

DOI: 10.1360/yc-007-0607

# 水稻 C2H2 型锌指蛋白基因 *RZF71* 的克隆与表达分析

郭书巧, 黄骥, 江燕, 张红生

南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京 210095

**摘要:** 利用生物信息学和 RT-PCR 方法从水稻幼苗组织中分离了 1 个新的 C2H2 型锌指蛋白基因 *RZF71*, 该基因编码一条 250 个氨基酸残基的多肽, 含有两个典型的 C2H2 型锌指结构。半定量 RT-PCR 分析表明: *RZF71* 在根、茎、叶和幼穗中呈组成性表达, 在根中的表达丰度略高; 在高盐和 PEG6000 胁迫的水稻幼苗组织中, *RZF71* 的表达显著增强, 但低温和 ABA 处理对该基因的表达量影响不大。农杆菌介导的洋葱表皮细胞 GFP 瞬时表达实验表明: *RZF71* 定位于细胞核内。讨论了 *RZF71* 可能作为一个转录调控因子在水稻耐高盐和渗透胁迫中的作用。

**关键词:** 水稻; 锌指蛋白; 基因克隆; 非生物胁迫; 表达分析

## Cloning and characterization of *RZF71* encoding a C2H2-type zinc finger protein from rice

GUO Shu-Qiao, HUANG Ji, JIANG Yan, ZHANG Hong-Sheng

National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

**Abstract:** A rice zinc-finger protein gene, *RZF71*, encoding the C2H2-type zinc-finger transcription factor was isolated from rice (*Oryza sativa* L. subs. *Japonica*) by RT-PCR approach. Gene *RZF71* encodes a 25 kDa protein with 250 amino acids, which contains two typical C2H2 zinc finger domains. The expression profiling showed that *RZF71* was constitutively expressed in roots, culms, leaves, and flowering spikes. The semi-quantitative RT-PCR assay showed *RZF71* was strongly induced by high-salinity and 20% PEG6000 treatments, but not regulated by low temperature and ABA (abscisic acid) treatments. Transient expression of the *RZF71*-GFP protein in onion epidermal cell showed that *RZF71* was localized in cell nuclei. These results indicated that the *RZF71* may play an important role in rice responses to salt and osmotic stresses as a transcription factor.

**Keywords:** rice; zinc finger protein; gene cloning; abiotic stress; expression analysis

高盐、干旱和低温等非生物胁迫是影响植物生长发育和作物高产的重要限制因子。植物在长期的进化过程中, 获得了一系列的应答保护机制, 这种机制往往是通过植物细胞内基因表达的变化来实现的。目前已分离和鉴定了许多与非生物胁迫相关的基因, 主要分为两类: 效应基因和调节基因, 前者

如: SAMDC(S-腺苷酰-L-蛋氨酸脱羧酶)<sup>[1]</sup>、CMO(胆碱单加氧酶)<sup>[2]</sup>、BADH(甜菜碱醛脱氢酶基因)<sup>[3]</sup>, 后者则编码调节基因表达或信号传导过程中的蛋白质产物或蛋白激酶<sup>[4-6]</sup>。它们在植物对非生物胁迫应答过程中协调或共同发挥着重要的作用。锌指蛋白(zinc finger protein)是一个庞大的转录因子家族, 负

收稿日期: 2006-07-18; 修回日期: 2006-11-23

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30470921)、江苏省自然科学基金(编号: BK2005090)和长江学者和创新团队发展计划项目资助(No. PCSIRT)[Supported by the National Natural Science Foundation of China (No.30470921), Jiangsu Provincial Natural Science Foundation (No. BK2005090) and Changjiang Scholars and Innovative Research Team in University (No.PCSIRT)]

作者简介: 郭书巧(1972—), 女, 博士研究生, 研究方向: 植物基因工程。

通讯作者: 张红生(1962—), 男, 教授, 博士生导师, 研究方向: 水稻遗传育种。Tel: 025-84936075; E-mail: hszhang@njau.edu.cn

责基因的表达调控<sup>[7]</sup>。其中C2H2型锌指蛋白研究的较多,迄今为止,已经从拟南芥、矮牵牛、小麦、大麦、大豆等作物中分离到多个C2H2型锌指蛋白基因,广泛地参与植物生长发育和胁迫应答反应<sup>[7-12]</sup>。但是在单子叶植物中该类基因的报道还很少,本研究利用生物信息学结合RT-PCR的方法从水稻中克隆了一个盐胁迫相关C2H2型锌指蛋白基因,研究了该基因的组织表达和非生物胁迫诱导表达特征。

