

研究报告

A Letter

三个水稻包穗相关性状的 QTL 定位研究

官华忠^{1,2}, 卓敏^{1,2}, 陈志伟^{1,2}, 毛大梅^{1,2}, 潘润森^{1,2}, 段远霖^{1,2}, 兰涛^{1,2}, 周元昌^{1,2}, 吴为人^{1,2}

1. 作物遗传育种与综合利用教育部重点实验室, 福建农林大学, 福州, 350002

2. 福建省水稻分子标记辅助育种重点实验室, 福建农林大学, 福州, 350002

✉ 通讯作者: wuwr@fjau.edu.cn 作者

分子植物育种, 2011 年, 第 9 卷, 第 72 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0072

收稿日期: 2011 年 03 月 12 日

接受日期: 2011 年 04 月 28 日

发表日期: 2011 年 06 月 08 日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式:

官华忠等, 2011, 三个水稻包穗相关性状的 QTL 定位研究, 分子植物育种 Vol.9 No.72 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0072)

摘要 在两个环境下种植一个由热带粳稻品种 DZ60 与籼稻品种 H359 杂交而建立的重组自交系(RIL)群体, 调查最上节间长(UIL)、剑叶鞘长(FLSL)和最上节间长与剑叶鞘长比率(UFR)。利用已构建的分子标记连锁图, 对这 3 个与包穗有关的性状进行 QTL 定位。共检测到 10 个 QTL, 其中 3 个控制 UIL, 位于 1、4、12 号染色体, 对表型变异贡献率为 3.20%~14.59%; 4 个控制 FLSL, 位于 1、6、8、12 号染色体, 对表型变异贡献率为 2.59%~20.70%; 3 个控制 UFR, 位于 4、6、8 号染色体, 对表型变异贡献率为 2.89%~6.00%。*qUIL-1* 与 *qFLSL-1* 的位置完全重叠, 且效应最大, 在不同环境中表达稳定, 是一个同时控制 UIL 和 FLSL 的主效 QTL。对水稻基因组序列的查询结果显示, 该 QTL 所在区间正好包含半矮秆基因 *sd1*, 因而推测其效应来自 *sd1* 基因。

关键词 水稻; 最上节间长; 剑叶鞘长; 最上节间长与剑叶鞘长比率; 数量性状基因座

Mapping of QTLs Underlying Three Panicle Enclosure-Related Traits in Rice (*Oryza sativa* L.)

Guan Huazhong^{1,2}, Zhuo Ming^{1,2}, Chen Zhiwei^{1,2}, Pan Runsen^{1,2}, Mao Damei^{1,2}, Duan Yuanlin^{1,2}, Lan Tao^{1,2}, Zhou Yuanchang^{1,2}, Wu Weiren^{1,2}

1. Key Laboratory of the Ministry of Education for Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Crops, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350002, P.R. China

2. Fujian Provincial Key Laboratory of Molecular Marker-Assisted Breeding of Rice, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350002, P.R. China

✉ Corresponding author, wuwr@fjau.edu.cn; Authors

Abstract A recombinant inbred line (RIL) population derived from a cross between a tropical japonica rice cultivar DZ60 and an indica rice cultivar H359 was grown under two environments and phenotyped for uppermost internode length (UIL), flag leaf sheath length (FLSL) and UIL-to-FLSL ratio (UFR). Using a molecular marker linkage map constructed previously based on this population, QTL mapping was performed for these three panicle enclosure-related traits. A total of 10 QTLs were detected, of which 3 were for UIL, located on chromosomes 1, 4 and 12, explaining 3.20%~14.59% of the phenotypic variance; 4 were for FLSL, located on chromosomes 1, 6, 8 and 12, explaining 2.59%~20.70% of the phenotypic variance; and 3 were for UFR, located on chromosomes 4, 6 and 8, explaining 2.89%~6.00% of the phenotypic variance. *qUIL-1* and *qFLSL-1* were mapped at the same position and displayed the largest effects expressed steadily across the environments, suggesting that they are a major QTL underlying UIL and FLSL simultaneously. Searching of the rice genome sequence indicated that the interval of this QTL covers the semidwarf gene *sd1*. Hence, we guess that the effect of this QTL might come from the *sd1* gene.

