

苧麻纤维素合酶基因 *BnCesA1* 全长 cDNA 的克隆与表达分析

蒋杰¹, 揭雨成^{1,2}, 周清明³, 周精华¹, 朱守晶¹, 邢虎成^{1,2}, 钟英丽^{1,4}

(¹ 湖南农业大学苧麻研究所, 长沙 410128; ² 湖南省种质资源创新与资源利用重点实验室, 长沙 410128;

³ 湖南农业大学农学院, 长沙 410128; ⁴ 湖南农业大学生物科学与技术学院, 长沙 410128)

摘要: 苧麻是中国的传统纤维作物, 能够生产最长的自然纤维。本研究旨在克隆苧麻纤维素合酶基因 *BnCesA1* 全长编码序列, 对其表达模式进行分析。以已知的苧麻纤维素合酶基因序列(DQ077190)为基础, 设计 5'RACE 引物, 以湘苧三号为材料, 得到了 *BnCesA1* 的 5'端, 拼接后得到了 *BnCesA1* 的全长序列, 并从湘苧三号的 cDNA 中成功克隆到包括 *BnCesA1* 全部编码序列的 cDNA 序列。扩增得到的 *BnCesA1* 基因 cDNA 为 3253bp, 编码区 3246bp, 编码含 1082 个氨基酸的多肽。通过对这个基因进行核酸序列和蛋白结构域分析表明, *BnCesA1* 和毛果杨、欧美山杨、巨桉、大叶相思等其他物种的纤维素合酶基因都有很高的同源性, 根据得到的 *BnCesA1* 的 5'端设计特异性表达检测引物, 分析其在湘苧三号苧麻品种各组织中的表达情况, 结果显示 *BnCesA1* 在所检测的各组织中均有表达, 表达量为茎皮 > 叶 > 顶芽 > 根。本研究首次克隆到苧麻中编码全长蛋白的纤维素合酶基因, 并且苧麻 *BnCesA1* 在茎皮中高表达提示该基因可能在苧麻韧皮纤维合成中有重要作用。

关键词: 苧麻; 纤维素合酶基因; RACE; 表达分析

Full-length cDNA Cloning and Express Analysis of *BnCesA1* in Ramie

JING Jie¹, JIE Yu-cheng^{1,2}, ZHOU Qing-ming³, ZHOU Jing-hua¹,

ZHU Shou-jing¹, XING Hu-cheng^{1,2}, ZHONG Ying-li^{1,4}

(¹ Institute of Ramie, Hunan Agriculture University, Changsha 410128; ² Hunan Provincial Key Laboratory of Corp Germplasm Innovation and Utilization, Changsha 410128; ³ College of Agricultural, Hunan Agricultural University, Changsha 410128;

⁴ College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128)

Abstract: *Boehmeria nivea* (ramie) is a traditional Chinese fibre crop, and provide the longest nature fibre. This study aimed to clone the complete coding sequences of *CesA1* gene from ramie and analyze its express pattern among different ramie tissues. According to the known sequence of *BnCesA1* (DQ077190), 5'RACE PCR groove primers were designed to amplify the 5'terminal fragment of *BnCesA1* using cDNA from ramie selection "Xiangzhu 3". Then the full length gene sequence was assembled and cloned. The whole jointed sequence spans 3253bp and has an open reading frame of 3246bp, which codes for a protein of 1082 amino acids. Nuclear acid sequence analysis and protein domain comparison indicate that *BnCesA1* has a very high homology with *Populus trichocarpa*, *Populus tremuloides*, *Eucalyptus camaldulensis*, *Acacia mangium*. Specific primers were designed according 5' sequence of *BnCesA1* for semi-quantitative RT-PCR analysis to detect the *BnCesA1* expression pattern among different ramie tissues. The result demonstrated that *BnCesA1* are expressed in various tissues of "Xiangzhu 3". And the expression level in tissues from high to low is stem, leaf, bud and root. Altogether, our research cloned the first full-length coding sequence of

收稿日期: 2012-02-11 修回日期: 2012-03-30

基金项目: 湖南省作物种质创新与资源利用国家重点实验室培育基地一般重点项目(09KFXM02); 省科技计划项目博士后专项基金(S2010R1040); 湖南省应用基础重点项目(2010TP4004-1, 2010FJ2013)

