

# 转基因抗虫杂交棉亲本间遗传距离 与杂种优势的相关性研究

唐文武<sup>1,2</sup>, 吴秀兰<sup>1,2</sup>, 黄英金<sup>2\*</sup>

(肇庆学院 生命科学学院 广东 肇庆 526061; 2. 江西农业大学 农学院 江西 南昌 330045)

**摘要:** 利用 6 个优异纤维品质陆地棉品种与 5 个转基因抗虫棉品种杂交配制 30 个 F<sub>1</sub>, 研究转基因抗虫杂交棉亲本间遗传距离与杂种优势的相关性。结果表明: 11 个亲本间的遗传距离介于 0.72 ~ 8.32, 平均遗传距离为 4.38。不同地理来源及表型差异的品种间遗传距离较大, 聚类分析将 11 个品种分成 5 种类型。亲本间遗传距离与比强度的杂种优势值呈显著正相关, 与全生育期、单株铃数、单铃重、衣分、产量性状的杂种优势值呈负相关, 与株高、果枝数、籽指、纤维长度、马克隆值的杂种优势值呈正相关, 但上述性状均未达到显著水平。

**关键词:** 遗传距离; 杂种优势; 主成分; 聚类分析

中图分类号: S752.01 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2010)04-0689-06

## Studies on Relationship between Genetic Distance of Parents and Heterosis in Insect Resistant Transgenic Hybrid Cotton

TANG Wen-wu<sup>1,2</sup>, WU Xiu-lan<sup>1,2</sup>, HUANG Ying-jin<sup>2\*</sup>

(1. College of Biology, Zhaoqing University, Zhaoqing 526061, China; 2. College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

**Abstract:** Thirty cross combinations were made between six supper fiber varieties and five insect resistant transgenic varieties. The relationship between genetic distance of parents and mid-parent heterosis were analyzed. The result showed that the genetic distance among 11 cotton cultivars ranged from 0.72 to 8.32 with an average genetic distance of 4.38. The genetic distances among cotton varieties with different geographical origins and phenotype were high. Eleven cotton varieties were classified into five clusters by the cluster analysis. The positive correlation between genetic distance of parents and fiber strength heterosis was significant at a level of 0.05. The negative correlations between genetic distance and mid-parent heterosis were found for growth period, bolls per plant, boll weight, lint percentage and lint yield. The positive correlations between genetic distance and mid-parent heterosis existed for plant height, fruit branches per plant, seed index, fiber length and macronaries. But the correlations of above traits were not significant statistically.

**Key words:** genetic distance; heterosis; key components; cluster analysis

杂种优势利用是提高棉花产量、改良棉纤维品质的重要育种手段。随着 20 世纪 90 年代转基因抗虫棉的培育成功, 转基因抗虫杂交棉的研究利用成为当前棉花育种工作的重点。选育强优势的杂交种, 其关键是亲本的合理选配, 具有一定遗传差异的双亲是选配强优势杂交种的基础。长期以来, 育种家们

收稿日期: 2010-03-03 修回日期: 2010-05-13

基金项目: 江西省“十五”科技攻关项目(200120900747)

作者简介: 唐文武(1978-) 男 讲师 硕士 主要从事植物杂种优势利用研究 E-mail: tangwenwu781029@yahoo.com.cn;

\* 通讯作者: 黄英金 教授 博士 E-mail: yjhuang\_cn@126.com。

曾试图利用地理差异、表型差异、亲缘关系等方法来度量双亲间的遗传差异,并取得了一定的成效,但这些方法往往并不能真实反映亲本间的遗传差异<sup>[1-2]</sup>。遗传距离作为一种度量生物遗传差异的有效参数,可以提高杂交种选育的效率。自刘来福<sup>[3]</sup>首次提出数量性状的主成分分析遗传距离,大量学者开展了利用遗传距离预测杂种优势的相关工作<sup>[4-5]</sup>。在棉花方面,王学德等<sup>[6]</sup>研究表明亲本间遗传距离与杂种产量优势有显著的抛物线回归关系,武耀廷等<sup>[7]</sup>研究表明表型遗传距离、分子标记遗传距离与 $F_1$ 、 $F_2$ 产量性状及杂种优势之间的相关程度偏低。当前,利用常规品种开展遗传距离与杂种优势的研究工作已有较多报道<sup>[6-8]</sup>,但利用转基因抗虫棉与陆地棉品种间的遗传距离与杂种优势的研究工作报道较少<sup>[9]</sup>。本研究首次选用优异纤维品质陆地棉品种与转基因抗虫棉为材料,采用主成分分析和聚类分析的方法分析品种间的遗传距离,并研究了亲本间遗传距离与 30 个杂交组合 $F_1$ 代主要性状杂种优势的相关性,旨在为陆地棉强优势杂交种选育中实现优异纤维品质与高产、抗虫的同步改良提供有利的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

