

文章编号: 1674-7054(2021)01-0007-08

转录组荔枝 Dof 基因家族的鉴定及其表达

董晨, 魏永赞, 王弋, 郑雪文, 李伟才

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

摘要: 单指 DNA 结合蛋白(DNA binding with one finger, Dof)是植物中特有的一类转录因子, 在植物生长发育与非生物胁迫响应中发挥非常重要的作用。利用妃子笑荔枝果实发育 RNA-seq 数据库, 采用生物信息学分析方法, 对荔枝 Dof(LcDof)基因家族的基本理化特性, 亚细胞定位, 蛋白质保守结构域, 进化关系等进行分析, 同时对 LcDof 基因家族在果实发育中的表达情况进行分析。结果表明: 荔枝中包含有 19 个 LcDof 基因家族成员, LcDof 编码蛋白范围在 157 ~ 497 个氨基酸残基(Amino acid, aa), 对应的分子量为 17.70 ~ 54.35 kDa, 等电点(pI)范围为 4.49 ~ 9.42; 预测 LcDof 家族成员亚细胞定位均定位于细胞核。系统进化关系分析表明, LcDof 基因家族分为 4 组(Group I ~ Group IV), LcDof 在不同发育阶段的表达模式不同, 其中 *LcDof7*、*LcDof9*、*LcDof12*、*LcDof15* 在果肉不同发育时期表达量较高, 而 *LcDof3*、*LcDof10*、*LcDof16*、*LcDof17*、*LcDof19* 表达量较低。

关键词: 荔枝; Dof 转录因子; 基因家族; 生物信息分析; 表达分析

中图分类号: Q 786; S 667.1 **文献标志码:** A

引用格式: 董晨, 魏永赞, 王弋, 等. 转录组荔枝 Dof 基因家族的鉴定及其表达 [J]. 热带生物学报, 2021, 12(1): 7-14. DOI: 10.15886/j.cnki.rdswwb.2021.01.002

单指 DNA 结合蛋白(DNA binding with one finger, Dof)是一类植物特异性转录因子, 由多基因家族编码。Dof 蛋白大约由 200 ~ 400 个氨基酸残基(Amino acid, aa)组成, Dof 蛋白含有 2 个主要的保守结构域: 即 N 末端具有高度保守 DNA 结合域和位于 C 末端的转录调控域^[1]。Dof 蛋白 N-末端的 DNA 结合域由 52 个保守的氨基酸残基组成的 CX2CX21CX2C 单指结构, 基序中的 4 个 Cys 残基和 1 个 Zn²⁺共价结合, Dof 蛋白的 DNA 结合域与不同植物的启动子 DNA 结合具有特异性, 识别 AAAG 或互补序列 CTTT 基序作为核心序列元件^[2], 但是南瓜 Dof 蛋白 AOBP 为例外, AOBP 蛋白特异识别 AGTA 序列^[3]。位于 C-末端的转录调控结构域的氨基酸序列不具有保守性, 导致 Dof 蛋白在植物生长发育过程中的功能的多样性。自从第一个 *Dof*(*ZmDof1*) 基因在玉米中克隆以来^[4], 迄今为止从单细胞藻类到高等植物, 越来越多的 Dof 基因被克隆鉴定或从基因组数据库中被预测出来。基于植物 Gene bank 数据库已被鉴定的 Dof 基因家族数目为拟南芥 36 个^[5]、水稻 30 个^[5]、玉米 46 个^[6]、小麦 31 个^[7]、大豆 28 个^[8]、高粱 28 个^[9]、马铃薯 35 个^[10-11]、番茄 34 个^[12]、菊花 20 个^[13]、大白菜 76 个^[14]、香蕉 74 个^[15]、榴莲 24 个^[16]、木薯 45 个^[17]、辣椒 33 个^[18]、葡萄 25 个^[19] 等, 但目前关于荔枝 Dof 基因家族的系统分析尚未见报道。本研究利用课题组妃子笑荔枝果肉不同发育时期的转录组测序数据, 采用生物信息学方法在转录组水平上对 Dof 基因家族进行系统鉴定, 通过对 Dof 基因家族基本理化性质、保守结构域、系统进化和基因表达等进行分析, 为进一步了解荔枝 Dof 基因家族(LcDof)的功能提供理论参考。

收稿日期: 2020-07-16

修回日期: 2021-01-28

基金项目: 国家重点研发计划(2019YFD1000900); 广东省自然科学基金(2018A030307012); 国家荔枝龙眼产业技术体系(CARS-33-21)

