

1 对复等位基因控制的油菜(*Brassica napus* L.) 显性核不育系 609AB 的遗传验证

宋来强^{1,2} 傅廷栋^{1,*} 杨光圣¹ 涂金星¹ 马朝芝¹

(¹ 华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室, 国家油菜品种改良武汉分中心, 湖北武汉 430070; ² 江西省农业科学院旱作物研究所, 江西南昌 330200)

摘要: 在确认 609AB 不育系类型的基础上, 采用临保系测验法和测交后代可育株自交与回交等方法, 有效区分了甘蓝型油菜显性核不育的 1 对复等位和 2 对显性基因互作控制的两种遗传模式。不育系类型鉴定结果表明, 609AB 是纯合型显性核不育系; 遗传分析证明所测恢复系的抑制基因均与 M_s 等位, 不育系可育株的抑制基因也与不育基因等位, 确认其育性符合 1 对复等位基因遗传模式, M_s 为显性雄性不育基因, M_f 为 M_s 的等位显性抑制位点, ms 为正常可育位点, 并且 $M_f > M_s > ms$ 。在这一不育系群体中不育株的基因型为 $M_s M_s$, 可育株的基因型为 $M_s M_f$, 相应的恢复系为 $M_f M_f$, 临保系为 $msms$ 。探讨了甘蓝型油菜显性核不育遗传的可能模式。

关键词: 甘蓝型油菜; 显性核不育; 等位抑制基因; 1 对复等位基因遗传
中图分类号: S565

Genetic Verification of Multiple Allelic Gene for Dominant Genic Male Sterility in 609AB (*Brassica napus* L.)

SONG Lai-Qiang^{1,2}, FU Ting-Dong^{1,*}, YANG Guang-Sheng¹, TU Jir-Xing¹, MA Chao-Zhi¹

(¹ National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, National Sub-center of Rapeseed Improvement in Wuhan, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, Hubei; ² Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, Jiangxi, China)

Abstract: The interaction mode between double dominant genes presented by Li S L and his colleagues is widely accepted as an inheritance pattern for the dominant genic male sterility (DGMS) in *Brassica napus*. In the mode, the expression of M_s designated as the dominant male sterile gene can be suppressed by the non-allelic inhibitory gene M_f (or R_f in previous reports). Even though it is supported by some ingenious genetic tests, there are two shortcomings in previous studies. One is that the inference has been drawn from the fertility performance in F_2 generation in some experiments. This makes us be in a dilemma because it's practically difficult to distinguish the segregating ratio 13:3 for double gene inheritance from the ratio 3:1 for multiple allele inheritance. Another shortcoming is that only one or two restorers are applied to the elaborate genetic examinations, which can't exclude the possibility that the allelic inhibitor may exist in the other restorers. Furthermore, multiple allelic dominant genic sterility is identified in Chinese cabbage with the same genome as *B. rapa*, one of the ancestral species of *B. napus*, though the two gene patterns have been confirmed in the same species. The present study was an attempt to verify the genetic mechanism for DGMS in a newly bred sterile line 609AB from a spontaneous mutant found in a double-low strain 609. Various types of testcrosses and backcrosses were made between 609AB and the breeding lines involved, and the fertility segregation was recorded in Wuhan and/or in Hezheng county, Gansu in spring and summer season, respectively. The segregation ratios of 1:1 in the sibmated progenies and 3:1 in the selfed progenies of the fertile plants revealed that 609AB was a homozygous sterile type (Table 1). The two hereditary patterns for DGMS could not be effectively determined through the F_2 segregating generation because observed data might fit well to the both patterns according to the Chi-square test (Table 2). The testcrosses made between restored F_1 and the temporary maintainers segregated in a ratio of 1:1 and the subsequent generation populations from the test families and backcrosses contained only fertile indivi

基金项目: 国家重大基础研究资助项目(2001CB10807)。

作者简介: 宋来强(1963-),男,江西瑞金人,江西省农业科学院副研究员,从事油菜遗传育种研究,华中农业大学植物科学技术学院在职博士生。*通讯作者(Corresponding author):傅廷栋, Tel:027-87281507, E-mail:rapelab@public.wh.hb.cn

Received(收稿日期): 2004-05-08, Accepted(接受日期): 2004-12-29.