作者简介: 蒋杰, 硕士研究生, 主要从事作物分子遗传育种工作。E-mail: june973@163.com

揭雨成, 教授, 博士生导师, 主要从事苧麻种质资源遗传育种与生物技术工作。E-mail: ibfjcyc@vip.sina.com

蒋杰与揭雨成并列为第一作者

通讯作者: 钟英丽, 副教授, 主要从事生物化学与分子生物学研究。E-mail: yinglizhong@yahoo.com.cn

ramie cellulose synthetase, and the higher expression of *BnCesA1* in bark suggest that this gene may play an important role in bast fibre synthesis of ramie.

Key words: Rmaie (*Boehmeria nivea*); Cellulose synthase; RACE; Express analysis

苧麻是我国重要的以纺织为主的农作物^[1-3]。苧麻织物具有挺括、轻盈、凉爽、透气、抗菌等优点,其优越性与独特风格是其他纤维织物无法比拟的^[4-5]。目前,苧麻主要还是常规育种,而常规育种在进一步提高纤维产量和质量上的局限性已逐步显现^[6],其他作物利用生物技术育种的成功为苧麻育种开辟了一条新的途径^[7-8]。

纤维素是细胞壁的主要组成成分之一,也是自然界中最丰富的天然高分子有机化合物^[9]。纤维素的基本结构单位是吡喃式 D-葡萄糖,以 β -1,4 糖苷键相连,其葡萄糖残基约为 2000 ~ 2500 个^[10]。由单糖聚合成多糖涉及大量的糖苷转移 (glycosyl transfer) 反应。研究表明纤维素合酶催化合成 β -1,4 糖苷键,是一种重要的糖苷转移酶^[11],是一个含众多成员的庞大基因家族^[12]。近年,随着基因组学研究的进展,植物纤维素合酶的研究取得了突破性的进展,在 40 多种不同植物中,已有 164000 多个与纤维素合酶基因相关的序列报道^[12]。人们已经从拟南芥中鉴定出 10 个纤维素合酶基因,玉米已注册登录了 12 个纤维素合酶的编码基因,美国密西根大学先后报道了欧洲颤杨的 6 个 *PtCesA* 基因等^[13]。在韧皮纤维植物中,高原等^[14]分离和克隆了亚麻的纤维素合酶基因及其类蛋白 D 基因家族的部分序列。苧麻上,已经克隆了一批纤维发育相关的基因,如木质素合成的关键酶苧麻 4-香豆酸辅酶 A 连接酶-1 基因^[15],与木质素合成相关的咖啡酸-O-甲基转移酶 (COMT) 基因^[16],以及半纤维素、果胶合成代谢途径中关键酶之一的尿苷二磷酸葡萄糖脱氢酶 (UDPGDH) 基因^[17]等,以通过降低木质素、半纤维素、果胶等的含量来提高纤维的品质。而关于纤维素合酶的研究还很少,田志坚等^[18]成功克隆了苧麻纤维素合酶基因 *BnCesA1* (DQ077190) 除 5'端约 450bp 以外的全部 cDNA 序列,共 3276bp。本研究在 *BnCesA1* 已知序列的基础上,设计 5'RACE 引物,克隆其全长 cDNA,同时结合 RT-PCR 技术,对其进行了表达模式分析。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料使用苧麻品种湘苧三号,由湖南农业大学耘园实验基地提供。RLM-RACE 试剂盒购自

ABI 公司,植物总 RNA 提取试剂 (plant RNA reagent) 购自 Invitrogen 公司;高保真 *Taq* DNA 聚合酶、Transfer-T1 感受态细胞购自 TransGen Biotech;反转录试剂盒购自 Fermentas;克隆载体 pMD19-T 购自大连宝生物工程有限公司;其余试剂均为国产分析纯或者化学纯。

1.2 方法

1.2.1 *BnCesA1* 5'端的克隆 以营养生长期的湘苧三号的茎皮和顶芽为材料,用 Invitrogen 公司的植物总 RNA 提取试剂 (plant RNA reagent) 提取总 RNA,参照 ABI 公司的 RLM-RACE 试剂盒说明书,进行反转录合成 5'RACE 首链 cDNA;另外参照 Fermentas 公司的反转录试剂盒说明,合成 cDNA 第 1 链。

