

蓖麻 *PIP5K1* 基因克隆、生物信息学及功能分析

李明静¹ 袁朴芳¹ 罗蕊¹ 尹明达¹ 王志妍¹ 户雪妹¹ 顾晓慧¹ 黄风兰^{1,2}

(¹ 内蒙古民族大学生命科学与食品学院, 通辽 028000; ² 内蒙古自治区蓖麻育种国家民委重点实验室 /

内蒙古自治区蓖麻育种与综合利用重点实验室 / 蓖麻产业技术创新内蒙古自治区工程研究中心 /

内蒙古自治区高校蓖麻产业工程技术研究中心, 通辽 028000)

摘要: 蓖麻 *PIP5K1* 基因在植物生长发育和抗逆过程中起重要作用。为探究蓖麻 *PIP5K1* 基因在蓖麻物种中的生物学功能和不同时期雌性植株中的表达情况, 以 aLmAB₂ 品系的蓖麻花序为试验材料, 克隆 *PIP5K1* 基因, 对该基因编码的蛋白质进行生物信息学分析, 并对 *PIP5K1* 基因在不同时期雌性系植株的表达模式进行分析。结果表明: 从蓖麻花序轴顶端将总 RNA 提取出来, 并将其反转录成 cDNA, 克隆后得到一个全长为 2325bp 的 *PIP5K1* 基因片段, 经测序后比对该基因序列和 NCBI 参考基因序列相同。对该基因所编码蛋白展开生物信息学分析, 确定 *PIP5K1* 基因所编码蛋白质的氨基酸等电点为 8.85, 氨基酸数目为 774, 分子量大小为 87967.37Da, 是一种亲水性稳定蛋白; 无跨膜螺旋区, 属于非跨膜蛋白; 蛋白质二级结构由 α 螺旋、 β 转角、伸展链及无规卷曲构成; 三级结构与二级结构预测结果一致; 与同属于大戟科的木薯亲缘关系较近, 与其他科亲缘关系较远。qRT-PCR 分析表明, *PIP5K1* 在标准系、单雌系、两性系花序中均有不同程度的上调和下调, 推测 *PIP5K1* 基因参与蓖麻花序发育的调控。本研究为探究 *PIP5K1* 基因促进蓖麻植株的生长发育机制奠定了理论基础。

关键词: 蓖麻; *PIP5K1*; 基因克隆; 生物信息学分析; 功能分析

Cloning, Bioinformatics Analysis and Functional Analysis of Castor *PIP5K1* Gene

LI Mingjing¹, YUAN Pufang¹, LUO Rui¹, YIN Mingda¹, WANG Zhiyan¹,

HU Xuemei¹, GU Xiaohui¹, HUANG Fenglan^{1,2}

(¹ College of Life Sciences and Food Engineering, Inner Mongolia Minzu University, Tongliao 028000, Inner Mongolia; ² Inner Mongolia Key Laboratory of Castor Breeding of the State Ethnic Affairs Commission/ Inner Mongolia Key Laboratory of Castor Breeding and Comprehensive Utilization/ Inner Mongolia Engineering Research Center of Industrial Technology Innovation of Castor/ Inner Mongolia Industrial Engineering Research Center of Universities for Castor, Tongliao 028000, Inner Mongolia)

蓖麻 (*Ricinus Communis* L.) 是大戟科蓖麻属双子叶一年生或多年生草本植物, 是一种用途广泛、

经济效益高的非食用性作物, 为世界十大油料作物之一, 具有极高的附加价值^[1]。蓖麻种子含油量在 40% 以上^[2], 是一种可以替代石油应用于生产实践的植物油, 被视为可再生的“石油”资源, 从中提炼出的蓖麻油也广泛应用于国防、化工、轻纺、医药等多种行业^[3]。在提取蓖麻油后剩余的蓖麻饼粕中, 仍然含有大量的粗蛋白、粗纤维、碳水化合物和多种矿物质元素, 同时还含有少量的天然毒素物质, 可以用于饲料、杀虫剂、改良土壤, 具有巨大的开发潜力^[4]。蓖麻既耐干旱也耐盐碱, 为目前国内不少土地问题 (如可耕种区域少和土壤盐碱化严重等^[5-7]) 开辟了

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31860071); 教育部新农科研究与改革实践项目 (2020114); 内蒙古自然科学基金面上项目 (2021MS03008); 内蒙古自治区草原英才创新团队—蓖麻分子育种研究创新人才团队滚动支持计划 (2022); 2021 年度国家民委高等教育教学改革研究项目 (21082); 内蒙古自治区科技厅立项内蒙古自治区蓖麻育种与综合利用重点实验室建设项目; 内蒙古民族大学 2022 年度自治区直属高校基本科研业务费项目 (237); 内蒙古民族大学 2023 年度自治区直属高校基本科研业务费项目 (225, 227, 243, 244); 内蒙古自治区蓖麻产业协同创新中心开放基金项目 (MDK2021011, MDK2022014)

