

# 白菜型油菜 *BraSAUR* 基因家族 鉴定及其表达分析

潘巧文<sup>1</sup>, 武军艳<sup>1</sup>, 马学才<sup>1</sup>, 王亚林<sup>1</sup>, 马 骊<sup>2</sup>, 徐新宇<sup>1</sup>,  
李 鹏<sup>1</sup>, 姚彦林<sup>1</sup>, 徐 芳<sup>1</sup>, 崔小茹<sup>3</sup>, 孙万仓<sup>1</sup>

(1. 甘肃农业大学农学院, 甘肃省油菜工程技术研究中心, 甘肃 兰州 730070; 2. 省部共建旱生境作物学  
国家重点实验室, 甘肃 兰州 730070; 3. 甘肃省农业技术推广总站, 甘肃 兰州 730070)

**摘 要:** *SAUR* (Small auxin-up RNA) 是生长素早期响应逆境胁迫的基因, 本文研究白菜型油菜全基因组中 *SAUR* 家族的信息, 分析了该家族成员的基本特征。以强抗寒性白菜型冬油菜品种陇油 7 号 (L7) 和弱抗寒性冬油菜品种陇 Lenox (X) 为试验材料, 采用低温和干旱处理, 应用荧光定量技术分析不同基因在不同品种中的表达特性, 筛选差异表达基因, 为研究生长素早期应答基因调控白菜型冬油菜生长点发育机理提供支撑。结果表明: 白菜型油菜的 *BraSAUR* 基因共有 142 个, 在 10 条染色体中不对称分布, 主要分布在 2、3 号染色体上, 基因长度较短, 且大多数基因没有内含子。qRT-PCR 结果表明, 低温处理后, 与 CK 相比, 在两个品种的叶片中, *Bra029452* 的表达量变化趋势不同, 24 h 时在 L7 中的表达量是 X 的 24 倍, 在生长点中, *Bra010501* 在 L7 中 24 h 时表达量达到 CK 的 4 倍, 而在 X 中是先增加后降低的趋势。模拟干旱胁迫后, *Bra029452* 在 L7 的叶片中的表达量均显著高于 CK, 在 X 中则是逐渐降低, 在 L7 的生长点中 1 h 和 24 h 表达量均高于 CK, 但在 X 中则表现为先降低后升高。低温胁迫和干旱胁迫条件下, *Bra029452* 基因表达量在强抗寒性油菜品种 L7 的叶片及生长点中均逐渐升高, 可推断该基因同时参与白菜型冬油菜耐受低温、干旱的调控过程。

**关键词:** *SAUR* 基因家族; 白菜型油菜; 鉴定; 低温和干旱胁迫; 表达模式

**中图分类号:** S565.4; Q37; Q945.78 **文献标志码:** A

## Identification and expression analysis of *BraSAUR* gene family in rapeseed (*Brassica rapa* L.)

PAN Qiaowen<sup>1</sup>, WU Junyan<sup>1</sup>, MA Xuecai<sup>1</sup>, WANG Yalin<sup>1</sup>, MA Li<sup>2</sup>, XU Xinyu<sup>1</sup>,  
LI Peng<sup>1</sup>, YAO Yanlin<sup>1</sup>, XU Fang<sup>1</sup>, CUI Xiaoru<sup>3</sup>, SUN Wancang<sup>1</sup>

(1. College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Gansu Oilseed rape Engineering Technology  
Research Center, Lanzhou, Gansu 730070, China; 2. State Key Laboratory of Aridland Crop Science,  
Lanzhou, Gansu 730070, China; 3. Gansu Agricultural Technology Extension  
Station, Lanzhou, Gansu 730070, China)

**Abstract:** *SAUR* (Small auxin-up RNA) is an early auxin response gene to stress. In this paper, we studied the information of *SAUR* family in the whole rapeseed genome (*Brassica rapa* L.) and analyzed the basic characteristics of the family members. Longyou 7 (L7) and Longlenox (X) were used as experimental materials with low temperature and drought stress treatments. The expression levels of different genes in different varieties were analyzed by fluorescence quantitative technique to provide support for the study of auxin early response gene regulation mechanism of winter rapeseed growing point. Results showed that a total of 142 *SAUR* genes were systematically identified from *Brassica rapa*, which were distributed on 10 chromosomes, mainly on chromosome 2 and 3 and divided into four groups according to the evolutionary tree relationship. The genes were short in length and most had

收稿日期:2021-12-03

修回日期:2022-06-10

基金项目:甘肃农业大学国家级大学生创新创业训练计划项目(202010733059);财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系(CARS-12)

作者简介:潘巧文(1996-),女,甘肃陇南人,硕士研究生,研究方向为农艺与种业。E-mail:2925711953@qq.com

通信作者:武军艳(1981-),女,甘肃平川人,副教授,硕士生导师,主要从事强冬性油菜品种改良研究。E-mail:94790094@qq.com

no introns. The results of qRT-PCR showed that after low temperature treatment, the expression of *Bra029452* in the leaves of two varieties had different trends compared with CK, and the expression of *Bra010501* in the leaves of L7 was 24 times more than that of X at 24 h. The expression of *Bra010501* in growing point of L7 was 4 times more than that of CK at 24 h, while in X was first increased and then decreased. Under low temperature stress and drought stress, *Bra029452* gene increased gradually in the leaves and growing points of L7, suggesting that *Bra029452* gene was involved in regulation of low temperature and drought tolerance of *Brassica rapa*.

