

水稻种子贮藏 10 年后的活力相关基因定位

刘文强, 黎用朝, 李小湘, 陆婷婷, 潘孝武, 盛新年, 段永红, 孙桂华

(湖南省水稻研究所, 长沙 410125)

摘要:以 2004 年构建并保存在种质库 10 年的 186 个单株组成的湘 743/Katy $F_{2,3}$ 群体为材料, 在发芽的第 5 天和第 9 天统计亲本和各株系的发芽率和成苗率, 应用由 129 个标记组成的连锁图谱检测与种子活力相关的 QTL, 一共检测到 12 个 QTLs, 共分布在 6 条染色体的 6 个区间, 单个 QTLs 对群体性状表型变异的贡献率为 5.73% ~ 47.53%, 联合贡献率都是 50%。其中, 在第 8 染色体 RM152 ~ RM310 区间检测到一个主效的 QTL, 对第 5 天发芽率和第 9 天发芽率和第 9 天成苗率的贡献率分别为 12.02%、47.53%、38.64%, 来自于湘 743 的基因增加发芽率和成苗率; 在第 9 染色体 RM444 ~ RM219 区间检测到一个稳定表达的 QTL, 对第 5 天发芽率和第 9 天发芽率和第 9 天成苗率的贡献率分别为 8.85%、7.49%、10.36%, 来自于 Katy 的基因增加发芽率和成苗率; 此外, 没有检测到显著的上位性互作。

关键词:水稻; 数量性状座位; 种子活力

Mapping of Quantitative Trait Loci Associated with Seed Longevity of Rice after Nearly 10 Years of Seed Storage

LIU Wen-qiang, LI Yong-chao, LI Xiao-xiang, LU Ting-ting, PAN Xiao-wu,

SHENG Xin-nian, DUAN Yong-hong, SUN Gui-hua

(Hunan Rice Research Institute, Changsha 410125)

Abstract: In this paper, a $F_{2,3}$ population of 186 lines stored in gene bank for ten years at Hunan Rice Research Institute (HNRRRI) which were derived from Xiang 743 / Katy and was tested for germination percentage and normal seedling percentage in the fifth and ninth day at seed germination stage. A linkage map consisting of 129 SSR markers was employed to detect quantitative trait loci (QTL) associated with seed longevity. A total of 12 QTLs were detected, distributing on 6 regions in the genome, with phenotypic variance explanation ranging as 5.73% ~ 47.53% and general contribution as high as 50%. Among them, a major QTL was identified in the interval of RM152-RM310 on chromosome 8, with germination percentage contribution of 12.02% in the fifth day and germination percentage contribution of 47.53% and normal seedling percentage contribution of 38.64% in the ninth day, the allele for Xiang 743 played positive effect. Meanwhile, a stable QTL was detected in the interval of RM444 - RM219 on chromosome 9, with germination percentage contribution of 8.85% in the fifth day and germination percentage contribution of 7.49% and normal seedling percentage contribution of 10.36% in the ninth day, the allele from Katy played positive effect. In addition, no epistatic interaction was detected among putative QTLs.

Key words: rice (*Oryza sativa* L.); quantitative trait locus (QTL); seed longevity

种子活力是指在广泛的田间条件下, 决定种子迅速整齐出苗和长成幼苗潜在能力的总称^[1]。随

着水稻直播栽培技术大面积的应用, 对培育的水稻品种提出了更高要求, 因为直播栽培技术要求品种

收稿日期: 2014-09-09 修回日期: 2014-10-10 网络出版日期: 2015-08-04

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150804.1327.036.html>

基金项目: 公益性行业科研(201303007 和 201003021); 国家科技支撑计划(2012BAD20B05-01); 湖南省农科院科技创新项目(2013YB11); 国家现代农业产业技术体系建设专项(nycytx-001)

