

文章编号:1001-7380(2020)02-0001-05

柳树新品种指纹图谱构建

郑纪伟^{1,2}, 教忠意^{1,2}, 王保松^{1,2}, 何旭东^{1,2*}

(1. 江苏省林业科学研究院, 江苏 南京 211153; 2. 江苏省农业种质资源保护与利用平台柳树资源圃, 江苏 南京 211153)

摘要:该研究利用荧光 SSR 标记构建了 9 个柳树新品种的指纹图谱。11 对 SSR 标记共检测到 56 条等位片段, 每个位点等位基因数 3—8 不等, 平均为 5.1 个。观测杂合度(H_o)变化范围为 0.333 3—1.000 0, 平均为 0.687 5; 期望杂合度(H_e)变化范围为 0.477 1—0.882 4, 平均为 0.626 3; 多态信息量(PIC)变化范围为 0.421 2—0.813 4, 平均为 0.605 9。优选的 3 对核心引物中, SAlcSSR0086 与 SAlcSSR0733 组合、SAlcSSR0086 与 SAlcSSR0920 组合可完全区分 9 个柳树新品种。聚类结果显示, 9 个柳树新品种遗传相似系数在 0.605 9 与 0.910 7 之间。该研究建立的荧光 SSR 基因分型体系高效、准确, 不仅能为柳树品种鉴定和新品种保护提供科学理论依据, 也能为柳树进一步育种工作奠定坚实的基础。

关键词:柳树; 荧光标记; SSR; 指纹图谱; 构建

中图分类号: Q755; S792.12

文献标志码: A

doi: 10.3969/j.issn.1001-7380.2020.02.001

Construction of fingerprint for new *Salix* varieties

Zheng Jiwei^{1,2}, Jiao Zhongyi^{1,2}, Wang Baosong^{1,2}, He Xudong^{1,2*}

(1. Jiangsu Academy of Forestry, Nanjing 211135, China; 2. Willow Nursery of the Jiangsu Provincial Platform for Conservation and Utilization of Agricultural Germplasm, Nanjing 211135, China)

Abstract: The fingerprint of 9 *Salix* varieties was established by fluorescent SSR marker in this study. 56 alleles were detected by 11 pairs of SSR markers from *Salix*, and the number of alleles per locus ranged from 3 to 8, with an average of 5.1 alleles. The observed heterozygosity (H_o), the expected heterozygosity (H_e) and the polymorphic information content (PIC) varied from 0.333 3—1.000 0 (mean 0.687 5), 0.477 1—0.882 4 (mean 0.626 3) and 0.421 2—0.813 4 (mean 0.605 9), respectively. Among the 3 optimal pairs of core primers, SAlcSSR0086 and SAlcSSR0733 combinations, SAlcSSR0086 and SAlcSSR0920 combinations could completely distinguish 9 *Salix* varieties. The cluster analysis showed that the similarity coefficient of the 9 *Salix* varieties ranged from 0.605 9—0.910 7, and the different varieties from the same parents could be clustered in the same branch. The fluorescence SSR genotyping system established in this study was efficient, rapid and accurate, which could not only provide scientific theoretical basis for the identification of varieties and the protection of new *Salix* varieties, but also provide a solid foundation for the further *Salix* breeding.

Key words: *Salix* sp.; Fluorescent labeling; SSR; Fingerprint; Construction

全世界柳树有 500 余种, 2/3 为灌木柳, 集中分布在北半球温带地区。我国有柳树 275 个种, 122 个变种, 33 个变型, 各地区均有分布^[1]。在我国, 柳树是重要的园林绿化、优质的速生用材和高效的生

物修复树种; 在欧洲和北美, 灌木柳被广泛用于生物能源^[2]。柳树为雌雄异株植物, 种内种间均易杂交, 且柳树是多倍体种群, 倍性复杂, 导致柳树品种的鉴定十分困难^[3]。近年来, 随着育种工作的不断

