

曾美娟, 刘建汀, 李祖亮, 等. 普通丝瓜 *GH3* 基因家族全基因组鉴定及表达分析[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(18): 82–87.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.18.013

普通丝瓜 *GH3* 基因家族全基因组鉴定及表达分析

曾美娟¹, 刘建汀¹, 李祖亮², 陈敏敏¹, 叶新如¹, 王 彬¹, 朱海生¹, 温庆放¹

(1. 福建省蔬菜遗传育种重点实验室/福建省农业科学院作物研究所/福建省蔬菜工程技术研究中心, 福建福州 350013;

2. 福建省农业科学院农业生物资源研究所, 福建福州 350003)

摘要:以普通丝瓜 [*Luffa cylindrica* (L.) Roem.] 为试验材料, 基于其全基因组, 对生长素酰胺合成酶基因 (gretchen hagen 3, *GH3*) 家族成员进行鉴定和生物信息学分析, 并分析其在普通丝瓜长果品种、短果品种中的表达情况。结果表明, 普通丝瓜全基因组中共存在 14 个 *GH3* 基因家族成员, 暂命名为 *LcGH3.1* ~ *LcGH3.14*, 蛋白序列长度为 515 ~ 843aa, 相对分子量在 58.366 ~ 96.406 ku 之间, *LcGH3.8*、*LcGH3.14* 为碱性蛋白, 其他 *LcGH3* 蛋白均为酸性蛋白。*LcGH3.1* 为稳定蛋白, 其他 *LcGH3* 均为不稳定蛋白。14 个 *LcGH3* 蛋白均是亲水蛋白, 其中 *LcGH3* 蛋白主要含有 10 个基序 (Motif), 14 个 *LcGH3* 蛋白均含有 Motif 1、Motif 4、Motif5、Motif6、Motif7 和 Motif 9 保守基序。系统进化树分析结果表明, 14 个 *LcGH3* 蛋白聚类在 Group II、Group III 2 类。在普通丝瓜长果品种、短果品种商品果中, 共有 6 个 *GH3* 基因家族成员存在差异表达, 其中 *LcGH3.1*、*LcGH3.2*、*LcGH3.5* 在短果品种中的相对表达量高于长果品种, *LcGH3.8*、*LcGH3.12*、*LcGH3.13* 在短果品种中的相对表达量低于长果品种。推测 *LcGH3* 基因家族与普通丝瓜果实发育相关, 且与果长密切相关。

关键词:普通丝瓜; *GH3* 家族; 生物信息学分析; 表达分析

中图分类号:S642.403 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)18-0082-05

生长素是一种重要的植物激素, 是最早被发现的能促进植物生长的激素, 其在植物生长过程的多个重要环节中发挥着关键作用^[1]。植物体内的生长素在自由态和束缚态 2 种形式间的转化是体内生长素水平的自我调节功能, 对植物生长的调控具有重要意义^[2]。在植物生长素响应信号通路中, 有 3 类早期生长素响应基因家族 [*Aux/IAAs* (*auxin/indole-3-acetic acids*)、*GH3s* (*gretchen hagen 3*)、*SAURs* (*small auxin upRNAs*)] 能快速特异地表达反应^[3-5]。其中, *GH3* 基因家族能够催化游离态的吲哚-3-乙酸 (IAA) 与多种氨基酸结合, 生成 IAA-

氨基酸复合物, 将游离 IAA 转化为复合态的 IAA, 可以参与生长素的稳态调控, 进而参与调控植物的多个生理过程, 其对整个 *GH3* 基因家族的研究具有重要意义^[6-8]。

普通丝瓜 [*Luffa cylindrica* (L.) Roem.] 是我国主要的瓜类蔬菜之一, 其肉质清香软滑, 既富含营养, 又具有清热化痰、凉血解毒等保健作用, 倍受各地区消费者喜爱。*GH3* 基因对植物的生长发育具有重要的调控作用, 但在普通丝瓜中关于 *GH3* 基因家族的研究鲜有报道。因此, 本研究以普通丝瓜为试验材料, 基于普通丝瓜全基因组对 *GH3* 基因家族成员进行鉴定、生物信息学分析, 并分析其在普通丝瓜长果品种、短果品种中的表达情况, 对后续研究普通丝瓜果实发育和果实果长等具有一定的意义。

