

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01608

两个与盐和赤霉病菌胁迫相关的小麦糖基转移酶基因的克隆与表达

林凡云, 陆琼娴, 徐剑宏, 史建荣

江苏省农业科学院食品质量安全与检测研究所, 南京 210014

摘要: 在植物体内, 糖基转移酶通过参与多种物质的糖基化而在植物抗逆境方面起着重要作用。为了解小麦糖基转移酶基因响应病原菌和盐胁迫的分子机制, 文章分离了两个小麦糖基转移酶基因(*TaUGT1*, *TaUGT2*)。这两个基因均编码 496 个氨基酸, cDNA 序列相似性为 90%。它们均含有一个内含子, 分别为 335 bp(*TaUGT1*)和 324 bp(*TaUGT2*)。序列比对分析表明, *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 与尿苷二磷酸葡萄糖醛酸/尿苷二磷酸葡萄糖转移酶(UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl transferase)基因同源性最高, 且都含有 PSPG(Putative secondary plant glycosyltransferase)保守结构域。Real-time PCR 表达分析显示, *TaUGT1* 受赤霉病菌抑制表达, 而 *TaUGT2* 受赤霉病菌诱导表达; 在高浓度 NaCl 胁迫下, *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 的相对表达量分别为对照的 2.87 及 4.56 倍, 差异达到极显著水平。以上结果表明, *TaUGT2* 可能与小麦赤霉病抗性有关, 而 *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 可能共同参与了小麦对盐胁迫的响应。

关键词: 小麦; 糖基转移酶; 表达分析

Cloning and expression analysis of two salt and *Fusarium graminearum* stress associated UDP-glucosyltransferases genes in wheat

LIN Fan-Yun, LU Qiong-Xian, XU Jian-Hong, SHI Jian-Rong

Institute of Food Safety Research and Inspection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China

Abstract: Glycosyltransferases (GTs) play important roles in stress responses of plants by glycosylating hormones and secondary metabolites. UDP-glucosyltransferases (UGTs), which use UDP-glucuronic acid in animals, UDP-glucose, UDP-galactose, and UDP-rhamnose in plant as sugar donors, belong to family 1 of GTs. As a secondary metabolite produced by *Fusarium graminearum* during infection of grains, deoxynivalenol (DON) is not only harmful to human and animal's health by inhibiting protein synthesis, but also acts as a virulence factor during fungal pathogenesis. In order to study expression profile of UGT genes in wheat, two UGTs, designated *TaUGT1* and *TaUGT2*, were isolated from bread wheat

收稿日期: 2008-04-11; 修回日期: 2008-05-18

基金项目: 江苏省农科院博士后基金项目(编号: 6510610), 公益性行业(农业)科研专项(编号: nyhyzx07-048)和江苏省六大人才高峰 A 类资助项目(编号: 2004A12)[Supported by Postdoctoral Fund of Jiangsu Academy of Agricultural Sciences(No.6510610); National Department Public Benefit Research Foundation (No. nyhyzx07-048) and "Six Great Talents" Research Foundation (A-type) of Jiangsu Province (No.2004A12)]

作者简介: 林凡云(1975-), 女, 吉林省白山人, 博士, 现在江苏省农科院从事博士后研究, 研究方向: 植物与病原互作。

E-mail: Lin_fanyun@163.com

通讯作者: 史建荣(1963-), 男, 浙江省慈溪人, 博士, 研究员, 研究方向: 真菌毒素与植物病害控制。Tel: 025-84392001; E-mail: shiji@jaas.ac.cn

(*Triticum aestivum* L.) by reverse transcriptase-polymerase chain reaction. The genomic sequences of both genes had one intron. Their coding sequences shared 91% and 90% similarities at nucleic acid level and the deduced protein sequence level. The analysis of conserved domain revealed that these two cDNAs encoded UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl transferase with PSPG (Putative secondary plant glycosyltransferase) domain. Real-time PCR was carried out to detect the expression profiles of the two UGTs in wheat under various stress conditions. In young spikes infected by *Fusarium graminearum*, *TaUGT2* was induced but *TaUGT1* was repressed. These two genes were upregulated under higher NaCl concentration. In conclusion, *TaUGT2* may participate in wheat resistance to *Fusarium* head blight in which mycotoxin DON plays a role, and these two genes might be involved in responses of wheat to salt stress.

