

# 亚比棉及其与陆地棉、海岛棉种间杂交种的核型及似近系数聚类分析

渠云芳 段永红 黄晋玲\*

(山西农业大学 农学院,山西 太谷 030801)

**摘要** 为将原产澳洲的棉属野生种比克氏棉(*Gossypium bickii*)具有的子叶腺体延缓形成基因导入栽培种,将亚洲棉(*G. arboreum*)与比克氏棉(*G. bickii*)杂交,并经染色体加倍,获得亚比棉异源四倍体,然后再用异源四倍体与陆地棉(*G. hirsutum*)、海岛棉(*G. barbadense*)杂交获得具有[ADG]3个染色体组的三种杂种。本研究以三种杂种与其亲本为材料,对参试材料进行核型分析,并采用核型似近系数聚类分析方法对参试材料进行聚类分析。研究表明:亚比棉染色体的相对长度小于亚洲棉和比克氏棉,且变异范围较小,亚比棉的LC/SC值高于亲本亚洲棉和比克氏棉;亚比棉×陆地棉和亚比棉×海岛棉的LC/SC值比任一亲本均高。亚比棉的臂比均值最小,核型最为对称,为1A。核型聚类结果表明,陆地棉和海岛棉的核型似近系数最大为0.9958,核型进化距离为0.0042,亲缘关系最近。比克氏棉和亚比棉的核型似近系数最小为0.6483,核型进化距离为0.4334,亲缘关系最远。

**关键词** 棉花; 种间杂交种; 核型; 似近系数

中图分类号 S 562

文章编号 1007-4333(2013)05-0015-06

文献标志码 A

## Karyotype and resemblance-near coefficient analysis of (*Gossypium arboreum* × *G. bickii*) and tri-specific hybrids

QU Yun-fang, DUAN Yong-hong, HUANG Jin-ling\*

(College of Agronomy, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China)

**Abstract** *Gossypium bickii* from Australia has a special trait, with gossypol appearing only after the formation of the cotyledon. In order to transfer such useful trait of *G. bickii* into cultivars and improve its economic returns, the amphidiploid was obtained from *G. arboreum* × *G. bickii*, then some tri-specific hybrids were derived from (*G. arboreum* × *G. bickii*) × *G. hirsutum*, (*G. arboreum* × *G. bickii*) × *G. barbandense* in Shanxi Agricultural University. The tri-specific hybrids and their parents were analyzed in karyotype, and clustered by the karyotype resemblance-near coefficient aimed to establish a genetic link for all the materials. We showed that the relative length of the chromosomes from amphidiploid *G. arboreum* × *G. bickii* was smaller than that of chromosomes of *G. arboreum* and *G. bickii* with a limited change range. The LC/SC value of amphidiploid *G. arboreum* × *G. bickii* was higher than that of the *G. arboreum* and *G. bickii*; and the LC/SC value of (*G. arboreum* × *G. bickii*) × *G. hirsutum* and (*G. arboreum* × *G. bickii*) × *G. barbandense* were the highest among all the parents. The karyotype of amphidiploid *G. arboreum* × *G. bickii* was 1A with the least arm ratio. Cluster analysis showed that the closest genetic relationship was *G. hirsutum* and *G. barbandense* as their karyotype resemblance-near coefficient was the highest, namely 0.9958, their evolution distance was 0.0042. On the contrary, the farthest genetic relationship was *G. bickii*, and amphidiploid *G. arboreum* × *G. bickii*, with the lowest karyotype resemblance-near coefficient, namely 0.6483, and their evolution distance was 0.4334.

