

出國報告（出國類別：出席會議）

參加「第 7 屆國際作物科學研討會」
出國報告書

服務機關：國立嘉義大學

姓名職稱：黃文理 教授

派赴國家：中國

出國期間：中華民國 105 年 8 月 11 至 8 月 20 日

報告日期：中華民國 105 年 11 月 06 日

摘要

本次出國從 105 年 8 月 11 日至 8 月 20 日共計 10 天，前往中國北京出席第 7 屆國際作物科學大會(7th icsc)，此國際研討會每四年舉辦一次，由世界各國的作物學會輪流主辦，此國際研討會會議自 1992 年首度於美國愛荷達州艾姆市主辦，今年已是第 7 屆，首度由中國作物學會及中國農科院共同主辦，是全世界作物科學界最重要的國際盛會，大會涵括範圍非常廣泛，除作物類別最多，研究領域也最廣，今年(2016)共邀請 19 場次全大會專題演講 plenary sessions、304 場次分組專題演講(共分 10 主題)、及 924 篇海報論文展示，參加人數超過千人，規模之大，應該是在作物科學領域中少出其右的，較為遺憾的是臺灣僅有嘉大及臺大師生不到 10 人的人數參加，且也未有被邀請為口頭論文宣讀的，更甚者主辦單位對臺灣出席的參加學者們也不甚友善，讓出席者留下不太好的印象。本人藉參加本次研討會，發表海報論文，也首度有機會瀏覽北京這個中國最具代表意義的大都會與古都。參加本次參訪與國際研討會收穫豐碩，除接收到來自全世界水稻各領域專家最新研究成果資訊外，也與各國與會學者有密切互動，也攜回會議書面資料一份，也對最新作物科學相關研究現況有進一步了解。

目次

一、前言	1
二、出國目的	1
三、出國行程	2
四、會議過程	2
五、出國心得	7
六、建議事項	8
七、附錄一 會議議程	9
八、附錄二 論文全文	11

一、前言

本次出國從 105 年 8 月 11 日至 8 月 20 日共計 10 天，前往中國北京出席第 7 屆國際作物科學大會(7th icsc)，此國際研討會每四年舉辦一次，由世界各國的作物學會輪流主辦，此國際研討會會議自 1992 年首度於美國愛荷達州艾姆市主辦，今年已是第 7 屆，首度由中國作物學會及中國農科院共同主辦，是全世界作物科學界最重要的國際盛會，大會涵括範圍非常廣泛，除作物類別最多，研究領域也最廣，今年（2016 年）共邀請 19 場次全大會專題演講 plenary sessions、304 場次分組專題演講(共分 10 主題)、及 924 篇海報論文展示，參加人數超過千人，規模之大，應該是在作物科學領域中少出其右的，較為遺憾的是臺灣僅有嘉大及臺大師生不到 10 人的人數參加，且也未有被邀請為口頭論文宣讀的，更甚者主辦單位對臺灣出席的參加學者們也不甚友善，讓出席者留下不太好的印象。本人藉參加本次研討會，發表海報論文，也首度有機會瀏覽北京這個中國最具代表意義的大都會與古都。參加本次參訪與國際研討會收穫豐碩，除接收到來自全世界水稻各領域專家最新研究成果資訊外，也與各國與會學者有密切互動，也攜回會議書面資料一份，也對最新作物科學相關研究現況有進一步了解。

二、出國目的

國際作物科學大會每四年舉辦一次，是作物科學領域的“奧林匹克”，為推動世界作物科技進步有重要貢獻。第一屆國際作物科學大會於 1992 年在美國衣阿華州埃姆斯舉辦，其後的會議分別在印度、德國、澳大利亞、韓國和巴西召開。第七屆國際作物科學大會是中國首次獲得國際作物科學大會的主辦權，本次出國主要參加由中國作物學會及中國農科院共同主辦，每四年舉辦一次，第 7 屆的國際作物科學大會(7th icsc)，也利用研討會場合，與來自世界各國除水稻以外，重要作物如玉米、大豆、小麥、油菜等各專長領域的專家學者們進行學術交流，此研討會已是國際上作物科學界規模最大參與人數最多的盛會，本人也於會中發表研究成果，並與世界相關專長領域專家共同研討，有助於日後相關計畫之執行與教學。

三、出國行程

日期	行程規劃	行程內容
105.8.10	嘉義→台北	去程
105.8.11	台北→北京	去程
105.8.12-14	北京	市區參訪
105.8.14-19	北京	參加研討會
105.8.20	北京→台北	回程

