

盐生植物盐爪爪甜菜碱醛脱氢酶基因的克隆及在 盐胁迫下的 *BADH* 基因的表达*

曾幼玲, 幸 婷, 蔡忠贞, 张富春**

(新疆大学生命科学与技术学院分子生物学重点实验室, 新疆生物资源基因工程重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘要: 根据已发表的几种藜科植物甜菜碱醛脱氢酶 (*BADH*) 基因的同源保守区设计了一对引物, 采用 RT-PCR 方法从盐生植物盐爪爪 (*Kalidium foliatum*) 中扩增出 *BADH* 基因的 1 个开放阅读框架, 其核苷酸序列长 1 503 bp, 推测的氨基酸序列全长为 500 个氨基酸残基。核苷酸序列与藜科几种盐生植物如滨藜、碱蓬、菠菜、山菠菜和甜菜等的同源率为 81%, 与甜土植物水稻的同源率为 69%。氨基酸序列与以上两类植物 (盐生植物和甜土植物) 的同源性比对为 80% 和 71%, 说明 *BADH* 基因在藜科盐生植物中是一种较高保守的基因。*BADH* 基因编码的多肽在高等植物中行使重要的功能。用不同浓度的 NaCl 胁迫处理盐爪爪植株, *BADH* mRNA 的表达水平比对照植株高, 说明盐爪爪 *BADH* 基因的表达受盐诱导, 间接说明甜菜碱醛脱氢酶催化合成的甜菜碱作为渗透调节的小分子物质, 它的积累与盐胁迫存在紧密关联, 本研究为进一步从生理和分子水平阐明盐爪爪的耐盐机制提供一定的参考。

关键词: 盐爪爪; 甜菜碱醛脱氢酶; 基因克隆; 表达分析

中图分类号: Q 943

文献标识码: A

文章编号: 0253-2700 (2007) 01-079-06

Molecular Cloning and Expression Analysis of Betaine Aldehyde Dehydrogenase Gene from the Halophyte *Kalidium foliatum* (Chenopodiaceae) in Xinjiang on Salinity*

ZENG You-Ling, XING Ting, CAI Zhong-Zhen, ZHANG Fu-Chun**

(Key Laboratory of Molecular Biology, College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Xinjiang Key
Laboratory of Biological Resources and Genetic Engineering, Urumqi 830046, China)

Abstract: According to the published sequences of *BADH* cDNA of several other plants of Chenopodiaceae, two primers have been designed to amplify the fragment of *BADH* cDNA from *Kalidium foliatum* through RT-PCR (reverse transcription polymerase chain reaction). A 1503 bp fragment containing entire betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*) coding region of 500 amino acids (aa) has been obtained. Nucleotide sequence of *KfBADH* was similar to the corresponding fragment of *BADH* cDNA of several other plants, such as *Atriplex centralasiatica*, *Atriplex hortensis*, *Spinacia oleracea*, *Suaeda liaotungensis*, *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, *Oryza sativa* and so on. Encoded protein by *KfBADH* and *BADH* protein from above mentioned plants also shared 71% identity at the amino acid level. The result showed *BADH* gene was conserved, especially in Chenopodiaceae and encoded functional protein may play an important role in high plants during salt stress. Semi-quantitative gene expression analysis showed that the level of *BADH* mRNA in plants treated with different NaCl concentration is higher than that in the control plants, suggesting that the accumulation of betaine catalyzed by betaine alde-

* 基金项目: 国家自然科学基金 (30460015), 教育部科学技术研究重点项目 (205178) 和新疆高校创新研究群体基金 (XJEDU2004G02)

** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: zfc@xju.edu.cn

收稿日期: 2006-06-13, 2006-10-10 接受发表

作者简介: 曾幼玲 (1971-) 女, 博士研究生, 副教授。主要从事资源植物生物技术和抗逆生理生化方面的研究。

E-mail: zyl3259@yahoo.com.cn

hyde dehydrogenase as an effective osmolyte is important for *Kalidium foliatum* during salt stress. The study provided material for further exploring salt tolerant mechanisms of *Kalidium foliatum* in physiological and molecular aspects.

