



春兰 *CgSEP3* 基因的克隆和表达分析

贾春蕾^{1,2}, 向 林², 秦德辉², 李小白², 吴 超², 孙崇波^{2*}

(1 金华职业技术学院, 浙江金华 321017; 2 浙江省农业科学院园艺所, 杭州 310021)

摘 要: 该研究采用 RT-PCR 和 RACE 技术从春兰 (*Cymbidium goeringii*) 中分离到 1 个 *SEPALLATA3* (*SEP3*) 基因。序列分析表明, 该基因含有 1 个 732 bp 的开放阅读框 (ORF), 共编码 243 个氨基酸。系统进化树分析显示, 该基因是 MADS-box 基因家族 AP1/AGL9 组 *SEP* 的同源基因, 其编码蛋白与其它植物 *SEP3* 类蛋白具有较高的-一致性, 命名为 *CgSEP3* (登录号为 KF924272)。实时荧光定量分析表明, *CgSEP3* 在春兰花器官中均有表达, 其中在唇瓣、侧瓣和萼片中的表达量较高, 在子房和蕊柱中的表达量较低; 而且 *CgSEP3* 在花发育各个时期都有表达, 在 1~2 cm 的花芽中表达量最高, 在盛开的花中的表达量最低。研究认为, *CgSEP3* 基因可能在春兰花瓣和萼片的形成过程中具有重要作用。

关键词: 春兰; *SEP3* 基因; 实时荧光定量表达; 花发育

中图分类号: Q785; Q789

文献标志码: A

Cloning and Expression Analysis of *CgSEP3* Gene from *Cymbidium goeringii*

JIA Chunlei^{1,2}, XIANG Lin², QIN Dehui², LI Xiaobai², WU Chao², SUN Chongbo^{2*}

(1 Jinhua Polytechnic, Jinhua, Zhejiang 321017, China; 2 Institute of Horticulture, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou, Zhejiang 310021, China)

Abstract: In this research, a novel *SEP3* gene, named *CgSEP3* (GenBank accession number KF924272), was isolated from *Cymbidium goeringii* by RT-PCR and RACE-PCR techniques. Sequence analysis showed that this gene contains an open reading frame of 732 bp encoding a putative protein of 243 amino acids. The deduced protein showed high identity with other *SEP3* proteins from different species, phylogenetic tree analysis also indicated that *CgSEP3* belongs to *SEP* clade of AP1/AGL9 subfamily. Real-time quantitative PCR demonstrated that *CgSEP3* was expressed in all flower organs, highly expressed in lips, lateral petals and sepals, and the lowest in young ovary and columns. In addition, *CgSEP3* was expressed in different development stages of flower, with the highest expression in flower buds (1-2 cm), and the lowest in opened flower. These results displayed that *CgSEP3* may regulate the petals and sepals formation of *C. goeringii*.

Key words: *Cymbidium goeringii*; *SEP3* gene; real-time quantitative PCR; floral development

在高等植物的生命进程中, 花的形成是一个重要的发育阶段。继植物花器官发育的 ABC 模型^[1]提出之后, Theissen 等^[2-3]于 2001 年又提出了 AB-CDE 模型, 并认为 A、B、C、D、E 等 5 类功能基因共同作用控制植物花器官的形成。因为这些基因中的

多数所编码的蛋白质 N 端都包含一个 DNA 结合保守区, 因此又被称为 MADS-box 基因^[4]。

SEPALLATA3 (*SEP3*) 及其同源基因属于 MADS-box 家族 E 类基因的 AP1/AGL9 组。目前已从拟南芥、鸢尾 (*Dendrobium crumenatum*)、金

收稿日期: 2014-03-05; 修改稿收到日期: 2014-05-03

基金项目: 国家青年自然科学基金 (31300583); 浙江省花卉新品种选育重大科技专项 (2012C12909-10); 林业公益性行业科研专项 (201304117)

作者简介: 贾春蕾 (1973—), 女, 硕士, 讲师, 主要从事花卉教学与研究。E-mail: jcl-1973@163.com

* 通信作者: 孙崇波, 研究员, 主要从事花卉遗传育种和生物技术方面研究。E-mail: chongpo1230@sina.com

钗石斛 (*Dendrobium nobile*)、石刁柏 (*Asparagus officinalis*)、文心兰 (*Oncidium* ssp.) 等植物中得以克隆, 并进行了功能验证^[5-9]。对兰科植物花发育相关基因的研究多集中在蝴蝶兰 (*Phalaenopsis* ssp.)、文心兰及石斛兰 (*Dendrobium* ssp.) 等国外的兰花种类上^[6,9-10], 而对中国兰的研究较少。春兰 (*Cymbidium goeringii*) 是中国兰的主要种之一, 花具有典型的轮状结构, 基本与双子叶植物花的结构组成一致, 而且又具有高度特化的唇瓣, 为研究花发育基因在单子叶植物中的功能提供了理想的材料。本研究以春兰为材料, 利用 RT-PCR 结合 cDNA 末端快速扩增 (RACE) 技术获得了 1 个与花发育相关的 *SEP3* 基因, 并对其进行了表达分析。为揭示 E 类基因在春兰花发育过程中的作用机理奠定基础。

