

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00962

# 基于差减 cDNA 文库 EST 信息的月季花香突变体 SSR 标记的开发

晏慧君<sup>1,2</sup>, 张颢<sup>1,2</sup>, 谢吉容<sup>3</sup>, 李树发<sup>1,2</sup>, 蹇洪英<sup>1,2</sup>, 邱显钦<sup>1,2</sup>, 王其刚<sup>1,2</sup>, 王继华<sup>1,2</sup>, 唐开学<sup>1,2</sup>

1. 云南省农业科学院花卉所, 昆明 650205;
2. 云南省花卉育种重点实验室, 昆明 650205;
3. 重庆文理学院生命科学系, 重庆 402168

**摘要:** 在前期月季花香突变体差减文库 EST 序列信息的工作基础上, 文章开发出新的与花香相关的 SSR 标记。从正反向差减文库 391 条 EST 中检索到 10 条含有 10 个 SSR 的序列, SSR 的检出率为 2.6%, EST-SSR 的重复单元共搜索到 10 种。利用部分 EST-SSRs 序列设计了 6 对 SSR 引物, 以花香突变体‘往日情怀’及其野生型‘金银岛’DNA 为模板, 对引物进行筛选, 5 对引物有扩增条带, 其中 3 对引物有特异性扩增条带。同时利用这些可扩增的引物对典型芳香和无香两组月季栽培品种进行多态性检测, 发现这 5 对引物均显示多态性。表明所建立的 SSR 标记是一种可行而有效的方法。

**关键词:** EST; EST-SSRs; SSR 引物; 月季; 花香

## Development of new SSR markers from EST of SSH cDNA libraries on rose fragrance

YAN Hui-Jun<sup>1,2</sup>, ZHANG Hao<sup>1,2</sup>, XIE Ji-Rong<sup>3</sup>, LI Shu-Fa<sup>1,2</sup>, JIAN Hong-Ying<sup>1,2</sup>,  
QIU Xian-Qin<sup>1,2</sup>, WANG Qi-Gang<sup>1,2</sup>, WANG Ji-Hua<sup>1,2</sup>, TANG Kai-Xue<sup>1,2</sup>

1. Flower Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China;
2. Yunnan Flower Breeding Key Lab., Kunming 650205, China;
3. Department of Life Science, Chongqing University of Arts and Sciences, Chongqing 402168, China

**Abstract:** The new SSR markers of rose related fragrance were developed based on the SSH cDNA libraries of rose floral scent mutant. In this study, 10 EST-SSRs (2.6%) from 391 ESTs in the libraries were identified. Six EST-SSRs primers were designed to sequence flanking SSRs. The primer pairs designed were screened on the wild-type Jinyindao, which has flowers full of pleasant scent, and the mutant-type Wangriqinghuai without perceivable floral scent. Five primer pairs were amplified effectively in Jinyindao and Wangriqinghuai, and 3 were polymorphic between Jinyindao and Wangriqinghuai. Eighteen rose cultivars including fragrant roses and nonfragrant roses were identified by the five prime pairs. These results proved that EST-SSR markers are effective markers to identify the polymorphism of the rose.

**Keywords:** EST; EST-SSRs; SSR primers; rose; fragrance

收稿日期: 2008-11-17; 修回日期: 2009-02-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30660117)、国家科技支撑计划子课题项目(编号: 2006BAD01A1805、国家“863”计划子课题项目(编号: 2006AA100109)和云南省科技创新强省计划项目(编号: 2007C0003Z),

