

## 基因登记 Gene Register

### 新的 *FLOWERING LOCUS T* 同源基因: 甘菊 *CIFT* 基因

王琳琳<sup>✉</sup>, 付建新<sup>✉</sup>, 戴思兰<sup>✉</sup>

北京林业大学园林学院, 国家花卉工程技术研究中心, 北京, 100083

✉ 通讯作者: silandai@gmail.com; ✉ 作者

分子植物育种, 2011年, 第9卷, 第9篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0009

收稿日期: 2010年10月08日

接受日期: 2010年12月10日

发表日期: 2011年01月29日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式:

王琳琳等, 2011, 新的 *FLOWERING LOCUS T* 同源基因: 甘菊 *CIFT* 基因, 分子植物育种 Vol.9, No.9 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0009)

**摘要** 拟南芥中 *Flowering Locus T(FT)* 基因具有整合光周期途径开花起始信号和诱导花序/花分生组织特异基因表达的重要作用。本研究利用 PCR, RT-PCR 和 PCR-RACE 技术从甘菊中克隆到一个 *FT* 基因的同源基因—*CIFT*, 基因登录号为 GU120195。这一结果将为研究菊科植物花发育的分子机理以及利用转基因技术调控观赏植物花期提供新的基因资源。

**关键词** 甘菊; 花期基因; 同源基因; *CIFT*

### *CIFT*, A Novel Homologues Gene of *FLOWERING LOCUS T* from *Chrysanthemum lavandulifolium*

Wang Linlin<sup>✉</sup>, Fu Jianxin<sup>✉</sup>, Dai Silan<sup>✉</sup>

College of Landscape Architecture, Beijing Forestry University, National Engineering Research Center for Floriculture, Beijing, 100083, P.R. China

✉ Corresponding author, silandai@gmail.com; ✉ Authors

**Abstract** The floral genes *Flowering Locus T(FT)* in *Arabidopsis thaliana* plays important roles in the process of integrating the initial floral signal and the inducing expression of the floral meristem genes. In this research, we cloned a homologou of *FT* gene from *Chrysanthemum lavandulifolium* which was named *CIFT* by using PCR, RT-PCR and PCR-RACE techniques. The GenBank accession No. of *CIFT* was GU120195. This result should be helpful for the research of floral development and genetic modification of flowering time in transgenic plants.

**Keywords** *Chrysanthemum lavandulifolium*; Floral genes; Homologues gene; *CIFT*

Kobayashi等(Kobayashi et al., 1999)采用活化标签的方法首次在拟南芥早花突变体中分离到 *FLOWERING LOCUS T(FT)* 基因, 其编码的氨基酸序列与 *TFL1(TERMINAL FLOWER 1)* 基因编码的氨基酸序列相似性大于50%, 根据其编码的氨基酸序列预测其蛋白与 *TFL1* 蛋白同属于拟南芥的一个小基因家族, 称为 *FT/TFL1* 基因家族。已有研究表明, *FT* 基因可以整合不同花发育途径如光周期途径、自主途径和春化途径的信号从而促进植物开花 (Michaels and Amasino, 1999; Corbesier and Coupland, 2006)。*FT* 基因除受花期基因 *CONSTANS(CO)* 调节促进开花以外, 在拟南芥中最新发现的温度感知途径和光质途径也是通过调节 *FT* 的表达而进行开花时间调节 (Blazquez et al., 2003; Cerdan and Chory, 2003)。

目前发现拟南芥基因组包含6个 *FT/TFL1* 基因家族成员, 它们分别是: *TFL1*、*FT*、*BFT(BROTHER OF FT AND TFL 1)*、*MFT(MOTHER OF FT AND TFL 1)*、*TFT(TWIN SISTER OF FT)* 和 *ATC(Arabidopsis thaliana CEN TRORADIALIS homologue)* (Searle and Coupland, 2004)。至今为止, 研究者已经在苹果 (Kotoda and Wada, 2005; Kotoda et al., 2010)、大麦 (Karsai et al., 2008)、红叶藜 (Chab et al., 2008)、油菜 (Wang et al., 2009)、白芥 (Aloia et al., 2009)、毛环竹 (Hisamoto et al., 2008)、美洲黑杨 (Igasaki et al., 2008)、温州蜜柑 (Kobayashi et al., 1999)、西葫芦 (Lin et al., 2007)、南瓜 (Lin et al., 2007) 等物种中分离到了拟南芥 *FT* 同源基因。现有的研究表明, *FT* 蛋白起成花素的作用 (Corbesier et al., 2007; Lin et al., 2007; Tamaki et al., 2007), *FT* 蛋白运送到顶端分生组织

后, 会激活 *FLOWERING LOCUS D* (*FD*) 的表达, 随后 *FT* 蛋白和 *FD* 蛋白组成蛋白复合物共同激活 *APETALA1* (*API*)、*LEAFY* (*LFY*) 等基因的表达, 从而促进拟南芥开花 (Abe et al., 2005)。

菊科是被子植物中最大的科, 也是双子叶植物中进化程度最高的科。甘菊为菊科菊属中的二倍体植物, 我们利用 PCR、RT-PCR 及 PCR-RACE 技术从甘菊中分离到 1 个拟南芥 *FT* 同源基因, 命名为 *CIFT*。*CIFT* 基因的 GenBank 登录号为 GU120195, 其 cDNA 全长为 837 bp, 编码 174 个氨基酸和一个终止密码子, 其推测的氨基酸序列中包含第 70 位~第 74 位氨基酸残基间的 D-P-D-x-P 模块、第 86 位的 His 残基和第 116 位~第 119 位氨基酸残基间的 G-x-H-R 模块, 这些保守序列均与配体结合位点的形成有关。同源序列比对分析表明, 该推测氨基酸与其它物种同源性在 60% 以上, 与旁系同源基因在不同物种中的物种演变的进化顺序相同。这些结果将为研究菊科植物花发育的分子机理以及利用转基因技术调控观赏植物花期提供新的基因资源。