第一作者研究方向为作物遗传育种, E-mail: lwq413@126.com; 黎用朝为共同第一作者

通信作者: 李小湘, 研究方向为作物种质资源学。E-mail: xiaoxiang66196@126.com

具有较高的发芽率。在生产实践中,高活力的水稻品种发芽整齐迅速,具有明显的生长优势和生长潜力,在田间有较强竞争优势,可抑制杂草生长。此外,种子活力期长的水稻品种在常温或低温下存放较长时间,仍能保持较高的生活力和发芽率,这对商品种子抵御市场风险具有一定作用。因此,生产上对选育高活力的杂交稻新组合变得更为迫切。

目前,对水稻种子在贮藏期间其活力逐渐丧失的机制还不是很清楚,大多研究者对种子活力的评价是通过统计种子发芽率和一些其他芽期性状来衡量。有研究表明种子活力是由多基因控制的数量遗传和外在的环境条件所共同控制的^[2]。Z. Huang等^[3]利用籼粳交来源的重组自交系群体,以发芽率、芽长及干重等种子活力相关性状定位到13个QTLs,分布在7条染色体上,贡献率为2.9%~12.7%。K. Sasaki等^[4]将重组自交系群体的种子在常温下分别贮藏1年、2年和3年的时间,以发芽数和成苗数为种子活力指标,共定位到3个与种子活力相关的区间,分别在第7染色体XNpb33~XNpb91区间、第9染色体XNpb40~XNpb315区间和XNpb401~XNpb385区间。E. Redona等^[5]利用低种子活力材料Labelle和高种子活力材料BlackGora杂交配组,构建了一个F₂群体,通过测量其F₃家系的茎长、根长、胚芽鞘长等作为种子活力指标,共检测到13个QTLs,贡献率为7%~38%。K. Cui等^[6]以重组自交系群体种子的发芽率和成苗率为种子活力指标,在第3、5和6染色体上4个区间检测到QTLs。Z. F. Wang等^[7]利用重组自交系群体在种子萌发期第3天和第10天的发芽率及种子发芽指数为种子活力指标,共检测到10个QTLs,其中贡献率最高的达到68.5%,最低的为7.5%。与大多数研究者研究种子活力是在实验室测定种子发芽试验不同,L. Zhou等^[8]将重组自交系群体的种子播种在大田,通过调查其种子活力相关的性状,共检测到9个QTLs分布在5条染色体上。Z. H. Zhang等^[9]发现Lemont和Teqing在不同的温度下其种子活力差异较大,从而将Lemont/Teqing杂交衍生的重组自交系群体分别设置在20℃和25℃测定种子活力相关性状,共检测到34个主效QTLs,主要分布在水稻基因组的5个区间。

湘743是湖南的地方稻资源,具有高种子活力特性。Katy是美国的优质稻品种。2004年以湘743和Katy杂交配组构建一个F₂群体,成熟后分单株收

种,然后贮藏于湖南省水稻研究所种子库中(5±2℃,RH 65%±5%),经过长达10年的贮藏,将该群体用于种子活力QTL定位研究,旨在寻找能提高种子活力的基因位点,为今后开展高种子活力杂交稻新组合分子育种提供依据。

1 材料与方法

1.1 水稻材料和性状鉴定

2004年用湖南地方稻湘743和美国优质稻品种Katy杂交配组,构建了一个包含186个单株的F₂群体。2004年5月16日将湘743、Katy和F₂群体种植于湖南省水稻研究所长沙试验田,成熟(始穗后30~35d)后分单株收获种子。2004年10月用羊皮纸袋包装种子,烘干(含水量约11%)后贮藏于湖南省水稻研究所种质库的短期库内(5±2℃,RH 65%±5%)。经过长达10年的贮藏,2014年5月取出这些种子用于种子活力鉴定。

种子活力鉴定以种子发芽率和成苗率为指标,设2个重复。取出贮藏的种子,经过45℃连续烘干3d解除休眠,挑选100粒饱满的种子置于垫有滤纸的发芽盒中,发芽盒的长宽高分别是12cm×12cm×5cm。将发芽盒加入适量的蒸馏水,盖上发芽盒盖,置于30℃的人工气候箱催芽。在第5天和第9天调查种子发芽率,当种子的根大于或等于谷粒长且芽不小于谷粒一半长算作发芽,发芽率=发芽数/调查的总种子数;同时,在第9天统计种子成苗率,当第1片叶形成且茎长不小于2cm的算作成苗,成苗率=成苗数/调查的总种子数。2个重复的平均值用作种子活力数量性状分析。

