

刘 哲, 许园园, 娄丽娜, 等. 植物抗逆和开花相关 miRNA 研究进展及在丝瓜上的应用[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(16): 6–9.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.16.002

# 植物抗逆和开花相关 miRNA 研究进展 及在丝瓜上的应用

刘 哲, 许园园, 娄丽娜, 苏小俊

(江苏省农业科学院蔬菜研究所/江苏省高效园艺作物遗传改良重点实验室, 江苏南京 210014)

**摘要:** miRNA 是生物体内的一种非编码小 RNA, 长度为 20~22 个核苷酸, 通过与靶 mRNA 互补配对, 在转录后水平上对基因表达进行负调控, 可导致 mRNA 降解或翻译抑制, 主要对植物形态建成、生长发育及对外界环境胁迫因素的应答等产生影响。介绍 miRNA 的形成, 重点阐述植物 miRNA 在响应低温、干旱、盐害等逆境胁迫和开花调控中的生物学功能, 并介绍丝瓜及葫芦科 miRNA 的近期研究情况。

**关键词:** 植物 miRNA; 抗逆; 开花; 靶基因; 丝瓜

**中图分类号:** Q78; S642.401 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)16-0006-03

miRNA 是一种非编码小 RNA, 总长度为 20~22 个核苷酸, 存在于生物体内<sup>[1-2]</sup>。1993 年第 1 个 miRNA (lin-4 miRNA) 基因在线虫 (*Caenorhabditis elegans*) 中被发现, 直到 2002 年第 1 个植物 miRNA 被发现<sup>[3-4]</sup>, 对植物 miRNA 的研究才逐渐得到世界各国科研人员的关注。虽然对植物 miRNA 的研究从 21 世纪初才开始, 与动物 miRNA 的研究相比还存在一定差距, 但随着 miRNA 研究方法的不断更新以及专业仪器设备的更新换代, 植物 miRNA 被发现的数量也不断增加, 种类也不断丰富。目前, 已经在拟南芥 (*Arabidopsis thaliana* L.)、烟草 (*Nicotiana tabacum*)、水稻 (*Oryza sativa* L.)、丝瓜属 (*Luffa* spp.)、玉米 (*Zea mays* L.)、普通小麦 (*Triticum aestivum* L.)、蕨类 (Pteridophyta) 等植物中陆续发现了不同数量和类型的 miRNA<sup>[5-12]</sup>。

## 1 植物 miRNA 的合成

miRNA 的生物进化过程在植物中是相对保守的, 并且在植物和动物中有较大的同源性, 使得其在结构和功能上有较大的相似性<sup>[13]</sup>。MIR 基因编码植物 miRNA, 且在拟南芥中, 大部分 MIR 基因位于基因间隔区<sup>[14]</sup>。miRNA 的生物合成可分为以下几步: (1) MIR 基因在 RNA 聚合酶 II 的作用下转录形成 miRNA 初级转录物 pri-miRNA<sup>[15]</sup>。pri-miRNA 结构中含有 1 个特殊结构, 即不完全的双链发夹结构, 该结构能够被核糖核酸酶 III (RNase III) 家族蛋白 DICER-LIKE 1 (DCL1) 特异性识别并加工为 miRNA 前体<sup>[13,16]</sup>。(2) 在 DCL1 等蛋白的作用下, pre-miRNA 颈环结构被去掉, 进而

形成具有 miRNA/miRNA\* 复合体结构的双链 miRNA<sup>[14]</sup>。(3) 在解旋酶作用下, 该双链 miRNA 在细胞质中被分解为 2 条单链, 而 miRNA 在 ARGONAUTE 1 (AGO1) 复合体的作用下得以保留, 进一步形成能作用于靶基因 miRNA 诱导的沉默复合物 (RNA-induced silencing complex, 简称 RISC)<sup>[17]</sup>。然后, miRNA 被降解, 但是有研究表明, 有些 miRNA 并不会被降解<sup>[18]</sup>。