1 材料与方法

1.1 数据来源

普通丝瓜的基因组数据从国家基因库生命大数据平台 (<https://db.cngb.org/>) 上获取^[9]。本研究所用转录组数据为普通丝瓜长果品种 (花后 12 d) 和短果品种 (花后 12 d) 的转录组数据, 丝瓜样品为 2021 年种植于福建省农业科学院试验基地

收稿日期: 2021-10-21

基金项目: 福建省科技计划-省属公益类科研院所基本科研专项 (编号: 2020R1031002); 福建省农业科学院科技创新平台专项 (编号: CXPT202001); 福建省农科院蔬菜遗传育种科技创新团队 (编号: CXTD2021038)。

作者简介: 曾美娟 (1986—), 女, 福建漳州人, 博士, 助理研究员, 主要从事蔬菜生物技术与育种方面的研究。E-mail: 860905zzmr@163.com。

通信作者: 朱海生, 博士, 研究员, 主要从事蔬菜育种研究, E-mail: zhs0246@163.com; 温庆放, 研究员, 主要从事蔬菜育种研究, E-mail: lfjvrc@163.com。

的试验材料。普通丝瓜长果样品、短果样品分别混合取样,试验设置 3 个生物学重复,丝瓜样品用液氮速冻后于 -80°C 保存,用于 RNA-seq 分析。

1.2 普通丝瓜基因组中 *GH3* 基因家族成员的鉴定及理化性质分析

通过 Pfam 数据库 (<http://pfam.xfam.org/>) 获得 GH3 保守结构域的 HMM 模型 (PF03321),并用 TBtools 软件进行 simple HMM search,对普通丝瓜的基因组蛋白序列进行搜索,获得初筛蛋白序列^[10-11]。再通过美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 网站进一步验证初筛获得的候选蛋白结构域,获得确定的成员后,根据普通丝瓜的拉丁名 *Luffa cylindrica* (L.) Roem,将普通丝瓜编码上述蛋白的基因定为 *LcGH3* 基因。通过 ProtParam 在线分析网站分析普通丝瓜 *LcGH3* 蛋白的理化性质^[12]。

1.3 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白保守结构域的分析

利用 NCBI 保守结构域在线分析网站和 MEME 在线分析网站进行普通丝瓜 GH3 蛋白的保守结构域与基序 (Motif) 分析,并用 TBtools 软件绘制示意图^[13-14]。

1.4 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白系统进化树的构建

为探究普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的进化关系,从 NCBI 网站下载南瓜、黄瓜及拟南芥的 GH3 蛋白序列与普通丝瓜 GH3 蛋白序列,进行合并系统进化分析。利用 MEGA 软件中的邻接法 (Neighbor-Joining) 对普通丝瓜、黄瓜、南瓜和拟南芥 GH3 家族蛋白构建系统进化树^[15]。用在线工具 iTOL 对已构建的普通丝瓜、黄瓜、南瓜和拟南芥的 GH3 家族蛋白系统进化树进行美化处理^[16]。

1.5 普通丝瓜长果品种、短果品种 *GH3* 基因家族成员的差异表达模式分析

根据笔者所在课题组前期研究得出的普通丝瓜长果品种、短果品种转录组数据中的基因表达值 (FPKM),分析普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员在普通丝瓜长果品种、短果品种中的表达情况,采用 TBtools 绘制表达量热图^[17]。

2 结果与分析

2.1 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的鉴定及理化性质分析

通过对普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员进行筛选

和鉴定,最终确定 14 个 *GH3* 基因,暂将其命名为 *LcGH3.1* ~ *LcGH3.14*。通过 ProtParam 在线分析软件获得普通丝瓜 *LcGH3* 蛋白氨基酸序列的蛋白序列长度、分子量、蛋白酸碱性和稳定性等基本信息。从表 1 可以看出,普通丝瓜 *LcGH3* 蛋白的蛋白序列长度为 515 ~ 843 aa,分子量为 58.366 ~ 96.406 ku;从等电点可以看出,*LcGH3.8*、*LcGH3.14* 为碱性蛋白,其他普通丝瓜的 *LcGH3* 蛋白都为酸性蛋白;*LcGH3.1* 的不稳定系数小于 40,表明其是稳定蛋白,其他普通丝瓜 *LcGH3* 蛋白的不稳定系数均大于 40,为不稳定蛋白。在蛋白质亲水性方面,14 个普通丝瓜 *LcGH3* 蛋白的平均亲水系数均为负数,表明它们都是亲水蛋白。

