

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.00088

## 与TaFRA蛋白相互作用候选蛋白的筛选

温小杰, 郝晨阳, 蒲文, 刘旭, 张学勇

中国农业科学院作物科学研究所, 国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 农业部作物种质资源利用重点开放实验室, 北京 100081

**摘要:** F-box 蛋白是 E3 泛素连接酶 SCF 复合体的重要亚基, 通过底物蛋白的特异识别发挥功能。*TaFRA* 是在盐胁迫差异表达片段基础上通过 RACE 方法获得的一个基因, 编码 F-box 蛋白。文章利用 *TaFRA* 基因构建诱饵表达载体, 直接用 cDNA+pGAD+pBD 共转化酵母双杂交的方法筛选相互作用的候选蛋白。通过对阳性克隆的鉴定和测序分析, 共获得 44 个与 *TaFRA* 相互作用的候选蛋白, 其中 32 个为已知蛋白, 包括硫氧还蛋白、金属硫蛋白、ATP 合成酶及丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶等多种逆境胁迫反应蛋白及转录因子蛋白, 说明 *TaFRA* 与胁迫反应相关, 可能通过对上述蛋白编码基因的调控参与了植物的胁迫反应过程, 为进一步阐明 *TaFRA* 的功能及作用机制奠定了理论基础。

**关键词:** 酵母双杂交; 共转化; *TaFRA*; 相互作用; 候选蛋白

## Screening of the candidate proteins interacting with TaFRA

WEN Xiao-Jie, HAO Chen-Yang, PU Wen, LIU Xu, ZHANG Xue-Yong

*The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Key Laboratory of Crop Germplasm and Utilization, Ministry of Agriculture, Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China*

**Abstract:** F-box protein is an important subunit of SCF complex, an E3 ligase in ubiquitin system, and its function is determined through mediating the specific recognition and combining with substrate protein. *TaFRA* (F-box protein related to abiotic stress) was identified by RACE based on the fragments differently expressing in wheat seedling exposed to salt stress and encodes an F-box protein. In this study, pBD-*TaFRA* bait expression vector was constructed, and cDNA+pGAD+pBD was directly co-transformed into yeast hybrid system to screen candidate proteins interacting with *TaFRA*. Forty-four candidate proteins were obtained, in which 32 were known proteins and transcript factors related to stress tolerance such as thioredoxin, metallothionein, ATP synthase, and serine/threonine protein kinase etc. This indicates that *TaFRA* participates in stress response through regulating above candidate genes, which will provide basis for revealing the mechanism of *TaFRA* reaction to abiotic stress.

**Keywords:** *TaFRA*; yeast two hybridization; co-transformation; candidate proteins

泛素途径在细胞周期的控制、免疫应答、胁迫反应和细胞程序性死亡等许多细胞内基本生理过程中起重要作用<sup>[1-3]</sup>。由泛素(Ubiquitin, Ub)、泛素活化

酶(Ubiquitin-activating enzyme, E1)、泛素结合酶(Ubiquitin-conjugating enzymes, E2s)、泛素-蛋白连接酶(Ubiquitin-protein ligases, E3s)、26S蛋白酶体和

收稿日期: 2010-08-10; 修回日期: 2010-09-29

基金项目: 国家 863 计划项目(编号: 2008AA10Z119)和转基因重大专项(编号: 2009ZX08009-085B)资助。

作者简介: 温小杰(1977-), 女, 博士, 助理研究员, 研究方向: 小麦耐盐相关基因。E-mail: wen\_xiaojie@163.com

通讯作者: 张学勇(1962-), 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 小麦遗传多样性与核心种质、基因组进化、基因克隆。E-mail: xueyongz@mail.caas.net.cn

泛素解离酶(Deubiquitinating enzymes, DUBs)等组成。F-box蛋白是E3连接酶SCF复合体的重要亚基。其N端有一个由40~50个氨基酸组成的F-box结构域,通过参与SCF复合体的形成介导了泛素化蛋白底物的特异性识别<sup>[4]</sup>。F-box蛋白参与了植物各个生长发育过程,包括光形态建成、器官发育、自交不亲和及胁迫反应等。此外,F-box蛋白在植物激素信号传导途径中也发挥了重要的作用,人们苦苦追寻了数十年的生长素受体TIR1,就是泛素化降解途径E3连接酶复合体中的F-box蛋白。该结果2005年由美国Indiana大学Estelle实验室<sup>[5]</sup>和英国York大学Leyser实验室<sup>[6]</sup>同时在*Nature*上发表,引起巨大反响。因此,F-box介导的泛素化蛋白质降解途径是植物基因表达调控非常重要的机制。越来越多的研究表明F-box蛋白参与胁迫反应<sup>[7~9]</sup>。其中,研究深入的DOR(Drought tolerance repressor)基因,其编码的F-box蛋白是ABA信号途径的抑制因子,在胁迫反应中能抑制ABA诱导的气孔关闭<sup>[10]</sup>。

