

水稻千粒重对大气 CO₂ 浓度升高的响应

范桂枝¹ 蔡庆生^{1,*} 王春明² 万建民² 李军营¹ 朱建国^{3,*}

(¹南京农业大学生命科学学院;²南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室,江苏南京 210095;³中国科学院南京土壤研究所,江苏南京 210008)

摘要:以 65 个水稻染色体片段置换系 (CSSL, chromosome segment substitution lines, 以 *Asominori* 为背景, 置换片段来自 IR24) 为材料, 对比分析了正常大气 CO₂ 浓度 (对照) 和 FACE (Free Air CO₂ Enrichment, 大气 CO₂ 浓度增加 200 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$) 下千粒重的变化及其 QTL (quantitative trait loci) 定位。结果表明, FACE 下, 供试株系千粒重的增长率变化幅度为 -12.31% ~ 14.51%, 呈正负两种响应, 其中置换系 AI8 和 AI61 及 AI10 和 AI41 的变幅最大, 分别达极显著和显著水平; 共检测到控制千粒重性状的 5 个 QTL, 分别分布在第 1、7 和 10 条染色体上。其中 1 个 *qGWT-10* 位于第 10 染色体上的是在两种 CO₂ 浓度下都检测到的位点相同但贡献率和加性效应值不同的 QTL, 其余的分别在 FACE 或对照下检测到; *qGWT-1F* 和 *qGWT-7F* 只在 FACE 下检测到, 说明控制水稻千粒重的基因表达易受环境 CO₂ 浓度的影响, 这些对 CO₂ 浓度响应敏感的基因可能存在于第 1 和第 7 条染色体。

关键词: CO₂ 浓度; 水稻; 染色体置换系; 千粒重; QTL

中图分类号: S511

Response of 1 000-grain Weight to FACE in CSSL Population of Rice (*Oryza sativa* L.)

FAN Gui-Zhi¹, CAI Qing-Sheng^{1,*}, WANG Chun-Ming², WAN Jian-Min², LI Jun-Ying¹, ZHU Jian-Guo³

(¹ College of Life Sciences, ² State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, Jiangsu; ³ Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, Jiangsu, China)

Abstract: Since the industrial revolution, the CO₂ concentration in the atmosphere has increased from approximately 280 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ to about 370 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ today. It is expected that atmospheric CO₂ levels will continue to rise, and during the century could well exceed 500, even over 550 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$. FACE stands for Free Air CO₂ Enrichment. FACE technology is capable of providing a means by which the environment around growing plants may be modified to realistically simulate future concentrations of atmospheric carbon dioxide (CO₂). Few studies have evaluated elevated CO₂ responses of 1 000-grain weight (GWT). This study was conducted to determine the different genetic effects controlling GWT of rice (*Oryza sativa* L.) under ambient atmosphere CO₂ concentration (CK) and FACE (ambient + 200 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$), which may be useful for rice breeding in future. A mapping population of 65 *indica* (IR24) chromosome segment substitution lines (CSSLs) with *japonica* (*Asominori*) background was used to detect quantitative trait loci (QTL) for GWT under CK and FACE. The main results indicated that the increasing rates for GWT of CSSL were ranged from -12.31% to 14.54% presenting nearly a normal school under FACE in compared with that under CK (Fig. 1). Among of them, those increasing rates of GWT in the CSSL AI8, AI61 and CSSL AI10, AI41 under FACE were most different from CK significantly at 1% and 5% level respectively (Table 1). As compared with CK, the rate of increasing of GWT in CSSL AI8, AI10, AI41 and AI61 under FACE, increased by 14.32%, 14.51%, -7.08% and -12.32%, respectively. A total of 5 QTLs for GWT were detected on chromosome 1, 7 and 10 under FACE and CK. *qGWT-10* was simultaneously detected under both FACE and CK (Table 2). And its percentage of variation explained and the value of additive were different under FACE

