

大豆根际未培养与培养细菌群落结构差异比较研究

徐艳霞^{1,2}, 王光华², 金 剑², 刘居东², 张秋英², 刘晓冰²

(1. 黑龙江八一农垦大学, 大庆 163319; 2. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 黑土生态实验室, 哈尔滨 150081)

摘要 根际土壤微生物群落结构是根际微生态系统中的重要组成部分, 与根际养分有效性、植物生长发育及抗病性等关系密切, 不同植物间、同一植物的不同基因型之间根际微生物群落结构差异较大。利用从两种基因型大豆根际土壤中直接提取和从平板培养菌落提取的微生物 DNA 为模板, 采用细菌通用引物 GC-357f 和 517r 进行 PCR 扩增, 对 PCR 产物的 DGGE 图谱进行聚类 and 主成分分析。结果表明, 不同基因型大豆根际土壤未培养的细菌群落结构差异不大, 而在土壤浸提液和 NA 培养基上形成的可培养的细菌群落结构受培养基种类和接种浓度 (10^{-2} 和 10^{-3}) 影响较小, 但受不同大豆基因型影响而产生了差异。对 DGGE 条带进行分析表明, 大豆根际未培养的细菌群落物种丰富度 (S) 和多样性指数 (H) 明显高于可培养细菌, 说明培养过程是一个再选择的过程, 在这个过程中一些微生物的信号得到放大, 而大量的微生物信息缺失。对主要 DGGE 条带测序显示, 大豆根际有三大类细菌: 拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 和放线菌门 (*Actinobacteria*)。变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 中的 γ -*Proteobacteria*、 α -*Proteobacteria* 和放线菌门 (*Actinobacteria*), 在未培养和培养细菌中都表现为优势种群。与培养细菌相比, 变形杆菌门中的 β -*Proteobacteria* 和拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 细菌在可培养细菌中占优势, 而在未培养细菌中丰度较低。结果证明, 大豆根际细菌经培养后已使原有的群落结构发生改变, 影响对原位细菌群落结构的认识。

关键词 大豆; 根际; 细菌群落; PCR-DGGE

中图分类号 S154.36 文献标识码 A 文章编号 1000-9841(2007)06-0907-07

COMPARISON OF BACTERIAL COMMUNITY IN RHIZOSPHERE OF SOYBEAN BY ANALYSIS OF 16S RDNA OBTAINED DIRECTLY FROM SOIL AND CULTURE PLATE

XU Yan-xia^{1,2}, WANG Guang-hua², JIN Jian², LIU Ju-dong², ZHANG Qiu-ying², LIU Xiao-bing²

(1. Heilongjiang August First Land Reclamation University, Daqing 163319; 2. Key Lab of Black Soil Ecology, Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Science, Harbin 100081)

Abstract Microbial community in rhizosphere is an important component in rhizosphere ecosystems, which is closely related to the nutrient availability, plant growth and disease resistance. There are great differentiations in rhizosphere microbial community among plant species or even genotypes. In this study, using the microbe DNA extracted from the rhizosphere of two soybean genotypes (culture-independent)

收稿日期: 2007-07-02

基金项目: 黑龙江省科技厅“十一五”重点课题 (GA06B101-3-1)

作者简介: 徐艳霞 (1981-), 女, 硕士研究生, 主要从事根际土壤微生物多样性的研究。

通讯作者: 王光华, 博士, 研究员。E-mail: guanguhuawang@hotmail.com

and from colony incubated on two culture media (culture-dependent) as the template, the bacterial 16S rDNA fragments were amplified with primer set GC-357f and 517r, and the PCR products were separated by DGGE, the band pattern was analyzed by Cluster and PCA analysis. The results showed that bacterial communities in the two soybean rhizosphere were similar, but the communities which were obtained from culture plate differed with genotype, and not influenced by culture medium as soil extract medium and NA medium as well as inoculation density. DGGE results showed that the bacterial species diversity index (H) and abundance (S) of culture-independent method were higher than those of culture-dependent, which indicated that the culture-dependent method is a re-choice process. In this process some microbes information was enhanced while many of microbes information were lost. Sequence results showed that the bacteria of *Bacteroidetes*, *Proteobacteria* and *Actinobacteria* commonly existed in the soybean rhizosphere, and the γ -*Proteobacteria*, α -*Proteobacteria* and *Actinobacteria* were all the dominate bacteria. The bacteria of β -*Proteobacteria* and *Bacteroidetes* did not dominate in the soybean rhizosphere, but in the culture plate. This study clearly identified that the bacterial community structure changed after culture, compared with uncultured, which may impede the research of bacterial community in natural condition.

