

云南抗白叶枯病稻种的 RGA 初析

姬广海¹ 张世光¹ 魏兰芳¹ 崔汝强¹ 徐绍忠^{2*}

(¹ 云南农业大学, 云南省植物病理重点实验室, 云南昆明 650201; ² 云南农业大学农业科学技术学院, 云南昆明 650201)

摘要 根据水稻抗白叶枯病 *Xa21* 基因的富含亮氨酸重复区域(LRR)和番茄抗细菌性斑点病(*Pseudomonas syringae* pv. *tomato*)的 *Pto* 基因编码蛋白质激酶的 DNA 序列,设计 2 对引物用于扩增抗水稻白叶枯病品种中的抗病基因同源序列。经聚丙烯酰胺凝胶电泳和聚类分析,结果表明供试抗病品种间具有丰富的 RGA 多态性,用同一引物测定的属于同一簇的品种显示相似的抗性和抗谱。从 XLRR for/ XLRR rev 引物的聚类图中可知,在遗传距离为 0.25 时,测试的 47 个抗白叶枯病水稻品种可分为 9 个簇。其中 3、4、7 组为主要组群,第 3 组包括 23 个水稻品种,在遗传距离为 0.2 时,可进一步分为 5 个亚群。RGA 分析结果为水稻抗病育种选择亲本和利用品种布局进行白叶枯病生态控制提供了依据。

关键词 水稻;白叶枯病抗性;抗病基因同源序列;RGA 指纹

中图分类号: S511

Preliminary Analysis of Resistance Gene Analogs for Rice Cultivars to Bacterial Blight in Yunnan

Ji Guang-Hai¹, Zhang Shi-Guang¹, Wei Lan-Fang¹, Cui Ru-Qiang¹, Xu Shao-Zhong²

(¹ Key Laboratory for Plant Pathology of Yunnan Province, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan; ² College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan, China)

Abstract Polymerase chain reaction(PCR) primers corresponding to the conserved motifs of prototype resistance genes were used to characterize rice cultivars with resistance to bacterial blight in Yunnan Province. The RGA analysis was conducted by PCR amplification using two primers, i. e. XLRR for/ XLRR rev for LRR of *Xa21* resistance gene to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* and Pto-kin1/ Pto kin2 for protein kinase of *Pto* resistance gene to *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*, respectively. The results showed that abundant RGA polymorphism was observed among the resistance cultivars tested. The cultivars which were belonged to the same cluster showed similarly resistance or spectrum of resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* isolates tested. Among the cultivars clusters which were formed by RGA profile of XLRR for/ XLRR rev primer, forty-six cultivars tested could be divided into 9 groups at genetic distance 0.25, group 3, 4, 7 were predominant, and the group 3 was divided into 5 subgroups including 23 cultivars at genetic distance 0.2. The RGA markers were useful in grouping genetically related cultivars for rice breeding to bacterial blight control and to select parental germplasm with differential genetic background.

Key words Rice; Bacterial blight disease resistance; Resistance gene analogs; RGA profile

水稻白叶枯病是世界水稻生产中最为严重的细菌病害。目前,已经鉴定出至少 20 多个水稻白叶枯病抗性基因。其序列号从 *Xa1* 至 *Xa28*⁽¹⁾[1,2]。其中 10 个基因已定位于水稻不同染色体上,染色体 4 (*Xa1*, *Xa2*, *Xa12*, *Xa14*), 5 (*xa5*), 6 (*Xa7*), 8 (*xa13*), 11 (*Xa3*, *Xa4*, *Xa10*, *Xa21*, *Xa22*⁽¹⁾和 *Xa23*), 12 (*Xa25*⁽¹⁾)。 *Xa21* 和 *Xa1* 两个基因已被克隆。大约克隆了近 30 个植物的抗病基因,这些来自

不同植物的抗病基因均具同源性,有一些共同的保守序列,如富含亮氨酸重复(Leucine-rich repeat, LRR)、核苷酸结合位点(Nucleotide-binding site, NBS)、丝氨酸/苏氨酸激酶(Serine-threonine kinase, STK)等保守区域。依据基因保守序列设计特异性引物来扩增基因组 DNA 可获得抗病基因类似物片段(RGA)。RGA 既可作为一种基于特异引物 PCR 的 DNA 标记,其本身又可能是潜在的抗病基因,用这种 RGA

*基金项目: 国家自然科学基金(30160052); 国家“863”计划资助项目(No. 2002AA245041)。

作者简介: 姬广海(1970 -), 男, 河南睢县人, 博士, 主要从事水稻白叶枯病研究。

Received(收稿日期): 2003-05-06, Accepted(接受日期): 2003-06-24.

