

## SSR 标记辅助选择改良冈 46B 直链淀粉含量的研究

李浩杰<sup>1,2</sup> 李平<sup>2</sup> 高方远<sup>1</sup> 陆贤军<sup>1</sup> 任光俊<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup> 四川省农业科学院作物研究所, 四川成都 610066; <sup>2</sup> 四川农业大学水稻研究所, 四川温江 611130)

**摘要** 本试验以美国光身稻 Lemont 作优质基因供体, 优良籼稻保持系冈 46B (G46B) 为轮回亲本, 利用与 *Wx* 基因紧密连锁的标记 484/485 对 G46B/Lemont 回交及其自交群体进行目的基因型选择, 并对每一回交群体中的目的基因植株进行 G46B 遗传背景筛选。结果表明, 在回交后代的自交群体中, 分子标记 484/485 三种带型的直链淀粉含量表现为 G 型 > H 型 > L 型, L 带型植株多为中等直链淀粉含量 (17% ~ 22%)。各回交后代与 G46B 的分子标记遗传背景平均相似率为  $BC_1F_1$  (48.25%) <  $BC_2F_1$  (68.82%) <  $BC_3F_1$  (83.95%)。还讨论了 484/485 对稻米直链淀粉含量辅助选择的可靠性和对每一选择世代进行遗传背景分子标记筛选的有效性。

**关键词** 分子标记辅助选择; 直链淀粉含量; 保持系; 杂交水稻  
**中图分类号**: S511

## Improvement of Amylose Content of G46B by SSR Marker-assisted Selection

LI Hao-Jie<sup>1,2</sup>, LI Ping<sup>2</sup>, GAO Fang-Yuan<sup>1</sup>, LU Xian-Jun<sup>1</sup>, REN Guang-Jun<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup> Crop Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, Sichuan; <sup>2</sup> Rice Research Institute of Sichuan Agricultural University, Wenjiang 611130, Sichuan, China)

**Abstract** 484/485 tightly linked to *Wx* gene is a marker relative to amylose content in rice endosperm. In order to improve amylose content of G46B, Lemont, a japonica cultivar with good grain quality, was used as donor parent. 484/485 and 136 SSR primers were used to screen offspring of G46B/Lemont in this study. The main results are as follow: (1) AC%-G > AC%-H > AC%-L, and amylose content of most plants with genotype L ranged from 17% to 22%. (2) The average similarity of genetic background by SSR markers between  $BC_nF_1$  and G46B revealed the tendency of  $BC_1F_1$  (48.25%) <  $BC_2F_1$  (68.82%) <  $BC_3F_1$  (83.95%). It was suggested that selection of amylose content in rice with 484/485 was effective, and the efficiency of breeding can be improved via genetic background screening by molecular markers and special marker selection.

**Key words** Hybrid rice; Amylose content; Grain quality; Marker-assisted selection (MAS)

直链淀粉含量是影响稻米食味品质的一个重要指标, 它与米饭的黏度、综合评分有显著负相关, 与硬度有显著正相关<sup>[1]</sup>。水稻蜡质基因 (*Wx*) 位于水稻染色体组的第 6 染色体上<sup>[2,3]</sup>, 它与稻米直链淀粉含量关系密切<sup>[4,5]</sup>。Bligh 等<sup>[6]</sup>在王宗阳等<sup>[7]</sup>发表的 *Wx* 核苷酸序列中发现了一段位于推定的 5' 第 1 个内含子剪切点上游 55 bp 处的简单重复序列, 即 (CT)<sub>n</sub> 微卫星序列, 并针对这段微卫星片段设计了一套引物“484/485”, 对该 (CT)<sub>n</sub> 重复序列进行 PCR 扩增, 在不同水稻品种中共发现 4 种 (CT)<sub>n</sub> 多态性。

后来很多学者用 484/485 进行了试验研究<sup>[5,8-10]</sup>, 结果表明, 该微卫星标记与稻米直链淀粉含量密切相关。但是, 他们的研究仅限于理论方面。本试验以四川农业大学水稻研究所育成的高配合力籼稻保持系 G46B 为受体亲本, 以美国光身稻 Lemont 为优质基因供体, 用 484/485 和覆盖全基因组的 SSR 标记对回交及其自交群体分别进行目的基因和遗传背景筛选, 并对入选单株进行直链淀粉含量的测定, 旨在改良 G46B 的食味品质, 探索将分子标记 484/485 直接用于水稻品质育种实践的有效方法。

\*基金项目: 国家 863 计划资助项目 (2002AA2070002)。

作者简介: 李浩杰 (1973 - ), 女, 四川安岳人, 硕士。从事品种资源及生物技术研究工作。\*通讯作者: 任光俊。E-mail: rgj80@hotmail.com

Received (收稿日期): 2003-12-16, Accepted (接受日期): 2004-01-16.

