

## 辣椒 Aux/IAA 基因家族的鉴定与表达分析

张帆<sup>1</sup>, 马艳青<sup>1,2</sup>, 李雪峰<sup>2</sup>, 杨博智<sup>2</sup>, 郑井元<sup>2</sup>, 邹学校<sup>1,2</sup>, 谢玲玲<sup>2\*</sup>, 刘峰<sup>1,2\*</sup>

(1.湖南大学研究生院隆平分院, 湖南 长沙 410125; 2.湖南省科学院蔬菜研究所, 湖南 长沙 410125)

**摘要:** 采用生物信息学的方法, 共鉴定出 22 个辣椒 Aux/IAA 基因, 经聚类分析, 将其分为 A、B、C、D、E、F、G 7 个亚族。这些基因非均匀地分布在辣椒 7 条染色体上, 其中第 3 条染色体上分布最多, 有 8 个 Aux/IAA 基因。这些基因在辣椒的根、茎、叶、花、花蕾以及果实各个发育时期的表达模式显示: Capana03g000310 在每个组织的各个发育时期都能检测到表达, 且表达量较高, 呈现出明显的组成型表达模式。Capana00g002758 只在根和茎中检测到表达, Capana03g000311 和 Capana06g001465 只在花和果实中检测到有较高表达量, 呈现出明显的特异型表达模式。以辣椒 6421 高世代自交系为试验材料, 用 30  $\mu\text{mol/L}$  脱落酸处理幼叶, 采用 qRT-PCR 进行分析, 结果表明: 辣椒 Capana00g002644 和 Capana01g001423 的相对表达量高于对照, 而 Capana09g001096、Capana06g001308、Capana03g004455、Capana00g000845、Capana03g004568、Capana03g000244 和 Capana03g000310 的相对表达量均低于对照, 说明脱落酸胁迫可以对辣椒 Aux/IAA 部分基因产生明显的正向或负向诱导。

**关键词:** 辣椒; Aux/IAA 基因家族; 脱落酸胁迫; 基因表达

中图分类号: S641.3; Q786

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2018)06-0597-10

## Identification and expression analysis of pepper Aux/IAA gene family

ZHANG Fan<sup>1</sup>, MA Yanqing<sup>1,2</sup>, LI Xuefeng<sup>2</sup>, YANG Bozhi<sup>2</sup>, ZHENG Jingyuan<sup>2</sup>,

ZOU Xuexiao<sup>1,2</sup>, XIE Lingling<sup>2\*</sup>, LIU Feng<sup>1,2\*</sup>

(1.College of Longping, Graduate School of Hunan University, Changsha, Hunan 410125, China; 2.Institute of Vegetable, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha, Hunan 410125, China)

**Abstract:** A total of 22 Aux/IAA genes were identified by bioinformatics methods and categorized into seven groups (A, B, C, D, E, F and G) by cluster analysis. These genes were unevenly distributed on 7 chromosomes with Chr 3 residing the largest number of 8 Aux/IAA genes. We investigated the expression patterns of these genes in the roots, stems, leaves, flowers, flower buds and fruits of peppers at different developmental stages. The expression level of Capana03g000310 was high in all studied tissue and period, indicating a constitutive expression pattern. Capana00g002758 was only detected in root and stem. Capana03g000311 and Capana06g001465 were only detected in flower organ and fruit, showing a specific expression pattern. The expression of Capana00g002644 and Capana01g001423 were significantly up-regulated, but the expression of Capana09g001096, Capana06g001308, Capana03g004455, Capana00g000845, Capana03g004568, Capana03g000244 and Capana03g000310 was significantly down-regulated under the treatment of 30  $\mu\text{mol/LABA}$ . qRT-PCR results showed that abscisic acid (ABA) stress could generate positive / negative induction of some Aux/IAA genes in pepper.

**Keywords:** pepper; Aux/IAA gene family; ABA stress; gene expression

Aux/IAA 基因家族编码的蛋白一般含有 4 个保守的氨基酸序列, 简称保守结构域(domain) I、II、

收稿日期: 2018-05-22

修回日期: 2018-05-29

基金项目: 国家特色蔬菜产业技术体系(CARS-24-A-14)

作者简介: 张帆(1993—), 女, 河南新乡人, 硕士研究生, 主要从事植物分子生物学研究, 1769478925@qq.com; \*通信作者, 谢玲玲, 博士, 助理研究员, 主要从事蔬菜遗传育种研究, xllxie@sina.cn; \*通信作者, 刘峰, 博士, 研究员, 主要从事辣椒分子育种研究, liufengrich@126.com

III和IV<sup>[1]</sup>。在番茄<sup>[2]</sup>、桃<sup>[3]</sup>、拟南芥<sup>[4]</sup>、大白菜<sup>[5]</sup>、黄瓜<sup>[6]</sup>、高粱<sup>[7]</sup>、粗山羊草<sup>[8]</sup>中分别发现了25、22、29、59、28、25、28个Aux/IAA基因家族成员。目前,主要通过拟南芥基因功能获得性突变体的表型来分析Aux/IAA基因在植物生长发育过程中的作用<sup>[9]</sup>。有关植物Aux/IAA基因抵御部分非生物胁迫的性能已被证实<sup>[10]</sup>,但对脱落酸胁迫的抗性尚未报道。

辣椒(*Capsicum annuum* L.)的全基因组测序为鉴定基因家族成员数量以及分析和预测其功能提供了依据<sup>[11]</sup>。本研究借助生物信息学的方法对辣椒Aux/IAA基因家族进行鉴定,对其生化属性、染色体定位、保守结构域、进化关系、保守基序、基因结构、组织表达模式等信息进行预测,并采用qRT-PCR检测Aux/IAA基因在脱落酸胁迫下的表达关系。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

以辣椒6421高世代自交系为试验材料,该品系由湖南省农业科学院蔬菜研究所提供。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 生物信息学方法

