

大豆核孔蛋白 *GmNup96* 基因的克隆及生物信息学分析

纪丹丹¹, 肖 龙¹, 孙培元², 刘春燕³, 傅永福⁴, 陈庆山¹

(1. 东北农业大学 农学院, 黑龙江 哈尔滨 150030; 2. 黑龙江省农业科学院齐齐哈尔分院, 黑龙江 齐齐哈尔 161041; 3. 黑龙江省农垦科研育种中心, 黑龙江 哈尔滨 150050; 4. 中国农业科学院 作物科学研究所, 北京 100000)

摘要: 从大豆品种天隆 1 号的叶片中克隆 *GmNup96* 基因的 cDNA 序列, 对其编码的氨基酸序列、蛋白质理化性质、一级结构、二级结构、亚细胞定位等进行了生物信息学分析。结果表明: *GmNup96* 基因编码 1 022 个氨基酸, 为具有一定亲水能力的酸性蛋白, 不具有信号肽, 相对分子量为 116. 199 7 kDa; 二级结构预测结果显示, *GmNup96* 序列存在 α -螺旋(46. 87%)、无规则卷曲(26. 32%)、延伸链(17. 03%)和 β -转角(9. 78%), 并无其它二级结构; 系统进化树分析表明, 大豆 *GmNup96* 基因与野生大豆、芸豆、绿豆、红小豆之间的亲缘关系更近。

关键词: 大豆; *GmNup96*; 克隆; 生物信息学分析

中图分类号: S565. 1 **文献标识码:** A **DOI:** 10. 11861/j. issn. 1000-9841. 2016. 05. 0736

Cloning and Bioinformatics Analysis of *GmNup96* in Soybean

Ji Dan-dan¹, XIAO Long¹, SUN Pei-yuan², LIU Chun-yan³, FU Yong-fu⁴, CHEN Qing-shan¹

(1. College Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 2. Qiqihar Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161041, China; 3. Land Reclamation Research and Breeding Centre of Heilongjiang, Harbin 150050, China; 4. Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100000, China)

Abstract: The cDNA of *GmNup96* gene in Tianlong 1 was cloned, and its bioinformatics character was analyzed. The results showed that the gene encoded a 116. 199 7 kDa protein with 1 022 amino acids, which was a hydrophilic protein without signal peptide, and the *GmNup96* protein contained a conserved autoproteolytic peptidase domain in the N terminus. Through the secondary structure prediction, *GmNup96* protein contained alpha-helix (46. 87%), beta turn (9. 78%), extended strand (17. 03%) and random coil (26. 32%). Phylogenetic analysis of *GmNup96* and its homologs with different plant species were conducted by the software MEGA 5. 1. The results showed that *GmNup96* from *Glycine max* were near with *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna radiata* var. *radiata* and *Vigna angularis* in genetic relationship.

Keywords: Soybean; *GmNup96*; Gene cloning; Bioinformatics analysis

核孔复合物(nuclear pore complex, NPC)镶嵌于核孔内,至少由 30 余种核孔蛋白(nucleoporin, Nup)以多拷贝的方式构成,是细胞中最大的多蛋白复合体^[1-2]。已有研究表明,核孔复合物的基本构架在脊椎动物^[3]、酵母^[4]以及植物^[5]中是保守的,并且在细胞核与细胞质之间的物质运输中发挥着重要的作用,并广泛参与多种生理生化过程。2005 年 Zhang 等^[6]对拟南芥 *MOS3* 基因(动物 *Nup96* 的同源基因)进行研究显示,该基因突变后会增强拟南芥对病原的敏感性。2006 年 Parry 等^[7]对拟南芥 *SARI* 和 *SAR3y* 基因进行研究,即动物 *Nup160* 和 *Nup96* 的同源基因,表明这些基因不仅参与生长素信号转导途径,还影响植物如开花时间、育性等发