1 材料和方法

1.1 材料

以种植于浙江省农业科学院园艺所花卉中心大棚内的春兰品种‘苍岩素’为实验材料。花发育分为 5 个时期: I. 花芽长度 < 0.5 cm; II: 0.5 cm ≤ 花芽长度 < 1 cm; III: 1 cm ≤ 花芽长度 < 2 cm; IV: 2 cm ≤ 花芽长度 < 3 cm; V: 花朵开放。采集各时期的花芽和时期 IV 的侧瓣、萼片、唇瓣、蕊柱、子房, 立即置液氮中, 带回实验室保存在 -70 °C 冰箱中备用。

1.2 总 RNA 提取和基因克隆

采用北京天恩泽基因公司 RNAout 2.0 试剂盒提取总花芽 RNA, 用美国 Clontech 公司 SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit 合成 cDNA 第 1 链, 以反转录模板直接进行 PCR 反应。

根据 *SEPALLATA* (*SEP*) 基因的保守区域设计引物进行 PCR 扩增, 上游引物 5'-CGCCCTTATCATCTTCTCCA-3', 下游引物 5'-GGGATCCCA-GATTTGTTGTG-3'。PCR 扩增条件为 94 °C 预变性 4 min; 94 °C 变性 30 s, 54~44 °C 退火 30 s, 每 5 个循环退火温度下降 2 °C, 72 °C 延伸 1 min, 共进行 35 个循环; 72 °C 延伸 8 min。

1% 琼脂糖凝胶电泳后回收 PCR 产物, 连接到 pMD18-T 载体上, 热激转化大肠杆菌 DH5α 感受态细胞, 通过 Amp 抗性筛选和 X-gal/IPTG 蓝白斑筛选。选取白色菌落进行液体培养, PCR 检测阳性克隆, 送上海英骏生物技术公司测序。

根据扩增产物的测序结果设计 RACE 引物, *SEP* 基因 3'-RACE 引物 SEP-3 (5'-GCAGACCTA-CAGCGAAGGGAGC-3'), 巢式引物 SEP-4 (5'-GA-

GTAACCAGGCAAACCCACAACA-3'); 5'-RACE 引物 SEP-5 (5'-CAAGGGGTGGTAGAAGGCGT-CA-3'), 巢式引物 SEP-6 (5'-GCTCCCTTCGCTG-TAGGTCTGC-3')。以反转录 cDNA 为模板, 采用 Clontech 公司 SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit 试剂盒进行 3' 和 5' 端 RACE 扩增。将 3' 和 5' 端 RACE 反应产物分别回收, 连接至 pMD18-T 载体, 测序后拼接获得全长基因。

1.3 序列分析

对获得的全长 cDNA 序列, 先在 <http://au.expasy.org/tools/dna.html> 进行开放阅读框的分析; 用 ProtParam 软件分析各蛋白的基本性质, 用 ClustalX 1.83 软件进行氨基酸序列比对, 用 Boxshade 3.21 软件进行分析。运用 Blast 搜索同源基因, 用 ClustalX 1.83 软件对搜索得到的 cDNA 序列进行多重序列比对, 用 MEGA4 软件中的邻位相连法进行系统发生树构建, 并进行 Bootstrap 检测^[11]。

1.4 *SEP3* 基因表达分析

分别取 0.1 g 花瓣、萼片、唇瓣、蕊柱和幼嫩子房以及各时期的花芽, 按照北京天恩泽基因公司 RNAout 2.0 试剂盒说明书提取总 RNA。以 200 ng RNA 为模板, 按照天根生化科技(北京)有限公司的 Quantscript RT Kit 说明书进行反转录, 反转录后的 cDNA 储存于 -20 °C 备用。根据春兰已有的 18S rRNA 序列和克隆基因序列, 结合实时荧光定量 PCR 原理设计引物, 用 18S rRNA 基因作为内标。18S rRNA 基因上游引物 5'-TGCCGTTTCCCT-GTTGATTC-3', 下游引物 5'-TGCTGCCTTCCT-TGGATGTG-3'。*SEP3* 基因上游引物 SEP7 (5'-AGAGTAACCAGGCAAACCCACAA-3'), 下游引物 SEP8 (5'-ACATTTGGAGCAGCCATCGGT-3')。反应程序为 95 °C 预变性 3 min, 然后 95 °C 变性 5 s, 60 °C 退火 31 s, 循环 40 次, 每个处理重复 3 次, 整个过程在 Step one plus 荧光定量 PCR 仪 (ABI 公司) 上进行。数据通过 Step one 软件输出, 并转换为 Excel 格式再分析, 按相对定量法计算基因的表达量。目的基因相对表达量 = $2^{-\Delta\Delta C_q}$, 其中 $\Delta C_q = C_q(\text{CgSEP3}) - C_q(18\text{s RNA})$, $\Delta\Delta C_q = (\text{各植物组织或各时期 } \Delta C_q) - (\text{蕊柱或时期 I } \Delta C_q)$ 。

