

源于L1的小麦抗黄矮病基因的特异PCR标记及辅助育种的研究*

张增艳 辛志勇 陈孝 王晓萍 刘景芳 杜丽璞

(中国农业科学院作物育种栽培研究所, 农业部遗传育种重点实验室, 北京, 100081)

摘要 以小麦-中间偃麦草附加系L1为抗源, 选育出抗黄矮病小麦异源易位系HW 642, YW 443, YW 243, Y991029等。本文以上述易位系及其抗源、小麦亲本作供试材料, 鉴定出一个微卫星(Simple sequence repeat, SSR)标记gwm 37. 450, 可跟踪、检测源于L1的抗黄矮病基因。将难以分辨、稳定性差的gwm 37. 450特异带分离、克隆、测序, 根据测序结果重新设计1对特异PCR引物, 转化为扩增产物有无的SCAR(sequence characterized amplified region)标记SC-W 37₄₅₀。利用HW 642/中8601的F₂群体, 对gwm 37. 450和SC-W 37₄₅₀进行分析, 结果表明, 二者均与抗黄矮病基因紧密连锁, 后者较前者稳定。利用SC-W 37₄₅₀跟踪抗黄矮病基因, 将抗黄矮病基因、抗白粉病基因向优良小麦品种中麦16、宛7107转育, 快速选育出兼抗黄矮病、白粉病的回交植株27个。实践了分子标记辅助抗黄矮病小麦育种的技术路线。

关键词 小麦黄矮病; 中间偃麦草; 易位系; SSR; SCAR; 标记辅助选择

中图分类号: S512 文献标识码: A

PCR Markers of the BYDV Resistance Gene in Wheat Derived from Wheat-Thinopyrum in term edium Addition Line L1 and Their Application for Assisted Selection in Wheat Breeding

ZHANG Zeng-Yan XN Zhi-Yong CHEN Xiao WANG Xiao-Ping LU Jing-Fang DU Li-Pu

(Key Lab of Crop Genetics & Breeding, Ministry of Agriculture, Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agriculture Sciences, Beijing, 100081, China)

Abstract Wheat-Thinopyrum in term edium translocation lines, including HW 642, YW 443, YW 243 and Y991029 with BYDV resistance, were developed by using the addition line L1 as the resistance parent. The above translocation lines and their parents were used as test materials to screen PCR markers. A SSR marker gwm 37. 450 and a SCAR marker SC-W 37₄₅₀ converted from gwm 37. 450 were developed for the BYDV resistance. After the linkage analysis between these PCR markers and the resistance gene among F₂ population plants of HW 642/Zhong8601, the results indicated that gwm 37. 450 and SC-W 37₄₅₀ were closely linked to the BYDV resistance gene and the SCAR marker SC-W 37₄₅₀ was more reliable and easily scored. The three generations plants of the crosses among HW 642 and synthetic wheat M 53, wheat varieties Zhongmai 16 and Wan7107. The SCAR marker SC-W 37₄₅₀ were used to identify. The results indicated that the marker could be used in assisted selection. Twenty-seven individual plants with resistance to both BYDV and powdery mildew were selected from the backcrossing populations.

Key words Wheat yellow dwarf; Thinopyrum in term edium; SSR; SCAR; Marker assisted selection

小麦黄矮病是由大麦黄矮病毒(barley yellow dwarf virus, BYDV)引起的小麦世界性重要病害之一。栽培小麦中迄今尚未发现良好的抗源, 小麦近缘植物中间偃麦草(*Thinopyrum intermedium*, 2n=

42, E₁E₁E₂E₂XX = E₁E₁E₂E₂StSt)高抗BYDV。法国Cauderon博士育成的抗BYDV小麦——中间偃麦草二体附加系L^[1], 其BYDV抗性基因位于所附加的中间偃麦草染色体7X长臂端部St基因组