收稿日期: 2020-01-13; 修回日期: 2020-02-23

基金项目:江苏省林业科学研究院青年基金项目“基于 DNA 条形码技术的柳树分子鉴定研究”(JAF-2016-01); 江苏省林业科技创新与推广项目“抗逆速生灌木柳新品种区域性试验与示范”(LYKJ[2019]43); 江苏省林业科学研究院自主创新项目“柳树叶绿体全基因组测序和亲缘关系的鉴定”(BM2018022-1)

作者简介:郑纪伟(1986—), 男, 河南洛阳人, 助理研究员, 硕士。主要研究方向为林木遗传育种。E-mail: zjw932333@163.com。

* **通信作者:**何旭东(1981—), 男, 江苏句容人, 副研究员, 博士。主要从事林木遗传育种研究。E-mail: hxd_519@163.com。

发展,选育的柳树新品种日益增多。截止 2019 年,获得国家植物新品种保护权的柳树新品种已有 41 个(国家林业局植物新品种保护办公室,2020),主要包括江苏省林业科学研究院选育的‘苏柳’系列和山东省林业科学研究院选育的‘鲁柳’系列等。因此,鉴于新品种权保护的需要,建立一种柳树高效、快速、准确和可靠的分子标记鉴定体系,不但有助于保护品种所有权,更有助于柳树新品种的商业发展。

SSR(simple sequence repeat) 标记具有共显性、高度变异、通用性高、重复性好等优点^[4],被作为构建指纹图谱较为理想的分子标记^[5],且被国际植物保护联盟(UPOV)认定为植物新品种保护最广泛的标记体系^[6],国内也把 DNA 水平的鉴定作为品种质量监控的重要措施。传统 SSR 检测方法与荧光引物和毛细管电泳技术相结合的检测技术,具有准确、高效等优点。近年来,已成功应用于杨树(*Populus* sp.)^[7]、桂花(*Osmanthus fragrans*)^[8]、刺槐(*Robinia pseudoacacia* L.)^[9]、含笑(*Michelia* sp.)^[10]和白蜡(*Fraxinus chinensis*)^[11]等木本植物的品种指纹图谱构建和核心种质鉴定研究。柳树中,SSR 标记多用于遗传多样性研究^[12-15],然品种亲缘关系分

析和指纹图谱构建等方面较少^[16-17],而利用荧光 SSR 标记构建柳树指纹图谱更是未见报道。因此,本研究首次以此技术构建了 9 个柳树新品种的指纹图谱,希望为柳树新品种的分子鉴定和变异分析提供高效、准确、可靠的技术体系,并为其新品种授权和保护提供技术支持。

1 材料与方法

1.1 试验材料与 DNA 提取

试验材料为江苏省林业科学研究院 2018 年获得国家植物新品种权的 9 个柳树新品种(见表 1)。于江苏省林业科学研究院柳树资源圃采集无病害幼嫩叶片,利用基因组提取试剂盒[天根生物生化科技(北京)有限公司,DP305]提取总 DNA。使用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性,Nanodrop one 检测样品的质量和浓度,-20 ℃保存备用。

1.2 引物筛选

从课题组前期研究中筛选 11 对多态性较高的 EST-SSR 标记(见表 2)^[18],用于构建 9 个柳树新品种的指纹图谱。引物正向 5’端用荧光基团标记,由上海凌恩生物科技有限公司合成。

