

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.00620

# 拟南芥 *TCH4* 基因启动区转录调控元件的计算识别

张长青<sup>1,2,3</sup>, 王进<sup>1</sup>, 高翔<sup>2</sup>

1. 南京大学医药生物技术国家重点实验室, 南京 210093;
2. 南京大学模式动物研究所, 南京 210061;
3. 金陵科技学院园艺学院, 南京 210038

**摘要:** *TCH4* 基因在植物次生生长、疾病抵抗和逆境适应方面具有重要作用, 能被多种激素、环境和机械信号诱导表达。利用拟南芥 *TCH4* 的直系同源基因和芯片数据进行了启动子序列分析, 结果共识别出 9 个转录调控元件。它们均包含有已知元件序列, 并且在部分共表达基因和对应的直系同源基因启动子中排列顺序一致。根据已有 *TCH4* 基因启动子研究, 其中 4 个已被报道, 另 5 个为本研究新发现。根据预测结果进行知识整合, 构建了 *TCH4* 基因转录调控机制模型。

**关键词:** *TCH4* 基因; 转录调控元件; 生物信息学

## Computational identification of transcriptional regulatory elements in *Arabidopsis TCH4* promoter

ZHANG Chang-Qing<sup>1,2,3</sup>, WANG Jin<sup>1</sup>, GAO Xiang<sup>2</sup>

1. State Key Laboratory of Pharmaceutical Biotechnology, Nanjing University, Nanjing 210093, China;
2. Model Animal Research Center, Nanjing University, Nanjing 210061, China;
3. School of Horticulture, Jinling Institute of Technology, Nanjing 210038, China

**Abstract:** *Arabidopsis TCH4* gene plays an important role in the biological processes related to plant secondary growth, resistance to pathogen, and adaptation to environmental stresses. It is up-regulated by various hormonal, environmental, and mechanical stimuli. Here, we identified 9 transcriptional regulatory elements from *TCH4* promoter by bioinformatics approach. In which, 4 elements have been reported previously, and 5 elements are newly identified in this study. All of the identified elements contain the sequences of known *cis*-elements. Especially, their distribution along some co-expressed gene promoters and the orthologous promoters is typically clustered and syntenic. Based on our predictions and the information of known *cis*-elements, a model representing the transcriptional regulation mechanism was proposed for *TCH4* gene in response to hormonal, mechanical, and environmental stimuli.

**Keywords:** *TCH4* gene; transcriptional regulatory element; bioinformatics

自然条件下生长的植物不可避免地会遭受各种不良环境胁迫。为了更好地生存, 植物进化出了各种应对胁迫的基因, 其中, 有些基因只响应单因素

刺激, 而另外一些则响应多因素刺激。响应多因素刺激的基因通常是各信号通路的交叉点, 因此也是植物分子生物学研究的重点。

收稿日期: 2007-10-22; 修回日期: 2007-11-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 90208021)和国家重点基础研究发展规划(973 计划)项目(编号: 2003CB715905)资助[Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 90208021) and National Basic Research Program of China (973 Program) (No. 2003CB715905)]

作者简介: 张长青(1974-), 男, 山西人, 博士研究生, 研究方向: 真核生物转录调控。E-mail: zhang\_chq2002@sohu.com

通讯作者: 王进(1963-), 女, 江苏人, 教授, 研究方向: 真核生物转录调控。Tel: 025-83686785; E-mail: jwang@nju.edu.cn

*TCH4* 基因编码木葡聚糖内糖基转移酶(xyloglucan endotransglucosylase) [1], 该酶在植物形态建成中能够转移细胞壁中的木葡聚糖, 从而影响细胞壁的形成和降解, 因此在植物的次生生长、抗病性和抗逆性方面发挥着重要作用。此外, 农林业生产中, 木材的质量、果实的软化和耐贮性等重要经济性状也与其密切相关 [2,3]。拟南芥中已有研究表明, *TCH4* 基因的表达行为相当特别, 除黑暗、寒冷、高温、病原、生长素、油菜素内酯(BR)等环境和激素能使其表达量瞬间提高外, 轻微的叶片触摸、枝条晃动、雨水淋打和重物挤压等机械行为也能导致同样的结果 [4~6]。而识别 *TCH4* 基因启动子中的功能元件、揭示 *TCH4* 基因转录调控机制是理解其特殊表达行为的基础, 同时, 也是理解植物生长发育过程、认识植物应对环境、机械、病原胁迫机制的重要环节。

