

程鸿燕,郭 昱,马芳芳,等. 谷子 *NCED* 基因家族鉴定及其干旱胁迫响应表达模式分析[J]. 江苏农业科学,2019,47(1):40–44.
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2019.01.009

谷子 *NCED* 基因家族鉴定及其干旱胁迫响应表达模式分析

程鸿燕¹, 郭 昱¹, 马芳芳¹, 王玉文³, 禾 璐⁴, 韩渊怀^{1,2}

(1. 山西农业大学农学院,山西太谷 030801; 2. 山西农业大学生物工程研究所,山西太谷 030801;
3. 山西省农业科学院谷子研究所,山西长治 046000; 4. 山西省农业科学院玉米研究所,山西忻州 034000)

摘要:基于转录组数据分析并结合谷子基因组数据库鉴定出 10 个候选 *NCED* 基因,对它们的结构特点、理化性质、启动子元件功能等进行分析,并以抗旱 (GG) 和干旱敏感谷子品种 (JF16) 为材料,对 PEG 胁迫前后差异基因的表达特点进行分析。结果表明,谷子中编码 *NCED* 家族基因启动子中含较多与抗旱胁迫相关的功能元件;经 PEG 胁迫处理后,*Seita. 2G035400* 在 GG 和 JF16 中表达量均上调,但上调幅度有所差异。该研究结果进一步加强对植物 *NCED* 基因家族的了解,也为后续进行谷子抗旱机制和抗旱分子育种提供了理论借鉴依据。

关键词:谷子;*NCED* 家族基因;干旱胁迫;表达;生物信息学

中图分类号: S515.01 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002–1302(2019)01–0040–04

谷子 [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] 是禾本科狗尾草属的粮草兼用作物,最早被驯化种植于中国北方,已有 8 700 多年的栽培史^[1],其营养价值高,富含人体所需的类胡萝卜素、氨基酸、叶酸和硒等成分^[2],至今仍被誉为“五谷之首”。谷子叶面积小、自花授粉、蒸腾效率和水分利用效率高,具有耐干旱、耐贫瘠特性^[3]。但是近年来,随着全球气候变暖,可利用水资源日趋匮乏,干旱成为制约作物正常生长发育的关键因素之一。

发掘谷子耐旱基因,了解其基因家族在干旱胁迫条件下的表达模式,对谷子抗旱新品种选育具有极为重要的指导作用。作物在干旱、盐碱、低温、冻害等非生物胁迫条件下,可通过自身调节来适应或抵制这些胁迫^[4–5]。脱落酸 (abscisic acid, ABA) 作为一种植物激素,是一种极为重要的逆境信号,不仅在植物生长发育过程不同阶段起重要作用,而且在干旱、低温、衰老、盐渍等多种逆境响应中起着重要调控作用,可通过介导叶片气孔关闭过程来抵御干旱胁迫^[6–7]。

9-顺式-环氧类胡萝卜素双加氧酶 (9-*cis*-epoxycarotenoid dioxygenase, *NCED*) 属于类胡萝卜素双加氧裂解酶 (carotenoid cleavage dioxygenases, CCDs) 家族成员,被认为是高等植物 ABA 生物合成过程中最重要的限速酶,有研究表明其表达量与植物体内 ABA 含量呈正相关^[8–10]。编码

NCED 的基因最初是从玉米突变体 *viviparous4* (*vp4*) 中被克隆^[11],随后在其他植物如番茄^[12]、豇豆^[13]、拟南芥^[8,14]、柱花草^[15]等中也克隆得到了 *NCED* 基因。近年来,我国在 *NCED* 响应小麦、拟南芥、花生、烟草、水稻等作物干旱胁迫的研究中发现,干旱胁迫可以诱导 *NCED* 基因表达和内源 ABA 的积累,且在一定范围内,该基因表达与 ABA 积累随脱水延长而明显增强^[16–20],这说明 *NCED* 基因在提高植物抗旱能力方面具有重要研究价值。

