

ABA 对铝胁迫下栝楼反应机制的研究

刘 丹^{1,2}, 章 艺³, 吴玉环⁴, 梅笑漫⁵, 徐根娣^{1,2}, 刘 鹏^{1,2,①}

(1. 浙江师范大学 生态学研究所, 浙江金华 321004; 2. 浙江师范大学 植物学实验室, 浙江金华 321004;

3. 浙江旅游职业学院, 浙江杭州 311231; 4. 杭州师范大学 生命与环境科学学院, 浙江杭州 3300361;

5. 杭州师范大学 初等教育学院, 浙江杭州 330036)

摘 要: 栝楼(*Trichosanthes kirilowii* Maxim.), 俗称吊瓜, 又称瓜蒌、野葫芦, 为葫芦科多年生草质藤本植物。栝楼作为中草药种植已历史悠久, 其适应性强, 耐旱怕涝, 主要栽培在低丘岗地、丘陵山坡、溪滩地及山冲低产水田中。栝楼具有一次种下、多年收获, 投资少、见效快, 而且地边、地堰和家庭院落都可种植等特点, 是农民脱贫致富、实现小康的重要产业和“短、平、快”项目。我国的酸性土壤面积占全国土地总面积的 21%, 酸性土壤已经成为制约我国农业发展的一个重要因素。而植物铝毒害是酸性土壤限制植物生长的最主要问题之一。随着全球环境的日益恶化, 许多地区更是出现了酸雨危害。酸雨的频繁沉降, 加速了土壤酸化, 导致了土壤中铝的大量活化, 严重制约着植物的生长。因此, 对于铝胁迫下栝楼生长发育的过程及其在生产中存在的一些重大问题进行研究是很重要的。

脱落酸 (ABA) 是一种植物体内存在的具有倍半萜结构的植物内源激素。最初认为它是一种生长抑制物质, 对种子和果实的发育、成熟, 种子休眠, 器官脱落等起重要作用。随着研究的不断深入, 发现在植物干旱、高盐、低温和病虫害等逆境胁迫反应中其重要作用。它是植物的抗逆诱导因子, 因而被称为植物的“胁迫激素”。具有促进器官衰老和脱落、调节基因表达和气孔运动的作用, 对于种子萌发和果实成熟也有一定影响。而且植物在胁迫环境中体内 ABA 可被调控合成, 含量增加, 在其抗逆生理中发挥重要作用。不同逆境胁迫条件 (如高温, 低温, 干旱, 虫害等) 下, 植物均表现出抗逆性, 这有着与 ABA 有关的共同的生理基础。但到目前为止, 有关外源 ABA 对金属胁迫的报道及其分子研究却甚少, 有研究表明, 外源 ABA 对于 Cd 胁迫下的水稻具有明显的缓解作用, 而其在 Al 胁迫中的应用研究也不多。

本试验以栝楼为试材, 采用水培法与沙培法, 同时开展田间检测种植。在铝胁迫下施用外源 ABA, 对栝楼的生长发育, 防御酶系统以及根部分泌物的变化, 从生理生化特性和分子水平进行系统性研究。探讨外源 ABA 的施用对栝楼 Al 胁迫能否产生缓解作用或探究其缓解作用的机制, 以期为栝楼的种植生产及其应用研究提供理论参考。

关键词: 栝楼; 外源 ABA; 铝胁迫; 生理生化特性; 分子水平

①通信作者 E-mail: pliu99@vip.sina.com

***EPSPS* 抗除草剂转基因渐渗对普通野生稻群体的 适合度和进化潜力影响**

杨 箫，卢宝荣

(复旦大学 生物多样性与生态工程教育部重点实验室 生态与进化生物学系，上海 200433)

摘 要：*EPSPS* (5-烯醇式丙酮酸莽草酸-3-磷酸合酶) 是几乎所有植物和微生物在莽草酸途径中所依赖的关键酶，在维持植物本身的新陈代谢与生长繁殖上有着重要的作用。草甘膦通过结合 *EPSPS* 破坏正常的莽草酸途径、影响芳香族氨基酸的合成并导致植物的死亡。*EPSPS* 转基因可以过量表达被除草剂抑制的 *EPSPS* 酶使植物体在致死剂量的草甘膦压力下存活。目前对于过量表达的 *EPSPS* 是否会影响莽草酸途径，改变对植物体本身的新陈代谢与生长发育还缺乏相关的研究资料。特别是当这种转基因通过基因流渐渗到作物的野生近缘种群体后，是否会对野生近缘种群体的生活史周期适合度和进化潜力造成影响，从而带来相应的生态与进化后果，这尤其值得关注。本课题组以栽培稻为研究材料，通过人工杂交构建了 *EPSPS* 抗除草剂转基因栽培稻与不同来源（东乡和遂溪）多年生普通野生稻的 F_1 代杂种，并自交得到 F_2 代分离群体，在无除草剂压力的环境下，对 *EPSPS* 转基因在栽培稻-野生稻 F_2 代杂种后代中的适合度效应进行了田间性状调查分析。通过在没有除草剂及压力的条件下比较含转基因和不含转基因 F_2 代杂种后代的生活史周期适合度差异，我们发现，*EPSPS* 抗除草剂转基因对 F_2 代杂种后代的花期、分蘖数、种子数、结实率、越冬种子萌发率、越冬再生分蘖数等性状有显著的影响。特别是对于东乡的野生稻群体，转基因可以提早杂种后代约 15 天的始花期、增加杂种后代 16% 的分蘖数、27% 的种子数、30% 的结实率、45% 的越冬种子萌发率和 146% 的越冬分蘖数。野生稻群体的遗传背景对转基因的适合度效应有一定的影响，这可能与野生稻群体本身的 *EPSPS* 蛋白表达量有一定的关系。本研究表明 *EPSPS* 抗除草剂转基因一旦通过基因流渐渗到野生稻群体，可以在一定程度上提高野生稻群体的生活史周期适合度，从而可能通过改变野生稻群体的群体动态和遗传结构，对其生存和进化造成潜在的影响。

关键词：*EPSPS*；抗除草剂转基因；渐渗；普通野生稻；适合度；进化潜力；生物安全

miR1858a 在感抗水稻品种中响应 10 个 白叶枯病菌小种的表达

梅 俊, 杨 玲

(浙江师范大学 化学与生命科学学院, 浙江金华 321004)

摘 要: MicroRNA 是一类非编码调控小 RNA, 主要在转录后水平调节其靶基因的表达。研究发现 microRNA 不仅参与植物生长发育的调控, 而且在多种逆境胁迫应答过程中发挥重要的调节作用。水稻白叶枯病是由水稻黄单胞杆菌变种(*Xanthomonas oryzae* pv *Oryzae*, *Xoo*) 引起的一种细菌性病害, 是分布最广、危害水稻生产最严重的细菌病害之一。

根据水稻全基因组芯片分析抗白叶枯病新品种 SH5 接菌白叶枯病菌浙 173 2d 后的表达结果, 使用生物信息学方法预测出 3 个候选的响应 microRNAs, 从中选取了其中显著上调的 miR1858a, 用实时荧光定量 PCR 技术证实了 SH5 在接种浙 173 后 5d, miR1858a 表达极显著 ($p < 0.01$) 上调, 这与基因芯片的结果相一致。分析比较了 miR1858a 在感病品种 8411 和抗病品种 SH5 中响应接种浙 173 以及其他 9 个菲律宾白叶枯病菌小种后 5d 的表达水平, 结果显示: 抗病品种 SH5 中 miR1858a 可响应多个白叶枯病菌小种而上调, 而感病品种 8411 中 miR1858a 的表达对白叶枯病菌小种的响应则多数无显著变化或者下调。诱导 SH5 中 miR1858a 表达显著上调的还有小种 P3、P4、P6、P7、P9 和 P10, 而小种 P2、P5 和 P8 使 miR1858a 表达下调。在感病品种 8411 中, miR1858a 的表达仅在 3 个小种 P4、P8 和 P10 胁迫下显著上调, 在浙 173、P2、P5 和 P7 接种后无显著的变化; 在 P3、P6 和 P9 胁迫下则显著下调。进一步分析发现接种 P3、P6、P8 和 P9 小种后, miR1858a 表达在感、抗 2 个品种中呈现相反的趋势。这些结果表明在水稻抵御白叶枯病菌的过程中, miR1858a 可能起到一定的作用。

关键词: 水稻; 白叶枯病; miR1858a; 表达分析

辨别山苍子油掺假方法的研究

石宝俊¹，朱羽尧¹，姜洪芳¹，程 晶²，张卫明^{1,2*}

(1. 南京野生植物综合利用研究院，江苏南京 210042；2. 南京农业大学 食品科技学院，江苏南京 210095)

摘 要：通过采用挥发油提取器和气质联用仪的两种方法，可以辨别山苍子油是否掺假。采用挥发油提取器方法可以判定山苍子油中是否掺入不挥发性成分；采用气质联用仪以及用对照品对照的方法，可以直接测定山苍子油中柠檬醛的含量，从而判定山苍子油中是否掺入其他成分。

关键词：山苍子油；柠檬醛；挥发油；气质联用

薄壳山核桃品种‘波尼’果实发育 动态规律及相关性研究

贾晓东^{1,2}, 李浩男², 宣继萍¹, 张计育¹, 郭忠仁¹, 乔玉山²

(1. 江苏省中国科学院植物研究所, 江苏南京 210014; 2. 南京农业大学园艺学院, 江苏南京 210095)

摘 要: 为明确薄壳山核桃品种‘波尼’果实发育的动态规律, 为薄壳山核桃果实品质形成机理的研究及生产栽培提供参考依据, 以薄壳山核桃品种‘波尼’(‘awnee’P) 品种为试材, 对其外观形态变化进行拍照记录并对带皮质量、去皮质量、带皮纵径、去皮纵径、带皮横径、去皮横径、带皮果指、去皮果指、仁质量、出仁率、外皮厚和壳厚 12 个果实发育相关性状变化规律进行测定及相关性分析。结果显示: 果实发育前期外果皮光滑、含水量高, 颜色为翠绿色; 随着果实发育, 外果皮开始出现皱缩, 含水量下降, 颜色逐渐变黄, 并且开始出现黑色的斑点。花后 95~115 d 所采样品, 种仁为水状液体; 花后 125 d 所采样品的种仁已基本全部变白; 至花后 145 d 采样品种仁中含油量已很高, 称量纸上可见留有油渍; 花后 145~165 d 种仁饱满程度趋于稳定, 但以花后 145~155d 的饱满程度最佳。带皮质量、仁质量、出仁率、带皮纵径、去皮纵径、带皮横径、去皮横径、去皮果指等指标均呈现先上升后下降; 外种皮厚随果实发育逐渐增大, 带皮果指随果实发育持续减小, 而壳厚先下降再上升; 花后 95~155 d 是薄壳山核桃果实品质形成和积累的关键时期, 尤其是花后 105~155 d 果实外部及内部形态等均迅速变化, 说明此时期果实内部生理也变化迅速, 果实品质在此时期迅速形成和积累。果实发育多数性状指标变化规律之间均呈极显著正相关关系, 性状间存在相互制约关系, 可以从薄壳山核桃果实的果型指数及大小初步判断出仁率, 即可以在不破坏果实的情况下初步判断果实的品质。总之, 花后 145~155 d 之间大部分性状, 尤其是决定果实品质、商品外观的关键性状均达到最优值。因此, 花后 145~155 d 为品种‘波尼’在南京及周边地区的最佳采收期, 此阶段后若果实仍停留在树上, 果实品质相关性状开始快速变化, 品质迅速下降, 提醒果农在生产中应按照国家不同品种特性, 选择合适采收时间及时采收, 保证品质。

关键词: 薄壳山核桃; 品种‘波尼’; 果实; 发育动态; 相关性

薄鳞苔属(*Leptolejeunea*, Marchantiophyta)的 分类和系统发育

舒 蕾, 朱瑞良

(华东师范大学生命科学学院, 上海 200241)

摘 要: 薄鳞苔属 (*Leptolejeunea*) (苔类植物门, 细鳞苔科)是一个叶附生为主的, 泛热带分布的属。该属的形态特征和分子数据的矛盾导致其系统地位十分特殊, 最近的研究将该属提升为细鳞苔亚科的一个新的亚族, 但其属下划分以及进化历程仍然不明确。本文依据形态特征以及利用核糖体 ITS 片段, 两个叶绿体片段(*trnL-trnF*, *rbcL*)系统构树, 结果建议将薄鳞苔属划分为三个亚属, 包括一个新的亚属。借助于时间估算发现薄鳞苔属最早出现在古新世, 并在渐新世全球降温过程中出现大量种类的灭绝。根据祖先地点的重建揭示薄鳞苔属起源于热带美洲, 这为将热带美洲作为生物多样性的摇篮提供了新的证据。同时, 结合时间和地理分布的分析初步表明薄鳞苔属中一些形态相似但地理分布明显差异的种类, 可能是灭绝事件后期各自独立形成。

关键词: 薄鳞苔属; 苔纲; 分类证据; 分子证据; 祖先地点; 起源时间

Taxonomy and phylogeny of *Leptolejeunea* (*Leptolejeunea*, Marchantiophyta) SHU Lei, ZHU Rui-liang (School of life Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China)

不同产地栽培与野生白术化学分化的群体分析：遗传分化的贡献大于环境差异

周文彬，王丹丹，赵云鹏^①，傅承新

（浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性实验室，浙江杭州 310058）

摘 要：分析植物种下水平的化学分化式样，揭示其驱动因子及相对重要性，对于理解植物化学多样性的成因和指导药材栽培质量控制具有重要的理论和应用意义。白术（*Atractylodes macrocephala* Koidz.）是“浙八味”之一，其主要活性成分有白术内酯 I、白术内酯 II、白术内酯 III 和苍术酮等。基于课题组前期对白术的群体遗传分析，我们采集了对应的 22 个白术群体（野生 4 个、栽培 18 个）的药用部位（根茎），利用 HPLC-DAD 法分析 4 种活性成分含量，通过 ANOVA 分析、聚类分析以及主成分分析，比较其化学分化式样；并通过 Mantel 协相关分析、典范对应分析（CCA），探讨白术群体间化学分化与环境梯度（经纬度、海拔、降水、温度、日照时间）和遗传变异的相关性，分辨二者的相对贡献度。Mantel 分析结果显示，白术不同群体间的化学相似度与环境因子和遗传距离均显著相关；控制环境因子为协变量，化学相似度与群体遗传距离存在显著正相关关系（ $r=0.523\ 1$, $P=0.025$ ）；而控制遗传距离为协变量，化学相似度与环境因子相似度并没有显著的相关性（ $r=0.027\ 9$, $P=0.352$ ）。遗传距离对 CCA 轴 1 的解释度显著大于环境因子距离（58.20% vs. 42.60%），进一步支持群体遗传分化对化学分化的贡献更大。我们认为，群体遗传分化和环境梯度对化学分化的相对贡献度因分化程度及植物类群而异。另外，遗传上分化较大的平术和野生祁术，其 4 种活性成分的含量均显著高于白术其他栽培群体，可作为育种的优良种源。

基金项目：浙江省重大科技专项（2012C12912）

^①通信作者 E-mail: ypzhaoy@zju.edu.cn

不同生理年龄台湾含笑耐寒性的评价

周冬琴, 殷云龙^①

(江苏省 中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 为了推广台湾含笑的生产应用, 探讨常绿阔叶绿化树种耐寒性机理, 本研究以香樟大树为对照, 对 2011 年 10 月至 2012 年 3 月期间 3 级不同生理年龄的台湾含笑在整个越冬期的适应性进行观察, 通过叶片的越冬适应性观察和室内低温处理测定电解质外渗率并拟合 Logistic 方程求得半致死温度 (LT_{50}), 对其耐寒性进行了动态分析和综合评价。结果表明: 不同材料的叶片均随着温度的降低冻害加深, 依据 5 次越冬适应性观察的动态观测结果进行耐寒性排序, 耐寒性由强到弱依次为: 台湾含笑大树、台湾含笑中苗、台湾含笑小苗、香樟大树。室内低温处理温度与叶片细胞伤害率呈 S 型曲线; 通过显著性检验, Logistic 方程拟合度较高, 半致死温度随温度变化呈 V 形曲线, 并在 12 月底 1 月初达最低值; 依据半致死温度的动态变化幅度和最低值, 对台湾含笑和香樟的耐寒性排序结果与越冬适应性观察结果一致。

关键词: 台湾含笑; 耐寒评价; LT_{50} ; 常绿阔叶

基金项目: 江苏林业三项工程 (lysx[2011]13)

作者简介: 周冬琴 (1979—), 女, 浙江临海人, 博士, 助理研究员, 主要从事林木生理生态和遗传育种方面的研究
(E-mail: zhoudongdong128@163.com)

^①通信作者 E-mail: yinyi066@sina.com

不同时期中籼水稻品种的产量与氮肥利用效率

剧成欣¹, 钱希昶¹, 陶 进¹, 顾骏飞¹, 赵步洪²,
杨凯鹏³, 王志琴¹, 杨建昌^{1*}

(1. 扬州大学江苏省作物遗传生理重点实验室, 江苏扬州 225009;

2. 江苏省里下河地区农科所, 江苏扬州 225007; 3. 江苏省东海县农委, 江苏连云港 222300)

摘 要: 以江苏省近 70 年来不同时期在生产上应用的 12 个代表性中籼水稻品种 (含杂交稻组合) 为材料, 依据各品种的应用年代结合株型将供试品种分为早期高秆品种 (ET)、矮秆品种 (DC)、半矮秆品种 (SDC) 和超级稻 (SR) 4 个类型, 研究其产量、氮肥利用效率及其生理特性。结果表明, 随品种应用年代的演进, 不同时期中籼水稻品种的产量和氮肥利用效率均获得较大提高。超级稻光合生产量和氮素积累量高、根系性状和光合特性以及氮代谢相关酶活性强是其产量和氮肥利用效率较高的重要生理原因。超级稻抽穗后根系氧化力和剑叶光合速率下降的幅度和速度较大可能是导致超级稻结实率较低的一个重要原因。提高灌浆中后期超级稻的根系氧化力和剑叶光合速率, 有望提高超级稻的结实率。

关键词: 中籼水稻; 氮肥利用效率; 产量

Grain yield and nitrogen use efficiency of the mid-season *Indica* rice cultivars applied at different decades JU Cheng-xin¹, QIAN Xi-yang¹, TAO Jin¹, GU Jun-fei¹, ZHAO Bu-hong², YANG Kai-peng³, WANG Zhi-qin¹, YANG Jian-chang^{1*} (1. Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology of Jiangsu Province, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; 2. Lixiahe Region Agricultural Research Institute of Jiangsu, Yangzhou 225007, China; 3. Donghai Prefectural Agriculture Committee of Jiangsu, Lianyungang 222300, China)

Abstract: Improvement in rice cultivars plays an important role in the increase of the grain yield. However, little is known about the relationship between yield production and nitrogen use efficiency of mid-season *indica* rice cultivars during the improvement process. In this study, 12 typical cultivars (including hybrid combinations) applied in the production in Jiangsu province during the last 70 years were used, and classified into four types of early tall(ET), dwarf cultivar(DC), semi-dwarf cultivar(SDC) and super rice(SR), according to their application times and plant types. The results showed that grain yield and nitrogen

use efficiency was progressively increased with the improvement of cultivars under each nitrogen rate. The super rice cultivars had a higher biomass and nitrogen accumulation, higher activities of root oxidation and nitrogen metabolic enzyme and leaf photosynthetic rate when compared with any other types of cultivars, which would result in higher grain yield and nitrogen use efficiency for super rice cultivars. The root oxidation activity and photosynthetic characteristics of super rice was the largest at the heading stage, but the decline of them was faster for super rice than for semi-dwarf cultivars from heading to maturity, which could account for an important physiological reason for a lower filled-grain percentage of super rice. It would be an important approach to further increase grain yield of super rice through an increase in root activity and leaf photosynthetic rate during grain filling.

Key words: middle-season *indica* rice; nitrogen use efficiency; grain yield

不同种类红豆杉的生态效应比较研究

赵广琦¹, 罗玉兰², 奉树成^{1*}

(1. 上海植物园, 上海 200231; 2. 上海市园林科学研究所, 上海 200232)

摘 要: 在野外自然条件下, 测定了中国红豆杉 (*Taxus chinensis* (Pilge) Rehd.)、云南红豆杉 (*T. yunnanensis* Cheng et L. K. Fu)、东北红豆杉 (*T. cuspidata* Sieb. et Zucc.)、南方红豆杉 (*T. chinensis* var. *mairei* (Lemee et Levl.) Cheng et L. K. Fu) 和曼地亚红豆杉 (*T. media* cv. *Hicksii*) 等 5 种红豆杉植物的叶面积指数、光合与呼吸速率、蒸腾速率等指标, 计算了释氧固碳量和降温增湿量, 比较了它们之间的生态学效应。结果表明: 不同种类红豆杉的生态效益存在差异, 降温增湿和释氧固碳能力均以曼地亚红豆杉最强, 南方红豆杉和云南红豆杉次之, 东北红豆杉和中国红豆杉相对较弱。应加强红豆杉在城市园林绿化中的应用研究, 充分发挥红豆杉的生态效益。

关键词: 红豆杉属植物; 生态效益; 固碳释氧; 增湿降温

氮浓度和形态比例对香榧幼苗光合作用及其氮代谢的影响

胡渊渊, 唐 辉, 喻卫武, 宋丽丽, 吴家胜^①

(浙江农林大学 亚热带森林培育国家重点试验室培育基地, 浙江临安 311300)

摘 要: 香榧 (*Torreya grandis*) 是我国特有的珍稀干果, 是集材用、药用、果用、油用和观赏于一体的经济树种。氮素是植物生长发育必需的最重要元素, 而香榧林地大都在土壤贫瘠的山区, 需要人工施氮肥, 但目前生产中存在盲目施氮肥。因此, 本研究采用水培的方式, 在为 2 年生幼苗提供完全平衡营养 15 d 后, 对幼苗进行 5 种不同的氮素浓度 (0、4、8、16 和 32 mmol L⁻¹ NH₄NO₃) 和 5 种不同氮素形态 (NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N) 比例 0%、25%、50%、75% 和 100% 的处理。氮素浓度处理使用 NH₄NO₃, NO₃⁻-N 使用 Ca(NO₃)₂·4H₂O 和 KNO₃, NH₄⁺-N 使用 (NH₄)₂SO₄; 每处理重复 5 次, 每重复 3 株。随后对不同的氮浓度和形态比例对香榧幼苗的叶绿素含量、气体交换参数、叶绿素荧光参数以及氮含量、硝酸还原酶 (NR)、谷氨酰胺合成酶 (GS) 的影响进行了研究, 旨在进一步了解氮素浓度和氮素形态的比例对香榧幼苗生理生态学的影响。氮素浓度从 0 增加至 8 mmol L⁻¹ 时, 叶片的光合速率 (Pn)、PSII 实际光化学效率、叶绿素含量、叶氮含量、叶磷含量、叶钾含量、氮素光合利用效率 (PNUE) 均呈上升趋势, 而在较高氮素浓度 (16 和 32 mmol L⁻¹) 时呈下降趋势。与缺氮处理 (0 mmol L⁻¹) 相比, 高氮处理 (32 mmol L⁻¹) 具有较高的硝酸还原酶 (NR)、NH₄⁺ 和较低的谷氨酰胺合成酶 (GS)。当氮素形态比例从 0% 增加到 50% 时, 叶片的 Pn、叶磷、叶钾、叶氮、NO₃⁻ 含量及 NR 活性均逐渐增加, 而当氮素形态比例再增加时 (75%~100%), 其 Pn、叶磷、叶钾、叶氮、NO₃⁻ 含量及 NR 活性反而减少。结果表明: 合适的氮素供应能处理香榧幼苗生长, 过高氮素则对幼苗产生铵毒效应, 从而抑制其光合作用和氮素合成相关酶的活性; 香榧苗期对 NH₄⁺-N 或 NO₃⁻-N 没有明显的偏好, 当 NH₄⁺-N 或 NO₃⁻-N 为 50/50 时能够更好地增大香榧幼苗的光合作用、增强对磷、钾等主要营养元素的吸收及氮代谢。

关键词: 香榧; 氮素水平; NH₄⁺-N/NO₃⁻-N; 光合特性; 氮代谢

Effect of different concentration and form ratios of nitrogen on photosynthesis and nitrogen metabolism of *Torreya grandis* in seedling stage HU Yuan-yuan, TANG Hui, YU Wei-wu, SONG Li-li, WU Jia-sheng^① (The Nurturing Station for the State Key Laboratory of Subtropical Silviculture, Zhejiang Agriculture and Forestry University, Li'an 311300, China)

Abstract: *Torreya grandis*, a tree species with significant economic value, has drupe-like fruits with nut-seeds that have been used as food and indigenous medicine in China. In general, *T. grandis* trees grow on hills and mountain slopes with relatively nutrient-poor soils, especial suffer from nitrogen

^①通信作者 E-mail: wujs@zafu.edu.cn

deficiency. In the present study, effects of different concentrations (0, 4, 8, 16, 32 mmol L⁻¹ NH₄NO₃) and form ratios of nitrogen (the ratio of NH₄⁺ as 0%, 25%, 50%, 75% and 100%) on chlorophyll content, gas exchange parameters, chlorophyll fluorescence, leaf macro-element content, nitrate reductase (NR) and glutamine synthetase (GS) of two-year-old *T. grandis* seedlings were studied. A completely randomized design with 5 replicate per treatment and 3 sample plants per replicate was adopted. The photosynthetic rate (Pn), chlorophyll content, PSII actual photochemical efficiency, leaf macro-element content (N, phosphorus and potassium), photosynthetic nitrogen-use efficiency increased when N concentration varied from 0 to 8 mmol L⁻¹. However, those parameters decreased at higher N additions (16 and 32 mmol L⁻¹). Compared to nitrogen deficiency (0 mmol L⁻¹), NR and NH₄⁺ increased and GS decreased at the highest N addition (32 mmol L⁻¹). During the N form treatment, the Pn, leaf macro-element content, NO₃⁻ content and NR increased when the ratio of NH₄⁺ increased from 0% to 50%, and decreased when the ratio of NH₄⁺ increased from 75% to 100%. These results suggested that fine N supply promote the growth of *T. grandis* seedlings, too high N addition was toxic to plants, consequently, inhibited their growth. We also concluded that *T. grandis* seedlings had no obvious preference to NH₄⁺-N or NO₃⁻-N. The mixed supply of NH₄⁺-N and NO₃⁻-N at the ratio of 50:50 was able to boost the photosynthesis, nutrients absorption and nitrogen metabolism of *T. grandis* seedlings.