2002 年, Iliev 等 [7] 利用启动子系列删除实验研究了拟南芥 *TCH4* 基因启动子中不同区域对其表达行为的影响, 提出了潜在的功能性区域, 但尚未揭示直接的功能元件和可能的调控机制。后来, Yang [8]、Li [9] 和 Goda [10] 等研究小组也分别利用启动子简单扫描法分析了 *TCH4* 基因启动子中的可能元件, 但这一方法由于明显的存在假阳性率高的缺陷, 因此, 识别结果缺乏足够的说服力。

近年来, 生物芯片技术得到了广泛应用, 人们利用该技术已获得了大量的基因表达数据。然而如何从基因表达数据中发掘潜藏的转录调控元件却依然是一个挑战性的问题。比较基因组学和生物芯片技术的结合有效地推动了生物信息学技术对基因启动子区功能元件预测的准确度 [11], 因而也极大地促进了该类工作的开展。考虑到转录调控元件在物种

间的保守性和在共调控基因启动子中的高频性, 本文利用拟南芥 *TCH4* 的直系同源基因和 *TCH4* 上调芯片中的差异表达基因, 对其启动子中的转录调控元件进行了系统分析。结果识别出了 9 个功能调控元件, 其中 4 个已被文献报道, 5 个为本研究新发现。我们根据识别结果进行知识整合, 初步提出了 *TCH4* 基因的转录调控机制模型。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

本文使用的油菜(*Brassica rapa*)*TCH4* 基因启动子序列和 *AT4G25810* 基因启动子序列均来自 DOOP 数据库(<http://doop.abc.hu/>)。*TCH4* 表达上调的芯片数据为文献报道 [2,9,11~15], 基本情况见表 1。高频元件发掘时使用的背景序列为拟南芥全基因组中除芯片中差异表达基因外的其余基因启动子序列, 它们均来自 Tair 数据库(<http://www.arabidopsis.org/>), 长度为 1 000 bp。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 保守片段识别

利用 FASTA 工具中的 SSEARCH34 程序包和 DOOP 数据库中的收录结果产生 *TCH4* 基因启动子中的保守片段。选用的标准为突变率低于 85%, 一致序列长度超过 5 bp。

#### 1.2.2 高频元件发掘

枚举出保守片段中所有 5~25 bp 长的寡核苷酸序列, 统计其在差异表达基因启动子和背景序列中的出现与否。并利用 Fisher's exact test 检测它们在差异表达基因中出现的随机程度(*P* 值) [16]。以 *P*<0.05 的标准筛选出高频寡核苷酸序列并进行聚类, 利用

表 1 *TCH4* 表达上调的芯片数据

Table 1 Microarray data containing up-regulated *TCH4*

芯片序号 No.	处理 Treatment	基因数量 <sup>a</sup> No. of genes	基因数量 <sup>b</sup> No. of genes	检测方法 Detection method	来源文献 Reference
1	Cold inducement	939	933	<i>Arabidopsis</i> ATH1 Genome Arrays	[12]
2	WRKY70 over-expression	331	310	<i>Arabidopsis</i> Genome Array	[9]
3	IAA- and BL-inducement	32	32	<i>Arabidopsis</i> ATH1 Genome Arrays	[11]
4	Darkness inducement	533	524	<i>Arabidopsis</i> ATH1 Genome Arrays	[13]
5	Protoplasting treatment	356	344	<i>Arabidopsis</i> Genome Array	[14]
6	Weight inducement	700	694	U95 GeneChip	[2]
7	MKK2 over-expression	152	152	<i>Arabidopsis</i> ATH1 Genome Arrays	[15]
8	Touch inducement	750	749	<i>Arabidopsis</i> ATH1 Genome Arrays	[13]

a: 表示原文献中报道的上调和下调基因总数; b: 表示本分析中从数据库中实际得到并使用的基因数。

a: The total number of up-regulated and down-regulated genes reported in the references; b: The actual number of genes used in our analysis.

