

Генетична отдалеченост между перспективни мутантни линии памук

Минка Колева, Нели Вълкова

Институт по полски култури, Чирпан

E-mail: nelivalkova@abv.bg

Резюме

Целта на изследването е да се установи генетичната отдалеченост на единадесет мутантни линии памук на основата на шест стопански признака. В експеримента са включени перспективни линии, получени чрез радиационен мутагенез. Линиите произхождат от нови български сортове. Полските опити са проведени през периода 2015 – 2017 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 и височина на залагане на първа плодна клонка. Приложени са мултивариансни методи – клъстерен и анализ на основните компоненти. Клъстерният анализ, основан на стопанските качества на линиите потвърди генетичните различия между тях. Резултатите показват, че по генетично сходство те се групират в различни клъстери, независимо от сорта от който произхождат. Кръстосването на генетично сходни линии (напр. 824 и 838; 827 и 835; 825 и 834) ще гарантира по-бърз селекционен напредък, докато включването в родителските двойки на линии от отдалечени групи (напр. 824 и 836; 838 и 835; 830 и 832) ще създаде по-голямо генетично разнообразие.

Ключови думи: мутантни линии памук; генетична отдалеченост; селекция; стопански признаци

Genetic distance between perspective mutant cotton lines

Minka Koleva, Neli Valkova

Field Crops Institute – Chirpan

E-mail: nelivalkova@abv.bg

Citation

Koleva, M., & Valkova, N. (2019). Genetic distance between perspective mutant cotton lines, *Rastenievadni nauki*, 56(3), 41-47 (Bg).

Abstract

The aim of this research was to establish the genetic distance of eleven cotton mutant lines based on six agronomic traits. The experiments were included perspective lines, obtained by applying radiation mutagenesis. The lines were originated from new Bulgarian varieties. During the period 2015-2017 in the Field Crops Institute, Chirpan field trials were carried out according to the adopted cotton growing technology. The total yield (kg/da), the boll weight (g), the lint percentage (%), the fiber length (mm), the height of first fruit branch (cm) and the height of plants were determined. Multivariate methods - cluster and PC analyzes are used. The cluster analysis based on the agronomic properties of lines confirmed the genetic differences between them. The results showed that in genetic similarity, lines are grouped into different clusters, regardless of which variety they obtained. The crossing between genetically similar lines will ensure faster breeding progress. The hybridization between the remote groups, as 824 and 836; 838 and 835; 830 and 832, which are genetically highly distant will create a bigger genetic diversity.

Keywords: mutant cotton lines; genetic distance; breeding, economic traits

През последните години памукът (*Gossypium hirsutum* L.) като основна влакнодайна култура и добър предшественик на зърнено житните, възстановява площите си в България. Съвременните български сортове се отличават с добра ранозрялост, продуктивност и сравнително високо качество на влакното. Част от тях - Хелиус, Тракия, Филипополис, Пловдив и др. са получени чрез метода на експерименталния мутагенез (Valkova, 2008; Valkova, 2014).

Според Yilmaz & Boydak (2006) и Gottschalk & Wolff (2012) мутантната селекция е един надежден метод за създаване на генетично разнообразие и постигане на благоприятни резултати в селекцията на памука. През периода 2007-2016 г. в Института по полски култури - Чирпан по този начин е създадена колекция от мутантни линии, съчетаващи комплекс от положителни качества. С цел обогатяване на генофонда най-добрите от мутантните линии са включени в селекционната програма на Института като изходен материал.

Генетичното разнообразие е изключително важно за ефективността на селекцията. Колкото родителските форми са по-отдалечени генетично, толкова по-големи са възможностите за увеличаване на потенциала за хетерозис и трансгресии (Falconer, 1989). Обикновено генетичната отдалеченост между генотиповете се оценява въз основа на фенотипната проява на количествени и качествени признаци (Kumar Bose & Pradhan, 2005; Singh et al., 2006; Arriel et al., 2007; Gashaw et al., 2007; Bisht et al., 2008; Debnath et al., 2008; Kumar, 2008; Kabir et al., 2009). Според авторите, ако генотиповете се различават фенотипно по много признаци, те са и генетично отдалечени. Най-често се проследяват важните стопански признаци, по които се определя и избора на родителски двойки при хибридизацията. За математическото доказване на тези различия се използват многовариантни методи като клъстерен анализ, анализ на основните компоненти и др.

