

文章编号: 1674-7054(2016)03-0290-06

马氏珠母贝贝壳珍珠质层厚度性状 与微卫星标记的相关性分析

战欣, 陈琼, 顾志峰, 石耀华, 王爱民

(海南大学 海洋学院/热带生物资源教育部重点实验室/海南省热带水生生物技术重点实验室, 海口 570228)

摘要: 运用科研型光学相干断层扫描仪测量了 341 个马氏珠母贝贝壳内表面珍珠质层的厚度, 同时分析了这 341 个贝壳内表面珍珠质层厚度性状与 5 个微卫星标记的相关性。结果表明: 其中 4 个微卫星位点 (2PM206, 4PM34, 4PM50 和 PM6) 与检测的珠层厚度性状的相关性达到显著水平 ($P < 0.05$); 2PM206 标记 173/173 基因型个体的贝壳珍珠质层厚度的平均值、4PM34 标记 189/189 基因型个体对应的性状平均值、4PM50 标记 201/205 基因型个体的珍珠质层厚度值和 PM6 标记 260/266 基因型个体对应的珍珠层厚度平均值较同一标记的其他基因型均为最大值; 4PM50 标记中含有 209 bp 等位基因个体的珍珠层厚度平均值均低于其他基因型, 209 bp 等位基因可能与贝壳珍珠质层厚度性状之间存在负相关关系。

关键词: 马氏珠母贝; 生物矿化; 珍珠质层; 相关性; 微卫星

中图分类号: S 968.31+6.1

文献标志码: A

DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.2016.03.002

软体动物贝壳是分子或纳米结构体的聚合体, 典型的贝壳结构分为角质层、棱柱层和珍珠质层。角质层位于贝壳的最外层, 将贝壳和外界环境隔离, 为 CaCO_3 晶体的沉积提供框架。棱柱层位于珍珠质层和角质层之间, 珍珠质层位于贝壳最内层^[1-2]。贝壳内表面的珍珠质层属于天然的有机/无机层状多级结构复合材料, 其中, 95% 为片状文石, 另外不足 5% 为蛋白质-多糖等有机基质, 虽然这部分有机质在贝壳中所占比例很小, 但是文石晶体核化、定向、生长和空间形态等都受到这些生物大分子的严格调控^[3]。因此, 大量的壳基质蛋白基因被分离出来, 如只出现在棱柱层的 *prismalin-14*^[4], *aspein*^[5] 和 *msi31*^[6] 基因, 只在珍珠质层出现的 *n16*^[7], *n19*^[8] 和 *msi60*^[9] 基因, 在棱柱层和珍珠质层均有发现的 *nacrein*, *msi7* 和 *efcbp* 基因等^[9-12]。此外, 还有很多从外套膜中分离出来, 但未注释功能的基因。目前, DNA 序列变化对软体动物贝壳生物矿化影响的研究较少。马氏珠母贝 (*Pinctada fucata martensii*) 是研究生物矿化过程的主要物种之一, 也是我国生产海水珍珠的主要贝类, 但是, 珍珠的生物矿化过程需要的时间久、成本高。研究表明, 马氏珠母贝贝壳珍珠质层和珍珠都是由贝类外套膜组织通过生物矿化过程形成, 二者的组成成分基本类似^[13], 珍珠的形成与育珠贝 (培育珍珠的母贝称为育珠贝) 的贝壳珍珠质层形成均受到育珠贝壳基质蛋白基因的严格调控^[14], 珍珠的大小和贝壳珍珠质层厚度之间存在显著相关性, 因此, 与贝壳珍珠质层厚度性状具有相关性的微卫星标记也可用于珍珠大小性状的分子标记辅助育种研究, 针对马氏珠母贝贝壳珍珠质层形成的研究对于指导育珠贝的遗传改良也具有重要的指导意义。微卫星标记 (simple-sequence repeat, SSR) 具有多态性高、稳定性好、符合孟德尔共显性遗传的优点^[15], 广泛应用于水产动物的标记-性

