

芸薹属大白菜 *Aux/IAA* 基因家族的生物信息学分析

郑小敏, 赵敬会, 李荣冲, 王瑞雪, 张 涛

(重庆师范大学 生命科学院, 重庆 400047)

摘 要: *Aux/IAA* 基因家族在生长素诱导的早期做出响应, 是生长素早期应答的 3 类基因家族之一。现主要从基因组水平研究白菜 *Aux/IAA* 基因的分布及特征。结果表明: 从 BRAD 共检测到 59 条白菜 *Aux/IAA* 基因, 不均等分布在白菜的全部 10 条染色体上。通过多重比对和基序探测结果显示, 40 条白菜 *Aux/IAA* 基因具有 4 个保守基序, 其它基因的保守基序则有不同程度的分化。系统进化分析表明, *Aux/IAA* 基因家族可分为 7 个亚家族。通过表达模式预测发现, 白菜 *Aux/IAA* 基因家族表达模式也有较大差异。

关键词: 芸薹属大白菜; 生长素; *Aux/IAA* 基因家族; 生物信息学分析

中图分类号: S 634.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2012)14-0109-05

生长素包括吲哚乙酸、吲哚丁酸、苯乙酸等多种化合物, 在植物生长发育及抗病等过程中具有重要的调节作用^[1-2]。在生长素诱导早期, 主要有一类被称为生长素早期应答基因的基因家族最先做出响应。目前发现的生长素早期应答基因主要包括 *GH3* (Gretchen hagen 3)、*Aux/IAA* (Auxin/indole-3-acetic acid) 和 *SAUR* (Small auxin up RNA) 3 类^[3]。这些基因的启动子通常包括生长素反应元件 TGTCTC 序列, 而生长素应答因子 ARF (Auxin response factors) 通过与生长素反应元件 TGTCTC 序列特异性结合调节着生长素早期应答基因的表达^[4]。ARF 是影响生长素早期应答基因表达的作用因子, *Aux/IAA* 就是通过调节 ARF 的活性来调节生长素早期应答基因的转录功能^[5-6]。在生长素浓度低的情况下, *Aux/IAA* 与 ARF 相结合以阻止 ARF 结合到生长素早期应答基因启动子的 ARE 上, 抑制生长素相应基因的表达; 当生长素浓度升高时, *Aux/IAA* 被连接到 SCF 复合体上经泛素途径降解^[7], ARF 转录因子释放出来与 ARE 结合, 诱导相关基因的表达。生长素诱导会使 *Aux/IAA* 基因表达量瞬时升高, 进而又会对生长素信号网络其它基因的表达进行调控。*Aux/IAA* 蛋白是一种转录抑制因子, 在生长素信号转导途径中发挥着极其重要的作用, *Aux/IAA* 基因突变体表现出与生

长素直接相关的发育表型的改变。*Aux/IAA* 蛋白一般具有 4 个保守结构域(I, II, III 和 IV)。位于 N 端的 I 区具有抑制生长素应答基因转录的功能; II 区则维持 *Aux/IAA* 蛋白的稳定性; III 和 IV 区则介导 *Aux/IAA* 蛋白与 ARF 蛋白形成同型或异型二聚体。

我国白菜基因组测序于 2003 年正式启动, 2009 年 9 月完成测序, 并于 2011 年 8 月对外公布测序结果^[8]。白菜基因组测序的完成为功能基因组学的研究补充了信息, 也为基因家族的全基因组扫描创造了条件。基于已完成测序的白菜基因组序列的信息, 该研究从全基因组水平重点研究了白菜 *Aux/IAA* 基因的数量、结构、基序分布、系统发生以及表达模式预测, 以期对生长素信号传导通路的研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

白菜 (*Brassica rapa*) *Aux/IAA* 基因数据来源于数据库 BRAD (<http://brassicadb.org/brad/>), 通过检索该数据库剔除冗余序列。

1.2 试验方法

1.2.1 白菜 *Aux/IAA* 基因家族的基因结构分析 白菜 *Aux/IAA* 基因家族的相关信息, 主要包括登录号、在染色体上的位置、外显子和内含子的数量、ORF 的长度、cDNA 的长度, 以及采用 GSDS 软件 (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>) 分析的白菜 *Aux/IAA* 基因结构^[9]。

1.2.2 DNA 序列多态性分析 使用 DNA Sequence Polymorphism 软件对大白菜 *Aux/IAA* 家族基因的启动子、5'UTR、CDS、3'UTR 及基因组序列进行多态性分析。将提取的基因组序列分别向上游和下游延伸 900 bp, 上游 900 bp 序列的前 400 bp 作为启动子序列, 后 500 bp 作

第一作者简介: 郑小敏 (1987-), 女, 在读硕士, 现主要从事生物化学与分子生物学研究工作。E-mail: hzxm0316@163.com.