Key words: *Torreya grandis*; nitrogen levels; NH₄⁺-N/NO₃⁻-N; photosynthesis characteristics; nitrogen metabolism

第三纪孑遗植物香果树亲缘地理学与景观遗传学研究

张永华, 邱英雄*

(浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性实验室, 浙江杭州 310058)

中国的暖温带落叶阔叶林拥有世界上最丰富的第三纪孑遗植物, 由于孑遗植物具有相当的形态性状静滞性, 大多数的第三纪孑遗植物多为单属种或寡属种。揭示古孑遗植物如何追踪第四纪气候动荡的居群动态历史, 是理解孑遗物种如何响应未来气候变化的关键, 也是保护生物学近年来关注的重要科学问题之一。通常认为地理隔离过程中的突变与遗传漂变促进了谱系或物种分化, 然而谱系或物种分化也有可能被自然选择所驱使。由于中性与自然选择过程导致谱系或物种的分化速率以及维持的方式存在差异, 鉴别这两种过程在谱系分化中的作用, 将有利于阐明中国特有植物物种多样性、谱系多样性以及遗传多样性的形成机制。

香果树 (*Emmenopterys henryi* Oliv.) 隶属茜草科 (*Rubiaceae*) 香果树属 (*Emmenopterys*), 为中国特有的单属种植物。然而化石记录显示: 该类群在始新世到中新世曾广布于北美与欧洲。香果树主要分布于中国亚热带地区 (北至秦岭北坡, 南至云南文山麻栗坡) 600-1200 米处的沟谷或山坡谷地的暖温带落叶阔叶林中, 其野外居群呈‘岛屿’状分布, 资源有限, 因此被列为国家二级濒危保护植物。该物种在中国的分布范围广, 是检验地理隔离、景观隔离以及自然选择在谱系分化中相对作用的很好模式系统。此外, 阐明香果树的中性与适应性遗传多样性的空间分布, 也为该物种的科学保护提供理论指导与技术支持。本研究基于叶绿体 DNA (cpDNA) 间隔区片段 (*psbA-trnH*, *trnL-trnF*, *trnT-trnL*)、核糖体 DNA 的内转录间隔区 ITS 序列以及 AFLP 分子标记联合分析了香果树分布区 38 个分布点的居群遗传多样性、遗传结构以及谱系地理分布格局。利用化石校正的分子钟以及隔离群体遗传学方法, 估算了香果树的谱系分化时间。结合生态位模拟 (ENM), 分析了物种与谱系的进化历史。运用结构方程模型 (SEM)、多重矩阵回归分析 (MMRR) 以及景观遗传学方法量化了其空间遗传分化的生态与地理因素。采用基因组扫描与多元线性回归方法检测了 AFLPs 的异常位点 (outliers) 以及与适应相关的潜在位点, 并进一步结合冗余分析 (RDA) 方法解析了导致本地适应的环境因素。主要研究结果与结论如下:

1 研究结果

1) 叶绿体与核糖体 DNA 的遗传多样性与遗传结构 叶绿体基因间隔区片段系统发育分析的结果表明, 香果树是一个单系类群, 可以分为两大谱系: 中国南部谱系

和中国北部谱系。这一结果进一步用 ITS 的序列和 AFLP 分子标记分析得到验证。基于叶绿体片段的 SAMOVA 分析, 南北谱系又各自细分为两个地理组。种水平的 N_{ST} (0.802) 显著大于 G_{ST} (0.704) ($P<0.01$), 表明了该物种具有明显的谱系地理结构。在种水平上, 香果树具有较高的遗传多样性(cpDNA: $h_T=0.928$, $\pi_T=0.00271$; ITS: $h_T=0.675$; $\pi_T=0.00195$), 较大的遗传分化(cpDNA: $F_{ST}=0.779$; ITS: $F_{ST}=0.558$), 但居群遗传多样性的平均水平较低($h_T=0.291$, $\pi_T=0.00054$; ITS: $h_T=0.347$, $\pi_T=0.00828$)。南部谱系的遗传多样性(cpDNA: $h_T=0.889$, $\pi_T=0.00215$; ITS: $h_T=0.687$, $\pi_T=0.0022$)高于北部谱系(cpDNA: $h_T=0.818$, $\pi_T=0.00196$; ITS: $h_T=0.561$, $\pi_T=0.00085$)。同时, 南部谱系的居群遗传分化(cpDNA: $F_{ST}=0.823$; ITS: $F_{ST}=0.558$)显著大于北部谱系(cpDNA: $F_{ST}=0.551$; ITS: $F_{ST}=0.184$)。

2) AFLP 的遗传多样性与遗传结构 在种水平上, AFLP 标记证实了香果树具有较高的遗传多样性($H_E=0.217$, $I=0.394$), 较大的居群遗传分化($F_{ST}=0.344$), 但居群遗传多样性的平均水平较低($H_E=0.117$, $I=0.176$)。南部与北部谱系的遗传多样性水平具有相似 (南部 $H_E=0.212$, $I=0.323$; 北部 $H_E=0.203$, $I=0.338$), 但南部谱系的遗传分化($F_{ST}=0.416$)显著大于北部谱系($F_{ST}=0.175$)。基于 Bayesian 模型的 BAPS 聚类分析表明: 北部 cpDNA 谱系单独聚为 1 个 AFLP 基因库, 而南部 cpDNA 谱系则由 9 个 AFLP 基因库组成。NJ 树的结果与 BAPS 一致。

3) 谱系地理格局与居群动态历史分析 基于叶绿体片段化石校正的 BEAST 的碱基变异速率, 基于 IM 模型运算得到香果树南北两个谱系的共祖时间在上新世中期 (约为 3.7 百万年 (MA)), 而谱系分化的时间在上新世晚期 (约为 2.7 MA), 谱系分化可能与青藏高原的隆升以及当时的全球气候变冷有关。基于叶绿体片段 BEAST 进行 Bayesian skyline plot (BSP) 模拟得到, 南部谱系在 0.9MA-0.25MA 有一个缓慢的居群扩张阶段, 而北部谱系在 0.5MA-0.25MA 有一个快速的居群扩张过程, 之后两个谱系居群的有效群体大小保持稳定。失配曲线分析的结果进一步证实了上述扩张过程。

4) 生态位模拟 用 114 个香果树分布记录点进行生态位重建, 结果表明, 香果树末次间冰期 (LIG: 0.13MA) 在长江以北几乎没有适宜分布区, 而长江以南的分布范围与目前相似。末次盛冰期 (LGM: 0.21MA) 最适宜分布区主要集中在长江三峡地区 (包括大巴山)、云贵高原东部地区, 且呈连续分布式样, 而东部山系的适宜分布区与末次间冰期以及目前相似。秦岭以及四川盆地以北的香果树目前分布点在末次间冰期以及末次盛冰期似乎都不是该种的适宜分布区。生态位模拟还预测到在未来 2080 年香果树的适宜生境将散失约 80%。

5) 环境因子相关位点的检测 采用 DFDIST 和 BayeScan 2.0 软件共检测到 70 个 AFLPs 的异常值位点 (outliers), 有 4 个位点被两个软件同时检测出。用多元线

性回归确认了 41 个潜在的环境适应性位点, 其中 6 个位点至少被 DFDIST 和 BayeScan 2.0 软件中的一个检测出。进一步用环境因子重要性排序和冗余分析 (RDA) 得到季节性温度 (Temperature Seasonality)、年降水量 (Annual Precipitation) 及季节性降水量 (Precipitation Seasonality) 这三个环境因子对上述 6 个潜在环境适应性位点具有最大的相关性。

6) 空间遗传分化的生态与地理因素 基于 AFLP 数据, 运用结构方程模型 (SEM) 和多重矩阵回归分析 (MMRR) 量化地理距离和环境阻力对空间遗传分化的贡献度, 结果表明: 地理距离效应 (IBD) 对香果树空间遗传分化的促进作用 (SEM: 0.360 ± 0.037 ; MMRR: 0.3072) 大于环境阻力效应 (SEM: 0.181 ± 0.151 ; MMRR: 0.2467)。通过环境变量贡献分析得到贡献度最大的是季节性温度 (Temperature Seasonality) 和温度年较差 (Temperature Annual Range); 年均温 (Annual Mean Temperature)、最暖月最高温 (Max Temperature of Warmest Month) 及最干季平均温 (Max Temperature of Warmest Month) 次之; 最后, 坡度、土壤类型及年降水量贡献度最小。

2 研究的主要结论

在晚更新世, 南部谱系的居群无论是在冰期还是间冰期都是处于隔离状态, 符合‘方阵模型’, 而北部谱系则基本符合‘纬度范围变化的第四纪扩张-压缩模型’, 因此北部谱系居群间的遗传分化小于南部谱系。伴随冰期的植被变迁, 两个谱系的居群在长江三峡地区存在一定程度的次生接触, 促进了谱系间的基因交流, 从而导致两谱系间遗传分化小。地理距离效应 (IBD) 对香果树的空間遗传分化的促进作用大于环境阻力效应。自然选择参与了香果树遗传分化的过程, 其中不同地区的温度和降水的差异对香果树的遗传分化起主要作用。最后, 本研究揭示的谱系分化与遗传多样性的空间分布可作为制定就地、迁地保护策略的理论基础。

冬虫夏草及其混伪品的性状鉴定

汪 琼, 徐增莱*, 吕 晔

(江苏省·中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: **目的:** 从性状出发, 对正品冬虫夏草及其混淆品的鉴别要点进行归纳区分。**方法:** 采用性状鉴别法观察虫草类的虫体及子座。**结果:** 冬虫夏草及其混淆品可从子座形态、虫体气门的排列方式和虫体颜色、虫体胸腹之间消化道残迹的形状等的特征来鉴定区分。**结论:** 该方法为冬虫夏草的正确鉴别及有效开发提供了参考依据。

关键词: 冬虫夏草; 正品; 混淆品; 鉴别

Studies on morphological authentication of *Cordyceps sinensis* and its counterfeits

WANG Qiong, XU Zeng-lai*, LYU Ye (Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: **Objective:** From the characteristics of the authentication, *Cordyceps sinensis* can be summarized to distinguish from other confused or counterfeit species. **Method:** To observe the larva and stroma of *Cordyceps* family with stereo macroscopic identification method. **Result:** Characteristics of *Cordyceps sinensis* and its adulterant from the base form, between body valve arrangement and body color, body of thoracic and abdominal digestive tract vestigial shape to differentiate. **Conclusion:** This method provides reference basis for the correct identification of *Cordyceps sinensis* and effective development.

Key words: *Cordyceps sinensis*; morphological authentication; counterfeits

干旱对结缕草光合特征及光合响应曲线的影响

胡化广¹, 张振铭¹, 季芳芳¹, 刘建秀^{2, ①}

(1. 盐城师范学院生命科学与技术学院, 江苏盐城 224051;

2. 江苏省中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 本文以不同长期水分利用效率结缕草种源 Z109 和 Z054 为试验材料, 研究了干旱胁迫对其光合特性和光合响应曲线的影响。结果表明: 干旱胁迫下 Z109 的光合速率、气孔导度、蒸腾速率、胞间 CO₂ 浓度和水分利用效率的变化不显著; 而 Z054 在干旱胁迫下光合速率、气孔导度、蒸腾速率以及瞬间水分利用效率显著下降, 胞间 CO₂ 浓度显著上升, 潜在水分利用效率变化变不显著, 说明干旱对 Z109 光合特征影响较小, Z109 比 Z054 更适应干旱胁迫。在干旱胁迫下, 2 份种源的光合响应曲线变化一致, 其最大光合速率均下降, 而光补偿点和光饱和点均上升。

关键词: 干旱胁迫; 结缕草; 光合特征; 光合响应曲线

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31101561)。

作者简介: 胡化广 (1979—), 男, 河南濮阳人, 硕士, 讲师, 主要从事暖季型草坪草抗旱节水研究(E-mail: hhgjoy@163.com)

^①通信作者 E-mail: turfunit@cnbg.net

高粱不同组织浸提液对小麦幼苗化感作用的研究

葛婷婷, 黄益洪, 彭 陈, 徐照龙, 何晓兰, 郭士伟^①

(江苏省农业科学院农业生物技术研究所 江苏省农业生物学重点实验室, 江苏南京 210014)

摘 要: 本实验研究了高粱秆, 穗, 叶三个部位不同浓度的浸提液, 对小麦幼苗生长及生理生化的化感作用。在生长方面的表现为, 高粱秆, 穗, 叶对小麦幼苗的苗高和根长均有极强的化感作用, 低浓度促进根部生长, 高浓度抑制, 抑制作用强度秆大于穗大于叶, 并且对根的抑制大于对苗高的抑制。测定了不同部位浸提液对小麦幼苗生理指标的影响, 发现在高粱的化感作用下, 小麦的根系活力和可溶性蛋白含量降低, 丙二醛含量升高, 同时, 对小麦幼苗的超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化氢酶(CAT)、过氧化物酶(POD)的酶活性均有显著的抑制作用。由此可见, 高粱浸提液可能通过影响小麦体内一系列生理过程, 降低了植物对胁迫环境下的抵抗能力, 从而影响植物的生长发育。高粱不同部位组织对小麦幼苗化感作用的差异原因有待进一步研究。

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金资助 (CX (14) 2001)

^①通信作者 E-mail: shiwei.guo@jaas.ac.cn

高粱种质资源萌发期耐盐性鉴定与筛选

徐照龙, 何晓兰, 葛婷婷, 黄益洪, 卫培培,
彭 陈, 唐 锦, 郭士伟^①

(江苏省农业科学院农业生物技术研究所 江苏省农业生物学重点实验室, 江苏南京 210014)

摘 要: 虽然高粱的耐盐能力相对于其他作物普遍较强, 但是不同高粱材料对盐胁迫的耐受性仍有较大差异。本实验选取 90 份材料进行了高粱萌发期耐盐性鉴定。在玻璃平皿中用 200 mM NaCl 水溶液处理高粱种子, 置于光照培养室中, 以水处理为对照, 每个平皿中约 30 粒种子并重复 3 次。培养第 3 天记录发芽势, 第 10 天记录发芽个数、根长和苗长, 并计算发芽率、相对发芽率、相对伤害指数、相对根长、相对苗长、根冠比和 F 值。通过对实验数据进行主成分分析和模糊数学函数分析, 综合评定了 90 份高粱资源的耐盐性, 通过聚类分析获得各个种质资源之间可能存在的关系。主成分分析结果表明, 发芽率和根长在 F 值中所占比重最大, 可作为萌发期高粱资源耐盐性筛选的主要鉴定指标。模糊数学函数分析将不同资源进行耐盐性排序, 结果表明不同资源之间的耐盐性表现出明显差异, 90 个高粱资源按耐盐性强弱分为三类, 其中 12625, 12512, 12584 等 9 个为耐盐材料, 25、12574、08T759 等 7 个为盐敏感材料。筛选出的耐盐材料为耐盐基因克隆和耐盐品种选育奠定了初步基础。

关键词: 高粱; 种质资源; 萌发期; 耐盐性

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金资助 (CX (14) 2001)

^①通信作者 E-mail: shiwei.guo@jaas.ac.cn

光皮木瓜籽含油率的快速测定方法研究

杨海月¹, 晏 艳², 顾战省³, 汪 琼¹, 陈 晨¹, 徐增莱^{1*}

(1. 江苏省 中国科学院植物研究所 (南京中山植物园), 江苏南京 210014;

2. 白河县科技局, 陕西白河 725800; 3. 白河天裕农业高新技术有限公司, 陕西白河 725800)

摘 要: 以光皮木瓜籽为原料, 采用单因素实验和正交试验, 以出油率和提取成本为主要评价指标, 比较溶剂回流法、索氏提取法和超声波辅助提取法 3 种提取方法的优化工艺。结果表明: 超声波提取法与另两种方法相比, 出油率和提取效率更高且优势明显。最佳提取工艺条件为: 木瓜籽粉过 100 目筛, 超声功率 270 W, 溶剂液料比 8 mL/g, 超声时间 15 min, 超声温度 30 ℃, 超声提取 2 次。测得的光皮木瓜籽含油率可达 41.1%。

关键词: 光皮木瓜籽油; 超声波提取; 正交试验

Study on rapid determination of seed oil content of *Chaenomeles sinensis* (Thouin)

Koehne YANG Hai-yue¹, YAN Yan², GU Zhan-sheng³, WANG Qiong¹, CHEN Chen¹, XU Zeng-lai^{1*} (1. Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China; 2. Baihe Technology Bureau, Baihe725800, China; 3. Baihe Tianyu Agricultural High-tech Co., Ltd, Baihe 725800, China)

Abstract: Seeds of *Chaenomeles sinensis* (Thouin) Koehne were used as raw materials, three process conditions of solvent reflux, Soxhlet extraction and ultrasonic assisted extraction method were compared through single factor experiment and orthogonal experiment. At the same time, oil yield and extraction cost were used as main evaluation index. The results showed that, oil yield and extraction efficiency of ultrasonic extraction was obviously higher, compared with the other two methods. The optimum extraction conditions were as follows: seed particles of 100 mesh, ultrasonic power 270 W, liquid-material ratio 8mL/g, ultrasonic time 15 min, ultrasonic temperature 30 ℃, ultrasonic extraction twice, the oil yield up to 41.1%.

Key words: Seed oil of *Chaenomeles sinensis* (Thouin) Koehne; ultrasonic extraction; orthogonal array design

海棠优良品种组织培养再生体系研究

杨 华, 陈 颖

(南京林业大学, 江苏南京 210037)

摘 要: 北美海棠是重要的观花观叶观果树种, 通过组织培养以期实现工厂化生产优良苗木提供技术支持, 满足苗木的市场需求, 同时也为以后苗木的脱病毒、培育优质海棠品种提供研究基础。

本研究以高原之火 (*Malus 'Prairfire'*) 春季的萌条、幼叶为外植体, 进行腋芽和不定芽再生; 建立叶片再生体系; 研究组培苗生根条件; 探讨组培苗的炼苗与移栽最优条件。研究结果如下: 外植体最佳消毒条件是春季萌条 75% 酒精溶液消毒 30 s, 0.1% 升汞 9 min。茎段腋芽萌发最适培养基为 MT+1.0 mg/L BA+0.2 mg/L IBA, 诱导率可达 90% 以上。最佳增殖培养基为 1/2MS+0.5 mg/L BA+0.5 mg/L IBA, 增殖系数为 3.40。选取长至 3 cm 以上的芽苗进行生根培养, 最佳培养基为 1/4MS+1.0 mg/L IBA, 生根率最高, 另外添加 0.15% 活性炭能够显著提高生根率, 根长增加。试管苗移出试管后, 20 d 后成活率达到 80% 以上。

花期打顶对玄参环烯醚萜苷类时空分布格局的影响

王丹丹, 周文斌, 陈露茜, 赵云鹏^①, 傅承新

(浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性实验室, 浙江杭州 310058)

摘 要: 花蕾期打顶是根茎类药材生产过程中用以提高地下部分生物产量的农艺操作, 其假设前提是生殖生长与营养生长或者地上部分生长与地下部分生长存在权衡关系 (trade-off)。药用植物活性成分 (次生代谢物) 往往是植物自身的化学防御策略, 进入有性生殖期, 营养生长、生殖生长、防御系统三者之间呈现复杂的权衡关系。因此揭示植物花期生物量及特征性活性成分 (次生代谢物) 的含量动态, 理解其可能的生态学功能, 是控制药材生物产量和药用质量的理论基础。

玄参 (*Scrophulariae Radix*) 是玄参科植物玄参 (*Scrophularia ningpoensis*) 的干燥块根, 为浙江道地药材“浙八味”之一, 其特征性活性成分是具有化学防御功能的环烯醚萜苷类。为探讨玄参次生代谢物含量变化与环境温度和个体发育阶段的相关性, 本研究从 8–11 月份 (花蕾期到果熟期) 分别对玄参进行除花果处理, 测定各月份生物量和四种环烯醚萜苷类 (梓醇、桃叶珊瑚苷、哈巴苷、哈巴俄苷) 在根、茎、叶、花果各部位的积累与分配。结果显示, 在浙江磐安立地条件下, 8–11 月份玄参各个部位生物量均呈增长趋势, 以根部增加最显著 ($P<0.05$); 9 月份 (盛花期) 出现营养生长的显著停滞。玄参各器官中均含有 4 种环烯醚萜苷, 但不同部位的含量差异较大, 而且其含量随个体发育阶段的变化也较大, 其中以哈巴俄苷含量变化最大。Pearson 相关性分析表明, 玄参各部位中的哈巴俄苷含量与月平均气温呈显著正相关性 ($P<0.05$), 支持我们前期提出的玄参哈巴俄苷含量与环境温度成正比的结论。除花果后, 处理组的生物量均大于当月对照组; 而各处理组四种活性成分的总含量低于对照组, 但根部总含量高于对照组, 哈巴俄苷在各器官的含量都高于对照组。

我们认为, 玄参营养生长与生殖生长之间显著的负相关关系, 尤其是 9 月份的营养生长停滞, 可能与植株对盛花期生殖生长的投入急剧加大有关。除花果后, 资源配置格局发生改变, 植株将大部分能量用于营养生长, 防御水平下降。在地上部分防御水平需求下降时, 组成型化学防御物质的环烯醚萜苷类主要储存在根部, 用于根部化学防御水平的维持。不同环烯醚萜苷的含量差异与其生态学功能有关。本实验为打顶农艺操作提供了科学依据, 即打顶同时提高玄参药用部位的产量 (根部生物量) 和质量 (活性成分含量)。

关键词: 花期打顶; 次生代谢—生长权衡; 玄参; 环烯醚萜苷; 时空格局

基金项目: 浙江省重大科技专项 (2012C12912); 浙江省自然科学基金资助项目 (LY13C020001)

^①通信作者 E-mail: ypzhao@zju.edu.cn

花生过敏蛋白 Ara h 2.02 的原核表达

蔡 琴, 张文举, 关 潇, 陈 沁

(上海大学生命科学学院, 上海 100280)

摘 要: 提取花生总 RNA, 用特异性引物, RT-PCR 扩增得到 *Ara h 2.02* 基因序列, 将该序列克隆至 pMD19-T Simple Vector 中, 构建重组质粒 pMD19-T-*Ara h 2.02*, 重组质粒进行双酶切鉴定并测序, 将测序正确的片段定向克隆到 pET-32a(+)原核表达载体中, 构建表达重组质粒 pET-32a(+)-*Ara h 2.02*, 并转化宿主菌 Rosetta(DE3)中, 经 IPTG 诱导表达, SDS-PAGE 电泳分析, 结果显示表达的蛋白的相对分子质量约为 38 000。进一步用通用 His 标签抗体进行 Western Blotting 检测, 结果表明成功克隆表达了花生过敏原 Ara h 2.02。为获得较多的重组蛋白 Ara h 2.02, 分别对 IPTG 浓度、摇床转速、诱导温度和时间等条件进行选择, 确定最佳条件为: IPTG 浓度 0.3 mmol/L, 摇床转速 220 r/min, 诱导温度 37 °C, 诱导时间 2 h。

关键词: 花生; 过敏蛋白 Ara h 2.02; 克隆; 原核表达

Establishment of prokaryotic expression method for peanut allergen Ara h 2.02 CAI Qin, ZHANG Wen-ju, GUAN Xiao, CHEN Qin (School of Life Science, Shanghai University, Shanghai 100280, China)

Abstract: *Ara h 2.02* gene was obtained from total RNA extracted from the peanut seeds, and by RT-PCR method using specific primer sets. Recombinant plasmid pMD19-T-*Ara h 2.02* was constructed by cloning the *Ara h 2.02* gene into the pMD19-T simple vector. The recombinant plasmid was double digested by EcoR I and Hind III, and sequenced. Then the target gene obtained from pMD19-T-*Ara h 2.02* was cloned into the expression vector pET-32a (+), named recombinant plasmid pET-32a (+)-*Ara h 2.02*. The recombinant protein was induced by transforming recombinant plasmid pET-32a (+)-*Ara h 2.02* into Rosetta (DE3), and identified by SDS-PAGE and Western Blotting. The results showed that the relative molecule weight of His-*Ara h 2.02* fusion protein was about 38 000. At the same time, effect of IPTG concentration, shaking speed, induced temperature and time on the production of soluble recombinant protein were determined. The best conditions were as follows, the IPTG concentration was 0.3 mmol/L, the shaking speed was 220 r/min, the induction temperature was 37 °C and the induction time was 2 h, respectively.

Key words: peanut; recombinant protein Ara h 2.02; clone; prokaryotic expression

基于分子标记的亲本粳-籼遗传分化系数预测杂种结实率：亚种间杂种优势在杂交水稻育种中的应用

刘 苹¹, 但志武², 王 哲¹, 李少卿², 李能武²,
晏焕新¹, 蔡星星¹, 卢宝荣¹

(1. 复旦大学生态与进化生物学系 生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 上海 200438;

2. 武汉大学生命科学学院 杂交水稻重点实验室, 湖北武汉 430072)

摘 要: 现有的杂交水稻育种多数是利用分化程度较低的亚种内水稻品种作为杂交亲本, 它们之间有限的杂种优势导致了杂种产量难以继续上升, 从而形成了一个难以逾越的瓶颈。而利用具有超强杂种优势的粳-籼亚种水稻材料来进行育种, 或许是打破杂交水稻产量瓶颈的一个潜在解决方案。但是粳-籼水稻材料间超强的生殖隔离往往会导致其杂种结实率过低, 从而阻碍了亚种间杂种优势的有效利用。这是因为杂种 F_1 极端低的结实率会导致产量的低下。为了研究粳-籼杂交亲本的遗传分化程度和其杂种结实率之间的相关性, 我们发明了一个基于插入/缺失 (InDel) 分子标记来确定两个亲本间遗传分化系数 (GDI) 的方法。根据杂交亲本间的 GDI, 我们组配了 103 个双亲粳-籼分化程度各异的杂交组合, 并测量了每个杂种 F_1 的结实率以分析其与亲本 GDI 的相关性。通过在福州、武汉和鄂州 3 个独立的实验地点进行的田间实验, 我们发现了粳-籼亲本材料的 GDI 和其杂种 F_1 结实率呈负相关关系。这表明, 在进行杂交实验之前, 通过获知亲本材料的 GDI 便可以初步预测其组配成的杂种的结实率。基于 InDel 分子标记的 GDI 可以使得育种家在育种时挑选恰当的杂交亲本材料, 以获得具有合适的杂种优势和结实率的杂交水稻的过程中更有策略性和目的性。

关键词: 作物改良; 遗传分化; 杂种育性; 亲本; 水稻; 亚种间杂种优势

基于铁皮石斛化学指标性成分的分离及含量测定研究

包晓青, 吴志刚, 姜 武, 陶正明^①

(浙江省亚热带作物研究所, 浙江温州 325000)

摘 要: **目的:** 分离制备铁皮石斛质量指标性成分, 并建立其含量的高效液相测定方法, 为铁皮石斛质量科学评价提供依据。**方法:** 硅胶、Sephadex LH-20 等色谱学方法分离纯化铁皮石斛, 波谱学特征鉴定化合物的结构; 采用高效液相色谱法测定 3,4-二羟基-5,4'-二甲氧基联苕 (DDB-1) 的含量, Phenomenex C₁₈ 色谱柱 (250 mm×4.60 mm, 5 μm) 为色谱柱, 以乙腈-水溶液为流动相进行梯度洗脱, 检测波长为 230 nm。**结果:** 共分离得到 4 个芪类化合物, 分别为 3,4-二羟基-5,4'-二甲氧基联苕、3,4'-二羟基-5-甲氧基联苕、5-羟基-3,4'-二甲氧基联苕和 4'-羟基-3',5'-二甲氧基联苕, 从中选取 3,4-二羟基-5,4'-二甲氧基联苕 (DDB-1) 作为指标性成分, 其在 0.044~0.44 μg 范围内呈现良好的线性关系 ($R^2 = 0.999\ 9$); 不同的种植基地的 DDB-1 含量差异较大, 不同采收月份 (3 月份到 6 月份) 的铁皮石斛中 DDB-1 含量差异不太明显。**结论:** 该含量测定方法准确、可靠、简便, 可用于铁皮石斛中 DDB-1 含量测定, 为铁皮石斛质量评价体系提供参考依据。

关键词: 铁皮石斛; 含量测定; 3,4-二羟基-5,4'-二甲氧基联苕; 高效液相色谱法

Study on Chemical indicator and its determination method of *Dendrobium officiale* BAO Xiao-qing, WU Zhi-gang, JIANG Wu, TAO Zheng-ming^① (Zhejiang Institute of the Subtropical Crops, Wenzhou 325000, China)

Abstract: Objective: To separate chemical indicator and establish a HPLC method for determining the indicator in herbs from *Dendrobium officiale*. **Methods:** The constituents were separated and purified by column chromatography on silica gel and Sephadex LH-20, as well as the chemical structures were determined by spectral data analyses. Determination of 3,4-dihydroxy-5,4'-dimethoxy bibenzyl (DDB-1) content was performed using high performance liquid chromatography. A Phenomenex-C₁₈ column (250 mm × 4.60 mm, 5 μm) column was adopted with a mobile phase of acetonitrile-water, the runs were set at 230 nm. **Results:** Four stilbenoids compounds were isolated and identified as 3, 4-dihydroxy-5, 4'-dimethoxybibenzyl, 3, 4-dihydroxy-5-methoxybibenzyl, 5-hydroxy-3, 4'-dimethoxybibenzyl and 4'-hydroxy-3', 5'- dimethoxybibenzyl ((DDB-1). And DDB-1 was selected as an indicator to assess the quality of *D. officiale*. This indicator showed a good linear relationship within the range of 0.044~0.44 μg ($R^2=0.999\ 9$). The determination of DDB-1 in tested samples from different production base was most different, and it had little difference between each other if *Dendrobium officiale* harvested in different month. **Conclusion:** This proposed method was found to be accurate, reliable and simple, providing rapid and special determination of DDB-1, which could be used to control quality of *D. officiale*.

Key words: *Dendrobium officiale*; content determination; 3,4-dihydroxy-5,4'-dimethoxy bibenzyl; HPLC

^①通信作者 E-mail: zmtao2002@aliyun.com

基于样方法的浙江省 11 个自然保护区 木本植物区系成分分析

田 磊¹, 于明坚², 陈建华^{1,①}, 王云泉¹, 刘常幸¹,
胡 广², 仲 磊¹, 刘金亮²

(1. 浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江金华 321004; 2. 浙江大学生命科学学院, 浙江杭州 310058)

摘 要: 为了探讨样方法在木本植物区系研究中的应用前景, 通过设置固定样地进行实地调查的方法, 收集到了浙江省 11 个省级以上自然保护区样地内木本植物名录, 应用 Czechanowski 系数对 11 个自然保护区的科、属相似性系数进行具体分析. 结果表明: 11 个自然保护区的 66 个 30m×30m 的样方内, 共计木本植物 435 种, 隶属于 169 属 70 科; 科、属的亚热带性质显著, 热带与温带类型的比例分别为 57.89%:41.07%; 40.72%:53.89%, 样地内木本植物区系来源于多种地理成分, 有 13 个大的分布类型; 11 个自然保护区可以大致划分为 3 个类型. 各保护区的区系相似性数值分析结果与其所处的地理位置及山脉分支相关性较大. 本研究表明, 样方调查法对植物区系的研究具有一定的借鉴意义.

关键词: 样方法; 木本植物; 区系; 相似性; Czechanowski 系数; 聚类分析

Analysis of woody flora based on quadrat method in eleven natural reserves in Zhejiang Province TIAN Lei¹, YU Ming-jian², CHEN Jian-hua^{1*}, WANG Yun-quan¹, LIU Chang-xing¹, HU Guang², ZHONG Lei¹, LIU Jin-liang² (1. College of Chemistry and Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China; 2. College of life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310012, China)

Abstract: To investigate the application prospect of quadrat sampling method in flora research, we set up quadrat forest permanent plots and collected woody plants in eleven natural reserves in Zhejiang province, and used the ratio "Czechanowski" to analyze the floristics. The results showed that there were 435 species belong to 169 genus and 70 families in 66 30m*30m plots. The characters of family and genus were with typical subtropical characteristics. The rate of tropical and subtropical of family and genus was from 57.89% to 41.07% and from 40.72% to 53.89% respectively. The composition of woody flora came from the 66 plots are complex, and they were originated from various geographical elements as well as 13 large distribution patterns. The 11 nature reserves could be divided into three floral types. The similarity of floristics among different nature reserves were mainly related to geographical distance and mountain branch they belong to.

Key words: quadrat sampling method; woody plant; flora; similarity; Czechanowski; cluster analysis

基金项目: “浙江省生态环境十年变化 (2000-2010 年) 遥感调查与评估” 项目资助

作者简介: 田 磊 (1990—), 男, 硕士研究生, 主要从事植物资源及多样性研究.

