中国水稻科学(*Chin J Rice Sci*)，2011，25(5)：523－528
http://www.ricesci.cn
DOI：10.3969/j.issn.1001-7216.2011.05.011

水稻细菌性条斑病菌遗传多样性和致病型分化研究

张荣胜[1,2]　陈志谊[1,*]　刘永锋[1]
([1]江苏省农业科学院 植物保护研究所，江苏 南京 210014；[2]南京农业大学 植物保护学院，江苏 南京 210095；*通讯联系人，E-mail：chzy@jaas.ac.cn)

Genetic Diversity and Pathotype Variability of *Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola* Strains

ZHANG Rong-sheng[1,2], CHEN Zhi-yi[1,*], LIU Yong-feng[1]
([1]*Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China*; [2]*College of Plant Protection, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China*; **Corresponding author, E-mail: chzy@jaas.ac.cn*)

ZHANG Rongsheng, CHEN Zhiyi, LIU Yongfeng. Genetic diversity and pathotype variability of *Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola* strains. Chin J Rice Sci, 2011, 25(5): 523-528.

Abstract: Genetic diversity and pathotype variability of *Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola* strains collected from Jiangsu, Yunnan, Jiangxi, Hunan and Anhui Provinces were analyzed by using rep-PCR fingerprinting techniques. Genomic DNAs from 69 strains were amplified with two specific primers BOX and ERIC. Dendrograms were generated from the data by using UPGMA analysis. The tested strains were classified into 10 and 8 groups at a similarity of 80% based on the amplification results with BOX and ERIC, respectively. The predominant groups were group 3 and Group 5 for the primers BOX and ERIC, involving 27(39.1%) and 24(34.8%) strains, respectively. The genetic diversities of the population of the tested strains were 0.9784 (with BOX) and 0.9833 (with ERIC), respectively, indicating the high genetic diversity of *Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola*. According to inoculation results on five differential cultivars including near-isogenic rice lines carrying single resistance gene, IRBB4, IRBB5, IRBB14, IRBB21 and IRBB24, and a highly susceptible cultivar Jingang 30, the 69 strains were classified into 13 pathotypes. The predominant pathotype was C6 (26.1%). No relationships were observed between UPGMA groups (BOX and ERIC) of the 69 strains and pathotypes, but each group was partially associated with the regional origin of strains.
Key words: rep-PCR; *Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola*; genetic diversity; pathotype

张荣胜，陈志谊，刘永锋. 水稻细菌性条斑病菌遗传多样性和致病型分化研究. 中国水稻科学，2011，25(5)：523-528.

摘　要：通过 rep-PCR 指纹技术，分析了来源江苏、云南、江西、湖南和安徽等省 69 个水稻细菌性条斑病菌(*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*)群体遗传多样性。用 2 对特异性引物 BOX 和 ERIC 对菌株基因组 DNA 进行了 PCR 扩增，以彼此间的带位相似率达 80%为界，根据 BOX 扩增的谱型将供试菌株分为 10 类，根据 ERIC 的谱型则分为 8 类。BOX 的第 3 类包含 27 个菌株，占总数的 39.1%，ERIC 的第 5 类包含 24 个菌株，占总数的 34.8%，均为优势群。群体遗传多样性值分别为 0.9784(BOX)和 0.9833(ERIC)。说明水稻细菌性条斑病菌群体的遗传分化明显，遗传多样性较高。全部 69 株菌株接种于含有不同抗病基因近等基因系及高感品种金刚 30 等 6 个鉴别品种上，被划分为 13 个致病型。其中，C6 致病型占 26.1%，为优势致病型。69 个菌株根据 BOX、ERIC 扩增结果进行的类群分类与地理位置显著相关，与致病型分化相关不显著。
关键词：rep-PCR；水稻细菌条斑病菌；遗传多样性；致病型
中图分类号：S432.1；S435.111.4+9　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1001-7216(2011)05-0523-06

