

# 植物生产国家级实验教学中心 2018 年创新创业训练计划

## 项目展览（2020 年结题）

- 1、高铵胁迫对小麦幼苗光合特性的影响
- 2、基于作物秸秆多元化利用及创意加工
- 3、普通小麦及其异染色体系减数分裂行为分析
- 4、利用 SNP 芯片标记构建簇毛麦 V 基因组遗传图谱
- 5、药用石斛兰花卉开发
- 6、PPO, POD 酶系在红茶加工过程中表达量的变化的研究
- 7、黄瓜防高脚苗种子处理方法研究
- 8、黄瓜脱镁叶绿酸 a 氧化酶基因 (PaO) 克隆与表达模式分析
- 9、名茶‘大红袍’耐泡性及其机制研究
- 10、共生微生物在稻飞虱内的定位研究

项目编号：ZKF201801

项目成员信息：李华祖(2016级种子科学与工程专业)，孙嘉(2016级种子科学与工程专业)，王建(2016级种子科学与工程专业)，顾茜(2016级农业资源与环境专业)

项目指导教师信息：戴廷波教授，博士生导师，研究方向：小麦生理生态；刘晓雪实验师

立项年份：2018年

## 高铵胁迫对小麦幼苗光合特性的影响

### 项目简介

小麦是典型的喜硝作物，近年来随着种肥一体化、缓释肥和轻简化栽培的推行，大量铵态化肥和种子一起进入土壤，致使小麦种子萌发及早期幼苗阶段极易遭受高铵胁迫，影响苗期形态建成及后期的产量。

光合作用是作物物质积累和能量代谢的基础，前期研究表明高铵胁迫下植物光合能力显著降低。为探究高铵胁迫对耐性不同的小麦品种幼苗叶片光合能力的影响，本项目从叶片氮状态、叶片水分状况、叶绿素荧光、电子传递能力和CO<sub>2</sub>传导能力等方面，探明短期高铵胁迫下小麦幼苗叶片光合的响应机制。我们发现，高铵胁迫显著降低了叶绿素含量，降低了敏感型品种的电子传递速率；高铵胁迫下叶片水势降低、气孔开放受限导致光合能力降低，且耐铵型品种受到的抑制程度较小。对缓解作物高铵胁迫制定有效的栽培措施提供基础。

