**附件2：**

**《江西农业大学学报》论文模板**

**XXXX对超级晚稻产量的影响**

**XXX**1,2 ，**XXX**[[1]](#footnote-0)\* ，**XXX**1

**（**1. 江西农业大学 XXX学院，江西 南昌330045；2. 中国XXX研究所，北京100000）

**摘要：**【目的】针对**……**【方法】以超级晚稻为材料，采用裂区设计，研究了XXX对其产量的影响。【结果】4个产量因素的影响达极显著水平**……**【结论】**……**

**关键词：**超级晚稻；XXXX；产量

**Effects of XXXX on Yield of Super Late Rice**

**XXX** 1，2 , **XXX** 1\* , **XXX** 1

(1.College of **XXX,** Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045，China；2. China Academy of **XXX**，Beijing 100000，China)

**Abstract:** [**Objective**]**……**[**Method**]Using **……**, effects of **XXX** on the yield were studied with double-cropping super late rice. [**Result**] The results showed that grain yield and its 4 components were influenced significantly(P＜0.01) by**……**[**Conclusion**] **……**

**Keywords:** super late rice；**XXX**；yield

中图分类号:xxx 文献标志码:A 文章编号:1000-2286（20xx）xx

【研究意义】近年来，随着城市规模迅速发展，**……**相比常规的育秧移栽，直播稻具有高效，成本低等优点[1]。**……**【前人研究进展】章孟臣等[5-6]利用不同淹水深度对113份品种进行淹水胁迫，结果表明水深增加，**……**【本研究切入点】目前直播稻芽期耐淹性筛选主要停留在对胚芽鞘的研究，对淹水胁迫下成苗能力的研究相对**……**【拟解决的关键问题】本研究通过主成分分析法和聚类分析来探讨直播早稻耐淹性评价标准和筛选耐淹**……**

**1 材料与方法**

**1.1 试验材料**

试验于20xx年和20xx年在xxx**……**进行。超级晚稻供试品种为**……**，试验田pH 5.52；有机质39.7 g/kg；全氮1.985 g/kg；速效氮124.2 mg/kg；速效磷(P2O5) 36.24 mg/kg；速效钾(K2O) 90.12 mg/kg。

**1.2 试验设计**

采用裂区设计，主区为xxxx，设xxxx、xxxx、xxxx，和xxxx；副区为xxxx，设xxxx、xxxx、xxxx，和xxxx。3次重复，主区面积45 m2，裂区面积15 m2。

**1.3 测定项目与方法**

1.3.1 分蘖动态 移栽后每处理定20蔸，与栽插行方向垂直，两边各10蔸，从移栽后第4 天开始，每隔4 d调查一次茎蘖数，直到田间茎蘖数稳定。

1.3.2 有关指标的计算方法

xxxx表观利用率=[(xx区植株总xx量－空白区植株总xx量)/ xx量]×100％ （1）

生产100 kg籽粒需xx量=(植株总xx量/稻谷产量)×100 （2）

**2 结果与分析**

**2.1 xxxx对产量及产量构成因素的影响**

方差分析（表1）表明，xxxx对产量及4个产量构成因素的影响均极显著。

**表1 9个农艺性状的配合力方差分析**

**Tab.1 Mean squares of variance analysis and combining ability of 9 traits**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 性 状Traits | 播始历期Day from sowing to heading | 株高/cmPlant height | 单株有效穗数Number of effective tillers per plant | 穗长/cmPanicle length | 每穗总粒数Spikelets per panicle | 每穗实粒数Full spikelets per panicle | 结实率Seed setting rate | 千粒质量/g1 000-grain weight | 产量/(t·hm-2)Yield |
| 组合Combination | 8.55\*\* | 63.95\*\* | 7.49\*\* | 8.00\*\* | 4 038.61\*\* | 2 793.04\*\* | 114.35\*\* | 4.41\*\* | 4.09\*\* |
| 不育系 Sterile line | 277.97\*\* | 191.79\*\* | 3.68\*\* | 4.68\*\* | 3 643.23\*\* | 1 996.98\*\* | 71.06\*\* | 7.48\*\* | 4.67\*\* |
| 恢复系Restorer line | 277.82\*\* | 40.42\*\* | 3.57\*\* | 31.04\*\* | 14 000.46\*\* | 7 204.04\*\* | 305.77\*\* | 2.72\*\* | 4.04\*\* |
| 不育系×恢复系Sterile line×restorer line | 1 015.79\*\* | 27.21\*\* | 9.74\*\* | 3.35\*\* | 1 679.95\*\* | 1 955.64\*\* | 80.93\*\* | 3.81\*\* | 4.66\*\* |

