

裴徐梨, 荆赞革, 徐 境, 等. 青花菜 *BoDof5.3* 基因的克隆及渍水胁迫表达特征分析[J]. 江苏农业学报, 2020, 36(6): 1498-1502.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2020.06.020

青花菜 *BoDof5.3* 基因的克隆及渍水胁迫表达特征分析

裴徐梨¹, 荆赞革^{1,2}, 徐 境¹, 唐 征², 宋 波³

(1. 昆明学院农学与生命科学学院, 云南 昆明 650214; 2. 温州科技职业学院农业与生物技术学院, 浙江 温州 325006; 3. 江苏省农业科学院蔬菜研究所, 江苏 南京 210014)

摘要: 从青花菜中克隆得到一个 *Dof* 基因, 命名为 *BoDof5.3*。序列分析结果表明: 该基因 ORF 全长 774 bp, 编码 257 个氨基酸, 编码的蛋白质为亲水性蛋白质。青花菜 *BoDof5.3* 蛋白具有典型的 Zf-Dof 结构域, 其二级结构以无规则卷曲为主。系统进化分析结果表明, 青花菜 *BoDof5.3* 蛋白与甘蓝、花椰菜 *Dof* 蛋白亲缘关系最近, 在进化树上聚为一组, 同属植物的 *Dof* 蛋白具有较近的亲缘关系。qRT-PCR 分析结果显示, 在渍水胁迫 0 d 到 2 d 时, *BoDof5.3* 基因表达量呈下降趋势, 6 d 时表达量升高为对照的 1.3 倍, 推测该基因可能参与青花菜渍水胁迫的响应。

关键词: 青花菜; *Dof* 基因; 基因克隆; 渍水胁迫; 表达特征

中图分类号: S635.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2020)06-1498-05

Cloning and expression analysis of *BoDof5.3* gene under waterlogging stress in broccoli

PEI Xu-li¹, JING Zan-ge^{1,2}, XU Jing¹, TANG Zheng², SONG Bo³

(1. College of Agriculture and Life Science, Kunming University, Kunming 650214, China; 2. College of Agriculture and Biotechnology, Wenzhou Vocational College of Science and Technology, Wenzhou 325006, China; 3. Institute of Vegetable Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: In this study, a *Dof* gene named *BoDof5.3* was cloned from broccoli. Sequence analysis results showed that this gene was 774 bp in length, which encoded 257 amino acids. Furthermore, the protein encoded by this gene was a hydrophilic protein. The *BoDof5.3* contained a typical Zf-Dof domain, and its main secondary structure was the random coil. Results of phylogenetic analysis indicated that the *BoDof5.3* protein of broccoli had the highest homology with the *Dof* protein of cabbage and cauliflower, and they were clustered into a group on phylogenetic tree. Furthermore, the *Dof* protein in the same genus had close relationship. The results of qRT-PCR showed that the expression level of *BoDof5.3* decreased from 0 d to 2 d under waterlogging stress, and the expression level at six days of waterlogging stress was 1.3 times as much as that of control. It is speculated that *BoDof5.3* gene may be involved in the response of broccoli to waterlogging stress.

Key words: *Brassica oleracea* var. *italica*; *Dof* gene; gene clone; waterlogging stress; expression feature

收稿日期: 2020-03-21

基金项目: 浙江省自然科学基金项目(LY18C150006); 云南省地方本科高校(部分)基础研究联合专项资金项目(2018FH001-044); 云南省基础研究计划青年项目(2019-1-C-25318000002236); 浙江省科技厅项目(2016C051-5-3); 温州市科技项目(2019ZX007-2)

作者简介: 裴徐梨(1990-), 女, 云南个旧人, 博士, 讲师, 主要从事蔬菜分子生物学研究。(E-mail) xuliP1990@163.com

通讯作者: 荆赞革, (E-mail) jingzange@aliyun.com

Dof (DNA binding with one finger) 是植物特有的一类转录因子, 其在 *N*-末端具有长度为 52 aa 的 *Dof* 结构域, 可与 DNA 结合, 同时还可进行蛋白-蛋白互作。C-末端的可变结构域可在不同的代谢途径中产生多样的调控功能^[1-2]。目前 *Dof* 基因已在拟南芥、水稻、大豆、大麦、红花、玉米等多种植物中成功克隆^[3-8]。

