

## 小麦 *TaPSG719* 基因启动子的分离及序列分析

陈 冷, 丁丽萍, 严颖君, 金 莲, 杨广笑, 涂知明, 何光源\*

(华中科技大学生命科学与技术学院中英联合实验室, 分子生物物理学教育部重点实验室, 国际科技合作基地, 武汉 430074)

**摘 要:** *TaPSG719* 基因是从小麦中分离的花粉特异性表达基因, 其功能未知。克隆和分析该基因的启动子有助于研究该基因的功能, 解析小麦花器官的发育调控机制。本研究根据已报道的 *TaPSG719* 基因 cDNA 序列为基础设计引物, 经过两次反向 PCR 获得了该基因起始密码子上游 1776 bp 的调控序列。应用 PLACE 和 PlantCARE 数据库系统对该序列进行分析研究, 发现其具有启动子的基本元件 TATA-box 和 CAAT-box、两种花粉特异性调控元件 AGAAA 和 GTGA 及光反应和激素响应元件。

**关键词:** 小麦; 花粉特异性基因; 反向 PCR; 启动子; 序列分析

中图分类号: Q781; Q949.71\*4.2

文献标识码: A

文章编号: 1000-470X(2009)04-0361-04

## Isolation and Sequence Analysis of *TaPSG719* Gene Promoter from Wheat (*Triticum aestivum* L.)

CHEN Ling, DING Li-Ping, YAN Ying-Jun, JIN Lian, YANG Guang-Xiao, TU Zhi-Ming, HE Guang-Yuan\*

(China-UK HUST-RRes Genetic Engineering and Genomics Joint Laboratory, The Genetic Engineering International Cooperation Base of Ministry of Science and Technology, the Key Laboratory of Molecular Biophysics of Ministry of Education, College of Life Science and Technology, Huazhong University of Science & Technology (HUST), Wuhan 430074, China)

**Abstract:** *TaPSG719* gene is a pollen-specific gene isolated from wheat and its function is remains unknown. The aims of the study were to isolate the *TaPSG719* promoter sequence and to characterize the promoter regions responsible for tissue-specificity. A pair of special primers was designed according to the cDNA sequence of *TaPSG719* gene reported. The upstream regulatory sequence was cloned from total DNA of wheat (Bobwhite) by inverse-PCR. A fragment of 1776 base pairs was obtained by two rounds of inverse-PCR. Sequence analysis of functional elements by blasting PLACE and PlantCARE databases revealed that it contains TATA-box, CAAT-box, two pollen-specific elements (AGAAA and GTGA), several light responsive elements and hormone responsive elements. Promoter analysis of this gene would definitely help us to understand its function as well as the molecular biology of wheat male gametophyte development.

**Key words:** Wheat; Pollen-specific gene; Inverse-PCR; Promoter; Sequence analysis

启动子是调控基因表达的重要顺式元件, 直接决定着基因表达的时间、空间和表达量。克隆启动子和深入分析其调控机制, 对于未知基因的功能分析和基因表达调控研究具有十分重要的意义。特别是花粉/花药特异性表达启动子的研究, 一方面有助于了解植物有性生殖发育的调控机制, 另一方面可用于创造雄性不育系, 为植物杂交育种的发展提供重要新材料。目前关于分离花粉/花药特异性启动子的报道有很多, 已从烟草<sup>[1,2]</sup>、土豆<sup>[3]</sup>、番茄<sup>[4]</sup>、玉米<sup>[5]</sup>、水稻<sup>[6]</sup>等植物中分离到花粉/花药特异性启动子, 但作为世界第一大粮食作物的小麦, 相关研究却很少<sup>[7,8]</sup>, 迄今为止仍未有麦类花粉特异性启动

子研究的报道。

本研究在已分离的小麦花粉特异性表达基因——*TaPSG719* 基因<sup>[8]</sup>的基础上, 对该基因的上游调控序列进行了分离克隆, 并利用软件对序列进行了分析, 以期得到小麦花粉特异性启动子, 并为研究该基因的功能和调控机制提供信息。

### 1 材料与方法

#### 1.1 材料

**材料:** 植物材料为小麦 Bobwhite (*Triticum aestivum* 'Bobwhite'), 感受态菌种为 Top10 大肠杆菌 (*Escherichia coli* strain Top10), 均为本实验室保存材料。

收稿日期: 2008-12-08, 修回日期: 2009-04-05。

基金项目: 国家科技重大专项——优质转基因小麦新品种培育 (2008zx08002-004)。

作者简介: 陈冷 (1981-), 女, 湖北荆州人, 博士研究生, 研究方向为植物分子生物学。

\* 通讯作者 (Author for correspondence. E-mail: hegy@hust.edu.cn)。