水稻细菌性条斑病是由稻黄单胞菌稻生致病变种(*Xanthomans oryzae* pv. *oryzicola*)引起的一种重要的检疫性病害，对水稻的高产稳产造成了严重威胁[1-3]。选用抗病品种是防治该病经济、环保的有效措施[4]。品种抗病性是寄主与病原物互作的结果，因此，深入了解病原菌群体遗传结构变化，可作为抗性基因合理分布的依据。rep-PCR 是基于基因组重复序列的一种 DNA 多态性的分析方法，操作简便、重复性好，目前已被广泛应用于植物病原菌分类、检测以及病原物群体遗传多样性的分析。用于植物病原菌遗传多样性研究较多的是 REP、ERIC 和 BOX 插入因子等，通过 PCR 扩增，比较菌株间指纹图谱的变化，可揭示病原菌个体间在遗传上的亲缘关系及其群体遗传多样性变化[5-7]。将传统方法和分子技术应用两者结合有助于全面了解水稻品种和病原菌的互作关系，揭示寄主抗病性和病原菌致病性遗传变异动态。姬广海等[8]利用筛选出的 20 条随机引物对我国不同稻区的水稻细菌性条斑病菌

收稿日期：2010-10-14；**修改稿收到日期**：2011-01-02。
基金项目：农业部公益性(农业)行业科研专项(nyhyzx07-056)；国家 863 计划现代农业技术领域重大项目(2006AA10A211)；江苏省自然科学基金资助项目(BK2008350)。

进行 DNA 多态性研究,发现菌株的致病类群与其 DNA 的遗传变异具有弱相关性。Gonzalez 等[9]运用 RFLP 和 rep-PCR 技术对西非和亚洲条斑病菌菌株进行聚类分析,发现它们与地域来源具有相关性。姬广海等[5]还利用 ERIC 和 BOX-PCR 引物对水稻细菌性条斑病菌遗传多样性进行了评价。然而,将 rep-PCR 技术和致病型分化两者结合用于水稻细菌性条斑病菌较少。本研究采用 rep-PCR 技术与鉴别品种相结合的方法对来源于不同省份的水稻细菌性条斑病菌群体结构和致病型分化进行初步分析,以期为水稻抗性品种的合理布局提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试菌株

从江苏、云南、江西、湖南和安徽等不同生态稻区采集细菌性条斑病叶标样,分离纯化单菌落菌株 69 株(江苏 15 株、云南 8 株、江西 19 株、湖南 19 株、安徽 8 株,所有菌株已经过回接验证),冻干保存于−20 ℃冰箱中备用。

1.2 鉴别品种

鉴别品种包括国际水稻研究所的 5 个近等基因系材料(IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB21、IRBB24)和高感品种金刚 30,由江苏省农业科学院植物保护研究所生防组提供。

1.3 接种与调查

接种菌株在 NA 固体培养基上 28～30 ℃下培养 48～72 h,无菌水洗下菌苔,配制成浓度为 3×10^8/mL 的悬浮液。在水稻孕穗初期,针刺接种叶片,接种 21 d 后测量接种点的病斑长度,每个处理测量 10 张叶片,取平均值。病斑长度小于或等于 1.0 cm 划分为抗病反应(R),病斑长度大于 1.0 cm 的划分为感病反应(S)[10]。根据各菌株在 6 个鉴别品种上的抗感反应,划分水稻细菌性条斑病菌的致病型。

1.4 菌株基因组 DNA 提取

试验前各菌株先在 PSA 固体培养基上复壮,然后挑取 48 h 菌龄的菌落于 NA 液体培养基中,在 26～28 ℃下振荡培养 18 h。用细菌基因组 DNA 专用抽提试剂盒(上海生工生物工程技术服务有限公司)提取各菌株基因组总 DNA,检测 DNA 纯度。

1.5 rep-PCR

rep-PCR 采用 ERIC 和 BOX 寡核苷酸引物[5]。ERIC 引物序列分别为 ERIC1R:5′-TGTAAGCTCCTGGGGATTCAC-3′和 ERIC2:5′-AAGTAAGTGACTGGGGTGAGCG-3′。BOX 引物序列为 A1R:5′-CTACGGCAAGGCGACGCTGACG-3′。

