DOI: 10.3724/SP.J.1006.2014.01711

水稻类树状突变体 *s2-21* 的遗传分析与精细定位

王海凤¹ 高洁¹ 孙伟¹ 张士永¹ 赵庆雷¹ 尹亮¹ 赵金凤²
李学勇^{2,*} 袁守江^{1,*}

¹ 山东省水稻研究所, 山东济南 250100; ² 中国农业科学院作物科学研究所 / 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081

摘要: 叶序和出叶间隔期是叶片生长发育的基本生物学特性和水稻的重要农艺性状之一。对叶序或出叶间隔期突变体的研究, 可以帮助我们了解叶片的形成机制。本研究通过甲基磺酸乙酯(EMS)诱变粳稻品种日本晴, 获得一个稳定遗传的类树状突变体 *s2-21*。该突变体出叶间隔期变短、节间缩短、植株矮化、分蘖数减少、叶片数增加、不能正常进行生殖生长。将该突变体与籼稻品种 Dular 杂交, 遗传分析表明该突变体性状受 1 对隐性基因控制。通过 InDel 分子标记对 *s2-21*/Dular F₂ 群体进行遗传定位, 将该基因初步定位在第 1 染色体 InDel 标记 C1-15 和 S1-17 之间。利用本实验已测序的籼稻品种 Dular 全基因组序列与 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 上提供的粳稻品种日本晴基因组序列比对, 开发了 6 个新的 InDel 标记, 最终将该基因定位在 W25 和 W26 之间约 88 kb 的区间内。测序结果表明该突变体中 *PLA2* 基因的第 4 个内含子的第 5 位碱基由 G 突变为 A。

关键词: 水稻; 类树状突变体; 出叶间隔期; 基因定位; *PLA2*

Genetic Analysis and Gene Fine Mapping of Rice Leafy Head Mutant *s2-21*

WANG Hai-Feng¹, GAO Jie¹, SUN Wei¹, ZHANG Shi-Yong¹, ZHAO Qing-Lei¹, YIN Liang¹, ZHAO Jin-Feng², LI Xue-Yong^{2,*}, and YUAN Shou-Jiang^{1,*}

¹ Shandong Rice Research Institute, Jinan 250100, China; ² National Key Facility for Crop Gene Resource and Geneic Improvement, Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

Abstract: Phyllotaxy and plastochron are basic aspects of leaf development and the important agronomic traits of rice. The study of phyllotaxy or plastochron mutant will help us to understand the mechanism of leaf formation. In this study, a leafy head mutant *s2-21* was isolated from an EMS (ethyl methane sulfonate) mutagenized *japonica* cultivar Nipponbare. It was characterized by shorter intervals between leaves, shortened internodes, dwarf plants, decreased tiller number, and increased leaf number. It was also unable to transit from vegetative to reproductive growth. Genetic analysis with a F₂ population of the mutant and an *indica* cultivar Dular showed that this trait is controlled by a single recessive nucleus gene, which was primarily mapped between two insertion-deletion (InDel) markers C1-15 and S1-17 on chromosome 1. For the fine mapping, new InDel markers were designed by utilizing information of genomic sequences from Nipponbare (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) and Dular (our unpublished data), and eventually the gene was localized within the region of 88 kb between W25 and W26. Sequence analysis indicated the mutant was caused by mutation of the fifth base from G to A in the fourth intron of the *PLA2* gene.

Keywords: Rice; Leafy head mutant; Plastochron; Gene mapping; *PLA2*

叶片是植物光合作用的主要器官, 也是植物株型的重要组成部分。叶片的发育起始于茎顶端分生组织周边区的起始细胞, 这些细胞的不断分化形成叶原基, 之后发育成完整的叶片^[1]。这是一个复杂的

生物学过程, 除内在遗传因素占主导作用外, 外界环境条件也会影响叶片的发育^[2]。近年来, 随着分子生物学和突变体研究技术的发展, 借助 5 种模式植物即双子叶植物拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)、烟草

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2013CBA01401)和国家转基因生物新品种培育重大专项(2013ZX08009003)资助。

* 通讯作者(Corresponding authors): 李学勇, E-mail: lixueyong@caas.cn, Tel: 010-82107409; 袁守江, E-mail: ysj868@sina.com, Tel: 15615973691

第一作者联系方式: E-mail: 13256706321@163.com, Tel: 13256706321

Received(收稿日期): 2014-03-14; Accepted(接受日期): 2014-07-06; Published online(网络出版日期): 2014-07-25.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20140725.1049.006.html>