表 1 9 个柳树新品种

编号	品种名称	性别	杂交组合	品种权号
1	苏柳 1701	♀	二色柳×棉花柳 (<i>Salix alberti</i> × <i>S. leucopithecia</i>)	20180096
2	苏柳 1702	♀	二色柳×棉花柳 (<i>S. alberti</i> × <i>S. leucopithecia</i>)	20180097
3	苏柳 1703	♀	簸箕柳×银柳 (<i>S. suchowensis</i> × <i>S. argyracea</i>)	20180098
4	苏柳 1704	♂	二色柳×毛枝柳 (<i>S. alberti</i> × <i>S. dasyclados</i>)	20180099
5	苏柳 1705	♂	簸箕柳×杞柳 (<i>S. suchowensis</i> × <i>S. integra</i>)	20180100
6	苏柳‘迎春’	♂	黄花柳×黄花柳 <i>S. caprea</i> × <i>S. caprea</i>)	20180066
7	苏柳‘喜洋洋’	♂	二色柳×蒿柳 (<i>S. alberti</i> × <i>S. viminalis</i>)	20180067
8	苏柳‘瑞雪’	♂	二色柳×钻石柳 (<i>S. alberti</i> × <i>S. eriocephala</i>)	20180069
9	苏柳‘紫嫣’	♂	簸箕柳×黄花柳 (<i>S. suchowensis</i> × <i>S. caprea</i>)	20180070

表 2 11 对引物信息

引物名称	正向引物(5’-3’)	反向引物(5’-3’)	基序	期望长度/bp
SALeSSR0020	CAAGAACTGCCTATCATCCAA	AATCTCCGCCACCATCAA	(TTC) ₅	236
SALeSSR0086	TGCTTCACAGTATGCGATTAGA	CTGGGACAACATTACATGACTAA	(AG) ₉	227
SALeSSR0102	ACGAACTCCCTGGAACATAAA	TCTTTCTTGTCTGCCCTAAC	(AGC) ₈	422
SALeSSR0246	TCCAAAGAGGATTGGGAGTT	TGGAAACCCTCTGATGCTTA	(AG) ₉	207
SALeSSR0330	CACATGAGTTACCCACTTTTCCT	TGCTCTTCTTTGTCAGCCACTA	(CTC) ₆	181
SALeSSR0468	TTGGTGGGACTCGGTTGA	AACCTATGGGCAGAAAGACAA	(AC) ₈	407
SALeSSR0733	AATGGAAGAAAGCAGGTGGA	CAAGTTCAACTCCGAATCCC	(GA) ₆	204
SALeSSR0818	CAAGCCACCTCAGCCACTA	ACGCTTCAGTGACCTGCTCC	(GA) ₆	275
SALeSSR0920	CCTAACCGCCACATAAAGAC	TGAAGCCTAAATCGTGACATAC	(TC) ₇	254
SALeSSR0961	GGAACAGAGCAGCCCTAAA	CGCAAAGACCCAGAAAGG	(AG) ₁₀	242
SALeSSR0966	TAGGAAACGAACAGGCAGAA	CCCTGTGGGAAGTTTGAG	(GAA) ₇	359

PCR 扩增体系和反应程序参照郑纪伟硕士毕业论文^[19]。利用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 扩增产物。

1.3 基因分型体系建立

基因分型采用 25 μL 反应体系(见表 3)。DNAC(模板)用量为 10—15 ng。PCR 反应程序为: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min, 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 10 个循环; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 35 个循环。最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5—8 min。10 μL 变性反应体系, 包括 HiDi 9 μL 和 LIZ500 混合物 1 μL 。98 $^{\circ}\text{C}$ 变性 5 min, 迅速置于冰上冷却后, 置于 ABI 3730 测序仪上进行毛细管电泳检测。

表 3 PCR 反应体系

编号	项目	体积/ μL
1	正向引物(10 μM)	1
2	反向引物(10 μM)	1
3	dNTP(mix)(10 μM)	1
4	Taq Buffer (with 15 mM MgCl_2)(10 \times)	2.5
5	Taq 酶(5 U/ μL)	0.5
6	ddH ₂ O	19
7	总计	25

1.4 数据分析

利用 MSA 软件计算 11 个 SSR 位点的观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)和多态信息含量(PIC); 利用 NTSYS-pc 2.1 软件采用 UPGMA 法对 9 个柳树新品种进行聚类^[10]。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性检测

