



文献 CSTR:

32001.14.11-6035.nasdc.2024.0200.zh



文献 DOI:

10.11922/11-6035.nasdc.2024.0200.zh

数据 DOI:

10.57760/sciencedb.agriculture.00150

文献分类: 农学

收稿日期: 2024-11-28

录用日期: 2025-01-13

发表日期: 2025-03-13

* 论文通信作者

陈志军: chenzhijun@caas.cn

刘婷婷: liutingting@caas.cn

9 种赖氨酸基因修饰稻米品系主要营养成分数据集

刘艳^{1,2}, 金芬^{1,2}, 陈志军^{1,2*}, 刘婷婷^{3,4*}

1. 中国农业科学院农业质量标准与检测技术研究所, 北京 100081

2. 国家农产品质量安全数据中心, 北京 100081

3. 中国农业科学院农业信息研究所, 北京 100081

4. 国家农业科学数据中心, 北京 100081

摘要: 赖氨酸被认为是稻米中的第一限制性必需氨基酸, 提高谷物中赖氨酸含量一直是禾谷类作物营养品质改良的重要目标之一。本研究采集江苏地区 3 个不同试验田的 10 种稻米样品, 以粳稻品种武香粳 9 号作为野生型亲本, 对水稻胚乳中赖氨酸代谢途径进行改造, 对培育出的多份高赖氨酸基因修饰稻米新种质进行赖氨酸、总蛋白、总糖、总脂肪、总水分主要营养成分含量测定, 建立了多种高赖氨酸基因修饰稻米主要营养成分含量数据集。数据采集和处理过程严格遵循测量仪器数据质量控制和规范的要求。通过本数据集的建立, 可系统展示多种高赖氨酸基因修饰稻米主要营养成分含量情况, 了解不同类型高赖氨酸基因修饰稻米的主要营养成分的差异性; 为其赖氨酸代谢改变后, 是否会对稻米品质等产生影响, 以及对探究其影响因素提供科学依据, 为高赖氨酸稻米的品质评价及调控提供数据参考。

关键词: 高赖氨酸稻米; 营养成分含量

数据库(集)基本信息简介

数据库(集)名称	9 种赖氨酸基因修饰稻米品系主要营养成分数据集
数据通信作者	刘艳(liuyan09@caas.cn), 陈志军(chenzhijun@caas.cn)
数据作者	刘艳, 陈志军
数据时间范围	2020年
地理区域	江苏
数据量	1.5 MB
数据格式	*.xlsx, *.jpg
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00150
基金项目	国家重点研发计划(2023YFD1600302); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(Y2024JC07)。
数据库(集)组成	数据集由2部分数据组成。其一是样品信息和主要营养成分含量数据, 包括野生型及9个高赖氨酸基因修饰稻米新种质共10种类型, 90份稻米样品, 以及主要营养成分(赖氨酸、总蛋白、总糖、总脂肪、总水分)含量, 为xlsx格式; 其二是样品图片, 包含10种类型稻米样品图片, 为jpg格式。

引言

赖氨酸属必需氨基酸，在人体和动物中不能合成，只能从食物中获取。赖氨酸是禾谷类作物中第一限制性氨基酸^[1-2]，其含量较低会引起其他氨基酸的吸收受阻，从而影响稻米蛋白质的有效利用，造成食物营养组分和膳食结构的不平衡^[3-7]。因此，提高谷物中赖氨酸含量一直是禾谷类作物营养品质改良的重要目标之一。

目前，大量研究已经在拟南芥、稻米、玉米中通过提高氨基酸的合成效率，防止氨基酸分解代谢等方式以提高赖氨酸的含量，并取得了显著成效^[8-12]。扬州大学通过对稻米胚乳中赖氨酸代谢途径的改造，培育了多种高赖氨酸含量基因修饰稻米新种质。但对这些高赖氨酸基因修饰稻米新种质中赖氨酸代谢改变后，是否会对稻米其他主要营养品质产生影响，鲜有研究。

