陆地棉亲本间遗传距离与配合力的相关性研究

王立如[†], 曲玉杰[†], 耿晓丽, Zareen Sarfraz, 贾银华, 潘兆娥, 杜雄明^{*}

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

[†] 同等贡献

^{*} 联系人, E-mail: dxm630723@163.com

收稿日期: 2021-08-06; 接受日期: 2021-11-01; 网络版发表日期: 2022-02-24

中国农业科学院科技创新工程项目资助

摘要 选取305份陆地棉核心种质, 采用L×T(Line×Tester)遗传交配设计配制了1500个杂交组合, 依据测试种的差异, 将所有杂交组合分成A, B, C, D, E 5个组合类群. 采用2种方案分别对陆地棉亲本间遗传距离与10个产量纤维品质性状的配合力之间的相关性进行了分析, 以期找到强优势组合的选配规律及亲本的利用价值. 结果发现, 遗传距离与衣分的一般配合力之间存在显著或者极显著负相关; 遗传距离与纤维长度、断裂比强度、整齐度指数、伸长率、纺纱均匀性指数的一般配合力之间存在显著或极显著的正相关或者负相关; 遗传距离与马克隆值的一般配合力在A~D组大部分的亚群中存在显著或极显著负相关, 而在E组中存在显著正相关. 遗传距离与特殊配合力在D组中与大部分性状呈显著或者极显著正相关, E组中与多数性状呈负相关或显著负相关. 亲本间数量性状遗传距离与大部分性状的一般配合力和特殊配合力呈显著或极显著的线性关系. 由于两种方案在样本量、遗传距离变幅和父本等方面存在差异, 所以结果略有所不同, 即E组和亚群V较为特殊, 相关性结果有别于其他组, 但大体趋势一致. 这些显著或极显著相关的性状在育种实践中可能具有较高的改良潜力.

关键词 陆地棉, 一般配合力, 特殊配合力, 数量性状, 遗传距离

棉花是我国重要的经济作物之一, 在国民经济中占有十分重要的地位. 其中, 陆地棉(*Gossypium hirsutum* L.)具有产量高、适应性强等特点, 目前已在超过80个国家种植, 占全球棉花产量的95%左右^[1-3]. 杂种优势(heterosis)是自然界普遍存在的一种现象, 在植物生产中被广泛研究与应用. 杂种优势在棉花育种中的利用可以大幅度提高棉花产量、改善纤维品质和增强抗性^[4]. 杂交育种作为棉花育种的主要方式之一, 组合配制的好坏直接影响后代优良品种的产生. 因此, 在杂

交育种亲本选配时, 一般要求亲本间具有一定的遗传差异. 遗传距离是对物种之间、种群之间遗传差异的度量^[5], 包括表型遗传距离和分子标记遗传距离. 前人在玉米(*Zea mays*)^[6-8]、水稻(*Oryza sativa*)^[9,10]等作物中的研究表明, 表型遗传距离可以用于预测杂种优势^[11], 但在棉花上未得到一致结论^[12-15]. 配合力是杂交育种中亲本选配的重要依据, 也是育种成败的重要因素之一. 通过分析种质资源的一般配合力和特殊配合力, 能够进一步提高杂种优势利用的可预测性和可

引用格式: 王立如, 曲玉杰, 耿晓丽, 等. 陆地棉亲本间遗传距离与配合力的相关性研究. 中国科学: 生命科学, 2022, 52: 491-498
Wang L R, Qu Y J, Geng X L, et al. Analysis of correlation between genetic distance and combining ability in upland cotton (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2022, 52: 491-498, doi: [10.1360/SSV-2021-0290](https://doi.org/10.1360/SSV-2021-0290)

操作性。因此, 本研究旨在研究表型遗传距离与配合力的相互关系, 以便为杂交育种提供一定的理论基础。深入研究遗传距离和配合力的相关性对杂交棉的培育具有指导意义。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验选取305份陆地棉核心种质为亲本, 其中, 母本300份, 父本5份, 采用L×T(Line×Tester)遗传交配设计配制了1500个杂交组合。依据父本的不同, 将1500个杂交组合分成A, B, C, D, E 5个组合类群, 其中A组父本中7886、B组父本中1421、C组父本A971Bt、D组父本4133Bt、E组父本SGK9708, 所有材料均来源于国家种质资源中期库(国家平台), 材料原产地为中国、美国、澳大利亚、俄罗斯等15个国家, 其中, 中国材料来自23个省(市)且分别分布于黄河流域、长江流域等5大棉区。5份父本都具有丰产性、综合性状优良的特性。具体详细信息参见网络版附表1。