以 9 个柳树的总 DNA 为模板检验 11 对 EST-SSR 标记的多态性情况。11 对标记共扩增出等位片段 56 条, 每个位点等位基因数 3—8 个不等, 平均为 5.1 个。其中, 引物 SAléSSR0020 扩增的等位基因数最多, 为 8 个; 引物 SAléSSR0020 和 SAléSSR0961 最少, 为 3 个。11 个 SSR 标记的观测杂合度(H_o)变化范围为 0.333 3 到 1.000 0, 平均为 0.687 5; 期望杂合度(H_e)变化范围为 0.477 1 到 0.882 4, 平均为 0.626 3。多态信息含量(PIC)变化范围为 0.421 2 到 0.813 4, 平均为 0.605 9。引物 SAléSSR0920 的 PIC 最高, 为 0.813 4, 引物 SAléSSR0246 最低, 为 0.421 2(见表 4)。SAléSSR0733 标记在部分柳树品种中的基因分型结果(见图 1)。

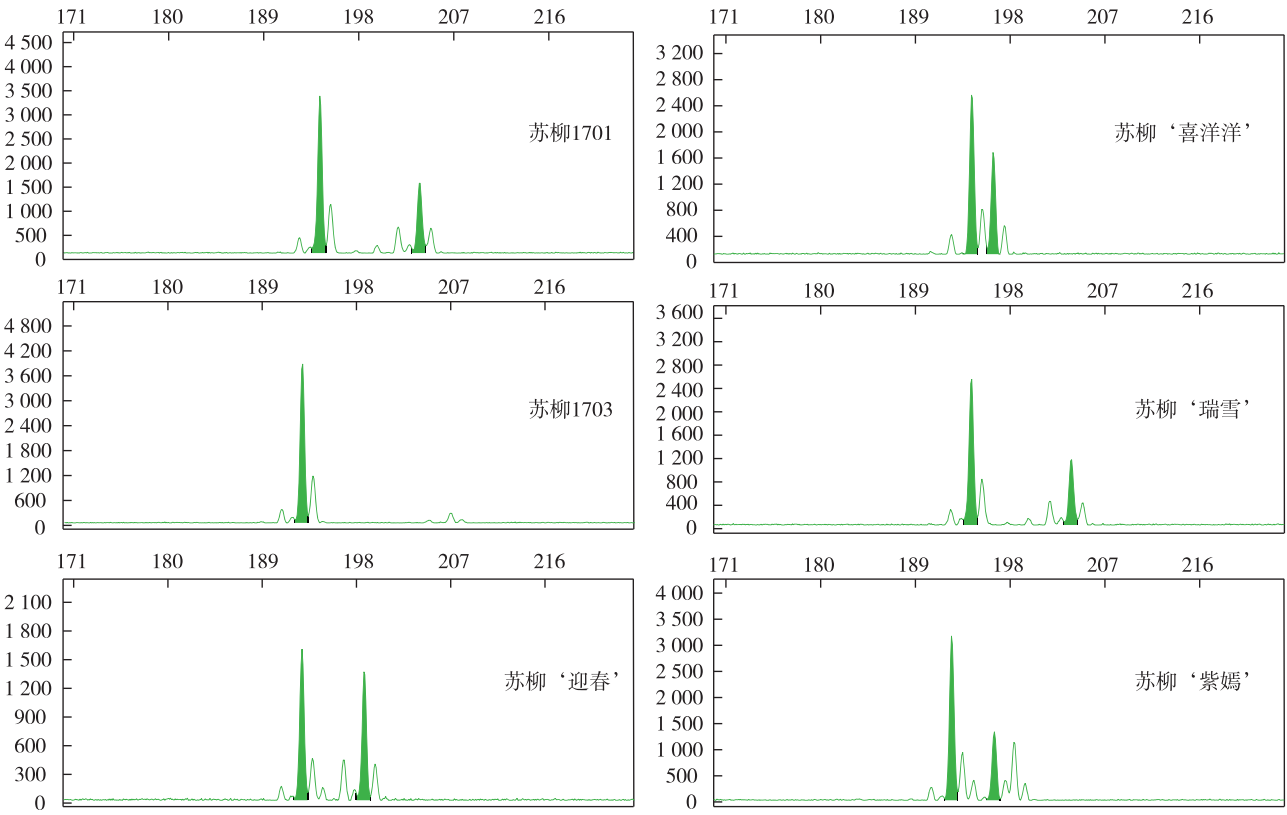
表 4 11 对 SSR 标记在 9 个柳树新品种中的多态性检测

引物名称	等位基因数	等位基因长度	观测杂合度	期望杂合度	多态信息含量
SAléSSR0020	3	236—242	0.888 9	0.705 9	0.592 6
SAléSSR0086	6	226—238	0.333 3	0.797 4	0.712 9
SAléSSR0102	5	394—434	0.111 1	0.843 1	0.763 7
SAléSSR0246	4	187—205	0.555 6	0.477 1	0.421 2
SAléSSR0330	4	177—186	0.666 7	0.542 5	0.473 0
SAléSSR0468	6	407—429	1.000 0	0.758 2	0.670 8
SAléSSR0733	6	186—204	0.888 9	0.823 5	0.742 9
SAléSSR0818	5	406—416	0.444 4	0.660 1	0.579 5
SAléSSR0920	8	243—265	1.000 0	0.882 4	0.813 4
SAléSSR0961	3	236—242	0.444 4	0.581 7	0.447 9
SAléSSR0966	6	347—383	0.555 6	0.490 2	0.446 7
合计	56				
