

20个茶花品种遗传关系的 ISSR 分析

倪穗^{1,2}, 李纪元¹, 王强³

(1 中国林业科学研究院亚热带林业研究所, 浙江 富阳 311400 2 宁波大学生命科学与生物工程学院, 浙江 宁波 315211; 3 浙江大学宁波理工学院, 浙江 宁波 315100)

摘要: 采用 ISSR 分子标记技术对茶花品种群中有代表性的 20 个国内外茶花品种进行了品种间遗传关系的分析。从 60 对随机扩增引物中筛选出了 21 对扩增带型清晰及重复性好的引物序列, 共扩增出 153 条带, 其中 146 条呈现多态性, 多态性条带比例为 95.4%; Ne_p 基因多样性指数介于 0.40~0.48, Shannon 信息指数在 0.57~0.67, 基因分化系数介于 0.5~0.7, 基因流值介于 0.2~0.5, 遗传相似系数介于 0.50~0.74, 平均为 0.63。参试的 20 个茶花栽培品种间遗传差异相对比较窄; 结合花型形态学特征与 UPGMA 聚类分析结果, 可将 20 个茶花品种分为 2 个大类群。此外, 结果显示: ISSR 分子标记适用于分析山茶品种间遗传多样性和亲缘关系。

关键词: 山茶; ISSR 分子标记; 种间遗传关系; 聚类分析

中图分类号: S794

文献标识码: A

Intra-specific Genetic Relationship among 20 Cultivars from *Camellia japonica* Based on ISSR Molecular Markers

NI Sui^{1,2}, LI Jiyan¹, WANG Qiang³

(1. Research Institute of Subtropical Forestry, CAF, Fuyang 311400 Zhejiang, China; 2. Faculty of Life Science and Biotechnology of Ningbo University, Ningbo 315211, Zhejiang, China; 3. Ningbo Institute of Technology, Zhejiang University, Ningbo 315100, Zhejiang, China)

Abstract *Camellia japonica* has various ecological, horticultural and economical uses. An approach was established using ISSR (Inter-simple sequence repeat) molecular markers to classify and analyze the intra-specific genetic relationship among twenty cultivars represented from *C. japonica*, collected in China and abroad. Twenty-two couples of primer sequences which could amplify clearly and reproducibly electrophoresis bands were screened from sixty couples of primers. Using these primers, 153 discernible DNA fragments were generated with 146 (95.4%) being polymorphic, indicating pronounced genetic variation at the cultivars level; the band in fingerprinting were converted into /00 or /10, where /10 and /00 indicated the presence and absence of a band, respectively. Ne_p diversity indices (H) ranged from 0.40 to 0.48 and Shannon's information index (I) ranged from 0.57 to 0.67. The gene differentiation coefficients ranged from 0.5 to 0.7 and Nm ranged from 0.2 to 0.5. The genetic similarity coefficients (H_s) among the tested cultivars ranged from 0.50 to 0.74, averaging 0.63. The results showed that the genetic differences among the twenty cultivars were relatively little. Combining the results of flower morphology and UPGMA cluster analysis, we could divide the twenty cultivars into two big groups. There were four cultivars in group 1, which all grows in Zhejiang Province and has red flowers. There were sixteen cultivars in group 0, intra-specific genetic relationship complexity. In addition, the results also showed that ISSR molecular marker was suitable

收稿日期: 2008209211

基金项目: 浙江省教育厅科研项目 (20070975); 浙江省科技厅重点项目 (2008C14066); 林业公益性行业科研专项 (200704028); 国家林业局/9480引进项目 (200724204); 宁波市科技攻关重大项目 (2008C10029)

作者简介: 倪穗 (1965), 女, 浙江宁波人, 教授, 博士, 主要研究方向观赏植物学。E-mail: nbnisu@126.com

to analyze the intra-specific genetic diversities and genetic relationships of *C. japonica*.

