

## 番茄 *SIGlyI* 基因家族鉴定及生物信息学分析

时月华<sup>1</sup>,周淑梅<sup>2</sup>,孙秀东<sup>1\*</sup>

1. 山东农业大学园艺科学与工程学院, 山东 泰安 271018

2. 山东农业大学生命科学学院, 山东 泰安 271018

**摘要:** *GlyI*(glyoxalase I)基因负责调控乙二醛酶I的表达,相关研究表明乙二醛酶I在植物抵抗逆境胁迫中发挥重要作用。为了鉴定番茄 *GlyI*基因家族,初步探究 *SIGlyI*基因的生物学功能,本研究基于拟南芥、烟草、马铃薯 *GlyI*基因,在番茄(*Solanum lycopersicum* L.)中筛选出8个 *GlyI*基因。根据它们在染色体上的位置,命名为 *SIGlyI-1* 到 *SIGlyI-8*,并对其理化性质和组织表达模式等方面进行了系统分析,明确了番茄响应盐胁迫过程中 *GlyI*基因表达模式。结果表明:1)共线性分析显示拟南芥和番茄 *GlyI*基因家族间存在4对基因共线性关系;2)对番茄、拟南芥、马铃薯 *GlyI*蛋白构建系统进化树,依据拟南芥的分类情况将 *SIGlyI*基因家族分为3个亚族;3) *SIGlyI*基因家族的保守结构域包括VOC-like结构域和PLN02367 superfamily结构域;4)在 *SIGlyI*基因家族的启动子区域发现了27个与激素响应、光响应、生长发育和逆境响应等相关的顺式作用元件;5)组织表达模式分析显示, *SIGlyI*基因家族成员在根、茎、叶中皆有表达,除 *SIGlyI-4*外其余均在叶中表达量最多;6)在盐胁迫下, *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-5*、*SIGlyI-8*基因表达上调; *SIGlyI-3*和 *SIGlyI-7*基因表达下调; *SIGlyI-6*基因表达不受影响。综上,探究番茄 *SIGlyI*基因家族的生物学功能,可为 *SIGlyI*的功能和分子机理研究提供理论基础。

**关键词:** 番茄; *GlyI*基因家族; 生物信息学; 基因表达分析

中图分类号: S641.2

文献标识码: A

文章编号: 1000-2324(2026)02-0234-11

## Identification and Bioinformatics Analysis of Tomato *SIGlyI* Gene Family

SHI Yue-hua<sup>1</sup>, ZHOU Shu-mei<sup>2</sup>, SUN Xiu-dong<sup>1\*</sup>

1. College of Horticulture Science and Engineering/Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China

2. College of Life Sciences/Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China

**Abstract:** *GlyI* (glyoxalase I) gene is responsible for regulating the expression of glyoxalase I. Related studies have shown that glyoxalase I plays an important role in plant resistance to stress. In order to identify the *GlyI* gene family in tomato and preliminarily explore the biological functions of *SIGlyI* genes, this paper screened eight *GlyI* genes in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) based on the *GlyI* genes of Arabidopsis, tobacco and potato. They are named *SIGlyI-1* to *SIGlyI-8* according to their location on the chromosome, and their physicochemical properties and tissue expression patterns are systematically analyzed, clarifying the expression pattern of *GlyI* genes in tomato during salt stress response. The results indicate that: 1) Collinearity analysis reveals four pairs of collinearity relationships between the *GlyI* gene families of Arabidopsis and tomato; 2) A phylogenetic tree is constructed for *GlyI* proteins from tomato, Arabidopsis, and potato, and the *SIGlyI* gene family is classified into three subfamilies based on the classification in Arabidopsis; 3) The conserved domains of *SIGlyI* gene family include VOC-like domain and PLN02367 superfamily domain; 4) In the promoter region of the *SIGlyI* gene family, 27 cis-acting elements related to hormone response, light response, growth and development, and stress response are found; 5) Expression pattern analysis showed that *SIGlyI* gene family members are expressed in roots, stems, and leaves, with the highest expression in leaves except *SIGlyI-4*. 6) Under salt stress, the expression of *SIGlyI-1*, *SIGlyI-2*, *SIGlyI-4*, *SIGlyI-5* and *SIGlyI-8* genes is up-regulated; *SIGlyI-3* and *SIGlyI-7* are down-regulated; *SIGlyI-6* gene expression remains unaffected. In summary, exploring the biological functions of the *SIGlyI* gene family in tomato provides a theoretical basis for studying the functional and molecular mechanism of *SIGlyI*.

**Keywords:** Tomato; *GlyI* gene family; bioinformatics; gene expression analysis

番茄(*Solanum lycopersicum* L.)隶属于茄科 物<sup>[1]</sup>。番茄起源于南美洲,自明时传入我国,在 番茄属,是以浆果为产品的一年或多年生草本植 世界内广泛栽培,是世界上消费量最大的蔬菜作

收稿日期: 2025-04-16

修回日期: 2026-03-06

第1作者简介: 时月华(1999-),女,硕士研究生,研究方向:蔬菜生理。 E-mail: 2569886401@qq.com

\*通讯作者: Author for correspondence. E-mail: xdsun@sdau.edu.cn

物之一<sup>[2]</sup>。番茄不仅在我国拥有广泛的栽培面积,还具有强大的环境适应能力,巨大的消费市场和可观的经济效益<sup>[3]</sup>。伴随着我国设施农业的迅猛发展,土壤盐渍化问题严重影响了我国农业的可持续发展。番茄是盐分中度敏感植物,随着我国番茄种植面积不断扩大,其受盐胁迫的影响也越来越大<sup>[4]</sup>。

盐胁迫是严重影响农业生产与生态环境的一种非生物胁迫。在盐胁迫条件下,高pH值和高浓度Na<sup>+</sup>的根际环境导致了植物对水分和养分吸收困难,使得番茄植株发生氧化胁迫、渗透胁迫、离子毒害和养分亏缺等,还会刺激番茄体内发生蛋白质降解、脂质过氧化、膜损伤、光合损伤等过程,影响番茄种子萌发、植株长势和根系发育,严重影响了番茄的生长发育,最终导致产量降低,商品性变差,影响经济效益<sup>[5-8]</sup>。

非生物胁迫环境导致植物产生过氧化物和甲基乙二醛(Methylglyoxal, MG)等醛酮类有害物质,这些有害物质对植物的生理代谢、生长发育及产量形成等过程造成不良影响<sup>[9]</sup>。乙二醛酶系统可以清除过量的MG、促进谷胱甘肽(Glutathione, GSH)合成,从而避免植物在非生物胁迫中发生氧化应激<sup>[10]</sup>。其中乙二醛酶I调控着整个MG解毒过程的速率,是这个过程的限速酶,其活性高低直接影响MG的浓度<sup>[11]</sup>。乙二醛酶在植物的胁迫防御机制中具有关键作用,研究表明,乙二醛酶I能够有效缓解氧化损伤并维持细胞稳态,因而被视为评估植物抗逆能力的潜在生物标志物<sup>[12]</sup>。