duals (Table 3). All the restorers tested had the allelism of the *Ms*. In addition, the inhibition gene in the fertile plants from 609AB was also demonstrated to be allelic to the *Ms*, because there were only fertile plants in the backcross populations (Table 4). These results clearly indicated that 609AB was controlled by multiple alleles of one gene, with *Mf* dominant over *Ms* and *Ms* over *ms*, the recessive allele for normal fertility. Therefore, the genotypes of the sterile and fertile plants in 609AB are *MsMs* and *MsMf* respectively, while the corresponding restorers and the temporary maintainers are of genotypes *MfMf* and *msms*, respectively. The sterile material can also be utilized in a three-line system, but the breeding for a homozygous sterile line homologous to the corresponding maintainer will be entirely different.

Key words: *Brassica napus*; Dominant genic male sterility; Allelic inhibitor; Multiple alleles of one gene

利用杂种优势是提高作物产量、增强抗耐性、缓解产量与品质矛盾的重要途径,构建高效授粉系统是杂种优势利用最为关键的一环。目前我国油菜杂优利用研究形成了质不育为主,核不育、化学杀雄和自交不亲和等多途径并行的格局^[1]。根据不育基因的显隐性关系,核不育有隐性核不育和显性核不育之分。甘蓝型油菜显性核不育发现较早,但其应用明显落后于隐性核不育,加强其遗传及不育机理的研究是充分利用这一不育资源的前提。

李树林通过对 23AB 等显性核不育系的研究认为,甘蓝型油菜显性核不育是由 2 对显性基因控制的,1 对显性不育基因和 1 对显性抑制基因,显性抑制基因能够抑制显性不育基因的表现而恢复育性,并提出了显性核不育的三系法应用模式^[2~4]。显性核不育的这一理论与应用模式自从 1985 年提出后,得到广泛认可,一直沿用至今,后来报道的甘蓝型油菜显性核不育系都采用了 2 对显性基因遗传模式^[5,6]。然而,过去所作的遗传分析存在两个问题。一是有些推论是从不育系与恢复系杂交 F_2 群体的可育对不育的分离比例 13:3 得出的判断,由于 13:3 (相当于 4:3:1) 与 1 对复等位基因遗传模式的 3:1 非常接近,卡方测验时两者都可能接受,也就是说采用 1 对复等位基因的遗传模式也能解释这些测验结果。二是,虽然采用刘定富提出的 ABC 遗传设计^[7],但仅选用个别的恢复系^[8,9],不能排除其他恢复系的抑制基因与不育基因是等位的。白菜型油菜(AA)是甘蓝型油菜的基本种之一,显性核不育系 896AB^[10],经临保系测验法证实是受 2 对显性基因控制的^[11],抑制基因与不育基因非等位,也支持甘蓝型油菜的 2 对显性基因控制的遗传理论,但基因组与白菜型油菜相同的大白菜(AA),除了 2 对基因互作外^[12],还发现并提出了一对复等位基因的遗传模式^[13]。本研究对江西省农业科学院宋来强等培育的显性核不育系 609AB 作了深入的遗传测验分

析,证实了甘蓝型油菜显性核不育存在等位抑制基因,即符合 1 对复等位基因遗传模式。

1 材料与方法

1.1 材料

609AB。1999 年在青海夏繁加代时,从双低品系 609 中发现了 2 株自然突变不育株,次年在开放授粉后代选可育株自交,对育性有分离的自交后代群体选可育株再次自交,然后连续选不育株与可育株兄妹交保持,育成 609AB,经初步研究属显性核不育。本研究所用的其他测交亲本材料均来自江西省农业科学院。

1.2 方法

选用亲本与 609AB 广泛测交,筛选临保系和恢复系,并确认 609AB 不育系类型,即纯合型不育系或杂合型不育系。然后采用临保系测验法,即纯合型不育系中的不育株(609A)与恢复系杂交,杂种 F_1 再与临保系测交,对测交后代的可育株套袋自交并与临保系回交,以鉴定恢复基因的基因型及其与不育基因的等位性。不育系可育株(609B)与临保系杂交并回交,以测定 609B 的抑制基因与不育基因的等位性。杂交、测交、回交及自交后代栽于甘肃临夏和政县和(或)武汉华中农业大学油菜遗传育种研究室的试验基地,常规管理但不间苗,盛花期调查群体中不育株和可育株数,根据经典遗传分离规律,应用卡方测验检验适合的分离比例,进而推断亲本及各种群体的基因型类型。

