

项 鹏,杨 树,李宝华,等. 利用抗坏血酸过氧化物酶揭示生防放线菌 XFS-4 对大豆胞囊线虫的抗性[J]. 江苏农业科学,2024,52(9):159-164.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.09.022

利用抗坏血酸过氧化物酶揭示生防放线菌 XFS-4 对大豆胞囊线虫的抗性

项 鹏¹, 杨 树¹, 李宝华¹, 李艳杰¹, 李红鹏¹, 鹿文成¹, 栗铭徽², 张 武¹

(1. 黑龙江省农业科学院黑河分院,黑龙江黑河 164300; 2. 北安市大龙种业有限责任公司,黑龙江北安 164021)

摘要:于 2021 年在黑龙江省黑河市从大豆根际土壤中分离获得 1 株对大豆胞囊线虫具有较高活性的放线菌 XFS-4,为了解该生防放线菌 XFS-4 对大豆胞囊线虫的作用机理,以黑河州市主栽大豆品种黑河 43 为试材,用 XFS-4 发酵液做种子包衣处理,盆栽条件下人工接种大豆胞囊线虫,以未接种作对照,接种后 4、7、11、14 d 取样,测定大豆叶内抗坏血酸过氧化物酶(APX)活性变化。同时,以抗坏血酸过氧化物酶基因序列设计引物,利用 RT-PCR 技术,分析该基因在菌株 XFS-4 包衣黑河 43 后抗大豆胞囊线虫过程中的表达差异,从基因转录表达水平上对大豆抗坏血酸过氧化物酶基因(*Gm-Apx*)进行研究,以发现该基因与大豆胞囊线虫(SCN)抗性之间的关系。结果表明,XFS-4 包衣黑河 43 接种大豆胞囊线虫 4、7 d 后,APX 活性明显高于对照,接种条件下的黑河 43 APX 活性随大豆生长一直升高。在接种大豆胞囊线虫后,其菌株 XFS-4 包衣黑河 43 处理组中,*Gm-Apx* 相对表达量在接种后 4、7 d 表达上调,而在接种 11、14 d 表达下调,说明该基因参与了大豆早期防御胞囊线虫的侵染过程,对植物抗性反应及解除胁迫诱导的氧化损害起了很重要的作用。

关键词:放线菌;大豆胞囊线虫;抗坏血酸过氧化物酶;RT-PCR

中图分类号:S435.651 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)09-0159-06

大豆胞囊线虫(SCN)是大豆根部病害之一,被认为是造成大豆减产的主要原因,可导致大面积减产,危害十分严重^[1-2]。在我国可造成 1.2 亿元的经济损失^[3],在全球范围内损失约为 15 亿美元^[4]。黑龙江省黑河市是我国大豆主产区,2022 年大豆播

种面积达 143.86 万 hm^2 ^[5],大豆胞囊线虫对当前大豆的安全生产构成了严重威胁,一般发病田减产 10%~20%,严重时可达 30%~50%,在开花前后发生可引起死苗甚至造成绝产^[6]。

为振兴我国大豆产业,2019 年 3 月,国家启动了“大豆振兴计划”,主要目标是“一扩两提”,其中:“扩”就是扩大面积,力争到 2022 年全国大豆种植面积达到 933.33 万 hm^2 ;“提”就是提高单位面积产量、提升品质,力争到 2022 年全国大豆平均产量达到 135 kg/667 m^2 ^[7]。有效防控大豆胞囊线虫危害,减少损失,提单位面积产量、提品质是大豆振兴计划的重要环节。

黑龙江省农业科学院黑河分院植保室在前期

affects post-germination plant growth[J]. Plant Physiology, 2020, 182(4):2166-2181.

[43]陈 盈,张满利,刘宪平,等. 生物炭对水稻齐穗期叶绿素荧光参数及产量构成的影响[J]. 作物杂志,2016(3):94-98.

[44]Kumar H, Ganesan S P, Sang H, et al. Exploring relations between plant photochemical quantum parameters and unsaturated soil water retention for biochars and pith amended soils[J]. The Science of the Total Environment, 2022, 804:150251.

