植物学报 Chinese Bulletin of Botany 2011, 46 (2): 147–154, www.chinbullbotany.com doi: 10.3724/SP.J.1259.2011.00147

·研究报告·

拟南芥GLP13基因在植物抗氧化胁迫响应中的作用

唐源江¹, 闵伶俐¹, 高桂兰², 杜金菊², 杨浪², 阳成伟^{2*}

¹华侨大学生物工程与技术系, 厦门 361021; ²华南师范大学生命科学学院, 广州 510631

摘要 类萌发素蛋白(germin-like protein, GLPs)是一类与小麦萌发素序列相似性较高、位于胞外基质的可溶性糖蛋白,在植物的生长发育阶段以及对生物和非生物胁迫的应答中起着重要的作用。为了研究GLP13基因的生理功能,我们分离并鉴定了GLP13的敲减突变体glp13,同时构建了其超表达植株35S::GLP13。用甲基紫精(methyl viologen, MV)处理2种不同基因型和野生型(WT)植株,结果发现,与野生型相比,突变体glp13子叶变绿率较低,主根生长受抑制较明显;而超表达植株35S::GLP13子叶变绿率较高,主根生长的受抑制程度较WT轻。用MV处理2周的35S::GLP13植株,其叶绿素荧光参数F_v/F_m的下降较野生型对照缓慢。半定量RT-PCR分析结果表明,与野生型相比,经MV处理4小时后的35S::GLP13中抗氧化酶系基因FSD1的表达上调,而CAT1、CSD1和UGT71C1的表达水平在35S::GLP13、glp13和野生型植株三者之间没有明显差异。以上结果表明GLP13基因在拟南芥抗氧化胁迫响应中起重要作用。

关键词 拟南芥,类萌发素蛋白,甲基紫精,氧化胁迫

唐源江, 闵伶俐, 高桂兰, 杜金菊, 杨浪, 阳成伟 (2011). 拟南芥GLP13基因在植物抗氧化胁迫响应中的作用. 植物学报 46, 147–154.

植物在生长过程中不可避免地受到环境信号调 控,并遭遇各种逆境胁迫。在研究植物对不同环境胁 迫的响应时发现了大量的胁迫响应基因,其中类萌发 素蛋白(germin-like protein, GLPs)是参与各种胁迫 响应的一类重要基因。GLPs是植物中广泛存在的一 类蛋白家族, 它们以糖蛋白的形式通过离子键结合存 在于细胞外基质中,其中绝大多数为稳定的低聚物 (Membré et al., 2000; Bernier and Berna, 2001; Lane, 2002)。GLPs功能多样, 但结构上都和cupin超 家族成员相关。cupin超家族包括异构酶、环化酶、 双加氧酶、糖或生长素结合蛋白、单体或者二聚体球 蛋白以及种子贮藏蛋白,如菜豆球蛋白(Druka et al., 2002)。 生物信息学分析发现拟南芥(Arabidopsis thaliana)中类萌发素蛋白家族共有32个成员,大 麦(Hordeum vulgare)中有21个成员(Zimmermann et al., 2006)。GLPs家族成员的氨基酸序列同源性不高, 但它们有一些共同特征:都包含1个N末端信号序列 以及几个保守的寡肽和氨基酸残基,其中包括预测能 够结合金属离子的基序 (motifs)(Dunwell, 1998; Membré and Bernier, 1998)。

由于GLPs是一种在陆生植物中普遍存在、表达 量很高的基因家族, 推测其功能多种多样, 在植物的 不同生长发育阶段以及不同的生物或非生物胁迫条件 下表现出不同的生物学功能,因此引起了国内外许多 学者的广泛关注,并开展了大量的研究工作。实际上, GLPs主要以酶(如OXO/SOD/AGPPase等)、受体(如 ABP19/20激素受体、Rhicadhesins受体)和结构蛋白 的形式参与多种生理生化过程。目前对GLPs的功能研 究主要集中在麦类作物上,对水稻(Oryza sativa)和拟 南芥这2种模式生物的研究还比较少。且已有研究大多 以蛋白表达水平和酶的活性鉴定为主,对于其功能的 分子机理知之甚少, 很多功能研究都停留在理论推测 和假设的水平上。本研究采用遗传、生理和生化的方 法, 深入探讨GLP13(Ehlting et al., 2005)参与植物抗 氧化胁迫的作用机制及其生物学功能, 以期为进一步 揭示植物的抗氧化胁迫机制提供新的证据和资料。