WebLogo (<http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>) 工具绘制元件图。

所有启动子分析均考虑正负链。所用程序除指明外均自行编写。

2 结果与分析

2.1 保守片段识别

大量研究表明,拟南芥的转录调控序列主要集中在转录起始位点上游 500 bp 的区域内<sup>[17,18]</sup>。拟南芥 *TCH4* 基因启动子系列删除实验也表明, [-258, -48] 区段具有应答黑暗、寒冷、高温和油菜素内酯等基本信号的能力<sup>[7]</sup>。因此, *TCH4* 基因启动子中的前 500 bp 是本研究的重点。

利用 SSEARCH34 程序和 DOOP 数据库中的收录结果,共获得了 10 条保守片段(表 2)。

将 10 条保守片段在拟南芥 *TCH4* 基因 (At5g57560)和油菜 *TCH4* 基因的启动子中定位后可以看出,它们的排列顺序完全一致(图 1)。这说明 *TCH4* 基因在转录调控上存在保守性。

2.2 保守片段中调控元件的计算挖掘

真核生物中,基因表达的调控机制存在着时间和空间上的差异。因此,不同时空上,基因表达选用的转录因子和调控元件组合也不尽相同。为了尽可能全面地发掘 *TCH4* 基因启动子中的功能元件,我们选用了 8 套不同条件下获得的差异表达基因(表 1)进行高频元件发掘。

结果表明,1 个片段(TCTTT)在所有 8 套差异表达基因中均不含任何高频率序列,5 个片段在 8 套差异表达基因中均包含有高频序列,3 个片段在 6~7 套差异表达基因中含有高频序列,1 个片段仅在 3 套差异

表 2 *TCH4* 基因启动子中的保守片段和高频元件

Table 2 Conserved segments and over-represented motifs in *TCH4* promoter

序号 No.	保守片段 Conserved segments		保守片段中的高频元件 Over-represented motifs in conserved segments			
	序列 Sequence	位置 Location	序号 No.	WebLogo 图谱 WebLogo pattern	数量 Number (%)	
1	CTTACTATATATACA <sup>S,D</sup>	-38	Motif 1		8 (100%)	
2	ACCTTCC <sup>D</sup>	-82	Motif 2		3 (38%)	
3	TCTTT <sup>S</sup>	-97			0 (0%)	
4	AAGACGCGGCTT <sup>S</sup>	-111	Motif 4		8 (100%)	
5	CCAGCTGT <sup>S,D</sup>	-126	Motif 5		8 (100%)	
6	CTTTTAC <sup>S</sup>	-151	Motif 6		7 (88%)	
7	AAACAAAAACCGCGT <sup>S,D</sup>	-196	Motif 7		8 (100%)	
8	ACATTA <sup>S</sup>	-203	Motif 8		7 (88%)	
9	AAATAAAAGTAAT <sup>S,D</sup>	-239	Motif 9		8 (100%)	
10	TTTTCTGAG <sup>D</sup>	-286	Motif 10		6 (75%)	

注:带下划线的字符表示拟南芥 *TCH4* 启动子和油菜 *TCH4* 启动子间的差异碱基;S: SSEARCH34 程序识别出来的保守序列;D 表示 DOOP 数据库中收录的保守序列。

Notes: The underlined symbols indicate variable bases between orthologous promoters and *TCH4* promoter. S indicates the conserved sequence identified by SSEARCH34; D indicates the sequence come from DOOP database.

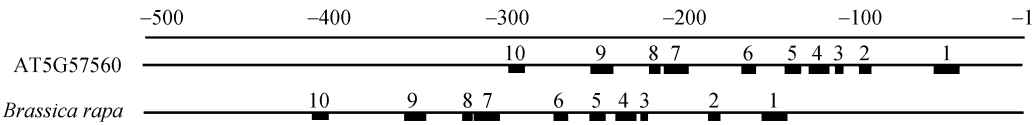


图 1 保守片段在拟南芥 *TCH4* 基因和油菜 *TCH4* 基因启动子中的线形分布

Fig. 1 Syntenic distribution of conserved segments in promoters of *TCH4* from *Arabidopsis* and from *Brassica rapa*

表达基因中存在高频率序列(表 2, 数量栏)。

对高频率序列进行聚类后, 得到 9 个计算结果(表 2)。其中, Motif 1、Motif 4、Motif 5、Motif 7 和 Motif 9 是在 8 套差异表达基因中均具有高频特征的元件, 而 Motif 2、Motif 6、Motif 8 和 Motif 10 仅是部分差异表达基因中的高频元件。这说明 9 个元件对 *TCH4* 基因表达调控的贡献不同: 能在 8 套差异表达基因中均高频的元件可能是 *TCH4* 基因转录调控中的组成型元件, 参与各种信号刺激的应答。而那些仅在部分差异表达基因中具有高频特征的元件, 则可能具有信号的专一性, 负责特定信号刺激下的表达调控。另外, 在 Motif 4 和 Motif 7 之间、Motif 6 和 Motif 9(反向互补序列)之间也还存在着部分的重叠区域(ACGCGG 和 CTTTTA)。这暗示了两个元件间功能上的相关性。

