

基于 SSR 标记的陆地棉早熟相关种质遗传多样性分析

赵树琪, 梁冰, 李黎贝, 庞朝友, 宿俊吉, 宋美珍, 魏恒玲, 王寒涛, 范术丽, 喻树迅

(中国农业科学院棉花研究所/棉花生物学国家重点实验室, 安阳 455000)

摘要:丰富的遗传变异对于提高作物的环境适应性和遗传改良进度至关重要。为了解我国早熟陆地棉种质资源遗传多样性,本研究利用 136 对 SSR 引物对 186 份陆地棉材料(96 份早熟陆地棉材料和 90 份中、晚熟陆地棉材料)进行了遗传多样性分析,共检测到等位基因变异 355 个,平均 2.61 个。在早熟棉材料中,有 134 对多态性 SSR 引物扩增出 341 个条带,平均 2.54 个;中、晚熟材料中有 133 对多态性 SSR 引物,扩增出 345 个条带,平均 2.59 个。早熟棉材料的位点多态性信息含量(PIC)、有效等位基因数(N_e)、基因型多样性(H')分别为 0.684、3.994 和 1.361;中、晚熟棉材料的 PIC、 N_e 、 H' 分别为 0.668、3.852 和 1.343。早熟棉材料和中、晚熟棉材料的 Jaccard 相似性系数分别在 0.349~0.935 和 0.270~0.907 之间,平均为 0.635、0.666。遗传相似性系数总体平均值接近,但早熟棉变化范围较中、晚熟棉小。用类平均法(UPGMA)进行聚类可将 186 份材料分成 2 个类群。总体上来看,供试材料遗传相似性系数较高,说明我国陆地棉早熟相关种质遗传基础狭窄。本研究结果为早熟棉育种亲本选配,早熟棉种质创新提供依据。

关键词:陆地棉;早熟性;SSR;遗传相似性;早熟棉育种

Genetic Diversity Analysis of Early-maturity Related Germplasm in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Based on SSR Markers

ZHAO Shu-qi, LIANG Bing, LI Li-bei, PANG Chao-you, SU Jun-ji, SONG Mei-zhen,

Wei Heng-ling, Wang Han-tao, FAN Shu-li, YU Shu-xun

(Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences/State Key Laboratory of Cotton Biology, Anyang 455000)

Abstract: Diverse genetic variation is of great importance for crop ecological adaption and genetic improvement. In order to know the genetic diversity of early maturity in upland cotton, 186 upland cottons (96 early-maturity and 90 medium and later-maturity upland cottons) were explored using 136 simple sequence repeat (SSR) markers, and a total of 355 distinctive loci were detected with an average of 2.61. A total of 341 distinctive loci were amplified from 134 SSRs with an average of 2.54 per SSR in early-maturity upland cotton and 345 distinctive loci were amplified from 133 SSRs with an average of 2.59 per SSR in medium and later-maturity upland cotton. Mean polymorphism information content (PIC), average effective numbers of alleles (N_e) and average genotype diversity index (H') were 0.684, 3.994 and 1.361 in early-maturity upland cotton, and 0.668, 3.852 and 1.343 in the medium and later, respectively. The similarity coefficients were similar between early-maturity upland cotton and the medium and later, ranging from 0.349 to 0.935 in early-maturity upland cotton with an average of 0.635, and ranged from 0.270 to 0.907 in medium and later-maturity upland cotton with an average of 0.666, respectively. These varieties were clustered into two groups using unweighted pair group method analysis (UPGMA). The high genetic similarity coefficients of the early-maturity upland cotton indicated that the genetic background of early-maturity upland cotton was narrow in China. These results would be useful for assessing cotton pedigrees, improving cotton hybrids, and ulti-

收稿日期:2015-09-18 修回日期:2015-10-19 网络出版日期:2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160608.1438.034.html>

基金项目:国家棉花产业技术体系(CARS-18-03)

第一作者研究方向为早熟棉分子育种。E-mail: shuqi0546@163.com。梁冰为共同第一作者

通信作者:喻树迅,研究方向为棉花遗传育种。E-mail: ysx195311@163.com。范术丽为共同通信作者

mately allowing for the improved utilization of early-maturity cotton.