2 结果与分析

2.1 春兰 *SEP3* 基因全长 cDNA 的克隆

以春兰花芽 RNA 为模板进行反转录, 再以反转录产物为模板进行 PCR 扩增, 获得部分片段, 测

序后通过 Blast 同源比对分析表明,获得了 *SEP3* 的部分序列。根据所得序列设计 3'-RACE 和 5'-RACE 特异引物,按照 SMARTer™ RACE cDNA Amplification Kit 的说明书进行 cDNA 末端扩增,测序后将两端拼接在一起得到全长 cDNA 序列。结果显示,全长 cDNA 与其它兰科植物 *SEP3* 的同源基因具有高度一致性,因此,将基因命名为 *Cg-SEP3*,基因登录号为 KF924272。*CgSEP3* 含有 732 bp 长的开放阅读框(图 1),编码 243 个氨基酸,分子量为 27.9 kD,预测等电点为 8.97。

2.2 春兰 *SEP3* 氨基酸序列分析

氨基酸序列比对结果(图 2)显示,*CgSEP3* 与拟南芥、文心兰、苹果(*Malus domestica*)、鸢尾等

的 *SEP3* 基因有 61%~98% 的一致性,说明 *Cg-SEP* 为拟南芥 *SEP3* 的同源基因,在 *CgSEP3* 蛋白 C 端含有典型的 SEP/AGL6 结构域。

进化树分析显示 AP1/AGL9 亚族分为 AGL6、

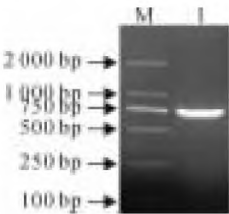


图 1 春兰 *SEP3* 基因的克隆

Fig. 1 Cloning of *SEP3* gene from *C. goeringii*
M. DL2000 DNA marker; 2. *SEP3*