## 2 植物 miRNA 功能的研究进展

### 2.1 逆境相关植物 miRNA 的研究进展

作物产量的提高和品质的提升可受到逆境胁迫的影响, 国内外科研人员正试图揭示这一复杂的植物生长发育机制, 关于其生物学机制的研究也越来越得到重视。近年来众多研究表明, miRNA 在植物胁迫响应和抗逆性提高等方面具有十分重要的作用<sup>[5,19]</sup>。研究发现, 在逆境胁迫因子诱导下, 植物体内会形成 miRNA 诱导沉默复合物, 这些复合物能与靶 mRNA 通过互补配对结合, 进而调节其相应靶基因 mRNA 的表达, 从而有效调控下游与抵抗胁迫相关基因的表达, 引起与相应抗逆性相关代谢产物的增多或减少, 实现对逆境的适应。在调控靶基因时, 1 个 miRNA 可以调控多个靶基因, 如在拟南芥中基因 *pho2* 和 *UBC24* 均可受 miRNA399 调控<sup>[20]</sup>; 同时 1 个靶基因可受多个 miRNA 调控, 如冯浩研究发现, 兴资 9104 的条锈病抗/感性状是多条 miRNA 共同调控的结果<sup>[21]</sup>。

植物组织中的一些 miRNA 受几种不同非生物胁迫的诱导。miR169 家族包含 17 个 miRNA, 它们具有 9 种不同的序列结构, 干旱胁迫时, 拟南芥通过抑制 miR169a 与 miR169c 的表达来提高抗旱性, 但在水稻中, miR169g 主要在根部和茎部表达, 以提高水稻的抗旱性<sup>[22]</sup>。Kantar 等利用 RT-PCR 的方法研究发现, 大麦叶片中 Hvu-miR156a、Hvu-miR166、Hvu-miR171、Hvu-miR408 的表达量在受到脱水处理后明显增加<sup>[23]</sup>; 另外, 利用 miRNA 芯片技术对小麦研究发现, 经过不同时间的干旱处理后, 根和叶中都有 miRNA 表达且表达量远高于对照<sup>[24]</sup>。在缺水处理时, 蒺藜状苜蓿 (*Medicago*

收稿日期: 2017-03-17

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金 [编号: CX(15)1019]。

作者简介: 刘 哲 (1987—), 男, 山东菏泽人, 硕士, 主要从事瓜类和十字花科植物遗传育种与分子生物学研究。E-mail: zhe696@126.com。

通信作者: 苏小俊, 博士, 研究员, 主要从事蔬菜作物遗传育种研究。

Tel: (025)84391259; E-mail: xiaojunsu@yahoo.com。

*truncatula*) 芽和根中的 miR398a/b 和 miR408 表达量明显增加,而 COX5b 的表达受到抑制,说明编码铜蛋白的 COX5b 可响应缺水胁迫<sup>[25]</sup>。在低温诱导下,毛果杨 miR168、miR477 以及拟南芥 miR169、miR171、miR172、miR408 等表达量明显增加,但毛果杨 miR156、miR475、miR476 的基因表达量降低<sup>[26]</sup>。研究发现,在拟南芥中 miR417 的表达受盐害胁迫调节,其过量表达可提高拟南芥的抗盐性<sup>[27-28]</sup>。同一种 miRNA 在不同的生理环境下发挥的作用不同,如利用基因沉默技术研究发现,miR395 通过靶定腺苷 5' - 磷酸硫酸 (adenosine 5' - phosphoryl sulphuric acid,简称 APS) 和 AST68 参与调节硫酸盐在植物体内的积累和配置,而在高盐和干旱胁迫下的烟草 (*Nicotiana tabacum*) 中,miR395 的表达量明显提高<sup>[29]</sup>。

一些植物 miRNA 的表达可受重金属胁迫的影响。Ding 等利用生物芯片对镉胁迫下水稻 miRNA 的表达进行分析发现,水稻中存在 19 个与镉应答相关的 miRNA,其中 miR528 的表达量在镉胁迫下增加,miR162、miR168、miR396 等的表达量下降<sup>[30]</sup>。在低硫的诱导下,拟南芥 miR395 的表达明显受到抑制<sup>[31]</sup>。植物中响应铜 (Cu) 胁迫的转录水平调控因子是 miR398,在土壤高浓度 Cu 的胁迫下,miR398 诱导超氧化物歧化酶 (superoxide dismutase,简称 SOD) 基因过量表达,合成更多的 Cu/锌 (Zn) - SOD 酶,从而使铜离子流向 SOD,降低铜离子的含量和毒害,使得植物体内的铜离子达到平衡。