表 1 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的理化性质

基因名称	蛋白质长度 (aa)	分子量 (ku)	等电点	不稳定系数	脂肪系数	平均亲水系数
<i>LcGH3.1</i>	593	66.823	6.02	38.61	84.01	-0.244
<i>LcGH3.2</i>	601	67.708	6.02	43.65	83.71	-0.267
<i>LcGH3.3</i>	585	65.954	5.57	40.33	86.48	-0.138
<i>LcGH3.4</i>	596	67.099	5.88	44.66	87.55	-0.217
<i>LcGH3.5</i>	597	67.314	6.29	44.25	86.52	-0.209
<i>LcGH3.6</i>	615	69.990	5.47	41.77	88.23	-0.231
<i>LcGH3.7</i>	608	68.127	5.45	44.08	87.86	-0.235
<i>LcGH3.8</i>	843	96.406	8.99	48.37	80.53	-0.583
<i>LcGH3.9</i>	515	58.366	6.05	42.87	91.63	-0.137
<i>LcGH3.10</i>	555	63.439	6.62	41.52	94.00	-0.251
<i>LcGH3.11</i>	604	68.296	6.26	46.12	87.14	-0.237
<i>LcGH3.12</i>	608	68.746	5.74	42.63	86.22	-0.262
<i>LcGH3.13</i>	672	75.259	6.07	41.90	87.20	-0.105
<i>LcGH3.14</i>	610	68.952	7.67	41.97	90.49	-0.187

2.2 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的保守结构域分析

对普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的保守结构域进行分析,发现 14 个 *GH3* 基因家族成员蛋白均含有单一的 GH3 结构域,其中 *LcGH3.1*、*LcGH3.2* 和 *LcGH3.4* 等 11 个蛋白含有 GH3 超家族结构域 (图 1)。为了进一步研究普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员蛋白的保守结构域,利用 MEME 在线分析软件对普通丝瓜 GH3 蛋白保守基序进行分析。从图 2 可以看出,普通丝瓜 GH3 蛋白的基序具有一定的保守性。14 个普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员的蛋白质序列中至少含有 10 个保守基序,它们分别为 Motif 1 ~ Motif 10,并且这些保守基序的排列顺序相同。其中,*LcGH3.8* 蛋白缺少 Motif 10、Motif 2,*LcGH3.9* 蛋