根据 GeneBank 中苧麻纤维素合酶基因 *BnCesA1* 的基因部分序列 (DQ077190),用 primer 5.0 软件设计 5'RACE 槽式 PCR 引物,引物序列 GSP1: 5' GAATCTCACCAGATATCGGCTG3'; GSP2: 5' AACTGGCATCCGAGGATCAACA3'。以 1 μ l 5'RACE 首链 cDNA 为模板,用 GSP1 和试剂盒中的 5'RACE outer 引物进行第 1 次 PCR,反应体系为:首链 cDNA 1 μ l、上下游引物 (10 μ mol/L) 各 1 μ l、10 $\times$ Buffer 2.5 μ l、dNTP 1 μ l、DNA 聚合酶 0.2 μ l,加 ddH₂O 至 25 μ l,反应程序为 94 $^{\circ}$ C 2min, 94 $^{\circ}$ C 30s, 55 $^{\circ}$ C 30s, 72 $^{\circ}$ C 40s, 32 个循环, 72 $^{\circ}$ C 7min, 反应终止于 4 $^{\circ}$ C。第 2 次 PCR 取第 1 次 PCR 产物 1 μ l 为模板,用 GSP2 和 5'RACE inner 引物进行第 2 次 PCR 扩增,反应条件同上,PCR 结束之后,取 10 μ l PCR 产物进行琼脂糖凝胶电泳检测分析结果,回收纯化 PCR 产物并连接到 pMD19-T 载体上,转化 Transfer-T1,经 M13 引物和特异引物验证阳性克隆,送华大基因测序。对测序结果进行分析,然后将获得的序列与已知序列进行拼接比对,获得 *BnCesA1* 基因全长 cDNA 序列。

1.2.2 *BnCesA1* 基因的克隆 根据得到的 *BnCesA1* 基因全长 cDNA 序列 5'端设计正向引物 F: 5' AAACATGGAGGCCAATGCC3', 靠近 3'端设计反向引物 R: 5' TAACAATTGACACCACATTGACCTCT3', 预期扩增长度为 3253bp, 包含 *BnCesA1* 的全部编码序列。以 1 μ l 湘苧三号 cDNA 第 1 链 (1.2.1 合成) 为模板,PCR 管中继续加入正反向引物各 1 μ l, 10 $\times$

Buffer 2.5μl、dNTP 1μl、*Taq* 酶 0.3μl,加 ddH₂O 至 25μl,反应程序为 94℃ 2min,94℃ 30s、60℃ 30s、72℃ 3min,35 个循环,72℃ 7min,反应终止于 4℃。将 PCR 产物在 1.2% 的琼脂糖凝胶上电泳分离回收后,与 pMD19-T 载体连接,转化 Transfer-T1。重组子经鉴定后送华大基因公司测序。

1.2.3 序列的生物信息学分析 利用在线分析网站 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>) 预测基因的开放读码框,并通过美国国立生物技术信息中心网站 (NCBI) 对基因核苷酸序列进行 Blast 比对,其翻译的氨基酸序列进行 Blastn 比对和保守性功能域预测,利用 (http://www.expasy.ch/tools/pi_tool.html) 网站分析基因编码蛋白质的等电点和分子量等。

1.2.4 半定量 RT-PCR 分析 参照 1.2.1 总 RNA 提取方法分别从营养生长期的湘苎三号的根、茎皮、叶和顶芽中提取总 RNA,用 Fermentas 公司的反转录试剂盒合成首链 cDNA,在 *BnCesA1* 5'端设计表达引物,F:5' TAGGTACAAAAGGCACAAAGGGAGT3',R:5' TTTCCAACCTTCAACCCTTTCC3',扩增长度为 400 多 bp;以苎麻肌动蛋白基因作为参照 (Actin-F:5' GCTCCGTTGAACCCTAAG3', Actin-R:5' GCTCCGATTGTGATGATTT3'),采用半定量 RT-PCR 分析 *BnCesA1* 在不同组织中的表达情况。反应体系为:反转录产物 1μl、10 × buffer 2.5μl、dNTP 1μl、上下游引物各 1μl,酶 0.2μl,加 ddH₂O 至 25μl,反应程序为:94℃ 2min;94℃ 30s,55℃ 30s,72℃ 30s,30 个循环,72℃ 7min 反应终止于 4℃。反应完成之后,取 10μl 产物于 1.5% 的琼脂糖凝胶上进行电泳分析,用凝胶成像软件分析相对表达量。

