

泰安枣疯病植原体的分子鉴定

余贤美 王海荣 安淼 沈广宁 吕菲菲 周广芳*

(山东省果树研究所 山东 泰安 271000)

摘要: 【目的】对3个枣疯病病原物泰安株系进行分子鉴定。【方法】采用植原体通用引物对 R16F2n/R16R2, 通过直接 PCR 技术, 扩增枣疯病植原体 16S rDNA 基因, 通过 16S rDNA 基因序列分析和在线模拟 16S rDNA-RFLP 分析, 并将其 16S rDNA 基因序列提交到 GenBank 数据库。【结果】3个枣疯病病原物 16S rDNA 基因片段与 16Sr V-B 亚组中枣疯病植原体(AB052876 和 AF279272)、樱桃致死黄化植原体(AY197659)及杏卷叶植原体(FJ572660)的同源性高达 99.5%–99.7%, 分别命名为枣疯病植原体泰安圆铃 1 号株系(Jujube witches'-broom phytoplasma strain Yuanling1, JWB-Yuanling1, TA)、枣疯病植原体泰安鲁北冬枣株系(Jujube witches'-broom phytoplasma strain Lubeidongzao, JWB-Lubeidongzao, TA)和枣疯病植原体泰安大白铃株系(Jujube witches'-broom phytoplasma strain Dabailing, JWB-Dabailing, TA), 基因登录号分别为: HM989946、HM989947 和 HM989948。【结论】3个枣疯病植原体泰安株系均归属于 16Sr V-B 亚组。

关键词: 枣疯病, 植原体, 16S rDNA 序列分析, 模拟 16S rDNA-RFLP 分析, 分子鉴定

Molecular identification of jujube witches'-broom phytoplasmas strains from Tai'an

YU Xian-Mei WANG Hai-Rong AN Miao SHEN Guang-Ning

LÜ Fei-Fei ZHOU Guang-Fang*

(Shandong Institute of Pomology, Tai'an, Shandong 271000, China)

Abstract: [Objective] To identify the three jujube witches'-broom phytoplasmas strains from

基金项目: 国家科技支撑计划资助项目(No. 2008BAD92B03); 山东省农业良种工程项目(No. 2010LZ010)

*通讯作者: Tel: 86-538-8233211; 信箱: gkskyb@sina.com

收稿日期: 2012-02-16; 接受日期: 2012-05-08

Tai'an. **[Methods]** The phytoplasmas strains were identified by 16S rDNA sequence analysis via PCR amplification of 16S rDNA gene with the universal primer pair of R16F2n/R16R2 for phytoplasmas and online virtual 16S rDNA-RFLP analysis, and then their 16S rDNA sequences were deposited in GenBank. **[Results]** The results showed that the 16S rDNA sequences of the three strains shared the identity of 99.5%–99.7% with that of jujube witches'-broom phytoplasmas (AB052876 and AF279272), cherry lethal yellows phytoplasmas (AY197659) and apricot leaf roll phytoplasmas (FJ572660) which belong to 16Sr V-B subgroup, and they were named as jujube witches'-broom phytoplasma strain Yuanling1 (JWB-Yuanling1, TA), jujube witches'-broom phytoplasma strain Lubeidongzao (JWB-Lubeidongzao, TA) and jujube witches'-broom phytoplasma strain Dabailing (JWB-Dabailing, TA) respectively. The 16S rDNA sequences of three JWB strains were deposited in GenBank with the accession numbers of HM989946, HM989947 and HM989948 respectively. **[Conclusion]** The three phytoplasmas strains from Tai'an were identified as the members of 16Sr V-B subgroup.