Keywords Rice; Uppermost internode length; Flag leaf sheath length; UIL-to-FLSL ratio; QTL

研究背景

杂交水稻生产中所用的不育系均存在包穗现象, 造成一部分颖花被包裹在剑叶叶鞘内, 无法授粉, 严重影响杂交水稻的繁殖和制种产量(袁隆平,

2002)。包穗主要是由于最上节间缩短, 使得剑叶叶鞘长度大于最上节间长度造成的。研究发现, 最上节间长度受主效基因和多基因控制。可以将控制水稻最上节间长度的基因分为两大类。一类是抑制最

上节间伸长的基因, 包括*EUI1*和*EUI2* (Rutger et al., 1981; Yang et al., 2002)。这两个基因已被克隆, 分别位于第5和第10染色体, 当它们的功能缺失时, 会造成内源赤霉素(GA)的积累, 使水稻最上节间异常伸长(朱宏波, 2003; Zhu et al., 2006)。另一类是促进最上节间伸长的基因, 它们突变时会导致部分或完全包穗。已报道的部分包穗的突变体有*shp1*、*shp2*、*shp3*、*shp4*、*shp5*、*shp6*和*A864*。除了*shp2*和*A864*外, 这些突变基因皆已被定位, 分别位于第1、第5、第3、第4和第2号染色体(Shrestha, 1984; Maekawa, 1986; Kinoshita, 1986; Heu and Shretha, 1986; 朱克明, 2006; 刘庄和罗丽娟, 2006)。已报道的完全包穗的突变体有*dsp1*和*M893*, 相应的基因分别被定位在第12和第2号染色体上(吴昆, 2009; 王伟平, 2010)。另外, 水稻最上节间长度还受到微效基因的影响, 已经检测到12个有关的QTL, 分别位于第1、第2、第3、第4、第6、第9、第11和第12号染色体上(林鸿宣等, 1996; 谭震波等, 1996; Yamamoto et al., 2001; 乔保建等, 2008)。然而, 如前所述, 包穗不仅与最上节间长度有关, 也与剑叶叶鞘长度有关, 取决于二者的相对长度。因此, 要了解微效基因对包穗的影响, 有必要对剑叶叶鞘长度和包颈长度进行QTL分析。已检测到3个控制剑叶叶鞘长度性状的QTL和11个控制包颈长度的QTL (乔保建等, 2008; Xiong et al., 1999; 刘桂富等, 1998)。

在本研究中, 我们利用一个重组自交系(RIL)群体及相应的分子标记连锁图, 对最上节间长

(uppermost internode length, UIL)、剑叶叶鞘长(flag leaf sheath length, FLSSL)和最上节间长对剑叶叶鞘长比率(UIL-to-FLSSL ratio, UFR)进行QTL定位分析, 探讨水稻包穗的遗传基础, 以期为杂交水稻育种提供理论参考。

1 结果与分析

1.1 亲本和RIL群体的性状表现

不论是在海南三亚(环境E1)还是在福建莆田(环境E2), 亲本DZ60的UIL、FLSSL和UFR皆极显著地高于亲本H359, 而且H359表现出轻微的包穗(UFR<1; 表1)。RIL群体中3个性状皆表现为连续变异, 表现为数量遗传。其偏度和峰度的绝对值皆小于1, 接近于正态分布。RIL群体的均值介于两亲本之间, 存在超亲分离, 说明存在较大的遗传变异。另外, 不论是亲本还是RIL群体, 3个性状都表现为E1的表型值小于E2, 说明环境对3个性状皆有影响。

UIL与FLSSL之间在2个生长环境中皆表现出极显著的正相关(表2), 说明这两个性状具有部分共同的遗传基础。UFR是UIL与FLSSL的比值, 与UIL存在极显著的正相关, 但与FLSSL只表现出较弱的负相关, 仅在E1环境下达到显著, 且数值较小(表2)。该结果显示, UIL比FLSSL对包穗的影响更大。

