

网络出版日期:2015-10-17

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20151017.1710.010.html>

## 干旱胁迫下不同品种小麦 4 种功能基因的 表达模式及相关生理指标分析

韩翠英, 刘秉焱, 刘虎岐

(西北农林科技大学 生命科学学院, 陕西杨凌 712100)

**摘 要** 采用实时荧光定量 PCR(Real-time PCR)对干旱胁迫下脂质转移蛋白基因(*TaLTP1*)、膨胀素基因(*TaEXPB23*)、水通道蛋白基因(*TaAQP7*)和果聚糖 6-果糖基转移酶基因(*Ta6-SFT*)在 4 种小麦叶片中的表达情况进行分析;通过测定相对水分质量分数和果聚糖质量分数来判断小麦生长发育状况。结果显示:干旱胁迫 48 h 内,4 种基因在不同抗旱性小麦叶片中的表达模式不同,干旱敏感型小麦中 4 种基因的相对表达量先上升后下降,恢复到正常水平;干旱耐受型小麦中 4 种基因的相对表达量先上升后下降,但仍维持较高表达水平;干旱耐受型小麦具有较高的相对水分质量分数和果聚糖累积量。以上结果表明,4 种基因参与小麦干旱胁迫应答,4 种基因的表达模式可以作为鉴定小麦抗旱的分子指标。本研究可为准确快速地鉴定小麦品种抗旱性提供重要分子依据。

**关键词** 小麦;干旱胁迫; *TaLTP1*; *TaEXPB23*; *TaAQP7*; *Ta6-SFT*

**中图分类号** S332.1

**文献标志码** A

**文章编号** 1004-1389(2015)10-0028-07

干旱是影响小麦产量的主要环境因素之一,近年来,西北地区小麦播种期频频发生重度干旱,严重影响小麦苗期生长,因此,小麦抗旱性研究对西北地区的农业生产具有重大意义。干旱胁迫条件下植物通过调控基因表达生成抗旱相关蛋白来适应环境,研究表明脂质转移蛋白、水通道蛋白、膨胀素和果聚糖在植物对逆境的应答过程中发挥作用<sup>[1-3]</sup>。植物脂质转移蛋白(LTPs)是高等植物中特有的一类小分子可溶性脂质结合蛋白,参与植物叶片角质层蜡质的合成、信号转导和抵抗病原菌的侵害等<sup>[2]</sup>。Jang 等<sup>[4]</sup>发现干旱、盐害等逆境胁迫下小麦脂质转移蛋白基因 *TaLTP1* 和 *TaLTP2* 的表达量上调。膨胀素是植物生长时细胞壁延伸的主要调节者,参与细胞生长、花的发育、种子的萌发和植物衰老等<sup>[5]</sup>。Li 等<sup>[6]</sup>报道,小麦膨胀素基因 *TaEXPB23* 的相对表达量与胚芽鞘的伸长密切相关,干旱、盐胁迫等诱导该基因表达量上升,过表达该基因的转基因烟草抗旱性增强。水通道蛋白(AQPs)是水分亏缺引起的植

物吸收水分的关键蛋白之一,负责运输水分和小分子物质透过细胞膜,调节体内水分平衡,参与植物对逆境的应答过程<sup>[7]</sup>。Zhou 等<sup>[8]</sup>报道逆境胁迫下水通道蛋白基因 *TaAQP7* 的表达量上调,转基因烟草的抗旱性增强。果聚糖是一种以果糖为基本单位的可溶性和贮藏性碳水化合物,在植物的吸收同化、贮藏和渗透调节中起重要作用,与植物的抗逆性密切相关<sup>[3]</sup>。将小麦果聚糖转移酶基因(*Ta6-SFT*)转入烟草和油菜后,植物的抗旱性显著增强<sup>[9-11]</sup>。

大量研究通过转基因探讨 4 种功能基因与植物抗旱的相关性,但 4 种基因在不同抗旱性小麦中的表达模式报道较少。植物生长对干旱胁迫特别敏感,尤其是植物叶片,轻度胁迫叶片生长明显降低。本研究以小麦幼苗叶片为材料,20%聚乙二醇(PEG-6000)高渗溶液渗透法(-1.01 MPa)模拟植物苗期干旱环境,测定干旱胁迫对小麦叶片相对水分质量分数和果聚糖质量分数的影响,并在分子水平上检测 4 种功能基因(*TaEX-*

