

· 园艺 ·

DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.20230099



主持人: 朱国鹏

# 荔枝 GRF 基因家族的全基因组鉴定及表达分析

董晨, 郑雪文, 王弋, 全振炫, 李伟才

(中国热带农业科学院 南亚热带作物研究所/农业农村部热带果树生物学重点实验室, 广东 湛江 524091)

**摘要:** 为揭示荔枝(*Litchi chinensis*) GRF 基因的功能, 对荔枝生长调控因子(*LcGRF*) 基因家族进行了全基因组鉴定和分析, 并研究其在荔枝中的表达模式。基于荔枝基因组数据库, 使用生物信息学软件对 *LcGRFs* 家族成员进行全基因组鉴定, 分析基本理化性质、染色体定位、基因结构、进化关系、蛋白保守基序、顺式作用元件和时空表达情况进行系统分析。共获得 12 个 GRF 基因, 不均匀地分布在 10 条染色体上, 内含子 2~5 个。蛋白保守基序分析发现, 荔枝 GRF 蛋白均含有保守的 motif1(WRC) 和 motif2(QLQ), 进化分析 *LcGRF* 划分为 5 个亚家族, *LcGRFs* 启动子上存在大量的光、植物激素、非生物胁迫响应以及生长发育相关的顺式作用元件。不同转录组表达模式结果显示, 各个组织中呈现出多样化的表达特征, 表明不同成员可能在荔枝不同生长发育过程中发挥调控作用, 参与调节荔枝的生长发育。研究显示, 荔枝 GRF 家族成员有 12 个, 划分为 5 个亚家族。

**关键词:** 荔枝; 生长调控因子; 生物信息; 表达模式

中图分类号: S667.1; Q943.2

文献标志码: A

文章编号: 1674-7054(2024)02-0190-08

董晨, 郑雪文, 王弋, 等. 荔枝 GRF 基因家族的全基因组鉴定及表达分析 [J]. 热带生物学报, 2024, 15(2): 190-197. doi: 10.15886/j.cnki.rdswwb.20230099

GRF 转录因子 (GRFs) 是一类植物特有的转录因子家族, 广泛分布于植物界, 在植物的生长发育和非生物胁迫中起着重要作用<sup>[1]</sup>。GRF 转录因子包含 2 个高度保守的结构域, 即 QLQ 结构域 (Gln, Leu, Gln) 和 WRC 结构域 (Trp, Arg, Cys), 其分别介导蛋白质-蛋白质和蛋白质-DNA 相互作用<sup>[2]</sup>。GRF 以基因家族的形式存在, GRF 基因参与植物的早期生长发育, 在植物组织或器官的形成中发挥重要的调节作用, 例如 GRF 在生命活动旺盛的组织中 (根尖、花芽、茎尖和嫩叶) 表达量较高, 在成熟的组织器官表达量较低。第 1 个 GRF 转录因子在水稻中发现并命名为 *OsGRF1*<sup>[3]</sup>, 随后共鉴定出 12 个成员<sup>[4]</sup>。近年来, 伴随着植物基因组测序的快速发展, 大量 GRF 基因被分离、鉴定。目前, 在拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)<sup>[5]</sup>、水

稻 (*Oryza sativa*)<sup>[4]</sup>、玉米 (*Zea mays*)<sup>[6]</sup>、番茄 (*Solanum lycopersicum*)<sup>[7]</sup>、葡萄 (*Vitis vinifera*)<sup>[8]</sup>、香蕉 (*Musa nana*)<sup>[9]</sup>、龙眼 (*Dimocarpus longan*)<sup>[10]</sup>、桃 (*Prunus persica*)<sup>[11]</sup>、甜瓜 (*Cucumis melo*)<sup>[12]</sup> 分别发现了 9、12、14、13、8、20、9、10、7 个 GRF 家族成员。

荔枝 (*Litchi chinensis*) 是原产于我国南部的亚热带果树, 其果实具有“岭南果王”之美誉<sup>[13]</sup>。目前, 在全基因组水平上关于荔枝 GRF 基因家族的鉴定未见报道。随着荔枝全基因的公布, 为在全基因组水平上研究荔枝 GRF 基因家族在荔枝生长发育中的作用提供了机会。在全基因组水平上, 笔者鉴定了 GRF 基因家族的保守结构域、系统进化关系、基因结构、染色体定位和表达分析, 旨在为鉴定荔枝 GRFs 蛋白的功能奠定基础。

收稿日期: 2023-08-22

修回日期: 2023-10-11

基金项目: 海南省自然科学基金项目 (321MS077); 国家重点研发计划项目 (2019YFD1000900); 中央级公益性科研院所基本科研业务专项 (1630042022004, 1630062023017); 国家荔枝龙眼产业技术体系项目 (CARS-32-20)