(*Nicotiana tabacum*)、金鱼草(*Antirrhinum majus*)、番茄(*Lycopersicon esculentum*)和单子叶植物玉米(*Zea mays*)，植物叶片发育的相关分子机制和调控网络研究已取得重大进展，发现了多种与叶片发育相关的基因、miRNA 和植物激素^[3-4]。

叶序和出叶间隔期是叶片生长发育的基本方面和物种特性。通过对叶序或出叶间隔期突变体的研究，可以帮助我们了解叶片的形成机制。水稻的叶序和出叶间隔期也是其农艺性状的重要方面。目前已经从不同植物中克隆了控制出叶间隔期的几个基因，如水稻 *PLASTOCHRON1 (PLA1)*^[5]、*PLASTOCHRON2 (PLA2)/LEAFY HEAD2 (LHD2)*^[6-7]和 *PLASTOCHRON3 (PLA3)/GOLIATH (GO)*^[8]，玉米 *terminal ear1 (te1)*^[9] 以及拟南芥 *ALTERED MERISTEM PROGRAM1 (AMP1)*、*PHYTOCHROME B (PHYB)*和 *SERRATE (SE)*^[10-12]。功能丧失突变体 *pla1*、*pla2/lhd2*、*pla3*、*te1* 和 *amp1* 均表现出出叶间隔期缩短的现象，而 *phyB* 和 *se* 的出叶间隔期却长于野生型。*pla1* 的出叶时间间隔较野生型缩短了一半，株高和叶片大小也减小到野生型的一半，但进入生殖生长的时间并未发生明显变化^[5]。*pla2/lhd2* 表现为出叶间隔变短，植株矮化，分蘖数减少且不能正常进行营养生长向生殖生长的转变^[6-7]。*pla3* 出叶间隔缩短，不能正常进行营养生长向生殖生长的转变，种胚增大、种子萌发后顶端分生组织缺陷和叶形态异常。

我们在日本晴的 EMS (ethylmethane sulfonate) 诱变群体中发现了一个水稻类树状突变体，该突变体在幼苗期出叶速度快，叶片变窄、变短，叶片与叶鞘的角度比野生型大，植株矮化、分蘖数减少、不能正常进行生殖生长。遗传分析和基因定位结果表明，F₂ 群体中正常株和突变株符合 3 : 1 的分离比例，说明该性状受 1 对隐性基因控制。将此基因精细定位于 88 kb 的物理距离范围内，这个区间包含 11 个基因，在水稻中已报道的与本突变体相关的基因为 *LHD2/PLA2*。因此，参考 *PLA2* 的基因设计引物对本突变体进行基因测序。测序结果表明，该突变体为 *PLA2* 第 4 内含子的第 5 位碱基由 G 突变成 A 的单碱基突变，为 *pla2/lhd2* 的等位突变体。

1 材料与方法

1.1 试验材料

通过甲基磺酸乙酯(EMS)诱变粳稻品种日本晴

获得一个稳定遗传的类树状突变体 *s2-21*，该突变表现为出叶间隔变短、矮化、分蘖数减少、不能正常进行生殖生长。

1.2 F₂ 分离群体的构建与遗传分析

以突变体 *s2-21* 的杂合个体作为母本，与 Dular 杂交获得 *s2-21/Dular* 的 F₁ 代。2010 年在海南三亚单株种植 F₁，分单株收获 F₂ 代种子。2011 年在山东水稻研究所济宁试验场单株种植 F₂。从 *s2-21/Dular* 的 F₂ 分离群体中选取突变体植株用于初步定位和精细定位，同时统计 F₂ 群体中的正常和突变个体的株数用于遗传学分析。

1.3 DNA 提取和基因初步定位

从 *s2-21* 突变体及父母亲本每株取嫩叶 0.1 g，采用 CTAB (十六烷基三甲基溴化铵)法^[13]提取总 DNA，用于 PCR 分析。

以 BSA 法^[14](bulk segregant analysis)构建 F₂ 代正常个体和突变个体的混池(20株 DNA 等量混合)，利用 InDel 标记对分离群体的 2 个亲本进行多态性分析，并进一步利用多态性标记分析 2 个混池间的多态性，找出可能与突变体基因连锁的标记，然后用这些连锁标记分析 F₂ 群体中各突变单株。