责任作者: 张涛 (1971-), 男, 博士, 教授, 现主要从事植物遗传与细胞生物学研究工作。E-mail: zht2188@126.com.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31171588); 重庆市高等教育教学改革研究资助项目 (103116)。

收稿日期: 2012-04-09

为 5'UTR 区;下游 900 bp 序列的后 500 bp 作为 3'UTR 区。

1.2.3 *Aux/IAA* 基因的基序分布以及系统发生分析
使用 MEME 在线分析软件 (http://meme.nbcr.net/meme4_1/cgi-bin/meme.cgi) 对白菜的 *Aux/IAA* 基因数据进行保守基序分析,参数设置如下:可找到最大保守基序数目为 4,其它参数默认。用 Clustal X 软件对 *Aux/IAA* 蛋白进行多样性比对,参数默认。采用邻接法(Neighbor-Joining method)构建 *Aux/IAA* 蛋白的系统发生树,借助于 MEGA 软件系统输出分析结果^[10-11]。

1.2.4 白菜 *Aux/IAA* 基因的表达模式预测 白菜 *Aux/IAA* 基因的转录产物可由多种方法分析。首先,可从白菜数据库 BRAD 中下载白菜 CDS 序列,使用 NCBI EST 数据库的 megablast 找到 EST,参数按如下设置:最大相似度>95%,比对长度>100 bp,E 值<1.0×e¹⁰,然后用 CDS 序列逐一与白菜 EST 序列做同源比对。其次,可从植物基因组数据库 PlantGDB (<http://www.plantgdb.org>) 和白菜数据库 BRAD 中下载白菜 EST 序列和 CDS 序列^[12],参数设置及后续操作同上。

2 结果与分析

2.1 白菜 *Aux/IAA* 基因家族的特征

从数据库 BRAD 中检索到 59 条白菜 *Aux/IAA* 基因序列,这 59 条基因序列不均等地分布在白菜的 10 条染色体上。其中在 1 号和 10 号染色体上 *Aux/IAA* 基因分布多达 9 条和 10 条;而在 2 号染色体上只有 1 条;其它染色体上则分布了 3~7 条。根据基因组位置,将其依次命名为 *BrIAA1*~*BrIAA59*(表 1)。基因结构分析结果表明,白菜 *Aux/IAA* 基因平均含有 5 个内含子,根据序列所含内含子的个数不同,可将 59 条白菜 *Aux/IAA* 基因序列分为 2 组,其中 *BrA004530*、*BrA012190*、*BrA014419*、*BrA016492*、*BrA017362*、*BrA010048*、*BrA013748*、*BrA018124*、*BrA019255* 和 *BrA035910* 含有 10~15 个内含子,其余的序列含有 1~4 个内含子。

2.2 白菜 *Aux/IAA* 基因多态性分析

对 59 条白菜 *Aux/IAA* 基因序列的启动子区、5'UTR、CDS、3'UTR 及基因组序列进行序列插入缺失分析、序列多样性分析、核苷酸多态性位点分析及 Tajima 检验(表 2)。其中,启动子、5'UTR、3'UTR 的序列多态性显著,而 CDS 及基因组序列多态性不显著。相较而言,编码区比非编码区更为保守,由此可推测,白菜 *Aux/IAA* 基因表达差异可能是由于非编码区分化所产生的结果。

2.3 白菜 *Aux/IAA* 基因保守基序分布及系统进化分析

在 MEME 网站上对白菜 *Aux/IAA* 基因数据进行保守性分析,检测出 4 个保守基序,其分布次序为Ⅲ、Ⅱ、Ⅳ、Ⅰ。基序Ⅰ在每条基因上都有分布且有扩增的趋势,这可能与它功能的重要性有关。其它 3 个基序都有不同

