

杨冬静, 孙厚俊, 谢逸萍, 等. 甘薯等 8 种植物 *JAZ1* 基因的生物信息学分析[J]. 江苏农业学报, 2019, 35( 5 ): 1021-1027.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2019.05.003

## 甘薯等 8 种植物 *JAZ1* 基因的生物信息学分析

杨冬静<sup>1,2</sup>, 孙厚俊<sup>1</sup>, 谢逸萍<sup>1</sup>, 张成玲<sup>1</sup>, 马居奎<sup>1</sup>, 李宗芸<sup>2</sup>, 马代夫<sup>1</sup>

(1. 江苏徐淮地区徐州农业科学研究所/农业部甘薯生物学与遗传育种重点实验室, 江苏 徐州 221131; 2. 江苏师范大学生命科学学院, 江苏 徐州 221116)

**摘要:** JAZ( Jasmonate ZIM-domain) 蛋白是植物中茉莉酸信号调控途径中重要的负调控因子, 它在调控植物发育、营养生长、衰老、抗盐、抗旱以及抗病等过程中起着至关重要的作用。为了对甘薯等 *JAZ1* 基因的生物信息学进行分析并对其功能进行预测, 本研究以 NCBI 数据库中收集的 8 种植物 *JAZ1* 蛋白氨基酸序列为试验数据来源, 采用系列生物信息学分析软件对甘薯等 8 种 *JAZ1* 蛋白的氨基酸组成及其理化性质、蛋白质亲疏水性、磷酸化位点、二级结构元件和含量、跨膜结构域、信号肽、蛋白质亚细胞定位、功能结构域进行预测和分析, 并对 8 种植物 *JAZ1* 蛋白氨基酸序列进行多重比较和蛋白质系统进化树进行构建和分析。结果表明, 8 种植物 *JAZ1* 蛋白的氨基酸残基数目介于 180~294; 相对分子量介于 19 815 670~31 550 050; 理论等电点均为碱性等电点; 8 种植物 *JAZ1* 蛋白的主要氨基酸为丝氨酸、脯氨酸、赖氨酸和苏氨酸; 稳定性预测结果表明 8 种植物 *JAZ1* 蛋白均为非稳定性蛋白质; 磷酸化位点预测分析结果表明 8 种植物 *JAZ1* 蛋白磷酸化位点数量最多为丝氨酸, 其次为苏氨酸; 根据亲疏水性预测分析结果推测 8 种植物 *JAZ1* 蛋白均为亲水性蛋白质; 信号肽和跨膜结构域预测结果显示这些蛋白质均为非分泌蛋白质不具有信号肽, 没有明显的跨膜结构域; *JAZ1* 蛋白二级结构元件主要为不规则卷曲, 其次为  $\alpha$ -螺旋和延伸链; 亚细胞定位预测结果显示该蛋白质主要定位于细胞核; 结构域预测结果表明供试 8 种植物 *JAZ1* 蛋白均含有 JAZ 蛋白家族典型的 TIFY 和 CCT\_2 功能结构域; 氨基酸序列多重比对和蛋白质系统进化树分析结果表明甘薯 *JAZ1* 与长春花 *JAZ1* 亲缘关系最近。本研究可为甘薯 *JAZ1* 基因功能研究和甘薯性状定向改良奠定理论基础。

**关键词:** 甘薯; *JAZ1*; 磷酸化位点; 功能结构域; 亚细胞定位。

**中图分类号:** S531.035.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2019)05-1021-07

## Bioinformatics analysis of *JAZ1* gene from eight plants including sweet-potato

YANG Dong-jing<sup>1,2</sup>, SUN Hou-jun<sup>1</sup>, XIE Yi-ping<sup>1</sup>, ZHANG Cheng-ling<sup>1</sup>, MA Ju-kui<sup>1</sup>, LI Zong-yun<sup>2</sup>, MA Dai-fu<sup>1</sup>

(1. Xuzhou Institute of Agricultural Sciences of the Xuhuai District of Jiangsu Province/Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Sweetpotato, Ministry of Agriculture, Xuzhou 221131, China; 2. Department of Life Science, Jiangsu Normal University, Xuzhou 221116, China)

**收稿日期:** 2019-01-31

**基金项目:** 国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-10-B15); 徐州市农业科学院科研基金项目; 农业部重点实验室开放性课题(XM2017001); 江苏师范大学研究生创新项目(KY-CX17-1620); 江苏省政府留学奖学金项目(JS-2014-120)