平均	5.1		0.687 5	0.626 3	0.605 9

2.2 指纹图谱构建

通过对每个位点等位片段进一步分析, 从 11 对 SSR 引物中挑选出 3 对核心引物用于构建 9 个柳树品种的指纹图谱(见表 5)。引物 SAléSSR0733 可区分 7 个柳树品种, 引物 SAléSSR0086 和 SAléSSR0920

均可区分 6 个柳树品种; 引物 SAléSSR0086 与引物 SAléSSR0733 和 SAléSSR0920 中任意 1 个结合均可完全区分 9 个柳树品种。因此, 利用这 3 对核心引物不仅可以区分柳树 9 个品种, 且可以利用引物间的不同组合进行相互验证。



注:横坐标代表等位基因的长度(bp);纵坐标代表荧光强度(RFU)
图1 SAlcSSR0733 标记在部分柳树品种中的基因分型

表 5 9 个柳树新品种的指纹图谱

品种名称	核心引物		
	SAlcSSR0086	SAlcSSR0733	SAlcSSR0920
苏柳 1701	226/230	194/204	242/244
苏柳 1702	226	194/204	242/244
苏柳 1703	230/238	192	254/262
苏柳 1704	232/236	194/204	242/244
苏柳 1705	228	192/204	244/262
苏柳‘迎春’	228	192/198	244/264
苏柳‘喜洋洋’	230	194/196	252/264
苏柳‘瑞雪’	226	186/194	254/262
苏柳‘紫嫣’	230	192/196	246/266

2.3 聚类分析

将 11 对引物扩增出的条带作为原始矩阵,利用 NTSYS-pc 软件计算 9 个柳树品种的遗传相似系数,遗传相似系数在 0.605 9 和 0.910 7 之间。在相似系数为 0.636 4 时,9 个柳树品种可分为 3 个类群。第 I 类群包括苏柳 1701、苏柳 1702、苏柳 1704、苏柳 1703 和苏柳 1705 在内的 5 个品种,5 个品种又分为 2 个亚类群,第 1 个亚类群包括苏柳 1701、苏柳

1702、苏柳 1704、苏柳 1701 和苏柳 1702 遗传相似系数最大,为 0.910 7,说明 2 个品种亲缘关系非常近;第 2 个亚类群包含苏柳 1703 和苏柳 1705。第 II 类群包含苏柳‘迎春’和苏柳‘紫嫣’。第 III 类群包括苏柳‘喜洋洋’和苏柳‘瑞雪’,与其他 7 个品种之间亲缘关系最远(见图 2)。

