

The Summary of Research on Combining Ability*

Lei Zhang¹, Shengli Jin², Yanqiu Zhou¹, Hong Liu¹, Zhen Qu³, Ruiyun Wu¹, Rui Qin¹, Gang Li^{1#}

¹Engineering Research Center of Protection and Utilization for Biological Resources in Minority Regions,
South-Central University for Nationalities, Wuhan

²State Key Laboratory of Hybrid Rice, College of Life Science, Wuhan University, Wuhan

³Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Wuhan

Email: #lg863@yahoo.com.cn

Received: Nov. 22nd, 2012; revised: Nov. 27th, 2012; accepted: Dec. 16th, 2012

Abstract: The Combining Ability refers to the use of inbred lines, hybrids, or offspring traits relative size of the measure, the decision of the inbred lines of the pros and cons of a standard. Combining ability plays an important role in guiding the actual production, and how to take advantage of the technology of combining ability screened dominant species is currently a hot research. But with the force of research is mainly based on the study of phenotype analysis, less deep into the cellular and molecular levels. With the development of biotechnology, the content and direction of combining ability in actual production are demanded for diversified. This paper with the force of the current research methods and results, molecular markers, and with the force applied in combination with the force of several special traits and special environment analysis and research prospects were reviewed.

Keywords: Combining Ability; Research Progress

亲本配合力的研究概述*

张 磊¹, 荆胜利², 周晏秋¹, 刘 虹¹, 瞿 桢³, 吴瑞云¹, 詹 瑞¹, 李 刚^{1#}

¹中南民族大学南方少数民族地区生物资源保护及综合利用工程中心, 武汉

²武汉大学生命科学学院, 杂交水稻国家重点实验室, 武汉

³中国农业科学院油料作物研究所, 武汉

Email: #lg863@yahoo.com.cn

收稿日期: 2012年11月22日; 修回日期: 2012年11月27日; 录用日期: 2012年12月16日

摘要: 亲本配合力是指利用自交系所产生的杂种一代或后代各方面性状相对大小的度量, 是决定自交系优劣的一个重要标准。配合力对实际生产起着重要指导作用, 如何利用配合力的技术筛选出优势品种是当前研究的热点。但是当前配合力的研究主要是基于研究对象的表型进行分析, 较少深入到细胞与分子水平。随着生物技术的发展, 以及实际生产的需求促进了配合力的研究内容及方向呈现多元化。本文就配合力当前研究方法与成果、分子标记与配合力的结合运用、配合力对特殊性状和特殊环境下的分析以及研究前景等几个方面进行综述。

关键词: 配合力; 研究进展

1. 引言

G. F. Sprague 和 L. A. Tatum 早在 1942 年提出了

*基金项目: 湖北省自然科学基金项目(2008CDB392)。

#通讯作者。

杂种优势中利用中亲本配合力的概念。经过几十年的发展, 对配合力有了比较成熟的认识。配合力在广义上是指一个亲本在由它所产生的杂种一代或后代的产量或其他性状表现中所起作用相对大小的度量, 又

称结合力、组合力。配合力包括一般配合力(general combining ability, GCA)和特殊配合力(specific combining ability, SCA)。在实际生产中，配合力的大小可用以评定一个亲本材料在杂种优势利用或杂交育种中的利用价值。如何更好的利用配合力的衡量方法去筛选优势品种一直是研究的热点。研究人员通过对不同类型的品种自交系的数量性状配合力分析，弄清不同类型的品种自交系的种质关系，同时对不同类型的自交系间相互利用优良基因进行遗传改良打下基础^[1-3]。在杂交水稻的育种中选取高配合力的亲本，从而组配出具有强优势的杂交组合^[4]。在分析方法上大多采用对某些性状的一般配合力效益和特殊配合力效应分析，以及一些农艺性状的遗传参数分析，得出综合的结果。近年来由于分子生物学的迅速发展，在配合力的研究中引入自交系聚类分析，通过聚类分析对不同类群的玉米自交系的进一步改良^[5]。一些研究通过对一般配合力和特殊配合力以及配合力总效应值的关系关系选出杂交组配和选育的最佳组合^[6-8]。一些研究者运用配合力对近等基因系进行评价，王际凤等在水稻 CMS 和 TGMS 近等基因系的构建及其配合力评价中配组了一套 4 个不育系 \times 6 个恢复系的不完全双列杂交组合^[9]。由于实际生产的需要，运用配合力的方法对一些特殊性状的选取也是研究的热点^[10,11]。但配合力的研究仅仅局限于表型和分子标记的水平，没有将最前沿的研究思路和方法映入其中。如何将各种新思路和研究手段运用到配合力的研究中是未来的突破口。本文将从当前配合力主要研究方法及成果、运用配合力的方法对一些特殊性状和特殊环境下进行选育以及结合本实验室的研究内容配合力的研究前景进行综述。