[45]Shetty R, Prakash N B. Effect of different biochars on acid soil and

growth parameters of rice plants under aluminium toxicity [J]. Scientific Reports, 2020, 10:12249.

[46]López-Pérez M C, Pérez-Labrada F, Ramírez-Pérez L J, et al. Dynamic modeling of silicon bioavailability, uptake, transport, and accumulation: applicability in improving the nutritional quality of tomato[J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9:647.

[47]Wei W L, Yang H Q, Fan M S, et al. Biochar effects on crop yields and nitrogen loss depending on fertilization[J]. The Science of the Total Environment, 2020, 702:134423.

工作中,从大豆根际土壤中分离获得 1 株对大豆胞囊线虫具有较高活性的放线菌 XFS-4,包衣处理后的苗期大豆第一代大豆胞囊线虫抑制率达到 59.77%,经形态学特征、生理生化试验测定及 16S rDNA 序列同源性分析,确定该菌株为沙阿霉素链霉菌^[8]。为了解生防放线菌 XFS-4 对大豆胞囊线虫的作用机理,本研究以合成关键酶抗坏血酸过氧化物酶基因序列设计引物,大豆黑河 43 和菌株 XFS-4 为试材,利用酶活测定和 RT-PCR 分析菌株 XFS-4 包衣黑河 43 后,在接种大豆胞囊线虫前后抗坏血酸过氧化物酶活性的变化和基因表达量的变化,初步明确菌株 XFS-4 对大豆胞囊线虫抗性过程中抗坏血酸过氧化物酶的作用。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试大豆品种黑河 43 号由黑龙江省农业科学院黑河分院提供;供试生防菌株 XFS-4 保存于黑龙江省农业科学院黑河分院植保室;供试大豆胞囊线虫 3 号生理小种取自笔者研究室试验基地。

1.2 菌株发酵液的制备

将保存好的菌株 XFS-4 接种在高氏一号平面培养基上,28℃ 恒温培养箱培养 5 d。将平板上培养好的菌落接种于马铃薯液体培养基中,28℃、150 r/min 三角瓶振荡培养 7 d 后过滤,获得发酵液,发酵液置于 4℃ 冰箱中备用^[9]。

1.3 种子处理方法

用 5% NaClO 溶液对大豆种子进行表面消毒,再用无菌水冲洗 5 次。用制备好的发酵液按 1% 的种子量进行种子包衣处理,待干燥后装袋、编号备用^[10]。

1.4 大豆胞囊线虫的制备

采用改良淘洗-过筛法从采取的土样中分离胞囊,在体视镜下挑取新鲜、饱满、成熟、均一的胞囊。胞囊先用 0.5% NaClO 溶液进行消毒,再用无菌水冲洗 5 次,置于 28℃ 恒温培养箱进行孵化,将孵化后得到的 2 龄幼虫制备成 200 条/mL 的悬浮液^[11]。

1.5 大豆材料的播种与接种

将 XFS-4 发酵液包衣好的黑河 43 种子播种在 16 cm×16 cm 的黑色塑料钵中,钵中装有灭菌沙土(50% 细沙,50% 有机土壤),以未包衣的黑河 43 作对照。当幼苗长出 2 张子叶时,将制备好的 2 龄

幼虫悬浮液进行接种,每株接种 10 mL,以无菌水接种作对照。

1.6 取样方法

分别在接种 4、7、11、14 d 后取样,处理组和对照组分别取长势一致的幼苗 3 株,用自来水快速冲洗叶部,再用蒸馏水洗净,滤纸吸干后,记录好处理、对照标签分别放入收集袋中,液氮冷冻,-80℃ 保存。每个处理 3 次独立的重复。

1.7 酶粗提液的提取

提取缓冲液为 50 mmol/L pH 值 7.8 磷酸缓冲液(内含 2 mmol/L AsA 和 5 mmol/L EDTA)。参照沈文飏等的方法^[12]提取。称取 1.0 g 大豆叶片样品放入研钵中,加入 2.0 mL 提取缓冲液和少量石英砂充分研磨,用 3.0 mL 上述提取缓冲液冲洗研钵和研杵,将冲洗液和匀浆一起转入离心管中。4℃、12 000 r/min 离心 20 min,上清液即为酶粗提液。将酶粗提液放入冰箱中-20℃ 保存,待测定酶活。