## 1 材料与方法

### 1.1 材料与田间试验

2000年以G46B为母本,Lemont为父本,种于海南,配制杂交种 $F_1$ 。2001年夏,在四川成都种植 $F_1$ 代,以G46B为轮回亲本进行回交,得种子 $BC_1F_1$ 。冬季播种于海南,并在苗期用484/485进行PCR扩增,选出杂合带型的植株,同时对其进行G46B遗传背景检测,筛选出与G46B相似率大的植株,再从田间选择与G46B农艺性状相似的单株为父本继续与G46B回交,同时收取回交种子 $BC_2F_1$ 及入选单株的自交种子 $BC_1F_2$ 。

2002年夏,在四川广汉种植上述回交群体和自交群体。对回交群体中与G46B农艺性状相似的单株进行分子标记选择,再根据分子标记资料,入选单株与G46B进行回交,收取回交种子 $BC_3F_1$ 和自交种子 $BC_2F_2$ 。用相同的方法对 $BC_1F_2$ 植株进行选择,收取入选单株种子。

2002年秋于海南播种 $BC_3F_1$ 回交种子和 $BC_2F_2$ 自交种子,经分子标记辅助选择后,收取 $BC_3F_2$ 、 $BC_2F_2$ 种子。冬繁 $BC_3F_2$ ,分子标记辅助选择并收取种子。

分别调查 $BC_1F_2$ 、 $BC_2F_2$ 、 $BC_3F_2$ 群体农艺性状,并对其进行考种和种子直链淀粉含量的测定。

### 1.2 分子标记辅助选择

1.2.1 水稻叶片总DNA的提取 参照Sahai-Marooof CTAB法。

1.2.2 SSR分析 引物484/485,Bligh等<sup>[6]</sup>设计。用于遗传背景分析的微卫星标记136对,序列参照Cornell University Susan Nicouch的资料,由北京赛百盛基因公司合成。PCR反应总体积15  $\mu$ L,含10  $\times$  buffer 1.5  $\mu$ L, 25 mmol/L  $Mg^{2+}$  1.5  $\mu$ L, 10 mmol/L dNTP 0.6  $\mu$ L, 25 ng/ $\mu$ L,前后引物各2  $\mu$ L,10 ng/ $\mu$ L DNA 7.3  $\mu$ L, 5 U/ $\mu$ L Taq 酶0.125  $\mu$ L。PCR反应程

序为95  $^{\circ}C$  10 min,再95  $^{\circ}C$  1 min,65  $^{\circ}C$  1 min,72  $^{\circ}C$  1.5 min 11个循环,再95  $^{\circ}C$  1 min,55  $^{\circ}C$  1 min,72  $^{\circ}C$  1.5 min,30个循环,72  $^{\circ}C$  10 min。与G46B相同的带型记为G,与Lemont相同的带型记为L,杂合带型记为H。在回交及自交后代中记录3种带型的株数。最后计算出不同带型的株数与G46B的相似率[相似率%=(G带型数/所有带型数) $\times$ 100]。

1.2.3 直链淀粉含量测定及统计分析方法 直链淀粉含量采用近红外反射光谱测定法<sup>[11]</sup>。实验数据统计分析采用中国农业大学植物遗传育种系开发的作物品种区域实验统计分析系统模型(Regional Crop Trial Analysis System)。

## 2 结果与分析

### 2.1 484/485在两亲本间和群体内的多态性分析

用特异引物484/485对两亲本、杂交后代和回交后代进行PCR扩增,结果表明,484/485在Lemont和G46B间存在明显的多态性,都只扩增出L型和G型带,具有位置上的差异(图1); $F_1$ 扩增出两条带(H型);回交群体中则能扩增出G带型和H带型(图2);在H带型的自交群体中出现3种带型,即G型、L型和H型(图3)。

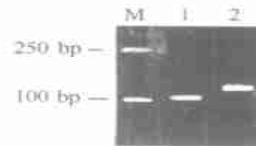


图1 484/485在亲本间的多态性

Fig. 1 Polymorphism of 484/485 between parents

1: G46B; 2: Lemont.