第一作者: 董晨 (1981-), 女, 副研究员, 硕士。研究方向: 果树生物学。E-mail: nysdongchen@sina.com

通信作者: 李伟才 (1975-), 男, 研究员。研究方向: 果实栽培。E-mail: lwc-619@163.com

## 1 材料与方法

**1.1 *LcGRFs* 基因家族成员鉴定及蛋白理化特性分析** 从荔枝基因组数据库(<http://www.sapindaceae.com/>) META SEARCH 工具搜索 Growth-regulating factor, 搜索注释为 Growth-regulating factor 基因, 进一步通过 NCBI Conserved Domains Search(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd>)对搜索到的基因序列是否含有保守 QLQ( PF08880)和 WRC( PF08879)结构域进行蛋白结构域验证, 利用在线生物信息学软件 ExPASy ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam/>)、SignalP 3.0 Server(<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP-3.0/>)、TMHMM Server v.2.0(<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/>)、Plant-mPLoc Server 在线软件 (<http://www.csbio.sjtu.edu.cn/bioinf/plant-multi/#>)分别预测荔枝 GRF 蛋白长度、分子质量、等电点、不稳定系数、信号肽、跨膜结构和蛋白亚细胞定位情况。

**1.2 *LcGRFs* 基因家族染色体定位、基因结构、系统进化、保守结构域、顺式作用元件分析** 从荔枝基因组注释文件中提取荔枝 GRF 基因家族成员在染色体上的物理位置信息, 利用 MapInspect 软件将 GRF 基因定位到对应的染色体。方便起见, 根据在 1~15 号染色体上的先后顺序统一编号为 *LcGRF1*~*LcGRF12*。

从荔枝基因组数据库中提取 GRF 的 CDS 序列与基因组 DNA 序列, 利用 GSDS 分析 GRF 基因家族的基因的结构, 包括内含子、外显子的数目。

拟南芥和水稻 GRF 蛋白序列由 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>)下载获得。采用 MEGA 6.0 软件自带的 ClustalW 以默认参数对拟南芥、水稻和荔枝 GRF 蛋白进行多重序列比对, 通过邻接法(neighbor-joining)构建系统进化树, 参数设置: bootstraps 重复次数 1 000, 泊松模型, 部分删除 gap。

利用 MEME(<http://memesuite.org/tools/meme>)分析 *LcGRFs* 蛋白保守基序。参数设置: 基序的最大数目设置为 10, 基序长度设为 6~150 个氨基酸, 其他参数为默认值。

利用荔枝基因组数据库提取 *LcGRF* 基因上

游 2 000 bp 的启动子序列, 通过 PlantCare(<https://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>)在线查找启动子区的顺式作用元件。

**1.3 *LcGRFs* 基因家族表达分析** 利用荔枝基因组网站的荔枝时空表达的转录组数据对 *LcGRF* 基因家族在不同组织器官中的时空表达进行分析, 转录数据包括 12 个不同组织(果柄、果肉、种子、果皮、子房、败育雄蕊、叶片、雄蕊、雌蕊、雌花、雄花、幼果), 利用 TBtools 软件绘制表达热图。

## 2 结果与分析

**2.1 荔枝 GRF 基因家族成员鉴定及编码蛋白基本理化性质分析** 所有的 GRF 蛋白的都包含一个高度保守的 WRC 和 QLQ 结构域。本研究鉴定荔枝基因组中的 GRF 基因家族成员, 首先通过荔枝基因组网站的 META SEARCH 工具搜索 Growth-regulating factor, 共搜索到 22 个注释为 Growth-regulating factor 基因, 进一步通过 NCBI Conserved Domains Search 对 22 个基因序列是否含有保守 QLQ( PF08880)和 WRC( PF08879)结构域, 最终筛选荔枝基因组中的 12 个 GRF 基因家族成员, 为了方便起见, 根据出现在染色体上的位置顺序从小到大重新命名为 *LcGRF1*~*LcGRF12*。

预测的荔枝 GRF 家族成员编码的氨基酸长度范围在 210~605 aa 之间, 蛋白分子质量介于 22969.07~65043.08 Da 之间, 等电点介于 6.87~9.58, 不稳定系数介于 39.63~60.93。*LcGRF9* 不稳定指数为 39.63, 为稳定性蛋白, 其余的不稳定指数均大于 40, 为不稳定蛋白。12 个 *LcGRF* 家族成员均为无信号肽的亲水蛋白, 有且仅有 *LcGRF11* 具有 1 个跨膜结构。亚细胞定位预测结果显示, 所有 *LcGRFs* 均定位于细胞核(表 1)。这意味着 *LcGRF* 家族具有相对保守的生物学功能。

**2.2 荔枝 GRF 基因家族染色体定位、基因结构** 荔枝 GRF 基因在染色体位置作图, 根据荔枝 GRF 基因在染色体位置的信息, 并利用 MapInspect 工具进行染色体定位作图。结果显示 12 个 GRF 基因定位在除 5、7、9、13 和 14 号染色体外的 10 条染色体上, 每条染色体上 GRF 基因的数目分布不均衡。其中 2 号和 9 号染色体分别含有 2 个 GRF 基因, 其余的染色体均含有 1 个 GRF 基

