



## 水稻抽穗期QTL及其与产量性状遗传控制的关系

郭梁, 张振华, 庄杰云\*

中国水稻研究所 国家水稻改良中心/水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州 310006;

### Quantitative Trait Loci for Heading Date and Their Relationship with the Genetic Control of Yield Traits in Rice (*Oryza sativa*)

GUO Liang, ZHANG Zhen hua, ZHUANG Jie yun\*

Chinese National Center for Rice Improvement/State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China;

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

全文: PDF (518 KB) HTML (1 KB) 输出: BibTeX | EndNote (RIS) 背景资料

**摘要** 产量和抽穗期是评价水稻品种应用价值的基本性状。水稻QTL分析已经历了从初定位到基因克隆的发展过程, 并以抽穗期和产量性状最受重视。总结了亚洲栽培稻抽穗期QTL的基因组分布, 分析了这些QTL与产量性状遗传控制的关系, 为进一步筛选和鉴定具有较高育种应用潜力的水稻抽穗期QTL和产量性状QTL提供参考。

**关键词:** 水稻 抽穗期 产量性状 数量性状基因座 基因

**Abstract:** Grain yield and heading date are key factors determining the commercial potential of a rice variety. Mapping of quantitative trait loci (QTLs) in rice has been advanced from primary mapping to gene cloning, among which heading date and yield traits have always attracted the greatest attention. In this review, genomic distribution of QTLs for heading date detected in populations derived from intra-specific crosses of Asian cultivated rice (*Oryza sativa*) was summarized, and their relationship with the genetic control of yield traits was analyzed. The information could be useful in the identification of QTLs for heading date and yield traits that are promising for the improvement of rice varieties.

**Key words:** rice heading date yield traits quantitative trait locus gene

**收稿日期:** 2011-09-06;

**基金资助:**

国家转基因生物新品种培育重大专项(2011ZX08001-004); 国家863计划资助项目(2011AA10A101); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(2009RG002)。


**通讯作者:** 庄杰云\* E-mail: jz1803@hzcnrc.com


**引用本文:**

郭梁, 张振华, 庄杰云. 水稻抽穗期QTL及其与产量性状遗传控制的关系[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 235-245.

Guo L, Zhang ZH, Zhuang JY. Quantitative Trait Loci for Heading Date and Their Relationship with the Genetic Control of Yield Traits in Rice (*Oryza sativa*)[J]. , 2012, 26(2): 235-245.

[1] Thomson M J, Edwards J D, Septiningsih E M, et al. Substitution mapping of dth1.1, a flowering time quantitative trait locus (QTL) associated with transgressive variation in rice, reveals multiple sub-QTL. *Genetics*, 2006, 172: 2501-2514.

[2] Maas L F, McClung A, McCouch S. Dissection of a QTL reveals an adaptive, interacting gene complex associated with transgressive variation for flowering time in rice. *Theor Appl Genet*, 2010, 120: 895-908. 

[3] Hayama R, Yokoi S, Tamaki S, et al. Adaptation of photoperiodic control pathways produces short-day flowering in rice. *Nature*, 2003, 422: 719-722. 



















[4] Kim S L, Lee S, Kim H J, et al. OsMADS51 is a short-day flowering promoter that functions upstream of Ehd1, OsMADS14, and Hd3a. *Plant*

