Key words: *Kalidium foliatum*; Betaine aldehyde dehydrogenase; Gene cloning; Expression analysis

植物在盐分或水分胁迫下积累甜菜碱、游离氨基酸和糖醇类等一种或多种有机物质来抵御这种外界的伤害(林栖凤和李冠一, 2000; Rhodes and Hanson, 1993), 其中甜菜碱作为无毒的渗透调节剂是胁迫下积累最多的细胞溶质之一(赵勇等, 2005)。甘氨酸甜菜碱(GB, N-甲基代氨基酸)作为季胺类化合物, 分子中都含有一个季铵氮原子和一个羧基, 通常形成分子内盐, 是植物的一种重要的渗透保护剂, 有助于生物适应非生物逆境(赵勇等, 2005; Bohnert and Jensen, 1996; 何晓兰等, 2004)。据报道, 藜科植物中的甘氨酸甜菜碱(GB)是经过两步催化合成的, 即乙酰胆碱 甘氨酸甜菜碱醛 甘氨酸甜菜碱, 其中第二步由甜菜碱醛脱氢酶(BADH, E.C.1.2.1.8)所催化(何晓兰等, 2003)。在盐胁迫下, 施加外源甜菜碱能够缓和植物生长受抑制的状态和延缓衰老(Tijen and Ismail, 2006)。

盐爪爪(*Kalidium foliatum*)为多年生的藜科灌木, 具有肉质的同化枝及叶, 是一种经济盐生植物(时永杰和王朝凌, 2003), 在新疆南北疆多生长于极端盐碱的荒漠沙土中, 绿期长, 具有重要的生态价值(米吉提·胡达拜尔迪和徐建国, 2000)。

目前, *BADH* 基因已从菠菜、山菠菜、猪苋菜、甜菜、大麦等植物中分离和鉴定(何晓兰等, 2004)。水稻的 *BADH* 基因也被克隆, GenBank 登陆号 AB001348。迄今为止, 有关盐爪爪 GB 的生物合成途径及相关合成基因的研究还未见报道。本试验从盐爪爪中分离克隆了 *BADH* 基因, 并对其进行了序列和表达分析。

1 材料和方法

1.1 材料和试剂

材料: 盐爪爪种子(*Kalidium foliatum*)采自新疆五家渠北沙窝盐碱干旱地, 幼苗培育在温室进行, 培养条件: 将种子播种于蛭石珍珠盐 3:1 的花盆中, 待种子萌发后, 用 Hoagland 营养液浇灌, 一月后, 移栽幼苗至小花盆中, 每盆 3~4 株, 于培养箱中进行一致条件的培养: 光照 16 h, 黑暗 8 h, 温度: 27 (白天) / 22 (晚上)。至植株长到 4 片真叶时, 进行不同 NaCl 浓度 (0,

200, 400, 600 mmol/L) 的盐胁迫处理, 胁迫 4 d。收集各处理叶片, -80 保存, 提取 RNA 备用。

试剂: pMD18-T 测序载体、DNA marker、*Bam*H 和 *Hind* 限制性内切酶、DNaseI、exTaq 酶以及 RT-PCR 相关试剂均购自 Takara 公司, 大肠杆菌 DH5 菌株为本实验室保藏菌种。PCR 产物回收试剂盒购自北京天为时代科技有限公司, Trizol 试剂、PCR 引物合成购自上海生工生物工程技术服务公司。其它试剂均为分析纯。测序样品送自上海生工生物工程技术服务公司。

1.2 盐爪爪总 RNA 的提取及 cDNA 的合成

依据 Trizol 法操作试剂盒进行。采用 OligodT 引物合成 cDNA 第一链, 同时设置阴性对照, 即以 RNA 为模板, 不加 AMV (反转录酶) 合成 cDNA。

1.3 PCR 扩增和测序

根据已发表的 *Suaeda liaotungensis* betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*) 基因序列 (AF359282)、*Atriplex centralasiatica* (AY093682)、*Spinacia oleracea* (AY156694) 和 *Beta vulgaris* (X58463) 等 *BADH* 基因序列的完整读码框, 设计了一对扩增盐爪爪 *BADH* ORF (open reading frame) 的 PCR 引物, 序列为: P1: ATGGCGTTCCTATACCT, P2: TCAAGGAGACTTGACCA。以 cDNA 为模板, 20 μ L 反应体系, 扩增参数: 94 5 min; 94 30 s, 57 30 s, 72 1 min 40 s 35 个循环; 72 10 min, 反应产物经 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测。切割目的条带, 胶回收试剂盒纯化。将目的 DNA 片段克隆到 pMD18-T 测序载体上, 氨苄抗生素筛选, 挑取白色单菌落, 少量提取质粒, 酶切鉴定重组克隆。测序由上海生工生物工程技术服务公司完成。

1.4 DNA 序列分析及同源性比较

利用网上数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 进行 BLAST 分析。DNAMAN 软件进行蛋白等电点以及分子量的相关分析及盐爪爪 *BADH* 基因和蛋白的序列和聚类分析。