Някои автори (VanEsbroeck & Bowman, 1998) отбелязват, че сортове памук са получени, както при кръстосването на генетично отдалечени, така и при кръстосване на близки генетично сортове. При наличие на генетична близост между родителите от дадена комбинация, в следващите поколения може да се очаква по-бързо пости-

гане на хомозиготност по признаците. Обратно, при по-голяма генетична отдалеченост на родителите може да се очаква хомозиготност по признаците в по-късните поколения, но с голям селекционен напредък.

Целта на настоящото изследване е да се определят генетичната отдалеченост между мутантни линии памук, включени в селекционната програма на института и стандарта Чирпан-539, на базата на шест важни стопански признаци, с оглед на най-ефективното им използване в селекцията.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДИ

В изследването са включени единадесет мутантни линии памук и стандартният сорт Чирпан-539. Линиите са получени чрез облъчване на семена от български сортове памук с различни дози гама лъчи. Произходът им е описан в Таблица 1. Линии 824, 825, 831 и 832 произхождат от сорт Дарми; линии 829 и 838 – от сорт Колорит; линии 835 и 836 – от сорт Тракия; линия 827 произхожда от сорт Наталия; линия 830 – от сорт Бели Искър; линия 835 – от сорт Хелиус. Родителските сортове са получени чрез различни методи на селекцията. Хелиус и Тракия са с мутантен произход, Бели Искър и Наталия са получени чрез вътревидова хибридизация, а Дарми и Колорит – чрез междувидова хибридизация. Експериментът е проведен през 2015-2017 година в полето на ИПК-Чирпан по стандартната технология за отглеждане на памука. Почвеният тип е чернозем смолница. Годишните на изпитването се характеризират със сравнително благоприятни метеорологични условия за развитие на памука по отношение на температури и валежи.

Полските опити са залагани по 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, височина на първа плодна клонка - cm и височина на растенията - cm. Прилагани са анализ на варианса и анализ на основните компоненти. Генетичната отдалеченост е установена чрез евклидово разстояние и прилагане на йерархичен клъстерен анализ

Таблица 1. Произход на мутантните линии памук**Table 1.** Origin of mutant cotton lines

Линия / Line	Произход / Origin
824	Облъчване на семена от сорт Дарми с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of Dami variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
825	Облъчване на семена от сорт Дарми с гама лъчи в доза 150 Gy/ Irradiation of Dami variety seeds with gamma rays in a dose 150 Gy
827	Облъчване на семена от сорт Наталия с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of Natalia variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
829	Облъчване на семена от сорт Колорит с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of Kolorit variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
830	Облъчване на семена от сорт Бели Искър с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of B. Iskar variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
831	Облъчване на семена от сорт Дарми с гама лъчи в доза 150 Gy/ Irradiation of Dami variety seeds with gamma rays in a dose 150 Gy
832	Облъчване на семена от сорт Дарми с гама лъчи в доза 200 Gy/ Irradiation of Dami variety seeds with gamma rays in a dose 200 Gy
834	Облъчване на семена от сорт Хелиус с гама лъчи в доза 150 Gy/ Irradiation of Helius variety seeds with gamma rays in a dose 150 Gy
835	Облъчване на семена от сорт Тракия с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of Trakia variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
836	Облъчване на семена от сорт Тракия с гама лъчи в доза 100 Gy/ Irradiation of Trakia variety seeds with gamma rays in a dose 100 Gy
838	Облъчване на семена от сорт Колорит с гама лъчи в доза 150 Gy/ Irradiation of Kolorit variety seeds with gamma rays in a dose 150 Gy

използвайки Ward's метод (Ward, 1963). Данните са обработени с пакет програми Statistica 10.