1.8 抗坏血酸过氧化物酶(APX)活性测定

测定反应液为 50 mmol/L pH 值 7.0 磷酸缓冲液(内含 0.5 mmol/L AsA、0.1 mmol/L H₂O₂ 和 0.1 mmol/L EDTA-Na₂)。参照沈文飏等的方法^[12]测定。室温下 1 min 1 g 鲜质量氧化 1 μmol ASA 的酶量作为 1 个酶活性单位(U),酶活力以 D_{290 nm}/(min·g) FW 表示。

$$\text{APX 活性(U/g FW)} = \frac{\Delta D_{290 \text{ nm}} \times \text{提取液体积(mL)}}{\text{样品质量(g)} \times \text{加酶体积(mL)} \times t(\text{min})}$$

1.9 抗坏血酸过氧化物酶(APX)基因表达量分析

1.9.1 总 RNA 的提取与反转录 按照试剂盒说明书进行总 RNA 的提取, RNA D_{260 nm}/D_{280 nm} 值在 2.0~2.2 的范围内。将 1 μg 总 RNA 加入微量离心管中并于 70℃ 温育 10 min,短暂离心后置于冰上,加入试剂建立一个 20 μL 的反应体系,将反应体系置于 42℃ 温育 60 min、95℃ 加热 5 min、5℃ 放置 5 min。

1.9.2 引物设计 APX 基因在 GeneBank 的登录号为 NM_001251432。2, 根据该序列利用 Primer Premier 5.0 软件设计引物,上游引物为 5'-GGTGC TGTAGGAGTTGTAG-3',下游引物为 5'-AAAGTC TGAATGGCTGTG-3',基因片段为 216 bp。内参基因上游引物为 5'-ATCTTGACTGAGCGTGGTTATT CC-3',下游引物为 5'-GCTGGTCCTGGCTGTCTC C-3',基因片段为 126 bp。引物合成由哈尔滨生物工程有限公司完成。

1.9.3 PCR 反应条件 APX 基因:95 ℃ 预变性 3 min,95 ℃ 变性 30 s,57 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 1 min,72 ℃ 充分延伸 10 min。

1.9.4 RT-PCR 反应条件 95 ℃ 预变性 10 min,95 ℃ 变性 30 s,60 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 1 min(荧光采集 1 次),95 ℃ 30 s,60 ℃ 30 s,95 ℃ 30 s。进行 Real-time PCR 反应时,为了尽可能减少因加样引起的处理间及重复间的误差,根据试验要求尽可能先混合样品再分装。每个样品的相对表达量的值等于目的基因的表达量均值减去内参基因的表达量均值,应用比较 C_T 值法($2^{-\Delta\Delta C_T}$)进行基因表达的相对定量计算和统计分析。

2 结果与分析

2.1 菌株 XFS-4 接种大豆胞囊线虫后根内抗坏血酸过氧化物酶的变化

从图 1 可以看出,在接种 SCN 情况下,菌株 XFS-4 包衣黑河 43 的 APX 活性高于对照,随大豆生长呈先升高后下降趋势。接种条件下的黑河 43,其 APX 活性随大豆生长一直升高,说明植株在线虫的侵染下,APX 活性持续升高防御植物细胞外界氧化胁迫,而 XFS-4 包衣后的黑河 43 在 7 d 后开始下降。所以,抗坏血酸过氧化物酶的活性变化在 XFS-4 处理大豆抗大豆胞囊线虫的过程中起重要作用。