选取系谱来源不同的 6 个优异纤维品质陆地棉常规品种杨坟 596( $A_1$ )、朝阳 70 号( $A_2$ )、AcalaSJ-3( $A_3$ )、Hopical( $A_4$ )、苏联 8908( $A_5$ )、遗棉 2 号( $A_6$ )为母本,其中 AcalaSJ-3 引自美国, Hopical 引自墨西哥,苏联 8908 引自前苏联。5 个来源不同的转基因抗虫棉品种(系) 99B( $A_7$ )、中棉所 30 号( $A_8$ )、SGK321( $A_9$ )、32B( $A_{10}$ )、9007( $A_{11}$ )为父本。按照 NCI 遗传交配设计,配制 30 个杂交组合,供试各品种均引自中国农科院棉花研究所种质库。

### 1.2 试验方法

试验于 2003—2004 年在江西农业大学农学实验站进行。2003 年进行亲本的主要农艺产量及纤维品质性状考察,并配制杂交组合。2004 年进行亲本及杂种 $F_1$ 代性状考察。2 年试验均采用随机区组试验设计,3 次重复,种植密度为 3 万株/hm<sup>2</sup>。试验采用营养钵育苗移栽,7 月 25 日统一打顶,每小区定株 10 株后,分别于 9 月 15 日调查株高、果枝始节、果枝数,10 月 20 日调查单株铃数,室内考察单铃重、籽指、衣分,小区全部计产,考察籽棉产量、皮棉产量性状。纤维品质性状由农业部棉花监督检验测试中心测定。

### 1.3 数据统计分析

对 11 个亲本两年的各性状平均数经正态标准化后,采用欧氏距离计算成对品种的遗传距离<sup>[3]</sup>,用类平均法(UPGMA)对遗传距离矩阵进行聚类分析,并对亲本间遗传距离与杂种优势进行相关性分析,杂种优势强度以中亲优势为指标,中亲优势(%) =  $(F_1 - MP) / MP \times 100$ 。所有数据统计分析由 DPS v7.05 版软件完成。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本间的遗传距离

首先对 11 个亲本材料在 2003—2004 2 年间的株高、全生育期、果枝始节、果枝数、单株铃数、单铃重、籽指、衣分、籽棉产量、皮棉产量、纤维长度、比强度、马克隆值等 13 个性状值进行方差分析,结果表明(未列出):除果枝始节外,其它性状的亲本间差异均达到显著或极显著水平。表明除果枝始节外,其余 12 个性状在供试的 11 个亲本间均存在较大差异。

进一步对 11 个亲本的 12 个性状进行主成分分析。首先对 12 个性状进行相关分析,并列出生遗传相关矩阵,再用 Jacobi 法将矩阵转换成对角矩阵,计算出各个性状遗传相关矩阵的特征根及相应的特征向量(表 1)。由表 1 可知,前 4 个特征根( $\lambda_1 \sim \lambda_4$ ) 在 12 个特征根中累计贡献率已达到 86.82%,基本反映供试亲本间的遗传差异,故可将这 4 个特征根确定为主成分进行分析。

表1 入选主成分的特征根及其特征向量  
Tab.1 Eigenvalues and eigenvectors of selected principal components

项目 Project	变异来源 Variations source	$\lambda_1$	$\lambda_2$	$\lambda_3$	$\lambda_4$
特征根 Eigenvalue		4.78	2.91	1.61	1.11
	累计贡献率/% Percentage of cumulative	39.87	64.13	77.59	86.82
特征向量 Eigenvector	株高 Plant height $x_1$	0.38	0.08	-0.20	-0.04
	全生育期 Gross period $x_2$	0.28	0.19	0.29	0.18
	果枝数 Fruit branches per plant $x_3$	0.20	-0.46	0.10	0.17
	单株铃数 Bolls per plant $x_4$	0.36	-0.31	-0.15	-0.13
	单铃重 Boll weight $x_5$	0.05	0.41	0.12	0.61
	籽指 Seed index $x_6$	0.13	0.50	-0.07	0.10
	衣分 Lint percentage $x_7$	-0.17	-0.10	0.62	-0.18
	籽棉产量 Seed cotton yield $x_8$	0.43	-0.09	-0.08	0.17
	皮棉产量 Lint yield $x_9$	0.41	-0.14	0.15	0.12
	纤维长度 Fiber length $x_{10}$	0.33	-0.04	0.35	-0.07
	比强度 Fiber strength $x_{11}$	0.18	0.32	0.41	-0.47
	马克隆值 Marconarie value $x_{12}$	-0.24	-0.28	0.34	0.48