**收稿日期:**2015-02-08 **修回日期:**2015-03-15

**基金项目:**西北农林科技大学青年学术骨干研究基金(01140302)。

**第一作者:**韩翠英,女,硕士,从事植物抗逆分子生物学研究。E-mail: 1115340097@qq.com

**通信作者:**刘虎岐,男,副教授,博士,硕士生导师,从事植物分子遗传学、植物干旱抗性及植物发育生物学研究。E-mail: liuhuqi@nwsuaf.edu.cn

*PB23*、*TaLTP1*、*Ta6-SFT*、*TaAQP7*) 的表达模式,加深对 4 种功能基因在耐旱应答机制方面的理解,为培育抗旱性小麦品种提供重要的理论依据,并从基因角度筛选功能基因作为鉴定指标,丰富和补充小麦抗旱鉴定体系。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

4 种供试小麦品种:干旱耐受型‘普冰 9946’和‘运早 805’,干旱敏感型‘西农 979’和‘中麦 895’(材料由国家小麦改良中心杨凌分中心提供)。选取大小一致、籽粒饱满的种子,  $w=10\%$  NaClO 灭菌 10 min,无菌水冲洗干净,均匀分散在铺有两层滤纸的培养皿上,暗室催芽 12~24 h, 25 °C 培养至两叶一心期。参照 Michel 等<sup>[12]</sup>的方法,  $w=20\%$  PEG-6000 处理小麦幼苗,并设置相应对照。取经干旱胁迫处理 3、6、12、24 和 48 h 及对照组(0 h)的小麦叶片,液氮处理-80 °C 保存备用。

### 1.2 Real-time PCR 测定 4 种基因在 4 种小麦叶片中的表达水平

根据 4 种功能基因 *TaAQP7*、*TaEXPB23*、*6-SFT*、*TaLTP1* 及内参基因( $\beta$ Actin)序列, Primer Premier 5.0 软件设计特异性引物, *TaAQP7* -Fw:Rw(正向:反向引物)(5'-GGCCG-GACTGAAGTGTAGAT-3'; 5'-ACAGGACA-AAGGTGTGGGAT-3'), T<sub>m</sub>, 59.8 °C; *TaEXPB23* -Fw:Rw(5'-CATGCGCATCACCAACG-AGT-3'; 5'-TGGACGATGGAGCGGTAGAAG-3'), T<sub>m</sub> 61.9 °C; *6-SFT* -Fw:Rw(5'-CCGT-GTC-TCGGAACCTTGTC-3'; 5'-CATTTGGG-TAGC ACCGTCATAGAG-3'), T<sub>m</sub> 59.2 °C; *TaLTP1* -Fw:Rw(5'-GCCCTCCACCACAAC-TACAG-3'; 5'-CCGGCCAATCTCCTAACTCC-3'), T<sub>m</sub> 61.9 °C;  $\beta$ Actin-Fw:Rw(5'-CCTGTATGC-CAGCGGTCGAACA-3'; 5'-CTCATAATCAA-GGGCCACGTA-3'), T<sub>m</sub> 61.9 °C。Triol 法提取总 RNA,按照 Vazymé 公司的 PrimeScript RT reagent Kit With gDNA Eraser 说明书反转录成的 cDNA 作为实时荧光定量 PCR(Real-time PCR)模板, Real-time PCR 检测基因表达情况(参照 Vazymé 公司 SYBR Premix EX Taq<sup>TM</sup>(Perfect Real Time)试剂盒说明书)。PCR 混合物为 10  $\mu$ L 体系: SYBR<sup>®</sup> Premix EX Taq<sup>TM</sup>

5  $\mu$ L、上下游引物各 0.2  $\mu$ L、cDNA 模板 0.8  $\mu$ L、灭菌超纯水 3.8  $\mu$ L。Real-time PCR 在 CFX96 型号 PCR 仪(Bio-Rad 公司)中进行, Real-time PCR 分析样都经 3 个技术重复和 2 个生物重复。 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 方法分析 Real-time PCR 结果。

### 1.3 干旱胁迫处理后小麦叶片生理指标的测定

20%PEG 模拟干旱胁迫处理 4 种小麦幼苗,分别在 0、3、6、12、24 和 48 h 时用饱和称量法测定小麦叶片的相对水分质量分数(relative water content, RWC),间苯二酚法测定胁迫 48 h 和对照组小麦叶片果聚糖质量分数,具体操作过程参照张志良<sup>[13]</sup>和刘燕琼等<sup>[14]</sup>的方法。