^①通信作者 Email: sky78@zjnu.cn

江苏鳞毛蕨植物分布新记录及 系统演化位置的分子证据

李春香¹, 陆树刚², 严岳鸿³, 冯丽梅¹

(1. 中国科学院南京地质古生物研究所 现代古生物学和地层学国家重点实验室, 江苏南京 210008;

2. 云南大学生态学与地植物学研究所, 云南昆明 650091;

3. 中国科学院上海辰山植物科学研究中心, 上海 201602)

摘 要: 江苏省蕨类植物资源比 1977 年出版的《江苏植物志》记载的种类要丰富, 如南京紫金山蕨类植物新纪录不断增加, 已经由原来记录的不到 60 种增加到 2009 年的 75 种和 2010 年的 79 种。笔者在对鳞毛蕨属和耳蕨属进行系统演化分析时, 在对标本进行采集、整理和鉴定的过程中, 发现江苏分布新记录的 4 种鳞毛蕨类植物, 即假红盖鳞毛蕨 (*Dryopteris paraerythrosora* Ching et C. F. Zhang)、裸果鳞毛蕨 (*D. gymnosora* (Makino) C. Chr.)、无柄鳞毛蕨 (*D. submarginata* Rosenst.) 和齿头鳞毛蕨 (*D. labordei* (Christ) C. Chr.), 并附有新记录种的特征照片; 对新记录种及其近缘种的分类特征进行了描述, 对新记录种的地理分布进行了补充; 凭证标本保存于中国科学院南京地质古生物研究所标本馆 (NPA)。为了确定新记录种的系统位置, 我们构建了整个鳞毛蕨属植物的系统发育树, 结果显示假红盖鳞毛蕨与红盖鳞毛蕨 (*Dryopteris erythrosora* (Eaton) O. Ktze.) 分属不同的支系; 结合形态特征, 确定了假红盖鳞毛蕨的系统位置。

关键词: 假红盖鳞毛蕨; 裸果鳞毛蕨; 无柄鳞毛蕨; 齿头鳞毛蕨; 江苏新记录; 分子证据

江苏省沿海常用绿化乔灌木的耐盐性评价

华建峰，杜丽娟，韩路弯，熊豫武，殷云龙

（江苏省 中国科学院植物研究所，南京 210014）

摘 要：本试验模拟江苏滨海盐渍土的离子种类和质量分数，研究 3.0、5.0 和 8.0 g kg⁻¹ 混合盐溶液对 24 种江苏沿海常用绿化乔灌木的盐害指数、高生长量和相对干质量等的影响，并拟合 Logistic 方程求得植株的耐盐阈值 T_{50} ，以评价其耐盐性。结果表明：随着盐浓度的升高，大多数乔灌木的盐害指数和死亡率增大。在 5.0 g kg⁻¹ 盐胁迫下，意杨和南天竹即全部死亡；在 8.0 g kg⁻¹ 盐胁迫下，合欢、紫叶李、天竺桂、臭椿和木槿全部死亡，而中山杉、海滨木槿、海桐和铺地柏的死亡率仍为 0，盐害指数分别为 42.86、7.14、14.29 和 17.86。此外，大部分供试植株的高生长量和相对干质量随着混合盐浓度的升高均呈逐渐下降趋势。但是，白蜡和海桐的高生长量在对照、3.0 和 5.0 g kg⁻¹ 混合盐胁迫下没有显著差异；而海滨木槿和铺地柏的高生长量在 4 个处理间均没有显著差异。混合盐浓度为 3.0 和 5.0 g kg⁻¹ 时，海滨木槿、海桐和黄杨的干质量均高于对照。混合盐浓度为 8.0 g kg⁻¹ 时，乔木组银杏和中山杉的相对干质量最高，分别为 64.63% 和 70.37%；灌木组海滨木槿、海桐、黄杨和铺地柏则为 113.88%、66.13%、74.63% 和 96.44%。乔木组耐盐阈值较高的有海棠 3.73 g kg⁻¹、女贞 3.87 g kg⁻¹ 和中山杉 4.24 g kg⁻¹；灌木组除南天竹和木槿耐盐性较差外，其他树种都表现出较强的抗盐能力，分别为海滨木槿 11.77 g kg⁻¹、海桐 11.46 g kg⁻¹、法青 4.87 g kg⁻¹、黄杨 6.03 g kg⁻¹、铺地柏 9.63 g kg⁻¹、石楠 4.75 g kg⁻¹。结合各供试树种生长指标和耐盐阈值可以看出，能够耐受低盐胁迫的树种有刺槐、银杏、台湾含笑、白蜡、海棠、女贞、中山杉、石楠和法青；能够耐受中盐胁迫的为黄杨、铺地柏两种灌木；而海滨木槿和海桐具有较强抗高盐能力，它们均可在江苏省沿海生态建设过程中发挥重要作用。

关键词：混合盐；绿化植物；耐盐性；盐害指数；耐盐阈值

结缕草光合特征日变化及其与环境因子关系的比较研究

胡化广¹, 张振铭¹, 季芳芳¹, 刘建秀^{2, ①}, 赵一权¹

(1. 盐城师范学院生命科学与技术学院, 江苏盐城 224051;

2. 江苏省中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 利用 Li-6400XT 光合测定仪研究了两份不同长期水分利用效率结缕草种源的光合特征日变化及其与环境因子的关系。结果表明: 结缕草叶片光合速率和气孔导度呈“双峰”变化趋势, 峰值均出现在 11:00 和 15:00, 光合速率具有明显的光合“午休”现象; 胞间 CO₂ 浓度呈现“凹单峰”变化趋势, 在 13:00 出现低谷; 蒸散速率呈现“凸单峰”型曲线, Z110 蒸腾速率的峰值出现在 12:00 点, 而 Z132 的最大蒸腾速率出现在 11:00 点; 瞬间水分利用效率和潜在水分利用效率均呈现不规则变化趋势。两份结缕草种源的光合特征与环境因子相关程度均不相等。

关键词: 结缕草; 光合特征; 日变化; 环境因子; 关系

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31101561)。

作者简介: 胡化广 (1979—), 男, 河南濮阳人, 硕士, 讲师, 主要从事暖季型草坪草抗旱节水研究(E-mail: hhgjoy@163.com)

^①通信作者 E-mail: turfunit@cnbg.net

抗逆基因 *HSP70* 在六种入侵植物中的表达分析

杨淞惠¹, 黄 萍^{1,2}, 李欣欣¹, 祁珊珊¹, 杜 浩¹, 杜道林^{1,2*}

(1. 江苏大学环境与安全工程学院, 江苏镇江 212013; 2. 江苏大学农业工程研究院, 江苏镇江 212013)

摘 要: 根据 GenBank 上已发表的拟南芥、烟草、陆地棉、菠菜、盐芥、苜蓿、水母雪莲、番茄等模式植物的热休克蛋白 *HSP70* 基因序列, 通过 DNAMAN 等分析软件设计并合成引物, 以野外采样获得的 6 种入侵植物——南美蟛蜞菊、小飞蓬、加拿大一枝黄花、翅果菊、白车轴草和空心莲子草为研究对象, 分别提取其叶片及根部总 RNA, 通过 RT-PCR 反应扩增获得不同入侵植物的 *HSP70* 基因片段, 并进行根部和叶片的表达差异研究。研究表明: 克隆所获得的南美蟛蜞菊 *HSP70* 基因序列为 868 bp, 其扩增序列与菊科植物小飞蓬、加拿大一枝黄花、翅果菊的同源性分别为 87.79%、87.79%、82.49%, 说明该基因具有较高的保守性。此外, 所获得的 *HSP70* 基因的扩增序列在不同入侵植物根部和叶片中表达存在明显差异。*HSP70* 在南美蟛蜞菊和小飞蓬叶片中的表达量显著高于其根部的表达量, 而空心莲子草中则存在相反规律, *HSP70* 在加拿大一枝黄花、翅果菊和白车轴草的根部和叶片中表达无明显差异, 这些结果说明 *HSP70* 在不同入侵植物适应逆境环境时在其根部和叶片可能发挥不同作用。本研究将为研究入侵植物的高抗逆性提供理论依据。

关键词: 热休克蛋白 (*HSP70*); 入侵植物; 南美蟛蜞菊; 根部和叶片; 表达差异

蜡梅科新品种‘红运’及其栽培技术

姚青菊

(江苏省中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

以夏蜡梅 (*Sinocalycanthus chinensis* W. C. Cheng et S. Y. Chang) 为母本、美国蜡梅为父本 (*Calycanthus floridus*) 的进行属间杂交, 获得果实 1 枚, 内含 8 粒种子, 当年秋天播种后存活 1 株, 且植株生长势强、生长良好, 于 2006 年 5 月初次开花, 花形和花色均结合双亲优良性状, 花形偏母本, 花被片 2 轮螺旋排列, 花的大小偏向母本, 花朵较大, 而花色红艳似父本; 叶和枝等性状兼有双亲特点, 叶片大小偏父本, 叶形、叶色偏向母本, 背面无茸毛, 被命名为品种“红运”。经组培扩繁后分别在南京和江苏南通进行区域试验, 综合表现良好, 2010 年通过江苏省林业品种审定委员会鉴定 (苏 R-SC-SV-008-2009)。

该品种成长植株株高 2~3 m (高于双亲); 二歧枝, 叶对生。花单生枝顶端, 直径 5~5.6 cm, 无香气; 花被片 2 轮螺旋状着生, 似母本, 外轮花被片倒卵圆形, 猩红至酒红, 内花被片上黄下红 (夏蜡梅为上黄下白), 肉质肥厚, 花朵娇艳美丽, 观赏价值高。该品种耐强光暴晒, 生长期间没有出现叶片或者花苞、花被片灼伤现象, 适应性显著优于母本夏蜡梅。生长速率高于双亲, 杂种优势明显; 黄河以南地区可露地栽培, 在淮河以南地区综合表现良好。

宜选择透水良好之沙壤土, 适宜 pH 6~8。春季日平均气温 15℃ 以上开始定植, 适宜株行距为 1 m×1.2 m, 浇定根水, 以后视降水量多少酌情浇水, 保持土壤湿润。冬春季萌芽前开沟施一次腐熟有机肥或复合肥, 施肥后浇一次透水, 以利吸收, 促进发芽展叶, 并为植株开花提供充足的养分。以后每月施一次以肥水, 以磷钾肥为主, 促使植株生长旺盛。9 月以后停止施肥, 以免生长过旺, 枝条不充实, 对越冬不利。另外因幼苗期根系较浅, 应适当遮荫抗旱。成年株分株应在秋季进行, 不宜在春季和夏季进行, 以免影响当年开花和植株生长。

关键词: 夏蜡梅; 美国蜡梅; 属间杂种; 新品种; 栽培技术

耐盐经济植物海滨锦葵综合开发利用研究

张焕仕^{1,*}, 宰学明², 张卫明¹, 钦 佩³

(1. 南京野生植物综合利用研究院 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中科院南京土壤研究所), 江苏南京 210042; 2. 金陵科技学院 园艺学院, 江苏南京 210083;
3. 南京大学盐生植物实验室, 江苏南京 210093)

摘 要: 海滨锦葵 (*Kosteletzkya virginica*) 系锦葵科海滨锦葵属的多年生耐盐经济植物, 集油料、饲料、医药和观赏价值于一身。该物种由南京大学盐生植物实验室钦佩教授于 1993 年从美国特拉华大学引进, 随后对其进行了生理生态、营养和活性成分测试等一系列研究。海滨锦葵具有多重抗性: 耐盐(成年植株可耐受 25‰的海水浇灌)、抗旱、耐涝(在水中可形成气生根)、抗虫。海滨锦葵的花形美、花期长, 是绿化美化海滨的重要物种。经选育的新品系籽粒较大, 含油率高于 20%, 粗蛋白在 24%左右, 是重要的生物质能源植物。海滨锦葵块根含三大类活性成分: 多糖(约 5.36%), 总黄酮(约 0.72%), 皂甙(约 0.62%), 具有很好的增强机体免疫力及抗炎功效; 按 1%添加量加入特种水产饲料养殖泥鳅 1 个月后, 试验组泥鳅细胞免疫活性明显高于空白对照, 也比阳性对照(免疫多糖)显得要好。锦葵茎皮单细胞纤维长度为 1.5-8mm, 聚合度高, 适合开发利用。因此, 海滨锦葵可以开发为种子系列(种油、种粕、种壳等)、茎皮(生态纺织面料、香烟过滤材料等)、秸秆(黑炭肥料)、块根系列(饲用添加剂、食用添加剂等)、叶花类系列(生物农药、高端化妆品、保健茶、花蜜)等产品。此外, 海滨锦葵在海滨盐土改良和苏北碳汇林建设中亦起到重要作用。

关键词: 海滨锦葵; 耐盐植物; 活性成分; 利用

*基金项目: 江苏省自然科学基金面上项目(BK20141064); 南通市农业科技创新与产业化项目(HL2013029); 土壤与农业可持续发展国家重点实验室开放基金(Y412201406)

作者简介: 张焕仕(1978—), 男, 山东诸城人, 博士后, 现主要从事菌根生态学和盐生植物资源利用等研究
(E-mail: zhanghuanshi@126.com)

南粳 44 耐光氧化的光化学生理特性

魏晓东, 李霞

(江苏省农业科学院粮食作物研究所, 江苏南京 210014)

摘 要: 南粳 5055、南粳 44 和武育粳 7 号均为亩产 500 公斤以上的超级稻, 南粳 5055 和南粳 44 均为抗性强, 米质优, 适应性广的粳稻新品种。叶片是进行光合作用的主要器官, 维持水稻等作物叶片, 特别是功能期叶片叶绿体高光合效率的状态, 对于增加籽粒干物质积累, 提高产量具有重要的生理意义。但目前对其形成优异特性的光能利用机理还不清楚。本实验选择南粳 44 和南粳 5055 为实验材料, 武育粳 7 号为对照, 分别在大田栽培条件和人工光氧化处理条件下, 运用叶绿素荧光动力学技术重点解析南粳 44 的光化学生理特性, 丰富水稻的光合机理研究, 并为具有高产、优质、抗逆等优良性状的水稻新品种的选育积累有意义的理论和配套技术。

研究表明: 在大田条件下 3 个品种的初始荧光 F_0 、最大荧光 F_m 、PSII 潜在光化学活性 F_v/F_0 、电子传递活性 ET_o/RC 、单位面积有活性反应中心数目 RC/CSm 、光合性能指数 $PI(abs)$ 和单位面积热耗散的能量 DIO/CSm 均没有显著差异。而经过人工光氧化处理后, 南粳 5055 的初始荧光 F_0 相对于南粳 44 和武育粳 7 号增加较大幅度, 同时其 PSII 潜在光化学活性 F_v/F_0 也大幅度下降, 电子传递活性 ET_o/RC 较其他 2 个品种下降较大幅度, 而用于热耗散的能量升高最多, 南粳 5055 的光合性能指数经过光氧化处理后也大幅度下降, 而南粳 44 和武育粳 7 号的各项指标在经过人工光氧化处理后, 均高于南粳 5055。其中南粳 44 耐光氧化的性能最强, 经过光氧化处理后仍能保持较高的光化学活性, 具有最多的活性反应中心的数目。南粳 44 具有良好的耐光氧化的性能, 而南粳 5055 则不耐光氧化, 种植过程中可适当遮阳, 以增加产量。

关键词: 叶绿素荧光动力学; 超级稻; 光氧化

拟南芥花粉外壁内层关键基因的克隆及绒毡层调控花粉外壁形成的遗传通路

楼悦¹, 徐晓峰¹, 朱骏¹, 顾敬楠¹,
Stephen BLACKMORE², 杨仲南^{1,①}

(1. 上海师范大学, 上海 200234; 2. 爱丁堡皇家植物园, 爱丁堡 EH3 5LR)

摘要: 本研究首次揭示了特异控制花粉外壁内层的基因 *TEK*, 并阐明了其在绒毡层发育遗传调控网络中的位置。植物花粉外壁是花粉粒表面的一层坚硬而具有粘性的结构, 在保护花粉免受环境破坏、促进花粉与昆虫以及花粉与柱头之间的附着与识别等方面具有重要作用。花粉外壁分为两层: 有蜂窝状的外壁外层(*sexine*)以及平坦的外壁内层(*nexine*)。这两层的合成物质来源于花药绒毡层细胞。目前国内外研究主要集中在外壁外层, 但外壁内层缺失突变在体尚未被发现。该项研究显示拟南芥 *tek* 突变体的小孢子外壁外层结构完好而内层特异性缺失, 导致了花粉的完全败育, 这表明外壁内层的形成对于花粉的正常发育至关重要。*TEK* 基因编码一个在绒毡层高效表达的 AT-HOOK 家族蛋白。该基因以及调控外壁外层形成的 *MS188* 基因同时受到绒毡层发育关键因子 *AMS* 的直接调控。该项研究揭示了绒毡层通过转录因子调控通路分别控制外壁外层(*sexine*)以及外壁内层(*nexine*)的发育, 促进了人们对对花粉壁形成分子机制的理解。

关键词: 拟南芥; 花粉壁; 外壁外层; 外壁内层; 绒毡层遗传通路

基金项目: 科技部重大研究计划 (编号:2013CB945100); 国家自然科学基金青年基金资助项目 (31100227)

第一作者: 楼悦, 博士研究生, 专业方向: 生化与分子 (E-mail: louyue5@gmail.com)

徐晓峰, 博士研究生, 专业方向: 生化与分子 (E-mail: umbronizo@hotmail.com)

朱骏, 助理研究员, 专业方向: 生化与分子 (E-mail: zhujun78@shnu.edu.cn)

通信作者 ① E-mail: znyang@shnu.edu.cn

培养基质对蛹虫草子实体活性成分含量的影响

林群英^{1,2}, 张锋伦¹, 吴亮亮^{1,2}, 孙晓明^{1,①}, 吴素玲¹, 张卫明¹

(1. 中华全国供销合作总社南京野生植物综合利用研究院, 江苏南京 210042;

2. 镇江市丹徒区正东生态农业发展中心, 江苏镇江 212000)

摘 要: 蛹虫草 (*Cordyceps militaris*) 亦称北冬虫夏草或北虫草, 是我国传统的珍贵菌物类中草药资源, 具有抗肿瘤、抗病源微生物、保护肝肾及呼吸系统和调节免疫系统作用等功效。目前蛹虫草子实体的人工培育已经取得规模化发展, 成功实现商业化生产。但子实体的生产原料仅局限于大米等谷物类基质, 这不仅导致生产成本的剧增, 还极大地提高了污染的风险。为探讨更多培养基质原料的应用, 更充分地开发这种珍贵的食药菌资源, 本研究比较了棉籽壳、玉米芯、意杨木屑、金针菇菌糠和大米等5种不同基质培育蛹虫草子实体的效果, 以产量和活性成分如虫草素、腺苷、虫草酸和多糖的含量为指标, 分析基质对子实体产量和质量的影响。结果显示: 棉籽壳、玉米芯、意杨木屑、金针菇菌糠和大米等基质的子实体产量分别为: 22 g/瓶、20 g/瓶、菌糠14 g/瓶、14 g/瓶和26 g/瓶。与传统的大米基质相比, 棉籽壳等基质的产量偏低。而在活性成分方面, 棉籽壳栽培的子实体虫草素含量最高, 为1.11%, 其次是玉米芯和大米栽培的子实体, 虫草素含量分别为1.05%和1.04%, 意杨木屑和菌糠栽培的子实体虫草素含量最低。腺苷含量最高的是棉籽壳培育所得的子实体, 含量为0.69%, 其次是大米栽培的子实体, 为0.53%, 含量最低的则是意杨木屑和菌糠栽培的子实体, 分别是0.14%和0.12%。对蛹虫草子实体虫草酸的含量影响大小分别是: 大米、棉籽壳、玉米芯、意杨木屑和菌糠。大米培育的子实体多糖含量最高, 为34.51%, 其次是玉米芯26.85%和棉籽壳23.43%, 意杨木屑和菌糠栽培的子实体最低, 约为20%。通过比较不同基质的培育效果, 获得棉籽壳和玉米芯两种较理想的替代原料, 为蛹虫草子实体的人工栽培提供更广阔的开发途径。

关键词: 蛹虫草; 子实体培育; 活性成分; 资源开发

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划资助项目 (2013BAD16B07)

作者简介: 林群英 (1979—), 女, 博士, 研究方向: 食用菌栽培、开发与应用

①通信作者

秋橄榄异戊烯焦磷酸异构酶基因的克隆及其表达特性分析

程珍霞, 成龙平, 胡海涛, 杨 玲*

(浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江金华 321004)

摘 要: 秋橄榄 (*Elaeagnus umbellata* Thunb.) 是一种胡颓子科胡颓子属植物, 其成熟果实中富含番茄红素, 含量相当于普通番茄的 5~18 倍。异戊烯焦磷酸异构酶 (IPI) 是萜类合成途径的关键酶, 蛋白双向电泳图谱发现秋橄榄异戊烯焦磷酸异构酶 (EutIPI) 蛋白在红果时期是青果时期的 3 倍, 说明该酶可能与番茄红素的积累有关。

本文采用 SMART RACE 技术, 首次从秋橄榄果实中分离到全长 *EutIPI* 基因, 该基因长 1 185 bp, 具有 1 个 705 bp 的完整开放阅读框, 编码 235 个氨基酸。序列分析表明: *EutIPI* 编码的氨基酸序列与其他植物的 IPI 蛋白长度相似, 序列同源性高, 具有典型的 IPI 基因结构特征。系统进化树分析显示: *EutIPI* 与甘薯的 IPI 蛋白亲缘关系比较近。颜色互补实验表明 *EutIPI* 在工程菌 DH5 α (pTrc-*EutIPI*+pAC-BETA) 中过量表达, 合成更多的底物以供给 β -胡萝卜素合成, 使该菌能大量产生 β -胡萝卜素。利用实时荧光定量 PCR 技术进行组织表达模式分析发现: *EutIPI* 基因在根、茎、花、叶片和果实中均有表达, 表达量从大至小依次为叶、根、茎、花; 果实中, 与青果相比, 粉果中 *EutIPI* 的表达量显著上调, 黄果、红果中 *EutIPI* 的表达量则没有明显变化。根据已经得到的全长 *EutIPI* 基因, 扩增 DNA 水平上的基因全长, 经测序, 得到 4 025 bp 的基因组 DNA 全长, 内含 6 个外显子、5 个内含子。同时, 用 TAIL-PCR 技术克隆了 484 bp 的上游启动子序列, 分析了其含有的元件。

关键词: 秋橄榄; 异戊烯焦磷酸异构酶; 基因克隆; 颜色互补实验; 实时荧光定量 PCR

肉桂不同部位精油含量、成分组成的差异性分析和抑制金黄色葡萄球菌活性评价

朱羽尧, 张琪瑶, 钱 骅, 黄晓德, 陈 斌, 赵伯涛^①

(南京野生植物综合利用研究院, 江苏南京 210042)

摘 要: 以肉桂 (*Cinnamomun cassia*) 的筒皮、桂叶、桂枝、果实、花萼 5 种植物部位为研究对象, 通过 GC-MS 对各植物部位所含精油的主要成分进行检测, 并对成分组成的差异进行比较。在此基础上, 以抑菌圈直径、最低抑菌浓度 (MIC)、最低杀菌浓度 (MBC) 等指标对各部位精油抑制金黄色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*) 生长的活性进行评价。结果表明, 五种植物部位中, 除果实外均富含精油, 其中以桂皮中精油含量最高为 1.74%。然而, 各部位精油的成分组成存在显著差别。桂枝和花萼提取所得精油中, 反式肉桂醛的含量分别为 87.7% 和 80.5%, 而桂皮和桂叶中仅为 53.71% 和 51.85%。抑菌活性实验表明各部位精油对金黄色葡萄球菌均具有显著抑菌效果, 以桂枝中所含精油的抑菌效果最佳, MIC 和 MBC 分别为 0.05% 和 0.025%。此外, 通过比较不同肉桂植物部位精油的抑菌活性发现, 成分组成上的差异与相应精油的抑菌活性存在直接相关性。反式肉桂醛含量较高的桂枝和花萼提取所得精油体现出的抑菌效果明显优于桂皮和桂叶提取所得精油。由此可见, 反式肉桂醛是肉桂精油中发挥最主要抑菌活性的成分, 其含量的高低与精油的抑菌效果直接相关。

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划项目(2011BAD33B01)

^①通信作者 E-mail: zbt_nj@163.com

三叶鬼针草根系分泌物对井栏边草 配子体生长和发育的影响

刘 颖，沈 羽，张开梅，方炎明*

（南京林业大学，江苏南京 210037）

摘 要：本研究以井栏边草配子体和外来入侵物种三叶鬼针草根系分泌物为实验材料，验证三叶鬼针草根系分泌物对井栏边草配子体的抑制作用。实验以五个梯度的三叶鬼针草根系分泌物对配子体进行培养，通过选取死亡率、假根长度、生物量和孢子转化率四个指标，并定期记录观察配子体生长情况，井栏边草配子体在根系分泌物处理下的生长情况进行了研究。实验结果显示，12.5%、25%、50%以及100%处理组根系分泌物的致死率分别为10.0%、25.3%、48.1%和88.3%；同样，随着处理浓度升高而下降的还有生物量和孢子转化率，其中生物量和孢子转化率100%处理组相对12.5%处理组减少23.8%和48.7%。假根较短根对于根系分泌物的影响不大，而较长根的变化较为显著，呈现出随着处理浓度升高而显著下降的趋势。实验说明三叶鬼针草根系分泌物对井栏边草配子体的生长和发育具有抑制作用。

关键词：根系分泌物；井栏边草配子体；三叶鬼针草；外来物种入侵

三叶崖爬藤的生态位模拟和亲缘地理学研究：揭示其上新世—始新世的动态变化过程和中国亚热带常绿阔叶林的进化历史

王一涵，符渊淼，邱英雄，傅承新

（浙江大学生命科学学院 系统进化与生物多样性实验室，浙江杭州 310058）

摘 要：常绿阔叶林是中国亚热带地区的典型植被类型，但是其对历史气候变化的响应模式仍不明确。三叶崖爬藤是中国特有的常绿阔叶林林下的常见攀援代表植物，重建它的群体进化和动态历史对揭示中国亚热带常绿阔叶林的进化过程有重要意义。三叶崖爬藤民间称三叶青，具有解热去毒等功效，是近年开发的一个民间草药。

本研究采集了该物种整个分布区的20个野生群体，利用叶绿体和核微卫星标记进行了遗传多样性和遗传结构分析，并重建了其过去和现在的分布区变化。研究结果表明上新世中期的全球变冷导致三叶崖爬藤群体压缩至热带地区南部的两个避难所，进而分化形成两个独立谱系。西南谱系长期居留在南部避难所无明显扩张；而中东部谱系受第四纪气候变化的影响，沿两条独立的路线经历了反复的由南向北的迁移过程，并伴随着近期的扩散和片段化。三叶崖爬藤复杂的生物地理学历史反映了该物种在第四纪气候变化下反复的隔离、迁移和区域扩张。该研究对前期提出的亚热带常绿阔叶林具有相对稳定的进化和动态历史的观点提出了挑战。

关键词：常绿阔叶林；亲缘地理学；生态位模拟；三叶崖爬藤；祖先分布区重建

三种辛香料的霉菌污染状况的调查

黄晓德, 钱 骅, 赵伯涛^①, 朱羽尧, 陈 斌

(中华全国供销合作总社南京野生植物综合利用研究院, 江苏南京 210042)

摘 要: 辛香料是食品调香调味中所用的植物种子、果皮、花蕾、叶茎、根块等, 或其提取物。辛香料多具有刺激性香味, 赋予食物以风味, 增进食欲, 帮助消化和吸收的作用。在家庭日常烹饪和食品工业中应用十分广泛。由于辛香料利用的是植物的呈香、呈味部位, 这些呈香、呈味物质在水洗、加热过程中极易损失, 因此常规的水洗、浸泡、加热等常规减菌、杀菌技术难以应用。导致其在生产、流通、储运等环节更易受到微生物, 尤其是霉菌的污染。本文对胡椒、孜然、桂皮不同生产流通环节样品的霉菌污染情况进行了调查分析, 并对污染霉菌进行了初步的分离鉴定。结果如下:

实验所采集的样品均存在一定程度的霉菌污染。其中白胡椒霉菌污染程度较为严重, 霉菌带菌量达 5.2×10^3 cfu/g, 可能是由于白胡椒加工过程中采用的发酵脱皮工艺, 存在霉菌大量繁殖, 并残留在产品中造成的。孜然和黑胡椒样品的污染程度较低, 分别为 0.3×10^3 cfu/g和 0.5×10^3 cfu/g。

对不同包装处理样品的霉菌带菌量进行分类比较表明: 散购样品霉菌带菌量较高, 在 $1.2 \times 10^3 \sim 7.2 \times 10^3$ 之间, 其中以黑胡椒带菌量最低, 为 1.2×10^3 cfu/g, 白胡椒带菌量最高为 7.2×10^3 cfu/g; 包装样品的平均带菌量, 在 1×10^2 cfu/g, 平均水平低于散称样品。但实验发现, 包装样品中, 不同品牌样品间存在极大的差异, 孜然包装样品中带菌量最高的甚至超过了散称样品的带菌量, 达到 7.6×10^3 cfu/g。表明加工企业对辛香料霉菌污染的控制水平总体上要优于散售商, 但在质量控制水平上存在较大的差异。

对不同形态样品带菌量的分析表明: 粉碎样品的平均带菌量在 3×10^3 cfu/g以上, 明显高于未经粉碎的样品, 可能是由于辛香料在粉碎后组织和细胞结构被破坏, 更容易受到霉菌的污染, 而且粉末状的辛香料更易吸收环境中的水分, 也更易造成霉菌的生长繁殖。

针对胡椒、孜然、桂皮霉菌培养计数中出现的不同霉菌菌落, 进行挑菌分离培养。观察不同霉菌在沙氏培养基上的生长特性, 菌落特征, 并进行菌丝和孢子的显微观察初步分离鉴定出13种霉菌。其中青霉3个、曲霉6、根霉1个、毛霉3个。

关键词: 辛香料; 霉菌; 菌落总数; 鉴定

Investigation of mold contamination of three kinds of spices HUANG Xiao-de, QIAN Hua, ZHAO Bo-tao^①, ZHU Yu-yao, CHEN Bin (Nanjing Research Institute for Comprehensive Utilization of Wild Plants, Nanjing 210042, China)

Abstract: The moulds contamination of three kinds of spices samples from different sources were analyzed, and the moulds were isolated and identified. The results showed that: All the samples have a certain degree of mold contamination. The degree of fungus pollution of powder samples were higher than that of particles, the total number of colonies was 1.0×10^2 cfu/g; 13 kinds of molds, 3 species of penicilliums, 6 species of aspergillus, 1 species of Rhizopus and 3 species of mucor were identified by the preliminary isolation and identification.

Key words: spice; mould; isolation; identification

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划项目(2012BAD36B02)

^①通信作者 E-mail: zbt_nj@163.com

伞形科观赏植物资源及其园林应用评价

周 伟, 刘启新^①, 吴宝成, 宋春风

(江苏省 中国科学院植物研究所 (南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 我国具有丰富的伞形科 (Apiaceae) 植物资源, 但该科植物的应用长期集中于药用植物和蔬菜及香料等方面, 其观赏价值一直被人们所忽视。本文论述了伞形科植物的观赏利用现状, 通过对我国伞形科植物资源的调查, 筛选出国内具有较高观赏价值的30种伞形科植物, 并对其园林应用提出了合理化建议。

关键词: 伞形科; 观赏植物; 园林应用

Ornamental plant resources of Apiaceae and evaluation on their application to landscaping ZHOU Wei, LIU Qi-xin^①, WU Bao-cheng, SONG Chun-feng (Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: There are rich plant resources of Apiaceae in China. With different colors and good adaptability, plants of Apiaceae are excellent ornamental plants applied in landscape. This paper summarized ornamental plant resources of Apiaceae in China and their application actualities. Thirty species of Apiaceae in China which can be used as ornamental plant are introduced. The prospect of landscaping application of Apiaceae is presented.