收稿日期: 2015-09-16

基金项目: 国家重点基础研究发展计划 (2010CB126405); 国家高技术研究发展计划 (2012AA10A414); 海南省青年基金项目 (313033); 海南大学科研启动基金资助项目 (kyqdl216); 海南大学青年基金资助项目 (qnjjl227)

作者简介: 战欣 (1981-), 女, 讲师。研究方向: 贝类分子生物学。E-mail: zhanxinuni@163.com

通信作者: 王爱民, 男, 教授。研究方向: 贝类遗传育种和海洋牧场。E-mail: aimwang@163.com

状相关性分析中。安泉泉等^[6]分析了106个微卫星标记与62尾双倍体牙鲆的体质量、体高和体长性状的相关性,获得了17个与这3个性状相关的标记。张曼等^[7]对19个多态性微卫星标记与虾夷扇贝的生长性状进行相关性分析,找出4个与壳高、壳宽和体质量等具有相关性的微卫星标记。本研究选取从功能基因中开发的微卫星标记与马氏珠母贝贝壳内表面珍珠质层厚度性状进行相关性分析,旨在寻找与贝壳珍珠质层矿化相关的微卫星标记,根据微卫星标记不同基因型对贝壳内表面珍珠质层厚度的影响,为进一步探明贝壳及珍珠的生物矿化过程提供资料,同时也为马氏珠母贝育珠贝的分子标记辅助育种研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 样品收集和贝壳内表面珍珠质层厚度的测量 从海南省陵水县养殖场的养殖群体中随机选取341个马氏珠母贝作为实验材料,收集贝类的肌肉组织,用95%的乙醇固定,用于DNA提取。将所有马氏珠母贝的贝壳剪成合适大小后放入科研型光学相干断层扫描仪(OSLF-4500,深圳市斯尔顿科技有限公司)上,对所有个体贝壳珍珠质层的厚度进行测量,每个贝壳测量3个不同位置的珠层厚度,这3个测量点的平均值为该贝的珠层厚度值。

1.2 DNA提取 采用高盐法^[8-19]提取DNA,具体方法如下:向剪碎的马氏珠母贝肌肉组织中加入590 μL 含有SDS的DNA抽提裂解液和10 μL 蛋白酶K($10\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$),55 $^{\circ}\text{C}$ 消化2~3 h后,向消化至澄清的组织中加入400 μL 的NaCl溶液($6\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$),12 000 $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心30 min,取上清液至干净的1.5 mL离心管中。向离心管中加入等体积的异丙醇,轻柔混匀,12 000 $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心15 min,弃上清。用70%的乙醇洗涤2次,自然风干后加入200 μL 超纯水。提取的DNA用1%的琼脂糖凝胶进行检测,检测合格的基因组DNA用于PCR扩增。

1.3 PCR扩增 本研究采用Wu等^[2]和Liu等^[2]从功能基因中筛选出的多态性高的微卫星标记5个,引物的序列信息见表1。所有微卫星标记正向引物的5'端采用FAM荧光基团进行标记,PCR反应体系为10 μL ,包括50~100 ng基因组DNA,1 μL 10 $\times$ PCR buffer,正反向引物均为0.4 μL ($10\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$),0.7 μL 的dNTP($2.5\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$),1 U *Taq* DNA聚合酶。PCR反应条件为:94 $^{\circ}\text{C}$ 变性5 min,之后进入包括3个步骤的循环,即94 $^{\circ}\text{C}$ 变性45 s,各引物按各自退火温度退火45 s,之后72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸30 s,此循环共30次,最后72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸30 min。PCR产物用2%的琼脂糖凝胶进行检测,检测合格的产物送至上海生工公司进行毛细管电泳。