酵母双杂交系统是在1989年初步建立的,是研究蛋白质间相互作用的一种非常有效的分子生物学方法<sup>[11]</sup>。该技术将酵母转录因子GAL4的DNA结合域(DNA binding domain, DNA-BD)、转录激活域(Activation domain, AD)分成两部分,分别构建成两个质粒(pBD和pAD)。在pBD上结合一个蛋白X,在pAD上结合一个蛋白Y,再将这两个质粒共同导入酵母菌中,若X、Y蛋白在酵母内发生相互作用,则相当于将GAL4的BD和AD又连在一起,可以转录激活下游报告基因的表达,通过测定报告基因的产物及活性来检测这种交互作用的发生。目前,酵母双杂交方法已被广泛应用于相互作用蛋白的筛选<sup>[12]</sup>, Li等<sup>[13]</sup>以番茄花叶病毒(Tomato mosaic virus, ToMV)的外壳蛋白为诱饵,从烟草cDNA文库里分离出一个激发子反应蛋白,通过病毒介导基因沉默(VIGS),发现该蛋白与病毒外壳蛋白的互作有利于病毒的长距离运动。一些F-box蛋白的验证及作用底物的筛选也是通过酵母双杂交方法进行的,如SLY1与RGA和GAI<sup>[14]</sup>, COI1、CULLIN1与SKP的相互作用<sup>[15,16]</sup>。TaFRA(F-box protein related to abiotic stress; Genbank ID: DQ211933.1)是在用cDNA-AFLP方法获得的盐胁迫差异表达片段的基础上,通过RACE(Rapid amplification of cDNA ends)方法克隆的全长基因<sup>[17]</sup>,

编码F-box蛋白。本研究拟通过共转化酵母双杂交方法,筛选与之相互作用的候选底物蛋白,为阐明该基因的功能并进一步分析其作用机制奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

普通小麦中国春(Chinese spring, CS)由本实验室保存,酵母双杂交试剂盒MATCHMAKER Two-Hybrid System3购自Clontech公司。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 pBD-TaFRA诱饵表达载体构建

根据TaFRA基因的开放阅读框设计PCR引物:F-EcoR: 5'-GAATTCATGGCTTG CACACAGATG AACTGC-3', R-Sal: 5'-GTCGACTCACGCTTCCA CTCTTGTT TGCC-3'(下划线所示为所加酶切位点)。将PCR产物酶切后(所用酶购自NEB公司)克隆到pBD(Clontech公司)载体上,构建诱饵表达载体pBD-TaFRA。

#### 1.2.2 RNA提取及cDNA合成

将中国春的种子浸泡过夜,在培养皿中发芽,待幼苗长至5 cm高时,转入盛有Hoagland营养液的塑料盒中培养。当幼苗长至两叶一心时,加入250 mmol/L NaCl进行胁迫处理2 h,取叶片研磨备用, RNA提取方法详见RNA提取试剂盒(天根公司)使用说明。将检测合格的RNA经反转录合成cDNA。用BD CHROMA SPIN TE-400滤柱纯化cDNA,每95  $\mu$ L样品用一个滤柱,参照Clontech公司cDNA文库构建方法进行。

#### 1.2.3 酵母转化及阳性克隆筛选

参照说明书(Clontech公司)制备酵母感受态细胞备用。在一个1.5 mL的离心管里加入ds cDNA 5.0  $\mu$ L, pGAD T7-Rec 5.0  $\mu$ L, pGBD-TaFRA 3.0  $\mu$ L, Carrier DNA(100 变性5 min, Sigma公司)17.0  $\mu$ L。然后加入70  $\mu$ L的感受态酵母细胞,轻柔摇匀;再加入2.5 mL的PEG/LiAc溶液;30 条件下,230 r/min温浴30 min,后加入20  $\mu$ L DMSO混匀,42 条件水浴20 min,8000~10 000 r/min离心15 s,去掉上清液,加入1 mL的YPD Plus液体培养基或YPDA培养基;30 、230 r/min摇菌90 min;8000~1000 r/min离心