### 实验结论

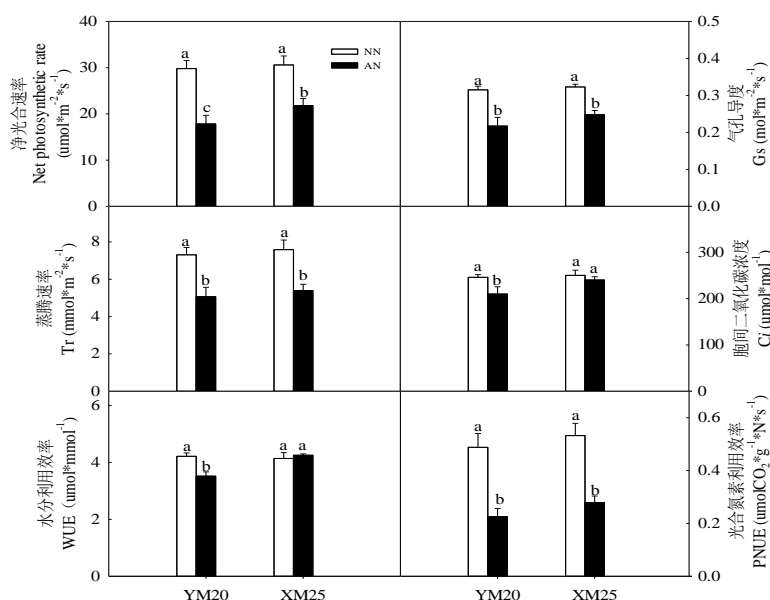


图 1 高铵胁迫对小麦幼苗光合速率的影响

Fig. 1 Effect of high ammonium stress on photosynthetic rate of wheat seedlings

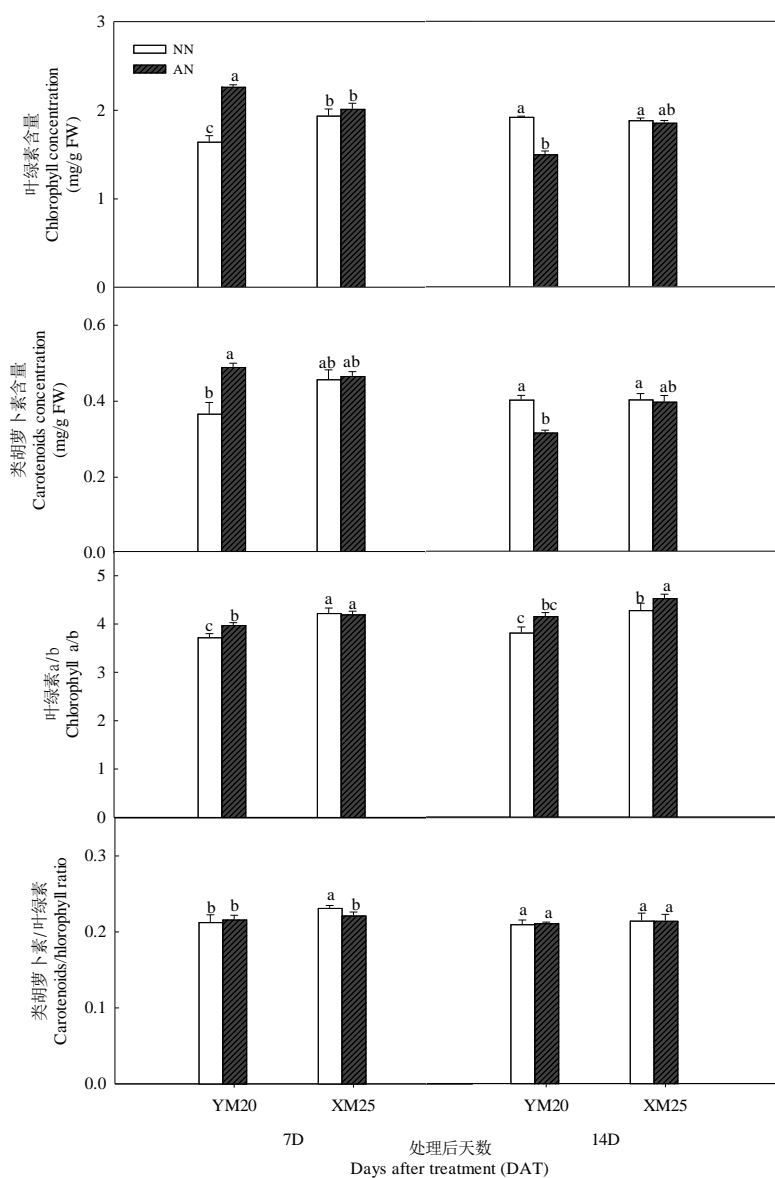


图 2 高铵胁迫对小麦幼苗叶片叶绿素含量的影响

Fig. 2 Effect of high ammonium stress on chlorophyll content in leaves of wheat seedlings

## 创新点描述

高铵胁迫下植物光合能力下降，但其响应特征和内在机理尚不清楚。本研究通过对小麦形态学指标、光合相关指标的测定，探究高铵胁迫下小麦的生理反应及对胁迫的响应机理。另外，通过对两个栽培小麦的品种的对比实验，初步研究了耐高铵品种胁迫下生理生化反应的特点，为栽培中选择耐高铵品种提供理论依据。

项目名称：基于作物秸秆多元化利用及创意加工

项目编号：ZKF201802

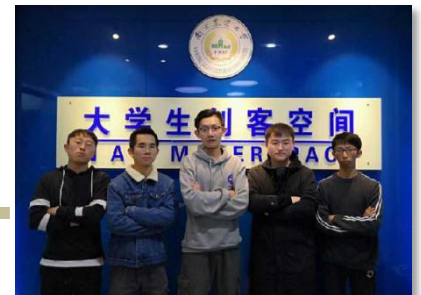
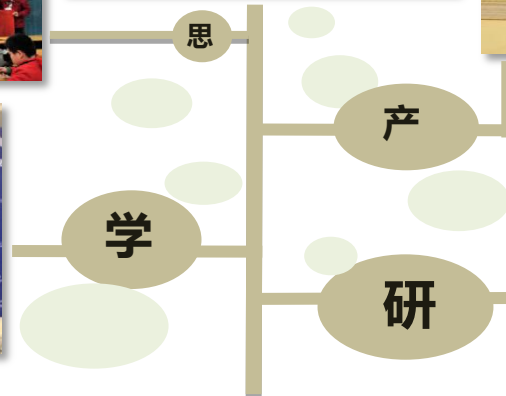
立项年份：2018 年



## 基于作物秸秆多元化利用及创意加工

- **项目成员：**植物实验 161 康敏； 农学 162 潘明升  
信息管理与信息系统 172 刘佳铭； 农学 164 王国庆
- **指导教师：**蔡剑（副教授；主要从事麦类作物生理生态研究）；金梅（实验师）
- **项目简介：**文化朴麦工作室致力于农产品的创意加工及秸秆的多元化利用。目前以秸秆创意加工产品为主打方向，经营包括多元化麦秆画、麦秆餐具、麦秆牙刷以及一些相关的农产品创意加工产品。工作室现以秸秆的环保利用与二次价值再生产为主要目的，致力于推动麦秆画非遗文化的传承与发展。

### 项目成果



- 自主研发朴麦专用冷裱塑封和朴麦激光雕刻技术，创新传统文化，形成衍生文创系列产品。
- 定制麦秆画 DIY 课程，自主设计自然科普及儿童环保启蒙讲堂。
- 初步建立全量化利用小麦秸秆生产秸秆纤维用具、秸秆乙醇、秸秆生物质炭技术理论体系。
- 实现产学研一体化（申请专利 2 项、软件著作权 1 项，获国家级、省级等创新创业比赛奖项 6 项）。

### 项目创新点：

以农学专业特色为切入点，解决农业生产秸秆问题，打造具有农学特色的产学研一体化。以全量化利用小麦秸秆综合利用技术研发为核心，辐射带动秸秆文创产业、自然科普教育与儿童环保启蒙教育发展，同时开展秸秆综合利用公益项目计划，以学科研究成果带动创业、以创业带动公益、以秸秆利用带动环保理念、以秸秆价值带动乡村振兴。

**项目名称：**普通小麦及其异染色体系减数分裂行为分析

**项目编号：**ZKF201803

**立项年份：**2018 年

**项目成员：**马文静，16 级农学专业；王潘婷，16 级农学专业；吴仪，16 级农学专业；畅超艳，16 级农学专业；李展，16 级植物生产类金善宝实验班

**指导教师：**庄丽芳 副教授 研究方向：小麦细胞遗传和种质创新

孔令娜 高级实验师 研究方向：小麦细胞遗传学

**项目简介：**本项目拟以普通小麦及其双二倍体等为研究对象，建立小麦族免疫染色技术体系，同时对不同材料进行花粉母细胞减数分裂各阶段染色体的行为观察分析与基因组原位杂交，了解这些异染色体系在减数分裂中同源染色体的联会、分离和姊妹染色单体分离等变化特征，对其进行减数分裂期免疫染色分析，为了解染色体行为与配子育性间的关系提供研究基础。

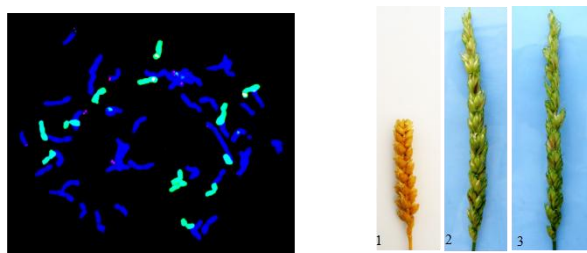


图 1 小麦-鹅观草部分双二倍体 11KR36A01(2n=55, Rk-Green, 5s rDNA-Red)的根尖细胞有丝分裂中期 GISH 分析（左）与单穗结实情况（右）（1.中国春；2.育性好的异染色体系；3.育性差的异染色体系）。