Keywords: Jujube witches' broom, Phytoplasmas, 16S rDNA sequence analysis, Virtual 16S rDNA-RFLP analysis, Molecular identification

由植原体(Phytoplasma)引起的枣疯病(Jujube witches'-broom), 是枣树生产上具有毁灭性的强传染性检疫病害, 几乎分布于国内外所有的枣树栽培区^[1-3], 危害严重, 造成的经济损失巨大, 成为我国枣树发展的一大障碍。

人们对枣疯病病原的确定最早通过症状表现来判断。自 20 世纪 70 年代以来, 枣疯病植原体的检测技术经历了症状鉴定^[4]、电镜检测^[5]和分子生物学方法^[6-11] 3 个阶段。分子生物学技术在病毒检测实践中的应用, 使得枣疯病的鉴定方法发生了革命性的变化, 大大提高了检测的精确度。尤其是实时荧光 PCR, 具有良好的特异性, 灵敏度高, 耗时短, 操作方便, 还可避免 PCR 产物污染^[12]。但是, 直接 PCR 技术虽然在准确度和灵敏度等方面不如实时荧光 PCR, 但其准确度和灵敏度, 足以用于植原体的检测^[13-15], 而且对仪器的要求不高, 因此, 直接 PCR 仍然是现今检测枣疯病病原的主要手段之一。

本研究采用植原体 16S rDNA 通用引物, 以表现丛枝症状的枣树叶片总 DNA 粗提物为模板,

通过直接 PCR 技术, 扩增 16S rDNA 基因, 根据序列分析结果和在线模拟 16S rDNA-RFLP 分析结果, 对泰安枣疯病病原进行分子鉴定, 以期对枣疯病进行早期诊断, 为枣疯病的防治提供理论依据和技术支持。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

1.1.1 质粒和菌株: 克隆载体 pMD 18-T vector, 购自宝生物(大连)有限公司; 大肠杆菌 *E. coli* DH5 α 购自天根生物科技公司。

1.1.2 生化试剂: DNA 聚合酶、T4 DNA 连接酶、DL2000 DNA marker 和 PCR 产物回收试剂盒购自宝生物(大连)有限公司; 其他试剂均为国产分析纯。

1.1.3 样品来源: 表现丛枝症状的圆铃 1 号、鲁北冬枣和大白铃枣树叶片及健康枣树叶片采自山东省泰安市山东省果树研究所枣树良种资源圃。

1.2 方法

1.2.1 植物总 DNA 的提取: 采用笔者建立的方

法^[16]提取枣树叶片总 DNA 粗提物, 作为 PCR 扩增的模板, 保存于 -20°C 冰箱备用。

1.2.2 PCR 扩增及序列测定: 根据 Lee 等^[17]报道的引物对 R16F2n/R16R2 扩增植原体 16S rDNA 基因片段。

引物序列如下:

R16F2n: 5'-GAAACGACTGCTAAGACTGG-3';

R16R2: 5'-TGACGGCGGTGTGTACAAACCCCG-3'。

引物由上海英骏生物技术有限公司合成。预期获得基因片段长度约为 1 250 bp。

PCR 反应以保存于 -20°C 的金丝 4 号枣疯病叶总 DNA 粗提物为阳性对照, 以健康枣树叶片总 DNA 为阴性对照, 以无菌双蒸水为空白对照。25 μL 反应体系中含有 10 \times PCR buffer 2.5 μL , dNTPs (各 2.5 mmol/L) 1.0 μL , *Taq* DNA 聚合酶 0.2 μL , 引物 R16F2n 和 R16R2 各 1.0 μL , DNA 模板 1.0 μL 。PCR 反应条件为: 94°C 5 min; 94°C 1 min, 55°C 1 min, 72°C 1 min 30 s, 共 30 个循环; 72°C 10 min。

PCR 产物经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测, 用 PCR 产物回收试剂盒回收目的片段后, 与克隆载体 pMD 18-T vector 连接, 并转化 *E. coli* DH5 α 感受态细胞, 挑取阳性克隆, 委托上海英骏生物技术有限公司进行测序。

测序结果通过 GenBank 中的 BLASTn 搜索数据库进行序列的同源性比较分析, 并通过 DNA-Star 软件构建系统进化树。

1.2.3 在线模拟 16S rDNA-RFLP 限制性内切酶酶切分析: 利用植原体分类鉴定在线工具 iPhyClassifier 对 4 个枣疯病分离物进行分析^[18-20]。任意 2 个植原体株系间相似系数 (Similarity coefficient, F) ≤ 0.85 时, 被划分为不同的组, 相似系数 $F \leq 0.97$ 时, 被划分为不同的亚组; 待分析序列和亚组中代表性株系的相似系数 ≥ 0.97 时, 该序列为该亚组的变种。