\*\*表示差异1%水平显著性

\*\* significant at 0.01 level

 1 2 3 4 5 6 7 M

2000 bp

1000 bp

500 bp

750 bp

457 bp

1:巴氏杆菌;2:支原体;3:胸膜肺炎放线杆菌;4:波氏杆菌;

5:大肠杆菌;6:链球菌;7:副猪嗜血杆菌;M:DL 2000

1:PM;2:Pms;3:App;4:Bb;5:*E.coli*;6:*Streptococcus*;

7:HPS;M:DL 2000

图1　多杀性巴氏杆菌 PCR 特异性试验结果

Fig.1 The PCR product of PM



图2 猕猴桃贮藏期间果实硬度变化

Fig.2 Changes in firmness during kiwifruit storage

**3 结论与讨论**

**……**本研究表明，XXXX随着施氮量的增加而增加；不同密度间的产量差异也达显著水平（表2），但这种差异主要表现在不施氮条件下，施氮条件下不同密度之间的产量差异不显著（表3）。生产实践表明，欲发挥品种的产量潜力，必须良种良法配套。其中，XXXX最为重要。对一季稻的研究表明，在XXXX的情况下，适度稀植有利于超级稻品种获得高产[11,13-15]。**……**

**致谢**

XX大学生命科学学院XX博士对研究给予了帮助，谨致谢意!

**参考文献：**

[1] Ebert A D, Yu J, Rose F F, Jr, et al. Induced pluripotent stem cells from a spinal muscular atrophy patient[J]. Nature, 2009, 457(7227):277-280.

[2] 廖伏明, 周坤炉, 盛孝邦, 等. 籼型三系杂交水稻主要农艺性状配合研究[J]. 作物学报, 1999, 25(5): 622-631.

Liao F M, Zhou K L, Sheng X B,et al. Studies on combining ability of major agronomic characters in three1ine indica hybrid rice[J]. Acta Agronomica Sinica, 1999, 25(5): 622-631.

[3] 宋宇, 邹小云, 贺浩华, 等. 籼型三系杂交水稻产量及相关性状的配合力分析[J]. 江西农业大学学报, 2004, 26(5): 719-725.

Song Y, Zou X Y, He H H,et al. Analysis on combining ability of yield characters and related characters in three-line indica hybrid rice[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2004, 26(5): 719-725.

[4] Arora D. Mushrooms demystified[M]. Berkeley, California: Ten Speed Press, 1986: 120-126

[5] 包建中, 古德祥．中国生物防治[M]．太原: 山西科学技术出版社, 1998: 133-139.

Bao J Z, Gu D X. Biological control in China[M]．Taiyuan: Shanxi Science and Technology Publishing House, 1998: 133-139.

[6] 莎姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 分子克隆实验指南[M]. 黄培堂, 译．3版. 北京: 科学出版社, 2003: 26-30

Sambrook J, Russell D W. The condensed protocols from molecular cloning: a laboratory manual[M]. Huang P T,translate.3rd ed.Beijing:Science Press, 2002: 26-30.

[7] Tukey H B. Leaching of substances from plants [M]// Preece T E , Dickinson C H. Ecology of leaf surface micro-organisms. London:Academic Press,1971: 67-80.