**作者简介:** 杨冬静(1983-), 女, 四川射洪人, 博士研究生, 助理研究员, 主要从事植物病理学研究。(E-mail) njnd831215@126.com

**通讯作者:** 马代夫, (E-mail) daifuma@163.com

**Abstract:** Jasmonate ZIM-domain(JAZ) protein is an important negative regulator of jasmonic acid signaling pathway in plants. It plays an important role in regulating plant development, vegetative growth, senescence, salt resistance, drought resistance and disease resistance. In order to analyze the biological information of several *JAZ1* gene and predict its function, *JAZ1* amino acid sequences of eight plants were collected from NCBI database, a series of bioinformatics analysis softwares were used for predic-

tion and analysis of the JAZ1 amino acid composition and physicochemical properties, hydrophobicity, protein phosphorylation sites, transmembrane domain and signal peptide, protein subcellular localization and functional domains. Multiple sequences alignment and phylogenetic tree construction were carried out to analyze the genetic relationship among the JAZ1 proteins from eight plants. The results showed that the number of amino acid residues of JAZ1 proteins in eight plants ranged from 180 to 294, the molecular weight ranged from 19 815 670 to 31 550 050, and the theoretical isoelectric points were alkaline isoelectric point. The main amino acids of JAZ1 protein were serine, proline, lysine and threonine. Stability prediction results showed that the JAZ1 proteins were unstable protein. Results from the eight plants of phosphorylation sites prediction analysis showed that the main phosphorylation site of JAZ1 proteins from the eight plants were serine, followed by threonine. Hydrophobicity-hydrophilicity prediction result indicated that all the JAZ1 proteins from the eight plants were hydrophilic proteins. Signal peptide and transmembrane domain prediction results showed that these proteins were non secretory proteins without signal peptide and no obvious transmembrane domain was detected. Random coil was the most important element in JAZ1 secondary structure, followed by  $\alpha$ -helix and extended chain. Subcellular localization prediction results showed that JAZ1 proteins were mainly localized in the nucleus. Functional domain prediction results showed that the JAZ1 proteins from the eight plants contained two typical functional domains of the JAZ protein family, TIFY and CCT\_2. Multiple alignment of amino acid sequences and phylogenetic tree analysis results showed that IbJAZ1 had the highest genetic relationship with CrJAZ1. This study could provide a theoretical basis for functional study of *IbJAZ1* and directional improvement of sweetpotato.

**Key words:** sweetpotato; *JAZ1*; phosphorylation site; Functional domains; subcellular localization

激素是植物重要的生长调节物质,当外界环境发生变化时,植物体内激素也会发生相应的变化,从而调节自身的生长发育。茉莉酸(Jasmonic acid, JA)是重要的植物信号分子之一<sup>[1]</sup>,在植物病虫害等生物胁迫<sup>[2-5]</sup>、多种非生物胁迫<sup>[6]</sup>以及植物生长发育过程中起着关键调控作用<sup>[7-8]</sup>。茉莉酸信号通路的研究最早在模式植物(如拟南芥和番茄等)中开展,它是一个由多基因或多蛋白质参与的复杂过程,包括信号产生、信号传导和基因应答等 3 个阶段<sup>[9]</sup>,目前其信号途经中的多个组分均已被鉴定,包括 SCF<sup>COI1</sup> 复合体<sup>[10]</sup>、COI1 蛋白<sup>[11]</sup>以及 JAZ 蛋白质<sup>[12]</sup>等。JAZ 是植物中特有的一类重要的转录因子,它含有位于 JAZ 蛋白 N 端的大约 36 个氨基酸的 TIFY 功能结构域和位于 JAZ 蛋白 C 端的大约 24 个氨基酸的 CCT\_2 功能结构域,TIFY 功能结构域通过介导 JAZ 与其共抑制因子 NINJA(Novel interacter of JAZ)相互作用,形成 JAZ-NINJA 蛋白质复合体,CCT\_2 功能结构域继而介导 JAZ-NINJA 复合体与转录因子 MYC2 相互作用,从而负调控 JA 相应基因的表达<sup>[12]</sup>。目前,拟南芥已鉴定并报道有 12 个 JAZ 基因<sup>[13]</sup>,水稻中鉴定出 15 个 JAZ 基因<sup>[14]</sup>,大豆<sup>[15]</sup>和葡萄<sup>[16]</sup>等作物中的 JAZ 基因也已被克隆和报道。已有的报道表明 JAZ 基因家族成员很多并且其生物学功能各异,如过表达缺失 Jas 功能结构

域的 *AtJAZ1* 基因可增强拟南芥对甜菜夜蛾的抗性<sup>[17]</sup>;过表达 *OsJAZ9* 基因可增强水稻的耐盐性<sup>[18]</sup>;水稻 OsMYC2 可与一些 OsJAZ 蛋白质互作并提高水稻白叶枯病抗性<sup>[19]</sup>。

