

印记基因 SNRPN、NDN 和 UBE3A 在初生仔猪及胎盘中的表达谱分析

杨永升¹, 黄琛琛¹, 蒋曹德^{2*}

(1. 西南大学生命科学学院, 重庆 400715; 2. 西南大学动物科技学院重庆市草食动物资源保护与利用工程研究中心, 重庆 400715)

摘要 [目的] 分析印记基因 SNRPN、NDN 和 UBE3A 在初生仔猪中的表达情况, 从而探讨它们和猪生长发育的关系。[方法] 采用荧光定量 PCR 方法, 检测 SNRPN、NDN、UBE3A 基因在出生 3 d 仔猪的 13 种组织(心、肝、脾、肺、肾、肌肉、大脑、垂体、小肠、胃、膀胱、脂肪、下丘脑)及不同时期的胎盘中的表达水平。[结果] SNRPN、NDN、UBE3A 基因在 13 种组织中都有表达, SNRPN 和 NDN 基因在下丘脑中表达量极显著($P < 0.01$) 高于其他被测组织, UBE3A 基因在肺、小肠和下丘脑中的表达量显著($P < 0.05$) 高于其他被测组织, SNRPN 基因在下丘脑中的表达量极显著($P < 0.01$) 高于 NDN、UBE3A 基因, 在梅山猪和杜洛克猪不同时期胎盘中稳定表达。[结论] SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因都在下丘脑中高表达, 对神经系统的生长发育有重要的影响; 同时该研究为这 3 种基因在猪中的功能研究提供了基础。

关键词 猪; 荧光定量; SNRPN; NDN; UBE3A; 表达

中图分类号 S828 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2013)07-02844-04

Expression Differences Analysis of Porcine Imprinted Gene SNRPN, NDN and UBE3A in Newborn Piglet Tissues and Placentas

YANG Yong-sheng et al (School of Life Science, Southwest University, Chongqing 400715)

Abstract [Objective] The object was to analyze the expression profile of SNRPN, NDN and UBE3A in neonatal piglets and explore the relationship with growth and development. [Method] mRNA levels of the three imprinted genes were detected using quantitative real-time PCR (qRT-PCR). [Result] The imprinted genes of SNRPN, NDN and UBE3A were expressed in all the tissues. Among them, SNRPN and NDN had higher mRNA level in hypothalamus than in other tissues ($P < 0.01$). UBE3A also had higher mRNA level in hypothalamus, in addition to the lung and small intestine ($P < 0.05$). Moreover, SNRPN had highest mRNA level than NDN and SNRPN in hypothalamus ($P < 0.01$), and was stable expressed in Meishan and Duroc different period of placentas. [Conclusion] SNRPN, NDN and UBE3A all had the high level of expression in hypothalamus. The results showed that the three genes were related to the growth and development of the nervous system. The result of this study will lay the foundation for the further research of functions and mechanisms in pig in the future.

Key words Pig; qRT-PCR; SNRPN; NDN; UBE3A; Expression

SNRPN (small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N) 属 snRNP SMB/SMN 家族^[1-2], 是编码小核核糖核蛋白多肽 N 的印记基因, 其作用是与前体 RNA 结合, 从而影响 RNA 的选择性剪接^[3]。SNRPN 基因功能广泛, 研究发现其与细胞分化、增殖、胚胎发育、精神行为等均有关^[4-7]。SNRPN 基因在鼠和人组织中母系印记, 父源等位基因表达^[8-9]。其在鼠肺、肝、脾、肾、睾丸、子宫和脑中都有表达, 但在脑中表达量最高^[10]。人 SNRPN 基因定位于人染色体 15q11-q13 的 PWS/AS 区域^[3], Glenn 等通过 Northern Blot 试验发现 SNRPN 在脑的不同部位都高表达, 包括下丘脑^[11]。研究表明, 该基因的突变及印记功能的紊乱可导致神经系统的发育异常^[12-13]。