从辣椒基因组网站(<http://peppersequence.genomics.cn/page/species/index.jsp>)和TAIR数据库(<https://www.arabidopsis.org/>)下载辣椒和拟南芥基因组蛋白序列;从Pfam数据库(<http://pfam.xfam.org/>)中下载Aux/IAA隐马尔科夫模型(HMM),分别在辣椒和拟南芥基因组蛋白序列中搜索含有Aux/IAA典型保守结构域的蛋白序列,借助Clustal W程序和NCBI-CDD<sup>[12]</sup>在线网站剔除重复和不含结构域序列。

利用在线工具ExPASy(<http://web.expasy.org/protparam/>)<sup>[13]</sup>预测辣椒Aux/IAA蛋白序列的等电点和相对分子质量。根据Aux/IAA基因家族每个基因序列在辣椒染色体上的物理位置以及每条染色体的长度,利用绘图软件MapInspect<sup>[14]</sup>进行模型定位并绘制图谱。利用软件MEGA6.0<sup>[15]</sup>对辣椒Aux/IAA保守结构域的氨基酸序列进行多重比对分析,生成序列比对图谱。利用Clustal W程序将

鉴定到的辣椒Aux/IAA蛋白序列与拟南芥的Aux/IAA蛋白序列进行多重比对分析。运用MEGA6.06软件通过邻接法(neighbor-joining, NJ)将比对结果构建系统发育进化树。利用在线分析软件MEME(<http://meme-suite.org/index.html>)<sup>[16]</sup>预测辣椒Aux/IAA蛋白保守基序。根据辣椒Aux/IAA基因家族的核苷酸序列与编码序列,通过Perl脚本语言绘制基因内含子-外显子图。

从NCBI网站(<http://www.ncbi.nlm.nih./Structure/cdd/wrpsb.cgi>)获取辣椒根、茎、叶、花、花蕾以及果实不同发育时期的RNA-seq数据,利用Cufflink和Tophat程序分析基因表达差异,并用R语言绘制表达热图。

#### 1.2.2 试验材料的培养及取样

辣椒种子用0.1%氯化汞消毒,于穴盘播种,穴盘规格为10×20孔穴,在人工气候室进行漂浮育苗,培养液为pH 6.0的园试营养液<sup>[17]</sup>,光照14 h(27℃),黑暗10 h(18℃)。

辣椒出苗30 d后,选取无病虫害且长势基本一致的幼苗,分别经30 μmol/L脱落酸(ABA)处理0.5、1、3、6、12、24 h,以未经ABA处理的为对照,剪下幼叶,将叶片用锡箔纸包裹,液氮保存。

将部分幼苗移于盆中,并转至玻璃温室培养,开花中期授粉。分别于授粉后10、15、20、25、30、35、40、45、50、55、60 d,选取相同节位健康无病害的果实,将果肉、种子和胎座分开,分别用锡箔纸包裹,液氮冷冻,-80℃低温保存。

#### 1.2.3 RNA的提取及qPCR定量分析

采用Biospin多糖多酚植物总RNA提取试剂盒(DNA无残留,北京博迈斯)提取辣椒幼叶以及果肉、种子和胎座的RNA;借助TaKaRa公司的RNA逆转录试剂盒获取cDNA,以ddH<sub>2</sub>O为溶剂稀释10倍备用;利用SYBR Premix Ex Taq<sup>TM</sup> II Mix(TaKaRa)试剂盒,按说明书设置反应体系,对提取的RNA进行qRT-PCR;采用ABI7000实时荧光定量PCR仪(ABI Prism,美国)进行结果分析。内参基因为 $\beta$ -actin,设计特异性引物,3次重复,采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 值方法分别计算Aux/IAA基因在辣椒果肉、种子与胎座中的相对表达量。

## 2 结果与分析

### 2.1 辣椒 Aux/IAA 基因家族基因的鉴定

根据基因在染色体上的位置进行排序(表 1),分

析它们的理化性质。结果表明,辣椒 Aux/IAA 基因编码的多肽为 100~311 个氨基酸残基,相对分子质量为 11 490~33 300,等电点为 4.72~9.11,蛋白序列长度 303~936。

表1 辣椒Aux/IAA基因家族信息

Table 1 The studied Aux/IAA gene family in pepper

辣椒 Aux/IAA 基因家族					拟南芥同源基因		
基因号	开放阅读框/bp	氨基酸	相对分子质量	等电点	基因号	基因名称	E 值
Capana00g002758	651	216	23 740	4.82	AT2G33310	ATIAA13	2e-41
Capana00g002644	510	169	19 610	4.81	AT2G01200	ATIAA32	8e-33
Capana00g000845	642	213	23 180	9.11	AT2G22670	ATIAA8	1e-44
Capana01g001423	303	100	11 490	5.47	AT2G22670	ATIAA8	3e-33
Capana02g000711	666	221	23 740	9.08	AT2G22670	ATIAA8	2e-43
Capana03g000548	339	112	12 470	6.18	AT5G65670	ATIAA9	1e-13
Capana03g000311	552	183	20 800	6.63	AT3G15540	ATIAA19	3e-47
Capana03g004568	588	195	21 980	6.14	AT5G43700	ATIAA4	4e-65
Capana03g004455	837	278	29 860	6.97	AT2G33310	ATIAA13	5e-60
Capana03g004567	696	231	25 760	8.46	AT4G14550	ATIAA14	5e-79
Capana03g000244	876	291	32 200	8.52	AT3G16500	ATIAA26	5e-54
Capana03g000310	609	202	22 530	6.19	AT1G04250	ATIAA17	4e-54
Capana03g003343	594	197	22 390	7.55	AT5G43700	ATIAA4	4e-61
Capana06g003073	681	226	25 700	8.84	AT3G04730	ATIAA16	6e-68
Capana06g002018	573	190	21 390	6.02	AT5G43700	ATIAA4	8e-65
Capana06g000110	480	159	17 640	8.23	AT5G43700	ATIAA4	4e-54
Capana06g001465	720	239	27 520	5.30	AT4G32280	ATIAA29	8e-27
Capana06g001308	507	168	19 520	7.67	AT3G15540	ATIAA19	5e-32
Capana07g000391	648	215	23 870	5.65	AT4G32280	ATIAA29	5e-20
Capana07g000990	390	129	14 570	4.72	AT5G20730	ATAA21	2e-65
Capana09g000285	936	311	33 300	9.10	AT4G29080	ATIAA27	5e-61
Capana09g001096	903	300	32 410	6.76	AT2G33310	ATIAA13	9e-51