### 1.4 数据处理

运用 Excel 2007 软件进行数据计算和绘图,用 SPSS 19.0 软件进行方差分析,显著水平设定为  $\alpha=0.05$ (LSD 法)。

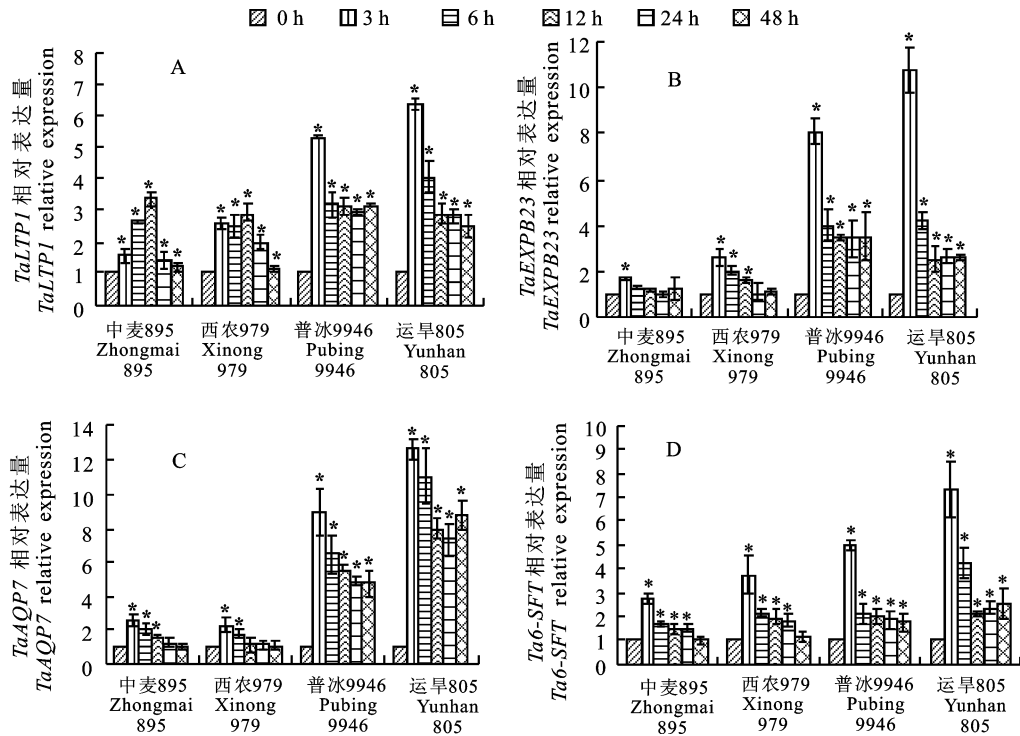
## 2 结果与分析

### 2.1 干旱胁迫对功能基因表达模式的影响

干旱胁迫 48 h 内,与对照组相比,4 种功能基因(*TaLTP1*、*TaEXPB23*、*TaAQP7* 和 *Ta6-SFT*)在 4 种小麦叶片中的相对表达量均显著上升( $P<0.05$ ),随后下降,‘西农 979’和‘中麦 985’中的相对表达量恢复正常水平( $P>0.05$ ),‘普冰 9946’和‘运早 805’中的仍维持较高水平,且趋于稳定( $P<0.05$ )(图 1)。 *TaLTP1* 相对表达量在‘中麦 985’和‘西农 979’中 12 h 处达到峰值,分别是对照组的 3.4 和 2.9 倍,48 h 时恢复到对照组水平,‘普冰 9946’和‘运早 805’中 3 h 处达到峰值,分别是对照组的 5.3 和 6.3 倍,较干旱敏感品种表达响应快,48 h 时为对照组 3 倍左右(图 1-A)。 *TaEXPB23* 相对表达量在‘中麦 985’、‘西农 979’、‘普冰 9946’和‘运早 805’中 3 h 处达到峰值,分别是对照组的 2.6、2.7、8.0 和 10.7 倍,48 h 时‘中麦 985’和‘西农 979’中恢复到正常水平,‘普冰 9946’和‘运早 805’中为对照组的 3 倍左右(图 1-B)。 *TaAQP7* 相对表达量在‘中麦 985’、‘西农 979’和‘普冰 9946’中 3 h 处达到峰值,为对照组的 2.3、2.6 和 9 倍,‘运早 805’中 3 h 和 6 h 处维持最高水平,是对照组的 12.5 和 11 倍,48 h 时‘中麦 985’和‘西农 979’中恢复到正常水平,‘普冰 9946’和‘运早 805’中分别达到对照组的 4.5 和 8.5 倍(图 1-C)。 *Ta6-SFT* 在‘中麦 985’、‘西农 979’、‘普冰 9946’和‘运早 805’中相