## 1 材料和方法

### 1.1 植物材料

粳稻(*Oryza sativa* L. subs. *japonica*)品种日本晴的种子用0.1% HgCl<sub>2</sub>消毒15 min、自来水冲洗3次后,在30℃培养箱浸种催芽,播种在石英砂上,在人工气候箱中(30℃、RH 90%、16 h/8 h,光/暗)用Yashida营养液<sup>[13]</sup>湿润育苗。3~4叶期的幼苗在液氮中速冻后,保存于-80℃冰箱用于RNA抽提和目标基因克隆。

3~4叶期的水稻幼苗同时进行非生物胁迫处理。低温处理:将幼苗置于4℃的光照培养箱培养24 h;模拟干旱处理:幼苗置于含20% PEG6000的营养液中培养24 h;高盐处理:幼苗在含150 mol/L NaCl的营养液中培养24 h;ABA处理:幼苗在含0.1 mmol/L ABA的营养液培养24 h。分时段收获不同处理的材料,在液氮中速冻后保存于-80℃冰箱用于目标基因的逆境诱导表达分析。

3~4叶期的水稻幼苗移栽于南京农业大学卫岗试验基地,常规管理。孕穗期分别收取根、茎、叶和幼穗(抽穗前10天左右),在液氮中速冻后保存于-80℃冰箱用于目标基因的组织表达分析。

### 1.2 RNA的分离与cDNA第一链的合成

总RNA的抽提采用Trizol试剂(Invitrogen)按照说明进行,取2 μg经DNaseI处理的总RNA用于cDNA第一链的合成(Progmea),产物作为RT-PCR模板。

### 1.3 RZF71基因的预测和克隆

以水稻中已经分离的C2H2型锌指蛋白基因*OsZFP*(AY077725)<sup>[14]</sup>为信息探针,搜索水稻基因组数据库,预测可能的水稻C2H2型锌指蛋白基因,选择启动子区域具有典型的CRT/DRE或ABRE元件(MapInspector程序)的一个编号为RZF71基因作为候选基因。根据预测的基因cDNA序列,设计一对特异性引物:P1: 5'-ttccatttttctgtgcac-3'和P2: 5'-gatg-

aacaacaatggcta-3' (上海博亚公司合成),通过如下PCR程序从水稻幼苗组织中分离目标基因:94℃预变性5 min;94℃变性40 s,55℃复性40 s,72℃延伸1 min,共33个循环;最后72℃延伸10 min。目的条带经胶回收纯化后(上海华舜)连接到pGEM-T载体(Promega)中,转化大肠杆菌JM109,由上海英俊公司完成测序。

### 1.4 RZF71基因的组织表达和非生物胁迫诱导表达

用于RZF71组织表达和非生物胁迫诱导表达分析的引物:5'-agggtaccaagctactagtggccatgg-3'和5'-tgg-gatccttgaaggcgagagggtga-3'。PCR反应程序同RZF71的克隆,只是PCR循环数减少为30。以水稻组成性表达的Actin基因*Rac1*<sup>[15]</sup>为内部参照,扩增*Rac1*基因的PCR引物:5'-ggaactggtatgtcaaggc-3'和5'-agtc-tcatggataaccacag-3',PCR扩增程序如下:94℃预变性5 min;94℃变性40 s,58℃复性40 s,72℃延伸1 min,共27个循环;最后72℃延伸10 min。

### 1.5 RZF71编码产物的亚细胞定位研究

利用DNAMAN6.0软件,设计一对特异性引物:5'-ttttgagctctgcacttctctttcccttc-3' (含*Sac*酶切位点)和5'-cctggatccccttgaaggcgagagggtga-3' (含*Bam*H酶切位点),扩增RZF71的开放阅读框(ORF),PCR产物经*Sac*和*Bam*H双酶切后,与pCAM-35S-GFP载体中的GFP基因5'端融合。融合载体热激转化大肠杆菌JM109,阳性克隆经酶切和测序验证,获得表达载体pCAM-35S-RZF71-GFP,进一步提取质粒转化农杆菌EHA105。利用农杆菌介导法将目标基因转化洋葱表皮细胞中,用聚光共聚焦显微镜观察,不含目的基因的pCAM-35S-GFP载体为对照。

### 1.6 生物信息学分析

cDNA序列分析采用DNAMAN6.0软件;氨基酸的多序列比对和系统发生树的分析采用ClustalX软件(版本1.81)和Mega(版本3.1)程序实现;顺式作用元件预测采用MapInspector (<http://www.genomatix.de>)程序进行;水稻基因组序列分析依据水稻基因组数据库(RGP, <http://rgp.dna.affrc.go.jp>)。

## 2 结果与分析

### 2.1 RZF71 cDNA的克隆与序列分析

根据预测和拼接的RZF71的cDNA序列设计特

异性引物, 通过 RT-PCR 的方法, 从水稻幼苗中分离了目标基因 *RZF71* (GenBank 注册号为: AY219847)。

该基因cDNA编码一条 250 个氨基酸残基的多肽, 分子量为 25 kDa, 等电点为 8.1。*RZF71* 编码产物含有两个典型的Cys2/His2 锌指结构(图 1), 两锌指区之间由 47 个主要为酸性及疏水性氨基酸组成的区段隔开, 两个锌指结构都包含植物所特有的 QALGGH 保守序列。在N端含有一个可能的核定位