### 2.2 G46B遗传背景筛选

不同回交代次中具有484/485杂合带型的单株,用136对SSR差异引物进行PCR扩增,记录带型,计算每个单株与G46B的相似率,结果见表1。

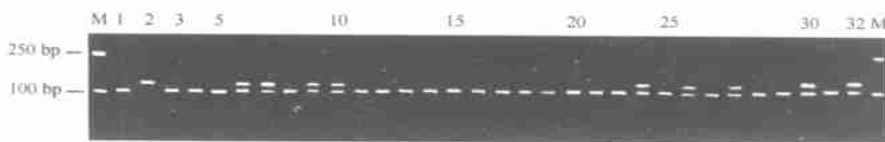


图2  $BC_1F_1$  484/485 PCR扩增产物

Fig. 2 Polymorphism of 484/485 in  $BC_1F_1$

1: G46B; 2: Lemont; 3-32: plants in  $BC_1F_1$ .



图3 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 484/485 扩增条带

Fig. 3 Polymorphism of 484/485 in BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>

1:Lemont;2:G46B;3-15:Plants in BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>.

表 1 各回交后代分子标记遗传背景与 G46B 的相似率

Table 1 Similar rate of SSR polymorphism of the plants with 484/485 heterozygote in BC<sub>n</sub>F<sub>2</sub> as compared to G46B

回交代次	平均相似率	变幅
BC <sub>n</sub> F <sub>1</sub>	Average (%)	Range (%)
BC <sub>1</sub> F <sub>1</sub>	48.25	21.74 - 71.43
BC <sub>2</sub> F <sub>1</sub>	68.82	46.67 - 93.33
BC <sub>3</sub> F <sub>1</sub>	83.95	67.86 - 95.45

以上数据表明,随着回交世代的增加,分子标记所揭示与 G46B 遗传背景的相似率大大提高,其主要原因是在特异标记筛选的基础上,同时进行全基因组分子标记遗传背景筛选的结果。

### 2.3 直链淀粉含量分析

2.3.1 各回交后代的自交群体中 484/485 筛选后 3 种基因型株系的直链淀粉含量 用引物 484/485 对回交后代入选的杂合带型植株的自交群体进行筛选,得到 3 种基因型(G、H、L)的单株,分别对其测定直链淀粉含量,并进行多重比较,结果见表 2。

表 2 各回交后代 3 种基因型的直链淀粉含量多重比较(LSD 法)

Table 2 LSD analysis on amylose content for genotype G, Hand L in BC<sub>n</sub>F<sub>2</sub>

基因型	均值	0.05 显著水平	0.01 显著水平
Genotype	Average	0.05 level	0.01 level
G46B	24.00	a	A
BC <sub>1</sub> F <sub>2</sub> -G	21.34	b	B
BC <sub>1</sub> F <sub>2</sub> -H	20.01	c	BC
BC <sub>1</sub> F <sub>2</sub> -L	18.16	d	C
		LSD <sub>0.05</sub> = 1.25	LSD <sub>0.01</sub> = 1.89
G46B	23.41	a	A
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> -G	22.26	b	AB
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> -H	21.28	c	B
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> -L	21.11	c	B
		LSD <sub>0.05</sub> = 0.91	LSD <sub>0.01</sub> = 1.38
G46B	23.83	a	A
BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub> -G	22.38	b	B
BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub> -H	21.68	bc	B
BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub> -L	21.43	c	B
		LSD <sub>0.05</sub> = 0.78	LSD <sub>0.01</sub> = 1.18

表 2 说明 3 种基因型株系间的直链淀粉含量存

在差异,并且均呈同一趋势,即 G 型 > H 型 > L 型。在 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>,各带型株系的直链淀粉含量差异彼此间均达到 0.05 显著水平,其中,G 型和 L 型达到 0.01 极显著水平。在 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 和 BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>,G 型和 L 型直链淀粉含量也存在显著差异。此外,回交后代中的 G 带型株系与 G46B 的直链淀粉含量达显著或极显著差异,可能是 Lemont 的遗传背景影响所致。由此可见,484/485 对直链淀粉含量的选择是有效的,通过杂合带型单株的自交和 L 带型株系的选择,结合稻米直链淀粉含量的测定,可以选出稻米直链淀粉含量适中的株系。