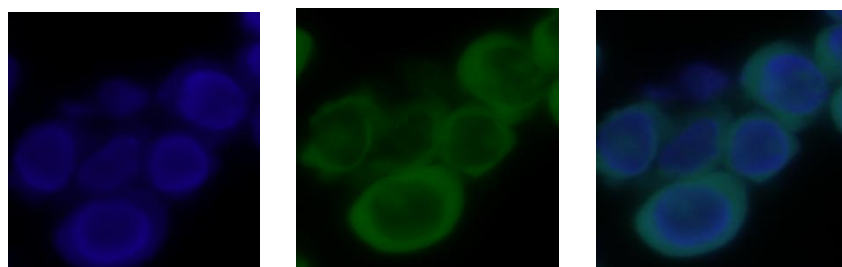


图 2 抗体 MB8025 在小麦染色体上的免疫染色

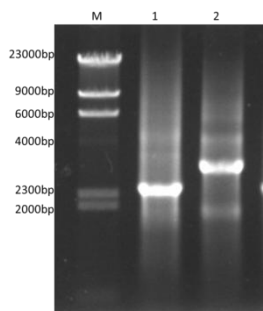


图 3 普通小麦基因组 DNA 扩增结果 (M. marker; 1. *Quinta*; 2. *CRW*)

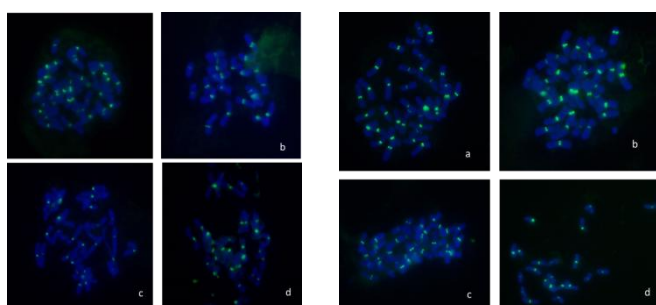


图 4 *Quinta* 与普通小麦中国春 (a, b)、南农 0686 (c, d) 原位杂交结果

图 5 探针 *CRW* 与普通小麦中国春 (a, b, c)、南农 0686 (d) 原位杂交结果

**创新点描述：**本研究筛选出 1 个特异性抗体可用于小麦染色体细胞分裂行为分析，初步建立了小麦族有丝分裂免疫染色体系。克隆两个小麦着丝粒重复序列 *Quinta* 和 *CRW*，FISH 分析发现这两个探针均能在小麦染色体着丝粒区产生信号，可用于与微管蛋白免疫染色结合进行异染色体系减数细胞分裂行为的分析。



项目名称：利用 SNP 芯片标记构建簇毛麦 V 基因组遗传图谱  
项目编号：ZKF201804  
立项年份：2018 年

## 利用 SNP 芯片标记构建簇毛麦 V 基因组遗传图谱

项目组成员：冉华东，16 级农学专业；刘子瑜，16 级农学专业；刘俊哲，16 级农学专业；  
指导老师：冯祎高，讲师，研究方向：小麦遗传育种  
孔令娜，副研究员，研究方向：小麦细胞遗传学

项目简介：本研究利用硬粒小麦 ZY1286-簇毛麦 91C43 双二倍体 NAU1801 和硬粒小麦 ZY1286-簇毛麦 01I140 双二倍体 NAU1802 构建了由 115 个单株组成的 F2 作图群体，通过小麦 55K SNP 芯片和 IT-PCR 标记对群体进行连锁分析，初步构建了簇毛麦的遗传图谱，共包含 361 个 SNP 标记和 7 个 IT 标记，全长 1222.46 cM，平均两个标记间的距离为 3.9 cM。通过 BLAST 比对，揭示了簇毛麦 V 基因组和小麦基因组间的共线性关系：簇毛麦 1V、2V、3V、5V、6V 和 7V 染色体分别与小麦第 1、2、3、5、6、7 同源群具有共线性，而 4V 与小麦第 4、5、7 部分同源群具有共线性，并且 V 基因组可能与小麦 D 基因组亲缘关系较近。

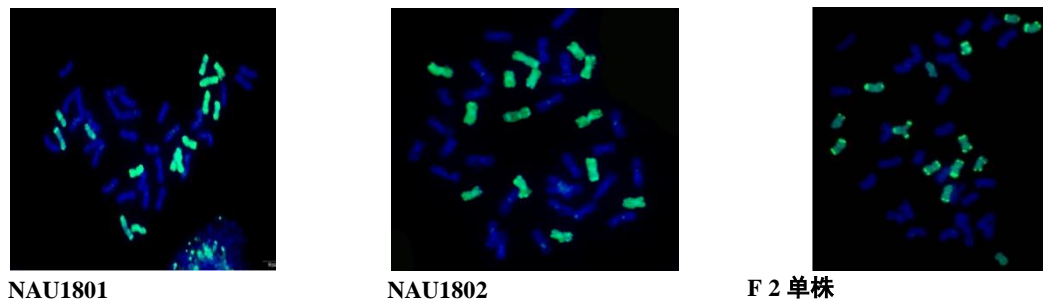


图 1 双二倍体 NAU1801 和 NAU1802 和 F2 单株的根尖细胞 GISH 分析(引自姚若男 2019)  
发出绿色荧光信号的染色体为簇毛麦染色体

