

# 亚洲棉光籽种质资源的遗传学分析

王晓阳<sup>1</sup>, 孙亚莉<sup>1,2</sup>, 程华<sup>1,3</sup>, 潘兆娥<sup>1</sup>, 何守朴<sup>1</sup>, 龚文芳<sup>1,4</sup>, 杜雄明<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 中国农业科学院棉花研究所 / 棉花生物学国家重点试验室, 河南安阳 455000; <sup>2</sup> 山西农业大学信息学院, 太谷 030800;

<sup>3</sup> 安阳工学院生物与食品工程学院, 河南安阳 455000; <sup>4</sup> 中南林业科技大学林学院 / 经济林培育与保护教育部重点试验室 / 经济林育种与栽培国家林业局重点试验室, 长沙 410004)

**摘要:** 利用 56 份亚洲棉 (*Gossypium arboreum* L.) 短绒突变体材料作为母本与同一父本材料石系亚 1 号分别进行杂交, 获得 56 个 F<sub>1</sub> 群体, 并进行光籽性状显隐性遗传分析, 然后选择其中 15 个 F<sub>1</sub> 进行自交, 获得相应 F<sub>2</sub> 群体进一步分析光籽性状的分离规律。本研究结果表明:(1) 光籽性状的遗传机制非常复杂, 37.5% 的光籽材料呈显性遗传, 62.5% 的光籽材料为隐性遗传; GA0149 和横峰铁籽材料光籽性状受显性单基因控制, 常紫 1 号光籽性状受隐性单基因控制, 大部分材料的光籽性状均由 2 对基因控制, 并且存在基因互作和显性上位作用, 其中 8 个材料控制光籽性状的基因具有显性抑制作用, 4 个材料控制光籽性状的基因具有互补效应;(2) 数量性状间的相关性分析表明光籽性状与叶茸毛呈显著负相关, 部分组合光籽与衣分呈负相关性, 在一些杂交组合中光籽性状与叶面积呈正相关, 与棉酚量呈负相关;(3) 对亚洲棉群体表型性状遗传多样性分析表明: 亚洲棉不同群体间花的颜色、叶片形状、花基斑的有无和茎的颜色性状上差异显著, 遗传多样性较好。

**关键词:** 亚洲棉; 短绒突变体; 遗传学分析; 显隐性; 相关性分析

## Genetic Analysis of Fuzzless Trait in *Gossypium arboreum* L. Germplasm

WANG Xiao-yang<sup>1</sup>, SUN Ya-li<sup>1,2</sup>, CHENG Hua<sup>1,3</sup>, PAN Zhao-e<sup>1</sup>, HE Shou-pu<sup>1</sup>,  
GONG Wen-fang<sup>1,4</sup>, DU Xiong-ming<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences / State Key Laboratory of Cotton Biology, Henan Anyang 455000; <sup>2</sup> College of Information, Shanxi Agricultural University, Taigu 030800; <sup>3</sup> College of Biology and Food Engineering, Anyang Institute of Technology, Henan Anyang 455000; <sup>4</sup> Forestry Institute, Central South University of Forestry and Technology/Key Laboratory of Cultivation and Protection for Non-Wood Forest Trees, Ministry of Education/ Central South University of Forestry and Technology, Ministry of Education, Changsha 410004)

**Abstract:** Fifty-six F<sub>1</sub> populations were obtained by crossing 56 fuzzless mutant accessions of *Gossypium arboreum* L. (female parents) with *G. arboreum* L. Shixiya 1 Hao (male parent) for analysis of the dominant and recessive inheritance of fuzzless trait in cotton. Fifteen F<sub>2</sub> populations were obtained for further analysis of fuzzless trait inheritance pattern. The results showed that the genetic mechanism of fuzzless trait inheritance was complex, with 37.5% of dominant inheritance and 62.5% of recessive inheritance. The fuzzless trait was controlled by a single dominant gene in acc. 'GA0149' and acc. Hengfeng Tiezi, while a single recessive gene was responsible for the mutation in Changzi 1 Hao. However, in most of the accessions, the fuzzless trait was controlled by two pairs of genes with dominant and epistatic effects. Particularly, eight accessions carried two dominant epistatic

收稿日期: 2019-10-16 修回日期: 2019-11-07 网络出版日期: 2019-12-19

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20191016001>

第一作者研究方向为作物种质资源鉴定与评价, E-mail: wangxiaoyang198806@126.com

通信作者: 杜雄明, 研究方向为作物种质资源鉴定与评价, E-mail: dxm630723@163.com

龚文芳, 研究方向为作物种质资源鉴定与评价, E-mail: gwf018@126.com

基金项目: 国家自然科学基金(31601353); 国家重点研发计划(2017YFD0101601-03); 河南省科技厅基础与前沿项目(162300410171)

Foundation projects: National Natural Science Foundation of China(31601353), National Key Technology R&D Program(2017YFD0101601-03),

Foundation and Frontier Research Grant of Henan Provincial Science and Technology Bureau(162300410171)

inhibition gene and 4 accessions had a pair of genes with complementary effects responsible for fuzzless trait. The correlation analysis showed that the fuzzless trait was positively correlated with leaf hair but some cross combinations negatively correlated with lint percentage. In some cross combinations, it was positively correlated with the leaf area but negatively with the gossypol number. The phenotypic traits in Asian cotton populations showed significant genetic diversity. The flower color, leaf shape, presence or absence of petal base spot and the color of stem were significantly different among different accessions.

**Key words:** *Gossypium arboreum* L.; fuzz mutant; genetics analysis; dominance and recessiveness; correlation analysis

棉花是全球主要的经济作物,在世界各国广泛种植。棉花纤维品质和产量是评价棉花商业价值的重要参数<sup>[1]</sup>。棉花纤维根据其长度可以分为长绒(lint)和短绒(fuzz)<sup>[2]</sup>。长纤维一般起始于开花后-1~1 d,最终长度能达到30 mm左右;而短绒起始于开花后4~5 d,最终长度能达到5 mm左右<sup>[3]</sup>。长绒主要用于纺织,短绒主要用于火药、造纸和医药用品。但是在生产环节中,经常需要利用强酸对种子进行脱绒(去除短绒),增加了种子生产成本,且造成严重环境污染。因此天然的无短绒材料在棉种生产上具有重要的利用价值。

棉花纤维突变体主要是由人工诱变和自然变异而来的,根据种皮上有无短绒和长绒,将棉花纤维突变体分为3种类型:有长纤维没有短绒、既没有长纤维也没有短绒突变体、有短绒但没有长纤维突变体。

20世纪20年代以来,对一些具有长纤维的短绒突变体(即只有长纤维没有短绒)的光籽材料的遗传学分析<sup>[4-8]</sup>表明,短绒突变体由显性单基因N1或者隐性单基因n2控制。Zhang等<sup>[9]</sup>研究发现XZ142w突变体既无短绒又无长纤维材料,其纤维性状受3个基因位点控制,2个位点控制短绒发育,另外1个位点控制长纤维发育。Musaeve等<sup>[10]</sup>对短绒和长纤维进行系统的遗传学研究表明,珠孔周围的短绒受2对非等位基因Ft1和Ft2控制,种皮上端点处和侧面的短绒受第3个互补基因Fc控制,不管抑制基因(I)处于纯合还是杂合状态,都能抑制所有其他基因的功能,结果导致显性短绒突变。Du等<sup>[11]</sup>利用‘徐州142无絮’突变体XZ142w分别与有纤维株系XXH10、N1、GZNn和TM-1进行杂交,并分析短绒、长纤维以及他们之间相互作用的遗传学机制,结果发现XZ142w中的无纤维性状主要受Li3和Li4这两个基因控制。丁业掌等<sup>[12]</sup>通过对不同纤维突变的遗传学分析发现控制棉花纤维和短绒发育的基因存在基因互作且具有显性上位作用,并且控制‘新乡小吉无绒’有絮突变体纤维发育

