

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01270

杂交粳稻亲本产量性状优异配合力的标记基因型筛选

梁奎¹ 黄殿成^{1,2,**} 赵凯铭¹ 阮方松^{1,3} 谢辉^{1,4} 马文霞¹
洪德林^{1,*}

¹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; ²中国农业科学院棉花研究所, 河南安阳 455000; ³越南北中部农业技术研究院, 越南义安荣市; ⁴天津市水稻技术工程中心, 天津 300457

摘要: 提高杂交粳稻竞争优势的关键是改良其恢复系产量性状的配合力。为使之更富成效, 选用 115 个 SSR 引物扩增 6 个粳稻 BT 型不育系和 12 个恢复系的标记基因型, 并按 NCII 遗传设计配制 72 个 F₁ 组合, 分析 18 个亲本的单株日产量、单株有效穗数、每穗总粒数、每穗实粒数、千粒重 5 个性状的配合力, 结合亲本 SSR 分子标记数据和性状配合力数据筛选了 5 个性状优异配合力的标记基因型。结果发现 20 个 SSR 标记基因型与亲本产量及其构成性状配合力显著相关。其中 8 个与亲本单个性状配合力相关; 6 个同时与亲本 2 个性状配合力相关; 4 个同时与亲本 3 个性状配合力相关; 2 个同时与亲本 4 个性状配合力相关。同时与多个性状配合力相关的标记基因型, 对各性状的作用方向有正有负。RM152-165/170 是单株日产量和单株有效穗数优异配合力效应最大的标记基因型, 可使 F₁ 的相应性状值增加 20.6% 和 12.7%。优异配合力的标记基因型可直接用于粳稻恢复系配合力的分子标记辅助改良。

关键词: 粳稻; 配合力; SSR 标记; 产量及其构成因素; 标记基因型

Screening Marker Genotypes with Elite Combining Ability for Yield Traits in Parents of Hybrid *Japonica* Rice (*Oryza sativa* L.)

LIANG Kui¹, HUANG Dian-Cheng^{1,2,**}, ZHAO Kai-Ming¹, NGUYEN Phuong-Tung^{1,3}, XIE Hui^{1,4}, MA Wen-Xia, and HONG De-Lin^{1,*}

¹ State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; ² Cotton Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang 455000, China; ³ Agricultural Science Institute of Northern Central Vietnam, Nghe An-Vinh, Vietnam; ⁴ Tianjin Subcentre of China National Hybrid Rice Research and Development Center, Tianjin 300457, China

Abstract: The area of *japonica* rice planted annually is 8 280 000 ha and accounts for 27% of total rice area in China. The area planting *japonica* hybrid rice is only 3% of the total area of *japonica* rice. The major reason for this situation is that competitive heterosis of hybrid cultivar is not conspicuous in yield, compared with conventional cultivar in *japonica* rice. The key factor of enhancing competitive heterosis of hybrid cultivar in *japonica* rice is to improve combining ability of yield related traits of restorer lines. In order to improve combining ability of restorer lines more efficiently, SSR marker genotypes with elite combining ability for five traits were screened in this study, by analyzing the data of combining ability and SSR markers in six CMS lines and twelve restorer lines that were genotyped using 115 pairs of SSR primers. Combining ability of the 18 parental lines was analyzed for daily yield per plant (DYP), panicles per plant (PP), total spikelets per panicle (TSP), filled spikelets per panicle (FSP) and 1000-grain weight (1000-GW), using the data of 72 F₁s made with NC II genetic design. Results showed that twenty SSR marker genotypes were significantly associated with combining ability of the five traits. Among them, eight for only one trait, six for two traits, four for three traits and two for four traits. Marker genotypes associated with combining ability of multiple traits increased or decreased trait value of F₁. RM152-165/170 was a marker genotype of elite combining ability for PP and DYP with the maximum increasing effect, which increased 20.6% of DYP and 12.7% of PP in F₁ respectively. Those marker genotypes with increasing effect could be directly used to improve combining ability of restorer lines through the marker-assistant selection.

Keywords: *Japonica* rice; Combining ability; SSR; Yield and yield components; Marker genotypes

本研究由高等学校学科创新引智计划项目(B08025), 引进国际先进农业科学技术计划(948计划)项目(2006-G8[4]-31-1), 教育部科技基础条件平台重点资助项目(505005)和国家高技术研究发展计划(863计划)项目(2010AA101301)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 洪德林, E-mail: delinhong@njau.edu.cn, Tel: 025-84396626

第一作者联系方式: E-mail: 2007101109@njau.edu.cn(梁奎); 2008201059@njau.edu.cn(黄殿成) **共同第一作者

Received(收稿日期): 2010-02-01; Accepted(接受日期): 2010-04-19.

我国杂交粳稻经过 30 多年的研究, 已取得一定的成绩, 但是相对于杂交籼稻的发展, 却显严重滞后。杂交籼稻的种植面积已占中国水稻种植总面积的 57%, 而杂交粳稻仅占 3%^[1]。杂交粳稻还有很大的发展空间。杂交粳稻发展缓慢的原因是多方面的, 一是纯系粳稻品种的不断改良, 产量接近、米质优于杂交粳稻组合, 让杂交粳稻的推广面临严峻的挑战; 二是杂交粳稻育种中缺乏高配合力的恢复系, 导致杂交粳稻组合的竞争优势不强, 这是其根本原因。这与早期杂交粳稻的育种基础有关。我国 1972 年引进 Boro II 细胞质后转育了一批粳稻不育系, 在粳稻品种中未能找到有效恢复系, 而是通过籼粳杂交, 后代再与粳稻复交的方法导入恢复基因, 选育出含籼稻血缘的粳稻恢复系^[2-3]。目前使用的粳稻恢复系都是从籼粳交后代中选育出来的, 由于在选育过程中主要关注其恢复力的选择, 忽视了配合力的选择, 导致粳稻恢复系配合力较低。选育高一般配合力(GCA)的粳稻恢复系是组配出优势杂交粳稻组合的必要条件^[4], 也是提高杂交粳稻竞争优势的必由之路。