*基金项目: 国家自然科学基金项目资助(30270800 和 40231003)。

作者简介: 范桂枝(1974-), 女, 山西榆次人, 南京农业大学博士生, 主要从事植物环境生理及其遗传改良研究。

通讯作者: 蔡庆生, 女, 教授, 博士生导师, 研究方向为植物生理。Tel: 025-84395187, E-mail: qscail@njau.edu.cn

Received (收稿日期): 2004-06-07, Accepted (接受日期): 2004-08-16.

and CK. The remained QTLs were detected only under one level of CO₂, especially *qGWT-1F* and *qGWT-7F* on chromosome 1 and 7 were detected only in FACE. It can be suggested that the heredity of GWT is affected by CO₂ concentration, and the genes controlling GWT responded to elevate CO₂ might be located in relative region of chromosome 1 and 7.

Key words: CO₂ concentration; Rice; Chromosome segment substitution lines (CSSL); 1000-grain weight; Quantitative trait loci (QTL)

据报道,上世纪末大气中 CO₂ 浓度已从工业革命前(1800年)的 280 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ 上升到 370 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ 左右,如果不采取 CO₂ 排放的限制措施,预计 2050 年将超过 550 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$ [11]。未来大气 CO₂ 浓度的升高将对植物生长发育产生怎样的影响?针对该问题世界范围内已设置了 30 多个 FACE(Free Air CO₂ Enrichment,大气 CO₂ 浓度增加 200 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$) 试验基地,对包含 C₃ 和 C₄ 植物在内的多种植物开展了研究,其中包括我国于 2001 年在江苏省无锡市安镇年余农场建立的 FACE 稻麦轮作试验基地 [2]。

FACE 条件下对水稻的研究表明,CO₂ 浓度升高使其净光合速率增大、叶绿素含量增加、碳水化合物含量增加、生物量积累加速、经济产量提高 [3-5]。千粒重是构成水稻籽粒产量的重要因子之一,与水稻单产呈显著的正相关 [6]。目前,对产量构成因子的遗传基础研究已达到分子水平,其中对水稻千粒重数量性状位点(QTLs, quantitative trait loci)的分析报道也较多 [7-14]。已有研究表明,水稻产量性状遗传位点会与环境发生互作效应 [9],在特殊环境下,如盐胁迫环境下,水稻出现了一些新的 QTLs [15,16]。那么,在 CO₂ 浓度升高的环境中,控制水稻产量性状的遗传基因表达会受到何种影响,是否会相应出现在正常大气 CO₂ 浓度条件下所表现不出的新的 QTLs 的表达?本研究以适合在多种环境条件下进行遗传定位、生理分析的水稻 *Asominori/IR24* 染色体置换系为材料 [17,18],借助我国惟一的 FACE 平台,旨在分析水稻千粒重的 QTL 与 CO₂ 浓度升高环境的互作效应,搞清大气 CO₂ 浓度升高对水稻千粒重遗传表达的影响;了解不同水稻染色体置换系的千粒重对 CO₂ 浓度升高的响应差异,利用分子标记剖析控制千粒重的基因数目及其遗传效应,为今后培育适合大气 CO₂ 浓度升高条件下的水稻新品种提供合理筛选育种材料的理论参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

水稻 *Asominori/IR24* 染色体置换系(chromosome segment substitution lines)简称 CSSL 由南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室万建民教授提供。该群体以 *Asominori* 为背景,各株系分别具有供体 *IR24* 的不同染色体置换片段,并且这些置换片段分布于 *Asominori* 的不同染色体的不同位置上。因此此群体可以精确定位 QTL 和估计其遗传效应 [17,18]。65 个 CSSL 及其亲本于 2002 年种植在江苏省无锡市安镇年余农场 FACE 圈内。大田早育秧,5 月 18 日播种,6 月 17 日人工移栽,行距 25 cm,株距 16.7 cm,3 株苗·穴⁻¹。自移栽期起,设对照(约 370 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$)和 FACE(570 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$)2 处理。