所用的标记为本实验室根据籼、粳稻之间插入或缺失差异设计的，共 170 个。参照 Panaud 等^[15]的 PCR 体系，反应产物在 220 V 电压下以 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳 1 h，再经硝酸银染色后照相分析。

1.4 发展新标记与精细定位

根据初步定位结果，利用本实验室已测序的籼稻品种 Dular 全基因组序列(待发表)与 NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)上提供的粳稻品种日本晴基因组序列比对，选取在初步定位区间内插入或缺失 10~30 bp 的多态性区域，设计扩增产物为 200 bp 左右的 InDel 标记，合成的引物先对两亲本进行多态性筛选。用扩增良好并表现多态性的引物分别对定位群体中正常植株和突变植株进行分析，用于精细定位。

1.5 连锁分析

根据电泳结果，含母本日本晴带型的单株标记为 0，含父本 Dular 带型的单株标记为 2，含父母本带型的标记为 1。利用 MapMaker3.0 作图构建目标区域的分子标记连锁图并计算遗传距离。

1.6 基因测序

根据突变基因精细定位的区段结果，通过 Rice Genome Annotation Project (水稻基因组注释系统)网

站(<http://rice.plantbiology.msu.edu/>)进行预测，查看此区段内的开放阅读框，初步了解每个基因的功能，并对候选基因进行测序。

2 结果与分析

2.1 突变体的表型分析

与野生型日本晴相比，突变体 *s2-21* 出叶速度快，总叶片数增多，叶面积减小，节间缩短，分蘖数减少，植株变矮，而且不能正常进行生殖生长(图 1)。

从图 2 可以看出，*s2-21* 苗期的出叶速度是野生型的 2 倍，且在野生型的抽穗期时，突变体 *s2-21* 总叶片数是野生型的 2 倍。

2.2 遗传分析

突变体 *s2-21* 与 Dular 杂交，F₁ 个体表现正常，F₂ 群体中正常表型和突变体表型的个体分别为 354 株和 103 株，其分离比符合 3 : 1 ($\chi^2=1.414 < \chi^2_{0.05}=3.84$, $0.05 < P < 0.10$)，表明该突变体的性状受 1 对隐性基因控制。

图 1 野生型日本晴和突变体 *s2-21* 的表型

Fig. 1 Phenotypes of wild type Nipponbare and *s2-21*

A: 14 d 秧龄植株表型; B、C: 抽穗期表型; D: 抽穗期节间表型; 左侧为日本晴，右侧为 *s2-21* 突变体; E: 抽穗期突变体 *s2-21* 表型。

A 标尺为 1 cm; B、C、D 标尺为 5 cm; E 标尺为 2 cm。

A: phenotype of the 14 d old seedling; B and C: phenotype at the heading stage; D: stems of plants at the heading stage. Left: Nipponbare; Right: *s2-21* mutant. E: phenotype of the *s2-21* mutant at the heading stage. Bar = 1 cm (in A); bar = 5 cm (in B, C, D); bar = 2 cm (in E).

图 2 野生型和 *s2-21* 农艺性状比较

Fig. 2 Agronomic traits of wild type and *s2-21*

A: 苗期叶片生长动态; B: 成熟期主茎叶片数和植株分蘖数; C: 苗期和抽穗期株高。B 和 C 中数值为平均值±标准误差, $n = 10$ 。

A: comparison of leaf development between the wild-type and the *s2-21* mutant at the seedling stage. B: the number of main stem leaves and the number of tillers at the maturation stage. C: plant height at the seedling stage and the heading stage (value: mean ± SE, $n = 10$).

2.3 基因的初步定位

利用水稻 12 条染色体上的 170 个 InDel 标记和已建成的突变体混池进行连锁筛选表明, 该突变体基因与第一染色体上的 C1-15 和 S1-17 连锁。进一步利用这 2 个标记对 45 个 F₂ 突变体单株初步验证发现, 与这 2 个标记的遗传距离分别为 26.0 cM 和 1.9 cM, 突变基因被初步定位在水稻第 1 染色体上的 C1-15 和 S1-17 之间(图 3)。