对表达量峰值均在 3 h 处,分别是对照组的 2.7、3.7、5 和 7.3 倍,48 h 时‘中麦 895’和‘西农 979’

中恢复到正常水平,‘普冰 9946’和‘运旱 805’中为对照组的 2 倍左右(图 1-D)。



星号表示干旱胁迫不同时间基因表达量与对照组相比差异显著( $P < 0.05$ )

Asterisk indicates significant difference of gene expression in *Triticum aestivum* L. between drought stress and control at the 0.05 level

图 1 干旱胁迫条件下 4 种小麦品种叶片中 4 种功能基因 *TaLTP1* (A)、*TaEXPB23* (B)、*TaAQP7* (C) 和 *Ta6-SFT* (D) 相对表达量的变化

Fig. 1 Relative expression levels of *TaLTP1* (A), *TaEXPB23* (B), *TaAQP7* (C) and *Ta6-SFT* (D) in four varieties of wheat leaves under drought stress

总之,干旱胁迫后耐受型小麦叶片中 *TaLTP1*、*TaEXPB23*、*TaAQP7* 和 *Ta6-SFT* 的相对表达量均高于敏感型小麦,表达趋势均为先上升后下降,其中在敏感型小麦品种中的表达模式为低—高一低,耐受型小麦中为低—高一中。

## 2.2 干旱胁迫对小麦叶片相对水分质量分数和果聚糖质量分数的影响

已有研究表明,干旱等非生物胁迫会造成植物体内水分失衡,为减少失水对植物各个生理反应过程的影响,植物会尽可能的增加对水分的吸收,减少水分的散失。随着干旱胁迫持续时间的增长,植物体内相对水分质量分数持续降低。48 h 内,‘中麦 895’、‘西农 979’和‘普冰 9946’、‘运旱 805’中相对含水量分别从 95.8%、93.7% 和 93.5%、92.7% 下降到 63.2%、64.9% 和 72.7%、70.6%,‘中麦 895’和‘西农 979’分别下降 32.6%、28.8%,‘普冰 9946’和‘运旱 805’分别

下降 20.8%、22.1%(图 2),干旱敏感型小麦中的水分下降速率高于耐受型,即耐受型小麦具有较高的保水能力。

渗透调节指逆境条件下,植物在细胞内主动累积溶质,以降低渗透势,增加吸水能力,从而在一定程度上维持膨压,保障细胞的生长,是植物抵抗逆境胁迫的一种重要方式。果聚糖作为一种渗透调节物质,其质量分数的变化与植物的抗旱性密切相关。干旱胁迫 48 h 内,4 种小麦品种中果聚糖质量分数都显著增加,‘中麦 895’从 27.45 mg/g 增加到 50.67 mg/g,上升近 2 倍;‘西农 979’从 34.04 mg/g 增加到 57.69 mg/g,上升近 1.8 倍;‘普冰 9946’从 44.13 mg/g 增加到 107.68 mg/g,比胁迫前增加近 2.5 倍;‘运旱 895’从 47.38 mg/g 增加到 139 mg/g,增加近 3 倍(图 3)。无论在干旱还是正常条件下,干旱耐受型小麦中果聚糖质量分数都较敏感型多,胁迫

48 h 时耐受型中果聚糖质量分数为敏感型的 2.5 倍左右,说明干旱胁迫条件下,耐旱型小麦能够维持较高的渗透势。

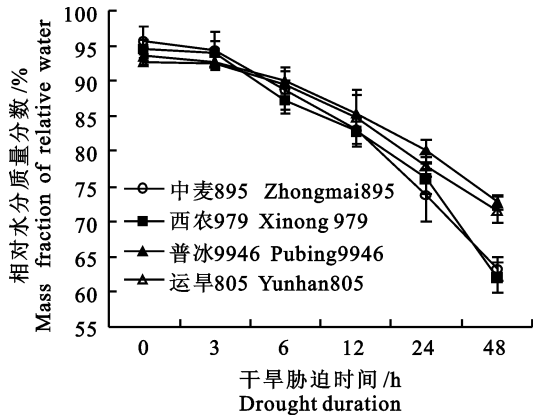


图 2 干旱胁迫条件下 4 种小麦叶片中相对水分质量分数的变化  
Fig. 2 Relative water mass fraction in four varieties of wheat leaves under drought stress