由表1可知,第一主成分( $\lambda_1$ )的特征根为4.78,其贡献率为39.87%,对应的特征向量中,除衣分、马克隆值为负值外,其余均为正值,其中以籽棉产量、皮棉产量的分量值为最大,分别达到0.43、0.41,故可称为产量因子。第二主成分( $\lambda_2$ )的特征根为2.91,其贡献率为24.26%,对应的特征向量中,单铃重、籽指、果枝数、单株铃数的绝对值为最大,分别为0.41、0.50、-0.46、-0.31,故称为产量结构因子。但在第二主成分中,单铃重、籽指的表现与果枝数、单株铃数性状呈负相关,表明供试亲本材料中,单铃重较大的品种,其果枝数、单株铃数表现较差,这与大铃型品种的脱落率较高,单株结铃数较少的实际情况相吻合。第三主成分( $\lambda_3$ )的特征根为1.61,贡献率为13.45%,对应的特征向量中,衣分、纤维长度、比强度、马克隆值等纤维品质性状的分量为最大,分别达到0.62、0.35、0.41、0.34,故称为棉纤维品质因子。第四主成分( $\lambda_4$ )的特征根为1.11,贡献率为9.23%,对应的特征向量中,单铃重的分值为最大,达到0.61,故称为单铃重因子。

表2 供试亲本间的遗传距离  
Tab.2 Genetic distances of cultivars determined by cultivar phenotype

遗传距离 Genetic distance	A <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>	A <sub>3</sub>	A <sub>4</sub>	A <sub>5</sub>	A <sub>6</sub>	A <sub>7</sub>	A <sub>8</sub>	A <sub>9</sub>	A <sub>10</sub>
A <sub>2</sub>	3.32									
A <sub>3</sub>	4.16	6.59								
A <sub>4</sub>	4.51	6.79	4.99							
A <sub>5</sub>	1.87	4.53	4.90	5.30						
A <sub>6</sub>	0.72	3.08	4.18	3.94	2.57					
A <sub>7</sub>	1.81	3.42	5.14	5.96	1.44	2.42				
A <sub>8</sub>	7.26	7.36	7.86	8.32	7.66	7.32	7.20			
A <sub>9</sub>	2.99	4.66	4.87	5.12	3.11	3.30	3.05	4.62		
A <sub>10</sub>	4.13	5.87	5.40	5.88	3.81	4.52	3.93	4.30	1.30	
A <sub>11</sub>	2.37	4.70	5.15	5.47	1.23	3.02	1.80	6.63	2.14	2.68

根据入选的4个主成分特征根及相对应的特征向量,以及亲本各性状的标准化基因型值,计算出11个亲本的4个主成分值。并进一步根据各亲本的主成分值计算出两两亲本间的遗传距离(表2)。亲本两两间遗传距离介于0.72~8.32,平均遗传距离为4.38。在55个亲本间遗传距离中,转基因抗虫棉中棉所30号(A<sub>8</sub>)与墨西哥常规品种Hopical(A<sub>4</sub>)的遗传差异最大,两者之间遗传距离为8.32;杨坟596(A<sub>1</sub>)与遗棉2号(A<sub>6</sub>)的遗传差异最小,两者之间的遗传距离仅为0.72。由表2进一步可知,中棉所30号(A<sub>8</sub>)与其它亲本间的遗传距离均较大,除与转基因抗虫品种SGK321(A<sub>9</sub>)、9007(A<sub>10</sub>)的遗传距离为4.62、4.30,与其它8个亲本间的遗传距离均大于6.63以上。来源于美洲的2个品种AcalaSJ-3(A<sub>3</sub>)、Hopical(A<sub>4</sub>)与其它亲本间(A<sub>6</sub>除外)的遗传差异也较大,与其它9个亲本间的遗传距离大于均值4.38,表明不同地理来源的亲本间,其遗传差异一般较大。

