

玉米 SSR 分子标记试验体系优化及其遗传多样性研究

张 勇

(北京林业大学 生物科学与技术学院/北京林业大学林木育种国家工程实验室/林木花卉遗传育种教育部重点实验室,北京 100083)

摘要:为优化玉米 SSR 分子标记体系,丰富种质资源的多样性,以基础玉米自交系 CK 及其诱变系 M 为材料,优化了 SSR 分子标记试验体系,并对诱变玉米自交系遗传多样性进行了分析。结果表明:(1)优化后 SSR 分子标记试验体系,可以有效提高试验效率,减少试验误差;(2)利用 23 对 SSR 引物对诱变玉米自交系进行 PCR 扩增,共扩增得到 59 个等位基因,平均每对引物检测到 2.565 个等位基因;位点的多态信息量(PIC)和基因型多样性指数变化范围为 0.110~0.525 和 0.234~1.061,平均值分别为 0.331 和 0.643,说明基础材料 CK 与诱变材料存在真实的遗传差异。

关键词:SSR;体系优化;遗传多样性

中图分类号:S513.52

文献标识码:A

文章编号:1002-2767(2014)09-0001-07

玉米(*Zea mays*),一年生禾本科植物,原产中美洲热带地区,是重要的粮食作物和饲料来源^[1-3]。通过诱变选育自交系、配制杂交群体,建立玉米优势新品种,以扩宽种质的遗传基础,丰富种质资源的多样性。

SSR(Simple Sequence Repeats)短片段序列重复是一类由几个核苷酸(一般 1~6 个)为基本单位串联而成的重复序列,是研究物种遗传多样性的重要手段,通常用分辨率高的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 SSR-PCR 产物,银染显色观察寻找差异表达或突变样品。凝胶电泳可以对目的条带进行测序和多态性信息量的分析。用 SSR 引物对植物基因组 DNA 进行扩增时,往往会产生非特异的杂带,这些杂带会直接影响到连接产率,并导致测序结果不准确,而对于多态性信息分析时,也常常因对杂带产生机理不明确,而产生误读。该研究通过对杂带的产生机理进行分析,有效地去除了非特异条带,不仅解决了测序有误的困扰,同时,由于了解的非目的条带产生的机理,对于大批量扩增电泳图中繁杂的目的条带与非目的条带有了认识,增加了读图的准确率。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为苗圃中玉米基础自交系(CK)和经 EMS 诱变的玉米自交系(M1、M2、M3、M4、M5、M6、M7)的成熟叶片,去除叶脉,液氮快速冷

冻,保存-80℃超低温冰箱。

供试引物是根据玉米数据库 MaizeGDB(<http://www.maizegdb.org/ssr.php>)公布的引物序列,同时参考王风格筛选出的扩增稳定、条带清晰的引物 23 条^[4-5](见表 1),均由北京诺赛基因组研究中心有限公司合成。

供试试剂有 Taq PCR Mastermix(KT201),购自天根生化科技(北京)有限公司;苯酚、氯仿、异戊醇、乙醇、CTAB 等一般化学试剂,购自国药集团化学试剂有限公司。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 参照改良的 CTAB 法^[6-9]提取基因组 DNA:提取液(2% CTAB, 3.5% PVP, 0.025mol·L⁻¹ EDTA, 1.4 mol·L⁻¹ NaCl, 0.1 mol·L⁻¹ Tris-HCl, pH8.0)提高了 CTAB 提取液中 PVP 的浓度,降低了 DNA 的降解。

1.2.2 PCR 扩增体系 PCR 扩增体系(20 μL):Taq mix (10 ×) 10 μL, DNA (20 ng·μL) 1 μL, F-primer (10 μmol·L⁻¹) 0.4 μL, R-primer(10 μmol·L⁻¹)0.4 μL, H₂O 7.2 μL。

PCR 反应过程:95℃ 5 min, 95℃ 变性 20 s, 56℃ 退火 20 s(退火温度根据合成引物的 T_m 值适当降低 3~5℃), 72℃ 延伸 60 s, 28 个循环, 72℃ 5 min 延伸, 4℃ 保存。

1.2.3 扩增产物电泳检测 采用 6% 聚丙烯酰胺凝胶进行电泳,银染程序:Ⅰ固定 10 min(10% 乙醇+1% 乙酸+0.13% 硝酸银);Ⅱ水洗 1~2 min;Ⅲ显色至带型显现为止(1.5% NaOH+0.3% 甲醛)。

