

寒地超级稻龙粳 31 祖先亲本追溯及遗传基础解析

李洪亮¹, 柴永山¹, 孙玉友¹, 高春艳², 魏才强¹, 解忠¹, 张巍巍¹,
刘丹¹, 程杜娟¹, 侯国强¹, 徐德海¹, 赵云彤¹

(¹ 黑龙江省农业科学院牡丹江分院, 黑龙江牡丹江 157041; ² 穆棱市农业技术推广中心, 黑龙江穆棱 157500)

摘要: 龙粳 31 是黑龙江省农业科学院水稻研究所选育的寒地早粳超级稻新品种, 具有早熟、高产、优质、抗病、抗倒、耐寒等诸多优点。本研究对其亲本进行追溯, 构建系谱图, 分析亲本主要特性及核遗传贡献率, 揭示其遗传演化历程, 为水稻育种亲本的选择和利用提供参考。结果表明: 龙粳 31 属于下北细胞质家族, 传递途径为: 下北→早丰→合江 20→合江 21→龙交 89032→龙粳 10 号→龙粳 13→龙粳 31。核遗传物质由祖先亲本下北、石狩白毛、农林 11、虾夷、笹锦、红星 2 号、奥羽 239、曲系 17、藤系 117、雪光、越光、收 921、空知、北明、空育 125、北海 84、台中 27、高雄 53、合选 58 和色江克按不同比例共同提供, 核遗传贡献率分别为: 4.6875%、0.9766%、2.5391%、8.2031%、3.9063%、3.1250%、3.9063%、7.8125%、15.6250%、12.5000%、1.5625%、1.5625%、3.1250%、6.2500%、12.5000%、0.7813%、0.7813%、0.7813%、6.2500% 和 3.1250%。亲本选择时, 要注重母本在当地的适应性, 而父本则应具有地理远缘或生态远缘的基因血缘; 遗传基础狭窄是寒地稻区水稻育种取得新突破的主要限制因素。

关键词: 超级稻; 龙粳 31; 祖先亲本; 遗传贡献率

Ancestors Tracking and Analysis on Genetic Basis of Super Rice Longjing31 in Cold Region

LI Hong-liang¹, CHAI Yong-shan¹, SUN Yu-you¹, GAO Chun-yan², WEI Cai-qiang¹, XIE Zhong¹,
ZHANG Wei-wei¹, LIU Dan¹, Cheng Du-juan¹, HOU Guo-qiang¹, XU De-hai¹, ZHAO Yun-tong¹

(¹ Mudanjiang Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Mudanjiang 157041;

² Muling Agricultural Technology Promotion Center, Muling 157500)

Abstract: Longjing31 bred by rice research institute of Heilongjiang academy of agricultural sciences is new super japonica variety in cold region. It has many characteristics such as early maturity, high yield, quality, disease resistance and cold-resistant. In this paper, the ancestors were traced and the family tree was constructed. The main characteristics of the parents and the nuclear genetic contribution rate were analyzed in order to expound the genetic evolution process, and it will provide reference for the selection and utilization of breeding parents. The result showed that Longjing31 belonged to Shimokita cytoplasm family, transfer process was Shimokita→Hayayutaka→Hejiang20→Hejiang21→Longjiao89032→Longjing No. 10→Longjing13→Longjing31. Nuclear genes were provided by the ancestors at different proportions, including Shimokita, Ishikari-shiroge, Nourinn 11, Yukara, Sasanishiki, Hongxing No. 2, Ouu 239, Magarikei 17, Fujikei 117, Yukihikari, Koshihikari, Shuu 921, Sorati, Kitaake, Kuuiku 125, Hoqkai 84, Taizhong27, Gaoxiong53, Hexuan58 and Sejiangke. Nuclear genetic contribution rate respectively was 4.6875%, 0.9766%, 2.5391%, 8.2031%, 3.9063%, 3.1250%, 3.9063%, 7.8125%, 15.6250%, 12.5000%, 1.5625%, 1.5625%, 3.1250%, 6.2500%, 12.5000%, 0.7813%, 0.7813%, 0.7813%, 6.2500% and 3.1250%. In the parent selection, the adaptability of female parent in the locality should be attended, and the male parent should have the geographical and ecological distant genes. Narrow genetic basis was mainly factors which lim-

收稿日期: 2015-07-17 修回日期: 2015-09-07 网络出版日期: 2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160406.1413.038.html>

基金项目: 黑龙江省重大科技招标项目(GA14B102); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-01-41)

第一作者主要从事水稻遗传育种和栽培研究, E-mail: xplusr1982@163.com

通信作者: 柴永山, 主要从事水稻育种和栽培研究。E-mail: mdjnkycys@163.com

it the new breakthroughs of rice breeding in cold region.

Key words: Super rice; Longjing31; ancestor; genetic contribution rate

黑龙江省超级稻育种研究启动相对较晚,但高产育种目标一直作为育种者第一目标。2005年以来农业部超级稻专家组先后验收通过了8个高产品种,其中以寒地早粳超级稻龙粳31最具代表性。龙粳31在黑龙江省第三积温带综合性状表现突出,推广面积迅速增加,2012年种植面积达51.09万 hm^2 ,而2013年种植面积则达到112.82万 hm^2 ,取代了空育131成为黑龙江省单个种植面积最大的水稻品种^[1],彻底改变了黑龙江省水稻主产区第三积温带以日本品种为主导的局面。龙粳31具有抗谱广、抗性稳定等突出特点,龙粳31的大面积推广应用为黑龙江省水稻发展做出了巨大贡献,它的成功选育不但实现了寒地水稻育种技术上的创新,在我国寒地稻作历史上也是一次重大突破。因此,深入分析龙粳31的遗传组成和祖先亲本性状传递过程,可以帮助育种者将育种理论与实践创新更加紧密结合;对今后明确育种目标、准确选择育种亲本以及中间桥梁骨干亲本的创制等均具有重要指导意义。

1 材料与方法

1.1 材料

龙粳31(黑审稻2011004)是黑龙江省农业科学院水稻研究所于2000年以龙粳13为母本,垦稻8号为父本杂交育成的早粳品种。主茎11片叶,株高92 cm,穗长15.7 cm,每穗粒数86粒,千粒重26.3 g,出糙率81.1%~81.2%,整精米率71.6%~71.8%,垩白粒率0~2.0%,垩白度0~0.1%,直链淀粉含量(干基)16.89%~17.43%,食味品质79~82分。每 hm^2 平均产量8165.4~9139.8 kg,抗病及耐冷性强,适应区域为黑龙江省第三积温带上限,需 $\geq 10^\circ\text{C}$ 活动积温2350 $^\circ\text{C}$ 左右^[1,2]。

系谱构建及分析资料主要来源于《中国水稻品种及其系谱》^[3]、《中国水稻遗传育种与品种系谱》^[4]、《寒地粳稻育种》^[5]以及相关育种单位发表的期刊文献^[1,2,6-18]。