2. 配合力当前研究方法

配合力的研究方法就是对目的物种的相关性状进行分析，得出相关性状的极显著水平，这些性状的基因是以基因加性效应为主还是以基因的非加性效应为主，并得出亲本各性状的一般配合力和特殊配合力的对应关系。常用的配合力试验方法有：双列杂交试验法、GGE 双标图法、聚类分析法以及分子标记的对配合力分析的辅助。

2.1. 双列杂交试验方法

双列杂交试验包括完全双列杂交和不完全双列杂

交。完全双列杂交是指一组亲本间进行所有可能的杂交。不完全双列杂交是指把供试纯育亲本按试验要求分为两组，只进行组间杂交，不进行组内杂交。由于双列杂交试验由于可以同时测定 GCA 效应和 SCA 效应，因而运用广泛。如陈光辉等人使用双列杂交试验对配合力分析结果表明，两系杂交水稻糙米率性状的表现组合间差异极显著；父、母本的一般配合力效应和组合的特殊配合力效应差异显著；父、母本的一般配合力作用大于组合的特殊配合力作用，一般配合力方差占总方差的 65.02%，特殊配合力方差占 34.98%；一般配合力作用，父本的作用(方差为 63.70)大于母本的作用(方差为 55.34)，同时得出了 GCA 和 SCA，对指导育种提供了重要的依据，对配合力的分析结果显示，一般配合力作用大于特殊配合力的作用^[12]。在许多配合力的研究中，如滇型不育系和恢复系的配合力分析，利用配合力和分子标记划分玉米自交系杂种优势群以及 16 个玉米自交系的配合力效应及其聚类分析和三系杂交稻京福组合主要性状配合力初步研究中都运用了双列杂交的方法^[4-7]。

由于完全双列杂交试验巨大的工作量以及数据过于庞大。在研究常常使用 NC II(不完全双列杂交试验)，这种遗传交配设计作为一种既可用于群体遗传参数的估算又可用于配合力分析的遗传设计方法，被广泛用于评价水稻的农艺性状和品质性状。周军等人对籼型杂交水稻产量及其相关性状的配合力及遗传分析中选用 24 个籼型三系杂交水稻亲本(4 个不育系和 20 个恢复系)，采用 4×20 不完全双列杂交(NC II)对 9 个产量及其相关性状的配合力进行分析。结果表明亲本各性状一般配合力与特殊配合力之间没有明显的对应关系，表明在杂交组合选配时，只有在选择一般配合力高的亲本基础上，通过广泛测交，才能获得特殊配合力高的强优势组合^[13]。在三个玉米合成群体选系的配合力及杂种优势和分析两系杂交水稻糙米率的配合力研究中都运用了不完全双列杂交^[11,12]。不完全双列杂交试验由于可以根据研究要求选择相应的性状进行杂交，具有更强的针对性，在配合力的研究中得到广泛的应用。

2.2. GGE 标图标法

GGE 双标图是一种新开发的分析多因素互作的方法，是解释 AMM I(主效可加互作可乘)模型分析结

果的有效和直观工具。品种区域化试验中品种的基因型和环境存在着交互作用(GGE)，使品种区域化试验数据的分析不容易得出理想的结果，而加性主效应和乘积交互作用模型(简称 AMM I 模型)是分析区试数据的一种新模型，与常规的方差分析模型和线性回归模型相比，这一方法应用范围广而且更有效，而用双标图(biplot)的方法是解释 AMM I 分结果的，而且被认为是一种直观有效的图形工具^[14-16]。作物品种区域试验资料分析的中心任务是正确地把握品种与环境互作的模式，对于小的数据集，例如两个品种两个环境的情况，把握二者互作的模式很容易。对于大的数据集则不然，必须借助于图解的方法。AMM I 模型在多点试验资料分析中应用较为广泛，但该模型只分析基因型与环境互作。可靠的基因型评价方法必须同时考虑基因型和基因型与环境互作，因而部分学者把基因型和基因型与环境互作合称为 GGE^[17-21]。如，尚国霞等人对甘蓝型菜油酸配合力的双图标法分析中用 GGE 双图标法对甘蓝型油菜 8×8 完全双列杂交实验的脂肪酸组分进行分析，得出在亲本种一般配合力父本较高^[22]。

