

Identification and Characterization of Cucumber *MGT* Genes

Zhaojuan Meng^{1*}, Meixia Gao^{2*}, Dongliang Jiang³, Zonghui Yang¹, Yongqiang Wang¹, Wei Chen¹, Qiwei Cao¹, Libin Li^{1#}

¹Vegetable Science Observation and Experiment Station in Huang-Huai Region of Ministry of Agriculture (Shandong)/Key Laboratory of Greenhouse Vegetable Biology of Shandong Province/Shandong Branch of National Vegetable Improvement Center/Vegetable and Flower Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan Shandong

²Yinan Ecological Agricultural Development Service Center of Shandong Province, Linyi Shandong

³Haiyang City Comprehensive Administrative Enforcement Bureau of Shandong Province, Haiyang Shandong
Email: 459822754@qq.com, #libin224@126.com

Received: Nov. 2nd, 2019; accepted: Nov. 18th, 2019; published: Nov. 25th, 2019

Abstract

In this text, 7 magnesium transporter genes (*MGT*) were identified in cucumber genome. Also their genome distribution, gene structure, phylogeny, and cis-elements were systemically analyzed. The results showed that, the cucumber *MGT* genes unevenly distributed in genome, and their gene structures were different from each other. However, their encoded putative proteins all have a conserved CorA magnesium transporter like domain. As for their phylogeny, they were divided into three subgroups. In their upstream region, there were multiple cis-elements responsive to different hormones and environmental stimuli. And the cis-element type and number of each cucumber *MGTs* was some different. All these results implicated that cucumber *MGT* genes have similar but divergent roles.

Keywords

Cucumber (*Cucumis sativus* L.), Magnesium Transporter, Structure, Phylogeny, Cis-Element

黄瓜*MGT*基因的鉴定和特征分析

孟昭娟^{1*}, 高美霞^{2*}, 姜东亮³, 杨宗辉¹, 王永强¹, 陈伟¹, 曹齐卫¹, 李利斌^{1#}

¹山东省农业科学院蔬菜花卉研究所/国家蔬菜改良中心山东分中心/山东省设施蔬菜生物学重点实验室/农业部黄淮地区蔬菜科学观测试验站(山东), 山东 济南

²山东沂南县生态农业发展服务中心, 山东 临沂

³山东省海阳市综合行政执法局, 山东 海阳

*共一作者。

#通讯作者。

文章引用: 孟昭娟, 高美霞, 姜东亮, 杨宗辉, 王永强, 陈伟, 曹齐卫, 李利斌. 黄瓜 *MGT* 基因的鉴定和特征分析[J]. 农业科学, 2019, 9(11): 1084-1090. DOI: 10.12677/hjas.2019.911152

Email: 459822754@qq.com, #libin224@126.com

收稿日期: 2019年11月2日; 录用日期: 2019年11月18日; 发布日期: 2019年11月25日

摘要

本文从黄瓜基因组中鉴定出7个镁离子转运载体*MGT*基因, 并对这些基因的基因组分布、基因结构、系统进化和顺式元件进行了系统分析。结果显示, 黄瓜的*MGT*基因不均匀地分布在基因组中, 它们的基因结构差异较大, 但都存在一个*CorA*类镁离子载体蛋白结构域。在进化上这些基因分为三个不同的类群, 在它们的上游序列中存在多个顺式元件, 能够应答不同的激素和逆境信号, 且不同*MGT*成员间顺式元件有所不同。这些结果预示黄瓜的*MGT*基因在功能上具有一定的相似性, 但又有所分化。