的基因是单基因显性。

以上研究结果说明棉花纤维突变体的遗传机制与其基因型有很大的关系。本研究选取56份亚洲棉光籽材料,通过表型调查对其光籽性状的遗传规律进行了分析,以期为深入了解棉花光籽材料遗传规律以及阐明短绒发育的分子机制奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料及群体构建

本研究所用的试验材料为来源于不同国家与地区的56份亚洲棉光籽材料和2份毛籽材料(详见<http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20191016001>,附表1),这些材料保存于中国农业科学院棉花研究所国家棉花种质资源中期库,并经过10代自交,且性状稳定。

本试验的DPL972×DPL971杂交组合(即GA0149×GA0146)是以光籽突变体GA0149为母本,以野生型毛籽材料GA0146为父本进行杂交;其余14个杂交组合分别以光籽材料为母本,以亚洲棉标准系石系亚1号为父本进行杂交。所有杂交组合于2016年在中国农业科学院棉花研究所安阳试验田配制,收取杂交铃;杂交组合F<sub>1</sub>群体于2016年10月份在海南三亚试验基地进行繁殖;杂交组合F<sub>2</sub>群体于2017年在安阳试验站种植。

### 1.2 试验方法

**1.2.1 田间试验** 所有亚洲棉光籽亲本材料、F<sub>1</sub>各种植一行,行长7 m, GA0146×GA0149杂交组合F<sub>2</sub>群体由1218个单株组成,其余14个杂交组合F<sub>2</sub>群体由约200个单株构成。田间管理方法按照标准的大田生产管理技术方法。

**1.2.2 田间光籽性状调查** 根据光籽程度,并参照周忠丽等<sup>[13]</sup>和孙亚莉等<sup>[14]</sup>的标准将棉花短绒类型分为4大类,即光籽、端毛籽、稀毛籽、毛籽(图1)。所有F<sub>1</sub>群体材料的光籽性状于2017年1月在海南进行首次调查,同时于2017年9月上旬棉花吐絮期

对  $F_2$  群体材料光籽性状进行调查, 亲本和  $F_1$  群体随机调查 5 株,  $F_2$  群体每个单株都进行了光籽性状

鉴定, 并且每个单株最少取 2 个铃, 手工拔除种皮上的长纤维。



a: 光籽; b: 端毛籽; c: 稀毛籽; d: 毛籽  
a: fuzzless, b: end fuzzy, c: sparsely fuzzy, d: fuzzy

图 1 亚洲棉种子短绒类型

Fig.1 The fuzzy types of cotton seed in *Gossypium arboreum* L.

**1.2.3 田间农艺性状调查** 田间农艺性状主要包括衣分、叶面积、棉酚、叶茸毛。叶面积: 分别取停止生长的棉花倒二、倒三、倒四功能叶, 置于冰盒中, 在试验室中用美国 LI-COR 公司的叶面积仪进行测量计数; 棉酚和叶茸毛: 每个单株取 3 个叶片(花倒二、倒三、倒四功能叶), 每个叶片数 3 个视野, 用倒置显微镜, 在 40 倍条件下对每个视野的棉酚和叶茸毛进行计数; 衣分: 在每个单株的中部取正常吐絮的棉铃 10 个, 测定总重量; 籽棉轧花后测其皮棉重量; 衣分 = (籽棉 - 皮棉) / 籽棉 × 100%。

**1.2.4 数据统计分析** 所有数据在 Excel 表中整理后, 利用 Graphpad prism7.0 的 person 分析对光籽性状与叶茸毛数、叶面积、棉酚数和衣分进行相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 亚洲棉表型性状观察

2017 年 7 月上旬, 在亚洲棉盛花期对杂交组合  $F_2$  群体表型进行观察记录并照相。由图 2 可以看出: 亚洲棉花冠的性状可以分为 5 类: 黄色无花基斑(图 2a, 南通青茎鸡脚桠铃果黄花)、白花无花基斑(图 2b, 常熟常阴白花)、红花有花基斑(图 2c, GA0149)、黄花有花基斑(图 2d, GA0146)、白花有花基斑(图 2e, 石系亚 1 号)。叶型包括宽鸡脚叶(图 2f, g, 石系亚 1 号、南通观音花等)和窄鸡脚叶(图 2h, 江苏红茎鸡脚、江苏常熟鸡脚棉等)两种类型; 叶脉颜色有绿色(图 2f, 石系亚 1 号)和红色(图 2g, 南通观音花)两种类型; 茎秆颜色有绿色(图 2i, 泗阳仓集青茎中棉)、紫色(图 2j, 常紫 1 号)和红色(图 2k, 中棉 6 号); 楔果分有(南通青茎鸡脚桠铃果黄花)和无两类。

对这些性状在所有杂交组合  $F_2$  群体进行遗传

学分析发现: GA0146 × GA0149 杂交组合  $F_2$  群体花的颜色这一性状, 红花相对黄花为显性, 且分离比为 3 : 1 ( $\chi^2=0.3285, P=0.5665$ ), 花的颜色与光籽性状符合孟德尔分离定律; 通过对常紫 1 号 × 石系亚 1 号、安徽全椒中棉 × 石系亚 1 号、大治大绒 × 石系亚 1 号这几对组合的  $F_2$  群体花色分析发现黄花相对白花为显性, 且分离比为 3 : 1(表 1、表 2); 南通观音花 × 石系亚 1 号、苏边铁籽 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体中出现了 3 种颜色的花, 其分离比红花 : 白花 : 黄花均为 9 : 4 : 3(表 1、表 2), 说明南通观音花和苏边铁籽这两个光籽材料花的颜色受 2 对等位基因控制, 并且存在隐性上位作用; 通过分析杂交组合  $F_2$  群体花基斑有无发现: 有花基斑相对于无花基斑为显性, 江苏常熟黑籽 × 石系亚 1 号、南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号、江苏常熟鸡脚棉 × 石系亚 1 号杂交组合中花基斑有和无的分离比为 3 : 1 且受单基因控制, 而海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  分离群体中花基斑有和无的分离比为 13 : 3, ( $\chi^2=0.5416, P=0.4618$ ), 说明海门黄花青茎鸡脚棉光籽材料中花基斑的形成受 2 对基因控制, 并且存在抑制互作, 并且花基斑有无与茎秆颜色完全连锁; 通过对江苏常熟鸡脚棉 × 石系亚 1 号杂交组合  $F_2$  群体叶型分析发现宽鸡脚叶为显性, 窄叶型为隐性, 为简单孟德尔遗传(分离比 3 : 1,  $\chi^2=0.1633, P=0.1633$ ), 南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号宽鸡脚叶与窄鸡脚叶分离比 7 : 9 ( $\chi^2=0.1204, P=0.7286$ ), 表明南通青茎鸡脚桠铃果黄花光籽材料叶片性状受 2 对基因控制并且存在互补作用。通过对南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号杂交组合  $F_2$  群体楔果有无这一性状遗传分析发现无楔果相对有楔果为显性, 为单基因控制 (3 : 1,  $\chi^2=1.7091, P=0.1911$ ) (表 1、表 2)。

表1 亚洲棉F<sub>2</sub>群体质量性状表型分析Table 1 Analysis of qualitative traits of F<sub>2</sub> populations in *Gossypium arboreum* L.