程度的分化,其中 4 条基因不含有基序Ⅱ;15 条基因不含有基序Ⅲ且该基序的保守性有弱化的趋势;1 条不含基序Ⅳ,但从整体水平上看,基序Ⅳ具有较高分化;其中 *BrA014411* 只有基序Ⅰ,*BrA012190*、*BrA021257* 只有基序Ⅰ、Ⅳ。根据基因功能的重要性决定保守性可知:相对基序Ⅲ而言,基序Ⅰ、Ⅱ、Ⅳ是白菜 *Aux/IAA* 蛋白执行功能时最必不可少的序列。用 MEGA 软件的邻接法和 100 自举法对 59 条白菜 *Aux/IAA* 蛋白数据构建进化树(图 1),白菜 *Aux/IAA* 基因分为 2 个亚家族,其中 1 个亚家族在不停地分化,另 1 个家族则相对保守。根据系统进化树可以看到白菜 *Aux/IAA* 基因家族的复制情况。基因复制分为基因内复制和基因间复制,通过对表 1 与图 1 的综合分析可进一步获知,根据亲缘关系白菜 59 个 *Aux/IAA* 基因中存在 21 个同源对,且这 21 个同源对全部为基因间复制。

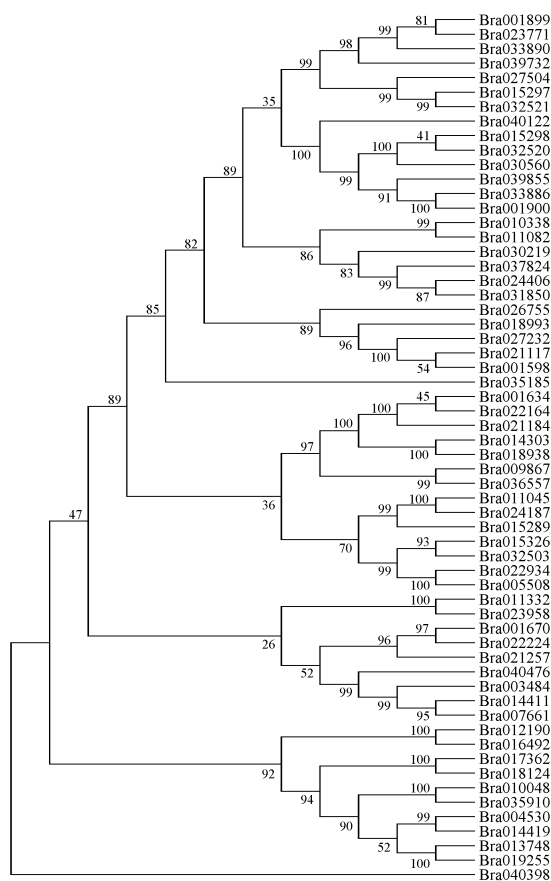


图 1 白菜 *Aux/IAA* 蛋白的系统发生

Fig. 1 Phylogenesis of *B. rapa* *Aux/IAA* proteins

2.4 白菜 *Aux/IAA* 基因表达模式分析

对白菜 *Aux/IAA* 基因进行 EST 表达模式分析,在 59 个白菜 *Aux/IAA* 基因中只有 42 个找到了 EST 证据,另外 17 个并未说明在什么部位表达(表 3)。这 42 个白菜 *Aux/IAA* 基因获得的表达信息丰富,主要在愈伤组织、叶、花、根、苗、长角果和胚珠、蜜腺中表达。从表

达的 42 个白菜 *Aux/IAA* 基因中可以看出, Bra004530 只在愈伤组织中特异性表达, Bra009867、Bra013748、Bra015326、Bra032521、Bra036557 只在根中特异性表达, Bra010338 只在长角果和胚珠中特异性表达, Bra014419、Bra015298、Bra030560 只在叶中特异性表达, Bra018993、Bra037824 只在蜜腺中特异性表达, Bra021117、

Bra026755、Bra035185 只在花中特异性表达, Bra032503 只在苗中特异性表达。由此可推测白菜 *Aux/IAA* 基因的表达大多具有特异性, 而未找到 EST 表达证据的基因可能由于白菜 EST 数据库统计不完全或者进化过程中部分 *Aux/IAA* 基因沉默了。