**Key words** cotton; interspecific hybrid; karyotype; resemblance-near coefficient

收稿日期: 2013-03-15

基金项目: 山西省科技攻关项目(20080311003-1); 山西农业大学博士后基金项目(112118); 山西农业大学博士科研启动项目(xb2011011)

第一作者: 渠云芳, 讲师, 主要从事棉花育种研究, E-mail: quyunfang@163.com

通讯作者: 黄晋玲, 教授, 博士, 主要从事棉花育种研究, E-mail: hjl2003ie@yahoo.com.cn

棉花遗传改良的潜力取决于种质资源,是否拥有丰富的种质基因库,是决定育种工作成败的关键因素之一<sup>[1]</sup>。棉属野生种具有许多优良基因,它们在棉花育种中具有重要的应用价值,并且具有丰富的遗传多样性。通过远缘杂交手段把这些优良基因转育到陆地棉中,可以拓宽棉花种质资源的遗传基础<sup>[2]</sup>。

原产澳洲的棉属野生种比克氏棉具有一种特殊的子叶腺体延缓形成特性,即棉子仁中无色素腺体,种子萌发出苗后,茎叶、花蕾各器官上才出现色素腺体,该性状对棉花的综合利用具有重要应用价值。此外,比克氏棉还具有多毛、抗虫和结铃性强等特性。为了将比克氏棉的优良性状基因导入栽培种,培育种子无腺体/植株有腺体的优良种质,山西农业大学棉花育种组将亚洲棉(*G. arboreum*)与比克氏棉(*G. bickii*)杂交,并经过染色体加倍,首次获得了可育亚比棉异源四倍体。该杂种稳定的保留了种子无腺体/植株有腺体的优良特性,为最终培育集粮、棉、油三位一体而又抗虫的栽培棉奠定基础。然后再用该双二倍体分别与栽培种陆地棉(*G. hirsutum*)、海岛棉(*G. barbadense*)杂交,获得三种杂种。

核型为生物遗传物质细胞水平上的表征,与外部形态相比,其受外界环境因素影响较小,更能保持相对稳定。以核型数据为依据,研究和比较物种的染色体核型可以确定物种本身的遗传学特征,有助

于对物种的亲缘关系进行判断和分析,揭示遗传进化的过程和机制<sup>[3]</sup>。核型分析在大麦<sup>[4]</sup>、龙舌兰属<sup>[5]</sup>、鬼针草属<sup>[6]</sup>、黑麦属<sup>[7]</sup>和棉属<sup>[8]</sup>等植物中已广泛应用。

而核型似近系数是2个物种在形态结构上等同程度的表征,它反映的是物种间在核型上的同源性或亲缘关系的远近<sup>[9]</sup>。谭远德等<sup>[10]</sup>在1993年提出了以核型数据为基础的核型似近系数聚类法,较好地克服了传统形态分析带来的局限性,并做到了物种间核型相似的数量化,能多向、立体、多维地考察物种间的亲缘关系,使结果客观可靠。

核型似近系数和进化距离,是根据数值分类学原理和似近分析理论对核型数据进行数理统计,以估计物种间的相似性和差异程度,现已在绵羊<sup>[11]</sup>、苜蓿<sup>[12]</sup>、锦鸡儿属植物<sup>[13]</sup>、乌头属植物<sup>[14]</sup>、牡丹<sup>[15]</sup>等物种上有所应用,但在棉花上尚未见报道。本研究利用核型似近系数聚类分析对该三种杂种及其亲本进行分析,旨在探讨参试材料之间的核型差异和亲缘关系,为低酚棉种质资源的创新,种子无腺体/植株有腺体低酚棉新品种的培育提供材料基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

