

# 植物甜菜碱醛脱氢酶的生物信息学分析

弄庆媛<sup>1</sup>, 麦秀英<sup>1</sup>, 周虹<sup>1</sup>, 冯潜<sup>1</sup>, 陈劲松<sup>2</sup>, 廖海<sup>1</sup>

(1. 西南交通大学 生命科学与工程学院, 四川 成都 610031; 2. 中国科学院 成都生物研究所, 四川 成都 610041)

**摘要:**运用生物信息学的方法,对已在 GenBank 数据库中注册的甜菜、菠菜、山菠菜、玉米、辽宁碱蓬等植物甜菜碱醛脱氢酶(BADH)的氨基酸序列进行分析。结果表明:植物 BADH 属于稳定蛋白质,含有较丰富的丙氨酸和谷氨酸;不同植物 BADH 的氨基酸序列具有较高的同源性,含有与酶功能相关的十肽保守序列及半胱氨酸残基;不同植物的 BADH 具有不同的亚细胞定位;分子进化研究表明,BADH 可作为植物遗传分化和分子进化研究的重要依据;氨基酸序列中不存在信号肽;分子中不存在跨膜结构域,可能受蛋白激酶的磷酸化; $\alpha$ -螺旋是多肽链中的主要结构元件;蛋白质保守区域包含典型的醛脱氢酶功能结构域。该研究结果为开展 BADH 的酶学特性及植物抗逆的分子机理研究提供理论参考。

**关键词:**甜菜碱醛脱氢酶;生物信息学;GenBank;抗逆

**中图分类号:**Q 71;Q 949.93 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2012)08-0120-05

甘氨酸甜菜碱是大多数高等植物在受到盐、干旱胁迫和极端温度胁迫时,在体内迅速合成并积累的小分子化合物<sup>[1]</sup>。甘氨酸甜菜碱作为季胺类化合物,具有渗透调节功能,能够保护酶等生物大分子在逆境条件下不变性、保护质膜的完整性,有助于提高植物的适应性<sup>[2-3]</sup>。植物体内甘氨酸甜菜碱的合成由胆碱经过 2 步反应来完成(图 1)。第一步反应是在胆碱单氧化物酶(Choline monooxygenase,CMO)的催化下,将胆碱氧化成甜菜碱醛,第二步反应由甜菜碱醛脱氢酶(Betaine aldehyde dehydrogenase,BADH)催化,将甜菜碱醛氧化生成甘氨酸甜菜碱。1990 年,Weretilnyk E A 等<sup>[4]</sup>从菠菜(*Spinacia oleracea*)中首次克隆了 BADH 基因的 cDNA 全长。随后,甜菜(*Beta vulgaris*)、甘菊(*Dendranthema lavandulifolium*)、枸杞(*Lycium barbarum*)、白骨壤(*Avicennia marina*)、玉米(*Zea mays*)与细叶结缕草(*Zoysia tenuifolia*)<sup>[5-7]</sup>等植物 BADH 基因的 cDNA 序列也被陆

续克隆出来。应用转基因技术在植物中表达正常功能的 BADH 基因,能够显著增加甘氨酸甜菜碱含量,表明 BADH 能够促进甘氨酸甜菜碱的合成,是甘氨酸甜菜碱合成的关键酶<sup>[8-12]</sup>。

