

1987

棉花育种基础研究论文集

PROCEEDINGS OF SYMPOSIUM ON
COTTON BREEDING BASIC RESEARCH

马家璋 主编

Edited by Ma Jiazhang

学 术 期 刊 出 版 社

Academic Periodical Press

62.03
31

棉花育种基础研究论文集

马家璋 主编

学 术 期 刊 出 版 社

内 容 提 要

1987年8月由中国农学会棉花学会和中国农业科学院棉花研究所联合召开了“棉花育种基础研究学术讨论会”。此次会议是以“七五”期间国家重点科技攻关项目75-02-07-03 专题为背景的。本论文集的论文就是从提交给这次会议的32篇论文和6篇译文中遴选出来的。列选的这些论文基本能反映我国当前该项研究的概貌，并在某些方面已跻身于世界先进行列。

棉花育种基础研究论文集

马家璋 主编

*

学术期刊出版社出版

(北京海淀区学院南路86号)

新华书店北京发行所发行 各地新华书店经售

*

开本: 787×1092毫米 1/16 印张: 8.25 字数: 204千字

1989年1月第1版 1989年1月第1次印刷

印数: 1—1490册 定价: 2.90元

ISBN 7-80045-184-4/S·30

前 言

我国有组织地、系统地进行棉花育种基础研究,虽然起步晚,起点低,但是通过近十来年的努力,进展较快,并已取得一批水平较高的成果或阶段性成果。

1987年8月,中国农学会棉花学会和中国农业科学院棉花研究所联合在成都主持召开了以“七五”期间国家重点科技攻关项目75-02-07-03专题为背景的“棉花育种基础研究学术讨论会”。我国召开这类性质的专业学术讨论会还属首次。会议共收到学术论文32篇。此外,还收到与本学科有关的译文6篇。通过这批学术论文,比较全面地反映了当前我国该项研究的概貌。从论文集中我们可以高兴地看到,在某些方面我国已经跻入世界先进行列。当然,仍有不足之处,有待于在今后工作中改进和提高。

编入本论文集中的论文是从会议收到的32篇论文中精选出来的。已在或将在其它刊物上公开发表的,或与已发表过的内容大同小异的均未选入。

出版这本论文集的目的,是希望加强国内和国际间的学术交流,同时也为改进棉花育种工作提供服务。随着我们研究工作的推进和深化,今后还将有计划地继续出版这类论文集,用以向全社会展现我国这项研究工作的进展实况。

每篇论文都是依据作者的原稿,在主要方面我们未进行加工,文责由作者自负。

但是,限于我们的水平,在编辑工作上的差错,欢迎读者批评指正。

75-02-07-03专题主持人

马家璋

梁正兰

1988年6月

目 录

棉花育种方法研究.....	马家璋 (1)
棉属染色体组研究的进展.....	季道藩 (8)
棉花对红铃虫抗性的鉴定及抗性的遗传研究.....	孙济中 张金发 (19)
棉花育种保持基因流动性杂种种质库的建设.....	张凤鑫 刘明钊 梅选明 蒋新河 (27)
陆地棉纤维品质性状的遗传分析.....	周雁声 梁诗锦 赵 辉 蔡艾君 (34)
陆地棉杂交亲本选配规律的研究 II 杂交亲本遗传差异与杂种一代的表现.....	承泓良 刘桂玲 唐灿明 (40)
陆地棉芽黄指示性状的杂种优势利用研究 I 杂种优势和天然异交率 (初报)	王学德 潘家驹 (45)
棉花苞叶的形态解剖和遗传分析.....	夏 冰 季道藩 许复华 (53)
棉花黄萎病抗性遗传研究初报.....	蒯本科 潘家驹 (59)
棉属10个野生种与栽培种杂交成功并获得新种质资源.....	梁正兰 姜茹琴 钟文南 (55)
陆地棉(<i>G. hirsutum</i>) × 亚洲棉(<i>G. arboreum</i>) × 斯特提棉(<i>G. sturtianum</i>) 杂种及其 后代遗传性状研究.....	胡绍安 (72)
棉属(<i>Gossypium</i>) 不同种花药形态结构的比较研究.....	刘金兰 聂以春 (82)
种属(<i>Gossypium</i>) 不同种及其杂种一代过氧化物酶同工酶的分析	孙传渭 梁正兰 姜茹琴 钟文南 (90)
棉花细胞培养植株再生与植物体细胞克隆变异.....	陈志贤 李淑君 焦改丽 岳建雄 (97)
棉属8个种和种系的胞质对陆地棉基因型经济性状影响的初步研究	韦贞国 罗翠云 (103)
陆地棉 × 瑟伯氏棉杂种后代主要经济性状的遗传分析.....	牛永章 张原根 李炳林 张伯静 (108)
棉花愈伤组织长期培养体胚胎发生的观察.....	吴敬音 陈卫平 殷淑贞 (113)
棉属核型分析方法的研究.....	彭跃进 钱思颖 黄骏麒 应苗成 陈 松 徐英俊 (119)