15 s, 弃上清, 用 0.9%NaCl 重悬; 将重悬液涂于 SD-Leu-Trp-His 平板上(为防止阳性克隆太多, 可适量稀释后再用), 30 °C 恒温培养 3~6 d; 挑取直径大于 2 mm 的克隆转移到和四缺培养基(SD-Leu-Trp-His-Ade)平板上, 如能正常生长即为候选阳性克隆。

#### 1.2.4 阳性克隆测序分析

筛选到的阳性克隆, 用酵母质粒小提试剂盒(天根公司)抽提质粒, 提取的质粒用 3'和 5'PCR 引物(Clontech 公司)进行扩增。由于提取的酵母质粒浓度较低, 将插入片段较小的质粒转化 Top10 大肠杆菌感受态细胞后重新提取质粒, 用 T7 引物直接测序, 对于插入片段较大的经高保真酶(天根公司)扩增回收后连接(T4 连接酶购自 NEB 公司)到 pEASY-Blunt 载体(全式金公司)上进行测序。测序结果在 NCBI 网站上进行比对, 获得所得候选基因的相关信息。

## 2 结果与分析

### 2.1 阳性克隆筛选

提取中盐胁迫 2 h 的中国春 RNA 并反转录成 cDNA, 与激活载体 pGAD 和构建好的诱饵表达载体共同转化酵母 AH109, 在四缺培养基上统计直径大于 2 mm 的阳性克隆 249 个, 图 1 所示为部分筛选结果, 可以看出, 红圈表示假阳性克隆, 由于报告基因没有表达, 在四缺培养基上不能正常生长。

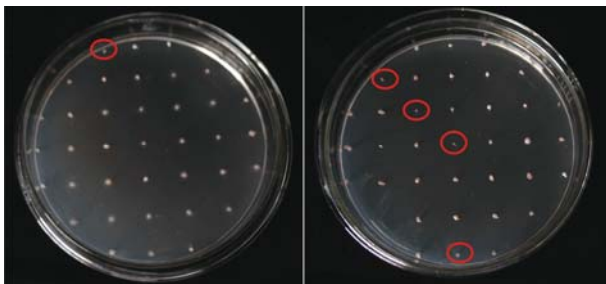


图 1 酵母双杂交部分阳性克隆在四缺培养基上筛选结果 红圈表示假阳性克隆。

### 2.2 阳性克隆验证

检测了 pGBD-TaFRA 和 pGBD-TaFRA+pGAD 的自激活活性(图 2), 可以看出具有转化质粒的酵母在全培养基上能够生存, 但只转化 pGBD-TaFRA 的酵母不能在 SD/-Leu/-Trp 二缺培养基上生长, 而转

化含有 pGAD 的质粒的酵母在二缺培养基上能够正常生长, 表明 pGBD-TaFRAs 和 pGAD 质粒表达共转化进入了酵母细胞, 而且不具有自激活活性。然而转化 pGBD-TaFRAs+pGAD 质粒的酵母在三缺和四缺培养基上不能存活(图 3), 只有在诱饵蛋白、pGAD 和及与 TaFRAs 相互作用的 cDNA 同时存在的阳性克隆才能生长, 说明经缺失培养基筛选到的酵母克隆为阳性克隆。



图 2 全培养基(右)和二缺(左)培养基检测

1: AH109; 2, 3: TaFRA+pGBD+pGAD; 4, 5: TaFRA+pGBD; 6, 7: TaFRA+pGBD+pGAD+cDNA; 8: TaFRA+pGBD+pGAD+cDNA。

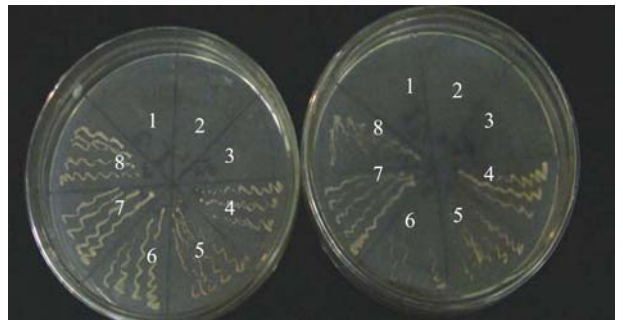


图 3 三缺(左)、四缺(右)培养基检测

1: AH109; 2: TaFRA+pGBD; 3: TaFRA+pGBD+pGAD; 4~8: TaFRA+pGBD+pGAD+cDNA。

### 2.3 候选克隆测序分析

筛选到的阳性克隆提取质粒后首先经过 PCR 扩增(图 4)检测, 对扩增片段单一的克隆进一步测序分析。测序结果进行比对分析, 获得多个基因序列, 编码 44 个候选蛋白, 其中 32 个涉及与抗逆相关的多种蛋白, 包括硫氧还蛋白、铁硫蛋白、ATP 合成酶及丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶等多种逆境胁迫反应蛋白及转录因子(如 NAC、GAMYB), 这些基因与小麦、大麦、水稻等禾本科作物的基因具有很高的相似性, 还有 12 个为未知蛋白(表 1)。



