

# 长江流域棉花综合群体株系的遗传多样性分析

何陈述, 郭小平

(华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室, 武汉 430070)

**摘要:**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。通过田间试验对 12 个主要性状进行考察, 衍生株系间霜前花率的变异最大, 子棉产量及构成因素次之, 纤维品质性状的变异最小。主成分分析表明, 纤维品质、产量及构成因素、霜前花率、衣分和株高等前 5 个主成分, 对变异方差的贡献率分别为 24.312%、19.662%、13.287%、10.812%、9.085%。基于 SSR 的分子标记差异, 绝大多数衍生株系聚在一类, 遗传差异较小, 明显区别于黄河流域棉花品种。

**关键词:**棉花; 综合群体; 主成分分析; 分子标记; 遗传多样性

## Genetic Diversity Analysis of the Lines Derived from Cotton Comprehensive Population in Yangtze River Basin

HE Chen-shu, GUO Xiao-ping

(National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

**Abstract:** A comprehensive population of 15 cotton hybrids from Yangtze River basin was built through mixed pollen pollination. 29 elite lines were derived by conventional selection in breeding nursery. The percentage of seed-cotton yield before frost showed the greatest variation among 12 investigated traits in field experiment, and then the seed-cotton yield and yield components were followed, but there was little variation in fiber quality traits. The first 5 principal components were fiber quality, seed-cotton yield and its components, percentage of seed-cotton yield before frost, lint percentage, and plant height with the contribution rate of 24.312%, 19.662%, 13.287%, 10.812%, 9.085% respectively by principal component analysis. Majority elite lines were clustered in the same group based on SSR molecular markers, which was distinguished from the varieties from Yellow River basin, showing narrow genetic background.

**Key words:** cotton; comprehensive population; principal component analysis; molecular marker; genetic diversity

种质资源是棉花品种改良的基础, 而我国并非陆地棉的起源地, 陆地棉品种最初是从美国引进, 直至 20 世纪 50 年代才实现陆地棉的广泛种植, 遗传资源相对狭窄<sup>[1]</sup>。许多研究者利用分子标记对不同来源的棉花种质资源进行了遗传多样性研究, 发现不同国家来源的棉花品种之间遗传差异较大, 而国内育成的棉花品种之间遗传差异较小<sup>[2-3]</sup>。综合群体改良可以聚集更多的优异资源, 增加有利基因

的重组机会, 打破不利性状间的负相关, 在玉米、小麦和油菜等主要作物育种中已经取得了显著成绩<sup>[4-6]</sup>, 但在棉花育种中的应用报道并不多。W. R. Meredith 等<sup>[7]</sup>以复合杂交种为基础群体, 对衣分进行了 3 个轮回的选择, 结果发现基础群体和第 1、2、3 轮选择群体的衣分分别为 33.8%、35.4%、36.6% 和 38.0%, 同时皮棉产量也得到相应提高; 张凤鑫等<sup>[8]</sup>以抗病种质为基础建立综合群体, 选育出兼抗

收稿日期: 2014-04-03 修回日期: 2014-05-15 网络出版日期: 2015-02-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150206.1634.007.html>

基金项目: 国家科技支撑计划(2011BAD35B05-2)

第一作者研究方向为棉花棉花群体改良育种。E-mail: 370454288@qq.com

通信作者: 郭小平, 研究方向为棉花遗传育种。E-mail: xpguo@mail.hzau.edu.cn

枯、黄萎病的丰产优质棉花品系。本研究以来源较为广泛的长江流域棉花杂交种为基础建立综合群体,对衍生出的优良株系进行遗传多样性分析,为棉花育种方法提供参考。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 长江流域棉花综合群体的构建与衍生株系的选育

由于核心种质资源对选育棉花品种起着极其重要的作用,但都体现在所选育的杂交棉品种中。本研究选取长江流域不同科研单位培育的 15 个优秀杂交棉品种作基础材料(表 1)。

表 1 试验材料及来源

Table 1 The materials and their sources

名称 Name	材料来源 Origin	名称 Name	材料来源 Origin
荆杂 01-80	湖北省	泗阳 212	江苏省
荆 142	湖北省	铜杂 411	江苏省
荆 03-88	湖北省	绿亿棉 11 号	安徽省
XG-2	湖北省	绿亿棉 12 号	安徽省
EK288	湖北省	中 CJ03B	中国农科院棉花研究所
SH01-3	湖北省	中长杂 4138	中国农科院棉花研究所
20-9	湖北省	创杂 21	创世纪转基因技术公司
苏抗 2012	江苏省		