作者简介: 晏慧君(1982-), 女, 硕士, 研究实习员, 专业方向: 月季基因克隆及功能分析。E-mail: hjyan8203@126.com

通讯作者: 唐开学(1963-), 男, 研究员, 研究方向: 月季遗传育种。E-mail: kxtang@hotmail.com

月季(*Rosa hybrida*)是蔷薇科(Rosaceae) 蔷薇属(*Rosa* L.)中具有能够连续开花特性的一类植物的统称。经长期的杂交和选育获得了许多理想的品种, 现在月季品种达 25 000 个, 但目前传统的杂交育种存在一定的局限性<sup>[1]</sup>, 育种家们注重花色、花形、花径、瓣数和茎长等外观性状的改良, 而内在性状, 如香味、瓶插寿命以及对病虫害的抵抗能力等未得到相应的提高。月季花香不仅具有重要的生物学意义, 而且具有重要的观赏性状和商业价值, 但因其难以定量定性分析和缺少合适的突变体, 目前对花香的研究水平远滞后于花形、花色等花朵的其他重要性状, 25 000 个现代月季品种中的大部分都没有或只有很少的香味<sup>[2]</sup>。此外, 因遗传背景相对狭窄, 蔷薇属约 200 个物种中对现代月季做出过突出贡献的主要有 15 个种<sup>[3]</sup>。近年来, 随着分子生物学的发展, 花香领域的研究也呈现出加速发展的趋势, 目前对这类分子在植物体内的生物合成途径已有不少了解, 相关途径中的关键酶基因已被相继克隆<sup>[3]</sup>。这些工作使得人们通过引入新的香味物质合成基因或增强原有香味合成基因的表达来改变花朵的香味成为可能<sup>[4,5]</sup>。月季的基因组较小, 只有拟南芥 4 倍大, 大约有 600 Mb<sup>[6]</sup>, 月季的四季开花、丰富的花色花香使月季成为研究开花机理、花色花香代谢分子调控机制的模式植物<sup>[7]</sup>。

SSRs (Simple sequence repeats) 即简单重复序列, 又称微卫星 DNA (Microsatellites), 是一种由 2~6 个核苷酸为重复单位组成的长达几十个核苷酸的串联重复序列, 广泛存在于真核生物基因组的编码区和非编码区<sup>[8]</sup>。EST(Expressed sequence tags)是指通过对cDNA文库随机挑选的克隆进行大规模测序所获得的cDNA 5'端或 3'端序列, 长约 150~500 bp。EST是基因的“窗口”, 可代表生物体某种组织某一时间的一个表达基因, 故称之为“表达序列标记”<sup>[9]</sup>。鉴于EST是来自于基因组中编码DNA的信息, 所以其序列的保守性一般是比较强的, 如果能将植物的一些重要生产性状与EST标记连锁起来, 那么这些EST可以直接用于植物分子育种和重要基因的鉴定。目前植物中EST-SSR标记的建立与应用已有很多报道, 例如水稻<sup>[10]</sup>、小麦<sup>[11]</sup>、百合<sup>[12]</sup>等。研究表明EST-SSR在不同物种之间具有较高的通用性<sup>[13]</sup>, 通用分子标记可以有效地弥补物种分子标记不足, 丰富标记数量, 从而有利于构建高密度遗传图谱。目前关于利用月季的EST序列建立多态性的标记还未见报道。

本实验室在前期研究中<sup>[14,15]</sup>利用SSH方法对非常特别的月季花香突变体‘往日情怀’与其野生型对照品系‘金银岛’表达差异进行了研究, 分别构建了正反向月季花香相关cDNA文库, 并对 391 个差异克隆进行测序。本研究在此工作基础上, 开发新的与月季花香相关的SSR标记, 为进一步发掘定位花香调控新基因奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 实验材料

‘金银岛’和‘往日情怀’这两个月季品种用于引物的筛选; 另 18 个栽培品种用于引物的多样性检测, 其中有 4 个无香型品种‘云玫’、‘黑巴克’、‘粉和平’、‘假日公主’和 14 个芳香型品种‘红双喜’、‘阿班斯’、‘水蜜桃’、‘淑女’、‘澳洲黄金’、‘月亮女神’、‘希腊之香’、‘香淡粉’、‘金牌’、‘友谊’、‘鸡尾酒’、‘好莱坞’、‘黄金时代’、‘墨红’。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 月季花香相关 SSH cDNA 文库 EST-SSR 检索及 SSR 引物的设计