收稿日期: 2010-09-15; 接受日期: 2010-11-22

基金项目:国家自然科学基金(No. 30770201)和广东省科技攻关项目(No. 2007B020701005)

^{*} 通讯作者。E-mail: yangchw@scnu.edu.cn

1 材料与方法

1.1 材料

实验材料为拟南芥(Arabidopsis thaliana L.)类萌发素 突变体 glp13(SAIL-433-H06,购于美国拟南芥生物 资源中心)及其野生型(WT)(哥伦比亚生态型, Co-lumbia type)。

1.2 方法

1.2.1 拟南芥的培养

将拟南芥种子放在1.5 mL离心管中,先用75%乙醇 消毒1--2分钟,再用1%次氯酸钠消毒3--5分钟。无菌 水冲洗5次后,用枪头点播在灭菌的MS固体培养基 (1.5%蔗糖,0.8%琼脂,pH 5.8)上。避光、4°C春化2 天后,转到光照培养间。温度22°C/18°C(昼/夜),16 小时光照/8小时黑暗,用白炽灯作为光源进行光照 培养。

1.2.2 GLP13基因超表达载体的构建

利用 GLP13 特异性引物 (F:5'-CTCGAGATGGAA-GCAAACACTTTG-3'; R: 5'-ACTAGTTCAATGTTC-ATTAGACATG-3')进行PCR扩增。具体扩增程序如 下: 94°C变性2分钟; 94°C 30秒, 58°C 30秒, 72°C 2 分钟, 30个循环; 72°C延伸10分钟。切胶回收后连接T 载体,筛选阳性克隆并测序,将测序正确的质粒用 Spel与Xhol双酶切,并与用相同限制酶酶切处理的 pBA载体连接转化大肠杆菌DH5α,筛选出阳性克隆, 得到GLP13基因超表达载体35S::GLP13。提取阳性 克隆质粒,转化农杆菌Agrobacterium tumefaciens EHA105, 在含有巴斯卡(Bar)和利福平(Rif)的培养基 上挑取单克隆,并进行PCR鉴定。用农杆菌花序浸泡 法(Clough and Bent, 1998)转染野生型拟南芥, 收种 子后在含50 µg·mL⁻¹ Bar的培养基上进行筛选。将抗 性苗移至土壤中生长,待成熟后收集种子即得T0代, 继续筛选至T2代后保存纯合体种子作为实验材料 备用。

1.2.3 甲基紫精(MV)处理

配制含不同浓度梯度甲基紫精(methyl viologen, MV) 的 MS 培养基,将灭菌后的WT、glp13或者 35S:: GLP13的种子均匀铺开或成一直线铺到培养基上,

用于观察萌发或统计根长。萌发实验中,每天记录萌 发的种子数及子叶绿色株的数目,连续记录7天。根 长统计实验中,待幼苗在垂直板中竖向生长7天后用 直尺测量根长。移栽实验中,将在MS平板上生长4天 的幼苗用镊子移到MS平板或含MV的MS平板上,1周 后统计死亡株的比率(*n*>30,重复3次)。

1.2.4 叶绿素荧光参数的测定

种子在MS平板上生长7天后移栽到含营养土的小盆 中继续生长2个星期。离体实验中,取3-4位成熟叶片 全叶浸泡于浓度为5 µmol·L⁻¹的MV溶液中(含0.01% 的吐温),放置在25°C、光照强度为30 µmol·m⁻²·s⁻¹、 相对湿度为80%的人工气候箱内进行光氧化处理,保 持叶片反面向上。活体实验中取生长一致的整个植株, 将根上土壤清洗干净后浸泡到浓度为50 µmol·L⁻¹的 MV溶液中(含0.01%的吐温),使根部完全浸没在MV 溶液中且叶片漂浮在溶液上。实验过程中保持叶片充 分接受光照,并以同等条件下蒸馏水处理为对照。

