DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.01831

小麦优质谷蛋白亚基分子标记多重 PCR 体系的建立与应用

郑 寒^{1,2} 陈 静^{1,*} 任 妍^{1,2} 余懋群¹ 付体华²

¹ 中国科学院成都生物研究所, 四川成都 610041; ² 四川农业大学农学院, 四川雅安 625014

摘 要: Ax1/Ax2^{*}、Dx5 和过量表达的 Bx7 亚基(Bx7^{OE})被认为是对小麦品质有正向效应的优质亚基。根据以上亚基特异性分子标记建立相应的多重 PCR 体系, 经品种和群体检验, 证明利用该体系鉴定亚基的结果稳定可靠、成本较低。利用该多重 PCR 技术对 89 份西藏小麦育成和推广品种(系)的优质亚基频率进行鉴定, 结果表明, Dx5 和 Ax1/Ax2^{*} 亚基的频率均为 12.4%, 没有检测到 Bx7^{OE}, 同时携带两个优质亚基的材料频率为 10.1%, 该麦区品质育种必须加强优质亚基的引入。针对优质亚基 Ax1/Ax2^{*}、Dx5 和 Bx7^{OE} 的多重 PCR 体系, 为小麦品质育种亲本评价和通过杂交方法聚合优质亚基基因提供了一种实用可靠的标记辅助选择技术。

关键词: 小麦品质; 高分子量麦谷蛋白亚基(HMW-GS); 多重 PCR

Establishment and Application of Multiplex-PCR for Wheat Glutenin Subunits Relative to Superior End-Use Quality

ZHENG Han^{1,2}, CHEN Jing^{1,*}, REN Yan^{1,2}, YU Mao-Qun¹, and FU Ti-Hua²

¹ Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041, China; ² College of Agronomy, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China

Abstract: Wheat processing qualities are largely dependent on the number and composition of high-molecular-weight glutenin subunits (HMW-GS). It has been demonstrated that Ax1/Ax2^{*}, Dx5, and overexpressed Bx7 (Bx7^{OE}) are normally associated with superior end-use quality, especially dough strength. To date, Bx7^{OE} allele has not been exploited widely in China wheat breeding program. With the optimization of reaction components and amplification condition, three pairs of PCR primers targeting for Ax1/Ax2^{*}, Bx7^{OE}, and Dx5 genes were used to establish a multiplex PCR for the purpose of enhanced molecular marker-assisted breeding with good reliability and low cost. The validation with wheat cultivars (lines) carrying known genes displayed that the developed multiplex PCR permitted the discrimination of these major HMW-GS in a single PCR reaction and agarose gel assay. A total of 89 wheat cultivars and advanced lines from Tibet, China were tested by the multiplex PCR-based assay. The results showed that the frequencies of Ax1/Ax2^{*} and Dx5 were both 12.4%, and only 10.1% of the accessions possessed both Ax1/Ax2^{*} and Dx5, whereas no accessions carried Bx7^{OE}. Introduction of HMW-GS relative to good gluten quality should enhance the improvement of wheat quality in this region.

Keywords: Wheat quality; High-molecular-weight glutenin subunit (HMW-GS); Multiplex PCR

面粉品质是影响小麦商品价值的关键因素。20 年来我国小麦品质改良研究进展较快, 但与发达国家比较, 国内(尤其是西南地区)在优质小麦品种的数量和质量上仍然存在较大差距。

小麦种子储藏蛋白主要由麦醇溶蛋白(Gliadin)和麦谷蛋白(Glutenin)组成, 麦谷蛋白又分为高分子量麦谷蛋白亚基(high-molecular-weight glutenin subunit, HMW-GS)和低分子量麦谷蛋白亚基(low-molecular-

weight glutenin subunit, LMW-GS)。国内外大量研究表明, 小麦籽粒加工品质主要受 HMW-GS 和 LMW-GS 的组成和数量的影响^[1], 二者通过二硫键形成谷蛋白聚合体, 从而赋予面团独特的黏弹性^[2-4]。谷蛋白聚合体的大小和数量直接影响面筋的流变力学特性, 优质面粉的品质通常与大的聚合体的形成有关^[1]。普通小麦高分子量麦谷蛋白基因位点 *Glu-1* 位于第 1 同源群染色体长臂(*Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-*

本研究由国家自然科学基金项目(30871527)、国家转基因生物新品种培育重大专项(2009ZX08009-010B)、中国科学院知识创新工程方向性项目(KSCX2-YW-N-052)、四川省育种攻关项目资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 陈静, E-mail: chenjing@cib.ac.cn

第一作者联系方式: E-mail: zhenghan_1212@sina.com

Received(收稿日期): 2009-02-25; Accepted(接受日期): 2009-05-04.