2 结果与分析

2.1 *BnCesA1* 5'端及全长编码序列的克隆

以湘苎三号茎皮和顶芽为材料提取总 RNA,反转录得到的 5'RACE 第 1 链为模板,进行 PCR 扩增,扩增产物在 1.5% 的琼脂糖凝胶上电泳,电泳检测结果如图 1 所示,条带大小约 700bp,测序结果表明,扩增产物长度为 658bp,与 *BnCesA1* 已知序列有 43 个碱基重复,经 DNA Star 软件拼接得到了 *BnCesA1* 基因序列,包含 5'非翻译区序列 183 bp,3'非翻译区序列 459 bp,cDNA 总长为 3891bp。

以反转录得到的湘苎三号 cDNA 为模板,扩增 *BnCesA1* 全长编码序列,扩增产物在 1.2% 的琼脂糖凝胶上电泳,电泳检测结果如图 2 所示,条带大小

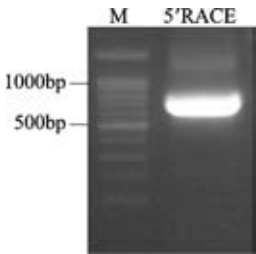


图 1 *BnCesA1* 基因 5'RACE 电泳结果
Fig. 1 Electrophoresis result of 5'RACE of *BnCesA1* gene

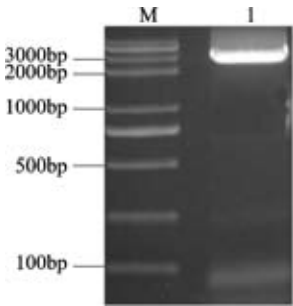


图 2 *BnCesA1* 全长克隆
Fig. 2 Amplification of full-length *BnCesA1* gene

约 3000bp,与预期相符。测序结果表明,扩增产物长度为 3253bp,通过 DNASTar 软件比对分析发现,扩增得到的片段序列与基因库中已知序列 (DQ077190) 有少量碱基差异,与预期序列的相似性达 99.0% (图 3)。

2.2 *BnCesA1* 基因的生物信息学分析

扩增得到的 *BnCesA1* 基因全长为 3253bp,编码区为 5-3250 碱基,长度为 3246bp,推测其编码一个含 1082 个氨基酸的蛋白质 (图 4),推定其等电点和分子量分别为 6.17 和 121.9kD。将该基因进行 Blast 比对分析,发现其核苷酸序列与毛果杨 (*Populus trichocarpa*, XM_002324255)、欧美山杨 (*Populus tremuloides CesA4*, AY162181)、巨桉 (*Eucalyptus camaldulensis CesA5*, HQ864587)、大叶相思 (*Acacia mangium CesA1*, AY643519) 的同源性均在 84% 以上。氨基酸水平上,如图 5 所示,与拟南芥 (*Arabidopsis thaliana CesA1*, AT4G32410)、大叶相思 (*Acacia mangium CesA1*, AY643519)、毛果杨 (*Populus trichocarpa*, XM_002324255)、欧美山杨 (*Populus tremuloides CesA4*, AY162181)、巨桉 (*Eucalyptus camaldulensis CesA5*, HQ864587) 的氨基酸序列高度同源,同源性分别为 84%、88%、89%、89%、91%。对 *BnCesA1* 进行保守功能域分析发现 (图 6),其氨基酸序列中含有植物纤维素合酶 CesA 所具有的相对保守的

