

千里光茎和叶的差异表达基因分析

谢欣^{1,2}, 钱秋博言², 贺莉芳², 李林¹, 杨春先¹, 左青青¹, 钱刚^{1,①}

(1. 遵义医科大学细胞生物学教研室, 贵州 遵义 563000; 2. 黔南民族医学高等专科学校护理系, 贵州 都匀 558003)

摘要: 以千里光(*Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don)强抗菌性植株 SC-32 为研究对象,分别提取其茎和叶的总 RNA,经质量检测合格后构建 cDNA 文库,利用 Illumina HiSeq™ 2500 高通量测序平台对千里光茎和叶的 cDNA 文库进行转录组测序,筛选差异表达基因,并运用 Nr、Swiss-Prot、KEGG 和 COG 数据库对差异表达基因进行功能分析。结果表明:从千里光茎和叶的 cDNA 文库中分别获得 26 147 016 和 26 996 119 个 clean reads, Q30 值分别为 95.17% 和 94.74%, 说明其转录组测序结果良好。从千里光的茎和叶中共筛选到 10 991 个差异表达基因,以茎中差异表达基因的表达量为基准,叶中上调的差异表达基因有 5 542 个,下调的差异表达基因有 5 449 个。千里光的茎和叶中共有 7 683 个差异表达基因被 GO 功能注释成生物过程、细胞组分和分子功能 3 个大类 53 个亚类,且这些差异表达基因与信号传导途径、次生代谢过程、细胞组分合成和酶催化活性等密切相关。KEGG 代谢通路分析结果表明:共有 4 527 个差异表达基因,涉及 50 个代谢通路,主要参与碳代谢、氨基酸生物合成及淀粉和蔗糖代谢。研究结果显示:千里光茎和叶的差异表达基因具有器官特异性,并且,其茎和叶的分化和形成与多糖和蛋白质累积密切相关。

关键词: 千里光; 高通量测序; 差异表达基因; 茎和叶

中图分类号: Q946-33; Q786; S567.23⁺9 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2019)01-0010-06

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2019.01.02

Analysis on differentially expressed genes in stem and leaf of *Senecio scandens* XIE Xin^{1,2}, QIAN Qiuboyan², HE Lifang², LI Lin¹, YANG Chunxian¹, ZUO Qingqing¹, QIAN Gang^{1,①} (1. Department of Cell Biology, Zunyi Medical University, Zunyi 563000, China; 2. Department of Fundamental Nursing, Qiannan Medical College for Nationalities, Duyun 558003, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2019, 28(1): 10-15

Abstract: Taking strong anti-microbial plant SC-32 of *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don as research object, total RNA from its stem and leaf was extracted, respectively, and cDNA library was constructed after qualified by quality test. Transcriptome sequencing of cDNA libraries of stem and leaf of *S. scandens* was conducted by using Illumina HiSeq™ 2500 high-throughput sequencing platform, the differentially expressed genes were screened, and their functional analyses were conducted by using Nr, Swiss-Prot, KEGG, and COG databases. The results show that 26 147 016 and 26 996 119 clean reads are obtained from cDNA libraries of stem and leaf of *S. scandens*, and their Q30 values are 95.17% and 94.74%, respectively, indicating that its transcriptome sequencing result is fine. 10 991 differentially expressed genes are totally screened from stem and leaf of *S. scandens*. Taking expression level of differentially expressed gene in stem as standard, there are 5 542 up-regulated differentially expressed genes and 5 449 down-regulated differentially expressed genes in leaf. 7 683 differentially expressed genes in stem and leaf of *S. scandens* are totally annotated by GO function into 53 sub-categories of 3 major categories (including biological process, cellular component, and molecular function), and these differentially expressed genes are closely related with signal transduction pathway, secondary metabolic

收稿日期: 2018-06-11

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31560087); 黔南民族医学高等专科学校大学生创新创业项目(QNYZ201707); 遵义医学院大学生创新项目(201751009); 贵州省科学技术厅人才成长项目(KY[2017]194); 遵义医学院博士启动基金(F-809)

作者简介: 谢欣(1990—),女,贵州瓮安人,硕士研究生,主要从事药用植物分子遗传方面的研究工作。

①通信作者 E-mail: qiangang69@sina.cn

process, cell component synthesis, and enzyme catalyze activity, etc. The analysis result of KEGG metabolic pathway shows that there are 4 527 differentially expressed genes, which relate to 50 metabolic pathways, and mainly involve in carbon metabolism, biosynthesis of amino acids, and starch and sucrose metabolism. It is suggested that differentially expressed genes in stem and leaf of *S. scandens* have organ specificity, and the differentiation and formation of stem and leaf are closely related with accumulations of polysaccharide and protein.