D1 复合基因位点), 每个位点含有紧密连锁的2个基因, 分别编码一个 x-和 y-型亚基^[1,5-6]。HMW-GS 组成和表达量的变异与品种间加工品质的差异存在高度相关性, 据此 Payne 首先建立了小麦高分子量谷蛋白亚基对面筋品质贡献的评分系统^[1-2,5], 如 Ax1/Ax2*和 Dx5 是目前公认的面包小麦优质亚基。Glu-B1 位点等位基因 *Glu-B1a1* 编码的超表达 Bx7 亚基(Bx7^{OE})是近年发现能显著提高面筋强度的又一优质亚基^[7-8], 其含量可占籽粒高分子量谷蛋白总量的 39.0%~56.8%^[9], 而正常表达 Bx7 的相对含量 < 35%^[10]。研究表明, 含有 Bx7^{OE} 的小麦育成品种或地方品种通常都具有更好的面筋强度^[11], 具有超表达 Bx7 亚基的品种(系)的最大抗延阻力(maximum resistance of the dough to extension, R_{max})、衰落势(resistance breakdown, RBD)、揉面时间等面筋品质指标都有明显改善^[12]。引进和利用 Bx7^{OE} 成为进一步改良小麦品质的重要途径。

通过杂交育种结合标记辅助选择, 在同一品种中聚合多个优质亚基, 是快速改良我国小麦品质的有效方法, 对育种材料和杂交后代中 HMW-GS 的准确、有效鉴定和选择则是品质育种的关键。SDS-PAGE 是分离和鉴定 HMW-GS 的传统方法, 但不能有效鉴别分子量大小和迁移率十分接近的亚基^[6], 且费工费时。随着愈来愈多的 HMW-GS 基因被克隆, 其相应的分子标记也不断被发展起来^[13-14], 但是在我国现有育种条件下, 基于 PCR 的分子标记技术仍因费用较高未能真正用于育种实践。与单一基因分子标记的 PCR 技术相比, 含有多对引物的多重 PCR(multiplex PCR)通过一次反应就能对多个基因进行鉴定, 工作效率显著提高、成本明显降低^[15-16]。

Ax1/Ax2* (*Glu-A1* 位点)、Bx7^{OE} (*Glu-B1* 位点)和 Dx5 (*Glu-D1* 位点)是对小麦品质具有明显正向效应的优质亚基, 由于 *Glu-A1* 位点通常只编码 3 种亚基, 即 Ax1、Ax2*和 AxNull^[17-18], 通过鉴定 AxNull 可以间接反应 Ax1/Ax2*的有无。本研究利用已报道的上述亚基特异分子标记, 通过 PCR 反应体系和扩增条

件的优化, 建立了基于多重 PCR 的标记辅助选择技术, 并采用 HMW-GS 组成已知的育成小麦品系和 89 份西藏代表小麦品种加以验证, 为优质小麦新品种选育提供理论和技术参考。

1 材料与方法

1.1 材料及其 DNA 提取

已经鉴定 HWM-GS 组成不同的小麦品种或品系由本实验室创制或保存(表 1); 由本所王涛博士提供 89 份西藏小麦材料及其亚基的 SDS-PAGE 鉴定结果(另文发表)。

表 1 小麦品种(系)的 HMW-GS 组成
Table 1 Composition of HMW-GS of wheat cultivars used in this study

品种(系) Cultivar (line)	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
CIMMYT 114	1Ax2*	1Bx7 ^{OE} +1By8	1Dx5+1Dy10
中国春	1AxN	1Bx7+1By8	1Dx2+1Dy12
Chinese Spring	1AxN	1Bx7 ^{OE} +1By8	1Dx5+1Dy10
CJ31	1AxN	1Bx7 ^{OE} +1By8	1Dx5+1Dy10
德麦 3 号 Demai 3	1Ax 1	1Bx7 ^{OE} +1By8	1Dx2+1Dy12
CJ12	1Ax 1	1Bx7+1By8	1Dx5+1Dy10
CJ17	1AxN	1Bx7+1By8	1Dx5+1Dy10
CJ54	1AxN	1Bx7 ^{OE} +1By8	1Dx2+1Dy12