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

通信作者: 李伟才(1975-), 男, 本科, 研究员. 研究方向: 荔枝龙眼栽培生理. E-mail: lwc-619@163.com

1 材料与方法

1.1 材料 妃子笑荔枝果肉材料取自中国热带农业科学院亚热带作物研究所荔枝种植园。分别取妃子笑果肉发育的3个时期(花后35, 56, 70 d)的样品, 3个生物学重复, 迅速置于液氮中, 用于后续实验。

1.2 LcDof 鉴定与分析 转录组测序委托广州基迪奥生物公司, 利用 Illumina HiSeq™4000 平台进行测序, 对原始测序数据进行过滤、去接头和低质量值数据后, 用 reads 组装软件 Trinity 软件进行序列组装并获得 Unigene 序列, 共拼接组装获得 61 648 个 Unigenes。从植物转录因子数据库下载 Dof 转录因子序列作为探针, 对本地妃子笑荔枝果肉转录组数据进行搜索, 筛选出 LcDof 并利用 SMART 和 Pfam 验证, 删除不完整的基因。

1.3 LcDof 生物信息学分析 分别采用 ProtParam、Plant-mPlc Sever、MEME 和 SMART 在线软件对 Dof 基因家族的相应基本理化性质、亚细胞定位、保守基序、基序功能注释进行生物信息学分析。MEME 参数设置: 基序最大值设为 15, 基序长度范围为 6~100 个氨基酸, 其他参数为默认值。将荔枝、拟南芥和水稻中的 Dof 氨基酸序列通过 Clustal X 1.83 进行多重序列比对, 进一步通过 MEGA6.0 邻接法 (neighbor joining, NJ) 将比对结果构建系统发育树。进化树参数设置: P-距离 (P-distance) 模型, 成对删除 (pairwise deletion) 空位选项, Bootstrap method 取值 1 000。

1.4 LcDof 基因家族在不同处理花穗发育过程中的表达特征分析 Dof 基因家族的表达数据基于课题组前期构建的“妃子笑”果肉发育 RNA-seq 数据库中的表达数据的 rpkm 值, 利用 Heml 热图软件将 Dof 基因家族的表达数据均一化处理后制作热图。

2 结果与分析

2.1 LcDof 的鉴定 以拟南芥和水稻的 Dof 基因家族序列为探针, 采用本地 blast 方法对荔枝果实发育 RNA-seq 数据库进行比对检索, 同时利用 Dof 为关键词在 RNA-seq 数据库直接搜索; 将得到的数据结果进一步进行整合分析, 去除冗余序列, 得到 20 个 Dof 蛋白序列。随后采用 SMART 和 Pfam 在线软件对 Dof 蛋白序列进行保守结构域分析, 最终获得 19 个 Dof 蛋白序列(表 1)。Dof 基因家族成员编号按照 Dof 序列在 RNA-seq 数据库中的 Unigene ID 号出现顺序编号(表 1)。LcDof 蛋白序列长度范围为 157~497 aa, 平均长度为 330.68 aa, LcDof18 蛋白序列最短, LcDof15 蛋白序列最长; LcDof 蛋白序列的分子量 (MW) 为 17.70~54.35 kDa, 平均分子量为 35.95 kDa。LcDof 等电点 (pI) 在 4.49~9.42, 19 个 Dof 蛋白中有 6 个等电点小于 7 显酸性; 13 个等电点大于 7 显碱性; LcDof 蛋白平均等电点大于 7, 表明 LcDof 为弱碱性, 在碱性的亚细胞环境中发挥作用。分析 LcDof 家族不稳定指数发现, LcDof4/9/11/14 蛋白不稳定指数 < 40, 为稳定蛋白, 其余均为不稳定蛋白。分析 LcDof 家族脂肪族氨基酸指数发现, Dof 家族的脂肪族氨基酸指数分布在 46.2~66.32 范围, 脂肪族氨基酸指数与蛋白的热稳定性相关, 表明 Dof 家族蛋白质间的热稳定性存在差异。LcDof 家族蛋白质疏水性指数 (Grand average of hydropathicity, GRAVY) 均 < 0, 表明 LcDof 家族蛋白均为亲水性蛋白。亚细胞定位预测结果表明, LcDof 蛋白均定位于细胞核, 这与转录因子定位于细胞核结果相符。

