

## 陆地棉亲本间遗传距离与杂种优势的相关性研究

曲玉杰, 孙君灵, 耿晓丽, 王骁, Zareen Sarfraz, 贾银华, 潘兆娥, 何守朴,  
龚文芳, 王立如, 庞保印, 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, 河南安阳 455000)

**摘要:**【目的】通过 1 500 个陆地棉杂交组合分析杂种优势与其亲本间数量性状遗传距离的相关性, 探讨能否利用大规模杂交组合亲本间遗传距离提高陆地棉杂种优势预测效果, 以期对棉花杂交育种和杂种优势利用提供理论指导。【方法】选择来自 15 个国家和中国 23 个省(市)的 305 份陆地棉核心种质为亲本, 采用  $L \times T$  (Line  $\times$  Tester) 杂交设计配制 1 500 个杂交组合。2012—2013 年, 在中国南北方 13 个生态环境下考察其株高、单铃重、衣分、纤维长度等 10 个产量和纤维品质相关性状, 分析  $F_1$  杂种优势、亲本间遗传距离和群体结构, 并采用 4 种方式 (Cor1—Cor4) 计算遗传距离与杂种优势的相关性。【结果】10 个性状中亲优势 (MPH) 均值的变幅为 1.70%—7.40%, 平均为 4.36%, 按父本不同将  $F_1$  分成 5 组 (A, E), 其 MPH 均值  $A > E > B > C > D$ ; 超亲优势 (HB) 均值的变幅为 -4.17%—1.87%, 平均为 -0.17%, A、B 和 E 组的 HB 均值皆为正。10 个性状在 5 组中除 D、E 组的马克隆值之外, 其他性状普遍具有明显的中亲优势, 其中, 单铃重和纤维长度的中亲优势在 5 组中均以正优势为主 (达 80% 以上), 最大值分别为 34.01% 和 9.83%, 对应的超亲优势分别为 24.25% 和 5.80%。 $F_1$  和亲本差异显著性分析表明单铃重、株高、纤维长度、伸长率和整齐度指数整体表现出一定的超亲优势。父本 (测试种) 与 300 个母本之间的遗传距离介于 2.280—61.430, 平均为 21.550, 5 个测试种与母本间的平均遗传距离  $D > C > E > A > B$ , 其中, 最近值为 11.721, 最远值为 33.271。按最小方差聚类, 将 305 个陆地棉亲本划分为 2 个主群, 包括 5 个亚群。4 种遗传距离与杂种优势的相关性分析结果显示, 因样本量、遗传距离变幅和父本不同其结果有所差异, 相关性随样本量的增大而有所增强。其中, Cor1 是 Cor2 结果的整体体现; Cor3 与 Cor1 和 Cor2 相比, 部分性状的中亲优势与遗传距离的相关性有所不同; Cor4 的相关性最弱。综合来看, 遗传距离与衣分、断裂比强度、整齐度指数和纺纱均匀性指数的中亲优势呈显著正相关, 遗传距离与其他性状的中亲优势的相关性因采用的分析方案不同, 结果有所不同; 在 4 种方案中, 除整齐度指数外, 遗传距离与超亲优势的相关性整体表现负相关。其中, 遗传距离与马克隆值、纤维长度和衣分的超亲优势相关性较强。【结论】陆地棉亲本间数量性状遗传距离与杂种优势有一定的线性关系, 不同性状的杂种优势与遗传距离的相关性存在正负和强弱差异, 且样本量越大相关性越强。说明基于大规模杂交组合研究陆地棉亲本间遗传距离与杂种优势的关系效果显著。

**关键词:** 陆地棉; 核心种质; 数量性状;  $L \times T$ ; 遗传距离; 聚类分析; 杂种优势预测

## Correlation Between Genetic Distance of Parents and Heterosis in Upland Cotton

QU YuJie, SUN JunLing, GENG XiaoLi, WANG Xiao, Zareen Sarfraz, JIA YinHua, PAN ZhaoE, HE ShouPu,  
GONG WenFang, WANG LiRu, PANG BaoYin, DU XiongMing

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

**Abstract:** 【Objective】The correlation between heterosis and genetic distance (GD) of quantitative traits between parents was

收稿日期: 2018-12-18; 接受日期: 2019-03-12

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31571716)、国家重点研发项目 (2016YFD0101401, 2016YFD0100203)

联系方式: 曲玉杰, Tel: 15737227096; E-mail: quyujie305@163.com. 通信作者杜雄明, Tel: 0372-2562252; E-mail: dxm630723@163.com

analyzed by 1500 hybrid combinations in upland cotton, and the possibility of using GD between parents of large-scale combinations to improve the efficiency of hybrid vigour prediction of upland cotton was discussed in order to provide theoretical guidance for cotton hybrid breeding and utilization of heterosis. 【Method】 305 upland cotton core collections from 15 countries and 23 provinces (municipalities) of China were selected as parents, and 1500 cross combinations were produced by L×T (Line×Tester) cross design. From 2012 to 2013, ten yield and fiber quality related traits, including plant height (PH), boll weight (BW), boll number per plant (BN), lint percentage (LP), fiber length (FL), fiber strength (FS), fiber elongation (FE), fiber length uniformity (FU), micronaire (MIC) and spinning consistent index (SCI), were investigated in 13 ecological conditions in north and south China. F<sub>1</sub> hybrids mid-parent heterosis (MPH), heterobeltiosis (HB), GD between parents and population structure were analyzed. The correlation between GD and hybrid vigour was calculated by four schemes (Cor1-Cor4). 【Result】 The mean values of MPH of the ten traits ranged from 1.70% to 7.40%, with an average of 4.36%, and F<sub>1</sub> hybrids were divided into 5 groups (A-E) according to different male parents, the mean values of MPH: A>E>B>C>D. The mean values of HB ranged from -4.17% to 1.87%, with an average of -0.17%, and the average values of group A, B, and E were positive. In 5 groups, except for MIC of group D and E, other 9 traits had obvious MPH, among them, MPH of BW and FL were mainly positive (more than 80%) in the 5 groups, the maximum MPH values were 34.01% and 9.83% respectively, and the corresponding HB values were 24.25% and 5.80% respectively. The significant difference analysis between F<sub>1</sub> hybrids and their parents indicated that BW, PH, FL, FE, and FU showed some HB. The GDs between male parents (testers) and 300 female parents ranged from 2.280 to 61.430, with an average of 21.550. The mean GDs between 5 testers and female parents: D>C>E>A>B, in which the nearest value was 11.721, and the farthest value was 33.271. According to “Ward” clustering method, 305 upland cotton parents were divided into two groups, including five subgroups. The results of four correlation analysis methods between GD and heterosis showed that the consequences varied with the sample size, the range of GD, and the male parent, the correlation increased with the sample size. Cor1 was the overall embodiment of Cor2 results; compared with Cor1 and Cor2, Cor3 had different correlations between MPH and GD in some traits; Cor4 had the weakest correlations. To sum up, the genetic distance was positively correlated with the MPH of LP, FS, FU, and SCI, the correlation between GD and MPH of other traits was different due to the different analysis schemes. In the four schemes, except for FU, the relationship between GD and HB was negatively correlated on the whole, and there was a strong correlation between genetic distance and HB of MIC, FL and LP. 【Conclusion】 There is a linear relationship between GD of quantitative traits and hybrid vigour in upland cotton. The correlations are positive or negative, strong or weak due to different traits, and the larger the sample size, the stronger the correlation. Thus, the large-scale hybrid combinations are used to well study the relationship between GD and heterosis in upland cotton.