月季花香相关的 EST 共计 391 条, 是本实验室对月季花香差减 cDNA 文库(即浓香型品系‘金银岛’与其无香型突变体‘往日情怀’的正反向差减文库)测序获得。登陆 <http://www.Gramene.org/db/searches/ssrtool1>, 运用 SSRIT (Simple sequence repeat identification tool) 在线软件并结合人工进行 SSR 的查找和统计, 搜索 SSR 的长度标准为: 二核苷酸、三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸的最少重复次数分别为 8、5、4、3 和 3 次以上。利用 Editseq 和 Primerselect 软件设计月季花香 EST-SSR 引物, 引物设计的主要参数为: GC 含量为 40%~70%, 复性温度( $T_m$ )在 52~60 °C, 引物长度为 20~22 bp, 预期扩增产物长度为 100~500 bp。

#### 1.2.2 PCR 扩增与产物检测

采用改良的 CTAB 法提取实验材料的总 DNA<sup>[16]</sup>。PCR 反应体系为 20  $\mu$ L, 其中包括模板 DNA (50 ng/ $\mu$ L) 1.6  $\mu$ L, 10 $\times$ PCR buffer ( $Mg^{2+}$  free) 2  $\mu$ L,  $MgCl_2$  (25 mmol/L) 2  $\mu$ L, *Taq* DNA 聚合酶 (5 U/ $\mu$ L) 0.25  $\mu$ L, 引物 (10  $\mu$ mol/L) 0.8  $\mu$ L, dNTPs (2.5 mmol/L) 1.6  $\mu$ L, 加 ddH<sub>2</sub>O 至终体积为 20  $\mu$ L, 石蜡油覆盖。热循环反应程序为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C

变性 30 s; 合适的复性温度 30 s, 72 °C 延伸 90 s; 36 个循环, 最后再 72 °C 后延伸 10 min, 4 °C 冷却。各对引物的最适温度根据梯度 PCR 温度筛选的结果而定。‘金银岛’和‘往日情怀’PCR 扩增产物通过 3% 的琼脂糖凝胶电泳分离, 另 18 个栽培种的扩增产物采用 8% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 (220 V), 硝酸银染色。

## 2 结果与分析

### 2.1 月季花香相关 EST-SSR 的信息分析及引物设计

在前期月季花香差减文库 391 条 EST 测序序列中共搜索到 10 条 EST 含有 10 个 SSR (表 1), SSR 的检出率为 2.6%, EST-SSR 的重复基元共搜索到 10 种, 出现频率较多的是三碱基重复, 如 GAT、GGA、TCC、AGC。根据引物设计标准, 利用 SSR Primer 软件设计了 6 对 EST-SSR 引物, 即 P1~P6 (表 1), 重复基元分别为 TAGC、GCTA、GAT、ACAAAC、TCC、GGA (去除 SSR 任一端少于 20 个碱基的序列及 SSR 两端不符合引物设计标准的 EST)。

### 2.2 月季花香相关 SSR 引物的筛选和鉴定

采用所设计的 6 对 SSR 引物, 首先对月季品种‘金银岛’、‘往日情怀’进行 PCR 扩增。琼脂糖电泳图谱表明, 设计的 6 对 EST-SSR 引物中 5 对均有扩增条带, 分别是引物 P1、P2、P3、P4 和 P5, 扩增片段长度在 100~500 bp 之间。引物 P1、P4 和 P5 的扩增产物与设计的引物预期片段大小长度基本相符; 引物 P2 在‘金银岛’中的扩增约在 480 bp 和 190 bp 处