1.5 半定量 RT-PCR

1.5.1 用 RNase-free DNaseI 处理用不同 NaCl 浓度胁迫的盐爪爪植株叶片的总 RNA, 以除去总 RNA 中的 DNA, 酚氯仿抽提除去多余的 DNaseI, 乙醇沉淀总 RNA, 干燥后用无 RNase 的水溶解, cDNA 第一链的制备方法同上。

1.5.2 利用 Primer5.0 设计 *KfBADH* 特异性引物作为检测引物, 引物序列为 *KfBADH* testp1: TCAACAGCAAAGAGCGAGGG, *KfBADH* testp2: TTGGATAGCACAGCAGAGCC, 扩增的片段约 236 bp。PCR 反应条件为 94 2 min; 94 30 s, 53 30 s, 72 30 s 35 个循环; 72 10 min, 反应产物进行琼脂糖

凝胶电泳检测。

1.5.3 利用 28S 为参照基因, 其扩增引物为 28SP1: GCCGAC-CCTGATCTTCIGTGA, 28SP2: TACCCAAGTCAGACGAACGATT。扩增的片段约 180 bp。PCR 反应条件为 94 2 min; 94 30 s, 53 30 s, 72 30 s 26 个循环; 72 10 min, 反应产物进行琼脂糖凝胶电泳检测。

2 结果与分析

2.1 盐爪爪 *BADH* 基因全长序列的获得

利用提取的总 RNA, 以 Oligo (dT) 为引物进行反转录得到的单链 cDNA 为模板, 再以设计的 PCR 引物进行扩增得到 *BADH* 基因片段, 长度为 1500 bp 左右。盐爪爪 *BADH* 基因 cDNA 命名为 *KfBADH*, 产物经 0.8% 琼脂糖凝胶电泳鉴定, 与我们预计的大小一致 (图 1)。

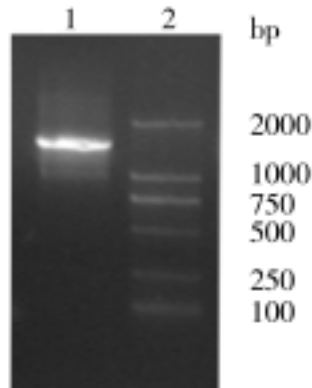


图 1 RT-PCR 扩增产物的凝胶电泳图谱

Fig. 1 Amplification of *KfBADH* by RT-PCR from *Kalidium foliatum* cDNA
1. *KfBADH*; 2. DL2000 marker

2.2 盐爪爪 *BADH* cDNA 序列分析

对重组质粒用 BcaBEST primer RV-M 和 BcaBEST primer M13 - 47 进行双向测序, *KfBADH* 核苷酸序列长度为 1503 bp, 推测的氨基酸序列全长为 500 个氨基酸残基 (图 2)。 *KfBADH* 编码的多肽预测的分子量为 54.48 kDa, 等电点为 5.01。

