

拟南芥 SBP 基因家族生物信息学分析

姚远^{1,2}, 马勇^{3*} (1. 内蒙古自治区人民医院神经内科, 内蒙古呼和浩特 010017; 2. 内蒙古大学生命科学学院, 内蒙古呼和浩特 010060; 3. 包头师范学院生物科学与技术学院, 内蒙古包头 014030)

摘要 SBP 基因家族是植物体中特异性存在的一类重要转录因子, 主要功能是调控生物生长以及细胞分化。此次研究采用生物信息学的方法, 对拟南芥 SBP 蛋白序列进行系统进化分析, 并为其构建了系统发育树。由试验结果可以得出, 拟南芥 SBP 基因家族共包括 30 个成员, 分布在 4 条染色体上, 其分布比较集中, 分成三大亚族。拟南芥 SBP 蛋白具有的生物功能是控制生物生长以及细胞分化, 调节基因表达以及谷胱甘肽的分解代谢过程, 在 Cu²⁺ 跨膜转运中也有一定作用。另外, 有许多的蛋白序列还具有分子功能——调控转录因子活性。该研究所得结果均为拟南芥 SBP 转录因子的进一步功能分析提出了重要研究依据。

关键词 拟南芥; 生物信息学; SBP 基因家族; 进化分析

中图分类号 Q943.2 **文献标识码** A

文章编号 0517-6611(2020)15-0112-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2020.15.031

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Bioinformatics Analysis of SBP Gene Family in *Arabidopsis thaliana*

YAO Yuan^{1,2}, MA Yong³ (1. Department of Neurology, Inner Mongolia People's Hospital, Hohhot, Inner Mongolia 010017; 2. School of Life Sciences, Inner Mongolia University, Hohhot, Inner Mongolia 010060; 3. Department of Biological Science and Technology, Baotou Teacher's College, Baotou, Inner Mongolia 014030)

Abstract The SBP gene family which existed in the specificity of the plant corpus is a kind of important transcriptional factor and its main function is to regulate and control biological growth and cell differentiation. In this study, bioinformatics methods were used to systematically analyze the sequence of *A. thaliana* SBP protein and build the phylogenetic tree for the sequence of *A. thaliana* SBP protein. The result of the experiment shows that the family includes 30 members, which is distributed on four chromosomes intensively and are divided into three sub-tribe. The biological function of *A. thaliana* SBP protein is a process of not only controlling biological growth and differentiation of cells, but also regulating gene expression and glutathione catabolism and it also plays an important role in the copper ions transport membrane. In addition, a great number of protein sequences have molecular function-regulating and controlling the activity of transcription factors. The results of this study provide important research basis for further functional analysis of *A. thaliana* SBP transcription factors.

Key words *Arabidopsis thaliana*; Bioinformatics; SBP gene family; Evolutionary analysis

转录因子(transcription factor)又被称作反式作用因子。转录因子在植物体内的作用部位位于细胞核内,它是一种可以与某一指定基因上游相结合的,特异核苷酸序列上的蛋白质^[1]。通常,转录因子在植物中与它相对应的顺式元件一起控制基因表达。也就是说转录因子进行着将基因翻译为蛋白质这一工作。研究发现,改变转录因子的表达对多个逆境有关功能基因的表达也起到一定的效果,从而对植物的生长和发育、次生代谢以及抗逆性起到一定的调控作用。人们通过对转录因子的调控可以起到改良植物抗逆性的目的,对农作物农艺性状的改良以及新品种的培育都能获得较为理想的综合效果^[2]。在植物体中包含着数量巨大的转录因子,而在拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)中就有将近 27 000 个基因,而这 27 000 个基因中有 5.9% 的基因都是编码转录因子的。人们按照这些转录因子与 DNA 结合区域的特点,将它们分成若干个家族^[3]。

很早以前,人们在低等的苔藓植物中就已经发现一些转录因子家族。随着自然的发展,由低等水生植物进化到高等陆生植物,转录因子同时也随着植物的生长发育过程进行转变,它们自身变化的同时,也增进了植物从低等进化到高等