3 讨论

与 RAPD、AFLP、ISSR 等分子标记相比,SSR 为共显性标记,在整个基因组中广泛、随机和均匀分布,在单个位点的多态性更高,能高效准确检测大量的等位基因,是遗传学研究中最受欢迎的分子标记之一,是鉴定植物品种的理想分子标记^[20-21]。本研究中的 11 对 SSR 标记来源于 EST,与基因组 SSR(gSSR)标记相比,源于基因转录区的 EST-SSR 标记的多态性与基因功能直接联系,通用性更高^[22]。同时,荧光 SSR 标记与毛细管电泳相结合的检测技术能有效检测差别为 1bp 的片段变异,比传统检测方法更准确、高效和稳定。

研究物种的遗传多样性和种质间亲缘关系对

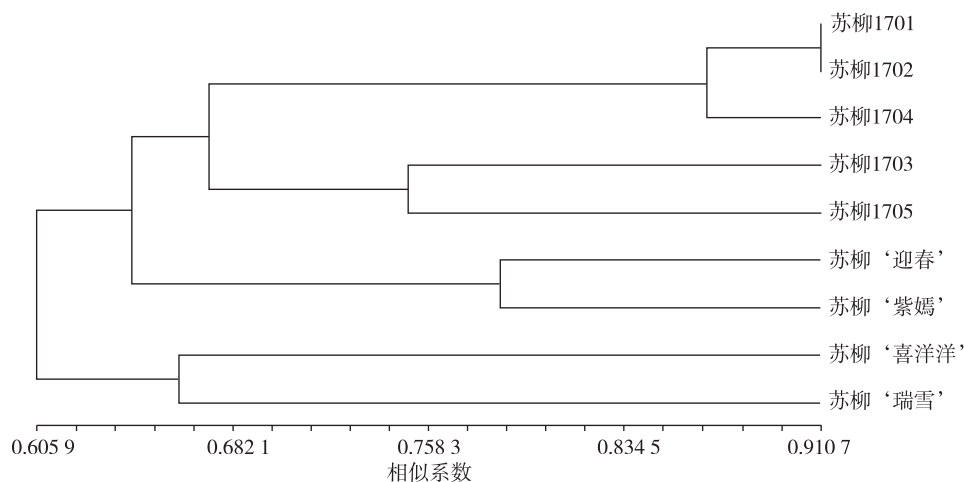


图2 9个柳树新品种亲缘关系聚类图

解决育种和种质资源管理问题意义重大^[14]。采用传统的 SSR 检测方法对柳树的遗传多样性和遗传结构分析已有报道,但基于荧光 SSR 标记的毛细管电泳分型技术在柳树中应用较少,仅见欧洲红皮柳 (*S. purpurea*)^[13] 和北沙柳 (*S. psammophila*)^[15] 中进行了遗传多样性分析,对于柳树种或品种之间的鉴定研究未见报道。本研究中,11 对标记共获得 56 个等位片段,不同位点扩增的等位片段数 3 到 8 个不等,多态信息含量平均值为 0.605 9,高于欧洲红皮柳的 0.49^[13],与北沙柳的 0.61^[15] 结果一致,表明 SSR 标记检测的有效性高。本研究中的 9 个柳树新品种通过 3 对核心引物的两两组合可有效鉴定,可见 SSR 对品种鉴定的可靠性较高。