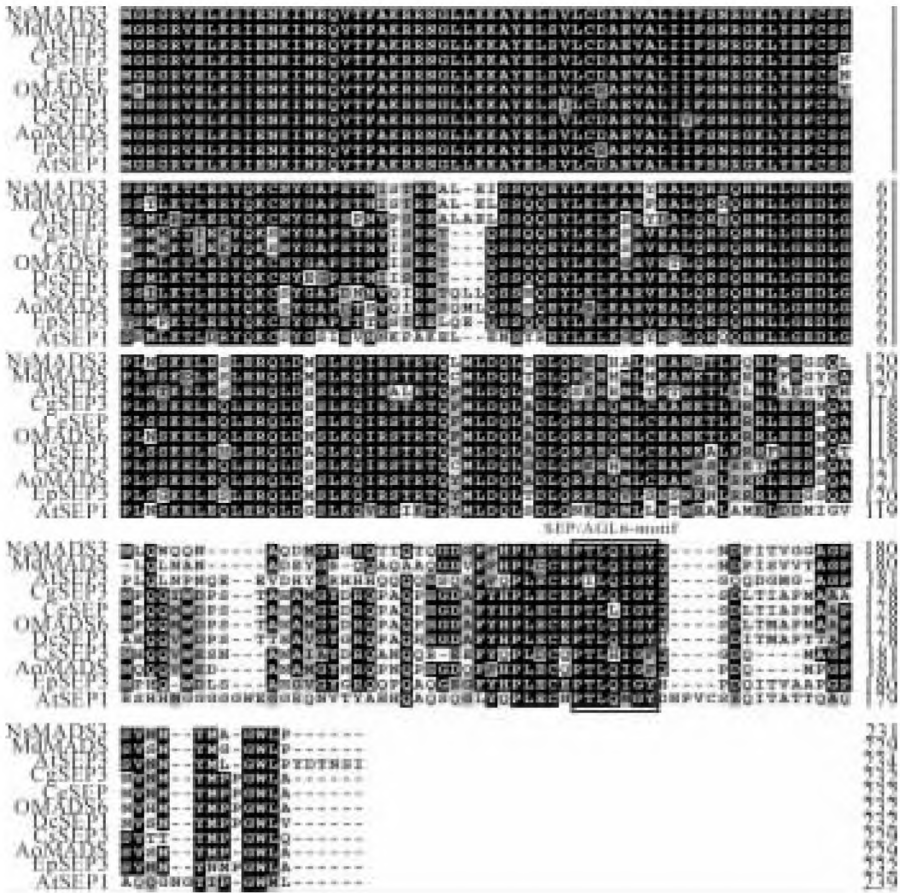


图 2 *CgSEP3* 与其它植物 SEP 类氨基酸序列同源比较

NsMADS3(AAD39034), 美花烟草; MdMADS(ADL36740), 苹果; AtSEP3(AEE30504), 拟南芥; *CgSEP3*(AHJ80843), 春兰; CeSEP(AFH66785), 建兰; OMADS6(ADJ67238), 文心兰; DcSEP1(AAZ95252), 鸢尾; CsSEP3(ACB69510), 番红花; AoMADS(AAQ83834), 石刁柏; EpSEP3(ADC79706), 领春木; AtSEP1(NP_568322), 拟南芥。黑框表示保守的 SEP/AGL6 motif

Fig. 2 Comparisons of the *CgSEP3* amino acid sequences and SEP group proteins

NsMADS3(AAD39034), *Nicotiana sanderae*; MdMADS(ADL36740), *Malus domestica*; AtSEP3(AEE30504), *Arabidopsis thaliana*; *CgSEP3*(AHJ80843), *C. goeringii*; CeSEP(AFH66785), *Cymbidium ensifolium*; OMADS6(ADJ67238), *Oncidium Gower Ramsey*; DcSEP1(AAZ95252), *Dendrobium crumenatum*; CsSEP3(ACB69510), *Crocus sativus*; AoMADS(AAQ83834), *Asparagus officinalis*; EpSEP3(ADC79706), *Euptelea pleiospermum*; AtSEP1(NP_568322), *A. thaliana*.

The highly conserved SEP/AGL6 motif of SEP homologs is indicated in black column

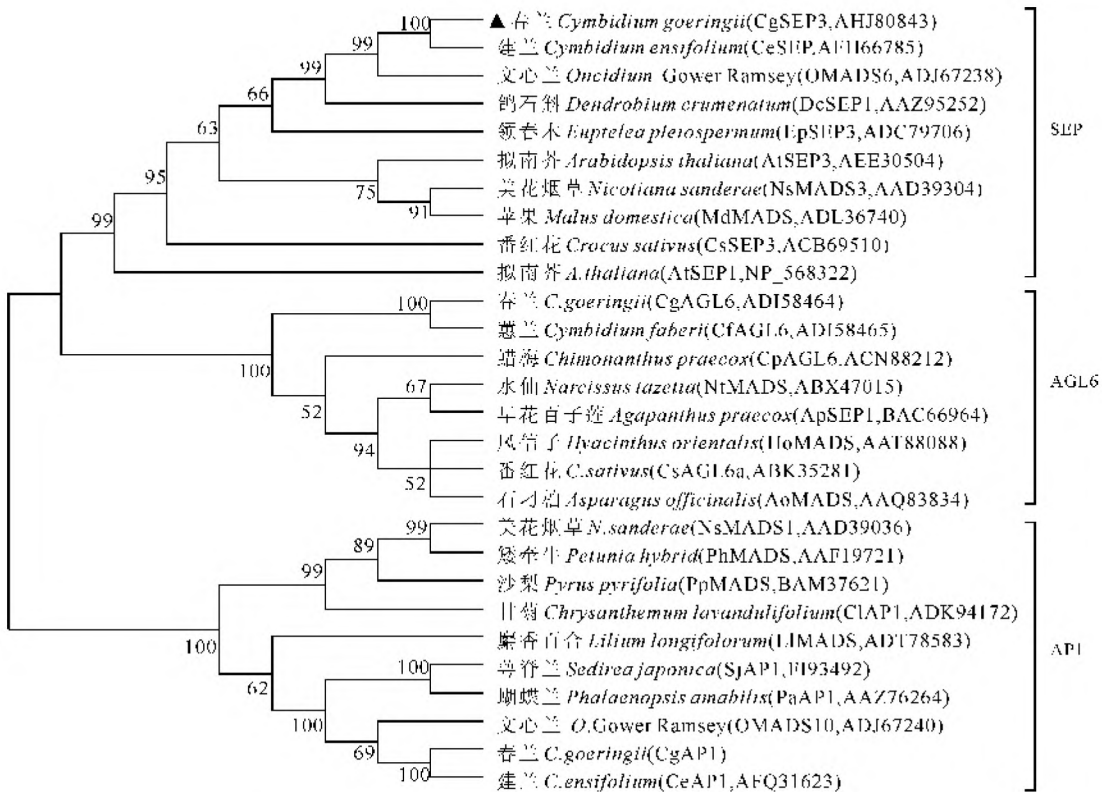


图 3 CgSEP3 及其他 AP1/AGL9 组蛋白的进化树分析
各节点处数字表示 Bootstrap 值(重复 1 000 次)