1.2 三个包穗相关性状的QTL定位

三个性状共检测到10个QTL(表3; 图1), 分布于第1、第4、第6、第8和第12号染色体上。其中UIL检测到3个QTL, 分别位于第1、第4、第12染色体,

表1 亲本及 RIL 群体三个包穗相关性状的表現

Table 1 Performances of three panicle enclosure-related traits in the parental lines and RIL population

性状 Trait	DZ60	H359	t 值 t-value	RIL 群体 RIL population			
				平均数 Average	变幅 Range	偏度 Skew	峰度 Kurtosis
UIL (cm)							
E1	33.34±2.22	20.96±1.02	9.07**	24.86±3.82	16.78~34.32	0.10	-0.25
E2	36.82±3.11	25.34±1.13	6.92**	31.67±3.91	23.00~40.66	-0.14	-0.73
FLSSL (cm)							
E1	29.54±1.58	23.68±1.63	5.36**	25.98±2.81	17.36~31.22	-0.68	0.32
E2	30.94±1.76	25.68±0.44	6.48**	30.40±3.28	20.96~37.82	-0.48	0.33
UFR(UIL/FLSSL)							
E1	1.13±0.06	0.89±0.08	4.63**	0.96±0.11	0.68~1.23	0.24	0.13
E2	1.19±0.04	0.99±0.04	6.76**	1.04±0.09	0.80~1.30	0.57	0.93

