

# 利用等位基因特异性 PCR 检测水稻可溶性淀粉合酶基因的单核苷酸多态性

彭小松, 朱昌兰\*, 林 华, 欧阳林娟, 贺晓鹏, 陈小荣, 傅军如, 贺浩华

(江西农业大学作物生理生态与遗传育种教育部重点实验室/江西省超级稻工程技术研究中心, 江西南昌330045)

**摘要:** 单核苷酸多态性(SNP)广泛分布于水稻基因组中, SNP分型已成为水稻遗传作图、关联分析、资源鉴定和分子标记辅助选择等研究的重要技术。本文选择水稻可溶性淀粉合酶基因 *SSIIIa* 的12个SNP位点, 研究了利用等位基因特异性PCR法检测SNP的可行性。按照等位基因特异性PCR原理设计引物3'末端碱基, 并根据每个SNP位点引物3'端的错配类型, 在上游引物3'末端第3位引入不同的错配碱基, 结果均获得了很好的扩增特异性, PCR检测结果与测序结果吻合。表明, 等位基因特异性PCR是一种简便、快捷、可靠和低成本的SNP分型方法, 可有效应用于水稻可溶性淀粉合酶基因的种质资源鉴定和分子标记辅助选择育种等相关研究。

**关键词:** 水稻; 可溶性淀粉合酶基因; 等位基因特异性PCR(AS-PCR); 单核苷酸多态性(SNP)

中图分类号: S511.032 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2012)06-1080-06

## Identification of Single Nucleotide Polymorphism of Soluble Starch Synthase Genes of Rice with Allele-specific PCR

PENG Xiao-song, ZHU Chang-lan\*, LIN Hua, OUYANG Lin-juan,  
HE Xiao-peng, CHEN Xiao-rong, FU Jun-ru, HE Hao-hua

(Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology and Genetic Breeding, Ministry of Education, Jiangxi Agricultural University/Super Rice Engineering Research Center of Jiangxi Province, Nanchang 330045, China)

**Abstract:** Single nucleotide polymorphism (SNP) is widely distributed in rice genome. Identification of SNPs has become a very important technique for linkage mapping, association mapping, gene resources identification and molecular marker assisted selection. In this study, 12 SNPs of rice soluble starch synthase *SSIIIa* gene were selected to study the technical feasibility of allele-specific PCR to SNPs identification. The result showed that all the 12 SNPs could be specifically identified by designing 3' end specific base of primers according to the principle of allele-specific PCR and introducing an artificially mismatched base into the third base in the 3' end area of the upstream primers according to the different types of mismatched base at 3' end. The results from the PCR assay were consistent with those of sequencing. This PCR assay is simple, quick, reliable and economical. Implementation of this PCR assay will greatly enhance the efficiency of germplasm characterization and marker-assisted selection of soluble starch synthase genes in rice.

**Key words:** rice; soluble starch synthase genes; allele specific PCR; single nucleotide polymorphism

收稿日期: 2012-08-12 修回日期: 2012-09-22

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30560074, 30760118)和江西省主要学科学术和技术带头人培养计划(2008DD00800)和江西省科技支撑计划

作者简介: 彭小松(1963—), 男, 副教授, 博士生, 主要从事水稻遗传育种研究, E-mail: pxs63@163.com; \* 通讯作者: 朱昌兰, 教授, 博士生导师, E-mail: zhuchanglan@163.com。

单核苷酸多态性( single nucleotide polymorphism ,SNP) 是生物体中最丰富的遗传变异形式 ,作为继 RFLP、SSR 之后的第 3 代分子标记 ,已广泛应用于动植物基因定位、连锁图构建、基因等位变异分析、资源评价与发掘、分子标记育种等研究领域 ,并显示出更强大的效力<sup>[1-3]</sup>。