Key words *Camellia japonica*; ISSR molecular marker; intra-specific genetic relationships; cluster analysis

茶花 (*Camellia japonica* L.) 为山茶科 (Theaceae) 山茶属 (*Camellia*) 常绿灌木或小乔木的统称, 是我国十大名花之一^[1]。茶花植株叶片浓绿, 厚实而有光泽; 花为红、白、粉红等多种颜色, 花型繁多, 单瓣或重瓣, 重瓣中又有菊花型、松球型、芙蓉型、蔷薇型等类型, 具有很高的视觉观赏和景观生态价值, 在盆栽和园林绿化中广泛应用, 国内茶花年产值已超过 3.0 亿元^[2]。在我国 1000 多年的栽培和应用历史过程中, 培育了近千个色彩丰富、姿态各异的栽培品种。目前, 在园林上应用较多的茶花主要有茶花品种群、云南山茶 (*Camellia reticulata* Lindl.) 及其杂种品种群、茶梅 (*Camellia sasanqua* Thunb.) 品种群等^[3]。

在长期的栽培实践中, 经过人工选择和自然杂交导致茶花产生了多种性状变异, 形成了大量具有市场价值的品种, 但在产业发展过程中, 由于品种混杂、谱系不明、亲缘关系不清等原因, 给名优茶花品种种苗真伪鉴别和杂交育种亲本选配带来很大困难, 导致目前育成品种遗传背景趋于一致, 品种间遗传差异小, 育种效率低, 品种创新不足, 从而严重制约了这一产业的进一步发展^[4]。茶花的主要观赏性状大多为数量性状, 而数量性状又很难摆脱环境改变的影响, 使得仅依据形态学水平上的差异来研究品种遗传变异受到很大局限, 迫切需要应用新的技术手段来查明目前已有品种间的遗传背景与遗传差异。

认识到生物个体之间 DNA 序列差异并以此作为标记的分子技术研究始于 1980 年, 之后随着分子生物学的发展, DNA 分子标记技术也得到迅速发展, 目前应用于植物种内遗传多样性研究的 DNA 分子标记主要有 RAPD、AFLP、SSR 和 ISSR 标记等几种^[5], 其中 ISSR 标记与其它分子标记相比, 具有最高的多态性信息量^[6-7], 已在多种植物的遗传作图^[8-9]、种质鉴定^[10-12]、基因定位^[13]、遗传多样性^[14-15]分析等研究方面得到了应用。在茶花分子标记研究方面, Xiao 等^[16]利用 RAPD 标记对山茶属部分物种进行了分子分析, 邓白罗等^[17]用 RAPD 标记对山茶属红山茶组植物进行了分类研究, 申屠文月等^[18]也利用 RAPD 标记对 3 个山茶花变异品种进行了形态鉴定, 宾晓芸等^[19]利用 ISSR 标记分析

了金花茶 (*C. nitidissima* Chi) 遗传多样性, 而利用 ISSR 标记分析茶花品种间的遗传差异和亲缘关系的研究尚未见报道。本文采用 ISSR 分子标记的方法, 分析了目前广泛应用的 20 个茶花品种的遗传多样性以及它们之间的亲缘关系, 以期茶花品种分子鉴别及育种工作提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

项目研究小组收集到的供试茶花种质资源材料的品种、主要地理分布、品种起源、花色、花型数据见表 1。实验中选取茶花叶片作为 DNA 提取材料。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取及测定 采用 CTAB 法提取基因组总 DNA^[20]。通过 1% 琼脂糖凝胶电泳和 SHIMADZU (岛津) UV2550 紫外分光光度计检测 DNA 浓度和纯度。DNA 浓度均调至 50~100 μg/μL, 于 -20℃ 冰箱内保存备用。

1.2.2 ISSR 引物设计 根据预实验结果从上海生物工程技术服务有限公司合成的 60 条 (编号 R101~R160) ISSR 引物中筛选出 21 条扩增带型清晰重复性好的引物序列作进一步研究, 21 条引物序列见表 2。

1.2.3 ISSR 反应条件 实验采用的 ISSR 扩增反应条件为: 模板 DNA 10 ng/μL, 引物 10 μL, 150 μmol/L MgCl₂ 10 mL, 0.5 U dNTPs 10 μL 和 2 U/μL Taq DNA 聚合酶 10 μL, MgCl₂ 和 Buffer 均由北京鼎国生物技术有限公司提供。

扩增反应在 PTC200 型 PCR 仪 (MJ Research Inc, Waltham, MA, USA) 上进行。94℃, 预变性, 7 min, 1 个循环; 94℃, 变性, 1 min, 特定温度下退火 30 s (不同引物退火温度略有不同); 72℃, 延伸, 2 min, 39 个循环; 72℃, 延伸, 7 min, 终止反应, 4℃ 保存。