以往大量关于恢复系配合力的分析虽有助于鉴别恢复系配合力的高低和提出杂种优势的配对模式^[5-11], 但难于有效直接指导恢复系配合力的改良。分子标记辅助选择已被广泛用于改良水稻目标性状^[12-14], 而利用分子标记辅助选择的前提是必须筛选到与性状基因紧密连锁的分子标记。配合力性状不同于普通的形态性状, 必须通过杂合状态的 F_1 群体才能测定。因此, 筛选与配合力性状基因连锁的分子标记有其特殊性, 必须与双列杂交相结合才能实现。刘小川等^[15-18]曾对籼稻产量性状和米质性状配合力的标记基因型进行过筛选, 并用筛选出的优异标记基因型改良了籼稻恢复系明恢 63 的产量性状配合力。在粳稻上尚无利用分子标记辅助改良恢复系产量性状配合力的研究报道。本文报道利用 NCH 遗传设计配制的 72 个组合 F_1 产量性状表型数据和两组亲本 SSR 分子标记基因型数据, 筛选出的杂交粳稻亲本产量性状优异配合力的标记基因型结果, 为下一步定向聚合有利等位变异、改良粳稻恢复系配合力打下基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用武 3A、863A、6427A、9522A、六千辛 A、

武美 A 等 6 个 BT 型不育系和 3726R-21、武育粳 R-39、6427R-16、157TR-68、4016LHR-69、秀水 04R、C418、77302-1、C 堡、R254、湘晴、宁恢 8 号等 12 个恢复系, 以及用它们按 NCH 遗传设计配制的 72 个 F_1 杂种。这些不育系和恢复系都是生产上和育种研究上常用的骨干亲本。

1.2 田间种植和性状调查

2007 年正季在南京农业大学江浦试验站水稻田种植 6 个不育系、6 个保持系和 12 个恢复系。5 月 7 日播种, 6 月 10 日移栽至大田。当季配制 72 个杂交组合 F_1 。其中有 16 个组合 F_1 种子不足 100 粒, 同年冬季在海南岛陵水南繁基地再做杂交补足。海南冬季播栽期分别为 12 月 3 日和 1 月 5 日。2008 年正季在南京农业大学江浦试验站种植 F_1 、亲本, 5 月 8 日将剥壳的 F_1 种子及亲本种子用 50% 多菌灵粉剂 1 000 倍液浸种, 24 h 后用清水冲洗干净, 5 月 10 日将种子按编号播种到对应的培养皿中发芽。5 月 18 日移到秧田寄栽。6 月 13 日移至大田单本栽插, 株行距为 17 cm×20 cm, 每个小区种植 4 行, 每行 8 株。完全随机区组排列, 3 次重复。栽培管理同大田。

成熟后, 每个小区去边行调查 10 株计算单株有效穗数, 实粒数在 5 粒以上的稻穗均记为有效穗。然后每个小区去边行随机取 5 株的主茎穗(最高穗), 于室内考查穗总粒数、穗实粒数。风干后称千粒重, 3 次重复。将每个小区去边行收获脱粒风干后, 测小区产量。以小区产量除以小区实收株数得单株平均产量, 再除以全生育期得单株平均日产量。全生育期是从播种至成熟期的天数。

1.3 DNA 提取和 PCR 扩增及扩增产物电泳

1.3.1 DNA 提取 2007 年在分蘖期剪取 12 份恢复系和 6 份不育系的叶片, 按照文献^[19-20]所述的 SDS 法提取总 DNA。

1.3.2 PCR 扩增 选用 115 对 SSR 引物对 18 个亲本进行扩增。其中 62 对是文献报道的与控制产量及其构成性状基因位点连锁的引物(表 1, 此组简称为 A 组); 其余 53 对是从实验室的现有引物中随机选取的(此组简称为 B 组)。引物序列从水稻基因组数据库中获得(<http://www.gramene.org/>)。引物由南京金思特科技有限公司合成。PCR 扩增体系 10 μ L, 含 20 ng μ L⁻¹ 模板 DNA 1 μ L、25 mmol L⁻¹ MgCl₂ 0.6 μ L、2 pmol μ L⁻¹ 前引物 0.7 μ L、2 pmol μ L⁻¹ 后引物 0.7 μ L、2.5 mmol L⁻¹ dNTP 0.2 μ L、10×SSR 缓冲液 1 μ L 和 5 U μ L⁻¹ Taq DNA 聚合酶 0.1 μ L, 双蒸水 5.7

表 1 与水稻产量及其构成性状 QTL 连锁的 62 对 SSR 引物
Table 1 62 pairs of SSR markers linked with QTLs for yield and yield components in rice