收稿日期:2014-03-13

作者简介:张勇(1987-),男,重庆市开县人,在读硕士,从事植物生物技术研究。E-mail:zhangy_0128@126.com。

2 结果与分析

2.1 产物的凝胶检测结果

2.1.1 琼脂糖与聚丙烯酰胺凝胶电泳分辨率比较 琼脂糖凝胶可用于分离大的 DNA 片段,聚丙烯酰胺凝胶(浓度一般为 6%~10%)可分离短的核苷酸序列(通常在 1~1 000 bp),这两种胶可添加或不添加变性剂,不添加变性剂的凝胶中 DNA 和 RNA 以不同的速率移动,依赖于其二级结构,并且这些 DNA 和 RNA 仍旧是双链,添加

了变性剂(如尿素)的凝胶,通常会使核酸变成单链,二级结构在变性胶中将不再存在,因此,只有 DNA 的长度影响其移动。由于试验所用 SSR-PCR 产物大小均在 1 000 bp 以下,故可采用聚丙烯酰胺凝胶(加尿素)进行电泳。从图 1 看出,即使在 3% 高浓度的琼脂糖凝胶中,SSR-PCR 产物的分辨率也不高,而 6% 聚丙烯酰胺凝胶的电泳结果清晰地显示了 SSR-PCR 产物的所有扩增结果。

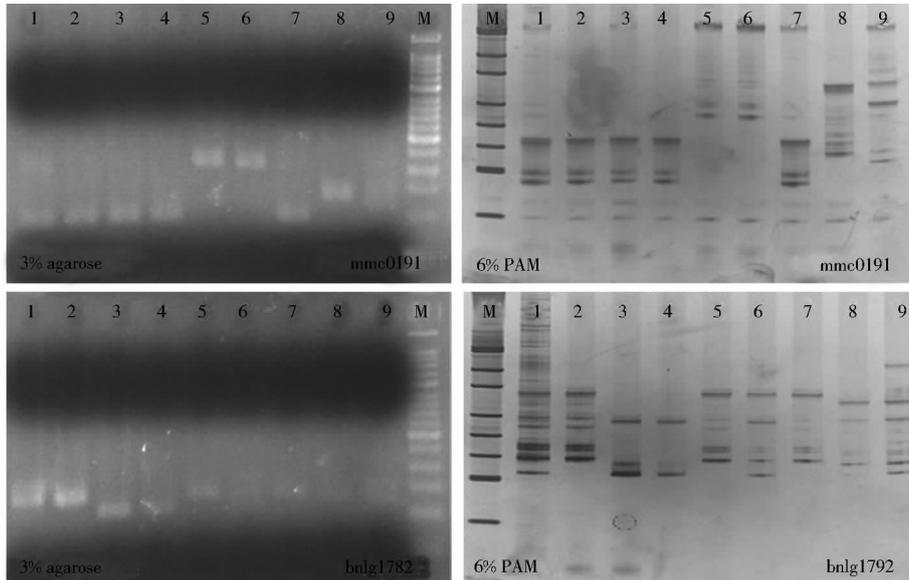


图 1 琼脂糖与聚丙烯酰胺凝胶电泳分辨率比较

Fig. 1 Comparison on resolution between agarose gel electrophoresis and polyacrylamide gel electrophoresis

2.1.2 不同浓度聚丙烯酰胺凝胶对产物片段大小的识别率 从图 2 看出,随着聚丙烯酰胺凝胶浓度的增大, DNA 迁移率减慢,同时,凝胶条带也被压缩的越细;不同浓度的凝胶对试验影响不大,

考虑到经济原则,故常选用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测 DNA 片段长度多态性,而后,银染、扫描成像并统计结果。