1.2 试验方法

FACE 系统平台位于 31°37' N, 120°28' E。年降水量 1 100~1 200 mm,年平均温度约 16℃,年日照时间大于 2 000 h,年无霜天数大于 230 d,土壤类型为黄泥土,耕作方式为水稻、冬小麦轮作。FACE 圈与 FACE 圈之间、FACE 圈与对照圈之间的间隔大于 90 m。为减少 CO₂ 释放对其他圈的影响,FACE 圈设计为正八角形,直径为 12.5 m,通过 FACE 圈周围的管道向 FACE 团中心喷射纯 CO₂ 气体,电脑控制 FACE 圈内 CO₂ 浓度,使其全生育期的平均 CO₂ 浓度保持在 570 $\mu\text{mol} \cdot \text{mol}^{-1}$,控制误差为 10%。对照田块没有安装 FACE 管道,其余环境条件与自然状态完全一致。试验在 3 个 FACE 区(3 次重复)和 5 个对照区(CK,5 次重复)中进行。

1.3 千粒重的测定

成熟时各株系及亲本单穴收获,去除空瘪粒后计算千粒重,各区内取样,重复 5 次。

1.4 QTL 分析

在已构建的染色体置换系遗传图谱的基础上 [17],对千粒重进行线性回归模型分析。采用 LOD

值 2.0 作为阈值来判断 QTL 的存在,若标记区间 LOD 2.0 则认为该区间 LOD 值最高处所对应的位点即为该性状的 1 个 QTL。计算每个 QTL 对千粒重的贡献率和加性效应, QTL 的命名原则遵循 McCouch 规则^[17]。对 QTL 检测出的位点所对应的置换系作 FACE 和对照条件下的对比分析。

2 结果与分析

2.1 CSSL 千粒重对 FACE 的响应

成对比较同一株系在 FACE 和对照条件下的千粒重,发现在 65 个水稻染色体置换系中,32 个株系的千粒重在 FACE 下的高于正常大气 CO₂ 浓度下的,千粒重增幅为 0.11% ~ 14.54%,而其余株系表现为负增长,其增幅为 -12.32% ~ -0.06% (图 1)。

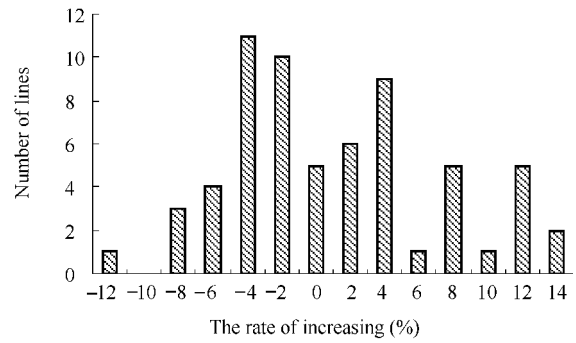


图 1 FACE 下 CSSL 千粒重的增长率分布图
Fig.1 Frequency distribution of the rate of increasing 1 000-grain weight under FACE in CSSL

在供试株系中,有 24 个株系的千粒重对 CO₂ 浓度升高的响应达显著和极显著水平(表 1),其中,千粒重增幅最大的为 AI8 (14.32%)和 AI10(14.51%)。

表 1 FACE 下千粒重增长显著的置换系

Table 1 The CSSLs with significant difference in the rate of increasing 1 000-grain weight between FACE and CK