表 1 LcGRF 家族基本理化性质

Gene	GeneID	染色体	长度/aa	分子量/Da	等电点	不稳定指数	亲水性	信号肽	跨膜结构	亚细胞定位
<i>LcGRF1</i>	lichi017547	Chr1	369	42024.66	8.68	56.02	-0.899	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF2</i>	lichi012253	Chr2	381	42146.07	9.58	47.90	-0.482	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF3</i>	lichi012267	Chr2	487	52163.06	8.36	54.97	-0.629	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF4</i>	lichi025575	Chr3	571	61820.63	9.2	45.71	-0.481	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF5</i>	lichi030255	Chr4	365	41408.55	8.58	50.70	-0.933	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF6</i>	lichi003003	Chr6	336	37155.07	8.29	60.93	-0.774	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF7</i>	lichi010789	Chr8	587	63749.49	8.13	49.06	-0.659	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF8</i>	lichi021810	Chr10	484	52746.92	6.94	56.50	-0.562	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF9</i>	lichi022909	Chr10	210	22969.07	9.14	39.63	-0.460	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF10</i>	lichi007106	Chr11	605	65043.08	6.87	58.23	-0.550	No	0	细胞核Nucleus
<i>LcGRF11</i>	lichi019724	Chr12	571	64459.30	7.26	56.38	-0.360	No	1	细胞核Nucleus
<i>LcGRF12</i>	lichi018801	Chr15	501	55018.49	9.31	54.48	-0.667	No	0	细胞核Nucleus

因(图 1)。说明 LcGRF 家族成员各自具有不同的表达调控模式,其中 *LcGRF2* 和 *LcGRF3* 为串联复制,推测其具有相似的生物学功能。

通过利用 GSDS 在线基因结构作图软件,将荔枝 GRF 基因家族成员的基因组 DNA 序列和 CDS 序列提交 GSDS 站点,作基因结构图。结果表明,所有的 GRF 基因至少还有 2 个内含子,该家

族内含子的数量变化在 2~5 范围内,其中有 6 个 LcGRF 基因家族成员含有 3 个内含子,4 个 GRF 基因家族成员含有 2 个内含子,*LcGRF11* 内含子数量最多,含有 5 个内含子,其次为 *LcGRF12* 含有 4 个内含子(图 2)。说明 LcGRF 家族成员具有相似的序列和功能特征,但在进化过程中因发生突变在结构上面具有一定的变异性和多样性。

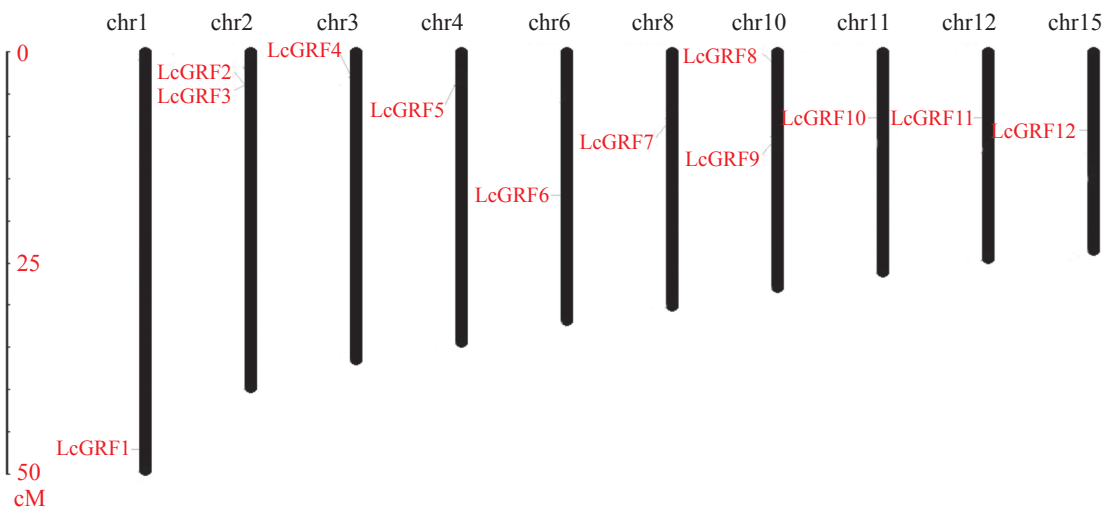


图 1 荔枝 GRF 基因家族染色体定位

2.3 荔枝 GRF 基因家族系统进化分析 为了进一步了解荔枝 GRF 基因家族成员之间的进化关系,分别利用模式植物拟南芥中 9 个 GRF 基因家族成员和水稻中 12 个 GRF 基因家族成员同荔枝中 12 个 GRF 基因家族成员构建进化树(图 3),利用 MEGA6.0 构建 NJ 树,结果表明荔枝中 12 个

GRF 分为 5 个亚家族,其中 *LcGRF1*、*LcGRF5*、*LcGRF6* 和 *LcGRF11* 位于亚家族 I, *LcGRF4* 和 *LcGRF9* 位于亚家族 II, *LcGRF12* 位于亚家族 III, *LcGRF2*、*LcGRF3* 和 *LcGRF8* 位于亚家族 IV, *LcGRF7* 和 *LcGRF10* 位于亚家族 V。系统进化关系表明 *LcGRF* 基因家族与 *AtGRF* 基因家族亲缘

