

# 枸杞蔗糖合成酶基因 cDNA 分离及表达分析

王丽娟, 石 晶, 王彦才

(宁夏大学 生命科学学院, 宁夏 银川 750021)

**摘 要:**以“宁杞1号”为试材,根据已知植物物种蔗糖合成酶基因(*Susy*)保守区序列设计引物,进行 *Lb Susy* 基因保守区的克隆,并根据保守片段核苷酸序列,利用 RACE 技术扩增基因全长。然后分析 *Lb Susy* 基因生物学信息,同时利用 Real-time PCR 检测 *Susy* 基因在枸杞不同组织器官中的表达量。结果表明:经 RT-PCR 扩增得到长度为 2 926 bp 的基因片段,克隆到 pGM-T Easy 载体中,命名为 *Lb Susy*(GenBank:KC907702)。推导氨基酸序列与番茄、欧洲桉木等蔗糖合成酶基因氨基酸序列同源性为 100%~84%。运用 PSORT 服务器亚细胞定位分析表明,*Lb Susy* 编码的蔗糖合成酶蛋白质定位于线粒体。Real-time PCR 表达分析显示,*Lb Susy* 基因在枸杞茎中表达量最高,在根中表达水平较低。

**关键词:**枸杞;蔗糖合成酶;基因克隆;表达分析

**中图分类号:**S 567.1<sup>+</sup>9 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2013)21-0105-05

宁夏枸杞(*Lycium barbarum* L.)属茄科枸杞属多年生落叶灌木,主要分布于西北地区的宁夏、新疆、内蒙古、甘肃等地,但以宁夏中宁栽培的宁夏枸杞最为地道。现代医学对枸杞子的研究表明,除传统中医认为的补肾养肝、润肺明目之功效外,还具有提升免疫力,抗肿瘤,抗衰老,以及调节内分泌等作用,是养颜驻容的上等保健药品,多糖为其主要活性成分<sup>[1]</sup>。蔗糖合成酶(Sucrose synthase;*Susy* E. C. 2. 4. 1. 1 3)是调控蔗糖代谢的关键酶,其主要在蔗糖的降解方面起作用,提供多糖合成的前体,催化蔗糖进入各种代谢<sup>[2]</sup>,在作物的品质和产量调控方面都具有重要的意义。*Susy* 基因已经在甜瓜、玉米、豌豆、苜蓿、拟南芥<sup>[3-7]</sup>等植物中得到了克隆。目前,对 *Susy* 基因的表达研究也越来越广泛,已有研究表明,*Susy* 基因的表达受外源糖分调节,缺氧伤害能够增强蔗糖合成酶的表达<sup>[8]</sup>。

作为一种理想的药食两用植物,枸杞果实中蔗糖、葡萄糖和果糖等可溶性糖的含量对果实品质起重要作用。目前生理学研究表明,蔗糖代谢相关酶与枸杞果实糖积累之间存在密切联系<sup>[9]</sup>,蔗糖合成酶在枸杞果实的蔗糖代谢中起着主要的调控作用,但目前鲜见有关枸杞 *Susy* 基因研究的报道。该研究采用 RT-PCR 及 RACE 方法,首次克隆了枸杞蔗糖合成酶基因(*Lb Susy*, Gen-

Bank 登录号为 KC907702)cDNA 序列,并对其在不同组织器官中的表达进行了分析,以期为进一步研究蔗糖代谢机制和利用基因工程的手段提高枸杞品质奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料“宁杞1号”种植于宁夏农林科学院园艺研究所试验田,于2011年8月,选取5a生枸杞幼树,从植株树冠的各方向采摘无病虫害的果实,取样后于液氮中速冻,-70℃保存用于RNA提取。

植物RNA提取试剂盒、TOP10感受态细胞、琼脂糖凝胶回收试剂盒、pGM-T Easy 克隆载体试剂盒均购自天根生化科技有限公司;Revert Aid™ First Strand cDNA Synthesis Kit 购自 Fermentas 公司;SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit, RNase H, 质粒小提试剂盒、TdT, LA Taq DNA 聚合酶、Taq DNA 聚合酶、PCR 产物纯化试剂盒 dNTP 购自 Takara 公司;其它试剂均为国产分析纯。引物委托上海生工生物工程有限公司合成。