2.4 *s2-21* 突变基因的精细定位和候选基因测序

为进一步精细定位突变基因, 将 F₂ 群体扩大到 737 株突变个体, 使用两侧的标记 C1-15 和 S1-17-1

进行初筛, 分别有 206 个和 29 个交换单株。根据粳稻品种日本晴和籼稻品种 Dular 基因组序列之间的差异, 又发展了 29 个标记, 其中有 6 个在两亲本间具有多态性, 即 w5、w10、w23、w24、w25 和 w26 (表 1), 在这 6 个标记处的交换单株个数分别为 151、88、21、4、1 和 1, 最终将 *s2-21* 突变体基因定位在 W25 和 W26 之间, 这 2 个标记分别在 BAC 克隆 AP006531 和 AP003416 上, 物理距离约为 88 kb (图 3)。利用 Rice Genome Annotation (水稻基因组注释系统)网站(<http://rice.plantbiology.msu.edu/>)预测此区域有 11 个基因, 其中编号为 LOC_Os01g68000 的基

图 3 *s2-21* 在水稻第 1 染色体上的精细定位
Fig. 3 Fine mapping of *s2-21* on chromosome 1

A: 基因的初步定位; B: 基因的精细定位(数值表示发生的交换单株个数); C: 定位区间的预测基因和突变基因; D: *PLA2* 基因结构, 该基因包含 6 个外显子和 5 个内含子, 箭头指示突变体的突变位点。

A: primary mapping of *s2-21* mutant; B: fine mapping of mutant allele region (the numbers of recombination events were shown); C: the candidate region of the *s2-21* gene and the predicted OFRs in this interval; D: struture of the *s2-21* gene. It consists of six exons (filled rectangles) and five introns (black line). Arrows indicate the mutation site in the *s2-21* mutant.

表 1 用于基因定位的分子标记
Table 1 Molecular markers used for gene mapping

标记名称 Marker	正向引物 Forward primer (5'–3')	反向引物 Reverse primer (5'–3')	退火温度 Annealing temperature (°C)	所在 BAC BAC clone
C1-15	CAACCCCTCCAAATACCTGA	ACCGTGTTTCATGCCTTTCAC	58.0	AP003230
W5	AAGTGTGAGCCATCGATGTG	CCCGTTACCGCTTATGTAGA	58.0	AP003442
W10	GAACCTCCTGCAAAAATCGC	CTCCCCCATTCAAAAACAC	58.0	AP003286
W23	ATCCAGGTGGAGCTCCAAAT	GCAACATGTTAGCAGAGTGC	58.0	AP006757
W24	GGAAACGGTAGACAAAAGCG	AAAACTCGCTACTCCCTCCT	58.0	AP006531
W25	ACCACAATCGGTGTGCTTTG	GATCTACGACAGCAGTCAGA	58.0	AP006531
W26	TAGACAAGTCTGGGATGTCC	CTAAACGTACGGAGGGAGTA	57.0	AP003416
S1-17-1	GCAGGCAGCTCTCCTCTCTA	CACTGGGAACACACCAAATG	58.0	AP003451

因突变后产生的表型与 *s2-21* 相似, 并被命名为 *LHD2/PLA2*^[6-7]。因此, 参考 *PLA2* 基因设计引物对本突变体进行基因测序表明, 突变体 *s2-21* 中的 *PLA2* 基因第 4 内含子的第 5 位碱基由 G 突变成 A。

3 讨论

用自然突变、理化诱变、T-DNA 插入诱变及转座子插入诱变等方法已创制了 10 多万份水稻突变体, 极大地富了水稻功能基因组学的研究对象^[16]。本研究通过 EMS 诱变处理粳稻品种日本晴获得了 1 个稳定遗传的类树状突变体 *s2-21*, 并对其进行了遗传分析和精细定位。该突变体与野生型日本晴相比, 出叶速度变快, 总叶片数增多, 叶面积减小, 节间缩短, 分蘖数减少, 植株变矮, 而且不能正常进行生殖生长。

叶片发育包括叶形、叶面积和叶序, 是影响植物株型的决定性因素。因此水稻叶片的起始发育模式对其株型尤为重要。叶片的发育模式取决于 2 个相邻叶原基形成的间隔期和叶序, 所以这两个方面异常的突变体不仅有助于研究叶片形成的机理, 而且可以丰富株型改良的手段, 进而提高水稻产量。Kauzumar 等^[5]和 Taiji 等^[6]分别从水稻突变体中发现 *PLA1* 和 *PLA2* 是调控水稻叶序发育的重要因素, 这 2 个基因均能缩短第 1 个与第 2 个叶原基形成之间的间隔期。熊国胜等^[7]从云稻 32 和 TN1 的杂交后代中筛选出自然突变体 *lhd2-1* 和 *lhd2-3*, 并且用 EMS 诱变的方法从日本晴中筛选出了突变体 *lhd2-2*, 并将 *LHD2* 定位于第 1 染色体长臂。与野生型比较, 这些突变体在苗期就表现出更快的出叶速率, 叶面积和植株生长量也减小。