2007 年每个材料种植 1 行,收集各行花粉进行混合,对每行材料授粉并按行混合收取  $F_1$  种子;2008 年种植互交  $F_1$ ,利用同样的方法继续进行混合授粉,得到遗传背景相对广泛的长江流域棉花综合群体。与常规杂交育种方法相比,上述方法不仅包含了较多的有利基因,而且进行了 2 次以上的互交和混交,有利于广泛的基因重组和不利基因连锁的打破。

2009 年在湖北省汉川市基地,对综合群体进行单株选择,中选 140 个单株;2010 年中选单株种植成株行,进行株行选择,中选 27 个优良株行,并在优良株行中继续选单株;2011 年种植株行 112 个,选出 29 个农艺性状较为一致的优行,形成优良衍生株系。单株选择时,按照常规育种的方法,考虑株型、结铃性好、铃大小适中、衣分较高、纤维品种符合纺织要求、吐絮畅等因素进行选择。

### 1.2 田间试验与性状考察

2012 年对 29 个衍生株系进行随机区组,2 行区,3 次重复的田间试验,种植密度 1500 株/667  $m^2$ ,分别调查株高、株铃数和果枝数,子棉产量以小区实收子棉换算而成;以 11 月 10 日前收获子棉占总子棉的百分数计算霜前花率。室内考种获取衣分、铃重等数据。纤维品质由中国农业科学院棉花研究所棉花品质检测中心检测,包括上半部纤维平均长度、伸长率、整齐度指数、麦克隆值和断裂比强度 5 项指标。

### 1.3 DNA 的提取与 SSR 标记检测

除了 29 个综合群体衍生株系外,增加国欣棉 9 号、冀棉 228、鲁研棉 17、中植棉 8 号和豫 668 等 5 个黄河流域常规棉品种作对照,进行 SSR 分子标记的遗传差异检测,以比较 2 个流域棉花品种的遗传差异。

每个供试品种取 15 株幼嫩叶片等量混合,用改良的 CTAB 大量法<sup>[9]</sup>提取 DNA。SSR-PCR 反应体系、PCR 扩增程序、PAGE 凝胶电泳及显色方法参照 M. Q. Wu 等<sup>[10]</sup>的方法进行。对 80 对 SSR 引物进行初步筛选,其中 56 对引物为本实验室白静等<sup>[11]</sup>筛选的核心引物,中选 29 对多态性稳定的 SSR 引物对供试材料的遗传差异进行鉴定。根据 PAGE 凝胶电泳的结果,记录有差异的谱带,有带则记为“1”,无带则记为“0”,缺失则记为“2”。

### 1.4 数据分析方法

田间数据整理和主成分分析过程用 SPSS18.0 软件完成;供试材料分子的差异性,采用类平均(UPGMA, unweighted pair-group method with arithmetic means)法进行聚类分析,分析过程在软件 NT-SYS-PC V2.1 中进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 综合群体衍生株系主要农艺性状的变异

综合群体 29 个衍生株系霜前花率的变异最大,变异范围为 55.81% ~ 94.19%,变异系数超过 10%,说明该群体的熟性含有丰富的变异性。产量及产量构成因素的变异其次,变异系数在 6.48% ~ 9.22% 之间。纤维品质性状中麦克隆值的变异较大,平均 4.89,说明长江流域衍生株系的纤维整体偏粗;纤维比强度的平均值为 30.52 cN/tex,变异系数不大,说明该衍生株系整体纤维强度较好;其他品质性状的同质性较高,变异幅度不大(表 2)。

表 2 衍生株系主要性状的变异

Table 2 The variation of derived lines in main traits

农艺性状 Traits	平均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	极差 Range	变异系数(%) CV
株高(cm) Plant height	133.63	121.47	144.53	23.06	3.09
单株铃数 Boll number per plant	36.13	28.55	44.03	15.48	9.22
果枝数 Branch number per plant	16.45	14.63	18.00	3.38	6.48
单铃重(g) Boll weight	5.51	4.79	6.62	1.84	7.95
霜前花率(%) PSCYBF	76.47	55.81	94.19	38.38	10.91
子棉产量(kg/667 m <sup>2</sup> ) Seed-cotton yield	278.90	230.88	323.10	92.23	8.22
衣分(%) Lint percentage	39.52	34.28	44.96	10.68	5.99
纤维长度(mm) Fiber length	29.45	28.26	30.94	2.68	2.65
纤维比强度(cN/tex) Fiber strength	30.52	28.50	33.90	5.40	4.83
麦克隆值 Micronaire value	4.89	3.88	5.76	1.88	8.82
纤维整齐度(%) Fiber uniformity	84.85	84.05	86.95	2.90	0.76
纤维伸长率(%) Fiber elongation	6.54	6.50	6.65	0.15	0.74

