

一个主栽粳稻品种的不同种植方式与稻纹枯病拮抗细菌的消长及种类的关系

余雪芳¹ 谢关林^{1,*} J. SWINGS² T. W. MEW³

(¹ 浙江大学 植物病害生物防治研究所, 浙江 杭州 310029; ² 比利时根特大学 微生物实验室, 比利时 根特 B-9000; ³ 国际水稻研究所 昆虫与植病理学部, 菲律宾 马尼拉 7777 信箱; *通讯联系人,E-mail: glxie@zju.edu.cn)

Relationships of Different Cultural Patterns of a Predominant Japonica Rice Variety and Population Variation of Antagonistic Bacteria Against Rice Sheath Blight and the Bacterial Species

YU Xue-fang¹, XIE Guan-lin^{1,*}, J. SWINGS², T. W. MEW³

(¹Institute of Biocontrol of Plant Diseases, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; ²Laboratory of Microbiology, Universiteit Gent, B-9000 Gent, Belgium; ³Entomology and Plant Pathology Division, International Rice Research Institute, DAPO Box 7777, Metro Manila, Philippines; *Corresponding author, E-mail: glxie@zju.edu.cn)

Abstract: Population variation and species of antagonistic bacteria against rice sheath blight under direct row seeding, direct broadcast seeding and transplanted cultural pattern with same japonica rice Bing 96-42 were surveyed in Yuhang, Hangzhou City and their relationships were analyzed. Seven thousand one hundred and ninety-three bacterial strains were isolated from 810 rice samples of leaf, sheath and grain collected at six different growth stages under the three cultural patterns. Results showed that the population density of antagonistic bacteria was the highest on sheath and the lowest on grain among the three parts of rice plants under each cultural pattern and basically declined with the maturity of rice plants. Appearance of peak of the antagonistic bacteria at growth stages varied with different cultural patterns. The percentage of antagonistic bacteria against the total bacterial population was maintained at 3.6%—4.8% under direct row seeding cultural pattern from seedling to waxy ripening stages and no significant difference among the six stages, however, it varied with different growth stages of rice under other cultural patterns. Fourteen bacterial species or types of eight genera were identified from 539 antagonistic bacteria. No relationship was observed between the cultural patterns and bacterial species of the antagonistic bacteria.

Key words: rice; cultural pattern; antagonistic bacteria; sheath blight of rice; bacterial species

摘 要: 以晚粳品种丙 96-42 为试材对杭州临平镇条播、撒播和移栽方式下水稻纹枯病拮抗细菌的群体变化及种类进行了研究,从水稻不同生育期采集叶片、叶鞘和谷粒样本 810 份,获得细菌菌株 7193 个。结果显示,在每种种植方式下,稻株上的拮抗细菌数量都是叶鞘中最多,谷粒中最少。3 种植方式下水稻纹枯病拮抗细菌的群体数量基本上是随着稻株成熟而逐渐下降,在水稻 6 个生育期中,拮抗细菌出现的高峰因不同种植方式而有所差异。条播稻上拮抗细菌占细菌总量的比率从苗期到蜡熟期维持在 3.6%~4.8%,各生育期之间无显著差异,但撒播和移栽稻上拮抗细菌所占的比率因不同生育期而有所不同。从 539 份纹枯病拮抗细菌中鉴定出 8 个属的 14 个种,不同种植方式与水稻纹枯病拮抗细菌的种类无明显差异。

关键词: 水稻; 种植方式; 拮抗细菌; 水稻纹枯病; 细菌种类

中图分类号: S435.111.4⁺; S476 文献标识码: A 文章编号: 1001-7216(2002)04-0351-05

近年来,随着农村生产关系的变革和农业科学技术的发展,水稻种植方式逐渐趋于多样化,条播、撒播等种植方式由于具有省工省时等优点,已成为浙江沿海地区的主要水稻种植方式。条播和撒播方式下的水稻密植程度比传统的移栽稻相对较高,由于两者的生态微环境有所不同,水稻纹枯病的发生前者普遍比后者早而重。那么在这些种植方式下水稻纹枯病拮抗细菌的种群分布及种类是否也有所差异?到目前为止,有关水稻生态系统中纹枯病拮抗细菌的研究都是以移栽稻为对象,其中大部分是针对