用脉冲调制荧光仪 PAM 101-103(Walz, Effeltrich, Germany)测定叶绿素荧光参数。每次测定前将叶片暗适应10分钟。用弱光(0.04 μ mol·m⁻²·s⁻¹)测量初始荧光 F_o ,饱和光脉冲6 000 μ mol·m⁻²·s⁻¹(脉冲时间2秒)测量最大荧光 F_m ,连续作用光强度为200 μ mol·m⁻²·s⁻¹。最大光化学效率 F_v/F_m 根据Gray等(1997)的公式计算。

1.2.5 半定量RT-PCR分析

用镊子小心取出在MS平板中生长2周的WT、glp13和 35S::GLP13植株,将根部浸于浓度为50 µmol·L⁻¹的 MV溶液中,分别处理2和4小时(以未处理作为对照)。 胁迫处理后取整株幼苗,用吸水纸吸干水分,液氮速 冻后保存于--80°C。采用Trizol法提取总RNA并反转 录成cDNA用于RT-PCR分析。

2 结果与讨论

2.1 GLP13基因受氧化胁迫诱导表达

运用生物信息学研究方法,在拟南芥和水稻2个物种 中分别鉴定了32个*AtGLPs*和42个*OsGLPs*基因;同 时,利用GENEVESTIGATOR数据库分析发现, *GLP13*可能受氧化胁迫诱导表达。为了进一步验证 GLP13的表达是否受氧化胁迫诱导,选取生长2周的 野生型拟南芥幼苗进行MV(0.8 µmol·L⁻¹)处理,在不 同的处理时间点提取总RNA并反转录成cDNA,进行 RT-PCR分析。结果显示,随着处理时间的延长, GLP13基因的表达水平上调(图1),表明GLP13是一 个受MV胁迫诱导表达的基因,暗示其可能在拟南芥 的氧化胁迫响应过程中具有重要作用。

2.2 GLP13的T-DNA插入突变体和过表达植株的 筛选及鉴定

GLP13只有1个外显子,没有内含子(图2A),它定位 于拟南芥基因组的第III号染色体上。为了深入研究 GLP13的生理学功能,在SIGnAL(Salk Institute Genomic Analysis Laboratory)的数据库中利用拟南



图1 0.8 µmol·L⁻¹甲基紫精处理的野生型拟南芥幼苗中GLP13 基因表达的RT-PCR分析

图中数字代表甲基紫精的处理时间(单位:小时)。

Figure 1 RT-PCR analysis of the expression of *GLP13* in the wild-type Arabidopsis seedlings treated by the oxidative stress of 0.8 μ mol·L⁻¹ methyl viologen

Numbers in the figure indicated the time of methyl viologen treatment (unit: hour).



图2 拟南芥GLP13敲减突变体(glp13)和过表达植株(35S::GLP13)的表型和基因表达分析

(A) GLP13基因的敲减突变体glp13,箭头示T-DNA的插入位置;(B) GLP13基因在野生型(WT)和glp13植株中的表达分析;(C) GLP13基因在野生型和35S::GLP13植株中的表达分析;(D) 正常生长条件下野生型和glp13植株的表型分析;(E) 正常生长条件下野生型和35S::GLP13植株的表型分析

Figure 2 RT-PCR and phenotypic analysis of Arabidopsis *GLP13* knock-down mutant (*glp13*) and over-expression plant (35S::*GLP13*)

(A) A knock-down mutation in *GLP13*, the arrowhead indicated the position of the T-DNA insertion; (B) Analysis of *GLP13* expression in wild-type (WT) and *glp13* plants; (C) Analysis of *GLP13* expression in wild-type and *GLP13* over-expression (*35S::GLP13*) plants; (D) Representative seedlings of wild-type and *glp13* plants grown under normal condition; (E) Representative seedlings of wild-type and *35S::GLP13* plants grown under normal condition