四、會議過程

(一) 國內出席人員

本次會議國內共有來自台灣大學農化系 1 人、農藝系 6 人與嘉義大學 1 人（本人）共 8 人與會。

(二) 會議內容

1. 開幕式：

中國是世界人口最多，也是糧食需求最大的國家，人類兩大主食稻米與小麥中國的產量均居世界之首，總生產量佔全世界近 1/3 與 1/4，此外玉米與大豆等重要雜糧作物的生產量也都是全球排名前幾位，加上近年來中國對農業科技研發的投資日益加重，所以愈來愈多大型重要的國際研討會均選擇在中國舉行。這場四年一度的國際作物科學大會也是如此，不過，今年大會的開幕儀式大陸方面的強勢，反而引起一些批評，主要原因是大會主席之一中國農業部副部長也是中國農科院院長李家洋博士開場致詞時，全場以中文宣讀歡迎詞，字幕上以英文顯示，李院長英文能力極佳開幕致詞後緊接著以英文發表第一篇專題演講—A new food system for sustainable development. The role of science and technology. 讓人覺得不太尊重國際研討會慣例，或許中國主辦單位是想凸顯其影響力吧，另外開幕式中主辦人中國作物學會理事長翟虎渠博士也介紹來自各國此次會議主要的籌備聯絡人與專家。



7th ICSC 開幕式

本屆大會是第 7 屆，在中國北京市國際會議中心舉行，自 1992 年第一屆 ICSC 大會在美國艾姆市舉辦，第二屆 1996 年在印度新德里舉辦，第三屆 2000 年在德國漢堡市舉辦，第四屆 2004 年在澳洲布里斯班舉辦，第五屆 2008 年在韓國濟州島舉辦，第六屆 2012 年在巴西本圖貢薩爾維斯 (Bento Gonçalves) 舉辦，今年是第一次在中國舉辦，參加人數超過 1200 人，不過絕大多數都是來自中國各地研究人員與學者師生，因為會議主題涵括所有糧食作物，特用作物，與飼料作物等等，所以和本人前幾次參與之國際會議主要以水稻為主題的會議出席人員與主題較為不同，更多元，領域也更廣。

2. 專題演講部分

作物生產是農業發展的基礎，維繫著人類最基本的生活需求，也直接關繫到國計民生和社會經濟的發展。近年來，全球糧食需求量不斷增加，而由於耕地面積減少、水資源不足、自然災害頻發等多種原因造成的世界性糧食危機日益加劇，依靠科技進步確保糧食安全已成為世界各國的共識。同時，全球氣候變遷促進了低碳經濟發展，對作物生產的永續發展也提出了新的要求。中國作為糧食生產、加工及消費大國，愈來愈重視作物科學研究，不斷加大科研投入，在抗蟲棉研發、雜交水稻培育等作物育種、栽培、生物技術領域都取得了突破性進展。

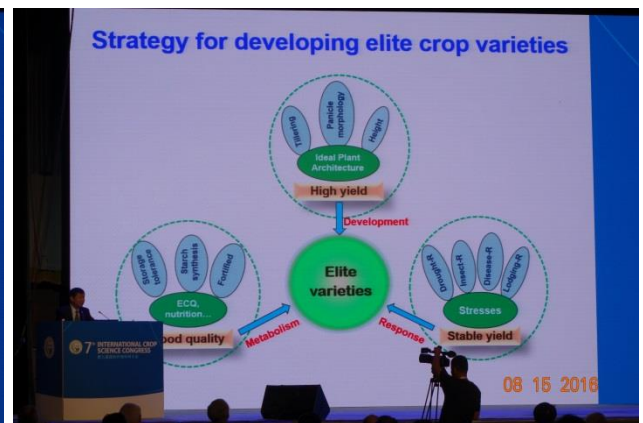
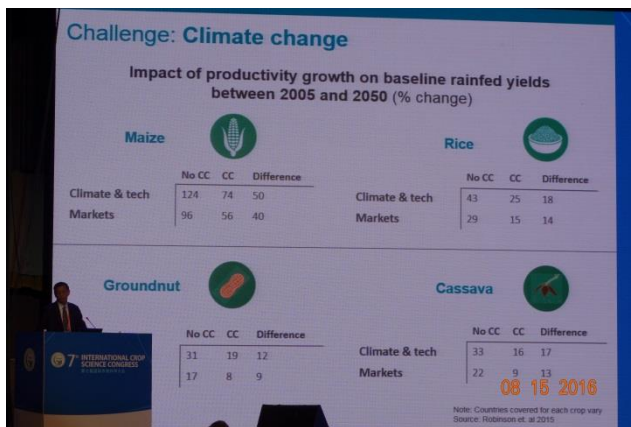
今年大會以“作物科學—創新與永續發展”為主題，邀請 19 位國際知名專家學者擔任大會專題講座，此外，另設置作物種質資源與進化(Crop Germplasm and Evolution)、遺傳學與基因組學(Crop Genetics and Genomics)、生物技術(Crop Biotechnology)、育種與種子生產(Breeding and Seed Production)、農學與作物生理學(Agronomy and Crop Physiology)、全球變化與可持續發展(Climate Change and Sustainability)、品質與加工(Biofortification and Quality)、作物生產與社會經濟(Crop Production and Socioeconomic Aspects)等多個議題，合計共安排 314 場次的分組報告與論文宣讀，在海報展示部分，更有 924 篇成果展示，會議規模之大，參與人數之多與領域之廣，確實令人驚訝與佩服。