表1 马氏珠母贝5对微卫星引物的特征

Tab.1 Characteristics of 5 microsatellite loci of *Pinctada fucata martensii*

标记名称 Locus Name	引物序列 Primer sequences (5'-3')	核心重复序列 Repeat motif	退火温度/ $^{\circ}\text{C}$ Annealing temperature	目的片段大小/bp Product size
PM6	F: TGCCTACCTCACAAGCTACGAT R: TTTCCCGACCTCCTTATTTCTA	(CAT) ₈	58	258~270
2PM-206	F: TTTTGGACCCCCACACATAA R: TTTGATTTTGGGTGCACTGA	(AC) ₇	53	172~186
3PM-10	F: CTTGGGTCTGAGGAGAACA R: TCCGAGTGAAAATCAGAGGG	(GAA) ₄	57	157~169
4PM-34	F: TGACCTCGACCCTTATTTGG R: TGTACAAAGGGTGATAGATCC	(CAGA) ₃	57	172~179
4PM-50	F: TGCCACCTGGAATAAAAGATT R: CCTTGACCTGCATAGGGTGT	(TCTG) ₃	54	200~266

1.4 数据分析 采用单因素方差分析法对5个微卫星标记和马氏珠母贝341个个体的贝壳内表面珍珠质层厚度进行相关性分析。与珍珠质层厚度性状相关的微卫星标记不同基因型间再进行多重比较,找到

与珍珠质层厚度性状相关的基因型。统计分析结果若 $P < 0.05$, 即认为存在显著性差异。各微卫星标记的不同基因型个体的数量, 不同基因型个体贝壳内表面珍珠质层厚度的平均值和标准差采用 SPSS 16.0 软件计算。

2 结果与分析

2.1 微卫星标记的多态性 本研究采用的 5 个微卫星标记均能扩增出清晰的条带, 重复性好。从图 1 可看出, PCR 产物无非特异扩增, A03 号个体在 2PM206 位点是杂合子。从表 2 可知, 5 个微卫星标记等位基因为 2~4 个, 基因型为 3~8 个。

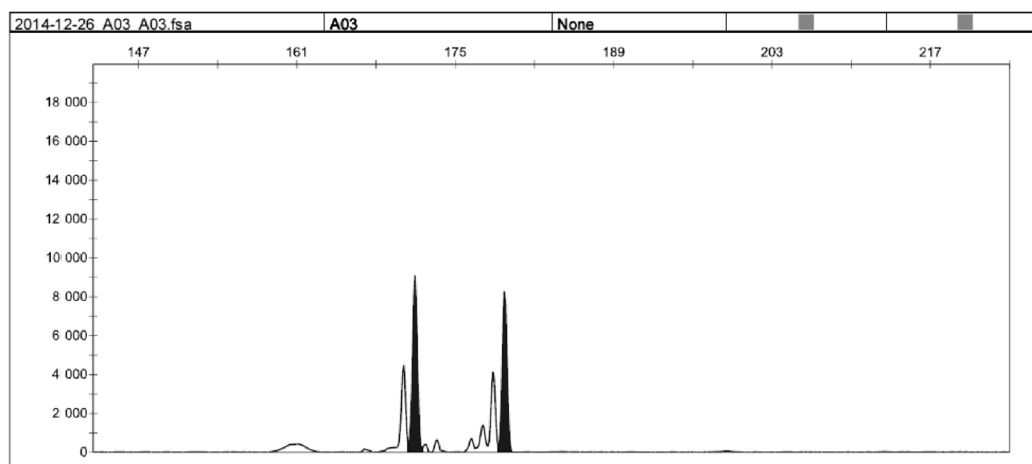


图 1 2PM206 位点 A03 号个体毛细管电泳检测峰图

Fig. 1 Capillary electrophoresis results of A03 in locus 2PM206

表 2 5 个微卫星位点不同基因型个体的贝壳珍珠质层厚度的平均值及多重比较

Tab. 2 Multiple comparison results and mean values and their standard deviations of thickness of shell nacreous layer in different genotypes