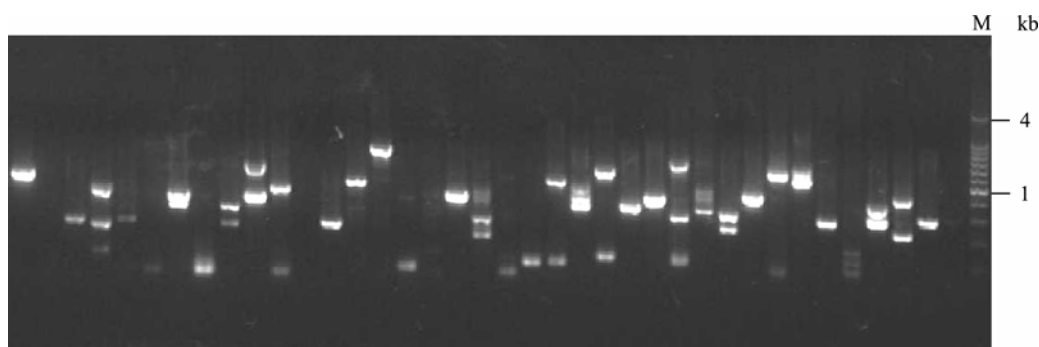


图4 酵母质粒 PCR 检测结果

各泳道为随机选取的酵母双杂交阳性质粒扩增产物。

### 3 讨论

#### 3.1 共转化方法筛选目的基因相互作用蛋白

在筛选与 TaFRA 相互作用的蛋白过程中, 直接利用 cDNA 与诱饵载体和激活载体共转化, 在省去 cDNA 文库构建繁琐步骤的同时, 获得了较理想的结果。在实验过程中发现合成的 dscDNA 进行纯化是必要的, 未经纯化的 cDNA 不仅含有冗余的小片段, 而且其反应体系中还含有反转录酶和缓冲液中的离子, 这些都可能影响转化效率。对纯化前后获得的阳性克隆进行比较, 图 5 所示为纯化前筛选阳性克隆 PCR 结果, 与图 4 相比, 总体片段大小差异不大, 而且最大的片段还不足 1 kb, 推测共转化体系中, 需要进行两步反应, 首先 cDNA 与 pGAD 质粒重组形成靶蛋白表达载体, 其次是具有相互作用的靶蛋白载体与诱饵表达载体共转化进入酵母细胞, 都需要理想的反应体系, 直接将 cDNA 反应液加入转化体系可能影响了连接与转化效率, 进而导致携带大片段的蛋白和表达丰度较低的蛋白的质粒筛选频率降低, 导致获得的阳性克隆不仅片段较小, 多样性也低, 严重影响了筛选结果。

#### 3.2 与 TaFRA 相互作用候选蛋白分析

SCF 复合体中 F-box 亚基是介导与其他蛋白质发生相互作用的位点<sup>[4]</sup>。F-box 蛋白决定了底物的特异性<sup>[18]</sup>。植物中存在大量的 F-box 蛋白, 在拟南芥、水稻和杨树中至少包含 694、779 和 337 个<sup>[19]</sup>, 其在植物生长发育的各个阶段发挥了重要的作用, 但其在胁迫反应中的研究较少。TaFRA 基因编码 F-box 蛋白, 是在盐胁迫差异表达片段基础上获得的, 推测其可

能在胁迫反应中发挥了作用。对其作用底物的筛选和分析, 将有助于进一步明确 TaFRA 基因的功能。本研究通过酵母双杂系统筛选到了 44 个与 TaFRA 相互作用的蛋白编码序列, 在获得的已知蛋白中, 多数与生物和非生物胁迫反应相关, 同时也表明 TaFRA 通过这些基因的调控参与了相关反应。