**Key words:** upland cotton; core collection; quantitative trait; L×T; genetic distance; cluster analysis; heterosis prediction

## 0 引言

【研究意义】棉花是世界上最重要的经济作物之一,其棉纤维是重要的天然纺织原料,陆地棉(*Gossypium hirsutum* L.)是应用最广泛的棉种,其种植面积可达全球棉花种植面积的95%<sup>[1-3]</sup>。杂种优势利用是改良作物产量和品质的重要途径<sup>[4]</sup>,在水稻<sup>[5]</sup>、玉米<sup>[6]</sup>、油菜<sup>[7]</sup>等作物育种中得到广泛应用。杂种优势利用在棉花育种中也具有十分重要的地位,杂交棉已在中国、印度和巴基斯坦等国家得到广泛应用<sup>[8-9]</sup>。陆地棉为异源四倍体作物,其杂种优势相比于二倍体的玉米和水稻较弱。有研究指出品种间杂交其产量性状具有一定的超亲优势,纤维品质性状具有中亲优势<sup>[10-11]</sup>。杂交种选育的目的是获得综合性状表现较好的强优势杂种后代,其关键所在是亲本选配。研究陆地棉亲本间遗传距离与杂种优势的关系对合理选配亲本和配制强优势杂交组合具有重要意义,可为杂种优势的准确

预测和育种效率的提高提供一定的理论指导。【前人研究进展】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<sup>[12]</sup>。徐静裴等<sup>[13]</sup>认为遗传距离(数量性状)可以用于预测杂种优势。MOLL等<sup>[14]</sup>最早利用玉米研究遗传差异与杂种优势的关系,发现二者呈曲线关系。GHADERI等<sup>[15]</sup>、ALI等<sup>[16]</sup>和TEKLEWOLD等<sup>[17]</sup>认为大豆、油菜和埃塞俄比亚芥数量性状遗传距离与杂种优势呈正相关。在研究陆地棉数量性状遗传距离与杂种优势关系中,王学德等<sup>[18]</sup>认为亲本遗传距离与产量杂种优势有显著或极显著的抛物线回归关系。赵玉昌等<sup>[19]</sup>认为遗传距离与断裂比强度、马克隆值的中亲优势和超亲优势存在显著或极显著的相关性,与单铃重的超亲优势和衣分的中亲优势存在显著的相关性。郝德荣等<sup>[20]</sup>认为遗传距离与杂种优势的关系较为复杂,并非遗传距离越大杂种优势越明显。陈强等<sup>[21]</sup>认为遗传距离与产量和纤维品质性

状杂种优势的相关性均不显著,与纤维品质性状的相关性均高于产量性状的相关性。显然,前人对陆地棉数量性状遗传距离与杂种优势的关系研究尚未得到一致性的结果。【本研究切入点】前人研究陆地棉亲本间数量性状遗传距离与杂种优势关系所用的材料数目仅有几个到十几个,对应组合数目也仅有十几到几十个,很难充分体现陆地棉及陆地棉杂交后代的特点,相关性结果也不一定适用于所有陆地棉组合。赵仁渠等<sup>[22]</sup>研究发现小麦遗传距离与杂种优势的相关性随样本量的增加而由不相关到相关,认为较大的样本容量才能真实反映遗传距离与杂种优势的关系。陆地棉核心种质可以代表陆地棉的遗传多样性<sup>[23-24]</sup>,用其来配制大规模的杂交组合,研究亲本间遗传距离及其杂种优势的关系,能得到更准确的结果,有利于陆地棉杂种优势预测。【拟解决的关键问题】本研究利用 305 份陆地棉核心种质材料为亲本,通过 L×T 杂交设计<sup>[25]</sup>,配制 1 500 个组合,分析 10 个产量和纤维品质性状的杂种优势及其与亲本间遗传距离的相关性,探究利用大规模杂交组合亲本间数量性状遗传距离预测陆地棉杂种优势的效果,以提高杂种优势预测的精确度,减少杂交育种的盲目性,提高育种效率。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

选取 305 份陆地棉核心种质作为亲本,它们分别来自中国、美国、澳大利亚、俄罗斯等 15 个国家,其中,中国材料 257 份,占 84.26%,美国材料 25 份,占 8.20%,其他国家材料 23 份,占 7.54%。中国材料来自 23 个省(市),按棉区划分,黄河流域棉区 175 份,占亲本材料(下同)的 57.38%;长江流域棉区 54 份,占 17.70%;西北内陆棉区 17 份,占 5.57%;北部特早熟棉区 9 份,占 2.95%;华南棉区 2 份,占 0.66%。5 份测试种(父本材料 MA—ME):中 7886、中 1421、A971Bt、4133Bt 和 SGK9708 均来自黄河流域棉区,为丰产型、综合性状优良的材料。所有种质均由国家棉花种质资源中期库提供,其详细信息见电子附表 1。

### 1.2 田间试验设计

305 份陆地棉亲本,前期采用双行种植,每行约种 30 株,进行 3 年自交,使其性状稳定,并利用 L×T 杂交设计配制 1 500 个组合,收获 F<sub>1</sub> 种子。其中, L×T 杂交设计是所有类型作物育种中评价优良亲本和有利杂交组合最简单有效的方法<sup>[25]</sup>。2012—2013 年,

将 1 500 份 F<sub>1</sub> 按父本不同分成 5 组(A—E),每组及 305 个亲本、4 个对照(鲁棉研 28、7886、瑞杂 816 和鄂杂棉 10 号)采用两年多点的种植方式,种植于中国南北方 13 个不同的生态环境,且 5 组同一年份的南北方地点均在同一棉区(长江流域棉区或黄河流域棉区),利用 4 个对照共同校正同一年份相同棉区不同地点间的误差。试验采用随机区组设计,行距 1 m,行长 8 m,3 次重复,每小区约 30 株,试验地肥力中等,田间管理方式按当地大田生产常规操作进行,由中国农业科学院棉花研究所和 11 家合作单位共同完成。

### 1.3 性状调查与统计

棉花打顶后一周,每小区随机选取 10 株调查株高(plant height, PH, 单位: cm),计算小区平均数。成熟后,每小区随机选取 10 株调查单株铃数(boll number per plant, BN, 单位: 个),计算小区平均数。每个小区收取 30 铃,统计皮棉和籽棉重,计算单铃重(boll weight, BW, 单位: g)和衣分(lint percentage, LP, 单位: %)。称取 30 铃皮棉 15 g 以上用于纤维长度(fiber length, FL, 单位: mm)、断裂比强度(fiber strength, FS, 单位: cN/tex)、整齐度指数(fiber length uniformity, FU, 单位: %)、伸长率(fiber elongation, FE, 单位: %)、纺纱均匀性指数(spinner consistency index, SCI, 单位: %)和马克隆值(Micronaire, MIC, 单位: μg/inch)的测定,品质测定由农业农村部棉花品质监督检验测试中心完成。利用 Excel 计算每个环境各组合 F<sub>1</sub> 的中亲优势(mid-parent heterosis, MPH)和超亲优势(heterobeltiosis, HB)。计算公式如下:

$$MPH = \frac{F_1 - (P_1 + P_2)/2}{(P_1 + P_2)/2} \times 100\%, HB = \frac{F_1 - HP}{HP} \times 100\%$$

式中, F<sub>1</sub> 为某杂种一代表型均值, HP 为高值亲本表型均值。

### 1.4 数据分析

为了减少环境误差对结果的影响,利用 Excel 计算 F<sub>1</sub> 各性状 4 个环境的中亲优势和超亲优势的平均数,统计其杂种优势表现,并利用 Graphpad prism 7.0 对 F<sub>1</sub> 和亲本的 10 个性状进行差异显著性分析。利用 305 份亲本 10 个农艺性状所有环境的平均数,运用 R 语言进行亲本间数量性状遗传距离计算和群体结构分析,遗传距离采用欧式距离(D<sup>2</sup>)<sup>[12]</sup>,为了使聚类树比例看起来更协调,利用遗传距离的平方根(即最小方差聚类, Ward, 距离为 D)进行聚类,此种方法不影响聚类树的拓扑结构<sup>[26]</sup>。利用 R 语言进行数量性状遗传距离与杂种优势的相关性分析,

采用 4 种分析方案（表 1）。其中，Cor1：利用 1 500 个组合共同计算遗传距离与杂种优势的相关性；Cor2：将 1 500 个组合按分群结果分 5 个亚群（I—V），分别计算遗传距离与杂种优势的相关性；Cor3：按不同父本分 5 个组（A—E），分别计算遗传距离与杂种优势的相关性；Cor4：再按分群结果分 5 个亚群（即 5×5），分别计算遗传距离与杂种优势的相关性。