引物由上海生工生物工程有限公司合成。反应体系总体积为 25 μL,其中 10×buffer (10 mmol/L Tris-HCl,pH 8.3;50 mmol/L KCl) 2.5 μL,2.5 mmol/L $MgCl_2$,1.25 mmol/L dNTP,每个引物 62 pmol,2 U*Taq* 酶,50 ng 模板 DNA。ERIC-PCR 反应条件:94 ℃下 7 min;94 ℃下 1 min,52 ℃下 1 min,65 ℃下延伸 8 min,循环 35 次;最后 65 ℃下延伸 15 min。BOX 扩增除退火温度为 53 ℃,循环数为 30 次外,其他同 ERIC 扩增。扩增结束后,取 5 μL 扩增产物在 1%琼脂糖凝胶,1×TAE 缓冲液中进行电泳检测。电压 90 V,电泳 120 min,于凝胶成像系统拍照保存。

1.6 数据分析

各菌株基因组 DNA 经 PCR 扩增后,呈现电泳指纹,电泳图中每一条带纹均作为一个分子标记,代表一个位点。根据 PCR 产物指纹带位的有无,分别转换为两个数码,即 1 或 0。采用 NTSYSpc 1.7 版软件包,对结果以非加权算术平均数配对法(unweighted pair-group method with arithemetic averages,UPGMA)进行聚类分析,推断水稻细菌性条斑病菌菌株之间的系统发育关系。本研究以不同的 PCR 谱型标记指纹带位的相似率达 80%为界,进行聚类分类,根据下列公式计算遗传多样性:$H=[n/(n-1)](1-\Sigma X_i^2)$;$X_i$ 为群体中第 i 个样品的谱型出现频率;n 是测定的菌株数。

2 结果与分析

2.1 水稻细菌性条斑病菌致病型分化

将 69 个水稻条斑病菌菌株接种于携带不同抗性基因近等基因系和高感品种金刚 30 等 6 个鉴别品种上。根据抗感反应类型,可划分为 13 个致病型,其中 C6 致病型频率最高,占 26.1%(表 1),为优势致病型。

2.2 水稻细菌性条斑病菌致病型及其与地理位置的关系

从表 2 可以看出,所测试菌株中来源于江苏的菌株致病型包括 C1、C3、C5、C6、C9、C11 和 C13 致病型,其中 C6 占江苏菌株的 40%;云南的菌株包括 C1、C2、C6、C12 和 C13 致病型,C6 占云南菌株的 25%;江西的菌株致病型种类较多,除 C4、C11 和 C12外都有分布,C6占江西菌株的31.6%;湖南菌

表 1 水稻细菌性条斑病菌在鉴别品种上的分化情况

Table 1. Reaction of six differential varieties to the strains of *X. oryzae* pv. *oryzicola*.

致病型 Pathotype	鉴别品种 Differential variety						菌株个数 Strain number	百分率 Infection rate/%	代表性菌株 Representative strain
	金刚 30 Jingang 30	IRBB4	IRBB5	IRBB14	IRBB21	IRBB24			
C1	S	S	S	S	S	S	9	13.0	Jsb1-36, Jx-2, Jx-4, Hn-14, Hn-21, Hn-22, Hn-27, Hn-32, Yn-70
C2	S	S	S	S	S	R	3	4.9	Yn1-2, Yn1-4, Jx-23
C3	S	S	R	S	S	S	5	7.2	Jsb2-7, Jx-11, Jx-29, Ah5-11, Ah5-16
C4	S	S	R	S	S	R	2	2.9	Jsb1-9, Sy09-23
C5	S	S	R	R	S	S	4	5.8	Sy09-6, Sy09-14, Jx-28, Hn-5
C6	S	R	R	S	S	S	18	26.1	Jsb1-23, Jsb1-39, Jsb1-58, Jsb3-36, Sy-3, Sy09-14, Ah5-7, Ah5-6, Hn-5, Hn-9, Jx-17, Jx-20, Jx-22, Jx-29, Jx-30, Jx-39, Yn-22, Yn-26
C7	R	S	S	S	R	R	2	2.9	Jx-12, Jx-18
C8	S	R	R	S	S	R	3	4.9	Hn-4, Hn-7, Jx-10
C9	S	R	R	R	S	S	4	5.8	Sy09-4, Sy09-11, Hn-6, Hn-8
C10	S	R	R	R	S	R	4	5.8	Hn-13, Ah5-6, Jx-38, Jx-3
C11	S	R	R	R	R	S	4	5.8	Jsb1-4, Jsb1-9, Ah4-8, Ah5-16
C12	S	R	R	R	R	R	5	7.2	Ah5-14, Hn-15, Hn-29, Yn1-1, Yn-28
C13	R	R	R	R	R	R	6	8.7	Sy09-7, Hn-2, Yn-70, Ah5-4, Jx-7, Jx-44
合计 Total							69	100.0	-