酵母双杂交结果筛选到 TaFRA 能与赤霉素反应调控因子和 12-氧-植物二烯酸还原酶(OPR)相互作用, 二者是赤霉素和茉莉酸信号途径<sup>[20,21]</sup>的基因, 其中 OPR 是茉莉酸合成途径中的关键基因, 研究结果表明 OPR 受 ABA、JA、乙烯和伤害诱导表达<sup>[21]</sup>。赤霉素和茉莉酸在植物的生长发育和胁迫反应发挥着重要的作用<sup>[22~24]</sup>, 他们的信号传递过程中都需要 F-box 蛋白的直接参与<sup>[25,26]</sup>, 通过酵母双杂交发现 TaFRA 能与上述两中激素反应中的蛋白相互作用, 表明 TaFRA 基因可能参与了激素的信号传导途径对植物的抗性进行调节。

筛选结果显示 TaFRA 可能还与丝氨酸/苏氨酸/酪氨酸蛋白相互作用, 该蛋白家族具有多个成员, 各成员间存在较高的相似性, RT-PCR 结果显示它们都受干旱、盐、ABA 和枯萎病菌的诱导表达<sup>[27]</sup>。

此外, 还筛选到能与 TaFRA 相互作用的金属硫蛋白(Metallothionein)、硫氧还蛋白, 他们是生物体内的小分子量蛋白, 在解除重金属离子的毒性、抗胁迫、信号传导等许多重要的生命活动等方面起作用<sup>[28~30]</sup>。

本研究筛选到 TaFRA 能与上述候选蛋白相互作用, 推测 TaFRA 通过对它们的调控直接或间接地参与了胁迫反应途径, 该结果也为进一步分析 TaFRA 蛋白在逆境胁迫反应中的功能及作用机制奠定了基础。

表 1 酵母双杂交阳性克隆测序比对结果

比对结果	E-值	最大相似性	匹配物种*
26S 核糖体 RNA	1.00E-144	99%	Os, Zm, Sb
26S 核糖体 RNA	4.00E-79	98%	Ta
28S 核糖体 RNA	1.00E-83	99%	Ta
5'-腺苷酰硫酸还原酶	0	98%	Ta, Zm
ATP 合成酶前体	0	96%	Ta, Hv
ATP 依赖型酪蛋白水解酶 ATP 结合亚基	0	99%	Ta, Hv
叶绿体基因	0	99%	Ta
叶绿素 a/b 结合蛋白	2.00E-117	88%	Hv, Os
ATP 合成酶 H	0	99%	Ta, Hv
3-脱氧-D-阿拉伯-庚酮糖酸-7-磷酸合酶	0	96%	Hv, Os, Zm
法尼蛋白	0	97%	Ta, Hv
GAMYB 结合蛋白	0	97%	Hv
赤霉素反应调控因子	0	98%	Ta, Hv, Os
16.9C 热击蛋白	1.00E-135	96%	Ta
金属硫蛋白	6.00E-143	95%	Ta, Hv
类金属硫蛋白	4.00E-144	99%	Ta, Hv
NAC 转录因子	2.00E-105	93%	Hv
磷酸烯醇式丙酮酸羧化酶	0	98%	Ta, Sb
过氧化物酶 6	0	89%	Hv, Tm
质体蓝素前体	2.00E-113	86%	Hv
蛋白酶抑制剂	5.00E-164	99%	Ta, Hv
Rieske 氏铁硫蛋白前体	0	99%	Ta, Os
核酮糖-1,5- 二磷酸羧化酶激酶	0	95%	Ta
丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶	0	99%	Ta
核酮糖-1,5- 二磷酸羧化酶/ 加氧酶	0	99%	Ta
大麦 DRF 类蛋白	1.00E-81	88%	Hv
硫氧还蛋白 H	0	100%	Ta
硫氧还蛋白 M	1.00E-165	79%	Ta
小麦 wlmk1pk0004 克隆	3.00E-65	94%	Ta
转录延伸因子 1	0	98%	Ta
V 型 ATP 合酶 A 亚基	2.00E-166	98%	Ta, Hv
12-氧-植物二烯酸还原酶	0	96%	Ta
未知蛋白	0	93%	Hv, Os
未知蛋白	0	96%	Ta
未知蛋白	7.00E-112	92%	Ta, Hv
未知蛋白	7.00E-137	96%	Ta, Hv
未知蛋白	7.00E-77	82%	Ta
未知蛋白	2.00E-143	98%	Ta
未知蛋白	0	97%	Hv, Tt
未知蛋白	5.00E-169	93%	Ta, Hv
未知蛋白	8.00E-87	96%	Hv
未知蛋白	0	97%	Ta, Os
未知蛋白	5.00E-134	91%	Hv
未知蛋白	6.00E-73	81%	Zm