Fig. 3 Phylogenetic tree analysis of AP1/AGL9-like proteins including CgSEP3
The numbers at node represent the bootstrap values(with 1 000 replicates)

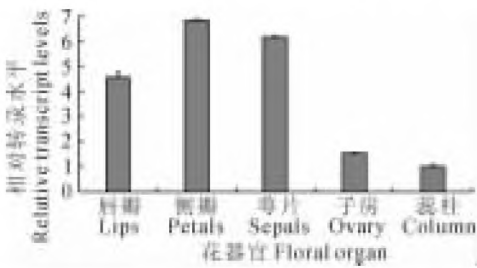


图 4 春兰 CgSEP3 在各花器官中的表达情况
Fig. 4 CgSEP3 expression in the lips, petals, sepals, ovary and column of *C. goeringii*

SEP 和 AP1 等 3 个分支, 其中 AGL6 与 SEP 分支为姊妹关系。CgSEP3 属于 AP1/AGL9 亚族的 SEP 分支(图 3)。CgSEP3 与同属的建兰 SEP3 基因关系最近。

2.3 CgSEP3 在春兰中的时空表达分析

为了确定春兰 CgSEP3 基因在不同部位的表达差异, 分别提取侧瓣、萼片、唇瓣、蕊柱和子房的 RNA, 以 18S rRNA 为对照, 进行实时荧光定量表达分析。结果表明(图 4), CgSEP3 基因在子房和蕊柱中的表达量最低, 在唇瓣中的表达量较高, 约为蕊柱表达量的 4.6 倍, 在萼片和侧瓣中的表达量最

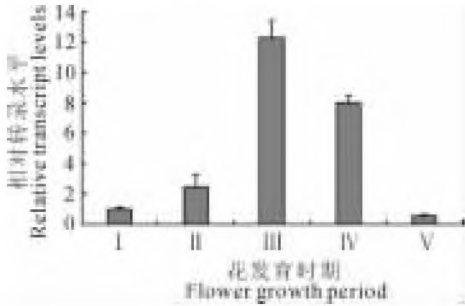


图 5 春兰 CgSEP3 在花发育不同时期的表达情况
I. 花芽长度 < 0.5 cm; II. 0.5 cm ≤ 花芽长度 < 1 cm;
III. 1 cm ≤ 花芽长度 < 2 cm; IV. 2 cm ≤ 花芽长度 < 3 cm; V. 花朵开放
Fig. 5 CgSEP3 expression in different stages of flower development of *C. goeringii*
I. Bud length < 0.5 cm; II. 0.5 cm ≤ bud length < 1 cm;
III. 1 cm ≤ bud length < 2 cm; IV. 2 cm ≤ bud length < 3 cm;
V. Opened flower

高, 约为蕊柱表达量的 7 倍。

为了确定 CgSEP3 在春兰花发育不同时期的表达情况, 提取了春兰 5 个花发育时期的花芽 RNA。实时荧光定量表达分析表明(图 5), CgSEP3 在时期 I 的表达量最低, 随着花芽的发育表达量逐渐上升, 在时期 III 表达量最高, 约为时期 I 表

达量的 12 倍,到时期Ⅳ后,*CgSEP3* 表达量逐渐下降,在时期Ⅴ盛开的花中表达量最低。

3 讨 论

为了研究 E 类 MADS-box 基因对春兰花被形成的调控作用,本研究从春兰中分离了 1 个 E 类基因,序列同源分析以及系统进化分析表明,该基因属于兰科植物 AP1/AGL9 组的 *SEP* 类基因,命名为 *CgSEP3*。

SEP3 类基因,例如矮牵牛(*Petunia hybrid*)的 *floral binding protein 2(FBP2)*、西红柿(*Solanum lycopersicum*)的 *tomato MADS box gene no. 5 (TM5)*、小麦(*Triticum aestivum*)的 *wheat SEPAL-LATA(WSEP)*和加利福尼亚罂粟的 *Eschscholzia californica AGAMOUS like 9(EscaAGL9)* 等一般只在花的内三轮中(花瓣、雄蕊和雌蕊)表达,在萼片中不表达^[12-16]。而对 *CgSEP3* 基因的表达分析显示,*CgSEP3* 在萼片、花瓣、雄蕊以及雌蕊四轮花被片中都有表达^[9],这种表达模式明显不同于矮牵牛、西红柿等植物中的 *SEP3* 类基因,而类似于文心兰中的 *SEP3* 类基因 *OMADS6* 和百合(*Lilium longiflorum*)中的 *SEP3* 类基因 *LMADS3*^[9,16]。

