

刘湘楠, 胡祥祥, 乔梦燚, 等. 红花 *Aux/IAA* 基因家族鉴定及盐胁迫响应分析[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(6): 68–76.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.06.009

红花 *Aux/IAA* 基因家族鉴定及盐胁迫响应分析

刘湘楠¹, 胡祥祥¹, 乔梦燚¹, 周丹宁¹, 朱昀昊^{1,2}

(1. 河南中医药大学药学院, 河南郑州 450046; 2. 呼吸疾病诊疗与新药研发河南省协同创新中心, 河南郑州 450046)

摘要: 为了对红花 *Aux/IAA* 基因家族进行生物信息学分析, 研究该基因在红花生长发育中的调控作用, 利用生物信息学方法, 在红花全基因组中鉴定出 28 个 *Aux/IAA* 基因。根据其拟南芥 *Aux/IAA* 基因的系统发育关系, 使用 MEGA 7.0 做出系统发育进化树。经理理化性质分析, 红花 *Aux/IAA* 蛋白为亲水性蛋白, 且 79% 位于细胞核中, 大多数红花 *Aux/IAA* 蛋白表现为偏酸性; 经聚类分析, 将红花 *Aux/IAA* 基因分为 5 个亚族。基因结构分析表明, 所有基因均含有 1~9 个内含子。这些基因在红花的 9 条染色体上非均匀地分布, 其中 9 号染色体上分布最多, 有 7 个 *Aux/IAA* 基因。红花 *Aux/IAA* 基因在不同发育期及不同外源激素处理下表达量各不相同。对保守基序作图分析发现, 大部分红花 *Aux/IAA* 蛋白具有 4 个共同的保守基序, 分别为 motif 1、motif 2、motif 3、motif 4, qRT-PCR 结果表明, 不同浓度盐胁迫处理 24 h 后, 基因 *CtAux/IAA1* 相对表达量呈上调趋势, 推测此基因可能与提高红花抗盐胁迫能力有关。本研究结果将有助于了解红花 *Aux/IAA* 基因家族在生长发育过程中的功能并筛选优良基因。

关键词: 红花; *Aux/IAA* 基因家族; 生物信息学分析; 盐胁迫

中图分类号: S567.21+9.01 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2024)06-0068-09

红花 (*Carthamus tinctorius* L.) 是《中华人民共和国药典》1963 年版至 2015 年版收载药物, 属常用中药, 具有活血化瘀, 通经止痛的功效^[1]。近年来, 由于分子生物学技术的飞速发展, 大多数中药材的药理成分和化学成分被深入研究, 对红花进行基因信息分析已成为一个热门课题。截至目前, 有关红花基因的生物学信息还很少见。

生长素普遍存在于所有植物中, 参与到植物的各个生长发育阶段, 其在植物细胞分裂、胚胎发育、建成形态、向性反应、加长休眠、顶端优势和组织分化等多种生长发育过程中发挥着极其重要的作用^[2]。*Aux/IAA* 是生长素信号早期响应因子之一, 被认为是最有活力和最重要的基因调节系统之一^[3], 其编码的蛋白质能通过与生长素响应因子特异性结合来调控生长素响应基因的表达, 在整个植物生长素信号转导过程中具有重要作用^[4]。大多

数 *Aux/IAA* 基因具有 I、II、III、IV 共 4 个保守结构域, 保守结构域 I 含有保守的亮氨酸重复基序 LxLxLx, 抑制生长素下游调控基因; 结构域 II 是 *AUX/IAA* 不稳定的关键成分^[5], 存在高度保守序列 (GWPPV); 结构域 III 和 IV 含有与 ARF 相结合的位点, 但这些结构域通常会有所缺失。

近年来, 有关 *Aux/IAA* 基因家族成员在某些植物中的作用已逐渐受到人们的关注, 且有了较大的进展。此后针对 *Aux/IAA* 基因家族各个成员之间的关系、这些成员与其他家族基因的调节控制关系以及基因编码蛋白的调节控制作用及其协同作用的机制, 它们与生长素之间的调控机制还有待深入探讨, 这些都将有助于阐明植物生长发育的机制, 为植物分子水平改良提供理论依据^[6]。

1 材料与方法

1.1 样品处理及试验地点

红花种子购自河北万草种业有限公司。种子采用土培, 培养至真叶期 18 d 后, 选取长势一致的红花幼苗, 分别用蒸馏水以及 100、200、300 mmol/L 的 NaCl 溶液处理 24 h 后取样, 每个浓度 5 个生物学重复, 做好标记, 并立即放入液氮中速冻, 储存于 -80 ℃ 冰箱。试验于 2023 年 4 月 21 日在河南中医药大学河南省道地药材生态种植工程技术研究

收稿日期: 2023-06-16

基金项目: 国家自然科学基金 (编号: 81603232); 国家重点研发计划 (编号: 2017YFC1702800); 河南省重大科技专项 (编号: 171100310500); 河南省科技攻关项目 (编号: 172102310539)。

作者简介: 刘湘楠 (2000—), 女, 河南许昌人, 硕士研究生, 主要从事药用植物分子生物研究。E-mail: 1296969180@qq.com。

通信作者: 朱昀昊, 博士, 副教授, 主要从事药用植物分子生物研究。

E-mail: guxinhan123@163.com。

中心进行。

1.2 试验材料

从 Pfam 数据库 (<http://pfam.xfam.org/>) 中下载 Aux/IAA 结构域的 HMM 模型文件 (Pfam02309), 基于 HMM 模型, 从红花基因组中检索得到候选 Aux/IAA 蛋白, 使用 Pfam 数据库检索的结果整合、去冗余和去除不完整序列, 共筛选出 28 个红花 Aux/IAA 基因。在文献[7]中查到拟南芥 Aux/IAA 基因家族的基因共 29 个。

1.3 试验方法

1.3.1 红花 Aux/IAA 蛋白的理化性质分析及亚细胞定位预测 对得到的红花 Aux/IAA 基因家族的候选序列, 利用在线预测软件 ORF Finder 筛选具有全长核苷酸的红花 Aux/IAA 基因家族序列。通过 ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam/>) 软件在线对红花 Aux/IAA 基因家族蛋白的相对分子质量、等电点 (pI) 和亲水性平均系数 (GRAVY) 等指标进行预测; 使用 SOPMA (<https://prabi.ibcp.fr/html/site/web/home>) 预测红花 Aux/IAA 蛋白二级结构; 利用 WoLF PSORT (<https://www.genscript.com/wolf-psort.html>) 软件分析红花 Aux/IAA 蛋白亚细胞定位。

