

水稻胁迫相关基因 *OsPM1* 启动子的克隆与分析

裴柳玲, 唐 清, 张 涛, 赵云龙, 林书岱, 孙 杰, 刘永昌*

(石河子大学 农学院/新疆生产建设兵团绿洲生态农业重点实验室, 新疆石河子 832003)

摘 要: 依据 NCBI 数据库 *OsPM1* 的序列信息, 采用 PCR 技术扩增获取 *OsPM1* 的 2 100 bp 的启动子序列。利用 PLACE 预测启动子的顺式作用元件分析表明, 启动子内含有大量与胁迫相关的顺式作用元件, 主要有 ABA 响应相关元件、脱水响应元件、低温响应元件、热激响应元件和转录因子结合元件。构建 *OsPM1* 的启动子和 *GUS* 基因融合表达载体, 转入拟南芥。组织化学染色分析结果显示, 非生物胁迫处理前, 幼苗中 *GUS* 基因表达水平很低; 干旱、低温、高盐等胁迫处理后, *GUS* 基因表达量显著升高。研究表明, *OsPM1* 的启动子能够显著提高在干旱、高盐和低温处理后下游基因的表达水平。

关键词: 水稻; *OsPM1*; 非生物胁迫; 启动子

中图分类号: Q785; Q786

文献标志码: A

Cloning and Analysis of Promoter of Stress-related Gene *OsPM1* from *Oryza sativa*

PEI Liuling, TANG Qing, ZHANG Tao, ZHAO Yunlong, LIN Shudai, SUN Jie, LIU Yongchang*

(College of Agronomy/Key Oasis Eco-Agriculture Laboratory of Production and Construction Group, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang 832003, China)

Abstract: A 2 100 bp sequence of *OsPM1* promoter was obtained by searching in NCBI database. The promoter was cloned by PCR using DNA from rice as template. *Cis*-acting elements in this promoter were predicted by PLACE. The results showed that the promoter contains a large number of *cis*-acting elements associated with stress, such as ABRE, DRE, LTRE, HSE and binding motif of stress-associated transcription factor. The promoter of *OsPM1* was cloned into expression vector pCambia1300-221-GUS to promote the expression of *GUS* gene and transgenic *Arabidopsis* was generated. *GUS* activity was detected in transgenic plants after drought, cold and high salinity treatments. The expression level of reporter gene was very low without treatment. After abiotic stress treatments, such as drought, low temperature and high salt, the expression of *GUS* increased significantly. The promoter can elicit the expression of genes downstream after abiotic stress treatments.

Key words: *Oryza sativa*; *OsPM1*; abiotic stress; promoter

非生物胁迫是指影响植物正常生长和发育的不利环境因子, 其中以高盐、干旱、低温对作物的产量

影响最为突出^[1]。通过传统的育种方法改良作物耐逆性, 过程繁琐, 工作量大, 远不能满足生产需要。

收稿日期: 2015-07-15; 修改稿收到日期: 2015-10-14

基金项目: 兵团博士资金专项(2013BB003); 石河子大学高层次人才启动项目(RCZX201218); 石河子大学育种专项(gxjs2014-yz02)