编号 Code	染色体 Chr.	连锁标记 Marker linked	性状 Trait
1	1	RM1	单株产量 YPP ^[27,32] , 单株有效穗数 PP ^[25] , 每穗实粒数 FSP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
2	1	RM104	单株产量 YPP ^[28] , 每穗实粒数 FSP ^[28] , 每穗总粒数 TSP ^[28]
3	1	RM212	单株产量 YPP ^[28] , 每穗实粒数 FSP ^[28] , 每穗总粒数 TSP ^[28]
4	1	RM23 ^a	单株产量 YPP ^[28] , 每穗实粒数 FSP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
5	1	RM246	每穗总粒数 TSP ^[22-23,25] , 千粒重 1000-GW ^[25]
6	1	RM259	单株产量 YPP ^[27-28] , 单株有效穗数 PP ^[21,25,27] , 每穗实粒数 FSP ^[24-25] , 每穗总粒数 TSP ^[22,25-26] , 千粒重 1000-GW ^[21]
7	1	RM428	每穗总粒数 TSP ^[22]
8	1	RM5 ^a	单株产量 YPP ^[21] , 千粒重 1000-GW ^[21]
9	2	RM207	单株有效穗数 PP ^[26] , 每穗实粒数 FSP ^[26] , 每穗总粒数 TSP ^[26]
10	2	RM208 ^a	单株产量 YPP ^[30] , 单株有效穗数 PP ^[26] , 每穗实粒数 FSP ^[26,29] , 每穗总粒数 TSP ^[21,26,29] , 千粒重 1000-GW ^[21]
11	2	RM221	单株产量 YPP ^[28] , 单株有效穗数 PP ^[28] , 每穗总粒数 TSP ^[28]
12	2	RM263	单株产量 YPP ^[27-28] , 单株有效穗数 PP ^[28] , 每穗实粒数 FSP ^[28,32] , 每穗总粒数 TSP ^[28] , 千粒重 1000-GW ^[22]
13	2	RM290	千粒重 1000-GW ^[33]
14	2	RM341 ^a	千粒重 1000-GW ^[33]
15	2	RM475 ^a	单株产量 YPP ^[33] , 千粒重 1000-GW ^[22]
16	3	RM148 ^a	单株产量 YPP ^[31] , 每穗总粒数 TSP ^[31] , 千粒重 1000-GW ^[28]
17	3	RM16	单株产量 YPP ^[32] , 单株有效穗数 PP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[32]
18	3	RM227	单株产量 YPP ^[31] , 每穗总粒数 TSP ^[23]
19	3	RM569	每穗总粒数 TSP ^[21]
20	3	RM570 ^a	单株有效穗数 PP ^[25]
21	3	RM85	每穗总粒数 TSP ^[23,31] , 千粒重 1000-GW ^[28]
22	4	RM142	单株产量 YPP ^[21] , 单株有效穗数 PP ^[21] , 每穗总粒数 TSP ^[21]
23	4	RM252	单株产量 YPP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[32]
24	4	RM280	每穗实粒数 FSP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
25	4	RM303	每穗实粒数 FSP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[22,23,25]
26	4	RM317	每穗总粒数 TSP ^[22]
27	5	RM163	单株产量 YPP ^[31] , 单株有效穗数 PP ^[32]
28	5	RM164	单株有效穗数 PP ^[22] , 每穗实粒数 FSP ^[22]
29	6	RM19715 ^a	单株产量 YPP ^[29] , 每穗实粒数 FSP ^[29] , 每穗总粒数 TSP ^[29] , 千粒重 1000-GW ^[29]
30	6	RM19784	单株产量 YPP ^[29] , 每穗实粒数 FSP ^[29]
31	6	RM204	每穗实粒数 FSP ^[25,29] , 每穗总粒数 TSP ^[29]
32	6	RM225	每穗总粒数 TSP ^[29]
33	6	RM253	单株有效穗数 PP ^[21] , 每穗实粒数 FSP ^[29] , 千粒重 1000-GW ^[21]
34	6	RM276	单株产量 YPP ^[29-30] , 每穗实粒数 FSP ^[29] , 每穗总粒数 TSP ^[21-22]
35	6	RM314	单株有效穗数 PP ^[21] , 每穗总粒数 TSP ^[29] , 千粒重 1000-GW ^[21]
36	6	RM340 ^a	每穗实粒数 FSP ^[22] , 每穗总粒数 TSP ^[22]
37	6	RM345 ^a	单株有效穗数 PP ^[21] , 每穗实粒数 FSP ^[22] , 每穗总粒数 TSP ^[22]
38	6	RM402	单株产量 YPP ^[29] , 每穗实粒数 FSP ^[29] , 千粒重 1000-GW ^[29]
39	6	RM510	单株产量 YPP ^[29] , 每穗实粒数 FSP ^[29] , 每穗总粒数 TSP ^[29]
40	6	RM549	每穗总粒数 TSP ^[29] , 千粒重 1000-GW ^[29]
41	6	RM587	单株产量 YPP ^[29]

(续表 1)

编号 Code	染色体 Chr.	连锁标记 Marker linked	性状 Trait
42	7	RM10	每穗总粒数 TSP ^[32]
43	7	RM11^a	单株产量 YPP ^[21,30] , 单株有效穗数 PP ^[21,30] , 每穗总粒数 TSP ^[32] , 千粒重 1000-GW ^[21]
44	7	RM234	单株产量 YPP ^[31] , 每穗总粒数 TSP ^[24] , 千粒重 1000-GW ^[25]
45	7	RM478	单株产量 YPP ^[31]
46	7	RM542	单株产量 YPP ^[27] , 每穗实粒数 FSP ^[27]
47	8	RM137	单株产量 YPP ^[31]
48	8	RM210	单株有效穗数 PP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[31]
49	8	RM223	单株有效穗数 PP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
50	8	RM331	单株产量 YPP ^[25] , 每穗实粒数 FSP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
51	8	RM5556	单株产量 YPP ^[25] , 每穗实粒数 FSP ^[25] , 每穗总粒数 TSP ^[25]
52	8	RM72	单株产量 YPP ^[31] , 每穗总粒数 TSP ^[21]
53	10	RM228	单株产量 YPP ^[31] , 千粒重 1000-GW ^[28]
54	10	RM258^a	单株产量 YPP ^[31]
55	11	RM167	单株有效穗数 PP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[22]
56	11	RM224	单株有效穗数 PP ^[23] , 千粒重 1000-GW ^[21,33]
57	11	RM4B	单株产量 YPP ^[32] , 每穗实粒数 FSP ^[32] , 每穗总粒数 TSP ^[32]
58	12	RM235	单株有效穗数 PP ^[30] , 每穗总粒数 TSP ^[21] , 每穗实粒数 FSP ^[31]
59	12	RM247^a	千粒重 1000-GW ^[22]
60	12	RM270	单株有效穗数 PP ^[30] , 每穗总粒数 TSP ^[21]
61	12	RM277	千粒重 1000-GW ^[28]
62	12	RM309	单株产量 YPP ^[31]

粗体表示在 18 个亲本间扩增条带有差异的 SSR 引物; 粗体 ^a 表示与配合力相关的 SSR 标记。

Bold letters represent polymorphic SSR markers among 18 parents; Bold letters with ^a represent SSR markers related to combining ability. YPP: yield per plant; TSP: total spikelets per panicle; FSP: filled spikelets per panicle; 1000-GW: 1000-grain weight; PP: panicles per plant.

