

植物中介体及其在非生物胁迫调控中的功能研究综述

梁红莲

(重庆大学生物工程学院, 重庆 400000)

摘要: 中介体复合物(Mediator Complex)是多蛋白复合物, 在真核生物的转录装置中发挥着重要作用。中介体可参与调控植物的生长发育以及对非生物胁迫的响应。本文概述了中介体复合物的结构、命名方式和在转录调控中的功能, 以及中介体参与植物对干旱、高盐、低温和渗透胁迫等环境下响应。

关键词: 中介体; 植物; 非生物胁迫; 调控

中图分类号: Q945.78 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2019)03-0072-07

doi: 10.3969/j.issn.1001-1463.2019.03.015

Research Progress of Plant Mediators and Their Functions in the Regulation of Abiotic Stress

LIANG Honglian

(Biology College of Chongqing University, Chongqing 400000, China)

Abstract: Mediator Complex is a polyprotein complex, which plays an important role in eukaryotic transcription devices. Mediators are involved in regulating plant growth and development and in response to abiotic stresses. This paper summarizes the mediator's structure, nomenclature and functions in transcriptional regulation, and its participation in plant response to drought, high salinity, low temperature and osmotic stress.

Key words: Mediators; Plant; Abiotic stress; Regulation

中介体最早从酵母中发现。在转录过程中, 一个基因的特异性转录因子能够降低其他转录因子的活性^[1]。为了解释这一现象, Kelleher^[2]等用酵母粗提物的一种成分来代替之前加入的 RNA 聚合酶 II (pol II) 和通用转录因子 (general transcription factors, GTFs), 而这种活性蛋白恰好能够抵消之前出现的干扰现象, 于是, 这种成分被命名为中介体。

植物中介体分布广泛, 从苔藓到开花植物。在陆地植物进化过程中, 中介体基因的数量和功能呈多样性显著增加, 可参与调控植物胚胎的形成、开花、芽分生组织的发育、根毛的形成以及种子的发育等, 此外, 还与各种非生物胁迫环境有着密不可分的关系。

非生物胁迫包括干旱、高盐、低温、高温和渗透胁迫等, 在这种环境胁迫下, 植物体内可诱发一系列的生理生化反应, 包括活性氧含量增加、细胞膜受到破坏等, 导致植物生长迟缓、畸形甚至死亡。近年来, 关于植物中介体响应非生物胁迫方面已取得了一定的研究进展, 例如, 拟南芥 *med 25* 突变体与野生型相比, 对盐胁迫表现出更高的敏感性^[3]。然而, 还有很多植物中介体基因在非生物胁迫中的功能尚不清楚。笔者概述了中介体的结构及命名、在转录调控中以及在非生物胁迫中的功能, 对于分离和鉴定植物抗逆相关的中介体基因以及分子育种具有重要意义。

收稿日期: 2019-01-07

作者简介: 梁红莲 (1992—), 女, 河南郑州人, 硕士, 主要研究方向为植物分子生物学。联系电话: (0)15723318558。Email: 20161902007t@cqu.edu.cn。

1 中介体

1.1 中介体的结构及命名

1.1.1 结构 植物中介体首次从拟南芥中分离和鉴定^[4]，后来，在水稻、烟草、大豆、番茄等植物中也鉴定出中介体的存在。中介体是一个多蛋白复合物，由头部、中部、尾部和激酶模块组成，每个模块含有不同的亚基(图1)。事实上从酵母到高等生物，中介体在亚基组成和亚基序列上都表现出较高的保守性。根据物种的不同，中介体亚基的数量可以从 25 ~ 35 个不等，酵母中介体含有 25 个亚基，其中至少 22 个亚基在真核生物

中具有一定的保守性^[5]。

1.1.2 命名 中介体的命名方式多样。为了方便使用，对中介体采取统一的命名方法，MED 作为 Mediator Complex 的缩写，不同的数字表示不同的亚基。此外，还对不同物种的同源蛋白作了比对，为后续的研究提供重要的参考价值^[5]。