1.2 实验设计

本实验分别于2012年和2013年在河南安阳、河南新乡、河北邯郸、湖北荆州、湖北武汉进行。本实验采用随机区组设计, 行距0.8 m, 行长8 m, 3重复, 每小区约30株, 实验地肥力中等, 田间管理方式按当地大田生产常规操作进行。打顶一周后调查棉花株高(plant height, PH)、单株铃数(boll number, BN)。待棉花成熟后每个小区收取30个铃, 进行室内考种, 获取籽棉重、皮棉重、单铃重(boll weight, BW)、衣分(lint percentage, LP)、BN等数据。抽取20 g皮棉于农业农村部棉花品质监督检验测试中心测定纤维长度(fiber length, FL)、断裂比强度(breaking strength, FS)、马克隆值(Micronaire, MIC)、整齐度指数(fiber length unifor-

mity, FU)、伸长率(fiber elongation, FE)和纺纱均匀性指数(spinning consistency index, SCI)等纤维品质性状。

1.3 数据分析

对选用的305份亲本材料的10个农艺性状所有环境的平均数, 利用Excel 2010计算出亲本的一般配合力(general combining ability, GCA)和特殊配合力(specific combining ability, SCA), 并选用了两种方案利用R语言进行数量性状遗传距离与配合力的相关性分析(表1)^[16]。方案1: 根据不同的父本分为5个组(A~E), 分别计算遗传距离与配合力的相关性; 方案2: 按不同父本分为5组, 再按亲本分群结果分为5个亚群, 分别计算遗传距离与配合力的相关性。

2 结果分析

2.1 亲本材料间的遗传距离

利用10个产量和品质性状的农艺性状数据, 计算305份陆地棉亲本的遗传距离, 结果显示5个父本与300份母本的平均遗传距离为D>C>E>A>B(表2)。

群体结构分析结果显示(图1A), 305份亲本材料被分成2个主群, 在 $D=7.5$ (D 为欧氏距离的平方根)处再次划分, 进一步分成5个亚群(I~V), 其中I和II为一个主群, III, IV和V为另一个主群。比较遗传距离的大小, 发现群间遗传距离大于群内, 符合群体聚类原则。5份父本分别分布在亚群V, III, IV, V和I中。对5个亚群中材料的每个性状(未标准化)均值进行比较(图1C)发现, 纺纱均匀性指数、纤维长度、断裂比强度和伸长率从亚群I到亚群V均呈逐渐降低的趋势, 除亚群IV之外, 马克隆值、单株铃数和衣分均呈逐渐增加的趋势, 与图1A的结果一致, 再次证明聚类结果的可靠性。

10个性状的相关性分析结果表明(图1B), 马克隆值、单株铃数、衣分、单铃重和株高聚在一起, 除马

表1 数量性状遗传距离与配合力的相关性分析方案^{a)}

Table 1 Analysis schemes of correlation between genetic distance of quantitative traits with GCA and SCA^{a)}

编号	相关性分析方案
Cor1	Dt_{Aij} vs. F_{Ajk} , Dt_{Bj} vs. F_{Bjk} , Dt_{Cj} vs. F_{Cjk} , Dt_{Dj} vs. F_{Djk} , Dt_{Ej} vs. F_{Ejk}
Cor2	Dt_{Aij-m} vs. F_{Ajk-m} , Dt_{Bj-m} vs. F_{Bjk-m} , Dt_{Cj-m} vs. F_{Cjk-m} , Dt_{Dj-m} vs. F_{Djk-m} , Dt_{Ej-m} vs. F_{Ejk-m}

a) Dt : 亲本间遗传距离; i : 父本对应组编号A~E; j : F_i 对应母本编号1~300; vs.: “与”; F : F_i ; m : 群体分亚群I~V; k : 一般配合力或特殊配合力

