

Valkova, N. (2017). Genetic distance between new Bulgarian cotton varieties. *Rastenievadni nauki (Bulgarian Journal of Crop Science)*, 54(1), 46–52 (Bg).

Генетична отдалеченост между нови български сортове памук

Нели Вълкова

Институт по полски култури, Чирпан

E-mail: nelivalkova@abv.bg

Резюме

Целта на изследването е да се установи генетичната отдалеченост на девет нови сорта памук на основата на пет стопански признака. В експеримента са включени сортовете Хелиус, Тракия, Бояна, Вики, Филипополис, Крис, Пловдив, Деница и Сириус. Сортовете са с различен произход и са получени чрез прилагането на различни методи. Полските опити са проведени през периода 2013-2015 г. в Института по полски култури – Чирпан по стандартната технология за отглеждане на памука. За установяване на генетичната отдалеченост между тях са проследени признаците: общ добив неомаганен памук, маса на кутийката, рандеман и дължина на влакното, височина на залагане на първа плодна клонка. Приложени са мултивариантни методи – клъстерен и РС-анализи. Клъстерният анализ, основан на стопанските качества на сортовете, потвърди генетичните различия между тях. Резултатите показват, че по генетично сходство сортовете се групират в три клъстера. Високодобивните сортове Хелиус, Сириус и Крис са генетично близки и попадат в първия клъстер. Най-отдалечени от тях са сортовете Вики, Деница и Чирпан-539. Кръстосването на генетично сходни сортове ще гарантира по-бърз селекционен напредък. Хибридизацията между групите „Хелиус, Сириус, Крис” и „Вики, Деница, Чирпан-539”, които са генетично силно отдалечени, ще създаде по-голямо генетично разнообразие.

Ключови думи: памук; селекция; сортове; генетична отдалеченост; стопански признаци

Genetic distance between new Bulgarian cotton varieties

Neli Valkova

Field Crops Institute – Chirpan

E-mail: nelivalkova@abv.bg

Abstract

The aim of this investigation was to establish the genetic distance of nine new cotton varieties based on five agronomic traits. The experiment includes the varieties Helios, Trakia, Boyana, Viki, Philipopolis, Kris, Plovdiv, Denitsa and Sirius. The varieties are with different origin and are obtained by applying different breeding methods. In 2013-2015 in the Field Crops Institute in Chirpan field trials were carried out according to the adopted cotton growing technology. Total yield (kg/da), boll weight (g), lint percentage (%), fiber length (mm) and height of first fruit branch (cm) were determined. Multivariate methods - cluster and PC analyzes - were used. The cluster analysis based on the agronomic properties of the varieties confirmed the genetic differences between them. The results showed that in genetic similarity, varieties are grouped into three clusters. The high yielding varieties Helios, Sirius and Kris are genetically related and fall into the first cluster. The most distant among them are the varieties Viki, Denitsa and Chirpan-539. The crossing between genetically similar varieties will ensure faster breeding progress. The hybridization between the groups “Helios, Sirius, Kris” and “Viky, Denitsa, Chirpan-539”, which are genetically highly distant, will create a bigger genetic diversity.

Key words: cotton; breeding; varieties; genetic distance; economic traits

Памукът (*Gosipium hirsutum* L.) като основна влакнодайна култура е разпространен в България от втората половина на IX век. След сериозния спад в производството му през последните двадесет години, определената от ЕС субсидия в размер на 152 лв. на декар, както и необходимостта от включване на нови култури в сеитбооборота, повишиха интереса към отглеждането му у нас. Българските сортове памук се отличават с добра ранозрялост, продуктивност и сравнително високо качество на влакното. През периода 2007-2016 г. в Института по полски култури - Чирпан чрез методите на мутагенеза и вътревидовата хибридизация са създадени и сертифицирани девет нови сорта, съчетаващи комплекс от положителни качества. Тези сортове освен в производството, ще бъдат включени и в селекционната програма като изходен материал. Генетичното разнообразие в селекцията е от съществено значение за нейната ефективност. Колкото родителските форми са по-отдалечени генетично, толкова по-големи са възможностите за увеличаване на потенциала за хетерозис и трансгресии (Falconer, 1989). Някои автори (Van Esbroeck et al., 1998) отбелязват, че успешни сортове памук в САЩ са получени както при кръстосването на генетично отдалечени, така и при кръстосване на генетично близки сортове.