信号序列KXKRSKRXR及一个富含亮氨酸的疏水区 L-box, 其中心序列为EXEXXAXCLXXL, 可能与 DNA的结合有关<sup>[8]</sup>; C-端有一个保守的FDLN-box, 是一个可能的功能抑制区<sup>[16]</sup>。

通过ClustalX软件, 将*RZF71* 与已经报道的几个与非生物胁迫可能相关的植物C2H2 型锌指蛋白进行氨基酸一致性比对, 发现*RZF71* 与小麦*WZF1*<sup>[17,18]</sup>的氨基酸一致性为 42%, 与苜蓿*MtZFP1*<sup>[19]</sup>为 32%、

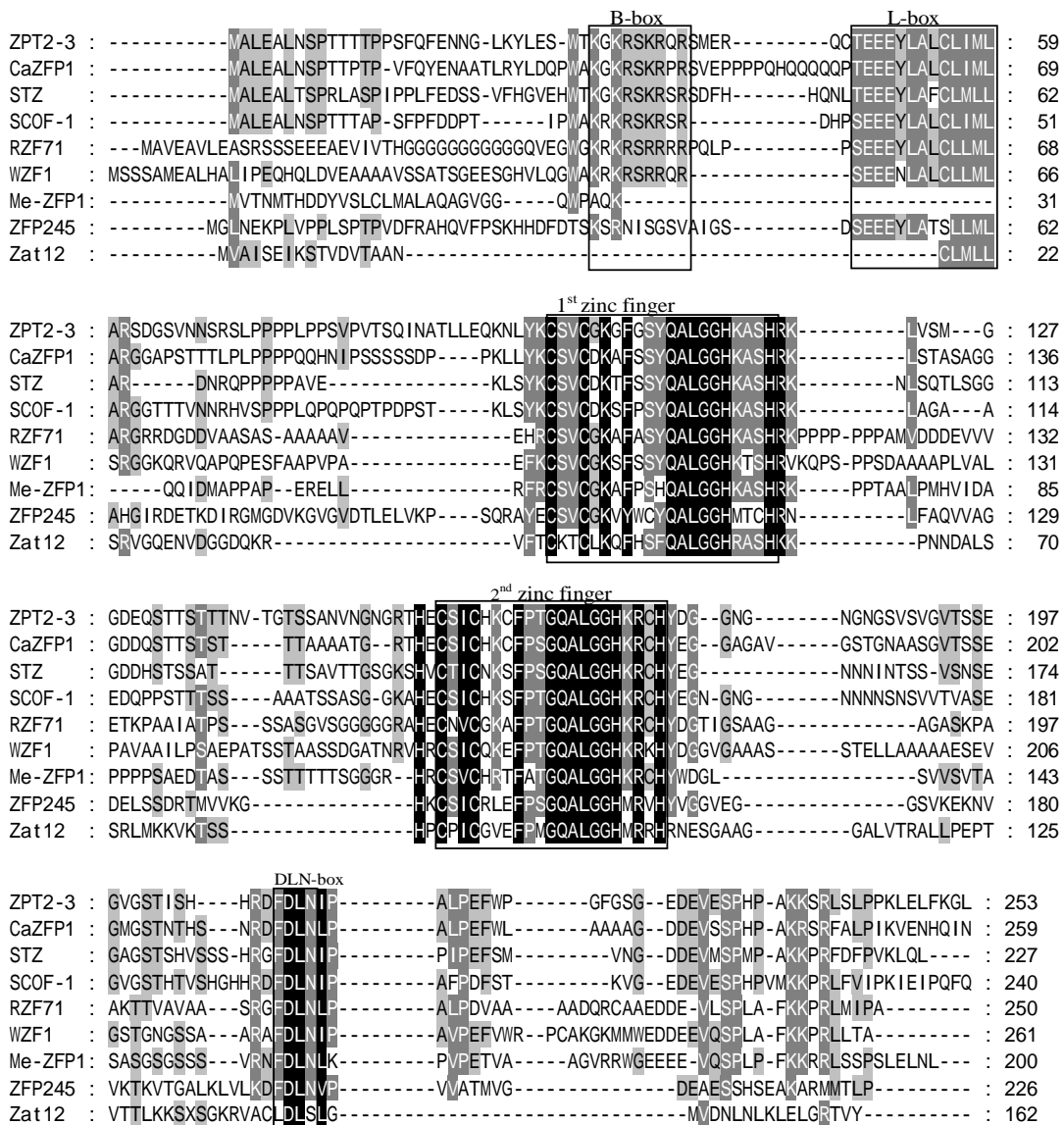


图 1 *RZF71* 与其他已报道与非生物胁迫相关的植物 C2H2 型锌指蛋白的氨基酸序列比对

加框部分分别表示 B-box, L-box, 锌指结构区及 DFN-box; 黑色表示序列一致, 灰色表示序列保守。

Fig. 1 Alignment of *RZF71* with other reported stress-responsive C2H2-type zinc finger proteins

The characteristics of amino acid sequences (B-box, L-box, two zinc fingers, and DFN-box) are boxed-in. Positions containing identical residues are shaded in black, and conservative residues in grey.