芥的GLP13基因序列进行搜索,得到一个插入 GLP13基因3'UTR区的突变体SALK-0,经卡那霉素 筛选后得到突变体的纯合植株,并通过PCR确定其 插入位点(图2A)。利用RT-PCR检测GLP13在突变纯 合体植株中的表达水平,发现突变体中GLP13的转 录水平有所下降(knock-down),但没有完全敲除 (knock-out)(图2B)。结果表明,该T-DNA插入突变体 是一个GLP13基因的敲减突变体,且在正常生长条 件下野生型(WT)和GLP13敲减突变体(glp13)的表型 没有明显差异(图2D)。

另外,我们还构建了35S::GLP13过表达载体, 并转化野生型拟南芥获得转基因植株,经卡那霉素筛 选2代得到纯合体后进行半定量RT-PCR分析。结果 显示(图2),35S::GLP13过表达植株中GLP13的表达 水平明显高于野生型(图2C),但在正常生长条件下野 生型和35S::GLP13植株的表型没有明显差异(图 2E)。

2.3 MV对glp13种子萌发和根长的影响

为了研究GLP13在植物应对氧化胁迫响应中的功能, 利用GLP13基因的敲减突变体glp13研究其对MV的 响应。结果发现glp13对MV超敏感(图3)。野生型和 glp13突变体在对照板(不含MV的MS平板)上种子萌 发和根长没有明显差异(图3A, B)。但用不同浓度梯度 的MV处理glp13和野生型,随着MV浓度的升高,两 者子叶绿色株所占比率均减小,且glp13减少得更明 显。如在含0.6 µmol·L⁻¹ MV的平板上,glp13突变体 萌发绿色株所占的百分率只有野生型的1/6(图3C)。



图3 拟南芥glp13突变体的种子萌发和根长对甲基紫精(MV)处理的响应

(A) *glp13*和野生型(WT)的种子在MS和含1.0 μmol·L⁻¹MV的MS培养基上萌发并生长10天; (B) *glp13*和WT在含不同浓度(0、0.3、0.6、1.0和1.5 μmol·L⁻¹)MV的MS培养基上萌发并生长10天的主根表型; (C) *glp13*和WT在含不同浓度(0、0.3、0.6、1.0和1.5 μmol·L⁻¹)MV 的MS培养基上萌发并生长10天的子叶绿色株所占的比率; (D) 图B中主根长度的统计(3次重复取平均值)

Figure 3 The seed germination and seedling growth of glp13 plants are sensitive to the methyl viologen (MV) treatment

(A) The seeds of *glp13* and wild-type (WT) germinated and grown for 10 days in the MS medium (left) and MS medium containing 1.0 μ mol·L⁻¹ MV (right); (B) The growth of primary roots of *glp13* and WT grown for 10 days on MS medium containing a range of concentrations (0, 0.3, 0.6, 1.0 and 1.5 μ mol·L⁻¹) of MV; (C) Seedling greening ratios of *glp13* and WT plants grown for 10 days on MS medium containing a range of concentrations (0, 0.3, 0.6, 1.0 and 1.5 μ mol·L⁻¹) of MV; (C) Seedling greening ratios of *glp13* and WT plants grown for 10 days on MS medium containing a range of concentrations (0, 0.3, 0.6, 1.0 and 1.5 μ mol·L⁻¹) of MV; (D) The statistics of primary root length in figure B (data are means of three replicates)



图4 甲基紫精(MV)氧化胁迫对拟南芥GLP13超表达转化体35S::GLP13种子萌发、根长及F,/F,,的影响

(A) 35S::GLP13和野生型(WT)的种子在MS和含1.0 μmol·L⁻¹ MV的MS培养基上萌发并生长10天; (B) 35S::GLP13和WT在含不同 浓度(0、0.3、0.6、1.0和1.5 μmol·L⁻¹)MV的MS培养基上萌发并生长10天后,统计主根长度; (C) 10 μmol·L⁻¹ MV氧化胁迫对 35S::GLP13植株F_v/F_m的影响,每1个小时测定1次数据(3次重复取平均值)。