关键词

黄瓜, 镁离子转运载体, 结构, 进化, 顺式元件

Copyright © 2019 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

镁是植物生长发育所必需的矿质元素, 在植物生长发育过程中具有重要功能[1] [2] [3] [4] [5]。它是叶绿素的核心组分, 在植物的光合作用和同化产物转运中具有重要功能。镁离子可以作为 ATP 的辅助因子和许多重要酶的组成部分和活化剂, 如激酶、磷酸化酶和硝酸还原酶等。镁还有稳定基因组的功能, 为 DNA 复制和修复所必需, 并在核糖体组装及转录和翻译过程中发挥重要作用。游离的 Mg^{2+} 不仅能够维持细胞内的渗透势, 还能保持细胞膜稳定性, 减轻植物的铝害。植物缺镁导致叶片黄化, 光合作用受到抑制, 生长发育异常。目前, 有关植物镁离子吸收转运的研究已取得很大进展[6] [7], 越来越多的植物镁离子转运基因被克隆[8] [9] [10] [11], 研究的物种日益增多[12] [13] [14] [15] [16]。植物中存在两类镁离子转运蛋白: 一类是质子依赖型 Mg^{2+}/H^{+} 交换体(*AtMHX*), 另一类是 *CorA* 类 Mg^{2+} 转运体 *MGT/MRS2*。*CorA* 类 Mg^{2+} 转运体 *MGT/MRS2* 在模式植物拟南芥及玉米等物种中研究较为深入。例如, 拟南芥和水稻的 *MGT1* 基因能提高植物铝的耐受性[17] [18]; 在拟南芥中, *MGT2* 和 *MGT3* 促进高镁条件下叶肉细胞液泡中镁离子的积累[19], *MGT4*、*MGT5* 和 *MGT9* 对花粉的发育是必需的, 突变会导致化药发育异常和花粉败育[20] [21] [22] [23], *MGT6* 不仅对植株在低镁条件下的生长至关重要, 而且还能提高植株对高镁胁迫的耐受性[24] [25], *MGT7* 既响应低镁胁迫, 又参与对高钙环境的适应[26] [27], *MGT10* 对叶绿体的形成和光合作用至关重要[28]。此外, 玉米的 *MGT10* 受缺镁诱导表达, 过表达转化拟南芥可以提高植株对低镁的耐受性[29] [30], *MGT12* 与叶绿体中镁离子的转运相关[31] [32], 油菜中 *MGT7* 能促进植株镁的积累[33], 水稻的 *MGT1* 能提高植株缺镁的耐受性和盐胁迫抗性[34] [35]。

黄瓜作为主要栽培蔬菜, 在生产过程中也常常遇到镁元素不平衡的问题。鉴于镁离子转运蛋白基因对植物生长发育和镁离子吸收平衡的重要性, 本文利用比较基因组学和计算生物学的方法从黄瓜基因组中鉴定出 7 个 *MGT* 基因, 并对这些基因的基因组分布、结构特征、进化和顺式元件进行了系统分析。

2. 材料和方法

根据文献信息[6],在NCBI数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)中获得拟南芥镁离子转运载体蛋白序列,作为诱饵来搜索黄瓜基因组数据库(<http://cucumber.genomics.org.cn/page/cucumber/blast.jsp>)和NCBI数据库(http://blast.st-va.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastHome),鉴定黄瓜的MGT基因。然后根据其编码蛋白3'端三肽基序GMN的有无和拟南芥基因组数据库TAIR中Blastp的比对结果进行确证。基因结构分析和系统进化、基因启动子区顺式元件分析和基因编码蛋白亚细胞定位参照李利斌等人的方法[36]。利用Mega4.1软件对黄瓜的MGT进行系统进化分析,采用Joining-neighbour method方法。利用motif-Scan(http://myhits.isb-sib.ch/cgi-bin/motif_scan)对黄瓜MGT的编码蛋白进行结构域和基序分析,利用PLANTCARE(<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>)对启动子区的顺式反应元件进行预测分析。利用WoLF PSORT(http://www.genscript.com/psort/wolf_psort.html)对黄瓜MGT基因编码的蛋白进行亚细胞定位预测。

3. 结果与分析

3.1. 黄瓜MGT的基因组分布及分子特征

作者从黄瓜基因组中解析出7个MGT基因(表1)。其中,1、6和7号染色体上各有一个MGT基因,2号和3号染色体上各有两个MGT基因。因Csa006987和Csa015785的基因组解析结果与NCBI数据库中cDNA序列的结果不完全一致,我们以cDNA的结果为准进行修正后命名为Csa006987m和Csa015785m。黄瓜七个MGT基因的外显子数差异较大(图1),Csa006987m外显子数最多有12个,而Csa015785m外显子最少,只有3个。编码区序列保守性较低,但在编码产物中均含有三肽基序GMN和CorA-类镁离子转运蛋白结构域。这些基因的编码产物预测分别定位在细胞质等不同的细胞器中。