Kew words: Apiaceae; ornamental plant; landscape application

^①通信作者 E-mail: naslqx@aliyun.com

山核桃 *CcGA20ox* 基因的克隆及其 RNA 干扰载体的构建

张秋露, 郭海鹏, 徐艳玲, 胡恒康, 张启香^①

(浙江农林大学 林业与生物技术学院, 浙江临安 311300)

摘 要: 赤霉素(gibberellins 或 gibberellic acid, GA)普遍存在于高等植物体内, 有活性的赤霉素在高等植物的各个生长发育阶段中扮演着许多功能角色, 如调控表皮毛状体的发育、催化花与果实的成熟、促进植物茎秆的伸长、促进种子的萌发和发芽、促进植物叶片的延展、调控开花时间等。GA20 氧化酶是 GA 生物合成中最重要的限速酶, 是一种 2-酮戊二酸依赖性双加氧酶, 是植物矮化的关键基因。山核桃 (*Carya cathayensis* Sarg.) 应用价值很广, 但其林地选址比较陡峭, 树木较高, 到了采摘季节风险不可估量, 因此以植物转基因技术培育矮化、抗性强的山核桃新品种具有非常重要的意义。

本实验选取山核桃幼胚为植物材料, 提取 RNA 并反转录成 cDNA, 根据已知的山核桃 *GA20ox* 片段序列设计引物, 通过 RT-PCR 方法扩增得到目的基因, 割胶回收后将其连接到 PMD18-T 载体上, 转化大肠杆菌 DH5, 筛选阳性克隆, 送公司测序, 获得 PMD18-T-*GA20ox* 重组克隆载体。采用 RNA 干扰 (RNAi) 技术, 将重组克隆载体质粒和 PTCK303 质粒同时用快速限制性内切酶 Spe I 和 Sac I 进行双酶切, 分别回收 RNAi 目标片段和 PTCK303 质粒载体片段, 将其用 T4-DNA 连接酶过夜连接后转化 Trans 5a 感受态细胞, 筛选出重组质粒, 得到中间载体 PTCK303-*CcGA20ox1*-RNAi。利用 BamH I 和 Kpn I 同时双酶切 PMD18-T-*GA20ox* 和 PTCK303-*CcGA20ox1*-RNAi, 将回收产物连接转化, 通过 BamH I 和 Kpn I 双酶切及 Sac I 单酶切终载体, 鉴定筛选重组质粒, 得到含正反 RNAi 目标区段的山核桃干扰载体 PTCK303-*CcGA20ox*-RNAi。

本研究通过构建山核桃 *GA20ox* 氧化酶基因的 RNA 干扰载体敲除 *GA20ox* 基因, 以期获得具有矮化表型且抗性得到提高的山核桃转基因嫁接砧木, 同时通过采用 RACE 技术获得山核桃 *GA20ox* 的全长序列, 为进一步研究山核桃矮化突变体和 *GA20* 氧化酶基因功能奠定了基础。

关键词: 山核桃; *GA20ox*; 基因; RNA 干扰

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31100461; 31470682); 浙江省自然科学基金资助项目 (Y3090091)

作者简介: 张秋露, 主要从事植物发育生物学研究 (E-mail: 626659125@qq.com)

^①通信作者 E-mail: qixiangzh@163.com

山核桃 *WUS* 基因克隆与表达分析

徐艳玲, 郭海鹏, 张秋露, 胡恒康, 张启香^①

(浙江农林大学 林业与生物技术学院, 浙江临安 311300)

摘 要: 山核桃(*Carya cathayensis* Sarg)为胡桃科(Juglandaceae)山核桃属(*Carya* Nutt)植物,是我国特有的名优干果和木本油料作物,主要分布在我国浙江西北部和安徽东南交界的天目山区,是当地的主要经济作物。*WUS*(*WUSCHEL*)基因编码一转录因子,其编码产物是维持干细胞数量的内源信号,它的存在使周围细胞具有干细胞的特征。自 1996 年在拟南芥中首次发现该基因到现在,其功能及相关的信号机理逐渐被发现:在茎尖分生组织内 *WUS* 和 *CLV*(*CLAVATA*)形成一个反馈调节环,使得干细胞保持自我更新,维持茎尖的顶端优势;在花分生组织中, *WUS* 和 *LFY*(*LEAFY*)共同激活 *AG* (*GAMOUS*)基因的表达;由 *WUS* 建立的信号体系还参与胚珠的发育;当 *WUS* 蛋白和生长素共存时,可以高效启动体细胞胚的发生等。同时研究对象也由模式植物拟南芥扩大到玉米、萝卜、水稻、毛白杨等其他植物。而近年山核桃优良品种匮乏,繁育困难给山核桃产业的发展造成了较大瓶颈,因此对此山核桃 *WUS* 基因的研究对山核桃优良品种的组培繁育和对了解、调控山核桃的生长发育以提高山核桃产量具有重要意义。

本研究通过选取 13 年临安山核桃 7 至 8 月鲜果幼胚及组培体胚为材料,利用在艾德莱公司购买的 mRNA 试剂盒提取山核桃总 RNA,并利用反转录试剂盒将其反转录成 cDNA;然后根据 Primer 设计出兼并引物,利用 PCR 扩增技术获取 *WUS* 基因的保守片段;接着根据 Primer 设计的 3'-RACE 和 5'-RACE 端引物利用 RACE 试剂盒获取 *WUS* 基因的 3'、5'端序列,将三段序列拼接得到该基因的全长。最后根据序列设计引物,分别提取山核桃授粉后 8 至 16 周的幼胚 RNA,利用荧光定量 PCR 技术获取 *WUS* 基因在不同发育阶段胚内的表达丰度。

本研究通过对 *WUS* 基因在山核桃授粉后 8 至 16 周的幼胚的表达丰度分析,以了解该基因在山核桃胚发育过程中的分子表达机制,为组培育苗及控制开花、花数量的调控课借鉴的表达调控机制。

关键词: 山核桃 (*Carya cathayensis* Sarg.); *WUS*; 基因克隆; 表达丰度

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31100461; 31470682); 浙江省自然科学基金资助项目 (Y3090091)

作者简介: 徐艳玲,主要从事植物发育生物学研究 (E-mail: 626659125@qq.com)

^①通信作者 Email: qixiangzh@163.com

珊瑚菜居群遗传多样性的 SRAP 分析

宋春风, 刘启新^①, 周义峰, 吴宝成, 董晓宇

(江苏省 中国科学院植物研究所 (南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 利用 SRAP 对伞形科(Apiaceae)单种属植株珊瑚菜 (*Glehnia. Littoralis* F. Schmidt ex Miq.) 7 个野生居群和 1 个栽培居群进行了研究。共筛选出 8 个引物组合, 在供试珊瑚菜的 8 个居群中共扩增出 168 条条带, 其中多态性条带 118 条, 多态性条带百分率为 70.23%; 平均每对引物扩增的多态性条带数为 14.75 条。供试珊瑚菜各居群之间的遗传相似性系数为 0.830 6~0.983 6, 遗传距离范围是 0.016 5~0.185 6。聚类分析表明: 以相似性系数大于 0.8 并结合地理分布来看, 供试的野生珊瑚菜居群可以大体分为 3 类, 辽宁大连的野生居群为 1 类, 山东威海—山东青岛的居群为 1 类, 而山东日照—广州深圳之间的为 1 类。

关键词: 伞形科; 珊瑚菜; SRAP; 居群

基金项目: 江苏省中科院植物所迁地保护实验室项目“江苏沿海砂生植物珊瑚菜的濒危原因与种群恢复研究”(迁 201001); 江苏省农业科技自主创新资金项目“江苏耐抗盐道地药材北沙参林药复种技术研究”(CX(11)2053); 江苏省农业科技支撑项目“北沙参强耐抗盐新品种(系)筛选与滩涂种植示范”(BE2012434)

作者简介: 宋春风(1979—), 女, 山东成武人, 博士, 助理研究员, 主要从事植物系统演化研究 (E-mail: cfsong79@cnbg.net)

^①通信作者: E-mail: naslqx@aliyun.com

水稻白化转绿突变体基因 T_{254} 的定位

夏明辉¹, 张小明², 杨 玲¹

(1. 浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江金华 321004;

2. 浙江省农业科学院作物研究所, 浙江杭州 310021)

摘 要: 叶片是植物进行光合作用及多种代谢的主要器官。在自然或者人工条件下, 高等植物常出现叶色突变现象, 其中许多白化突变体不能存活。白化转绿则属于非致死叶色突变, 主要表现为苗期白化, 随后叶色逐渐转绿, 直至恢复正常, 植株继续生长发育完成整个生育进程。白化转绿突变体不仅在研究叶绿体发育机制和过程、光合作用机理、光形态建成等方面具有独特的作用, 而且作为一种理想的形态标记材料可应用于遗传育种。

水稻白化转绿突变体 T_{254} 由粳稻品种秀水 09 经化学诱变剂 EMS 诱变得到的。该突变体在 32 °C 条件下, 第 6 叶片出现白化斑点, 3 d 后逐渐转绿。遗传分析表明, 这一突变性状受单隐性核基因控制。本课题采用图位克隆的方法来定位该突变基因。将 T_{254} 与珍汕 97 杂交后得到 248 个 F_2 代白斑单株群体, 利用 SSR 分子标记 RM17101、RM17154、RM17206 等将 T_{254} 基因定位在 4 号染色体上。扩大群体及利用新的分子标记后, 将该基因定位在 STS 分子标记 S4-18 和 SSR 分子标记 RM17182 之间大约 219 kb 遗传距离内。序列分析发现该区间内有 43 个编码基因, 且它们与现已报道的白化基因都不相同, 这暗示着 T_{254} 可能是一个新的白化基因。

关键词: 水稻; 白化转绿突变体; 基因定位

水稻中脉中特殊的强光相应信号系统

沈唯军¹, 陈国祥¹, 徐金刚¹, 甄晓辉¹, 马 静¹,
张小娟¹, 吕川根², 高志萍^{1,*}

(1. 南京师范大学生命科学学院植物所, 江苏南京 210023; 2. 江苏省农业科学院粮食与作物所, 江苏南京 210014)

摘 要: 以往的研究显示, 当双子叶 C₃ 植物拟南芥叶片曝露于强光 (HL) 下时, 会引起所谓的“系统性获得的适应反应 (SAA)”: 植物会优先在曝露于强光下的维管系统中积累 H₂O₂ 信号, 这种信号分子可以通过维管的运输使遮阴部分提前做好适应性准备。据推测是叶脉独有的 C₄ 光合作用通过 Mehler 反应触发了 H₂O₂ 信号。这可能是因为在中脉中, Mehler 反应利用 O₂ 取代了被脱羧作用利用的 NADP⁺ 作为光合电子传递链的末端受体, 从而产生了 H₂O₂ 信号。为了验证这种先前提出的推测并且把 SAA 现象延展到其他植物中去, 本研究以低光照作为空白对照, 研究了水稻两优培九中脉和叶薄片在 HL 胁迫下 SAA 信号系统中相关组分的变化概况。结果显示, 中脉特异的光合作用确实会导致高比例的 NADPH/NADP⁺。同时, 以中脉中的信号网 (包括氧化还原状态 (ASA/DHA 和 GSH/GSSG) 的降低, 活性氧 (H₂O₂ 和 O₂⁻) 信号的积累, 以及高活性的超氧化物歧化酶 (SOD) 和抗坏血酸过氧化物酶 (APX)) 为特征的 SAA 也同样在本地被诱发。相关性分析揭示了这两种同时位于维管系统的现象间可能存在着因果关联。总而言之, SAA 可能是一种被子植物适应强光的普遍过程。中脉因维管特异性的光合作用和组织部位而具有潜在的控制 SAA 的能力。这是因为在 HL 胁迫下, 与 SAA 共同分布于中脉中的类 C₄ 光合作用可以通过操纵 NADPH/NADP⁺ 来诱发 SAA。

关键词: 高光强; 系统性获得的适应反应; 活性氧信号(H₂O₂ 和 O₂⁻); 类 C₄ 光合作用; Mehler 反应; NADPH/NADP⁺; 活性氧清除酶

The mid-vein of the rice possesses a systemic acquired acclimation SHEN Wei-jun^a, CHEN Guo-xiang^a, XU Jin-gang^a, ZHEN Xiao-hui^a, MA Jing^a, ZHANG Xiao-juan^a, LYU Chuan-gen^b, GAO Zhi-ping^{a,①} (a. College of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China; b. Institute of Food and Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: Previous studies have shown that exposure of *Arabidopsis* leaves to high light (HL) causes a systemic acquired acclimation (SAA) response in the vasculature. It has been

* This work was funded by the National Natural Science Foundation of China (No.31271621/C1302); the Natural Science Foundation of Jiangsu Province (No.11KJA180001) and the Leading Academic Discipline Project of Biology of Jiangsu Province.
E-mail: ketty.gao@gmail.com

postulated that C₄-like photosynthesis in the leaf veins triggers this response via the Mehler reaction. To investigate this proposed connection and extend SAA to other plants, we examined the redox state of NADPH, ascorbate (ASA) and glutathione (GSH) pools, levels and histochemical localization of O₂⁻ and H₂O₂ signals, and activities of antioxidant enzymes in the mid-vein and leaf lamina of rice, when they were subjected to HL and low light. The results showed that: (1) High NADPH/NADP⁺ was generated by C₄-like photosynthesis under HL in the mid-vein. (2) SAA was co-locally induced by HL, as indicated by the combined signaling network, including the decrease in redox status of ASA and GSH pools, accumulation of H₂O₂ and O₂⁻ signals, and high superoxide dismutase (SOD) and ascorbate peroxidase (APX) activities. The high correlations between these occurrences suggest that the enhanced NADPH/NADP⁺ in HL-treated mid-veins might alter redox status of ASA and GSH pools and trigger H₂O₂ and O₂⁻ signals during SAA via the Mehler reaction. These changes in turn upregulate SOD and APX activities in the mid-vein. In conclusion, SAA may be a common regulatory mechanism for the adaptation of angiosperms to HL. Manipulation of NADPH/NADP⁺ levels by C₄-like photosynthesis promotes SAA under HL stress in the mid-vein.

水蕨 *centrin* 基因克隆分析、定位及功能研究

王 尧, 秦召远, 戴锡玲, 曹建国, 王全喜

(上海师范大学 生命与环境科学学院, 上海 200234)

摘 要: 中心蛋白 (centrin) 是 EF-hand 钙结合蛋白, 是钙调蛋白超家族中的一员。它含有 4 个 EF-hand 结构基元, 每个结构基元能结合 1 个钙离子, 是很多生物体的微管组织中心 (中心体、基体或纺锤极体) 的重要组成部分。中心蛋白在细胞的正常分裂以及包含中心蛋白的纤维系统收缩中起重要作用。

蕨类植物精子发生是生毛体、基体、鞭毛等运动细胞器重新发生和组织的过程, *centrin* 是否参与蕨类运动细胞器的再发生尚不清楚。本实验采用蕨类模式植物水蕨为实验材料, 克隆了 *centrin* 基因的完整序列, 构建其原核表达载体, 并在大肠杆菌中有效表达, 结果表明: 1) 水蕨 *centrin* 基因与苹、小立碗藓、双鞭毛水藻聚为一类, 表明它们的演化关系相近。2) 运用免疫荧光成功特异标记水蕨雄性配子体发育过程中 *centrin* 蛋白的位置及形态, *centrin* 可能与基体发生和鞭毛的定位有关, 而与鞭毛的生长无关。本研究对阐明蕨类植物运动器发育特征和揭示有性生殖机制具有一定的科学意义。

关键词: 水蕨; *centrin*; 基因克隆; 精子发生

酸铝复合胁迫对菊芋幼苗生长及矿质元素的影响

曹 林^{1,2}, 吴玉环³, 章 艺⁴, 梅笑漫⁵, 徐根娣^{1,2}, 刘 鹏^{1,2,①}

(1. 浙江师范大学植物学实验室, 浙江金华 321004; 2. 浙江师范大学生态学研究所, 浙江金华 321004;

3. 杭州师范大学生命与环境科学学院, 浙江杭州 330036; 4. 浙江旅游职业学院, 浙江杭州 31123;

5. 杭州师范大学初等教育学院, 浙江杭州 330036)

摘 要:近年来由于农业化肥的使用及酸雨的频繁沉降,使土壤酸化加剧,大量的活性铝严重抑制了作物的生长,铝已成为酸性土壤中抑制作物生长的一个重要因素。中国南方的地带性土壤主要是红壤,遍及南方 15 个省区,面积占全国土地总面积的 22.7%。南方地区酸雨发生的频繁,降雨量大,红壤普遍呈强酸反应(pH 值约为 4.0~5.5),其富铝化程度还在不断加深,因此,铝毒被认为是南方红壤地区农作物减产的重要原因之一。改善酸性土壤现状迫在眉睫,经济、简洁、可持续的植物修复逐渐受到人们的关注。

菊芋(*Helianthus tuberosus* L.)为多年生草本植物,俗称洋姜、鬼子姜,菊科向日葵属植物。鲜菊芋块茎中 79.8%为水分、16.6%为碳水化合物、2.8%的灰分及一定量的维生素,其中,碳水化合物中有 78%为果糖低聚糖。菊芋对生态环境条件要求不严,菊芋喜温暖,但耐寒;喜温润,但耐旱;喜肥沃,但耐贫瘠,耐盐碱。因此在全球的热带、温带、寒带以及干旱、半干旱地区都有菊芋的分布和栽培。菊芋作为一种经济作物,具有一定的耐酸铝机制,在酸性土壤种植也能改善土壤状况。菊芋的种植,不仅能为农户带来经济效益,提供农户的种植积极性,增加就业岗位,还能减轻酸性土壤对植物的迫害,减少国家经济损失,具有良好的前景。我们的研究将采用沙培法和水培法,同时也在田间进行种植,以“南京菊芋”及其它地方的菊芋为材料,研究酸铝复合胁迫对它们幼苗根和叶片的各种特性、抗氧化性酶活性以及叶绿素荧光参数的影响,并进一步分析了酸铝复合胁迫对菊芋幼苗 Ca、Mg、Mn、Cu 以及 P 等矿质养分积累的影响,从植物的营养结构、营养代谢、逆境生理生态、生理生化、营养生理及分子水平等各个角度来综合研究菊芋对酸铝复合胁迫的应答机制。这不仅丰富了菊芋铝毒害的研究内容,而且为菊芋铝毒害的防治,实现菊芋大规模、可持续经营奠定一定的理论基础,同时进行开展一定的推广和应用工作。

关键词: 菊芋; 酸铝复合胁迫; 生理指标; 矿质元素; 分子水平

①通信作者: E-mail: pliu99@vip.sina.com

台湾含笑扦插生根过程中内源激素的动态变化

陈云霞，周冬琴，华建峰，殷云龙^①

（江苏省中国科学院植物研究所（南京中山植物园） 江苏南京 210014）

摘 要：植物内源激素的变化是诱导不定根发生的重要因子。本文以台湾含笑为实验材料，通过高效液相色谱法对不同生根处理在扦插繁殖过程中的内源激素水平进行测定，初步探索其生根机理，结果表明：生长素促进台湾含笑不定根的形成，扦插初期较高浓度的 IAA 有利于根源基形成与分化，后期较低浓度的 IAA 更有利于根的伸长生长。生根前期只需要低浓度的细胞分裂素，而后期 ZT 含量的升高更有利。低水平的 ABA 有利于不定根的形成，外源生长素的作用使得各处理组的 ABA 含量总体降低，提高了生根率。赤霉素(GA₃)抑制插条不定根的形成，外源生长素能抑制内源 GA₃ 含量。

关键词：台湾含笑；扦插；内源激素

基金项目：江苏林业三项工程 (lysx[2011]13)

作者简介：周冬琴（1979—），女，浙江临海人，博士，助理研究员，主要从事林木生理生态和遗传育种方面的研究

(E-mail:zhoudongdong128 @163.com)

^①通信作者 E-mail: YinYL066@sina.com

外源 Ca^{2+} 对 PEG 处理下转 C_4 型 *PEPC* 基因水稻 (*Oryza sativa* L.) 光合生理的调节

刘小龙^{1,2}, 李霞^{1,①}, 钱宝云^{1,2}

(1. 江苏省农业科学院粮食作物研究所 江苏省优质水稻工程技术研究中心, 江苏南京 210014;

2. 南京农业大学生命科学学院, 江苏南京 210095)

摘 要: 磷酸烯醇式丙酮酸羧化酶(Phosphoenolpyruvate carboxylase, *PEPC*)通过固定二氧化碳参与光合作用, 是关键 C_4 植物光合作用酶。为了揭示高光效转 C_4 *PEPC* 基因水稻对干旱胁迫的适应机理。本实验使用高表达转 C_4 *PEPC* 水稻 (PC) 和野生型水稻 Kitaake(WT)为供试材料, 在植株的 4-5 叶期, 使用不同浓度外源氯化钙溶液, 研究在 15%聚乙二醇 6000 (Polyethylene glycol-6000, PEG-6000) 胁迫下叶片相对含水量、光合参数、内源钙总含量、叶片总蛋白激酶活性、*PEPC* 酶活性以及相关基因表达和蛋白含量的影响。结果表明: $0.5 \text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ CaCl}_2$ 明显提高 PC 叶片相对含水量 ($P<0.05$), 而 $2 \text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 $10 \text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的则作用不显著, WT 则影响不显著。不同浓度的钙处理对 PEG 处理 PC 的净光合速率的影响不显著, 而通过维持气孔导度的不降低, 减少水分胁迫。内源总钙浓度的数据进一步显示: 在 PEG6000 处理下, PC 具有维持稳定内源钙离子浓度的能力, 过高浓度钙离子 ($10 \text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ CaCl}_2$) 处理反而降低了 *PEPC* 酶活性、*PEPC* 基因表达和可溶性蛋白的含量。

关键词: 钙离子; 高表达转 *PEPC* 基因水稻; 干旱胁迫; 磷酸烯醇式丙酮酸羧化酶; 光合特性; 水稻

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30871459; 31371554); 江苏省自主创新基金项目(CX[(12)1003]); 江苏省自然科学基金资助项目 (BK20130708)。

①通信作者 E-mail: jsplx@jaas.ac.cn

温度及育秧介质对水稻秧苗素质的影响

张国良

(淮阴工学院生化学院, 江苏淮安 223003)

摘 要: 本文研究了在温室和 5 个温度处理 (25 °C、20 °C、15 °C、10 °C、5 °C) 条件下, 有机基质和营养土对水稻‘淮稻 9 号’秧苗株高、茎基宽度、叶长、叶宽、叶面积、叶龄、最长根长、根粗、根数、生物量、叶绿素、根系活力、超氧阴离子自由基 ($O_2^{\cdot-}$) 产生速率、超氧化物歧化酶 (SOD) 活性、过氧化物酶 (POD) 活性、过氧化氢酶 (CAT) 活性和丙二醛 (MDA) 含量的影响。结果表明: 随着温度下降, 水稻秧苗株高、茎基宽度、叶面积、叶龄、最长根长、根粗、生物量显著下降, 叶绿素含量和根系活力显著下降, SOD、CAT 和 POD 活性显著升高, MDA 含量和 $O_2^{\cdot-}$ 产生速率显著升高。在温室培养与 25°C、20°C、15°C 温度条件下, 有机基质所育秧苗的秧苗品质显著高于营养土所育秧苗。在 10 °C 和 5 °C 温度胁迫下, 有机基质所育秧苗与营养土所育秧苗的品质差异不显著。

关键词: 水稻; 育秧; 温度; 有机基质; 营养土

蜈蚣兰的结构植物学研究

沙志清, 邵世光^①

(江苏师范大学连云港校区海洋港口学院, 江苏连云港 222006)

摘 要: 蜈蚣兰 (*C. scolopendrifolium* (Makino) Garay.) 系兰科(Orchidaceae) 隔距兰属 (*Cleisostoma*) 植物, 因为分布区域较窄、生境独特 (附生于岩石或树皮上)、种群较小、药用仅限于少数地区的民间等原因, 至今没有引起人们的重视。为了解蜈蚣兰的生物学特性, 奠定蜈蚣兰保护与开发的基础, 利用石蜡切片技术, 对蜈蚣兰的气生根、茎和叶进行切片, 观察结果如下:

1) 气生根的结构。气生根是蜈蚣兰附着和吸收、运输水分的器官, 包括表皮、皮层和维管柱 3 部分。表皮细胞 1 层, 外切向壁具有显著的加厚。1 至多个表皮细胞内收, 周围表皮细胞的径向、横向壁突起, 围成碗状窝。窝内密集着生并向外侧伸出丝样茸毛, 茸毛的外缘与窝的外缘大体平齐, 也有少量伸出窝外者。表皮细胞外切向壁的加厚和碗状窝的形成, 可以减少植物体内水分的蒸发; 茸毛的密集存在可以增大与空气接触的相对表面积, 有利于对空气中水分的吸收。

皮层较厚, 靠近表皮的 1 层细胞排列紧密; 中皮层细胞体积较大, 形态不规则, 具较大细胞间隙; 内皮层 1 层, 显著, 细胞壁六面加厚, 由通道细胞将皮层与维管柱联系起来。气生根幼嫩时, 皮层细胞往往含有叶绿体

维管柱有初生木质部和初生韧皮部组成, 前者多元, 外始式, 后生木质部占据维管柱的中心; 后者位于 2 个原生木质部之间, 体积小。

2) 茎的结构。蜈蚣兰茎有表皮、基本组织和维管束组成。表皮为 1 层细胞, 外切向壁具较厚的角质层。基本组织由薄壁组织组成, 近表皮的 2 层细胞较小, 排列比较紧密; 内侧细胞椭圆形、圆形, 具较大细胞间隙。细胞内有少量簇晶。

维管束在茎的中部主要排为 2 轮, 内轮的内侧散在少量几个小型维管束。同轮维管束之间、内外 2 轮维管束之间多少相连, 往往界限不清。每一维管束外侧由小型机械组织细胞围成束鞘。维管束的外侧部分是初生韧皮部, 其韧皮纤维较发达, 而筛管量少; 内侧为初生木质部, 由少量大型导管组成。

3) 叶的结构。叶由表皮、叶肉和叶脉组成。表皮 1 层细胞, 排列紧密, 外切向壁具较厚的角质。气孔的 1 对保卫细胞内陷, 其外周的角质层呈烟囱状凸起, 并在顶端内收, 形成一个薄的平盖, 中央留有 1 圆形开口。这一特殊结构可以有效减少体内水分的蒸发。

叶肉无海绵组织与栅栏组织之分, 细胞不规则, 排列紧密。细胞内的针晶密集成束, 结晶体可分为两端尖锐型、一段尖锐一段平截型和两端平截型 3 类。叶脉 5 束, 弧状分布于叶肉之中。

^①通信作者 E-mail: sgshao@126.com

系统聚类和籼粳分类：揭示江苏省杂草稻的相互传播和籼粳分化

陈晓锋, 强 胜, 杨金玲, 张帮华, 张 峥, 宋小玲, 戴伟民^①

(南京农业大学杂草研究室, 江苏南京 210095)

摘 要: 二十一世纪初, 杂草稻仅在江苏省局部区域发生。目前已扩大到全省, 并对粳稻的高产和稳产造成严重威胁。为了掌握其快速发生机制, 便于杂草稻的防除工作, 需要进一步明确江苏省 13 市杂草稻是独立发生还是相互传播, 以及江苏省杂草稻籼粳地理分布。本研究采集了江苏省 13 个市 58 个样地的 58 个种群, 总计 205 份的杂草稻样品。所有样品在南京农业大学江浦农场田间种植, 并测量了 38 个形态学性状和 6 个程氏指数鉴别性状。对杂草稻个体和种群分别进行了欧氏距离聚类分析, 并统计了各聚类群中 13 个市杂草稻样品的分布比例, 表明江苏省 13 个市的杂草稻是相互混杂的。籼粳地理分布表明, 江苏省杂草稻主要以籼型和偏籼型为主, 籼型和偏籼型杂草稻在全部 58 个样点中都有分布, 分别占据 205 份样品总量的 54.15% 和 42.4%; 偏粳型和粳型仅分布于 6 个样点 (分布在淮安、苏州、盐城与扬州), 分别占样品总量的 2.93% 和 0.48%。此外, 对比江苏省杂草稻的籼粳地理分布与江苏省地方品种的籼粳地理分布, 未显示对应关系。综上所述, 本文明确了江苏省 13 个市的杂草稻非独立发生, 而是相互传播。籼粳比例和地理分布揭示了江苏省杂草稻主要为籼型, 其中极少数为粳型杂草稻, 该比例与杂草稻和栽培稻之间的基因飘逸比例相近。

关键词: 杂草稻; 形态学性状; 程氏指数; 籼粳分类

Hierarchical clustering and indica-japonica rice classification: uncover mutual spread and indica-japonica differentiation for weedy rice in Jiangsu Province

CHEN Xiao-feng, QIANG Sheng, YANG Jin-ling, ZHANG Bang-hua, ZHANG Zheng, SONG Xiao-ling, DAI Wei-min^① (Weed Research Laboratory, Nanjing Agriculture University, Nanjing 210095, China)

Abstract: In the early 21st century, weedy rice occurred just in some regions of Jiangsu Province. But it has already occurred in the whole province by far, which caused serious damage to high and stable yield of Japonica rice. In order to grasp the mechanism of

基金项目: 2013 公益性行业(农业)科研专项(201303022); 转基因生物新品种培育科技重大专项(2013ZX08011001; 2009ZX08012-020B); 江苏省科技支撑计划项目(BE2011353); 国家自然科学基金资助项目(30800604)

作者简介: 陈晓锋(1987—), 男, 硕士研究生(E-mail: cxf_post_workfile@163.com)

^①通信作者 Corresponding author E-mail: daiweimin4@njau.edu.cn

weedy rice's rapid occurrence and control its occurrence, it needs to be further clarified that weedy rice is independent occurrence or mutual spreading, and the Indica-Japonica geographical distribution in 13 cities, Jiangsu Province. 205 accessions of 58 weedy rice populations were collected from 58 sites at 13 cities in Jiangsu province. The samples have been planted in the paddy field of Jiangpu farm of Nanjing Agricultural University. 38 morphological traits and 6 Cheng index traits were measured. Euclidean Distance clustering analysis of individuals and populations and the proportion of weedy rice samples of 13 cities in each group of two cluster analysis. showed that weedy rice was not independent occurrence in 13 cities. The Indica-Japonica geographical distribution of weedy rice showed that Indica and Indica-clinous type weedy rice distributes in 58 sites, taking 54.15% and 42.4% respectively. Japonica and japonica-clinous type weedy rice distributes in only 6 sites, taking 0.48% and 2.93% respectively. In addition, the geographical distribution comparison between the Indica-Japonica weedy rice and Indica-Japonica landraces showed no corresponding relationship. To sum up, the paper made it clear that weedy rice was not independent occurrence but mutual spreading at 13 cities in Jiangsu province. Indica-Japonica ratio and geographical distribution uncover that vast majority of weedy rice in Jiangsu Province is Indica type and Japonica types weedy rice takes only a small proportion, which is similar with natural gene flow's proportion between weedy rice and cultivated rice.