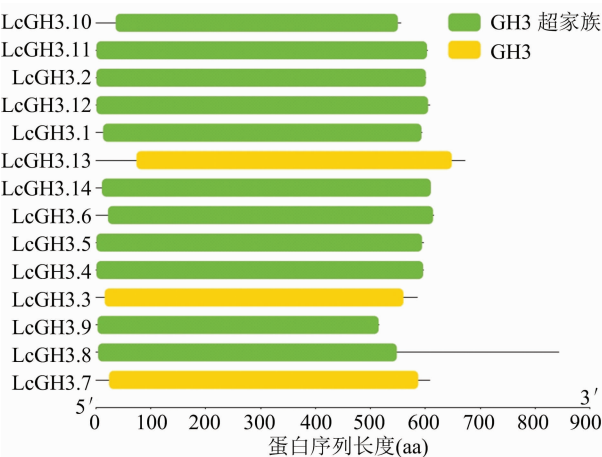


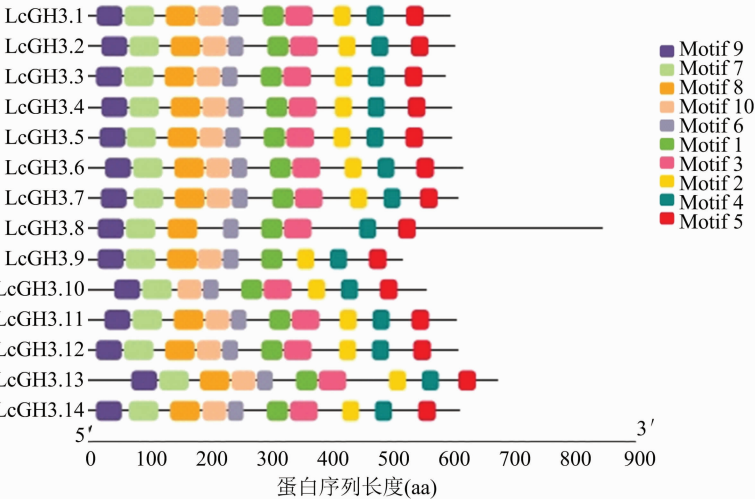
图1 普通丝瓜GH3基因家族成员蛋白的保守结构域

白缺少 Motif 3, LcGH3. 10 蛋白缺少 Motif 8, 其他 GH3 基因家族成员同时含有 10 个保守基序。此外,

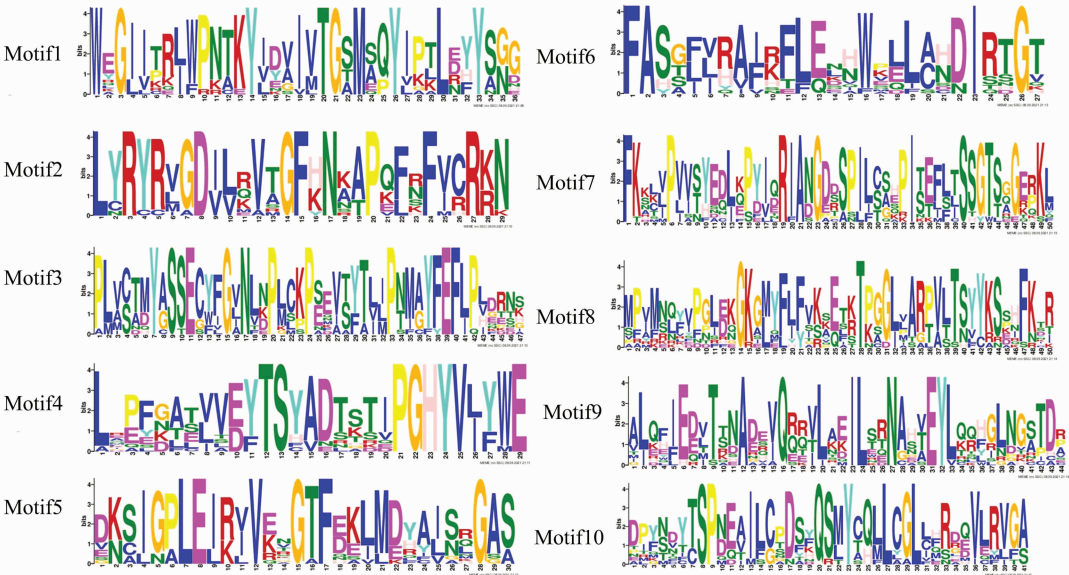
这 14 个普通丝瓜 GH3 蛋白家族成员中均含有 Motif 1、Motif 4、Motif5、Motif6、Motif7 和 Motif 9。

2.3 普通丝瓜 GH3 基因家族蛋白的系统进化树

用 MEGA 软件构建普通丝瓜 GH3 家族蛋白 (14 个)、黄瓜 GH3 家族蛋白 (14 个)、南瓜 GH3 家族蛋白 (29 个) 和拟南芥 GH3 家族蛋白 (30 个) 的系统进化树。根据系统进化树的进化关系, 这 87 个 GH3 蛋白可分为 3 类, 分别是 Group I、Group II 和 Group III (图 3)。其中, 南瓜、丝瓜和黄瓜的 GH3 蛋白属于 Group II 或 Group III; 在普通丝瓜中, LcGH3. 3、LcGH3. 7、LcGH3. 13 属于 Group II, 其他 11 个丝瓜 GH3 蛋白属于 Group III; 此外, 在 Group II、Group III 中也有拟南芥的 GH3 蛋白。值得注意的是, Group I 中都是拟南芥的 GH3 蛋白。