Keywords: wheat; glycosyltransferases; gene expression

在生物体内, 多种化合物的生物合成都需要经过包括糖基化、羟基化及甲基化等在内的多种修饰而保证细胞内物质的动态平衡^[1]。糖基化是指在糖基转移酶(Glycosyltransferases, GTs, EC 2.4.x.y)的作用下, 通过将供体糖基转移至受体分子以调节受体活性。所以, 糖基转移酶在生物体内起着非常重要的生物学作用^[2,3]。在植物中, 糖基转移酶除了对一些次级代谢产物进行修饰外, 还有更为重要的功能, 例如, 光合同化物需要在糖基转移酶催化下才能转化为二糖、寡糖和多糖^[4]。

按照序列相似性、催化的底物及产物的高级结构, 糖基转移酶基因被分成了 90 个基因家族(<http://afmb.cnrs-mrs.fr/CAZY>)。尿苷二磷酸糖基转移酶(UDP-glycosyltransferases, UGTs)属于糖基转移酶家族中的家族 1(Family 1)。在哺乳动物中, UGTs 催化的反应通常是以 UDP-葡萄糖醛酸(UDP-glucuronic acid)为糖基供体; 而在植物中 UGTs 催化的反应主要以 UDP-葡萄糖(UDP-glucose)为供体, 同时, 也有一些 UGTs 催化的反应以 UDP-半乳糖(UDP-galactose)、UDP-鼠李糖(UDP-rhamnose)为供体^[2,5]。在植物中, UGTs 基因是一个很大的基因家族。目前, 在拟南芥中共发现 120 个 UGTs 基因(其中包括 8 个可能的假基因), 在蒺藜苜蓿(*Medicago truncatula*)中预测有 164 个 UGTs 基因, 而水稻中有 193 个^[6-8]。

UGTs 可能是通过糖基化激素和次级代谢产物而参与了植物对生物及非生物胁迫的抗性过程^[9,10]。脱氧雪腐镰刀菌烯醇(Deoxynivalenol, DON)是禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum* Schw.)侵染小麦后产生的多种单端孢霉烯族毒素(Trichothecenes)中的主要毒素。DON 能严重危害人、畜的健康, 也被认为是小麦赤霉菌侵染过程中的毒性因子^[11,12]。Poppenberger 等^[13]利用一个对 DON 敏感

的酵母 ABC 转运蛋白突变株对拟南芥 cDNA 文库进行筛选时分离到一个 UGT 基因(*DOG1*, UGT73C5), 该基因编码的蛋白能将 UDP-glucose 的葡萄糖基转移到 DON 分子 C3 位置的羟基上, 而使其毒性降低; 同时, 它还可以降低 15-A-DON 的毒性, 过量表达该基因提高了拟南芥对 DON 的抗性。Lemmens 等^[14]利用一个来源于 ‘CM-82036’ 与 ‘Remus’ 的双单倍体系(Double haploid lines)对小麦的 DON 抗性进行了基因定位, 发现小麦对 DON 抗性的主要位点与小麦赤霉病抗性的主效 QTL 位点 *Qfhs.ndsu-3BS* 紧密连锁, 且在抗性材料中, DON 被转化成了 DON-3-O-glucoside 的形式。据此, Lemmens 等^[14]推测, *Qfhs.ndsu-3BS* QTL 位点可能有一个 DON-糖基转移酶基因或调控这样一个基因的表达。此外, 在我们构建的抑制差减杂交文库中, 也发现一条 UGT 基因的 EST(EX745940)在赤霉病抗、感材料中差异表达。因此, 我们推测糖基转移酶基因在小麦对赤霉病的抗性中可能起着重要的作用。为了研究小麦 UGT 基因与小麦赤霉病抗性、盐胁迫抗性的关系, 我们从小麦中分离了两个与拟南芥 *DOG1* 同源的糖基转移酶基因, 并用 Real-time PCR 检测了两个基因的表达情况, 为进一步对小麦糖基转移酶基因进行功能研究提供了理论基础。

1 材料和方法

1.1 材料培养与处理

以苏麦 3 号为实验材料, 温室种植, 常规管理。在抽穗期, 采用单小花针接种法将本实验室分离的赤霉菌株(83F-96)接种于幼穗上, 对照接种水, 并喷雾保湿。接种后于 8 h、24 h、36 h 及 48 h 取幼穗置于 -70℃ 冰箱保存备用。

苏麦 3 号种子经 30% H_2O_2 消毒后, 在育苗盘里发苗。待幼苗长至两叶一心时, 转入 1 L 营养钵中, 用全营养液培养(参照 An 等^[15])。温室条件为光照 $300 \mu\text{mol}/\text{m}^2\text{s}^{-1}$ 左右, 温度 23 /18 (白天/晚上), 湿度 40%~60%, 光周期 8 h/16 h(光照/黑暗)。培养一周后, 开始盐处理: 新换的营养液中分别含有 100 mmol/L、150 mmol/L 及 500 mmol/L 的 NaCl, 3 h 后取第二片叶子保存于 -70 °C 冰箱备用。