**Keywords:** *SAUR* gene family; *Brassica rapa* L.; identification; low temperature and drought stress; expression pattern

在自然界中,生长素是人们发现的第一种植物激素,在调控植物发育并响应外界环境刺激时可以通过诱导生长素早期响应基因的快速高表达来促进植物的抗性;生长素早期的应答基因有 *Aux/IAA* (*Auxin/indole-acetic acids proteins*, *Aux/IAAs*)、*GH3* (*Gretchen Hagen 3*)和 *SAUR* (*Small auxin-up RNAs*)<sup>[1]</sup>。*SAUR* 是对生长素反应最快、最强烈、响应程度最大的植物特异性基因家族,它们可以在 2~5 min 内产生响应<sup>[2]</sup>。*SAUR* 基因大部分聚集分布在染色体上,一般没有内含子<sup>[3]</sup>,大多数在启动子区包含一个或多个生长素应答元件,编码的蛋白质分子量相对较小,生长素诱导后可以快速合成,从而对逆境胁迫做出响应<sup>[4]</sup>。

作为生长素早期响应基因之一,了解 *SAUR* 在植物发育中的作用具有重要意义。目前在拟南芥中检测到了 72 个 *SAUR* 基因,水稻<sup>[5]</sup>中有 58 个,葡萄<sup>[6]</sup>中有 64 个,白菜中有 143 个<sup>[7]</sup>。相关研究表明,白菜 *SAUR* 基因家族之间的分化扩增是导致大量基因重复的因素之一,而且已证实白菜 *SAUR* 基因间的表达模式存在较大差异,即这些基因的功能可能已经发生分化<sup>[8]</sup>。*SAUR* 的转录本主要存在于干细胞和根、茎中,可能作为信号分子以某种未知的方式在维持生长素水平、调节生长素运输和细胞扩张方面发挥重要作用,这使得探索 *SAUR* 整个基因家族的功能具有重要意义<sup>[9]</sup>。

油菜是甘肃省第一大油料作物,种植面积 18 万  $\text{hm}^2$  左右,由于生态环境多样、地域差异大,因此甘肃省冬、春油菜均有种植,其中冬油菜种植面积近 11 万  $\text{hm}^2$ <sup>[10]</sup>。白菜型冬油菜是甘肃省冬油菜产区的主要栽培类型,在越冬前,随着温度的降低,其叶片逐渐干枯,返青后在生长点(顶端分生组织)重新长出新叶完成其生殖生长<sup>[11]</sup>。植物生长素主要是在顶端分生组织中合成,之后被运输到植物体的各个部分<sup>[12]</sup>,在此过程中,*SAUR* 基因作为植物早期生长素响应基因家族,在生长素诱导的酸性生长中起

着核心作用<sup>[13]</sup>。因此,本研究鉴定了白菜型油菜的 *SAUR* 基因信息,通过转录组测序初步分析了其在白菜型冬油菜生长点的表达特性,筛选差异表达基因,比较不同胁迫处理下差异表达基因在白菜型冬油菜品种中的相对表达量,探究生长素早期应答基因调控白菜型冬油菜生长点发育的机理,旨在为后期研究白菜型油菜 *SAUR* 的功能奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

以甘肃农业大学提供的强抗寒性白菜型冬油菜品种陇油 7 号(L7)和弱抗寒性冬油菜品种陇 Lenox(X)为试验材料。

### 1.2 试验设计

**1.2.1 基因家族鉴定、理化性质及进化分析** 参照李婉雪等<sup>[14]</sup>的方法得到鉴定基因的相关信息。用 ExPasy ProtParam 软件预测 *SAUR* 家族成员的所有氨基酸序列、分子量、等电点及疏水性等。通过在线软件 Plant-mPLoc 对 *SAUR* 进行亚细胞定位预测。用 MEGA 7.0 绘制基因家族进化树。

**1.2.2 基因结构和氨基酸保守序列分析** 参照武军艳等<sup>[11]</sup>方法分析 *SAUR* 家族的保守基序,寻找 motif 的数量为 10、宽度在 15~41 个氨基酸之间。用基因结构显示服务器 GSDS 进行绘制。

**1.2.3 基因家族成员在染色体上的定位** 用 Map-Chatr 软件绘制基因位置与染色体位置。

**1.2.4 基因家族启动子区顺式作用元件分析** 提取白菜型油菜中鉴定到的 *SAUR* 基因编码区上游 1.5 kb 的序列,参照李珊等<sup>[15]</sup>的方法分析顺式作用元件,用 GSDS 绘图。

**1.2.5 基因家族同源关联分析** 参照马倩等<sup>[16]</sup>的方法进行共线分析。

**1.2.6 白菜型冬油菜 *SAUR* 基因家族表达模式分析** 挑选 L7 和 X 的干净、饱满种子,蒸馏水清洗除杂后,置于覆盖两层水浸滤纸的玻璃培养皿中,室温

下待其露白后选取健壮幼苗移栽至花盆中,在人工培养箱中培养(24℃,光照 12 h,黑暗 12 h),每个品种 10 盆,每盆 4 株幼苗,当幼苗生长至 3~5 叶期时进行胁迫处理。

(1)取长势均匀一致的 3 盆,转移至 4℃低温培养箱(光照 12 h,黑暗 12 h),分别于 0(CK)、3、24 h 取相同部位的生长点,每个处理 3 次生物学重复,用蒸馏水清洗、滤纸干燥,立即液氮冷冻后送至上海欧易生物有限公司进行转录组分析。

(2)低温胁迫:每个品种各取长势均匀一致的 3 盆,转移至 4℃低温培养箱(光照 12 h,黑暗 12 h),分别于 0(CK)、1、24 h 取样。PEG 模拟干旱胁迫:各品种挑选长势一致的 3 盆,从根部灌入 250 ml 20% PEG 营养液,分别于 0(CK)、1、24 h 取样。低温与干旱胁迫取样组织均为油菜叶片和生长点,每个处理 3 次生物学重复,用蒸馏水清洗、滤纸干燥,立即液氮冷冻,在-80℃冰箱中保存备用。

(3)RNA 提取:按照 Steady Pure 植物 RNA 提取试剂盒(AG21019)说明书方法提取,用 1%琼脂糖凝胶电泳检测。根据 TaKaRa-cDNA 第一链合成试剂盒(RR036A)进行反转录得到 cDNA,-20℃保存备用。以上两种试剂盒均购自天根生物科技有限公司。

(4)荧光定量引物设计:从鉴定获得的白菜型油菜 SAUR 基因家族的序列文件中提取 CDS 序列,通过 Primer 5.0 软件设计荧光定量特异性引物,由上海生工生物工程有限公司合成(表 1),参考基因为已报道的稳定表达的内参基因 Actin。

### 1.3 数据处理

用 Excel 和 SPSS 软件分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 *BraSAUR* 基因家族的鉴定和蛋白质理化性质分析