Key words: *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don; high-throughput sequencing; differentially expressed gene; stem and leaf

随着高通量测序 (high-throughput sequencing) 技术的快速发展,用于数字基因表达谱 (digital gene expression profiling, DGE) 研究的深度测序技术不但广泛用于有参考基因组序列的物种分析,而且能够直观显示基因组的功能元件和剪切方式,确定基因的转录结构,量化各转录本在发育过程中和不同条件下表达水平的变化,以及对所有转录产物进行分类^[1],从而实现无参考基因组序列的物种进行转录组学研究^[2-3]。由于转录组测序蕴含了大量的基因表达信息和数据量,能够更加精确地定量分析特异基因的表达水平和等位基因转录本的特异表达,目前转录组测序已成为了解控制数量性状的基因组大规模表达情况的重要手段^[4]。近年来,国内外研究者对部分经济作物和模式植物^[5-8]进行了转录组测序研究,但在中医药领域研究中却处于起步阶段。

千里光 (*Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don) 隶属于菊科 (Asteraceae) 千里光属 (*Senecio* Linn.), 为重要的传统抗菌中草药,主要用于治疗风热感冒、目赤肿痛、泄泻痢疾及皮肤湿疹疮疖等^[4,9],具有良好的开发和利用前景。目前,关于千里光的研究主要集中在化学组分和药理学作用机制等^[9]方面,而关于其功能基因组学的研究却极其匮乏。相关研究表明:千里光不同品种的抗菌性差异显著^[4],其不同部位的药效也有明显差异^[10],因此,探明千里光不同器官的功能基因差异表达对于了解其药用成分积累和主要药理作用等具有重要意义。

鉴于此,作者采用高通量测序技术对千里光强抗菌性植株 SC-32 茎和叶的 cDNA 文库进行转录组测序分析,筛选出差异表达基因,并对这些差异表达基因进行功能分析,以期揭示千里光茎和叶的差异表达基因,为采用比较基因组学 (comparative genetics) 方法筛选菊科近缘药用植物茎和叶器官分化基因及其功能验证提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

以移植到遵义医科大学细胞生物学教研室中药材种质资源大棚内的野生千里光 (来自贵州省遵义市板山地区) 强抗菌性植株 SC-32 为实验材料,经遵义医科大学细胞生物学教研室钱刚教授鉴定。

1.2 方法

1.2.1 RNA 提取和 cDNA 文库构建 取千里光 1 年生植株从上到下第 7 枚叶以上部位的茎和叶样品各 3 份,每份 0.1 g,置于液氮中充分研磨;采用 Trizol 试剂盒 [天根生化科技 (北京) 有限公司] 提取总 RNA;用质量体积分数 1% 的琼脂糖凝胶和 NanoDrop 2000 微量分光光度计 (美国 NanoDrop 公司) 检测提取的总 RNA 的纯度、浓度和完整性。

取检测合格的总 RNA 约 1 μ g,用带有 Oligo (dT) 的磁珠富集 mRNA;加入 5 \times fragmentation buffer,随机打断 mRNA;以 mRNA 为模板,采用 GeneRacer 试剂盒 (美国 Invitrogen 公司) 构建 cDNA 文库。

1.2.2 转录组测序及数据分析 使用 Illumina HiSeqTM 2500 高通量测序平台 (美国 Illumina 公司) 对 cDNA 文库进行转录组测序。利用 Trinity 软件将 Illumina HiSeqTM 2500 高通量测序平台得到的 raw data 按顺序拼接成 contig,利用 TGICL 软件进一步处理得到 unigenes。利用 FASTQC 软件对测序数据进行质量控制,剔除只含有测序接头序列的 reads、含 N 比例大于 10% 的 reads 以及低质量 reads ($Q \leq 10$ 的碱基数占整条 read 碱基数的 50% 以上),从而获得高质量 clean data;使用 SOAPaligner/SOAP2 软件将 clean reads 比对到青蒿 (*Artemisia carvifolia* Buch.-Ham. ex Roxb.) 的参考基因组中,每个 clean read 最多错配 5 个碱基,统计 clean reads 在参考基因组中的覆盖度;采用 FPKM (fragment per kilobase of exon model

