

5 个大豆 AT-hook 基因 *GmAHLs* 的克隆与定位分析

张大勇^①, 戚维聪^①, 万 群, 刘 佳, 徐照龙, 黄益洪, 邵宏波^②

(江苏省农业科学院 农业资源与环境研究所 盐土农业研究中心, 江苏 南京 210014)

摘要: 从大豆 [*Glycine max* (Linn.) Merr.] 中克隆出 5 个 AT-hook 基因, 分别命名为 *GmAHL1*、*GmAHL2*、*GmAHL3*、*GmAHL4* 和 *GmAHL5*, 其中, *GmAHL5* 为 *GmAHL1* 的重复基因。序列分析结果表明: 5 个 *GmAHLs* 蛋白的 AT-hook 基序分别位于其氨基酸序列的 42~54、39~51、42~54、41~53 及 42~54 处, 且 *GmAHL1* 和 *GmAHL5* 蛋白的氨基酸序列相同。大豆 *GmAHLs* 蛋白和野大豆 (*G. soja* Sieb. et Zucc.) *GsAHLs* 蛋白与其他植物 H1 组蛋白的亲缘关系较远, 说明 *GmAHLs* 蛋白不属于 H1 组蛋白。*GmAHL1* 基因在所有检测的组织中均不表达; *GmAHL2* 基因主要在花、种子、叶片和根中表达; *GmAHL3* 基因主要在花、叶片、茎和根尖分生组织中表达, 在果荚中不表达, 但在根瘤中有表达; *GmAHL4* 基因在根瘤中高度表达, 在根、茎端分生组织、茎和果荚中也有较高表达; *GmAHL5* 基因主要在叶片、种子、根尖分生组织和花中表达。*GmAHL2* 基因在根中的表达受氨的诱导, *GmAHL3* 基因在根中的表达受硝酸盐、尿素和根瘤菌的抑制。亚细胞定位分析结果表明: 大豆 *GmAHLs* 蛋白定位于细胞核。研究结果显示: 大豆 *GmAHLs* 基因均非组成型表达基因, 其中 *GmAHL2*、*GmAHL3* 和 *GmAHL4* 基因的表达具有特异性, 且可被外源氮素和根瘤菌处理诱导或抑制。

关键词: 大豆; AT-hook 基因; *GmAHLs*; 克隆; 表达; 亚细胞定位

中图分类号: Q943.2; S565.1 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2017)04-0001-07

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2017.04.01

Cloning and localization analysis on five AT-hook genes *GmAHLs* from *Glycine max* ZHANG Dayong^①, QI Weicong^①, WAN Qun, LIU Jia, XU Zhaolong, HUANG Yihong, SHAO Hongbo^② (Salt-soil Agricultural Center, Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2017, 26(4): 1-7

Abstract: Five AT-hook genes were cloned from *Glycine max* (Linn.) Merr., which were named as *GmAHL1*, *GmAHL2*, *GmAHL3*, *GmAHL4*, and *GmAHL5*, respectively, in which, *GmAHL5* is duplicated gene of *GmAHL1*. The sequence analysis result shows that AT-hook motifs of five *GmAHLs* proteins are located in their amino acid sequences of 42-54, 39-51, 42-54, 41-53, and 42-54, respectively, and *GmAHL1* and *GmAHL5* proteins share the same amino acid sequence. There is a distant relationship between *GmAHLs* proteins from *G. max* and *GsAHLs* proteins from *G. soja* Sieb. et Zucc. with H1 histones from other species, meaning that *GmAHLs* proteins do not belong to H1 histones. *GmAHL1* gene doesn't express in all tissues tested; *GmAHL2* gene mainly expresses in flower, seed, leaf, and root; *GmAHL3* gene mainly expresses in flower, leaf, stem, and root tip meristem, does not in pod, but does in root nodule; *GmAHL4* gene highly expresses in root nodule, and also relatively highly does in root, shoot apical meristem, stem, and pod; *GmAHL5* gene mainly expresses in leaf, seed, root tip meristem, and flower. Expression of *GmAHL2* gene in root is induced by ammonia, while that of *GmAHL3* gene in root is inhibited by nitrate, urea, and rhizobia. The subcellular location analysis result shows that *GmAHLs* proteins from *G. max* are located in cell nucleus. It is suggested that *GmAHLs* genes from *G.*

收稿日期: 2017-08-03

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31600211); 江苏省农业三新工程项目[SXGC(2016)335]; 江苏省农业科技自主创新资金项目[CX(15)1005]

作者简介: 张大勇(1979—),男,山西汾阳人,博士,副研究员,主要从事大豆耐盐分子生物学方面的研究。
戚维聪(1981—),男,河北承德人,博士,助理研究员,主要从事植物抗逆方面的研究。

^①共同第一作者

^②通信作者 E-mail: shaohongbochu@126.com

max are nonconstitutive expression genes, in which, expressions of *GmAHL2*, *GmAHL3*, and *GmAHL4* genes have specificity and can be induced or suppressed by exogenous nitrogen and rhizobia.