育过程^[8-9],并且 *Nup160* 突变会降低植物对冷胁迫的抗性^[10]。2014 年王旭^[11]对拟南芥核孔蛋白 *Nup96* 基因进行功能研究,发现该基因可以通过光周期、年龄、自主及环境温度等途径参与拟南芥开花调控,并且该基因突变会影响所有已知生物钟关键基因的表达模式,使其表达节律的周期延长。2015 年刘文瑄等^[12]以拟南芥 *Nup160* 的 3 个突变体(*nup160-1* /-2 /-3)和野生型(Col-0)为试验材料,发现在拟南芥中 *Nup160* 主要在温敏途径和光周期途径中参与拟南芥开花时间的调节。综上所述,核孔蛋白在植物开花、发育及对环境胁迫的响应等方面发挥着极其重要的作用。

大豆(*Glycine max*)是我国重要的粮食作物和油

收稿日期:2016-01-11

基金项目:国家自然科学基金(31271747,31471516);国家高技术发展计划“863 计划”(2013AA102602);东北农业大学博士启动基金。

第一作者简介:纪丹丹(1993-),女,硕士,主要从事大豆分子遗传育种。E-mail:1198477667@qq.com。

通讯作者:陈庆山(1973-),男,教授,博导,主要从事大豆遗传育种。E-mail:qshchen@126.com;

傅永福(1964-),男,研究员,博导,主要从事作物科学研究。E-mail:fufu19cn@163.com。

料作物,同时也是一种非常重要的植物蛋白质资源。随着分子生物学与生物信息学的高速发展,有关大豆基因组的研究也越来越深入,但是大豆中核孔复合物及其组分(即核孔蛋白)的分子机制以及其所参与的生物学过程却鲜有报道。因此,本研究以大豆品种天隆 1 号为材料,通过克隆核孔蛋白 GmNup96 基因 cDNA 序列,并利用现代生物信息学工具和相关数据库对其进行系统性分析,旨在研究核孔蛋白在大豆生长发育中的调节机制及作用,以及为大豆中核孔蛋白的功能研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

以大豆品种天隆 1 号为材料,由中国农业科学院武汉油料所周新安老师惠赠。

1.2 方法

1.2.1 RNA 提取和逆转录 取适量大豆幼嫩叶片,放在经 180℃ 高温处理的研钵中,加液氮研磨,利用试剂盒(北京全式金 EasyPure Plant RNA Kit)提取总 RNA。以总 RNA 为模板,以 Olig dT 为引物进行反转录,具体体系及程序配制参照 TaKaRa 使用说明书,最终合成 cDNA 的第一链,于 -20℃ 保存备用。

1.2.2 基因的克隆 在 Phytozome (<http://www.phytozome.net>) 网站上根据基因号(14g005800)下载 GmNup96 基因的 CDS 序列,用 Premier 5 软件设计特异性引物(上游引物 5' GTATACTCGAGATGGAATGTGACGTTGGAGGTG 3', 下游引物 5' TGCCTGAATCCGTAGCAATCTCTGAG 3'),由北京六合华大基因科技股份有限公司合成。以 cDNA 为模板,进行 GmNup96 序列扩增。50 μL 反应体系含 2 μL 模板,25 μL 2 × PRIMERSTAR Buffer, 4 μL dNTP (dATP, dCTP, dGTP, dTTP 2 mmol · L⁻¹ each), 1.5 μL 正向引物(10 μmol · L⁻¹), 1.5 μL 反向引物(10 μmol · L⁻¹), 0.5 μL PRIMERSTAR 聚合酶, 15.5 μL 超纯水。反应条件为 95℃ 预变性 3 min; 98℃ 10 s, 63℃ 20 s, 72℃ 3 min, 35 个循环; 72℃ 再延伸 10 min。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物,对目的条带进行胶回收,连接,转化大肠杆菌 DH5α,取阳性克隆菌液送诺赛基因组研究中心有限公司进行测序。