per million mapped fragment)法计算基因表达量,并以 $FC \geq 2$ 且 $FDR < 0.01$ 为筛选标准(FC 为差异倍数, FDR 为错误发现率),利用 DESeq 软件^[11]筛选差异表达基因;利用 BLAST 软件(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)将 unigenes 序列比对到 NCBI 的 Nr、Swiss-Prot、KEGG 和 COG(E 值小于 1×10^{-5})数据库中,利用 Blast2GO 软件根据 Nr 注释信息进行 GO 注释,并利用 WEGO 软件^[12]对全部 unigenes 进行 GO 功能分类统计。

2 结果和分析

2.1 转录组测序结果

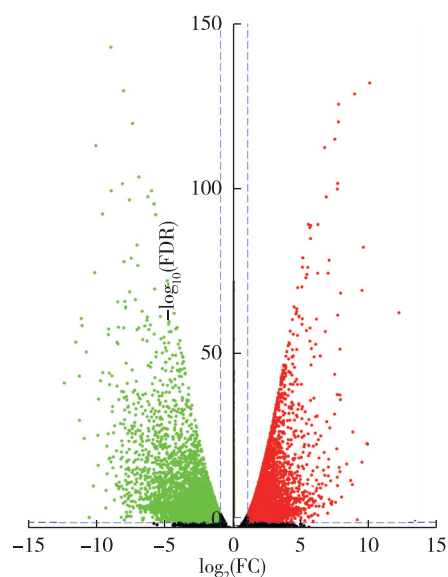
采用 Illumina HiSeq™ 2500 高通量测序平台对构建的千里光茎和叶的 cDNA 文库进行转录组测序,在对测序数据进行质量控制后,将 clean reads 与青蒿参考基因组进行比对。结果显示:从千里光茎和叶的 cDNA 文库中分别获得 26 147 016 和 26 996 119 个 clean reads, Q30 值分别为 95.17% 和 94.74%。在千里光茎和叶的 cDNA 文库中,比对到青蒿参考基因组中的 clean reads(mapped reads)分别有 20 722 491 和 21 610 120 个,所占比例分别为 79.25% 和 80.05%。其中,比对到参考基因组惟一位置的 clean reads(unique mapped reads)分别有 2 674 440 和 2 516 239 个,所占比例分别为 12.91% 和 11.64%;而比对到参考基因组多个位置的 clean reads(multimapped reads)分别有 18 048 051 和 19 093 881 个,所占比例分别为 87.09% 和 88.36%。

2.2 差异表达基因筛选结果

差异表达基因筛选结果(图 1)表明:从千里光茎和叶中共筛选到 10 991 个差异表达基因,以茎中差异表达基因的表达量为标准,叶中上调的差异表达基因有 5 542 个,占茎和叶差异表达基因总数的 50.42%,而叶中下调的差异表达基因有 5 449 个,占茎和叶差异表达基因总数的 49.58%。在筛选差异表达基因过程中,还发现 41 045 个表达量无显著差异的基因,并且,多数差异表达基因集中在 $-5 \leq \log_2(FC) \leq 5$ 、 $-\log_{10}(FDR) \leq 25$ 区域。

2.3 差异表达基因功能分析

2.3.1 GO 功能分类分析 采用 BLAST 软件对千里光茎和叶中获得的 clean reads 进行比对,共有 61 171 个 unigenes 被注释,其中差异表达基因有 7 683 个。



FDR: 错误发现率 False discovery rate; FC: 差异倍数 Fold change. 红点表示上调的差异表达基因 Red dots represent up-regulated differentially expressed genes; 绿点表示下调的差异表达基因 Green dots represent down-regulated differentially expressed genes; 横向虚线以下及纵向虚线间的黑点表示表达量无显著差异的基因 Black dots below horizontal dashed line and between vertical dashed lines represent genes without significant difference in expression level.