### 2.2 辣椒 Aux/IAA 基因家族基因的染色体定位

利用基因的物理位置信息绘制 22 条辣椒 Aux/IAA 基因在染色体上的定位图谱(图 1)。1 号和 2 号染色体上均有 1 条 Aux/IAA 基因;7 号和 9 号染色体上均有 2 条 Aux/IAA 基因;0 号和 6 号染色体上分别有 3 条和 5 条 Aux/IAA 基因;3 号染色体所含的 Aux/IAA 基因多达 8 条,分布于染色体的上下两端, Capana03g004567、Capana03g004455 和 Capana03g004568 在染色体的下端紧密相连;在染色体的上端 Capana03g000310、Capana03g000548、Capana03g 000244 和 Capana03g000311 形成基因簇。

### 2.3 辣椒 Aux/IAA 基因家族蛋白序列的保守性

对辣椒 22 个 Aux/IAA 蛋白序列进行多重比对分析(图 2),发现大多数 Aux/IAA 蛋白都具有完整或趋于完整的 4 个保守结构域,少数 Aux/IAA 蛋白序列出现结构域丢失的现象,如 Capana01g 001423、Capana07g000990 和 Capana03g000548 蛋白缺少“VVGWPPV”“YVKV”“LGL”和“MDG”4 段保守序列; Capana00g000845、Capana00g002644 和 Capana00g002758 均缺失“RLRIMK”,这类蛋白序列不完整的基因被称为非标准类型 Aux/IAA 基因。

