

赵 凌, 张亚东, 赵春芳, 等. TD70/Kasalath RIL 群体定位水稻花药基部开裂长度 QTL[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(4): 711-717.

doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2015.04.001

TD70/Kasalath RIL 群体定位水稻花药基部开裂长度 QTL

赵 凌¹, 张亚东¹, 赵春芳¹, 周丽慧¹, 姚 姝¹, 于 新¹, 丁 丹¹, Tsutomu Matsui², 王才林¹

(1. 江苏省农业科学院粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心/国家水稻改良中心南京分中心, 江苏 南京 210014; 2. Faculty of Applied Biological Science, Gifu University, Gifu 501-2354, Japan)

摘要: 利用花药基部开裂长度存在明显差异的粳稻品系 TD70 和籼稻品种 Kasalath 的重组自交系(包含 240 个系)为作图群体, 对控制水稻花药基部开裂长度的 QTL 进行鉴定, 并对水稻花药基部开裂长度和其他农艺性状进行相关性分析。利用 IciMapping3.4 软件, 运用复合区间作图法, 以均匀分布于 12 条染色体的 141 个 SSR 标记进行花药基部开裂长度的 QTL 检测, 共检测到 2 个 QTL 位点, 其中 *qLDBT6* 位于第 6 染色体 *RM3* 和 *RM3628* 之间, *LOD* 值 3.23, 贡献率 6.18%, 加性效应 17.74%; *qLDBT8* 位于第 8 染色体 *RM1376* 和 *RM4085* 之间, *LOD* 值 2.95, 贡献率 8.00%, 加性效应 20.09%, 推测该区域与小穗不育有重要关系, 有必要进一步研究。RIL 群体的花药基部开裂长度与剑叶宽、千粒质量、粒长、粒宽、粒厚间存在极显著正相关, 与抽穗期、株高、分蘖数、剑叶长、总粒数、结实率、抽穗当天最高温度、抽穗期平均温度、抽穗期间最高温度以及芒长之间不相关。

关键词: 水稻; 重组自交系; 花药基部开裂长度; QTL

中图分类号: S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2015)04-0711-07

Mapping of QTLs for length of basal dehiscence of thecae in rice using TD70/ Kasalath RIL population

ZHAO Ling¹, ZHANG Ya-dong¹, ZHAO Chun-fang¹, ZHOU Li-hui¹, YAO Shu¹, YU Xin¹, DING Dan¹, MATSUI Tsutomu², WANG Cai-lin¹

(1. Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu High Quality Rice R&D Center/Nanjing Branch of China National Center for Rice Improvement, Nanjing 210014, China; 2. Faculty of Applied Biological Science, Gifu University, Gifu 501-2354, Japan)

Abstract: Two hundred and forty recombinant inbred lines (RIL) derived from a cross between *japonica* rice TD70/Kasalath and its linkage map including 141 SSR markers were used to map QTLs controlling length of basal dehiscence of thecae (LDBT). Two QTLs controlling LDBT were detected on chromosomes 6 and 8, respectively. *qLDBT6* was mapped between the marker *RM3* and *RM3628* on chromosome 6 with the *LOD* value of 3.23. *qLDBT8* was mapped between the marker *RM1376*-*RM4085* on chromosome 8 with the *LOD* value of 2.95. The LDBT of RILs had significant positive correlations with width of flag leaf, grain weight, grain width, grain length and grain thickness. No significant correlation was found between LDBT and plant height, heading date, number of tillers, length of flag leaf, average temperature at heading, and maximum temperature at heading, etc.

收稿日期: 2014-12-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(31201181); 江苏省农业科技自主创新基金项目[CX(13)5004]

作者简介: 赵 凌(1976-), 女, 江苏南京人, 副研究员, 博士, 主要从事水稻遗传育种研究。(Tel)025-84390314; (E-mail) zhaoling@jaas.ac.cn

通讯作者: 王才林, (Tel)025-84390307; (E-mail) clwang@jaas.ac.cn

Key words: rice; recombinant inbred line; length of basal dehiscence of thecae; quantitative trait locus