1.2 方法

从龙粳31开始逐级向前进行亲本追溯,直至追溯到祖先亲本或育种者熟知的原始骨干亲本,并对龙粳31的核质遗传基础进行解析。细胞质为母本遗传,则母本贡献率计为100%;细胞核遗传贡献率计算的原则为凡由亲本通过系选、辐射诱变和花培

等生物技术育成的品种其亲本的核遗传贡献率计为100%,凡由杂交育成的品种其双亲核遗传贡献率各计为50%,每一亲本再按均等分配方法上推直至祖先亲本或原始骨干亲本,这样所有祖先亲本核遗传贡献率数值总和应为100%。系谱图中亲本排列为母本在上、父本在下。

2 结果与分析

通过对龙粳31进行祖先亲本追踪,构建系谱图,解析其祖先亲本(原始骨干亲本)和直接亲本的地理来源、选育过程和祖先亲本(原始骨干亲本)的遗传贡献,可以总结出其亲本选用经验,为今后制定育种目标和有效选择亲本提供参考。

2.1 龙粳31系谱图

由图1所示,龙粳31细胞质遗传物质由下北提供,贡献率100%,其传递过程为:下北→早丰→合江20→合江21→龙交89032→龙粳10号→龙粳13→龙粳31。

核遗传物质则由祖先亲本(原始亲本)下北、石狩白毛、农林11、虾夷、笹锦、红星2号、奥羽239、曲系17、藤系117、雪光、越光、收921、空知、北明、空育125、北海84、台中27、高雄53、合选58和色江克按不同比例共同提供。

龙粳31是在不同历史阶段育成品种的基础上而选育的,各阶段都是以主栽品种的育成与更替、推广应用为标志,视为一轮育种进程。龙粳31的选育成功既归功于合江20、东农3134等重要中间骨干亲本和桥梁材料的创制与应用,同时与下北、虾夷、越光和藤系138等骨干亲本的引入密不可分^[6]。

1949年以前,黑龙江水稻育种工作的主要内容是引种和试种,初期主要是从朝鲜半岛和日本北海道、青森县引进当地早熟品种进行试种,后期则主要从日本引种,石狩白毛等在此阶段引入我国。

1949年以后,育种工作分为4个阶段:评选地方良种、系统选种、杂交育种和综合技术育种。其中,前3个阶段(1949-1969年)以引种、系选和少量杂交育种工作为主,此阶段引入了下北、虾夷和越光等骨干亲本材料。快速发展时期则为第4阶段(1970-2010年),20世纪70年代,多途径育种工作陆续开展,如系统育种、杂交育种、花培育种、杂种优势初步利用、诱变育种等,但仍以杂交育种为主,

普选 10 号、合江 20 就是在此时期育成的,此时期下北和普选 10 号的推广面积较大。20 世纪 80 年代,育成一批综合性状好的品种,如合江 21、合江 22、合江 23、松粳 2 号、牡丹江 19、东农 413 和东农 415 等,并引入了骨干亲本藤系 138,使黑龙江省水稻生产登上一个新台阶。20 世纪 90 年代,龙粳 10 号、

牡丹江 22、东农 416、东农 419、绥粳 1 号、绥粳 3 号、绥粳 4 号、五优稻 1 号、垦稻 7 号、垦稻 8 号等品种相继育成。进入 21 世纪,龙粳 26、垦稻 12、牡丹江 28、龙稻 5 号、东农 428、五优稻 4 号等大批优质、高产品种被育成。寒地早粳超级稻龙粳 31 就是在前 4 个育种阶段的遗传基础上育成的。

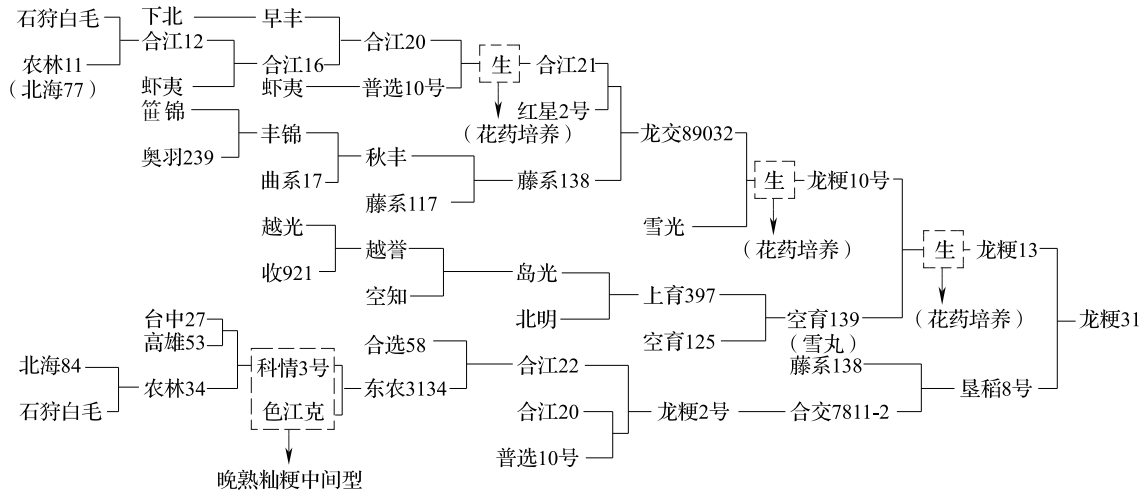


图 1 超级稻龙粳 31 系谱图

Fig. 1 Genealogical tree of super rice Longjing 31

2.2 亲本来源与遗传解析

追溯龙粳 31 系谱图中各个亲本的遗传基础,发现系谱图中聚合了大量不同生态区的基因型,正是通过众多优良基因的杂交重组,在自然选择和人工选择的作用下,使优良的有利基因不断累加、无益基因不断剔除,最终形成了龙粳 31 高产、优质、抗病、适应性广的遗传特性。

首先从母本龙粳 13 分支上进行分析,如图 1 所示,龙粳 31 的选育与合江号品种的育成密不可分,黑龙江省农业科学院水稻研究所利用耐寒、抗倒性强的品种石狩白毛^[7]和农林 11 杂交育成了合江 12,合江 12 遗传了双亲抗倒、耐寒的特点;又以具有多穗性状的虾夷^[8](对黑龙江省水稻品种的株型改良,即由传统的穗重型品种改为穗数型或中间型品种发挥了重要作用)与合江 12 杂交育成了合江 16,使后代合江 16 具有中等分蘖力;继而与早丰(下北)杂交育成了分蘖力、抗病性和抗倒性均较强的超亲品种合江 20^[8-10];合江 20 与普选 10 号(没有遗传到虾夷多穗的特性)杂交,后代经花培育成合江 21,合江 21 被评价为耐瘠薄品种;黑龙江省农业科学院水稻研究所通过将合江 21 与红星 2 号、藤系 138 进行基因重组,育成中间材料龙交 89032,继而与雪光杂交,后代经花培育成了抗病突出、丰产稳产的优良品种龙粳 10 号^[11-12],龙粳 10 号与优质品种

空育 139(推测其优质性状遗传于越光和上育 397^[13])杂交,后代经花培育成了早熟、抗病、优质、丰产、适应性强的品种龙粳 13^[14-15],龙粳 13 的育成为龙粳 31 的选育成功奠定了坚实的遗传基础。