Keywords: weedy rice; morphology characters; Cheng Index; indica-japonica classification

小麦胚乳输导细胞发育的结构观察和功能分析

余徐润, 周 亮, 张 静, 于 恒, 邵珊珊, 熊 飞^①, 王 忠

(扬州大学生物科学与技术学院, 江苏扬州 225009)

摘 要: 小麦胚乳输导细胞是胚乳传递细胞带和胚之间的细胞。来自颖果维管束的养分一方面经糊粉层传递细胞和胚乳传递细胞运输到胚乳中, 另一方面经胚乳输导细胞运输至胚中。因此, 胚乳输导细胞的发育状况与种子胚的发育状况息息相关, 直接影响子代幼苗的质量。国内外关于谷物类种子输导细胞的发育只在玉米和大麦上有报道, 而关于小麦输导细胞的发育研究尚缺。本研究以小麦 (*Triticum aestivum* L.) 品种‘扬麦 13’为试验材料, 采用树脂半薄切片、组织化学染色、光学显微镜和扫描电子显微镜结构观察、Image-Pro Plus 图像软件分析等技术详细地观察了小麦胚乳输导细胞的发育过程, 并推测了其在胚发育过程中的功能。主要试验结果如下: 1) 胚乳输导细胞位于胚乳贮藏细胞和胚之间, 开花后第 10 天左右分化; 2) 胚乳疏导细胞的数目和总面积从第 8 天开始增加, 第 14 天达到最大值, 第 18 天开始皱缩变形, 到第 24 天已检测不到完整的细胞; 3) 皱缩的细胞壁在胚乳贮藏细胞和胚的挤压下高度折叠, 在发育中的颖果及成熟颖果中均能观察到。根据以上试验结果我们推测小麦胚乳输导细胞具有两方面的功能, 一方面作为桥梁将来自胚乳传递细胞的养分运输至胚中, 另一方面为胚的生长提供足够的动态空间。

^①通信作者 Email: feixiong@yzu.edu.cn

秀丽隐杆线虫对凤仙花茎、散沫花安全性评价

姜洪芳^{1,2}, 石宝俊², 赵伯涛², 孙达峰², 张峰伦²,
陈 蕾², 壮子恒^{3*}, 施国新^{1*}, 张卫明^{1,2*}

(1. 南京师范大学, 江苏南京 210046; 2. 南京野生植物综合利用研究院, 江苏南京 210042;
3. 常州大学, 江苏常州 213164)

摘 要: 凤仙花 (*Impatiens balsamina* Linn.) (缩写为*I. balsamina*) 为凤仙花科(Balsaminaceae) 凤仙花属(*Impatiens*)一年生草本植物。凤仙花属共有植物900余种, 全球均有分布。凤仙花 (*I. balsamina*) 作为观赏植物国内外均有种植, 也是该属植物的常见品种, 其茎(被称为透骨草)在民间有悠久的药用历史, 被广泛用于治疗风湿痹痛、跌打肿痛、蛇咬伤、鹅掌风、风湿性关节炎、痈疖疮疗、胎衣不下、溃疡日久不愈和经闭腹痛等, 有小毒。化学成分主要有黄酮、萘醌、香豆素、有机酸、花青素和甾醇类; 黄酮和萘醌有很强的抗炎、抗菌、抗过敏和抑制Wnt信号通道等活性, 据报道指甲花醌和2-甲氧基-1,4萘醌是该植物抗细菌和抗真菌的活性成分, 此外, 2-甲氧基-1,4萘醌具有很强的对抗HepG2细胞的抗肿瘤活性。另一种植物散沫花 (*Lawsonia inermis* Linn.) (缩写为*L. inermis*) 为千屈菜科多年生灌木, 作为天然染料应用历史悠久, 是最早用来染发的植物染发剂之一, 具有活血化淤, 止痛、消肿、化脓的功效; 化学成分主要有萘醌、黄酮、香豆素、酚酸等, 具有抗肿瘤、抗菌、抗氧化、抗寄生虫等活性, 可以防止皮肤真菌感染, 可用于治疗头痛、黄疸病和麻风病等。研究发现凤仙花 (*I. balsamina*) 与散沫花 (*L. inermis*) 二者虽不同科属的两种植物, 却具有相似的化学成分及活性, 均含有指甲花醌及其衍生物、黄酮类化合物等。指甲花醌作为两种植物共有的成分之一, 是一种有效的染色剂, 并具有抑菌、抗氧化等活性, 国外对其安全性研究较多, 也存在许多争议。

为了评价凤仙花茎 (*I. balsamina*) 及散沫花 (*L. inermis*) 的安全性, 本研究应用高速逆流色谱 (high speed countercurrent chromatography, 简称hsc) 法对凤仙花茎提取物进行了分离, 并应用质谱、核磁共振鉴定为指甲花醌、2-甲氧基-1,4萘醌、槲皮素、山萘酚; 应用高效液相色谱 (HPLC) 法测定了上述4种成分在两种植物中的含量, 以秀丽隐杆线虫 (*Caenorhabditis elegans*) 为模式生物, 评价了两种植物的提取物及指甲花醌、甲氧基指甲花醌两种单体化合物对秀丽隐杆线虫生存率、生殖率及运动行为的影响, 结果表明凤仙花茎提取物及散沫花提取物降低了秀丽隐杆线虫急性暴露时期的生存率、生殖率、身体弯曲及头部摆动频率, 随着浓度的升高对秀丽隐杆线虫生存率、生殖率、身体弯曲及头部摆动频率的影响更加显著 ($P<0.01$), 指甲花醌对秀丽隐杆线虫的生存率、生殖率及运动行为的影响比2-甲氧基-1,4萘醌更为明显, 且均存在剂量依赖关系, 上述结果为研究凤仙花茎 (*I. balsamina*) 及散沫花 (*L. inermis*) 安全性的分子机理提供了基础。

关键词: 凤仙花茎; 散沫花; 萘醌; 秀丽隐杆线虫

玄参生物量和次生代谢物的物候动态分析

陈露茜, 杨舒婷, 王丹丹, 李静慧, 赵云鹏^①, 傅承新

(浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性实验室, 浙江杭州 310058)

摘 要: 物候期是影响药材质量和产量的主要因子之一, 适时合理采收中药材, 是关系品质的关键, 揭示药材活性成分(次生代谢物)含量的物候动态, 理解其可能的生态功能是实施药材栽培质量控制技术的理论基础。目前关于植物生长与其次生代谢物时空动态的生态学意义的研究资料尚不丰富。玄参科植物玄参(*Scrophularia ningpoensis*)是“浙八味”道地药材玄参(*Scrophulariae Radix*)的原植物, 其主要活性成分为环烯醚萜类和苯丙苷素类。

本研究从4月份到11月份对玄参进行物候期观测及各部位(根、茎、叶、花果)的生长和生物量积累与分配的测定, 同时利用HPLC-DAD法分析了不同物候期下玄参各器官4种活性成分含量, 以揭示玄参次生代谢物在整个植株里的积累和分配动态, 探讨其含量变化与环境温度和个体发育阶段变化的相关性。结果显示, 在浙江磐安立地条件下, 4–8月是玄参的旺盛营养生长期, 其中7–8月是块根和子芽的快速形成和膨大期; 8月下旬现蕾, 9月开花盛期, 同时也是显著的营养生长停滞期; 10月是块根的二次快速膨大和增重期; 11月果熟期和黄枯期。4种活性成分含量的测定结果表明, 玄参根、茎、叶、花果中均含有毛蕊花糖苷(0.3~16.0 mg/g)、安格洛苷C(0.2~7 mg/g)、哈巴俄苷(1~25 mg/g)及肉桂酸(0~1.2 mg/g), 但不同部位的含量差异较大, 而且在不同的发育阶段这4种活性成分的含量变化较大, 其中以环烯醚萜类的哈巴俄苷含量变化最大, 尤其是在营养生长显著停滞的7–9月份, 这些次生代谢物的含量显著上升。Pearson相关性分析显示, 玄参各部位中的哈巴俄苷含量与月平均气温呈显著的正相关性($P < 0.05$), 再次支持了我们前期提出的玄参哈巴俄苷含量与环境温度成正比的假说。

本文认为, 9月份玄参的营养生长停滞可能与植株对盛花期繁殖生长的投入急剧加大有关, 其中包括次生代谢物含量的提高; 不同的次生代谢物对于植株的生态功能不同, 哈巴俄苷可能与增强植株的耐热性有关, 而两种苯丙苷素类次生代谢物毛蕊花糖苷和安格洛苷C的含量增加可能与花期的化学防御有关。

关键词: 环烯醚萜苷; 热响应; 次生代谢—生长权衡; 玄参; 物候动态

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31070205); 浙江省重大科技专项(2012C12912)

^①通信作者 E-mail: ypzhaoy@zju.edu.cn

玄参属的分子系统学研究

王瑞红*, 陈 川*, 李 攀, 傅承新**

(浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性研究室, 浙江杭州 310058)

摘 要: 玄参属 (*Scrophularia* L.) 是玄参科的模式属, 典型的北半球温带分布的多年生草本或半灌木草本植物, 地中海地区分布尤多。自 1753 年林奈根据 *S. nodosa* 标本建属至今, 已有 200 多种记载。近年来, 关于地中海区域玄参属植物的传粉生物学、系统进化的研究, 以及伊比利亚半岛-马卡洛尼亚地区玄参植物的网状进化研究已取得了一定进展。但是尚未对整个世界玄参属系统发育做全面深入的研究, 尤其东亚玄参的起源和种间关系一直没有解决。因此, 玄参属的起源、分化、迁移是人们感兴趣的系统发育问题。

基于本研究室对玄参属东亚分布种类的材料积累和近年欧美研究的数据, 本研究选取了玄参属内来自欧亚大陆和北美的 140 个分类单元。这些分类单元包括了玄参属下玄参组和砾玄参组的代表性物种, 并在地理上涵盖了玄参属所有的分布区域。以玄参科的近缘属为外类群, 通过扩增 ITS 和叶绿体片段 *trnL-trnF*, *psbA-trnH*, *trnQ-rps16*, *trnS-trnG* 共 5 个分子片段, 以最大简约法、最大似然法和贝叶斯推断对玄参属的系统发育进行了探讨。获得以下主要结果:

1) 分子系统发育分析构建了一棵玄参属系统树, 揭示玄参属形成玄参组和砾玄参组明显的两个分支, 与 Stiefelhagen (1910) 的分组吻合, 谱系之间也存在较强的地理分布模式; 其系统发育关系可划分为 5 个主要谱系: 西地中海玄参分支, 东地中海和西南亚砾玄参分支, 环地中海玄参分支, 北美-日本玄参分支, 东亚玄参分支。

2) 砾玄参分支嵌在西地中海玄参分支内, 是一个支持率很高的单系类群, 不支持经典分类 Stiefelhagen 的玄参组较为后起的观点。

3) 中国分布砾玄参组的三个种是一个很好的单系类群, 但三个种的亲缘关系并不清楚。砾玄参: 分布内蒙, 青海, 甘肃, 蒙古, 西伯利亚和中亚地区; 羽裂玄参: 分布于新疆, 中亚; 齿叶玄参, 分布于西藏, 尼泊尔地区, 揭示是一个复合种, 有待进一步亲缘地理学研究。

4) 东亚玄参分支呈现很好的地理分布模式, 由三个次级分支构成: 中国西南-西部支系, 中国中部-西部支系, 中国东部-韩国-日本支系。分子证据和模式标本证据显示韩国的 *S. koraiensis* 和中韩分布的 *S. kakudensis* 是同一个物种, 提出 *S. koraiensis* 作为 *S. kakudensis* 的异名存在。

5) 基于分子证据以及东亚北美玄参物种多样性和分布的差异, 推断北美玄参起源于东亚。结合分子证据和物种分布显示, 玄参属的起源迁移框架大致呈现“欧洲地中海地区—中亚—东亚—北美”的趋势。

薰衣草叶各极性部位提取物活性研究

陈 斌, 钱 骅, 黄晓德, 朱羽尧, 赵伯涛^①

(中华全国供销合作总社南京野生植物综合利用研究院, 江苏南京 210042)

摘 要: 提取薰衣草叶中石油醚、二氯甲烷、乙酸乙酯及 95%乙醇四个极性部位的提取物, 进行抗紫外辐射、抗氧化、抑制酪氨酸酶及抑菌活性研究。结果表明: 四个极性部位在 UVB 区均具多个吸收峰, 二氯甲烷部位 (1 mg/mL) 和 95%乙醇部位 (1 mg/mL) 提取物抗紫外辐射活性达阳性对照芦丁 (0.3 mg/mL) 的 80%; 石油醚 (0.5 mg/mL)、乙酸乙酯 (0.5 mg/mL)、二氯甲烷 (0.5 mg/mL) 部位清除羟自由基能力达 V_C (0.1 mg/mL) 的 70%; 石油醚 (0.1 mg/mL) 和二氯甲烷 (0.1 mg/mL) 部位达熊果苷 (0.1 mg/mL) 的 80%; 四个极性部位提取物对大肠杆菌和金黄色葡萄球菌具有抑制作用, 对青霉菌和酵母菌无明显抑制作用。该研究对薰衣草资源的综合利用具有指导意义。

关键词: 薰衣草叶; 抗紫外辐射; 抗氧化; 抑制酪氨酸酶; 抑菌活性

Abstract: Petroleum ether (PE), methylene chloride(MC), ethyl acetate(EA) and 95% ethanol(EL) were respectively used to extract the leaves of Lavender, Determine the UV radiation, antioxidation, inhibit tyrosinase activity and antibacterial activity of the four fractions. The results show: four fractions has several peaks in UVB district, MC (1 mg/mL) and EL (1 mg/mL) reach 80% viability of rutin in UV radiation; PE (0.5 mg/mL), MC (0.5 mg/mL), EA (0.5 mg/mL) reach 70% viability of V_C in antioxidation; PE (0.1 mg/mL) and MC (0.1 mg/mL) reach 80% viability of arbutin in inhibit tyrosinase activity; Four fractions has antibacterial activity in *Escherichia coli* and *Staphylococcus aureus*, four fractions has no antibacterial activity in *Penicillium* and yeast. The research has guiding significance for the utilization of lavender resources.

Key words: leaves of lavender; UV radiation; antioxidation; inhibit tyrosinase activity; antibacterial activity

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划项目(2011BAD33B01)

^①通信作者 E-mail: zbt_nj@163.com

伞形科鸭儿芹属植物营养成分及矿质元素含量分析

吴宝成, 刘启新, 周 伟, 宋春风

(江苏省中国科学院植物研究所(南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 对伞形科 (Apiaceae) 鸭儿芹属(*Cryptotaenia* DC.)鸭儿芹(*C. japonica* Hassk.)、紫叶鸭儿芹(*C. japonica* var. *atropurea* Makino)和北美鸭儿芹(*C. canadensis* (L.) DC.)的营养成分进行了研究。分别检测了鸭儿芹、紫叶鸭儿芹和北美鸭儿芹的粗纤维、总糖、粗蛋白、粗脂肪、维生素 C、钾、钙、镁、铁、锌、磷等元素含量, 结果表明: 北美鸭儿芹中总糖、粗蛋白、粗脂肪含量最高, 每千克鲜重分别含 2.02%、49.2 g 和 6.1 g; 鸭儿芹中维生素 C、钙、镁和铁的含量最高, 分别为 0.577 9、2.307 0、0.087 0 和 0.371 1 mg g⁻¹。鸭儿芹属植物是一类具有极大开发价值的新型保健蔬菜。

关键词: 伞形科; 鸭儿芹属; 营养成分; 矿质元素; 分析

Analysis on nutritional components and mineral elements of three plants from Genus *Cryptotaenia* in Apiaceae WU Bao-cheng, LIU Qi-xin, ZHOU Wei, SONG Chun-feng (Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract : The comparison of nutritional components and mineral elements in *Cryptotaenia japonica* Hassk., *C. japonica* var. *atropurea* Makino and *C. canadensis* (L.) DC in Apiaceae was carried on. The components items include crude fiber, total sugar, crude protein, crude fat, Vitamin C (Vc), K, Ca, Mg, Fe, Zn and P. The result shows that *C. canadensis* has the highest total sugar, crude protein and crude fat contents, and there are 2.02%、49.2 g、6.1 g per kg FW (fresh weight) respectively. *C. japonica* has the highest Vitamin C, Ca, Mg and Fe contents, and there are 0.5779, 2.307 0, 0.087 0, 0.371 1 mg g⁻¹ FW (fresh weight), respectively. Genus *Cryptotaenia* has reputed value as high-quality healthy vegetables.

Key words: Apiaceae; *Cryptotaenia* DC.; nutritional components; mineral elements; analysis

盐胁迫对两种杨树组培苗渗透调节和 活性氧代谢的影响

乐 利, 陈 颖*, 罗永亚, 杨 华, 林芳芝, 王俊霖

(南京林业大学生物与环境学院, 江苏南京 210037)

摘 要: 盐胁迫是限制植物产量和植物区域分布的主要因素之一, 全世界约有盐碱化土地 9.6 亿 hm^2 , 而我国的盐碱地及沿海滩涂总面积约有 1 亿 hm^2 之多。因此, 筛选和培育出耐盐碱的植物, 对于减少盐碱化面积、改善土壤质量、迅速恢复植被以及解决生态和木材短缺等问题具有重要的意义。

本研究以南林 895 杨和 INRA 717-1B4 (717 杨) 组培苗为材料, 将浓度分别为 0、50、100、150、200 mmol/L 的 NaCl 添加到培养基中, 盐胁迫处理幼苗 10 d。研究盐胁迫对两种杨树幼苗活性氧代谢和渗透物质含量的影响, 研究表明: 盐胁迫抑制了杨树幼苗的生长, 随着 NaCl 浓度提高, 和对照相比两种杨树的株高、鲜重、干重均降低, 南林 895 杨受抑制程度小于 717 杨。南林 895 杨叶片中 H_2O_2 含量以 NaCl 浓度为 100 mmol/L 为界, 先下降后上升, 717 杨叶片中 H_2O_2 含量则随 NaCl 浓度升高而增加。两种杨树的质膜相对透性和 MDA 的含量随着 NaCl 浓度提高而显著增加, 和 CK 相比, 南林 895 杨升高的幅度小于 717 杨。SOD、APX、GR 保护酶活性在两种杨树中均呈现“升高-降低”的规律。南林 895 杨 POD 活性随 NaCl 浓度升高而上升, 717 杨 POD 活性在低 NaCl 浓度下上升, 高浓度下降。CAT 活性在两种杨树中和 POD 活性相反。随 NaCl 浓度升高两种杨树的 ASA 含量和可溶性蛋白含量先上升后下降, GSH 含量均下降。脯氨酸、可溶性糖含量随 NaCl 浓度升高而增加。南林 895 杨增加的幅度明显高于 717 杨。综上所述, NaCl 胁迫抑制了杨树幼苗的生长, 破坏了幼苗细胞膜结构, 植物通过渗透物质和提高保护酶活性抵抗活性氧的伤害, 南林 895 杨受抑制程度和脂质过氧化程度比 717 杨低, 这与其抗氧化酶活性和渗透物质含量较高密切相关。

关键词: 杨树; 盐胁迫; 活性氧; 渗透调节

盐胁迫下外源钾处理对狗牙根生长及钠钾离子平衡的影响

陈静波, 宗俊勤, 高艳芝, 蒋乔峰, 刘建秀^①

(江苏省盐土生物资源研究重点实验室 江苏省中国科学院植物研究所, 江苏南京 210014)

摘 要: NaCl 胁迫下植物体内发生钠离子积累和钾离子缺乏, 对植物产生离子毒害。钾是植物的三大营养元素之一, NaCl 胁迫下适当施用钾肥能提高植物抗盐性。狗牙根是一种重要的暖季型草坪草, 具有较强的抗盐性, 在盐胁迫环境中具有很好的应用前景。然而 NaCl 胁迫下钾营养对狗牙根抗盐性及钠钾离子平衡的影响却不是很明确。本文通过营养液中加入不同浓度的 KCl (0、0.1、1、5、10 和 20 mmol/L KCl), 研究盐胁迫 (300 mmol/L NaCl) 下其对两个不同抗盐性狗牙根枝叶和根系生长、根茎叶钠钾离子积累、盐腺钠钾离子分泌、钠钾离子选择性运输的影响。结果表明, 盐胁迫下敏盐型 C106 的枝叶干重、枝条长度、分支数、根系干重、根茎叶的 K 离子含量, 增加了根茎叶中钠离子含量、钠钾比、钠分泌量及钠钾选择性运输, 但抗盐型 C291 的枝叶干重、枝条长度、根茎叶的 K 离子含量下降程度较低, 分支数和根系干重受到促进, 更低的根叶钠钾离子含量和更高的钠分泌量。随外源钾处理浓度增加, 狗牙根的枝条长度、分枝数、枝条干重、根系干重、叶片含水量、根茎叶 K 含量呈增加的趋势, 但 KCl 处理浓度 ≥ 5 mmol/L 时, 不同 KCl 处理浓度间差异不显著, 甚至下降。根茎叶的 Na 含量及 Na/K 比随钾处理浓度增加呈下降趋势, 但当钾处理浓度超过 5 mmol/L 时, 这种下降趋势变得不显著。叶片 K 分泌随钾处理浓度增加呈增加趋势, 而叶片 Na 分泌和钠钾选择性运输能力在 0~1 mmol/L KCl 浓度范围内随钾浓度增加呈增加趋势, 但超过 1 mmol/L KCl 后呈下降趋势。不同抗盐性的狗牙根对外源钾处理的反应基本一致。

关键词: 狗牙根; 外源钾; 抗盐性; 离子调控

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31101567); 国家科技支撑计划项目(2011BAD13B09; 2012BAB03B04); 江苏省盐土生物资源研究重点实验室开放基金 (JKLBS2013001)

^①通信作者 E-mail: turfunit@aliyun.com

野生型和栽培型马齿苋生长特性分析与 抗逆能力比较

张 源，徐亚莉，杨颜颜，杜建梅，陆长梅

(南京师范大学生命科学学院，江苏南京 210023)

摘 要：马齿苋由于其具有高度抗逆性，富含 ω -3 脂肪酸、黄酮、K 等有机营养成分，并具有抑制微生物生长等作用而日益受到人们的关注。前面的研究以及田间观察表明，两者在萌发、生长、抗性方面具有较大的差异。本文将着重比较两者生长以及对干旱和高温抗性的差异，并初步分析其抗逆机制。

从植物外形看，正常生长条件下，野生型马齿苋茎细，分枝多，主枝和侧枝区分不明显，匍匐生长，叶片细小，长约 7~20 mm、宽约 3~14 mm；栽培型马齿苋茎粗，分枝少，主枝和侧枝分枝明显，直立生长，叶片宽大，长约 15~40 mm、宽约 7~20 mm。两者均在初期生长缓慢，20 d 后生长速度加快；栽培型马齿苋的生长速度快于野生型。20 d 后，两者茎伸长速度分别为 0.5 cm/d 和 1 cm/d。野生型马齿苋花小，完全展开直径达 8~9 mm，花苞和种子也小，但单株花苞数多；栽培型马齿苋花大，完全展开直径达 16~17 mm，花苞和种子大，但单株花苞数少。栽培型马齿苋株型较大、有性生殖能力相对较弱可能与其 6N 的特性有关。

比较两种类型马齿苋在田间夏季高温季节的相关光合指标，结果显示：两种类型马齿苋气孔器大小相近，气孔密度均相对较小，且上表皮气孔密度均大于下表皮，但野生型的气孔密度和气孔指数相对较大。表明两种类型马齿苋对干旱均有较强的耐受性，但栽培型马齿苋的耐干旱能力可能更强。野生型马齿苋的光合色素含量低于栽培型，但在光合有效辐射小于 $400 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ 时两者光合速率相当，大于 $400 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ 时野生型马齿苋的光合速率高于栽培型；在相对高光强下，野生型马齿苋的气孔导度、蒸腾速率以及水分利用效率等均高于栽培型，导致野生型的光合效率相对较高；野生型马齿苋的光饱和点($1550 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)高于栽培型($1115 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)，光补偿点($49.46 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)低于栽培型($67.71 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$)。这些结果提示，野生型马齿苋耐受光照的范围较栽培型广，尤其在相对高光强条件下，野生型马齿苋依靠其强大的蒸腾作用，保证了植物的吸水以及其光合作用的正常；而栽培型马齿苋光合色素含量>野生型，在高光强下的气孔导度<野生型、胞间 CO_2 浓度>野生型，这提示，栽培型马齿苋的光合速率降低主要来源于叶肉细胞同化能力降低等非气孔因素所致。在非光学淬灭分析中，野生型马齿苋的 qE/NPQ 和 qT/NPQ 值与栽培型相当，但 qI/NPQ 值显著小于栽培型；荧光参数日变化分析中 F_o 、 F_m 、 F_v/F_o 、 F_v/F_m 等参数到达波峰或波谷的时间比栽培型晚，说明栽培型面对强光调节能力不如野生型，叶绿体更容易受伤害，易受光抑制的影响。

关键词：马齿苋；野生型；栽培型；比较；生长；抗逆能力；抗逆机制

野生型与栽培型马齿苋营养与抗营养成分比较以及不同环境和栽培条件对两者的影响

徐亚莉, 杨颜颜, 杜建梅, 张 源, 陆长梅

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京 210023)

马齿苋(*Portulaca oleracea*)俗称马齿菜、长生菜、五行草等, 为马齿苋科(*Portulacaceae*)、马齿苋属(*Portulaca*)的一年生肉质草本植物。马齿苋蛋白质含量高, 氨基酸种类齐全, 总黄酮含量丰富, 富含 ω -3不饱和脂肪酸、K元素以及含有去甲肾上腺素、褪黑激素等多种保健营养成分, 具有改善血液循环、提高人体免疫力、具有防治心血管疾病以及抑制微生物生长等多重功效。此外, 马齿苋的耐高温、干旱、高湿、高盐以及重金属污染等逆境的能力强大, 又是非常好的生态修复植物。可见, 马齿苋集保健、食用、药用及生态价值于一身, 值得进一步开发研究。

国内马齿苋主要有两种类型, 一种类型是野生型, 一种是引种自荷兰的栽培型马齿苋。我们的研究发现, 这两种类型马齿苋在植物外型、种子大小和表面饰纹、种子萌发行为以及抗性方面具有一定差异。鉴于, 现有马齿苋的用途主要用作野菜和药用, 栽培型荷兰马齿苋的研究在国内是空白, 这两者体内的营养价值是否有差别, 各种不同条件对其营养会产生什么影响至今尚未见文献涉及。鉴于此, 本文主要比较两者在人工控制条件和田间、生长条件下两种类型马齿苋营养成分的差异, 为进一步开发利用两种类型马齿苋提供资料。

正常生长条件下的检测结果显示, 两种类型的马齿苋Vc、总黄酮等抗氧化营养成分相对较高, 而草酸和硝态氮含量都相对较低; 其中在CONVIRON A-1000型人工智能生物物候培养箱(加拿大, Adaptis)中[14 h/10 h (L/D), 32 °C/28 °C, 光强300 $\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$, RH 65%]培养15 d时, 野生型马齿苋的Vc、总黄酮和花青素含量高于栽培型, 草酸含量略高于栽培型, 而硝态氮含量则低于栽培型; 培养25d时, 两种类型马齿苋的Vc、总黄酮和花青素含量显著升高, 草酸含量降低, 硝态氮含量升高。而在田间自然状态下生长25d时, 两种类型马齿苋的三种抗氧化营养物质含量又进一步较培养箱中的大幅度升高, 总黄酮含量高达6.07mg/g.DW, 草酸含量与培养箱中的相当, 而硝态氮含量进一步升高, 野生型马齿苋的营养价值依然高于栽培型。

脂肪酸成分分析则显示, 两者的 ω -3 脂肪酸均以 α -亚麻酸为主, 分别占总脂肪酸含量的 51.667%和 51.594%; ω -6 脂肪酸均以亚油酸为主, 其相对含量分别为 18.481%和 18.576%; ω -9 脂肪酸均以油酸为主, 其相对含量分别为 5.821%和 4.262%; 饱和脂肪酸均以棕榈酸为主, 其相对含量分别为 12.887%和 14.921%; 此外, 野生型和栽培型马齿苋还分别含有 0.277%和 0.5%的中链脂肪酸; 两者的不饱和脂肪酸比例分别为 79.585%和 77.382%; 两者的 ω -3/ ω -6/ ω -9 的比值分别为 9:3.98:1.01 和 9:3.78:0.74。以上结果显示, 两种类型马齿苋的脂肪酸组分与含量相近, 其中野生型马齿苋中的不饱和脂肪酸含量以及 ω -3 和 ω -6 脂肪酸的含量均相对栽培型高; 而栽培型中的中链脂肪酸含量高于野生型。

由此可见, 在正常生长条件下, 野生型马齿苋中以总黄酮为代表的抗氧化营养物质含量高于栽培型, 而以硝态氮为标志的抗营养物质含量低于栽培型; 25 d植株的营养价值大于15d植株, 但硝态氮积累也显著增加。两种类型马齿苋的脂肪酸中>50%的为 ω -3脂肪酸, 显示两者在脂肪酸营

养价值上的优势；野生型马齿苋的不饱和脂肪酸含量高于栽培型，栽培型马齿苋的中链脂肪酸含量高于野生型。

在 CONVIRON A-1000 型人工智能生物物候培养箱中培养两种类型马齿苋，并停止浇水模拟干旱胁迫，检测两种类型马齿苋体内的几种营养和抗营养成分。结果显示，干旱处理下，野生型马齿苋的 Vc、总黄酮和花青素含量依然高于栽培型；随着干燥进程的进行，Vc、总黄酮和草酸含量逐步降低，而花青素和硝态氮含量逐步提高；草酸含量在处理初期野生型高于栽培型，但在干燥至 9 d 时，野生型的草酸含量低于栽培型；硝态氮含量一直是野生型低于栽培型。由此可见，干旱处理下，主要抗氧化营养物质含量逐步降低，硝态氮含量升高，显示干旱处理降低两种类型马齿苋的营养价值；干旱处理下，野生型马齿苋的营养价值高于栽培型。

在田间栽种的同时，利用温室大棚的高温闷棚期间的高温处理两种类型马齿苋，并检测两者的营养和抗营养成分。结果显示，高温闷棚下，野生型马齿苋的耐高温高湿能力强于栽培型；闷棚虽然显著降低了野生型马齿苋的 Vc 和花青素含量，但将其总黄酮含量从 6.07% 提高到 25.53%；对栽培型马齿苋而言，高温闷棚可将其总黄酮含量从 4.42% 提高到 7.78%。由此可见，高温闷棚期间大棚内普通植物难以生长，但马齿苋，尤其是野生型马齿苋生长良好，且其总黄酮含量提高极显著。因此，可以利用高温闷棚季节种植野生型马齿苋，这样不仅可以保证闷棚的正常进行，同时又有利于生长高保健价值的马齿苋。