Key words Soybean; Rhizosphere; Bacterial community; PCR-DGGE

植物的生长发育与土壤微生物,特别是根际微生物关系密切^[1]。根际是受植物根系影响的微区,根际土壤微生物群落结构变化对根际微生态系统中养分活化、植物抗病性等方面都产生重要影响^[2-3]。研究表明,不同植物间、同一植物的不同基因型之间根际效应不同,其根际微生物的数量、种类也有很大差异^[4]。

传统培养法一直以来被认为是微生物学研究的基石^[5],这种方法可以直观地了解环境微生物的变化。然而许多环境微生物在营养培养基中可培养性低,往往造成某些微生物的富集生长,而另一些微生物的缺失,因而严重地制约了微生物多样性研究的发展。随着微生物分子生态学技术的发展,人们可以避免传统培养方法的弊端,直接从环境中提取微生物 DNA 或 RNA,从分子水平上解析微生物群落结构和功能的变化。这些方法包括 PCR (polymerase chain reaction)-DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis), PCR-RFLP (restriction fragment length polymorphism), PCR-RAPD (random amplified polymorphic DNA) 和 T-RFLP (terminal-restriction fragment length polymorphism) 等^[6],其中 PCR-DGGE 技术是在微生物生态学中广泛运用的研究方法,该技术可以使长度相同而碱基序列不同的 DNA 片段得到分离^[7],进而分析群落中微生物组成的多样性。

大豆是重要的经济作物,不同基因型大豆其产量性状^[8]、抗病性^[9]和抗逆性^[10]等方面都存在较大的差异,然而针对不同基因型大豆的根际微生物

特征变化,特别是根际微生物群落变化还鲜有报道。为此,本文以两种不同基因型大豆作为研究对象,对比研究其根际未培养与可培养细菌群落结构的差异,解析不同基因型大豆的根际微生物学效应。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选择大豆品种(系)合丰 25 和龙选 1 号作为试验材料。供试土壤为 2006 年 5 月取自黑龙江省鸡西市滴道区兰岭乡的棕壤土。0~20 cm 耕层有机质含量为 20.80 g kg⁻¹、全氮 0.87 g kg⁻¹、全磷 0.31 g kg⁻¹、全钾 22 g kg⁻¹、速效氮 82.25 mg kg⁻¹、速效磷 8.62 mg kg⁻¹、速效钾 130 mg kg⁻¹, pH 5.2。

1.2 试验方法

试验采用盆栽法。于 2006 年 5 月在中科院东北地理与农业生态所的玻璃温室中进行,每个基因型大豆种 4 盆(4 次重复),每盆 3 株,在大豆生长的 R1 期扣盆采样,采用抖根法取根际土样^[11],土样保存在 -80 °C 冰箱中。

1.2.1 根际土壤微生物总 DNA 的提取与纯化 微生物 DNA 提取参考 Zhou 等^[12]和 Watanabe 等^[13]的方法。粗提 DNA 溶于 100 μ L 的 TE buffer 中,利用 Sephadax G-200 柱层析法纯化。

1.2.2 根际土壤细菌培养及菌体 DNA 回收 取

1 g 根际土样加入 9 mL 浓度为 0.85% 的灭菌 NaCl 溶液,充分振荡,制备 10^{-2} 和 10^{-3} 两种稀释度的菌悬液,取 100 μ L 分别注入到 NA 和土壤浸提液固体培养基上,涂匀。置于 15 $^{\circ}$ C 培养箱中培养,培养 15 d,分别用 10 mL 无菌水洗涤平板,收集细菌菌体于离心管中,10 000 $r \min^{-1}$ 离心 10 min 获得菌体。采用 1.2.1 方法提取菌体 DNA。