注: \*Os: 水稻(*Oryza sativa*); Zm: 玉米(*Zea mays*); Sb: 高粱(*Sorghum bicolor*); Ta: 小麦(*Triticum aestivum*); Hv: 大麦(*Hordeum vulgare*); Tm: 一粒小麦(*Triticum monococcum*); Tt: 圆锥小麦(*Triticum turgidum*)。

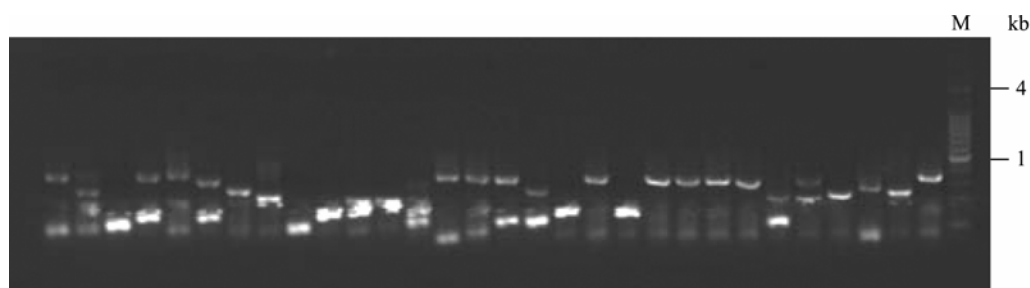


图 5 未经纯化的 cDNA 筛选到的阳性克隆

各泳道为随机选取的酵母双杂交阳性质粒扩增产物。

## 参考文献(References):

- [1] Belknap WR, Garbarino JE. The role of ubiquitin in plant senescence and stress responses. *Trends Plant Sci*, 1996, 1(10): 331–335. [\[DOI\]](#)
- [2] Ciechanover A. The ubiquitin-proteasome pathway: on protein death and cell life. *EBMO J*, 1998, 17(24): 7151–7160. [\[DOI\]](#)
- [3] Itoh H, Matsuoka M, Steber CM. A role for the ubiquitin-26S-proteasome pathway in gibberellin signaling. *Trends Plant Sci*, 2003, 8(10): 492–497. [\[DOI\]](#)
- [4] Bai C, Sen P, Hofmann K, Ma L, Goebl M, Harper JW, Elledge SJ. SKP1 connects cell cycle regulators to the ubiquitin proteolysis machinery through a novel motif, the F-box. *Cell*, 1996, 86(2): 263–274. [\[DOI\]](#)
- [5] Dharmasiri N, Dharmasiri S, Estelle M. The F-box protein TIR1 is an auxin receptor. *Nature*, 2005, 435(7041): 441–445. [\[DOI\]](#)
- [6] Kepinski S, Leyser O. The *Arabidopsis* F-box protein TIR1 is an auxin receptor. *Nature*, 2005, 435(7041): 446–451. [\[DOI\]](#)
- [7] Jain M, Nijhawan A, Arora R, Agarwal P, Ray S, Sharma P, Kapoor S, Tyagi AK, Khurana JP. F-box proteins in rice. Genome-wide analysis, classification, temporal and spatial gene expression during panicle and seed development, and regulation by light and abiotic stress. *Plant Physiol*, 2007, 143(4): 1467–1483. [\[DOI\]](#)
- [8] Calderón-Villalobos LIA, Nill C, Marrocco K, Kretsch T, Schwechhermer C. The evolutionarily conserved *Arabidopsis thaliana* F-box protein AtFBP7 is required for efficient translation during temperature stress. *Gene*, 2007, 392(1–2): 106–116. [\[DOI\]](#)
- [9] 杨传平, 王玉成, 刘桂丰, 姜静. NaHCO<sub>3</sub> 胁迫下紫杆柃柳一些基因的表达. *植物生理与分子生物学学报*, 2004, 30(2): 229–233. [\[DOI\]](#)
- [10] Zhang YE, Xu WY, Li ZH, Deng XW, Wu WH, Xue YB. F-box protein DOR functions as a novel inhibitory factor for abscisic acid-induced stomatal closure under drought stress in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*, 2008, 148(4): 2121–2133. [\[DOI\]](#)
- [11] Fields S, Song O. A novel genetic system to detect protein-protein interactions. *Nature*, 1989, 340(6230): 245–246. [\[DOI\]](#)
- [12] Brückner A, Polge C, Lentze N, Auerbach D, Schlattner U. Yeast two-hybrid, a powerful tool for systems biology. *Int J Mol Sci*, 2009, 10(6): 2763–2788. [\[DOI\]](#)
- [13] Li Y, Wu MY, Song HH, Hu X, Qiu BS. Identification of a tobacco protein interacting with tomato mosaic virus coat protein and facilitating long-distance movement of virus. *Arch Virol*, 2005, 150(10): 1993–2008. [\[DOI\]](#)
- [14] Dill A, Thomas SG, Hu JH, Steber CM, Sun TP. The Arabidopsis F-box protein SLEEPY1 targets gibberellin signaling repressors for gibberellin-induced degradation. *Plant Cell*, 2004, 16(6): 1392–1405. [\[DOI\]](#)
- [15] Feng SH, Ma LG, Wang XP, Xie DX, Dinesh-Kumar SP, Wei N, Deng XW. The COP9 signalosome interacts physically with SCF<sup>COI1</sup> and modulates jasmonate responses. *Plant Cell*, 2003, 15(5): 1083–1094. [\[DOI\]](#)
- [16] Qiao H, Wang F, Zhao L, Zhou JL, Lai Z, Zhang YS, Robbins TP, Xue YB. The F-box protein AhSLF-S<sub>2</sub> controls the pollen function of S-RNase-based self-incompatibility. *Plant Cell*, 2004, 16(9): 2307–2322. [\[DOI\]](#)
- [17] 秘莉莉. 小麦(*Triticum aestivum* L.)耐盐相关基因的克隆及特性分析[学位论文]. 北京: 中国农业科学院研究生院, 2005.
- [18] Kong HZ, Leebens-Mack J, Ni WM, de Pamphilis CW, Ma H. Highly heterogeneous rates of evolution in the *SKP1* gene family in plants and animals: functional and evolutionary implications. *Mol Biol Evol*, 2004, 21(1): 117–128. [\[DOI\]](#)
- [19] Xu GX, Ma H, Nei M, Kong HZ. Evolution of F-box genes in plants: Different modes of sequence divergence and their relationships with functional diversification. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2009, 106(3): 835–840. [\[DOI\]](#)
- [20] Peng JR, Richards DE, Hartley NM, Murphy GP, Devos KM, Flintham JE, Beales J, Fish LJ, Worland AJ, Pelica F, Sudhakar D, Christou P, Snape JW, Gale MD, Harberd NP. ‘Green revolution’ genes encode mutant gibberellin response modulators. *Nature*, 1999, 400(6741): 256–261. [\[DOI\]](#)
- [21] Zhang JL, Simmons C, Yalpani N, Crane V, Wilkinson H, Kolomiets M. Genomic analysis of the 12-oxo-phytodienoic acid reductase gene family of *Zea mays*. *Plant Mol Biol*, 2005, 59(2): 323–343. [\[DOI\]](#)
- [22] Alonso-Ramírez A, Rodríguez D, Reyes D, Jiménez JA, Nicolás G, López-Climent M, Gómez-Cadenas A, Nicolás C. Cross-talk between gibberellins and salicylic acid in early