杂交组合 Cross combination	母本 Female Parent	父本 Male Parent	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub> 花色 F <sub>2</sub> flower color	F <sub>2</sub> 花基斑 F <sub>2</sub> petal base spot	F <sub>2</sub> 叶形状 F <sub>2</sub> leaf shape	F <sub>2</sub> 桠果 F <sub>2</sub> branch fruit	性状连锁关系 Linkage of traits
GA0149 × GA0146 DPL	花冠红色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	花冠红色、有花基斑	红花 837 : 黄花 268	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	红花光籽 645 : 红花毛籽 211 : 黄花光籽 197 : 黄花毛籽 71
南通观音花 × 石系亚1号 TS	花冠红色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠红色、有花基斑	红花 96 : 白花 42 : 黄花 37	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	茎秆颜色与苞叶颜色完全连锁
常紫1号 × 石系亚1号 CZ	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 177 : 白花 64	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	黄花毛籽 129 : 黄花光籽 48 : 白花毛籽 54 : 白花光籽 10
江苏常熟黑籽 × 石系亚1号 CHS	花冠白色、无花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	白花 167 : 无花基斑 56	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	有花基斑茎秆红色 167 : 无花基斑茎秆绿色 56
江苏红茎鸡脚 × 石系亚1号 SHS	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 186 : 白花 52	有花基斑	窄鸡脚 188 : 宽鸡脚 59	无桠果	黄花窄鸡脚 145 : 黄花宽鸡脚 41 : 白花窄鸡脚 35 : 白花宽鸡脚 17
南通青茎鸡脚桠果黄花 × 石系亚1号 JYS	花冠黄色、无花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 182 : 白花 65	有花基斑 184 : 无花基斑 61	宽鸡脚 114 : 窄鸡脚 153	无桠果 191 : 有桠果 76	茎秆颜色与花基斑有无完全连锁
江苏常熟鸡脚棉 × 石系亚1号 CJS	花冠白色、无花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	白花 154 : 无花基斑 52	有花基斑	窄鸡脚 78 : 宽鸡脚 166	无桠果	茎秆颜色与花基斑有无完全连锁
苏边铁籽 × 石系亚1号 ST	花冠红色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠红色、有花基斑	红花 102 : 黄花 53 : 白花 49	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	花颜色共显性
海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚1号 HM	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 148 : 白花 31	有花基斑 144 : 无花基斑 38	窄鸡脚 150 : 宽鸡脚 60	无桠果	茎秆颜色与花基斑有无完全连锁
泗阳蚕集青茎中棉 × 石系亚1号 SY	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 145 : 白花 51	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	黄花相对白花为显性
常熟常明白花 × 石系亚1号 SC	花冠白色、无花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	白花 134 : 无花基斑 67	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	
安徽全椒中棉 × 石系亚1号 AH	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 153 : 白花 52	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	黄花与白花的比例为 3 : 1
中棉6号 × 石系亚1号 ZM	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 177 : 白花 63	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	茎秆颜色与苞叶颜色完全连锁
大治大绒 × 石系亚1号 DY	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 178 : 白花 58	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	黄花与白花的比例为 3 : 1
横峰铁籽 × 石系亚1号 HF	花冠黄色、有花基斑	花冠白色、有花基斑	花冠黄色、有花基斑	黄花 177 : 白花 47	有花基斑	宽鸡脚	无桠果	

DPL: GA0149 × GA0146, TS: Nantongguanyinhua × Shixiya1hao, CZ: Changzi1hao × Shixiya 1 hao, CHS: Jiangzuchangshuheizi × Shixiya 1 hao, SHS: Jiangsuhongjingjijiao × Shixiya 1 hao, JYS: Nantongqingjingjijiaoyalingguahuanghua × Shixiya 1 hao, CJS: Jiangsuchangshujijiaomian × Shixiya 1 hao, ST: Subiantiezi × Shixiya 1 hao, HM: Haimenhuanghuaqingjingjijiaomian × Shixiya 1 hao, SY: Siyangcangjiqingjingzhongmian × Shixiya 1 hao, SC: Changshuchangyinbaihua × Shixiya1Hao, AH: Anhuiquanjiaozhongmian × Shixiya 1 hao, ZM: Zhongmian6hao × Shixiya 1 hao, DY: Dayedarong × Shixiya 1 hao, HF: Hengfengtiezi × Shixiya 1 hao. The same as below

表 2 亚洲棉  $F_2$  群体质量性状的分离比例  
Table 2 Segregation ratios of qualitative traits of  $F_2$  populations in *Gossypium arboreum* L.

杂交组合 Cross combination	$F_2$ 花色 $F_2$ flower color	分离比 SR	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	P 值 Pvalue	$F_2$ 花基斑 $F_2$ petal base spot	分离比 SR	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	P 值 Pvalue	$F_2$ 叶形状 $F_2$ leaf shape	分离比 SR	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	P 值 Pvalue	$F_2$ 棚果 $F_2$ branch fruit	分离比 SR	$\chi^2$ 值 $\chi^2$ value	P 值 Pvalue	
GA0149 × GA0146 DPL	红 837 : 黄 268	3 : 1	0.3285	0.5665	有	窄	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
南通观音花 × 石系亚 1号 TS	红 96 : 白 42 : 黄 37	9 : 4 : 3	0.6648	0.7172	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
常紫 1 号 × 石系亚 1 号 CZ	黄 177 : 白 64	3 : 1	0.3112	0.5769	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
江苏常熟黑籽 × 石系 亚 1 号 CHS	白				有 167 : 无 56	3 : 1	0.0015	0.9692	窄	窄 188 : 宽 59	3 : 1	0.1633	0.6861	无	无	无	无
江苏红茎鸡脚梗铃果 亚 1 号 SHS	黄 186 : 白 52	3 : 1	1.2605	0.2616	有	窄	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
南通青茎鸡脚梗铃果 黄花 × 石系亚 1 号 JYS	黄 182 : 白 65	3 : 1	0.2281	0.633	有 184 : 无 61	3 : 1	0.0014	0.9706	窄 114 : 宽 153	7 : 9	0.1204	0.7286	无 191 : 有 76	3 : 1	1.7091	0.1911	无
江苏常熟鸡脚棉 × 石 系亚 1 号 CJS	白				有 154 : 无 52	3 : 1	0.0065	0.9359	窄 78 : 宽 166	无	无	无	无	无	无	无	无
苏边铁籽 × 石系亚 1 号 ST	红 102 : 黄 53 : 白 49	9 : 3 : 4	4.5163	0.1045	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚 1 号 HM	黄 148 : 白 31	13 : 3	0.2408	0.6236	有 144 : 无 38	13 : 3	0.5416	0.4618	窄 150 : 宽 60	3 : 1	1.4286	0.2320	无	无	无	无	无
泗阳仓集青茎中棉 × 石系亚 1 号 SY	黄 145 : 白 51	3 : 1	0.1088	0.7415	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
常熟常阴白花 × 石系 亚 1 号 SC	白				有 134 : 无 67	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
安徽全椒中棉 × 石系 亚 1 号 AH	黄 153 : 白 52	3 : 1	0.0146	0.9037	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
中棉 6 号 × 石系亚 1 号 ZM	黄 177 : 白 63	3 : 1	0.2	0.6547	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
大治大绒 × 石系亚 1 号 DY	黄 178 : 白 58	3 : 1	0.0226	0.8805	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无
横峰铁籽 × 石系亚 1 号 HF	黄 177 : 白 47	13 : 3	0.7326	0.392	有	宽	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无	无

