

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00101

## 古茶园、台地茶园遗传多样性的 AFLP 分析

季鹏章<sup>1,2,3</sup>, 蒋会兵<sup>2</sup>, 黄兴奇<sup>1,3</sup>, 张俊<sup>2</sup>, 梁名志<sup>2</sup>, 王平盛<sup>2</sup>

1. 云南大学生命科学学院, 昆明 650091;
2. 云南省农业科学院茶叶研究所, 勐海 666201;
3. 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明 650223

**摘要:** 采用 AFLP-毛细管电泳法对云南省西双版纳地区 4 个有代表性的古茶园和 2 个台地茶园(阿萨姆茶 *Camellia sinensis* var. *assamica*)进行遗传多样性分析。研究表明: 阿萨姆茶变种水平的遗传多样性为:  $P = 92.31\%$ , 期望杂合度  $He = 0.1366$ , Shannon 多样性指数  $Ho = 0.2323$ ; 古茶园居群水平是  $45.55\%$ , 勐腊居群最高  $P = 59.11\%$ , 勐宋居群变异度最低  $P = 36.44\%$ ; 而台地茶中, 有性系勐海大叶群体种  $P = 35.02\%$ , 无性系云抗 10 号则非常低  $P = 13.77\%$ , 台地茶居群水平是  $24.2\%$ ; 古茶园和台地茶遗传多样性相差很大, 依次是古茶园>有性系台地茶>无性系台地茶。研究还发现古茶园与台地茶园之间, 南糯山居群、勐腊易武居群与其他居群间存在多条特异谱带, 可作为南糯山居群和勐腊易武居群的分子指纹图谱, 应用于这两个居群所产晒青毛茶的鉴别。

**关键词:** *Camellia sinensis* var. *assamica*; AFLP; 遗传多样性; 古茶园; 台地茶园

## Genetic diversity of ancient tea gardens and tableland tea gardens from Yunnan Province as revealed by AFLP marker

Ji Peng-Zhang<sup>1,2,3</sup>, Jiang Hui-Bing<sup>2</sup>, Huang Xing-Qi<sup>1,3</sup>, Zhang Jun<sup>2</sup>,  
Liang Min-Zhi<sup>2</sup>, Wang Ping-Sheng<sup>2</sup>

1. College of Life Sciences, Yunnan University, Kunming 650091, China;
2. Tea Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Menghai 666201, China;
3. Biotechnology and Genetic Germplasm Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China

**Abstract:** This study was conducted to evaluate the genetic diversity within and among the plants of four ancient tea gardens and two tableland tea gardens from Yunnan Province, China by AFLP technique. The percentage of polymorphic loci ( $P$ ) of the plants from six tea gardens was  $92.31\%$ . The genetic diversity within the six gardens demonstrated by Nei's genetic diversity ( $He$ ) was estimated to be  $0.1366$ , while Shannon indices ( $Ho$ ) were  $0.2323$ . The percentage of polymorphic loci of the four ancient tea populations was  $45.55\%$  on average, with a range of  $36.44\%$  (Mengsong) to  $59.11\%$  (Mengla). But the percentages of polymorphic loci of the plants from two tableland gardens were  $13.77\%$  (Yunkang 10) and  $24.2\%$  (Menghai Daye), respectively. There was a great genetic difference between ancient tea gardens and tableland tea gardens. The genetic diversity among the plants of the ancient tea garden was higher than those of the sexual tableland tea garden and the clone tableland tea garden based on  $P$  value. The four ancient tea gardens and two tableland gardens could be differentiated with AFLP markers. The results show that AFLP marker is an effective tool in the discrimination of tea germ-

收稿日期: 2008-05-29; 修回日期: 2008-07-22

基金项目: 国家科技部基础条件平台项目(编号: 2006FY110700)和云南省应用基础研究计划重点项目(编号: 2006C0012Z)资助

作者简介: 季鹏章(1975-), 男, 博士研究生, 副研究员, 研究方向: 茶树分子生物学。E-mail: pengzhji@126.com

通讯作者: 黄兴奇(1954-), 男, 博士生导师, 研究员, 研究方向: 植物分子生物学。Tel: 0871-5130681; E-mail: xingqih@hotmail.com

plasm, as well as sundried green tea.