图 1 千里光茎和叶中差异表达基因的火山图(以茎中差异表达基因的表达量为标准)

Fig. 1 Volcano plot of differentially expressed genes in stem and leaf of *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don (taking expression level of differentially expressed genes in stem as standard)

GO 功能分类结果表明:这些差异表达基因的功能被分成生物过程(biological process)、细胞组分(cellular component)和分子功能(molecular function)3 个大类,并被细分成 53 个亚类(表 1)。在生物过程大类中,被注释为代谢过程(metabolic process)、细胞过程(cellular process)和单一生物过程(single-organism process)的全部 unigenes 和差异表达基因数量明显高于其他生物过程;在细胞组分大类中,被注释为细胞(cell)、细胞成分(cell part)、细胞器(organelle)、细胞膜(membrane)、细胞器成分(organelle part)和细胞膜成分(membrane part)的全部 unigenes 和差异表达基因数量亦较高;在分子功能大类中,被注释为催化活性(catalytic activity)和结合(binding)的全部 unigenes 和差异表达基因数量也明显高于其他分子功能。值得注意的是,全部 unigenes 和差异表达基因 GO 功能分类的富集趋势并不完全相同。

根据千里光茎和叶中全部 unigenes 和差异表达基因的 topGO 前 10 位分类统计结果(表 2),被注释

表 1 千里光茎和叶中全部 unigenes 和差异表达基因的 GO 功能分类

Table 1 GO function classification of all unigenes and differentially expressed genes in stem and leaf of *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don

GO 功能分类 GO function classification	N ₁	N ₂	GO 功能分类 GO function classification	N ₁	N ₂
生物过程 Biological process			大分子复合物 Macromolecular complex	7 497	808
代谢过程 Metabolic process	45 659	5 958	细胞外区域 Extracellular region	1 947	450
细胞过程 Cellular process	40 008	4 937	细胞连接 Cell junction	1 780	150
单一生物过程 Single-organism process	34 730	4 690	共质体 Symplast	1 778	150
应激反应 Response to stimulus	14 644	1 840	膜封闭的管腔 Membrane-enclosed lumen	1 611	78
生物调节 Biological regulation	12 849	1 639	类核 Nucleoid	86	30
定位 Localization	11 170	1 284	细胞外区域成分 Extracellular region part	43	2
细胞成分组织或生物合成 Cellular component organization or biogenesis	8 970	1 338	病毒 Virion	18	5
发育过程 Developmental process	7 401	889	病毒成分 Virion part	18	5
多细胞生物过程 Multi-cellular organism process	7 115	833	细胞外基质 Extracellular matrix	15	3
信号 Signaling	4 422	449	细胞外基质成分 Extracellular matrix part	5	0
生殖过程 Reproductive process	3 917	375	分子功能 Molecular function		
多生物过程 Multi-organism process	3 158	431	催化活性 Catalytic activity	37 127	4 832
生长 Growth	1 384	176	结合 Binding	32 752	3 741
免疫系统过程 Immune system process	1 266	172	运转活性 Transporter activity	5 210	565
繁殖 Reproduction	859	53	结构分子活性 Structural molecule activity	1 388	172
生物附着 Biological adhesion	447	50	分子传感器活性 Molecular transducer activity	1 347	92
节律过程 Rhythmic process	205	21	电子载体活性 Electron carrier activity	1 187	211
生物相 Biological phase	171	6	核酸结合转录因子活性 Nucleic acid binding transcription factor activity	745	115
运动 Locomotion	43	1	受体活性 Receptor activity	723	38
细胞杀伤 Cell killing	2	0	抗氧化活性 Antioxidant activity	611	112
细胞组分 Cellular component			酶调节活性 Enzyme regulator activity	516	65
细胞 Cell	30 059	3 699	鸟苷酸核苷酸交换因子活性 Guanylnucleotide exchange factor activity	128	7
细胞成分 Cell part	30 059	3 699	蛋白质结合转录因子活性 Protein binding transcription factor activity	107	14
细胞器 Organelle	22 518	2 878	营养库活性 Nutrient reservoir activity	27	10
细胞膜 Membrane	18 498	2 542	金属伴侣活性 Metallochaperone activity	10	0
细胞器成分 Organelle part	11 740	1 743	转录调控因子活性 Translation regulator activity	7	0
细胞膜成分 Membrane part	9 501	1 176	蛋白质标记 Protein tag	2	0

¹⁾ N₁: 全部 unigenes 数量 Number of all unigenes; N₂: 差异表达基因数量 Number of differentially expressed genes.