[8] 李增智, 王联德．昆虫病原真菌的利用[M]//林乃铨．害虫生物防治．北京: 科学出版社, 2010: 239-265．

Li Z Z,Wang L D.The use of entomopathogenic fungi[M]//Lin N Q. Biological pest control.Beijing:Science Press, 2010: 239-265．

[9] Lima M B. Studies on species of the genus *Xiphinema* and other nematodes[D]. London :University of London. 1965.

[10] 李杨.保水剂与肥料及土壤的互作机理研究[D].北京:北京林业大学,2012.

Li Y. Study on the interaction mechanism of SPA and fertilizer and soil[D].Beijing: Beijing Forestry University,2012.

[11] 新华社.生态专家提出大力发展构树产业[EB/OL].(2007-06-12)[2011-01-10] . http://news.163.com/07/0612/16/3GQ5LCT6

0001124J.html.

[12] 丁文祥.数字革命与革命国际化[N]. 中国青年报, 2000-11-20（15）.

[13] 张旭,姚明印,刘木华,等.海带中铬含量的激光诱导击穿光谱研究分析[J].江西农业大学学报,2012,34(1):187-190.

Zhang X,Yao M Y,Liu M H,et al.Quantitative analysis of chromium in kelp by laser-induced breakdown spectroscopy[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2012,34(1):187-190.

[14] 蔡耀辉, 聂元元, 颜龙安, 等. 杂交晚籼新组合“荣优225”的选育及高产原因分析[J]. 江西农业大学学报, 2010, 32( 5) : 876-880.

Cai Y H,Nie Y Y,Yan L A, et al.Breeding of new indica hybrid rice combination Rongyou 225 and analysis of the reasons for its high yield[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2010, 32( 5) : 876-880.

[15] 李治国, 刘林. 雄性多能性生殖干细胞及其应用于制作转基因动物的潜能[J]. 江西农业大学学报, 2010, 32( 5) :855-859.

Li Z G,Liu L.Pluripotent male germline stem cells and their potential in generation of transgenic animals[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2010, 32( 5) :855-859.

**文章末页作者信息（编辑部存档使用）：**

作者简介：一作，出生年，性别，职称，学历，主要研究方向，ORCID，E-mail，手机号码；通信作者，职称，学历，主要研究方向，ORCID，E-mail。

**摘要与引言具体说明和示例：**

摘要按照结构式长摘要书写，500~800字。摘要中各要素须用完整的语句阐述，摘要整体应是一篇小短文，应能比较完整地再现论文的主要内容。写作顺序为：目的、研究的基本方法和过程、最主要的结果和结论。在摘要中须保留【目的】【方法】【结果】【结论】要素名，符号使用实心方头括号“【】”。英文摘要对照处理，用完整的句子分别说明研究的[**Objective**][**Method**][**Result**][**Conclusion**]，符号使用中括号“[]”。

引言按照“研究意义（研究的重要性和研究意义）、前人研究进展（与本研究有关的主要作者的最主要进展应尽可能高度概括性地列出，要有文献支持，注意引用高影响的文献，尽可能不引用教科书，国外文献和新近发表文献应占相当比例）、本研究切入点（前人研究的不足或需要完善的地方）、拟解决的关键问题（研究工作的开展和解决的问题）”展开。在引言中须保留【研究意义】【前人研究进展】【本研究切入点】【拟解决的关键问题】要素名，分段书写，符号使用实心方头括号“【】”。