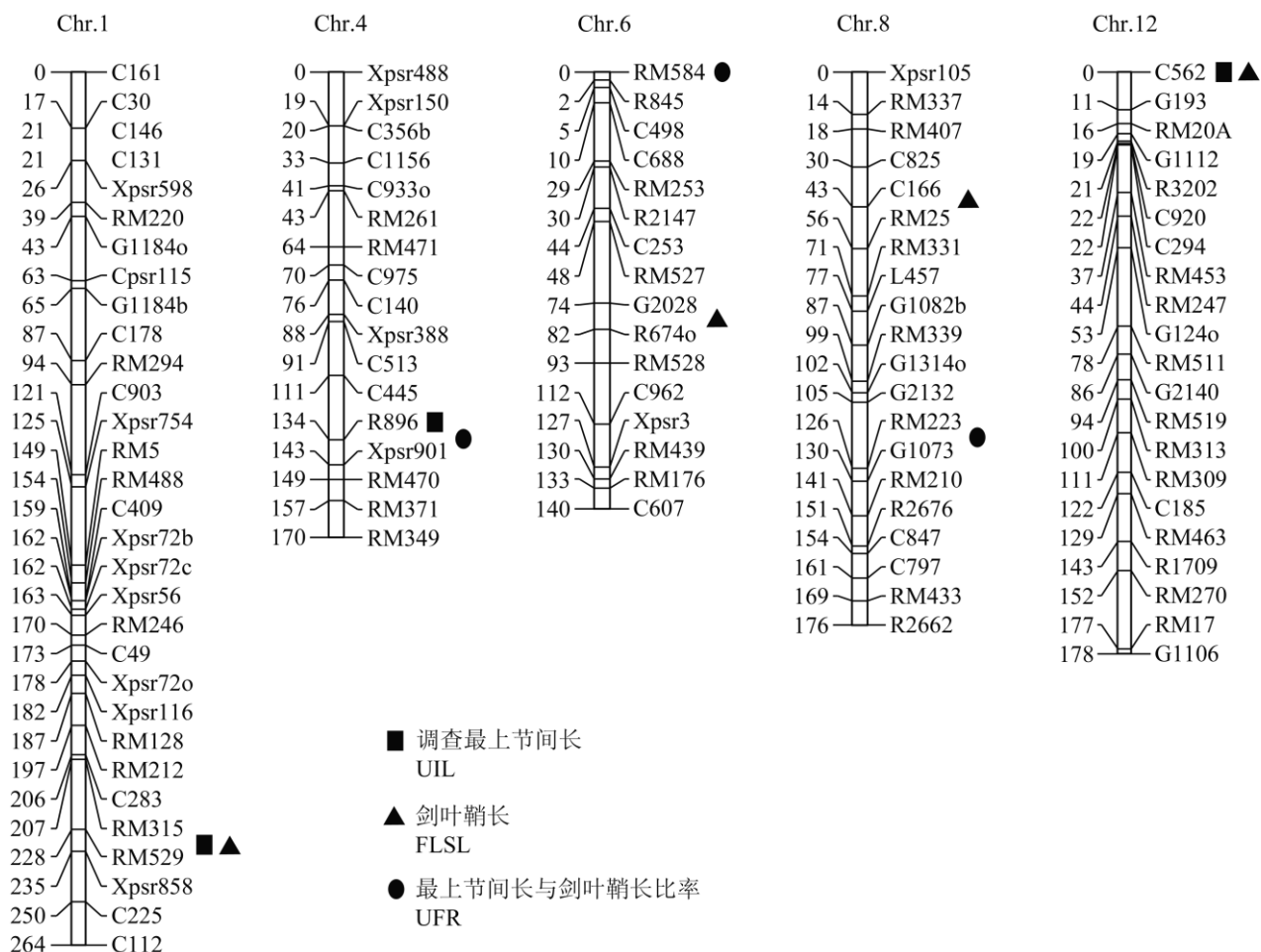


图1 水稻三个包穗相关性状的QTL定位结果

Figure 1 Results of QTL mapping for three panicle enclosure-related traits in rice

表2 三个包穗相关性状间的相关

Table 2 Correlations between the three panicle enclosure-related traits

	UIL	FLSL	UFR
UIL		0.77**	0.48**
FLSL	0.71**		-0.18*
UFR	0.68**	-0.02	

注: 上三角: E1 条件下的相关; 下三角: E2 条件下的相关, $r_{0.05,131}=0.174$; $r_{0.01,131}=0.228$

Note: Upper triangle: correlation under E1 condition; Lower triangle: correlation under E2 condition, $r_{0.05,131}=0.174$; $r_{0.01,131}=0.228$

对表型变异的贡献率为3.20%~14.59%, 增效等位基因均来自DZ60, 可增加性状值1.09 cm~1.98 cm。FLSL共检测到4个QTL, 分别位于第1、第6、第8

和第12染色体, 对表型变异的贡献率为2.59%~20.70%。除了 $qFLSL-6$ 之外, 其它QTL的增效等位基因皆来自DZ60, 可增加性状值0.72 cm~1.81 cm; $qFLSL-6$ 的增效等位基因来自H359, 可增加性状值0.67 cm。UFR共检测到3个QTL, 分别位于第4、第6和第8染色体, 对表型变异的贡献率为2.89%~6.00%, 其中 $qUFR-4$ 的增效等位基因来自DZ60, 而 $qUFR-6$ 和 $qUFR-8$ 的增效等位基因均来自H359。

不同性状检测到的QTL有些位置相同或相近, 其中 $qUIL-1$ 与 $qFLSL-1$ 之间及 $qUIL-12$ 与 $qFLSL-12$ 之间位置完全重叠, $qUIL-4$ 与 $qUFR-4$ 之间位置相近且置信区间部分重叠。该结果反映了这些性状之间相关的遗传基础, 也说明了这些QTL的可靠性。

本试验检测到的10个QTL都具有显著的加性效

表 3 水稻三个包穗相关性状的 QTL 定位结果

Table 3 Results of QTL mapping for the three panicle enclosure-related traits in rice

性状 Trait	QTL	染色体 Chromosome	标记区间 Marker interval	位置 Position (cM)	贡献率(%) h ² (%)	加性效应 Additive effect
UIL	<i>qUIL-1</i>	1	RM315-RM529	207.40	14.59	1.98
	<i>qUIL-4</i>	4	R896-XPSR901	134.10	5.88	1.20
	<i>qUIL-12</i>	12	C562-G193	4.00	3.20	1.09
FLSL	<i>qFLSL-1</i>	1	RM315-RM529	207.40	20.70	1.81
	<i>qFLSL-6</i>	6	G2028-R674A	74.00	4.31	-0.67
	<i>qFLSL-8</i>	8	C166-RM25	48.70	4.03	0.92
	<i>qFLSL-12</i>	12	C562-G193	4.00	2.59	0.72
UFR	<i>qUFR-4</i>	4	R896-XPSR901	137.10	5.82	0.033
	<i>qUFR-6</i>	6	RM584-R845	0.00	6.00	-0.030
	<i>qUFR-8</i>	8	RM223-G1073	129.40	2.89	-0.019