表 2 千里光茎和叶中全部 unigenes 和差异表达基因的 topGO 前 10 位分类统计结果

Table 2 Statistical result of the top ten of topGO of all unigenes and differentially expressed genes in stem and leaf of *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don

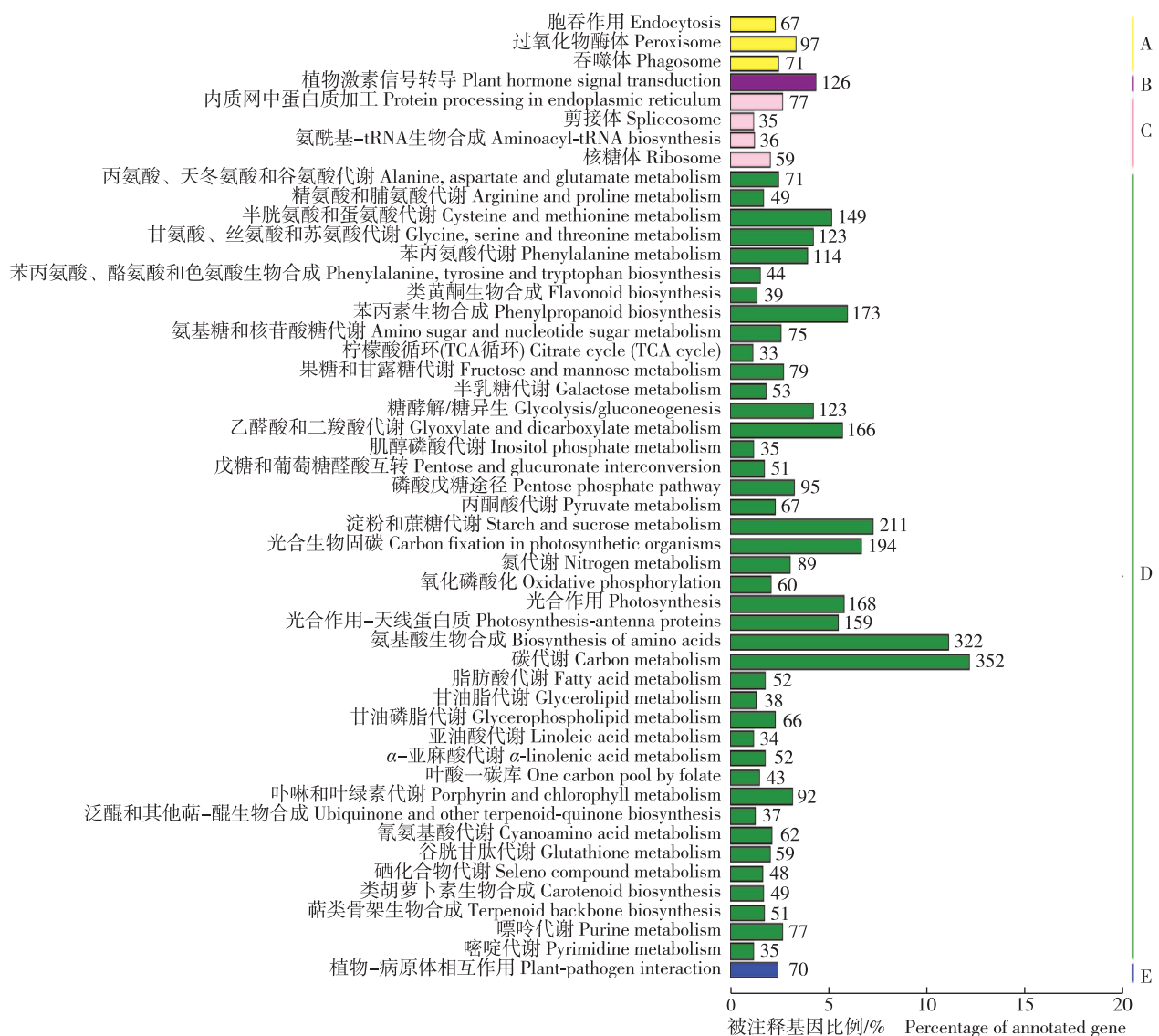
编号 ID	GO 功能分类 GO function classification	N ₁	N ₂
GO:0044763	单生物细胞过程 Single-organism cellular process	26 339	3 481
GO:0044237	细胞代谢过程 Cellular metabolic process	32 242	4 095
GO:0044710	单一生物代谢过程 Single-organism metabolic process	23 014	3 388
GO:0044699	单一生物过程 Single-organism process	33 259	4 465
GO:0009987	细胞过程 Cellular process	38 761	4 885
GO:0044238	初级代谢过程 Primary metabolic process	31 860	3 922
GO:0043170	大分子代谢过程 Macromolecule metabolic process	21 676	2 453
GO:0071704	有机物代谢过程 Organic substance metabolic process	33 499	4 308
GO:0008152	代谢过程 Metabolic process	39 793	5 335
GO:0008150	生物过程 Biological process	49 417	6 436

