

大豆 *GmWRKY20* 基因表达特性研究

宁文峰¹, 庞 添¹, 杨艳玲¹, 张 超^{1,2}, 柏 锡¹

(1. 东北农业大学 生命科学学院, 黑龙江 哈尔滨 150030; 2. 齐齐哈尔市园艺研究所, 黑龙江 齐齐哈尔 161006)

摘 要: *GsWRKY20* 基因是从野生大豆中挖掘到的非生物胁迫相关基因, 该基因可以提高转基因拟南芥与苜蓿的抗旱性, 并使拟南芥提前开花。栽培大豆中的 *GmWRKY20* 是 *GsWRKY20* 基因的同源基因, 序列相似度达到 99%。利用实时荧光定量 PCR 分析栽培大豆中 *GmWRKY20* 基因表达特性, 结果表明: *GmWRKY20* 基因在不同栽培品种间的表达没有显著差异; 仅在大豆发育的特定阶段上调表达, 其上调表达与大豆开花的起始相关; 主要表达部位在叶片; 不受光周期影响, 但受到多种非生物胁迫影响。

关键词: 大豆; *GmWRKY20* 基因; 表达分析; 非生物胁迫

中图分类号: S565. 1 **文献标识码:** A **DOI:** 10. 11861/j. issn. 1000-9841. 2016. 05. 0748

Expression Analysis of *GmWRKY20* in Soybean

NING Wen-feng¹, PANG Tian¹, YANG Yan-ling¹, ZHANG Chao^{1,2}, BAI Xi¹

(1. College of Life Science, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 2. Qiqihar Horticultural Research Institute, Qiqihar 161006, China)

Abstract: *GsWRKY20* was identified from *Glycine soja* as an abiotic stress related gene in our previous studies. Overexpression of *GsWRKY20* could enhance the drought tolerance of transgenic *Arabidopsis* or Alfalfa, and promote the flowering of transgenic *Arabidopsis*. *GsWRKY20* encodes a WRKY-type transcription factor, with 99% identity to *GmWRKY20* from *Glycine max*. In order to fully investigate the role and the possible molecular mechanism of *GmWRKY20* in soybean, the expression of *GmWRKY20* in cultivated soybean was fully studied by real-time RT-PCR. The results showed that the expression of *GmWRKY20* did not show obvious differences among different soybean cultivars, and high expression of *GmWRKY20* was observed before flowering, suggesting that the high expression of *GmWRKY20* might play an important role in starting flowering. *GmWRKY20* did not response to photoperiod but response to multiple abiotic stresses at transcript level.

Keywords: soybean; *GmWRKY20* gene; Expression analysis; Abiotic stress

大豆作为重要的粮食和油料作物, 在农业中占有重要地位。大豆喜温喜水, 栽培环境中的水分、温度、pH 条件的改变都会影响大豆的生长发育。近年来, 我国干旱半干旱地区占国土面积的一半以上, 特别是华北、东北、西北等粮食主产区, 以东北地区季节性干旱最为频繁, 特别是春播时节尤为显著^[1]。常年性干旱和季节性干旱严重的影响了作物的正常生产, 而干旱可引起大豆减产约 40%^[2]; 我国植被破坏和肥料使用过度导致我国盐碱地面增至 $9.9 \times 10^7 \text{ hm}^2$ ^[3], 占世界盐碱地总面积的十分之一^[4]。仅东北地区盐碱地面积高达 765 万 hm^2 ^[5], 而东北地区又是我国的大豆主产区, 栽培环境的恶化直接造成大豆严重减产甚至绝产。因此提高大豆品种对不利生态环境的耐性是实现大豆高产和优质的重要保证。

