

我国棉花抗枯萎病品种的遗传多样性分析

徐秋华,张献龙,聂以春,冯纯大

(华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室,武汉 430070)

摘要:利用 RAPD 标记从分子水平上对在生产上有较大影响的 51 个抗枯萎病陆地棉品种进行了遗传多样性分析。51 个陆地棉品种在 41 个具多态性的随机引物上扩增得到 82 个多态性位点。应用 NTSYS-pc 1.80 数据分析软件,非加权组平均法(UPGMA)聚类。51 个品种之间的平均成对 Jaccard's 相似系数为 0.598。有 17.1% 的品种对在遗传上相似性较大,相似系数大于 0.700。品种对相似系数在平均值附近[0.500, 0.700]区间上所占的比例最大,为 66.9%。遗传差异较大(相似系数小于 0.500)的品种所占的比例仅为 16%。总体来说,我国抗枯萎病棉花品种之间的相似性较高。我国陆地棉品种资源整体上遗传多样性水平低下,以及我国抗枯萎病品种资源狭窄的遗传基础是导致陆地棉品种遗传多样性较贫乏的重要因素。从亚洲棉、海岛棉和其它棉属种内引进抗病基因成为棉花抗枯萎病育种取得突破性进展的关键。研究同时以相似系数矩阵为基础,构建了 51 个抗枯萎病陆地棉品种的 UPGMA 树状聚类图。

关键词:陆地棉;遗传多样性;抗枯萎病;RAPD 分析

Genetic Diversity Evaluation of Cultivars (*G. hirsutum* L.) Resistant to *Fusarium* Wilt by RAPD Markers

XU Qiu-hua, ZHANG Xian-long, NIE Yi-chun, FENG Chun-da

(National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: Forty-one polymorphic decamer primers with clear and repeated band pattern, which were screened out of 300 randomly selected primers, were used to evaluate genetic diversity of cultivars of *G. hirsutum* L. resistance to *Fusarium* wilt. Fifty-one cultivars obtained 82 polymorphic loci. Jaccard's genetic similarity coefficients were calculated using the software of NTSYS-pc version 1.80, and a dendrogram was constructed by the unweighted pair group method of arithmetic average (UPGMA). Mean similarity coefficient among cultivars resistance to *Fusarium* wilt was 0.598. There were about 17.1% of cultivar pairs with pairwise similarity coefficients exceeding 0.700, which had great genetic similarity. Most of cultivar pairs had the value of pairwise similarity coefficients from 0.500 to 0.700, with the percentage of 66.9%. Sixteen per cent of cultivar pairs had better genetic difference, with pairwise similarity coefficients less than 0.500. Generally, there was a low level of genetic diversity among cultivars resistance to *Fusarium* wilt. The small genetic diversity of the whole Chinese upland cotton might affect the genetic diversity of cultivars resistance to *Fusarium* wilt. However, poor genetic base of cultivars resistance to *Fusarium* wilt would be another important factor to the narrow genetic diversity. It might be an active way to attain breakthrough in developing fine disease-resistant cultivars by introducing disease-resistant genes from exotic species, such as sea island cotton, Asian cotton and relative species of *G. hirsutum* L.

Key words: *G. hirsutum* L.; Genetic diversity; Resistant to *Fusarium* wilt; RAPD analysis

棉花枯萎病最早由 Atkinson 于 1891 年在美国 亚拉巴马州发现,随着从美国引进陆地棉种子,枯萎

收稿日期:2001-01-24

基金项目:国家自然科学基金(39770472)和国家转基因植物研究与产业化开发专项(J00-B-002-7)

作者简介:徐秋华(1974),女,浙江天台人,现工作单位为福建省福清市环保局。张献龙为联系作者, Tel:027-87283955; Fax:027-87280016; E-mail:xlzhang@mail.hzau.edu.cn

病也传入我国,在我国各主要棉区均有发生。枯萎病的侵染导致棉花纤维品质变差,直接威胁到丰产性。20世纪50~60年代的历史经验表明,种植抗病品种是防治棉花枯萎病最为有效、经济、简便的途径。70~80年代我国开展了大量的抗枯、黄萎育种研究工作。目前我国棉花抗病性育种已步入世界先进行列^[1]。抗病品种的推广已有效地抑制了枯萎病的发生。我国因每年种植抗病品种可挽回皮棉损失 2.5×10^8 kg以上,价值15亿元人民币^[2]。尽管冯纯大等^[3]对我国189个陆地棉抗枯萎病品种(系)进行