整个程序需要时间与引物的退火温度相关, 退火温度高的则所需要的时间相对短。

ISSR-PCR 产物在 6% 聚丙烯酰胺凝胶上电泳 90 min, 电泳设定为 120 V。银染显色, BioRad 凝胶成像仪拍照记录。引物 IR59 产生的 ISSR 茶花品种间指纹图谱见图 1。

表 1 参试茶花品种

序号	品种	地理分布	品种起源	花色	花型
1	小红莲	华东	C. japonica L	红色	武瓣型
2	大红宝塔	浙江温州、杭州	C. japonica L	大红	半文瓣型
3	紫金冠	重庆万州	C. japonica L	紫红	武瓣型
4	赤丹	江苏、浙江	C. japonica L	深红色	全文瓣型
5	十八学士	江苏、浙江	C. japonica L	红色	全文瓣型
6	革命旗	四川	C. japonica L	红紫	全文瓣型
7	洒金光	华东	C. japonica L	白底洒淡紫红条纹或斑块斑点	单瓣型
8	花鹤翎	浙江温州	C. japonica L	深桃红色上洒白色斑块	全文瓣型
9	粉红美人茶	江苏	C. japonica L	粉红色	单瓣型
10	鱼尾椿	华东	C. japonica L	白色	单瓣型
11	红露珍	福建	C. japonica L	红色	托桂型
12	十景牡丹	江苏连云港	C. japonica L	白色间大红条纹或半红半白	全文瓣型
13	金奖牡丹	浙江	C. japonica L	大红色	半文瓣型
14	玉美人	四川	C. japonica L	白色	全文瓣型
15	白衣皇后	美国	C. japonica L	白底花瓣边缘有深粉红色花边	半重瓣型
16	朱砂红	华东	C. japonica L	红色	托桂型
17	金盘荔枝	浙江、四川	C. japonica L	大红色	托桂型
18	雪塔	江苏、浙江	C. japonica L	白色	全文瓣型
19	紫鹤翎	浙江金华	C. japonica L	紫红	全文瓣型
20	福建花槟榔	福建	C. japonica L	红色洒白色斑块	全文瓣型

表 2 ISSR 引物表

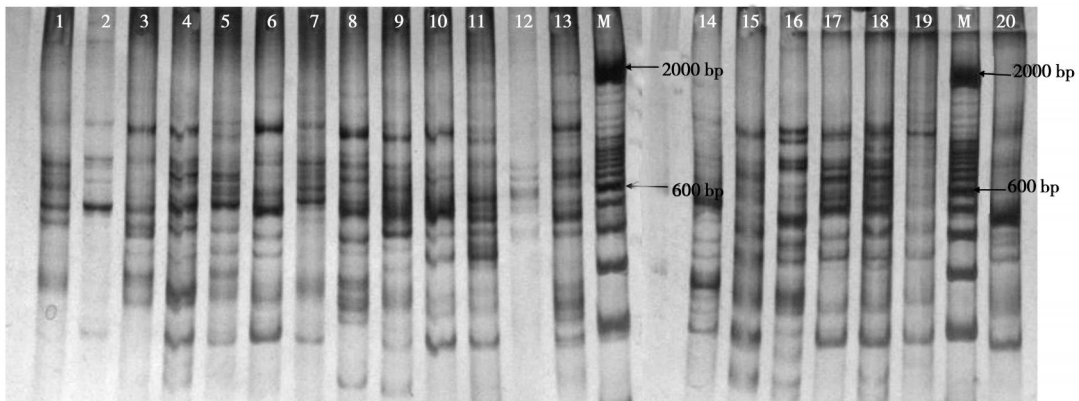
引物名称	序列	引物名称	序列
R6	(AG) ₈ C	IR36	G(AC) ₈
R7	(GA) ₈ T	IR40	(GT) ₈ C
R12	(CT) ₈ G	IR41	(GT)T
R16	(AC) ₈ T	IR43	(GA) ₈ CT
R17	(AC) ₈ G	IR44	(AC) ₈ TG
R18	(AC) ₈ C	IR46	(GT) ₈ GG
R22	(CTC) ₆	IR51	(CAG) ₈ T
R23	(GAA) ₆	IR53	(CAA) ₈ G
R27	(CAA) ₆	IR59	(GGAGA) ₃
R29	(GACA) ₄	IR10	(CT) ₈ T
R21	(CA) ₈ A		