1.2 数据分析

湘743/Katy F₂群体的遗传连锁图谱包含129个简单序列重复(SSR, simple sequence repeat)标记,覆盖水稻基因组2051.1cM,分布于水稻12条染色体上,前期研究应用该群体定位水稻芽期耐冷基因^[10],本研究利用该群体进行种子活力QTL分析。应用Windows QTL Cartographer 2.5检测QTL^[11],以LOD=2.5为阈值,采用复合区间作图法(CIM, composite interval mapping)分析,当LOD≥2.5时,则认为LOD值最高处对应的2个标记间存在控制相应性状的QTL,以最大LOD值对应标记的偏回归系数作为该QTL的表型贡献率,并计算加性效应和显性效应。扫描区间为1cM, CIM模型选择标准模型,背景控制选择默认值,应用正反向回归法,以P=0.01为阈值。上位性检测采用多重区间作图法

(MIM, multiple interval mapping), 分析在 CIM 检测中表现显著的 QTL 之间是否存在上位性。

2 结果与分析

2.1 性状分布与表型变异

试验结果表明, 湘 743 的发芽率和成苗率都显著高于 Katy。第 5 天湘 743 的发芽率为 64%, 第 9 天达到了 95%; Katy 在第 5 天和第 9 天的发芽率分别为 25% 和 42.5%; 群体在第 5 天和第 9 天的发芽率变异范围分别为 0~92.5% 和 0~99.5%。第 9 天湘 743 的成苗率为 96.2%, Katy 为 43%, 群体的变异范围为 0~99.5% (图 1、2、3)。

相关分析显示这 3 个性状之间呈极显著正相关, 第 5 天发芽率和第 9 天发芽率、第 9 天成苗率相关系数分别为 0.88 和 0.89, 第 9 天发芽率和第 9 天成苗率间的相关系数为 1, 即完全正相关。

不难看出, 随着时间的延长, 湘 743 和 Katy 的发芽率都相应的增加, 但湘 743 增加的程度明显高于 Katy, 且接近最大值。另外, 从图中可以看出 (图 1、2、3), 这 3 个性状都呈连续性分布, 表明种子活力是由多基因控制的数量性状。同时, 超亲分离在这 3 个性状分布图中都被观测到。

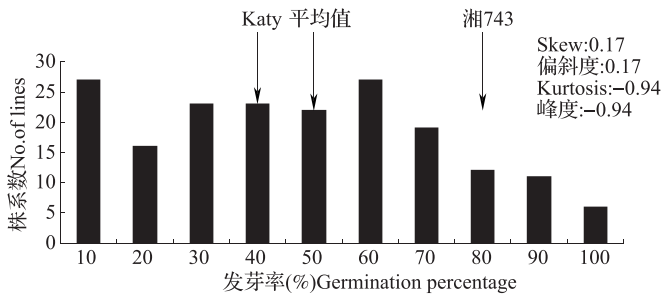


图 1 F_{2,3} 群体第 5 天发芽率分布图

Fig. 1 The frequency distribution of seed germination percentage in the fifth day of the F_{2,3} population

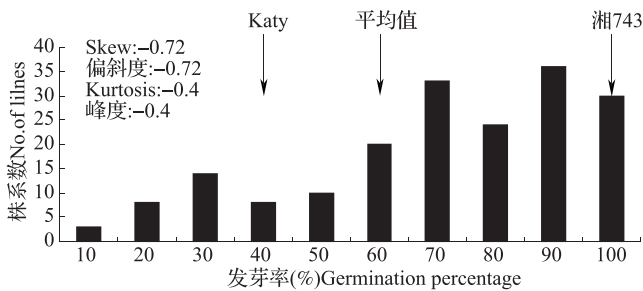


图 2 F_{2,3} 群体第 9 天发芽率分布图

Fig. 2 The frequency distribution of seed germination percentage in the ninth day of F_{2,3} population