1.2.3 生物信息学分析 利用 Protparam 在线软件(<http://web.expasy.org/protparam/>)分析编码 Gm-

Nup96 蛋白的理化性质,利用 ProtScale 在线软件(<http://web.expasy.org/protscale/>)对其亲疏水性进行预测,利用 NCBI 网站中的 CD-search 功能(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi/>)分析其保守结构域;利用 SOPMA 在线软件(http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_sopma.html)对其二级结构进行预测;用 PSORT (<http://psort.hgc.jp/form.html>)分析亚细胞定位,利用在线软件 TM-HMMServer 2.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>)寻找跨膜结构和 SignalP 4.1 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>)预测信号肽;利用 Phyre (<http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre/>)构建三级结构图。蛋白质序列多重比对由 ClustalW 在线软件(<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>)进行同源序列比对,利用 MEGA 5.1 的邻位连接法(NJ)构建进化树,BootStrap 值 N1000。

2 结果与分析

2.1 GmNup96 基因的克隆

经扩增得到大豆天隆 1 号 GmNup96 基因片段,结果详见图 1。此目的片段长度为 3 069 bp。经诺赛基因组研究中心有限公司测序,获得 GmNup96 序列,下载公布在 Phytozome 网站 Williams82 的序列。在 NCBI 网站上通过 Blast 比较,确认所克隆得到的 GmNup96 基因序列与已公布序列的编码区相似性达 100%,并与其它植物的该基因序列具有同源性,证实所得到的序列是大豆 GmNup96。应用 NCBI 上的 BlastX 工具将天隆 1 号 GmNup96 的测序结果推导出的蛋白质序列与已知的 Williams 82 蛋白质序列比较,相似性同样为 100%。

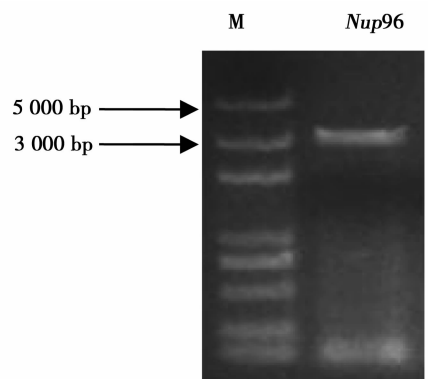


图 1 GmNup96 基因克隆电泳图

Fig. 1 PCR production of GmNup96

2.2 *GmNup96* 基因的生物信息学分析

2.2.1 *GmNup96* 基因编码蛋白的理化性质预测

采用 ExPASyProtparam 对 *GmNup96* 基因编码蛋白进行基本的理化性质的预测和分析。结果表明:该蛋白分子式为 $C_{5181}H_{8024}N_{1400}O_{1556}S_{43}$, 共计 16 204 个原子;编码 1 022 个氨基酸,相对分子量为 116.199 7 kDa,理论等电点(pI)为 5.31,氨基酸中带正电荷氨基酸(Arg、Lys)100 个,带负电荷氨基酸(Asp、Glu)146 个,为酸性蛋白;不稳定参数 45.08,是不稳定蛋白。氨基酸组分析表明,亮氨酸(Leu)、丝氨酸

(Ser)、谷氨酸(Glu)和比例较高,分别为 11%、8.4% 和 7.4%,而半胱氨酸(Cys)和色氨酸(Trp)比例较低,分别为 1.8% 和 1.6%。

蛋白的亲疏水性预测结果详见图 2。结果表明,在 397 位赖氨酸分值最低(-3.032),亲水性最强;第 749 位的丙氨酸具有最高分值(0.853),疏水性最强;从整体来看,*GmNup96* 氨基酸序列中亲水性氨基酸多于疏水性氨基酸,即表现为亲水性,该蛋白为亲水性蛋白。综上所述,该基因编码蛋白为具有一定亲水能力不稳定的酸性蛋白。