2.2 LcDof 蛋白的保守基序 为了进一步了解 LcDof 蛋白结构特征, 利用 MEME 在线软件分析 19 个 LcDof 蛋白的保守基序, 不同保守结构域在 LcDof 的位置如图 1 所示。LcDof 基因家族中含有 15 个保守基序, 并将得到的 15 个保守基序进一步进行功能注释(表 2)的结果表明: 15 个基序中基序 1 出现在所有的蛋白质中, 为 N-末端高度保守的锌指结构域 (zinc-finger Dof domain, zf-Dof), 基序 8、15 为低密度复杂区, 其余的 12 个基序没有对应的注释, 功能未知。虽然荔枝 Dof 基因家族成员均含有基序 1, 但是 LcDof 基因家族成员之间包含的保守基序数目及种类存在一定的差异, 其中 LcDof2、LcDof15 和 LcDof16 含有的基序数目最多, 均含有 11 个保守基序; LcDof13 含有 8 个基序; LcDof3、LcDof6 和 LcDof11 均含 2 个基序 (motif 1 和 motif2); LcDof8、LcDof9 和 LcDof17 均含 2 个基序 (motif 1 和

表 1 荔枝 Dof 基因家族信息

Tab. 1 Litchi Dof gene family information

基因 Gene	Unigene ID	Dof domain 结构域	蛋白序列长度 Amino acids length/aa	分子量 Molecular weight/kDa	等电点 PI	不稳定指数 Instability index	脂肪族氨基酸指数 Aliphatic index	疏水指数 GRAVY	亚细胞定位 Subcellular localization
<i>LcDof1</i>	Unigene0010345	50 ~ 108	349	38.24	8.73	61.67	58.4	-0.63	细胞核 Nucleus
<i>LcDof2</i>	Unigene0013981	118 ~ 176	469	51.02	6.33	60.6	57.63	-0.787	Nucleus.
<i>LcDof3</i>	Unigene0014508	21 ~ 79	284	32.22	4.49	49.83	60	-0.624	Nucleus.
<i>LcDof4</i>	Unigene0015472	37 ~ 95	214	21.82	4.61	26.91	55.14	-0.341	Nucleus.
<i>LcDof5</i>	Unigene0019917	43 ~ 101	289	31.91	8.69	51.85	59.72	-0.75	Nucleus.
<i>LcDof6</i>	Unigene0020262	29 ~ 87	336	36.73	7.18	49.53	50.21	-0.882	Nucleus.
<i>LcDof7</i>	Unigene0022097	27 ~ 85	302	33.30	8.3	42.76	55.23	-0.719	Nucleus.
<i>LcDof8</i>	Unigene0023140	47 ~ 105	316	34.87	8.79	41.45	54.91	-0.734	Nucleus.
<i>LcDof9</i>	Unigene0025055	26 ~ 84	264	27.17	8.44	36.47	53.52	-0.376	Nucleus.
<i>LcDof10</i>	Unigene0025382	69 ~ 127	325	35.09	9.32	64.41	64.25	-0.617	Nucleus.
<i>LcDof11</i>	Unigene0027651	47 ~ 105	310	34.22	6.35	39.5	53.16	-0.669	Nucleus.
<i>LcDof12</i>	Unigene0027696	21 ~ 79	274	30.13	9.26	47.09	52.26	-0.756	Nucleus.
<i>LcDof13</i>	Unigene0032463	98 ~ 156	495	53.63	5.66	43.82	65.37	-0.526	Nucleus.
<i>LcDof14</i>	Unigene0033612	18 ~ 76	237	24.82	8.45	35.97	49.83	-0.64	Nucleus.
<i>LcDof15</i>	Unigene0033960	135 ~ 193	497	54.35	6.06	55.32	46.2	-0.923	Nucleus.
<i>LcDof16</i>	Unigene0034259	146 ~ 204	495	54.33	8.27	49.68	53.8	-0.824	Nucleus.
<i>LcDof17</i>	Unigene0050967	69 ~ 127	340	36.11	8.93	53.65	66.32	-0.513	Nucleus.
<i>LcDof18</i>	Unigene0059627	40 ~ 98	157	17.70	9.42	47.12	50.25	-0.896	Nucleus.
<i>LcDof19</i>	Unigene0060175	85 ~ 143	330	35.37	9.34	53.43	57.58	-0.632	Nucleus.