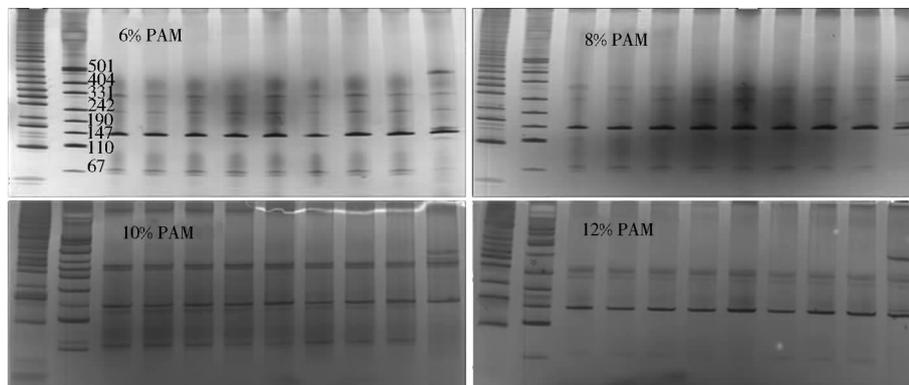


图 2 不同浓度聚丙烯酰胺凝胶对产物片段大小的识别率

Fig. 2 The recognition ratio of fragment size

2.2 银染程序优化

传统的银染方法^[10-12]可概括为:(1)乙酸固定:蒸馏水中加入 10% 乙醇和 1% 的乙酸,固定

10 min,蒸馏水洗 2 min;(2)硝酸银银染:蒸馏水加入 0.13% 硝酸银,暗环境轻轻震荡染色 10 min,蒸馏水洗 2 min;(3)氢氧化钠显色:蒸馏

水加入 1.5% 氢氧化钠和 0.3% 甲醛,直到带型显现,将胶置于蒸馏水中。

优化后的银染程序: I 固定 10 min (10% 乙醇 + 1% 乙酸 + 0.13% 硝酸银); II 水洗 1~2 min; III 显色至带型显现为止 (1.5% NaOH + 0.3% 甲醛)。

结果表明,同样的染色效果,优化后的银染程序把时间控制在 15 min 之内,故其更简便易行。

2.3 非目的条带产生机理

有研究^[13]表明,SSR 短片段序列重复多态性产生的主要机理:PCR 扩增短串联重复时,在复制过程中的滑动错配,通常会生成一个短于主要等位基因的次要条带。在二倍体植株玉米 SSR 检测中,玉米自交系的纯合子会出现一条带,杂合子出现两条带。然而,在试验中经常出现许多杂带,这些非目的条带会影响对结果的判读,非目的条带分为两大类:非特异性条带和影子带。去除聚丙烯酰胺凝胶中非特异条带,回收高纯度的目的条带对后续的克隆、测序工作至关重要;同时,识别杂合子影子带的带型规律,能减少基因型判读的失误。

2.3.1 非特异性条带的去除 非特异性条带的出现往往是由引物的非特异性导致的,短小的引物在玉米基因组的不同位点处可能产生多个不完全匹配,但是这些非特异性结合并不完全影响 PCR 反应的进行,因此,在高分辨率的聚丙烯酰胺凝胶电泳中可以显示出许多杂带。SSR 分子标记技术产生的差异片段的回收和测序对于进一步分析差异位点序列特征是最为重要的步骤,片段能否回收以及回收的效率直接关系到差异片段的深入分析。然而与琼脂糖条带回收相比,聚丙烯酰胺凝胶电泳的 DNA 片段回收具有一定困难。试验设计通过 PCR 反应体系的优化来去除非目的条带,纯化了特异性目的条带。

利用 SSR 引物 phi299852 对诱变玉米自交系 M2 进行 PCR 扩增,黑框内条带为目的条带(见图 3)。泳道 1 为以诱变玉米自交系 M2 玉米叶片基因组为模板的 SSR-PCR 30 cycles;泳道

2 为枪头扎取泳道 1 的目的条带作模板的 SSR-PCR 30 cycles;泳道 3 为捣碎诱变玉米自交系 M2 目的条带,取上清,SSR-PCR 18 cycles;泳道 4 为捣碎诱变玉米自交系 M2 目的条带,取上清,SSR-PCR 10 cycles;泳道 5 为枪头扎取目的条带 SSR-PCR 18 cycles;泳道 6 为枪头扎取目的条带 SSR-PCR 10 cycles;泳道 7 为 5 条 M2 的目的条带枪头烧圆尖端后,碾碎离心取上清;泳道 8 为 3 条 M2 的目的条带碾碎取上清后温浴上样;泳道 9 为 3 条 M2 的目的条带碾碎浸泡过夜,取上清上样。