近年来,随着全球气候的变化,高温热害频频发生,给中国乃至全世界的水稻生产造成了严重损失,尤其在孕穗期和开花期遇到高温热害会造成非常严重的危害。开展高温耐性研究,对于培育开花期耐高温的水稻品种,降低高温危害具有非常重要的意义。高温耐性属于数量性状,运用直接鉴定法和间接鉴定法对于育种者而言实施都较为困难。直接鉴定法利用自然高温条件在田间进行,简单易行,但限制因子较多,难以排除其他环境因子的影响,重复性较差。间接鉴定法一般利用温室和人工气候箱模拟自然高温条件进行鉴定,在控制温度和光照的情况下进行高温耐性鉴定,准确性较高,但需要昂贵的仪器,一次鉴定规模有限。不管是直接鉴定还是间接鉴定,对高温鉴定指标的选择都非常重要。研究者提出了不少用于鉴定水稻开花期耐高温的指标,最常用的为高温条件下的结实率^[1]。由于高温条件下的结实率鉴定比较困难,研究者也提出了其他一些耐热性指标,如结实率的胁迫指数;秕粒率、实粒质量、整精米率、垩白度、蛋白质含量的胁迫指数^[2];高温条件下叶绿素、游离脯氨酸、脱落酸含量及花粉活力^[3]等。运用不同的耐热性指标鉴定到很多水稻耐热 QTL 位点^[4-11],但这些鉴定指标在育种中直接应用还具有一定难度。找到与开花期高温耐性密切相关且容易在常温下鉴定的指标对于水稻耐高温育种迫在眉睫。

Matsui 等进行了水稻花药基部开裂长度 (Length dehiscence at the basal part of thecae, LD-BT) 和高温耐性的相关研究,明确开花期高温耐性与花药基部开裂程度有关^[12-13],花药基部开裂性状见图 1,长的花药基部开裂是高温条件下保证结实率的有利性状,不仅年度间稳定,且在高温和常温条件下的表达具有平行性,提出可以在常温下利用水稻花药基部开裂长度进行开花期高温耐性鉴定^[14-17]。Zhao 以高温结实率作为水稻高温育性指标,也发现 3 个可能与水稻高温育性有关的性状 (花药基部开裂长度、开花时间、穗部温度) 中高温结实率与开花时间以及穗部温度间并没有相关性,而与花药开裂长度呈显著正相关^[18]。Jagadish 的研究结果也证实水稻开花期高温耐性与花药基部开裂程度有关^[6]。

本研究利用亲本花药基部开裂长度存在显著差

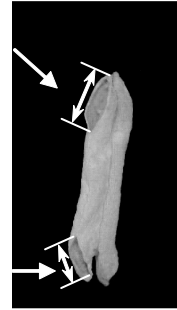


图 1 花药顶部和基部开裂^[12]

Fig. 1 A dehisced anther

异的重组自交系群体 (RIL) 为作图群体,进行花药基部开裂长度的 QTL 定位和分析,进一步研究水稻花药基部开裂性状和其他农艺性状的相关性,为开花期耐热性研究提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

以 1 个来源于天鹅谷//9520// (72-496/苏御糯) 的粳稻品系 TD70 和籼稻品种 Kasalath 为亲本配制组合。2005 年夏从 F_1 单株收获自交种子,以单粒传方法构建由 240 个株系组成的重组自交系 (RIL) 群体。于 2012 年在江苏省农业科学院粮食作物研究所试验田种植 240 个 $F_{2,7}$ RIL 群体及其亲本。所有材料秧龄 30 d,每个株系种植 1 个小区,每小区 4 行,每行 10 株,行株距为 26.7 cm×16.7 cm,单本栽插。随机区组设计,2 次重复。田间管理按常规栽培管理方法。成熟后,每小区在中间行随机选择 5 个单株,按单株分别收获。

1.2 温度测定

用温湿监测仪 (型号: HOBO U23-001) 记录水稻冠层的最高温度,从 0:00 开始,每 1 h 记录 1 次,每 1 d 24 h 监测。

1.3 性状测定

花药基部开裂长度:测量 240 个株系及其亲本的平均花药基部开裂长度。每份材料随机调查 5 个代表性植株,各性状的均值作为性状表型值进行分析。使用数字显微镜 (VHX-500, Keyence Corporation, Osaka) 直接测量花药基部开裂长度,每个小花随机测量 5 个花药。取 5 个花药的平均值作为小花

