

文章编号: 1000-5692(2005)01-0123-06

# RNA 介导的植物基因沉默作用及其应用

袁建国<sup>1</sup>, 杨 勇<sup>2</sup>

(1. 浙江林学院 生命科学学院, 浙江 临安 311300; 2. 浙江大学 生命科学学院  
国家植物生理与生物化学重点实验室, 浙江 杭州 310029)

**摘要:** 基因沉默是生物体基因表达调控的一种重要机制, 在各种生物体中普遍存在。基因沉默可以分为转录后基因沉默 (post-transcriptional gene silencing, PTGS) 和转录基因沉默 (transcriptional gene silencing, TGS)。最近的研究发现, 在植物中, TGS 和 PTGS 都和 RNAi 有关。RNA 介导的基因沉默为大规模植物生化代谢途径和基因功能的研究提供了一种高通量的反向遗传学手段。简要地介绍了 RNAi 和 RNA 介导的 DNA 甲基化的分子机制, 并介绍了 RNA 介导的基因沉默在植物体中的作用及其在植物基因工程方面的应用。图 1 参 31

**关键词:** 基因沉默; DNA 甲基化; RNAi; dsRNA; 转基因

**中图分类号:** Q943.2; Q786 **文献标识码:** A

基因沉默的表现形式是多样的, 概括起来讲, 可以分为 2 类, 即转录后基因沉默 (post-transcriptional gene silencing, PTGS) 和转录水平的基因沉默 (transcriptional gene silencing, TGS)。PTGS 和 TGS 都与基因同源性有关, 又被统称为同源依赖型基因沉默 (homology-dependent gene silencing, HDGS)。以前不同研究者独立发现的植物中共抑制现象 (co-suppression)<sup>[1,2]</sup>, 转基因介导的病毒抗性 (transgene-mediated virus resistance)<sup>[3,4]</sup> 和病毒诱导的基因沉默 (virus-induced gene silencing, VIGS)<sup>[5]</sup>, 甚至真菌中的 quelling 现象<sup>[6]</sup>, 线虫 *Caenorhabditis elegans* 和果蝇 *Drosophila melanogaster* 中的 RNA 干涉 (RNA interference, RNAi) 现象<sup>[7,8]</sup>, 现在看来它们的机理都是相似的。其外源基因能够正常或高速转录, 但是由于小 RNA 干涉作用, 外源基因转录的 mRNA 在细胞质内积累水平很低或者根本检测不到, 因此这一类基因沉默都是发生在转录后水平, 都可以被看作属于 PTGS 一类。而 TGS 是指由于 DNA 修饰、异染色质化等原因使基因不能正常转录。相对于 PTGS, 有关 TGS 的研究和知道的信息相对较少, 在 TGS 中有依赖 RNA 的 DNA 甲基化 (RNA-dependent DNA methylation, RdDM) 现象。最近在植物中的研究表明, RNAi 和 RdDM 都和小干涉 RNA (small interfering RNA, siRNA) 有关, 都需要由 siRNA 介导<sup>[9,10]</sup>。有关 RNA 在植物中作为 RdDM 和 RNAi 一般诱导物的研究认识, 提供了在 PTGS 和 TGS 之间的可能连接, 这二者都能够被用来特异性地抑制基因的表达。

## 1 RNA 介导的植物基因沉默

### 1.1 RNAi

1.1.1 RNAi 的研究过程及其特点 早在 1981 年 Tmizawa 和 Itoh<sup>[11]</sup> 就发现生物体中存在着反义 RNA,

收稿日期: 2004-06-03; 修回日期: 2004-09-10

作者简介: 袁建国, 讲师, 硕士研究生, 从事保护生物学和植被生态学研究。E-mail: aijianguo@yahoo.com.cn

?1994-2014 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. <http://www.cnki.net>