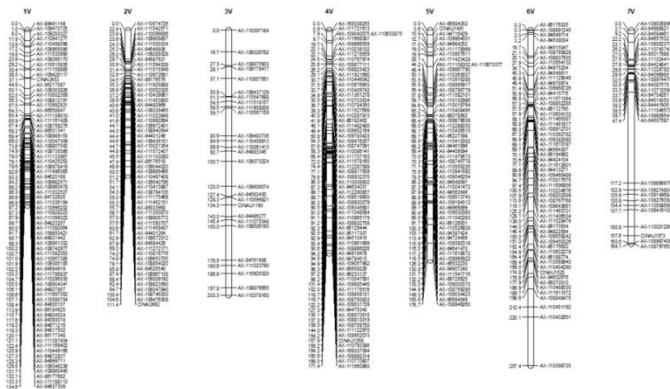


图 2 簇毛麦遗传连锁图谱

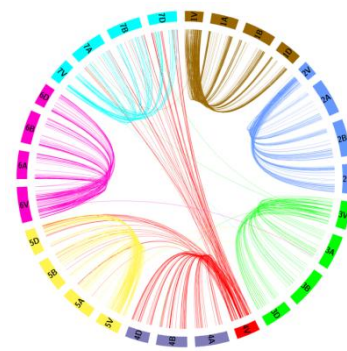


图 3 簇毛麦与普通小麦的共线性分析

### 项目创新点：

本研究利用两个硬粒小麦-簇毛麦双二倍体构建作图群体，通过小麦 55K SNP 芯片和 IT-PCR 标记分析成功构建了簇毛麦的遗传图谱，并揭示了簇毛麦 V 基因组和小麦基因组间的共线性关系，为进一步发掘簇毛麦有益基因奠定了基

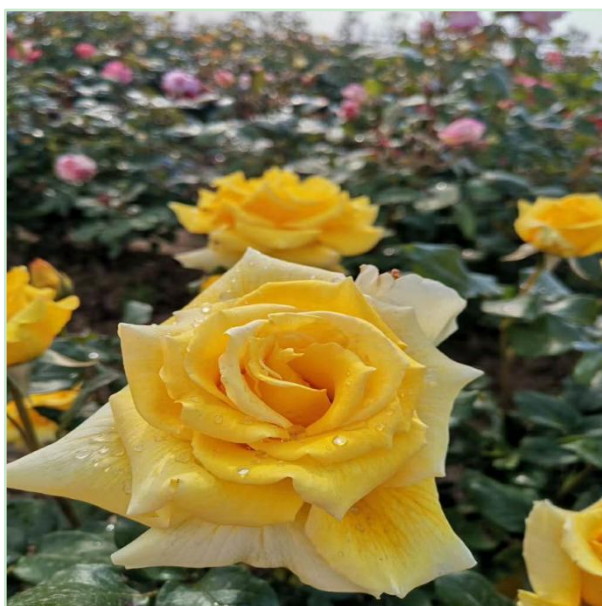
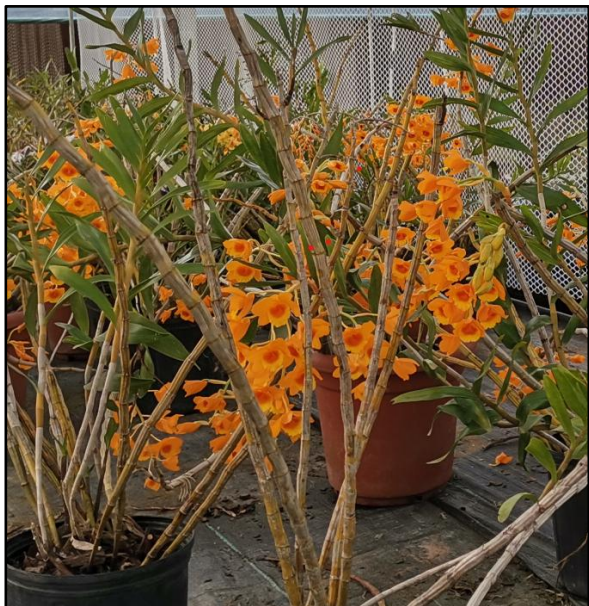
**项目名称：**药用石斛兰花卉开发

**项目编号：**ZKF201805

**项目成员：**赵润，17 级中药专业；田茂荣，17 级茶学专业；谭显锐，17 级中药专业；陈茜，17 级中药专业；雷芯，17 级园艺专业

**指导教师：**向增旭，副教授；刘为许，实验师

**项目简介：**项目组对我国原生石斛资源进行评价及搜集，搜集主要有鼓槌石斛、密花石斛、球花石斛等石斛约 200 多种。综合评价筛选出观赏价值高、适应性强、易于繁殖的鼓槌石斛、密花石斛、球花石斛等石斛种类，并对其进行种苗扩繁、设施栽培等研究，最后成功建立了大棚石斛观光园。



**项目创新：**

1. 本研究建立了重点品种的种苗扩繁技术体系，包括高位芽繁殖、分株繁殖、直播育苗及组培育苗技术，对原生石斛果荚收集并建立无菌系，目前已建立 20 种左右的石斛，为规模化栽培奠定了基础。

2. 其次将原生石斛的栽培方式进行创意化，常见的栽培方式为盆栽，在这一基础上，我们增加了采用木墩、景观石固定的方式制作盆栽、吊栽。多种栽培方式增加了观赏性，能够吸引消费者的眼球，也适应消费者的各种需求。

项目名称：PPO, POD 酶系在红茶加工过程中表达量的变化的研究  
 项目编号：ZKF201806  
 立项年份：2018 年

## PPO, POD 酶系在红茶加工过程中表达量的变化的研究

项目组成员：张咪，17 级茶学专业；张丽琴，17 级茶学专业；衷青，17 级茶学专业

指导老师：陈暄，副教授；研究方向：茶树生理。

项目简介：PPO、POD 是茶黄素、茶红素等红茶色素的合成酶，对红茶品质形成有重要作用。本次项目采用荧光定量 PCR 技术通过提取加工中各阶段的红茶细胞内的总 RNA，并检测红茶加工中 PPO、POD 各组分的活性和茶多酚的含量，从而研究出红茶加工个阶段 PPO、POD 各组分表达量与活性在红茶加工过程中的变化，总结出提高茶黄素、茶红素含量的加工方式，为高品质红茶的生产提供技术指导。