董伟研究发现, *ZmGLYI-8* 过表达的拟南芥植株通过提高抗氧化酶活性,提高了自身对干旱和高盐胁迫的抵抗力<sup>[13]</sup>。Liu等发现水稻 *OsGLYI3* 在盐胁迫下表达显著上调<sup>[14]</sup>。Bath等发现,在盐胁迫条件下, *AtGLYI2* 过表达的拟南芥植株表现出更好的生长速度,同时保持较低的MG水平,表明GLYI是负责MG解毒和盐胁迫耐受的主要酶<sup>[15]</sup>。Rajwanshi等发现乙二醛酶I基因过表达的芥菜植株对盐、重金属、干旱的抗逆性强于野生型植株<sup>[16]</sup>。Singla-Pareek发现 *OsGLYII-3* 过表达的烟草植株显著提高了自身抗盐能力<sup>[17]</sup>。Yan等发现 *BnGLYI3* 过表达通过提高GLYI的活性和超氧化物歧化酶活性,提高了油菜抗冷能力<sup>[18]</sup>。Mohan等发现 *EaGlyIII* 过

表达的甘蔗转基因植株具有耐盐性和耐旱性<sup>[19]</sup>。

为探究 *SIGlyI* 基因的生物学功能,本研究对鉴定到的番茄 *SIGlyI* 基因进行了系统进化树构建、保守结构域分析、顺式作用元件分析、组织表达模式和盐处理表达模式分析等,旨在初步探索番茄 *GlyI* 基因的功能,为番茄抗逆育种改良提供理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

1.1.1 植物材料 本试验以‘Heinz 1706’野生型番茄(WT)作为试验材料。使用4% NaClO溶液给番茄种子消毒15 min,随后冲洗干净,放在装有湿滤纸的培养皿中。在28℃恒温培养箱中催芽,露白后播种于基质中,于玻璃日光温室中生长。待长到二叶一心,用1/2霍格兰营养液进行水培,每3 d换一次水,等到番茄长到三叶一心时进行试验处理。

1.1.2 试验相关工具软件 软件:TBtools、MEGA 11.0、SPSS Statistics 27.0、GraphPad Prism 6.01、Microsoft Office Excel 2016。

### 1.2 试验方法

#### 1.2.1 番茄 *SIGlyI* 基因家族鉴定与分析

1.2.1.1 *SIGlyI* 基因的全基因组鉴定 从NCBI网站(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)下载拟南芥、烟草、马铃薯 *GlyI* 家族的蛋白质序列,从Ensembl Plants网站(<https://plants.ensembl.org/index.html>)下载番茄DNA序列、CDS序列、蛋白质序列、GFF3、GTF文件。使用TBtools将番茄蛋白质序列文件分别与下载的拟南芥、烟草、马铃薯 *GlyI* 家族成员的蛋白质序列文件进行Blast比对,保留分值大于100的蛋白质ID。利用TBtools对保留的蛋白质ID取交集,最终筛选出8个番茄 *SIGlyI* 基因家族成员。

1.2.1.2 蛋白质理化性质分析与亚细胞定位预测 使用Expasy网站(<https://www.expasy.org/>)对番茄 *GlyI* 家族进行蛋白质理化性质分析,使用Plant-mPLoc网站(<http://www.csbio.sjtu.edu.cn/bioinf/plant-multi/>)对番茄 *GlyI* 家族进行亚细胞定位预测。

1.2.1.3 基因染色体定位与共线性分析 利用TBtools软件处理番茄染色体长度文件、*GlyI* 基

因家族基因位置文件、番茄基因共线性文件、基因密度文件,得到番茄 *GlyI* 基因家族染色体定位与共线性分析图;利用 TBtools 软件分析番茄与拟南芥 *GlyI* 家族基因共线性。

1.2.1.4 系统进化树构建 利用 MEGA 11.0 软件对番茄、拟南芥、马铃薯的 *GlyI* 家族的蛋白质序列进行多序列比对分析,使用邻接法(Neighbor-Joining, NJ)构建进化树,保存文件;在 iTOL 网站(<https://itol.embl.de/>)中上传进化树文件,构建系统进化树。

1.2.1.5 基因家族基因结构分析与保守结构域预测 利用 TBtools 软件对下载的番茄 GFF3 文件进行分析,得到 *SIGlyI* 基因家族的基因结构示意图;利用 NCBI 网站的“CDD Search”功能预测番茄 *GlyI* 基因家族的保守结构域,使用 TBtools 软件作图。

1.2.1.6 Motif 分析 利用 The MEME Suite 网站(<https://meme-suite.org/meme/>),上传番茄 *GlyI* 家族的蛋白质序列进行 Motif 分析。

1.2.1.7 顺式作用元件分析 使用 TBtools 软件处理下载的基因组文件,获得番茄 *GlyI* 基因家族的启动子序列;在 Plant CARE 网站(<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>)上传基因的启动子序列,进行顺式作用元件分析。

1.2.2 植物总 RNA 提取与 cDNA 合成 采用 Trizol 法提取番茄叶片总 RNA,使用 Nano-Drop-2000 来检测 RNA 含量与纯度,使用北京全式金生产的反转录试剂盒反转录得到 cDNA。

1.2.3 实时荧光定量 PCR(qRT-PCR) 使用 2×Q5 SYBR qPCR Master Mix(Universal)及特异性引物(附录),进行 qRT-PCR 分析。反应总体积为 15 μL,其中包含 7.5 μL SYBR、0.75 μL 正向引物、0.75 μL 反向引物、5 μL cDNA 模板以及 1 μL ddH<sub>2</sub>O。PCR 扩增程序设定如下:95 °C 预变性 30 s,随后进行 50 个循环的扩增(95 °C 10 s, 60 °C 30 s),最后进行熔解曲线分析。所有样本均设置 3 次重复。基因相对表达量通过 2<sup>-ΔΔCt</sup> 法计算,并采用 *t* 检验评估表达差异的统计学显著性。

1.2.4 番茄基因表达模式分析

1.2.4.1 *SIGlyI* 基因家族组织表达模式分析 选取三叶一心,生长状态好的野生型番茄为试验材

料,取样时,分别采取根、茎、叶组织样本,迅速置于液氮中保存,随后提取总 RNA,在将 RNA 反转录后,进行实时荧光定量 PCR,分析 *SIGlyI* 基因家族成员在根、茎、叶中的相对表达量。

1.2.4.2 番茄的盐胁迫表达模式分析 选取三叶一心,生长状态好的野生型番茄为试验材料,分为 200 mM NaCl 处理组和水处理对照组,在处理 0 h、6 h、12 h、24 h 后,采取相同位置的叶片,迅速置于液氮中保存,随后提取总 RNA,在将 RNA 反转录后,进行实时荧光定量 PCR,分析 *SIGlyI* 基因家族在盐处理后的表达量。