它对基因的表达起着调控作用，其后利用反义 RNA 技术来人工调控目的基因的表达得到了广泛的发展。但是对于反义 RNA 的分子机制一直不清楚，尤其对以下 2 个问题存在疑问：①反义 RNA 和正义目的 RNA 结合生成的双链 RNA 的去向问题；②为什么人工反义 RNA 现象能够在后代中得到遗传？而且在利用反义 RNA 技术人工调控目的基因表达时也遇到了大量的问题，如反义 RNA 的特异性不够高等。1995 年，Guo 等<sup>[12]</sup> 把 *par-1* 基因的反义 RNA 注射进线虫性腺的合胞体中后，在受注射的亲本及其子一代的体细胞中，产生了 *par-1* 基因功能缺失型或基因敲除型的表型。奇怪的是，注射 *par-1* 基因的正义 RNA 链的对照试验中，*par-1* 基因的表达不但没有加强，反而同样受到抑制。后来 Fire 等<sup>[7]</sup> 证实，在以线虫为材料的实验中，强烈而特异的基因表达抑制是由 dsRNA 介导产生的。1998 年 Waterhouse 等<sup>[13]</sup> 证实，在植物中的 RNAi 现象同样也是由 dsRNA 导致的。其后，RNAi 起关键作用的小干涉 RNA (siRNA)，RNA 诱导的基因沉默复合体 (RNA induced silencing complex, RISC) 和 Dicer 酶被相继发现。1999 年，Hamilton 等<sup>[2]</sup> 报道，在 3 种转基因的 PTGS 植株和 1 种病毒诱导的 PTGS 植株中找到了 25 nt 的反义 RNA 片段。2000 年 Zamore, Hammond, Yang 和 Paish 等发表了多篇论文，都表明 RNAi 实验中加入的 dsRNA 首先被降解成 21~25 nt 的小片段 dsRNA，即 siRNA。Hammond 等<sup>[14]</sup> 不但从被感染 dsRNA 的细胞提取物中分离到 25 nt 左右的 siRNA，还发现了位点特异的具有核酸内切酶活性的复合物，他们称之为 RISC。这种复合物能够与 siRNA 结合，降解 mRNA，但是对导入的 dsRNA 不起作用。2001 年，Bernstein 等<sup>[15]</sup> 发现了可将外源 dsRNA 消化成 25 nt 左右 dsRNA 的酶——Dicer，这种酶属于 RNase III，具有解旋酶的活性，其产物为大小均一的小片段 RNA。Dicer 在进化上具有保守性，该酶通过解旋酶域来指导 dsRNA 解旋。Dicer 不作用于 ssRNA，它一般作用于长度在 200~500 nt 的 dsRNA，对于更短的 dsRNA 没有活性，这与 RNAi 对 dsRNA 的要求基本一致。由此可以看出，可能正是由于 Dicer 对底物的要求决定了 RNAi 对导入 RNA 的限制。

以后随着对 RNAi 现象的大量研究，在很多生物中发现了这一现象。用经典遗传学实验材料进行的 RNAi 实验很快显示了 RNAi 的几个特点：特异、高效、可扩散。导入生物体的 dsRNA 只能引起同源基因表达抑制，无关基因不受影响。与 RNA 介导的 DNA 甲基化不同，dsRNA 的序列是基因编码区，针对内含子和启动子序列的 dsRNA 不能产生 RNAi 效应；少量的 dsRNA 能产生强烈的 RNAi 效应，每个细胞仅需要几个 dsRNA 就可以产生整个个体的 RNAi 效应。最初施用在受体个体上的 dsRNA，随着细胞的不断分裂和个体的生长而被逐渐地稀释，但是 RNAi 效应却可以一直持续。通过线虫和番茄 *Lycopersicum esculentum* 等的实验可以看到，细胞增殖 50~100 倍仍旧可以保持 RNAi 效应<sup>[2, 12]</sup>。这说明 RNAi 可能有放大的效应，或者可能有高效的催化机制。虽然 RNAi 的效应是长效的，但是它并不能产生 DNA 的修饰，随着细胞的不断分裂，dsRNA 逐渐被稀释，最终不能持续地遗传下去；RNAi 效应可以从 dsRNA 的施用部位扩散，超过细胞屏障，在受试个体内传播，甚至传到子一代，显示了 RNAi 具有可扩散的特性。