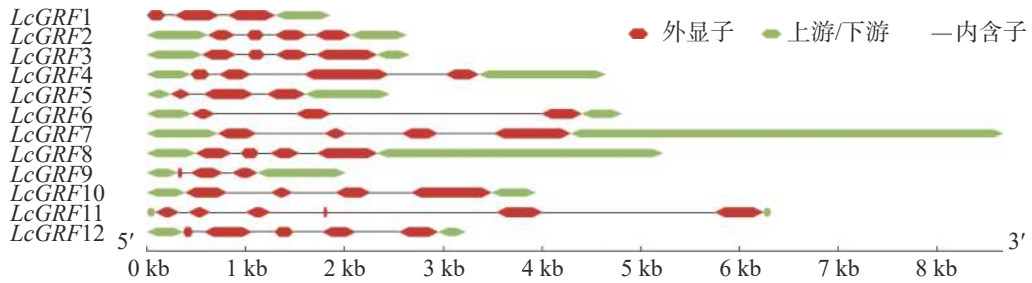


图 2 荔枝 GRF 基因家族基因结构

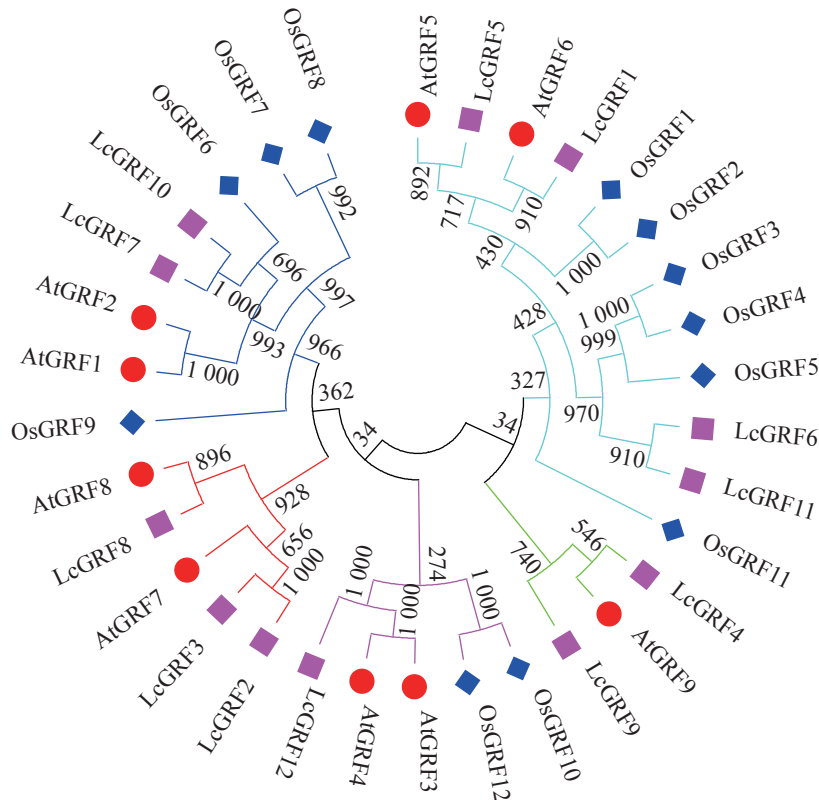


图 3 荔枝 GRF 基因家族进化树

关系较近,推测存在相似的生物学功能,有助于进一步了解 *LcGRF* 基因家族成员在荔枝生长发育的生物学功能。

**2.4 荔枝 GRF 基因家族保守基序分析** 保守基序分析结果显示, *LcGRF* 家族所有成员均含有典型的保守基序 motif 1(WRC)和 motif 2(QLQ) (图 4)。位于 *LcGRF7* 和 *LcGRF10* 含有相同的保守基序,且含有的 motif 最多,共有 7 个保守基序 (motif1、motif2、motif5、motif7、motif8、motif9 和 motif10); 其次为 *LcGRF1* 含有 6 个保守基序 (motif1、motif2、motif5、motif7、motif9 和 motif10); *LcGRF2*、*LcGRF3*、*LcGRF5* 和 *LcGRF12* 含有 5 个保守基序,其中 *LcGRF2* 和 *LcGRF3* 含有 5 个相同的蛋白保守基序 (motif1、motif2、motif3、

motif4 和 motif6), *LcGRF5* 的保守基序为 motif1、motif2、motif5、motif9 和 motif10, *LcGRF12* 的保守基序为 motif1、motif2、motif5、motif7 和 motif10; *LcGRF6* 和 *LcGRF11* 分别含有 4 个保守基序, *LcGRF4*、*LcGRF8* 和 *LcGRF9* 分别含有 3 个保守基序。根据进化分析表明,位于相同亚家族的保守基序相近,如位于亚家族 V 的 *LcGRF7* 和 *LcGRF10* 含有的保守基序相同,位于亚家族 IV 的 *LcGRF2* 和 *LcGRF3* 含有的保守基序相同,位于亚家族 II 的 *LcGRF4* 和 *LcGRF9* 含有的保守基序相同。因此,推测位于相同家族的成员具有相似的生物学功能。