1.3.2 红花 Aux/IAA 基因染色体定位分析 使用 Mapchart 软件, 按照 Aux/IAA 基因家族每条染色体的长度和每个基因序列在红花染色体上的物理位置, 对 28 个红花 Aux/IAA 基因进行染色体定位分析。

1.3.3 红花 Aux/IAA 基因家族系统进化树分析 在 NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 下载拟南芥 Aux/IAA 基因家族的氨基酸序列共 29 个, 用于进化分析。采用 MEGA 7.0 软件内置的 Clustal W 算法对红花和拟南芥 Aux/IAA 基因家族的多个氨基酸序列进行比对, 重复次数为 500 次, 其他参数使用默认值, 将比对的结果构建系统发育树。

1.3.4 红花 Aux/IAA 基因家族基因结构分析 根据红花 Aux/IAA 基因家族的核苷酸序列与编码序列, 使用 GSDS 网站 (<http://gsds.gao-lab.org/>) 绘出红花 Aux/IAA 基因家族基因结构图。从基因组注释文件中下载红花 Aux/IAA 的基因结构注释信息, 使用在线软件 MEME (<http://meme-suite.org/>) 将预测的基序数目设置为 20, 对红花 Aux/IAA 基因家族的保守基序进行预测与分析。使用 TBtools 将 MEME 预测结果可视化。

1.3.5 红花 Aux/IAA 基因家族蛋白互作网络分析

在 STRING 数据库输入 28 个红花 Aux/IAA 蛋白氨基酸序列, 选择拟南芥进行同源比对, 得出蛋白互作网络图 (protein - protein interaction networks, PPI)。

1.3.6 红花 Aux/IAA 基因表达模式分析 从 NCBI 数据库下载红花 Aux/IAA 基因在不同外源激素诱导后以及 5 个时期 (小芽期、中芽期、初花期、盛花期、衰花期) 的基因表达数据, 使用 TBtools 软件绘制 28 个红花 Aux/IAA 基因在不同外源激素处理下及 5 个发育时期的基因表达量热图。

1.3.7 红花 Aux/IAA 基因盐胁迫的表达分析 使用 Trizol 法提取不同浓度 NaCl 处理红花幼苗的 RNA。使用 BeyoRT™ III cDNA 第一链合成试剂盒对提取的 RNA 进行反转录得到红花幼苗 cDNA, 置于 -20 ℃ 冰箱保存。从 28 个红花 Aux/IAA 基因中挑选 5 个基因 *CtAux/IAA1*、*CtAux/IAA3*、*CtAux/IAA11*、*CtAux/IAA14*、*CtAux/IAA15*, 进行 qRT - PCR 验证, 引物序列如表 1 所示, 内参基因为 *Ct60s*。采用康为 UltraSYBR Mixture (Low ROX) 两步法进行试验, 2^{-ΔΔC_t} 计算相对表达量, SPSS 和 Graph 对计算结果进行分析并绘制柱状图。qRT - PCR 反应体系: UltraSYBR Mixture qPCR Mix 10 μL, 正反向引物各 0.5 μL, cDNA 1.5 μL, 双蒸水补至 20 μL。qRT - PCR 反应程序: 95 ℃ 10 min; 95 ℃ 15 s, 60 ℃ 1 min, 40 个循环; 95 ℃ 15 s, 60 ℃ 1 min, 95 ℃ 15 s。

表 1 实时荧光定量 PCR 引物

引物名	引物序列 (5'→3')
<i>CtAux/IAA1</i> - F	TGAACGCCACAGTCTTAC
<i>CtAux/IAA1</i> - R	GGACATCACCGACAAGCATA
<i>CtAux/IAA3</i> - F	TGGTCCAGGAAGGGAAAGTC
<i>CtAux/IAA3</i> - R	CTCCAACGAGCATCCAGTCA
<i>CtAux/IAA11</i> - F	TGGCTTCTCGGAGACGGTTGA
<i>CtAux/IAA11</i> - R	GCCTTGGCTGCTGGCTTGCT
<i>CtAux/IAA14</i> - F	GGAATGCTCCGATGCCACAA
<i>CtAux/IAA14</i> - R	CGACCGCCACCTTTACGAAC
<i>CtAux/IAA15</i> - F	CAAGCACTACCCATAAACAT
<i>CtAux/IAA15</i> - R	TGATCTCAAGCTCAAACCTT
<i>Ct60s</i> - F	GGCAACACTGGTCTTGATCCAT
<i>Ct60s</i> - R	CTGCGATTGTTGGATAATGGATG

2 结果与分析

2.1 红花 Aux/IAA 基因序列的鉴定及结构特征 利用 BLAST 在线分析软件对红花基因组数据库

进行同源序列比对,筛选出含有全长的核苷酸序列,最终在红花中鉴定获得 *Aux/IAA* 基因 28 个(表 2)。

2.2 红花 *Aux/IAA* 蛋白的理化性质及蛋白特性分析

红花 *Aux/IAA* 蛋白的理化性质分析结果(表 2)表明,28 个红花 *Aux/IAA* 蛋白氨基酸长度为 150 ~ 427 aa;平均相对分子质量为 26. 106 09 ku;其理论等电点平均值为 6. 92,说明大多数红花 *Aux/*

IAA 蛋白表现为偏酸性。其中 27 个红花 *Aux/IAA* 蛋白的亲水性平均系数均小于零,说明 27 个红花 *Aux/IAA* 蛋白属于亲水性蛋白。利用 PSORT 软件得出红花 *Aux/IAA* 蛋白的亚细胞定位,结果(表 2)显示,红花 *Aux/IAA* 蛋白可能主要分布在细胞核、细胞质、叶绿体中。其中,79% 红花 *Aux/IAA* 蛋白被定位于细胞核,这表明红花 *Aux/IAA* 蛋白可能在细胞核中起作用。