的演变历程。对植物进化发育史以及基因的转变发展情况进行总结可以发现,植物体内富含大量的转录因子,其中拟南芥、大豆和水稻中就分别有 2 016、3 546 和 2 856 个转录因子,在这些转录因子中作用最为显著,研究最多的有 MADS、bZIP、WRKY 和 SBP 等,这些转录因子之间也相互交错着,织成了一个复杂的植物调控网络,而这个 SBP 基因家族普遍存在于绿色植物中,别的生物上未见到有关的报道^[4],因此 SBP 就被被认为是植物所独有的一种转录因子,现在在拟南芥中发现该家族共 30 个成员,这其中大部分已有文献报道。这类转录因子主要是参与植物的生长、发育,还有许多生理生化反应的信号传导过程。

SBP 基因家族是被发现比较晚的转录因子家族之一。1996 年,德国科隆马普研究所的 Klein 等^[5]从金鱼草中克隆得到了 2 个基因 *SBP1* 和 *SBP2*,经过研究发现它们可以与金鱼草花分生组织特征基因 *Squamosa* 启动子相结合,并可以调节它的表达,于是就将它命名为 *Squamosa* 启动子结合蛋白(*squamosa promoter binding protein*, SBP)。在这之后,Cardon 等^[6-7]又从拟南芥和玉米中陆续分离出了编码类似 SBP 蛋白的基因,因其中众多基因还没进行功能鉴定,所以将它们命名为类 SBP 基因(SBL),又因为它们中都含有编码 DNA 结合结构域的保守核苷酸序列,于是又将它们称为 SBP 盒基因(SBP-BOX)。

该研究是在拟南芥全基因组水平上,通过使用生物信息学的方法,鉴别了 SBP 基因家族的成员,而且进一步结合拟

基金项目 内蒙古自然科学基金项目(2017BS0315);内蒙古自治区人民医院自然科学基金项目(2019YN09,2019BS01)。
作者简介 姚远(1984—),男,内蒙古呼和浩特人,助理研究员,博士,从事生物化学与分子生物学研究。*通信作者,副教授,从事植物分子生物学及基因工程研究。
收稿日期 2020-01-05;修回日期 2020-03-04

南芥家族基因,研究植物中 SBP 蛋白序列的进化联系,以期
为更深入地研究拟南芥 SBP 基因家族的生物功能奠定基础。

1 材料与方法

1.1 数据来源 研究所使用的拟南芥全基因组数据都是从
植物转录因子数据库 Planttfdb(<http://planttfdb.cbi.pku.edu.cn/>)下载,并从该网站下载所需要的蛋白质数据包,保存至
本地文件夹,建立拟南芥全基因组数据库^[8]。

1.2 拟南芥 SBP 基因家族蛋白生物信息学分析

1.2.1 拟南芥 SBP 基因家族蛋白的搜索与鉴定。以拟南芥
SBP 转录因子家族蛋白序列作为探针序列,使用 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)数据库中所包含的本地 Blast
功能对拟南芥蛋白质数据库进行查找,之后再使用 SMART
(simple modular architecture research tool)(<http://smart.embl-heidelberg.de/>)在线分析工具对候选蛋白的保守结构域进行
分析,排除 SBP 基因家族蛋白序列中不具有保守结构域
的蛋白序列,留下所需要的蛋白序列进行下一步分析与
研究。

1.2.2 拟南芥 SBP 基因家族系统发生学分析。根据拟南芥
SBP 的保守结构域蛋白序列进行进化树分析,通过利用下载
安装的 MEGA 5.2.0 软件里面的邻位相接法(NJ),构建拟南
芥 SBP 转录因子候选蛋白系统发生树,鉴定拟南芥 SBP 家
族蛋白成员之间的进化关系^[9],默认的自举值(Bootstrap a-
nalysis)设置为 1 000 个重复,其他参数均设置为默认值。自
举值与其可信度呈显著相关^[10]。