SR: Segregation ratio



a~e 代表 5 种不同类型的花冠颜色, a: 黄花无花基斑, b: 白花无花基斑, c: 红花有花基斑, d: 黄花有花基斑, e: 白花有花基斑; f~h 代表 3 种叶片类型, f, g: 宽鸡脚叶, h: 窄鸡脚叶; i~k: 代表 3 种不同茎秆颜色, i: 茎秆绿色, j: 茎秆紫色, k: 茎秆红色

a~e represent five different patterns of flower color, a: yellow flower without petal base spot, b: white flower without petal base spot, c: red flower with petal base spot, d: yellow flower with petal base spot, e: white flower with petal base spot. Letters f-h represent three different leaf types, f, g: wide chicken feet leaf, h: narrow chicken feet leaf, Letters i-k represent three different types of stem color, i: green stem, j: purple stem, k: red stem

图 2 亚洲棉  $F_2$  群体花、叶、茎表型

Fig.2 Phenotypes of flower, leaf and stem of  $F_2$  population in *Gossypium arboreum* L.

## 2.2 不同亚洲棉亲本及 $F_1$ 光籽性状分级

对 56 个亚洲棉光籽材料亲本以及对应的  $F_1$  进行了光籽性状统计,由表 3 可以看出,所有亚洲棉亲本中,光籽的材料最多,占 44.64%,端毛籽占 30.35%,稀毛籽占 23.21%。亚洲棉光籽  $F_1$  短绒性状类型,大部分为端毛籽和稀毛籽,分别约为 30.35% 和 57.14%,光籽的占 8.93%,毛籽占 3.57%。经过与石系亚 1 号杂交后,  $F_1$  群体中光籽的比例小于亲本,趋向于稀毛籽。

## 2.3 亚洲棉光籽性状显隐性遗传学分析

对所有亚洲棉光籽材料的光籽性状进行了显

隐性遗传学分析(表 4),结果发现 21 份(37.50%)材料呈显性遗传;35 份(62.50%)材料为隐性遗传。

表 3 亚洲棉光籽亲本、 $F_1$  短绒类型分级表

Table 3 The fuzzless types of parents and  $F_1$  in *Gossypium arboreum* L.

类型 Type	植株数目 No.of plants			
	光籽 Fuzzless	端毛籽 End fuzzy	稀毛籽 Sparsely fuzzy	毛籽 Fuzzy
亲本 Parent	25	17	13	1
$F_1$	5	17	32	2

表4 亚洲棉光籽性状显隐性遗传学分析

Table 4 Analysis of fuzzless trait dominant and recessive inheritance in *Gossypium arboreum* L.

母本材料 Female parent	母本光籽类型 Female parent fuzzless type	F <sub>1</sub> 光籽类型 F <sub>1</sub> fuzzless type	显隐性 Dominance or recessive
山东小光籽 Shandongxiaoguangxiu	光籽	光籽	显性
江苏常熟黑籽 Jiangsuchangshuhei	端毛籽	稀毛籽	显性
江苏红茎鸡脚 Jiangshuhongjingjiao	端毛籽	端毛籽	显性
南通青茎鸡脚铃果黄花 Nantongqingjingjiaoyalingguohuanghua	端毛籽	端毛籽	显性
南通紫茎鸡脚白花红心 Nantongzijingjiaobaihuahongxin	端毛籽	端毛籽	显性
苏边铁籽 Subiantiezi	端毛籽	端毛籽	显性
完紫中棉 Wanzizhongmian	光籽	端毛籽	显性
溧阳铁籽 Piaoyangtiezi	光籽	端毛籽	显性
江阴鸡脚棉光籽 Jiangyinjijiomaoguangzi	端毛籽	端毛籽	显性
安徽全椒中棉 Anhuiquanjiachongmian	光籽	端毛籽	显性
鄂城县中棉 Echengxianzhongmian	光籽	稀毛籽	显性
四川遂宁中棉光籽 Sichuansuiningzhongmianguangzi	光籽	端毛籽	显性
乐亭小黑籽 Letingxiaohei	端毛籽	端毛籽	显性
御系3-3 Yuxi3-3	端毛籽	端毛籽	显性
江西修水中棉光籽 Jiangxiushuizhongmianguangzi	光籽	光籽	显性
完县紫桔小白花 Wanxianzijiexiaobaihua	稀毛籽	端毛籽	显性
美中棉972(光籽) Meizhongmian972	光籽	光籽	显性
宣城中棉光籽 Xuanchengzhongmianguangzi	光籽	光籽	显性
河南商丘黑籽 Henanhangqihei	光籽	光籽	显性
赤木黑种 Chimuheizhong	光籽	端毛籽	显性
横峰铁籽 Hengfengtiezi	光籽	端毛籽	显性
南通观音花 Nantongguanyinhua	光籽	稀毛籽	隐性
常紫1号 Changzi-1	稀毛籽	稀毛籽	隐性
曼岭中棉 Manlingzhongmian	稀毛籽	稀毛籽	隐性
单县小紫花 Danxianxiaozihua	端毛籽	毛籽	隐性
通农1号 Tongnong1hao	光籽	稀毛籽	隐性
湖北孝感铁籽小花 Hubeixiaogantiezixiaohua	稀毛籽	稀毛籽	隐性
江苏常熟鸡脚棉 Jiangsuchangshujiama	端毛籽	稀毛籽	隐性
西王1号 Xiwang-1	光籽	稀毛籽	隐性
湖北孝感铁籽大衣花 Hubeixiaogantiezidayihua	稀毛籽	稀毛籽	隐性
大冶细绒茧 Dayexirongjian	稀毛籽	稀毛籽	隐性
南通青茎通棉 Nantongqingjingtongmian	端毛籽	稀毛籽	隐性
海门紫棉花 Haimenzimianhua	稀毛籽	稀毛籽	隐性
海门鸡脚棉 Haimenjijiama	端毛籽	端毛籽	隐性
海门黄花青茎鸡脚棉 Haimenhuanghuaqingjingjiaomian	端毛籽	端毛籽	隐性
泗阳仓集青茎中棉 Siyangcangjiqingjingzhongmian	端毛籽	端毛籽	隐性
常熟常明白花 Changshuchangyinbaihua	端毛籽	稀毛籽	隐性
浙江萧山紫红梗光籽 Zhejiangxiaoshanzihonggengguangzi	稀毛籽	稀毛籽	隐性
安徽舒城中棉 Anhuishuchengzhongmian	光籽	稀毛籽	隐性
安徽全椒小籽棉光籽 Anhuiquanjiashaozimianguangzi	稀毛籽	稀毛籽	隐性
凤阳中棉 Fengyangzhongmian	光籽	稀毛籽	隐性
江陵中棉 Jianglingzhongmian	光籽	稀毛籽	隐性
湖南麻阳铁籽棉 Hunanmayangtiezimian	稀毛籽	稀毛籽	隐性
湖南常德铁籽棉 Hunanchangdetezimian	稀毛籽	稀毛籽	隐性
广西左县中棉 Guangxizuoqianzhongmian	光籽	稀毛籽	隐性
河南淮阳土棉光籽 Henanhuaiyangtumianguangzi	光籽	稀毛籽	隐性
中棉6号 Zhongmian-6	毛籽	稀毛籽	隐性
如东鸡脚籽果 Rudongjijiayaguo	端毛籽	稀毛籽	隐性
安徽肥西小黑籽 Anhuiifeixiaohi	稀毛籽	稀毛籽	隐性
平湖小种光籽 Pinghuxiaozhongguangzi	光籽	稀毛籽	隐性
安徽怀宁县黑籽 Anhuihuainingxianhei	光籽	稀毛籽	隐性
大冶大绒 Dayedarong	稀毛籽	稀毛籽	隐性
云南富宁中棉 Yunnanfuningzhongmian	光籽	稀毛籽	隐性
桐城中棉光籽 Tongchengzhongmianguangzi	光籽	稀毛籽	隐性
新淦中棉 Xinganzhongmian	端毛籽	毛籽	隐性
白密拉黄花黑籽 Baimilahuanghuahei	光籽	稀毛籽	隐性