1.3 谱带分析

不同茶花品种 DNA 样品用 21 种筛选引物分别

进行 ISSR 分析, 采用人工读带的方法观察不同样品在扩增带上的差异情况。对同一引物某样本电泳图谱上不同 Rf 位置区出现条带记为 / 10, 无带记为 / 00, 强带和弱带, 均记为 / 10, 建立原始矩阵。

采用 POPGEN32 软件分析数据, 分别获得茶花品种间的 Ne_{ps} 基因多样性指数 (H)、遗传相似系数 (Hs)、Shannon 信息指数 (I)、多态性位点数、多态性位点率 (PPL)、基因分化系数 (Gst) 和基因流值 (Nm)。利用 POPGEN32 软件分析获得遗传相似系数矩阵, 采用 Phylip3.66 进化树分析软件, 配合 Nj 2.0 软件, 按类平均法 (Unweighted pair group method using arithmetic averages, UPGMA) 进行聚类分析, 绘制品种间亲缘关系树状图。



1~ 20 分别为表 1 中相应编号的茶花品种
图 1 引物 R59 扩增的 20 个茶花品种 ISSR 指纹图谱

2 结果与分析

2.1 茶花品种 DNA 扩增结果

所选用的 60 个引物中有 21 条产生了清晰有效、重复性好的条带。利用 21 个 ISSR 引物对 20 个茶花品种样本进行 PCR 扩增, 分别得到不同引物的扩增结果图, 如图 1 为引物 R59 扩增的 ISSR 图谱。

针对扩增谱带的分析结果表明: ISSR 引物扩增后电泳产物谱带非常清晰, 适合进行遗传分析。ISSR 扩增谱带数随引物不同而有所差异, 不同引物在全部茶花材料样本中产生不同分子量的扩增带 2~12 条不等, 平均每条引物可扩增 7.2 条, 扩增产物大小介于 150~1 500 bp 之间。21 个引物共扩增出 153 条带, 其中多态性最为丰富的引物为 R21 和 R22, 分别扩增出 11 条多态性条带。R46 仅扩增出 2 条带。在 21 个引物中有 13 个可以扩增所有品种, 而一些引物不能扩增部分品种, 如 R6 号引物不能扩增革命旗、满金光、小红莲、紫金冠、花鹤翎 5 份材料样本。多数引物在所有供试材料样本中没有获得共同谱带, 只有 R29 号引物产生 2 条共同谱带, R40、R43、R44、R51、R59 分别产生 1 条共同谱带。引物 R29 和 R51 的多态性最低, 为 83.3%; 有 15 个引物达到 100%。在所有 153 条谱带中, 只有 7 条是共有的, 146 条是多态的, 多态性程度达 95.4%。21 个引物扩增产物多态性水平情况见表 3。

表 3 ISSR 反应中 21 个引物扩增出的条带数

引物编号	扩增的谱带数/条	多态性谱带数/多样性 %
R6	6	6/100
R7	5	5/100
R10	10	10/100
R12	7	7/100
R16	4	4/100
R17	6	6/100
R18	9	9/100
R21	11	11/100
R22	11	11/100
R23	4	4/100
R27	7	7/100
R29	12	10/83.3
R36	8	8/100
R40	10	9/90
R41	5	5/100
R43	7	6/85.7
R44	8	7/87.5
R46	2	2/100
R51	6	5/83.3
R53	5	5/100
R59	10	9/88.9
合计	153	146/95.4

2.2 品种间遗传多样性水平分析

用 POPGEN32 软件进行品种间多样性分析, 结果显示: 20 个茶花品种间的遗传多样性有所差异, 多态性位点比率变化范围为 22%~43%, Nei's 基因多样性指数 (H) 介于 0.40~0.48, Shannon 信息指数 (I) 在 0.57~0.67, 基因分化系数 (Gst) 介于 0.5~0.7, 基因流值 (Nm) 介于 0.2~0.5。