从每份材料取 3~5 株黄化苗叶片(约 2~3 g), 采用 CTAB 法提取总 DNA, 并用琼脂糖电泳和紫外分光光度计检测总 DNA 的质量和浓度。

1.2 PCR 引物序列及扩增条件

根据 AxNull (*Glu-A1*)、Bx7^{OE} (*Glu-B1*)和 Dx5 (*Glu-D1*) 3 个亚基位点的特异标记设计 PCR 引物(表 2)。

所有 PCR 反应体系总体积均为 25 μ L, 均含 PCR buffer (Mg^{2+} Free) 2.5 μ L, $MgCl_2$ (25 mmol L⁻¹) 1.5 μ L, dNTP (2.5 mmol L⁻¹) 2 μ L, Taq DNA 聚合酶(2.5 U μ L⁻¹) 0.6 μ L, 单一 PCR 引物 10 pmol, 多重 PCR 中 AxNull/Bx7^{OE}/Dx5 的标记引物为 10/10/12.5 pmol, DNA 模板 150~200 ng。

表 2 标记引物序列及其扩增片段大小
Table 2 Sequences and expected amplification fragment sizes of the targeted genes

位点 Locus	引物序列 Sequences of primers (5'-3')	扩增片段大小 Size of product (bp)	参考文献 Reference
AxNull	F: ACGTTCCCCTACAGGTACTA R: TATCACTGGCTAGCCGACAA	920	Lafiandra et al. ^[19]
Bx7 ^{OE}	F: CCACTTCCAAGGTGGGACTA R: TGCCAACACAAAAGAAGCTG	844	Ragupathy et al. ^[20]
Dx5	F: CGTCCCTATAAAAGCCTAGC R: AGTATGAAACCTGCTGCGGAC	476	Ma et al. ^[15]

表 3 PCR 反应和电泳条件
Table 3 Conditions for PCR programs and electrophoresis

扩增和电泳条件 Amplification and electrophoresis conditions	单一 PCR Single PCR			多重 PCR Multiplex PCR <i>AxNull</i> / <i>Bx7^{OE}</i> / <i>Dx5</i>
	<i>AxNull</i>	<i>Bx7^{OE}</i>	<i>Dx5</i>	
预变性 Denaturation	94℃, 5 min	94℃, 5 min	94℃, 5 min	94℃, 5 min
变性 Denaturation	94℃, 30 s	94℃, 30s	94℃, 30 s	94℃, 30 s
退火 Annealing	62℃, 30 s	58℃, 30 s	58℃, 30 s	62℃ (8 cycles)/58℃ (28 cycles), 30 s
延伸 Extension	72℃, 1 min	72℃, 90 s	72℃, 90 s	72℃, 1 min/72℃, 90 s
循环数 Number of cycles	35	35	35	36
最后延伸 Final extension	10 min	10 min	10 min	10 min
琼脂糖浓度 Agarose concentration (%)	1	1	0.8	1.5

PCR 反应条件见表 3。其中，多重 PCR 为 touch down 程序，退火温度为 62℃进行 8 个循环，然后在 58℃上进行 28 个循环；其余单一 PCR 扩增体系均采用一般的 PCR 扩增程序。PCR 扩增在 PTC-200 型扩增仪上完成；用 1×TAE 溶液的琼脂糖凝胶进行电泳，EB 染色后在凝胶成像系统 GDS 下观察并照相。

1.3 西藏小麦高分子量谷蛋白亚基的检测

利用已建立的多重 PCR 体系对 89 份西藏小麦进行检测。对 PCR 扩增产物用 1.5%琼脂糖凝胶电泳进行分析，在紫外灯下检测照相。

2 结果与分析

2.1 单一 PCR 扩增体系

利用 HMW-GS 组分已知(表 1)的基因组 DNA 为模板，加入特异的分子标记引物，对各亚基的分子标记的特异性进行 PCR 验证，结果从含有 *AxNull* 的品种中，该基因标记引物于 62℃退火温度下均能产生预期大小为 920 bp 的扩增产物。从含有 *Bx7^{OE}* 和 *Dx5* 的品种中，58℃退火温度下，相应基因的标记引物均能产生大小分别为 844 bp 和 476 bp 的 PCR 扩增产物。上述结果表明选用的基因分子标记稳定、可靠，可进一步用于构建多重 PCR 体系。