目前 检测 SNP 的方法有多种 ,如基因芯片技术( Gene chips) 、高分辨溶解曲线分析法( high resolution melting ,HRM) 、变性高效液相色谱法( dHPLC) 、引物延伸法( Primer extension) 、基质辅助激光解吸飞行时间质谱( MALDI - TOF MS) 、直接测序法等<sup>[4-8]</sup> ,这些方法虽然具有较高通量和易于自动化的优点 ,但要求成本昂贵的仪器设备 ,较难在一般实验室普及。等位基因特异性 PCR( Allele specific PCR ,AS - PCR) 是一种在 PCR 基础上发展起来的快速、简便、低成本的检测基因单核苷酸多态性的方法 ,适用于实验条件一般的大多数实验室和育种单位开展基础研究和分子育种实践工作<sup>[9-10]</sup>。其原理是根据 SNP 位点设计特异引物 ,其中一条链( 特异链) 的 3'末端与 SNP 位点的碱基互补( 或相同) ,另一条链( 普通链) 按常规方法进行设计。特异引物在一种基因型中有扩增产物 ,在另一种基因型中没有扩增产物 ,用凝胶电泳就能够很容易地分辨出扩增产物的有无 ,从而确定基因型的 SNP。

本文以水稻可溶性淀粉合酶基因 *SSIIIa* 的 12 个 SNP 位点为例 ,研究了利用等位基因特异性 PCR 法检测 SNP 的可行性 ,旨在建立简便快捷低成本的水稻 SNP 分型方法 ,为水稻 SNP 标记的开发应用提供技术支持。

# 1 材料与方 法

## 1.1 试验材料

237 个水稻品种 ,其中 7 个水稻品种的 *SSIIIa* 基因的全序列已在以前研究中测定 ,其中的 12 个 SNP 位点的碱基类型已确定<sup>[11]</sup>。各供试品种种植于试验大田 ,分蘖初期每品种取叶片 2 ~ 3 片 , - 70 °C 保存 ,用于提取 DNA。

## 1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 采用 SDS 微量法提取 DNA ,具体步骤参照 Dellaporta<sup>[12]</sup>的方法。提取的 DNA 溶解于 100 μL 0.1 × TE 缓冲液中 ,4 °C 保存备用。

1.2.2 引物设计 根据 AS - PCR 原理 ,在 SNP 位点设计特异引物 ,包括上游引物 2 条 ,下游引物 1 条。其中 2 条上游引物的 3'末端碱基分别与二态 SNP 的两种分型对应 ,下游引物则按常规方法设计 ,使特异引物在一种基因型中有扩增产物 ,而在另一种基因型中没有扩增产物 ,从而确定基因的变异类型( 图 1)。为了增加特异引物的稳定性 ,在上游引物的 3'端倒数第 3 位碱基人为引入错配碱基 ,使引物在与其 3'末端不互补的模板中的扩增产物显著降低 ,而引物在与其 3'末端互补的模板中正常扩增。12 个 SNP 位点的 AS - PCR 特异引物见表 1。所有引物由大连宝生物工程公司合成。

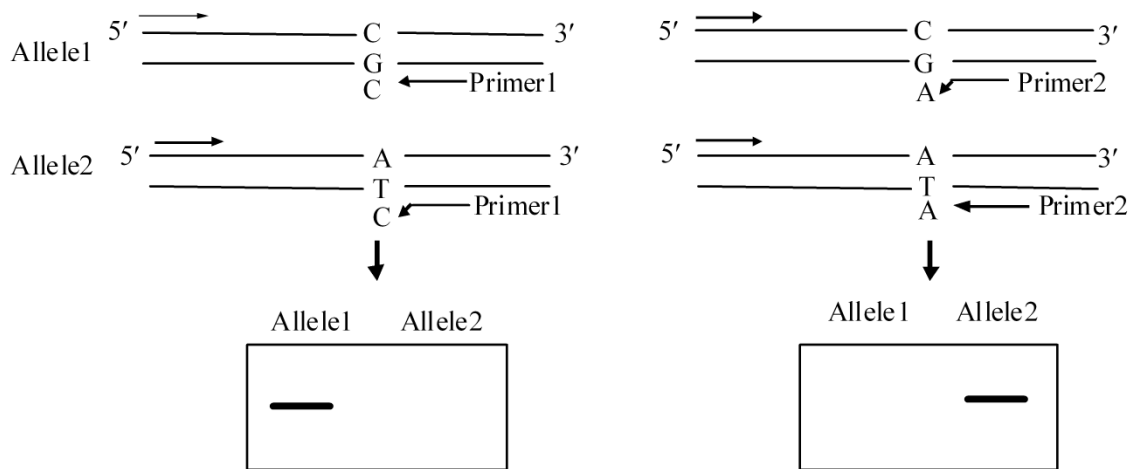


图 1 等位基因特异性 PCR 引物设计的原理

Fig.1 The principle of primer design for AS-PCR

1.2.3 PCR 扩增 用设计的引物扩增各水稻品种的基因组 DNA。PCR 反应体系 20 μL ,包括 *Taq* 酶

表 1 *SSIIIa* 基因 12 个 SNP 位点的 AS-PCR 特异引物序列及其产物特征

Tab. 1 The sequences of AS-PCR specific primers and the features of their amplification products for 12 SNPs of rice soluble starch synthase *SSIIIa* gene