供试品种间的遗传相似系数 (Hs) 介于 0.50~0.74 平均为 0.63 (表 4)。白衣皇后和金盘荔枝 2 个品种之间的遗传相似系数最大 (0.7394), 显示它们具有较近的遗传距离。小红莲和紫鹤翎之间的遗传相似系数最小 (0.5195), 它们彼此存在较大的遗传差异。

2.3 品种间聚类分析结果

按 UPGMA 聚类法进行品种间遗传距离矩阵分析, 形成 20 个供试茶花品种的亲缘关系树状图 (图 2)。从图 2 可以看出: 20 个品种可划分为 2 大类群。酒金光、十八学士、金奖牡丹和大红宝塔 4 个品种聚成类群 N, 其余 16 个品种聚成 1 个大类群 O。大类群 O 下又聚成 2 个较大的亚类群。亚类群 N 包括 5 个品种, 其中小红莲和紫金冠聚为小类 (1), 红露珍和粉红美人茶聚为小类 (2), 而朱砂红与它们的亲缘关系较远, 以独立个类形式存在, 为小类 (3)。

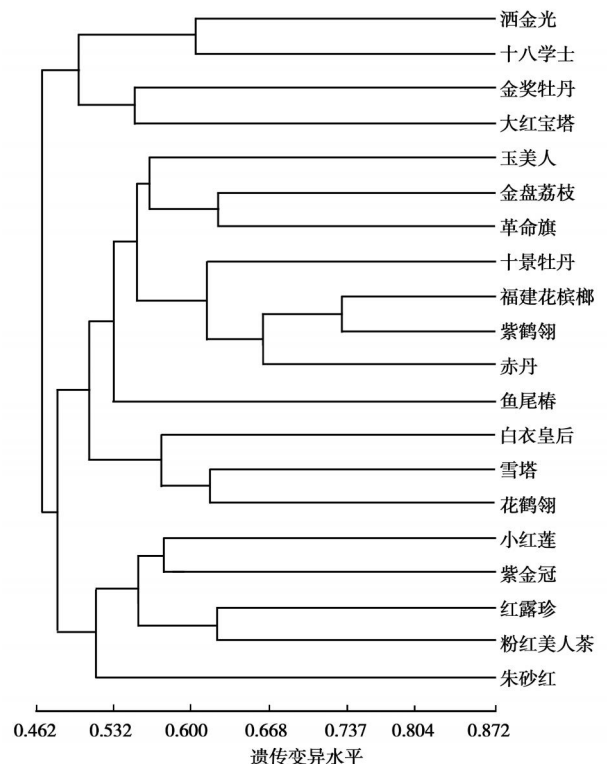


图 2 基于 ISSR 数据的构建 UPGMA 茶花品种分子系统树

亚群类 0 包括 11 个品种, 其中白衣皇后、雪塔和花鹤翎聚为小类 (4), 独立于其余 8 个品种; 这 8 个品种又以玉美人、金盘荔枝和革命旗聚为小类 (5), 十景牡丹、福建花槟榔、紫鹤翎、赤丹 4 个品种聚为小类 (6), 鱼尾椿则独立聚类为小类 (7)。

3 结论与讨论

3.1 ISSR 适用于茶花品种间遗传分析

ISSR 标记技术是以 SSR 为引物扩增微卫星之间的区域。SSR 或微卫星是 1~6 bp 的 DNA 串联重复, 具有不同的重复数。SSR 序列的进化率比大多数其它类型的 DNA 都高, 容易出现高度变异, 因此 ISSR 标记可检测出基因组多位点的差异性而表现出较高的多态性, 但 ISSR 作为一种显性标记 (部分共显性), 对一个位点扩增的 DNA 片段区别能力不强, 且不同物种 SSR 不同, 造成引物在筛选上具有相对的不随机性; 同时对于循环扩增退火温度的掌握要求严格, 这样分析群体或个体间的遗传差异不如共显性标记, 如 SSR 等。作者通过优化反应体系、筛选引物获得清晰及重复性好的谱带、较高的退火温度等方面进行了改进, 增加了扩增结果的重演性。实验结果表明: ISSR 标记在茶花品种上同样表现出较高的多态性, 且 ISSR 在茶花品种间的扩增位点多态性主要由品种间的差异引起, 可有效地反映品种间的亲缘关系状况, 可作为亲缘关系较近的茶花品种间的有效分析手段, 也适用于分析茶花品种间的遗传多样性。