2.2 样品 RNA 的提取

取大豆样品 1 μ L 总 RNA,1.5% 琼脂糖凝胶电

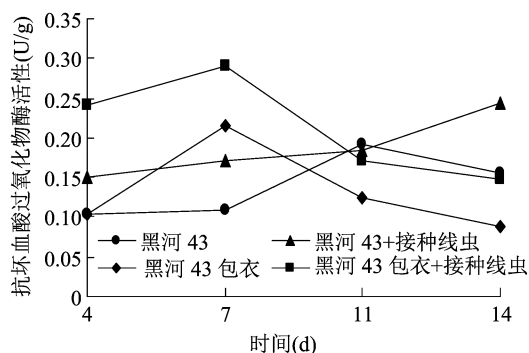
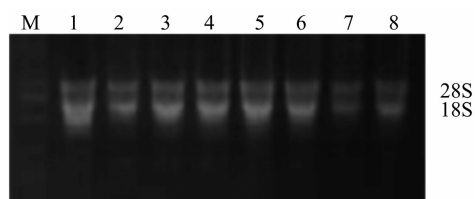


图1 不同处理接种大豆胞囊线虫后根内 APX 活性变化

泳后,可以清晰分辨 28S rRNA 和 18S rRNA,紫外分光光度计测得浓度较好,符合进一步 RT-PCR 的要求(图 2)。



M 为 maker; 1~8 为样品 RNA

图2 部分样品 RNA 电泳图

2.3 PCR 扩增结果

通过凝胶电泳分析 PCR 产物的特异性(图 3 至图 6), *Gm-Apx* 基因和 *Gm-Actin* 基因的凝胶电泳结果都仅有 1 条电泳条带,均得到特异性扩增目的产物。其中 A1-H3 和 I1-P3 是指 16 个处理 3 次重复,共 48 个上样样品。

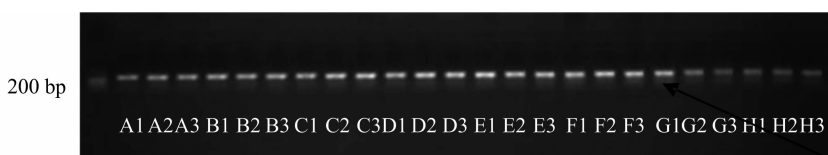


图3 A1-H3 样本 *Gm-Apx* RT-PCR 产物

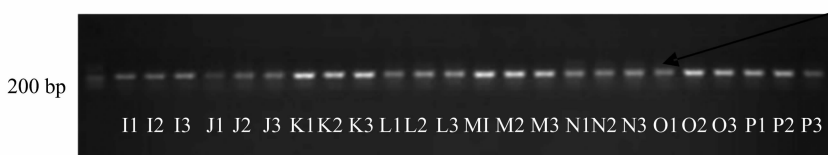


图4 I1-P3 样本 *Gm-Ax* RT-PCR 产物

2.4 对 PCR 扩增产物测序

将得到的 PCR 产物进行测序,得到 216 bp 的片段,经过 BLAST 比对分析表明,与已报道序列 NM_001251432 具有高同源性,相似度 100%。结果如

下:5'-GGTGCTGTAGGAGTTGTAGTTACTGCCGCAGTGGTGATCATCAGTTACTTGTATGAAGTTCGCAAAAGAGGGAAGTAACTGGACTTGTTCATTTTAC TTGGCTGTTACGTTTGCCTGACCCGTACCCATAAT

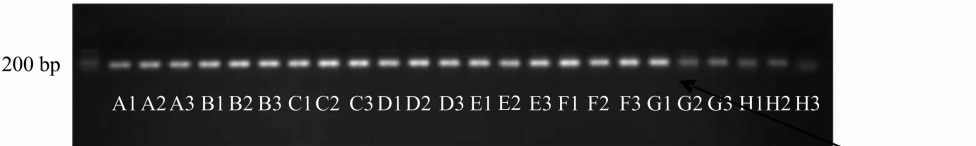


图5 A1~H3 样本 *Gm-actin* RT-PCR 产物



图6 I1~P3 样本 *Gm-actin* RT-PCR 产物

GTGAAAACAGGGTTCATTTTTGCAGCTTCAGATTC
TGTTTACTTACTACCAATAAAGAATAATGCCACAG
CCATTTCAGACTTT-3'。

2.5 *Gm-Apx* 和 *Gm-Actin* 基因的荧光定量曲线分析

通过对试验中涉及的主要参数分析,目的基因的扩增曲线为标准的“S”形,熔解曲线的峰型单一(图 7、图 8),内参基因的扩增曲线为标准的“S”形,溶解曲线的峰型单一(图 9、图 10),说明样品的质量较高,引物的特异性较好,无引物二聚体及非特异性扩增产物,内参基因和目的基因的 T_m 值分别为 84.5、83.5℃。