的 *LDBT* 值,取 5 个小花的平均值作为单株的 *LDBT* 值。成熟后每小区在中间行随机选择 5 个单株,按单株分别收获。

抽穗期:整个小区 50% 单株抽穗的一天为抽穗当天,计算相关系数时将抽穗期表示为从播种到抽穗当天的天数。抽穗期间指抽穗当天及其前后各 3 d。

农艺性状测定:性状包括 240 个株系及其亲本的株高、分蘖数、剑叶长、剑叶宽、结实率、总粒数、千粒质量、粒宽、粒厚、芒长等,取 5 个单株的平均值作为性状表型值进行分析。

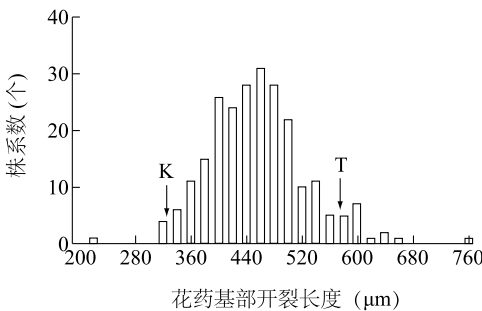
1.4 统计分析

TD70 与 Kasalath 的重组自交系群体的分子连锁图谱包含 141 个分子标记^[19],利用 QTL IciMapping Version3.4 软件^[20],采用完备区间作图法(Inclusive composite interval mapping, ICIM)在全基因组范围内进行扫描,检测控制花药基部开裂长度的 QTL。以 *LOD* 值 2.5 作为阈值,判断 QTL 的存在, QTL 的命名参照 McCouch 等^[21]的原则。

表 1 亲本与重组自交系群体花药基部开裂长度的表型变异

Table 1 Phenotypic variation of *LDBT* of rice RIL population and two parents

性状	亲本花药基部开裂长度 (μm)		重组自交系群体花药基部开裂长度		
	TD70	Kasalath	平均值 (μm)	变异范围 (μm)	变异系数 (%)
<i>LDBT</i> (重复 1)	584.6 \pm 8.6	341.8 \pm 0.5	446.4	247.6 ~ 864.4	81.43
<i>LDBT</i> (重复 2)	595.5 \pm 9.7	343.0 \pm 2.6	448.2	254.9 ~ 781.9	79.49



K 表示 Kasalath, T 表示 TD70。

图 2 RIL 群体的花药基部开裂长度性状的分布

Fig. 2 Distribution of rice *LDBT* among rice RIL population

2.2 花药基部开裂长度的 QTL 检测

对 RIL 群体进行花药基部开裂长度的 QTL 检

使用 SPSS17.0 软件进行方差分析和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 RIL 群体及其亲本的花药基部开裂长度的表型变异

2012 年 RIL 群体及其亲本的花药基部开裂长度的表型变异见表 1。亲本 TD70 花药基部开裂长度平均值为 590.1 μm ,而 Kasalath 的花药基部开裂长度平均值为 342.4 μm 。两亲本在花药基部开裂长度上存在极显著差异。从 RIL 群体的变异范围来看,重复 1 变幅为 247.6 ~ 864.4 μm ,均值为 446.4 μm ,变异系数 81.43%;重复 2 变幅为 254.9 ~ 781.9 μm ,均值 448.2 μm ,变异系数 79.49% (表 1)。群体 2 个重复间差异不显著。

群体中花药基部开裂长度存在明显的超亲现象。从 TD70/Kasalath RIL 群体的频率分布看,花药基部开裂长度呈连续性并为正态分布,表现出数量性状的遗传特点(图 2)。

测,共检测到 2 个 QTL 位点,分别分布在第 6 和第 8 染色体上(图 3)。*qLDBT6* 位于第 6 染色体 *RM3* 和 *RM3628* 之间 15.8cM 的区间内,*LOD* 值 3.23,贡献率为 6.18%,加性效应为 17.74%;*qLDBT8* 位于第 8 染色体 *RM1376* 和 *RM4085* 之间 11.1 cM 的区间内,*LOD* 值 2.95,贡献率 8.00%,加性效应 20.09%。2 个 QTL 位点的增效等位基因都来源于母本 TD70 (表 2)。

2.3 RIL 群体孕穗后期和开花期间的温度

亲本 TD70 和 Kasalath 的抽穗期分别为 8 月 11 日和 8 月 9 日。RIL 群体的抽穗期分布从 7 月 25 日到 9 月 9 日。2012 年 7 月 22 日至 9 月 12 日的日最高温度和日平均温度的变化如图 4。其中日平均温度和日最高温度最高值均出现在 7 月 30 日,分别