**2.5 荔枝 GRF 基因家族启动子区顺式作用原件分析** 为了分析 *LcGRF* 基因对各种反应的潜在功

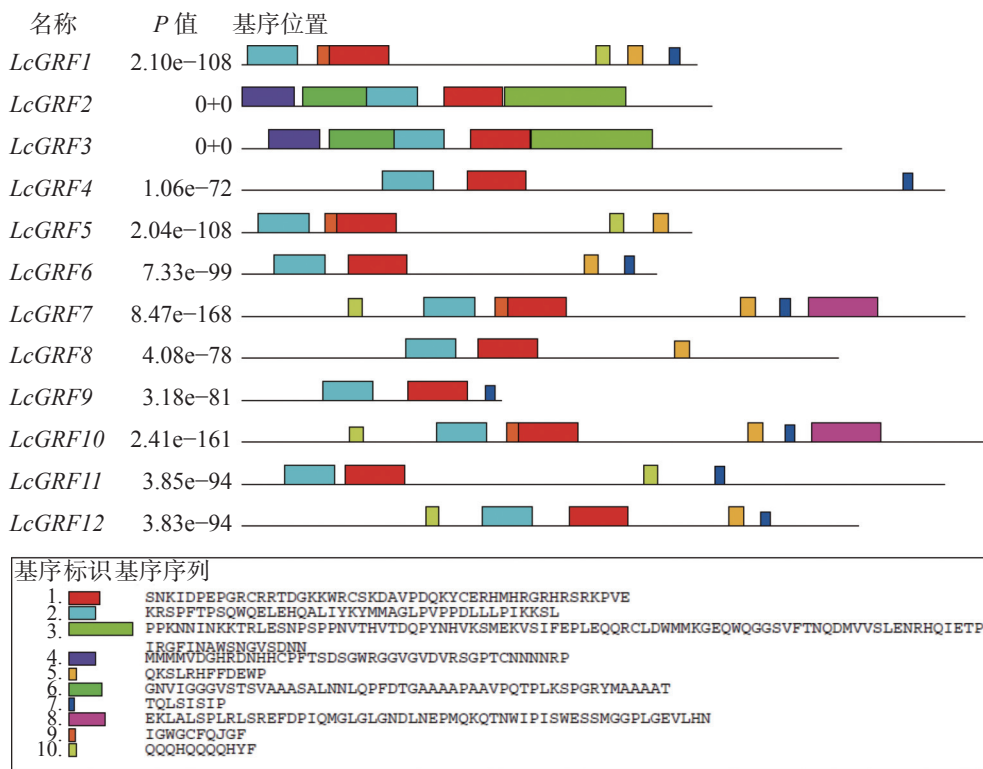


图 4 荔枝 GRF 基因家族蛋白保守基序

能,通过 PlantCare 进一步分析了 *LcGRF* 基因启动子区中的顺式元件。启动子顺式元件分析结果如图 5 所示,除去核心启动子区域的 TATA-box 和 CAAT-box 及未知功能的原件,共发现有 245 个顺式作用原件。其中光响应原件有 112 个,占 45.71%, 包含有 Box4、I-box、AE-box、G-box、TCT-motif、GA-motif、GATA-motif、GT1-motif、AT1-motif、ATCT-motif、TCCC-motif、MRE 等,所有 *LcGRF* 基因均含有光响应原件,*LcGRF11* 含有的光响应原件数量最多,有 16 个;其次为

*LcGRF4* 含有 12 个光响应原件; *LcGRF5*、*LcGRF8*、*LcGRF9* 和 *LcGRF10* 含有 10 个光响应原件,*LcGRF1* 含有的光响应原件最少,为 5 个。植物激素响应原件有 71 个,占 28.98%,植物激素相关的顺式元件包括脱落酸响应原件(ABRE)、茉莉酸响应原件(CGTCA-motif 和 TGACG-motif)、水杨酸响应原件(TCA-element 和 SARE)、赤霉素响应原件(GARE-motif、TATC-box 和 P-box)、生长素响应原件(TGA-box、TGA-element),*LcGRF11* 含有的植物激素响应原件数量最多,多达 12 个;