### 1.2 试验方法

**1.2.1 总RNA的提取及cDNA第1链的合成** 按照植物RNA提取试剂盒说明书的要求,称取0.01g枸杞果实提取总RNA,取总RNA 3 μL,根据 RevertAid™ First Strand cDNA Synthesis Kit 试剂盒的使用说明,以Oligo-dT为引物反转录制备cDNA第1链。

**1.2.2 *Lb Susy* 基因保守区的克隆** 利用 Dnman 6.0 软件分析已知植物物种 *Susy* 基因的保守区域核苷酸序

**第一作者简介:**王丽娟(1974-),女,博士,副教授,现主要从事植物基因工程研究工作。E-mail:Lijuanwang279@hotmail.com.

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(31060043)。

**收稿日期:**2013-05-16

列,设计扩增引物。上游引物 SUSY-1F:5'-CATTTCCCAAACCAACCCTCA-3',下游引物 SUSY-1R:5'-CCTCAACAACAGTCAGACCG-3'。以 1.2.1 反转录获得的 cDNA 为模板,SUSY-1F,SUSY-1R 为引物 PCR 扩增枸杞 *Susy* 基因的保守片段。反应条件为:94℃ 预变性 3 min;94℃ 变性 30 s,57℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 50 s,35 个循环;72℃ 延伸 10 min。PCR 产物经电泳检测后回收纯化并连接于 pGM-T Easy 克隆载体,转化大肠杆菌后提取重组质粒并送上海生工生物有限公司测序。

1.2.3 5'RACE 获取 *Lb Susy* 基因 5'末端 依据获得的枸杞 *Susy* cDNA 的保守片段核苷酸序列,设计 5'RACE 特异性引物 SUSY5-1:5'-CGTCGATATATCTCGATTACCCAT-3'和 SUSY5-2:5'-GAGGT-TCTTCTTGGGATCAGGCCTAG-3',参照 SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit 的说明,进行逆转录、加尾和 5'RACE 扩增。按照 1.2.2 项中的方法回收、克隆、测序。

1.2.4 3'RACE 获取 *Lb Susy* 基因 3'末端 依据获得的枸杞 *Susy* cDNA 的保守片段核苷酸序列,设计 3'RACE 特异性引物 1:SUSY3-1:5'-GGTGC GTTGGGC-CTCTTCTATCATTTG-3'和引物 2:SUSY3-2:5'-GGGT-GGAAATGAAGATCATTG-3'。按照 SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit 说明书的要求反转录和进行巢式 PCR 反应,反应体系中模板量为 2 μL,第 1 轮 PCR 退火温度为 61℃,第 2 轮 PCR 的退火温度均为 55℃,延伸均为 50 s。按照 1.2.2 项中的方法回收、克隆、测序。

1.2.5 *Lb Susy* 基因全长的拼接与 PCR 验证 将获得的 *Lb Susy* 保守片段序列、*Lb Susy* 5'末端序列和 *Lb Susy* 3'末端序列进行拼接,获得 *Lb Susy* 基因的全长 cDNA 序列。依据拼接的序列,设计引物扩增枸杞 *Susy* 基因全长 cDNA(上游引物 SUSY2F:5'-AATACTCGAGCGGAGAT-GGCGGGGAATGAT-3';下游引物 SUSY2R:5'-AATA-GAGCTCCAATCAAAGGGGAAGGGTG-3')。以 1.2.2 项中反转录的 cDNA 为模板,PCR 扩增 *Lb Susy* 的全序列。反应条件为 94℃ 预变性 3 min;94℃ 变性 1 min,58℃ 退火 50 s,72℃ 延伸 60 s,35 个循环;72℃ 延伸 10 min。按照 1.2.2 项中的方法回收、克隆、测序。

