



## 水稻*OsMDH*基因的克隆及其生物信息学分析

彭波, 孙晓宇, 张庆茜, 彭娟, 娄安琪, 孙艳芳, 庞瑞华, 周伟, 汪全秀

引用本文:

彭波, 孙晓宇, 张庆茜, 彭娟, 娄安琪, 孙艳芳, 庞瑞华, 周伟, 汪全秀. 水稻*OsMDH*基因的克隆及其生物信息学分析[J]. 信阳师范学院学报自然科学版, 2023, 36(2): 243–248. doi: 10.3969/j.issn.1003–0972.2023.02.014

PENG Bo, SUN Xiaoyu, ZHANG Qingxi, PENG Juan, LOU Anqi, SUN Yanfang, PANG Ruihua, ZHOU Wei, WANG Quanxiu. Cloning and Bioinformatics Analysis of *OsMDH* Gene in Rice[J]. *Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition)*, 2023, 36(2): 243–248. doi: 10.3969/j.issn.1003–0972.2023.02.014

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2023.02.014>

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 山药*bHLH*基因家族鉴定及表达分析

Identification and Expression Analysis of *bHLH* Gene Family in Chinese Yam (*Dioscoreae Rhizoma*)

信阳师范学院学报自然科学版, 2022, 35(3): 393–399. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2022.03.009>

#### 金花茶番茄红素 $\beta$ -环化酶基因的克隆及表达分析

Cloning and Expression Analysis of Lycopene  $\beta$ -cyclase Gene of *Camellia Nitidissima*

信阳师范学院学报自然科学版, 2022, 35(3): 387–392. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2022.03.008>

#### 茶树*GELP*基因家族的鉴定与表达分析

Identification and Expression Analysis of *GELP* Gene Family in *Camellia Sinensis*

信阳师范学院学报自然科学版, 2022, 35(1): 36–44. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2022.01.008>

#### 抗菌肽SK<sub>66</sub>的生物信息学分析

The Bioinformatics Analysis of the Antibacterial Peptide SK<sub>66</sub>

信阳师范学院学报自然科学版, 2022, 35(2): 196–201. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2022.02.005>

#### 植物类赖氨酸/组氨酸转运蛋白LHT基因家族的进化及在大豆中的功能研究

Evolutionary and Functional Analysis of Lysine/Histidine-like Transporter Genes in *Glycine max* (soybean)

信阳师范学院学报自然科学版, 2022, 35(4): 533–542. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1003–0972.2022.04.004>

# 水稻 *OsMDH* 基因的克隆及其生物信息学分析

彭波<sup>1\*</sup>, 孙晓宇<sup>1</sup>, 张庆茜<sup>1</sup>, 彭娟<sup>2</sup>, 娄安琪<sup>1</sup>, 孙艳芳<sup>1</sup>,  
庞瑞华<sup>1</sup>, 周伟<sup>1</sup>, 汪全秀<sup>1\*</sup>

(1. 信阳师范学院 生命科学学院/大别山农业生物资源保护与利用研究院, 河南 信阳 464000;  
2. 信阳市植保植检站, 河南 信阳 464000)

**摘要:**水稻(*Oryza sativa* L.)*OsAAP6* 基因是控制水稻种子蛋白质含量的主效数量性状座位(quantitative trait locus, QTL)基因, 对水稻品质性状产生重要影响, 而 *OsMDH* 蛋白能够与 *OsAAP6* 基因发生相互作用。利用生物信息学策略对 *OsMDH* 蛋白的理化性质、蛋白结构及功能进行预测, 探究 *OsMDH* 基因的生物学功能。结果表明:水稻 *OsMDH* 基因的编码区(coding sequence, CDS)区长 999 bp, 编码 332 个氨基酸; 编码蛋白为疏水蛋白且不存在信号结构, 包含两个跨膜结构。通过蛋白互作分析, 发现 *OsMDH* 可能与柠檬酸合酶、延胡索酸酶等发生相互作用, 参与三羧酸循环过程。

**关键词:**水稻; *OsMDH* 基因; 结构域功能; 生物信息学分析

中图分类号:Q341

文献标识码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



## Cloning and Bioinformatics Analysis of *OsMDH* Gene in Rice

PENG Bo<sup>1\*</sup>, SUN Xiaoyu<sup>1</sup>, ZHANG Qingxi<sup>1</sup>, PENG Juan<sup>2</sup>, LOU Anqi<sup>1</sup>, SUN Yanfang<sup>1</sup>,  
PANG Ruihua<sup>1</sup>, ZHOU Wei<sup>1</sup>, WANG Quanxiu<sup>1\*</sup>