在田间的不同样方，通过不施肥，以及在移栽前施加有机肥和无机复合肥各 1 次，比较 3 种处理下的生长和营养结果显示：两种类型马齿苋均在无机复合肥下生长最好、生物量最大，施加有机肥可以提高野生型马齿苋的生物量和株高、茎直径，但对栽培型马齿苋影响不大；施加有机肥对野生型马齿苋的营养成分影响不大（仅花青素含量降低），但可促使栽培型马齿苋的蛋白质、总黄酮、Vc 和硝态氮含量提高，但总黄酮和 Vc 含量仍显著低于同等条件下生长的野生型马齿苋；与对照和有机肥处理相比，无机复合肥处理显著提高了野生型马齿苋的可溶性糖和总黄酮含量，而栽培型马齿苋的各营养成分含量与有机肥处理的相当；两种肥料处理均显著提高了两者的硝态氮含量，但含量水平仍在国家控制标准范围内。由此可见，为提高两者的以总黄酮为代表的营养物质含量，野生型马齿苋可以采用复合化肥处理，而栽培型则可以采用有机肥或复合化肥处理，但在肥料处理后，需要监控它们体内的硝态氮含量。

由于有机种植的需要，由于通过盆栽试验检测不同浓度有机肥对栽培型马齿苋营养和抗营养成分含量的影响。结果显示，未施加有机肥时，马齿苋体内的蛋白质、花青素、Vc 含量相对较高，硝态氮和草酸含量相对较低；每 kg 基质添加 67 g 矿粉有机肥时，不仅生物量可以与添加 200 g 的相当，植株花青素、类胡萝卜素以及抗营养成分含量与对照相当与对照相当，可溶性糖、总黄酮含量显著提高，蛋白质和 Vc 含量较对照降低；随着有机肥添加量的增加，植株的花青素、Vc 含量降低，类胡萝卜素、总黄酮含量升高，硝态氮含量幅度最大。综合考虑各处理条件下的营养和抗营养成分可见，每 kg 基质添加 67 g 矿粉有机肥时，不仅生物量升高 40% 左右，营养综合营养亦与对照相当，而随着有机肥浓度的进一步升高，综合营养下降。因此，对于栽培型马齿苋，需要相对低浓度施加有机肥，这样既可以提高产量，同时还可以保持马齿苋的营养和保健价值。

关键词：马齿苋；野生型；栽培型；营养；高温；干旱；有机肥

野生型与栽培型马齿苋种子、萌发特性及萌发阶段抗逆性比较

杨子仪, 张 源, 杨颜颜, 杜建梅, 陆长梅

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京 210023)

马齿苋由于其具有高度抗逆性, 富含 ω -3 脂肪酸、黄酮、K 等有机营养成分, 并具有抑制微生物生长等作用而日益受到人们的关注。马齿苋在国内主要分成野生型和栽培型两种类型。目前, 对野生型马齿苋和栽培型马齿苋之间的分类关系、它们具体的萌发特点、抗性特点以及营养差异等等至今尚未有人关注。鉴于此, 本文以野生型和栽培型马齿苋种子为材料, 首先从种子微特征角度, 分析两者的分类关系以及传播特点; 其次, 分析两者的休眠特性、萌发特性从而寻找两者适宜的萌发条件; 第三, 利用 PEG6000、NaCl、 Na_2CO_3 、 $\text{NaCl}+\text{Na}_2\text{CO}_3$ 分别模拟干旱胁迫、盐胁迫、碱胁迫以及复合盐碱胁迫, 分析两者在萌发期对以上逆境的抗性大小, 并利用极端 NaCl 处理, 试图筛选高耐盐植株。具体结果如下:

采集于南京师范大学植物园的野生型马齿苋的种子长 0.57~0.68~0.76 mm, 宽 0.71~0.50~0.61 mm; 栽培型马齿苋种子长 1.08~1.24~1.44 mm, 宽 0.96~1.15~1.29 mm。野生型的千粒质量 (0.0795 ± 0.002) g, 极显著小于栽培型的千粒质量 (0.4775 ± 0.001) g。两者种皮饰纹显著不同。根据种子大小和种皮微形态, 并根据 Danin 等提供的检索表, 将该野生型马齿苋归类于 *Portulaca granulatostellulata* (Poelln.) C. Ricceri et P.V. Arrigoni 亚种; 将栽培型马齿苋归类于 *Portulaca edulis* Danin et Bagella 亚种。*P. edulis* 为天然 6N, 染色体总数为 54; *P. granulatostellulata* 为天然 4N, 染色体总数为 36; 两种类型马齿苋均属于小种子, 均容易形成地下种子库, 这对躲避灾难性逆境、保存种群和生物多样性具有很重要的意义。同时栽培型 *P. edulis* 种子相对较大、种皮突起多、吸水迅速、萌发迅速等特性更有利于其迅速建群, 从而在农业栽培上可能有更大的利用空间; 而野生型 *P. granulatostellulata* 种子更小, 表面更为光滑以及缓萌等特性提示该类型马齿苋在形成种子库、躲避灾难性逆境、保存种质资源上的能力更强, 该类型的马齿苋可能更适合于生态修复。

田间采集的野生型马齿苋种子具有 6~8 个月的浅休眠, 贮藏期后种子休眠可自行解除; 处在休眠期的种子可以通过浸种打破休眠; 最佳浸种条件为 35 °C 浸种 12 h; 条件优越的培养箱中采集的种子没有休眠; 野生型 *P. granulatostellulata* 种子在休眠期萌发对光照敏感, 且对光照的敏感度随贮藏时间的延长而下降。栽培型 *P. edulis* 种

子的萌发对光照不敏感；其是否具有休眠现象需要进一步采集田间生长的种子才能确定；栽培型马齿苋由于萌发迅速整齐，生产上可不需浸种处。种子浸种后，野生型 *P. granulatostellulata* 需要较高的温度（32 °C/28 °C）和较长时间的光照下才能健康成苗；而栽培型 *P. edulis* 则适合在相对较宽的温度范围下萌发（22 °C/18 °C、32 °C/28 °C 和 35 °C/32 °C），但在高温下萌发更好。栽培型 *P. edulis* 种子的萌发条件宽松（不需浸种、不需光照、适应温度范围广、萌发迅速）、芽苗生长迅速等特点是否与其 6N 特性有关尚有待进一步确证。

野生型和栽培型马齿苋种子均适合在不缺水以及 PEG≤10%的轻度干旱和低于 100 mmol/L 的轻度 NaCl 胁迫条件下萌发；轻度干旱和轻度 NaCl 处理促进野生型马齿苋种子的萌发，对栽培型马齿苋种子的萌发没有明显影响；而在 PEG≥10 %的中度和高度干旱胁迫或 NaCl>100 mmol/L 中高度盐胁迫时，两者的萌发均遭到抑制，但栽培型马齿苋的被抑制程度极显著低于野生型马齿苋；野生型马齿苋种子适合在偏酸性条件下萌发，栽培型马齿苋种子最适合在 pH 6~pH 6.5 环境下萌发，碱性环境对两者的萌发均不利；在 $\text{Na}^+ \geq 50 \text{ mmol/L}$ 的 Na_2CO_3 胁迫和复合盐碱（NaCl+ Na_2CO_3 ）胁迫下，两种类型的马齿苋种子虽具有较高的发芽指标但萌发后芽苗均不能存活。

综上所述，两种类型马齿苋均适合在非干旱、淡水、pH 6~pH 6.5 的环境下生长，轻度干旱和盐胁迫促进野生型种子的萌发和芽苗生长，但栽培型马齿苋对中高度干旱和盐胁迫具有更大的抗性。两者都不耐强碱胁迫。因此，建议，可以在轻度干旱和盐碱胁迫下发展两种类型马齿苋，而在中高度干旱和盐碱环境下更适合发展栽培型马齿苋。

关键词：马齿苋；野生型；栽培型；种子形态；分类；萌发特征；耐干旱；耐盐碱

玉米灌浆期果穗不同部位籽粒碳水化合物积累与淀粉合成相关酶活性变化

徐云姬, 顾道健, 秦 昊, 张 耗, 王志琴, 杨建昌*

(扬州大学农学院江苏省作物遗传生理重点实验室, 江苏扬州 225009)

摘 要: 以玉米品种登海 11 为材料, 分别进行春播和夏播试验, 观察果穗不同部位籽粒中可溶性糖、蔗糖和淀粉的含量及淀粉合成相关酶活性变化。结果显示, 虽然春播玉米产量显著高于夏播玉米, 但两季玉米籽粒的最大灌浆速率、平均灌浆速率、百粒重、可溶性总糖和蔗糖含量、最大淀粉积累速率、平均淀粉积累速率均表现为果穗下部籽粒>中部籽粒>上部籽粒。灌浆期果穗不同部位籽粒腺苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶 (AGPase)、淀粉合酶 (StS) 和淀粉分支酶 (SBE) 活性变化均呈单峰曲线, 果穗上部籽粒 AGPase、StS 和 SBE 活性峰值和平均值均显著低于果穗中、下部籽粒。相关分析表明, 淀粉积累速率、籽粒灌浆速率与 AGPase、StS 和 SBE 活性均呈极显著正相关。说明玉米果穗上部籽粒较低的 AGPase、StS 和 SBE 活性是其灌浆较差、粒重较低的重要原因。

关键词: 玉米; 果穗; 籽粒; 碳水化合物; 淀粉合成相关酶; 籽粒灌浆

Changes in carbohydrate accumulation and activities of the enzymes involved in starch synthesis in maize kernels at different positions on an ear during grain filling
XU Yun-ji, GU Dao-jian, QING Hao, ZHANG Hao, WANG Zhi-qin, YANG Jian-chang*

Abstract: Kernels at the upper position of a maize ear usually show poorer filling and lower weight in contrast to those at the basal and middle positions. The mechanism is yet to be understood. The objective of this study was to investigate if changes in carbohydrate accumulation and activities of the enzymes involved in starch synthesis in the kernels at different positions on a maize ear were associated with grain filling. A maize cultivar Denghai 11 was planted in spring and summer. Contents of the soluble sugar, sucrose and starch and the activities of the adenosine diphosphoglucose pyrophosphorylase (AGPase), starch synthase (StS), and starch branching enzyme (SBE) in kernels at different positions on an ear and their relationships with grain filling rates were determined. The results showed that, although the grain yield of spring maize was significantly higher than that of summer maize, the maximum kernel filling rate, mean kernel filling rate, 100-kernel

weight, the contents of both soluble sugar and sucrose in kernels, the maximum starch accumulation rate and mean starch accumulation rate in kernels were all exhibited an order of basal position>middle position>upper position. The activities of AGPase, StS and SBE in kernels at different positions on an ear showed single peak curves, and the peak and mean enzymatic activities in kernels at the upper position were significantly lower than those at both middle and basal positions. The starch accumulation rate and kernel filling rate were very significantly and positively correlated with activities of AGPase, StS and SBE in kernels. The results suggested that a smaller starch accumulation rate and lower weight for the kernels at the upper position on a maize ear are mainly attributed to lower activities of the enzymes involved in starch synthesis in these kernels.

Key words: maize; kernels; ear; carbohydrates; enzymes in starch synthesis; grain filling

云南哈尼梯田部分现有栽培水稻资源的品质性状多样性分析

刘承晨^{1,2}, 赵富伟³, 吴晓霞², 张昌泉¹, 朱孔志¹, 薛达元³,
武建勇³, 黄邵文⁴, 金银根^{2*}, 刘巧泉^{1,2,①}

(1. 扬州大学 江苏省作物遗传生理重点实验室/教育部植物功能基因组学重点实验室;

2. 扬州大学 生物科学与技术学院, 江苏扬州 225009;

3. 国家环境保护部南京环境科学研究所, 江苏南京 210042; 4. 云南红河学院, 云南蒙自 661100)

摘 要: 分析了 40 份云南哈尼梯田地方水稻地方品种 AAC、GC 及 RVA 谱特征值等品质性状及其多样性。结果表明, 哈尼梯田地方水稻品种品质性状存在较高的多样性, 多样性指数(H') 范围为 1.15~1.98, 胶稠度、热浆粘度、崩解值的多样性指数较高, 分别为 1.95、1.96、1.98。不同 AC 类型的水稻品种的 RVA 谱特征值的分析表明, 除糊化温度 PaT 和峰值时间 PT 的变化相对较小外, 其余值变化均较大, 稻米 RVA 谱特征值变异范围较广。主成分及聚类分析结果表明, 供试品种可分为三类, 分别为糯型, 偏粳型与偏粳型, SBV 值、AAC 值、BDV 值以及 GC 值可作为判断测试品种稻米蒸煮和食味的主要性状指标。

关键词: 水稻; 品质; 多样性

Quality Traits Diversity Analysis of Part Currently Cultivated Rice Landraces from Hani's Terraced Fields in Yunnan Province LIU Cheng-chen^{1,2}, ZHAO Fu-wei³, WU Xiao-xia², ZHANG Chang-quan¹, ZHU Kong-zhi¹, XUE Da-yuan³, WU Jian-yong³, HUANG Shao-wen⁴, JIN Yin-gen^{2*}, LIU Qiao-quan^{1,2,①} (1. Jiangsu Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology/ Key Laboratory of Plant Functional Genomics of MOE; 2. College of Biological Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; 3. Nanjing Institute of Environmental Sciences of MEP, Nanjing 210042, China; 4. Yunnan Honghe University, Mengzi 661100, China)

Abstract: This article analyzed 40 landraces from Hani's terraced fields with apparent amylose content (AAC), gel content (GC) and RVA pasting parameters, as well as the diversity of quality traits. The results show that, there is a high range of quality traits diversity between these landraces in Hani's terraced fields, with diversity index (H') ranging from 1.15 to 1.98. And the diversity index is significantly higher in gel consistency, hot paste viscosity, breakdown value, which is 1.95, 1.96, 1.98, respectively. The study on RVA pasting parameters of rice accessions with different AAC shows that the variation of characteristic values, except pasting temperature(PaT) and peak time(PT), are relatively wide, indicating that the range of the RVA characteristic values are wide. Principal component and cluster analysis showed that, cultivars in test can be divided into three groups, that is :glutinous rice group, partia *Indica* group and partia *japonica* group. In conclusion, the SBV, AC, BDV and GC could be used as major indicators for cooking and eating quality of rice.

Key words: *Oryza sativa* L; quality traits; diversity

基金项目: 国家“973”计划项目 (2013CBA01402); 国家教育部重点项目; 国家环境保护部“中国履行国际生物多样性保护公约”专项; 江苏省杰出青年基金 (BK2012010) 和“青蓝工程”等资助。

①通信作者 Corresponding author E-mail: qqliu@yzu.edu.cn

芸薹属植物中芥子油苷的代谢与调控

苗慧莹, 蔡丛希, 汪炳良, 汪俏梅^①

(浙江大学农业与生物学院园艺系, 浙江杭州 310058)

摘 要: 芥子油苷是含氮和硫的一种植物次生代谢物质。芥子油苷及其代谢产物具有重要的生物学功能, 如参与植物自体免疫反应, 与植物对病原微生物侵染或昆虫攻击的防卫反应有关, 并具有抗癌活性等。芥子油苷的代谢与调控是一个非常复杂的过程, 许多外源因子影响芥子油苷的生物合成, 植物激素与芥子油苷之间也存在复杂的相互作用。我们的研究发现葡萄糖和蔗糖可以调控多种芸薹属蔬菜芽菜的芥子油苷组分和含量 (*Scientia Horticulturae*, 2011, 129: 535-540; 2011, 128: 159-165), 它们通过转录调控诱导青花菜芽菜中芥子油苷的积累 (*Food Chemistry*, 2011, 129: 1080-1087)。为了进一步探索葡萄糖调控芥子油苷的机理, 我们以模式植物拟南芥为材料进行研究, 发现葡萄糖作为一种信号诱导芥子油苷的生物合成与积累, 并且糖信号的膜受体 RGS1 和胞内受体 HXK1 均参与其对芥子油苷的诱导, 其中对脂肪类芥子油苷的调控主要是通过调节转录因子 MYB28 达到, 糖信号组分 ABI5 也参与了其对芥子油苷的调控 (*Journal of Experimental Botany*, 2013, 64: 1097-1109 封面论文)。之后我们又揭示了茉莉酸(JA)和葡萄糖信号协同调控芥子油苷生物合成的分子机制, 其中 JA 信号途径受体 COI1、葡萄糖信号的膜受体和信号转导组分 ABI5 在这一协同调控中发挥重要作用(*Journal of Experimental Botany*, 2013, 64 (18) : 5707-5719)。此外, 我们还阐明了油菜素甾醇类 (BR) 通过其信号转导组分 BZR1 和 BES1 调控 MYB 转录因子, 继而调控芥子油苷积累的分子机制 (*Journal of Experimental Botany*, 2013, 64 (8) : 2401-2412)。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31270343; 31470385)

^①通信作者 E-mail: qiaomeiw@zju.edu.cn

栽插苗数对超级稻‘南粳 49’冠层和产量的影响

柯希欢^{1, 2}, 李霞^{1, ①}, 魏晓东¹, 仲维功¹, 范方军¹, 钱宝云^{1, 2}

(1. 江苏省农业科学院粮食作物研究所 江苏省优质水稻工程技术研究中心, 江苏南京 210014;

2. 南京农业大学 生命科学学院 江苏南京 210095)

摘 要: 水稻高产群体一般具备三大生物学特性: 有大的叶片光合强度和高的干物质积累; 有强大根系, 吸肥、吸水能力强; 穗大粒多^[1]。众多学者对水稻群体的特性及高产群体的构建进行过大量研究^[2-4], 但不同品种的生长发育特性有差异, 针对某一个特定品种^[5], 有必要研究不同栽培措施对其群体发育特性和光合的影响, 以便进一步构建高光效群体, 发挥其高产、超高产潜力。

‘南粳 49’是江苏省农业科学院粮食作物研究所选育的迟熟中粳稻新品种, 2012 年通过江苏省品种审定(审定号: 苏审稻 201207)^[6]。该品种全生育期 154 d, 属迟熟中粳类型, 适宜在江苏苏中及宁镇扬丘陵地区种植。2009—2010 年参加江苏省迟熟中粳稻区试, 2 a 平均产量 $8.88 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, 较对照增产 2.4%, 2011 年生产试验平均产量 $8.63 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, 较对照增产 2.7%。2012 年和 2013 年农业部组织专家对南粳 49 百亩方进行实产验收, 平均产量分别为 12.39 和 $11.96 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。该品种株型紧凑, 群体整齐度较好, 分蘖力较强, 叶片淡绿色, 成熟期转色好, 抗倒性强。有效穗数 $297 \text{ 万} \cdot \text{hm}^{-2}$, 每穗实粒数 124.8 粒, 结实率 89.4%, 千粒质量 25.6 g, 株高 101.7 cm。接种鉴定: 感穗颈瘟, 中抗白叶枯病, 高感纹枯病, 中感条纹叶枯病。据农业部食品质量检测中心 2009 年检测, 达到国标一级优质稻谷标准。2014 年该品种又被农业部确认为超级稻。

本研究以‘南粳 49’为材料, 研究了栽插苗数对超级稻冠层和产量的影响。结果表明, 南粳 49 对栽插苗数有较宽的适应范围, 在 2~4 株/穴的栽插苗数内, ‘南粳 49’均可达到较高的产量, 而 5 株/穴则产量显著降低。不同的栽插苗数, ‘南粳 49’有不同适应调节方式: 2 株/穴的植株, 可通过增加单株分蘖数、每穗总粒数和提高单叶光合能力, 从而增加干物质累积而获得高产; 3 株/穴的植株, 则通过增加群体叶面积等提高群体数量的方式, 增加有效穗数, 而获得高产; 在 4 株/穴的植株, 则通过增加叶面积指数, 以及减少倒 2 叶的叶基角以增加群体中层截光率, 而改善群体质量, 从而达到高产。可见, ‘南粳 49’是具有较强群体调控能力的超高产水稻品种类型, 选择 2 株/穴的栽插苗数, 产量可以达到 $(12.63 \pm 0.253) \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, 而且可以减少用种量。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30871459; 31371554); 江苏省自主创新基金项目(CX[(13)5002]); 江苏省自然科学基金资助项目(BK20130708)

①通信作者 E-mail: jspllx@jaas.ac.cn

栽培模式对杂交粳稻常优 5 号 根系形态生理性状和地上部生长的影响

褚 光, 杨建昌*

(扬州大学 江苏省作物遗传生理重点实验室, 江苏扬州 225009)

摘 要: 以杂交粳稻常优 5 号为材料, 设置未施氮肥处理 (0N)、当地高产栽培 (对照)、高产高效栽培和超高产高效栽培等 4 种栽培模式, 观察上述栽培模式对水稻不同生育期根系形态生理和地上部生长的影响。结果表明: 不同栽培模式下水稻产量差异极显著。高产高效栽培和超高产高效栽培两年的平均产量分别为 10.1 和 10.9 t/hm², 平均分别较对照增产 16.7%与 25.1%。上述两种栽培模式的氮肥农学利用率 (每 kg 施氮量增加的产量) 分别较对照增加了 67.5%和 76.4%, 灌溉水利用效率分别较对照提高 31.8%与 38.2%。与对照相比, 高产高效栽培和超高产高效栽培均增加了水稻地上部干物重、叶面积指数、根干重、根长, 提高了粒叶比, 改善了库源关系, 并提高了根冠比与根系伤流量。同时也提高了灌浆期剑叶净光合速率、根系氧化力、根系总吸收表面积与根系活跃吸收表面积, 生育中后期根系、叶片以及根系伤流液中的玉米素 (Z) 与玉米素核苷 (ZR) 含量、灌浆期籽粒中蔗糖合酶 (SuSase) 以及腺苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶 (AGPase) 活性。以上结果表明, 通过栽培技术的集成与优化可以提高水稻灌浆期根系和地上部的生理活性, 促进水稻高产与水分养分高效利用。

关键词: 水稻; 栽培模式; 产量; 根系形态生理; 氮肥利用率; 水分利用率

Effects of cultivation patterns on root morph-physiological traits of japonica hybrid rice cultivars Changyou 5 CHU Guang, YANG Jiang-chang* (Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology of Jiangsu Province, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

Abstract: Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the most important food crops in China. Continuous realization of high yield has a great significance in ensuring food security and society stability. The nitrogen and water management play a vital role in rice production aimed at high yield, high nitrogen use efficiency and water-saving irrigation. The objective of this study was to investigate if a cultivation technique could coordinately increase both grain yield and nutrient use efficiency of rice through an improvement in morphological

and physiological traits of roots. A field experiment was conducted using japonica hybrid rice cultivar Changyou 5 with four cultivation patterns including no nitrogen application (0N), local high yielding cultivation (control), high yielding and high efficiency cultivation (HYHE) and super high yielding and high efficiency cultivation (SHYHE) were conducted. The results showed that, the grain yield was 10.1 t/hm² under HYHE and 10.9 t/hm² under SHYHE, and was 16.7% and 25.1% higher than under the control, on the average, respectively. When compared with the control, both HYHE and SHYHE increased nitrogen agronomic efficiency (increase in grain yield over the amount of N application) by 67.5% and 76.4%, and irrigation water use efficiency by 31.8% and 38.2%, respectively. The HYHE and SHYHE also significantly increased biomass from heading to maturity, efficient and high efficient leaf area, grain-leaf ratio, root-shoot ratio, photosynthetic rate of the flag leaf, root oxidation activity, total absorbing surface area and active absorbing surface area, content of cytokinins (zeatin+zeatin riboside) in roots and leaves, activities of sucrose synthase and adenosine diphosphate-glucose pyrophosphorylase in grains during grain filling. The results indicate that higher grain yield and high nutrient and water use efficiencies can be coordinately achieved through using integrating and optimizing cultivation techniques in rice production.

Key words: rice; cultivation pattern; yield; morphology and physiology of roots; nitrogen use efficiency; water use efficiency

植物激素茉莉酸与乙烯信号互作的分子机制

朱自强^①

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京 210023)

摘 要: 茉莉酸与乙烯是两类重要的植物防御激素, 帮助植物抵抗腐生性真菌的侵害。当植物感染真菌后, 会诱导植物抗病相关基因 (如 *ERF1*, *PDF1.2*) 的表达, 进而抵抗真菌。前人研究发现, 茉莉酸信号通路与伦烯信号通路对于抗病相关基因的诱导表达都是不可或缺的, 同时施加茉莉酸和乙烯可以使抗病基因的诱导更强烈, 说明这两类激素在植物抗病防御反应中起协同交叉作用。此外, 茉莉酸与乙烯还存在拮抗关系, 茉莉酸抑制乙烯对黄化苗顶端弯勾形成的促进作用, 而乙烯抑制茉莉酸介导的植物伤害防御反应。尽管茉莉酸与乙烯的协同以及拮抗调节关系已经被发现了近十年, 但是具体的分子机制一直不清楚。

我们研究发现拟南芥乙烯信号通路中的重要初级转录因子 EIN3 (Ethylene Insensitive 3) 以及 EIL1 (EIN3 Like 1) 是茉莉酸与乙烯信号交叉的分子节点。EIN3/EIL1 可以和茉莉酸信号通路中重要的抑制子蛋白 JAZ 蛋白直接互作, 遗传学和生物化学实验结果证实 JAZ 蛋白在体内可以抑制 EIN3/EIL1 的转录活性。进一步研究发现组蛋白去乙酰化酶 HDA6 (Histone Deacetylase 6) 作为共抑制子蛋白可以和 JAZ 以及 EIN3/EIL1 互作, 参与对 EIN3/EIL1 的转录抑制作用。茉莉酸处理后使得 JAZ 蛋白被 F-box 蛋白 COI1 降解, 从而削弱了 HDA6-EIN3/EIL1 之间的相互作用, 使得对 EIN3/EIL1 的抑制作用得以解除, 从而激活包括 *ERF1* 在内的 EIN3/EIL1 下游基因表达。乙烯促进 EIN3/EIL1 的蛋白积累, 而茉莉酸则通过去抑制的方式增强 EIN3/EIL1 的转录活性, 乙烯与茉莉酸通过这 2 种不同方式实现对 EIN3/EIL1 的活性调节以及信号整合, 从而协同调节植物抗病基因表达及防御反应。

乙烯促进黄化苗顶端弯勾发育是乙烯“三重反应”的典型特征。乙烯通过激活 EIN3/ EIL1 促进 *HLS1* (*HOOKLESS1*) 的基因表达, *HLS1* 编码一个类似 N-乙酰转移酶的蛋白, 是顶端弯勾形成的正调控因子。我们发现 *HLS1* 也是茉莉酸抑制乙烯促进弯勾形成作用的关键基因, 茉莉酸处理可以大幅度降低 *HLS1* 的基因表达。因为 *HLS1* 是 EIN3/EIL1 的直接靶基因, 我们推测茉莉酸可能通过改变 EIN3/EIL1 的活性从而抑制 *HLS1* 的表达, 实验结果发现茉莉酸处理促进 EIN3/EIL1 的蛋白降解。进一步研究发现茉莉酸激活其信号通路中的转录因子 MYC2, MYC2 直接结合 F-box 蛋白 EBF1 编码基因的启动子区, 促进 *EBF1* 的转录, 从而降解 EIN3/EIL1。另一方面我们还发现 MYC2 可以和 EIN3/EIL1 蛋白直接互作, 并抑制 EIN3/EIL1 与 *HLS1* 启动子的结合, 从转录水平上抑制 EIN3/EIL1 的功能。

茉莉酸与乙烯之间的拮抗机制除了调节顶端弯勾发育之外, 也是确保植物可以关闭抗病基因表达的一种精细调控方式。植物抗病基因的持续高表达不利于植物生长, 茉莉酸或乙烯组成型反应突变体都表现出个体矮小且结实率低的特点, 有些突变体甚至会致死。这种负反馈形式的调节方式可以使得植物在受到真菌侵害, 表达抗病基因之后, 通过促进 EIN3/EIL1 的蛋白降解以及抑制其与 DNA 结合能力的方式抑制 EIN3/EIL1 对抗病基因的持续诱导作用, 是植物适应环境生存的一种策略。

关键词: 茉莉酸; 乙烯; EIN3; MYC2; JAZ

^① E-mail: zqzhu@njnu.edu.cn

中国特产水果杨梅遗传多样性及栽培起源

刘路贤, 陈楠, 傅承新*

(浙江大学生命科学学院 植物系统进化与生物多样性实验室, 浙江杭州 310058)

中国特产果树杨梅 (*Myrica rubra*) 是杨梅科 (*Myricaceae*) 杨梅属的亚热带著名水果。杨梅广泛分布于我国长江以南 11 个省份, 浙江、江苏、福建、重庆等地都形成了大规模的杨梅栽培区域, 而野生群体也常见于长江以南地区的常绿森林中。但是杨梅的驯化历史以及与野生群体的关系, 它的起源、野生群体的遗传多样性等一系列问题尚不清楚。因此, 本研究基于 cpDNA *psbA-trnH* 序列和核编码核糖体 RNA 基因片段 ITS 序列变异分析了中国特有水果杨梅的系统地位及与杨梅属其他种的系统关系; 结合 cpDNA 序列变异和核 SSR 分子标记研究了杨梅的群体遗传结构和遗传多样性; 运用亲缘地理学和群体遗传学原理探讨了野生杨梅的亲缘地理, 与栽培杨梅的亲缘关系和群体遗传分化; 分析了栽培杨梅群体 (品种) 间的关系以及栽培杨梅的驯化栽培起源; 进一步基于二代高通量 RAD 测序技术, 在杨梅全基因组水平上扫描 SNP 位点, 探究 RAD 技术是否能为杨梅遗传多样性及栽培起源的研究提高更有利的分子证据。

1) 杨梅系统地位及中国杨梅属系统发育初步研究

基于 ITS 片段, 以胡桃科 (*Juglandaceae*) 和壳斗科 (*Fagaceae*) 为外类群, 对杨梅科的现有材料 (包括北美杨梅、印尼杨梅和中国杨梅, 共 3 个属 8 个种) 的系统发育关系进行了研究。结果表明, 杨梅科的 3 个属分别形成了 3 个很好的分支, 其中高山杨梅属 (*Canaomyrica*) 位于系统树基部; 香蕨木属 (*Comptona*) 与杨梅属 (*Myrica*) 形成很好的姐妹群关系。以北美香蕨木 (*Comptona peregrina*) 为外类群, 用核糖体 ITS 片段与 cpDNA *psbA-trnH* 联合片段对杨梅属的系统发育进行了研究, 结果表明广布于东南亚及中国西南的毛杨梅与中国其它三种杨梅形成了姐妹群关系; 但杨梅与青杨梅、云南杨梅表现为紧密的复合群关系。