1.2.3 PCR 扩增及 DGGE 分析 选择细菌的通用引物 GC357f 和 517r 对细菌 16S rDNA 的 V3 区进行 PCR 扩增^[14]。采用 DCode 突变检测系统对样品进行 DGGE 分析。所用的聚丙烯酰胺凝胶浓度为 8%,变性梯度为 30% ~ 70% (100% 的变性剂为 7 mol L^{-1} 尿素,40% 甲酰胺)。在 100 V、60 $^{\circ}$ C、1 \times TAE 溶液中电泳 14 h 后,取下凝胶置于稀释至 3300 倍的 GelRed 核酸染料中染色 20 min,UVI 成像系统拍照。采用 QuantityOne 分析软件(Bio-Rad)确定样品电泳条带数及亮度。

1.2.4 测序 对切下的 DGGE 条带,经多次 PCR - DGGE 检测获得单一条带后,PCR 产物提交测序公司(上海英俊生物技术有限公司)测序,所得序列与 NCBI 数据库上的 DNA 基因库进行同源性比较,确定含有目标基因微生物的类别。

1.2.5 数据分析 对 DGGE 图谱的数据分析,选择 Shannon-Weaver 多样性指数 $H = -\sum p_i \ln p_i$ 和均匀度指数 $E = H/\ln S$ 表征群落结构状态^[15]。 p_i 是某个样品中单一条带的强度在该样品中的所有条带总强度中所占的比率,可以用 $P_i = n_i/N$ 求出,其中 n_i 为第 i 个种的亮度峰值, N 为所有物种亮度峰值之总和, S 为某个样品中所有条带数目总和。再利用统计软件进行主成分分析^[16]及聚类分析,聚类分析应用 <http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/bb0/BlackBox0.html> 网站进行分析。采用 Sigma-Plot 2000 绘图。

2 结果与分析

2.1 平板培养的直接观察

平板观察的结果表明,各处理平板菌落生长情况有一定的差异。72 h 内各培养皿均未见菌落生长,3 ~ 10 d 内菌落生长较快,其中在 NA 培养基中菌落密集,部分微黄色;在土壤浸提液培养基中菌落微小,多数为半透明。合丰 25 根际细菌数量多于龙选 1 号。

2.2 PCR-DGGE

从大豆根际土壤中直接提取纯化的微生物总 DNA 及经平板培养后提取的菌体 DNA 为模板进行 PCR 扩增,均得到大小为 230 bp 左右的 DNA 片段(图 1),适合于 DGGE 分析。

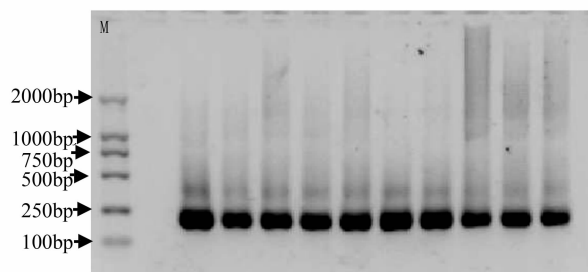
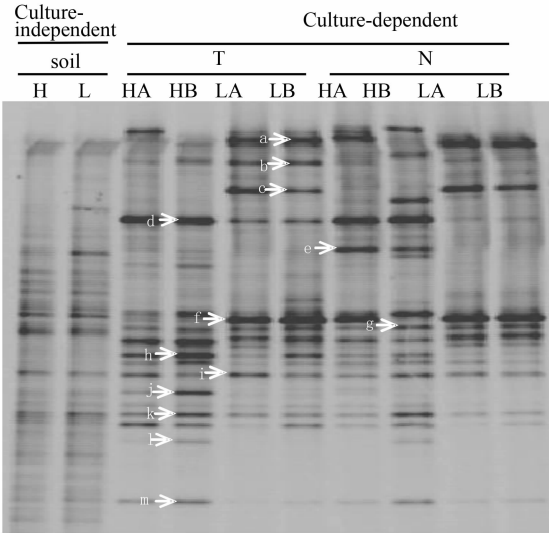


