

文章编号:1001—7380(2021)01—0001—06

柳树种质核 DNA 含量的流式测定

何旭东^{1,2}, 郑纪伟^{1,2}, 王 宇^{1,3}, 教忠意^{1,2}, 诸葛强³

(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; 3. 南京林业大学, 江苏 南京 210037)

摘要:核 DNA 含量(C 值)是物种生物学特性的重要特征之一。为探明柳树不同种质间核 DNA 含量及变化规律, 该研究以柳树 14 个自然种和 8 个品种为材料, 利用水稻和大豆为内标, 基于流式细胞仪检测并分析了每份种质的核 DNA 含量(1C 值)。结果表明, 22 份柳树种质核 DNA 含量 1C 值变化范围为 0.38—0.90 pg。14 个自然种中, 龙爪柳核 DNA 含量 1C 值最大, 为 0.67 pg, 蒿柳核 DNA 含量 1C 值最小, 为 0.38 pg。8 个品种中, 苏柳 932 核 DNA 含量 1C 值最大, 为 0.90 pg, 苏柳 1053 核 DNA 含量最小, 为 0.39 pg。多重比较及方差分析表明: 柳树大部分种质个体间核 DNA 含量 1C 值存在显著差异($P < 0.05$), 且不同类型乔木组和灌木组间存在极显著差异($P < 0.01$)。该研究结果不但可丰富柳属植物 C 值数据库, 还可为柳属系统发育及基因组学研究奠定基础。

关键词:柳树; 流式细胞术; DNA 含量; 基因组大小

中图分类号: Q946.22.3; S792.12

文献标志码: A

doi: 10.3969/j.issn.1001-7380.2021.01.001

Evaluation of nuclear DNA content in willow germplasm by flow cytometry

He Xudong^{1,2}, Zheng Jiwei^{1,2}, Wang Yu^{1,3}, Jiao Zhongyi^{1,2}, Zhuge Qiang³

(1. Jiangsu Academy of Forestry, Nanjing 211153, China; 2. Willow Nursery of the Jiangsu Provincial Platform for Conservation and Utilization of Agricultural Germplasm, Nanjing 211135, China; 3. Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: The nuclear DNA amount (C value) is a significant feature of biological characters for species. In order to evaluating the DNA contents and variation patterns among different willow germplasm, each 1C value for 14 nature species and 8 varieties was detected and analyzed based on flow cytometry (FCM) using rice and soybean as internal reference. The results demonstrated that the nuclear DNA contents of 22 germplasm ranged from 0.38 to 0.90 pg. Among 14 nature species, the largest 1C value with 0.67 pg was found in *Salix matsudana* f. *tortuosa* and the smallest 1C value with 0.38 pg was screened in *S. viminalis*. Among 8 varieties, *S. × jiangsuensis* ‘J932’ had the largest 1C value with 0.90 pg and *S. × jiangsuensis* ‘J1053’ had the smallest 1C value with 0.39 pg. Furthermore, there were significant differences among individuals of most willow germplasm ($P < 0.05$) and extremely significant differences between tree willow and shrub willow groups ($P < 0.01$). This study can provide novel resources for C value database of willow and can lay a foundation for future research of phylogeny and genomics in willow.

Key words: *Salix* sp.; Flow cytometry; Nuclear DNA content; Genome size

基因组大小是生物最基本的特征之一, 通常用未复制的单倍体或配子细胞核 DNA 的总含量来估算, 即 C 值(C-value), 一般用皮克(10^{-12} g)表示^[1]。DNA 含量 C 值的研究意义重大, 特别是在细胞生物学、发

育生物学、进化生物学、分子生物学、分类学、生理学与古生物学等研究领域^[2-4]。近年来, 大量的研究发现, C 值还与种子质量、光合速率、叶细胞大小、气孔密度、基因组进化模式等存在一定的相关性^[5]。

收稿日期: 2020-12-14; 修回日期: 2020-12-21

基金项目: 国家自然科学基金项目“基于高通量测序技术的钻天柳系统发育与分子进化研究”(31670662); 创新能力建设计划(科技设施类)——省属公益类科研院所自主科研经费“江苏省林业科学研究院自主科研项目”(BM2018022)