3.2 参试茶花品种间的亲缘关系

茶花栽培历史悠久, 品种资源丰富, 群体内的变异较多。由于地缘相近, 存在着普遍的种质资源交流, ISSR 分析的结果也说明了这一点。根据 UPGMA 聚类分析的结果可看出, 第 Ⅱ 大类群的 4 个品种均分布于浙江, 花色基本上为红色, 花型为文瓣; 第 0 大类群中玉美人、金盘荔枝和革命旗主要分布于四川, 花型基本上为文瓣, 说明四川和浙江茶花种质资源在基因交流频繁的大背景下仍然保持因隔离所带来的基因差异; 而十景牡丹、福建花槟榔、紫鹤翎和赤丹 4 个品种都是江浙品种, 且花型均为文瓣, 江苏与浙江山茶品种因地理隔离程度较低, 品种间基因交流较为频繁, 因而茶花品种间的遗传差异较小; 白衣皇后、雪塔和花鹤翎花色基本上为白色聚为一小类, 独立于其余 8 个品种, 这表明白色基调整型品种容易聚类, 花色在品种分类中具有十分重要的意义;

鱼尾椿独立为一小类, 与白花单瓣型华东山茶亲缘关系较近, 应是其芽变品种。

基于 ISSR 分子标记扩增结果进行的聚类分析还显示地理分布相同的茶花品种往往聚为一类, 显示出较近的亲缘关系。花色和花型相近的山茶品种也显示出一定的亲缘关系。本研究仅发现分子标记可能与茶花品种地理分布的性状相连锁, 未能发现一些与茶花瓣型、花色等相关的特异的扩增片段, 无特征谱带, 因此还需开发更多的引物应用于茶花品种遗传背景分析。研究结果还表明, 茶花品种基因型高度杂合, 品种与品种之间多型性基因位点较多, 很难建立基因位点与主要表型性状如花色、花型之间的联系。

本研究结果显示: 利用 ISSR 分子标记技术可以进行茶花品种间遗传关系的分析。ISSR 分子标记扩增结果的聚类分析研究认为, 供试茶花品种间有较近的亲缘关系, 遗传基础相对单一, 这一结论与茶花形态学和地理分布研究的结果较为一致。研究还提示今后茶花产业发展中要注重地方品种资源收集、保存和保护, 防止遗传多样性和优良种质基因的进一步丢失; 同时需加强种质创新工作, 充分利用我国丰富的山茶种质资源特别是野生种或野生近缘种, 通过杂交聚合有利基因, 尽量扩大育种材料的遗传基础, 为培育名优茶花品种提供优质基因。

参考文献:

- [1] 张宏达, 任善湘. 中国植物志: 第 49 卷第 3 分册 [M]. 北京: 科学出版社, 1998
- [2] 高继银, 陈绍山, 徐碧玉. 世界名贵茶花 [M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1998
- [3] 闵天禄. 世界山茶属的研究 [M]. 昆明: 云南科技出版社, 2000
- [4] 邹天才. 小黄花茶和长柱红山茶种质资源利用的研究 [J]. 贵州科学, 2000 18(3): 209- 215
- [5] Zhou Jianlin, Ji Yucheng, Jiang Yanbo, et al. Development of simple sequence repeats (SSR) markers of ramie and comparison of SSR and interSSR marker systems [J]. Progress in Natural Science 2005 15(2): 137- 142
- [6] Culley TM, Sbida SJ, Wick A. Population genetic effects of urban habitat fragmentation in the perennial herb *Viola pubescens* (Violaceae) using ISSR markers [J]. Annals of Botany. 2007, 100(1): 91- 100
- [7] Powell W, Morgante M, Andre C, et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for genome analysis [J]. Molecular Breeding 1996 2 225- 238
- [8] Duran Y, Fratini R, Garcia P. An interspecific genetic map of Lens [J]. Theoretical and Applied Genetics 2004 108(7): 1265- 1273