表 1

芸薹属大白菜 *Aux/IAA* 基因家族

Table 1

Aux/IAA gene family of *Brassica rapa*

基因	序列号	染色体	基因组位置	CDS 序列长度	开放阅读框长度	内含子数	外显子数
Gene	Accession number	Chromosome	Genome location	CDS/bp	ORF/bp	Intron number/个	Exon number/个
<i>Br-IAA1</i>	Bra011045	A01	4265051-4266445	732	1 395	3	4
<i>Br-IAA2</i>	Bra011082	A01	4043543-4044839	873	1 297	4	5
<i>Br-IAA3</i>	Bra011332	A01	2693703-2694739	696	1 037	3	4
<i>Br-IAA4</i>	Bra013748	A01	7566466-7569472	1 809	3 007	11	12
<i>Br-IAA5</i>	Bra021117	A01	23861842-23862999	594	1 158	2	3
<i>Br-IAA6</i>	Bra021184	A01	23507629-23509009	810	1 381	4	5
<i>Br-IAA7</i>	Bra021257	A01	22990975-22991375	219	401	2	3
<i>Br-IAA8</i>	Bra023771	A01	19822838-19823437	516	600	1	2
<i>Br-IAA9</i>	Bra040122	A01	28381884-28383328	678	1 445	3	4
<i>Br-IAA10</i>	Bra031850	A02	27497681-27498884	879	1 204	4	5
<i>Br-IAA11</i>	Bra001598	A03	17294594-17295683	585	1 090	2	3
<i>Br-IAA12</i>	Bra001634	A03	17605068-17606366	819	1 299	4	5
<i>Br-IAA13</i>	Bra001670	A03	17781635-17782426	447	792	4	5
<i>Br-IAA14</i>	Bra001899	A03	19225691-19226293	516	603	1	2
<i>Br-IAA15</i>	Bra001900	A03	19243701-19245548	714	1 848	4	5
<i>Br-IAA16</i>	Bra019255	A03	25412336-25415415	1872	3 080	12	13
<i>Br-IAA17</i>	Bra022934	A03	7837334-7838564	729	1 231	3	4
<i>Br-IAA18</i>	Bra023958	A03	28590824-28591975	732	1 152	3	4
<i>Br-IAA19</i>	Bra024187	A03	27027974-27030723	1 197	2 750	4	5
<i>Br-IAA20</i>	Bra014411	A04	377019-377908	381	890	2	3
<i>Br-IAA21</i>	Bra014419	A04	514977-517725	1 668	2 749	10	11
<i>Br-IAA22</i>	Bra030219	A04	9879687-9880805	801	1 119	4	5
<i>Br-IAA23</i>	Bra040476	A04	18942242-18943103	525	862	2	3
<i>Br-IAA24</i>	Bra004530	A05	651698-654589	1 755	2 892	11	12
<i>Br-IAA25</i>	Bra005508	A05	5877329-5878444	765	1 116	3	4
<i>Br-IAA26</i>	Bra022164	A05	19386804-19388272	858	1 469	4	5
<i>Br-IAA27</i>	Bra022224	A05	18955891-18956628	477	738	3	4
<i>Br-IAA28</i>	Bra027232	A05	19833885-19835127	585	1 243	2	3
<i>Br-IAA29</i>	Bra033886	A05	14804678-14806606	729	1 929	4	5
<i>Br-IAA30</i>	Bra033890	A05	14859850-14860456	519	607	1	2
<i>Br-IAA31</i>	Bra009867	A06	17783125-17784255	531	1 131	3	4
<i>Br-IAA32</i>	Bra010048	A06	18869274-18872992	2 556	3 719	13	14
<i>Br-IAA33</i>	Bra018124	A06	10421578-10424556	1 668	2 979	13	14
<i>Br-IAA34</i>	Bra018938	A06	1130732-1132043	762	1 312	4	5
<i>Br-IAA35</i>	Bra018993	A06	847533-848570	612	1 038	2	3
<i>Br-IAA36</i>	Bra024406	A06	15582499-15583649	702	1 151	4	5
<i>Br-IAA37</i>	Bra003484	A07	13438652-13439656	519	1 005	2	3
<i>Br-IAA38</i>	Bra012190	A07	9402328-9405986	2 604	3 659	11	12
<i>Br-IAA39</i>	Bra035185	A07	22496345-22497248	567	904	3	4
<i>Br-IAA40</i>	Bra010338	A08	13960015-13960837	360	823	2	3
<i>Br-IAA41</i>	Bra014303	A08	1816391-1817799	813	1 409	4	5
<i>Br-IAA42</i>	Bra016492	A08	18705488-18708872	2 511	3 385	11	12
<i>Br-IAA43</i>	Bra030560	A08	21314792-21316368	690	1 577	4	5
<i>Br-IAA44</i>	Bra039732	A08	6319038-6319636	516	599	1	2
<i>Br-IAA45</i>	Bra039855	A08	6279177-6281059	702	1 883	4	5
<i>Br-IAA46</i>	Bra007661	A09	30311368-30312297	534	930	2	3
<i>Br-IAA47</i>	Bra017362	A09	14614124-14617115	1 623	2 992	12	13
<i>Br-IAA48</i>	Bra026755	A09	33558638-33559292	471	655	2	3
<i>Br-IAA49</i>	Bra027504	A09	13776094-13776848	576	755	2	3
<i>Br-IAA50</i>	Bra032503	A09	36345431-36347790	933	2 360	6	7
<i>Br-IAA51</i>	Bra032520	A09	36420453-36422365	684	1 913	4	5
<i>Br-IAA52</i>	Bra032521	A09	36430415-36431148	543	734	2	3
<i>Br-IAA53</i>	Bra035910	A09	2947746-2952264	2 667	4 519	15	16
<i>Br-IAA54</i>	Bra036557	A09	1765662-1766789	528	1 128	3	4
<i>Br-IAA55</i>	Bra037824	A09	3783001-3783909	588	909	4	5
<i>Br-IAA56</i>	Bra015289	A10	2683413-2684631	816	1 219	3	4
<i>Br-IAA57</i>	Bra015297	A10	2609941-2610663	561	723	2	3
<i>Br-IAA58</i>	Bra015298	A10	2598438-2599828	675	1 391	4	5
<i>Br-IAA59</i>	Bra015326	A10	2463861-2465021	708	1 161	4	5