Key words: upland cotton; early-maturing; SSR; genetic similarity; breeding for early-maturity cotton

棉花是我国重要的战略物资和生活必需品,但是随着我国人口的不断增加,耕地面积的逐渐减少,粮棉争地矛盾日益突出,棉花的种植面积不断缩减。早熟棉生育期较短,对温光反应迟钝,播种期弹性较大,不仅可以晚春播、初夏播或夏播,还可以等雨播种。提高棉花早熟性,不仅可以使长江流域棉区和黄河流域棉区发展粮(油)棉两熟乃至多熟种植模式,提高复种指数,而且可以在春季气温低、秋季气温下降快、光热条件较差、降水少的新疆、内蒙古、甘肃等西北内陆地区,以及北部内陆旱地和滨海盐碱地地区种植。因此,早熟陆地棉品种的培育有利于缓解粮棉争地矛盾,对粮棉双收和盐碱旱地的利用有重要意义。对早熟棉种质材料进行遗传多样性分析有利于棉花早熟基因的挖掘和早熟棉品种的选育。

目前,已有多重 DNA 分子标记技术用于物种遗传多样性的分析^[1-6]。SSR 分子标记技术具有操作简单、DNA 用量少、多态性高、呈共显性遗传等优点而被广泛用于种质资源多态性的研究^[7-9]。国内外学者对棉花品种遗传多样性和遗传基础做了大量工作^[10-15],但基于 SSR 分子标记对陆地棉进行遗传多样性的分析相对较少。陈光等^[16]利用 SSR 分子标记对 20 世纪 50 年代我国引入海岛棉以来培育的 45 个国内陆地棉品种(系)及 8 个国外品种的遗传多样性进行研究,结果表明 53 个品种被分为两大

类,与系谱来源一致。赵战胜等^[17]利用 38 对 SSR 引物对北疆 33 个早熟陆地棉品种进行遗传多样性分析,发现 SSR 标记分析结果与利用系谱对北疆棉花品种进行遗传多样性的分析结果基本一致。叶春秀等^[18]采用 SSR 分子标记对 41 份北疆地区早熟陆地棉品种进行遗传多样性分析,发现新陆早系列在选育过程中亲本来源较为广泛,遗传背景较复杂,说明新陆早系列品种间存在丰富的遗传多样性。何陈述等^[19]以 15 个长江流域棉花杂交种为基础材料,花粉混合互交构建了综合群体,从中选育出 29 个棉花株系,并利用 SSR 分子标记对这些株系的 12 个主要农艺性状进行了聚类分析,结果表明绝大多数衍生株系遗传差异较小,聚在一类,且明显区别于黄河流域来源的棉花品种。本研究利用 SSR 分子标记技术对 96 份早熟陆地棉材料和 90 份中、晚熟陆地棉品种材料进行遗传多样性分析,为早熟棉育种亲本选配提供理论基础和依据。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究以国内 4 个棉花生产区域及美国地区的 186 份陆地棉品种(系)为供试材料,其中包括早熟棉材料(生育期 120 d 以内)96 份(表 1),中、晚熟材料(生育期 120 d 以上)90 份(表 2)。

表 1 96 份早熟材料的名称、分区

Table 1 Names and areas of 96 early-maturity upland cottons

编号 Code	名称 Name	棉区 Area	编号 Code	名称 Name	棉区 Area	编号 Code	名称 Name	棉区 Area
1	中 191	I	17	中 224	I	35	邯 2490	I
2	中 418	I	18	中 11SCSY	I	36	邯 656	I
3	中 618	I	19	中 12CQ3	I	37	邯 559	I
4	中 712	I	20	中 12CQ4	I	38	邯 667	I
5	中 811	I	21	中 2941	I	39	邯 686	I
6	中 822	I	22	中 2942	I	40	邯 9609	I
7	中 832	I	23	中 6426	I	41	黑山棉 1 号	IV
8	中 239	I	24	K640	I	42	锦棉 3 号	IV
9	中 110	I	25	N82	I	47	辽棉 10	IV
10	中 107	I	26	P21-6-7	II	48	辽棉 17	IV
11	中 108	I	27	SF06	I	49	辽棉 5 号	IV
12	中 1476	I	28	SGK16	II	50	辽棉 6 号	IV
13	中 222	I	29	V321-20-14	II	51	辽棉 7 号	IV
14	中 201	I	30	百棉 17 号	I	52	辽棉 9 号	IV
15	中 SQ201	I	31	朝阳棉 1 号	IV	53	辽阳短	IV
16	中 214	I	34	关农 1 号	IV	57	农垦 5 号	III

表 1(续)

编号	名称	棉区	编号	名称	棉区	编号	名称	棉区
Code	Name	Area	Code	Name	Area	Code	Name	Area
59	石早 1 号	I	75	新陆早 8 号	Ⅲ	92	中棉所 20	I
60	石早 2 号	I	76	新陆早 9 号	Ⅲ	93	中棉所 24	I
61	石早 3 号	I	77	新乡 368	I	94	中棉所 27	I
62	夏 137	I	78	豫 1335	I	95	中棉所 30	I
63	夏 25F	I	79	豫棉 12	I	96	中棉所 36	I
64	夏早 1 号	I	80	豫早 8E13	I	97	邯 256	I
65	夏早 2 号	I	81	豫早 910	I	98	中棉所 37	I
66	夏早 3 号	I	82	运早 N177	I	99	中棉所 42	I
67	新陆早 11	Ⅲ	83	运早 N95	I	100	中棉所 50	I
68	新陆早 36	Ⅲ	84	中 416	I	101	中棉所 58	I
69	新陆早 3 号	Ⅲ	85	中 425-5	I	102	中棉所 64	I
70	新陆早 42	Ⅲ	86	中 716	I	103	中棉所 74	I
71	新陆早 45	Ⅲ	87	中 751213	I	142	赣早 109	Ⅱ
72	新陆早 4 号	Ⅲ	89	中棉所 10	I	149	辽棉 23 号	Ⅳ
73	新陆早 6 号	Ⅲ	90	中棉所 14	I	150	辽棉 27 号	Ⅳ
74	新陆早 3 号	Ⅲ	91	中棉所 16	I	151	辽棉 28 号	Ⅳ