### 2.2 亲本间聚类分析

根据两两亲本间的遗传距离,采用类平均法(UPGMA)对其进行聚类分析,其结果见图1。根据类间距离大于类内距离的原则,可将11个亲本归为5类:第I类包括A<sub>1</sub>、A<sub>6</sub>、A<sub>5</sub>、A<sub>11</sub>、A<sub>7</sub>、A<sub>9</sub>、A<sub>10</sub> 7个品种,该类品种主要特征为产量表现一般,但棉纤维品质表现优异;第II类品种是朝阳70号(A<sub>2</sub>),其品种特征为单株成铃数多,单铃重较小;第III类品种是来源于美国的AcalaSJ-3(A<sub>3</sub>),其主要特征为生育期长,单铃重大;

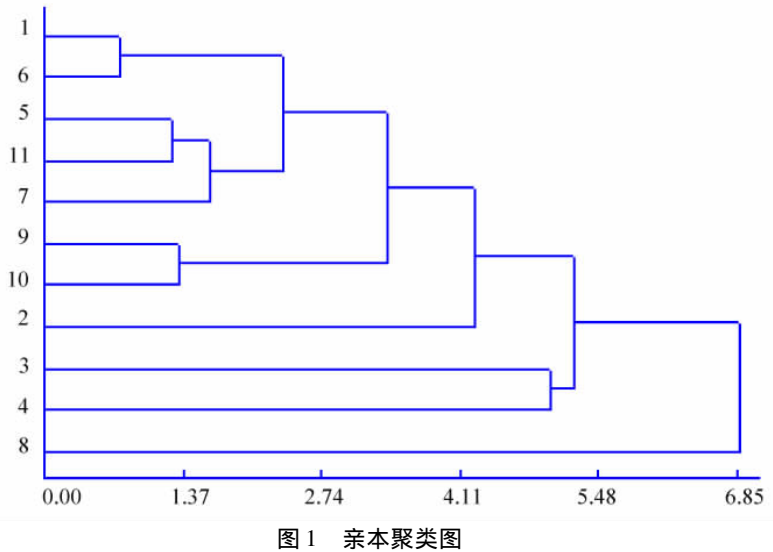


图1 亲本聚类图  
Fig. 1 Cluster analysis of 11 parents by group average method

第IV类品种是来源于墨西哥的Hopical(A<sub>4</sub>),其主要特征为比强度高,马克隆值较低,纤维品质特优异;第V类品种是中棉所30号(A<sub>8</sub>),其主要特点是植株矮小、生育期短、单铃重低、成铃数少,而其它供试品种均为高产品种,故其遗传距离表现较大。

### 2.3 杂种优势的表现及与遗传距离的相关性

为了研究亲本间的遗传距离与抗虫杂交棉杂种优势强度的关系,本研究以6个优异纤维品质品种为母本,5个转基因抗虫棉品种为父本,按照NCII法配制了30个杂交组合。采用kanamycin抗性鉴定法<sup>[10]</sup>对30个F<sub>1</sub>与11个亲本进行抗性鉴定,结果显示:6个非抗虫的常规亲本均为阴性,30个F<sub>1</sub>及5个转基因抗虫亲本的kanamycin结果全部为阳性。与前文<sup>[11-12]</sup>结果相吻合,表明所配制的杂交种均为转基因抗虫杂交棉。

将30个抗虫杂交棉F<sub>1</sub>的中亲优势值及其与遗传距离的相关系数结果列于表3。由表3可知,抗虫杂交棉的产量性状杂种优势表现最为明显,30个杂交组合F<sub>1</sub>代籽棉产量的中亲优势平均值为9.51%,变异幅度范围在-6.43%~59.58%,皮棉产量的中亲优势平均值为9.42%,变异幅度范围在-8.62%~66.79%;30个杂交组合的籽棉产量、皮棉产量中亲优势值与亲本间遗传距离的相关系数分别为-0.30、-0.33,均未达到显著水平,表明亲本间的遗传距离与产量优势并无显著相关性。在产量构成因素中,单株铃数、单铃重的杂种优势表现较好,其中亲优势平均值分别为3.98%、2.87%;籽指、衣分的杂种优势均表现一般,其中亲优势平均值仅为-0.28%、0.03%;这4个性状的中亲优势值与遗传距离的相关系数均未达到显著水平。株高、全生育期的杂种优势表现一般,其中亲优势平均值分别为0.94%、-0.63%,表明转基因抗虫杂交棉能缩短生育期并具有一定的营养生长优势。