表 2 不同地区水稻细菌性条斑病菌致病型的分布

Table 2. Pathotype and distribution of *X. oryzae* pv. *oryzicola* in different regions.

来源地区 Origin	菌株个数 Number of strains	致病型(菌株个数) Pathotype (Number of strains)
江苏 Jiangsu Province	15	C1(1), C3(1), C5(2), C6(6), C9(2), C11(2), C13(1)
云南 Yunnan Province	8	C1(1), C2(2), C6(2), C12(2), C13(1)
江西 Jiangxi Province	19	C1(2), C2(1), C3(2), C5(1), C6(6), C7(2), C8(1), C9(1), C10(1), C13(2)
湖南 Hunan Province	19	C1(5), C5(1), C6(2), C8(2), C9(2), C10(1), C11(2), C12(2), C13(2)
安徽 Anhui Province	8	C3(2), C6(2), C10(1), C11(2), C12(1)

株主要包括 C1、C5、C6、C8、C9、C10、C11、C12 和 C13 致病型，湖南优势菌群致病型为 C1，比例为 26.3%，C6 仅为 10.5%；安徽菌株分布在 C3、C6 和 C10、C11、C12 等致病型，C6 占安徽菌株比例为 25%。从致病型分布来看，江西和湖南致病型种类较多，云南和安徽的致病型种类较少，优势致病型 C6 在江苏、云南、江西、湖南和安徽等地区都有分布，且占有较大比例。相对来说，湖南菌株的优势致病型为 C1。从表 2 中可以看出，不同地理位置间致病型分化存在差异，致病型分化与地理位置间相关不显著。

2.3 BOX-PCR 和 ERIC-PCR 结果分析

以引物 BOX 扩增的片段大小为 250～5000 bp，指纹主带有 5～13 个，图 1-A 所示为部分菌株的 BOX 谱型。BOX 引物以带位相似率 80%为界，将 69 个角株分为 10 类(图 2-A)，参试菌株遗传多样性值为 0.9784。菌株的对应类群构成比例并不相同。第 1 类有 7 个菌株，占总数的 10.1%；第 2 类有 20 个菌株，占 29.0%；第 3 类有 27 个菌株，占总数的 39.1%，并且包括 10 个致病型，是优势类群；第 4 类有 6 个菌株，占 8.7%；第 5～7 类和第 10 类各有 1 个菌株，占 1.4%；第 8 类有 3 个菌株，占 4.3%；第 9 类有 2 个菌株，占 2.9%。

以引物 ERIC 扩增的片段大小为 250～5000 bp，指纹主带有 2～10 个，图 1-B 所示为部分菌株的 ERIC 谱型。同样，ERIC 引物以带位相似率 80%为界，将亲缘关系分为 8 类(图 2-B)，参试菌株遗传多样性值为 0.9833。菌株对应类群构成比例与 BOX 的也有所不同。第 1 类有 5 个菌株，占总数的 7.2%；第 2 类有 2 个菌株，占 2.9%；第 3 类和第 8 类各有 1 个菌株，占总数的 1.4%；第 4 类有 10 个菌株，占 14.5%；第 5 类有 24 个菌株，占 34.8%，包括 13 个致病型，是优势类群；第 6 类有 23 个菌株，占 33.3%；第 7 类有 3 个菌株，占 4.3%。