μL。扩增反应在 PTC-100 Peltier Thermal Cycler (MJ Research Inc., USA)上进行。PCR 程序为 95℃ 预变性 5 min; 95℃ 30 s, 55℃ 30 s, 72℃ 1 min, 35 个循环; 最后 72℃ 延伸 7 min。

1.3.3 电泳、银染和记录 扩增产物经 8.0%聚丙烯酰胺凝胶(PAG)电泳后, 以含 10%乙醇和 0.5%冰乙酸的固定液固定凝胶 12 min; 以 0.2% AgNO₃ 溶液渗透 12 min; 以 ddH₂O 清洗 2 次, 每次 15 s; 最后用含 15 g L⁻¹ NaOH 的 1%甲醛溶液显色, 待条带清晰时取出放在灯箱上, 根据带型及 DNA 分子量标记, 记录每个扩增片段的碱基数。

1.4 数据分析

1.4.1 亲本性状配合力分析 以小区的平均值为单位, 按莫惠栋的 $p \times q$ 交配模式进行亲本性状的配合力分析^[34-35], 同时参考徐辰武^[36]的总秩次方法对亲本进行综合评价, 即先计算出各亲本产量及其构成性状的一般配合力(GCA)效应和特殊配合力方差(V_{SCA}), 然后根据各值大小给以不同秩次。对于每穗

总粒数、每穗实粒数、千粒重、单株有效穗数、单株产量 5 个性状, GCA 秩次按从大到小排序, 值愈大秩次愈小, 越好的亲本其秩次愈小。 V_{SCA} 按从大到小排序, 值愈大秩次愈小。最后以总秩次作为亲本的评价指标。

1.4.2 亲本性状优异配合力的标记基因型筛选 假定 SSR 引物 RM1 在 18 个亲本(6 个不育系和 12 个恢复系)之间扩增出 2 个条带, DNA 分子量分别为 100 bp 和 200 bp。如果在该位点上, 某个不育系和某个恢复系都携带 100 bp 或 200 bp 的等位条带, 则推定它们配组的 F_1 代在这个位点是 100 bp 或 200 bp 的纯合体。如果在该位点上, 某个不育系携带 100 bp 的等位条带, 某个恢复系携带 200 bp 的等位条带, 则推定它们配组的 F_1 代在这个位点是 100 bp 和 200 bp 的杂合体。根据 F_1 代在这个位点是杂合体还是纯合体, 将 72 个组合分为两组, 凡在这个位点是杂合体的组合归为杂合组, 在这个位点是纯合体的组合归为纯合组, 纯合组包括 100 bp 纯合体

组合和 200 bp 纯合体组合。将“杂合组”的性状平均值与“纯合组”的性状平均值进行差异显著性 t 测验。若差值为正, 且 t 值显著或极显著, 则表明标记基因型 RM1-100 bp/200 bp (简称为 RM1-100/200) 为配合力增效标记基因型; 若差值为负, 且 t 值显著或极显著, 则表明 RM1-100/200 为配合力减效标记基因型。若育种目标要求性状值越大越好, 则前者为优异配合力的标记基因型; 反之, 后者为优异配合力的标记基因型。如果 SSR 引物 RM1 在这 18 个亲本之间扩增出 3 个条带(100 bp、200 bp 和 300 bp), 则对扩增条带进行两两计算, 即分别对 RM1-100/200、RM1-100/300、RM1-200/300 三种标记基因型进行运算。当对 100 bp 和 300 bp 两条带进行计算时, 凡是 F_1 代在这个 RM1 位点是杂合体(即 RM1-100/300)的组合均归为“杂合组”, 其余组合均归为“纯合组”。如果 SSR 引物 RM1 在这 18 个亲本之间扩增出 4 个及以上条带, 计算方法同 3 个条带。优异配合力标记基因型筛选的计算工作, 由作者运用 MATLAB 语言编制的程序 CAscreen1.0 运算完成。

2 结果与分析

2.1 6 个不育系和 12 个恢复系 5 个性状一般配合力分析

对 72 个组合 3 次重复的随机区组试验结果进行方差分析表明, 产量及其构成性状组合间差异均达到显著水平(表略)。可以对这 5 个性状进行亲本一般配合力效应的估算和显著性测验。

由表 2 可知, 不育系中, 单株日产量 GCA 效应最大的是 BT-六千辛 A; 单株有效穗数 GCA 效应最大的是 BT-六千辛 A; 每穗总粒数和每穗实粒数 GCA 效应最大的是 BT-863A; 千粒重 GCA 效应最大的是 BT-9522A。恢复系中, 单株日产量 GCA 效应最大的是 157TR-68; 单株有效穗数 GCA 效应最大的是 3726R-21; 每穗总粒数和每穗实粒数 GCA 效应最大的是 77302-1; 千粒重 GCA 效应最大的是秀水 04R。综合 5 个性状, 根据 GCA 效应总秩次排序, 同时参考 V_{SCA} 总秩次排序, BT-863A、BT-武 3A、BT-六千辛 A 是较优不育系, 其中 BT-863A 最优; 157TR-

表 2 18 个亲本 5 个性状的一般配合力效应及其显著性检验和综合评价
Table 2 GCA effect and their significance test of five traits and integrative evaluation in 18 parents