### 2.3 转录调控元件的成簇分布特征

真核生物中, 转录调控元件发挥作用时, 具有独立调控基因转录和组合调控基因转录两种模式<sup>[19]</sup>。成簇分布是组合调控模式存在的基础, 同时也是部分软件控制假阳性率的重要判据<sup>[20]</sup>。它通常具有在共调控基因启动子中同时出现的特征。为此, 我们对差异表达基因中的共调控基因进行了尝试性的寻找, 以期完成计算结果的可靠性评估。

结果表明, 2 369 条差异表达基因中, 除 *TCH4* 以外, 2 条基因(*AT4G25810* 和 *AT3G15210*)启动子中也均明显地出现了识别结果的成簇分布特征(图 2)。它们的排列顺序与在 *TCH4* 基因启动子中的基本一致。这就在一定程度上提供了计算性结果的可靠性, 同时也反映了 3 条基因在对应条件下的共调控

关系。

比较 3 基因启动子中的计算元件发现: Motif 1、Motif 4、Motif 5、Motif 7、Motif 9 是它们的共有成分, 而 Motif 2、Motif 6、Motif 8 和 Motif 10 则是它们的差异成分。这完全吻合 9 个元件在 8 套差异表达基因中出现的一致度分析结果(表 2)。

3 条基因的功能分析表明, *AT4G25810* 与 *TCH4* 基因同属于 xylo Tglyc 基因家族, 都编码木葡聚糖内糖基转移酶。而 *AT3G15210* (ATERF-4)是一个转录因子基因, 其编码蛋白能结合乙烯反应元件, 抑制 JA 信号通路中防御相关基因的表达。它们与 *TCH4* 基因在 MKK2 高表达情况下具有共上调的特征。这说明它们不仅在转录水平上密切相似, 而且在蛋白功能上也密切相关。

同时对 *AT4G25810* 直系同源基因启动子(来源于油菜)进行了分析, 结果表明计算元件同样具有进化保守和排列顺序一致的特征(图 3), 这又进一步对 *TCH4* 基因启动子中的识别结果提供了可靠性支持。*AT3G15210* 的直系同源基因启动子目前缺乏报道, 因此, 无法分析。

### 2.4 与已有实验比较

为分析预测元件可能的功能, 我们将计算结果与 PLACE (<http://www.dna.affrc.go.jp/>) 中收录的已知元件进行了比较。结果表明, 9 条计算元件中均包含了已知元件序列(表 3), 这些已知元件分别参与了环境胁迫、防御反应、激素调控、细胞壁修饰等与 *TCH4* 基因效应相关的生物过程, 其中 TATA 框、CGCG 框和 MYC 结合位点/E 框已被启动子扫描方法报道<sup>[8,11]</sup>, 而其他元件, 包括 AC 元件、DOF 核心

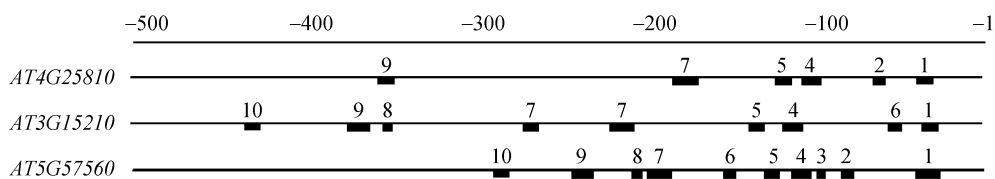


图 2 计算性元件在 3 条差异表达基因启动子中成簇分布和线性分布

Fig. 2 Clustered and syntenic distribution of motifs in 3 promoters of co-expressed genes