扩增技术在未知的植物基因组 DNA 中扩增和分离抗病基因同源序列 (Resistance gene analogue, RGA), 筛选抗病基因或与抗病性相关的片段, 为快速评价种质资源的遗传多样性提供了一种有效手段^[2]。

选育抗病品种是控制稻白叶枯病最经济、有效的措施, 既避免了污染环境, 又可以降低成本和人力投入。抗病基因的鉴定、抗病品种的培育和筛选以及品种的合理布局等都是控制此病的基础工作。云南稻种蕴藏着丰富的抗病资源。本研究旨在利用抗病基因同源序列类似性分析 (RGA) 研究云南抗白叶枯资源品种中抗病性相关的片段及其多态性, 以便为抗病育种及充分利用品种布局进行水稻白叶枯病

生态控制研究提供依据。

1 材料与方法

1.1 水稻材料及白叶枯病的抗性鉴定

参试 56 个水稻品种, 包括水稻白叶枯病近等基因系和基因聚合品种, 来自菲律宾国际水稻所 (IRRI) (何月秋教授转赠), 其他水稻品种由云南省农科院粳稻育种中心和云南农业大学遗传育种研究室提供。人工接种鉴定水稻品种的白叶枯病抗性, 供试的白叶枯病菌系有 C4 (Z173)、Yn3 (Y2)、Yn8 (Y8)、Yn11 (Y5) 等 4 个优势小种 (详见表 1), 接种方法及病情分级标准参见文献^[3]。

表 1 参试水稻品种及其白叶枯病的抗谱

Table 1 Rice cultivars and its resistance spectrum to strains of bacterial blight

品种 Cultivar	对 4 个菌系的抗性反应 ^a Reaction of Resistance to 4 strains (Race)				品种 Cultivar	对 4 个菌系的抗性反应 Reaction of resistance to 4 strains (Race)			
	Z173 (C4)	Y2 YN3	Y5 I1	Y8 8		Z173 (C4)	Y2 YN3	Y5 I1	Y8 8
OM1723	R	R	R	R	<i>xa5 + xa13</i>	R	R	R	R
Yunhui290	R	R	R	R	IR74	R	R	M	M
毫比相	R	R	M	R	IRBB7	R	R	R	R
<i>Xa21</i>	R	R	R	R	德农 203	M	R	S	R
云香糯 1 号	MS	M	M	R	R644	R	R	M	MS
德瑞 453	MS	R	M	M	<i>Xa4 + xa13</i>	M	R	S	S
双雅 258	R	R	R	R	Yr-xianzhan	R	R	R	R
IR68	MS	M	M	M	Zhong413	R	R	R	R
Guang122	M	R	R	R	南 29-1	S	S	S	S
PSBR66	R	R	R	R	<i>Xa4 + Xa21</i>	R	R	R	R
IR66897B	S	M	M	M	滇瑞 449	R	R	R	R
滇新 10 号	M	M	R	R	Bg304	R	R	R	R
IR72	M	M	M	MS	Gayabyeo	R	R	R	R
毫木西	M	R	M	M	MR185	R	R	M	M
IR64A	R	R	R	R	Fer-ai-Zan	R	R	R	R
OM997	R	M	M	M	大粒香 12	M	M	MS	M
Bg91-1	R	R	R	R	OM1706	R	R	R	R
<i>xa13 + Xa21</i>	R	R	R	R	<i>Xa4 + xa5 + xa13 + Xa21</i>	R	R	R	R
Q5	R	R	R	R	滇屯 502	M	M	M	R
CR203	R	R	M	R	IRBB5	R	R	R	R
<i>xa15 + Xa21</i>	R	R	R	R	IR64	M	R	S	M
繁 4	R	R	R	M	IR69513	R	R	R	R
Madhulkar	M	R	S	S	SY259	M	M	R	S
Zhong419	R	R	R	R	IR68552	M	M	M	M
OM	R	M	M	M	C71	M	R	M	M
<i>Xa22</i>	R	R	R	R	IR24	S	S	S	S
B10-5-7	R	R	R	R	IRBB13	R	R	R	R
B8-4-7	R	R	R	R	PSBRC28	R	R	R	R

注: a: R = 抗, M = 中抗, MS = 中感, S = 感病。

Notes: a: R = Resistant, S = Susceptible, M = Moderate resistant, MS = Moderate susceptible.