表 2 父本与母本的遗传距离

父本	母本遗传距离的变幅	平均距离
A(中7886)	3.44~44.09	16.47
B(中1421)	2.28~50.94	11.72
C(A971Bt)	9.77~54.57	28.29
D(4133Bt)	7.27~59.45	33.27
E(SGK69708)	3.74~61.43	17.70
均值	2.25~61.34	21.55

克隆值之外的纤维品质性状聚在一起, 与图1A结果一致。

2.2 遗传距离与配合力的相关性

(1) 方案1的遗传距离与一般配合力的相关性. 利用方案1对亲本间遗传距离与GCA的相关性进行分析, 结果显示, 遗传距离与LP-GCA在5组中均呈显著负相关; 遗传距离与FS-GCA和SCI-GCA在A~D 4组中均呈显著正相关, 在E组中呈显著负相关; 而与MIC-GCA的

图 1 305份亲本的群体结构及性状间相关性. A: 群体结构、性状聚类热图; B: 性状间相关性分析; C: 亚群间性状均值比较. *: $P<0.05$; **: $P<0.01$; ***: $P<0.001$

Figure 1 Correlation between population structure and traits of 305 parents. A: Heat map of population structure and trait clustering; B: correlation analysis among traits; C: comparison of traits among subgroups. *: $P<0.05$; **: $P<0.01$; ***: $P<0.001$

相关性与之正好相反,即在A~D 4组中均呈显著负相关,而在E组中呈显著正相关;遗传距离与FL-GCA, FU-GCA和FE-GCA在A, C和D组中呈显著正相关,而在E组中呈显著负相关。值得注意的是,在E组中,除BN和MIC外,遗传距离与其他8个性状的GCA均呈极显著负相关(表3)。

(2) 方案2的遗传距离与一般配合力的相关性。利用方案2对亲本间遗传距离与GCA的相关性进行分析,结果显示遗传距离与GCA的相关性整体比方案1弱,但结果与方案1相似(表4)。推测相关性较弱是由于分5

个亚群之后样本量减少所致,所以遗传距离与GCA相关性分析要达到一定的样本量。遗传距离与LP-GCA在5个亚群中大部分呈极显著负相关;在与FL-GCA, FS-GCA, SCI-CGA的相关性在I~III群中大部分呈极显著正相关,而在亚群V里却呈极显著负相关;与MIC-CGA的结果与之相反,在亚群I~III中大部分呈极显著负相关,在亚群V里却呈极显著正相关,在V亚群中,除株高、单株铃数与马克隆值外,遗传距离与其他7个性状的GCA大部分呈极显著负相关。综合以上2种方案,遗传距离与GCA的相关性分析结

表 3 方案1中遗传距离与一般配合力的相关关系

Table 3 Correlation between GCA and genetic distance in Cor1

性状	遗传距离与一般配合力相关性系数				
	A	B	C	D	E
PH	-0.201***	-0.085	0.583***	-0.372***	-0.507***
BW	-0.047	-0.148*	0.220***	0.021	-0.369***
LP	-0.436***	-0.458***	-0.202***	-0.428***	-0.254***
BN	-0.235***	0.110	-0.014	-0.337***	-0.020
FL	0.448***	0.055	0.420***	0.588***	-0.501***
FS	0.607***	0.290***	0.574***	0.663***	-0.396***
MIC	-0.500***	-0.205***	-0.266***	-0.617***	0.174***
FU	0.190***	0.015	0.366***	0.206***	-0.431***
FE	0.362***	0.059	0.407***	0.438***	-0.465***
SCI	0.580***	0.206***	0.539***	0.678***	-0.469***

表 4 方案2中遗传距离与一般配合力的相关关系

Table 4 Correlation between GCA and genetic distance in Cor2

性状	遗传距离与一般配合力的相关性																			
	I					II					III					IV				
	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E
PH			P		N	N	N		N	N		P	P		N	N	N	P	N	N
BW										N					N	N	N	P	N	N
LP	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N		N				N		N
BN			P			N	N	N	N					N						
FL	P	P		P	P	P	P	P	P		P			P	N		N	P	N	N
FS	P	P	P	P	P	P	P	P	P		P	P	P	P	N			P	N	N
MIC	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N		N		N		P	P	P
FU								P							N				N	N
FE						P	P	P	P						N		N	P		N
SCI	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	P	N		N		P	N	N

果得知方案1是方案2的整体体现, 两种方案结果相似, 趋于一致, 且相关性系数及显著性水平, 方案1优于方案2. 亲本间遗传距离与大部分性状的GCA相关性显著, 同时要保证样品量达到一定的数量.