所用材料为山西农业大学棉花育种组提供,见表1。

表1 棉花试验材料  
Table 1 Tested cotton materials

编号 No	材料名称 Material name	基因组符号 Genome symbol	主要特征 Main characteristics
1	亚洲棉 <i>G. arboreum</i>	A <sub>2</sub> A <sub>2</sub>	花为黄色,基部有红斑,茸毛短而少
2	比克氏棉 <i>G. bickii</i>	G <sub>1</sub> G <sub>1</sub>	浅粉红色花,基部有红斑,茸毛多长
3	亚洲棉×比克氏棉异源四倍体 Amphidiploid of <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i>	A <sub>2</sub> A <sub>2</sub> G <sub>1</sub> G <sub>1</sub>	粉红花,基部有红斑,茸毛多而长
4	陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	[AADD] <sub>1</sub>	花为乳白色,基部无红斑
5	海岛棉 <i>G. barbandense</i>	[AADD] <sub>2</sub>	花为黄色,基部有红斑,无茸毛
6	亚比棉×陆地棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. hirsutum</i>	A <sub>2</sub> A <sub>2</sub> G <sub>1</sub> G <sub>1</sub> × [AADD] <sub>1</sub>	深粉红花,基部有红斑,茸毛较多而长
7	亚比棉×海岛棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. barbandense</i>	A <sub>2</sub> A <sub>2</sub> G <sub>1</sub> G <sub>1</sub> × [AADD] <sub>2</sub>	深粉红花,基部有红斑,无茸毛

### 1.2 方法

#### 1.2.1 核型参数的获得

种子预先浸种1 d,于25~30℃条件下发芽,待

根尖长至2~3 cm长时,截取2~3 mm的根尖,饱和对二氯苯溶液预处理2.0~2.5 h,卡诺固定液(体积比为无水乙醇3:冰乙酸1)固定2~24 h,2%

纤维素酶和果胶酶混合水溶液在 28~35 °C 下酶解 30~60 min, 经 60 °C 预热的 1 mol/L HCl 解离约 8~15 min, 卡宝品红染色压片。

核型分析方法参照李懋学<sup>[16]</sup>的报道, 每一棉种统计 50 个以上可准确计数染色体的细胞, 以确定该棉种的染色体数目。分别从 5 个以上根尖压片中, 选择缢痕清晰而又分散良好的 5~12 个细胞供核型分析。将照相所得染色体图像进行编号, 测量其长臂、短臂值, 根据所得数据进行同源染色体的人工配对, 并按染色体的长度从长至短顺序编号。最后, 取 5~12 个细胞平均值作为该棉种的染色体数。

1.2.2 数据统计方法

1) 核型数据分析。

根据以下公式对参试材料的核型数据进行整理。

相对长度 = 染色体长度 / 染色体组总长度 × 100%

染色体长度比 (LC/SC) = 最长染色体长度 / 最短染色体长度

臂比 = 长臂 / 短臂

臂比均值 (AAR) = Σ 单条染色体臂比 / 染色体数目

臂比值大于 2 的染色体比例 (PCA) = 臂比值大于 2 的染色体数目 / 全组染色体数

着丝粒指数 = 短臂 / 该染色体的总长度

核型不对称系数 (AKC) = (染色体长臂总长 / 全组染色体总长) × 100%

2) 核型似近系数和进化距离计算。

核型似近系数的计算参照谭远德等<sup>[10]</sup>所述方法。核型进化距离的计算参照吴昌谋<sup>[17]</sup>的方法, 计算各材料两两间的遗传距离。在计算核型似近系数时, 主要的数值指标有配子的染色体数、染色体相对长度、着丝粒指数、臂比值以及平均数、方差、极差等。

3) 核型聚类分析。

利用李峰等<sup>[18]</sup>设计的核型似近系数聚类分析软件对核型数据进行聚类分析。

2 结果与分析

根据核型似近系数分析的原理与方法, 对三种杂种及其亲本的染色体相对长度、臂比、着丝粒指数、染色体类型(表 2)等染色体参数进行整理备用。

表 2 三种杂种及亲本的染色体类型

Table 2 Type of the chromosomes of tri-hybrids and parents

染色体类型 Chromosome type	亚洲棉		亚比棉		陆地棉		海岛棉		亚比棉×陆地棉	亚比棉×海岛棉
	<i>G. arboreum</i>	<i>G. bickii</i>	<i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i>	<i>G. hirstum</i>	<i>G. hirstum</i>	<i>G. barbandense</i>	( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. hirstum</i>	( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. barbandense</i>		
M	0	0	0	0	0	0	1	0		
m	10	8	25	16	19	22	22			
sm	2	5	1	9	6	3	4			
st	1	0	0	1	1	0	0			
t	0	0	0	0	0	0	0			