| SNP 位点<br>SNP site | 碱基变异类型<br>Base type | 引物名称<br>Primer name | 引物序列(5'-3')<br>Primer sequence                        | 产物大小/bp<br>Product length |
|--------------------|---------------------|---------------------|---|---------------------------|
| 82                 | C/A                 | A                   | F: ATTTCTTAATGACCAGGAGATACAC; R: TCCGTCGCATCCACTTTC   | 405                       |
|                    |                     | a                   | F: ATTTCTTAATGACCAGGAGATACAA; R: TCCGTCGCATCCACTTTC   |                           |
| 235                | G/A                 | B                   | F: GAAAGCAAAGAGGTCG; R: GTCCACCTCAAATACATC            | 364                       |
|                    |                     | b                   | F: GAAAGCAAAGAGGTCGA; R: GTCCACCTCAAATACATC           |                           |
| 2 409              | A/T                 | C                   | F: ATTGTTGCTATACCTAGTGA; R: AACTATGAATGCTCCTT         | 451                       |
|                    |                     | c                   | F: ATTGTTGCTATACCTAGTGT; R: AACTATGAATGCTCCTT         |                           |
| 2 909              | C/A                 | D                   | F: TGGTGGTCTTGACAGAC; R: TGTGCTAGGCTCTATGTG           | 375                       |
|                    |                     | d                   | F: TGGTGGTCTTGACAGAA; R: TGTGCTAGGCTCTATGTG           |                           |
| 4 074              | G/A                 | F                   | F: TTAATTTTACATCCTTAG; R: GTGGTTCAGTATAAAACAAT        | 412                       |
|                    |                     | f                   | F: TTAATTTTACATCCTTAA; R: GTGGTTCAGTATAAAACAAT        |                           |
| 4 117              | T/G                 | G                   | F: TCCAAACTCAGTATTTTCAAACAT; R: GGACCACCTAAACCAAACCT  | 467                       |
|                    |                     | g                   | F: TCCAAACTCAGTATTTTCAAACAG; R: GGACCACCTAAACCAAACCT  |                           |
| 4 342              | G/A                 | H                   | F: TGTGTGAAGTCTGCG; R: TCAGCACCGTATTAGAAG             | 202                       |
|                    |                     | h                   | F: TGTGTGAAGTCTGCA; R: TCAGCACCGTATTAGAAG             |                           |
| 4 898              | T/C                 | I                   | F: TGGTATATCGTTCAGTTACTCCAT; R: GTCCATTCCTGTGTGCATAGA | 173                       |
|                    |                     | i                   | F: TGGTATATCGTTCAGTTACTCCAC; R: GTCCATTCCTGTGTGCATAGA |                           |
| 5 582              | C/T                 | J                   | F: TGTGTTAGATATGTGGATGCC; R: GGATTAGGGATGATGGTT       | 425                       |
|                    |                     | j                   | F: TGTGTTAGATATGTGGATGCT; R: GGATTAGGGATGATGGTT       |                           |
| 5 727              | C/A                 | K                   | F: GAGCACTTGTCAAGTGTGGC; R: AAGGATTAGGGATGATGG        | 283                       |
|                    |                     | k                   | F: GAGCACTTGTCAAGTGTGGA; R: AAGGATTAGGGATGATGG        |                           |
| 5 981              | C/T                 | L                   | F: TCACGAAAACCATCAGCC; R: CAGATTTGTATCACATACTTGAAAA   | 464                       |
|                    |                     | l                   | F: TCACGAAAACCATCAGCT; R: CAGATTTGTATCACATACTTGAAAA   |                           |
| 8 034              | C/T                 | M                   | F: GACTGTAATGCTGTGGATGAC; R: ACAATAGACCACCAAGCA       | 155                       |
|                    |                     | m                   | F: GACTGTAATGCTGTGGATGAT; R: ACAATAGACCACCAAGCA       |                           |