Оценката на генетичната отдалеченост между генотиповете може да се основава върху фенотипната проява на количествени и качествени признаци (Kennedy et al., 1991), молекулярни маркери (Cao et al., 1998) или на коефициент на родство (Mercado et al., 1996). Най-често генетичната отдалеченост се измерва като фенотипна отдалеченост (Anjani, 2005; Bose and Pradhan, 2005; Singh et al., 2006; Arriel et al., 2007; Bisht et al., 2007; Debnath et al., 2008; Gashaw et al., 2007; Kumar, 2008; Kabir et al., 2009). Приема се, че ако генотиповете са различни фенотипно по много признаци, те са и генетично отдалечени по техните геноми. За математическото доказване на тези различия се използват многовариантни методи като клъстерен анализ, РС-анализ и др.

Най-близко до приложната селекция е установяването на генетичната отдалеченост между генотиповете по фенотипното проявление на признаците, когато установената отдалеченост не се отнася за целия генетичен матери-

ал, а е съсредоточена върху най-важните стопански признаци. Този подход до голяма степен разрешава и противоречието при избор на родителите, дали да имат генетична близост или генетична отдалеченост. При наличие на генетична близост между родителите от дадена комбинация, в следващите поколения може да се очаква по-бързо постигане на хомозиготност по признаците, но вероятно по-малък селекционен напредък. И обратно, при по-голяма генетична отдалеченост на родителите може да се очаква хомозиготност по признаците в по-късните поколения, но с по-голям селекционен напредък.

Целта на настоящото изследване е да се определи генетичната отдалеченост между нови сортове памук, получени чрез прилагането на различни селекционни методи, на базата на пет признака, с оглед на най-ефективното им използване в селекционните програми.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИ

В изследването са включени девет нови сорта памук: Хелиус (Сертификат № 10735/28.09.2007 г.), Тракия (Сертификат № 10734/28.09.2007 г.), Бояна (Сертификат № 10882/29.10.2010 г.), Вики (Сертификат № 10886/30.11.2010 г.), Филлипополис (Сертификат № 11006/28.12.2012 г.), Крис (Сертификат № 10885/30.11.2010 г.), Пловдив (Сертификат № 10991/29.09.2012 г.), Деница (Сертификат № 11030/30.12.2013 г.), Сириус (Сертификат № 11079/01.03.2016 г.) и стандартният сорт Чирпан-539. Експериментът е проведен през 2013-2015 г. в полето на ИПК - Чирпан по стандартната технология за отглеждане на памука. Почвеният тип е чернозем смолница. Годишните на изпитване се характеризират със сравнително благоприятни метеорологични условия за развитие на памука, с нормални температури и достатъчно валежи.

Полските опити са залагани в рандомизирана блокова схема в четири повторения с големина на реколтната парцелка 18 m². Проследени са признаците: общ добив суров памук (kg/da), маса на кутийката (g), рандеман на влакното (%), дължина влакното (mm) и височина на първа плодна клонка (cm). Прилагани са: анализ на варианса, вариационен и РС-анализ. Ге-

нетичната отдалеченост е установена чрез евклидово разстояние и прилагане на йерархичен клъстерен анализ по метода на Ward (Ward, 1963). Данните са обработени с пакет програми Statistica 10.