(1. College of Life Sciences/Institute for Conservation and Utilization of Agro-bioresources in Dabie Mountains,  
Xinyang Normal University, Xinyang 464000, China;  
2. Xinyang Station of Plant Protection and Inspection, Xinyang 464000, China)

**Abstract:** *OsAAP6* gene of rice (*Oryza sativa* L.) is a major quantitative trait locus (QTL) gene controlling rice seed protein content, which have an important impact on rice quality traits. *OsMDH* protein can interact with *OsAAP6* gene. The physical and chemical properties, protein structure and function of *OsMDH* protein are predicted using bioinformatics strategies to explore the biological function of *OsMDH* gene. The results show that the coding sequence (CDS) of *OsMDH* gene in rice is 999 bp long, encoding 332 amino acids; The coding protein is a hydrophobic protein without signal structure, including two transmembrane structures. Through protein interaction analysis, it is found that *OsMDH* may interact with citrate synthase, fumarase, etc., and participate in the process of tricarboxylic acid cycle.

**Key words:** *Oryza sativa* L.; *OsMDH* gene; domain function; bioinformatics analysis

## 0 引言

水稻(*Oryza sativa* L.)是一种重要的粮食作物,我国有超过一半的人口以稻米为主食<sup>[1]</sup>,并且水稻也是作物分子遗传研究的模式植物<sup>[2-3]</sup>。稻米的品质性状是一个复杂的遗传性状,受多个基因共

同协调控制,并且容易受到外界因素的影响(如光、温度、水分、土壤等环境因子)<sup>[4-5]</sup>。影响稻米品质的因素有很多,其中水稻种子蛋白质含量是决定性因素之一,提高种子蛋白质含量,进而改善稻米品质就显得尤为重要<sup>[6-7]</sup>。目前,已经定位到较多的数量性状座位(quantitative trait locus, QTL)位点

收稿日期:2022-09-13;修订日期:2022-11-12; \*通信联系人, E-mail: pengbo@xynu.edu.cn; wwqxx08@163.com

基金项目:国家自然科学基金项目(U2004141, 31801332);河南省科技攻关项目(222102110141, 192102110119);河南省高等学校青年骨干教师培养计划项目(2019GGJS162);河南省高等学校重点科研项目(21A180001, 20B180013);信阳市创新专项项目(20210007);信阳师范学院大学生科研基金项目(2021-DXS-153)

作者简介:彭波(1980—),男,河南信阳人,副教授,博士,主要从事水稻遗传育种研究。

参与调控稻米淀粉、蛋白质含量<sup>[8-9]</sup>。前期研究表明: *OsAAP6* 是一个控制水稻种子蛋白质含量的主效 QTL 基因<sup>[10]</sup>; 通过酵母单杂交试验, 发现苹果酸脱氢酶 (malate dehydrogenase, MDH) 是 *OsAAP6* 基因的上游调控因子<sup>[11]</sup>, 但 *OsMDH* 基因在水稻体内的功能尚不清楚。

苹果酸脱氢酶 (MDH) 是糖代谢的关键酶, 主要功能是催化苹果酸生成草酰乙酸<sup>[12]</sup>。苹果酸脱氢酶可以分为依赖 NAD 的苹果酸脱氢酶和依赖 NADP 的苹果酸脱氢酶<sup>[13]</sup>。在植物中, MDH 在为 C4 代谢、pH 平衡、气孔和叶脉运动、呼吸、脂肪酸  $\beta$ -氧化和豆类根瘤功能提供苹果酸方面有重要作用。苹果酸脱氢酶主要通过 NADH 作为辅助因子催化草酰乙酸生成苹果酸和 NAD。苹果酸从叶绿体输出后, 可以作为细胞质中 NADH 的来源, 并促进线粒体 ATP 的产生, 为糖代谢过程提供能量<sup>[14]</sup>。已有研究表明, 拟南芥基因组中共存在 9 种编码 MDH 的不同亚型<sup>[15]</sup>, 分别是 2 种质体亚型、2 种线粒体、2 种过氧化物酶亚型、3 种胞质亚型。拟南芥中线粒体苹果酸脱氢酶 *mMDH2* 基因正向调控缺铁胁迫响应<sup>[16]</sup>, 胞质苹果酸脱氢酶 1 (*CytMDH1*) 氧化影响 *cytMDH1* 的动力学、二级结构和热力学稳定性<sup>[17]</sup>。质体 NAD 依赖性苹果酸脱氢酶 (pNAD-MDH) 和线粒体苹果酸脱氢酶 1 (*mMDH1*) 的突变都可以挽救 MOD1 中的 ROS 积累和 PCD 表型<sup>[18]</sup>。叶绿体 NADP-苹果酸脱氢酶, 其活性的硫醇开关氧化还原调节对于维持