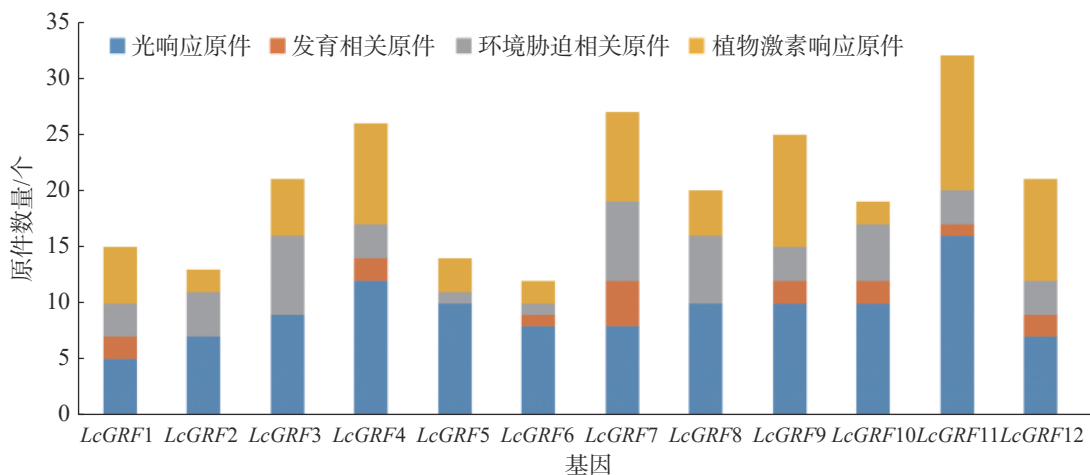


图 5 荔枝 GRF 基因家族顺式作用原件

*LcGRF2*、*LcGRF6* 和 *LcGRF10* 含有的植物激素响应原件数量最少, 仅含有 2 个。非生物胁迫响应原件有 46 个, 占 18.78%; 包括厌氧诱导原件 ARE、低温响应原件 LTR、干旱诱导原件 MBS、防御和应激响应原件 TC-rich repeats; *LcGRF3* 和 *LcGRF7* 含有非生物胁迫响应原件最多, 有 7 个; *LcGRF5* 和 *LcGRF6* 含有非生物胁迫响应原件最少, 只有 1 个。生长发育相关原件有 16 个, 占 6.53%; 植物生长发育相关原件包括 CAT-box、GCN4\_motif、HD-Zip 1、MBSI、MSA-like、O2-site、RY-element 等; *LcGRF7* 含有 4 个植物生长发育相关原件, *LcGRF1*、*LcGRF4*、*LcGRF9*、*LcGRF10*、*LcGRF12*、*LcGRF6* 和 *LcGRF11* 含有 1 个植物生长发育相关原件, *LcGRF2*、*LcGRF3*、*LcGRF5* 和 *LcGRF8* 不含有植物生长发育相关原件。说明荔枝 *LcGRF* 成员参与不同生物学功能, 如荔枝的光响应、激素响应、生长发育与胁迫响应等相关过程。

**2.6 荔枝 GRF 基因家族时空表达分析** 利用荔枝基因组网站的荔枝时空表达的转录组数据对

*LcGRF* 基因家族在不同组织器官中的时空表达进行分析, 分析 12 个不同组织(果柄、果肉、种子、果皮、子房、败育雄蕊、叶片、雄蕊、雌蕊、雌花、雄花、幼果)中 *LcGRF* 基因的表达情况, 利用 TBtools 软件绘制热图, 结果(图 6)显示, 不是所有的 *LcGRF* 基因家族成员在不同组织都有表达, 且不同组织中的表达量也存在明显的差异。如 *LcGRF2* 在雄蕊、果肉、子房、败育雄蕊中未检测到表达, *LcGRF3* 在雄蕊和败育雄蕊中未检测到表达, *LcGRF5* 在叶片、果柄、幼果、雄花、雄蕊和败育雄蕊中未检测到表达, *LcGRF8* 在果肉中未检测到表达, *LcGRF9* 在雄蕊和果肉中未检测到表达。*LcGRF* 基因家族成员在雌蕊、雌花和种子中均有表达且表达量相对其他组织较高, 但不同家族成员间的表达量存在差异。*LcGRF* 基因家族成员在败育雄蕊、雄蕊、雄花、果柄、幼果、果肉、果皮、叶片中的表达量相对较低。12 个 *LcGRF* 基因家族成员除了 *LcGRF5* 和 *LcGRF7* 外, 其余 10 个 *LcGRF* 基因家族成员在雌蕊中的表达量均最高,