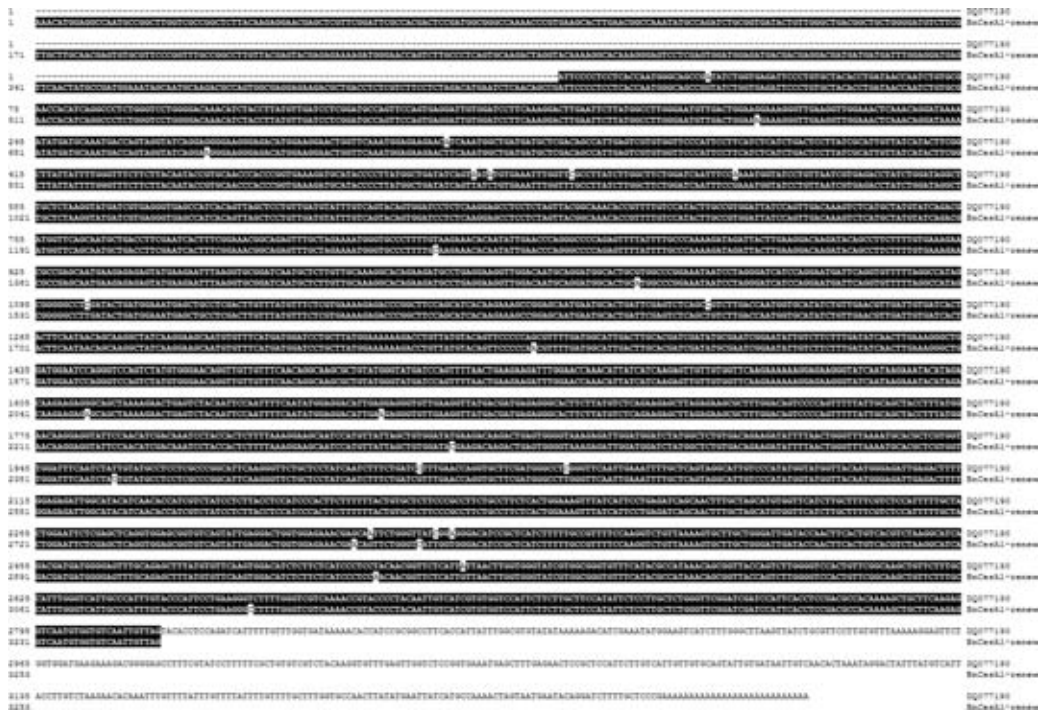


图3 *BnCesA1* 全长扩增序列与部分序列(DQ077190)比较分析

Fig.3 Comparison of full-length *BnCesA1* and its partial sequence (DQ077190)

