

补充表 1 微藻盐胁迫下的“组学”研究总结

Table S1 Summary of "omics" research on microalgae under salt stress

组学方法	研究对象/胁迫条件	研究方法	研究发现	参考文献
Omics approach	Species/ stress conditions	Approach	Results	References
转录组学 Transcriptomics	<i>C. reinhardtii</i> ; 200 mmol/L NaCl, 2-96 h	RNA-seq	①共检测到 12 445 个差异表达基因 (DEGs)。 ②短期暴露盐胁迫会损害氧化还原、蛋白质合成和修饰以及光合作用。 ③在早期 (2-4 h) 快速积累甘油, 以应对渗透胁迫。 ④在 12 和 24 h, 细胞显示信号和光合基因表达增加, 以应对光合作用的损伤。	[15]
分泌组学 Secretomics	<i>C. reinhardtii</i> ; (驯化能产生在 300 mmol/L NaCl 正常生长的细胞)	GeLC-MS/MS	①总共鉴定出 514 种分泌蛋白。其中 70 个蛋白表达上调, 51 个蛋白表达下调。 ②膜转运蛋白、信号转导蛋白和通道蛋白在耐盐细胞分泌体中的表达发生了显著改变。	[16]
蛋白质组学 Proteomics	<i>C. reinhardtii</i> ; (200 mmol/L NaCl, 0、11、18 h); <i>C. nivalis</i> ; (200 mmol/L NaCl, 0、80 和 168 h)	iTRAQ	①两种微藻的应激相关蛋白、光合作用蛋白、碳水化合物蛋白和脂质代谢蛋白的丰度差异较大。 ② <i>C. reinhardtii</i> 的光合作用和呼吸速率相对于 <i>C. nivalis</i> 降低, <i>C. nivalis</i> 随着盐胁迫时间的推移, 它的脂肪酸含量增加。	[17]
转录组学 Transcriptomics	<i>C. reinhardtii</i> ; 200 mmol/L NaCl, 24 h	RNA-seq	①共检测到 10635 个 DEGs。 ②盐胁迫增加了细胞内过氧化水平积累, 抑制了光合电子流动。 ③通过调节磷脂维持脂质稳态来降低光合作用带来的损害。 ④通过增强糖酵解代谢减少细胞内碳水化合物化合物的积累。	[83]
蛋白质组学 Proteomics	<i>C. reinhardtii</i> ; (驯化能产生在 300 mmol/L NaCl 正常生长的细胞)	2-DE	①参与膜运输、胁迫和防御、铁摄取和代谢以及蛋白降解的蛋白质显著上调。 ②揭示了几个重要的看家蛋白上的盐碱度特异性翻译后修饰 (post-translational modifications, PTMs)。	[84]
转录组学 Transcriptomics	<i>D. salina</i> ; 3 mol/L NaCl , 15、30、60、120 min	RNA-seq	①共检测到 4415 个 DEGs。 ②DEGs 涉及多种蛋白, 包括光合作用、转录、细胞骨架、转运蛋白、糖酵解途径和抗氧化系统中的相关蛋白。 ③在诱导最快和最强烈的基因中, 乙	[32]

转录组学 Transcriptomics	<i>D. salina</i> ; 2.5 mol/L NaCl, 0、0.5、1 和 2 h	RNA-seq	醛酸循环和脂肪酸去饱和和相关基因暗示盐胁迫下，生长培养基渗透压的快速变化能显著诱导微藻的光呼吸作用。	[85]
蛋白质组学 Proteomics	<i>D. salina</i> ; 3 mol/L NaCl, 3 和 24 h	iTRAQ	<p>对高盐胁迫的响应是一个系统的过程：</p> <p>①可能涉及光合作用、固碳和血红素生物合成过程增强。</p> <p>②可能涉及蛋白质周转、剪接体、内质网中蛋白质加工和吞作用，以及淀粉降解、甘油合成、膜脂去饱和的加速。</p> <p>①鉴定了 141 个差异丰富蛋白 (DAPs)，其中 75 个上调，66 个下调。</p> <p>②多种 DAPs 主要参与光合作用、ATP 合成和氧化磷酸化。</p> <p>③盐胁迫损害了一些重要的代谢途径，包括糖酵解、嘌呤和叶绿素代谢。</p>	[86]