这可能是因为在拟南芥、矮牵牛等植物中,萼片和花瓣是完全不同的,所以 *SEP3* 类基因在萼片中不表达,但在春兰、文心兰和百合中萼片和花瓣是极其相似的,因此,控制花瓣形成的 *SEP3* 基因在萼片也会表达,这说明 *SEP3* 基因可能在植物花瓣和萼片的分化过程中扮演着重要角色。

对双子叶模式植物拟南芥的研究认为,E 类功能基因在花发育 ABCDE 模型中具有十分重要的作用,E 和 A、B 功能基因调控花瓣的发育,E 和 B、C 功能基因调控雄蕊的发育,E 和 C 功能基因调控心皮的发育^[1-2,5,17]。之前对春兰 B 类基因 *GLO* 和 E 类基因 *AGL6* 的研究表明,这些基因在花瓣和萼片中都有较高的表达^[18-19],本研究表明,*CgSEP3* 在萼片、侧瓣和唇瓣的表达最高,说明 *CgSEP3* 基因在春兰中的功能可能主要是与 *GLO* 和 *AGL6* 以及其它 A、B 类基因一起控制萼片和花瓣的形成。另外,*CgSEP3* 在子房和蕊柱中少量表达,这与拟南芥、矮牵牛等植物中 *SEP3* 类基因的表达模式一致,说明 *CgSEP3* 也可能与其它 C 类基因一起控制春兰子房和蕊柱的形成。*CgSEP3* 基因在春兰中如何行使其复杂的功能有待进一步研究。

参考文献:

- [1] COEN E S, MEYEROWITZ E M. The war of the whorls: genetic interactions controlling flower development[J]. *Nature*, 1991, **353** (6 339): 31—37.
- [2] THEISSEN G, SAEDLER H. Floral quartets[J]. *Nature*, 2001, **409**(6 819): 469—471.
- [3] THEISSEN G. Development of floral organ identity: stories from the MADS house[J]. *Curr. Opin Plant Biol.*, 2001, **4**(1): 75—85.
- [4] SCHWARZ-SOMMER Z, HUIJSER P, NACKEN W, et al. Genetic control of flower development by homeotic genes in *Antirrhinum majus*[J]. *Science*, 1990, **250**(4 983): 931—936.
- [5] PELAZ S, GUSTAFSON-BROWN C, KOHALMI S E, et al. *APETALA1* and *SEPALLATA3* interact to promote flower development [J]. *Plant J.*, 2001, **26**(4): 385—394.
- [6] XU Y F, TEO L L, ZHOU J, et al. Floral organ identity genes in the orchid *Dendrobium crumenatum*[J]. *Plant J.*, 2006, **46**(1): 54—68.
- [7] CHEN M Y(陈敏燕), GUO W X(郭无瑕), LIU X R(刘小如), et al. A *SEP3-like* gene in *Dendrobium nobile* (*DnSEP3-like*): Cloning, characterization and vernalization-induced transcription patterns[J]. *Acta Hort. Sinica*(园艺学报), 2011, **38**(8): 1 579—1 588(in Chinese).
- [8] AKIRA K, HOMARE H, TAKURO I, et al. The structure and expression of *SEPALLATA*-like genes in *Asparagus* species(*Asparagaceae*)[J]. *Sex Plant Reprod.*, 2006, **19**(3): 133—144.
- [9] CHANG Y Y, CHIU Y F, WU J W, et al. Four orchid(*Oncidium* Gower Ramsey) AP1/AGL9-like MADS box genes show novel expression patterns and cause different effects on floral transition and formation in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Plant Cell Physiol.*, 2009, **50**(8): 1 425—1 438.
- [10] TSAI W C, KUOH C S, CHUANG M H, et al. Four *DEF*-like MADS box genes displayed distinct floral morphogenetic roles in *Phalaenopsis* Orchid[J]. *Plant Cell Physiol.*, 2004, **45**(7): 831—844.
- [11] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. *Mol. Biol. Evol.*, 1987, **4**(4):

406—425.