GGE 双图标法不仅可以分析基因型和环境互作，还能对基因型进行比较全面的分析，在区域化研究中具有独特优势，可以根据各个地区的实际情况因地制宜，进行针对性研究。

2.3. 聚类分析法

越来越多的研究者在配合力的研究中运用聚类分析的方法，对来源于不同类群的自交系可根据聚类分析的结果进行组配杂交组合，这样可大大减少育种的盲目性，提高育种效率。刘亚利等对 16 个玉米自交系的配合力效应及其聚类分析中以 5 个玉米自交系为测验种，按 NC II 遗传交配设计配制 55 个测交组合，进行产量配合力效应及聚类分析，得出了优势组合^[6]。研究者也对西南地区的常用玉米自交系的配合力进行了聚类分析，得到了理想的组合^[23]。

通过对各个来源不同类群的自交系进行聚类分析，可以根据聚类分析的数据从中选出优势组合，不但减少工作量，还更具针对性。

2.4. 分子标记在配合力分析中的应用

近年来由于分子生物学的迅速发展，一些研究

者将分子生物学中的分子标记运用到配合力的分析中，运用配合力和分子标记，充分了解亲本之间的遗传差异，选配出强优势杂种组合。刘中华等烟草种质资源分子标记与配合力遗传效应研究进展中提出 DNA 分子标记技术在育种中的重要性^[24]。朱建荣等在云南中低海拔甘蔗细茎野生种遗传力和配合力的分子中依据甘蔗细茎野生种原生地的海拔差异结合 SSR 分子标记筛选 7 个云南不同生态型的甘蔗细茎野生种无性系，与以云南当地栽培品种甘蔗 93~94(母本)进行测交，用软件对其后代糖产量、甘蔗茎产量、有效茎数、锤度、茎径、株高 6 个数量性状进行方差、遗传力和配合力分析，使 DNA 分子标记技术与烟草杂种优势利用的基础理论研究，拓展 DNA 分子标记技术在烟草上应用的广度和深度^[25]。刘志雄在 SSR 分子标记在玉米遗传育种中的运用研究中运用聚类分析和 SSR 分子标记划分优势种群，得出两种方法都能将 34 份供试材料分类，两种方法的分类结果有较好的一致性，SSR 标记的遗传距离与 F1 的特殊配合力及单株产量的相关性达到了显著水平。由实验证，利用 SSR 分子标记对玉米自交系进行杂种优势群的划分是切实可行的^[26]。段智利等在利用配合力和分子标记划分玉米自交系杂种优势中探讨配合力与分子标记划分类群的优缺点，为今后玉米杂种优势群的研究和利用提供理论依据^[5]。梁奎在杂交粳稻亲本产量性状优异配合力的标记基因型筛选中得出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^[27]。杨代刚等人对陆地棉配合力与杂种优势、遗传距离的相关进行了分析，得出一些性状的一般配合力和杂种优势呈显著或极显著相关，而一些性状的特殊配合力和杂种优势均呈极显著正相关，而与遗传距离相关均不显著^[28]。

分子标记与配合力的结合不仅运用于作物选育，还运用于水产选种方面。王炳谦等在利用配合力和微卫星标记预测虹鳟品系间的杂交优势中得出结合配合力与 SSR 标记分析，能有效地指导优势杂交组合的选配^[29]。曾聪等在团头鲂 3 个地理种群杂交效果的配合力和微卫星标记预测研究中通过配合力和微卫星分子标记分析，初步预测子代生长性状最佳的组合为梁子湖团头鲂作为父本淤泥湖团头鲂作为母本^[30]。

分子标记技术可以从全基因组上展示遗传差异，它既可用于亲本遗传距离的估计，也为杂种优势机理研究提供了有效的技术平台^[31,32]。分子标记的运用对配合力的研究起着补充作用，并为配合力的研究提供了充分的理论依据。让配合力的研究不仅仅停留在表观上，而是深入初步的到分子水平。