I - 黄河流域棉区; Ⅱ - 长江流域棉区; Ⅲ - 西北内陆棉区; Ⅳ - 北部特早熟棉区; V - 美国南部
I - cotton region of the Yellow River basin, Ⅱ - cotton region of the Yangtze river basin,
Ⅲ - cotton region of Northwest in China, Ⅳ - cotton region of North in China, V - Southern United States

表 2 90 份中、晚熟棉材料的名称、分区

Table 2 Names and areas of 90 medium and later-maturity upland cottons

编号	名称	棉区	编号	名称	棉区	编号	名称	棉区
Code	Name	Area	Code	Name	Area	Code	Name	Area
32	岱字棉 20	V	123	CG3020-1	V	157	鲁棉研 36 号	I
33	德 97-047	I	124	CG3020-3	V	158	鲁棉研 38 号	I
43	晋棉 10 号	I	125	FM1735	V	159	苗宝 21	I
44	晋棉 21 号	I	126	G2005	I	160	仁和 39 号	I
45	晋棉 23 号	I	127	GK44	I	161	日辉棉 6 号	I
46	晋棉 5 号	I	128	H109	I	162	山农 SF01	I
54	鲁 154	I	129	H559	I	163	陕 79	I
55	鲁 890	I	130	LIH33	I	164	斯字棉 2B	V
56	鲁棉 2153	I	131	Phy-7	V	165	新棉 33B	I
58	陕 70	I	132	STS458	V	166	新植棉 5 号	I
88	中创 88	I	133	TM-1	I	167	银花树	I
104	中 0776	I	134	奥试棉 4406	I	168	邯 009	I
105	中 0398	I	135	百棉 985	I	169	中 109	I
106	中 1930	I	136	沧 198	I	170	中棉所 17	I
107	中 1995	I	137	中 CBB	I	171	中棉所 19	I
108	中 2909	I	138	中 CNB	I	172	中棉所 43	I
109	中 3026	I	139	岱字棉 14 号	V	173	中棉所 60	I
110	中 3028	I	140	岱字棉 15 号	V	174	中 662	I
111	中 3030	I	141	泛棉 3 号	I	175	中 679	I
112	中 3032	I	143	国欣棉 11 号	I	176	中棉所 69	I
113	中 3075	I	144	邯 7860	I	177	中 800319	I
114	中 3164	I	145	冀 4025	I	178	中 915	I
115	中 3245	I	146	晋棉 26	I	179	中棉所 12 号	I
116	中 3297	I	147	BM03	I	180	中棉所 35	I
117	中 9056	I	148	科林 098	I	181	中棉所 41	I
118	中 107	I	152	鲁 05R59	I	182	中棉所 45	I
119	中 109	I	153	鲁 7619	I	183	中棉所 49	I
120	中 207	I	154	鲁棉研 17 号	I	184	中棉所 7 号	I
121	中 298	I	155	鲁棉研 21	I	185	中植棉 8 号	I
122	中 2186	I	156	鲁棉研 28	I	186	中植棉 GD89	I

SSR 引物序列来自网站 CottonGen (<http://www.cottongen.org/>), 引物在上海英骏生物技术有限公司合成。

1.2 基因组 DNA 提取

采用 CTAB 法^[20] 分别提取各个材料的叶片基因组 DNA。

1.3 PCR 扩增和产物检测

PCR 反应体系为 10 μ L, 10 \times Buffer (含 15 mM 的 Mg^{2+}) 1 μ L, 10 mM dNTP 0.2 μ L, 5 U/ μ L 的 *Taq* 酶 0.1 μ L, 30 ng/ μ L 的模板 DNA 3 μ L, 前后引物 (5 μ M) 各 0.5 μ L, 然后加超纯水补齐 10 μ L。PCR 反应在东胜龙 EDC-810 基因扩增仪(东胜创新生物科技公司生产)上进行。SSR-PCR 反应程序: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 58 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 30 次循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min, 10 $^{\circ}$ C 保存。