表 1 数量性状遗传距离与杂种优势的相关性分析方案  
Table 1 Correlation analysis schemes between genetic distance of quantitative traits with heterosis

编号 Serial No.	相关性分析方案 Correlation analysis schemes
Cor1	Dt <sub>ij</sub> vs F <sub>ijk</sub>
Cor2	Dt <sub>ij-m</sub> vs F <sub>ijk-m</sub>
Cor3	Dt <sub>Aj</sub> vs F <sub>Ajk</sub> , Dt <sub>Bj</sub> vs F <sub>Bjk</sub> , Dt <sub>Cj</sub> vs F <sub>Cjk</sub> , Dt <sub>Dj</sub> vs F <sub>Djk</sub> , Dt <sub>Ej</sub> vs F <sub>Ejk</sub>
Cor4	Dt <sub>Aj-m</sub> vs F <sub>Ajk-m</sub> , Dt <sub>Bj-m</sub> vs F <sub>Bjk-m</sub> , Dt <sub>Cj-m</sub> vs F <sub>Cjk-m</sub> , Dt <sub>Dj-m</sub> vs F <sub>Djk-m</sub> , Dt <sub>Ej-m</sub> vs F <sub>Ejk-m</sub>

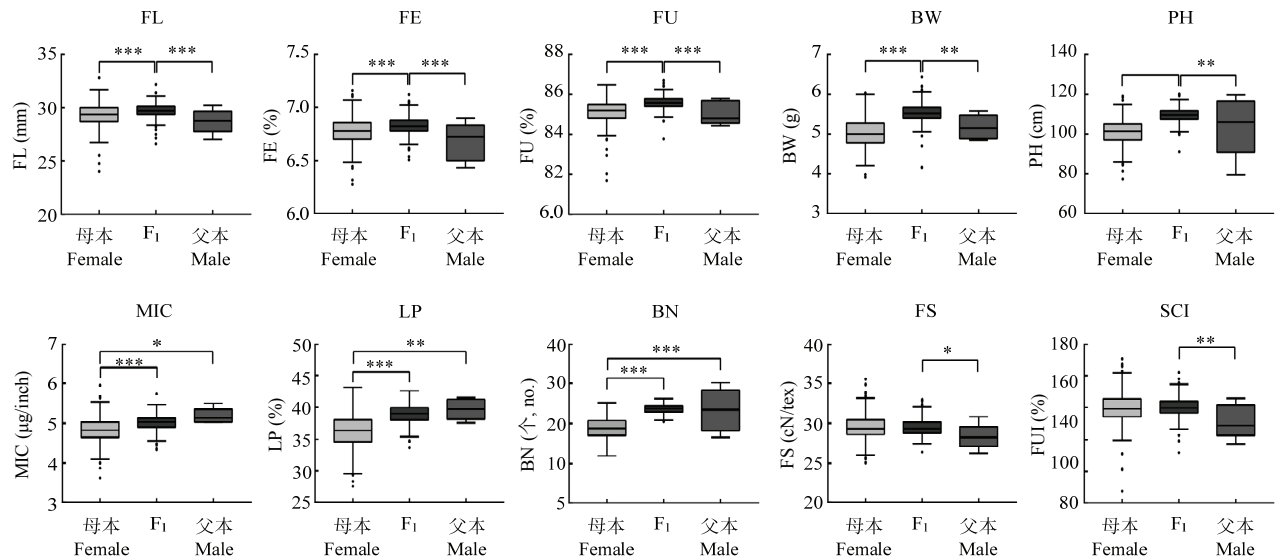
Dt: 亲本间遗传距离; i: 父本对应组编号 A—E; F: F<sub>1</sub>; j: F<sub>1</sub>对应编号 1—300; vs: “与”; m: 群体分亚群 I—V; k: 中亲优势或超亲优势  
Dt: Genetic distance between parents; i: The group A-E of male; F: F<sub>1</sub>; j: The No. 1-300 of F<sub>1</sub>; vs: “with”; m: The cluster I - V; k: MPH or HB

2 结果

2.1 F<sub>1</sub>与亲本性状的差异

F<sub>1</sub>和亲本 10 个数量性状的差异显著性分析结果（图 1）表明，纤维长度、伸长率、整齐度指数、单铃重和株高的 F<sub>1</sub>表现显著高于双亲，整体表现出一定的超亲优势；马克隆值、衣分和单株铃数的 F<sub>1</sub>表现显

著高于母本，父本也显著高于母本，F<sub>1</sub>与父本间差异不显著，整体表现为中亲优势或趋于高亲（父本）的优势；断裂比强度和纺纱均匀性指数的 F<sub>1</sub>表现显著高于父本，与母本差异不显著，整体表现为中亲优势或趋向于高亲（母本）的优势。从整体来看，F<sub>1</sub>与亲本（双亲或其中一个亲本）的 10 个数量性状均存在显著差异，表现出一定的中亲和超亲优势。



FL: 纤维长度; FE: 伸长率; FU: 整齐度指数; BW: 单铃重; PH: 株高; MIC: 马克隆值; LP: 衣分; BN: 单株铃数; FS: 断裂比强度; SCI: 纺纱均匀性指数。\*:  $P < 0.05$  水平差异显著; \*\*:  $P < 0.01$  水平差异显著; \*\*\*:  $P < 0.001$  水平差异显著  
FL: Fiber length; FE: Fiber elongation; FU: Fiber length uniformity; BW: Boll weight; PH: Plant height; MIC: Micronaire; LP: Lint percentage; BN: Boll number per plant; FS: Fiber strength; SCI: Spinning consistency index. \*: Significance at  $P < 0.05$ ; \*\*: Significance at  $P < 0.01$ ; \*\*\*: Significance at  $P < 0.001$

图 1 F<sub>1</sub>与亲本 10 个性状的差异显著性分析  
Fig. 1 Significant difference analysis of 10 traits between F<sub>1</sub> hybrids and parents

2.2 各性状杂种优势表现

通过对 1 500 个组合杂种优势分析, 结果 (表 2) 显示, 10 个性状在 5 组中除 C、D 和 E 组的马克隆值之外, 其他性状 50% 以上的 F<sub>1</sub> 具有明显的中亲优势。其中, 5 组中 80% 以上 F<sub>1</sub> 均表现正向中亲优势的性状为单铃重和纤维长度, 其中亲优势最大分别为 34.01% 和 9.83%, 对应超亲优势分别为 24.25% 和 5.80%。有 4 组中 80% 以上 F<sub>1</sub> 均表现正向中亲优势的性状为株高和衣分, 其中亲优势最大分别为 24.29% 和 13.33%, 对应超亲优势分别为 19.98% 和 7.80%。为了观察每组

的杂种优势的整体表现, 对每组 10 个性状的中亲优势和超亲优势取平均值, 其中, 平均中亲优势 A>E>B>C>D, 最大为 6.21%, 平均超亲优势 A>B>E>C>D, 最大为 1.13%。5 组 10 个性状中亲优势总平均的变幅为 1.70%—7.40%, 平均为 4.36%, 超亲优势总平均的变幅为 -4.17%—1.87%, 平均为 -0.64%。所以, 10 个产量和纤维品质性状中, 大部分性状表现正向中亲优势, 少数性状表现正向超亲优势, 杂种优势表现最明显的为单铃重, 其次为单株铃数和株高, 表现最好的组为 A 组, 其次为 B、E 组, C、D 组最差。

表 2 陆地棉 10 个数量性状杂种优势  
Table 2 Heterosis of 10 quantitative traits in upland cotton