## 2.2 miRNA 参与植物开花调控的研究进展

miR156 和 miR172 家族在调控植物开花过程中具有重要作用,同时,它们也是年龄途径的重要组成成员<sup>[32-33]</sup>。其中 miR172 在叶片和花蕾中的丰度随着植物年龄的增大不断增加,而 miR156 在胚胎和早期植物幼苗中的表达量较高,且随着植物年龄的增大而降低<sup>[34]</sup>。

在拟南芥中,与开花相关的 miR156 家族包括 miR156a ~ miR156j 共 10 个成员<sup>[32]</sup>,它们能靶向作用于 17 个 SPL (squamosa promoter - binding protein - like) 转录因子中的 11 个,并通过转录切割的方式下调这些 SPL 基因的表达。过表达 miR156 的植株表现出开花延迟和幼年阶段延长等现象<sup>[33]</sup>。同时,在其他作物如水稻、番茄、玉米中过表达 miR156 也表现为开花延迟,表明 miR156 在控制开花的作用上是相对保守的<sup>[35-37]</sup>。

miR172 家族包括 miR172a ~ miR172e 共 5 个成员,它们主要在 miR156 下游抑制开花<sup>[38]</sup>。通过核染色质免疫共沉淀技术验证发现,miR156 靶向基因为 SPL9 和 SPL10,是 miR172b 的直接转录激活子,同时 SPL9 过表达转基因株系中 miR172 的表达水平明显升高<sup>[39]</sup>。在拟南芥中,miR172 有 6 个靶基因,分别为 AP2、TOE1、TOE2、TOE3、SMZ、SNZ<sup>[32]</sup>,这些基因是典型的开花抑制子,并且被 miR172 在转录水平抑制<sup>[40-41]</sup>。此外 miR172 的过表达也会导致 FT、LFY、API 等上调表达,同时,SMZ 和 TOE1 也能调控 FT 基因表达<sup>[38]</sup>。

miR159 靶向作用于 MYB 转录因子,而 miR319 靶向作用于 TCP 转录因子,它们在功能上有一定的冗余<sup>[42]</sup>。在拟南芥中,MYB33、MYB65、MYB101 主要受 miR159 家族 miR159a ~ miR159c 3 个成员的调控<sup>[43]</sup>。有研究表明,miR159 能参与调控植物开花中的赤霉素途径,能够促进拟南芥在短日照下开

花<sup>[32]</sup>。TCP2、TCP3、TCP4、TCP10、TCP24 等 5 个靶基因主要受 miR319 家族中 miR319a ~ miR319c 等 3 个成员的调控<sup>[44]</sup>。过表达 miR319 的拟南芥植株在长日照条件下呈现出晚花现象<sup>[45]</sup>,此外,失去 TCP4 基因功能的突变体植株也呈现出晚花现象<sup>[46]</sup>,进一步证明 miR319 在植物开花的控制过程中起到了重要作用。近年来,大量 miRNA 被发现与植物开花的时间调控有关,如 miR390 家族和 miR399 家族<sup>[42,47]</sup>。