Key words: *Glycine max* (Linn.) Merr.; AT-hook gene; *GmAHLs*; cloning; expression; subcellular location

AT-hook 蛋白是一类 DNA 结合蛋白,含有以精氨酸(Arg)-甘氨酸(Gly)-精氨酸(Arg)-脯氨酸(Pro)(RGRP)为核心的小基序,因此 AT-hook 基序也被称作 RGRP 基序^[1]。AT-hook 蛋白首先是在哺乳动物非组蛋白的染色体高移动群蛋白 HMG-1/Y 中被发现^[2],这类蛋白往往定位于细胞核,又被称为 AHL 蛋白(AT-hook motif nuclear localized protein)^[3]。目前,在拟南芥 [*Arabidopsis thaliana* (Linn.) Heynh.]、水稻 (*Oryza sativa* Linn.)、番茄 (*Solanum lycopersicum* Linn.)、大豆 [*Glycine max* (Linn.) Merr.] 和小麦 (*Triticum aestivum* Linn.) 等植物中也发现有 AT-hook 蛋白^[4],而且越来越多的 AT-hook 基因家族成员被鉴定出来,如拟南芥^[3]、水稻^[5]和番茄^[6]中分别含有 29、45 和 32 个成员。

AT-hook 蛋白家族不仅在植物生长发育、器官构建、逆境胁迫和激素信号应答中起重要作用,还可作为染色体结构和转录因子的辅助因子,调节基因的转录活性^[7-8]。*AHL27* 基因过量表达可降低叶片衰老基因的表达水平,提高叶片光合效率和叶绿素含量以延缓植物叶片的衰老^[9];而过量表达拟南芥 *AHL27* 基因可推迟拟南芥开花^[10-11]。说明 AHL27 蛋白在植物的营养生长过程中起重要作用,能够延缓营养生长向生殖生长的转化。丁丽雪等^[6]采用脱落酸、水杨酸、NaCl、高温和低温处理番茄幼苗,结果显示:32 个 AT-hook 基因受诱导表达,其中部分基因显著上调或下调表达,推测这些基因很可能参与了番茄逆境胁迫条件下的防御应答反应。大豆含有 AT-hook 基序的 GmHMG-I 蛋白可以与大豆根瘤素基因 *N23* 和质体蓝素基因的启动子相互作用^[12-13];也有研究认为,大豆的 HMG-A 相似蛋白 AT-1SNBP 能够结合到大豆谷氨酰胺合成酶基因 *GSI5* 的启动子上,作为结构蛋白维持该启动子的空间构象^[14]。

作者前期从大豆酵母双杂交文库中筛选到 1 个 *HMGB1* 基因,该基因编码的氨基酸序列中含有 AT-hook 基序。本研究从大豆中分离出 5 个 AT-hook 基因,分析其基因序列、蛋白质结构及基因的数字表达,并与野大豆 (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) 进行了序列

比较,还通过烟草 (*Nicotiana tabacum* Linn.) 表皮细胞进行了亚细胞定位,以系统研究大豆 AT-hook 基因及其编码蛋白。

1 材料和方法

1.1 材料

所用大豆品系 Willasm82、大肠杆菌 DH5 α 、农杆菌 GV3101、过表达载体 pMDC83 均由江苏省农业科学院盐土农业研究中心保存。载体 pGEM-T 购自 Promega 公司,载体构建所用的 KOD DNA 聚合酶、质粒提取试剂盒和琼脂糖凝胶回收试剂盒分别购自宝生物工程(大连)有限公司和天根生化科技(北京)有限公司。实验用引物合成和序列测定由南京金斯瑞生物科技有限公司完成。

1.2 基因克隆

PCR 体系含 cDNA 2.0 μL 、10 \times PCR 缓冲液 5.0 μL 、2.5 mmol \cdot L⁻¹ dNTPs 4.0 μL 、2 mmol \cdot L⁻¹ MgSO₄ 3.0 μL 、10 $\mu\text{mol} \cdot$ L⁻¹ 上游和下游引物各 1.5 μL 、KOD DNA 聚合酶 1.0 μL 、ddH₂O 补足至 50.0 μL 。扩增程序为:98 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;98 $^{\circ}\text{C}$ 变性 5 s、55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 10 s、68 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min,35 个循环;暂停程序,加入 1.0 μL KOD DNA 聚合酶,68 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。电泳检测后将 PCR 产物送交南京金斯瑞生物科技有限公司测序,获得目的基因序列,所用引物见表 1。

1.3 序列信息分析

利用 www.soybase.org 网站提供的数据库分析核实基因序列,利用 www.ncbi.nlm.nih.gov 网站的 BLASTp 程序分析目的蛋白的结构域和预测保守氨基酸,利用 Vector NTI 软件(美国 Invitrogen 公司)进行多重比对和系统进化树的构建。

1.4 基因数字表达分析

从公共数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>; <https://www.soybase.org/>; https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html#!info?alias=Org_Gmax) 下载共享的大豆不同组织的转录组测序原始数据(clean reads)。使用已得到的大豆基因 *GmAHL1*、*GmAHL2*、

表 1 大豆 *GmAHLs* 基因 PCR 扩增的引物序列

Table 1 Primer sequences used for PCR amplification of *GmAHLs* genes from *Glycine max* (Linn.) Merr.