谷子是重要的抗逆模式作物,目前,尚无对谷子中 *NCED* 家族进行系统研究的相关报道,干旱胁迫下谷子 *NCED* 基因家族情况及其结构特点和表达特征并不明晰。本研究以耐旱品种勾勾母鸡咀 (GG) 和干旱敏感品种晋汾 16 (JF16) 为试验材料,在人工气候室模拟昼夜条件对其进行培养,于苗期进行 20% 聚乙二醇 6000 (PEG–6000) 模拟干旱处理后取材,用于表达谱测序。从中找到抗旱相关基因 *NCED* 后,利用生物信息学方法从谷子基因组数据库中鉴定同源 *NCED* 基因,并系统分析其基因家族成员的结构特点、理化特性、启动子调控元件、进化关系以及该基因家族成员在干旱胁迫下的表达特点,旨在为进一步研究谷子抗旱分子育种提供有用信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验所用植物材料为耐旱性品种勾勾母鸡咀 (GG) 和干旱敏感性品种晋汾 16 (JF16),均由山西农业大学农业生物工程研究所提供。将这 2 个品种种植在混合均匀的基质 (营养土:蛭石 = 3:1) 上,然后将其放于人工气候室,模拟外界昼夜条件进行 14 h 光培养 (28 ℃) 和 10 h 暗培养 (23 ℃),出苗培养 21 d 后,将 2 个品种谷子幼苗用一定量的 20% PEG–6000 模拟干旱胁迫处理 0.5 h,而对照组幼苗用同等量的蒸馏水处理相同时间。之后在对照组和处理组中的每个品种中分别随机取出 3 株幼苗,进行 RNA 提取和表达谱测序。

收稿日期:2018–05–17

基金项目:国家自然科学基金 (编号:31401396); 山西省青年科技研究基金 (编号:201601D021125); 山西省重点研发项目 (编号:201703D211008); 山西省主要农作物物质创新与分子育种重点科技创新平台项目 (编号:201605D151002); 山西农业大学校基金 (编号:2013YJ04、2014022、2014Y22–5)。

作者简介:程鸿燕 (1994—),女,山西运城人,硕士研究生,主要从事植物抗旱生理与分子育种研究。E-mail:chy2016zwx@163.com。

通信作者:韩渊怀,男,教授,博士生导师,主要从事作物分子育种与作物抗逆机理研究。E-mail:swgctd@163.com。

1.2 试验方法

根据表达谱测序结果查询到 *NCED* 基因名,并通过查阅相关文献和代谢途径,明确其注释功能;利用 Phytozome v 12.1 (<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>) 基因组数据库进行搜索,查找 *NCED* 基因家族信息。利用 GSDS 2.0 (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>) 软件进行基因结构分析;利用 ExPASy (<https://web.expasy.org>) 软件对谷子 *NCED* 基因家族的蛋白质分子量和理论等电点等理化性质进行预测分析;利用 PlantCARE (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) 预测谷子 *NCED* 基因家族启动子(基因上游 1 500 bp 序列)相关元件并进行统计;采用 MAGA 7.0 软件对谷子 *NCED* 蛋白及拟南芥、水稻、小麦和玉米等近缘物种中 *NCED* 蛋白构建进化树,进行亲缘关系比对。

2 结果与分析

2.1 谷子 *NCED* 基因的基本信息及结构分析

在 Phytozome v12.1 的谷子数据库中找到 10 个 *NCED* 家族基因,并对其基本信息(染色体位置、CDS 序列和氨基酸序列)进行统计与分析,结果发现,谷子 *NCED* 家族基因分布在不同的染色体上,其中 1 号、4 号和 9 号染色体上各包含 1 个成员,2 号和 3 号染色体上各包含 2 个成员,5 号染色体上的 *NCED* 家族基因最多,为 3 个(表 1)。谷子 *NCED* 家族基因 CDS 序列的平均长度为 1 773 bp,不同成员的 CDS 序列长度之间也存在差异,其中 *Seita. 9G156500* 的 CDS 序列最长,为 1 965 bp;*Seita. 3G408300* 的 CDS 序列最短,为 1 638 bp(表 1)。