WRKY 家族转录因子是植物中特有的一类转录因子, 该类转录因子包含其特有的肽序列 WRKYGQK^[6]。WRKY 转录因子参与调控植物生长

发育^[7-9]和多种应激反应^[10-11], 例如参与拟南芥低温、干旱和高盐等胁迫响应^[12]。针对野生大豆的适应性广、抗逆性强等生态优势, 本实验室前期从野生大豆中克隆 1 个 WRKY 型转录因子基因命名为 *GsWRKY20*。通过过量表达该基因可明显提高拟南芥的抗旱性, 并伴有早花现象, 经深入研究发现, 此基因可能是一个交叉调控抗旱和早花的重要基因^[13]。*GmWRKY20* 基因 (Glyma. 08g021900) 属于 WRKY 转录因子基因家族, 为野生大豆 *GsWRKY20* 基因的同源基因, *GsWRKY20* 基因受低温、NaCl、PEG6000 和 ABA 诱导表达^[13]。*GsWRKY20* 基因过量表达会提高拟南芥^[13]和紫花苜蓿^[14]耐逆性, 并且使拟南芥提前开花^[15]。上述研究采用的是异源表达的方法阐述 *GsWRKY20* 基因功能, 还缺乏大豆中的研究数据。

本文研究大豆内源 *GmWRKY20* 基因的表达规律, 明确 *GmWRKY20* 基因表达在不同生态区栽培大豆品种中的规律, 在栽培大豆中的时空表达特性,

收稿日期: 2016-04-14
基金项目: 国家自然科学基金 (31371544); 转基因生物新品种培育重大专项 (2016ZX08004-002)。
第一作者简介: 宁文峰 (1989-), 男, 硕士, 主要从事植物学研究。E-mail: ningwenfeng1231@126.com。
通讯作者: 柏锡 (1975-), 男, 副教授, 主要从事植物分子生物学和逆境生理学研究。E-mail: baixi@neau.edu.cn。

受光周期、逆境影响的规律,以及上述表达规律与大豆始花期的关系。以期为在大豆中阐述 *GmWRKY20* 基因的功能和分子机制奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

选取来自于我国北方春大豆区、黄淮流域夏大豆区、长江流域春夏大豆区和国外的 36 份栽培大豆品种作为试验材料,品种信息见表 1。

RNA 超纯提取试剂盒购自康为世纪生物科技股份有限公司;反转录试剂盒(Easy Script One-Step gDNA Removal and cDNA Synthesis Super Mix)和荧光定量试剂盒(SYBR Premix Ex *Taq*TM)购自北京全式金生物试剂公司;实时荧光定量 96-孔半裙板和覆膜购自美国 Gene Brick。实时荧光定量 PCR 仪选用 ABI 7500。

1.2 试验设计

1.2.1 大豆品种间 *GmWRKY20* 基因表达量与 R1 期关系分析 收集来自不同地区的、生育期、光周期敏感性不同的大豆品种,种植在东北农业大学试验示范基地,待植株生长到 V2 期进行取材,取完全展开的第二片三出复叶,研究不同品种的 *GmWRKY20* 基因表达量规律,同时调查 R1 期,分析品种间 *GmWRKY20* 基因表达量与 R1 期关系。

1.2.2 大豆生长发育中 *GmWRKY20* 基因表达特性分析 以早花品种东农 50 和晚花品种 Jack 为试验材料,盆栽种植,从 VC 期开始取材叶片,一直取材到 V12 期,进行 qPCR 分析,以 VC 期 *GmWRKY20* 基因表达量作为参比。同时调查 R1、R2 期,分析大豆不同发育阶段 *GmWRKY20* 基因表达量变化和与 R1、R2 期的关系。

1.2.3 *GmWRKY20* 基因组织表达特性分析 以盆栽大豆品种东农 50 为试验材料,待生长到 V2 期取材根、茎、叶,生长到 R1 期取材花序,生长到 R4 期取材豆荚,进行 qPCR 分析组织表达特异性。

1.2.4 光周期对 *GmWRKY20* 基因表达的影响分析 以光周期敏感的晚花大豆品种中黄 42 与高丰 1 号及光周期不敏感的早花品种 Kariyutaka 为试验材料,盆栽种植,播种于人工气候室内,将每个品种的 10 株幼苗等分成两部分,一部分在长日条件下培养,另一部分在短日条件下培养,植物生长到 V2 期,取完全展开的三出复叶,进行 qPCR 分析。

1.2.5 非生物逆境胁迫对 *GmWRKY20* 基因表达的影响分析 采用水培的方法培养大豆品种东农 50,待生长到 V2 期时分别进行 NaCl、NaHCO₃、PEG6000、4℃ 和 42℃ 共 5 种胁迫处理。为进一步确