从白菜型油菜基因组中鉴定出 142 个 SAUR 基因,分别命名为 *BraSAUR001*~*BraSAUR142*。理化信息分析结果表明,该家族基因编码的蛋白质分子量从 6750.8 Da 到 23271.3 Da,蛋白质等电点从 4.58 (*Bra002330*)到 11.40 (*Bra029452*),其中 111 个蛋白质偏碱性,30 个偏酸性,1 个(*Bra012231*)为中性,可见,*BraSAUR* 基因编码的蛋白质大多数偏碱性,接近酸性蛋白质的 4 倍。脂肪族指数在 61.26~100.38 之间,表明脂肪链在蛋白质中所占比重高,均为脂溶性蛋白。疏水性预测得出大多数蛋白亲水性好,亲水蛋白是疏水蛋白的 6 倍。不稳定指数的预估结果表明,有 33 个蛋白在体外是稳定的,其他蛋白不稳定指数均大于 40。亚细胞定位预测表明,87 个家族成员位于细胞核内,48 个位于细胞质内,7 个位于叶绿体内。

### 2.2 *BraSAUR* 基因结构及系统进化树分析

142 个 *BraSAUR* 基因大多数的 cDNA 长度在 500 bp 以内。131 个不含有内含子,只有一个长度 500 bp 以内的外显子,90%的长度相近,比较保守;11 个基因有内含子。*BraSAUR* 基因分为 4 个亚家族(Group1~Group4):Group1(36 个)、Group2(14 个)、Group3(7 个)、Group4(85 个)(图 1,见 7 页)。各个亚家族基因的分化从刚开始的均匀对称分支,再到之后的偏向不均等分支分化。这种偏向可能与该物种在进化过程中经历的自然选择有关。

表 1 荧光定量引物序列

Table 1 Fluorescent quantitative primer sequence

基因 Gene	正向引物(5' to 3') Forward primer	反向引物(5' to 3') Reverse primer
<i>Bra029452</i>	GGAGCAAGCGGAGCGTGTTTC	AGTTCTCTTCTGCGGCAATGATC
<i>Bra011563</i>	TGGCTATTGCGATTGTCGCGGT	TCTCCGACGTAACCCGCAAC
<i>Bra008209</i>	ATGTACGGTTAGGACAGCTTGCTG	CCGAACCTTCTCCCGCTTGAAC
<i>Bra000497</i>	AAGGTCATGTTGCGGTGATAGCC	TGAGTGCTCCATCGTGATTGAACC
<i>Bra002131</i>	CAGCAGCAGCTTCTTCCACG	ACTCTCTCTACGTACACCCGC
<i>Bra010501</i>	GCAGCGTCTCAAGCAGCATCTC	TCAGCCAGTTGGAGGAGTGTCTG
<i>Bra015831</i>	ACATTGTGAGGCTGAGACAGATGC	CTCCGCCTGAACCAGAAGATTCC
<i>Bra020128</i>	TCAACACCAAGCCGAACCAACC	GCCGCATCCACCATCCATAGC
<i>Bra006430</i>	ACCTCATCGGCACCAAAAGG	GAGCTTGAACGAAGGTTGGC
<i>Bra033581</i>	TGCTACGACGAGGAAGGTCT	CTCCCATGTGGTGGAAACCCG
<i>Bra006577</i>	CTCGGAAGAAGCCACACTGTGC	CATCCACCATCCACTGCTGTAG
<i>Bra025981</i>	AGAACCACCACTCAAGCACC	TCCTGGAAAACGGGATGCTC
<i>Bra034651</i>	ACGATTACCTCCCCTCGAT	AGACCCATGTCTGGTGCAGAA
<i>Actin</i>	TGTGCCAATCTACGAGGGTTT	TTTCCCCTCTGCTGTTGT