比‘往日情怀’多了两条带 (图 1 第 3、4 泳道); P3 的扩增产物其中有一条带大于预期片段 (图 1 第 5、6 泳道), 在‘金银岛’中约在 375 bp 处比‘往日情怀’多了一条带, 而在约 350 bp 处比‘往日情怀’少了一条带; 引物 P5 在‘往日情怀’的 DNA 扩增产物中约在 310 bp、290 bp 处多了两条带 (图 1 第 9、10 泳道)。推测这些差异条带可能与花香性状相关。

利用所筛选到的 EST-SSR 5 对引物 (即 P1~P5) 进一步在典型的 4 个无香月季栽培品种‘云玫’、‘黑巴克’、‘粉和平’、‘假日公主’及 14 个芳香品种‘红双喜’、‘阿班斯’、‘水蜜桃’等材料中进行多样性检测。通过对 SSR-PCR 反应体系的优化, 5 对引物在 18 个不同的材料中均扩增出了稳定的条带。其中引物 P3 在无香品种和芳香品种中扩增出了丰富的多态性条带 (图 2)。

## 3 讨论

EST-SSRs 标记来源于基因本身, 是一种有功能的分子标记。EST-SSRs 的开发使无功能分子标记向可揭示基因转录功能的分子标记转化<sup>[17]</sup>。EST 处于基因的编码区, 因此可与目标基因共分离的, 以此为基础综合分析已有的遗传图谱、物理图谱和转录图谱, 可将基因在染色体上进行准确定位。对大麦、玉米、燕麦、小麦、高粱、水稻等谷类作物 ESTs 中 SSR 的含量、出现频率、重复类型等的研究表明, 7%~10% 的 EST 序列含有 SSR, 其中 3% 可用于 EST-SSR 引物设计<sup>[18]</sup>。明军等<sup>[12]</sup>报道百合 EST 的 SSR 检出率为 5.98%, 而本研究月季花香相关

表 1 EST-SSRs 序列中不同重复基元及其数量、相应引物的序列及预期扩增片段长度

序列编号	重复基元及次数	引物编号及序列(5' - 3')	复性温度 (°C)	产物大小(bp)	多态性
1	(TAGC)4	P1: CCTAACGTCGTGTCCATATC TCAAGCTCTTGGACTTTTCA	54	282	-
2	(GCTA)5	P2: TAGCGGCCGCCCCGGCAGGTCAGAT TAGCGGGTCGCGGCCGAGGTGGGA	55	365	P
3	(GAT)5	P3: TAGCGTGGTCGCGAGCTGAGGTACGT ATTCGAGCTCGGTACCCGAAGGATCC	56	394	P
4	(ACAAAC)4	P4: TTCGAGCGCCGACGCGGACAGGTACAGA TAGCGTGGTCGCGGCCGAGGTTTCTG	57	296	-
5	(TCC)7	P5: ACGTGCTGTGGTCACACTTA CAAGAGGATCGTGGTATCCAA	55	421	P
6	(GGA)6	P6: TTCCACTTGCCCAAATGACAC CGAAAGCAAAAATCCCATAGAA	53	206	-
7	(AGC)7				
8	(TC)10				
9	(CTTT)6				
10	(GA)8				

注: P: 有多态性; -: 无多态性。

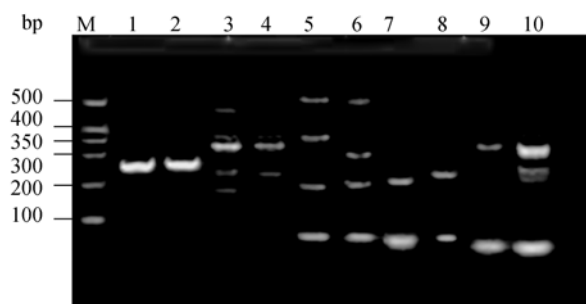


图1 来源于花香相关 cDNA 文库的 5 对 EST-SSR 引物在‘金银岛’和‘往日情怀’中筛选和鉴定

M: 500 bp Marker; 1, 3, 5, 7, 9: 分别是 EST-SSR 引物 P1~P5 在‘金银岛’DNA 中的扩增; 2, 4, 6, 8, 10: 分别是 EST-SSR 引物 P1~P5 在‘往日情怀’DNA 中的扩增产物。