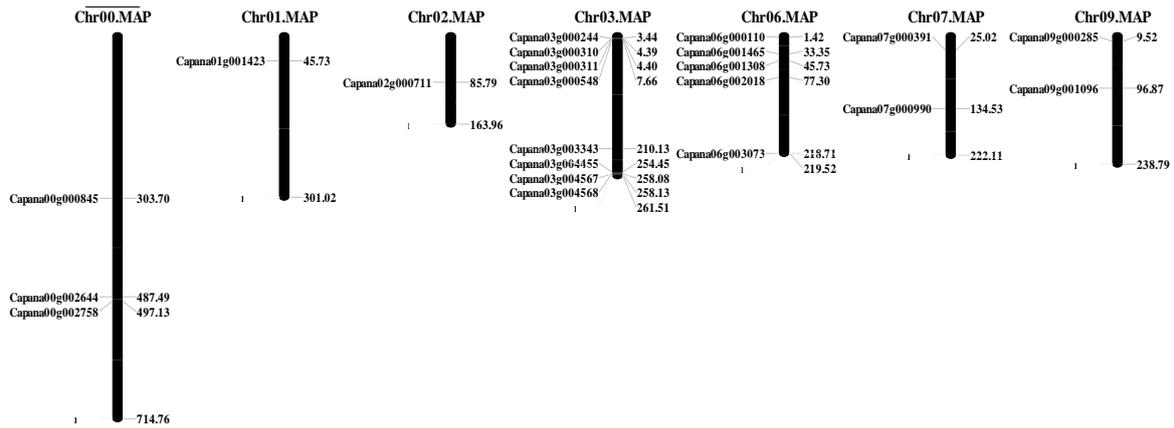


图 1 辣椒 Aux/IAA 基因家族基因在染色体上的位置

Fig.1 The chromosome location of the Aux/IAA gene family members in pepper

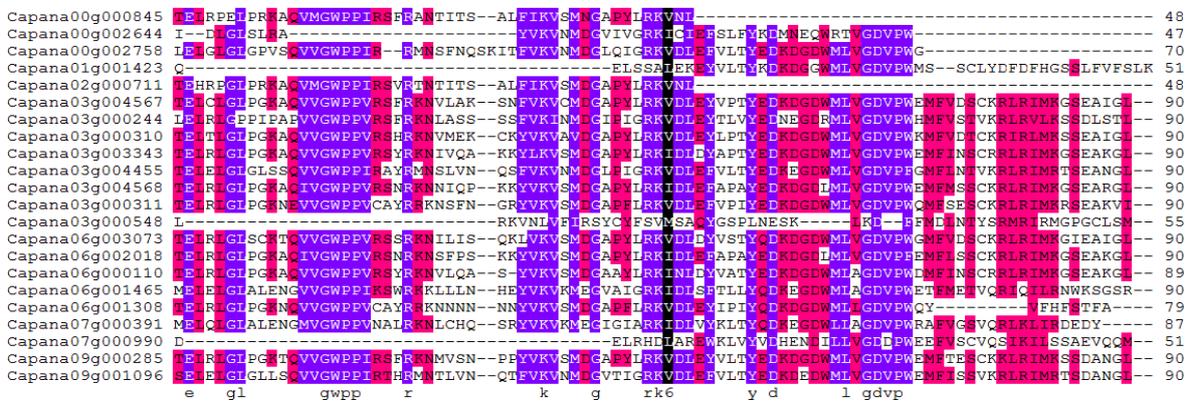


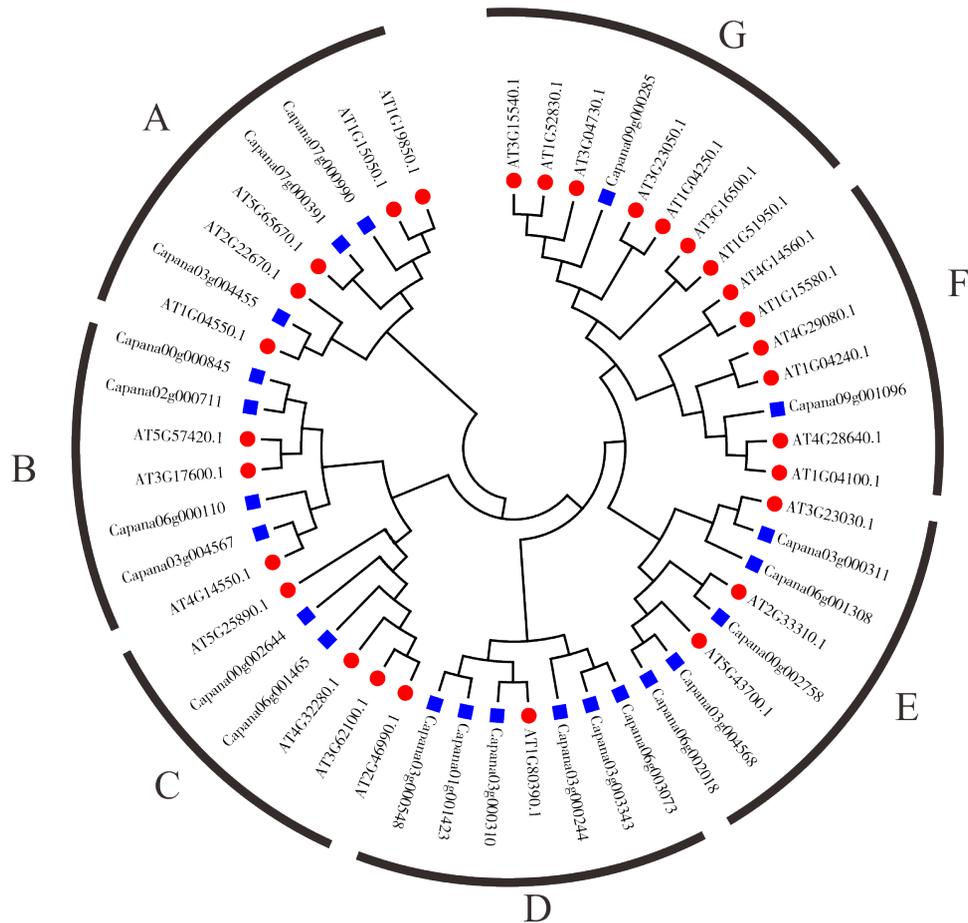
图 2 辣椒 Aux/IAA 基因家族的保守结构域

Fig.2 Alignment of conserved domains of Aux/IAA gene family in pepper

### 2.4 辣椒 Aux/IAA 基因家族的系统进化分析

以拟南芥 29 个 Aux/IAA 蛋白序列为参考, 利用 MEGA6.06 生物信息软件构建了 22 个辣椒 Aux/IAA 蛋白序列的系统发育进化树。参照拟南芥的分类特点, 将辣椒的 22 个 Aux/IAA 基因分为 A、B、C、D、E、F、G 7 组。由图 3 可知, A 组含有 3 个辣椒 Aux/IAA 基因和 5 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 2 对直系同源基因 (Capana07g000391/AT5G65670.1、Capana03g004455/AT1G04550.1), 1 对旁系同源基因 (AT1G19850.1/AT1G15050.1); B 组含有 4 个辣椒 Aux/IAA 基因和 3 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 2 对旁系同源基因 (Capana00g000845/Capana02g000711、AT5G57420.1/AT3G17600.1), 1 对直系同源基因 (Capana03g004567/AT4G14550.1); C 组含有 2 个辣椒 Aux/IAA 基因和 4 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 1 对旁系同源基因

(AT3G62100.1/AT2G46990.1); D 组含有 6 个辣椒 Aux/IAA 基因和 1 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 2 对旁系同源基因 (Capana03g000548/Capana01g001423、Capana03g003343/Capana06g003073), 1 对直系同源基因 (AT1G80390.1/Capana03g000310); E 组含有 5 个辣椒 Aux/IAA 基因和 3 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 1 对旁系同源基因 (Capana06g002018/Capana03g004568), 2 对直系同源基因 (AT2G33310.1/Capana00g002758、AT3G23030.1/Capana03g000311); F 组含有 1 个辣椒 Aux/IAA 基因和 6 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 3 对旁系同源基因 (AT4G28640.1/AT1G04100.1、AT1G04240.1/AT4G29080.1、AT1G15580.1/AT4G14560.1); G 组含有 1 个辣椒 Aux/IAA 基因和 7 个拟南芥 Aux/IAA 基因, 包含 3 对旁系同源基因 (AT3G16500.1/AT1G51950.1、AT3G23050.1/AT1G04250.1、AT1G52830.1/AT3G15540.1)。