NDN (Necdin) 蛋白可能是一个与 Rb 功能类似的神经元生长抑制因子^[14], 几乎在所有的成熟神经元细胞核中都有 NDN 基因的表达^[15-16]。在发育中的小鼠脑中, 神经发生和分化的早期即有 NDN mRNA 的表达, 出生后 1~4 d 达高峰^[15-16]。在成年小鼠的各脑区均可检测到 NDN mRNA, 特别是下丘脑和中脑最丰富, 而嗅球和小脑中的含量则较低。人 NDN 基因位于染色体 15q11.2-q12 上^[17], 恰在 Prader-Willi 综合征(PWS)的染色体缺失区, 而 PWS 是神经发生出现异

常引起的。NDN 基因母系印记, 只表达父源等位基因, 该基因发生缺失或印记异常会引起如进食困难、过度肥胖、性腺机能减退等症状, 与下丘脑缺陷的症状一致^[18]。从发育早期到成年阶段, 下丘脑神经元中都有丰富的 NDN 基因表达, 因此, NDN 的缺陷可能是引起多种 PWS 症状的原因之一。近年来研究发现 NDN 在细胞周期、细胞分化和细胞凋亡中具有调控作用^[19], 对骨骼肌的生成^[20]和细胞骨架的调控也有重要作用^[21]。

UBE3A (ubiquitin protein ligase E3A) 基因编码泛素蛋白酶体系统的 E3 酶, 参与蛋白质的泛素化降解过程, 人 UBE3A 基因也定位于 15q11-q13, 在大脑中母源等位基因表达^[22-23], 该基因的遗传缺失会导致 Angelman 综合征 (Angelman syndrome, AS) 的发生, AS 的特点是重度运动、智力障碍, 共济失调, 肌张力低下, 癫痫, 语言障碍和以巨大下颌及张口吐舌为特征的特殊面容^[24]。在鼠中的研究也表明, UBE3A 基因在脑的特定区域发生印记, 也说明其功能缺失会引起 AS^[25-26]。

SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在人和鼠中都定位于同一个印记域, 而且目前在人和鼠中的研究表明, 它们对神经系统的发育都有着重要的作用, 缺失和表达异常都会严重影响个体的生长发育, 造成严重后果, 但目前, 关于 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在猪中的研究报道还很少, 笔者主要以繁殖性状差异极大的梅山猪和杜洛克猪为研究对象, 通过荧光定量 PCR 方法分析这 3 个基因在出生 3 d 仔猪的下丘脑、垂体等 13 个组织及 SNRPN 基因在梅山和杜洛克怀孕母猪不同时期胎盘中的表达情况, 旨在为研究 SNRPN、NDN 和 UBE3A

基金项目 重庆市科委自然科学基金计划资助项目 (CSTC, 2009BA-1052); 中央高校基本科研业务费专项 (XDJK2011C022)。

作者简介 杨永升 (1986-), 男, 甘肃酒泉人, 硕士, 从事动物分子生物学研究, E-mail: yysnaruto@163.com。* 通讯作者, 副教授, 硕士生导师, 从事分子生物学和动物分子遗传与育种方面的研究。

收稿日期 2013-03-11

基因在猪中的功能和分子机理建立理论基础。

1 材料与方法

1.1 供试动物及其预处理 试验选择怀孕 30 d、105 d 的梅山猪胎儿和杜洛克猪胎儿,以及出生 3 d 的梅山仔猪、杜洛克仔猪各 3 头作为供试动物。各阶段胎儿与仔猪间没有亲缘关系。所有猪只均来自于重庆市荣昌喜乐种猪场。

分别采集出生 3 d 仔猪的 13 种组织(下丘脑、垂体、大脑、脂肪、肺、脾、肾、膀胱、胃、肝、小肠、心和肌肉)和各怀孕时期胎儿的胎盘组织,经液氮速冻后保存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱备用。

1.2 方法

1.2.1 荧光定量引物设计与合成。参照已发表的猪 SNRPN

(NM_001243699)、NDN (NM_001123144)、UBE3A (NM_001243181)、GAPDH(NM_001206359)基因序列,综合荧光定量 PCR 引物设计的各项原则,用 Beacon Designer 7.91 软件设计引物(表 1),所有引物均由华大基因公司合成。

