.181	58.835	22.191	0.000	63.238	27.012	4.860	0.000	52.743	37.245	17.306	42.259	79.221	-	-	-	-	-	-
F ₂	3.157	0.000	6.743	0.000	19.233	20.184	15.009	69.420	0.000	17.047	0.000	24.519	36.630	0.000	5.796	93.620	-	-	-	-	-	-
<i>h²_f%</i>	11.219	3.943	15.847	44.949	35.580	16.579	23.405	66.543	12.022	10.862	0.149	42.165	39.842	22.198	17.046	80.646	-	-	-	-	-	-
<i>h²_f%</i>	78.683	82.870	78.371	70.979	76.600	66.101	67.162	67.405	73.693	61.185	62.346	57.842	62.974	73.185	56.596	81.683	-	-	-	-	-	-

注: I 和 II 分别表示环境 I 和环境 II; *m*: 中亲值; *d*, *h*: 1 对主基因时主基因的加性效应和显性效应; *d_a*, *h_a*: 2 对主基因时主基因 a 的加性效应和显性效应; *d_b*, *h_b*: 2 对主基因时主基因 b 的加性效应和显性效应; *i_{ab}*, *j_{ab}*, *j_{ba}*, *l* 和 I 分别表示主基因间加一加互作、加一显互作、显一加互作和显一显互作; [*d*]: 多基因加性效应; [*h*]: 多基因显性效应; *h²_{mg}*: 主基因遗传率; *h²_f*: 多基因遗传率; *h²_f*: 总遗传率。

性效应;多基因的加性效应和显性效应均为负值,势能比大于1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 64.68%、60.409% 和 61.95%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主。环境 II 中,主基因的加性效应为正值,无显性效应;多基因的加性效应和显性效应均为正值,势能比大于1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 50.81%、54.474% 和 68.241%, F_2 代选择效率最高;以多基因遗传为主(表 4)。

2.7 铃重的混合遗传

铃重在 2 个环境中的最适模型均为 E-3 模型(2 对加性主基因+加性-显性多基因模型)。环境 I 中,2 对主基因的加性效应一正一负,无显性效应;多基因的加性效应和显性效应均为正值,势能比小于1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 53.495%、68.883% 和 66.545%, B_2 代选择效率最高;以多基因遗传为主。环境 II 中,2 对主基因的加性效应均为正值,无显性效应;多基因的加性效应为负值,显性效应为正值,势能比小于1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 79.503%、72.553% 和 67.5%, B_1 代选择效率最高;以主基因遗传为主(表 4)。

2.8 衣分的混合遗传

环境 I 中,衣分的最适模型为 E-1 模型(2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-多基因模型)。2 对主基因的加性效应均为正值,显性效应一正一负,1 对主基因显性效应大于加性效应,另 1 对主基因加性效应大于显性效应;主基因间存在上位性;多基因的加性效应为正值,显性效应为负值,势能比小于1;分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 60.729%、62.383% 和 46.675%, B_2 代选择效率最高;以主基因遗传为主。环境 II 中,衣分的最适模型为 C 模型(加性-显性-上位性多基因模型)。分离世代 B_1 、 B_2 和 F_2 的主基因+多基因遗传率分别为 70.364%、80.383% 和 94.3%, F_2 代选择效率最高;以多基因遗传为主(表 4)。

3 讨论

率先在黄河流域棉区和西北内陆棉区 2 个不同的生态环境下,研究了棉花早熟及相关性状

的主基因-多基因遗传规律。结果表明,生育期在不同环境中的遗传模型相同且主基因与多基因遗传率分量趋势一致,说明其不同环境中的遗传方式相对较稳定;果枝始节和铃重在不同环境中的遗传模型虽然相同,但主基因与多基因遗传率分量趋势相反,其遗传规律尚待进一步深入探讨。一些性状在不同环境中的遗传模型不同且主基因与多基因遗传率分量差别较大,如苗期在环境 I 中为 E 模型,主基因遗传率高于多基因遗传率(分别为 62.524% 和 15.847%);而在环境 II 中为 D-2 模型,主基因遗传率低于多基因遗传率(分别为 26.031% 和 44.949%),这可能是因为在环境 II 中仅能检测到 1 对主基因,而在环境 I 中同时检测到第 2 对主基因,由于环境 I 中的第 2 对主基因的效应在环境 II 中混杂在多基因效应中了,从而使主基因遗传率在环境 I 中的分量要比在环境 II 中的大。蕾期、花铃期和衣分结果同此,说明不同环境对这些性状的基因表达存在较大影响,对其选择只有在特定的环境中进行才能提高效率。与前人研究结果比较,本研究 2 个环境中的遗传模型果枝始节均为 D-2,与范术丽^[18]的报道一致,铃重均为 E-3 模型,与张培通等^[14]、李成奇等^[15]、范术丽^[18]的报道不一致,可能与采用的试验材料、世代和不同环境有关。