亲本 Parent	单株 日产量 DYP (g)	单株有效 穗数 PP	每穗 总粒数 TSP	每穗 实粒数 FSP	千粒重 1000-GW (g)	GCA 总秩次 Total rank of GCA	排序 Sequence	V_{SCA} 总秩次 Total rank of V_{SCA}	排序 Sequence
Wu 3A	0.001	-0.35**	-0.99	-2.88	0.03	15	1	23	4
863A	-0.01*	-0.64**	10.25**	8.00**	0.03	15	1	10	1
6427A	-0.001	-0.22	4.06	6.21**	-0.66**	16	2	22	3
9522A	-0.001	-0.77**	-0.60	-3.32	1.58**	17	3	20	2
Liuqianxin A	0.03**	1.38**	-1.80	-3.65	-0.85**	18	4	10	1
Wuqiang A	-0.02**	0.60**	-10.92**	-4.35	-0.13	24	5	20	2
3726R-21	-0.01	1.20**	-22.98**	-19.94**	-0.76	39	8	49	9
Wuyujing R-39	-0.02*	1.11**	-59.86**	-41.58**	0.51**	44	11	42	8
6427R-16	-0.03**	0.73**	-19.30**	-8.09*	-0.22	31	4	28	3
157TR-68	0.08**	0.23	11.80**	19.08**	-0.98	16	1	31	5
4016LHR-69	-0.03**	-0.45**	2.22	-5.05	-1.11	43	10	29	4
Xiushui 04R	0.03**	0.43**	-27.20**	-20.81**	2.21**	36	7	41	7
C418	0.001	-0.96**	19.02**	7.04*	1.64**	22	2	31	5
77302-1	0.001	-0.42*	53.18**	33.23**	-1.73	28	3	21	2
C bao	-0.02**	-0.27	1.43	-3.34	1.17**	41	9	28	3
R254	-0.02**	-0.69**	12.07**	4.63	-0.40*	33	5	17	1
Xiangqin	-0.01	-0.48**	18.48**	17.15**	-0.99	35	6	32	6
Ninghui 8	0.03**	-0.44**	11.13**	17.68**	0.67**	22	2	41	7

*表示 5%水平差异显著; **表示 1%水平差异显著。

*: significant at 5% probability level; **: significant at 1% probability level. DYP: daily yield per plant; PP: panicles per plant; TSP: total spikelets per panicle; FSP: filled spikelets per panicle; 1000-GW: 1000-grain weight.

68、R254、C418、宁恢8号是较优恢复系, 其中157TR-68最优。

2.2 亲本5个性状优异配合力的标记基因型筛选

在115对SSR引物中, 只有59对引物在18个亲本间扩增出有差异的条带, 其中35对来自A组引物(表1)。59个多态位点在18个亲本间共检测到153个等位变异, 每个位点平均为2.59个, 变异幅度为2~5个。59个多态性SSR位点按照CAScreen1.0筛选程序计算, 与亲本5个性状配合力显著相关的标记基因型共有42个(表3), 其中25个为亲本性状优异配合力的标记基因型, 17个为亲本性状不良配合力的标记基因型。

筛选到7个标记基因型与亲本单株日产量配合力显著相关, 其中4个是增效的, 范围在11.1%~20.6%之间。增效标记基因型RM152-165/170可以使 F_1 单株日产量平均增加20.62%(表3)。携带RM152~165 bp等位变异的载体亲本有六千辛A、157TR-68; 携带RM152-170 bp等位变异的载体亲本有武3A、863A、6427A、9522A、武美A、3726R-21、武育粳R-39、6427R-16、4016LHR-69、秀水04R、77302-1、C堡、R254、湘晴、宁恢8号。3个标记基因型是减效的, 范围在-9.1%~-13.3%之间, 减效标记基因型RM148~145/150可使 F_1 单株日产量平均减少13.3%(表3)。携带RM148-145 bp等位变异的载体亲本有3726R-21、武育粳R-39、6427R-16、C418、77302-1、C堡、R254、湘晴。携带RM148-150 bp等位变异的载体亲本有157TR-68、4016LHR-69、秀水04R、宁恢8号、武3A、863A、6427A、9522A、六千辛A、武美A。

筛选到12个标记基因型与亲本每穗总粒数配合力显著相关, 其中10个是增效的, 范围在10.3%~26.9%之间, 效应最大标记基因型是RM341-150/180(表3); 2个是减效的。

筛选到10个标记基因型与亲本每穗实粒数配合力显著相关, 其中7个是增效的, 范围在10.8%~20.3%之间; 3个是减效的, 范围在-9.0%~-13.7%之间(表3)。

筛选到4个标记基因型与亲本千粒重配合力显著相关, 其中2个是增效的(表3)。RM5-110/115和RM258-142/165可以分别增加 F_1 千粒重的7.7%和5.1%。RM340-120/171和RM3-120/150两个标记基因型是减效的, 分别减少 F_1 千粒重的4.8%和6.2%。

筛选到9个标记基因型与亲本单株有效穗数配

合力显著相关, 其中2个是增效的; 7个是减效的, 范围在-8.9%~-15.5%之间(表3)。减效标记基因型RM475-200/250可以减少 F_1 杂种15.5%的单株有效穗数。

2.3 与亲本多个性状配合力相关的标记基因型

表3所列的42个标记基因型中, 存在同一个标记基因型与亲本多个性状配合力相关的现象。根据一个标记基因型与亲本配合力相关的性状个数, 把表3的结果进行归类列于表4。表4显示, 有2个标记基因型同时与亲本4个性状配合力相关; 有6个标记基因型同时与亲本3个性状配合力相关; 有4个标记基因型同时与亲本2个性状配合力相关; 有8个标记基因型与亲本单个性状配合力相关。此外, 每穗总粒数、每穗实粒数的亲本配合力标记基因型的效应与单株有效穗数的亲本配合力标记基因型的效应相反, 如RM340-120/171、RM7120-170/180、RM11-131/147、RM341-150/180等7个标记基因型; 千粒重的亲本配合力标记基因型的效应与每穗总粒数、每穗实粒数的亲本配合力标记基因型的效应相反, 如标记基因型RM340-120/171和RM3-120/150; 单株有效穗数亲本配合力标记基因型的效应与单株日产量的亲本配合力标记基因型的效应一致, 如标记基因型RM7120-170/180和RM152-165/170。标记基因型RM7120-170/180增加 F_1 的每穗总粒数和每穗实粒数, 但由于减少 F_1 单株有效穗数, 最终导致 F_1 单株日产量的降低, 这说明对于提高杂交粳稻的产量, 提高单株有效穗数显得尤为重要。

归类后的20个标记基因型中有15个来源于A组引物(表4), 占75%; 来源于B组的仅有5个, 占25%。这说明试验开始前有目的地选择SSR引物可以提高亲本性状配合力标记基因型的筛选效率。