表 2 白菜 *Aux/IAA* 基因多态性分析

Table 2 Polymorphism analysis of *B. rapa Aux/IAA* genes

分析指标 Analysis index	启动子 Promoter region	5UTR 5UTR region	CDS CDS region	3UTR 3UTR region	基因组 Genome region
平均插入缺失事件	1.568	2.171	4.385	1.761	1.500
平均插入缺失长度	1.550	2.322	2.886	1.260	1.444
单倍型插入缺失个数	25	24	10	31	5
单倍型插入缺失差异	0.672	0.724	0.555	0.901	0.279
插入缺失多样性 $k(i)$	1.985	1.919	1.751	3.018	0.296
位点插入缺失多样性 $pi(i)$	0.01189	0.01488	0.01327	0.02286	0.01972
序列插入缺失多样性 θ	7.963	7.533	2.798	9.900	0.861
多态性位点个数	117	72	84	72	10
突变总数	351	216	199	216	30
核苷酸差异平均数	80.175	49.891	37.791	49.145	6.788
核苷酸多样性 π	0.68526	0.69293	0.43943	0.68257	0.67878
Tajima's D 检验	2.48417	2.45493	0.41656	2.33595	1.43807
显著统计	$P<0.01$	$P<0.01$	$P>0.1$	$P<0.01$	$P>0.1$

注: $P>0.1$ 不显著。

表 3 白菜 *Aux/IAA* 基因在不同组织器官中的表达

Table 3 Expression pattern of *B. rapa Aux/IAA* genes in different tissue and organ

序列号 Accession number	愈伤 组织 Callus	叶 Leaf	花 Floral	根 Root	苗 Seedling	长角 果和 胚珠 Silique	蜜腺 Matured lateral nectary	组成性 表达 Wholt plant	EST 总数 Total number of EST
Bra001634	+		+	+	+				13
Bra001900		+	+	+	+			+	13
Bra004530	+								1
Bra005508	+			+	+				4
Bra009867				+					1
Bra010048	+		+	+				+	14
Bra010338						+			2
Bra011082	+		+	+	+	+		+	9
Bra012190	+		+					+	6
Bra013748				+					2
Bra014303			+					+	4
Bra014419		+							1
Bra015289		+	+						6
Bra015298		+							3
Bra015326				+					1
Bra018938		+	+						2
Bra018993							+		1
Bra019255	+			+	+	+			8
Bra021117			+						1
Bra021184	+			+					2
Bra022164	+			+	+				8
Bra022934				+		+			6
Bra023771								+	1
Bra024187	+	+				+		+	13
Bra024406		+	+	+	+	+	+	+	47
Bra026755			+						1
Bra027232		+			+	+			4
Bra027504		+	+						5
Bra030219	+	+	+	+	+			+	23
Bra030560		+							1
Bra031850		+	+						2
Bra032503					+				1
Bra032520				+	+			+	4
Bra032521				+					1
Bra033886			+					+	2
Bra033890		+						+	5
Bra035185			+						1
Bra035910			+					+	7
Bra036557				+					1
Bra037824							+		3
Bra039855								+	1
Bra040122						+	+		2