叶绿体中的 NADPH 稳态至关重要<sup>[19]</sup>。质体 NAD 依赖性苹果酸脱氢酶, 通过与 FtsH12-FtsHi 蛋白酶复合物的相互作用参与早期叶绿体发育<sup>[20]</sup>。但是, *OsMDH* 基因在水稻体内的生物学功能尚不明确。因此, 本研究借助生物信息学方法对水稻 *OsMDH* 基因的结构和功能进行分析, 以期深入解析 *OsAAP6* 调控水稻种子蛋白质含量的分子机制提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 基因来源

本课题组通过酵母单杂交试验筛选到一个能够与 *OsAAP6* 基因相互作用的基因 *OsMDH*<sup>[21]</sup>。

### 1.2 试验材料

取中花 11 水稻幼叶组织冻存于  $-8\text{ }^{\circ}\text{C}$ , 用于提取水稻的总 RNA, 以及反转录试验。

### 1.3 中花 11 *OsMDH* 基因的克隆

采用 NCBI (national center for biotechnology information) 在线网站, 通过基因序列号 (NM\_001404028) 查找并获得水稻 *OsMDH* 基因的序列。根据基因序列, 设计特异性扩增引物 (表 1), 引物由南京金斯瑞生物科技有限公司合成。以中花 11 水稻幼叶组织提取的 cDNA 为模板, 采用 Taq Mix 酶进行目的基因的扩增, PCR 反应体系参考说明书。PCR 产物经过琼脂糖凝胶电泳后, 将目的片段进行胶回收, 得到的产物送安徽通用生物股份有限公司进行测序。

表 1 本研究使用的引物序列

Tab. 1 Primer sequence used in this study

引物名称	引物序列 (5'-3')
<i>OsMDH</i>	F: TGGGGT <u>ACCAATGGCGAAGGAACCGATG</u> R: CG <u>TCTAGATTAGTTGAGGCATGAGTAAG</u>

注: 下划线是酶切位点。

### 1.4 水稻 *OsMDH* 基因编码蛋白质的生物信息学分析

采用在线网站 (expert protein analysis system, ExPASy)<sup>[22]</sup>, 对 *OsMDH* 蛋白质的理化性质进行分析预测; 采用在线网站 (<https://services.healthtech.dtu.dk/>), 对 *OsMDH* 蛋白质的磷酸化位点进行预测; 采用在线网站 (<https://novopro.cn/tools/signalp>), 对 *OsMDH* 蛋白质有无信号肽进行预测; 采用在线网站 (<http://web.expasy.org/protscale/>)<sup>[23]</sup>, 对 *OsMDH* 蛋白质的亲疏水性进

行预测; 采用在线网站 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>), 对 *OsMDH* 蛋白质的跨膜区域进行预测; 采用在线网站 ([https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/secpred\\_sopma.pl](https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/secpred_sopma.pl)), 对 *OsMDH* 蛋白质的二级结构进行预测; 采用在线网站 (<https://swissmodel.expasy.org>)<sup>[24]</sup>, 对 *OsMDH* 蛋白质的高级空间结构进行分析预测; 采用在线网站 (<https://cn.string-db.org>), 对 *OsMDH* 蛋白质与其他蛋白质的互作关系进行分析预测; 在 NCBI 数据库中获得其同源氨基酸序列, 借助 MAGE 6.0

软件进行 *OsMDH* 基因的进化树分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 水稻 *OsMDH* 基因的克隆