P 0.01				P 0.05			
株系 Line	FACE (570 μmol mol ⁻¹)	CK (370 μmol mol ⁻¹)	增长率 The rate of increasing	株系 Line	FACE (570 μmol mol ⁻¹)	CK (370 μmol mol ⁻¹)	增长率 The rate of increasing
AI6	25.82 ±0.95	24.59 ±0.42	4.98 %	AI10	23.49 ±0.92	20.51 ±1.81	14.51 %
AI8	25.41 ±0.70	21.68 ±1.17	14.32 %	AI11	23.45 ±0.86	21.24 ±1.09	10.39 %
AI21	23.04 ±0.39	24.05 ±0.01	- 3.11 %	AI12	23.75 ±0.66	24.99 ±0.86	- 4.96 %
AI31	25.15 ±0.04	26.05 ±0.55	- 3.47 %	AI17	23.04 ±0.21	22.04 ±0.83	4.52 %
AI37	21.63 ±0.36	23.50 ±0.92	- 7.97 %	AI26	24.99 ±0.25	25.29 ±0.12	- 1.14 %
AI42	27.77 ±0.44	27.21 ±0.10	2.09 %	AI27	26.61 ±1.22	24.77 ±0.34	7.41 %
AI47	28.52 ±0.23	27.65 ±0.50	3.12 %	AI30	26.13 ±0.92	24.29 ±1.29	7.57 %
AI50	25.31 ±0.49	22.41 ±1.51	12.94 %	AI39	28.99 ±0.28	28.11 ±0.74	3.14 %
AI55	25.32 ±0.62	23.61 ±0.80	7.26 %	AI41	26.30 ±0.99	28.30 ±1.26	- 7.08 %
AI56	25.57 ±0.39	22.84 ±1.27	11.97 %	AI46	27.28 ±0.67	26.05 ±0.89	4.69 %
AI61	23.35 ±0.88	26.63 ±1.00	- 12.32 %	AI58	22.72 ±0.63	24.05 ±0.99	- 5.57 %
AI63	28.06 ±0.47	27.20 ±0.40	3.15 %				
AI65	25.44 ±0.59	26.88 ±0.30	- 5.33 %				

2.2 FACE 和对照条件下水稻千粒重性状的表型值

在 FACE 和对照条件下,亲本 Asominori 和 IR24 间的千粒重差异达极显著水平;在置换系群体中千粒重性状呈连续变异,并表现出超亲分离现象

(图 2, 图 3)。对群体千粒重性状表型值统计分析表明,在 FACE 和对照条件下不同置换系间千粒重呈近似连续正态分布,适合 QTL 分析。

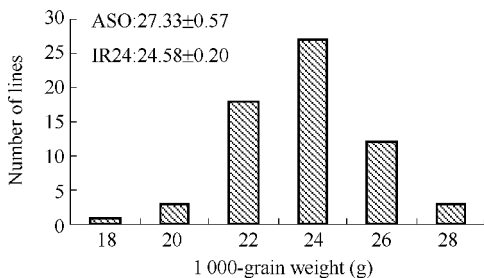


图 2 FACE 下 CSSL 的千粒重次数分布
Fig.2 Frequency distribution of 1 000-grain weight under FACE in CSSL

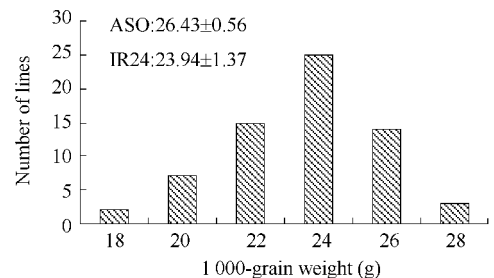


图 3 正常大气 CO₂ 浓度下 CSSL 的千粒重次数分布
Fig.3 Frequency distribution of 1 000-grain weight under current CO₂ concentration in CSSL

亲本 Asominori 简称为 ASO。ASO stands for Asominori.

2.3 FACE 和对照条件下水稻千粒重的 QIL 分析

在 FACE 和对照条件下分别检测到 3 个和 2 个 QIL (表 3 和图 4)。其中在第 10 染色体上,FACE 和对照下检测到 1 个相同的 QIL,命名为 *qGWT-10*。其 FACE 下的贡献率比对照低 2.9%,来自 IR24 的正效应 FACE 下的比对照下的低 0.3 g。并且 *qGWT-10* 位点所在的置换片段对应的置换系 AI41 的表型值在 FACE 与对照条件下的差异达显著水平;在 FACE 下检测到 *qGWT-1F* ($LOD = 5.2$),其贡献率为

22.5%,正效应位点来自 IR24,其加性效应值为 2.7 g;在对照下检测到 *qGWT-1C* ($LOD = 2.5$),其贡献率为 14.1%,正效应位点来自 IR24,其加性效应值为 1.8 g。并且 *qGWT-1C* 位点所在的置换片段对应的置换系 AI8 的表型值在 FACE 与对照条件下差异达极显著水平;在 FACE 下检测到 *qGWT-7* ($LOD = 2.6$),其贡献率为 9.5%,正效应和其他 2 个 QIL 不同,来自 Asominori,加性效应值为 1.5 g。