表 2 红花 *Aux/IAA* 蛋白的理化性质

基因编号	基因命名	氨基酸长度 (aa)	相对分子质量 (u)	等电点	亲水性 平均系数	亚细胞定位
CtAH10T0080800. 1	<i>CtAux/IAA1</i>	300	31 047. 4	7. 79	-0. 418	细胞核
CtAH10T0086500. 1	<i>CtAux/IAA2</i>	195	22 224. 9	4. 77	-0. 765	细胞核
CtAH11T0020600. 1	<i>CtAux/IAA3</i>	427	46 196. 4	7. 30	-0. 536	细胞核
CtAH11T0142500. 1	<i>CtAux/IAA4</i>	221	24 497. 7	8. 86	-0. 466	细胞核
CtAH12T0113500. 1	<i>CtAux/IAA5</i>	369	40 056. 9	9. 22	-0. 533	细胞核
CtAH12T0206600. 1	<i>CtAux/IAA6</i>	218	23 557. 0	4. 86	-0. 537	细胞核
CtAH12T0211300. 1	<i>CtAux/IAA7</i>	206	23 105. 6	9. 23	-0. 503	细胞核
CtAH01T0038300. 1	<i>CtAux/IAA8</i>	371	40 050. 7	5. 56	-0. 520	细胞核
CtAH02T0149100. 1	<i>CtAux/IAA9</i>	183	20 995. 3	5. 00	-0. 492	细胞核
CtAH02T0192700. 1	<i>CtAux/IAA10</i>	206	24 164. 8	4. 60	-0. 764	细胞核
CtAH03T0181600. 1	<i>CtAux/IAA11</i>	237	25 904. 3	7. 13	-0. 554	细胞核
CtAH03T0305100. 1	<i>CtAux/IAA12</i>	230	25 248. 9	8. 95	-0. 516	细胞核
CtAH03T0305500. 1	<i>CtAux/IAA13</i>	163	18 315. 3	5. 09	-0. 937	细胞核
CtAH05T0128700. 1	<i>CtAux/IAA14</i>	213	24 053. 8	4. 57	-0. 562	叶绿体
CtAH05T0128800. 1	<i>CtAux/IAA15</i>	251	28 998. 0	8. 62	0. 061	叶绿体
CtAH05T0133200. 1	<i>CtAux/IAA16</i>	257	27 771. 0	5. 47	-0. 603	细胞核
CtAH05T0147600. 1	<i>CtAux/IAA17</i>	150	17 138. 5	7. 84	-0. 410	细胞质
CtAH05T0259700. 1	<i>CtAux/IAA18</i>	230	25 490. 0	5. 96	-0. 864	细胞核
CtAH05T0270000. 2	<i>CtAux/IAA19</i>	237	25 635. 7	8. 33	-0. 542	细胞质
CtAH06T0080400. 1	<i>CtAux/IAA20</i>	234	26 120. 3	8. 40	-0. 859	细胞核
CtAH06T0222300. 1	<i>CtAux/IAA21</i>	186	21 071. 9	7. 83	-0. 712	细胞核
CtAH09T0016800. 1	<i>CtAux/IAA22</i>	239	26 429. 4	5. 83	-0. 796	细胞核
CtAH09T0019800. 1	<i>CtAux/IAA23</i>	247	26 594. 3	10. 10	-0. 685	细胞核
CtAH09T0023600. 1	<i>CtAux/IAA24</i>	158	16 781. 0	4. 86	-0. 339	细胞质
CtAH09T0023700. 1	<i>CtAux/IAA25</i>	194	21 849. 9	7. 82	-0. 454	叶绿体
CtAH09T0233500. 1	<i>CtAux/IAA26</i>	186	20 848. 4	4. 94	-0. 687	细胞核
CtAH09T0233600. 1	<i>CtAux/IAA27</i>	248	27 154. 1	5. 62	-0. 721	细胞核
CtAH09T0245000. 1	<i>CtAux/IAA28</i>	276	29 669. 2	9. 11	-0. 547	细胞核

2.3 红花 *Aux/IAA* 基因染色体定位分析

利用红花基因组信息,绘制 *Aux/IAA* 基因在染色体上的位置,如图 1 所示,9 条染色体上非均匀地分布着 28 个基因,其中 1 号染色体上分布的基因最少,只有一个 *CtAux/IAA8*,9 号染色体上分布的基因

最多,有 7 个基因,基因 *CtAux/IAA22*、*CtAux/IAA23*、*CtAux/IAA24*、*CtAux/IAA25* 在 9 号染色体上形成基因簇。2 号、6 号和 11 号染色体上均只有 2 个 *Aux/IAA* 基因;有 3 条 *Aux/IAA* 基因分布于 3 号和 12 号染色体上。