各領域比較受到注意的講題與摘要簡述如下：

- (1)CRISPR-Cas9 技術：本年度最大的特色除了持續發燒中的次世代定序(next generation sequencing; NGS)技術外，今年度一再被報導甚至差點榮獲諾貝爾獎的基因編輯(genome editing)革命性新技術—CRISPR-Cas9 技術的介紹與應用，幾乎成了會場中的主角，此技術已被許多先進研究室快速建立並應用於基因功能探討與作物品種改良上，可以預見，此技術在未來不久的時間內，將會取代傳統植物基因轉殖技術，廣泛被應用在各種作物分子育種研究上，因為藉由此技術進行的基因編輯產生的後代，可能不涉及基因改造(GMO)，預期可獲得較多消費大眾的接受，從幾場次的分組報告與論文宣讀，可發現熱門的程度熱參與者幾乎擠爆會場，相較之下，前幾年熱門的分子標誌輔助選種技術(marker assisted selection)，基因轉殖提高作物產量或逆境耐受性等等主題雖還是受到矚目，卻明顯不如基因編輯技術。如大會演講 Dr. Gao C.X. 講題是 Genome editing: Drawing a bright future for precision plant breeding. 還有 8 月 18 日有一整天的 section 全部談論 Crop genome editing and application，此技術目前已經應用在阿拉伯芥，水稻，玉米，大豆，油菜等等作物上，從產量相關，逆境相關，到品質相關的應用都有。

- (2) 生物與非生物性逆境(biotic stress and abiotic stress): 逆境耐受性這個單元仍然是眾多國際研討會的重頭戲之一，尤其在氣候變遷影響下，未來的作物的生長與生產環境將有非常嚴苛的改變，作物如何因應這些逆境對生長與生產的影響，近年來一直是最受矚目的領域，本研討會範圍涵括主要糧食作物與特用作物，對國內長年來只重視水稻的研發甚為不同，另外，往年幾乎都是以乾旱耐受性為最主要探討標的，本研討會特別重視氣候暖化下高溫與病蟲害對作物生長的影響，從參與者發表的論文數量可清楚呈現，也突顯氣候變遷對各國作物生產的影響。
- (3) 作物產量與品質: 雖然國內糧食生產已由重視產量逐漸調整為重視品質，惟在全球世界各國糧食生產仍以產量為最優先考量，不論是品種選育或栽培制度調整或田間管理技術，所以有關產量構成要素相關分子標誌開發，雜交種F1品種選育與製種技術，兩系雜交種品種等等，除水稻外，相關技術更已經應用至小麥及大麥等自交作物上，凸顯各國仍重視產量的議題。
- (4) 食品安全性議題: 愈來愈多國家除重視糧食生產外也開始重視食品安全議題。本次研討會特別設置食品安全與機能性成分單元，論文討論的主題包括有機栽培技術，自然農法等較少與生物技術同時出現的議題，當然也有重視環境永續的栽培制度或品種的議題，典型的代表就是這幾年愈來愈多國家重視的 Green Super Crop 綠色超級作物，例如中國大陸從 2015 年起提出 4 年計劃共計，投入 20 億人民幣進行 GSR 新品種的選育及栽培制度之建立，大手筆的程度令全場來自世界各國的專家羨慕不已，也不得不佩服大陸的進展，目前已有相當多的品系進入田間品系比較觀察試驗，也有相當多學者投入栽培制度的配套措施開發。另外在食品安全的討論議題中也包括基因改造食品(GMO)的爭議討論，如對人體安全性及對環境生態的影響等，相關議題的討論中可知各國對基改食品的態度仍十分分歧，會場中多數為科研人員，對基改食品也抱持比較正面的態度，不過就是因為仍有疑慮，所以前述可達到同樣基因修飾效果，又比較不會有基改疑慮的 CRISPR-Cas9

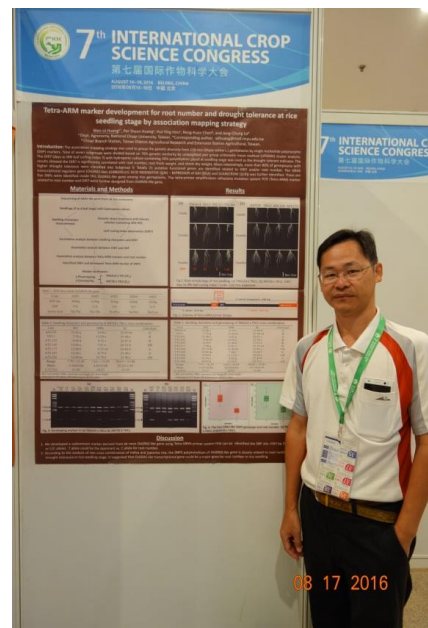
基因編輯技術，才會格外令科學界振奮。



大會邀請美國 Dr. Fan S. G.及中國農科院李家洋院長談新的糧食安全議題與中國大陸在綠色超級稻的研究進展

3. 海報展示部分

今年度共有 924 篇論文以海報展示方式發表研究成果，因為論文數多，配合今年度的主軸，共分成八大領域、進行成果展示，本人發表的論文「**Tetra-ARM marker development for root number and drought tolerance at rice seedling stage by association mapping strategy**」在 Session D—Breeding and Seed Production 單元中展示(P.476)。