2.3 *BADH* cDNA 序列同源性分析

用 DNAMAN 对盐爪爪 *BADH* 基因与碱蓬、滨藜、菠菜、山菠菜、甜菜和水稻的 *BADH* 基因进行同源性分析显示, 所克隆的 cDNA 为 *BADH* cDNA。其中, 盐爪爪与其它藜科植物的同源性达 81%, 与水稻的同源性达 69% (图 3)。核苷酸序列的系统进化树分析与同源树分析是一致的。藜科盐生植物 *BADH* 基因的亲缘关系较近, 而与甜土植物水稻的亲缘关系较远。

```

1 ATGGCGTTCCCTATACCTTCTCGTCAGCTATTCATTGATGGAGAATGGACAGAACCAATC
1 M A F P I P S R Q L F I D G E W T E P I
61 AAGAAAATCGTATTCCATCATCAACCCCTGCTACTGAAGAGATCATTGGTGATATTCCT
21 K K N R I P I I N P A T E E I I G D I P
121 GCTGCCACTGCTGAGGATGTGGAGCTTGCAGTGGCTGCAGCTAGAAGAGCCCTTAAGAGG
41 A A T A E D V E L A V A A A R R A L K R
181 AATAAGGGGGAAGATTGGGCATCTGCATCTGGAGCTCATCGTCTAAGTACTTACGTGCT
61 N K G E D W A S A S G A H R A K Y L R A
241 ATCGCTGCCAAGATAATGGAAAAGAAAGGTCAAATTCAAAGCTTGAAGCCATGGATTCT
81 I A A K I M E R K G Q I S K L E A M D S
301 GGGAAACCCTGGATGAAACAGAATGGGACATTGACGATGTGCTGGGTGTTTGAATAC
101 G K P L D E T E W D I D D V A G C F E Y
361 TATGCCGAGCAAGCAGAAGCTCTTGATGCTAAACAAAGGCTCCAATTTCCCTTCTATG
121 Y A E Q A E A L D A K Q K A P I S L P M
421 GATACATTCAAGTGCCATGTCTCAGGCAGCCAATGGCGTTGTTGGTTTGAATTCTCCA
141 D T F K C H V L R Q P I G V V G L I S P
481 TGGAATTATCCACTTCTAATGGCTACATGGAAAGTTGCTCCAGCTCTTGCTGCTAGCTGT
161 W N Y P L L M A T W K V A P A L A A S C
541 GCAACTATACTTAAACCTTCAGAAACGGCTTCTGTGACTTGTCTAGAGTTGGCTGATGTG
181 A T I L K P S E T A S V T C L E L A D V
601 TGCAGAGAAGTGGGACTGCCACCTGGTGTGCTGAATATATTGACAGGATTGGGTCAGAA
201 C R E V G L P P G V L N I L T G L G P E
661 GCTGGTGCCCATTAGCATGTCATCCTGACGTTGATAAGGTTGCATTTACTGGGAGTACC
221 A G A P L A C H P D V D K V A F T G S T
721 GCACGGGTAGCAAAATATGTCTTCTGCTGCCAAATGGTCAAGCTGTACATTAGAA
241 A T G S K I M S S A A Q M V K P V T L E
781 CTTGGAGGGAAAAGTCTATTTCTCGTGTGTTGAAGATGTTGATTTGGATAAAGCTGCTGAA
261 L G G K S P I L V F E D V D L D K A A E
841 TGGGCTGCTTTTGGCTGTTTTTGGACAAATGGCCAGATTTGCAGTGCAACGTCTAGATTA
281 W A A F G C F W T N G Q I C S A T S R L
901 CTTGTGCATGAAAGCATTGCAGCTGACTTTTTGGATAGACTTCTAAAATGGTGCAAAAC
301 L V H E S I A A D F L D R L L K W C K N
961 ATAAAGTTTCTGATCCATTTGAAGACGGCTGCAGGCTTGGTCTGTTATCAGCAAGGCA
321 I K V S D P F E D G C R L G P V I S K A
1021 CAGTACGAGAAAGTTCTGAAATTCATTTCAACAGCAAAAGAGCGAGGGTGCACACTGCTTG
341 Q Y E K V L K F I S T A K S E G A T V L
1081 TGTGGGGGATCCCGCCCTGAGCATCTGAAGAAAGGATATTTTATTGAAACCAACAAATATT
361 C G G S R P E H L K K G Y F I E P T I I
1141 AGTGATGTCTCCACATCTATGCAAATATGGAAAGAGGAAGTTTTCCGCTCTGCTTATGT
381 S D V S T S M Q I W K E E V F G P V L C
1201 GTTAAACATTTCTGTTCTGATGATGAGGCCGTTGAGCTAGCAATGACTCCAGTATGTT
401 V K T F R S D D E A V E L A N D S Q Y G
1261 TTAGGTTCTGCTGTGCTATCCAAAATCTTGAAGGTGTGAGAAAGTGACAAAGGAGTTG
421 L G S A V L S K N L E R C E K V T K E L
1321 CAAGCTGGAATGTTTGGGTTAACTGCCACACACCATGCTTTTGCACAGCTCCATGGGGA
441 Q A G I V W V N C P Q P C F C Q A P W G
1381 GGCAGCAAGCTAGTGGTTTTGGACGGAGCTTGGAGAATGGGGTCTCGAGAATFACTTG
461 G S K R S G F G R E L G E W G L E N Y L
1441 AATATCAACAAGTGACCGAGTATATCTCCGATGAGCCATGGGGTTGGTACAAGTCTCT
481 N I K Q V T E Y I S D E P W G W Y K S P
1501 TGA
501 *

```

图 2 盐爪爪 *BADH* 基因的读码框和推测的氨基酸序列, 保守的十肽基序 'VTLELGGKSP' 和与酶功能有关的醛脱氢酶 Cys 残基, 起始和终止密码子用黑体标出。

Fig. 2 The open reading frame and deduced amino acid sequences of *KfBADH* cDNA. The conserved decapeptide sequence 'VTLELGGKSP' and cysteine residue are shadowed. The start and stop codons are bold.