摘要示例：

【目的】扩展蛋白（Expansin）是细胞壁的重要组成部分,在植物的生长发育及逆境胁迫应答等方面均发挥着重要作用。基于全基因组水平系统鉴定陆地棉Expansin基因家族,并通过生物信息学及表达模式分析,为揭示扩展蛋白基因在棉花生长发育中的功能及后续利用奠定基础。【方法】利用BLAST和HMMER在陆地棉基因组中搜索并鉴定扩展蛋白基因家族成员;利用ClustalW、MEGA、MCScanX、Prot Param、MEME、SignalP、Euk-mPLoc、FancyGene和DnaSP等软件对其基因序列和蛋白序列进行生物信息学分析。通过RNA-seq数据分析扩展蛋白基因的表达模式和部分同源基因间表达差异,利用qRT-PCR验证部分扩展蛋白基因的表达谱。【结果】 陆地棉基因组中含有46个EXPA基因、8个EXPB基因、6个EXLA基因和12个EXLB基因,合计72个Expansin基因;四倍体陆地棉中扩展蛋白成员的数量几乎是二倍体棉种（亚洲棉与雷蒙德氏棉）的2倍。除GhA02和GhD06 2个染色体外,其余各染色体上均分布有数目不等的扩展蛋白基因（2—4个）,具有部分同源关系的染色体GhA08和GhD08分别有5个和8个扩展蛋白基因。系统发育树显示,各亚家族成员聚集成群,并且大部分的末端分支均由来源于3个物种的4个（亚）基因组的4个基因组成,如EXPA亚家族的*Cotton\_A\_28454*/*Gh\_A03G0885*/*Gh\_D02G1269*/*Gorai. 005G142200*等等,4个基因之间具有同线性关系。亚细胞定位发现陆地棉所有的扩展蛋白均位于细胞外。基因结构分析显示,扩展蛋白基因由3—5个外显子组成,外显子-内含子结构在进化上高度保守且与氨基酸序列的多样性一致,且在外显子上存在密码子偏好性。RNA-seq数据显示,不同基因在不同时空条件下存在特异性表达,如*GhEXPA19A*和*GhEXPA19D*相比其他基因在纤维10 DPA和20 DPA中的表达量很高;在不同的组织（如子叶、新叶、老叶、苞叶）中,*GhEXPA24D*具有较高的表达量。部分同源基因之间具有不同的表达模式,显示它们之间功能的异化与互补。qRT-PCR结果与RNA-seq数据基本吻合,如*GhEXLA3A*和*GhEXLA3D*在纤维发育的伸长阶段高量表达。*GhEXPA19D*和*GhEXLA2D*在3DPA的胚珠中表达活跃。【结论】 陆地棉基因组中含72个扩展蛋白基因,其在DNA水平和氨基酸水平具有一致的结构多样性和进化保守性,在转录水平具有各异的表达模式,显示出家族内成员间功能上的异化与互补。