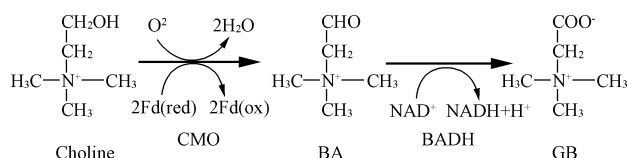


图1 甘氨酸甜菜碱的合成途径

由于 BADH 在植物抗逆基因工程领域的应用价值,国内外学者发表大量相关论文,主要集中在 BADH 基因的分离与功能验证、基因表达与抗逆性应用等试验性研究。由于甜菜、菠菜、山菠菜、玉米、辽宁碱蓬等植物中的 BADH 与植物抗盐、抗旱等能力紧密相关,因此该文利用生物信息学方法,以甜菜(*Beta vulgaris*)为重点,对菠菜(*Spinacia oleracea*)、山菠菜(*Atriplex hortensis*)、辽宁碱蓬(*Suaeda liaotungensis*)与玉米(*Zea mays*)等植物中 BADH 的氨基酸序列理论性质、序列比对分析、系统进化、蛋白定位、跨膜区域、二级结构、磷酸化修饰、蛋白质功能域分析等做系统的预测和分析,为今后深入开展 BADH 的抗逆相关研究提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

数据资料来源于 NCBI 核酸及蛋白质数据库中已登录的甜菜碱醛脱氢酶的核苷酸序列及其对应的氨基酸序列,包括甜菜(*Beta vulgaris*,BAE07176.1)、大豆(*Glycine*

**第一作者简介:**弄庆媛(1991-),女,本科,研究方向为生物信息学。E-mail:408948449@qq.com。

**责任作者:**廖海(1974-),男,博士,副教授,现主要从事植物资源及生物技术研究工作。E-mail:ddliao@163.com。

**基金项目:**教育部中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(SWJTU09ZT28,SWJTU09CX065,SWJTU11CX114);中国科学院成都生物研究所山地生态恢复与生物资源利用重点实验室及生态恢复与生物多样性保育四川省重点实验室开放课题资助项目;西南交通大学科技发展资助项目(2008B06);SRTIP 资助项目(111612)。

**收稿日期:**2012-01-09

max, ADN03185.1)、菠菜 (*Spinacia oleracea*, AAB41696.1)、山菠菜(*Atriplex hortensis*, ABF72123.1)、玉米(*Zea mays*, NP\_001157804.1)、辽宁碱蓬(*Suaeda liaotungensis*, AAL33906.1)、三角叶滨藜(*Atriplex prostrata*, AAP13999.1)、麻风树(*Jatropha curcas*, ABO70350)、人参(*Panax ginseng*, AAQ76705)、白骨壤(*Avicennia marina*, BAB18554)、油菜(*Brassica napus*, AAQ55493.1)、高山离子芥(*Chorispora bungeana*, AAV 67891)、陆地棉(*Gossypium hirsutum*, AAR23816)、千穗谷(*Amaranthus hypochondriacus*, AAB70010)、盐爪爪(*Kalidium foliatum*, ABI95806.1)、中亚滨藜(*Atriplex centralasiatica*, AAM19159.1)、鞑靼滨藜(*Atriplex tatarica*, ABQ18317.1)、戟叶滨藜(*Atriplex prostrata*, AAP13999.1)、麦冬(*Ophiopogon japonicus*, ABG34273.1)、异苞滨藜(*Atriplex micrantha*, ABM97658.1)、盐穗木(*Halostachys caspica*, ABO45931.1)、梭梭(*Haloxylon ammodendron*, ACS96437.1)、甘菊(*Chrysanthemum lavandulifolium*, AAY33872.1)、向日葵(*Helianthus annuus*, ACU65243.1)、枸杞(*Lycium barbarum*, ACQ99195.1)、冬小麦(*Triticum aestivum*, AAL05264.1)、高粱(*Sorghum bicolor*, AAC49268.1)、羊草(*Leymus chinensis*, BAD 86758.1)。

## 1.2 试验方法

运用 NCBI 的 BLAST 程序进行该研究序列的筛选工作(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>);氨基酸

表 1 BADH 的氨基酸组成及理化性质分析

Table 1 Physical and chemical characteristics of BADH amino acid sequence in different plants