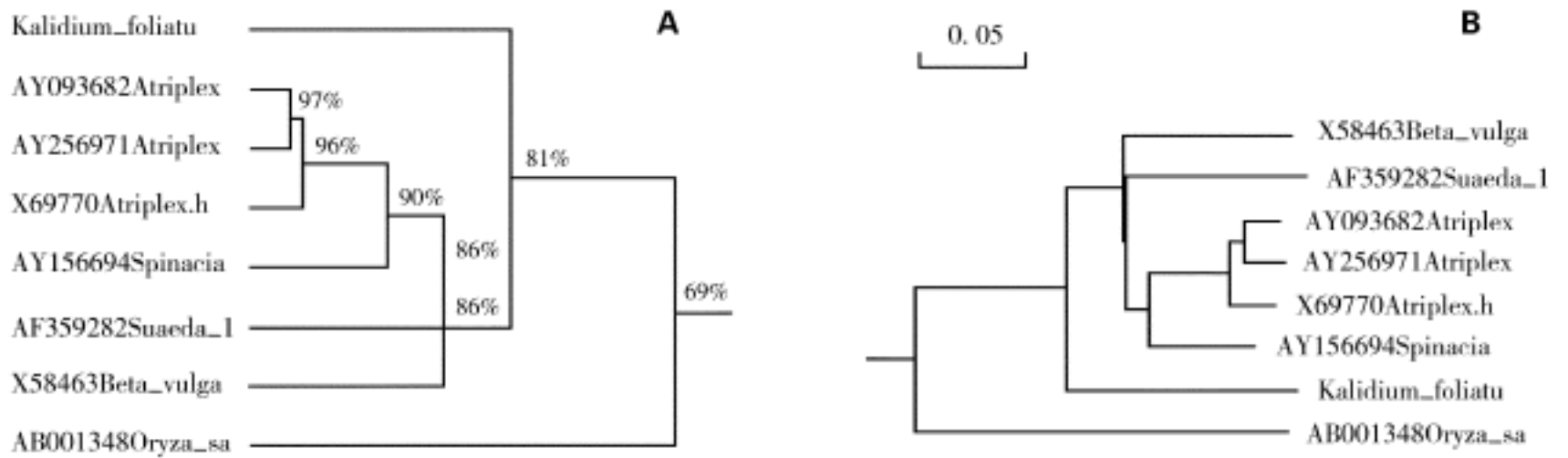


图3 *BADH* 基因与几种藜科植物 *BADH* 基因同源性比较 (A) 和系统分析 (B)

Fig. 3 Similarity analysis (A) and phylogenetic relationships (B) of the *BADH* cDNA between *Kalidium foliatum*, *Oryza sativa* and several plants in Chenopodiaceae

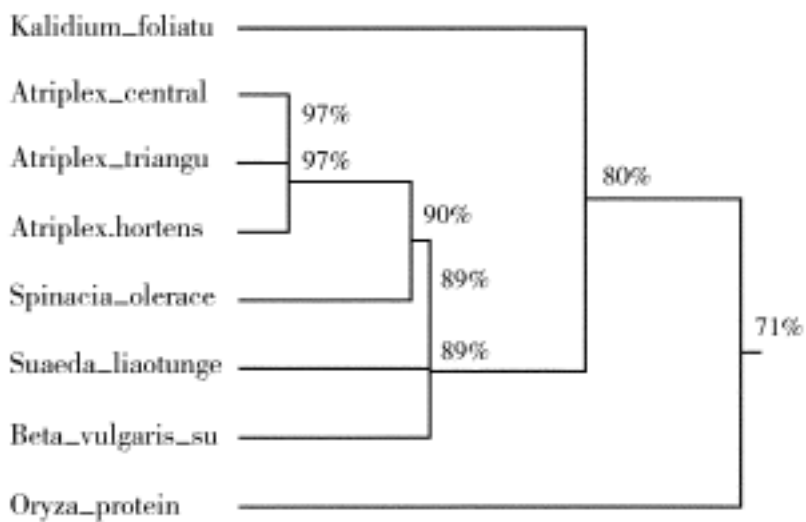


图4 盐爪爪 *BADH* 蛋白的聚类分析

Fig. 4 Similarity analysis of the *BADH* protein between *Kalidium foliatum*, *Oryza sativa* and several plants in Chenopodiaceae

2.4 *KfBADH* 基因拟编码蛋白的聚类分析

根据藜科几种盐生植物盐爪爪、中亚滨藜、三角叶滨藜、山菠菜、菠菜、辽宁碱蓬、甜菜和甜土植物水稻的甜菜碱醛脱氢酶蛋白的氨基酸序列比较, 结果表明在高等植物中, *BADH* 蛋白的氨基酸序列具有高度的同源性, 达到 71% (图4)。进而说明甜菜碱作为渗透物质, 在植物中发挥着重要的功能。