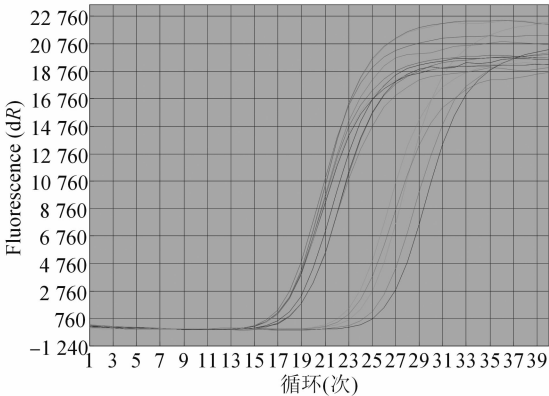


图9 A~P 样本 *Gm-action* 基因扩增曲线

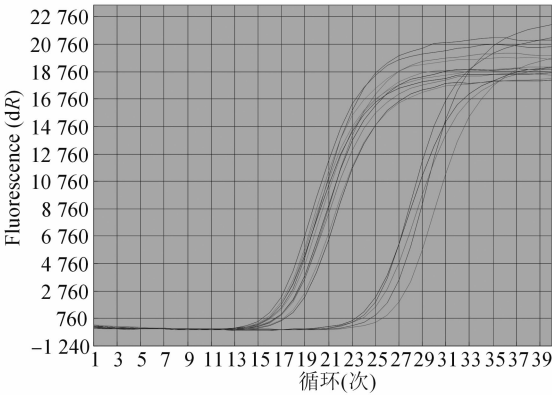


图7 A~P 样本 *Gm-Apx* 基因扩增曲线

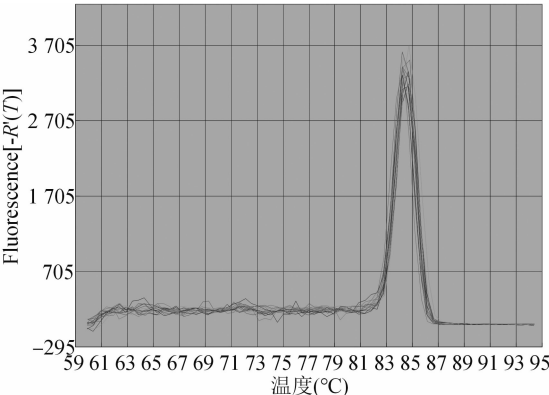


图10 A~P 样本 *Gm-actin* 基因熔解曲线

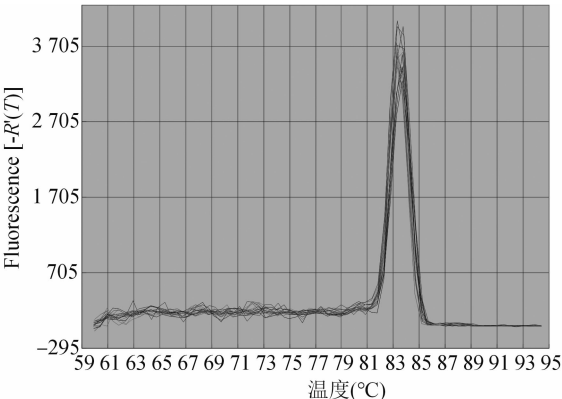
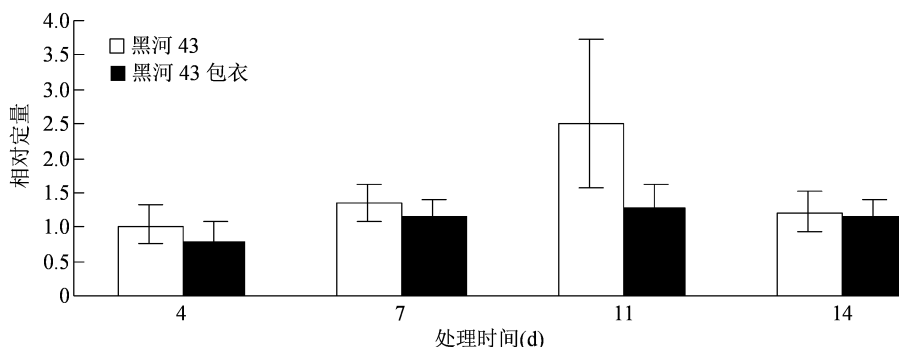