1.2.3 拟南芥 SBP 蛋白的保守域序列分析。利用序列分析
软件 DNAMAN8.0 对拟南芥 SBP 家族蛋白序列进行比对,参
考 Cardon 等^[6-7]的分类标准对所有的家族蛋白成员进行
分析。

1.2.4 拟南芥 STRING 蛋白网络调控数据库分析。利用蛋
白网络调控系统(STRING)对拟南芥 SBP 蛋白序列进行生物
功能以及分子功能的分析。

2 结果与分析

2.1 拟南芥 SBP 基因家族成员的鉴定 使用 NCBI 数据库
中所包含的本地 Blast 功能对拟南芥蛋白质数据库进行查找
后得到 30 条含有典型 SBP 结构域的非冗余的蛋白序列,再
经过 SMART 在线工具^[11]进行分析后,没有发现不具有完整
SBP 结构域蛋白序列,由此认为 30 条序列均具有典型的
SBP 结构域(表 1)。

30 个 SBP 基因在染色体上分布情况如下:1 号染色体 15
个(AT1G02065.1、AT1G02065.2、AT1G20980.1、AT1G27360.1、
AT1G27360.2、AT1G27360.3、AT1G27360.4、AT1G27370.1、
AT1G27370.2、AT1G27370.3、AT1G27370.4、AT1G53160.1、
AT1G53160.2、AT1G69170.1、AT1G76580.1),2 号染色体 3
个(AT2G33810.1、AT2G42200.1、AT2G47070.1),3 号染色体
3 个(AT3G15270.1、AT3G57920.1、AT3G60030.1),5 号染色
体 9 个(AT5G18830.1、AT5G18830.2、AT5G18830.3、
AT5G43270.1、AT5G43270.2、AT5G43270.3、AT5G50570.1、
AT5G50570.2、AT5G50670.1)。

表 1 拟南芥 SBP 基因家族特征
Table 1 Characteristics of SBP gene family in *Arabidopsis thaliana*

基因名称 Gene name	基因编号 Gene ID	氨基酸数目 Amino acid number//aa	等电点 PI
SPL8	AT1G02065.1	333	8.88
SPL8	AT1G02065.2	246	7.34
SPL14	AT1G20980.1	1 035	8.47
SPL11	AT1G27360.1	393	8.13
SPL11	AT1G27360.2	393	8.13
SPL11	AT1G27360.3	393	8.13
SPL11	AT1G27360.4	393	8.13
SPL10	AT1G27370.1	396	7.87
SPL10	AT1G27370.2	396	7.87
SPL10	AT1G27370.3	396	7.87
SPL10	AT1G27370.4	396	7.87
SPL4	AT1G53160.1	174	10.13
SPL4	AT1G53160.2	174	10.13
SPL6	AT1G69170.1	405	7.73
SPL16	AT1G76580.1	988	8.57
SPL3	AT2G33810.1	131	8.15
SPL9	AT2G42200.1	375	8.22
SPL1	AT2G47070.1	881	5.64
SPL5	AT3G15270.1	181	10.36
SPL15	AT3G57920.1	354	8.99
SPL12	AT3G60030.1	927	6.20
SPL7	AT5G18830.1	801	6.78
SPL7	AT5G18830.2	801	6.78
SPL7	AT5G18830.3	801	6.78
SPL2	AT5G43270.1	419	8.77
SPL2	AT5G43270.2	419	8.77
SPL2	AT5G43270.3	419	8.77
SPL13	AT5G50570.1	359	7.93
SPL13	AT5G50570.2	359	7.93
SPL13	AT5G50670.1	359	7.93