РЕЗУЛТАТИ И ОБСЪЖДАНЕ

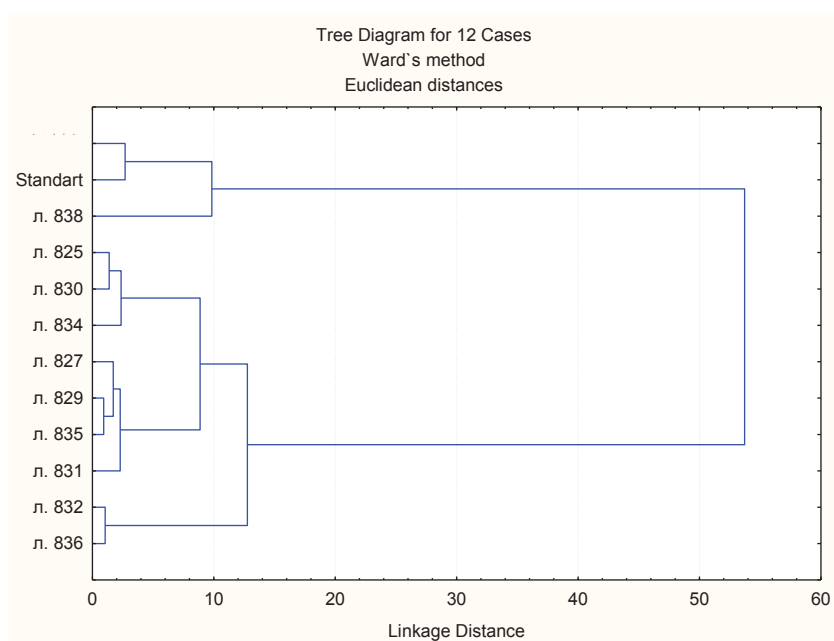
Средните стойности на признаците от трите години на изпитване на мутантните линии памук са представени в Таблица 2. Проведеният анализ на варианса показва доказани разлики между генотиповете по изследваните показатели, което потвърждава наличие на генетично разнообразие.

Данните показват, че всички мутантни линии, освен л. 824 и л. 838 статистически доказано превъзхождат стандарта (Чирпан-539) по добив. Най-високи добиви са реализирали линии 836, 832 и 831, доказани при $P 0,1$ %. Най-нисък, равен на стандарта е полученият добив от линия 824. Останалите линии също се различават помежду си по добив неомоганен памук. С едра

кутийка (5.1 g) са линии 831, 835, 836 и 838, но разликите спрямо стандарта са статистически недоказани. С най-дълго влакно са линии 827 и 830 (26.0 и 25.9 mm). По рандеман на влакното всички мутантни линии доказано отстъпват на стандарта и са близки помежду си. С най-висок рандеман от тях се откроява л. 830 (36,5%), а най-нисък – л. 835 (34,6%). С добра пригодност за механизирано прибиране са линиите: 825 и 831, с височина на първи симподий – 17.9 cm и височина на растенията – над 62.5 cm. Анализът на данните показва, че изпитваните генотипове се различават фенотипно и притежават различни положителни качества. Тези с най-високи стойности по показателите могат да бъдат включени в хибридни комбинации 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 л. 836, 832 и 831 и 827 и 830.

Таблица 2. Средни стойности на стопански важни признаци при мутантните линии памук
Table 2. Average values of important economic traits in mutant cotton lines

Стопански показатели / Economic indicators						
Линия / Line	Общ добив, Total yield, (kg/da)	Маса на кутийката, Boll weight (g)	Рандеман, Lint percentage (%)	Дължина на влакното, Fiber length (mm)	Височина на 1-ва плодна клонка, Height of first fruit branch (cm)	Височина на растенията, Height of plants (cm)
824	134,8	4,8	35,5	25,6	17,2	63,3
825	150,5	5,0	35,5	25,7	17,9	62,6
827	153,6	4,9	35,4	26,0	17,5	61,3
829	154,4	4,9	35,0	25,4	17,6	62,6
830	149,8	5,0	36,5	25,9	17,3	62,5
831	154,7	5,1	35,2	25,3	17,9	63,7
832	156,3	5,0	35,8	25,5	17,3	58,0
834	151,6	4,7	35,9	25,6	17,5	61,2
835	153,7	5,1	34,6	25,6	17,4	62,3
836	156,4	5,1	35,6	25,7	17,2	59,0
838	142,5	5,1	35,1	25,4	16,9	59,1
Чирпан-539 / Chirpan-539	136,6	4,8	37,4	25,8	17,2	62,7
GD 5%	12.4	0.4	0.7	0.3	0.3	1.4
GD 1%	14.8	0.5	0.9	0.5	0.4	2.2
GD 0.1%	17.9	0.6	1.2	0.8	0.6	3.1