图8 A~P 样本 *Gm-Apx* 基因熔解曲线

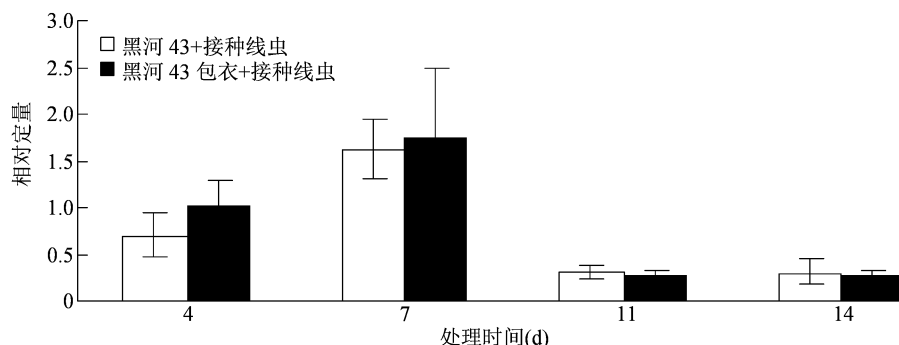
2.6 *Gm-Apx* 基因的相对定量表达分析

综合分析 Real-time PCR 的结果,大豆根内 *Gm-Apx* 基因响应 SCN 的侵染,在各处理中响应的方式相似,接种前后的同期样本中该基因的相对表达量差值整体上均出现先上调后下降的趋势,但表达效率不同。在接种无菌水 4、7、11、14 d 后, *Gm-Apx* 基因在菌株 XFS-4 包衣黑河 43 处理组中的相对表达量分别为黑河 43 对照中表达量的 0.79、0.85、0.51、0.97 倍(图 11),即菌株 XFS-4 包衣的黑河 43 在未接种线虫的情况下,其 *Gm-Apx* 的表达下调。

图11 *Gm-Apx* 在接种无菌水 4~14 d 的相对定量表达

Gm-Apx 在接种大豆胞囊线虫侵染后的 4、7、11、14 d, 其菌株 XFS-4 包衣黑河 43 处理组中相对表达量分别为黑河 43 对照中表达量的 1.46、1.08、0.87、0.92 倍(图 12), 即在接种后 4、7 d 表达上调,

而在接种 11、14 d 表达下调, 说明该基因受到线虫侵染的诱导表达, 参与了大豆早期防御胞囊线虫的侵染过程。

图12 *Gm-Apx* 在接种大豆胞囊线虫 4~14 d 的相对定量表达

3 讨论与结论

抗坏血酸过氧化物酶 (ascorbate peroxidase, APX) 是降解过氧化氢的关键酶, 能提高植物体内抗氧化酶活性和增强抗氧化代谢的水平, 是提高植物抗逆性的有效途径之一。近年来, 关于 APX 基因功能的研究主要集中在植物抗逆方面, 目前多种植物的 APX 基因在诱导抗性方面的作用已有报道。在非生物胁迫条件下, 水稻、白桦中 APX 基因表达上调^[13-14]。Park 等在甘薯中成功克隆到 *swAPX1* 基因, 研究发现 *swAPX1* 基因在受到外界非生物胁迫时, 其表达量均明显升高, 说明了 *swAPX1* 基因在清除甘薯叶片中的过氧化氢方面发挥了重要作用, 从而有利于植株克服非生物和生物胁迫造成的氧化损伤^[15]。Shi 等研究发现, 在高温条件下, 转大麦 APX 基因的拟南芥叶片正常, 而非转基因拟南芥的叶片出现大量枯黄^[16]。Kornyeyev 等获得了转叶绿体 APX 基因的棉花植株, APX 在植物体内过量表达, 其叶片中 APX 活性比野生型的提高 5 倍^[17]。