1.1.2 RNAi 机制假说 目前的研究发现，在动物中仅仅存在转录后水平的基因沉默。植物广义的 RNAi 则产生转录水平的基因沉默和转录后水平的基因沉默。虽然对整个机制的详细情形还有待进一步探索和研究，但总体看来，RNAi 反应过程包括一个 2 步降解反应和一个级联放大效应，其过程描述如图 1。

细胞内靶 RNA 在同源性的 dsRNA 出现后的数分钟内即发生降解。2 步降解反应的第一步先降解 dsRNA。dsRNA 由 Dicer 从两端逐步降解为 21~25 nt 的 siRNA，siRNA 片段的 3' 端突出 2~3 nt，片段末端为 5' 磷酸基团、3' 羟基基团。第二步降解是 siRNA 与 RISC 结合，解开 siRNA 的双链，然后在反义的 siRNA 的引导下，RISC 与靶 mRNA 结合，并利用其 RNA 酶的作用把靶 mRNA 降解掉。

在实验中发现，每个细胞仅需要几个 dsRNA 就可以产生整个个体的 RNAi 效应。现在普遍认为 RNAi 现象中有一个放大效应，RdRP (RNA-depended RNA Polymerase) 在其中起到了关键的作用<sup>[16, 17]</sup>。dsRNA 被降解为 siRNA 后，一方面 siRNA 与 RISC 结合降解 mRNA，而另一方面释放的 siRNA 可结合在 mRNA 上作为引物，在 RdRP 的作用下合成 dsRNA，合成的新的 dsRNA 又可以发生 RNAi 现象，特异地降解靶 mRNA。

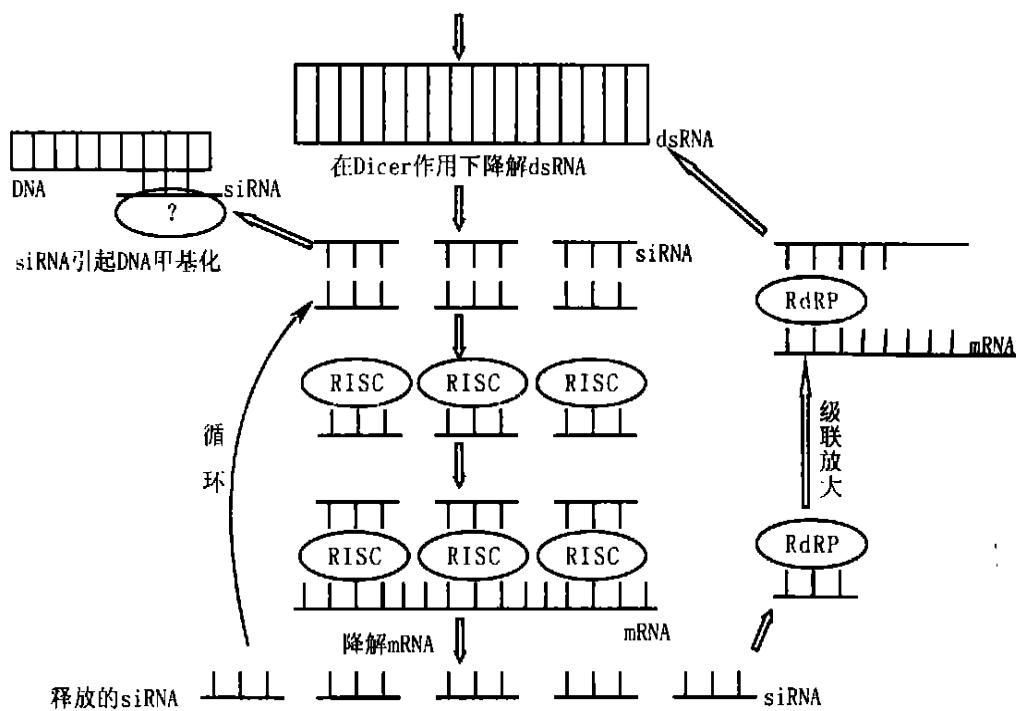


图 1 RNA 介导的基因沉默机制模型 (RNA 介导的 DNA 甲基化和 RNA 干涉)

