

桫欏 CAD 基因家族生物信息学分析

何莹莹, 黄雄

(四川农业大学 四川成都 611130)

摘要:【目的】桫欏是现存唯一的木本蕨类植物, 被称为“树蕨”, 其树干中含有大量的木质素, 对桫欏生长和树干支撑起到重要的作用。肉桂醇脱氢酶(CAD)是参与木质素生物合成的关键酶, 其类型和活性会引起木质素总量和单体含量的显著变化。通过对桫欏 CAD 基因家族成员鉴定及生物信息学分析, 以期明确桫欏 CAD 基因的进化关系、功能及表达模式。【方法】基于课题组前期对桫欏 CAD 基因家族进行鉴定得到的 51 个成员, 对其进行编号, 分别为 *AspiCAD1~AspiCAD49*。结合生物信息学分析和表达谱分析, 通过 MEGA、TBtools、prismchs 等软件, itol、ExPASy、Plantcare、WOLF PSORT 等在线网站对 51 个 *AspiCADs* 基因的理化性质、染色体定位、系统发育、基因结构等进行了分析, 并采用半定量 PCR 法探究了桫欏不同部位中 *AspiCAD* 基因的表达谱。【结果】51 个 *AspiCADs* 基因, 其编码蛋白的氨基酸数量为 229-876 aa, 分子质量为 32495.55-97695.47 Da, 等电点为 5.18-9.75, 不稳定数为 20.43-44.93, 脂肪指数为 81.92-109.58, 有 27 个 *AspiCAD* 蛋白为亲水蛋白, 蛋白预测亚细胞定位大多位于细胞质, 也有部分位于质膜、线粒体、内质网等, 反映了桫欏细胞内 CAD 基因功能和机制的多样性; 51 个 *AspiCADs* 基因在 23 条染色体上不均匀分布, 染色体 Chr07 上分布最多, 并在染色体 Chr07、Chr08、Chr12、Chr23、Chr39、Chr46、Chr56 上检测到连续重复基因, 串联重复和片段重复被认为是影响植物基因家族进化的主要因素; 结合对毛果杨 CAD 家族成员的鉴定, 与 *AspiCADs* 共同进行系统发育分析, 将 51 个 *AspiCADs* 基因分为 4 大类, 且 *AspiCAD1* 与 Potri.009G095800.1 (*PtrCAD1*) 为同源基因; 同一家族的成员具有相似的基因结构和功能结构域, 同一类中的 *AspiCADs* 蛋白的 Motif 分布大致相似, 且 *AspiCADs* 基因家族成员含有内含子 4~12 个不等, 外显子 4~13 个不等; *AspiCADs* 基因中植物生长发育元件数量最多为 587 个, 表明该家族具有潜在的促进植物生长发育的功能; 转录组和 qRT-PCR 数据共同表明, *AspiCAD1*、*AspiCAD32*、*AspiCAD17*、*AspiCAD4*、*AspiCAD38*、*AspiCAD39*、*AspiCAD42* 在木质部中表达量较高, 其中 *AspiCAD1* 在木质部中的表达量显著高于叶片、韧皮部、髓和厚壁组织。【结论】桫欏 *AspiCADs* 家族成员在进化特征上高度保守, 可能参与多种激素以及植物生长发育反应, *AspiCAD1* 可能是木质素生物合成的关键基因。本研究结果为桫欏 CAD 基因的进化关系和功能提供新的见解, 进一步为解析桫欏木质素生物合成的分子机制提供候选基因。