扩增产物用 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 硝酸银染色检测^[21], 拍照保存。

1.4 数据处理

观察 PCR 扩增产物凝胶电泳结果, 利用“0~1”读带方法记录带型, 即同一等位基因位点上有带、无带、缺失分别记为 1、0、9, 并统计 SSR 多态性条带以及所代表的等位基因数。

变异的多态性信息含量 (*PIC*)、基因型多样性 (*H'*) 和有效等位基因数 (*Ne*) 依据等位基因出现的频率计算, 计算公式分别是: $PIC = 1 - \sum (P_i)^2$;

$H' = -\sum P_i \ln P_i$; $Ne = 1 / \sum P_i^2$; 其中, P_i 表示第 i 个等位基因出现的频率, $\sum (P_i)^2$ 为此位点所有等位基因的 (P_i)² 之和^[22]。

利用软件 NTSYS-pc2.1^[23] 计算各材料间 Jaccard 遗传相似性系数, 并用类平均法 (UPGMA) 对所有材料进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性引物筛选及 SSR 多态性位点分析

从黄河流域、长江流域、西北内陆棉区和北部特早熟棉区选取早熟材料 (中棉所 50、新陆早 45 号、辽棉 23 号、赣早 109) 和晚熟材料 (鲁棉研 28、TM-1、斯字棉 2B) 共 7 个筛选多态性引物, 从覆盖全基因组的 553 对 SSR 引物中筛选得到 136 对多态性引物。

136 对 SSR 引物在 186 份材料中扩增出 355 个条带, 每对引物平均为 2.61 个, 变化范围为 1~12 个, 其中引物 HAU2146 扩增出来的条带最多, 为 12 条, 说明基因组在该位点变异频率高, 遗传多样性丰富。多态性等位基因数 346 个, 占 97.46%。检测到有效等位基因数 (*Ne*) 变化范围为 1.011~20.205, 平均为 3.933; 位点多态性信息含量 (*PIC*) 在 0.011~0.951 之间, 平均为 0.667; 基因多样性 (*H'*) 变化范围为 0.033~3.064, 平均为 1.327 (表 3), 表明 186 份供试材料具有丰富的 SSR 多态性。

表 3 136 对 SSR 引物在 186 份材料中的多态性信息

Table 3 Polymorphic information of 136 SSR makers in 186 upland cottons

编号 Code	引物 Primer	<i>PIC</i>	<i>Ne</i>	<i>H'</i>	编号 Code	引物 Primer	<i>PIC</i>	<i>Ne</i>	<i>H'</i>
1	SWU0488	0.483	1.935	0.676	18	NAU2307	0.355	1.552	0.541
2	SWU0348	0.863	7.278	2.07	19	NAU1071	0.805	5.126	1.702
3	SWU0320	0.887	8.879	2.275	20	NAU1042	0.863	7.299	2.03
4	SWU0099	0.816	5.438	1.816	21	NAU923	0.778	4.495	1.568
5	PGML03254	0.609	2.556	1.065	22	NAU833	0.86	7.167	2.019
6	PGML02558	0.814	5.369	1.731	23	NAU828	0.858	7.064	2.011
7	PGML02498	0.861	7.171	2.064	24	HAU0251	0.497	1.989	0.69
8	PGML01399	0.393	1.648	0.582	25	DPL0524	0.818	5.508	1.798
9	NAU6582	0.032	1.033	0.083	26	DPL0509	0.681	3.134	1.239
10	NAU4042	0.642	2.79	1.147	27	DPL0504	0.872	7.84	2.169
11	NAU3913	0.768	4.309	1.547	28	CGR6902	0.585	2.409	1.003
12	NAU3820	0.729	3.692	1.344	29	CGR6439	0.625	2.67	1.11
13	NAU3665	0.636	2.749	1.136	30	CGR5202	0.728	3.679	1.342
14	NAU3588	0.698	3.307	1.282	31	CER0060	0.793	4.829	1.664
15	NAU3468	0.88	8.307	2.24	32	BNL1705	0.816	5.425	1.806
16	NAU3110	0.724	3.627	1.333	33	BNL1604	0.823	5.647	1.852
17	NAU2616	0.531	2.131	0.828	34	BNL226	0.789	4.728	1.667

表 3(续)