从图 3 看出,泳道 6 中用枪头扎取目的条带作模板,进行 10 个循环的 SSR-PCR,所获得的目的条带单一,有效地去除了非特异性 SSR 片段,纯化前后 PCR 产物片段大小一致,便于后续对目的条带的测序,减少了非特异性条带的干扰。

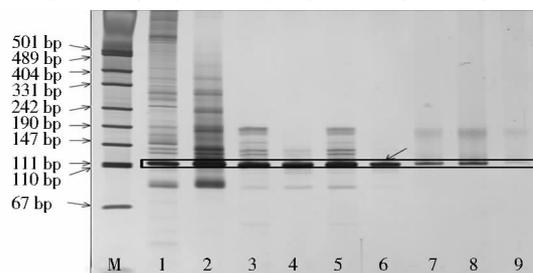


图 3 特异性目的条带的纯化

Fig. 3 Purification of specific objective band

2.3.2 影子带的识别 除去非特异性扩增条带,还有一种远离目的条带、染色较重,经常在杂合子植株 SSR-PCR 凝胶电泳中出现的非目的条带,也称做影子带(图 5 箭头所示)。由于从基因组的 DNA 的聚丙烯酰胺凝胶电泳中,并没有看到影子带,因此推测影子带的产生发生在 PCR 变性复性过程中,SSR 单位很容易缺失,除碱基缺失的部位,其它部位碱基完全配对,这样缺失的部位就形成了突起的环,正是突起的环状结构这种不完全配对的构象,使得影子带的迁移率比纯合子条带在聚丙烯酰胺凝胶中的迁移率小很多,形成了迁移率较低的影子带(见图 4)。影子带的存在给基

