

基于蛋白质组学的植物响应盐胁迫机制研究进展

王志辉, 聂鑫

(黑龙江八一农垦大学 国家杂粮工程技术研究中心, 黑龙江 大庆 163319)

摘要:随着全球土壤盐碱化程度日趋严重,黑龙江省作为我国重要的优质农作物主产区也同样面临着土壤盐碱化带来的一系列问题,直接在生产力和营养品质方面收到严重影响和制约,本文综合论述了基于蛋白质组学技术对于植物响应盐胁迫机制的研究进展,为培育更加优良的耐盐农作物品种以及寻找提高植物耐盐的方法提供参考。

关键词:土壤盐碱化;蛋白质组学;盐胁迫

Abstract:With the increasingly serious degree of soil salinization in the world, Heilongjiang Province, as the main producing area of important high-quality crops in China, is also facing a series of problems brought about by soil salinization, which directly affects and restricts the productivity and nutritional quality.

Keywords:soil salinization; Proteomics; salt stress

[DOI]10.12231/j.issn.1000-8772.2021.07.261

土壤盐碱化与次生盐碱化是造成全球土地退化和影响土壤高效利用的主要原因之一,已经被认为是影响农业生产和生态环境的全球性问题。盐胁迫已成为影响植物生长的重要的非生物胁迫因素。土壤盐碱化日前已成为全球范围内日趋严重的土地问题。据统计,全世界有超过800,000万公顷的土地,及32,000万公顷的农用旱地受到盐碱化的影响,盐碱化土地占到了全球土地的6%和可灌溉土地的11%,分布于非洲、澳洲、中东等全世界103个国家和地区。我国的盐碱土地从沿海到内陆都有分布,主要包括东部滨海地区、黄淮海平原地区、东北松嫩平原和西北新疆地区等。盐碱土地作为重要的土地资源,面积大,分布范围广。面对目前全球土壤盐碱化的严峻形势,如何对其进行改良和利用,已成为国际学术界高度重视和讨论的问题,是当今学术研究的重点和热点。

1 植物叶片响应盐胁迫蛋白质组学研究进展

植物最为重要的化合作用场所是叶片,是植物能力的源泉,通过蛋白质组学方法挖掘到响应盐胁迫的蛋白,为揭示植物细胞叶片代谢调控提供有力支撑。芥叶片在盐胁迫下淀粉、可溶性糖和脯氨酸积累,钠离子向液泡运输,其中淀粉和蔗糖的代谢受影响最大,可能是耐盐的关键^[1]。羊草叶片通过提高POD、SOD和CAT抗氧化酶的活性,加速柠檬酸循环后期的反应,以及脯氨酸和可溶性糖的合成来应对盐胁迫^[2]。木本植物秋茄在高盐处理后,双向电泳方法进行叶片蛋白质组学分析,结果表明上调表达蛋白主要参与光合作用、呼吸和能量代谢、钠离子区隔、蛋白质折叠和组装以及信号转导。生理指标包括超氧化物歧化酶(SOD)和脱氢抗坏血酸还原酶(DHAR)活性,过氧化氢(H₂O₂)和超氧阴离子自由基(O₂⁻)的含量,以及Na⁺含量和K⁺/Na⁺比值都与蛋白质组学结果有很好的相关性^[3]。在叶片耐盐蛋白质组分析中也有选择两个差异材料进行研究的。

2 植物的根响应盐胁迫蛋白质组学研究进展

基于MALDI-TOF/TOF和LC-MS/MS质谱技术对植物根中的蛋白质进行鉴定,目前的蛋白质组学研究显示,多个物种植物的根中的盐诱导蛋白质被鉴定,包括拟南芥、水稻、小麦等等。这些分析有助于阐明作物根系耐盐机理,为提高作物耐盐性的有效工程策略提供深入的认识。