前人研究发现,*Dof* 基因广泛参与碳氮代谢、开花、花和花粉发育、保卫细胞特异基因的调控、防御反应等多种生物学过程。在柞柳中,20 个 *ThDof* 基因参与了胁迫应答。过表达 *ThDof16* 基因可明显提高植株抗干旱和高盐胁迫^[9]。在盐胁迫条件下,过表达红花 *CtDof1* 基因可增强转基因拟南芥对盐胁迫的抗性^[7]。Hennig 等在研究拟南芥 *Dof* 蛋白 OBP1 时发现,该蛋白可通过调控谷胱甘肽 S-转移酶 6 的表达来对植物激素和胁迫信号作出响应^[10]。

青花菜 (*Brassica oleracea* var. *italica*) 与花椰菜、甘蓝同属甘蓝类蔬菜,以小花蕾和嫩花茎为产品,营养丰富。其喜温暖湿润,但不耐涝。浙江省地处东部沿海,每年 8-9 月常受台风和特大暴雨影响,青花菜育苗和定植期间易遭淹水而大面积死苗,造成严重经济损失。前期试验结果显示 *BoDof5.3* 基因在高温和盐胁迫条件下表达量可发生较大变化。因此,本试验通过克隆青花菜 *BoDof5.3* 基因,并对其特性、同源进化树以及在渍水胁迫下的表达特征进行分析,以期研究该基因的功能及其参与渍水胁迫的应答机制提供基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以青花菜 WN12-95 为材料,种植于光照培养箱内,培养条件为 25 ℃/16 h(白天)~18 ℃/8 h(晚上)。待植株长至 5 叶期时开始对其进行渍水胁迫处理,处理时间为 0 d、2 d 和 6 d,每个处理设 3 次生物学重复。

1.2 RNA 的提取和 cDNA 的合成

叶片经液氮冷冻后迅速研磨成粉末,用于 RNA 的提取。总 RNA 提取使用 TaKaRa Mini BEST Plant RNA Extraction Kit 试剂盒(TaKaRa 公司产品),cDNA 的合成采用 Prime Script 1st Strand cDNA Synthesis Kit 试剂盒(TaKaRa 公司产品)。产物置于 -80 ℃ 的超低温冰箱中保存备用。

1.3 青花菜 *BoDof5.3* 基因的克隆

根据已获得的青花菜转录组数据中 *Dof* 基因序列设计全长引物:F:5'-GGATCTTCCAGAGATATG-GATCATTTGTTACAACACCAGG-3'和 R:5'-CTGCC-GTTCGACGATCATTAAGCACCAGAGTTAATAT-AGTTCA-3'。PCR 反应体系和反应程序参照裴徐梨等的方法^[11]进行。PCR 产物经 1.2% 的琼脂糖凝

胶电泳检测后回收,连接 pMD18-T 载体,转化大肠杆菌,选取阳性克隆测序。

1.4 青花菜 *BoDof5.3* 基因的生物学信息分析

运用 ProtParam tool 工具预测 *BoDof5.3* 基因编码蛋白质的等电点、相对分子质量、分子式等,利用 ExPASy protscale 工具分析亲疏水性,利用 GOR4 工具对编码蛋白质的二级结构进行预测,利用 DNAMAN 进行序列比对,利用 Mega5.04 软件进行进化树构建^[12]。