了系谱分析,但没有从分子水平上阐明我国抗枯萎病陆地棉品种的遗传差异。本研究在DNA水平上分析我国棉花抗病品种资源,对于指导育种中正确选择枯萎病抗源,提高育种效率以及合理布局抗病品种,延长品种寿命都有重要的意义。

1 材料与方法

1.1 材料

材料为我国不同棉区在不同时期选育的51个抗枯萎病陆地棉品种,材料名称和系谱来源见表1。

表1 51个抗枯萎病品种名称和代号

Table 1 Pedigree of 51 cultivars resistant to *Fusarium* wilt

| 代号 No. | 品种名 Cultivar | 系谱 Pedigree |
|-----------|-----------------|--|
| 1 | 冀棉3 Jimian3 | (陕棉10×中1)→陕2319系选 (Shaanmian10×Zhongchang1)→line shan2319 |
| 2 | 冀棉7 Jimian7 | 冀75-7×冀75-23 Ji75-7×Ji75-23 |
| 3 | 冀棉14 Jimian14 | 冀75-7×冀75-23 Ji75-7×Ji75-23 |
| 4 | 冀棉15 Jimian15 | 冀75-7×冀75-23 Ji75-7×Ji75-23 |
| 5 | 冀棉17 Jimian17 | 冀棉1×(晋68-389×632-125)F4 Jimian1×(Jin68-389×632-125)F4 |
| 6 | 冀棉19 Jimian19 | 冀无302×(冀合3016×355)F4 Jiwu302×(Jihe3016×355)F4 |
| 7 | 冀棉20 Jimian20 | 冀棉10×(海陆野×海陆野)F Jimian10×(Hailuye×Hailuye)F |
| 8 | 冀棉21 Jimian21 | 锦496×上海无毒→7308→78系选 Jin496×Shanghaiwudu→7308→line78 |
| 9 | 中棉所15 CCRI15 | 乌干达4×冀棉1→6429×86-1 Uganda4×Jimian1→6429×86-1 |
| 10 | 中棉所16 CCRI16 | 中棉所10-211×辽4086 CCRI10-211×Liao4086 |
| 11 | 中棉所17 CCRI17 | (中7259×中6551)×中10 (Zhong7259×Zhong6551)×Zhong10 |
| 12 | 中棉所19 CCRI19 | [(中7259×中6651)×中棉所10]×(中7263×中6429) [(Zhong7259×Zhong6651)×CCRI10]×(Zhong7263×Zhong6429) |
| 13 | 中棉所20 CCRI20 | (陕2942×中642)F1×[(中607×辽4096)×PR80] (Shaan2942×Zhong642)F1×[(Zhong607×Liao4096)×PR80] |
| 14 | 中棉所21 CCRI21 | 斯字棉2B×(中758×849) Stoneville 2B×(Zhong758×849) |
| 15 | 中棉所22 CCRI22 | 中4278×中13 Zhong4278×Zhong13 |
| 16 | 中棉所23 CCRI23 | {[(5658×陕5245)×4067]×中10}×冀棉8 {[(5658×Shaan5245)×4067]×Zhong10}×Jimian8 |
| 17 | 中棉所25 CCRI25 | (安通SP-37×444)×中4091 (AntongSP-37×444)×Zhong4091 |
| 18 | 中99 CCRI99 | (抗中3×中3474)×多毛早 (Kangzhong3×Zhong3474)×Duomazhao |
| 19 | 中521 CCRI521 | (徐州209×910依)×陕棉4 (Xuzhou209×910Yi)×Shaanmian4 |
| 20 | 晋棉12 Jinmian12 | 邯郸14×中6331 Handan14×Zhong6331 |
| 21 | 晋棉13 Jinmian13 | (79-105×岱SRI)×运城1729 (79-105×DaiSRI)×Yuncheng1729 |
| 22 | 晋棉14 Jinmian14 | (黑山21-35×兰布莱特5)×陕1155 (Heishan21-35×GL5)×Shaan1155 |
| 23 | 晋棉16 Jinmian16 | 辽棉10系选 A line selected from Liaomian10 |
| 24 | 晋棉17 Jinmian17 | 辽棉6×冀355 Liaomian6×Ji355 |
| 25 | 晋棉18 Jinmian18 | 晋棉6系选 A line selected from Jinmian6 |
| 26 | 晋棉19 Jinmian19 | 82-87×石711 82-87×Shi711 |
| 27 | 豫棉4 Yumian4 | (河南67×陕1155)×(河南67×401-27) (Henan67×Shan1155)×(Henan67×401-27) |
| 28 | 豫棉6 Yumian6 | [(冀棉8×湘无48)×(冀321×豫棉2)]×[PD0109×(606×中31)] [(Jimian8×Xiangwu48)×(Ji321×Yumian2)]×[PD0109×Zhong31] |
| 29 | 豫棉8 Yumian8 | 豫3009×(8015/1+8015/5+8004/14+3283+中12+抗5+MD/3+61/5+非洲大铃) Yu3009×(8015/1+8015/5+8004/14+3283+Zhong12+Kang5+MD/3+61/5+African big boll) |
| 30 | 豫棉9 Yumian9 | (中抗5×中棉所10)×中棉所14 (Zhongkang5×CCRI10)×CCRI14 |
| 31 | 豫棉10 Yumian10 | (商丘40×86-1)×冀366 (Shangqiu40×86-1)×Ji366 |
| 32 | 豫棉1 Yumian1 | 中棉所12×42273系 CCRI12×Line 42273 |
| 33 | 鲁棉9 Lumian9 | [(鲁1×冀1)×爱字棉]×鲁抗1 (Lu1×Ji1)×Acala×Lukang1 |