燕麦被认为是一种中等耐盐作物,可用于改良盐碱地。长期盐胁迫(16天)提高燕麦根系中超氧化物歧化酶活性、过氧化物酶活性、丙二醛含量、腐胺含量、精胺含量和可溶性糖含量均显著提高,而过氧化氢酶活性降低。盐胁迫导致了根部蛋白质量的变化。在双向电泳凝胶中鉴定出至少1400个可重复蛋白点,其中23个在盐处理与对照植物之间差异表达,最后质谱成功鉴定13个。这些差异表达蛋白涉及以下生物过程:(1)碳水化合物和能量代谢;(2)应激和防御;(3)脂肪代谢;(4)蛋白降解;(5)信号转导相关。利用iTRAQ蛋白质组学技术对陆地棉的根系进行蛋白质组学研究,鉴定出的128个差异蛋白中有76个表达上调,52

个表达下调。这些差异表达蛋白质除了对差异蛋白功能性进行鉴定,主要集中在应激和防御功能、蛋白质代谢、碳水化合物和能量代谢、转录、细胞膜和转运、细胞壁和细胞骨架代谢、信号转导等方面,与此同时,细胞骨架代谢中ARP2和FLAs等较少被关注的耐盐机制相应蛋白也被陆续发现^[4]。为了更好的研究植物响应盐胁迫的可能的蛋白质组学机制,经常将植物的根和叶共同开展研究,在草坪草匍匐翦股颖中,选取耐盐性不同品种“Penncross”和“Penn-A4”进行长期盐胁迫后,采用双向电泳的方法分析比较叶片和根中的差异蛋白,结果发现叶片中的差异蛋白数量多于根系中,耐盐品种Penn-A4表现更好,主要表现为较快的叶片扩展速率,和较高的相对含水量以及细胞膜稳定性,可能主要归因于其根中液泡有较高含量的H⁺-ATP酶以及叶片中蛋氨酸合成酶、过氧化氢酶、谷胱甘肽S转移酶增加相关。白颖荦草叶片中光合天线蛋白的上调,根系的氧化磷酸化代谢加强。短期盐胁迫下,根系中cAMP、CGMP-PKG、Ca²⁺信号通路活跃,而叶片中主要是激素信号代谢活跃^[5]。棉花根和叶定量蛋白质组分析揭示了与盐胁迫相关的途径。

综上,基于蛋白质组学技术对植物响应盐胁迫的机制研究已经取得了阶段性的成果,研究发现了许多与盐胁迫相关的相应蛋白,并通过对这些蛋白的功能性进行分析,结合相关组学技术,揭示出在植物不同组织中有多种代谢途径参与高盐耐受,为培育更加优良的耐盐农作物品种以及寻找提高植物耐盐的方法提供参考。

参考文献

- [1]Wang L., Liang W., Xing J., et al. Dynamics of chloroplast proteome in salt-stressed mangrove *Kandelia candel* (L.) Druce[J]. *Journal of Proteome Research*, 2013,12(11):5124-5136.
- [2]Li M., Zhang K., Long R., et al. iTRAQ-based comparative proteomic analysis reveals tissue-specific and novel early-stage molecular mechanisms of salt stress response in *Carex Rigescens* [J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2017,143:99-114.
- [3]Wang L., Liu X., Liang M., et al. Proteomic analysis of salt-responsive proteins in the leaves of mangrove *Kandelia candel* during short-term stress[J]. *Plos One*, 2014,9(1):e83141.
- [4]Li W., Zhao F., Fang W., et al. Identification of early salt stress responsive proteins in seedling roots of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) employing iTRAQ-based proteomic technique [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2015,6:732.
- [5]Li J., Cui G., Hu G., et al. Proteome dynamics and physiological responses to short-term salt stress in *Leymus chinensis* leaves[J]. *PLoS One*, 2017,12(8):e0183615.

作者简介:王志辉(1987-),男,助理研究员,硕士,研究方向:作物学。