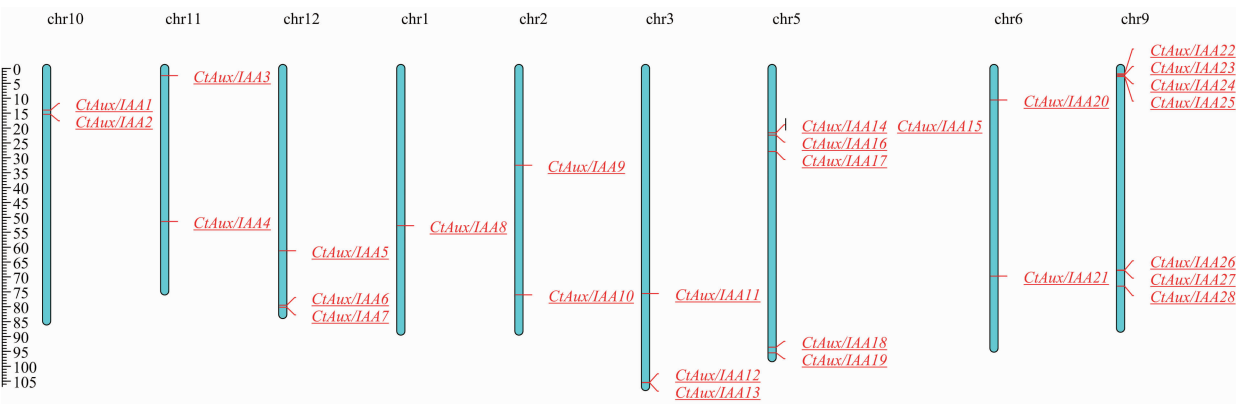


图1 红花 *Aux/IAA* 基因家族染色体定位

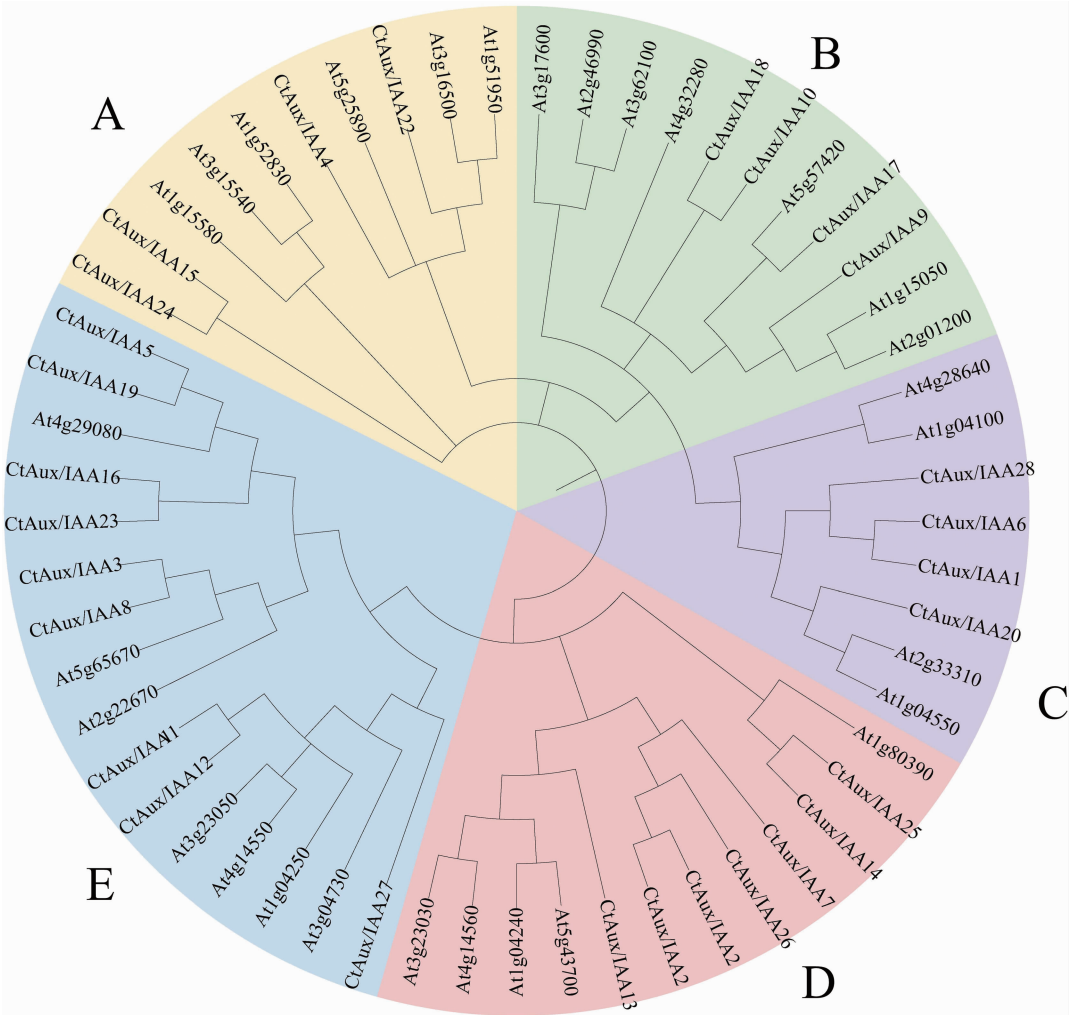
2.4 红花 *Aux/IAA* 基因家族系统进化树分析

将 29 个拟南芥和 30 个红花的蛋白序列进行多序列比对,结果表明,红花和拟南芥的 *Aux/IAA* 蛋白共可分为 5 个亚类,分别命名为 A、B、C、D、E 组