拮抗细菌的筛选,在拮抗细菌的种群分布方面研究甚少。关于条播和撒播方式下水稻拮抗细菌的种群分布及其动态研究尚未见报道^[1~3]。1999~2000 年间作者在杭州市临平镇着重对条播、撒播和移栽方式下水稻纹枯病拮抗细菌的分布及种类作了调查和研究,以期水稻新型种植方式下纹枯病的生物防

收稿日期: 2001-08-13; 修改稿收到日期: 2001-10-09。
基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39870501); 亚洲开发银行资助项目。
第一作者简介: 余雪芳(1972—), 女, 硕士, 助教。

治提供可行的理论依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集

选取条播、撒播和移栽稻田(单季晚稻,品种为丙96-42)各10块,每块田固定对角线5点取样,从苗期(播种后25 d)开始采集水稻叶片、叶鞘和谷粒样本,每次采样时间间隔约30 d,共采样810份。水稻叶片和叶鞘的采样时间为水稻苗期、分蘖期、孕穗期和灌浆期,每样本取水稻植株10~15株;谷粒采样时间为水稻灌浆期、乳熟期和蜡熟期,分别采集带谷粒的植株10株。

1.2 细菌分离

分别称取新鲜的水稻叶片、叶鞘和谷粒各3 g,放入100 mL的无菌水中,振荡10~15 min,稀释 10^2 和 10^3 倍,各吸取0.1 mL于金氏培养基平板上用玻棒均匀涂抹,重复3次,置28℃下培养48 h后,在365 nm紫外光下观测荧光菌落数,并计算每1 g水稻叶片、叶鞘和谷粒上存在的荧光菌数及细菌总数。挑取代表性菌落纯化,PPM斜面上划线培养后于4℃保存。

1.3 拮抗细菌筛选

用双向平板对峙法对7193个细菌分离物进行了拮抗水稻纹枯病菌(*Rhizoctonia solani*)测试。所测细菌菌龄为24 h,纹枯病菌菌龄为48 h,两者在PDA平板上28℃培养48 h后,测量拮抗细菌的抑菌圈大小,每处理重复3次。

1.4 拮抗细菌的鉴定

1.4.1 革兰氏染色和菌落形态测定

革兰氏染色和菌落形态测定参照Mew等^[4]。对纹枯病菌拮抗性强的细菌菌株进行单菌落培养,按菌落形态把菌株初步分成几个类型,每类型中选出有代表性的拮抗菌株供Biolog鉴定。

1.4.2 Biolog鉴定

选用有代表性的革兰氏阴性拮抗细菌30个及阳性细菌6个进行Biolog鉴定。拮抗细菌在TSA平板上培养24 h,用无菌生理盐水配制拮抗细菌悬浮液,将浓度调节为约 5×10^8 cfu/mL (OD值0.25)。在含95个碳源的Biolog (Biolog Inc., Investment Blvd. 3447, Suite 3 Hayward 94545, USA) 阴性(GN)或阳性(GP)微孔板中每孔加入150 μ L所测细菌悬浮液,30℃培养24 h,观察并记录各孔颜色反应情况,用Biolog专用细菌鉴定程序(3.5版本)分析并确定拮抗细菌的属和种。具体操

作程序参引Xie^[5]。

2 结果与分析

2.1 3种植植方式下水稻植株不同部位纹枯病拮抗细菌数量分布情况

图1显示,3种不同种植方式下即使在水稻植株相同部位纹枯病拮抗细菌的种群数量亦有所不同。从叶片来看,移栽稻叶上存在的拮抗细菌数量最多,撒播稻叶其次,条播稻叶上最少,仅为移栽稻叶上的一半左右;叶鞘上的拮抗细菌数量,条播稻的明显高于其他两种种植方式下的,撒播稻和移栽稻的拮抗细菌数量较接近;谷粒上的拮抗细菌数量仍然是条播稻上的最多,撒播稻其次,移栽稻上最少。水稻植株3个部位中,无论是条播稻、撒播稻还是移栽稻,都是叶鞘上的拮抗细菌数量最多,叶片其次,谷粒上最少。