棉纤维品质性状中,纤维长度、比强度具有一定的正向优势,其中亲优势平均值均为0.24%,变异幅度分别为-0.76%~2.05%、-2.11%~4.57%;马克隆值的中亲优势平均值均为1.31%,变异幅度分别为-2.08%~5.3%,由于马克隆值越高,纤维细度越差,所以F<sub>1</sub>的纤维细度具有负向优势。

表3 30个F<sub>1</sub>代主要性状中亲优势及与遗传距离的相关系数

Tab.3 Correlation between genetic distance among 11 parents and mid-parent heterosis of main traits in resulted 30 crosses

性状 Characters	中亲优势范围/% Range of mid-parent heterosis	中亲优势均值/% Average of mid-parent heterosis	相关系数 Correlation
株高 Plant height	-1.08 ~ 3.97	0.94	0.18
全生育期 Gross period	-1.53 ~ 0.29	-0.63	-0.02
果枝数 Fruit branches per plant	-1.32 ~ 15.15	1.52	0.17
单株铃数 Bolls per plant	-7.5 ~ 19.87	3.98	-0.18
单铃重 Boll weight	-2.4 ~ 8.00	2.87	-0.04
籽指 Seed index	-3.6 ~ 4.80	-0.28	0.11
衣分 Lint percentage	-8.54 ~ 2.52	0.03	-0.16
籽棉产量 Seed cotton yield	-6.43 ~ 59.58	9.51	-0.30
皮棉产量 Lint yield	-8.62 ~ 66.79	9.42	-0.33
纤维长度 Fiber length	-0.76 ~ 2.05	0.24	0.25
比强度 Fiber strength	-2.11 ~ 4.57	0.24	0.36*
马克隆值 Marconarie value	-2.08 ~ 5.3	1.31	0.20

\* 代表  $\alpha = 0.05$  显著水平。\* Significance at the 5% probability levels respectively.

30个杂交组合的纤维长度、比强度、马克隆值的中亲优势值与亲本间遗传距离的相关系数分别为0.25、0.36、0.20,均表现为正相关,其中比强度的相关系数达到显著水平,表明双亲间遗传距离越大,比强度的杂种优势强度越高。因此,在陆地棉强优势杂交种选育中,双亲的纤维品质性状优良,同时具有较大的遗传距离就可能选育出高产、优质同步改良的转基因抗虫杂交棉。

### 3 小结与讨论

选育高产、优质、抗虫同步改良的强优势组合是当前棉花育种的主攻目标,利用转Bt基因抗虫棉和优良品种(系)杂交较易获得强优势组合<sup>[11,13]</sup>,同时亲本在较高的水平基础上,增大其遗传差异更易出现强优势组合<sup>[6]</sup>。遗传距离是度量生物遗传差异的有效参数,前人研究表明,遗传距离与杂种优势表现存在高度的相关性<sup>[14-15]</sup>。本研究通过主成分分析的方法研究了6个优异纤维品质母本与5个转基因抗虫棉父本的12个性状,将其归类为4个主成分因子:产量因子、产量结构因子、纤维品质因子、单铃重因子,其中最主要的是产量因子和产量结构因子。根据11个亲本的4个主成分值,计算出亲本间的遗传距离并进行聚类分析。结果显示,遗传距离反映了种质资源间遗传差异的大小,聚类结果与实践基本相符。其中,中棉所30号由于较其它亲本的表现型差异较大,聚成第V类;来源于美国的品种AcalaSJ-3和来源于墨西哥的品种Hopical,由于地理差异较大,分别被聚成第III、IV类。而苏联8908则与其它亲本共聚成第I类。不同地理来源的材料被聚为同一类,表明地理差异和亲缘关系与遗传距离并不一定相符,因此不能将地理差异作为选配杂交棉亲本的唯一指标。