表 2 FACE 和对照条件下水稻千粒重性状的 QIL 遗传效应

Table 2 Estimated genetic effects of QIL for 1 000-grain weight under FACE and CK

FACE(570 μmol·mol ⁻¹)						CK(370 μmol·mol ⁻¹)					
染色体 Chr.	QIL	标记区间 Marker interval	LOD	贡献率 R ²	加性效应 Additive	染色体 Chr.	QIL	标记区间 Marker interval	LOD	贡献率 R ²	加性效应 Additive
1	<i>qGWT-1F</i>	C86-C112	5.2	22.5 %	- 2.7	1	<i>qGWT-1C</i>	C2340-C112	2.5	14.1 %	- 1.8
7	<i>qGWT-7F</i>	X50-R2829	2.6	9.5 %	1.5	10	<i>qGWT-10*</i>	C809-C405	2.3	12.5 %	- 1.2
10	<i>qGWT-10*</i>	C809-C405	2.1	9.6 %	- 0.9						

注: F 表示在 FACE 下检测到的 QIL, C 表示在对照下检测到的 QIL, * 表示在染色体的同一位点。

Notes: F and C in the designation of QIL mean the QIL detected under FACE and CK respectively, and * under both FACE and CK

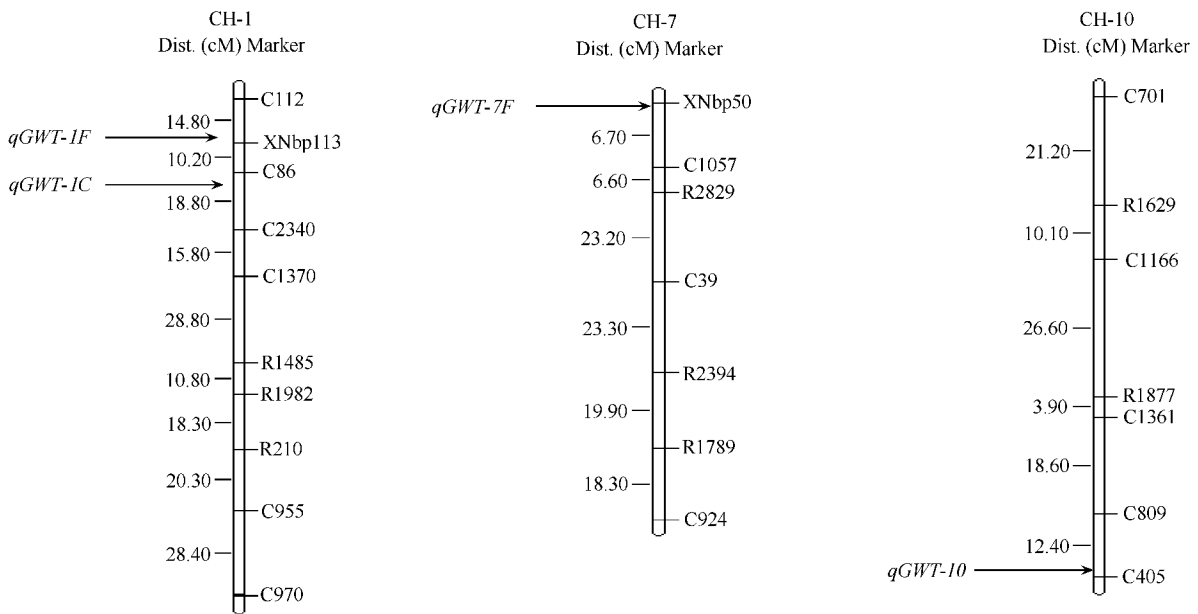


图 4 QIL 在连锁图上的分布

Fig. 4 Distribution of QILs on the molecular linkage map

3 讨论

Baker *et al.* (1990) 和张旭等 (1998) 的研究表明^[5,20],CO₂ 浓度升高可使水稻千粒重增加。而黄建晔和杨洪建等在 FACE 圈内种植品种为 9915 (粳稻) 的试验表明,在高 N 条件下千粒重较对照增加 0.96%~2.67%,在低 N 条件下千粒重较对照减少 0.58%~1.19%^[3,4]。本试验的结果表明,在同一土