4. 會議成果

參加本次國際研討會收穫豐碩，除了解來自世界各國在不同作物別(如水稻、玉米、小麥、油菜、大豆等)的育種、基因體、生理與栽培等各領域專家最新研究成果資訊外，也與各國與會學者有密切互動，如日本佐賀大學鄭紹輝教授研究大豆種原、美國亞利桑那州的 Prof. R. Wing、日本 M. Yano 水稻基因體學研究先驅、中國大陸張啟發院士、等等。此外，也攜回會議書面資料一份，可提供給相關研究學者參考。

五、出國心得

多次出國的心情與心得只有每況愈下可以形容，每次寫心得報告，提出建議，卻不知道為何而寫，有誰重視這樣的建議與心得報告，問題一直存在，看不出誰可以協助解決。

此次與臺大洪傳揚教授、張孟基副教授、林彥蓉副教授及臺大的研究生們出席在中國北京市主辦的國際作物學研討會，對同行的師生們而言，應該是點滴在心頭，主要是因為大家看到中國大陸的進步實在不是用飛快可以形容，不論是整體投入農業科技研發的人力與物力，或是農業生技公司企業的蓬勃發展，相形之下，我國對作物科技研發真的長期以來沒有受到太多的重視，世界各國為增加糧食產量，提高品質，無不積極投入大量人力物力進行基因體學，分子育種或科技研發，組成各式研究團隊，反觀國內始終是單兵作戰，且農業科技研發經費越來越難申請到，農委會經費救助金補助款佔多數，科技部的計畫能真正落實到產業的更是寥寥可數，原本水稻科技研發是我們的強項，現在我們在國際上幾乎已被邊緣化了，再不積極奮起直追，以後可能連最重要的水稻相關的專利權、品種權，我們須要跟國外技轉了。其實，這些都是長久的問題了，好像也無解。

今年（2016 年）的大會共邀請 19 場次全大會專題演講、304 場次分組專題演講及 924 篇海報論文展示，參加人數超過千人，規模之大，應該是在作物科學領域中少出其右的，較為遺憾的是臺灣僅有嘉大及臺大師

生不到 10 人的人數參加，且也未有被邀請為口頭論文宣讀的，更甚者主辦單位對臺灣出席的參加學者們也不甚友善，讓出席者留下不太好的印象。本人藉參加本次研討會，發表海報論文，也首度有機會瀏覽北京這個中國最具代表意義的大都會與古都，不過在這樣的國際氛圍下，我想大多數的出席者可能不會有動力再想出席在中國舉辦的研討會。

六、建議事項

1. 非常希望政府能夠補助經費辦理大型國際研討會，主動出擊，邀請更多國際知名學者專家來臺進行交流，像中央研究院，台灣大學，農業試驗所等都是很好的平台，避免我國科技學術發展一直被國際學術界邊緣化了，以增加國際能見度。
2. 政府應更積極投入科技研發，尤其是具實用價值的品種選育及栽培制度改進，這些都是需長期投入才會有成果的，絕不可能 2-3 年突然育成產量高品質好的新品種，且投入的作物別也應該更加擴大，水稻當然是重點，也不可忽略雜糧作物的重要性。

附錄一 會議議程

7th International Crop Science Congress (7th ICSC)

Plenary session				
Monday, August 15, 2016		Speaker	Affiliation	Title
	09:00-10:00	Opening ceremony		
1	10:00-10:30	Shenggen Fan	IFPRI	A new food system for sustainable development: the role of science and technology
2	10:30-11:00	Antonio Costa de Oliveira	Universidade Federal de Pelotas	Crop genomics and breeding in Brazil
3	11:00-11:30	Jiayang Li	Chinese Academy of Agricultural Sciences	TBD
4	11:30-12:00	P. Stephen Baenziger	University of Nebraska	The future of wheat breeding and the importance of international collaboration: a perspective from the USA
	12:00-14:00	Lunch & Poster visit		
Tuesday, August 16, 2016				
1	08:00-08:30	Matthew Kennedy Morell	IRRI	The role of grain quality in improving the quality of life of rice farmers and consumers
2	08:30-09:00	Hans-Joachim Braun	CIMMYT	International cooperation: Paramount to meet global challenges for wheat improvement
3	09:00-09:30	Achim Dobermann	Rothamsted Research	Accelerating innovation in crop science
4	09:30-10:00	Yingguo Zhu	Wuhan University	Application studies and genetic mechanism on Honglian-type hybrid rice
	10:00-10:15	Coffee break & Exhibition visit		
1	10:15-10:45	Qifa Zhang	Huazhong Agricultural University	The genomic basis of heterosis in an elite rice hybrid
2	10:45-11:15	Graeme Hammer	The University of Queensland	Adapting field crops to drought and heat – the case of sorghum in Australia
3	11:15-11:45	Masahiro Yano	NARO Institute of	Changing landscape of rice breeding:

			Crop Science	Integration of genomics approaches to modern rice breeding
4	11:45-12:15	Caixia Gao	Chinese Academy of Sciences	Genome editing: drawing a bright future for precision plant breeding
	12:15-14:00	Lunch & Poster visit		
Friday, August 19, 2016				
1	08:00-08:30	Suk-ha Lee	Seoul National University	Integration of crop science for food security to combat world hunger
2	08:30-09:00	Suthad Setboonsarng	Trustee of IRRI	Dynamics of international rice market
3	09:00-09:30	Michael Purugganan	New York University	Evolutionary genomics of crop domestication
4	09:30-10:00	Jinsheng Lai	China Agricultural University	The genomics of maize breeding
	10:00-10:15	Coffee break & Exhibition visit		
1	10:15-10:45	Zhikang Li	Chinese Academy of Agricultural Sciences	Harnessing the genomic diversity of Asian cultivated rice (<i>Oryza sativa</i> L.): SNPs, pan genomes and structural variation
2	10:45-11:15	Jane Ininda	Alliance for a Green Revolution in Africa	A model for increased access to quality seed supply in Africa (2007-2016)
3	11:15-11:45	Xiaoming Bao	Da Bei Nong Group	Biotechnology and Crop Productivity in China
	11:45-12:25	Closing ceremony		
	12:25-14:00	Lunch		

附錄二 發表論文全文

Tetra-ARM marker development for root number and drought tolerance at rice seedling stage by association mapping strategy

Wen-Lii Huang^{a*}, Pei-Shyun Huang^a, Hui-Ying Hou^a, Rong-Kuen Chen^b, and Jeng-Chung Lo^b

^a Department of Agronomy, National Chiayi University, Chiayi City, Taiwan.

^b Chiayi Branch Station, Tainan District Agricultural Research and Extension Station Agricultural, Chiayi Hsien, Taiwan.

wlhuang@mail.ncyu.edu.tw

Abstract: The association mapping strategy was used to group the genetic diversity from 120 rice (*Oryza sativa* L.) germplasms by single nucleotide polymorphic (SNP) markers. Total of seven subgroups were divided based on 76% genetic similarity by unweighted pair group arithmetic mean method (UPGMA) cluster analysis. The DIR7 (days to IRRI leaf curling index 7) with hydroponic culture containing 20% polyethylene glycol at seedling stage was used as the drought tolerant indicator. The results showed the DIR7 is significantly correlated with root number, root fresh weight, and shoot dry weight. More interestingly, more than 80% of germplasms with higher drought tolerance were classified into Subgroup V. Totally 21 putative functional genes are identified related to DIR7 and/or root number. The GRAS transcriptional regulator gene (*OsGRAS-like*) was further identified. There are five SNPs were identified inside this *OsGRAS-like* gene among rice germplasms. The tetra-primer amplification refractory mutation system PCR (Tetra-ARM) marker related to root number and DIR7 were further designed from *OsGRAS-like* gene.

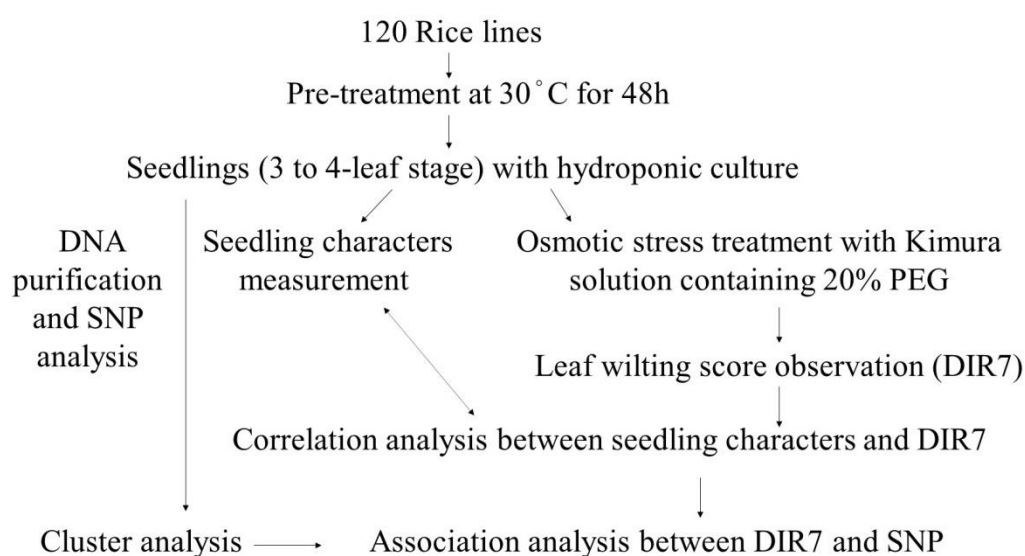
Keywords: *Oryza sativa*; Tetra-ARM marker; Functional marker; Root number; Drought tolerance.