Caldwell 等研究大豆 *cAPXs* 中观察到, APX 的转录、翻译和翻译后调控可增强大豆抵抗环境胁迫的能力^[18]。Sarowar 等将辣椒 APX 基因转入烟草, 同样提高了转基因烟草的抗氧化胁迫与抗真菌能力^[19]。Li 等向烟草中转入过氧化物酶体 APX 基因, 提高了转基因烟草的抗旱耐盐能力^[20]。Yabuta 等研究表明, 在转基因烟草中, 叶绿体 APX 在清除活性氧体系中发挥着很重要的作用, 它保证了叶片的叶组织在水循环和光合作用中维持能量^[21]。方涛等以 *OsApx7* 和 *OsApx8* 突变本为材料, 证实了水稻叶绿体 APX, 特别是 APX8, 在水稻对抗干旱的逆境中发挥着重要的作用^[22]。邵振启等以水稻抗坏血酸过氧化物酶基因 *OsApx2* 为转化对象, 获得转 *OsApx2* 大豆, 抗坏血酸过氧化物酶活性等干旱指标及产量相关性状测定表明 *OsApx2* 超表达能够显著提高大豆的耐旱性^[23]。

本研究利用实时荧光定量 PCR 技术, 分析了 *Gm-Apx* 基因在菌株 XFS-4 包衣黑河 43 后抗大豆胞囊线虫过程中的表达差异, 从基因转录表达水

平上对 *Gm - Apx* 进行研究,以发现该基因与 SCN 抗性之间的关系。综合分析 Real - time PCR 的结果,在接种线虫后,菌株 XFS - 4 包衣的黑河 43 在 4、7 d 时,*Gm - Apx* 基因的表达呈上升趋势,分别为对照的 1.46、1.08 倍,这表明在接种后的前期,由于线虫的入侵,造成寄主细胞破坏,诱导了胞内 H_2O_2 的增加,继而导致了 *Gm - Apx* 基因表达上调;接种后 11、14 d,*Gm - Apx* 表达下降,分别为对照的 0.87、0.92 倍。这可能一方面是 H_2O_2 浓度下降,另一方面由于活性氧对植物自身具有一定的损害作用,植物自身启动了限制活性氧生成的机制。试验结果表明,大豆在受到线虫侵染时,菌株 XFS - 4 能够诱导 *Gm - Apx* 的表达,对植物抗性反应及解除胁迫诱导的氧化损害起了很重要的作用。

参考文献:

- [1] Allen T W, Bradley C A, Sisson A J, et al. Soybean yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2010 to 2014 [J]. *Plant Health Progress*, 2017, 18 (1): 19 - 27.
- [2] Kim D, Choi I, Han W, et al. Studies on HG type of *Heterodera glycines* in Korea [J]. *Research in Plant Disease*, 2013, 19 (1): 31 - 35.
- [3] Moens M, Li Y, Ou S Q, et al. Identification of *Heterodera glycines* using PCR with sequence characterised amplified region (SCAR) primers [J]. *Nematology*, 2008, 10 (3): 397 - 403.
- [4] Hosseini P, Matthews B F. Regulatory interplay between soybean root and soybean cyst nematode during a resistant and susceptible reaction [J]. *BMC Plant Biology*, 2014, 14: 300.
- [5] 黑河市人民政府. 增面积 育良种 延链条——黑龙江黑河大豆产业发展调查 [EB/OL]. (2022 - 09 - 15) [2023 - 03 - 30]. http://www.heihe.gov.cn/hhs/c100749/202209/c11_211788.shtml.
- [6] 项 鹏. 黑河地区大豆胞囊线虫病研究现状 [J]. *黑龙江农业科学*, 2020 (8): 113 - 115.
- [7] 曾小艳, 祁华清, 邓 义, 等. 农业农村部《大豆振兴计划实施方案》解读 [J]. *农村经济与科技*, 2020, 31 (18): 36 - 37.
- [8] 项 鹏, 郝建国, 张 武, 等. 大豆胞囊线虫生防放线菌的田间防效评估及其鉴定 [J]. *中国油料作物学报*, 2017, 39 (2): 234 - 238.
- [9] 陈立杰, 陈井生, 段玉玺, 等. 防治大豆胞囊线虫的生防放线菌初步筛选 [J]. *植物保护*, 2008, 34 (3): 116 - 119.
- [10] 黄姗姗, 段玉玺, 陈立杰, 等. 诱导大豆抗逆细菌的筛选及分子