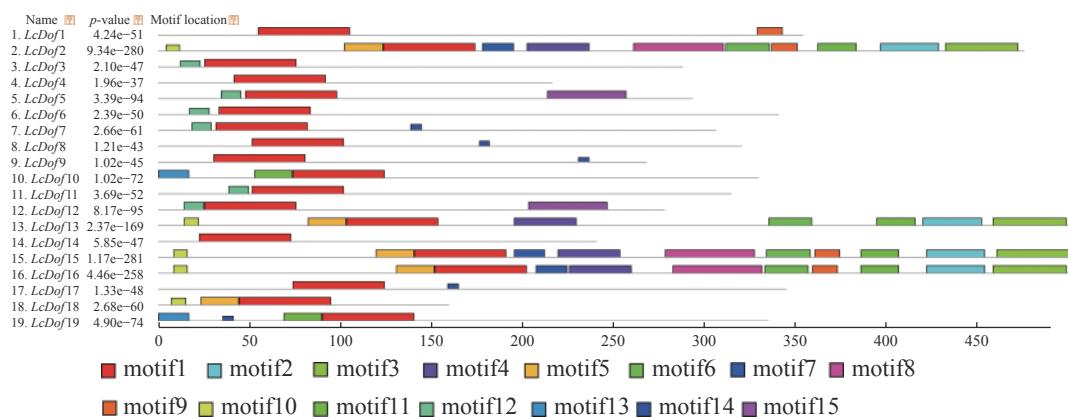


图 1 LcDof 基因家族成员保守基序分析
不同颜色方块代表不同的保守基序

Fig. 1 Distribution of conserved motifs in the LcDof gene family members
Different color squares represent different conservative motifs

motif14)。LcDof4 仅含有 1 个基序。在进化树中关系较近的 LcDof 成员间有类似的保守基序, 如 GroupIV 中的 LcDof2、LcDof15 和 LcDof16。LcDof 中保守结构域组成相似的成员可能具有相近的基因功能。

表2 LcDof 蛋白保守基序及功能注释

Tab. 2 LcDof protein conserved motifs and functional annotations

基序 Motif	基序长度/bp Motif length	基序序列 Motif sequence	功能注释 Function annotation
1	50	CPRCBSTNTKFCYNNYNLSQPRHFCKTCRRYWTKGGTLRNVVPGGGCRK	zf-Dof
2	32	ERCVLVPKTLRIDDPDEAAKSSIWATLGIKND	未知
3	40	GGGLFKGFQPKSDEKNRIAETSPVLQANPAALSRLNFHE	未知
4	34	HHPSLKSNGTVLSFGSDAPLCDMSASVLNLADKK	未知
5	21	EQSESESSEKTLKPKDKIJP	未知
6	24	YPWNPPVPPPAFCPPGPFMPFYPA	未知
7	17	AAHYRHITISEALQTAR	未知
8	49	ENGDDHNSGSSVTVSNSKEEGKMTAMQEPLMQNYQGFPQPICFPGPPW	low complexity 低密度复杂区
9	14	YWGCTIPGSWNMPA	未知
10	8	IKLFGKTI	未知
11	21	PGSGPNSPTLGKHSRDENALK	未知
12	11	ERKLRPQKEQA	未知
13	17	MVFPSVPLYLDPPNWQQ	未知
14	6	FDHHHH	未知
15	43	FPLQDFKPTLNFSJDGLGNGFGSLNGVQENGTGRLFFPEELK	low complexity 低密度复杂区

2.3 Dof 蛋白的多重序列比对及其进化关系 通过对荔枝 Dof 基因家族 19 个家族成员进行多重序列比对, 抽取保守结构域进行观察分析(图 2), 发现 19 个 LcDof 蛋白结构域高度保守, 均包含 CX₂CX₂₁CX₂C 保守基序, 构成了 C2-C2 型单锌指结构(Zinc-finger)。为进一步了解 Dof 基因家族在荔枝中的进化关系和生物学功能, 分别以荔枝 19 个 Dof(LcDof)、拟南芥中 36 个 Dof(AtDof)和 水稻中的 30 个 Dof(OsDof)蛋白序列构建系统进化树(图 3)。聚类结果表明: 19 个荔枝 Dof 家族成员分别聚为 4 个亚家族(Group I-Group IV)个, 其中 GroupIV 中含有 LcDof 基因家族成员数最多, 有 7 个 LcDof, 分别

