

中图分类号: S532 文献标识码: A 文章编号: 1672-3635(2014)03-0175-05

综 述

马铃薯晚疫病抗病基因研究进展

吴秋云¹, 黄科¹, 刘明月¹, 周倩², 熊兴耀^{1,3*}

(1. 湖南省马铃薯工程技术研究中心, 湖南农业大学园艺园林学院, 作物种质创新与资源利用国家重点实验室培育基地, 湖南长沙 410128; 2. 湖南农业大学植物保护学院, 湖南长沙 410128; 3. 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 晚疫病是危害马铃薯生产的重要病害, 可导致马铃薯的大量减产。多年来研究人员对马铃薯晚疫病进行了大量的研究, 取得了一系列的成果。对马铃薯晚疫病防治最有效的方法是使用抗病品种, 随着分子生物学技术的发展, 从野生资源中分离抗病基因, 并将其转入到栽培种马铃薯中可以获得抗病特性。到目前为止, 已经有十多个抗晚疫病基因被发现和图谱, 且部分基因已被转入到栽培品种中。本文从晚疫病抗病基因的发现、分离、定位及克隆等方面进行了综述。

关键词: 马铃薯; 晚疫病; 抗病基因

Research Progress of Late Blight Resistance Genes in Potato

WU Qiuyun¹, HUANG Ke¹, LIU Mingyue¹, ZHOU Qian², XIONG Xingyao^{1,3*}

(1. Hunan Provincial Engineering Research Center for Potato/ College of Horticulture and Landscape, Hunan Agricultural University/ Hunan Provincial Key Laboratory for Germplasm Innovation and Utilization of Crop, Changsha, Hunan 410128, China; 2. College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 3. Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Science, Beijing 100081, China)

Abstract: Late blight is one of the most devastating diseases in potato. It can lead to a great loss in the yield and quality. The researchers have made intensively studies on late blight. And they have acquired many results in the past years. The use of resistant varieties was considered to be the most sustainable approach for the management of late blight. With the development of the molecular biology technology, isolation of the genes that code for the resistance traits found in wild sources and subsequent transformation of existing potato cultivars with these genes could be means of exploiting potentially durable late blight resistance in wild *Solanum* species. Up to now, more than ten late blight resistance genes have been detected and mapped from wild sources and some of them have been introduced into varieties. This paper summarized and described the research state of late blight genes in potato.

Key Words: potato; late blight; resistance gene

由致疫霉菌(*Phytophthora infestans*)引起的马铃薯晚疫病是马铃薯生产中最重要病害之一, 其危害程度大, 危害面广, 可导致马铃薯大面积的减产甚至绝收。19世纪中叶晚疫病曾导致爱尔兰马铃薯大面积绝收, 造成160万爱尔兰人因食物短

缺而死亡, 给社会带来极大的恐慌^[1]。目前全世界每年因晚疫病造成的直接经济损失可高达67亿美元, 占马铃薯总产值的15%, 发展中国家损失高达35亿美元。中国每年因感染晚疫病造成马铃薯减产约10%~15%, 部分产区每年因晚疫病损失鲜薯

收稿日期: 2014-01-02

基金项目: 国家科技支撑计划课题(2012BAD06B0403); 教育部博士点基金项目(20124320120003); 湖南省自然科学基金(11JJ3035); 湖南省教育厅优秀青年项目(11B063)。

作者简介: 吴秋云(1972-), 女, 副研究员, 博士研究生, 从事作物栽培生理研究。

*通信作者(Corresponding author): 熊兴耀, 教授, 博士生导师, 主要从事马铃薯栽培生理研究, E-mail: xiongxyao@126.com。