* 基金项目: 国家转基因植物研究与产业化专项(J99-A-011)和国家自然科学基金项目(39893350)资助

作者简介: 张增艳(1963-), 女, 河北保定人, 博士, 主要从事小麦分子生物学研究。

Received on (收稿日期): 2001-06-11, Accepted on (接受日期): 2001-11-14

DNA 片段上^[2-4]。通过CSph 突变体诱导部分同源染色体配对和组织培养途径, 7XL (7SL) 上BYDV 抗性基因被导入小麦, 育成小片段易位系HW 642、YW 443、YW 243 和TC14 等^[2,4-7], 为抗BYDV 小麦育种提供了易于利用的抗性亲本。

在BYDV 抗性基因向优良小麦品种的转育过程中, 必须跟踪黄矮病抗性。传统的表型鉴定受饲毒蚜虫、发病条件、季节和经验等因素的限制, 一年只能在田间鉴定一次抗BYDV 材料, 严重制约着抗BYDV 小麦育种的进程。DNA 水平的分子标记, 则可克服上述局限。张增艳等已鉴定出位于7XL 上BYDV 抗性基因的RFLP 标记^[4]。尽管RFLP 标记准确可靠, 但因技术条件要求较高, 操作繁琐, 实验周期长, 需要较大量(小麦每样次至少10 μg)的高质量DNA, 而且需要放射性同位素检测, 费用高, 限制了其在作物育种实践中的广泛应用。PCR 标记具有操作简便、灵敏、快速(周期短), 只需少量DNA (ng 级)等特点, 更适于对田间育种群体大量筛选。因此, 建立稳定的特异PCR 标记非常必要。

Ayala^[8]报道SSR 引物gwm 37 能检测出通过组培途径选育的易位系TC14 中约200~300 bp 的中间偃麦草易位片段。但本研究利用该引物在通过CSph 突变体途径选育的易位系HW 642、YW 443、YW 243 及中间偃麦草中则扩增出450 bp 特异带, 该带与Ayala 报道的特异带大小不同, 且Ayala 报道的特异带不能对应于中间偃麦草, 因此gwm 37-450 作为源于L1 的BYDV 抗性基因的SSR 标记更理想。由于该标记稳定性不理想、分辨繁琐, 本研究将其转化为稳定的特异PCR 标记SCAR, 并利用该SCAR 标记对转育后代F₁、BC₁、BC₂ 代植株进行检测, 探索其辅助育种的可行性。

1 材料和方法

1.1 植物材料

供试材料选自小麦抗黄矮病育种圃: 源于L1 的双端体附加系ZY20183; 不同易位系: HW 642 (中8601 × 3/PP9-1), YW 443 (PP9-1/陕7859//丰抗8), YW 243 (PP9-1/陕7859//丰抗8)/(3 × 丰抗13/Khapli), Y991029 (PP9-1/陕7859 × 2)/(M. Hustman/扬麦3)/3/陕7859, PP9-1 (CSph × 2/L1//CSN 5BT5D/3/中7902/4/中8601); 阳性对照中间偃麦草、小麦—中间偃麦草附加系L1, 感病对照感病系HW 641S (HW 642 姊妹系), 小麦亲

本中8601、中7902、中国春、中麦16、宛7107、抗白粉病硬粒小麦-粗山羊草部分双二倍体M 53, 以及HW 642 和M 53 杂交F₁ 植株ZY20195, ZY20195 和中麦16、宛7107 回交后代植株。