2.5 不同 NaCl 浓度处理下 *KfBADH* 基因的表达分析

对具有 4 片真叶的盐爪爪植株进行不同 NaCl 浓度 (0, 200, 400, 600 mmol/L) 的盐胁迫处理 4 d 后, 提取叶片总 RNA, 半定量的方法检测 *KfBADH* 在 mRNA 水平的表达差异。结果显示没有经过 NaCl 盐处理的盐爪爪其 *KfBADH* 基因的表达受到明显抑制, 而经 NaCl 盐处理的盐爪爪 *KfBADH* 基因的表达明显增强, 尤其在 600 mmol/L

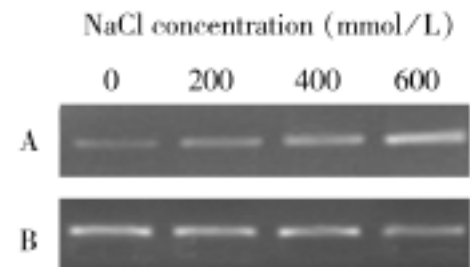


图5 不同 NaCl 浓度的盐胁迫处理 4 d, 盐爪爪叶甜菜碱醛脱氢酶基因的表达
(A) *Kalidium foliatum* *BADH* cDNA;
(B) *Kalidium foliatum* 28S cDNA

Fig. 5 *BADH* gene expression in *Kalidium foliatum* leaves under different NaCl treatments for 4 days

(A) The 236 bp fragment is amplified by the specific *KfBADH* primers; (B) The 180 bp fragment is amplified by 28s rRNA primers.

NaCl 处理时, 该基因的表达最高 (图5), 结果显示 *KfBADH* 基因的表达是受盐诱导的, 随着 NaCl 浓度的升高而表达增强。

3 讨论

本研究从盐爪爪 cDNA 中扩增并克隆了 *KfBADH* 基因。测序结果表明, *KfBADH* 含有 1 个完整的开放阅读框架, 核苷酸序列长为 1503 bp, 推测的氨基酸序列全长为 500 个氨基酸残基。核苷酸序列同源性分析表明 *KfBADH* 与藜科几种盐生植物如滨藜、碱蓬、菠菜、山菠菜和甜菜等的同源性最近, 为 81%, 与水稻的同源性为 69%。氨基酸序列同源性分析表明与以上几种植物的同源性比对为 71%。*KfBADH* 基因推测的蛋白质序列在 257~266 处包含 1 个十肽基序 V-T-L-E-L-G-G-K-S-P, 以及在 294 位点上含有与酶功能有关

的醛脱氢酶高度保守的氨基酸残基 Cys。这些残基可能包含 NAD⁺ 结合位点及酶催化位点, 表明 *KfBADH* 基因可编码活性蛋白。KfBADH 氨基酸序列同源性分析也表明 BADH 蛋白在高等植物中是高度保守的 (何晓兰等, 2003; Li 等, 2003)。植物在逆境中会积累甜菜碱, 甜菜碱醛脱氢酶基因的表达活性又直接影响甜菜碱的合成。本实验用半定量的方法检测了盐爪爪在盐胁迫下, *BADH* 基因在 mRNA 水平下的表达情况, 结果表明 *BADH* 基因是受盐诱导的, 并且随着盐浓度的升高至 600 mmol/L, 其表达活性越强。文献报道中亚滨藜在 250 mmol/L NaCl 胁迫下, *BADH* 基因的表达是对照 (未胁迫) 的 2 倍 (陈秀娟等, 2001)。Reda 等 (2004) 的研究结果也表明盐角草 (*Salicornia europaea*) 和碱蓬 (*Suaeda maritima*) 在盐胁迫至 510 mmol/L, 两种植物甜菜碱的含量随着盐浓度的升高是增加的, 甜菜碱醛脱氢酶基因的 mRNA 的表达水平也是增加的, 本文的研究结果与他们基本保持一致。向非甜菜碱积累植物导入甜菜碱合成途径是提高植物耐盐性的策略之一。甜菜碱是一种无毒的有机小分子化合物。盐胁迫下, 它能在植物细胞中迅速积累以维持细胞的渗透平衡, 并对胞内的一些重要酶类起保护作用。编码甜菜碱合成酶的基因很多已被克隆, 并应用于植物耐盐基因工程。许多农作物如烟草、水稻、土豆、番茄等自身并不能积累甜菜碱, 利用基因工程技术, 把与甜菜碱合成相关的外源基因, 转入普通作物使其积累甜菜碱, 将可能达到增强作物耐盐性的目的。迄今为止, 已有不少植物被成功地导入了 *BADH* 基因及其它与甜菜碱合成相关的基因, 并分别在不同程度上提高了这些植物的耐盐性 (贾庚祥等, 2002)。李银心等 (2000) 已成功地将从山菠菜 *BADH* 基因导入甜土植物豆瓣菜 (*Nasturtium officinale* R. Br.) 中, 实验结果表明转基因植株能在 0.5% NaCl 盐度下正常生长而对照全部死亡。部分转基因植株的耐盐性甚至可达 0.8%。郭北海等 (2000) 将拟南芥的 *BADH* 基因导入小麦中, 能使小麦植株幼苗在 0.7% 的盐 (120 mmol/L) 中正常生长。Jia 等 (2002) 也将山菠菜 (*Atriplex hortensis*) 的 *BADH* 基因转入盐敏感的番茄品种中, 转基因植株 *BADH* mRNA 的表达量和 *BADH* enzyme 活性都显著