## 2.4 亚洲棉杂交组合 F<sub>2</sub> 光籽分离比调查

为了进一步分析亚洲棉光籽材料光籽性状的遗传规律,随机选择 15 个杂交组合用于构建 F<sub>2</sub> 群体,进行光籽性状的调查。由表 4 和表 5 可以看出,在 GA0149 × GA0146 组合中所有 F<sub>1</sub> 单株均为光籽,表明此材料光籽性状为显性遗传;F<sub>2</sub> 分离群体中,光籽与毛籽的比例为 918 : 318,符合 3 : 1 的分离比 ( $\chi^2=0.89, P=0.35$ ),表明美中棉 DPL972 光籽材料中光籽性状由单显性基因控制。在南通观音花 × 石系亚 1 号杂交组合中所有 F<sub>1</sub> 单株均为稀毛籽,表明此材料光籽性状为显性遗传;F<sub>2</sub> 分离群体中,光籽与毛籽的比例为 151 : 37,符合 13 : 3 分离比 ( $\chi^2=0.10, P=0.74$ ),表明南通观音花材料中光籽性状由 2 对基因控制,并且其中 1 对基因为显性抑制基因,其本身以隐性状态存在时对后代光籽性状并不产生影响,当其以显性状态存在时其后代表现为光籽。同时江苏常熟黑籽、苏边铁籽、安徽全椒中棉与石系亚 1 号杂交组合 F<sub>2</sub> 群体光籽与毛籽的分离比也符合 13 : 3,说明这些材料也由 2 对等位基因控制,也存在显性抑制现象。在海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚 1 号、泗阳仓集青茎中棉 × 石系亚

1 号、常熟常明白花 × 石系亚 1 号、中棉 6 号 × 石系亚 1 号 F<sub>2</sub> 分离群体中,光籽与毛籽的分离比例符合 3 : 13,表明这些材料中毛籽性状由 2 对基因控制,并存在显性抑制基因,该基因不管是以纯合状态存在还是以杂合状态存在,都能抑制光籽基因的表达。在江苏红茎鸡脚 × 石系亚 1 号杂交组合 F<sub>2</sub> 分离群体中,光籽与毛籽的比例为 136 : 100,分离比符合 9 : 7 ( $\chi^2=0.18, P=0.67$ ),表明在江苏红茎鸡脚材料中光籽性状由 2 对显性基因控制,并且存在基因互补,当 2 对显性基因以纯合或者杂合状态存在时,其后代表现为光籽,当只有 1 对显性基因存在或者 2 对基因都为隐性时,其后代表现为毛籽性状。在南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号 F<sub>2</sub> 分离群体中,光籽与毛籽的分离比为 123 : 144,光籽与毛籽的分离比为 7 : 9 ( $\chi^2=0.58, P=0.45$ ),表明在南通青茎鸡脚桠铃果黄花材料中,光籽性状由 2 对隐性基因控制,并且为互补基因,当 2 对基因为隐性纯合或者只有 1 对基因为显性时,后代是光籽,当 2 对为显性纯合或者杂合状态时,表现为毛籽性状。这些表型观察和遗传学分析结果与前人研究一致,进一步证实了光籽性状大部分由 2 对基因控制,小部分是单基因控制。

表 5 亚洲棉 F<sub>2</sub> 光籽性状显隐性分离规律

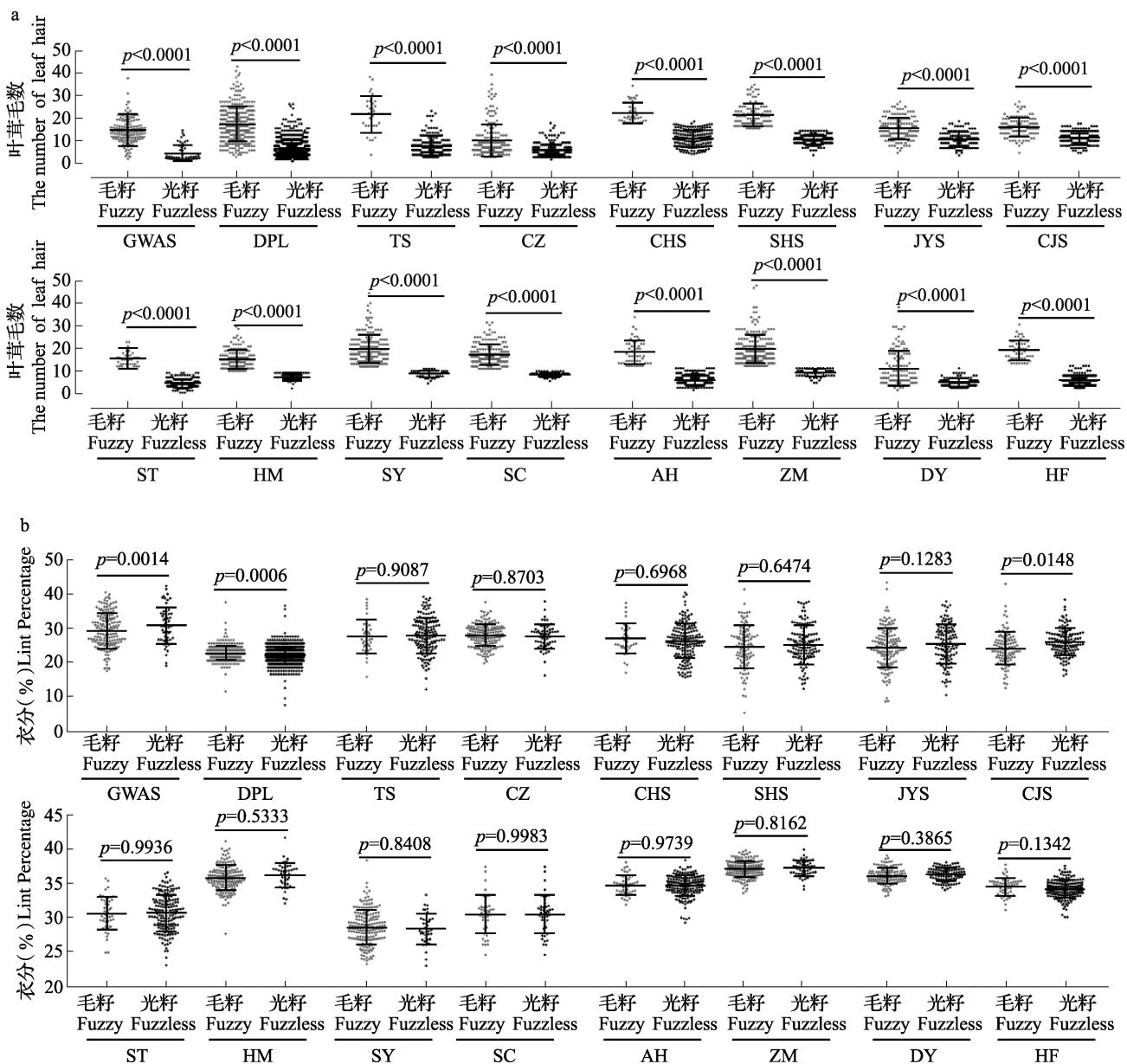
Table 5 The dominant and recessive segregation of F<sub>2</sub> fuzzless trait in *Gossypium arboreum* L.