0.20 μL, 10 × buffer 2.0 μL, dNTP 0.3 μL, 模板 DNA 4.0 μL, 引物 0.5 μL, ddH<sub>2</sub>O 10.6 μL。以上试剂均购自大连宝生物工程公司。PCR 扩增程序如下: 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 1 min, 退火温度退火 1 min, 72 °C 延伸 45 s, 共循环 30 次; 72 °C 延伸 10 min; 4 °C 保存。PCR 产物经 20 g/L 琼脂糖凝胶电泳分离, 溴化乙锭染色, 凝胶成像系统扫描并保存图像。

表 2 7 个已知基因序列水稻品种的 SNP 位点上碱基类型

Tab. 2 Base types of 12 SNPs in 7 rice varieties which sequence of *SSIIIa* had been determined by sequencing before

| SNP 位点<br>SNP site | 品种 Varieties |      |                |                 |                   |                   |                     |
|--------------------|--------------|------|----------------|-----------------|-------------------|-------------------|---------------------|
|                    | IR36         | 9311 | 苏御糯<br>Suyunuo | 武育粳<br>Wuyujing | 日本晴<br>Nipponbare | 越光<br>Koshihikari | 桂朝 2 号<br>Guichao 2 |
| SSIIIa - 82        | A            | C    | C              | C               | C                 | C                 | C                   |
| SSIIIa - 235       | A            | G    | G              | G               | G                 | G                 | G                   |
| SSIIIa - 2409      | T            | A    | A              | A               | A                 | A                 | A                   |
| SSIIIa - 2909      | A            | C    | C              | C               | C                 | C                 | C                   |
| SSIIIa - 4074      | A            | G    | G              | G               | G                 | G                 | G                   |
| SSIIIa - 4117      | G            | T    | T              | T               | T                 | T                 | T                   |
| SSIIIa - 4342      | A            | G    | G              | G               | G                 | G                 | G                   |
| SSIIIa - 4898      | C            | T    | T              | T               | T                 | T                 | T                   |
| SSIIIa - 5582      | T            | C    | C              | C               | C                 | C                 | C                   |
| SSIIIa - 5727      | A            | C    | C              | C               | C                 | C                 | C                   |
| SSIIIa - 5981      | C            | T    | T              | T               | T                 | T                 | T                   |
| SSIIIa - 8034      | C            | T    | T              | T               | T                 | T                 | T                   |

1.2.4 设计引物的可行性分析 为验证所设计引物的可行性,首先利用所设计的引物对 IR36、9311、日本晴等 7 个已知序列的水稻品种 DNA 进行 PCR 扩增,这 7 个品种的 12 个 SNP 位点的碱基类型见表 2。然后,进一步扩增待测水稻品种 DNA,确认引物的可行性。