定 *GmWRKY20* 基因对不同胁迫的应答响应,在 V2 期通过对东农 50 进行高温、低温、高盐、碱和 PEG6000 模拟干旱处理,处理 0,0.5,1,3,6,12 h 后,分别取材叶片,进行 qPCR 分析。

1.3 方法

1.3.1 大豆种植 大田试验在东北农业大学试验示范基地进行应季播种。

盆栽试验在人工气候室内进行,环境温度为 22℃,相对湿度为 50%,光照强度为 2 000 lx,长日光周期 18 h 光照/6 h 黑暗,短日光周期 12 h 光照/12 h 黑暗。

1.3.2 胁迫处理 将东农 50 种子萌发播种于穴盘中,以蛭石为基质,浇灌 25% 霍格兰营养液。待幼苗至 V1 期^[16],将幼苗移栽至 10% 的霍格兰营养液中进行水培至 V2 期。挑选长势一致的幼苗进行胁迫处理。胁迫条件为盐(NaCl,150 mmol·L⁻¹)、碱(NaHCO₃,100 mmol·L⁻¹)、干旱(PEG6000,20%)、低温(4℃)和高温(42℃),胁迫时间为 0,0.5,1,3,6 和 12 h。栽培在人工气候室内进行,环境温度为 22℃,相对湿度为 50%,光照强度 2 000 lx,光周期为 18 h 光照/6 h 黑暗。

1.3.3 基因表达分析 qPCR 试验反应条件为 94℃ 7 min;94℃ 30 s,60℃ 30 s,72℃ 30 s,共 40 个循环;72℃ 5 min。

GmWRKY20 基因引物序列:
W20RE-S:CGGGATCCGATGGAGAGTGACTT
W20RE-AS:CCCAAGCTTGCACAAAAATCCTG
内参基因 *TUA5* 引物序列:
TUA5-S:TGCCACCATCAAGACTAAGAGG
TUA5-AS:ACCACCAGGAACAACAGAAGG
每个样品 3 次技术重复,全程冰上操作。

1.3.4 数据分析 通过比较 Ct 的方法进行基因表达水平的相对定量分析。以大豆的 *TUA5* 基因作为对照,*GmWRKY20* 基因为目的基因,进行数据标准化。按照如下公式计算相对表达量:变化倍数 = 2^{-ΔΔCt^[17]},其中,ΔΔCt = (对照组目的基因 Ct - 对照组内参基因 Ct) - (处理组目的基因 Ct - 处理组内参基因 Ct)。

2 结果与分析

2.1 大豆品种间 *GmWRKY20* 基因表达量与 R1 期关系分析

田间花期调查结果显示,供试大豆品种在试验地点生长时 R1 期范围为 46 ~ 106 d。其中北方春大豆产区 and 3 个国外品种 R1 期较短,黄淮流域夏大豆区、长江流域春夏大豆区的品种 R1 期较长(表

1)。供试大豆品种间 *GmWRKY20* 基因表达水平以东农 50 表达量作为参比,各品种间变化幅度在 2 倍以内(图 1)。综合 R1 期数据可以看出无论是早花品种还是晚花品种,*GmWRKY20* 基因的表达量均高低不同,表明 *GmWRKY20* 基因表达水平不随开花期的不同而发生变化。