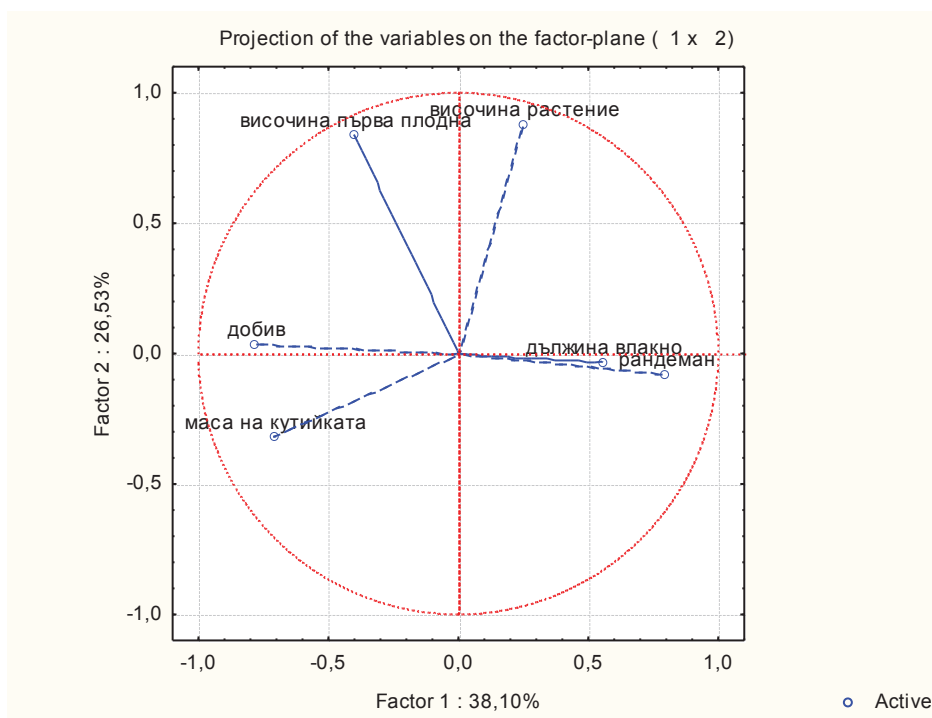


Фигура 1. Дендрограма на сортове памук
Figure 1. The dendrogram of cotton varieties