3 讨论

在利用本研究筛选到的这20个标记基因型时, 要注意同一标记基因型与亲本配合力相关的性状数目。对于一个标记基因型只与一个性状配合力相关的, 可直接根据标记基因型进行辅助选择改良。对于与亲本多个性状配合力相关的标记基因型, 要考虑性状之间配合力效应的方向。有些标记基因型与多个性状配合力的方向是一致的, 有些则相反。例如标记基因型RM152-165/170同时与单株有效穗数和单株日产量配合力相关, 且都是正方向的, 利用RM152-165/170辅助选择, 可对这2个性状的亲本

表3 与亲本单个性状配合力相关的标记基因型
Table 3 Marker genotypes significantly related to combining ability of each trait in parents

性状 Trait	标记基因型 Marker genotype	杂合组 Heterozygous group		纯合组 Homozygous group		增减率 Percentage of increase or decrease (%)	<i>t</i> 值 <i>t</i> -value
		F ₁ 组合数 Number of F ₁ cross	各 F ₁ 组合平均数 Average of F ₁ 's	F ₁ 组合数 Number of F ₁ cross	各 F ₁ 组合平均数 Average of F ₁ 's		
单株日产量 DYP	RM152-165/170	15	0.33	57	0.27	20.6	5.02
	RM570-207/257	12	0.32	60	0.28	16.8	3.55
	RM19715-160/170	16	0.31	56	0.28	13.3	3.08
	RM23-150/160	30	0.30	42	0.27	11.2	3.00
	RM148-145/150	48	0.27	24	0.31	-13.3	-4.13
	RM5639-150/160	32	0.27	40	0.30	-10.2	-3.02
	RM7120-170/180	36	0.27	36	0.30	-9.1	-2.67
每穗总粒数 TSP	RM341-150/180	48	229.11	24	180.61	26.7	8.92
	RM1211-150/160	36	233.89	36	191.99	21.8	7.51
	RM11-131/147	42	229.73	30	189.43	21.3	6.85
	RM340-120/171	36	232.40	36	193.48	20.1	6.63
	RM7120-170/180	36	230.67	36	195.21	18.2	5.74
	RM475-200/250	35	230.77	37	196.07	17.7	5.56
	RM3-120/150	24	234.43	48	202.20	15.9	4.64
	RM23-150/160	30	226.72	42	203.10	11.6	3.35
	RM345-160/172	30	225.43	42	204.02	10.5	2.99
	RM208-185/175	21	228.02	51	206.73	10.3	2.72
	RM208-175/180	17	192.04	55	219.40	-12.5	-3.34
	RM475-220/250	12	183.17	60	218.89	-16.3	-3.92
	RM1211-150/160	36	195.47	36	162.53	20.3	7.63
	RM341-150/180	48	190.30	24	156.39	21.7	7.23
	RM340-120/171	36	191.68	36	166.32	15.3	5.08
每穗实粒数 FSP	RM475-200/250	35	191.66	37	167.02	14.8	4.88
	RM11-131/147	42	189.19	30	164.73	14.9	4.75
	RM7120-170/180	36	187.94	36	170.06	10.6	3.29
	RM3-120/150	24	191.49	48	172.75	10.9	3.24
	RM247-160/172	20	167.12	52	183.57	-9.0	-2.65
	RM208-175/180	17	165.48	55	183.18	-9.7	-2.71
	RM475-220/250	12	158.10	60	183.18	-13.7	-3.46
	RM5-110/115	15	26.40	57	24.52	7.7	4.42
	RM258-142/165	18	25.85	54	24.60	5.1	2.93
千粒重 1000-GW	RM340-120/171	36	24.31	36	25.50	-4.7	-3.26
	RM3-120/150	24	23.85	48	25.44	-6.2	-4.29
	RM152-165/170	15	10.34	57	9.17	12.7	3.60
	RM208-175/180	17	10.13	55	9.19	10.2	2.95
单株有效穗 PP	RM208-185/175	21	8.81	51	9.66	-8.9	-2.88
	RM1211-150/160	36	8.96	36	9.87	-9.3	-3.47
	RM340-120/171	36	8.95	36	9.87	-9.3	-3.47
	RM7120-170/180	36	8.87	36	9.96	-10.9	-4.25
	RM341-150/180	48	8.98	24	10.28	-12.7	-4.98
	RM11-131/147	42	8.89	30	10.15	-12.5	-5.12
	RM475-200/250	35	8.60	37	10.18	-15.5	-7.33

$t = 2.64$ ($P = 0.01$). DYP: daily yield per plant; TSP: total spikelets per panicle; FSP: filled spikelets per panicle; 1000-GW: 1000-grain weight; PP: panicles per plant.

表 4 与亲本多个性状配合力相关的标记基因型及对 F₁ 性状值的增减率
Table 4 Marker genotypes related to combining ability of traits in parents and percentage of increase or decrease to trait value in F₁ (%)

相关性状个数 No. of traits related	标记基因型 Marker genotype	单株有效穗数 PP	每穗总粒数 TSP	每穗实粒数 FSP	千粒重 1000-GW (g)	单株日产量 DYP (g)
4	RM340-120/171 ^a	-9.3	20.1	15.3	-4.7	
	RM7120-170/180	-10.9	18.2	10.5		-9.1
3	RM11-131/147 ^a	-12.5	21.3	14.9		
	RM208-175/180 ^a	10.2	-12.5	-9.7		
	RM3-120/150		15.9	10.8	-6.2	
	RM341-150/180 ^a	-12.7	26.9	21.7		
	RM1211-150/160	-9.3	21.8	20.3		
	RM475-200/250 ^a	-15.5	17.7	14.8		
2	RM152-165/170	12.7				20.6
	RM208-185/175 ^a	-8.9	10.3			
	RM23-150/160 ^a		11.6			11.2
	RM475-220/250 ^a		-16.3	-13.7		
1	RM148-145/150 ^a					-13.3
	RM19715-160/170 ^a					13.3
	RM247-160/172 ^a			-9.0		
	RM258-142/165 ^a				5.1	
	RM345-160/172 ^a		10.5			
	RM5-110/115 ^a				7.7	
	RM5639-150/160					-10.2
	RM570-207/257 ^a					16.8

^a 表示来源于 A 组引物的标记基因型, 其余的来源于 B 组引物的标记基因型。

^a indicates marker genotypes originated from SSR markers of A group, others originated from SSR markers of B group. PP: panicles per plant; TSP: total spikelets per panicle; FSP: filled spikelets per panicle; 1000-GW: 1000-grain weight; DYP: daily yield per plant.