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

Bennett 等^[6]建立了植物 C 值数据库 (<https://cvalues.science.kew.org>),截止目前共收录了12 273 个物种核 DNA 含量的 C 值信息,包括被子植物类、裸子植物类、蕨类、苔藓类和藻类。不同植物间 C 值差异较大,已知几种藻类如红藻(*Galdieria sulphuraria*)、微藻(*Ostreococcus tauri*)、类蓝藻(*Cyanidium caldarium*)的 C 值最小,只有 0.01 pg,最大的为日本重楼(*Paris japonica*),C 值达到 152.23 pg。

柳树属杨柳科(Salicaceae),通常指钻天柳属(*Chosenia*)和柳属(*Salix*)包含的所有树种。全世界柳树有 500 种以上,而中国是柳树的分布中心,据中国植物志记载,我国有柳树 257 种,其中 2/3 为灌木柳。自古以来,柳树是我国重要的园林绿化树种,也是不可或缺的防护及用材树种^[7]。在北美及欧洲,柳树还被广泛用于生物质能源^[8]。柳树生长迅速、繁殖容易、基因组大小适中,是木本植物开展遗传学与基因组研究的理想模式树种^[9]。由于柳树种类繁多、变异丰富、种间及种内杂交极为容易,导致其系统分类极为复杂,迄今为止国内外学者仍有较大争议。根据植物 C 值数据库查询,目前国外仅有 15 份(14 个种)的柳树 C 值检测结果,占柳树总数量的 3% 不到,而国内尚未见相关报道(见表 1)。鉴于此,本研究利用流式细胞仪检测 22 份柳树不同种质的核 DNA 含量,并估算其基因组大小,旨在为柳树系统分类、细胞生物学及基因组学的研究提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料与标 样

本研究试验材料包含柳树 14 个自然种和 8 个品种,共计 22 份种质材料,其中乔木柳 10 份,灌木柳 12 份(见表 2)。所有植株均定植于江苏省林业科学研究院柳树种质资源圃内。采集各植株幼嫩叶片备用。大豆(*Glycine max*, 1C=1.13 pg)由南京农业大学惠赠,在本试验中作为灌木柳样品的内标;水稻日本晴(*Oryza sativa* subsp. *Japonica* ‘Nipponbare’, 1C=0.397 5 pg)由江苏省农业科学院惠赠,在本试验中作为乔木柳样品的内标。

1.2 试验方 法

1.2.1 解离液与荧光染料 选用 LB01 为解离液,具体配方为:15 mmol/L Tris, 2 mmol/L EDTA, 0.5 mmol/L 四盐酸精胺, 20 mmol/L NaCl, 80 mmol/L KCl, 0.1% (V/V) TritonX-100, pH 值为 7.0—8.0;选

用终浓度为 50 μg/mL 的碘化丙啶(PI)为荧光染料。均于冰箱 4 ℃ 保存备用。

表 1 已发表的柳树不同个体核 DNA 含量(1C 值)

序号	种	核 DNA 含量/pg	文献来源
1	<i>S. elegantissima</i>	0.40	[10]
2	<i>S. amygdaloides</i>	0.36	[5]
3	三蕊柳 <i>S. triandra</i>	0.40	[11]
4	黑柳 <i>S. nigra</i>	0.41	[5]
5	蒿柳 <i>S. viminalis</i>	0.41	[11]
6	黄花柳 <i>S. caprea</i>	0.40	[12]
7	欧洲红皮柳 <i>S. purpurea</i>	0.43	[13]
8	<i>S. elaeagnos</i>	0.44	[13]
9	<i>S. pyrenaica</i>	0.48	[11]
10	垂柳 <i>S. babylonica</i>	0.77	[14]
11	蒿柳 <i>S. viminalis</i>	0.81	[11]
12	<i>S. atrocinerea</i>	0.82	[11]
13	白柳 <i>S. alba</i>	0.83	[11]
14	灰柳 <i>S. cinerea</i>	0.85	[11]
15	爆竹柳 <i>S. fragilis</i>	0.86	[11]