图 1 利用引物 GC-357f-517r 对土壤细菌 16S rDNA 扩增结果

Fig. 1 PCR Amplification of 16S rDNA gene of soil bacteria with primer GC-357f-517r

图 2 为不同样品 PCR 产物的 DGGE 指纹图谱,图中条带的有无及亮度可以代表某种细菌存在与否及数量的相对多少。不同处理的 DGGE 图谱条带都有差异,但处理间有些条带在位置和亮度上比较相近,如图中的 f 、 i 、 k 等条带代表的细菌,在大豆根际土壤和经培养后都表现为优势种,说明大豆根际中的一些优势菌群在培养前和培养后未发生较大变化。但是也有一些细菌培养后为优势细菌,而在大豆根际并非为优势种,如合丰 25 根际细菌群落结构中,条带 d 、 h 代表的细菌在培养过程中表现为优势种群,而在根际土壤中未体现或表现不明显;同样,在龙选 1 号根际细菌中,条带 b 、 c 、 f 所代表的细菌在培养中其数量明显高于未培养,并且条带 b 、 c 在未培养中没有体现。说明大豆根际未培养细菌与培养细菌群落结

构存在显著差异。大豆根际未培养细菌与培养细菌的多样性指数 H 和条带数 S 的差异见表 1, 未培养细菌的条带数 S 和多样性指数 H 都明显高于可培养的细菌。说明培养过程是一个再选择的过程, 在这个过程中一些微生物的信号得到放大, 而大量的微生物信息缺失。



H: 合丰 25; L: 龙选 1 号. A: 稀释度 10^{-2} ; B: 稀释度 10^{-3}
T: 土壤浸提液培养基; N: 牛肉膏蛋白胨培养基
H: Henfeng 25; L: Longxuan 1. A: Dilution 10^{-2} ; B: Dilution 10^{-3}
T: Soil extract medium; N: Nutrient agar

图 2 大豆根际未培养与培养细菌群落的 16S-rDNA 的 DGGE 指纹图谱

Fig. 2 DGGE profile of bacterial community in soybean rhizosphere estimated by culture-independent and culture-dependent methods

表 1 大豆根际未培养与培养细菌群落丰富度 (S)、多样性指数 (H) 和均匀度指数 (E)

Table 1 Abundance, diversity index and richness of bacterial community in soybean rhizosphere estimated by culture-independent and culture-dependent methods

细菌 DNA 提取方法 Methods of DNA abstraction	处理 Treatments	S	H	E
直接提取法 Obtained directly	H	51	3.89	0.989
	L	50	3.85	0.984
土壤浸提液培养基培养提取 Obtained culture-dependent bacteria from soil extract medium	HA	32	3.42	0.987
	HB	31	3.38	0.985
	LA	30	3.33	0.981
	LB	29	3.31	0.983
NA 培养基培养提取 Obtained culture-dependent bacteria from NA medium	HA	30	3.34	0.984
	HB	29	3.32	0.987
	LA	26	3.18	0.978
	LB	26	3.18	0.977