续表 1 Table 1 (Continued)

| 代号 No. | 品种名 Cultivar | 系谱 Pedigree |
|-----------|------------------------|---|
| 34 | 鲁棉 12 Lumian12 | 中无 383 × 鲁无 384 Zhongwu383 × Luwu384 |
| 35 | 鲁棉 14 Lumian14 | 鲁棉 7 × PD2164 Lumian7 × PD2164 |
| 36 | 鄂棉 20 Emian20 | 鄂荆 1 × 湘棉 10 Ejing1 × Xiangmian10 |
| 37 | 鄂抗 1 Ekang1 | 鄂荆 1 × 苏 9118 Ejing1 × Shu9118 |
| 38 | 鄂抗 2 Ekang2 | 中 2535 × (鄂光 × 鄂荆 1) Zhong2535 × (Eguangmian × Ejing1) |
| 39 | 鄂抗 3 Ekang3 | (光叶岱字棉 × 荆 3247) F1 × 中 2535 (Smmoth leaf Deltpine × Jing3247) F1 × Zhong2535 |
| 40 | 鄂抗 6 Ekang6 | 鄂荆 1 × 湘棉 10 Ejing1 × Xiangmian10 |
| 41 | 辽棉 4 Liaomian4 | (辽短 × 斯字棉 2B) × [(关农 1 × 斯字棉 2B) + 辽阳 1] (Liaoduan × Stoneville2B) × [(Guannong1 × Stoneville2B) + Liaoyang1] |
| 42 | 辽棉 5 Liaomian5 | (辽棉 1 × 司 1470) → 614007 × 中 3 (Liaomian1 × Si1470) → 614007 × Zhong3 |
| 43 | 辽棉 7 Liaomian7 | 辽 632-115 × (新陆 209 + 珂克 4104 + 佩 111 A + 岱 16 + 2034 + 海岛棉 64-15) Liao632-115 × (Xinlu209 + Coker4104 + Peil111 A + DPI6 + 2034 + Seaisland64-15) |
| 44 | 辽棉 13 Liaomian13 | 辽 7440 × (01111 .456 + 6051) Liao7440 × (01111 .456 + 6051) |
| 45 | 泗棉 3 Simian3 | 盐抗 76-75 × 泗阳 791 Yankang76-75 × Siyang791 |
| 46 | 陕棉 4 Shaanmian4 | 中 3 × (57-681 + 辽棉 2) Zhong3 × (57-681 + Liaomian2) |
| 47 | 陕棉 9 Shaanmian9 | 陕棉 3 × 52-128 Shaanmian3 × 52-128 |
| 48 | 陕棉 401 Shaanmian401 | [陕棉 3 × (射洪 + 徐州 1818 + 60-5) × 57-681] [Shaanmian3 × (Shehong + Xuzhou1818 + 60-5) × 57-681] |
| 49 | 绵无 4176 Mianwu4176 | 绵无 1386 × 冀棉 14 Mianwu1386 × Jimian14 |
| 50 | 冀合 3703 Jihe3703 | [(鲁早 1 × 荆安低) F3 × 洞庭 1] → F3 × 冀合 321 [(Luzhaol × Jingandi) F3 × Dongting1] → F3 × Jihe321 |
| 51 | 中棉所 12 CCR12 | 乌干达 4 × 冀棉 1 Uganda4 × Jimian1 |