性状 Trait	分组 Group	中亲优势 MPH			超亲优势 HB		
		变幅 Range (%)	均值 Mean (%)	正 (负) 优势组合数 No. of F <sub>1</sub> s with positive (negative) heterosis	变幅 Range (%)	均值 Mean (%)	正 (负) 优势组合数 No. of F <sub>1</sub> s with positive (negative) heterosis
PH	A	-5.69—24.29	9.67	286 (14)	-8.67—19.98	5.08	243 (57)
	B	-7.07—16.79	5.08	267 (33)	-15.81—14.16	1.29	183 (117)
	C	-1.93—22.05	10.16	298 (2)	-8.26—15.36	3.87	242 (58)
	D	-7.77—13.02	3.45	254 (46)	-22.39—4.34	-6.03	17 (283)
	E	-6.25—11.99	2.57	227 (72)	-16.40—6.74	-2.28	76 (223)
BW	A	-12.48—34.01	15.55	298 (2)	-21.65—24.25	8.58	284 (16)
	B	-19.71—26.00	8.29	291 (9)	-22.75—19.28	2.51	220 (80)
	C	-13.87—17.57	5.82	276 (24)	-19.93—12.21	-0.15	149 (151)
	D	-13.81—24.95	7.16	285 (15)	-20.97—18.79	2.69	224 (76)
	E	-12.72—30.82	9.68	289 (10)	-20.78—20.24	2.08	195 (104)
LP	A	-4.72—9.30	2.62	260 (40)	-8.80—5.04	-1.45	96 (204)
	B	-3.06—11.96	3.38	275 (25)	-17.14—6.68	-1.06	107 (193)
	C	-16.00—13.33	3.35	268 (32)	-25.18—3.97	-5.32	22 (278)
	D	-0.38—13.14	5.07	297 (3)	-13.54—7.80	0.30	186 (114)
	E	-14.04—7.54	0.87	195 (104)	-20.33—4.20	-4.42	51 (248)
BN	A	2.10—50.41	23.35	300 (0)	-13.52—22.49	7.03	265 (35)
	B	-3.72—67.89	20.77	295 (5)	-16.86—34.80	7.45	243 (57)
	C	-13.03—34.73	4.81	215 (85)	-27.49—10.85	-9.91	18 (282)
	D	-18.18—39.5	2.36	169 (131)	-31.41—5.50	-13.38	5 (295)
	E	-11.18—75.92	26.20	290 (9)	-22.14—47.65	10.61	245 (54)
FL	A	-1.59—7.33	2.93	291 (9)	-5.69—6.08	0.88	219 (81)
	B	-3.79—5.03	1.45	255 (45)	-8.61—4.09	-0.44	122 (178)
	C	-5.62—6.79	1.88	264 (36)	-12.08—4.68	-0.17	147 (153)
	D	-3.69—6.65	1.93	269 (31)	-7.61—4.26	-1.35	78 (222)
	E	-4.13—9.83	2.75	283 (16)	-10.79—5.80	0.79	205 (94)

续表 2 Continued table 2

性状 Trait	分组 Group	中亲优势 MPH			超亲优势 HB		
		变幅 Range (%)	均值 Mean (%)	正（负）优势组合数 No. of F <sub>1</sub> s with positive (negative) heterosis	变幅 Range (%)	均值 Mean (%)	正（负）优势组合数 No. of F <sub>1</sub> s with positive (negative) heterosis
FS	A	-6.68—8.60	0.53	163（137）	-12.11—4.40	-2.98	32（268）
	B	-5.91—10.75	1.02	201（99）	-11.47—5.43	-1.97	76（224）
	C	-4.99—12.19	3.08	272（28）	-11.44—9.62	0.38	177（123）
	D	-7.54—12.55	2.03	228（72）	-16.52—6.33	-2.46	66（234）
	E	-9.01—12.78	1.96	212（87）	-15.61—10.40	-1.04	124（175）
MIC	A	-6.75—11.80	3.95	262（38）	-13.06—7.12	-1.54	108（192）
	B	-8.70—10.91	2.13	243（57）	-16.29—5.22	-1.66	90（210）
	C	-10.38—8.33	0.03	154（146）	-15.67—5.78	-5.00	23（277）
	D	-11.10—6.40	-3.19	23（277）	-18.40—2.27	-7.64	1（299）
	E	-14.4—19.63	-0.42	128（171）	-22.09—4.52	-5.22	20（279）
FU	A	-0.87—2.76	0.78	277（23）	-1.31—1.64	0.18	185（115）
	B	-1.22—2.60	0.30	223（77）	-2.01—1.47	-0.31	76（224）
	C	-1.02—2.14	0.44	241（59）	-2.38—1.70	-0.12	118（182）
	D	-0.55—2.22	0.81	289（11）	-1.60—1.69	0.15	184（116）
	E	-1.81—1.97	0.39	224（75）	-2.13—1.41	-0.13	120（179）
FE	A	-3.64—3.82	0.36	181（119）	-7.25—1.36	-2.04	12（288）
	B	-1.83—3.95	0.63	211（89）	-4.57—2.90	-0.50	99（201）
	C	-3.17—4.13	0.93	246（54）	-4.42—3.57	-0.11	142（158）
	D	-3.75—3.19	0.23	178（122）	-5.82—1.63	-1.39	36（264）
	E	-4.38—10.46	3.28	261（38）	-7.21—8.96	0.47	164（135）
SCI	A	-6.77—15.10	2.42	226（74）	-13.31—9.08	-2.42	78（222）
	B	-11.15—11.87	0.85	180（120）	-17.11—7.75	-2.94	50（250）
	C	-8.74—17.67	4.59	275（25）	-21.08—10.57	0.08	151（149）
	D	-6.42—18.16	6.09	288（12）	-14.11—11.77	-0.78	133（167）
	E	-10.00—16.34	3.88	258（41）	-16.43—12.82	-0.25	152（147）
均值 Mean	A	1.59—11.71	6.21	300（0）	-3.54—4.73	1.13	236（64）
	B	-0.07—10.37	4.39	299（1）	-3.87—4.94	0.24	172（128）
	C	-0.71—8.11	3.51	298（2）	-6.88—2.33	-1.64	39（261）
	D	-1.31—6.55	2.59	188（12）	-7.41—0.55	-2.99	3（297）
	E	0.11—11.52	5.12	299（0）	-4.93—5.53	0.06	150（149）
总均值 Total mean		1.70—7.40	4.36		-4.17—1.87	-0.64	

PH：株高；BW：单铃重；LP：衣分；BN：单株铃数；FL：纤维长度；FS：断裂比强度；MIC：马克隆值；FU：整齐度指数；FE：伸长率；SCI：纺纱均匀性指数。下同  
PH: Plant height; BW: Boll weight; LP: Lint percentage; BN: Boll number per plant; FL: Fiber length; FS: Fiber strength; MIC: Micronaire; FU: Fiber length uniformity; FE: Fiber elongation; SCI: Spinning consistency index. The same as below

马克隆值是衡量纤维细度和成熟度的综合指标,纤维越粗成熟度越高,但是适合机纺的棉纤维需要尽可能的细和成熟,所以并不是马克隆值越大越好。对亲本和 $F_1$ 的马克隆值进行统计分析,其在95%的置信区间内均服从正态分布,亲本马克隆值(单位:  $\mu\text{g}/\text{inch}$ )介于2.54—6.64,平均值为4.82; $F_1$ 马克隆值介于3.24—6.47,平均值为5.01。根据中华人民共和国国家标准——棉花细绒棉<sup>[27]</sup>,马克隆值在A级和B级(3.5—4.9)的亲本占62.86%, $F_1$ 占36.89%。进一步对表2中马克隆值的中亲优势和超亲优势的均值均为负的D、E组两组进行分析,发现D组马克隆值在A级和B级的亲本占27.91%, $F_1$ 占11.33%;E组马克隆值在A级和B级的亲本占79.40%, $F_1$ 占75.59%。综上, $F_1$ 的马克隆值整体劣于其亲本。

## 2.3 亲本间遗传距离和群体结构

**2.3.1 亲本间遗传距离** 利用10个产量和品质性状计算305份陆地棉亲本间的遗传距离(电子附表2)结果显示,5个测试种与300个母本间的遗传距离(欧氏距离)的变幅为2.28—61.43,平均为21.55。其中,测试种A(中7886)与300份母本的遗传距离变异幅度为3.44—44.09,平均为16.47;测试种B(中1421)与300份母本的遗传距离变异幅度为2.28—50.94,平均为11.72;测试种C(A971Bt)与300份母本的遗