CONTENTS

A study of breeding method in cotton	Ma Jiazhang (1)
Advances in studies on genome in <i>Gossypium</i>	Ji Daofan (8)
Pink bollworm resistance of cotton, Its evaluation and inheritance.....	Sun Jizhong and zhang Jinfu (19)
Hybrid germplasm pool construction with maintaining gene flow in cotton breeding.....	Zhang Fengxin, Liu Mingzhao, Mei Xuanming and Jiang Xinhe (27)
Gentic analysis of fiber traits in upland cotton(<i>Gossypium hirsutum</i> L.)	Zhou Yansheng, Liang Shijin, Zhao Hui and Cai Aijun (34)
Studies on selection of parents for hybridization programme II. Genetic divergence and F ₁ 's performance.....	Cheng Hongliang, Liu Guiling and Tong Zhanming (40)
Study on <i>virescent</i> indicative character applied to intraspecific heterosis in upland cotton I. Heterosis, combining ability and natural crossing percentage.....	Wang Xuede and Pan Jiaju (45)
The morphological anatomy and genetic analysis of bract characters in cotton	Xia Bing, Ji Daofan and Xu Fuhua (53)
A preliminary report of researches on the inheritance of <i>verticillium</i> wilt resistance in cotton.....	Kuai Benke and Pan Jiaju (59)
Studies on interspecific hybrids and new germplasm materials of ten wild species×cultivated cottons in <i>Gossypium</i>	Liang Zhenglan, Jiang Ruqin and Zhong Wennan (65)
The genetic studies on some characteristics in the offsprings of triple hybrid, <i>G. hirsutum</i> × <i>G. arboreum</i> × <i>G. sturtianum</i>	Hu Shaoran (72)
A comparative study on the morphology and structure of the anthers of different <i>Gossypium</i> species.....	Liu jinlan and Nie Yichun (82)
Isoelectric focusing analysis of peroxidase isozymes of the species and their hybrids in the genus <i>Gossypium</i>	Sun Chuanwei, Liang Zhenglan, Jiang Ruqin and Zhong Wennan (90)
Plant regeneration in upland cotton cell culture and somaclonal variation in plants.....	Chen Zhixian, Li Shujun, Jiao Gaili and Yue Jianxiong (97)
Studies on effects of eight different cytoplasms of <i>Gossypium</i> spp. and races on economic characters of upland cotton genotype.....	Wei Zhengguo and Luo Cuiyun (103)

Genetic analysis of main economic characters of the hybrid progeny between <i>G. hirsutum</i> and <i>G. thurberi</i>	
.....Niu Yongzhang, Zhang Yuangen, Li Binglin and Zhang Baijing (108)	
Observation on embryogenesis from long-term cultures of cotton	
.....Wu Jingyin, Chen Weiping and Ying Shuzeng (113)	
Studies on method of karyotype analysis for <i>Gossypium</i> species	
.....Peng Yaojin, Qian Siying, Huang Junqi,	
.....Ying Miaocheng, Chen Song and Xu Yingjun	(119)

棉花育种方法研究

马家璋

(中国农业科学院棉花研究所)

提 要

回顾了棉花育种方法的发展后指出,当前仍以杂交育种为主,但由于对新品种要求的水平愈来愈高,育种目标愈来愈多,因此育种难度也愈来愈大。这是因为在不少经济性状之间存在着遗传上负的联系。育种方法研究的任务就是探讨如何打破这种联系,为出现理想基因重组体提供更多机会。本文综述了本研究已经取得的进展。我国这几年也先后开展了修饰回交、聚合杂交、多抗育种体系和混选-混交体系等研究,并都取得进展。文中着重介绍了混选-混交体系的主要点和研究重点。