PSCYBF: Percentage of seed-cotton yield before frost

## 2.2 综合群体衍生株系农艺性状的主成分分析

对 29 个株系的 12 个性状进行主成分分析,特征值大于 1 的主成分有 5 个,累计方差贡献率为 77.158%。第 1 主成分可以解释总变异的 24.312%,其中纤维比强度和纤维长度、伸长率、整齐度的系数为正值,而且较大;因此第 1 主成分与纤维品质密切相关,该主成分中单铃重的系数为负值,说明改善品质和大铃性状相矛盾。第 2 主成分可以解释总变异的 19.662%,其中麦克隆值、果枝数、单株铃数和子棉产量的系数较大,因此该主成分与子棉产量和构成因素密切相关;由于该群体中纤维麦克隆值总体偏大,麦克隆值的正系数说明提高子棉产量的同时,常常伴随着麦克隆值的升高,纤维变粗,对综合改善纤维品质不利。第 3 主成分可以解释总变异的 13.287%,主要性状为霜前花率,与早熟性相关。第 4 主成分对总变异的贡献率为 10.812%,最主要的相关性状为衣分,其次为单铃重,但两者的符号相反,说明铃大的株系一般衣分较

低。第 5 主成分对总变异的贡献率为 9.085%,主要相关性状为株高性状,其他性状的系数较小,说明植株的高矮对其他性状的影响不大(表 2)。

## 2.3 衍生株系基于 SSR 分子标记的聚类分析

包括 5 个黄河流域品种在内,共对 34 份材料进行了分子标记的差异检测,聚类分析表明(图 1),全部材料间的遗传相似系数为 0.52~0.86,整体表现遗传相似系数较高。在阈值为 0.568 处供试材料可分为 3 大类群。类群 I 最大,包含 28 份材料,除黄河流域豫 668 品种外,其他都是综合群体衍生株系。类群 II 包含 5 份材料,除 1 个综合群体株系 E12425 外,其余都是黄河流域品种。类群 III 只有 1 个综合群体衍生株系 E12337,该株系田间表现为结铃性很强,单株铃数最多,产量较高,纤维品质性状表现良好,并且在遗传上具有独特性,在育种上应加以重视。聚类结果与棉花品种的种植区域基本吻合,说明长江流域和黄河流域的棉花品种已形成较大的遗传差异性。

表 3 前 5 个主成分的特征值和特征向量

Table 3 Eigen values and eigen vector of the first five principal components

特征向量 Eigen vector	Factor 1	Factor 2	Factor 3	Factor 4	Factor 5
特征值 Eigen value	2.917	2.359	1.594	1.297	1.090
贡献率(%) Contributive ratio	24.312	19.662	13.287	10.812	9.085
累计贡献率(%) Cum contributive ratio	24.312	43.974	57.261	68.073	77.158
株高 Plant height	0.331	-0.238	-0.079	0.303	0.762
单株铃数 Boll number per plant	0.272	0.710	0.347	-0.100	0.236
果枝数 Branch number per plant	-0.074	0.681	0.435	-0.002	-0.069
单铃重 Boll weight	-0.481	0.004	0.402	0.559	0.078
霜前花率 PSCYBF	0.046	0.029	0.852	0.066	0.003
子棉产量 Seed-cotton yield	0.286	0.613	-0.394	0.360	0.350
衣分 Lint percentage	-0.065	0.202	-0.050	-0.749	0.371
纤维长度 Fiber length	0.821	-0.089	0.263	0.034	0.004
纤维比强度 Fiber strength	0.871	-0.277	0.164	-0.156	-0.077
麦克隆值 Micronaire value	-0.319	0.808	-0.260	0.050	-0.165
纤维整齐度 Fiber uniformity	0.632	0.405	-0.057	-0.145	-0.175
纤维伸长率 Fiber elongation	0.689	0.133	-0.257	0.372	-0.346