1.2 方法

1.2.1 RNA 提取与 cDNA 合成

用 Trizol(天根生化, 北京)提取小麦幼穗及叶片总 RNA, 并用 DNase (Promega, USA)进行处理。总 RNA 纯化后进行 cDNA 的合成, cDNA 第一链的合成采用 M-MLV(Promega, USA)按照说明书进行。取等量的各个接种时期的幼穗 cDNA 进行混合用于基因的扩增。

1.2.2 引物设计及合成

用文献[13]报道的拟南芥糖基转移酶基因(*DOGT1*, *UGT73C5*)序列和水稻糖基转移酶基因序列(AP002523)与 NCBI 中的小麦 EST 序列进行比对, 得到了两个分别与拟南芥 *DOGT1* 基因核酸序列的 5' 及 3' 同源性较高的小麦 Unigene(Ta.61511, Ta.57888)。分别依据这两个 Unigene 的拼接序列设计了两条正向引物 UGT-F1(5'-ATCAGCCATGACCTTCGC-3')和 UGT-F2(5'-GCTTGACAGACTCCACTAG-3'), 及一条反向引物 UGT-R(5'-CAAGTGAGAGCGTAACCATC-3'), 引物由上海博尚公司合成。

1.2.3 小麦糖基转移酶基因 cDNA 及基因组序列的分离与分析

用两条正向引物与反向引物组合分别对苏麦 3 号基因组 DNA 及接种幼穗的混合 cDNA 进行扩增, 回收目的片段, 连接在 pGM-T 载体(天根生化, 北京)上, 转化大肠杆菌 Top10 感受态细胞, 挑取阳性克隆测序。用 DNAMAN(5.2.2)进行序列分析。蛋白分子量与等电点预测工具为 Compute pI/Mw tool (http://us.expasy.org/tools/pi_tool.html), 亚细胞定位程序为 WoLF PSORT(<http://wolfpsort.org/>)。

1.2.4 实时荧光定量 PCR 分析

利用荧光定量 PCR 对两个基因在赤霉病菌及盐胁迫下的表达情况进行了分析。根据分离到的 *TaUGTs* 序列设计两对特异引物, 分别为:

TaUGT1 F: 5'-CGCAAGAGGAAACAAGGCG-T3', *TaUGT1* R: 5'-CCCAGTCCCAGTTCAACAAG-T-3'; *TaUGT2* F: 5'-CGAGGAGCGTGTCAAAGATAG-3'; *TaUGT2* R: 5'-CCACAGTGCCTCACAAT-CC-3'。内参为小麦 *GAPDH*(Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase)基因, 其中正向引物为 5'-TTAG-ACTTGCGAAGCCAGCA-3', 反向引物为 5'-AAATGCCCTTGAGGTTTCCC-3'。

实时荧光定量 PCR 采用 SYBR Premix Ex *Taq*TM 试剂盒(TaKaRa, 大连)进行, 每个反应进行 3 个重复。25 μL 反应体系包括: SYBR Premix Ex *Taq*TM ($2\times$) 12.5 μL , PCR Forward Primer(10 $\mu\text{mol/L}$) 0.5 μL , PCR Reverse Primer(10 $\mu\text{mol/L}$) 0.5 μL , cDNA 模板 2 μL , 灭菌蒸馏水 9.5 μL 。反应程序采用两步法 PCR: 95 °C 预变性 10 s, 再进行 40 个循环的 95 °C 10 s, 60 °C 30 s。反应程序在 Eppendorf(德国)的 Mastercycler®ep realplex 仪器上进行。

实验结果的计算采用 Livak 等^[16]的方法, 计算公式为: $2^{-\Delta\Delta\text{Ct}}$, 其中: $\Delta\Delta\text{Ct}=[(\text{样品 Ct}-\text{样品内参 Ct})-(\text{对照 Ct}-\text{对照内参 Ct})]$, Ct 为 PCR 扩增过程中荧光信号强度达到阈值所需要的循环数。采用 SPSS for windows (11.5) 进行数据统计分析。

2 结果与分析

2.1 小麦糖基转移酶基因的克隆与序列分析

利用 RT-PCR 技术从苏麦 3 号幼穗混合 cDNA 中分离到了两条糖基转移酶基因序列, 分别命名为 *TaUGT1*(EU552210)和 *TaUGT2*(EU568801)。这两个基因 cDNA 序列有 91% 相似性, 均含有一个 1 488 bp 的读码框, 编码 496 个氨基酸。以苏麦 3 号基因组 DNA 为模板也获得了 *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 的基因组序列, 长度分别为 2 062 bp(*TaUGT1*)和 2 090 bp(*TaUGT2*), 序列相似性达 90%。与 cDNA 序列比对显示, 这两个基因都只有一个内含子, 分别为 335 bp(*TaUGT1*)及 324 bp(*TaUGT2*)。蛋白预测显示, *TaUGT1* 编码蛋白的等电点为 5.12, 分子量为 54.88 kDa, *TaUGT2* 编码蛋白的等电点为 5.32, 分子量为 55.09 kDa。利用在线定位软件 WoLF PSORT(<http://wolfpsort.org/>)进行预测分析, 两个基因都被定位于叶绿体中。