一、问题的提出

棉花和其它大田作物一样,随着技术进步,育种方法也在不断发展。例如,系谱选择、杂交、回交、诱变、杂种优势利用、花粉培养和最近兴起的遗传工程等。

系谱选择在棉花早期育种阶段曾起过很大作用。美国有名的斯字棉系统的育成就是一个突出例子^[6]。我国60年代和70年代初育成的品种,其中大部分,如徐州209、徐州1818、中棉所2号、中棉所3号、沪棉204、洞庭1号等也都是用这种方法育成的。它是利用现在推广品种群体中发生的自然变异或残留的遗传变异,选择其中优异单株培育成新品种。其机率极少,但一旦选得后,就能比较快地育成品种。1979年, Meredith, Jr. 和 Culp^[19]曾指出,在过去的20多年,棉花系谱选择育种没有取得多大进展,其原因可能是由于棉田广泛使用杀虫剂,消灭了大量传粉媒介,从而降低了异交率的结果。诱变育种在棉花上成功的例子不多。棉花杂种优势利用的前景很难象玉米那样乐观。棉花培育种一直没有突破。遗传工程技术运用于棉花育种还要下很大力气。所以,现在棉花育种运用最多和最普遍的方法仍然是杂交育种。回交法是从杂交育种中派生出来的,对改进单一性状效果明显。远缘杂交法也是从杂交育种中派生出来的。由于亲本间的亲缘关系比较远,故在育种实践上存在两大难题,一是亲本的不亲和性;二是后代的不育性。近几年对此已研究出一系列克服手段,因此,加快了远缘杂交的进展。

棉花育种不管采用什么方法,育种程序归纳起来大致是3个步骤:发现或创造变异,选择变异,稳定变异。新变异是育种的前提。但是新变异不一定都能符合人们的育种目标。

从当前来说,棉花育种目标至少应包括3个基本要素:高产、优质、抗(耐)枯黄萎病。早熟是为了保证优质。今后还要在这些遗传背景上逐步增加多逆抗性。遗传理论和育

种实践证明, 育种目标愈多, 要求愈高, 难度也愈大。这是因为在不少经济性状之间存在着遗传上负的联系。所以, 只有先打破这种联系, 为理想的基因重组提供机会, 才有可能选得新的优异变异。在经济性状之间存在的遗传上负的联系究竟是什么原因造成的? 现在研究得还不深透。它们可能是由于连锁, 也可能是由于基因多效性, 还可能是由于两者的共同作用[1,2,17]。一般认为, 可能连锁是主要的[1,2]。这为打破某些经济性状间的遗传上负的联系指出了希望, 但难度较大。基因多效性的本质可能是某些基因控制的一个共同的基本生理效应为两个以上的表现型性状所共享[17]。通过遗传操纵来改变这种生理关系的难度更大。

棉花育种方法研究旨在探索打破育种目标要求达到的经济性状之间遗传负的联系遗传改良途径, 建立一个新的育种体系, 能最有效地打破负的联系, 提供更多机会获得理想性状和谐的重组体, 选出优异单株, 培育人们期望的新品种。

二、取得的进展

1967年, Miller等[20]采用在棉花育种群体中进行相互交配的方法, 希望打破经济性状间遗传上负的联系。他们以陆地棉高产商品品种帝国棉同高纤维强度的三种间杂种TH131-5杂交, 从 F_2 代开始, 在自然杂交率很高(50%左右)的北卡罗来纳州的一个隔离区内, 在群体内进行混合随机相互交配, 共进行了6代。然后比较分别由 F_6 代和原初的 F_2 代种子种成的 F_7 代和 F_3 代群体。在这两个群体中各随机选取96个单株进行自交。比较这两个类型的自交后代。结果证明, 利用这种方法相互交配的比原初群体的皮棉产量有所增加, 纤维强度(T_1)有所降低, 但两者的相关系数(r)已从原初群体的 -0.69 下降到 -0.35 。1959年, Hanson[13]曾根据理论计算, 提出在自交之前进行至少1轮或多轮, 最好是4轮的相互交配, 可保证达到打破连锁的程度, 增加重组。这样的相互交配轮次数, 对含有不适合亲本的广泛杂交更为重要。

1971年, Meredith, Jr.等[18]在Miller等研究的基础上, 为检验在来自三种间杂种材料的群体中进行相互交配能否进一步减少非期望的遗传关联, 设计了下列试验: 以陆地棉商品品种斯字棉7A同三种间杂种Pee Dee 165杂交, 然后对来自一个杂交株的 F_2 代自交了150株, 将各株的自交种子种成150个后代行。每个后代行取两株同其他 F_3 后代行的两株进行杂交。这样总共有300株用来进行150个杂交, 产生第1轮相互交配代。混合和播种这些相互交配的种子。用其中的500株进行250个杂交, 产生第2轮相互交配代。从第2轮相互交配株取1粒种子混合播种。从中选择96个单株自交, 收获其种子组成相互交配群体。所有的杂交都是随机的。残留的 F_1 种子保留一部分贮藏在冷库中, 在上述进行第2轮相互交配后准备自交时同时播种, 并也选择96株进行自交。将从这两种方式产生的自交种子种成两个群体, 进行比较。结果是, 测试中的某些性状两类群体的平均差异小, 但显著。表明在相互交配群体中发生了选择或有关联的上位性。基因型方差在两个群体间几乎相等。但是通过相互交配降低了皮棉产量同纤维强度之间的遗传负相关(r 值从原始群体的 -0.54 降低到 -0.38)。