Figure 4 Effect of methyl viologen (MV) oxidative stress on the seed germination, primary root growth and F_v/F_m of Arabidopsis *GLP13* over-expression plant (35S::GLP13)

(A) The seeds of 35S::GLP13 and wild-type (WT) germinated and grown for 10 days in the MS medium (left) and MS medium containing 1.0 µmol·L⁻¹ MV (right); (B) The statistics of primary root length of WT and 35S::GLP13 grown for 10 days on MS medium containing a range of concentrations (0, 0.3, 0.6, 1.0 and 1.5 µmol·L⁻¹) of MV; (C) Changes of F_v/F_m in two-week-old 35S::GLP13 and WT plants after 10 µmol·L⁻¹ MV treatment at different time. Data are means of three replicates.

同时还利用垂直板生长实验探讨了野生型和*glp13*的 根对MV的响应。结果发现MV显著抑制野生型和 *glp13*根的伸长(图3B)。当MV浓度为0.3 µmol·L⁻¹时, 野生型的根长为0.81 cm,为对照的1/3,而*glp13*根 长仅为0.43 cm。随着MV浓度的增加,两者的根长均 继续变短,当MV浓度为1.5 µmol·L⁻¹时,*glp13*根长缩 短为0.14 cm,约为野生型根长的一半(图3D)。

2.4 MV对GLP13超表达植株35S::GLP13根长和 叶绿素荧光参数的影响

为了进一步研究GLP13的功能,利用GLP13基因超 表达转化体35S::GLP13研究其对MV的响应。结果发 现,野生型与35S::GLP13植株在种子萌发上具有差 异但不显著(图4A)。MV显著抑制野生型和35S:: GLP13根的伸长,35S::GLP13与野生型相比有一定 抗性。当MV浓度为0.3 µmol·L⁻¹时,野生型的根长为 0.81 cm,过表达转基因植株的根长为1.12 cm,但随 着MV浓度的增加,两者根长的差距缩短,当MV浓度 为0.6 µmol·L⁻¹时,两者的根长比较接近(图4B)。由此 可见,GLP13基因的表达在一定程度上可以提高植株 对较低浓度MV(≤1.0 µmol·L⁻¹)胁迫的抗性。

另外,为了研究*GLP13*基因对MV氧化胁迫下植物光合作用参数变化的影响,用10 µmol·L⁻¹的MV对 *GLP13*超表达转化体35S::*GLP13*和野生型植株进行 氧化胁迫,每60分钟取样测定植株的F_v/F_m(图4C)。结 果发现,在正常生长条件下,野生型和35S::*GLP1*3 的F_v/F_m(光系统II最大原初光化学量子效率)约为0.8。 但在MV处理过程中,35S::GLP13的F_v/F_m持续下降, 说明MV胁迫造成了PSII功能的损伤。MV处理240分 钟后,野生型和转基因植株的F_v/F_m分别下降了51% 和37.9%,两者之间呈现显著差异(P<0.05)。结果显 示MV胁迫下35S::GLP13的PSII功能更稳定,表明过 量表达GLP13基因可以提高氧化胁迫下植物光合机 构的稳定性。

2.5 MV处理对氧化胁迫相关基因表达的影响

本实验利用半定量RT-PCR技术检测了MV处理后野 生型、glp13突变体及GLP13超表达植株中氧化胁迫 相关基因CSD1、FSD1、CAT1和UGT71C1的表达情 况(图5)。结果表明,与野生型相比,经MV处理4小时 后的35S::GLP13植株中抗氧化酶系基因FSD1的表 达上调,而CAT1、CSD1和UGT71C1的表达水平在 35S::GLP13、glp13和野生型植株三者之间没有明显 差异。

