

分子标记辅助选择改良玉米自交系 昌7-2的丝黑穗病抗性

邸宏, 官程旭, 孙培元, 刘显君, 王振华

(东北农业大学农学院/教育部寒地粮食作物种质创新与生理生态重点实验室, 哈尔滨 150030)

摘要: 选取5个与bin2.09主效抗病位点紧密连锁的分子标记, 利用含主效抗病位点的黄早四近等基因系1JD006为供体亲本, 开展连续回交分子标记辅助选择育种, 定向改良玉米自交系昌7-2的丝黑穗病抗性。结果表明, 标记3M1-25选择效率最高, 其次为标记MZA6393。结合分子标记辅助选择和田间接种鉴定, 在BC₂F₂群体中筛选出背景回复率大于理论值87.50%的6个单株, BC₃F₂世代中筛选出背景回复率大于理论值93.75%的12个单株, 其中6株回复率≥96.92%, 田间接种发病率均低于40%。筛选出的6个BC₃F₃家系中除4JZ574-01外在主要农艺性状上与轮回亲本无显著差异。

关键词: 玉米; 丝黑穗病抗性; 分子标记辅助选择; 昌7-2

中图分类号: S513.035.3

文献标识码: A

Improving Head Smut Resistance in Maize Inbred Line Chang7-2 by Marker Assisted Selection

DI Hong, GONG Cheng-xu, SUN Pei-yuan, LIU Xian-jun, WANG Zhen-hua

(Agricultural College, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: Five molecular markers closely linked to major resistance loci of head smut in bin2.09 area, were used in this study including 3 STS markers and 2 dCAPS markers. The resistant near-isogenic line 1JD006, which was developed from the susceptible line Huangzao4 and the resistant line Mo17 carrying the major resistance QTL, was used as the resistant donor to improve the susceptible line Chang7-2 combining the marker assistant selection and backcross breeding method. The results showed that 3M1-25 was the optimal molecular marker with the highest selection efficiency, and next was marker MZA6393. Six plants with high background recovery rates(>87.5%) in BC₂F₂ population were selected. Twelve plants were selected from BC₃F₂ population with the recovery rates above 96.92%. The field incidence of them were below 40%. Except line 4JZ574-01, the main agronomic traits of the other lines in BC₃F₃ population were similar to Chang7-2.

Key words: Maize; Head smut resistance; Marker-assisted selection; Chang7-2

由丝轴黑粉菌 [*Sphacelotheca reiliana*(Kühn) Clint.]引起的玉米丝黑穗病是我国北方春玉米区的主要病害之一, 属于绝产性病害^[1]。该病自1919年在我国东北首次报道以来, 扩展蔓延很快, 一旦发病, 单株颗粒无收, 选育抗病的玉米新品种已成为东

北区域玉米育种工作者的主要目标^[2]。常规方法主要通过回交对种质进行改良, 至少需要回交6代以上, 且选择上具有一定的不确定性^[3]。对丝黑穗病的抗性鉴定必须在田间人工接种条件下才能进行, 至玉米乳熟期方可获得相对准确的鉴定结果, 存在耗时长、效率低等问题, 限制了抗病种质的有效选择。利用分子标记辅助选择可缩短选育时间, 提高选择效率, 回交2~3代即可选出高背景回复率的新种质。

玉米自交系昌7-2是黄改系中表现较为突出的自交系, 具有配合力高、适应性广、综合农艺性状好等特点, 是我国北方春玉米区育种和生产应用的骨

录用日期: 2020-04-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(31971956)

作者简介: 邸宏(1974-), 女, 博士, 教授, 现主要从事玉米分子育种的研究。E-mail: dihongdh@163.com

王振华为本文通讯作者。

E-mail: zhenhuawang_2006@163.com

干自交系。育成的杂交种达几十个,包括种植面积较大的杂交种郑单958(郑58×昌7-2),为我国玉米新品种选育做出了巨大贡献^[4]。该自交系高感丝黑穗病,极大限制了其应用价值。