2 结果与分析

2.1 PCR 检测结果

从表现丛枝症状的圆铃 1 号、鲁北冬枣和大白铃 3 个枣树叶片样品总 DNA, 以及阳性对照金丝 4 号病叶中均扩增到大小约 1.25 kb 的特异片段, 片段大小与预期结果一致, 而健康植物叶片和灭菌双蒸水对照均未出现特异扩增条带(图 1)。

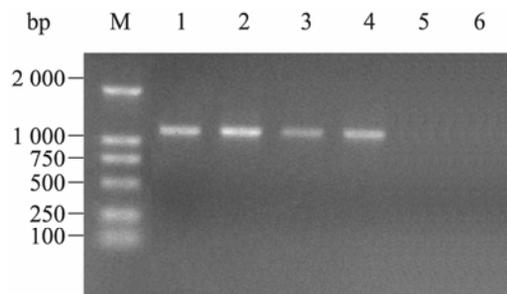


图 1 感病枣树叶片总 DNA PCR 产物电泳图谱

Fig. 1 The gel electrophoresis of PCR products from the total DNA of diseased jujube's leaves

注: M: DL2000 DNA marker; 1: 圆铃 1 号; 2: 鲁北冬枣; 3: 大白铃; 4: 金丝 4 号; 5: 健康植株; 6: 灭菌双蒸水。

Note: M: DL2000 DNA marker; 1: Yuanling1; 2: Lubeidongzao; 3: Dabailing; 4: Jins4; 5: Healthy plant; 6: Sterile ddH₂O.

2.2 枣疯病植原体 16S rDNA 片段的序列分析

将扩增到的基因片段进行克隆、测序, 结果表明, 圆铃 1 号、鲁北冬枣和大白铃 3 个样品的 16S rDNA 基因片段长度均为 1 248 bp, G+C 含量分别为 45.8%, 45.9% 和 45.8%, 符合植原体 16S rDNA 基因 G+C 含量要求。BLAST 同源性搜索结果与显示, 与该 3 个序列有较高同源关系的序列均为 16Sr V 组中的植原体, 这 3 个基因片段与 16Sr V-B 亚组中枣疯病植原体(AB052876 和 AF279272)、樱桃致死黄化植原体(AY197659)及杏卷叶植原体(FJ572660)的同源性高达 99.5%~99.7% (表 1)。因此, 将此 3 个枣疯病植原体泰安株系命名为 JWB-Yuanling1, TA 和 JWB-Lubeidongzao, TA 及 JWB-Dabailing, TA, 并将其 16S rDNA 基因序列提交到 GenBank, 登录号分别为 HM989946、HM989947 和 HM989948。

表 1 枣疯病植原体泰安株系与 16Sr 组中代表性植原体 16S rDNA 核苷酸同源性比较
Table 1 Comparison of nucleotide of 16S rDNA between Tai'an jujube witches'-broom phytoplasma and typical phytoplasma of 16Sr group