达15%~40%, 严重地块甚至绝收, 每年因此造成的经济损失高达20亿美元。因此, 马铃薯晚疫病的防治工作已成为世界马铃薯生产的一项极其严峻的任务。

导致晚疫病发生的致病疫霉菌有两种交配型, 即A₁型和A₂型, 其小种分化极快, 防治比较困难。过去人们利用抗真菌剂来防治晚疫病, 但其效果并不明显^[2,3]。随着现代分子生物学和基因工程技术的发展, 从马铃薯抗晚疫病野生种质资源中分离抗病基因, 并将其导入栽培种马铃薯中, 已经成为马铃薯抗病育种的一个重要途径^[4]。自20世纪80年代以来, 育种工作者已经从野生马铃薯种 *Solanum demissum*、*S. bulbocastanum* 及其它野生种中鉴定出了多个晚疫病抗性基因, 且将部分抗病基因导入到马铃薯普通栽培种中^[5], 获得了具有抗晚疫病的马铃薯植株。本文将从马铃薯晚疫病基因的分离、定位、克隆与应用等方面对晚疫病抗病基因的研究进行概述。

1 来自于 *S. demissum* 中晚疫病抗性基因的定位与克隆

马铃薯六倍体野生近缘种 *S. demissum* (2n = 6x = 72) 是栽培马铃薯中晚疫病抗性基因的最大来源, 其不仅含有高抗晚疫病基因, 而且易与四倍体栽培种 *S. tuberosum* 杂交, 目前已经有11个晚疫病抗病基因从 *S. demissum* 中鉴定出来并转育到马铃薯栽培种中^[6,7], 这些基因分别被定名为 *R1*, *R2*, ..., *R11*, 它们都是具小种专化抗性的主效抗病基因。

晚疫病抗病基因 *R1* 是目前研究得最清楚的晚疫病抗病基因之一, 定位在 *S. demissum* 的V号染色体上, 是多基因家族成员之一, 它所在的位置也是各种病原体抗病基因的集中区, 包括可以编码对各种病原体(病毒、霉菌、线虫和昆虫)的抗性蛋白, 马铃薯X病毒的单基因抗性基因就定位在这一区域^[8]。Ballvora等^[9], Dangl和Jones^[10]以及Ellis等^[11]报道构建出 *R1* 基因位点附近的高分辨率图谱, 并通过定位克隆结合候选基因方法克隆出了 *R1* 基因, 它编码1293个氨基酸, 蛋白分子量为149.4 kD。对 *R1* 基因的分子结构分析表明, 它包含一个保守的核苷酸结合位点(NBS)、一个亮氨酸富集重复序列(LRR)和一个亮氨酸拉链模块

(LZs), 是典型的 nonTIR-NBS-LRR 型抗病基因。Kuang等^[12]报道, 在 *R1* 基因位点附近构建了3个大约1 Mb的物理图谱, 有3个明显特征的抗性基因家族被鉴定出来, 其中之一与马铃薯 *R1* 基因高度同源。对 *R1* 同源基因的序列比较表明, 它们在距离进化树上形成3个明显的进化枝, 在 *R1* 同源基因的每一个进化枝上都能检测到频繁的序列交换, 但在不同的进化枝上却检测不到。这些结果表明, *R1* 同源基因包括3组独立的进化较快的I型抗性基因, 它们之间的序列交换频繁, 因而产生特定的嵌合体结构。

晚疫病抗病基因 *R2* 定位在马铃薯IV号染色体上^[8], 是利用四倍体群体 EJ96-4061 进行定位的。Michelmores等^[13]报道, 通过大片段分析(BSA)方法已将11个与 *R2* 位点相连锁的 AFLP 标记鉴别出来, Park等^[14]在二倍体图谱群体中鉴别了3个特异的 *R* 基因, 其中一个定位在IV染色体上, 并与 *S. demissum* 中的 *R2* 在表型上十分相近, 利用 *R2* 类似位点侧翼的2个标记对1586个后代群体进行筛选, 大约有103个重组体被选择出来, 从而构建成一个高分辨率的遗传图谱。

晚疫病抗病基因 *R3* 定位在马铃薯XI号染色体长臂上, 对马铃薯晚疫病 *P. infestans* 毒株具有小种专化抗性。Huang等^[15]利用1748个植株群体在 *R3* 基因位点附近构建了一个高分辨率的遗传图谱, 通过精确作图和对特异 *P. infestans* 离体株的病原检测, 发现 *R3* 位点由2个具有明显特征的基因组成, 这2个基因(*R3a*和*R3b*)之间遗传间距为0.4 cM, 均来自于 *S. demissum* 的基因融合。Huang等^[16]报道利用 local RGA 并结合遗传图谱方法分离出了 *R3a* 基因, 通过在 *R3* 基因位点附近构建高分辨率的遗传和物理图谱, 结合比较基因组学分析发现马铃薯的 *R3* 复合位点与番茄中的 *I₂* 复合位点具共线性, 表明 *R3* 基因位点也可能是一个 *I₂* 基因的类似物 (*I₂GA*)。