2.2 3种植植方式下水稻不同生长期纹枯病拮抗细菌的群体变化

2.2.1 拮抗细菌的数量变化

由图2可见,3种植植方式下水稻纹枯病拮抗细菌的群体变化基本上是随着水稻谷粒的成熟而逐渐下降,但每种种植方式下拮抗细菌数量都出现一个高峰,条播稻上出现在孕穗期,撒播稻上出现在分蘖期,移栽稻上拮抗细菌的种群数量变化幅度较大,稻苗移栽后拮抗细菌数量明显下降,但以后又显著上升,孕穗期达到最高峰。不同种植方式下水稻植株同一生长期存在的拮抗细菌种群数量也有较大差异。其中,苗期和孕穗期拮抗细菌种群数量最多的是移栽稻,分蘖期和蜡熟期拮抗细菌种群数量

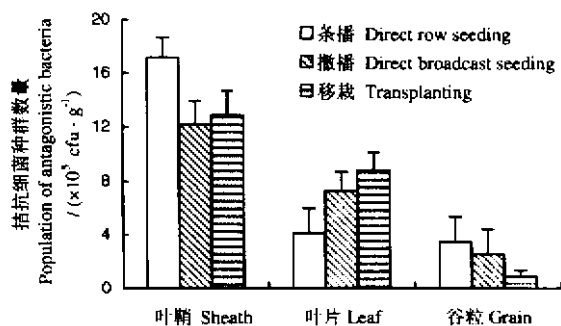


图1 3种植植条件下水稻植株不同部位拮抗细菌种群数量的分布(误差线代表平均数的标准偏差)

Fig. 1. Distribution of the antagonistic bacteria population on different parts of rice plants under three cultural patterns (Vertical bars denote standard deviation of the mean).

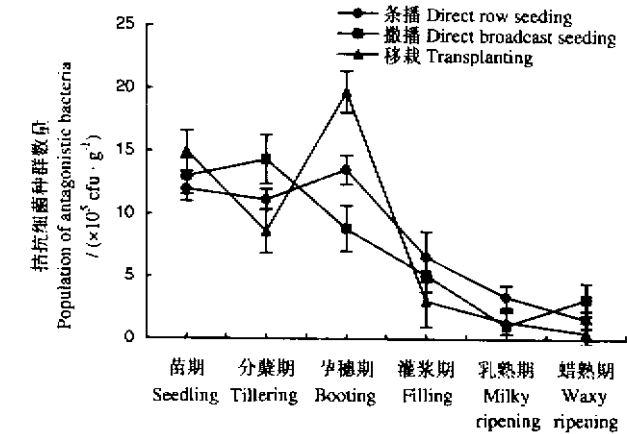


图 2 3 种植条件下水稻不同生长时期拮抗细菌种群数量的分布(误差线代表平均数的标准偏差)

Fig. 2. Distribution of the antagonistic bacteria population at different growth stages of rice under three cultural patterns (Vertical bars denote standard deviation of the mean).

最多的是撒播稻，灌浆期和乳熟期拮抗细菌种群数量最多的是条播稻。

2.2.2 拮抗细菌的比率变化

3 种植方式下水稻植株上的细菌总量都是随着谷粒的成熟而逐渐下降,但每一种种植方式下在不同生育期水稻纹枯病拮抗细菌所占的比率却有所不同(表 1)。条播稻在苗期、分蘖期和孕穗期的细菌总量在 $2.52 \times 10^7 \sim 2.88 \times 10^7$ cfu/g,3 个时期的总菌量无显著差异,细菌总量在灌浆期明显下降,但拮抗细菌所占的比率从苗期到蜡熟期维持在 3.6%~

4.8%,各生育期之间无显著差异;撒播稻上的细菌总量在孕穗期达到最高峰,然而拮抗细菌所占的比率却以苗期和分蘖期为最高,达 5.9%~6.9%,与其他 4 个时期有显著差异;移栽稻上的细菌总量以孕穗期为最高,拮抗细菌也以孕穗期和苗期占最高比率,它们与其他时期相比亦存在显著差异。