(图 2)。每组包含的 2 种植物基因家族蛋白数各不相同,同一个亚组中蛋白的同源性较高。

2.5 红花 *Aux/IAA* 基因结构分析

已有研究显示,基因结构的多样性是众多基因

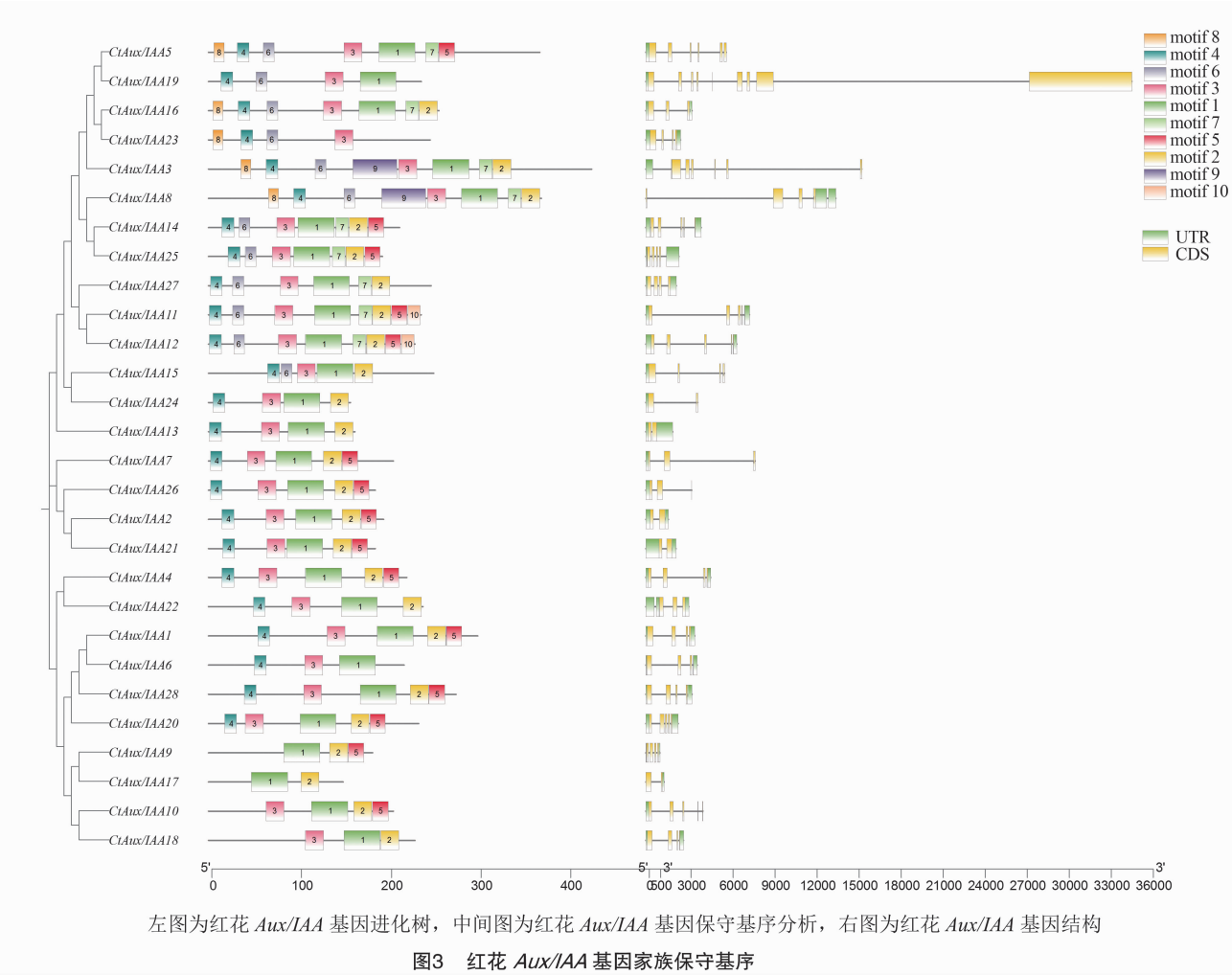


At*Aux/IAA* 均属于拟南芥*Aux/IAA* 基因家族蛋白, Ct*Aux/IAA* 均属于红花 *Aux/IAA* 基因家族蛋白

图2 红花、拟南芥 *Aux/IAA* 基因家族进化树

家族演化的动力^[8]。进一步对红花 *Aux/IAA* 基因结构进行分析,研究其结构的多样性。结果显示,所有基因均含有 1~9 个内含子。基因 *CtAux/IAA19* 的内含子最多,为 9 个。根据进化树结果(图 3)显示,同一亚组的基因具有相似的基因结构,比如,基因 *CtAux/IAA1*、*CtAux/IAA6*、*CtAux/IAA28* 的结构相似,且都在亚组 D。对红花 *Aux/IAA* 保守基序分析发现,大多数(20 个)红花 *Aux/IAA* 蛋白序列包含 4 个保守基序: motif1、motif2、motif3 和 motif4,其余 8 个红花 *Aux/IAA* 蛋白序列均有缺失,这种有缺失的基因被称为非标准类型 *Aux/IAA* 基因^[9]。结构域缺失或突变现象,可能会导致基因功能异常^[10]。28 个红花 *Aux/IAA* 蛋白中有 1 个缺失 motif1,4 个缺

失 motif2,2 个缺失 motif3,4 个缺失 motif4。在保守基序分布相似的基因在进化树中也聚在一起,表明保守基序相似基因的结构功能也相似,例如, motif10 只存在于基因 *CtAux/IAA11*、*CtAux/IAA12* 中,而这 2 个基因经聚类分析都在亚组 D。除了 4 种典型的保守基序外,红花 *Aux/IAA* 蛋白还存在其他 6 种保守基序,各成员间保守基序的重叠与差异某种程度上能反映它们的功能特征^[11]。由图 4 可知,大多数 *Aux/IAA* 基因具有 I、II、III、IV 共 4 个保守结构域,保守结构域 I 含有保守的亮氨酸重复基序 LxLxLx; 结构域 II 存在高度保守序列(GWPPV); 结构域 III 和 IV 含有与 ARF 相结合的位点,但这些结构域通常会



2.6 红花 *Aux/IAA* 基因家族蛋白互作网络分析

由图 5 可知,蛋白 SHY2、AXR3 与红花 *Aux/IAA* 蛋白具有相互作用。AXR 可能在叶片老化过程中有调节控制作用^[12];SHY2 是作为生长素、细胞

分裂素和油菜素内酯调控根分生组织发育的一个节点^[13]。其中,IAA19 蛋白的互作通路最多,高达 16 条。红花 *Aux/IAA* 蛋白与这 2 种蛋白联系密切,推测红花 *Aux/IAA* 蛋白与其功能相似。