晚疫病抗病基因 *R8* 定位在第IX号染色体长臂末端, 为晚疫病抗性主效单基因, 该区域至少存在3个抗性基因簇^[17]。

R10 基因定位于第XI号染色体的短臂末端, 与已克隆的 *R3a* 基因同属于抗晚疫病主效位点的单倍型, 徐建飞^[18]利用比较基因组学结合BSA分析方法构建了 *R10* 位点的高分辨率遗传图谱, 并将

R10 定位于标记 656T 和 1001T 之间的 0.26 cM 区域内。

R11 基因定位在第 XI 号染色体上^[19], 也是晚疫病抗性主效单基因, 在四倍体马铃薯 *MaR11* 中以单拷贝形式存在, 与最近的标记 C2-At5g59960 距离约为 2.4 cM, *R11* 基因较 *R3b* 基因和 *R10* 基因更靠近端粒区。

此外, 来自 *S. demissum* 的晚疫病抗病基因 *R5*、*R6*、*R7* 和 *R9* 被定位在马铃薯第 XI 号染色体上^[20-22]。在这 11 个抗性基因中, *R4* 位点还没有确定^[23], 但由于 *R4* 与一个已知的抗性基因 *Rpi-edn3* 相似, 有人推断 *R4* 可能位于第 XI 染色体长臂端^[24]。

2 来自于 *S. bulbocastanum* 中晚疫病抗病基因的定位与克隆

二倍体马铃薯 *S. bulbocastanum* ($2n = 2x = 24$) 是具有田间广谱晚疫病抗性的种, 其抗病性具有量化特征和非小种专化性, 目前, 已有多个抗晚疫病基因从该野生种中克隆出来。Edwin 等^[25]报道从 *S. bulbocastanum* 中克隆了 *Rpi-blb1* 基因, 其所在区域是一个抗病基因簇, 是一种典型的 CC-NBS-LRR 型的抗性基因, 编码一个 970 个氨基酸组成的多肽, 分子量为 110.3 kD, 5' 和 3' UTRs 分别为 45 nt 和 181 nt, *Rpi-blb1* 基因包含一个 678 nt 的单一内含子, 位于 ATG 起始密码子的下游 428 nt 处。进一步研究把 *Rpi-blb1* 基因定位在 *S. bulbocastanum* 的 VIII 号染色体上, 距标记 CT88 有 0.3 cM, 对所有的 *P. infestans* 小种都具有广谱的抗性。

Rpi-blb2 基因是从 *S. bulbocastanum* 中分离出的另一个具有广谱晚疫病抗性的抗病基因。Edwin 等^[26]报道, *Rpi-blb2* 定位在一个四倍体回交群体 (ABPT) 的 VI 号染色体上, 与番茄的 *Mi-1* 基因位点相同的区域。对 *Rpi-blb2* 的 LRR 区域多态性和进化分析发现, 该区域在核酸水平上变异程度很高, 而且存在多个突变热点, 通过对该区域的 K_a / K_s 值估算, 发现 *Rpi-blb2* 的 LRR 区总体上受到纯化选择, 功能保守, 但 LRR 区不同部位所受到的选择压力却不相同。同时, 在核酸水平上, *Rpi-blb2* 基因的 LRR 区域在马铃薯栽培种和马铃薯野生种之间没有发现明显的分化^[27]。

Rpi-blb3 基因是从 *S. bulbocastanum* 中最新鉴别

出来的一个晚疫病抗性基因, Park 等^[28]绘制了 *Rpi-blb3* 的高分辨率的遗传图谱, 并将其定位在马铃薯 IV 号染色体的一个 0.93 cM 的区域。