3. 配合力对特殊性状和在特殊环境下的选育

3.1. 特殊性状的选育

运用配合力的分析方法对一些品种的特殊性状进行选育以及特殊环境对配合力影响是当前配合力研究的热点。在实际生产中一些品种对特定性状市场前景比较好或在特定的环境下必需具备这种性状。通过研究各种组合与亲本目标特性配合力的关系，探讨优质的育种途径。张玲等进行了穗分化期对其光合性状的配合力及遗传力的研究。结果表明：基因加性效应对杂种一代的净光合速率、蒸腾速率和气孔导度等性状起主导作用：光合色素含量遗传变异主要来自基因的非加性效应。杂交水稻净光合速率、蒸腾速率、气孔导度等性状受不育系影响较大，光合色素含量主要受父母本的互作效应同时也受环境因子影响^[33]。在运用配合力对种子活力进行评价的研究，王铁固等利用玉米种子活力相关性状的配合力分析对田间和室内测定种子活力相关性状出苗势、发芽率等指标，进行配合力效应分析和遗传参数估算。结果显示，种子活力相关性状在不同亲本间、以及同一亲本不同性状间的一般配合力(GCA)效应存在显著差异；同一自交系同一性状不同组合间的特殊配合力(SCA)也存在着显著差异；一般配合力低的自交系也有特殊配合力较高的组合出现^[33]。在杂交水稻的选育中，大多数看重其产量和各种抗性，李贵勇等利用配合力的分析方法对滇型杂交稻碾磨品质和外观品质进行了相关分析，得出要选育碾磨品质和外观品质好的杂交组合，不育系的选择至关重要^[35]。水稻的抗性淀粉对人体具有多种重要的生理功能，孙春龙等对水稻抗性淀粉含量性状的配合力分析中发现亲本本身的抗性淀粉含量与一般配合力的表现趋势一致，与相应的SCA有明显的相关性，与杂种一代表现有显著的相关性，表

明利用亲本表型值对于预测组合的杂种优势具有一定的意义^[36]。

在单倍体、双倍体以及多倍体的配合力进行研究中。段民孝等在同一基础材料的玉米双单倍体(DH)系配合力的分析中发现来源于同一基础材料的不同DH系之间，配合力差异较大，部分DH系的配合力比亲本增加，说明采用单倍体育种可以选育到高配合力的优良玉米自交系，组配出优良品种，从而加快育种进程，应用前景广阔^[37]。孙艳娥等在同源四倍体普通白菜异源胞质雄性不育系及5个亲本的配合力分析中得出16个农艺性状的遗传均受基因加性效应、显性效应和互作效应的共同作用，不同性状间及同一性状不同组合间特殊配合力(SCA)效应值差异较大^[38]。

作物的一些特殊性状对其经济价值有着很大影响。对这些特殊性状的选育将是配合力研究的一个重要方向。

3.2. 特殊环境下的选育

在实际生产中，由于地域差异，决定着不同地区的作物必须要适合本地区的地理环境。研究者在这些特殊环境下对一些作物进行配合力的分析，王昌华等在NaCl胁迫环境下对北方杂交粳稻亲本配合力进行了分析，得出在不同环境下，一般配合力效应与特殊配合力都表现出相对独立性。各性状在高NaCl环境下与正常环境下，都表现出较大的广义遗传力和狭义遗传力，多数性状在胁迫环境下与正常环境相比，都有变小的趋势^[39]。杨伟等对航天返回处理对高粱主要遗传性状的影响及配合力进行了分析，得出进行航天诱变处理，诱变后代的株高、叶片形态、育性、花器和籽粒氨基酸含量等性状均表现不同类型的变异。应用诱变材料组配的高粱杂交种产量的高低取决于双亲一般配合力和特殊配合力的强弱，穗粒重是构成产量的主要因素，株高与产量呈正相关^[40]。运用配合力的方法对这些特殊环境下生长的作物的选育，证明了配合力方法的广泛适用性。同时也说明配合力还有很大的发展前景。

4. 研究展望

当前，配合力的研究不仅局限于农作物，配合力也被研究者引入到水产等多个领域中。配合力在

选育方面具有独特的优势，可以对相关的领域起到指导作用。对配合力的数据分析方面也更加多元化，如运用 GGE 双图标作图和聚类分析的方法，这些方法与配合力的结合更容易筛选出优势性状的物种。与此同时，配合力的分析手段也越来越丰富，如分子标记技术，虽然在配合力的研究中不断地尝试，但大多数分析都局限于其表型与某些特定性状，分子标记也仅仅是了解亲本的遗传差异，而没有深入探讨。到底这些性状有什么联系，控制这些性状的基因间是否连锁关系、它们在染色体上如何分布以及突变的影响等，这些基本问题都没解决。