2.3 DGGE 图谱的聚类 and 主成分分析

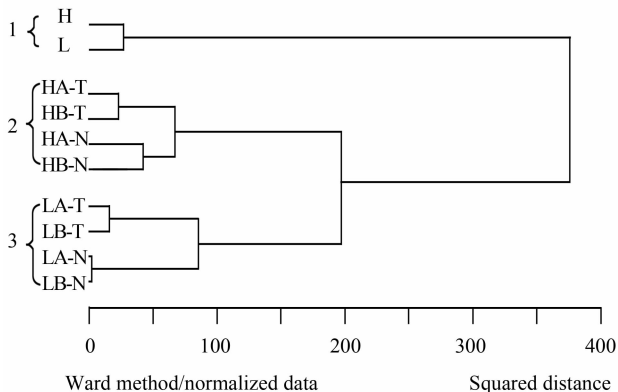
对 DGGE 指纹图谱聚类分析发现, 整个聚类图可分为两大类, 一类为未培养细菌, 另一类为可培养细菌, 这说明大豆根际未培养细菌与可培养细菌的群落结构存在较大差异。而在可培养细菌中, 合丰 25 根际细菌聚为一类, 龙选 1 号根际细菌聚为一类, 说明经过培养基培养后, 将两种基因型大豆根际不同的优势细菌的信息表现出来, 但是这种现象仅仅体现在培养后的细菌群落中, 而在未培养细菌群落中并无明显差异。进而说明两种基因型大豆对根际可培养细菌群落结构影响较大, 而对未培养的细菌群落结构影响较小。

主成分分析结果与聚类分析结果相一致, 从图 4 中可知, 各处理明显聚集成三个区域, 其中第一象限为龙选 1 号可培养根际细菌, 第二象限是合丰 25 可培养根际细菌, 第三象限为两种基因型大豆根际未培养细菌。表明不同基因型大豆根际土壤未培养的细菌群落结构差异不大, 并且在土壤浸提液和 NA 培养基上形成的可培养的细菌群落结构受培养基种类和接种浓度 (10^{-2} 和 10^{-3}) 影响较小, 但在可培养细菌中受不同大豆基因型影响而产生了分异, 表现出了不同群落结构。

2.4 大豆根际中优势细菌类群的测序分析

对 DGGE 图谱上主要条带测序分析结果见图 5, 在大豆根际细菌中至少生存有三大类群细菌: 拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 和放线菌门 (*Actinobacteria*)。其中条带 f 、 i 和 k 分别代表变形杆菌门 (*Proteobacteria*) 中的 γ -*Proteobacteria*、 α -*Proteobacteria* 和放线菌门 (*Actinobacteria*), 在未培养和培养细菌中都表现为优势种群。并且变形杆菌门的细菌在大豆根际细菌群落中数量、种类居多, 群落结构复杂; 在未培养细菌中, 条带 b 、 d 、 g 所代表的细菌为变形杆菌门中的 β -*Proteobacteria*, 与大豆根际可培养细菌相比其数量较少; 条带 a 、 e 所代表的拟杆菌门的细菌群落未培养中也并非为优势种群, 而在培养条件下成为优势种群。证明培养后的细菌群落只能部分的表现大豆根际细菌群落结构状态, 不能客观全面地反映环境中微生物真实信息, 进而影响对原位细菌群落结构的认识。另外, 两种基因型的大豆的可培养细菌中, l 、 m 所代表的放线菌门 (*Actinobacteria*) 的细菌在合丰 25 的根际其数量多于龙选 1 号, 而在未培养细菌中则差

异不明显,说明这些放线菌门的细菌在大豆合丰 25 的根际较龙选 1 号多,但未达用 PCR - DGGE 直接检测到的差异水平,而采用平板放大培养,这种差异就得以体现。可见平板培养对于了解特定微生物的动态是有其优越性的。



1: 未培养;2:合丰 25 可培养;3:龙选 1 号可培养

1: Culture-independent bacteria ;

2: Culture-dependent bacteria of Hefeng 25 in rhizosphere;

3: Culture-independent bacteria of Longxuan1 in rhizosphere

图 3 DGGE 图谱的聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of DGGE band patterning

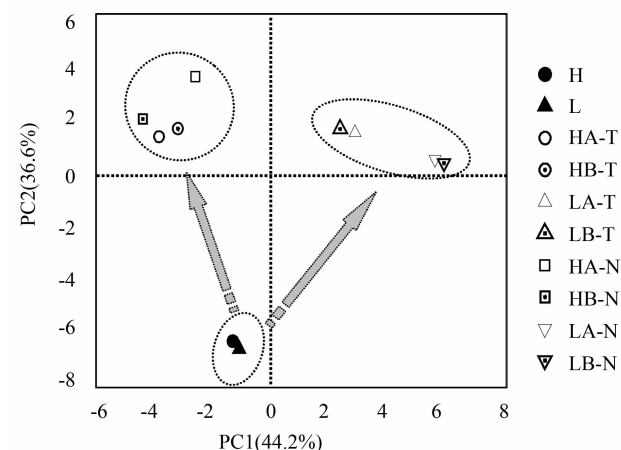


图 4 DGGE 图谱的主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis of DGGE band patterning