通信作者: 黄风兰

新的解决途径。蓖麻也是一种抗重金属的植物,能抗 Cu^{2+} 和 Zn^{2+} 等^[8],可用于重金属污染土壤的修复^[9]。国际社会对蓖麻产品日益关注,而我国对蓖麻的研究由来已久^[10],其中以内蒙古通辽为主产区,通辽市的蓖麻种植面积约为全国的 1/4。

PIP5K 酶(Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase)是有机体中一种重要的磷脂质激酶,能加快 1-磷脂酰-1D-肌醇环 5 位羟基磷酸化和 PI-4-磷酸的磷酸化并生成 PI-4,5-二磷酸,该转化过程在磷酸肌醇循环中属于至关重要的环节,并且在调节多种信号通路中起着核心作用^[11-13]。由此可知,PIP5K 酶是磷脂酰肌醇(Phosphatidylinositol,PI)信号转导通路中的一个重要酶类,对 PI 信号转导通路中的调节也在许多细胞功能中起关键作用^[14]。王永富等^[15]发现辣椒 *PIP5K1* 基因的启动子顺式作用元件主要响应激素、防御与胁迫以及低温应答;Chakrabarti 等^[16]、Mikami 等^[17]发现拟南芥 *PIP5K1* 基因参与拟南芥水分胁迫的响应和脱落酸(ABA)信号调控途径;Ugalde 等^[18]、Liu 等^[19]在拟南芥和小麦上的试验结果表明,*PIP5K1* 是液泡生物合成和早期花粉发育的重要因素,而梁塔娜等^[20]在蓖麻上的试验也有类似结论。总之,*PIP5K* 基因家族参与调控多种植物生长发育,而 *PIP5K1* 基因参与不同代谢通路的调节,同时在逆境响应过程中也发挥着重要的作用。

本文通过克隆蓖麻 *PIP5K1* 基因,对其进行了生物信息学和在同时期雌性植株内的表达分析,为揭示 *PIP5K1* 基因参与调控蓖麻植株的生长发育机理和发掘与之相关的其他重要基因奠定了基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料 供试材料为蓖麻 Lm 型雌性系 aLmAB₂ 品种,该品种由蓖麻育种国家民委重点实验室提供。

1.2 试验方法

1.2.1 *PIP5K1* 基因的克隆 蓖麻总 RNA 提取 随机选取 30 株蓖麻 Lm 型雌性系 aLmAB₂ 品系的

花序轴顶端,使用北京 Takara 生物技术有限公司的植物组织 RNA 提取试剂盒提取蓖麻花序总 RNA。

反转录 取 1 μL 的 Random Primers,4 μL 的 RNA 溶液混匀。在 70 $^{\circ}\text{C}$ 水浴锅中加热 5min,立即冰水浴 5min,离心 10s。加入 4 μL 的 5 $\times$ React Buffer,4 μL 的 MgCl_2 ,1 μL 的 RT,1 μL 的 PCR Nuc mix,0.5 μL 的 rRNasin,进行 PCR 扩增,PCR 扩增程序为 70 $^{\circ}\text{C}$ 变性 15min,25 $^{\circ}\text{C}$ 退火 5min,42 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 60min,40 个循环。反应结束后,对 cDNA 浓度进行测定,并将其稀释到 100ng/ μL 作为后续反应的模板。

引物设计 从 NCBI 检索得到 *PIP5K1* 的基因序列(序列号:LOC8275135),利用网页程序 Snap Gene 进行引物设计(表 1)。

PCR 扩增 以反转录得到的 cDNA 作为模板进行 PCR 扩增。扩增体系为:5 $\times$ PS Buffer 10.0 μL ; dNTP 4.0 μL ; 引物 1 和引物 2 各 1.0 μL ; 模板 1.5 μL ; ddH₂O 32.0 μL ; PrimeSTAR 0.5 μL 。扩增程序为:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30s; 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 45s,72 $^{\circ}\text{C}$ 复性延伸 1min,72 $^{\circ}\text{C}$ 终延伸 10min。40 个循环。反应完成后,电泳检测。

目的基因回收 扩增完成后,采用试剂盒法进行目的基因的回收纯化。

克隆载体与目的基因连接 将 pUC19 载体与纯化后得到的目的基因进行无缝连接,连接体系为: Mix 试剂 5.00 μL , 目的基因 0.75 μL , 载体 1.80 μL , ddH₂O 2.45 μL 。连接过程在 16 $^{\circ}\text{C}$ 水浴锅(DK-8D)中进行,过夜连接。