1.2 DNA 提取

按 Zheng 等^[4]方法稍加修改后进行水稻基因组 DNA 提取。即:

(1) 取大约 4~5 g 新鲜叶片于液氮中研磨至粉末, 立即转移至加有 20 mL 提取缓冲液和 1.5 mL 20% SDS 的离心管中, 将离心管置于 65 °C 水浴 10 min。

(2) 加入 5 mol/L 醋酸钾 7.5 mL, 将离心管置于冰上震荡 20 min, 3 000 r/min 离心 15 min, 用双层擦

镜纸除去渣, 转上清液至新的离心管中。

(3) 加入 2/3 体积的异丙醇, 放入 -20 °C 冰箱中至少 1 h, 取出后 10 000 r/min 离心 5 min, 倒出上清液, 留沉淀。

(4) 加入 700TB 溶解沉淀。

(5) 加入等体积的仿/异戊醇 (24:1), 剧烈震荡 5 min, 10 000 r/min 离心 8 min, 取上清液并转到新的离心管中。

(6) 加入 2/3 体积冰冻的异戊醇, 于 -20 °C, 钩

出絮状 DNA。

(7) 用 70% 乙醇淋洗并风干,置 1.5 mL 离心管中,加入适量的 TE 溶解,并置另一离心管在 -20 下备用。

表 2 抗病基因同源序列引物

Table 2 PCR primers used in the study

引物 Primer	序列 Sequence (5' - 3')	相应保守序列 Corresponding conserved motifs
XLRR for	CCGTTGGACAGGAAGGAG	LRR ¹
XLRR rev	CCCATAGACCCGACTGTT	
Pto-kin1	GCA TTGGAACAAGGTGAA	Kinase ²
Pto-kin2	AGGGGGACCACCACGTAG	

注:1. 引物对 XLRR for/ XLRR rev 根据水稻抗白叶枯病 *Xa21* 基因的富含亮氨酸重复序列 (Leucine-rich repeat regions, LRR) 设计。2. 引物对 Pto-kin1/ Pto-kin2 根据番茄抗 *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* 的 *Pto* 基因编码蛋白质激酶 (Protein kinase) 的 DNA 序列设计。

Notes: 1. Primers XLRR for/ XLRR rev were designed based on the Leucine-rich repeat regions (LRR) of rice resistance gene *Xa21* to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. 2. Primers Pto-kin1/ Pto-kin2 were designed based on the protein kinase DNA sequence of tomato resistance gene to *Pseudomonas syringae* pv. *tomato*.

1.3 PCR 扩增、电泳和银染

取 20 ng 基因组 DNA 进行 PCR 反应,引物采用水稻 *Xa21* 基因 LRR 区域设计的 XLRR for/ XLRR rev

和番茄 *Pto* 基因编码蛋白激酶的 DXA 序列设计的 Pto kin1 / Pto kin2。反应条件:94 预变性 5 min; 94 变性 1 min,45 退火 1 min,72 延伸 2 min,共 40 个循环;最后于 72 延伸 7 min。PCR 反应体系、电泳和银染方法基本同文献[5]。

1.4 聚类分析

以“1”和“0”分别表示抗病基因同源序列扩增片段的有和无。使用 Statistics 软件中的差异百分值 (Percent disagreement) 和非加权成对分组平均法 (Unweighted pair-group average, UPGMA) 程序进行水稻品种聚类分析。

2 结果与分析

2.1 水稻品种的抗病基因同源片段的指纹图谱

对 PCR 扩增的谱带的分析结果表明 RGA 引物 XLRR for / XLRR rev 比 Pto-kin1/ Pto-kin2 的谱带总数和多态性高,谱带总数分别为 34 和 23。两对引物揭示水稻品种间具有丰富的遗传多样性。引物扩增的 DNA 片段大小在 30 bp ~ 2 kb 之间。引物 XLRR for / XLRR rev 的电泳图谱见图 1。