稻米中各个营养物质组成及其相对含量的高低对稻米品质具有一定程度的影响^[13-14]。本数据集对扬州大学江苏地区 3 个不同试验点的 9 种高赖氨酸基因修饰稻米及野生型品种中的主要营养成分含量进行定量，体现出样本中主要营养成分含量情况。以此为基础建立的高赖氨酸基因修饰稻米主要营养成分含量数据集，为挖掘不同类型高赖氨酸基因修饰稻米的差异性提供科学依据，为高赖氨酸稻米的品质评价及调控提供数据参考。

1 数据采集和处理方法

1.1 样本背景、采集及保存

1.1.1 样本背景

选取粳稻品种武香粳 9 号作为野生型亲本（转化供体）。通过对稻米胚乳中赖氨酸代谢途径的改造（图 1 为相关基因修饰载体构建示意图），反馈抑制不敏感或低敏感的相关基因，提高氨基酸的合成效率、防止氨基酸分解代谢等，产生基因修饰稻米品系，培育出多份高赖氨酸基因修饰稻米新种质。其中包含外源基因的基因修饰品系 2 个：35R-17 和 GR-14；稻米内源基因的基因修饰品系 7 个：35A2D1L-10, -21, -32；GA2D1L-4, -12, -23；Ri-17。

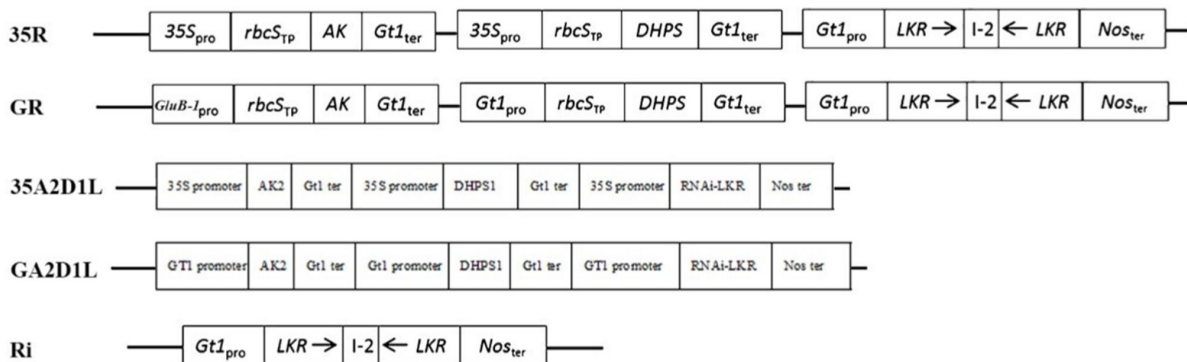


图 1 载体构建图

Figure 1 Vector construction diagram

1.1.2 样本采集及保存

野生型稻米样品及高赖氨酸基因修饰稻米样品均采自江苏 3 个不同试验田，按照标准栽培流程，在水稻正季种植所选样品，每个试验点每个类型设 3 个重复，随机区组，每个重复每个系至少种植 30 株；成熟后取中间株系收获种子。每个实验点每个类型采集 3 份混合样品作为生物学重复。共采集 90 份样品。立即置于液氮中，-80℃保存用于相关成分检测。

1.2 主要营养成分含量检测

称取 30 mg 样品，总蛋白、总糖、总脂肪、总水分分别依据标准《食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定国家》(GB 5009.5-2016)、《食品安全国家标准 食品中还原糖的测定》(GB 5009.7-2016)、《食品安全国家标准 食品中脂肪的测定》(GB 5009.6-2016)、《食品安全国家标准 食品中水分的测定》(GB 5009.3-2016)进行测定^[15-18]。详细方法步骤按照标准文本执行。其中野生型作为对照。