连接产物转化大肠杆菌与菌液 PCR 鉴定 用冻融法把连接好的产物 10 μL 接入 *DH5 α* 大肠杆菌感受态,摇菌培养,离心,涂板培养,最后挑取单斑与 100 $\mu\text{g}/\text{mL}$ Amp(氨苄青霉素)液体混合后作为模板进行菌液 PCR 鉴定,菌液 PCR 体系参考王志妍等^[21]的方法。PCR 反应程序与以 cDNA 作为模板展开扩增的体系相同,以上步骤完成后用 1% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 产物进行检测。

表 1 引物名称与序列

引物名称	引物序列(5'-3')
<i>PIP5K1</i> -F	GAGCTCGGTACCCGGGGATCCATGCGTGAAGGAGTTATACTTGTG
<i>PIP5K1</i> -R	CAGGTCGACTCTAGAGGATCCCCTGTCTTCTATAAATATTCTGCCAATG
<i>ACTIN</i> -F	TCCATAATGAAATGTGATGTTG
<i>ACTIN</i> -R	GGAAGGTGCTTAGAGATGC

酶切重组载体并测序分析 利用限制性内切酶 *Bam*HI 和 *Kpn*I 对重组载体双酶切,酶切过程于 37℃ 水浴锅中静置 3h,载体酶切反应体系参考王志妍等^[21]的方法。酶切完成后琼脂糖凝胶电泳检测鉴定,将鉴定正确的菌液送至通用生物股份有限公司开展序列测定和分析。

1.2.2 *PIP5K1* 基因的生物信息学分析 使用 ProtParam、ExPasy-ProtScale、TMHMM、SOPMA、SWISS-Model 和 MEGA 等软件对基因 *PIP5K1* 编码蛋白的理化性质、亲疏水性、跨膜区、二级结构、三级结构及同源性利用生物信息学展开分析或预测。

1.2.3 *PIP5K1* 基因表达量分析 *PIP5K1* 基因与蓖麻 *ACTIN* 基因引物序列见表 1。以反转录获得的 cDNA 为模板,以蓖麻 *ACTIN* 基因为内参,进行实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 分析。根据北京庄盟国际生物基因科技有限公司荧光定量 PCR 试剂盒说明书进行操作。反应体系包括: SYBR Premix Ex Taq 10.0μL,上下游引物各 0.4μL,cDNA 2.0μL,ddH₂O 7.2μL。扩增反应在 ABI 7500 FAST 实时荧光定量 PCR 仪上进行,扩增条件为: 95℃ 预变性 5min,60℃ 10min,72℃ 35min,40 个循环。

1.3 数据处理 采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法计算相对表达量,以

相同的试验方法进行 3 次生物学重复,用 SPSS 2016 对数据进行单因素方差分析,并采用 Graphpad 作图。

2 结果与分析

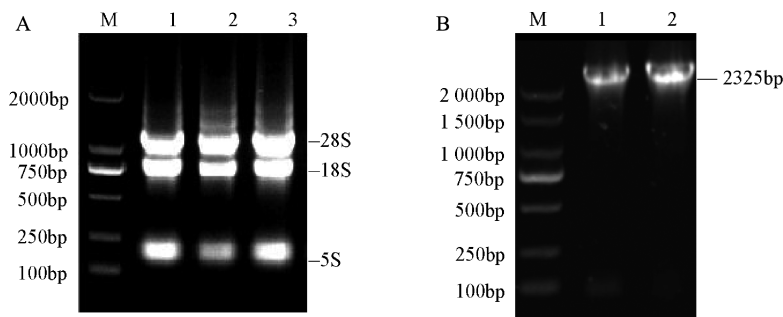
2.1 *PIP5K1* 基因克隆结果 对得到的蓖麻总 RNA 展开电泳检测,在图 1A 能够发现 3 个明显条带 (28S、18S、5S),可以用作反转录模板。以 cDNA 为 PCR 扩增模板,扩增结果见图 1B,PCR 扩增后获得 2325bp 的明显条带。

将重组载体菌液 PCR 扩增结果进行琼脂糖凝胶电泳检测,结果见图 2A。送样进行序列测定及分析。用 *Bam*HI 和 *Kpn*I 两种酶对重组子进行双酶切鉴定,电泳检测结果见图 2B,重组子经双酶切后得到了 2686bp 和 2325bp 的 2 条特异性片段,酶切验证结果正确。