图 1 鲜叶与红茶

Fig 1 Fresh leaves and black tea

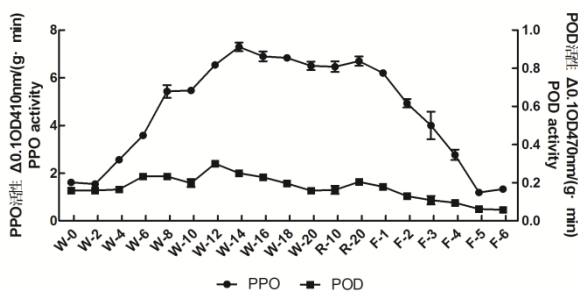


图 2 红茶加工中 POD、PPO 活性的测定  
 Fig.2 Determination of POD, PPO activity  
 in processing of black tea

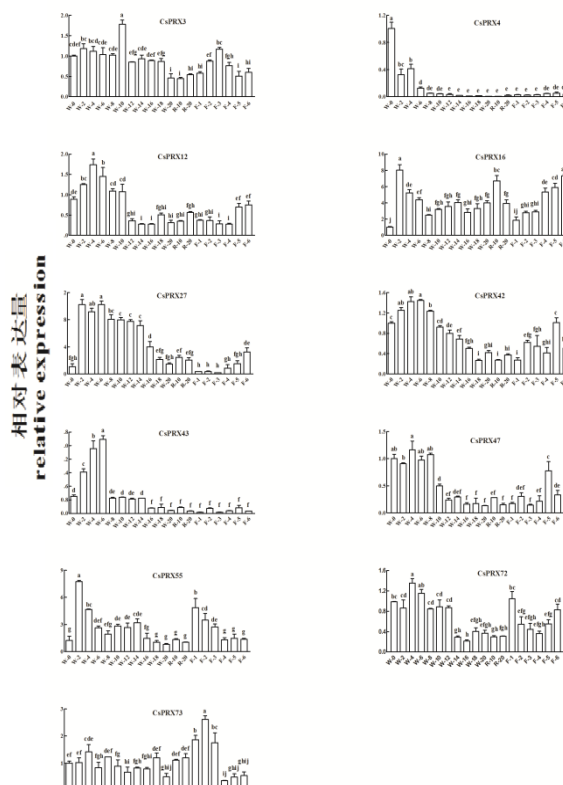


图 3 红茶加工过程中 *CsPRXs* 的表达量变化  
 Fig.3 The changes in the expression  
 level of

项目创新点：本次实验分别研究了红茶加工过程中 PPO、POD 各组分的表达量和活性的变化，可推断出茶树中与红茶加工的相关基因，为红茶生产和茶黄素工业化生产提供支持。



