

文章编号: 1674-7054(2022)06-0541-09



椰子 *ALDH* 基因家族的鉴定及 生物信息学分析

武映宏¹, 黄东益², 王永², 张大鹏², 刘蕊², 孙熹微², 肖勇²

(1. 海南大学热带作物学院, 海口 570228;

2. 中国热带农业科学院椰子研究所/海南省热带油料作物生物学重点实验室, 海南文昌 571339)

摘要: 为了鉴定椰子的 *ALDH* 基因家族, 分析其基因结构、保守结构域、系统发育树以及其表达模式, 通过下载 *OsALDH* 基因家族的蛋白质序列, 并与椰子的蛋白质的数据库进行比对, 鉴定出 12 个 *CnALDH* 基因, 分属于 9 个亚族。结果表明, *ALDH* 编码的氨基酸等电点为 5.35 ~ 8.68, 多数分布在叶绿体中。表达谱分析结果显示, 除 *CnALDH12_A1* 和 *CnALDH22_A1* 外, 其他的 *CnALDH* 基因家族成员均在叶片中有高水平表达。而 *CnALDH10_A8* 在不同组织以及不同时期展现组成性表达, 推测该基因参与椰子的一些基础性功能, 是不可或缺的基因。

关键词: 椰子; *ALDH* 基因家族; 生物信息学分析

中图分类号: S 667.4; Q 78 **文献标志码:** A

引用格式: 武映宏, 黄东益, 王永, 等. 椰子 *ALDH* 基因家族的鉴定及生物信息学分析 [J]. 热带生物学报, 2022, 13(6): 541-549. DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.2022.06.001

内源性醛分子是一些生物合成与代谢途径的中间产物, 这些途径包括碳水化合物、维生素、类固醇、氨基酸和脂类的代谢过程^[1]。植物在逆境胁迫下, 会产生醛类物质, 将对植物产生毒害作用。醛脱氢酶 (ALDHs) 是 NAD(P)⁺ 依赖性酶, 其可以将有毒醛类物质氧化成羧酸, 并降低脂质过氧化, 提高植物对逆境的耐受性, 这是植物体内重要的解毒机制^[2]。据报道, 在拟南芥中发现 14 个 *ALDH* 基因拷贝^[3], 拟南芥的 *ALDH3II* 和 *ALDH7B4* 在提高植物耐受生物和非生物胁迫方面发挥着重要作用^[4-5]; 拟南芥中 *ALDH3F1* 编码产生乙酸盐的醛氢酶, 通过调节 FLC 位点上的 H3K9Ac 来控制开花时间, *ALDH3F1* 突变导致开花时间早, *ALDH3F1* 过表达导致开花晚^[6]; 拟南芥中 *ALDH3* 家族的其他 2 个基因 *ALDH3II* 与 *ALDH3HI* 在外源 ABA、高盐、脱水和重金属等环境下诱导表达, 证明其在

氧化应激反应中发挥作用。*ALDH3II* 在叶片中特异表达, 而在渗透压与外源 ABA 处理下, *ALDH3HI* 在根中被诱导表达^[3]。在水稻中共有 19 个 *ALDH* 基因拷贝^[7], 对水稻幼苗进行干旱、高盐及脱落酸处理, 发现 *OsALDH2-2*、*OsALDH3-1* 和 *OsALDH3-2* 在干旱和高盐胁迫下, 下调表达, 而 *OsALDH2-4*、*OsALDH3-4*、*OsALDH7*、*OsALDH10-1* 和 *OsALDH18-2* 在干旱和高盐胁迫下诱导表达, *OsALDH5* 和 *OsALDH12* 仅受干旱胁迫诱导表达, *OsALDH18-1* 仅在高盐胁迫下上调表达; 水稻胚乳中 *ALDH7* 功能的丧失将导致种子干燥和贮藏过程中的褐变, 表明 *OsALDH7* 对种子采后保持活力至关重要。AKAMURA^[8] 发现, *BADH* 基因编码的甜菜碱脱氢酶能催化甘氨酸合成甜菜碱 (GB), 甜菜碱作为一种无毒或保护性的细胞质渗透压调节剂, 在叶片中积累, 可以抵御非生物胁迫, 从而增

收稿日期: 2022-02-15

修回日期: 2022-04-11

基金项目: 海南省重大科技计划项目 (zdkj201902)

第一作者: 武映宏 (1997-), 女, 海南大学热带作物学院 2019 级硕士研究生. E-mail: 451548502@qq.com

通信作者: 肖勇 (1980-), 男, 研究员. 研究方向: 椰子生物育种. E-mail: xiaoyong_coconut@163.com

强植物的抗逆性。BRADBURY^[9] 研究结果显示, 水稻 8 号染色体上编码 *BADH* 基因与香味相关, 水稻中常见的 *BADH* 突变类型包括 *badh2-E7*^[10]、*badh2-E2*^[11]、*badh2-E4-5*^[12] 等, 该基因的突变导致催化 GB 合成的酶活性丧失, 从而使得上游底物 γ -氨基丁醛 (GABAld) 自发环化形成 Δ^1 -吡咯啉, 这是香味物质 2-AP 的关键前体^[10]。此外, *ALDH* 基因家族成员在果树中也被陆续鉴定, 如在葡萄基因组中, 鉴定出 23 个 *ALDH* 家族成员^[13], 在苹果中共鉴定 39 个 *ALDH* 基因拷贝^[14], 它们在生物和非生物胁迫下发挥重要作用。