3 讨论与结论

在植物和其它真核生物进化过程中,基因重复(Gene duplication)是普遍存在的生物学现象,是基因组和遗传系统多样化的重要推动力量,在生物进化过程中发挥着极其重要的作用^[13]。基因重复是指在同一个基因组内存在 2 个或者 2 个以上拷贝的同源基因序列,基因重复一般有以下几种来源方式:基因组内的不等交换、反转录插入、大规模的染色体片段重复和全基因组重复^[14]。通过对检索到的 59 条白菜 *Aux/IAA* 基因序列的基因结构分析和保守基序分析以及系统发生分析,发现其进化程度相当明显,各基因间 CDS 区序列长度相差较大,内含子和外显子个数差异明显。启动子、5UTR、3UTR 多态性显著,而 CDS 及基因组序列多态性不显著,启动子区、5UTR、CDS、3UTR 及基因组序列的 Tajima's D 值均大于零,说明白菜 *Aux/IAA* 基因不遵循中性进化模型^[15]。对白菜 *Aux/IAA* 基因家族多态性的研究将促进人们深入了解重复基因的进化动力学机制。motif1、motif2、motif4 基序相对保守,而 motif3 进化最为明显,这可能意味着在白菜 *Aux/IAA* 基因中 motif1、motif2、motif4 基序是 *Aux/IAA* 蛋白执行功能所最必不可少的区域。有研究表明,白菜基因组在 1 300~1 700 万年前便发生分化,白菜基因组存在 3 个类似但基因密度明显不同的亚家族,其中 1 个亚家族的基因组密度显著高于另外 2 个亚家族,研究人员推测白菜基因组在进化过程中经历了 2 次全基因组加倍事件与 2 次基因丢失的过程,白菜在基因组发生加倍之后,与器官形态变异有关的生长素相关基因发生了显著的扩增^[8]。这与该研究构建系统进化树所得的结果是一致的。此外,该研究初步证实白菜 *Aux/IAA* 基因家族成员间的表达模式存在较大差异,预示着这些基因的功能可能已经发生了分化,结合该试验对白菜 *Aux/IAA* 基因家族多态性研究的结果,推测可能因为 *Aux/IAA* 基因非编码区域的基因分化,从而导致白菜 *Aux/IAA* 基因的表达产生差异。

要想进一步了解白菜 *Aux/IAA* 基因家族中的各个基因在生长素信号中的功能和作用,还需要采用多种方法包括分子遗传分析等对其进行研究。迄今为止,人们对生长素的信号传导机制尚不甚清楚,生长素和其它信号通路之间的作用增强了生长素信号传导研究的复杂性。在基因组水平上,将涉及把生长素应答的基因分离开来并逐一研究,可能为生长素信号通路的研究提供参考。现研究结果将为生长素复杂的信号传导的研究奠定基础。

参考文献

[1] 温小杰,张学勇,郝晨阳,等. 植物激素信号传导途径研究进展[J]. 中国农业科技导报,2010,12(6):10-17.