玉米对丝黑穗病的抗性属于多基因控制的数量性状,研究者利用高抗自交系 Mo17 及其衍生系,与高感自交系黄早四创制不同的群体,将主效抗病位点定位在第2染色体上的 bin2.09 区域,可以解释 35%左右的表型变异,进而克隆了编码细胞壁受体激酶的 *ZmWAK* 抗病基因^[5-7]。针对该主效抗病位点,研究者开发了与之紧密连锁的 STS、SSR、dCAPS 等不同类型的分子标记,如 MZA6393、3M1-25、umc1525、dCAPS1、LSdCAP2 等^[8]。

本研究以昌7-2为轮回亲本,以含 Mo17 供体抗病主效位点的黄早四近等基因系为供体亲本,采用回交手段,借助分子标记辅助选择和田间接种鉴定相结合的选择方法,进行丝黑穗病抗性改良,明确不同标记的选择效率,同时筛选出抗丝黑穗病昌7-2改良系,为玉米抗丝黑穗病分子辅助育种提供理论和材料支持。

1 材料与方法

1.1 供试材料

玉米自交系昌7-2,高感丝黑穗病,田间平均发病率 95%;1JD006 是以 Mo17 为抗病供体创制的黄早四近等基因系,含有 bin2.09 主效抗病位点,背景回复率为 98.0%,中抗丝黑穗病,田间平均发病率 7.69%,由本课题组创制^[9]。自交系黄早四和 Mo17,是高感和高抗丝黑穗病的代表性自交系,田间平均发病率分别为 87.5%和 1.0%。试验材料及其在 2012~2014 年田间接种丝黑穗病发病率信息均由东北农业大学农学院玉米课题组提供。

1.2 昌7-2回交群体的创建

轮回亲本昌7-2与供体亲本 1JD006 杂交,所得的 F₁代与轮回亲本回交,获得 BC₁F₁世代种子。2014 年春季,田间菌土法人工接种条件下种植 BC₁F₁世代群体 280 株,利用分子标记检测带型为杂合、抗病且田间农艺性状表现优良的植株作为入选单株,与轮回亲本回交获得 BC₂F₁世代种子。2015 年春季人工接种条件下种植 BC₂F₁世代群体,作为分子标记选择效率的分析群体。利用分子标记进行前景选择,对含有主效抗病位点纯合的单株同时进行回交和自交,至乳熟期,调查分离群体单株发病情况,选择基因型与表型均表现抗病的单株回交和自交进行收获,得到 BC₃F₁和 BC₂F₂群体;海南继续自交加代得到 BC₃F₂和 BC₂F₃群体。2016 年春季在哈尔滨于田间人工接种的条件下分别种植 BC₃F₂和 BC₃F₂群体,优良单株自交得到 BC₃F₃群体。2017 年同样地点同样条件下种植 BC₃F₃家系。各世代家系每小区种植 42 株,3 次重复,其中,BC₂F₁、BC₃F₁和 BC₃F₂群体用于分子标记选择效率分析,BC₂F₂、BC₃F₂、BC₂F₃和 BC₃F₃群体用于抗病种质的鉴定和筛选。

1.3 分子标记辅助选择

根据已有文献报道及试验室前期筛选结果,本研究选取 5 个与主效抗丝黑穗病位点(bin2.09)紧密连锁且在抗、感亲本间均存在多态性的分子标记,包括 3 个 STS 标记(MZA6393、1M2-9、3M1-25)和 2 个 dCAPs 标记(LSdCAP2、LSdCAP3),用于试验的前景选择及分子标记选择效率的分析(表 1)。利用 MaizeGDB 网站(<http://www.maizegdb.org/ssr.php>)在玉米基因组上随机、均匀地选择了 370 个 SSR 标记,从中筛选出在昌7-2和 1JD006 之间具有多态性的标记用于背景回复率分析。

表 1 5 个与玉米 bin2.09 主效抗丝黑穗病位点连锁的分子标记

Table 1 Five molecular markers linked to the major resistance loci in bin2.09 for head smut in maize