遗传距离与棉花杂种优势的关系研究较多,王学德等<sup>[6]</sup>研究表明亲本间遗传距离与杂种产量优势有显著的抛物线回归关系,武耀廷等<sup>[7]</sup>研究发现表型遗传距离、分子标记遗传距离与F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>产量性状及杂种优势之间的相关程度偏低。而其它学者研究表明,不同性状的遗传距离与杂种优势的表现存在较大差异<sup>[8-9]</sup>。在本研究中,全生育期、单株铃数、单铃重、衣分、籽棉产量、皮棉产量等6个性状的杂种优势与遗传距离呈负相关性,株高、果枝数、籽指、纤维长度、比强度、马克隆值等6个性状的杂种优势与遗传距离呈正相关关系,且纤维长度、比强度、马克隆值3个性状的相关系数较大,表明双亲间遗传距离越大,杂交种的纤维品质性状杂种优势越强。本研究中,除比强度外,其它性状的杂种优势与遗传距离的相关系数未达到显著水平,表明F<sub>1</sub>杂种优势的强弱,除了与双亲的遗传差异有关,还与遗传背景、等位基因互作、基因型与环境互作等多种因素有关,因此还有待于进一步研究探讨。

## 参考文献:

- [1]毛盛贤,刘来福,黄远樟.冬小麦数量性状遗传差异及其在作物育种上的应用[J].遗传,1979,1(5):26-30.
- [2]彭传新,郭介华.陆地棉数量性状遗传差异的研究[J].中国农业科学,1988,21(4):26-32.
- [3]刘来福.作物数量性状遗传距离及其测定[J].遗传学报,1979,6(3):349-355.
- [4]许明辉.烟草数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究[J].遗传,1999,21(5):47-50.
- [5]张锡顺,杨建国,杨若茵,等.蓖麻数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究[J].中国农业科学,2006,39(3):633-640.
- [6]王学德,潘加驹.棉花亲本遗传距离与杂种优势间的相关性研究[J].作物学报,1990,16(1):32-37.
- [7]武耀廷,张天真,朱协飞,等.陆地棉遗传距离与杂种 $F_1$ 、 $F_2$ 产量及杂种优势的相关分析[J].中国农业科学,2002,35(1):22-28.
- [8]赵玉昌,曹栓柱,曹新川.陆地棉数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究[J].塔里木大学学报,2008,20(1):20-23.
- [9]郝德荣,何林池,刘水东,等.抗虫棉数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究[J].金陵科技学院学报,2008,24(4):50-55.
- [10]马丽华,许红霞.转*Bt*基因棉卡那霉素田间快速检测法[J].中国棉花,2000,27(12):11-12.
- [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子相关性[J].棉花学报,2006,18(2):74-78.
- [12]唐文武,黄英金,吴秀兰,等.优异纤维品质陆地棉与转基因抗虫棉的配合力及遗传效应分析[J].棉花学报,2009,21(5):415-419.
- [13]张正圣,李先碧,刘大军,等.陆地棉高强纤维品系和*Bt*基因抗虫棉的配合力与杂种优势研究[J].中国农业科学,2002,35(12):1450-1455.
- [14]Lee M, Godshalk E B, Lamkey K R, et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses[J]. Crop Sci, 1989, 29: 1067-1071.
- [15]Smith O S, Smith J S C, Bowen S L, et al. Similarities among a group of elite maize inbred as measured by pedigree,  $F_1$  grain yield, grain yield, heterosis and RFLPs[J]. Theor Appl Gene, 1990, 80: 833-840.

## (上接第646页)

- [11]Shoichi Yahagi, Kazunori Shibuya, Izumi Obayashi, et al. Identification of two novel clusters of ultrahigh-sulfur keratin-associated protein genes on human chromosome 11q [J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2004, 318: 655-664.
- [12]Tutomu Soma, Masato Iino, Masahiro Tajima, et al. Expression of novel keratin associated protein 5 genes in the cuticle layer of human hair follicles [J]. Journal of Dermatological Science, 2005, 38: 110-112.
- [13]Chava Kimchi Sarfaty, Jung Mi Oh, In Wha Kim, et al. A "Silent" polymorphism in the *MDR1* gene changes substrate specificity [J]. Science, 2007, 315(5811): 525-528.
- [14]Jubao Duan, Mark S, Wain Wright. Synonymous mutations in the human dopamine receptor D2 (*DRD2*) affect mRNA stability and synthesis of the receptor [J]. Human Molecular Genetics, 2003, 12(3): 205-216.
- [15]Chamary J V, Parmley J L, Hurst L D. Hearing silence: nonneutral evolution at synonymous sites in mammals [J]. Nature Reviews Genetics, 2006, 7: 98-108.