从龙粳 31 父本垦稻 8 号分支上分析,龙粳 31 父本分支与母本分支有共同的遗传基础石狩白毛、普选 10 号、合江 20 和藤系 138 等,区别在于将台湾品种台中 27 和高雄 53 的籼稻血缘引入到科情 3 号,继而利用科情 3 号与巴基斯坦品种色江克两个晚熟籼稻中间型材料育成了遗传基础相对较宽、抗病性极强的中间桥梁材料东农 3134,1969-1971 年间,当时黑龙江省推广的由 *Pi-a*、*Pi-i* 和 *Pi-k* 等抗瘟基因组成的日本和当地品种严重发病情况下,东农 3134 表现高度抗病,而且抗性稳定,但是存在着经济性状差、不耐冷、光温反应敏感等缺点,通过合选 58 与东农 3134 杂交,育成了抗病、耐冷、耐肥抗倒、耐深水品种合江 22,在这一育种过程中,合选 58 为东农 3134 提供了耐冷遗传基因,使后代材料合江 22 表现为耐冷性强;利用育成的龙粳 2 号再与适应性好、配合力高、遗传基础广的藤系 138^[16-17]杂交选育出活秆成熟、外观米质优的垦稻 8 号^[18];龙粳 31 就是通过早熟、抗病、优质、丰产、适应性强的龙粳 13 与含有籼稻遗传血缘的垦稻 8 号进行基因重组而育成的综合性状优良、适应性广、产量突出的超级稻新品种。

表 1 龙粳 31 亲本

Table 1 The parent materials of Longjing31

品种名称 Cultivars	适宜区域 Appropriate area	主要特征 Main features	审定(引入)时间 Validation(Introduction) time
下北 Shimokita	辽宁、吉林、黑龙江等	抗病	1962 年日本审定,1965 年引入我国
早丰 Hayayutaka	北京、天津、河北等地,以及辽宁中、北部地区	抗病性强	1965 年辐射诱变下北育成
石狩白毛 Ishikari-shiroge	哈尔滨、牡丹江和佳木斯等地区	耐寒、抗倒	1941 年日本审定
农林 11 Nourinn 11	主要用于杂交亲本材料	耐寒、抗倒	1940 年从日本引入我国
合江 12 Hejiang 12	黑龙江省合江、绥化等地区	矮秆、抗倒、耐冷性强	1965 年审定推广
虾夷 Yukara	吉林、黑龙江等	矮秆、多蘖、穗数型品种	1962 年日本审定,1965 年引入我国
合江 16 Hejiang 16	黑龙江省中北部各稻区、以及南部半山间冷凉地区	叶片较宽、株型集中、分蘖中等	1971 年审定推广
合江 20 Hejiang 20	佳木斯地区中、南部,以及哈尔滨、牡丹江等地区的平原稻区	矮秆、抗病、分蘖力强	1978 年审定推广
普选 10 号 Puxuan No. 10	牡丹江地区(虎林县除外)	叶片直立、分蘖力弱、株型收敛	1976 年推广应用
合江 21 Hejiang 21	黑龙江省第二、三积温带	叶片较软、耐肥性差、耐瘠薄	1983 年审定推广
红星 2 号 Hongxing No. 2	——	抗病性强	未查到
笹锦 Sasanishiki	主要用于杂交亲本材料	早粳优质品种	1963 年日本审定
奥羽 239 Ouu 239	早期日本用于亲本材料	耐寒	1960 年日本育成
丰锦 Toyonishiki	主要在辽宁省适宜地区推广	分蘖多、优质、抗病、高产	1969 年日本审定,1970 年引入我国
曲系 17 Magarikei 17	——	——	未查到
秋丰 Akiyutaka	——	——	1979 年日本审定
藤系 117 Fujikei 117	——	——	1978 年日本育成
藤系 138 Fujikei 138	吉林、黑龙江、河北、新疆等省份	适应性好、配合力高、遗传基础广泛	日本品种,1991 年通过黑龙江省审定
雪光 Yukihikari	主要用于杂交亲本材料	耐寒	1984 年日本审定
龙粳 10 号 Longjing No. 10	黑龙江省第二积温带	抗病突出、丰产稳产	2000 年审定推广
龙粳 13 Longjing 13	黑龙江省第三积温带	早熟、抗病、优质、丰产、适应性强	2004 年审定推广
越光 Koshihikari	黑龙江省第一积温带	品质优、食味好	1956 年日本审定
收 921 Shuu 921	——	——	未查到
越誉 Koshihomare	——	——	1969 年日本育成
空知 Sorati	主要用于杂交亲本材料	孕穗期耐冷、抗病	1967 年日本审定
岛光 Shimahikari	主要用于杂交亲本材料	抗病	1980 年日本审定
北明 Kitaake	主要用于杂交亲本材料	粒大、千粒重在 30g 以上	1983 年日本审定
上育 397 Kirara 397	黑龙江省第二积温带	米质优、抗病性差、抗倒性差	日本品种,2005 年黑龙江省认定推广
空育 125 Kuuiku 125	——	——	1987 年日本审定
空育 139 Yukimaru	主要用于杂交亲本材料	早熟、优质	1993 年日本审定
北海 84 Hoqkai 84	——	——	1941 年日本育成
台中 27 Taizhong 27	桥梁亲本	含籼稻血缘	台湾品种
高雄 53 Gaoxiong 53	桥梁亲本	含籼稻血缘	台湾品种
农林 34 Nourinn 34	主要用于杂交亲本材料	耐冷、耐肥性中等、抗稻瘟病弱	1948 年日本育成
科情 3 号 Keqing No. 3	桥梁亲本	籼粳中间型品种	1965 - 1975 年间广东省台山市推广
色江克 Sejiangke	巴基斯坦品种	抗瘟性强、抗性稳定	1966 年东北农业大学引入
合选 58 Hexuan 58	中间材料	耐寒、耐深水	未查到
东农 3134 Dongnong 3134	中间桥梁材料	早熟、抗病性强、含籼稻血缘	1969 - 1971 年间表现高度抗病
龙交 89032 Longjiao 89032	黑龙江省第三积温带	早熟、抗病性强	1989 年决选材料
合江 22 Hejiang 22	黑龙江省合江、佳木斯等地区	抗病、耐冷、耐肥抗倒、耐深水	1985 年审定推广
龙粳 2 号 Longjing No. 2	黑龙江省第三积温带	分蘖力较强、秆强抗倒、抗稻瘟病	1990 年审定推广
合交 7811-2 Hejiao 7811-2	黑龙江省第三积温带	分蘖力较强、秆强抗倒	龙粳 2 号系选材料
垦稻 8 号 Kendao No. 8	黑龙江省第二积温带	活秆成熟、外观米质优、基本无垩白	1999 年审定推广