标记名称 Marker	标记类型 Type of marker	标记来源 Origin of marker	引物碱基序列(5'-3') Sequence of primer (5'-3')	
MZA6393	STS	Xu 等(2010)	上游引物	GTATTTCTACCAGCGTGGCCT
			下游引物	GACAAGCTGCAGATCGAAGA
1M2-9	STS	Xu 等(2010)	上游引物	TCGTGACGGACCTGTAGTGC
			下游引物	TCGCGGTTCCAGAAGAACAAC
3M1-25	STS	Xu 等(2010)	上游引物	GCTAGATAGCTGCTTCTTCC
			下游引物	GTACCTACGATTCGGCAGAA
LSdCAP2	dCAPS	Di 等(2015)	上游引物	TACATTGATATTTGCCACACGAAT
			下游引物	CAAATCAACGAGTGATTTACTGCA
LSdCAP3	dCAPS	Di 等(2015)	上游引物	GGCTGCGCCGTGAGATACT
			下游引物	GCTCTCGATCTGTCCTTGTACCA

玉米长至3叶1心期时CTAB小量法提取叶片总DNA,PCR反应体系为20 μ L,含10 \times Taq Buffer 2 μ L,dNTP(2.5 mmol/mL)2 μ L,上下游引物(20 μ mol/L)各0.5 μ L,模板DNA(20 ng/ μ L)3 μ L,Taq(5 U/ μ L)0.5 μ L,用超纯水补足体系。PCR反应程序为,94 $^{\circ}$ C预变性5 min;94 $^{\circ}$ C变性45 S,低温退火,72 $^{\circ}$ C延伸1 min,共进行35个循环;最后72 $^{\circ}$ C延伸10 min。STS、SSR和dCAPS标记的低温退火分别为57 $^{\circ}$ C 2 min、56 $^{\circ}$ C 45 S和55 $^{\circ}$ C 40 S。dCAPS标记PCR产物的酶切反应体系为10 μ L,包含超纯水5.6 μ L,Buffer 0.7 μ L,限制性内切酶0.7 μ L(LSCAP2和LSCAP3标记内切酶分别为*Pst*I和*Bsr*I),PCR产物3 μ L,反应时间为1 h。STS标记的PCR产物用浓度为3%的琼脂糖凝胶电泳检测,SSR标记的PCR产物和dCAPS标记的酶切产物均用8%的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,银染显色。

1.4 丝黑穗病菌的田间接种及鉴定

田间种植采取随机区组设计,2行区,行长5 m,每行21株,行距65 cm,株距25 cm,3次重复。采集前一年的病瘿置于通风干燥处越冬,播种前一周将菌粉抖落,用40目铜筛过滤获得冬孢子,按照1:1 000与细土混合。播种时在种子上先覆盖菌土

100 g左右,再覆盖田土。至乳熟后期调查并记录单株丝黑穗病的发病情况,计算小区发病率(病株数/总株数 \times 100%),统计3次重复的平均值。收获期每个小区中随机选取5株进行相关农艺性状调查。

1.5 数据的处理及分析

试验中所得到的全部数据采用Excel 2003进行初步整理,使用统计分析软件SAS 9.2进行方差分析,多重比较采用邓肯氏新复极差检验法。

2 结果与分析

2.1 分子标记在不同群体中的选择效率分析

包含728个单株的BC₂F₁世代群体、271个单株的BC₃F₁和271个家系的BC₃F₂群体,用于分子标记选择效率的分析。考虑到主效抗丝黑穗病位点(bin2.09)所能解释的表型变异约为35%,本试验采取抗(发病率 \leq 40%)与感(发病率 $>$ 40%)两种表型对田间接种条件下试验材料的丝黑穗病抗性进行区分,分子标记检测中与抗病供体1JD006一致的带型记为抗病基因型。利用分子标记在不同回交群体中所有单株的抗病基因型株数以及这些单株在田间接种条件下的抗性表型株数(或株系数)之间的比值,反映各标记的选择效率。

表2 分子标记在BC₂F₁世代分离群体中的选择效率

Table 2 Selection efficiency of markers in BC₂F₁ population

序号 No.	分子标记 Marker	抗病基因型株数(株) No. of plants with resistance genotype	抗病表型株数(株) No. of plants with resistance phenotype	选择效率(%) Selection efficiency
1	MZA6393	291	237	81.44
2	3M1-25	298	243	81.54
3	1M2-9	297	230	77.44
4	LSdCAP2	277	209	75.45
5	LSdCAP3	280	189	67.50

注:选择效率=抗病表型株数/抗病基因型株数 \times 100%。

Note: Selection efficiency= No. of plants with resistance phenotype/No. of plants with resistance genotype \times 100%.