1.2.2 总 RNA 提取及 cDNA 的合成。各组织总 RNA 提取均按 RNAisoTM Plus (TaKaRa, DaLian, China) 试剂盒操作说明进行,使用 Thermo Scientific NanoDrop 2000 (NanoDrop Technologies Inc., Wilmington, USA) 测定 RNA 样品的浓度和纯度,将 OD_{260}/OD_{280} 值介于 1.8~2.0 之间的 RNA 样品用于反转录合成 cDNA。用 PrimeScript[®] RT reagent Kit with gDNA Eraser (Perfect Real Time) (TaKaRa, DaLian, China) 反转录合成 cDNA, cDNA 于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存备用。

表 1 引物序列信息

基因	引物名称	引物序列(5'-3')	产物大小//bp	退火温度// $^{\circ}\text{C}$
SNRPN	SNRPNQ-F	TGAGACGGACCACAGAAC	121	60
	SNRPNQ-R	AGTTGCTGCTGCTGAGAT		
NDN	NDNQ-F	GAAGAAGCACTCCACCTT	121	60
	NDNQ-R	CCAGAAGAAGCACTCATACTCAGG		
UBE3A	UBE3AQ-F	TGTGCTTCCTGTCCAATT	197	60
	UBE3AQ-R	CCTTGTCTTCCTTCCTGTT		
GAPDH	GAPDHQ-F	GTGAAGCTCGGAGTGAAC	119	60
	GAPDHQ-R	ATGTACTGGAGGTCAATGAAG		

1.2.3 荧光定量分析 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因组织表达情况。为分析 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在各组织中的表达情况,选择 GAPDH 基因作为内参基因。用肝脏组织 cDNA,稀释成 10 倍浓度梯度作为模板,分别用目的基因引物和内参基因引物扩增,制成标准曲线,检测目的基因的扩增效率。

以各组织 cDNA 作为模板,分别用目的基因引物和内参基因引物扩增每个样品,3 次重复。每个反应体系为 25 μl : SYBR Premix Ex TaqTMIII (TaKaRa, Dalian, China) 12.5 μl , 上游引物(10 $\mu\text{mol/L}$) 1 μl , 下游引物(10 $\mu\text{mol/L}$) 1 μl , cDNA 2 μl , ddH₂O 8.5 μl 。反应在 Mastercycler ep realplex (Eppendorf, Germany) 仪器上进行,反应条件为:95 $^{\circ}\text{C}$ 30 s; 95 $^{\circ}\text{C}$ 5 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 读板收集荧光,40 个循环;从 60 $^{\circ}\text{C}$ 到 95 $^{\circ}\text{C}$, 每隔 0.5 $^{\circ}\text{C}$ 读板 5 s 以绘制溶解曲线。

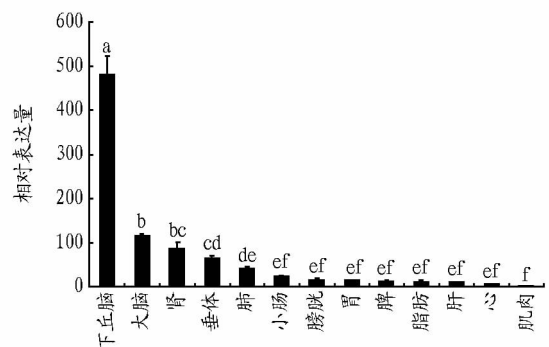
1.2.4 统计方法。荧光定量 PCR 结果采用 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 方法进行处理,并通过 SPSS Statistics 17.0 软件进行单因素方差分析(One-way ANOVA),以组织为变量,猪 MAGEL2 基因相对表达量为应变量做 LSD 多重比较。

2 结果与分析

2.1 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在出生 3 d 仔猪中的组织表达情况 荧光定量分析表明,SNRPN 基因在仔猪 13 种组织中都有表达,且在下丘脑中的表达量极显著高于其他组织(心、肝、脾、肺、肾、肌肉、大脑、垂体、膀胱、脂肪、胃和小肠)($P < 0.01$);大脑中的表达量除下丘脑和肾外显著高于其他被测组织($P < 0.05$);肾和垂体的表达量也较高,高于大部分被测组织;心脏和肌肉中的表达量最低(图 1)。