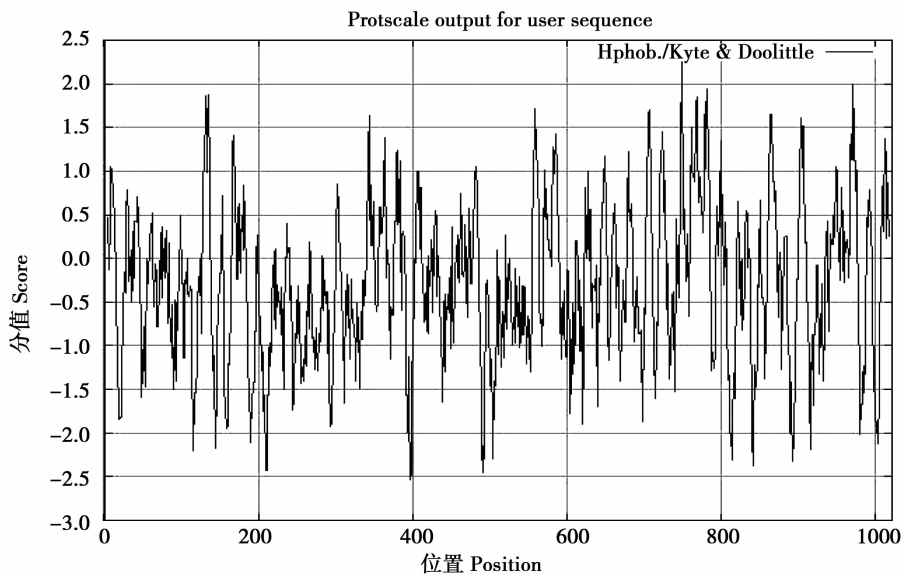


图 2 *GmNup96* 基因编码蛋白的疏水性/亲水性检测

Fig. 2 Prediction of hydrophobicity /hydrophilic for *GmNup96* protein

2.2.2 *GmNup96* 基因编码蛋白的保守结构域分析

利用 NCBI 中的 CD-search 搜索 *GmNup96* 基因编码蛋白的保守结构域。如图 3 所示,该蛋白包含 Nup96 超亲家族(Nup96 superfamily)和 Nucleoporin2 超亲家族(Nucleoporin2 superfamily),属于核孔蛋白家族。核孔蛋白是在真核细胞核膜上的一种蛋白质复合体,形成双向通道,主要功能是在特定条件下允许某些蛋白质和 RNA 的通透。

利用 ClustalW 软件对大豆 *GmNup96* 编码的氨基酸序列和野生大豆、芸豆、绿豆以及红小豆中同源性较高的氨基酸进行序列比对发现,5 种氨基酸序列在 N 段均存在“自酶解结构域”及该结构域 C 末端保守的酶解位点 HFS,并且具有 Nup96 超亲家族(Nup96 superfamily)和 Nucleoporin2 超亲家族(Nucleoporin2 superfamily)两种典型保守结构域的序列,说明核孔蛋白在进化上具有高度的保守性。

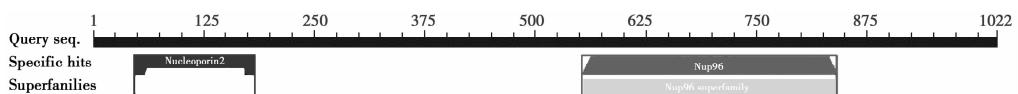


图 3 *GmNup96* 基因编码蛋白的保守结构域

Fig. 3 The conserved domains of amino acid sequence in coded by *GmNup96*

2.2.3 *GmNup96* 基因编码蛋白的二级结构预测

利用 SOPMA 服务器对 *GmNup96* 基因编码蛋白的二级结构进行预测分析, 详见图 4。结果表明, 该蛋白的二级结构主要是由 α -螺旋组成 (46.87%), 其次是无规则卷曲 (26.32%), 再次是延伸链区 (17.03%) 和 β -转角 (9.78%), 并无其他二级结构。综上所述, 该晶体可能是由 α 螺旋结构为基础