РЕЗУЛТАТИ И ОБСЪЖДАНЕ

Произходът на включените в изследването нови сортове памук е описан в Таблица 1. С мутантен произход са пет от сортовете – Хелиус, Вики, Филипополис, Крис и Пловдив. Чрез вътревидова хибридизация са получени Бояна и Деница. Сорт Сириус е кръстоска между две мутантни линии, а сорт Тракия е резултат от съчетаването на двата метода – хибридизация и мутагенез.

Средните стойности от трите години за изследваните признаци на сортовете памук са представени в Таблица 2. Проведеният анализ на варианта показва наличие на доказани разлики между генотиповете и следователно има доказано генетично разнообразие. От данните се вижда, че всички нови сортове превъзхождат стандарта Чирпан-539 по добив, като с най-висо-

ки добиви са Крис, Сириус и Хелиус. Сортовете се различават и помежду си по този показател. С най-едра кутийка се отличава сорт Хелиус (5.7 g), а с най-дълго влакно – Пловдив и Деница (26.4 и 26.2 mm). По рандеман на влакното всички нови сортове отстъпват на стандарта и са близки по стойностите му. С добра пригодност за механизано прибиране са сортовете Крис, с височина на първи симподий 18.1 cm и Тракия – 17.7 cm. Анализът на данните показва, че изпитваните генотипове се различават фенотипно и притежават различни положителни качества. Тези с най-високи стойности могат да бъдат включени в хибридизационния процес за кръстосване както помежду си, така и с други генотипове и да бъдат донори на ценни признаци. За предаване на гени за висока продуктивност, от една страна, и качество на влакното, от друга, добро съчетание са групите „Крис, Сириус, Хелиус” и „Пловдив, Деница”. Според коефициента на вариране (VC) на показателите, най-силно се променя добивът, следван от масата на кутийката и рандемана, а най-слабо - дължината на влакното, което е обичайно за памуковата култура и потвърждава резултатите, получени от други автори (Stoilova et al., 2014). Общият

Таблица 1. Произход на новите сортове памук

Table 1. Origin of the new cotton varieties

Сорт / Variety	Произход / Origin
Хелиус Helius	Облъчване на семена от С-6530 с гама лъчи в доза 150 Gy
Тракия Trakia	Облъчване на хибридни семена от Огоста x 76-223 с гама лъчи в доза 100 Gy
Бояна Boyana	Кръстоска между Чирпан-603 и С-9070
Вики Viki	Облъчване на мокри семена от сорт С-9070 с гама лъчи в доза 80 Gy
Филипополис Philipopolis	Облъчване с гама лъчи в доза 100 Gy на семена от МЛ-117
Крис Kris	Третиране на семена от сорт Огоста с гама лъчи в доза 80 Gy и EMS-0,1%
Пловдив Plovdiv	Третиране на семена от сорт Балкан с EMS – 0.1%
Деница Denitsa	Кръстоска между Чирпан-539 и Sicola 3-2
Сириус Sirius	Кръстоска между мутантни линии 163 (облъчване на семена от Бели извор с гама лъчи в доза 250 Gy) x 66 (третиране на семена от Огоста с гама лъчи в доза 80 Gy и EMS- 0.1%)