作者简介: 裴柳玲(1992—), 女, 本科生, 主要从事作物遗传育种研究。E-mail: 670848194@qq.com

* 通信作者: 刘永昌, 博士研究生, 讲师, 主要从事棉花功能基因组学研究。E-mail: liuyongchang2003@126.com

随着分子生物学的发展,通过转基因手段过表达或沉默一些胁迫相关基因的表达为改良作物品种抗逆性提供了有效手段^[2]。

启动子是影响基因表达效率的重要因子,高水平地表达内源或外源基因需要有高效的启动子^[3]。诱导型启动子可以控制下游基因进行特异的时空表达,从而避免持续高表达抗逆基因而引起的植物生长缺陷。PM19(plasma membrane protein)是一个ABA诱导的质膜蛋白,在小麦和水稻中都存在同源基因。其中小麦中的WPM-1是一个19 kD左右的质膜蛋白,在ABA和低温处理后大量积累,同时增强了小麦悬浮细胞的抗冻性^[4]。OsPM1(NM_001061933)与WPM-1是同源基因,同属于AW-PM19-like家族,受多种非生物胁迫的诱导。过表达水稻ONAC045可以显著提高水稻的抗旱性和抗盐性,而在转基因水稻中OsPM1的表达量明显升高^[5]。ATAF1编码一个NAC类型转录因子,其表达水平受NaCl、ABA和干旱的诱导^[6]。在水稻中,过量表达ATAF1可以提高水稻的耐盐性,并降低对ABA的敏感性。高盐胁迫处理后,过表达ATAF1的水稻种中OsPM1的表达水平明显高于野生型。以上研究暗示,OsPM1可能在水稻抵抗非生物胁迫的过程中具有重要作用,但对于其表达调控机制鲜有报道。因此,进一步研究该基因的启动子功能对于阐明OsPM1在水稻对非生物胁迫应答过程中的功能具有重要意义,并为利用诱导型启动子改良作物耐逆性打下基础。本研究从水稻中克隆OsPM1基因启动子,利用顺式作用元件预测网站PLACE分析OsPM1基因启动子中包含的非生物胁迫相关的顺式作用元件。同时,构建启动子融合报告基因GUS的融合表达载体,通过农杆菌介导的花序侵染的转化方法转化拟南芥。非生物胁迫处理后,通过组织化学染色的方法检测报告基因的表达水平,进而明确该启动子在非生物胁迫处理后的启动能力及特异性。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 植物材料 实验材料为野生型(生态型为Columbia-0)拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)。将拟南芥种子用10%次氯酸钠进行表面消毒15~20 min,再用灭菌蒸馏水冲洗种子3~5次。灭菌后的种子用含有0.2%琼脂粉的培养基重悬,播种在1/2 MS固体培养基。4℃处理2~3 d后,放入标准培

养间进行培养。

实验中用到的水稻品种为籼稻品种黄花占(*Oryza sativa* L. subsp. *indica*),主要用于基因组DNA的提取,用来克隆OsPM1的启动子。

1.1.2 菌株、质粒及试剂 大肠杆菌XL1-Blue、农杆菌EHA105、植物表达载体pCambia1300-221-GUS由本实验室保存。实验中所用的限制性内切酶和T₄ DNA连接酶购自TaKaRa公司;Taq酶购自北京天根公司;凝胶回收试剂盒购自博迈德公司;克隆载体pEASY-Blunt购自全式金公司,其他化学试剂均为国产或进口分析纯。

1.2 方法

1.2.1 OsPM1基因启动子的序列分析 在NCBI数据库(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)中获得OsPM1(GenBank登录号NM_001061933)的基因组序列。选取OsPM1转录起始位点前2 100 bp的序列,利用植物顺式调控元件数据库PLACE(<http://www.dna.affrc.go.jp/PLACE/>)在线分析启动子中具有顺式作用元件。

以OsPM1的启动子序列设计引物P₁(5'-CTG-CAGAGTATCAACTGGTATCCATT-3',下划线为Pst I酶切位点)和P₂(5'-GGATCCCCTACTC-CGCCATCTCGTAT-3',下划线为BamH I酶切位点)。以水稻基因组DNA为模板进行PCR扩增,扩增条件为94℃预变性3 min;94℃变性30 s、57℃退火30 s、72℃延伸2 min 10 s,30个循环;72℃延伸10 min。PCR产物用1%琼脂糖凝胶电泳分离后,切胶。利用凝胶回收试剂盒回收目的片段,连入克隆载体pEASY-Blunt进行测序。

1.2.2 OsPM1启动子载体构建及拟南芥的转化

用Pst I和BamH I酶切pCambia1300-221-GUS和含有启动子片段的pEASY-Blunt克隆载体,回收目的片段与载体片段。利用T₄ DNA连接酶22℃连接过夜,转化大肠杆菌XL1-Blue,提取并鉴定重组质粒。酶切鉴定正确的载体转入农杆菌EHA105,通过农杆菌介导的拟南芥花序遗传转化方法转化野生型拟南芥^[7]。

1.2.3 转基因拟南芥筛选及非生物胁迫处理 利用潮霉素对转基因拟南芥T₂代种子进行筛选,鉴定出的纯合转基因株系用于非生物胁迫(干旱、低温、高盐)处理和组织化学染色分析。将1/2 MS固体培养基中培养2周左右的拟南芥移植到1/2 MS液体培养基中继续培养24 h,一部分幼苗用300 mmol/L NaCl的培养基进行高盐处理4 h;一部分