- stress responses in *Arabidopsis thaliana* seeds. *Plant Signal Behav*, 2009, 4(8): 750–751. [\[DOI\]](#)
- [23] Kim EH, Kim YS, Park SH, Koo YJ, Choi YD, Chung YY, Lee IJ, Kim JK. Methyl jasmonate reduces grain yield by mediating stress signals to alter spikelet development in rice. *Plant Physiol*, 2009, 149(4): 1751–1760. [\[DOI\]](#)
- [24] Keramat B, Kalantari KM, Arvin MJ. Effects of methyl jasmonate in regulating cadmium induced oxidative stress in soybean plant (*Glycine max* L.). *African J Micro Res*, 2009, 3(5): 240–244. [\[DOI\]](#)
- [25] Chico JM, Chini A, Fonseca S, Solano R. JAZ repressors set the thym in jasmonate signaling. *Curr Opin in Plant Biol*, 2008, 11(5): 486–494. [\[DOI\]](#)
- [26] Gao Y, Zhao Y, Li TT, Ren CX, Wang ML. Molecular cloning and expression analysis of an F-box protein gene responsive to plant hormones in *Brassica napus*. *Mol Biol Rep*, 2009, 37(2): 1037–1044. [\[DOI\]](#)
- [27] Gu ZM, Wang JF, Huang J, Zhang HS. Cloning and characterization of a novel rice gene family encoding putative dual-specificity protein kinases, involved in plant responses to abiotic and biotic stresses. *Plant Sci*, 2005, 169(3): 470–477. [\[DOI\]](#)
- [28] Robinson NJ, Tommey AM, Kuske C, Jackson PJ. Plant metallothioneins. *Biochem J*, 1993, 295(Pt1): 1–10. [\[DOI\]](#)
- [29] Montrichard F, Renard M, Alkhalfoui F, Duval FD, Macherel D. Identification and differential expression of two thioredoxin h isoforms in germinating seeds from pea. *Plant Physiol*, 2003, 132(3): 1707–1715. [\[DOI\]](#)
- [30] Traverso JA, Vignols F, Cazalis R, Serrato AJ, Pulido P, Sahrawy M, Meyer Y, Cejudo FJ, Chueca A. Immunocytochemical localization of *Pisum sativum* TRXs *f* and *m* in non-photosynthetic tissues. *J Exp Bot*, 2008, 59(6): 1267–1277. [\[DOI\]](#)