#### 服务

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ E-mail Alert
- ▶ RSS

#### 作者相关文章

- [5] Lin H, Ashikari M, Yamanouchi U, et al. Identification and characterization of a quantitative trait locus, Hd9, controlling heading date in rice. *Breeding Sci*, 2002, 52: 35–41. [crossref](#)
- [6] Lee S, Kim J, Han J J, et al. Functional analyses of the flowering time gene OsMADS50, the putative SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CO1/AGAMOUS LIKE 20 (SOC1/AGL20) ortholog in rice. *Plant J*, 2004, 38: 754–764. [crossref](#)
- [7] Rao N N, Prasad K, Kumar P R, et al. Distinct regulatory role for RFL, the rice LFY homolog, in determining flowering time and plant architecture. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2008, 105: 3646–3651. [crossref](#)
- [8] Ryu C H, Lee S, Cho L H, Kim S L, et al. OsMADS50 and OsMADS56 function antagonistically in regulating long day (LD) dependent flowering in rice. *Plant Cell Environ*, 2009, 32: 1412–1427. [crossref](#)
- [9] Li D, Yang C, Li X, et al. Functional characterization of rice OsDof12. *Planta*, 2009, 229: 1159–1169. [crossref](#)
- [10] Lim J, Moon Y H, An G, et al. Two rice MADS domain proteins interact with OsMADS1. *Plant Mol Biol*, 2000, 44: 513–527. [crossref](#)
- [11] Furutani I, Sukegawa S, Kyojuka J. Genome wide analysis of spatial and temporal gene expression in rice panicle development. *Plant J*, 2006, 46: 503–511. [crossref](#)
- [12] Takeuchi Y, Lin S Y, Sasaki T, et al. Fine linkage mapping enables dissection of closely linked quantitative trait loci for seed dormancy and heading in rice. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1174–1180. [crossref](#)
- [13] Komiya R, Ikegami A, Tamaki S, et al. Hd3a and RFT1 are essential for flowering in rice. *Development*, 2008, 135: 767–774. [crossref](#)
- [14] Takahashi Y, Shomura A, Sasaki T, et al. Hd6, a rice quantitative trait locus involved in photoperiod sensitivity, encodes the  $\alpha$  subunit of protein kinase CK2. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2001, 98: 7922–7927. [crossref](#)
- [15] Matsubara K, Kono I, Hori K, et al. Novel QTLs for photoperiodic flowering revealed by using reciprocal backcross inbred lines from crosses between japonica rice cultivars. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 935–945. [crossref](#)
- [16] Dai C, Xue H W. Rice early flowering1, a CKI, phosphorylates DELLA protein SLR1 to negatively regulate gibberellin signaling. *EMBO J*, 2010, 29: 1916–1927. [crossref](#)
- [17] Monna L, Lin H X, Kojima S, et al. Genetic dissection of a genomic region for a quantitative trait locus, Hd3, into two loci, Hd3a and Hd3b, controlling heading date in rice. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 772–778. [crossref](#)
- [18] Kojima S, Takahashi Y, Kobayashi Y, et al. Hd3a, a rice ortholog of the Arabidopsis FT gene, promotes transition to flowering downstream of Hd1 under short day conditions. *Plant Cell Physiol*, 2002, 43: 1096–1105. [crossref](#)
- [19] Yano M, Katayose Y, Ashikari M, et al. Hd1, a major photoperiod sensitivity quantitative trait locus in rice, is closely related to the Arabidopsis flowering time gene CONSTANS. *Plant Cell*, 2000, 12: 2473–2483.
- [20] Izawa T, Oikawa T, Tokutomi S, et al. Phytochromes confer the photoperiodic control of flowering in rice (a short day plant). *Plant J*, 2000, 22: 391–399. [crossref](#)
- [21] Andres F, Galbraith D W, Talon M, et al. Analysis of PHOTOPERIOD SENSITIVITY5 sheds light on the role of phytochromes in photoperiodic flowering in rice. *Plant Physiol*, 2009, 151: 681–690. [crossref](#)
- [22] Lin H, Liang Z W, Sasaki T, et al. Fine mapping and characterization of quantitative trait loci Hd4 and Hd5 controlling heading date in rice. *Breeding Sci*, 2003, 53: 51–59. [crossref](#)
- [23] Xue W, Xing Y, Weng X, et al. Natural variation in Ghd7 is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nat Genet*, 2008, 40: 761–767. [crossref](#)
- [24] Yamamoto T, Kuboki Y, Lin S Y, et al. Fine mapping of quantitative trait loci Hd 1, Hd 2 and Hd 3, controlling heading date of rice, as single Mendelian factors. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 37–44. [crossref](#)
- [25] Wei X, Xu J, Guo H, et al. DTH8 suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously. *Plant Physiol*, 2010, 153: 1747–1758. [crossref](#)
- [26] Yan W H, Wang P, Chen H X, et al. A major QTL, Ghd8, plays pleiotropic roles in regulating grain productivity, plant height, and heading date in rice. *Mol Plant*, 2011, 4: 319–330. [crossref](#)
- [27] Kim S K, Yun C H, Lee J H, et al. OsCO3, a CONSTANS LIKE gene, controls flowering by negatively regulating the expression of FT like genes under SD conditions in rice. *Planta*, 2008, 228: 355–365. [crossref](#)
- [28] Matsubara K, Yamanouchi U, Wang Z X, et al. Ehd2, a rice ortholog of the maize INDETERMINATE1 gene, promotes flowering by up regulating Ehd1. *Plant Physiol*, 2008, 148: 1425–1435. [crossref](#)
- [29] Doi K, Izawa T, Fuse T, et al. Ehd1, a B type response regulator in rice, confers short day promotion of flowering and controls FT like gene expression. *Genes Dev*, 2004, 18: 926–936. [crossref](#)
- [30] Tanksley S D. Mapping polygenes. *Annu Rev Genet*, 1993, 27: 205–233. [crossref](#)
- [31] Koumproglou R, Wilkes T M, Townson P, et al. STAIRS: A new genetic resource for functional genomic studies of Arabidopsis. *Plant J*, 2002,