甘薯具有适应性广,耐旱耐贫瘠等优点,在保障中国粮食和能源安全中起着重要作用。然而,随着病虫害的逐渐加重,中国甘薯产业的发展已经受到了严重影响。但是甘薯转录组测序、甘薯全基因组序列的公布以及农杆菌介导的甘薯遗传转化体系平台建立,为利用分子生物学技术定向改良甘薯品种的性状奠定了基础,使快速定向改良甘薯品种的性状成为现实<sup>[20-21]</sup>。基于 JAZ 基因的功能多样性,本研究拟采用生物信息学分析方法,以甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白为分析对象,对其氨基酸序列的组成、理化性质,蛋白质磷酸化位点、跨膜结构域、信号肽、二级结构、蛋白质亚细胞定位以及功能结构域等进行预测和比较分析,为甘薯 JAZ1 的功能预测及其应用于提高甘薯抗生物胁迫和非生物胁迫奠定理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 JAZ1 基因碱基序列

从 NCBI 数据库下载甘薯、丹参、烟草、长春花、沙葡萄、番茄、野茶树和拟南芥 JAZ1 蛋白氨基酸序列及编码区(CDS)序列,蛋白质氨基酸序列登录号分别如下:甘薯(*Ipomoea batatas*),登录号:

APA19301.1; 丹参 (*Salvia miltiorrhiza*), 登录号: AGC73980.1; 烟草 (*Nicotiana tabacum*), 登录号: BAG68655.1; 长春花 (*Catharanthus roseus*), 登录号: ACM89457.1; 沙葡萄 (*Vitis rupestris*), 登录号: AEP60132.1; 番茄 (*Solanum lycopersicum*), 登录号: NP\_001234883.1; 野茶树 (*Camellia sinensis*), 登录号: AQA29554.1; 拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*), 登录号: NP\_564075.1。

1.2 试验方法

利用 ProtParam 分析 JAZ1 编码的氨基酸组成、相对分子量、等电点等理化性质, 采用 NetPhos 3.1server 进行 JAZ1 蛋白磷酸化位点预测, 采用 ProtScale 进行 JAZ1 蛋白疏水性或亲水性预测和分析, 采用 SOPMA 进行 JAZ1 蛋白二级结构预测, 采用 TMHMM 对 JAZ1 蛋白跨膜结构域进行预测和分析, JAZ1 蛋白信号肽预测采用 Signal3.0 软件进行分析, 采用 WoLF PROST 进行 JAZ1 蛋白亚细胞定位预测和分析, 采用 SMART 及 NCBI 在线软件进行 JAZ1 蛋白保守结构域预测和分析, 氨基酸多重序列比对采用生物信息学软件 DNAMAN6.0 进行, 采用 MEGA6.0 软件的邻位相接法构建 JAZ1 蛋白系统进化树, 分析同源蛋白质成员之间的进化关系, 其中 Bootstrap 值为1 000。

2 结果与分析

2.1 8 种植物 JAZ1 蛋白的氨基酸组成及理化性质的预测分析

通过在线软件 Physicochemical Property Prot-

Param 分析甘薯、烟草、丹参、长春花、沙葡萄、番茄、野茶树和拟南芥等 8 种作物中 JAZ1 蛋白氨基酸残基数目、理论等电点、相对分子量、氨基酸组成及高含量氨基酸所占比例以及 JAZ1 蛋白稳定性和亲水性, 结果如表 1 所示, 8 种 JAZ1 蛋白的氨基酸残基数目介于 180~294, 相对分子量介于 19 815 670~31 550 050。8 种参试 JAZ1 蛋白理论等电点均为碱性等电点。高含量氨基酸及其比例分析结果显示, 甘薯 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、脯氨酸和赖氨酸, 其比例分别为 14.5%、8.3% 和 7.9%; 丹参 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为脯氨酸、亮氨酸和赖氨酸, 其比例分别为 11.1%、9.4% 和 8.3%; 烟草 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、赖氨酸和天冬酰胺, 其比例分别为 10.9%、9.6% 和 8.4%; 长春花 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、脯氨酸和丙氨酸, 其比例分别为 10.1%、9.7% 和 9.3%; 沙葡萄 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、丙氨酸和脯氨酸, 其比例分别为 12.3%、9.3% 和 8.6%; 番茄 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、赖氨酸和苏氨酸, 其比例分别为 11.5%、10.7% 和 8.7%; 野茶树 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、脯氨酸和苏氨酸, 其比例分别为 17.3%、7.8% 和 7.8%; 拟南芥 JAZ1 蛋白高含量氨基酸为丝氨酸、苏氨酸和脯氨酸, 其比例分别为 13.8%、9.1% 和 7.5%, 总体来看, 8 种参试植物 JAZ1 蛋白的主要氨基酸为丝氨酸、脯氨酸、赖氨酸和苏氨酸。稳定性预测分析结果表明 8 种参试 JAZ1 蛋白均为非稳定性蛋白质。