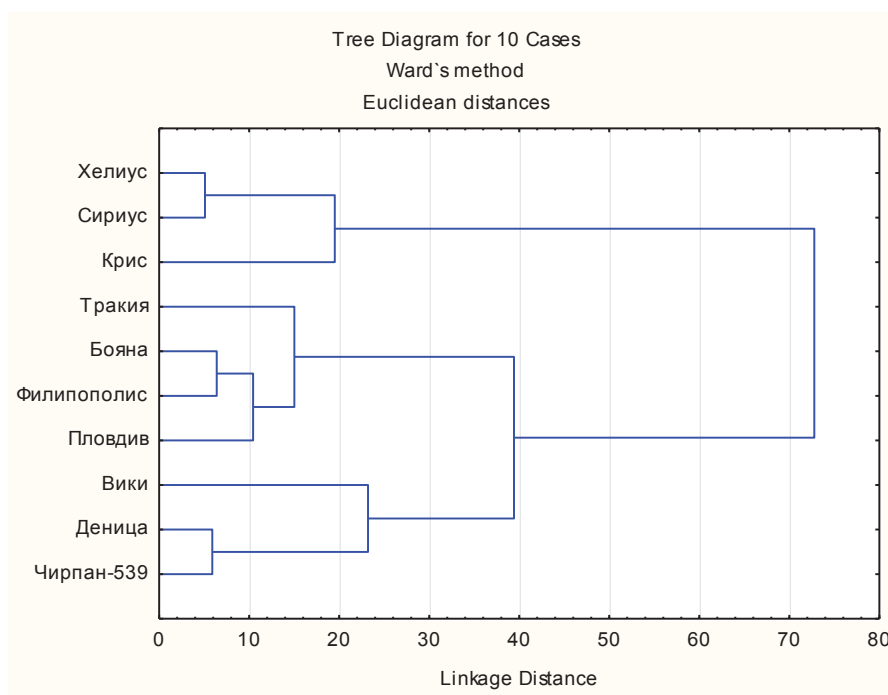
добив неомоганен памук се влияе най-силно от метеорологичните условия на годината, докато дължината на влакното зависи преди всичко от генотипа.

Резултатите от йерархическия клъстерен анализ са отразени на Фигура 1. От дендрограмата се вижда, че с добро ниво на достоверност се различават три клъстера. Най-горният клъстер на фигурата включва три генотипове – Хелиус, Сириус и Крис, които формират самостоятелна подгрупа, което показва, че те са генетично сходни. Тези сортове се характеризират с най-висока продуктивност и всички имат мутантен произход. Получените резултати потвърждават изводите на редица автори (Yilmaz and Boydak, 2006; Gottschalk and Wolff, 2012), че мутантната селекция е един надежден метод за създаване на генетично разнообразие и постигане на благоприятни резултати в селекцията на памука. За постигане на бърз селекционен напредък трите генетично сходни сорта могат да бъдат кръстосвани помежду си. Клъстерът

в другия край на дендрограмата включва сортовете Вики, Деница и Чирпан-539, от което следва, че те са генетично силно отдалечени от първата група. Тези сортове са със сравнително най-ниски добиви и следва да се отбележи, че Деница е с майчин родител Чирпан-539. Двата сорта са локализирани в една подгрупа, което е показател за генетичната им близост. Това доказва, че при формирането на клъстерите вероятно има значение и хипотезата за близост по коефициент на родство. Останалите четири сорта, които се различават по произхода си, заемат средната група във фигурата на клъстерния анализ. Резултатите от клъстерния анализ и формирането на отделните групи показват, че не винаги генотиповете с близък произход попадат в един и същи клъстер. Това се наблюдава най-често, когато клъстеризацията се извършва по стойностите на важни стопански признаци и голяма ценност за селекцията. Подобни резултати са получени и от Стоилова и Вълкова (2005) при определяне на генетичното сходство

Таблица 2. Средни стойности на стопански важни признаци при сортове памук
Table 2. Average values of important economic traits in cotton varieties

Сорт / Variety	Стопански показатели / Economic indicators				
	Общ добив/ Total yield (kg/da)	Маса на кутийката/ Boll weight (g)	Рандеман/ Lint percentage (%)	Дължина на влакното/ Fiber length (mm)	Височина на първа плодна клонка/ Height of first fruit branch (cm)
Хелиус / Helius	175,4	5,7	35,9	26,0	17,4
Тракия / Trakia	167,5	5,4	36,4	25,9	17,6
Бояна / Boyana	169,1	5,3	36,5	25,9	16,7
Вики / Viki	166,8	5,3	36,9	26,0	17,1
Филипополис / Philipopolis	165,5	5,4	36,2	25,8	17,0
Крис / Kgis	183,5	5,2	36,2	25,9	18,1
Пловдив / Plovdiv	169,5	5,5	36,0	26,4	17,4
Деница / Denitsa	159,2	5,4	36,4	26,2	16,8
Сириус / Sirius	176,3	5,3	36,2	26,1	17,1
Чирпан-539 / Chirpan-539	156,2	5,5	37,4	25,7	17,2
Средно / Average	168,9	5,4	36,4	26,0	17,2
Грешка / Error	2,55	0,04	0,14	0,06	0,13
VC	4,77	2,51	1,24	0,76	2,37