配合力同时进行改良。同样, 利用 RM23-150/160 可对每穗总粒数和单株日产量的配合力同时进行改良。而标记基因型 RM208-185/175 对单株有效穗的配合力效应是负值, 对每穗总粒数的配合力效应是正值, 两者方向相反。在亲本性状配合力改良中应避免选用与每穗总粒数和单株有效穗数配合力同时相关又方向相反的标记基因型, 而应选用分别对这 2 个性状配合力有利的标记基因型进行改良, 再通过聚合来获得这 2 个性状配合力协调的优异亲本。

本研究结果显示, 863A 是综合评价最优的不育系; 157TR-68、R254、C418、宁恢 8 号是比较优秀的恢复系, 在育种上均有较好的利用价值。86 优 8 号是 863A 和宁恢 8 号配组的三系杂交粳稻审定推广组合^[37]。若进一步提高宁恢 8 号产量性状的配合力, 改良恢复系仍与 863A 配组, 则可从 157TR-68 导入 RM152-170 bp 条带改良其单株有效穗数、单株日产量的亲本配合力; 导入 RM23-160 bp 条带改良

其每穗总粒数、单株日产量的亲本配合力; 导入 RM570-257 bp 条带改良其单株日产量的亲本配合力; 导入 RM345-172 bp 条带改良其每穗总粒数的亲本配合力; 导入 RM258-165 bp 条带改良其千粒重的亲本配合力。可以针对具体目标有选择地导入有利等位变异进行改良, 但是在改良之前必须选择有代表性且配合力高的不育系作参照。反之亦然。

本研究依据标记基因型“杂合组”和“纯合组”计算的亲本性状配合力概念与传统的一般配合力概念略有不同。这里是指两类亲本间的配合力, 而这两类亲本是根据筛选到的亲本配合力标记基因型确定的, 我们称之为标记基因型配合力。在使用标记基因型配合力时, 应该注意 NCII 组合数据必须完整; 当纯合组性状平均值与杂合组性状平均值 *t* 测验呈现极显著差异($P<0.01$)时, 还必须注意纯合位点和杂合位点的组合数量越接近越好。满足这些条件的优异等位变异组合才是有效的。

4 结论

共发现 20 个 SSR 标记基因型与亲本产量及其构成性状优异配合力显著相关, 可直接将其用于粳稻恢复系配合力的分子标记辅助改良。

References

- [1] Deng H-F(邓华凤), He Q(何强). Status and technical strategy on development of *japonica* hybrid rice in china. *Hybrid Rice* (杂交水稻), 2006, 21(1): 1–6 (in Chinese with English abstract)
- [2] Yang Z-Y(杨振玉), Chen Q-B(陈秋柏), Chen R-F(陈荣芳). The breeding of *japonica* rice restorer C57. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1981, 7(8): 153–156 (in Chinese with English abstract)
- [3] Yang Z-Y(杨振玉), Chen Q-B(陈秋柏), Chen R-F(陈荣芳). The breeding of *japonica* hybrid rice Liyou57. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 1982, 15(1): 38–42 (in Chinese with English abstract)
- [4] Lu Z-M(陆作楫). On the combining ability selection in hybrid rice breeding. *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 1999, 13(1): 1–5 (in Chinese with English abstract)
- [5] Lu Z-M(陆作楫), Tao J(陶瑾). Study of combining ability in hybrid rice of three lines selection and selection of combination. *Seed* (种子), 1986, (4): 24–28 (in Chinese)
- [6] Hong D-L(洪德林), Pan E-F(潘恩飞), Chen C-Q(陈长青). Comparative studies on harvest index between hybrids and pure lines in *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). *J Nanjing Agric Univ* (南京农业大学学报), 1998, 21(4): 12–18 (in Chinese with English abstract)
- [7] Hong D-L(洪德林), Yang K-Q(杨开晴), Pan E-F(潘恩飞). Heterosis of F_1 s derived from different ecological types and combining ability of their parents in *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2002, 16(3): 216–220 (in Chinese with English abstract)
- [8] Leng Y(冷燕), Hong D-L(洪德林). Quality trait of hybrid rice grain derived from different ecological type and their genetic analysis in *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2004, 18(1): 29–33 (in Chinese with English abstract)
- [9] Li J-H(李建红), Hong D-L(洪德林). Combining ability analysis of main agronomic and quality traits of BT type CMS lines newly bred in *japonica* rice. *J Nanjing Agric Univ* (南京农业大学学报), 2004, 27(4): 11–16 (in Chinese with English abstract)
- [10] Li J-H(李建红), Hong D-L(洪德林). Combining ability for agronomic and quality traits of BT type iso-cytoplasmic restorer lines newly bred in *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(7): 851–857 (in Chinese with English abstract)
- [11] Jin W-D(金伟栋), Zhang W(张旺), Hong D-L(洪德林). Heterosis of late-maturing *japonica* hybrids (*Oryza sativa* L.) and parent's combining ability in south Jiangsu region. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(11): 1478–1484 (in Chinese with English abstract)
- [12] Yuan L(袁玲), Zhu L-L(祝莉莉), He G-C(何光存). Localization of genes controlling rice quality traits with SSR markers. *Wuhan Univ J* (Nat Sci Edn)(武汉大学学报·理学版), 2002, 48(4): 507–510 (in Chinese with English abstract)
- [13] Ni D-H(倪大虎), Yi C-X(易成新), Yang J-B(杨剑波). Developing rice lines resistant to bacterial blight and blast with molecular marker-assisted selection. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(1): 100–105 (in Chinese with English abstract)
- [14] Wang Y(王岩), Fu X-M(付新民), Gao G-J(高冠军), He Y-Q(何予卿). Improving the grain quality of Minghui 63, a restorer line of rice with good quality through marker-assisted selection. *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2009, 7(4): 661–665 (in Chinese with English abstract)
- [15] Liu X C, Wu J L. SSR heterogenic patterns of parents for marking and predicting heterosis in rice breeding. *Mol Breed*, 1998, 4: 263–268
- [16] Liu X C, Ishiki K, Wang W X. Identification of favorable AFLP markers to heterosis in hybrid rice. *Breed Sci*, 2002, 52: 201–206
- [17] Liu X C, Chen S C, Chen J S, Ishiki K, Wang W X, Yu L Q. Improvement of combining ability for restorer lines with identified SSR marker in hybrid rice breeding. *Breed Sci*, 2004, 54: 341–346
- [18] Liu X-C(刘小川), Wang W-X(王渭霞). Identification of molecular markers referred to the grain quality traits of rice hybrids based on the combining ability of their parental lines. *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2005, 19(1): 25–28 (in Chinese with English abstract)
- [19] Cheng B-S(程宝山), Wan Z-B(万志兵), Hong D-L(洪德林). Establishment of SSR fingerprint map and analysis of genetic similarity among 35 varieties in *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). *J Nanjing Agric Univ* (南京农业大学学报), 2007, 30(3): 1–8 (in Chinese with English abstract)
- [20] Shi K-Y(时宽玉), Hong D-L(洪德林). Polymorphism of 6 hybrid ids and their parents amplified by SSR primers and its application in rice (*Oryza sativa* L.). *J Nanjing Agric Univ* (南京农业大学学报), 2005, 28(4): 1–5 (in Chinese with English abstract)
- [21] Mu P(穆平), Zhang H-L(张洪亮), Jiang D-F(姜德峰), Liu L-F(刘立峰), Li Z-C(李自超). QTL mapping and interactions between QTL and environment for yield and its components using a DH population derived from a lowland and upland rice Cross. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(9): 1725–1733 (in Chinese with English abstract)
- [22] Ye S-P(叶少平), Zhang Q-J(张启军), Li J-Q(李杰勤), Zhao B(赵兵), Li P(李平). QTL mapping for yield component traits using (Pei'ai 64s/Nipponbare) F_2 population. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(12): 1620–1627 (in Chinese with English abstract)
- [23] Xu J-L(徐建龙), Xue Q-Z(薛庆中), Luo L-J(罗利军), Li Z-K(黎志康). QTL dissection of panicle number per plant and spikelet number per panicle in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 28(8): 752–759 (in Chinese with English abstract)
- [24] Xing Y-Z(邢永忠), Xu G-C(徐才国), Hua J-P(华金平), Tan Y-F(谈移芳). Analysis of QTL \times Environment interaction for