表 1 谷子 9-顺式环氧类胡萝卜素双加氧酶基因的基本信息及蛋白的理化性质

基因编号	基因	染色体位置	CDS 序列长度 (bp)	氨基酸序列长度 (aa)	蛋白质等电点 (PI)	蛋白质分子量 (ku)
1	<i>Seita. 2G035400</i>	2	1 749	582	6.30	62 683.19
2	<i>Seita. 9G156500</i>	9	1 965	654	6.33	70 862.56
3	<i>Seita. 3G391000</i>	3	1 809	602	5.84	64 836.25
4	<i>Seita. 1G288400</i>	1	1 953	650	6.64	69 687.16
5	<i>Seita. 3G408300</i>	3	1 638	545	5.90	61 390.23
6	<i>Seita. 2G174500</i>	2	1 833	610	6.71	68 161.50
7	<i>Seita. 4G062800</i>	4	1 707	568	5.81	64 435.63
8	<i>Seita. 5G315800</i>	5	1 734	577	6.48	62 634.96
9	<i>Seita. 5G315600</i>	5	1 683	560	6.04	61 291.42
10	<i>Seita. 5G315700</i>	5	1 662	553	7.66	60 585.91

为进一步分析谷子 *NCED* 家族基因的结构特征,使用 GSDS 2.0 软件对 *NCED* 家族成员的基因序列和 CDS 序列进行结构分析,结果显示,*NCED* 家族不同成员之间的结构存在较大差异,其中 *Seita. 2G035400* 和 *Seita. 3G391000* 具有相同

的结构,都没有内含子和上下游,只有编码区序列;其余 8 个基因都含有内含子和编码区序列,但数目差异较大,并且 *Seita. 1G288400* 和 *Seita. 4G062800* 与其余 6 个基因结构差异更大,未发现上下游结构(图 1)。

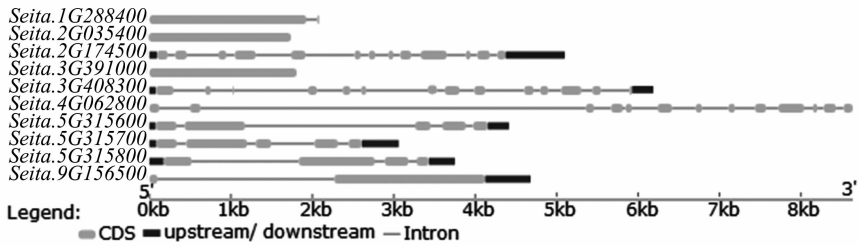


图1 谷子*NCED*家族基因内含子-外显子结构

2.2 谷子 *NCED* 理化性质

根据豫谷 1 号 *NCED* 的 cDNA 序列预测到的氨基酸序列可知,谷子 *NCED* 家族基因氨基酸序列的平均长度为 590 aa,而不同成员的氨基酸序列长度之间存在差异,其中 *Seita. 9G156500* 的氨基酸序列最长,为 654 aa;*Seita. 3G408300* 的氨基酸序列最短,为 545 aa(表 1)。蛋白质分子量在 60 585.91 ~ 70 862.56 ku 之间,平均值为 64 656.88 ku,其中 *Seita. 9G156500* 的蛋白质分子量最大(70 862.56 ku),*Seita. 5G315700* 的蛋白质分子量最小(60 585.91 ku);等电点介于 5.81(*Seita. 4G062800*) ~ 7.66(*Seita. 5G315700*)之间,均值为 6.37,并且除 *Seita. 5G315700* 的蛋白质等电点呈弱碱性外,其余 9 个均呈酸性,可见它们发挥其最大催化活性的最适