以水稻中花 11 幼叶组织提取的 cDNA 为模板。利用特异性引物(表 1)对 *OsMDH* 基因进行扩增,经 1% 的琼脂糖凝胶电泳分离发现在 1 000 bp 左右有条带,并进行测序。测序结果如图 1 所示,表明该基因的开放阅读框(open reading frame, ORF)为 999 bp,编码 332 个氨基酸。对 *OsMDH* 基因的编码区序列进行分析,结果显示:4 种密码子的平均使用频率为 C(26.44%) > T(25.73%) > G(24.09%) > A(23.74%),其中(A+T)的含量为 49.47%,(G+C)的含量为 50.53%,表明水稻 *OsMDH* 蛋白质密码子中 G+C 含量与 A+T 含量基本一致。该蛋白质对密码子的使用无偏爱性。

```
CTCCCCCCCCTTCCGCTCCAATGGCGAAGGAACCGATGCGCGTCTGTCACCGCC
GCCGAGGACAAATTGGATATGCTCTTCCCCTGATTGCTAGGGGTGTGATGTTG
GGTGCTGACCAAGCCTGTATTTACACATGCTTGACATCCACCAGCTACTGAATCTC
TAAATGGCCTTAAGATGGAGCTGGTTGATGCTGCATTTCTCTTTTGAAGGGAATTGT
CGCAACAACCTGATGTTGTGGAGGCGTGCCTGGTGTGAATGTTGCGGTTATGGTTGG
TGGTTCCCCAGGAAGGAGGGAATGGAAAGGAAGGATGTTATGTCAAAAAATGCT
CCATCTACAATCCCAAGCTTCTGTCTTGTAGGCTCATGACGCCCTAACTGCAAGG
TTCTGGTAGTTGCCAATCCAGCAACACCAACGCTCTCATCTTAAAGAATTGCTC
CATCCATCCCTGAGAAGAACATTACTTGCCTCACCCGCTTTGACCAACAACAGGGCAC
TTGGCCAGATCTCTGAAAACTTAATGTCCAAGTTACTGATGTGAAGAATGCGATCA
TCTGGGGCAACCACTCATCCACCCAGTACCCTGATGTTAACCAACGCCACTGTGAAGA
CTCCAGTGGAGAGAAGCCTGTCAGGGAACCTGTTGCTGATGATGAGTGGTTAAAT
ACGGAATTCATCTTACCCTCCAGCAGCGTGGTGCCGCCATCATCAAGGCGAGGAA
GCAATCCAGTGCCCTAICTGTGCCAGCTCTGCATGCGATCACATTCGTGACTGGGTT
CTTGCCACTCTGAGGGAACATTTGTCTCCATGGGTGTGACTCTGATGTTGCTGATG
GTGTGCTGCTGGTCTGATCTACTCGTCCAGTAAACATGTCAGTGGTGGCGAATGGA
CGATTTGTCAGGGTCTCCCGATCGAGATCTCAAGGAAGAAGATGGACGCGACT
GCCAGGAGCTGTGGAGGAGAAGCGCTCGCTTACTCATGCTCAACTAA
```

注:下划线是起始密码子与终止密码子。

图 1 水稻 *OsMDH* 基因的测序结果

Fig. 1 Sequencing results of rice *OsMDH* gene

### 2.2 水稻 *OsMDH* 基因编码的氨基酸序列分析

采用 DNASTar 软件对水稻 *OsMDH* 基因编码的氨基酸进行分析,共编码 332 个氨基酸。结果显示:在 *OsMDH* 氨基酸序列中,丙氨酸(10.8%)含量最高;其次为精氨酸(9.6%)和亮氨酸(8.1%)。各氨基酸含量预测如表 2。

### 2.3 水稻 *OsMDH* 基因编码蛋白质的理化性质

理化性质预测结果显示:水稻 *OsMDH* 蛋白质的分子量约为 35 570 Da, pI 为 5.75, 不稳定系数为 34.66(小于 40), 表明水稻 *OsMDH* 蛋白质的稳定性较好。亲疏水性预测结果显示:其亲水性平均值为 0.007, 为疏水性蛋白质(规定蛋白质亲水性平均值大于 0 为疏水性蛋白质)。其详细理化性质预测如表 3。

表 2 氨基酸含量预测

Tab. 2 Prediction of amino acid content

简称	类别	数量	占比/%
A	Ala	36	10.8
R	Arg	11	3.3
N	Asn	15	4.5
D	Asp	15	4.5
C	Cys	6	1.8
Q	Gln	11	3.3
E	Glu	20	6.0
G	Gly	24	7.2
H	His	6	1.8
I	Ile	19	5.7
L	Leu	27	8.1
K	Lys	19	5.7
M	Met	11	3.3
F	Phe	7	2.1
P	Pro	18	5.4
S	Ser	24	7.2
T	Thr	20	6.0
W	Trp	4	1.2
Y	Tyr	7	2.1
V	Val	32	9.6
O	Pyl	0	0.0
U	Sec	0	0.0
B		0	0.0
Z		0	0.0
X		0	0.0

表 3 基本理化性质预测

Tab. 3 Prediction of basic physical and chemical properties

性质	数量	备注
相对分子量	35 570	
理论 pI 值	5.75	
脂肪指数	92.83	蛋白质稳定
亲水性	0.007	疏水蛋白质
负电荷的残基数 (Asp+Glu)	35 个	
正电荷的残基数 (Arg+Lys)	30 个	

注:水稻 *OsMDH* 蛋白质分子式为 C<sub>1568</sub>H<sub>2524</sub>N<sub>126</sub>O<sub>480</sub>S<sub>17</sub>。