2.1 三种杂种及其亲本的核型参数分析

亚洲棉染色体相对长度变异范围在 8.62%~5.78% 之间, 比克氏棉染色体相对长度变异范围在 9.46%~4.23% 之间, 亚比棉双二倍体染色体相对长度变异范围在 4.75%~2.88% 之间, 陆地棉染色体相对长度变异范围在 5.49%~2.56% 之间, 海岛棉染色体相对长度变异范围在 5.31%~2.55% 之间, 三种杂种亚比棉×陆地棉染色体相对长度变异范围在 6.12%~2.56% 之间, 三种杂种亚比棉×海岛棉染色体相对长度变异范围在 6.91%~1.99% 之间。由此可以看出, 亚比棉双二倍体染色体的相对长度小于亚洲棉和比克氏棉, 且变异范围较小, 而

亚比棉×陆地棉和亚比棉×海岛棉染色体相对长度变异范围较大。

对于臂比值, 三种杂种及其亲本数值的变化幅度也不相同, 亚洲棉臂比值变化于 1.10~3.15 之间, 比克氏棉臂比值变化于 1.11~2.11 之间, 亚比棉双二倍体臂比值变化于 1.02~1.83 之间, 陆地棉臂比值变化于 2.09~1.14 之间, 海岛棉臂比值变化于 1.14~3.10 之间, 亚比棉×陆地棉臂比值变化于 1.02~1.82 之间, 亚比棉×海岛棉臂比值变化于 1.01~2.31 之间。进一步对参试材料的各染色体着丝点位置进行比较分析, 可以看出, 亚比棉×陆地棉染色体着丝点与其他材料有明显的区别, 除了包

含中部着丝点(m)、亚中部着丝点(sm)外,还包含有正中部着丝点(M)。而其他材料染色体着丝点类型可以分为两大类,一类包括中部着丝点(m)、亚中部着丝点(sm)2种类型,如比克氏棉、亚比棉、亚比棉×海岛棉杂种;另一类包括中部着丝点(m)、亚中部着丝点(sm)和亚端部着丝点(st)3种类型,如亚洲棉、陆地棉和海岛棉(表2)。

## 2.2 三种杂种及其亲本的核型比较

对三种杂种及其亲本的核型结构、长短臂比值(LC/SC)、臂比均值(AAR)、核型不对称系数及臂比值大于2的染色体比例(PCA)等指标进一步比较,亚比棉的LC/SC值高于亲本亚洲棉和比克氏

棉;亚比棉×陆地棉和亚比棉×海岛棉的LC/SC值比任一亲本均高。亚比棉的臂比均值最小,为1.33;其次为亚比棉×陆地棉的臂比均值,为1.36,而由核型不对称系数可知,亚比棉与亚比棉×陆地棉核型不对称系数最小为0.57,并且除亚比棉和亚比棉×陆地棉臂比值均小于2以外,其余参试材料均存在臂比值均大于2的染色体。臂比均值体现的是一个核型内所有染色体整体的不对称性。臂比值结合核型不对称系数可以看出,亚比棉的核型最为对称,为1A,其次为亚比棉×陆地棉,核型类型为1B。另外,参试材料的核型公式不尽相同(表3)。