1.2.2 细胞核悬液制备与染色 各取 1 g 左右待测样品及内标材料幼嫩叶片置于培养皿中,加入 1 mL LB01 解离液,用刀片快速切碎叶片。吸取上清液于 400 目滤网过滤,置于冰上孵育 5 min, 4 ℃, 1 000 r/min 离心 5 min。吸取上清并加入 10 μg/mL 的 RNase,随后加入 0.5 μL PI 荧光染料,混匀后置于冰上避光孵育 20 min 上机检测。

1.2.3 上机检测 流式细胞仪为美国 BD 公司的 Influx 系统,荧光激发波长为 488 nm,低速检测,每次收集颗粒 10 000 个。先分别以大豆和水稻单独上机检测,记录相对荧光强度范围。每个样品重复检测 3 次。变异系数(CV)控制在 5% 以内。

1.3 数据分 析

利用流式细胞仪自带软件 FACSTM Software 进行数据采集及分析。待测样品核 DNA 含量(1C 值)计算表达式为(待测样本 G₀/G₁峰荧光强度/标样 G₀/G₁峰荧光强度)×标样细胞核 DNA 含量(1C 值)^[5]。DNA 含量与基因组大小换算表达式为 1 pg DNA=978 M bp^[15]。利用 SPSS 软件进行统计与方差分析。

2 结果与分 析

2.1 标样荧光范围的确定

为减小试验误差,本研究采用待测样品与内标混合测定的方法进行检测。混合检测前,单独对内标进行上样检测。结果表明:水稻‘日本晴’的荧光

强度在 10 000 附近,大豆荧光强度在 22 000 附近。经查询,已发表的灌木柳自然种基因组 C 值为 0.4 pg 左右,乔木柳自然种基因组 C 值为 0.8 pg 左右(见表 1)。由于核 DNA 含量与荧光强度成正比,为使待测样品与内标荧光强度峰值能有效区分,因此选择水稻为乔木柳待测样品内标,且样品峰位于内标峰的右侧;选择大豆为灌木柳待测样品内标,且

样品峰位于内标峰的左侧。

2.2 基因组 C 值的测定

分别将 22 个柳树待测样品与内标混合上机,检测结果如图 1,2 所示,样品峰与内标峰清晰且无重叠,区分度较好,表明本试验结果可靠。经系统自带软件收集数据并经统计分析后,得到 22 个个体的核 DNA 含量与基因组大小值(见表 3)。