对所获得的90份样本中的赖氨酸、总蛋白、总糖、总脂肪、总水分主要营养成分进行3组平行测定，分别将野生型（武香粳9号）、内源基因1（35A2D1L-10, -21, -32）、内源基因2（GA2D1L-4, -12, -23）、内源基因3（Ri-17）、外源基因1（GR-14）、外源基因2（35R-17）共10种类型样本的检测结果显示，将每类9个混合样本的每项检测结果分别取平均值，作为该样本的最终结果。所得数据运用Excel、Simca-p等进行汇总分析。

2 数据样本描述

本数据集由 2 部分组成，其一是野生型及 9 种高赖氨酸基因修饰稻米样品信息和主要营养成分含量数据，见表 1，为 xlsx 格式；其二是野生型和 9 种高赖氨酸基因修饰稻米样品图片，见图 2，为 jpg 格式。

表1 野生型与高赖氨酸基因修饰稻米主要营养成分含量数据

Table1 Main nutritional composition data of wild-type and high-lysine gene-modified rice

类型	基因修饰品系 /WT	总蛋白 (mg/g)	总糖 (%)	总脂肪 (mg/mg)	总水分 (mg/mg)	赖氨酸 (ng/mg)
野生型（武香粳 9 号）	WT	126.37	73.26	0.017	0.16	41.91
内源基因 1	35A2D1L-10	140.39	73.53	0.017	0.16	218.45
	35A2D1L-21	131.26	73.30	0.015	0.15	185.83
	35A2D1L-32	113.78	74.49	0.016	0.15	246.77
内源基因 2	GA2D1L-4	127.57	74.58	0.016	0.17	15.43
	GA2D1L-12	111.58	74.36	0.016	0.16	15.37
	GA2D1L-23	115.30	74.69	0.015	0.16	16.10
内源基因 3	Ri-17	107.72	71.38	0.016	0.17	160.60
外源基因 1	GR-14	112.54	73.06	0.014	0.15	129.70
外源基因 2	35R-17	127.21	73.02	0.016	0.16	736.60

本数据集设有野生型品种作为实验对照，检测结果显示，江苏省 9 种高赖氨酸基因修饰稻米赖氨酸含量与野生型相差明显；但总蛋白、糖类、总脂肪、总水分 4 种营养成分含量与野生型之间均无显著差异。其中蛋白含量在 107.72-140.39 mg/g 之间，总糖含量在 71.38% - 74.69%之间，总脂肪

含量在 0.014-0.017 mg/mg 之间，总水分含量在 0.15-0.17 mg/mg 之间。有可能培育出的这些高赖氨酸基因修饰稻米中赖氨酸代谢改变后，对其稻米的总蛋白、总糖、总脂肪、总水分 4 种营养成分的总含量影响不大，对其每类营养成分中组分含量是否有影响，以及影响的程度，还需要进一步验证探究。