植物 Plant	氨基酸数目 Number of amino acid	分子量 Molecular weight/Da	pI	不稳定指数 Instability index	脂肪指数 Axunge index	含量最丰富的氨基酸 Content of amino acid/%						
						Ala	Glu	Gly	Ile	Leu	Ser	Val
甜菜 Beet	500	54 706	5.45	32.18	88.58	9.4	8.0	7.8	7.6	7.2	7.4	7.4
菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> Mill	497	54 330	5.29	31.41	91.07	9.9	7.4	7.6	7.6	7.2	6.2	8.2
山菠菜 <i>Atriplex hortensis</i>	500	54 687	5.45	31.58	90.54	10.0	8.0	7.8	7.8	7.2	5.6	7.6
辽宁蓬碱 <i>Suaeda liaotungensis</i> Kitag	490	53 473	5.53	31.77	91.16	9.6	8.2	7.6	6.5	8.2	6.7	8.4
玉米 Corn	506	54 854	5.74	38.50	89.51	10.0	6.9	9.3	6.9	8.9	6.9	6.1

由表 1 可知,甜菜、菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱、玉米在氨基酸数目、预测分子量、理论等电点都表现出一致性,这是由遗传的同源性决定的,它们的氨基酸数目平均在 500 左右,分子量平均在 54 600 Da 左右,pI 值均在 5.40 左右,不稳定指数在 32 左右,脂肪指数在 90 左右;Ala、Glu、Gly、Ile、Leu、Ser、Val 是这几种植物甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列中含量最为丰富的氨基酸。5 种植物的 BADH 均表现出稳定性。

## 2.2 植物甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列的比对分析

选取甜菜、菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱、玉米等 15 种植物的甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列,用 DNAMAN 软件进行多重比对分析。由图 2 可知,不同植物的甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列具有较高的同源性,一致性达到 67.98%。

序列物理化学性质使用 ProtParam (physico-chemical parameters of a protein sequence, <http://expasy.org/tools/protparam.html>)软件检索其参数;氨基酸序列同源性比对使用 DNAMAN 软件分析;分子系统发生树先用 Clustal X 软件进行完全比对后,再用 MEGA4 软件按 Neighbor-Joining 方案进行分子系统演化分析;亲疏水性的分析用在线工具 ProtScale(<http://www.expasy.ch/tools/protscale.html>)完成;信号肽分析使用 SignalP 3.0 在线工具(<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>)完成;氨基酸翻译后修饰采用 NetPhosK 2.0 Server 在线工具(<http://www.cbs.dtu.dk/services/NetPhos/>)进行预测;跨膜结构域的分析用在线工具 TMHMM 2.0 Server 完成(<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>);蛋白质二级结构预测使用在线工具 NPSA\_server([http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa\\_automat.pl?page=npsa\\_sopm.html](http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa_sopm.html))完成;功能结构域是在 NCBI 上利用 CDD 在线工具分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 植物甜菜碱醛脱氢酶的氨基酸序列理化性质分析

该试验以甜菜、菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱、玉米为对象进行氨基酸理化性质分析,使用在线分析软件 ProtParam (physico-chemical parameters of a protein sequence, <http://expasy.org/tools/protparam.html>)分析,整理得到以下数据(表 1)。

不同植物 BADH 基因编码区编码的氨基酸序列中,均含有醛脱氢酶高度保守的十肽(比如甜菜 BADH 的 266~275 位氨基酸残基)以及与酶功能有关的半胱氨酸残基(比如甜菜 BADH 的 Cys294),这些残基可能包含 NAD<sup>+</sup> 结合位点及酶催化位点<sup>[1]</sup>。大多数植物 BADH 中的保守十肽序列为 VTLELGKSP,仅大豆、高粱、玉米等单子叶植物 BADH 的十肽序列为 VSLELGKSP,即第 2 位的苏氨酸被丝氨酸替代,较为特殊的是高山离子芥的十肽序列为 VSMELGKSP,即第 2 位的苏氨酸与第 3 位的亮氨酸分别被丝氨酸与甲硫氨酸替代。同时,植物甜菜碱醛脱氢酶还含有若干保守半胱氨酸残基(比如甜菜 BADH 中的 Cys117、Cys180、Cys194、Cys201、Cys294、Cys400、Cys433 和 Cys449),能够形成多个二硫