**Keywords:** *Camellia sinensis* var. *assamica*; AFLP; genetic diversity; ancient tea garden; tableland tea garden

云南是茶树的起源中心、物种多样性分布中心之一<sup>[1,2]</sup>, 明清时期就广泛种植阿萨姆茶<sup>[3]</sup>(*Tea plant* (*Camellia sinensis* var. *assamica* (Masters) Kitamura))。云南省现有古茶园 4 万  $\text{hm}^2$ , 老树茶是指由百年以上的古茶园所产鲜叶加工而成的普洱茶; 台地茶是指采制于新中国成立后发展建立的密植条栽茶园, 云南省现有该类茶园近 20 万  $\text{hm}^2$ 。古茶园所产鲜叶是制作优质普洱茶的原料, 具有巨大的经济、文化和研究价值, 近年来, 普洱茶以其独特品质风格和保健功效而举世注目, 产业发展十分迅速。用古茶园茶叶所制作的老树茶, 品质优良, 价格居高不下, 而老树茶产量有限, 这就导致了假冒老树茶的大量出现, 损害了广大消费者的利益。怎样科学地鉴别普洱茶原料来源, 是保证普洱茶产业健康持续发展亟待解决的重要关键技术。

本研究选取地理位置相近的云南西双版纳 4 个著名古茶山(园)阿萨姆生态居群和 2 个台地茶居群, 采用 AFLP(Amplified fragment length polymorphism)-毛细管电泳技术分析, 旨在客观地评价古茶园内云南阿萨姆茶的遗传多样性, 了解云南不同阿萨姆茶古茶园的遗传分化, 发掘不同古茶园之间的遗传差异。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

实验材料都为阿萨姆茶(*C. sinensis* var. *assamica*), 分别采自云南西双版纳 4 个古茶园; 2 个栽培台地茶——云抗 10 号和勐海大叶群体种作为对照,

采自云南省农业科学院茶叶研究所实验茶园。具体位置和采样数见表 1。每个单株取 3~5 个一芽二叶, 用硅胶干燥, 4℃保存。凭证标本保存在云南省农业科学院茶叶研究所标本室。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 样本 DNA 的提取和 AFLP-PCR 的扩增

采自 6 个 *C. sinensis* var. *assamica* 居群的样本各 1.0 g, 分别按照改进的 CTAB 法<sup>[4]</sup>提取总 DNA。提取的总 DNA 样本经 RNA 酶 A 纯化后, 用紫外分光光度计测定 260 nm 和 280 nm 下的光密度值, 以确定其纯度和浓度。模板 DNA 经限制性内切酶 *EcoR*、*Mse* 分别酶切; 双酶切产物加入 *EcoR* 和 *Mse* 接头序列和 T4 连接酶进行连接; 连接产物加入 *EcoR* 和 *Mse* 引物进行预扩增, 预扩增程序为: 94℃ 预变性 2 min; 94℃ 复性 20 s, 56℃ 复性 30 s, 72℃ 延伸 2 min, 20 个循环; 60℃ 延伸 30 min。预扩增产物稀释 20 倍后, 加入选定的引物进行选择扩增。选择性扩增程序为: 94℃ 预变性 2 min; 94℃ 变性 20 s, 66~56℃ 复性 30 s, 72℃ 延伸 2 min, 10 个循环, 复性温度从 66℃ 开始, 每个循环降 1℃; 94℃ 变性 20 s, 56℃ 复性 30 s, 72℃ 延伸 2 min, 20 个循环; 60℃ 延伸 30 min。冷却后取出检测。扩增反应在 MJ Research (Waltham, MA, USA) PTC200-well thermal cycler 上进行。

#### 1.2.2 AFLP-毛细管电泳检测

选择性扩增样本的检测在贝克曼库尔特

表 1 用于 AFLP 分析的阿萨姆茶 *C. sinensis* var. *assamica* 的 6 个居群

代号	居群	类型	采样数	北纬(N)	东经(E)
MS	云南, 勐海, 勐宋	古茶园	15	21.93	100.06
ML	云南, 勐腊, 易武	古茶园	11	21.48	101.56
J	云南, 景洪, 大勐龙	古茶园	15	22.00	100.79
NNS	云南, 勐海, 南糯山	古茶园	9	21.98	100.07
YK	云南, 勐海, 云抗 10 号	无性系台地茶	13	21.95	100.05
MD	云南, 勐海, 勐海大叶群体种	有性系台地茶	14	21.95	100.05

(Beckman Coulter)公司 CEQ8000 遗传分析系统上完成。该系统采用荧光标记和毛细管电泳分离技术,扩增产物在高分辨率毛细管中电泳分离,激光激发荧光采集数据,电泳结果通过软件自动统计分析并转化为“0、1”原始数据矩阵备用。同时,导出电泳分离图谱。

1.2.3 数据处理和分析

得到的原始数据矩阵,用 POPGENE version 1.32<sup>[6]</sup>软件进行遗传多样性分析;居群遗传多样性以常规的多态位点百分率( $P$ ), Nei's<sup>[7]</sup> 基因多样性指数(期望杂合度)( $H_e$ ), Shannon 多样性指数( $H_o$ )和居群间基因分化系数(Coefficient of gene differentiation,  $G_{st}$ )。用 AMOVA 软件进行 AMOVA(Analysis of molecular variance)分析,计算遗传变异在居群间和居群内的分布。用 NTSYSpc2.0 软件对居群个体进行 UPGMA 聚类分析和主成分分析;同时,进行电泳分离图谱的特征峰比对分析。