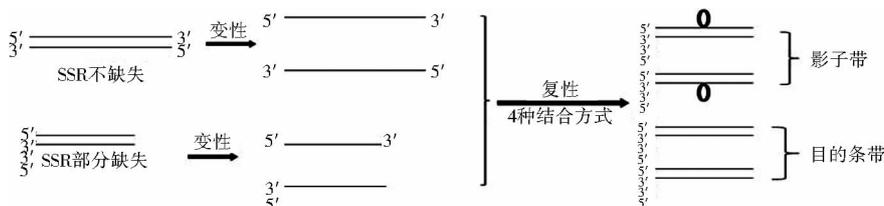


图 4 影子带形成过程

Fig. 4 Forming process of shadow bands

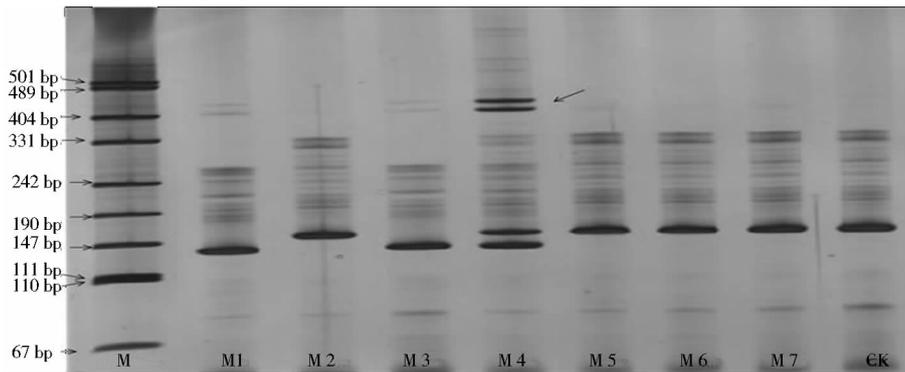


图5 玉米基础自交系CK及诱变系M1~M7的SSR-PCR电泳结果
SSR引物为phi065

Fig. 5 Electrophoresis results of SSR-PCR with M1 to M7 and CK

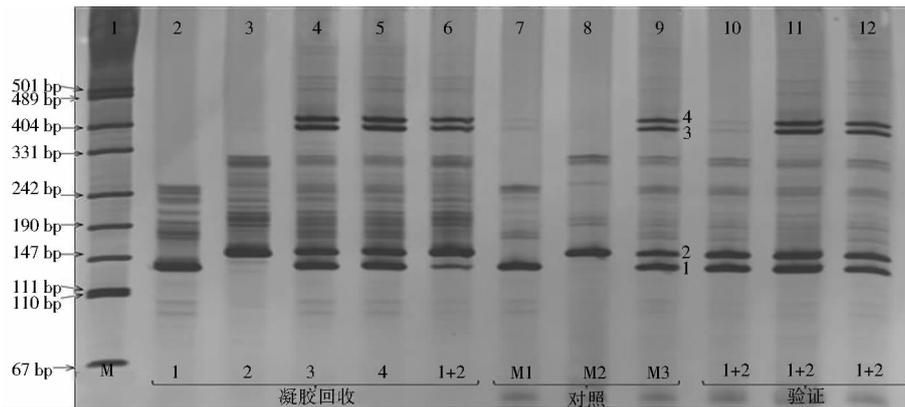


图6 影子带形成原因

Fig. 6 Forming reason of shadow bands

因型的判定造成了困惑,对试验的影子带进行分析,以方便后期的条带判读及遗传多样性分析(见图6)。

图6利用Phi065为引物,其中,泳道1为Marker,泳道7~9:模板依次为M1、M2、M3的条带,把M3的4个条带,由下到上依次标记为1、2、3、4;泳道2~5:切胶回收M3的条带1、2、3、4,低循环数PCR后凝胶电泳结果显示单一条带;泳道6:切胶回收M3的条带1+2,94℃变性10 min后,冰水混合物骤冷复性的凝胶电泳结果;泳道10:切胶回收M3的条带1+2,直接凝胶电泳结果;泳道11:切胶回收M3的条带1+2,低循环数PCR后凝胶电泳结果显示4条带;泳道12:切胶回收M3的条带1+2,低循环数PCR(加DMSO)后凝胶电泳结果。

由泳道2~6的结果可以推断,M1200的条带3和4,均是由1、2两条带混合而形成的异源双链。

2.3.3 影子带形成原因的验证 (1)PCR验证:试验还进行了泳道10~12的验证,从图6看出,泳道9的条带1、2混合后直接电泳依旧是1和2

两条带;泳道9的条带1、2混合后进行PCR,电泳显示了1、2、3、4共计4条带。

(2)测序验证:将泳道9的条带1、2连接到Pmd-18T载体,转化大肠杆菌Dh α ,挑取单克隆,菌液PCR扩增正确清晰的片段进行测序,每个基因型测序2次,同一目标条带测序结果完全一致,对2个纯合子目的条带回收测序,发现一个缺失,一个不缺失。测序结果为:

泳道9的条带1:CACTT 无重复
AGGGACAAATACGTGGAGACACAGCAGC
TTCTCCTCCAGGTACAAAACCAGCAACT
CACTGCACTGTATGAATAAAAGTCTGGT
GTCTGGTTCCTGATCGATGACTGACTACT
CCACTTTGTGCAGATCG

泳道9的条带2:CACTT 4次重复
AGGGACAAATACGTGGAGACACAGCAGC
CTCTCCTCCAGGTACAAAACCAGCAACT
CACTGCACTGCACTTCACTTCACTTAC
TTTATGAATAAAAGTCTGGTGTCTGGT
TCCTGATCGATGACTGACTACTCCACTT
TGTGCAGATCG(phi065扩增引物序列:AGG-

GACAAATACGTGGAGACACAG; CGATCT-GCACAAA GTGGAGTAGTC。斜体表示重复序列。SSR 重复次数越多,越容易生成影子带)。

2.3.4 影子带的去除 目前,部分或完全去除影子带的方法有加入 DMSO、热变性等^[14-17]。从图 7 看出,泳道 1~3 依次为诱变玉米自交系 M3、M4、M5 的 SSR-PCR 的凝胶电泳结果;泳道 4~6 是对诱变玉米自交系 M3、M4、M5 的 SSR-PCR 结果加热变性,后立即冰水冷却(防复性)的凝胶电泳结果。泳道 5 结果表明影子带依然存在,说明加热变性并不能使带有凸环的结构有效解链,而且会使 DNA 发生一定程度的降解。

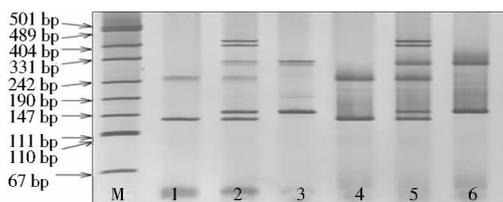


图 7 热变性去除影子带

Fig. 7 Removing shadow bands by thermal denaturation

另外,泳道 6 结果表明,低循环数 PCR、加 DMSO 等方法均不能完成解链,对于杂合子中影子带的去除,还有待于进一步研究,了解了影子带的带型特点,就能轻易地从众多非目的条带中分辨出影子带(见图 8),降低带型判读误差。