### 2.4 水稻 *OsMDH* 磷酸化位点、亲/疏水性及跨膜区预测

预测磷酸化位点有 22 个左右,其中丝氨酸较多,苏氨酸次之,酪氨酸最少(图 2)。推测该蛋白质可能被这 3 种磷酸激酶磷酸化和激活,从而发挥其相应功能。已有研究表明,苹果酸脱氢酶参与水稻种子淀粉的合成<sup>[22]</sup>。

该蛋白质属于非分泌性蛋白质,没有发现信号肽结构(图 3)。氨基酸中的极性基团能够与水发生较强反应,具有亲水性;非极性基团水之间的相



互作用较弱,具有疏水性<sup>[25-26]</sup>。图 4 亲疏水性预测结果显示:蛋白质的疏水性区域明显多于亲水区域,推测该蛋白质为疏水蛋白质(图 4)。跨膜区域预测结果显示:该蛋白质含有两个跨膜区域,推测在生物的生命过程中担任某些转运作用(图 5)。

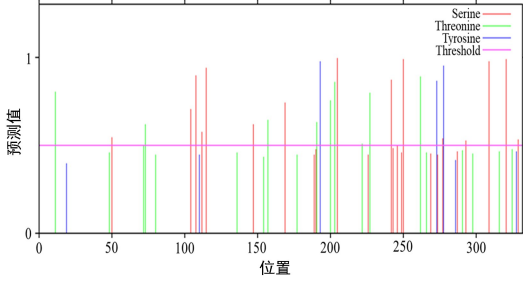


图 2 磷酸化位点预测

Fig. 2 Prediction of phosphorylation sites

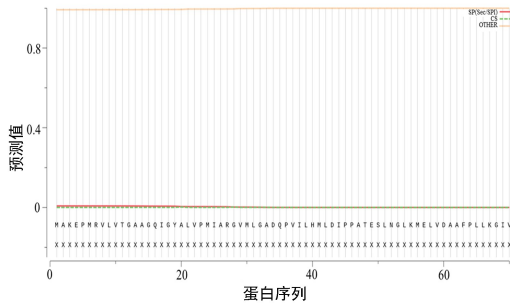


图 3 信号肽预测

Fig. 3 Prediction of signal peptide

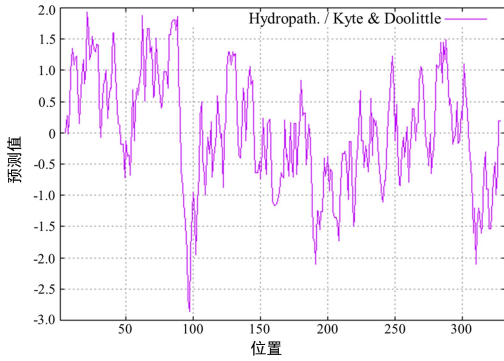


图 4 亲/疏水性预测

Fig. 4 Hydrophilicity/hydrophobicity prediction

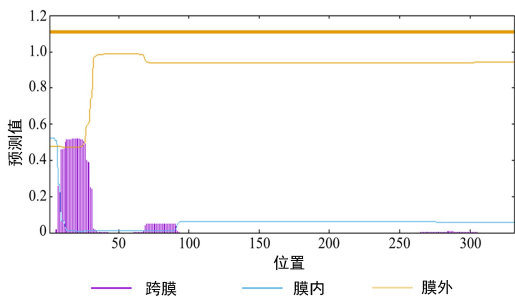
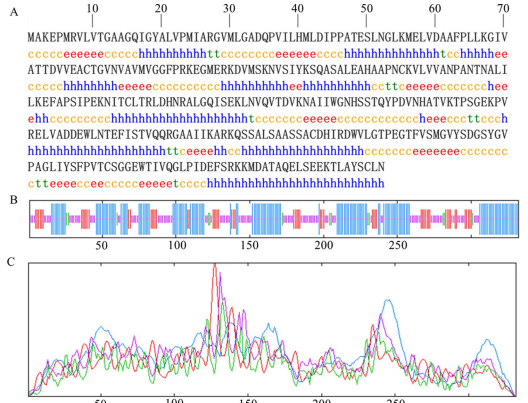


图 5 跨膜区预测

Fig. 5 Prediction of transmembrane region

### 2.5 水稻 OsMDH 蛋白质结构预测

二级结构预测显示:该蛋白质由  $\alpha$  螺旋(44.58%)、 $\beta$  转角(3.92%)、无规则卷曲(33.73%)、延伸链(17.77%)等 4 种结构组成(图 6)。以 Os10g0478200 (5nue.1.A)为模板构建水稻 OsMDH 蛋白质的三级结构。预测结果显示:二者之间的序列一致性为 88.55%,GMQE 值为 0.96,该蛋白质结构包含大量的  $\alpha$  螺旋与无规则卷曲(图 7),其中包含硫酸根离子,呈现出苹果酸脱氢酶的催化特性。