A. 普通丝瓜 GH3 基因家族成员蛋白的保守基序



B. 普通丝瓜 GH3 基因家族成员蛋白的结构域序列 LOGO

图2 普通丝瓜 GH3 基因家族成员蛋白的保守基序及结构域序列 LOGO

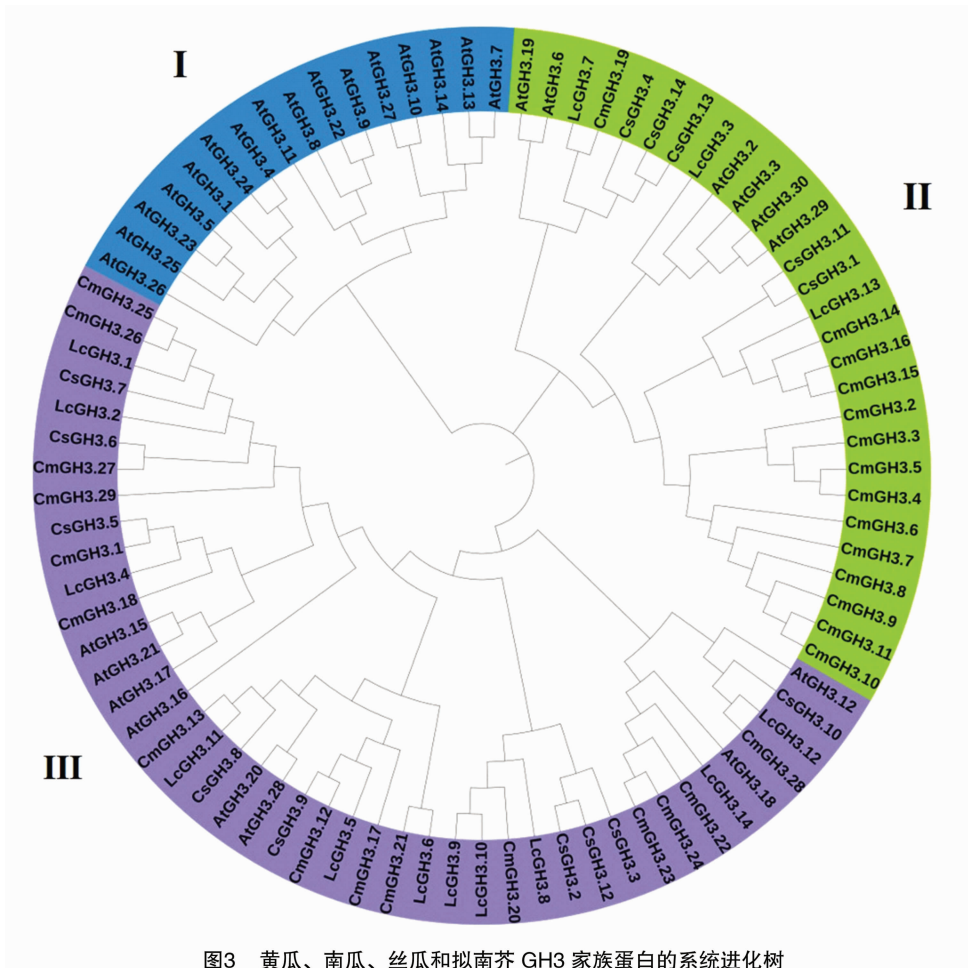


图3 黄瓜、南瓜、丝瓜和拟南芥 GH3 家族蛋白的系统进化树

2.4 普通丝瓜长果品种、短果品种 *GH3* 基因家族成员的差异表达模式分析

基于普通丝瓜长果品种、短果品种商品果的转录组数据中 14 个 *GH3* 基因家族成员的基因表达值 (FPKM), 分析 *GH3* 基因家族成员的表达模式, 发现在普通丝瓜长果品种、短果品种商品果中共有 6 个 *GH3* 基因家族成员 (*LcGH3.1*、*LcGH3.2*、*LcGH3.5*、*LcGH3.8*、*LcGH3.12* 和 *LcGH3.13*) 存在差异表达, 其中 *LcGH3.1*、*LcGH3.2*、*LcGH3.5* 在短果品种中的相对表达量高于长果品种, *LcGH3.8*、*LcGH3.12*、*LcGH3.13* 在短果品种中的相对表达量低于长果品种 (图 4)。

3 讨论与结论

植物的 *GH3* 基因是一种典型的植物生长素原初反应基因, 广泛存在于植物中^[18]。*GH3* 蛋白通过调节植物激素和相关化合物 (包括植物激素前体) 的活性或可利用性, 在信号通路、器官发育、植物结构、增强植物的抗逆性、优化植物的生长和代谢过