表 1 8 种植物 JAZ1 蛋白理化性质的预测分析

Table 1 Prediction and analysis of physical and chemical properties of JAZ1 protein in eight plants

JAZ1 来源	氨基酸残基数	相对分子量	理论等电点	高含量氨基酸及其比例	不稳定性指数	亲水性总平均值
甘薯	228	25 095 560	9.73	丝氨酸 14.5%、脯氨酸 8.3%、赖氨酸 7.9%	54.19	-0.576
丹参	180	19 815 670	9.14	脯氨酸 11.1%、亮氨酸 9.4%、赖氨酸 8.3%	43.31	-0.575
烟草	239	26 616 090	9.41	丝氨酸 10.9%、赖氨酸 9.6%、天冬酰胺 8.4%	44.83	-0.628
长春花	257	27 660 370	8.57	丝氨酸 10.1%、脯氨酸 9.7%、丙氨酸 9.3%	40.83	-0.354
沙葡萄	268	28 578 540	9.86	丝氨酸 12.3%、丙氨酸 9.3%、脯氨酸 8.6%	49.31	-0.449
番茄	252	28 162 710	9.30	丝氨酸 11.5%、赖氨酸 10.7%、苏氨酸 8.7%	46.27	-0.795
野茶树	294	31 550 050	9.57	丝氨酸 17.3%、脯氨酸 7.8%、苏氨酸 7.8%	55.85	-0.399
拟南芥	253	27 608 260	9.44	丝氨酸 13.8%、苏氨酸 9.1%、脯氨酸 7.5%	56.99	-0.526

## 2.2 8 种植物 JAZ1 蛋白磷酸化位点预测及分析

以 Threshold 大于 0.5 为标准,如表 2 所示,预测参试的 8 种植物 JAZ1 蛋白磷酸化位点和数量结果表明,供试的几种植物 JAZ1 蛋白磷酸化位点数量最多的是丝氨酸,其次是苏氨酸,此外甘薯、长春花和番茄分别有 1 个、3 个、1 个磷酸化位点为酪氨酸。

表 2 甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白磷酸化作用位点预测结果

Table 2 Prediction of phosphorylation sites of JAZ1 protein from eight plants including sweetpotato

JAZ1 来源	JAZ1 蛋白磷酸化位点数量		
	丝氨酸	苏氨酸	酪氨酸
甘薯	23	6	1
丹参	9	3	0
烟草	19	5	0
长春花	19	7	3
沙葡萄	25	9	0
番茄	24	10	1
野茶树	36	11	0
拟南芥	25	11	0

## 2.3 8 种植物 JAZ1 蛋白的疏水性/亲水性预测和分析

JAZ1 蛋白疏水性/亲水性预测结果如图 1 所示,甘薯 JAZ1 蛋白 IbJAZ1 多肽链第 83 位谷氨酸(E)分值最低,为-2.567,亲水性最强;第 108 位甘氨酸(G)分值最高,为 1.622,疏水性最强;总体来看,JAZ1 蛋白亲水氨基酸数目大于疏水氨基酸数目,因此,推测 JAZ1 蛋白为亲水性蛋白质。其他 7 种植物 JAZ1 蛋白质疏水性/亲水性分析结果同 IbJAZ1 的疏水性/亲水性相似,整体来看 8 种参试植物 JAZ1 蛋白亲水氨基酸数目均大于疏水氨基酸,因此推测它们均为亲水性蛋白质。

## 2.4 8 种植物 JAZ1 蛋白信号肽的预测分析

信号肽预测结果如图 2 所示,结果表明 IbJAZ1 和其他 7 种参试植物 JAZ1 蛋白均为非分泌蛋白质,均不含信号肽。

## 2.5 8 种植物 JAZ1 蛋白跨膜结构域预测和分析

对 8 种植物 JAZ1 蛋白的跨膜结构域进行预测,结果如图 3 所示,未发现甘薯 JAZ1 有明显的跨膜结构域;其他几种植物 JAZ1 蛋白跨膜结构域预测结果同 IbJAZ1,均未发现明显的跨膜结构域。