16Sr 各组 16Sr group	植原体 Associated phytoplasma	基因登录号 GenBank accession No.	同源性 Homology (%)		
			大白铃株系 JWB- Da- bailing, TA	鲁北冬枣株系 JWB-Lubeidongzao, TA	圆铃 1 号株系 JWB-Yuanling 1, TA
I	大麦变形 Barley deformation (BaDef)	AY734453	29.1	29.0	29.0
II	花生丛枝 Peanut witches'-broom (PnWB)	L33765	38.7	38.6	38.7
	梨衰退 Pear decline (PD)	EF193157	56.8	56.8	56.8
III	甘蔗黄化 Sugarcane yellows (ScY)	AF056094	55.7	55.8	55.9
IV	椰子致死黄化 Coconut lethal yellows (CoLY)	EF186822	53.1	53.2	53.5
V-A	榆树黄化 Elm yellows (EY-125)	AY197656	98.7	98.8	98.9
	榆树黄化 Elm yellows (EY)	AF189214	98.7	98.8	98.9
V-B	枣疯病 Jujube witches'-broom (JWB)	AF279272	99.5	99.6	99.7
	樱桃致死黄化 Cherry lethal yellows (ChLY)	AY197659	99.5	99.6	99.7
	杏卷叶 Apricot leaf roll (ALR)	FJ572660	99.5	99.5	99.6
	枣疯病 Jujube witches'-broom (JWB-G1)	AB052876	99.5	99.6	99.7
V-C	桤树黄化 Alder yellows (AY)	Y16387	98.7	98.8	98.9
	葡萄黄化 Grapevine yellows (GY)	EF581165	98.7	98.7	98.8
V-D	葡萄金黄化 Grapevine flavescence doree (FD-D)	AY197644	98.4	98.5	98.6
VI	长春花小叶 Periwinkle little leaf (PLL-Bd)	AF228053	64.2	64.2	64.3
	华盛顿马铃薯紫顶 Washington potato purple top (PPT-Wa4)	AY496004	64.8	64.8	64.8
VII	白蜡树黄化 Ash yellows (AshY)	AF105317	64.1	64.1	64.1
VIII	丝瓜丛枝 Loofah witches'-broom (LfWB)	AF353090	40.6	40.8	41.0
IX	木豆丛枝 Pigeon pea witches'-broom (PPWB)	AF248957	52.4	52.4	52.7
X	苹果丛簇 Apple proliferation (AP)	AF248958	30.2	30.2	30.3
XI	甘蔗白叶 Sugarcane white leaf (SCWL)	AB052874	52.9	53.0	53.3
XII	澳大利亚葡萄黄化 Australian grapevine yellows (AGY)	X95706	30.0	30.0	29.9
XIII	墨西哥长春花褪绿 Mexican periwinkle virescence (MPV)	AF248960	28.7	28.7	28.8
XIV	百慕大草白叶 Bermuda grass white leaf (BWL)	EF444486	30.7	30.6	30.6
XV	扶桑丛枝 Hibiscus witches'-broom (HibWB)	AF147708	52.5	52.4	52.6

2.3 系统进化树的构建与分析

利用 DNASTar 软件, 构建了 3 个枣疯病植原体泰安株系与其它 24 个植原体 16S rDNA 基因序列的系统进化树, 结果表明, JWB-Yuanling1, TA 和 JWB-Lubeidongzao, TA 及 JWB-Dabailing, TA 与 16Sr V-B 组中的植原体 ALR (FJ572660)、JWB-G1 (AB052876)、ChLY (AY197659)、JWB (AF279272) 处在同一分支上, 与 JWB-Jinsi4, TA 一样, 均归属于 16Sr V-B 组(图 2)。

2.4 在线模拟 16S rDNA-RFLP 限制性内切酶酶切图谱

利用植原体分类鉴定在线工具 *iPhyClassifier* 进行分析, 结果表明, 包括阳性对照金丝 4 号在内的 4 个枣疯病植原体与 16Sr V-B 亚组中的枣疯病 JWB-G1 (AB052876) 相似系数最高, 相似系

数分别为 0.98、0.97、0.98 和 0.98, 归属于 16Sr V-B 组, 限制性内切酶酶切图谱略有不同; 而榆树黄化植原体 EY (AF189214) 和 EY (AF197656) 与 EY (AF197655) 相似系数为 1.00, 归属于 16Sr V-A 组, 6 个植原体的 16S rDNA-RFLP 限制性内切酶酶切图谱见图 3。

3 讨论

植原体为无细胞壁原核微生物, 尚不能在人工培养基离体培养, 且通常在植物体中含量较低, 给分类和鉴定带来许多困难。PCR 技术的发展为该病原物的分子检测提供了一种有效手段。依据植原体 16S rDNA 序列分析核苷酸同源性可对植原体进行分子水平上的分类, 根据 2004 年 The IRPCM (International Research Programme