Introduction

Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the most important crops in the world as well as an excellent model cereal crop for genomics research. In comparison to other cereal crops, it has the smallest genome size (430 Mb) and much molecular and genetic information (ESTs, markers, genetic and physical maps, etc.) is available (Gale and Devos 1998). Besides, *Agrobacterium tumefaciens* -mediated rice transformation system have well established on a routine basis. Transfer DNA (T-DNA) has the advantage that the inserted element acts as a tag for gene identification. Gene knockout and activated by insertion of *Agrobacterium* derived T-DNA has been developed for tagging genes in Arabidopsis (Azpiroz-Leehan and Feldmann 1997; Krysan et al. 1999; Weigel et al. 2000; Huang et al. 2001; Li et al. 2001;

Zhao et al. 2001), petunia(Zubko et al. 2002), periwinkle (van der Fits et al. 2001), and rice(Jeong et al. 2002, 2006; Jung et al. 2003; An et al. 2005). A mutant population pool containing approximate to 60,000 lines was generated by Dr. S. M. Yu, Academic Sinica, using T-DNA insertion strategy. These materials also contain a promoterless GUS gene next to the right border (Hsing et al. 2006). Here, we described the preliminary analysis of the expression pattern of GUS under different abiotic stress and in different organ using the materials mentioned above.

Materials and Methods



Flow chart in this study

Results and Discussion

1. Correlation analysis between DIR7 and agronomic characters in rice seedling

DIR7 has a significant positive correlation with root number, root fresh weight, and shoot dry weight, it indicate that hydroponic system can be applied to their initial drought tolerance screening at seedling stage (Table 1).

2. Phylogenic Tree of 120 rice germplasm

The genetic similarity estimated by NTSYS software according to SNP analysis among all rice lines can separate into seven main groups (Fig. 2). Sixteen lines which in total of 19 lines that DIR7 larger than 14 days (putative drought tolerance type) is belongs to the

same phylogenetic group (group V). These results showed that SNP markers are useful for rice diversity discrimination and further applied to molecular marker-assisted selection for drought tolerance.

References

- Li, Z. C., P. Mu, C. P. Li, H. L. Zhang, Z. K. Li, Y. M. Gao, and X. K. Wang. 2005. QTL mapping of root traits in a doubled haploid population from a cross between upland and lowland japonica rice in three environment. *Theor. Appl. Genet.* 110: 1244-1252.
- Nguyen, T. T. T., N. Klueva, V. Chamareck, A. Aarti, G. Magpantay, A. C. M. Millena, M. S. Pathan, and H. T. Nguyen. 2004. Saturation mapping of QTL regions and identification of putative candidate genes for drought tolerance in rice. *Mol. Genet. Genomics* 272: 35-46.
- Robin, S., M. S. Pathan, B. Courtois, R. Lafitte, S. Carandang, S. Lanceras, M. Amante, H. T. Nguyen, and Z. Li. 2003. Mapping osmotic adjustment in an advanced back-cross inbred population of rice. *Theor. Appl. Genet.* 107: 1288-1296.