1.2.6 *Lb Susy* 基因的生物信息学分析 通过 Dnman 6.0 软件将 *Lb Susy* 全长序列翻译成氨基酸序列;通过 PROSITE 进行蛋白质功能结构域分析;利用 ProtParam 预测蛋白质的基本理化性质;利用 PSORT 进行蛋白的亚细胞定位;利用 SOPMA 进行蛋白质二级结构分析;使用在线工具 Phyre 2 进行蛋白质的三维结构预测,使用 MEGA 5.0 软件构建其系统发育进化树。

1.2.7 枸杞 *Susy* 基因不同器官表达模式分析 取 5 a 生枸杞的根、茎、叶、花、果柄、果实为试材,提取总 RNA,并进行反转录。以持家基因  $\beta$ -actin 为内参(引物:Actin1:5'-TCACACTTTCTACAATGAGCT-3';Actin R:5'-GATATCCACATCACAATTCAT-3'),以合成的样品 cDNA 稀释 50 倍为模板,采用 Real-time PCR 检测 *Susy* 基因在枸杞不同组织器官中的表达量。利用 Primer Primer 5.0 软件设计荧光定量引物。PCR 反应引物(SUSY 3F:5'-TGGAAGAGCAGGCTGAGATG-3';SUSY3R:5'-TCCCTTTGTGTGCGCAAT-3')。PCR 反应程序为:95℃ 预变性 3 min;95℃ 变性 10 s,61℃ 退火 30 s,35 个循环,每个样品 3 个重复。

## 2 结果与分析

### 2.1 枸杞 *Susy* 基因的克隆

利用引物 SUSY-1F 和 SUSY-1R 以枸杞 cDNA 为模板,进行 PCR 扩增,获得 1 条长度 1 616 bp 的条带(图 1)。经 BLASTn 比对,确定其为枸杞 *Susy* 基因 cDNA 的部分片段。利用引物对 UPM-SUSY5-1 和 UPM-SUSY5-2 进行的 5'RACE 扩增获得 716 bp 的片段(图 2)。利用引物 SUSY3-1 和 SUSY3-2 进行 3'RACE 获得 1 187 bp 的片段(图 3)。将所获得的保守区段、5'末端和 3'末端 cDNA 序列进行拼接后,应用 ORF finder 软件进行 ORF 分析,发现其包含枸杞 *Susy* 基因的完整 ORF。以反转录获得的枸杞 cDNA 为模板,利用 SUSY-2F 和 SUSY-2R 引物对,扩增获得 2 926 bp 的 1 条带(图 4),与预期大小相符。该片段的测序结果与电子拼接获得的序列相同。

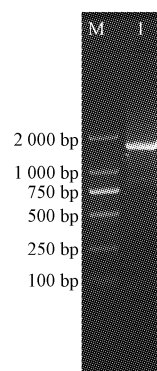


图 1 *Lb Susy* 基因片段克隆

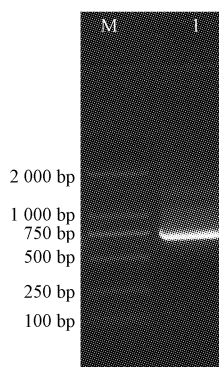
注:M:DL 2 000 marker;1:PCR 产物。

Fig. 1 Electrophoresis of PCR product of *Lb Susy* gene partial

Note:M:DL 2 000 marker;1:PCR product.

### 2.2 枸杞 *Susy* 基因的生物信息学分析

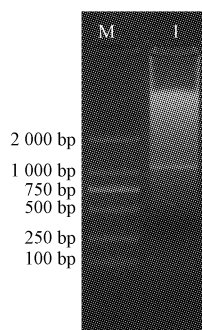
枸杞 *Susy* 基因全长 2 926 bp(*Lb Susy*:GenBank 登录号:KC907702),其中包括 188 bp 5'UTR(5'端非翻译区),321 bp 的 3'UTR(3'端非翻译区),终止密码为

图2 *Lb Susy* 基因 5'片段克隆

注:M;DL 2 000 marker;I;5'RACE PCR 产物。

Fig. 2 Electrophoresis of PCR product of *Lb Susy* gene 5'RACE

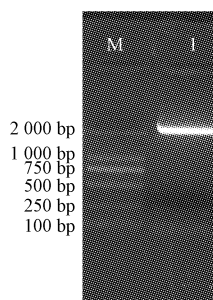
Note:M;DL 2 000 marker;I;5'RACE PCR product.