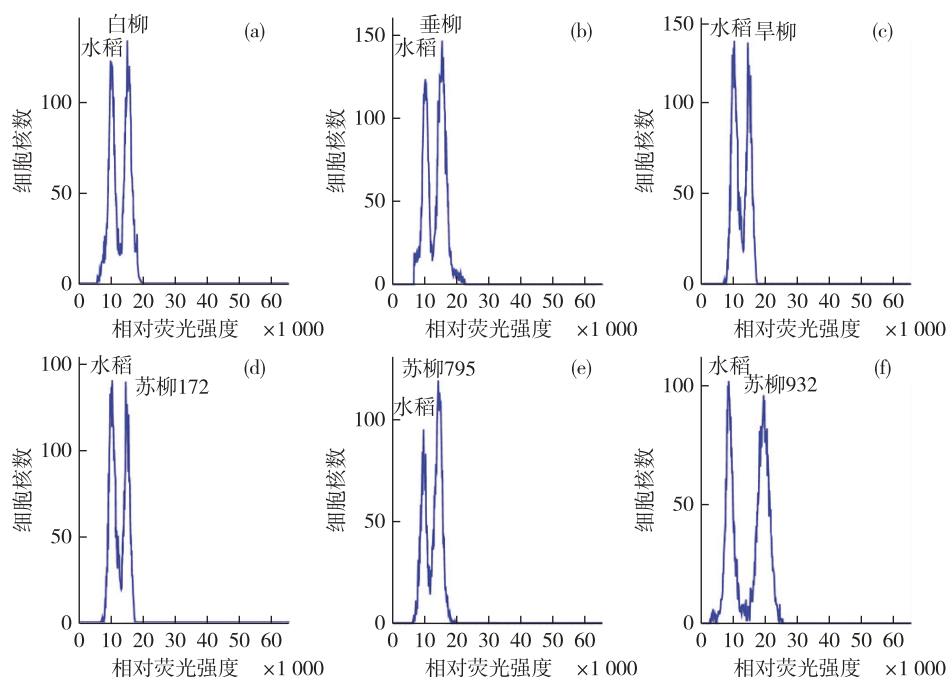


图 1 部分乔木柳种质与内标水稻‘日本晴’混合上样检测结果

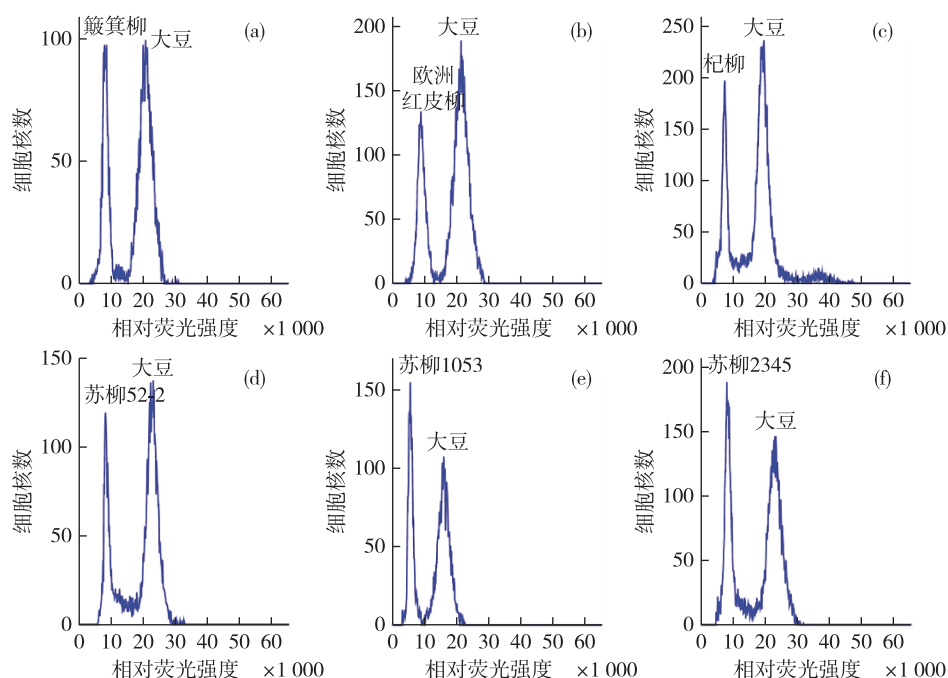


图 2 部分灌木柳种质与内标大豆混合上样检测结果

表 2 试验材料

编号	中文名	拉丁名	遗传背景	类型
1	垂柳	<i>S. babylonica</i>	自然种	乔木
2	白柳	<i>S. alba</i>	自然种	乔木
3	旱柳	<i>S. matsudana</i>	自然种	乔木
4	龙爪柳	<i>S. matsudana</i> f. <i>tortuosa</i>	自然种	乔木
5	钻天柳	<i>Chosenia arbutifolia</i>	自然种	乔木
6	粉枝柳	<i>S. rorida</i>	自然种	乔木
7	簸箕柳	<i>S. suchowensis</i>	自然种	灌木
8	蒿柳	<i>S. viminalis</i>	自然种	灌木
9	杞柳	<i>S. integra</i>	自然种	灌木
10	欧洲红皮柳	<i>S. purpurea</i>	自然种	灌木
11	灰柳	<i>S. cinerea</i>	自然种	灌木
12	细柱柳	<i>S. gracilistyla</i>	自然种	灌木
13	银柳	<i>S. argyracea</i>	自然种	灌木
14	二色柳	<i>S. alberti</i>	自然种	灌木
15	‘苏柳 172’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J172’	(垂柳 × 白柳) × 旱柳	乔木
16	‘苏柳 795’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J795’	旱柳 × 白柳	乔木
17	‘苏柳 932’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J932’	垂柳 × 白柳	乔木
18	‘苏柳 1011’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J1011’	垂柳 × 白柳	乔木
19	‘苏柳 1053’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J1053’	二色柳 × 毛枝柳	灌木
20	‘苏柳 2345’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J2345’	簸箕柳 × 簸箕柳	灌木
21	‘苏柳 52-2’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J52-2’	簸箕柳 × 银柳	灌木
22	‘苏柳 9-6’	<i>S. × jiangsuensis</i> ‘J9-6’	杞柳 × 簸箕柳	灌木