引物	Primer	正向引物序列(5'→3')	Sequence of forward primer (5'→3')	反向引物序列(5'→3')	Sequence of reverse primer (5'→3')
P1		CACCATGATGGGCAAGAAGAAGCC		ACTGCTCTTTCTGGGTTTGCTTTTC	
P2		CACCATGATGGGTAAGAAGAAGCC		ACTACTCTTTCTGGGTTTGCTTTTC	
P3		CACCATGGGAAAAAGAAGCGCCA		AGTGCTTTTTCTGGGTTTGCTTT	
P4		CACCATGGGAAAAAGAATCGCCA		AGTGCTTTTTCTGGGTTTGCTTT	

GmAHL3、*GmAHL4* 和 *GmAHL5* 为参考序列, 使用短 reads 比对软件 SOAP2/SOAPaligner 将 clean reads 比对到参考序列上, 并利用 RPKM 法^[15] 计算基因在不同组织中的表达量。

1.5 亚细胞定位分析

设计 5' 端添加 CACC 的正向引物和 3' 端去除终止密码子的反向引物 (表 1), 利用 pENTR™/D-TOPO vector 将 *GmAHL1*、*GmAHL2*、*GmAHL3* 和 *GmAHL4* 基因置换到中间载体上, 利用 Gateway LR Clonase™ 试剂盒将目的基因置换到植物表达载体 pMDC83 上, 构建 pMDC83-*GmAHLs*-GFP, 然后测序验证。利用冻融法^[16] 将 pMDC83-*GmAHLs*-GFP 转化农杆菌 GV3101, 然后注射烟草表皮, 参照李晓君等^[17] 的方法, 25 °C 培养 24 h, 采用 ZEISS LSM510 Meta 激光共聚焦显微镜 (德国 ZEISS 公司) 观察 GFP 信号, 确定 *GmAHLs* 蛋白的亚细胞定位, 同时用 DAPI (4', 6-二

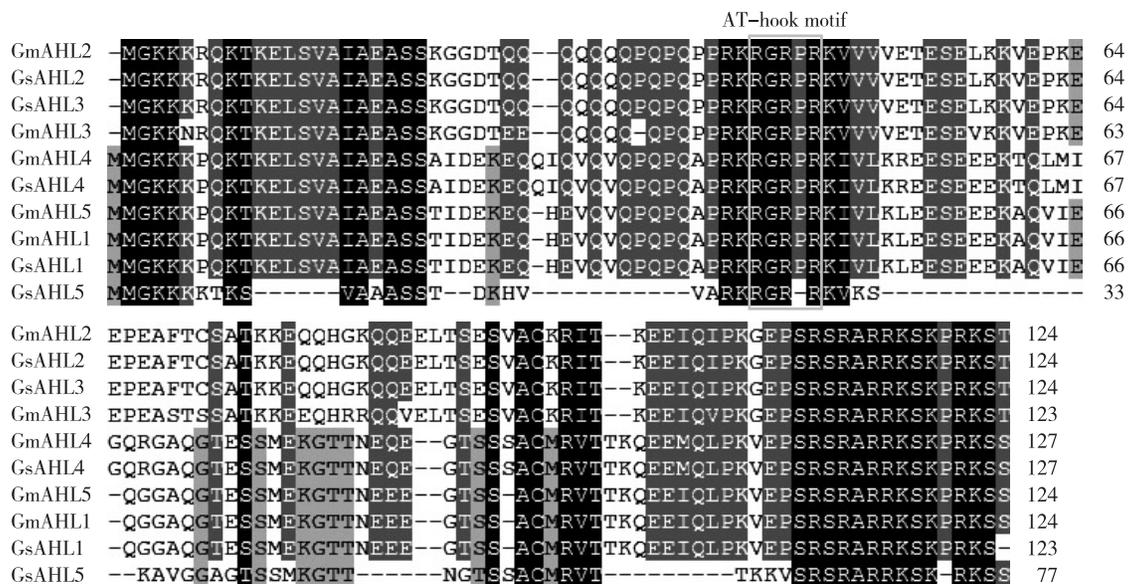
脒基-2-苯基吡啶) 进行细胞核荧光染色。

2 结果和分析

2.1 *GmAHLs* 基因的克隆与序列分析

从公共数据库 https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html#!info?alias=Org_Gmax 网站找到大豆中 5 个含有 AT-hook 基序的基因, 登陆号分别为 Glyma14g074800、Glyma04g032400、Glyma06g032300、Glyma14g075100 和 Glyma17g250300, 依次命名为 *GmAHL1*、*GmAHL2*、*GmAHL3*、*GmAHL4* 和 *GmAHL5*, 其中, *GmAHL5* 为 *GmAHL1* 的重复基因。序列分析结果显示: *GmAHL1* 基因包含 3 个内含子和 4 个外显子, 其余 4 个基因均无内含子。