- [32] Wu J, Mizuno H, Hayashi Tsugane M, et al. Physical maps and recombination frequency of six rice chromosomes. *Plant J*, 2003, 36: 720-730. 
- [33] Zhao Q, Zhang Y, Cheng Z, et al. A fine physical map of the rice chromosome 4. *Genome Res*, 2002, 12: 817-823. 
- [34] Yano M, Harushima Y, Nagamura Y, et al. Identification of quantitative trait loci controlling heading date in rice using a high density linkage map. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 1025-1032. 
- [35] Lin S Y, Sasaki T, Yano M. Mapping quantitative trait loci controlling seed dormancy and heading date in rice, *Oryza sativa* L., using backcross inbred lines. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 977-1003.
- [36] 李泽福, 周彤, 郑天清, 等. 水稻抽穗期QTL与环境互作分析. *作物学报*, 2002, 28(6): 771-776.
- [37] 王松凤, 贾育红, 江玲, 等. 控制水稻种子休眠和抽穗期的数量基因位点. *南京农业大学学报*, 2006, 29(1): 1-6. 
- [38] Xiao J, Li J, Yuan L, et al. Identification of QTLs affecting traits of agronomic importance in a recombinant inbred population derived from a subspecific rice cross. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 230-244. 
- [39] Price A H, Young E M, Tomos A D. Quantitative trait loci associated with stomatal conductance, leaf rolling and heading date mapped in upland rice (*Oryza sativa*). *New Phytol*, 1997, 137: 83-91. 
- [40] Nelson J C, McClung A M, Fjellstrom R G, et al. Mapping QTL main and interaction influences on milling quality in elite US rice germplasm. *Theor Appl Genet*, 2011, 122: 291-309. 
- [41] Sarma R N, Gill B S, Sasaki T, et al. Comparative mapping of the wheat chromosome 5A Vrn-A1 region with rice and its relationship to QTL for flowering time. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 103-109. 
- [42] Albar L, Lorieux M, Ahmadi N, et al. Genetic basis and mapping of the resistance to rice yellow mottle virus: I. QTLs identification and relationship between resistance and plant morphology. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 1145-1154.
- [43] Hittalmani S, Huang N, Courtois B, et al. Identification of QTL for growth and grain yield related traits in rice across nine locations of Asia. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 679-690. 
- [44] Liu G F, Yang J, Xu H M, et al. Influence of epistasis and QTL × environment interaction on heading date of rice (*Oryza sativa* L.). *J Genet Genom*, 2007, 34: 608-615. 
- [45] Zou J H, Pan X B, Chen Z X, et al. Mapping quantitative trait loci controlling sheath blight resistance in two rice cultivars (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 569-573. 
- [46] 张永生, 江玲, 刘喜, 等. 控制水稻品种Koshihikari抽穗期的数量性状位点. *作物学报*, 2008, 34(11): 1869-1876.
- [47] Yamamoto T, Taguchi Shiobara F, Ukai Y, et al. Mapping quantitative trait loci for days to heading, and culm, panicle and internode lengths in a BC1F3 population using an elite rice variety, Koshihikari, as the recurrent parent. *Breeding Sci*, 2001, 51: 63-71. 
- [48] Li Z, Pinson S R M, Stansel J W, et al. Identification of quantitative trait loci (QTLs) for heading date and plant height in cultivated rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 374-381.
- [49] Mei H W, Luo L J, Ying C S, et al. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two testcross populations. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 89-101.
- [50] Mei H W, Li Z K, Shu Q Y, et al. Gene actions of QTLs affecting several agronomic traits resolved in a recombinant inbred rice population and two backcross populations. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 649-659. 
- [51] 雷东阳, 陈立云. 水稻抽穗期QTLs的检测及上位性和环境互作效应. *湖南农业大学学报: 自然科学版*, 2010, 36(3): 245-249.
- [52] 张启军, 梁永书, 叶少平, 等. 利用已测序水稻品种分析其农艺性状基因座. *作物学报*, 2006, 32(10): 1503-1510. 
- [53] Nagata K, Shimizu H, Terao T. Quantitative trait loci for nonstructural carbohydrate accumulation in leaf sheaths and culms of rice (*Oryza sativa* L.) and their effects on grain filling. *Breeding Sci*, 2002, 52: 275-283.
- [54] Zhou Y, Li W, Wu W, et al. Genetic dissection of heading time and its components in rice. *Theor Appl Genet*, 2001, 102: 1236-1242. 
- [55] 张永生, 刘喜, 江玲, 等. 利用南京11×越光RIL群体进行抽穗期QTL定位分析. *江苏农业学报*, 2009, 25(1): 6-12.
- [56] 王春明, 安井秀, 吉村醇, 等. 水稻F2不育和抽穗期QTL分析. *遗传学报*, 2002, 29(4): 339-342.
- [57] 谭震波, 沈利爽, 况浩池, 等. 水稻上部节间长度等数量性状基因的定位及其遗传效应分析. *遗传学报*, 1996, 23(6): 439-446. 
- [58] Lu C F, Shen L S, Tan Z B, et al. Comparative mapping of QTLs for agronomic traits of rice across environments by using a doubled haploid population. *Theor Appl Genet*, 1997, 94: 145-150. 
- [59] 国广泰史, 钱前, 佐藤宏之, 等. 水稻纹枯病抗性QTL分析. *遗传学报*, 2002, 29(1): 50-55.
- [60] 李仕贵, 马玉清, 何平, 等. 不同环境条件下水稻生育期和株高的QTL分析. *作物学报*, 2002, 28(4): 546-550.
- [61] He P, Li J Z, Zheng X W, et al. Comparison of molecular linkage maps and agronomic trait loci between DH and RIL populations derived from the same rice cross. *Crop Sci*, 2001, 41: 1240-1246. 