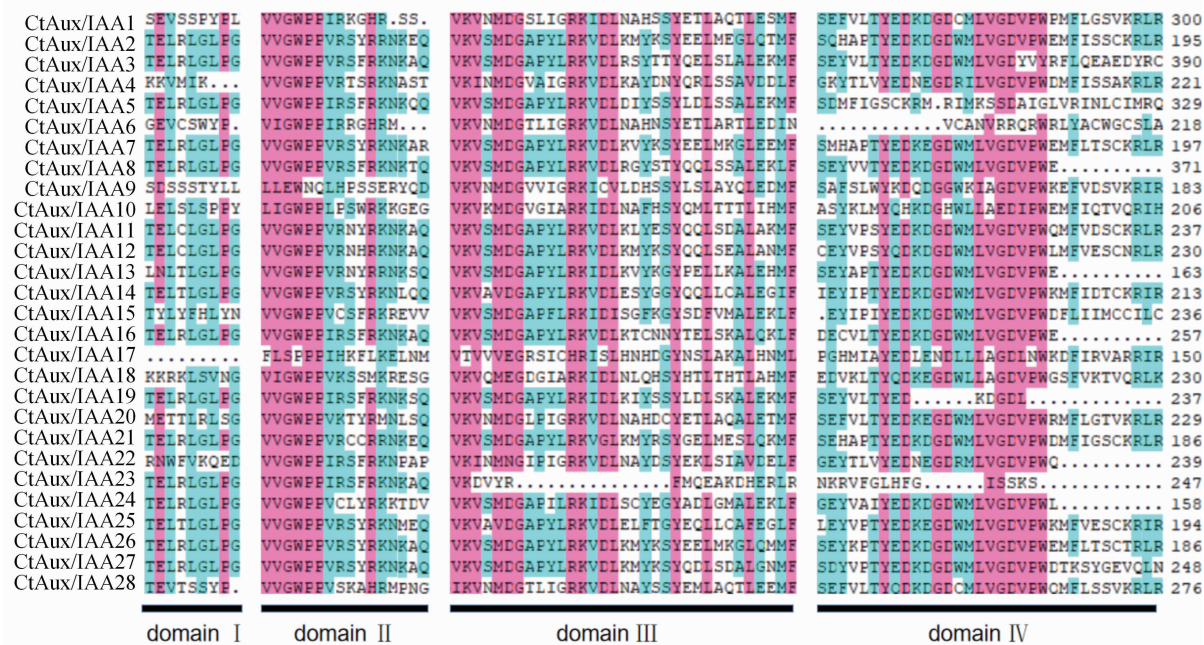


图4 Aux/IAA 蛋白多序列比对

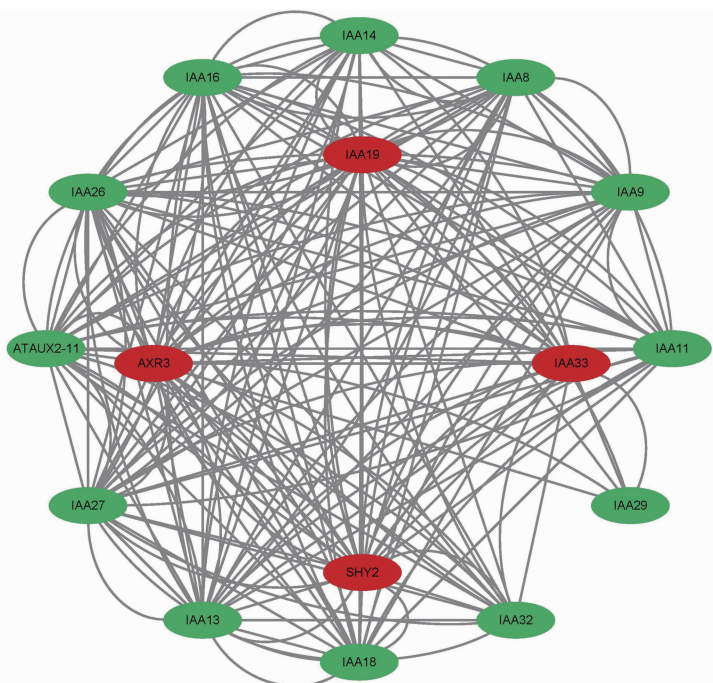


图5 红花 Aux/IAA 蛋白互作蛋白网络

2.7 红花对 Aux/IAA 基因表达模式分析

使用 TBtools 软件绘制红花 Aux/IAA 基因在空白组和加入油菜素内酯 (BR)、茉莉酸甲酯 (MEJA) 以及在 5 个时期的基因表达量热图。油菜素内酯是一种具有增加坐果率、促进作物生长、增大果实、增强作物耐寒能力、减轻药害、提高抗病能力作用的植物源植物生长调节剂。由图 6 - a 可知,加 BR 后,基因 CtAux/IAA1、CtAux/IAA4、CtAux/IAA5、

CtAux/IAA26 表达量增幅较大,表明这些基因可能最先与 BR 响应从而增强红花抗逆性,而基因 CtAux/IAA10、CtAux/IAA24、CtAux/IAA27 在加入 BR 后表达量均大幅下降,可能是 BR 响应抑制了这些基因的表达。MEJA 的外源使用可刺激植物防御基因的表达,诱导植物的化学防御,其作用类似于机械伤害和昆虫取食。在加入 MEJA 后,基因 CtAux/IAA3、CtAux/IAA5、CtAux/IAA8、CtAux/IAA16、CtAux/

IAA19 表达量较空白组有所增加,而基因 *CtAux/IAA2*、*CtAux/IAA7*、*CtAux/IAA11*、*CtAux/IAA13*、*CtAux/IAA14*、*CtAux/IAA15*、*CtAux/IAA21*、*CtAux/IAA26*、*CtAux/IAA27* 表达量大幅降低,基因 *CtAux/IAA17* 始终不表达,表明这个基因可能不参与 BR、MEJA 的相应过程。

由图 6 - b 可知,几乎全部 *Aux/IAA* 基因在植物

生长的 5 个时期均有表达,基因 *CtAux/IAA18* 仅在小芽期有非常微量的表达,而基因 *CtAux/IAA7*、*CtAux/IAA19* 在衰花期表达水平较高,从小芽期直到衰花期基因 *CtAux/IAA3* 的表达量几乎都比其他基因高,基因 *CtAux/IAA2*、*CtAux/IAA11*、*CtAux/IAA13*、*CtAux/IAA14*、*CtAux/IAA26* 的表达量均在盛花期达到最高值,据此可以找出 7 个高表达的基因,分别为