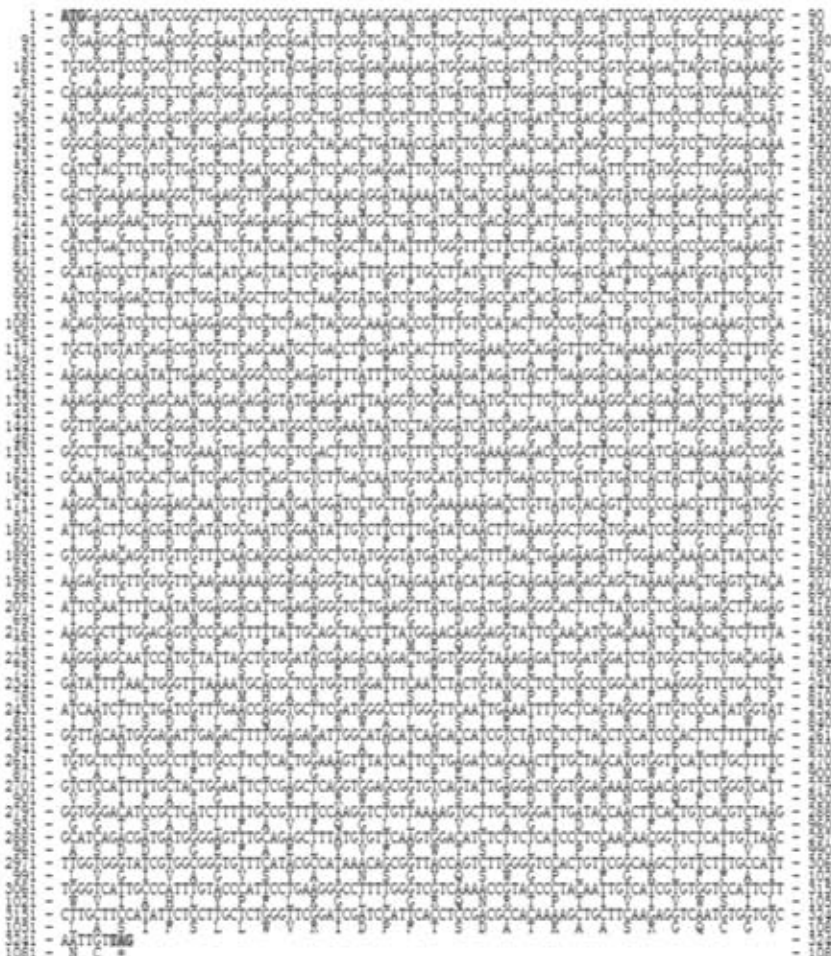


图4 *BnCesA1* 基因核苷酸序列和其推导的氨基酸序列

Fig.4 Nucleotides sequence and deduced amino acids sequence of *BnCesA1* gene

2.3 *BnCesA1* 基因的表达分析结果

分别提取湘苧三号根、茎皮、叶、顶芽的总 RNA (图 7A)。在 *BnCesA1* 基因序列 N 端的高变区,设计一对能够扩增出 400bp 左右 cDNA 片段的引物,

以 *Actin* 基因的扩增量作为内参,进行 RT-PCR 扩增。*BnCesA1* 基因在湘苧三号不同组织中的扩增量如图 7B 所示,在湘苧三号的根、茎皮、叶、顶芽中均有表达,表达量为茎皮 > 叶 > 芽 > 根。

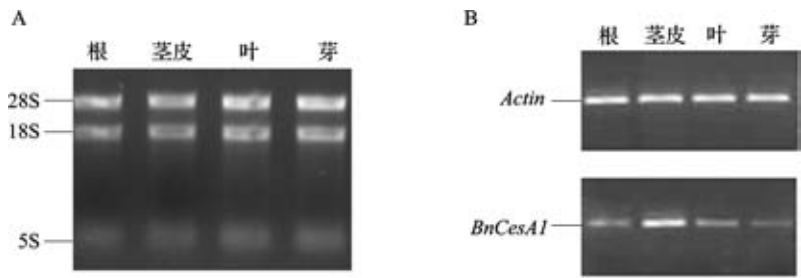


图 7 *BnCesA1* 基因的表达模式

Fig. 7 Expression pattern of *BnCesA1*

A: 苧麻根、茎皮、叶和顶芽总 RNA 提取; B: *BnCesA1* 基因在苧麻根、茎皮、叶和顶芽表达量分析
A: The total RNA extraction of ramie's roots, stem bark, leaves and terminal bud;
B: Quantity nalysis of *BnCesA1* transcripts in ramie's roots, stem barks, leaves and terminal buds

3 结论与讨论

1988 年 Frohman 等^[21]发明了 RACE (cDNA 末端快速克隆) 技术,主要是通过 PCR 由已知的 cDNA 部分序列得到完整的 5' 或 3' 端序列,后来被称为经典 RACE。RLM-RACE (由 RNA 连接酶介导的 RACE 技术)在经典 RACE 技术上做了改进,只从全长的 capped mRNA 上扩增,PCR 通常只产生一条单独条带。RLM-RACE 以其独特的优势已经广泛应用于基因的分离^[22-24]。

苧麻作为中国重要的纤维作物,其纤维织物拥有别的织物无法比拟的特点。本研究以已知的苧麻纤维素合酶基因 (*BnCesA1*) 序列为基础,通过 RACE 技术,克隆得到了其 5' 端,与已知序列拼接得到了 *BnCesA1* 基因包含 5' 和 3' 非翻译区的 cDNA 序列。并且以湘苧三号苧麻为材料克隆得到了全长编码序列, *BnCesA1* 全长编码区编码含 1082 个氨基酸的多肽。通过对这个基因进行序列和蛋白结构域分析表明, *BnCesA1* 和毛果杨、欧美山杨、巨桉、大叶相思等其他物种的纤维素合酶基因有很高的同源性,其主要功能域也相同。与已知序列 (DQ077190) 相比,在核酸序列上相似性达 99.0%,存在 26 处差异,在氨基酸残基上存在 5 处差异。总的来说,补充了 *BnCesA1* 蛋白质 N 端含锌指结构的 144 个氨基酸残基。