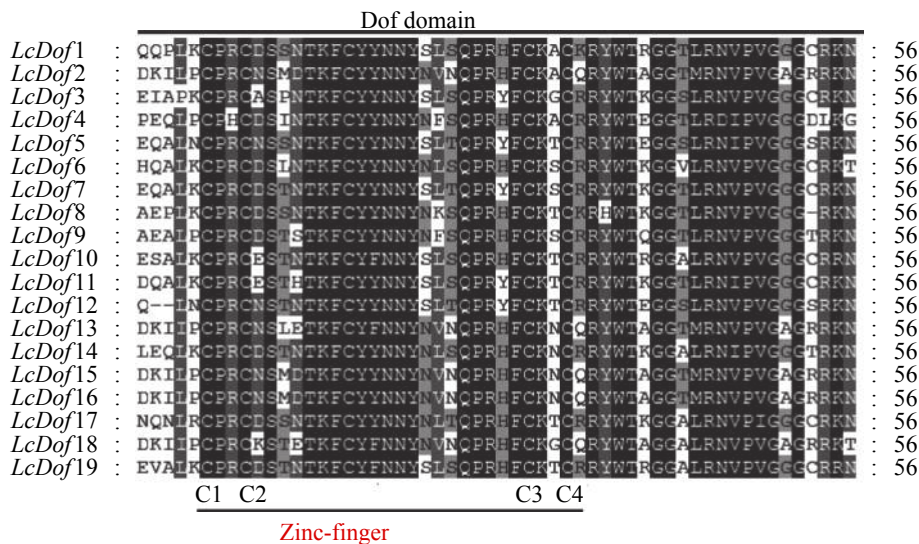


图2 LcDof 基因家族成员保守结构域

Fig. 2 Conserved domain of LcDof gene family members

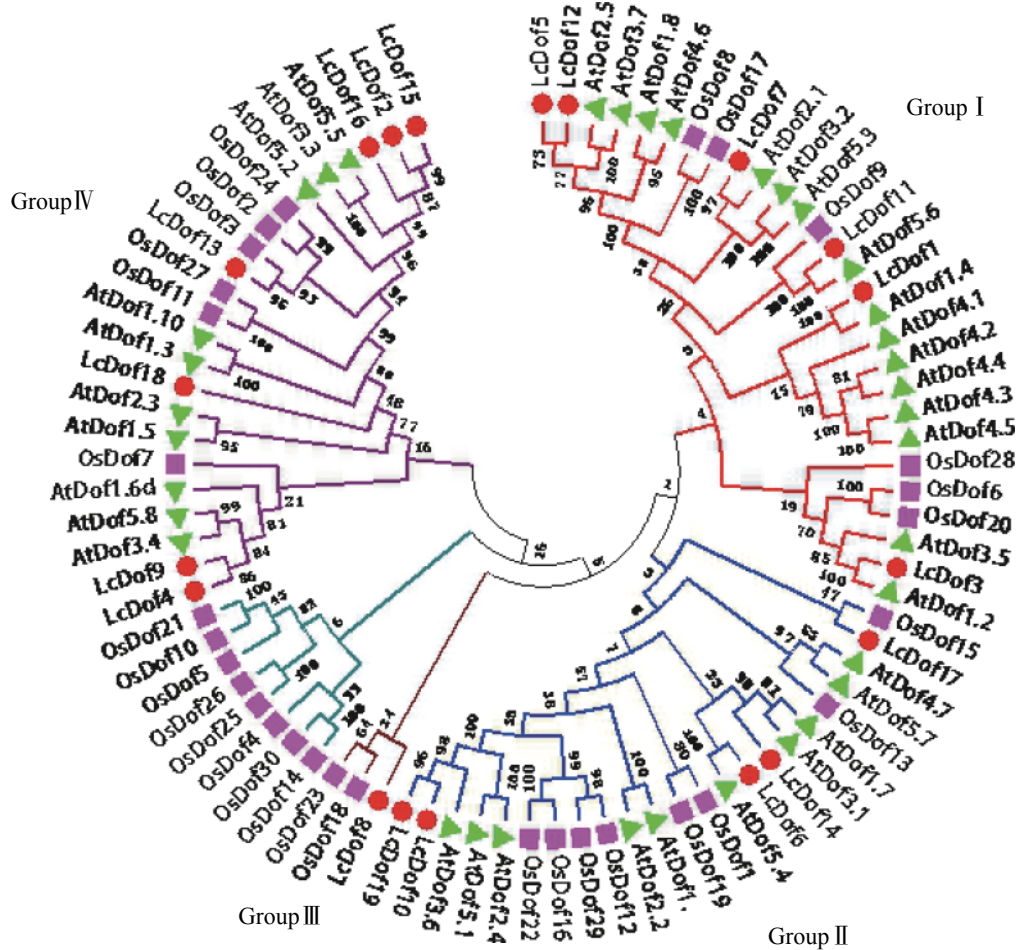


图 3 荔枝 Dof、拟南芥 Dof 和水稻 Dof 的邻接法系统发生树

不同的形状表示不同的物种, 圆形代表来自荔枝的 Dof 蛋白(LcDof); 正方形代表来自水稻的 Dof 蛋白(OsDof); 三角形代表来自拟南芥的 Dof 蛋白(AtDof), 不同颜色分支代表不同的亚家族。

Fig. 3 Neighbor-joining phylogenetic tree of Dof in litchi, *Arabidopsis* and rice

Different shapes represent different species. The circle represents the Dof protein from litchi; the square represents the Dof protein from rice; the triangle represents the Dof protein from *Arabidopsis thaliana*; different color branches represent different subfamilies.