RAPD 引物购自 Sangon 公司,用从 300 个随机引物中筛选获得的带型清晰且重复性强的 41 个多态性引物。dNTP、Taq 酶购自上海 Promega 公司。

1.2 方法

1.2.1 棉花总 DNA 的提取

根据 Paterson 等^[4]提取 DNA 的方法,并作了一些修改。田间摘取 10 棵左右棉花植株的嫩叶(叶龄小于 1 周)混合,贮藏在 -75℃低温冰箱内。植物材料用液氮充分研磨至细粉状,装入 50ml 离心管中,加入 100~200 μ l β -巯基乙醇和 DNA 裂解缓冲液(65℃) [2%(w/v) CTAB, 2%(w/v) PVP, 0.1%(w/v) DIECA, 1.4mol/L NaCl, 0.02mol/L Na₂-EDTA(pH8.0), 0.1mol/L Tris-HCl], 并迅速搅拌均匀于 65℃水浴 30min,间隔 10min 左右摇动一次。取出后加入等体积的氯仿:异戊醇(24:1),混匀后 3800r/min 离心 15min,上清液重复用氯仿 \diamond 异戊醇(24:1)纯化。然后取上清液,并加入 2/3 倍体积冰冷异丙醇,轻轻地摇动至絮状 DNA 沉淀出来,-20℃冰箱内放置 0.5h 以上。然后钩出 DNA 至干净的离心管,用 70%酒精换洗 2~3 次。倒去乙醇风干,加适当体积的 TE(10mmol/L Tris-HCl 和 1mmol/L EDTA)溶解。在溶解后的 DNA 溶液中按照 10 μ g Rnase A/100 μ l DNA 比例加入 Rnase A^[5],37℃水浴 1~2h,加等体积氯仿 \diamond 异戊醇(24 \diamond 1)纯化 2

次,取上清,加 1/10 体积的 3mol/L NaAc(pH5.2)和 2 倍体积的冰冷无水乙醇沉淀 DNA。倒掉乙醇风干,并加 TE 溶解。取少量 DNA 溶液用 0.8%(w/v)琼脂糖凝胶电泳检测。最后用 DNA 紫外分光光度计测浓度,并将其稀释到 10ng/ μ l 作 RAPD 分析用。

1.2.2 RAPD 分析

25 μ l 的 PCR 反应体系为,1 \times PCR 反应缓冲液,160 μ mol/L dNTPs,15mmol/L Mg-Cl₂,0.4 μ mol/L 随机引物,1 单位 Taq 酶和 50ng 模板 DNA,不足部分由 ddH₂O 补充,并上覆 25 μ l 左右石蜡油以防扩增过程中的高温损失。在 Perkin Elmer Thermal Cycler 480 上进行扩增。PCR 扩增程序为:首先 95℃变性 3min,50℃复性 1.5min,72℃延伸 2min,1 个循环,然后 94℃变性 1min,37℃复性 1min,72℃延伸 2min,共进行 40 个循环,最后 72℃延伸 10min,整个过程约需 5h。扩增产物在含 0.5 μ g/ml EB(溴化乙锭)的 1.6%琼脂糖凝胶上电泳检测,在 1 \times TAE 缓冲液中,75V 稳压 2.5~3h,紫外透射仪上观察并照相记录。