A: 二级结构对应序列; B: 柱状图; C: 线性变化图。

A. Sequence in secondary structure; B. Histogram; C. Linear standard curve

图 6 二级结构预测图

Fig. 6 Secondary structure prediction

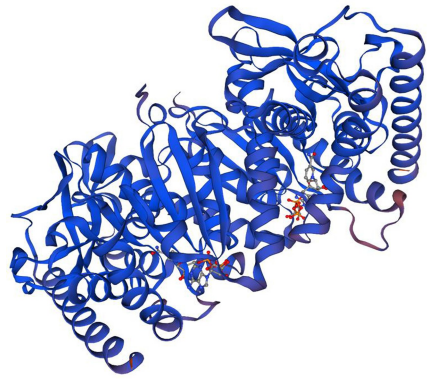


图 7 三级结构预测

Fig. 7 Tertiary structure prediction

### 2.6 水稻 OsMDH 蛋白质相互作用关系分析

采用 STRING 在线工具分析水稻 OsMDH 蛋白质与其他蛋白质的相互作用关系,发现 OsMDH 蛋白质与柠檬酸合酶(OS02T0232400-01,参与三羧酸循环的蛋白质)、延胡索酸酶(OS03T0337900-01,参与三羧酸循环的蛋白质)的相互作用均高达 0.998,说明 OsMDH 参与三羧酸循环过程。此外还与苹果酸酶 (MS)、L-天冬氨酸氧化酶 (OS02T0134400-01)、柠檬酸合酶 (OS02T0194100-01 属于柠檬酸合酶家族)、柠檬酸合酶 (OS11T0538900-01,属于柠檬酸合酶家族)、

苹果酸酶 1(OS01T0723400-01)、天冬氨酸氨基转移酶(OsJ\_08730)、苹果酸酶(OsJ\_24330)、苹果酸酶(OS10T0503500-01)等蛋白质相互作用(图 8)。

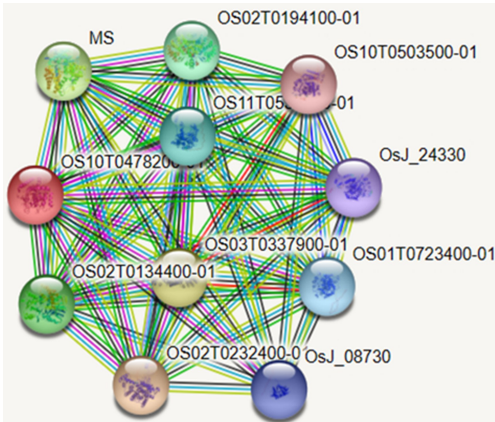


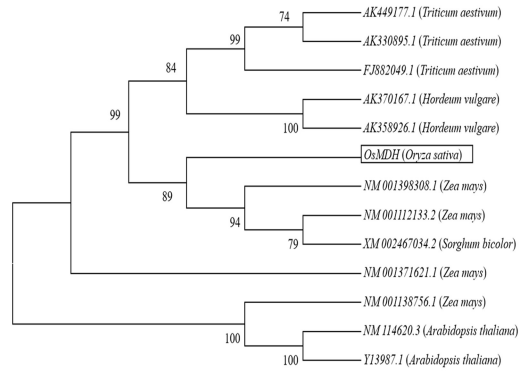
图 8 水稻 *OsMDH* 蛋白质互作分析

Fig. 8 Analysis of *OsMDH* protein interaction in rice

### 2.7 水稻 *OsMDH* 基因的聚类分析

根据已有研究,在 NCBI 网站上下载拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)、小麦 (*Triticum aestivum* L.)、大麦 (*Hordeum vulgare* L.)、玉米 (*Zea mays* L.)、高粱 (*Sorghum bicolor* L.) 中 *OsMDH* 的同源基因序列,运用 MEGA 6.0 软件构建其聚类图(图 9)。由聚类图可以看出,水稻 *OsMDH* 基因与拟南芥、小麦、大麦、玉米、高粱中很多预测的基因存在较高的相似性,并且该基因与玉米、高粱的进化