椰子 (*Cocos nucifera* L., $2n=32$) 属于棕榈科椰子属, 单子叶多年生常绿乔木, 是一种重要的热带水果和油料作物, 具有极高的综合利用经济价值, 被称为“宝树”^[15]。椰子作为一种滨海经济作物, 具有很好的逆境耐受性, 我国培育的“文椰 4 号”椰子新品种, 有一种特殊的芋头香味, 深受消费者喜爱。*ALDH* 基因家族在逆境调控以及香味调控中发挥重要作用, 但在椰子中鲜有研究报道。本研究旨在鉴定椰子的 *ALDH* 基因家族, 分析其基因结构、保守结构域、系统发育树及其表达模式, 为椰子 *ALDH* 家族的基因功能阐释奠定基础。

1 材料与方法

1.1 椰子 *ALDH* 基因家族的鉴定 在 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 网站上下载水稻 *ALDH* 基因家族的蛋白质序列, 利用 BLAST 软件将水稻 *OsALDH* 基因家族蛋白序列与椰子 CDS 序列数据库进行比对, 阈值 E-value 设置为 $1e^{-10}$, 筛选椰子 *ALDH* 基因家族的 CDS 序列, 共鉴定 13 个椰子 *CnALDH* 基因序列。应用 TB tools 软件将 CDS 序列翻译成蛋白质, 在 Pfam (<http://pfam.xfam.org/search>) 数据库中进行结构域的预测, 去除不含有 ALDEH 结构域的序列, 最终获得椰子 *ALDH* 基因家族成员。

1.2 椰子 *ALDH* 基因家族的理化性质分析 在 ExPASy 数据库 (<https://web.expasy.org/protparam/>) 中找到“ProtParam”选项, 对椰子 *ALDH* 蛋白家族的氨基酸大小、分子质量、等电点基本信息进行分析, 并通过 WOLFP SORT 网站对 *ALDH* 基因家族成员进行亚细胞定位信息的预测。

1.3 构建进化树 利用 TB tools 绘制椰子 *ALDH* 基因拷贝的结构图。使用 MEGA X 软件将椰子 *ALDH* 基因家族的蛋白序列与水稻 *OsALDH* 基因家族序列进行多序列比对, 并用 Neighbor-Joining 方法构建进化树, Bootstrap 设置为 1 000 次。

1.4 椰子 *ALDH* 基因家族保守结构域 (motif) 分析 通过 GeneDoc 软件对椰子 *ALDH* 基因家族的蛋白质序列进行多序列分析, 再利用 MEME (<http://meme-suite.org/tools/meme>) 在线工具对比得到的椰子蛋白序列与水稻 *OsALDH* 基因家族序列进行 motif 搜索, 将预测的 motif 数值设定为 10。在 Weblogo3 (<http://weblogo.threeplusone.com/>) 对所得的多序列分析结果绘制相应保守域结构的 logo。在 SWISS-MODEL 上对 *CnAMADH2* 基因进行蛋白质三级结构同源建模。

1.5 椰子 *CnALDH10_A8* (*CnAMADH2*) 基因的克隆 在 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 网站上下载水稻和拟南芥 *BADH* 基因的蛋白质序列, 利用 BLAST 软件将 2 个物种的 *BADH* 基因的蛋白序列与椰子 CDS 序列数据库进行比对, 比对得出的 *CnAMADH2* 基因全长为 16 359 bp, 有 14 个外显子。针对该基因的第 14 个外显子设计引物, 在香水椰子、高种椰子中扩增该基因的第 14 外显子并测序, 在群体中验证是否存在碱基突变。

1.6 椰子 *ALDH* 基因家族的表达量分析 在 NCBI (National Center for Biotechnology Information) 数据库的 SRA (Sequence Read Archive) 数据库下载不同品种椰子组织 (SRR1063404、SRR1063407、SRR1125016、SRR-1173229、SRR1273180) 与椰子胚 (SRR1273070)、胚乳 (SRR1265939) 及胚愈伤组织 (SRR1137438) 的转录组原始数据, 所得结果用 TB Tools 进行聚类并绘制成热图。

2 结果与分析

2.1 椰子 *ALDH* 基因家族的鉴定及理化性质与亚细胞定位分析 通过椰子 *ALDH* 基因家族鉴定, 获得 12 个 *ALDH* 基因家族成员。根据 AGNC 注释标准, 氨基酸序列与先前鉴定的 *ALDH* 序列相同超过 40% 的 *ALDH* 组成 1 个家族, 而序列相同超过 60% 的 *ALDH* 组成 1 个亚家族, 将 12 个 *ALDH* 基因家族成员分为 9 个家族。其蛋白质理

化性质及亚细胞定位如下(表 1)。

结果表明, *CnALDH* 基因家族氨基酸的分子量在 53 273.64 ~ 91 359.59 Du 之间。等电点在 5.35 ~ 8.68 之间, 其中 *CnALDH2_B4*、*CnALDH2_B7*、*CnALDH2_C4*、*CnALDH7_B4*、*CnALDH10_A8*、*CnALDH11_A3*、*CnALDH12_A1* 为酸性蛋白质, 其他 *CnALDH* 为碱性蛋白质。 *CnALDH* 基因