2 结果与分析

2.1 纯合型不育系、恢复系及临保系的基因型分析

无论是 2 对显性基因的遗传模式还是 1 对复等位基因的遗传模式,显性核不育系有纯合型和杂合型两种类型。杂合型不育系的特点是兄妹交后代可育株与不育株 1:1 分离,但可育株自交后代没有育

性分离,全部可育。纯合型不育系中,不育株与可育株兄妹交后代也是 1 1 分离,但可育株自交后代育性按可育对不育的 3 1 分离,并且 609A 与临保系杂交的后代 100%不育,产生全不育群体。表 1 列出的

是 609AB 兄妹交和可育株自交结果,其兄妹交后代符合 1 1 分离,可育株自交后代符合 3 1 分离。此外,609A 与多个临保系杂交能产生全不育群体,表明这一不育系是纯合型不育系。

表 1 纯合型不育系的基因型分析(2003 春,武汉)
Table 1 Genotype analysis of the homozygous sterile line(2003 spring, Wuhan)

	兄妹交 Sibmating		² (1 1)	可育株自交 Selfing of fertile plant		² (3 1)
	可育株 Fertile plants	不育株 Sterile plants		可育株 Fertile plants	不育株 Sterile plants	
609AB	176	156	1.0913	368	114	0.3983

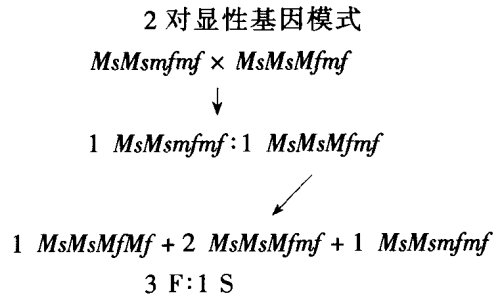
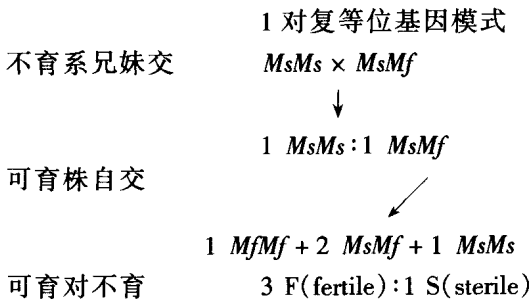
通过广泛测交,筛选得到 GS2467、GS2475、GS2460 和 GS2487 等临保系,与纯合型不育系 609A 杂交的后代全部不育,同时得到 GS2486 等十余个恢复系。下面应用两种遗传模式对 609A 和 609B、临保系、恢复系及杂交自交后代的基因型进行推演。

1 对复等位基因控制的遗传假设,有不育基因位点 (*Ms*)、不育基因抑制(恢复)位点 (*Mf*)、隐性位点 (*ms*),并且 $Mf > Ms > ms$,609A 的基因型为 *MsMs*,609B 的基因型为 *MsMf*,兄妹交 *MsMs/ MsMf*

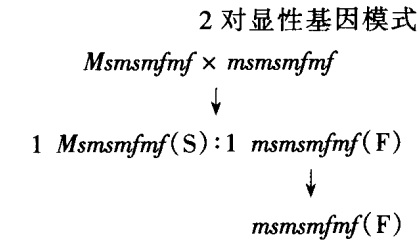
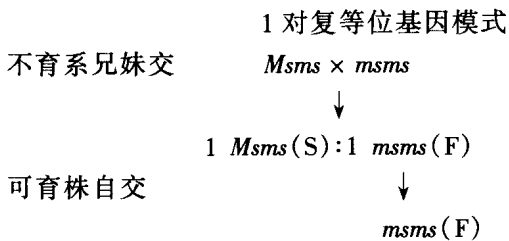
后代仍为上述两种基因型,可育株自交后代 3 1 分离。*MsMs* 与纯合隐性基因型(临保系)杂交,后代为全不育群体。