3 讨论

由于受到根际效应的影响,根际微生物在数量和结构组成上与非根际土壤相差很大^[3],了解

根际微生物对于更好地理解不同植物或同一植物的不同基因型间的根际生物学和生物化学过程是非常重要的。研究表明,1 g 土壤中存在成千上万种微生物^[17],但是这些微生物大多数都是未知的。随着分子生物学的理论与技术在微生物学研究中的应用,直接从土壤中提取微生物总 DNA 的非培养法表现出很大的优势,本研究中利用传统培养技术与直接从土壤中提取微生物总 DNA 相结合的方法分析了大豆根际未培养与培养细菌群落结构的差异,经 DGGE 指纹图谱显示未培养细菌的群落结构在多样性方面有较高的优势,原因在于直接从土壤中提取微生物总 DNA 的方法能够比较全面的体现大豆根际细菌种群结构的原始信息,提高了研究结果的真实性和可靠性。如 Dunbar^[18]等研究也发现,从树根圈土壤中直接提取的有 498 种系 (Phylotype) 而在分离培养物中却只有 34 种。

在本研究中,培养后细菌的群落结构,尽管部分反映了原位土壤优势种群的信息,但细菌群落结构及组成发生了显著的变化,有些细菌群体并非为环境中的优势种群。经切胶测序结果显示,在大豆根际未培养中为非优势种群的细菌分别为拟杆菌门和变形杆菌门中的 β -Proteobacteria,但在培养后成为优势菌群。究其原因,可能是由于传统培养方法极度营养变化的环境造成选择性偏差^[19]。所以在培养基条件下,可能回收环境中可能并不起主要作用或在数量上不占优势的菌群。

另外,经培养后,两种基因型大豆间根际细菌群落结构表现出明显的不同,说明大豆基因型的差异对可培养细菌产生了明显的影响。由于根系系统中,微生物群落的变化与根际分泌物和根际养分的变化有着重要的联系^[20],因而不同的植物类型其根际分泌物和根际养分有所不同,导致其微生物群落组成及结构亦有所差异。但在原位土壤中,由于土壤的缓冲作用,这种差异表现不明显,而通过平板培养的再选择过程,使得某些可培养的细菌信息扩大化,不同处理间表现差异。这些差异微生物是否在大豆生长发育中起作用还有待于进一步研究。