1977年, Meredith, Jr.[16]曾利用回交来打破皮棉产量同纤维强度间的遗传负相关取得了一定成效。他以三种间杂种遗传背景的复合材料作为供体亲本, 陆地棉高产商品品种

岱字棉16作为轮回亲本，进行了3轮回交。每轮回交只按纤维强度选择亲本，以保持高纤维强度基因，控制高产的基因是通过轮回亲本来保持的。试验结果表明，在回交家系中选择皮棉产量同纤维强度结合得较好的后代是有效的，但回交并不能根本改变这两个性状之间负相关的基本遗传关系。

Culp 和 Harrell 等[4, 6~11]从 1946 年开始研究将三种间杂种的高纤维强度转移到陆地棉中去，希望同步提高新材料或新品种的皮棉产量和纤维强度。他们通过30年的努力，已将皮棉产量和纱强的相关系数(r)从 -0.928 改变为 $+0.448$ ，育成并发放了30多个Pee Dee种质系和3个品种：SC-1、PD-1和PD-2。

Culp 等对改进皮棉产量和纤维品质的育种，归纳起来曾经采用过3种方法。

第一种是修饰性相互交配和选择。大部分Pee Dee系都是用此法育成的。这种方法的基本点是：(1)在杂种后代的品系间多次进行相互交配并结合选择，选择的项目有单株铃数、株型、衣分、铃重、纤维特性和纱强，淘汰 F_2 和 F_3 单株以及 F_4 后代行，在以后世代有重复的性能试验中再测定这些性状和产量；(2)根据需要多次补充异型杂交，随后重复(1)的程序。

第二种是修饰性回交。利用一个材料同时与另外两个材料杂交。这两个杂交后代再分别自行回交。在基本经过3轮回交的两个后代间再进行复合杂交。选择它们之中突出的后代进行混合，育成了有希望的中间种质。Pee Dee4461 (Q系)就是采用此法育成的。据介绍，这种方法使抗虫育种、细胞质雄性不育棉花花粉育性恢复育种以及同步改良皮棉产量和纤维品质育种有了希望和可能。

第三种是随机相互交配。将杂种种子分种成两区，一区作母本，另一区作父本。随机选取等量的株数，母本株每株只选一朵花去雄授粉，父本株也只选一朵花混合其花粉给母本授粉。每年要做2 000多个这样的杂交。随机相互交配的种子用作新的种质库，再重复上述过程。但遗憾的是他们并未能从中获得理想的结果。

美国加利福尼亚州夏福特试验站的爱字棉育种计划，从杂交组合ATE-1×爱字棉1517 D育成爱字棉SJ-1、爱字棉SJ-2、爱字棉SJ-3、爱字棉SJ-4、爱字棉SJ-5和爱字棉SJC-1。所有这批再次改进的品种都是在这个材料内利用本质上是修饰性相互交配法育成的[4]。美国在选育比马棉的计划中，比马棉S-1是利用海岛型棉、比马棉、坦奎斯棉和斯字棉进行相互交配育成的。而比马棉S-2、比马棉S-4、比马棉S-5都是通过补充的修饰性相互交配和选择育成的。至于比马棉S-3是得自得克萨斯州埃尔派梭育种方案，也是由大量有希望的品系和品种之间相互交配育成的[4]。

此外，Jensen曾于1970年[14]提出禾谷类作物运用双列选择交配法。1982年，Frey等[12]提出不论是异花授粉或自花授粉作物，也不论确定性状的基因作用属什么类型，都可应用轮回选择来改良数量性状，并且轮回选择也能比一轮选择在连锁的等位基因间得到较多的重组。1982年，Frey等[12]还提出禾谷类作物可利用油菜育种已取得成效的分裂交配（尤其是对相斥连锁性状）。1971年，Meredith, Jr.等[18]提出在早期世代采用修改的集团法。1958年，Al-Jibouri等[5]提出选择指数法。他们设想运用这些育种方法有可能打破经济性状间遗传负的联系，但对棉花都还缺乏实践结果的评价。

近几年，国内也已开始重视如何能和谐地结合诸多优良经济性状的棉花育种方法研究。

王顺华等(1986)[3]报道了修饰回交法在棉花新品种选育中打破丰产与早熟，丰产与

耐黄萎病性在遗传上负的联系有明显效应。经3轮回交后,相关系数(r)前者从 -0.90 改变为 $+0.06$;后者从 -0.51 改变为 $+0.21$ 。此法基本上是沿用了Culp等介绍的方法。