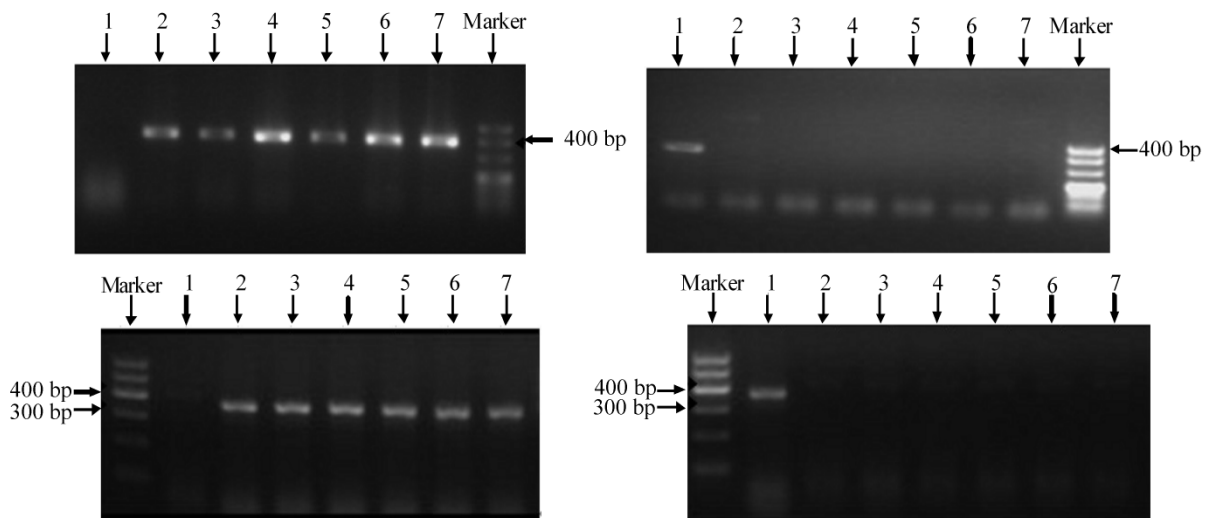
## 2 结果与分析

### 2.1 DNA 浓度及质量检测

各供试材料经 SDS 微量法提取的基因组 DNA,经紫外分光光度计检测, $OD_{260}/OD_{280}$  均大于 1.6,用 10 g/L 琼脂糖凝胶电泳,DNA 呈一清晰条带,无降解,表明 DNA 质量符合后续试验要求。

### 2.2 引物设计的可行性分析

选取 IR36、9311、日本晴等 7 个已知基因序列水稻品种的 DNA,用 12 个 SNP 位点的特异引物进行扩增,结果均获得了预期的结果。即:在 SNP 位点上碱基与引物 3' 末端互补的水稻品种中,扩增出了预期大小的 PCR 产物,而在碱基类型与设计引物的 3' 末端不同的水稻品种中没有扩增出现相应条带,等位基因特异性 PCR 检测结果与测序结果吻合,表明这 12 对引物可以用来研究不同水稻品种 *SSIIIa* 基因的 12 个 SNP 位点的等位变异。图 2 例示的是 *SSIIIa*-82 位点和 *SSIIIa*-235 位点特异引物扩增 7 个已知基因序列水稻品种的结果。



上图为 *SSIIIa*-82 位点特异引物 A(左)和 a(右)的 PCR 扩增产物电泳图,引物 A 的 3' 末端碱基为 C,引物 a 的 3' 末端碱基为 A;下图为 *SSIIIa*-235 位点特异引物 B(左)和 b(右)的 PCR 扩增产物电泳图,引物 B 的 3' 末端碱基为 G,引物 b 的 3' 末端碱基为 A。数字 1-7 分别代表水稻品种 IR36、9311、苏御糯、武育梗、日本晴、越光和桂朝 2 号。

The upper map is electrophoresis map of amplification products of allele-specific primer A (left) and a (Right) for SNP *SSIIIa*-82. The 3'-end base of primer A is C and that of primer a is A. The down map is electrophoresis map of amplification products of allele-specific primer B (left) and b (Right) for SNP *SSIIIa*-235. The 3'-end base of primer B is G and that of primer b is A. Number 1 to 7 were rice variety IR36, 9311, Suyunuo, Wuyujing, Nipponbare, Koshihikari and Guichao 2, respectively.

图 2 等位基因特异引物 PCR 扩增 7 个已知基因序列水稻品种的产物电泳图

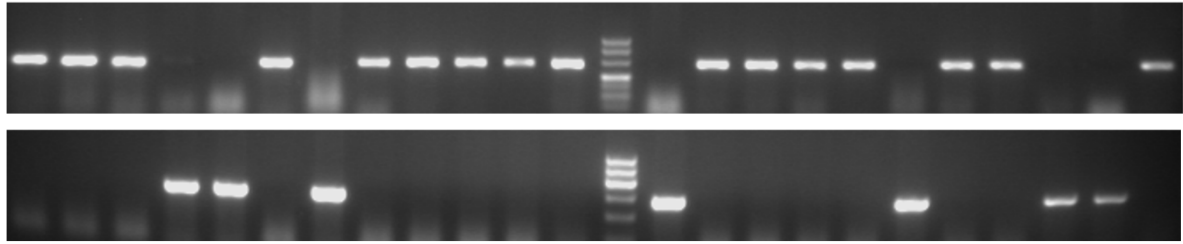
Fig. 2 The electrophoresis map of allele-specific PCR amplification products of 7 rice varieties which sequence of *SSIIIa* had been determined by sequencing before

### 2.3 扩增待测样本 DNA

应用所设计的 SNP 位点特异引物,分别扩增 230 个水稻品种的 DNA,获得了很好的扩增特异性,表明建立的等位基因特异性 PCR 技术能有效地用于待测品种的 SNP 分型。图 3 是 *SSIIIa*-5727 位点的引物扩增部分品种的 DNA 的产物电泳图片。

## 3 小结与讨论

可溶性淀粉合酶(soluble starch synthase, SSS)是控制水稻支链淀粉生物合成的关键酶之一,对支链



上图为 *SSIIIa*-5727 位点特异引物 K 的 PCR 扩增产物,下图为引物 k 的扩增产物。引物 K 的 3' 末端碱基为 C,引物 k 的 3' 末端碱基为 A。

The upper map is amplification products of allele-specific primer K and the down map is amplification products of allele-specific primer k for SNP *SSIIIa*-5727. The 3' end base of primer K is C and that of primer k is A.