补充表 2 在微藻中经证实表征为耐盐基因的总结

Table S2 Summary of salt-tolerant genes confirmed in microalgae

基因名称 Gene Name	来源物种 Organism From	转化物种 Organism Transformed	耐盐效果 Salt-tolerance Effects	参考文献 References
有丝分裂原活化蛋白激酶 MEK1	<i>D. salina</i>	<i>D. salina</i>	DsMEK1-X1 通过减少氧化损伤来响应盐胁迫, DsMEK1-X2 通过调节甘油合成来维持渗透压平衡来响应盐胁迫。	[49]
<i>Aphp</i> 基因编码的 Na ⁺ H ⁺ 逆向转运体	<i>A. halophytica</i>	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7942	能够使淡水蓝藻在 0.5 M NaCl 的 BG11 培养基中生长。	[50]
F1F0-type Na ⁺ -ATP synthase (ApNa ⁺ -ATPase) operon (ApNa ⁺ -atp)	<i>A. halophytica</i>	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7942	能够使淡水蓝藻在 0.5 M NaCl 的 BG11 培养基中生长。	[51]
甘氨酸甜菜碱合成途径中的关键酶 ApGSMT-DMT	<i>A. halophytica</i>	<i>Anabaena</i> sp. PCC 7120	表达 ApGSMT-DMT 的鱼腥藻 <i>Anabaena</i> sp. PCC 7120 能够合成甘氨酸甜菜碱, 并赋予鱼腥藻耐盐性 (0.12 M NaCl)。	[54]
未知功能基因 <i>Ds-26-16</i>	<i>D. salina</i>	<i>tobacco</i>	转基因烟草在 0.17 M NaCl 下表现出叶面积、茎高、根长、叶绿素总量和葡萄糖含量的增加, 脯氨酸含量、过氧化物酶活性和抗坏血酸含量降低。	[76]
分子伴侣 Dnak	<i>A. halophytica</i>	<i>Tobacco</i>	增加了烟草的耐盐性 (0.6 M NaCl) 和耐高温性 (40°C)。	[79]
含锰超氧化物歧化酶 MnSOD	<i>D. salina</i>	<i>E. coli</i>	不仅可以补充 <i>E. coli</i> SOD 活性的缺陷, 而且与野生型菌株的耐受性相比, 它的高盐和长时间 UV 暴露下具有更强耐受性。	[87]
乳腺基本保守基因 (<i>bbc1</i>)	<i>Chlamydomonas</i> sp. W80	<i>E. coli</i>	在 3% NaCl 培养基中, 与对照细胞相比, 在具有 <i>bbc1</i> 基因的大肠杆菌细胞中观察到更好的最大生长水平的细胞生长。	[88]
谷胱甘肽过氧化物酶 (GPX)	<i>Chlamydomonas</i> sp. W80	<i>Tobacco</i>	在 250 mM NaCl 胁迫下, 施用甲基紫精 (MV: 50 μM) 诱导的转基因植株对氧化胁迫的耐受性增强。	[89]
第 3 组晚期胚胎发生丰富蛋白基因 (<i>cw80lea3</i>)	<i>Chlamydomonas</i> sp. W80	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7942	<i>cw80lea3</i> 缺乏 ABA 调控, 转化子能耐受 2.5% NaCl, 而对照组仅耐受 1% NaCl。	[90]
丝氨酸羟基转移酶 (SHMT)	<i>A. halophytica</i>	<i>Synechococcus elongatus</i> PCC 7942	转化细胞中的磷酸化丝氨酸生物合成途径和光呼吸途径中的酶水平升高; 甘氨酸水平也增加; 同时能使转化细胞在 0.3M NaCl 条件下正常生长。	[91]
一些未知功能基因	<i>Chlamydomonas</i> sp. W80	<i>E. coli</i>	转化子在 3% NaCl 培养基上的生长情况优于对照, 即使在 5% NaCl 培养基上也能保持生长。	[92]

- [83] Wang N, Qian ZX, Luo MW, et al. Identification of salt stress responding genes using transcriptome analysis in green Alga *Chlamydomonas reinhardtii* [J]. Int J Mol Sci, 2018, 19(11): 3359.
- [84] Sithisarn S, Yokthongwattana K, Mahong BC, et al. Comparative proteomic analysis of *Chlamydomonas reinhardtii* control and a salinity-tolerant strain revealed a differential protein expression pattern [J]. Planta, 2017, 246(5): 843-856.
- [85] He QH, Lin YQ, Tan H, et al. Transcriptomic profiles of *Dunaliella salina* in response to hypersaline stress [J]. BMC Genomics, 2020, 21(1): 115.
- [86] Wang Y, Cong YT, Wang YH, et al. Identification of Early Salinity Stress-Responsive Proteins in *Dunaliella salina* by isobaric tags for relative and absolute quantitation (iTRAQ)-Based Quantitative Proteomic Analysis [J]. Int J Mol Sci, 2019, 20(3): 599.
- [87] Zhang S, Li XR, Xu H, et al. Molecular cloning and functional characterization of MnSOD from *Dunaliella salina* [J]. J Basic Microbiol, 2014, 54(5): 438-447.
- [88] Miyasaka H, Kanaboshi H, Ikeda K. Isolation of several anti-stress genes from the halotolerant green alga *Chlamydomonas* by simple functional expression screening with *Escherichia coli* [J]. World J Microbiol Biotechnol, 2000, 16(1): 23-29.
- [89] Yoshimura K, Miyao K, Gaber A, et al. Enhancement of stress tolerance in transgenic tobacco plants overexpressing *Chlamydomonas* glutathione peroxidase in chloroplasts or cytosol [J]. Plant J, 2004, 37(1): 21-33.
- [90] Tanaka S, Ikeda K, Miyasaka H. Isolation of a new member of group 3 late embryogenesis abundant protein gene from a halotolerant green alga by a functional expression screening with cyanobacterial cells [J]. FEMS Microbiol Lett, 2004, 236(1): 41-45.
- [91] Waditee-Sirisattha R, Kageyama H, Tanaka Y, et al. Overexpression of halophilic serine hydroxymethyltransferase in fresh water *Cyanobacterium Synechococcus elongatus* PCC7942 results in increased enzyme activities of serine biosynthetic pathways and enhanced salinity tolerance [J]. Arch Microbiol, 2017, 199(1): 29-35.
- [92] Tanaka S, Suda Y, Ikeda K, et al. A novel gene with antisalt and anticadmium stress activities from a halotolerant marine green alga *Chlamydomonas* sp. W80 [J]. FEMS Microbiol Lett, 2007, 271(1): 48-52.