CaZFP1 (*Capsicum annuum* CAF74935), Mt-ZFP1 (*Medicago sativa* CAB77055), RZF71 (*Oryza sativa* AAO46041), SCOF-1 (*Glycine max* AAB39638), STZ (*Arabidopsis thaliana* NP\_174094), WZF1 (*Triticum aestivum* BAA03902), ZAT12 (*A. thaliana* AAM65582), ZFP245 (*O. sativa* AAQ95583), ZPT2-3 (*Petunia hybrida* BAA05079).

大豆SCOF-1<sup>[10]</sup>为 32%、矮牵牛ZPT2-3<sup>[20]</sup>为 31%、辣椒CaZFP1<sup>[21]</sup>为 30%、拟南芥STZ<sup>[8,22]</sup>为 30%、水稻的ZFP245<sup>[23]</sup>为 28%、拟南芥的ZAT12<sup>[24]</sup>的一致性为 17%。构建了RZF71 和非生物胁迫有关的植物C2H2 型锌指蛋白的系统发生树(图 2), 发现RZF71 与小麦中受盐胁迫诱导的锌指蛋白WZF1 的亲缘关系较近, 推测RZF71 可能与WZF1 具有类似的功能。

## 2.2 RZF71 的染色体定位

将 RZF71 的核苷酸序列与水稻基因组数据库 (RGP, <http://rgp.dna.affrc.go.jp>) 进行比较, 发现 RZF71 的 cDNA 序列与位于 12 号染色体的 BAC 克隆 OJ1260\_B01 中的一个区段有 98% 以上的相似性, 可能为 RZF71 的基因组序列。该基因在水稻基因组中可能以单拷贝形式存在。进一步分析发现 RZF71 所在区域内部大约 5.5 kb, 含有 3 个推断的锌指蛋白结构基因, 依次为 TFIIIA 型锌指蛋白 RZF71、A20 型

锌指蛋白基因和 C3H1 型锌指蛋白基因(图 3)。

## 2.3 RZF71 的启动子区顺式作用元件分析

利用 MapInspector 程序, 对 RZF71 基因 ATG 上游 1,500 bp 进行顺式作用元件分析, 发现一个 RNA 聚合酶 结合位点 TATA-box, 3 个 MYB 识别位点序列 MRS(MYB recognition site), 1 个干旱应答元件 DRE(dehydration-response factor), 1 个 NAC 结合因子 NBF(NAC binding factor), 2 个 W-box(TTGAC)和 1 个 CBF 表达诱导子 ICE(inducer of CBF expression)(表 1)。这些植物抗逆相关顺式作用元件的存在预示了 RZF71 的表达可能受非生物胁迫的调节。

## 2.4 RZF71 基因的表达分析

RZF71 在水稻成株期的根、茎、叶、幼穗组织中呈组成性表达, 在根组织的表达丰度略高(图 4)。

3~4 叶期水稻幼苗在高盐(150 mmol/L NaCl)和模拟干旱(20% PEG6000)处理 3 h 后, RZF71 的表达

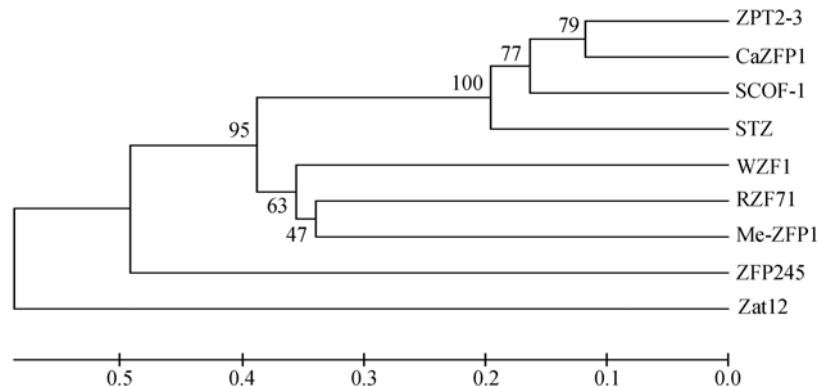


图 2 RZF71 与已报道的与非生物胁迫相关 C2H2 型锌指蛋白的系统发生分析  
注释同图 1。

Fig. 2 Phylogenetic tree of RZF71 and other reported stress-responsive zinc finger proteins  
The same organisms and accession numbers in Fig. 1 were followed.

