

沙田柚生长素响应基因 SAUR 的鉴定及序列分析

陈玉梅, 李璐璐, 徐媛, 陈锦玲, 李惠敏, 秦新民* (广西师范大学生命科学学院, 广西桂林 541004)

摘要 [目的]研究沙田柚生长素响应基因 SAUR 基因编码的蛋白质序列所包含的生物信息学。[方法]以沙田柚自交和异交花柱为材料,通过高通量测序技术进行转录组测序,在差异表达基因中鉴定出 SAUR 基因。[结果]该基因全长 857 bp(登录号为 MH281940),开放阅读框(ORF)为 381 bp,编码 126 个氨基酸,编码的蛋白质理论等电点为 5.76,相对分子质量为 13.74 kD,含有 1 个与 Auxin_inducible superfamily 蛋白相同的保守结构域。沙田柚 SAUR 基因在自交 1~3 d 花柱中的表达量(RPKM)分别为 8.42、56.02、53.45;而在异交 1~3 d 花柱中的表达量分别为 11.98、36.74、8.53。氨基酸序列分析表明,该基因编码的氨基酸与克莱门柚和甜橙 SAUR 基因编码的氨基酸的同源性分别为 100%、99%。系统进化树显示,沙田柚 SAUR 基因与克莱门柚和甜橙的亲缘关系很近,属同一进化分支。[结论]研究结果可为今后深入研究沙田柚自交不亲和机理提供参考。

关键词 沙田柚;自交不亲和;SAUR 基因;序列分析

中图分类号 S 188 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2018)22-0081-04

Identification and Sequence Analysis of Auxin-responsive SAUR Gene from *Citrus grandis* var. *Shatinyu* Hort

CHEN Yu-mei, LI Lu-lu, XU Yuan et al (College of Life Sciences, Guangxi Normal University, Guilin, Guangxi 541004)

Abstract [Objective] To study the biological information contained in the protein sequence encoded small auxin up RNA (SAUR) gene. [Method] The self-pollinated and cross-pollinated style of *Citrus grandis* var. *Shatinyu* Hort were used as test materials and transcriptome sequenced by high-throughput sequencing technology. The SAUR gene was identified in differentially expressed genes. [Result] The gene was 857 bp (GenBank accession number: MH281940) in length with an open reading frame (ORF) of 381 bp, encoding 126 amino acids with theoretical pI value of 5.76, and deduced molecular weight of 13.74 kD, and contained a Auxin_inducible superfamily conserved domain. The expression (RPKM) of SAUR gene was 8.42, 56.02 and 53.45 respectively in 1, 2, 3 days in self-pollinated styles, and the expression (RPKM) of the gene was 11.98, 36.74 and 8.53 respectively in 1, 2, 3 days in cross-pollinated styles. The homology analysis of amino acid sequence indicated that the SAUR protein shared 100% homology with *Citrus clementina* (XP_006452877.1) and 99% homology with *Citrus sinensis* (XP_006474595.1). Phylogenetic analysis revealed that SAUR gene showed closer kinship with *Citrus clementina* and *Citrus sinensis*, indicating that they belong to the same evolutionary branch. [Conclusion] The results could provide a theoretical reference for further study of self-incompatibility molecular mechanism in *Citrus grandis* var. *Shatinyu* Hort.

Key words *Citrus grandis* var. *Shatinyu* Hort; Self-incompatibility; SAUR gene; Sequence analysis

在配子体自交不亲和性 (gametophytic self-incompatibility, GSI) 植物中,花粉管生长在花柱中受到抑制,不能顺利完成受精作用^[1]。研究发现, GSI 受 S 位点的基因控制。在玄参科西班牙金鱼草 S 基因座中首次克隆到与花粉自交不亲和性决定因子相关的基因 SLF (S-locus F-box)^[2]; 随后相继在茄科^[3]、蔷薇科^[4]等多个物种中发现自交不亲和和相关的柱头不亲和因子 S-RNase 和花粉不亲和因子 SLF/SFB (S-locus F-box / S-haplotype specific F-box); 罂粟属植物中的柱头 S-因子 PrsS 具有抑制体外花粉管生长的作用^[5]。同时,一些非 S 基因也参与植物自交不亲和过程,如抑制 HT-B 的表达会导致花柱丧失拒绝花粉的能力^[6-7]。另外,一些信号分子如 Ga²⁺、肌动蛋白以及蛋白激酶 p56 会影响花粉管的生长^[8]。目前,沙田柚自交不亲和的研究已取得一定的进展。薛妙男等^[9-10]确定了沙田柚自交中花粉管在花柱中停止生长的位置以及花柱通道细胞中的特异蛋白的产生部位和分布;秦新民等^[11-13]分离和鉴定了沙田柚花粉管特异蛋白,同时,花粉管中特异蛋白的产生部位和分布也得到了确定。