为 LcDof2、LcDof4、LcDof9、LcDof13、LcDof15、LcDof16、LcDof18, 占基因家族总数的 36.84%。其次为 Group I, 含有 LcDof 基因家族成员数最多, 有 6 个 LcDof, 分别为 LcDof1、LcDof3、LcDof7、LcDof11、LcDof12 和 LcDof15, 占基因家族总数的 31.58%。第三为 Group II, 含有 5 个 LcDof 基因家族成员, 占基因家族总数的 26.32%, 分别为 LcDof6、LcDof10、LcDof14、LcDof17、LcDof19。Group III 含有 LcDof 基因家族成员最少, 仅有 1 个 LcDof8, 占基因家族总数的 5.26%。荔枝 Dof 家族成员与拟南芥 Dof 家族成员在进化上亲缘关系较近, 而与水稻 Dof 家族成员关系较远, 其中 AtDof2.1 和 LcDof7, AtDof1.4 和 LcDof1, AtDof5.4 和 LcDof6, AtDof1.2 和 LcDof3 为直系同源基因, 推测以上荔枝中 Dof 与拟南芥的 Dof 在生物学功能上相似。LcDof5 和 LcDof12, LcDof10 和 LcDof19, LcDof4 和 LcDof9, LcDof2 和 LcDof15 为旁系同源基因, 推测荔枝 Dof 转录因子经历了基因复制事件, 有可能存在功能的冗余。

2.4 荔枝 Dof 家族基因的表达 为研究荔枝 Dof 基因家族在荔枝果实不同发育时期的表达情况, 利用妃子笑荔枝(果肉不同发育时期)的 RNA-Seq 转录组数据库, 找到候选的 19 个 Dof 基因对应转录本的 RPKM 值, 然后用 Heml 热图软件对 LcDofs 的 RPKM 值取对数值转换制作聚类热图(图 4)。图 4 显示, 在果肉发育的不同时期均检测到 19 个 LcDof 基因的表达, 但表达丰度不同; 其中 LcDof7、LcDof9、LcDof12、LcDof15 在果肉不同发育时期表达量均较强, 而 LcDof3、LcDof10、LcDof16、LcDof17、LcDof19

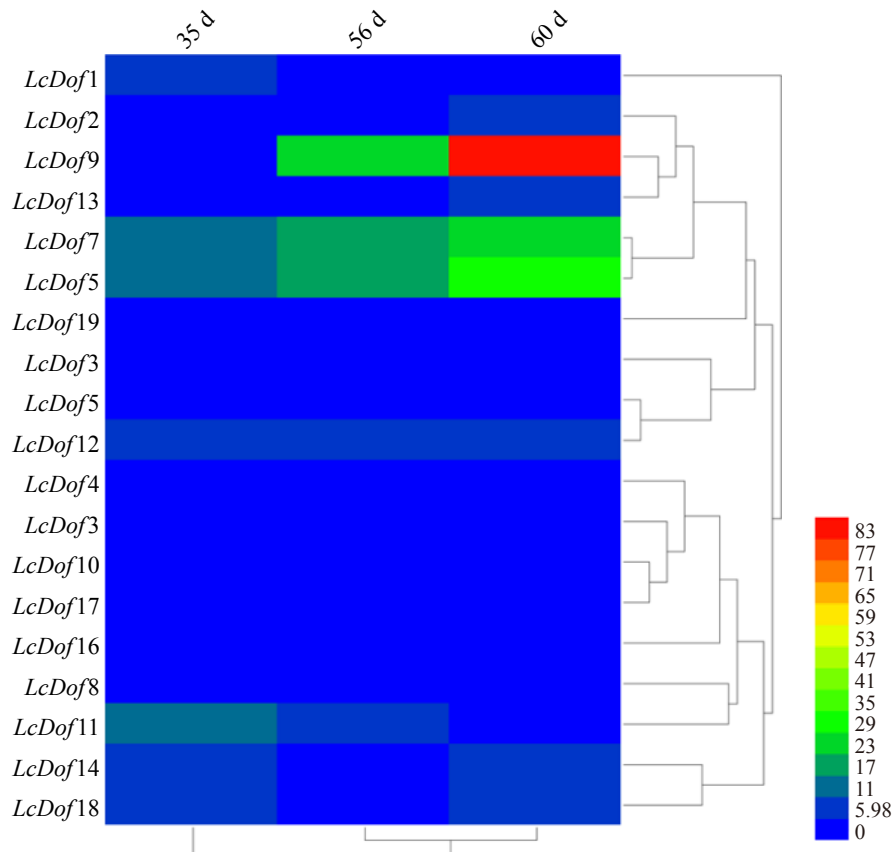


图4 荔枝果肉不同发育阶段 Dof 家族基因的表达热图

Fig. 4 Heat map for expression of *LcDof* genes in the pulp of litchi fruit at different fruit development stages