表 1 RZF71 基因启动子区预测的胁迫相关顺式调控元件

Table 1 The putative cis-acting elements distributed in the promoter region of RZF71 gene

可能元件 Putative element	位置 Position	序列 Sequence	可能性 Probability
ICE (inducer of CBF expression)	-1451~ -1438*	tACAT**ctgtctaa	0.95
	-1410~ -1427	tataATATgccacatca	0.83
MRS (MYB recognition site)	-1160~ -1177	cataacTAGTtaatcac	0.76
	-528~ -539	cttctATCCagattca	0.90
NBF (NAC binding factor)	-837~ -860	cacgtagtgtgtaCACGtcaactcca	0.68
DRE (dehydration-response factor)	-729~ -749	ggtcGCCGcctctge	0.89
W-box	-1377~ -1394	tttttTTGAcagaggga	0.92
	-240~ -257	ggtgtTTGAccecaaga	0.92
TATA-box	-167~ -182	ctcaTATAaacccca	0.88

\* 阿拉伯数字表示调控元件和起始密码子之间的核苷酸数; \*\* 核心序列用大写英文字母表示。

\* The arabians indicate the numbers of nucleartide acids between element and start codon; \*\* The core sequence were denoted as basepairs in capital.

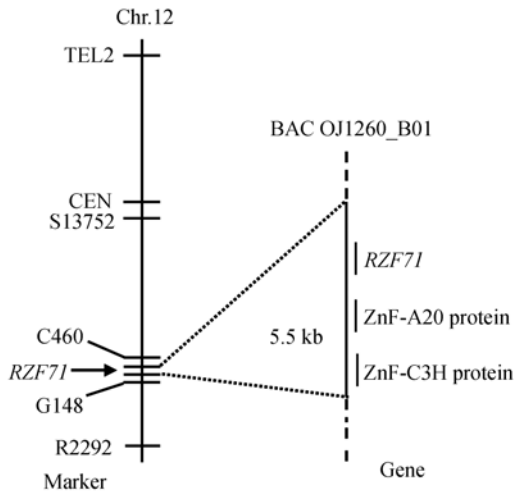


图 3 *RZF71* 染色体定位  
Fig. 3 Chromosomal mapping of *RZF71*

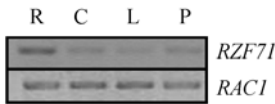


图 4 *RZF71* 在水稻根(R), 茎(C), 叶(L)和幼穗(P)中的表达  
Fig. 4 Expression profiles of *RZF71* in roots (R), culms (C), leaves (L), and immature spikes (P) in rice

量明显增加, 随后表达量有所减低(图4); 幼苗在 4 低温和 ABA(0.1 mmol/L)处理后, *RZF71* 表达量变化不大(图 5)。表明 *RZF71* 可能在植物响应高盐和渗透胁迫过程中, 参与了不依赖于 ABA 的信号转导途径。

### 2.5 *RZF71* 基因编码产物的亚细胞定位

推定的*RZF71* 基因编码产物的N-末端包含有 KRKRSRRRR 结构域, 类似于猿病毒 40 (SV40)-型核定位信号<sup>[25]</sup>。为了确认该蛋白是否定位于细胞核, 利用农杆菌介导法将构建的融合表达载体

pCAM-35S-*RZF71*- GFP 转化洋葱表皮细胞, 在聚光共聚焦显微镜下进行观察, 结果表明, 该融合蛋白被定位在细胞核中, 而不含 *RZF71* 的对照 GFP 蛋白分布在整个细胞中(图 6)。

### 3 讨论

C2H2 型锌指蛋白广泛存在于高等植物中, 参与植物的生长发育和胁迫应答反应。目前已经发现的参与胁迫应答反应的植物C2H2 型锌指都具有双锌指结构<sup>[7-12]</sup>。本实验室利用生物信息学手段从水稻全基因组中鉴定了至少 78 个C2H2 型锌指蛋白基因(未发表资料), 选择启动子区含有脱水应答元件(CRT/DRE)或ABA应答元件(ABRE)等非生物胁迫应答元件的双锌指蛋白基因作为候选基因, 并研究它们在植物响应非生物胁迫应答中的可能作用, 对阐明植物抗非生物胁迫的分子机制具有重要意义。

本文克隆的 *RZF71* 可能是一个与非生物胁迫相关的 C2H2 型锌指基因, 其编码产物具有典型的 C2H2 型锌指结构, N 端含有一个可能的核定位信号序列 KRKRSRRRR。通过在洋葱表皮细胞中瞬时表达试验证实了 *RZF71* 是一个核定位蛋白, 可能作为一个核调控因子在水稻抗非生物胁迫中起作用。