2.3 3 种植方式下的水稻纹枯病拮抗细菌种类

从每种种植方式下分离到的水稻纹枯病拮抗细菌中各选出 24 个,共 72 个代表菌株,经革兰氏染色、荧光检测和菌落形态测定后用 Biolog 鉴定(表 2)。被鉴定的 63 个革兰氏阴性菌株中有 41 个属于 *Pseudomonas* 属的 7 个不同种或型,各有 5 个分别属于 *Pantoea agglomerans*、*Alcaligenes faecalis* ss *faecalis* 和 *Burkholderia cepacia*, 4 个属于 *Flavimonas oryzae*habitans, 3 个属于 *Salmonella* ss 1G。9 个革兰氏阳性菌株分别属于 *Bacillus* 和 *Curtobacterium* 两个属。在 Biolog 鉴定中,相似性大于等于 0.7 的菌株 51 个,占总鉴定数的 70.1%;相似性 0.5~0.7 的菌株 10 个,占 13.9%;相似性在 0.5 以下的菌株 11 个,占 15.3%。从鉴定的结果看,尚未发现某一种种植方式具有特定的水稻纹枯病拮抗细菌种,特别当一个细菌种内有 3 个以上被鉴定菌株时,这些菌往往来自 3 种不同的种植方式,拮抗细菌的种类似乎与不同种植方式无相关性。

3 讨论

本研究初步揭示了在条播、撒播和移栽方式下水稻纹枯病拮抗细菌的消长情况。从不同的稻株部

表 1 不同种植条件下水稻各生育时期的细菌群体总量及拮抗细菌所占比例

Table 1. The total bacteria population and the percentage of antagonistic bacteria at different stages of the rice cultivar under different cultural patterns.

| 水稻生长时期 Growth stage of rice | 条播条件下菌量 Bacterial population under direct row seeding | | 撒播条件下菌量 Bacterial population under direct broadcast seeding | | 移栽条件下菌量 Bacterial population under transplanting | |
|-----------------------------------|---|--------------|---|--------------|--|--------------|
| | 细菌总量 | 拮抗菌量 | 细菌总量 | 拮抗菌量 | 细菌总量 | 拮抗菌量 |
| | Total bacteria | Antagonistic | Total bacteria | Antagonistic | Total bacteria | Antagonistic |
| | /($\times 10^6$ cfu \cdot g $^{-1}$) | bacteria/% | /($\times 10^6$ cfu \cdot g $^{-1}$) | bacteria/% | /($\times 10^6$ cfu \cdot g $^{-1}$) | bacteria/% |
| 苗期 Seedling | 25.2 a | 4.8 ns | 21.9 b | 5.9 a | 28.6 b | 5.2 a |
| 分蘖期 Tillering | 28.8 a | 3.9 ns | 20.4 b | 6.9 a | 16.9 c | 3.9 b |
| 孕穗期 Booting | 27.0 a | 5.0 ns | 28.6 a | 3.1 b | 30.7 a | 6.5 a |
| 灌浆期 Filling | 18.1 b | 3.6 ns | 12.4 c | 4.0 b | 10.3 d | 1.3 c |
| 乳熟期 Milky ripening | 6.5 c | 4.6 ns | 3.0 d | 3.3 b | 2.5 e | 2.2 c |
| 蜡熟期 Waxy ripening | 3.6 d | 4.0 ns | 3.2 d | 3.3 b | 2.2 e | 2.2 c |

注:水稻品种为丙 96-42; 同列内相同字母表示无显著差异(Duncan's 多重比较, $P=0.05$)。

Note: Rice variety is Bing 96-42; In a column, means followed by a common letter are not significantly different by Duncan's multiple range test at $P=0.05$ level.