2 结果与分析

2.1 AFLP 选择性扩增引物筛选结果

从 8 对引物组合中筛选出 2 对 AFLP 选择性扩增引物,共扩增出稳定条带 494 条,平均每对引物

247 条带。可检测 456 个多态性位点,引物多态性位点检出率为 92.31 %。结果见表 2。

2.2 遗传多样性

阿萨姆茶变种水平的遗传多样性为:  $P=92.31\%$ , 期望杂合度  $H_e=0.1366$ , Shannon 多样性指数  $H_o=0.2323$ , 基因多样性  $H_t=0.1409$ ; 古茶园居群水平多态位点百分率( $P$ )为 45.55%, 期望杂合度( $H_e$ )为 0.1016, Shannon's 多样性指数( $H_o$ )为 0.166。其中,勐腊居群表现出较高水平的变异度( $P=59.11\%$ ,  $H_e=0.1192$ ;  $H_o=0.2009$ ); 勐宋居群变异度最低( $P=36.44\%$ ,  $H_e=0.081$ ;  $H_o=0.1312$ ); 台地茶中,勐海大叶种  $P=35.02\%$ ,  $H_e=0.0986$ ,  $H_o=0.1531$ ; 云抗 10 号则非常低,  $P=13.77\%$ ,  $H_e=0.0437$ ,  $H_o=0.0666$ ; 台地茶居群水平为  $P=24.4\%$ ,  $H_e=0.0712$ ,  $H_o=0.1099$ 。相关结果见表 3。

2.3 遗传分化

POPGENE 分析结果揭示:居群间基因分化系数  $G_{st}$  为 0.3503,居群间的遗传变异占总遗传变异的 35.03%,说明 35.03%的遗传变异来自居群间。AMOVA 分析结果表明:6 个居群间存在一定的遗传分化,37.86%的遗传变异来自居群间,62.14%的遗传变异来自居群内( $P<0.001$ )(表 4)。

表 2 所用引物组合及其检测效率

引物组合	引物系列(5' 3')	扩增位点	多态性位点	多态性比率(%)
E-ACC/M-CTC	GACTGCGTACCAATTCAAC GATGAGTCCTGAGTAACTC	228	205	90.14
E-ACC/M-CTA	GACTGCGTACCAATTCAAC GATGAGTCCTGAGTAACTA	266	251	94.48
总计		494	456	92.31
平均		247	226	

表 3 阿萨姆茶 6 个居群的遗传多样性分析

居群	$N$	$P$	$H_e$ (s.d.)	$H_o$ (s.d.)
MS	15	36.44	0.0810(0.1437)	0.1312(0.2118)
ML	11	59.11	0.1192(0.1398)	0.2009(0.2090)
J	15	2	0.0936(0.1521)	0.1504(0.2231)
NNS	9	45.95	0.1132(0.1599)	0.1813(0.2339)
PLA		45.55	0.1016(0.1489)	0.1660(0.2195)
YK	13	13.77	0.0437(0.1216)	0.0666(0.1791)
MD	14	35.02	0.0986(0.1625)	0.1531(0.2383)
PLT		24.40	0.0712(0.1421)	0.1099(0.2087)
多样性水平		92.31	0.1366(0.1484)	0.2323(0.2081)

注: 居群代号同表 1;  $N$ : 样本数量;  $P$ : 多态位点百分率;  $H_e$ : 期望杂合度;  $H_o$ : Shannon 多样性指数; 括号内数据为标准误差; PLA: 古茶园居群水平; PLT: 台地茶居群水平; Variety level: 阿萨姆茶变种水平。

西双版纳 6 个阿萨姆茶居群间的 Nei's 遗传距离见表 5。遗传距离最大的是勐海南糯山和云抗 10 号, 为 0.1674, 最小的是景洪大勐龙和勐腊易武, 为 0.0122; 遗传一致度最大的是景洪大勐龙和勐腊易

武, 为 0.9879, 最小的为勐海南糯山和云抗 10 号, 为 0.8459。

从 6 个居群 77 个个体的 Jaccard 相似性系数的进行的 UPGMA 聚类图(图 1)可以看出, 根据 6 个居

表 4 阿萨姆茶居群间和居群内的遗传变异

变异来源	自由度	平方差	方差分量	<i>P</i> 值	百分率(%)
居群间	5	259.218	18.001	<0.001	37.86
居群内	71	29.551	29.551	<0.001	62.14