表 1 大豆品种信息及始花期调查
Table 1 The flowering time analysis in different soybean

品种名 Cultivar name	最适生育期 Suitable growth stage/d	系谱 Pegidree	品种来源 Provenance	R1/d
东农 50 Dongnong 50	115	加拿大引进 Electron 小粒豆品种	中国 黑龙江	46
东大 1 号 Dongda 1	105	北丰 14 × 东农 44	中国 黑龙江	48
Sakamotowase	— —	— —	日本 北海道	48
丰收 27 Fengshou 27	115	克交 88223-1'白农 5 号	中国 黑龙江	49
黑河 36 Heihe 36	116	北 87-9 × 九三 90-66	中国 黑龙江	49
黑农 64 Heinong 64	115	黑农 44 × 吉 8883-84	中国 黑龙江	50
垦丰 16 Kenfeng 16	120	黑农 34 号 × 垦农 5 号	中国 黑龙江	50
绥农 31 Suinong 31	121	绥农 4 号 × (农大 05687 × 绥农 4 号)F2	中国 黑龙江	50
黑农 48 Heinong 48	115	哈 90-6719 × 绥 90-5888	中国 黑龙江	53
黑农 54 Heinong 54	120	哈 90-6719 × 绥 90-5888	中国 黑龙江	53
垦丰 7 号 Kenfeng 7	114	北丰 9 号 × 吉林 20	中国 黑龙江	53
合丰 51 Hefeng 51	113	合丰 34 × 美国扁茎大豆	中国 黑龙江	57
黑农 58 Heinong 58	118	哈 94-1101 × 黑农 35	中国 黑龙江	57
长农 14 Changnong 14	115-118	1997 由多个早熟杂交育种组合后代 混合群体体系选育	中国 吉林	57
Kariyutaka	— —	— —	日本 北海道	58
黑农 51 Heinong 51	118	哈 90-614 × 黑农 37	中国 黑龙江	58
Jack	115	Fayette'Hardin	美国 伊利诺伊州	59
吉育 47 Jiyu 47	125	海交 83147-2 × 吉林 20	中国 吉林	61
通农 13 Tongnong 13	126	九农 21 × 长农 5 号	中国 吉林	66
吉育 63 Jiyu 63	127	吉林 27 × 89164-19	中国 吉林	72
邯豆 5 号 Handou 5	109	徐 8313 × 早 5241	中国 河北	73
吉林 30 Jilin 30	109	(东农 33 × 平舆笨) × 辽豆 3 号	中国 吉林	74
吉育 87 Jiyu 87	122	吉育 57 × 89100-18	中国 吉林	75
高丰 1 号 Gaofeng 1	106	7627 × 7512	中国 山东	78
徐豆 15 Xudou 15	111	徐 842-79-1 × 徐豆 9 号	中国 江苏	82
山宁 14 Shanning 14	101	豆交 74 号 × 豆交 69 号	中国 山东	85
山宁 15 Shanning 15	95	系 93019 × 鲁豆 4 号	中国 山东	85
徐豆 14 Xudou 14	111	徐豆 8 号 × 徐豆 9 号	中国 江苏	85
中黄 42 Zhonghuang 42	116	诱处 4 号 × 锦豆 33	中国 北京	90
淮豆 6 号 Huaidou 6	102-106	淮 87-21 × 周 8313-1-12	中国 江苏	92
淮豆 9 号 Huaidou 9	106	淮豆 4 号 × 中作 95D02	中国 江苏	92
皖豆 28 Wandou 28	108	濮 90-1 × 宝 92-1	中国 安徽	96
周豆 12 Zhoudou 12	112	豫豆 24 号 × 豫豆 12 号	中国 河南	96
淮豆 11 Huaidou 11	114	淮豆 4 号 × 泗 95132	中国 江苏	99
徐豆 9 号 Xudou 9	98	徐豆 2 号 × 商 64-0	中国 江苏	99
豫豆 22 Yudou 22	104	郑 84174 × 郑 84240	中国 河南	104
中豆 19 Zhongdou 19	100	(暂编 20 × 南农 1138-2)F ₅ × (南农 493-1 × 徐豆 1 号)F ₅	中国 湖北	104

最适生育期列出的是品种在来源地的生育期数据;R1 列出的是在东北农业大学试验示范基地调查得到的数据。
Suitable growth stage lists data in provenance;R1 lists data in test demonstration base of Northeast Agricultural University.