位点 Locus	基因型 Genotype	个体数量 Number	贝壳珍珠质层厚度/mm Thickness of shell nacreous layer	位点 Locus	基因型 Genotype	个体数量 Number	贝壳珍珠质层厚度/mm Thickness of shell nacreous layer
2PM206	173/173	13	0.40±0.09a	4PM50	205/205	160	0.37±0.09a
	171/173	70	0.38±0.10a		205/209	135	0.34±0.08b
	171/171	190	0.36±0.09ab		209/209	19	0.33±0.05ab
	173/181	57	0.34±0.08b		201/205	27	0.44±0.11c
	169/171	11	0.31±0.06b	PM6	260/263	68	0.36±0.10abc
3PM10	160/160	114	0.37±0.10		272/272	77	0.34±0.07a
	160/166	179	0.36±0.09		263/263	20	0.33±0.07a
	166/166	48	0.35±0.08		260/272	55	0.38±0.09b
4PM34	189/189	47	0.40±0.12a		263/272	60	0.34±0.08ac
	173/173	170	0.35±0.09b		260/260	43	0.39±0.12b
	173/189	35	0.37±0.10ab		263/266	9	0.40±0.10bc
	173/193	47	0.34±0.07b		260/266	9	0.45±0.15d
	189/193	13	0.38±0.10ab				
	193/193	29	0.37±0.08ab				

注: 同一微卫星标记中, 同一列不同字母代表贝壳珍珠质层厚度平均值间具有显著性差异 ($P < 0.05$)

Note: Values with different letters in the same column and locus indicate significant difference at $P < 0.05$

2.2 相关性分析 采用 SPSS 16.0 软件的单因素方差法进行微卫星标记与贝壳珍珠质层厚度性状的相

关性分析。在5个微卫星标记中,标记2PM206($P = 0.037$),4PM34($P = 0.003$),4PM50($P = 0$)和PM6($P = 0$)均与贝壳内表面的珍珠质层厚度显著相关($P < 0.05$)。将这4个微卫星位点不同基因型间进行多重比较后发现,在2PM206标记中,173/173基因型个体的贝壳珍珠质层厚度为最大值,169/171基因型个体的珠层厚度为最小值,两者之间存在显著差异;在4PM34标记中,基因型189/189个体对应的性状平均值为最大值,173/193基因型对应的性状平均值为最小值;4PM50标记的201/205基因型个体的珍珠质层厚度为最大值,209/209基因型个体的厚度平均值为最小值,含有209 bp等位基因个体的珠层厚度平均值低于其他基因型,说明209 bp等位基因与贝壳珍珠质层厚度性状之间可能存在负相关关系;在PM6标记中共检测到8个基因型,260/266基因型个体对应的珠层厚度为最大值,所有基因型个体对应的性状平均值均与260/266基因型个体对应的性状平均值存在显著差异,263/263基因型个体对应的珍珠质层厚度平均值为最小值。

3 讨论

微卫星标记为共显性标记,具有多态性高的优点,从EST(expressed sequence tag)数据库中开发的微卫星标记直接与功能相关,大大提高了标记与性状连锁分析的效率。随着二代测序技术的发展,高通量测序的成本大幅下降,海量的EST序列可以从GenBank上直接下载,采用生物信息学方法开发的基于EST序列的标记如EST-SSR和EST-SNP(Single Nucleotide Polymorphism)标记逐渐增多。Shi等^[23]从6 979个EST序列中开发出31个马氏珠母贝EST-SSR标记。由于EST序列来自于功能基因,因此,这些从EST数据库中开发的标记非常适合用于标记-性状连锁分析和分子标记辅助育种研究。本研究也从EST-SSR标记中筛选出4个与马氏珠母贝贝壳内表面珍珠质层厚度具有相关性的微卫星标记,其中,PM6标记扩增的片段可能是来自ATP合酶的亚基^[24],这可能是由于生物矿化是一个复杂的过程,需要多种类型蛋白(如纤维粘连样蛋白fibronectin-like protein)的参与^[25]。另外3个与性状相关的EST-SSR标记所在的基因功能在原文中并未提及。这4个与贝壳珍珠质层厚度具有相关性的微卫星位点可能是贝壳生物矿化相关的基因,也可能是距离这些基因相对较近的其他功能基因,根据现有研究结果还无法得出确切结论。