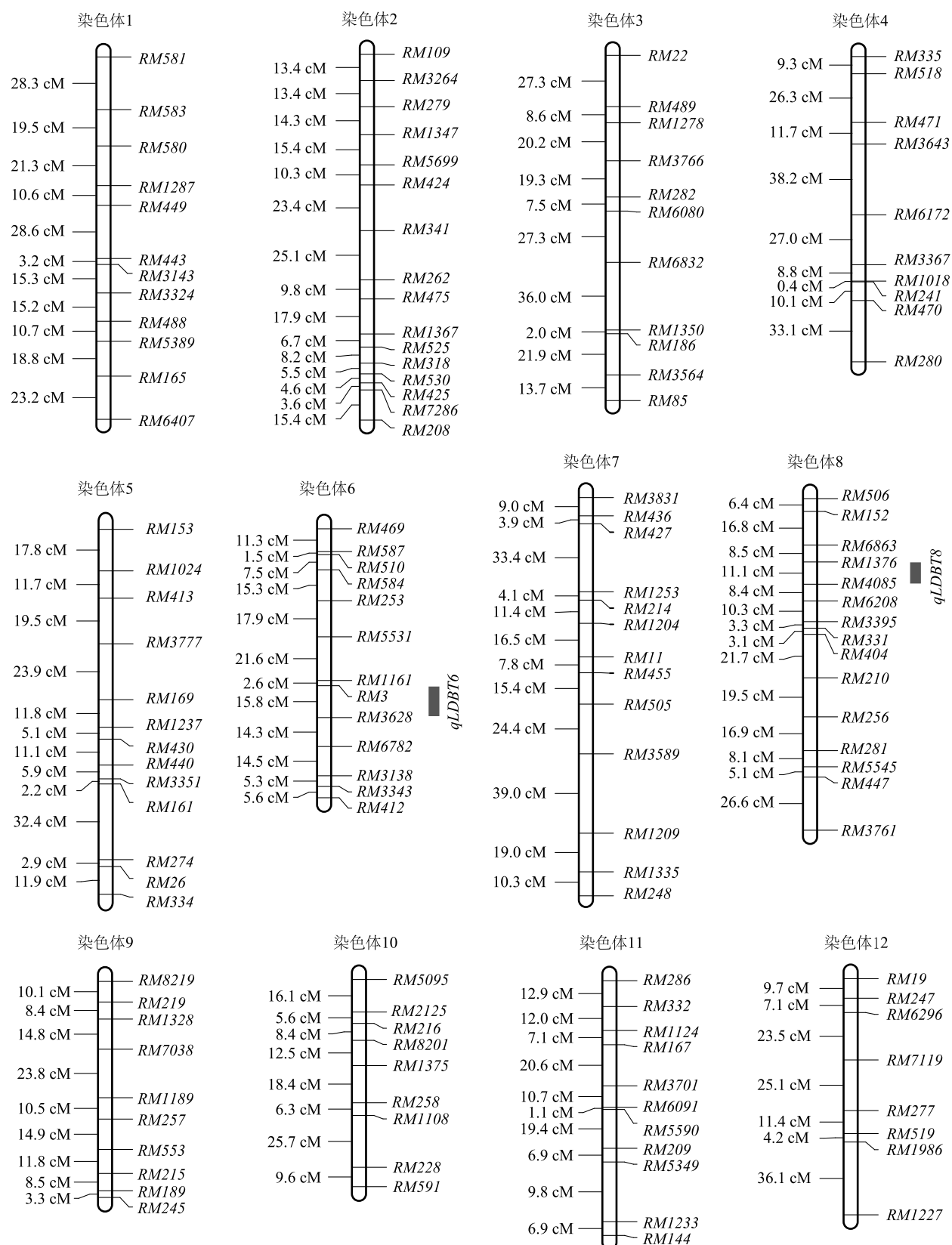


图 3 检测到的花药基部开裂长度 QTL 在染色体上的位置

Fig. 3 The QTL loci for LDBT on rice chromosome

表 2 在 RIL 群体中检测到的花药基部开裂长度的 QTL

Table 2 Identification of QTLs for LDBT in rice RIL population

性状	位点	标记区间	LOD 值	贡献率 (%)	加性效应 (%)
花药基部开裂长度(LDBT)	<i>qLDBT6</i>	<i>RM3-RM3628</i>	3.23	6.18	17.74
花药基部开裂长度(LDBT)	<i>qLDBT8</i>	<i>RM1376-RM4085</i>	2.95	8.00	20.09