1.5 青花菜 *BoDof5.3* 基因的表达特征分析

以 *Boactin* 为内参基因^[13],青花菜 *Dof* 基因荧光定量引物序列为 F:5'-GTTCCGATTACGACCTCAA-3'和 R:5'-TGCTCTGGCTGTTATCAC-3'。扩增程序和反应体系参照裴徐梨等的方法^[11]进行。每个反应设 3 次重复。采用 $2^{-\Delta C_t}$ 方法($\Delta C_t = C_{t, \text{目标基因}} - C_{t, \text{actin}}$)计算相对表达量。使用 SPSS 软件进行差异显著性分析。

2 结果与分析

2.1 青花菜 *BoDof5.3* 基因的克隆

经过 PCR 扩增得到青花菜 *BoDof5.3* 基因。该基因全长 774 bp,编码 257 个氨基酸。编码的蛋白质结构域分析结果表明其具有典型的 Zf-Dof 结构域,该基因属于 *Dof* 基因家族(图 1)。

2.2 青花菜 *BoDof5.3* 蛋白的序列特征分析

青花菜 *BoDof5.3* 蛋白的分子式为 $C_{126}H_{188}N_{30}O_{39}S_{18}$,相对分子质量为 2.80×10^4 ,原子总数为 3 800,理论等电点(*pI*)为 9.03。ExPASy protscale 工具分析结果表明其第 146 位疏水性最强,第 109 位亲水性最强。该蛋白质大部分氨基酸是亲水性氨基酸,因此推断其为亲水性蛋白质(图 2)。青花菜 *BoDof5.3* 蛋白二级结构以无规则卷曲为主,占 68.09%,其次是 α -螺旋(5.45%)和延伸链(26.46%),无 β -转角。

2.3 青花菜 *BoDof5.3* 蛋白的同源序列比对

氨基酸同源性可作为判断物种间亲缘关系远近的依据。利用 DNAMAN 进行氨基酸序列的多重比对,结果表明在同源比对的植物中存在相同的保守结构域,其中与花椰菜 *Dof* 蛋白(KAF2539880.1)相比,两者仅存在 1 个氨基酸的差异,在 +143 处。青花菜和白菜 *Dof* 蛋白(XP_009120539)存在 8 个氨基酸差异,分别在 +10、+12、+41、+143、+160、+170、+220 和 +234 处(图 3)。

1 ATGGATCATTTGTTACAACACCAGGACATGTTCGGCAATTACAACAAAGCACGAGATGCCATGGGAGTATCA
M D H L L Q H Q D M F G N Y N K A R D A M G V S
73 AGTTCACCAAACCAACCGAAGTAGATCACAATCAGAAAAACCTCTCTGGCGACTGGGCGGCGAAGCCA
S S P N P T E V D H N Q K K P S L A T G A A K P
145 CAGCCACCGGATCTAGCCCTGAGATGTCCACGTTGCGACTCAACGAACACAAAGTTTGTACTACAACAAC
Q P P D L A L R C P R C D S T N T K F C Y Y N N
217 TACAGCCTCTCTCAGCCTCGCTACTTCTGCAAAATCATGCCGAGATATTGGACCAAAGCGGGACACTAAGG
Y S L S Q P R Y F C K S C R R Y W T K G G T L R
289 AACATTCCTCGGAGGCGGCTGCCGAAAAACAAACGGTCCACATCTTCGGCGACAAGAAGCCTCAGAACC
N I P V G G G C R K N K R S T S S A T R S L R T
361 ACTCCAGAACCAGCGTTCTCGGCGGCGAGTTTCGGTGGGTTTGGTAACAATGAACACACTGATCTCCGCTTA
T P E P A F S A A S F G G F G N N E H T D L R L
433 GCCTTTGCCCTGCTGAACAAGCAACCTCAGGGGAGTTCTTCGCATATAGGGTTTCCTTCAGCATTGCGTAAC
A F A L L N K Q P Q G S S S H I G F P S A G N
505 TCTAACTCTCATCAGTCTGACATGGAGAGTGTGTTTGGAAACAAGCCAGAAAAATGAGAACGCTGGTTATGCG
S N S H Q S D M E S V F G T S Q K N E N A G Y A
577 TTTGGAAACGGCAGCAGCGTTTGGATATGGCCATGAGTGATCCAAACAAGGTCTTATGGGGGTTTCCATGG
F G N G S S G L D M A M S D P N K V L W G F P W
649 CAGATGAATGCAGAGGGCTTTGGGATGATGAACATGGGAGGAGGAGGTGGTCACGTAGATCAAGTTGATTCA
Q M N A E G F G M M N M G G G G G H V D Q V D S
721 GGAAGAGAGCTTTGGACCAACATGAACATATTAATCTGGTGCTTAATGTAG
G R E L W T N M N Y I N S G A L M *