传距离变异幅度为9.77—54.57,平均为28.59;测试种D(4133Bt)与300份母本的遗传距离变异幅度为7.27—59.45,平均为33.27;测试种E(SGK9708)与300份母本的遗传距离变异幅度为3.74—61.43,平均为17.70。5个测试种与母本的平均遗传距离 $D>C>E>A>B$ ,根据2.2可知5组中亲优势均值 $A>E>B>C>D$ ,并不是组间平均遗传距离越大,优势越强。

**2.3.2 群体结构分析** 群体结构分析结果(图2,电子附表3)表明,305份材料整体被分为2个主群(图2-a),在 $D=7.5$ ( $D$ 为欧氏距离的平方根)处进行再次划分,可进一步分成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。通过比较其遗传距离大小,发现群间遗传距离大于群内,符合群体聚类原则,同时根据图2-b的主成分分析,5个亚群的材料聚集在坐标系的不同位置,进一步证明聚类结果的可靠性。其中,5个测试种MA和MD被划分到第V亚群,MB被划分到第III亚群,MC被划分到第IV亚群,ME被划分到第I亚群。

## 2.4 遗传距离与杂种优势的相关性

**2.4.1 Cor1 遗传距离与杂种优势的相关性** 亲本间遗传距离与杂种优势的相关性分析Cor1结果显示(表3),遗传距离与杂种优势存在显著的线性相关关系,与不同性状或优势的相关性存在差异,与超亲优势以负相关为主。其中,纺纱均匀性指数、衣分、断裂比

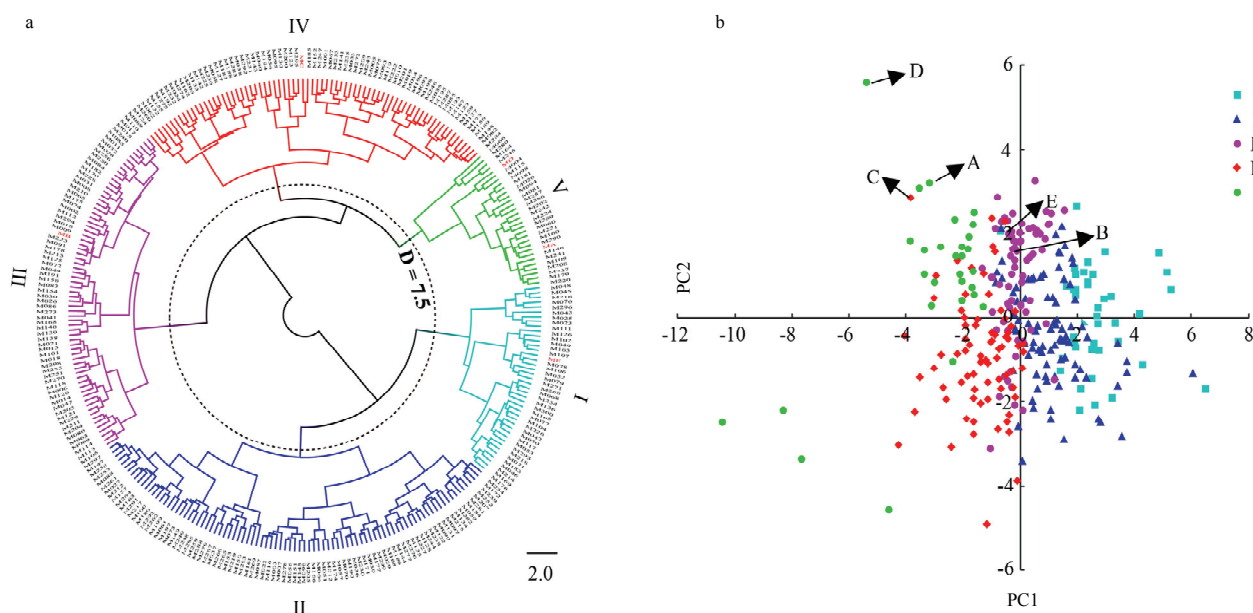


图2 305份亲本的群体结构分析

Fig. 2 Population structure analysis of 305 parents



表 3 Cor1 遗传距离与杂种优势的相关关系

Table 3 Correlation between heterosis and genetic distance by Cor1

性状 Trait	与遗传距离的相关性系数 Correlation coefficient with genetic distance	
	中亲优势 MPH	超亲优势 HB
PH	0.0115	-0.2798***
BW	-0.1618***	-0.1250***
LP	0.2459***	-0.1234***
BN	-0.3870***	-0.5277***
FL	0.0109	-0.3482***
FS	0.1890***	-0.1055***
MIC	-0.3627***	-0.5161***
FU	0.1764***	0.0921***
FE	-0.0495	-0.0315
SCI	0.3530***	-0.0634*

\*:  $P<0.05$  水平相关性差异显著; \*\*\*:  $P<0.001$  水平相关性差异显著。  
下同  
\*: Significance at  $P<0.05$ ; \*\*\*: Significance at  $P<0.001$ . The same as below

强度和纤维长度的中亲优势与遗传距离呈极显著正相关, 相关性系数分别为 0.3530、0.2459、0.1890 和 0.1764, 单株铃数、马克隆值和单铃重的中亲优势与遗传距离呈极显著负相关, 相关性系数分别为 -0.3870、-0.3627 和 -0.1618; 10 个性状的超亲优势除整齐度指数和伸长率之外, 其余均与遗传距离呈显著

负相关, 其中, 纺纱均匀性指数与遗传距离呈显著负相关, 显著性系数为 -0.0634, 其他均为极显著负相关, 相关性系数介于 -0.5277—-0.1055, 相关性程度为单株铃数>马克隆值>纤维长度>株高>单铃重>衣分>断裂比强度; 遗传距离与整齐度指数的超亲优势呈极显著正相关, 相关性系数为 0.0921。

2.4.2 Cor2 遗传距离与杂种优势的相关性 亲本间遗传距离与杂种优势的相关性分析 Cor2 结果显示(表 4), 遗传距离与杂种优势的相关性总体与 Cor1 的结果相似, Cor1 反映了 Cor2 中各亚群的整体水平。遗传距离与衣分和纺纱均匀性指数的中亲优势在 5 个亚群中均达到极显著正相关, 相关性系数分别介于 0.1346—0.3801 和 0.1834—0.4058, 与断裂比强度和整齐度指数的中亲优势在 4 个亚群中均达到显著正相关, 相关性系数分别介于 0.2144—0.2813 和 0.1173—0.2487, 与单株铃数、马克隆值和单铃重的中亲优势在 4 个亚群中达到极显著负相关, 其他性状在各亚群中相关性不稳定; 遗传距离马克隆值的超亲优势在 5 个亚群中均达到显著负相关, 相关性系数介于 -0.5275—-0.1980, 与单株铃数和纤维长度的超亲优势在 4 个亚群中均达到极显著负相关, 相关性系数分别介于 -0.6861—-0.4586 和 -0.5788—-0.2698, 与株高和单铃重的超亲优势在 3 个亚群中均达到极显著负相关, 其他性状在各亚群中相关性不稳定。