对大豆 *GmAHLs* 蛋白与野大豆 *GsAHLs* 蛋白的氨基酸序列进行多重比对, 结果见图 1。大豆 *GmAHL1*、



GmAHL1, GmAHL2, GmAHL3, GmAHL4, GmAHL5: 大豆 *Glycine max* (Linn.) Merr.; GsAHL1, GsAHL2, GsAHL3, GsAHL4, GsAHL5: 野大豆 *G. soja* Sieb. et Zucc.

图 1 大豆 *GmAHLs* 蛋白与野大豆 *GsAHLs* 蛋白的氨基酸序列的多重比对结果

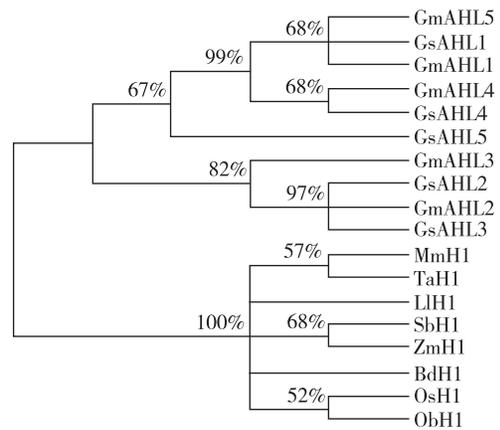
Fig. 1 Result of multiple alignment of amino acid sequences of *GmAHLs* proteins from *Glycine max* (Linn.) Merr. and *GsAHLs* proteins from *G. soja* Sieb. et Zucc.

GmAHL2、GmAHL3、GmAHL4 和 GmAHL5 蛋白的 AT-hook 基序分别位于其氨基酸序列的 42~54、39~51、42~54、41~53 及 42~54 处,且 GmAHL1 和 GmAHL5 蛋白的氨基酸序列完全一致。对大豆 GmAHL 蛋白与野大豆 GsAHL 蛋白的氨基酸序列进行比较,在 C 端 GsAHL1 蛋白的氨基酸序列较 GmAHL1 蛋白少了 1 个氨基酸 S, GmAHL2 蛋白与 GsAHL2 蛋白,以及 GmAHL4 蛋白与 GsAHL4 蛋白的氨基酸序列完全一致, GmAHL3 蛋白与 GsAHL3 蛋白的氨基酸序列有 3 个氨基酸存在差异; GmAHL5 蛋白与 GsAHL5 蛋白的氨基酸序列差异较大,且 GsAHL5 蛋白氨基酸序列的 RGRP 基序缺少 1 个 P。

将大豆 GmAHLs 蛋白与含有 AT-hook 基序的其他植物的 H1 组蛋白进行系统树进化分析,结果见图 2。大豆 GmAHLs 蛋白和野大豆 GsAHLs 蛋白与其他植物 H1 组蛋白的亲缘关系较远,表明尽管大豆 GmAHLs 蛋白均为 AT-hook 蛋白,但不属于 H1 组蛋白。

2.2 GmAHLs 基因的数字表达分析

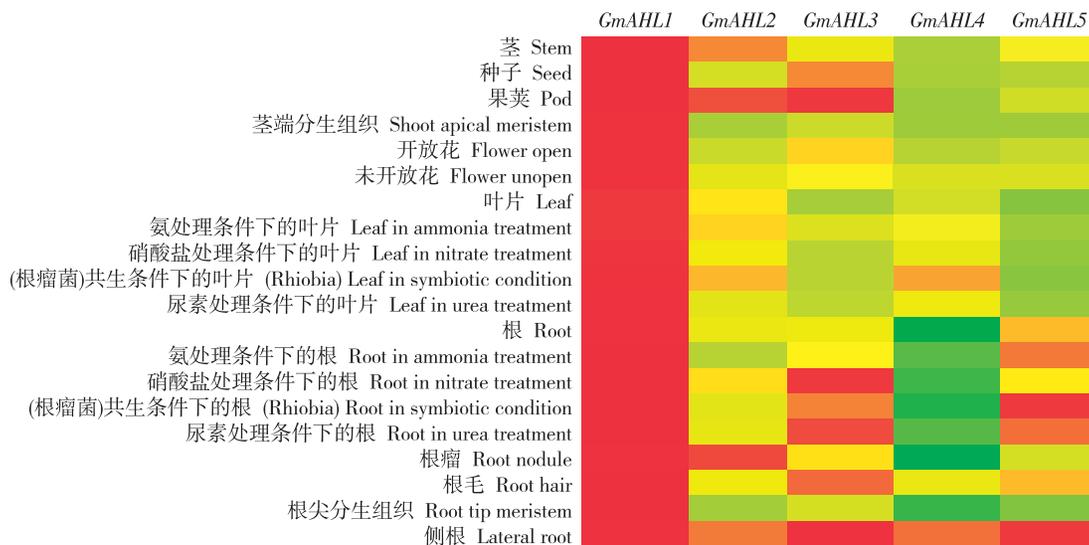
大豆 GmAHLs 基因在不同组织中的数字表达结果见图 3。由图 3 可见: GmAHL1 基因在所有检测的大豆组织中均不表达; GmAHL2 基因主要在花、种子、叶片和根中表达,其在根中的表达受氨的诱导; GmAHL3 基因主要在花、叶片、茎和根尖分生组织中