- [2] 李亚男,冯霞,陈大清. ARF、Aux/IAA 和生长素受体对基因表达的调控[J]. 安徽农学通报, 2008, 14(7): 36-39.
- [3] Abel S, Oeller P W, Theologis A. Early auxin-induced genes encode short-lived nuclear proteins[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1994, 91: 326-330.
- [4] 江海洋,魏巍,刘艳,等. 高粱生长素反应因子(ARF)基因的全基因组分析与进化研究[J]. 安徽农业大学学报, 2010, 37(3): 395-400.
- [5] Tiwari S B, Hagen G, Guilfoyle T. The roles of auxin response factor domains in auxin-responsive transcription [J]. Plant Cell, 2003, 15: 533-543.
- [6] Ulmasov T, Hagen G, Guilfoyle T J. Activation and repression of transcription by auxin-response factors[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1999, 96: 5844-5849.
- [7] 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.
- [8] Wang X W, Wang H Z, Wang J, et al. The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa* [J]. Nature Genetics, 2011, 43: 1035-1039.
- [9] 郭安源,朱其慧,陈新,等. GSDB: 基因结构显示系统[J]. 遗传, 2007, 29(8): 1023-1026.
- [10] Larkin M A, Blackshields G, Brown N P, et al. Clustal W and Clustal X version 2.0 [J]. Bioinformatics, 2007, 23(21): 2947-2948.
- [11] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. Mol Biol Evol, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [12] 吴玲,付凤玲,李晚忱,等. 利用生物信息学方法进行基于表达序列标签的玉米单核苷酸多态性标记的开发[J]. 核农学报, 2010, 24(5): 968-972.
- [13] Gong P C, Bao Y. Nucleotide diversity of the homoeologous *adh1* loci in the American allotetraploid *Oryza* species [J]. Plant Syst Evol, 2008, 276: 243-253.
- [14] 孙红正,葛颂. 重复基因的进化-回顾与进展[J]. 植物学报, 2010, 45(1): 13-22.
- [15] Akhunov E D, Akhunova A R, Anderson O D, et al. Nucleotide diversity maps reveal variation in diversity among wheat genomes and chromosomes [J]. BMC Genomics, 2010(11): 702.

Bioinformatics Analysis of Primary Auxin-Responsive Aux/IAA Gene Family in *Brassica rapa*

ZHENG Xiao-min, ZHAO Jing-hui, LI Rong-chong, WANG Rui-xue, ZHANG Tao
(College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 400047)

Abstract: Aux/IAA gene family is one of three gene families which are responsive primarily to auxin induction. The isolation and characterization of *Brassica rapa* Aux/IAA genes in whole-genome scale were presented. The results showed that a total of 59 Aux/IAA genes of *Brassica rapa* were identified from BRAD. Aux/IAA genes were unequally distributed in all the *Brassica rapa* chromosomes. Multiple alignment and motif display results revealed 40 Aux/IAA genes of *Brassica rapa* share all the four conserved domains, and others had evolved differently. Phylogenetic analysis indicated Aux/IAA family could be divided into seven subfamilies. Expression patterns prediction showed that Aux/IAA genes' expression patterns were much different. The results will be helpful to the auxin signal transduction cascade research.

Key words: *Brassica rapa*; Auxin; Aux/IAA gene family; bioinformatic analysis

大棚西红柿的灌水技巧

1. 必须按不同生育期特点进行浇水 一般情况下,西红柿边定植边浇水,浇定植水后 3~5 d 再浇 1 次缓苗水,一直到第 1 穗果坐住如蛋黄大小时再浇 1 次。结果前期定植较小,叶面蒸腾量小,果数也少,通风量也小,一般 7~10 d 浇 1 次水(水量要小)。以后随着植株的生长发育,着果数增多,通风量加大,蒸腾量增大,应缩短浇水间隔天数和增加浇水量,保持土壤见干见湿(以湿为主),一般可 5~7 d 浇 1 水,采收期应保持土壤湿润,以提高单果重。

2. 根据茬次特点进行浇水 冬暖型大棚栽培的越冬西红柿,定植期一般在 10 月底,此时除浇足定植水和及时进行中耕保墒外,一般至第 1 穗果坐住可不用再浇水,浇坐果水后可加盖地膜保温保湿,如需要再进行膜下浇小水,以免降低地温。天气转暖后加大浇水量以满足果实生长发育。早春栽培的大棚西红柿,坐果后应及时浇水,以满足其对水分的需求。

3. 根据长势浇水 植株深绿,叶片有光泽、绿而平、心叶舒展,是水分均匀适宜的表现。如心叶皱缩不展、叶色浓绿,晴天有轻度叶片下垂的为缺水表现,要及时补给水分。如心叶过度展开,叶大而薄,叶面吐水过多,是水分过多的表现,应控水防徒长。

4. 大棚内一天的浇水时间 生育期应选晴天上午浇水,浇水后要通风、排湿,不宜在下午、傍晚或阴雨天浇水,否则易造成棚内湿度过大,引发霜霉病等病害;中午也不宜浇水,以免高温浇水影响根系生理机能;中后期天气炎热,大棚可昼夜进行大通风。

5. 采果期浇水 西红柿在采收前应进行浇水,这样可提高果实的商品价值。