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47

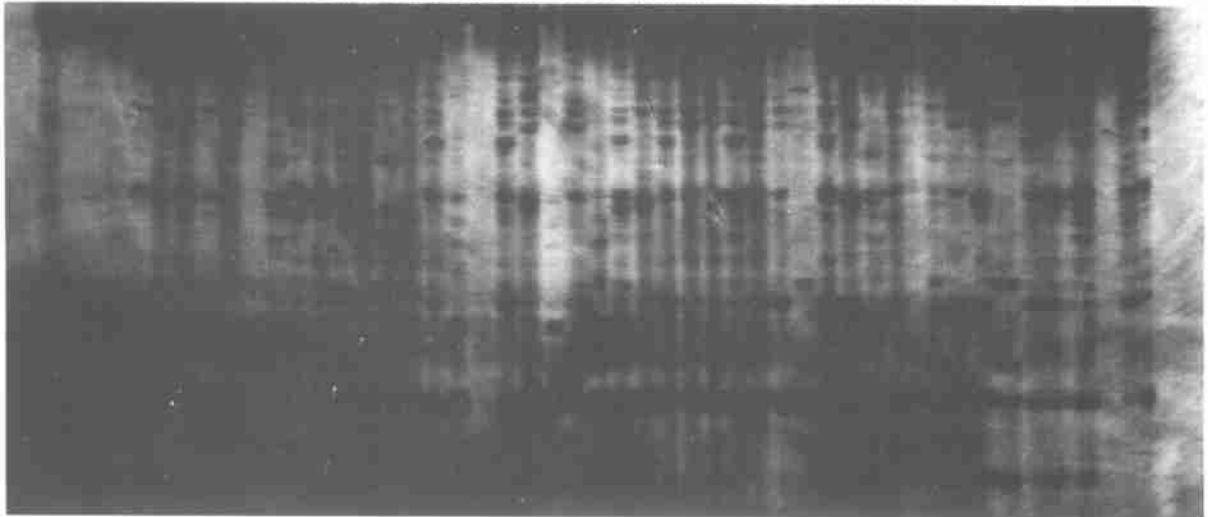


图 1 引物 XLRR for/ XLRRrev 的部分品种 RGA 指纹

Fig. 1 RGA fingerprintings of partial rice cultivars based on primers XLRR for/ XLRR rev

品种从左至右依次为 1~47。1:om1723;2:云辉 290;3:毫比相;4:IRBB21 (*Xa21*);5:云香糯 1 号;6:德瑞 405;7:双雅 258;8:IR68;9:Guang122;10:PSBR66;11:IR66897B;12:滇新 10 号;13:IR72;14:毫木西;15:IR64A;16:OM997;17:Bg91-1;18:*xa13* + *Xa21*;19:Q5;20:CR203;21:*xa15* + *Xa21*;22:繁 4;23:Madhukar;24:中 419;25:OM997 (OM);26:*xa5* + *xa13*;27:IR74;28:IRBB7;29:德农 203;30:R644;31:*Xa4* + *xa13*;32:Yur-xian zhan;33:zhong413;34:南 29-1;35:*Xa4* + *Xa21*;36:滇瑞 449;37:Bg304;38:Gayaseyo;39:MR185;40:Ferr Ai-zan;41:大粒香 10 号;42:om1706;43:*Xa4* + *xa5* + *xa13* + *Xa21*;44:滇屯 502;45:IRBB5;46:IR64;47:IR69513。

Rice cultivars from left to right No. (1 - 47). 1:om1723;2:Yunhui 290;3:Haobixiang;4:IRBB21 (*Xa21*);5:Yunxianguo No. 1;6:Derui405;7:Shuangya258;8:IR68;9:Guang122;10:PSBR66;11:IR66897B;12:Dianxin No. 10;13:IR72;14:Haomuxi;15:IR64A;16:OM997;17:Bg91-1;18:*xa13* + *Xa21*;19:Q5;20:CR203;21:*xa15* + *Xa21*;22:Fan4;23:Madhukar;24:Zhong419;25:OM997 (OM);26:*xa5* + *xa13*;27:IR74;28:IRBB7;29:Denong203;30:R644;31:*Xa4* + *xa13*;32:Yur-xian zhan;33:zhong413;34:Nan 29-1;35:*Xa4* + *Xa21*;36:Dianrui 449;37:Bg304;38:Gayaseyo;39:MR185;40:Ferr Ai-zan;41:Dalixiang No. 10;42:om1706;43:*Xa4* + *xa5* + *xa13* + *Xa21*;44:Diantun 502;45:IRBB5;46:IR64;47:IR69513.