## 3 丝瓜 miRNA 的研究

关于丝瓜及丝瓜所属的葫芦科 miRNA 的研究起步较晚。凌键利用重测序的单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphisms,简称 SNP) 数据分析了黄瓜 miRNA 位点的遗传多样性<sup>[48]</sup>。李超汉发现,NAM 基因家族是 miR164 的靶标基因,可调控植物的生长发育,通过利用高通量测序与生物信息学手段研究发现,miRNA 参与黄瓜嫁接苗对干旱、高盐、缺氮、缺磷胁迫的应答<sup>[49]</sup>。梁超琼等研究发现,植物抗病过程和生长过程中的 MYB 类转录因子主要受 miR159 和 miR858 调控<sup>[50]</sup>。郭清利对黄瓜叶片小 RNA 进行测序分析,在黄瓜叶片中共预测到 82 个 miRNA,其中保守、非保守 miRNA 分别为 42、40 个,其中 48 个为首次发现的 miRNA<sup>[51]</sup>。刘娜等通过 Solexa 测序分析发现,嫁接能够影响植物的生长发育,并能提高植物对胁迫的抗性<sup>[52]</sup>。Chen 等利用下一代测序技术对丝瓜品种 YLB05 (耐褐变) 和 XTR05 (易褐变) 的基因表达谱进行分析,获得 9.1 GB 有效数据,提供了全面的转录组序列资源<sup>[9]</sup>。这些研究成果促进了丝瓜 miRNA 的研究,也为丝瓜耐褐变遗传育种的深入研究提供了新的思路,相信随着研究人员的不断努力和生物信息学等新技术的发展,丝瓜 miRNA 的研究会更为全面和深入。

## 参考文献:

- [1] Bartel D P. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function[J]. Cell, 2004, 116(2): 281 - 297.
- [2] Jones - Rhoades M W, Bartel D P, Bartel B. MicroRNAs and their regulatory roles in plants[J]. Annual Review of Plant Biology, 2006, 57: 19 - 53.
- [3] Llave C, Kasschau K D, Rector M A, et al. Endogenous and silencing - associated small RNAs in plants[J]. Plant Cell, 2002, 14(7): 1605 - 1619.
- [4] Reinhart B J, Weinstein E G, Rhoades M W, et al. MicroRNAs in plants[J]. Genes Dev, 2002, 16(13): 1616 - 1626.
- [5] Sunkar R, Zhu J. K. Novel and stress - regulated microRNAs and other small RNAs from *Arabidopsis* [J]. The Plant Cell, 2004, 16(8): 2001 - 2019.
- [6] Sunkar R, Girke T, Jain P K, et al. Cloning and characterization of microRNAs from rice[J]. The Plant Cell, 2005, 17(5): 1397 - 1411.
- [7] Mica E, Gianfranceschi L, Pe M E. Characterization of five microRNA families in maize [J]. Journal of Experimental Botany, 2006, 57(11): 2601 - 2612.
- [8] Kurtoglu K Y, Kantar M, Budak H. New wheat microRNA using whole - genome sequence[J]. Functional & Integrative Genomics, 2014, 14(2): 363 - 379.
- [9] Chen X, Tan T M, Xu C C, et al. Genome - wide transcriptome