键,这对于维持甜菜碱醛脱氢酶的空间结构起着重要的作用。在 BADH 氨基酸序列中,还存在 2 种有关该酶蛋白定位的信号肽:一种是存在于甜菜、菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱等植物中的 N-端信号导肽,其氨基酸序列为 QLFIDGE

(比如甜菜的 15~21 位氨基酸残基),被认为是定位于叶绿体的信号。另一种是存在于玉米、高粱等植物中的 C-端信号导肽,氨基酸序列为 SKL(比如玉米的 506~508 位氨基酸残基),是定位于过氧化物酶体中的信号<sup>[1]</sup>。

麦冬 <i>Ophiopogon japonicus</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
山菠菜 <i>Atriplex hortensis</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
三角滨藜 <i>Atriplex prostrata</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
鞑靼滨藜 <i>Atriplex tatarica</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
菠菜 <i>Spinacia oleracea</i>	(131) QLFIDGE (230) C (293) C (307) C (314) C (379) VT L ELGGKSP (407) C (513) C (546) C (562) C (613) ...
甜菜 <i>Beta vulgaris</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
辽宁碱蓬 <i>Suaeda liaotungensis</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (295) C (401) C (434) C (450) C (490) ...
千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (500) ...
大豆 <i>Glycine max</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VS L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (503) SRL
高山离子芥 <i>Chorispora bungeana</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VSMELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (502) SA.
人参 <i>Panax ginseng</i>	(15) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (294) C (400) C (433) C (449) C (503) SKL
枸杞 <i>Lycium barbarum</i>	(18) QLFIDGE (117) C (180) C (194) C (201) C (266) VT L ELGGKSP (295) C (401) C (434) C (450) C (503) SN.
冬小麦 <i>Triticum aestivum</i>	(17) QLFIDGE (119) C (181) C (195) C (202) C (267) VT L ELGGKSP (295) C (401) C (434) C (450) C (490) SRL
高粱 <i>Sorghum bicolor</i>	(15) SFLGGD (110) C (173) C (187) C (194) C (259) VS L ELGGKSP (288) C (394) C (427) C (441) C (494) ...
玉米 <i>Zea mays</i>	(17) GFLGGA (119) C (182) C (196) C (203) C (268) VS L ELGGKSP (297) C (403) C (436) C (452) C (506) SKL

图 2 不同植物 BADH 的氨基酸序列比对分析

Fig. 2 Multiple sequence alignment of BADH in different plants

### 2.3 植物甜菜碱醛脱氢酶氨基酸分子进化树分析

对 27 种不同植物的 BADH 氨基酸序列在 ClustalX 软件中进行完全比对后,用 MEGA4 软件按 Neighbor-Joining 方案进行分子系统演化分析,获得甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列的分子进化树(图 3)。BADH 氨基酸序列严格地按照种属关系聚成 2 支,分别是双子叶植物组和单子叶植物组。甜菜与菠菜、山菠菜、辽宁碱蓬等藜科植物的进化关系更为接近,而玉米与冬小麦等禾本科植物进化关系更为接近,表明 BADH 是甘氨酸甜菜碱生物合成途径中一个十分保守的基因,可作为生物遗传分化和分子进化研究中的重要依据。