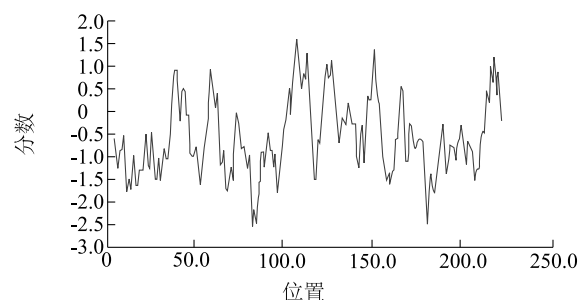


图 1 甘薯 JAZ1 蛋白亲水性/疏水性预测

Fig. 1 Hydrophilicity/hydrophobicity prediction of IbJAZ1 protein

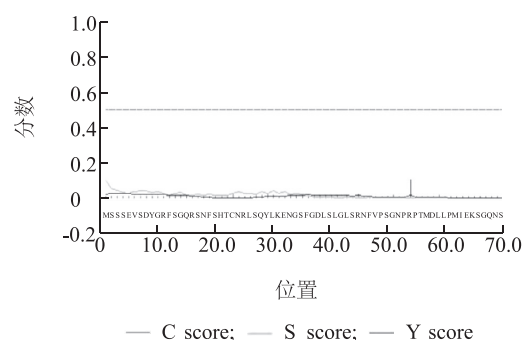


图 2 甘薯 JAZ1 蛋白信号肽预测

Fig. 2 Signal peptide prediction of IbJAZ1 protein

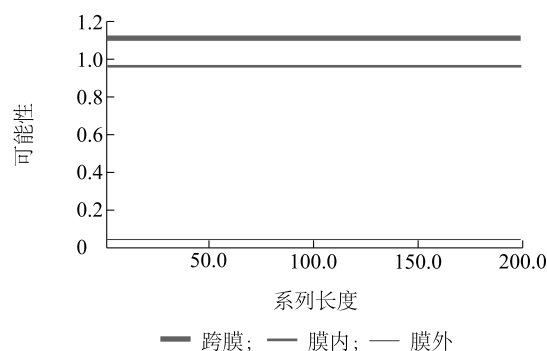


图 3 甘薯 JAZ1 蛋白跨膜区预测

Fig. 3 Transmembrane region prediction of IbJAZ1 protein

## 2.6 8 种植物 JAZ1 蛋白的二级结构及各元件含量预测

对甘薯、丹参、烟草等 8 种植物 JAZ1 蛋白的氨基酸序列进行二级结构预测,如表 3 所示,8 种植物 JAZ1 蛋白二级结构主要元件为无规则卷曲,其所占比例为 45.18%~59.52%;其次为 $\alpha$ -螺旋(18.33%~30.04%);延伸链含量较小,为 10.82%~19.74%; $\beta$ -转角含量最低,为 5.44%~10.09%。



2.7 8 种植物 JAZ1 蛋白亚细胞定位预测和分析

对 8 种植物 JAZ1 蛋白进行蛋白质亚细胞定位预测,预测得分见表 4,初步推测除了丹参 JAZ1 蛋白可能定位于细胞质外,甘薯、烟草等其他 7 种 JAZ1 蛋白定位于细胞核的可能性较大,很可能是在细胞核内行使其功能。

表 3 甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白二级结构及各元件含量预测  
Table 3 Secondary structure and component content prediction of JAZ1 protein from eight plants including sweetpotato

JAZ1 来源	$\alpha$ -螺旋(%)	延伸链(%)	$\beta$ -转角(%)	无规卷曲(%)
甘薯	25.00	19.74	10.09	45.18
丹参	18.33	16.11	7.22	58.33
烟草	29.71	16.74	5.44	48.12
长春花	25.29	18.68	9.34	46.69
沙葡萄	28.73	10.82	8.58	51.87
番茄	19.05	16.27	5.16	59.52
野茶树	20.75	19.39	5.78	54.08
拟南芥	30.04	11.46	6.72	51.78

2.8 JAZ1 蛋白功能结构域的预测和分析

对 JAZ1 蛋白的功能结构域预测发现,甘薯、烟草、丹参等 8 种植物 JAZ1 蛋白均含有 JAZ 蛋白家族典型的 TIFY 和 CCT\_2 2 个功能结构域(图 4),其中甘薯 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 97~129 位和 169~193 位;丹参 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 79~106 位和 130~154 位;烟草 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 95~127 位和 181~205 位;长春花 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 104~137 位和 192~216 位;沙葡萄 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 132~165 位和 217~241 位;番茄 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 117~150 位和 198~222 位;野茶树 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 120~153 位和 238~262 位;拟南芥 JAZ1 蛋白 TIFY 和 CCT\_2 结构域分别位于多肽链 121~154 位和 202~226 位。因此,我们推测这 8 种 JAZ1 蛋白可能具有较为相似的功能。

表 4 甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白亚细胞定位预测  
Table 4 Subcellular localization prediction of JAZ1 protein from eight plants including sweetpotato