2 对显性基因控制的遗传假设,有不育基因 *MS*,隐性位点 *ms*,显性抑制基因 *Mf*,隐性位点 *mf*, $Mf > MS > ms$,609A 的基因型为 *MsMsmfmf*,609B 的基因型为 *MsMsMfmf*,兄妹交 1 1 分离,609B 自交后代 3 1 分离。恢复系为 $— — MfMf$,临保系为双隐性 *msmsmfmf*。

纯合型不育系遗传模式如下:

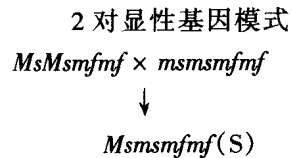
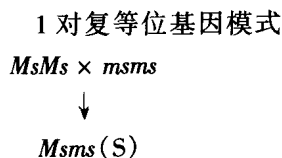


杂合型不育系遗传模式如下:



可见,根据不育系的兄妹交、可育株自交均无法区分 2 种遗传模式。同样,不育系与临保系和恢复

系杂交也无法对 2 种遗传模式进行区分。



2.2 609A 与恢复系杂交 F₂ 的育性分离

609A 与恢复系杂交 F₂ 的育性分离,对于 1 对基因的遗传模式,可育 不育是 3 : 1 分离,对于 2 对显性基因的遗传模式是 13 : 3,理论上有所差异,但在测验实践中难以将这两个十分接近的比例区分开

来,甚至得出错误的结论。609A 与 RS04-1 杂交组合 F₂ 的卡方测验(表 2),2003 年夏的结果只接受 13 : 3 的分离比例,而 2004 年春的结果可以接受两种遗传假设。

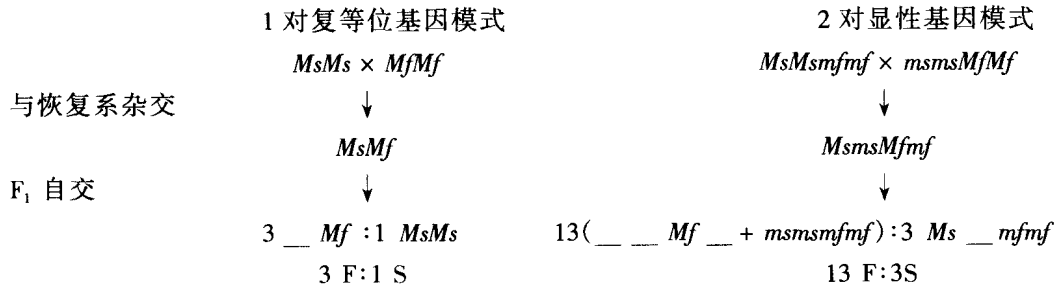


表 2 609A 与恢复系 RS04-1 杂交 F₂ 分离情况

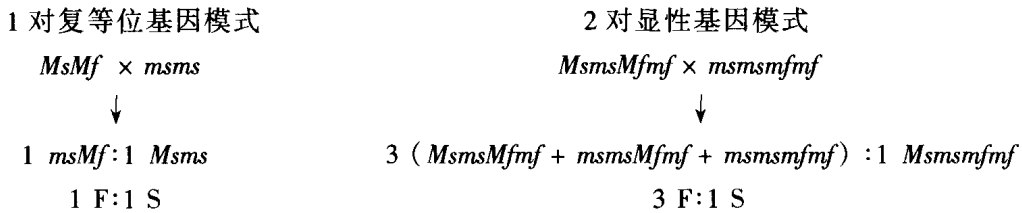
Table 2 The fertility performance in the F₂ population derived from the cross between 609A and the restorer RS04-1

年份和地点 Year and location	可育株 Fertile plant	不育株 Sterile plant	² (13 : 3)	² (3 : 1)
2003 夏,甘肃 2003 summer, Gansu	264	61	0.003 9	6.401 0
2004 春,武汉 2004 spring, Wuhan	119	29	0.024 9	2.027 0