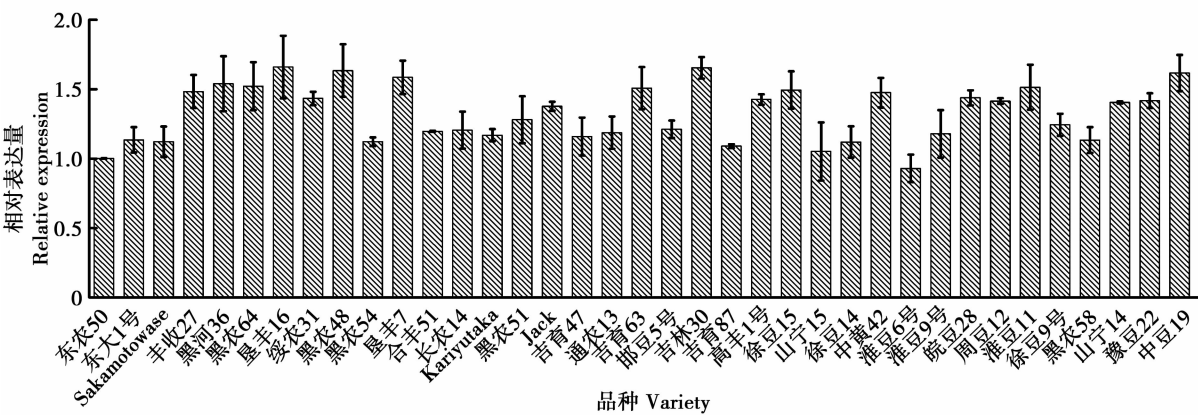


图1 大豆品种间 *GmWRKY20* 基因表达特性

Fig.1 The expression level analysis of *GmWRKY20* in different soybean

2.2 大豆生长发育过程中 *GmWRKY20* 基因的表达特性分析

两个大豆品种东农 50 和 Jack 均表现出 *GmWRKY20* 基因的表达量在多数发育阶段处在较低水平。而东农 50 在 V3 期 *GmWRKY20* 基因表达量出现一个峰值,Jack 在 V10 期出现一个峰值(图 2)。结合 R1 期调查发现:东农 50 的 R1 期在 V4 期出现,JackR1 期在 V11 期出现。*GmWRKY20* 基因的表达峰值恰好出现在两个品种各自的开花前期,但基因的高表达水平又没有持续到盛花期,说明 *GmWRKY20* 基因的上调表达与大豆开花的起始相关。

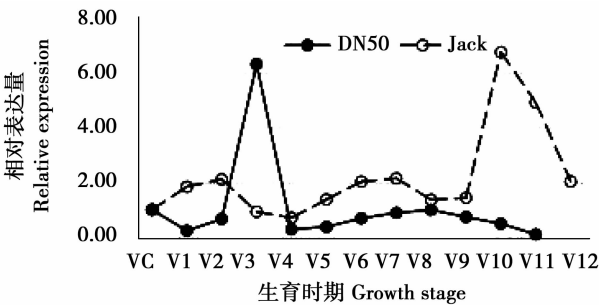


图2 *GmWRKY20* 基因在生长发育过程中的表达分析

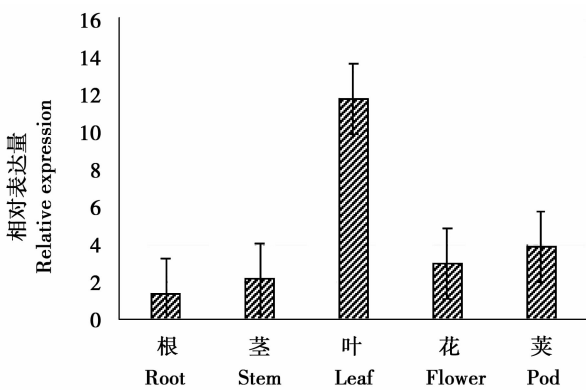
Fig.2 Expression analysis *GmWRKY20* in different development stages

2.3 *GmWRKY20* 基因组织表达特性分析

发现 *GmWRKY20* 基因在大豆各组织中都有表达,其中在叶中表达量最高,约为根中表达量的 12 倍(图 3)。各组织表达水平依次为:叶 > 荚 > 花 > 茎 > 根。说明 *GmWRKY20* 基因主要在叶中被诱导和积累。

2.4 光周期对 *GmWRKY20* 基因表达的影响分析

分别对中黄 42、高丰 1 号和 Kariyutaka 进行长



* 有显著性差异 ($P < 0.05$).

* Significant difference ($P < 0.05$).