王志华等、刘林等、周雁声等正在利用较多具有不同优良经济性状的亲本,进行棉花聚合杂交育种,希望打破连锁,获得理想重组体。但尚未见具有实质性进展的报道。

张凤鑫等从1982年开始,进行棉花多抗育种体系,建立流动基因库的研究,并已选出一些抗枯黄萎病性和抗菌病性较好,并且丰产优质的材料。他们认为,通过单交后再进行广泛互交,是打破连锁,实现基因重组的有效方法,也是进行多抗、优质、丰产育种的基础。他们设计的种子抗霉变-接种菌病-接种枯萎-接种黄萎-多抗个体互交的轮回筛选法,是在Bird的MAR 育种体系基础上的新发展。

马家璋等从1982年开始,正在探索棉花混选-混交育种体系研究。希望通过混交打破连锁,通过混选增加理想重组体的出现机率。

三、混选-混交育种体系

棉花育种混选-混交体系的基本点是:

1.建立遗传基础比较丰富的育种材料。具体做法是尽可能多地采取多亲本复合杂交,或选取原来就是复交育成的材料做亲本。

2.在自己育成的中间材料群体间多次进行补充杂交。其目的是对中间材料群体某些表现还不够理想的性状进行改进。

3.根据遗传力大小在不同世代对不同性状进行选择。先根据综合表现淘汰组合,再入选组合内根据单株表现选择单株。遗传力高的性状着重在低世代汰留;遗传力低的性状偏重在高世代汰留。

4.保持群体的基因频率。入选单株或混交单株每株等量摘收1或2铃,混合留种。

5.大陆混选-海南混交组成一个轮次。利用在大陆性状表现的实际性,选择工作全部在大陆进行。利用在海南岛冬季成铃率高、异交率高的优势,混交工作主要在海南岛进行,并结合加代。

6.进行多轮次的混选-混交。目前进行3轮。因此,在 F_3 代严格选择单株留种,进行以后的株行、株系等产量和其他性能比较试验。

棉花育种混选-混交体系正在进行的研究工作主要是两个:完善混选-混交育种体系和探索该体系的遗传改良效应。

1.完善混选-混交育种体系

从4个方面着手:

(1)现在采用的混交是群体内不去雄混交。主要是模拟天然杂交,增加群体内异交的机会,同时考虑这种方式简便易行,便于推广。但也怀疑这种混交方式到底能保证多少异交率?因此,已开始以遗传标准系TM-1作母本,用3个显性突变体材料 L_0 、 R_1 、 N_1 和TM-1作为混合父本(等量)进行去雄和不去雄混交试验,用以检定不去雄混交的异交率。同时从第1轮混交开始,选取若干组合同时进行去雄和不去雄混交,以后连续3轮,比较打破连锁的遗传效应。

(2)目前的混选-混交体系决定3轮并没有足够的理论根据。因此应在理论和实践上弄清什么是最佳轮次？可否少于3轮？还是必须多于3轮？哪一种轮次可提供更好的遗传效应？

(3)在入选组合的群体中选择单株时，对纤维品质的选择因原来的测定手段效率低，不可能在送海南岛冬季南育之前的很短时间内测完大量单株，所以，只能凭经验在田间以感观决定取舍。实践证明，这种方式的遗传改良效果没有稳定可靠的基础。今后将对 F_2 代入选组合中田间初选单株的全部皮棉样品，用大容量900系列进行全面的纤维品质测定，入选和混合纤维品质好的单株，形成一轮混选群体。

(4)试图在 F_2 代及其以后世代，主要淘汰综合性状不理想的组合，在入选组合群体内，除淘汰个别表现极差的劣株外，一般仍保持群体多样性的遗传频率，使能有更广泛的混交机会。选择的重点只放在最后一轮的严格单株选择上。希望能提供更优异的遗传改良效应。这样做的根据是Frey等(1982)^[12]提出的分裂交配，以及McCall等(1986)^[15]提出的多方位选择，可以扩大群体中的遗传变异幅度和增加打破连锁及获得理想重组体的机率。

2. 混选-混交育种体系遗传改良效应研究

这个育种体系遗传改良的总体效应是反应在育成的新品种上。一是新品种的水平和综合性状是否突出？是否明显地比其他育种方法育成的品种优异？二是育种的效率(成功率)是否明显地比其他育种方法高？

这个育种体系的子效应包括：(1)打破经济性状间遗传连锁效应；(2)育种目标经济性状的同步提高效应；(3)生理生化基础效应。经济性状间遗传连锁虽已被打破，但不一定能反应它们能否同步提高。同步提高是育种的目的。打破连锁是为了同步提高。生理生化过程是生命现象的基本反应。探索遗传改良的生理生化基础，一方面可以深化对遗传改良效应的认识；另一方面也可使混选-混交育种体系具有实践的广泛性。所以，子效应的研究是相互联系的。

