

新疆核桃 *LFY* 同源基因的克隆与特征分析

叶春秀, 牛建新*

(石河子大学农学院园艺系, 新疆石河子 832003)

在新疆早实核桃 (*Juglans regia*) 上获得调控植物开花的关键基因 *LFY* 的同源基因, 并利用 RT-PCR 技术初步探讨该基因在新疆早实核桃与晚实核桃及早实核桃不同组织器官之间的表达特征。

采用 RT-PCR 及 RACE 法从新疆早实核桃花芽中克隆到控制植物成花的关键基因 *LFY*, 并对该基因的 DNA 序列进行扩增, 分析基因结构, 编码蛋白的性质。该基因的 cDNA 全长序列为 1 472 bp, 含有一个 1 155 bp 的开放阅读框 (ORF), 编码 385 个氨基酸, 分子量约为 45.1 kD, 基因命名为 *JrLFY*, 登录号为: JF520778。

序列分析表明, 该基因序列含有 3 个外显子和 2 个内含子, 与其它植物相关同源基因的结构相似, 与山核桃 *CcLFY* (DQ989225.1) 同源率为 98.70%, 与板栗 *CmLFY* (DQ270548) 同源率为 87.70%, 与苹果 *AFL2* (AB102643) 同源率为 80.87%。

该基因磷酸化位点分析显示有 12 个 Ser, 1 个 Thr, 3 个 Tyr 可能成为蛋白激酶磷酸化位点, 二级结构主要由 α -螺旋、延伸链和不规则卷曲构成。

初步表达特征分析结果表明该基因在早实核桃及晚实核桃上都能够表达, 表达量早实核桃 > 晚实核桃。早实核桃不同组织器官之间表达, 顶芽、花芽、枝条上的表达量低于在果实、嫩叶、老叶上的表达量, 营养器官上的表达方式显示出自己的表达特征。

关键词: 核桃; 早实性; RACE; *LFY*; 不同组织; 表达量

中图分类号: S 664.1

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2011) S-2490-01

收稿日期: 2011-05-27

基金项目: 国家自然科学基金项目 (30560090)

* 通信作者 (E-mail: njx105@163.com, yecx2008@163.com; Tel: 13999533176, 13899526469)