1.2.3 谱带记录及数据分析

稳定易于辨认的多态性出现时记为“1”,空缺时记录为“0”。采用 Jaccard's 相似系数,使用 NTSYS-pc 1.80 数据分析软件,非加权组平均法(UPGMA)聚类。

2 结果与分析

2.1 相似性分析

51 个抗枯萎病陆地棉品种在 41 个多态性引物上扩增得到 82 个多态性位点,计算品种两两间的相似系数,相似系数矩阵由于过大未列出。51 个抗病品种之间的平均成对相似系数为 0.598,将品种间的成对相似系数分布进行分析(表 2)。3.4% 品种对的相似系数很大,大于 0.800,有 13.7% 的品种对的相似系数分布在数值较大的[0.700, 0.800) 区间内,也即有 17.1% 的品种对在遗传上相似性较大。在平均值附近[0.500, 0.700) 区间上所占的比例最大,为 66.9%。在相似系数较小的[0.400, 0.500) 区间之内则占 13.3%, 小于 0.400 的仅占 2.7%, 也就是说,遗传差异较大(相似系数小于 0.500) 的品种对所占的比例仅为 16%。总体来说,我国抗枯萎病棉花品种之间的相似性程度较高。

表 2 我国抗枯萎病陆地棉品种的成对相似系数的分布

Table 2 Frequency distribution of pairwise similarity coefficients among cultivars resistant to *Fusarium* wilt

| 相似系数区间 Interval | 百分比 Percentage(%) | 累积百分率 Cumulative percentage(%) |
|--------------------|----------------------|-----------------------------------|
| [0.800, 1) | 3.4 | 3.4 |
| [0.700, 0.800) | 13.7 | 17.1 |
| [0.600, 0.700) | 32.2 | 49.3 |
| [0.500, 0.600) | 34.7 | 84.0 |
| [0.400, 0.500) | 13.3 | 97.3 |
| (0, 0.400) | 2.7 | 100 |

2.2 聚类分析

UPGMA 树状聚类图见下图,可将 51 个品种划分成 3 大类。I 类包含有 43 个品种。

II 类包括有 6 个品种,即中棉所 21(8)、豫棉 8(29)、豫棉 4(27)、豫棉 11(32)、鲁棉 14(35)、豫棉 10(31),其中的豫棉 8、豫棉 4 和豫棉 11 有乌干达棉血缘渗入;III 类有 2 个品种,中棉所 20(13)和豫棉 9(30),二者都是低酚棉。

I 类又可分为 5 个亚类:

I-1 亚类 32 个品种;

I-2 亚类有 1 个品种,即辽棉 7(43);

I-3 亚类有 3 个品种,冀棉 21(8)、辽棉 5(42)和鄂抗 3(39),均有岱字 15 血缘;

I-4 亚类有 1 个品种,即中棉所 19(12);

I-5 亚类有 6 个品种,晋棉 14(22)、晋棉 16

(23)、辽棉 13(44)、晋棉 18(25)、鲁棉 12(34)和晋棉 17(24),其中晋棉 14、辽棉 13、晋棉 18 和晋棉 17 的早熟性较突出。

I-1 亚群进一步分为 6 个亚亚类:

A 亚亚类有 14 个品种,冀棉 3(1)、冀棉 19(6)、冀棉 14(3)、陕棉 4(46)、中棉所 23(16)、中棉所 16(10)、泗棉 3(45)、绵无 4176(49)、冀棉 17(5)、陕棉 9(47)、冀棉 15(4)、辽棉 4(41)、中棉所 12(51)、陕 401(48)。其中泗棉 3、陕棉 9、陕棉 401 有 52-128 抗源品种的血缘,除了辽棉 4、中棉所 12 之外,其余品种的抗病亲本均有岱字 15 的血缘;

B 亚亚类有 5 个品种,冀棉 7(2)、中 99(50)、中棉所 15(9)、中 521(19)、冀合 3703(50),它们共同的抗源亲本为中棉所 3;