- 鉴定 [J]. *大豆科学*, 2011, 30 (2): 205 - 210.
- [11] 刘大伟. 灰皮支黑豆对大豆胞囊线虫 3 号生理小种抗性机制研究 [D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2011: 40 - 41.
 - [12] 沈文飏, 徐朗莱, 叶茂炳, 等. 抗坏血酸过氧化物酶活性测定的探讨 [J]. *植物生理学通讯*, 1996, 32 (3): 203 - 205.
 - [13] Lu Z Q, Liu D L, Liu S K. Two rice cytosolic ascorbate peroxidases differentially improve salt tolerance in transgenic *Arabidopsis* [J]. *Plant Cell Reports*, 2007, 26 (10): 1909 - 1917.
 - [14] Chao W, Yang C P, Wang Y C. Cloning and expression analysis of an *APX* gene from *Betula platyphylla* [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2009, 37: 79 - 88.
 - [15] Park S Y, Ryu S H, Jang I C, et al. Molecular cloning of a cytosolic ascorbate peroxidase cDNA from cell cultures of sweetpotato and its expression in response to stress [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2004, 271 (3): 339 - 346.
 - [16] Shi W M, Muramoto Y, Ueda A, et al. Cloning of peroxisomal ascorbate peroxidase gene from barley and enhanced thermotolerance by overexpressing in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Gene*, 2001, 273 (1): 23 - 27.
 - [17] Korniyev D, Logan B A, Payton P, et al. Enhanced photochemical light utilization and decreased chilling - induced photoinhibition of photosystem II in cotton overexpressing genes encoding chloroplast - targeted antioxidant enzymes [J]. *Physiologia Plantarum*, 2001, 113 (3): 323 - 331.
 - [18] Caldwell C R, Turano F J, McMahon M B. Identification of two cytosolic ascorbate peroxidase cDNAs from soybean leaves and characterization of their products by functional expression in *E. coli* [J]. *Planta*, 1997, 204 (1): 120 - 126.
 - [19] Sarowar S, Kim E N, Kim Y J, et al. Overexpression of a pepper ascorbate peroxidase - like 1 gene in tobacco plants enhances tolerance to oxidative stress and pathogens [J]. *Plant Science*, 2005, 169 (1): 55 - 63.
 - [20] Li Y J, Hai R L, Du X H, et al. Over - expression of a *Populus* peroxisomal ascorbate peroxidase (*PpAPX*) gene in tobacco plants enhances stress tolerance [J]. *Plant Breeding*, 2009, 128 (4): 404 - 410.
 - [21] Yabuta Y, Motoki T, Yoshimura K, et al. Thylakoid membrane - bound ascorbate peroxidase is a limiting factor of antioxidative systems under photo - oxidative stress [J]. *The Plant Journal*, 2002, 32 (6): 915 - 925.
 - [22] 方 涛, 董艳苹, 李亚楠, 等. 水稻叶绿体抗坏血酸过氧化物酶在干旱和高盐胁迫中的作用 [J]. *植物生理学报*, 2015, 51 (12): 2207 - 2213.
 - [23] 邵振启, 孔佑宾, 李喜焕, 等. 抗坏血酸过氧化物酶基因 *OsAPX2* 转化大豆及耐旱功能分析 [C]//2017 年中国作物学会学术年会摘要集. 保定, 2017: 156.