水稻生育期决定品种的地区和季节适应性, 这一直都是水稻育种研究的目标之一。水稻生育期分为营养生长和生殖生长 2 个时期, 不同水稻品种之间营养生长期的时间相差很大。所以水稻品种生育期的不同主要是营养生长期变化所致。目前已鉴定了一些控制水稻生育期的基因。经典遗传研究表明, 营养生长期主要由 2 个或 3 个 *Ef* 基因控制, 感光性由 *Se1*、*Se2*、*Se3*、*Se4*、*Se5*、*Se6*、*Se7* 及 *E1*、*E2*、*E3* 等一系列的基因控制。*E1* 和 *Se1* 两个主效感光性基因是影响水稻抽穗期的主要因子, 其他一些基因已用形态标记及同工酶标记进行了定位。近 10 年来, 约 536 个水稻抽穗期 QTL 被定位, 其中 *Hd1*、*Hd6* 和 *Ehd1* 等多个数量性状基因已被克隆^[17]。*PLA1* 和 *PLA2/LHD2* 这两个控制叶片发育的基因均能延长水

稻的营养生长期, 导致水稻不能正常向生殖生长期转变^[5-7]。*lhd3* 突变体在短日照条件下, 在营养生长后期上部节间会继续长出叶片和高位分蘖而基部分蘖不受影响, 导致营养期延长, 抽穗期延迟; 但是最终不会影响抽穗结实。本文报道的突变体只进行营养生长而不能进行生殖生长。通过精细定位及测序发现该突变基因为 *PLA2* 的等位基因, 是 *PLA2* 基因的第 4 个内含子的第 5 位碱基由 G 突变为 A。在植物研究中, 由于内含子突变而导致表型变化的现象还未见报道。我们推测该内含子突变可能影响 mRNA 前体剪接的准确性或效率, 从而影响 *PLA2* 基因的准确表达。

4 结论

以 EMS 化学诱变粳稻品种日本晴, 获得了 1 个类树状突变体 *s2-21*, 其出叶间隔期变短、植株矮化、不能正常进行生殖生长。该性状由 1 对隐性基因控制, 被定位在第 1 染色体长臂上 88 kb 的区间内, 测序发现 *PLA2* 基因的第 4 个内含子的第 5 位碱基由 G 突变为 A。

References

- [1] Coen E, Meyerowitz E. The war of the whorls: genetic interactions controlling flower development. *Nature*, 1991, 353: 31–37
- [2] Tsukaya H. Leaf morphogenesis: genetic regulations for length, width and size of leaves. *Tanpakushitsu Kakusan Koso*, 2002, 47: 1576–1580
- [3] 严松, 严长杰, 顾铭洪. 植物叶发育的分子机理. 遗传, 2008, 30: 1127–1135
Yan S, Yan C J, Gu M H. Molecular mechanism of leaf development. *Hereditas* (Beijing), 2008, 30: 1127–1135 (in Chinese with English abstract)
- [4] Hake S. MicroRNAs: a role in plant development. *Curr Biol*, 2003, 13: R851–R852
- [5] Miyoshi K, Ahn B, Kawakatsu T, Ito Y, Itoh J, Nagato Y, Kurata N. *PLASTOCHRON1*, a timekeeper of leaf initiation in rice, encodes cytochrome P450. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2004, 101: 875–880
- [6] Taiji K, Jun-Ichi I, Kazumaru M, Nori K, Nena A, Bruce V, Yasuo N. *PLASTOCHRON2* regulates leaf initiation and maturation in rice. *Plant Cell*, 2006, 18: 612–625
- [7] Xiong G S, Hu X M, Jiao Y Q, Yu Y C, Chu C C, Li J Y, Qian Q, Wang Y H. *LEAFY HEAD2*, which encodes a putative RNA-binding protein, regulates shoot development of rice. *Cell Res*, 2006, 16: 267–276
- [8] Taiji K, Graziana T, Jun-Ichi I, Justin A, Yutaka S, Soon-Kwan H, Ryan Y, Nobuhiro N, Mikiko K, Makoto K, Hitoshi S, Hajime S, Yasuo N. *PLASTOCHRON3/GOLIATH* encodes a glutamate carboxypeptidase required for proper development in rice. *Plant J*, 2009, 58: 1028–1040