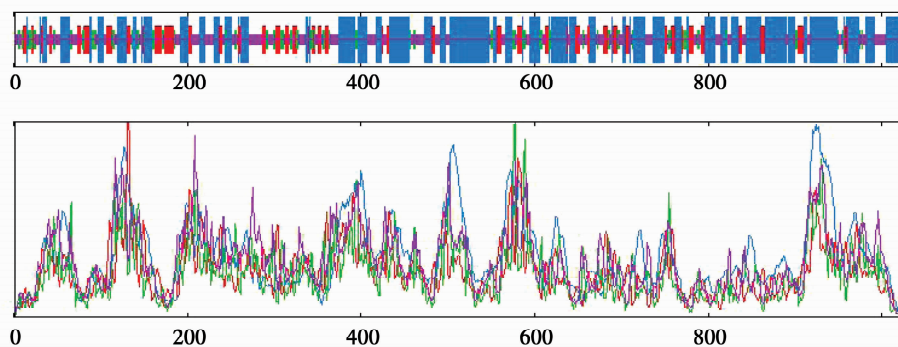


图 4 *GmNup96* 基因编码蛋白的二级结构

Fig. 4 Prediction of secondary structure for protein encoded by *GmNup96*

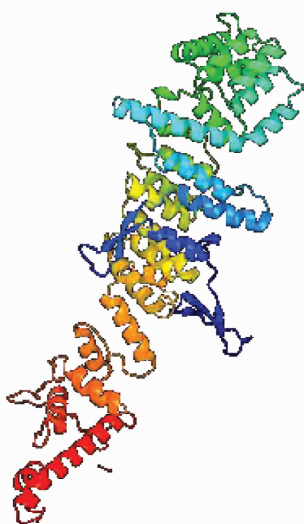


图 5 *GmNup96* 基因编码蛋白的三级结构

Fig. 5 The predicted 3-D structure of protein encoded by *GmNup96*

2.2.5 *GmNup96* 基因编码蛋白的亚细胞定位 进入 Psort 数据库对 *GmNup96* 基因编码的蛋白进行亚细胞定位分析。结果表明, 该蛋白最可能定位于细胞核 (可信度 0.460), 其次定位于微体 (过氧化物酶体) 中 (可信度为 0.442), 其在线粒体基质、叶绿体类囊体膜上也有分布, 但可信度较低, 均为 0.100 (表 1)。

2.2.6 *GmNup96* 基因编码蛋白的跨膜区域及信号肽预测 利用 TMHMM Server V2.0 在线分析软件进行跨膜结构域分析。结果所示, 该蛋白不存在跨

构成的稳定空间构象。

2.2.4 *GmNup96* 基因编码蛋白的三级结构预测

利用 Phyre 在线软件对 *GmNup96* 基因三级结构模型进行预测分析, 详见图 5。该蛋白由 α 螺旋和 β 折叠盘绕而成, 中间则由无规则卷曲连接。这表明该基因能够折叠成特定的空间结构。

膜结构域, 位于膜外区的可能性最大 (可能性 = 1.1), 为非跨膜蛋白类。利用网络分析工具 SignalP 4.1 分析 *GmNup96* 基因编码蛋白信号肽, C 值 (剪切位点值) 为 0.109, 在该蛋白中未发现可能的信号肽序列。综上所述, *GmNup96* 蛋白并不是分泌型蛋白, 不可能在细胞中发生迁移。

表 1 *GmNup96* 基因编码蛋白的亚细胞定位

Table 1 Predicted subcellular localization of protein in coded by *GmNup96*

亚细胞结构 Destination of cell compartment	可信度 Certainty
细胞核 Nucleus	0.460
微体 (过氧化物酶体) Microbody (Peroxisome)	0.442
线粒体基质 Mitochondrial matrix	0.100
叶绿体类囊体膜 Chloroplast thylakoid membrane	0.100

2.2.7 *GmNup96* 基因编码蛋白系统进化树的构建

将 *GmNup96* 的氨基酸序列在 NCBI 中进行 Blast, 最终选取 21 条与之相似度较高的序列并下载, 通过 ClustalW 在线软件进行氨基酸序列比对和运用 MEGA 5.1 软件中的邻位连接法 (neighbor-joining, NJ), 构建 *GmNup96* 的系统进化树。如图 6 所示, 大豆核孔蛋白 *GmNup96* 基因与野生大豆、芸豆、绿豆、红小豆间的亲缘关系更近, 并且与野生大豆聚为一类, 相似度为 100%。核孔蛋白进化上的分组可能揭示其在功能上的异同。