表 2 分离自 3 种不同种植方式下的水稻纹枯病拮抗细菌代表菌株的 Biolog 鉴定结果

Table 2. Biolog identity of the representative antagonistic bacteria isolated from the three cultural patterns.

| 菌株编号 ¹⁾ Code of isolate ¹⁾ | 革兰氏染色 Gram stain | 荧光性 ²⁾ Fluorescence ²⁾ | Biolog 鉴定结果 Identity of Biolog | 相似性 Similarity |
|--|---------------------|---|--|-------------------|
| S ₁ 23780, T ₂ 6511, S ₄ 0005, Y ₄ 0084 | + | N | <i>Bacillus subtilis</i> | 0.700~0.752 |
| T ₁ 16436, T ₁ 16439, Y ₂ 8336, S ₃ 3655, S ₄ 0011 | + | N | <i>Curtobacterium flaccumfaciens</i> pv. <i>poin</i> B | 0.432~0.563 |
| T ₂ 13392, Y ₂ 9001, S ₄ 0006, T ₄ 0073, T ₄ 0074 | — | N | <i>Alcaligenes faecalis</i> ss <i>faecalis</i> | 0.378~0.726 |
| T ₁ 03749, T ₃ 18845, Y ₂ 8061, S ₄ 0010, Y ₄ 0096 | — | N | <i>Burkholderia cepacia</i> | 0.636~0.920 |
| T ₁ 30363, S ₂ 8339, S ₄ 0007 | — | N | <i>Salmonella</i> ss 1G | 0.398~0.412 |
| T ₄ 0078, T ₄ 0082, Y ₄ 0088, Y ₄ 0095 | — | N | <i>Flavimonas oryzihabitans</i> | 0.482~0.802 |
| S ₄ 0013, T ₄ 0071, T ₄ 0072, T ₄ 0075, Y ₄ 0089 | — | | <i>Pantoea agglomerans</i> | 0.700~0.930 |
| S ₅ 30270, Y ₂ 6553, S ₄ 0008, Y ₄ 0090 | — | F | <i>Pseudomonas fluorescens</i> G | 0.742~0.752 |
| S ₉ 9986, Y ₃ 3001, S ₄ 00012, Y ₄ 0093 | — | F | <i>Pseudomonas putida</i> B1 | 0.726~0.753 |
| S ₅ 30297, Y ₉ 9115, T ₉ 1116, S ₃ 3005, S ₄ 0016, T ₄ 0080, Y ₄ 0091 | — | F | <i>Pseudomonas aeruginosa</i> | 0.725~0.821 |
| T ₂ 261009, Y ₂ 22338, Y ₂ 6359, S ₃ 1006, S ₄ 0015, T ₄ 0077, Y ₄ 0087, Y ₄ 0092 | — | F | <i>Pseudomonas fluorescens</i> C | 0.686~0.877 |
| Y ₁ 12124, T ₂ 2338, S ₃ 3350, T ₄ 0076, Y ₄ 0086, Y ₂ 0001, S ₃ 0304, S ₄ 0018, T ₄ 0079 | — | F | <i>Pseudomonas putida</i> A1 | 0.702~0.910 |
| Y ₂ 20443, S ₃ 0335, T ₂ 5551, S ₄ 0017, T ₄ 0081 | — | F | <i>Pseudomonas fluva</i> | 0.462~0.702 |
| S ₉ 9881, Y ₃ 0006, T ₂ 5337, Y ₄ 0085 | — | F | <i>Pseudomonas viridilivida</i> A | 0.663~0.711 |

¹⁾ 菌株编号以 S 开头的来自撒播稻, T 开头的来自条播稻, Y 开头的来自移栽稻。
²⁾ F 代表荧光性; N 代表非荧光性。
¹⁾ Code of isolates with letter of S was from direct broadcast seeding pattern, T from direct row seeding pattern and Y from transplanted pattern.
²⁾ F—Fluorescent; N—Non-fluorescent.