2.2 拟南芥 SBP 基因家族的分类及系统发育分析 进化树
分析(图 1)表明,拟南芥 SBP 基因家族中 AT5G50570.1、
AT5G50570.2 和 AT5G50670.1;AT5G43270.1、AT5G43270.2
和 AT5G43270.3;AT1G53160.1 和 AT1G53160.2;
AT1G02065.1 和 AT1G02065.2;AT1G27370.1、AT1G27370.2、
AT1G27370.3 和 AT1G27370.4;AT1G27360.1、AT1G27360.2、
AT1G27360.3 和 AT1G27360.4 同源性较高,分别位于进化树
的同一个分支,分化程度较少,推测这几组基因可能存在功
能冗余现象。冗余现象是生命体在漫长的进化过程和适应
环境过程中,为了降低外界恶劣环境对自身生长发育的不利
影响而保存下来的生存对策。在生命系统中,生物为了维持
它正常的生存以及繁衍,抵抗外界不利环境如病虫害、雨雪、
干旱、霜冻、动物的采摘和食用对它们产生的影响,有必要在
加强系统稳定性、可靠性的同时,准备好大量的备用元件,这
是适应环境改变的一种生存策略。通常条件下,这些后备元
件被称为冗余元件。在生命系统中,从每一个细胞、组织、器
官到个体、群落,生态系统的各个层次中都存在一定的冗余
现象,甚至在分子水平上也存在许多的冗余现象^[12]。拟南

芥 SBP 基因家族中存在的冗余现象也许是为了更加适应环境。

进化分析树表明, AT5G18830. 1、AT5G18830. 2 与 AT5G18830. 3 是 SBP 基因家族中亲缘进化关系最为接近的一组。由进化树可以直观地看出,SBP 基因家族可以分成 3

个亚族,即Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ,第Ⅰ亚族包括 AT1G27370. 1、AT1G27370. 2、AT1G27370. 3、AT1G27370. 4、AT1G27360. 1、AT1G27360. 2、AT1G27360. 3 和 AT1G27360. 4;第Ⅱ亚族包括 AT5G50570. 1、AT5G50570. 2、AT5G50670. 1、AT5G43270. 1、AT5G43270. 2 和 AT5G43270. 3,其余的归为第Ⅲ亚族。

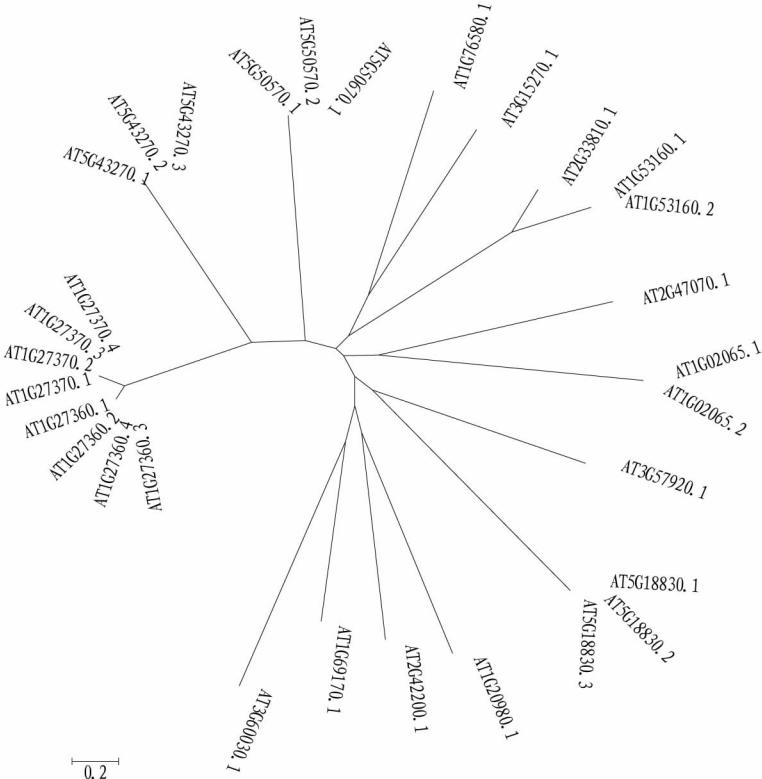


图1 拟南芥 SBP 基因家族系统进化树

Fig.1 Phylogenetic tree of Arabidopsis thaliana SBP gene family

2.3 拟南芥 SBP 转录因子序列比对分析 通过 DNA-MAN8.0 序列分析软件对拟南芥 SBP 结构域蛋白序列进行鉴定和分析。结果显示,拟南芥 SBP 中所有序列在第 228 位都具有绝对保守的氨基酸序列 R * CQQC * * F,在第 189、