(3) 方案1的遗传距离与特殊配合力的相关性. 利用方案1对遗传距离与SCA进行相关性分析, 结果显示, 在A组中, 遗传距离与PH-SCA, FU-SCA和SCI-SCA均呈显著负性相关; B组中, 与BW-SCA呈显著负相关, 而与FS-SCA和SCI-SCA呈显著正相关; C组中, 与LP-SCA呈显著正相关, 而与FS-SCA和SCI-SCA呈

显著负相关; D组中, 除与株高、单株铃数和马克隆值的, 遗传性状与其他7个性状的SCA均呈显著正相关; E组中, 与BW-SCA呈正相关, 而与LP-SCA, FS-SCA和MIC-SCA均呈负相关(表5).

(4) 方案2的遗传距离与特殊配合力的相关性. 通过方案2对遗传距离与SCA的相关性进行分析, 结果可知, 遗传距离与5个亚群中的D组在部分性状的SCA中呈显著或极显著正相关, 在E组中除亚群III无显著相关, 亚群IV的株高和伸长率的SCA呈显著正相关外, 其余3组的部分性状均表现为显著负相关(表6).

表 5 方案1中遗传距离与特殊配合力的相关关系

Table 5 Correlation between SCA and genetic distance in Cor1

性状	遗传距离与特殊配合力相关性系数				
	A	B	C	D	E
PH	-0.173***	-0.033	-0.087	-0.101	0.087
BW	0.078	-0.116*	-0.108	0.224***	0.180**
LP	0.0589	0.038	0.133*	0.122*	-0.209***
BN	0.077	0.107	0.088	-0.079	0.010
FL	-0.016	-0.000	-0.067	0.277***	-0.025
FS	-0.078	0.123*	-0.224***	0.136*	-0.125*
MIC	0.080	-0.100	0.041	0.091	-0.127*
FU	-0.126*	0.091	-0.043	0.286***	-0.000
FE	0.013	0.017	0.010	0.239***	0.048
SCI	-0.146**	0.128*	-0.157***	0.259***	-0.066

表 6 方案2中遗传距离与特殊配合力相关关系

Table 6 Correlation between SCA and genetic distance in Cor2

性状	遗传距离与SCA的相关性																			
	I					II					III					IV				
	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E
PH			P		N															P
BW						N				N	N					P				P
LP										N	P							P		
BN						P												P	P	
FL								N	P					P						
FS									P	N										
MIC						N											P			P N
FU				N						N					P					
FE		P		N					P						P				P	
SCI							N	P	N	N					P					

3 讨论

3.1 配合力差异对性状决定及改良作用的分析

亲本的纤维长度与GCA的相关性为显著正相关,且D组的GCA最高,其次是A组和C组,而SCA也是在D组中最高且显著正相关,同时D组的 F_1 表现最好^[16]。断裂比强度和纺纱均匀性指数与GCA的关系也呈以上趋势。由此可知在棉花的实际育种过程中,计算配合力可以为提供有力参考,一般配合力作为基础性指标决定性状的优劣,在一般配合力高或较高的基础上,亲本材料的特殊配合力对性状改良具有更大的参考价值^[17]。所以在棉花的杂交育种中,优先参考的是亲本材料的一般配合力,再兼顾特殊配合力从而进一步改良农艺性状。选择一般配合力效应值高的亲本,有利于选配出强优势的杂交组合。