2.3 F₁ 与临保系测交后代的育性分离

以 609A 与恢复系杂交的 F₁ 为母本,与临保系测交,两种遗传模式相对应的分离比例则从 F₂ 的

13 : 3 与 3 : 1 转换成 3 : 1 与 1 : 1 的比较,区分起来显然更为容易。



根据以上推演,如果不育受 2 对显性基因控制, F₁ 与临保系的测交后代群体中,可育株与不育株的分离比例应是 3 : 1,如果不育受 1 对复等位基因控制,其分离比例应该是 1 : 1。对 6 个恢复系和 1 个半恢系 RS02 得到的杂交 F₁ 与 3 个临保系进行测交(表 3),选取半恢群体的目的是测验这种情况下抑

制基因与不育基因的等位性。3 个临保系所做的测交后代(包括半恢 F₁ 选可育株的测交)无一例外是按 1 : 1 分离,证实该不育系的育性是受 1 对复等位基因控制的。因此,纯合型不育系 609AB 中,可育株的基因型为 $MsMf$,不育株的基因型为 $MsMs$,临保系的基因型为 $msms$,恢复系的基因型为 $MfMf$ 。

表 3 F₁ 与临保系测交后代育性分离

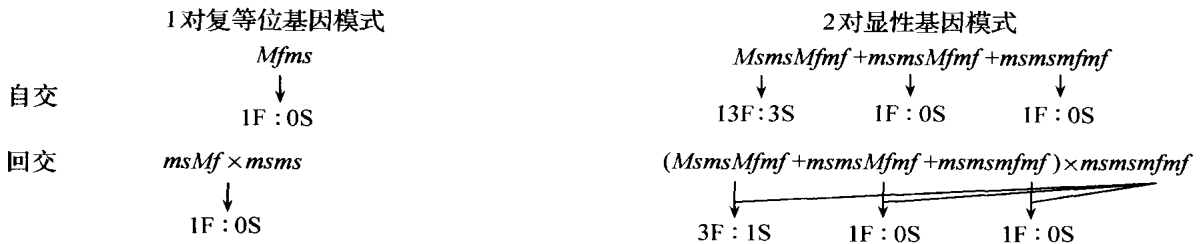
Table 3 The fertility performance in the populations of the testcrosses made between the F₁ and temporary maintainers

年份和地点	组合名称 Combination	可育株 Fertile plant	不育株 Sterile plant	² (1 : 1)	² (3 : 1)
2003 夏,甘肃 2003 summer, Gansu	(609A × RS04-1) × GS2467	105	81	2.8441	33.1470
	(609A × RS04-3) × GS2467	177	147	2.5957	70.6214
	(609A × PS006) × GS2467	59	58	0.0000	36.3789
	(609A × RS02-1) × GS2475	147	119	2.7406	54.2155
2004 春,武汉 2004 spring, Wuhan	(609A × RS04-3) × GS2467	196	180	0.5984	103.6915
	(609A × GS2353) × GS2487	178	180	0.0028	120.6704
	(609A × GS2368) × GS2487	72	63	0.4741	32.6543
	(609A × GS2381) × GS2467	31	28	0.0678	14.6949
	(609A × GS2486) × GS2487	46	48	0.0106	32.6809

2.4 测交后代可育株自交及回交后代的育性分离情况

对于 1 对复等位基因遗传模式, F_1 与临保系测交后代中所有可育单株的基因型只有 1 种即 $msMf$, 对其自交和与临保系回交, 后代均无育性分离; 而对于两对显性基因遗传模式, F_1 与临保系测交后代中的可育株存在 3 种基因型, $MsmsMfmf$ 、 $msmsMfmf$ 和 $msmsmfmf$, 对可育株自交或与临保系回交, 理论上会有 1/3 的单株自交或回交群体有育性分离。2003 年夏, 从 (609A \times RS04-1) \times GS2467 等测交后代中随机选可育株套袋自交或与临保系进行正反回交 40 多

个组合, 2004 年春观察, 所有后代群体均无育性分离。由于在这一测交组合中不育株存在生态敏感性, 做杂交时表现可育, 但在后期都转为不育, 这些测交后代都出现育性分离, 其基因型是 $Msms$ 而不是 $msMf$ 。2004 年夏, 对 (609A \times GS2353) \times GS2487 测交组合可育株自交和回交群体进行观察, 43 个可育株自交后代无不育株分离, 可育株与 GS2487 的 29 个回交群体也表现全部可育, 这些结果也表明该不育系为 1 对复等位基因控制, 而且也排除了 2 对基因模式 ($MsMsMfMf$) 可能。