表 4 Cor2 遗传距离与杂种优势的相关关系

Table 4 Correlation between heterosis and genetic distance by Cor2

性状 Trait	与遗传距离的相关性系数 Correlation coefficient with genetic distance									
	中亲优势 MPH					超亲优势 HB				
	I	II	III	IV	V	I	II	III	IV	V
PH	0.2433***	-0.0173	0.0870	-0.1815***	0.0196	-0.0037	-0.3721***	-0.1579**	-0.5368***	-0.1613
BW	-0.1003	-0.1486**	-0.2628***	-0.2738***	-0.2346**	-0.0008	-0.0864	-0.1819***	-0.2451***	-0.4287***
LP	0.3801***	0.2978***	0.2879***	0.1346**	0.2462**	-0.0562	-0.0356	-0.0852	-0.0949	-0.4010***
BN	-0.5678***	-0.4537***	-0.5135***	-0.3352***	0.0049	-0.6861***	-0.6001***	-0.6672***	-0.4586***	-0.0976
FL	-0.0951	0.0630	-0.0964	0.0163	-0.2031*	-0.4566***	-0.3952***	-0.2698***	-0.0866	-0.5788***
FS	-0.0239	0.1614***	0.2813***	0.1780***	0.2144*	-0.2216**	-0.1698***	0.1662**	0.0818	-0.0685
MIC	-0.2862***	-0.3924***	-0.4440***	-0.4387***	-0.1036	-0.4695***	-0.5275***	-0.4915***	-0.5194***	-0.1980*
FU	0.1141	0.2487***	0.1173*	0.1518**	0.1791*	-0.0189	0.2020***	0.0613	0.1870***	-0.2032*
FE	-0.3579***	-0.1354**	-0.1053	0.0999	0.1257	-0.2300**	-0.1320**	0.0370	0.1207*	-0.0573
SCI	0.1834**	0.4003***	0.4058***	0.3726***	0.2354**	-0.2461***	-0.0577	0.2116***	0.2357***	-0.2630**

\*\*：  $P<0.01$  水平相关性差异显著。下同 \*\*： Significance at  $P<0.01$ . The same as below



**2.4.3 Cor3 遗传距离与杂种优势的相关性** 亲本间遗传距离与杂种优势的相关性分析 Cor3 结果显示(表 5), 遗传距离与各性状中亲优势的相关性在不同组表现不同, 与部分性状(尤其是纤维品质性状)的超亲优势呈显著负相关。其中, 遗传距离与单株铃数的中亲优势在 A、B、C 和 E 组均为显著正相关, 与纤维长度和伸长率的中亲优势在 A、C 和 D 组均呈极显著

正相关, 与衣分的中亲优势在 A、B 和 D 组均呈显著正相关, 与马克隆值的中亲优势相关性不显著; 遗传距离与断裂比强度、纺纱均匀性指数和马克隆值的超亲优势在 5 组中均呈显著负相关, 与纤维长度的超亲优势在 A、B、D 和 E 组均呈极显著负相关, 与衣分的超亲优势在 B、D 和 E 组均呈极显著负相关, 与整齐度指数和伸长率 ( $P\geq 0.0416$ ) 的超亲优势相关性基本不显著。

表 5 Cor3 遗传距离与杂种优势的相关关系  
Table 5 Correlation between heterosis and genetic distance by Cor3

性状 Trait	与遗传距离的相关性系数 Correlation coefficient with genetic distance									
	中亲优势 MPH					超亲优势 HB				
	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E
PH	-0.11067	0.0312	0.0017	0.0052	0.1615**	-0.1641**	-0.0833	0.0051	-0.3327***	0.0227
BW	0.1073	-0.0282	0.1353*	0.2430***	0.0554	-0.0087	-0.0669	0.1034	0.1466*	0.0074
LP	0.1419*	0.1554**	0.0350	0.1358*	-0.1145*	-0.0849	-0.3894***	-0.1031	-0.2701***	-0.3032***
BN	0.1857**	0.1712**	0.1544**	0.0346	0.1311*	0.0608	0.0268	0.0603	-0.2319***	0.1402*
FL	0.1765**	0.0001	0.1664**	0.2205***	-0.1417*	-0.1908***	-0.3943***	-0.0480	-0.3636***	-0.3814***
FS	0.1470*	0.1501**	0.0881	0.0730	-0.1812**	-0.2267***	-0.3329***	-0.2339***	-0.3668***	-0.2409***
MIC	0.0100	0.0416	-0.0033	-0.0042	-0.0834	-0.2506***	-0.3376***	-0.2372***	-0.4879***	-0.1338*
FU	0.0130	0.1898***	0.0281	0.1364*	0.0113	-0.0461	-0.0260	-0.0401	0.0644	-0.0909
FE	0.2138***	0.0941	0.2281***	0.1783**	0.0139	0.1112	-0.1177*	0.0892	-0.0334	-0.0138
SCI	0.0193	0.1416*	0.0804	0.1335*	-0.0742	-0.3766***	-0.3699***	-0.2454***	-0.4021***	-0.2531***

**2.4.4 Cor4 遗传距离与杂种优势的相关性** 亲本间遗传距离与杂种优势的相关性分析 Cor4 结果显示(表 6, 电子附表 4), 遗传距离与杂种优势的相关性整体比 Cor3 弱, 但其整体结果与 Cor3 相似。相关性较弱是由于分 5 个亚群之后样本量减少所致, 所以遗传距离与杂种优势的相关性分析要达到一定的样本量。除 E 组外, 遗传距离与中亲优势相关性显著的相关性系数均为正, 其相关性水平并不高,  $P$  值介于 0.00025—0.04720; 遗传距离与超亲优势整体呈负相关, 其相关性水平高于中亲优势。其中, 在亚群 I、II、III 和 V 中, 遗传距离与衣分的超亲优势均呈较稳定的显著负相关。在亚群 I、II 和 V 中, 遗传距离与纤维长度、断裂比强度和纺纱均匀性指数的超亲优势均呈较稳定的显著负相关。在亚群 I 和 II 中, 遗传距离与马克隆值的超亲优势呈稳定的显著负相关。

综合 4 种遗传距离与杂种优势的相关性分析结果, 可知, 遗传距离与衣分、断裂比强度、整齐度指数和纺纱均匀性指数的中亲优势整体呈显著正相关,

与单铃重、单株铃数、纤维长度、马克隆值和伸长率的中亲优势采用不同的分析方案结果不同, 与株高的中亲优势相关性较弱。遗传距离与衣分、纤维长度和马克隆值的超亲优势在 4 种分析方案中整体均表现显著的负相关, 与整齐度指数的超亲优势在 Cor1 中表现显著正相关, 与其他性状的超亲优势因方案、亚群和组的不同相关性结果不同。其中, 5 组中 E 组比较特殊, 遗传距离与部分性状中亲优势的相关性与其他组存在正负差异。4 种分析方案在样本量、遗传距离变幅和父本材料上存在差异, 得到的结果有所不同。Cor2 与 Cor1 相比样本量和遗传距离变幅减小, 相关性减弱; Cor3 和 Cor4 与 Cor1 相比样本量和遗传距离变幅减小, 相关性减弱, Cor4 的相关性最弱, 且按父本不同分成 5 组, 不同组结果有所不同; Cor4 与 Cor2 和 Cor3 相比样本量和遗传距离变幅减小, 相关性减弱。Cor2 和 Cor3 因分组(或分亚群)方式不同, 结果有所不同。所以, 遗传距离与杂种优势的相关性分析要具有一定的样本量, 样本量越大相关性越强, 相关性也因父本不同而有所差异。

表 6 Cor4 遗传距离与杂种优势的相关关系

Table 6 Correlation between heterosis and genetic distance by Cor4

优势	性状	与遗传距离的相关性 Correlation with genetic distance																															
Heterosis	Trait	I					II					III					IV					V											
		A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E	A	B	C	D	E							
中亲优势 MPH	PH	P					P					P					P																
	BW	P										P																					
	LP	N					P															P		P		P							
	BN						P	P				P	P				P						P										
	FL						P	P																									
	FS										N					P																	
	MIC													P				P						P	P		P						
	FU	N												P				P						P	P								
	FE						N	P	P							P																	
	SCI								P		N																						
超亲优势 HB	PH	P					N				N					P	N	N	P	N						N							
	BW																N		P						N			N					
	LP	N	N	N		N		N	N	N	N	N	N	N					N						N	N	N	N					
	BN	P					P	N													P												
	FL	N	N	N			N	N			N						N						N	N	N	N	N						
	FS	N	N	N				N	N			N											N	N				N					
	MIC	N	N	N	N	N	N	N	N		N					N				N						P			P	N			
	FU	N										N																					
	FE	N				N	P						P												N	N				N			
	SCI	N	N	N	N	N	N	N				N																N	N				N

P: 显著正相关; N: 显著负相关  
P: Significant positive correlation; N: Significant negative correlation