随着越来越多的纤维素合酶基因在不同的高等植物中被克隆,表明纤维素合酶在高等植物中是以

超基因家族的形式存在,不同的家族成员可能在纤维素合成的过程中具有不同的分工^[25-26]。对拟南芥中纤维素合酶基因家族的 10 个成员的氨基酸序列进行的分析显示:在氨基酸序列的 80-250、650 的位置存在两个高度变异区。虽然苧麻中纤维素合酶基因还没有报道发现别的家族成员,但是根据已有的模式植物中的情况以及本实验室苧麻转录组测序的数据,可以推测苧麻中还存在多个家族成员。本研究根据 *BnCesA1* 基因序列的第 1 个高变区设计特异性表达检测引物,分析其在湘苧三号各组织中的表达情况,结果显示 *BnCesA1* 在各组织中均有表达,表达量为茎皮 > 叶 > 芽 > 根。田志坚等^[18]的研究是以纤维素合酶家族较为保守的区域设计 RT-PCR 引物,本研究引物扩增的模板具有更高的特异性,所以能够更加准确地检测 *BnCesA1* 基因成员的转录表达模式。并且 *BnCesA1* 在苧麻茎皮中的较高表达提示, *BnCesA1* 在苧麻韧皮纤维的合成过程中可能具有重要作用。易蓉等^[27]通过构建 *BnCesA1* 反义表达载体转化烟草,发现转基因植株的纤维素合成被抑制,证实了 *BnCesA1* 确实与纤维素的合成有关。然而,对 *BnCesA1* 的具体功能还需要进一步研究来揭示,例如在模式植物中或直接在苧麻中进行转基因过表达的研究。本研究对 *BnCesA1* 全长编码区的克隆为进一步研究其功能提供了重要基础。