C 亚亚类有 5 个品种,中棉所 17(11)、中棉所 25(17)、晋棉 12(20)、豫棉 6(28)、鄂抗 1(37);

D 亚亚类有 5 个品种,晋棉 19(26)、鲁棉 9(33)、鄂抗 6(40)、鄂棉 20(36)、鄂抗 2(38),它们的抗源亲本均为 57-681;

E 亚亚类有 2 个品种,冀棉 20(7)和晋棉 13(21);

F 亚亚类有 1 个品种,即中棉所 22(15)。

3 讨论

RAPD 标记分析表明,我国大多数陆地棉抗枯萎病品种间的遗传差异较小。我国陆地棉品种资源的遗传多样性总体水平低下,狭窄的枯萎病抗性来源使得抗病品种间遗传差异更加贫乏。在对我国陆地棉抗枯萎病品种进行系谱分析时发现,52-128、57-681、中棉所 3、陕棉 4、陕棉 401 和乌干达棉是棉花抗枯萎病育种中重要的抗源亲本。其中中棉所 3 是陕棉 4 的抗病亲本,52-128 和 57-681 是陕棉 401 的抗病亲本。中棉所 3 和 57-681 两大抗源品种均是由岱字 15 通过系统法选育而来,两者的遗传背景极其相近。所以,岱字 15、52-128 和乌干达棉是我国棉花抗枯萎病育种的基础亲本。

绝大多数抗枯萎病品种的抗源亲本为岱字 15。冯纯大等^[3]对 189 个陆地棉抗枯萎病品种(系)进行系谱分析,统计认为,来自岱字 15 的抗病品种(系)占 71.43%,其中 57-681 及其衍生品种占总数的 58.20%。52-128 是德字棉 531 在重病棉田中选出的我国第一个自育抗棉花枯萎病抗源品种,以 52-128 为种质育成的品种占 8.47%,有乌干达棉血缘的抗病品种仅占 4.76%。