3 其它一些抗晚疫病基因的发现与定位

来源于 *S. venturii* 的 *Rpi-vnt 1.1* 基因和 *Rpi-vnt 1.3* 基因被定位在 *S. venturii* 第 IX 号染色体上, 属于 CC-NBS-LRR 型基因, 分别编码 891 个和 905 个氨基酸的多肽, *Rpi-vnt 1.1* 和 *Rpi-vnt 1.3* 与番茄花叶病毒抗性蛋白 Tm-22 具有 75% 的氨基酸序列一致性, 且 *Rpi-vnt 1.1* 和 *Rpi-vnt 1.3* 基因编码的 LRR 区域仅有 2 个氨基酸不同, *Rpi-vnt 1.3* 在其 N 端有 14 个氨基酸插入。尽管 *Rpi-vnt 1.1* 和 *Rpi-vnt 1.3* 结构有所不同, 但具有相同的广谱抗性^[29]。

来源于 *S. ruizceballosii* 的 *Rpi-rzc1* 基因被定位在第 X 号染色体上, 距离 TG403 标记 10.4 cM 的区域内。Sliwka 等^[30]根据已知染色体位点的 1 603 个 DArT 标记和 48 个特异性 PCR 标记构建了总长 1 204.8 cM 的遗传连锁图谱, 进一步研究发现 *Rpi-rzc1* 基因和与其相距 3.4 cM 的 F 位点编码紫色花色的基因紧密连锁, 这一发现为从杂交后代中选择含有 *Rpi-rzc 1* 基因的抗性个体提供了依据。

Moreau 等^[31]报道, 3 个针对 *P. infestans* 的抗性基因已经定位在番茄染色体组上: *Ph-1* 基因定位在 VII 号染色体上, *Ph-2* 基因定位在 X 号染色体上, *Ph-3* 基因定位在 IX 号染色体上。Kuhl 等^[32]报道, 晚疫病抗病相关基因 *Rpi1* 被定位在一个墨西哥二倍体种 *S. pinnatisectum* 的 VII 号染色体上。

Smilde 等^[33]报道, 在马铃薯种 *S. mochiquense* 基因组 IX 号染色体的长臂远端发现另一个晚疫病抗病相关基因 *Rpi-moc1*, 位于与番茄的晚疫病抗病基因 *Ph-3* 相邻的位点, *Ph-3* 是在 *S. mochiquense* 中发现的第一个抗病基因。

Rauscher 等^[34]从 *S. berthauhii* 中发现了马铃薯晚疫病抗性 *Rber* 基因, 通过鉴定 11 个晚疫病抗性基因相对应的 *P. infestans* 单株, 表明 *Rber* 基因对应的 *P. infestans* 小种与已知的晚疫病抗病基因 *R1*, *R2*, *R3*, *R4*, *R5*, *R6*, *R7* 和 *R10* 功能类似, 由此推断 *Rber* 基因可能是一个新基因, 不同于已经在 *S. demissum* 中鉴别出来的晚疫病抗病基因, 且将 *Rber* 基因定位于马铃薯 X 号染色体上。

此外, 研究者从其它野生种中鉴定出了一些抗性

基因, *Rpi-mcd 1* 基因(*S. microdontum*)^[35], *Rpi-phu1* 基因(*S. phureja*)^[36], *Rpi-dlc1* 基因(*S. dulcamara*)^[37], 这些非小种专化抗性基因的发现为马铃薯抗晚疫病育种提供了更为丰富的基因资源。

4 展 望

马铃薯晚疫病不仅危害严重, 而且发病机制复杂, 长期以来国内外科研人员进行了大量的研究, 在不同野生马铃薯品种中发现抗病资源。将抗病基因转入到栽培种中, 从而获得抗晚疫病的马铃薯新品种, 将成为抗晚疫病最有效的途径。自上世纪80年代以来, 研究者们从野生马铃薯不同种中发掘、定位与克隆的晚疫病抗病基因已达十几个, 开展对这些抗病基因功能及致病机制的研究, 实现抗病基因导入以获得抗病新品种, 将对马铃薯生产带来很大影响。

[参 考 文 献]