表3 三种杂种及亲本的核型公式和核型参数

Table 3 Karyotype formula and karyotype parameters of tri-hybrids and parents

材料名称 Material name	核型公式 Karyotype formula	染色体长度比 Ratio of chromosome length	臂比均值 Average of the arm ratio	核型不对称系数 Karyotype asymmetry index	臂比值大于2的 染色体比例 Percentage of the arm ratio > 2	核型类型 Karyotype
亚洲棉 <i>G. arboreum</i>	$2n = 2x = 26 = 20m + 4sm (2SAT) + 2st (SAT)$	1.49	1.51	0.58	0.15	2A
比克氏棉 <i>G. bickii</i>	$2n = 2x = 26 = 16m (4SAT) + 10sm$	2.24	1.50	0.59	0.08	2B
亚比棉 <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i>	$2n = 4x = 52 = 50m (6SAT) + 2sm$	1.65	1.33	0.57		1A
陆地棉 <i>G. hirsutum</i>	$2n = 4x = 52 = 32m (4SAT) + 18sm + 2st (SAT)$	2.14	1.61	0.61	0.08	2B
海岛棉 <i>G. barbandense</i>	$2n = 4x = 52 = 40m + 10sm (2SAT) + 2st (SAT)$	2.08	1.55	0.61	0.12	2B
亚比棉×陆地棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. hirsutum</i>	$2n = 4x = 52 = 2M + 44m (2SAT) + 6sm (2SAT)$	2.39	1.36	0.57		1B
亚比棉×海岛棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. barbandense</i>	$2n = 4x = 52 = 44m (2SAT) + 8sm (2SAT)$	3.47	1.37	0.58	0.08	2B

## 2.3 三种杂种及亲本的核型似近系数和聚类分析

根据核型似近系数和核型进化距离的计算原理和方法,对染色体相对长度、臂比、着丝粒指数和染色体类型等数据,使用核型似近系数的聚类分析软件计算参试材料的核型似近系数和进化距离(表

4)。由表4可以看出,陆地棉和海岛棉的核型似近系数最大为0.9958,核型进化距离为0.0042,亲缘关系最近。这与王坤波的研究结果相一致<sup>[19]</sup>。比克氏棉和亚比棉的核型似近系数最小为0.6483,核型进化距离为0.4334,亲缘关系最远。

表 4 染色体核型分析的核型似近系数和进化距离

Table 4 Kryotype resemblance-near coefficients and evolutionary distance of tri-hybrids and parents

材料 Material	亚洲棉 <i>G. arboreum</i>	比克氏棉 <i>G. bickii</i>	亚比棉 <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i>	陆地棉 <i>G. hirstum</i>	海岛棉 <i>G. barbandense</i>	亚比棉 × 陆地棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. hirstum</i>	亚比棉 × 海岛棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. barbandense</i>
亚洲棉 <i>G. arboreum</i>	—	0.015 0	0.422 7	0.330 6	0.339 2	0.392 7	0.358 0
比克氏棉 <i>G. bickii</i>	0.985 2	—	0.433 4	0.336 4	0.346 2	0.401 6	0.364 5
亚比棉 <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i>	0.655 3	0.648 3	—	0.028 8	0.025 9	0.034 2	0.033 1
陆地棉 <i>G. hirstum</i>	0.718 5	0.714 3	0.971 7	—	0.004 2	0.035 0	0.036 7
海岛棉 <i>G. barbandense</i>	0.712 4	0.707 4	0.974 4	0.995 8	—	0.032 9	0.035 7
亚比棉 × 陆地棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. hirstum</i>	0.675 2	0.669 2	0.966 3	0.965 6	0.967 7	—	0.024 7
亚比棉 × 海岛棉 ( <i>G. arboreum</i> × <i>G. bickii</i> ) × <i>G. barbandense</i>	0.699 0	0.694 6	0.967 5	0.964 0	0.964 9	0.975 6	—

注：左下区为核型似近系数，右上区为核型进化距离。

Note: Lower left data refer to kryotype resemblance-near coefficients, top right data refer to evolutionary distance.

利用似近系数平均聚类法(UPGMA)进行聚类，在核型似近系数为 0.966 6 时，将参试材料聚类为 2 大类。第 1 大类包括亚比棉、陆地棉、海岛棉、亚比棉 × 陆地棉，亚比棉 × 海岛棉。第 2 大类包括亚洲棉和比克氏棉(图 1)。在第 1 大类中，由于陆地棉和海岛

棉均属于[AD]染色体组，在遗传组成上相似，所以先聚为 1 类。亚比棉 × 陆地棉和亚比棉 × 海岛棉由于有一个共同的亲本亚比棉，所以先聚为 1 类。而由于亚比棉和陆地棉、海岛棉的亲缘关系较远，所以在 0.978 1 处才与陆地棉和海岛棉聚为 1 类。