JAZ1 来源	蛋白质亚细胞定位						
	细胞核	细胞质	叶绿体	线粒体	细胞膜	细胞质_核	细胞核_膜
甘薯	13.0	-	-	-	1.0	-	-
丹参	2.0	7.0	1.0	3.0	-	-	-
烟草	12.5	-	-	-	-	7.5	-
长春花	7.0	-	2.0	3.0	2.0	-	2.0
沙葡萄	9.0	-	2.0	2.0	-	-	6.0
番茄	12.0	-	-	1.0	-	-	-
野茶树	8.5	-	2.0	2.0	-	5.0	-
拟南芥	10.0	-	3.0	-	-	-	-

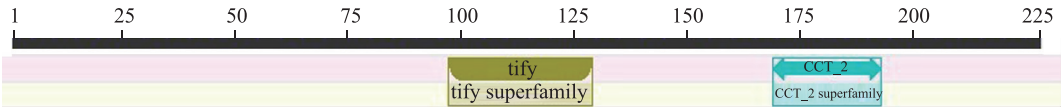


图 4 甘薯 JAZ1 蛋白氨基酸序列功能域预测  
Fig.4 Functional domain prediction of amino acid sequence of JAZ1 protein in sweetpotato

2.9 8 种植物 JAZ1 蛋白氨基酸序列多重比对及系统进化分析

JAZ1 蛋白氨基酸序列多重比对结果(图 5)显

示,位于 N-端的约 60 个氨基酸残基具有一定的保守性,有研究结果表明这可能与 DELLA 蛋白互作相关<sup>[22-23]</sup>;而 TIFY 和 CCT\_2 2 个结构域的保守性很

强。构建蛋白质系统进化树如图 6 所示,其中甘薯、丹参、番茄、烟草和长春花等 5 个聚为一簇,拟南芥

等其他 3 个聚为一簇,系统进化分析结果表明甘薯与长春花亲缘关系最近。

IbJAZ1	KSSSE.VSIFGRFSG.QRSNFSHTGNRLSCLRENGSGGDS.LGLSR.NFVPSNP.....RPMILLEMIEKSGQN.....SVHKPMNLEFTR	81
SmJAZ1	MVSSE.KVDSCKFHG.GRSNFSHTGNRLSCLRENGSGGDS.LGLSR.NFVPSNP.....RPMILLEMIEKSGQN.....SVHKPMNLEFTR	70
NtJAZ1	MVSSE.IVDSCKFHG.GRSNFSHTGNRLSCLRENGSGGDS.LGLSR.NFVPSNP.....RPMILLEMIEKSGQN.....SVHKPMNLEFTR	87
CrJAZ1	MVSSE.MVDSCKFHG.GRSNFSHTGNRLSCLRENGSGGDS.LGLSR.NFVPSNP.....RPMILLEMIEKSGQN.....SVHKPMNLEFTR	89
SIJAZ1	MVSSE.NMDSCKFHG.GRSNFSHTGNRLSCLRENGSGGDS.LGLSR.NFVPSNP.....RPMILLEMIEKSGQN.....SVHKPMNLEFTR	98
IbJAZ1	EESTKMDTSVIGG.....PEKQMTIFYGQGVVFNDSPAKREIMLASNGGTTISVAKLPFESS.....PFVSKVPSFVNQRFSSQ.IAS	166
SmJAZ1	F.....RPE.....KEIGQMTIFYGQGVVFNDSPAKREIMLASNGGTTISVAKLPFESS.....PFVSKVPSFVNQRFSSQ.IAS	120
NtJAZ1	V.....ISTARSE.....PEKQMTIFYGQGVVFNDSPAKREIMLASNGGTTISVAKLPFESS.....PFVSKVPSFVNQRFSSQ.IAS	171
CrJAZ1	AGFYITIPDISVASE.....PDITQMTIFYGQGVVFNDSPAKREIMLASNGGTTISVAKLPFESS.....PFVSKVPSFVNQRFSSQ.IAS	182
SIJAZ1	FD..FSKEQSTFTESWKPDQPEKQMTIFYGQGVVFNDSPAKREIMLASNGGTTISVAKLPFESS.....PFVSKVPSFVNQRFSSQ.IAS	188
IbJAZ1	.....EMFPRKRSIARFLEKRRDRIVSKFPYCMSSPKAGSSSQVESRWLGHGAHEFVK....IEH...	228
SmJAZ1	QLFPLGSDIPLARKNSIARFLEKRRDRIVSKFPYCMSSPKAGSSSQVESRWLGHGAHEFVK....IEH...	180
NtJAZ1	ISQSSVADIPARKNSIARFLEKRRDRIVSKFPYCMSSPKAGSSSQVESRWLGHGAHEFVK....IEH...	239
CrJAZ1	PLYERINDIPLARKNSIARFLEKRRDRIVSKFPYCMSSPKAGSSSQVESRWLGHGAHEFVK....IEH...	256
SIJAZ1	MEQSSVADIPARKNSIARFLEKRRDRIVSKFPYCMSSPKAGSSSQVESRWLGHGAHEFVK....IEH...	252