2.3 亲本核遗传贡献率

由表 2 所示,以育种者熟知的原始骨干亲本作为祖先亲本进行核遗传的贡献率分析。合选 58 由于没有查到相关资料,无法继续向上追溯亲本,视其为祖先亲本,核遗传贡献率为 6.2500%;虾夷共应用 4 次,核遗传贡献率达 8.2031%;石狩白毛共应用了 3 次,核遗传贡献率仅为 0.9766%;下北、农林 11、笹锦、奥羽 239、曲系 17、藤系 117 分别应用 2 次,核遗传贡献率分别为 4.6875%、2.5391%、3.9063%、3.9063%、7.8125% 和 15.6250%;其他祖先亲本各应用 1 次,其中雪光和空育 125 的核遗传贡献率较大均达到 12.5000%,北明的核遗传贡献率为 6.2500%,红星 2 号、空知和色江克分别提供 3.1250% 的核遗传贡献率,剩余亲本由于应用时期较早且应用次数少,因此,核遗传贡献率相对较小。

表 2 龙粳 31 祖先亲本核遗传贡献率

Table 2 The nuclear genetic contribution rate of Longjing31 ancestors

亲本 Parents	应用次数 Application number	核遗传贡献率(%) Nuclear genetic contribution rate
下北 Shimokita	2	4.6875
石狩白毛 Ishikari-shiroge	3	0.9766
农林 11 Nourinn 11	2	2.5391
虾夷 Yukara	4	8.2031
笹锦 Sasanishiki	2	3.9063
红星 2 号 Hongxing No. 2	1	3.1250
奥羽 239 Ouu 239	2	3.9063
曲系 17 Magarikei 17	2	7.8125
藤系 117 Fujikei 117	2	15.6250
雪光 Yukihikari	1	12.5000
越光 Koshihikari	1	1.5625
收 921 Shuu 921	1	1.5625
空知 Sorati	1	3.1250
北明 Kitaake	1	6.2500
空育 125 Kuuiku 125	1	12.5000
北海 84 Hoikai 84	1	0.7813
台中 27 Taizhong 27	1	0.7813
高雄 53 Gaoxiong 53	1	0.7813
合选 58 Hexuan 58	1	6.2500
色江克 Sejiangke	1	3.1250

3 讨论

3.1 育种目标制定与亲本选择

龙粳 31 的亲本追溯中,发现直接亲本龙粳 13 的遗传基础中包含耐寒品种石狩白毛的基因、多

蘗且抗病品种虾夷的基因和优质性突出的越光(上育 397)基因,从父本垦稻 8 号分析看,其遗传了台湾品种台中 27 和高雄 53 的籼稻基因,以及巴基斯坦品种色江克的籼稻基因,使得龙粳 31 既聚合了耐寒、抗病、多蘗和优质的特性,同时由于引入了地理远缘的籼型血缘又使其遗传基础表现得更为广泛,充分利用了籼粳亚种间的杂种优势。因此,龙粳 31 的成功选育是寒地稻区取得育种成就的一个里程碑。

深入分析已育成品种的系谱,对指导育种者今后进一步开展工作有重要意义,它能有效阐明作物整个育种过程,明确遗传基础,能够寻求出品种性状的传递与演化规律,总结出亲本选配的方法。首先,应根据当前当地存在的问题找出需要改良的目标性状,并落实到具体指标;然后将亲本材料按其主要性状或特点进行归类,如早熟、矮秆、抗病、优质和丰产类等,每类再以其综合性状或丰产性分别予以加权,继而根据育种目标制定亲本配置组合方案,在此前提下依据每种方案中各类材料得分的情况进行筛选,最终明确最优方案。这样也有利于了解性状形成与发展的规律,总结提高亲本选配的经验。

3.2 拓宽遗传基础和育种思路

龙粳 31 是在前几个育种阶段基础上成功选育出的,但就当前寒地水稻育种现状来看,要在寒地水稻育种上再取得更大成就,就要突破现有遗传基础狭窄的限制,通过引入地理远缘、生态远缘的种质,并创制出可利用的中间桥梁材料。目前寒地稻作区还是以亚洲区域引种为主,而且以引入日本品种为主,想要真正打破遗传基础狭窄的瓶颈,必须引入其他国家一些具有特殊性状的优异新种质,在世界范围内的水稻遗传多样性中心进行种质引进和改良创制,是拓宽寒地水稻遗传基础的有效途径。

在育种思路上也应创新,如过去常采用当地主栽品种为母本,针对某一或某几个性状进行改良,这样做的好处是后代选育出的品种在当地的适应性表现上通常较好,但也存在一个问题,那就是细胞质遗传信息永远来自于母本,虽经多轮品种演化,但细胞质来源却始终单一,以较为适宜当地生态条件的优异外来种质作母本适当配制组合,即使短时间内不能育出理想品种,但可以创制出优异的中间桥梁材料,为后续育种的长远发展奠定基础,这也是拓宽寒地水稻遗传基础值得考虑和探索的途径。

(下转 446 页)

基于表型性状的陆地棉种质资源遗传多样性分析

董承光, 王娟, 周小凤, 马晓梅, 李生秀, 余渝, 李保成

(新疆农垦科学院棉花研究所/农业部西北内陆区棉花生物学与遗传育种重点实验室, 新疆石河子 832000)

摘要:通过田间性状观测、室内考种分析及纤维品质检测,对来自我国各棉区及国外各类型的429份陆地棉优异种质进行连续2年2点15个表型性状的鉴定及综合评价。结果表明:15个表型性状中始节高、单株铃数和果枝始节位的变异系数最大;各性状的平均遗传多样性指数较高为2.02;主成分分析确立了3类影响因子,表明陆地棉品种选育应集中在纤维品质优良(尤其纤维长度和比强度要高)、高衣分和株铃数多的品种;聚类分析将所有材料分为10个类群,其中第I类群占供试材料总数的76.9%,各类群间性状差异明显,聚类结果与材料的地理来源之间没有直接的关系。

关键词:陆地棉;遗传多样性;主成分分析;聚类分析

Evaluation on Genetic Diversity of Cotton Germplasm Resources (*Gossypium hirsutum* L.) on Morphological Characters

DONG Cheng-guang, WANG Juan, ZHOU Xiao-feng, MA Xiao-mei, LI Sheng-xiu, YU Yu, LI Bao-cheng

(Cotton Research Institute, Xinjiang Academy of Agricultural and Reclamation Science/Key Laboratory of China Northwestern Inland Region, Ministry of Agriculture, Shihezi Xinjiang 832000)

Abstract: 429 superior cotton accessions from cotton regions, both in China and abroad, have been identified in 2 places for 2 years. We have made a comprehensive evaluation of 15 phenotypic traits through the field observation and fiber quality testing. The results showed that the variation coefficient of height of first sympodial branch, boll number and sympodial branch node was the biggest of all traits. The average of genetic diversity index of all traits was high for 2.02. The principal components analysis calculated three common factors in every class. The results demonstrated that upland cotton breeding should focus on the varieties, which had a good fiber quality (the higher fiber length and strength) and a higher lint percentage and more bolls. Cluster analysis showed that all materials could be classified into 10 groups, including the first big groups accounted for 76.9% of the total. Each group had different characteristics and showed abundant genetic diversity. There was no obvious evidence that the groups had corresponding relationship with the origins of accessions.