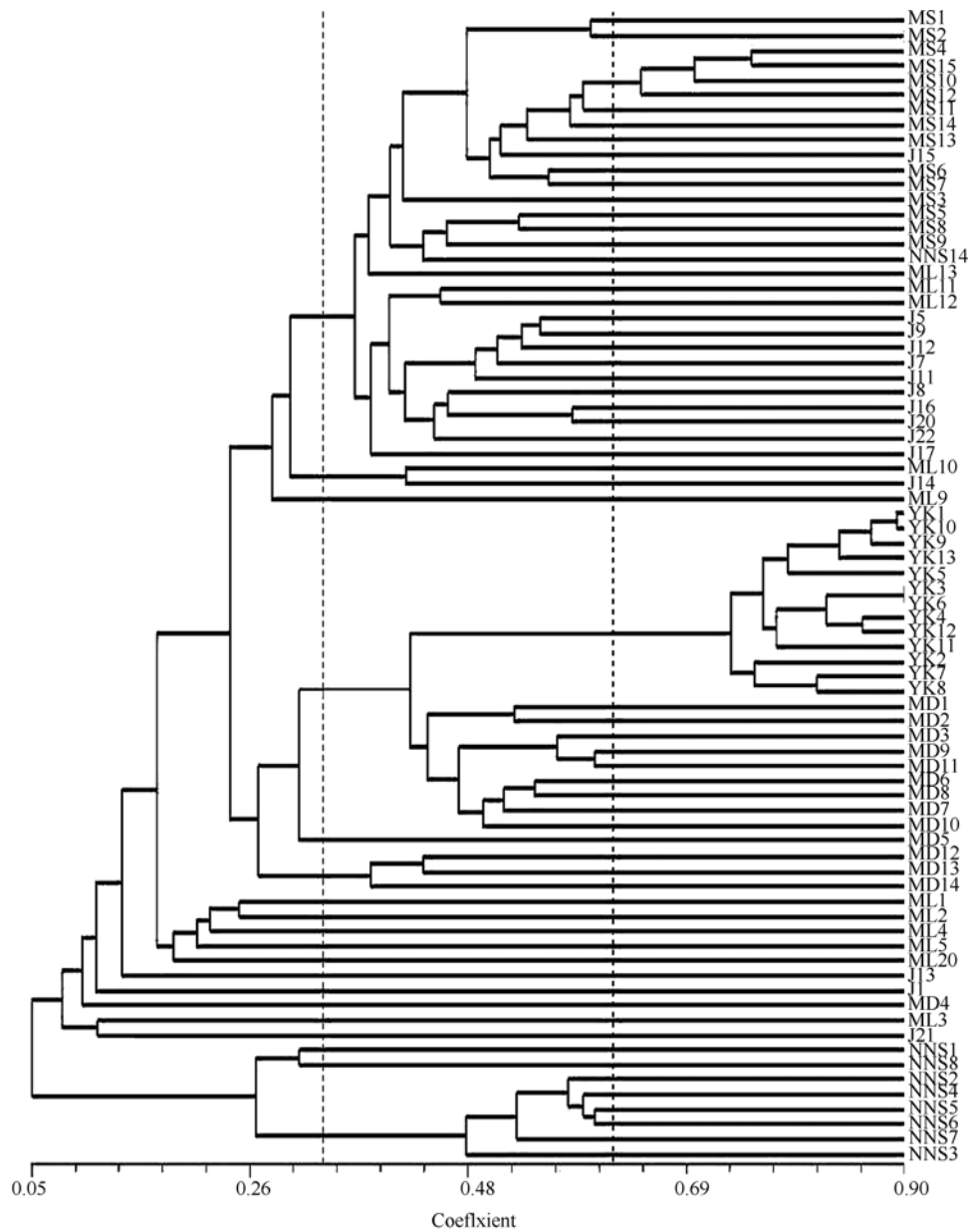


图 1 6 个居群的相似性系数 UPGMA 聚类图

群的 Jaccard 相似性系数: 当 Jaccard 相似性系数在 0.18 左右, 6 个居群被聚为三类, 云抗 10 号和勐海大叶群体种聚为一类, 勐海勐宋、勐腊易武和景洪居群一部聚为一类, 景洪、勐腊易武的一部分和南糯山聚为一类。6 个居群的的 Nei's 遗传距离 UPGMA 聚类图(图 2)和 AFLP 表型特征的主成分分析(PCA)也支持 AMOVA 分析结果(表 4), 说明 6 个茶园之间存在中度的遗传分化。

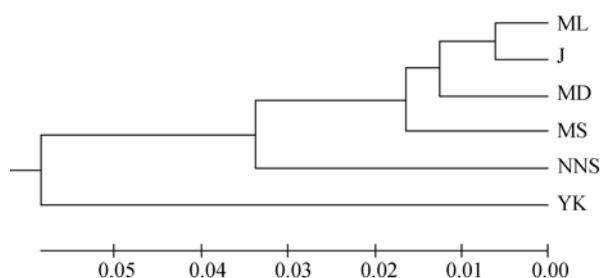


图 2 6 个居群的 Nei's 遗传距离 UPGMA 聚类图

## 2.4 古茶园的遗传差异分析

AFLP 选择性扩增检测代表性结果见图 4。根据 AFLP-毛细管电泳分离图谱的特征峰对比分析发现: 4 个古茶园与 2 个台地茶园 AFLP 选择性扩增毛细管电泳分离图谱在峰带数量、主特征峰带构成和比