2.6 讨论

2.6.1 拟南芥类萌发素蛋白突变体glp13及GLP13 超表达转化体对氧化胁迫的响应

已知GLPs功能多样,可作为酶、结构蛋白或者受体发 挥功能(Patnaik and Khurana, 2001)。作为酶,一些 GLPs具有草酸氧化酶活性(Lane et al., 1993; Lane, 2000), 一些GLPs则具有超氧化物歧化酶(SOD)活 性; 而它们在植物体内均能产生H₂O₂(Bernier and Berna, 2001)。近年来的研究发现GLPs在调节植物防 御反应方面具有重要作用。通过瞬时超表达和沉默小 麦(Triticum aestivum)、大麦中的GLPs证明GLPs成 员在植物抵御白粉菌侵染过程中有重要作用 (Schweizer et al., 1999; Christensen et al., 2004; Zimmermann et al., 2006)。此外研究表明GLPs在参 与抵御食草动物捕食方面也有重要的作用, 如在玉米 (Zea mays)中异源性表达小麦萌发素基因,能增强 玉米对玉米螟的抗性(Ramputh et al., 2002); 在饲喂 天蛾科食草动物天蛾(Manduca sexta)幼虫的烟草 (Nicotiana attenuata)中,类萌发素基因NaGLP的表 达增加(Hermsmeier et al., 2001); 而通过病毒诱导 基因沉默的方法沉默烟草中的NaGLP基因,减少 H_2O_2 的产生,则提高了*M.* sexta毛虫的偏好性(Lou



图5 50 μmol·L⁻¹甲基紫精处理下野生型(WT)、*GLP13*敲减突 变体(*glp13*)及超表达(*35S::GLP13*)植株中氧化胁迫相关基因 的表达分析

图中数字代表甲基紫精的处理时间(小时)。

Figure 5 Analysis of the expression of oxidative stress-related genes in wild-type(WT), *GLP13* knock-down mutant (*glp13*) and over-expression (*35S::GLP13*) plants treated by 50 μ mol·L⁻¹ methyl viologen

Numbers in the figure indicated the time of methyl viologen treatment (hours).

and Baldwin, 2006)。因此,多方面的证据表明, GLPs可能通过H₂O₂信号途径调节植物的防卫反应。 近来有人提出,由H₂O₂反应形成的·OH能参与多糖的 分解、细胞壁的松弛以及细胞的伸展(Fryer et al., 1998),对于该问题还没有定论。本研究发现,MV处 理对拟南芥类萌发素蛋白突变体*glp13*和野生型的种 子萌发率没有明显影响(图3A)。但用MV处理*glp13*和 野生型后,随着MV浓度的升高两者子叶变绿株所占 比率和主根长度均减小,且*glp13*减小得更明显(图 3B-D)。与野生型相比,*GLP13*超表达转基因植株 35S::*GLP13*对MV胁迫表现出一定的抗性(图4B)。总 之,*GLP13*表达量下调的*glp13*突变体对MV胁迫敏 感,而*GLP13*的超表达转化植株对MV胁迫表现抗性, 表明*GLP13*基因参与调控植物应对氧化胁迫,是MV 氧化胁迫响应途径的正调控因子。

2.6.2 GLP13基因在植物响应氧化胁迫过程中的作 用机制

活性氧(reactive oxygen species, ROS)如超氧化物 阴离子(superoxide radical, O²⁻)、羟自由基(hydroxyl