2) 杨梅群体遗传结构和遗传多样性

基于 cpDNA *psbA-trnH* 序列变异的研究表明栽培群体的遗传多样性在驯化和人工高强度选择过程中大量丧失; 在核基因水平上的微卫星 (SSR) 标记揭示栽培杨梅的遗传多样性总体上处于中等水平; 核 SSR 反映出杨梅野生群体的遗传多样性只是略高于栽培群体, 可能是由于杨梅驯化过程中人类常常直接山上挖去野生种质资源加上杨梅人工驯化时间较短, 选择强度较低造成的。

3) 杨梅野生群体遗传多样性、群体分化及亲缘地理

基于 cpDNA *psbA-trnH* 序列变异的单倍型研究揭示了杨梅野生群体有 6 种单倍型。单倍型 H2 位于单倍型网络图的中心位置, 根据溯祖理论推测其为祖先单倍型, 该单倍型只分布在广东野生群体中; 单倍型 H1 为广布单倍型, 81% 的野生群体含有此单倍型; H3 单倍型在具有单倍型多样性的野生群体中分布的也比较广, 在我国西南云南、广西、福建野生群体中都出现了 H3 单倍型; 单倍型 H4 分布在云南和广西的两个野生群体中; H5 和 H6 分别只出现在一个野生群体中。

野生群体的单倍型分布形成了一定的地理格局: 具有广布单倍型 H1 的野生群体集中分布在南岭山脉以北至华东地区, 而其他 5 种单倍型全部分布在南岭山脉以南至西南地区, 推测这种地

*基金项目: 国家公益性行业 (农业) 科研专项 (201203089)

理分布格局是由于冰期后 H1 单倍型向北快速扩张形成的。南岭山脉对南北气流的阻挡使南岭山脉南北的气候水热在冬季有较大的差异, H1 广泛分布在南岭山脉以北地区, 可能揭示具有 H1 单倍型的植株更适合较为寒冷的气候。栽培群体几乎多为 H1 单倍型, 揭示杨梅栽培起源和驯化是在南岭以北及华东形成的。

4) 栽培品种间的关系

核 SSR 标记可以将现有的品种分为 3 种基因池, 蓝色基因池的栽培品种有 10 个, 绿色基因池的栽培品种有 7 个, 红色基因池的栽培品种有 15 个, 还有 5 个品种表现出明显的基因混合现象; 研究发现不同栽培地点的相同品种基因型趋于一致, 例如各地的东魁(SZDK、GZDK、CQGK、FJDK) 和荸荠(WXBQ、CQBQ、YYWQ) 品种, 这与杨梅栽培一般是通过扦插等营养繁殖手段有关, 营养繁殖保持了其品种的稳定性。将核 SSR 分成的 3 个基因池与各个品种的农艺学性状相关联分析, 发现品种的农艺学性状与基因池分布并无相关性。

5) 栽培杨梅的起源和驯化

基于 cpDNA 片段 *psbA-trnH* 序列的研究结果显示, 92% 的栽培品种中含有 H1 单倍型, 表明 H1 单倍型在杨梅栽培驯化种起了主导作用。浙江宁波的 YYLZ 和 JBCJ 表现出与云南野生群体(MLP、ZJC) 共有单倍型, 揭示了它们的可能祖先关联, 当然不排除人们从云南引种驯化的可能性。由于本研究 cpDNA 信息量不足, 尚不能由该序列变异推测杨梅的栽培起源, 但是可以反映出上述线索, 同时也揭示分布于广东省的野生群体 GZYS (具有 H2 这个祖先单倍型) 没有参与杨梅的驯化。

核 SSR 分子标记的结果揭示, 杨梅群体可以分为 3 个基因池。不同的栽培群体(品种) 和野生群体分布在三个基因池中, 揭示现有的杨梅品种可能有三次独立起源, 主要在华东的浙江、福建、江西。综合 cpDNA、核 SSR 结果以及人们在驯化植物时的习惯(如就近原则), 可以认为栽培杨梅是多地多次从野生群体中选育驯化完成的。从本文野生杨梅的群体分析结果可以认为南岭山脉以南至西南是中国杨梅属的祖先居住地, 但特有水果杨梅(*Myrica rubra*) 的驯化最初应该在我国华东地区的浙江和福建开始的。

6) 基于 RAD 技术的杨梅起源演化研究

通过前期研究发现, 杨梅属植物分化时间较短, 因而在 ITS 及 cp 序列上没有形成足够的变异信息位点用于系统进化及驯化起源的研究。RAD-seq 技术现在已经被普遍用于系统发育及亲缘地理学研究, 因为此技术能在全基因组水平上查找 SNP, 能够寻找大量的变异信息位点。本试验选取 48 个杨梅栽培品种、22 个杨梅野生种、5 个毛杨梅、1 个青杨梅、4 个云南杨梅、美国杨梅属植物 2 个和香蕨木属植物 1 个, 共 83 个样品用于 RAD-seq 研究, 目的是想通过杨梅全基因组水平扫描 SNP 位点, 通过获得的 SNP 位点对杨梅的驯化起源和现有品种间关系进行全面分析, 为杨梅品种选育及育种提供有效的遗传基础。

已有结果显示, 在这 83 个样品中, 每个样品共获得 10 000~50 000 个不等的 SNP 位点, 相对于传统的分子标记, RAD-seq 技术提供了更多的变异信息位点, 目前正在对数据进行处理当中。

中山杉对富营养化水体的净化作用及 高效品种选择研究

韩路弯, 华建峰, 殷云龙*, 施 钦

(江苏省 中国科学院植物研究所 (南京中山植物园), 江苏南京 210014)

摘 要: 本实验通过室内水培的方式, 研究落羽杉属杂交树种中山杉 405 (*Taxodium* ‘Zhongshanshan 405’)、中山杉 406 (*Taxodium* ‘Zhongshanshan 406’)、中山杉 407 (*Taxodium* ‘Zhongshanshan 407’) 和中山杉 502 (*Taxodium* ‘Zhongshanshan 502’) 对两种高低不同浓度的富营养化程度水体的净化效果。结果表明, 中山杉 4 个品种平均干物质质量变化范围在 15.04g ~ 25.62g 之间; 其地上部分生物量变化范围在 11.46g ~ 19.35g 之间, 地下部分生物量变化范围在 3.58 g~6.59 g 之间。植株氮磷含量变化范围分别是 1.15%~1.80%, 0.10%~0.26%, 氮和磷的吸收主要受植物生物量的影响。4 个中山杉品种对水体中总氮、总磷、铵态氮、硝态氮的最高去除率达 97.79%、84.58%、99.46%、99.64%。中山杉 4 个品种对氮磷均有较好的吸收能力。四个品种对 COD_{Cr} 的单位面积去除速率随时间延长呈整体下降趋势, 在低浓度水体中, 405、502 去除率高于 406、407, 在高浓度水体中则相反。可见, 在富营养化水体中种植中山杉有助于降低水体中的 COD_{Cr} 。综上所述, 中山杉是夏秋季节净化富营养化水体的良好树种。

关键词: 中山杉; 富营养化; 氮磷; COD_{Cr}

紫萼 S-腺苷甲硫氨酸合成酶基因 (*HvSAMS*) 的克隆与表达分析

胡海涛, 朱晓仙, 郭卫东, 杨 玲^①

(浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江金华 321004)

摘 要: 利用 RACE 结合 RT-PCR 技术从紫萼花中克隆出 S-腺苷甲硫氨酸合成酶基因的全长, 命名为 *HvSAMS*。该 cDNA 全长 1 704 bp, ORF 为 1191 bp, 不含内含子, 编码 396 个氨基酸的多肽。多种植物 SAMS 的氨基酸序列多重比较分析表明, *HvSAMS* 与牛奶子、木石斛和石蒜的同源性高达 95%, 具有 SAMS 蛋白典型的保守域, 且与唐菖蒲的亲缘关系最近。半定量 RT-PCR 分析显示, *HvSAMS* 在花和叶中的表达高于根, 茎中表达弱; *HvSAMS* 表达水平在衰花期呈极显著下降, 在机械伤害的叶片中迅速显著上升。因其表达变化与乙烯的释放量相关性不大, 表明这个 *HvSAMS* 没有参与乙烯的生物合成。

关键词: 紫萼; S-腺苷甲硫氨酸合成酶基因; 克隆; 表达分析

基金项目: 浙江省科技计划项目 (2004C32091)

作者简介: 胡海涛 (1979—), 男, 河南商丘人, 硕士, 实验师, 主要从事园艺植物生物技术研究 (E-mail: haitao-hu@zjnu.cn)

朱晓仙 (1984—), 女, 浙江德清人, 硕士, 主要从事植物生物技术研究 (E-mail: zhuxiaoxian422905@163.com)

胡海涛和朱晓仙为共同第一作者。

^①通信作者 E-mail: yangl@zjnu.cn

A phylogenetic analysis of Dioscoreaceae based on morphological data of the leaf venation

HANG Yue-yu^{*}, SUN Xiao-qin, SHI De-rong,
LI Mi-mi, ZHOU Yi-feng

(Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: Dioscoreaceae rank among the most dicot-like monocotyledons in their morphology and especially their leaves. Morphological data on the leaf venation of *Dioscorea* in China, including 7 sections, 36 species, 1 subspecies and 4 varieties, provide strong foundation for section delimitation of *Dioscorea*. The results show that excluding the monospecific sections, Sect. *Shannicorea* and Sect. *Botrysicyos* share the same characteristics of the leaf venation in one section, while Sect. *Stenophora* and Sect. *Enantiophyllum* have diverse features in one section, especially the species with controversy over classification such as *D. simulans*, *D. biformifolia*, *D. cirrhosa*, *D. cirrhosa* var. *cylindrical*.

Sect. *Botrysicyos* and Sect. *Lasiophyton* have compound leaves; *D. simulans* and *D. biformifolia* in Sect. *Stenophora* have both simple and compound leaves; the majority of the remaining taxa have simple leaves. The venation in simple leaves is acrodromous. The compound leaves comprise three types: the venation of leaflets of Sect. *Lasiophyton* is always acrodromous; the venation of leaflets of Sect. *Botrysicyos* is always pinnate; *D. simulans* and *D. biformifolia* have both acrodromous and pinnate leaflets: an individual generates first 2-4 simple leaves and then compound leaves with three leaflets that are acrodromous in venation and finally compound leaves with five leaflets, the proximal two being acrodromous and the distal three being pinnate in venation.

Morphological data of the leaf venation of *Dioscorea* shed light on the evolutionary history of monocots and dicots, indicating that Dioscoreaceae is not only the primate group in monocots but also the key in the evolution of monocots and dicots.

Key words: *Dioscorea*; leaf venation; evolution

^{*}E-mail: hangyueyu@yahoo.com.cn

Assessing genetically engineered insect-resistant rice in China: potential environmental impacts from transgene flow

LU Bao-rong

(Ministry of Education Key Laboratory for Biodiversity Science and Ecological Engineering,
Department of Ecology and Evolutionary Biology, Fudan University, Shanghai, China)

Introduction: Development of genetically engineered (GE) rice offers more opportunities to increase rice productivity and reduce labor/resource inputs in China who has greatly invested in research and development of transgenic biotechnology and GE crops including rice. Consequently, a large number GM rice lines with diverse novel traits are developed. Two insect resistant (*Bt*) lines have received biosafety certificates and many more lines are in the pipelines of biosafety assessment that is key to the safe use of GE rice. Potential environmental impact caused by transgene escape to wild relatives is still a great concern for the commercial release of GE rice.

Methods: We established three platforms to study potential environmental impacts from the escape of insect-resistance (*Bt*, *CpTI*) and herbicide-tolerance (*epsps*) transgenes in rice by: 1) estimating frequencies of transgene flow from GE to non-GE rice and wild relatives through field experiments and model simulation; 2) examining expression of transgenes in wild relatives of rice using enzyme linked immunosorbent assay (ELISA); and 3) estimating life-cycle fitness of transgenes introgressed to wild relatives of rice.

Results: Crop-to-crop gene flow is extremely low ($>0.1\%$) at close spacing, while crop-to-wild gene flow varies significantly, up to 3% in our studies. *Bt* transgene express normally in crop-wild progeny (F_1 and F_2) although with considerable variation. Transgenic crop-wild/weed hybrid progeny showed increased fitness under insect pressure than their non-transgenic counterparts, but no significant differences in fitness were detected between transgenic and non-transgenic populations under low insect pressure.

Conclusions: Transgene escape to non-GE rice is extremely low and can be managed by special isolation. It is difficult to stop introgression of insect resistance transgene to wild/weedy rice populations that are coexists with GE rice. Given the low ambient insect pressure in habitats where wild/weedy rice populations occur, the environment impact caused by such gene flow might be limited.

Bottleneck effect plays an important role in shaping island population of *Dendrobium nobile*

严文津, 侯北伟, 薛庆云, 丁小余^①

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京210046)

Abstract: Knowledge of population genetic structure and intra-population genetic variation is important for understanding population dynamics and evolutionary processes. *Dendrobium nobile* is a traditional Chinese tonic medicine. In order to analyze the population differentiation and genetic diversity in *D. nobile* and propose proper conservation measurements, we genotyped 102 individual plants from 7 natural populations distributed across southwest China at 9 microsatellite loci. Seven pairs of primers were newly designed and two pairs were chosen from the EST-SSRs. According to the results, the genetic process of *D. nobile* on Hainan Island and the Chinese mainland might be affected by different genetic factors. First, the distribution of *D. nobile* in Hainan Island was highly differentiated and displayed relatively low levels of genetic diversity. Second, only Hainan Island population showed signs of recent population decline (i.e. bottlenecks), and a unidirectional gene flow from the mainland to the Island was detected. The Mantel tests suggested significant positive correlation between the fixation index (*F*_{st}) and geographic distance only when Hainan Island was included in the analysis. These results suggested that population bottleneck events might play a more important role in shaping the genetic constitution of the Island population compared with the mainland populations.

Overall, the SSR loci developed in this studies may be commonly applicable to reflect the population variation in *D. nobile* species. Despite the theory that unidirectional gene flow would counterbalance the reduction of gene diversity, the Hainan Island population still showed low genetic diversity. According to our research, genetic processes of the *D. nobile* populations in southwest China are different on Hainan Island and the mainland. The South China Sea played a specific role in shaping the Hainan Island population genetic structure, as a barrier to species radiation, and bottleneck effect might have played a particularly important role in reducing the genetic diversity. The fragmentation and the particularly endemic features of the Hainan Island habitat may have contributed to the recent population bottleneck and resulted in low level of genetic diversity and high degree of differentiation in the *D. nobile* population on the Island. On the other hand, the mainland populations displayed little differentiation, probably owing to the strong and wild tropical cyclones that carried the light-weighted plant seeds through long distances. Our study provides a distinct understanding of the populations of *D. nobile*, and the results could be used in further research on orchids in fragmented habitats, so that we could manage the threatened populations better. In view of the increasing interest in the application of biological theories to conservation and the reliance on scientific literature for guidance in conservation decisions, the genetic processes of endangered species located in different habitats warrant careful examination. To add weight to these deductions, further investigations need to be carried out with more natural populations and more genetic markers.

Key words: *Dendrobium nobile*; microsatellite; island; bottleneck; gene flow; conservation

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 31170300).

^①Correspondence author E-mail: dingxynj@263.net

Characterization and expression of chalcone synthase gene from *Ceratopteris thalictroides*

XIE Ying-hua, CAO Jian-guo, DAI Xi-ling, WANG Quan-xi

(Department of Biology, Shanghai Normal University, Shanghai 200234, China)

Abstract: The genomic DNA sequence of chalcone synthase (CHS) gene was cloned from the fern *Ceratopteris thalictroides* using RT-PCR. The *CHS* gene of *Ceratopteris thalictroides*, with a full-length of 1616 bp, is composed of three exons and two introns, differing from most other higher plants, which usually have two exons and one intron. Phylogenetic analysis indicated that the *CHS* gene of *C. thalictroides* is clustered with the fern allies *Equisetum arvense* and *Psilotum nudum*. The full-length of the open reading frame (ORF) of *CHS* gene was introduced into an expressed plasmid pET-32a vector at the *Bam*HI and *Hind*III restriction sites. The results showed that the fusion protein was highly expressed in *E. coli* BL21 with isopropyl-D-thiogalactoside (IPTG) induction. The expressed *CtCHS* protein had a relative molecular weight of about 45 000, a size matching that of the predicted by bioinformatic analysis. Western blotting analyses revealed that *CtCHS* expression was induced by UV irradiation treatment. The gene clone and expression of *CtCHS* provides useful information for indicating the flavonoids biosynthetic pathway in ferns.

Key words: CHS; cloning; expression; *Ceratopteris thalictroides*

Comparative chloroplast genomes of photosynthetic Orchids: insights into evolution of the Orchidaceae and development of molecular markers for phylogenetic applications

罗 晶, 侯北伟, 牛志韬, 刘 薇, 薛庆云, 丁小余^①

(南京师范大学生命科学学院, 江苏南京210046)

Abstract: The orchid family Orchidaceae is one of the largest angiosperm families, including many species of important economic value. While chloroplast genomes are very informative for systematics and species identification, there is very limited information available on chloroplast genomes in the Orchidaceae. Here, we report the complete chloroplast genomes of the medicinal plant *Dendrobium officinale* and the ornamental orchid *Cypripedium macranthos*, demonstrating their gene content and order and potential RNA editing sites. The chloroplast genomes of the above two species and five known photosynthetic orchids showed similarities in structure as well as gene order and content, but differences in the organization of the inverted repeat/small single-copy junction and *ndh* genes. The organization of the inverted repeat/small single-copy junctions in the chloroplast genomes of these orchids was classified into four types; we propose that inverted repeats flanking the small single-copy region underwent expansion or contraction among Orchidaceae. The AT-rich regions of the *ycf1* gene in orchids could be linked to the recombination of inverted repeat/small single-copy junctions. Relative species in orchids displayed similar patterns of variation in *ndh* gene contents. Furthermore, fifteen highly divergent protein-coding genes were identified, which are useful for phylogenetic analyses in orchids. To test the efficiency of these genes serving as markers in phylogenetic analyses, coding regions of four genes (*accD*, *ccsA*, *matK*, and *ycf1*) were used as a case study to construct phylogenetic trees in the subfamily Epidendroideae. High support was obtained for placement of previously unlocated subtribes Collabiinae and Dendrobiinae in the subfamily Epidendroideae. Our findings expand understanding of the diversity of orchid chloroplast genomes and provide a reference for study of the molecular systematics of this family.

In summary, complete chloroplast genomes can provide abundant information for resolving evolutionary questions. The gene content, organization, and sequence of chloroplast genome have been used as important markers in systematic research. This study determined complete cp genomes of *Dendrobium officinale* and *Cypripedium macranthos* and compared cp genomes of seven photosynthetic orchids including the above two, which showed structural similarities but differences in IR/SSC junctions and *ndh* genes. We propose that the AT bias of *ycf1* in the Epidendroideae may be related to recombination of the IR/SSC junction. In addition, relationships among subtribes and tribes in the subfamily Epidendroideae were resolved with high or moderate support in the present study. The highly divergent genes of cp genomes identified in this study can be used as markers in phylogenetic analyses. Further plastome sequencing of orchids will be necessary to clarify the diversity of chloroplast genomes and to improve our understanding of the relationships within this family.

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 31170300).

^①Correspondence author E-mail: dingxynj@263.net

Contrast observation and investigation of barley endosperm and caryopsis development

WANG Zhong^{1,①}, ZHENG Yan-kun², GU Yun-jie¹

(1. College of Bioscience and Biotechnology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;

2. College of Agriculture, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China)

Abstract: Endosperm in cereals was mainly differentiated into endosperm transfer cells, aleurone cells and starchy endosperm. In order to make clear the relationship between endosperm and caryopsis, barley variety HU 1154 was observed under different microscopes in this paper. The results showed: 1) Caryopsis growth was greatly affected by endosperm enlargement and nutrient storage. 2) Caryopsis respiration rate had a close relationship with programmed cell death of starchy endosperm. 3) Endosperm transfer cells in barley differentiated not finely. 4) Aleurone cells accumulated aleurone granules and lipid bodies, and their walls protected inner endosperm and embryo. 5) Starchy endosperm had two types of amyloplasts—large amyloplast and small amyloplast. Large amyloplasts formed in early stage of endosperm development. Small amyloplasts formed later and effectively filled up the space between large amyloplasts.

Key words: barley; caryopsis; endosperm; aleurone cells; endosperm transfer cells; starchy endosperm

^①Corresponding author E-mail: wangzhong@yzu.edu.cn

Differential responses in the activity and isozyme profiles of antioxidant enzymes to NaCl stress in two shrub willows

ZHANG Min¹, ZHOU Peng², ZHANG Qiang², FANG Yan-ming^{2,①}

(1. Jiangsu Academy of Forestry, Nanjing 211153, China;

2. College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: Antioxidant enzymes play important roles in scavenging reactive oxygen species generated in plants under salt stress. And it has been suggested that the isozymes could be used as a biochemical marker to study the tolerance of plant to stress. In this study, two shrub willows namely JW2345 and JW2367, which are different in the sensitivity to salt stress, were treated with 100 mM NaCl for 3, 6 and 12 days. And differences in the activity and isozyme profiles of antioxidant enzymes in the leaves and roots in response to NaCl stress were investigated. The activities of SOD, POD and CAT responded differently in the leaves and roots of these two shrub willows. In the leaves of JW2345, NaCl treatment for 3 and 6 days significantly stimulated SOD activity, while SOD activity recovered to control level at 12 day. The activity of SOD in the roots of JW2345 was not affected by NaCl. In contrast to JW2345, SOD activity in the leaves of JW2367 was dramatically decreased by NaCl treatment at day 3 and 12. In the roots of JW2367 only at day 3 SOD activity was increased. In the leaves and roots of JW2345, POD activity increased obviously after NaCl treatment for 6 and 12 days, whereas it was decreased in the leaves of JW2367 at day 3 and day 12 in the roots. CAT activity in the leaves was significantly elevated at day 6 and 12, while it was not influenced by NaCl in the roots. In comparison to JW2345, the activity of CAT was significantly inhibited by NaCl both in the leaves and roots of JE2367. Three SOD isozymes were detected in the leaves both in JW2345 and JW2367. The activity of the three isozymes was not significantly affected by NaCl in JW2345, whereas 100 mM NaCl treatment elevated their activity at day 6. In the roots, two SOD isozymes were characterized. The activity of the two isozymes was increased by NaCl treatment at 3, 6 and 12 days. There were three POD isozymes present in the leaves of JW2345 and four isozymes in JW2367. Four POD isozymes were visualized in the roots of both JW2345 and JW2367. All POD isozymes in the leaves of JW2345 were stimulated by NaCl treatment for 3 and 6 days.

Key words: shrub willow; antioxidant enzyme; isozyme profile; salt stress

^①Corresponding author E-mail: jwu4@nju.edu.cn

Effects of drought on fluorescence characteristics of leaves in *Ginkgo biloba*

SHI Da-wei¹, HE Mei¹, WEI Xiao-dong², XIE Yin-feng¹

(1. College of Forest Resources and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China;

2. Institute of Food and Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: *Ginkgo* (*Ginkgo biloba*) is often subjected to drought during its growth season. However, little is known about the physiological mechanisms underlying changes in the photochemical activities of PSII in *Ginkgo*. In this study, we analyzed changes in the fluorescence characteristics of PSII in chloroplasts of mesophyll cells in drought-stressed leaves of the *G. biloba* cultivar 'Taixingdafuzhi'. Five-year-old ginkgo trees were grown in pots in a greenhouse and subjected to one of four drought treatments (20, 30, 40 or 50 days without watering) and compared with control trees (0 days without watering). We determined chlorophyll fluorescence dynamic curves and parameters and performed a JIP-test. The chlorophyll content in ginkgo leaves decreased gradually with increasing levels of drought stress. The fluorescence dynamics curves showed increased values at K and L phases. These increases in the values of fluorescence dynamics curves were particularly significant at 40 days of drought treatment, and were attributed to PSII destruction and instability. The damage to PSII structure was accompanied by changes in the fluorescence characteristics. The minimal fluorescence (F_0) increased and maximal fluorescence (F_m) decreased gradually with increasing levels of drought stress. The absorption flux per reaction center (RC)-ABS/RC, electron transport flux per RC (ET_0/RC), trapped energy flux per RC (TR_0/RC), and trapped energy flux per cross section (CS)- TR_0/CS_0 increased significantly, while the electron transport flux per CS (ET_0/CS_0) decreased as the period of drought lengthened. During drought stress, there were gradual decreases in the normalized total complementary area above the O-J-I-P transient (S_m), the probability that a trapped exciton will move an electron into the electron transport chain beyond Q_A^- (ψ_0), and quantum yield for electron transport (ϕE_0), which reflect electron transport activities of the PSII acceptor side. During drought stress, there were gradual increases in the approximated initial slope of the fluorescence transient (M_0) and the relative variable fluorescence intensity at the J-step and I-step (V_J and V_I). The dissipated energy flux per RC (DI_0/RC) and dissipated energy flux per CS (DI_0/CS_0), which reflect heat dissipation, significantly increased in response to drought stress. As the period of drought stress lengthened, there were decreases in the density of RCs (RC/CS_0), F_v/F_m and performance index on an absorption basis (PI_{abs}), which reflect the photochemical efficiency of PSII, while there were increases in relative variable fluorescence at 300 μs of the chlorophyll fluorescence transient (W_K), reflecting electron transport activities of the donor side. Moreover, we observed degradation of the oxygen-evolving complex (OEC) as the period of drought stress lengthened. Taken together, these results indicated that the decline of PSII function in ginkgo leaves was due to an imbalance in energy flux allocation, instability of PSII units, inactivation of reaction centers, disturbance of electron transport, and damage to the oxygen-evolving complex under drought stress. Q_A^- accumulation on the PSII acceptor side may have played a major role in the decrease in PSII electron transport activity that accompanied reaction center inactivation. PI_{abs} was more sensitive than F_v/F_m to drought stress, and may be used as a biomarker to determine the extent of drought stress in ginkgo leaves.

Key words: *Ginkgo biloba* L; chlorophyll fluorescence; drought

Effects of the root exudates of *Bidens pilosa* and *Rudbeckia hirta* on chlorophyll fluorescence of the Gametophyte of *Pteris multifida*

ZHANG Kai-mei, SHEN Yu, LIU Ying, LIU Jun-hua, FANG Yan-ming

(College of Forest Resources and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: *Pteris multifida* is a traditional fern in China, with overlapping distribution area with a main invasive plant *Bidens pilosa*. Root exudates, as *B. pilosa* and non invasive plant *Rudbeckia hirta*, were applied to investigate their effects on fluorescence in *P. multifida* gametophytes. The result showed that gametophytes exposed to both *B. pilosa* and *R. hirta* had decreased fluorescence parameters in comparison with the control, except for non-photochemical quenching (NPQ). The inhibitory effects turned strong with increasing exudate concentrations of both species. And the greatest inhibition exhibited at Day 10. In addition, it was found that these parameters were markedly affected from Day 4 to Day 10 in the presence of both exudates at a concentration of 12.5% or above. It is concluded that both *B. pilosa* and *R. hirta* negatively affected the photosynthetic activity of *P. multifida*. Comparative research of invasive and non-invasive plants in our experiments illustrated that there was critical damage to local species under situation of invasive plants *Bidens pilosa*.

Key words: *Pteris multifida*; *Rudbeckia hirta*; *Bidens pilosa*; Gametophyte; chlorophyll fluorescence

Elucidating the toxicity targets of baicalein isolated from *Scutellaria baicalensis* on photosynthetic system of *Microcystis aeruginosa*

ZHOU Peng, ZHANG Qiang, FANG Yan-ming^①

(College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: The decoction of *Scutellaria baicalensis* Georgi has been reported to have significant inhibition effects on *Microcystis aeruginosa*, but it is not clear what the inhibiting targets are and what the inhibiting mechanism is. Baicalein is one of the primary effective compound ($EC_{50, 96h}$, $7.12 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$); and significantly affected dark respiration and photosynthetic efficiency of *M. aeruginosa*. In order to explore the potential targets of toxicity of baicalein on the photosynthetic system of *M. aeruginosa*, the photosynthesis pigments, electron transport activity, rapid fluorescence rise kinetics and ultrastructure were studied. The results shown that the relative content of Chl a, carotenoids and phycobiliprotein decreased after being treated for 4 days, and phycobiliprotein (especially APC) were more sensitive than others. On the other hand, significant reductions of PSII and whole electron transport chain activities of *M. aeruginosa* were found after 4d exposure; and the rapid fluorescence rise kinetics indicated that the PSII reaction centers might be the inhibitory site of baicalein in PSII. Ultrastructural examination displayed that the thylakoids were distorted, and the thylakoid membrane stacks began to collapse when *M. aeruginosa* was exposed to baicalein at concentrations of 9 and $15 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$. These results suggest that the reduction in photosynthetic activity of *M. aeruginosa* may be the important cause for the inhibition of *M. aeruginosa* by baicalein.; and phycobiliprotein and the reaction centre of PSII are the target sites attacked by baicalein on photosynthetic system of *M. aeruginosa*.

Key words: *Microcystis aeruginosa*; baicalein; photosynthesis; pigment; electron transport activity; chlorophyll a fluorescence

^①Corresponding author E-mail: jwu4@nju.edu.cn

Environmental cues induce changes of steviol glycosides contents and corresponding biosynthetic genes expression in *Stevia rebaudiana*

YANG Yong-heng¹, HUANG Su-zhen^{1, 2, ①}, HAN Yu-lin³,
YUAN Hai-yan², GU Chun-sun², WANG Zhong-wei²

(1. College of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;

2. Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China;

3. Experimental Teaching Center of Ecological Environment of Jiangxi Province, Department of Landscape Architecture, Jiangxi University of Finance and Economics, Nanchang 330032, China.)

Abstract: Plant growth and secondary metabolism are commonly regulated by external cues such as light, temperature and water availability. In this study, we examined the effects of low and high temperatures, dehydration, photoperiods, and different growing stages on the changes of steviol glycosides (SGs) contents and corresponding biosynthetic genes expression in *Stevia rebaudiana* using HPLC and RT-PCR. Our observations showed that all of the fifteen genes were expressed maximally at 25 °C, and the expressions of some genes were restrained both in low temperature (15 °C) and high temperature (35 °C). Most genes in SGs biosynthesis pathway exhibited down-regulation in dehydration. To elucidate the effect of photoperiods, we analyzed the expression of all the fifteen genes of steviol glycosides biosynthesis pathway in different photoperiods (8L/16D, 10L/14D, 14L/10D and 16L/8D) for 5 days, but there was no significant expression changes. In the study of growing stages, there were evident changes of SGs contents, and all the fifteen genes were expressed minimally in fast growing period, and exhibited evident up-regulation both in flower-bud appearing stage and flowering stage. Taken together, the results strongly suggest that the effect of environmental cues on steviol glycosides contents and corresponding biosynthetic genes expression in *Stevia rebaudiana* is significant.