- profiling reveals novel insights into *Luffa cylindrica* browning[J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2015, 463: 1243 – 1249.
- [10] Billoud B, de Paepe R, Baulcombe D, et al. Identification of new small non – coding RNAs from tobacco and *Arabidopsis* [J]. Biochimie, 2005, 87(9/10): 905 – 910.
- [11] Floyd S K, Bowman J L. Gene regulation; ancient microRNA target sequences in plants[J]. Nature, 2004, 428(6982): 485 – 486.
- [12] Axtell M J, Bartel D P. Antiquity of microRNAs and their targets in land plants[J]. The Plant Cell, 2005, 17(6): 1658 – 1673.
- [13] Liu Q, Shi L L, Fang Y D. Dicing bodies[J]. Plant Physiology, 2012, 158(1): 61 – 66.
- [14] Naqvi A R, Sarwat M, Hasan S, et al. Biogenesis, functions and fate of plant microRNAs[J]. Journal of Cellular Physiology, 2012, 227(9): 3163 – 3168.
- [15] Guleria P, Mahajan M, Bhardwaj J, et al. Plant small RNAs: biogenesis, mode of action and their roles in abiotic stresses[J]. Genomics, Proteomics & Bioinformatics, 2011, 9(6): 183 – 199.
- [16] Vaucheret H. Post – transcriptional small RNA pathways in plants: mechanisms and regulations[J]. Genes & Development, 2006, 20(7): 759 – 771.
- [17] Brodersen P, Voinnet O. Revisiting the principles of microRNA target recognition and mode of action[J]. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2009, 10(2): 141 – 148.
- [18] Shao C, Ma X, Xu X, et al. Identification of the highly accumulated microRNAs in *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*) and rice (*Oryza sativa*) [J]. Gene, 2013, 515(1): 123 – 127.
- [19] Fujii H, Chiou T J, Lin S I, et al. A miRNA involved in phosphate – starvation response in *Arabidopsis* [J]. Current Biology, 2005, 15(22): 2038 – 2043.
- [20] Bari R, Datt Pant B, Stitt M, et al. PHO2, microRNA399, and PHR1 define a phosphate – signaling pathway in plants [J]. Plant Physiology, 2006, 141(3): 988 – 999.
- [21] 冯 浩. 寄主 miRNAs 调控小麦与条锈菌互作的分子机理[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2014.
- [22] Zhao B T, Liang R Q, Ge L F, et al. Identification of drought – induced microRNAs in rice [J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2007, 354(2): 585 – 590.
- [23] Kantar M, Unver T, Budak H. Regulation of barley miRNAs upon dehydration stress correlated with target gene expression [J]. Functional & Integrative Genomics, 2010, 10(4): 493 – 507.
- [24] Kantar M, Lucas S J, Budak H. miRNA expression patterns of *Triticum dicoccoides* in response to shock drought stress[J]. Planta, 2011, 233(3): 471 – 484.
- [25] Trindade I, Capitao C, Dalmay T, et al. miR398 and miR408 are up – regulated in response to water deficit in *Medicago truncatula* [J]. Planta, 2010, 231(3): 705 – 716.
- [26] Lu S F, Sun Y H, Chiang V L. Stress – responsive microRNAs in *Populus* [J]. The Plant Journal, 2008, 55(1): 131 – 151.
- [27] Jung H J, Kang H. Expression and functional analyses of microRNA417 in *Arabidopsis thaliana* under stress conditions[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2007, 45(10/11): 805 – 811.
- [28] Doerner P. Phosphate starvation signaling: a threesome controls systemic Pi homeostasis[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2008, 11: 536 – 540.
- [29] Frazier T P, Sun G, Burklew C E, et al. Salt and drought stresses induce the aberrant expression of microRNA genes in tobacco[J]. Molecular Biotechnology, 2011, 49(2): 159 – 65.
- [30] Ding Y F, Chen Z, Zhu C. Microarray – based analysis of cadmium – responsive microRNAs in rice (*Oryza sativa*) [J]. Journal of Experimental Botany, 2011, 62(10): 3563 – 3573.
- [31] Chiou T J, Aung K, Liu S I, et al. Regulation of phosphate homeostasis by microRNA in *Arabidopsis* [J]. The Plant Cell, 2006, 18(2): 412 – 421.
- [32] Yamaguchi A, Abe M. Regulation of reproductive development by non – coding RNA in *Arabidopsis*; to flower or not to flower[J]. Journal of Plant Research, 2012, 125(6): 693 – 704.
- [33] Huijser P, Schmid M. The control of developmental phase transitions in plants[J]. Development, 2011, 138(19): 4117 – 4129.
- [34] Nodine M D, Bartel D P. Maternal and paternal genomes contribute equally to the transcriptome of early plant embryos[J]. Nature, 2012, 482(7383): 94 – 97.
- [35] Zhang X H, Zou Z, Zhang J H, et al. Over – expression of sly – miR156a in tomato results in multiple vegetative and reproductive trait alterations and partial phenocopy of the sft mutant[J]. FEBS Letters, 2011, 585(2): 435 – 439.
- [36] Chuck G, Cigan A M, Saetern K, et al. The heterochronic maize mutant *Corngrass1* results from overexpression of a tandem microRNA[J]. Nature Genetics, 2007, 39(4): 544 – 549.
- [37] Xie K B, Wu C Q, Xiong L Z. Genomic organization, differential expression, and interaction of SQUAMOSA promoter – binding – like transcription factors and microRNA156 in rice [J]. Plant Physiology, 2006, 142(1): 280 – 293.
- [38] Zhu Q H, Helliwell C A. Regulation of flowering time and floral patterning by miR172[J]. Journal of Experimental Botany, 2011, 62(2): 487 – 495.
- [39] Wu G, Park M Y, Conway S R, et al. The sequential action of miR156 and miR172 regulates developmental timing in *Arabidopsis* [J]. Cell, 2009, 138(4): 750 – 759.
- [40] Fang Y, Spector D L. Identification of nuclear dicing bodies containing proteins for microRNA biogenesis in living *Arabidopsis* plants[J]. Current Biology, 2007, 17(9): 818 – 823.
- [41] Schwab R, Ossowski S, Riester M, et al. Highly specific gene silencing by artificial microRNAs in *Arabidopsis* [J]. The Plant Cell, 2006, 18(5): 1121 – 1133.
- [42] Rubio – Somoza I, Weigel D. MicroRNA networks and developmental plasticity in plants[J]. Trends in Plant Science, 2011, 16(5): 258 – 264.
- [43] Allen R S, Li J Y, Stahle M I, et al. Genetic analysis reveals functional redundancy and the major target genes of the *Arabidopsis* miR159 family [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2007, 104(41): 16371 – 16376.
- [44] Schommer C, Bresso E G, Spinelli S V, et al. Role of microRNA miR319 in plant development [M]//MicroRNAs in plant development and stress responses. Berlin Heidelberg: Springer, 2012: 29 – 47.
- [45] Terzi L C, Simpson G G. Regulation of flowering time by RNA processing[J]. Current Topics in Microbiology and Immunology, 2008, 326: 201 – 218.
- [46] Sarvepalli K, Nath U. Hyper – activation of the TCP4 transcription