Фигура 1. Дендрограма на сортове памук
Figure 1. The dendrogram of cotton varieties

и отдалеченост на български и чуждестранни сортове памук.

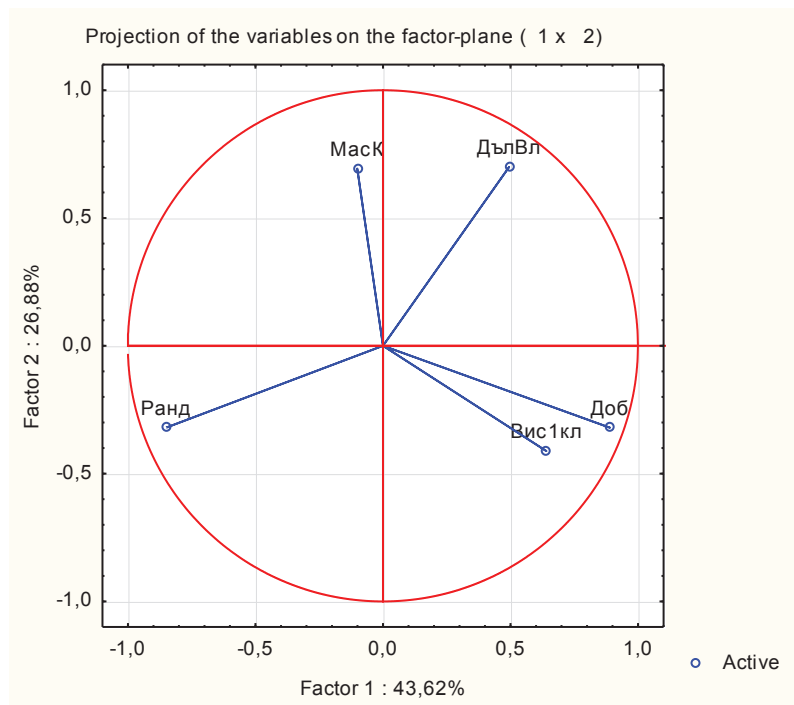
Извършеният РС-анализ е изобразен графично на Фигури 2 и 3. От графиките се вижда, че 70,5% от варирането се обяснява със стойностите на РС-1 и РС-2, т. е. по-голямата част от варирането се определя от стойностите на РС и може да бъде считано за статистически доказано. Корелационните връзки между изследваните признаци са свързани с ъгъла между векторите за съответния признак.

Разположението на векторите във Фигура 2 показва, че между признаците добив суров памук и височина на първа плодна клонка има силна положителна корелация. Ъгълът между двата признака е изключително остър, което потвърждава това заключение. Дължината на влакното е в отрицателна корелация във всички изследвани признаци в настоящия опит с изключение на масата на кутийката, с която е в положителна корелация. Между добива и рандемана има отрицателна корелационна връзка. Установените корелационни връзки между признаците потвърждават получените резултати в наши по-ранни изследвания при мутантни линии памук (Вълкова и Дечев, 2004).