## • 综合信息 •

### 2011 年《遗传》作者须知

《遗传》为中国精品科技期刊，其定位是反映中国遗传学原创性研究成果及国际遗传学进展的学报级中文生物学核心期刊。据中国科学技术信息研究所发布的“2010 年版中国科技期刊引证报告(核心版)”的数据显示，《遗传》的总被引频次为 1667 次，生物学科排名第 12 位；影响因子为 0.760，生物学科排名第 13 位。

**1. 征稿范围：**遗传学、基因组学、发育生物学、生物进化、遗传工程及生物技术等领域有创新性的研究论文；新技术与新方法；学科热点问题的专论与综述；学术争鸣与讨论；遗传学教学的经验体会；国内外著名遗传学家介绍；遗传咨询；国内外学术会议信息与科学新闻等。

**2. 稿件要求：**只接收中文稿件，请附详细规范的中英文摘要。中英文题目应简洁明快；名词术语规范；使用法定的计量单位；基因符号为斜体；插图清晰，表格为三线表；图表随文排版，按顺序编码制准确引用参考文献，保留全部引文作者姓名。基金项目、图表和中文参考文献不必列出英文对照。全文通栏排版。

**3. 送审标准：**根据期刊的定位，将提高审稿标准。一些只是利用 PCR 或同源克隆的方法研究基因表达方面的文章将不予接收，须有基因功能方面的研究方可送审。一般不必在文中给出 PCR 检测的电泳图片。

**4. 数据库收录：**《遗传》已被国内外 20 余种重要检索系统与数据库收录。新发表的文章将提交到《中国学术期刊网络出版总库》、《万方数据》、《天元数据》、《中国遗传网》及《生物通》等各种介质、媒体上长期全文发布；文章题目与摘要将被美国《化学文摘》、《生物学数据库》、《医学索引》、《俄罗斯文摘杂志》、《中国科学引文数据库》、《中国学术期刊文摘》、《中国生物学文摘》等国内外相关文摘与检索系统收录。作者的稿酬在《遗传》发表后一次性给付，以后不再支付其他报酬。

**5. 作者确认：**所投稿件必须是独立取得的原创性成果，享有自主知识产权，无抄袭问题；未一稿两投；相关数据、图表等结果未曾以各种文字、语种在国内外公开发表过；文章如在《遗传》发表，将不再以任何语种向国内外其他刊物重复投稿；作者之间无署名及排序纠纷，学生投稿已经征得导师同意，而且无保密问题。

编辑部重申：一旦发现有学术不端问题出现，将作出退稿或撤稿处理，并予以曝光，今后将不再接收该作者的稿件。

**6. 投稿方式：**《遗传》实行网上投稿和网上审稿。请作者登录《遗传》网站，在“作者投稿查稿系统”注册，网址为 [http://159.226.116.4/journalx/authorLogOn.action?mag\\_Id=7](http://159.226.116.4/journalx/authorLogOn.action?mag_Id=7)，按提示步骤确认完成投稿流程。如 3 日内未收到投稿回执邮件的，请及时向编辑部查询(E-mail: [ycz@genetics.ac.cn](mailto:ycz@genetics.ac.cn))，以免遗漏。请妥善保存用户名和密码。

**7. 审稿流程：**编辑部收到稿件后将严格初审，对于学术水平、稿件内容和写作格式不符合我刊要求的及时退稿，不予送审。审查后录用的稿件经编辑加工和英文编辑润色后，及时发给作者修改定稿。修订稿及时在本刊网站的“最新录用”栏目全文发布，在《中国知网》进行数字优先出版。排版打印后请作者校读清样，必须全部作者在《版权转让协议》上签名方可发表。

本刊开辟绿色通道，重要成果的研究论文优先刊出。

**8. 稿件费用：**本刊不收取审稿费及彩版费。寄清样时通知作者交纳版面费，每页 300 元，稿酬每页 70 元。