注: 负号表示来自 DZ60 的等位基因起减效作用

Note: The negative symbol means that the allele from DZ60 acts to decrease the trait value

应, 但都不表现出上位性效应, 而且与环境之间也不存在显著的互作效应(数据未展示)。这些结果说明, 水稻包穗性状主要受加性效应控制, 而且有关 QTL 的加性效应稳定, 受环境影响小。

2 讨论

水稻包穗取决于最上节间和剑叶鞘的相对长度(UFR)。因此, UIL和FLSL都与包穗有关。但是, 本研究结果显示, UIL和FLSL之间存在很高的正相关, 说明这两个性状具有部分共同的遗传基础。这部分共同的遗传基础使得UIL和FLSL平行地发生变异, 亦即当最上节间变长时, 剑叶鞘也相应地变长, 反之亦然, 因而基本上不改变二者间的相对长度。QTL定位的结果证明了这一点: 有两个QTL (*qUIL-1/qFLSL-1*和*qUIL-12/qFLSL-12*)同时控制UIL和FLSL, 对两个性状的效应方向也相同, 但对UFR并没有显著的效应(表3; 图1)。因此, 这两个QTL不会显著影响包穗性状。查询水稻基因组序列发现, *qUIL-1/qFLSL-1*所在区间RM315-RM529(物理位置为36734076-40670767)正好包含了著名的半矮秆基因*sd-1*(物理位置为38381423-38384165; Spielmeier et al., 2002)。在本研究所用群体的两个亲本中, 一个是矮秆品种(H359), 含半矮秆基因*sd-1*; 另一个是高秆品种(DZ60), 含野生型等位基因*SD-1*。因此我们有理由推测, 这个QTL对UIL和FLSL的效应应该来自半矮秆基因*sd-1*。生产实践已经表明, *sd-1*基因不会引起包穗现象。这与本研究

的结果是一致的。

除了上述两个QTL之外, 本研究也检测到分别控制UIL (*qUIL-4*)和FLSL (*qFLSL-6*和*qFLSL-8*)的QTL(表3; 图1)。由于这些QTL没有同时影响UIL和FLSL, 因此它们可能对包穗性状有贡献。的确, 至少*qUIL-4*被检测到对UFR具有显著的效应(表3; 图1)。另外, 本研究还检测到两个显著影响UFR但对UIL和FLSL效应不显著的QTL (*qUFR-6*和*qUFR-8*)。该结果说明, 一些对UIL和FLSL效应很小的QTL也会影响包穗性状。

3 材料与方 法

3.1 供试材料

供试材料为热带粳稻品种DZ60 (ACC8558)与籼稻品种H359杂交产生的重组自交系(RIL)群体, 共包含131个株系。基于该群体已构建了一张总长1 858.7 cM, 包含219个分子标记(142个RFLP和77个SSR标记)的连锁图。

3.2 田间种植和性状调查

2007年将RIL群体及亲本种植于海南三亚藤桥福建南繁基地(环境E1), 12月1日播种, 12月25日移栽, 单本插植, 每个株系种植5行, 每行7株, 株行距19 cm×19 cm, 田间管理同一般大田。2008年将RIL群体及亲本种植于福建莆田吴江试验基地(环境E2), 6月1日播种, 6月25日移栽, 单本插植。种植密度和株数同2007年。成熟期每株系取10株, 调查主穗的最上节间长(UIL, 剑叶叶鞘基部到穗节