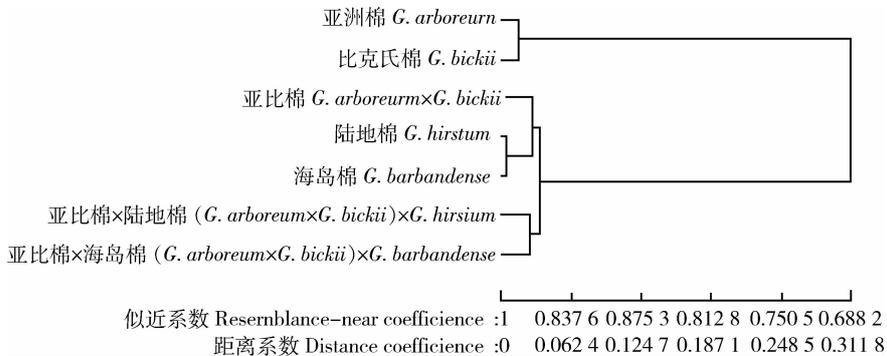


图 1 三种杂种及亲本的核型似近系数聚类图

Fig. 1 Cluster figure of karyotype evolutionary distance tri-hybrids and parents

### 3 讨论

#### 3.1 三种杂种及其亲本核型不对称系数的探讨

Stebbins 认为，高等植物核型进化的基本趋势是由对称向不对称发展，系统演化上处于比较古老

或原始的植物，大多数具有较对称的核型，而不对称的核型则出现在衍生或进化较高的植物中<sup>[20]</sup>。因此，根据 Stebbins 观点，本试验中全部参试材料的核型进化程度由高到低依次为：(陆地棉、海岛棉、比克氏棉、亚比棉 × 海岛棉)2B>(亚比棉 × 陆地棉)

1B>(亚洲棉)2A>(亚比棉)1A,即比克氏棉、陆地棉、海岛棉和亚比棉×海岛棉的染色体最不对称,为2B型。而亚比棉的染色体最为对称,为1A型。核型不对称系数是反映染色体对称与否、进化与否的另一个参数指标<sup>[21]</sup>。本试验中核型不对称系数最大的为陆地棉和海岛棉,为0.61,亚比棉和亚比棉×陆地棉核型不对称系数最小,为0.57,说明亚比棉和亚比棉×陆地棉的染色体最为对称。但此结论与根据 Stebbins 划分所得的结论存有差异。出现不同结论的原因,可能是由于参试材料的核型不对称系数相差比较小,难以单独根据核型不对称系数来判断核型进化程度的高低,而且在染色体制片过程中,对参试材料进行预处理时,预处理液的浓度和处理时间不太合适,引起染色体过渡收缩或伸长,致使测量结果不太准确,使所得的核型参数有误差。

### 3.2 核型似近系数检测物种亲缘关系的可行性

物种间都有一定的亲缘关系。最能反映物种间亲缘关系的莫过于遗传物质。遗传物质的相似性可以决定物种间的亲缘关系。遗传物质在细胞水平上的表征就是核型。根据核型来研究物种间的相似性,为物种的分类提供了一个重要指标<sup>[17]</sup>。核型结构不受或很少受环境的影响,根据核型数据估算出的核型似近系数克服了一般相似系数单向或平面考察物种相似性的缺点,能多向、立体、多维和比较客观的反应物种间亲缘关系的远近,但也存在一定局限性。在本研究中,从核型似近系数的聚类分析结果看,陆地棉与海岛棉在遗传组成上相似,所以先聚为1类,亚比棉×陆地棉与亚比棉×海岛棉,由于有一个共同的亲本亚比棉,所以聚为1类,其聚类结果与渠云芳<sup>[22]</sup>的研究结果基本一致,而由于亚比棉双二倍体是亚洲棉与比克氏棉杂交加倍所得,并且比克氏棉的遗传成分所占比例大,应先聚为1类。但在本研究中比克氏棉却与其亲缘关系较远的亚洲棉先聚为了1类,这与渠云芳<sup>[22]</sup>的研究结果不太一致。其原因可能是由于在核型分析中,染色体数目在聚类中起到了主导作用,染色体数目相同的物种首先聚为1类。在植物中染色体加倍和物种间基因重组频率较高,而染色体数目一旦发生变化,该方法就显示出明显的局限性,这也可能是造成核型似近系数聚类分析结果与本课题组前期研究结果不同的原因之一。