家族编码氨基酸的数量在 495 ~ 814 之间, 大多数基因家族成员编码的氨基酸数量差别不大, 其中 *CnALDH3_F1* 编码的氨基酸数量最长, 为 814 个氨基酸。 *CnALDH3_F1* 与拟南芥 *ALDH3_F1* 同源性较高, 而拟南芥 *ALDH3_F1* 调节植物开花时间, 并不被外界环境胁迫所诱导, *CnALDH* 基因家族成员大多数分布在叶绿体中。

表 1 *CnALDH* 基因家族理化性质分析

基因名称	氨基酸数量/个	分子量/Du	等电点	亚细胞定位									
				nucl	mito	Chol	mito	cysk	chlo	plas	golg	cyto	
<i>CnALDH2_B4</i>	535	58 046.51	6.1		11.5	7.5			2.5				
<i>CnALDH2_B7</i>	543	58 891.36	6.03		11				3				
<i>CnALDH2_C4</i>	500	54 724.76	5.95					14			1	1	
<i>CnALDH3_F1</i>	814	91 359.59	8.68	2					6				
<i>CnALDH3_H1</i>	495	54 206.91	8.59	1				4	1	1			7
<i>CnALDH5_F1</i>	499	53 897.15	8.30		4				10				
<i>CnALDH6_B2</i>	537	57 488.84	7.13		11				3				
<i>CnALDH7_B4</i>	509	54 587.40	6.57	2	1				2	2			2
<i>CnALDH10_A8</i>	503	54 919.05	5.35	1.5					2				1.5
<i>CnALDH11_A3</i>	496	53 273.64	6.76	6				6	2				
<i>CnALDH12_A1</i>	555	61 854.02	6.07	1	7.5				5				4.5
<i>CnALDH22_A1</i>	590	65 312.80	7.87						2		2		

2.2 椰子 *CnALDH* 基因与水稻 *OsALDH* 基因家族进化树分析 将椰子 *CnALDH* 基因家族的外显子和内含子相关数据导入 TB Tools。随后使用 MEGA X 软件将椰子、水稻的 *ALDH* 基因进行多序列比对, 使用邻接法构建系统进化树(图 1), 椰子 *ALDH* 基因家族结构域水稻和拟南芥的结构相似。此外还对椰子 *ALDH* 基因家族的外显子-内含子结构进行了研究。

基因结构分析显示, 椰子 *ALDH* 家族外显子个数变异为 9 ~ 17。家族内外显子-内含子结构差异在多基因家族的进化中起关键作用。结合系统进化树结果分析发现, 亲缘关系相近的基因具有相似的基因结构, 如 *CnALDH2-B4* 与 *CnALDH2_B7* 均含有 11 个外显子; 不同基因家族成员基因结

构则相差较大(图 2)。椰子基因组中共鉴定出 12 个基因家族成员, 分属于 9 个不同的亚族。

2.3 椰子 *ALDH* 基因家族蛋白结构分析 采用 MEME 软件, 分析了 *ALDH* 蛋白质的保守结构域(图 3)。共搜索到 10 个 motif(图 4), 其中最保守的结构域为 motif 1。 *CnALDH2_B4*、*CnALDH2_B7*、*CnALDH2_C4* 均属于同一个亚族, 他们的 motif 构成一致。 *CnALDH3_F1* 与 *CnALDH3_H1* 均不含有 motif 8 和 motif 9。与其他 *ALDH* 基因家族 motif 构成相比, *CnALDH12_A1* motif 构成差别较大, 根据水稻中对该亚家族的研究结果, 推测椰子中这两个基因家族成员可能行使不同的功能。