radical, OH·)和过氧化氢(hydrogen peroxide, H₂O₂) 等作为正常代谢的副产物在植物的叶绿体、线粒体和 过氧化物酶体等不同亚细胞器以及类似质膜的电子 传递系统中均会不断产生。在正常生长条件下, ROS 的生成和清除处于一定的平衡状态,因此不会对细胞 造成损伤。但当ROS的生成超出组织中抗氧化剂的清 除能力时, ROS则在细胞内急剧积累而使细胞遭受氧 化胁迫。植物在整个生长发育过程中会受到各种不良 环境(如生物和非生物胁迫)的影响。细胞中ROS产生 与清除之间的平衡被干扰,从而导致ROS大量生成, 植物细胞遭受氧化胁迫。许多研究表明ROS对细胞有 明显的毒害作用, 它们能与蛋白质、核酸和脂类发生 作用而引起蛋白质失活和降解、DNA链断裂和膜脂过 氧化等现象,从而导致细胞结构和功能的破坏,引起 植物代谢失活、细胞死亡、光合作用速率下降以及同 化物的形成减少, 甚至造成植物品质下降和生物量降 低等严重后果。然而, 植物在长期的进化过程中形成 了有效的活性氧清除机制。SOD和CAT是叶绿体内重 要的活性氧清除酶类。CSD1、FSD1和CAT1是ROS 响应基因,在植物抵抗氧化胁迫过程中起重要作用 (Mittler, 2002; Scandalios, 2005)。我们的研究结果 发现,在正常情况下,未经MV胁迫处理,FSD1在 GLP13超表达转基因植株中的表达量最高,而在 glp13突变体中最低;当用MV处理4小时后,野生型、 glp13突变体及GLP13超表达植株中FSD1的表达均 有不同程度的上调, 且以超表达转基因植株最为明 显。因此,我们推测GLP13基因可能通过影响FSD1 的表达而间接参与拟南芥对氧化胁迫的抗性反应。

参考文献

- Bernier F, Berna A (2001). Germins and germin-like proteins: plant do-all proteins. But what do they do exactly. *Plant Physiol Biochem* **39**, 545–554.
- Christensen AB, Thordal-Christensen H, Zimmermann G, Gjetting T, Lyngkjær MF, Dudler R, Schweizer P (2004). The germinlike protein GLP4 exhibits superoxide dismutase activity and is an important component of quantitative resistance in wheat and barley. *Mol Plant Microbe Interact* 17, 109–117.
- **Clough SJ, Bent AF** (1998). Floral dip: a simplified method for *Agrobacterium*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*. *Plant J* **16**, 735–743.

- Druka A, Kudrna D, Kannangara CG, von Wettstein D, Kleinhofs A (2002). Physical and genetic mapping of barley (*Hordeum vulgare*) germin-like cDNAs. *Proc Natl Acad Sci USA* 99, 850–855.
- **Dunwell JM** (1998). Sequence analysis of the cupin gene family in *Synechocystis* PCC6803. *Microb Comp Genomics* **3**, 141–148.
- Ehlting J, Mattheus N, Aeschliman DS, Li EY, Hamberger B, Cullis IF, Zhuang J, Kaneda M, Mansfield SD, Samuels L, Ritland K, Ellis BE, Bohlmann J, Douglas CJ (2005). Global transcript profiling of primary stems from *Arabidopsis thaliana* identifies candidate genes for missing links in lignin biosynthesis and transcriptional regulators of fiber differentiation. *Plant J* 42, 618–640.
- Fryer MJ, Andrews JR, Oxborough K, Blowers DA, Baker NR (1998). Relationship between CO₂ assimilation, photosynthetic electron transport, and active O₂ metabolism in leaves of maize in the field during periods of low temperature. *Plant Physiol* **116**, 571–580.
- Gray GR, Chauvin LP, Sarhan F, Huner NPA (1997). Cold acclimation and freezing tolerance (a complex interaction of light and temperature). *Plant Physiol* **114**, 467–474.
- Hermsmeier D, Schittko U, Baldwin IT (2001). Molecular interactions between the specialist herbivore *Manduca sexta* (Lepidoptera, Sphingidae) and its natural host *Nicotiana attenuata*. I. Large-scale changes in the accumulation of growth- and defense-related plant mRNAs. *Plant Physiol* **125**, 683–700.
- Lane BG (2000). Oxalate oxidases and differentiating surface structure in wheat: germins. *Biochem J* **349**, 309– 321.
- Lane BG (2002). Oxalate, germins, and higher-plant pathogens. *IUBMB Life* **53**, 67–75.
- Lane BG, Dunwell JM, Ray JA, Schmitt MR, Cuming AC (1993). Germin, a protein marker of early plant development, is an oxalate oxidase. *J Biol Chem* **268**, 12239–12242.
- Lou YG, Baldwin IT (2006). Silencing of a germin-like gene in *Nicotiana attenuata* improves performance of native herbivores. *Plant Physiol* **140**, 1126–1136.
- Membré N, Bernier F (1998). The rice genome expresses at least six different genes for oxalate oxidase/germin-like proteins (GenBank AF032971, AF032972, AF032973, AF032974, AF032975, AF032976)(PGR98-021). *Plant Physiol* **116**, 868–868.
- Membré N, Bernier F, Staiger D, Berna A (2000). Arabidopsis thaliana germin-like proteins: common and specific fea-