1.2 方法

1.2.1 抗病性鉴定 在田间于苗期接种饲毒(GAV 株系)蚜虫, 每株10 头左右, 40 d 观察发病症状。

1.2.2 SSR 扩增 SSR 引物gwm 37 参照Roder^[9]公布的序列合成: PCR 扩增于Perkin-Elmer DNA Thermal Cycler 9600 上进行。反应体系25 μL: 含有10 mmol/L Tris-HCl (pH 8.3), 50 mmol/L KCl, 2.5 mmol/L MgCl₂, 200 μmol/L dNTP, 80 ng DNA, 1U Taq DNA 聚合酶, 引物F、R 各0.2 μmol/L, ddH₂O 补至25 μL。反应条件为93 变性2 min; 93 1 min, 50 2 min, 72 2 min 循环35 次, 72 延伸5 min, 4 保存。PCR 扩增产物于4.0% 琼脂糖凝胶电泳, 溴化乙锭染色, 紫外观察并照像。

1.2.3 SCAR 标记的建立 采用DNA 快速纯化回收试剂盒PURIGEN, 从凝胶中回收PCR 扩增特异产物; 采用pGEM-T Easy Vector 试剂盒(Promega), 将回收DNA 片段与Vector 连接、重组; 采用热激转化方法, 将重组质粒转入大肠杆菌Jm 109 菌株中; 选择插入片段符合要求的克隆进行测序, 根据测序结果和软件, 重新设计1 对24~26 bp 的引物SC-W 37U、SC-W 37L; 优化条件、PCR 扩增。

2 结果和分析

2.1 SSR 标记分析

利用Ayala^[8]报道的SSR 引物gwm 37, PCR 扩增源于L1 的不同抗病易位系和阳性对照以及阴性对照。结果表明, gwm 37 能够在中间偃麦草、L1 及源于L1 的不同易位系等12 个含7XL 的抗病材料中, 扩增出一条450 bp 左右特异带, 而无7XL 的感病材料中均无此带(图1), 扩增带gwm 37-450 可作为7XL 上BYDV 抗性基因的分子标记。

利用gwm 37 检测HW 642/中8601 的F₂ 代部分单株, 结果表明(图2), 98 个抗病单株具有450 bp 左右特异带, 15 个田间抗病株没有检测到此带, 5 4 个感病单株无此450bp 特异带, 1 个感病单株



图1 SSR引物gwm37扩增易位系和对照的结果

Fig 1 PCR results of translocations and controls amplified by SSR primer gwm37

M. PCR marker, 1. Zhong8601(中8601), 2. Shan7859(陕7859), 3. Zhong7902(中7902), 4. HW641S, 5. M53, 6. Wan7107(宛7107), 7. ZY20195, 8. Y991029, 9. YW443, 10. YW243, 11. HW642, 12. HW642-1, 13. HW642-2, 14. F₂ plant, 15. ZY20183, 16. L1, 17. *Th. intermedium* (中间偃麦草), the arrow indicates the specific band of the resistance

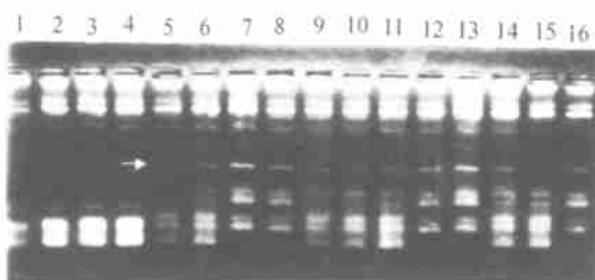


图2 SSR引物gwm37扩增F₂部分单株的结果

Fig 2 Results of F₂ plants amplified by SSR primer gwm37
Lane: 1~4 susceptible plants(感病单株), 5~16: resistant plants(抗病单株), the arrow indicates the specific band of the resistance