¹⁾ N₁: 全部 unigenes 数量 Number of all unigenes; N₂: 差异表达基因数量 Number of differentially expressed genes.

为单生物细胞过程 (single-organism cellular process, GO: 0044763)、细胞代谢过程 (cellular metabolic process, GO: 0044237) 以及大分子代谢过程 (macromolecule metabolic process, GO: 0043170) 等 10 个功能的全部 unigenes 和差异基因数均较高, 其中, 被注释为生物过程 (biological process, GO: 0008150) 的全部 unigenes 和差异表达基因的数量最多。

总体来看, 这些差异表达基因与信号传导途径、次生代谢过程、细胞组分合成和酶催化活性等功能密切相关。

2.3.2 KEGG 代谢通路分析 千里光茎和叶中差异表达基因的 KEGG 代谢通路分析结果 (图 2) 表明: 共有 4 527 个差异表达基因, 涉及 50 个代谢通路, 且大部分代谢通路属于代谢途径。其中, 碳代谢途径的差异表达基因数量最多 (352), 占该通路差异表达基因总数的 7.78%; 其次为氨基酸生物合成途径, 共有 322 个差异表达基因, 占该通路差异表达基因总数的 7.11%; 淀粉和蔗糖代谢途径的差异表达基因数量也较多 (211), 占该通路差异表达基因总数的 4.66%; 而柠檬酸循环 (TCA 循环) 途径的差异表达基因数量



图中数据为差异表达基因数量 Data in the diagram indicate number of differentially expressed genes. A: 细胞过程 Cellular process; B: 环境信息处理 Environmental information processing; C: 遗传信息处理 Genetic information processing; D: 代谢 Metabolism; E: 生物体系 Organism system.

图 2 千里光茎和叶中差异表达基因的 KEGG 代谢通路分析

Fig. 2 Analysis on KEGG metabolic pathway of differentially expressed genes in stem and leaf of *Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don

最少(33),占该通路差异表达基因总数的0.73%。

3 讨论和结论

由于药用植物各部位的药用成分含量和种类不同^[13],因此,研究药用植物各器官基因的转录水平既利于阐明植物的器官分化基因,也利于深入分析药用成分积累的次生代谢途径及调控网络^[14-16]。本研究从千里光茎和叶的cDNA文库中分别获得26 147 016和26 996 119个clean reads,Q30值分别为95.17%和94.74%,说明其转录组测序结果良好。千里光的茎中含有大量的木质素,木质素对维持较高的硬度及承托全株重量具有重要作用^[17],而叶是植物合成及储存营养物质(如淀粉和蔗糖等)的主要场所^[18]。本研究从千里光茎和叶中共筛选到10 991个差异表达基因,以茎中差异表达基因的表达量为基准,叶中上调和下调的差异表达基因分别有5 542和5 449个;茎和叶中共有7 683个差异表达基因被GO功能注释成生物过程、细胞组成和分子功能3个大类53个亚类,且这些差异表达基因与信号传导途径、次生代谢过程、细胞组分合成和酶催化活性等密切相关。