本研究利用 SWISS-MODEL 在线对椰子 *CnAMADH2* 基因以及该基因的变异序列进行

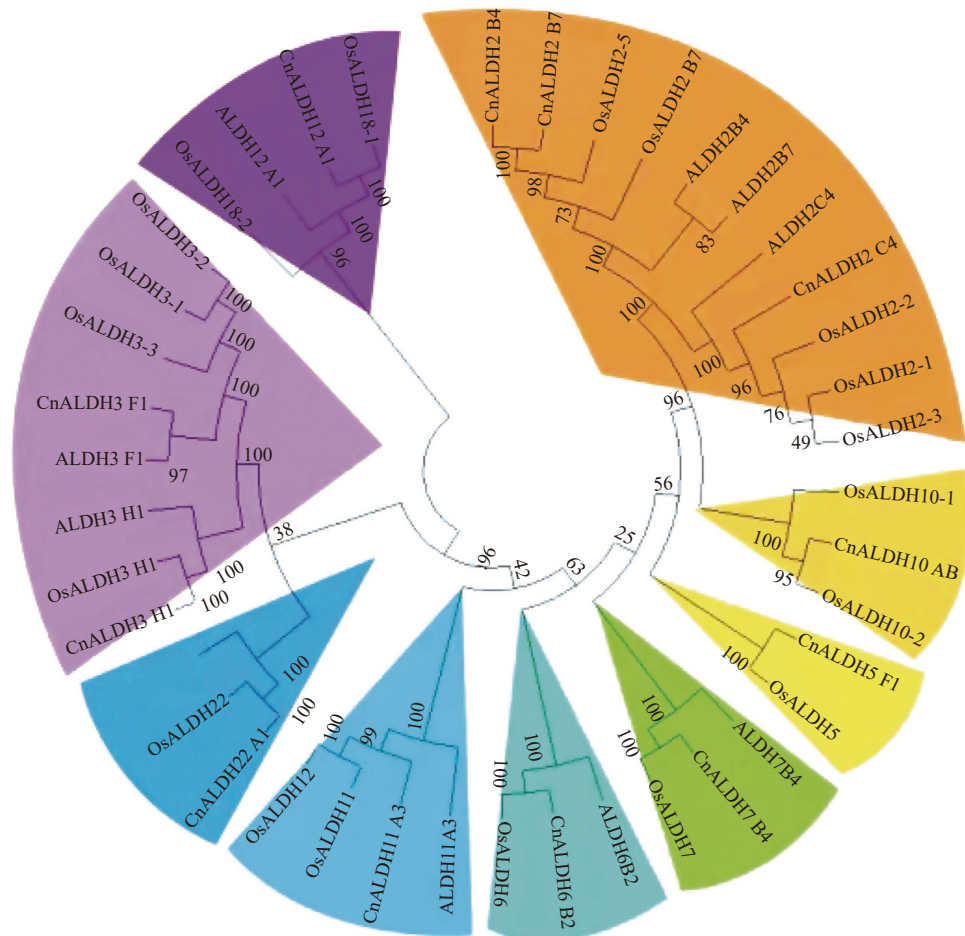


图 1 椰子、拟南芥和水稻 *ALDH* 基因家族的系统发育树

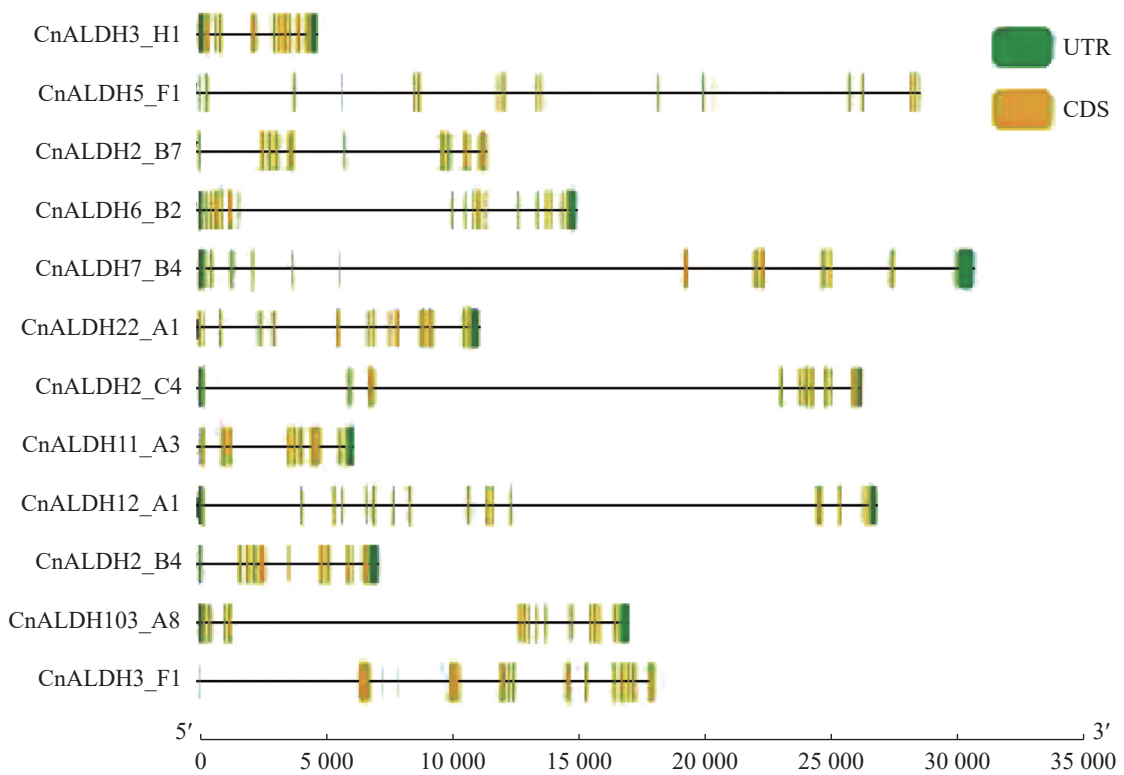


图 2 椰子 *CnALDH* 基因家族结构

三维结构同源建模。图 5-A 为非香型椰子 *CnAMADH2* 基因的蛋白质结构, 图 5-B 为香水椰子中 *CnAMADH2* 基因的蛋白质结构。该基因第 14 外显子上的 G/C 突变导致蛋白质结构发生变化, 引起 *CnAMADH2* 基因的功能丧失。

2.4 椰子 *CnALDH10_A8* (*CnAMADH2*) 基因第 14 外显子扩增结果 根据目的基因序列设计引物, 左引物(CnA-exon11-F:5'AGTATGAGAAGATCAAAAAGTTCA3')设计在第 11 外显子上, 右引物(CnA-exon14-R:5'CCATTCCTCAAGTTCACG3')设计在第 14 外显子, 全长为 1 095 bp(图 6)。取