图 5 甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白氨基酸序列比对

Fig.5 Amino acid sequence alignment of JAZ1 protein from eight plants including sweetpotato

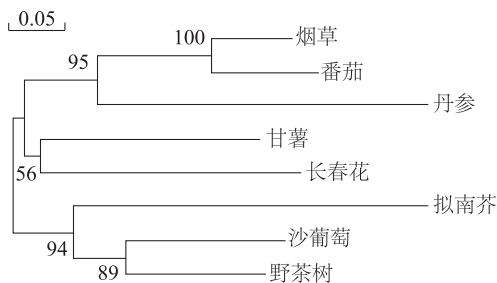


图 6 甘薯等 8 种植物 JAZ1 蛋白系统进化树分析

Fig.6 Phylogenetic tree analysis of JAZ1 protein from eight plants including sweetpotato

### 3 讨论

甘薯是高度杂合的同源六倍体作物,遗传背景复杂,通过常规品种选育很难快速定向提高甘薯的抗病性,随着分子生物学技术的快速发展,采用基因工程技术进行甘薯性状定向改良已成为现实,这也为甘薯抗病基因工程育种开辟了新的途径。如 Ji<sup>[20]</sup>等通过农杆菌介导的甘薯遗传转化在甘薯中过表达 *AtP3B* 从而快速提高了甘薯的抗低温和抗高温能力;Kang<sup>[21]</sup>通过抑制  $\beta$ -胡萝卜素羟化酶基因的表达提高了甘薯  $\beta$ -胡萝卜素的含量并提高了转基因甘薯的抗非生物胁迫能力。目前,激素抗病信号转导途径包括水杨酸(Salicylic acid, SA)、茉莉酸(Jasmonic acid, JA)和乙烯(Ethylene, ET)等抗病信号转导途径。当植物识别到来自病原菌或来自病原菌分泌的效应因子的信号后,通常会激活相关抗病信号

转导途径,并进一步调控下游防卫反应相关基因的表达从而诱导植物发生防卫反应。然而,有关甘薯抗病基因的克隆和功能研究的报道很少,甘薯 *JAZ1* 是否具有抗病功能值得我们进一步研究和论证。

本研究采用系列生物信息学软件对 8 种植物 JAZ1 蛋白的氨基酸组成及其理化性质、蛋白质亲疏水性、蛋白质磷酸化位点、JAZ1 蛋白的二级结构元件和含量、跨膜结构域、信号肽、亚细胞定位和功能域等进行预测分析。结果显示,8 种植物 JAZ1 蛋白相对分子量介于 19 815 670~31 550 050,主要氨基酸为丝氨酸、脯氨酸、赖氨酸和苏氨酸。虽然理论等电点有所差异,但均为碱性等电点。8 种植物 JAZ1 蛋白稳定指数有所差异但均为非稳定性蛋白质。磷酸化位点预测分析结果表明 8 种植物 JAZ1 蛋白磷酸化位点数量最多的为丝氨酸,其次为苏氨酸。根据亲疏水性预测结果我们推测 8 种植物 JAZ1 蛋白均为亲水性蛋白质,且信号肽和跨膜结构域预测表明这些蛋白质均为非分泌蛋白质,不含有信号肽,没有明显的跨膜结构域。JAZ1 蛋白二级结构元件主要为不规则卷曲,其次为  $\alpha$ -螺旋和延伸链。亚细胞定位预测结果显示该蛋白质主要定位于细胞核。结构域预测结果表明 8 种植物 JAZ1 蛋白均含有 JAZ 蛋白家族典型的 TIFY 和 CCT\_2 2 个功能结构域,推测这些 JAZ1 蛋白可能具有相似功能。对甘薯等 8 种植物 JAZ1 氨基酸序列进行生物信息学预测和比对分析有助于我们预测其在甘薯中的生物学功能,为甘薯 JAZ1 应用于甘薯抗病和抗逆分子育种奠定