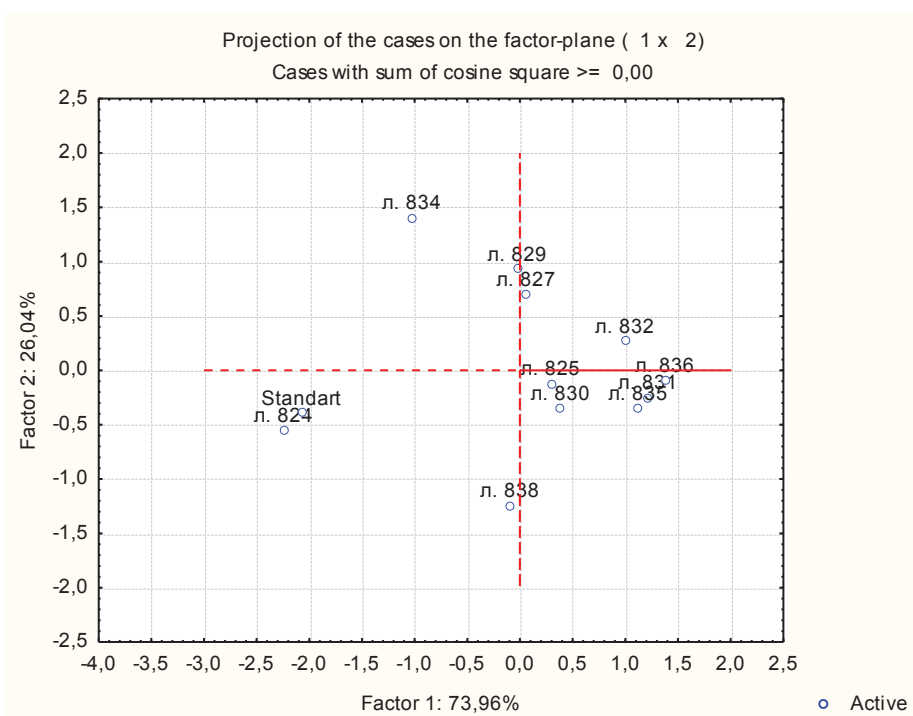
Резултатите от йерархическия клъстерен анализ (Фигура 1) показват, че на ниво на достоверност над 50 % се различават два клъстера. Първият клъстер на фигурата включва три генотипове – л. 824, Чирпан-539 и л. 838, които формират самостоятелна подгрупа, показваща че те са генетично сходни. Линия 824 произхожда от сорт Дарми, а линия 838 – от сорт Колорит. В резултат от облъчването с гама-лъчи, линиите и стандарта се оказват генетично сходни. Тези генотипове се характеризират с малко пониска и близка помежду си продуктивност. За постигане на бърз селекционен напредък трите генетично сходни генотипове могат да бъдат кръстосвани помежду си. На по-ниско ниво се наблюдават три групи генотипове. Групата в другия край на дендрограмата включва линии 832 и 836, от което следва, че те са генетично силно отдалечени от първата група. Тези линии са с най-високи добиви. Линия 832 произхожда от сорт Дарми, а 836 - от сорт Тракия. Двете линии са локализирани в една подгрупа, което е показател за генетичната им близост. В средната група, в две подгрупи попадат линии 831, 835, 829 и 827 и 834, 830 и 825. Всяка от подгрупите

включва линии, които произхождат от различни родителски сортове. В същото време линии, които имат еднакъв произход, напр. 824, 825, 831 и 832, произхождащи от сорт Дарми, попадат в различни, генетично отдалечени един от друг клъстери. 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 Stoilova & Valkova (2005) при определяне на генетичното сходство и отдалеченост на български и чуждестранни сортове памук.

Извършеният анализ на основните компоненти е изобразен графично на Фигурите 2 и 3. От фигурите се вижда, че 64,6 % от варирането се обяснява със стойностите на PC-1 и PC-2, т.е. по-голямата част от варирането се определя от стойностите на PC 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 дължина на влакното и рандеман на влакното има силна положителна корелация и ъгълът между двата признака



Фигура 2. Анализ на основните компоненти на признаците
Figure 2. PC- analysis of the traits



Фигура 3. Анализ на основните компоненти на мутантни линии памук
Figure 3. PC- analysis of the mutant cotton lines

е изключително остър. Положителни са и корелационните връзки между масата на кутийката и добива. По-слаба положителна корелация има между добива неомаганен памук и височината на първа плодна клонка. Височината на растенията е в положителна корелация с височината на първа плодна клонка и в отрицателна корелация с добива неомаганен памук и масата на кутийката. Между добива неомаганен памук и рандемана и дължината на влакното има силна отрицателна корелационна връзка. Установените корелационните връзки между признаците потвърждават получените резултати в наши по-ранни изследвания при сортове памук (Valkova & Dechev, 2004; Valkova, 2017).

На Фигура 3 е представено разположението на точките на изследваните генотипове в координатната система на PC-1 и PC-2. Резултатите показват, че с най-ниска стойност по PC-1 е линия 824, която е с най-нисък добив. До нея е сортът стандарт - Чирпан-539, който е с близък до нейния добив. В същият квадрант е и линия 838. Трите линии намиращи се близо една до друга в координатната система, обособяват и най-отдалечения клъстер в диаграмата на клъстерния

анализ, т.е и двата анализа потвърждават генетичната им отдалеченост от останалите линии. В положителните стойности на PC-1 се намират линиите с най-висока продуктивност - 836, 832 и 831 (формиращи клъстера на противоположния край на дендрограмата) и следващите по добив л. 835, 825 и 830. Разположението на генотиповете в координатната система потвърждава генетичната им отдалеченост или близост, установена и чрез клъстерния анализ.