Table 1. Identification, chromosome location, and molecular characteristics of cucumber MGT genes
表 1. 黄瓜 MGT 基因的鉴定和染色体分布及分子特征

| 基因 Gene | 染色体 Chromosome | 位置 Locus | 外显子数 Exons | 编码区大小 Coding sequence size | 亚细胞定位预测 Subcellular localization |
|------------|-------------------|---------------------|---------------|-------------------------------|-------------------------------------|
| Csa006987m | 1 | 9832785-9819032 | 12 | 1350 | 叶绿体 |
| Csa021316 | 2 | 10463375:10467671- | 11 | 1182 | 细胞质 |
| Csa014662 | 2 | 10525644:10531421:- | 11 | 1194 | 质膜 |
| Csa015785m | 3 | 14268907:14288122:- | 3 | 1332 | 叶绿体 |
| Csa004882 | 3 | 23172876:23175530:+ | 6 | 1278 | 质膜 |
| Csa013146 | 6 | 14958286:14961174:- | 6 | 1035 | 细胞质 |
| Csa003487 | 7 | 919335:923005:- | 6 | 1503 | 高尔基体 |

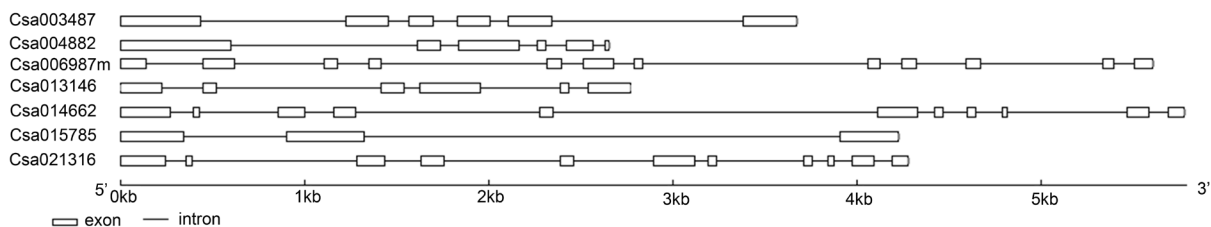


Figure 1. Intron-exon structure of cucumber MGT genes

图 1. 黄瓜 MGT 基因的内含子 - 外显子结构

3.2. 黄瓜 *MGT* 的系统进化和蛋白基序分析

系统进化分析表明, 黄瓜的 *MGT* 家族可分为三个类群: *Csa004882*、*Csa013146* 和 *Csa003487* 为类群 I; *Csa015785m*、*Csa014662* 和 *Csa021316* 为类群 II; *Csa006987m* 为类群 3 (图 2)。其中 *Csa003487* 与 *AtMGT4*, *Csa015785m* 与 *AtMGT6/5*, *Csa014662* 和 *Csa021316* 与 *AtMGT9*, *Csa006987m* 与 *AtMGT10* 分别直系同源。和拟南芥 *MGT* 蛋白序列比对发现, *Csa004882*、*Csa013146* 和 *Csa015785m* 分别与拟南芥的 *AtMGT1*、*AtMGT3* 和 *AtMGT6* 的蛋白序列一致性最高。蛋白基序分析结果表明, 不同黄瓜 *MGT* 基因编码蛋白均含有若干个豆蔻酰化位点和磷酸激酶 C 磷酸化位点, 以及一个 CorA 类镁离子载体蛋白结构域(表 2)。但它们含有糖基化位点、豆蔻酰化位点及磷酸化位点的数目各不相同。