朱永琪,董天宇,宋江辉,等. 生物炭影响土壤重金属生物有效性的研究进展[J]. 江苏农业科学,2018,46(16):9-14.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.16.003

# 生物炭影响土壤重金属生物有效性的研究进展

朱永琪<sup>1</sup>,董天宇<sup>2</sup>,宋江辉<sup>2</sup>,杨光<sup>2</sup>,陈建华<sup>2</sup>,王海江<sup>1</sup>

(1. 石河子大学农学院,新疆省石河子 832000; 2. 新疆生产建设兵团绿洲生态农业重点实验室,新疆石河子 832000)

**摘要:**目前,农田土壤重金属污染治理和修复越来越受国家的重视,生物炭是从生物质中热解得到的一种富含碳的难溶性固态物质。生物炭施入土壤后,与土壤重金属发生吸附、沉淀、络合、离子交换等一系列反应,使土壤重金属钝化。土壤重金属的生物有效性是指土壤重金属在生物体内吸收、积累或产生危害的程度。生物炭可以通过改变土壤的理化性质及微生物群落结构来影响重金属的生物有效性。本文主要综述了生物炭修复土壤重金属污染的研究进展,阐述了不同材料以及不同裂解温度下生物炭对重金属生物有效性的影响,归纳总结了温度以及不同原材料对生物炭吸附行为的影响,探讨了生物炭对土壤重金属生物有效性的影响,并对今后的研究方向进行了展望。

**关键词:**生物炭;土壤;重金属;生物有效性

**中图分类号:**S156.2;X53

**文献标志码:**A

**文章编号:**1002-1302(2018)16-0009-06

土壤是构成生态系统的基本要素之一,与人类的生存和发展息息相关。近年来,随着全球工业化以及农业现代化的发展,加上农用资源的大力投入,使土壤污染日益加剧;而由于土壤重金属污染具有滞后性、不可逆性以及隐蔽性,学者对土壤重金属污染的关注也日益增多<sup>[1]</sup>。据报道,在全球范围内,由人类活动向环境投放的重金属约有 2 441.5 万 t<sup>[2]</sup>,而在我国受重金属污染的耕地面积约有  $2.0 \times 10^7 \text{ hm}^2$ <sup>[3]</sup>,其中广西、四川、辽宁、云南等地区的铅(Pb)含量是背景值的 2.5 倍,大部分省(区)的镉(Cd)含量是土壤背景值的 2 倍以上,某些省(区)甚至是背景值的 10 倍,Pb、铬(Cr)、铜(Cu)、锌(Zn)在部分省(区)超标也极为严重<sup>[4]</sup>。农业部农产品污染防治重点实验室调查显示,重金属超标的农产品面积占污染物超标农产品种植总面积的 80% 以上<sup>[5]</sup>。因此,明确土壤重金属的毒害机制,开展土壤重金属污染修复研究,对于缓解土壤压力、改善生态环境具有重大意义。