序列比对结果显示, *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 推测的编码蛋白都含有 COG1819 和 UDPGT 结构域(图 1),

含有这两个结构域的蛋白均属于尿苷二磷酸葡萄糖醛酸/尿苷二磷酸葡萄糖转移酶(UDP-glucuronosyl

and UDP-glucosyl transferase), 说明 *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 可能均具有糖基转移酶的作用。

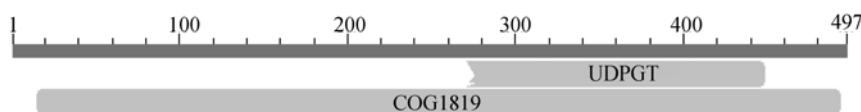


图 1 *TaUGTs* 结构域分析

Fig. 1 Conservative domain analysis of *TaUGT*

2.2 *TaUGTs* 与其他植物 UTG 蛋白的比较分析

利用 DNAMAN(5.2.2)软件对来源于小麦、水稻 (*Oryza sativa*, BAB17061)、拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*, M_129235)、蒺藜状苜蓿 (*Medicago truncatula*, ABI94020)、烟草 (*Nicotiana tabacum*, AB176522)及甜叶菊 (*Stevia rebaudiana*, AAR06917)的 UGT 蛋白序列进行了多重比较分析(图 2), 可以看出不同物种糖基转移酶的保守性比较低。而在小麦、水稻、拟南芥、蒺藜状苜蓿、烟草和甜叶菊糖基转移酶蛋白的 C 端都存在一个由 44 个氨基酸组成的保守序列, 这段序列被称为 PSPG (Putative secondary plant glycosyltransferase) 结构域, 这一结构域的氨基酸序列为 WAPQVELAAHPAVGCFVTHCGWNSTLSEISAGVP MVAWPFFADQ。该结构域是植物中参与次级代谢产物糖基化的糖基转移酶的信号模块(Signature motif)^[17], 说明所克隆的小麦糖基转移酶基因编码的蛋白可能与植物次级代谢产物的修饰有关。

不同植物 UGTs 蛋白序列的系统进化树显示, 单子叶植物的 UGTs 与双子叶植物的 UGTs 聚为两类(图 3)。小麦 UGTs 与水稻的同源性最高(76%), 几种双子叶植物之间的同源性为 51%~57%, 而单子叶与双子叶植物的 UGTs 同源性为 44%。

2.3 *TaUGTs* 在赤霉病菌和盐胁迫条件下的表达

利用荧光实时定量 PCR 技术, 检测了 *TaUGT1* 及 *TaUGT2* 在赤霉病菌侵染的小麦幼穗中表达变化。结果显示(图 4), 在接种赤霉病菌的小麦幼穗中, 两个基因的表达情况不一致, *TaUGT1* 表现为受病原菌抑制, 而 *TaUGT2* 在接种赤霉病菌后为诱导性表达, 表达高峰为病菌侵染后 8 h 及 48 h, 相对表达量分别为对照 1.62 及 1.70 倍, 与对照的差异达到极显著水平。

目前在植物中关于糖基转移酶与植物抗性关系的研究仅见报道其与抗病相关, 盐胁迫对作物来说

是一种比较常见的非生物胁迫, 为了解小麦糖基转移酶基因是否参与小麦抗盐胁迫, 分别检测了这两个基因经 100、150、500 mmol/L NaCl 处理 3 h 后的表达变化。从图 5 可以看出, *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 均受 NaCl 诱导表达。经 100 mmol/L NaCl 处理 3 h 后这两个基因表达量显著增加, 当 NaCl 浓度为 500 mmol/L 时, *TaUGT1* 和 *TaUGT2* 的相对表达量分别为对照的 2.87 及 4.56 倍, 差异都达到极显著的水平。可见, 这两个糖基转移酶基因可能参与了小麦对盐胁迫的应答。

3 讨论

在逆境胁迫下, 糖基转移酶通过参与合成一些抗性物质如豆素葡萄糖(Scopoletin glucoside)、7-羟基-6-甲氧基香豆素(Scopoletin)及 β -甜菜苷(Betacyanins)等, 进而参与植物的过敏反应(Hypersensitive reaction, HR)^[18-20]。小麦赤霉病菌侵染小麦后会产生以 DON 为主的多种单端孢霉烯族毒素(trichothecenes)。在拟南芥中的研究表明, UGT 可以将 DON 糖基化为 DON-3-O-glucoside, 从而降低其毒性^[13]。我们通过同源克隆的方法分离到两个小麦 UGTs, 表达分析结果表明, *TaUGT2* 的表达受到赤霉病菌的诱导, 在病菌诱导 8 h 后与对照相比, 差异达到极显著水平。在病菌诱导后的 48 h 与对照相比, 差异又达到极显著水平。表达分析的结果表明 *TaUGT2* 可能参与了小麦对赤霉病菌侵染的响应, 而该基因参与响应的方式是否与拟南芥的 *DOG1* 相同还需进一步的实验验证。