### 1.3 数据处理与分析

采用 Microsoft Office Excel 2016 软件记录整理数据,采用 SPSS Statistics 27.0 软件进行单因素方差分析,使用最小显著差异(least significant difference, LSD)法对数据进行多重比较(显著性水平为  $P < 0.05$ ),使用 GraphPad Prism 6.01 软件进行图形绘制。

## 2 结果与分析

### 2.1 *SIGlyI* 基因的全基因组鉴定与理化性质分析

通过对拟南芥、烟草、马铃薯 *GlyI* 基因的蛋白质序列进行筛选,最终鉴定出 8 个番茄 *SIGlyI* 基因家族成员。根据 *SIGlyI* 基因在染色体上位置,将它们命名为 *SIGlyI-1* 到 *SIGlyI-8*。通过 ExPasy 和 Plant-mPLoc 网站对 *SIGlyI* 家族进行蛋白质理化性质分析和亚细胞定位预测,结果显示 *SIGlyI* 蛋白的氨基酸大小介于 158(*SIGlyI-5*)到 235(*SIGlyI-1*)之间;理论等电点介于 4.92(*SIGlyI-3*)到 6.51(*SIGlyI-5*),说明 *SIGlyI* 蛋白均为酸性蛋白;除 *SIGlyI-5* 与 *SIGlyI-6* 的蛋白质不稳定系数小于 40,为稳定蛋白外,其余蛋白质不稳定系数均大于 40,为不稳定蛋白;总平均疏水指数为 -0.122~-0.774。通过亚细胞定位预测发现,*SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-3*、*SIGlyI-6*、*SIGlyI-7* 蛋白定位在细胞质中,*SIGlyI-4*、*SIGlyI-5*、*SIGlyI-8* 蛋白定位于叶绿体中(表 1)。

两个物种间的共线性分析可以揭示物种间基因的进化关系,通过对拟南芥和番茄进行 *GlyI* 基因家族共线性分析发现,番茄 3 号染色体上的 *SIGlyI-4* 与拟南芥 1 号染色体上的

*AtGlyI-1*、*AtGlyI-2* 存在共线性关系;番茄9号染色体上的 *SIGlyI-5* 与拟南芥2号染色体上的 *AtGlyI-3* 存在共线性关系;番茄12号染色体上的 *SIGlyI-8* 与拟南芥1号染色体上的 *AtGlyI-2* 存在共线性关系(图1)。染色体定位分析发现 *SIGlyI* 基因不均等的分布在番茄6条染色体

上,其中1号、12号染色体上有两个 *SIGlyI* 基因,2、3、9、11号染色体上只有一个 *SIGlyI* 基因。基因共线性分析显示 *SIGlyI-4* 与 *SIGlyI-8* 基因互为旁系同源基因(图2)。基因之间存在共线性,说明它们在功能上存在一定的相似性。

表1 番茄 *SIGlyI* 基因的理化性质信息  
Table 1 Physicochemical properties of tomato *SIGlyI* gene

基因编号 Gene ID	基因名 Gene name	氨基酸 长度 Length of aa	不稳定系数 Instability index	总平均疏水指数 Average hydropathicity	理论等 电点 pI	分子质量/kDa MV	亚细胞定位预测 Subcell location prediction
Solyc01g088010.1.1	<i>SIGlyI-1</i>	235	42.87	-0.774	5.83	27 443.01	Cytoplasm.
Solyc01g103590.3.1	<i>SIGlyI-2</i>	187	44.97	-0.143	5.27	20 955.10	Cytoplasm.
Solyc02g084410.3.1	<i>SIGlyI-3</i>	190	60.77	-0.152	4.92	21 811.90	Cytoplasm.
Solyc03g116530.3.1	<i>SIGlyI-4</i>	184	62.67	-0.169	6.42	20 650.83	Chloroplast.
Solyc09g082120.3.1	<i>SIGlyI-5</i>	158	39.32	-0.386	6.51	17 706.05	Chloroplast.
Solyc11g069040.3.1	<i>SIGlyI-6</i>	185	33.84	-0.518	5.25	20 717.29	Cytoplasm.
Solyc12g006640.2.1	<i>SIGlyI-7</i>	165	55.61	-0.261	5.28	19 051.92	Cytoplasm.
Solyc12g042840.2.1	<i>SIGlyI-8</i>	173	55.15	-0.122	5.40	19 574.59	Chloroplast.

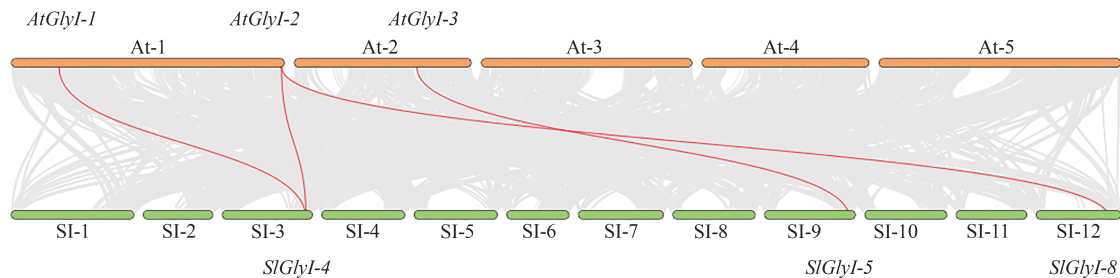


图1 拟南芥与番茄 *GlyI* 基因家族共线性分析

Fig. 1 Collinearity analysis of the *GlyI* gene family in Arabidopsis and tomato

注:图中红色连线代表两个 *GlyI* 基因之间的共线性关系。

Note: The red line in the figure represents the collinearity between the two *GlyI* genes.

## 2.2 *SIGlyI* 基因的系统进化分析

为了探究番茄 *GlyI* 基因家族的进化关系,通过邻接法构建了番茄、拟南芥、马铃薯 19 个 *GlyI* 蛋白的系统进化树,依据拟南芥的分类情况将番茄 *GlyI* 基因家族分为 3 个亚族(图3)。Group I 中包含 *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-3*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-7* 和 *SIGlyI-8*; Group II 中包含 *SIGlyI-5*; Group III 中包含 *SIGlyI-6*。系统进化分析显示,番茄与马铃薯表现出较近的遗传距离,而二者与拟南芥的进化关系相对较远。这一发现表明,*GlyI* 蛋白的序列特征在不同植物科属间存在显著差异,可能与其特定的生物学功能相关。