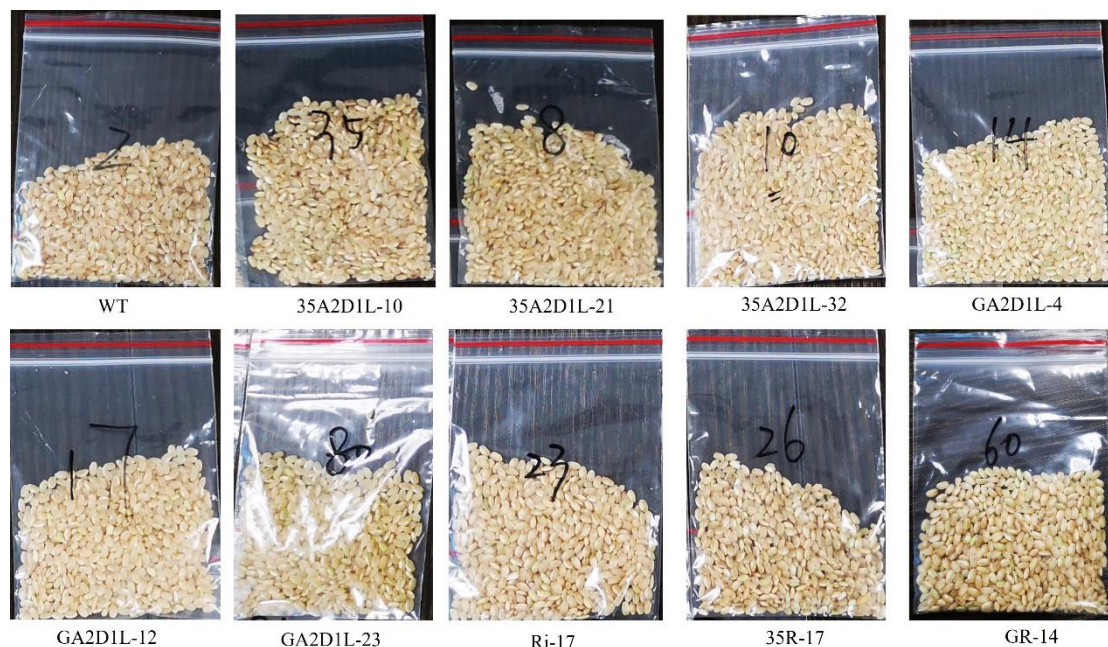


图2 野生型与 9 种高赖氨酸基因修饰稻米样品图片

Figure2 Images of one wild type and 9 high-lysine gene-modified rice samples

3 数据质量控制和评估

确保数据质量和可靠性，所有样品均由专业人员采集，样品采集后快速至实验室检测（置于 -80°C 环境下直至检测），保证样品的可靠性。测定过程严格按照方法要求进行实验操作，进行 3 次平行测定，由同一实验员对同一实验项目连续进行 3 次平行测定。考察实验数据稳定性，若 3 组数据结果差异较大，则重新测定。在独立条件下获取的 3 次平行测定结果的绝对差值不得超过算术平均值的 10%。

确保样品的随机性和代表性，样品采自 3 个不同试验点，且设有野生型对照，每个试验点每个类型设 3 个重复，随机区组，每个重复每个系至少种植 30 株；每个类型样品取自 3 个试验点的 3 个重复，进行检测，取其 9 个样品检测结果的平均值作为该样本的最终结果。

4 数据价值

本研究公开发表了江苏地区通过对稻米胚乳中赖氨酸代谢途径的改造，培育出的 9 种高赖氨酸基因修饰稻米新种质及野生型稻米品种的主要营养成分含量数据。通过建立多种高赖氨酸稻米主要营养成分含量数据集，可系统地展示其主要营养成分的情况，寻求不同类型高赖氨酸基因修饰稻米的差异性，为其赖氨酸代谢改变后，是否会对稻米品质等产生影响，以及对探究其影响因素提供了

科学依据，为高赖氨酸稻米的品质评价及调控提供数据参考。

5 数据使用方法和建议

本数据集为江苏地区 9 种高赖氨酸基因修饰稻米及野生型稻米品种主要营养成分含量数据集，因此使用时应考虑品种差异。本数据集真实、客观地描述了江苏高赖氨酸基因修饰稻米的主要营养成分含量。本数据集可使用 spss、Simca-p+ 等数据处理软件进行计算处理等操作。