1.2 中介体在转录调控中的功能

在转录过程中，中介体承担两种角色：激活转录和抑制转录。转录预备阶段，中介体的头部和中部与 RNA 聚合酶 II 直接接触，尾部与活化蛋白相互作用，促进转录的起

模块	亚基	At	At*	Gm*	Sl*	Os*	Zm*
头部	Med6	1	1	1	3	1	1
	Med8	1	1	1	2	1	1
	Med11	1	1	2	1	2	2
	Med17	1	1	3	1	1	1
	Med18	1	1	3	1	1	1
	Med19	1	2	4	4	2	3
	Med20	1	2	2	1	1	2
	Med22	2	2	2	1	2	1
	Med28	1	1	2	1	1	1
	Med30	0	1	2	1	1	2
中部	Med1	0	0	0	0	0	0
	Med4	1	1	3	2	2	2
	Med7	2	2	2	1	1	2
	Med9	1	1	2	0	2	2
	Med10	2	2	2	1	1	3
	Med21	1	1	1	1	1	1
	Med31	1	1	2	1	2	1
尾部	Med2/29/32	1	1	2	3	1	1
	Med3/27	1	1	2	0	1	1
	Med5/24/33	2	2	6	0	3	4
	Med14	1	1	2	0	2	1
	Med15	1	3	3	0	2	2
	Med16	1	1	3	0	1	1
	Med33	1	1	1	1	1	1
未知	Med25	1	1	1	2	1	1
	Med26	0	3	4	2	3	5
	Med34	1	1	1	0	2	1
	Med35	1	3	5	0	1	0
	Med36	1	2	3	1	2	1
	Med37	2	6	12	3	8	6
激酶	Med12	0	1	4	0	2	1
	Med13	0	1	1	0	1	1
	Cdk8	0	1	5	1	1	1
	CycC	0	2	2	1	1	1

图 1 常见植物中介体亚基的数量及分布

①不加*的为纯化的亚基，即拟南芥(*At*)；加*的为预测的亚基，即拟南芥(*At**)、大豆(*Gm**)、番茄(*Sl**)、水稻(*Os**)、玉米(*Zm**)。

始^[6]。实验表明,中介体在转录起始之后仍然停留在启动因子上,与转录因子一同结合形成一种支架结构,可供 pol II 的再结合和促进转录起始复合物的再形成^[7]。除此之外,有的中介体还能够抑制转录,这主要与中介体复合物的 Srb8-11 组件有关。酵母中 Srb10 可结合辅阻抑蛋白从而募集含有该组件的中介体,加强对转录的抑制^[8]。植物中的 Srb10、Srb11,即 CDK8、Cyclin C,同样对转录起抑制作用。具有激酶活力的 CDK8 可磷酸化 TF II H,从而使 TF II H 丧失磷酸化 pol II 最大的亚基 Rpb1 的羧基端结构域 CTD 的能力,因此转录无法进行^[9]。

2 植物中介体在非生物胁迫中的功能

中介体参与植物的各个生长发育阶段,例如影响植物胚胎形成的时期^[10]、细胞增殖和芽分生组织发育^[11]、控制开花时间^[12]、参与根毛的生成^[13]以及种子的发育^[14]等。此外,中介体在植物对非生物胁迫环境的响应中也发挥着重要的作用^[15]。在不同的非生物胁迫下,包括干旱、高盐、低温和渗透胁迫等。中介体复合物在植物响应非生物胁迫中发挥的功能见表 1。

2.1 植物中介体在干旱胁迫中的功能

拟南芥 *AtMed 25* 是控制开花的关键基因, *med 25* 突变体具有开花延迟的表型,这可能直接影响到对干旱胁迫的响应^[16]。Nils Elfving 等^[3]指出, *med25* 的抗旱性增强,同时干旱胁迫相关基因(*Rd29A*、*Rd29B* 以及 *dreb2a*)表达水平发生变化。Li 等^[17]将野生型与 *Atmed19a* 突变体干旱处理 14 d 后发现, *med19a* 叶片枯萎更严重,复水实验显示突变体恢复生长的比率较野生型低,这说明 *AtMed19a* 在抗旱的信号通路中起正调控的作用。Mathur 等^[18]利用全基因组芯片数据探究了拟南芥和水稻中介体亚基(*Med*、*Cdk8*、*CycC*, 即 *MCC*)在不同胁迫环境(干旱、低温、高盐)下的响应情况,结果显示, 29 个 *OsMCC* 和 4 个 *AtMCC* 至少在一种环