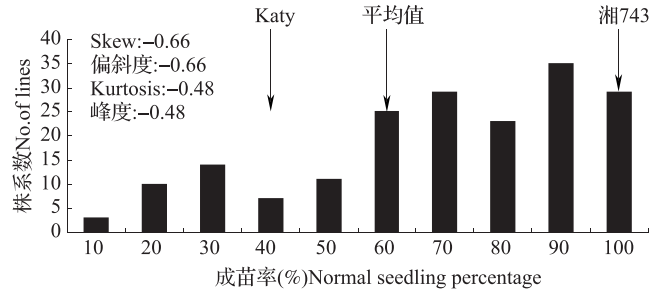


图 3 F_{2,3} 群体第 9 天成苗率分布图

Fig. 3 The frequency distribution of normal seedling percentage in the ninth day of F_{2,3} population

2.2 种子活力 QTL 分析

一共检测到 12 个种子活力相关的 QTLs, 分别分布在第 3、6、7、8、9 和 11 染色体上 (表 1)。其中, 在第 5 天检测到 4 个发芽率相关的 QTLs, 在第 9 天检测到 4 个发芽率相关的 QTLs 和 4 个成苗率相关的 QTLs, 均分别解释了 50% 的表型变异率。

第 5 天共检测到 4 个发芽率相关的 QTLs, 分别分布在第 6、7、8 和 9 染色体上。其中第 8 染色体上 RM152~RM310 区间的 QTL 效应稍大, 来自于湘 743 的基因增加种子发芽率, 其 LOD 值为 5.78, 解释了 12.02% 的表型贡献率。另外 3 个小效应的 QTLs 分别位于第 6 染色体上 RM190~RM225 区间, LOD 值为 2.95, 解释了 5.79% 的表型变异率; 第 7 染色体上 RM7110~RM418 区间, LOD 值为 4.36, 解释了 10.30% 的表型变异率; 第 9 染色体上 RM444~RM219 区间, LOD 值为 3.22, 解释了 8.85% 的表型变异率。这 3 个 QTLs 都是来自于 Katy 的基因增加种子发芽率。

第 9 天共检测到 4 个发芽率相关的 QTLs, 分别分布在第 3、8、9 和 11 染色体上。其中第 8 染色体上 RM152~RM310 区间 QTL 的 LOD 值和贡献率较大, 分别为 6.39 和 47.53%, 其增效作用来自于湘 743。另外, 在第 11 染色体上 RM1233~RM224 区间也检测到一个来自于湘 743 的 QTL, LOD 值为 2.91, 解释了 5.73% 的表型贡献率。而第 3 染色体 RM175~RM5480 区间和第 9 染色体 RM444~RM219 区间的 QTLs, 其增效作用来自于 Katy, 其 LOD 值和贡献率分布为 2.81、6.28% 和 2.84、7.49%。

第 9 天成苗率相关的 QTLs, 分别分布在第 3、8、9 和 11 染色体上。效应最大的位点在第 8 染色体的 RM152~RM310 区间, 来自于湘 743 的基因增加成苗率作用, LOD 值为 6.82, 贡献率为 38.64%。在第 11 染色体上 RM1233~RM224 区间检测到来自湘 743 基因增加成苗率的 QTL, LOD

值为 2.98, 贡献率为 5.98%。而另外 2 个效应相对较小的 QTLs, 位于第 3 染色体 RM175 ~ RM5480 区间和第 9 染色体 RM444 ~ RM219 区间, 来自 Katy 的基因增加成苗率的作用, 其 LOD 值和贡献率分布为 3.28、7.11% 和 3.95、10.36%。

第 8 染色体的 RM152 ~ RM310 区间和第 9 染色体的 RM444 ~ RM219 区间, 在这 3 个性状中都能重复检测到 QTL 的存在, 且方向一致, 都是来自于湘 743

染色体上 RM152 ~ RM310 区间和来自于 Katy 染色体上 RM444 ~ RM219 区间起正向作用。此外, 在第 9 天发芽率和第 9 天成苗率的检测中, 所有 QTLs 区间和方向完全一致, 且效应和贡献率大小相似。