13 个样品的新鲜嫩叶提取基因组 DNA, 扩增后得到的测序结果如图 7 所示, 香型椰子基因型为 CC 纯合, 非香型椰子基因型为 GG 纯合, 而样品 6 号为 GC 杂合香水椰, 该测序结果与 NCBI 测定结果一致。

2.5 *CnALDH* 基因家族在不同组织中表达量分析 在 NCBI 数据库中下载不同品种椰子叶片、椰子胚、胚乳及胚愈伤组织的转录组数据。通过计算 RPKM 值, 得到该家族成员在不同组织中的表达量, 采用 TBtools 绘制热图(图 8)。除 *CnALDH12_A1* 和 *CnALDH22_A1* 外, 其他的

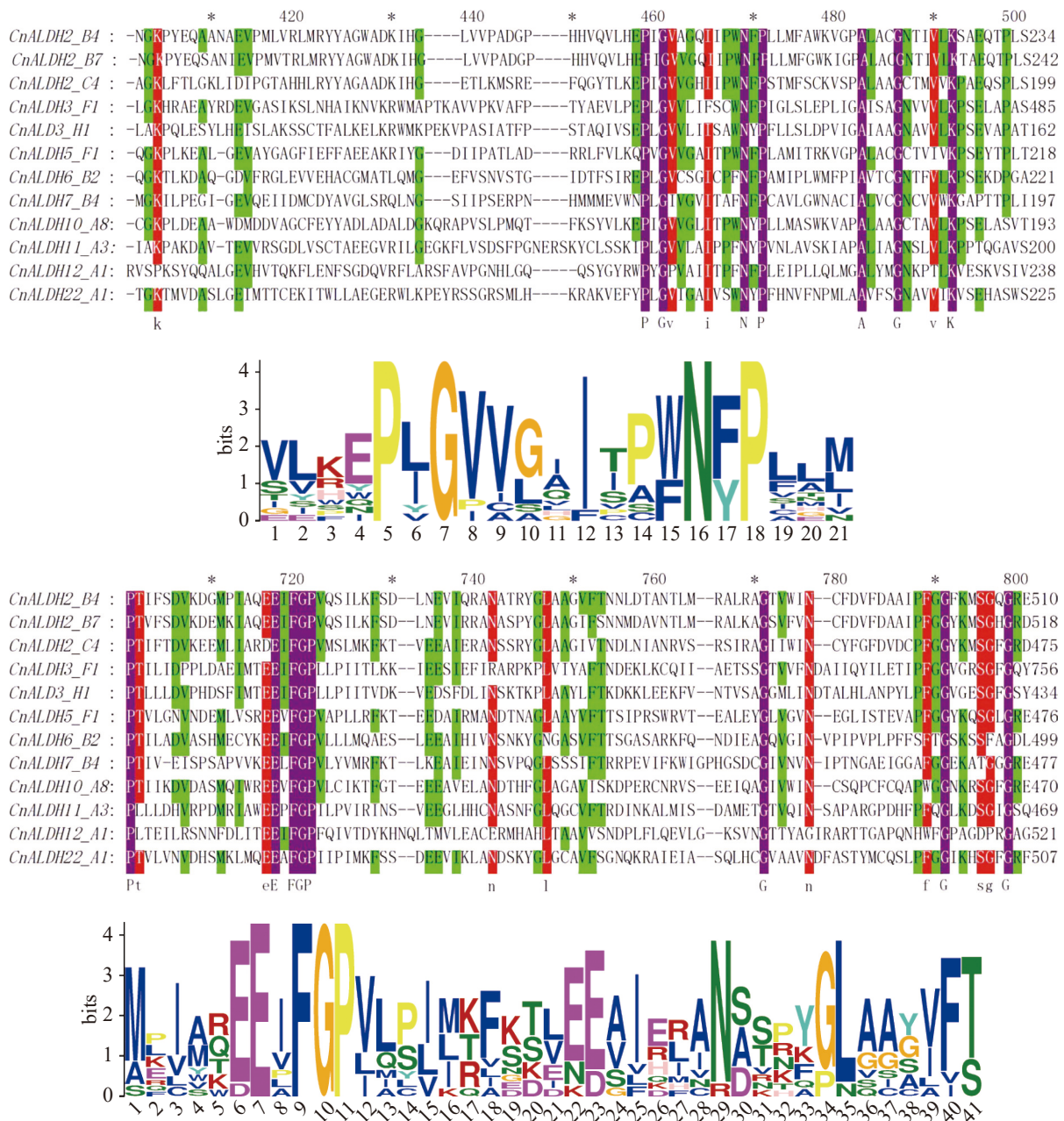


图 3 椰子 *CnALDH* 基因家族保守域多序列比对

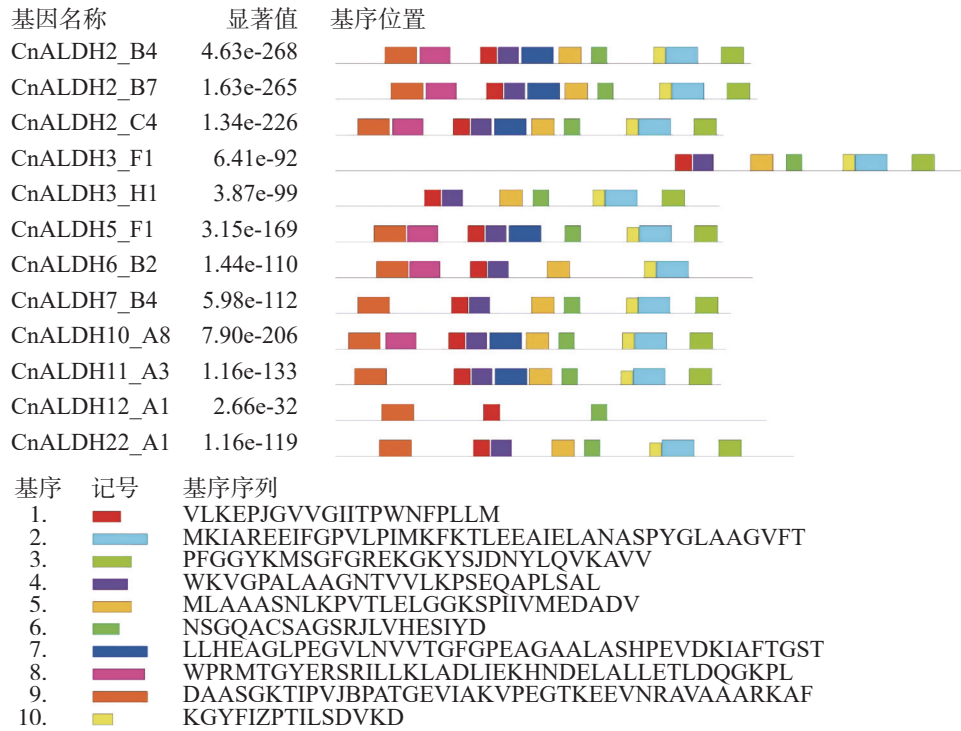


图4 椰子 *CnALDH* 基因家族 motif 分析

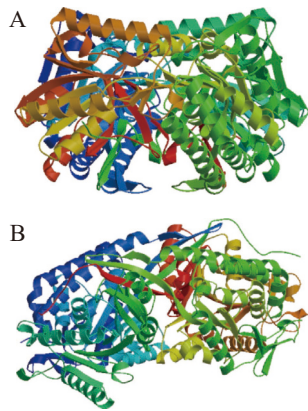


图5 椰子 *CnAMADH2* 基因三维结构模型

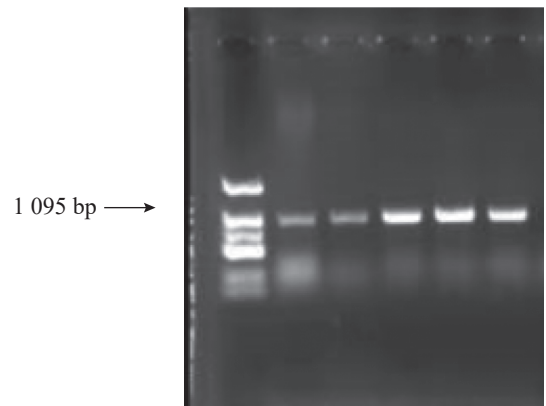


图6 椰子 *CnAMADH2* 第14外显子扩增结果

Species/Abbrv	Group Name	*****
1. non-aromatic	NCBI 非香型椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
2. aromatic	NCBI 香型椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
3. GZ05G0116570.1	高种椰子基因组	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
4. AZ05G0108630.1	矮种椰子基因组	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
5. X2-2	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
6. X2-3	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
7. X3-1	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