pH 值有所差异(表 1)。

2.3 谷子 *NCED* 基因家族系统进化树

为进一步分析谷子 *NCED* 基因家族之间及其与其他植物 *NCED* 之间亲缘关系的远近,了解其进化过程,将所得到的谷子 *NCED* 基因编码的蛋白序列与其他物种(水稻、玉米、高粱、拟南芥、大麦、小麦和狗尾草)进行 BLAST 蛋白同源性检索,并下载其他物种的 *NCED* 蛋白序列,之后将其与谷子 *NCED* 基因家族成员进行比对,并构建进化树(图 2)。结果发现,谷子 *NCED* 基因家族中,*Seita. 5G315800*、*Seita. 5G315600* 和 *Seita. 5G315700* 单独聚为一大类,暗示这 3 个基因虽然与谷子中一些基因亲缘关系较近,但在进化过程中它们所编码的蛋白序列存在较多氨基酸变异位点;而其余 7 个

基因与其他 7 个物种的 NCED 聚为一大类,说明谷子的这 7 个基因亲缘关系较近,并且在这一大类中,谷子 *Seita. 2G035400* 与狗尾草中 *NCED* 基因 (*Sevir. 2G040100*) 是相同的,它们与高粱的 *NCED* 亲缘关系最近,与水稻、小麦的亲缘关系次之;谷子 *Seita. 9G156500* 与大麦 *NCED* 的亲缘关系最

近;谷子 *Seita. 3G391000* 与玉米 *NCED* 的亲缘关系最近;而 *Seita. 9G156500* 和 *Seita. 3G391000* 与拟南芥 *NCED* 的亲缘关系的远近各次于大麦和玉米。这一结果与植物经典分类结果相一致。

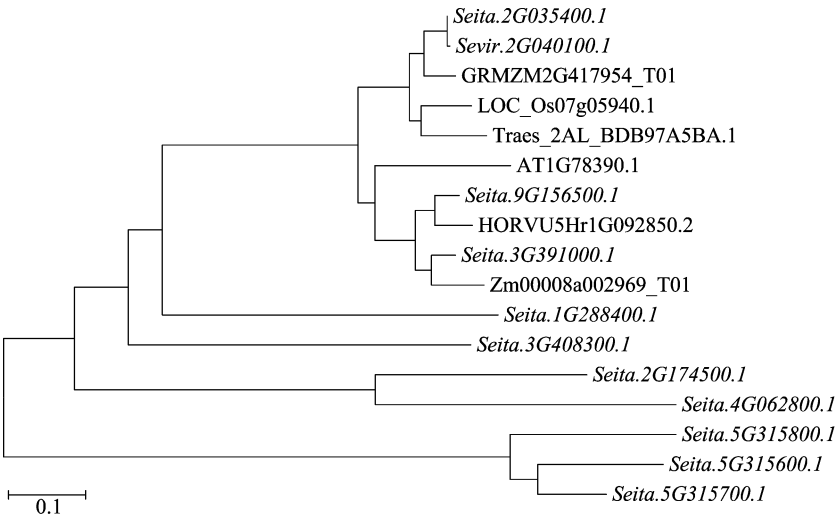


图2 谷子 NCED 家族基因进化树分析

2.4 谷子 NCED 家族基因启动子调控元件功能分析

通过 PlantCARE 软件对谷子 NCED 家族基因启动子(基因上游 1 500 bp)顺式作用元件进行功能预测,有利于进一步鉴定该家族基因在谷子抗旱机制中所起的作用。本研究主要对激素响应元件和逆境胁迫响应元件进行了统计,结果(表 2)表明,每个基因启动子中均含有厌氧诱导响应元件,有部分基因启动子中含有低温响应和热响应元件;除基因 *Seita. 5G315600* 外,其余 9 个基因启动子中均含有 ABA 响应元件;除基因 *Seita. 9G156500*、*Seita. 1G288400* 和 *Seita. 3G408300*