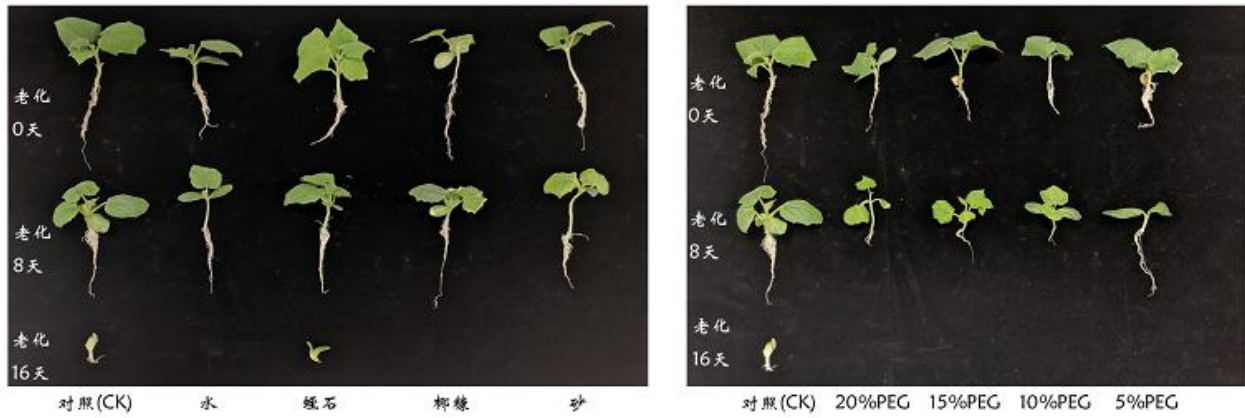


图1 不同种类试剂引发黄瓜种子，老化不同天数，经发芽试验和移栽种植后的黄瓜苗生长情况（部分）

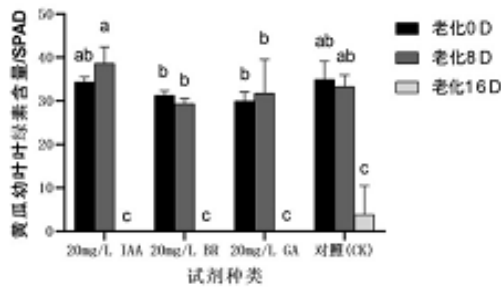


图2A 不同植物激素引发对黄瓜幼叶叶绿素含量的影响

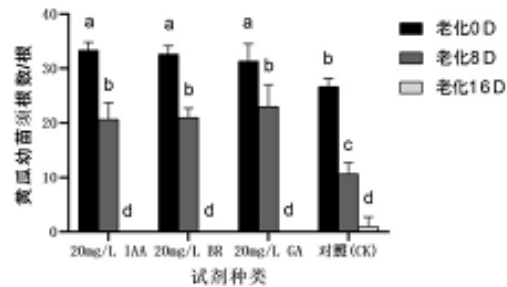


图2B 不同植物激素引发对黄瓜幼苗须根数的影响

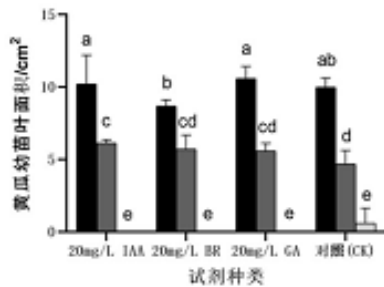


图2C 不同植物激素引发对幼苗叶面积的影响

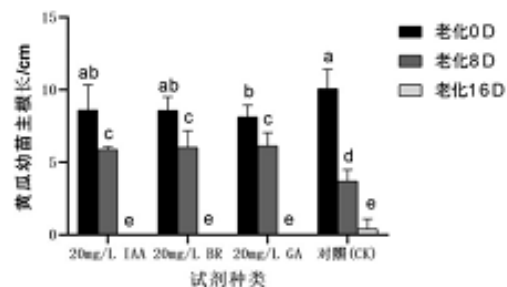


图2D 不同植物激素引发对黄瓜幼苗主根长度的影响

图2 不同植物激素引发对黄瓜种子耐老化能力的影响

## 项目信息

项目名称: 黄瓜防高脚苗种子处理方法研究

项目编号: ZKF201807

项目成员: 14817115 杨泳冰 设施农业科学与工程171

14817113 李旭阳 设施农业科学与工程171

14817122 徐纪行 设施农业科学与工程171

指导教师: 陈浩 助教 蔬菜育种学

姜群峰 教授 蔬菜细胞分子生物学与遗传育种

立项年份: 2018年

## 项目简介

项目以“南水二号”黄瓜种子为研究材料,经种子引发、包衣等不同处理,研究其成品在种子活力、生长势、防高脚苗等方面的作用。主要内容如下:

### (1) 不同种类引发试剂对黄瓜种子出苗的影响

对由固体基质、微生物、盐溶液、大分子化合物和植物激素引发的黄瓜种子进行发芽率、发芽势、发芽指数、根系活力、幼苗须根数、主根长、叶绿素含量、叶面积等相关指标进行测定与比较,获得较优种子引发的方法。

### (2) 种子包衣处理对黄瓜种子出苗的影响

在上述预实验选出合适引发剂的情况下,将种子引发和种子包衣技术相结合,通过发芽和育苗实验,比较,获得最优的、有利于黄瓜齐苗、壮苗且无高脚苗的种子处理方法。

## 创新描述

从30种不同种类及浓度试剂中筛选出较有利于“南水二号”黄瓜生长发育的引发剂,并应用于种子包衣技术,通过测量黄瓜幼苗的上胚轴长、根活、叶面积、叶绿素含量等多种生理生化数据选出防黄瓜高脚苗效果最好的处理方法。

项目名称：黄瓜脱镁叶绿酸 a 氧化酶基因（PaO）克隆与表达模式分析  
 项目编号：ZKF201808  
 立项年份：2018 年

## 黄瓜脱镁叶绿酸 a 氧化酶基因（PaO）克隆与表达模式分析

项目组成员：程奕秋，17 级园艺专业；潘娇艳，17 级园艺专业；韩庆远，17 级设施专业；梁文文，17 级设施专业

指导老师：孙锦，副教授，研究方向：黄瓜、盐胁迫、日光温室；  
 陈洁，实验师，研究方向：蔬菜育种

项目简介：本研究采用实时荧光定量 PCR 技术和生物信息学技术，分析了 PAO 基因的表达模式及其编码蛋白的特性。结果表明，PAO 响应 SA、JA 和 GA，高温和低温显著诱导 PaO 表达，并且 PaO 在黄瓜根、茎、叶中都有表达。分析表明，PAO 基因在黄瓜根、茎、叶、花、萼、须、果等不同组织中的表达没有显著差异。PAO 生物信息学分析表明，PAO 氨基酸序列与苦瓜、西葫芦、南瓜、笋瓜等葫芦科植物 PAO 蛋白同源性较高，PAO 基因编码氨基酸 545 个，理论等电点（pI）为 6.09，为亲水性氨基酸，其蛋白相对分子质量为 61022.11。PAO 蛋白不稳定指数为 40.40，归类为不稳定蛋白。还预测到 PAO 具有 2 个蛋白结合位点，存在跨膜现象，亚细胞定位预测 PAO 蛋白定位于叶绿体膜，同时推导了黄瓜 PAO 蛋白的三维结构。

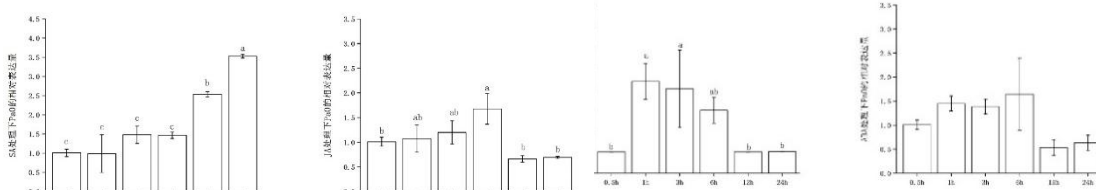


图 1 不同组织及处理下 PaO 基因的相对表达量

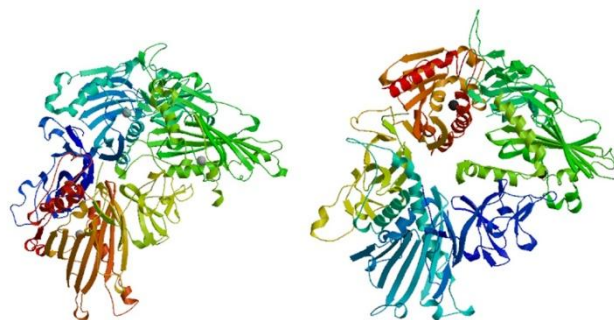
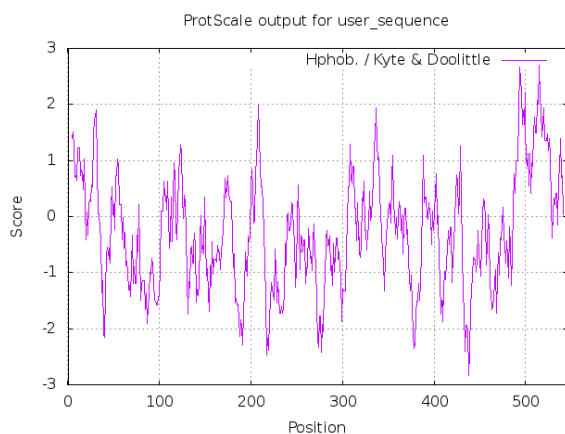