图3 *Lb Susy* 基因 3'片段克隆

注:M;DL 2 000 marker;I;3'RACE PCR 产物。

Fig. 3 Electrophoresis of PCR product of *Lb Susy* gene 3'RACE

Note:M;DL 2 000 marker;I;3'RACE PCR product.

图4 *Lb Susy* 基因全长克隆

注:M;DL 2 000 marker;I;PCR 产物。

Fig. 4 Electrophoresis pattern of sucrose phosphate synthase

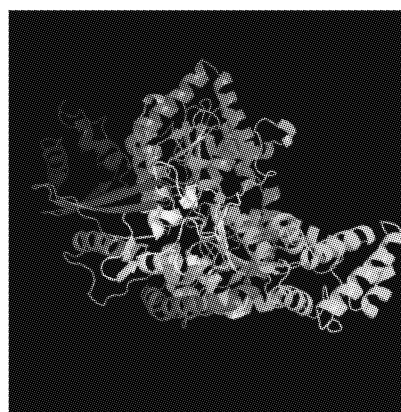
RT-PCR products of *Lycium barbarum* L.

Note:M;DL 2 000 marker;I;PCR product.

TAA, ORF(开放阅读框)长 2 418 bp, 编码 805 个氨基酸, 3'末端具有 20 bp 的 PolyA 尾。http://www.expasy.org 中的 ProtParam 软件预测的蛋白质相对分子质量为  $9.246 \times 10^4$ , 理论等电点(pI)为 6.00, 属于稳定蛋白。核酸序列与番茄(*Solanum lycopersicum*, AK325807.1)、马

铃薯(*Solanum tuberosum*, AY205084.1)、烟草(*Nicotiana tabacum*, EF636817.1)、咖啡(*Coffea canephora* DQ834312.1)和胡萝卜(*Daucus carota*, X75332.1)的相似性分别为 92%、91%、87%、82%和 80%。

通过 BLASTp 比对发现, *Lb Susy* 蛋白与已知其它物种的 *Susy* 具有相似的结构功能域, 编码蛋白属于 Glycosyltransferase-GTB-type superfamily, 具有 GT1 Sucrose synthase 保守 domain。 *Lb Susy* 的 300、575、650、675 氨基酸处具有 ADP-binding pocket。 PSORT 亚细胞定位分析结果表明, *Lb Susy* 定位于线粒体基质中。运用 Sopma 软件预测 *Lb Susy* 的二级结构表明该蛋白含有 425 个  $\alpha$  螺旋, 占 52.8%; 109 个延伸链, 占 13.42%; 51 个  $\beta$  转角, 占 6.47%; 221 个不规则蜷曲, 占 27.45%。进一步采用 Phyre 2 在线工具对 *Lb Susy* 进行同源建模, 枸杞 *Lb Susy* 蛋白质的三维结构如图 5 所示。

图5 *Lb Susy* 蛋白三维结构图Fig. 5 3D structure of *Lb Susy*

### 2.3 *Susy* 蛋白的分子系统进化分析

进化分析采用 MEGA 5.0 软件对 16 种植物的 *SUSY* 依据氨基酸序列进行系统进化分析, 采用邻近法(Neighbor-joining, NJ)构建 *Susy* 分子系统发生树。由图 6 可知, 整个系统树分为两大支, 枸杞 *Susy* 与同为茄科的番茄蛋白首先聚为一支, 可信度 100% 亲缘关系最近, 而后与大豆、紫花苜蓿、玉米、棉花、欧洲椴木等其它植物聚成一个大分支, 与欧洲椴木的可信度 84%, 拟南芥、小麦、二棱大麦、甘蔗、水稻等植物 *Susy* 蛋白聚成另一分支, 与传统结果方法相一致。