目前,关于马氏珠母贝贝壳生物矿化的研究主要是探讨不同壳基质蛋白基因对于贝壳的生长性状的影响。Zhang和He^[12]通过分析壳基质蛋白基因在不同组织的表达量与贝壳生长性状的相关性,结果发现,*aspein*,*prismalin-14*,*n16*和*nacrein*基因与壳高、壳质量具有显著正相关性,而*n19*基因和壳高、壳质量呈负相关关系。Miyazaki等^[24]分析了*narein*,*msi60*,*prismalin-14*,*aspein*和*msi31*基因在马氏珠母贝个体发生阶段基因表达量的变化,研究发现,贝壳珍珠质层形成于第31天,这6个基因的基因表达量均与幼体贝壳的生物矿化过程相关。目前只有Qiu等^[25]采用SPSS软件分析了17个EST-SSR标记与贝壳数量性状的相关性,并且在CI5家系中找出1个与贝壳珍珠质层厚度相关的微卫星标记和2个与壳高和壳质量具有显著相关性的微卫星标记($P < 0.05$)。本研究筛选出4个与贝壳内表面珍珠质层厚度相关的微卫星标记,其中,4PM50标记的201/205基因型个体对应的珍珠质层厚度平均值为最大值,在育种实践中,可以作为优先选择的基因型;而含有209 bp等位基因个体的珠层厚度平均值低于其他基因型,209 bp等位基因与贝壳珍珠质层厚度性状之间可能存在负相关关系;在PM6标记中,260/266基因型个体对应的珠层厚度为最大值,所有基因型个体对应的性状平均值均与260/266基因型个体对应的性状平均值存在显著差异,但是,此基因型对应的个体所占比例偏小,在育种实践中需考虑260/266基因型个体之间是否存在亲缘关系较近的问题。

贝壳的形成过程既受到遗传特性的控制,同时也受到环境因素的影响。尽管目前采用高通量测序和生物信息学的方法发现的新的壳基质蛋白越来越多,但是离真正深入理解其分子水平上的作用机理,还有很多问题有待解决^[26]。

参考文献:

- [1] Marin F, Luquet G, Marie B, et al. Molluscan shell proteins: primary structure, origin, and evolution [J]. Curr. Top. Dev.