境胁迫中表达量发生变化;有 10 个 *OsMCC* 在至少两种不同环境胁迫下呈现差异表达,其中 *OsMed37_1*、*OsMed37_3*、*OsMed37_6* 在干旱胁迫下表达量较高。魏荷等^[19]分析了大豆中介体亚基对脱水处理的响应,发现 *Med26* 的 2 个同源基因的表达水平在各个时期均呈显著性下调, *Med36* 的 4 个同源基因以及 *Med37* 的 1 个同源基因在脱水 1 h 后表达量升高。王晶等^[20]通过同源搜索得到玉米基因组中有 2 个 *MED7* 基因 (*ZmMED7-1* 和 *ZmMED7-2*),将其转到拟南芥中过表达,其中 *ZmMED7-1* 表达量较高。对野生型和转基因株系干旱处理发现,转基因株系耐旱性降低,其中具有较高表达量的 *ZmMED7-1* 失绿最严重;复水实验表明,转基因株系复活率降低, *ZmMED7-1* 复活率最低,说明 *ZmMED7* 在对干旱的响应中起负调控作用。

2.2 植物中介体在高盐胁迫中的功能

Med25 在抗盐胁迫响应中起正调控作用。研究表明,在不同浓度的 NaCl 处理下, *Atmed25* 突变体萌发率较低。Nils Elfving 等^[3]还通过使用基因打靶技术删除了 *PpMED25A* (编码苔藓中完整的 *Med25* 蛋白的单一基因)来证实 *Med25* 的抗盐功能在陆生植物中是保守的,这体现了中介体亚基在进化过程中具有相对保守性。在盐害胁迫条件下, *ZmMED7-1* 和 *ZmMED7-2* 基因的表达水平均呈下调趋势。此外,将上述 2 个基因转入拟南芥中过表达发现, *ZmMED7-1* 导致拟南芥在种子萌发时期对盐处理更为敏感,而 *ZmMED7-2* 转基因萌发率较对照组相比没有显著差异,推测这是由两基因表达量不同引起的。总之, *ZmMED7* 基因作为负调控因子参与了植物对高盐胁迫的应答^[20]。在大豆中,盐胁迫 1 h 后, *Glyma20g26210* (*Med21*)和 *Glyma18g52610* (*Med37*)表达量上调,盐胁迫 6 h 后 *Glyma13g31480* (*Med16*)、*Glyma13g21350* (*Med26*)和 *Glyma19g37410* (*Med26*)表达量出现明显上调,此外, *Gly-*

表 1 已知与非生物胁迫相关的植物中介体亚基及功能

亚基名称	方法	物种	胁迫类型	表型	参考文献		
<i>AtMed25</i>	突变体	拟南芥	干旱	抗旱	[3]		
			铁离子缺失	更敏感	[23]		
			高盐	不抗盐	[3]		
<i>AtMed19a</i>			干旱	不抗旱	[17]		
<i>AtMed16</i>			低温	不抗冻	[21]		
			铁离子缺失	更敏感	[23]		
			甘露醇	更敏感	[24]		
<i>AtMed14</i>			低温	不抗冻	[22]		
<i>AtMed2</i>			低温	不抗冻	[22]		
<i>OsMed37_1</i>			基因芯片	水稻	干旱	表达量较高	[18]
					高盐	表达量上调	[18]
<i>OsMed37_3</i>					干旱	表达量较高	[18]
					高盐	表达量上调	[18]
<i>OsMed37_6</i>					高盐	表达量上调	[18]
	干旱	表达量较高			[18]		
<i>OsMed37_2</i>	低温	表达量上调			[18]		
<i>OsMed37_4</i>	低温	表达量上调			[18]		
<i>OsMed26_2</i>	低温	表达量上调			[18]		
<i>OsMed26_3</i>	低温	表达量显著上调			[18]		
<i>OsMed11_1</i>	低温	表达量上调			[18]		
<i>OsMed36_2</i>	低温	表达量显著上调			[18]		
<i>OsMed16</i>	<i>Atsfi6</i> 背景下异源表达 转录组测序、MeV 表达谱分析	<i>OsSFR6</i> 拟南芥 大豆			低温	抗低温能力恢复	[15]
<i>Glyma13g21350</i>					脱水	表达量下调	[19]
			高盐	被诱导表达	[19]		
<i>Glyma19g37410</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
			高盐	被诱导表达	[19]		
<i>Glyma11g36090</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
<i>Glyma04g37770</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
<i>Glyma18g02340</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
<i>Glyma06g17310</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
<i>Glyma18g52610</i>			脱水	被诱导差异表达	[19]		
			高盐	被诱导表达	[19]		
<i>Glyma01g44910</i>			高盐	表达量下调	[19]		
<i>Glyma20g26210</i>			高盐	被诱导表达	[19]		
<i>Glyma13g31480</i>			高盐	被诱导表达	[19]		
<i>ZmMED7</i>	表达模式	玉米	高盐	表达量下调	[20]		
			PEG	表达量下调	[20]		
			过表达	拟南芥	干旱	不抗旱	[20]
			高盐	不抗盐	[20]		

ma01g44910 (*Med37*) 在盐处理 1 h 和 6 h 后均下调。这些数据说明大豆中介体亚基可能参与盐胁迫响应^[19]。水稻基因组芯片数据结果显示, 3 个中介体基因(*OsMed37_1*、*OsMed37_3*、*OsMed37_6*) 在高盐处理下表达量明显上调, 表明这 3 个基因可能参与水稻对盐胁迫的调控^[18]。