3 讨论

3.1 基于数量性状研究陆地棉遗传距离与杂种优势关系的效果

杂交亲本间的遗传距离影响杂种优势，关系十分复杂，机制尚不明确<sup>[28]</sup>。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<sup>[29]</sup>，其在陆地棉亲本选配和杂种优势利用上有一定的利用价值。本研究以能代表陆地棉遗传多样性的 305 份陆地棉核心种质材料为亲本，利用 10 个数量性状对其群体结构进行分析，将其有效的分成 2 个主群，5 个亚群。对 1 500 个组合通过 4 种方案研究遗传距离与杂种优势的相关性，各方案在样本量、遗传距离变幅和父本材料上存在差异，得到的结果有所不同。在样本量较多的情况下，遗传距离

与大部分性状的中亲优势和超亲优势之间具有显著或极显著的线性关系，且样本量越大显著性越强，这与赵玉昌等<sup>[19]</sup>、赵仁渠等<sup>[22]</sup>等研究结果较一致。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<sup>[18-21]</sup>相比，本试验利用大规模的陆地棉杂交组合来研究两者的关系，此规模在棉花甚至其他作物中都十分罕见，将这些组合按父本分组和群体结构分群进行划分，采用 4 种方案进行分析，能够更系统、全面和准确的分析遗传距离与杂种优势的关系，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有一定的指导作用，但本研究仍未得出十分明确的结果，有待进行更广泛深入的探究。

3.2 遗传距离与杂种优势关系的研究热点与趋势

随着分子标记技术的发展与普及，已有学者广泛利用其来研究遗传距离与杂种优势的关系。武耀廷

等<sup>[30]</sup>利用 RAPD、ISSR 与 SSR 标记研究陆地棉遗传距离与杂种  $F_1$ 、 $F_2$  产量性状杂种优势的关系,发现其相关性程度偏低。杨代刚等<sup>[31]</sup>利用 SSR 标记研究陆地棉亲本配合力与杂种优势、遗传距离的相关性,发现配合力与遗传距离相关性不显著,产量性状杂种优势与遗传距离显著正向相关。宿俊吉等<sup>[32]</sup>利用 SSR 标记研究遗传距离与纤维品质性状的相关性,发现遗传距离与中亲优势有一定的相关性,但不同性状表现不同。ZHANG 等<sup>[33]</sup>利用 RAPD 和 AFLP 标记研究海岛棉遗传距离与配合力和中亲优势的关系,发现与 GCA 和 SCA 存在显著相关。在玉米和油菜中还有利用全基因组 SNP 芯片来预测遗传距离与杂种优势的关系,其中,CHRISTIAN 等<sup>[34]</sup>利用 285 份玉米自交系的 56 110 个 SNP 位点预测玉米 7 个生物量和生物能相关性状的杂种优势,其预测精度可达 0.72—0.81。桑世飞等<sup>[35]</sup>利用油菜波里马细胞质雄性不育系的 6 个保持系和 8 个恢复系的 52 157 个 SNP 位点研究油菜遗传距离与杂种优势的关系,发现遗传距离与株高、分枝部位高度和单株产量均呈极显著相关。YANG 等<sup>[36]</sup>利用高通量测序技术获得的 SNP 位点研究遗传距离与拟南芥生物量超亲优势的关系,发现二者之间相关性不显著。表型与基因型都是材料间遗传差异的组成部分,利用其计算的遗传距离都可以用于杂种优势预测。目前,成百上千份陆地棉已具有 AFLP、RAPD、ISSR、SSR、SNP 芯片<sup>[37]</sup>和高通量测序<sup>[1,38-39]</sup>等基因型数据,各大作物(包括棉花)的基因型数据库和表型数据库不断建立,利用各种基因型和表型数据相结合研究遗传距离与杂种优势的关系,将在杂种优势预测上取得更好效果,更有利于揭示杂种优势机理。

## 4 结论

陆地棉亲本间数量性状遗传距离与杂种优势有一定的线性关系,遗传距离与衣分、断裂比强度、整齐度指数和纺纱均匀性指数的中亲优势呈显著正相关,与整齐度指数的超亲优势呈一定的正相关,与衣分、纤维长度和马克隆值的超亲优势呈显著负相关,且相关性随样本量的增加而增强,利用大规模杂交组合可以提高陆地棉产量和纤维品质性状杂种优势预测效果。

**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朱海勇等人对本试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。

## References

- [1] CHEN Z J, SCHEFFLER B E, ELIZABETH D, TRIPLETT B A, TIANZHEN Z, WANGZHEN G, XIAOYA C, STELLY D M, RABINOWICZ P D, TOWN C D. Toward sequencing cotton (*Gossypium*) genomes. *Plant Physiology*, 2007, 145(4): 1303-1310.
- [2] ZHANG J, FANG H, ZHOU H P, SANOGO S, MA Z. Genetics, breeding, and marker-assisted selection for verticillium wilt resistance in cotton. *Crop Science*, 2014, 54(4): 1289-1303.
- [3] FANG L, WANG Q, HU Y, JIA Y, CHEN J, LIU B, ZHANG Z, GUAN X, CHEN S, ZHOU B. Genomic analyses in cotton identify signatures of selection and loci associated with fiber quality and yield traits. *Nature Genetics*, 2017, 49(7): 1089-1098.
- [4] 彭倩, 薛亚东, 张向歌, 李慧敏, 孙高阳, 李卫华, 谢慧玲, 汤继华. 利用单片段代换系测交群体定位玉米产量相关性状的杂种优势位点. *作物学报*, 2016, 42(4): 482-491.  
PENG Q, XUE Y D, ZHANG X G, LI H M, SUN G Y, LI W H, XIE H L, TANG J H. Identification of heterotic loci for yield and ear traits using CSSL test population in maize. *Acta Agronomica Sinica*, 2016, 42(4): 482-491. (in Chinese)
- [5] LI D Y, HUANG Z Y, SONG S H, XIN Y Y, MAO D H, LV Q M, ZHOU M, TIAN D M, TANG M F, ZHUNL H. Integrated analysis of phenome, genome, and transcriptome of hybrid rice uncovered multiple heterosis-related loci for yield increase. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, 113(41): E6026-E6035.
- [6] DUVICK D N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). *Advances in Agronomy*, 2005, 86(5): 83-145.
- [7] 傅廷栋. 油菜杂种优势研究利用的现状与思考. *中国油料作物学报*, 2008: 1-5.  
FU T D. On research and application of heterosis in rapessed. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2008: 1-5. (in Chinese)
- [8] 邢朝柱, 靖深蓉, 邢以华. 中国棉花杂种优势利用研究回顾和展望. *棉花学报*, 2007, 19(5): 337-345.  
XING C Z, JING S R, XING Y H. Review and prospect on cotton heterosis utilization and study in China. *Cotton Science*, 2007, 19(5): 337-345. (in Chinese)