加性效应值为正值,表明增效等位基因来源于 TD70。

为 32.34 ℃和 37.18 ℃;9 月 9 日的日平均温度和日最高温度均最低,分别为 20.39 ℃和 21.08 ℃。2012 年 7 月 19 日至 9 月 12 日间只有 14 d 日平均温度超过 30 ℃,其中 3 d 日平均温度超过 32 ℃,只有 1 d 日最高温度超过 37 ℃。

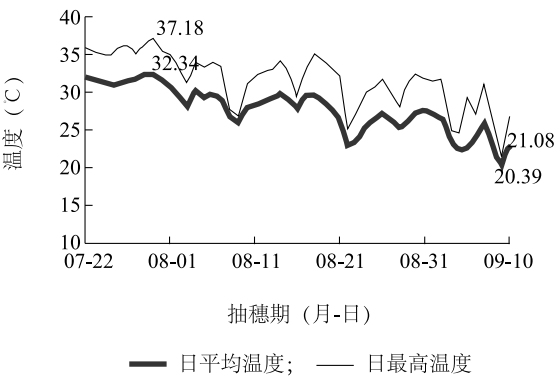


图 4 RIL 群体抽穗期间的温度

Fig.4 Temperatures during heading in rice RILs

2.4 花药基部开裂长度和其他农艺性状的相关性

从表 3 可以看出,RIL 群体的花药基部开裂长度与剑叶宽、千粒质量、粒长、粒宽、粒厚间存在极显著正相关,与抽穗期、株高、分蘖数、剑叶长、总粒数、结实率、抽穗期当天最高温度、抽穗期平均温度和抽穗期间最高温度以及芒长之间不相关。

3 讨论

高温胁迫已成为影响水稻生产的主要因素之一,开展水稻耐高温的相关研究具有重要意义。前人研究结果表明水稻花药基部开裂长度与开花期高温耐性有关,并设想将水稻花药基部开裂长度作为常温下进行开花期高温耐性鉴定的指标。进行水稻花药基部开裂长度的相关研究,可以为此设想提供更多的理论依据。

表 3 花药基部开裂长度和其他农艺性状间的相关性分析

Table 3 The correlation analyses between LDBT and agronomic traits

性状	相关系数
抽穗期	-0.121
株高	0.015
分蘖数	-0.049
剑叶长	0.017
剑叶宽	0.244 **
总粒数	0.057
结实率	0.009
千粒质量	0.212 **
粒长	0.174 **
粒宽	0.194 **
粒厚	0.190 **
抽穗期当天最高温度	0.120
抽穗期平均温度	0.093
抽穗期间最高温度	-0.013
芒长	0.032

** 表示极显著相关。

本研究中定位到的控制水稻花药基部开裂长度的 *qLDBT8*,位于第 8 染色体 *RM1376* 和 *RM4085* 之间 11.1 cM 的区间内。据 Graneme 网站截至 2014 年 1 月的不完全统计,目前所有发掘出的水稻 QTL 中涉及此区间的仅有 4 个位点(图 5)。其中 He 等利用 Peiai 64S/8902S 的 F₂ 群体的 240 个株系检测到 1 个控制不育的位点 S8 也位于此区域^[22]。S8 位于第 8 染色体 *RM885* 和 *RG333* 之间 0.57 Mb 的区间内,在自然长日照处理、自然短日照处理、人工气候室长日照高温处理、人工气候室长日照低温处理和人工气候室短日照高温处理条件下都可以检测到,是一个稳定的控制育性 QTL^[23]。由于前人研究结果表明花药基部开裂长度也是同高温育性相关的性状,推测我们定位到的 *qLDBT8* 区域与小穗不育有重要关系,值得进一步研究。

控制水稻抽穗期的主效位点 *Ghd8* 也位于第 8 染色体 *qLDBT8* 所在的区域内, 物理距离 4 331 109 ~ 4 333 832 bp, 编码转录因子 CCAAT 盒结合蛋白的 HAP3H 亚基^[24]。*Ghd8* 不仅调节抽穗期, 还同时具有调控水稻产量和株高的功能, 和 *Hd5* 等位^[25-26]。此外, *qLDBT8* 所在的区域内还具有一个水稻生物产量 QTL (*qpw*) 和一个水稻稻瘟病抗性 QTL (*rbr8*)^[27-28], 这 2 个 QTL 在同一个位置, 都位于 *RG333* ~ *RM25* 间 2.7 Mb 的区间内。