例上存在明显差异。古茶园中, 南糯山居群与其他居群间差异最大, 各居群主特征峰带的初步分析见表 6。由表 6 可知: 当引物为 E-ACC/M-CTC 时, 2 个台地茶的主特征峰为 67 bp、150 bp、383 bp。当引物为 E-ACC/M-CTC 时, 2 个台地茶的主特征峰分别为 337 bp、132 bp 和 337 bp, 与 4 个古茶园有明显差异。据此, 可将古茶园和台地茶分开。当引物为 E-ACC/M-CTC 时, 南糯山居群(NNS)主特征峰带为: 160 bp、276 bp 和 337 bp; 勐腊居群(ML)主特征峰带为: 67 bp、123 bp 和 383 bp; 勐宋居群(MS)和景洪居群(JH)主特征峰带相似均为: 150 bp、205 bp 和 383 bp。当引物为 E-ACC/M-CTA 时, 南糯山居群(NNS)主特征峰带为: 137 bp、150 bp、167 bp、205 bp 和 383 bp; 勐腊居群(ML)主特征峰带为: 132 bp 和 332 bp; 勐宋居群(MS)和景洪居群(JH)主特征峰带相似均为: 132 bp 和 337 bp。据此, 可将南糯山居群、勐腊居群与其他居群分开。

## 3 讨论

### 3.1 遗传多样性分析

邵宛芳等<sup>[8]</sup>和段红星等<sup>[9]</sup>研究表明云南茶树种质资源具有较高的遗传多样性(94.17%~100%); 本

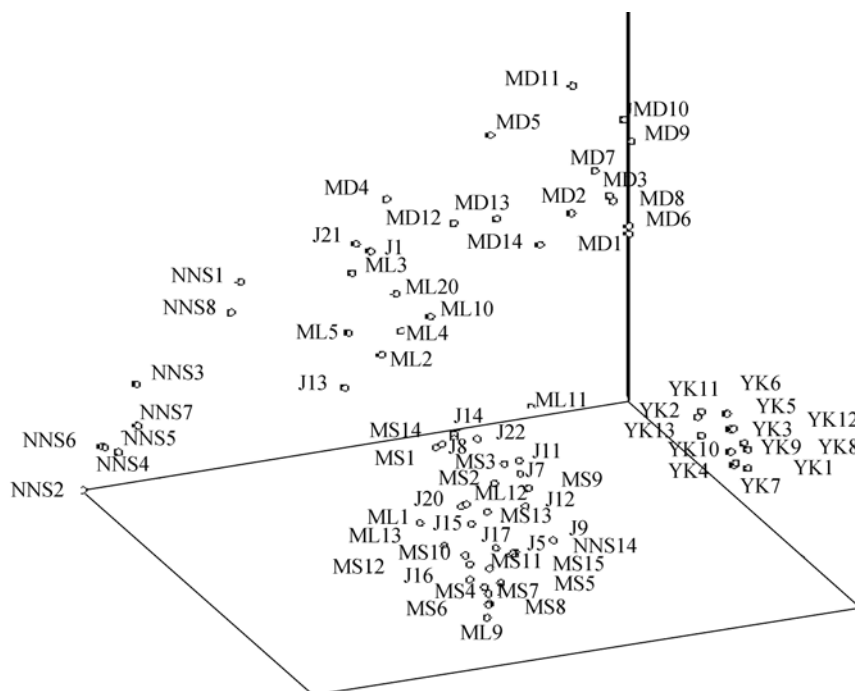


图 3 基于 AFLP 表型特征的主成分分析(PCA)3D 图

表 5 6 个古茶园间的 Nei's 遗传距离和遗传一致度

代号	MS	ML	JH	NNS	YK	MD
MS	****	0.9678	0.9781	0.9116	0.8887	0.9574
ML	0.0327	****	0.9879	0.9494	0.8935	0.9747
J	0.0221	0.0122	****	0.9444	0.8968	0.9758
NNS	0.0925	0.0520	0.0572	****	0.8459	0.9337
YK	0.1180	0.1126	0.1089	0.1674	****	0.9258
MD	0.0435	0.0256	0.0245	0.0686	0.0771	****