本实验中, 尽管我们克隆的两个 *TaUGTs* 序列相似性达 90%, 但它们对赤霉病菌的响应模式不同, 其中 *TaUGT1* 受赤霉病菌抑制表达, 而 *TaUGT2* 受赤霉病菌诱导表达。这种表达差异可能预示这两个基因在小麦响应赤霉病菌的过程中起着不同的作用。*TaUGT1* 和 *TaUGT2* 在赤霉病菌胁迫下的表达

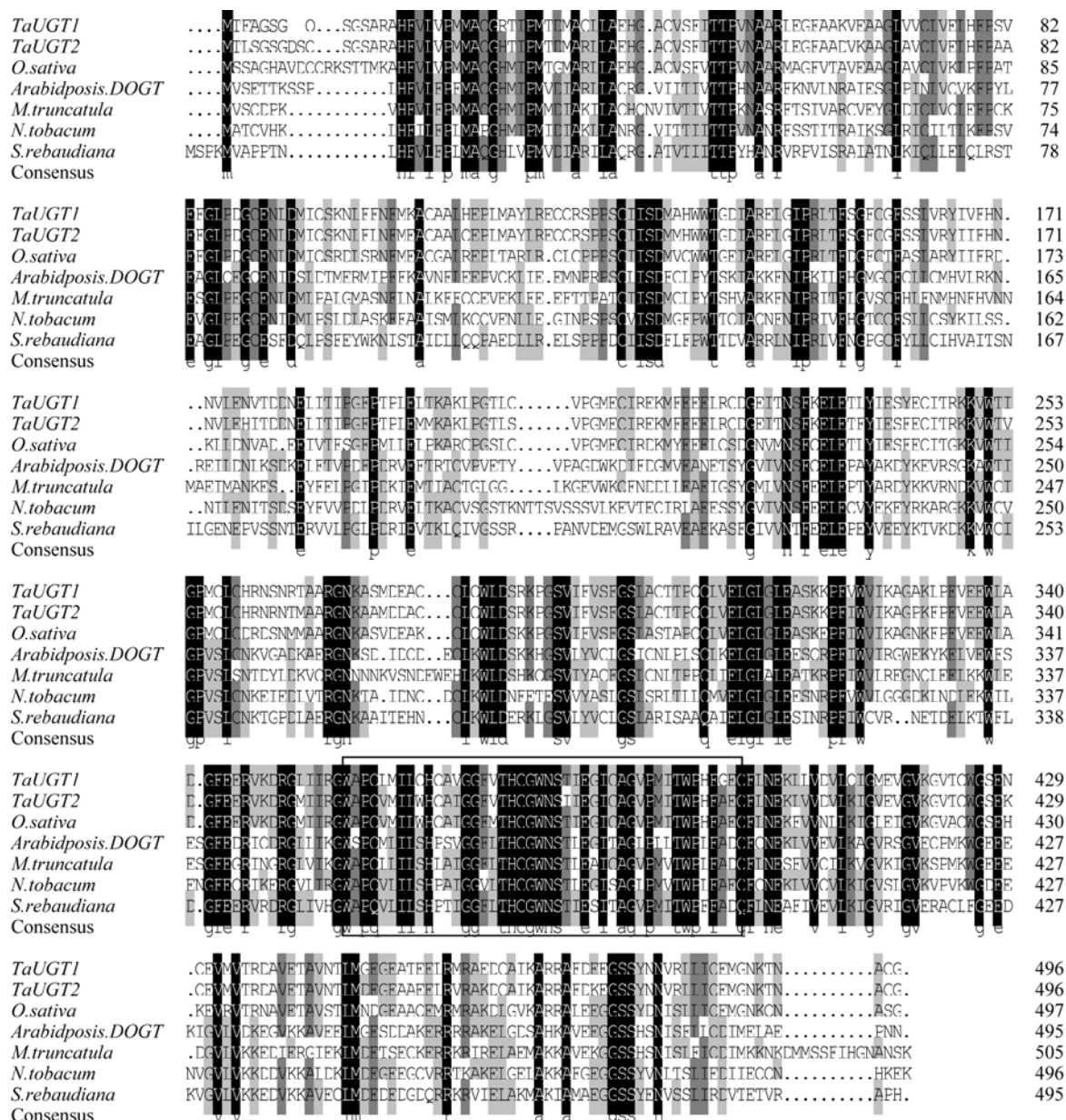


图 2 不同植物 UGTs 的多重比较

相关序列及 GenBank 收录号为: 水稻(*O. sativa*, BAB17061)、拟南芥(*Arabidopsis DOGT*, NM_129235)、蒺藜苜蓿(*M. truncatula*, AB194020)、烟草(*N. tabacum*, AB176522)及甜叶菊(*S. rebaudiana*, AAR06917)。黑色方框内的蛋白序列为 PSPG 结构域。