#### 作者贡献

王琳琳是本研究的实验设计和实验研究的执行人, 付建新完成论文初稿的写作, 戴思兰教授是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

#### 致谢

本研究由高等学校博士学科点专项科研基金 (20070022009)、国家自然科学基金项目 (30871726) 和国家 863 计划项目 (2006AA100109) 项目资助, 作者感谢两位匿名的同行评审人的评审建议和修改建议。

#### 参考文献

Abe M., Kobayashi Y., Yamamoto S., Daimon Y., Yamaguchi A., Ikeda Y., Ichinoki H., Notaguchi M., Goto K., and Araki T., 2005, FD, a bZIP Protein Mediating Signals from the Floral Pathway Integrator FT at the Shoot Apex, *Science*, 309(5737): 1052-1056

Aloia M. D., Tamseddak K., Bonhomme D., Bonhomme F., Bernier G., and Perilleux C., 2009, Gene activation cascade triggered by a single photoperiodic cycle inducing flowering in *Sinapis alba*, *The Plant Journal*, 59: 962-973

Blazquez M.A., Ahn J.H. and Weigel D., 2003, A thermosensory pathway controlling flowering time in *Arabidopsis thaliana*, *Nature Genetics*, 33(2): 168-171

Cerdan P.D., and Chory J., 2003, Regulation of flowering time by light quality, *Nature*, 423 (6942): 881-885

Chab D., Kolar J., Olson M.S., and Storchora H., 2008, Two *FLOWERING LOCUS T* (*FT*) homologs in *Chenopodium rubrum* differ in expression patterns, *Planta*, 228(6): 929-940

Corbesier L., and Coupland G., 2006, The quest for florigen: a review of recent progress, *Journal of Experimental Botany*, 57(13): 3395-3403

Corbesier L., Vincent C., Jang S., Fornara F., Fan Q., Searle I., Giakountis A., Farrona S., Gissot L., Turnbull C. and Coupland G., 2007, FT protein movement contributes to long-distance signaling in floral induction of *Arabidopsis*, *Science*, 316(5827): 1030-1033

Hisamoto Y., Kashiwagi H., and Kobayashi M., 2008, Use of flowering gene *FLOWERING LOCUS T* (*FT*) homologs in the phylogenetic analysis of bambusoid and early diverging grasses, *Journal of Plant Research*, 121(5): 451-461

Igasaki T., Watanabe Y., Nishiguchi M., and Kotoda N., 2008, The *FLOWERING LOCUS T*/*TERMINAL FLOWER 1* family in lombardy poplar, *Plant Cell Physiology*, 49(3): 291-300

Karsai I., Szucs P., Koszegi B., Hayes P. M., Casas A., Bedo Z., and Veisz O., 2008, Effects of photo and thermo cycles on flowering time in barley: a genetical phenomics approach, *Journal of Experimental Botany*, 6: 1-9

Kobayashi Y., Kaya H., Goto K., Iwabuchi M., and Araki T., 1999, A pair of related genes with antagonistic roles in mediating flowering signals, *Science*, 286: 1960-1962

Kotoda N. and Wada M., 2005, *MdTFL1*, a *TFL1*-like gene of apple, retards the transition from the vegetative to reproductive phase in transgenic *Arabidopsis*, *Plant Science*, 168(1): 95-104

Kotoda N., Hayashi H., Suzuki M., Igarashi M., Hatsuyama Y., Kidou S.-i., Igasaki T., Nishiguchi M., Yano K., Shimizu T., Takahashi S., Iwanami H., Moriya S., and Abe K., 2010, Molecular characterization of *FLOWERING LOCUS T*-Like genes of apple (*Malus × domestica* Borkh.), *Plant Cell Physiology*, 51(4): 561-575

Lin M.K., Belanger H., Lee Y.J., Varkonyi G.E., Taoka K.I., Miura E., Xoconostle C.B., Gendler K., Jorgensen R.A.,

Phinney B., Lough T.J., and Lucas W.J., 2007, *FLOWERING LOCUS T* protein may act as the long-distance florigenic signal in the cucurbits, *The Plant Cell*, 19(5): 1488-1506

Michaels S.D., and Amasino R.M., 1999, *FLOWERING LOCUS C* encodes a novel mads domain protein that acts as a repressor of flowering, *The Plant Cell*, 11: 949-956

Searle I., and Coupland G., 2004, Induction of flowering by seasonal change in photoperiod, *The EMBO Journal*, 23: 1217-1222

Tamaki S., Matsuo S., Wong H.L., Yokoi S., and Shimamoto K., 2007, Hd3a protein is a mobile flowering signal in rice, *Science*, 316(5827): 1033-1036

Wang J., Long Y., Wu B., Liu J., Jiang C., Shi L., Zhao J., King G.J., and Meng J., 2009, The evolution of *Brassica napus FLOWERING LOCUS T* paralogues in the context of inverted chromosomal duplication blocks, *BMC Evolutionary Biology*, 9(271): 1-13



**5<sup>th</sup>Publisher**是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5<sup>th</sup>Publisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量的评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>