扩增出此带。

2.2 SCAR标记的建立

由于gwm37扩增产物为多个片段,必须用分辨率较高的凝胶—4%琼脂糖凝胶或4.5%~6%聚丙烯酰胺凝胶才能分辨出来,且与抗病性连锁的特异带gwm37-450为一条细带,易受反应条件的影响,实际应用起来不方便,因此,将抗病易位系HW642中gwm37-450特异带分离、回收、克隆、分析后,测序。HW642的gwm37-450序列如下: 5'-CGACGAA TTCCCA GCTAAACGCCCTCA A GGT TCA AAA T A GACCGGGA TCA GAAA GTTCGGTGTGCTGA TTTCCGGGA TTA CAA GTTCA GGGTTTGA TTT A GCTTTCGTCTA CGA GTTCA GGGTTTGT TTT GGACTTTTCCCTCA A CAAA CCGGAA TA TT TGA GCGCGCGA GTTTCAA CA GGTCA CACTGA ACTACCGTAAAA GACA GTGACAA TTTTCTG

TTCCA GA TTGAA CA GA A CA TTTTAAAA TG TACGTA TA GCAA GGT GAA GA CCA TGCCCA G GCTGCA CTTT TA GA GGTTT TA TAA TTTA GT CCAAA TA GCCA GGCTT TA TTA CTCAA TCCCA CA GTTCA TGGGGA TTA CAA GA TCA CCA TGG GGTA A A CTA TTGGGAA CGTA GCA TA CAA TT TCAAAAAA TTC CTACGACCA TGCAA GA TC AACAA TGAA GT-3

根据HW642的gwm37-450序列,重新设计一对特异SCAR引物。SC-W37U(24bp)序列为5'-ACGAA TTCCCA GCTAAACGCCCTC-3和SC-W37L(26bp)序列为5'-TCA TTGTTGAT CTTG-CA TGGTCGTA G-3。优化扩增条件,即反应体系25μL:含有10mmol/L Tris-HCl(pH8.3),50mmol/L KCl,2.5mmol/L MgCl₂,200μmol/L dNTP,80ngDNA,1U Taq DNA聚合酶,加水至25μL。扩增程序:72℃5min,96℃1min;94℃1min,64℃1min,72℃2min循环35次,72℃延伸10min,4℃保存;PCR扩增产物1.0%琼脂糖凝胶电泳。结果表明,SSR标记gwm37-450成功地转化为稳定的、扩增产物有无的SCAR标记SC-W37。

利用特异SCAR引物SC-W37U和SC-W37L,PCR扩增源于L1的不同易位系、HW642和M53杂交F₁植株ZY20195,BC₁单株(PY-1、PY-2、TP-2~TP-5)以及阳性对照、阴性对照、M53(图3)。结果表明,所有含7XL的抗病材料均只扩增出一条清晰的450bp左右特异带,而不含7XL的所

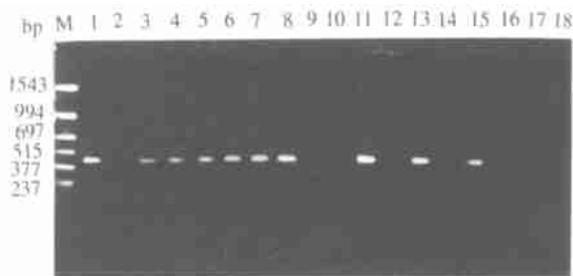


图3 用SCAR特异引物SC-W37扩增结果

Fig 3 PCR results amplified by SCAR primer SC-W37
M, PCR marker, 1. *Th. intermedium* (中间偃麦草), 2. Zhong8601, 3. ZY20183, 4. L1, 5. HW642, 6. YW443, 7. YW243, 8. Y991029, 9. TP-2(ZY20195/Zhongmai16), 10. TP-3(ZY20195/Zhongmai16), 11. TP-4(ZY20195/Zhongmai16), 12. TP-5(ZY20195/Zhongmai16), 13. PY-1(ZY20195/Zhongmai16), 14. PY-2(ZY20195/Zhongmai16), 15. ZY20195-3, 16. HW641S, 17. M53, 18. Z1