- [12] ANGENENT G C, FRANKEN J, BUSSCHER M, *et al.* Co-suppression of the petunia homeotic gene *fbp2* affects the identity of the generative meristem[J]. *Plant J.*, 1994, **5**(1): 33—44.
- [13] PNUELI L, HAREVEN D, BRODAY L, *et al.* The *TM5* MADS box gene mediates organ differentiation in the three inner whorls of tomato flowers[J]. *Plant Cell*, 1994, **6**(2): 175—186.
- [14] SHITSUKAWA N, TAHIRA C, KASSAI K, *et al.* Genetic and epigenetic alteration among three homoeologous genes of a class E MADS box gene in hexaploid wheat[J]. *Plant Cell*, 2007, **19**(6): 1 723—1 737.
- [15] ZAHN L M, KONG H, LEEBENS-MACK J H, *et al.* The evolution of the *SEPALLATA* subfamily of MADSbox genes: a preangiosperm origin with multiple duplications throughout angiosperm history[J]. *Genetics*, 2005, **169**(4): 2 209—2 223.
- [16] TZENG T Y, HSIAO C C, CHI P J, *et al.* Two lily *SEPALLATA*-like genes cause different effects on floral formation and floral transition in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant Physiol.*, 2003, **133**(3): 1 091—1 101.
- [17] JACK T. Molecular and genetic mechanisms of floral control[J]. *Plant Cell*, 2004, **16**(S): 1—17.
- [18] XIANG L(向林), LI B J(李伯钧), QIN D H(秦德辉), *et al.* Cloning and real-time expression analysis of *GLO* gene from *Cymbidium goeringii* [J]. *Acta Agri. Zhejiang*(浙江农业学报), 2011, **23**(3): 517—522(in Chinese).
- [19] SUN CH B(孙崇波), XIANG L(向林), SHI J S(施季森), *et al.* Cloning and real-time expression analysis of *AGL6* gene from *Cymbidium goeringii* [J]. *Mol. Plant Breeding*(分子植物育种), 2010, **8**(5): 1—6(in Chinese).

《西北植物学报》2013 年刊载论文第一作者信息统计

《西北植物学报》2013 年第 1~12 期共发表论文 370 篇(含英文论文 9 篇)。从刊载论文第一作者信息统计看,具有博士和硕士学位(含在读博士)的共 198 人,占 53.5%,具有中级以上职称 130 人,占 35.1%,其中具有副高以上职称的 72 人,占 19.5%;从论文研究单位看,主要来源于大学(299 篇,占 80.8%)和研究所(70 篇,占 18.9%,其中中国科学院系统 18 篇,占 4.9%);从年龄方面看,第一作者中 30 岁以上的占 42.4%。由此可以看出,《西北植物学报》2013 年度刊发的论文作者具有厚实的学术研究底蕴,研究单位也具有可靠的条件支持,为保证研究论文的质量和水平以及创新性奠定了良好的基础。具体统计结果如下:

1. 第一作者学位状况

博士 93 人(其中博士后 2 人),占 25.1%;在读博士 49 人,占 13.2%;硕士 56 人,占 15.1%;在读硕士 144 人,占 38.9%。

2. 第一作者职称状况

正高 14 人,占 3.8%;副高 58 人,占 15.7%;中级 58 人,占 15.7%;具有副高以上职称的通信作者共 193 人。第一作者中在读博士和硕士研究生的导师(通信作者)承担着对论文选题、实验设计、实验条件(包括经费)保障、具体实验指导等一系列工作,并对论文负有全部解释的责任,所以这部分论文的实质性作者应为研究生导师——通信作者。

3. 第一作者单位分布状况

大学 299 人,占 80.8%;研究所 70 人,占 18.9%(其中中科院研究所 18 人,占 4.9%)。

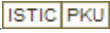
4. 第一作者年龄结构

30 岁以下的 213 人,占 57.6%;30~40 岁的有 118,占 31.9%;40 岁以上的 39 人,占 10.5%。

5. 第一作者地区分布状况

西北地区 106 篇,占 28.65%;西南地区 55 篇,占 14.8%;华北、东北地区 82 篇,点 22.2%;华东、华中、华南地区 106 篇,点 28.65%。

(裴阿卫 供稿)

作者: 贾春蕾, 向林, 秦德辉, 李小白, 吴超, 孙崇波, JIA Chunlei, XIANG Lin, QIN Dehui, LI Xiaobai, WU Chao, SUN Chongbo
作者单位: 贾春蕾, JIA Chunlei(金华职业技术学院, 浙江金华321017;浙江省农业科学院园艺所, 杭州310021), 向林, 秦德辉, 李小白, 吴超, 孙崇波, XIANG Lin, QIN Dehui, LI Xiaobai, WU Chao, SUN Chongbo(浙江省农业科学院园艺所, 杭州, 310021)
刊名: 西北植物学报 
英文刊名: Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica
年, 卷(期): 2014, 34(7)

参考文献(19条)