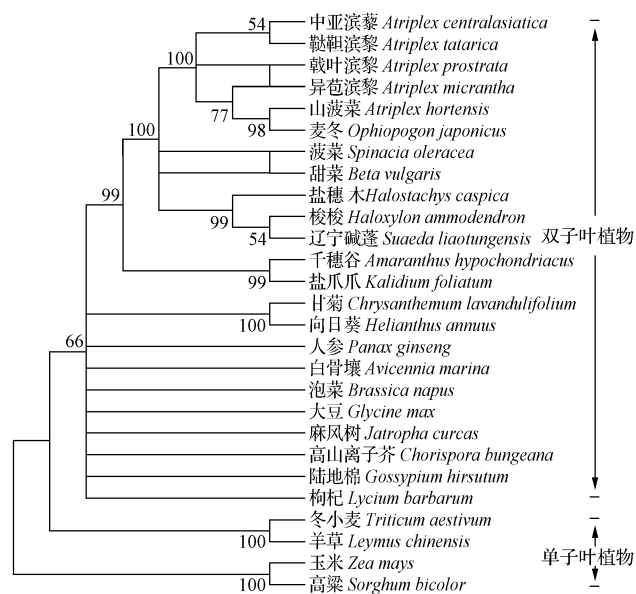


图 3 不同植物 BADH 的氨基酸序列分子进化分析

Fig. 3 Phylogenetic tree analysis of BADH in different plants

### 2.4 植物甜菜碱醛脱氢酶亲疏水性分析

疏水性是决定蛋白质三维空间构象的一个重要因

素。此外,通过了解肽链中不同肽段的疏水性,还可以预测蛋白的跨膜结构域。以甜菜的甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列为对象,采用在线工具 ProtScale (<http://www.expasy.ch/tools/protscale.html>) 分析。由图 4 可知,多肽链中 Cys180 有最高分值 2.067,疏水性最强; Gly63 有最低分值 -2.589,亲水性最强。就整条多肽链而言,表现为亲水性。通过对菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱、玉米等植物分析可得到相近的结果。

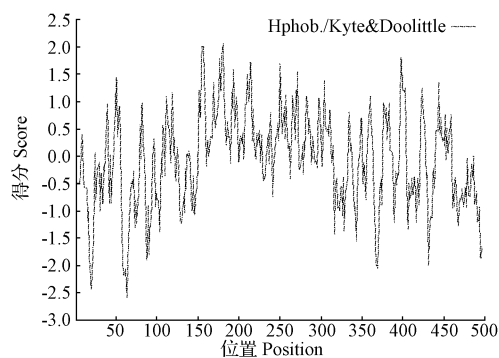


图 4 甜菜 BADH 的亲疏水性预测

Fig. 4 Predicted hydrophilicity/hydrophobicity for *Beta vulgaris* BADH

### 2.5 植物甜菜碱醛脱氢酶信号肽分析

以甜菜为研究对象,通过 SignalP 3.0 在线工具进行甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列信号肽的分析。由图 5 可知,C 值最大切割点在第 23 个氨基酸位置,分值为 0.020,综合剪切点分值(Y 值)最高也在第 3 个氨基酸位置,为 0.041,信号肽最大分值(Max S)在第 1 个氨基酸位置,分值为 0.251。从第 1~2 个氨基酸,平均 S 值为 0.165,平均 D 值为 0.103。因此,推断甜菜的甜菜碱醛脱氢酶没有信号肽,不是分泌蛋白。通过对菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱、玉米等植物分析可得到相近的结果。



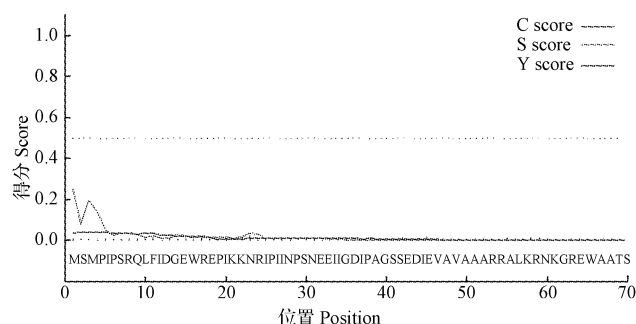


图5 甜菜 BADH 的信号肽分析结果

Fig. 5 Signal peptide analysis result of *Beta vulgaris* BADH

## 2.6 植物甜菜碱醛脱氢酶跨膜结构域的预测与分析

该研究以甜菜为研究对象,用在线工具 TMHMM 2.0 Server 进行预测分析。由图 6 可知,甜菜的甜菜碱醛脱氢酶没有跨膜结构域。对菠菜、山菠菜、玉米、辽宁蓬碱等植物甜菜碱醛脱氢酶跨膜结构域分析的结果与甜菜结果相近。