2.3.2 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> 群体中 L 带型植株的直链淀粉含量 用近红外反射光谱法分别对 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 8 个株系共 34 个单株,BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 8 个株系共 49 个单株,BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> 5 个株系共 28 个单株的 L 带型植株进行直链淀粉含量的测定,并对其与 G46B 进行差异显著性分析,结果如表 3。

经样本平均数与总体平均数的差异分析,BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 中 L 带型植株的直链淀粉含量与 G46B 的差异达到了 0.01 显著水平 ( $t = 12.03$ ),平均差异为 5.9%。直链淀粉含量在 17% ~ 22% 的单株有 26 株,占总株数的 76.47%。

BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 中 L 带型植株的直链淀粉含量与 G46B 的差异达到 0.05 显著水平 ( $t = 2.87$ ),平均差异为 2.30%。直链淀粉含量在 17% ~ 22% 的株数有 18 株,占总株数的 36.73%。

BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> L 带型植株的直链淀粉含量与 G46B 的差异达到 0.05 显著水平 ( $t = 3.4$ ),平均差异为 1.79%。直链淀粉含量在 17% ~ 22% 的单株有 12 株,占总株数的 42.86%。

回交一代、回交二代和回交三代的自交群体直链淀粉含量都比 G46B 低,说明标记 484/485 所连锁的 Wx 基因控制着稻米直链淀粉的含量。同时,在

不同的回交代,各株系平均直链淀粉含量有差异,从回交一代到回交二代增加幅度较大,说明 G46B 遗传背景对直链淀粉含量也有一定影响;另一方面,从回交二代到回交三代,平均直链淀粉含量相差不大,并且与 G46B 的差异都在同一显著水平,说明到回交三代群体直链淀粉含量基本上达到了稳定的状态。但株系间和株系内的直链淀粉含量存在一定差

异,需要进行单株选择。

#### 2.4 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> L 带型株系的主要农艺性状

对 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> 群体中 L 带型株系考查的主要农艺性状,包括株高、有效穗、穗长、千粒重、结实率,以 G46B 为对照,将各性状平均值与 G46B 进行差异显著性分析,结果见表 4。

表 3 BC<sub>n</sub>F<sub>2</sub> 中 L 带型植株直链淀粉含量(AC)

Table 3 Amylose content of genotype L in BC<sub>n</sub>F<sub>2</sub>

回交代次 BC <sub>n</sub> F <sub>2</sub>	株系数 No. of lines	直链淀粉含量(AC)		
		变幅 Range (%)	平均数 Average (%)	株系内变异系数 CV (%)
BC <sub>1</sub> F <sub>2</sub>	8	14.90 - 20.20	19.55 <sup>**</sup>	3.25 - 19.50
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub>	8	15.99 - 21.65	21.11 <sup>*</sup>	3.56 - 15.62
BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	5	18.25 - 22.12	21.43 <sup>*</sup>	2.45 - 9.30

注: \*表示 0.05 显著水平, \*\*表示 0.01 显著水平,下同。

Notes: \* and \*\* indicate significant at  $P < 0.05$  and  $0.01$ , respectively. The same blow.

表 4 各回交代次的 L 纯合带型株系的农艺性状与 G46B 的差异显著性

Table 4 Agronomic characters of genotype L in BC<sub>n</sub>F<sub>2</sub> and the significance of difference compared with G46B

回交代次 BC <sub>n</sub> F <sub>2</sub>	株高 Height (cm)	有效穗数 Panicles /plant	穗长 Panicle length (cm)	千粒重 1 000-grain weight (g)	结实率 Seed setting (%)
BC <sub>1</sub> F <sub>2</sub>	77.02 <sup>*</sup>	6.64	19.95 <sup>*</sup>	24.17	77.86 <sup>*</sup>
BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub>	87.88	5.8	21.48	23.41 <sup>*</sup>	83.31
BC <sub>3</sub> F <sub>2</sub>	82.11	6.17	20.06	20.91	84.12