注: 居群代号同表 1, 对角线之上为遗传一致度, 对角线之下为遗传距离。

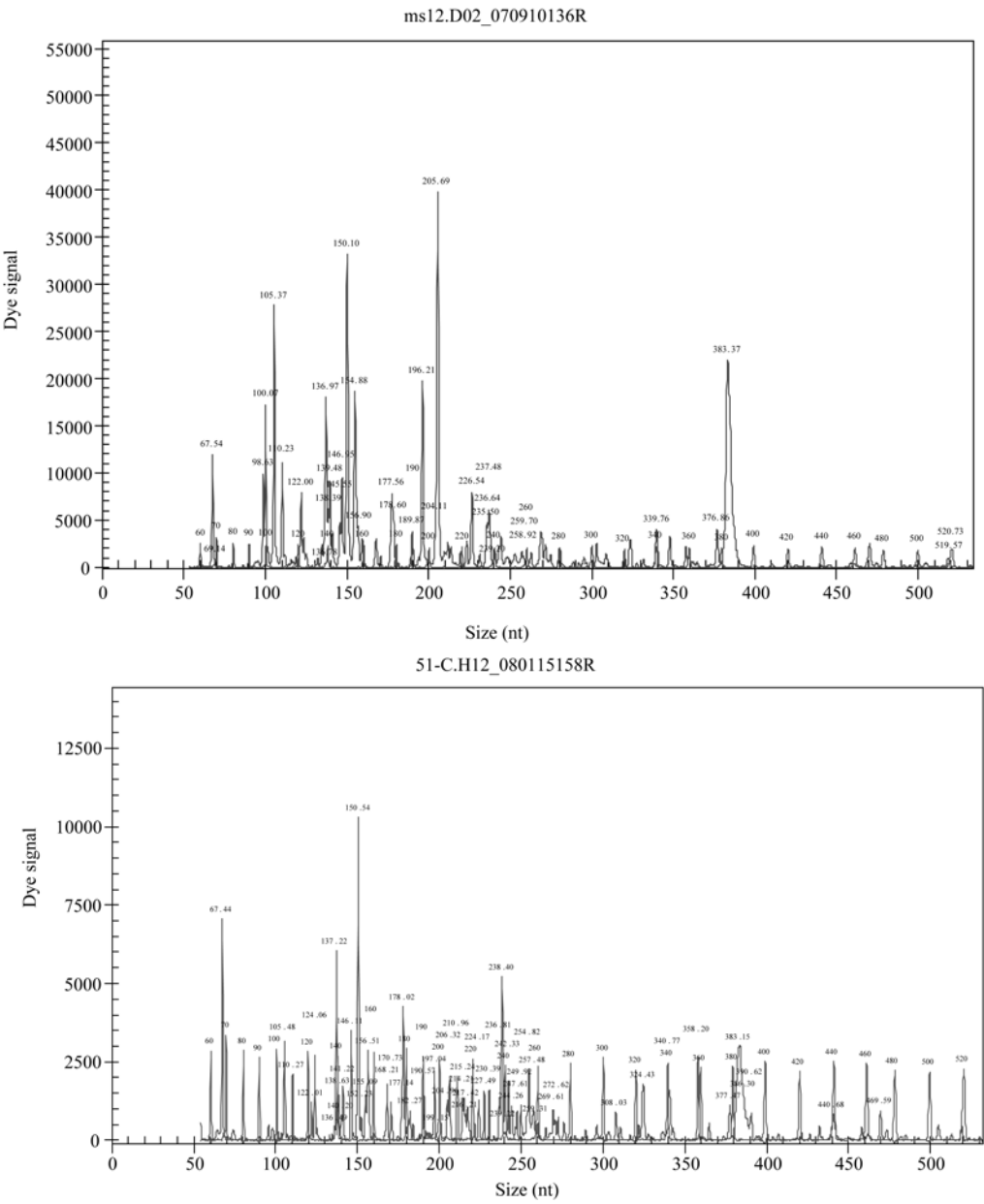


图 4 勐海勐宋和勐海大叶种 E-ACC/M-CTC AFLP 选择性扩增电泳图谱  
上图为勐宋, 下图为勐海大叶种。

表 6 E-ACC/M-CTC 和 E-ACC/M-CTA 居群主特征峰带

居群	E-ACC/M-CTC 峰带片段大小(bp)								E-ACC/M-CTA 峰带片段大小(bp)							
	67	123	150	160	205	276	337	383	132	137	150	167	205	332	337	383
MS	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-
JH	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-
ML	+	+	-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-
NNS	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+
YK	+	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-
MD	+	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-

注：居群代号同表 1；+：有带；-：无带。

文得到的阿萨姆茶变种水平的遗传多样性较高， $P=92.31\%$ ，古茶园居群水平是  $45.55\%$ ；台地茶中，有性系勐海大叶群体种  $P=35.02\%$ ；云抗 10 号  $P=13.77\%$ ；古茶园和台地茶遗传多样性相差很大，依次是古茶园>有性系台地茶>无性系台地茶。姚明哲等<sup>[10]</sup>指出，我国主要茶树无性系品种的相似系数介于 0.58~0.84，显示出比较狭窄的遗传基础，特别是区域水平上品种的遗传多样性有降低的趋势。本研究结果也说明云南阿萨姆茶、无性系台地茶云抗 10 号、有性系台地茶勐海大叶群体种的遗传多样性水平较低，体现了区域水平上品种的遗传多样性有降低的趋势；而古茶树则由于茶树高度异交的特性，保持了较高的遗传多样性<sup>[11]</sup>。