按自然种与品种不同类型分析,自然种中,龙爪柳核 DNA 含量 1C 值最大,为 0.67 pg,基因组大小为 660 M bp;其次为垂柳,核 DNA 含量 1C 值为 0.60 pg,基因组大小为 582 M bp;蒿柳核 DNA 含量 1C 值最小,为 0.38 pg,基因组大小为 369 M bp。品种中,苏柳 932 核 DNA 含量 1C 值最大,为 0.90 pg,基因组大小为 876 M bp;其次为苏柳 1011,核 DNA 含量 1C 值为 0.87 pg,基因组大小为 847 M bp;苏柳 1053 最小,核 DNA 含量 1C 值为 0.39 pg,基因组大小为 385 M bp。

按乔木柳与灌木柳不同类型分析,乔木柳中,苏柳 932 核 DNA 含量 1C 值最大,其次为苏柳 1011,粉枝柳核 DNA 含量 1C 值最小,为 0.43 pg,基因组大小为 417 M bp。灌木柳中,灰柳核 DNA 含量 1C 值最大,为 0.60 pg,基因组大小为 588 M bp;其次为欧洲红皮柳,核 DNA 含量 1C 值为 0.47 pg,基因组大小为 459 M bp;蒿柳核 DNA 含量 1C 值最小。

2.3 基因组 C 值的比较

多重比较分析表明:柳树大部分个体间核 DNA 含量 1C 值存在显著差异($P<0.05$),部分个体间没有显著性差异,如垂柳、灰柳与苏柳 795,细柱柳、银

柳、苏柳 2345、苏柳 52-2 与苏柳 9-6(见表 3)。进一步将 22 个个体划分成乔木柳和灌木柳 2 个组,方差分析结果表明:乔木柳和灌木柳组间存在极显著差异($P<0.01$,见表 4)。

3 结论与讨论

早期的研究认为,物种的 DNA C 值具有特异性,是恒定不变的,但随着样本来源的多样化及检测量的增加,越来越多的研究表明同一物种的不同个体间 DNA C 值也存在一定的差异^[16]。本研究选取的 22 个待测样本中,有 5 个与 C 值数据库中已公布的种相同。其中,蒿柳(0.38 pg)和欧洲红皮柳(0.47 pg)与数据库中公布的 C 值数据差异不大(蒿柳 0.41 pg,欧洲红皮柳 0.43 pg),但垂柳(0.60 pg)、白柳(0.59 pg)和灰柳(0.60 pg)与数据库中公布的 C 值数据差异较大(垂柳 0.77 pg,白柳 0.83 pg,灰柳 0.85 pg)。类似的结论在木兰科^[17]及鸢尾属^[18]的研究中也所有发现。推测其原因,最主要的可能是由于林木世代周期长、高度杂合而引起遗传背景的差异而导致。此外,不同的气候条件、生态环境、种群大小、发育阶段、取样部位等也可能导致检测的差异^[16,19]。