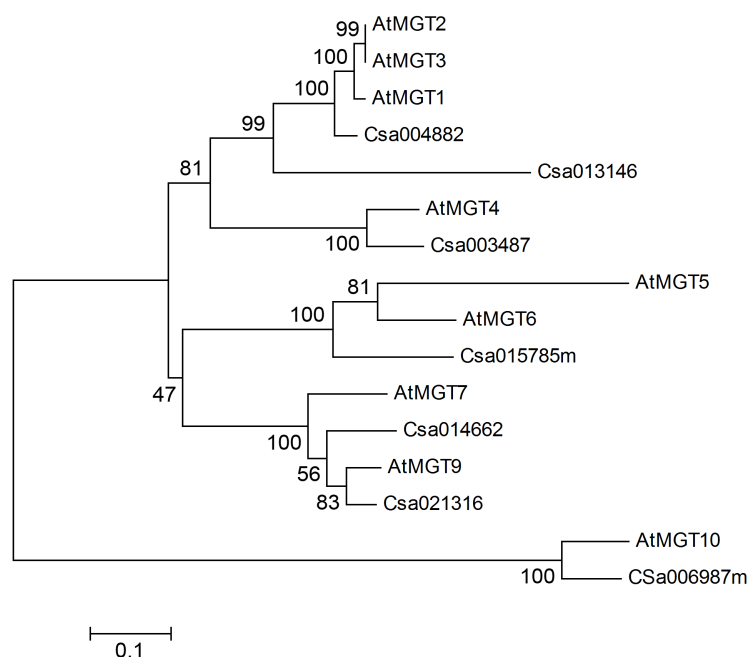


Figure 2. Phylogeny of cucumber *MGT* genes
图 2. 黄瓜 *MGT* 基因的遗传进化分析

Table 2. Motifs of cucumber *MGT* proteins
表 2. 黄瓜 *MGT* 的蛋白基序分析

| 编码蛋白 | A | B | C | D | E | F |
|-------------------|---|---|----|---|---|---|
| <i>Csa004882</i> | 1 | 4 | 7 | 1 | | 1 |
| <i>Csa013146</i> | | 3 | 6 | 1 | 1 | |
| <i>Csa003487</i> | | 5 | 6 | 1 | 1 | |
| <i>Csa015785m</i> | | 5 | 7 | 1 | 5 | |
| <i>Csa021316</i> | 1 | 2 | 8 | 1 | | |
| <i>Csa014662</i> | 1 | 2 | 11 | 1 | | |
| <i>Csa006987m</i> | | 5 | 7 | 1 | 2 | |

注: A) 亮氨酸拉链模式; B) 豆蔻酰化位点; C) PKC 磷酸化位点; D) CorA 类镁离子载体蛋白; E) N-糖基化位点; F) 核定位信号。

3.3. 黄瓜 *MGT* 基因的顺式元件和功能预测

顺式元件是研究基因功能的重要线索。本文发现在黄瓜 *MGT* 基因的 5' 序列(1500 bp)中, 存在多个不同的顺式作用元件(表 3), 如干旱诱导表达元件(MBS)、热胁迫应答元件(HSE)等逆境应答元件和应答乙烯(ERE)、赤霉素(GARE-motif)和水杨酸(TCA-element)等植物激素的应答元件。根据黄瓜 *MGT* 顺式元件分析及系统进化结果, 结合拟南芥 *MGT* 基因功能研究的结果, 笔者推测 *Csa004882* 和 *Csa013146* 具有镁离子转运功能和在缺钙条件下渗透调节的功能, *Csa003487*、*Csa014662* 和 *Csa021316* 具有影响花粉发育和育性的功能, *Csa015785m* 具有维持在缺镁和高镁胁迫下植物体内镁离子平衡的功能, *Csa006987m* 具有镁离子转运的功能。此外, *Csa004882* 可能应答干旱胁迫、赤霉素和水杨酸信号, *Csa013146* 可应答热、干旱胁迫及赤霉素、水杨酸和乙烯信号, *Csa003487* 可应答干旱和热胁迫, 以及赤霉素、水杨酸和茉莉酸甲酯(CGTC-motif), *Csa015785m* 可应答干旱和热胁迫及乙烯信号, *Csa021316* 可应答热胁迫和赤霉素信号, *Csa014662* 可应答干旱、热胁迫及赤霉素、水杨酸和乙烯信号, *Csa006987m* 可应答干旱、热胁迫及 ABA 和茉莉酸甲酯信号。总之, 黄瓜的 *MGT* 基因可能具有多种生物学功能, 需要深入系统的研究。