NDN 基因在仔猪被检测的 13 种组织中都有表达,且在下丘脑中的表达量极显著高于其他组织(心、肝、脾、肺、肾、肌肉、大脑、垂体、膀胱、脂肪、胃和小肠)($P < 0.01$);在垂体、肺、大脑和肾中的表达量也相对较高;而在心脏和肌肉中的表达量最低(图 2)。

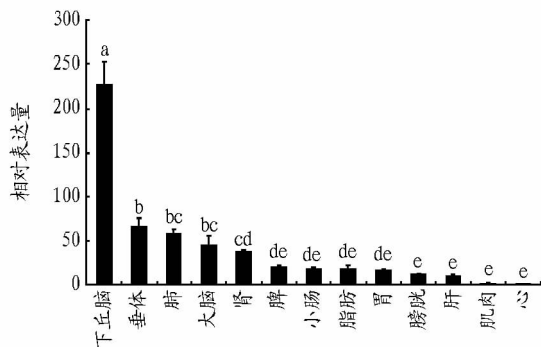
UBE3A 基因在仔猪 13 个组织中也都有表达,其中肺中表达量最高,除下丘脑外显著高于其他组织($P < 0.05$);除肺和小肠外,下丘脑中的表达量显著高于其他组织($P < 0.05$);除肺和下丘脑外,小肠中的表达量显著高于其他组织($P < 0.05$);心脏和肌肉中的表达量最低(图 3)。



注:不同的小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

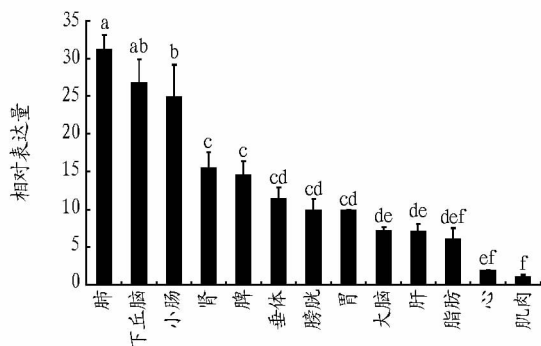
图 1 SNRPN 基因在初生仔猪各组织中的表达

2.2 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在梅山仔猪和杜洛克仔猪下丘脑中的表达情况 荧光定量分析表明,SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在梅山仔猪和杜洛克仔猪下丘脑中的表达量无种间显著差异($P > 0.05$),但在梅山和杜洛克仔猪中,SNRPN 基因的表达量都极显著高于 NDN 和 UBE3A ($P < 0.01$),



注:不同的小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

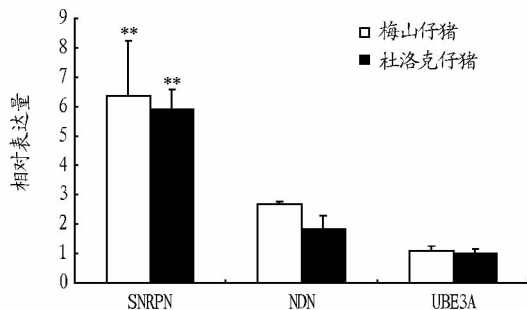
图2 NDN 基因在初生仔猪各组织中的表达



注:不同的小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

图3 UBE3A 基因在初生仔猪各组织中的表达

NDN 基因的表达量也高于 UBE3A 基因,但无显著性差异($P > 0.05$)(图4)。



注:“**”表示差异极显著($P < 0.01$)。

图4 SNRPN、NDN、UBE3A 基因在不同猪种下丘脑中的表达

2.3 SNRPN 基因在梅山猪和杜洛克猪不同怀孕时期胎盘中的表达情况 荧光定量分析表明,SNRPN 基因在怀孕 30 d 和 105 d 的梅山和杜洛克母猪胎盘组织中都有表达,梅山猪中的表达量高于杜洛克猪,但种间表达量无显著差异($P > 0.05$)(图5)。