理论基础,下一步,我们将研究多种胁迫条件下该基因的表达模式,同时采用遗传转化方法对该基因在甘薯中的功能进行系统研究。

### 参考文献:

- [1] TURNER J G, ELLIS C, DEVOTO A. The jasmonate signal pathway[J]. *Plant Cell*, 2002, 14: 153-164.
- [2] BARI R, JONES J D. Role of plant hormones in plant defence responses[J]. *Plant Molecular Biology*, 2009, 69(4): 473-488.
- [3] LI L, ZHAO Y, MCCAIG B C, et al. The tomato homolog of Coronatine insensitive1 is required for the maternal control of seed maturation, jasmonate-signaled defense responses, and glandular trichome development[J]. *Plant Cell*, 2004, 16: 126-143.
- [4] REINBOTHE C, SPRINGER A, SAMOL I, et al. Plant oxylipins: role of jasmonic acid during programmed cell death, defence and leaf senescence[J]. *Febs Journal*, 2009, 276(17): 4666-4681.
- [5] CHEHAB EW, KASPI R, SAVCHENKO T, et al. Distinct roles of jasmonates and aldehydes in plant defense responses[J]. *PLoS ONE*, 2008, 3:1904.
- [6] WASTERNAK C, STENZEL I, HAUSE B, et al. The wound response in tomato-role of jasmonic acid[J]. *Journal of Plant Physiology*, 2006, 163: 297-306.
- [7] SONG S, QI T, HUANG H, et al. The jasmonate-ZIM domain proteins interact with the R2R3-MYB transcription factors MYB21 and MYB24 to affect jasmonate-regulated stamen development in *Arabidopsis*[J]. *The Plant Cell*, 2011, 23(3): 1000-1013.
- [8] WASTERNAK C. Jasmonates: An update on biosynthesis, signal transduction and action in plant stress response, growth and development[J]. *Ann Bot*, 2007, 100: 681-697.
- [9] DEVOTO A, TURNER J G. Regulation of jasmonate-mediated plant responses in *Arabidopsis*[J]. *Annals of Botany*, 2003, 92: 329-337.
- [10] YAN J, LI H, LI S, et al. The *Arabidopsis* F-box protein Coronatine insensitive1 is stabilized by SCF<sup>COI1</sup> and degraded via the 26S proteasome pathway[J]. *The Plant Cell*, 2013, 25(2): 486-498.
- [11] XIE D X, FEYS B F, JAMES S, et al. COI1: an *Arabidopsis* gene required for jasmonate-regulated defense and fertility [J]. *Science*, 1998, 280(5366): 1091-1094.
- [12] THINES B, KATSIR L, MELOTTO M, et al. JAZ repressor proteins are targets of the SCF<sup>COI1</sup> complex during jasmonate signalling [J]. *Nature*, 2007, 448(7154): 661-665.
- [13] YAN Y, STOLZ S, CHETELAT A, et al. A downstream mediator in the growth expression limb of the jasmonate pathway[J]. *The Plant Cell*, 2007, 19(8): 2470-2483.
- [14] YE H, DU H, TANG N, et al. Identification and expression profiling analysis of *TIFY* family genes involved in stress and phytohormone responses in rice[J]. *Plant Molecular Biology*, 2009, 71(3): 291-305.
- [15] ZHU D, BAI X, LUO X, et al. Identification of wild soybean (*Glycine soja*) *TIFY* family genes and their expression profiling analysis under bicarbonate stress[J]. *Plant Cell Reports*, 2013, 32(2): 263-272.
- [16] ZHANG Y C, GAO M, SINGER S D, et al. Genome-wide identification and analysis of the *TIFY* gene family in grape[J]. *PLoS ONE*, 2012, 7(9): e44465.
- [17] CHUNG H S, KOO A J, GAO X, et al. Regulation and function of *Arabidopsis* JASMONATE ZIM-domain genes in response to wounding and herbivory[J]. *Plant Physiology*, 2008, 146(3): 952-964.
- [18] KAZAN K, MANNERS J M. JAZ repressors and the orchestration of phytohormone crosstalk[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(1): 22-31.
- [19] UJI Y, TANIGUCHI S, TAMAOKI D, et al. Overexpression of *OsMYC2* results in the up-regulation of early JA-responsive genes and bacterial blight resistance in rice[J]. *Plant Cell Physiology*, 2016, 57(9): 1814-1827.
- [20] JI C Y, JIN R, XU Z, et al. Overexpression of *Arabidopsis* P3B increases heat and low temperature stress tolerance in transgenic sweetpotato[J]. *BMC Plant Biology*, 2017, 17(1): 139.
- [21] KANG L, JI C Y, KIM S H, et al. Suppression of the  *$\beta$ -carotene hydroxylase* gene increases  $\beta$ -carotene content and tolerance to abiotic stress in transgenic sweetpotato plants. [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2017, 117: 24-33.
- [22] KAZAN K, J M MANNERS. JAZ repressors and the orchestration of phytohormone crosstalk[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(1): 22-31.
- [23] NAVARRO L, BARI R, ACHARD P, et al. DELLAs control plant immune responses by modulating the balance of jasmonic acid and salicylic acid signaling[J]. *Current Biology*, 2008, 18(9): 650-655.

(责任编辑:陈海霞)