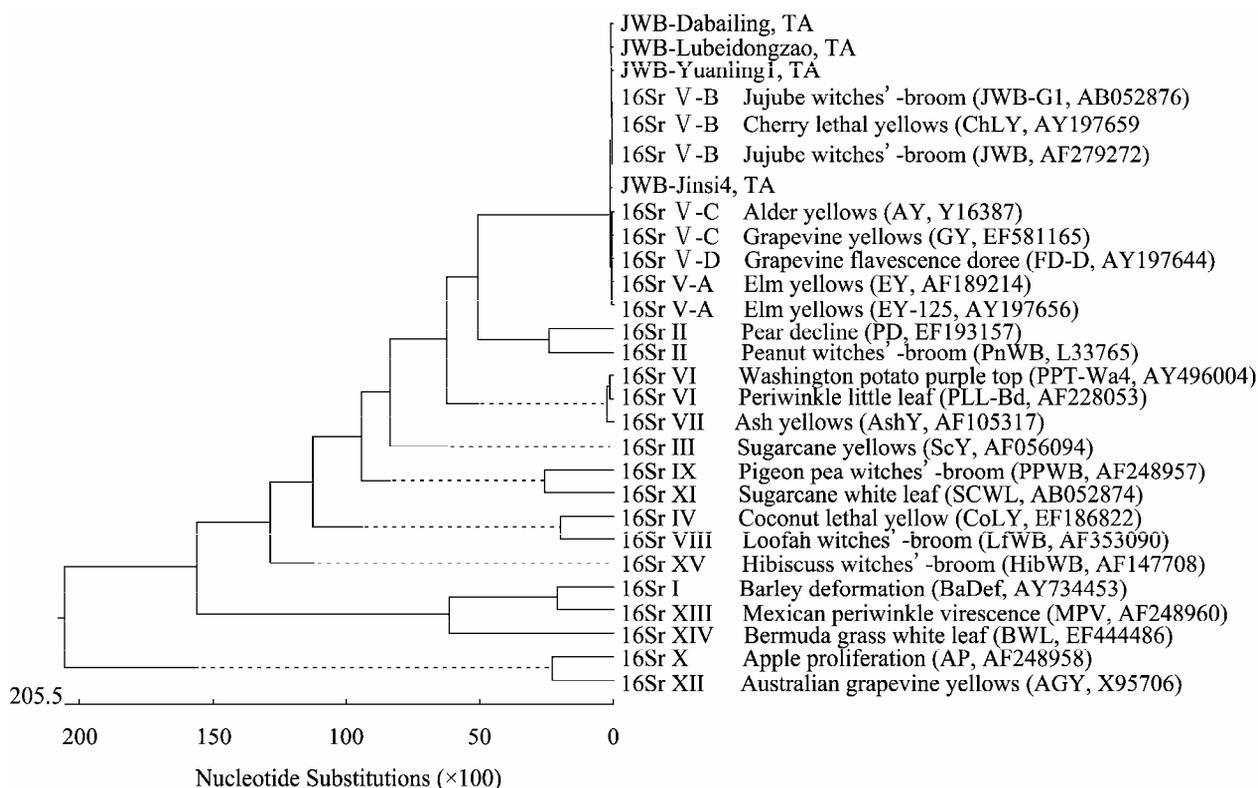


图 2 基于 16S rDNA 基因序列构建的枣疯病泰安株系系统进化树

Fig. 2 Phylogenetic tree based on 16S rDNA gene sequences from Tai'an jujube witches'-broom phytoplasma and related phytoplasma strains