- [62] Jiang G H, Xu C G, Li X H, et al. Characterization of epistatic effects and their environmental interactions of QTL on the genetic basis of plant height and heading date in rice. *Agric Sci China*, 2005, 4: 161–168.
- [63] 曾晶, 姜恭好, 何予卿, 等. 利用籼粳交探讨水稻株高和抽穗期的遗传基础. *分子植物育种*, 2006, 4(4): 527–534. 
- [64] Maheswaran M, Huang N, Sreerangasamy S R, et al. Mapping quantitative trait loci associated with days to flowering and photoperiod sensitivity in rice (*Oryza sativa* L.). *Mol Breeding*, 2000, 6: 145–155. 
- [65] Wei X, Liu L, Xu J, et al. Breeding strategies for optimum heading date using genotypic information in rice. *Mol Breeding*, 2010, 25: 287–298. 
- [66] 张焦平, 江良荣, 黄建勋, 等. 水稻抽穗期上位效应和QE互作效应的分析. *分子植物育种*, 2006, 4(3): 351–357. 
- [67] You A, Lu X, Jin H, et al. Identification of quantitative trait loci across recombinant inbred lines and testcross populations for traits of agronomic importance in rice. *Genetics*, 2006, 172: 1287–1300.
- [68] 邢永忠, 徐才国, 华金平, 等. 水稻株高和抽穗期基因的定位和分离. *植物学报*, 2001, 43(7): 721–726.
- [69] 郭龙彪, 罗利军, 邢永忠, 等. 水稻重要农艺性状的两年QTL剖析. *中国水稻科学*, 2003, 17(3): 211–218. 浏览
- [70] Yu S B, Li J X, Xu C G, et al. Identification of quantitative trait loci and epistatic interactions for plant height and heading date in rice. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 619–625. 
- [71] 张玉山, 吴薇, 徐才国. 利用两种方法构建的近等基因系对水稻两个多效区段遗传效应进行评价. *遗传*, 2008, 30(6): 781–787. 
- [72] 刘文俊, 王令强, 何予卿. 利用2个相关群体定位和比较水稻株高与抽穗期QTL. *华中农业大学学报*, 2007, 26(2): 161–166. 
- [73] 张振华, 郭梁, 朱玉君, 等. 籼稻不同定位群体抽穗期和株高的QTL比较研究. *中国农业科学*, 2011, 44(15): 3069–3077.
- [74] Cao L Y, Wu J L, Fan Y Y, et al. QTL analysis for heading date and yield traits using recombinant inbred lines of indica rice grown in different cropping seasons. *Plant Breeding*, 2010, 129: 676–682. 
- [75] Takeuchi Y, Hayasaka H, Chiba B, et al. Mapping quantitative trait loci controlling cool temperature tolerance at booting stage in temperate japonica rice. *Breeding Sci*, 2001, 51: 191–197. 
- [76] 黄成, 姜树坤, 刘梦红, 等. 水稻抽穗期的QTL剖析. *华北农学报*, 2009, 24(3): 7–9.
- [77] Suh J P, Ahn S N, Cho Y C, et al. Mapping of QTLs for yield traits using an advanced backcross population from a cross between *Oryza sativa* and *O. glaberrima*. *Korean J Breed*, 2005, 37: 214–220.
- [78] Doi K, Yoshimura A, Iwata N. RFLP mapping and QTL analysis of heading date and pollen sterility using backcross populations between *Oryza sativa* L and *Oryza glaberrima* Steud. *Breeding Sci*, 1998, 48: 395–399.
- [79] Moncada P, Martínez C P, Borrero J, et al. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa* × *Oryza rufipogon* BC2F2 population evaluated in an upland environment. *Theor Appl Genet*, 2001, 102: 41–52. 
- [80] Lee S J, Oh C S, Suh J P, et al. Identification of QTLs for domestication related and agronomic traits in an *Oryza sativa* × *O. rufipogon* BC1F7 population. *Plant Breeding*, 2005, 124: 209–219.
- [81] Septiningsih E M, Prasetyono J, Lubis E, et al. Identification of quantitative trait loci for yield and yield components in an advanced backcross population derived from the *Oryza sativa* variety IR64 and the wild relative *O. rufipogon*. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1419–1432. 
- [82] Thomson M J, Tai T H, McClung A M, et al. Mapping quantitative trait loci for yield, yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza rufipogon* and the *Oryza sativa* cultivar Jefferson. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 479–493. 
- [83] 谭禄宾, 张培江, 付永彩, 等. 云南元江普通野生稻株高和抽穗期QTL定位研究. *遗传学报*, 2004, 31(10): 1123–1128. 
- [84] 董华林, 张晨昕, 曾波, 等. 利用野生稻高代回交群体分析水稻农艺性状QTL. *华中农业大学学报*, 2009, 28(6): 645–650.
- [85] Brondani C, Rangel P H N, Brondani R P V, et al. QTL mapping and introgression of yield related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*Oryza sativa*) using microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 1192–1203. 
- [86] Yamamoto T, Lin H X, Sasaki T, et al. Identification of heading date quantitative trait locus Hd6 and characterization of its epistatic interactions with Hd2 in rice using advanced backcross progeny. *Genetics*, 2000, 154: 885–891.
- [87] Yano M, Kojima S, Takahashiet Y, et al. Genetic control of flowering time in rice, a short day plant. *Plant Physiol*, 2001, 127: 1425–1429. 
- [88] Uga Y, Nonoue Y, Liang Z W, et al. Accumulation of additive effects generates a strong photoperiod sensitivity in the extremely late heading rice cultivar Nona Bokra. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1457–1466. 
- [89] McCouch S R, CGSNL (Committee on Gene Symbolization, Nomenclature and Linkage, Rice Genetics Cooperative). Gene nomenclature system for rice. *Rice*, 2008, 1: 72–84. 
- [90] 魏祥进, 江玲, 徐俊锋, 等. 我国华北地区粳品种抽穗期遗传分析. *中国水稻科学*, 2009, 23(6): 595–603. 浏览
- [91] 徐俊锋, 魏祥进, 江玲, 等. 我国部分早籼品种及杂交早籼骨干亲本抽穗期遗传分析. *中国水稻科学*, 2009, 24(3): 215–222.