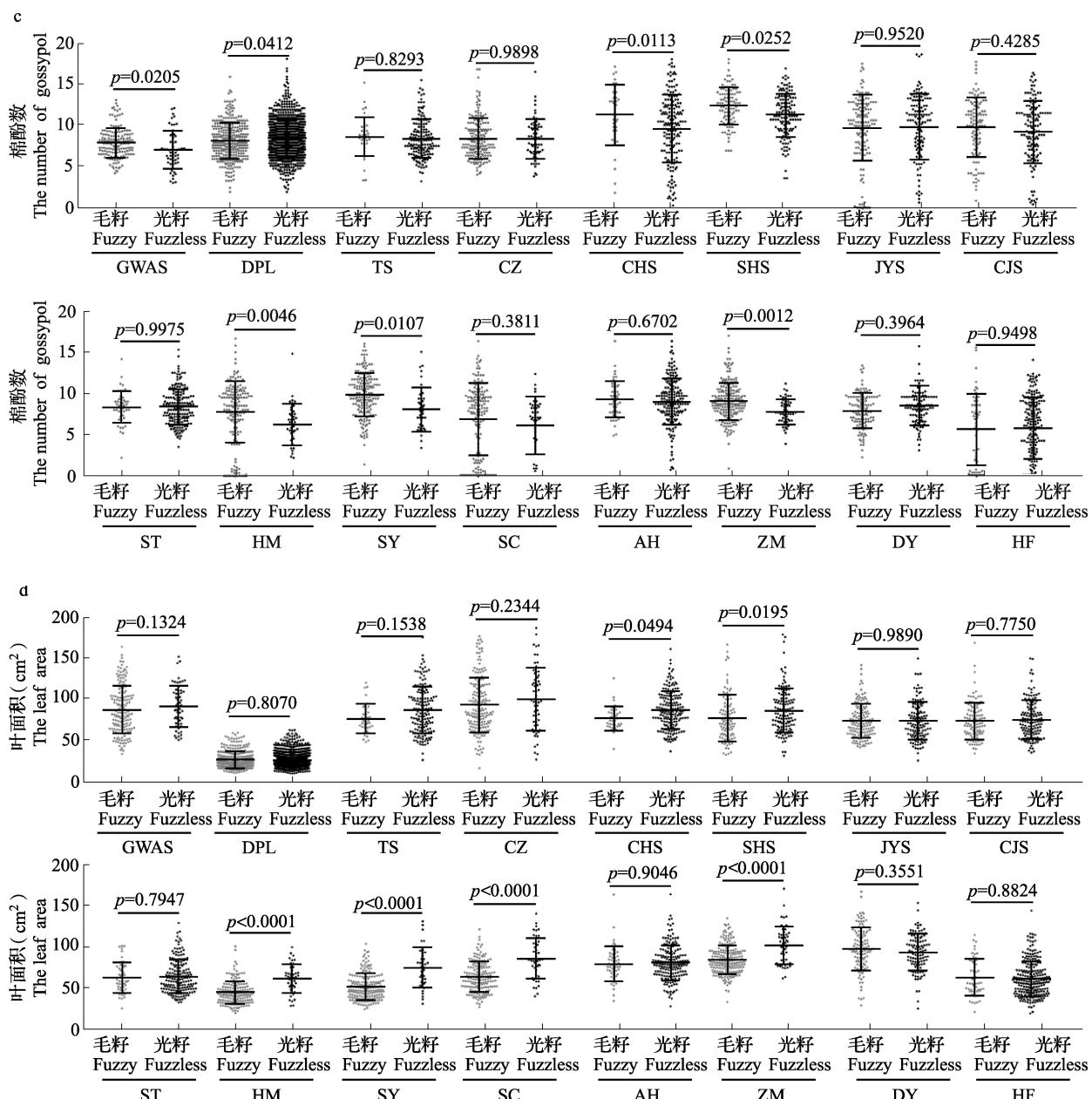
杂交组合 Cross combination	光籽株数 Number of fuzzless-seeded plants	毛籽株数 Number of fuzzy-seeded plants	光籽毛籽分离比 Segregation ratio of fuzzy to fuzzless	卡方 $\chi^2$	P 值 P value
GA0149 × GA0146 DPL	918	318	3 : 1	0.89	0.35
南通观音花 × 石系亚 1 号 TS	151	37	13 : 3	0.10	0.74
常紫 1 号 × 石系亚 1 号 CZ	64	176	1 : 3	0.35	0.55
江苏常熟黑籽 × 石系亚 1 号 CHS	173	41	13 : 3	0.023	0.89
江苏红茎鸡脚 × 石系亚 1 号 SHS	136	100	9 : 7	0.18	0.67
南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号 JYS	123	144	7 : 9	0.58	0.45
江苏常熟鸡脚棉 × 石系亚 1 号 CJS	132	111	9 : 7	0.36	0.54
苏边铁籽 × 石系亚 1 号 ST	176	47	13 : 3	0.79	0.37
海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚 1 号 HM	44	163	3 : 13	0.85	0.36
泗阳仓集青茎中棉 × 石系亚 1 号 SY	38	179	3 : 13	0.22	0.64
常熟常明白花 × 石系亚 1 号 SC	44	170	3 : 13	0.46	0.50
安徽全椒中棉 × 石系亚 1 号 AH	180	49	13 : 3	0.89	0.30
中棉 6 号 × 石系亚 1 号 ZM	52	208	3 : 13	0.27	0.60
大治大绒 × 石系亚 1 号 DY	104	121	9 : 7	0.56	0.45
横峰铁籽 × 石系亚 1 号 HF	184	63	3 : 1	0.034	0.85