2.2 *AxNull*、*Bx7^{OE}* 和 *Dx5* 多重 PCR 体系的建立

通过优化 PCR 反应体系和扩增条件，尤其当同一反应体系中引物退火温度相差较大时，采用二级退火温度的 touch down 扩增程序，以保证获得特异性的引物扩增效果。利用表 1 中 HMW-GS 组成已知的 7 个品种(系) 验证 *AxNull*、*Bx7^{OE}* 和 *Dx5* 多重 PCR 体系的可靠性。根据 PCR 扩增产物的电泳分析，从含有 *AxNull*、*Bx7^{OE}* 和 *Dx5* 亚基的材料中均能产生相应亚基基因标记的扩增条带(图 1)。其中，CJ54 含

有 *AxNull* 和 *Bx7^{OE}* 两个亚基，产生 920 bp 和 844 bp 的扩增片段；CJ17 含有亚基 *AxNull* 和 *Dx5*，具有 920 bp 和 476 bp 的 2 条扩增片段；CIMMYT114 含有亚基 *Bx7^{OE}* 和 *Dx5*，相应的扩增片段大小分别为 844 bp 和 476 bp；CJ31 含有 *AxNull*、*Bx7^{OE}* 和 *Dx5* 三个亚基，则同时扩增出 920、844 和 476 bp 的标记条带。

图 1 *AxNull*、*Bx7^{OE}*、*Dx5* 基因标记的多重 PCR 扩增产物脂糖凝胶电泳图

Fig. 1 Electrophoresis of amplified fragments with primers specific for genes *AxNull*, *Bx7^{OE}*, and *Dx5* in a single PCR reaction
M: DNA 分子量标准 D2000; 1 : 中国春; 2 : 德麦 3 号; 3 : CJ12; 4 : CJ54; 5 : CJ17; 6 : CIMMYT 114; 7 : CJ31.
M: DNA marker D2000; 1: Chinese Spring; 2: Demai 3; 3: CJ12; 4: CJ54; 5: CJ17; 6: CIMMYT 114; 7: CJ31.

2.3 西藏小麦 HMW-GS 组成的多重 PCR 鉴定

利用已建立的多重 PCR 体系，鉴定 89 份西藏小麦中 3 个 *Glu-1* 位点重要优质亚基的分布频率，结果发现，在 *Glu-A1* 位点 *AxNull* 亚基出现的频率较高，占总数的 87.6%，即优质亚基的频率较低(为 12.4%)，只有 11 份材料含有 *Ax1*/*Ax2^{*}* 优质亚基。在 *Glu-B1* 位点，从供试材料中均未检测到 *Bx7^{OE}* 亚基。在 *Glu-D1* 位点，11 份材料含有 *Dx5* 亚基，频率为 12.4%。仅有 9 份材料同时具有 *Ax1*/*Ax2^{*}* 和 *Dx5* 亚基，出现频率为 10.1%。上述结果与 SDS-PAGE 的鉴定结果一致(待发表)，图 2 为部分材料的多重 PCR 产物电泳分析图。

图2 西藏小麦中 AxNull、Bx7^{OE} 和 Dx5 亚基的多重 PCR 鉴定
Fig. 2 Multiplexed PCR assay of AxNull, Bx7^{OE}, and Dx5 in Tibet wheat

M: DNA 分子量标准 D2000; 1~16: 部分西藏小麦品种或高代品系。
M: DNA marker D2000; 1~16: some of wheat cultivars or lines from Tibet, China.

3 讨论

众所周知, 高分子量谷蛋白亚基的组成和数量与小麦品质之间的密切相关, 发展一种快速、准确鉴定优质亚基的方法对加快品质育种非常重要。过量表达的 Bx7 亚基(Bx7^{OE})是近年发现对小麦品质具有明显贡献的优质亚基。采用传统的 SDS 电泳方法难以有效鉴别普通与过量表达的 Bx7 亚基, 反向液相色谱(RP-HPLC)技术根据 Bx7 相对于全部高分子量麦谷蛋白亚基含量面积百分比大于 39%作为 Bx7^{OE} 的判断标准, 可用于 Bx7^{OE} 的准确鉴定, 但在 *Glu-A1* 表达沉默的品种中, 由于该位点亚基缺失造成 Bx7 亚基的相对含量占高分子量麦谷蛋白亚基总量的比值提高, 导致鉴定结果失误^[21]; 此外 RP-HPLC 技术费用昂贵、费时费力。分子标记不受环境条件和基因表达与否的影响, 是一种稳定、可靠的性状标记技术, 目前已建立起 AxNull、Bx7^{OE} 和 Dx5 亚基的特异分子标记^[15,19-20]。