Table 3. Cis-elements of cucumber *MGT* genes

表 3. 黄瓜 *MGT* 基因的顺式元件

| 基因 | GARE-motif | MBS | TC-rich repeats | TCA-element | ERE | HSE | CGTCA-Motif | ABRE |
|-------------------|------------|-----|-----------------|-------------|-----|-----|-------------|------|
| <i>Csa004882</i> | 1 | 4 | 3 | 1 | | | | |
| <i>Csa013146</i> | 2 | 2 | 2 | 2 | 1 | 1 | | |
| <i>Csa003487</i> | 1 | 1 | 1 | 2 | | 2 | 1 | |
| <i>Csa015785m</i> | | 4 | 1 | | 2 | 2 | | |
| <i>Csa021316</i> | 1 | | 3 | | | 2 | | |
| <i>Csa014662</i> | 1 | 3 | 3 | 1 | 1 | 1 | | |
| <i>Csa006987m</i> | | 1 | 2 | | | 1 | 1 | 1 |

4. 结论

蔬菜生产和模式植物的研究表明, 镁和镁离子转运载体在植物体中具有重要功能。作者利用计算生物学方法, 从黄瓜基因组中解析出 7 个 *MGT* 基因, 并对它们的分子特征、系统进化和顺式元件进行了系统分析。结果显示, 这些基因在结构上差异较大, 但都存在一个保守的 CorA 类镁离子载体蛋白结构域。它们的 5' 序列中存在多个顺式元件, 能够对不同的逆境和激素做出应答。而且, 每个 *MGT* 基因含有的顺式元件各不相同。这些结果说明, 黄瓜的 *MGT* 基因在功能上相似但又存在某种程度的分化。本文为进一步深入研究黄瓜 *MGT* 在镁离子吸收及生长发育中的功能奠定了基础。

基金项目

本文受山东省农业良种工程项目(2016LZGC033)、山东省农业科学院农业科技创新工程项目(CXGC2018D05)和山东省自然科学基金(ZR2019PC029)项目资助。

参考文献

- [1] 杨军芳, 周晓芬, 冯伟. 土壤与植物镁素研究进展概述[J]. 河北农业科学, 2008, 12(3): 91-93, 96.
- [2] 林敏霞, 张晓东, 邱美欢, 张洪溢, 王丹. 植物镁素生理功能及镁素营养诊断和施用[J]. 热带农业科学, 2016,

36(3): 39-43.