194 以及 211 位具有绝对保守的氨基酸序列 C,在第 204 位具有绝对保守的氨基酸序列 Y,在第 208 位具有绝对保守的氨基酸序列 H(图 2)。

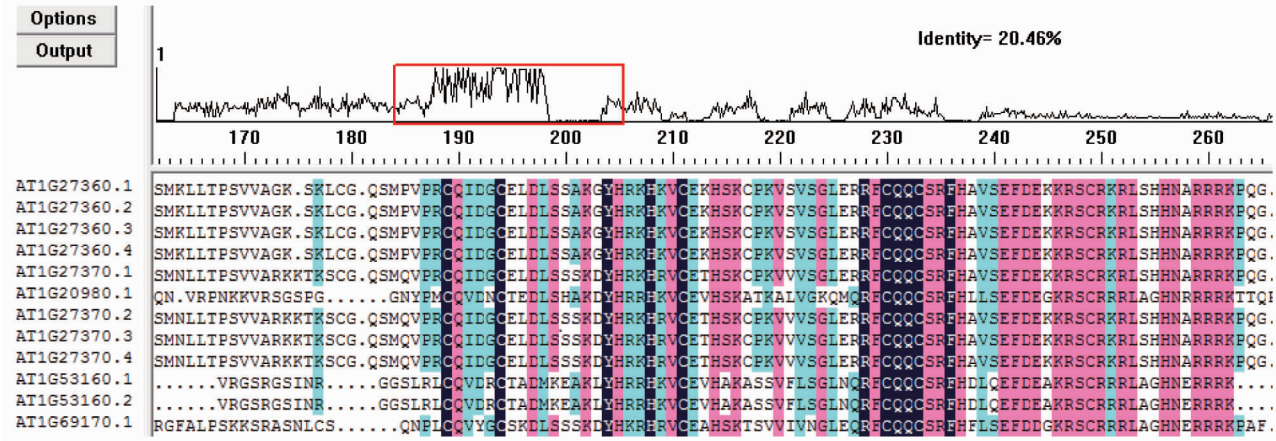


图2 拟南芥 SBP 转录因子保守结构域蛋白序列比对

Fig.2 Protein sequence alignment of the conserved domain of Arabidopsis thaliana SBP transcription factor

2.4 拟南芥 STRING 蛋白网络调控数据库分析 利用 STRING 蛋白网络调控数据库 (<http://www.string-db.org/>)

逐一对拟南芥 SBP 蛋白序列生物功能和分子功能进行分析。拟南芥 SBP 转录因子中的 30 个蛋白序列的生物功能与分子

功能如表 2、3 所示。

表 2 拟南芥 SBP 蛋白网络调控生物功能富集结果
Table 2 Results of biological function enrichment regulated by *Arabidopsis thaliana* SBP protein network