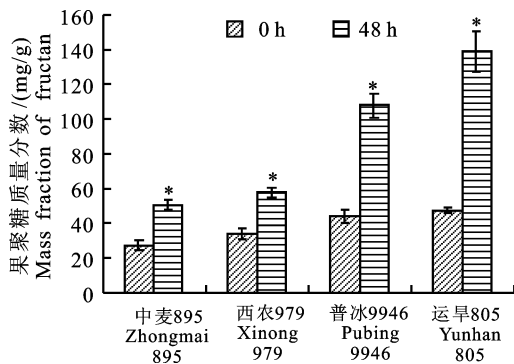


图 3 干旱胁迫下 4 种小麦叶片中果聚糖质量分数的变化  
Fig. 3 Fructan mass fraction in four varieties of wheat leaves under drought stress

### 3 讨论

干旱是影响小麦生长和产量的重要非生物胁迫因素之一。为了克服逆境环境,抗旱基因会被大量诱导表达,从而影响各种蛋白的表达水平来使小麦抵抗和适应环境胁迫。

脂质转移蛋白是一类能够可逆的结合和转运多种脂质分子的碱性蛋白质,参与植物表皮蜡质的合成和运输<sup>[2]</sup>。原位杂交表明脂质转移蛋白(LTP)定位于植物细胞壁中<sup>[15]</sup>。本研究结果显示,干旱胁迫后,小麦脂质转移蛋白基因 *TaLTP1* 在 4 种小麦叶片中的相对表达量先上升后下降,这与前人的研究结果基本一致<sup>[2]</sup>,48 h 时耐旱型

小麦中 *TaLTP1* 的表达量仍维持较高水平,敏感型中恢复到对照组水平,表明 *TaLTP1* 基因参与小麦的干旱胁迫应答过程。此外,研究报道干旱条件下植物叶片角质层蜡质的累积量与 *TaLTP1* 和 *NgLTP1* 基因的表达量正相关,间接表明 *TaLTP1* 和 *NgLTP1* 参与角质蜡的累积<sup>[2,4]</sup>。DEBONO 等<sup>[16]</sup>发现脂质转移蛋白基因 *LTPG* 表达下调的突变体植物的茎表面角质层蜡质含量与对照组相比明显减少,利用重组 *LTPG* 制作探针进行荧光结合试验发现,脂质转移蛋白 *LTPG* 能够结合到角质层蜡质主要分泌部位,*LTPG* 与叶片表面角质层蜡质的合成和转运有直接或间接关系。干旱胁迫导致植物细胞大量的水分散失,细胞含水量的多少是决定植物能否在逆境中生存的关键因素之一。植物细胞角质层蜡质在维持植物体内水分平衡中起着重要作用,能够有效地减少水分散失<sup>[17]</sup>。相对测定结果显示干旱胁迫 48 h,干旱耐受型小麦相对水分质量分数下降约 20%,较干旱敏感型(30%)慢,表明干旱耐受型小麦具有较高的保水能力。推测干旱耐受型小麦中 *TaLTP1* 基因的表达模式有利于植物叶片蜡质的合成和累积,并运输至细胞表面,形成角质机械屏障,有效减少水分散失,提高小麦在逆境中的适应能力。

植物对逆境胁迫最明显的表现是生长速率的降低,植物细胞生长主要依靠细胞壁的扩张<sup>[5]</sup>。植物细胞膨压和细胞壁硬度是参与细胞扩张的 2 个重要因素,干旱胁迫通过降低胞内膨压或使胞壁硬化而抑制细胞生长<sup>[18-19]</sup>。研究发现膨胀素对细胞壁的伸展起重要作用,植物细胞的生长速率与膨胀素基因的表达密切相关<sup>[19-20]</sup>。*TaEXPB23* 蛋白是一种受 pH 调节能够促进细胞壁膨胀的细胞壁松弛蛋白<sup>[6]</sup>,本研究发现,干旱胁迫诱导 *TaEXPB23* 的表达量增加,48 h 时耐受型小麦基因的表达量增加近 3 倍,敏感型中基因表达量恢复到正常水平,表明 *TaEXPB23* 基因参与小麦的干旱胁迫应答。植物吸水速率降低是细胞膨压降低的直接因素之一,干旱胁迫 48 h 内耐受型小麦相对含水量下降约 20%,较敏感型(30%)慢,表明耐受型小麦具有较好的保水能力和较高的细胞膨压。Li 等<sup>[21]</sup>发现 *TaEXPB23* 的相对表达量与小麦胚芽鞘的生长正相关,干旱胁迫下 *TaEXPB23* 的相对表达量显著上升,将 *TaEXPB23* 转入烟草(*Nicotiana tabacum* L.)后,烟草发育早