2.2 云南抗白叶枯病品种的遗传多态性

RGA 片段在水稻基因组中的数量和分布在一定程度上反映抗病基因的情况。通过 Statistics 统计软件,采用 UPGMA 程序进行聚类分析,获得遗传相似树状图(图 2,图 3)。图 3 显示,抗白叶枯病水稻

品种与感病品种可明显区分,感病品种南 29-1,与测试的除 PSBRC66 外的其他水稻品种遗传差异很大,单独归属一类。云南的抗白叶枯病的种资源遗传变异程度较高,群体遗传差异较大,具有丰富的遗传多样性。

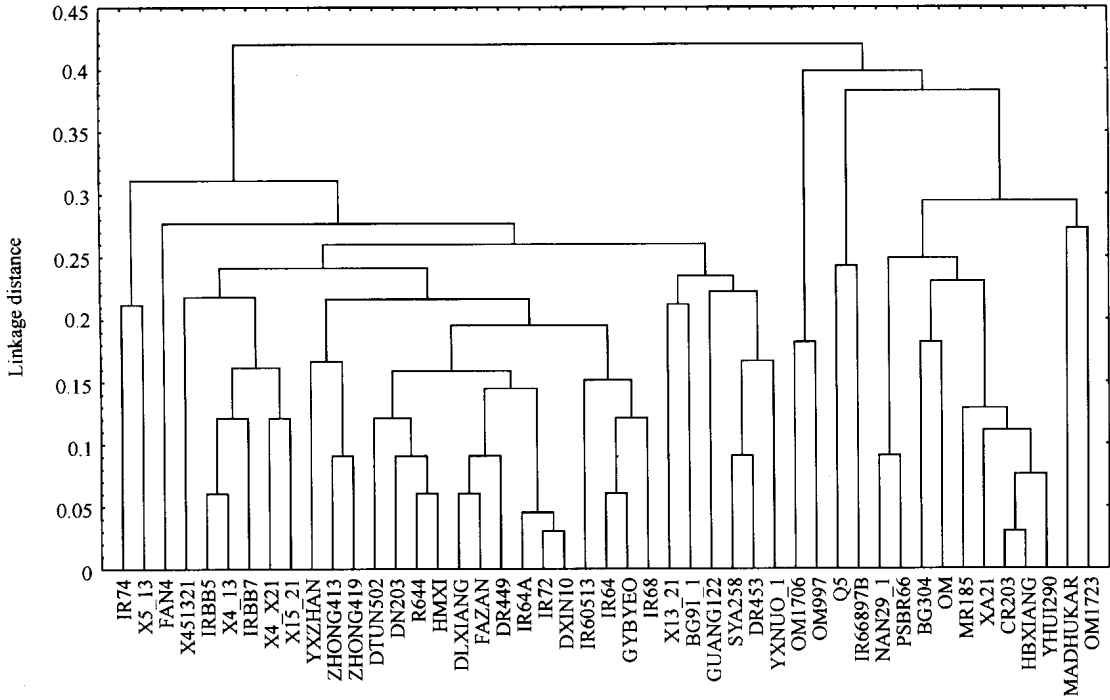


图 2 供试品种 XLRR for / XLRR rev 引物的 RGA 指纹聚类图

Fig. 2 Dendrogram of rice cultivars based on RGA bands generated by XLRR for / XLRR rev primers pairs