3 结论与讨论

鼠 SNRPN 基因是父源等位基因表达^[8],在肺、肝、脾、肾、睾丸、子房和脑中都有表达,在大脑中表达量最高,而心脏中表达量较低^[27]。也有研究发现在啮齿类动物的大脑和心脏组织中 SNRPN 基因高表达,在肺、肝、脾、肾、肌肉和性腺中表达量较低^[27]。人 SNRPN 基因在脑的不同部位都高表达,包括下丘脑^[11]。而王猛等通过半定量 PCR 方法在成年

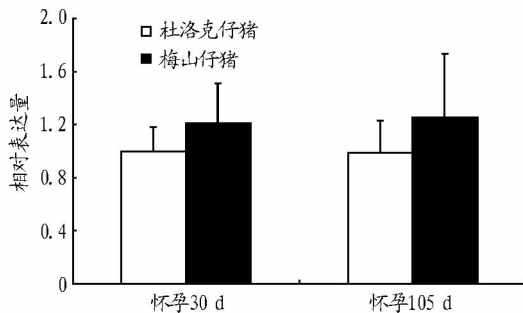


图5 SNRPN 基因在母猪不同怀孕时期胎盘中的表达

猪中的研究表明,其在肝脏、骨骼肌和脂肪组织中的表达量低于其他组织^[28]。笔者在研究中发现 SNRPN 基因在仔猪下丘脑组织中的表达量极显著高于大脑、垂体等其他被检测组织($P < 0.01$),而大脑和垂体组织中的表达量也相对较高,在心脏、肌肉中的表达量低于其他组织,心脏中的表达量较低,与啮齿类可能存在种间差异。这表明,SNRPN 基因可能在下丘脑中发挥重要的作用,个体发育初期,下丘脑起到重要的调控作用。在人和鼠中的研究表明,该印记基因表达异常会影响神经系统的发育,所以在猪中该基因在神经系统组织的高表达也说明其对神经系统发育的重要作用。而到成年时,各组织表达量达到稳定,心脏、骨骼肌中的表达量略低于其他组织^[28]。笔者也发现 SNRPN 基因表达量极显著高于 NDN 和 UBE3A 基因($P < 0.01$),而且在猪的不同时期胎盘中稳定表达,这可能与 SNRPN 基因广泛而重要的功能相关,研究表明其与细胞分化、增殖、胚胎发育、精神行为等均有关^[4-7],所以 SNRPN 基因在胎盘功能和仔猪生长发育过程中发挥着重要的作用。

有研究表明,人 NDN 基因发生缺失或印记异常会引起如进食困难、过度肥胖、性腺机能减退等症状,与下丘脑缺陷的症状一致^[18]。该研究发现,在初生仔猪中,NDN 基因在下丘脑中高表达,表明 NDN 基因在下丘脑中也发挥着重要的作用,在心脏和骨骼肌中表达量很低,而有研究表明在 6 月龄猪中,NDN 基因只在肌肉和肾脏中表达^[29],有研究表明其在成年猪的肝、肺、小肠、骨骼肌、心脏、肾、脾、淋巴结和脂肪中都有表达,而表达量没有差异^[28],说明该基因在猪不同生长时期表达模式存在差异。

该研究在初生仔猪中的研究表明,UBE3A 基因在 13 种被检测组织都有表达,而在肺、下丘脑和小肠中表达量高,心脏和骨骼肌中表达量最低。有研究发现 UBE3A 基因在成年猪肝、肺、小肠、骨骼肌、心脏、肾、脾、淋巴结和脂肪中都有表达,而且表达量没有差异^[28]。这说明在猪的不同生长时期,UBE3A 基因表达可能存在差异。

综上所述,该研究发现 SNRPN、NDN 和 UBE3A 基因在仔猪所有被检测组织中均有表达,而且都在下丘脑中高表达,表明这 3 个基因在猪的生长发育阶段通过下丘脑的功能发挥着重要的作用,对神经系统的正常发育起着不可或缺的作用。SNRPN 基因表达量极显著高于 NDN 和 UBE3A 基因($P < 0.01$),而且在猪的不同时期胎盘中稳定表达,这可能不