期叶片的生长速度明显快于野生型烟草,同时转基因烟草的抗旱能力显著增强。Cosgrove 等<sup>[22]</sup>发现膨胀素能够缓释细胞壁结构网中的张力,从而使细胞壁变得松弛。推测干旱耐受型小麦通过调控 *TaEXPB23* 基因的表达模式增加细胞壁中膨胀素的比重,调节细胞壁的松弛,有效减缓干旱胁迫对细胞造成的损伤来抵抗和适应干旱环境。

水通道蛋白是镶嵌在细胞质膜或液泡膜上的膜内在蛋白,介导水分的跨膜运输,生物体内细胞间的水分运输主要通过水通道蛋白<sup>[23]</sup>。水分的吸收和运输对植物生存起着至关重要的作用。*TaAQP7* 是小麦体内受水分调控的膜内在水通道蛋白基因。Real-time PCR 结果显示,干旱胁迫下, *TaAQP7* 在敏感型小麦中的表达模式为低—高一低,耐受型中为低—高一中。Zhou 等<sup>[8]</sup>发现干旱胁迫条件下,小麦幼苗中 *TaAQP7* 基因的相对表达量显著增加,过表达 *TaAQP7* 的转基因烟草抗旱性增强。大量研究表明水通道蛋白参与植物的抗旱过程,干旱胁迫下,向日葵 (*Helianthus annuus*) 液泡膜内在水通道蛋白基因 *Sun-TIP7* 的相对表达量增加,且水通道蛋白累积量同步增加<sup>[24]</sup>;将水通道蛋白基因 *RWC3* 转入烟草后,转基因水稻 *RWC3* 表达量高于对照组,抗旱性增强<sup>[25]</sup>。本研究发现,干旱胁迫 48 h,耐受型小麦中的相对水分质量分数为 72.7% 和 70.6%,敏感型为 63.2% 和 64.9%,表明耐受型小麦具有较高的水分质量分数。综合分析以上结果,推测 *TaAQP7* 调节水通道蛋白的合成,介导水分的跨膜运输,维持植物体内水分平衡,参与小麦的抗旱过程,表明 *TaAQP7* 的表达丰度与小麦的抗旱性密切相关。

果聚糖是一种重要的非线性碳水化合物,不仅为植物提供能量,还参与细胞的渗透调节,提高植物对逆性环境的抵抗和适应能力<sup>[3]</sup>。本研究发现,干旱胁迫 48 h 内耐旱型小麦果聚糖累积量高于敏感型。同时干旱胁迫诱导小麦果聚糖合成酶基因 *Ta6-SFT* 的表达量增加,耐旱型 *Ta6-SFT* 表达量高于敏感型,这与果聚糖累积量基本一致,表明 *Ta6-SFT* 基因的相对表达量及果聚糖质量分数与小麦品种的耐旱性有关,参与小麦的干旱胁迫应答。高翔等<sup>[9]</sup>将小麦中克隆的 *Ta6-SFT* 基因转入烟草,转基因烟草植株表现较高的抗旱能力。李淑洁等<sup>[10-11]</sup>将 *Ta6-SFT* 基因转入烟草和油菜 (*Brassica napus* L.), 干旱胁迫后发现转

基因植物的果聚糖积累量明显高于对照组。干旱胁迫能够诱导活性氧 (ROS) 在细胞内产生和富集,进而引发细胞膜脂质过氧化,破坏生物膜的结构和功能<sup>[8]</sup>。体外研究表明,干旱胁迫条件下,果聚糖可以通过氢键绑定到细胞膜的磷脂双分子层上,维持脂质体在逆境条件下相态的改变,修复胁迫对膜的损伤,有效地稳定细胞膜结构<sup>[26]</sup>。本研究结果表明, *Ta6-SFT* 在干旱耐受型小麦中低—高一中的表达模式有利于叶片中果聚糖的累积,但果聚糖具体抗旱分子机制还不十分清楚,推测 *Ta6-SFT* 表达产物催化果聚糖的合成,果聚糖积累增加了渗透势,增强与磷脂相互作用,减少植物因缺水引起的伤害,提高植物抗旱性。