表3 分子标记在BC₃F₁世代分离群体中的选择效率

Table 3 Selection efficiency of markers in BC₃F₁ population

序号 No.	分子标记 Marker	BC ₃ F ₁ 中抗病基因型株数(株) No. of plants with resistance genotype in BC ₃ F ₁	抗病表型BC ₃ F ₂ 家系数 No. of lines with resistance phenotype in BC ₃ F ₂	选择效率(%) Selection efficiency
1	MZA6393	147	141	95.92
2	3M1-25	144	140	97.22
3	1M2-9	144	136	94.44
4	LSdCAP2	160	147	91.88
5	LSdCAP3	178	147	82.58

注:选择效率=抗病表型BC₃F₂家系数/BC₃F₁中抗病基因型株数 \times 100%。

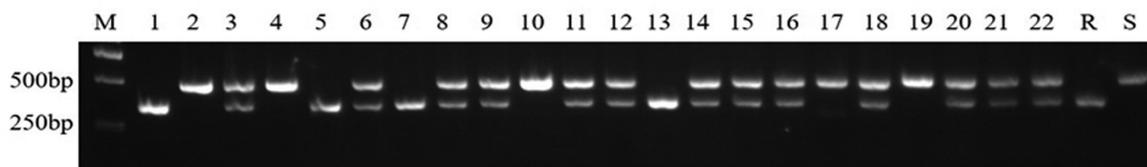
Note: Selection efficiency= No. of lines with resistance phenotype in BC₃F₂/No. of plants with resistance genotype in BC₃F₁ \times 100%.

由表2可见,分子标记MZA6393、3M1-25、1M2-9、LSdCAP2和LSdCAP3的符合率,在BC₂F₁世代群体中分别为81.44%、81.54%、77.44%、75.45%和67.50%;在BC₃F₁世代群体中分别为95.92%、97.22%、94.44%、91.88%和82.58%(表3)。其中,标记3M1-25的选择效率最高,其次为MZA6393,LSdCAP3的选择效率最低。

2.2 昌7-2回交群体中的纯合抗病单株的筛选

2.2.1 分子标记辅助筛选纯合抗病单株

利用选择效率最高的分子标记3M1-25对包含54个家系的BC₂F₂和271个家系的BC₃F₂群体进行检测,与抗病供体1JD006一致的带型记为纯合抗病基因型,与感病亲本昌7-2一致的带型记为纯合感病基因型,兼具二者的带型为杂合抗病基因型(图1),在BC₂F₂世代中12株纯合抗病基因型的单株,在BC₃F₂世代中筛选到13株纯合抗病基因型的单株。



注:M为Trans2K^{II} DNA Marker;1~22为BC₂F₂和BC₃F₂群体中的单株;R为抗病亲本1JD006;S为感病亲本昌7-2。

Note: M, Trans2K^{II} DNA Marker; 1-22, single plants in BC₂F₂ and BC₃F₂; R, resistant line 1JD006; S, susceptible line Chang7-2.