幼苗置于 4 ℃ 培养箱进行低温处理 4 h;一部分幼苗置于滤纸上,进行模拟干旱处理 4 h,用不处理的幼苗作为对照。将处理后的幼苗浸泡在染色液中进行染色^[8]。

2 结果与分析

2.1 *OsPM1* 启动子片段的扩增与序列分析

OsPM1 的表达水平受非生物胁迫诱导,所以推测该基因的启动子可能在非生物胁迫条件下能够高效启动下游基因表达。以水稻基因组 DNA 为模板,利用特异引物进行 PCR 扩增,克隆 *OsPM1* 启动子片段。PCR 产物通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,获得 1 条约 2 100 bp 的特异条带(图 1)。回收目的片段,连接至克隆载体 pEASY-Blut,经过酶切验证后测序。

通过 PLACE 预测 *OsPM1* 启动子中包含的顺式作用元件,结果发现 *OsPM1* 的启动子内除了含有启动子必需的核心元件 CAAT-box 和 TATA-box 外,还包含很多与非胁迫相关的元件,包括

ABA 响应元件 ABRE、低温响应元件 LTR、干旱响应元件 DRE/CRT、热激反应调控元件 HSE 及 MYB 和 MYC 转录因子结合位点。在预测的顺式作用元件中有 26 个 ABA 相关的作用元件,其中有 ABRE、ABRE-like 和 ABRE-related 序列。在 *OsPM1* 的启动子中还含 44 个 MYB 和 MYC 转录因子结合位点,如 MYB1AT、MYB2CONSENSUSAT、MYBATRD22、MYBCORE、MYCCONSENSUSAT 等。除了与非生物胁迫相关的顺式调控元件外,还发现 59 个与生物胁迫相关的顺式作用元件,如

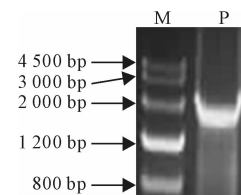


图 1 水稻 *OsPM1* 启动子的扩增
M. DS5000; P. *OsPM1* 启动子 PCR 扩增

Fig. 1 Amplification of *OsPM1* promoter from *O. sativa*
M. DS5000; P. Amplification of *OsPM1* promoter

表 1 *OsPM1* 的启动子区包含的顺式调控元件

Table 1 *Cis*-acting elements in promoter of *OsPM1*

调控序列 Regulatory sequence	序列 Sequence	数量 Number	特性 Characteristic
ABADESH	RTACGTGGCR	1	响应 ABA Responsive to ABA
ABREATCONSENSUS	YACGTGGC	1	ABA 响应元件 ABA-responsive elements
ABREATRD22	RYACGTGGYR	1	ABA 响应元件 ABA-responsive elements
ABRELATERD1	ACGTG	9	ABRE 类似序列 ABRE-like sequence
ABREMOTIFAOSOSEM	TACGTGTC	1	ABRE 类似序列 ABRE-like sequence
ABRRATCAL	MACGYGB	5	ABRE 相关序列 ABRE-related sequence
ACGTABREMOTIFA2OSEM	ACGTGKC	4	水稻基因中 ABRE 的核心基序(Core motif in ABRE of the rice gene)
ACGTABREMOTIFAOSOSEM	TACGTGTC	1	ABA 响应需要的序列 Sequence required for ABA-responsiveness
GADOWNAT	ACGTGTC	3	ABRE 相似基序 Similar motif to ABRE
ACGTATERD1	ACGT	20	ERD1 表达必须的序列 Sequence required for expression of ERD1
DRECRCOREAT	RCCGAC	2	DRE/CRT 的核心基序 Core motif of DRE/CRT
MYB1AT	WAACCA	7	RD22 启动子中 MYB 识别位点 MYB recognition site in the promoters of RD22
MYB2CONSENSUSAT	YAACKG	4	RD22 启动子中 MYB 识别位点 MYB recognition site in the promoters of RD22
MYBATRD22	CTAACCA	1	脱水响应基因 MYB 结合位点 Binding site for MYB in dehydration-responsive gene
MYBCORE	CNGTTR	6	水胁迫相关 MYB 结合位点 Binding site for MYB that is responsive to water stress
MYCATERD1	CATGTG	2	ERD1 表达必须的 MYC 识别序列 MYC recognition sequence for expression of ERD1
MYCATRD22	CACATG	2	RD22 结合位点 Binding site for RD22
MYCCONSENSUSAT	CANNTG	22	RD22 启动子中 MYC 识别位点 MYC recognition site in the promoters of RD22
LTRECOREATCOR15	CCGAC	2	拟南芥 COR15a 中低温响应元件核心 Core of LTRE of COR15a in <i>Arabidopsis</i>
CURECORECR	GTAC	28	氧反应相关基序 Sequence involved in oxygen-response
ERELEE4	AWTTCAAA	2	乙烯响应元件 Ethylene responsive element
ELRECOREPCRP1	TTGACC	1	PR1 的 ERE 核心序列 ERE (Elicitor Responsive Element) core sequence of PR1
GCCCORE	GCCGCC	2	PR 基因中 GCC-box 核心序列 Core sequence of GCC-box in many PR genes
SEBFCONSSTPR10A	YTGTWCW	2	PR 基因中 SEBF 结合位点 Binding site of SEBF in promoter of PR genes
WRKY71OS	TGAC	15	大麦 PR-10 中 WRKY 蛋白结合位点 Binding site of Parsley WRKYs in PR-10 genes
WBOXATNPR1	TTGAC	7	水杨酸诱导的 WRKYs 识别的 W-box W-box recognized by SA-induced WRKYs
WBOXNTCHN48	CTGACY	2	防御基因中 WRKYs 识别的 W-box W-box recognized by NtWRKYs in defense genes