总之，通过混选-混交育种体系研究希望三出：出方法、出品种(验证方法)、出理论(阐明和指导方法)。

参 考 文 献

- [1] 马家璋, 1984. 棉花的高产和纤维育种。棉铃发育、棉子品质和育种方法论文选译。中国农业科学院棉花研究所, 170~183页。
- [2] 马家璋, 1985. 棉花综合品种选育及其基础研究。农业科学导报, 2: 7~15。
- [3] 王顺华, 1986. 修饰回交法培育棉花品种初步研究。中国棉花6: 10~12。
- [4] Culp, T.W., 1984(马家璋等译)。美国棉花育种技术进展, 农业出版社(即将出版)。
- [5] Al-Jibouri, H. A., P. A. Miller, and H. F. Robinson, 1958. Genotypic and environmental variance and covariance in an upland cotton cross of interspecific origin. Agron. J. 50: 623~636.
- [6] Culp, T.W. 1982. The present state of the art and science of cotton breeding for fiber quality. Proceedings Beltwide Cotton Production Research Conference (1982): 99~111.
- [7] Culp, T.W., and D.C. Harrell, 1971. Probability of obtaining reliable estimates of yield and quality in early tests of upland cotton, *Gossypium hirsutum* L. Agro. Abstr. 71: 5.
- [8] Culp, T.W., and D.C. Harrell, 1973. Breeding method for improving yield and fiber quality of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Crop Sci. 13: 686~689.
- [9] Culp, T.W., and D. C. Harrell, 1974. Breeding quality cotton at the Pee Dee Experiment Station, Florence, S.C. USDA publ. ARS-S-30.
- [10] Culp, T.W., and D. C. Harrell, 1977. Yield and fiber quality improvements in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). S.C. Agri. Exp. Stn. Techn. Bull. 1061.
- [11] Culp, T.W., D. C. Harrell, and T. Kerr, 1979. Some genetic implications in the transfer of high fiber strength genes to upland cotton. Crop. Sci. 19: 481~484.
- [12] Frey, K. J. and C.F. Cutiss, 1982. Breeding approaches for increasing crop yields, International rice Research Conference (1982). p.47.
- [13] Hansen, W. D., 1959. The breakup of initial linkage blocks under selected mating systems. Genetics 44: 875~878.
- [14] Jensen, N. F., 1970. A diallel selective mating system for cereal breeding. Crop Sci. 10: 629~635.
- [15] McCall, L.L., L.M. Verhalen, and R.W. McNew, 1986. Multidirectional selection for fiber strength in upland cotton. Crop Sci. 26: 744~750.
- [16] Meredith, W.R., Jr., 1977. Backcross breeding to increase fiber strength of cotton. Crop Sci. 17: 172~175.
- [17] Meredith, W.R., Jr., 1984. Qualitative genetics, in cotton. pp. 132~150. ASA, CSSA, SSSA.
- [18] Meredith, W.R., Jr. and R.R. Bridge, 1971. Breakup of linkage blocks in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Crop Sci. 11: 695~697.
- [19] Meredith, W.R., Jr., and T.W. Culp, 1979. Influence of longevity of use on cotton cultivars' performance. Crop Sci. 19: 654~656.
- [20] Miller, P.A., and J.O. Rawlings, 1967. Breakup of initial linkage blocks through intermating in a cotton breeding program. Crop Sci. 7: 199~204.

A STUDY OF BREEDING METHOD IN COTTON

Ma Jiazhang

(Institute of Cotton, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang, Henan Province)

ABSTRACT

After reviewed the development of breeding method of cotton, it has pointed out that the main method is still hybridization today. But, owing to requests to make of new cultivar level get higher and higher, and to breeding projects get more and more the difficulty of breeding gets greater and greater too. It is due to that there is negative association between many economical traits. The mission to study breeding method is exactly to break this association, and to supply more opportunities for genes recombination. The headways of this study made by P. A. Miller W. D. Hanson, W. R. Meredith, Jr., T. W. Culp, and D. C. Harrell et al. have been summarized in this paper. In recent years, studies concerning modified back cross, polymerized cross, multi-adversity resistance breeding system, and mass selection-mass cross system have been launched early or late, and all have made fair progress in our country. In this paper, emphatically recommend the main points of mass selection—mass cross system and the focal points of its research work.