tures point to a variety of functions. *Planta* **211**, 345–354.

- Mittler R (2002). Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends Plant Sci* **7**, 405–410.
- Patnaik D, Khurana P (2001). Germins and germin like proteins: an overview. *Indian J Exp Biol* **39**, 191–200.
- Ramputh AI, Arnason JT, Cass L, Simmonds JA (2002). Reduced herbivory of the European corn borer (*Ostrinia nubilalis*) on corn transformed with germin, a wheat oxalate oxidase gene. *Plant Sci* **162**, 431–440.

Scandalios JG (2005). Oxidative stress: molecular percep-

tion and transduction of signals triggering antioxidant gene defenses. *Braz J Med Biol Res* **38**, 995–1014.

- Schweizer P, Christoffel A, Dudler R (1999). Transient expression of members of the germin-like gene family in epidermal cells of wheat confers disease resistance. *Plant J* 20, 541–552.
- Zimmermann G, Bäumlein H, Mock HP, Himmelbach A,
 Schweizer P (2006). The multigene family encoding germin-like proteins of barley. Regulation and function in basal host resistance. *Plant Physiol* 142, 181–192.

Function of *GLP13* in Response to Plant Oxidative Stress in Arabidopsis

Yuanjiang Tang¹, Lingli Min¹, Guilan Gao², Jinju Du², Lang Yang², Chengwei Yang^{2*}

¹Department of Biological Engineering and Biotechnology, Huaqiao University, Xiamen 361021, China; ²College of Life Science, South China Normal University, Guangzhou 510631, China

Abstract Germin-like proteins (GLPs) comprise a large family of soluble extracellular matrix glycoprotein, which is similar to wheat germin and plays an important role in growth and development and in biotic and abiotic stress responses of plants. To understand the role of *GLP13 in planta*, we investigated its expression patterns; isolated and characterized a knock-down mutation in the *GLP13* gene (named *glp13*); and constructed overexpression *GLP13* plants (named *35S::GLP13*). Compared to the wild type, the *glp13* mutant showed a lower cotyledon green ratio and more restrained root growth when 3 different types of plants were treated with methyl viologen (MV); however, the cotyledon green ratio was higher and the root growth less restrained in *35S::GLP13* plants. The chlorophyll fluorescence parameter *Fv/Fm* of *35S::GLP13* plants decreased slower than in the wild type after 2-week MV treatment of seedlings. The expression of oxidative stress response genes (*CSD1*, *FSD1*, *UGT71C1* and *CAT1*) were analyzed by semi-quantitative RT-PCR; the expression of *FSD1* was increased in *35S::GLP13* plants, with no differences in the expression level of *CAT1*, *CSD1* and *UGT71C1* among 3 different types of plants after 4-hr treatment with MV. Our results indicate that *GLP13* plays an important role in response to oxidative stress in Arabidopsis.

Key words Arabidopsis, germin-like protein, methyl viologen, oxidative stress

Tang YJ, Min LL, Gao GL, Du JJ, Yang L, Yang CW (2011). Function of *GLP13* in response to plant oxidative stress in Arabidopsis. *Chin Bull Bot* 46, 147–154.

(责任编辑: 刘慧君)

^{*} Author for correspondence. E-mail: yangchw@scnu.edu.cn