图1 标记3M1-25对BC₂F₂和BC₃F₂群体部分单株的基因型检测

Fig.1 Genotype results of marker 3M1-25 in BC₂F₂ and BC₃F₂ population

2.2.2 纯合抗病单株背景回复率分析和田间接种鉴定

在轮回亲本昌7-2与抗病亲本1JD006之间筛选到65个SSR标记存在多态性,用于对含纯合主效抗病位点的BC₂F₂和BC₃F₂世代单株进行背景回复率分析。在BC₂F₂群体中背景回复率大于理论值

(87.50%)的单株有6株,BC₃F₂世代中背景回复率大于理论值(93.75%)的单株有12株,其中,6株回复率大于96.92%。上述单株分别自交加代至BC₂F₂世代和BC₃F₂世代后进行田间接种鉴定,平均发病率均低于40%,表现为抗病,与轮回亲本昌7-2相比发病率平均降低89%左右(表4)。

表4 含有纯合主效抗病位点的BC₂F₂和BC₃F₂单株背景回复率和田间发病率分析

Table 4 Background recovery rate and incidence rate analysis of the single plants in BC₂F₂ and BC₃F₂ population with homozygous resistance loci

群体	序号	单株编号	标记总数	回复标记数	回复率(%)	田间发病率(%)
Population	No.	Single plant No.	Total number of markers	No. of recovery makers	Recovery rate	Incidence rate
BC ₂ F ₂	1	13HS1307	65	57	93.84	6.40
	2	13HS1323	65	57	93.84	9.80
	3	13HS1326	65	57	93.84	4.40
	4	13HS1302	65	55	92.31	2.40
	5	13HS1291	65	51	89.23	4.30
	6	13HS1306	65	51	89.23	10.00
BC ₃ F ₂	1	4JZ574-01	65	62	97.69	6.00
	2	4JZ574-02	65	62	97.69	5.40
	3	4JZ574-09	65	62	97.69	3.90
	4	4JZ535-02	65	61	96.92	6.20
	5	4JZ555-07	65	61	96.92	2.00
	6	4JZ560-12	65	61	96.92	4.20
	7	4JZ569-01	65	60	96.15	8.50
	8	4JZ535-13	65	60	96.15	10.80
	9	4JZ555-01	65	60	96.15	7.20
	10	4JZ584-01	65	60	96.15	2.20
	11	4JZ584-06	65	57	93.84	3.60
	12	4JZ652-15	65	57	93.84	6.40

注:回复标记数指基因型与昌7-2一致的分子标记数,回复率=回复标记数/标记总数×100%。

Note: Number of recovery markers means the markers showing the same genotype with Chang 7-2, and recovery rate means the ratio of number of recovery makers and total number of markers.

2.3 含纯合主效抗病位点 BC₃F₂家系的农艺性状评价

利用 *t* 检验对含有纯合主效抗病位点且背景回复率 ≥ 96.92% 的 6 个 BC₃F₃ 家系与其轮回亲本昌 7-2

进行农艺性状的差异分析(表 5)。除家系 4JZ574-01 在株高、穗位高和穗粗上显著或极显著降低,其余家系在调查的农艺性状上与轮回亲本无显著差异。

表 5 含纯合主效抗病位点的 BC₃F₃ 家系与轮回亲本昌 7-2 农艺性状的差异比较

Table 5 Comparison of agronomic traits between BC₃F₃ lines with the homozygous major resistance loci and recurrent parent Chang 7-2

家系 Line	株高 (cm) Plant height	穗位高 (cm) Ear height	雄穗分枝数(个) No. of tassel branch	穗长 (cm) Ear length	穗粗 (cm) Ear diameter	轴粗 (cm) Aix diameter	穗行数 (行) Ear rows	百粒重(g) 100-seeds weight
4JZ574-01	173.00±3.00*	65.00±2.00**	17 ~ 19	10.20±0.46	4.23±0.13*	2.72±0.05	16	24.75±0.64
4JZ574-02	181.67±3.51	78.67±4.73	17 ~ 19	9.43±0.71	4.38±0.17	2.89±0.07	16 ~ 18	25.81±0.42
4JZ574-09	187.00±6.00	75.00±5.57	18 ~ 22	10.03±0.40	4.36±0.10	2.86±0.07	16	25.08±0.52
4JZ535-02	193.67±7.37	86.33±6.03	18 ~ 20	9.73±0.64	4.45±0.06	2.86±0.06	16 ~ 18	26.44±0.62
4JZ555-07	192.00±6.00	82.67±4.04	17 ~ 21	11.10±0.95	4.29±0.03	2.78±0.03	16	25.46±0.71
4JZ560-12	197.67±6.51	85.33±4.62	17 ~ 19	10.73±1.07	4.31±0.07	2.82±0.06	16	26.59±0.41
昌 7-2	185.33±5.03	79.33±3.06	17 ~ 21	10.33±0.83	4.35±0.09	2.88±0.08	16 ~ 18	25.62±0.65

注: *、** 分别代表在 0.05 和 0.01 水平上显著。

Note: * and ** indicated significances with a probably level of 0.05 and 0.01, respectively.