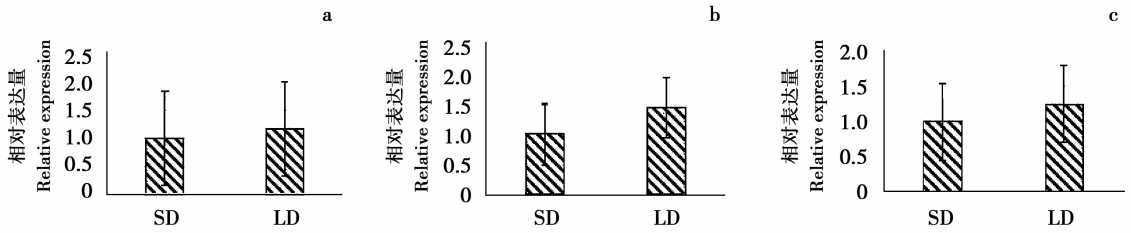
图3 *GmWRKY20* 基因在不同组织中表达分析

Fig.3 Expression analysis of *GmWRKY20* in different organs

日和短日处理,结果表明 3 个品种在不同的光照周期处理下 *GmWRKY20* 基因表达量均没有明显差异。说明 *GmWRKY20* 基因表达不受光周期诱导调控。

2.5 非生物逆境胁迫对 *GmWRKY20* 基因表达的影响分析

结果显示,4℃ 和 42℃ 胁迫 1 h, *GmWRKY20* 基因表达量迅速升高,3 h 后表达量变化趋于平缓。说明低温和高温两种不同的胁迫处理诱使 *GmWRKY20* 基因出现相同的响应时间和表达模式,推测该基因可能参与了这两种胁迫共同的调控通路。NaCl 和 NaHCO₃ 胁迫下, *GmWRKY20* 基因表达模式为先升高后下降,峰值出现在胁迫 6 h。PEG6000 胁迫下, *GmWRKY20* 基因表达模式也是先升高后下降,胁迫 0.5 h 出现峰值。表明 5 种逆境胁迫都可诱导 *GmWRKY20* 基因的表达量升高。



a: 中黄 42; b: 高丰 1 号; c: Kariyutaka。
a: Zhonghuang 42; b: Gaofeng 1; c: Kariyutaka.

图 4 长短日处理下 *GmWRKY20* 基因表达分析

Fig.4 Expression analysis of *GmWRKY20* under LD/SD conditions

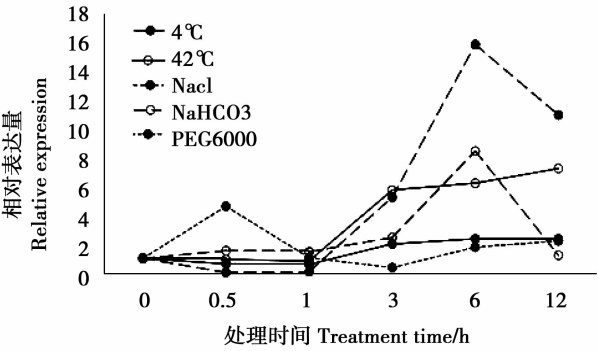


图 5 *GmWRKY20* 基因在不同非生物胁迫下表达分析

Fig.5 Expression analysis of *GmWRKY20* under different abiotic stresses

3 讨论

WRKY 转录因子是植物中功能最多样化的一类转录因子。它不仅参与调节植物的生长发育,还参与调控多种逆境胁迫^[11]。在我们的前期研究中,通过表达谱测序,在野生大豆中挖掘到了非生物胁迫相关基因 *GsWRKY20*^[13],将该基因在拟南芥与苜蓿中异源表达^[12-13,16],发现它可以提高转基因植株的抗旱、抗盐性。Luo 等^[10]以拟南芥为试验材料,研究 *GsWRKY20* 基因在开花调控中的机制,发现该基因不是通过光周期、春化和赤霉素途径调控开花,推断参与自主途径实现调控。然而在大豆中还没有该基因的相关研究,因此本研究以不同品种的大豆为试材,详细研究了野生大豆 *GsWRKY20* 同源基因 *GmWRKY20* 的表达特性,为深入探讨该基因交叉调控抗逆与开花的机制奠定良好的理论基础。

本研究发现, *GmWRKY20* 基因在来自不同地区的大豆品种中表达水平差异不大,且与花期无明显相关,说明 *GmWRKY20* 不是光周期敏感性基因,且在本研究中, *GmWRKY20* 在长日及短日条件下的表达也不存在差异,进一步说明 *GmWRKY20* 不是通过光周期来调控大豆的开花。