8. X15-7	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
9. X18-7	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
10. 6	香水椰子 (杂株)	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
11. 7	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
12. 8	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
13. 9	香水椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
14. 11	高种椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
15. 12	高种椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
16. 13	玛哇椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C
17. 14	矮种椰子	A G G A A A T T C A A C C T T G G A A T T T T A T T G G A T A A A C T T G C T C

图7 椰子 *CnAMADH2* 第14外显子测序结果

ALDH 基因家族成员均在叶片中有高水平表达。*CnALDH22_A1* 在胚、胚乳与胚愈伤组织中表达。根据椰子与水稻进化树分析得出 *CnALDH12_A1* 与水稻 *OSALDH18* 家族的同源性较高, 而水稻 *OsALDH18* 编码 P5CS, 该物质可以合成脯氨酸抵抗渗透胁迫, 但在椰子中几乎不表达。*CnALDH10* 在各个时期均有高水平的表达, 说明其在椰子整个生长周期应对环境胁迫, 这可能与椰子本身较强的抗逆性有关。*CnALDH2_B4*、*CnALDH2_B7*、*CnALDH2_C4* 均属于椰子 *CnALDH2* 家族, 但在椰子不同生长时期发挥作用, *CnALDH2_C4* 仅在叶片中表达。*CnALDH7_B4* 在愈伤组织、胚乳及叶片中表达量较高。