3 结论与讨论

利用与目标基因连锁或根据目标基因序列开发的分子标记,对种质资源直接进行基因型选择,通过回交将供体材料中的重要基因转移到目标材料中改良其个别性状,已经广泛应用到了基因聚合和基因渗入等育种实践中^[10]。其中,广泛使用的连锁分子标记,是来自于不同亲本构建的分离群体 QTL 定位的结果,选择的可能不是最优等位基因,且与目标基因的连锁程度也不一样,将其应用于不同的遗传背景中,追踪目标基因的有效性必然会有所不同。陈芳等评价了 8 个与抗小麦白粉病基因 *PMch1357* 连锁的 STS 和 CAPS 标记在育种中的有效性与实用性,筛选出 4 个标记基因型与表型的符合率均达到 93% 以上,可用于育种实践^[11]。本研究中选用的 5 个与 bin2.09 主效抗丝黑穗病位点紧密连锁的分子标记,在昌 7-2 背景中标记 3M1-25 选择效率最高。因此,在不同遗传背景中使用分子标记辅助选择,有必要对其选择效率进行检验。

塘四平头类群玉米自交系进行抗病抗性改良具有重要意义^[10]。本研究以塘四平头血缘的自交系昌 7-2 为目标,利用筛选出的高选择效率分子标记 3M1-25 进行辅助选择,在 BC₂F₂ 和 BC₃F₂ 世代分离群体中筛选出了一批含有纯合抗病位点、背景回复率高、田间抗性评价为中抗以上且农艺性状表现优良的单株。利用对单一抗性位点的分子标记辅助育种

技术筛选出的改良单株,丝黑穗病的田间发病率较原始材料昌 7-2 降低了 89% 左右。自交系自身的遗传背景对改良效果有显著影响。将对优良单株进一步自交,并配制杂交组合,多年多点在田间和室内接种条件下分析其遗传特性,评价其育种价值。

本研究结果表明,与 bin2.09 主效抗丝黑穗病位点紧密连锁的分子标记 3M1-25 选择效率最高。利用标记辅助选择结合田间接种鉴定,在 BC₂F₂ 群体中筛选出背景回复率大于理论值 87.50% 的 6 个单株,BC₃F₂ 群体中筛选出背景回复率 ≥ 96.92% 的 6 个单株,田间平均发病率均低于 40%;除家系 4JZ574-01 外的 5 个 BC₃F₃ 家系在农艺性状上与轮回亲本基本一致。

参考文献:

- [1] Halisky P M. Head smut of sorghum, sudangrass, and corn, caused by *Sphacelotheca reiliana*(Kühn) Clint[J]. Hilgardia, 1963, 8(34): 287-304.
- [2] 董金皋. 农业植物病理学(北方本)[M]. 北京:中国农业出版社, 2001.
- [3] Tanksley S D, Young N H, Paterson A, Bonierbale M W. RFLP Mapping in plant breeding: new tools for an old science[J]. Biotechnology, 1989, 7(3): 257-264.
- [4] 堵纯信, 曹春景, 曹青, 等. 玉米杂交种郑单 958 的选育与应用[J]. 玉米科学, 2006, 14(6): 43-45, 49.
Du C X, Cao C J, Cao Q, et al. The breeding and application of maize hybrid Zhengdan958[J]. Journal of Maize Sciences, 2006, 14(6): 43-45, 49. (in Chinese)
- [5] Li X H, Wang Z H, Gao S R, et al. Analysis of QTL for resistance to