分支上的数据表示 bootstrap 百分比 Datums above the branches indicate percentage of bootstrap. GmAHL1, GmAHL2, GmAHL3, GmAHL4, GmAHL5: 大豆 *Glycine max* (Linn.) Merr.; GsAHL1, GsAHL2, GsAHL3, GsAHL4, GsAHL5: 野大豆 *G. soja* Sieb. et Zucc.; MmH1: *Musa acuminata* subsp. *malaccensis* (Ridl.) N. W. Simmonds; TaH1: 小麦 *Triticum aestivum* Linn.; LIH1: 麝香百合 *Lilium longiflorum* Thunb.; SbH1: 高粱 *Sorghum bicolor* (Linn.) Moench; ZmH1: 玉米 *Zea mays* Linn.; BdH1: 二穗短柄草 *Brachypodium distachyon* (Linn.) P. Beauv.; OsH1: 水稻 *Oryza sativa* Linn.; ObH1: *Oryza brachyantha* A. Chev. et Roehrich.

图 2 大豆 GmAHLs 蛋白与其他植物 H1 组蛋白的 NJ 系统树
Fig. 2 NJ phylogenetic tree of GmAHLs proteins from *Glycine max* (Linn.) Merr. and H1 histones from other species

表达,在种子中表达量较低,在果荚中不表达,其根部的表达受硝酸盐、尿素和根瘤菌的抑制,但在根瘤中有表达; GmAHL4 基因在根瘤中高度表达,根、茎端分



红色—黄色—绿色表示基因表达量从 0 到最大 Red-green-yellow means that the expression of gene increasing from zero to the maximum.

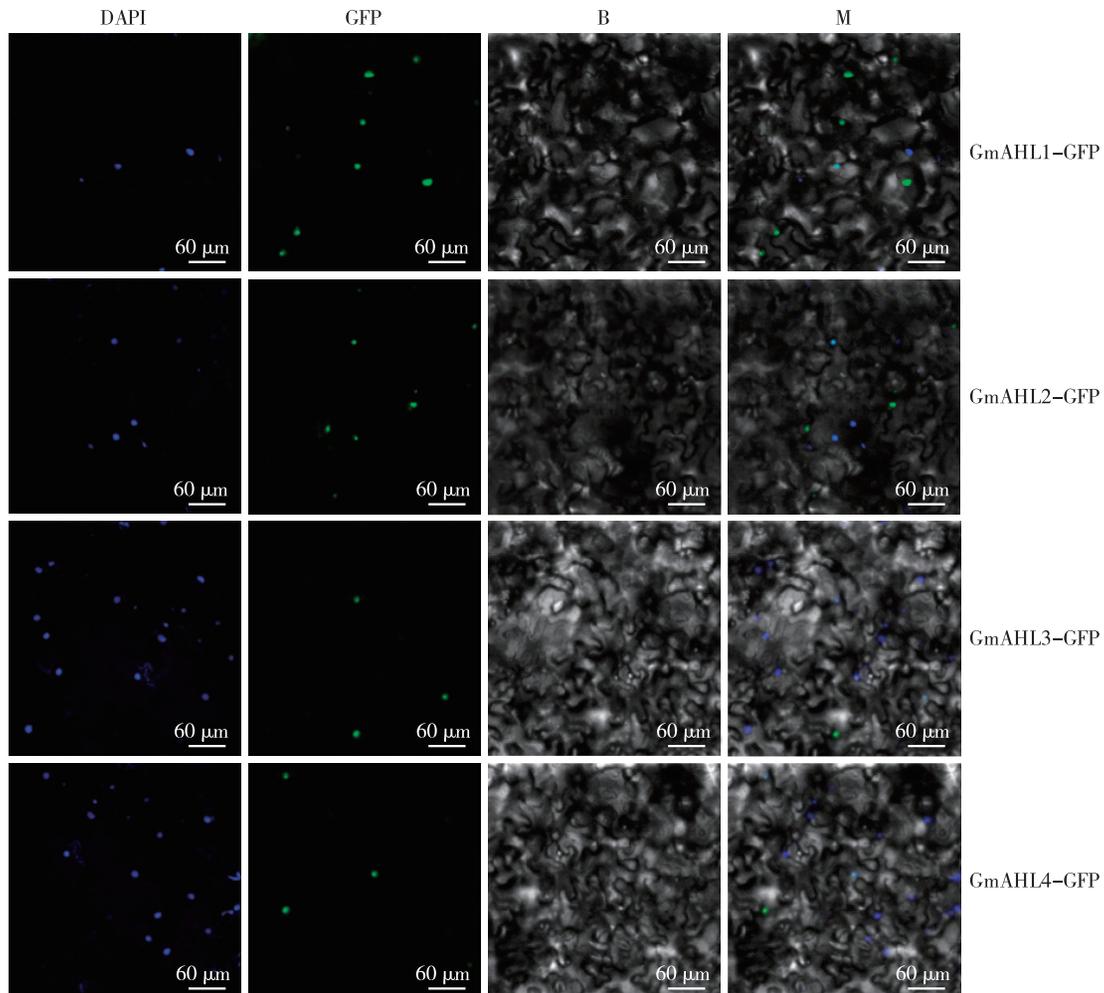
图 3 大豆 GmAHLs 基因在不同组织中的数字表达
Fig. 3 Digital expression of GmAHLs genes from *Glycine max* (Linn.) Merr. in different tissues