SAURs (small auxin up RNAs) 基因属生长素早期响应家族基因三大基因^[14]。1987 年,首个 SAUR 基因在大豆下胚轴中被发现^[15]。大部分 SAUR 家族的基因都没有内含子,含有

1 个或多个生长素反应元件 AuxREs^[14]。SAUR 基因含有 1 个下游元件 DST, 它会导致其编码的 mRNAs 极不稳定,易在短时间内被降解^[16]。SAUR 基因具有 1 个 Auxin-inducible 结构域,参与植物的生长素调节活动。研究发现,拟南芥 *AtSAUR* 通过调节细胞膨胀来调控下胚轴的生长^[17]; *OsSAUR54* 基因在水稻的柱头中特异表达,可能对花粉管的伸长有促进作用^[18]。此外,拟南芥 *AtSAUR50* 基因参与光信号介导的花序梗发育^[19]。

沙田柚 (*Citrus grandis* var. *Shatinyu* Hort) 是配子体高度不亲和果树。目前,有关 SAUR 基因参与植物自交不亲和性的报道尚少。为进一步探讨沙田柚自交不亲和的机理,笔者在对沙田柚自交和异交花柱进行转录组测序的基础上,通过对差异基因的分析以及所测的 Unigenes 进行功能注释,获得了 1 个沙田柚 SAUR 基因;并对其编码的蛋白质理化特征以及该基因在沙田柚自交和异交花柱中的表达模式进行了分析,旨在为深入研究沙田柚自交不亲和性的分子机制提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料 材料采自广西灵川县潮田乡大山口村果园十年生沙田柚果树。分别收集人工授粉 (沙田柚×沙田柚) 和异交授粉 (沙田柚×酸柚) 1~3 d 的花柱以及当天未开花的花柱,将其立即放入液氮中速冻处理,然后保存在 -80 °C 超低温冰箱中备用。

1.2 方法

1.2.1 RNA 的提取、建库和测序。总 RNA 提取采用改良的

基金项目 国家自然科学基金项目 (31360477); 广西教育厅项目 (2013YB036)。

作者简介 陈玉梅 (1990—), 女, 广西藤县人, 硕士研究生, 研究方向: 植物分子生物学。* 通讯作者, 教授, 博士, 硕士生导师, 从事植物分子生物学研究。

收稿日期 2018-05-05

Trizol 法^[20]进行, RNA 检测合格后交由深圳华大基因科技服务有限公司建库和测序, 建库和测序的方法参考文献[21]的方法进行。

1.2.2 基因序列分析和系统树构建。通过 NCBI ORF Finder、DNAMAN、Conserved Domain Search、TMHMM、NetPhos3.1、SWISS-MODEL 等软件对 SAUR 基因进行序列和理化性质分析。基于氨基酸序列 SAUR 基因的系统树用 DNAMAN 软件进行构建。