外,其余 7 个基因均含有 MeJA 响应元件,并且 *Seita. 5G315800* 中最多(为 12 个);有 5 个基因启动子中含有 SA 响应元件,它们分别是 *Seita. 3G391000*、*Seita. 3G408300*、*Seita. 2G174500*、*Seita. 5G315600* 和 *Seita. 5G315700*;除基因 *Seita. 2G035400*、*Seita. 9G156500* 和 *Seita. 2G174500* 外,其余 7 个基因启动子中均含有 GA 响应元件,并且 *Seita. 4G062800* 中最多(为 3 个);有 5 个基因启动子均含有 MYB 响应元件,它们分别是 *Seita. 9G156500*、*Seita. 3G391000*、*Seita. 2G174500*、*Seita. 5G315800* 和 *Seita. 5G315600*。

表 2 谷子 NCED 家族基因启动子功能元件数目

基因	功能元件数目(个)							
	ABA	MeJA	SA	GA	MYB	低温响应	热响应	厌氧诱导响应
<i>Seita. 2G035400</i>	4	8	0	0	0	1	1	3
<i>Seita. 9G156500</i>	4	0	0	0	3	0	0	2
<i>Seita. 3G391000</i>	1	2	1	1	1	1	2	1
<i>Seita. 1G288400</i>	1	0	0	2	0	0	0	5
<i>Seita. 3G408300</i>	2	0	2	1	0	0	0	7
<i>Seita. 2G174500</i>	2	8	1	0	2	0	0	4
<i>Seita. 4G062800</i>	2	6	0	3	0	0	0	1
<i>Seita. 5G315800</i>	9	12	0	1	1	0	0	1
<i>Seita. 5G315600</i>	0	4	3	1	1	0	1	1
<i>Seita. 5G315700</i>	8	8	1	1	0	0	0	1

2.5 谷子 NCED 家族基因成员在干旱胁迫下的表达模式

对谷子幼苗进行干旱胁迫处理后,根据表达谱测序结果,对勾勾母鸡咀和晋汾 16 中 *NCED* 基因表达量进行分析,这 2 个品种中均含有 *Seita. 2G035400* 基因。从图 3 中可以看出,GG 和 JF16 经不同处理后其体内 *Seita. 2G035400* 基因均有表达,并且经干旱胁迫处理后该基因的表达量与对照相比均升高,但该基因在干旱敏感性品种 JF16 中表达量增幅明显高于在耐旱品种 GG 中表达量增幅(图 3)。

3 讨论与结论

脱落酸 ABA 与植物生长发育调控、气孔开闭以及对逆境适应和抵御之间关系密切,是一种尤为重要的激素调节物质^[21-22]。因此,有必要分析 ABA 生物合成关键基因,明确其家族基因结构与功能,掌握其在 ABA 生物合成中所起作用,进而通过调控植物体内 ABA 含量来达到植物自身生理调控目的。*NCED* 基因就是参与 ABA 生物合成调控的一类关键基因^[9]。