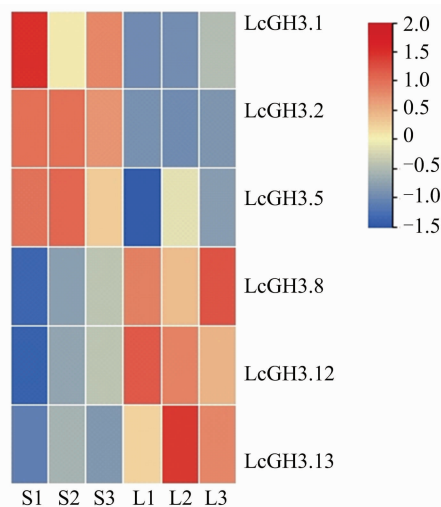


图4 普通丝瓜 *GH3* 基因家族成员在长果品种、短果品种中的表达模式

程中起着重要作用^[19-21]。*GH3* 基因最早在大豆中被鉴定为早期的生长素响应基因^[22]。迄今, 研究者陆续在许多来自不同植物 (如拟南芥^[6]、水稻^[23]、

葡萄^[24]、番茄^[25]、桃^[2]、木瓜^[26]、猕猴桃^[27]、甘蓝^[28]等)的 *GH3* 基因家族中发现该基因家族成员。

本研究结果表明,普通丝瓜中的 14 个 *LcGH3* 蛋白主要含 10 个 Motif,且 14 个 *LcGH3* 蛋白均含有 Motif 1、Motif 4、Motif5、Motif6、Motif7 和 Motif 9 保守基序,推测这 6 个保守基序可能在普通丝瓜 *GH3* 基因中发挥主要功能。构建基因家族系统发育树来分析同源基因间的进化关系,可为后续基于同源同功假说的分析奠定基础^[29]。本研究通过构建普通丝瓜、黄瓜、南瓜和拟南芥 *GH3* 基因家族成员蛋白的系统发育树,发现南瓜、丝瓜和黄瓜的 *GH3* 蛋白属于 Group II 或 Group III,而在 Group I 中都是拟南芥的 *GH3* 蛋白,后续关于丝瓜 *GH3* 的功能研究可以借鉴黄瓜、南瓜中已有的相关研究。本研究结果表明,在普通丝瓜长果品种、短果品种商品果中共有 6 个 *GH3* 基因家族成员存在差异表达,推测 *LcGH3* 基因家族与普通丝瓜果实发育相关,且与果长关系密切。对桃^[2]、番茄^[30] *GH3* 蛋白的相关研究也发现,*GH3* 基因在果实不同发育时期的表达量均存在差异。在研究中,*LcGH3.1*、*LcGH3.2*、*LcGH3.5* 在短果品种中表达量高于长果品种,*LcGH3.8*、*LcGH3.12* 和 *LcGH3.13* 在短果品种中的表达量低于长果品种,将为后续研究丝瓜果长提供方向。

本研究基于普通丝瓜全基因组对 *GH3* 基因家族进行鉴定,鉴定获得 14 个 *LcGH3* 基因家族成员,开展生物信息学分析并探析其在普通丝瓜长果品种、短果品种中的表达情况,为后续继续深入研究 *GH3* 基因在普通丝瓜果实发育及果长中的作用奠定了基础,并可为培育满足市场多样化优良果长的丝瓜品种提供支撑。

参考文献:

- [1]黄薇,孙琦,刘芳,等.小拟南芥激素相关基因及 *GH3.6* 的克隆与表达[J].石河子大学学报(自然科学版),2019,37(3):323–331.
- [2]曾文芳,潘磊,牛良,等.桃 *GH3* 基因家族的生物信息学分析及其在果实发育中的表达[J].园艺学报,2015,42(5):833–842.
- [3]Tomas A,Perrot-Rechenmann C. Recent progress in auxin biology[J]. Comptes Rendus Biologies,2010,333(4):297–306.
- [4]Wang Y J,Deng D X,Bian Y L,et al. Genome-wide analysis of primary auxin-responsive *Aux/IAA* gene family in maize (*Zea mays* L.)[J]. Molecular Biology Reports,2010,37(8):3991–4001.
- [5]Sun R,Wang S,Ma D,et al. Genome-wide analysis of cotton auxin early response gene families and their roles in somatic embryogenesis[J]. Genes,2019,10(10):730.