2 结果与分析

2.1 开放阅读框预测 沙田柚 SAUR 基因(Unigene8616_

```

1      CCCCCAAAACAACACTCACATCTATTCTCTCTCTCTCCCCCCCCCTCTCAGAGGCATT
61     TTCACGAAACGCATCACAAACATTTTATTCTTTTTTCGAAATGGCGAAAGGTGGCAAGCTG
      M A K G G K L
121    ATGAAGCTCAAGTCAGTTCTGAAGAAGCTCAACTCATTCAACAAACAAAACGGCAGCGGC
      M K L K S V L K K L N S F N K Q N G S G
181    GGAGGAAGCTGCAGGCCCGGCATGAGCTCCGCAGTGGCCGCCGCGGACGATTCTCCGCC
      G G S C R P G M S S A V A A A D D S S A
241    AACTACTCGGGTGATCTTCACCCCGTTTACGTGGGAAAGTCCCGGAGACGATACCTCGTC
      N Y S G D L H P V Y V G K S R R R Y L V
301    AGCTCAGACATCATCGACCACCACTCTTCAAAGAGCTCGCCGAACGCTCCAGCGACTCG
      S S D I I D H P L F K E L A E R S S D S
361    TCAGACGCGTCCACGTGTCCTGCGAGGTTGTCTTGTTCGAGCACTTGCTTTGGATGCTC
      S D A V H V S C E V V L F E H L L W M L
421    GAAATGCCGATCCCCAGCCCGAGTCTTTAGATGAACTCGTTGAGTTCTACGCTTGTTAA
      E N A D P Q P E S L D E L V E F Y A C *
481    CTGCTCGTCTCAAGCTCAAGGGTGCATGGTAATATTAATTTGGTGGCGTGGGGTGGGGT
541    GATTCTGTGAGGTACCTGCATGGTAAAAAAGAAAAATCGCTGTAATGATGTAATT
601    GTAATAATAATGATATGATTAGCGGAGTACTTATAGATGATAAAAAGATACATAGTAGAGA
661    GTGGATGAACGGTGAGGAATTAACCCATGATTTTTATACCCGCTAATCGCTAGGCCCTGG
721    TGAGAGACGGAGGGAGATCAAATCATGTATATATTGTTCTTATTTATTATGATTCATT
781    GTTCTTTCTTTTTTTCACATTAATTAATTAATATAATTGTGTGTTCAATTTCTATGATTT
841    TCCTTAATTTTTTTTTT

```

图1 Unigene8616_All 序列和推测氨基酸序列

Fig.1 Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of Unigene8616_All

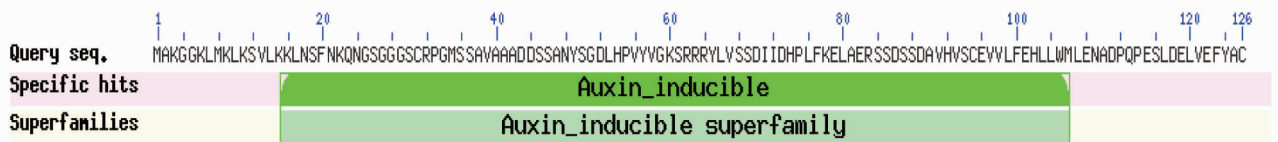


图2 Unigene8616_All 蛋白保守结构域

Fig.2 Conserved domains of porcine Unigene8616_All

KM)为5.10, 自交(ZJ)1、2、3 d 花柱中的表达量分别是8.42、56.02、53.45, 其表达量在自交2 d 中迅速上升, 并维持在较高水平。而在异交(YJ)1、2、3 d 花柱中的表达量分别是11.98、36.74、8.53, 其表达量在异交2 d 中上升后则迅速下降。利用RPKM 对该基因在自交和异交花柱中的表达水平估算, 设定FDRS \leq 0.001 且差异倍数 \geq 2 倍的基因为显著差异表达基因, 以RPKM 值取2 的对数值[$\log_2(\text{RPKM})$]对ZJ1/YJ1(8.42/11.98), ZJ2/YJ2(56.02/36.74), ZJ3/YJ3(53.45/8.53)花柱中 SAUR 基因的表达水平进行统计分析, 其 $\log_2(\text{RPKM ratio})$ 分别为-0.51、0.61 和 2.65。此外, 在沙田柚自交和异交1~3 d 的花柱中, 该基因的表达量均明显高于未授粉花柱。

All)序列全长为857 bp(GenBank 登录号为MH281940), 通过NCBI ORF Finder 和生物信息学软件 DNAMAN 进行分析, 该序列的开放阅读框为381 bp, 编码126 个氨基酸(图1)。

2.2 功能结构域分析 将编码的氨基酸序列用 NCBI 上的 Conserved Domain Search (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>)分析, 结果表明, 该基因转录的蛋白质具有1 个与 Auxin_inducible superfamily 蛋白相同的保守结构域(图2)。