壤肥力水平下,不同水稻染色体置换系千粒重的增长率对 FACE 的响应程度不同,增长率的变化范围为 -12.31%~14.54%,呈正负两种响应。这说明在土壤肥力水平不构成限制因素时,水稻千粒重对 CO₂ 浓度升高的响应差异,取决于其自身的基因型。

水稻千粒重是重要的产量构成因子,是典型的数量性状之一。对其 QILs 分析已有较多报道^[7-14],也有一些关于不同环境下水稻千粒重的 QIL 对比

研究报告^[15-17], 龚继明等(2000)和顾兴友等(2000)在盐胁迫与非盐胁迫下的对比研究表明, 控制千粒重性状的 QTL 在不同盐浓度环境下检测到的数目及其遗传效应值均不同。本试验利用 FACE 平台的研究表明, 在 CO₂ 浓度升高条件下检测到 3 个 QTL, 而在对照中检测到 2 个 QTL, 其中位于第 10 染色体上的 QTL 在 FACE 和对照条件下均检测到, 且位点相同, 但其贡献率和加性效应值不同。其余的 QTL 仅在一种环境条件下检测到。通过以上结果的对比发现, 基因型差异导致的数量性状在不同环境中的改变主要是由不同的 QTL 或同一位点的不同等位基因引起的, 不同的 QTL 在各自的环境中更为有效; 在第 1 和第 7 染色体上检测到的 *qGWT-1F* 和 *qGWT-7F* 可能存在与 CO₂ 浓度相关的基因, 因为它们仅在 FACE 下被检测到。

与对照相比, FACE 下不同置换系千粒重的遗传效应及其增长率的变化不同。在两种 CO₂ 浓度环境条件下, 差异达显著水平且其增幅最大的置换系为 AI8、AI61、AI10 和 AI41。其中置换系 AI8 和 AI41 在第 1 和第 10 染色体的 C86-C112 和 C809-C405 区间存在控制千粒重的基因, 而 AI61 和 AI10 的表型值虽然在两种条件下均达差异显著, 但其染色体置换系 IR24 的染色体片段不存在控制千粒重的基因。从生长发育角度进一步对 AI8、AI10、AI41 和 AI61 这 4 个千粒重增长率达显著水平的极端置换系进行分析表明(数据未列出), 除 AI10 外, 抽穗期均较对照有所提前, 提前范围为 1~3 d; 千粒重增长率呈正响应的置换系 AI8 和 AI10 的结实率分别比对照增高了 18.23% 和 4.43%, 而呈负响应的置换系 AI41 和 AI61 的结实率分别比对照降低了 -9.19% 和 -1.01%; 并且 FACE 下的瘪粒数增加。瘪粒形成与否在很大程度上取决于抽穗前水稻植株体内养分的蓄积量和抽穗后灌浆物质的运转量^[21]。FACE 下, 抽穗期的提前导致营养生长期缩短, 使稻体养分的蓄积量减少。另外, 在灌浆期 FACE 圈内的温度平均比对照高 1~2^[22], 导致水稻籽粒灌浆过程缩短。上述因素可能是造成 FACE 下的瘪粒增多的原因。然而, 由于在大气 CO₂ 浓度升高条件下, 水稻植株的分蘖数、每穗粒数、千粒重和结实率发生了不同程度的变化, 特别是置换系 AI8、AI10、AI41 和 AI61 的千粒重与结实率对 CO₂ 浓度升高的响应程度一致。这 4 个置换系的生长发育状况进一步说明

水稻对 CO₂ 浓度升高的响应程度取决于其自身的基因型。

因此, 本试验下一步的工作将着重对置换系 AI8 和 AI41 的 IR24 置换片段进行详细、深入的研究, 希望能为筛选和利用对高浓度 CO₂ 呈正响应的材料及培育适合高 CO₂ 浓度的水稻品种奠定基础 and 提供筛选的遗传理论依据。