测序结果显示 *PIP5K1* 基因为含有 2325 个碱基的序列,通过对序列测定后的拼接结果和 *PIP5K1* 基因参考序列展开比对,发现 2 个序列相同。

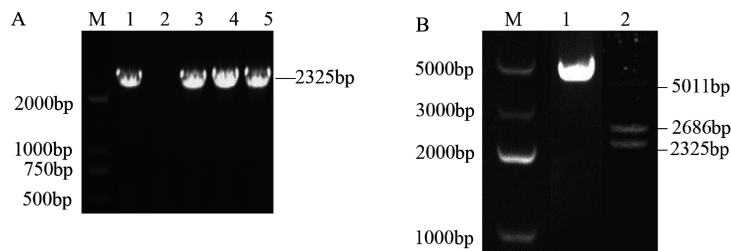
2.2 *PIP5K1* 基因所编码蛋白的生物信息学分析结果

2.2.1 蛋白质理化性质分析 利用 ProtParam 软件分析发现,*PIP5K1* 基因编码蛋白的氨基酸等电点是 8.85,氨基酸数目是 774 个,不稳定系数是 31.84,分子量大小是 87967.37Da,亲水性系数是 -0.669,属



A: M 为 DL2000 Marker, 1、2、3 分别为提取的蓖麻总 RNA 样本; B: M 为 DL2000 Marker, 1、2 为 PCR 扩增产物

图 1 蓖麻总 RNA 提取及 *PIP5K1* 基因 PCR 扩增电泳检测结果



A: M 为 DL2000 Marker, 1 为阳性对照, 2 为阴性对照, 3~5 为 *PIP5K1* 的菌液 PCR 样本结果; B: M 为 DL5000 Marker, 1 为未进行酶切的对照组, 2 为重组子酶切结果

图 2 重组载体菌液 PCR 电泳及质粒酶切产物电泳检测结果

于亲水性稳定蛋白。

2.2.2 蛋白质亲疏水性分析 用 ExPASy-ProtScale 网站对蛋白质的亲疏水性展开分析,结果见图3。从图中可知 *PIP5K1* 基因编码蛋白质的亲水性平均系数为负值,说明该蛋白为亲水性蛋白。

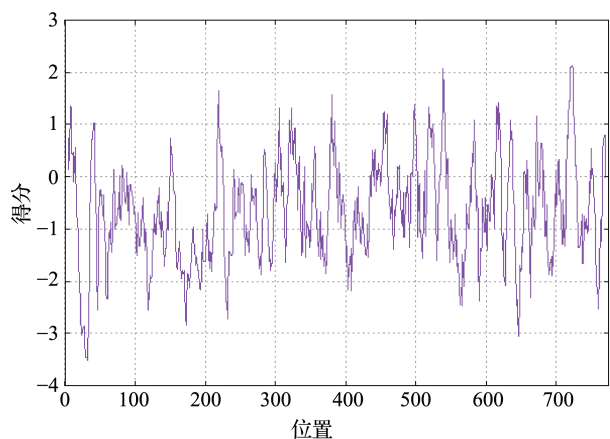


图3 *PIP5K1* 基因编码蛋白亲疏水性分析

2.2.3 蛋白质跨膜区分析 使用网页程序 TMHMM 对跨膜区展开分析,结果见图4。该图可以表明 *PIP5K1* 基因所编码蛋白具有 774 个氨基酸,没有具备跨膜螺旋区域,属于非跨膜蛋白。

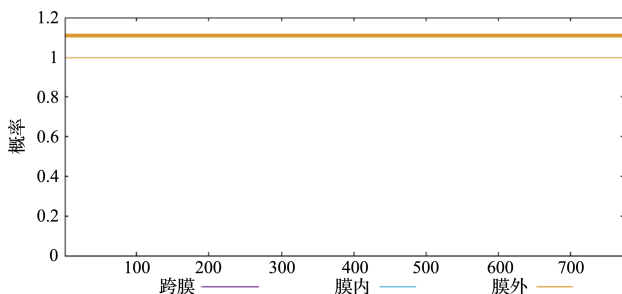


图4 *PIP5K1* 基因编码蛋白跨膜区分析

2.2.4 *PIP5K1* 基因编码蛋白质的结构分析 基于网页程序 SOPMA 对蛋白质的二级结构展开预测,结果见图5。该图表明在所测蛋白的序列中, α 螺旋包含了 179 个氨基酸,占比 23.13%; β 转角中包含了 66 个氨基酸,占比 8.53%;伸展链包含了 151 个氨基酸,占比 19.51%;无规卷曲包含的氨基酸数目为 378 个,占比 48.84%。

通过网页程序 SWISS-Model 对 *PIP5K1* 基因编码蛋白的三级结构展开预测,效果如图6所示,该图表明 *PIP5K1* 基因编码蛋白关键构成要素包括了 α 螺旋、 β 转角、伸展链、无规卷曲等,而无规卷曲所占据的比例几乎达到该结构的一半,和上面得到的二级结构预测保持一致。*PIP5K1* 基因编码蛋白特定的生物学功能取决于其空间结构的复杂性。