- head smut(*Sporisorium reilianum*) in maize[J]. *Field Crops Research*, 2008, 106: 148-155.
- [6] Zuo W L, Chao Q, Zhang N, et al. A maize wall-associated kinase confers quantitative resistance to head smut[J]. *Nature Genetics*, 2015, 47(2): 151-157.
- [7] Di H, Liu X J, Wang Q K, et al. Development of SNP-based dCAPS markers linked to major head smut resistance quantitative trait locus qHS2.09 in maize[J]. *Euphytica*, 2015, 202: 69-79.
- [8] Xu M L, Li B L, Kevin Fengler, et al. Genetic loci associated with head smut resistance in maize[P]. US, 2010.
- [9] 刘显君. 玉米抗丝黑穗病近等基因系的创建及其功能标记开发[D]. 哈尔滨:东北农业大学, 2011.
- [10] 焦芳婵, 陈学军, 童治军, 等. 利用分子标记辅助选择改良烤烟资源 YNR3 黑胫病抗性[J]. *分子植物育种*, 2019, 17(23): 7811-7816.
- Jiao F C, Chen X J, Tong Z J, et al. Improving the resistance of tobacco black shank in tobacco resource YNR3 by marker-assisted selection[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2019, 17(23): 7811-7816. (in Chinese)
- [11] 陈 芳, 李 欣, 乔麟轶, 等. 抗白粉病基因 *PmCHI357* 相关分子标记验证与评价[J]. *麦类作物学报*, 2020, 40(1): 41-48.
- Chen F, Li X, Qiao L Y, et al. Evaluation and validation of molecular markers associated with powdery mildew resistance gene *PmCHI357*[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(1): 41-48. (in Chinese)
- [12] 李春辉, 才 卓, 李凤任, 等. 塘四平头种质对吉林省玉米育种的影响[J]. *玉米科学*, 2008, 16(6): 11-14.
- Li C H, Cai Z, Li F R, et al. The Effect of Tangsepingtou on maize breeding in Jilin province[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2008, 16(6): 11-14. (in Chinese)
- [13] 华福平, 申为民, 张 毅, 等. 优良玉米自交系昌7-2的特征特性及其利用[J]. *河南农业科学*, 2004, 32(4): 11-13.
- Hua F P, Shen W M, Zhang Y, et al. Characteristics and utilization of the excellent inbred maize line Chang 7-2[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2004, 32(4): 11-13. (in Chinese)

(责任编辑: 朴红梅)

中国科技核心期刊 RCCSE 中国核心学术期刊 《CAJ-CD 规范》执行优秀期刊
中国农业核心期刊 中国核心期刊(遴选)数据库期刊

2021 年《特产研究》征订、征稿启事

《特产研究》是由中华人民共和国农业农村部主管、中国农业科学院特产研究所主办的国家级农牧特产学术性科技期刊。

期刊定位: 本刊立足于中国农牧特产业科学发展前沿, 兼顾理论探索与应用基础研究, 主要报道特种经济动物的遗传育种、饲养繁殖、饲料营养、野生动物驯化、疾病防治和特种经济植物的引种驯化、栽培管理、病虫害防治、贮藏加工、测试分析等方面的最新科研成果, 介绍农牧特产业的新技术、新方法、新经验等。设有研究报告、测试分析、专题论述与综述等栏目。

读者对象: 适合各级从事特产科技工作的院校师生、科研人员、生产技术人员及广大农村种植、养殖业专业户参阅。

双月刊, 大 16 开, 彩色印刷, 双月 10 日出版, 每册定价 20.00 元, 全年 6 册共 120.00 元。国内统一连续出版物号: CN 22-1154/S, 国际标准连续出版物号: ISSN 1001-4721, 邮发代号: 22-17, 全国各地邮局均可订阅, 亦可直接联系编辑部订阅。

地 址: 长春市净月国家高新技术产业开发区聚业大街 4899 号 邮 编: 130112

单 位: 《特产研究》编辑部 联系人: 赵 艳

电 话: (0431)81919588 投稿信箱: tcyj@caas.cn(从未设投稿网站)