有材料包括 2A i-2 附加系 Z1 均没有扩增产物, 说明 SCAR 标记 SC-W 37₄₅₀ 可用于跟踪 7XL 上 BYDV 抗性基因。

2.3 SCAR 标记 SC-W 37₄₅₀ 的应用

2000 年在接种 40 天调查 HW 642/中 8601 的 F₂ 代 193 个单株的田间抗病情况, 其中抗病株 125 株, 感病株 68 个。但仅获得 183 个单株的纯化 DNA, 包括抗病单株 115 株, 感病单株 68 个。利用 SC-W 37₄₅₀ 对上述植株进行分子检测, 结果表明, 112 个抗病植株有 450 bp 左右的抗病特异带, 3 个抗病单株多次没检出抗病特异带。65 个感病植株无扩增产物, 3 个感病植株有扩增产物。扩增结果与田间鉴定结果的吻合率为 96.72%。

将 BYDV 抗性基因向抗白粉病材料和小麦品种转育, 获得 F₁、BC₁、BC₂ 材料。用 SC-W 37₄₅₀ 检测抗白粉病但黄矮病抗性未知的 BC₁、BC₂ 材料(图 4, 表 1)。结果表明, F₁ 植株 ZY20195、G01207、G01208、G01209 等具有 SC-W 37₄₅₀ 抗病特异带, 在

这些 F₁ 代植株和中麦 16、宛 7107 回交后代中 27 个单株有 SC-W 37₄₅₀ 抗病特异带, 另外 24 个单株无扩增产物。经 χ^2 测验抗感分离比符合 1:1, 为显性单基因孟德尔遗传分离比。



图 4 用引物 SC-W 37 扩增回交后代结果
Fig. 4 Result of backcrossing plants detected by SCAR marker SC-W 37

M: λ DNA/*H ind*III+*Eco*R I, 1. GS48-1, 2. GS48-2, 3. GS48-3, 4. GS50-1, 5. GS51-1, 6. GS51-2, 7. GS53-1, 8. GS53-2, 9. GS53-3, 10. GS53-4, 11. GS53-5, 12. GS53-6, 13. GS42-1, 14. GS23-1, 15. GS15-1, 16. *T. h. intermedium*, 17. HW 642, 18. YW 443

表 1 SCAR 标记检测转育后代的结果

Table 1 Results of backcrossing plants detected by PCR markers and inoculation

编号 No.	代数 Generation	SC- W 37 ₄₅₀	编号 No.	代数 Generation	SC- W 37 ₄₅₀	编号 No.	代数 Generation	SC- W 37 ₄₅₀
G01207	F ₁	+	HW 642	Parent	+	M 53	Parent	-
G01208	F ₁	+	GS28-1	BC ₁ -HW 642	-	GS42-2	BC ₁ -HW 42	+
G01209	F ₁	+	GS28-2	BC ₁ -HW 642	+	GS42-3	BC ₁ -HW 642	+
ZY20195	F ₁	+	GS28-4	BC ₁ -HW 642	-	GS43-1	BC ₁ -HW 642	-
TP-2	BC ₁ -HW 642	-	GS28-5	BC ₁ -HW 642	+	GS43-3	BC ₁ -HW 642	+
TP-3	BC ₁ -HW 642	-	GS29-1	BC ₁ -HW 642	+	GS44-1	BC ₁ -HW 42	-
TP-4	BC ₁ -HW 642	+	GS29-2	BC ₁ -HW 642	+	GS47-2	BC ₁ -HW 642	-
TP-5	BC ₁ -HW 642	-	GS29-3	BC ₁ -HW 642	+	GS48-1	BC ₂ -HW 642	+
PY-1	BC ₁ -HW 642	+	GS29-4	BC ₁ -HW 642	+	GS48-2	BC ₂ -HW 642	+
PY-2	BC ₁ -HW 642	-	GS30-2	BC ₁ -HW 642	+	GS48-3	BC ₂ -HW 642	-
GS10-1	BC ₁ -HW 642	-	GS32-5	BC ₁ -HW 642	+	GS50-1	BC ₂ -HW 642	+
GS13-1	BC ₁ -HW 642	+	GS34-1	BC ₁ -HW 642	-	GS51-1	BC ₂ -HW 642	-
GS13-2	BC ₁ -HW 642	+	GS34-3	BC ₁ -HW 642	+	GS51-2	BC ₂ -HW 642	+
GS13-3	BC ₁ -HW 642	+	GS39-1	BC ₁ -HW 642	+	GS53-1	BC ₂ -HW 642	+
GS14-3	BC ₁ -HW 642	-	GS39-2	BC ₁ -HW 642	+	GS53-2	BC ₂ -HW 642	-
GS15-1	BC ₁ -HW 642	-	GS40-1	BC ₁ -HW 642	-	GS53-3	BC ₂ -HW 642	-
GS15-3	BC ₁ -HW 642	-	GS41-1	BC ₁ -HW 642	+	GS53-4	BC ₂ -HW 642	-
GS15-4	BC ₁ -HW 642	-	GS41-2	BC ₁ -HW 642	+	GS53-5	BC ₂ -HW 642	-
GS15-5	BC ₁ -HW 642	-	GS42-1	BC ₁ -HW 642	-	GS53-6	BC ₂ -HW 642	+