ELRECOREPCRP1、GCCCORE、WRKY71OS 等。在生物胁迫相关的作用元件中有24个是WERKY转录因子识别或结合位点,包括 WRKY71OS、WBOXATNPR1 和 WBOXNTCHN48。还有 28 个氧反应相关基序,如 CURECORECR(表 1)。通过对 *OsPM1* 启动子的序列分析推测,*OsPM1* 的启动子可能既能在非生物胁迫下启动基因表达,又可以在生物胁迫下启动基因表达。

2.2 *OsPM1* 启动子表达载体的构建与酶切鉴定

将 *OsPM1* 的启动子克隆至 pCambia1300-221-GUS 载体中驱动 *GUS* 基因表达(图 2)。由于在 PCR 引物中引入了 *Pst* I 和 *Bam*H I 酶切位点,筛选出阳性重组子后,双酶切检测目的片段是否连入载体。采用 1% 琼脂糖凝胶电泳分离经 *Pst* I 和 *Bam*H I 酶切产物,结果出现 2 条带:一条带大小约为 1 1081 bp,与载体片段大小相一致;另一条带大小约为 2 100 bp,与启动子片段大小相一致;为了进一步验证构建载体的正确与否,利用 *Xho* I 和 *Spe* I 进行酶切,通过 1% 琼脂糖凝胶电泳进行分离,结果出现 3 条带,大小约分别为 7 431、4 666 和 1 094 bp,与预测结果相一致(图 2),表明 *OsPM1* 启动子成功克隆至 pCambia1300-221-GUS 载体中。

2.3 转基因拟南芥在非生物胁迫下的 *GUS* 表达分析

为了研究低温、高盐和干旱诱导后报告基因的表达情况,将构建的 *OsPM1* 启动子融合 *GUS* 基因

的表达载体,转化野生型的拟南芥,获得 15 条转基因 T_1 代株系。通过潮霉素对 T_1 代转基因植物进行筛选,获得 T_2 纯合转基因株系,取出 2 条纯合株系用于后期研究。高盐、干旱、低温处理后,通过组织化学染色观察报告基因表达情况。结果(图 3)表明,未经高盐、干旱、低温处理时,报告基因在幼苗中的表达水平比较低,主要在叶中表达。经过高盐、干旱、低温处理后,*GUS* 基因的表达量均明显上调。在高盐、干旱、低温处理条件下,该启动子可以明显增强报告基因的表达量,但启动效果不相同。低温对 *OsPM1* 启动子诱导能力最强,干旱次之,盐胁迫