编号 Code	引物 Primer	<i>PIC</i>	<i>Ne</i>	<i>H'</i>	编号 Code	引物 Primer	<i>PIC</i>	<i>Ne</i>	<i>H'</i>
35	HAU0883	0.687	3.193	1.25	88	SWU0721	0.679	3.111	1.233
36	HAU0975	0.467	1.875	0.659	89	SWU0802	0.763	4.211	1.526
37	HAU1058	0.696	3.287	1.271	90	SWU0810	0.745	3.918	1.376
38	HAU1195	0.011	1.011	0.033	91	SWU0930	0.604	2.526	1.056
39	HAU1202	0.223	1.286	0.139	92	SWU0941	0.813	5.337	1.758
40	HAU1809	0.675	3.075	1.226	93	BNL3806	0.248	1.33	0.414
41	HAU1951	0.661	2.949	1.196	94	NAU1070	0.727	3.661	1.338
42	HAU2414	0.738	3.819	1.362	95	SWU0951	0.678	3.103	1.234
43	HAU2873	0.539	2.168	0.862	96	SWU0987	0.721	3.582	1.326
44	MGHES-73	0.704	3.382	1.292	97	SWU1132	0.701	3.348	1.282
45	NAU803	0.74	3.853	1.367	98	SWU0959	0.793	4.824	1.658
46	C2001B	0.734	3.756	1.428	99	SWU0953	0.495	1.981	0.688
47	BNL3823	0.24	1.317	0.405	100	SWU0952	0.227	1.294	2.109
48	NAU1028	0.644	2.808	1.155	101	SWU0923	0.628	2.686	1.056
49	NAU1093	0.778	4.511	1.611	102	SWU0710	0.786	4.672	1.641
50	NAU1102	0.74	3.846	1.366	103	SWU0608	0.797	4.936	1.708
51	NAU1190	0.84	6.242	1.923	104	SWU0529	0.662	2.959	1.18
52	NAU1221	0.708	3.428	1.3	105	SWU0378	0.742	3.88	1.371
53	NAU2035	0.741	3.854	1.367	106	NAU2838	0.612	2.579	1.073
54	NAU2083	0.927	13.658	2.683	107	CIR246	0.788	4.707	1.64
55	NAU2092	0.903	10.272	2.396	108	NAU2679	0.616	2.606	1.088
56	NAU4064	0.826	5.751	1.838	109	NAU2503	0.585	2.41	0.99
57	PGML03255	0.658	2.92	1.188	110	NAU2238	0.742	3.882	1.486
58	HAU2146	0.951	20.205	3.064	111	NAU2437	0.635	2.742	1.091
59	NAU2806	0.591	2.443	1.011	112	NAU2200	0.682	3.146	1.239
60	NAU3096	0.819	5.515	1.747	113	NAU2173	0.755	4.085	1.516
61	HAU3318	0.778	4.498	1.573	114	NAU2165	0.325	1.482	0.506
62	PGML01548	0.825	5.722	1.767	115	NAU2173	0.706	3.396	1.293
63	NAU797	0.701	3.349	1.285	116	NAU2132	0.49	1.962	0.683
64	HAU2969	0.738	3.815	1.362	117	NAU1269	0.775	4.443	1.581
65	HAU2570	0.724	3.629	1.334	118	NAU1255	0.723	3.615	1.332
66	HAU1413	0.727	3.661	1.338	119	NAU1230	0.721	3.585	1.327
67	HAU0878	0.735	3.769	1.355	120	NAU1225	0.814	5.374	1.732
68	BNL2646	0.71	3.445	1.302	121	NAU998	0.797	4.922	1.7
69	BNL2441	0.792	4.813	1.66	122	NAU905	0.827	5.776	1.857
70	SWU0054	0.765	4.259	1.556	123	DPL0354	0.633	2.728	1.128
71	SWU0056	0.758	4.132	1.536	124	DPL0244	0.711	3.455	1.351
72	SWU0146	0.826	5.736	1.768	125	CIR249	0.183	1.225	0.33
73	SWU0161	0.654	2.888	1.174	126	DPL0301	0.157	1.187	0.293
74	SWU0163	0.668	3.013	1.212	127	BNL1317	0.472	1.894	0.665
75	SWU0165	0.739	3.828	1.363	128	BNL2449	0.75	3.998	1.386
76	SWU0214	0.695	3.28	1.272	129	DPL0212	0.739	3.836	1.365
77	SWU0218	0.737	3.804	1.36	130	CIR203	0.102	1.113	0.209
78	SWU0235	0.63	2.704	1.121	131	CIR140	0.082	1.09	0.177
79	SWU0266	0.737	3.798	1.359	132	CGR5565	0.325	1.482	0.506
80	SWU0375	0.774	4.42	1.591	133	CGR5258	0.818	5.496	1.816
81	SWU0376	0.78	4.552	1.595	134	CER0112	0.692	3.243	1.262
82	SWU0383	0.762	4.208	1.528	135	CER0098	0.437	1.776	0.629
83	SWU0402	0.574	2.348	0.973	136	BNL3665	0.312	1.454	0.491
84	SWU0140	0.75	3.996	1.386		MAX	0.951	20.205555	3.064
85	SWU0483	0.758	4.125	1.505		MIN	0.011	1.011	0.033
86	SWU0502	0.64	2.776	1.137		平均	0.667	3.933	1.327
87	SWU0662	0.801	5.034	1.725					