假设恢复系的基因型是 $MsMsMfMf$, 那么 F_1 是 $MsMsMfmf$, 与临保系测交的后代有 $MsmsMfms$ 和 $Msmsmfmf$ 2 种基因型, 也按 1:1 分离。因此, 对测交后代可育株进行自交或与临保系回交, 观察后代育性分离情况, 就可否定或接受这一假设。如果这一假设成立, 那么每一可育株自交或与临保系回交, 其后代都有育性分离。观察结果正好相反, 排除了这一可能性的存在。

2.5 609B 与临保系杂交回交后代的分离情况

纯合型不育系中可育株带有抑制基因, 对于 1 对复等位基因遗传模式, 609B 基因型是 $MsMf$, 而对于 2 对基因模式是 $MsMsMfmf$, 与临保系杂交均表现 1:1 的育性分离, 但选可育株自交或再与临保系回

交, 前者杂交后代可育株的基因型中不再带有不育基因, 无论是自交还是回交, 全部表现可育, 而后者与临保系杂交后代可育株的 2 个基因位点均是杂合的, 无论是自交还是回交后代均有育性分离。表 4 中测交后代分离符合 1:1 比例, 尽管观察群体较小, 但并不影响回交测验, 因两种模式下测交后代可育株的基因型只有 1 种。临保系作母本还是作父本, 用同一临保系回交还是用其他临保系回交, 后代群体全部个体可育, 无育性分离。这一结果不依赖于育性分离比例, 可得出定性的结论, 609B 的抑制基因与不育基因等位, 同样证明 609AB 显性核不育符合复等位遗传模式。

表 4 609B 测交回交后代育性分离情况
Table 4 The fertility performance of the testcrosses and backcrosses with temporary maintainers

Year	组合名称 Combination	可育株 Fertile plants	不育株 Sterile plants	$\chi^2(1/1)$
2004 春, 武汉 2004 spring, Wuhan	(609B \times GS2467)	57	57	0.0088
	(609B \times GS2475)	19	22	0.0976
	(609B \times GS2487)	39	36	0.0533
	(609B \times GS2460)	18	12	0.8333
2003 夏, 甘肃 2003 summer, Gansu	(609B \times GS2467) \times GS2467	265	0	
	GS2467 \times (609B \times GS2467)	96	0	
	GS2487 \times (609B \times GS2475)	126	0	
	GS2487 \times (609B \times GS2487)	134	0	
	GS2487 \times (609B \times GS2460)	194	0	

1 对复等位基因模式

$$MsMf \times msms$$

$$Msms + msMf \times msms$$

$$msMf + msms$$

$$1 F:0 S$$

2 对显性基因模式

$$MsMsMfmf \times msmsmfmf$$

$$Msmsmfmf + MsmsMfmf \times msmsmfmf$$

$$3F(MsmsMfmf + msmsMfmf + msmsmfmf) + 1S(Msmsmfmf)$$

3 讨论

3.1 根据不育系中的不育株与可育株的兄妹交及其不育株与临保系测交结果,推断 609AB 是纯合型显性核不育系。遗传分析确认所测恢复系的抑制基因均与不育基因等位,该不育系符合 1 对复等位基因遗传模式。本研究还对不育系中可育株的抑制基因与不育基因的等位性进行测验,证实了 609B 的抑制基因也与不育基因等位,609AB 的复等位遗传模式得到进一步确认。

3.2 本研究证明了甘蓝型油菜显性核不育系 609AB 存在等位的抑制基因,但是否同样存在非等位的抑制基因,还有待进一步对所有的恢复源进行普测,如果证实存在非等位的抑制基因,则表明显性核不育既符合 1 对复等位基因遗传模式,也符合 2 对显性基因遗传模式,这是一个问题的 2 个方面,并非对同一现象模棱两可的解释。如果两个或更多的基因具有不育位点、抑制位点和隐性位点,油菜的显性核不育就适合多对复等位遗传模式。

3.3 无论是刘定富^[7]提出的 ABC 遗传设计,还是董振生等^[11]采用的临保系测验法,都为说明恢复系抑制基因与不育基因等位与否。本研究采用临保系杂交回交方法,有效地测定了 609B 的抑制基因与不育基因的等位性,而且不依赖于育性分离比例的多少,能够定性地说明问题。另外,也可采用纯合型不育系可育株自交得到的育性不再分离的恢复系与临保系杂交,依据 F₂ 有无育性分离,也可推论纯合型不育系中可育株抑制基因与不育基因的等位性。