GmWRKY20 基因在大豆开花前上调表达,但基因的高表达水平又没有持续到盛花期,说明 *Gm-*

WRKY20 基因的上调表达与大豆开花的起始相关。大豆组织表达特性分析结果显示 *GmWRKY20* 基因主要在叶片中表达和积累,而大豆始花的部位是在顶端分生组织,因而推测 *GmWRKY20* 基因很可能通过调控“成花素”这种能够从叶片运输到茎顶端分生组织的基因调控大豆植株开花,然而这一推测需要进一步的试验证明。

GmWRKY20 基因的表达受 NaCl、NaHCO₃、PEG6000、4℃ 和 42℃ 诱导。Luo 等^[15]研究其同源基因 *GsWRKY20* 基因时也发现野生大豆 *GsWRKY20* 基因受低温、NaCl、PEG6000 和 ABA 诱导表达。说明 *GmWRKY20* 基因还与多种环境逆境响应有关。Luo 等^[10]和 Tang 等^[14]分别发现,过量表达 *GsWRKY20* 会提高拟南芥的耐旱性和苜蓿的耐旱性、耐盐性。我们在其它的研究中发现干旱等逆境环境会使一些大豆品种花期提前。由此,我们推测 *GmWRKY20* 基因的功能除了在大豆特定发育阶段起始开花外,还行使着响应环境逆境,进行生殖逃逸的功能。

4 结论

GmWRKY20 基因表达特性的研究结果说明 *GmWRKY20* 基因表达量在品种间差异不大,并且与不同大豆品种间的始花期早晚无关,仅在大豆开花前表达量上升,并且主要在叶片中被诱导。该基因表达不受光周期影响,但受到多种非生物逆境胁迫诱导。

参考文献

[1] Specht J, Kumudini D J S. Soybean yield potential-a genetic and physiological perspective[J]. Crop Science, 1999, 39(6): 1560.
[2] 李景新. 我国东北半干旱地区水土资源的现状与发展对策[J]. 农机使用与维修, 2012(6): 103-104. (Li J X. Northeast semi-arid areas in China present situation and the development countermeasures of water and soil resources[J]. Farm Machinery Using & Maintenance, 2012(6): 103-104.)
[3] 李志杰, 孙文彦, 马卫萍, 等. 盐碱土壤改良技术回顾与展望

[J]. 山东农业科学, 2010(2): 73-77. (Li Z J, Sun W Y, Ma W P, et al. Retrospect and prospect saline soil improvement technology[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2010(2): 73-77.)

[4] 杜滢鑫. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构和功能多样性[D]. 哈尔滨: 哈尔滨师范大学, 2014. (Du Y X. Diversity of rhizosphere microbial community of plants petroleminated saling-alkali region in Daqing[D]. Harbin: Harbin Normal University, 2014.)

[5] 高文武, 徐国佳, 孙艳, 等. 东北地区苏打盐碱地高效治理与种稻改良技术[J]. 现代农业科技, 2016(3): 252-252. (Gao W W, Xu G J, Sun Y, et al. Northeast China soda funny governance and rice saline-alkali improvement technology[J]. Modern Agricultural Science Technology, 2016(3): 252-252.)

[7] Rushton P J, Somssich I E, Ringler P, et al. WRKY transcription factors[J]. Trends in Plant Science, 2010, 15: 247-258.

[8] Chen L, Song Y, Li S, et al. The role of WRKY transcription factors in plant abiotic stresses[J]. Biochimica et Biophysica Acta, 2012, 1819(2): 120-8.

[9] Eulgem T, Rushton P J, Schmelzer E, et al. Early nuclear events in plant defence signaling: Rapid gene activation by WRKY transcription factors[J]. The EMBO Journal, 1999, 18: 4689-4699.

[10] Luo M, Dennis E S, Berger F, et al. MINISEED3 (MINI3), a WRKY family gene, and HAIKU2 (IKU2), a leucine-rich repeat (LRR) KINASE gene, are regulators of seed size in Arabidopsis[J]. Proceedings of the national academy of sciences of the USA, 2005, 102: 17531-17536.

[11] Shim J S, Jung C, Lee S, et al. AtMYB44 regulates WRKY70 expression and modulates antagonistic interaction between salicylic acid and jasmonic acid signaling[J]. Plant Journal, 2013, 73: 483-495.

[12] Marta B. Genome-wide annotation of the soybean WRKY family and functional characterization of genes involved in response to Phakopsora pachyrhizi infection [J]. BMC Plant Biology, 2014, 14: 236.