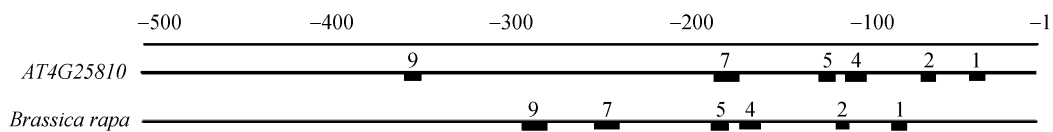


图 3 计算性元件在 *AT4G25810* 基因和 *AT4G25810* 在油菜中的直系同源基因启动子中的线性分布

Fig. 3 Syntenic distribution of predicted motifs in promoters of *AT4G25810* gene and its ortholog in *Brassica rapa*

序列、CACT 框和 AGAAA 框均为在 *TCH4* 基因启动子中初次发现。已知元件的结合蛋白分析表明, 它们的基因也均与 *TCH4* 基因存在着共上调的特征(表 3)。

与已有的研究相比, 计算结果明确解释了以前实验中提出的一些重要问题。2002 年, Iliev 等<sup>[7]</sup>的 *TCH4* 基因启动子系列删除实验表明, [-147, -114] 区段和-147 bp 上游均存在着同一个响应热、触摸、黑暗和油菜素内酯的重要元件, 但具体元件未知。计算结果表明, Motif 6 处于[-147, -114]区域中, 并且与-147 bp 上游中的 Motif 9 存在着重复的核心序列(CTTTTA), 它吻合了实验结果。而且, 利用两个 motif 中包含的 Dof 类蛋白结合位点信息, 可以认为 *TCH4* 对热、触摸、黑暗和油菜素内酯等信号的响应机制与 Dof 类蛋白相关。事实上, 已有研究表明, Dof 类蛋白可以与 MYB 类转录因子(图 4)相互作用, 参与这些信号的应答<sup>[21]</sup>。另外, 计算结果也促进了对 [-258, -147]区段中功能元件的认识: 前人实验研究<sup>[7]</sup>表明, [-258, -147]区段具有增强 *TCH4* 基因表达的功能。我们的结果提示, 该区段中的 CGCG 框可能承担相关的功能, 这与人推测结果<sup>[8]</sup>相一致。但计算结果也进一步建议了该区段中 Motif 8 和 Motif 9 的功能, 但具体的机制还不清楚。

## 2.5 *TCH4* 基因转录调控机制模型

基于计算结果, 通过文献挖掘和知识整合, 初

步提出了 *TCH4* 基因的转录调控网络模型(图 4)。

该模型包含了已有 *TCH4* 基因调控通路信息(黑线部分), 同时也提出了两条新的计算通路(红线部分)。新通路揭示了 MPKK2 上调 *TCH4* 基因<sup>[15]</sup>的可能机制。因为 MYB 是 MPKK2 通路中的已知蛋白之一, MYB 结合位点(Motif 2)的发现表明了它可能是 *TCH4* 基因调控的一个重要参与者。其次, 借助 Motif 6 和 Motif 9 的发现, 该模型还指明了 Dof 类蛋白对 *TCH4* 基因响应热、触摸、黑暗和油菜素内酯等信号刺激的调控功能, 同时也建立了 MPKK2 对 *TCH4* 基因上调的另一途径。

## 3 讨论

植物表型的差异主要源自基因表达调控上的差异<sup>[22]</sup>。而这种表达调控上的差异可以发生在转录、转录后、翻译、及翻译后水平上。转录作为基因表达的起始步骤, 具有决定性作用, 而转录因子与调控元件间的相互作用, 又是整个转录过程的核心。因此, 基因启动子区转录调控元件的识别也就成为揭开基因表达机制的必需步骤。目前, 实验方法是解决该类问题的主流方法。但该方法存在着工作量大和难以满足高通量表达数据分析的缺点<sup>[23]</sup>。因此, 后基因组时代中, 生物信息学方法成为了新选择。

*TCH4* 基因的表达行为异常复杂, 已有研究表明, 直接的实验分析难以奏效<sup>[7]</sup>。本文以比较基因组

表 3 计算结果和已知顺式元件的比较

Table 3 Comparison between identified motifs and known *cis*-elements

模序 Motifs	已知顺式元件 Known <i>cis</i> -elements			
	名称 Name	序列 Sequence	功能 Function	转录因子 Transcriptional factors
Motif 1	TATA box	TATATA		RNA pol II
Motif 2	AC element <sup>a</sup>	ACCWWCC	Elicitor, abiotic stress	MYB family
Motif 4	CGCG box	VCGCGB	Cold, heat, wounding	AtSR family
Motif 5	MYC binding site	CANNTG	Abiotic stress	MYC family
	E box	CANNTG	Brassinosteroid	BES1 family
Motif 6	DOF core <sup>a</sup>	AAAAG	Plant defense	Dof family
Motif 7	CGCG box	VCGCGB	Cold, heat, wounding	AtSR family
Motif 8	CACT box <sup>a</sup>	YACT	Mesophyll development	Unknown
Motif 9	DOF core <sup>a</sup>	AAAAG	Plant defense	DOF family
Motif 10	AGAAA box <sup>a</sup>	AGAAA	Cell wall modification	Unknown