### 2.4 枸杞 *Susy* 基因不同器官表达模式分析

每种植物中 *SUSY* 通常以同工酶的形式存在, 不同的蔗糖合成酶基因在不同器官、时间、胁迫作用下, 其基因表达模式却存在很大差异。从图 7 可以看出, *Lb Susy* 主要在枸杞茎和果柄中表达高, 而在根和果实表达较少, 说明 *Lb Susy* 枸杞果实发育过程中起着重要的作用, 可能主要参与维管束物质的运输(图 7)。



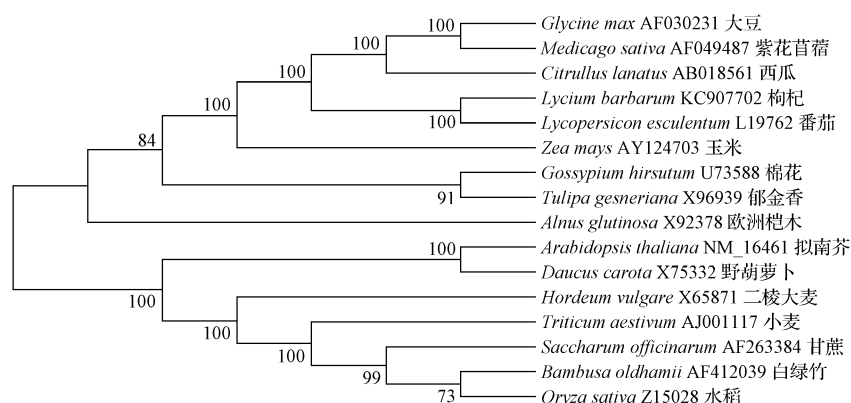
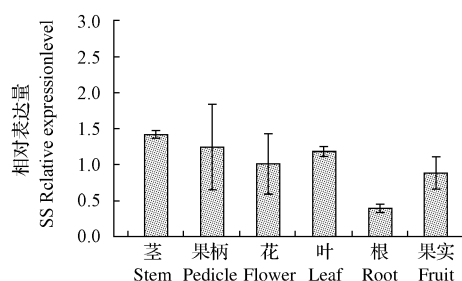


图6 利用 MEGA 5.0 对不同物种来源的蔗糖合成酶基因氨基酸序列系统树分析

Fig. 6 Phylogenetic tree analysis of *Lb Susy* from various organisms by MEGA 5.0图7 *Lb Susy* 基因在枸杞不同器官中的表达Fig. 7 *Lb Susy* gene expression in different organs of *Lycium barbarum* L.

### 3 讨论

枸杞果实以多糖为主要活性成分,主要由蔗糖、果糖、葡萄糖等多种单糖组成,均由蔗糖水解产生和衍生<sup>[10]</sup>。蔗糖是植物体内主要的运输和暂贮物质,其合成速率与运输严重影响着植物生长发育及碳水化合物的积累量。蔗糖合成酶是蔗糖代谢调控的关键酶,故枸杞蔗糖合成酶表达的高低直接影响着枸杞果实多糖的合成。该研究首次从枸杞中分离到了蔗糖合成酶基因,该基因编码的氨基酸序列与番茄、马铃薯等植物蔗糖合成酶基因氨基酸序列相似性为 100%~84%,聚类结果显示,*Lb Susy* 属于蔗糖合成酶中的双子叶蔗糖合成酶,与单子叶植物的亲缘关系较远,推测其编码的蛋白质定位于线粒体基质。该基因已经在 GenBank 登录,登录号为 KC907702。半定量 Real-Time PCR 分析显示,*Lb Susy* 在茎中表达量最高,而在根表达较低。

氨基酸序列的同源性分析和 BLAST 比对结果表明,该研究所获得的枸杞 *Lb Susy* 与马铃薯、番茄、烟草等物种已知的蔗糖合成酶基因之间同源性较高,说明不同植物同种转化酶在不同物种间保守性较高,这些蛋白有蔗糖合成酶和葡萄糖基转移酶 2 个保守功能区域,同