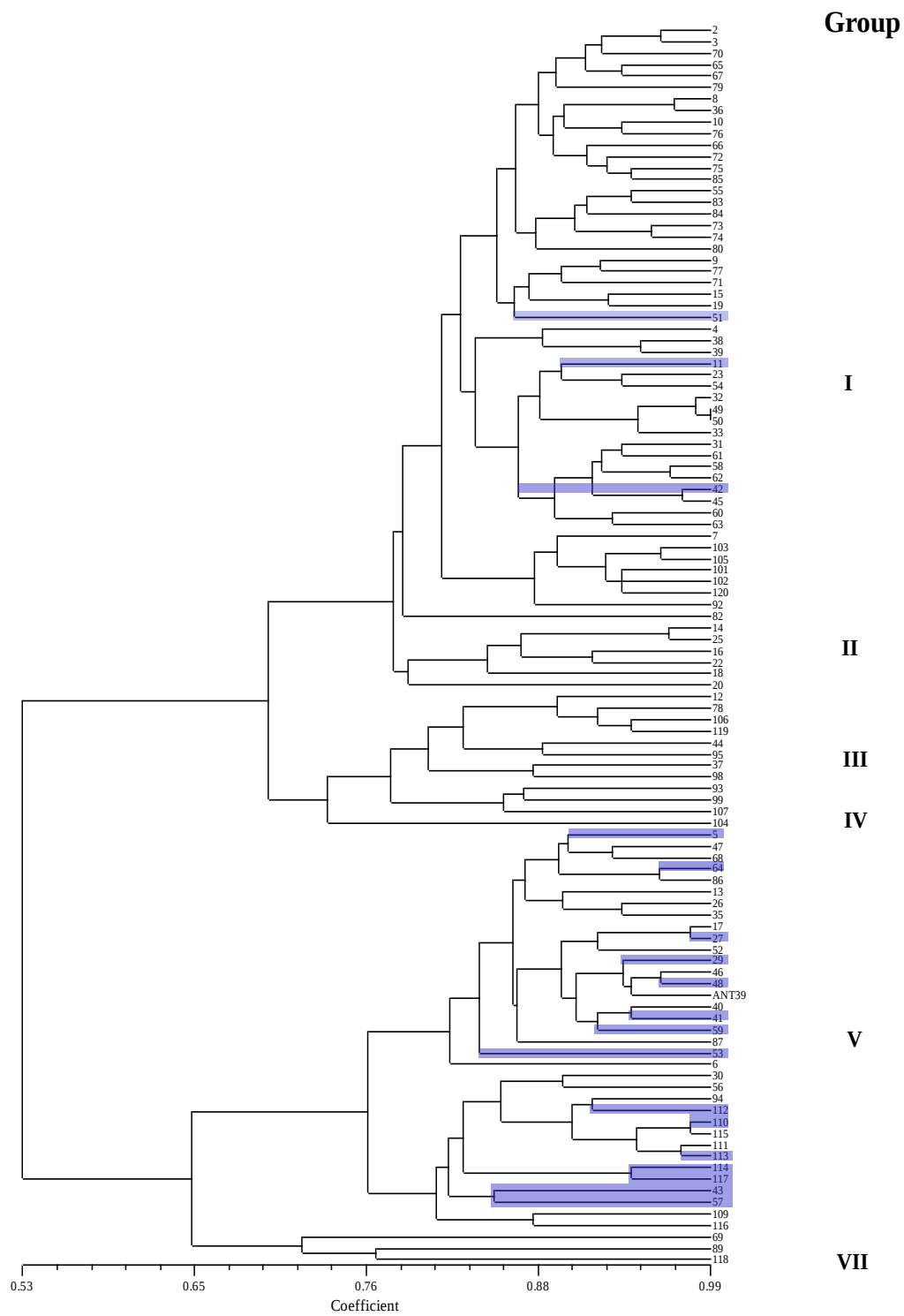


Fig. 1. Phylotgenetic tree of 120 rice germplasms based on SNP analysis.

Table 1. SNP sites inside *OsGRAS-like* gene.

Code	SNP1	SNP2	SNP3	SNP4	SNP5
SNP site	309bp	310bp	381bp	426bp	563bp
SNP	T/G	C/A	T/G	G/T	C/T
Amino acid	Thr/Thr	Pro/Thr	Pro/Pro	Ser/Ser	Ser/Leu

Table 2. Seedling characters and genotyping of TNGS14 x TN11 cross combination.

Line	RN	MRL	SL	Genotype
TNGS14	13.00 c	9.70 e	25.00 d	A
TN11	7.70 g	13.28 bc	25.40 cd	B
TTL261	13.40 c	6.62 g	26.01 c	A
TTL265	9.40 ef	14.04 a	23.28 e	B
TTL303	8.90 f	11.48 d	27.45 b	B
TTL317	7.80 g	12.81 c	25.36 cd	B
TTL348	10.10 de	13.48 ab	23.40 e	AB
TTL349	10.00 de	7.88 f	20.08 f	B
TTL360	14.60 b	11.13 d	29.85 a	AB
TTL382	16.30 a	6.69 g	27.45 b	A
TTL384	10.60 d	11.18 d	23.25 e	AB
Range	7.70~16.30	6.62~14.04	20.08~29.85	
Mean	11.07±0.86	10.75±0.81	25.14±0.79	
C.V.(%)	25.67	25.07	10.48	

RN, root number; MRL, maximum root length; SL, shoot length.

Genotype A=T/T allele, AB=heterozygote, B=C/C allele.

Table 3. Seedling characters and genotyping of ANT39 x TN11 cross combination.

Line	RN	MRL	SL	Genotype
ANT39	15.30 a	9.64 c	25.97 bc	A
TN11	7.70 e	13.28 a	25.40 c	B
ATL132	9.40 d	9.52 c	20.67 d	B
ATL142	12.00 c	7.61 e	26.51 b	AB
ATL173	13.40 b	9.25 cd	20.69 d	A
ATL181	12.30 c	8.75 d	25.49 c	A
ATL226	12.80 bc	10.78 b	31.90 a	AB
Range	7.70~15.30	7.61~13.28	20.67~31.90	
Mean	11.84±0.96	9.83±0.68	25.23±1.45	
C.V.(%)	21.43	18.27	15.19	

RN, root number; MRL, maximum root length; SL, shoot length.