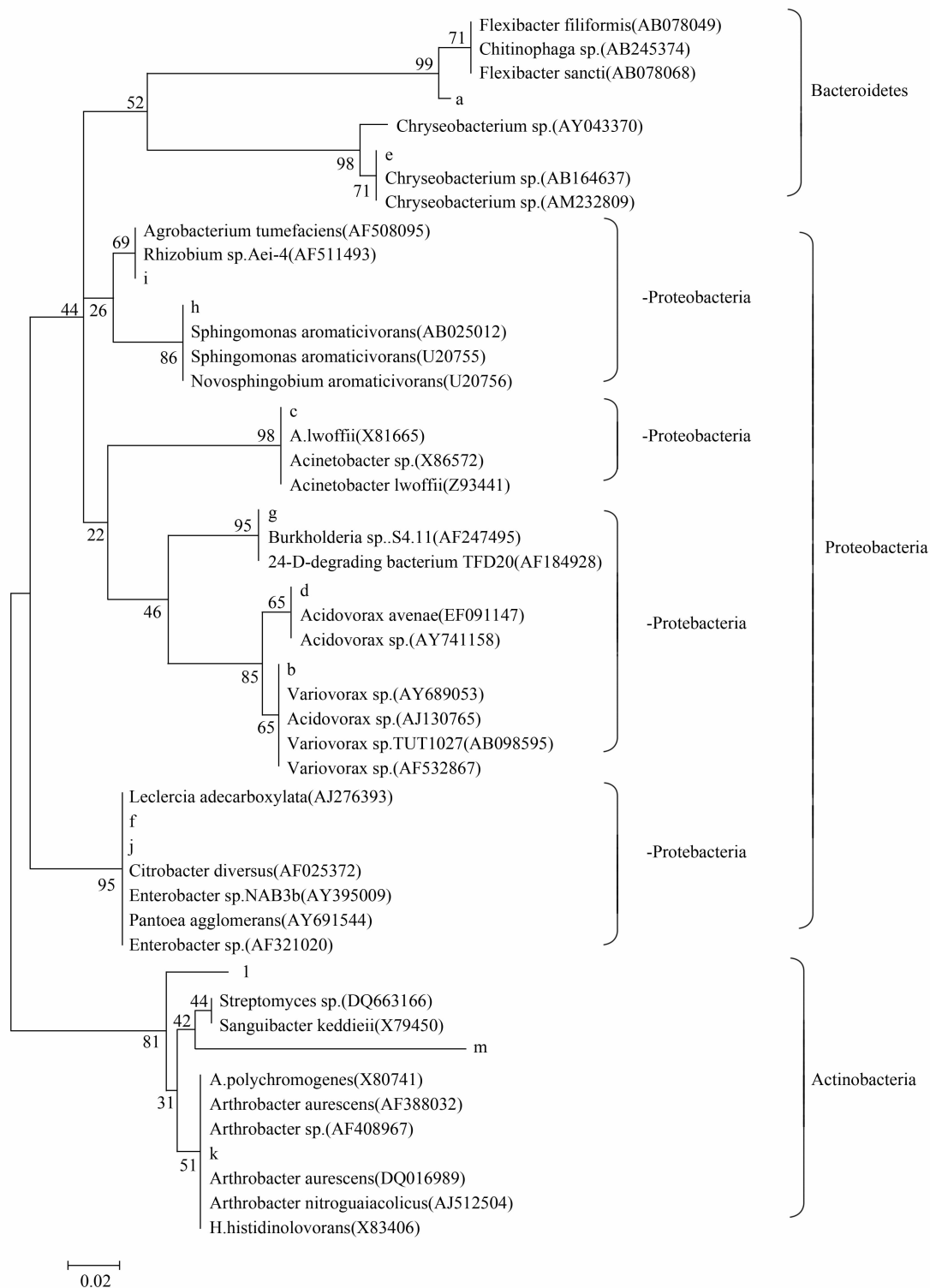


图5 大豆根际细菌 16S rDNA 的 DGGE 图谱主要条带系统发育分析

Fig. 5 Phylogenetic relationships of 16S rDNA sequences retrieved by DGGE with primers GC-357f and 517r from soybean rhizosphere