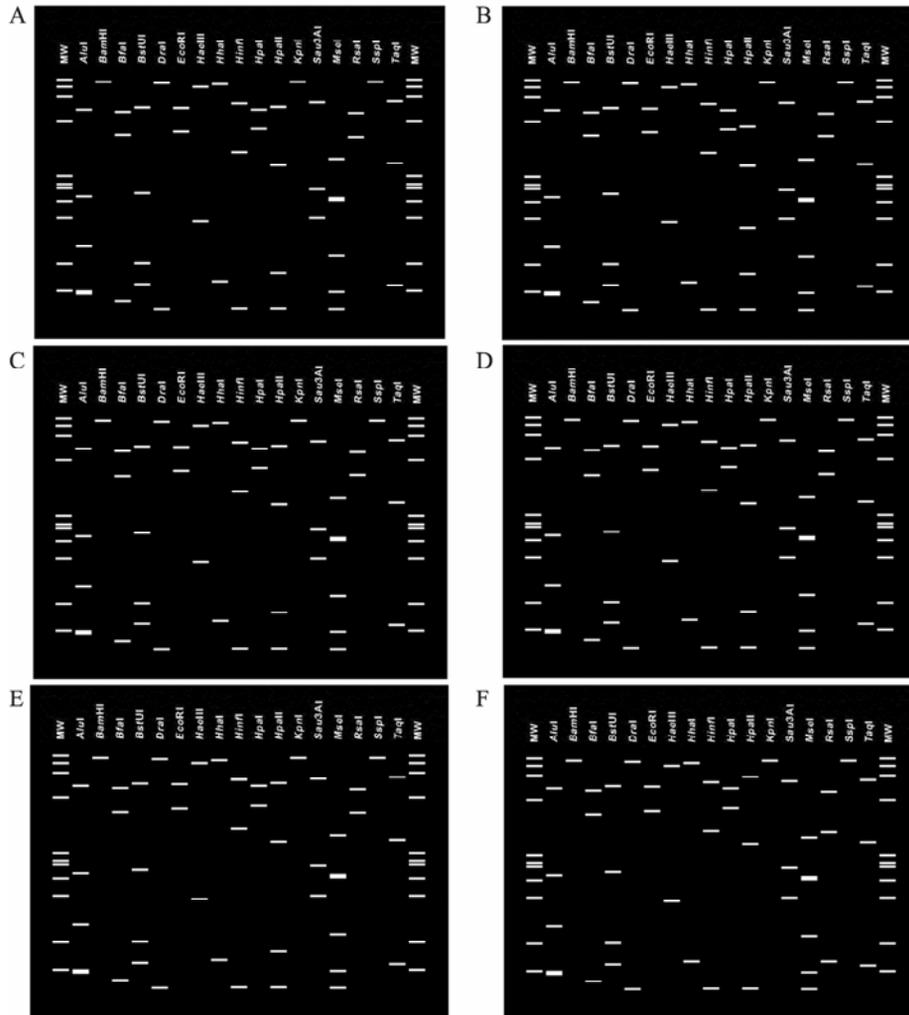


图3 枣疯病植原体泰安株系模拟 16S rDNA-RFLP 酶切图谱

Fig. 3 Virtual 16S rDNA-RFLP analyses of jujube witches'-broom phytoplasma strain from Tai'an

注: A: 金丝 4 号枣疯病植原体(HM989945); B: 圆铃 1 号枣疯病植原体(HM989946); C: 鲁北冬枣枣疯病植原体(HM989947); D: 大白铃枣疯病植原体(HM989948); E: 枣疯病植原体(AB052876); F: 榆树黄化植原体(AF189214).

Note: A: JWB-Jinsi4, TA (HM989945); B: JWB-Yuanling1, TA (HM989946); C: JWB-Lubeidongzao, TA (HM989947); D: JWB-Dabailing, TA (HM989948); E: JWB-G1 (AB052876); F: Elm yellows (AF189214).

on Comparative Mycoplasma) Phytoplasma/siroplasma Working Team 规定: 16S rDNA 基因间序列同源性超过 97.5%, 就确认为相同的组^[21]。本研究利用植原体 16S rDNA 通过引物 R16F2n/R16R2 对表现丛枝症状的枣树叶片总 DNA 进行 PCR 扩增和序列分析, 结果表明, 与阳性对照金丝 4 号一样, 3 个分离物与 16Sr V-B 亚组的亲缘关系最近, 故据此判定, 这 3 个泰安枣

疯病植原体株系亦属于 16Sr V-B 亚组, 将其分别命名为: 枣疯病植原体泰安圆铃 1 号株系 (Jujube witches'-broom phytoplasma strain Yuanling1, JWB- Yuanling1, TA)、枣疯病植原体泰安鲁北冬枣株系 (Jujube witches'-broom phytoplasma strain Lubeidongzao, JWB-Lubeidongzao, TA) 和枣疯病植原体泰安大白铃株系 (Jujube witches'-broom phytoplasma strain Dabailing,