## 2.7 植物 BADH 二级结构预测

该研究以甜菜为研究对象,利用 NPSA 在线工具预

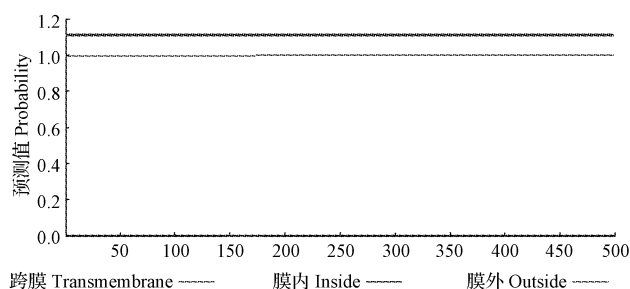


图6 甜菜 BADH 跨膜结构域预测

Fig. 6 Predicted transmembrane structural analysis of *Beta vulgaris* BADH

测 BADH 氨基酸序列的二级结构。由图 7 可知,在多肽链中  $\alpha$  螺旋(蓝色部分)在链中出现的概率是 40.80%, $\beta$  转角(绿色部分)在链中出现的概率是 9.40%,无规卷曲(橙色部分)在链中出现的概率是 31.40%,延伸链(红色部分)在链中出现的概率是 18.40%。可见  $\alpha$  螺旋和无规卷曲是甜菜碱醛脱氢酶多肽链中大量的结构元件而散布于整个肽链中。在菠菜、山菠菜、辽宁碱蓬、玉米的甜菜碱醛脱氢酶二级结构中也有类似的情况。

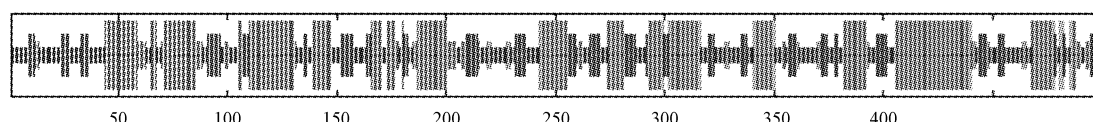


图7 甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列二级结构预测

Fig. 7 Secondary structure prediction of Betaine-aldehyde dehydrogenase amino acid sequence

## 2.8 植物 BADH 氨基酸序列磷酸化位点分析

该节以甜菜为研究对象,运用 NetPhosK 2.0 Server 在线工具(图 8)分别预测了丝氨酸(Serine)、苏氨酸

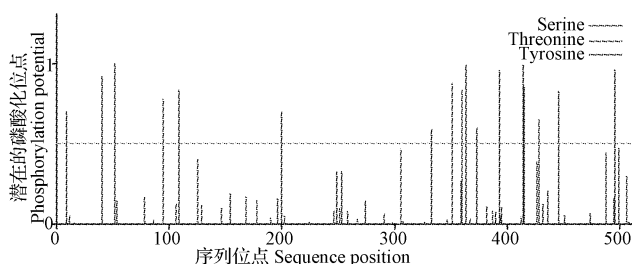


图8 甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列磷酸化位点预测

Fig. 8 Phosphorylation site prediction of Betaine-aldehyde dehydrogenase amino acid sequence

(Threonine)、酪氨酸(Tyrosine)3 种不同的磷酸化位点。结果表明,有 13 个丝氨酸磷酸化位点,为 S9、S40、S52、S109、S200、S333、S363、S373、S393、S414、S415、S446、S496,苏氨酸磷酸化位点 2 个为 T95、T360 和 2 个酪氨酸位点 Y351、Y428,在这 17 个磷酸化位点中,S52、S363、S414 预测分值最高,均在 0.990 以上。通过对菠菜、山菠菜、辽宁碱蓬、玉米等植物甜菜碱醛脱氢酶氨基酸序列的分析,可得到同样的结果。