References

- [1] Kobayashi K. The experimental study of FACE. *Japanese Journal Crop Science*, 2001, **70** (1): 1-16 (in Japanese with English abstract)
- [2] Kimball B A, Zhu J-G (朱建国), Chen L (陈磊), Kobayashi K, Bindi M. Response of agricultural crops to free-air CO₂ enrichment. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2002, **13**(10): 1323-1338 (in Chinese with English abstract)
- [3] Huang J-Y (黄建晔), Yang HJ (杨洪建), Dong G-C (董桂春). Effect of free-air CO₂ enrichment (FACE) on yield formation in rice (*Oryza sativa* L.). *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2002, **13**(10): 1210-1214 (in Chinese with English abstract)
- [4] Yang HJ (杨洪建), Wang YL (王余龙), Huang J-Y (黄建晔), Dong G-C (董桂春), Zhu J-G (朱建国), Yang L-X (杨连新), Shan Y-H (单玉华). Effect of free-air CO₂ enrichment (FACE) on spikelets differentiation and retrogression in rice (*Oryza sativa*). *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2002, **13**(10): 1215-1218 (in Chinese with English abstract)
- [5] Baker J T, Allen L H, Boote KJ. Growth and yield responses of rice to carbon dioxide concentration. *Journal of Agricultural Science, Cambridge*, 1990, **115**: 313-320
- [6] Yuan D-Y (袁定阳), Qi S-W (齐绍武). Canonical correlation between yield and quality characters of two-line hybrid rice. *Hybrid Rice* (杂交水稻), 1999, **14** (4): 37-38 (in Chinese)
- [7] Lin H X, Qian H R, Zhuang J Y, Lu J, Min S K, Xiong Z M, Huang N, Zheng K L. RFLP mapping of QTL for yield and related characters in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 1995, **92**: 920-927
- [8] Wu P, Zhang G, Huang N. Identification of QTLs controlling quantitative characters in rice using RFLP markers. *Euphytica*, 1996, **89**: 349-354
- [9] Zhuang J Y, Lin H X, Lu J, Qian H R, Hittalmani S, Huang N, Zheng K L. Analysis of QTL × Environment interaction for yield components and plant height in rice. *Theor Appl Genet*, 1997, **95**: 799-808
- [10] Tan Z-B (谭震波), Shen L-S (沈利爽), Yuan Z-L (袁祚廉), Lu C-F (陆朝福), Chen Y (陈英), Zhou K-D (周开达), Zhu L-H (朱立煌). Identification of QTLs for ratooning ability and grain yield traits of rice and analysis of their genetic effects. *Acta Agronomica Sinica* (作物学报), 1997, **23**(3): 289-295 (in Chinese with English abstract)
- [11] Li J X, Yu S B, Xu C G, Tan Y F, Gao Y J, Li X H, Zhang Q. Analyzing quantitative trait loci for yield using a vegetatively replicated F₂ population from a cross between the parents of an elite rice hybrid. *Theor Appl Genet*, 2000, **101**: 248-254
- [12] Hittalmani S, Huang N, Courtois B, Venuprasad R, Shashidhar H E,