之间的距离)、剑叶叶鞘长(FLSL, 剑叶叶鞘基部到剑叶叶枕之间的距离)以及最上节间长与剑叶叶鞘长比率(UFR; $UFR < 1$ 表示包穗)。

3.3 数据处理与QTL分析

用Excel 2003软件对两亲本及RIL群体的UIL、FLSL和UFR进行统计分析。以株系平均值为单位, 用QTL定位软件QTLNetwork 2.0 (Yang and Zhu, 2005; <http://www.ibi.zju.edu.cn/software>)对3个性状分别进行2个环境联合的QTL定位分析, 有关参数设置采用软件的默认值; 用0.05的总体显著性水平作为QTL存在的评判标准, 用置换测验(Permutation tests)估计相应的F显著阈值, 共重复抽样1 000次。QTL命名采用McCouch等(1997)建议的命名法。

作者贡献

官华忠、卓敏、陈志伟和毛大梅是本研究的实验设计和实验研究的执行人; 官华忠、卓敏及陈志伟完成数据分析, 论文初稿的写作; 潘润森、段远霖、兰涛和周元昌参与实验设计, 试验结果分析; 吴为人是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由国家转基因重大专项(2009ZX08009-109B)和福建省自然科学基金(2010J01077)资助。

参考文献

- Heu M.H., and Shrestha G., 1986, Genetic analysis of sheathed panicle in a nepalese rice cultivar Gamadi, In: Stephen J.B. ed, Rice Genetics I : Proceedings of the International Rice Genetics Symposium, IRRI, Manila, Philippines, pp.317-322
- Kinoshita T., 1986, Report of the committee on gene symbolization, nomenclature and linkage groups, Rice Genetics Newsletter, 3: 3-11
- Lin H.X., Zhuang J.Y., Qian H.R., Lu J., Min S.K., Xiong Z.M., Huang N., and Zheng K.L., 1996, Mapping QTLs for plant height and its components by molecular markers in rice (*Oryza sativa* L.), Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica), 22(3): 257-263 (林鸿宣, 庄杰云, 钱惠荣, 陆军, 闵绍楷, 熊振民, 黄宁, 郑康乐, 1996, 水稻株高及其构成因素数量性状基因座位的分子标记定位, 作物学报, 22(3): 257-263)
- Liu G.F., Lu Y.G., Wang G.C., and Huang N., 1998, Identification of QTLs for plant yield, plant height and

their related traits in rice, Huanan Nongye Daxue Xuebao (Journal South China Agriculture University), 19(3): 5-9 (刘桂富, 卢永根, 王国昌, 黄宁, 1998, 水稻产量, 株高及其相关性状的QTLs定位, 华南农业大学学报, 19(3): 5-9)

- Liu Z., and Luo L.J., 2006, Anatomical studies on the stem of rice of dwarf and sheathed panicle, Zhongguo Nongxue Tongbao (Chinese Agriculture Science Bulletin), 22(12): 409-412 (刘庄, 罗丽娟, 2006, 水稻矮秆鞘包穗突变体茎的形态解剖学研究, 中国农学通报, 22(12): 409-412)
- Maekawa M., 1986, Allelism test for the genes responsible for sheathed panicle, Rice Genetics Newsletter, 3: 62-63
- McCouch S.R., Cho Y.G., Yano M., Paul E., Blinstrub M., Morishima H., and Kinoshita T., 1997, Report on QTL nomenclature, Rice Genetic Newsletter, 14: 11-13
- Qiao B.J., Zhu X.B., Wang Y.Y., and Hong D.L., 2008, Mapping QTL for three panicle exertion-related traits in rice (*Oryza sativa* L.) under different growing environments, Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica), 34(3): 389-396 (乔保建, 朱晓彪, 王盈盈, 洪德林, 2008, 不同生长环境下水稻穗抽出度三个相关性状QTL定位研究, 作物学报, 34(3): 389-396)
- Rutger J.N., and Camahan H.L., 1981, A fourth genetic element to facilitate hybrid cereal production—a recessive tall in rice1, Crop Science, 21(3): 373-376
- Shrestha G.L., 1984, Gene location for “Gamadiness” in rice (*Oryza sativa* L.), Korean Japan Crop Science, 29: 128-135
- Spielmeier W., Ellis M.H., and Chandler R.M., 2002, Semidwarf (*sd-1*) “green revolution” rice, contains a defective gibberellin 20-oxidase gene, Proceedings of the National Academy of Sciences of USA, 99(13): 9043-9048
- Tan Z.B., Shen L.S., Kuang H.C., Lu C.F., Chen Y., Zhou K.D., and Zhu L.H., 1996, Identification of QTLs for lengths of the top internodes and other traits in rice and analysis of their genetic effects, Yichuan Xuebao (Acta Genetic Sinica), 1996, 23(6): 439-446 (谭震波, 沈利爽, 况浩池, 陆朝福, 陈英, 周开达, 朱立煌, 1996, 水稻上部节间长度等数量性状基因的定位及其遗传效应分析, 遗传学报, 23(6): 439-446)
- Wang W.P., 2010, Studies on the morphological, physiological and genetic characteristics of M893, a rice (*Oryza sativa* L.) mutant with sheathed panicle, Doctor Dissertation. Changsha: Hunan Agricultural University, Supervisor: Wu X.J., Chen L.Y., pp.43-49 (王伟平, 2010, 水稻包穗突变体M893的形态, 生理及遗传特性研究, 博士学位论文,