关系较近。



注:方框,水稻 *OsMDH* 基因。

图 9 水稻 *OsMDH* 基因的进化树分析

Fig. 9 Genetic phylogenetic tree analysis of *OsMDH* gene in rice

### 3 结论

水稻 *OsMDH* 蛋白质由 332 个氨基酸组成,无信号肽,属于疏水蛋白质,存在 2 个跨膜结构域,与多种蛋白质共同参与三羧酸循环,并且 *OsMDH* 基因与其他主要粮食作物(如小麦、大麦、玉米、高粱)中很多预测的基因存在较高的相似性。这些结果为后期研究 *OsMDH* 基因的功能奠定了理论基础,并为解析 *OsAAP6* 调控水稻种子蛋白质含量的分子机制提供重要信息。

### 参考文献:

- [1] 杨维丰,詹鹏麟,林少俊,等. 水稻粒形的遗传研究进展[J]. 华南农业大学学报, 2019, 40(5): 203-210.  
YANG Weifeng, ZHAN Penglin, LIN Shaojun, et al. Research progress of grain shape genetics in rice[J]. Journal of South China Agricultural University, 2019, 40(5): 203-210.
- [2] 阚雯俊,李三和,胡刚,等. 水稻 *OsLecRK* 基因 RNAi 载体的构建及遗传转化[J]. 湖北农业科学, 2015, 54(20): 5149-5151, 5197.  
ZHA Wenjun, LI Sanhe, HU Gang, et al. Construction and genetic transformation of RNA interference vectors for *OsLecRK* gene of *Oryza sativa* L.[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2015, 54(20): 5149-5151, 5197.
- [3] PENG Bo, LIANG Jiaqi, ZHANG Ran, et al. Determination and analysis of the content and distribution of mineral elements in black rice by SEM-EDS[J]. Journal of Agricultural Science, 2021, 13(9): 122-134.
- [4] 彭波,赵雨贺,董超,等. 云南软米在豫南稻区的品质性状检测与分析[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2021, 34(2): 186-194.  
PENG Bo, ZHAO Yuhe, DONG Chao, et al. Detection and analysis of the quality characters of Yunnan soft rice in south Henan province[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2021, 34(2): 186-194.
- [5] KANDOI D, MOHANTY S, TRIPATHY B C. Overexpression of plastidic maize NADP-malate dehydrogenase (*ZmNADP-MDH*) in *Arabidopsis thaliana* confers tolerance to salt stress[J]. Protoplasma, 2018, 255(2): 547-563.
- [6] 彭波,孙艳芳,庞瑞华,等. 水稻种子蛋白质含量遗传研究进展[J]. 南方农业学报, 2017, 48(3): 401-407.  
PENG Bo, SUN Yanfang, PANG Ruihua, et al. Genetic of rice seed protein content: A review[J]. Journal of Southern Agriculture, 2017, 48(3): 401-407.
- [7] 陆丹丹,叶苗,张祖建,等. 稻米蛋白质及其组分研究概况及其对稻米品质的影响[J]. 作物杂志, 2022(2): 28-34.  
LU Dandan, YE Miao, ZHANG Zujian, et al. Research progress on rice protein and its components and their effects on rice quality [J]. Crop, 2022(2): 28-34.
- [8] 刘岩,傲雁,徐茂森,等. 稻米淀粉合成和食味品质改良研究进展[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(16): 18-25.