2.3 植物中介体在低温胁迫中的功能

Knight 等^[21]通过分析 *AtMed16* [之前称

为 *SENSITIVE TO FREEZING6* (*SFR6*)] 在低温胁迫下的响应, 发现 *sfr-6* 突变体相对于野生型存活率降低, 并且低温相关基因 *COLD ON-REGULATED* (*COR*) 的表达水平降低。此外有研究表明, *AtMed14* 和 *AtMed2* 与 *AtMed16* 共同影响 *COR* 基因的表达, 因此 *AtMed14* 和 *AtMed2* 在低温途径中也发挥着重要的作用^[22]。Wathugala^[15]等从水稻基因组中分离出了拟南芥 *AtSFR6* 的同

源基因 *OsSFR6*, 在 *Atsfr6* 的背景下异源表达 *OsSFR6*, 发现突变体 *Atsfr6* 表型可恢复, 并且 *COR* 表达水平以及抗低温能力与野生型相当。Mathur 等^[18]通过对水稻中介体亚基基因响应不同胁迫的分析, 发现在低温胁迫中, 6 个水稻中介体基因 (*OsMed37_4*、*OsMed26_2*、*OsMed37_2*、*OsMed11_1*、*OsMed26_3*、*OsMed36_2*) 呈差异表达, 其中 *OsMed26_3*、*OsMed36_2* 表达量较高, 推测这 6 个基因可能与植物的低温胁迫响应有关。

2.4 植物中介体在其他胁迫中的功能

AtMed16 对维持植物体内铁离子平衡具有重要作用。Yang 等^[23]发现, *med16* 突变体对铁离子缺陷更为敏感, 并且 *med25* 具有和 *med16* 相同的表型。玉米 *ZmMED7-1* 和 *ZmMED7-2* 在不同浓度的 ABA 和 PEG 处理下, 其表达量均受到抑制, 推测 *ZmMED7-1* 和 *ZmMED7-2* 可能参与植物对 ABA 及渗透胁迫反应^[20]。Boyce 等^[24]通过增加甘露醇的浓度检测 *Atsfr6/med16* 对渗透胁迫的响应, 发现突变体相比于野生型生长受到严重抑制, 因此, *sfr6/med16* 对渗透胁迫更敏感。同时这也为研究 *AtMed16* 对干旱胁迫的响应提供了参考。另外, Wathugala^[15]将水稻基因 *SFR6* 在拟南芥 *sfr6* 中异源表达发现, *35s::Os SFR6* 对不同浓度甘露醇的响应水平与野生型基本一致, 而 *Atsfr6* 的对渗透胁迫的抗性较差。

3 小结与展望

通过对植物中介体在非生物胁迫中功能的具体分析发现, 在众多的植物 (拟南芥、水稻、玉米、大豆等) 中, 中介体参与对干旱、高盐、低温以及渗透胁迫等的调控, 并且不同物种的同源基因可能具有相似的功能, 比如 *OsMed16* 和 *AtMed16* 在低温响应中都发挥正调控作用^[15, 21], 这也体现了中介体在进化过程中具有一定的保守性。中介体在对非生物胁迫响应的过程中, 与该胁迫相关的基因表达量可能会发生变化, 推测中

介体基因通过影响胁迫相关基因的表达来控制植物的表型。另外, 通过对不同中介体响应非生物胁迫的总结, 可为全面深入研究植物中介体的功能打下基础, 并为培育抗旱、抗盐、抗冻的新型作物提供重要参考。

目前, 在中介体参与植物非生物胁迫方面, 仍然有很多中介体亚基的功能还未被确定, 比如对水稻、大豆和玉米的大多数中介体参与非生物胁迫调控的研究只停留在预测阶段, 对蔬菜作物番茄和粮食作物小麦中介体的相关研究较少; 另一方面, 中介体对胁迫响应的调控是一个复杂的信号网络, 牵涉到多个基因的参与, 而目前对这个具体的信号通路暂时还不清楚。此外如何将已有的研究正确应用于农业, 进行作物优良品种的改良和新品种的选育也是摆在我们面前的重要问题^[25]。因此对植物中介体在非生物胁迫中的功能和应用还需进一步研究。