* 表示终止密码子,下划线代表 Dof 结构域的氨基酸序列。

图 1 青花菜 BoDof5.3 基因全长及编码的氨基酸序列

Fig.1 Full-length and encoded amino acid sequence of BoDof5.3 gene in broccoli

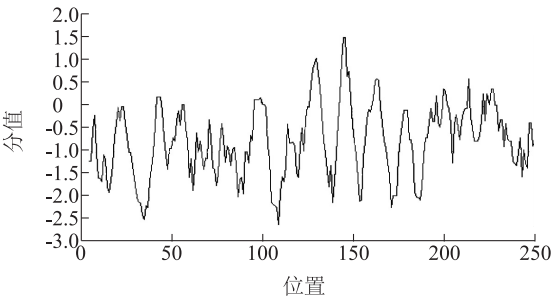


图 2 青花菜 BoDof5.3 蛋白的序列分析

Fig.2 Sequence analysis of BoDof5.3 protein in broccoli

2.4 青花菜 BoDof5.3 蛋白的系统进化树分析

序列同源性分析结果显示青花菜 BoDof5.3 蛋白与甘蓝 (XP_013608714)、花椰菜 (KAF2574541.1)、白菜 (XP_009120539.2) 的同源性极高,均在 96% 以上。与油菜 (XP_013681162)、萝卜 (XP_018473326.1)、拟南芥 (NP_568920)、芥菜 (XP_006280744.2) 和亚麻荠 (XP_010443812.1) 相似性在 78% 以上,与亚洲棉相似性仅为 44%。

Brassica oleracea var. italica	MEHILCHDMFGNYNKARLAMGVSSSENFTEVDHNCCKKPSLATGAAKECPPEIATRCPRCESTNTKFCYNNYSISCFRY	80
Brassica oleracea L. var. botrytis L.	MEHILCHDMFGNYNKARLAMGVSSSENFTEVDHNCCKKPSLATGAAKECPPEIATRCPRCESTNTKFCYNNYSISCFRY	80
Brassica rapa	MEHILCHDMFGNYNKARLAMGVSSSENFTEVDHNCCKKPSLATGAAKECPPEIATRCPRCESTNTKFCYNNYSISCFRY	80
Brassica oleracea var. italica	FCKSCRRYWTGCTLRNTEVGGGCRKNKRSTSSATRSIRTTPEFAFSAASFSGCGNNEHTLISLAFALINKFCGSSSH	160
Brassica oleracea L. var. botrytis L.	FCKSCRRYWTGCTLRNTEVGGGCRKNKRSTSSATRSIRTTPEFAFSAASFSGCGNNEHTLISLAFALINKFCGSSSH	160
Brassica rapa	FCKSCRRYWTGCTLRNTEVGGGCRKNKRSTSSATRSIRTTPEFAFSAASFSGCGNNEHTLISLAFALINKFCGSSSH	160
Brassica oleracea var. italica	GFESAFGKSNHSCSEMEVFCTSCKNENAGYAFNGSSGLDVMSEFNKVIWGFQWQNAFCFGMMNMGCGGGHVEDVD	239
Brassica oleracea L. var. botrytis L.	GFESAFGKSNHSCSEMEVFCTSCKNENAGYAFNGSSGLDVMSEFNKVIWGFQWQNAFCFGMMNMGCGGGHVEDVD	239
Brassica rapa	GFESAFGKSNHSCSEMEVFCTSCKNENAGYAFNGSSGLDVMSEFNKVIWGFQWQNAFCFGMMNMGCGGGHVEDVD	240
Brassica oleracea var. italica	SCRFTWTNMNYTNSGAT	256
Brassica oleracea L. var. botrytis L.	SCRFTWTNMNYTNSGAT	256
Brassica rapa	SGRELWTNMNYTNSGAL	257