- LIU Yan, AO Yan, XU Maosen, et al. Research progress on rice starch synthesis and eating quality improvement[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(16): 18-25.
- [9] 彭波, 孙艳芳, 庞瑞华, 等. 植物氨基酸转运蛋白的研究进展[J]. *热带作物学报*, 2016, 37(6): 1238-1243.
- PENG Bo, SUN Yanfang, PANG Ruihua, et al. Research progress of amino acid transporters in plants[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2016, 37(6): 1238-1243.
- [10] PENG Bo, KONG Huili, LI Yibo, et al. *O*sAAP6 functions as an important regulator of grain protein content and nutritional quality in rice[J]. *Nature Communications*, 2014, 5(1): 4847-4853.
- [11] 何璐璐. 水稻 *O*sAAP6 基因启动子功能性位点的鉴定及其调控机制研究[D]. 信阳: 信阳师范学院, 2020.
- HE Lulu. Identification of functional sites of *O*sAAP6 gene promoter in rice and its regulation mechanism[D]. Xinyang: Xinyang Normal University, 2020.
- [12] BEELER S, LIU H C, STADLER M, et al. Plastidial NAD-dependent malate dehydrogenase is critical for embryo development and heterotrophic metabolism in *Arabidopsis*[J]. *Plant Physiology*, 2014, 164(3): 1175-1190.
- [13] 李鹏祥, 唐桂英, 徐平丽, 等. 花生线粒体型苹果酸脱氢酶基因 *AhMMDH1* 的结构与表达分析[J]. *中国油料作物学报*, 2020, 4(6): 1090-1099.
- LI Pengxiang, TANG Guiying, XU Pingli, et al. Structure and expression analysis of mitochondrial malate dehydrogenase gene *AhMMDH1* in peanut[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2020, 4(6): 1090-1099.
- [14] NAN Nan, WANG Jie, SHI Yuejie, et al. Rice plastidial NAD-dependent malate dehydrogenase 1 negatively regulates salt stress response by reducing the vitamin B6 content[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(1): 172-184.
- [15] SELINSKI J, SCHEIBE R. Malate valves: Old shuttles with new perspectives[J]. *Plant Biology*, 2018, 21(S1): 21-30.
- [16] 朱香豫. *mMDH2* 基因在调控拟南芥缺铁响应中的功能分析[D]. 合肥: 合肥工业大学, 2021.
- ZHU Xiangyu. Analyzing on the function of *mMDH2* in response to iron deficiency in *Arabidopsis thaliana* [D]. Hefei: Hefei University of Technology, 2021.
- [17] HUANG Jingjing, NIAZI A K, YOUNG D, et al. Self-protection of cytosolic malate dehydrogenase against oxidative stress in *Arabidopsis*[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69(14): 3491-3505.
- [18] ZHAO Yannan, LUO Lilan, XU Jiesi, et al. Malate transported from chloroplast to mitochondrion triggers production of ROS and PCD in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Cell Research*, 2018, 28(4): 448-461.
- [19] YOKOCHI Y, YOSHIDA K, HAHN F, et al. Redox regulation of NADP-malate dehydrogenase is vital for land plants under fluctuating light environment[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, 118(6): e2016903118.
- [20] SCHREIER T B, CLÉRY A, SCHLÄFLI M, et al. Plastidial NAD-dependent malate dehydrogenase: A moonlighting protein involved in early chloroplast development through its interaction with an FtsH12-FtsHi protease complex[J]. *The Plant Cell*, 2018, 30(8): 1745-1769.
- [21] 彭波, 孔冬艳, 黄亚娟, 等. 水稻 *O*sAAP6 基因结构与功能的生物信息学分析[J]. *西南农业学报*, 2018, 31(3): 429-436.
- PENG Bo, KONG Dongyan, HUANG Yajuan, et al. Bioinformatics analysis of *O*sAAP6 gene structure and function in rice[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31(3): 429-436.
- [22] 巫群, 李永亮, 邹肖肖, 等. 小麦 *TaZFP33* 基因克隆、生物信息学分析、亚细胞定位与表达分析[J]. *生物学杂志*, 2021, 38(6): 9-14.
- WU Qun, LI Yongliang, ZOU Xiaoxiao, et al. Cloning, bioinformatics analysis, subcellular localization and expression analysis of *TaZFP33* gene from *Triticum aestivum*[J]. *Journal of Biology*, 2021, 38(6): 9-14.
- [23] 黄惻隐, 赵永彬, 陈荣辉, 等. 白及 *MSI1* 基因的序列分析及 SSR 多态性分析[J]. *生物资源*, 2021, 43(3): 218-224.
- HUANG Ceyin, ZHAO Yongbin, CHEN Ronghui, et al. Sequence analysis and SSR polymorphism analysis of *MSI1* gene in *Bletilla striata*[J]. *Biotic Resources*, 2021, 43(3): 218-224.
- [24] 徐宗昌, 孔英珍. 普通烟草 *CESA* 基因家族成员的鉴定、亚细胞定位及表达分析[J]. *遗传*, 2017, 39(6): 512-524.
- XU Zongchang, KONG Yingzhen. Genome-wide identification, subcellular localization and gene expression analysis of the members of *CESA* gene family in common tobacco (*Nicotiana tabacum* L.)[J]. *Hereditas*, 2017, 39(6): 512-524.
- [25] TENG Xuan, ZHONG Mingsheng, ZHU Xiaopin, et al. *FLOURY ENDOSPERM16* encoding a NAD-dependent cytosolic malate dehydrogenase plays an important role in starch synthesis and seed development in rice[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 17(10): 1914-1927.
- [26] 胡贤巧, 张卫星, 邵雅芳, 等. 我国近 20 年稻米品质优质率状况分析[J]. *中国稻米*, 2021, 27(4): 84-87.
- HU Xianqiao, ZHANG Weixing, SHAO Yafang, et al. Analysis on high quality rate of rice in China during recent 20 years[J]. *China Rice*, 2021, 27(4): 84-87.

责任编辑:任长江