Figure 1 Model for RNA-mediated gene silencing (RdDM and RNAi)

## 1.2 RdDM

现在认为发生 TGS 的主要原因是启动子序列的碱基尤其是胞嘧啶的甲基化<sup>[18~20]</sup>。DNA 上甲基化的部位与转录因子的结合发生变化, 或者结合有异染色质作用的蛋白, 从而使启动子失活。DNA 上基因的启动子甲基化后相应的基因的表达被抑制, 而去甲基化后基因的表达又能够恢复。但启动子甲基化的精确作用现在还不清楚。

最近, PTGS 的研究揭示了 dsRNA 在植物上的另一项功能, 即诱导序列特异性的 DNA 甲基化 (RNA-dependent DNA Methylation, RdDM)<sup>[21]</sup>。这种现象最早在 1994 年被发现。当时发现, 番茄的纺锤块茎类病毒的复制诱导了转基因烟草核中病毒转基因序列的甲基化<sup>[22]</sup>。后来的研究显示, 马铃薯 Y 病毒 *Solanum virus*、病毒的卫星 RNA 和反向重复转基因导致的 RNAs 都能在同源核转基因序列的均衡和非均衡位点诱导甲基化<sup>[23]</sup>。30 碱基对大小的序列能够启动 RdDM。RNA 分析显示, 21~25 nt 的小 dsRNA 与反向重复转基因或卫星 RNA 诱导的甲基化有关, 这表明来自复制型病毒 RNA 和 i/r (inverted-repeated) 转基因的 dsRNA 是 RdDM 的诱导物<sup>[21]</sup>。尽管人们对 RdDM 过程分子机制的了解远比 PTGS 的分子机制要少, 但对 dsRNA 在植物中介导 PTGS 和 RdDM 的认识, 为 PTGS 和 TGS 之间可能的联系提供了理论依据 (图 1), 这二者都能够被用来特异地抑制基因的表达。

## 1.3 RNA 介导的基因沉默在植物体内的作用

RNA 介导的基因沉默在植物体内至少有 2 种作用: 调控基因的表达和生物体对外源可移动性遗传物质的监控和防御, 从而对自身基因起到保护作用。

植物体可以通过 RNA 介导的甲基化作用来抑制某些时空条件下不需要表达的基因, 在另一时空条件下需要该基因的表达, 就可通过对甲基化作用恢复基因的表达。在很多生物中发现了生物体利用 RNAi 来调节自身的基因表达, 如以前发现的生物体中的反义 RNA, 其作用就有可能在于 RNAi, 以此来调节细胞内某些生物大分子的量, 使其含量维持在一个相对平衡的水平。

另一方面, 有学者认为 RNA 介导的基因沉默是植物体基因组自身的免疫作用<sup>[24~26]</sup>。dsRNA 就像看门狗一样保卫着植物自身基因组的安全。这种免疫作用包括对病毒的抗性、抑制转座子的活性、消

除体内异常生成的 RNA 和对人工转基因的抗性。已知植物病毒的基因组有的是 ssRNA, 有的是 dsRNA。但是 90% 以上的植物病毒基因组都是 ssRNA。这种基因组依靠病毒自身编码的 RdRP 进行复制扩增。因此多数植物病毒生活史都有病毒基因的 dsRNA 形式产生。转座子中, I 型转座子是反座子, 其通过 RNA 的逆转录进行扩增。其长末端重复序列 (long terminal repeats, LTR) 带有启动子, 当 2 个 LTR 反向重复连接时, 就能产生 hpRNA。II 型转座子插入内源基因的启动子附近, 会因为末端反向重复序列 (terminal inverted repeats, TIR) 而自身互补, 这样自身互补的 RNA 就形成了 dsRNA 的结构形式。植物体内异常生成的 RNA 能够在 RdRP 的作用下合成 dsRNA。许多转基因都偏爱以反向重复的形式进行整合, 当转录由一个基因进行到下一个基因时, 就会产生自身折叠的双链形式 RNA。对产生共抑制的转基因植株进行分析, 结果发现的确有 hpRNA 被加工出来<sup>[27]</sup>。另外, 转基因转录后的 RNA 还可能在 RdRP 的作用下合成 dsRNA<sup>[28]</sup>。