红色和蓝色分别代表拟南芥和辣椒 Aux/IAA 基因家族基因。

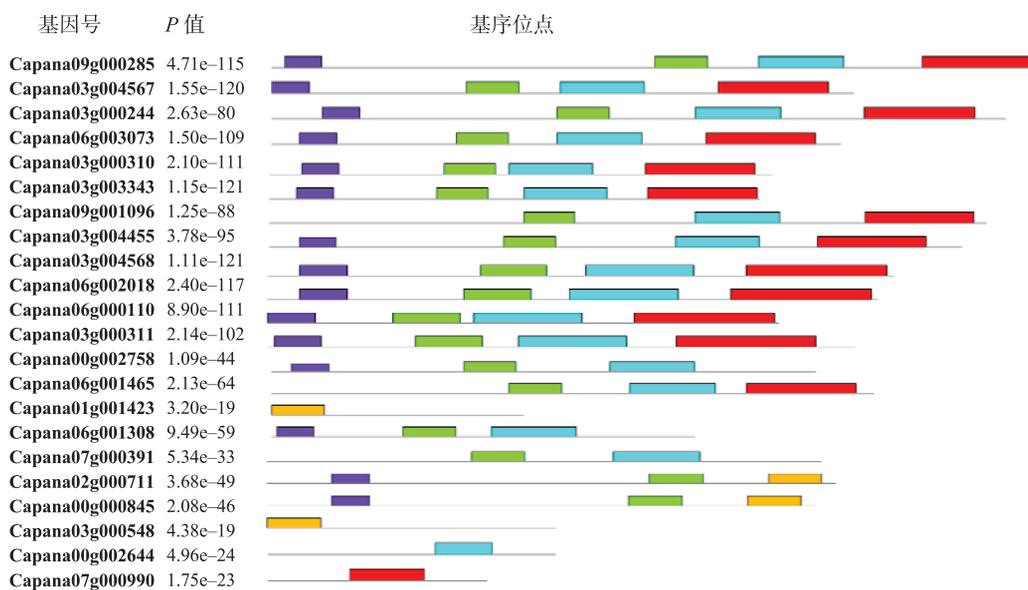
图 3 辣椒 Aux/IAA 基因家族的系统进化树

Fig.3 The unrooted phylogenetic tree of Aux/IAA gene family in pepper

2.5 辣椒 Aux/IAA 基因家族蛋白保守基序的预测

利用 MEME 在线软件预测辣椒中 Aux/IAA 蛋

白保守基序的分布。由图 4 可知，辣椒 Aux/IAA 蛋白序列的 4 个保守结构域被划分为 5 个基序。结



黄色、蓝色、紫色、绿色、红色分别代表基序 1、基序 2、基序 3、基序 4、基序 5。

图 4 辣椒 Aux/IAA 基因家族中预测的蛋白基序

Fig.4 The predicted motifs in the pepper Aux/IAA gene family

构域 I 由基序 4 构成；结构域 II 由基序 3 构成；结构域 III 由基序 1 和基序 2 构成；结构域 IV 由基序 5 构成。每条 Aux/IAA 蛋白序列所含基序的种类与数量都不完全相同，Capana07g000990 只含基序 5；Capana00g002644 只含基序 2；Capana01g001423 和 Capana03g000548 只含基序 1，Capana09g001096、Capana00g002758、Capana06g001465、Capana06g001308、Capana02g000711 和 Capana00g000845 都含 3 个保守基序，但是基序种类不同；Capana07g000391 含 2 个基序，分别为基序 2 和基序 3；其他基因都含有 4 个保守基序。

### 2.6 辣椒 Aux/IAA 家族基因的结构

由图 5 可知，辣椒 22 个 Aux/IAA 基因都含有内含子，每个基因所含内含子的数目或相位均不相同。Capana09g000285 含 5 个内含子，相位分别为 2、2、1、2 和 1；Capana03g004567、Capana06g003073、Capana03g000310、Capana09g001096、Capana03g004455 和 Capana03g000244 都有 4 个内含子，相位为 1 或 2；Capana06g001465 与 Capana07g000391 包含 3 个内含子，相位为 1 或 2；Capana01g001423、Capana03g000548 和 Capana06g001308 均只包含 1 个内含子，且相位都为 1；其他基因的内含子数都为 2，相位为 0、1 或 2。