生组织、茎和果荚中也有较高表达;*GmAHL5* 基因主要在叶片、种子、根尖分生组织和花中表达。

2.3 *GmAHLs* 蛋白的亚细胞定位分析

由于 *GmAHL1* 和 *GmAHL5* 蛋白具有完全相同的氨基酸序列,因此,用含有 *pMDC83-GmAHL1-GFP*、

pMDC83-GmAHL2-GFP、*pMDC83-GmAHL3-GFP* 和 *pMDC83-GmAHL4-GFP* 的 GV3101 农杆菌注射烟草叶片表皮后,发现 4 个 *GmAHLs* 蛋白的 GFP 标记与经过 DAPI 染色的细胞核很好地融合在一起(图 4),表明这 4 个 *GmAHLs* 蛋白全部定位于细胞核。



DAPI: 4',6-二脒基-2-苯基吲哚(细胞核荧光染色) 4',6-diamidino-2-phenylindole (cell nuclear fluorescent staining); GFP: 绿色荧光蛋白 Green fluorescent protein; B: 明场 Bright; M: 融合 Merge; *GmAHL1-GFP*, *GmAHL2-GFP*, *GmAHL3-GFP*, *GmAHL4-GFP*: 分别为 *GmAHL1*、*GmAHL2*、*GmAHL3* 和 *GmAHL4* 蛋白与 GFP 的融合蛋白 Merged proteins of *GmAHL1*, *GmAHL2*, *GmAHL3*, and *GmAHL4* proteins with GFP, respectively.

图 4 大豆 *GmAHLs* 蛋白在烟草叶片表皮细胞的亚细胞定位

Fig. 4 Subcellular localization of *GmAHLs* proteins from *Glycine max* (Linn.) Merr. in epidermal cells of *Nicotiana tabacum* Linn. leaf

3 讨 论

目前,*AHLs* 基因在所有测序完成的植物中普遍存在,从单细胞的苔藓到单子叶和双子叶植物,如拟南芥、水稻、高粱[*Sorghum bicolor* (Linn.) Moench]和

杨树(*Populus* spp.)等^[18],这种在进化过程中的高度保守性表明 *AHL* 基因家族在植物的生长发育过程中起重要作用。根据 *AHL* 蛋白序列中保守核心氨基酸基序 Arg(R)-Gly(G)-Arg(R) 侧翼序列氨基酸的特征,尤其是 C 端序列, *AHL* 蛋白可以分为 2 个类型: I 型的 C 端为 Gly(G)-Ser(S)-Lys(K)-Asn(N)-

Lys(K); II型的C端为 Arg(R)-Lys(K)-Tyr(Y)-X(任意氨基酸)^[4]。Aravind等^[19]则将AHL蛋白分为3类: I型AHL蛋白的RGRP基序下游第2位置为Gly(G); II型AHL蛋白的RGRP基序下游第2位置为Lys(K); III型AHL蛋白的RGRP基序下游第4位置为Lys(K)。本研究克隆的大豆*GmAHLs*基因编码的氨基酸序列仅含有1个保守的RGRP基序,且RGRP下游第2位氨基酸均为K,属于II型AHL蛋白。与*Musa acuminata* subsp. *malaccensis* (Ridl.) N. W. Simmonds、小麦、麝香百合(*Lilium longiflorum* Thunb.)、高粱、玉米(*Zea mays* Linn.)、二穗短柄草〔*Brachypodium distachyon* (Linn.) P. Beauv.〕、水稻和*Oryza brachyantha* A. Chev. et Roehrich H1组蛋白的聚类分析结果显示:大豆*GmAHLs*蛋白与上述植物H1组蛋白分为2类,表明大豆*GmAHLs*蛋白不属于H1组蛋白,推测可能属于非组蛋白类型,用于结合DNA与组蛋白共同构成核染色质,进而组装成染色体。