仅与 SNRPN 基因广泛而重要的功能有关,而且说明 SNRPN 基因可能由于 5'UTR 作为印记中心而发挥着重要的调控作用,但这还需进一步的试验来证明。

参考文献

- [1] LÜHRMANN R, KASTNER B, BACH M. Structure of splicing-associated snRNPs and their role in pre-mRNA splicing [J]. *Biochem Biophys Acta*, 1990, 1087:265-292.
- [2] GUTHRIE C. Messenger RNA splicing in yeast: clues to why the spliceosome is a ribonucleoprotein [J]. *Science*, 1991, 253:157-163.
- [3] ÖZCELİK T, LEFF S, ROBINSON W, et al. Small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N (SNRPN), an expressed gene in the Prader-Willi syndrome critical region [J]. *Nature Genetics*, 1992, 2:265-269.
- [4] TYCKO B, ASHKENAS J. Epigenetics and its role in disease [J]. *The Journal of Clinical Investigation*, 2000, 105(3):245-246.
- [5] COULDREY C, LEE R S F. DNA methylation patterns in tissues from mid-gestation bovine fetuses produced by somatic cell nuclear transfer show subtle abnormalities in nuclear reprogramming [J]. *BMC Developmental Biology*, 2010, 10:27.
- [6] HAMMOUD S S, PURWAR J, PFLUEGER C, et al. Alterations in sperm DNA methylation patterns at imprinted loci in two classes of infertility [J]. *Fertility and Sterility*, 2009, 94(5):1728-1733.
- [7] SUZUKI J, THERRIEN J, FILION F, et al. In vitro culture and somatic cell nuclear transfer affect imprinting of SNRPN gene in pre- and post-implantation stages of development in cattle [J]. *BMC Developmental Biology*, 2009, 9:9.
- [8] LEFF S E, BRANNAN C I, REED M L, et al. Maternal imprinting of the mouse *Snrpn* gene and conserved linkage homology with the human Prader-Willi syndrome region [J]. *Nature Genetics*, 1992, 2:259-264.
- [9] REED M L, LEFF S E. Maternal imprinting of human SNRPN, a gene deleted in Prader-Willi syndrome [J]. *Nature Genetics*, 1994, 6:163-167.
- [10] CLENN C C, DRISCOLL D J, YANG T P, et al. Genomic imprinting: potential function and mechanisms revealed by the Prader-Willi and Angelman syndromes [J]. *Molecular Human Reproduction*, 1997, 3(4):321-332.
- [11] GLENN C C, SAITOH S, JONG M T, et al. Gene structure, DNA methylation, and imprinted expression of the human SNRPN gene [J]. *Am J Hum Genet*, 1996, 58(2):335-346.
- [12] MCALLISTER G, AMARA S G, LERNER M R. Tissue-specific expression and cDNA cloning of small nuclear ribonucleoprotein-associated polypeptide N [J]. *PNAS*, 1988, 85(14):5296-5300.
- [13] LI S, KLEIN E S, RUSSO A F, et al. Isolation of cDNA clones encoding small nuclear ribonucleoprotein-associated proteins with different tissue specificities [J]. *PNAS*, 1989, 86(24):9778-9782.
- [14] MARUYAMA K, USAMI M, AIZAWA T. A novel brain-specific mRNA encoding nuclear protein (necdin) expressed in neurally differentiated embryonal carcinoma cells [J]. *Biochem Biophys Res Co*, 1991, 178(1):291-296.
- [15] UETSUKI T, TAKAGI K, SUGIURA H. Structure and expression of the mouse necdin gene. Identification of a postmitotic neuron-restrictive core promoter [J]. *J Biol Chem*, 1996, 271(2):918-924.