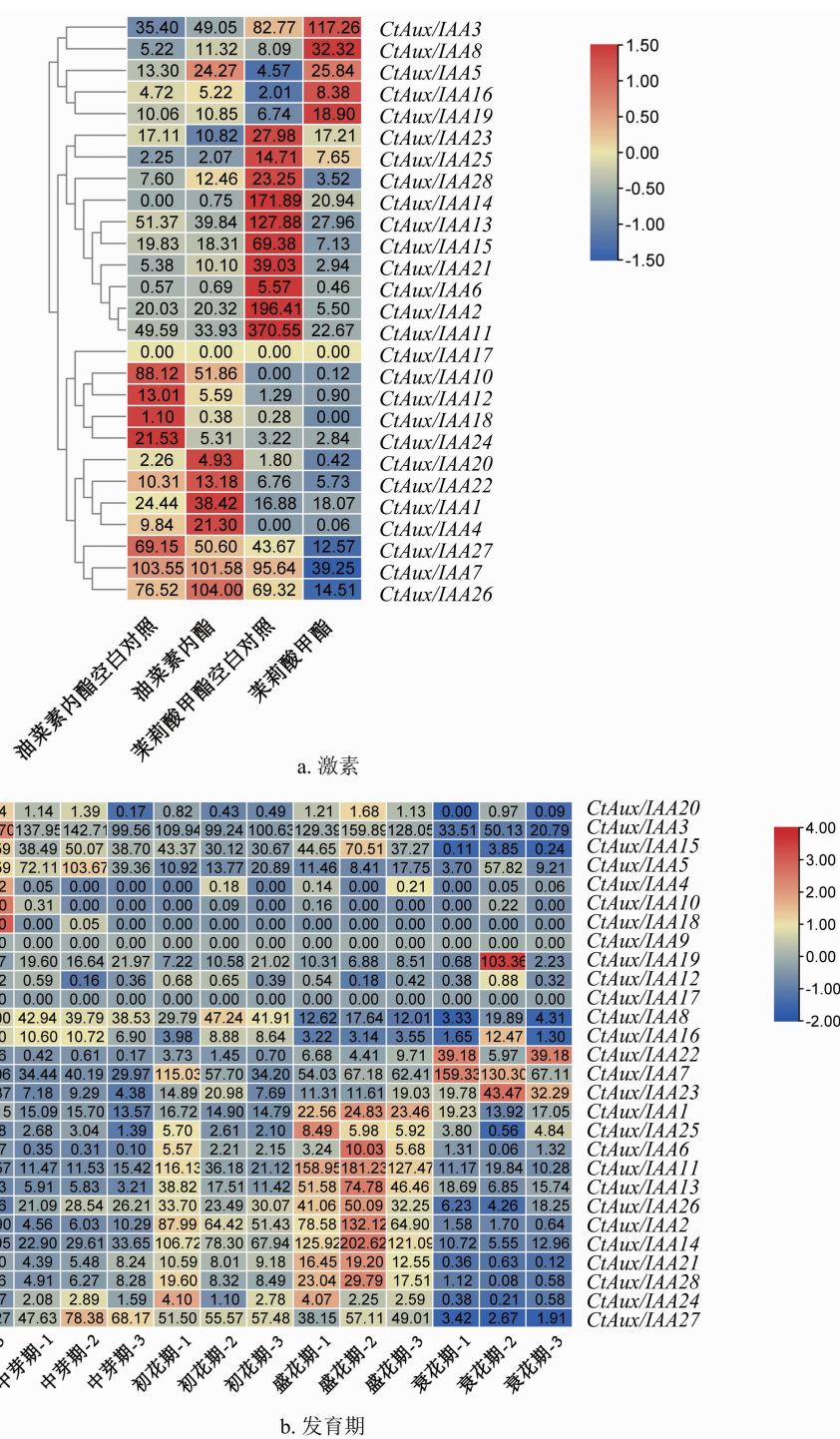


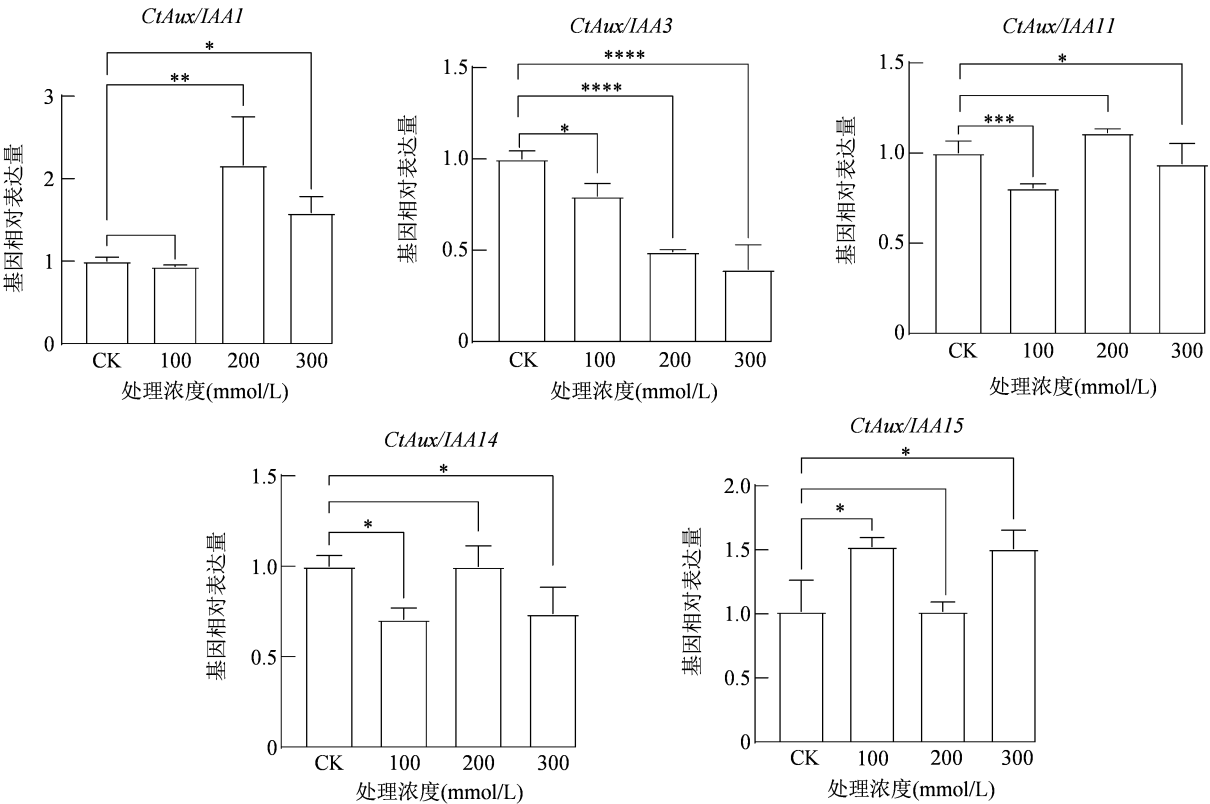
图6 红花 *Aux/IAA* 基因在不同激素处理(a)、不同发育期(b)的表达量热图

CtAux/IAA2、*CtAux/IAA3*、*CtAux/IAA7*、*CtAux/IAA11*、*CtAux/IAA13*、*CtAux/IAA14*、*CtAux/IAA26*，可以为更深入的红花 *Aux/IAA* 基因家族生长机制研究提供依据。

2.8 红花 *Aux/IAA* 基因盐胁迫的表达分析

为研究红花 *Aux/IAA* 基因在不同浓度盐胁迫下的表达水平，本研究选取不同亚组中表达量较高的

5 个基因，用 q-PCR 检测这 5 个基因在不同浓度 NaCl 胁迫下的表达量。由图 7 可知，在盐胁迫下，5 个基因的表达量存在差异，*CtAux/IAA3* 的表达量随着盐浓度的升高呈下调趋势，说明盐胁迫抑制了该基因的表达，*CtAux/IAA1* 在 200 mmol/L NaCl 处理下的相对表达量最高，响应了盐胁迫，推测此基因可以提高红花的抗盐能力，但其响应胁迫机制待研究。



*, **, ***, **** 分别表示在 0.05、0.01、0.001、0.000 1 水平差异显著

图7 红花 *Aux/IAA* 基因在盐胁迫下的相对表达量

3 结论与讨论

Aux/IAA 基因家族在植物生长素的响应途径中发挥着关键作用。最早从大豆受生长素诱导的基因中分离得到 *Aux/IAA* 基因，之后更多物种 *Aux/IAA* 基因家族的理化性质及特异性功能得到挖掘与鉴定。对其他物种 *Aux/IAA* 基因家族的研究表明，该基因家族在不同物种内的数量不一^[14]，包括在拟南芥中发现了 29 个 *Aux/IAA* 基因家族成员，在桃^[15]、大白菜^[16]、黄瓜^[17]、高粱^[18]、粗山羊草^[19]中分别发现了 22、59、28、25、28 个 *Aux/IAA* 基因家族成员，不同基因家族成员在植物生长发育过程中具有不同的功能，例如杨树中 *PtI AAI4.1* 的突变会产生叶片卷曲、分枝增多、育性下降等表型^[20]；在拟南芥中

稳定表达桉树 *IAA4* 基因会造成根系向地性消失，茎木质部纤维消失，木质部维管发育受阻，束间纤维发育迟缓^[21]。水稻 *IAA13* 基因影响根系的发育，*iaa13* 突变体中侧根的数量下降，组成性通气组织数量减少^[22]。

为了更好地理解红花生长素的响应途径，揭示 *Aux/IAA* 基因家族在红花生长发育和和抗逆境胁迫中的功能^[23]。本试验对红花 *Aux/IAA* 基因家族进行了分析研究，共鉴定到 28 个红花 *Aux/IAA* 家族基因，与拟南芥中的 *Aux/IAA* 家族成员数量基本一致。根据系统发育树分析，这 57 个家族成员可分为 5 个亚组，同一组中大多数 *Aux/IAA* 基因的结构都非常相似，少数基因的结构有特异性。*Aux/IAA* 基因家族编码的蛋白一般由 4 个保守基序组成。经染色体