2.2.5 同源性分析 用本地软件 MEGA 中的邻接法对 *PIP5K1* 基因编码蛋白与其他植物种类如木薯等,展开同源性比较,进行 500 次的 bootstrap 检测,比较结果如图7所示。该图表明,在本文所选择的物种中和蓖麻 *PIP5K1* 基因编码蛋白亲缘关系最近的是同属于大戟科的木薯,和其余物种的亲缘关系相对较远,亲缘关系最远的当属高粱。

2.3 *PIP5K1* 基因在不同时期不同花序中的差异表达 提取 Lm 型雌性系蓖麻 aLmAB₂ 标雌系、单雌系、两性系花序的营养生长期(4 叶期)、营养生长到生殖生长转变期(5 叶期)、主茎穗开花期、二级分枝开花期共 12 种样品的总 RNA,进行 *PIP5K1* 基因荧光 PCR 检测。由图8可以看出,*PIP5K1* 基因在单雌系、标雌系 2 种花序 5 叶期时基因相对表达量普遍高,在 3 种花序类型的主茎穗时期表达

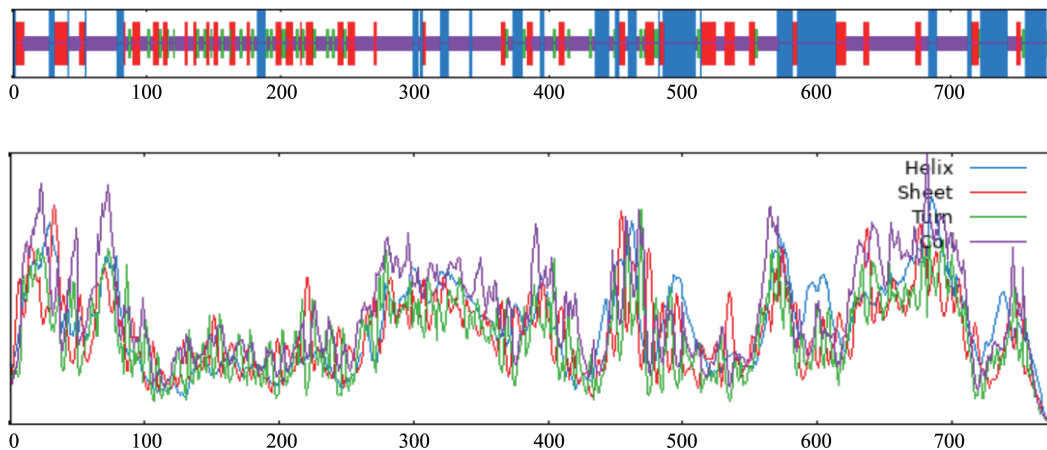


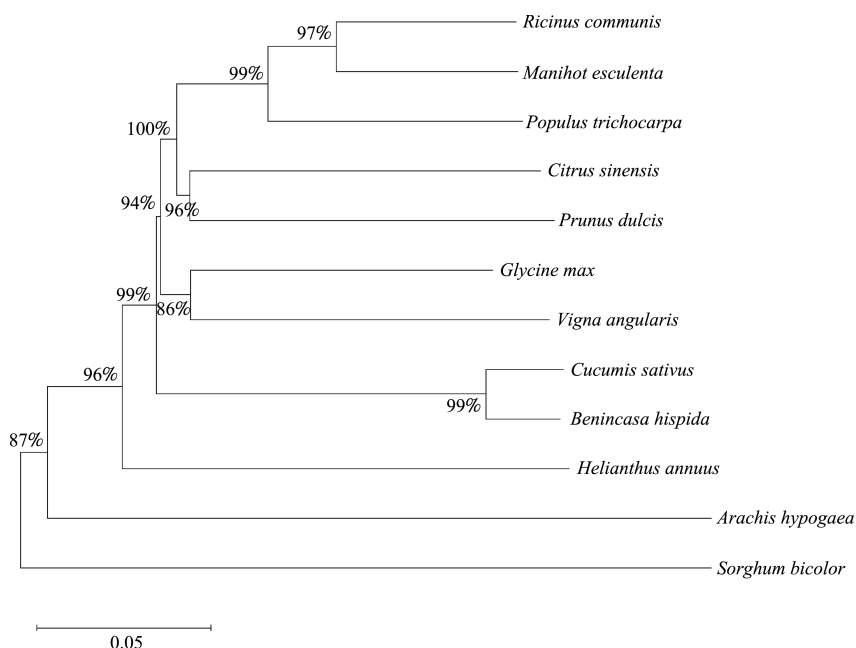
图5 *PIP5K1* 基因编码蛋白二级结构预测

图6 *PIP5K1* 基因编码蛋白三级结构预测

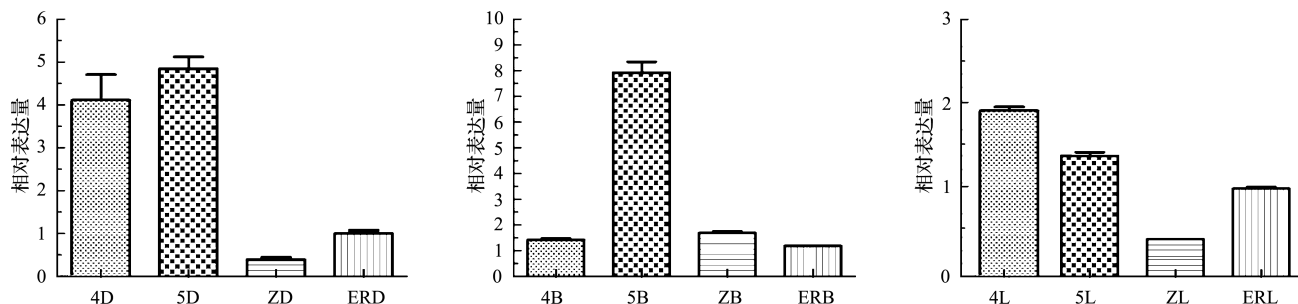
量较低;在标雌系花序的5叶期时有最高的相对表达量,在单雌系花序主茎穗期有最低的相对表达量,最高相对表达量是最低相对表达量的16倍左右。

3 讨论与结论

磷脂酰肌醇4-磷酸5-激酶(*PIP5K*)是PI信号转导途径中的关键酶,该基因家族在许多细胞的功能发挥方面起着关键作用。*PIP5K1* 基因在植物生长发育及代谢方面和逆境响应过程中发挥着重要的调控作用。目前对于 *PIP5K1* 基因在生长发育和代谢功能方面的研究较多,文艳鹏^[22]对蓖麻 *PIP5K* 基因家族的功能进行研究,结果表明 *PIP5K1* 基因是影响液泡生物合成和早期花粉发育的重要基因,