时具有 *Susy* 和膜结合的保守磷酸化位点丝氨酸(Ser)和苏氨酸(Thr),这些特征与大多数植物 *Susy* 基因家族成员的特征相似<sup>[11]</sup>。*Susy* 分为 3 个大的家族:单子叶植物 *Sus* 族、双子叶植物 *Sus1* 族、双子叶 *SusA* 族,枸杞 *Lb Susy* 属于双子叶植物 *Sus1* 族<sup>[12]</sup>。各族 *Susy* 基因在淀粉积累中所起作用各不相同,同时对低温、低氧、干旱、糖及激素等因子的响应也不同<sup>[13-15]</sup>,这可能和 *Susy* 基因所编码多肽的磷酸化位点有关<sup>[16]</sup>。

植物生长发育的不同阶段和不同器官蔗糖合成酶的基因表达具有时间和空间的差异。对 *Lb Susy* 基因的表达分析发现,该基因在花和果柄表达较高,而在根和果实组织中表达水平则普遍偏低,这与 Akira 等<sup>[17]</sup>在柑橘上的研究结果相一致,柑橘蔗糖合成酶基因 *CitSUS1* 和 *CitSUSA* 在柑橘叶片、花和果实中的表达具有差异性,*CitSUS1* 的 mRNA 表达量在柑橘果实发育过程中逐渐下降,而 *CitSUSA* 的表达量则相反,呈上升趋势。马铃薯的 2 个蔗糖合成酶基因的表达亦呈现器官特异性,*SuS3* 基因在茎中表达量高有利于维管束物质运输,*SuS4* 基因则在贮存器官和块茎维管束组织中表达<sup>[18-19]</sup>。Shane 等<sup>[18]</sup>从玉米中分离出 3 个 *SuSy* 的基因 *Sh1*、*SuS1* 和 *SuS3*,胚乳中,*Sh1* 特异性高度表达,在根、茎、叶中 *SuS1* 均有表达,*SuS3* 则除了在胚乳、胚珠中表达外,在根和幼芽中表达。此外,研究还表明,葡萄糖对玉米蔗糖合成酶基因的表达有调控作用,低葡萄糖水平促进 *Sh1* 基因的表达,高葡萄糖水平则抑制,而葡萄糖对 *SuS1* 基因与 *Sh1* 基因的影响相反<sup>[20-21]</sup>。水稻中 *Rsus1*、*Rsus2* 和 *Rsus3* 共 3 种 *SuSy* 基因的表达均与颖果发育有关<sup>[22]</sup>。