展对策[J]. 江西棉花, 2006, 28(5): 3-5

- [2] 丁明会. 棉花远缘杂交种质及部分湖北省品种的遗传多样性研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2008
- [3] 王建波. 遗传学实验教程[M]. 武汉: 武汉大学出版社, 2004: 47
- [4] Siamak Ghaffaripour, Rahmatollah Karimizadeh, Mohtasham Mohammad, et al. Karyotypic studies on some genotypes of hull-less barley (*Hordeum vulgare* L.) [J]. Turk J Field Crops, 2011, 16(2): 245-250
- [5] Guadalupe P, Martínez J, Méndez I. Karyotype studies in cultivars of *Agave tequilana* Weber [J]. Caryologia, 2008, 61: 144-153
- [6] Maria F J, Laughinghouse D, Silva A D, et al. Variability of the chromosomal number and meiotic behavior in populations of *Bidens pilosa* L. (Asteraceae) from southern Brazil [J]. Caryologia, 2008, 61: 164-169
- [7] Naseri H R, Azarnivand H, Jafari M. Chromosomal evolution in some Iranian *Artemisia* L using numerical analysis of karyotypes [J]. Cytologia, 2009, 74: 55-64
- [8] Sheidai M, Dokhanchi A, Noormohammadi Z. Karyotype and chromosome pairing analysis in some Iranian upland cotton (*Gossypium hirsutum*) cultivars [J]. Cytologia, 2009, 73: 275-281
- [9] 王霖娇. 20种淫羊藿属植物核型似近系数聚类分析和进化距离的估计[J]. 贵州师范大学学报: 自然科学版, 2008, 26(3): 13-16
- [10] 谭远德, 吴昌谋. 核型似近系数的聚类分析方法[J]. 遗传学报, 1993, 10(4): 21-25
- [11] 李小勤, 冷向军, 吴登俊. 国内主要绵羊品种基于染色体核型进化距离的聚类分析[J]. 扬州大学学报: 农业与生命科学版, 2009, 30(3): 26-30
- [12] 张雪婷, 杨文雄, 杨芳萍, 等. 6个紫花苜蓿材料的核型及其亲缘关系分析[J]. 西北植物学报, 2011, 31(4): 0671-0676
- [13] 宋芸, 乔永刚, 李祎, 等. 16种锦鸡儿属植物核型似近系数聚类分析[J]. 中国草地学报, 2011, 33(4): 83-88
- [14] 宋芸, 乔永刚, 吴玉香. 16种乌头属植物核型似近系数聚类分析[J]. 草地学报, 2012, 20(2): 352-357
- [15] 史倩倩, 王雁, 周琳, 等. 中原牡丹传统品种的核型及进化关系[J]. 东北林业大学学报, 2012, 40(11): 23-27
- [16] 聂如芝, 李懋学. 棉属植物核型研究[M]. 北京: 科学出版社, 1993: 17
- [17] 吴昌谋. 核型似近系数和进化距离的估计[J]. 动物分类学报, 1992, 1(3): 338-344
- [18] 李峰, 潘沈元. 核型似近系数的聚类分析软件设计[J]. 徐州师范大学学报: 自然科学版, 2005, 23(4): 64-67
- [19] 王坤波. 棉属 21 个种基于原位杂交的核型分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009
- [20] 李贵全. 细胞学研究基础[M]. 北京: 中国林业出版社, 2001: 93
- [21] 李懋学, 张赞平. 作物染色体及其研究技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 220-221
- [22] 渠云芳. 亚比棉及其三种杂种的遗传分析[D]. 太谷: 山西农业大学, 2003

### 参 考 文 献

责任编辑: 袁文业