位看,在 3 种不同的种植方式下拮抗细菌的数量都是以叶鞘中的居多;从不同生育期看拮抗细菌的绝对数量,在不同的种植方式下拮抗细菌出现的高峰期有所不同,但从拮抗细菌的相对数量(占细菌总量的比率)来分析,在直播方式下的拮抗细菌比率较稳定,各生育期间的拮抗细菌比率无显著差异。但在撒播和移栽方式下苗期、分蘖期或孕穗期的拮抗细菌比率比其他生育期要高。这一研究结果表明,水稻纹枯病拮抗细菌的消长是受多种因素影响的,养分、水分和其他微生物可能是影响细菌生长和增殖的主要因素^[7,10],其中包括风、雨、干旱及紫外线照射等^[6]。稻苗在封行以后,田间的小气候可能对纹枯病拮抗细菌的消长有较大的影响,直播这一种植方式似乎有利于纹枯病拮抗细菌的存在。然而,由于这项工作量大,本研究仅以江浙沪种植面积较大的晚粳品种丙 96-42 为对象,探索不同种植方式与水稻纹枯病拮抗细菌消长的关系,先前的研究表明移栽方式下的籼稻品种类型与多种病原细菌的消长有一定关系^[10],至于不同种植方式下不同晚粳品种对水稻纹枯病拮抗细菌的消长如何有待进一步明确。研究结果还表明,在相同品种中,水稻纹枯病拮抗细菌的群体数量受不同种植方式及水稻不同生育期的影响,但水稻纹枯病拮抗细菌的种类不受种植方式的影响。

Biolog 系统根据被测细菌利用碳源等营养物质形成特有的“代谢指纹”图谱来鉴定属和种^[8]。该系

统中细菌种的“相似性”是用于评价鉴定结果与标准菌株测定结果之间的比值,被鉴定菌株的相似性达 0.50 以上时计算机鉴定系统才给出属种,但 Goto 认为细菌种的相似性应高于 0.70^[9],鉴定结果才可靠。本试验中有 70% 的鉴定菌株的相似性高于 0.7,但主要集中于 *Pseudomonas* spp.,这显示了 Biolog 系统更适合于荧光细菌的鉴定^[10]。有 30% 菌株的 Biolog 相似性在 0.7 以下,它们分属于 6 个细菌属中,这虽然不能完全肯定水稻生态系统中存在此类拮抗细菌,但至少说明了水稻叶际及种际拮抗细菌的多样性,以致 Biolog 系统程序的数据库中无法找到相应的细菌种,这类非常见的细菌种可通过建立 Biolog 用户自己的数据库来解决^[11]。

参考文献:

1 Vasantha D T, Malar V R, Gnanamanickam S S. Biological control of sheath blight of rice in India with antagonistic bacteria. *Plant & Soil*, 1989, 119: 325—330.
2 Chen Z Y(陈志谊), Mew T W. The distribution and species of antagonistic bacteria aganist sheath blight in rice ecosystem. *Chinese J Rice Sci* (中国水稻科学), 1998, 12(1): 35—39. (in Chinese with English abstract)
3 Xie G L(谢关林), Wu Z X(吴芝仙), Yu X F(余雪芳), Mew T W(苗东华). Microbial diversity of nonpathogenic *Pseudomonads* and related bacteria from rice seeds in Zhejiang province of China and Luzon island of the Philippines. *Chinese J Rice Sci* (中国水稻科学), 1999,13(4): 233—238.
4 Mew T W, Misra J K. A Manual of Rice Seed Health Testing .

Manila: IRRI, 1994. 113.

5 Xie G L. Characterization of *Pseudomonas* spp. and other bacterial species associated with rice seeds. Dissertation for the Doctorate. Los Banos, Philippines; University of the Philippines, International Rice Research Institute, 1996. 53—174.

6 Wilson C L, Pusey P L. Potential for biological control of post-harvest plant diseases. *Plant Dis*, 1985, 69(5): 375—378.

7 Latour X, Corberand T, Laguerre G, *et al.* The composition of fluorescent *Pseudomonads* population associated with roots is influenced by plant and soil type. *Appl Environ Microbiol*, 1996, 62(7): 2449—2456.

8 Bochner B R. Sleuthing out bacterial identifies. *Nature*, 1989, 339: 157—158.

9 Goto M. Fundamentals of Bacterial Plant Pathology. San Diego, USA: Academic Press, 1997. 342.

10 Xie G L (谢关林). Comparison of different methods for identification of pathogenic bacteria from rice. *J Zhejiang Univ (Agric & Life Sci)* (浙江大学学报)(农业与生命科学版), 2000, 26(4): 353—358. (in Chinese with English abstract)

11 Cottyn B, Van Outryve, Cerez M F, *et al.* Bacterial diseases of rice. II. Characterization of pathogenic bacteria associated with sheath rot complex and grain discoloration of rice in the Philippines. *Plant Dis*, 1996, 80(4): 438—445.