a: 表示本研究在 *TCH4* 基因启动子中的新发现元件。

a: The new *cis*-elements in *TCH4* gene promoter predicted by this approach.



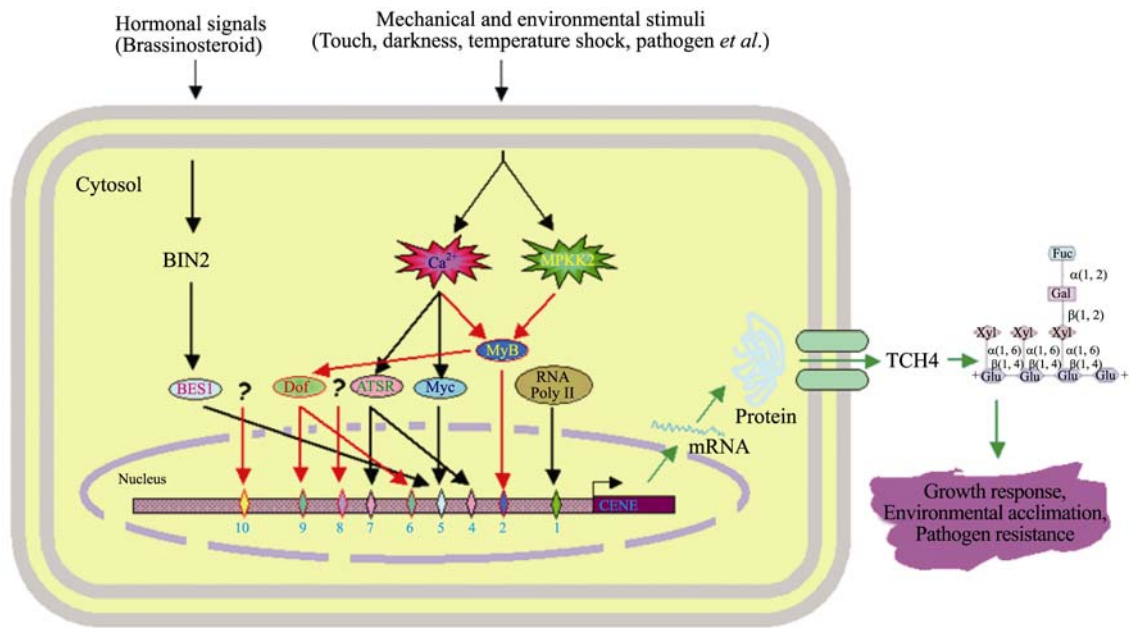


图4 *TCH4* 基因响应激素、机械和环境信号的转录调控机制模型

Fig. 4 The model for transcriptional regulation of *TCH4* gene in response to hormonal, mechanical, and environmental stimuli

学和生物芯片技术产生的研究结果为基础, 利用功能元件在进化中趋于保守的特征和在差异表达基因中趋于高频的特征, 对 *TCH4* 基因启动子中的功能元件进行了计算性挖掘。结果表明: (1) 它既发掘出了前人已报道的结果, 同时也揭示出了新的结果; (2) 它解释了实验中尚未解释了的现象机制, 同时也预测出了实验中还可能存在的潜在机制。这一方面说明了所用策略的可行性, 另一方面也反映了计算结果对实验研究的启迪性和指导性。因此, 我们认为, 本研究对基因转录调控机制的研究, 无论在研究方法上还是在研究结果上都具有积极的参考价值, 但更为深入的实验研究还有待进一步开展。

生命体经常处于复杂的调控网络之下, 从系统层面上研究生物学问题已成为了当前科学发展的新要求, 然而难度巨大<sup>[24,25]</sup>。本研究以 *TCH4* 基因的转录调控元件识别为切入点, 通过文献挖掘和知识重构, 确立了它的转录调控网络, 为植物系统生物学研究提供了一份局部网络图谱。