编号 No.	转录因子 ID Transcription factor ID	生物功能 Biological function
1	AT1G02065. 1	开花,生殖系统发育,细胞分化,多细胞生物发育,花器官发育
2	AT1G02065. 2	开花,生殖系统发育,细胞分化,多细胞生物发育,花器官发育
3	AT1G20980. 1	无
4	AT1G27360. 1	谷胱甘肽分解代谢过程
5	AT1G27360. 2	谷胱甘肽分解代谢过程
6	AT1G27360. 3	谷胱甘肽分解代谢过程
7	AT1G27360. 4	谷胱甘肽分解代谢过程
8	AT1G27370. 1	调控基因表达,RNA 代谢过程,基因表达,转录,转录调节
9	AT1G27370. 2	调控基因表达,RNA 代谢过程,基因表达,转录,转录调节
10	AT1G27370. 3	调控基因表达,RNA 代谢过程,基因表达,转录,转录调节
11	AT1G27370. 4	调控基因表达,RNA 代谢过程,基因表达,转录,转录调节
12	AT1G53160. 1	无
13	AT1G53160. 2	无
14	AT1G69170. 1	无
15	AT1G76580. 1	无
16	AT2G33810. 1	开花,细胞分化,调节花发育,生殖系统发育
17	AT2G42200. 1	转录调节,基因表达,调节器官形态形成,控制乙烯生成
18	AT2G47070. 1	调控根尖分生组织,调节氮化合物代谢过程,胚胎分生组织发育,调节细胞代谢过程
19	AT3G15270. 1	无
20	AT3G57920. 1	激活乙烯,RNA 代谢过程,基因表达,开花
21	AT3G60030. 1	木质素分解代谢过程
22	AT5G18830. 1	控制铜离子跨膜运输,控制无机阳离子跨膜转运
23	AT5G18830. 2	控制铜离子跨膜运输,控制无机阳离子跨膜转运
24	AT5G18830. 3	控制铜离子跨膜运输,控制无机阳离子跨膜转运
25	AT5G43270. 1	无
26	AT5G43270. 2	无
27	AT5G43270. 3	无
28	AT5G50570. 1	无
29	AT5G50570. 2	无
30	AT5G50670. 1	转录调节,叶面发育,控制基因表达

采用 STRING 蛋白网络调控系统对拟南芥 SBP 蛋白序列进行逐一分析试验,发现拟南芥 SBP 基因家族的有些蛋白序列对其生长发育没有作用,探究不到其参与的生物过程。通过数据分析,得到的初步结果为拟南芥 SBP 蛋白可能具有的生物功能是控制生物生长以及细胞分化,调节基因表达以及谷胱甘肽的分解代谢过程,在铜离子跨膜转运中也有一定作用。另外,有许多的蛋白序列还具有分子功能——调控转录因子活性。

表 3 拟南芥 SBP 蛋白网络调控分子功能富集结果
Table 3 Results of molecular function enrichment regulated by *Arabidopsis thaliana* SBP protein network

编号 No.	转录因子 ID Transcription factor ID	分子功能 Molecular function
1	AT1G02065. 1	无
2	AT1G02065. 2	无
3	AT1G20980. 1	无
4	AT1G27360. 1	控制 γ -谷氨酰转移酶活性以及谷胱甘肽水解酶活性
5	AT1G27360. 2	控制 γ -谷氨酰转移酶活性以及谷胱甘肽水解酶活性
6	AT1G27360. 3	控制 γ -谷氨酰转移酶活性以及谷胱甘肽水解酶活性
7	AT1G27360. 4	控制 γ -谷氨酰转移酶活性以及谷胱甘肽水解酶活性
8	AT1G27370. 1	核酸结合,DNA 结合,调控转录因子活性,内切核糖核酸酶活性
9	AT1G27370. 2	核酸结合,DNA 结合,调控转录因子活性,内切核糖核酸酶活性
10	AT1G27370. 3	核酸结合,DNA 结合,调控转录因子活性,内切核糖核酸酶活性
11	AT1G27370. 4	核酸结合,DNA 结合,调控转录因子活性,内切核糖核酸酶活性
12	AT1G53160. 1	无
13	AT1G53160. 2	无
14	AT1G69170. 1	无
15	AT1G76580. 1	无
16	AT2G33810. 1	调控转录因子活性,DNA 序列特异性结合
17	AT2G42200. 1	调控转录因子活性,捆绑
18	AT2G47070. 1	无
19	AT3G15270. 1	无
20	AT3G57920. 1	调控转录因子活性,控制 DNA 结合
21	AT3G60030. 1	调控氧化还原酶活性,铜离子结合
22	AT5G18830. 1	调控铜离子跨膜转运蛋白活性以及无机阳离子跨膜转运体活性
23	AT5G18830. 2	调控铜离子跨膜转运蛋白活性以及无机阳离子跨膜转运体活性
24	AT5G18830. 3	调控铜离子跨膜转运蛋白活性以及无机阳离子跨膜转运体活性
25	AT5G43270. 1	无
26	AT5G43270. 2	无
27	AT5G43270. 3	无
28	AT5G50570. 1	无
29	AT5G50570. 2	无
30	AT5G50670. 1	无