本研究检测到的多数早熟及相关性状主基因的加性效应均为正值,其增效基因来自高值亲本,仅果枝始节高度和铃重分别在环境 II 和环境 I 中检测到 1 对主基因的加性效应为负值,其增效基因来自低值亲本,说明低值亲本也可能存在对目标性状有增效作用的增效位点,由于隐蔽基因效应^[21],来自低值亲本的增效作用在亲本世代表现不出来,当发生重组时则会表现。在短季棉育种实践中,既要考虑来自高值亲本的增效位点,又不可忽视来自低值亲本的增效位点,这些位点可通过标记辅助选择加以利用。本研究通过估算各性状分离世代的主基因+多基因遗传率,从而确定了各性状选择效率最高的世代,对短季棉育种有重要意义。关于棉花数量性状的遗传率,孔繁玲^[22]认为,在相同环境条件下,不同性状遗传率的高低相对稳定,生育期、株高等性状的遗传率一般较高。本研究通过分析 2 个不同生态

环境下短季棉早熟及相关性状的总遗传率,结果发现各性状的总遗传率在环境 I 中由高到低依次为生育期、苗期、蕾期、果枝始节高度、花铃期、铃重、果枝始节、衣分,在环境 II 中由高到低依次为生育期、衣分、铃重、苗期、花铃期、蕾期、果枝始节高度、果枝始节。由比较得出,2 个环境 6 个早熟性状中,除花铃期外,其它性状的总遗传率高低趋势相对稳定,其中生育期作为棉花早熟性状的重要标志性状,总遗传率均最高,说明其受环境影响较小,可以在不同生态环境下进行早代选择;果枝始节高度和果枝始节总遗传率虽均较低,但由于其遗传方差均大于环境方差,作为鉴定棉花早熟性的形态指标也是比较可靠的,此结果与喻树迅等^[23]关于果枝始节的报道吻合,而与赵伦一等^[4]和 Godoy 等^[5]的报道不一致,可能与各研究采用的试验材料、分析方法以及不同环境有关;2 个早熟相关性状铃重和衣分在 2 个环境中的总遗传率趋势变化差别较大,对这些性状的选择必须考虑生态环境的影响,同时兼顾其与其它性状间的关系。

由各性状主基因遗传率和多基因遗传率分量可知,各性状在 2 个环境中的遗传模式不尽相同。生育期、蕾期和果枝始节高度在 2 个环境中均以主基因遗传为主;苗期、花铃期、果枝始节和衣分在环境 I 中以主基因遗传为主,在环境 II 中以多基因遗传为主;铃重在环境 I 中以多基因遗传为主,在环境 II 中以主基因遗传为主。通过了解短季棉早熟及相关性状的主基因—多基因遗传规律,有助于选用适当的方法提高育种效率。如对以主基因遗传为主的性状可采用单交重组或简单回交转育的方法转移主基因,对以多基因遗传为主的性状可采用聚合回交或轮回选择累积增效基因的方法聚合多基因,后代选择中还需考虑主基因和多基因的各项遗传效应。随着分子标记和 QTL 定位研究的迅速发展,对目标性状进行标记辅助选择也是十分必要的。

参考文献:

- [1] 承泓良,狄文枝,陈祥龙. 短季棉育种与栽培[M]. 江苏:江苏科学技术出版社,1994.
CHENG Hong-liang, Di Wen-zhi, Chen Xiang-long. Short-season cotton breeding and cultivation [M]. Jiangsu: Phoenix Science Press, 1994.
- [2] WHITE T G. Diallel analysis of some quantitatively inherited characters in *Gossypium hirsutum* L.[J]. Crop Science, 1966, 4(2):253-255.
- [3] BARKER J L. The inheritance of several agronomic and fiber properties among selected lines of upland cotton(*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Crop Science, 1973, 13(2):444-450.
- [4] 赵伦一,陈舜文,徐世安. 陆地棉早熟性的指标性状的遗传力估计[J]. 遗传学报,1974, 1(1):107-115.
ZHAO Lun-yi, Chen Shun-wen, Xu Shi-an. Heritability estimates of earliness directed traits of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) [J]. Acta Genetica Sinica, 1974, 1(1):107-115.
- [5] GODOY A S, Palomo G A. Genetic analysis of earliness in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)I. Morphological and phenological variables[J]. Euphytica, 1999, 105: 155-160.
- [6] 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.
SONG Mei-zhen, Yu Shu-xun, Fan Shu-li, et al. Genetic analysis of main agronomic traits in short-season upland cotton(*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Cotton Science, 2005, 17(2):94-98.
- [7] GAI J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97(7):1162-1168.
- [8] WANG J K, Podlich D W, Cooper M, et al. Power of the joint segregation analysis method for testing mixed major-gene and polygene inheritance models of quantitative traits[J].Theor Appl Genet, 2001,103(5):804-816.
- [9] 章元明,盖钧镒,王永军. 利用 P₁,P₂ 和 DH 或 RIL 群体联合分离分析的拓展[J]. 遗传, 2001, 23(5):467-470.
ZHANG Yuan-ming, Gai Jun-yi, Wang Yong-jun. An expansion of joint segregation analysis of quantitative traits for using P₁, P₂ and DH or RIL populations[J]. Hereditas, 2001, 23(5):467-470.
- [10] 盖钧镒,章元明,王健康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科技出版社, 2003:224-265.
GAI Jun-yi, Zhang Yuan-ming, Wang Jian-kang. Genetic system of plant quantitative traits [M]. Beijing: Science and Technology Press, 2003:224-265.
- [11] 侯北伟,窦秉德,章元明,等. 小麦雌性育性的主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 遗传, 2006, 28(12):1567-1572.
HOU Bei-wei, Dou Bing-de, Zhang Yuan-ming, et al. The mixed major gene plus polygenes inheritance for female fertility in wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Hereditas, 2006, 28(12): 1567-1572.
- [12] 赵刚,张亚平,席世丽,等. 微胚乳超高油玉米产量性状的主基因 + 多基因遗传分析[J]. 玉米科学, 2009, 17(2):7-11.
ZHAO Gang, Zhang Ya-ping, Xi Shi-li, et al. Major gene plus polygene inheritance analysis of yield traits in micro-endosperm super-high oil corn [J]. Journal of Maize Sciences, 2009, 17(2):