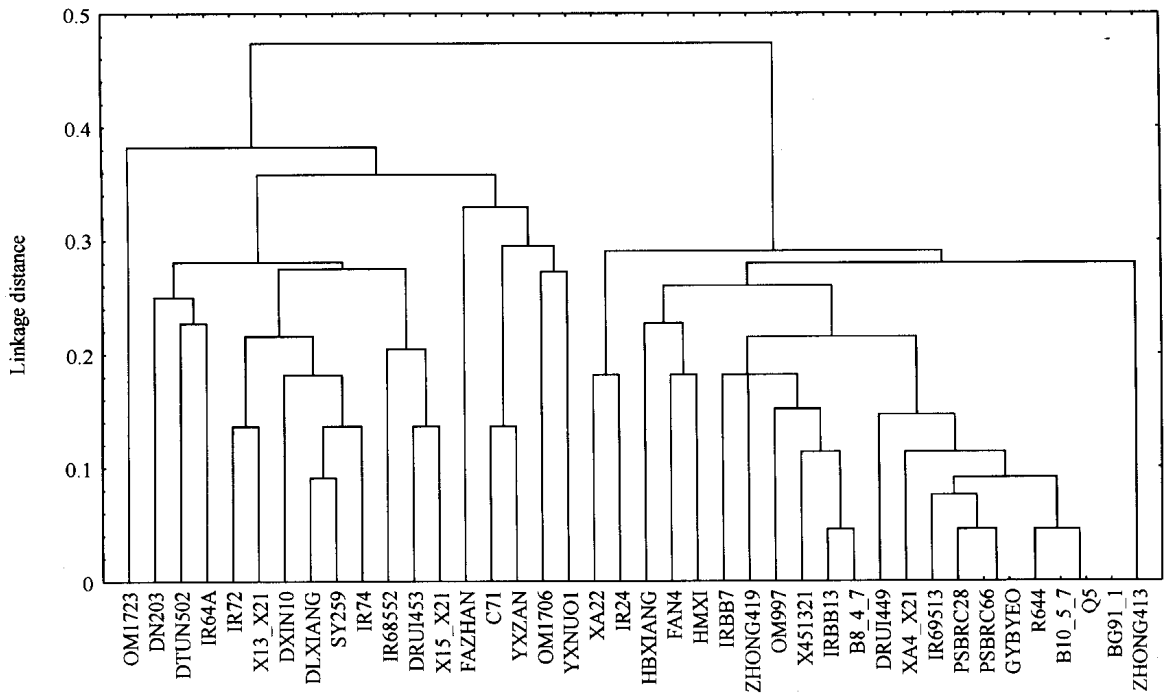


图 3 Pto-kin1/ Pto-kin2 引物的 RGA 指纹聚类图

Fig. 3 Dendrogram of rice cultivars based on RGA bands generated by Pto-kin1/ Pto-kin2 primers pairs

与抗病基因同源序列 LRR 的 RGA 引物的聚类图显示,在遗传距离为 0.25 时,测试的 47 个品种可分为 9 个簇。其中 3、4、7 为主要组群,第 3 组包括 23 个水稻品种,在遗传距离为 0.2 时,可进一步分为 5 个亚群,其中第 4 和第 5 亚群的亲缘关系较近,两亚群可能具有 *Xa4* 抗病基因的遗传背景,生产上表现为中抗水稻白叶枯病。这些主要是在云南广泛种植的滇屯 502、滇农 203、R644、毫木西、大粒香 12 号、Faizhan 和滇瑞 449、IR64A、IR72 和滇新 10 号;第 5 亚群为 IR64、IR68、IR60513 和 Gayabyeo 4 个品种。第 3 亚群主要是 Zhong419、Zhong413 和 Yzhan,在 Pto-kin1/ Pto-kin2 引物的聚类图中也属于同一群(图 3);第 1、2 亚群主要由国际水稻所培育的单基因和多基因聚合品系,分别为 *Xa4 + xa5 + xa13 + Xa21*、*Xa4 + xa13*、IRBB5、IRBB7、*Xa4 + Xa21* 和 *xa15 + Xa21*。第 4 组主要是云香糯 1 号、滇瑞 253、双雅 258、Guang122、Bg91-1 和聚合基因品系 *xa13 + Xa21*。第 7 组主要是云恢 290、毫比相、CR203 和 X21、MR185 和 Bg304,此组多基因聚合系的抗性水平高并有较宽的抗谱。其余组群相互间差异较大,多数组群有 1~2 个品种组成。在以遗传距为 0.25 时,以供试品种 XLRR for/ XLRR rev 引物划分的簇 3 中的 *Xa4 + xa5 + xa13 + Xa21*、IRBB7、*Xa4 + Xa21*、Zhong419、R644、DR449 和 Gayabyeo 在以引物 Pto-kin1/ Pto-kin2 的聚类图中也是归属在同一组群中,而德农 203、滇屯 502、IR64A 在 2 对引物中都归属于同一簇内,且 OMI723 和其他品种的遗传差距很大,两对引物对一些品种的分析结果也有差异(图 3)。上述结果表明,品种的遗传特性是品种本身固有的,采用不同的引物也可获得相似的结果。属于同一组群的抗白叶枯病品种具有相似的 RGA 指纹,与品种对白叶枯病的抗性及其抗谱存在一定的相关性。