3 讨论

外源染色体及其有益基因的鉴定是有效利用外源有益基因的基础。分子标记不受环境条件、发育时期的影响, 也不影响目标基因的表达, 成为染色体及其基因鉴定的重要工具。微卫星(SSR)标记是

近年发展起来的特异 PCR 标记之一, 具有种属、染色体特异性, 一般不适于进行比较基因组作图、物种间共线性比较的研究。但 Ayala 报道, 通过非严谨的退火温度, 有些小麦 7D 的 SSR 引物也可扩增中间偃麦基因组 DNA, 说明小麦与中间偃麦草基因组间有些序列相近。

本研究利用位于小麦 7DL 近端部的 SSR 标记 gwm 37 (其退火温度为 60 °C), 在 50 °C 退火温度下, 在所有含中间偃麦草染色体 7XL 片段的抗 BYDV 材料中均扩增出 450 bp 特异带, 该带与 A yala 报道的抗 BYDV 相关特异带不同, 后者约为 300 bp。在本实验中 A yala 报道的 300 bp 特异带, 仅在 L 1 和抗 BYDV 易位系中产生, 而不同来源的三种中间偃麦草均没有扩增出 300 bp 特异带, 这可能与使用的试剂或中间偃麦草来源不同有关, 因此, 我们以 gwm 37-450 抗病特异带为标记, 对不同遗传背景的易位系、HW 642/中 8601 的 F₂ 代部分单株进行检测, 在所有抗 BYDV 易位系中均具有 gwm 37-450, F₂ 代 98 个抗病株具有 gwm 37-450, 15 个田间抗病株没有检测到此带, 54 个感病单株无此带, 1 株感病株有此带。分子检测与田间鉴定的结果有一些偏差, 或许与 450 bp 带的清晰度或与中间偃麦草和小麦间偶尔交换有关。

由于采用非严谨退火温度, gwm 37-450 的清晰度和稳定性易受水的 pH 值、试剂 Taq 酶、引物、PCR 仪的影响, 况且 gwm 37 扩增产物为 6~9 条带, 必须采用浓度在 4% 以上的琼脂糖或聚丙烯酰胺凝胶进行电泳才得以分辨, 难以应用于育种实践, 也不能满足 PCR 筛选基因组文库的要求。为此我们将 gwm 37-450 特异带分离、克隆、测序, 根据序列再重新设计一对引物, 优化条件后, 将其转化为稳定的、易分辨的 SCAR 标记, 极大方便了分子标记辅助选择, 也有利于采用 PCR 方法筛选抗 BYDV 易位系基因组大片段 DNA 文库。如在育种中需要鉴定纯合株和杂合株时, 可先利用 SCAR 标记选出抗病株, 再利用 SSR 标记确定抗病株为纯合株或杂合株, 以保证准确。