Fig. 2 Alignment of different plant UGTs

The GenBank accession numbers are *O. sativa* BAB17061, *Arabidopsis DOGT* NM_129235, *M. truncatula* AB194020, *N. tabacum* AB176522, and *S. rebaudiana* AAR06917. The PSPG domains are shown in black box.

差异可能是由于这两个基因编码的蛋白产物不同或催化的底物不同所致。例如, 在蛋白编码的 PSPG 信号结构域, 两个小麦 *UGT* 基因存在着 5 个氨基酸的差异, 这些差异可能会引起了两种酶催化活性或催化底物的不同。

TaUGT1 和 *TaUGT2* 均受 NaCl 诱导表达, 但 *TaUGT2* 表达受诱导的程度要高于 *TaUGT1*, 且在不同浓度的 NaCl 处理下与对照相比差异都达到了显著或极显著水平。目前, 植物中关于糖基转移酶参与植物抗性的研究只见于抗病性研究^[18-20], 而关

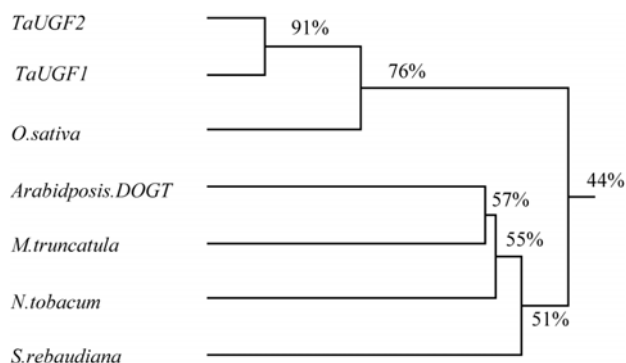


图 3 不同植物 UGTs 系统进化树

相关序列及 GenBank 收录号为: 水稻(*O. sativa*, BAB17061)、拟南芥(*Arabidopsis DOGT*, NM_129235)、蒺藜状苜蓿(*M. truncatula*, ABI94020)、烟草(*N.tobacum*, AB176522)及甜叶菊(*S. rebaudiana*, AAR06917)。

Fig. 3 Phylogenetic trees based on the alignment of different plant UGTs

The GenBank accession numbers were *O. sativa* BAB17061, *Arabidopsis DOGT* NM_129235, *M. truncatula* ABI94020, *N. tabacum* AB176522, and *S. rebaudiana* AAR06917.

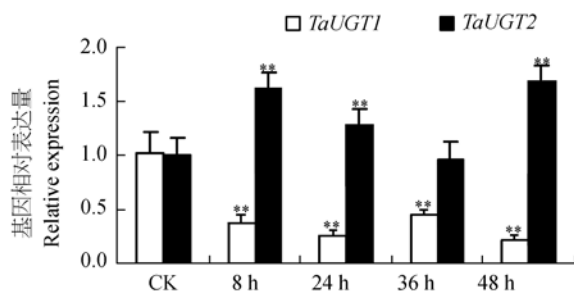


图 4 小麦 UGTs 受赤霉病菌诱导表达模式

CK: 对照; 8 h、24 h、36 h 及 48 h 为接种后的时间; *: 表示差异达到显著水平; **: 表示差异达到极显著水平。

Fig. 4 Expression profile of *TaUGTs* response to *Fusarium graminearum*

CK: Check; 8 h, 24 h, 36 h, and 48 h mean hours after inoculation. A single asterisk indicates significant difference at the 0.05 level, and double asterisks indicate significant difference at the 0.01 level.