KEGG代谢通路分析结果显示:千里光茎和叶中有4 527个差异表达基因,共涉及50个代谢通路,大部分差异表达基因参与碳代谢、氨基酸生物合成及淀粉和蔗糖代谢,说明这些差异表达基因与细胞组分合成和体内的生物合成等密切相关,其中,参与碳代谢和氨基酸合成的差异表达基因较多,据此推测千里光茎和叶的器官分化需要积累大量的多糖和蛋白质。千里光还含有丰富的次生代谢产物,包括生物碱类、酚酸类、黄酮类、挥发油类和萜类等^[9],其中,类黄酮是千里光的主要抗菌成分之一^[19],而供试植株SC-32具有强抗菌性^[4],本研究发现参与类黄酮合成的差异表达基因有44个,说明这些差异表达基因主要参与千里光体内类黄酮的合成。据此认为,参与千里光茎和叶中类黄酮合成的差异表达基因可能在佐证类黄酮是千里光重要抗菌成分及千里光抗菌数量性状等方面具有重要作用。

综上所述,千里光茎和叶的差异表达基因具有器官特异性,其茎和叶的分化和形成与多糖和蛋白质积累密切相关。

参考文献:

- [1] 祁云霞,刘永斌,荣威恒. 转录组研究新技术:RNA-Seq及其应用[J]. 遗传,2011,33(11):1191-1202.
- [2] 邹承武,宋玮,宋慈安,等. 基于RNA-Seq技术分析在金属矿上部生长的芒萁的差异表达基因[J]. 植物资源与环境学报,2017,26(2):1-9.
- [3] 江香梅,伍艳芳,肖复明,等. 樟树5种化学类型叶片转录组分析[J]. 遗传,2014,36(1):58-68.
- [4] 钱刚,敖弟书,段鹏敏,等. 千里光抗菌作用的数量性状分析[J]. 武汉植物学研究,2010,28(1):67-71.
- [5] 李穆,程志远,石莹,等. 基于RNA-Seq技术的甘蔗参考转录组建立及分析[J]. 分子植物育种,2015,13(2):355-360.
- [6] WANG X, YANG Z, WANG M, et al. The *BRANCHING ENZYME1* gene, encoding a glycoside hydrolase family 13 protein, is required for *in vitro* plant regeneration in *Arabidopsis* [J]. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 2014, 117: 279-291.
- [7] 王兴春,杨致荣,张树伟,等. 拟南芥不定芽发生早期的数字基因表达谱分析[J]. 生物工程学报,2013,29(2):189-202.
- [8] MAGBANUA Z V, ARICK II M, BUZA T, et al. Transcriptomic dissection of the rice-*Burkholderia glumae* interaction [J]. *BMC Genomics*, 2014, 15: 755.
- [9] 徐定平,周鑫堂,郜红利,等. 千里光化学成分和药理作用研究进展[J]. 中国药师,2014,17(9):1562-1565.
- [10] 李燕,韩忠耀,魏学军. 不同采收期和部位黔产千里光中总黄酮、绿原酸和金丝桃苷含量动态比较[J]. 天津中医药大学学报,2018,37(2):155-160.
- [11] ANDERS S, HUBER W. Differential expression analysis for sequence count data[J]. *Genome Biology*, 2010, 11: R106.
- [12] YE J, FANG L, ZHENG H, et al. WEGO: a web tool for plotting GO annotations [J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, 34: 293-297.
- [13] 王梦夏,郭方遒,孙琼,等. 高效液相色谱法结合化学计量学测定千里光中四种活性成分的含量[J]. 分析科学学报,2014,30(2):219-222.
- [14] 吴琼. 三种产萜类药用植物转录组分析和产地适宜性研究[D]. 北京:中国医学科学院,2010:35-51.
- [15] 赵振宇,王仕玉,郭凤根,等. 转录组测序及其在药用植物上的应用[J]. 基因组学与应用生物学,2017,36(2):820-825.
- [16] 梁焯,陈双燕,刘公社. 新一代测序技术在植物转录组研究中的应用[J]. 遗传,2011,33(12):1317-1326.
- [17] 肖玉菲,袁剑英,刘海龙,等. 桉树4个无性系茎部差异分析[J]. 中南林业科技大学学报,2017,37(10):61-66.
- [18] 夏叔芳,于新建,张振清. 叶片光合产物输出的抑制与淀粉和蔗糖的积累[J]. 植物生理学报,1981,7(2):49-56.
- [19] 张文平,刘志春,张文书,等. 千里光对金黄色葡萄球菌和大肠埃希菌生物合成的影响[J]. 广东医学,2009,30(11):1634-1635.

(责任编辑:佟金凤)