表 3 不同柳树种质的核 DNA 含量(1C 值)							
编号	中文名	内标	内标平均荧光强度	样品平均荧光强度	平均 DNA 指数	1C 值/pg	基因组大小/Mbp
1	垂柳	水稻	10 249	15 348	1.50	0.60 ^e	582
2	白柳	水稻	10 379	15 394	1.48	0.59 ^{ef}	588
3	旱柳	水稻	10 426	15 173	1.46	0.58 ^f	566
4	龙爪柳	水稻	9 159	15 541	1.70	0.67 ^d	660
5	钻天柳	水稻	10 554	12 664	1.20	0.48 ^g	466
6	粉枝柳	大豆	25 912	9 768	0.38	0.43 ^{hij}	417
7	簸箕柳	大豆	20 999	8 108	0.39	0.44 ^{hi}	427
8	蒿柳	大豆	20 029	6 681	0.33	0.38 ^k	369
9	杞柳	大豆	19 769	7 387	0.37	0.42 ^{ij}	413
10	欧洲红皮柳	大豆	20 989	8 722	0.42	0.47 ^g	459
11	灰柳	水稻	10 220	15 448	1.51	0.60 ^e	588
12	细柱柳	大豆	23 277	8 462	0.36	0.41 ^j	402
13	银柳	大豆	25 059	9 190	0.37	0.41 ^j	405
14	二色柳	大豆	21 702	8 396	0.39	0.44 ^h	428
15	‘苏柳 172’	水稻	9 317	19 632	2.11	0.84 ^c	820
16	‘苏柳 795’	水稻	9 627	14 409	1.50	0.60 ^e	592
17	‘苏柳 932’	水稻	8 568	19 312	2.25	0.90 ^a	876
18	‘苏柳 1011’	水稻	9 098	19 808	2.18	0.87 ^b	847
19	‘苏柳 1053’	大豆	22 129	7 603	0.34	0.39 ^k	385
20	‘苏柳 2345’	大豆	22 460	8 199	0.37	0.41 ^j	403
21	‘苏柳 52-2’	大豆	22 624	8 250	0.36	0.41 ^j	403
22	‘苏柳 9-6’	大豆	22 729	8 345	0.37	0.41 ^j	406

注:1C 值栏中数据在右上角的不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。

表 4 不同类型柳树核 DNA 含量的方差分析					
差异源	SS	df	MS	F	P-value
组间	0.272 467	1	0.272 467	19.839 94	0.000 243
组内	0.274 665	20	0.013 733		
总计	0.547 132	21			

基因组中重复序列的变化和多倍化事件是真核生物基因组进化产生差异的主要原因。杨柳科植物起源于同一个古四倍体祖先,在逐步进化过程中,重新二倍化后形成杨树和柳树 2 大进化分支^[20]。相比杨树,柳树进化更加完全,由于其独特的生物学特性而导致基因组不断的多倍化,形成了从二倍体($2n=38$)到十二倍体($2n=228$)的完整倍性体系^[7]。有研究表明,同一类群中,物种的 DNA C 值与倍性水平呈正相关,即 C 值随着倍性的增加而增大^[21]。本研究中,通过表 4 方差分析可知,乔木和灌木 2 种类型间核 DNA 含量存在极显著差异,且乔木类型要高于灌木类型。在自然界中,通常情况下灌木柳大多为二倍体,如簸箕柳、杞柳欧洲红皮柳等,而乔木柳大多为多倍体,如垂柳、白柳、旱柳等,多为四倍体^[7]。

在乔木类型中,钻天柳属于钻天柳属,而钻天

柳属是介于杨属和柳属之间的过渡类型。据文献记载,钻天柳是二倍体^[7],因此其核 DNA 含量(0.48 pg)相比较其他乔木柳要小很多。而几个乔木柳品种如苏柳 172、苏柳 932 和苏柳 1011 由不同乔木柳杂交而来,属异源多倍体,其核 DNA 含量相比较其他乔木柳自然种要大很多。但几个灌木柳品种如苏柳 2345、苏柳 52-2 和苏柳 9-6 在杂交后其核 DNA 含量相比其他灌木柳自然种差异不大。推测其原因,一方面可能是由于本研究中的待测样本与杂交亲本个体本身差异引起,另一方面可能是由于多倍体染色体组配对与重组更为复杂造成的^[16]。此外,乔木类型中的粉枝柳(0.43 pg)和灌木类型中的灰柳(0.60 pg)在各自类型中与其他个体数值差异较大,推测可能是由于倍性差异而导致,有待于进一步的核型分型来确认。

参考文献:

[1] SWIFT H. The constancy of desoxyribose nucleic acid in plant nuclei [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 1950, 36: 643-654.