- 7-11.
- [13] 王日新,任 民,张兴伟,等. 普通烟草栽培种内株高性状主基因加多基因遗传分析[J]. 中国烟草科学,2009,30(2):15-20.
WANG Ri-xin, Ren Min, Zhang Xing-wei, et al. Genetic analysis of plant height using mixed major gene plus polygenes inheritance model in culture spawn of *Nicotiana Tabacum* L.[J]. Chinese Tobacco Science, 2009, 30(2):15-20.
- [14] 张培通,朱协飞,郭旺珍,等. 高产棉花品种泗棉 3 号产量及其产量构成因素的遗传分析[J]. 作物学报,2006,32(7):1011-1017.
ZHANG Pei-tong, Zhu Xie-fei, Guo Wang-zhen, et al. Genetic analysis of yield and its components for high yield cultivar Simian 3 in *Gossypium hirsutum* L.[J]. Acta Agronomica Sinica, 2006, 32(7):1011-1017.
- [15] 李成奇,郭旺珍,张天真. 衣分不同陆地棉品种的产量及产量构成因素的遗传分析[J]. 作物学报,2009,35(11):1990-1999.
LI Cheng-qi, Guo Wang-zhen, Zhang Tian-zhen. Quantitative inheritance of yield and its components revealed by cultivars with varied lint percentage in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Acta Agronomica Sinica, 2009, 35(11):1990-1999.
- [16] 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 (*Gossypium hirsutum* L.)[J]. Acta Genetica Sinica, 2002, 29(9):827-834.
- [17] 艾先涛,李雪源,王俊铎. 新疆高品质陆地棉纤维品质性状遗传分析研究[J]. 棉花学报,2009,21(2):107-114.
AI Xian-tao, Li Xue-yuan, Wang Jun-duo. Analysis on fiber quality traits inheritance of high quality upland cotton in Xin-jiang[J]. Cotton Science, 2009, 21(2):107-114.
- [18] 范术丽. 短季棉早熟性相关性状的遗传及其 QTLs 定位研究[D]. 北京:中国农业科学院,2004.
FAN Shu-li. Study on inheritance of earliness and its relative traits of short-season cotton and QTLs mapping [D]. Beijing: Graduate School, the Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2004.
- [19] 朱高岭,王春虎,郭秀华,等. 百棉 2 号生育特性的初步研究[J]. 河南农业科学,2008,15(4):47-50.
ZHU Gao-ling, Wang Chun-hu, Guo Xiu-hua, et al. Study on growth characteristics of Baimian 2 [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2008, 15(4):47-50.
- [20] 喻树迅. 中国短季棉育种学[M]. 北京:科学出版社,2007:75-86.
YU Shu-xun. China short-season cotton breeding [M]. Beijing: Science Press, 2007: 75-86.
- [21] SONG Wen-yuan, Wang Guo-liang, Chen Li-li, et al. A receptor kinase-like protein encoded by the rice disease resistance gene, Xa21 [J]. Science, 1995, 270:1804-1806.
- [22] 孔繁玲. 植物数量遗传学[M]. 北京:中国农业大学出版社,2006:160-181.
KONG Fan-ling. Plant quantitative genetics [M]. Beijing: China Agricultural University Press, 2006:160-181.
- [23] 喻树迅,黄祯茂. 短季棉品种早熟性构成因素的遗传分析[J]. 中国农业科学,1990,23(6):48-54.
YU Shu-xun, Huang Zhen-mao. Inheritance analysis on earliness components of short season cotton varieties in *G. hirsutum* [J]. Scientia Agricultura Sinica, 1990, 23(6):48-54. ●