辛志勇等研究表明源于 L 1 的黄矮病抗性由显性单基因控制^[3]。黄矮病的田间鉴定需要接种饲毒蚜虫, 接种饲毒蚜虫多少天调查发病情况一直无标准, 一般以接种 40 天调查发病情况。但蚜虫是会飞的, 可能会多次侵咬植株致使一些杂合抗病株后期发病, 故接种饲毒蚜虫不同天数调查的抗感株数、抗感比例不同。如 2000 年在接种 30 天时感病亲本对照已发病充分, F₂ 代植株中有 145 株抗病, 48 株感病, 基本符合 3:1。接种 40 天时调查 HW 642/中 8601 的 F₂ 代 193 个单株的田间抗病情况, 其中抗病株 125 株, 感病株 68 个, 已不符合 3:1。50 天发病植株又增加 20 株。对于育种而言选择抗病植株既可, 但做细致的遗传研究需要对其进行抗病

田间鉴定和 ELISA 鉴定、分子标记的结合。另外具有外源染色体片段的雄配子传递率低于正常雄配子传递率, 有可能在自交后代丢失外源片段, 使 F₂ 代植株抗感比小于 3:1。而具有外源染色体片段的抗病材料做母本, 具有外源染色体片段的雌配子无强烈竞争表现较高的传递率, 故以抗 BYDV 材料作母本, 普通小麦做父本, 其回交后代抗感比接近 1:1。

利用 SC-W 37 对 HW 642/中 8601 的 F₂ 代 183 个植株进行分子检测, 分子检测结果与田间抗病鉴定结果有 3.28% 的出入, 出现该结果有以下几种可能性: 田间抗、感株鉴定有误差; SC-W 37 与抗 BYDV 基因距离可能较远; 中间偃麦草染色体 7XL 和小麦染色体 7DL 间尽管交换率很低, 但还是有偶尔交换的可能, 值得进一步研究。

将杂交种的幼胚进行组织培养, 实现一步成苗, 小麦一年可培育 3~4 代。但对于表型鉴定困难的性状改良, 如果没有分子标记辅助选择, 一年的工作量巨大, 难以承受。DNA 需求量较少的 PCR 标记, 可对供试组培材料苗期进行检测, 提高育种的预见性和选择效率, 减少工作量。组织培养和分子标记技术有机结合到育种中, 可大大加快育种进程。本研究即利用杂种幼胚培养一步成苗法, 并辅以分子标记(SCAR)检测、选择, 一年培育了三代兼抗 BYDV、白粉病且具高产遗传背景的小麦材料, 从 BC₁、BC₂ 代材料中共检测到兼抗 BYDV、白粉病单株 27 株。实践了组织培养和分子标记辅助育种相结合、缩短育种周期的技术路线。

References

- [1] Cauderon Y, Saigne B, Dauge M. The resistance to wheat rusts of *Aegropyrum intermedium* and its use in wheat improvement. In: *Proc 4th Inter Wheat Genet Symp*, Missouri: Columbia, 1973. 401~407
- [2] Xin Ziyong, Xu Huijun, Chen Xiao et al., Development of common wheat gemplasm resistant to barley yellow dwarf virus by biotechnology. *Science in China (Series B)*, 1991, (1): 36~42
- [3] Wang R R C, Zhang X Y, Characterization of the translocated chromosome using fluorescence *in situ* hybridization and random amplified polymorphic DNA on two *Triticum aestivum*-*Thinopyrum intermedium* translocation lines resistant to wheat streak mosaic or barely yellow dwarf virus. *Chromosome Research*, 1996, 4: 583~587
- [4] Zhang Z Y (张增艳), Ma Y Z (马有志), Xin Z Y (辛志勇) et al. A analysis of the chromosome constitution of wheat lines re-