*RZF71* 与本实验室以前报道的水稻*ZFP245*<sup>[23]</sup>一样, 都不受ABA的诱导; *RZF71* 受高盐和模拟干旱的诱导, 不受低温诱导, *ZFP245* 受模拟干旱和低温诱导诱导, 不受高盐诱导; 且它们的诱导模式也不尽相同, *RZF71* 在处理 3 h 表达量明显增强, 随后有所下降, 而*ZFP245* 只在处理后 6 h 瞬时诱导表达。表明*RZF71* 和*ZFP245* 在响应非生物胁迫过程中, 可能都参与了不依赖于ABA的信号传导, 但是在对高盐、低温和渗透胁迫的应答过程中存在彼此

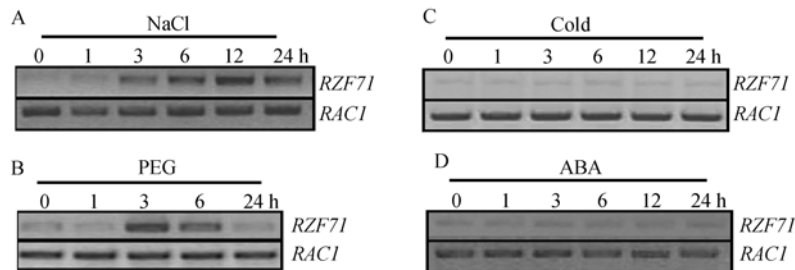


图 5 不同非生物胁迫下 *RZF71* 的表达分析  
A: 150 mmol/L NaCl; B: 20% PEG; C: 4 ℃ 处理; D: 0.1 mmol/L ABA。  
Fig. 5 Expression profiles of *RZF71* in rice seedlings under various abiotic stresses and ABA treatment  
A: 150 mmol/L NaCl; B: 20% PEG; C: 4 ℃ ; D: 0.1 mmol/L ABA.

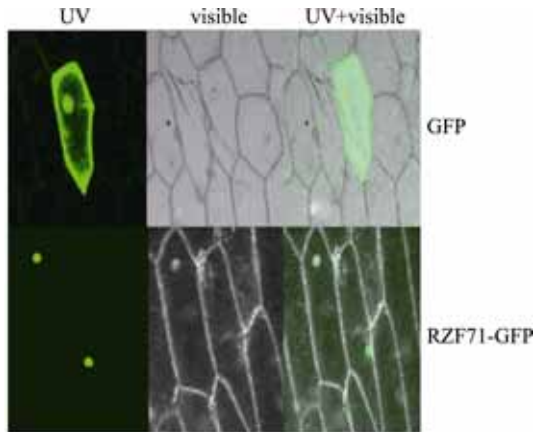


图 6 RZF71-GFP 在洋葱表皮细胞的亚定位 ( $\times 200$ )  
Fig. 6 Subcellular localization of the RZF71-GFP protein in onion epidermal cells ( $\times 200$ )

交错而又不同的调控机制。在 *RZF71* 基因的上游区发现了脱水应答元件 DRE/CRT、ICE、W-box 和 MRS 等非生物胁迫应答作用元件 (表 1), 表明 RZF71 可能受 DREB 转录因子、MYB/MYC 转录因子以及 WRKY 转录因子的调控参与植物非生物胁迫应答反应, 然而 *RZF71* 受高盐和渗透胁迫的诱导是否是受上述转录因子的调节还需要进一步的研究。由于拟南芥锌指蛋白基因 *STZ* 已经被证实是 DREB1A 下游基因 [26,27], 因此 RZF71 有可能与 STZ 类似, 是水稻 DREB 转录因子的下游分子, 通过抑制基因表达的方式参与植物的非生物胁迫应答反应。RZF71 还可能与其他非生物胁迫应答转录因子在植物响应非生物胁迫过程中, 形成彼此交错的网络调控体系, 要进一步了解该基因在这个网络中的功能, 还需要通过基因敲除等策略对该基因进行功能分析。