96 份早熟棉材中存在 134 对多态性 SSR 引物,扩增出 341 个条带,每对引物平均为 2.54 个;检测到有效等位基因变化范围为 1.110 ~ 20.221,平均为 3.994;多态性信息含量 (PIC) 在 0.043 ~ 0.951 之间,平均为 0.684;基因多样性 (H') 变化范围为 0.205 ~ 3.064,平均为 1.361。90 个中、晚熟材料中有 133 对多态性 SSR 引物,扩增出 345 个条带,每对引物平均为 2.59 个;检测到有效等

位基因变化范围为 1.045 ~ 19.094,平均为 3.852;多态性信息含量 (PIC) 在 0.099 ~ 0.949 之间,平均为 0.668;基因多样性 (H') 变化范围为 0.245 ~ 3.049,平均为 1.343。早熟材料和中、晚熟材料间 PIC 、 Ne 、 H' 的比较见表 4。通过比较可以看出,早熟材料的 PIC 、 Ne 、 H' 变化幅度更大,平均值也更大些,说明本研究中选择的早熟种质较中、晚熟种质的遗传多样性相对丰富。

表 4 早熟材料和中、晚熟材料的遗传多样性比较

Table 4 Genetic diversity of early-maturity, medium and later-maturity materials

材料 Material	份数 No. of materials	位点多态信息含量 PIC	有效等位基因数 Ne	基因型多样性 H'
早熟 Early-maturity	96	0.684 (0.043 ~ 0.951)	3.994 (1.110 ~ 20.221)	1.361 (0.205 ~ 3.064)
中、晚熟 Medium and Later-maturity	90	0.668 (0.099 ~ 0.949)	3.852 (1.045 ~ 19.094)	1.343 (0.245 ~ 3.049)

() 括号内数值表示各参数范围

() The values in the brackets show the range of parameters

2.2 基于 SSR 标记的遗传相似性分析

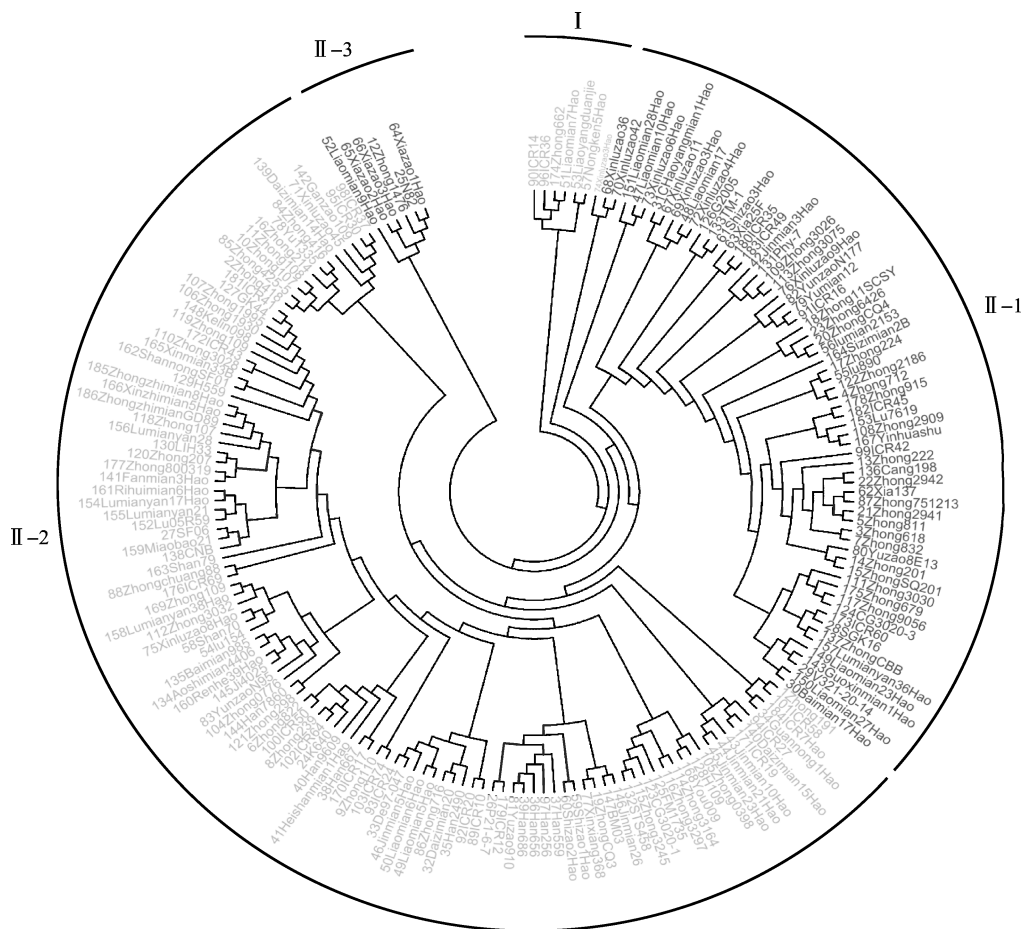
各材料间的 Jaccard 遗传相似性系数在 0.270 ~ 0.935 之间,平均为 0.642,分布在 0.2 ~ 0.6 的占 22.62%。其中中 109 与 BM03 之间遗传相似性系数最低为 0.270,其次是黑山棉 1 号与中 109 之间遗传相似性系数为 0.285,表明这些材料之间亲缘关系较远,基因组差异较大。中棉所 64 与中 239 之间遗传相似性系数最大为 0.935;其次是夏 137 与中 751213 之间遗传相似系数为 0.932,说明它们之间亲缘关系较近。