Key words: upland cotton; genetic diversity; principal components analysis; cluster analysis

棉花是我国重要的经济作物之一,集纤维、蛋白、油用于一体^[1]。我国适于植棉的地域十分辽阔,棉区大致分布在18°~46°N, 76°~124°E之间^[2],主产棉区主要集中在长江流域棉区、黄河流域棉区和西北内陆棉区。近年来,尤其是西北内陆

棉区发展迅速,棉花总产量占全国总产量比重已经由2003年的34%提高到2013年的64%^[3]。选育优良的棉花品种是棉花生产的先决条件,而棉花种质资源中所蕴含的遗传多样性作为一类重要的遗传资源,是培育优良品种的必要条件,是棉花育种和生

收稿日期:2015-05-17 修回日期:2015-07-01 网络出版日期:2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160406.1126.020.html>

基金项目:国家自然科学基金(31260340);国家科技支撑计划(2014BAD09B01);兵团科技攻关计划(2011BA001)

第一作者研究方向为主要从事棉花遗传育种研究。E-mail: deg318@163.com

通信作者:李保成,主要从事棉花遗传育种研究。E-mail: xjlbc@163.com

产发展的物质基础^[4]。因此开展棉花种质资源的遗传多样性研究意义重大。我国研究学者已经开展了不少各类棉花资源的鉴定、评价及遗传多样性研究^[5-15],对了解各材料间的亲缘关系遗传组成,拓展棉花种质基础,提高棉花育种水平起到了重要作用。本研究对来自我国各棉区及国外各类型陆地棉优异种质进行连续 2 年多种植,调查各材料的表型性状,分析各性状间的相关性及遗传变异程度,并进行聚类分析,旨在为进一步筛选核心种质,丰富品种遗传多样性信息,合理选配杂交亲本,培育高产、优质、多抗棉花新品种提供依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

供试材料为 429 份陆地棉种质资源,来自新疆农垦科学院棉花研究所近年来收集的国内外种质资源,包括我国西北内陆棉区、黄河流域棉区、长江流域棉区、北部特早熟棉区以及国外等(表 1)。其中新疆自育审定品种及骨干亲本占 207 份,其他省份材料 195 份,国外引进材料 27 份。

表 1 429 份材料来源及分布

Table 1 The origin and distribution of 429 materials

棉区 Cotton growing region	种质份数 No. of germplasm	来源 Origin
西北内陆棉区	211	新疆北疆(163 份)、新疆南疆(44 份)、甘肃敦煌(4 份)
黄河流域棉区	93	河南(42 份)、河北(28 份)、山西运城(14 份)、山东(6 份)、陕西(3 份)
长江流域棉区	66	湖北(21 份)、江苏(18 份)、四川(10 份)、湖南(7 份)、江西(6 份)、安徽(2 份)、浙江(1 份)、上海(1 份)
北部特早熟棉区	32	辽宁(26 份)、山西晋中(6 份)
国外	27	美国(20 份)、前苏联(4 份)、以色列(2 份)、吉尔吉斯斯坦(1 份)

1.2 试验设计

于 2013-2014 年分别在新疆石河子新疆农垦科学院棉花研究所试验基地(北疆)、新疆库尔勒兵团第二师农科所试验基地(南疆)2 个不同环境种植上述 429 份品种资源材料,均采用完全随机区组设计,双行区,行长 4 m,株距 10 cm,平均行距 35 cm,3 次重复,人工点播,膜下滴灌栽培,以当地常规方法进行田

间管理。

1.3 性状调查

在棉花成铃后期分别在各重复中每小区选中间连续 10 株调查株高、始节高、始节位、果枝数、单株铃数;吐絮后期每小区收中部 20 桃,室内扎花考种单铃重、衣分、衣指、子指;考种结束后,分别取每个材料的皮棉 10~12 g 检测棉花纤维品质,包括:纤维长度、比强度、麦克隆值、整齐度、伸长率;并记录各材料的出苗期及吐絮期,获得各材料的生育期性状数据。各性状调查方法及标准参考棉花种质资源描述规范和数据标准^[16],纤维品质检测在农业部西北内陆区棉花生物学与遗传育种重点实验室纤维检测室印度普瑞美 HFT9000 纤维检测仪上进行。

1.4 数据分析

采用 SPSS 19.0 计算各性状的平均值(X)、标准差(σ)及变异系数(CV)等,并进行各性状间的相关性分析及主成分分析^[17];各性状的遗传多样性采用 Shannon's 信息指数(H') 在 EXCEL 中进行分析, $H' = -\sum P_i \ln P_i$, P_i 表示第 i 种表型代码出现的频率^[18],其中各性状赋值方法根据平均数及标准差的计算结果将每个性状分为 10 级,1 级 $< X-2\sigma$,10 级 $\geq X+2\sigma$,中间每级相差 0.5σ ^[19];聚类分析采用 DPS V7.05 软件进行,并绘制聚类图。

2 结果与分析

2.1 主要农艺性状的一般性描述统计分析

429 份陆地棉种质资源的 15 个表型性状的一般性描述统计数据如下表 2 所示。各性状的平均变异系数的变幅在 1.20%~18.45% 之间,平均变异系数为 8.63%。其中始节高、单株铃数和果枝始节位的变异系数较大,依次为 18.45%、13.92% 和 11.69%;生育期、纤维伸长率和纤维整齐度的变异系数较小,分别为 4.04%、2.24% 和 1.20%。15 个性状的遗传多样性指数变化范围介于 1.86~2.09,其中最高的为单株铃数,最低的为子指,平均遗传多样性指数为 2.02,表现出较高的遗传多样性。

2.2 主要农艺性状间的相关性分析

对 15 个表型性状调查数据进行了相关性分析(表 3),结果显示生育期与始节高、始节位、纤维长度表现出极显著的正相关,与果枝数、马克隆值表现出极显著的负相关;株高除与生育期、子指无显著相关性外,与其他性状均表现出极显著的正相关;始节高与始节位、衣分、单铃重、衣指、纤维品质性状表现出极显著的正相关,与果枝数表现为极显著的负相

表 2 参试材料表型性状的一般性描述统计及多样性统计分析

Table 2 The statistical analysis of the general description and genetic variation in 15 phenotypic traits

表型性状 Phenotypic traits	平均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	极差 Range	标准差 SD	变异系数(%) CV	多样性指数 H'
生育期(d) GP	131.48	111.80	146.50	34.70	5.31	4.04	2.06
株高(cm) PH	60.89	34.60	88.70	54.10	7.08	11.63	2.03
始节高(cm) FFSH	17.86	8.40	28.50	20.10	3.30	18.45	2.08
始节位 FFBN	5.30	3.70	9.30	5.60	0.62	11.69	2.02
果枝数 FSPN	8.44	6.80	13.90	7.10	0.74	8.80	2.01
铃数 BN	5.98	3.60	9.30	5.70	0.83	13.92	2.09
衣分(%) LP	41.23	30.10	49.70	19.60	3.09	7.50	2.04
单铃重(g) BW	5.62	4.00	7.40	3.40	0.48	8.58	2.07
衣指(g) LI	7.51	4.90	9.70	4.80	0.76	10.16	2.05
子指(g) SI	10.66	8.30	16.70	8.40	1.13	10.64	1.86
纤维长度(mm) FL	28.52	22.30	34.30	12.00	1.53	5.36	1.99
纤维比强度(cn/tex) FS	29.93	24.40	38.40	14.00	2.29	7.64	1.94
马克隆值 MV	4.41	3.50	5.30	1.80	0.34	7.64	2.07
整齐度(%) FU	85.15	79.80	87.20	7.40	1.02	1.20	2.01
伸长率(%) FE	6.68	6.20	7.20	1.00	0.15	2.24	2.05