3 讨论

随着植物分子生物学的进一步发展,未来植物的改良技术将达到基因水平。植物转录因子的研究是目前生命科学研究的热点领域,使用生物信息学方法对其基因家族成员进行分析、鉴定、保守结构域分析、成员分类、系统进化树构建以及 STRING 蛋白网络系统的试验,发现并且证明有相当一部分转录因子的基因家族与植物对自然环境的防御能力以及生长发育等有关。有许多调控低温、高盐、干旱以及与植物体发育有关的转录因子已相继从高等植物中提取出来。SBP 转录因子家族是一个发现比较晚的家族,对它进行生物学功能研究是一个十分重要的内容。现在,植物转录因子研
(下转第 121 页)

生态文明建设理念深入人心,景观建设成为生态文明和人居环境建设的重要力量。贯彻绿色发展理念,坚持人与自然的和谐共生,创造良好的人居环境,将是植物景观设计的大势所趋。彩叶植物作为园林建设中不可或缺的元素,其配置设计要结合生态美学思想,注重与生态环境的和谐统一,为人类创造出美丽宜居的生态家园。建议辩证看待植物的价值,重视彩叶植物的健康功效,研究了解彩叶植物的生活特性,在园林景观建设中进行合理的配置应用。比如,悬铃木因春季飘絮问题严重影响人体呼吸器官的健康,在城市建设中要慎重使用。

3.2 注重配置设计的色彩美感 色彩是植物景观永恒的主题,也是园林景观中最容易引起视觉美感的因素。彩叶植物的核心应用价值就是叶片色彩的层次及变化带来的观赏性。彩叶植物生长中自身体量的增长与改变、枝叶的稀疏与繁茂、个体与群体的关系、与周围环境的匹配程度等,都会影响着景观色彩及空间效果。建议景观设计师在对植物进行配置设计时,应从植物群落空间构成方面进行多角度分析思考,利用色彩应用规律和审美原则,提高色彩组合的美感,创作出独特新颖而又舒适宜人的城市景观。

3.3 利用立体空间点缀城市景观 立体绿化以其独特的方式为城市生态文明建设作出突出贡献。它可以突破平面绿化景观形成新型立体城市景观,提高城市绿化率和景观水平,提升市民的艺术享受和幸福指数。立体绿化是时代发展

的必然,南京市近年来也在大力推行立体绿化,力争全方位、多形式地为城市增绿。在立体绿化建设中,可以合理利用彩叶植物丰富的色彩进行点缀,使其观赏效果更加精致美观。尤其是墙面绿化、立交桥绿化,需要用到很多攀缘型和悬垂型植物,南京市藤本类彩叶植物种类较少,建议丰富立体绿化尤其是墙体和桥体绿化使用的彩叶植物种类,研究和推广出更多优质植物品种。