3.4 ABC 遗传设计^[7]是针对不育系基因型和恢复系基因型未知的情况下提出的,而在不育系基因型已知的情况下,本研究采用的临保系测验法显得更为简单易行,而且自然界中绝大多数恢复系的基因型不含不育基因,迄今经过 ABC 遗传设计检验的恢复系基因型大多如此^[8,9],因此测交后代的自交回

交也可省略。本研究采用的临保系测验法与董振生等^[11]采用的方法有所区别,虽然都使用临保系与 F₁ 测交,但 F₁ 的基因型组成不同,纯合型不育系与恢复系杂交 F₁ 只有 1 种基因型,而杂合型不育系(全不育群体)与恢复系杂交 F₁ 有 2 种,需多做测交,工作量较大。要确定 2 对基因遗传模式下恢复系是否带有不育基因,实际上更简单可行的方法还是观察恢复系与临保系杂交 F₂ 的育性分离,也就是刘定富提出的 C 测验。

3.5 609A 不育彻底,表现稳定,在部分测交后代群体中有些单株表现生态反应,这是其他背景基因的作用。至于 609A 是否属于新的不育位点还有待进一步的等位性测验。复等位基因遗传模式与 2 对显性基因互作遗传模式相比,由于基因型只有 6 种,比 2 对基因遗传模式少 2 种,带有不育基因的可育株基因型只有 1 种,因此在应用上更为有利。两种遗传模式都可采用三系配套进行杂种优势利用,但临保系同源的纯合型不育系的选育技术完全不同。

References

- [1] Fu T-D(傅廷栋). Breeding and Utilization of Rapeseed Hybrid(杂交油菜的育种与利用). Wuhan: Hubei Science and Technology Press, 1995. 42 - 135 (in Chinese)
- [2] Li S-L(李树林), Qian Y-X(钱玉秀), Wu Z-H(吴志华). Inheritance and utilization of genetic male sterility in rapeseed(*Brassica napus* L.). *Acta Agriculturae Shanghai* (上海农业学报), 1985, 1(2): 1 - 12 (in Chinese with English abstract)
- [3] Li S-L(李树林), Zhou X-R(周熙荣), Zhou Z-J(周志疆), Qian Y-X(钱玉秀). Inheritance of genetic male sterility (GMS) and its utilization in rapeseed(*Brassica napus* L.). *Crop Research* (作物研究), 1990, 4(3): 5 - 8 (in Chinese)
- [4] Li S-L, Qian Y-X, Wu Z-H, Stefansson B R. Genetic male sterility in rape (*Brassica napus* L.) conditioned by interaction of genes at two loci. *Can J Plant Sci*, 1988, 68: 1 115 - 1 118
- [5] Wang T-Q(王通强), Huang Z-S(黄泽素), Tian Z-P(田筑萍), Dai W-D(代文东). The sterility identification and genetics analysis of newly bred GMS line Qianyou 2AB in *B. napus* L. *Southwest China Journal of*