## 2.3 *SIGlyI* 基因结构、保守结构域与保守基序分析

通过对番茄 *SIGlyI* 基因结构进行分析发现, *SIGlyI-1* 有 1 个内含子, *SIGlyI-2*、*SIGlyI-3*、*SIGlyI-4* 和 *SIGlyI-8* 有 2 个内含子, *SIGlyI-5* 和 *SIGlyI-7* 有 3 个内含子, *SIGlyI-6* 有 9 个内含子(图4A)。通过对番茄 *SIGlyI* 基因家族进行保守结构域预测发现,除 *SIGlyI-6* 外,其余成员都有 VOC-like 结构域,而 *SIGlyI-6* 特有 PLN02367 superfamily 结构域(图4B)。通过对 *SIGlyI* 蛋白进行保守基序分析发现,它们一共由 10 个 Motif 组成(图4C)。除了 *SIGlyI-5* 和 *SIGlyI-6*,其余蛋白都有 Motif 1、Motif 2 和 Motif 3, *SIGlyI-4*、*SIGlyI-7* 和 *SIGlyI-8* 共有 Motif 4、Motif 9、Motif 10,只有

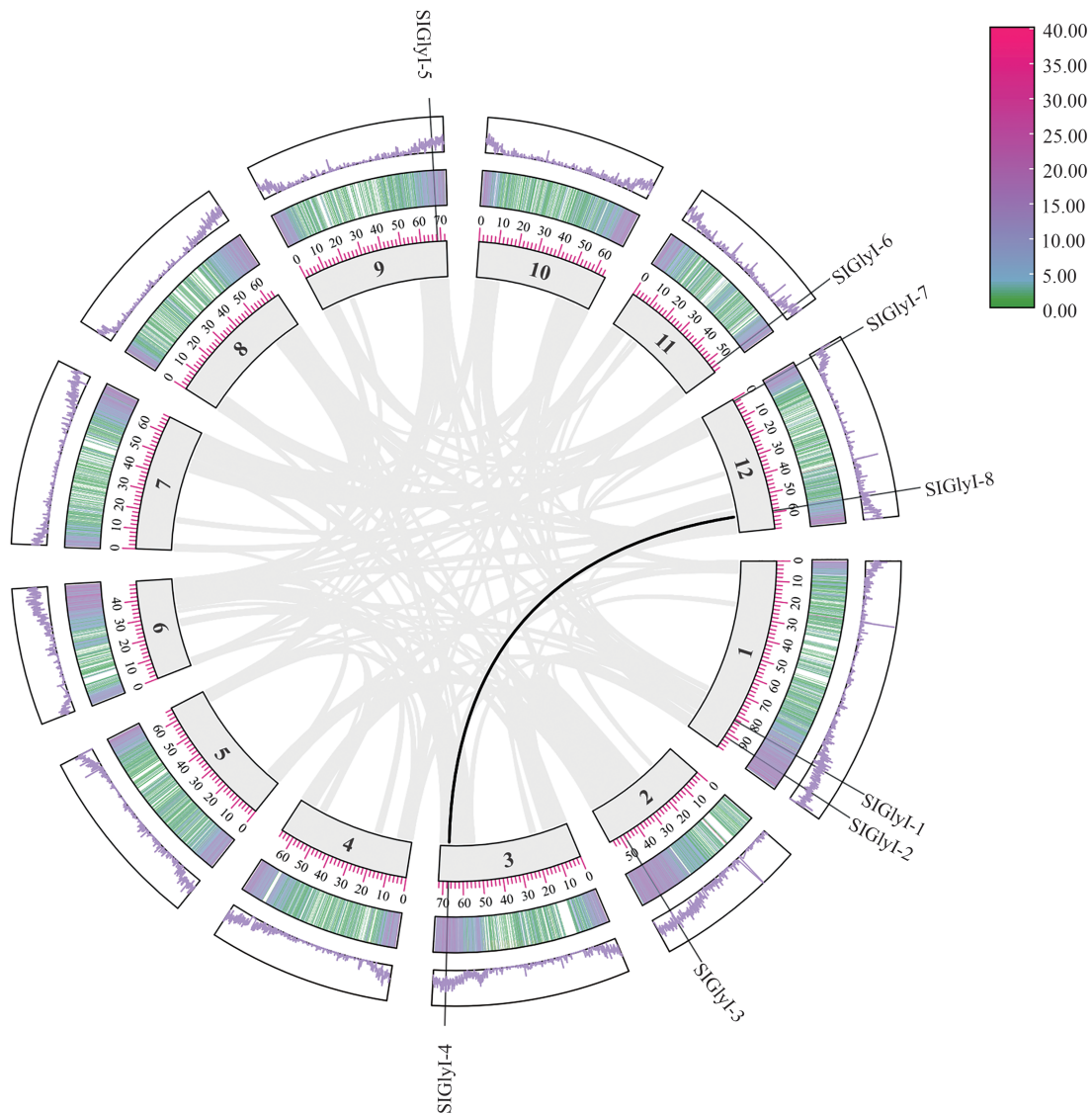


图2 SIGlyI 基因的染色体定位分布和共线性分析

Fig. 2 Chromosomal localization distribution and collinear analysis of the SIGlyI gene

注:图中黑色连线代表两个SIGlyI基因之间的共线性关系;右侧刻度线代表基因密度,刻度线数字代表基因长度。

Note: The black lines represent the collinear relationship between the two SIGlyI genes. The scale on the right indicates the gene density, with the numbers on the scale representing the gene length.

SIGlyI-1 和 SIGlyI-5 有 Motif 5, SIGlyI-5 和 SIGlyI-6 共有 Motif 6、Motif 8, 只有 SIGlyI-2 和 SIGlyI-5 有 Motif 7。综上所述, Motif 1、Motif 2 和 Motif 3 可能是组成 VOC-like 结构域的主要基序。

### 2.4 SIGlyI 基因家族启动子顺式作用元件分析

对启动子序列进行分析发现,在 SIGlyI 基因家族启动子区鉴定到了 27 个不同的顺式作用元件。这些顺式作用元件共包含五大类:6 种与激素响应有关的顺式作用元件(生长素、水杨酸、脱

落酸、茉莉酸甲酯、赤霉素)、7 种与光响应有关的顺式作用元件、4 种与胁迫响应有关的顺式作用元件(干旱、厌氧、应激反应)、5 种与生长发育相关的顺式作用元件(分生组织表达、细胞周期调节、胚乳表达)、5 种其他顺式作用元件。其中光响应元件与激素响应有关元件出现在所有 SIGlyI 基因启动子区,且它们都有脱落酸响应顺式作用元件;除了 SIGlyI-4 和 SIGlyI-6 外,其余基因都有胁迫响应有关的顺式作用元件;除了 SIGlyI-2、SIGlyI-3 和 SIGlyI-4 外都有与生长发育相关的顺式作用元件(图 5)。说明 SIGlyI 基因在