3 讨论

目前国内外利用抗病基因同源序列(RGA)设计引物,研究水稻品种的遗传结构及寻求与水稻抗病性有关的分子标记,利用 RGA 分子标记辅助选择品种和控制病害已成为研究的新领域^[5,6]。RGA 分子标记,比常用的中性分子标记(RAPD、RFLP)具有优越性,不仅用于揭示品种的遗传差异,而且还可反映品种的功能,有助于选择品种组合和控制病害。本研究利用 RGA-PCR 扩增技术,扫描抗白叶枯病品种的基因组,结果表明供试品种间具有丰富的 RGA 多

态性,属于同一簇的品种显示相似的抗性和抗谱。值得注意的是本研究采用的两对引物分别来源于抗病基因的不同保守结构域,因此检测到的 RGA 指纹图谱明显不同。朱有勇等采用 RGA 分析籼稻、粳稻和糯稻品种后发现,籼稻与糯稻品种间遗传差异大,而粳稻与糯稻品种间遗传差异小,田间试验结果证明了遗传差异大的品种组合具有互补抗性作用,表现防治稻瘟病效果好,反之防病效果差^[7,8]。但是,RGA 分子标记并非是理想的表型(抗病性)预测方法,其局限性表现在许多小的扩增片段与抗性无关。例如,基因组中 LRR 序列主要参与蛋白质间的互作,而不是防卫反应,但是 NBS-LRR 保守区域主要参与抗性表达,因此,更多地选用 NBS-LRR 类抗病基因同源序列的引物,获得品种的指纹图谱,可更好地反映品种的抗病性功能。总之,利用 RGA 方法扫描水稻基因组 DNA,结合田间品种布局开展病害控制试验,为成功利用多样性策略,借助 RGA 分子标记辅助品种布局,达到控制病害的目的,具有重要的理论价值和现实意义。

抗病基因同源片段的定位可以揭示潜在的抗病基因位点,尤其当它们与已知抗病基因位点连锁时,可以为进一步克隆抗病基因提供线索。华中农业大学以同源序列法从水稻中获得一抗病基因同源序列 NBS103,并定位于水稻第 11 号染色体上。经克隆和序列分析,NBS103 属 NBS-LRR 类抗病候选基因。功能分析亦发现该基因属组成型基因,受白叶枯病菌诱导而表达。Tada Y 等(1999)根据 NBS 序列设计引物,从水稻品种 Aichiasahi 和 Toride-1 扩增到 10 个 RGA 产物,并发现一些 RGA 片段与已知抗性位点紧密连锁^[9]。赵炳宇等利用 RGA 扩增技术评价中国抗水稻白叶枯病野生稻资源的遗传特点,发现至少 8 个多态性 RGA 片段(LRR and kinases)与来自 *Oryza rufipogon* 野生稻抗白叶枯病基因紧密连锁^[10];Chen H 等(2002)研究我国一个水稻恢复系品种明恢 63 时,发现一个新的抗水稻白叶枯病基因 *Xa25⁽¹⁾*,位于水稻第 12 条染色体上,与抗病基因同源序列 NBS109 相关联^[11]。Ramalingam J 等(2003)利用来自水稻、玉米和大麦的候选基因包括与抗性识别有关的 RGA 和植物防卫基因分子标记,经与水稻基因组杂交分析后,发现许多与水稻抗白叶病相连锁的候选基因^[12]。新的抗水稻白叶枯病基因和候选抗病基因的克隆,为研究抗病基因与病原菌分子识别、结构与功能,以及利用分子育种技术,结合传统的杂交

育种方法,加速选育新型抗病、优质和高产的品种(组合),为生产上应用抗病品种和利用品种布局控制水稻白叶枯病,减缓水稻品种对病原菌的选择性压力,达到持续控制水稻白叶枯病的目的开辟了途径。

致谢:水稻近等基因系和多基因聚类品系由国际水稻所(IRRI)提供,南京农业大学许志刚和本单位何月秋教授转赠,并对本文提出宝贵意见,特此致谢;作者对夏贤仁、何剑轩、钱君等同学参与本文实验表示感谢。