丁丽雪等^[6]利用实时荧光定量PCR技术对番茄32个植株的AT-hook基因进行组织表达分析,认为该类基因在根和花中表达较高;拟南芥*AHL22*基因过表达表现出开花延迟和胚轴伸长受抑制表型^[20];而Jin等^[21]认为,AT-hook蛋白对于水稻的内稃形成和花器官发育是必需的,且AT-hook蛋白对植物花的发育存在较大影响。作者对数据库中现有表达数据的分析认为,大豆AT-hook基因(*GmAHL1*除外)在各组织中均有不同程度的表达,并且在根部表达受外界生物和非生物胁迫的诱导。

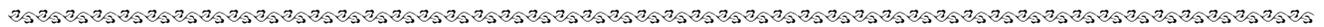
AHL蛋白含有4个保守的RGRP残基^[2],这个短的保守氨基酸序列对AHL蛋白结合DNA和细胞核定位是必需的^[19,22]。本研究获得的4个大豆*GmAHLs*蛋白均含有保守的RGRP基序,这对其定位于细胞核起到重要作用。Fujimoto等^[3]研究表明:陆生植物的AHL蛋白在C端含有PPC结构域,通常含有LRS、GRFEIL和FTPH3类基序之一,PPC结构域负责AHL蛋白的核定位和与其他蛋白相互作用,大豆*GmAHLs*蛋白在C端没有类似的PPC基序,而本研究通过烟草注射的方法发现大豆的*GmAHLs*蛋白全部定位于细胞核,暗示RGRP基序可能对*GmAHLs*蛋白的亚细胞定位起着至关重要的作用,然而,对于该类基因在大豆植株生长发育和应答外界胁迫的功能和机制仍然需要进一步研究。

本研究首次报道并克隆了大豆中编码AT-hook蛋白的*GmAHLs*基因,并对这些基因在大豆不同组织的表达以及*GmAHLs*蛋白的亚细胞定位进行系统研究,为今后该类基因在大豆中的研究奠定了基础。

参考文献:

- [1] CHURCHILL M E, TRAVERS A A. Protein motifs that recognize structural features of DNA [J]. Trends in Biochemical Sciences, 1991, 16(3): 92-97.
- [2] ECKNER R, BIRNSTIEL M L. Cloning of cDNAs coding for human HMG I and HMG Y proteins; both are capable of binding to the octamer sequence motif [J]. Nucleic Acids Research, 1989, 17(15): 5947-5959.
- [3] FUJIMOTO S, MATSUNAGA S, YONEMURA M, et al. Identification of a novel plant MAR DNA binding protein localized on chromosomal surfaces [J]. Plant Molecular Biology, 2004, 56(2): 225-239.
- [4] ZHAO J, FAVERO D S, PENG H, et al. *Arabidopsis thaliana* AHL family modulates hypocotyl growth redundantly by interacting with each other via the PPC/DUF296 domain [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2013, 110(48): 4688-4697.
- [5] 张贵慰, 曾珏, 郭维, 等. 水稻AT-hook基因家族生物信息学分析[J]. 植物学报, 2014, 49(1): 49-62.
- [6] 丁丽雪, 李涛, 李植良, 等. 番茄AT-hook基因家族的鉴定及胁迫条件下的表达分析[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(2): 303-315.
- [7] REDDY M C, CHRISTENSEN J, VASQUEZ K M. Interplay between human high mobility group protein 1 and replication protein A on psoralen-cross-linked DNA [J]. Biochemistry, 2005, 44(11): 4188-4195.
- [8] BURIAN J, RAMÓN-GARCÍA S, SWEET G, et al. The mycobacterial transcriptional regulator *whiB7* gene links redox homeostasis and intrinsic antibiotic resistance [J]. The Journal of Biological Chemistry, 2012, 287(1): 299-310.
- [9] LIM P O, KIM Y, BREEZE E, et al. Overexpression of a chromatin architecture-controlling AT-hook protein extends leaf longevity and increases the post-harvest storage life of plants [J]. The Plant Journal, 2007, 52(6): 1140-1153.
- [10] WEIGEL D, AHN J H, BLÁZQUEZ M A, et al. Activation tagging in *Arabidopsis* [J]. Plant Physiology, 2000, 122(4): 1003-1013.
- [11] 肖朝文, 陈福祿, 傅永福. AT-hook基因*AHL27*过量表达延迟拟南芥开花[J]. 中国农业科技导报, 2009, 11(4): 89-94.
- [12] JACOBSEN K, LAURSEN N B, JENSEN E Ø, et al. HMG I-like proteins from leaf and nodule nuclei interact with different AT motifs in soybean nodulin promoters [J]. The Plant Cell, 1990, 2(1): 85-94.
- [13] WEBSTER C I, PACKMAN L C, GRAY J C. HMG-1 enhances HMG-I/Y binding to an A/T-rich enhancer element from the pea