- [16] AIZAWA T, MARUYAMA K, KONDO H. Expression of necdin, an embryonal carcinoma-derived nuclear protein, in developing mouse brain [J]. *Brain Res Dev Brain Res*, 1992, 68(2):265-274.
- [17] NAKADA Y, TANIURAH, UETSUKI T. The human chromosomal gene for necdin, a neuronal growth suppressor, in the Prader-Willi syndrome deletion region [J]. *Gene*, 1998, 213(1/2):65-72.
- [18] JAY P, ROUGEULLE C, MASSACRIER A, et al. The human necdin gene, NDN, is maternally imprinted and located in the Prader-Willi syndrome chromosomal region [J]. *Nat Genet*, 1997, 17:357-361.
- [19] BARKER P A, SALEHI A. The MAGE proteins: emerging roles in cell cycle progression, apoptosis, and neurogenetic disease [J]. *J Neurosci Res*, 2002, 67(6):705-712.
- [20] DEPONTI D, FRANCOIS S, BAESSO S, et al. Necdin mediates skeletal muscle regeneration by promoting myoblast survival and differentiation [J]. *J Cell Biol*, 2007, 179:305-319.
- [21] BUSH J R, WEVRICK R. Loss of Necdin impairs myosin activation and delays cell polarization [J]. *Genesis*, 2010, 48(9):540-553.
- [22] VU T H, HOFFMAN A R. Imprinting of the Angelman syndrome gene, UBE3A, is restricted to brain [J]. *Nat Genet*, 1997, 17(1):12-13.
- [23] HERZING L B K, COOK E H JR, et al. Allele-specific expression analysis by RNA-FISH demonstrates preferential maternal expression of UBE3A and imprint maintenance within 15q11-q13 duplication [J]. *Hum Mol Genet*, 2002, 11(15):1707-1718.
- [24] HECK D H, ZHAO Y, ROY S, et al. Analysis of cerebellar function in Ube3a-deficient mice reveals novel genotype-specific behaviors [J]. *Hum Mol Genet*, 2008, 17(14):2181-2189.
- [25] ALBRECHT U, SUTCLIFFE J S, CATTANACH B M, et al. Imprinted expression of the murine Angelman syndrome gene, Ube3a, in hippocampal and Purkinje neurons [J]. *Nat Genet*, 1997, 17:75-78.
- [26] JIANG Y H, ARMSTRONG D, ALBRECHT U, et al. Mutation of the Angelman ubiquitin ligase in mice causes increased cytoplasmic p53 and deficits of contextual learning and long-term potential [J]. *Neuron*, 1998, 21:799-811.
- [27] BARR J A, JONES J, GLENISTER P H, et al. Ubiquitous expression and imprinting of *Snrpn* in the mouse [J]. *Mamm Genome*, 1995, 6(6):405-407.
- [28] WANG M, ZHANG X, KANG L, et al. Molecular characterization of porcine NECD, SNRPN and UBE3A genes and imprinting status in the skeletal muscle of neonate pigs [J]. *Molecular Biology Reports*, 2012, 39(10):9415-9422.
- [29] LIU G Y, GAO S Z, GE C R, et al. cDNA cloning and tissue expression analyses of the encoding regions for three novel porcine genes-MJD1, CDC42 and NECD [J]. *Anim Biotechnol*, 2008, 19(2):117-121.

科技论文写作规范——缩略语

采用国际上惯用的缩略语。如名词术语 DNA(脱氧核糖核酸)、RNA(核糖核酸)、ATP(三磷酸腺苷)、ABA(脱落酸)、ADP(二磷酸腺苷)、CK(对照)、CV(变异系数)、CMS(细胞质雄性不育性)、IAA(吲哚乙酸)、LD(致死剂量)、NAR(净同化率)、PMC(花粉母细胞)、LAI(叶面积指数)、LSD(最小显著差)、RGR(相对增长率),单位名缩略语 IRRI(国际水稻研究所)、FAO(联合国粮农组织)等。对于文中有些需要临时写成缩写的词(如表及图中由于篇幅关系以及文中经常出现的词而写起来又很长时),则可取各主要词首字母写成缩写,但需在第一次出现处写出全称,表及图中则用注解形式在下方注明,以便读者理解。