参考文献

[1] 臧德奎. 彩叶树种选择与造景[M]. 北京:中国林业出版社,2003.
[2] 宁晓光. 彩叶植物在园林中的应用[J]. 中国林副特产,2009(4):95-96.
[3] 杨蒙,秦丽滨. 彩叶植物在园林景观配置中的应用方法及前景探讨[J]. 南方农业,2019,13(9):62-63.
[4] 龚雪梅. 木本彩叶植物引种适应性研究进展[J]. 安徽农业科学,2019,47(6):11-13.
[5] 王伟湘. 深圳市公园绿地灌草层彩叶植物调查与分析[J]. 安徽农业科学,2019,47(21):129-132.
[6] 杨满怡. 长沙市彩叶植物园林应用的色彩与景观分析[D]. 长沙:湖南农业大学,2012.
[7] 张潇,汪莹. 彩叶植物呈色机理与影响花色苷因素研究进展[J]. 四川林业科技,2015,36(1):28-30.
[8] 吴慧,王爱波,潘一展. 彩叶植物叶片色素含量影响因素研究进展[J]. 北方园艺,2016(8):197-200.
[9] 符步琴. 南京主要城市公园的彩叶树种调查研究[D]. 南京:南京农业大学,2012.
[10] 任全进,路奎,赵康兵,等. 彩叶地被植物在南京园林绿地中的应用[J]. 中国野生植物资源,2014,33(3):44-46.
[11] 赵玲玲. 彩叶植物在园林绿地中的应用研究:以福州为例[D]. 福州:福建农林大学,2015.
[12] 杨晓丹. 合肥城市道路绿化中彩叶植物应用现状的调查研究[D]. 合肥:安徽农业大学,2015.

(上接第 115 页)

究在拟南芥中进行得比较深入,而且已经构建了拟南芥转录因子数据库 DATF^[13](<http://datf.cbi.pku.edu.cn/>),这也为此次数据分析提供了丰富的经验和广泛的信息资源。

与普通的利用实验室进行的生物学研究相比较,生物信息学能够用较低的成本和较高的效率获得研究资源。通过对拟南芥中 SBP 基因家族序列的分析及其编码的蛋白质功能的分析,为研究 SBP 特性及其条件提供理论参考,并对拟南芥 SBP 功能研究具有重要的指导意义。

参考文献

[1] 刘强,张贵友,陈受宜. 植物转录因子的结构与调控作用[J]. 科学通报,2000,45(14):1465-1474.
[2] 李洁. 植物转录因子与基因调控[J]. 生物学通报,2004,39(3):9-11.
[3] 孙丽芳,邢少辰,张君,等. 转录因子在植物进化和抗逆中的作用[J]. 基因组学与应用生物学,2009,28(3):569-577.
[4] 吴乃虎,刁丰秋. 植物转录因子与发育调控[J]. 科学通报,1998,43(20):2133-2139.
[5] KLEIN J, SAEDLER H, HUIJSER P. A new family of DNA binding pro-

teins includes putative transcriptional regulators of the *Antirrhinum majus* floral meristem identity gene *SQUAMOSA*[J]. Molecular and general genetics, 1996, 250(1):7-16.
[6] CARDON G H, HÖHMANN S, NETTESHEIM K, et al. Functional analysis of the *Arabidopsis thaliana* SBP-box gene SPL3: A novel gene involved in the floral transition[J]. The plant journal, 1997, 12(2):367-377.
[7] CARDON G, HÖHMANN S, KLEIN J, et al. Molecular characterisation of the *Arabidopsis* SBP-box genes[J]. Gene, 1999, 237(1):91-104.
[8] TIAN F, YANG D C, MENG Y Q, et al. PlantRegMap: Charting functional regulatory maps in plants[J]. Nucleic acids research, 2019, 48:1-10.
[9] KUMAR S, TAMURA K, NEI M. MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis software for microcomputers[J]. Bioinformatics, 1994, 10(2):189-191.
[10] 巴德仁贵,赵乾,任凤蕊,等. 甜瓜持绿蛋白基因家族的全基因组鉴定及进化分析[J]. 广东农业科学,2014,41(13):136-139.
[11] RÉDEI G P. SMART(Simple modular architecture research tool)[M]// RÉDEI G P. Encyclopedia of genetics, genomics, proteomics and informatics. Netherlands: Springer, 2008.
[12] 陈霞,罗世巧,段翠芳,等. 高等植物转录因子研究进展[J]. 安徽农学通报,2008,14(9):48-52.
[13] GUO A Y, HE K, LIU D, et al. DATF: A database of *Arabidopsis* transcription factors[J]. Bioinformatics, 2005, 21(10):2568-2569.