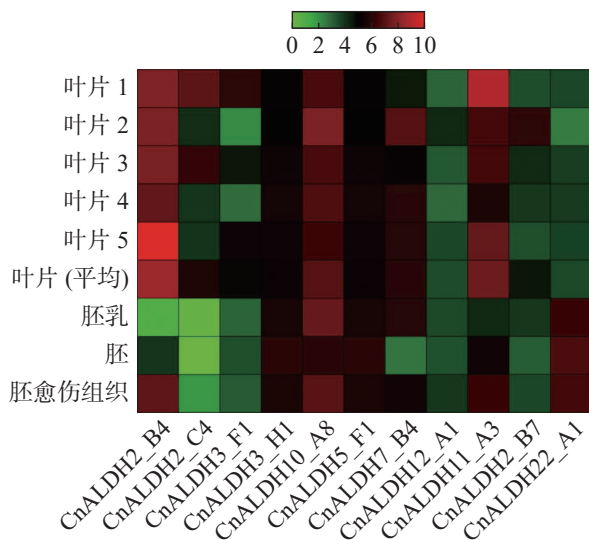


图 8 椰子 *CnALDH* 基因家族在不同组织器官中的表达谱分析

3 讨论

本研究通过生物信息学方法, 鉴定椰子 *ALDH* 基因家族成员。研究表明, 水稻基因组包括 19 个 *ALDH* 基因家族成员, 而椰子中仅鉴定出 12 个。分析椰子 *ALDH* 基因家族的蛋白理化性质发现。除 *CnALDH3_F1*, 其他基因编码的氨基酸数量相差不大。对椰子 motif 分析发现, 所有椰子 *ALDH* 基因家族成员均含有 motif1。

研究椰子 *ALDH* 基因家族在叶片、胚、胚乳、胚愈伤组织表达模式发现, *CnALDH10_A8* 在植物各个时期均有表达。*ALDH10* 家族的作用是催化甜菜醛脱氢为甘氨酸甜菜碱, 甘氨酸甜菜碱作为一种渗透调节物质, 可以帮助植物抵抗缺水、脱水

的不良环境^[8]。在大豆中, 非生物胁迫使大豆中二胺氧化酶活性增加, 迫使根系合成大量 γ -氨基丁酸^[7]。对椰子抗逆性研究发现, 高种椰子比香水椰子抵抗逆境的能力强。BRADBURY^[10] 发现香水椰子中编码 *BADH* 基因 14 外显子上一个碱基的缺失阻断了 GB 的合成, 由此可以合理推测该基因的突变是导致香水椰子不耐逆境的其中一个原因。*ALDH12* 和 *ALDH18* 家族均参与脯氨酸的代谢, 该基因家族受干旱胁迫诱导, 介导植物的应激反应和 ROS 的积累^[16-17]。拟南芥中, 外源脯氨酸和高盐诱导 *ALDH12* 基因的表达。*CnALDH12_A1* 在椰子转录组样本中表达量较少, 其表达量是否与脯氨酸代谢有关需要进一步的实验证明。ABA 能诱导脱水耐性的获得^[18]。KIRCH 等^[19] 报道了拟南芥中 *ALDH7_B4* 基因的表达是由脱落酸激活的, 它调节脱水应激反应和种子脱水通路。研究证明, *OsALDH7* 是种子成熟的关键基因, 胚乳中该基因的缺失导致种子在干燥和贮藏中发生褐变^[20]。根据 *CnALDH7_B4* 的表达谱推测该基因在胚乳中的表达也与种子成熟有关。植物中与渗透胁迫诱导有关的 *ALDH* 基因家族为 *ALDH3*、*ALDH7*、*ALDH10*、*ALDH11* 和 *ALDH12* 中的大部分成员, *ALDH3_H1* 在拟南芥的叶片中低水平表达^[1], 而 *ALDH3_F1* 的表达则与开花有关^[6], *ALDH11_A3* 催化植物特有的一种经典的糖酵解“旁路”反应^[1]。

此外, 在果树中也陆续发现 *ALDH* 基因家族的存在。对葡萄 *ALDH* 基因家族的研究发现, 该基因家族除了在干旱等非生物胁迫发生作用, 霜霉病侵染时, 部分抗病品种的 *ALDH* 基因家族成员表达量发生显著变化^[13]。椰子中 *ALDH* 基因的表达是否也受病害的诱导还未知。

椰子基因组的完整序列极大地帮助了研究人员将椰子作为一种经济作物进行改良, 为提高椰子的抗逆性以及筛选优良树种奠定了分子基础。椰子基因组包含 12 个 *ALDH* 超家族基因, 编码了 9 个不同的蛋白质家族, 其中大多数家族都与应激条件有关。目前, *ALDH* 基因家族在拟南芥和水稻模式植物中研究较为透彻, 在葡萄、苹果、香蕉等^[14-15] 果树的 *ALDH* 基因家族也被陆续研究, 而在椰子中对 *ALDH* 基因家族的研究鲜见报道。分析该基因家族的序列信息、基因结构, 与水稻^[5] 等

作物系统发育关系及在椰子不同组织的表达模式,可预测或识别椰子中各个 *ALDH* 蛋白或蛋白质家族发挥作用的途径,并为进一步研究 *ALDH* 基因家族的生物学功能奠定基础。

参考文献:

- [1] HANS-HUBERT K, DOROTHEA B. The ALDH gene superfamily of *Arabidopsis* [J]. *Trends in Plant Science*, 2004, 6(9): 371 – 377.
- [2] KOTCHONI S O, KUHN S C, KIRCH H H, et al. Overexpression of different aldehyde dehydrogenase genes in *Arabidopsis thaliana* confers tolerance to abiotic stress and protects plants against lipid peroxidation and oxidative stress [J]. *Plant Cell Environ*, 2006, 29: 1033 – 1048.
- [3] SUNKAR R, BARTELS D, KIRCH H H. Overexpression of a stress - inducible aldehyde dehydrogenase gene from *Arabidopsis thaliana* in transgenic plants improves stress tolerance [J]. *Plant*, 2003, 35: 452 – 464.
- [4] KIM JM, TO TK, MATSUI A, et al. Acetate - mediated novel survival strategy against drought in plants [J]. *Nature Plants*, 2017, 3: 17097.
- [5] GAO C X, HAN B. Evolutionary and expression study of the aldehyde dehydrogenase (ALDH) gene superfamily in rice (*Oryza sativa*) [J]. *Gene*, 2009, 431: 86 – 94.
- [6] XU D Y, LIU Q, CHEN G, et al. Aldehyde dehydrogenase *ALDH3F1* involvement in flowering time regulation through histone acetylation modulation on flowering locus [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2019, 62: 1080 – 1092.
- [7] KISHITANI S, TAKANAMI T, SUZUKI M, et al. Compatibility of glycinebetaine in rice plants: evaluation using transgenic rice plants with a gene for peroxisomal-betaine aldehyde dehydrogenase from barley [J]. *Plant, Cell and Environment*, 2000, 23: 107 – 114.
- [8] NAKAMURA ., YOKOTA S, MURAMOTO Y, et al. Expression of a betaine aldehyde dehydrogenase gene in rice, a glycinebetaine nonaccumulator, and possible localization of its protein in peroxisomes [J]. *Plant Journal*, 1997, 11: 1115 – 1120.
- [9] BRADBURY L M T, FITZGERALD T. L, HENRY R J, et al. The gene for fragrance in rice [J]. *Plant Biotechnol*, 2005, 3: 363 – 370.
- [10] BRADBURY L M T, GILLIES S A, BRUSHETT D J, et al. Inactivation of an aminoaldehyde dehydrogenase is responsible for fragrance in rice [J]. *Plant Mol Biol*, 2008, 68: 439 – 449.
- [11] SHI W W YANG Y, CHEN S H, et al. Discovery of a new fragrance allele and the development of functional markers for the breeding of fragrant rice varieties [J]. *Molecular Breeding*, 2008, 22: 185 – 192.
- [12] SHAO G N, TANG S Q, CHEN M L, et al. Haplotype variation at *Badh2*, the gee determining fragrance in rice [J]. *Genomics*, 2003, 101: 157 – 162.
- [13] ZHANG Y, MAO L, WANG H, et al. Genome-wide identification and analysis of grape aldehyde dehydrogenase (ALDH) gene superfamily [J]. *PLoS One*, 2012, 7: e32153.
- [14] 张乐, 陈宣钦, 李昆志. 植物醛脱氢酶基因家族[J]. *生命的化学*, 2013, 33(3): 299 – 306.
- [15] 刘莹. 椰子全身都是宝[J]. *解放军健康*, 2002(4): 31 – 31.
- [16] DEUSCHLE K, FUNCK D, HELLMANN H, et al. A nuclear gene encoding mitochondrial delta-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase and its potential role in protection from proline toxicity [J]. *The Plant Journal*, 2001, 27: 345 – 356.
- [17] YOSHIBA Y, KIYOSUE T, NAKASHIMA K, et al. Regulation of levels of proline as an osmolyte in plants under water stress [J]. *Plant and Cell Physiology*, 1997, 38: 1095 – 1102.
- [18] 宋松泉, 傅家瑞. 成熟脱水对种子发育和萌发的作用[J]. *植物学通报*, 1998, 15(2): 23 – 32.
- [19] KIRCH H H, SCHLINGENSIEPEN S, KOTCHONI S, et al. Detailed expression analysis of selected genes of the aldehyde dehydrogenase (ALDH) gene superfamily in *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant Mol Biol*, 2005, 57: 315 – 332.
- [20] JUN-HYE SHIN, SUNG-RYUL KIM, GYNHEUNG AN. Rice *ALDH7* Is needed for seed maturation and viability [J]. *Plant Physiol*, 2009, 149(2): 905 – 915.

Identification and bioinformatics analysis of *ALDH* gene family in coconut

WU Yinghong¹, HUANG Dongyi², WANG Yong², ZHANG Dapeng²,
LIU Rui², SUN Xiwei², XIAO Yong²

(1. College of Tropical Crops, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. Coconut Research Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences / Hainan Key Biological Laboratory of Tropical Oil Crops, Wenchang, Hainan 571339, China)

Abstract: Aldehyde dehydrogenase (*ALDH*), which dehydrogenates aldehydes into carboxylic acids, plays an important role in plant stress, development and fragrance synthesis. The protein sequences of *OsALDH* gene were downloaded and compared with the protein database of coconut, and 12 *CnALDH* genes were identified, which belonged to 9 subfamilies. The results showed that the isoelectric points of amino acids encoded by *ALDH* ranged from 5.35 to 8.68, and most of them were distributed in chloroplasts. Expression profile analysis showed that all *ALDH* gene family members were highly expressed in coconut young leaves except *CnALDH12_A1* and *CnALDH22_A1*. *CnALDH10_A8* showed constitutive expression in different tissues and at different periods, suggesting that *CnALDH10_A8* is an indispensable gene involved in some basic functions in coconut.

Keywords: coconut; *ALDH* gene family; bioinformatics analysis

(责任编辑: 罗启香 责任编辑: 钟云芳)