[92] 周振玲, 魏祥进, 江玲, 等. 我国西南地区粳稻品种抽穗期的遗传分析. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 267-276. 浏览

[93] 周振玲, 江玲, 徐大勇, 等. 太湖流域晚粳品种抽穗期的遗传分析. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 357-364. 浏览

[94] Xing Y Z, Tan Y F, Hua J P, et al. Characterization of the main effects, epistatic effects and their environmental interactions of QTLs on the genetic basis of yield traits in rice. Theor Appl Genet, 2002, 105: 248-257. 

[95] Yu S B, Li J X, Tan Y F, et al. Importance of epistasis as the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid. Proc Natl Acad Sci USA, 1997, 94: 9226-9231. 

[96] Zhuang J Y, Fan Y Y, Rao Z M, et al. Analysis on additive effects and additive by additive epistatic effects of QTLs for yield traits in a recombinant inbred line population of rice. Theor Appl Genet, 2002, 105: 1137-1145. 

[97] 杨仕华, 廖琴, 谷铁城, 等. 我国水稻品种审定回顾与分析. 中国稻米, 2010, 16(2): 1-4.

[1] 徐杏, 邱杰, 徐扬, 徐辰武\*. 水稻ABC转运蛋白基因的分子进化和表达分析[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 127-136.

[2] 罗楚平1, 3刘永锋1陈志谊1,3,\*王晓宇1方先文2陈忠明2刘卹洲1聂亚锋1张荣胜1. 水稻纹枯病菌6-磷酸葡萄糖胺合成酶基因的克隆、测序及表达分析[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 137-143.

[3] 陈睿, 于法科, 刘华清, 杨绍华, 王锋\*. 水稻T-DNA插入雄配子不育突变体的创建[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 173-181.

[4] 孙永健1,2, 陈宇1,2, 孙园园1,3, 徐徽1,2, 许远明4, 刘树金1,2, 马均1,2,\* . 不同施氮量和栽插密度下三角形强化栽培杂交稻抗倒伏性与群体质量的关系[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 189-196.

[5] 李敏1,2, 张洪程1,\* , 马群1, 杨雄1, 李国业1, 魏海燕1, 戴其根1, 霍中洋1, 许轲1. 不同氮肥群体最高生产力类型粳稻品种的氮素吸收利用特性[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 197-204.

[6] 张晓翠1, 吕川根2,\* , 胡凝3, 姚克敏3, 张启军2, 戴其根1,\* . 不同株型水稻叶倾角群体分布的模拟[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 205-210.

[7] 黄世文1,2, 刘连盟1, 王玲1, 刘恩勇1,2, 范程岚1,2, 肖丹凤1, 侯恩庆1,2. 药液量及施药方法对不同株型水稻生育后期主要病虫害防效的影响[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 211-217.

[8] 裴艳艳1,2, #, 程曦1, #, 徐春玲1, 杨再福3, 谢辉1,\* . 中国水稻干尖线虫部分群体对水稻的致病力测定[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 218-226.

[9] 刘坚1,2, 陶红剑1, 施思1, 3, 叶卫军1, 3, 钱前1, 郭龙彪1,\* . 水稻穗型的遗传和育种改良[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 227-234.

[10] 刘健, 牛付安, 江建华, 孙程, 陈兰, 郭媛, 付淑换, 洪德林\*. 多环境下粳稻产量及其相关性状的条件和非条件QTL定位[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(2): 144-154.

[11] 潘晓鹰1 黄善军1陈凯2孟丽君2徐建龙2,\* . 大田全生育期盐灌溉胁迫筛选水稻耐盐恢复系[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 49-54.

[12] 江建华1, 张晚霞1, 刘晓丽1, 刘强明1, 卢超1, 党小景1, 赵其兵2, 洪德林1,\* . 多环境下粳稻株高动态QTL分析[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 55-64.

[13] 凌英华, 杨正林, 赵芳明, 桑贤春, 李云峰, 何光华\*. 基于不同分析策略的杂交稻米碾磨品质的分子预测[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 65-69.

[14] 刘立军1, 李鸿伟1, 赵步洪2, 王志琴1, 杨建昌1,\* . 结实期干湿交替处理对稻米品质的影响及其生理机制[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 77-84.

[15] 王丹英1, 彭建1, 徐春梅1, 赵锋1,2, 章秀福1,\* . 油菜作绿肥还田的培肥效应及对水稻生长的影响[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 85-91.

[16] 程建峰1,\* , 戴廷波2, 蒋海燕1, 潘晓云1, 曹卫星2. 水稻拔节期叶片碳氮代谢基因型差异及与氮素利用效率的关系[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 101-108.

[17] 张瑛锋, 何月平, 陈建明\*, 陈列忠. 抗感吡虫啉褐飞虱种群抑制消减杂交cDNA文库的构建[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 21-26.

[18] 彭春瑞1,2, #, 邵彩虹2, #, 潘晓华1,\* 钱银飞2邱才飞2谢金水2. 水稻育秧肥的壮秧效应及其蛋白质组学分析[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 27-33.

[19] 胡文德1,2, #, 张红1, #, 江建华1 王盈盈1 孙大运1 王晓帅1 洪德林1,\* . 粳稻大剑叶角资源的发现及剑叶角度的遗传分析与QTL定位[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 34-42.

[20] 周勇, 崔国昆, 张言周, 关成冉, 常思源, 顾铭洪, 梁国华\*. 水稻抽穗期主效QTL qHd8.1的精细定位[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 43-48.