2.3 上位性分析

应用 MIM 将这 3 个性状检测到的有显著性作用的位点进行上位性分析, 结果显示没有显著性互作位点被检测到。

表 1 $F_{2,3}$ 群体中检测到的种子活力相关性状的 QTLs

Table 1 QTLs associated with seed longevity identified in $F_{2,3}$ population

性状 Trait	染色体 Chromosome	区间 Interval	加性效应 Additive effect	显性效应 Dominant effect	LOD	R^2 (%) ^a
第 5 天发芽率 5DGP	6	RM190 ~ RM225	-0.11	0.06	2.95	5.79
5DGP	7	RM7110 ~ RM418	-0.11	0.06	4.36	10.30
	8	RM152 ~ RM310	0.12	0.05	5.78	12.02
	9	RM444 ~ RM219	-0.10	-0.06	3.22	8.85
第 9 天发芽率 9DGP	3	RM175 ~ RM5480	-0.09	-0.03	2.81	6.28
9DGP	8	RM152 ~ RM310	0.21	0.19	6.39	47.53
	9	RM444 ~ RM219	-0.07	-0.09	2.84	7.49
	11	RM1233 ~ RM224	0.10	-0.06	2.91	5.73
第 9 天成苗率 9NSP	3	RM175 ~ RM5480	-0.09	-0.03	3.28	7.11
9NSP	8	RM152 ~ RM310	0.19	0.16	6.82	38.64
	9	RM444 ~ RM219	-0.09	-0.10	3.95	10.36
	11	RM1233 ~ RM224	0.09	-0.08	2.98	5.93

^a: 相应 QTL 所解释的群体表型方差的比例

^a: The proportion of phenotypic variance explained by the given QTL, 5DGP: The fifth day germination percentage, 9DGP: The ninth day germination percentage, NSP: Normal seedling percentage in the ninth day, the same as below