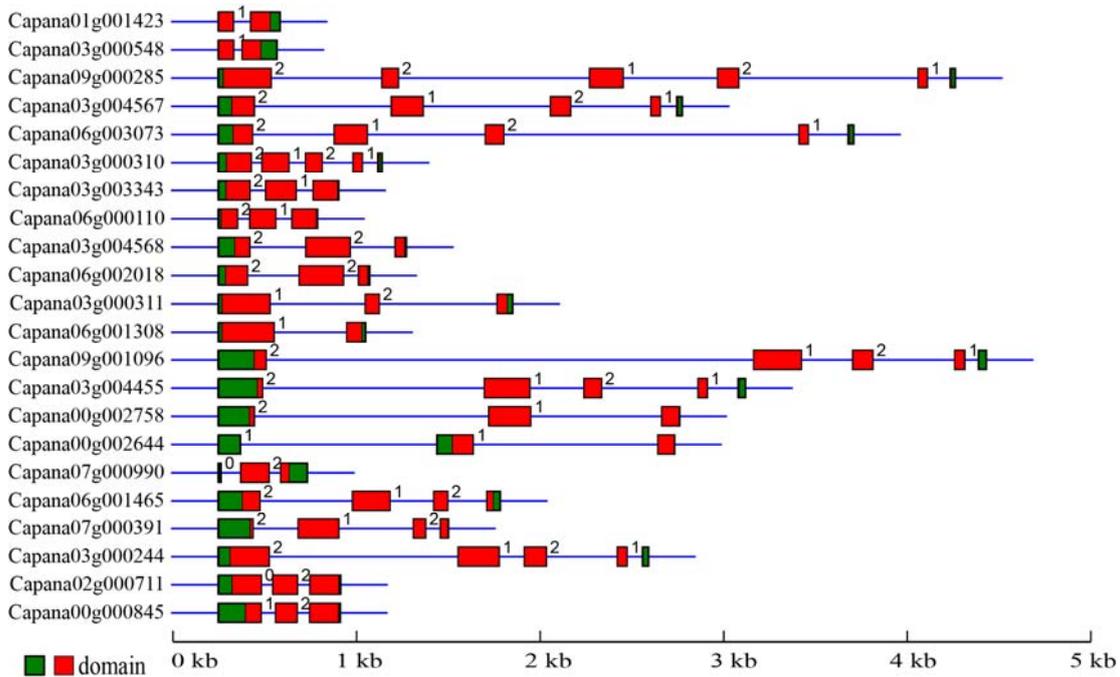


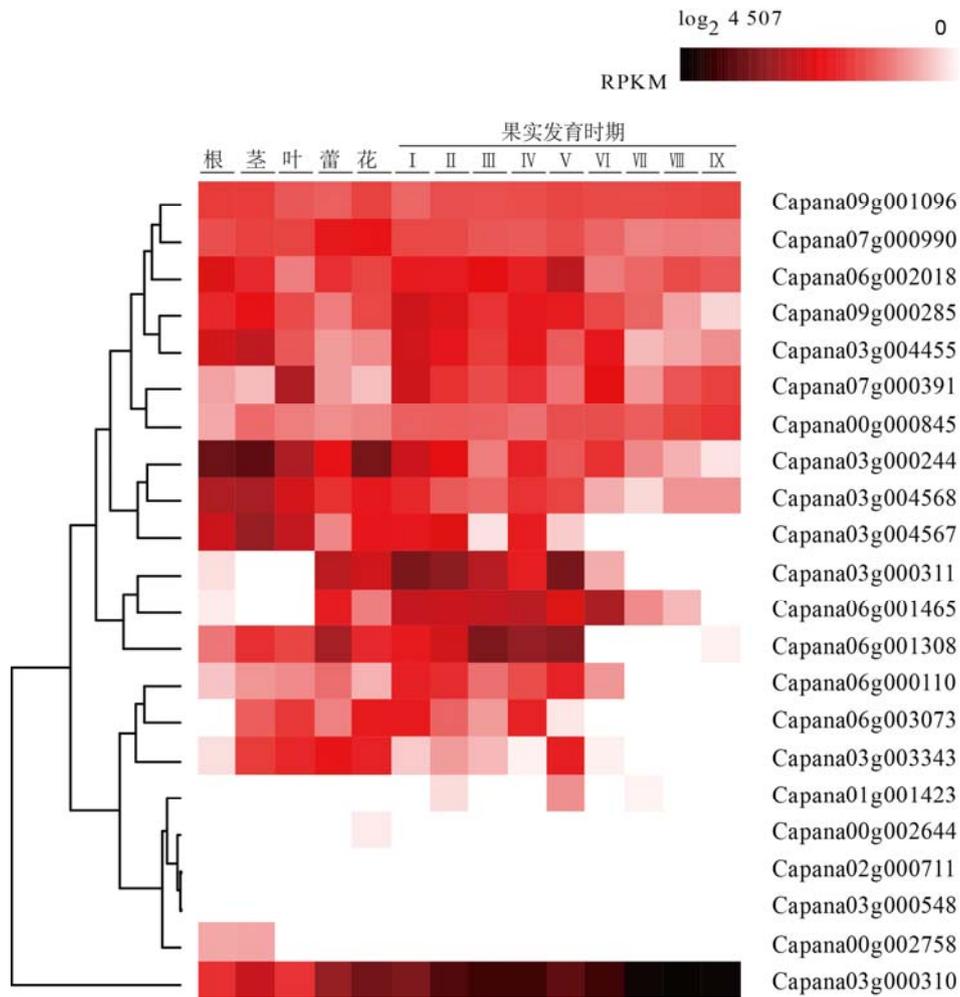
图5 辣椒Aux/IAA基因家族基因的结构

Fig.5 The gene structure of Aux/IAA family in pepper

### 2.7 辣椒 Aux/IAA 基因家族的组织表达分析

由图 6 可知，辣椒 Aux/IAA 基因家族中大多数基因的表达为组成型表达模式，如 Capana03g000310 在根、茎、叶、花、花蕾及果实发育的各个时期相对表达量都很高，且破色后期相对表达量最高。少数基因在组织中的表达具有显著特异性：如 Capana03g000244 在根、茎和花中的相对表达量

最高；Capana03g004567 在根中的相对表达量较高；Capana00g002758 仅在根和茎中微弱表达；Capana06g001465 和 Capana03g000311 在茎和叶中未检测到表达，在花器官和果实中检测到较高表达量；Capana02g000711 和 Capana03g000548 在辣椒各个组织中均未检测到表达。



破色前期包括 I 期、II 期、III 期、IV 期、V 期；破色期 VI 期；破色后期包括 VII 期、VIII 期和 IX 期。

图6 辣椒Aux/IAA基因家族基因的组织表达模式

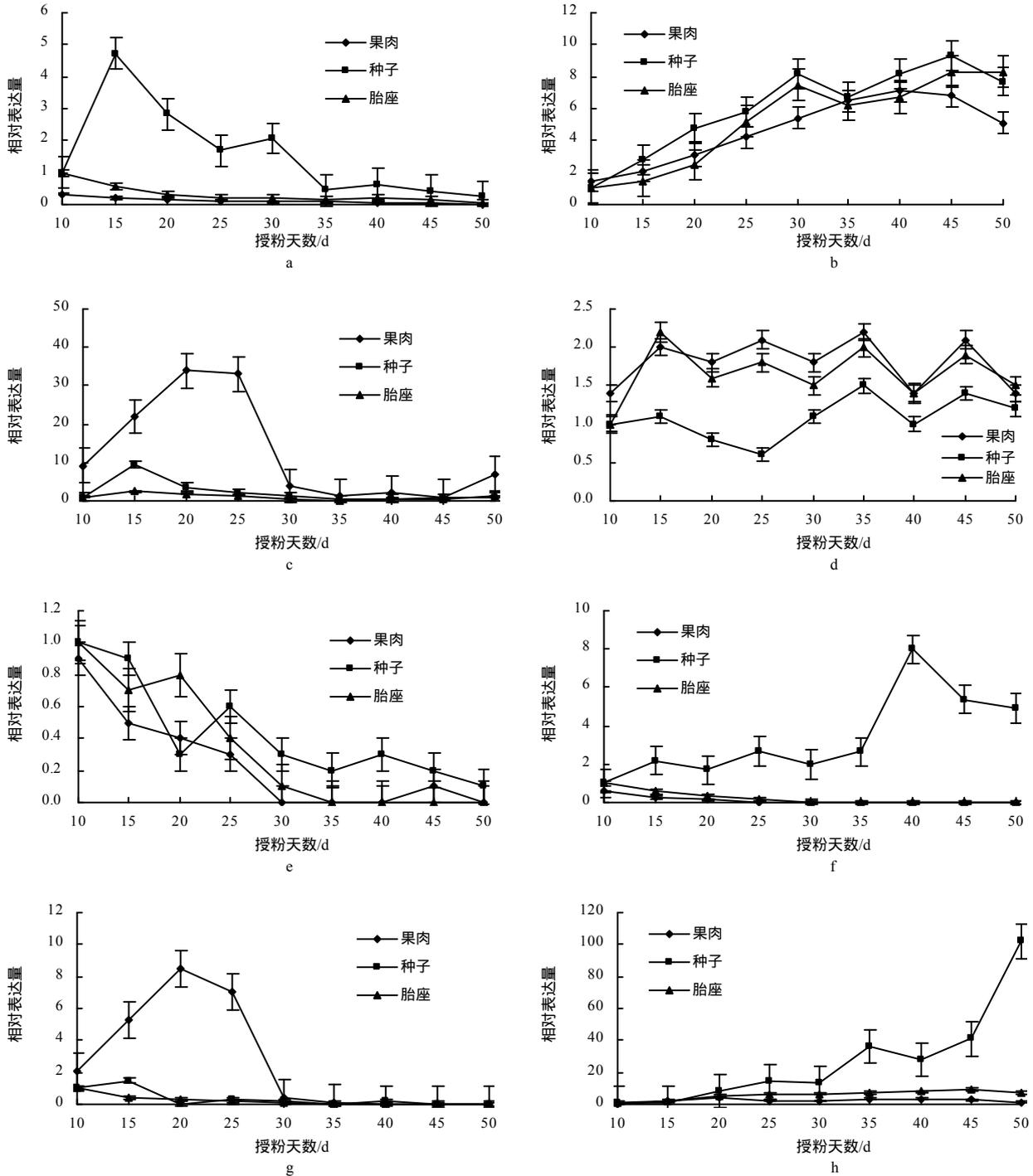
Fig.6 The tissue expression profile of the pepper Aux/IAA gene family