于盐胁迫响应却未见报道。我们的研究结果表明, 糖基转移酶基因可能参与小麦盐胁迫响应过程, 但其具体机制有待于进一步研究。

目前, 在小麦中已经分离了一些与有害物质修饰相关的糖基转移酶, 如一个 N-糖基转移酶(N-glucosyltransferase, NGT), 对 3,4-二氯苯胺(3,4-dichloroaniline)具有生物活性^[21], 另外有两个 O-糖基转移酶(O-glucosyltransferase, OGT)则分别对酚或对三氯苯酚及黄酮栲精有活性^[22, 23]。关于小麦

糖基转移酶的研究还很少, 尽管我们获得了两个小麦糖基转移酶基因, 但其糖基化受体及其产物在小麦抗逆性中的作用机制还有待于进一步研究。

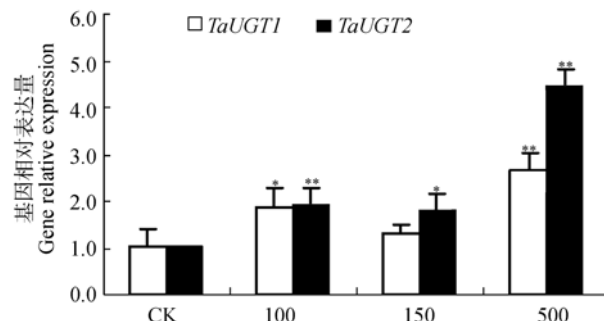


图 5 小麦 UGTs 受 NaCl 诱导表达模式

CK: 对照; 100、150、500 为 NaCl 浓度(mmol/L); *: 表示差异达到显著水平; **: 表示差异达到极显著水平。

Fig. 5 Expression profile of *TaUGTs* response to NaCl stress

CK: Check; 100, 150, and 500 mean concentrations of NaCl (mmol/L). A single asterisk indicates significant difference at the 0.05 level, and double asterisks indicate significant difference at the 0.01 level.

参考文献(References):

- [1] Gachon CMM, Langlois-Meurinne M, Saindrenan P. Plant secondary metabolism glycosyltransferases: the emerging functional analysis. *TRENDS Plant Sci*, 2005, 10(11): 542-549. [\[DOI\]](#)
- [2] Vogt T, Jones P. Glycosyltransferases in plant natural product synthesis: characterization of a supergene family. *TRENDS Plant Sci*, 2000, 5(9): 380-386. [\[DOI\]](#)
- [3] Ross J, Li Y, Lim E, Bowles DJ. Higher plant glycosyltransferases. *Genome Biol*, 2001, 2(2): 3004.1-3004.6
- [4] Keegstra K, Raikhel N. Plant glycosyltransferases. *Curr Opin Plant Biol*, 2001, 4(3): 219-224. [\[DOI\]](#)
- [5] Lim EK, Bowles DJ. A class of plant glycosyltransferases involved in cellular homeostasis. *EMBO J*, 2004, 23(15): 2915-2922. [\[DOI\]](#)
- [6] Paquette S, Møller BL, Bak S. On the origin of family 1 plant glycosyltransferases. *Phytochemistry*, 2003, 62(3): 399-413. [\[DOI\]](#)
- [7] Achnine L, Huhman DV, Farag MA, Sumner LW, Blount JW, Dixon RA. Genomics-based selection and functional characterization of triterpene glycosyltransferases from the model legume *Medicago truncatula*. *Plant J*, 2005, 41(6): 875-887. [\[DOI\]](#)
- [8] Ko JH, Kim BG, Hur HG, Lim Y, Ahn JH. Molecular cloning, expression and characterization of a glycosyltransferase from rice. *Plant Cell Rep*, 2006, 25(7): 741-746. [\[DOI\]](#)
- [9] O'Donnell PJ, Truesdale MR, Calvert CM, Dorans A, Roberts MR, Bowles DJ. A novel tomato gene that rapidly responds to wound- and pathogen-related signals. *Plant J*, 1998, 14(1): 137-142. [\[DOI\]](#)
- [10] Roberts MR, Warner SAJ, Darby R, Lim EK, Draper J,