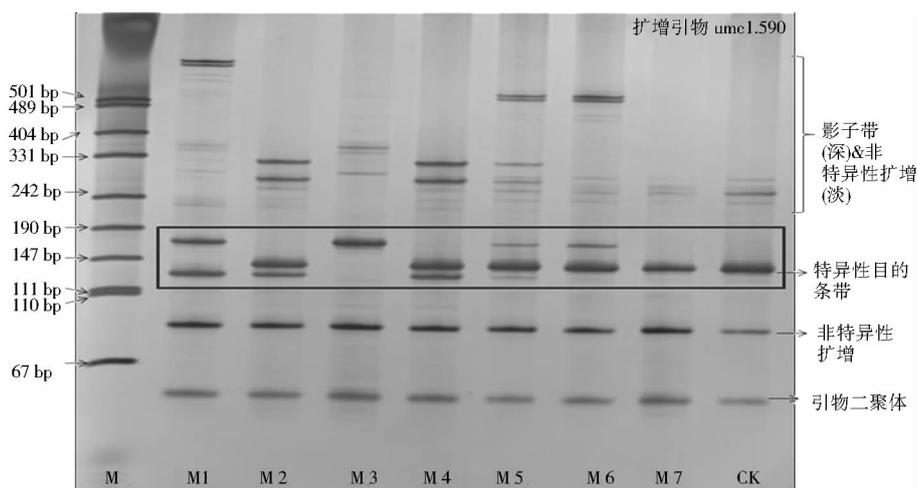


图 8 非特异条带的识别

Fig. 8 Identification of non-specific bands

2.4 诱变玉米自交系 SSR 标记遗传多样性分析

根据 23 对多态性高、稳定性好的 SSR 引物对基础材料 CK 和 7 个诱变玉米自交系扩增条带进行统计,共扩增得到 59 个等位基因,其中,多态

性条带 53 个,多态性百分率为 89.83%。单个引物扩增带变幅 2~4 个不等,扩增带较多引物中 bnlg1792、phi080、bnlg2331,平均每对引物检测到 2.565 个等位基因(见表 1)。

表 1 23 对引物在 8 个自交系中检测到的遗传变异信息

Table 1 Genetic variation information of 8 inbred lines with 23 pairs of primers

编号 No.	引物 Primer	等位基因数 Number of alleles	基因型数 Number of genotypes	PIC 值 PIC value	基因型多样性指数 Genetic diversity indexes
1	umc1590	3	4	0.447	0.865
2	phi308707	2	2	0.110	0.234
3	phi227562	3	3	0.354	0.703
4	bnlg125	2	3	0.375	0.693
5	umc2105	3	3	0.294	0.602
6	bnlg161	3	3	0.468	0.900
7	umc1225	2	3	0.305	0.562
8	phi299852	2	2	0.375	0.693
9	bnlg1792	4	4	0.525	1.061
10	umc1741	2	2	0.195	0.377

续表 1

Continuing Table 1

编号 No.	引物 Primer	等位基因数 Number of alleles	基因型数 Number of genotypes	PIC 值 PIC value	基因型多样性指数 Genetic diversity indexes
11	phi080	4	4	0.525	1.061
12	umc2163	3	3	0.453	0.876
13	bnlg1450	2	3	0.371	0.685
14	mmc0191	3	3	0.468	0.900
15	bnlg2331	4	3	0.387	0.822
16	bnlg2291	2	2	0.195	0.377
17	bnlg1191	3	3	0.468	0.900
18	bnlg1496	2	2	0.305	0.562
19	umc1122	2	2	0.195	0.377
20	phi116	2	2	0.305	0.562
21	umc2025	2	2	0.110	0.234
22	phi065	2	2	0.258	0.483
23	phi072	2	2	0.124	0.257
平均值 Mean		2.565	2.522	0.331	0.643
标准差 St.Dev		0.728	—	—	0.256

位点的多态信息量(PIC)和基因型多样性指数变化范围为 0.110~0.525 和 0.234~1.061, 平均值分别为和 0.331 和 0.643, 表明基础材料 CK 自交系和其诱变自交系 M1~M6 有中等偏高的遗传差异, 即 SSR 检测的诱变玉米自交系在分子水平上的多态性极为丰富。