## 2.5 亚洲棉光籽性状与其他农艺性状相关性分析

对15个杂交组合 $F_2$ 群体以及215份亚洲棉GWAS群体的光籽性状与叶茸毛数、衣分、棉酚数和叶面积等农艺性状进行全面的相关性分析(图3)。结果发现在所有的杂交组合中光籽性状与叶茸毛数呈显著负相关(图3a,  $P<0.0001$ )；在一些杂交组合中，光籽性状与衣分呈负相关性(图3b)；对光籽性状与棉酚数相关性分析发现：在GWAS群体、江苏常熟黑籽×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(CHS)、海门黄花青茎鸡脚棉×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(HM)、中棉6号×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(ZM)中光籽性状与棉酚数呈负相关，在GA0149×GA0146杂交组合的 $F_2$ 群体中(DPL)光籽性状与棉酚数呈正相关，其余杂交组合中光籽性状与

棉酚数没有相关性(图3c)；对光籽性状与叶面积相关性分析发现：在江苏常熟黑籽×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(CHS)、江苏红茎鸡脚×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(SHS)、海门黄花青茎鸡脚棉×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(HM)、泗阳仓集青茎中棉×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(SY)、常熟常阴白花×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(SC)、安徽全椒中棉×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(AH)、中棉6号×石系亚1号杂交组合的 $F_2$ 群体(ZM)中光籽性状与叶面积呈正相关，而在其他杂交组合中光籽性状与叶面积没有相关性(图3d)。以上结果表明亚洲棉光籽性状与叶茸毛数呈显著负相关，而与其他性状相关性比较复杂，同时说明亚洲棉不同农艺性状之间是相互制约、相互影响的，在种质资源利用上应综合分析。





GWAS: 215 份亚洲棉自然群体; DPL: GA0149 × GA0146 杂交组合的  $F_2$  群体; TS: 南通观音花 × 石系亚 1 号 杂交组合的  $F_2$  群体; CZ: 常紫 1 号 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; CHS: 江苏常熟黑籽 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; SHS: 江苏红茎鸡脚 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; JYS: 南通青茎鸡脚桠铃果黄花 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; CJS: 江苏常熟鸡脚棉 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; ST: 苏边铁籽 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; HM: 海门黄花青茎鸡脚棉 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; SY: 泗阳仓集青茎中棉 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; SC: 常熟常白花 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; AH: 安徽全椒中棉 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; ZM: 中棉 6 号 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; DY: 大冶大绒 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体; HF: 横峰铁籽 × 石系亚 1 号杂交组合的  $F_2$  群体

GWAS: 215 natural populations of *Gossypium arboreum* L., DPL: The  $F_2$  population of GA0149 × GA0146; TS: The  $F_2$  population of Nantong Guanyin Hua × Shixiya 1 Hao, CZ: The  $F_2$  population of Chang Zi 1 Hao × Shixiya 1 Hao, CHS: The  $F_2$  population of Jiangzu Changshu Heizi × Shixiya 1 Hao, SHS: The  $F_2$  population of Jiangsu Hongjing Jijiao × Shixiya 1 Hao, JYS: The  $F_2$  population of Nantong Qingjing Jijiao Yalingguo Huanghua × Shixiya 1 Hao, CJS: The  $F_2$  population of Jiangsu Changshu Jijiao Mian × Shixiya 1 Hao, ST: The  $F_2$  population of Subian Tiezi × Shixiya 1 Hao, HM: The  $F_2$  population of Haimen Huanghua Qingjing Jijiao Mian × Shixiya 1 Hao, SY: The  $F_2$  population of Siyang Cangji Qingjing zhongmian × Shixiya 1 Hao, SC: The  $F_2$  population of Changshu Changyin Baihua × Shixiya 1 Hao, AH: The  $F_2$  population of Anhui Quanjiao Zhongmian × Shixiya 1 Hao, ZM: The  $F_2$  population of Zhongmian 6 Hao × Shixiya 1 Hao, DY: The  $F_2$  population of Daye Darong × Shixiya 1 Hao, HF: The  $F_2$  population of Hengfeng Tiezi × Shixiya 1 Hao

图 3 亚洲棉 GWAS 群体和  $F_2$  群体中光籽性状与叶茸毛数、衣分、棉酚数和叶面积相关性分析  
Fig.3 The correlation analysis of seeds fuzzy trait with leaf hair, lint percentage, gossypol and leaf area in *Gossypium arboreum* L.GWAS and  $F_2$  populations

### 3 讨论

系统研究亚洲棉光籽材料的遗传多样性对理解棉花纤维发育机制具有重要的理论意义。到目前为止,棉花光籽性状遗传规律的研究主要是以陆地棉光籽材料为研究对象,研究发现,光籽性状遗传规律非常复杂,大多数研究证明光籽性状由显性光籽基因(*N1*)和隐性光籽基因(*n2*)控制。宋丽等<sup>[15]</sup>对N1FLM配制的杂交组合群体后代进行短绒性状分析时,结果证明该材料中光籽性状受单基因显性控制。Narbuth等<sup>[16]</sup>发现Li-2(*Ligon lintless-2*)长纤维突变体材料光籽受单基因显性控制。Du等<sup>[11]</sup>研究发现XZ142w材料由有相互作用的4对基因来控制短绒与纤维的发育。而孙亚莉等<sup>[14]</sup>通过对3个陆地棉隐性光籽材料陆无絮、库光籽和SA65光籽性状的遗传规律进行分析发现:库光籽受2对隐性等位基因控制,并且这2个基因存在互补效应;SA65光籽性状受单基因隐性控制;陆无絮光籽性状为隐性遗传,受2对基因控制并且存在积加作用。

本研究发现GA0149、横峰铁籽材料光籽性状受单基因显性控制;常紫1号材料的光籽性状为隐性遗传,也为单基因控制;南通观音花×石系亚1号、江苏常熟黑籽×石系亚1号、苏边铁籽×石系亚1号、安徽全椒中棉×石系亚1号杂交组合中光籽性状由2对基因控制,并且其中1对基因为显性抑制基因,控制光籽性状的基因为隐性纯合基因;海门黄花青茎鸡脚棉×石系亚1号、泗阳仓集青茎中棉×石系亚1号、常熟常明白花×石系亚1号、中棉6号×石系亚1号杂交组合由2对基因控制,存在显性抑制现象,控制光籽性状的基因为显性纯合基因;江苏红茎鸡脚×石系亚1号、江苏常熟鸡脚棉×石系亚1号、大治大绒×石系亚1号杂交组合光籽性状由2对显性基因控制,并且存在基因互补作用;江苏常熟鸡脚棉×石系亚1号杂交组合中控制光籽性状的基因为2对隐性基因,也存在基因互补作用。这些现象说明光籽性状的遗传规律非常复杂,并不是简单的孟德尔遗传,有可能是受多对基因控制,并且存在基因互作,因此研究光籽性状的遗传学规律,可以为以后了解短绒发育的分子机制奠定基础。

种质资源农艺性状的多样性可以为育种家提供丰富的表型基础<sup>[17]</sup>。目前中国对棉花农艺性状的分析已有大量报道:李慧琴等<sup>[18]</sup>通过对270份陆地