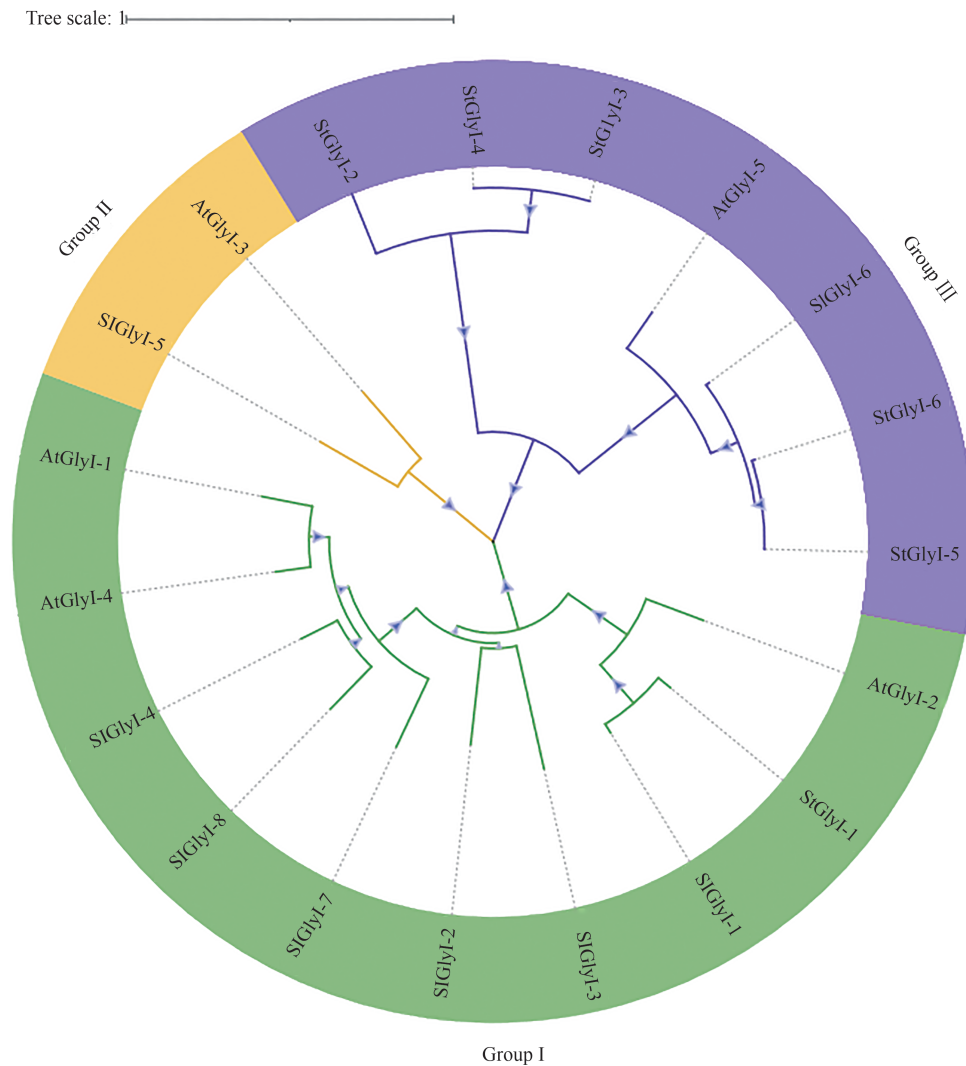


图3 番茄、拟南芥、马铃薯中 GlyI 蛋白的系统进化树

Fig. 3 Phylogenetic tree of GlyI protein in tomato, Arabidopsis and potato

激素响应、光响应、生长发育和应对逆境胁迫中发挥作用。

### 2.5 *SIGlyI* 基因家族组织表达模式分析

对 *SIGlyI* 基因家族进行组织表达模式分析发现, *SIGlyI* 基因家族在根、茎、叶中皆有表达, 其中 *SIGlyI-1*、*SIGlyI-5*、*SIGlyI-6*、*SIGlyI-7*、*SIGlyI-8* 基因在根中表达量最少, 茎中其次, 叶中表达量最多; *SIGlyI-2* 基因在茎中表达量最少, 根、叶中表达量无明显差异; *SIGlyI-3* 基因在根中表达量少, 茎叶中表达量无明显差异; *SIGlyI-4* 基因在根中表达量最大, 茎中其次, 叶中最少(图6)。

### 2.6 *SIGlyI* 基因家族盐胁迫处理表达模式分析

通过 qRT-PCR 检测 *SIGlyI* 基因家族基因表

达量发现, 盐处理后 *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-5* 基因表达上调; *SIGlyI-3*、*SIGlyI-7* 基因表达下调; *SIGlyI-6* 基因盐处理前后表达量无明显变化; *SIGlyI-8* 基因在盐处理 6 h 后基因表达量达最大值, 其余时间点与对照无明显差异(图7)。除 *SIGlyI-6* 外, 其余基因的表达量均受到盐胁迫的调节, 说明 *SIGlyI* 家族基因可能在番茄抗盐过程中发挥了重要作用。

## 3 讨论

通过对番茄全基因组进行生物信息学分析, 在番茄中鉴定出 8 个 *SIGlyI* 基因家族成员, 它们不均等的分布在 6 条番茄染色体上。对拟南芥和番茄 *GlyI* 基因家族进行共线性分析发现,