- Bowles DJ. Differential regulation of a glucosyl transferase gene homologue during defense responses in tobacco. *J Exp Bot*, 1999, 50(332): 407–410.
- [11] Covarelli L, Turner AS, Nicholson P. Repression of deoxynivalenol accumulation and expression of *Tri* genes in *Fusarium culmorum* by fungicides *in vitro*. *Plant Pathol*, 2004, 53(1): 22–28. [\[DOI\]](#)
- [12] KANG Zhen-Sheng, HUANG Li-Li, Buchenauer H. Immunocytochemical localization of deoxynivalenol in infected wheat spikes by *Fusarium graminearum*. *Acta Phytopathol Sin*, 2004, 34(5): 419–424.
康振生, 黄丽丽, Buchenauer H. 小麦穗组织中脱氧镰刀菌烯醇毒素的免疫细胞化学定位. *植物病理学报*, 2004, 34(5): 419–424.
- [13] Poppenberger B, Berthiller F, Lucyshyn D, Sieberer T, Schuhmacher R, Krska R, Kuchler K, Glössl J, Luschnig C, Adam G. Detoxification of the *Fusarium* mycotoxin deoxynivalenol by a UDP-glucosyltransferase from *Arabidopsis thaliana*. *J Biol Chem*, 2003, 278(48): 47905–47914. [\[DOI\]](#)
- [14] Lemmens M, Scholz U, Berthiller F, Dall'Asta C, Koutnik A, Schuhmacher R, Adam G, Buerstmayr H, Mesterházy Á, Krska R, Ruckebauer P. The ability to detoxify the mycotoxin deoxynivalenol colocalizes with a major quantitative trait locus for *Fusarium* head blight resistance in wheat. *Mol Plant Microbe Inter*, 2005, 18(12): 1343–1354. [\[DOI\]](#)
- [15] An B, Jia J, Liu QY, Zhu YG, Tong YP, Li JM, J RL, Li B, Li ZS. Mapping QTLs for nitrogen uptake in relation to the early growth of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Soil*, 2006, 284(1–2): 73–84. [\[DOI\]](#)
- [16] Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta C_T}$ method. *Method*, 2001, 25(4): 402–408. [\[DOI\]](#)
- [17] Hughes J, Hughes MA. Multiple secondary plant product UDP-glucose glucosyltransferase genes expressed in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) cotyledons. *DNA Seq*, 1994, 5(1): 41–49. [\[DOI\]](#)
- [18] Chong J, Baltz R, Schmitt C, Beffa R, Fritig B, Saindrenan P. Downregulation of a pathogen-responsive tobacco UDP-gluc:phenylpropanoid glucosyltransferase reduces scopoletin glucoside accumulation, enhances oxidative stress, and weakens virus resistance. *Plant Cell*, 2002, 14(5): 1093–1107. [\[DOI\]](#)
- [19] Gachon C, Baltz R, Saindrenan P. Over-expression of a scopoletin glucosyltransferase in *Nicotiana tabacum* leads to precocious lesion formation during the hypersensitive response to tobacco mosaic virus but does not affect virus resistance. *Plant Mol Biol*, 2004, 54(1): 137–146. [\[DOI\]](#)
- [20] Sepúlveda-Jiménez G, Rueda-Benítez P, Porta H, Rocha-Sosa M. A red beet (*Beta vulgaris*) UDP-glucosyltransferase gene induced by wounding, bacterial infiltration and oxidative stress. *J Exp Bot*, 2005, 56(412): 605–611. [\[DOI\]](#)
- [21] Schmitt R, Kaul J, Trenck T, Schaller E, Sandermann H. β -D-Glucosyl and O-malonyl- β -D-glucosyl conjugates of pentachlorophenol in soybean and wheat: identification and enzymatic synthesis. *Pestic Biochem Physiol*, 1985, 24(1): 77–85. [\[DOI\]](#)
- [22] Brazier M, Cole DJ, Edwards R. O-Glucosyltransferase activities toward phenolic natural products and xenobiotics in wheat and herbicide-resistant and herbicide-susceptible black-grass (*Alopecurus myosuroides*). *Phytochemistry*, 2002, 59(2): 149–156. [\[DOI\]](#)
- [23] Brazier M, Cole DJ, Edwards R. Partial purification and characterisation of a 2,4,5-trichlorophenol detoxifying O-glucosyltransferase from wheat. *Phytochemistry*, 2003, 64(2): 419–424. [\[DOI\]](#)

《国际遗传学杂志》进入中国科技核心期刊(中国科技论文统计源期刊)行列

《国际遗传学杂志》是由中华人民共和国卫生部主管, 中华医学会和哈尔滨医科大学联合主办, 全国公开发行的国家级学术期刊, 刊期为双月。

《国际遗传学杂志》1978 年创刊, 原名为《国外医学》遗传学分册, 前任主编为哈尔滨医科大学李璞教授, 现任主编为哈尔滨医科大学傅松滨教授。自 2006 年起, 经国家新闻出版总署批准[新出版刊(2005)809 号], 《国外医学》遗传学分册即更名为《国际遗传学杂志》, 新编国内统一连续出版物号为 CN23-1536/R, ISSN1673-4386。本刊刊录的文章以遗传相关论著与综述为主, 同时开辟“讲座”、“小专论”、“实验方法学”、“国内外遗传学动态”、“研究简报”、“快报”等专栏。适合于从事遗传学及其相关学科、交叉学科的科研、教学和广大的临床医务工作者参阅。

经过多项学术指标综合评定及专家评议推荐, 本刊已被中国科技信息研究所“中国科技论文统计源期刊(中国科技核心期刊)”正式收录, “中国科技论文统计源期刊(中国科技核心期刊)”是国内权威的期刊评价体系, 能够入选其中是对《国际遗传学杂志》期刊质量和编辑水平的认可, 也为期刊的进一步发展奠定了坚实的基础。

今后, 编辑部将继续秉承“质量第一”的原则, 竭诚为广大读者服务。欢迎踊跃投稿。