

第二代测序技术用于水稻和稻瘟菌互作早期转录组的分析

李湘龙^{1,2}, 柏斌^{1,2}, 吴俊^{1,3}, 邓启云^{1,3}, 周波^{2,4}

1. 中南大学研究生院隆平分院, 长沙 410012 2. 浙江省农业科学院病毒学与生物技术研究所, 杭州 310021 3. 国家杂交水稻工程技术研究中心, 长沙 410125 4. 浙江大学生物与技术研究所, 杭州 310029

Transcriptome analysis of early interaction between rice and *Magnaporthe oryzae* using next-generation sequencing technology

LI Xiang-Long^{1,2}, BAI Bin^{1,2}, WU Jun^{1,3}, DENG Qi-Yun^{1,3}, ZHOU Bo^{2,4}

1. Branch of Longping, Graduate School of Central South University, Changsha 410012, China 2. Institute of Virology and Biotechnology, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China 3. China National Hybrid Rice Research Center, Changsha 410125, China 4. Institute of Biotechniques, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China

摘要

图/表

参考文献

相关文章 (9)

综合新闻 学术会议 遗传咨询 网络资源 学术讨论 科普之窗 新书咨询
科研院所 国内实验室 国外实验室 科学基金 学术团体 生命科学期刊 高新企业
成果展示 生物学家 遗传学史 招生信息 招聘信息 人才推荐 学风建设

© 中国遗传学会 中国科学院遗传与发育生物学研究所 欢迎阅读及检索本刊 引用时请注明出处