- [6]Staswick P E,Serban B,Rowe M,et al. Characterization of an arabidopsis enzyme family that conjugates amino acids to indole-3-acetic acid[J]. The Plant Cell,2005,17(2):616–627.
- [7]钱因红,张亚真,白培贤,等.茶树 *GH3* 基因家族的鉴定及表达分析[J].茶叶通讯,2020,47(3):382–392.
- [8]Jiang W Q,Yin J L,Zhang H T,et al. Genome-wide identification, characterization analysis and expression profiling of auxin-responsive *GH3* family genes in wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Molecular Biology Reports,2020,47(15):3885–3907.
- [9]Zhang T,Ren X Y,Zhang Z,et al. Long-read sequencing and de novo assembly of the *Luffa cylindrica* (L.) Roem Genome[J]. Molecular Ecology Resources,2020,20(2):511–519.
- [10]方智振,姜翠翠,周丹蓉,等.基于转录组的‘三月李’及其红肉突变体 *ARF* 基因家族鉴定及分析[J].应用与环境生物学报,2019,25(6):1388–1395.
- [11]李琦,王怡超,刘畅,等.黄花蒿 R2R3-MYB 转录因子全基因组鉴定及生物信息学分析[J].生物技术通报,2021,37(8):65–74.
- [12]刘伟,赵懿琛,廖震,等.朝仓花椒 *ARF* 基因家族的鉴定及表达分析[J].植物生理学报,2020,56(7):1627–1640.
- [13]蔡柔荻,厉雪,陈燕,等.龙眼 *DRB* 家族全基因组鉴定及其表达分析[J].园艺学报,2021,48(5):921–933.
- [14]曹丽茹,张前进,郭子宁,等.玉米生长素响应因子基因家族全基因组鉴定及表达分析[J].核农学报,2021,35(9):2016–2026.
- [15]李慧峰,冉昆,何平,等.苹果生长素响应因子(*ARF*)基因家族全基因组鉴定及表达分析[J].植物生理学报,2015,51(7):1045–1054.
- [16]方智振,林炎娟,姜翠翠,等.基于转录组的三月李及其红肉突变体 *Expansin* 基因家族鉴定及分析[J].福建农业学报,2020,35(9):919–928.
- [17]方智振,姜翠翠,周丹蓉,等.三月李及其红肉突变体 *Aux/IAA* 家族基因鉴定及分析[J].核农学报,2020,34(2):247–255.
- [18]黎颖,左开井,唐克轩.植物 *GH3* 基因家族的功能研究概况[J].植物学通报,2008,25(5):507–515.
- [19]Westfall C S,Zubieta C,Herrmann J,et al. Structural basis for prereceptor modulation of plant hormones by GH3 proteins[J]. Science,2012,336(6089):1708–1711.
- [20]Singh V K,Jain M,Garg R. Genome-wide analysis and expression profiling suggest diverse roles of *GH3* genes during development and abiotic stress responses in legumes[J]. Frontiers in Plant Science,2015,5:1–13.
- [21]罗火林,罗丽萍,熊冬金,等.辣椒 *GH3* 基因的电子克隆与生物信息学分析[J].华北农学报,2013,28(6):24–29.
- [22]Wright R M,Hagen G,Guilfoyle T. An auxin-induced polypeptide in dicotyledonous plants[J]. Plant Molecular Biology,1987,9(6):625–634.
- [23]Jain M,Kaur N,Tyagi A K,et al. The auxin-responsive *GH3* gene family in rice (*Oryza sativa*) [J]. Functional and Integrative Genomics,2006,6(1):36–46.
- [24]Boettcher C,Keyzers R A,Boss P K,et al. Sequestration of auxin by the indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3-1 in grape

余波,杨军,胡庆峰,等. 江苏省粳稻淀粉合成相关基因等位变异检测及其对稻米理化指标的影响[J]. 江苏农业科学,2022,50(18):87-91.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.18.014

江苏省粳稻淀粉合成相关基因等位变异检测 及其对稻米理化指标的影响

余波,杨军,胡庆峰,林添资,景德道,钱华飞,李闯,曾生元,孙立亭,杜灿灿,龚红兵
(江苏丘陵地区镇江农业科学研究所,江苏句容 212400)