Ricinus communis :蓖麻; *Manihot esculenta* :木薯; *Populus trichocarpa* :毛果杨; *Citrus sinensis* :橙子; *Prunus dulcis* :扁桃; *Glycine max* :大豆; *Vigna angularis* :赤豆; *Cucumis sativus* :黄瓜; *Benincasa hispida* :冬瓜; *Helianthus annuus* :向日葵; *Arachis hypogaea* :花生; *Sorghum bicolor* :高粱

图7 蓖麻 *PIP5K1* 基因编码蛋白进化树分析

4D :营养生长期单雌系; 5D : 5 片真叶期单雌系; ZD : 主茎穗开花期单雌系; ERD :二级分枝开花期单雌系; 4B :营养生长期标雌系; 5B : 5 片真叶期标雌系; ZB : 主茎穗开花期标雌系; ERB :二级分枝开花期标雌系; 4L :营养生长期两性系; 5L : 5 片真叶期两性系; ZL : 主茎穗开花期两性系; ERL :二级分枝开花期两性系

图8 蓖麻 *PIP5K1* 相对表达量变化

而周玉琼^[23]发现了 *PIP5K1* 基因在玉米生长过程中具有促进根尖和花粉管发育成熟的作用。张高原等^[24]发现 *PIP5K1* 基因在西瓜植株各组织的不同发育时期均表现出较高的表达量,说明 *PIP5K1* 基因可能参与调控西瓜不同组织形态的代谢通路。本试验克隆得到的 *PIP5K1* 基因大小是 2325bp,而梁塔娜^[25]研究的蓖麻 *PIP5K1* 基因大小为 3246bp,这可能是因为他们研究的是蓖麻 *PIP5K1* 基因的完整序列,而本文研究的是蓖麻 *PIP5K1* 基因的编码序列。本研究结果表明 *PIP5K1* 基因所编码的蛋白质是具有亲水性的稳定蛋白质,对该蛋白展开二级结构预测显示占比最大的组成成分为无规卷曲,这与前人结论一致。