当前生物学的研究朝着多元化的方向发展，同时注重各个学科间的交叉领域，如何用各个学科的理论与技术解决相关的科学问题是当前的热点。关于配合力的研究不能局限于表型和初步的分子生物学基础上。如果在配合力的研究中加入细胞遗传学、比较基因组等其他手段及思路，将会使配合力的研究取得新的突破。

细胞遗传学是遗传学和细胞学结合建立的学说，主要是从细胞学的角度，特别是从染色体的结构和功能，以及染色体和其他细胞器的关系，一些重要性状的基因在染色体上的分布关系来研究遗传现象，并阐明遗传和变异的机制。使用分子标记对配合力所测定的优势性状组合中各个性状基因进行定位，然后使用细胞遗传学中的 FISH(荧光原位杂交)找到这些基因在染色体上的分布，通过这些分布位点预测它的遗传和变异机制，从而更好的指导育种。本实验长期使用 FISH 对各类野生稻以及栽培稻进行研究，得出不同物种基因组进化的关系等成果^[41-44]。使用细胞遗传学的研究思路以及方法将对配合力的发展有着极大的促进作用，从细胞学、遗传学和分子学三个方向对配合力进行辅助验证，让配合力的预测优势杂交组合更具说服力。

由于现代测序技术的发展，对主要的农作物的全基因组的测序已经完成。对于种内以及种间的基因组学研究现在使用较多的是比较基因组学。比较基因组学是基于基因组图谱和测序技术基础上，对已知的基因和基因组结构进行比较以了解基因的功能、表达机制和物种亲缘关系的学科。通过对不同亲缘关系物种的基因组序列进行比较，能够鉴定出编码序列、非编码调控序列及给定物种独有的序

列。而基因组范围之内的序列比对，可以了解不同物种在核苷酸组成、同线性关系和基因顺序方面的异同，进而得到基因分析预测与定位、生物系统发生进化关系等方面的信息。在配合力的研究中加以比较基因组学的研究，即从表型的对杂种优势进行鉴定，又从基因组的角度去阐述亲本间的关系。本实验室也从事比较基因组学的研究，通过比较基因组学的方法对其遗传背景和种质资源进行评估，在此基础之上进行种质创新与选育，最终达到综合开发利用的目的。如利用栽培稻 C₀t-1 DNA 和基因组 DNA 比较分析斑点野生稻和短药野生稻基因组等研究^[45-47]。从比较基因组学角度对配合力进行补充是配合力研究的一个突破口，这将使配合力的研究开创一个新的空间。

配合力以后的研究中一定要紧跟生物学发展的最前沿，当前生物学研究已经进入了“后基因时代”，越来越多的研究集中到蛋白组学和系统生物学中，如何将这些学科的思想以及方法运用到配合力的研究中是今后研究的方向，也是一个挑战。这样并配合力研究方法就能更好的向其他领域延伸，让它发挥更广泛的作用。

参考文献 (References)

- [1] 宇邱正高, 郭志云, 雷开荣, 袁亮, 张亚勤, 柯剑鸿, 吴红, 杨华. 不同类型玉米自交系数量性状配合力及聚类分析[J]. 西南农业学报, 2012, 2: 379-384.
- [2] 张向群. 关于不完全双列杂交法估算配合力的研究[J]. 玉米科学, 2002, S1: 10-13.
- [3] 张向群. 关于完全双列杂交法估算配合力实用意义的研究[J]. 玉米科学, 2000, S1: 1-2.
- [4] 李贵勇, 袁平荣, 杨天梅, 邱崇力, 李铮友, 卢义宣, 李本逊, 杨从党. 滇型不育系和恢复系的配合力分析[J]. 云南农业大学学报, 2010, 25(6): 751-757.
- [5] 段智利, 姚文华, 黄云霄, 汪燕芬, 罗黎明, 徐春霞, 陈洪梅, 谭静, 番兴明. 利用配合力和分子标记划分玉米自交系杂种优势群[J]. 分子植物育种, 2008, 6(5): 921-928.
- [6] 刘亚利, 张述宽, 苏琪, 杨耀迥, 滕辉升, 陈坤. 16 个玉米自交系的配合力效应及其聚类分析[J]. 南方农业学报, 2011, 42(6): 578-581.
- [7] 郑秀平, 林强, 吴志源, 周天理. 三系杂交稻京福组合主要性状配合力初步研究[J]. 江西农业大学学报, 2007, 29(5): 712-717.
- [8] 付新民, 王岩, 高冠军, 何予卿. 利用水稻重组自交系进行配合力遗传分析[J]. 华中农业大学学报, 2010, 29(4): 397-402.
- [9] 王际凤, 陆作楣. 水稻 CMS 和 TGMS 近等基因系的构建及其配合力评价[J]. 南京农业大学学报, 2008, 31 (2): 125
- [10] 张玲, 谢崇华, 杨国涛, 李海青, 胡运高, 陈永军. 杂交水稻氮素利用胞质效应配合力分析植物营养与肥料学报[J]. 2011, 17(4): 809-814.
- [11] 苏俊, 李志增. 三个玉米合成群体选系的配合力及杂种优势