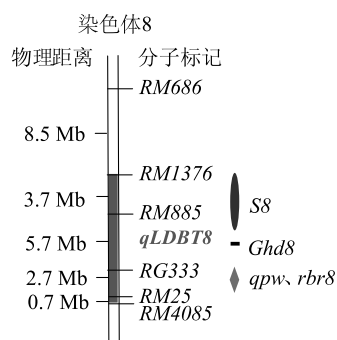


图 5 *qLDBT8* 区间内定位到的 QTL

Fig. 5 QTLs identified in the interval of *RM1376* and *RM4085* on chromosome 8

前期研究结果表明, 水稻花药基部开裂长度是和高温下结实率相关的性状。国内外对水稻花药基部开裂长度的研究主要集中在和高温耐性的相关性研究。本研究首次对水稻花药基部开裂性状和农艺性状的相关性进行了分析。TD70 是一个特大粒型的粳稻资源, 其千粒质量达 70 g, 不仅粒长和粒宽比较大, 其花药基部开裂长度也非常大, 是一个进行花药基部开裂长度研究的非常好的材料。本研究检测发现 RIL 群体中花药基部开裂长度和结实率并不相关, 这可能和 2012 年夏天抽穗期间的温度有关。石春林等以华粳 1 号和特优 559 为材料, 发现减数分裂期 33 ℃ 以下的温度对供试材料结实率无明显影响^[29]。时宽玉等分析中稻花期高温的变化及其对产量的影响, 结果表明当极端高温处于 35 ~ 39 ℃ 时中稻的平均产量与 35 ℃ 以下时中稻的平均产量无显著差异; 当极端高温达 39 ℃ 以上时, 平均产量会显著降低 13%^[30]。王才林等则发现开花期日平均气温 32 ℃ 以上, 高温就会对水稻开花授粉造成影响^[31]。2012 年夏天 7 月 25 日到 9 月 9 日期间, 日

平均温度超过 32 ℃ 只有 3 d, 只有 1 d (7 月 30 日) 日最高温度超过 37 ℃。而本研究 240 个 RIL 家系中, 有 16 个家系的抽穗期在 8 月 5 号之前, 8 月 6 号后并没有出现日最高温度 37 ℃ 以上的高温天气。开花期温度不够高可能是本研究 RIL 群体花药基部开裂长度和结实率不相关的原因。

参考文献:

- [1] 杨永杰, 符冠富, 熊杰, 等. 高温对水稻的影响及水稻耐热性测评方法研究[J]. 中国稻米, 2012, 18(1): 39-40.
- [2] 黄英金, 杨芝燕, 饶志明, 等. 灌浆期高温胁迫下水稻叶片叶绿素降解的活性氧损伤及调控研究[J]. 江西农业大学学报, 2000, 22(5): 1-6.
- [3] 雷东阳, 陈立云, 李稳香, 等. 高温对不同杂交稻开花期影响的生理差异[J]. 农业现代化研究, 2005, 26(5): 397-400.
- [4] 杨梯丰, 张少红, 王晓飞, 等. 水稻抽穗开花期耐热种质资源的筛选鉴定[J]. 华南农业大学学报, 2012, 33(4): 585-589.
- [5] ZAHNG G L, CHEN L Y, XIAO G Y, et al. Bulk segregant analysis to detect QTL related to heat tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) using SSR markers [J]. Agricultural Sciences in China, 2009, 8(4): 482-487.
- [6] JAGADISH S, CAIRNS J, LAFITTE R, et al. Genetic analysis of heat tolerance at anthesis in rice [J]. Crop Science, 2010, 50: 1633-1641.
- [7] 盘毅, 罗丽华, 邓化冰, 等. 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.
- [8] XIAO Y H, PAN Y, LUO L. Quantitative trait loci associated with seed set under high temperature stress at the flowering stage in rice [J]. Euphytica, 2011, 178: 331-338.
- [9] YE C R, ARGAYOSO M A, REDONA E D, et al. Mapping QTL for heat tolerance at flowering stage in rice using SNP markers [J]. Plant Breeding, 2012, 131: 33-41.
- [10] CHENG L, WANG J M, VERONICA U, et al. Genetic analysis of cold anthesis in rice tolerance at seedling stage and heat tolerance at anthesis in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Journal of Intergrative Agriculture, 2012, 1(3): 359-367.
- [11] LEI D Y, TAN L B, LIU F X, et al. Identification of heat-sensitive QTL derived from common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) [J]. Plant Science, 2013, 201-202: 121-127.
- [12] MATSUI T, OMASA K, HORIE T. High temperature at flowering inhibits swelling of pollen grains, a driving force for thecae dehiscence in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Plant Production Science, 2000, 3: 430-434.
- [13] MATSUI T, KOBASAI K, KAGATA H, et al. Correlation between viability of pollination and length of basal dehiscence of the theca in rice under a hot and humid condition [J]. Plant Production Science, 2005, 8(2): 109-114.
- [14] MATSUI T. Function of long basal dehiscence of the thecae in rice