- [3] Shaul, O. (2002) Magnesium Transport and Function in Plants: The Tip of the Iceberg. *Biomaterials*, **15**, 309-323. <https://doi.org/10.1023/A:1016091118585>
- [4] Niu, Y., Chai, R., Liu, L., Jin, G., Liu, M., Tang, C. and Zhang, Y. (2014) Magnesium Availability Regulates the Development of Root Hairs in *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. *Plant, Cell & Environment*, **37**, 2795-2813. <https://doi.org/10.1111/pce.12362>
- [5] Liu, M., Bi, J. and Jin, C. (2018) Developmental Responses of Root Hairs to Mg Deficiency. *Plant Signal Behavior*, **13**, e1500068. <https://doi.org/10.1080/15592324.2018.1500068>
- [6] 丛悦玺, 骆东峰, 陈坤明, 蒋立希, 郭万里. 生物镁离子转运体研究进展[J]. 农业生物技术学报, 2012, 20(7): 837-848.
- [7] Verbruggen, N. and Hermans, C. (2013) Physiological and Molecular Responses to Magnesium Nutritional Imbalance in Plants. *Plant Soil*, **368**, 87-99. <https://doi.org/10.1007/s11104-013-1589-0>
- [8] Li, L., Tutone, A.F., Drummond, R.S., et al. (2001) A Novel Family of Magnesium Transport Genes in Arabidopsis. *Plant Cell*, **13**, 2761-2775. <https://doi.org/10.1105/tpc.010352>
- [9] 阳江华, 秦云霞, 方永军, 唐朝荣. 巴西橡胶树镁离子转运蛋白基因 HbMGT10 的克隆及表达分析[J]. 热带作物学报, 2016, 37(12): 2353-2358.
- [10] 汪仁, 蔡黎丽, 徐晟, 李晓丹, 夏冰. 石蒜 Mg²⁺转运体基因 LrMGT 的克隆与分析[J]. 植物资源与环境学报, 2014, 23(4): 1-7.
- [11] 张岗, 翟清华, 张大为, 胡本祥, 郭顺星. 铁皮石斛镁离子转运蛋白基因的克隆及表达分析[J]. 中草药, 2014, 45(23): 3443-3448.
- [12] Saito, T., Kobayashi, N., Tanoi, K., Iwata, N., Suzuki, H., Iwata, R. and Nakanishi, T.M. (2013) Expression and Functional Analysis of the CorA-MRS2-ALR-Type Magnesium Transporter Family in Rice. *Plant Cell Physiology*, **54**, 1673-1683. <https://doi.org/10.1093/pcp/pct112>
- [13] Li, H., Du, H., Huang, K., Chen, X., Liu, T., Gao, S., Liu, H., Tang, Q., Rong, T. and Zhang, S. (2016) Identification, and Functional and Expression Analyses of the CorA/MRS2/MGT-Type Magnesium Transporter Family in Maize. *Plant Cell Physiology*, **57**, 1153-1168. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcw064>
- [14] Regon, P., Chowra, U., Awasthi, J.P., Borgohain, P. and Panda, S.K. (2019) Genome-Wide Analysis of Magnesium Transporter Genes in *Solanum lycopersicum*. *Computational Biology and Chemistry*, **80**, 498-511. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolchem.2019.05.014>
- [15] Zhang, L., Wen, A., Wu, X., Pan, X., Wu, N., Chen, X., Chen, Y., Mao, D., Chen, L. and Luan, S. (2019) Molecular Identification of the Magnesium Transport Gene Family in *Brassica napus*. *Plant Physiology and Biochemistry*, **136**, 204-214. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.01.017>
- [16] Wang, Y., Hua, X., Xu, J., Chen, Z., Fan, T., Zeng, Z., Wang, H., Hour, A.L., Yu, Q., Ming, R. and Zhang, J. (2019) Comparative Genomics Revealed the Gene Evolution and Functional Divergence of Magnesium Transporter Families in Saccharum. *BMC Genomics*, **20**, 83. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5437-3>
- [17] Deng, W., Luo, K., Li, D., et al. (2006) Overexpression of an Arabidopsis Magnesium Transport Gene, AtMGT1, in *Nicotiana benthamiana* Confers Al Tolerance. *Journal of Experimental Botany*, **57**, 4235-4243. <https://doi.org/10.1093/jxb/erl201>
- [18] Chen, Z.C., Yamaji, N., Motoyama, R., Nagamura, Y. and Ma, J.F. (2012) Up-Regulation of a Magnesium Transporter Gene OsMGT1 Is Required for Conferring Aluminum Tolerance in Rice. *Plant Physiology*, **159**, 1624-1633. <https://doi.org/10.1104/pp.112.199778>
- [19] Conn, S.J., Conn, V., Tyerman, S.D., Kaiser, B.N., Leigh, R.A. and Gilliam, M. (2011) Magnesium Transporters, MGT2/MRS2-1 and MGT3/MRS2-5, Are Important for Magnesium Partitioning within *Arabidopsis thaliana* Mesophyll Vacuoles. *New Phytologist*, **190**, 583-594. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03619.x>
- [20] Li, J., Huang, Y., Tan, H., Yang, X., Tian, L., Luan, S., Chen, L. and Li, D. (2015) An Endoplasmic Reticulum Magnesium Transporter Is Essential for Pollen Development in Arabidopsis. *Plant Science*, **231**, 212-220. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2014.12.008>
- [21] Li, L.G., Sokolov, L.N., Yang, Y.H., et al. (2008) A Mitochondrial Magnesium Transporter Functions in Arabidopsis Pollen Development. *Molecular Plant*, **1**, 675-685. <https://doi.org/10.1093/mp/ssn031>
- [22] Xu, X.F., Wang, B., Lou, Y., Han, W.J., Lu, J.Y., Li, D.D., Li, L.G., Zhu, J. and Yang, Z.N. (2015) Magnesium Transporter 5 Plays an Important Role in Mg Transport for Male Gametophyte Development in Arabidopsis. *Plant Journal*, **84**, 925-936. <https://doi.org/10.1111/tpj.13054>
- [23] Chen, J., Li, L.G., Liu, Z.H., et al. (2009) Magnesium Transporter AtMGT9 Is Essential for Pollen Development in