JWB-Dabailing, TA)。

目前国际上被普遍接受的植原体分类系统是根据 16S rDNA 限制性片段长度多态性分析 (RFLP) 和核糖体蛋白基因 (*rp*) 序列分析建立的。在目前国际植原体的分类系统中, 枣疯病植原体 JWB 属于榆树黄化组 (EY) 16Sr V-B 组^[22]。而本试验中同源性比较结果显示, 3 个枣疯病植原体泰安株系与 EY (AF189214) 和 EY (AF197656) 的同源性为 98.7%–98.9%, 低于与 ALR (FJ572660)、JWB-G1 (AB052876)、ChLY (AY197659)、JWB (AF279272) 的同源性 (99.5%–99.7%)。另外, 利用植原体分类鉴定在线工具 *iPhyClassifier*, 进行模拟在线 16S rDNA-RFLP 分析, 结果显示, 包括阳性对照金丝 4 号植原体在内的 4 个枣疯病植原体株系归属于 16Sr V-B 组, 与 16S rDNA 序列同源性分析结果一致; 而榆树黄化植原体 EY (AF189214) 和 EY (AF197656) 则归属于 16Sr V-A 组, 与 ZHU 等^[22] 的报道不同。关于这一点, 有待于进一步验证。

本研究中, PCR 扩增反应以保存于 -20 °C 的金丝 4 号枣疯病叶总 DNA 粗提物为阳性对照, PCR 反应结果显示, 阳性对照扩增获得了预期的结果, 表明保存于 -20 °C 的总 DNA 粗提物完全可用于常规的 PCR 反应, 进一步证明了笔者建立的枣疯病植原体的快速鉴定方法是可行的。

参 考 文 献

[1] 周俊义, 刘孟军, 侯保林. 枣疯病研究进展[J]. 果树科学, 1998, 15(4): 354–359.

[2] 樊新萍, 乔永胜, 田建保. 枣疯病研究进展[J]. 山西农业大学学报, 2006, 5(6): 14–17.

[3] 刘孟军, 赵锦, 周俊义. 枣疯病[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010: 3–25.

[4] 温秀军, 孙朝晖, 田国忠, 等. 抗枣疯病枣树品

系选育及抗病机理初探[J]. 林业科技开发, 2006, 20(5): 12–18.

[5] 史春霖, 张凤舞, 陈子文. 冰冻断裂的枣疯病树韧皮组织中类支原体的扫描电镜观察[J]. 微生物学报, 1984(24): 139–141.

[6] 王宇. 核酸点印迹杂交法检测枣疯病植原体[J]. 河北林业科技, 2002(3): 1–3.

[7] 陈继峰, 李绍华. 病毒的分子生物学检测方法在果树上的应用[J]. 中国南方果树, 2005, 34(4): 77–80.

[8] 樊新萍, 田建保, Bertaccini A, 等. 运用 RAPD 技术分析检测枣疯病植原体基因[J]. 华北农学报, 2007, 22(5): 172–175.

[9] 高静涛, 牛建新, 王雪莲, 等. 枣疯病植原体的分子检测与同源性鉴定. 新疆农业科学, 2011, 48(4): 662–667.

[10] Bertolini E, Torres E, Olmos A, et al. Co-operational PCR coupled with dot blot hybridization for detection and 16SrX grouping of phytoplasmas[J]. Plant Pathology, 2007(1): 1–6.

[11] Khan MS, Raj SK, Snehi SK. Natural occurrence of ‘*Candidatus Phytoplasma ziziphi*’ isolates in two species of jujube tree (*Ziziphus* spp.) in India[J]. Plant Pathology, 2008, 57(6): 1173–1180.

[12] 张甜甜, 牟海青, 刘长霞, 等. 利用实时荧光 PCR 进行植原体通用检测. 农业生物技术学报, 2011, 19(4): 771–776.

