

樟树 *SPS* 基因克隆及其在干旱胁迫下的表达分析

王颜波, 贾萌, 金志农

(南昌工程学院, 江西 南昌, 330099)

摘要:【目的】蔗糖作为生物体内至关重要的渗透调节剂, 在植物抵抗旱中扮演着核心角色。作为蔗糖合成过程中的关键酶基因, 蔗糖磷酸合成酶基因 *SPS* 在干旱的胁迫条件下表现出显著的表达活性。为了明确樟树 *SPS* 基因的家族成员的序列信息及干旱胁迫下的表达情况。【方法】对樟树 *SPS* 基因的家族成员 *SPS1*、*SPS3*、*SPS4* 序列进行了克隆和序列分析, 并通过模拟干旱处理, 采用实时荧光定量 PCR 技术, 分析干旱胁迫下樟树 *SPS* 基因的表达情况。【结果】克隆了 *SPS* 基因的家族成员 *SPS1*、*SPS3*、*SPS4*, 序列的总长度分别为 3195、3120、3036 bp, 分别编码 1065、1039、1012 个氨基酸。经比对分析发现, *SPS1* 基因与莲(*Nelumbo nucifera*) 同源性最为高, 为 80.77%; *SPS3* 基因与澳洲坚果(*Macadamia integrifolia*) 的同源性最高, 为 80.81%; *SPS4* 基因与莲的同源性最高, 达到了 79.97%。*SPS1*、*SPS3*、*SPS4* 蛋白均为不稳定的亲水性蛋白, 二级结构分别含 α 螺旋结构 41.41%、42.64%、43.08%, 延伸链结构 13.71%、13.19%、13.24%, β 转角结构 6.10%、6.35%、6.32% 和无规则卷曲结构 38.78%、37.82%、37.35%。蛋白 N 末端区域均包含蔗糖合酶结构域, 中心区域包含一个糖基转移酶结构域, C 末端区域具有一个蔗糖磷酸酶结构域; 均不存在跨膜序列; 均呈无规则螺旋型。qPCR 结果显示, 在干旱胁迫下, *SPS1* 与 *SPS3* 基因在干旱处理前期, 随着处理时间的延长, 表达量增加, 但到了干旱处理后期, 表达量开始下降。*SPS4* 基因在干旱处理初期表达量相对较低, 随后开始显著上升。【结论】本研究成功克隆樟树 *SPS* 基因家族成员 *SPS1*、*SPS3*、*SPS4*。干旱条件下, 樟树 *SPS* 基因的表达量均发生了显著变化, 证明了该基因家族在樟树响应干旱胁迫中的关键作用。

关键词: 樟树; 序列分析; 干旱胁迫; 表达分析