- [1] Fry W E, Goodwin S B. Resurgence of the Irish potato famine fungus [J]. *BioScience*, 1997, 47: 363-371.
- [2] Niederhauser J S, Alvarezluna E, Mackenzie D R, *et al.* A new strategy in the control of potato late blight [J]. *Amer Potato J*, 1996, 73: 225-229.
- [3] Edwin A G, van der Vossen, Sikkema A, *et al.* An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato [J]. *The Plant Journal*, 2003, 36(6): 867-882.
- [4] 晁祥建, 孔维国, 张煜, 等. 二倍体马铃薯资源现状及应用研究进展 [J]. *山东农业科学*, 2008(7): 49-53.
- [5] Gebhardt C, Valkonen J P T. Organization of genes controlling disease resistance in the potato genome [J]. *Annu Rev Phytopathol*, 2001, 39: 79-102.
- [6] Van der Plank J E. Dynamics of epidemics of plant disease [J]. *Science*, 1965, 147(3654): 120-124.
- [7] Wastie R L. The cause of late blight of potato [J]. *Adv Plant Pathol*, 1991, 7: 193-223.
- [8] De Jong W, Forsyth A, Leeister D, *et al.* A potato hypersensitive resistance gene against potato virus X maps to a resistance gene cluster on chromosome 5 [J]. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 153-162.
- [9] Ballvora A, Ercolano M R, Wei B J, *et al.* The *R1* gene for potato resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) belongs to the leucine zipper/NBS/LRR class of plant resistance genes [J]. *Plant J*, 2002, 30(3): 361-371.
- [10] Dangl J L, Jones J D G. Plant pathogens and integrated defence responses to infection [J]. *Nature*, 2001, 41(1): 826-833.
- [11] Ellis J G, Dodds P N, Pryor T. Structure, function and evolution of plant disease resistance genes [J]. *Current Opinoin in Plant Biol*, 2000, 3: 278-284.
- [12] Kuang H, Wei F, Marano M R, *et al.* The *R1* resistance gene cluster contains three groups of independently evolving, type I *R1* homologues and shows substantial structural variation among haplotypes of *Solanum demissum* [J]. *The Plant Journal*, 2005, 44(1): 37-51.
- [13] Michelmore R W, Paran I, Kesseli R V. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1991, 88(21): 9828-9832.
- [14] Park T H, Vleeshouwers V G, Huigen D J, *et al.* Characterization and high-resolution mapping of a late blight resistance locus similar to *R2* in potato [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111(3): 591-597.
- [15] Huang S, Vleeshouwers V G, Werij J S, *et al.* The *R3* resistance to *Phytophthora infestans* in potato is conferred by two closely linked *R* genes with distinct specificities [J]. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2004, 17(4): 428-435.
- [16] Huang S, Van der Vossen E A G, Kuang H, *et al.* Comparative genomics enabled the isolation of the *R3a* late blight resistance gene in potato [J]. *Plant J*, 2005, 42: 251-261.
- [17] Jo K R, Arens M, Kim T Y, *et al.* Mapping of the *S. demissum* late blight resistance gene *R8* to a new locus on chromosome IX [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 123(8): 1331-1340.
- [18] 徐建飞. 马铃薯抗晚疫病主效位点的基因定位和遗传分析 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2008.
- [19] 徐建飞, 黄三文, 金黎平, 等. 马铃薯晚疫病抗性基因 *R11* 的遗传定位 [J]. *作物学报*, 2009, 35(6): 992-997.
- [20] El-Kharbotly A, Palomino-Sanchez C, Gebhardt C, *et al.* *R6* and *R7* alleles of potato conferring race-specific resistance to *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary indentified genetic loci clustering with the *R3* locus on chromosome XI [J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 880-884.
- [21] Bradshaw J E, Bryan G J, Lees A K, *et al.* Mapping the *R10* and *R11* genes for resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) present in the potato (*Solanum tuberosum*) *R*-gene differentials of Black [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(4): 744-751.