[13] Jung HY, Sawayanagi T, Kakizawa S, et al. ‘*Candidatus Phytoplasma ziziphi*’, a novel phytoplasma taxon associated with jujube witches’-broom disease[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2003, 53(4): 1037–1041.

[14] 王海妮, 吴云锋, 安凤秋, 等. 枣疯病和酸枣丛枝病植原体 16S rDNA 和 *tuf* 基因的序列同源性分析. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2200–2205.

[15] 李永, 田国忠, 朴春根, 等. 我国几种植物植原体的快速分子鉴别与鉴定的研究[J]. 植物病理学

- 报, 2005, 35(4): 293–299.
- [16] 余贤美, 单公华, 吕菲菲, 等. 枣疯病植原体的快速检测. 中国农学通报, 2011, 27(4): 76–80.
- [17] Lee IM, Hammond RW, Davis RE, et al. Universal amplification and analysis of pathogen 16S rDNA for classification and identification of mycoplasma-like organisms[J]. *Phytopathology*, 1993, 83(8): 834–842.
- [18] Wei W, Davis RE, Lee IM, et al. Computer simulated RFLP analysis of 16S rRNA genes: identification of ten new phytoplasma groups[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 2007, 57(Pt8): 1855–1867.
- [19] Wei W, Lee IM, Davis RE, et al. Automated RFLP pattern comparison and similarity coefficient calculation for rapid delineation of new and distinct phytoplasma 16S rDNA subgroup lineages[J]. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 2008, 58: 2368–2377.
- [20] Zhao Y, Wei W, Lee IM, et al. Construction of an interactive online phytoplasma classification tool, iPhyClassifier, and its application in analysis of the peach X-disease phytoplasma group (16SrIII)[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2009, 59: 2582–2593.
- [21] IRPCM Phytoplasma/Spiroplasma Working Team-Phytoplasma Taxonomy Group. ‘*Candidatus* Phytoplasma’, a taxon for the wall-less, non-helical prokaryotes that colonize plant phloem and insects[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2004, 54(4): 1243–1255.
- [22] Zhu SF, Lee M, Gundersen DE, et al. Phytoplasmas associated with cherry lethal yellows and jujube witches’ broom in China represent a new *Candidatus* subspecies level taxon[J]. *IOM Letters*, 1996, 4: 218.

稿件书写规范

高校教改纵横栏目简介及撰稿要求

“高校教改纵横”栏目, 是中国微生物学会主办的科技期刊中唯一的教学类栏目, 也是中国自然科学核心期刊中为数不多的教学栏目。该栏目专为微生物学及其相关学科领域高校教师开辟, 一方面为高校微生物学科的教师提供一个发表论文的平台, 同时微生物关联学科的一部分确实优秀的论文也可以在此发表, 是微生物学及相关领域教学研究、交流、提高的园地。

本栏目的文章有别于其他实验类研究报告, 特色非常鲜明。要求作者来自教学第一线, 撰写的稿件内容必须要有新意、要实用, 不是泛泛地叙述教学设计与过程, 而是确实有感而发, 是教学工作中的创新体会, 或者在教学中碰到的值得商榷的、可以与同行讨论的有价值的论题。在内容选材上应该有鲜明的特点和针对性, 做到主题明确、重点突出、层次分明、语言流畅。教师的教学思路应与时俱进, 注意将国内外新的科技成果和教学理念贯穿到教学之中, 只有这样才能真正起到教与学的互动, 促进高校生物学教学的发展, 更多更好地培养出国家需要的高科技创新人才。这也是本栏目的目的所在。

同时, 为了给全国生物学领域的教学工作者提供一个更广阔更高层次的交流平台, 本栏目还开辟了“名课讲堂”版块, 邀约相关生命科学领域, 如微生物学、分子生物学、生物医学、传染病学、环境科学等的教学名师、知名科学家就教学和学生培养发表观点, 推荐在教学改革、教学研究、引进先进教学手段或模式以及学生能力培养等方面有突出成绩的优秀论文, 为高校教师以及硕士、博士研究生导师提供一个可资交流和学习的平台, 促进高校教学和人才培养水平的提高。

欢迎投稿! 欢迎对本栏目多提宝贵意见!