图 3 青花菜、花椰菜和白菜 Dof 氨基酸序列的多重比对

Fig.3 Multiple alignment of amino acid sequences of Dof in broccoli, cauliflower and Chinese cabbage

将青花菜 *BoDof5.3* 蛋白与多个物种的 *Dof* 蛋白进行系统进化分析。结果表明青花菜 *BoDof5.3* 蛋白与甘蓝遗传距离最小,亲缘关系最近,在进化树上聚为一组。同属十字花科的青花菜、甘蓝、花椰菜、

白菜、油菜、萝卜、拟南芥、芥菜和亚麻荠都在同一大分支上,表明同科植物的 *Dof* 基因具有较近的亲缘关系。而亚洲棉的亲缘关系较远,在进化树上位于不同的分支(图4)。

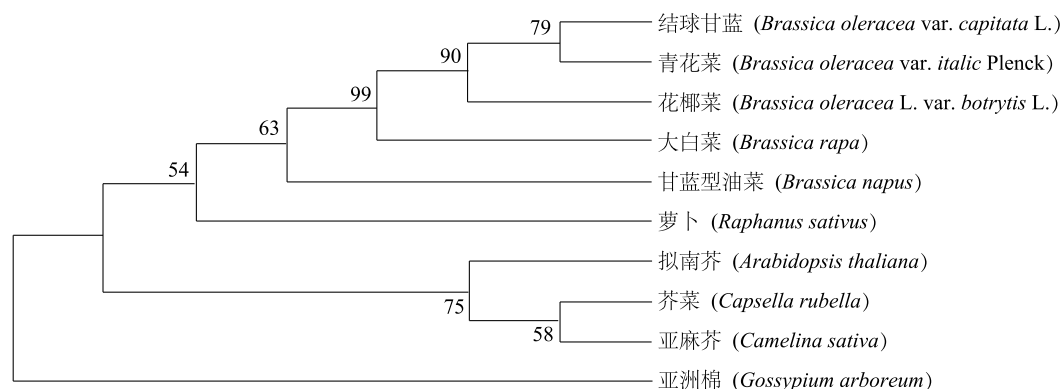


图4 *Dof* 蛋白的系统进化树构建

Fig.4 Phylogenetic tree construction of *Dof* protein

2.5 青花菜 *BoDof5.3* 基因在渍水胁迫下的表达特征

采用实时荧光定量 PCR 技术分析青花菜 *BoDof5.3* 基因在渍水胁迫不同时间内的表达特征。结果表明,渍水处理 0 d 到 2 d, *BoDof5.3* 基因表达量呈下降趋势。处理 2 d 后 *Dof* 基因表达量逐渐升高,渍水 6 d 时的表达量为对照的 1.3 倍(图5)。

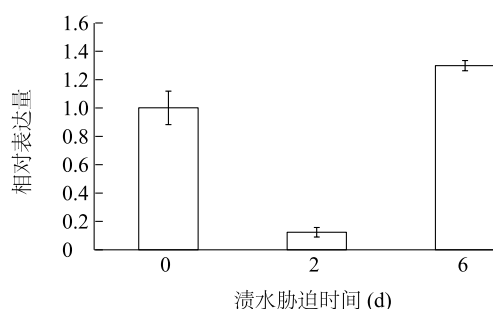


图5 青花菜 *BoDof5.3* 基因在渍水胁迫处理下的表达特征

Fig.5 Expression profiles of *BoDof5.3* gene under waterlogging stress in broccoli