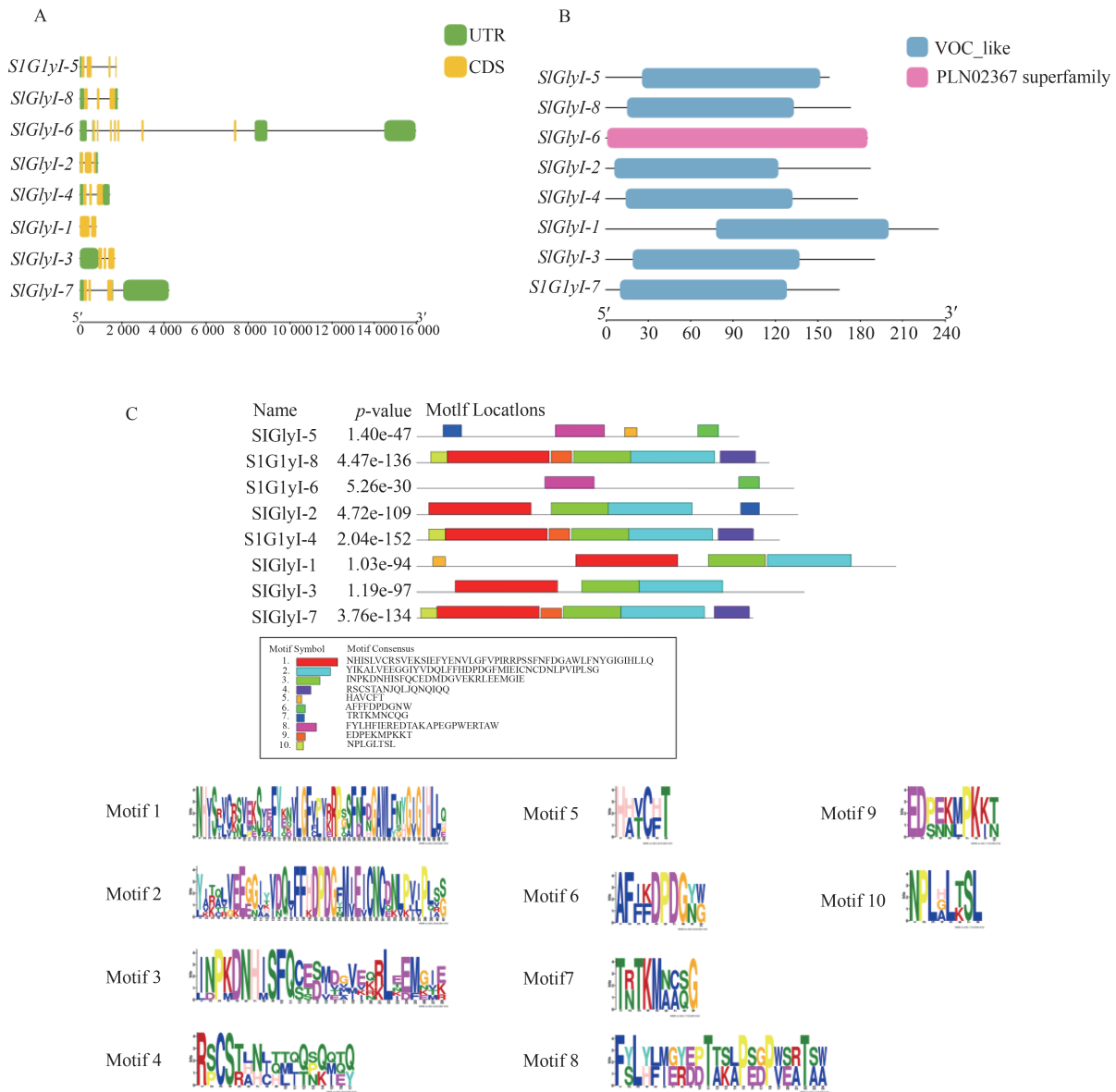


图 4 *SIGlyI* 基因结构、保守结构域、保守基序分析

Fig. 4 Analysis of *SIGlyI* gene structure, conserved domains, and conserved motifs

注: A *SIGlyI* 基因结构分析; B *SIGlyI* 保守结构域预测; C *SIGlyI* 保守基序分析。

Note: A *SIGlyI* gene structure analysis; B *SIGlyI* conserved domain prediction; C *SIGlyI* conserved motif analysis.

*SIGlyI-4* 与 *AtGlyI-1*、*AtGlyI-2* 存在共线性关系, *SIGlyI-5* 与 *AtGlyI-3* 存在共线性关系, *SIGlyI-8* 与 *AtGlyI-2* 存在共线性关系;物种内基因共线性分析显示 *SIGlyI-4* 与 *SIGlyI-8* 基因互为旁系同源基因;基因间存在共线性,说明它们在功能上存在一定的相似性。通过进化树构建将番茄 *GlyI* 基因家族分为 3 个亚族, Group I 中包含 *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-3*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-7* 和 *SIGlyI-8*; Group II 中包含 *SIGlyI-5*; Group III 中包含 *SIGlyI-6*。

本研究发现,除 *SIGlyI-6* 特有 PLN02367 superfamily 结构域外,其余 *SIGlyI* 基因家族成员都有 VOC-like 结构域。Zhu 等对黄瓜 *CsGLYI* 基因家族进行保守结构域分析时也发现了这两种结构域<sup>[20]</sup>。通过对 *SIGlyI* 蛋白进行保守基序分析发现, Motif 1、Motif 2 和 Motif 3 可能是组成 VOC-like 结构域的主要基序。*SIGlyI* 基因家族的启动子区存在与激素响应、光响应、生长发育和逆境胁迫相关的顺式作用元件。

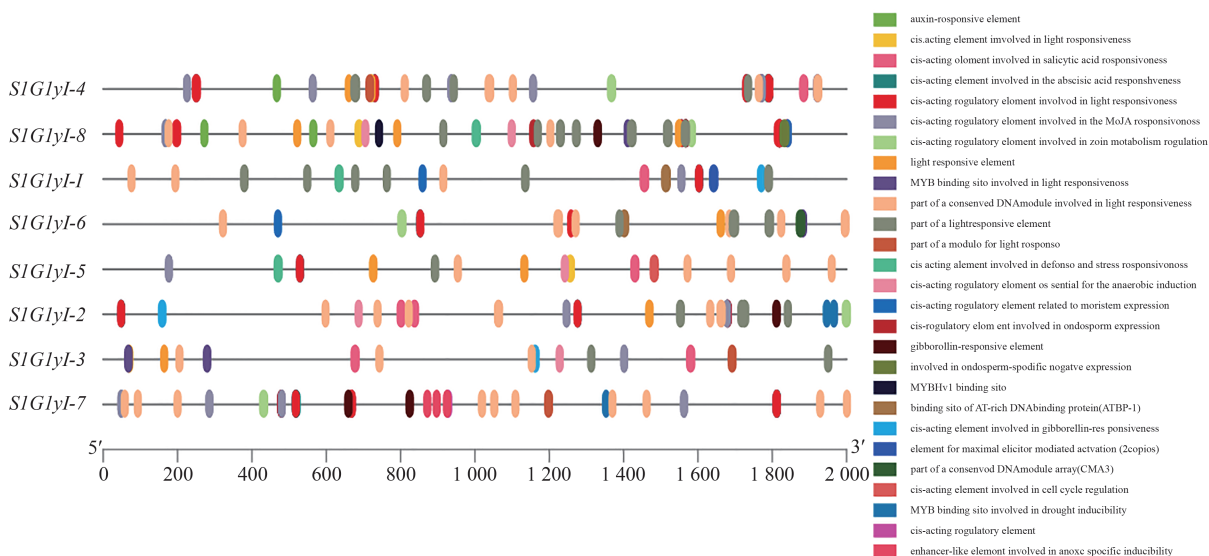


图 5 *SIGlyI* 基因启动子顺式作用元件图  
Fig. 5 Cis-acting elements of the *SIGlyI* gene promoter

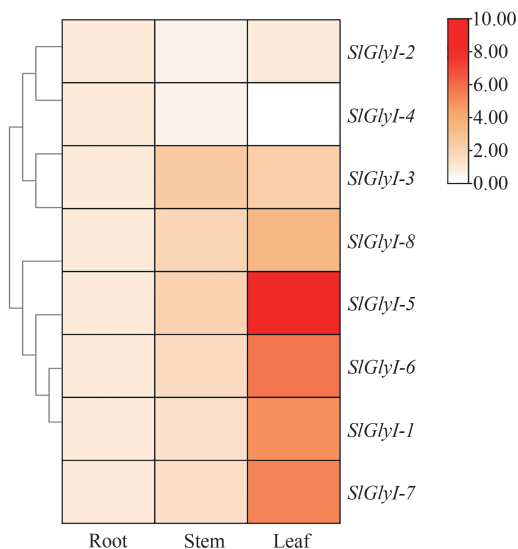


图 6 *SIGlyI* 基因家族组织表达模式分析  
Fig. 6 Expression pattern analysis of *SIGlyI* gene family in tissues