3.2 亲本间遗传距离与配合力之间的相关性

亲本间的遗传距离与配合力之间的相关性分析是预测作物杂种优势的重要途径之一,数量性状遗传距离在一定程度上可以反映材料间的遗传关系,是材料间表型性状异同程度的综合反映^[18]。目前关于配合力与遗传距离关系的研究有不同的结论。有的学者研究认为亲本遗传距离与特殊配合力之间存在极显著抛物

线回归关系^[19]。有的学者研究认为分子标记遗传距离与双亲一般配合力之间呈显著的线性正相关关系^[20],而倪先林等人^[21]则认为亲本遗传距离与特殊配合力间不存在明显的相关性^[22]。本研究发现,遗传距离与一般配合力之间具有显著或极显著的线性关系,并不是平均遗传距离越大,优势越强,而是遗传距离中等的最优。本研究结果与前人对陆地棉亲本间数量性状遗传距离与杂种优势的关系研究^[23-25]不尽相同。

4 结论

本实验利用大规模的陆地棉杂交组合来研究亲本间遗传距离与配合力的相关性,此规模在棉花甚至其他作物中都十分罕见,并将这些杂交组合按父本分組和群体结构分群进行划分,采用2种方案进行分析,更系统全面和准确地分析了遗传距离与配合力的关系,对陆地棉亲本选配、强优势组合筛选,以及杂种优势的高效预测和利用具有一定的指导作用。这些达到显著或极显著相关的性状在育种实践中具有较高的改造潜力,但亲本间数量性状遗传距离与配合力的关系复杂,根据性状和亲本品系的不同而不同。所以,在陆地棉杂种优势利用过程中要具体问题具体分析。

致谢 河南科技学院王清连和张新、湖北省农业科学院经济作物研究所秦鸿德和易先达、中棉种业刘金海和蔡忠民、荆州市晶华种业科技有限公司刘辉、江西省棉花研究所杨军、河北农业大学马峙英和李志坤、国欣农村技术服务总会徐东勇、中棉长江公司杨金龙和周关印、山东众力公司张金彪和李林、湖南省棉花科学研究所张雪林、湖南常德三益种业有限公司黄爱芬以及中国农业科学院棉花研究所朱海勇等人对本实验组合配置和表型性状的生态鉴定做出重要贡献,特表感激。

参考文献

- 1 Chen Z J, Scheffler B E, Dennis E, et al. Toward sequencing cotton (*Gossypium*) genomes. *Plant Physiol*, 2007, 145: 1303-1310
- 2 Zhang J, Fang H, Zhou H, et al. Genetics, breeding, and marker-assisted selection for verticillium wilt resistance in cotton. *Crop Sci*, 2014, 54: 1289-1303
- 3 Fang L, Wang Q, Hu Y, et al. Genomic analyses in cotton identify signatures of selection and loci associated with fiber quality and yield traits. *Nat Genet*, 2017, 49: 1089-1098
- 4 Pan Z E, He S P, Sun J L, et al. Analysis on correlation between genetic distance and heterosis in upland cotton with SSR molecular marker (in Chinese). *China Cotton*, 2015, 59-62 [潘兆娥, 何守朴, 孙君灵, 等. 利用SSR分子标记分析陆地棉亲本遗传距离与杂种优势的关系. *中国棉花*, 2015, 59-62]
- 5 Zhai X L, Yuan R L. China's cotton market in 2016 and its prospect for 2017 (in Chinese). *Agric Outlook*, 2017, 13: 10-14 [翟雪玲, 原瑞玲].

2016年中国棉花市场形势分析及2017年展望. 农业展望, 2017, 13: 10–14]