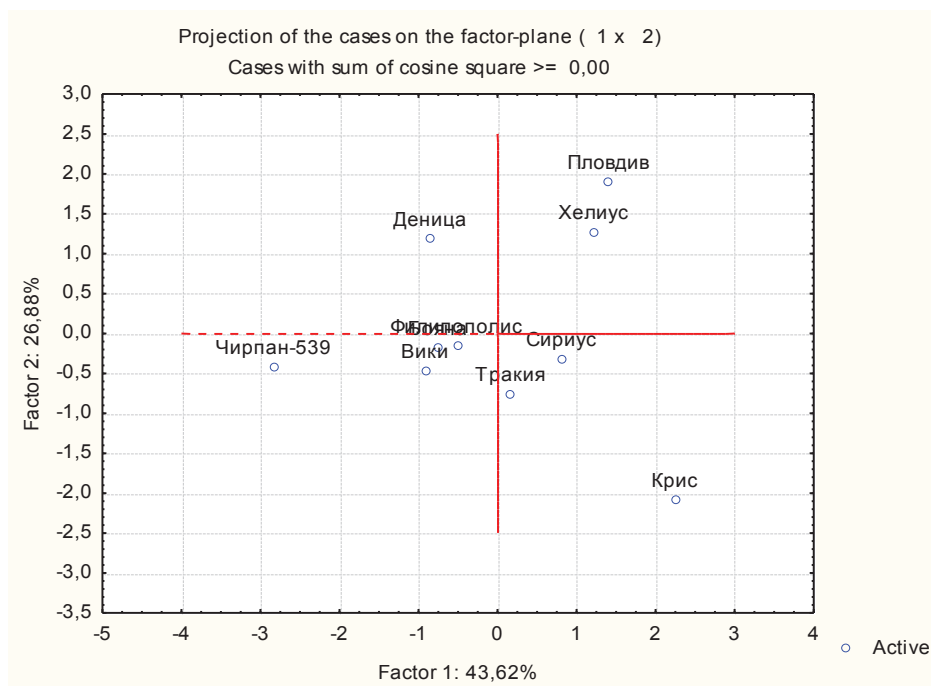
На Фигура 3 са представени резултатите от разположението на точките на изследваните генотипове в координатната система на РС-1 и РС-2. Наблюдава се известно различие от групирането на сортовете при клъстерния анализ, което се обяснява с обстоятелството, че при РС-анализа за изходни данни са използвани двете години, докато при клъстерния анализ участват всички данни по години. Това дава възможност при последния да се имат предвид гените за стабилност по признаците. Следователно клъстерният анализ е по-полезен от селекционна гледна точка. От Фигура 3 се вижда, че продуктивните сортове се намират в положителни стойности на РС-1, като освен съобщените Крис, Хелиус и Сириус, попадат и следващите по добив Пловдив и Тракия. С най-ниска стойност по РС-1 е сортът стандарт Чирпан-539, който е с най-нисък добив. Получените резултати потвърждават заключението, че създадените през последните години сортове памук превъзхождат досегашния стандарт и са доказателство за значителния напредък на селекцията чрез използването на мутагенеза като метод за създаване на генетично разнообразие. Генетично отдалечените сортове, попадащи в различни клъстери, могат да

бъдат използвани като родителски форми при хибридизация, което би довело до проява на хе-

терозисни процеси и по-сериозен селекционен напредък в късните хибридни поколения.



Фигура 2. PC-анализ на признаците
Figure 2. PC-analysis of the traits



Фигура 3. PC-анализ на сортовете
Figure 3. PC-analysis of the varieties

ИЗВОДИ

Използването на мултивариантни методи - клъстерен анализ и РС-анализ - е ефективен способ за групиране на генотипове по генетична отдалеченост.

При наличие на данни от повече различни условия на средата, за предпочитане е клъстерният анализ, който включва и взаимодействието генотип-среда при групирането и е от по-голямо значение за селекцията.

Изследваните сортове памук се разпределят в три клъстера, генетично отдалечени в различна степен.

Кръстосването на генетично сходните сортове Хелиус, Сириус и Крис, попадащи в един и същ клъстер, ще гарантира по-бърз селекционен напредък, докато хибридизацията между групите „Хелиус, Сириус, Крис” и „Вики, Деница, Чирпан-539”, които са генетично силно отдалечени, ще създаде по-голямо генетично разнообразие.