[**Objective**] Expansins are a group of non-enzymatic proteins found in the plant cell wall, with important roles in plant growth, development, biotic and abiotic stress responses. To date, no systematic study on the molecular characterization, phylogeny and expression profiling of the upland cotton Expansin gene family has yet been conducted. In this study, a genome-wide identification, characterization and expression analysis of the Expansin gene family in upland cotton was performed. [**Method**] The members of the Expansin gene family in the upland cotton genome were identified by using the bioinformatics tools BLAST and HMMER, and were further analysed by using a combination of the bioinformatics softwares, such as ClustalW, MEGA, MCScanX, Prot Param, MEME, SignalP, Euk-mPLoc, Fancy Gene and DnaSP. The spatiotemporal expression patterns of the upland cotton Expansin gene family, and the differential expression of some Expansin homoeologs during the different stages of growth were determined by publicly available RNA-seq data. The expression patterns of some candidate Expansin genes were further validated by qRT-PCR. [**Result**] In the allotetraploid upland cotton, 72 expainsin-coding genes are identified, which is approximately twice as many as in the two diploid cotton species (*Gossypium arboretum* and *G. raimondii*), and these Expansin-coding genes are grouped into four subfamilies: 46 α-expansins (EXPAs), 8 β-expansins (EXPBs), 6 Expansin-like As (EXLAs), and 12 Expansin-like Bs (EXLBs). Except the two chromosomes GhA02 and GhD06, Expansin-coding genes are unevenly distributed across the other chromosomes ranging from 2 to 4, while the chromosomes GhA08 and GhD08 harbors 5 genes and 8 genes, respectively. Phylogenetic tree reveals that the members of the same subfamily are clustered together. In most cases, four Expansin members from the four (sub-)genomes of three cotton species (*G. hirsutum*, *G. arboretum* and *G. raimondii*) tends to cluster together within a given clade, for example, EXPA subfamily members *Cotton\_A\_28454/Gh\_A03G0885/Gh\_D02G1269/Gorai.005G142200* which are located on collinear blocks are clustered into a clade. The computational prediction tool shows that all the Expansin proteins are predicted to be extracellular. The exon-intron structure analysis reveals that the upland cotton Expansin-coding genes typically consist of 3-5 exons interrupted by multiple introns, share an evolutionarily conserved exon-intron structure (consistent with the diversity of amino acid sequences), and have codon usage bias. RNA-seq data shows that different Expansin-coding genes are expressed in a stage- and tissue-specific manner during the developmental stages. For example, transcripts for *GhEXPA19A* and *GhEXPA19D* are highly abundant in the fire 10 days post anthesis (DPA) and 20 DPA when compared with other Expansin-coding genes. *GhEXPA24D* is highly expressed in few tissues, including cotyledons, new leaves, old leaves and bracts. Homoeologous genes exhibits different expression profiles, indicating the functional divergence and complementation. The qRT-PCR results are consistent with the RNA-seq data with the same trends for the expression of each Expansin-coding gene. For instance, *GhEXLA3A* and *GhEXLA3D* are highly expressed during the fiber elongation stage. *GhEXPA19D* and *GhEXLA2D* are highly expressed in the ovule at 3 DPA.[**Conclusion**]The upland cotton genome contains 72 Expansin-coding genes which encode protein exhibiting the same structural diversity and evolutionary conservation as the coding DNA sequences of expansins, and which display diverse and dynamic expression patterns, implying functional conservation and divergence among the members of cotton Expansin genes.