同一基因在同一组织不同时期的表达量也有很大差异，Capana06g000110 在果实发育的破色前期和破色期相对表达量较高，在破色后期几乎不表达；Capana03g004567 在果实发育的破色期与破色后期均无表达。

### 2.8 辣椒 Aux/IAA 基因家族基因在果实发育时期的表达

从图 6 中选取 8 个具有代表性的 Aux/IAA 基因，分析其在辣椒果肉、种子与胎座中的表达情况。8 个基因在不同时期的相对表达量如图 7 所示。Capana03g000244 基因(图 7-a)在种子中相对表达量起伏较大，在授粉后第 15 天达到峰值，而在果肉

和种子中的相对表达量随授粉时间的延长逐渐降低。授粉前期，Capana03g000310 基因(图 7-b)在各个组织器官中的相对表达量较低，随着果实的生长，其在果肉和胎座中的相对表达量显著上升。Capana03g003343 基因(图 7-c)与 Capana06g001308 (图 7-g)的表达趋势基本一致，授粉后 20 d 在果肉中的相对表达量趋于峰值；整个发育时期，在种子和胎座中的相对表达量趋于 0。Capana03g004568 基因(图 7-f)在果肉和胎座的相对表达量呈下降趋势。从果实发育早期到成熟期，Capana00g000845 基因(图 7-h)在种子中的相对表达量基本呈持续上升趋势，在果肉和胎座中的变化不明显。



a Capana03g00244 ;b Capana03g000310 ;c Capana03g003343 ;d Capana09g001096 ;e Capana03g004455 ;f Capana03g004568 ; g Capana06g001308 ; h Capana00g000845.

图7 辣椒Aux/IAA基因家族8个代表基因在果肉、种子和胎座中的相对表达量

Fig.7 The relative expression of 8 representative genes of Aux/IAA gene of pepper in flesh, seeds and placenta

2.9 辣椒 Aux/IAA 基因家族基因在脱落酸胁迫下的表达

采用 qRT-PCR 方法，分析辣椒 Aux/IAA 基因家族的 10 个代表基因对 ABA 胁迫的响应。由表 2 可知，Capana00g002644 和 Capana01g001423 在对

照处理时基本检测不到表达，在 ABA 处理 6 h 时相对表达量趋于峰值，受 ABA 胁迫的正向诱导。Capana03g003343 在 ABA 处理 6 h 时相对表达量高于对照，其他处理时间段的相对表达量则低于对照。Capana09g001096、Capana06g001308、Capana03g004455、Capana00g000845、Capana03g004568、

Capana03g000310 和 Capana03g000244 经 ABA 处理后, 相对表达量均低于对照, 说明这 7 个基因受 ABA 胁迫的负向诱导。

表2 辣椒Aux/IAA基因家族10个基因在ABA胁迫下的相对表达量

Table 2 Expression pattern of 10 selected Aux/IAA genes in pepper under ABA stress

基因号	基因相对表达量						
	0 h	0.5 h	1 h	3 h	6 h	12 h	24 h
Capana09g001096	11.10	7.51	7.62	7.59	8.40	7.56	7.42
Capana06g001308	17.70	16.39	17.37	9.46	7.48	6.28	10.35
Capana03g003343	22.43	12.08	21.80	7.46	27.40	11.65	18.76
Capana03g004455	28.66	4.77	6.60	5.04	18.62	11.92	13.55
Capana00g000845	7.55	5.85	2.37	4.20	4.39	3.43	3.53
Capana03g004568	49.38	18.19	29.52	12.18	40.32	24.40	18.65
Capana03g000244	47.65	11.30	17.58	15.49	26.44	27.34	15.66
Capana03g000310	28.62	17.32	11.37	13.18	6.49	12.39	26.49
Capana00g002644	0.00	0.40	0.31	0.22	2.08	0.31	0.05
Capana01g001423	0.00	0.19	0.12	0.09	0.75	0.00	0.00

### 3 结论与讨论

利用生物信息学方法对辣椒 Aux/IAA 基因家族进行分析, 共检索到 22 个家族成员。对 22 个 Aux/IAA 基因采用邻接法构建进化树, 可划分为多个进化枝, 说明 Aux/IAA 基因高度分化, 存在辣椒专属类群和拟南芥专属类群, 更进一步表明辣椒 Aux/IAA 基因在扩展过程中遵循物种特异的原则<sup>[18]</sup>。将辣椒 Aux/IAA 基因分成 A、B、C、D、E、F 和 G 共 7 个亚族, 同组中大多数 Aux/IAA 基因的结构都非常相似, 少数基因的结构存在特异性。在辣椒的 22 条 Aux/IAA 蛋白序列中, 16 条都含有 4 个完整的结构域, 其内含子为 1~5 个, 剩余 6 条序列的结构域都有不同程度的缺失, 结构相对简单, 内含子数较少(1~2 个), 可能在进化的过程中受到了外界环境以及其他类型基因的胁迫, 丢失了部分内含子<sup>[19]</sup>。辣椒 Aux/IAA 基因的 4 个保守结构域可以分为 5 个保守基序, 基序预测结果与基因结构一致, 说明该基因家族在结构上具有较高的保守性。染色体定位发现, 3 号染色体的上、下端各有 4 个和 3 个基因形成基因簇, 可能是串联复制导致了基因家族的扩张<sup>[20]</sup>。