GP: Growing period, PH: Plant height, FFSH: First fruit section height, FFBN: The first fruit branch node, FSPN: Fruit section pitch number, BN: Boll number, LP: Lint percentage, BW: Boll weight, LI: Lint index, SI: Seed index, FL: Fiber length, FS: Fiber strength, MV: Micronaire value, FU: Fiber uniformity, FE: Fiber elongation. The same as below

关;始节位与纤维伸长率表现为极显著的正相关,与果枝数表现为极显著的负相关;果枝数与铃数表现出极显著的正相关,与纤维长度表现为极显著的负相关;衣分与衣指、马克隆值表现出极显著的正相关,与子指表现为极显著的负相关;单铃重与衣指、子指、纤维长度、比强度表现出极显著的正相关;衣指与子指及纤维品质性状均表现出极显著的正相关;子指与纤维长度、比强度表现出极显著的正相关;纤维长度与比强度、整齐度、伸长率表现出极显著的正相关,与马克隆值表现为极显著的负相关;比强度与整齐度、伸长率表现出极显著的正相关,与马克隆值表现为极显著的负相关;整齐度与伸长率表现为极显著的正相关。

2.3 主成分分析

对 15 个表型性状进行主成分分析(表 4),以特征值大于 1 为标准提取主成分,结果显示,前 5 个主成分的特征值分别为 4.636、2.413、1.917、1.502 和 1.260,各个主成分的方差贡献率分别为 30.903%、

16.088%、12.783%、10.010% 和 8.403%,累积贡献率为 78.188%,代表了所调查性状的绝大部分信息,表明这 5 个主成分能反映 15 个性状的基本特征。其中第 1 主成分的特征向量中载荷较大的有伸长率、纤维长度、整齐度和比强度;第 2 主成分的特征向量中载荷较大的有衣分和马克隆值;第 3 主成分的特征向量中载荷较大的有果枝数;第 4 主成分的特征向量中载荷较大的有单株铃数和株高;第 5 主成分的特征向量中载荷较大的有单铃重和子指。

2.4 聚类分析

利用 DPS V7.05 软件对各表型性状数据进行对数化转换,以欧氏距离为遗传距离,采用类平均法进行聚类分析(UPGMA)。从聚类图可以看出(图 1),在遗传距离为 2.2 处,429 份材料可分为 10 个类群,材料的类群组成及各类群主要表型性状的平均值如表 5 所示,不同类群代表性材料的表型性状如表 6 所示。

表 3 参试材料各性状间的相关性分析

Table 3 Correlation analysis of phenotypic traits of the cotton germplasm resources

表型性状 Phenotypic traits	生育期 GP	株高 PH	始节高 FFSH	始节位 FFBN	果枝数 FSPN	铃数 BN	衣分 LP	单铃重 BW	衣指 LI	子指 SI	纤维长度 FL	纤维比强度 FS	马克隆值 MV	整齐度 FU
株高 PH	-0.044													
始节高 FFSH	0.355**	0.660**												
始节位 FFBN	0.470**	0.228**	0.592**											
果枝数 FSPN	-0.319**	0.269**	-0.243**	-0.287**										
铃数 BN	0.072	0.467**	0.190*	0.068	0.386**									
衣分 LP	-0.029	0.213**	0.256**	0.114*	-0.066	0.106*								
单铃重 BW	0.057	0.217**	0.284**	0.107*	-0.107*	-0.082	-0.058							
衣指 LI	0.062	0.270**	0.391**	0.146*	-0.101*	0.010	0.621**	0.521**						
子指 SI	0.121*	0.012	0.076	0.006	0.001	-0.097*	-0.531**	0.631**	0.241**					
纤维长度 FL	0.204**	0.235**	0.367**	0.147*	-0.130**	0.002	-0.020	0.411**	0.353**	0.392**				
纤维比强度 FS	-0.018	0.322**	0.298**	0.007	-0.027	0.041	0.007	0.403**	0.357**	0.379**	0.850**			
马克隆值 MV	-0.192**	0.267**	0.132**	0.035	0.149*	0.188	0.328**	0.029	0.214**	-0.177	-0.362**	-0.185**		
整齐度 FU	0.044	0.360**	0.399**	0.155*	-0.014	0.135	0.273*	0.394	0.497**	0.182	0.659**	0.614**	0.046	
伸长率 FE	0.296*	0.324**	0.456**	0.229**	-0.094	0.121*	0.113*	0.383	0.415**	0.294*	0.796**	0.712**	-0.075	0.692**

**和* 分别表示在 0.01 和 0.05 水平上差异显著

** and * indicate significant difference at 0.01 and 0.05 (2-tailed)

表 4 试验材料主成分分析前 5 个主成分的因子载荷矩阵及特征值描述

Table 4 The component Matrix and eigenvalues of the first five principal components in principal component analysis

表型性状 Phenotypic traits	主成分 Principal component				
	1	2	3	4	5
生育期 GP	0.279	-0.096	-0.688	0.309	-0.006
株高 PH	0.523	0.531	0.231	0.384	0.117
始节高 FFSH	0.679	0.369	-0.368	0.225	0.135
始节位 FFBN	0.367	0.221	-0.666	0.272	0.152
果枝数 FSPN	-0.146	0.224	0.716	0.353	0.016
铃数 BN	0.147	0.482	0.274	0.589	-0.064
衣分 LP	0.213	0.714	-0.101	-0.533	-0.242
单铃重 BW	0.617	-0.247	0.134	-0.190	0.572
衣指 LI	0.647	0.272	0.039	-0.524	0.217
子指 SI	0.420	-0.609	0.185	0.123	0.550
纤维长度 FL	0.828	-0.355	0.082	0.029	-0.330
纤维比强度 FS	0.774	-0.264	0.301	-0.026	-0.269
马克隆值 MV	-0.034	0.652	0.161	-0.168	0.424
整齐度 FU	0.786	0.083	0.188	-0.139	-0.209
伸长率 FE	0.849	-0.101	0.027	0.050	-0.244
特征根 Eigenvalue	4.636	2.413	1.917	1.502	1.260
贡献率(%) Contribution rate	30.903	16.088	12.783	10.010	8.403
累积贡献率(%) Cumulative contribution rate	30.903	46.992	59.775	69.785	78.188