- Biol. , 2007, 80: 209 – 276.
- [2] 张文兵, 姚春凤, 麦康森, 等. 贝壳生物矿化的研究进展 [J]. 海洋科学, 2008, 32(2): 74 – 79.
- [3] 张学鹭, 王建方, 吴文健, 等. 贝壳珍珠层生物矿化及其对仿生材料的启示 [J]. 无机材料学报, 2006, 21(2): 257 – 266.
- [4] Suzuki M, Murayama E, Inoue H, et al. Characterization of *Prismalin-4*, a novel matrix protein from the prismatic layer of the Japanese pearl oyster (*Pinctada fucata*) [J]. Biochem J. , 2004, 382(1): 205 – 213.
- [5] Tsukamoto D, Sarashina I, Endo K. Structure and expression of an unusually acidic matrix protein of pearl oyster shells [J]. Biochem Biophys Res. Commun, 2004, 320(4): 1175 – 1180.
- [6] Sudo S, Fujikawa T, Nagakura T, et al. Structure of mollusk shell framework proteins [J]. Nature, 1997, 387: 563 – 564.
- [7] Samata T, Hayashi N, Kono M, et al. A new matrix protein family related to the nacreous layer formation of *Pinctada fucata* [J]. FEBS Lett, 1999, 462(1/2): 225 – 229.
- [8] Yano M, Nagai K, Morimoto K, et al. A novel nacre protein n19 in the pearl oyster *Pinctada fucata* [J]. Biochem Biophys Res Commun, 2007, 362(1): 158 – 163.
- [9] Miyamoto H, Miyashita T, Okushima M, et al. A carbonic anhydrase from the nacreous layer in oyster pearls [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1996, 93(18): 9657 – 9660.
- [10] Zhang Y, Xie L, Meng Q, et al. A novel matrix protein participating in the nacre framework formation of pearl oyster, *Pinctada fucata* [J]. Comp Biochem Physiol B Biochem Mol. Biol. , 2003, 135(3): 565 – 573.
- [11] Huang J, Zhang C, Ma Z, et al. A novel extracellular EF-hand protein involved in the shell formation of pearl oyster [J]. Biochim Biophys Acta, 2007, 1770(7): 1037 – 1044.
- [12] Zhang L J, He M X. Quantitative expression of shell matrix protein genes and their correlations with shell traits in the pearl oyster *Pinctada fucata* [J]. Aquaculture, 2011, 314(1/2/3/4): 73 – 79.
- [13] 邹柯姝, 张殿昌, 郭华阳, 等. 4 种壳色合浦珠母贝贝壳棱柱层和珍珠质层 7 种金属元素质量分数的比较分析 [J]. 南方水产科学, 2015, (3): 74 – 79.
- [14] Zhan X, Gu Z F, Yu C C, et al. Expressed sequence tags 454 sequencing and biomineralization gene expression for pearl sac of the pearl oyster, *Pinctada fucata martensii* [J]. Aquaculture Research, 2015, 46(3): 745 – 758.
- [15] 张天时, 刘萍, 李健, 等. 用微卫星 DNA 技术对中国对虾人工选育群体遗传多样性的研究 [J]. 水产学报, 2005, 29(1): 6 – 12.
- [16] 安泉泉, 刘海金, 王桂兴, 等. 牙鲆骨骼生长性状与微卫星标记的相关性分析 [J]. 水产学报, 2012, 36(5): 641 – 646.
- [17] 张曼, 陈蒙, 姬南京, 等. 虾夷扇贝家系群体遗传结构及其微卫星标记与经济性状相关性的分析研究 [J]. 中国农学通报, 2012, 28(20): 125 – 130.
- [18] 汪永庆, 王新国, 徐来祥, 张知彬. 一种动物基因组 DNA 提取方法的改进 [J]. 动物学杂志, 2001, 36(1): 27 – 29.
- [19] Dong Y W, Wang H S, Han G D, et al. The impact of Yangtze River discharge, ocean currents and historical events on the biogeographic pattern of *Cellana toreuma* along the China Coast [J]. PLoS ONE, 2012, 7(4): e36178.
- [20] Wu S Z, Guan Y Y, Huang X D, et al. Development of 25 novel microsatellite loci and genetic variation analysis in breeding populations of the pearl oyster, *Pinctada fucata* [J]. J. World Aquacult Soc. , 2013, 44(4): 600 – 609.
- [21] Liu Q Y, Chen W Y, Liu J L, et al. Genetic variation and an estimation of effective population size in the pearl oyster *Pinctada martensii* [J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2014, 54: 53 – 58.
- [22] Shi Y H, Wang Y, Hong K, et al. Characterization of 31 EST-derived microsatellite markers for the pearl oyster *Pinctada martensii* (Dunker) [J]. Molecular Ecology Resources, 2009, 9(1): 177 – 179.
- [23] Zhang G F, Fang X D, Guo X M, et al. The oyster genome reveals stress adaptation and complexity of shell formation [J]. Nature, 2012, 490(7418): 49 – 54.
- [24] Miyazaki Y, Nishida T, Aoki H, et al. Expression of genes responsible for biomineralization of *Pinctada fucata* during development [J]. Comp Biochem Phys B, 2010, 155(3): 241 – 248.
- [25] Qiu Y, Lu H, Zhu J T, et al. Characterization of novel EST-SSR markers and their correlations with growth and nacreous secretion traits in the pearl oyster *Pinctada martensii* (Dunker) [J]. Aquaculture, 2014, 420: S92 – S97.
- [26] 刘进. 马氏珠母贝壳基质蛋白基因的克隆和表达模式研究 [D]. 湛江: 广东海洋大学, 2014.