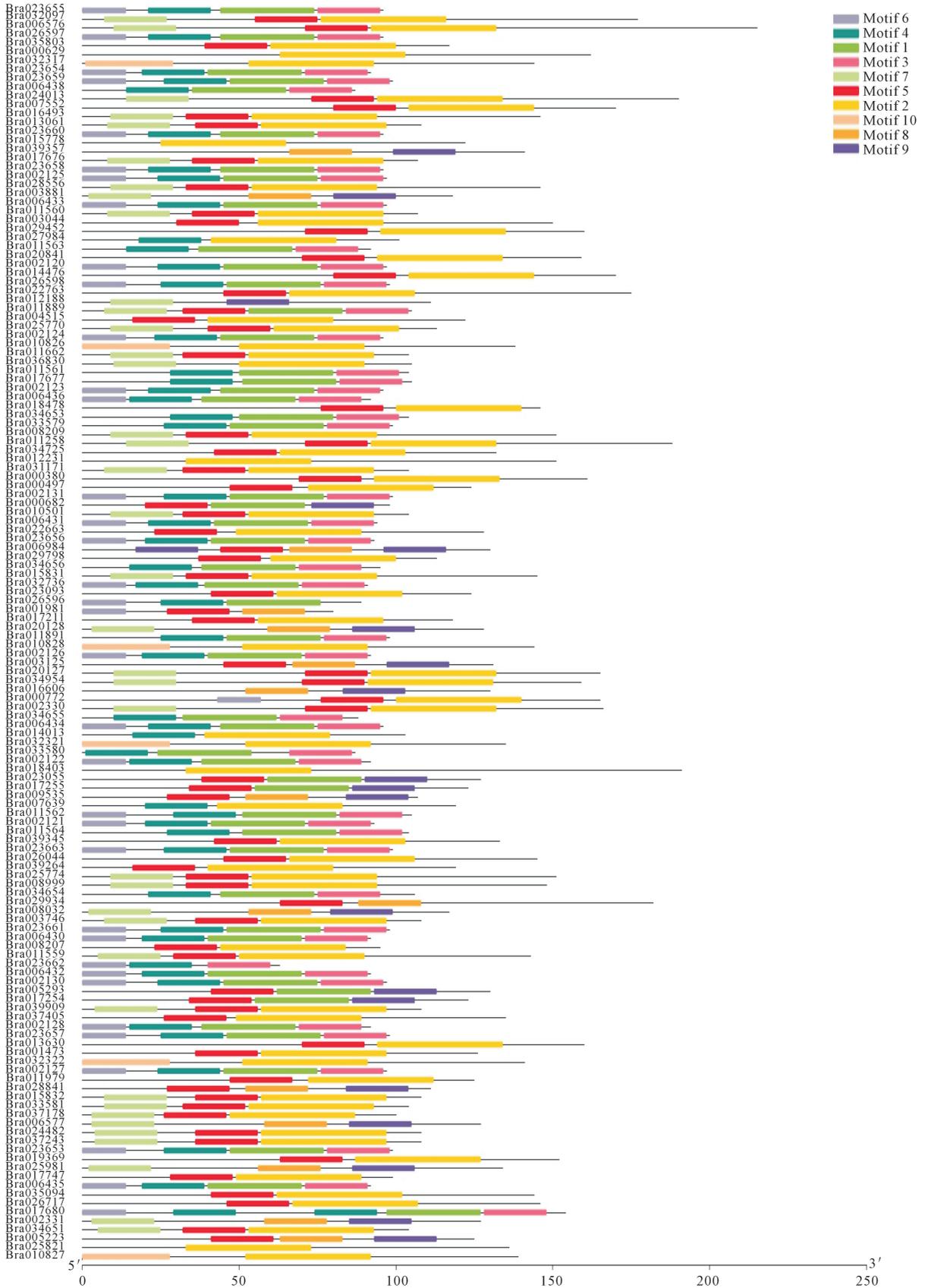


图 3 *BraSAUR* 家族基因编码蛋白保守 motif 序列

Fig.3 Conserved motif structure of proteins encoded by *BraSAUR* family genes

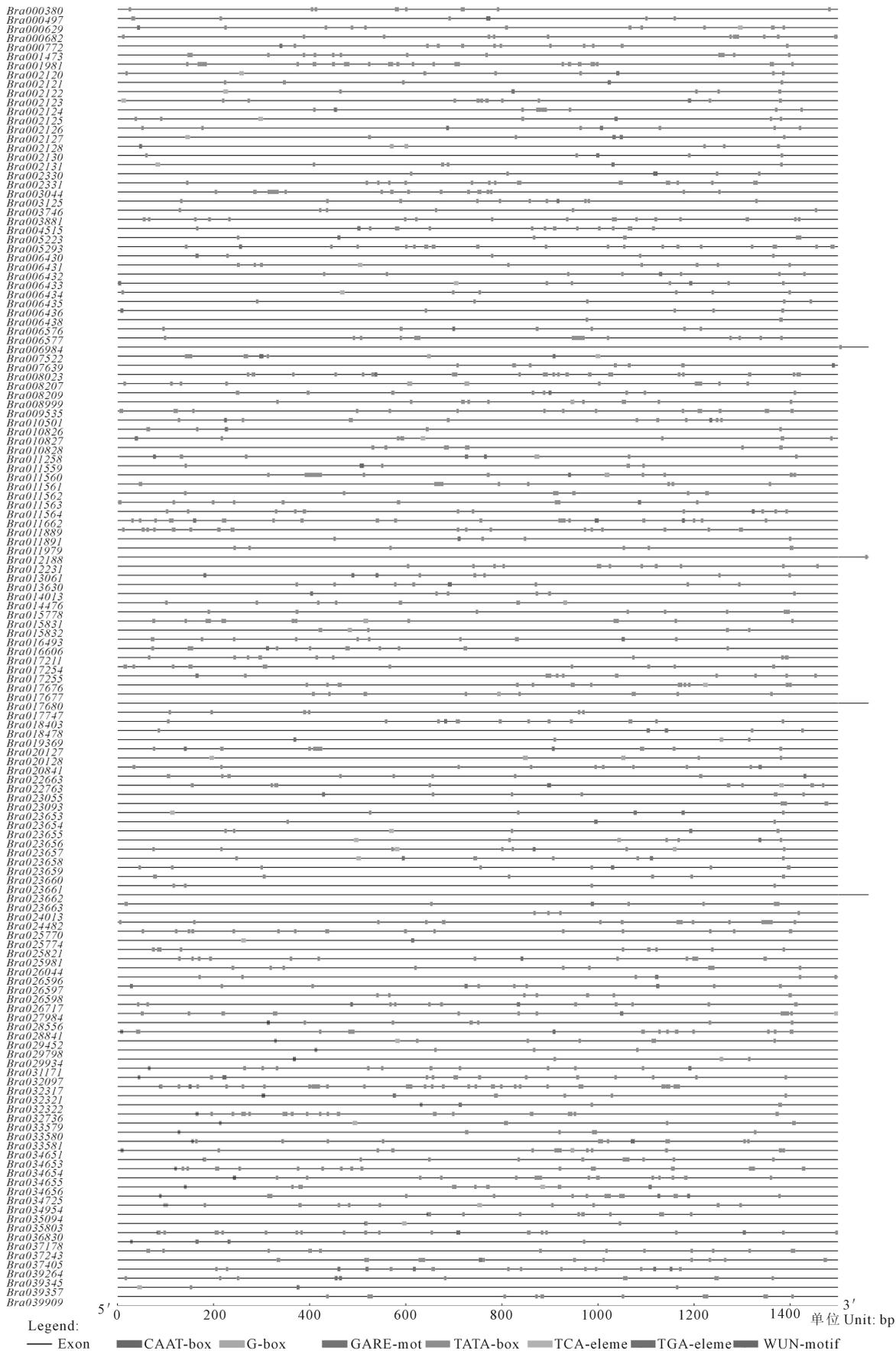


图 4 BraSAUR 家族基因启动子区顺式作用元件

Fig.4 Cis-acting elements in the promoter region of BraSAUR family gene

### 2.6 *BraSAUR* 基因家族成员同源复制分析

除了 A1 和 A8 染色体没有发现共线基因(图 5),其余 8 条染色体上的 26 个基因发生了 17 组共线关系,A3 染色体上 5 个基因发生了 7 条共线关系;相邻近染色体(A2、A5)和远端染色体(A9、A10)都存在串联重复,A3 (*BraO23055*) 与 A5

(*BraO05223*、*BraO05293*) 和 A9(*BraO06984*) 都有基因串联复制关系。A6 (*BraO24482*) 与 A7 (*BraO39909*) 和 A9(*BraO37243*) 存在两两复制。串联复制基因占基因家族的 20%,表明部分 *BraSAUR* 可能是基因关联复制产生,复制事件是基因家族扩张的重要方式之一。