定位图分析,9 号染色体上端有 4 个基因形成的基因簇,可能是由于串联复制导致了基因家族的扩张^[24]。通过基因结构分析,发现所有基因均含有 1~9 个内含子。在 BR 和 MEJA 的胁迫下,各基因的相对表达量发生变化,表明红花 *Aux/IAA* 基因在响应 BR 和 MEJA 胁迫过程中具有重要作用。根据红花 *Aux/IAA* 基因家族的表达热图,找到了 7 个高表达基因,它们可能在红花的整个生长发育过程中起重要作用。qRT-PCR 结果表明,*CtAux/IAA1* 可能有提高红花抗盐胁迫的能力。这些发现将有助于进一步分析红花 *Aux/IAA* 基因在生长发育过程中的功能。

随着分子生物信息学和中医药的快速发展,许多中药材的基因信息解析逐步成为研究的热点。但是对于红花 *Aux/IAA* 基因家族生物信息学分析较少,红花 *Aux/IAA* 家族成员在红花生长发育过程中的调控机制尚不明确。因此,本研究通过生物信息学分析红花 *Aux/IAA* 基因家族的基因结构等,鉴定红花基因组中的 *Aux/IAA* 基因家族成员并分析它们的理化性质、保守基序、基因结构、蛋白互作网络、表达模式、盐胁迫等,了解到 *Aux/IAA* 家族基因在整个红花生长素信号转导过程中具有重要作用。本研究可为深入了解红花 *Aux/IAA* 基因家族在生长发育过程中的功能及分子育种筛选优良基因提供一定的理论依据^[25]。

参考文献:

- [1] 任超翔,吴沂芸,唐小慧,等. 红花的起源与产地变迁[J]. 中国中药杂志,2017,42(11):2219-2222.
- [2] Luo J E, Zhou J J, Zhang J Z. *Aux/IAA* gene family in plants: molecular structure, regulation, and function [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2018, 19(1): 259.
- [3] de Figueiredo M R A, Strader L C. Intrinsic and extrinsic regulators of *Aux/IAA* protein degradation dynamics [J]. Trends in Biochemical Sciences, 2022, 47(10): 865-874.
- [4] 张娟. 生长素信号转导途径及参与的生物学功能研究进展[J]. 生命科学研究, 2009, 13(3): 272-277.
- [5] Quint M, Gray W M. Auxin signaling[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2006, 9(5): 448-453.
- [6] 李俊男,燕晓杰,李枢航,等. 植物 *AUX/IAA* 基因家族研究进展[J]. 中国农学通报, 2018, 34(15): 89-92.
- [7] Liscum E, Reed J W. Genetics of *Aux/IAA* and *ARF* action in plant growth and development[J]. Plant Molecular Biology, 2002, 49(3): 387-400.
- [8] 范平桦,朱凯凯,谭鹏鹏,等. 薄壳山核桃 *Aux/IAA* 基因家族鉴定及其在嫁接愈合中的表达分析[J]. 分子植物育种, 2022, 20(8): 2554-2564.
- [9] 张帆,马艳青,李雪峰,等. 辣椒 *Aux/IAA* 基因家族的鉴定与表达分析[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2018, 44(6): 597-606.
- [10] 王菲,纪丕钰,黄玉玉,等. 梨 *Aux/IAA* 基因家族的鉴定与生物信息学分析[J/OL]. 分子植物育种 [2022-04-20]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220418.1759.013.html>.
- [11] 孙雪丽,刘范,田娜,等. 香蕉 *Aux/IAA* 基因家族的全基因组鉴定及表达分析[J]. 园艺学报, 2019, 46(10): 1919-1935.
- [12] Mai Y X, Wang L, Yang H Q. A gain-of-function mutation in *IAA7/AXR2* confers late flowering under short-day light in *Arabidopsis* [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2011, 53(6): 480-492.
- [13] Li T T, Kang X K, Lei W, et al. SHY2 as a node in the regulation of root meristem development by auxin, brassinosteroids, and cytokinin [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2020, 62(10): 1500-1517.
- [14] 杨蒙迪,金龙飞,周丽霞,等. 油棕 *Aux/IAA* 基因家族鉴定与生物信息学分析[J]. 分子植物育种, 2021, 19(5): 1451-1465.
- [15] 曾文芳,王小贝,潘磊,等. 桃 *Aux/IAA* 家族基因鉴定及在果实成熟过程中的表达分析[J]. 园艺学报, 2017, 44(2): 233-244.
- [16] 郑小敏,赵敬会,李荣冲,等. 芸薹属大白菜 *Aux/IAA* 基因家族的生物信息学分析[J]. 北方园艺, 2012(14): 109-113.
- [17] 王垒,陈劲枫,贾利. 黄瓜 *Aux/IAA* 基因家族的生物信息学分析[J]. 中国瓜菜, 2010, 23(6): 1-4.
- [18] 王益军,吕燕萍,谢秦,等. 高粱全基因组生长素原初响应基因 *Aux/IAA* 的序列特征分析[J]. 作物学报, 2010, 36(4): 688-694.
- [19] 乔麟铁,李欣,畅志坚,等. 粗山羊草全基因组 *Aux/IAA* 基因家族的分离、染色体定位及序列分析[J]. 作物学报, 2014, 40(12): 2059-2069.
- [20] Liu S D, Hu Q N, Luo S, et al. Expression of wild-type *PtrIAA14.1*, a poplar *Aux/IAA* gene causes morphological changes in *Arabidopsis* [J]. Frontiers in Plant Science, 2015, 6: 388.
- [21] Yu H, Soler M, San Clemente H, et al. Comprehensive genome-wide analysis of the *Aux/IAA* gene family in *Eucalyptus*: evidence for the role of *EgrIAA4* in wood formation [J]. Plant and Cell Physiology, 2015, 56(4): 700-714.
- [22] Yamauchi T, Tanaka A, Inahashi H, et al. Fine control of aerenchyma and lateral root development through *AUX/IAA*- and *ARF*-dependent auxin signaling [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2019, 116(41): 20770-20775.
- [23] 魏瑞敏,谢玲玲,欧阳烟,等. 辣椒 *ARF* 基因家族的鉴定与表达分析[J]. 西北植物学报, 2017, 37(6): 1047-1058.
- [24] 方月喂旺,张晓嘉,何华,等. 栽培花生 *Aux/IAA* 家族鉴定与生物信息学分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(10): 3115-3125.
- [25] Singla B, Chugh A, Khurana J P, et al. An early auxin-responsive *Aux/IAA* gene from wheat (*Triticum aestivum*) is induced by epibrassinolide and differentially regulated by light and calcium [J]. Journal of Experimental Botany, 2006, 57(15): 4059-4070.