Analysis of Correlationship Between the Thickness of Shell Inner Nacreous Layer and Microsatellite Markers in *Pinctada fucata martensii*

ZHAN Xin, CHEN Qiong, GU Zhifeng, SHI Yaohua, WANG Aimin

(Ministry of Education Key Laboratory of Tropic Biological Resources/ Hainan Key Laboratory of Tropical Hydrobiological Technology, College of Marine Science, Hainan University, Haikou 570228, China)

Abstract: Thickness of shell inner nacreous layer was measured by using optical coherence tomography in 341 pearl oysters. Correlativity between five microsatellite markers and thickness of shell inner nacreous layer was calculated by one-way analysis of variance. Four out of the five markers (2PM206, 4PM34, 4PM50 and PM6) were correlated with the test trait ($P < 0.05$). It is shown that oysters with 173/173 genotype in locus 2PM206, with 189/189 genotype in locus 4PM34, with genotype 201/205 in locus 4PM50 and 260/266 genotype in locus PM6 had significantly higher thickness of shell nacreous layer than other genotype individuals ($P < 0.05$). Individuals with allele 209 had lower values of the tested traits than all the other individuals with alleles in 4PM50 marker, and hence allele 209 may have negative correlation with the thickness of shell nacreous layer ($P < 0.05$).

Keywords: Pearl oyster; biomineralization; nacreous layer; correlativity; SSR

中国科技核心期刊、中国农业核心期刊
全国中文核心期刊、全国优秀农业期刊

《植物遗传资源学报》征订启事

《植物遗传资源学报》是中国农业科学院作物科学研究所和中国农学会主办的学术期刊,为中国科技论文统计源期刊、中国科学引文数据库来源期刊(核心期刊)、中国核心期刊(遴选)数据库收录期刊、中国学术期刊综合评价数据库统计源期刊,又被《中国生物学文摘》和中国生物学文献数据库、中文科技期刊数据库收录。2015年本刊影响力大幅提升,在农艺学类期刊排名中均提前。据《中国科技期刊引证报告》(核心版)统计:《植物遗传资源学报》影响因子为1.149,比2014年提高了近10%,在农艺学类期刊中排名第3。据CNKI《中国学术期刊影响因子年报》统计:《植物遗传资源学报》复合影响因子为1.695,在48种农艺学类期刊排名第4,期刊综合影响因子1.146。

报道内容为大田、园艺作物,观赏、药用植物,林用植物、草类植物及其经济植物的有关植物遗传资源基础理论研究、应用研究方面的研究成果、创新性学术论文和高水平综述或评论。诸如,种质资源的考察、收集、保存、评价、利用、创新,信息学、管理学等;起源、演化、分类等系统学;基因发掘、鉴定、克隆、基因文库建立、遗传多样性研究。

双月刊,大16开本,196页。定价20元,全年120元。各地邮局发行。

邮发代号:82-643。国内刊号CN11-4996/S,国际统一刊号ISSN1672-1810。

本刊编辑部常年办理订阅手续,如需邮挂每期另加3元。

地址:北京市中关村南大街12号《植物遗传资源学报》编辑部

邮编:100081 电话:010-82105794 010-82105796(兼传真)

网址:www.zwyczy.cn

E-mail:zwyczyxb2003@163.com zwyczyxb2003@caas.cn