通过分子标记辅助选择可以加快优质亚基在同一品种的聚合, 然而单一 PCR 的鉴定成本过高, 尚难于我国现阶段的育种实践。多重 PCR 是近年发展起来的实用、可靠的分子标记辅助选择技术, 国内外学者已先后开发了针对不同目标性状的多重 PCR 体系。本研究针对 *Glu-1* 复合位点上有重要育种价值的优质亚基, 将 AxNull、Bx7^{OE} 和 Dx5 亚基的特异分子标记组合后建立了多重 PCR 体系, 并利用已知 HWM-GS 组成的品种(系)加以验证, 可以同时检测 Ax1/Ax2^{*}、Bx7^{OE} 和 Dx5 优质亚基, 鉴定结果稳定可靠。该体系快速、准确且成本较低, 可用于小麦品质育种亲本评价和杂交后代优质基因聚合的标记辅助选择。

除了不利的生长环境条件外, 优质亚基频率低是西南麦区面筋劣质的主要内在因素^[22]。我们最近的研究发现, 四川新育成的小麦品种(系) *Glu-D1* 位点优质亚基的频率提高较快, 而在 *Glu-B1* 位点劣质

亚基的频率依然较高^[23]。来自西藏的 89 份小麦材料均不含 Bx7^{OE} 亚基, 优质亚基 Ax1/Ax2^{*}和 Dx5 的频率低, 具有两个以上优质亚基的频率更低。因此, 四川及西藏麦区的品质育种应继续加强优质亚基(特别是 *Glu-B1* 位点的 Bx7^{OE} 亚基)的引入, 重视多个优质亚基聚合的协同效应, 培育具有多个优质亚基、遗传背景优良的小麦新品种(系)。

4 结论

建立了 AxNull、Bx7^{OE} 和 Dx5 亚基基因分子标记的多重 PCR 体系, 经谷蛋白亚基组成已知的品种(系)和 89 份西藏小麦材料加以验证, 证明该体系鉴定结果可靠、重复性好、实验成本低, 可用于小麦育种亲本评价和杂交后代优质基因聚合的标记辅助选择。

References

- [1] Payne P I. Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread making quality. *Annu Rev Plant Physiol*, 1987, 38: 141-153
- [2] Payne P I, Law C N, Mudd E E. Control by homologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theor Appl Genet*, 1980, 58: 113-120
- [3] Wrigley C W. Giant proteins with flour power. *Nature*, 1996, 381: 738-739
- [4] Gianibelli M C, Larroque O R, MacRitchie F. Biochemical, genetic, molecular characterization of wheat glutenin and its component subunits. *Cereal Chem*, 2001, 78: 635-646
- [5] Payne P I, Holt L M, Law C N. Structural and genetic studies on the weight subunits of wheat glutenin. *Theor Appl Genet*, 1981, 60: 229-236
- [6] Shewry P R, Halford N G, Tatham A S. The high-molecular-weight subunits of wheat glutenin. *J Cereal Sci*, 1992, 15: 105-120
- [7] Radovanovic N, Cloutier S, Brown D, Humphreys D G, Lukow O M. Genetic variance for gluten strength contributed by high molecular weight glutenin proteins. *Cereal Chem*, 2002, 79: 843-849