聚类结果显示,9 个柳树品种分为 3 个类群,第 I 类群中,苏柳 1701 和苏柳 1702 为同一杂交亲本(二色柳×棉花柳)子代,遗传相似系数最高,亲缘关系最近,而苏柳 1704 的母本同为二色柳,与苏柳 1701 和苏柳 1702 亲缘关系较近;苏柳 1703 和苏柳 1705 聚在一起,可能是由于这 2 个品种的杂交亲本中母本均为簸箕柳。在第 II 类群中,苏柳‘迎春’和苏柳‘紫嫣’聚在一起,分析原因,可能是由于苏柳‘迎春’为黄花柳种内杂交子代,而苏柳‘紫嫣’(簸箕柳(♀)×黄花柳(♂))的父本同为黄花柳,且表型性状偏向父本黄花柳,从而聚在一起。虽然苏柳‘喜洋洋’和苏柳‘瑞雪’杂交亲本中母本与苏柳 1701、苏柳 1702、苏柳 1704 同为二色柳的相同个体,但不与其聚在一起,且亲缘关系较远,这可能与杂交子代的偏向性有关。从本研究结果来看,柳树杂交子代更多偏向于母本。

随着育种技术的不断进步,柳树新品种数量与日俱增,从而使品种鉴定、产权保护和资源管理工作显得尤为重要。本研究首次基于荧光 SSR 标记构建了 9 个柳树新品种的指纹图谱,每个品种构建了唯一的分子身份证,极大地提高了品种鉴定效率。因此,此技术的应用对柳树品种鉴定和品种权保护意义重大。

参考文献:

- [1] 涂忠虞. 柳树育种与栽培[M]. 南京:江苏科学技术出版社,1982.
- [2] SMART LB, CAMERON K D. Genetic improvement of willow (*Salix* spp.) as a dedicated bioenergy crop[M]// VERMERRIS W. Genetic Improvement of Bioenergy Crops. Springer, New York, 2008: 347-376.
- [3] 陈家辉,孙航,杨永平.柳树的分支系统学分析[J].云南植物研究. 2008,30(1): 1-7.
- [4] 郑纪伟,周洁,王保松,等.基于 RNA-seq 的两种柳树转录组微卫星特征比较分析[J].分子植物育种, 2019, 17(5): 1558-1566.
- [5] KOPP R F, SMAR L B, MAYNARD C A, et al. Predicting within-family variability in juvenile height growth of *Salix* based upon similarity among parental AFLP fingerprint[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 105: 106-112.
- [6] 张嘉,刘爱青,张淑玲,等.利用荧光标记 SSR 绘制中国芍药品种分子身份证[J].北京林业大学学报, 2016, 38(6): 101-109.
- [7] 冯锦霞,张川红,郑勇奇,等.利用荧光 SSR 标记鉴别杨树品种[J].林业科学, 2011, 47(6): 167-173.
- [8] 段一凡,王贤荣,梁丽丽,等.桂花品种 SSR 荧光指纹图谱的构建[J].南京林业大学学报(自然科学版), 2014, 38(S1): 1-6.

(下转第 56 页)

- [19] 洪文俊,董文杰,赵桃桃,等.农林交错带高速公路边坡生态修复质量评价标准体系研究[J].中国质量与标准导报,2017(9):68-73.
- [20] 曹 妮,吕若冰,贺环宇,等.扶沟—项城段高速公路边坡植物群落恢复状态评价[J].河南农业大学学报,2016,50(6):799-804.
- [21] 董方帅,徐礼根.岩质边坡植被重建后的生态评价指标体系构建[J].科技通报,2009,25(4):503-509,514.
- [22] 苗保河,郑延海,伏 芳,等.北京市门头沟区石灰窑遗址及公路边坡裸露地表植被修复模式的生态评价[J].水土保持研究,2011,18(6):125-128.
- [23] 姜之未.高速公路边坡生态恢复的问题及解决策略分析[J].四川水泥,2018(6):124.
- [24] 李海刚.高速公路边坡生态恢复的问题与解决对策[J].交通世界,2016(2):196-197.