回交后代各株系的平均值与 G46B 的差异显著性分析表明,在回交一代自交群体的 L 带型纯合株系中,株高、穗长、结实率存在显著差异( $t_{株高} = 3.78$ ,  $t_{穗长} = 2.98$ ,  $t_{结实率} = 2.93$ ),而有效穗、千粒重差异不显著( $t_{有效穗} = 2.18$ ,  $t_{千粒重} = 1.55$ )。在回交二代中,千粒重存在显著差异( $t_{千粒重} = 3.39$ ),株高、有效穗、穗长、结实率差异不显著( $t_{株高} = 0.25$ ,  $t_{有效穗} = 0.54$ ,  $t_{穗长} = 1.43$ ,  $t_{结实率} = 2.59$ )。在回交三代中,所有性状的差异都不显著( $t_{株高} = 0.04$ ,  $t_{有效穗} = 1.02$ ,  $t_{穗长} = 0.02$ ,  $t_{千粒重} = 0.56$ )。

以上分析表明,随着回交代数的增加,含有目的基因植株的农艺性状与 G46B 的相似程度增加,到回交三代,所考查的农艺性状与 G46B 均无显著差异。

### 3 小结与讨论

#### 3.1 用 484/485 对稻米直链淀粉含量进行辅助选择是可行的

本实验用 484/485 对回交后代进行分子标记选择,然后将少量入选单株自交。从自交后代的直链

淀粉含量看,回交一代、回交二代和回交三代都不同程度地得到了改良,其中 Lemont 带型植株的直链淀粉含量多数在 17%~22% 范围内,说明利用特异引物 484/485 对直链淀粉含量的选择是有效的,与前人的研究结果一致<sup>[5,8,10]</sup>。在 3 个回交世代的自交群体中,484/485 三种基因型株系间的直链淀粉含量差异表现同一趋势,即 G 型 > H 型 > L 型。可见,用 484/485 直接对回交及其自交群体进行选择,可以达到改良稻米直链淀粉含量的目的。这种方法具有简单、快速、准确性较高的特点,可以应用于水稻品质改良计划。

#### 3.2 前景选择和背景选择相结合是提高育种效率的有效方法

分子标记辅助选择的方法包括前景选择 (foreground selection) 和背景选择 (background selection)。前人将这两种方法结合已成功用于育种实践。他们的方法是对特异标记筛选后的自交群体进行遗传背景筛选,考查回交后代与轮回亲本的相似程度,或仅对回交群体进行遗传背景筛选<sup>[12,13]</sup>。传统育种方法对直链淀粉含量的选择只能在杂交后代的自交群体收获种子后才能进行。本实验利用 484/485,在回交

早代(一代)开始跟踪和选择稻米直链淀粉含量,选出具有目标基因的单株,并利用该特异标记在回交后代继续跟踪目标性状,大大缩小了选择的范围。另外,利用传统育种的方法改良一个亲本至少得回交 5~6 代,才能达到遗传背景相似的目的。本实验选用覆盖了水稻 12 条染色体的两亲本差异引物 136 对,对每一选择世代的目的基因植株进行全基因组筛选,然后再选择与轮回亲本相似率最大的单株作回交或自交,这样既快速转移了 G46B 的遗传背景,又跟踪转移了 Lemont 的中等直链淀粉含量基因。从试验结果可以看出,回交三代后,目的植株与 G46B 的分子标记遗传背景相似率最高的可达 95.45%,农艺性状与 G46B 达到比较近等的程度(无显著差异)。由此可见,对每一选择后代进行遗传背景的筛选,可大大提高回交后代与轮回亲本的相似率。应用分子标记辅助选择可以显著减少对目的基因和遗传背景选择的盲目性,回交三代就能够选出具有中等直链淀粉含量,且综合性状与轮回亲本 G46B 近等的个体,从而提高育种效率。