- plastocyanin gene [J]. *European Journal of Biochemistry*, 2001, 268(11): 3154-3162.
- [14] REISDORF-CREN M, CARRAYOL E, TERCÉ-LAFORGUE T, et al. A novel HMG A-like protein binds differentially to the AT-rich regions located in the far distal and proximal parts of a soybean glutamine synthetase gene (*GS15*) promoter [J]. *Plant and Cell Physiology*, 2002, 43(9): 1006-1016.
- [15] 王 曦,汪小我,王立坤,等. 新一代高通量RNA 测序数据的处理与分析[J]. *生物化学与生物物理进展*, 2010, 37(8): 834-846.
- [16] 余云舟,杜 娟,王 罡,等. 重组质粒导入根瘤农杆菌冻融法的研究[J]. *吉林农业大学学报*, 2003, 25(3): 257-259, 262.
- [17] 李晓君,王绍梅,谢艳兰,等. 农杆菌渗透法转化烟草条件的优化[J]. *江苏农业科学*, 2014, 42(9): 45-47.
- [18] ZHAO J, FAVERO D S, QIU J, et al. Insights into the evolution and diversification of the *AT-hook Motif Nuclear Localized* gene family in land plants [J]. *BMC Plant Biology*, 2014, 14(1): 266.
- [19] ARAVIND L, LANDSMAN D. AT-hook motifs identified in a wide variety of DNA-binding proteins [J]. *Nucleic Acids Research*, 1998, 26(19): 4413-4421.
- [20] XIAO C, CHEN F, YU X, et al. Over-expression of an AT-hook gene, *AHL22*, delays flowering and inhibits the elongation of the hypocotyl in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant Molecular Biology*, 2009, 71(1/2): 39-50.
- [21] JIN Y, LUO Q, TONG H, et al. An AT-hook gene is required for palea formation and floral organ number control in rice [J]. *Developmental Biology*, 2011, 359(2): 277-288.
- [22] DO H J, SONG H, YANG H M, et al. Identification of multiple nuclear localization signals in murine Elf3, an ETS transcription factor [J]. *FEBS Letters*, 2006, 580(7): 1865-1871.
- (责任编辑:张明霞)



欢迎订阅 2018 年《生态与农村环境学报》

《生态与农村环境学报》系国家环境保护部主管、环境保护部南京环境科学研究所主办的全国性学术期刊,是《中文核心期刊要目总览》入编期刊、中国科学引文数据库(CSCD)核心期刊、中国学术期刊评价研究报告(RCCSE)核心期刊、中国科技论文统计源期刊(中国科技核心期刊),被中国科技论文与引文数据库(CSTPCD)、中文社会科学引文索引(CSSCI)、中国学术期刊综合评价数据库(CAJCED)、中国期刊全文数据库(CJFD)、中国核心期刊(遴选)数据库、CA、CABI、BA、BP、BD、UPD、GeoBase、ZR、EM、Scopus、AGRIS、中国农业文摘、中国生物学文摘、中国学术期刊文摘及地球与环境科学信息网(EES)等国内外重要刊库和网站收录。系全国优秀环境科技期刊、江苏省优秀期刊及中国期刊协会赠建全国百家期刊阅览室指定赠送期刊。

本刊宗旨:及时报道生态与农村环境保护领域创新性研究成果等。主要栏目:研究报告、研究简报、研究方法、专论与综述及学术讨论与建议等。主要内容:1)区域环境与发展,包括生态环境变化与全球环境影响、区域生态环境风险评价、环境规划与管理及区域生态经济与生态安全等;2)自然保护与

生态,包括自然资源保护与利用、生物多样性与外来物种入侵、转基因生物环境安全与监控、生态保护、生态工程与生态修复、有机农业与农业生态及气候变化与生态响应等;3)污染控制与修复,包括污染控制原理与技术、土壤污染与修复、水环境污染与修复、大气污染防控、农业废物综合利用与资源化、农用化学品风险评价与监控及化学品环境与健康等。主要读者对象:从事生态学、环境科学、农学、林学、地学和资源科学等研究、教学和生产的科技人员,相关专业的高等院校师生以及各级决策与管理人员。

本刊为月刊,每月25日出版,A4开本,每期96页,每期定价25.00元,全年定价300.00元,国内外公开发售。全国各地邮局均可订阅,国内邮发代号28-114;国外由中国国际图书贸易总公司(北京399信箱)负责发行,国外发行代号Q5688。如漏订,可向本刊编辑部补订。编辑部地址:江苏省南京市蒋王庙街8号(邮编210042);电话:025-85287092,85287601,85287036,85287052,85287053;网址: <http://www.ere.ac.cn>;E-mail: ere@vip.163.com, bjb@nies.org。

欢迎订阅! 欢迎投稿!