^①Corresponding author E-mail: hsz1959@163.com

Genetic diversity and conservation of the endangered herb *Dendrobium moniliforme* based on AFLP markers

叶梅荣, 侯北伟, 罗 晶, 刘 薇, 丁小余*

(College of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

The genus *Dendrobium*, is one of the largest group of the Orchidaceae family, comprises approximately 1500 species worldwide, and is widely distributed in the tropical and subtropical areas of Asia, Europe and Australia. Recently, *Dendrobium* plants are over-exploited for flower and medicine markets from the wild and listed under endangered taxa in the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES) (Xiang, et al., 2011). In China, the genus *Dendrobium* is composed of 74 species and two varieties (Tsi, 1999), about 50 *Dendrobium* species have long been used in traditional tonics and medicines for centuries due to their pharmacological actions, including nourishing yin, clearing away “evil heat”, enhancing the immune system, reducing blood sugar levels, resisting cancer and prolonging life. Due to their wide and effective usage in flower horticulture and traditional medicine, all *Dendrobium* species are driven to critically endangered plants in China. However, investigation genetic diversity of *Dendrobium* genus and proposing conservation measures are limited. Recently, only several *Dendrobium* species have been investigated to analyze genetic diversity for conservation, e.g. *Dendrobium officinale* Kimura et Migo, *Dendrobium loddigesii* Rolfe (Cai, et al., 2012; Cai, et al., 2011) and *Dendrobium nobile* Lindley (Bhattacharyya, et al., 2013). *Dendrobium moniliforme* (Linnaeus) Swartz, one of the traditional Chinese medicinal plants, was not yet treasured.

Dendrobium moniliforme, a rare perennial herb, is one of the most widespread species of *Dendrobium*, mainly distributing in the tropical and subtropical areas of Japan, Korea, Myanmar, China, etc. *Dendrobium moniliforme* is commonly adnascent on cliffs or tree trunks covered with humus and moss at the altitude between 590 m and 3 000 m. It can exclusively adapt to wet, warm and undisturbed mountain habitat, indicating that *D. moniliforme* requires a special habitat and is highly susceptible to habitat deterioration. The famous “Tongpi Fengdou”, as a traditional Chinese tonic medicine, is made from the stems of *D. moniliforme*. Unfortunately, due to overexploitation, population and individual numbers of *D. moniliforme* have markedly declined, so it has become a critical endangered species.

Up to now, the genetic diversity of wild *D. moniliforme* population is still unknown, which makes it difficult to implement effective conservation strategies. In the study, we

collected 202 samples of 16 populations from different regions and investigated the genetic information of this species using fluorescent AFLP markers. Our objectives were to: 1) characterize genetic diversity and genetic structure of wild populations of *D. moniliforme* using fluorescent AFLP fingerprinting; 2) reveal the level of genetic variation and degree of genetic differentiation among wild *D. moniliforme* populations from different regions; 3) analyze the reasons of its endangerment and define potential conservation strategies.

Analysis of the genetic diversity of an endangered species is a prerequisite for conservation. In the study, 202 samples of 16 populations from different regions were collected to investigate genetic diversity of the endangered orchid herb, *Dendrobium moniliforme* (Orchidaceae), using the method of fluorescent amplified fragment length polymorphism (AFLP). Results indicated that the species was characterized by high levels of genetic polymorphism (100% polymorphic fragments), low level of total genetic diversity ($H_t=0.1509$) and moderate degree of genetic differentiation among populations ($F_{ST}=0.1177$). Analysis of molecular variance (AMOVA) revealed that only 19.17% of the genetic variation existed among populations, while 79.83% of the genetic variation was within populations. Two main clusters based on AFLP data were shown in UPGMA tree. First cluster was composed of sampled populations from southwestern and central China, whereas the others populations were grouped together as the second cluster. The Mantel test revealed that the genetic differentiation was correlated with the geographic distance when all populations or populations sampled from Mainland China were analyzed, indicating the presence of isolation by distance (IBD); However, populations sampled from southwestern, central, southeastern China and the Land Bridge were studied separately, IBD ceased to be significant. The results suggested that IBD did exist in the species, which might be due to large geographic distance and highly fragmented distribution. Therefore, we proposed some helpful conservation strategies for its effective sustained development.

Key words: AFLP; IBD; *Dendrobium moniliforme*; genetic diversity; conservation

Identifying conserved and novel microRNAs in the graft process of hickory using deep sequencing

ZHENG Bing-song^{1,2*}, SIMA Xiao-jiao^{1,2}, WANG Teng-fei^{1,2},
REN Wei^{1,2}, CHEN Xiao-ming^{1,2}

(1. Nurturing Station for the State Key Laboratory of Subtropical Silviculture, Zhejiang A & F University, Lin'an 311300, China; 2. Center for Cultivation of Subtropical Forest Resources (CCSFR), Zhejiang A & F University, Lin'an 311300, China)

Abstract: MicroRNAs (miRNAs) play vital roles in plant development and growth with negative regulation. *Carya cathayensis* (hickory) is an important species for dried nuts and oil, with high nutritional and economic value. To understand the roles of miRNAs involved in the hickory graft process, we constructed three small ribonucleic acid (RNA) libraries from hickory rootstock (2 years old) and scion (1 year old) of 0, 7, and 14 days postgraft. Sequences analysis of the three libraries identified 21 conserved miRNAs belonging to 13 families, 10 novel and 8 potential novel miRNA belonging to 15 families. Among these miRNAs, 12 miRNAs were differentially expressed during the graft process in hickory and most of them were downregulated. Quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) validated 14 miRNAs and their expression trends were similar to the results obtained by Solexa sequencing. Further, a total of 89 target genes for conserved and 26 target genes for novel miRNAs were predicted. This study will help in understanding the roles and regulatory modes of miRNAs involvement in the hickory graft process.

Key words: microRNA; hickory; Solexa sequencing; graft

* **Acknowledgments:** This study was supported by National Natural Science Foundation of China (31070604, 31270716 and 31470683); Zhejiang Provincial Natural Science Foundation for Distinguished Young Scholar (LR13C160001); Pre-research Foundation of Center for Cultivation of Subtropical Forest Resources (CCSFR), Zhejiang A & F University; Key Project of Chinese Ministry of Education (212072); Scientific Research Foundation for the Returned Overseas Chinese Scholars, State Education Ministry ([2009]1341); National High Technology Research and Development Program of China (863 Program) (2013AA102605); Initial project of Major State Basic Research Program of China (2011CB111510); Fruit Innovation Team Project of Zhejiang Province (2009R50033).

Impact of tree species on barley rhizosphere-associated fungi in an agroforestry ecosystem as revealed by 18S rDNA PCR-DGGE

ZHANG Qiang¹, ZHANG Min², ZHOU Peng¹,
FANG Yan-ming^{1,①}, JI Yong-hua²

(1. College of Biology and the Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China;

2. Jiangsu Academy of Forestry, Nanjing 211153, China)

Abstract: Agroforestry systems have been considered a form of sustainable land use. Woody species in agroforestry systems can improve soil physicochemical properties by supplying leaf or stem litter. However, little is known about fungal community structure and diversity in agroforestry systems. In the present study, the culture-independent 18S rDNA-based polymerase chain reaction-density gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE) method was used to investigate fungal community structure in rhizosphere and bulk soil in *Populus euramevicana*-barley and *Taxodium distichum*-barley agroforestry systems. DGGE profiling and cluster analysis revealed that the fungal community structure in the rhizosphere was more complex than that of bulk soil. Our results also indicated that the rhizosphere fungal community in barley was less affected by *T. distichum* than by *P. euramevicana*. In addition, enrichment in rhizosphere fungal communities, i.e., an increase in the relative abundance of certain fungal populations, was detected in this agroforestry system. Sequencing of prominent DGGE bands revealed an increase in the rhizosphere of a fungal species belonging to the genera *Chaetomium*, which includes potential biocontrol agents. A rare cellulolytic fungus, *Acremonium alcalophilum*, was found in the bulk soil from *P. euramevicana* and barley grown under *P. euramevicana*. Taken together, our findings may provide new insights into agroforestry practices.

Key words: PCR-DGGE; fungal community; agroforestry

^①Corresponding author E-mail: jwu4@nju.edu.cn

Incongruent range dynamics between co-occurring Asian temperate tree species facilitated by life history traits

ZHAO Yun-peng^{1,2,§}, YAN Xiao-ling^{3,§}, Graham MUIR^{4,§},
DAI Qiong-yan², Marcus A. KOCH^{4,①}, FU Cheng-xin^{1,2,①}

(1. The Key Laboratory of Conservation Biology for Endangered Wildlife of the Ministry of Education, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 2. Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany and Biodiversity, Institute of Ecology and Conservation Center for Gene Resources of Endangered Wildlife, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 3. Shanghai Chenshan Plant Science Research Center, Chinese Academy of Sciences, Shanghai Chenshan Botanical Garden, Shanghai 201602, China; 4. Department of Biodiversity and Plant Systematics, Centre for Organismal Studies, University of Heidelberg, Im Neuenheimer Feld 345, 69120 Heidelberg, Germany)

Abstract: Post-glacial expansion to former range limits varies substantially among species of temperate deciduous forests in eastern Asia. Isolation hypotheses (with or without gene flow) have been proposed to explain this variance but they ignore detailed population dynamics spanning geological time and neglect the role of life history traits. Using population genetics to uncover these dynamics, we infer processes that formed the disjunct distributions of two co-occurring trees (*Ginkgo biloba* and *Cercidiphyllum japonicum*) across their Asian range. Phylogenetic, coalescent and comparative data suggest that *Ginkgo* population structure is regional, dichotomous (to west-east refugia) and occurred ~51 kya, resulting from random genetic drift during the last glaciation. This split is far younger than the north-south population structure of *Cercidiphyllum* (~1.89 mya). Significant (recent) uni-directional gene flow has not homogenized the two *Ginkgo* refugia, despite $2Nm > 1$. Prior to this split, gene flow was potentially higher, resulting in conflicting support for *a priori* hypotheses that view isolation as an explanation for the variation in post-glacial range limits. In comparison to *Cercidiphyllum*, the restricted range of *Ginkgo* has been facilitated by uncompetitive life history traits associated with seed ecology, highlighting the importance of both demography and lifetime reproductive success when interpreting range shifts.

Key words: *Ginkgo biloba*; late-Pleistocene divergence; asymmetric gene flow; random genetic drift; F_{ST} ; lifetime reproductive success

[§]These authors contributed equally to this paper.

^①Correspondence authors FU C X: cxfu@zju.edu.cn; KOCH M A: marcus.koch@cos.uni-heidelberg.de

Increasing in cyclic electron flow and sequestering Na^+ into vacuoles are important mechanism for salt tolerance in soybean

HE Yi^{1,2}, YU Chen-liang¹, WANG Xiao-man¹, JIANG Qin-su¹,
HONG Jian³, LU Kai-xing⁴, XUE Gang-ping⁶, YAN Cheng-qi⁵,
Andrew JAMES⁶, XU Li-geng¹, CHEN Jian-ping⁵, JIANG De-an^{1*}

(1. State Key Laboratory of Plant Physiology and Biochemistry, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 2. Department of Plant Sciences, University of Cambridge, Cambridge CB2 3EA, United Kingdom; 3. Institute of Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310058, China; 4. Laboratory of Plant Molecular Biology, Ningbo University, Ningbo 315211, China; 5. State Key Laboratory Breeding Base for Zhejiang Sustainable Pest and Disease Control, Institute of Virology and Biotechnology, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China; 6. CSIRO Plant Industry, Queensland 4067, Australia)

Abstract: In higher plants, NAD(P)H dehydrogenase (NDH) complex reduces plastoquinones and drives cyclic electron flow (CEF) around photosystem I (PSI). It also produces extra ATP for photosynthesis and improves the fitness to abiotic environmental stress. To elucidate the role of CEF in salt tolerance of photosynthetic apparatus, we measured Na^+ concentration, the increase in chlorophyll fluorescence, expression of NDH B and H subunits, and genes relative to Na^+ transport into vacuole or/and cell. The results showed that in the salt tolerant soybean (S111-9) exhibited much higher CEF activity and ATP accumulation in light, while Na^+ concentration was similar in the leaves under salt stress. In S111-9 *ndhB* and *ndhH* were highly up-regulated under salt stress and their proteins were maintained higher or up-regulated significantly. An increase in accumulation of Na^+ in vacuole happened more commonly in S111-9, while accumulation of Na^+ in chloroplast appeared in the salt-sensitive Melrose. Some genes associated to Na^+ transport into vacuole or/and cell, such as genes encoding CBL10-CIPK24-NHX and CBL4-CIPK24-SOS1 complex, were more highly expressed in S111-9. Therefore, we proposed that the enhanced NDH dependent CEF promotes to supply extra ATP for sequestering Na^+ in vacuole. This is an important mechanism for salt tolerance in soybean and also provides a new sight to understand the resistance of plant to salt stress.

Key words: Na^+ accumulation; ATP; CEF; NDH complex; soybean.

*Corresponding author E-mail: dajiang@zju.edu.cn

Integrated Omics-based approach toward understanding and regulation of valuable secondary metabolism in medicinal plant

ZHANG Lei

(Department of Pharmaceutical Botany, School of Pharmacy, Second Military Medical University, Shanghai 200433, China)

Abstract: The chemical diversity of natural products from plants has had a profound and lasting impact on human health with a variety of intriguing structures and biological activities. An understanding of how these molecules are formed would serve a dual role to enable a study of the *in vivo* function, as well as development of metabolic engineering or synthetic biology production platform to result in a sustainable supply of a drug. Due to lacking the information of genetic background, biochemical pathway elucidation in non-model system has often taken decades to complete. Next-gen sequencing technology enables revolutionary new approaches to understand and regulate valuable secondary metabolism in medicinal plant. Methods using systematic measurements to construct mathematical models of complex biological process from biological components and their interactions are currently being tested in this respect. We present herein a broadly applicable rapid biosynthetic gene discovery method using large datasets derived from genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics to investigate the functions of key gene and transcript factor involved in metabolic network. Case study of gene discovery involved in phenylpropanoids biosynthesis and pathway regulation to engineer high level of active compounds in *Isatis indigotica* will be presented.

Isolation and function analysis of floral asymmetry genes in *Coriandrum sativum* (Apiaceae)

SONG Chun-feng, LIU Qi-xin

(Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: Floral asymmetry is controlled by multiple genes. Among of them, *CYC*-like gene belong to TCP transcription gene family and the function of it is relatively conserved in angiosperm: responsible for dorsal-ventral asymmetry of flowers. Inflorescence of Apiaceae (Rosidae) is typical umbellate, composed by many umbellets. Among one umbellet, florets in the central are actinomorphic flowers, while florets in the margin are zygomorphic flowers. Apiaceae is one unique material for floral asymmetry. 3 *CYC*-like genes of *Coriandrum sativum*, one representative plant in Apiaceae, were cloned with RACE-PCR. The function of them were studied by Real-time PCR, Tissue in situ hybridization and Transgene. The results showed that the function of *CYC*-like genes were conserved in Apiaceae too. Among the genes, the expression of *CsCYC2* and *CsCYC3* were only detected in the dorsal region of zygomorphic flowers. The two genes were responsible for the dorsal-ventral asymmetry of florets in Apiaceae. But the function of them were only limited on petals, not on five stamens.

Photosynthesis in gametophyte of *Pteris multifida* reveals allelopathic interference of invasive *Bidens pilosa*

ZHANG Kai-mei¹, SHEN Yu¹, ZHOU Xiao-qi², FANG Yan-ming^{1*},
LIU Ying¹, Ma Lena Q³

(1. College of Forest Resources and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing, Jiangsu, 210037, China; 2. Environmental Futures Research Institute, Griffith University, Brisbane 4111, Australia; 3. State Key Laboratory of Pollution Control and Resource Reuse, School of the Environment, Nanjing University, Nanjing 210046, China)

Abstract: As a main invasive plant in China, *Bidens pilosa* exhibits allelopathic effects on spermatophyte growth, threatening fern growth in the field. It is hypothesized that allelopathy plays an important role in plant invasion. Hence, we examined the allelopathy of invasive plant to fern gametophyte and elucidated the mechanisms by which invasive plant causes phytotoxicity. *Pteris multifida* is a common fern in China, with overlapping distribution area with *B. pilosa*. Root exudates of *B. pilosa* were applied to investigate their effects on fluorescence and pigments in *P. multifida* gametophytes. We found that gametophytes exposed to *B. pilosa* had decreased fluorescence parameters in comparison with the control, except for non-photochemical quenching (NPQ). Furthermore, it was found that these parameters were markedly affected from day 2 to day 10 in the presence of exudates at a concentration of 25% or above. *B. pilosa* exudate had a negative dose-dependent effect on Chlorophyll *a*, Chlorophyll *b*, carotenoid (Car) and the total chlorophyll in the gametophyte. The inhibitory effects increased with increasing exudate concentrations of species, exhibiting the greatest inhibition at day 10. It is concluded that *B. pilosa* negatively affected the photosynthesis of *P. multifida* via allelopathic interference. Allelopathic experiments demonstrated that invasive plants were responsible for the critical damage to local species.

Key words: *Pteris multifida*; gametophyte; *Bidens pilosa*; photosynthesis; allelopathy

Physiological and antioxidant parameters in two *Lycoris* species as influenced by drought stress

XU Sheng, FU Jiang-yan, LIANG Li-jian, PENG Feng,
WANG Ren, XIA Bing^①

(Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: An experiment was conducted to find out the effect of drought stress on morpho-physiological characters and antioxidant responses in two *Lycoris* species (*L. radiata* and *L. aurea*). Seedlings were transferred into plastic pots filled with loamy soil and then subjected to a limiting level of water regimes (35% of field capacity). After different time treatments, the leaf relative water content (RWC), net photosynthesis (P_N), stomatal conductance (g_s), transpiration rate (E), intercellular CO₂ concentration (C_i), water use efficiency (WUE), light response curves, pigments contents, proline accumulation, membrane stability index (MSI), lipid peroxidation and antioxidant enzymes including superoxide dismutase (SOD), guaiacol peroxidase (POD), ascorbate peroxidase (APX), and catalase (CAT) were assayed. The results showed that drought stress caused a significant reduction in RWC, MSI, P_N , g_s , WUE, and chlorophyll content in both of the two species. And there was significant increase in soluble sugar content, proline accumulation and the activity of SOD, POD, CAT and APX under stress conditions. It was also observed that *L. radiata* maintained a relatively higher RWC, P_N and E than *L. aurea* upon drought treatments. Meanwhile, lower levels of thiobarbituric acid reactive substances (TBARS) as well as higher levels of pigments and proline occurred in *L. radiata* after 16 d drought treatments. Moreover, the activities of CAT, APX and SOD in *L. radiata* were higher than *L. aurea* after drought stress. These results indicated that drought sensitivities actually differ between *L. radiata* and *L. aurea*, and *L. radiata* was more tolerant to drought stress.

key words: Amaryllidaceae; drought tolerance; photosynthesis; reactive oxygen species

Acknowledgements: This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (31270339; 31301798) and the Jiangsu Agricultural Science and Technology Independent Innovation Fund (CX (11)1016)

^①Corresponding author E-mail: xiabingnbg@sina.com

Systematic study of Genus *Peucedanum* L. in China

DONG Xiao-yu, ZHOU Wei, LIU Qi-xin

(Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: Based on overview of the history and recent researches of *Peucedanum* L. in Apiaceae, a series of studies on fruit anatomical features, mericarp micromorphology, macromorphology phenetic analysis and molecular phylogenetics were carried out for a better understanding of this genus. Micromorphological characters of mericarp surface of 22 species and 2 varieties under SEM indicated obvious differences in vallecular cells. Characters like cell smoothness are suggested to be important. Analysis of ITS of 26 samples (including 4 varieties) were taken, and the result dramatically implying a parapphyly of this genus. *Peucedanum rubricaulle* and *P. morisonii* are distinct species in this genus. The position of *P. rubricaulle* is bewildering, and the latter one twisted into an European *Peucedanum* group, which is reasonable consider to its distribution. These results imply a complex evolutionary route of this genus.

Key words: Apiaceae; *Peucedanum* L.; micromorphological characters; mericarp surface; ITS; phylogeny

Taxonomic revision of Sect. *Opsophyton* (*Dioscorea*) from China

SUN Xiao-qin, ZHOU Yi-feng, LI Mi-mi, HANG Yue-yu^①

(Institute of Botany, Jiangsu Province and Chinese Academy of Sciences, Nanjing, China)

Abstract: In Section *Opsophyton* of *Dioscorea* in Dioscoreaceae, there are 5-6 species distributed in the world. According to the views of Prain and Burkill, the Sect. *Opsophyton* included 1 species *D. bulbifera* and 3 of its varieties, which were *D. bulbifera* var. *deltoidea* in Guangdong, *D. bulbifera* var. *simbha* in Tengchong Yunnan, *D. bulbifera* var. *vera* in Maowen Sichuan. In Flora of China, only *D. bulbifera* was recorded. Recently, Ding et al. found a kind of air potato with tuber white in transverse section from Yunnan Province, China, which was named as *D. bulbifera* var. *albotuberosa*.

A taxonomic revision of the Sect. *Opsophyton* in China was made based on literature research, specimen review, field survey and introduced species observation. The results show that distinct morphological variation exists in the section. Species can be divided by inflorescence length, and infraspecific classification can be done using morphology of flowers, leaves, bulblets and capsules. The section includes 2 species and 3 varieties in China, including 1 new species and 3 new distribution records. *D. bulbifera* var. *bulbifera*, *D. bulbifera* var. *albituberosa* and *D. bulbifera* var. *heterophylla* are distributed in Guangdong, Xianggang, Hai'nan in China, *D. bulbifera* var. *simbha* in Yunnan, Guizhou and Hu'nan, and *D. bulbifera* var. *brachybotryum* in Yuanan with shorter and less inflorescence, larger leaves, smaller bulblets, hollow stem compared to *D. bulbifera*.

Key words: *Dioscorea*; taxonomic revision; China

^①Corresponding author E-mail: hangyueyu@yahoo.com.cn

The complete chloroplast sequence of *Dendrobium huoshanense*

牛志韬, 罗 晶, 薛庆云, 丁小余*

(College of Life Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210046, China)

Abstract: The genus *Dendrobium* is one of the largest genera of Orchidaceae with about 1 000 species, including many species of important economic value. The taxonomy of *Dendrobium* is generally recognized as one of the most intricate problems in Orchidaceae. Most results from the previous studies were based on morphological characteristics and single molecular markers of *Dendrobium*. Recent comparative chloroplast (cp) genomics has provided large quantities of data that are useful for selecting pertinent markers to resolve obscure phylogenetic relationships in seed plants. In order to understand the phylogenetic relationships within *Dendrobium*, here we report and characterize the complete chloroplast sequence of *Dendrobium huoshanense*, an endangered and economically important traditional Chinese medicine.

The genome size is 150915 bp, with 37.48% GC content. A pair of inverted repeats (IRs) of 25589 bp are separated by a large single-copy region (LSC, 85003 bp) and a small single-copy region (SSC, 14734 bp). The complete cpDNA contains 84 protein-coding genes, 39 tRNA genes and 8 rRNA genes. Fourteen genes contained one or two introns. Furthermore, fourteen highly divergent hotspot regions were identified, which are useful for phylogenetic analyses in orchids. Our findings have important implications for a better understanding of *Dendrobium* chloroplast genomes and provide a reference for study of the molecular systematics of this genus.

Key words: chloroplast genome; *Dendrobium huoshanense*; endangered; hotspot regions

* **Funding:** This work supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 31170300).

Ultrastructural observations on the fertilization of the Fern *Pteridium aquilinum*

DAI Xi-ling, CAO Jian-guo^①, WANG Quan-xi

(College of Life and Environmental Sciences, Shanghai Normal University, Shanghai 200234, China)

Abstract: The fertilization of the fern *Pteridium aquilinum* are observed using transmission electronic microscopy. The results showed that a spermatozoid penetrates the egg through the fertilization pore. The gyratory motion of the spermatozoid serves to form a fertilization cavity just beneath the fertilization pore and then enters the egg cytoplasm. The prolonged gyratory motion of the first spermatozoid and irritability reaction caused by the sperm penetration may contribute to block the polyspermy. The nuclear evaginations of the egg cell persist about 12 hrs and then detached from the nuclear body and finally are digested in the zygote cytoplasm. The zygote finally establishes a horizontal polarity by vacuolization of the cytoplasm in the posterior part of the zygote before the zygote divides.

Key words: fern; fertilization; *Pteridium aquilinum*; zygote

^①Correspondence author E-mail: cao101@shnu.edu.cn

植物资源与环境学报

Journal of Plant Resources and Environment

全国中文核心期刊 中国科技核心期刊
中国科学引文数据库 CSCD 核心期刊 RCCSE 中国核心学术期刊(A)

简介:《植物资源与环境学报》是江苏省·中国科学院植物研究所、江苏省植物学会等单位联合主办的学术期刊，1992 年创刊。本刊围绕植物资源与环境两个中心命题，主要刊登我国植物资源的考察、开发利用和植物物种多样性保护，自然保护区与植物园的建设和管理，植物在保护和美化环境中的作用，环境对植物的影响以及与植物资源和植物环境有关学科领域的原始研究论文、研究简报和综述等，不登译稿。凡从事植物学、生态学、自然地理学以及农、林、园艺、医药、食品、轻化工和环境保护等领域的科研、教学、技术人员及决策者，可以从本刊获得相关学科领域的研究进展和信息。据中国学术期刊（光盘版）电子杂志社出版的《中国学术期刊影响因子年报（自然科学与工程技术）-2013 年》统计结果显示：2012 年本刊的复合影响因子达到 1.286。

获奖情况:1995、1997、1999 年连续三届荣获“江苏省优秀期刊”奖；1997 年荣获“全国优秀科技期刊三等奖”和华东地区优秀期刊奖；2001 年入选“中国期刊方阵双效期刊”；2002 和 2004 年入选“江苏省期刊方阵”；2013 年荣获“江苏省新闻出版政府奖——报刊奖”；2014 年荣获江苏省科协“精品科技期刊”称号。

数据库收录:BA、CA、CAB、Elsevier's、Scopus、中国生物学文摘、中国林业文摘、中国环境科学文摘、中国科学引文数据库、万方数据——数字化期刊群、中国学术期刊（光盘版）和中文科技期刊数据库等国内外著名刊库收摘，并被 Ulrich's 国际期刊指南等所收录。

中国标准连续出版物号: ISSN 1674-7895
CN 32-1339/S

国内外公开发行
全国各地邮局均可订阅 邮发代码 28-213
季刊 大 16 开本 120 页
每期定价 20 元 全年定价 80 元

地址: 江苏省南京市中山门外 江苏省·中国科学院植物研究所内 (邮编 210014)
电话: 025-84347016, 84347014, 84432074 (传真)
QQ: 2219161478
网址: <http://www.cnbj.net/Tg/Contribute/Login.aspx>
E-mail: zwzy@mail.cnbj.net

《植物资源与环境学报》征稿简则

(1) 文稿应论点明确, 数据可靠, 文字简练, 做到齐、清、定。

(2) 来稿请使用规范汉字, 标点符号使用应准确, 连字号和范围号及减号、键号须分清。

(3) 研究论文书写顺序为: 题目, 作者姓名, 作者单位, 所在地区及邮政编码, 中文摘要, 关键词(不超过 6 个), 英文摘要(包括英文题目、作者姓名、单位、地区及邮编、摘要内容、关键词等), 正文, 参考文献。研究简报应附简单英文摘要(为便于专家审稿, 请附英文摘要的中文译文), 不附中文摘要, 其他与研究论文相同。

(4) 题目: 不宜过长, 以不超过 25 个字为宜, 中、英文题目应一致; 一般情况下不设副标题。

(5) 作者: 一般不超过 6 人, 中国作者的英文姓名用汉语拼音, 姓全大写, 名的第 1 个字母大写, 双名连写。外籍作者姓在前名在后, 姓全大写, 名缩写。第 1 作者需附简介: 姓名、出生年份、性别、民族、籍贯、职称、学位和研究方向。作者简介置于第 1 页下方。

(6) 量和单位的名称、符号: 以系列国家标准 GB 3100~3102 为准。距数字空 1 格, 不加缩写点, 如 cm、kg 等。

(7) 图和表: 图表应少而精, “自明性”强。插图应线条匀称, 最大(包括图题和图注)不超过 16.0 cm(宽)×22.5 cm(高), 图题和图注应有中英文对照。图版中的照片应清晰, 按照 16.0 cm(宽)×19.0 cm(高)的版芯整齐拼版, 图版说明须用中英文对照, 附于文后。表格请用三线表格式制作, 表内文字都应有中英文对照。

(8) 参考文献: 列出主要的参考文献, 文献标注方式采用“顺序编码制”(GB 7714—2005), 即按正文中引用文献出现的先后顺序连续编码, 文献序号用方括号在正文中出现处的右上角注明。文献作者 3 人以下(包括 3 人)者, 全部列出, 3 人以上者, 只列出前 3 人, 后加“等”(中文)或“et al”(外文)。文末参考文献表按序号依次编排, 不分文种。

(9) 论文中涉及的植物类群均需附正确完整的拉丁学名; 栽培植物请按《国际栽培植物命名法规》进行命名及拉丁学名的书写。

(10) 来稿请注明科研项目来源及项目号, 本刊对国家自然科学基金资助项目、省部级以上重大攻关项目和基础研究基金资助项目等的优秀论文将优先发表。

(11) 来稿请通过网上投稿系统(<http://www.cnbj.net/Tg/Contribute/Login.aspx>)投稿, 请勿一稿多投, 同时请付稿件审理费 80 元(通过邮局汇款)。稿件处理情况请作者登录网上投稿系统查询。录用稿件酌收发表费。稿件一经刊登, 酌付稿酬并赠送当期样刊 3 册。不拟刊登的稿件恕不退回, 请自留底稿。编辑部对稿件有删改权。

(12) 来稿文责由作者自负。凡在本刊发表的论文将编入系列数据库供交流、查阅及检索, 作者的著作权使用费与本刊稿酬一次性给付, 不再另付。如作者不同意将论文编入数据库, 请在来稿时声明。