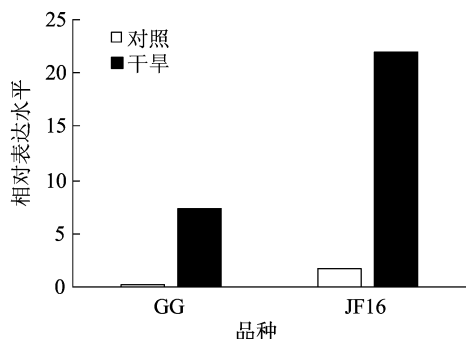


图3 谷子NCED基因在干旱胁迫下的表达分析

从谷子 NCED 家族基因启动子元件功能预测发现,有很多调控元件与植物干旱胁迫响应物质有关,如 ABRE 和 motif IIb(CGCCCGCGCT)是 ABA 响应元件,而 ABA 可通过调节气孔开闭或者促进根系对水分吸收等途径来调控植物对干旱胁迫的适应性,Neill 等研究认为,ABA 是植物的抗逆诱导因子^[23];CGTCA-motif 和 TGACG-motif 为茉莉酸甲酯(methyl-jasmonate, MeJA)响应元件,而研究报道 MeJA 在代谢和生理调控上类似于植物激素脱落酸的作用^[24],它可以提高作物抗旱性^[25];TCA-element 是水杨酸(salicylic acid, SA)响应元件,水杨酸是植物内源信号分子之一,可通过减少植物体内细胞自由基积累和减轻细胞膜脂过氧化等途径来缓解干旱胁迫对植物自身的影响。陶宗娅等通过对干旱胁迫下的小麦外施一定浓度的 SA 发现,SA 具有缓解干旱作用^[26];TATC-box 是赤霉素(gibberellin acid, GA)响应元件,用一定浓度 GA 对烟草种子进行引发处理后可提高其种子和幼苗的抗旱性^[27];MBS(TAACTG 和 CAACTG)是 MYB 转录因子结合位点响应元件,MYB 转录因子与植物抗逆胁迫有关,据报道,拟南芥中 ATMYB41 在干旱、ABA 和盐胁迫处理下高水平表达^[28]。此外, HSE(AAAAAATTT)和 LTR(CCGAAA)分别是热胁迫和低温胁迫响应元件,TC-rich repeats(ATTCTCTAAC)是胁迫调控相关元件。因此可以推测谷子生长发育过程中通过这些调控元件共同作用来响应干旱、低温等逆境胁迫。

从本试验中对 NCED 家族中 *Seita. 2G035400* 基因表达量的分析可以看出,在正常浇水条件下,2 个品种谷子 GG 和 JF14 中 *Seita. 2G035400* 表达量很低或者几乎不表达,干旱胁迫后诱导该基因大量表达(图 3),说明该基因响应干旱胁迫,并且在耐旱品种与干旱敏感品种中所起作用相同,只是由于表达量的差异而引起这 2 个谷子品种的抗旱能力不同。这与前人研究结果相一致,前人研究报道已证明 NCED 基因经干旱胁迫后大量表达,并通过调控植物内源 ABA 含量来抵御干旱胁迫^[14, 29-30]。

综上所述,本研究基于 PEG 胁迫后谷子表达谱数据和 Phytozome 谷子基因组数据库,鉴定出 10 个谷子 NCED 基因,运用生物信息学方法对其基本信息、结构特点、蛋白理化性质和启动子元件功能等进行了分析预测,并对其中一个基因 *Seita. 2G035400* 在干旱胁迫条件下的表达模式进行了分析,研究结果为谷子抗旱分子育种提供了理论借鉴基础,后期研究有望通过克隆谷子中 NCED 基因,利用转基因技术使其在谷子中过量表达,并通过耐旱性筛选试验来验证基因功能。

参考文献:

- [1] 李荫梅. 谷子育种学[M]. 北京:中国农业出版社,1997:421-446.
- [2] Muthamilarasan M, Prasad M. Advances in setaria genomics for genetic improvement of cereals and bioenergy grasses[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(1): 1-14.
- [3] Diao X, Schnable J, Bennetzen J L, et al. Initiation of setaria as a model plant[J]. Frontiers of Agricultural Science and Engineering, 2014, 1(1): 16-20.
- [4] Hu H, Xiong L. Genetic engineering and breeding of drought-resistant crops[J]. Annual Review of Plant Biology, 2014, 65(1): 715-741.
- [5] Zhu J K. Salt and drought stress signal transduction in plants[J]. Annual Review of Plant Biology, 2002, 53: 247-273.
- [6] Cutler S R, Rodriguez P L, Finkelstein R R, et al. Abscisic acid: emergence of a core signaling network[J]. Annual Review of Plant Biology, 2010, 61(1): 651-679.
- [7] Shinozaki K, Yamaguchi - Shinozaki K. Gene networks involved in drought stress response and tolerance[J]. Journal of Experimental Botany, 2007, 58(2): 221-227.
- [8] Tan B C, Joseph L M, Deng W T, et al. Molecular characterization of the *Arabidopsis* 9-cis epoxycarotenoid dioxygenase gene family[J]. The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology, 2003, 35(1): 44-56.
- [9] Ren H, Gao Z, Chen L, et al. Dynamic analysis of ABA accumulation in relation to the rate of ABA catabolism in maize tissues under water deficit[J]. Journal of Experimental Botany, 2007, 58(2): 211-219.
- [10] Schwartz S H, Qin X, Zeevaert J A. Elucidation of the indirect pathway of abscisic acid biosynthesis by mutants, genes, and enzymes[J]. Plant Physiology, 2003, 131(4): 1591-1601.
- [11] Tan B C, McCarty D R. Genetic control of abscisic acid biosynthesis in maize[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1997, 94(22): 12235-12240.
- [12] Burbidge A, Grieve T, Jackson A, et al. Structure and expression of a cDNA encoding a putative neoxanthin cleavage enzyme (NCE) isolated from a wilt-related tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) library[J]. Journal of Experimental Botany, 1997, 48(12): 2111-2112.
- [13] Iuchi S, Kobayashi M, Yamaguchi - Shinozaki K, et al. A stress-inducible gene for 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase involved in abscisic acid biosynthesis under water stress in drought-tolerant cowpea[J]. Plant Physiology, 2000, 123(2): 553-562.
- [14] Iuchi S, Kobayashi M, Tajiri T, et al. Regulation of drought tolerance by gene manipulation of 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in abscisic acid biosynthesis in *Arabidopsis* [J]. Plant Journal, 2001, 27(4): 325-333.
- [15] Yang J, Guo Z. Cloning of a 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase gene (*SgNCED1*) from *Stylosanthes guianensis* and its expression in response to abiotic stresses[J]. Plant Cell Reports, 2007, 26(8): 1383-1390.
- [16] 李康, 聂小军, 方桂英, 等. 普通小麦及其近缘种 NCED 基因的克隆及表达分析[J]. 西北农业学报, 2010, 19(6): 55-59.
- [17] 李嘉怡, 苏良辰, 何月容, 等. 超表达 *AhNCED1* 拟南芥植株在渗透胁迫下抗氧化能力和抗旱相关下游基因表达变化[J]. 植物

杜尚广,余波. 互叶白千层优株筛选及丛生芽诱导培养[J]. 江苏农业科学,2019,47(1):44-47.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.01.010

互叶白千层优株筛选及丛生芽诱导培养

杜尚广,余波

(南昌师范学院,江西南昌 330032)

摘要:本研究以 3 种互叶白千层枝叶为试验材料,采用同时蒸馏法提取精油,通过气相色谱-质谱(GC-MS)联合分析鉴定其化学成分。在此基础上,采用正交试验对优株诱导培养基的激素种类和浓度进行优化。结果发现,互叶白千层品种 2 精油中松油醇-4 含量为 42.9%,1,8-桉树油素含量为 11.24%,较佳的丛生芽诱导培养基为 MS + 0.05 mg/L NAA + 0.15 mg/L 6-BA + 0.05% 活性炭 + 0.07 mmol/L 硝酸镧, pH 值 5.8,该条件下的诱导率是 96.4%。结果表明,互叶白千层品种 2 是高精油优良株系,精油成分符合国际标准(ISO4730—1996),上述丛生芽诱导培养基为最佳诱导培养基。

关键词:互叶白千层;优株筛选;茶树油;成分分析;丛生芽诱导

中图分类号: S722.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)01-0044-04

互叶白千层(*Melaleuca alternifolia*)属于桃金娘科(Myrtaceae)白千层属(*Melaleuca*)常绿小乔木,原产于澳洲北部沿海地带,现已被大量引种到部分热带和亚热带的国家和地区^[1]。互叶白千层耐干旱贫乏及渍水地,适合种植在气温不低、无霜期长的地区,20 世纪 80 年代引种到我国,现主要分布在广东、广西和云南等地^[2]。互叶白千层的新鲜枝叶和树干提取的精油俗称茶树油,茶树油散发出宜人的肉豆蔻香气,能够有效、无刺激地杀死人身体皮肤表层的真菌和细

菌^[3-6],并对一些病毒具有抑制作用^[7-9],因而广泛应用于医药用品、食品防腐、护肤品、香料产业和农业药品等领域^[10-13]。互叶白千层花色洁白聚生,树型整齐,气味芳香,是创建保健园林绿化树种的首选,且其能够耐湿生、抗水淹,可以固定河床^[14]。所以,种植互叶白千层具有很大的生态和经济效益。