- [9] Veit B, Briggs S, Schmidt R, Yanofsky M, Hake S. Regulation of leaf initiation by the terminal ear1 gene of maize. *Nature*, 1998, 393: 166–168
- [10] Helliwell C, Chin-Atkins A, Wilson L, Chapple R, Dennis E, Chaudhury A. The *Arabidopsis* *AMP1* gene encodes a putative glutamate carboxypeptidase. *Plant Cell*, 2001, 13: 2115–2125
- [11] Reed J, Nagpal P, Poole D, Furuya M, Chory J. Mutations in the gene for the red/far-red light receptor phytochrome B alter cell elongation and physiological responses throughout *Arabidopsis* development. *Plant Cell*, 1993, 5: 1263–1279
- [12] Prigge M, Wagner D. The *Arabidopsis* *serrate* gene encodes a zinc-finger protein required for normal shoot development. *Plant Cell*, 2001, 13: 1263–1279
- [13] Murray M, Thompson W. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucl Acids Res*, 1980, 8: 4321–4326
- [14] Quarrie S, Lazić-Jančić V, Kovačević D, Steed A, Pekić S. Bulk segregant analysis with molecular markers and its use for improving drought resistance in maize. *J Exp Bot*, 1999, 50: 1299–1306
- [15] Pauaud O, Chen X, McCouch S. Frequency of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Genome*, 1995, 38: 1170–1176
- [16] 郭龙彪, 程式华, 钱前. 水稻基因设计育种的研究进展与展望. *中国水稻科学*, 2008, 22: 650–657
Guo L B, Cheng S H, Qian Q. Progress and prospects of breeding by gene design in rice. *Chin J Rice Sci*, 2008, 22: 650–657 (in Chinese with English abstract)
- [17] 沈波, 钱惠荣, 王建林, 郑康乐. 应用 RFLP 定位水稻的生育期基因. *作物学报*, 1994, 20: 1–7
Shen B, Qian H R, Wang J L, Zheng K L. Tagging genes for heading date in rice via linkage to RFLP markers. *Acta Agron Sin*, 1994, 20: 1–7 (in Chinese with English abstract)

欢迎订阅 2015 年《中国水稻科学》、《水稻科学(英文版)》

《中国水稻科学》(ISSN 1001-7216, CN 33-1146/S)为中国水稻研究所主办的全国性学术期刊, 主要报道以水稻为研究对象的未经发表的原始论文。所设栏目包括研究报告、研究简报、研究快报、研究简讯、实验技术、学术专论、文献综述等。读者对象为国内外从事水稻科研、教学、生产和管理的有关人员。同时, 还办有姊妹刊《Rice Science》(水稻科学, 英文版)(ISSN 1672-6308, CN 33-1317/S)。

《中国水稻科学》为中文核心期刊、中国科学引文索引数据库核心期刊, 中国科技核心期刊, 也是国内外近 30 种数据库和检索期刊的文献源。据中国科技信息研究所信息分析研究中心最新统计资料(2013 年), 《中国水稻科学》影响因子为 1.131, 总被引用频次 1818 次, 分别位居农艺学、园艺学类期刊的第 2 位和第 3 位。在全国和地方期刊评比中, 《中国水稻科学》多次获优秀期刊奖, 曾两度被评为全国优秀科技期刊, 荣获第三届国家期刊奖(百种重点期刊), 并入选中国期刊方阵双百期刊、中国精品科技期刊、百种中国杰出学术期刊和中国百强报刊。

《中国水稻科学》为双月刊, 大 16 开, 每期 112 页, 定价 20.00 元(全年 120.00 元), 邮发代号 32-94, 国外代号 Q6533。读者可在各地邮政局订阅, 也可向编辑部订阅。《水稻科学(英文版)》为双月刊, 大 16 开, 60 页, 每期定价 15.00 元(全年 90.00 元), 境外 15 美元(全年 90 美元), 自办发行, 请读者直接向编辑部订阅。

编辑部通讯地址: 浙江杭州体育场路 359 号中国水稻研究所内, 邮政编码 310006

电话: 0571-63370278; 0571-63371017, E-mail: cjrs@263.net; rs@ricescience.org