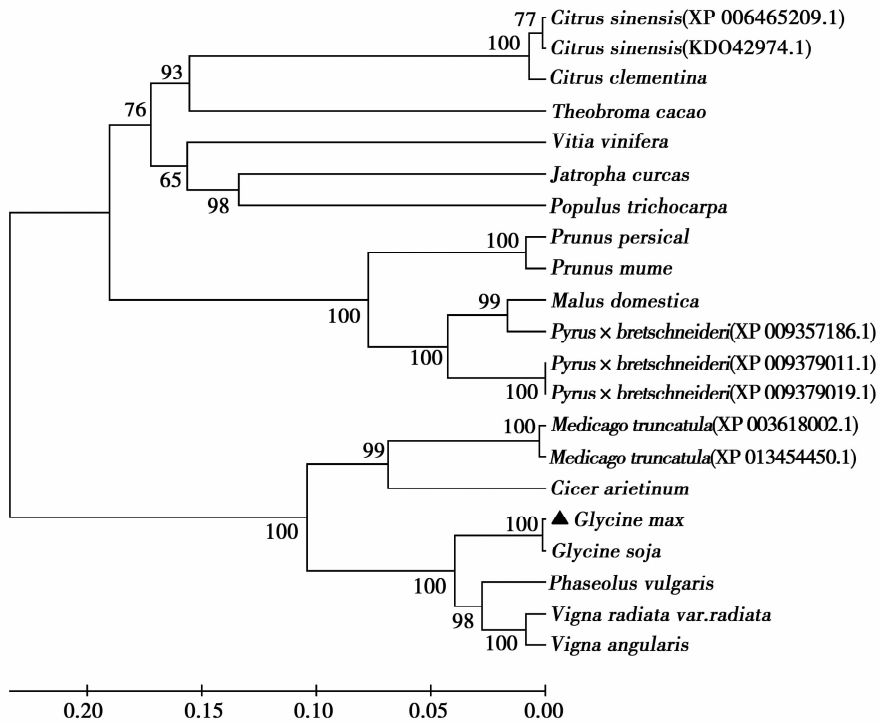


图 6 大豆 *GmNup96* 基因编码蛋白系统进化树

Fig. 6 Phylogenetic tree of protein incoded by *GmNup96*

3 讨论

核孔复合物主要在真核细胞中承担着细胞质与细胞核之间物质交换的作用,在细胞生命活动中扮演着极其重要的角色。迄今为止,前人对于核孔复合物的结构、组成以及核孔蛋白功能的研究主要集中在酵母和一些脊椎动物上,并已取得了较大的进展。2005年, Franz 等^[13]发现,在秀丽隐杆线虫和非洲爪蟾的胚胎发育中,核孔蛋白 *Nup155* 基因在体内外均参与了核膜的形成,并且 *Nup155* 的突变和缺失,能够影响核孔蛋白在核质外周的有序结合,同时可以在细胞分裂后期抑制核纤层的形成及染色体的分离。2009年, Guttinger 等^[14]发现在脊椎动物细胞中 *Gp210*、*Pom121* 和 *NDC1* 可能作为骨架核孔蛋白对核孔复合物起作用,并且涉及有丝分裂和新的核膜中核孔结构重组过程。但与此同时,目前针对植物核孔蛋白的功能研究仍十分有限,仅在拟南芥等少数植物中有所报道。因此,核孔蛋白在大豆中的研究便显得尤为重要。