Genotype A=T/T allele, AB=heterozygote, B=C/C allele.

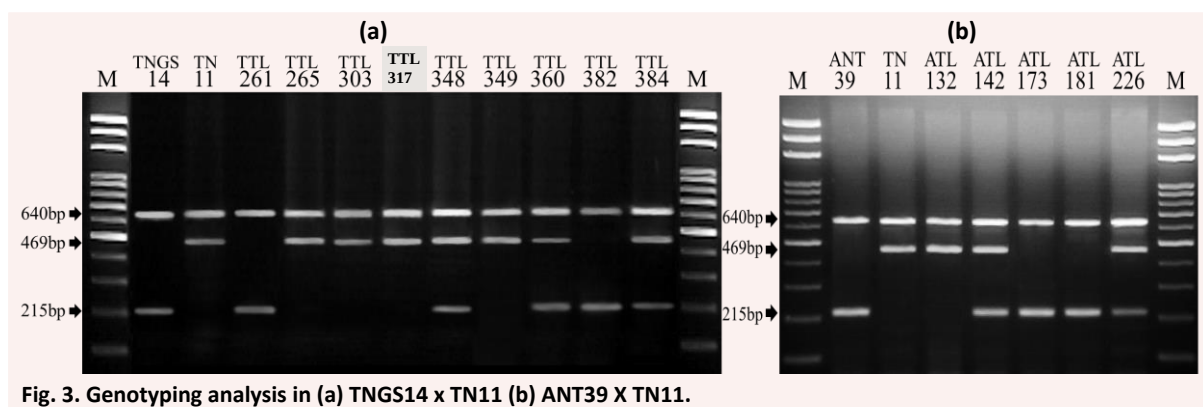


Fig. 3. Genotyping analysis in (a) TNGS14 x TN11 (b) ANT39 X TN11.

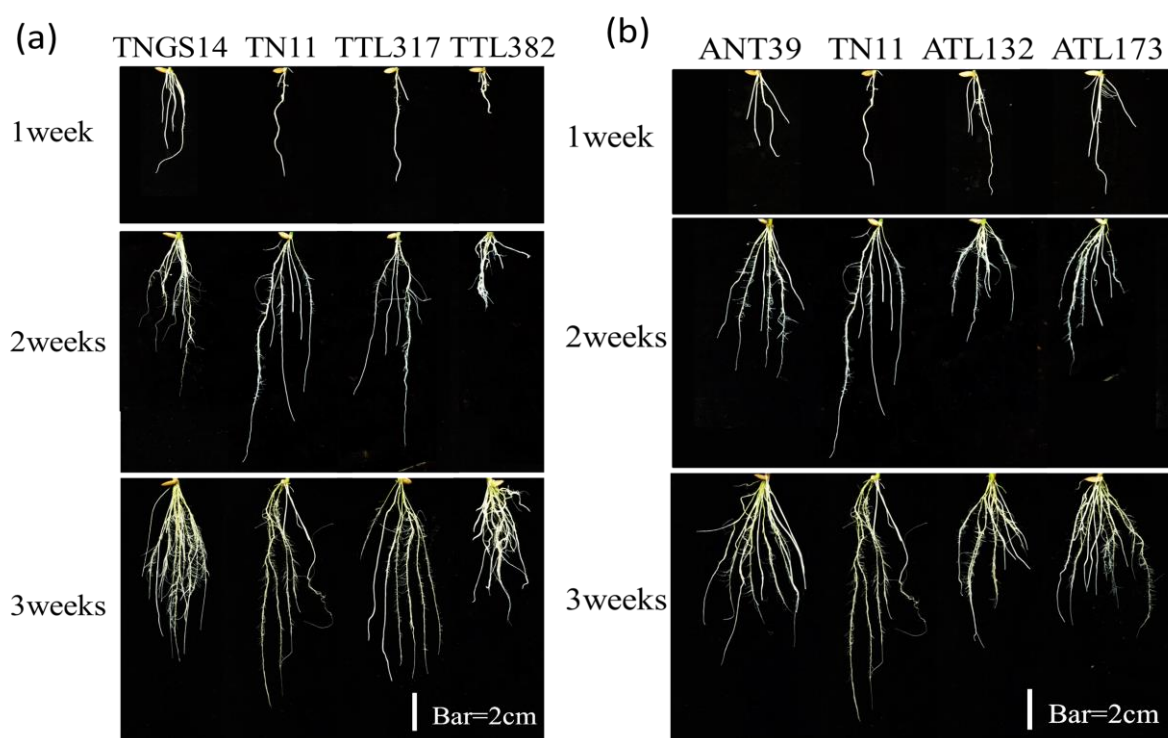


Fig 2. Root morphology of rice seedling. (a) TNGS14 x TN11. (b) ANT39 x TN11. DIR7, days to IRRI leaf curling index 7 under 20% PEG treatment.