Резултатите от йерархическия клъстерен анализ и анализа на основните компоненти на мутантните линии памук потвърждават изводите на Yilmaz & Boydak (2006) и Gottschalk & Wolff (2012), че мутационната селекция е ефективен способ за създаване на голямо генетично разнообразие в селекцията на културите. За по-добро комбиниране на гените в един генотип е подходящо включването в хибридни комбинации на линии, намиращи се в генетично отдалечени клъстери. Като родителски двойки от изпитваните мутантни линии ефективно би било включването на двата най-отдалечени клъстера – л. 824, 838, Чирпан-539, от една страна и л. 836, 832 - от друга. Това би довело до проява на хе-

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

ИЗВОДИ

Клъстерният анализ и анализът на основните компоненти по важни стопански признаци са ефективни способи за определяне на генетичната отдалеченост на генотипове памук.

Между изследваните стопански признаци има различни корелационни зависимости. Силна положителна корелация се наблюдава между признаците: дължина на влакното и рандеман; добив и маса на кутийката; височина на растението и височина на първа плодна клонка. Силна отрицателна е корелацията между добива неомаганен памук и рандемана и дължината на влакното.

Изследваните мутантни линии, независимо от произхода си, се разпределят в различни групи и подгрупи, генетично отдалечени в различна степен.

Кръстосването на генетично сходните линии (824 и 838, или 832 и 836), попадащи в един и същи клъстер, ще гарантира по-бърз селекционен напредък, докато хибридизацията между групите л. 824, 838 и Чирпан-539 и л. 832, 836, които са генетично силно отдалечени ще създаде по-голямо генетично разнообразие.

ЛИТЕРАТУРА

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. (2008). Genetic divergence of paddy landraces in Nanakosi micro-watershed of Uttarakhand Himalaya. *Journal of Tropical Agriculture*, 45(1), 48-50.

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. (1989). 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).

Gottschalk, W., & Wolff, G. (2012). *Induced mutations in plant breeding* (Vol. 7). Springer Science & Business Media.

Kumar Bose, L., & Pradhan, S. K. (2005). Genetic divergence in deepwater rice genotypes. *Journal of central European agriculture*, 6(4), 635-640.

Kabir, M. Y., Khan, A. S., & Hassain, M. S. (2009). Genetic divergence in pointed gourd. *Journal of Agriculture & Rural Development*, 87-92.

Kumar, B. (2008). Genetic divergence in red rice. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 21(3), 346-348.

Singh, P. K., Mishra, M. N., Hore, D. K., & Verma, M. R. (2006). Genetic divergence in lowland rice of north eastern region of India. *Communications in Biometry and Crop Science*, 1(1), 35-40.

Stoilova A., & Valkova N. (2005). Investigation of foreign varieties of cotton. Scientific papers, Agricultural University Plovdiv, t. 50, b. 5, 2005.

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.

VanEsbroeck, G., Bowman, D.T., Calhoun, D.S., & May, O. L. (1998). Changes in genetic diversity of cotton in the US from 1970 to 1995. *Crop Science*, 38, 33-37.

Valkova, N., & Dechev, D. (2004). Breeding evaluation of some traits and mutagenic cotton lines. *Field Crops Studies*, (1-3), 402-407.

Valkova, N. (2008). Trakia and Helius – new Bulgarian cotton Cultivars. Plenary Meeting of the Inter-Regional Research Network on Cotton, 23 September - 26 September, 2008, Alexandroupoli, Greece.

Valkova, N. (2014). Characteristic of cotton variety Philipopolis. Jubilee Scientific Conference “Selection-Genetic and Technological Innovations in Cultivation of Cultural Plants“ 10-11 September, 2014 (Bg).

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 and Yield Components of Cotton (*Gossypium barbadense* L.). *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9(15), 2761-2769.