- [22] Huang S. Discovery and characterisation of the major late blight resistance complex in potato [D]. Wageningen, The Netherlands: Wageningen University, 2005.
- [23] El-Kharbotly A, Pereira A, Stiekema W J, *et al.* Race specific resistance against *Phytophthora infestans* in potato is controlled by more genetic factors than only *R*-genes [J]. Euphytica, 1996, 90: 331–336.
- [24] Verzaux E, van Arkel G, Vleeshouwers V G A A, *et al.* High-resolution mapping of two broad-spectrum late blight resistance genes from two wild species of the *Solanum circaefolium* group [J]. Potato Res, 2012, 55: 109–123.
- [25] Edwin A G, van der Vossen, Sikkema A, *et al.* An ancient *R* gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato [J]. The Plant Journal, 2003, 36(6): 867–882.
- [26] Edwin A G, van der Vossen, Gros J, *et al.* The *Rpi-blb2* gene from *Solanum bulbocastanum* is an *Mi-1* gene homolog conferring broad-spectrum late blight resistance in potato [J]. The Plant Journal, 2005, 44(2): 208–222.
- [27] 游录鹏, 苗婧, 邹爱兰, 等. 马铃薯抗晚疫病基因 *Rpi-blb2* 的 LRR 区域多态性及分子进化分析 [J]. 遗传, 2012, 34(4): 485–494.
- [28] Park T H, Gros J, Sikkema A. The late blight resistance locus *Rpi-bib3* from *Solanum bulbocastanum* belongs to a major late blight *R* gene cluster on chromosome 4 of potato [J]. Mol Plant Microbe Interact, 2005, 18 (7): 722–729.
- [29] Pel M A, Foster S J, Park T H, *et al.* Mapping and cloning of late blight resistance genes from *Solanum venturii* using an interspecific candidate gene approach [J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2009, 22(5): 601–615.
- [30] Sliwka J, Jakuczun H, Chmielarz M, *et al.* Late blight resistance gene from *Solanum ruizceballosii* is located on potato chromosome X and linked to violet flower colour [J]. BMC Genetics, 2012, 27 (1): 11–13.
- [31] Moreau P, Thoquet P, Olivier J, *et al.* Genetic mapping of *Ph-2*, a single locus controlling partial resistance to *Phytophthora infestans* in tomato [J]. Mol Plant-Microbe Interact, 1998, 11(4): 259–269.
- [32] Kuhl J C, Hanneman R E, Havey M J, *et al.* Characterization and mapping of *Rpi1*, a late-blight resistance locus from diploid (1EBN) Mexican *Solanum pinnatisectum* [J]. Mol Genet Genomics, 2001, 265(6): 977–985.
- [33] Smilde W D, Brigneti G, Jones J D, *et al.* *Solanum mochiquense* chromosome IX carries a novel late blight resistance gene *Rpi-moc1* [J]. Theor Appl Genet, 2005, 110(2): 252–258.
- [34] Rauscher G M, Smart C D, Simko I. Characterization and mapping of *Rpi-ber*, a novel potato late blight resistance gene from *Solanum berthaultii* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 112: 674–687.
- [35] Tan M Y A, Hutten R C B, Celis C, *et al.* The *Rpi-mcd1* locus from *Solanum microdontum* involved in resistance to *Phytophthora infestans*, causing a delay in infection, maps on potato chromosome 4 in a cluster of *NBS-LRR* genes [J]. Molecular Plant-Microbe Interactions, 2008, 21(7): 909–918.
- [36] Liwka J, Jakuczun H, Lebecka R, *et al.* The novel, major locus *Rpi-phu1* for late blight resistance maps to potato chromosome IX and is not correlated with long vegetation period [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(4): 685–695.
- [37] Golas T M, Sikkema A, Gros J, *et al.* Identification of a resistance gene *Rpi-dlc1* to *Phytophthora infestans* in European accessions of *Solanum dulcamara* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 120(4): 797–808.

马铃薯专业委员会(2015–2018)换届通知

中国作物学会马铃薯专业委员会(2015–2018)换届工作已全面展开, 老委员和团体会员单位重新登记, 新委员和团体会员单位提交申请的表格请到本网站的“委员专区”下载, 请尽快按照表格下方的要求填写并提交。

网址: <http://www.chinapotato.org>

地址: 哈尔滨市香坊区木材街东北农业大学农学院

中国作物学会马铃薯专业委员会