- [8] Radovanovic N, Cloutier S. Gene-assisted selection for high molecular weight glutenin subunits in wheat doubled haploid breeding programs. *Mol Breed*, 2003, 12: 51–59
- [9] Vawser M J, Cornish G B. Overexpression of HMW glutenin subunit Glu-B17x in hexaploid wheat varieties (*Triticum aestivum*). *Aust J Agric Res*, 2004, 55: 577–588
- [10] Lukow O M, Forsyth S A, Payne P I. Over-production of HMW glutenin subunits coded on chromosome 1B in common wheat, *Triticum aestivum*. *J Genet Breed*, 1992, 46: 187–192
- [11] D'Ovidio R, Masci S, Porceddu E, Kasarda D. Duplication of the high-molecular weight glutenin subunit gene in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar Red River 68. *Plant Breed*, 1997, 116: 525–531
- [12] Butow B J, Ma W, Gale K R, Cornish G B, Rampling L, Larroque O, Morell M K, Bekes F. Molecular discrimination of Bx7 alleles demonstrates that a highly expressed high molecular weight glutenin allele has a major impact on wheat flour dough strength. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1524–1532
- [13] Ahmad M. Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 892–896
- [14] De Bustos A, Rubio P, Jouve N. Molecular characterisation of the inactive allele of the gene *Glu-A1* and the development of a set of AS-PCR markers for HMW glutenins of wheat. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 1085–1094
- [15] Ma W, Zhang W, Gale K R. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. *Euphytica*, 2003, 134: 51–60
- [16] Moczulski M, Salmanowicz B P. Multiplex PCR identification of wheat HMW glutenin subunit genes by allele-specific markers. *J Appl Genet*, 2003, 44: 459–471
- [17] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1*, and *Glu-D1* which code for the high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Res Comm*, 1983, 11: 29–35
- [18] Thompson R D, Bartels D, Harberd N P, Flavell R B. Characterisation of the multigene family coding for HMW glutenin subunits in wheat using cDNA clones. *Theor Appl Genet*, 1983, 67: 87–96
- [19] Lafandra, Tucci G F, Pavoni A, Turchetta T, Margiotta B. PCR analysis of x- and y-type genes present at the complex *Glu-A1* locus in durum and bread wheat. *Theor Appl Genet*, 1997, 94: 235–240
- [20] Ragupathy R, Naeem H A, Reimer E, Lukow O M, Sapirstein H D, Cloutier S. Evolutionary origin of the segmental duplication encompassing the wheat *Glu-B1* encoding the overexpressed Bx7 ($Bx7^{OE}$) high molecular weight glutenin subunit. *Theor Appl Genet*, 2007, 116: 283–296
- [21] Ren Y(任妍), Liang D(梁丹), Zhang P-P(张平平), He Z-H(何中虎), Chen J(陈静), Fu T-H(付体华), Xia X-C(夏先春). Characterization of the overexpressed Bx7 ($Bx7^{OE}$) gene in Chinese and CIMMYT wheats by STS markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(3): 403–411 (in Chinese with English abstract)
- [22] Yan B-J(晏本菊), Ren Z-L(任正隆). Limiting factors of wheat quality improvement in southwest China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(10): 1414–1421 (in Chinese with English abstract)
- [23] Chen Y(陈烨), Gao L-Y(高丽艳), Chen J(陈静). Mass spectrometry analysis of high-molecular-weight glutenin subunits at *Glu-B1* and *Glu-D1* loci for wheat in Sichuan region. *J Sichuan Univ* (四川大学学报), 2008, 45(suppl): 399–403 (in Chinese with English abstract)

欢迎订阅 2010 年《杂交水稻》

《杂交水稻》是由国家杂交水稻工程技术研究中心和湖南杂交水稻研究中心主办的、对国内外公开发行的专业技术刊物, 曾获第二届国家期刊奖提名奖, 为全国中文核心期刊、中国科学引文数据库(CSCD)核心库来源期刊、“中国核心期刊(遴选)数据库”收录期刊、中国科技论文统计源期刊、中国学术期刊综合评价数据库来源期刊、“中国期刊网”和《中国学术期刊(光盘版)》全文收录期刊、万方数据资源系统数字化期刊群全文收录期刊、湖南省一级期刊、湖南省优秀科技期刊、湖南省十佳科技期刊、全国优秀科技期刊、中国期刊方阵双效期刊。

主要宣传报道我国及国外杂交水稻研究、应用中的最新成果、进展、动态、技术经验和信息等。辟有专题与综述、选育选配、栽培技术、繁殖制种、新组合、基础理论、国外动态和简讯等栏目。

《杂交水稻》为双月刊, 逢单月出版, 大 16 开本, 96 页/期, 每册定价 8.0 元, 年价 48 元。订阅办法:(1)可到当地邮局订阅, 邮发代号: 42-297。(2)直接向本刊杂志社订阅, 需另加挂号费每个订户全年 18 元。请将款邮至湖南省长沙市马坡岭远大二路 736 号《杂交水稻》杂志社或信汇长沙市农行马坡岭支行, 账户为湖南省农业科学院, 账号 035801040000341(务请注明为《杂交水稻》2010 年杂志款), 邮编 410125。

电话: 0731-82872955, 82872954; E-mail: jhybrice@2118.cn; http://zjsd.chinajournal.net.cn

欢迎订阅, 并欢迎投稿、刊登广告。