其中第 I 类群包含 330 份材料,包含了本试验的大部分材料。其中又分为两个亚类:第 I-1 亚类共 155 份,表现为衣分及纤维比强度较高类型,包括西北内陆 88 份,长江流域 25 份,黄河流域 34 份,北部特早熟 8 份;第 I-2 亚类共 175 份,表现为株高较低类型,包括西北内陆 63 份,长江流域 36 份,黄河流域 44 份,北部特早熟 17 份,国外 15 份。

第 II 类共 24 份,表现为单铃重、纤维长度、比强度最高类型,包括西北内陆 19 份,黄河流域 1 份,长江流域 1 份,国外 3 份。

第 III 类共 39 份,表现为株高较高、果枝数较多类型,包括西北内陆 23 份,黄河流域棉 6 份,长江流域 2 份,北部特早熟 2 份,国外 6 份。

第 IV 类共 12 份,表现为单铃重、果枝数、纤维长度、比强度较高类型,包括西北内陆 7 份,黄河流域 2 份,长江流域 1 份,国外 2 份。

第 V 类共 2 份,表现为生育期及衣分最高类型,1 份来自西北内陆区,1 份来自长江流域区。

第 VI 类共 4 份,表现为生育期、果枝始节位及纤维长度最低类型,全部来自西北内陆区。

第 VII 类共 2 份,表现为生育期及果枝始节位最高类型,1 份来自西北内陆区,1 份来自黄河流域区。

第 VIII 类共 9 份,表现为生育期、株高及衣分较低类型,包括黄河流域 4 份,北部特早熟 4 份,国外 1 份。

第 IX 类共 3 份,表现为生育期最低、衣分较低类型,2 份来自西北内陆区,1 份来自北部特早熟区。

第 X 类共 4 份,表现为株高、果枝数及铃数最高类型,3 份来自西北内陆区,1 份来自黄河流域区。

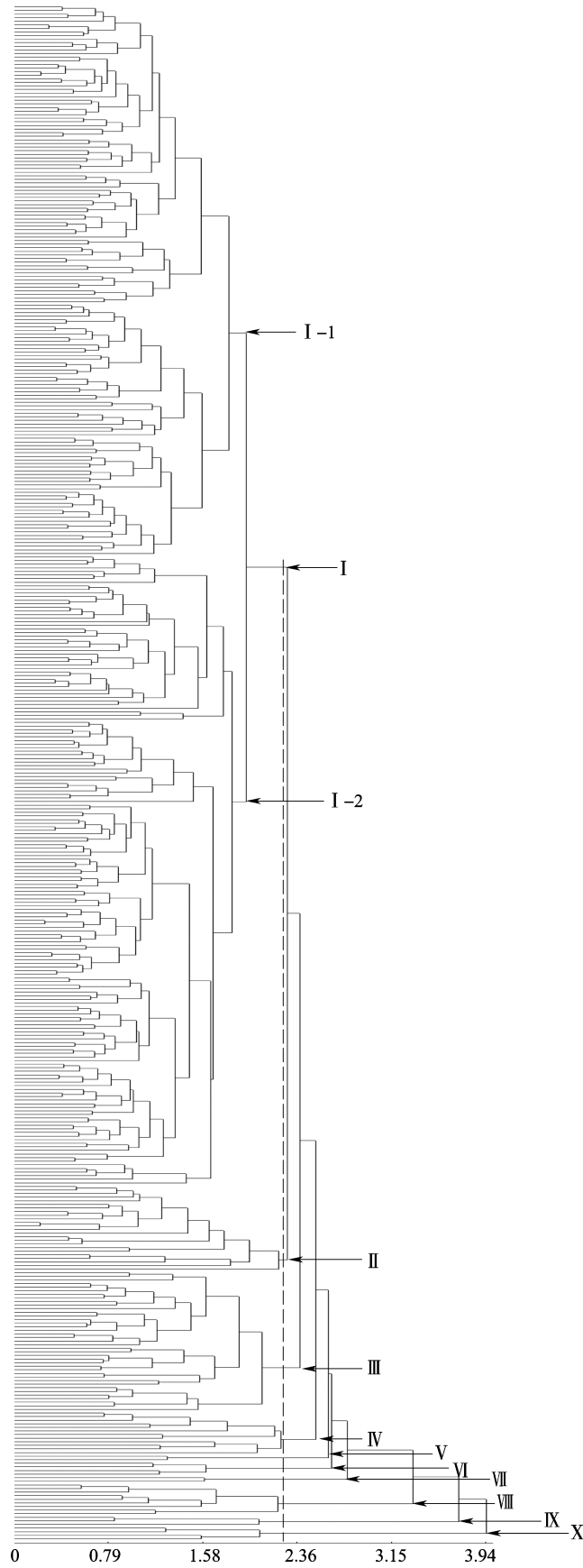


图 1 基于表型数据的棉花种质资源 UPGMA 聚类图

Fig. 1 UPGMA dendrogram based on phenotypic characteristics of cotton

表 5 不同类群表型性状的平均表现

Table 5 The average performance of phenotypic traits to each group

类群 Group	I		II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
	I-1	I-2									
份数 Issues	155	175	24	39	12	2	4	2	9	3	4
生育期(d) GP	131.1	132.5	130.4	130.3	132.8	137.6	121.8	137	127.3	125.9	133.4
株高(cm) PH	62.5	57.9	62.1	65.2	66.0	55.1	62.8	61.3	56.8	59.4	76.8
始节高(cm) FFSH	18.5	17.5	19.1	17.7	18.3	18.6	15.7	23.6	12.4	16.6	18.9
始节位 FFBN	5.3	5.3	5.0	5.2	5.3	6.4	4.3	5.8	4.3	8.6	5.2
果枝数 FSPN	8.6	8.0	7.9	9.1	9.8	7.1	9.2	7.5	9.7	8.6	10.2
铃数 BN	6.2	5.6	5.1	7.1	6.3	4.8	4.6	8.0	6.5	5.8	8.9
衣分(%) LP	43.0	40.8	40.4	40.5	40.6	44.5	43.9	42.1	35.5	38.7	39.9
单铃重(g) BW	5.7	5.5	6.3	5.5	6.3	5.0	5.6	5.5	4.6	5.8	5.4
衣指(g) LI	7.9	7.2	8.7	7.1	8.3	7.5	8.1	8.2	5.6	7.2	7.0
子指(g) SI	10.9	10.4	12.2	10.7	12.3	9.5	10.4	10.9	9.8	11.0	10.4
纤维长度(mm) FL	28.6	28.2	31.2	28.4	29.1	28.1	26.6	28.2	26.6	28.1	28.8
纤维比强度(cn/tex) FS	30.1	29.2	34.6	29.8	31.2	28.7	28.1	28.9	27.6	29.3	32.0
马克隆值 MV	4.5	4.3	4.0	4.4	4.7	4.4	5.0	4.6	4.2	4.2	4.6
整齐度(%) FU	85.5	84.9	85.7	85.2	85.7	85.6	84.5	85.4	83.3	84.4	84.3
伸长率(%) FE	6.7	6.6	6.8	6.7	6.7	6.7	6.6	6.6	6.5	6.5	6.8