图 2PAO 蛋白疏水区的分布

### 项目创新点：

本试验重点分析了在黑暗、低温、高温、SA、GA、JA、ABA 处理下，PaO 基因的表达特征，还成功分析了 PAO 蛋白序列的结构、氨基酸的组成成分、理化性质以及同源性，预测了 PAO 蛋白的二级结构和三级结构，为研究黄瓜叶绿

## 项目信息

项目名称：名茶‘大红袍’耐泡性及其机制研究

项目编号：ZKF201809

项目成员：14217131 程小芳 茶学 171

14217129 陶静静 茶学 171

14217125 姚瑶 茶学 171

指导老师：黎星辉 教授

赵真 助理实验师

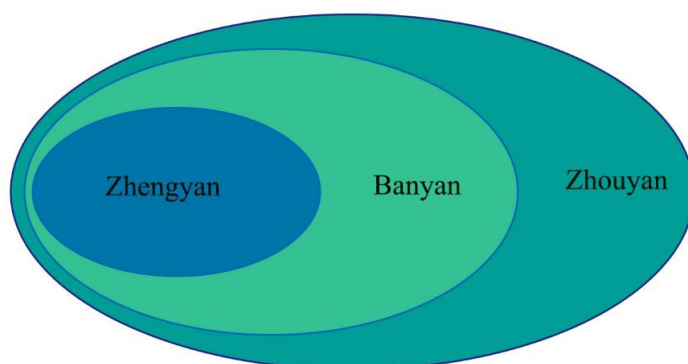
立项年份：2018 年

## 项目简介

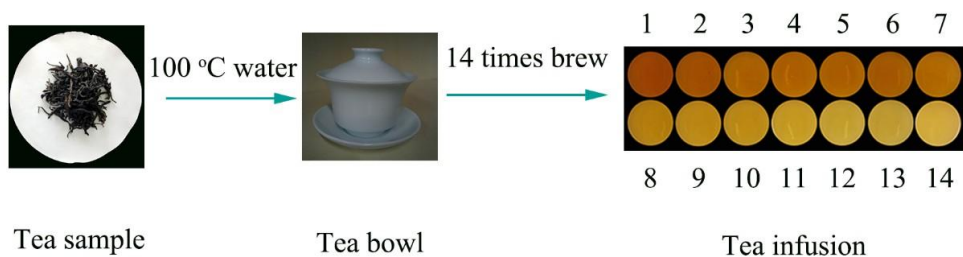
本研究的目的是探究大红袍的耐泡性，通过对茶样进行连续多次冲泡，对每一泡茶汤进行感官审评和内含化学品质分析，综合分析得出不同大红袍茶的耐泡性差异以及大红袍的适宜冲泡的次数。主要研究内容如下：

- (1) 感官品质鉴定：根据审评方法依据《武夷山茶叶评鉴标准》，对连续 14 次冲泡的茶汤进行评审给分，以 80 分为临界值，判断其适合冲泡次数。

(a)

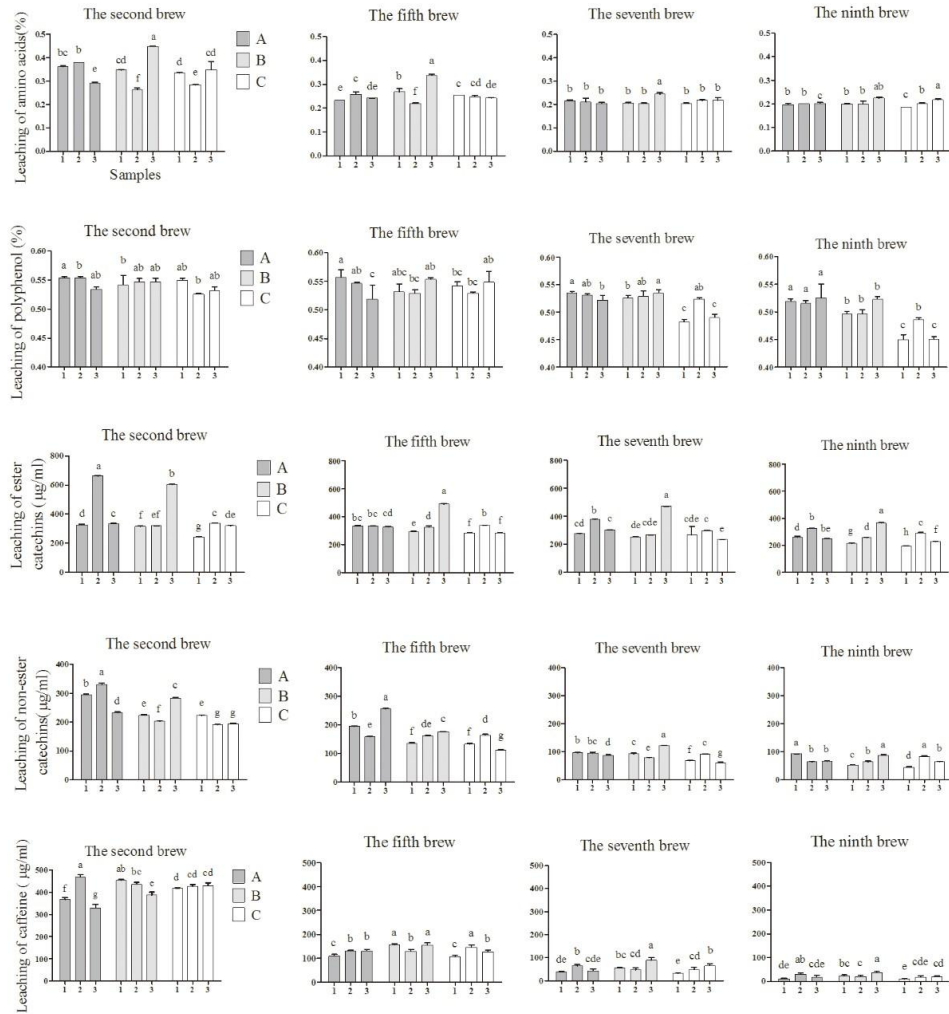


(b)