参考文献:

- [1] G GILL, M PTASHNE. Negative effect of the transcriptional activator GAL4[J]. Nature, 1988, 334(6184): 721-724.
- [2] R J KELLEHER, P M FLANAGAN, ARD KORNBERG. A novel mediator between activator proteins and the RNA polymerase II transcription apparatus [J]. Cell, 1990, 61(7): 1209-1215.
- [3] NILS ELFVING, CÉLINE DAVOINE, REYES BENLLOCH, et al. The *Arabidopsis thaliana* Med25 mediator subunit integrates environmental cues to control plant development. [J]. PNAS, 2011, 108(20): 8245-8250.
- [4] BACKSTROM S, ELFVING N, NILSSON R, et al. Purification of a plant mediator from *Arabidopsis thaliana* identifies PFT1 as the Med25 subunit [J]. Mol. Cell, 2007, 26(5), 717-729.
- [5] H M BOURBON, A AGUILERA, A Z ANSARI, et al. A unified nomenclature for protein subunits of mediator complexes linking transcriptional regulators to RNA polymerase II [J]. Molecular Cell, 2004, 14(5): 553-557.

- [6] J M PARK, H S KIM, S J HAN, et al. In vivo requirement of activator-specific binding targets of mediator[J]. *Molecular & Cellular Biology*, 2000, 20(23): 8709-8019.
- [7] N YUDKOVSKY, J A RANISH, S HAHN. A transcription reinitiation intermediate that is stabilized by activator[J]. *Nature*, 2000, 408(6809): 225-229.
- [8] S BJÖRKLUND, C M GUSTAFSSON. The yeast Mediator complex and its regulation[J]. *Trends in Biochemical Sciences*, 2005, 30(5): 240-244.
- [9] S AKOULITCHEV, S CHUIKOV, D REINBERG. TFIIH is negatively regulated by cdk8-containing mediator complexes[J]. *Nature*, 2000, 407(6800): 102-106.
- [10] GILLMOR C S, PARK M Y, SMITH M R, et al. The MED12-MED13 module of Mediator regulates the timing of embryo patterning in *Arabidopsis*[J]. *Development*, 2010, 137(1): 113-122.
- [11] AUTRAN D, JONAK C, BELCRAM K, et al. Cell numbers and leaf development in *Arabidopsis*: a functional analysis of the STRUWWELPETER gene[J]. *EMBO J.*, 2002; 21(22): 6036-6049.
- [12] KIDD B N, EDGAR C I, KUMAR K K, et al. The Mediator complex subunit PFT1 is a key regulator of jasmonate-dependent defense in *Arabidopsis*[J]. *Plant Cell*, 2009, 21(8): 2237-2252.
- [13] SUNDARAVELPANDIAN, KALAIPANDIAN, CHANDRIKA, et al. PFT1, a transcriptional Mediator complex subunit, controls root hair differentiation through reactive oxygen species (ROS) distribution in *Arabidopsis* [J]. *New Phytol.*, 2012, 197(1): 151-161.
- [14] THAKUR J K, AGARWAL P, PARIDA S, et al. Sequence and expression analyses of KIX domain proteins suggest their importance in seed development and determination of seed size in rice, and genome stability in *Arabidopsis* [J]. *Mol. Genet. Genomics: MGG*, 2013, 288(7): 329-346.
- [15] DEEPTHI L WATHUGALA, SHANE A RICHARDS, HEATHER KNIGHT, et al. OsSFR6 is a functional rice orthologue of sensitive to freezing-6 and can act as a regulator of COR gene expression, osmotic stress and freezing tolerance in *Arabidopsis* [J]. *New Phytol*, 2011, 191(4): 984-995.
- [16] P D CERDÁN, J CHORY. Regulation of flowering time by light quality [J]. *Nature*, 2003, 423(6942): 881-885.
- [17] LI XIAOHUI, YANG RUI, GONG YIFU, et al. The *Arabidopsis* Mediator complex subunit MED19a is involved in ABI5-mediated ABA responses[J]. *Journal of Plant Biology*, 2018, 61(2): 97-110.
- [18] SALONI MATHUR, SHAILENDRA VYAS, SANJAY KAPOOR, et al. The Mediator complex in plants: Structure, phylogeny, and expression profiling of representative genes in a dicot (*Arabidopsis*) and a monocot (rice) during reproduction and abiotic stress [J]. *Plant physiology*, 2011, 157(4): 1609-1627.
- [19] 魏 荷, 李海朝, 练 云, 等. 大豆中介体亚基基因鉴定及表达特性分析[J]. *大豆科学*, 2016, 35(1): 31-38.
- [20] 王 晶, 赵 军, 宗 娜. 玉米中介体亚基 ZmMED7 基因的克隆及表达分析[J]. *生物技术进展*, 2016, 6(5): 328-335.
- [21] KNIGHT H, MUGFORD NEE GARTON S G, ULKER B, et al. Identification of SFR6, a key component in cold acclimation acting post-translationally on CBF function [J]. *The Plant Journal*, 2009, 58(1): 97-108.
- [22] HEMSLEY P A, HURST C H, KALIYADASA E, et al. The *Arabidopsis* Mediator complex subunits MED16, MED14, and MED2 regulate mediator and RNA polymerase II recruitment to CBF-responsive cold-regulated genes[J]. *The Plant Cell*, 2014(1), 26: 465-484.
- [23] YAN YANG, BIN OU, JINZHE ZHANG. The *Arabidopsis* Mediator subunit MED 16 regulates iron homeostasis by associating with EIN 3/ EIL 1 through subunit MED 25 [J].