会议简讯

2002 年国际水稻大会在京举行

2002 年 9 月 16 日～20 日, 2002 年国际水稻大会在北京中国国际科技会展中心隆重召开。中国国家主席江泽民出席开幕式并作重要讲话。中国工程院院长徐匡迪主持开幕式, 全国政协副主席宋健出席并致辞, 出席开幕式的还有国际水稻研究所理事会主席坎巴女士等 1200 多名中外科学家及代表。

国际水稻大会由中国工程院、国家发展计划委员会、中国农业科学院和国际水稻研究所共同主办。大会的主题是“创新、影响、繁荣”, 目的是推动水稻生产能够持续得到亚洲和国际社会的重视, 推动国际社会继续关注现有的贫困稻农和消费者, 推动水稻的二次绿色革命, 推动保护生态环境, 为各国的科学家开展水稻的科技交流和合作提供平台与机会。

围绕大会主题, 中国工程院副院长沈国舫代表徐匡迪和他本人作了“依靠稻作科技创新, 推动中国水稻产业发展”的报告, 孟加拉国农村发展委员会创办者和执行董事 Fazle Hasen Abed 作了“技术进步和社会动员: 两条腿走路减轻贫困”的报告, 联合国粮农组织总干事特使 Peter Kenmoore 作了“可持续发展的水稻生产, 粮食保障及改善生活”的报告。有 4 位来自国外的科学家作了科技主题发言(题目分别是: 农业生态系统的生产力; 粮食安全与扶贫; 分子生物学的进展与植物育种; 农业自然资源管理——系统工程)。

会议期间, 召开了部长级圆桌会议, 来自世界重要产稻国家和地区的农业部及有关国际组织的官员围绕“鼓励水稻科学研究, 确保粮食安全和减少贫困”的主题, 就“生产问题和社会问题: 如何利用节水和节约劳动力及土地投入的方式来进行水稻的可持续生产”、“政策问题: 扶贫问题、世贸组织对水稻贸易和价格的影响”、“科学和研究问题: 公共部门研究的作用, 新技术的获得途径”的专题进行了研讨。

水稻科学讨论会(symposia)的讨论专题包括: 水稻基因测序; 功能性生物多样性在作物管理和病虫害持续治理中的应用; 增效光合作用, 提高水稻产量潜力; 水稻在农业经济增长和扶贫战略中的作用; 稻米非食物利用; 21 世纪的作物遗传育种; 病虫害综合防治; 功能基因组; 基因的发掘和利用; 农业和健康的联系——利用生物技术和常规育种构造新的水稻, 增进人类健康; 肥料效率和作物管理; 水稻和气候的变化; 提高灌溉系统的水资源生产力——研究政策和技术; 分子标记及其在育种中的应用; 增进水稻对病虫害持久抗性以稳定提高产量; 野生稻外源基因导入栽培稻; 水稻籽粒发育的遗传调控; 稻米贸易自由化, WTO 和扶贫; 获得最大收益的机械化和加工技术。专题研讨会(workshop)的内容包括: 陆稻——挑战和机遇; 从基因技术了解白叶枯病菌的毒性; 稻麦和其他耕作系统; 知识产权和水稻研究; 农民参与研究——如何提高研究的价值; 水稻种质的原位保存; 非生物胁迫和水利用效率; 劳动力转移对稻作和东南亚及南亚的性别影响估计; 粮食安全, 商业化和旱地发展——陆稻研究有用吗? 通过媒体和教育增进对生物技术的可接受性; 国际水稻分子育种项目; 农民与市场的联系; 从数量到质量; 中国华北平原农业用水管理的机构宗旨和政策; IRRI 的知识库; 水稻科学的电子网络学习。

另外, 在午间会议中, 就“中国在世界稻米贸易平衡的合适位置”, “发达国家和发展中国家的公共和私人机构在农业研究上的作用”, “马达加斯加的水稻强化栽培体系: 水稻研究和生产的机遇”等问题展开了研讨。

会议期间还召开了国际稻米贸易会议, 并举行了国际水稻产业、技术及机械设备展览和稻文化展览。(本刊)