[2] BENNET M D, BHANDOL P, LEITCH I J. Nuclear DNA amounts in angiosperms and their modern uses; 807 new estimates [J]. Annals of Botany, 2000, 86: 859-909.

- [3] BENNET M D, LEITCH I J. Nuclear DNA amounts in angiosperms: progress, problems and prospects [J]. *Annals of Botany*, 2005, 95: 45-90.
- [4] BENNET M D, LEITCH I J. Nuclear DNA amounts in angiosperms: targets, trends and tomorrow [J]. *Annals of Botany*, 2011, 107: 467-590.
- [5] CHENG K B, ALVERSON W S, FOLLANSBEE A, et al. New reports of nuclear DNA content for 407 vascular plant taxa from the United States [J]. *Annals of Botany*, 2012, 110: 1623-1629.
- [6] BENNET M D, LEITCH I J. Plant DNA C-values Database (<http://data.kew.org/cvalues>; release 5.0. 2010).
- [7] 涂忠虞. 柳树育种与栽培 [M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1982.
- [8] LINDEGAARD K N, BARKER J H A. Breeding willows for biomass [J]. *Aspects of Applied Biology*, 1997, 49: 155-162.
- [9] HE X D, ZHENG J W, ZHOU J, et al. Characterization and comparison of EST-SSRs in *Salix*, *Populus*, and *Eucalyptus* [J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2015, 11: 820.
- [10] OLSZEWSKA M J, OSIECKA R. The relationship between 2C DNA content, systematic position, and the level of nuclear DNA endoreplication during differentiation of root parenchyma in some dicotyledonous shrubs and trees. Comparison with Herbaceous species [J]. *Biochemie und Physiologie der Pflanzen*, 1984, 179 (8): 641-657.
- [11] THIBAULT J. Nuclear DNA amount in pure species and hybrid willows (*Salix*): a flow cytometric investigation [J]. *Canadian Journal of Botany*, 1998, 76(1): 157-165.
- [12] MOWFORTH M A, GRIME J P. Intra-population variation in nuclear DNA amount, cell size and growth rate in *Poa annua* L. [J]. *Functional Ecology*, 1989, 3: 289-295.
- [13] PUSTAHIIJA F, BROWN S C, BOGUNIC F, et al. Small genomes dominate in plants growing on serpentine soils in West Balkans, an exhaustive study of 8 habitats covering 308 taxa [J]. *Plant and Soil*, 2013, 373: 427-453.
- [14] HORIALES M, REDONDO N, BLANCO A, et al. Nuclear DNA amounts of trees and shrubs [J]. *Nova Acta Cientifica Compostelana (Biologia)*, 2004, 13: 23-33.
- [15] DOLEZEL J, BARTOS J, VOGLMAYR H, et al. Nuclear DNA content and genome size of trout and human [J]. *Cytometry A*, 2003, 51(2): 127-8.
- [16] 郭水良, 周平, 印丽萍, 等. 植物 DNA C 值在种间和种内的变异及其生物学意义 [J]. *上海师范大学学报 (自然科学版)*, 2011, 40(1): 102-110.
- [17] 叶林江, 张志荣, 孙志霞, 等. 木兰科主要属种核 DNA 含量 (2C 值) 的检测 [J]. *植物分类与资源学报*, 2015, 37(5): 605-610.
- [18] 林峰, 肖月娥, 周翔宇, 等. 25 份鸢尾属植物基因组 DNA C 值的流式测定 [J]. *草地学报*, 2018, 28(4): 985-990.
- [19] KNIGHT C A, MOLINARI N A, PETROV D A. The large genome constraint hypothesis: evolution, ecology and phenotype [J]. *Annals of Botany*, 2005, 95(1): 177-190.
- [20] DAI X J, HU Q J, CAI Q L, et al. The willow genome and divergent evolution from poplar after the common genome duplication [J]. *Cell Research*, 2014, 24(10): 1274-1277.
- [21] MANK J E, AVISE J C. Cladogenetic correlates of genomic expansions in the recent evolution of actinopterygian fishes [J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2006, 273 (1582): 33-38.

· 征订启事 ·

欢迎订阅 2021 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 15.00 元,全年订费 90.00 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。