- [9] Lai Jounn Yang Weichen Xiao Juying An assessment of genetic relationships in cultivated tea clones and native wild tea in Taiwan using RAPD and ISSR markers [J]. Botanical Bulletin of Academia Sinica 2001, 42: 93- 100
- [10] Fernandez M E, Figueiras A M, Benito C. The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin [J]. Theoretical and Applied Genetics 2002, 104: 845- 851
- [11] 姚明哲, 陈亮, 王新超, 等. 我国茶树无性系品种遗传多样性和亲缘关系的 ISSR 分析 [J]. 作物学报, 2007, 33 (4): 598- 604
- [12] 邓辉, 黄晓燕, 乙引. ISSR-PCR 技术在植物种间和种下关系中的应用 [J]. 种子, 2006, 25(4): 55- 57
- [13] Cho S, Kumar J, Shultz JL, et al Mapping genes for double podding and other morphological traits in chickpea [J]. Euphytica, 2002, 128(2): 285- 292
- [14] Mondal T K. Assessment of genetic diversity of tea (Camellia sinensis (L) O. Kuntze) by inter-simple sequence repeat polymerase chain reaction [J]. Euphytica 2002, 128: 307- 315
- [15] Zhao Weigao Miao Xuexia Zhang Bo et al Construction of fingerprinting and genetic diversity of mulberry cultivars in China by ISSR markers [J]. Acta Genetica Sinica 2006, 33(9): 851- 860
- [16] Xiao Tiaojiang Parks C R. Molecular analysis of genus Camellia [M]. American Camellia Yearbook, 2002: 52- 58
- [17] 邓白罗, 谭晓风, 漆龙霖, 等. 山茶属红山茶组植物的 RAPD 分析及分类研究 [J]. 林业科学, 2006, 42(5): 36- 42
- [18] 申屠文月, 陈析丰, 马伯军. 3 个山茶花变异品种的形态鉴定和 RAPD 分析 [J]. 浙江师范大学学报, 2006, 29(3): 317- 321
- [19] 宾晓芸, 唐绍清. 金花茶遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 武汉植物学研究, 2005, 23(1): 20- 26
- [20] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. Phytochem Bull 1987, 19: 11- 15

5 生物质化学工程 6 征订启事

5 生物质化学工程 6 (双月刊)是由国家林业局主管、中国林科院林产化学工业研究所主办的,面向国内外公开发行的全国生物质化工行业的技术类刊物。A4 开本, 56 页, 邮发代号 282205 国内年订价 36100 元, 国外发行代号 BM 2743 国外年定价 36 美元, 国内刊号 CN 3221768/S ISSN 16732854。5 生物质化学工程 6 将突出技术类期刊的特点, 注重稿件的时效性。是美国 5 化学文摘 6 (CA) 收录期刊、/ 中国期刊全文数据库 0、/ 中文科技期刊数据库 0、/ 万方数据) 数字化期刊群 0、/ CEPS 中文电子期刊服务 0 全文收录期刊、/ 中国学术期刊综合评价数据库 0 统计刊源期刊、5 CA JCD 规范 6 执行优秀期刊、全国农业核心期刊。

办刊宗旨 认真执行国家的有关方针政策, 为经济建设服务、为促进我国生物质化工产业的发展服务。

办刊方针 理论与实践相结合, 普及和提高相结合, 引导技术潮流, 促进行业发展。

报道内容 可再生的木质和非木质生物质资源的化学加工与利用, 包括生物质能源、生物质化学品、生物质新材料、生物质天然活性成分和制浆造纸等。主要报道内容为松脂化学、生物质能源化学、生物质炭材料、生物基功能高分子材料、胶黏剂化学、森林植物资源提取物化学利用、环境保护工程、木材制浆造纸一体化和林产化学工程设备研究设计等方面的最新研究成果。

主要栏目 研究报告、综述评论、行业热点、国内外信息等。

读者对象 适于从事生物质化学工业、林产化学工业、林业、农业、森工、能源、轻工、化工、环保、医药、食品、土产、商检、外贸等行业从事科研、教学、生产、经营、设计工作等相关人士阅读。

欢迎积极投稿、踊跃订阅或来人来函联系广告业务!

订阅办法 邮局发行, 邮发代号 282205, 单月 25 日出版。每册定价 6100 元, 全年 36100 元。亦可直接向本刊编辑部订阅。

地址: 210042 南京市锁金五村 16 号 林产化工研究所内

电话: (025) 85482492 传真: (025) 85482493

http //www. bce. ac. cn E-mail bce@vip. 163. com