#### 参考文献(References):

- [1] Xu W, Purugganan MM, Polisensky DH, Antosiewicz DM, Fry SC, Braam J. *Arabidopsis TCH4*, regulated by hormones and the environment, encodes a xyloglucan endotransglycosylase. *Plant Cell*, 1995, 7: 1555–1567. [\[DOI\]](#)
- [2] Ko JH, Han KH, Park S, Yang J. Plant body weight-induced secondary growth in *Arabidopsis* and its transcription phenotype revealed by whole-transcriptome profiling. *Plant Physiol*, 2004, 135: 1069–1083. [\[DOI\]](#)
- [3] Schroder R, Atkinson RG, Langenkamper G, Redgwell RJ. Biochemical and molecular characterisation of xyloglucan endotransglycosylase from ripe kiwi fruit. *Planta*, 1998, 204: 242–251. [\[DOI\]](#)
- [4] Braam J. Regulated expression of the calmodulin-related *TCH* genes in cultured *Arabidopsis* cells: induction by calcium and heat shock. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1992, 89: 3213–3216. [\[DOI\]](#)
- [5] Braam J, Davis RW. Rain-, wind- and touch-induced expression of calmodulin and calmodulin-related genes in *Arabidopsis*. *Cell*, 1990, 60: 357–364. [\[DOI\]](#)
- [6] Polisensky DH, Braam J. Cold-shock regulation of the *Arabidopsis TCH* genes and the effects of modulating intracellular calcium levels. *Plant Physiol*, 1996, 111: 1271–1279. [\[DOI\]](#)
- [7] Iliev EA, Xu W, Polisensky DH, Oh MH, Torisky RS, Clouse SD, Braam J. Transcriptional and posttranscriptional regulation of *Arabidopsis TCH4* expression by diverse stimuli. Roles of *cis* regions and brassinosteroids. *Plant Physiol*, 2002, 130: 770–783. [\[DOI\]](#)
- [8] Yang T, Poovaiah BW. A calmodulin-binding/CGCG box DNA-binding protein family involved in multiple signaling pathways in plants. *J Biol Chem*, 2002, 277: 45049–45058. [\[DOI\]](#)
- [9] Li J, Brader G, Palva ET. The WRKY70 transcription factor: a node of convergence for jasmonate-mediated and salicylate-mediated signals in plant defense. *Plant Cell*, 2004, 16: 319–331. [\[DOI\]](#)
- [10] Goda H, Sawa S, Asami T, Fujioka S, Shimada Y, Yoshida S. Comprehensive comparison of auxin-regulated and brassinosteroid-regulated genes in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*, 2004, 134: 1555–1573. [\[DOI\]](#)
- [11] GuhaThakurta D. Computational identification of tran-