湖南农业大学, 导师: 武小金, 陈立云, pp.43-49)

- Wu K., 2009, Genetic analysis and mapping of a dwarf and sheathed panicle mutant *dsp1* in rice (*Oryza sativa* L.), Masters degree paper, Jiangsu: Yangzhou University, Supervisor: Qian Q., pp.39-42 (吴昆, 2009, 水稻矮秆包穗突变体*dsp1*的遗传分析与基因定位, 硕士学位论文, 扬州大学, 导师: 钱前, pp.39-42)
- Xiong L.Z., Liu K.D., Dai X.K., Xu C.G., and Zhang Q.F., 1999, Identification of genetic factors controlling domestication-related traits of rice using an F₂ population of a cross between *Oryza sativa* and *O. rufipogon*, Theoretical and Applied Genetics, 98: 243-251
- Yamamoto T., Taguchi-Shiobara F., Ukai Y., Sasaki T., and Yano M., 2001, Mapping quantitative trait loci for days-to-heading, and culm, panicle and internode length in a BC₁F₃ population using an elite rice variety, Koshihikari, as the recurrent parent, Breeding Science, 51(2): 63-71
- Yang J., and Zhu J., 2005, Methods for predicting superior genotypes under multiple environments based on QTL effects, Theoretical and Applied Genetics, 110(7): 1268-1274
- Yang R.C., Zhang S.B., Huang R.H., Yang S.R., and Zhang Q.Q., 2002, Breeding technology of *eui*-hybrids of rice, Scientia Agricultura Sinica, 1(4): 359-363
- Yuan L.P., ed., 2002, Hybrid rice, Agriculture Press, Beijing: China, pp.247-255 (袁隆平, 编著, 2002, 杂交水稻学, 中国农业出版社, 中国, 北京, pp.247-255)
- Zhu H B, 2003, Fine mapping and cloning of rice *EUI2(t)* gene controlling upper most internode elongation, Doctor Dissertation, Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, Supervisor: Yang R.C., pp.54-58 (朱宏波, 2003, 水稻穗颈伸长基因*EUI2(t)*的精细定位与克隆, 博士学位论文, 福建农林大学, 导师: 杨仁崔, pp.54-58)
- Zhu K.M., 2006, Genetic analysis and mapping of *SHP6* gene in rice, Masters degree paper, Jiangsu: Yangzhou University, Supervisor: Cheng Z.K., Qian Q., pp.23-35 (朱克明, 2006, 水稻包穗基因*SHP6*的遗传与定位, 硕士学位论文, 扬州大学, 导师: 程祝宽, 钱前, pp.23-35)
- Zhu Y.Y., Nomura T., Nomura T., Xu Y.H., Zhang Y.Y., Peng Y., Mao B.Z., Hanada A., Zhou H.C., Wang R.X., Li P.J., Zhu X.D., Mander L.N., Kamiya Y.J., Yamaguchi S.J., and He Z.H., 2006, Elongated uppermost internode encodes a cytochrome P450 monooxygenase that epoxidizes gibberellins in a novel deactivation reaction in rice, Plant Cell, 18(2): 442-456



5thPublisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5thPublisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>