- (*Oryza sativa* L.) pollination under hot and humid condition [J]. *Phyton*, 2005, 45: 401-407.
- [15] MATSUI T, OMASA K, HORIE T. The difference in sterility due to high temperature during the flowering period among japonica-rice varieties [J]. *Plant Production Science*, 2001, 4: 90-93.
- [16] TIAN X, MATSUI T, LI S, et al. Heat induced floret sterility of hybrid rice (*Oryza sativa* L.) cultivars under humid and low wind conditions in the field of Jiangnan Basin, China [J]. *Plant Production Science*, 2010, 13: 243-251.
- [17] 黄 鹂, 王 建, 戴伟民, 等. 复合性状转基因水稻 B2A68 在南京地区杂草化的风险评估 [J]. *杂草科学*, 2014, 32(1): 60-68.
- [18] ZHAO L, KOBAYASI K, HASEGAWA T, et al. Traits responsible for variation in pollination and seed set among six rice cultivars grown in a miniature paddy field with free air at a hot, humid spot in China [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2010, 139: 110-115.
- [19] 董少玲, 张颖慧, 张亚东, 等. 水稻重组自交系分子遗传图谱构建及分蘖角的 QTL 检测 [J]. *江苏农业学报*, 2012, 28(2): 236-242.
- [20] 王建康. 数量性状基因的完备区间作图方法 [J]. *作物学报*, 2009, 35(2): 239-245.
- [21] MCCOUCH S R, CHO Y G, YANO M, et al. Report on QTL nomenclature [J]. *Rice Genet Newsl*, 1997, 14: 11-13.
- [22] HE Y Q, YANG J, XU C G, et al. Genetic bases of instability of male sterility and fertility reversibility in photoperiod-sensitive genetic male-sterile rice [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 99: 683-693.
- [23] WEI X J, XU J F, GUO H N, et al. *DTH8* suppresses flowering in rice, influencing plant height and yield potential simultaneously [J]. *Plant Physiology*, 2010, 153(4): 1747-1758.
- [24] 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 [J]. *Molecular Plant*, 2011, 4(2): 319-330.
- [25] DAI X D, DING Y N, TAN L B, et al. *LHD1*, an allele of *DTH8/Ghd8*, controls late heading date in common wild rice (*Oryza rufipogon*) [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2012, 54(10): 790-799.
- [26] SHIBAYA T, NONOUE Y, ONO N, et al. Genetic interactions involved in the inhibition of heading by heading date QTL, *Hd2* in rice under long-day conditions [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 123: 1133-1143.
- [27] LIAN X, XING Y, YAN H, et al. QTLs for low nitrogen tolerance at seedling stage identified using a recombinant inbred line population derived from an elite rice hybrid [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 112: 85-96.
- [28] CHEN H, WANG S, XING Y, et al. Comparative analyses of genomic locations and race specificities of loci for quantitative resistance to *Pyricularia grisea* in rice and barley [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2003, 100(5): 2544-2549.
- [29] 石春林, 金之庆, 郑建初, 等. 减数分裂期高温对水稻颖花结实率影响的定量分析 [J]. *作物学报*, 2008, 34(4): 627-631.
- [30] 时宽玉, 崔永伟, 胡瑞法. 水稻花期高温对产量的影响研究 [J]. *中国农业科技导报*, 2009(2): 78-83.
- [31] 王才林, 仲维功. 高温对水稻结实率的影响及其防御对策 [J]. *江苏农业科学*, 2004(1): 15-18.

(责任编辑:陈海霞)