致 谢

感谢扬州大学农学院对采集样品工作的帮助。

数据作者分工职责

刘艳（1982—），女，陕西人，硕士，研究方向：食品科学。主要承担工作：原始实验数据分析与整理。

金芬（1978—），女，江苏人，博士，研究方向：食品质量与安全。主要承担工作：试验设计与技术指导。

陈志军（1981—），男，江苏人，博士，研究方向：农产品质量与食品安全。主要承担工作：栽培试验与实验室检测。

刘婷婷（1985—），女，北京人，硕士，研究方向：科学数据管理。主要承担工作：数据审核与质量控制。

参考文献

- [1] UFAZ S, GALILI G. Improving the content of essential amino acids in crop plants: goals and opportunities[J]. Plant Physiology, 2008, 147(3): 954 – 961. DOI: 10.1104/pp.108.118091..
- [2] OSUJI G O, DUFFUS E, JOHNSON P, et al. Enhancement of the essential amino acid composition of food crop proteins through biotechnology[J]. American Journal of Plant Sciences, 2015, 6(19): 3091 – 3108. DOI: 10.4236/ajps.2015.619302.
- [3] 翟凤英, 杨晓光. 中国居民营养与健康状况调查报告-之二-2002 膳食与营养素摄入状况[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2006. ZHAI F Y, YANG X G. Investigation report on nutrition and health status of residents in China-Part II-Dietary and nutrient intake in 2002[M]. Beijing: People ' s Medical Publishing House, 2006.
- [4] 田颖, 时明慧. 赖氨酸生理功能的研究进展[J]. 美食研究, 2014, 31(3): 60 – 64. TIAN Y, SHI M H. The research progress of the physiologic functions of lysine[J]. Journal of Researches on Dietetic Science and Culture, 2014, 31(3): 60 – 64.
- [5] YANG Q Q, WU H Y, LI Q F, et al. Characterization of agronomy, grain physicochemical quality, and nutritional property of high-lysine 35R transgenic rice with simultaneous modification of lysine

- biosynthesis and catabolism[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2017, 65(21): 4296 – 4304. DOI: 10.1021/acs.jafc.7b00621.
- [6] YANG Q Q, ZHAO D S, LIU Q Q. Connections between amino acid metabolisms in plants: lysine as an example[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 928. DOI: 10.3389/fpls.2020.00928.
- [7] ARRUDA P, BARRETO P. Lysine catabolism through the saccharopine pathway: enzymes and intermediates involved in plant responses to abiotic and biotic stress[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 587. DOI: 10.3389/fpls.2020.00587.
- [8] SHIMIZU Y, RAI A, OKAWA Y, et al. Metabolic diversification of nitrogen-containing metabolites by the expression of a heterologous lysine decarboxylase gene in *Arabidopsis*[J]. *The Plant Journal*, 2019, 100(3): 505 – 521. DOI: 10.1111/tpj.14454.
- [9] ZHU X H, GALILI G. Increased lysine synthesis coupled with a knockout of its catabolism synergistically boosts lysine content and also transregulates the metabolism of other amino acids in *Arabidopsis* seeds[J]. *The Plant Cell*, 2003, 15(4): 845 – 853. DOI: 10.1105/tpc.009647.
- [10] ZHU X H, GALILI G. Lysine metabolism is concurrently regulated by synthesis and catabolism in both reproductive and vegetative tissues[J]. *Plant Physiology*, 2004, 135(1): 129 – 136. DOI: 10.1104/pp.103.037168.
- [11] ANGELOVICI R, FAIT A, FERNIE A R, et al. A seed high-lysine trait is negatively associated with the TCA cycle and slows down *Arabidopsis* seed germination[J]. *New Phytologist*, 2011, 189(1): 148 – 159. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2010.03478.x.
- [12] WANG W Y, GALILI G. Transgenic high-lysine rice – a realistic solution to malnutrition?[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2016, 67(14): 4009 – 4011. DOI: 10.1093/jxb/erw254.
- [13] JIANG L L, YU X M, QI X, et al. Multigene engineering of starch biosynthesis in maize endosperm increases the total starch content and the proportion of amylose[J]. *Transgenic Research*, 2013, 22(6): 1133 – 1142. DOI: 10.1007/s11248-013-9717-4.
- [14] YANG F, CHEN Y L, TONG C, et al. Association mapping of starch physicochemical properties with starch synthesis-related gene markers in nonwaxy rice (*Oryza sativa* L.)[J]. *Molecular Breeding*, 2014, 34(4): 1747 – 1763. DOI: 10.1007/s11032-014-0135-y.
- [15] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中蛋白质的测定: GB 5009.5-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017. [National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China, China Food and Drug Administration. National food safety standard: determination of protein in foods: GB 5009.5-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017.]
- [16] 中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中还原糖的测定: GB 5009.7-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017. [National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China, China Food and Drug Administration. National food safety standard: determination of reducing sugar in foods: GB 5009.7-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017.]