注：(a) 大红袍生长区域划分图. (b) 泡茶方法的图示

(2) 化学品质鉴定：对每一泡茶汤中的多酚、氨基酸、儿茶素和咖啡碱等主要呈味成分进行了检测和含量变化分析。以各主要成分为指标，判断其适合冲泡次数。



注：大红袍样品在 2、4、7 和 9 泡时氨基酸、多酚、酯类和非酯类儿茶素及咖啡因含量的浸出。数字 1、2、3 分别代表 A1、A2、A3、B1、B2、B3 和 C1、C2、C3。数据以平均数±标准差表示。不同字母表示  $P < 0.05$  有显著性差异。

## 创新之处

目前已有的对茶叶冲泡条件的报道中，对冲泡次数的关注度较小，且少数关于冲泡次数对茶汤品质的影响的研究均是基于符合审评标准进行的，鲜有对日常品饮冲泡次数的研究报道。



项目名称：共生微生物在稻飞虱内的定位研究

项目编号：ZKF201810

立项年份：2018

## 共生微生物在稻飞虱内的定位研究

项目成员：植物保护学院 植物保护专业 植保161班 高子杰 王小文 黄岚清

指导老师：邵孝利，副教授，研究方向：稻飞虱、叶螨等与共生微生物之间的相互作用。

项目简介：水稻(*Oryza sativa*)作为世界半数人口的基础口粮，灰飞虱(*Laodelphax striatellus*)是半翅目臭名昭著的水稻害虫，受刺吸式口器的限制，只能取食营养组成不平衡的韧皮部汁液依赖共生微生物为其提供营养途径，共生菌在昆虫的营养、代谢、免疫和生殖等诸多生理功能上发挥着重要作用。本课题结合昆虫生理学、分子生物学、生物信息学等技术，探索灰飞虱体内的微生物多样性及其组织分布。

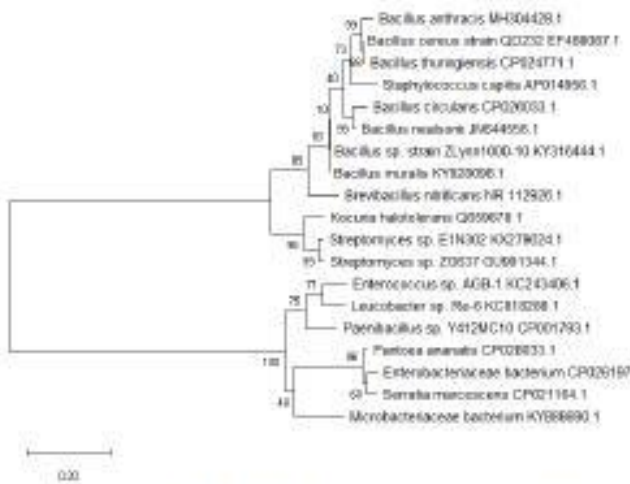


图1 基于16S rDNA序列以NJ构建的系统发育树

Fig.1 Phylogenetic Tree using Neighbor-joining method based on 16S rDNA sequence

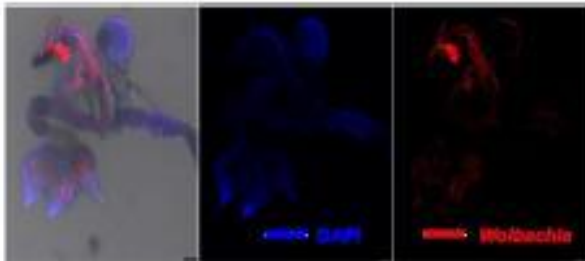


图3 灰飞虱雄性生殖器官(精巢)

Fig.3 The male reproductive organ (testis) of the small brown planthopper

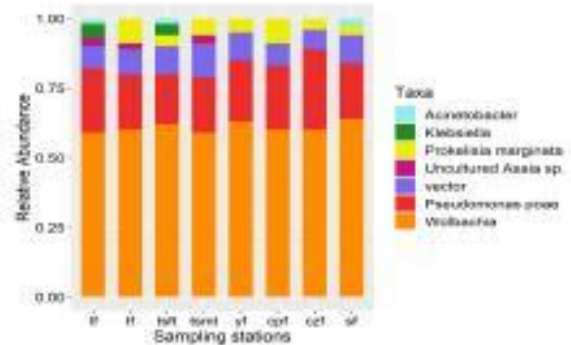


图2 不同地区样本灰飞虱原核微生物组结构

Fig.2 Structure of microorganism groups in samples of different regions

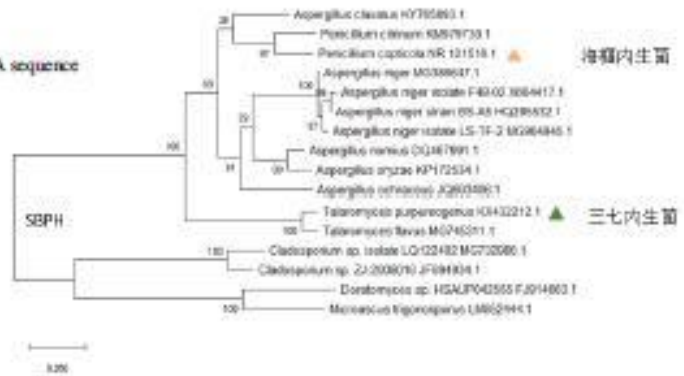


图4 基于真菌ITS序列以NJ构建的系统发育树

Fig.4 Phylogenetic Tree using Neighbor-joining method based on ITS sequence

### 项目创新点：

1. 确认 *Wolbachia* 是在灰飞虱体内占主导地位的共生细菌；
2. 发现了两个假单胞菌属的成员 *Pseudomonas poae* 和 *Pseudomonas protegens*；
3. *Pseudomonas poae* 在野生灰飞虱和实验室种群中普遍存在，这是首次在灰飞虱体内发现 *Pseudomonas poae*；
4. 灰飞虱体外可培养微生物中分离到醋酸菌属 *Asaia* 和沙雷氏菌属 *Serratia*。