乙二醛酶 I 广泛存在于各类生物中,在分布上存在器官差异性<sup>[21]</sup>。王春晓等发现玉米 *ZmGly1* 基因在叶片中的表达量最高,在根和茎中表达量相对较低<sup>[22]</sup>。于秋鸿等发现 *ZmGly1* 和 *ZmGly2* 在叶片中的相对表达量较高, *ZmGly3* 在茎中的相对表达量较高,说明不同的 *ZmGly* 基因表达具有组织特异性<sup>[23]</sup>。本研究进行根、茎、叶表达模式分析发现, *SIGlyI* 基因家族在根、茎、叶中皆表达,除 *SIGlyI-4* 外其他成员均在叶中表达量最多。这说明不同物种间的 *GlyI* 在器官分布

上存在相似性。

Liu 等发现水稻 *OsGLYI3* 在盐胁迫下表达显著上调<sup>[14]</sup>。于秋鸿等发现 *ZmGly1*、*ZmGly2* 和 *ZmGly3* 正向响应盐胁迫<sup>[23]</sup>。本试验盐处理后对 *SIGlyI* 基因家族进行表达模式分析, *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-5*、*SIGlyI-8* 基因正向响应盐胁迫; *SIGlyI-3* 和 *SIGlyI-7* 基因负向响应盐胁迫; *SIGlyI-6* 基因不响应盐胁迫。

综上,同一亚族内的 *SIGlyI* 基因在基因结构、保守基序、功能等方面存在相似性。Group I 和 Group II 在保守基序、保守结构域、盐胁迫响应方面存在一定相似性, Group II 和 Group III 在蛋白性质、保守基序和组织表达方面存在一定相似性。除 *SIGlyI-6* 外,其余基因的表达量均受到盐胁迫的调节,说明 *SIGlyI* 家族基因可能在番茄抗盐过程中发挥重要作用。

#### 4 结论

(1) 在番茄基因组中鉴定到 8 个番茄 *SIGlyI* 基因家族成员,它们存在 VOC-like 结构域或 PLN02367 superfamily 结构域;存在与激素响应、光响应、生长发育和逆境响应有关的顺式作用元件。

(2) *SIGlyI* 基因家族成员在根、茎、叶中都有表达,除 *SIGlyI-4* 外其他成员均在叶中表达量

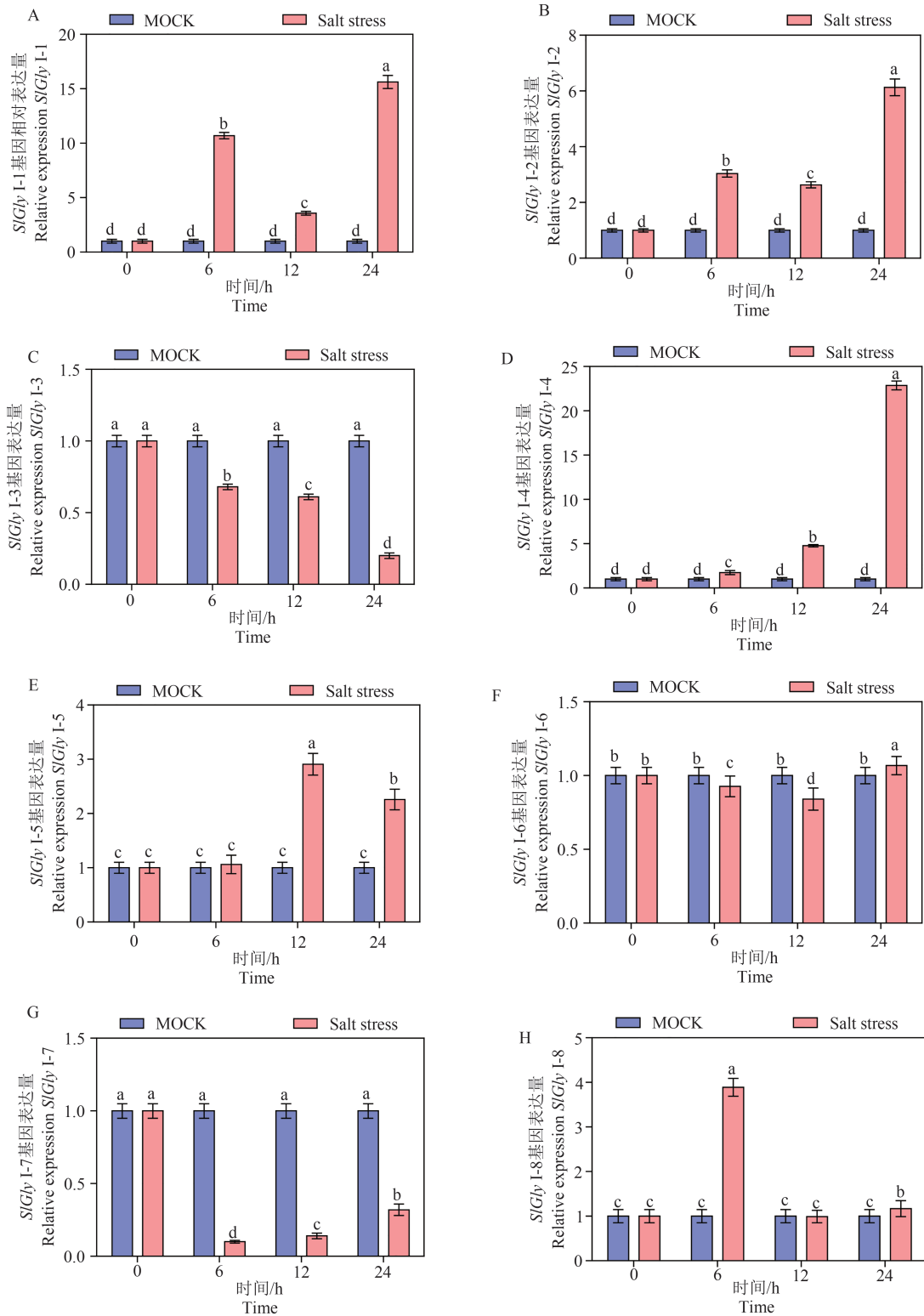


图 7 *SIGlyI* 基因家族盐胁迫后表达模式分析

Fig. 7 Expression pattern analysis of *SIGlyI* gene family after salt stress

注: Bar 值代表标准差。显著性检验采用 Duncan 法。小写字母表示 0.05 水平。

Note: Bar values represent standard deviations. Significance testing was conducted using Duncan's method, with lowercase letters indicating significance at the 0.05 level.