(上接第5页)

- [9] 毛秀红,郑勇奇,孙百友,等.基于 SSR 的刺槐无性系遗传多样性分析和指纹图谱构建[J].林业科学,2017,53(10):80-89.
- [10] 郑纪伟,教忠意,窦全琴,等.利用荧光 SSR 标记构建含笑种质指纹图谱[J].分子植物育种,2018,16(14):4705-4714.
- [11] 燕丽萍,吴德军,毛秀红,等.基于 SSR 荧光标记的白蜡核心种质构建[J].中南林业科技大学学报,2019,39(7):1-8.
- [12] 韩 骞,王 辉,王进茂,等.利用 SSR 引物通用性分析杨柳科树种遗传多样性[J].分子植物育种,2009,7(5):904-911.
- [13] 郑纪伟,孙 冲,周 洁,等.基于 EST-SSR 标记的欧洲红皮柳遗传变异分析[J].江苏林业科技,2016,43(6):6-11,37.
- [14] 郭 敏,马彦军,李 毅.祁连山不同海拔梯度山生柳遗传多样性的 SSR 分析[J].草业学报,2012,21(5):114-121.
- [15] 郝 蕾,张 磊,张国盛,等.北沙柳群体遗传多样性和遗传结构分析[J].西北植物学报,2017,37(8):1507-1516.
- [16] 贾会霞,吴立栓,胡建军,等.柳树种质资源遗传多样性和亲缘关系的 CE-AFLP 分析[J].林业科学,2013,49(6):37-44.
- [17] 王源秀,徐立安,黄敏仁.杞柳和簸箕柳候选杂交亲本 SSR 指纹分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2008,32(2):1-5.
- [18] TIAN X Y, ZHENG J W, JIAO Z Y, et al. Transcriptome sequencing and EST-SSR marker development in *Salix babylonica* and *S. suchowensis*[J]. Tree Genetics & Genomes, 2019, 15: 9.
- [19] 郑纪伟.柳树转录组高通量测序及 SSR 标记开发研究[D].南京:南京林业大学,2013.
- [20] TRIEST L, GREEF B D, BONDT R D, et al. RAPD of controlled crosses and clones from the field suggests that hybrids are rare in the *Salix alba-Salix fragilis* complex[J]. Heredity, 2000, 84(5):555-563.
- [21] DOUHOVNIKOFF V, DODD R S. Intra-clonal variation and a similarity threshold for identification of clones: application to *Salix exigua* using AFLP molecular markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 106(7):1307-1315.
- [22] 马秋月,廖卓毅,张得芳,等.碧桃花瓣转录组微卫星特征分析[J].南京林业大学学报(自然科学版),2015,39(3):34-38.

· 征订启事 ·

欢迎订阅 2020 年度《江苏林业科技》

《江苏林业科技》为国内外公开发行的综合性林业科学技术刊物。1974 年创刊。为《中国学术期刊(网络版)》入编期刊、全国优秀期刊、江苏省优秀期刊、全国优秀农业期刊、华东地区优秀期刊。加入“万方数据——数字化期刊群”和中国期刊网等。

《江苏林业科技》主要刊登良种选育、育苗造林、园林绿化、林副特产、森林经营、森林保护、调查设计、野生动物等方面的学术论文、科研报告、经验总结,以及林业新成果、新技术,有较强的指导性、技术性、实用性,是林业科研、教学工作者、管理部门及广大林业生产者不可少的参考资料。欢迎订阅,欢迎投稿,欢迎刊登广告,宣传产品等。

《江苏林业科技》为双月刊,大 16 开本,国内外公开发行。国内统一刊号:CN 32-1236/S,国际标准刊号:ISSN 1001-7380,每期定价 6.00 元,全年订费 36.00 元。全年办理订阅手续,需订阅者请到当地邮局订阅或将订款汇至南京市江宁区东善桥江苏省林业科学研究院本刊编辑部,邮政编码 211153。电话(025)52745438,83602820,83602060。由银行或邮局汇寄均可。开户银行:南京市农业银行金鹰支行,户名:江苏省林业科学研究院,帐号:10105101040000010。邮发代号:28-303。