亲本配合力的研究概述

- 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(4): 436-441.
- [12] 陈光辉, 王建龙, 周清明, 陈立云. 两系杂交水稻糙米率的配合力研究[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2007, 33(5): 518-521.
- [13] 周军, 邹小云, 周瑶敏. 粳型杂交水稻产量及其相关性状的配合力及遗传分析[J]. 江西农业学报, 2008, 20(12): 20-23.
- [14] 王磊, C. G. McLaren, 杨仕华. 利用双标图分析作物区试数据 [J]. 生物数学学报, 1997, 12(5): 557-563.
- [15] M. Cooper, R. E. Stucker, I. H. Delacy, et al. Wheat breeding nurseries, target environments, and indirect selection for grain yield. *Crop Science*, 1997, 37: 1168-1176.
- [16] J. Crossa, P. L. Cornelius. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Science*, 1997, 37: 405-415.
- [17] I. H. De Lacy, K. E. Basford, M. Cooper, et al. Plant adapt at ion and crop improvement. Wallingford: CAB International, 1996: 39-124.
- [18] H. G. Gauch. Model selection and valid at ion for yield trial swith interaction. *Biometrics*, 1988, 44: 705-711.
- [19] H. G. Gauch. Full and reduced models for yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 1990, 80: 153-160.
- [20] R. A. Kempton. The use of Biplots in interpreting variety by environment interactions. *Agricultural Science*, 1984, 103: 123-135.
- [21] W. K. Yan, L. A. Hant, Q. L. Sheng, et al. Cultivar evaluation and mega environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Science*, 2000, 40: 597-605.
- [22] 尚国霞, 王瑞, 李加纳, 徐新福, 谌利, 唐章林. 甘蓝型油菜油酸配合力的双标图分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(5): 566-572.
- [23] 孙海艳, 王国强, 蔡一林, 王久光, 潘启兰. 西南地区常用玉米自交系的配合力及聚类分析[J]. 玉米科学, 2008, 16(1): 29-32.
- [24] 刘中华, 祁建民, 陶爱芬, 方平平, 周东新, 王涛. 烟草种质资源分子标记与配合力遗传效应研究进展[J]. 中国烟草学报, 2007, 13(5): 65-70.
- [25] 朱建荣, 桃联安, 董立华, 周清明, 杨李和, 安汝东, 经艳芬. 云南中低海拔甘蔗细茎野生种遗传力和配合力分析[J]. 南方农业学报, 2012, 3: 272-276.
- [26] 刘志雄. SSR 分子标记在玉米遗传育种中的应用[D]. 内蒙古农业大学, 2009.
- [27] 梁奎. 杂交粳稻亲本产量性状优异配合力的标记基因型筛选 [D]. 南京: 南京农业大学, 2010.
- [28] 杨代刚, 马雄风, 周晓箭, 张先亮, 白凤虎, 王海风, 孟清芹, 裴小雨, 喻树迅. 陆地棉配合力与杂种优势、遗传距离的相关性分析[J]. 棉花学报, 2012, 4(3): 191-198.
- [29] 王炳谦, 谷伟, 高会江, 范兆廷, 石连玉. 利用配合力和微卫星标记预测虹鳟品系间的杂交优势[J]. 中国水产科学, 2009, 2: 206-213.
- [30] 曾聪, 张耀, 曹小娟, 罗伟, 刘肖莲, 高泽霞, 钱雪桥, 王卫民. 团头鲂 3 个地理种群杂交效果的配合力和微卫星标记预测[J]. 水产学报, 2012, 36(6): 809-814.