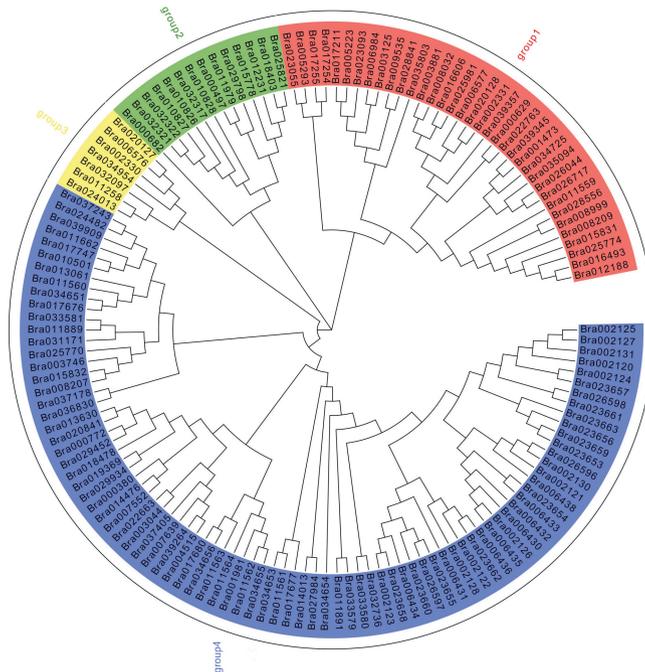


图 1 *BraSAUR* 基因家族成员的系统发育树

Fig.1 Phylogenetic tree of members of *BraSAUR* gene family

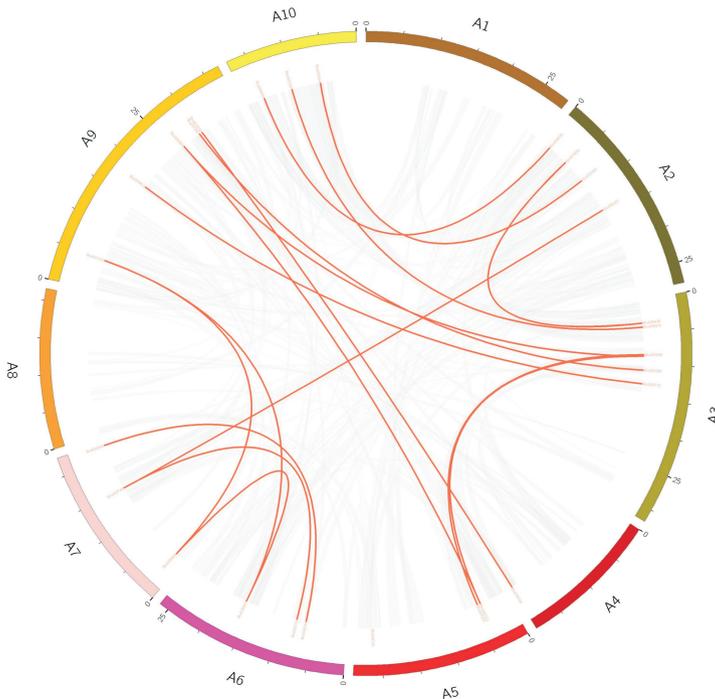


图 5 *BraSAUR* 基因家族成员间同源共线分析

Fig.5 Analysis of homology and collinearity among members of *BraSAUR* gene family

*BraSAUR* 基因与同科植物拟南芥同源基因有 80 个,在拟南芥 5 条染色体上都存在共线性关系(图 6,见 10 页)。其中拟南芥 4 号染色体上的基因与所有 *BraSAURs* 都有共线关联,共线的基因数目最多。

## 2.7 *BraSAURs* 表达模式分析

**2.7.1 *BraSAURs* 基因的转录分析** 为了研究 *BraSAURs* 基因在白菜型冬油菜中的低温响应,分析了它们在不同抗寒性品种生长点的转录表达情况。结果表明,84 个 *BraSAURs* 基因在两个品种中均不表达(图 7)。在强抗寒性品种 L7 中,*Bra017676* 和 *Bra033581* 在低温处理 3 h 时上调表达明显,在处理 24 h 时 *Bra034651*、*Bra006577* 和 *Bra020128* 等表达上调;*Bra025981*、*Bra016493* 等则随着低温处理时间的延长下调表达。在弱抗寒性品种 X 中,低温处理 3 h 时 *Bra026044* 和 *Bra000497* 表达上调,*Bra027984* 下调表达,处理 24 h 时 *Bra017680*、*Bra006430*、*Bra011563*、*Bra002131* 和 *Bra008209* 等下调表达(图 7)。挑选了 14 个差异表达显著的基因,其中上调表达基因 6 个(*Bra09452*、*Bra000497*、*Bra010501*、*Bra020128*、*Bra006577*、*Bra034651*),下调表达基因 8 个(*Bra011563*、*Bra008209*、*Bra002131*、*Bra015831*、*Bra00643*、*Bra025981*、*Bra017680*、*Bra033581*)做 qRT-PCR 验证。

**2.7.2 *BraSAURs* 基因在低温胁迫下的表达** 白菜型冬油菜在其整个生产过程中经常面临冷害和冻害的威胁。因此用抗寒性不同的油菜品种 L7 和 X,通过 4℃ 胁迫,取其叶片及生长点组织,分析选取的 14 个 *BraSAURs* 基因的相对表达量。

(1)在叶片中的表达。在强抗寒性品种 L7 中,1 h 有 5 个基因表达上调,至 24 h 有 13 个基因表达上调,且上调倍数较大(图 8)。在弱抗寒性品种 X 中,1 h 时 11 个基因表达上调,到 24 h 时 12 个基因表达量均低于对照。可见在 X 中 1 h 表达量高的基因数目多于 24 h,而在 L7 中却相反。在两个品种中,与对照相比 *Bra029452* 表达量差异最明显,在 24 h 时,L7 中的表达量是 X 的 24 倍。

(2)在生长点中的表达。生长点是冬油菜越冬的重要部位。低温胁迫后,在 L7 中各基因 1 h 的表达量均低于 24 h,而在 X 中,有 10 个基因 1 h 的表达量均高于 24 h(图 9);可见在弱抗寒性品种中基因表达对低温的反应更迅速。其中 *Bra029452*、*Bra011563*、*Bra010501* 和 *Bra033581* 在 L7 中 24 h 的表达量显著上调( $P < 0.05$ )。低温胁迫后 *Bra010501* 在两个品种中都高表达;在 L7 中是递增,到 24 h 时是对照的 4 倍,在 X 中是先增加后