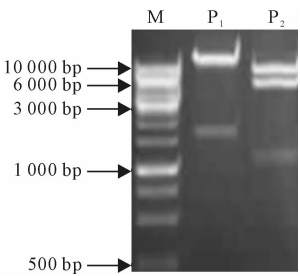


图 2 *OsPM1* 启动子重组质粒酶切鉴定
M. DNA 分子标准 1 kb;P₁. *Pst* I 和 *Bam*H I 的酶切;
P₂. *Xho* I 和 *Spe* I 的酶切

Fig. 2 Identification of recombinant plasmid containing *OsPM1* promoter by digestion
M. DNA marker 1 kb;P₁. Digestion of *Pst* I and *Bam*H I ;P₂. Digestion of *Xho* I and *Spe* I

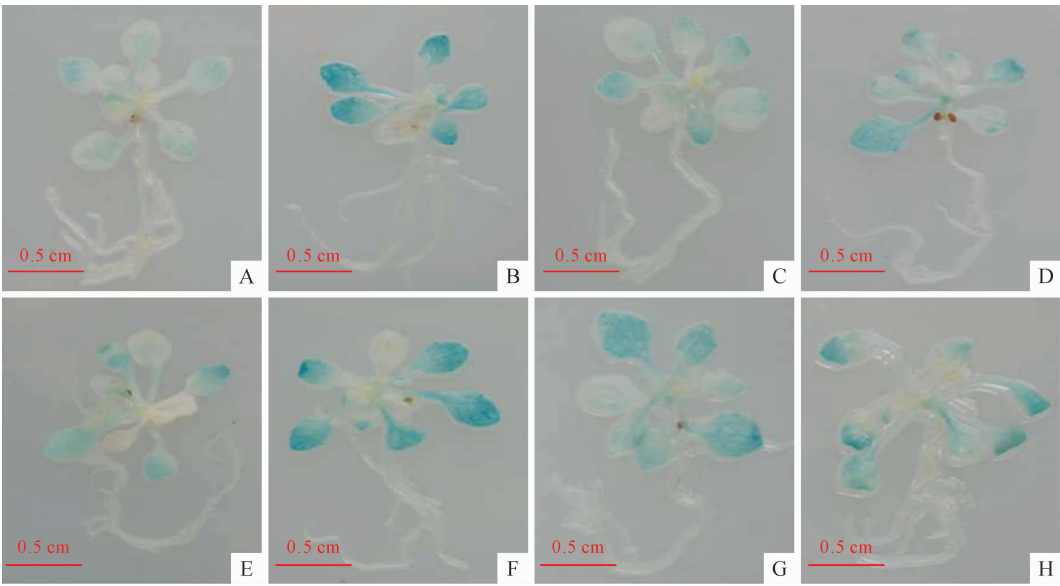


图 3 转基因拟南芥非生物胁迫后组织化学染色

A、E. 对照;B、F. 4 °C 处理 4 h;C、G. 含 300 mmol/L NaCl 的 1/2 MS 培养液处理 4 h;D、H. 干旱处理 4 h
Fig. 3 The histochemical *GUS* assay of transgenic *Arabidopsis* after abiotic stress treatments
A、E. Control;B、F. Plants treated with 4 °C for four hours;C、G. Plants treated with 300 mmol/L NaCl
for four hours;D、H. Plants treated with drought stress for four hours