- 6 Shao Q. Analysis of combining ability and heritability on 14 maize inbred lines (in Chinese). Dissertation for Doctoral Degree. Harbin: Northeast Agricultural University, 2018 [邵祺. 14个玉米自交系的配合力测定及遗传力分析. 博士学位论文. 哈尔滨: 东北农业大学, 2018]
- 7 He N N, Meng Y F, Wei G W, et al. Analysis and evaluation of combining ability of 11 agronomic traits of 8 waxy corn inbred lines (in Chinese). Jiangsu Agric Sci, 2018, 46: 76–80 [贺囡囡, 蒙云飞, 韦桂旺, 等. 8个糯玉米自交系11个农艺性状的配合力分析及其评价. 江苏农业科学, 2018, 46: 76–80]
- 8 Zhu W. Analysis and evaluate of combining ability and heritability on 3 maize inbred lines (in Chinese). Dissertation for Doctoral Degree. Tianjin: Tianjin Agricultural University, 2013 [朱巍. 三个玉米自交系配合力测定和遗传力分析及其评价. 博士学位论文. 天津: 天津农学院, 2013]
- 9 Lin X, Wu L X, Wang H, et al. Analysis on panicle trait combining ability and heritability of rice two-line sterile line “M20S” (in Chinese). J South China Agric Univ, 2019, 40: 8–14 [林鑫, 吴林宣, 王慧, 等. 水稻两系不育系“M20S”穗部性状配合力和遗传力分析. 华南农业大学学报, 2019, 40: 8–14]
- 10 Jiang Y D, Kuang H C, Luo J T, et al. Analysis on combining ability of main economic characters of three-line sterile line De66A (in Chinese). China Rice, 2018, 24: 118–121 [蒋钰东, 况浩池, 罗俊涛, 等. 三系杂交稻优质不育系德66A主要经济性状的配合力分析. 中国稻米, 2018, 24: 118–121]
- 11 Xu J P, Wang L Y. Preliminary study on heterosis and combining ability of rice (in Chinese). Hereditas, 1980, 2: 17–19 [徐静斐, 汪路应. 水稻杂种优势和配合力的初步研究. 遗传, 1980, 2: 17–19]
- 12 Wang X D, Pan J J. Studies on the relationship between genetic distance of parents and yield heterosis in hybrid cotton (in Chinese). Acta Agron Sin, 1990, 16: 32–38 [王学德, 潘家驹. 棉花亲本遗传距离与杂种优势间的相关性研究. 作物学报, 1990, 16: 32–38]
- 13 Zhao Y C, Cao S Z, Cao X C. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in upland cotton (in Chinese). J Tarim Univ, 2008, 20: 19–22 [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. 塔里木大学学报, 2008, 20: 19–22]
- 14 Hao D R, He L C, Liu S D, et al. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in insect resistant cotton (in Chinese). J Jinling Inst Technol, 2008, 24: 50–55 [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. 金陵科技学院学报, 2008, 24: 50–55]
- 15 Chen Q, Yang Z R, Wang M, et al. Research on relationship between phenotypic genetic distance and heterosis of several upland cotton combinations (in Chinese). Acta Agric Jiangxi, 2011, 23: 25–26 [陈强, 杨祖荣, 王谧, 等. 几个陆地棉表型遗传距离与杂种优势之间的关系研究. 江西农业学报, 2011, 23: 25–26]
- 16 Qu Y J, Sun J L, Geng X L, et al. Study on the correlation between genetic distance and heterosis between upland cotton parents (in Chinese). Sci Agric Sin, 2019, 52: 1488–1500 [曲玉杰, 孙君灵, 耿晓丽, 等. 陆地棉亲本间遗传距离与杂种优势的相关性研究. 中国农业科学, 2019, 52: 1488–1500]
- 17 Yang D G, Ma X F, Zhou X J, et al. Correlation among combining ability, heterosis and genetic distance in upland cotton (in Chinese). Cotton Sci, 2012, 24: 191–198 [杨代刚, 马雄风, 周晓箭, 等. 陆地棉配合力与杂种优势、遗传距离的相关性分析. 棉花学报, 2012, 24: 191–198]
- 18 Zhang X S, Yang J G, Yang R H, et al. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in castor (in Chinese). Sci Agric Sin, 2006, 39: 209–216 [张锡顺, 杨建国, 杨若茜, 等. 蓖麻数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究. 中国农业科学, 2006, 39: 209–216]
- 19 Hou H T, Du Z H, Zhao G D. The relationship between genetic distance of parents, heterosis and specific combining ability in sorghum (in Chinese). Hereditas, 1995, 17: 30–33 [侯荷亭, 杜志宏, 赵根弟. 高粱亲本遗传距离与杂种优势和特殊配合力的关系. 遗传, 1995, 17: 30–33]
- 20 Huang M. Research on the correlation between molecular markers for genetic diversity and heterosis in rice (in Chinese). Dissertation for Doctoral Degree. Changsha: Hunan Agricultural University, 2010 [黄明. 分子标记与水稻遗传多样性及杂种优势的相关性研究. 博士学位论文. 长沙: 湖南农业大学, 2010]
- 21 Ni X L, Zhang T, Jiang K F, et al. The correlation between hybrid rice specific combining ability, heterosis and genetic distance between parents (in Chinese). Hereditas, 2009, 21: 849–854 [倪先林, 张涛, 蒋开锋, 等. 杂交稻特殊配合力与杂种优势、亲本间遗传距离的相关性. 遗传, 2009, 21: 849–854]
- 22 Huang Y X, Liu Y Z, Wang H, et al. Analysis on combining ability and genetic relationship of tillering characters in hybrid rice (in Chinese). Acta Agric Univ Jiangxiensis, 2013, 35: 18–24 [黄永相, 刘永柱, 王慧, 等. 杂交水稻茎蘖成穗性状的配合力及其遗传关系分析. 江西农业大学学报, 2013, 35: 18–24]
- 23 Zhao R Q, Yang M. Studies on the effects of sample on the relationship between genetic distance and heterosis in wheat (in Chinese). J Biomath, 1994, 1: 48–53 [赵仁渠, 杨明. 样本对小麦遗传距离与杂种优势关系的影响. 生物数学学报, 1994, 1: 48–53]