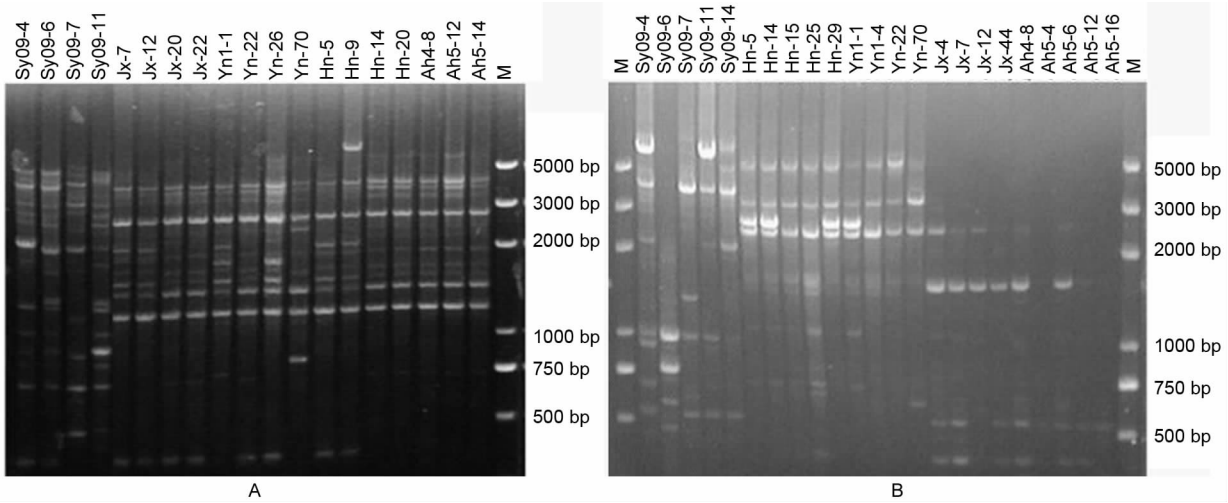


图 1 水稻细菌性条斑病菌部分菌株 BOX-PCR 分子指纹图谱(A)和 ERIC-PCR 分子指纹图谱(B)

Fig. 2. BOX-PCR (A) and ERIC-PCR (B) molecular fingerprinting patterns of the genomic DNAs from some strains of *X. oryzae* pv. *oryzicola*.

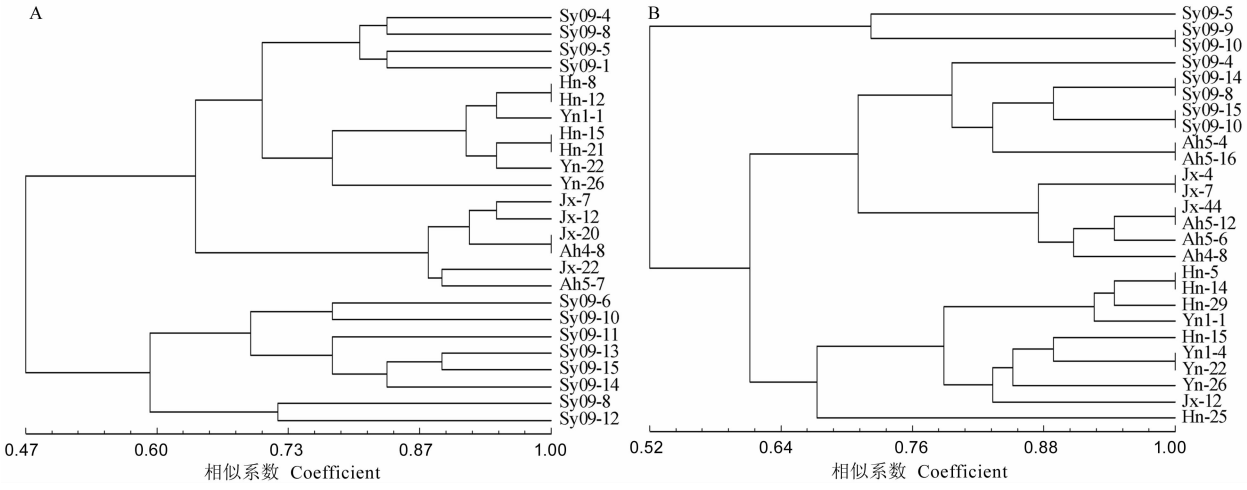


图 2 水稻细菌性条斑病菌部分菌株 BOX-PCR 产物聚类分析(A)和 ERIC-PCR 产物聚类分析(B)