2.3 表达模式分析 SAUR 基因在沙田柚未授粉、自交和异交花柱中差异表达较为明显: 在未授粉花柱中其表达量(RP-

KM)为5.10, 自交(ZJ)1、2、3 d 花柱中的表达量分别是8.42、56.02、53.45, 其表达量在自交2 d 中迅速上升, 并维持在较高水平。而在异交(YJ)1、2、3 d 花柱中的表达量分别是11.98、36.74、8.53, 其表达量在异交2 d 中上升后则迅速下降。利用RPKM 对该基因在自交和异交花柱中的表达水平估算, 设定FDRS \leq 0.001 且差异倍数 \geq 2 倍的基因为显著差异表达基因, 以RPKM 值取2 的对数值[$\log_2(\text{RPKM})$]对ZJ1/YJ1(8.42/11.98), ZJ2/YJ2(56.02/36.74), ZJ3/YJ3(53.45/8.53)花柱中 SAUR 基因的表达水平进行统计分析, 其 $\log_2(\text{RPKM ratio})$ 分别为-0.51、0.61 和 2.65。此外, 在沙田柚自交和异交1~3 d 的花柱中, 该基因的表达量均明显高于未授粉花柱。

2.4 编码蛋白质的分析和疏水性预测 通过 DNAMAN 软件和在线软件(<http://web.expasy.org/protparam/>)分析, 该基因编码的蛋白质分子式为 $C_{599}H_{946}N_{166}O_{190}S_7$, 等电点pI 为5.76, 分子质量为13.74 kD, 不稳定系数为59.75(>40), 属于不稳定蛋白。其中, 该蛋白质携带的负电荷氨基酸(Asp + Glu)总数为17, 正电荷氨基酸(Arg + Lys)总数为14。该基因编码的肽链中疏水性最大值约为2.33, 位于第97 位氨基酸, 最小值约为-3.25, 位于第62 位氨基酸, 该蛋白质疏水性平均值为-0.30, 鉴定该蛋白质为亲水性蛋白, 其疏水性分析结果见图3。

2.5 跨膜预测 运用跨膜蛋白数据库 TMHMM (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>)对 SAUR 基因编码的蛋白

进行跨膜区域预测,结果表明该蛋白不属于跨膜蛋白。

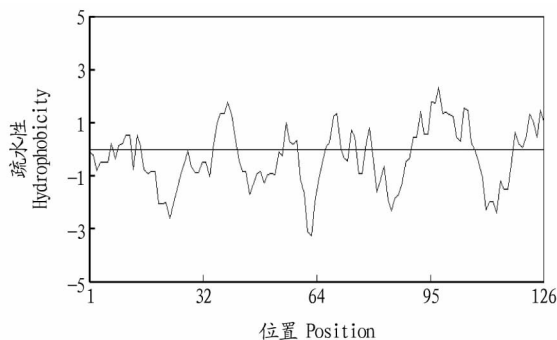
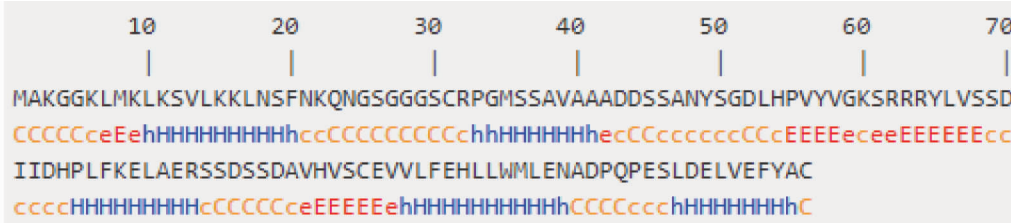