该研究首次成功分离了枸杞 *Lb Susy* 基因,并对其序列结构和表达特点进行了初步分析,为进一步研究该基因的功能,通过改变枸杞体内转化酶基因的表达水

平,操作碳水化合物的代谢与分配,特异地改变枸杞的生长和发育模式,从而探明枸杞品质形成机理等方面都具有重要意义。

### 参考文献

- [1] 白寿宁. 宁夏枸杞研究[M]. 银川:宁夏人民出版社,1999:29-30.
- [2] Vaughn M W, Harrington G N, Bush D R. Sucrose-mediated transcriptional regulation of sucrose symporter activity in the Phloem[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2002, 99: 10876.
- [3] Wen X X, Zhang W Q, Feng Y Q, et al. Cloning and characterization of a sucrose synthase-encoding gene from muskmelon[J]. Mol Bio Rep, 2010, 37: 695.
- [4] Haouazine T, Tymowska L, Takvorian A, et al. Characterization of two members of the Arabidopsis thaliana gene family encoding for sucrose synthase[J]. Gene, 1997, 97: 239.
- [5] Akjra K, Takaya M, Kazuhiko K, et al. Analysis of sucrose synthase genes in citrus suggests different roles and phylogenetic relationships[J]. J Exp Bot, 2002, 53: 61.
- [6] Mecarty D R, Shaw J, Hannah L C. The cloning genetic map-ping and expression of the constitutive sucrose synthase locus of maize[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1986, 88: 9099.
- [7] Lingle S E, Dyer J M. Cloning and expression of sucrose synthase-1 cDNA from sugarcane[J]. Plant Physiol, 2001, 158: 129-131.
- [8] Hubbard N L, Parr D M, Huber S C. Sucrose-phosphate synthase and other sucrose metabolizing enzymes in fruit of various species[J]. Physiol Plant, 1991, 82: 191-196.
- [9] Schaffer A A, Aloni B, Fogelman E. Sucrose metabolism and accumulation in developing fruit of Cucumis[J]. Phytochem, 1987(26): 1883-1887.
- [10] 郑国琦, 罗霄, 买立芸, 等. 不同品种宁夏枸杞果实糖积累差异的生理原因[J]. 农业科学研究, 2009, 30(1): 1-4.
- [11] Haagenson D M, Klotz K L, McGrath J M. Sugarbeet sucrose synthase genes differ in organ-specific and developmental expression[J]. Journal of Plant Physiology, 2006, 163: 102-106.
- [12] Harada T, Satoh S, Yoshioka T, et al. Expression of sucrose synthase genes involved in enhanced elongation of pondweed (*Potamogeton distinctus*) turions under anoxia[J]. Annals of Botany, 2005, 96: 683-692.
- [13] Komatsu A, Moriguchi T, Koyama K, et al. Analysis of sucrose synthase genes in citrus suggests different roles and phylogenetic relationships[J]. Journal of Experimental Botany, 2002, 53: 61-71.
- [14] Paul Barratt D H, Barber L, Kruger N J, et al. Multiple, distinct isoforms of sucrose synthase in pea[J]. Plant Physiology, 2001, 127: 655-664.
- [15] Sturm A. Invertases; primary structures, functions, and roles in plant development and sucrose partitioning[J]. Plant Physiology, 1999, 121: 1-7.
- [16] Baud S, Vaultier M N, Rochat C. Structure and expression profile of the sucrose synthase multigene family in Arabidopsis[J]. Journal of Experimental Botany, 2004, 55(396): 397-409.
- [17] Akira Kumatsu. Analysis of sucrose synthase genes in citrus suggests different roles and phylogenetic relationships[J]. Journal of Experimental Botany, 2002, 53: 61-71.
- [18] Hardin S C, Huber S C. Proteasome activity and the post-translational control of sucrose synthase stability in maize leaves[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2004, 42: 197-208.
- [19] Koch K E, Nolte K D, Duke E R, et al. Sugar levels modulate differential expression of maize sucrose synthase genes[J]. Plant Cell, 1992(4): 59-69.
- [20] Fu H, Kim S Y, Park W D. High-level tuber expression and sucrose inducibility of a potato Sus4 sucrose synthase gene require 5' and 3' flanking sequences and the leader intron[J]. The Plant Cell, 1995(7): 1387-1394.
- [21] Wang A Y, Kao M H. Differentially and developmentally regulated expression of three rice sucrose synthase genes[J]. Plant Cell Physiology, 1999, 40(8): 800-807.
- [22] Huang J W, Chen J T, Yu W P, et al. Complete structures of three rice sucrose synthase isogenes and differential regulation of their expression[J]. Biosci Biotech Biochem, 1996, 60: 233-239.

## Isolation and Expression Analysis of Sucrose Synthase Gene cDNA from *Lycium barbarum* L.

WANG Li-juan, SHI Jing, WANG Yan-cai

(College of Life Science, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021)

**Abstract:** Taking 'Ningqi No. 1' as material, the primers were designed according to the conserved domains of the plant sucrose synthase genes' nucleotide sequences, and a sucrose synthase gene was cloned from *Lycium barbarum* L. by RT-PCR method. The full length of *Susy* gene was cloned by RACE. Its biological information was analyzed and gene expression levels in different organs were tested using Real-time PCR. The results showed that the fragment cloned named *Lb Susy* (GenBank number: KC907702) was 2 926 bp in length. The amino acid sequences were 84%~100% identical to the sequences of tomato, *Alnus glutinosa* etc. The putative protein encoded by *Lb Susy* was gone to mitochondrion by PSORT analysis software. Real time PCR analysis showed that the *Lb Susy* gene was highly expressed in stem. The expression level reached the lowest level in root.

**Key words:** *Lycium barbarum* L.; sucrose synthase; gene cloning; expression analysis