- Agricultural Sciences* (西南农业学报), 2001, **14**(1): 46 - 49 (in Chinese with English abstract)
- [6] Hu S-W(胡胜武), Yu C-Y(于澄宇), Zhao H-X(赵惠贤), Lu M(路明). Development of GMS homozygous two-type line 803AB from dominant GMS Shaar-GMS in *Brassica napus* L. *Acta Agricuturae Boreali-occidentalis Sinica* (西北农业学报), 2002, **11**(4): 25 - 27 (in Chinese with English abstract)
- [7] Liu D-F(刘定富). The theoretical studies on the restoration for dominant genic male sterility in plants. *Hereditas* (遗传), 1992, **14**(6): 31 - 36 (in Chinese)
- [8] Zhou Y-M, Bai H-H. Identification and genetic studies of the inhibition of dominant male sterility in *Brassica napus*. *Plant Breeding*, 1994, **113**: 222 - 226
- [9] Hu S-W(胡胜武), Yu C-Y(于澄宇), Zhao H-X(赵惠贤), Lu M(路明), Zhang C-H(张春红), Yu Y-J(俞延军). Identification and genetic analysis of the fertility restoring gene for dominant genic male sterility accession "Shaar-GMS" in *Brassica napus* L. *J of Northwest Sci-Tech Univ of Agri and For* (Nat Sci Ed) (西北农林科技大学学报-自然科学版), 2004, **32**(4): 9 - 12, 18 (in Chinese with English abstract)
- abstract)
- [10] Dong Z-S(董振生), Liu C-S(刘创社), Jing J-S(景军胜), Zhuang S-Q(庄顺琪), Ran L-G(冉龙贵). Selection and breeding of double dominant nuclear sterility of 896AB in *B. campestris* L. *Acta Agronomica Sinica* (作物学报), 1998, **24**(2): 187 - 192 (in Chinese with English abstract)
- [11] Dong Z-S(董振生), Liu C-S(刘创社), Jing J-S(景军胜), Ran L-G(冉龙贵), Zhang X-S(张修森), Dong J-G(董军刚), Liu X-X(刘绚侠). Genotype identification of restorer of double dominant genic sterile line 896AB in *Brassica campestris* L. *Acta Agronomica Sinica* (作物学报), 1999, **25**(2): 193 - 198 (in Chinese with English abstract)
- [12] Zhang S-F(张书芬), Song Z-H(宋兆华), Zhao X-Y(赵雪云). Breeding of interactive genic male sterile line in Chinese cabbage (*Brassica pekinensis* Rupr) and utilization model. *Acta Horticulturae Sinica* (园艺学报), 1990, **17**(2): 117 - 125 (in Chinese with English abstract)
- [13] Xu M(许明), Bai M-Y(白明义), Wei Y-T(魏毓棠). Transfer male sterile gene of Chinese cabbage to inbred line 97A407. *China Vegetable* (中国蔬菜), 2003, (2): 8 - 10 (in Chinese)

书讯

《杂交玉米品种 DNA 指纹图谱》(辛景树主编) 70.00

本书介绍玉米种子纯度和品种真实性 SSR 分子检测技术规范,来自全国的 192 个杂交玉米种的 DNA 指纹图谱及品种的中英文介绍。

《作物生态学——农业系统的生产力及管理》(李雁鸣等译) 120.00

本书首先导入系统的概念,而后循序渐进地对这些概念进行定量分析,再扩展到农民采用的系统管理的战略和战术以及环境问题等热点问题。

《中国的稻米生产和一体化经营》(朱希刚等著) 26.00

本书共收录 6 篇关于中国稻米经济的研究报告。这 6 篇文章都是讨论分析中国的稻米经济问题,但各有侧重。通过阅读这 6 篇研究报告,可以对近些年来中国稻米经济问题有一个较为全面的了解。

《现代化学肥料学》(奚振邦编) 35.00

是一部介绍现代农业生中化肥生产,施用理论和技术的著作,也是作者投身土壤农业化事业 50 年,在化学肥料科学的科研、教学、生产和推广服务中的长期成果和总结。

《云南植物病毒》 158.00

本书以详尽的文字和直观的图版阐述了云南烟草、马铃薯、玉米、水稻及花卉等植物的主要病毒病原种类 20 余种,覆盖 11 科 20 属,占我国已报道的植物病毒总数的一半以上,展示了我国云南病毒遗传资源多样性。

《冬小麦水分关系与节水高产》36.00

《旱田主要作物药害图谱》20.00

《中国玉米品质区划及产业布局》60.00

《植物生物技术导论》72.00

《农作物营养失调症原色图谱》20.60

《中国有机稻米生产加工与认证管理技术指南》30.00

《作物管理知识模型》35.00

《植物分子育种》60.00

《植物生物活性物质》58.00

《植物化感相生相克作用及其应用》19.20

邮购办法: (汇款金额 = 书款 + 10% 邮资)

备有书目 免费赠阅

1. 邮局汇款: (100094) 中国农业大学 718 信箱 同朗书店 (收)

2. 银行汇款: 户名/ 北京同朗书店有限公司; 开户行/ 农行北京海淀支行营业部; 帐号/ 050101040005758

电话: 010-62813181; 68918561

网址: www.tonglang.com; E-mail: tonglang_718@163.com