图3 Unigen8616_All 蛋白疏水性分析

Fig.3 Hydrophobicity analysing of Unigen8616_All



注:h为 α -螺旋;c为无规则卷曲;e为延伸链

Note:h. α -helix;c.Random coil;e.Extended strand

图4 Unigen8616_All 蛋白的二级结构预测

Fig.4 The secondary structure prediction of Unigen8616_All

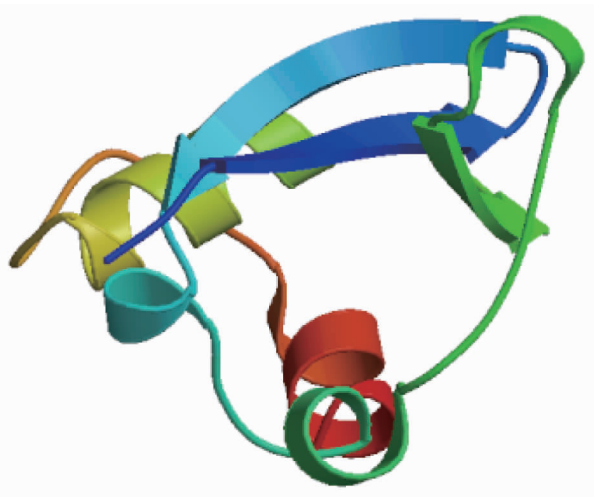


图5 Unigen8616_All 蛋白的三级结构

Fig.5 The tertiary structure of Unigen8616_All

2.8 同源性分析 将沙田柚 SAUR 基因编码的氨基酸序列与 GenBank 数据库中下载的其他 11 种植物 SAUR 基因编码的氨基酸序列进行比对,结果表明,沙田柚 SAUR 基因编码的氨基酸与克莱门柚 (*Citrus clementina*, XP_006452877.1) 和甜橙 (*Citrus sinensis*, XP_006474595.1) SAUR 基因编码的氨基酸序列的同源性分别为 100% 和 99%。利用 DNAMAN 软件构建系统发育树,结果表明沙田柚 SAUR 基因编码的蛋白质与克莱门柚和甜橙亲缘关系很近,属于同一进化分支(图 6)。

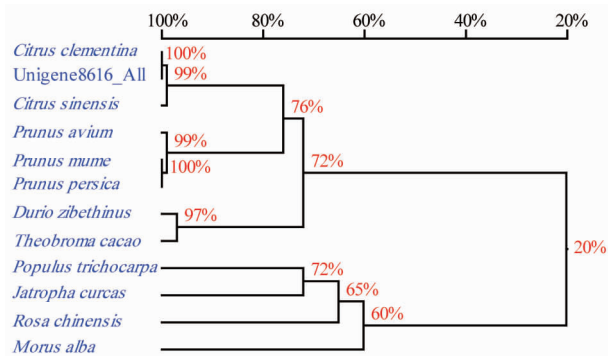
3 结论与讨论

SAUR 基因家族是生长素响应因子中最大的一个家族,为植物所特有,在植物的免疫应答、胁迫应答、转录和转录调

2.6 蛋白质的二级结构和三级结构预测 通过在线软件 SOPMA 分析该蛋白质的二级结构,该蛋白的 α -螺旋占 39.68%、延伸链占 19.05%、无规则卷曲占 41.27%(图 4)。

运用在线软件 (<https://swissmodel.expasy.org/interactive>) 预测该蛋白的三级结构,该蛋白三级结构包含了 2 个 α -螺旋,由无规则卷曲连接(图 5)。

2.7 蛋白质的磷酸化位点预测 通过在线软件 NetPhos 3.1 Server 对沙田柚 SAUR 基因编码蛋白进行磷酸化位点预测,结果表明该基因编码的蛋白质可能的磷酸化位点共有 10 个 (Ser), 分别位于肽链的 12、19、30、50、61、69、84、85、88、116 位。



注:*Citrus clementina*(克莱门柚, XP_006452877.1); Unigen8616_All (沙田柚, MH281940); *Citrus sinensis*(甜橙, XP_006474595.1); *Prunus avium*(樱桃, XP_021805069.1); *Prunus mume*(梅, XP_008242289.1); *Prunus persica*(桃, XP_007204762.1); *Durio zibethinus*(榴莲, XP_022731960.1); *Theobroma cacao*(可可, XP_007012549.1); *Populus trichocarpa*(毛果杨, XP_002303770.1); *Jatropha curcas*(麻风树, ADU56197.1); *Rosa chinensis*(月季, XP_024194724.1); *Morus alba*(桑树, AGR44724.1)

图6 基于氨基酸序列的 Unigen8616_All 蛋白系统发育树

Fig.6 Phylogenetic tree based on amino acid sequence of Unigen8616_All

控等过程中发挥重要的作用^[22]。目前,多种植物的 SAUR 基因已被克隆^[17],但鲜见关于沙田柚 SAUR 基因克隆的报道。该研究的 Unigen8616_All 序列与克莱门柚和甜橙的 SAUR 基因的同源性分别为 100% 和 99%,同时含有 1 个 Auxin_inducible 保守结构域,说明 Unigen8616_All 序列是 1 个 SAUR 基因。