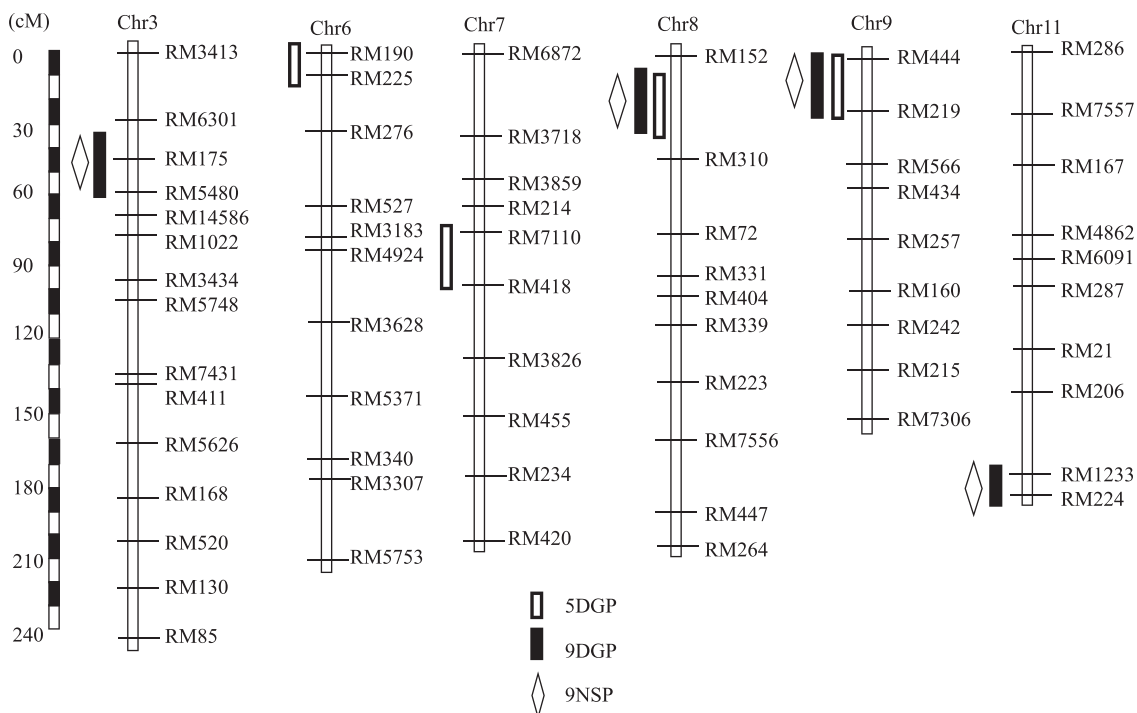


图 4 水稻种子活力相关 QTLs 在连锁图谱上的位置

Fig. 4 Location of QTLs related with seed longevity in genetic map

3 讨论

前人的研究中,种子活力相关基因定位的水稻种子贮藏时间大多不长^[12],或者为了加速种子老化,人工老化水稻种子^[13-14]。贮藏时间短的水稻种子发芽率较高,可能会导致一些真实耐储 QTLs 不能被检测出来。而人工老化的水稻种子与长时间自然老化的水稻种子在生理生化上也存在一些差异,有研究表明,自然衰老和人工老化可能受不同的基因系统控制,因此人工老化也不能完全替代自然衰老的水稻种子^[14]。本研究利用长时间贮藏的自然老化的种子定位水稻种子活力相关基因可能更真实可靠。

第 5 天以发芽率为指标和第 9 天以发芽率和成苗率为指标均检测到了 4 个 QTLs,均分别解释了 50% 的表型变异率。其中第 5 天和第 9 天检测到的发芽率相关的 QTLs 部分位点相同,而第 9 天检测到的发芽率和成苗率相关的 QTLs 区间一致,且效应大小和方向也相似。表明种子在萌发过程中,尽管有些基因一直在起作用,但不同阶段有不同的基因在发挥效应。在萌发后期,控制发芽率和成苗率可能是相同的基因在起作用。值得一提的是,在第 8 染色体的 RM152 ~ RM310 区间和第 9 染色体的 RM444 ~ RM219 区间在 3 种指标下都检测到了 QTLs,且方向一致,来自于 Katy RM444 ~ RM219 区间发挥正向效应,且 LOD 值和贡献率相对稳定,平均为 3.36 和 8.9%。来自于湘 743 RM152 ~ RM310 区间发挥正向作用,在第 5 天发芽率中 LOD 值为 5.78,贡献率为 12.02%,但在第 9 天的发芽率和成苗率中,贡献率迅速增加,分别达到了 47.53% 和 38.64%。

湘 743 是湖南的地方稻资源,其种子在贮藏长达 10 年的发芽率还能达到 90% 以上,表明湘 743 是一个高种子活力资源。本研究表明湘 743 高种子活力的遗传是由第 8 染色体上 RM152 ~ RM310 区间的主效位点和一些微效位点共同累加作用控制的。地方品种是指在局部地区内栽培、未经现代育种技术遗传修饰的一类种质资源,有些材料具有稀有的可利用特性^[15-16],如 L. Dai 等^[17]在云南地方稻资源昆明小白谷中发现控制水稻生殖阶段的耐冷基因。本研究在地方稻湘 743 第 8 染色体上发现一个控制水稻种子活力的主效位点,位于标记 RM152 和 RM310 之间。此外,在本研究中,低种子活力的水稻品种 Katy 中也检测到 QTLs 的存在,表明有利等

位基因是分散在不同的水稻材料中的。这与水稻产量性状的研究相似,J. Xiao 等^[18-19]从马来西亚野生稻中发现 2 个能增产的 QTLs。

在前人的研究中,已有许多种子活力相关基因被定位。通过图谱整合和前人研究的结果比较,本研究定位的第 6 染色体上 RM190 ~ RM215 区间与 qGR6-1^[6]位置相似;第 7 染色体上的 RM7110 ~ RM418 区间与 RC7^[4]位置相近;第 8 染色体上的 RM190 ~ RM215 区间与 qGP-8^[7]位置相近;第 9 染色体上的 RM444 ~ RM219 区间与 RC9-2^[4]、qLG-9^[13]、qTDW9-1 和 qSDW9-1^[6]位置部分重叠;只有第 3 染色体上 RM175 ~ RM5480 区间和第 11 染色体上 RM1233 ~ RM224 区间是新发现的种子活力相关位点。