图 3 等位基因特异引物 PCR 扩增部分水稻品种的产物电泳图

Fig. 3 The electrophoresis map of allele-specific primers amplified result of rice variety samples

淀粉结构(链长与链长分布)的形成和稻米品质起着重要作用<sup>[13-14]</sup>。水稻中可溶性淀粉合酶包括 *SSI*、*SSII*、*SSIII* 和 *SSIV* 四种,由 *SSI*、*SSIIa*、*SSIIb*、*SSIIc*、*SSIIIa*、*SSIIIb*、*SSIVa*、*SSIVb* 8 个基因编码,其中 *SSI*、*SSIIa*、*SSIIIa* 在胚乳支链淀粉的合成中起重要作用<sup>[15]</sup>。本课题组在前期的研究中,以 16 个水稻品种可溶性淀粉合酶基因的序列多态性与稻米品质性状进行关联分析,在 *SSI* 基因中检测到 4 个与 RVA 谱的热浆粘度存在显著关联的多态性位点,在 *SSIIa* 基因中检测到 3 个与支链淀粉结构和 26 个与糊化起始温度具有显著关联的 SNP 位点,在 *SSIIIa* 基因中检测到 7 个与支链淀粉结构和 12 个与糊化起始温度表现显著关联的 SNP 位点<sup>[11]</sup>。因此,建立简便快捷低成本的水稻可溶性淀粉合酶基因 SNP 分型方法,对稻米品质基因资源鉴定和分子育种具有重要意义。本研究以 *SSIIIa* 基因的 12 个 SNP 位点为例,建立了基于等位基因特异性 PCR 的 SNP 鉴定方法,为以后的相关研究奠定了技术基础。

等位基因特异性 PCR 引物设计的原理为每个 SNP 位点的特异性引物 3' 末端碱基必须落在突变点的位置上,该碱基可以与野生型序列互补而与突变型不匹配,或者与突变型互补而与野生型不匹配。特异性引物既可以用正义链设计也可以反义链设计,如果设计在正义链,则共用引物设计在反义链。由于在 PCR 扩增中,引物与模板如果只有 1 个碱基差异很容易造成错配,从而引起假阳性,因此,为了保证 SNP 检测的特异性,防止错配延伸,本研究在设计特异引物时参照 Little 引入错配碱基的原则<sup>[16]</sup>,依据每个 SNP 位点引物 3' 端的错配类型,并考虑对引物  $T_m$  值的影响,在引物 3' 末端第 3 位设计了不同的错配碱基。如果 3' 端是“强”错配(A/G 或 C/T),则引入“弱”的错配(C/A 或 G/T)或不需引入错配,反之亦然;若 3' 端是“中度”错配(A/A, C/C, G/G 或 T/T),则引入“中度”的错配,通过优化扩增体系后,均获得了很好的扩增特异性,取得了理想的扩增效果。

#### 参考文献:

- [1] McNally K L, Childs K L, Bohnert R, et al. Genomewide SNP variation reveals relationships among landraces and modern varieties of rice [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 2009, 106(30): 12273 - 12278.
- [2] Ganai M W, Altmann T, Roder M S. SNP identification in crop plants [J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 2009, 12(2): 211 - 217.
- [3] 赵琼一, 李信, 周德贵, 等. 后基因组时代下作物的 SNP 分型方法 [J]. *分子植物育种*, 2010, 8(1): 125 - 133.
- [4] Hong S P, Shin S K, Lee E H, et al. High-resolution human papillomavirus genotyping by MALDI-TOF mass spectrometry [J]. *Nature Protocols*, 2008, 3(9): 1476 - 1484.
- [5] Huang X H, Feng Q, Qian Q, et al. High-throughput genotyping by whole-genome resequencing [J]. *Genome Research*, 2009, 19(6): 1068 - 1076.
- [6] Davey J W, Hohenlohe P A, Etter P D, et al. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2011, 12: 499 - 510.
- [7] Alkan C, Coe I B P, Eichler E E. Genome structural variation discovery and genotyping [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2011, 12: 363 - 376.