表达量较低。Group I 中 *LcDof3*、*LcDof5*、*LcDof12* 表达规律相似, Group II 中 *LcDof6*、*LcDof10*、*LcDof17* 表达规律相似, Group IV 中 *LcDof2*、*LcDof9*、*LcDof13* 和 *LcDof15* 表达规律相似, 推测以上基因存在相近的基因功能。

3 讨论

植物转录因子以多基因家族的形式存在, 在植物生长发育及其基因表达调控过程中发挥重要的作用。随着高通量测序技术的发展, 目前越来越多的物种基因组公布, 在组学水平上对基因家族进行鉴定和生物信息学分析, 已成为基因组学的研究热点。Dof 转录因子作为植物中特有的一类转录因子, 在植物生长发育和调控基因表达过程中发挥着重要的作用。目前关于植物 Dof 基因家族在包括模式植物拟南芥和水稻在内的多个物种中进行了鉴定和分析^[5-19]。本研究参考拟南芥和水稻 Dof 家族基因的信息, 基于荔枝果实发育转录组数据库, 利用生物信息学方法, 共鉴定了 19 个 Dof 基因家族成员。通过对 *LcDof* 基因家族中各蛋白的基本理化性质、保守基序、保守结构域、系统进化、基因表达进行了生物学分析。分析表明, *LcDof* 转录因子编码的蛋白质为亲水性蛋白, 定位于细胞核, 这与马铃薯^[11]、甜瓜^[20] 中的报道一致。通过系统进化分析, 对荔枝 Dof 基因家族进行了详细的分类和命名。多重序列比对后利用 Dof 序列全长构建系统发育树, 将 *LcDof* 分为 4 个不同的亚家族, 该结果与在拟南芥、水稻、马铃薯、香蕉等物种上面的研究结果一致^[5,11,15], 拟南芥中 Dof 基因家族的 37 个成员、水稻的 30 个成员、马铃薯 35 个成员、香蕉中 74 个成员分为 4 个亚家族。进化树中聚类在 1 个亚家族的 Dof 含有的基序数目大致相似, 比如亚家族 4 中的 *LcDof2*、*LcDof15* 和 *LcDof16*, 含有相同的基序, 推测以上 3 个 Dof 具有相近的生物学功能。进化树中聚类在 1 个亚家族的 Dof 在荔枝果实发育中基因表达规律大致相似, 例如亚家族 1 中 *LcDof3*、*LcDof5* 和 *LcDof12*, 推测以上 3 个 Dof 具有相近的基因功能。通过对荔枝 Dof 基因家族蛋

白保守结构域分析可以看出,荔枝 Dof 蛋白的 N-末端的 DNA 结合域具有高度的保守性,包含典型的保守结构域 C2-C2 的 C2-C2 型单锌指结构(Zinc-finger),且 C-末端转录调控结构域复杂多变,这与前人的研究结果一致^[5]。本研究同时对荔枝果实发育转录组中 Dof 蛋白的基因表达特征进行了全面的分析,其中进化关系近的 *LcDof* 成员表达规律相似,这与香蕉中的 *MaDof* 的研究结果类似^[15]。

参考文献:

- [1] DIAZ I, VICENTE - CARBAJOSA J, ABRAHAM Z, et al. The GAMYB protein from barley interacts with the Dof transcription factor BPBF and activates endosperm-specific genes during seed development [J]. *The Plant Journal*, 2002, 29(4): 453 - 464.
- [2] YANAGISAWA S. The Dof family of plant transcription factors [J]. *Trends in Plant Science*, 2002, 7(12): 555 - 560.
- [3] KISU Y, ONO T, SHIMOFURUTANI N, et al. Characterization and expression of a new class of zinc finger protein that binds to silencer region of ascorbate oxidase gene [J]. *Plant and Cell Physiology*, 1998, 39(10): 1054 - 1064.
- [4] YANAGISAWA S, IZUI K. Molecular cloning of two DNA-binding proteins of maize that are structurally different but interact with the same sequence motif. [J]. *Journal of Biological Chemistry*, 1993, 268(11): 16028 - 16030.
- [5] LIJAVETZKY D, CARBONERO P, VICENTE-CARBAJOSA J. Genome-wide comparative phylogenetic analysis of the rice and *Arabidopsis* Dof gene families [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2003, 3(1): 17.
- [6] 葛敏, 吕远大, 李坦, 等. 玉米 Dof 转录因子家族的全基因组鉴定与分析[J]. *中国农业科学*, 2014, 47(23): 4563 - 4572.
- [7] SHAW L M, MCINTYRE C L, GRESSHOFF P M, et al. Members of the Dof transcription factor family in *Triticum aestivum* are associated with light-mediated gene regulation [J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2009, 9(4): 485.
- [8] GUO Y, QIU L J. Genome-wide analysis of the Dof transcription factor gene family reveals soybean-specific duplicable and functional characteristics [J]. *PLoS One*, 2013, 8(9): e76809.
- [9] KUSHWAHA H, GUPTA S, SINGH V K, et al. Genome wide identification of Dof transcription factor gene family in sorghum and its comparative phylogenetic analysis with rice and *Arabidopsis* [J]. *Molecular Biology Reports*, 2011, 38(8): 5037 - 5053.
- [10] VENKATESH J, PARK S W. Genome-wide analysis and expression profiling of DNA-binding with one zinc finger (Dof) transcription factor family in potato [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2015, 94(9): 73 - 85.
- [11] 吴智明, 张圣旭, 梁关生. 马铃薯基因组中 Dof 转录因子家族的鉴定与表达特征分析[J]. *核农学报*, 2015, 29(7): 1260 - 1270.
- [12] CAI X, ZHANG Y, ZHANG C, et al. Genome-wide analysis of plant-specific Dof transcription factor family in tomato [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2013, 55(6): 552 - 566.
- [13] SONG A, GAO T, LI P, et al. Transcriptome-wide identification and expression profiling of the Dof transcription factor gene family in *Chrysanthemum morifolium* [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 23(2): 199.
- [14] MA J, LI M Y, WANG F, et al. Genome-wide analysis of Dof family transcription factors and their responses to abiotic stresses in Chinese cabbage [J]. *BMC Genomics*, 2015, 16(1): 33.
- [15] DONG C, HU H, XIE J. Genome-wide analysis of the DNA-binding with one zinc finger (Dof) transcription factor family in bananas [J]. *Genome*, 2016, 59(12): 1085 - 1100.
- [16] KHAKSAR G, SANGCHAY W, PINSORN P, et al. Genome-wide analysis of the Dof gene family in durian reveals fruit ripening-associated and cultivar-dependent Dof transcription factors [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 1 - 13.
- [17] ZOU Z, ZHU J, ZHANG X. Genome-wide identification and characterization of the *Dof* gene family in cassava (*Manihot esculenta*) [J]. *Gene*, 2019, 687(3): 298 - 307.
- [18] WU Z, CHENG J, CUI J, et al. Genome-wide identification and expression profile of Dof transcription factor gene family in pepper (*Capsicum annuum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 29(4): 574.
- [19] 李成慧, 蔡斌, 娄晓鸣, 等. 葡萄 Dof 转录因子家族全基因组分析[J]. *扬州大学学报: 农业与生命科学版*, 2013, 34(4): 99 - 103.
- [20] 张焕欣, 李国权, 杨惠栋, 等. 甜瓜 Dof 家族全基因组鉴定与表达分析[J]. *园艺学报*, 2019, 46(11): 2176 - 2187.

Transcriptome-wide Identification and Analysis of the *Dof* Gene Family in *Litchi chinensis* Sonn.

DONG Chen, WEI Yongzan, WANG Yi, ZHENG Xuewen, LI Weicai

(Research 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: Dof (DNA binding with one finger) transcription factor is a unique transcription factor in plants, which plays an important role in plant growth and development. Based on the litchi fruit development transcriptome database the basic physicochemical properties, subcellular localization, protein conserved domain, and evolutionary relationships of the Dof gene family in the fruits of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) was analyzed by using bioinformatics methods, and the expression profile of the Dof gene family in the litchi pulp at the fruit development stage were determined. The results showed that LcDof gene family in litchi contained 19 family members, with LcDof encoded protein ranging from 157 to 497 aa, and that the corresponding relative molecular weight was 17.70–54.35 kDa, with the isoelectric point (pI) ranging from 4.49 to 9.42. All subcellular localizations of LcDof family members were predicted to be located in the nucleus. Phylogenetic analysis showed that the LxDof gene family was divided into 5 groups (Group I–Group V), and that the expression patterns of LcDof genes were different at different fruit development stages, of which *LcDof7*, *LcDof9*, *LcDof12* and *LcDof15* were expressed higher at different pulp development stages, while *LcDof3*, *LcDof10*, *LcDof16*, *LcDof17* and *LcDof19* were expressed low.

Keywords: *Litchi chinensis* Sonn.; Dof; gene family; bioinformatics analysis; expression analysis

(责任编辑:叶 静)