沙田柚 SAUR 基因在自交 1~3 d 花柱中的表达量 (RP-KM) 分别为 8.42、56.02、53.45; 而在异交 1~3 d 花柱中的表达量分别为 11.98、36.74、8.53。

陈腾土等^[23]发现,沙田柚授粉 3 d 花柱的蛋白提取液有明显抑制自交花粉管生长的作用。研究发现,在体外 SAUR 蛋白能够与钙调蛋白结合,说明 SAUR 蛋白可能作为第二信使传导钙/钙调蛋白和生长素信号之间的联系,生长素作用之后 SAUR 基因编码的转录产物能够迅速积累^[24-26]。沙田柚自交花柱中 SAUR 的表达量在授粉第 2、3 天明显高于异交花柱,推测在沙田柚自交过程中 SAUR 基因被激活后迅速上调表达,SAUR 蛋白与钙/钙调蛋白结合,产生级联反应,参与自交不亲和过程。但 SAUR 基因与沙田柚自交不亲和性的分子机理尚有待进一步研究。

参考文献

- [1] VALTUE ÑA F J, RODRÍGUEZ-RIA ÑO T, ESPINOSA F, et al. Self-sterility in two *Cytisus* species (Leguminosae, Papilionoideae) due to early-acting inbreeding depression [J]. *American journal of botany*, 2010, 97(1): 123-135.
- [2] LAI Z, MA W S, HAN B, et al. An F-box gene linked to the self-incompatibility (S) locus of *Antirrhinum* is expressed specifically in pollen and tapetum [J]. *Plant Mol Biol*, 2002, 50(1): 29-41.
- [3] 李凤霞, 杨爱国, 王卫锋, 等. 烟草自交不亲和及其机理 [J]. *生命的化学*, 2009, 29(1): 76-79.
- [4] 张绍铃, 吴巨友, 吴俊, 等. 蔷薇科果树自交不亲和性分子机制研究进展 [J]. *南京农业大学学报*, 2012, 35(5): 53-63.
- [5] WHEELER M J, VATOVEC S, FRANKLIN-TONG V E. The pollen S-determinant in *Papaver*: Comparisons with known plant receptors and protein ligand partners [J]. *Journal of experimental botany*, 2010, 61(7): 2015-2025.
- [6] MCCLURE B A, GRAY J E, ANDERSON M A, et al. Self-incompatibility in *Nicotiana glauca* involves degradation of pollen rRNA [J]. *Nature*, 1990, 347(6295): 757-760.
- [7] MURFETT J M, STRABALA T J, ZUREK D M, et al. S RNase and interspecific pollen rejection in the genus *Nicotiana*: Multiple pollen-rejection pathways contribute to unilateral incompatibility between self-incompatible and self-compatible species [J]. *The plant cell*, 1996, 8(6): 943-958.
- [8] 刘珠琴, 罂粟科植物自交不亲和和反应中信号转导的研究进展 [J]. *生命科学研究*, 2010, 14(2): 172-176.
- [9] 薛妙男, 陈腾土, 杨继华. 沙田柚自交和异交亲和性观察 [J]. *园艺学报*, 1995, 22(2): 127-132.
- [10] 薛妙男, 李义平, 张杏辉, 等. 沙田柚自交花柱中识别蛋白的免疫金定位 [J]. *园艺学报*, 2001, 28(1): 59-61.
- [11] 秦新民, 李惠敏, 薛妙男, 等. 沙田柚自交、异交花粉管蛋白的双向电泳分析 [J]. *广西植物*, 2004, 24(6): 566-569.
- [12] 秦新民, 莫花浓, 万珊, 等. 沙田柚花粉管特异蛋白的免疫细胞化学研究 [J]. *广西师范大学学报(自然科学版)*, 2008, 26(4): 112-115.
- [13] 秦新民, 莫花浓, 石菁萍, 等. 沙田柚花粉管 S1-RNase 免疫胶体金定位研究 [J]. *广西农业科学*, 2009, 40(5): 483-485.
- [14] HAGEN G, GUILFOYLE T. Auxin-responsive gene expression: Genes, promoters and regulatory factors [J]. *Plant molecular biology*, 2002, 49(3/4): 373-385.
- [15] MCCLURE B A, GUILFOYLE T. Characterization of a class of small auxin-inducible soybean polyadenylated RNAs [J]. *Plant molecular biology*, 1987, 9(6): 611-623.
- [16] 朱宇斌, 孔莹莹, 王君晖. 植物生长素响应基因 SAUR 的研究进展 [J]. *生命科学*, 2014, 26(4): 407-413.
- [17] CHAE K, ISAACS C G, REEVES P H, et al. *Arabidopsis* SMALL AUXIN UP RNA63 promotes hypocotyl and stamen filament elongation [J]. *Plant J*, 2012, 71(4): 684-697.
- [18] LI X H, WU M, LIU G Y, et al. Identification of candidate genes for fiber length quantitative trait loci through RNA-Seq and linkage and physical mapping in cotton [J]. *BMC Genomics*, 2017, 18(1): 427-438.
- [19] SATO A, SASAKI S, MATSUZAKI J, et al. Light-dependent gravitropism and negative phototropism of inflorescence stems in a dominant *Aux/IAA* mutant of *Arabidopsis thaliana*, *axr2* [J]. *J Plant Res*, 2014, 127(5): 627-639.
- [20] BARIOLA P A, HOWARD C J, TAYLOR C B, et al. The *Arabidopsis* ribonuclease gene *RNA1* is tightly controlled in response to phosphate limitation [J]. *The plant journal*, 1994, 6(5): 673-685.
- [21] 秦新民, 张渝, 刘玉洁, 等. 沙田柚 S-RNase 基因的克隆及序列分析 [J]. *广西师范大学学报(自然科学版)*, 2015, 33(1): 139-145.
- [22] 李傲, 崔梦杰, 陈珂, 等. 葡萄 SAUR 基因家族鉴定与生物信息学分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(2): 326-337.
- [23] 陈腾土, 杨小华, 薛妙男. 沙田柚花柱蛋白对花粉管生长的影响 [J]. *广西植物*, 1998, 18(2): 160-164.
- [24] YANG T B, POOVAIAH B W. Molecular and biochemical evidence for the involvement of calcium/calmodulin in auxin action [J]. *Journal of biological chemistry*, 2000, 275(5): 3137-3143.
- [25] REDDY V S, ALI G S, REDDY A S. Genes encoding calmodulin-binding proteins in the *Arabidopsis* genome [J]. *Journal of biological chemistry*, 2002, 277(12): 9840-9852.
- [26] PARK J E, KIM Y S, YOON H K, et al. Functional characterization of a small *auxin-up RNA* gene in apical hook development in *Arabidopsis* [J]. *Plant science*, 2007, 172(1): 150-157.