本研究通过对大豆核孔蛋白 *GmNup96* 进行生物信息学分析,发现大豆 *GmNup96* 基因与拟南芥 *Nup96* 基因具有相同的 *Nup96* 超亲家族 (*Nup96* superfamily),并且在序列 N 段存在“自酶解结构域”,这与拟南芥 *Nup96* 蛋白的研究结果相同。王旭^[11]通过对拟南芥 *Nup96* 蛋白研究发现,该蛋白是通过自酶解作用从 *Nup196* 上被释放下来,由独立基因

编码,并且当自酶解作用失活后并不影响其正常功能。大豆核孔蛋白 *GmNup96* 可能也具有类似功能,但由于有关自酶解作用的研究尚浅,因此还需对其进一步研究。与此同时,通过构建系统进化树分析发现,该基因与野生大豆间的亲缘关系最近,相似度达到 100%,这可能是由于大豆与野生大豆在上述 21 条序列所来源的不同植物中,两者种属间亲缘关系最近所致。

随着生物信息学的发展,利用生物信息学分析软件和数据库对基因结构及其功能进行分析和预测,可以有效、快捷地发现新基因并初步了解其功能。然而,基因的功能表达是极其复杂的。生物信息学的分析预测可以为其提供一些分子生物学上的证据,但是若要对基因的功能进行全面的挖掘,尚需在此基础上对其深入进行研究。本研究通过针对大豆核孔蛋白编码基因 *GmNup96* 设计特异引物,成功对其进行克隆,为进一步对该基因进行研究提供材料;同时通过生物信息学分析预测,也为深入了解该蛋白的功能奠定了基础。

参考文献

- [1] Rout M P, Aitchison J D, Suprpto A, et al. The yeast nuclear pore complex: Composition, architecture, and transport mechanism[J]. *Journal of Cell Biology*, 2000, 148(4):635-651.
- [2] Cronshaw J M, Krutchinsky A N, Wenzhu Z, et al. Proteomic analysis of the mammalian nuclear pore complex[J]. *Journal of*

- Cell Biology, 2002, 158(5):915-927.
- [3] Fiserova J, Kiseleva E, Goldberg M W. Nuclear envelope and nuclear pore complex structure and organization in tobacco BY-2 cells [J]. Plant Journal, 2009, 59(2):243-255.
- [4] Goldberg M W, Allen T D. The nuclear pore complex and lamina: Three-dimensional structures and interactions determined by field emission in-lens scanning electron microscopy [J]. Journal of Molecular Biology, 1996, 257(4):848-865.
- [5] Roberts K, Northcote D H. Structure of the nuclear pore in higher plants [J]. Nature, 1970, 228(5269):385-386.
- [6] Yuelin Z, Xin L. A putative nucleoporin 96 is required for both basal defense and constitutive resistance responses mediated by suppressor of npr1-1, constitutive 1 [J]. Plant Cell, 2005, 17(4):1306-1316.
- [7] Geraint P, Sally W, Alex C, et al. The *Arabidopsis* suppressor of auxin resistance proteins are nucleoporins with an important role in hormone signaling and development [J]. Plant Cell, 2006, 18(7):1590-1603.
- [8] Yannick J, Chareerat M, Veley K M, et al. The nuclear pore protein AtTPR is required for RNA homeostasis, flowering time, and auxin signaling [J]. Plant Physiology, 2007, 144(3):1383-1390.
- [9] Xianfeng M X, Annkatrin R, Sivaramakrishnan M, et al. Nuclear pore anchor, the *Arabidopsis* homolog of Tpr/Mlp1/Mlp2/megator, is involved in mRNA export and SUMO homeostasis and affects diverse aspects of plant development [J]. Plant Cell, 2007, 19(5):1537-1548.
- [10] Dong C H, Hu X, Tang W, et al. A putative *Arabidopsis* nucleoporin, AtNUP160, is critical for RNA export and required for plant tolerance to cold stress [J]. Molecular & Cellular Biology, 2006, 26(24):9533-9543.
- [11] 王旭. 拟南芥核孔蛋白 Nup96 的鉴定及其在开花时间和生物钟调控中的功能分析 [D]. 北京:中国农业科学院,2014. (Wang X. Characterization of *Arabidopsis* nucleoporin Nup96 and analysis of its roles in flowering time and circadian clock regulation [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2014.)
- [12] 刘文瑄,沈应柏,傅永福. 拟南芥核膜孔蛋白 Nup160 基因的突变体表型分析 [J]. 中国农业科技导报,2015,17(3):29-34. (Liu W X, Shen Y B, Fu Y F. Phenotype analysis of mutants of nucleoporin 160 gene in *Arabidopsis* [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2015, 17(3):29-34.)
- [13] Franz C, Askjaer P, Antonin W, et al. Nup155 regulates nuclear envelope and nuclear pore complex formation in nematodes and vertebrates [J]. The EMBO Journal, 2005, 24(20):3519-3531.
- [14] Guttinger S, Laurrell E U. Orchestrating nuclear envelope disassembly and reassembly during mitosis [J]. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 2009, 10(3):178-191.