[21] 李广旭1, 2陈华民1吴茂森1何晨阳1,\* . OsBTF3过量表达和RNAi转基因水稻抗盐和抗低温胁迫鉴定[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 5-8.

[22] 吕明芳1,2羊健2 张恒木2 陈剑平2,\* . 水稻黑条矮缩病毒基因组S7编码的2个非结构蛋白在病株中的表达检测[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 9-15.

[23] 马廷臣1, 2 陈荣军3余蓉蓉1曾汉来2张端品2,\* . 渗透胁迫下水稻根系核仁小分子RNA转录本变化的全基因组表达分析[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 16-20.

[24] 丁沃娜, 吴品, 罗丽丽, 钱周婷, 朱世华. 水稻短根毛突变体ksrh1的遗传分析和基因定位[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 1-4.

[25] 陈波, 韩斌\*. 水稻丙酮酸脱羧酶基因OsPDC3功能的初步研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 567-574.

[26] 龚金龙1张洪程1,\* 常勇1 胡雅杰1龙厚元1 戴其根1 霍中洋1 许轲1 魏海燕1李德剑2沙安勤2周有炎2罗学超2. 稻麦“双迟”栽培模式及其周年生产力的综合评价[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 629-638.

[27] 程本义, 夏俊辉, 龚俊义, 杨仕华\*. SSR荧光标记毛细管电泳检测法在水稻DNA指纹鉴定中的应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 672-676.

[28] 王伟妮1鲁剑巍1,\* 何予卿2李小坤1李慧1. 氮、磷、钾肥对水稻产量、品质及养分吸收利用的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 645-653.

[29] 郭保卫1张春华1陈厚存2张洪程1,\* 周兴涛1张军1李杰1陈京都1许轲1魏海燕1戴其根1霍中洋1邢琳1朱聪聪1. 抛秧立苗的根系特点及其对水稻生长的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 621-628.

[30] 李毓1,2庄伟建1,3,\* 王乃元2洪国琴1戴飞3. 抑制水稻隐花色基因OsCRY1a表达对水稻农艺性状的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 575-579.

[31] 赵艳1,2,\* 张晓晓2 郭龙彪1钱前1,\* . 应用Cre/loxP系统在转化细胞水平上高效删除转基因水稻的标记基因[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 580-586.

[32] 李育红1,2王宝和2 戴正元2 李爱宏2刘广青2 左示敏1张洪熙1,2,\* 潘学彪1,\* . 一个水稻新型叶色突变体的形态结构与遗传定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 587-593.

[33] 林荔辉1王爱梅1周元昌1 官华忠1 蒋云林1吴建梅1吴为人2,\* . 水稻籼粳杂种育性的QTL分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 594-598.

[34] 李聪1,\*张启军2,\*刘少奎1赖东1漆庆明2吕川根2,\* . sbk和sck双价抗虫转基因水稻的育成和鉴定[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 599-604.

[35] 赵锋1,2 张卫建1 章秀福2,\* 王丹英2徐春梅2. 稻田增氧模式对水稻籽粒灌浆的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 605-612.