- [9] 袁有禄, 靖深蓉. 世界棉花杂种优势利用研究进展, 问题与前景. 中国棉花, 2000, 27(8): 2-5.
- YUAN Y L, JING S R. Advances, problems and prospects of heterosis utilization of cotton in the world. *China Cotton*, 2000, 27(8): 2-5. (in Chinese)
- [10] WU Y T, YIN J M, GUO W Z, ZHU X F, ZHANG T Z. Heterosis performance of yield and fibre quality in  $F_1$  and  $F_2$  hybrids in upland cotton. *Plant Breeding*, 2010, 123(3): 285-289.
- [11] 邢朝柱, 喻树迅. 棉花杂种优势表达机理研究进展. 棉花学报, 2004, 16(6): 379-382.
- XING C Z, YU S X. Progress of cotton heterosis expression mechanisms. *Cotton Science*, 2004, 16(6): 379-382. (in Chinese)
- [12] NEI M. *Genetic Distance and Molecular Phylogeny*. University of Washington Press, Seattle, Washington, 1987, 193-223.
- [13] 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(2): 17-19.
- XU J P, WANG L Y. Preliminary study on heterosis and combining ability of rice. *Hereditas*, 1980, 2(2): 17-19. (in Chinese)
- [14] MOLL R H, LONNQUIST J H, FORTUNO J V, JOHNSON E C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. *Genetics*, 1965, 52(1): 139-144.
- [15] GHADERI A, ADAMS M W, NASSIB A M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean1. *Crop Science*, 1984, 24(1): 37-42.
- [16] ALI M, COPELAND L O, ELIAS S G, KELLY J D. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in winter canola (*Brassica napus* L.). *Theoretical & Applied Genetics*, 1995, 91(1): 118-121.
- [17] TEKLEWOLD A, BECKER H C. Comparison of phenotypic and molecular distances to predict heterosis and  $F_1$  performance in Ethiopian mustard (*Brassica carinata* A. Braun). *Theoretical & Applied Genetics*, 2006, 112(4): 752-759.
- [18] 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(1): 32-38.
- WANG X D, PAN J J. Studies on the relationship between genetic distance of parents and yield heterosis in hybrid cotton. *Acta Agronomica Sinica*, 1990, 16(1): 32-38. (in Chinese)
- [19] 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(1): 19-22.
- ZHAO Y C, CAO S Z, CAO X C. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in upland cotton. *Journal of Tarim University*, 2008, 20(1): 19-22. (in Chinese)
- [20] 郝德荣, 何林池, 刘水东, 周金凤, 邢建美, 黄昭平. 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(4): 50-55.
- HAO D R, HE L C, LIU S D, ZHOU J F, XING J M, HUANG S P. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in insect resistant cotton. *Journal of Jinling Institute of Technology*, 2008, 24(4): 50-55. (in Chinese)
- [21] 陈强, 杨祖荣, 王谧, 范玉刚. 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(5): 25-26.
- CHEN Q, YANG Z R, WANG M, FAN Y G. Research on relationship between phenotypic genetic distance and heterosis of several upland cotton combinations. *Acta Agriculture Jiangxi*, 2011, 23(5): 25-26. (in Chinese)
- [22] 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.
- ZHAO R Q, YANG M. Studies on the effects of sample on the relationship between genetic distance and heterosis in wheat. *Journal of Biomathematics*, 1994(1): 48-53. (in Chinese)
- [23] 代攀虹, 孙君灵, 贾银华, 杜雄明, 王谧. 利用表型数据构建陆地棉核心种质. 植物遗传资源学报, 2016, 17(6): 961-968.
- DAI P H, SUN J L, JIA Y H, DU X M, WANG M. Construction of core collection of upland cotton based on phenotypic data. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(6): 961-968. (in Chinese)
- [24] 代攀虹, 孙君灵, 何守朴, 王立如, 贾银华, 潘兆娥, 庞保印, 杜雄明, 王谧. 陆地棉核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价. 中国农业科学, 2016, 49(19): 3694-3708.
- DAI P H, SUN J L, HE S P, WANG L R, JIA Y H, PAN Z E, PANG B Y, DU X M, WANG M. Comprehensive evaluation and genetic diversity analysis of phenotypic traits of core collection in upland cotton. *Scientia Agricultura Sinica*, 2016, 49(19): 3694-3708. (in Chinese)
- [25] KEMPTHORNE O, FINNEY D J. An introduction to genetic statistics. *Aibs Bulletin*, 1957, 39(2): 69-79.
- [26] BORCARD D, GILLET F, LEGENDRE P. *Numerical Ecology with R*. Springer, 2011: 332-334.
- [27] GB 1103—2007《棉花 细绒棉》条款解释. 中国纤检, 2007(7): 6-14.
- GB 1103—2007《Cotton—Upland cotton》Interpretation. *China Fiber Inspection*, 2007(7): 6-14. (in Chinese)
- [28] MILLER M, SONG Q, SHI X, JUENGER T E, CHEN Z J. Natural variation in timing of stress-responsive gene expression predicts heterosis in intraspecific hybrids of *Arabidopsis*. *Nature Communications*, 2015, 6: 7453-7455.
- [29] 张锡顺, 杨建国, 杨若茜, 徐宁生, 刘旭云, 杜刚. 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(3):

- 209-216.
- ZHANG X S, YANG J G, YANG R H, XU N S, LIU X Y, DU G. Study of the relationship between genetic distance and heterosis in castor. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(3): 209-216. (in Chinese)
- [30] 武耀廷, 张天真, 朱协飞, 王广明. 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. *中国农业科学*, 2002, 35(1): 22-28.
- WU Y T, ZHANG T Z, ZHU X F, WANG G M. Relationship between  $F_1$ ,  $F_2$  yield, heterosis and genetic distance measured by molecular markers and parent performance in cotton. *Scientia Agricultura Sinica*, 2002, 35(1): 22-28. (in Chinese)
- [31] 杨代刚, 马雄风, 周晓箭, 张先亮, 白凤虎, 王海风, 孟清芹, 裴小雨, 喻树迅. 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(3): 191-198.
- YANG D G, MA X F, ZHOU X J, ZHANG X L, BAI F H, WANG H F, MENG Q Q, PEI X Y, YU S X. Correlation among combining ability, heterosis and genetic distance in upland cotton. *Cotton Science*, 2012, 24(3): 191-198. (in Chinese)
- [32] 宿俊吉, 陈红, 余渝, 林海, 宁新柱, 李吉莲, 刘萍, 刘丽, 相吉山, 邓福军. 陆地棉遗传距离与纤维品质性状中亲优势及  $F_1$ 、 $F_2$  表现的相关性研究. *棉花学报*, 2013, 25(2): 142-147.
- SU J J, CHEN H, YU Y, LIN H, NING X Z, LI J L, LIU P, LIU L, XIANG J S, DENG F J. The relationship of genetic distance to mid-parent heterosis and manifestations of  $F_1$  &  $F_2$  of fiber quality traits in upland cotton. *Cotton Science*, 2013, 25(2): 142-147. (in Chinese)
- [33] ZHANG J F, ABDELRAHEEM A, WU J X. Heterosis, combining ability and genetic effect, and relationship with genetic distance based on a diallel of hybrids from five diverse *Gossypium barbadense* cotton genotypes. *Euphytica*, 2017, 213(9): 208-222.
- [34] CHRISTIAN R, ANGELIKA C E, CHRISTOPH G, JAN L, FRANK T, RONAN S, THOMAS A, MARK S, LOTHAR W, MELCHINGER A E. Genomic and metabolic prediction of complex heterotic traits in hybrid maize. *Nature Genetics*, 2012, 44(2): 217-220.
- [35] 桑世飞, 王会, 梅德圣, 刘佳, 付丽, 王军, 汪文祥, 胡琼. 利用全基因组 SNP 芯片分析油菜遗传距离与杂种优势的关系. *中国农业科学*, 2015, 48(12): 2469-2478.
- SANG S F, WANG H, MEI D S, LIU J, FU L, WANG J, WANG W X, HU Q. Correlation analysis between heterosis and genetic distance evaluated by genome-wide SNP chip in *Brassica napus*. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48(12): 2469-2478. (in Chinese)
- [36] YANG M, WANG X, REN D, HUANG H, XU M, HE G, DENG X W. Genomic architecture of biomass heterosis in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2017, 114(30): 8101-8106.
- [37] 孙正文, 匡猛, 马峙英, 王省芬. 利用 CottonSNP63K 芯片构建棉花品种的指纹图谱. *中国农业科学*, 2017, 50(24): 4692-4704.
- SUN Z W, KUANG M, MA Z Y, WANG S F. Using cotton SNP63K chip to construct fingerprint map of cotton varieties. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(24): 4692-4704. (in Chinese)
- [38] WANG M, TU L, LIN M, LIN Z, WANG P, YANG Q, YE Z, SHEN C, LI J, ZHANG L. Asymmetric subgenome selection and cis-regulatory divergence during cotton domestication. *Nature Genetics*, 2017, 49(4): 579-590.
- [39] MA Z, HE S, WANG X, SUN J, ZHANG Y, ZHANG G, WU L, LI Z, LIU Z, SUN G. Resequencing a core collection of upland cotton identifies genomic variation and loci influencing fiber quality and yield. *Nature Genetics*, 2018, 50(6): 803-813.

(责任编辑 李莉)