最多。

(3)对 *SIGlyI* 基因家族 8 个成员进行分析发现, *SIGlyI-1*、*SIGlyI-2*、*SIGlyI-4*、*SIGlyI-5*、*SIGlyI-8* 基因正向响应盐胁迫; *SIGlyI-3* 和 *SIGlyI-7* 基因负向响应盐胁迫; *SIGlyI-6* 基因不响应盐胁迫。

### 参考文献

- [1] 吕维梧,但忠,苏银玲,等.69份大果番茄种质资源的遗传多样性和聚类分析[J].中国果菜,2022,42(12):73-78.
- [2] 夏修新,杨林,周采鸿.水果番茄品种资源的农艺表型性状多样性分析[J].宁波大学学报(理工版),2023,36(01):10-21.
- [3] 程国亭,王延峰,姜文婷.设施番茄土壤障碍综合防控研究进展[J].中国蔬菜,2023(02):16-24.
- [4] 柴畅.番茄 *CIPK8* 基因在低温、盐和干旱胁迫下功能研究[C].哈尔滨:东北农业大学,2021.
- [5] Arif Y, Singh P, Siddiqui H, et al. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: An omic approach towards salt stress tolerance[J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2020, 156: 64-77.
- [6] 李响,张雨婷,李滢,等.油菜素内酯及水杨酸配施对盐碱胁迫下番茄幼苗生理的影响[J].北方园艺,2022(15):34-39.
- [7] 杨蔚,罗小燕,王文强,等.细胞壁在植物抗盐胁迫中的作用[J].植物生理学报,2022,58(03):501-510.
- [8] Colin L, Ruhnaw F, Zhu J K, et al. The cell biology of primary cell walls during salt stress[J]. The Plant Cell, 2022,35(1):201-217.
- [9] 赵晶晶,周浓,曹鸣宇.非生物胁迫下植物体内丙酮醛代谢的研究进展[J].中国农业科学,2021,54(08):1627-1637.
- [10] Singh R R, Manjari M, Ashwani P, et al. A glutathione-independent DJ-1/Pfp1 domain containing glyoxalase III, OsDJ-1C, functions in abiotic stress adaptation in rice[J]. Planta, 2024, 259(4):81.
- [11] Sun X D, Li H, Thapa S, et al. Al-induced proteomics changes in tomato plants over-expressing a glyoxalase I gene[J]. Horticulture Research, 2020, 7(1):43.
- [12] Kaur C, Singla-Pareek S L, Sopory S K. Glyoxalase and methylglyoxal as biomarkers for plant stress tolerance[J]. Critical Reviews in Plant Sciences, 2014,33(6):429-456.
- [13] 董伟.玉米乙二醛酶系统的基因组学分析及 *ZmGLYI-8* 基因的功能鉴定[D].泰安:山东农业大学,2016.
- [14] Liu S. J, Liu W H, Lai J Y, et al. *OsGLYI3*, a glyoxalase gene expressed in rice seed, contributes to seed longevity and salt stress tolerance[J]. Plant Physiology and Biochemistry: PPB, 2022, 183: 85-95.
- [15] Batth R, Jain M, Kumar A, et al. Zn<sup>2+</sup> dependent *Glyoxalase I* plays the major role in methylglyoxal detoxification and salinity stress tolerance in plants [J]. PLoS ONE, 2020,15(5):e0233493.
- [16] Rajwanshi R, Kumar D, Yusuf M A, et al. Stress-inducible overexpression of *Glyoxalase I* is preferable to its constitutive overexpression for abiotic stress tolerance in transgenic *Brassica juncea* [J]. Mol Breeding, 2016,36:76.
- [17] Singla-Pareek S L, Yadav S K, Pareek A, et al. Enhancing salt tolerance in a crop plant by overexpression of *Glyoxalase II*[J]. Transgenic research, 2008,17(2):171-180.
- [18] Yan G X, L Y D, Gao G Z, et al. Identification and characterization of a *Glyoxalase I* gene in a rapeseed cultivar with seed thermotolerance[J]. Frontiers in Plant Science, 2016,7:150.
- [19] Mohanan V M, Sasikumar T P S, Jayanarayanan N A, et al. Transgenic sugarcane overexpressing *Glyoxalase III* improved germination and biomass production at formative stage under salinity and water-deficit stress conditions[J]. 3 Biotech, 2024,14(2):52-52.
- [20] Zhu K, Zhang Y, Shen W, et al. Genome-wide analysis and expression profiling of *Glyoxalase* gene families under abiotic stresses in cucumber (*Cucumis sativus* L.) [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024,25(20):11294.
- [21] 叶芯好,邱雪梅,王月,等.乙二醛酶系统及其在植物响应和适应环境胁迫中的作用[J].植物生理学报,2019,55(04):401-410.
- [22] 王春晓,郝倩琳,于秋鸿,等.玉米 *ZmGlyI* 基因的生物信息学与表达特性分析[J].西南农业学报,2022, 35(10):2290-2295.
- [23] 于秋鸿,宋希云,李军.玉米 *ZmGlyI* 基因不同非生物胁迫下的表达特性与 *ZmGlyI* 基因的克隆[J].玉米科学,2023,31(06):23-29.

附录

试验所用引物序列如下：

表 2 试验所用到的引物序列  
Table 2 The primers used in this study

引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	引物用途 Primer use
Actin-F	GAAGCACCTCTCAACCCTAAG	qRT-PCR
Actin-R	GCATACAAGGAAAGCACAGC	qRT-PCR
qSIGlyI-1-F	TGAACCACGTGTCCAGACTT	qRT-PCR
qSIGlyI-1-R	AGCTTGCGGCCTCTCAATTA	qRT-PCR
qSIGlyI-2-F	AGAAGGTGGAGTTACAGTGGAT	qRT-PCR
qSIGlyI-2-R	TTTGTTGAAAAGTTGGACTTGAC	qRT-PCR
qSIGlyI-3-F	GGTGGTGAAGAGGAGGTTGG	qRT-PCR
qSIGlyI-3-R	ATAGCTGTGGGGCTTGACTG	qRT-PCR
qSIGlyI-4-F	GGGATAAAGTACGCGAGGCA	qRT-PCR
qSIGlyI-4-R	TCGCCAGCTAAGGAATCAC	qRT-PCR
qSIGlyI-5-F	CTGCTTACCATCTCCAATTTC	qRT-PCR
qSIGlyI-5-R	CTGCTTACCTCCAAACCATTTC	qRT-PCR
qSIGlyI-6-F	CTCCAAAGTGTGGGCATGT	qRT-PCR
qSIGlyI-6-R	GTTCAACGGGATCACTGGGA	qRT-PCR
qSIGlyI-7-F	TTTCACGATCCCAGTGGCAC	qRT-PCR
qSIGlyI-7-R	TGGTGCAGTGGAGAGTTGAG	qRT-PCR
qSIGlyI-8-F	ATGGCGCTTGTTATTTGGTC	qRT-PCR
qSIGlyI-8-R	CTCCACTCCATCTATGCTCTCAC	qRT-PCR