引言示例：

【研究意义】棉花是一种重要的纤维作物。棉纤 维是由胚珠外表皮的单个细胞发育而成，是高度伸长、 增厚、没有分支的单细胞表皮毛，与拟南芥表皮毛的 发生机制相似。细胞壁对棉纤维的品质起决定作用， 是改良棉花品质的重要途径之一。棉纤维的伸长与细胞壁松弛联系密切，扩展蛋白能够打断纤维素微丝间的氢键，从而使细胞壁延展疏松[1]。研究表明，扩展蛋白在植物的生长发育与逆境胁迫应答等方面具有重要作用，对棉花的遗传改良具有潜在价值。【前人研究进展】1992 年，MC QUEEN-MASON 等[2]从黄瓜下胚轴细胞壁中分离纯化得到2 个分子量为29 和30 kD能诱导细胞壁恢复酸生长的蛋白。这种蛋白粗提液可在体外诱导热失活细胞壁的重新伸展，但伸展过程受到pH 和金属离子等因素的影响。研究发现，这种现象是由细胞壁上的一类细胞壁疏松蛋白介导的，因而将其命名为扩展蛋白（Expansin）[3]。扩展蛋白能够打断细胞壁多糖之间的非共价键，从而使细胞壁聚合物发生膨压诱导的蠕动，对细胞壁起到疏松作用，使细胞壁的柔韧性增加而松弛[4-5]。随后，人们相继从水稻[6]、玉米[7]、拟南芥[6]、大豆[8]、番茄[9]、葡萄[10]等100 多个物种的细胞壁中也鉴定出扩展蛋白，推测扩展蛋白广泛存在于双子叶植物和单子叶植物中。研究表明，扩展蛋白能影响植物的生长发育，诸如促进组织细胞的生长[11]、种子发育[12]、根毛起始和根系生长[13-14]、叶和茎的发育[15-19]、花粉管伸长[20-21]、促进叶柄脱落[16]、果实成熟[22-23]和降低番茄的裂果率[24]等。另外，在植物抗逆性方面，扩展蛋白也发挥着重要作用，如抗旱性[25-26]、耐盐性[27-28]、抗高温[29]和抗病性[30]等。棉花为人类提供了一种优良的天然纤维，其发育过程包含5 个彼此重叠的时期，依次为起始期（initiation）、伸长期（elongation）、初生壁向次生壁发育的转换期（ transition ） 、次生壁合成期（ secondary wallbiosynthesis）和脱水成熟期（maturation）[31]。研究表明，扩展蛋白在转录水平上与棉纤维的伸长联系紧密[32-33]，许多扩展蛋白基因在纤维细胞的伸长中高度表达[34-35]。XU 等[36]发现在棉花中过表达*GhEXPA1*可以显著增加棉铃数量，单株棉花纤维产量可增加40%，对纤维品质和棉株生长没有不利的影响。LI等[37]发现*GbEXPATR*（来自At 亚基因组，是Dt 亚基因组中*GbEXPA2* 的部分同源基因）在次生壁合成和代谢中发挥重要作用。BAJWA等[38]发现，转*GhEXPA8*棉株的纤维长度和马克隆值均有显著提高。以上研究结果均表明扩展蛋白在棉花中具有重要的作用。 【本研究切入点】2012 年，WANG 等[39]和PATERSON等[40]分别完成了棉花D 基因组雷蒙德氏棉（*G.raimondii*）的全基因组测序工作；2014 年，LI 等[41]完成了棉花A 基因组亚洲棉（*G. arboretum*）石系亚1号的全基因组测序及组装工作，绘制出的亚洲棉基因组约为1 694 Mb。在上述成果的基础上，2015 年，LI等[42]和ZHANG 等[43]分别独立完成了异源四倍体陆地棉（*G. hirsutum*）TM-1 的全基因组测序及组装。随后，CHEN（https://www.cottongen.org/species/Gossypium\_hirsutum/jgi-AD1\_genome\_v1.1）、WANG 等[44]和HU等[45]分别对棉属的基因组序列图谱进行了更新和完善，为在陆地棉全基因组范围内系统进行扩展蛋白基因家族的鉴定、进化和功能分析提供了条件。【拟解决的关键问题】本研究基于陆地棉及相关二倍体棉种的基因组测序的序列信息，对棉花扩展蛋白基因家族进行筛选鉴定，并从DNA 水平（基因外显子-内含子结构、密码子偏好性、同线性）、RNA 水平（基于RNA-seq 和qRT-PCR 的基因表达模式、部分同源基因间表达丰度差异）和氨基酸水平（信号肽、模体结构、理化性质及亚细胞定位）对其进化及功能进行分析，为进一步研究扩展蛋白在棉花（纤维）生长发育等生物学过程中的功能奠定基础。

1. 收稿日期：20xx-xx-xx 修回日期：20xx-xx-xx

基金项目：国家自然科学基金(编号)和中国科学院战略性先导科技专项(编号)

Project supported by the National Natural Science Foundation of China (No. )and the Priority Research Program of the Chinese Academy of Sciences(No.)【增加资助项目的英文对照，实词首字母大写】

作者简介：xxx，ORCID（格式为：orcid.org/0000-0001-0000-0000），xxxxxx@xxxx.com；\*通信作者：xxx, 职称，学历，（如为博士生导师请注明），主要研究方向，ORCID（格式为：orcid.org/0000-0001-0000-0000），xxxxxx@xxxx.com。

注册ORCID方法：请登录学报新投稿系统，https://www.scicloudcenter.com/AAUJ/createUser/index，点击“注册账号”后在“ORCID®”下方选择 “创建ORCID” 即可注册。

**文章末页作者信息（编辑部存档使用）：**

作者简介：一作，出生年，性别，职称，学历，主要研究方向，ORCID，E-mail，手机号码；通信作者，职称，学历，（如为博士生导师请注明），主要研究方向，ORCID，E-mail。 [↑](#footnote-ref-0)