Fig. 2. Dendrogram based on the molecular fingerprinting patterns by BOX-PCR (A) and ERIC-PCR (B) of some strains of *X. oryzae* pv. *oryzicola*.

2.4 BOX-PCR 与 ERIC-PCR 结果比较

引物 BOX 产生的指纹主带有 5～13 个,以带位相似率 80%为界,分为 10 类。而引物 ERIC 产生的指纹主带有 2～10 个,分为 8 类。两者相比,ERIC 的分辨率更高些。2 个引物的优势类群中菌株交叉率较高,ERIC 引物第 5 优势类群中有 24 个菌株,其中 17(70.8%)个菌株存在于 BOX 引物优势第 3 类中, 占第 3 类中 27 个菌株的 63.0%。

2.5 水稻细菌性条斑病菌的类群与地理位置、致病型的关系

从类群分类的菌株来源来看,以 BOX-PCR 结果为例 (表 3),第 1、5～10 类菌株都来源于江苏,可见江苏菌株遗传多样性丰富;云南菌株主要集中在第 4 类中,湖南菌株和江西菌株分别集中在第 2 类和第 3 类中,安徽菌株出现在第 2 类和第 3 类中,可以看出类群分类与地理位置显著相关。从 ERIC-PCR 结果中可以得出类似结果。

由表 3 还可以看出,分子谱型聚类划分的类群在同一类里包含了不同致病型,例如 BOX-PCR 第 2 类中包含有 C1、C2、C5、C6、C8、C9、C10、C11、C12 和 C13 等致病型,第 1、3、4 和 8 类中有类似的结果;反之,用鉴别品种划分的同一致病型出现在不同的

表 3 水稻细菌性条斑病菌类群与地理位置、致病型之间的关系

Table 3. Relationship of *X. oryzae* pv. *oryzicola* groups with different regions and pathotypes.

BOX-PCR		来源地区 Region	ERIC-PCR		来源地区 Region
类群 Group	致病型 Pathotype		类群 Group	致病型 Pathotype	
1	C1, C2, C6, C9	江苏 Jiangsu	1	C1, C6	江苏 Jiangsu
2	C1, C2, C5, C6, C8, C9, C10, C11, C12, C13	湖南、云南 Hunan and Yunnan	2	C9	江苏 Jiangsu
			3	C2	江苏 Jiangsu
3	C1, C3, C5, C6, C7, C8, C9, C10, C11, C12	江西、安徽 Jiangxi and Anhui	4	C5, C6, C9, C11	江苏、安徽 Jiangsu and Anhui
4	C1, C2, C6, C11, C12	云南 Yunnan	5	C1, C3, C5, C6, C7, C8, C9, C10, C11, C12	江西、安徽 Jiangxi and Anhui
5	C3	江苏 Jiangsu			
6	C5	江苏 Jiangsu	6	C1, C2, C5, C6, C8, C9, C10, C11, C12, C13	湖南、云南 Hunan and Yunnan
7	C5	江苏 Jiangsu			
8	C2, C11	江苏 Jiangsu	7	C2, C12	云南 Yunnan
9	C9	江苏 Jiangsu	8	C13	湖南 Hunan
10	C9	江苏 Jiangsu			