本研究与季鹏章等<sup>[11]</sup>用 ISSR 对云南 10 个阿萨姆茶古茶园遗传多样性分析的结果相比，其  $H_e$ 、 $H_o$ 、 $P$  等值都较小，是与所采用的标记不同所致，ISSR 所用的 PCR 引物长度一般在 20 个核苷酸左右，其产物的多态性远比 RFLP、SSR 和 RAPD 等标记丰富。其他作物的遗传多样性分析中都有相似的结论<sup>[12,13]</sup>这可能与 ISSR 标记的等位基因变异来源于基因组 DNA 复制时的滑动引起的重复序列数目的变化，而不是单碱基突变或插入缺失造成的，因而表现出高度的多态性的结果。居群的 AMOVA 分析表明：37.86% 的遗传变异来自居群间，与季鹏章等<sup>[11]</sup> 用 ISSR 对云南 10 个阿萨姆茶古茶园的 AMOVA 分析结果近似(39.7% 的遗传变异来自居群间)，二者研究结果都说明阿萨姆茶存在一定的遗传分化。

3.2 普洱茶古树茶和台地茶原料的遗传鉴别

梁名志等<sup>[14]</sup>以云南省西双版纳州勐海县南糯山、勐腊县易武和思茅市澜沧县景迈 3 地的古老茶园和台地茶园的蒸青茶、晒青茶为样品,从感官审

评、内含品质化学成分和矿物质元素检测分析展开对比研究，得出：(1)老树茶口感要优于台地茶，与品质化学成分有关联；(2)从理化成分与矿物质含量来看，老树茶与台地茶各有千秋，不能简单、武断地讲谁优谁劣，谁好谁差。说明老树茶与台地茶确有差异，但很难用感官审评、内含品质化学成分和矿物质元素检测等方法来区分。

陈亮等<sup>[15]</sup>曾报道 RAPD 标记在鉴别茶树品种和资源非常有效，有 3 种独立的方法可以用于鉴别茶树资源：(1)特殊的标记；(2)特异的谱带类型；(3)不同引物提供的谱带类型组合。我们采用 AFLP-毛细管电泳技术对 4 个古茶园进行分析，发现在引物 E-ACC/M-CTC 的 110 bp 和 137 bp 处，引物 E-ACC/M-CTA 的 276 bp、282 bp 和 337 bp 处，南糯山居群与其他居群间存在特异带，综合 2 对引物 5 个特异带能清楚地区分南糯山居群和其他居群；南糯山古茶园是目前占地面积最大，栽培历史上千年的著名古茶园。2007 年，南糯山古茶园所产晒青毛茶平均在 200 元每公斤以上，市价高于普通茶园和其他古茶园 50% 以上，由此带来的假冒南糯山古茶园晒青时有发生。研究结果可作为南糯山居群的分子指纹图谱，应用于南糯山古茶园所产晒青毛茶的鉴别，将为制定普洱茶晒青质量检测标准奠定坚实的基础。

参考文献(References):

[1] Wight W. Nomenclature and classification of tea plant. *Nature*, 1959, 183(4677): 1726–1728.[DOI](#)

[2] 虞富莲. 论茶树原产地和起源中心. *茶叶科学*, 1986, 6 (1): 1–8.

[3] 周红杰. 云南普洱茶. 昆明: 云南科技出版社, 2004, 18–21.

[4] Doyle J. DNA protocols for plants-CTAB total DNA isolation. In: Hewitt GM, Johnston A, eds. *Molecular tech-*



- niques in taxonomy. Berlin: Springer, 1991, 283–293.
- [5] GIBCOBRL. Instruction manual AFLPTM analysis system, AFLP start primer kit. Version B, 2003.
- [6] Yeh FC, Yang RC, Boyle T. POPGENE. Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Release 1.31. Edmonton: University of Alberta, 1999.
- [7] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70(12): 3321–3323. [\[DOI\]](#)
- [8] Shao Wan-Fang, Pang Rui-Hua, Wang Pin-Sheng. RAPD analysis of tea relationship in Yunnan. *Sci Agri Sin*, 2003, 36(12): 1582–1587.
- [9] 段红星, 邵宛芳, 王平盛, 许玫, 庞瑞华, 张亚萍, 崔文锐. 云南特有茶树种质资源遗传多样性的 RAPD 研究. 云南农业大学学报, 2004, 19 (3): 246–254.
- [10] 姚明哲, 陈亮, 王新超, 赵丽萍, 杨亚军. 我国茶树无性系品种遗传多样性和亲缘关系的 ISSR 分析. 作物学报, 2007, 33(4): 598–604.
- [11] 季鹏章, 张俊, 王平盛, 黄兴奇, 许玫, 唐一春, 梁名志. 云南古茶树(园)遗传多样性的 ISSR 分析. 茶叶科学, 2007, 27(4): 271–279.
- [12] 钱韦, 葛颂, 洪德元. 采用 RAPD 和 ISSR 标记探讨中国疣粒野生稻的遗传多样性. 植物学报, 2000, 42(7): 741–750.
- [13] Ge XJ, Sun M. Reproductive biology and genetic diversity of a cryptoviviparous mangrove *aegiceras corniculatum* (Myrsinaceae) using allozyme and intersimple sequence repeat (ISSR) analysis. *Mol Ecol*, 1999, 8(12): 2061–2069. [\[DOI\]](#)
- [14] 梁名志, 夏丽飞, 张俊, 方成刚, 陈继伟, 陈林波, 段志芬, 孙荣琴. 老树茶与台地茶品质比较研究. 云南农业大学学报, 2006, 21(4): 493–497.
- [15] 陈亮, 王平盛, 山口聪. 应用 DNA 分子标记鉴定茶树种质资源研究. 中国农业科学, 2002, 35(10): 1186–1191.