诱导能力最弱(图 3)。以上结果表明,*OsPM1* 的启动子为高盐、干旱、低温诱导的特异型启动子。

3 讨 论

启动子位于结构基因上游,是 RNA 聚合酶及转录因子结合并起始基因转录的一段 DNA 序列,也是调控基因表达时空特异性的重要元件^[9]。在启动子中除了需要 CAAT-box 和 TATA-box 外,还含有很多特异的顺式作用元件,如增强子、沉默子和特殊启动子成分^[1]。*OsPM1* 的表达受多种非生物胁迫诱导,包括 ABA、高盐、干旱和冷^[5]。ABA 是一种重要的植物激素,参与调控了植物对水分胁迫的适应性、种子萌发和种子休眠等很多生物学过程。目前已经发现了很多胁迫响应的基因,其中很多都受到 ABA 的诱导^[10]。*OsPM1* 启动子内含有 26 个 ABA 响应相关的元件,其中既有典型的 ABRE(ACGTGG/TC),也有与 ABRE 类似的核酸序列,如 ABRELATERD1、ABREMOTIFAOSOSEM、ACGTABREMOTIFA2OS-EM、ACGTABREMOTIFAOSOSEM 和 GADOWNAT。除了 ABRE 外,MYC 和 MYB 识别位点也在 ABA 信号通路中具有重要作用。很多胁迫诱导基因的表达受到这些转录因子调控,如 *RD22*^[11-12]。在 *OsPM1* 的启动子含有 44 个 MYB 和 MYC 转录因子结合位点,其中有 35 个结合位点在 *RD22* 的启动子中也有发现。由此可知,MYC 和 MYB 转录因子可能在调控 *OsPM1* 基因的表达过程中有重要作用。在非生物胁迫条件下,这些转录因子能够结合到 *OsPM1* 的启动子上驱动 *OsPM1* 基因大量表达,提高植物的耐逆性。

除了各种非生物因子外,病原菌也可以影响农

作物正常生长和发育。当病原菌入侵植物细胞时会激起宿主细胞一系列的免疫反应,如细胞程序性死亡、活性氧增加、细胞壁加厚及抗病相关基因的表达^[13]。WRKY 转录因子是植物中发现的一类重要转录因子,特异性识别一个存在于抗病相关基因的启动子区域的顺式作用元件-W-box^[14]。在拟南芥中的 72 个 WRKY 转录因子中,49 个成员受病原菌(*Pst*)和 SA 诱导表达^[15]。在 *OsPM1* 的启动子中有 59 个与抗病相关的顺式作用元件,其中有 24 个是 WRKY 结合或识别的位点。另外,还有 5 个在其他抗性基因中都存在的作用元件,如 ELRE-COREPCRP1、GCCCORE 和 SEBFCONSSTPR10A。植物在抵御病原菌侵染过程中会快速产生大量活性氧,从而提高植物抗病能力。这些活性氧能直接杀死病原菌或增强细胞壁强度,也能作为信号分子激活下游抗病信号通路^[16]。在 *OsPM1* 的启动子中有 28 个 CURECORECR 核酸基序与植物体内的氧反应相关,从而推测 *OsPM1* 可能在活性氧介导的植物抗病过程中具有一定作用。

通过对启动子和 *GUS* 融合表达载体的转基因拟南芥研究发现,在正常条件下,*OsPM1* 启动子驱动下游基因进行微量表达。在各种逆境条件下,*OsPM1* 启动子的启动能力大大增强,有效提高了下游基因的表达。*OsPM1* 的启动子既可以避免下游基因持续高表达而引起的植物生长缺陷,又可以及时响应外界刺激提高下游基因的表达水平,增强植物的耐逆性。通过对 *OsPM1* 启动子的研究有助于阐明 *OsPM1* 在水稻的抗逆机制过程中的调控机制,也为进一步利用 *OsPM1* 启动子驱动内源或外源基因表达进而改良作物抗逆性提供依据。

参考文献:

- [1] ZHENG X Y(郑晓瑜),GUO J Y(郭晋艳),ZHANG Y(张毅),*et al.* Research methods of *cis* acting elements of plant abiotic stress inducible promoter[J]. *Plant Physiology Journal*(植物生理学报). 2011,47(2):129-135(in Chinese).
- [2] LIU CH(刘春),CAO L M(曹丽敏),LI Y ZH(李玉中),*et al.* Progress in the improvement of abiotic stress tolerance in plants using transgenic approaches [J]. *Biotechnology Bulletin*(生物技术通报). 2013,1:16-24(in Chinese).
- [3] XIE W(谢伟),YUE CH Y(乐超银). Application of ubiquitin promoter to transgenic plants[J]. *Journal of China Three Gorges University*(三峡大学学报). 2007,29(2):176-179(in Chinese).
- [4] KOIKE M,TAKEZAWA D,ARAKAWA K,*et al.* Accumulation of 19 kD plasma membrane polypeptide during induction of freezing tolerance in wheat suspension-cultured cells by abscisic acid[J]. *Plant & Cell Physiology*,1997,38(6):707-716.
- [5] ZHENG X N,CHEN B,LU G J,*et al.* Overexpression of a NAC transcription factor enhances rice drought and salt tolerance[J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*,2009,379(4):985-989.
- [6] WU Y R,DENG Z Y,LAI J B,*et al.* Dual function of *Arabidopsis* ATAF1 in abiotic and biotic stress responses[J]. *Cell Research*,2009,