- Zhuang J Y, Zheng K L, Liu G F, Wang G C, Sidhu S, Sivantaneeyakul S, Singh V P, Bagali P G, Prasanna H C, McLaren G, Khush G S. Identification of QTL for growth and grain yield-related traits in rice across nine locations of Asia. *Theor Appl Genet*, 2003, **107** (4): 679 - 690
- [13] Fan Y Y(樊叶杨), Jiang H W(姜华武), Dian W M(佃蔚敏), Wu P(吴平). Linkage analysis between the genes loci involved in rice starch biosynthesis pathway and the QTLs for rice 1 000-grain weight. *Molecular Plant Breeding* (分子植物育种), 2003, **3** (1): 321 - 330 (in Chinese with English abstract)
- [14] Lin L-H(林荔辉), Wu W-R(吴为人). Mapping of QTLs underlying grain shape and grain weight in rice. *Molecular Plant Breeding* (分子植物育种), 2003, **3** (1): 337 - 342 (in Chinese with English abstract)
- [15] Gong J-M(龚继明), Zheng X-W(郑先武), Du B-X(杜保兴), Qian Q(钱前), Chen S-Y(陈受宜), Zhu L-H(朱立煌), He P(何平). Comparative study of QTLs for agronomic traits of rice between salt stress and nonstress environment. *Science China (Series C)* (中国科学 C 辑), 2000, **30**(6): 561 - 569 (in Chinese with English abstract)
- [16] Gu X-Y(顾兴友), Mei M-T(梅曼彤), Yan X-L(严小龙), Zheng S-L(郑少玲), Lu Y-G(卢永根). Preliminary detection of quantitative trait loci for salt tolerance in rice. *Chinese Journal Rice Science* (中国水稻科学), 2000, **14**(2): 65 - 70 (in Chinese with English abstract)
- [17] Wan J-L(万建林), Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民), Hideshi Y, Atsushi Y. Mapping QTL for traits associated with resistance to ferrous iron toxicity in rice (*Oryza sativa* L.) using japonica chromosome segment substitution lines. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), 2003, **30**(10): 893 - 898 (in Chinese with English abstract)
- [18] Jiang L(江玲), Cao Y-J(曹雅君), Wang C-M(王春明), Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民), Atsushi Y. Detection and analysis of QTL for seed dormancy in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), 2003, **30** (5): 453 - 458 (in Chinese with English abstract)
- [19] McCouch S R, Cho Y G, Yano M, Paul E, Blinstrub M, Mbrishima H, Kinoshita T. Report on QTL nomenclature. *Rice Genet Newsltt*, 1997, **4**: 11 - 13
- [20] Zhang X(张旭), Liu Y-Z(刘彦卓), Kong Q-N(孔清霓), Huang N-R(黄农荣), Chen Y(陈奕), Pan D-J(潘大建). Growth, grain yield and kernel quality of high-yield rice variety the Shanyou2 growing in a simulated CO₂-enrichment habitat. *Chinese Journal Application Environment Biology* (应用与环境生物学报), 1998, **4**(3): 238 - 242 (in Chinese with English abstract)
- [21] Diao C-Q(刁操铨). *Crop Culture* (作物栽培学各论). Beijing: China Agriculture Press, 1994. 40 - 41 (in Chinese)
- [22] Luo W-H(罗卫红), Yoshimoto M, Dai J-F(戴剑峰), Zhu J-G(朱建国), Han Y(韩勇), Liu G(刘刚). Effects of free-air CO₂ enrichment on rice canopy microclimate. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2002, **13** (10): 1 235 - 1 239 (in Chinese with English abstract)

作物类经典图书

杂交水稻学

袁隆平 著

定价:150.00 元

本书除了保存杂交水稻经典技术的一些精华部分外,着重从理论和方法上阐述了两系法杂交水稻、超级杂交水稻、杂交水稻分子育种以及繁殖、制种、栽培方面的新技术,是一本能比较全面、比较系统地反映当前杂交水稻最新研究成果的科学著作。

土壤肥力与肥料

金继运译

定价:120.00 元

全书共 17 章,内容包括植物必需营养元素,土壤与植物的基本关系,土壤营养,各种营养元素及其肥料产品的生产、施肥、土壤肥力评价、施肥原理、耕作制度与土壤管理,肥料利用效率,植物养分的交互作用等,对土壤肥力与肥料的有关问题作了全面详细的讨论,内容丰富,资料翔实。(下转第 711 页)

拉汉英种子植物名称(第二版)

定价:120.00 元

本书收集我国分布较广、有价值的和一些外国产的种子植物名称约 30 000 条。名称有拉、汉、英三种文字对照。书后附有汉-拉丁植物科名对照表、英文俗名索引和汉文名索引。本书可供大学生物系及农、林院校师生,有关科研工作者和外贸、编译人员使用。(下转第 735 页)