重金属的生物有效性是衡量重金属元素的迁移性以及

生态环境影响的重要指标之一。重金属的生物有效性是指重金属能对生物体产生毒性效应或被生物吸收的性质,包括毒性和生物可利用性,是评价生态地球化学的重要参数<sup>[6]</sup>。Lamba 等通过分析重金属的生物有效性认为,重金属的生物有效性不仅与总量有关,还与各形态之间分布密切相关<sup>[7]</sup>。故学者们通过研究不同形态的重金属对生物吸收的贡献程度,可以确定重金属的生物有效性<sup>[8]</sup>。土壤重金属总量、土壤 pH 值和土壤有机质含量等是影响农田土壤重金属生物有效性的重要因素,因此目前对土壤重金属生物有效性的研究多从土壤 pH 值、有机质含量、土壤重金属总量及其形态分布等着手。重金属的生物有效性决定着其在土壤中毒性的强弱,因此,在重金属污染土壤的修复过程中,通过降低重金属的生物有效性来改善土壤质量一直是学者们的研究热点,而生物炭作为一种新型的土壤改良剂,也逐渐被应用于修复土壤重金属污染。

生物炭最初被认为是肥力很高的“黑土壤”<sup>[9]</sup>,随后“生物炭之父”Wim Sombroek 进一步详细描述了生物炭的分布和特点,Lehmann 等在《Nature》上发表的文章中提出:Black is green<sup>[10]</sup>,随着相关研究的深入,学者对于生物炭的关注与日俱增。生物炭是指生物质在限氧条件下经高温慢热解(通常温度 < 700 °C)产生的一类难溶的、稳定的、芳香化的富碳物质<sup>[11]</sup>。国际生物炭协会(International Biochar Initiative,简称 IBI)指出,生物炭施加到土壤中具有农业应用价值和环境效益<sup>[12]</sup>。生物炭作为一种有机质,不仅可以增强土壤肥力,而且其较大的孔隙度和比表面积,具有很好的吸附性能,因此在

收稿日期:2017-03-02

基金项目:国家科技合作交流项目(编号:2015DFA11660);新疆生产建设兵团科技支疆项目(编号:2014AB002);石河子大学自然科学一般项目(编号:RCZX201522)。

作者简介:朱永琪(1993—),男,甘肃天水人,硕士研究生,主要从事土壤重金属污染改良研究。E-mail:960656931@qq.com。

通信作者:王海江,博士,副教授,主要从事农业信息化方面的研究。E-mail:whj-219@163.com。

factor in *Arabidopsis thaliana* accelerates multiple aspects of plant maturation[J]. The Plant Journal,2011,67(4):595-607.

[47] Kruska K, Pieczynski M, Windels D, et al. Role of microRNAs and other sRNAs of plants in their changing environments[J]. Journal of Plant Physiology,2012,169(16):1664-1672.

[48] 凌键. 黄瓜 WRKY 基因家族及 microRNA 的鉴定与分析[D]. 北京:中国农业科学院,2012.

[49] 李超汉. 黄瓜嫁接苗 microRNA 鉴定及对非生物胁迫的应答

[D]. 北京:中国农业科学院,2014.

[50] 梁超琼,刘华威,罗来鑫,等. 黄瓜中与黄瓜绿斑花叶病毒感染相关的 miRNA 表达特征分析[J]. 植物病理学报,2016,46(1):56-62.

[51] 郭清利. 基于高通量测序数据的黄瓜 Small RNA 识别和 PhaseTank 软件开发[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2014.

[52] 刘娜,杨景华,张明方. 嫁接西瓜 microRNA 的鉴定以及表达差异研究[C]. 中国园艺学会 2011 年学术年会. 合肥,2011.