- Arabidopsis. *Cell Research*, **19**, 887-898. <https://doi.org/10.1038/cr.2009.58>
- [24] Mao, D., Chen, J., Tian, L., Liu, Z., Yang, L., Tang, R., Li, J., Lu, C., Yang, Y., Shi, J., Chen, L., Li, D. and Luan, S. (2014) *Arabidopsis* Transporter MGT6 Mediates Magnesium Uptake and Is Required for Growth under Magnesium Limitation. *Plant Cell*, **26**, 2234-2248. <https://doi.org/10.1105/tpc.114.124628>
- [25] Yan, Y.W., Mao, D.D., Yang, L., Qi, J.L., Zhang, X.X., Tang, Q.L., Li, Y.P., Tang, R.J. and Luan, S. (2018) Magnesium Transporter MGT6 Plays an Essential Role in Maintaining Magnesium Homeostasis and Regulating High Magnesium Tolerance in Arabidopsis. *Front Plant Science*, **9**, 274. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00274>
- [26] Gebert, M., Meschenmoser, K., Svidová, S., Weghuber, J., Schweyen, R., Eifler, K., Lenz, H., Weyand, K. and Knoop, V. (2009) A Root-Expressed Magnesium Transporter of the MRS2/MGT Gene Family in *Arabidopsis thaliana* Allows for Growth in Low-Mg²⁺ Environments. *Plant Cell*, **21**, 4018-4030. <https://doi.org/10.1105/tpc.109.070557>
- [27] 马春丽, 和硕特·麦丽斯, 祁智, 王静, 张俊霞. 镁转运体 MGT7 参与拟南芥对高钙环境的适应[J]. 植物学报, 2016, 51(4): 496-503.
- [28] Sun, Y., Yang, R., Li, L. and Huang, J. (2017) The Magnesium Transporter MGT10 Is Essential for Chloroplast Development and Photosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. *Molecular Plant*, **10**, 1584-1587. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2017.09.017>
- [29] 李洪有, 陈庆富. 玉米 ZmMGT10 基因的克隆及功能分析[J]. 核农学报, 2018, 32(1): 22-29.
- [30] Li, H., Wang, N., Ding, J., Liu, C., Du, H., Huang, K., Cao, M., Lu, Y., Gao, S. and Zhang, S. (2017) The Maize CorA/MRS2/MGT-Type Mg Transporter, ZmMGT10, Responses to Magnesium Deficiency and Confers Low Magnesium Tolerance in Transgenic *Arabidopsis*. *Plant Molecular Biology*, **95**, 269-278. <https://doi.org/10.1007/s11103-017-0645-1>
- [31] 李洪有, 张素芝, 陈庆富. 玉米 ZmMGT12 基因的表达分析及拟南芥遗传转化[J]. 分子植物育种, 2018, 16(18): 5940-5946.
- [32] Li, H., Liu, C., Zhou, L., Zhao, Z., Li, Y., Qu, M., Huang, K., Zhang, L., Lu, Y., Cao, M., Gao, S. and Zhang, S. (2018) Molecular and Functional Characterization of the Magnesium Transporter Gene ZmMGT12 in Maize. *Gene*, **665**, 167-173. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.04.068>
- [33] Alcock, T.D., Havlickova, L., He, Z., Bancroft, I., White, P.J., Broadley, M.R. and Graham, N.S. (2017) Identification of Candidate Genes for Calcium and Magnesium Accumulation in *Brassica napus* L. by Association Genetics. *Front Plant Science*, **8**, 1968. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01968>
- [34] Chen, Z.C., Yamaji, N., Horie, T., Che, J., Li, J., An, G. and Ma, J.F. (2017) A Magnesium Transporter OsMGT1 Plays a Critical Role in Salt Tolerance in Rice. *Plant Physiology*, **174**, 1837-1849. <https://doi.org/10.1104/pp.17.00532>
- [35] Zhang, L., Peng, Y., Li, J., Tian, X. and Chen, Z. (2019) OsMGT1 Confers Resistance to Magnesium Deficiency by Enhancing the Import of Mg in Rice. *International Journal of Molecular Sciences*, **20**, 207. <https://doi.org/10.3390/ijms20010207>
- [36] 李利斌, 孟昭娟, 王永强, 等. 黄瓜抗坏血酸过氧化物酶基因的鉴定和特征分析[J]. 计算生物学, 2018, 8(2): 33-39.