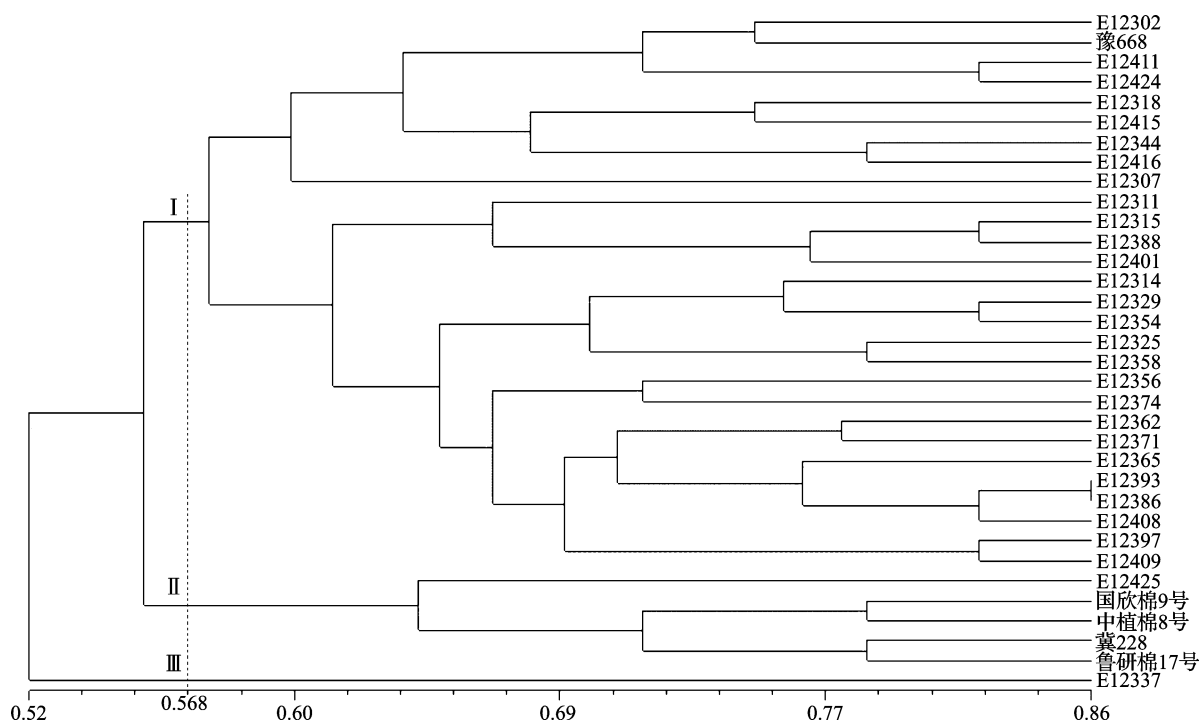


图1 基于 SSR 分子标记的聚类树状图

Fig. 1 The clustering dendrogram based on SSR molecular markers

### 3 结论与讨论

长江流域棉花综合群体衍生出的 29 个株系在调查的主要农艺性状中表型差异并不大,除霜前花率外,其他性状的变异系数均小于 10%,可能与育种者的选择偏好有关,育种选择也势必会降低变异的多样性,且优良品种都经过了严格的选择,因此也反映出国内长江流域棉花品种的遗传基础比较狭窄。在表型变异中,霜前花率的变异最大,其次为产量和产量构成因素,纤维品质指标的变异较小;但在主成分分析中,纤维品质的变异为第 1 主成分,可以解释总变异的 24.312%,这是因为霜前花率性状表现独立性较强,而纤维品质性状与其他性状关联性较大。王沛政等<sup>[12]</sup>对不同来源的陆地棉品种进行主成分分析,对变异贡献较大的主成分依次是纤维品质因子、产量因子、单铃重因子、衣分因子、第一果枝高度因子等,与本研究的结果相似。

对我国 3 大棉区的棉花品种进行 SSR 分子标记分析表明<sup>[13-15]</sup>,3 大棉区品种间有显著的遗传差异,来源于同一棉区的品种优先聚类在一起。本研究中的绝大多数长江群体衍生株系聚在一类,黄河流域品种聚在另一类,两者区分明显,得出相似的结论;研究中所得到的衍生株系尽管在农艺性状上基本

一致,但在分子水平上未必纯合,但通过多株混合提取 DNA 样品,只读取差异明显的条带,也能反映株系间的分子差异。由此可见,由于生态条件和耕作制度的不同,育种选择使得 2 个棉区的品种有了较大的遗传分化。

基于表型性状的聚类分析能够简单直观地鉴定出种质资源的遗传变异,但是易受环境因素的影响;基于分子标记的聚类分析能够从基因本质上揭示种质资源的遗传变异。武耀廷等<sup>[16]</sup>检测陆地棉栽培种的遗传多样性时,对基于分子标记的遗传相似系数矩阵和基于表型的遗传相似系数矩阵进行相关性分析,两者相关系数为  $-0.335$ ,尽管达到显著水平,但相关系数不高。因此基于分子差异的聚类分析不一定能与表型分析完全对应,两者各有优点,可以相互补充。

#### 参考文献

- [1] 朱龙付,张献龙,聂以春. 利用 RAPD 和 SSR 标记分析陆地棉种质资源的遗传多样性[J]. 农业生物技术学报, 2003, 11(5): 450-455
- [2] 苗培明,范玲,师维军,等. 棉花种质资源遗传多样性的 TRAP 分析[J]. 棉花学报, 2009, 21(5): 420-426
- [3] 卫泽,孙学振,柳宾,等. 国内外 57 份棉花种质资源的遗传多样性研究[J]. 山东农业科学, 2010(6): 13-18
- [4] Warburton M L, Xia X C, Crossa J. Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods [J]. Crop Sci, 2002, 42: 1832-1941