

## 创新机遇

## 农作物重金属低积累品种快速筛选评价办法

马跃<sup>1,\*</sup>

1 中关村 NMT 产业联盟, 北京, 中国, 100080

**摘要:** 农作物根据可食用部位的不同, 农业生产上对农作物吸收转运重金属能力的要求不同。对于地下部分为可食用部位的农作物, 要求地下部分重金属积累的越少越好, 非损伤微测技术 (NMT) 可以检测活体水稻根系吸收及往地上部分转运  $\text{Cd}^{2+}$ 、 $\text{Pb}^{2+}$ 、 $\text{Cu}^{2+}$  的速率, 根系吸收重金属离子速率越低, 往地上部分转运速率越高的, 其地下部分重金属积累越少。反之, 根系吸收重金属离子速率越低, 往地上部分转运速率越低的, 其地上部分重金属积累越少。

**关键词:** 非损伤微测技术; 重金属; 污染; 农作物

## 1 背景

我国耕地土壤重金属污染严重, 根据统计, 我国耕地的土壤重金属污染概率为 16.67% 左右, 据此推断我国耕地重金属污染的面积占耕地总量的 1/6 左右。根据第三次全国国土调查情况, 我国耕地面积 19.18 亿亩, 由此可见, 全国耕地重金属污染面积约为 3.2 亿亩, 镉、铅、铜是主要的几种重金属污染元素, 其中, 镉的污染率高达 25.20%, 约 0.8 亿亩耕地土壤受到了镉污染, 而这些受到污染的耕地所产出的作物、蔬菜、瓜果等, 会对人体的健康产生严重危害。随着我国生命科学研究的发展, 一些作物、蔬菜、瓜果等已经诞生出低镉积累植株, 这些植株因为吸收镉、铅、铜等重金属污染元素的能力较弱, 所以, 自身所积累的重金属污染元素含量较低, 所产出的农产品较为安全。但是, 目前缺少可以在作物、蔬菜、瓜果植株种植前检测其吸收重金属污染元素能力的方法。

## 2 方法原理

### 2.1 技术基础

非损伤微测技术 (NMT)

### 2.2 检测原理

NMT 技术可以直接检测活体植株吸收土壤中重金属污染物质 (镉、铜、铅) 能力

### 2.3 判定标准

检测活体植株吸收重金属污染元素 (镉、铅、铜) 流速值判断其吸收能力

收稿日期: 2023-4-2

\* 通讯作者 E-mail: mayue@nmtia.org.cn

电话: 18501056738

## 2.4 方法优势

- (1) 效率高: 无需实地种植, 植株只需要经过短期培养, 就可以进行检测;
- (2) 精度高: 数量级可以达到 pico mole ( $10^{-12}$ )
- (3) 更准确: 检测环境可以模拟土壤中重金属物质浓度;
- (4) 周期短: 用活体生物实时、动态检测, 可以实现多种指标同步检测;

## 3 应用案例

案例: 快速筛选不同甜高粱品种吸收镉能力  
品种 H18 的镉吸收能力与品种 L69 相比要更强。

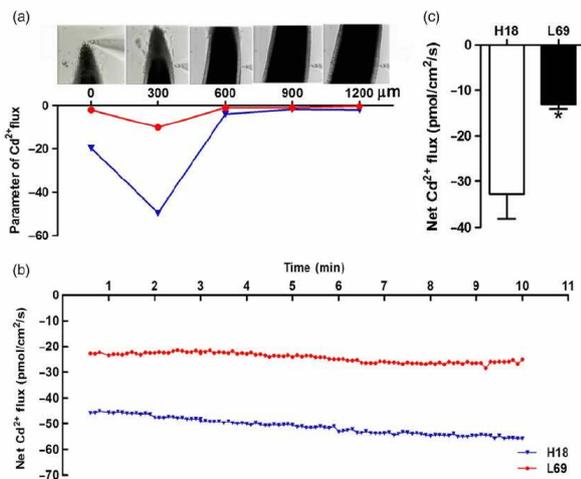


图: (a) 品种 H18 和品种 L69 根部不同部位吸收能力对比

(b) 品种 H18 和品种 L69 在距离根冠顶端 300 $\mu$ m 位置, 镉离子吸收能力对比

(c) 品种 H18 和品种 L69 10min 内平均镉离子吸收能力对比

## 4. 支持文献

- [1] Feng J, Jia W, Lv S, et al. Comparative transcriptome combined with morpho-physiological analyses revealed key factors for differential cadmium accumulation in two contrasting sweet sorghum genotypes[J]. Plant Biotechnology Journal, 2018.
- [2] Bza B, Jie M, Fc A, et al. Mechanisms underlying silicon-dependent metal tolerance in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum* - ScienceDirect[J]. Environmental Pollution, 262.
- [3] Han X, Zhang Y, Yu M, et al. Transporters and ascorbate-glutathione metabolism for differential cadmium accumulation and tolerance in two contrasting willow genotypes[J]. Tree Physiology, 2020.
- [4] Feng J, Jia W, Lv S, Bao H, Miao F, Zhang X, Wang J, Li J, Li D, Zhu C, Li S, Li Y. Comparative transcriptome combined with morpho-physiological analyses revealed key factors for differential cadmium accumulation in two contrasting sweet sorghum genotypes. Plant Biotechnol J. 2018 Feb;16(2):558-571. doi: 10.1111/pbi.12795. Epub 2017 Aug 3. PMID: 28703450; PMCID: PMC5787832.
- [5] 许越. 非损伤微测技术—2022[J].NMT 通讯,2022(01):11-17.

(责任编辑: 李雪霏)