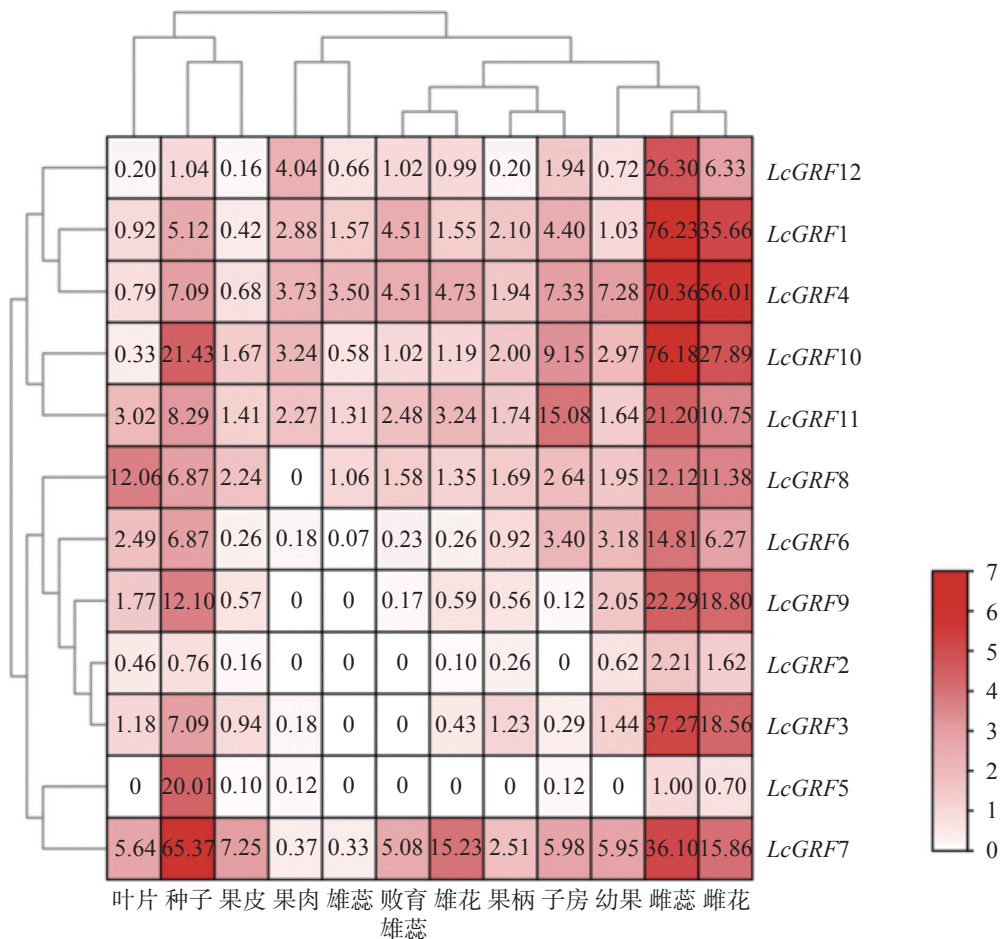


图 6 荔枝 GRF 基因家族时空表达分析

其中 *LcGRF1* 在雌蕊中的表达量最高; 以上 *LcGRF* 基因家族成员在雌花中的表达量也相对较高。 *LcGRF7* 在种子、果皮、败育雄蕊和雄花中的表达量均比其他家族成员表达量高。因此, 推测 *LcGRF* 不同成员可能在荔枝不同生长发育过程中发挥调控作用, 参与调节荔枝的生长发育。

### 3 讨论

随着植物基因组研究的深入, 利用比较基因组学研究策略, 通过广泛的基因家族分析, 奠定基因功能研究的基础, 现已成为基因功能研究的热点<sup>[14]</sup>。GRF 基因首先从水稻中鉴定出来<sup>[2]</sup>。近年来, 随着大规模的植物基因组测序, 大量 GRF 基因被分离、鉴定。目前, 在拟南芥<sup>[5]</sup>、水稻<sup>[4]</sup>、玉米<sup>[6]</sup>、番茄<sup>[7]</sup>、葡萄<sup>[8]</sup>、香蕉<sup>[9]</sup>、龙眼<sup>[9]</sup>、桃<sup>[11]</sup>、甜瓜<sup>[11]</sup> 分别发现了 9、12、14、13、8、20、9、10 和 7 个 GRF 家族成员。本研究利用生物信息学方法, 经全基因组鉴定, 一共获得 12 个 *LcGRF* 基因, 并对其理化性质、基因结构、系统进化、蛋白保守结构域、顺式作用元件、不同组织器官表达进行了系统分析。理化性质分析发现, 大部分 *LcGRF* 是碱性不稳定蛋白, 且均为亲水蛋白, 这与芝麻<sup>[15]</sup> 中 GRF 蛋白特征研究结果相似。系统进化分析发现, 荔枝、拟南芥和水稻的 GRF 蛋白可分为 5 个亚族, 这与其他植物如香蕉<sup>[15]</sup> 和芝麻<sup>[15]</sup> 的结果分类一致。同一亚族内的大多数 *LcGRF* 基因结构、蛋白保守基序分布模式相似, 这与其他物种中如香蕉<sup>[9]</sup> 的研究结果一致。顺式作用元件往往可以预测其在植物生长发育和环境胁迫适应过程的重要作用。分析发现, 所有 *LcGRF* 基因的启动子均包含光响应、植物激素响应以及非生物胁迫响应相关元件, 暗示了 *LcGRF* 基因的表达可能主要受到光照、激素的调节并且在荔枝逆境胁迫响应中同样扮演重要角色。

荔枝不同组织器官转录组数据分析显示, *LcGRF* 基因家族成员间在不同组织器官的表达量存在较大差异。 *LcGRF* 基因家族成员在雌蕊、雌花和种子中均有表达且表达量相对其他组织较高, 10 个 *LcGRF* 基因家族成员在雌蕊中的表达量均最高, 这种时空表达的差异性预示着 *LcGRF* 基因可能在调控特定组织器官的生长发育中具有重要的作用。

本研究通过全基因组鉴定在荔枝基因组中鉴定获得 12 个 *LcGRF* 基因家族成员, 进一步的系统进化分析表明 *LcGRF* 可划分为 5 个亚家族。 *LcGRFs* 启动子上存在大量的光、植物激素、非生物胁迫响应以及生长发育相关的顺式作用元件。 *LcGRF* 基因家族成员时空表达表现出多样化的表达特征, 表明不同成员可能在荔枝不同生长发育过程中发挥调控作用, 参与调节荔枝的生长发育, 但相关分子调控机理仍需要进一步研究。