辣椒的 22 个 Aux/IAA 基因在各个组织中的表达模式均不相同, 这些差异也暗示了其功能的多样性。如 Capana03g000310 在根、茎、叶、花、花蕾及果实发育的各个时期相对表达量均较高, 而 Capana00g002758 只在根和茎中检测到表达,

Capana03g 000311 和 Capana06g001465 只在花器官和果实中检测到较高的相对表达量, Capana02g000711 和 Capana03g000548 在各个组织中均不表达, 这些差异可能是由植株种类及植物组织特异性所致<sup>[21]</sup>。辣椒 Capana03g004567 在根中的相对表达量较高, 其功能可能与拟南芥 *AtIAA14* 基因的功能相似, 促进拟南芥侧根的生长<sup>[22]</sup>。对辣椒种子、胎座与果肉的 RNA 进行 q-PCR 分析, 结果发现, Capana03g004568 和 Capana03g000244 在果肉和胎座中的表达呈持续下降的趋势, 与 Capana03g000310 的变化趋势相反; 在胎座和种子中基本检测不到 Capana06g001308 的表达信号, 在果肉中的相对表达量先升高再下降, 在果实发育后期不表达或弱表达。

本研究中, 在 ABA 胁迫下, 有 7 个基因的相对表达量低于对照, 表明 ABA 对其有负调控作用; 而基因 Capana00g002644 和 Capana01g001423 的相对表达量呈上调趋势, 且在 6 h 达到峰值, 说明这 2 个基因受 ABA 胁迫的正向调控, 也进一步说明辣椒 Aux/IAA 基因在响应 ABA 胁迫的过程中发挥着重要作用。辣椒 Aux/IAA 基因家族成员如何参与胁迫信号的传导、如何对激素的调控作出响应, 以及该家族中非规范基因是否影响自身的表达等还需作进一步研究。

参考文献:

[1] PAUL P, DHANDAPANI V, RAMENENI J J, et al.

- Genome-wide analysis and characterization of Aux/IAA family genes in *Brassica rapa*[J]. PLoS ONE, 2016, 11(4): e0151522.
- [2] SU L, AUDRAN C, BOUZAYEN M, et al. The Aux/IAA, SI-IAA17 regulates quality parameters over tomato fruit development[J]. Plant Signaling & Behavior, 2015, 10(11): e1071001.
- [3] 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.
- [4] 林伟强. 拟南芥 Aux/IAA 家族基因 IAA2 的反向遗传学功能研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2007.
- [5] 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.
- [6] 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.
- [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] 乔麟轶, 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.
- [9] 罗莎. Aux/IAA 家族转录因子 OsIAA9 对拟南芥生长素信号转导及根部生长发育的调控[D]. 长春: 东北师范大学, 2015.
- [10] 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.
- [11] OVERVOORDE P J, OKUSHIMA Y, ALONSO J M, et al. Functional genomic analysis of the AUXIN/INDOLE-3-ACETIC ACID gene family members in *Arabidopsis thaliana*[J]. Plant Cell, 2005, 17(12): 3282-3300.
- [12] 张战泓, 罗源华, 刘勇, 等. 一株光合细菌分离鉴定及其降解甲萘菊酯特性[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2009, 35(8): 417-419.
- [13] OONO Y, OOURA C, UCHIMIYA H. Expression pattern of *AUX/IAA* genes in the *iaa3/shy2-ID* mutant of *Arabidopsis thaliana* (L.)[J]. Annals of Botany, 2002, 89(1): 77-82.
- [14] SATO A, SASAKI S, MATSUZAKI J, et al. Light-dependent gravitropism and negative phototropism of inflorescence stems in a dominant *Aux/IAA* mutant of *Arabidopsis thaliana*, *axr2*[J]. Journal of Plant Research, 2014, 127(5): 627-639.
- [15] 郑忠凡, 张亚利, 胡灿, 等. 辣椒全基因组中 LBD 转录因子的鉴定与表达分析[J]. 园艺学报, 2016, 43(4): 683-694.
- [16] 王曦烨. 棉花 Aux/IAA 家族基因功能的初步探究[D]. 新乡: 河南师范大学, 2016.
- [17] 张亚利, 谢玲玲, 欧阳嫫, 等. 辣椒 VQ 基因家族的鉴定与低温胁迫下的表达分析[J]. 湖南中医药大学学报, 2016, 36(7): 11-19.
- [18] 赵艳, 瓮巧云, 马海莲, 等. 谷子 ARF 基因家族的鉴定与生物信息学分析[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(3): 547-554.
- [19] 王小非, 刘鑫, 苏玲, 等. 番茄 LBD 基因家族的全基因组序列鉴定及其进化和表达分析[J]. 中国农业科学, 2013, 46(12): 2501-2513.
- [20] 魏瑞敏, 谢玲玲, 欧阳嫫, 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.
- [21] SINGH V K, JAIN M. Genome-wide survey and comprehensive expression profiling of Aux/IAA gene family in chickpea and soybean[J]. Frontiers in Plant Science, 2015, 6: 1-15.
- [22] BASSA C, MILA I, BOUZAYEN M, et al. Phenotypes associated with down-regulation of SI-IAA27 support functional diversity among Aux/IAA family members in tomato[J]. Plant Cell Physiol, 2012, 53(9): 1583-1595.

责任编辑: 毛友纯  
英文编辑: 柳正