## 2.9 植物甜菜碱醛脱氢酶功能结构域分析

在 NCBI 上利用 CDD 在线工具分析甜菜 BADH 氨基酸序列的功能结构域。结果(图 9)表明,甜菜 BADH 属于 ALDH-SF 超家族,表明 BADH 属于醛脱氢酶家族,具有氧化还原酶活性,从而催化醛基氧化为羧基。

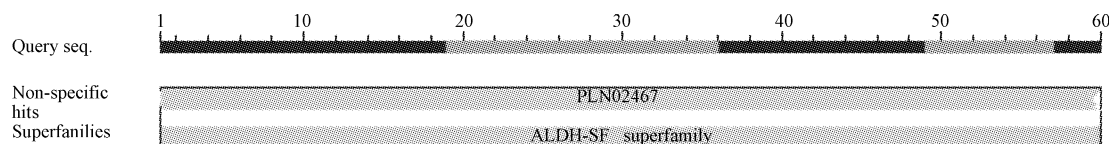


图9 甜菜 BADH 功能结构域分析

Fig. 9 Function domains analysis of *Beta vulgaris* BADH

## 3 结论与讨论

该研究应用生物信息学方法对来源不同植物甜菜

碱醛脱氢酶的氨基酸序列进行了系统分析,为今后实现植物抗逆基因工程提供值得借鉴的理论依据。试验结

果表明,植物 BADH 属于稳定性蛋白质;氨基酸序列理化性质分析显示植物 BADH 富含丙氨酸和谷氨酸;将来源不同的 17 种植物 BADH 氨基酸序列进行多重比对发现,蛋白质中含有醛脱氢酶高度保守的十肽及与酶功能有关的半胱氨酸残基,其主要作用是与  $\text{NAD}^+$  结合并催化醛基发生氧化反应,这也符合醛脱氢酶的典型特征;BADH 氨基酸序列中含有 2 类信号肽,分别定位于叶绿体与过氧化物酶体,不同的亚细胞定位可能与发挥 BADH 的酶活性相关;将来源于植物的 27 个 BADH 进行分子进化分析,结果表明,甜菜、菠菜、山菠菜、辽宁蓬碱等藜科植物进化关系较近,甘菊、向日葵、油菜、高山离子芥等十字花科植物在分子进化树上距离也较近,而同为禾本科植物的玉米、冬小麦、羊草、高粱等植物位于另一分支上,预测结果与分类学在进化树的高度一致性表明 BADH 可作为植物遗传分化和分子进化研究中的重要依据;运用 Signal P 分析多种植物的 BADH 的氨基酸序列发现不存在信号肽,不是分泌蛋白;以甜菜为研究重点分析 BADH 的疏水性,整个多肽链表现为亲水性,不含有跨膜结构域;NetPhosK 2.0 分析推测 BADH 多个丝氨酸位点可能受蛋白激酶磷酸化,预测结果为今后基因表达调控、蛋白修饰提供了参考位点;二级结构分析推测  $\alpha$ -螺旋是多肽链中的主要结构元件。该研究结果可为深入开展 BADH 酶学特性的分子机理研究提供重要理论依据。