类群中，比如 C1 致病型在第 1、2、3 和 4 类中都有出现。ERIC-PCR 中也有类似的发现。由此可见，类群与致病型之间的相关性不显著。

3 讨论

BOX 引物和 ERIC 引物在分析水稻细菌性条斑病菌群体遗传多样性时使用广泛。姬广海等[5]根据 ERIC-PCR 和 BOX-PCR 扩增结果，在 80% 相似率条件下将不同条斑病菌分为 6 个和 10 个类群，而且不同引物的分辨率也不一致。通过应用两组引物扩增 DNA 指纹图谱综合数据分析的树状图，与单个引物相比，对水稻细菌性条斑病菌群体遗传多样性更加准确。本研究在前人研究的基础上，采用 BOX 和 ERIC 引物对 69 株来源于江苏、云南、江西、湖南和安徽的水稻细菌性条斑病菌进行了遗传多样性的分子指纹分析，结果表明 BOX 和 ERIC 引物能有效区分菌株的遗传差异。两个引物扩增的分子指纹图谱经聚类分析虽然存在差异，但都有一个优势类群，分别占所测菌株总数的 39.1% 和 34.8%，同时在两者优势类群中菌株交叉率较高。郑伟等[6]对来源于中国、日本和菲律宾的水稻白叶枯病菌进行遗传类群与致病型之间的关系研究，发现地理位置与致病型之间没有相关性。曾列先等[7]研究表明水稻白叶枯病菌的类群分类与小种之间无对应关系，其中的原因尚需进一步探索。姬广海等[11]认为水稻白叶枯病菌遗传类群与地理位置存在密切联系。Adhikari 等[12]分别利用插入序列 IS1112、IS1113 和 ERIC 重复序列引物，对水稻白叶枯病菌进行研究，发现利用分子标记划分的单元型与病菌致病型之间存在一定的相关性。Ochiai 等[13]也得出类似的结论。对于属于稻黄单胞菌(*X. oryzae*)种下的不同致病变种水稻细菌性条斑病菌，我们也发现不同遗传类群与致病型之间也不存在相互的对应关系，同一类群有多种致病型，反之，同一致病型也在不同的类群中出现(表 3)。Pan 等[14]研究表明水稻条斑病菌 rep-PCR 指纹图谱与致病型之间相关不显著，这与我们的研究结果一致。从表 3 中还可以看出，BOX-PCR 和 ERIC-PCR 在相似率 80% 下，类群分类能够有效区分不同地域来源的菌株，类群与地理位置间存在一定相关性。个别省份的菌株在多个类群中出现，可能是由于在不同生态环境中水稻细菌性条斑病菌进一步变异的结果。

我国有籼型或粳型或两种类型混栽等多种不同类型的水稻种植区域，因而致病型分化研究中，鉴别品种的选用也是关键。大多数研究结果都表明，水稻条斑病菌不同菌株的致病力存在着强弱分化，采用不同的鉴别品种其病原菌的致病型或生理小种就完全不同[15-19]。本研究选用的 IRBB24、IRBB21、IRBB14、IRBB4、IRBB5 和金刚 30 等 6 个鉴别品种对来源于江苏、云南、江西、湖南和安徽等不同生态稻区的水稻细菌性条斑病菌有较好的鉴别能力。通过对鉴别品种的抗感反应情况，将这些菌株分为 13 个致病型，其中 C6 致病型为优势致病型，频率为 26.1%。从致病型分布情况来看，不同地域来源的条斑病菌菌株在致病力分化上显示出多样性(表 2)，优势致病型 C6 在各省都有分布，但优势致病型在各个地区并不一致，例如江苏和江西以 C6 致病型为主，湖南以 C1 致病型为主，云南和安徽由于所

测菌株数目较少,难以得出其优势致病型种类。不同地区间优势致病型不同,可能与当地主栽品种有关,对此尚需进一步研究。

参考文献:

[1] Ou S H. Rice Diseases. 2nd ed. Kew, England: Commonwealth Mycology Institute. 1985: 96-103.

[2] Kriz R W. New, emerging, re-emerging plant diseases in the United States. 1999. http://www. ces. ncsu. edu/depst. [2010-01-01]

[3] Raymundo A K, Jr Briones A. Genetic diversity in *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*. *IRRN*, 1995, 20:3-5.

[4] Sheng Z J, Zhen L Y, Jun F X. Detection of QTL conferring resistance to bacterial leaf streak in rice chromosome 2 (*O. sativa* L. spp. *indica*). *Sci Agric Sin*, 2005, 38: 1923-1925.