降低。

### 2.7.3 *BraSAURs* 基因在 PEG 模拟干旱胁迫下的表达

(1)在叶片中的表达。随着胁迫时间的延长,*Bra002131*、*Bra010501*、*Bra015831* 和 *Bra006577* 在两个品种中的表达趋势相似(图 10);*Bra029452* 在 L7 中表达量逐渐增加,且与 CK 比较,1 h 和 24 h 均差异显著( $P < 0.05$ ),但在 X 中则是逐渐降低。*Bra020128* 则刚好相反,在 L7 中表达量逐渐降低,但在 X 中则是逐渐升高。

(2)在生长点中的表达。随着干旱胁迫时间的延长,有 11 个基因在两个品种中表达趋势相似(图 11)。*Bra029452* 在 L7 中表达量先升高然后降低,与 CK 比较,1 h 和 24 h 均差异显著( $P < 0.05$ ),但在 X 中则是先降低后升高。*Bra000497* 在 L7 中表达量逐渐降低,在 X 中则是逐渐升高。

## 3 讨论

随着全基因组测序的完成,拟南芥、水稻、马铃薯、玉米、桑树、葡萄及西瓜<sup>[13,17-21]</sup>中的 *SAUR* 基因家族均已鉴定。本研究从白菜型油菜全基因组中鉴定出 142 个 *SAUR* 基因,与其他已报道的物种相比,白菜型冬油菜中的 *SAUR* 基因数目偏多,说明白菜型冬油菜的 *SAUR* 基因在进化过程中经历了大量的基因扩张。白菜型冬油菜 *SAUR* 基因中 20% 的 *SAUR* 基因存在着串联重复与片段重复,这可能是由于白菜型油菜在几百万年以前发生了加倍事件,这种基因组加倍导致了 *SAUR* 基因家族的扩张分化<sup>[22]</sup>。

拟南芥中只有 1 个基因含有内含子<sup>[4]</sup>,水稻中所有 *SAUR* 基因都不含内含子<sup>[9]</sup>。玉米<sup>[18]</sup> 中 3 个基因、番茄<sup>[19]</sup> 中 3 个基因、马铃薯<sup>[13]</sup> 中 9 个基因、黄瓜<sup>[13]</sup> 中 6 个基因含有内含子。白菜型冬油菜的 *SAUR* 基因也存在这种现象,有 11 个基因存在内含子,占总家族数量的 7.74%,无内含子的基因占 92.26%;一般情况下无内含子的基因可变剪切的发生率往往很低<sup>[22]</sup>,因此 *SAUR* 家族基因的功能可能会相对保守一些。本研究中大多数基因至少存在一种激素响应元件,如赤霉素响应元件,说明该基因参与植物赤霉素调控的生理活动<sup>[23]</sup>。*BraSAUR* 家族包含特异的 80~120 个氨基酸组成的保守结构域,该结构域包含生长素超家族基因的重要组成成员,这种现象在马铃薯<sup>[13]</sup>、拟南芥<sup>[24]</sup>、水稻<sup>[9]</sup> 与玉米<sup>[25]</sup> 中也有报道。



注:红色表示正调控表达高,蓝色表示负调控表达高。下同。

Note: Red indicates high expression of positive regulation and blue indicates high expression of negative regulation. The same below.

图 7 转录组差异基因挑选

Fig.7 Selection of differential genes in transcriptome

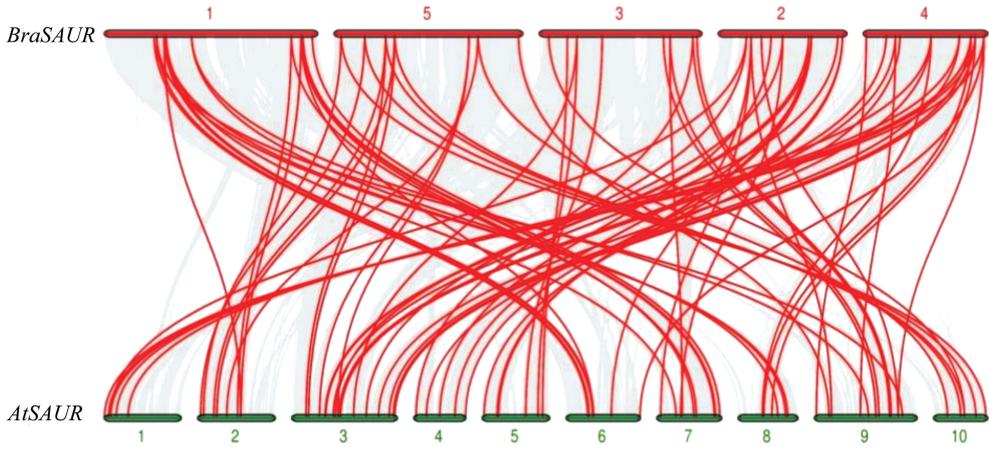


图 6 *BraSAUR* 基因与拟南芥 *AtSAUR* 基因同源共线分析

Fig.6 Analysis of homology and collinearity among *BraSAUR* and *AtSAUR*

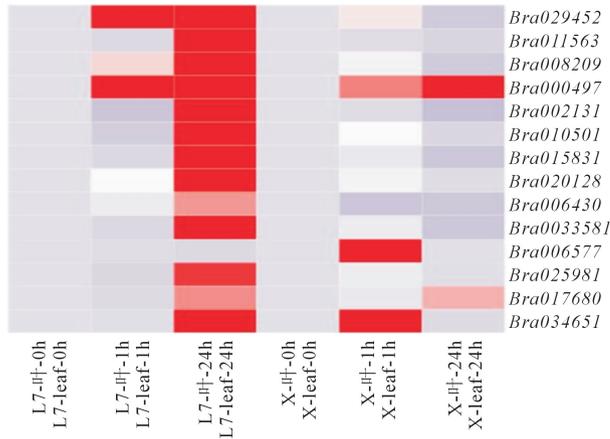


图 8 低温胁迫下 *BraSAURs* 基因在叶片中的相对表达量

Fig.8 Relative expression of *BraSAURs* gene in leaves under low temperature stress