3 结论与讨论

3.1 SSR 分子标记试验体系的优化

6%聚丙烯酰胺凝胶电泳对 SSR-PCR 产物有较好的分辨率, 采用优化的银染程序, 减少了硝酸银、甲醛等有害物质的用量, 同时将一般银染方法固定、银染两步合二为一, 使得银染时间有效控制在 15 min 之内, 简单易操作。同时, 根据已有相关文献的推测, 分析了 SSR-PCR 杂带产生的机理, 认为在 PCR 变性复性过程中, SSR 单位很容易缺失, 在缺失的部位就形成了突起的环, 正是突起的环状结构, 使影子带的迁移率比纯合子条带的迁移率小很多。影子带较难消除, 但可以在基因型判读时有效识别, 减小判读错误率。同时, 对于引物的非特异性造成的非特异性扩增, 可以通过降低 PCR 循环数进行目的条带的纯化。这些非目的条带的识别和去除, 对后续的测序以及遗传多样性分析具有重要的意义。

3.2 SSR 标记检测诱变后玉米自交系遗传变异

遗传变异受多种因素的影响, 化学诱变是导致玉米自交系遗传变异的有效方法之一。同时 SSR 标记是检测诱变后代遗传变异的一种有效手段, 而且不受环境的影响。覃鸿妮等^[17-18]利用

SSR 标记对玉米基础材料自交系和诱变系的检测表明, 诱变产生了广泛的遗传差异。

SSR 共显性标记可以从分子水平上反映材料遗传变异, 利用 SSR 标记多态性分析和遗传相似性分析, 可以直接反映诱变产生的差异的大小。该研究利用 23 对 SSR 引物对玉米对照自交系和 7 个化学诱变系进行了分析, 平均每对引物检测到 2.565 个等位基因; 位点的多态信息量(PIC)和基因型多样性指数平均值分别为 0.331 和 0.643, 表明化学诱变导致诱变系发生明显的遗传变异。

综上所述, 该研究为 SSR 试验相关程序提供了技术和方法, 同时对于诱变导致的遗传变异进行了分析。结果表明, 通过化学诱变, 拓宽种质的遗传基础, 丰富种质资源的多样性。以此来配制杂交群体, 为杂交后代的遗传分析提供了理论参考, 对建立玉米优势新品种具有十分重要的意义。

参考文献:

- [1] 陈芳, 张进艳, 李亮, 等. 玉米耐深播相关性状的全基因组关联分析[J]. 作物杂志, 2014(2): 43-47.
- [2] 兰海, 苏鹏, 周树峰. 玉米与四倍体大刍草杂交结实性的遗传分析[J]. 核农学报, 2014(3): 393-397.
- [3] 张仁和, 郑友军, 马国胜, 等. 干旱胁迫对玉米苗期叶片光合作用和保护酶的影响[J]. 生态学报, 2011(5): 1303-1311.
- [4] Olejniczak Marta, Krzyzosiak Wlodzimierz J. Genotyping of simple sequence repeat factors implicated in shadow band generation revisited [J]. Electrophoresis, 2006, 27 (19): 3724-3734.
- [5] Walsh P S, Fildes N J, Reynolds R. Sequence analysis and characterization of stutter products at the tetranucleotide