- 24 Zheng Y, Yang D W, Tu S H, et al. Research progress on combining ability and heritability of hybrid rice related traits in my country (in Chinese). Fujian J Agric Sci, 2014, 29: 926–933 [郑轶, 杨德卫, 涂诗航, 等. 我国杂交水稻相关性状配合力、遗传力研究进展. 福建农业学报, 2014, 29: 926–933]
- 25 You J, Liu J L, Sun J Z. Analysis of heterosis and its components in intraspecific crosses between upland cotton and breeding lines developed from primitive race stocks (*Gossypium hirsutum* L.) (in Chinese). Acta Agrion Sin, 1998, 24: 834–839 [游俊, 刘金兰, 孙济中. 陆地棉品种与陆地棉族系种质间杂种优势及其组成分析. 作物学报, 1998, 24: 834–839]

Analysis of correlation between genetic distance and combining ability in upland cotton

WANG LiRu, QU YuJie, GENG XiaoLi, ZAREEN Sarfraz, JIA YinHua, PAN ZhaoE & DU XiongMing

State Key Laboratory of Cotton Biology, Cotton Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang 455000, China

A core collection of 305 (300+5) upland cotton accessions were selected to construct a population of 1500 F1 crosses using the L×T (Line×Tester) method. The combinations were divided into five classes (A, B, C, D and E) according to their cross variety differences. Genetic distance between upland cotton parents and combining abilities for 10 yield- and fiber quality-related traits were analyzed using two different methods. The results showed a significant or highly significant negative correlation between genetic distance and general combining ability (GCA) for lint percentage (LP). There was a significant or highly significant correlation between genetic distance and fiber length (LP), breaking strength (FS), uniformity index (FUI), elongation (FE), spinning uniformity and GCA. A significant or highly significant negative correlation was found between genetic distance and GCA for micronaire in almost all subgroups of A–D sets, whereas a significant positive correlation was found in set E. Genetic distance and specific combining ability (SCA) were significantly or highly significantly correlated with most of the studied traits in a positive way in set D, but in a negative way in set E. There was a significant or highly significant linear relationship between the genetic distance of quantitative traits and GCA and SCA for most of the traits. Because of the differences in sample size, genetic distance, and paternal parent, the results of the two methods were slightly different. It has been found that group E and subgroup V were exceptional with different correlation results compared with other groups, but the general trend was consistent. These significantly or highly significantly correlated traits may have a high potential for cotton improvement. Hence, the information generated in the current study might be efficiently utilized in breeding programs focusing on the improvement of cotton yield and fiber quality.

upland cotton, general combining ability, specific combining ability, quantitative character, genetic distance

doi: [10.1360/SSV-2021-0290](https://doi.org/10.1360/SSV-2021-0290)