互叶白千层可分为 3 种类型,松油醇-4 型,桉叶油素型和混合型,现在能被广为利用的是松油醇-4 型^[15]。而我国引进的树种良莠不齐,所提取的茶树油大部分不符合国际标准,给茶树油的生产和贸易带来了许多问题。目前,国内并没有学者对互叶白千层系统地进行优良精油株系筛选。所以,有必要进行优株的筛选。互叶白千层种子多败育,发芽率仅 10% 左右,且后代易产生变异^[16]。扦插生根率虽高,但成活率较低^[17-18]。而通过快速繁殖技术获得的组培苗由于具有产量高,易于生产管理,且能保持原有品种的优良性状等优点,有希望成为互叶白千层产业化育苗的主要繁殖手段。目

收稿日期:2017-08-24

基金项目:江西省科技支撑计划(编号:2015ZBBE50020);江西省南昌市科技支撑计划(编号:2014HZZC021);江西省教育厅科技重点项目(编号:GJJ181070)。

作者简介:杜尚广(1987—),男,安徽宿州人,博士,助教,主要研究方向为植物资源开发与利用。E-mail: duguangss@foxmail.com。

通信作者:余波,教授,主要研究方向为植物资源开发与利用。E-mail: yuboxxie@163.com。

生理学报,2012,48(12):1167-1172。

[18]胡博,肖素妮,吕滢,等. 不同花生品种响应于干旱胁迫后叶片内 ABA 与 AhNCED1 的分布[J]. 中国细胞生物学学报,2012,34(10):992-997。

[19]牛志强,刘国顺,师婷婷,等. 烟草 NCED3 基因的克隆及其干旱胁迫表达分析[J]. 中国烟草学报,2015,21(3):100-106。

[20]徐学中,汪婷,万旺,等. 水稻 ABA 生物合成基因 OsNCED3 响应干旱胁迫[J]. 作物学报,2018,44(1):24-31。

[21]Davies W J, Zhang J. Root signals and the regulation of growth and development of plants in drying soil[J]. Physiol Plant Mol Biol, 1991,42(1):55-76。

[22]And P C, Robertson M. Gene expression regulated by abscisic acid and its relation to stress tolerance[J]. Physiol Plant Mol Biol, 1994, 45(1):113-141。

[23]Neill S J, Desikan R, Clarke A, et al. Nitric oxide is a novel component of abscisic acid signaling in stomatal guard cells[J]. Plant Physiology, 2002,128(1):13-16。

[24]刘新,张蜀秋,娄成后. 茉莉酸信号转导及其与脱落酸信号转

导的关系[J]. 植物生理学通讯,2002,38(3):285-288。

[25]Turner J G, Ellis C, Devoto A. The jasmonate signal pathway[J]. Plant Cell, 2002,14(1):S153-S164。

[26]陶宗姬,邹琦,彭涛,等. 水杨酸在小麦幼苗渗透胁迫中的作用[J]. 西北植物学报,1999,19(2):296-302。

[27]坎平,王莎莎,马文广,等. 赤霉素诱导同时提高烟草种子及幼苗抗旱性和抗冷性[J]. 种子,2014,33(2):30-34,38。

[28]Cominelli E, Sala T, Calvi D, et al. Over-expression of the *Arabidopsis AtMYB41* gene alters cell expansion and leaf surface permeability[J]. The Plant Journal, 2008,53(1):53-64。

[29]Qin X Q, Zeevaert J A. The 9-cis-epoxycarotenoid cleavage reaction is the key regulatory step of abscisic acid biosynthesis in water-stressed bean[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1999,96(26):15354-15361。

[30]Burbidge A, Grieve T M, Jackson A, et al. Characterization of the ABA-deficient tomato mutant *notabilis* and its relationship with maize *Vp14*[J]. The Plant Journal, 1999,17(4):427-431。