- [36] 符冠富,陶龙兴\*,宋健,熊杰,王熹\*. 花期干旱胁迫对籼稻近等基因系育性的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 613-620.
- [37] 刘智1 王玲玲1周卫东2陈义芳2王忠1,\*. 固定和染色方法对水稻胚乳细胞结构观察的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 667-671.
- [38] 何晓婵1,2徐红星2郑许松2杨亚军2高广春2潘建红2 陆强3吕仲贤2,\*. 水稻黑条矮缩病毒对非介体稻飞虱——白背飞虱适应性的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 654-658.
- [39] 汪庆1,2,3汪得凯2,\*陶跃之1,2,\*. 一个新的水稻半矮化小穗突变体的遗传分析与基因定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 677-680.
- [40] 谢勇武1,2,3杨树明1, \*曾亚文1, \*杨涛1 普晓英1 杜娟1赵春艳2张明喜4. 粳稻O2428×O2428c重组自交系孕穗期耐冷性QTL分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 681-684.
- [41] 霍晓玲1黄云1邓飞1王丽1刘代银2任万军1,\*杨文钰1,\*. 弱光胁迫对不同基因型水稻稻米淀粉RVA谱特征值及直链淀粉含量的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 685-688.
- [42] 于颢, 闫旭, 郭卫东, 辛德东\*. 水稻microRNA 单核苷酸多态性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 467-474.
- [43] 徐建军1,2,赵强3,赵元凤1,朱磊1,徐辰武1,顾铭洪1,韩斌3,梁国华1,\*. 利用重测序的水稻染色体片段代换系群体定位剑叶形态QTL[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 483-487.
- [44] 符冠富#,宋健#,廖西元, 章秀福, 熊杰, 王熹乐, 明凯, 陶龙兴\*. 中国常用水稻保持系及恢复系开花灌浆期耐热性评价[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 495-500.
- [45] 吕艳东1,2,郑桂萍2,郭晓红2,殷大伟1,马殿荣1,徐正进1,陈温福1,\*. 土壤水势下限对寒地水稻品质的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 515-522.
- [46] 贺冠冬1,2,童平1, 马均1,\*孙园园3,孙永健1,刘树金1,许远明4. 三角形强化栽培条件下移栽秧龄和密度对杂交稻Ⅱ优498结实期生理和产量的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 508-514.
- [47] 张荣胜1,2,陈志谊1, \*,刘永锋1. 水稻细菌性条斑病菌遗传多样性和致病型分化研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 523-528.
- [48] 胡凝1,姚克敏1,张晓翠2,吕川根3,\*. 水稻株型因子对冠层结构和光分布的影响与模拟[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 535-543.
- [49] 斯华敏, 刘文真, 付亚萍, 孙宗修, 胡国成\*. 我国两系杂交水稻发展的现状和建议[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 544-552.
- [50] 王斌1,刘贺梅2,毛毕刚3,高素伟3,徐宏斌1,葛建贵1, \*. 水稻顶部小穗退化性状的QTL分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 561-564.
- [51] 鄂志国1,王磊1, 2, \*. 中国水稻品种及其系谱数据库[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 565-566.
- [52] 潘存红1, 2, #,李磊1,#,陈宗祥1,薛萝1,张亚芳1,左示敏1,戴正元2,潘学彪1,\*,王玉银1,3,\*. 一个水稻卷叶基因rl(t)的精细定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 455-460.
- [53] 金怡1,2,刘合芹1,汪得凯1,\*陶跃之1,\*. 一个水稻苗期白条纹叶及抽穗期白穗突变体的鉴定和基因定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 461-466.
- [54] 沈年伟1,#,来凯凯1,2,#,粘金沓1,3,曾大力1,胡江1,高振宇1,郭龙彪1,朱丽1,刘坚1,董国军1,颜美仙1,钱前1,\*张光恒1,\* . 稻米出饭特性QTL分析及遗传研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(5): 475-482.
- [55] 马翠, 范晓荣\*, 徐国华. 武运粳7号超表达OsNRT1.2后对硝酸盐的响应[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 349-356.
- [56] 徐建军1, 2, 赵强3, 汤在祥1, 赵元凤1, 朱磊1, 徐辰武1, 顾铭洪1, 韩斌3. 利用重测序的染色体片段代换系群体定位水稻粒型QTL[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 365-369.
- [57] 周振玲1, 2, 江玲1,徐大勇1, 2, 魏祥进1, 刘喜1, 卢百关2, 万建民1, 3, \*. 太湖流域晚粳品种抽穗期的遗传分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 357-364.
- [58] 黄兴国1, 2,汪广勇1,#,余金洪1,丁毅1,\*. 水稻同核异质雄性不育系的细胞质遗传效应与细胞学研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 370-380.
- [59] 徐福荣1, 2,董超1, 杨文毅1, 汤翠凤1, 阿新祥1, 张恩来1, 杨雅云1, 张斐斐1, 戴陆园1, \*, 张红生2, \*. 利用微卫星标记比较云南元阳哈尼梯田两个不同时期种植的水稻地方品种的遗传多样性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 381-386.
- [60] 于萍, 袁筱萍, 徐群, 王彩虹, 余汉勇, 王一平, 魏兴华\*. 中国常规稻主栽品种的遗传结构及籼粳组分变化[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 387-391.
- [61] 张亚洁, 华晶晶, 李亚超, 陈莹莹, 杨建昌\*. 不同种植方式下磷素营养对陆稻和水稻米质的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 399-406.
- [62] 刘国坤, 王玉, 肖顺, 张绍升\*. 水稻根结线虫病的病原鉴定及其侵染源的研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 420-426.
- [63] 汤亮1, 李艳大1, 2, 张玉屏1, 3, 朱相成1, 刘小军1, 曹卫星1, 朱艳1, \*. 水稻冠层光分布模拟与应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 427-434.
- [64] 龚金龙1, 张洪程1, \*, 李杰1, 常勇1, 戴其根1, 霍中洋1, 许轲1, 魏海燕1, 李德剑2, 李炳维2, 沙安勤2, 周有炎2, 罗学超2, 朱镇3. 施磷量对超级稻南粳44产量和品质的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 447-451.
- [65] 李育红1, 2, 戴正元1, 李爱宏1, 陈夕军2, 王宝和1, 赵步洪1, 刘广青1, 潘学彪2,张洪熙1,\*. 水稻骨干亲本BG90-2在扬稻系列培育中的作用及对白叶枯病抗性 [J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 439-442.
- [66] 辛明月, 殷红 \*,张涛, 张美玲. 基于高光谱遥感的水稻冠层吸收光合有效辐射的估算研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 443-446.
- [67] 张水清, 钟旭华, 黄农荣, 吕国安. 稻草覆盖还田对华南双季晚稻物质生产和产量的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 284-290.
- [68] 王玲,刘连盟,傅强,黄世文. 新霉素磷酸转移酶基因nptⅡ的原核表达、蛋白纯化及其活性鉴定[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 326-330.
- [69] 张志勇,王冬兰,张存政,吴长付,刘贤进. 苯醚甲环唑在水稻和稻田中的残留[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 339-342.
- [70] 赵艳,罗园园,张晓丽,郭龙彪, 钱前, 董禹然. 一种简便的获得无标记耐盐转基因水稻植株的NaCl有效筛选浓度选择法[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 243-248.
- [71] 吴绍华,薛晶晶,张红宇,徐培洲,吴先军. 双胚苗水稻单倍体及其杂交后代基因组DNA甲基化特异位点的分析及功能探讨[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 249-255.
- [72] 吴超,付亚萍,胡国成,斯华敏,刘旭日,孙宗修,程式华,刘文真,. 一个水稻类病变黄叶突变体的鉴定和精细定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 256-260.
- [73] 方云霞,宋修娟,彭友林,董国军,郭龙彪,曾大力,张光恒,颜红岚,钱前,. 水稻皱曲叶突变体rt11的遗传分析与分子定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 261-266.
- [74] 周振玲,魏祥进,江玲,刘凯,徐大勇,翟虎渠,万建民. 我国西南地区粳稻品种抽穗期的遗传分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 267-276.
- [75] 张小丽,刘敏,商奇,葛才林. 水稻叶片中活性甲基循环、转移相关基因对干旱胁迫的应答[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 236-242.
- [76] 李鹏,葛滢,吴龙华,沈丽波,谭维娜,骆永明. 两种籽粒镉含量不同水稻的镉吸收转运及其生理效应差异初探[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 291-296.
- [77] 董明辉,谢裕林,乔中英,刘晓斌,吴翔宇,赵步洪,杨建昌,. 水稻不同粒位籽粒淀粉与蛋白质累积动态差异[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 297-306.
- [78] 范宏环,王林友,张礼霞,于新,王曦,金庆生,王建军. 通过分子标记辅助选择技术选育携带水稻白叶枯病抗性基因Xa23的水稻株系[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3):