3 讨论

表型性状是长期自然和人工选择的结果,表型性状的差异是生物多样性的直接表现形式,对于表型性状遗传多样性的研究是检测遗传变异最直观、最简易的方法。本研究对 429 份陆地棉种质资源在 2 年 2 点不同环境下的 15 个表型性状进行了形态多样性分析,结果显示 15 个性状的平均遗传多样性指数为 2.02,遗传多样性指数较高,说明该批材料具有较高的丰富度和均匀度;相关性分析结果表明,各性状间表现为较复杂的相关关系,其中农艺性状与产量性状表现为正相关性的居多,纤维品质性状与产量性状表现为负相关性的居多,与前人一些研究结果基本一致^[20-22],反映了同步改良棉花产量及品质性状的难度。

主成分分析是利用降维的思想,在损失很少信息的前提下把多个指标转化为几个综合指标的多元统计方法。本研究结果显示前 5 个主成分累积贡献率为 78.188%,根据各主成分的载荷值大小,将第 1 主成分作为第 1 因子,反映纤维品质性状;第 2 和第 5 主成分可合并作为第 2 因子,反映与产量相关的经济性状,第 3 和第 4 主成分可合并作为第 3 因子,反映植株生长势情况。利用上述 3 个因子对陆地棉

种质资源性状进行综合评价,可知陆地棉品种选育应集中在纤维品质优良(尤其纤维长度和比强度要高)、高衣分和株铃数多的品种。

形态性状的表现是遗传因素与环境因素共同作用的结果,能较为真实地表现资源间的遗传多样性。本研究利用表型性状的聚类分析将所有材料分为 10 个类群,其中第 I 类群占供试材料总数的 76.9%,各类群的聚类结果与材料的地理来源没有直接关系。主要是因为数量性状大部分由微效多基因控制,受环境影响大,表现形式在不同生态条件下会出现多样化^[23]。供试材料中来自新疆棉区材料在各类群中都有,说明新疆棉区资源与其他区域棉区亲缘关系较近,但在多年种植与选育中,随着环境、栽培条件等因素的改变,又出现了较为丰富的变异。

尽管利用表型性状进行种质资源评价存在性状标记数量少,易受环境因素影响等缺点,但表型性状鉴定仍是种质资源收集、保存、鉴定和利用的基础。本研究利用不同环境条件下的多点数据分析其材料的遗传多样性,可为后续棉花育种工作提供较为准确的信息数据,为亲本材料的选择,有效利用杂种优势及与基因组的关联分析提供重要表型信息,从而为育种家高效发掘和利用种质资源重要性状基因打下基础,并为棉花分子设计育种提供依据。

表 6 不同类群代表性材料的表型性状
Table 6 The phenotypic traits of representative materials to each group

类群 Group	品种 Variety	棉区 Cotton growing region	生育期 (d)	株高 (cm)	始节高 (cm)	始节位 FFBN	果枝数 FSPN	铃数 BN	衣分 (%)	单铃重 (g)	衣指 (g)	子指 (g)	纤维长 度(mm)	比强度 (cn/tex)	马克 隆值 MV	整齐度 (%)	伸长率 (%)
			GP	PH	FFSH	FFBN	FSPN	BN	LP	BW	LI	SI	FL	FS		FU	FE
I-1	K1	新疆	125.2	55.5	13.7	4.4	8.8	5.6	43.4	5.3	7.5	9.7	30.9	35.1	4.2	86.8	6.8
	新陆早 40 号	新疆	125.5	64.9	19.5	4.7	8.7	6.7	46.5	5.3	8.3	9.6	30.3	33.0	4.7	85.8	6.9
I-2	DP2824-092	新疆	139.2	43.5	12.7	5.3	8.0	5.7	37.1	4.8	6.3	10.6	29.4	30.4	4.1	85.4	6.7
	锦 185	辽宁	126.8	44.2	12.2	4.2	8.4	4.4	39.8	5.7	8.2	12.5	28.8	29.5	4.1	84.0	6.6
II	9D208	新疆	138.5	60.5	17.9	5.3	7.9	5.3	35.1	6.8	8.8	16.7	34.3	38.4	4.1	86.1	7.2
	DP201	美国	136.7	60.2	17.4	5.2	8.4	5.2	34.9	6.7	7.9	15.2	33.7	37.9	4.3	86.0	7.1
III	金垦 69-2	新疆	125.2	82.8	19.0	5.1	9.6	8.3	40.4	5.6	7.6	11.0	29.9	32.3	4.8	86.5	6.9
	29-1	新疆	133.5	73.9	20.2	5.2	9.4	7.7	34.9	6.4	7.7	14.2	29.7	31.5	4.3	86.1	6.8
IV	中棉所 35	河南	130.8	61.0	16.1	4.8	9.4	6.5	43.5	6.0	8.8	10.5	28.9	29.5	4.7	85.7	6.7
	49-34	新疆	126.8	63.4	14.0	4.9	9.6	6.3	47.1	6.1	8.5	9.6	28.6	31.7	5.3	86.4	6.7
V	101-1	新疆	135.3	48.9	15.5	6.2	7.3	4.4	46.0	4.8	7.5	8.8	27.4	28.0	4.8	85.9	6.8
	赣棉 47	江西	139.8	61.3	21.7	6.6	6.9	5.1	42.9	5.1	7.4	10.1	28.7	29.3	4.0	85.2	6.6
VI	北车-1	新疆	122.2	59.2	15.5	4.4	9.6	4.9	44.9	5.8	8.8	10.9	28.0	29.3	4.8	85.3	6.7
	98-17	新疆	121.5	61.2	17.7	4.7	8.8	4.0	44.5	5.2	7.8	9.2	25.2	26.5	5.3	83.4	6.4
VII	新陆中 23 号	新疆	138.3	64.1	25.8	6.0	7.3	7.3	40.2	5.5	8.0	11.0	28.8	28.9	4.3	84.7	6.5
	中棉所 69	河南	135.7	58.5	21.4	5.5	7.7	8.6	43.9	5.4	8.3	10.7	27.5	28.9	4.8	86.0	6.7
VIII	邯郸 173	河北	124.0	51.9	12.5	4.4	9.3	4.7	33.3	5.0	4.9	9.9	26.9	26.2	3.8	83.5	6.4
	晋中 119	山西	124.8	59.0	12.4	4.1	10.1	7.2	35.6	4.5	5.6	9.2	27.1	27.8	4.3	83.5	6.4
IX	SW1	新疆	124.8	56.7	15.7	8.4	8.5	5.9	41.1	6.0	7.4	9.6	27.8	28.5	4.2	83.8	6.5
	2-67	新疆	124.8	70.8	21.2	8.0	8.4	6.1	39.0	5.9	7.7	12.1	29.3	32.4	4.7	86.3	6.8
X	C2	新疆	134.7	82.2	23.0	5.5	9.5	8.7	37.5	4.7	6.3	9.9	27.2	33.8	5.3	79.8	6.7
	豫棉 18	河南	137.7	64.3	14.5	5.0	10.7	9.3	40.4	5.4	7.2	10.6	29.9	31.2	4.4	85.8	6.8