- [17]中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中脂肪的测定: GB 5009.6-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017. [National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China, China Food and Drug Administration. National food safety standard: determination of fat in foods: GB 5009.6-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017.]
- [18]中华人民共和国国家卫生和计划生育委员会, 国家食品药品监督管理总局. 食品安全国家标准 食品中水分的测定: GB 5009.3-2016[S]. 北京: 中国标准出版社, 2017. [National Health and Family Planning Commission of the People's Republic of China, China Food and Drug Administration. National food safety standard: determination of moisture in foods: GB 5009.3-2016[S]. Beijing: Standards Press of China, 2017.]

论文引用格式

刘艳, 金芬, 陈志军, 等. 9 种赖氨酸基因修饰稻米品系主要营养成分数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2025, 10(1). (2025-03-13). DOI: 10.11922/11-6035.nasdc.2024.0200.zh.

数据引用格式

刘艳, 陈志军. 9 种赖氨酸基因修饰稻米品系主要营养成分数据集[DS/OL]. V1. Science Data Bank, 2024. (2025-03-13). DOI: 10.57760/sciencedb.agriculture.00150.

A dataset of main nutritional components in 9 lysine gene-modified rice varieties

LIUYan^{1,2}, JINFen^{1,2}, CHEN Zhijun^{1,2*}, LIU Tingting^{3,4*}

1. Institute of Quality Standard and Testing Technology for Agro-Product, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, P.R. China

2. National Data Center of Agro-Products Quality and Safety, Beijing 100081, P.R. China

3. Agricultural Information Institute of CAAS, Beijing 100081, P.R. China

4. National Agriculture Science Data Center, Beijing 100081, P.R. China

*Email: chenzhijun@caas.cn (CHEN Zhijun); liutingting@caas.cn (LIU Tingting)

Abstract: Lysine is considered as the first limiting essential amino acid in rice, and increasing its content in grains has long been an important goal in improving the nutritional quality of cereal crops. This study collected ten rice samples from three different experimental fields in Jiangsu Province. Using the japonica rice variety Wuxiangjing 9 as the wild-type parent, the lysine metabolism pathway in the rice endosperm was modified. Multiple new high lysine gene-modified rice germplasms were cultivated, and their nutritional components (including lysine, total protein, total sugar, total fat, and total water) was analyzed and determined. Based on this, a dataset of main nutritional components in 9 lysine gene-modified rice

varieties was established. The data collection and processing strictly followed quality control and standards of measurement instrument regulations. The dataset systematically presents the key nutritional components of various types of high lysine gene-modified rice varieties. Additionally, it provides a scientific basis for assessing whether modifications in lysine metabolism affect rice quality and explores potential influencing factors, and to offer data reference for the quality evaluation and regulation of high lysine rice.

Keywords: high lysine rice; nutritional component

Dataset profile

Title	A dataset of main nutritional components in 9 lysine gene-modified rice varieties
Data corresponding author	LIU Yan (liuyan09@caas.cn) , CHEN Zhijun (chenzhijun@caas.cn)
Data authors	LIU Yan, CHEN Zhijun
Time range	2020
Geographical scope	Jiangsu, China
Data volume	1.5MB
Data format	*.xlsx, *.jpg
Data service system	< https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00150 >
Source(s) of funding	National Key Research and Development Program of China (No. 2023YFD1600302); Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund (No. Y2024JC07).
Dataset composition	The dataset consists of two parts. One contains the sample information and main nutritional component data, including 10 types (one wild type and 9 high lysine gene-modified rice varieties), 90 rice samples, and the components of main nutrients (lysine, total protein, total sugar, total fat, total moisture), in “.xlsx” format; The other contains sample images, including 10 types of rice sample images in “.jpg” format.