#### 参考文献 (References):

- [1] Li ZY, Chen SY. Differential accumulation of the S-adenosylmethionine decarboxylase transcript in rice seedlings in response to salt and drought stresses. *Theor Appl Genet*, 2000, 100(5): 782–788.
- [2] Shen YG, Du BX, Zhang WK, Zhang JS, Chen SY. AhCMO, regulated by stresses in *Atriplex hortensis*, can improve drought tolerance in transgenic tobacco. *Theor Appl Gene*, 2002, 105(6-7): 815–821.
- [3] JIA Geng-Xiang, ZHU Zhi-Qing, LI Yin-Xin. Advances in study of betaine and its genetic engineering for salt tolerance improvement of plants. *Chinese Bulletin Botany*, 2002, 19(3): 272–279.  
贾庚祥, 朱至清, 李银心. 甜菜碱与植物耐盐基因工程. *植物学通报*, 2002, 19(3): 272–279.
- [4] Shinozaki K, Yamuchi-Shinozaki K. Molecular responses to dehydration and low temperature: Differences and cross-talk between two stress signaling pathways. *Curr Opin Plant Biol*, 2000, 3(3): 217–223.
- [5] Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K, Seki M. Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses. *Curr Opin Plant Biol*, 2003, 6(5): 410–417.
- [6] WANG Ping-Rong, DENG Xiao-Jian, GAO Xiao-Ling, CHEN Jing, WAN Jia, JIANG Hua, XU Zheng-Jun. Progress in the study on DREB transcription factor. *Hereditas*(Beijing), 2006, 28(3): 369–374.  
王平荣, 邓晓建, 高晓玲, 陈静, 万佳, 姜华, 徐正君. DREB 转录因子研究进展. *遗传*, 2006, 28(3): 369–374.
- [7] HUANG Ji, WANG Jian-Fei, ZHANG Hong-Sheng. Structure and function of plant C2H2 zinc finger protein. *Hereditas*(Beijing), 2004, 26(3): 414–418.  
黄骥, 王建飞, 张红生. 植物 C2H2 型锌指蛋白基因的结构和功能. *遗传*, 2004, 26(3): 414–418.
- [8] Sakamoto H, Araki T, Meshi T, Iwabuchi M. Expression of a subset of the *Arabidopsis* Cys(2)/His(2)-type zinc-finger protein gene family under water stress. *Gene*, 2000, 248(1-2): 23–32.
- [9] Kobayashi A, Sakamoto A, Kubo K, Rybka Z, Kanno Y, Takatsuji H. Seven zinc-finger transcription factors are expressed sequentially during the development of anthers in *Petunia*. *Plant J*, 1998, 13(4): 571–576.
- [10] Kim JC, Lee SH, Cheong YH, Yoo CM, Lee SI, Chun HJ, Yun DJ, Hong JC, Lee SY, Lim CO, Cho MJ. A novel cold-inducible zinc finger protein from soybean, SCOF-1, enhances cold tolerance in transgenic plants. *Plant J*, 2001, 5(3): 247–259.
- [11] Takatsuji H, Nakamura N, Katsumoto Y. A new family of zinc finger proteins in *petunia*: structure, DNA sequence recognition, and floral organ-specific expression. *Plant Cell*, 1994, 6(7): 947–958.
- [12] YANG Yu-Wen, NI Wan-Chao, ZHANG Bao-Long, SHEN Xin-Lian, ZHANG Xiang-Gui, XU Ying-Jun, YAO Shu. Molecular cloning and expression analysis of a SUPERMAN like zinc finger protein gene in upland cotton. *Hereditas*(Beijing), 2006, 28(4): 443–448.  
杨郁文, 倪万潮, 张保龙, 沈新莲, 张香桂, 徐英俊, 姚姝. 陆地棉 SUPERMAN 类似锌指蛋白基因的克隆与表达分析. *遗传*, 2006, 28(4): 443–448.
- [13] Yoshida S, Forno DA, Cock JH, Gomez KA. Laboratory manual for physiological studies of rice. 3rd edition Los Banos: International Rice Research Institute, The Philippines, 1976.
- [14] HUANG Ji, ZHANG Hong-Sheng, CAO Ya-Jun, WANG Dong, WANG Jian-Fei, YANG Jin-Shui. Cloning and sequence analysis of a new novel C2H2 zinc finger cDNA from rice (*Oryza sativa* L.). *JNanjing Agri Univ*, 2002,