## 4 结 论

本研究发现干旱胁迫 48 h,干旱耐受型小麦的相对水分质量分数、果聚糖累积量和 4 种功能基因的相对表达量较敏感型高,表明 4 种功能基因参与了小麦的干旱胁迫应答过程。同时 4 种基因的表达产物分别分布在细胞壁、细胞膜和细胞质中, *TaLTP1* 通过转录调控脂质转运蛋白的合成参与小麦表皮层蜡质合成和运输,减少水分的散失; *TaEXPB23* 通过调控膨胀素合成参与植物细胞壁伸展扩充,提高植物对逆境的适应能力; *TaAQP7* 通过调节水通道蛋白的合成参与水分运输,维持植物体内水分平衡; *Ta6-SFT* 通过调控分布在细胞质和液泡中的果聚糖质量分数参与渗透调节,提高植物抗旱性。综合分析认为,植物通过在分子水平上调控抗旱相关基因的表达,在细胞水平上应答和抵抗干旱胁迫,进而整体表现出抗旱性。干旱胁迫下 4 种功能基因在干旱敏感型小麦品种中的表达模式为低—高一低,耐受性中为低—高一中。因此,可以将干旱胁迫后 *TaLTP1*、*TaEXPB23*、*TaAQP7* 和 *Ta6-SFT* 的表达模式作为评估小麦抗旱性的参考指标。

## 参考文献 Reference:

- [1] RASHID M R, SHOAI D U R, JUNAID A, *et al.* A comprehensive overview of recent advances in drought stress tolerance research in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Asian Agricultural Biology*, 2013, 1(1): 29-37.
- [2] CAMERON K D, TEECE M A, SMART L B. Increased accumulation of cuticular wax and expression of lipid transfer protein in response to periodic drying events in leaves of tree tobacco [J]. *Plant Physiology*, 2006, 140(1): 176-183.

- [3] KRASENSKY J, JONAK C. Drought, salt, and temperature stress-induced metabolic rearrangements and regulatory networks[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2012, 63(4):1593-1608.
- [4] JANG C S, KIM D S, BU S Y, *et al.* Isolation and characterization of lipid transfer protein (LTP) genes from a wheat-rye translocation line[J]. *Plant Cell Reportes*, 2002, 20: 961-966.
- [5] 王多佳, 胡宝忠. 膨胀素在植物生长发育中的作用[J]. 植物生理学报, 2013, 49(1):19-23.  
WANG D J, HU B ZH. The Role of Expansin in Plant Growth and Development[J]. *Plant Physiology Journal*, 2013, 49(1):19-23 (in Chinese).
- [6] LI F, HAN Y, FENG Y, *et al.* Expression of wheat expansin driven by the RD29 promoter in tobacco confers water-stress tolerance without impacting growth and development[J]. *Journal of Biotechnology*, 2013, 163(3):281-291.
- [7] MAUREL C, VERDOUCQ L, LUU D T, *et al.* Plant aquaporins; Membrane channels with multiple integrated functions[J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2008, 59:595-624.
- [8] ZHOU S Y, HU W, DENG X M, *et al.* Overexpression of the wheat aquaporin gene, *TaAQP7*, enhances drought tolerance in transgenic tobacco [J]. *PLoS ONE*, 2012, 7(12):e52439.
- [9] 高翔, 余茂云, 殷桂香, 等. 小麦果聚糖合成酶基因 *6-SFT* 克隆和功能验证[J]. 科技导报, 2009, 27(23):70-75.  
GAO X, SHE M Y, YIN G X. Isolation and Functional Determination of Fructan Biosynthesis Enzyme Encoding Gene *6-SFT* from Common Wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Science & Technology Review*, 2009, 27(23):70-75 (in Chinese).
- [10] 李淑洁, 李静雯, 张正英. *Ta6-SFT* 在烟草中的逆境诱导型表达及抗旱性[J]. 作物学报, 2014, 40(6):994-1001.  
LI SH J, LI J W, ZHANG ZH Y. Expression of *Ta6-SFT* Gene in Tobacco Induced by Drought Stress [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2014, 40(6):994-1001 (in Chinese).
- [11] 李淑洁, 张正英. *Ta6-SFT* 基因对油菜的转化及抗旱性分析[J]. 草业学报, 2014, 23(5):161-167.  
LI SH J, ZHANG ZH Y. Expression of *Ta6-SFT* Gene in *Brassica napus* under Drought Stress[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2014, 23(5):161-167 (in Chinese).
- [12] MICHEL B E, KAUFMANN M R. The osmotic potential of polyethylene glycol 6000[J]. *Plant Physiol*, 1973, 51: 914-916.
- [13] 张志良. 植物生理实验技术指导[M]. 北京: 中国高等教育出版社, 1990:2-3.  
ZHANG ZH L. Laboratory Guide for Plant Physiology [M]. Beijing: Higher Education Press, 1990:2-3 (in Chinese).
- [14] 刘燕琼, 黄雪松. 大蒜中果聚糖的测定[J]. 食品与发酵工业, 2005, 31(8):84-86.  
LIU Y Q, HUANG X S. Determination of Fructan in Garlic[J]. *Food and Fermentation Industries*, 2005, 31(8):84-86 (in Chinese).
- [15] THOMA S, HECHT U, KIPPERS A, *et al.* Tissue-specific expression of a gene encoding a cell wall-localized lipid transfer protein from *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiology*, 1994, 105(1):35-45.
- [16] DEBONO A, YEATS T H, ROSE J K C, *et al.* Arabidopsis LTPG is a glycosylphosphatidyl-inositol-anchored lipid transfer protein required for export of lipids to the plant surface[J]. *The Plant Cell Online*, 2009, 21(4):1230-1238.
- [17] LEMIEUX B. Molecular genetics of epicuticular wax biosynthesis[J]. *Trends in Plant Science*, 1996, 1(9):312-318.
- [18] VESELOV D S, SABIRZHANOVA I B, SABIRZHANOV B E, *et al.* Changes in expansin gene expression, IAA content, and extension growth of leaf cells in maize plants subjected to salinity[J]. *Russian Journal of Plant Physiology*, 2008, 55(1):101-106.
- [19] LEE Y, CHOI D, KENDE H. Expansins: ever-expanding numbers and functions[J]. *Curr Opin Plant Biol*, 2001, 4: 527-532.
- [20] ZHAO M, LI F, FANG Y, *et al.* Expansin-regulated cell elongation is involved in the drought tolerance in wheat[J]. *Protoplasma*, 2011, 248(2):313-323.
- [21] LI F, XING S, GUO Q, *et al.* Drought tolerance through over-expression of the expansin gene *TaEXPB23* in transgenic tobacco [J]. *Journal of Plant Physiology*, 2011, 168(9):960-966.
- [22] COSGROVE D J. How do plant wall extend? [J]. *Plant Physiology*, 1993, 102:1-6.
- [23] TYERMAN S D, NIEMIETZ C M, BRAMLEY H. Plant aquaporins; multifunctional water and solute channels with expanding roles[J]. *Plant Cell and Environment*, 2002, 25:173-194.
- [24] SARDA X, TOUSCH D, FERRARE K, *et al.* Two TIP-like genes encoding aquaporins are expressed in sunflower guard cells[J]. *The Plant Journal*, 1997, 12(5):1103-1111.
- [25] LIAN H L, Y X, YE Q, *et al.* The role of aquaporin RWC3 in drought avoidance in rice[J]. *Plant and Cell Physiology*, 2004, 45:481-489.
- [26] VALLURU R, VAN DE W. Plant fructans in stress environments; emerging concepts and future prospects [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2008, 59(11):2905-2916.