3 讨论

非生物胁迫是植物生长发育过程中的重要影响因素^[14-20],其可使植物体内产生复杂的调控机理,而转录因子在其中发挥了重要的作用^[21]。*Dof* 基因是一类重要的转录调控因子基因,参与了多种逆境胁迫过程^[22-24]。目前,植物 *Dof* 基因在非生物胁迫下的功能研究越来越深入,但大多集中在高温及盐

胁迫,对于 *Dof* 基因在青花菜渍水胁迫过程中的功能研究极少。

江海洋等利用玉米全基因组数据及生物信息学方法鉴定得到 18 个玉米 *Dof* 基因,这些基因编码的蛋白质都具有保守的结合结构域和明显的单锌指结构^[25]。在本研究中,青花菜 *BoDof5.3* 基因编码的蛋白质的氨基酸序列特征及二级结构与江海洋等研究得到的玉米 *Dof* 基因编码的蛋白质结构相似,说明 *Dof* 基因具有保守性。

系统进化分析发现,同属十字花科的青花菜、甘蓝、花椰菜等都在同一分支上,具有种属特性。而与亚洲棉等植物的进化关系较远,符合植物学的分类。同时青花菜与花椰菜的 *Dof* 蛋白只存在 1 个氨基酸的差异,与白菜的 *Dof* 蛋白相比,两者存在 8 个氨基酸的差异,表明青花菜与花椰菜的亲源关系比白菜更近,同时推测同属植物的 *Dof* 蛋白在进化过程中保守性较高,行使着类似的生物学功能。

Dof 基因在非生物胁迫响应过程中表达量可发生明显改变。Shaw 等研究发现小麦 *TaDof14* 和 *TaDof15* 基因在干旱胁迫下的表达量呈上升趋势^[26]。在白菜中, *BraDofs* 基因的表达量在盐、干旱、高温和低温胁迫下明显升高^[27]。低温处理 2 h 后,胡萝卜的 3 个 *Dof* 基因表达量达到峰值,其中 *DcDof-B2-2* 基因的表达量在盐胁迫及干旱胁迫时均增加^[28]。本试验结果显示, *BoDof5.3* 基因在不同时

长的渍水胁迫条件下,表达量先下降后上升,渍水6 d后表达量高于对照,表明青花菜 *BoDof5.3* 基因可能参与了渍水胁迫的响应,但具体调控过程还有待进一步研究。

参考文献:

- [1] NOGUEROM, ATIF R M, OCHATT S, et al. The role of the DNA-binding one zinc finger (DOF) transcription factor family in plants [J]. *Plant Science*, 2013, 209(2): 32-45.
- [2] WU Z M, CHENG J W, CUI J J, et al. Genome-wide identification and expression profile of Dof transcription factor gene family in pepper (*Capsicum annuum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7: 164.
- [3] YANAGISAWA S. The Dof family of plant transcription factors [J]. *Trends in Plant Science*, 2002, 7(12): 555-560.
- [4] LIJAVETZKY D, CARBONERO P, VICENTE-CARBAJOSA J. Genome-wide comparative phylogenetic analysis of the rice and *Arabidopsis* Dof gene families [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2003, 3(1): 17.
- [5] GUO Y, QIU L J. Genome-Wide analysis of the Dof transcription factor gene family reveals soybean-specific duplicable and functional characteristics [J]. *PLoS One*, 2013, 8(9): e76809.
- [6] MORENO-RISUENO M, MARTÍNEZ M, VICENTE-CARBAJOSA J. The family of DOF transcription factors: from green unicellular algae to vascular plants [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2007, 277(4): 379-390.
- [7] 陈笑. 红花 *CtDof* 基因的克隆、表达分析及功能验证 [D]. 长春: 长春师范大学, 2017.
- [8] CHEN Y, CAO J. Comparative analysis of Dof transcription factor family in maize [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2015, 33(5): 1245-1258.
- [9] 张凯敏. 柞柳 Dof 转录因子基因克隆及耐盐功能分析 [D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2014.
- [10] HENNIG L, GRUISSEM W, GROSSNIKLAS U. Transcriptional programs of early reproductive stages in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiology*, 2004, 135(3): 1765.
- [11] 裴徐梨, 荆赞革, 唐征, 等. 青花菜花粉外壁蛋白基因的克隆与表达特征分析 [J]. *基因组学与应用生物学*, 2014, 33(5): 1046-1052.
- [12] 刘俊, 黄容, 程占超, 等. 毛竹 *PheDof4-1* 基因克隆及表达分析 [J]. *安徽农业大学学报*, 2017, 44(3): 398-403.
- [13] 李小艳, 裴徐梨, 荆赞革, 等. 青花菜肉桂酰辅酶 A 还原酶基因的克隆与表达特征分析 [J]. *热带作物学报*, 2016, 37(11): 2199-2203.
- [14] 王旭明, 赵夏夏, 陈景阳, 等. 盐胁迫下水稻孕穗期 SS 和 SPS 活性与糖积累的响应及其相关性分析 [J]. *江苏农业学报*, 2018, 34(3): 481-486.
- [15] 李爱, 孙汪亮, 李林, 等. 外源褪黑素对干旱胁迫下紫苏幼苗生长的影响 [J]. *江苏农业科学*, 2018, 46(2): 70-73.
- [16] 关晓溪, 隋常玲, 胡海军, 等. 弱光胁迫对烟草幼苗抗氧化系统及相关基因表达的影响 [J]. *南方农业学报*, 2019, 50(5): 957-963.
- [17] 李畅, 苏家乐, 刘晓青, 等. 旱涝交替胁迫对杜鹃花生理特性的影响 [J]. *江苏农业学报*, 2019, 35(2): 412-419.
- [18] 孙永娣, 巢建国, 谷巍, 等. 汞胁迫对茅苍术光合特性及生理指标的影响 [J]. *南方农业学报*, 2018, 49(3): 448-453.
- [19] 王霞霞, 徐智明, 朱德建, 等. 5 种抗生素对空心莲子草根系发育的影响 [J]. *杂草学报*, 2018, 36(1): 8-13.
- [20] 曹睿哲, 高世凯. 不同生育期旱涝交替胁迫对水稻产量及构成的影响 [J]. *排灌机械工程学报*, 2019, 37(7): 639-644.
- [21] 李辉, 黄蔚, 刘志薇, 等. 茶树两个 Dof 转录因子的分离及其在温度胁迫中的响应分析 [J]. *茶叶科学*, 2016, 36(3): 312-322.
- [22] CHEN Y, CAO J. Comparative analysis of Dof transcription factor family in maize [J]. *Plant Molecular Biology Report*, 2015, 33(5): 1245-1258.
- [23] CORRALES A R, NEBAUER S G, CARRILLO L, et al. Characterization of tomato cycling Dof factors reveals conserved and new functions in the control of flowering time and abiotic stress responses [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2014, 65(4): 995-1012.
- [24] CAI X F, ZHANG Y Y, ZHANG C J, et al. Genome-wide analysis of plant-specific Dof transcription factor family in tomato [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2013, 55(6): 552-566.
- [25] 江海洋, 骆晨, 江腾, 等. 玉米 Dof 转录因子家族基因的全基因组分析 [J]. *生物信息学*, 2010, 8(3): 198-201.
- [26] SHAW L M, MCINTYRE C L, GRESSHOFF P M, et al. Members of the Dof transcription factor family in *Triticum aestivum* are associated with light-mediated gene regulation [J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2009(9): 485-498.
- [27] MA J, LI M Y, WANG F, et al. Genome-wide analysis of Dof family transcription factors and their responses to abiotic stresses in Chinese cabbage [J]. *BMC Genomics*, 2015, 16: 33.
- [28] HUANG W, HUANG Y, LI M. Dof transcription factors in carrot: genome-wide analysis and their response to abiotic stress [J]. *Biotechnology Letters*, 2016, 38: 145.

(责任编辑: 张震林)