本研究采用克隆技术得到全长为 2325bp 的蓖麻 *PIP5K1* 基因片段。基于 *PIP5K1* 基因所编码蛋白展开生物信息学分析,结果显示该蛋白的氨基酸数目为 774 个,分子质量是 87967.37Da,分子式为 $C_{3888}H_{6028}N_{1112}O_{1160}S_{33}$;总平均亲水性系数为 -0.669,不稳定系数为 31.84,所以该蛋白是一种具有亲水性的稳定蛋白;无跨膜螺旋区,属于非跨膜蛋白;在蛋白的二级结构中 23.13% 的比例为 α 螺旋、8.53% 的比例为 β 转角、19.51% 的比例为伸展链、48.84% 的比例为无规卷曲;三级结构与二级结构预测结果一致;与同属大戟科的木薯亲缘关系较近。*PIP5K1* 基因在标雌系花序中相对表达量最高,在两性系花序中相对表达量最低。本研究通过克隆蓖麻 *PIP5K1* 基因并对其编码蛋白进行生物信息学和基因表达量分析,为揭示 *PIP5K1* 基因参与调控蓖麻植株的生长发育机制和深入研究奠定了理论基础,而该基因对蓖麻生长发育的调控作用和代谢通路的调节作用有待进一步研究。

参考文献

- [1] Rodríguez-Cabal H A, Jaramillo-Mazo C Y, Franco-Sierra N D, Villanueva-Mejía D F, Alvarez J C. A differentially expressed gene from a high oil producer cultivar of castor bean (*Ricinus communis*) is involved in the biosynthesis of ricinoleic acid. *American Journal of Plant Sciences*, 2020, 11 (3): 393-412
- [2] 郑鹭, 祁建民, 陈邵军, 方平平. 蓖麻遗传育种进展及其在生物能源与医药综合利用潜势. *黑龙江八一农垦大学学报*, 2016, 28 (2): 22-27
- [3] 温琦, 梁塔娜, 张艳欣, 李丽丽, 张幽静, 黄凤兰. 蓖麻 *GST* 的基因克隆及生物信息学分析. *分子植物育种*, 2020, 18 (7): 2161-2166
- [4] 袁朴芳, 文艳鹏, 霍玉森, 任文静, 高昶, 崔凯, 黄凤兰. 蓖麻饼粕综合开发利用研究进展. *特种经济动植物*, 2022, 25 (11): 73-76, 93
- [5] 赵慧博, 李丽丽, 梁塔娜, 张艳欣, 黄凤兰, 曹清国. 蓖麻 *eIF5A* 基因克隆与生物信息学分析. *分子植物育种*, 2020, 18 (4): 1103-1108
- [6] 丛娇娇, 王晓宇, 李平, 李惠根, 张丽雪, 张继星. 蓖麻耐盐基因 *HKT* 的克隆及表达载体构建. *分子植物育种*, 2018, 16 (14): 186-195
- [7] 王沛琦, 刘旭云, 胡学礼, 胡尊红, 杨谨, 郭丽芬, 李文昌. 蓖麻对重金属污染土壤治理的研究进展. *分子植物育种*, 2019, 17 (6): 2048-2054
- [8] 王杰, 刘晓威, 王长娜, 武海雯. 我国盐碱地区观赏植物应用分析. *北方园艺*, 2019, 43 (18): 73-78
- [9] 文艳鹏, 罗蕊, 王志妍, 韩云江, 陈璐, 黄凤兰. 蓖麻种子萌发和幼苗生长对重金属铜锌离子胁迫响应. *分子植物育种*, 2023, 21 (3): 906-916
- [10] 王伟男, 耿晶, 杨云峰. 三个杂交蓖麻品种耐盐碱能力研究. *农业科技通讯*, 2017 (12): 135-138, 235
- [11] Hansen S D, Lee A A, Duewell B R, Groves J T. Membrane-mediated dimerization potentiates *PIP5K* lipid kinase activity. *Elife*, 2022, 11: e73747
- [12] Khadka B, Gupta R S. Novel molecular signatures in the *PIP4K/PIP5K* family of proteins specific for different isozymes and subfamilies provide important insights into the evolutionary divergence of this protein family. *Genes*, 2019, 10 (4): 312-332
- [13] Ling K H, Loo S S, Rosli R, Shamsudin M N, Mohamed R, Wan K L. In silico identification and characterization of a putative phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase (*PIP5K*) gene in *Eimeria tenella*. *In Silico Biology*, 2007, 7 (1): 115-121
- [14] 梁塔娜, 张艳欣, 李丽丽, 杨丽凤, 常如慧, 姜桐桐, 孙洪玲, 隋久香, 黄凤兰. 植物中 *PIP5K* 基因家族调控功能的研究进展. *贵州农业科学*, 2018, 46 (7): 23-26
- [15] 王永富, 赵淑芳, 苟秉调, 段盼盼, 魏敏, 杨楠, 张高原, 魏兵强. 辣椒 *CaPIP5K* 基因家族的鉴定与特异性表达分析. *农业生物技术学报*, 2022, 30 (4): 641-655
- [16] Chakrabarti R, Sanyal S, Ghosh A, Bhar K, Das C, Siddhanta A. Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase 1 α modulates ribosomal RNA gene silencing through its interaction with histone H3 lysine 9 trimethylation and heterochromatin protein HP1- α . *Journal of Biological Chemistry*, 2015, 290 (34): 20893-20903
- [17] Mikami K, Katagiri T, Iuchi S, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K. A gene encoding phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase is induced by water stress and abscisic acid in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 1998, 15: 563-568
- [18] Ugalde J M, Rodríguez-Furlán C, Rycke R D, Norambuena L, Friml J, León G, Tejos R. Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinases 1 and 2 are involved in the regulation of vacuole morphology during *Arabidopsis thaliana* pollen development. *Plant Science*, 2016, 250: 10-19
- [19] Liu H, Sun Z, Hu L, Yue Z. Genome-wide identification of *PIP5K*