基因互作是指非等位基因之间通过相互作用影响同一性状表现的现象。这在一定程度上影响分子标记辅助选择目标基因的效果,因为当把一个主效基因通过分子标记辅助选择改良目标材料性状时,往往由于其上位性存在,导致主效基因在目标材料中不表达或不充分表达,往往达不到预期效果。本研究通过 MIM 方法对已检测到的种子活力相关位点进行上位性分析,结果没有互作被检测到。本研究中,检测到第 8 染色体主效位点 RM152 ~ RM310 区间和第 9 染色体上稳定表达的位点 RM444 ~ RM219 区间,可以通过连锁标记将其导入到优良的低种子活力品种从而提高其活力性状。

致谢:感谢孙桂华老师参与本论文中的杂交和收种工作。

参考文献

- [1] Perry D A. The concept of seed vigor and its relevance to seed production techniques[M]//Heblthwaite P D. Seed Production London: Botterworths, 1980:585-591
- [2] Powell A. Seed vigour and field establishment advances in research and technology of seeds (Netherlands) [J]. Wagen, 1988, 11:29-61
- [3] Huang Z, Yu T, Su L, et al. Identification of chromosome regions associated with seedling vigor in rice [J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31 (6):596-603
- [4] Sasaki K, Fukuta Y, Sato T. Mapping of quantitative trait loci controlling seed longevity of rice (*Oryza sativa* L.) after various periods of seed storage [J]. Plant Breeding, 2005, 124:361-366
- [5] Redona E, Mackill D. Mapping quantitative trait loci for seedling vigor in rice using RFLPs [J]. Theor Appl Genet, 1996, 92:395-402
- [6] Cui K, Peng S, Xing Y, et al. Molecular dissection of seedling-vigor and associated physiological traits in rice [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105:745-753
- [7] Wang Z F, Wang J F, Bao Y M, et al. Quantitative trait loci analysis for rice seed vigor during the germination stage [J]. J Zhejiang Uni Sci B, 2010, 11:958-964

- [8] Zhou L, Wang J K, Yi Q, et al. Quantitative trait loci for seedling vigor in rice under field conditions [J]. *Field Crop Res*, 2007, 100:294-301
- [9] Zhang Z H, Qu X S, Wan S, et al. Comparison of QTL controlling seedling vigor under different temperature conditions using recombinant inbred lines in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Ann Bot*, 2005, 95:423-429
- [10] Liu W Q, Lu T T, Li Y X, et al. Mapping of quantitative trait loci for cold tolerance at the early seedling stage in landrace rice Xiang 743 [J/DL]. *Euphytica*, 2014, Doi:10.1007/s10681-014-1227-9
- [11] Wang S, Basten C, Zeng Z. Windows QTL cartographer 2.5. [D]. Raleigh: North Carolina State University, 2006
- [12] 柳武革, 王丰, 李金华, 等. 水稻耐储藏特性相关基因的 QTL 及上位性分析 [J]. *作物学报*, 2005, 31(12):1672-1675
- [13] Miura K, Lin S, Yano M, et al. Mapping quantitative trait loci controlling seed longevity in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 104:981-986
- [14] Ren G, Peng M, Tang W, et al. QTL associated with seed aging in rice [J]. *Acta Agron Sin*, 2004, 31:183-187
- [15] 陈峰, 朱其松, 徐建第, 等. 山东地方水稻品种的农艺性状与品质性状的多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(3):393-397
- [16] 段永红, 李小湘, 刘文强, 等. 湖南稻种资源主要特征特性与利用状况 [J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(6):1059-1063
- [17] Dai L, Lin X, Ye C, et al. Identification of quantitative trait loci controlling cold tolerance at the reproductive stage in Yunnan landrace of rice, Kunmingxiaobaigu [J]. *Breeding Sci*, 2004, 54:253-258
- [18] Xiao J, Grandillo S, Ahn S N, et al. Gene from wild rice improve yield [J]. *Nature*, 1996, 384:223-224
- [19] Xiao J, Grandillo S, Li J, et al. Identification of trait-improving quantitative trait loci alleles from a wild rice relative, *Oryza rufipogon* [J]. *Genetics*, 1998, 150:899-909