摘要:大量研究表明,稻米食味品质除受主效基因 Wx 控制外,还受其他稻米食味品质相关基因的影响。为了探明江苏省粳稻不同淀粉合成相关基因的遗传变异组合对稻米理化指标的影响,本研究利用分子标记对 203 份江苏省粳稻预试材料(2015 年)的 9 个淀粉合成相关基因的基因型进行检测,发现 9 个基因位点中仅 Wx^{CT} 、 $SSIIIa$ 这 2 个位点广泛存在 2 种类型的等位基因变异,其他 7 个位点只有 0~3 份粳稻含有不同类型的等位基因,在此基础上分别研究 Wx^{CT} 、 $SSIIIa$ 基因的遗传效应。研究发现来源于 (CT)₁₈ 的等位基因可能有减少直链淀粉含量 (AC) 的效应,来源于 $SSIIIa^1$ 的等位基因可能有减少直链淀粉含量、增加胶稠度 (GC) 的效应。进一步研究发现 Wx^{CT} 、 $SSIIIa$ 基因之间存在互作效应,且基因间互作效应的方向随基因来源不同而异。

关键词:食味品质;直链淀粉含量;胶稠度;糊化温度;基因;碱消值

中图分类号:S511.2⁺20.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)18-0087-05

随着人们生活水平的提高,人们对稻米食味品质的要求也越来越高,已不仅仅是饱腹,更重要的是营养健康,优质食味稻米的市场需求越来越大,优质食味水稻新品种的选育已成为我国水稻育种最重要的研究方向之一^[1]。因此,从分子水平探究稻米食味品质形成的遗传学基础,明确水稻食味品

质基因的遗传效应,对优质食味水稻品种的选育具有重要的指导意义。

影响水稻蒸煮食味品质的 3 项重要指标分别是直链淀粉含量 (AC)、胶稠度 (GC) 和糊化温度 (GT)。一般认为具有低直链淀粉含量、高胶稠度、低糊化温度的稻米具有较好的蒸煮食味品质^[2-4]。大量研究表明,稻米蒸煮食味品质除受主效基因 Wx 控制外,还受其他稻米食味品质相关基因的影响^[5-6]。为了探明江苏省粳稻不同淀粉合成相关基因的基因型以及不同基因型组合对稻米品质形成的影响,本研究利用分子标记检测技术,在江苏省粳稻 (Wx^b) 的遗传背景条件下,对 203 份江苏省粳

收稿日期:2021-11-19

基金项目:镇江市重点研发计划——现代农业(编号:NY2020012)。

作者简介:余波(1981—),男,江苏仪征人,硕士,副研究员,主要从事水稻新品种选育研究。E-mail:151685361@qq.com。

通信作者:龚红兵,研究员,主要从事水稻新品种选育研究。

E-mail:1179809265@qq.com。

berry (*Vitis vinifera* L.) and the proposed role of auxin conjugation during ripening [J]. Journal of Experimental Botany, 2010, 61 (13):3615-3625.

[25] Xie R, Pang S, Ma Y, et al. The *ARF*, *AUX/IAA* and *GH3* gene families in citrus: genome-wide identification and expression analysis during fruitlet drop from abscission zone A [J]. Molecular Genetics and Genomics, 2015, 290(6):2089-2105.

[26] Liu K D, Wang J X, Li H L, et al. Identification, expression and IAA-amide synthetase activity analysis of Gretchen Hagen 3 in papaya fruit (*Carica papaya* L.) during postharvest process [J]. Frontiers in Plant Science, 2016, 7:1555.

[27] Gan Z Y, Fei L Y, Shan N, et al. Identification and expression analysis of Gretchen Hagen 3 (*GH3*) in Kiwifruit (*Actinidia*

chinensis) during postharvest process [J]. Plants, 2019, 8 (11):473.

[28] Jeong J, Park S, Im J H, et al. Genome-wide identification of *GH3* genes in *Brassica oleracea* and identification of a promoter region for anther-specific expression of a *GH3* gene [J]. BMC Genomics, 2021, 22(1):22.

[29] 谢小芳,黄勤怡,吴为人. 植物 *GH3* 基因家族的生物信息学分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2010, 29(5):829-837.

[30] Kumar R, Agarwal P, Tyagi A K, et al. Genome-wide investigation and expression analysis suggest diverse roles of auxin-responsive *GH3* genes during development and response to different stimuli in tomato (*Solanum lycopersicum*) [J]. Molecular Genetics and Genomics, 2012, 287(3):221-235.