早熟棉材料相似性系数变化范围为 0.349 ~ 0.935,平均为 0.635,其中黑山棉 1 号与新陆早 4 号相似性系数为 0.349,亲缘关系较远;中棉所 64 与自育材料中 239 之间遗传相似系数最大为 0.935。中、晚熟棉材料遗传相似性系数变化范围为 0.270 ~ 0.907,平均为 0.666。其中中 109 与 BM03 之间遗传相似性系数最低为 0.270;中棉所 41 与 GK44 相似系数达 0.907,亲缘关系近。通过两类材料比较发现早熟棉遗传相似性系数平均值较中、晚熟棉材料小,说明早熟棉种质遗传相似性较中、晚熟棉材料低,遗传多样性相对丰富,但是总体上看无论是早熟材料之间,还是中、晚熟材料之间,其遗传相似性均较高,说明我国陆地棉早熟相关种质资源遗传基础狭窄,遗传多样性低。

2.3 聚类分析

通过遗传相似系数进行 UPGMA 聚类(图 1)可以把 186 份材料分成 2 类:第 I 类包含 6 个品种(系)有早熟棉种质材料中棉所 14、中棉所 36、辽棉 7 号、辽阳短节及农垦 5 号等,另外包括晚熟自育材料中 662;第 II 类可以分为 3 个亚群,第 1 亚群包含了中棉所 16、中棉所 19、中棉所 49 和中棉所 60 等中棉所育成的品种及中 811、中 679 等自育材料、新陆早系列新陆早 3 号、新陆早 36 号、新陆早 42 号等;第 2 亚群包含了中棉所自育材料、鲁棉研系列品种等;第 3 亚群主要是北部特早熟棉区辽棉系列品种辽棉 9 号和夏早系列等早熟棉种质材料。

从聚类图可以看出:(1)来自不同棉区的种质聚到一起,聚类结果不能完全体现材料的地域来源。这说明我国各大棉区之间相互引种,种质流动性较大,打破了种质的地域界限。这与武耀廷等^[24]的研究相一致。(2)中棉所系列材料多数聚类在同一类群,说明中棉所系列品种及自育材料虽经过多年单交、回交、复合杂交等选育过程,但仍不排除部分材料来自相同亲本的可能,如中棉所 35[中 23021 × (中棉所 12 × 川 1704)]和中棉所 49(中棉所 35 × 中 51504)两个品种聚在一起,二者均有乌干达棉的遗传背景。(3)夏早系列品种聚类在第 II 类的第 3 亚群,夏早 2 号和夏早 3 号均由国家半干旱农业工程



1 号、黑山棉 1 号等早熟棉品种。具有金字棉血统的材料与具有斯字棉、德字棉和岱字棉等血统的种质杂交培育出多个短季棉品种,如以中棉所 10 号与美 B 早组合选育的夏棉品种中棉所 24,生育期 112 d^[27]。西北内陆棉区新陆早系列品种除了具有金字棉遗传背景外还具有塔什干 2 号(新陆早 6 号)、克克 1543(新陆早 3 号、新陆早 4 号)等遗传背景,与第 I 类群早熟棉品种遗传背景不同,遗传差异较大。此外,经过系统选育,各个棉区之间相互引种,使得各个棉区材料在遗传背景上具有极大的相似性,如北部特早熟棉区早熟棉系列品种(品系)引种到黄河流域,成为黄河流域选育早熟和特早熟的亲本来源^[27],如生育期 110 d 的豫棉 12 号即是从中 324 与辽 1038 组合后代中选育的。

早熟棉种质遗传背景狭窄会严重制约早熟棉品种的选育,因此应该加强种质的收集和创新。陆地棉以外的其他栽培种、棉属的野生种都具有丰富的遗传多样性,应该合理利用这一资源,丰富早熟棉育种材料的遗传多样性,在早熟棉育种中选择遗传相似性小,生育期差异较大的材料配置组合。通常而言,聚在不同类群中的材料相对差异也较大。因此,根据本研究的聚类分析结果,挑选不同类群中的早熟棉材料进行相互杂交也更容易发挥超亲优势,提高早熟棉育种效率。