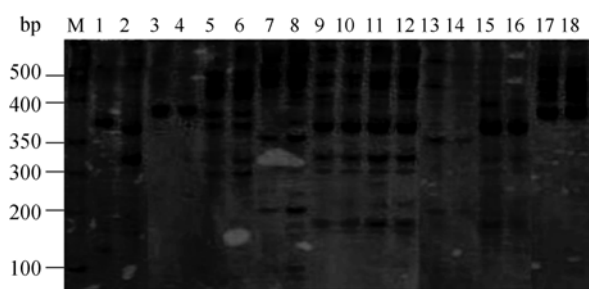


图2 EST-SSR 引物 P3 对 18 个月季栽培品种的扩增结果  
M: 500 bp Marker; 1: ‘云玫’; 2: ‘黑巴克’; 3: ‘粉和平’; 4: ‘假日公主’; 5: ‘红双喜’; 6: ‘阿班斯’; 7: ‘水蜜桃’; 8: ‘淑女’; 9: ‘澳洲黄金’; 10: ‘月亮女神’; 11: ‘希腊之香’; 12: ‘香淡粉’; 13: ‘金牌’; 14: ‘友谊’; 15: ‘鸡尾酒’; 16: ‘好莱坞’; 17: ‘黄金时代’; 18: ‘墨红’。

SSH文库EST-SSR的检出率为 2.6%, 明显低于上述作物, 可能是由于EST的数量较少, 覆盖度不足的原因。在可扩增的 5 对引物中, 2 对扩增的产物片段大于预期长度, 这可能与扩增产物含有内含子, 或者发生较大的DNA片刻插入有关。此外, 在引物扩增时, 存在一些扩增产物显示多条带的现象, 由于本研究采用的复性温度较高, 这种现象可能是月季栽培品种基因组中存在多个与引物同源的序列或复等位基因造成的<sup>[2]</sup>。

在前期SSH文库的序列分析中<sup>[19]</sup>, 发现引物P2所在序列是月季甲基间苯二酚 O- 甲基转移酶(OOMT)的同源基因, 此EST长度为 323 bp, 来自月季花香的正向文库, 在NCBI上经Blast比对分析发现, 与前人已克隆的月季间苯二酚 O- 甲基转移酶 OOMTI(AF502433)同源性达 99%(E-value=6-153)<sup>[19]</sup>, 芳香月季的主要成分二甲氧基甲苯是由OOMT调控编码<sup>[20]</sup>, 引物P3 所在的序列是MYB92 转录因子的同源序列, 来自所构建的花香反向差减文库, 目前本实验室采用RACE技术已克隆到此基因的全长

cDNA, GenBank 登录号为 Eu082130, 与小金海棠 MxMYB1 和大豆的GmMYB176 蛋白的保守区同源性分别为 70%和 58%, 都是只有一个MYB结构的转录因子<sup>[21]</sup>, 这类转录因子是新近发现的参与花香调控的一类家族<sup>[22, 23]</sup>。因为花香物质属于次生代谢, 亲本突变后导致芳香物质减少, 这可能与MYB类转录因子在两个材料中的表达差异有关, 而引起转录因子表达差异的原因还有待进一步研究。花香相关SSR标记的开发为今后花香基因的定位奠定了很好的基础。