DOI: 10.19462/j.cnki.zgzy.20231027001

文山州 5 个常规籼稻品种比较试验研究

李 建 李 云 熊建云 魏康碧 王天明 王文鑫 王定开

(文山壮族苗族自治州农业科学院, 云南文山 663099)

摘要:为筛选出适宜云南省文山州地区种植的优质常规籼稻品种,提高水稻种植效益,2021年、2022年连续2年在文山市新平街道茂地村以文山本地水稻品种文稻11号为对照,对5个常规籼稻进行了品种比较筛选试验。结果表明,云航籼2号和文稻28号表现出生育期适中、产量高、抗性强、米质优等特点,适宜在文山州地区推广种植。

关键词:籼稻;品种;产量;抗性;比较试验

Comparative Trials of 5 Conventional Indica Rice Varieties in Wenshan Prefecture

LI Jian, LI Yun, XIONG Jianyun, WEI Kangbi, WANG Tianming, WANG Wenxin, WANG Dingkai

(Wenshan Academy of Agricultural Sciences, Wenshan 663099, Yunnan)

2022年全国水稻种植面积2945.01万 hm^2 ,占粮食作物播种面积的29.67%,产量2.08495亿t,占粮食作物总产量的32.92%^[1]。水稻是云南省文山州最重要的粮食作物,2022年全州稻谷种植面积7.32万 hm^2 ,占粮食作物播种面积的16.31%^[2]。文山州是云南省优质籼稻种植的主产区,优质常规稻品种有文稻11号、文稻16号、红优6号、云恢290、滇屯502等,但目前该区面临着品种退化、新品种种植面积少、品种单一、经济效益不高等问题。20世纪80

年代以来,云南省多家科研机构开展了云南香软米资源研究与育种攻关,育成了系列软米新品种,取得了株型和经济性状改良的成效,但具有优质、高产、抗病等优良性状的突破性新品种很少。因此,提高品种选育水平,筛选一批优质、绿色的水稻新品种是文山州各水稻种植区的当务之急。

为加快文山州水稻新品种推广步伐和品种更新速度,满足当地老百姓的选种需求,促进水稻新品种成果尽快在生产上应用,文山壮族苗族自治州农业科学院于2021年、2022年连续2年开展了对5个常规籼稻品种的比较试验研究,以期筛选出适宜文山州种植的常规籼稻新品种,为文山州水稻新品种推广提供科学依据。

基金项目:文山州戴陆园专家工作站(2021-4);文山州杨从党专家工作站(2021-3);云南省熊立仲专家工作站(202205AF150040);农业种业成果集成创新与转化示范(202305AR340003)

通信作者:王定开

in wheat and its relationship with anther male sterility induced by high temperature. BMC Plant Biology, 2021, 21: 598

[20] 梁塔娜,赵永,何智彪,曹清国,张幽静,张艳欣,李丽丽,杨丽凤,常如慧,黄凤兰. 蓖麻 *PIP5Ks* 基因的生物信息学及荧光定量 PCR 分析. 中草药, 2018, 49 (24): 5892-5900

[21] 王志妍,罗蕊,文艳鹏,尹明达,李茹鑫,黄凤兰. 蓖麻质膜 ATPase *RcHA4* 基因的克隆与生物信息学分析. 分子植物育种. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20211126.1055.014.html>

[22] 文艳鹏. 蓖麻 *PIP5K11* 基因在 Lm 型雌性系中的功能研究. 通辽:

内蒙古民族大学, 2023

[23] 周玉琼. 玉米 *PIP5K* 基因启动子的克隆与功能分析. 合肥:安徽农业大学, 2012

[24] 张高原,丁谦,魏兵强. 西瓜 *PIP5K* 基因家族鉴定及其在雄性不育花蕾中的表达分析. 西北农业学报, 2021, 30 (6): 883-893

[25] 梁塔娜. 蓖麻 Lm 雌性系花序发育相关的 *PIP5K* 家族基因功能鉴定. 通辽:内蒙古民族大学, 2020

(收稿日期: 2023-11-03)