参 考 文 献

- [1] 陈文新,李阜隶. 我国土壤微生物学和生物固氮研究的回顾和展望[J]. 世界科技研究与发展,2003,24(4):612.
- [2] 王如华,张启发,周宝利,等. 浅析植物根分泌物与根际微生物的相互作用关系[J]. 土壤通报,2007,38(1):167-172.
- [3] 沈瑞清,张萍,康萍芝,等. 根际微生物与植物病害关系的研究进展[J]. 宁夏农林科技,2006,(5):46-48.
- [4] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, et al. Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33:1437-1445.
- [5] 叶姜瑜,罗固源. 微生物可培养性低的生态学原因与对策[J]. 微生物学报,2005,45(3):478.
- [6] 张汉波,段昌群,屈良鹄. 非培养方法在土壤微生物生态学研究中的应用[J]. 生态学杂志,2003,22(5):131-136.
- [7] 蔡燕飞,廖宗文. 土壤微生物生态学研究方法进展[J]. 土壤与环境,2002,11(2):167-171.
- [8] 刘得金,周以飞. 福州地区春大豆基因型、播期对产量的效应[J]. 大豆科学,1991,(3):331-333.
- [9] 马淑梅,李宝英. 大豆种质资源对大豆疫霉菌抗病性测定[J]. 大豆科学,2006,25(3):279-287.
- [10] 王萍,王罡,季静. 大豆基因型在组织培养条件下对 NaCl 耐性的研究[J]. 大豆科学,2006,25(4):421-424.
- [11] 李洪连,袁宏霞,王焯,等. 根际微生物多样性与棉花品种对黄萎病抗性的关系研究[J]. 植物病理学报,1999,22(3):242-246.
- [12] Zhou J, Bruns M A, Tiedje J M. DNA recovery from soils of diverse composition [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62:316-312.
- [13] Watanabe T, Asakawa S, Nakamura A, et al. DGGE method for analyzing 16SrDNA of methanogenic archaeal community in paddy field soil [J]. FEMS Microbiology Letters, 2004, 23(2):153-163.
- [14] Muyzer G, De Waal E D, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain Reaction amplified genes coding for 16SrRNA [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59:695-700.
- [15] Yang C, Crowley D E. Rhizosphere microbial community structure in relation to root location and plant iron nutritional status [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, 66(1):345-351.
- [16] Tschirko D, Hammesfahr U, Marx M C, et al. Shifts in rhizosphere microbial communities and enzyme activity of Poa alpina across an alpine chronosequence [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36:1685-1698.
- [17] Rosell - Mora R, Amann R. The species concept for prokaryotes [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2001, 25(1):39-67.
- [18] Dunbar J, Takala S, Barns S M. Levels of bacterial community diversity in four arid soils compared by bacterial groups from soils of the arid southwestern united states that are present in many geographic regions [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1997, 63:3614-3621.
- [19] 孙晓棠,姚青,刘琼光,等. 利用 DGGE 评价不同培养基回收番茄根际细菌类群的能力[J]. 微生物学报,2006,(3):482-486.
- [20] 张福锁,申建波. 根际微生态系统理论框架的初步建立[J]. 中国农业科技导报,1999,1(4):15-20.

欢迎订阅《北方园艺》(月刊)

邮发代号 14-150 单月刊 每册定价 6.00 元 全年 72.00 元

《北方园艺》是由黑龙江省农业科学院主管、黑龙江省园艺学会和黑龙江省农业科学院主办的以科学研究和技术普及相结合的园艺类综合性科技期刊。于 1977 年创刊,30 多年来形成了自己的办刊特色,受到了全国农业科研、教学、生产第一线人员和广大读者的热情支持和欢迎,既是科技人员技术交流和发布佳篇新作的信息平台,也是园艺种植户的致富帮手和秘籍锦囊。

《北方园艺》是全国中文核心期刊、中国农业核心期刊、全国优秀农业期刊和黑龙江省优秀科技期刊。本刊内容丰富、栏目新颖、技术实用、信息全面。主要栏目:试验研究、专题综述、设施园艺、栽培技术(菜园、果园、瓜园)、园林花卉、生物技术、植物保护、食用菌、贮藏与加工等。信息涵盖园艺学的蔬菜、果树、瓜类、花卉、植保等研究的新技术、新品种、新经验。

国内外公开发行,单月刊,每月 15 日出版,大 16 开本,200 页内文,平订,彩四封及内插彩页印刷精美,每册定价 6.00 元,全年 72.00 元(页码增加,质量提高,定价没变)。全国各地邮局均可订阅,邮发代号 14-150,或直接向编辑部汇款订阅,竭诚欢迎全国各地科研院所人员、大专院校师生,各省、市、县、乡、镇农业技术推广人员、农民科技示范户等踊跃订阅,订阅者请在汇款单附言栏内写清订购份数,收件人姓名及详细地址、邮编。

地址:黑龙江省哈尔滨市南岗区学府路 368 号 黑龙江省农业科学院《北方园艺》编辑部

邮编:150086 电话:0451-86674276 E-mail:bfybjb@163.com