- repeat locus vWA [J]. *Nucleic Acids Res* earch, 1996, 24(14):2807-2812.
- [6] 赵志常,陈业渊,高爱平,等. 改良 CTAB 法提取番石榴总 DNA 的初步研究[J]. *北方园艺*, 2013(9):123-125.
- [7] 陈名红,李玉,刘多,等. 利用改良 CTAB 法提取卷丹百合鳞叶基因组 DNA[J]. *江苏农业科学*, 2013(3):27-29.
- [8] 秦艳玲,吴玉兰,李宗艳. 改良 CTAB 法对西南牡丹总 DNA 提取工艺的优化[J]. *贵州农业科学*, 2011(11):23-26.
- [9] 何雪娇,郑涛,苏金强,等. 改良 CTAB 法提取野牡丹科 7 种植物 DNA[J]. *广东农业科学*, 2011(18):120-122.
- [10] 杜明凤,陈庆富. 银染法对荞麦等 6 种粮食作物种子蛋白亚基指纹研究[J]. *广东农业科学*, 2013,40(14):22-25.
- [11] 张阵阵,栾洁,汪家春,等. 虫草属分子聚丙烯酰胺凝胶电泳银染检测研究[J]. *中国医药导报*, 2013(17):22-24.
- [12] 李莉,贾纳提,朱昊,等. 干旱胁迫下新疆野生沙生冰草的银染 mRNA 差异显示分析[J]. *草食家畜*, 2010(4):26-28.
- [13] 魏跃,陈啸寅,王全智,等. 应用改良 TAIL-PCR 克隆黄瓜 6PGDH 基因上游序列[J]. *浙江农业学报*, 2011(5):900-904.
- [14] 王吉振,王爱国,储明星,等. 二核苷酸微卫星 PCR 扩增的影子带及其来源[J]. *畜牧兽医学报*, 2007(3):241-246.
- [15] 赵红珊,黄尚志,李辉,等. 短重复序列 PCR 产物变性胶电泳影子带新解——正负链电泳行为的差异[J]. *云南大学学报:自然科学版*, 1999(S3):283-284.
- [16] 武辉,张思仲,肖翠英. 三核苷酸重复序列 PCR 扩增中影子带的产生及其消除的方法[J]. *中华医学遗传学杂志*, 1998(1):45-48.
- [17] 覃鸿妮,蔡一林,杨春蓉,等. 玉米诱变系的 SSR 遗传变异分析[J]. *核农学报*, 2008(6):750-755.
- [18] 覃鸿妮,蔡一林,鲜红,等. 应用聚类分析法划分重庆玉米种植区研究[J]. *西南师范大学学报:自然科学版*, 2009(3):142-145.

System Optimization on Maize SSR Molecular Marker and Research of Genetic Diversity

ZHANG Yong

(College of Biological Sciences and Biotechnology/National Engineering Laboratory for Tree Breeding/Key Laboratory of Genetics and Breeding in Forest Trees and Ornamental Plants, Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083)

Abstract: In order to optimize the SSR molecular marker system and rich the diversity of germplasm resources, taking maize inbred line CK and its seven mutants as materials, the experiment system was optimized and the genetic difference between mutants and the corresponding basic material was studied based on SSR markers with selected 23 pairs of polymorphism SSR primers. The results showed that(1)The optimization of SSR molecular marker experiment system could effectively improve the efficiency of the experiment, reduce the experimental error; (2)By using the 23 pairs of SSR primer, a total of 59 polymorphic amplified fragments was produced. The average number of allele per SSR locus was 2.565. The polymorphism information content(PIC) for the SSR loci varied from 0.110 to 0.525 with an average of 0.331. The amplitude of genetic diversity indexes ranged from 0.234 to 1.061 with an average of 0.643. The phenomenon indicated that massive genetic variation could appear in maize(CK)progenies due to mutagenesis.

Key words: SSR markers; system optimization; genetic variation

《 种业导刊 》

种业学术的交流园地
种业企业的展现舞台

种业产业的信息媒介
种业文化的靓丽风景

《种业导刊》创刊于1981年,由河南省农业科学院主管,河南省农业科学院农业经济与信息研究所主办。刊号:ISSN 1003-4749, CN 41-1392/S。河南省一级期刊。

《种业导刊》立足于宣传农业、宣传种业、宣传企业、宣传品种,竭诚为广大种业界同仁提供最佳、最前瞻的服务和宣传。《种业导刊》集知识性、权威性、前瞻性、实用性于一体,突出市场经济和信息时代的特点,是各级农业行政领导、农业科研与推广人员、农业院校师生、种业经营者和农业生产资料经营者的良师益友。

《种业导刊》主要栏目有政策法规、专家论坛、市场预测、特别关注、种业管理、名企专访、栽培技术、繁育制种与引种、蔬菜园艺、植物保护、问题与探讨、国外农业、工作研究、品种审定等。

《种业导刊》全年12期,每月10日出版。国内邮发代号:36-119,每期定价8.00元,全年96.00元,全国各地邮局均可订阅。

敬请赐稿! 欢迎订阅!

联系方式:

地 址: 郑州市花园路116号
河南省农业科学院《种业导刊》编辑部
邮 编: 450002
电 话: 0371-87000220 65727121 65719198

QQ 在线: 1661317955
邮 箱: zydaokan@126.com
网 址: 种业在线 (www.seedsee.com)