名词解释

扩展总被引频次:指该期刊自创刊以来所登载的全部论文在统计当年被引用的总次数。这是一个非常客观实际的评价指标,可以显示该期刊被使用和受重视的程度,以及在科学交流中的作用和地位。

扩展影响因子:这是一个国际上通行的期刊评价指标,是 E·加菲尔德于 1972 年提出的。由于它是一个相对统计量,所以可公平地评价和处理各类期刊。通常,期刊影响因子越大,它的学术影响力和作用也越大。具体算法为:

$$\text{扩展影响因子} = \frac{\text{该刊前 2 年发表论文在统计当年被引用的总次数}}{\text{该刊前 2 年发表论文总数}}$$

扩展即年指标:这是一个表征期刊即时反应速率的指标,主要描述期刊当年发表的论文在当年被引用的情况。具体算法为:

$$\text{扩展即年指标} = \frac{\text{该期刊当年发表论文在统计当年被引用的总次数}}{\text{该期刊当年发表论文总数}}$$

扩展他引率:指该期刊全部被引次数中,被其他刊引用次数所占的比例。具体算法为:

$$\text{扩展他引率} = \frac{\text{被其他刊引用的次数}}{\text{期刊被引用的总次数}}$$

扩展引用刊数:引用被评价期刊的期刊数,反映被评价期刊被使用的范围。

扩展学科扩散指标:指在统计源期刊范围内,引用该刊的期刊数量与其所在学科全部期刊数量之比。