切花月季是现代月季中的一个最具商品价值的类群, 而现代月季基因型高度杂合, 目的基因的定位难度较大<sup>[24]</sup>, 因此自然变异品种是进行分子遗传标记以寻找特异性位点的极好材料。本研究所采用的材料‘往日情怀’是‘金银岛’的花香自发突变体, 在前期的研究过程中, 构建了突变体‘往日情怀’与其野生型对照品系‘金银岛’差异表达cDNA文库, 获得了一些在突变体和野生型对照品系中花香相关差异表达的EST片段。本研究从这些EST序列中寻找SSR微卫星的分布, 并设计相应引物进行筛选和鉴定, 一方面检测EST-SSR是否能真正区分月季的芳香型和无芳香型品种, 同时也为进一步进行月季花香相关基因的定位及克隆奠定基础。由于本SSH文库针对花香而构建的, 其库容量有限, 笔者只对 391 个EST进行了SSR检索, 但所设计的 6 对EST-SSR的引物中 3 对可以将‘往日情怀’和‘金银岛’这对花香自发突变体区分开来; 同时在月季典型的有无香味的品种中具有较高的多样性, 说明所建立的EST-SSR是有效的。

## 参考文献(References):

- [1] 高莉萍, 包满珠. 月季的植株再生及遗传转化研究进展. 植物学通报, 2005, 22(2): 231-237.
- [2] Yan Z, Denneboom C, Hattendorf A, Dolstra O, Debener T, Stam P, Visser PB. Construction of an integrated map of rose with AFLP, SSR, PK, RGA, RFLP, SCAR and morphological markers. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(12): 766-777. [DOI](#)
- [3] 柳子明. 中国的蔷薇和世界的蔷薇. 园艺学报, 1964, 3(4): 387-394.
- [4] Hendel-Rahmanim K, Masci T, Vainstein A, Weiss D. Diurnal regulation of scent emission in rose flowers. *Planta*, 2007, 226(6): 1491-1499. [DOI](#)
- [5] Lucker J, Schwab W, van Hautum B, Blaas J, van der Plas LHW, Bouwmeester HJ, Verhoeven HA. Increased and altered fragrance of tobacco plants after metabolic