## References

- [1] Zhang X-M(张小明), Shi C-H(石春海), Fu T-G(富田桂). Correlation analysis between starch characteristics and taste quality in japonica rice. *Chinese J Rice Sci*(中国水稻科学), 2002, **16**(2): 157 - 161
- [2] Hirano H, Sano Y. Molecular characterization of the waxy locus of rice (*Oryza sativa*). *Plant Cell Physiol*, 1991, **32**: 989
- [3] Iwata N, Omura T. Linkage analysis by reciprocal translocation method in rice plant (*Oryza sativa* L.). Linkage groups corresponding to the chromosome 5, 6, 8, 9, 10 and 11. *Sci Bull Fac Agr, Kyushu Univ*, 1971, **25**: 802 - 804
- [4] Tan Y-F(谈移芳), Zhang Q-F(张启发). Correlation of simple sequence repeat (SSR) variants in the leader sequence of the waxy gene with amylose content of the grain in rice. *Acta Botanica Sinica*(植物学报), 2001, **43**(2): 146 - 150
- [5] Shu Q-Y(舒庆尧), Wu D-X(吴殿星), Xia Y-W(夏英武), Gao M-W(高明耐). Microsatellites polymorphism on the waxy gene locus and their relationship to amylose content in indica and japonica rice, *Oryza sativa* L. *Acta Genetica Sinica*(遗传学报), 1999, **26**(4): 350 - 358
- [6] Bligh H F J, Till R I, Jones C A. A microsatellite sequence closely linked to the waxy gene of *Oryza sativa*. *Euphytic*, 1995, **86**: 83 - 85
- [7] Wang Z Y, Zhen F Q, Gao J P, Wang X P, Wu M, Zhang J L, Hong M M. Characterization of two transposon like elements in rice Wx gene. *Science in China (Ser B)*, 1994, **37**: 437 - 447
- [8] Bao J-S(包劲松), Shu Q-Y(舒庆尧), Wu D-X(吴殿星), Cui H-R(崔海瑞), Zhu L-H(朱立煌), Xia Y-W(夏英武). Study on microsatellite marker of Wx gene as related to the rice starch quality. *Journal of Agricultural Biotechnology*(农业生物技术学报), 2000, **8**(3): 241 - 244
- [9] Shu Q-Y(舒庆尧), Xu G-H(徐光华), Xia Y-W(夏英武), Gao M-W(高明耐). A review of rice apparent amylose content. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*(浙江农业学报), 1998, **10**(1): 47 - 54
- [10] Ayres N M, McClung A M, Larkin P D, Bligh H F J, Jones C A, Park W D. Microsatellites and a single nucleotide polymorphism differentiate apparent amylose classes in an extended pedigree of US rice germplasm. *Theor Appl Genet*, 1997, **94**: 773 - 781
- [11] Shu Q-Y(舒庆尧), Wu D-X(吴殿星), Xia Y-W(夏英武), Gao M-W(高明耐). Analysis of grain quality Christmas in small ground brown rice samples by samples by near infrared reflectance spectroscopy. *Scientia Agricultura Sinica*(中国农业科学), 1999, **32**(4): 92 - 97
- [12] Xue Q-Z(薛庆中), Zhang N-Y(张能义), Xiong Z-F(熊兆飞), Li Y-Z(李羽中), Zhu L-H(朱立煌). The development of the restorer lines with the resistance of the bacterial blight disease by the marker assisted selection. *Journal of Zhejiang University*(浙江大学学报), 1998, **24**(6): 581 - 582
- [13] Chen S, Lin X H, Xu C G, Zhang Q. Improvement of bacterial blight resistance of "Minghui 63", an elite restorer line of hybrid rice, by molecular marker assisted selection. *Crop Sci*, 2000, **4**(1): 239 - 244

## 欢迎订阅 2005 年《中国农业科学》(中、英文版)

《中国农业科学》(中、英文版) 2005 年均为月刊,大 16 开,国内外公开发行。中文版国内统一刊号: CN 11-1328/S, 国际标准刊号: ISSN 0578-1752, 邮发代号: 2-138, 国外代号: BM43。每期 216 页, 定价 39.50 元, 全年定价 474.00 元; 英文版国内统一刊号: CN11-4720/S, 国际标准刊号: ISSN 1671-2927。邮发代号 2-851, 国外代号: M 1591。每期 80 页, 国内定价 20.00 元, 全年 240.00 元, 国外定价 20.00 美元, 全年定价 240.00 美元。广告经营许可证: 京海工商广字第 0178 号。编辑部地址: 北京市中关村南大街 12 号。邮政编码: 100081; 电话: (010) 68919808, 62191637, 68975146, 68976244; 传真: 68976244; 电子信箱: zgnykx@mail.caas.net.cn; 网址: http://www.ChinaAgriSci.com