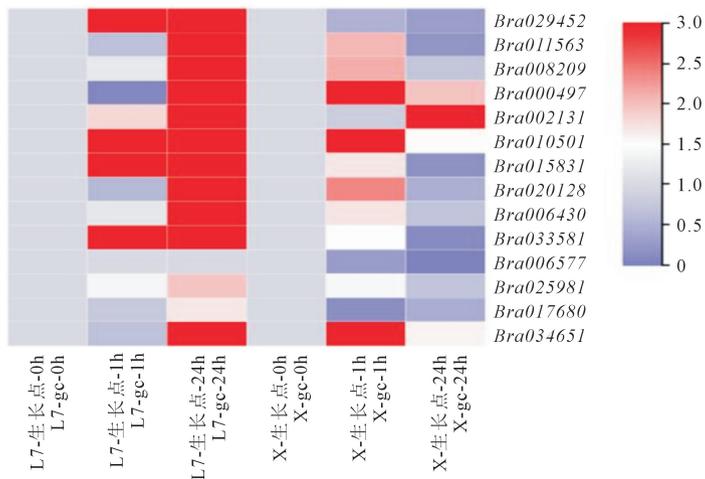


图 9 低温胁迫下 *BraSAURs* 基因在生长点中的相对表达量

Fig.9 Relative expression of *BraSAURs* gene in grow core(gc) under low temperature stress

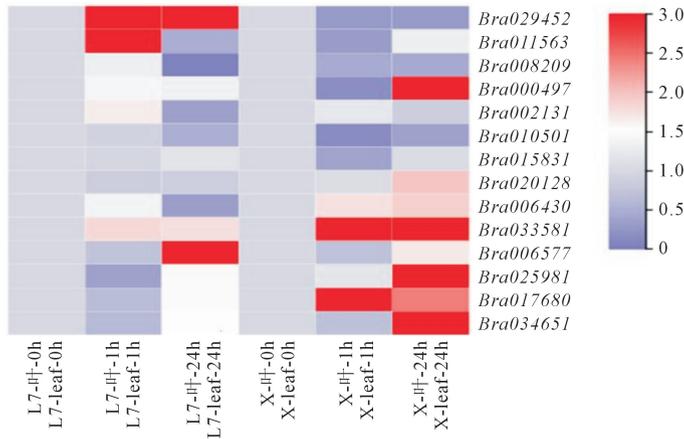


图 10 PEG 干旱胁迫下 *BraSAURs* 基因在叶片中的相对表达量

Fig.10 Relative expression of *BraSAURs* gene in leaves under PEG drought stress

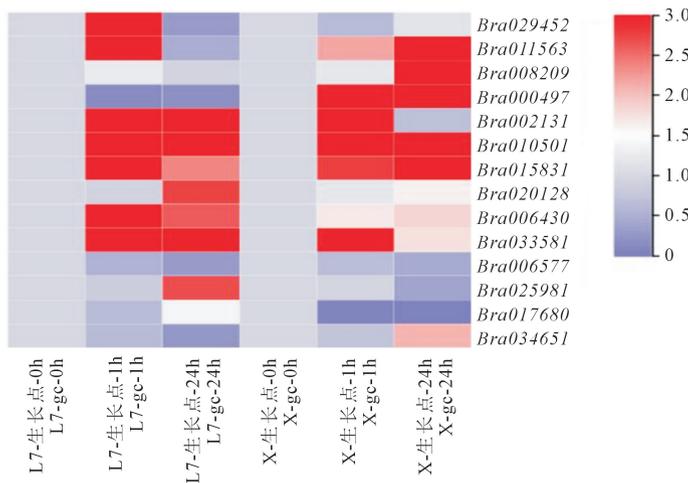


图 11 PEG 干旱胁迫下 *BraSAURs* 基因在生长点中的相对表达量

Fig.11 Relative expression of *BraSAURs* gene in grow core(gc) under PEG drought stress

本研究中低温胁迫后两个品种的不同组织有不同的响应,强抗寒性品种 L7 的叶片及生长点组织对低温均响应较慢,到胁迫 24 h 时基因表达呈现出显著变化;而弱抗寒性品种 X 的叶片和生长点组织对低温的响应均比较灵敏,1 h 时基因表达即发生显著变化,快速对胁迫做出响应,这与 Zeng 等<sup>[26]</sup>的研究结果相似。此外,在两个品种中均表现为胁迫后生长点组织中显著表达的基因数目多于叶片,这与赵玉红等<sup>[27]</sup>的研究结果有类似之处。这种现象可能与白菜型冬油菜的表型有关,强抗寒性品种 L7 下胚轴短,生长点凹陷、低于地表,叶片匍匐生长,而弱抗寒性品种 X 下胚轴长、生长点高于地表,叶片直立、半直立生长<sup>[28]</sup>。本研究发现低温胁迫后诱导表达的 *BraSAUR* 基因比干旱胁迫的多,且表达量高,说明在白菜型冬油菜中 *SAUR* 基因可能在应对低温胁迫中起主要作用。本研究中分别在低温

胁迫和干旱胁迫条件下,发现 *Bra029452* 基因表达在强抗寒性油菜品种 L7 的叶片及生长点中均逐渐升高(除在干旱胁迫条件下 L7 生长点中呈现先升高后降低的趋势外),可推断该基因同时参与白菜型冬油菜耐受低温、干旱的调控过程。因此,这个基因如何响应白菜型油菜的逆境胁迫可作为下一步的研究工作。

## 4 结 论

白菜型油菜有 142 个 *SAUR* 家族成员,在 10 条染色体上都有分布,呈现簇状分布,其中 3 号染色体上数量最多;其基因长度较短,只有 11 个基因有内含子。低温胁迫后,*BraSAUR* 基因在 X 中 1 h 表达量高的基因数目多于 24 h,而在 L7 中却相反,可见在弱抗寒性品种中其对低温的反应更迅速。干旱胁迫后,*Bra029452* 在两个品种的叶片及生长点中

均存在差异,在 L7 的叶片中表达量逐渐增加,但在 X 中则是逐渐降低;而在 L7 的生长点中表达量先升高后降低,在 X 中则是先降低后升高。低温胁迫后诱导表达的 *BraSAUR* 基因比干旱胁迫的多,且表达量高。