- rice panicle characteristics. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 25(5): 439–446 (in Chinese with English abstract)
- [25] Xu L(许凌), Zhang Y-D(张亚东), Zhu Z(朱镇), Wang C-L(王才林). Dissection of QTLs in two year s for yield component traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2008, 22(4): 370–376 (in Chinese with English abstract)
- [26] Guo L-B(郭龙彪), Luo L-J(罗利军), Xing Y-Z(邢永忠), Xu G-C(徐才国). Dissection of QTLs in two years for important agronomic traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2003, 17(3): 211–218 (in Chinese with English abstract)
- [27] Ma D-P(马大鹏), Luo L-J(罗利军), Wang C-Y(汪朝阳), He Y-Q(何予卿). Mapping QTLs for yield and its component traits of rice using a recombinant inbred line population. *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2004, 2(4): 507–512 (in Chinese with English abstract)
- [28] Li S-B(李绍波), Yang G-H(杨国华), Zhang Z-H(章志宏), Zhu Y-G(朱英国). Mapping of QTL controlling yield component related traits in rice. *Wuhan Univ J* (Nat Sci Edn)(武汉大学学报·理学版), 2008, 54(6): 713–718 (in Chinese with English abstract)
- [29] Du J-H(杜景红), Fan Y-Y(樊叶杨), Wu J-R(吴季荣), Zhuang J-Y(庄杰云). Dissection of QTLs for yield traits on the short arm of rice chromosome 6. *Sci Agric Sin*, 2008, 41(4): 939–945 (in Chinese with English abstract)
- [30] Mu P(穆平), Huang C(黄超), Li J-X(李君霞), Liu L-F(刘立峰), Liu Y-J(刘弋菊), Li Z-C(李自超). Yield trait variation and QTL mapping in a DH population of rice under phosphorus deficiency. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(7): 1137–1142 (in Chinese with English abstract)
- [31] Zhao X Q, Xu J L, Zhao M, Lafitte R, Zhu L H, Fu B Y, Li Z K. QTLs affecting morph-physiological traits related to drought tolerance detected in overlapping introgression lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Sci*, 2008, 174: 618–625
- [32] Brondani C, Rangel P, Brondani R, Ferreira M. QTL mapping and introgression of yield related traits from *Oryza glumaepatula* to cultivated rice (*Oryza sativa* L.) using micro satellite markers. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 1192–1203
- [33] Yoon D B, Kang K H, Kim H J, Ju H G, Kwon S J, Suh J P, Jeong Q Y, Ahn S N. Mapping quantitative trait loci for yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza grandiglumis* and the *O. sativa japonica* cultivar Hwaseongbyeon. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1052–1062
- [34] Mo H-D(莫惠栋). The analysis of combining ability in $p \times q$ mating pattern. *J Jiangsu Agric Coll* (江苏农学院学报), 1982, 3(3): 51–57 (in Chinese)
- [35] Mo H-D(莫惠栋). The analysis of combining ability in $p \times q$ mating pattern (continued). *J Jiangsu Agric Coll* (江苏农学院学报), 1982, 3(4): 53–57 (in Chinese)
- [36] Xu C-W(徐辰武), Zhang A-H(张爱红), Zhu Q-S(朱庆森). Genetic analysis of quality characters of rice grain in *indica-japonica* hybrids. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1996, 22(5): 530–534 (in Chinese with English abstract)
- [37] Gu F-L(谷福林), Su Z-Q(苏自强), Wang S-F(王水方). 86 You 8, a new fine quality *japonica* hybrid rice combination. *Hybrid Rice* (杂交水稻), 2001, 16(2): 59–60 (in Chinese)