### 参考文献:

- [1] 马超, 原佳乐, 张苏, 等. GRF 转录因子对植物生长发育及胁迫响应调控的分子机制[J]. *核农学报*, 2017, 31(11): 2145 – 2153.
- [2] OMIDBAKHSHFARD M A, PROOST S, FUJIKURA U, et al. Growth-regulating factors (GRFs): a small transcription factor family with important functions in plant biology[J]. *Molecular Plant*, 2015, 8(7): 998 – 1010.
- [3] KNAAP E V D, KENDE K H. A novel gibberellin-induced gene from rice and its potential regulatory role in stem growth[J]. *Plant Physiology*, 2000, 122(3): 695 – 704.
- [4] CHOI D, KIM J H, KENDE H. Whole genome analysis of the OsGRF gene family encoding plant-specific putative transcription activators in rice (*Oryza sativa* L.). [J]. *Plant and Cell Physiology*, 2004, 45(7): 897 – 904.
- [5] VAN DER KNAAP E, KIM J H. The AtGRF family of putative transcription factors is involved in leaf and cotyledon growth in *Arabidopsis* [J]. *The Plant Journal*, 2003, 36(1): 94 – 104.
- [6] ZHANG D F, LI B, JIA G Q, et al. Isolation and characterization of genes encoding GRF transcription factors and GIF transcriptional coactivators in Maize (*Zea mays* L.) [J]. *Plant Science*, 2008, 175(6): 809 – 817.
- [7] 袁岐, 张春利, 赵婷婷, 等. 番茄 GRF 转录因子家族的生物信息学分析[J]. *分子植物育种*, 2017, 15(8): 2949 – 2956.
- [8] 王晓芳, 昌秦湘, 王淑芳, 等. 葡萄 GRF 基因家族的生物信息学分析[J]. *分子植物育种*, 2021, 19(18): 5975 – 5983.
- [9] 田娜, 刘范, 伍俊为, 等. 香蕉 GRF 基因家族的全基因组鉴定及表达分析[J]. *果树学报*, 2020, 37(12): 1821 – 1835.
- [10] 刘浦东, 张舒婷, 陈晓慧, 等. 龙眼 GRF 家族全基因组鉴定及表达模式[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, 26(2): 236 – 245.
- [11] 曹珂, 薛灵姿, 王蛟, 等. 桃 GRF 基因家族的序列及其组织特异性表达分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(3): 578 – 586.
- [12] 金兰, 哈斯阿古拉, 高峰. 甜瓜 GRF 转录因子的全基

- 基因组鉴定和分析[J]. *基因组学与应用生物学*, 2020, 39(8): 3554 – 3560.
- [13] 广东省农业科学院. 广东荔枝志[M]. 广州:广东科学技术出版社, 1978.
- [14] 董晨, 胡会刚, 决登伟, 等. 玉米 $\Delta$ 1-吡咯啉-5-羧酸合成酶基因家族生物信息学分析[J]. *玉米科学*, 2016, 24(2): 40 – 46.
- [15] 刘坤, 齐静, 刘梦兰, 等. 芝麻 GRF 基因家族全基因组鉴定分析[J]. *分子植物育种*, 2020, 18(22): 7323 – 7333.

## Genome-wide identification and expression analysis of GRF gene family in litchi

DONG Chen, ZHENG Xuwen, WANG Yi, QUAN Zhenxuan, LI Weicai

(Institute of South Subtropical Crops, Chinese Academy of Tropical Agricultural Science/Key Laboratory of Tropical Fruit Biology, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Zhanjiang, Guangdong 524091, China)

**Abstract:** In order to reveal the functions of litchi GRF gene, the whole genome of litchi growth-regulating factor (LcGRF) gene family was identified and analyzed, and its expression patterns in different tissues of litchi were studied. Based on the litchi genome database, bioinformatics software was used to conduct genome-wide identification of members of the LcGRFs family, an analysis was made of basic physical and chemical properties, chromosome localization, gene structure, evolutionary relationships, protein conserved motifs, *cis*-acting elements, and spatiotemporal expression for systematic analysis. A total of 12 GRF genes were obtained from litchi, which were unevenly distributed on 10 chromosomes, with 2-5 introns. The analysis of the conserved motifs of the GRF protein found that all the GRF proteins in litchi contained conservative motifs of motif 1 (WRC) and motif 2 (QLQ). According to evolutionary analysis, LcGRF was divided into five subfamilies. There were a large number of *cis*-acting elements related to light, plant hormones, abiotic stress responses and growth and development on the promoter of LcGRFs. The results of different transcriptome expression patterns show that *LcGRFs* exhibits diverse expression characteristics in various tissues, indicating that different members may play regulatory roles in different growth and development processes of litchi, participating in regulating the growth and development of litchi. The analysis shows that there are 12 members of the litchi GRF family, which are divided into 5 subfamilies.

**Keywords:** litchi; growth-regulating factor; bioinformatics; expression pattern

(责任编辑:潘学峰)