“大豆绿色增产增效技术模式示范现场会” 在黑龙江省北安市建设农场举行

2016年9月12日,由中国农业科学院、农业部种植业管理司主办的“大豆绿色增产增效技术模式示范现场会”在黑龙江省农垦北安管局下属建设农场顺利举行。参加会议领导及专家200余人次,现场展示了大豆绿色增产增效技术模式示范田、良种攻关项目苗头品系展示田、大豆生产相关机械和北安农业示范园区,听取了项目组有关专家现场讲解的核心技术,并就全国特别是东北北部大豆主产区大豆生产形势、存在问题、技术对策、政策措施及发展规划等进行研讨。

农业部副部长余欣荣在会前批示:强化科技创新驱动,落实藏粮于计战略是新形势下推进农业调结构、转方式的重要促进。今年以来,中国农科院组织开展大豆绿色高效技术集成示范,搭建行政、科研、推广等力量协作攻关平台,组织有力,成效显现,值得充分肯定。

下一步要牢固树立新的发展理念,按照中央的决策和部署大力推进农业供给侧改革,强化科技创新意识,再接再厉,攻克技术难关,再造制度优势,因地制宜推行粮豆轮作,建立合理轮作制度。要发挥我国大豆原产地资源优势,重点发展优质食用大豆,满足市场消费需求,为促进农业转型升级和提质增效作出应有贡献。

中国农业科学院陈萌山书记强调:大豆绿色增产增效的总目标还要围绕国内大豆生产的稳定发展。重点促进国内食用大豆的稳定发展,构建和谐的战略目标,大力开展科技创新,走出一条我国大豆产出高效,产品安全,资源节约,环境友好的战略路径。努力提高大豆竞争力,大豆产出率,保障食用大豆的质量。未来还要通过供给侧改革更好的满足食用需求,更好地创造市场。按照要求来看,我们能不能努力探索大豆生产的集约化、机械化、绿色化、规模化和产业化。

农业部种植业管理司潘文博副司长对大豆产业发展提出宝贵建议:在新形势下,农业主要矛盾由总量不足转化为结构性目标,主要表现在阶段性供过于求和供给不足。当前,小麦平衡有余,玉米出现阶段性供大于求,大豆缺口逐年扩大。发展大豆增产,也是确保国家粮食安全重要组成部分,也是推进结构调整的重要内容。现在我们想要满足需求,利用好资源,那么大豆发展的出路在哪里,在于科技创新,在落实长远战略,在走内行式发展路子。这是今后总的方向。

项目集成中国农业科学院、国家大豆产业技术体系、黑龙江省农业科学院及相关企业的科技力量,集约资源、集中力量、合力推进,开展协同攻关,集成9项核心生产技术,突破限制大豆单产和效益提升的主要技术障碍,研制关键技术和产品;在遭受严重干旱的情况下,示范区大豆长势明显好于一般生产田。据专家组实收测产,示范区大豆较一般农田平均增产27.6%。产量水平达到同纬度地区国际先进水平,充分展示了技术模式的增产增收效果,为我国东北北部大豆主产区大豆生产发展树立了可借鉴、可重复的样板。