## Expression of Functional Genes and Physiological Indicators Analysis Induced by Drought Stress in Various Wheat (*Triticum aestivum* L.)

HAN Cuiying, LIU Bingyan and LIU Huqi

(College of Life Science, Northwest A&F University, Yangling Shaanxi 712100, China)

**Abstract** Real-time quantitative PCR (RT-PCR) was used to detect relative expression levels of *TaLTP1*, *TaEXPB23*, *TaAQP7* and *Ta6-SFT* in different varieties of wheat. In addition, relative water mass fraction and fructan mass fraction were analyzed at the same time. Results showed that the expression levels of four functional genes increase notably firstly and then decreased, however, the expression levels of four genes in two drought-tolerant wheat cultivars were always higher than those in two drought-sensitive wheat cultivars under drought stress condition. The drought-tolerant wheat cultivars lost water more slowly and accumulated a greater amount of fructan than the drought-sensitive wheat cultivars under drought stress condition. The results suggest that those four functional genes probably played a role in drought tolerance in wheat. The expression levels of four function genes could be appraisal indices of drought-tolerance of wheat. This study provides a good index to identify drought-resistance cultivar.

**Key words** Wheat; Drought stress; *TaLTP1*; *TaEXPB23*; *TaAQP7*; *Ta6-SFT*

**Received** 2015-02-08

**Returned** 2015-03-15

**Foundation item** Supported by the Young Academic Foundation of Northwest Agriculture and Forestry University (No. 01140302).

**First author** HAN Cuiying, female, master. Research area: plant drought resistance. E-mail: 1115340097@qq.com

**Corresponding author** LIU Huqi, male, Ph. D, associate professor, master supervisor. Research area: plant molecular genetics, plant drought resistance and plant developmental biology. E-mail: liuhuqi@nwsuaf.edu.cn