[13] Luo X, Bai X, Zhu D, et al. Expression of wild soybean WRKY20 in Arabidopsis enhances drought tolerance and regulates ABA signalling [J]. Journal of Experimental Botany, 2013, 64(8): 2155-2169.

[14] Li L T, Hua C, Hong Z, et al. Overexpression of Glycine soja WRKY20 enhances both drought and salt tolerance in transgenic alfalfa (Medicago sativa L.) [J]. Plant Cell, Tissue and Organ Cultural, 2014, 118: 77-86.

[15] Xiao L, Xiao L S, Bao H L, et al. Ectopic expression of a WRKY homolog from Glycine soja alters flowering time in Arabidopsis[J]. Plos One, 8(8): e73295.

[16] Fehr W R, Caviness C E, Burmood D T, et al. Stage of development descriptions for soybean, Glycine max. Merrill [J]. Crop Science, 1971, 11(6): 929-931.

[17] Willems E, Leyns L, Vandesompele J. Standardization of real-time PCR gene expression data from independent biological replicates[J]. Analytical Biochemistry, 2008, 379: 127-129.

第 26 届全国大豆科研生产研讨会在南京市召开

为交流近期国内外大豆生产、科研进展,加强全国大豆科研和产业人员之间的交流与合作,促进中国大豆产业的发展,中国作物学会大豆专业委员会于 2016 年 8 月 23~26 日在江苏省南京市召开第 26 届全国大豆科研生产会。会议由南京农业大学、国家大豆改良中心、作物遗传与种质创新国家重点实验室等单位共同承办。

来自全国 28 个省(自治区、直辖市)及香港特别行政区 175 家单位的 636 位从事大豆科研、教学、推广、生产管理的科技人员、企业界人士和管理人员共同参会,创历届参会人数之最。

中国作物学会大豆专业委员会第八届理事会副主任委员邱丽娟主持开幕式。南京农业大学副校长丁艳锋代表承办单位致欢迎词。江苏省农业委员会主任吴沛良介绍了江苏省农业的发展状况及发展趋势。中国作物学会杜娟副秘书长致辞。会上还举行了“王金陵大豆科学成就奖”颁授仪式,中国工程院院士、《大豆科学》副主任委员盖钧镒先生荣获“大豆科学最高成就奖”。

会议共收到 139 篇论文摘要,安排大会报告及分组报告 94 个,其中大会报告 13 个,盖钧镒、王建康、韩天富、李艳、林汉明、王学路、张劲松、廖红、窦道龙、章元明、李英慧、张磊、龚振平等 13 位专家围绕大豆产业的发展需求,结合大豆遗传育种、栽培耕作、营养品质、光周期反应、抗病性、抗虫性、耐逆性、营养高效利用等方面的最新研究进展做了精彩的报告。盖钧镒院士以“创新育种科技驱动种业发展”为题,阐明了科技创新在大豆产业发展中的重要性,号召全体代表重视科技创新、为振兴我国大豆产业努力。

会议设立了大豆遗传育种理论与技术、大豆绿色高效生产、青年论坛等 3 个论坛,基因组学与分子生物学、遗传育种与资源、综合研究等 3 个分会场。与会代表还参观了大豆科研基地以及南京农业大学校友馆、作物遗传与种质创新国家重点实验室和国家大豆改良中心的实验室平台。

会议期间,大会召开了全体会议代表大会,第八届大豆专业委员会主任委员韩天富研究员向大会做了大豆专业委员会第八届理事会工作报告。按照相关章程,选举产生了第九届大豆专业委员会理事会和常务理事,中国农业科学院作物科学研究所邱丽娟研究员被推选为新一届大豆专业委员会主任委员。

大会闭幕式由第八届理事会主任委员韩天富研究员主持,他对本次研讨会进行了全面的总结,特别指出本次会议有几个特点:与会人数多、达到历届新高,报告领域广、质量高,报告人年轻化,大豆专业委员会理事新老交替、交接完美,大豆精神薪火相传。继 2015 年第 25 届全国大豆科研生产研讨会后,我国大豆科技工作者继续克服各种困难,在大豆研究领域取得了新的成果,对推动我国大豆科研生产起到了重要的作用。