## 2009 年《遗传》杂志征稿简则

《遗传》杂志是中国遗传学会和中国科学院遗传与发育生物学研究所主办、科学出版社出版的学术期刊, 其定位是反映中国遗传学原创性研究成果及国际遗传学研究进展的学报级中文核心期刊。

1. 征稿范围: 遗传学、基因组学、发育生物学等领域有创新性的研究论文; 遗传学研究的新技术与新方法; 学科热点问题的专论与综述; 学术争鸣与讨论; 遗传学教学的经验体会; 国内外著名遗传学家介绍、遗传咨询、国内外学术会议信息等。

2. 稿件要求: 只接收中文稿件, 请附详细的中英文摘要。中英文题目应简洁明快; 名词术语规范; 使用法定的计量单位; 基因符号为斜体; 插图清晰, 表格为三线表。图表随文排版, 按顺序编码制正确引用参考文献, 保留全部引文作者姓名。基金项目、图表和中文参考文献不必列出英文对照。

3. 送审标准: 根据期刊的定位, 将提高审稿标准。当前一些只是利用 PCR 或同源克隆的方法研究基因表达方面的文章将不予接收, 须有基因功能方面的研究方可送审。不必在文中列出 PCR 检测电泳图片。

4. 数据库收录: 《遗传》已被美国生物学文摘、化学文摘、医学索引、俄罗斯文摘杂志等 20 余种国内外重要检索系统与数据库收录。新发表的文章将提交到《中国学术期刊光盘版》、《中国期刊网》、《万方数据——数字化期刊群》、《中国核心期刊(遴选)数据库》、《中国遗传网》、《天元数据》、《生物通网站》、《超星数字图书馆》、《华艺数位》等各种介质、媒体上长期发布; 文章摘要将被美国《化学文摘》、《生物学数据库》、《医学索引》、《俄罗斯文摘杂志》、《中国学术期刊文摘》、《中国生物学文摘》等国内外相关文摘与检索系统收录。作者的稿酬在《遗传》发表后一次性给付, 以后不再支付其他报酬。

5. 作者确认: 所投稿件是独立取得的原创性成果, 享有自主知识产权, 无抄袭问题; 未一稿两投; 相关数据、结果未曾以各种文字、语种在国内外公开发表过; 文章发表后不再以任何语种向其他刊物投稿; 作者之间无署名及排序纠纷, 学生投稿已经征得导师同意, 而且无保密问题。一旦发现学术不端问题出现, 编辑部将作出退稿或撤稿处理, 并公开曝光, 今后将不再接收该作者的任何稿件。

4. 投稿方式: 网上投稿和网上审稿。请登录《遗传》网站 <http://www.chinagene.cn/yc/index.asp>, 在“作者区”注册后, 按提示步骤完成投稿流程。如 3 日后未收到投稿回执的, 请及时向编辑部发邮件查询(E-mail: [yczz@genetics.ac.cn](mailto:yczz@genetics.ac.cn)), 以免遗漏。

5. 审稿流程: 收到稿件后, 由编辑部严格初审, 对于学术水平和写作格式未达到我刊要求的及时退稿。经审查录用的稿件, 编辑加工和英文编辑润色后及时发给作者修改定稿。修改稿及时在本刊网站的“最新录用”栏目全文发布。排版打印后给作者校读清样, 必须全部作者在《版权转让协议》上签名方可发表。开辟绿色通道, 重大成果的研究论文 3 个月内优先刊出。

6. 稿件费用: 本刊投稿时不收取审稿费, 录用的稿件寄清样时再通知作者交纳版面费。版面费每页 200 元, 彩版费每页 800 元。发表后寄给作者样刊 5 本, 精美抽印本 30 份, 稿酬每页 60 元。

《遗传》编辑部

2008 年 12 月 10 日