### 参考文献:

- [1] 司马晓娇,郑炳松.植物生长素原初响应基因 *Aux/IAA* 研究进展[J].浙江农林大学学报,2015,32(2):313-318.  
SIMA X J, ZHENG B S. Advances in primary auxin-responsive *Aux/IAA* gene family: a review[J]. Journal of Zhejiang A & F University, 2015, 32(2): 313-318.
- [2] 李真,熊国胜,王永红.生长素调控植物重力反应的分子机理研究[J].生命科学,2010,22(1):15-23.  
LI Z, XIONG G S, WANG Y H. Auxin actions in regulating plant gravitropism[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2010, 22(1): 15-23.
- [3] 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].Journal of Anhui Agricultural Science Bulletin,2008,14(7):36-39.  
LI Y N, FENG X, CHEN D Q. Regulation of ARF, *Aux/IAA* and Auxin receptor for gene expression [J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2008, 14(7): 36-39.
- [4] 朱宇斌,孔莹莹,王君晖.植物生长素响应基因 *SAUR* 的研究进展[J].生命科学,2014,26(4):407-413.  
ZHU Y B, KONG Y Y, WANG J H. Research advances in auxin-responsive *SAUR* genes[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2014, 26(4): 407-413.
- [5] 贾辰昊,张昊,全骁鹏,等.水稻 SAUR23 基因的生物信息学分析及其 CRISPR/Cas9 基因编辑载体的构建[J/OL].分子植物育种:1-12. (2021-06-23).<http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210622.1645.008.html>.  
JIA C H, ZHANG H, TONG X P. Bioinformatics analysis of SAUR23 gene in rice and construction of CRISPR/Cas9 gene editing vector[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 1-12. (2021-06-23).<http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20210622.1645.008.html>.
- [6] 李傲,崔梦杰,陈珂,等.葡萄 *SAUR* 基因家族鉴定与生物信息学分析[J].植物遗传资源学报,2018,19(2):326-337.  
LI A, CUI M J, CHEN K, et al. Identification and bioinformatics analysis of the *SAUR* gene family in grape[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(2): 326-337.
- [7] 赵敬会,王瑞雪,李荣冲,等.白菜 *SAUR* 基因家族的生物信息学分析[J].中国农学通报,2012,28(22):130-137.  
ZHAO J H, WANG R X, LI R C, et al. Bioinformatics analysis of *SAUR* gene family in *Brassica rapa* [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(22): 130-137.
- [8] HAGEN G, MARTIN G, LI Y, et al. Auxin-induced expression of the soybean GH3 promoter in transgenic tobacco plants[J]. Plant Molecular Biology, 1991, 17(3): 567-579.
- [9] JAIN M, TYAGI A K, KHURANA J P. Genome-wide analysis, evolutionary expansion, and expression of early auxin-responsive *SAUR* gene family in rice (*Oryza sativa*) [J]. Genomics, 2006, 88(3): 360-371.
- [10] 陈其鲜,崔小茹.甘肃油菜“一菜多用”技术应用现状问题及对策

- [J].农业科技与信息,2017(24):67-68,71.  
CHEN Q X, CUI X R. Application status and countermeasures of "one dish multi-purpose" technology in Gansu rape[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2017(24): 67-68, 68.
- [11] 武军艳,马骊,方彦,等.白菜型冬油菜 NCED3 基因、启动子的克隆及其表达分析[J].干旱地区农业研究,2020,38(5):64-70.  
WU J Y, MA L, FANG Y, et al. Gene and promoter cloning and gene expression analysis of NCED3 from winter rapeseed (*Brassica rapa* L.) [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2020, 38(5): 64-70.
- [12] 王家利,刘冬成,郭小丽,等.生长素合成途径的研究进展[J].植物学报,2012,47(3):292-301.  
WANG J L, LIU D C, GUO X L, et al. Research advances in auxin biosynthesis[J]. Bulletin of Botany, 2012, 47(3): 292-301.
- [13] ZHANG H, YU Z J, YAO X D, et al. Genome-wide identification and characterization of small auxin-up RNA (*SAUR*) gene family in plants: evolution and expression profiles during normal growth and stress response[J]. BMC Plant Biology, 2021, 21(1): 4.
- [14] 李婉雪,吕立堂,田时雨,等.茶树 CsADH 基因家族的鉴定和表达模式分析[J].分子植物育种,2022,20(1):93-104.  
LI W X, LYU L T, TIAN S Y, et al. Identification and expression pattern analysis of ADH gene family in *Camellia sinensis* (L.) [J]. Molecular Plant Breeding, 20(1): 93-104.
- [15] 李珊,刘永琪,朱垠豪,等.谷子 ZF-HD 基因家族的鉴定及生物信息学分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2021,41(5):13-25.  
LI S, LIU Y Q, ZHU Y H, et al. Identification and bioinformatics analysis of ZF-HD gene family in *Setaria italica* [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition), 2021, 41(5): 13-25.
- [16] 马倩,闫启,张正社,等.紫花苜蓿 CCoAOMT 基因家族的鉴定、进化及表达分析[J].草业学报,2021,30(11):144-156.  
MA Q, YAN Q, ZHANG Z S, et al. Identification, evolution and expression analysis of the CCoAOMT family genes in *Medicago sativa* [J]. Acta Prataculturae Sinica, 2021, 30(11): 144-156.
- [17] STORTENBEKER N, BEMER M. The *SAUR* gene family: the plant's toolbox for adaptation of growth and development [J]. Journal of Experimental Botany, 2019, 70(1): 17-27.
- [18] YUE R Q, TIE S G, SUN T, et al. Genome-wide identification and expression profiling analysis of ZmPIN, ZmPILS, ZmLAX and ZmABCBA auxin transporter gene families in maize (*Zea mays* L.) under various abiotic stresses [J]. PLoS One, 2015, 10(3): e0118751.
- [19] WU J, LIU S Y, HE Y J, et al. Genome-wide analysis of *SAUR* gene family in Solanaceae species [J]. Gene, 2012, 509(1): 38-50.
- [20] ZHANG T, JIANG B, XIE R X, et al. Genome-wide identification and analysis of *Medicago truncatula* small auxin upregulated RNA (*SAUR*) gene family uncover their roles in nodule formation [J]. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology, 2021, 30(1): 126-137.
- [21] ZHANG N, HUANG X, BAO Y N, et al. Genome-wide identification of *SAUR* genes in watermelon (*Citrullus lanatus*) [J]. Physiology and Molecular Biology of Plants, 2017, 23(3): 619-628.