- [31] 周峰. 甘蓝型油菜的杂种优势及其与遗传距离的相关性分析 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2008.
- [32] 滕长才. 马铃薯亲本主要农艺性状的配合力分析及遗传距离的研究[D]. 青海: 青海大学, 2009.
- [33] 张玲, 杨国涛, 谢崇华, 陈永军. 几个籼型杂交水稻光合特性的配合力研究[J]. 南京农业大学学报, 2009, 32(2): 5-9.
- [34] 王铁固, 张怀胜, 余宁安等. 玉米种子活力相关性状的配合力分析[J]. 江苏农业科学, 2012, 40(7): 91-94.
- [35] 李贵勇, 袁平荣, 杨天梅, 邱崇力, 李铮友, 卢义宣, 李本逊, 杨从党. 滇型杂交稻碾磨品质和外观品质的配合力及遗传力分析[J]. 西南农业学报, 2011, 25(5): 1387-1392.
- [36] 孙春龙, 白建江, 施标, 朱辉明, 孙志敏, 朴钟泽, 都兴林. 水稻抗性淀粉含量性状的配合力分析[J]. 中国农学通报, 2012, 28(12): 24-28.
- [37] 段民孝, 赵久然, 王元东, 邢锦丰, 张华生, 王继东, 张雪原, 何瑞娟, 王乃顺. 同一基础材料的玉米双单倍体(DH)系配合力的分析[J]. 种子, 2010, 29(11): 14-17.
- [38] 孔艳娥, 韩业飞. 同源四倍体普通白菜异源胞质雄性不育系及 5 个亲本的配合力分析[J]. 中国蔬菜, 2012(2): 21-24.
- [39] 王昌华, 张燕之, 王辉, 郑文静, 赵家铭, 马作斌. NaCl 胁迫环境下北方杂交粳稻亲本配合力分析[J]. 辽宁农业科学, 2012, 4: 25-30.
- [40] 杨伟, 王呈祥, 王良群, 刘勇, 白鸿燕, 郝艳芳. 航天诱变处理对高粱主要遗传性状的影响及配合力分析[J]. 甘肃农业科技, 2012, 8: 7-9.
- [41] R. Qin, W. Z. Lan, G. Li and G. C. He. Comparative analysis of A, B, C and D genomes in the genus oryza with Cot-1 DNA of C genome. *Chinese Science Bulletin*, 2006, 51(14): 1710-1720.
- [42] 蓝伟侦, 何光存, 吴士筠, 覃瑞. 利用水稻 Cot-1DNA 和基因组 DNA 对栽培稻、药用野生稻和疣粒野生稻基因组的比较分析[J]. 中国农业科学, 2006, 39(6): 1083-1090.
- [43] 董正伟, 柳哲胜, 王德彬, 蓝伟侦, 覃瑞. 利用栽培稻 Cot-1DNA 和基因组 DNA 比较分析斑点野生稻和短药野生稻基因组[J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(3): 343-346.
- [44] W. Z. Lan, G. C. He, C. Y. Wang, S. J. Wu and R. Qin. Comparative analysis of genomes in *Oryza sativa*, *O. officinalis* and *O. meyeriana* with Cot-1 DNA and genomic DNA of cultivated rice. *Frontiers of Agriculture in China*, 2007, 1(3): 237-242.
- [45] W. Z. Lan, C. Y. Wang, G. C. He, S. J. Wu and R. Qin. Comparative analysis of genome in *Oryza sativa*, *O. officinalis*, and *O. meyeriana* with Cot-1 DNA and genomic DNA of cultivated rice. *Agricultural Sciences in China*, 2007, 6(9): 1027-1034.
- [46] G. Li, M. Tang, W. Hu, G. C. He, H. Liu, X. Q. Liu and R. Qin. Characterization of an alien chromosome of *Oryza officinalis* transferred the genomic and cytological environment of *Oryza sativa*. *Journal of Plant Biology*, 2010, 53: 306-313.
- [47] 吴绮, 覃瑞, 李刚, 刘虹. 利用药用野生稻 C 基因组 Cot-1 DNA 分析宽叶野生稻 CCDD 基因组[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(5): 589-592.