- [8] Ahmad R , Parfitt D E , Fass J , et al. Whole genome sequencing of peach (*Prunus persica* L.) for SNP identification and selection [J]. BMC Genomics 2011 ,12: 569 – 575.
- [9] Pastinen T , Ratitio M , Lindroos K , et al. A system for specific , high – throughput genotyping by allele-specific primer extension on microarrays [J]. Genome Research , 2000 ,10( 7) : 1031 – 1042.
- [10] Chen Z , Wang M L , Barkley N A , et al. A simple allele – specific PCR assay for detecting FAD2 alleles in both A and B genomes of the cultivated peanut for high-oleate trait selection [J]. Plant Molecular Biology Reporter , 2010 28: 542 – 548.
- [11] 贺晓鹏. 水稻胚乳支链淀粉结构及其与可溶性淀粉合酶基因的关联分析 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2009.
- [12] Dellaporta S L , Wood T , Hicks T B. A plant DNA mini preparation: version II [J]. Plant Molecular Biology Reporter , 1983 ,1( 4) : 19 – 21.
- [13] 朱昌兰 翟虎渠 万建民. 稻米食味品质的遗传和分子生物学基础研究 [J]. 江西农业大学学报 2002 24( 4) : 454 – 459.
- [14] 朱昌兰 贺浩华 贺晓鹏 等. 稻米支链淀粉的结构及其遗传调控研究进展 [J]. 中国粮油学报 2010 25( 12) : 37 – 40.
- [15] Hirose T , Terao T. A comprehensive expression analysis of the starch synthase gene family in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Planta , 2004 220( 1) : 9 – 16.
- [16] Little S. ARMS analysis of point mutations. In Taylor G R. ( ed.) Laboratory methods for the detection of mutations and polymorphisms in DNA [M]. Boca Raton: CRC press , 1997: 45 – 51.

## 向本刊审稿专家致谢

近年来,《江西农业大学学报》(以下称本刊) 办刊质量和学术影响不断提高 2003 年获第二届国家期刊奖百种重点期刊 2004、2008、2011 年连续 3 次入选《全国中文核心期刊》2006、2008、2010 年连续 3 届被评为中国高校精品科技期刊 2009、2012 年均获江西省优秀期刊一等奖; 本刊为《中国科学引文数据库( CSCD) 》来源期刊、《中国科技核心期刊库》核心期刊, 被国内外 20 多家权威数据库和文摘收录。所有成绩的取得均与本刊编委及广大审稿专家悉心付出息息相关, 在此, 本刊特向长期支持本刊发展的编委和专家表示衷心的感谢!

以下为本刊 2012 年度审稿的校内外专家名单(以姓氏拼音为序):

陈崇羔 陈伏生 陈学军 李湘民 林乃铨 申广荣 向全军 肖宇龙 徐汉虹 徐惠荣 陈从英  
 陈金印 陈美球 陈尚研 陈文波 陈小荣 戴仕明 邓舜洲 杜天真 范淑英 傅军如 辜青青  
 郭小权 郭晓敏 何余湧 贺浩华 贺晓鹏 洪艳平 胡冬南 胡国良 黄国勤 黄宏胜 黄英金  
 霍光华 蒋军喜 瞿明仁 孔令保 赖发英 李保同 李德荣 李木英 连芳青 刘光斌 刘木华  
 刘齐元 刘兴平 刘 勇 刘苑秋 陆 伟 罗运阔 牛德奎 欧阳建华 欧阳克惠 欧阳勋志 潘晓华  
 彭龙慧 上官新晨 沈勇根 施建敏 舒邓群 孙婷婷 孙 通 唐建军 涂国全 王建革 王建国  
 王 嵘 王文君 王宗德 魏洪义 邬向东 吴才君 吴建富 吴南生 吴晓玉 肖金香 肖远东  
 谢国强 熊忠华 徐 波 徐明生 徐小彪 杨光耀 杨清培 杨卫平 杨寅桂 于 芬 袁干军  
 张 露 张美良 张薇薇 张志勇 郑诗樟 周秋白 朱昌兰 朱年华

• 本刊编辑部 •