## 2 RNA 介导的基因沉默在植物基因工程中的应用

由于 RNA 介导的基因沉默有高度的特异性等特点, 它为大规模特异地人工调控基因表达提供了可能。它的应用可以分为 2 个方面: 作为高通量的基因功能测定手段和人工抑制已知基因表达来研究植物生理代谢途径或获得预期有利性状的手段。

已有很多实验室利用 RNAi 技术作为成熟的基因筛选技术, 大规模地应用于后基因组研究<sup>[29, 30]</sup>。用 RNAi 技术进行功能基因组的筛选, 其基本原理是根据基因组测序结果, 针对每个基因设计对应序列的 dsRNA, 构建成基因组的 dsRNA 文库。将文库中不同序列的 dsRNA 分别导入不同的个体细胞内, 从表型的改变来寻找相关基因, 并由此大致确定基因的功能。这个技术使我们能够将序列和功能直接连接起来, 开辟了功能基因组研究的新方法。

目前, 利用 RNAi 技术来抑制已知基因的表达更是取得了大量的成果。尤为值得一提的是, 在发现了 RNA 介导的 DNA 甲基化后, 一个更为巧妙的想法是, 利用包含由目标基因的启动子和外显子序列组成的 hpRNAs 来抑制基因的表达。这种方法可能是一种高度有效的基因沉默策略, 因为它能够同时发生 PTGS 和 TGS<sup>[21]</sup>。

RNA 介导的基因沉默技术的应用, 需要考虑的基本问题是 dsRNA 的设计和 dsRNA 的生成方式。在改变植物性状方面, dsRNA 的生成方式主要有直接注入 dsRNA 和转基因法。通过微注射、浸泡等方法可以直接向细胞内注射 dsRNA。转基因法中外源基因的设计主要有 2 种方法: ①把与目的基因同源的 DNA 片段反向重复连接在启动子后转入植株, 转录后生成的 RNA 逆向互补结合形成 hpRNA; ②把与目的基因同源的 DNA 片段的两端连接启动子后转入植株, DNA 从两端转录后互补结合形成 dsRNA。在线虫上, 甚至采用直接饲喂能转录 dsRNA 的大肠杆菌 *Escherichia coli* 也取得了成功<sup>[31]</sup>。

## 3 展望

尽管对 RNA 介导的基因沉默现象的机制研究仅仅两三年就已经取得了许多重要的成果, 但在这个机制中, RISC 的蛋白成分, RISC 是如何与 siRNA 结合的, siRNA 是如何引导 DNA 甲基化的, 这之间是否产生双链 DNA 与 siRNA 结合的三链结构, 是否还存在着其它的过程, 是否有其他的大分子参与其中, 不同植物中这一机制的差异如何, 以及与这一机制有关的基因有哪些, 它们是如何联合起来调控这一过程的等等, 所有这些问题都是需要进一步研究的。

植物学研究中诸多问题的解决和有利植物性状的获得, 需要一种更为特异高效的基因调控手段, 植物基因研究产生的大量序列信息等待着功能的分析。近来 RNA 介导的 PTGS 和 RdDM 现象的发现, 无疑为反向遗传学方法提供了一种新的调控基因表达的高通量手段。不同植物中利用包含内含子的 hpRNA (ihpRNA) 和 VIGS (病毒诱导的基因沉默) 来作为一种高通量的基因表达调控的手段, 还依赖于高效植物转化系统和广普感染型病毒载体的发展。尽管现在还有诸多限制, RNA 介导的 PTGS 和 RdDM 将会引起植物生物学研究的革命性发展。