(上接第 1066 页)

- [50] 吴卫东, 石垒, 李淑芳, 等. 小麦体细胞杂种渐渗系 F₆ 代的高分子量谷蛋白亚基组成与位点变异 [J]. *麦类作物学报*, 2010, 30(5):926-929
- [51] 李玉京, 刘建中, 李滨, 等. 长穗偃麦草基因组中与耐低磷营养胁迫有关的基因的染色体定位 [J]. *遗传学报*, 1999, 26(6):703-710
- [52] 李玉京, 李滨, 刘建中, 等. 长穗偃麦草酸性磷酸酶与碱性磷酸酶编码基因的染色体定位 [J]. *遗传学报*, 1998, 25(5):449-453
- [53] 尤明山, 李保云, 唐朝晖, 等. 偃麦草 E 染色体组特异 RAPD 和 SCAR 标记的建立 [J]. *中国农业大学学报*, 2002, 7(5):1-6
- [54] Wang R R C, Steven R, Larson, et al. Analyses of *Thinopyrum bessarabicum*, *T. elongatum* and *T. junceum* chromosomes using EST-SSR markers [J]. *Genome*, 2010, 53(12):1083-1089
- [55] Li X M, Lee B S, Mammadov A C, et al. CAPS markers specific to E^b, E^c, and R genomes in the tribe Triticeae [J]. *Genome*, 2007, 50(4):400-411
- [56] 陈国跃, 董攀, 魏育明, 等. 普通小麦背景中中穗偃麦草 [*Lophopyrum elongatum* (Host) A Love] E 染色体组的 RGAP 特异标记 [J]. *作物学报*, 2007, 33(11):1782-1787
- [57] 葛江燕, 陈士强, 高营营, 等. 基于抑制消除杂交开发长穗偃麦草 (*Lophopyrum elongatum*) 特异分子标记 [J]. *作物学报*, 2012, 38(10):1818-1826
- [58] Chen S Q, Huang Z F, Dai Y, et al. Development of 7E-chromosome specific molecular markers for *Thinopyrum elongatum* by SLAF-seq technology [J]. *PLoS One*, 2013, 8(6):e65122

欢迎订阅 2016 年《植物科学学报》

《植物科学学报》是中国科学院主管、中科院武汉植物园主办、科学出版社出版、国内外公开发行的植物学综合性学术期刊。本刊已被中国科学引文数据库核心库、《中文核心期刊要目总览》、中国科技论文与引文数据库、中国生物学文献数据库、中国核心期刊(遴选)数据库、中国知识资源总库《中国科技期刊精品数据库》、中国期刊全文数据库、《中国药科学文摘》、美国《化学文摘》、美国《生物学文摘》、美国《剑桥科学文摘:自然科学》、俄罗斯《文摘杂志》、日本《科学技术文献速报》、英国《国际农业与生物科学研究中心》文摘、波兰《哥白尼索引》、万方数据——数字化期刊群、中国学术期刊(光盘版)等 20 多种国内外检索期刊、数据库作为核心期刊或统计源期刊收录。

本刊栏目设置有系统与进化、生态与生物地理、遗传与育种、生理与发育、资源与植物化学、技术与方法、综述、研究快报、学术讨论、重要书刊评介和学术动态等。读者对象为科研院所和高等院校从事植物科学研究的科研人员、教师和研究生,以及相关学科、交叉学科的科技工作者。

双月刊,每期定价 50 元,全年 300 元,邮发代号 38-103(国内),BM872(国外)。全国各地邮局均可订阅,也可直接与本刊编辑部联系订阅。

地址:武汉市武昌磨山 中科院武汉植物园内《植物科学学报》编辑部

邮编:430074

电话:027-87510755;027-87510579

E-mail:editor@wbpcas.cn;zwkxjb@wbpcas.cn

网址:http://www.plantscience.cn