[5] 姬广海,许志刚,张世珑. Rep-PCR 技术对中国水稻条斑病菌的遗传多样性初析. 植物病理学报, 2002, 32(1): 26-32.

[6] 郑 伟,刘晓辉,成国英,等. 中国、日本和菲律宾水稻白叶枯病菌遗传多样性比较分析. 微生物学报, 2008, 25(4): 519-523.

[7] 曾列先,陈 深,张 慧,等. 广东水稻白叶枯病菌遗传多样性和小种分化研究. 植物病理学报, 2009, 39(3): 231-237.

[8] 姬广海,许志刚. 水稻细菌性条斑病 DNA 多态性与致病性研究. 华中农业大学学报, 2000, 19(5): 430-433.

[9] Gonzalez C, Szurek B, Manceau C, et al. Molecular and pathotypic characterization of new *Xanthomonas oryzae* strains from West Africa. *Mol Plant-Microbe Interact*, 2007, 20(5): 534-546.

[10] 郭亚辉,许志刚,胡白石,等. 中国南方水稻条斑病菌小种分化研究. 中国水稻科学, 2004, 18(1):83-85.

[11] 姬广海,何月秋,张世光,等. 水稻白叶枯病原菌遗传和致病型多样性分析. 华南农业大学学报, 2005, 26(2): 26-30.

[12] Adhikari T B, Mew T W, Leach J E. Genotypic and pathotypci diversity in *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in Nepal. *Phytopathology*, 1999, 89(7): 687-694.

[13] Ochiai H, Horino O, Miyajima K, et al. Genetic diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* strains from Sri Lanka. *Phytopathology*, 2000, 90(4): 415-421.

[14] Pan R W, Zou W C, Xu D G, et al. Genotypic and pathotypic diversity of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in southern China. *Phytopathology*, 2010, 100(suppl 1): 96.

[15] 梁传永,李大春,易建平,等. 中国水稻条斑病毒力型的研究. 南京农业大学学报, 1994, 17(3): 48-52.

[16] Shekhawat G S, Srivastava D N. Epidemiology of bacterial leaf streak of rice. *Ann Phytopath Soc Jpn*, 1972, 38:7-34.

[17] 徐羡明,林壁润,曾列先. 广东水稻细菌性条斑病菌致病力分化研究初报. 广东农业科学, 1992(6): 31-32.

[18] 刘友勋,成国英,涂立超,等. 中南 4 省水稻细菌性条斑病致病型比较. 华中农业大学学报, 2004, 23(5): 504-506.

[19] 王绍雪,马改转,魏兰芳,等. 西南地区水稻细菌性条斑病菌致病力的分化. 湖南农业大学学报, 2010, 36(2): 188-191.

欢迎订阅 2012《中国种业》征订启事

《中国种业》是由农业部主管,中国农业科学院作物科学研究所和中国种子协会共同主办的全国性、专业性、技术性种业科技期刊。该刊系全国中文核心期刊、全国优秀农业期刊。刊物目标定位:以行业导刊的面目出现,并做到权威性、真实性和及时性。覆盖行业范围:大田作物、蔬菜、花卉、林木、果树、草坪、牧草、特种种植、种子机械等,信息量大,技术实用。读者对象:各级种子管理、经营企业的领导和技术人员,各级农业科研、推广部门人员,大中专农业院校师生,农村专业户和广大农业生产经营者。

《中国种业》为月刊,大 16 开本,每期 8.00 元,全年 96.00 元。国内统一连续出版物号:CN 11-4413/S,国际标准连续出版物号:ISSN 1671-895X,全国各地邮局均可订阅,亦可直接汇款至编辑部订阅,挂号需每期另加 3 元。

邮发代号:82-132;地 址:(100081)北京市中关村南大街 12 号 中国农业科学院;电话:010-82105796(编辑部),010-82105795(广告发行部);传真:010-82105796;网址:www. chinaseedqks. cn;E-mail: chinaseedqks@sina. com, chinaseedqks@163. com。