## 参考文献:

- [1] Carolyn N, Lemieux C, Jorgensen R. Introduction of a chimeric chalcone synthase gene into petunia results in reversible co-suppression or homologous genes in trans [J]. *Plant Cell*, 1990, **23**: 279—289.
- [2] Hamilton A, Baulcombe D A. A species of small antisense RNA in posttranscriptional gene silencing in plants [J]. *Science*, 1999, **286**: 950—952.
- [3] Martinez J, Patkaniowska A, Urlaub H, et al. Single-stranded antisense siRNAs guide target RNA cleavage in RNAi [J]. *Cell*, 2002, **110**: 563.
- [4] Lindbo J A, Dougherty W G. Untranslatable transcripts of the tobacco etch virus coat protein sequence RNA interference with tobacco etch replication in transgenic plants and protoplasts [J]. *Virology*, 1992, **189**: 725—733.
- [5] Ruiz M T, Voinner O, Baulcombe D C. Initiation and maintenance of virus-induced gene silencing [J]. *Plant Cell*, 1998, **10**: 937—946.
- [6] Cogoni G, Macino G. Gene silencing in *Neurospora crassa* requires a protein homologous to RNA-dependent RNA polymerase [J]. *Nature*, 1999, **399**: 166—169.
- [7] Fire A, Xu A Q, Montgomery M K, et al. Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans* [J]. *Nature*, 1998, **391**: 806—811.
- [8] Fire A. RNA-triggered gene silencing [J]. *Tig*, 1999, **15**: 358—363.
- [9] Gregory J H. RNA interference [J]. *Nature*, 2002, **418**: 244—251.
- [10] Wagnér E J, García-Blanco M A. RNA-mediated PTB depletion leads to enhanced exon definition [J]. *Mol Cell*, 2002, **10**: 943—949.
- [11] Tomizawa J, Itoh T. Plasmid col E1 incompatibility determined by interaction of RNA I with primer transcript [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1981, **78**: 6 096—6 100.
- [12] Guo S, Kemphues K J. Par-1, a gene required for establishing polarity in *Caenorhabditis elegans* embryos, encodes a putative ser/thr kinase that is asymmetrically distributed [J]. *Cell*, 1995, **81**: 611—620.
- [13] Waterhouse P M, Graham M W, Wang M B. Virus resistance and gene silencing in plants can be induced by simultaneous expression of sense and antisense RNA [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1998, **95**: 13 959—13 964.
- [14] Hammond S M, Bernstein E, Beach D, et al. An RNA-directed nuclease mediates post-transcriptional gene silencing in *Drosophila* cells [J]. *Nature*, 2000, **404**: 293—296.
- [15] Bernstein E, Caudy A A, Hammond S M, et al. Role for a bidentate ribonuclease in the initiation step of RNA interference [J]. *Nature*, 2001, **409**: 363—366.
- [16] Zamore P D, Tuschl T. RNAi: double-stranded RNA directs ATP-dependent cleavage of mRNA at 21 to 23 nucleotide intervals [J]. *Cell*, 2000, **101**: 25—33.
- [17] Bass B. Double-stranded RNA as a template for gene silencing [J]. *Cell*, 2000, **101**: 235—238.
- [18] Prols F, Meyer P. The methylation patterns of chromosome integration regions influence gene activity of transferred DNA in *Petunia hybrida* [J]. *Plant J*, 1992, **2**: 465—475.
- [19] Ingelbrecht I. Post-transcriptional silencing of reporter transgenes in tobacco correlates with DNA methylation [J]. *Proc Natl Acad Sci of USA*, 1994, **91**: 10 502—10 506.
- [20] English J J, Mueller E, Baulcombe D C. Suppression of virus accumulation in transgenic plants exhibiting silencing of unclear genes [J]. *Plant Cell*, 1996, **8**: 179—188.
- [21] Mette M F, Aufsatz W. Transcriptional silencing and promoter methylation triggered by double-stranded RNA [J]. *Embo J*, 2000, **19**: 5 194—5 201.
- [22] Wassenegger M, Heimes S. RNA-directed de novo methylation of genomic sequences in plants [J]. *Cell*, 1994, **76**: 567—576.
- [23] Wassenegger M. RNA-directed DNA methylation [J]. *Plant Mol Biol*, 2000, **43**: 203—220.
- [24] Fraser A G, Kamath R S, Zippeden P, et al. Functional genomic analysis of *caenorhabditis elegans* chromosome I by systematic RNA interference [J]. *Nature*, 2000, **408**: 325—330.
- [25] Bosher J M, Labouesse M. RNA interference: genetic wand and genetic watchdog [J]. *Nat Cell Biol*, 2002, **2**: E31—E36.
- [26] Gonzy P, Echeverri C, Ogema K, et al. Functional genomic analysis of cell division in *caenorhabditis elegans* using RNAi of genes on chromosome III [J]. *Nature*, 2000, **408**: 331—336.
- [27] Voinnet O, Vain P, Angell S, et al. Systemic spread of sequence-specific transgene RNA degradation in plants is initiated by localized introduction of ectopic promoterless DNA [J]. *Cell*, 1998, **95**: 177—187.
- [28] Dalmau T, Hamilton A, Rudo S, et al. An RNA-dependent RNA polymerase gene in *Arabidopsis* is required for post-transcriptional gene silencing mediated by a transgene but not by a virus [J]. *Cell*, 2000, **101**: 543—553.
- [29] Wang M B, Peter M, Waterhouse. Application of gene silencing in plants [J]. *Curr Opin Plant Biol*, 2001, **5**: 146—150.
- [30] Maeda I, Kohara Y, Yananobu M, et al. Large scale analysis of gene function in *Caenorhabditis elegans* by high-throughput RNAi [J]. *Curr Biol*, 2001, **11**: 171—176.