References

- [1] Lee K S, Rasabandith S, Angeles E R, Khush G S. Inheritance of resistance to bacterial blight in 21 cultivars of rice. *Phytopathology*, 2002, **93**:147 - 152
- [2] Chen X M, Line R, Leung H. Genome scanning for disease resistance gene analogs in wheat, barley and rice by high-resolution electrophoresis. *Theor Appl Genet*, 1998, **97**:345 - 355
- [3] Ji G H(姬广海), Zhang S G(张世光), Qian J(钱君). Study on the resistance of rice germplasm to bacterial blight in rice. *Journal of Yunnan Agricultural University*(云南农业大学学报), 2003, **18**(2): 125 - 128
- [4] Zheng K L, Subudi P K, Domingo J. Rapid DNA isolation for marker-assisted selection in rice breeding. *Rice Genet News*, 1995, **12**:255 - 258
- [5] Sun Y(孙雁), Wang Y Y(王云月), He Y Q(何月秋), Fan J-H(范静华), Chen J-B(陈建斌), Zhu Y Y(朱有勇). Analysis of resistance gene analogue for rice cultivars in Yunnan Province. *Scientia Agricultura Sinica*(中国农业科学), 2002, **35**(5):502 - 507
- [6] Leister D, Ballvora A, Salamini F, Gebhardt C A. PCR-based approach for isolating pathogen resistance genes from potato with potential for wild application in plants. *Nature Genetics*, 1996, **14**:421 - 429
- [7] Leister D, Kurth J, Laurie D A, Yano M, Sasaki T, Graner A, Schulze-Lefert P. RFLP and physical mapping of resistance gene homologues in rice (*O. sativa*) and barley (*H. vulgare*). *Theor Appl Genet*, 1999, **98**:509 - 520
- [8] Borromeo E, Wang Z H, Zhou Y J, Wang Y Y, Hei Leung. Prospects of marker-aided varietal diversification strategy for disease control. In: Yu S-F(喻盛甫). The Key Laboratory for Plant Pathology of Yunnan Province(云南省植物病理重点实验室论文集)(Vol. 4). Kunming: Yunnan Science and Technology Press, 2002. 193 - 203
- [9] Zhu Y Y, Chen H R, Fan J-H, Wang Y Y, Li Y, Chen J-B, Fan J-X, Yang S-C, Hu L-P, Leung H, Mew T W, Teng P S, Wang Z H, Mundt C C. Genetic diversity and disease control in rice. *Nature*, 2000, **406**:718 - 722
- [10] Tada Y. PCR-amplified resistance gene analogs link to resistance loci in rice. *Breeding Science*, 1999, **49**:267 - 273
- [11] Zhao B-Y, Zhang Q, Leng H. Identification and tagging a new rice bacterial blight resistance gene from *Oryza rufipogon*. *Phytopathology*, 2002, **92**:450 - 510
- [12] Chen H, Wang S, Zhang Q. New gene for bacterial blight resistance in rice located on chromosome 12 identified from Minghui 63, an elite restorer line. *Phytopathology*, 2002, **92**:750 - 754
- [13] Ramalingam J, Vera cruz C M, Kukreja. Candidate defence genes from rice, barley, and maize and their association with qualitative and quantitative resistance in rice. *MPMI*, 2003, **16**:14 - 24

欢迎订阅 2005 年《农业生物技术学报》

《农业生物技术学报》是中国农业生物技术学会、中国农业大学和农业部科教司联合主办的学术刊物。国内统一刊号:CN 11-3342/S,国际连续出版号:ISSN 1006-1304。邮发代号:2-367,国外发行代号:BM 1673。

本刊主要反映我国农业生物技术领域中最新的科研成果,促进国内外学术交流。主要刊登动物、植物、微生物及林业、海洋等学科在细胞、染色体、酶、基因工程以及发酵工程等方面的研究论文。可供高等院校师生、农业科技工作者、农业领导干部等参阅。

本刊为双月刊,大16开本,每期正文136页,定价18元。2005年出版6期,全年共108元(免费邮寄)。欲订者(单位或个人)可通过邮局订购,也可直接向编辑部订购。

向编辑部订购的具体办法是:

通过邮局汇款,汇至北京市海淀区圆明园西路2号中国农业大学(西校区)《农业生物技术学报》编辑部,邮编:100094;电话(传真):010-62893684。为加快邮寄,避免混乱,最好通过邮局汇款。

为保证准确投递,请将单位名称、邮政编码、收件人姓名、详细地址和订阅份数填写清楚,寄回编辑部。