### 参考文献

- [1] Fitzgerald T L, Waters D L E, Henry R J. Betaine aldehyde dehydrogenase in plants [J]. Plant Biol, 2009, 11: 119-130.
- [2] Yang X, Liang Z, Wen X, et al. Genetic engineering of the biosynthesis of glycine betaine leads to increased tolerance of photosynthesis to salt stress in transgenic tobacco plants [J]. Plant Mol. Biol., 2008, 66: 73-86.
- [3] Park E J, Jeknic Z, Sakamoto A, et al. Genetic engineering of glycine betaine synthesis in tomato protects seeds, plants, and flowers from chilling damage [J]. Plant J., 2004, 40: 474-487.
- [4] Weretilnyk E A, Hanson A D. Molecular cloning of a plant betainealdehyde dehydrogenase, an enzyme implicated in adaptation to salinity and drought [J]. Proc. Natl. Acad. Sci., 1990, 87: 2745-2749.
- [5] Goel D, Singh A K, Yadav V, et al. Overexpression of osmotin gene confers tolerance to salt and drought stresses in transgenic tomato (*Solanum lycopersicum* L.) [J]. Protoplasma, 2010, 245(1-4): 133-141.
- [6] Oishi H, Ebin M. Isolation of cDNA and enzymatic properties of betaine aldehyde dehydrogenase from *Zoysia tenuifolia* [J]. Journal of Plant Physiol., 2005, 162: 1077-1086.
- [7] Gardiner J, Schroeder S, Polacco M L, et al. Anchoring 9 371 maize expressed sequence tagged unigenes to the bacterial artificial chromosome contig map by two-dimensional overgo hybridization [J]. Plant Physiol., 2004, 134(4): 1317-1326.
- [8] Kumar S, Dhingra A, Daniell H. Plastid-expressed betaine aldehyde dehydrogenase gene in carrot cultured cells, roots, and leaves confers enhanced salt tolerance [J]. Plant Physiol., 2004, 136: 2843-2854.
- [9] Trossat C, Rathinasabapathi B, Hanson A D. Transgenically expressed betaine aldehyde dehydrogenase efficiently catalyzes oxidation of dimethylsulfoniopropionaldehyde and [ $\omega$ ]-aminoaldehydes [J]. Plant Physiol., 1997, 113: 1457-1461.
- [10] Chen T H H, Murata N. Enhancement of tolerance of abiotic stress by metabolic engineering of betaines and other compatible solutes [J]. Curr. Opin. Plant Biol., 2002, 5: 250-257.
- [11] Zhang F L, Niu B, Wang Y C, et al. A novel betaine aldehyde dehydrogenase gene from *Jatropha curcas*, encoding an enzyme implicated in adaptation to environmental stress [J]. Plant Sci., 2008, 174(5): 510-518.
- [12] Nakamura T, Nomura M, Mori H, et al. An isozyme of betaine aldehyde dehydrogenase in barley [J]. Plant Cell Physiol., 2001, 42(10): 1088-1092.

(该文作者还有周嘉裕,工作单位同第一作者。)

## Bioinformatics Analysis of Betaine Aldehyde Dehydrogenase in Plants

NONG Qing-yuan<sup>1</sup>, MAI Xiu-ying<sup>1</sup>, ZHOU Hong<sup>1</sup>, FENG Qian<sup>1</sup>, CHEN Jin-song<sup>2</sup>, LIAO Hai<sup>1</sup>, ZHOU Jia-yu<sup>1</sup>

(1. College of Life Science and Engineering, Southwest Jiaotong University, Chengdu, Sichuan 610031; 2. Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu, Sichuan 610041)

**Abstract:** Bioinformatic methods were employed to analyze the amino acid sequences of Betaine Aldehyde Dehydrogenase (BADH) from Genbank database, such as *Beta vulgaris*, *Spinacia oleracea*, *Atriplex hortensis*, *Suaeda liaotungensis*, *Zea mays*, etc. The results showed that BADHs were stable proteins. Ala and Glu were abundant in those BADHs. Sequence alignment revealed that BADHs were highly homologous in different plants, and the residues involved with function were very conservative. BADHs had been found to be targeted to different subcellular compartments. BADHs could be used as genetic differentiation and an important basis for the study of molecular evolution. There was no signal peptide in segmental plants. BADHs had no transmembrane structure and could be phosphorylated by protein kinase.  $\alpha$ -helix were the major structural element of polypeptide chain. Meanwhile, BADHs contained typical function domains of ALDH. This study provided a theoretical basis for both the enzymatic mechanism of BADHs and the plant resistance to environmental stress.

**Key words:** betaine aldehyde dehydrogenase; bioinformatics; GenBank; resistance to stress