地比野生型高, 转基因植株表现出盐耐性, 在 120 mmol/L 的 NaCl 中能够正常生长。Li 等 (2003) 克隆并转化盐生植物碱蓬 (*Suaeda liaotungensis*) 的 *BADH* 基因于烟草中, 转基因烟草在含 200 mmol/L NaCl 的 MS 培养基上能生存, 而未转基因植株在大约生长 20 d 后变黄死亡。Yang 等 (2005) 将菠菜 (*Spinacia oleracea*) 的 *BADH* 基因导入烟草中, 能够增强植株对高温的耐性。Velasco-Garcia 等 (2006) 克隆 *Pseudomonas aeruginosa* 的 *BADH* 基因, 并在大肠杆菌中表达, 转基因的菌株受到胆碱和盐的调控。作者克隆了盐爪爪的 *BADH* 基因并研究了该基因在盐胁迫条件下 mRNA 水平的表达, 为进一步揭示盐爪爪的耐盐机制及利用该基因进行遗传工程创造耐盐新种质奠定基础。

【参 考 文 献】

- 米吉提·胡达拜尔迪, 徐建国, 2000. 新疆高等植物检索表 [M]. 新疆: 新疆大学出版社, 66—68
- 时永杰, 王朝凌, 2003. 盐爪爪 [J]. 中兽医医药杂志, 专辑: 142—144
- Bohnert HJ, Jensen RG, 1996. Strategies for engineering water-stress tolerance in plants [J]. *Trends Biotechnol*, 14: 89—97
- Chen XJ (陈秀娟), Wang JL (王峻岭), Zhao YX (赵彦修) *et al*. 2001. The research on cDNA fragment of betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*) gene in *Atriplex centralasiatica* Iljin [J]. *Acta Phytophysiol Sin* (植物生理学报), 27 (4): 309—312
- Guo BH (郭北海), Zhang YM (张艳敏), Li HJ (李洪杰) *et al*. 2000. Transformation of wheat with a gene encoding for the betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*) [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), 42 (3): 279—283
- He XL (何晓兰), Hou XL (侯喜林), Wu JZ (吴纪中) *et al*. 2004. Molecular cloning and sequence analysis of betaine-aldehyde dehydrogenase (*BADH*) in *Atriplex triangularis* [J]. *J Nanjing Agric Univ* (南京农业大学学报), 27 (1): 15—19
- He XL (何晓兰), Wu JZ (吴纪中), Liu GH (刘桂华) *et al*. 2003. Cloning of betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*) gene from *Atriplex triangularis* and its plant expression vector construction [J]. *Jiangsu J Agric Sci* (江苏农业学报), 19 (4): 237—241
- Jia GX, Zhu ZQ, Chang FQ *et al*. 2002. Transformation of tomato with the *BADH* gene from *Atriplex improves* salt tolerance [J]. *Plant Cell Rep*, 21: 141—146
- Jia GX (贾庚祥), Zhu ZQ (朱至清), Li YX (李银心), 2002. Advances in study of betaine and its genetic engineering for salt tolerance improvement of plants [J]. *Chin Bull Bot* (植物学通报), 19 (3): 272—279