- 19(11):1 279—1 290.
- [7] BECHTOLD N, PELLETIER G. In planta *Agrobacterium*-mediated transformation of adult *Arabidopsis thaliana* plants by vacuum infiltration[J]. *Methods in Molecular Biology*, 1998, 82: 259—266.
- [8] ZHANG X Y(张新宇), ZHAO L J(赵兰杰), LI Y J(李艳军), *et al.* Expression of *AtPUB18* after salt stress treatment and analysis of its promoter from *Arabidopsis thaliana*[J]. *Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.* (西北植物学报), 2014, 34(1): 54—59(in Chinese).
- [9] GUO J Y(郭晋艳), ZHENG X Y(郑晓瑜), ZOU C X(邹翠霞), *et al.* Research progress of *cis*-elements of abiotic stress inducible promoters and associated transcription factors[J]. *Biotechnology Bulletin*(生物技术通报), 2011, 4: 16—30(in Chinese).
- [10] FUJITA Y, NAKASHIMA K, YOSHIDA T, *et al.* Three SnRK2 protein kinases are the main positive regulators of abscisic acid signaling in response to water stress in *Arabidopsis*[J]. *Plant & Cell Physiology*, 2009, 50(12): 2 123—2 132.
- [11] ABE H, YAMAGUCHI-SHINOZAKI K, URAO T, *et al.* Role of *Arabidopsis* MYC and MYB homologs in drought and abscisic acid-regulated gene expression[J]. *The Plant Cell*, 1997, 9(10): 1 859—1 868.
- [12] ABE H, URAO T, ITO T, *et al.* *Arabidopsis* AtMYC2 (bHLH) and AtMYB2 (MYB) function as transcriptional activators in abscisic acid signaling[J]. *The Plant Cell*, 2003, 15(1): 63—78.
- [13] YU D Q(余迪求), CHEN L G(陈利钢), ZHANG L P(张利平). Transcription regulatory factor WRKY superfamily: origin, structure and function[J]. *Acta Botanica Yunnanica*(云南植物研究), 2006, 28(1): 69—77(in Chinese).
- [14] YU Y CH(于延冲), QIAO M(乔 孟), LIU ZH H(刘振华), *et al.* Diversification of WRKY transcription factors[J]. *Chinese Bulletin of Life Sciences*(生命科学), 2010, 22(4): 345—351(in Chinese).
- [15] DONG J X, CHEN CH H, CHEN ZH X. Expression profiles of the *Arabidopsis* WRKY gene superfamily during plant defense response[J]. *Plant Molecular Biology*, 2003, 51(1): 21—37.
- [16] LIU ZH W(刘志文), SHA A H(沙爱华), WANG Y(王 英). Role of reactive oxygen species in plant disease resistance[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*(安徽农业科学), 2005, 33(9): 1 705—1 707(in Chinese).

(编辑:宋亚珍)

书 讯

《揭秘转基因》 [英]奈杰尔·哈尔福德著,俞美莲译,上海科学技术出版社出版。

ISBN:978—7—5478—2584—6, 16 开 黑白印 128 页 定价 32.00 元

关于“转基因”,国内的讨论一直如火如荼,支持者和反对者的观点针锋相对。转基因技术是“潘多拉魔盒”还是未来农业革新之路?其技术风险能有效预防吗?各种争论结果莫衷一是,令公众难辨真伪。

《揭秘转基因》一书共分 5 章,分别介绍了基因与植物育种常识、植物基因修饰技术、转基因作物在农业中的应用、有关转基因作物及食品的法律法规和转基因最让人担心的是什么。特别是在本书第五章中,针对目前社会上流传的各种耸人听闻的“转基因”事件,作者客观地介绍了引发这些事件的前因后果。阅读本书对广大读者正确认识转基因技术、用科学的观点分析社会上种种关于转基因技术的传闻大有裨益。本书 2012 年在欧洲刚出版时曾引起不小的轰动。

全国各大新华书店、网上书店(卓越网、当当网、京东网等)有售。