- 25(2): 110–112.  
黄骥, 张红生, 曹雅君, 王东, 王建飞, 杨金水. 一个新的水稻 C2H2 型锌指蛋白 cDNA 的克隆与序列分析. 南京农业大学学报, 2002, 25(2): 110–112.
- [15] Reece KS, McElroy D, Wu R. Genomic nucleotide sequence of four rice (*Oryza sativa* L.) actin genes. *Plant Mol Biol*, 1990, 14(4): 621–624.
- [16] Sakamoto H, Maruyama K, Sakuma Y, Meshi T, Iwabuchi M, Shinozaki K, Shinozaki KY. *Arabidopsis* Cys2/His2-Type zinc-Finger proteins function as transcription repressors under drought, cold, and high-salinity stress conditions. *Plant Physiol*, 2004, 136(1): 2734–2746.
- [17] Sakamoto A, Minami M, Huh GH, Iwabuchi M. The putative zinc-finger protein WZF1 interacts with a *cis*-acting element of wheat histone genes. *Eur J Biochem*, 1993, 217(3): 1049–1056.
- [18] Sakamoto A, Omirulleh S, Nakayama T, Iwabuchi M. A zinc-finger-type transcription factor WZF-1 that binds to a novel *cis*-acting element of histone gene promoters represses its own promoter. *Plant Cell Physiol*, 1996, 37(4): 557–562.
- [19] Xu Y, Ma QH. *Medicago truncatula* Mt-ZFP1 Encoding a root enhanced zinc finger protein is regulated by cytokinin, abscisic acid and jasmonate, but not cold. *DNA Seq*, 2004, 15(2): 104–109.
- [20] Sugano S, Kaminaka H, Rybka Z, Catala R, Salinas J, Matsui K, Ohme-Takagi M, Takatsuji H. Stress-responsive zinc finger gene *ZPT2-3* plays a role in drought tolerance in *Petunia*. *Plant J*, 2003, 36(6): 830–841.
- [21] Kim SH, Hong JK, Lee CL, Sohn KH, Jung HW, Hwang BK. *CAZFP1*, Cys2/his2-type zinc-finger transcription factor gene functions as a pathogen-induced early-defense gene in *Capsicum annuum*. *Plant Mol Biol*, 2004, 55(6): 883–904.
- [22] Lippuner V, Cyerti M, Gasser CS. Two classes of plant cDNA clones differentially complement yeast calcineurin mutants and increase salt tolerance of wild-type yeast. *J Biol Chem*, 1996, 271(22): 12859–12866.
- [23] Huang J, Wang JF, Wang QH, Zhang HS. Identification of a rice zinc finger protein whose expression is transiently induced by drought, cold but not by salinity and abscisic acid. *DNA Seq*, 2005, 16(2): 130–136.
- [24] Davletova S, Schlauch K, Coutu J, Mittler R. The zinc-finger protein Zat12 plays a central role in reactive oxygen and abiotic stress signaling in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*, 2005, 139(2): 847–856.
- [25] Kalderon D, Roberts BL, Richardson WD, Smith AE. A short amino acid sequence able to specify nuclear location. *Cell*, 1984, 39(3 Pt 2): 499–509.
- [26] Chinnusamy V, Zhu JH, Zhu JK. Gene regulation during cold acclimation in plants. *Physiologia Plantarum*, 2006, 126(1): 52–61.
- [27] Maruyama K, Sakuma Y, Kasuga M, Ito Y, Seki M, Goda H, Shimada Y, Yoshida S, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. Identification of cold-inducible downstream genes of the *Arabidopsis* DREB1A/CBF3 transcription factor using two microarray systems. *Plant J*, 2004, 38(6): 982–993.

## “ 2007 海内外生物膜学术研讨会 ” 将在宜昌召开

由中国生物物理学会、中国生物化学与分子生物学会和中国细胞生物学会联合主办, 中国生物物理学会“膜与细胞生物物理专业委员会”、中科院生物物理研究所“生物大分子国家重点实验室”、国家科技部“生物膜与膜蛋白的结构与功能研究”973项目和“生物膜与膜工程国家重点实验室”等联合承办的“第九次全国暨 2007 海内外生物膜学术研讨会”将于 2007 年 10 月 12–17 日在湖北宜昌召开。

会议主题: (1)膜与膜蛋白的结构; (2)信号跨膜转导与细胞功能调控; (3)膜运送 (Membrane traffic and transport); (4)离子通道; (5)膜与能量转换; (6)生物膜与细胞凋亡; (7)膜与疾病和药物靶点; (8)膜蛋白组学; (9)生物膜研究的新技术和新方法。

大会报告人: 常文瑞; 张传茂; 屠平; 任骏; 王奋; 徐涛; 洪万金; 盛祖杭; 段树民; 李巍; 隋森芳; 杨晓明;

徐劲松; 武维华; 杨春虹; 卫涛涛; 林家凌; 李保界; 张辰宇; 张志鸿; 蒋华良; 张玉中; 王秩秋; 甘文标; 许越; 赵晓军等。

论文摘要: 中文或英文, 摘要包括题目、作者姓名(请提交论文摘要并参加会议者在姓名下加下划线)、工作单位、邮编、email 地址、正文、图表及参考文献, 篇幅为一个 A4 纸(210 mm x 297 mm) 页面。注明“宜昌膜会议摘要”, 以电子邮件附件形式发送至下列 E-mail 地址: wsy@moon.ibp.ac.cn。会议摘要论文集在《生物化学与生物物理进展》增刊形式刊登。论文摘要截止日期: 2007 年 7 月 31 日。

报名及汇款: 北京市朝阳区大屯路 15 号(邮编 100101)中国生物物理学会 王悦(收)

电话: (010)64889894; 传真: (010)64889892; 电子邮箱: wangyue@sun5.ibp.ac.cn