[31] Timmons L, Fire A. Specific interference by ingested dsRNA [J]. *Nature*, 1998, 395: 854—863.

## RNA-mediated gene silence in plants and its application

AI Jian-guo<sup>1</sup>, YANG Yong<sup>2</sup>

(1. School of Life Sciences Zhejiang Forestry College, Lin'an 311300, Zhejiang, China; 2. State Key Laboratory of Plant Physiology and Biochemistry, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310029, Zhejiang, China)

**Abstract:** Gene silencing, commonly occurring in a variety of organisms, is one of the important regulatory mechanisms for gene expression. Recent studies have revealed that in plants siRNA (small interference RNA) are associated with gene silencing which includes PTGS (post-transcriptional gene silencing) and TGS (transcriptional gene silencing). The biotechnology of the RNA-mediated gene silencing has provided new avenues for high-throughput reverse genetic approaches to determine the biochemical metabolism pathways and gene functions in plants. This paper briefly introduces the molecular mechanisms of RdDM (RNA-dependent DNA methylation) and RNAi (RNA interference) and the applications in plant genetic engineering. [Ch, 1 fig. 31 ref.]

**Key words:** gene silencing; DNA methylation; RNAi; dsRNA; transgene

## 欢迎订阅《北京林业大学学报》

(美国 *Ei* 收录期刊)

邮发代号: 82-304

国内定价: 10.00 元/册

《北京林业大学学报》是教育部主管、国内外公开发行的全国性林学与森林生物学学术期刊。该刊拥有以北京林业大学、中国科学院、中国林业科学研究院、国内其他重点综合性大学、农林院校、工科院校以及国外有关科研机构和大学等单位的研究人员为主体的作者队伍。

《北京林业大学学报》是中国自然科学核心期刊、中文核心科技期刊、科技部“中国科技论文统计源期刊”和中科院“中国科学引文数据库统计源期刊”。

《北京林业大学学报》被中科院列入中国自然科学学术期刊排行榜(农林类)前10名,并荣获第2届国家期刊奖提名奖等多项全国优秀期刊奖。

连续收录《北京林业大学学报》的国内外著名检索期刊和数据库有:美国《工程索引》、俄罗斯《文摘杂志》、英国国际农业与生物科学研究中心数据库、英国《动物学记录》、中国科学引文数据库、《中国生物学文摘》、中国林业科技文献数据库等。

《北京林业大学学报》为双月刊, A4开本,单月月底出版。国内由北京市报刊发行局总发行,全国各地邮局订阅。如当地邮局订阅不便或错过征订时间,也可直接汇款向该刊编辑部订阅。

地 址: 100083 北京市清华东路35号 《北京林业大学学报》编辑部

发行电话: 010-62338397

E-mail: limz@bjfu.edu.cn