棉属染色体组研究的进展

季 道 藩

(浙江农业大学)

提 要

本文综述了棉属 (*Gossypium*) 染色体组的类别及其相互关系研究的进展。全文包括 4 个方面: (1) 染色体组的划分。根据各棉种的地理分布、核型分析和可交配性, 把二倍体棉种划分为 A、B、C、D、E、F 和 G 染色体组, 把四倍体棉种确定为由 A 和 D 染色体组所组成。(2) 二倍体棉种的核型分析。分别介绍 A、C、D、F 和 G 染色体组的核型研究资料。

(3) 四倍体棉种的核型分析。介绍两个四倍体栽培棉种的核型研究资料。(4) 染色体组的演化。根据各染色体组的染色体大小, 核内 DNA 含量和染色体组间杂种的单价体频率, 讨论了哪个染色体组是棉属的祖先。最后讨论了四倍体棉种的 AD 染色体组的来源问题。

染色体组是棉属 (*Gossypium*) 分类中重要的细胞学依据。研究棉属染色体组内和组间染色体的形态、结构、数目和动态, 即研究各棉种的核型, 不仅有助于鉴别和阐明棉种间的亲缘关系及其分类和进化的机理, 而且对于种质资源在杂交育种中的利用具有重要的指导意义。

自从苏联 A. Nikolajeva (1923) 和英国 H. J. Denham (1924) 先后观察和报道了旧世界和新世界栽培种的染色体数目分别为 $2n = 26$ 和 $2n = 52$ 以后, 许多学者广泛采集棉种进行了细胞学的研究。苏联 G. S. Zaitzev (1928) 首次把棉属中有纤维的棉种按染色体数目区分为二倍体和四倍体棉种两大类。美国 J. O. Beasley (1940, 1942) 进一步总结前人和他自己的种间杂种资料, 最先提出棉属中各棉种染色体组的划分, 为棉属的细胞分类学 (Cytotaxonomy) 奠定了基础。随着细胞学研究技术的发展, 棉属染色体组的研究已从种间杂种减数分裂细胞的染色体配对分析, 扩展到体细胞的核型分析, 核酸分析及一些生化指标的分析。这些研究成果更有利于棉种间染色体组的识别, 以及棉属分类和进化问题的探讨。

现就近年来国内外有关棉属染色体组的研究文献综述如下。

一、染色体组的划分

棉属染色体组的划分标准, 长期采用 J. O. Beasley (1940^[13], 1942^[14]) 提出的原则: 参照棉种的地理分布, 更主要的是根据种间杂交能否产生杂种 F_1 , 以及 F_1 植株的花粉母细胞在减数分裂时染色体正常配对的情况。一般在同一地区分布的棉种, 如种间杂交可育, 且其 F_1 在减数分裂时染色体能高度正常地配对, 则列为同一染色体组; 反之, 则列为不同的染色体组。J. O. Beasley 根据当时细胞学的研究成果, 把分布在非洲、亚洲、澳大

利亚、美洲和阿拉伯等地的二倍体棉种划分为A、B、C、D、F5个染色体组，并以字母的脚注号码代表同组内的不同棉种，例如草棉(*G. herbaceum*)和亚洲棉(*G. arboreum*)分别以A₁和A₂表示之。J.O. Beasley通过新世界的四倍体棉种细胞学研究，证实了A. Skovsted (1934) [38]早期的推论，即四倍体棉种是原产于亚洲和美洲的二倍体棉种杂交产生的双二倍体。因此，他当时即把四倍体棉种解定为AD复合的染色体组。

60年代以来，棉花种间杂种的染色体动态分析和核型分析日益深入。L. L. Phillips和M. A. Strickland (1966) [32]根据陆地棉与东非原产的长萼棉(*G. longicalyx*)杂交后代F₁的三倍体和人工合成的六倍体的染色体配对的特出表现，把原列为E染色体组的*G. longicalyx*改列为新的F染色体组。G. A. Edwards和M. A. Mirza (1979) [19]根据澳大利亚原产的比克氏棉(*G. bickii*)的核型分析，把原列为C染色体组的*G. bickii*另列为新的G染色体组。故迄今棉属中已确定二倍体棉种有A、B、C、D、E、F和G 7个染色体组；四倍体棉种有AD 1个复合的染色体组。