分析 PIC 、 N_e 、 H' 等参数可知早熟棉遗传多样性高于中、晚熟棉材料,可能原因是早熟材料多于自主选育,亲本来源广泛,一些早熟棉材料在类群中分布相对比较集中,表明所用的标记能反映部分材料的早熟性特征和遗传关系,但是二者并不完全一致,说明陆地棉早熟性状是一个复杂的性状,受环境影响很大。

参考文献

- [1] 郭旺珍,张天真,潘家驹,等. 我国棉花主栽品种的 RAPD 指纹图谱研究[J]. 农业生物技术学报,1996,4(2):129-134
- [2] 孙君灵,杜雄明,孙其信,等. 棉花 γ 射线诱变后代的 SSR 标记遗传多样性[J]. 中国农业科学,2006,39(10):1967-1976
- [3] 贾继增. 分子标记种质资源鉴定和分子标记育种[J]. 中国农业科学,1996,29(4):1-10
- [4] 唐浩,余汉勇,张新明,等. 水稻新品种测试的标准品种 DNA 指纹图谱多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(1):100-106
- [5] 赵檀,金柳艳,李远,等. 基于全基因组的河北省小麦品种遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(1):45-53
- [6] 员涛,颜璐茜,李佳蔓,等. 西南地区乡土杨树遗传变异的 SRAP 分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(4):836-841
- [7] 高源,王昆,田路,等. TP-M13-SSR 技术及其在苹果种质资源遗传多样性研究中的应用[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(2):228-233
- [8] 李莉,王俊峰,颜廷进,等. 基于 SSR 标记的山东省小麦 DNA 指纹图谱的构建[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(3):537-541
- [9] 郝晨阳,王兰芬,贾继增,等. SSR 荧光标记和银染技术的比较分析[J]. 作物学报,2005,31(2):144-149
- [10] Liu D Q, Guo X P, Lin Z X, et al. Genetic diversity of Asian cotton (*Gossypium arboreum* L.) in China evaluated by microsatellite analysis[J]. Genet Resour Crop Evol, 2006, 53: 1145-1152
- [11] 温小杰,马峙英,王省芬,等. 中国抗枯、黄萎病陆地棉材料分子水平的遗传差异评价[J]. 中国农业科学,2005,38(5):936-943
- [12] Liu S, Cantrell R G, McCarty J C Jr, et al. Simple sequence repeat-based assessment of genetic diversity in cotton race stock accessions[J]. Crop Sci, 2000, 40: 1459-1469
- [13] 刘方,王春英,王玉红,等. 103 份亚洲棉表型多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(3):491-497
- [14] 刘文欣,孔繁玲,郭志丽,等. 建国以来我国棉花品种遗传基础的分子标记分析[J]. 遗传学报,2003,30(6):560-570
- [15] 于雯雯,喻树迅,王武,等. 应用 RAPD 对短季棉品种遗传多样性的初步评价[J]. 棉花学报,2006,18(3):186-189
- [16] 陈光,杜雄明. 我国陆地棉基础种质遗传多样性的 SSR 分子标记分析[J]. 遗传学报,2006,33(8):733-745
- [17] 赵战胜,范术丽,喻树迅,等. 北疆早熟陆地棉品种的遗传多样性分析[J]. 棉花学报,2012,24(6):473-480
- [18] 叶春秀,谢宗铭,李全胜,等. 新疆早熟陆地棉 SSR 标记遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 西北农业学报,2015,24(2):73-78
- [19] 何陈述,郭小平. 长江流域棉花综合群体株系的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(2):385-388
- [20] 宋国立,崔荣霞,王坤波,等. 改良 CTAB 法快速提取棉花 DNA[J]. 棉花学报,1998,10(5):273-275
- [21] 潘兆娥,孙君灵,王西文,等. 基于棉花参比种质的 SSR 多态性核心引物筛选[J]. 生物多样性,2008,16(6):555-561
- [22] 徐秋华,张献龙,聂以春. 长江、黄河流域两棉区陆地棉品种的遗传多样性比较研究[J]. 遗传学报,2001,28(7):683-690
- [23] Rohlf F J. NTSYS-PC, numerical taxonomy system for the PC. Exeter Software, Version 2.1 [J]. Applied Biostatistics Inc Setauket, USA, 2000.
- [24] 武耀廷,张天真,殷剑美. 利用分子标记和形态学性状检测的陆地棉栽培品种遗传多样性[J]. 遗传学报,2001,28(11):1040-1050
- [25] 翟学军,李悦有,王彦立,等. 转基因抗虫短季棉新品种夏早 2 号和夏早 3 号[J]. 中国棉花,2011,38(11):34-35
- [26] 贺道华,邢宏宜,李婷婷,等. 92 份棉花资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 西北植物学报,2010,30:1557-1564
- [27] 黄滋康. 中国棉花品种及其系谱[M]. 北京:中国农业出版社,2007:106-111