- engineering using three monoterpene synthases from lemon. *Plant Physiol*, 2004, 134(1): 510–519. [\[DOI\]](#)
- [6] Yokoya K, Roberts AV, Mottley J, Lewis R, Brandham PE. Nuclear DNA amounts in roses. *Ann of Bot*, 2000, 85(4): 557–561. [\[DOI\]](#)
- [7] 谢吉容, 程再全, 唐开学, 黄兴奇, 梁国鲁. 月季功能基因研究与应用进展. *北方园艺*, 2007(8): 65–69.
- [8] Gupta P, Balyan HS, Sharma PC, Ramesh B. Microsatellites in plants: A new class of molecular markers. *Curr Sci*, 1996, 70(1): 45–54.
- [9] 李永红, 何德. 木本植物 EST 研究进展综述. *分子植物育种*, 2008, 6(3): 561–568.
- [10] Kantety RV, Rota ML, Matthews DE, Sorrells EM. Data mining for simple sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat. *Plant Mol Biol*, 2002, 48(5–6): 501–510. [\[DOI\]](#)
- [11] Eujayl I, Sorrells ME, Wolters P, Powell W. Isolation of EST-derived microsatellite markers for genotyping the A and B genomes of wheat. *Theor Appl Genet*, 2002, 104(12): 399–407. [\[DOI\]](#)
- [12] 杨素丽, 明军, 刘春, 穆鼎, 李名扬. 基于 EST 信息的百合 SSR 标记的建立. *园艺学报*, 2008, 35(7): 1069–1074.
- [13] 李宏伟, 刘曙东, 高丽锋, 贾继增. 小麦 EST-SSRs 的通用性研究. *植物遗传资源学报*, 2003, 4(3): 252–255.
- [14] 谢吉容, 梁国鲁, 李树发, 程再全, 唐开学, 黄兴奇. 月季‘金银岛’的红花芽变品系的分析鉴定. *北方园艺*, 2007(11): 186–188.
- [15] 谢吉容, 梁国鲁, 唐开学, 张灏, 程在全, 黄兴奇. 月季突变体抑制差减杂交 cDNA 文库构建及分析. *园艺学报*, 2007, 34(3): 688–694.
- [16] Doyle JJ, Doyle JL. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 1990, 12: 13–15.
- [17] 陈军方, 任正隆, 高丽锋, 贾继增. 从小麦 EST 序列中开发新的 SSR 引物. *作物学报*, 2005, 31(2): 154–158.
- [18] Varshney RK, Thiel T, Stein N, Langridge P, Graner A. In silico analysis on frequency and distribution of microsatellites in ESTs of some cereal species. *Cell Mol Biol Lett*, 2002, 7(5): 537–546.
- [19] Xie JR, Xiong YH, Liang GL, Cheng ZQ, Tang KX, Huang XQ. Identification of differentially expressed genes in fragrant rose Jinyindao with suppressive subtraction hybridization. *Sci Horti*, 2008, 116(3): 318–323. [\[DOI\]](#)
- [20] Scalliet G, Piola F, Douady CJ, Rety S, Raymond O, Baudino S, Bordji K, Bendahmane M, Dumas C, Cock JM, Hugueney P. Scent evolution in Chinese roses. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2008, 105(15): 5927–5932. [\[DOI\]](#)
- [21] 谢吉容, 熊运海, 程在全, 黄兴奇. 月季 MYB 基因 cDNA 全长克隆和表达分析. *中国农业科学*, 2008, 41(12): 4173–4179.
- [22] Verdonk JC, Haring MA, van Tunen AJ, Schuurink RC. *ODORANT1* regulates fragrance biosynthesis in *Petunia* flowers. *Plant Cell*, 2005, 17(5): 1612–1624. [\[DOI\]](#)
- [23] Beekwilder J, Alvarez-Huerta M, Neef E, Verstappen EWA, Bouwmeester HJ, Aharoni A. Functional characterization of enzymes forming volatile esters from strawberry and banana. *Plant Physiol*, 2004, 135(4): 1865–1878. [\[DOI\]](#)
- [24] 王国良, 上田善弘, 巫水钦. 切花月季芽变品种的分子标记与鉴别研究. *江苏林业科技*, 2001, 28(1): 1–9.

## • 综合信息 •

### 欢迎订阅 2010 年《中国生态农业学报》

《中国生态农业学报》由中国科学院遗传与发育生物学研究所和中国生态经济学会主办, 中国科学院主管, 科学出版社出版。中文核心期刊、中国科技核心期刊, 被美国化学文摘、国际农业生物学文摘、美国乌利希国际期刊指南以及中国科学引文数据库、中国期刊全文数据库等多家检索系统和数据库收录。荣获第三届、四届全国农业优秀期刊一等奖和首届北方优秀期刊奖, 连续三届获得河北省优秀期刊奖。

《中国生态农业学报》主要报道农业生态学、生态学、农业资源与环境保护、农业生态经济学及生态农业建设等领域创新性研究成果。适于从事农业生态学、生态学、生态经济学以及环境保护等领域科技人员、高等院校有关专业师生, 农业及环境管理工作者和基层从事生态农业建设的广大技术人员阅读与投稿。

《中国生态农业学报》国内外公开发行, 国内刊号 CN13-1315/S, 国际刊号 ISSN1671-3990。双月刊, 国际标准大 16 开本, 192 页, 每期定价 35 元, 全年 210 元。邮发代号: 82-973, 全国各地邮局均可订阅。漏订者可直接汇款至编辑部补订(需另加邮资 24.00 元)。

地址: (050021)河北省石家庄市槐中路 286 号 《中国生态农业学报》编辑部

电话: (0311)85818007 传真: (0311)85815093

网址: <http://www.ecoagri.ac.cn> E-mail: [editor@sjziam.ac.cn](mailto:editor@sjziam.ac.cn)