在棉属分类上，目前普遍认为棉属包括39个种，其中二倍体棉种33个，异源四倍体棉种6个，现按棉种的染色体组及其分布地区，把棉属分类归并列成表1。

表1 棉属染色体组的类别及其包括的棉种和分布地区

染色体组	首次确定的作者和年份	已 确 定 的 棉 种	尚未确定的棉种	分 布 地 区
A	J.O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. herbaceum</i> (A ₁) <i>G. arboreum</i> (A ₂)	—	非洲和亚洲
B	J.O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. anomalum</i> (B ₁) <i>G. triphyllum</i> (B ₂) <i>G. capitata-viridis</i> (B ₃)	—	非洲北部和南部
C	J.O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. sturtianum</i> (C ₁) <i>G. sturtianum</i> var. <i>nandewarrence</i> (C _{1-n}) <i>G. robinsonii</i> (C ₂)	<i>G. australe</i> <i>G. costulatum</i> <i>G. populifolium</i> <i>G. cunninghami</i> <i>G. pulchellum</i> <i>G. nelsonii</i> <i>G. pilosum</i>	澳大利亚
D	J.O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. thurberi</i> (D ₁) <i>G. armouriaum</i> (D ₂₋₁) <i>G. harknessii</i> (D ₂₋₂) <i>G. davidsonii</i> (D _{3-d}) <i>G. klotzschianum</i> (D _{3-k}) <i>G. aridum</i> (D ₄) <i>G. raimondii</i> (D ₅₋) <i>G. gossypoides</i> (D ₆) <i>G. lobatum</i> (D ₇) <i>G. trilobum</i> (D ₈) <i>G. laxum</i> (D ₉)	<i>G. turneri</i>	中美洲和南美洲
E	J.O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. stocksii</i> (E ₁) <i>G. somalence</i> (E ₂) <i>G. areysianum</i> (E ₃) <i>G. incanum</i> (E ₄)	—	阿拉伯、巴基斯坦、非洲东北部 阿拉伯南部

续表1

染色体组	首次确定的作者和年份	已 确 定 的 棉 种	尚未确定的棉种	分 布 地 区
F	L. L. Phillips & M. A. Strickland (1966)	<i>G. longicalyx</i> (F ₁)	—	非洲东部
G	G. A. Edwards & M. A. Mirza (1979)	<i>G. bickii</i> (G ₁)	—	澳大利亚中部
AD	J. O. Beasley (1940, 1942)	<i>G. hirsutum</i> (AD) ₁ <i>G. barbadense</i> (AD) ₂ <i>G. tomentosum</i> (AD) ₃ <i>G. mustelinum</i> (AD) ₄ <i>G. darwinii</i> (AD) ₅ <i>G. lanzeolum</i> (AD) ₆	—	中、南美洲

由表1可见, 在39个棉种中, 研究确定染色体组的为31个; 其中二倍体棉种为25个, 四倍体棉种为6个, 未确定染色体组的有8个, 其中澳大利亚棉 (*G. australe*) 等7个棉种属于澳大利亚原产的野生二倍体, 均暂列于C染色体组; 另一个是墨西哥原产的野生二倍体特纳氏棉 (*G. turneri*), 暂列于D染色体组。

二、二倍体棉种的核型分析

在上述的二倍体棉种7个染色体组中, 除B、E组缺少核型分析的系统资料, 其余均有研究报道。研究较多的是A和D染色体组, 因为它们是四倍体棉种 (AD) 染色体组的供体, 现就有关研究报道分述如下:

1. A染色体组

A染色体组包括*G. herbaceum*和*G. arboreum*两个栽培种。L. G. Arutjunova (1936) [12]、P. Abraham (1940) [11]、K. T. Jacob (1942) [24]、S. M. Sikka等 (1944) [36]和S. S. Sadykov和P. Kh. Kalikov (1973) [33]等都先后对它们的染色体组作了观察和描述。G. A. Edwards (1977) 曾作了*G. herbaceum*核型分析的专文报道, 指出它的核型公式为 $2n = 2x = 26 = 22m (4SAT) + 4sm$, 染色体总长度为 66.54μ , 染色体平均长度为 2.65μ , 具有2对随体染色体, 聂汝芝等 (1985) 报道, *G. herbaceum*的核型公式为 $2n = 2x = 26 = 18m + 4sm + 4st (4SAT)$, 指出其第11、12对染色体上具有随体。如果把其随体长度记入短臂长度, 则其核型公式可写为 $2n = 2x = 26 = 18m + 6sm (2SAT) + 2st (2SAT)$ 。这样所观察的结果即与G. A. Edwards的资料比较近似。

我国近年来对*G. arboreum*核型分析的研究较多, 据吴一民等 (1984) 报道, 单个染色体组的染色体总长度为 28.31μ , 平均染色体长度为 2.18μ , 按所观测的各条染色体的臂比, 其核型公式为 $2n = 2x = 26 = 10m + 16sm (4SAT)$; 并且观测到在第7、12对染色体上具有随体。聂汝芝等 (1985) 进行了*G. arboreum*的核型分析, 获得的核型公式为 $2n = 2x = 26 = 18m + 6sm (2SAT) + 2st (2SAT)$; 其随体染色体与他们所观测的*G. herbaceum*的结果一致, 也是在第11、12对染色体上具有随体, 这一核型公式与他们所分析的*G. herbaceum*的核型公式仅有1对st染色体的差别, 如果把第12对染色体 (其臂比为2.98) 划为st染色体,