ЛИТЕРАТУРА

- Anjani, K.** (2005). Purple-coloured castor (*Ricinus communis* L.) - a rare multiple resistant morphotype. *Current Science*, 88(2), 215-216.
- Arriel, N. H. C., Di Mauro, A. O., Arriel, E. F., Unêda-Trevisoli, S. H., Costa, M. M., Bárbaro, I. M., & Muniz, F. R. S.** (2007). Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomic traits. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 253-261.
- Bisht, V., Rao, K. S., Maikhuri, R. K., & Nautiyal, A. R.** (2007). Genetic divergence of paddy landraces in Nanakosi micro-watershed of Uttarakhand Himalaya. *Journal of Tropical Agriculture*, 45(1), 48-50.
- Bose, L. K., & Pradhan, S. K.** (2006). Genetic divergence in deepwater rice genotypes. *Journal of central European agriculture*, 6(4), 635-640.
- Cao, W., Hucl, P., Scoles, G., & Chibbar, R. N.** (1998). Genetic diversity within spelta and macha wheats based on RAPD analysis. *Euphytica*, 104(3), 181-189.
- Debnath, N. R., Rasul, M. G., Sarker, M. M. H., Rahman, M. H., & Paul, A. K.** (2008). Genetic divergence in buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench.). *Int J Sustain Crop Prod*, 3(2), 60-68.
- Falconer, D. S.** (1975). *Introduction to quantitative genetics*. 2nd Ed., John Wiley & Sons, New York
- Gashaw, A., Mohammed, H., & Singh, H.** (2007). Genetic divergence in selected durum wheat genotypes of Ethiopian plasm. *African Crop Science Journal*, 15(2), 67-72.
- Gottschalk, W., & Wolff, G.** (2012). *Induced mutations in plant breeding* (Vol. 7). Springer Science & Business Media.
- Kabir, M. Y., Khan, A. S. M. M. R., & Hassain, M. S.** (2009). Genetic divergence in pointed gourd. *Journal of Agriculture & Rural Development*, 7(1), 87-92.
- Kennedy, H. M., Anderson, J. A., Lapitan, L. N. V., Sorells, M. E., & Tanksley, S. D.** (1991). Construction of a restriction fragment length polymorphism map for barley (*Hordeum vulgare* L.). *Genome*, 34, 437-447.
- Kumar, B. M. D.** (2008). Genetic divergence in red rice. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 21(3), 346-348.
- Mercado, L. A., Souza, E., & Kephart, K. D.** (1996). Origin and diversity of North American hard spring wheats. *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 93(4), 593-599.
- Singh, P. K., Mishra, M. N., Hore, D. K., & Verma, M. R.** (2006). Genetic divergence in lowland rice of north eastern region of India. *Commun Biometry Crop Sci*, 1(1), 35-40.
- Statistica 10** (2010). StatSoft Inc.
- Stoilova, A., Valkova, N., Spasova, D., Spasov, D., & Mihajlov, L.** (2014). Agroecological assessment of new Bulgarian and Macedonian cotton varieties. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 20(2), 122-131.
- Valkova, N. & Dechev, D.** (2004). Breeding evaluation of some traits and mutagenic cotton lines. *Field Crops Studies*, 1(3), 402-407 (Bg).
- Van Esbroeck, G. A., Bowman, D. T., Calhoun, D. S., & May, O. L.** (1998). Changes in the Genetic Diversity of Cotton in the USA from 1970 to 1995. *Crop Science*, 38(1), 33-37.
- Ward, Jr, J. H.** (1963). Hierarchical grouping to optimize an objective function. *Journal of the American Statistical Association*, 58(301), 236-244.
- Yilmaz, A. & Boydak, E.** (2006). The effects of cobalt-60 applications on yield components of cotton (*Gossypium barbadense* L.). *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9(15), 2761-2769.