- Li QL, Gao XR, Yu XH *et al*. 2003. Molecular cloning and characterization of betaine aldehyde dehydrogenase gene from *Suaeda liaotungensis* and its use in improved tolerance to salinity in transgenic tobacco [J]. *Biotechnol Lett*, **25**: 1431—1436
- Li YX (李银心), Chang FQ (常凤启), Du LQ (杜立群) *et al*. 2000. Genetic transformation of watercress with a gene encoding for betaine-aldehyde dehydrogenase (BADH) [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), **42** (5): 480—484
- Lin QF (林栖凤), Li GY (李冠一), 2000. Research progress in salt tolerance in plants [J]. *Prog Biotechnol* (生物工程进展), **20** (2): 24—25
- Reda EA Moghaieb, Hirofumi Saneoka, Kounosuke Fujita, 2004. Effect of salinity on osmotic adjustment, glycinebetaine accumulation and the betaine aldehyde dehydrogenase gene expression in two halophytic plants, *Salicornia europaea* and *Suaeda maritime* [J]. *Plant Sci*, **166**: 1345—1349
- Rhodes D, Hanson AD, 1993. Quaternary ammonium and tertiary sulfonium compounds in higher plants, *Annu. Rev. Plant Physiol* [J]. *Plant Mol Biol*, **44**: 357—384
- Tijen Demiral, Ismail Turkan, 2006. Exogenous glycinebetaine affects growth and proline accumulation and retards senescence in two rice cultivars under NaCl stress [J]. *Environ Exp Bot*, **56**: 72—79
- Velasco-Garcia R, Villalobos MA, Ramirez-Romero MA *et al*. 2006. Betaine aldehyde dehydrogenase from *Pseudomonas aeruginosa*: cloning, over-expression in *Escherichia coli*, and regulation by choline and salt [J]. *Arch Microbiol*, **185** (1): 14—22
- Yang XH, Liang Z, Lu CM, 2005. Genetic engineering of the biosynthesis of glycinebetaine enhances *Photosynthesis against high temperature stress* in transgenic tobacco plants [J]. *Plant Physiol*, **38**: 2299—2309
- Zhao Y (赵勇), Weng YJ (翁跃进), Yang CL (杨春丽), 2005. Simultaneous determination of betaines and proline in plant tissue under salt stress by HPLC-ESI-MS [J]. *J Instrum Analy* (分析测试学报), **23** (6): 83—86

* * * * *

《云南植物研究》第五届编辑委员会第二次会议圆满召开

在2007年新年钟声即将敲响之际,《云南植物研究》第五届编委会的编委们再次汇聚于中国科学院昆明研究所,为《云南植物研究》今后的发展献计献策,规划发展蓝图。12月28日上午,会议在昆明植物所行政办公大楼三楼圆桌会议室举行,来自省内外的22位编委出席了此次会议,这是继今年年初第五届编委会成立后的又一次重要会议。

会议由昆明植物研究所杨永平副所长主持。李德铎主编首先对各位编委一年来为刊物发展所做出的无私奉献表示诚挚的感谢。随后,他总结回顾了《云南植物研究》一年来的主要工作情况,指出了工作中存在的问题和不足,提出了一定的解决措施和办法,部署了刊物下一步工作的重点和目标,进一步强调了要充分发挥编委会的核心作用,再次重申了每一位编委要为学报每年提供一篇高质量论文的要求,通过编委在各自分支学科领域中的学术地位来推动和提高刊物的质量和影响力。他深信在所有编委尽心尽力的支持下,有着良好基础和辉煌历史的《云南植物研究》,一定能在现今国内科技期刊均处于较低迷的困境中走出一条具有自身特色的发展之路。

昆明植物研究所科技处王雨华处长介绍了主办单位专门为学报的发展而出台的一系列激励机制措施并作了说明,之后,编委们在热烈的氛围中展开了讨论,各位参会编委都积极发言,对主编的工作报告和研究所为推进刊物发展而采取的相关举措给予了肯定和赞誉。大家一致认为,学报今年的工作在主编的领导下,加之主编、学科副主编的极大付出,从而使刊物有了很大的提高;同时,本着科研工作者务实的秉性,大家也指出了期刊目前存在的很多问题,如组稿工作是否到位;稿件的处理流程是否合理,编辑部建设应落到实处等。此外,编委们一致同意为了刊物的发展大家都有责无旁贷的义务和责任,并就如何提高刊物质量,采取的各种有效的措施和手段,如增设新栏目、聘请专职或兼职的离退休老专家参与审校稿或改稿,加强组稿、约稿工作等吸引高质量稿源,加强编辑部专业队伍等各个方面提出了建设性的意见和建议。

此次会议的召开,使大家对《云南植物研究》今后的发展方向、学科定位、编委会运行机制、职责和作用以及如何提高学报学术质量等一系列问题都有了更清晰、更深刻的认识和体会。也看到了期刊发展的希望。正如名誉主编孙汉董院士所言:“当今世界任何一个顶级期刊,它都有一个成长的过程,对于《云南植物研究》这样一个地区性刊物来说更是如此!因此,我们不要着急,更不能着急,要脚踏实地,为刊物的逐步提高和发展迈出一步步坚实的步伐”。