- scriptional regulatory elements in DNA sequence. *Nucleic Acids Res*, 2006, 34: 3585–3598. [\[DOI\]](#)
- [12] Lee BH, Henderson DA, Zhu JK. The *Arabidopsis* cold-responsive transcriptome and its regulation by ICE1. *Plant Cell*, 2005, 17: 3155–3175. [\[DOI\]](#)
- [13] Lee D, Polisensky DH, Braam J. Genome-wide identification of touch and darkness-regulated *Arabidopsis* genes: A focus on calmodulin-like and *XTH* genes. *New Phytol*, 2005, 165: 429–444. [\[DOI\]](#)
- [14] Birnbaum K, Shasha DE, Wang JY, Jung JW, Lambert GM, Galbraith DW, Benfey PN. A gene expression map of the *Arabidopsis* root. *Science*, 2003, 302: 1956–1960. [\[DOI\]](#)
- [15] Teige M, Scheikl E, Eulgem T, Doczi R, Ichimura K, Shinozaki K, Dangl JL, Hirt H. The MKK2 pathway mediates cold and salt stress signaling in *Arabidopsis*. *Mol Cell*, 2004, 15: 141–152. [\[DOI\]](#)
- [16] Chen G, Hata N, Zhang MQ. Transcription factor binding element detection using functional clustering of mutant expression data. *Nucleic Acids Res*, 2004, 32: 2362–2371. [\[DOI\]](#)
- [17] Sakuma Y, Maruyama K, Osakabe Y, Qin F, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. Functional analysis of an *Arabidopsis* transcription factor, DREB2A, involved in drought-responsive gene expression. *Plant Cell*, 2006, 18: 1292–1309. [\[DOI\]](#)
- [18] Haralampidis K, Milioni D, Rigas S, Hatzopoulos P. Combinatorial interaction of *cis* elements specifies the expression of the *Arabidopsis* *AtHsp90-1* gene. *Plant Physiology*, 2002, 129: 1138–1149. [\[DOI\]](#)
- [19] Hannah MA, Heyer AG, Hinch DK. A global survey of gene regulation during cold acclimation in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS Genet*, 2005, 1: e26. [\[DOI\]](#)
- [20] Sharan R, Ben-Hur A, Loots GG, Ovcharenko I. CREME: Cis-regulatory module explorer for the human genome. *Nucleic Acids Res*, 2004, 32: W253–256. [\[DOI\]](#)
- [21] Skirycz A, Reichelt M, Burow M, Birkemeyer C, Rolcik J, Kopka J, Zanol MI, Gershenzon J, Strnad M, Szopa J, Mueller-Roeber B, Witt I. DOF transcription factor At-Dof1.1 (OBP2) is part of a regulatory network controlling glucosinolate biosynthesis in *Arabidopsis*. *Plant J*, 2006, 47: 10–24. [\[DOI\]](#)
- [22] ZHANG Chun-Yu, LONG Yan, FENG Ji, MENG Jin-Ling. Transcriptional regulation of plant genes and its significance in biology. *Hereditas(Beijing)*, 29: 793–799. 张椿雨, 龙艳, 冯吉, 孟金陵. 植物基因在转录水平上的调控及其生物学意义. 遗传, 2007, 29: 793–799.
- [23] Hoglund A, Kohlbacher O. From sequence to structure and back again: Approaches for predicting protein-DNA binding. *Proteome Sci*, 2004, 2: 3-last page.
- [24] Minorsky PV. Achieving the in silico plant. Systems biology and the future of plant biological research. *Plant Physiol*, 2003, 132: 404–409. [\[DOI\]](#)
- [25] FENG Ying, LIU Qing-Po, JIA Jia, XUE Qing-Zhong. Genomic analysis of serine carboxypeptidase-like protein family of *Arabidopsis thaliana*. *Acta Genetica Sinica*, 2005, 32: 864–873. 冯英, 刘庆坡, 贾佳, 薛庆中. 拟南芥丝氨酸羧肽酶类蛋白家族的基因组学分析. 遗传学报, 2005, 32: 864–873.

## 第十四届植物铁营养与相互作用国际研讨会 14th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants

主题: 植物铁营养与人类健康

会期: 2008 年 10 月 11–15 日

主办: 中国科学院遗传与发育生物学研究所

协办: 中国农业科学院作物科学研究所; 中国农业大学; 北京师范大学; HarvestPlus China

本次会议目的是汇聚从事植物铁营养及相关研究领域(如土壤学, 植物育种学, 动物和人类营养学等)的科学家进行交流, 讨论植物铁营养所影响同时受之影响的各种因素包括: 土壤、微生物、植物、动物和人类, 及其相互之间的作用。铁是包括人类在内所有生物生命活动所必需的矿质元素。铁含量异常对多种生命活动都会产生严重影响, 就人类而言, 据世界卫生组织统计, 全世界有近半数的人口受铁营养缺乏的困扰(如缺铁性贫血病, 婴幼儿的智力和体能发育障碍等), 并且多分布于发展中国家。人体铁营养是通过食物摄取而获得, 而植物产品是铁元素的主要来源。生物强化增加农产品中铁的含量和有效性是缓解人类铁营养缺乏最经济有效的方法。另外, 在农业生产中铁也是限制植物生长发育的主要缺素。因此研究植物对土壤中铁的活化、吸收、代谢以及积累的生理及分子机制, 用现代生物学手段改变植物铁的吸收和积累模式, 培育铁高效农作物新品种, 由此可增加产量和改善人类铁营养状况。因此植物铁营养研究一直是目前国际上的热点。国际上每两年召开一次“植物铁营养与相互作用国际研讨会”促进该领域的国际交流和发展。我国是第一次申请举办。

会议详细信息及注册请登陆会议官方网站。

网址: <http://www.conferencenet.org/conference/isinip.htm> 联系: 张佰茹 brzhang@genetics.ac.cn, 010-64854467