垄作沟灌栽培技术的研究进展

薛亮¹, 马忠明², 吕晓东², 唐文雪¹, 连彩云¹, 王智琦¹, 冯守疆¹

(1. 甘肃省农业科学院土壤肥料与节水农业研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省农业科学院, 甘肃 兰州 730070)

摘要: 综述了河西走廊绿洲灌区垄作沟灌栽培技术对土壤和作物的影响及节水效益, 指出在垄作沟灌技术主要技术参数、垄作沟灌条件下作物生理反应、垄作沟灌技术条件下的水肥耦合模式、垄作沟灌对土壤养分损失的影响等方面还需深入研究。

关键词: 垄作沟灌; 节水; 栽培; 效益; 河西走廊

中图分类号: S318 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2019)03-0078-05

[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2019.03.016](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2019.03.016)

Research Progress on the Technology of Ridge Tillage with Ditch Irrigation

XUE Liang¹, MA Zhongming², LÜ Xiaodong¹, TANG Wenxue¹, LIAN Caiyun¹, WANG Zhiqi¹, FENG Shoujiang¹

(1. Institute of Soil, Fertilizer and Water-saving Agriculture, Gansu Academy of Agricultural Science, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China)

Abstract: This article reviewed the affection of the technology of ridge tillage with ditch irrigation on soil and crop and the water-saving benefits in the oasis irrigation area of Hexi Corridor. It was pointed out that the key technical parameters of ridge tillage with ditch irrigation techniques, the physiological responses of crops and the coupling model of water and fertilizer under ridge tillage with ditch irrigation conditions, and the effects of ridge tillage with ditch irrigation on soil nutrient losses, were the fields necessarily to be studied further.

Key words: Ridge tillage with ditch irrigation; Water saving; Cultivation; Benefit; Hexi Corridor

河西走廊绿洲灌区地处我国西北干旱区, 水资源短缺是制约该区域农业可持续发展

收稿日期: 2019-01-21

基金项目: 中澳合作基金项目“甘肃省河西走廊高产农田水肥资源高效调控技术研究”(2007DFA91560); 甘肃省农业科学院农业科技创新专项计划 (2017GAAS25、2017GAAS72)。

作者简介: 薛亮 (1982—), 男, 甘肃永登人, 助理研究员, 主要从事节水农业研究工作。联系电话: (0)13893355571。Email: xuel_3521@163.com。

通信作者: 马忠明 (1963—), 男, 甘肃民勤人, 研究员, 主要从事节水农业研究工作。Email: mazhming@163.com。

[24] BOYCE J M, KNIGHT H, DEYHOLOS M, et al. The sfr6 mutant of *Arabidopsis* is defective in transcriptional activation via CBF/DREB1 and DREB2 and shows sensitivity to osmotic stress[J]. The Plant Journal, 2003, 34(4): 395-406.

[25] QIN F, SHINOZAKI K, YAMAGUCHI S K. Achievements and challenges in understanding plant abiotic stress responses and tolerance [J]. Plant Cell Physiol, 2011, 52(9): 1569-1582.

(本文责编: 杨 杰)