参考文献

[1] 李宗道. 麻作的理论与技术 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1980

- [2] 许英, 陈建华, 栾明宝, 等. 苧麻种质资源保存技术研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 184-189
- [3] 陈建华, 许英, 王晓飞. 苧麻属植物资源基础研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 346-351
- [4] 高志勇. 优质的纺织原料苧麻[J]. 广东农业科学, 2009(3): 43-44
- [5] 吴晓燕, 张元明, 章悦庭. 苧麻纤维化学改性及新进展[J]. 纺织学报, 2003, 24(2): 173-174
- [6] 邢虎成, 廖玮玮, 揭雨成. 我国苧麻育种方法研究进展及面临的问题[J]. 作物研究, 2010, 24(3): 209-213
- [7] 王利红, 尹西翔, 徐清忠, 等. 转基因技术在水稻性状改良中的应用进展[J]. 现代农业科技, 2009(6): 131-134
- [8] 史开兵, 李勇. 作物基因工程进展和展望[J]. 湖南农业科学, 2005(3): 13-15
- [9] Delmer D P. Cellulose biosynthesis; exciting times for a difficult field of study[J]. Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol, 1999, 50: 245-276
- [10] 闫绍鹏, 王秋玉, 杨传平. 植物纤维素生物合成研究进展[J]. 安徽农业科学, 2008, 36(21): 9049-9051
- [11] 朱乾浩, 汪若海. 高等植物纤维素合成的最新研究进展[J]. 生命科学, 2000, 12(5): 210-213
- [12] 李益, 胡尚连, 卢学琴. 植物纤维素合酶基因的进化分析[J]. 华北农学报, 2008, 23(2): 101-105
- [13] 魏建华, 宋艳茹. 植物纤维素合酶基因研究进展[J]. 植物学通报, 2002, 19(6): 641-649
- [14] 高原, 陈信波, 龙松华, 等. 亚麻纤维素合成酶及其类蛋白基因部分序列的克隆[J]. 中国麻业科学, 2008, 30(6): 293-297
- [15] 陈建荣, 郭清泉. 苧麻 4-香豆酸辅酶 A 连接酶-1 基因的克隆与分析[J]. 中国农学通报, 2008, 24(10): 83-87
- [16] 黄春琼, 郭安平, 章宵云, 等. 苧麻 COMT 基因的克隆及序列分析[J]. 热带农业科学, 2008, 24(5): 386-391
- [17] 刘峰. 苧麻 UDPGDH 基因 cDNA 的克隆及功能分析[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2008
- [18] 田志坚, 易蓉, 陈建荣, 等. 苧麻纤维素合成酶基因 cDNA 的克隆及表达分析[J]. 作物学报, 2008, 34(1): 76-83
- [19] Joshi C P, Bhandari S, Ranjan P, et al. Genomics of cellulose biosynthesis in poplars[J]. New Phytol, 2004, 164: 53-61
- [20] Samuga A, Joshi C P. Cloning and characterization of cellulose synthase-like gene, *PtrCSLD2* from developing xylem of aspen trees[J]. Physiol Plantarum, 2004, 120: 631-641
- [21] Frohman M A, Dush M K, Martin G R. Rapid production of full-length cDNAs from rare transcripts; amplification using single gene-specific oligonucleotide primer[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1988, 85(23): 8998-9002
- [22] Herrera-Valencia V A, Dugdale B, Harding R M, et al. Mapping the 50 ends of banana bunchy top virus gene transcripts[J]. Arch Virol, 2007, 152: 615-620
- [23] Zhang P Y, Zhang W G, He A L, et al. Identification and functional characterization of the novel acute monocytic leukemia associated antigen MLAA-34 [J]. Cancer Immunol Immunother, 2009, 58: 281-290
- [24] Paul S, Kundu A, Pal A. Identification and validation of conserved microRNAs along with their differential expression in roots of *Vigna unguiculata* grown under salt stress[J]. Plant Cell Tiss Organ Cult, 2011, 105: 233-242
- [25] Burn J E, Hocart C H, Birch R J, et al. Functional analysis of the cellulose synthase genes *CesA1*, *CesA2*, and *CesA3* in *Arabidopsis* [J]. Plant Physiol, 2002, 129(2): 797-807
- [26] Samuga A, Joshi C P. Differential expression patterns of two new primary cell wall-related cellulose synthase cDNAs, *PtrCesA6* and *PtrCesA7* from aspen trees[J]. Gene, 2004, 334: 73-82
- [27] 易蓉, 田志坚, 黄丽华, 等. 苧麻纤维素合成酶基因 cDNA 的功能分析[J]. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2009, 35(1): 14-16

欢迎订阅 2013 年《植物资源与环境学报》

《植物资源与环境学报》系江苏省·中国科学院植物研究所、江苏省植物学会等 3 家单位联合主办的学术刊物, 国内外公开发行人。本刊为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国科学引文数据库核心期刊和 RCCSE 中国核心学术期刊(A)。本刊围绕植物资源与环境两个中心命题, 报道我国植物资源的考察、开发利用和植物物种多样性保护, 自然保护区与植物园的建设和管理, 植物在保护和美化环境中的作用, 环境对植物的影响以及植物资源和植物环境有关学科领域的原始研究论文、研究简报和综述等。凡从事植物学、生态学、自然地理学以及农、林、园艺、医药、食品、轻化工和环境保护等领域的科研、教学、技术人员及决策者, 可以从本刊获得相关学科领域的研究进展和信息。

本刊于 1992 年创刊, 季刊, 每期 120 页。全国各地邮局发行, 邮发代号 28-213, 每期定价 20 元, 全年定价 80 元。若错过征订时间或需补齐 1992 年至 2012 年各期者, 请直接与编辑部联系邮购。邮购价: 1992 年至 1993 年每年 8 元; 1994 年至 2000 年每年 16 元; 2001 年至 2005 年每年 24 元; 2006 年至 2008 年每年 40 元; 2009 年至 2011 年每年 60 元; 2012 年至 2013 年每年 80 元(均含邮资, 如需挂号另付挂号费 3 元)。

地址: (210014) 南京中山门外江苏省中国科学院植物研究所

电话: 025-84347016, 025-84347014; Fax: 025-84432074

E-mail: zwzy@mail.cnbg.net 或 nbngx@jlonline.com

投稿系统网址: <http://www.cnbg.net/Tg/Contribute/Login.aspx>