- sistant to barley yellow dwarf virus by genomic *in situ* hybridization. *Scientia Agricultura Sinica* (中国农业科学), 1998, 31(3): 1~4 (in Chinese)
- [5] Zhang Z Y (张增艳), Xin Z Y (辛志勇), Chen Xiao (陈孝) et al. Molecular cytogenetic characterization of a new resistance to barley yellow dwarf virus. *Acta Genetica Sinica* (遗传学报), 2000, 27(7): 614~620
- [6] Xie Hao (谢皓), Chen Xiao (陈孝), Zhang Zengyan (张增艳) et al. Breeding and cytological and molecular identification of a new wheat line YW 243 with BYDV resistance. *Acta Agronomica Sinica* (作物学报), 2000, 12, 26(6): 687~691
- [7] Banks P M, Larkin P J, Bariana H S, et al. The use of cell culture for subchromosomal introgressions of barley yellow dwarf virus resistance from *Thinopyrum intermedium* to Wheat. *Genome*, 1995, 38: 395~405
- [8] Ayala L, Henry M, Gonzales-de-leon, et al. A diagnostic molecular marker allowing the study of *Th. intermedium* derived resistance to BYDV in bread wheat segregating populations. *Theor Appl Genet*, 2001, 102(6/7): 942~949
- [9] Roder M S, Korzun V, Wendehake K, et al. A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 1998, 149: 2007~2023

2002 年国际水稻大会将在北京召开

2002 年国际水稻大会 (International Rice Congress 2002) 将于 2002 年 9 月 16~20 日在北京召开。该大会由国际水稻研究所 (IRRI)、国家计划委员会、中国工程院和中国农业科学院联合主办, 得到联合国粮农组织 (FAO)、中国科学院和中国国家自然科学基金委员会的支持。

2002 年国际水稻大会是世界上首届针对水稻这一最重要农作物的综合性的大型会议。水稻养育着世界一半的人口, 亚洲地区的水稻产量占世界水稻产量的 90% 以上, 中国又是水稻的最大生产国和消费国。首届世界水稻大会在中国召开无疑是最合适的。国际水稻大会的召开将为各国科学家开展水稻科技交流与合作提供最好的平台和机会。

国际水稻大会的主题是: “创新、影响、繁荣 (Innovation, Impact, and Livelihood)”。大会将包括 3 个组成部分: 水稻科学会议、稻米贸易会议和水稻技术、机械、文化展览。

水稻科学会议将着重交流最新研究成果, 包含 3 个主题 18 个专题会和 15 个研讨会。主题一, 基因组、生物信息和现代植物育种技术在水稻改良中的应用, 内容包括: 水稻功能基因组、新基因发现和利用、遗传育种、分子育种、营养米育种、野生稻、生长发育的基因调控; 主题二, 可持续发展的稻作系统和自然资源管理, 内容包括: 生物多样性在病虫害治理中的应用、病虫害综合防治、光合作用、水稻与气候变化、土壤营养管理。主题三, 水稻技术改进和政策对收益、粮食安全和生活的影响, 内容包括: 水资源高效利用、稻米的非食物利用、产后加工、扶贫战略、稻米贸易。研讨会包括: 对生物技术的认识和理解、非生物胁迫、陆稻、遗传资源的原位保存、稻麦及其他耕作系统、稻农与市场、富含维生素 A 的金色稻、新品种保护、知识产权等。

2002 年国际水稻大会是一次重要的农业国际会议。届时, 诺贝尔奖获得者、世界银行代表、联合国粮农组织总干事、WTO 秘书长、国际农业研究中心代表及众多知名学者、专家将发表演讲。

此次大会工作语言为英语。大会已成立了指导委员会、组织委员会和技术委员会, 组建了大会秘书处。目前, 大会的筹备工作正在积极进行。参会报名请联络 Web site: www.irri.org/irc2002/index.htm
E-mail: sxtang@95777.com