- [79] 张顺堂,张桂莲,陈立云,肖应辉. 高温胁迫对水稻剑叶净光合速率和叶绿素荧光参数的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(3): 335-338 .
- [80] 兰艳荣,王俊义,王弋,牟同敏. 分子标记辅助选择改良水稻光温敏核不育系华201S的白叶枯病抗性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 169-174 .
- [81] 董超,徐福荣,杨文毅,张恩来,杨雅云,汤翠凤,阿新祥,戴陆园. 布朗族当前种植稻作地方品种的SSR位点多样性分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 175-181 .
- [82] 唐文邦,张桂莲,肖应辉,邓化冰,范科,刘国华,陈立云. 三个C两优杂交稻组合的株型及干物质生产特性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 189-194 .
- [83] 赵锋,徐春梅,张卫建,章秀福,程建平,王丹英. 根际溶氧量与氮素形态对水稻根系特征及氮素积累的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 195-200 .
- [84] 邹成佳,唐芳,杨媚,贺晓霞,李献军,周而勋. 华南三省(区)水稻纹枯病菌的生物学性状与致病力分化研究[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 206-202 .
- [85] 徐德进,顾中言,徐广春,许小龙,范鹏. 药液表面张力与喷雾方法对雾滴在水稻植株上沉积的影响[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 213-218 .
- [86] 刘寿东,史佩剑,江晓东,姚克敏,胡凝. 转基因水稻B2花粉活力的温度模型[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 219-222 .
- [87] 应兴华,徐霞,杨仕华,朱智伟,陈铭学,王磊,程本义,夏俊辉. 水稻籽粒农药残留的品种间差异性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 227-230 .
- [88] 章松柏,罗志刚,张求东,张长青,吴祖建,谢联辉. 湖北发生的水稻矮缩病是南方水稻黑条矮缩病毒引起的[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 223-226 .
- [89] 谢金水,邵彩虹,唐秀英,石庆华. 养分胁迫对籽粒灌浆期水稻叶片衰老影响的蛋白质组学分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 143-149 .
- [90] 裴庆利,王春连,刘丕庆,王坚,赵开军. 分子标记辅助选择在水稻抗病虫害基因聚合上的应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 119-129 .
- [91] 顾建伟,刘婧,薛彦久,臧新,谢先芝. 光敏色素在水稻生长发育中的作用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 130-135 .
- [92] 陈夕军,刘晓维,左示敏,童蕴慧,潘学彪,徐敬友. 水稻多聚半乳糖醛酸酶抑制蛋白基因(*Ospgip1*)原核表达及编码产物生物信息学分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 136-142 .
- [93] 马健阳,陈孙禄,张建辉,董彦君,滕胜. 一个水稻类病条纹斑突变体的鉴定和遗传定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 150-156 .
- [94] 姜华,赵江红,郭龙彪,姜亮,薛大伟,曾大力,钱前,孙国昌. 水稻高节位分蘖的QTL定位和互作分析[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 157-162 .
- [95] 李生强,崔国昆,关成冉,王俊,梁国华. 基于水稻单片段代换系的粒形QTL定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(2): 163-168 .
- [96] 季英华,高瑞珍,张野,程兆榜,周彤,范永坚,周益军. 一种快速同步检测水稻黑条矮缩病毒和南方水稻黑条矮缩病毒的方法[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(1): 91-94 .
- [97] 郭士伟,王永飞,马三梅,李霞,高东迎.

#### 一个水稻叶片白化转绿叶突变体的遗传分析和精细定位

[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(1): 95-98 .

- [98] 盘毅,罗丽华,邓化冰,张桂莲,唐文邦,陈立云,肖应辉. 水稻开花期高温胁迫下的花粉育性QTL定位[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(1): 99-102 .
- [99] 殷得所,夏明元,李进波,万丙良,查中萍,杜雪树,戚华雄. 抗稻瘟病基因*Pi9*的STS连锁标记开发及在分子标记辅助育种中的应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(1): 25-30 .
- [100] 张鼎鼎,邹丽芳,赵梅勤,邹华松,陈功友. *hrcQ*基因决定水稻条纹病菌在非寄主烟草上的过敏性反应和在寄主水稻上的致病性[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(1): 11-18 .