1. COEN E S, MEYEROWITZ E M. The war of the whorls: genetic interactions controlling flower development[J]. *Nature*, 1991, 353 (6 339): 31-37. 1991
2. THEISSEN G, SAEDLER H. Floral quartets[J]. *Nature*, 2001, 409 (6 819): 469-471. 2001
3. THEISSEN G. Development of floral organ identity: stories from the MADS house[J]. *Curr. Opin Plant Biol.*, 2001, 4 (1): 75-85. 2001
4. SCHWARZ SOMMER Z, HUIJSER P, NACKEN W, et al. Genetic control of flower development by homeotic genes in *Antirrhinum majus*[J]. *Science*, 1990, 250 (4 983): 931-936. 1990
5. PELAZ S, GUSTAFSON BROWN C, KOHALMI S E, et al. APETALA1 and SEPALLATA3 interact to promote flower development[J]. *Plant J.*, 2001, 26 (4): 385-394. 2001
6. XU Y F, TEO L L, ZHOU J, et al. Floral organ identity genes in the orchid *Dendrobium crumenatum*[J]. *Plant J.*, 2006, 46 (1): 54-68. 2006
7. CHEN M Y(陈敏燕), GUO W X(郭无瑕), LIU X R(刘小如), et al. A SEP3-like gene in *Dendrobium nobile* (DnSEP3-like): Cloning, characterization and vernalization-induced transcription patterns[J]. *Acta Hort. Sinica*(园艺学报), 2011, 38 (8): 1 579-1 588(in Chinese). 2011
8. AKIRA K, HOMARE H, TAKURO I, et al. The structure and expression of SEPALLATA like genes in *Asparagus* species (Asparagaceae)[J]. *Sex Plant Reprod.*, 2006, 19 (3): 133-144. 2006
9. CHANG Y Y, CHIU Y F, WU J W, et al. Four orchid (*Oncidium Gower Ramsey*) AP1/AGL9 like MADS box genes show novel expression patterns and cause different effects on floral transition and formation in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Plant Cell Physiol.*, 2009, 50 (8): 1 425-1 438. 2009
10. TSAI W C, KUOH C S, CHUANG M H, et al. Four DEF like MADS box genes displayed distinct floral morphogenetic roles in *Phalaenopsis Orchid*[J]. *Plant Cell Physiol.*, 2004, 45 (7): 831-844. 2004
11. SAITOU N, NEI M. The neighbor joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. *Mol. Biol. Evol.*, 1987, 4 (4): 406-425. 1987
12. ANGENENT G C, FRANKEN J, BUSSCHER M, et al. Co suppression of the petunia homeotic gene *fbp2* affects the identity of the generative meristem[J]. *Plant J.*, 1994, 5 (1): 33-44. 1994
13. PNUELI L, HAREVEN D, BRODAY L, et al. The TM5 MADS box gene mediates organ differentiation in the three inner whorls of tomato flowers[J]. *Plant Cell*, 1994, 6 (2): 175-186. 1994
14. SHITSUKAWA N, TAHIRA C, KASSAI K, et al. Genetic and epigenetic alteration among three homoeologous genes of a class E MADS box gene in hexaploid wheat[J]. *Plant Cell*, 2007, 19 (6): 1 723-1 737. 2007
15. ZAHN L M, KONG H, LEEBENS-MACK J H, et al. The evolution of the SEPALLATA subfamily of MADS box genes: a preangiosperm origin with multiple duplications throughout angiosperm history[J]. *Genetics*, 2005, 169 (4): 2 209-2 223. 2005
16. TZENG T Y, HSIAO C C, CHI P J, et al. Two lily SEPALLATA like genes cause different effects on floral formation

and floral transition in Arabidopsis thaliana[J].Plant Physiol.,2003,133(3):1 091-1 101. 2003

17. JACK T.Molecular and genetic mechanisms of floral control[J].Plant Cell,2004,16(S):1-17. 2004

18. XIANG L(向 林),LIBJ(李伯钧),QIN D H(秦德辉),et al.Cloning and real time expression analysis of GL0 gene from Cymbidium goeringii[J].ActaA gri.Zhejiang(浙江农业学报),2011,23(3):517-522(in Chinese). 2011

19. SUN CH B(孙崇波),XIANG L(向 林),SHI J S(施季森),et al.Cloning and real time expression analysis of AGL6 gene from Cymbidium goeringii[J].Mol.Plant Breeding(分子植物育种),2010,8(5):1-6(in Chinese). 2010

引用本文格式: 贾春蕾. 向林. 秦德辉. 李小白. 吴超. 孙崇波. JIA Chunlei. XIANG Lin. QIN Dehui. LI Xiaobai. WU Chao. SUN Chongbo 春兰CgSEP3基因的克隆和表达分析[期刊论文]-西北植物学报 2014(7)