棉核心种质资源的农艺性状和品质性状进行相关性和遗传多样性分析发现株高与上半部平均长度和衣分呈正相关,而衣分与果枝数呈负相关。张震<sup>[19]</sup>通过对陆地棉重组自交系的7个环境中的农艺性状表型数据进行相关性分析发现:这些性状都为正态分布,并且纤维强度、长度与衣分都呈负相关,而纤维长度、强度与子指呈正相关,株高与果枝数没有相关性。李丹等<sup>[20]</sup>以鲁棉研28和海岛棉渐渗材料73003构建的126个棉花重组自交系为研究对象,对产量、株型和纤维品质进行相关性分析发现,衣分与纤维强度、长度呈显著负相关,单位面积产量与株高、果枝数呈正相关。本研究通过对16个杂交组合F<sub>2</sub>群体的光籽性状与衣分、叶茸毛数、棉酚数和叶面积相关性分析表明,光籽性状与叶茸毛呈显著负相关,而与衣分没有相关性,在一些杂交组合中光籽性状与叶面积呈正相关,与棉酚数呈负相关。不同农艺性状的相关分析可以为棉花育种工作者筛选出优异的棉花种质材料提供依据。

本试验通过对56份亚洲棉光籽材料的显隐性遗传关系进行研究发现,35份亚洲棉光籽为隐性遗传,21份为显性遗传,这些光籽材料为以后棉花育种以及棉纤维发育研究提供了遗传信息和基础材料。本研究还选择了15份光籽材料与有短绒的材料进行了杂交组合配制,为更进一步研究控制光籽性状的遗传规律提供实例。但是由于时间所限并没有进行回交群体的配制,以及对F<sub>2:3</sub>群体表型加以调查,也没有在不同地区以及不同年份加以证明,因此对15份亚洲棉光籽材料所得出的遗传模式仅供参考。

#### 参考文献

- [1] 马淑萍,蔡派,熊宗伟,项时康.中国棉花品质现状及其国际地位.中国棉花,2002(10):12-19  
Ma S P, Cai P, Xiong Z W, Xiang S K. Current situation of cotton quality in China and its international position. China Cotton, 2002(10): 12-19
- [2] Wan Q, Guan X Y, Yang N N, Wu H T, Pan M Q, Liu B L, Fang L, Yang S P, Hu Y, Ye W X, Zhang H, Ma P Y, Chen J D, Wang Q, Mei G F, Cai C P, Yang D L, Wang J W, Guo W Z, Zhang W H, Chen X Y, Zhang T Z. Small interfering RNAs from bidirectional transcripts of *GhMML3\_A12* regulate cotton fiber development. New Phytologist, 2016, 210(4): 1298-1310
- [3] Stewart J M D. Fiber initiation on the cotton ovule (*Gossypium hirsutum*). American Journal of Botany, 1975, 62(7): 723-730
- [4] Kearney T H, Harrison G J. The inheritance of smoothness seeds in cotton. Spanish Journal of Agricultural Research, 1927, 35: 193-217
- [5] Carver W A. The inheritance of certain seed, leaf, and flower

- characters in *Gossypium hirsutum* and some of their genetic interrelations. Journal of the American Society of Agronomy, 1929, 21(4): 467-480
- [6] Ware J O. Inheritance of lint percentage in cotton. Journal of the American Society of Agronomy, 1929, 21(9): 876-894
- [7] Harland S C, Atteck O M. The genetics of cotton. Journal of Genetics, 1941, 42(1-2): 1-19
- [8] Ware J O, Benedict L I, Rolfe W H. A recessive naked-seed character in upland cotton. Journal of Heredity, 1947, 38(10): 313
- [9] Zhang T Z, Pan J J. Genetic analysis of a fuzzless-lintless mutant in *Gossypium hirsutum* L. . Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 1991, 7(3): 13-16
- [10] Musaev D A, Abzalov M M. Some questions concerning the inheritance of fuzzy in cotton seeds (*G. hirsutum* L.). Genetika, 1972, 8: 7-16
- [11] Du X M, Pan J J, Wang R H, Zhang T Z, Shi Y Z. Genetic analysis of presence and absence of lint and fuzz in cotton. Plant Breeding, 2001, 120: 519-522
- [12] 丁业掌, 郭旺珍, 张天真. 陆地棉两个纤维突变体的遗传分析. 棉花学报, 2007, 19(3): 179-182
- Ding Y Z, Guo W Z, Zhang T Z. Genetic analysis of two mutants of fiber in *Gossypium hirsutum* L. . Cotton Science, 2007, 19(3): 179-182
- [13] 周忠丽, 杜雄明, 刘国强, 孙君灵, 简桂良, 潘兆娥, 贾银华. 棉花种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2005: 11
- Zhou Z L, Du X M, Liu G Q, Sun J L, Jian G L, Pan Z E, Jia Y H. Cotton germplasm resource description specification and data standard. Beijing: China Agriculture Press, 2005: 11
- [14] 孙亚莉, 贾银华, 何守朴, 周忠丽, 孙君灵, 庞保印, 杜雄明. 棉花种质资源光子性状的遗传分析. 遗传, 2012, 34(8): 1073-1078
- Sun Y L, Jia Y H, He S P, Zhou Z L, Sun J L, Pan B Y, Du X M. Genetic analysis of fuzzless in cotton germplasm. Hereditas, 2012, 34(8): 1073-1078
- [15] 宋丽, 郭旺珍, 张天真. 利用显性光子突变体  $N_1$  进行陆地棉衣分性状的遗传研究. 分子植物育种, 2008, 6(6): 1101-1106
- Song L, Guo W Z, Zhang T Z. Genetic study on the lint percentage trait in upland cotton using dominant fuzzless mutant  $N_1$ . Molecular Plant Breeding, 2008, 6(6): 1101-1106
- [16] Narbuth E, Kohel R. Inheritance and linkage analysis of a new fiber mutant in cotton. Journal of Heredity, 1990, 81(2): 131-133
- [17] 承泓良, 何旭平, 潘光照, 张敏健, 冷苏凤. 棉花产量育种的量性状分析. 棉花学报, 1998(6): 6-12
- Cheng H L, He X P, Pan G Z, Zhang M J, Leng S F. Analysis of quantitative traits in cotton breeding for lint yield. Cotton Science, 1998(6): 6-12
- [18] 李慧琴, 于娅, 王鹏, 刘记, 胡伟, 鲁丽丽, 秦文强. 270份陆地棉种质资源农艺性状品质性状的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(4): 903-910
- Li H Q, Yu Y, Wang P, Liu J, Hu W, Lu L L, Qin W Q. Genetic diversity analysis of the main agronomic and fiber quality characteristics in 270 upland cotton germplasm resources. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(4): 903-910
- [19] 张震. 棉花纤维品质与产量性状的 QTL 定位与性状之间的遗传相关性分析. 杨凌: 西北农林科技大学, 2019: 11-16
- Zhang Z. Genome-wide quantitative trait loci reveal the genetic basis of cotton fiber quality and yield-related traits in a *G. hirsutum* recombinant inbred line population. Yangling: Northwest A&F University, 2019: 11-16
- [20] 李丹, 裴文峰, 宋吉坤, 吴嫚, 刘国元, 臧新山, Zhang Jinfa, 于雯雯. 棉花重组自交系群体重要农艺性状的遗传分析. 中国棉花, 2019, 46(5): 11-17
- Li D, Pei W F, Song J K, Wu M, Liu G Y, Zang X S, Zhang J F, Yu J W. Genetic analysis of important agronomic traits in a cotton recombinant inbred line population. China Cotton, 2019, 46(5): 11-17