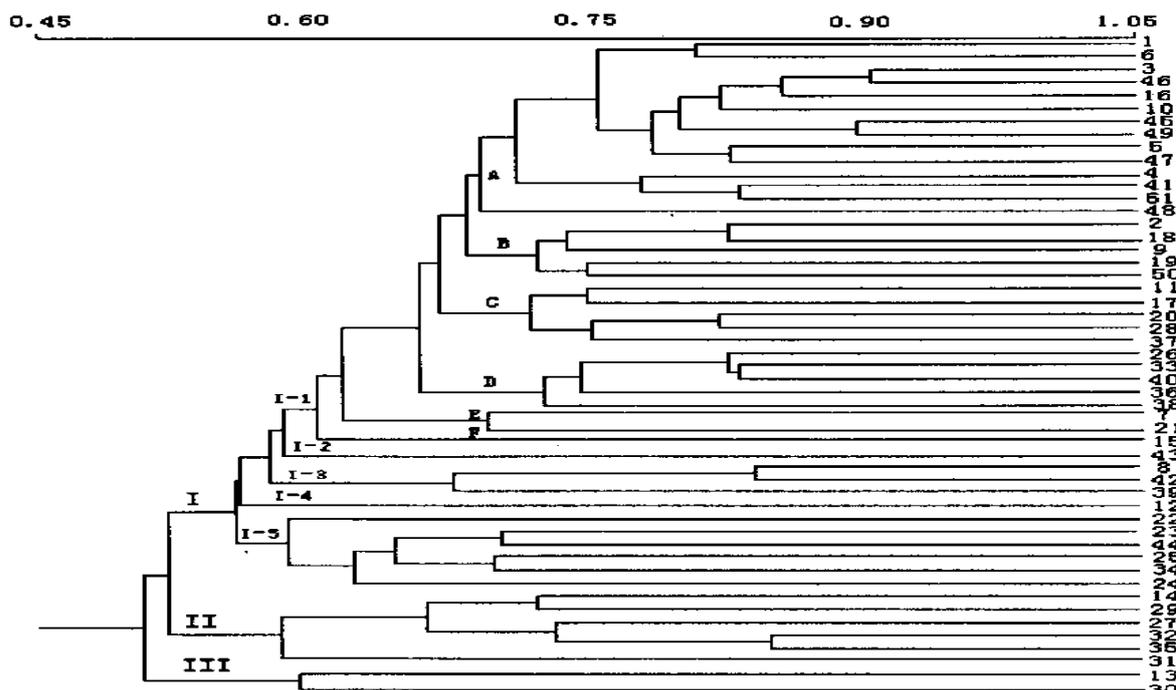


图 51 个抗枯萎病品种的 UPGMA 树状聚类图

Fig. Dendrogram of 51 cultivars resistant to *Fusarium* wilt clustered by UPGMA

陆地棉品种资源中缺乏异种抗性基因的渗透,从亚洲棉、海岛棉和其它棉属种内引进抗病基因成为棉花抗病育种取得突破性进展的关键。我国陆地棉抗枯萎病品种中有亚洲棉血缘的占 15.34%,但亚洲棉种质的利用率不高,渗入这些抗病品种的亚洲棉仅涉及到 3 个亚洲棉品种(安徽阜阳紫色大花及 55-90、辽 2152 的亲本)^[3]。亚洲棉具有较强的抗枯萎病性和较强的感黄萎病性^[6],而海岛棉的抗黄萎病性最强^[7]。棉花生物技术的迅速发展,使得棉花远缘杂交育种技术逐渐趋于完善和成熟,陆地棉品种以外的抗病种质资源的利用更加成为可能。黄骏麒等(1980)将抗黄萎病的海岛棉 7142 DNA 导入陆地棉抗枯萎病品系 9101,育成了高抗枯萎病、耐黄萎病、丰产、优质的棉花新品系 3118。山东农业大学于元杰等^[8]利用花粉管通道技术以鲁棉 6 号为受体,导入供体罗布麻 DNA,从其变异后代中选育到抗枯萎病、高产种质 91003 和 91005。加强新种质创造研究的力度和强度对未来抗病育种尤为重要。

References :

[1] Huang J Q. Cotton Science of China. Beijing: China Agriculture Press, 1998. (in Chinese)

黄骏麒主编. 中国棉作学. 北京:中国农业出版社,1998.

- [2] Ma C, et al. Progress on studies of cotton resistant breeding *Fusarium* and *Vorticillium* wilts in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 1992, 25 (1): 50 - 57. (in Chinese)
马存,等. 我国棉花抗枯、黄萎病育种进展. *中国农业科学*, 1992, 25(1): 50 - 57.
- [3] Feng C D, et al. Analysis on the pedigree system of cotton varieties (lines) with *Fusarium* wilt resistance. *Acta Gossypii Sinica*, 8(2): 65 - 70. (in Chinese)
冯纯大,等. 我国抗枯萎病棉花品种(系)的系谱分析. *棉花学报*, 1996, 8(2): 65 - 70.
- [4] Paterson A H, et al. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis. *Plant Mol. Biol. Rep.* 1994, 11(2): 122 - 127.
- [5] Vroh Bi I, et al. Improved RAPD amplification of recalcitrant plant DNA by the use of activated charcoal during DNA extraction. *Plant Breeding*, 1996, 115: 205 - 206.
- [6] Xiang X L. Collection, study and exploitation of germplasm in *Gossypii* spp. in China. *Proceedings of International Cotton Symposium*. Beijing: China Agricultural Sciencetech Press, 1991, 83 - 93. (in Chinese)
项显林. 中国棉属种质资源的收集、研究与利用. 国际棉花学术讨论会文集. 北京:中国农业科技出版社, 1991, 83 - 93.
- [7] Shen D Z, et al. A preliminary study on introduced races of *Gossypium hirsutum*. *Crop Genetic Resources*, 1985, 1: 28 - 31. (in Chinese)
沈端庄,等. 陆地棉族系引种研究初报. *作物品种资源*, 1985 (1): 28 - 32.
- [8] Yu Y J, et al. Variation of characters in upland cotton (*G. hirsutum*) after introduction by exogenous DNA from other families. *Journal of Shandong Agricultural University*, 1991, 22(4): 335 - 340. (in Chinese)
于元杰,等. 异科外源 DNA 导入陆地棉引起性状变异初报. *山东农业大学学报*, 1991, 22(4): 335 - 340.