

# 植物甜菜碱醛脱氢酶基因研究进展\*

刘振林, 戴思兰

(北京林业大学 园林学院, 北京 100083)

[摘 要] 对近年来植物甜菜碱醛脱氢酶(BADH)基因的研究现状进行了系统分析。对目前已分离到的10个不同种植物BADH基因的序列分析发现:该基因编码区序列趋于保守;在不同物种间存在拷贝数不同的差异;其表达也存在转录或转录后水平的差异,具有组织特异性、组成型和诱导型的不同表达类型;氨基酸序列同源性反映的种间关系与这些种的系统分类位置一致,表明该基因的进化与植物的系统进化间具有密切关系。此外,还对信号肽区域、外显子剪切位点以及BADH定位的变化等进行了分析。

[关键词] 甜菜碱醛脱氢酶; 基因结构; 表达特性; 系统进化

[中图分类号] Q 71

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2004)03-0104-09

植物在盐或干旱造成的渗透胁迫下,通常会在细胞内主动积累一些小分子有机化合物,如多元醇类、糖类、氨基酸及其衍生物等,以维持渗透平衡和体内水分,这些物质被称为渗透调节剂(Osmoprotectant)。在基因工程研究中,目前已相继克隆了一些与渗透调节物质如脯氨酸、果聚糖、糖醇等的生物合成相关的基因及其他一些与植物的耐盐性相关的基因,如SOS1、LEA等,这些基因的转化提高了转基因植物的耐盐能力<sup>[1]</sup>。

甘氨酸甜菜碱(简称甜菜碱)是甘氨酸的衍生

物,被认为是最好的渗透调节剂<sup>[2]</sup>,除了参与细胞的渗透调节外,还具有在渗透胁迫条件下稳定生物大分子结构和功能的作用,如保护盐胁迫条件下三羧酸循环的主要酶类和末端氧化酶类<sup>[2,3]</sup>,稳定光系统II(PS II)外周多肽等<sup>[4]</sup>,这些作用对植物在渗透胁迫条件下,维持细胞的正常膨压及呼吸作用和光合作用的正常进行具有重要意义,因此受到了人们的高度重视<sup>[5]</sup>。

在植物体内,甜菜碱由胆碱经两步氧化生成<sup>[2]</sup>,即



催化第一步反应的酶是胆碱单氧化物酶(Choline monooxygenase, CMO),催化第二步反应的是甜菜碱醛脱氢酶(Betaine aldehyde dehydrogenase, BADH)。20世纪80年代以来,人们对CMO<sup>[6~8]</sup>和BADH<sup>[9~16]</sup>的理化性质进行了较为系统的研究。从90年代初开始,又对编码这两个酶的基因进行了研究,其中对CMO基因的研究较少<sup>[8,17~22]</sup>,而对BADH基因则作了大量研究。本文在综述对BADH基因研究进展的基础上,对该基因的结构、表达特性及其与植物系统进化的关系等进行了分析,以期为该基因的深入研究提供参考。

## 1 BADH 基因的研究简况

由于甜菜碱在一些植物和微生物的渗透调节中起着重要作用,且其合成途径比较简单,遗传操作比

较方便,因此甜菜碱合成酶基因被看作是最有希望的胁迫抗性基因之一。自1981年从高等植物中分离到BADH后,有关甜菜碱合成酶分子生物学的研究很快引起了广泛关注<sup>[2]</sup>。

在不同生物体中,催化甜菜碱醛合成甜菜碱由不同的酶来完成。在微生物中,有两种酶可催化该反应。Andresen等<sup>[23]</sup>从大肠杆菌(*Escherichia coli*)中克隆了编码具有BADH活性的基因,并命名为*betB*。Rozwadowski等<sup>[24]</sup>又克隆了编码催化该反应的另一个酶——胆碱氧化酶(Choline oxidase)的基因。Boch等<sup>[25]</sup>从枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)中也克隆到了相应的*gbsAB*基因。在高等植物中,Weretilnyk等<sup>[14]</sup>首先分离了BADH的mRNA,在成功实现其体外表达的基础上,证明其受盐调节。1990年,Weretilnyk等<sup>[26]</sup>从菠菜(*Spinacia oleracea*

\* [收稿日期] 2003-06-02

[基金项目] 北京市自然科学基金项目(5022008)

[作者简介] 刘振林(1970-),男,河北滦南人,讲师,在读硕士,主要从事园林植物遗传育种研究。

[通讯作者] 戴思兰(1962-),女,北京市人,教授,博士生导师,主要从事园林植物遗传育种研究。

L. )中首次克隆了BADH 基因的 cDNA。以后各国科学家又陆续克隆了甜菜(*B eta vulgaris* L. )、山菠菜(*A trip lex hortensis* Golosk )、大麦(*H ordeum vulgare* L. )、高粱(*S orghum bicolor* Pers)、千穗谷(*A maranthus hypochondriacus* L. )、海 榄 雌(*A vicennia marina* (Forsk ) V ierh )的完整 cDNA 序列<sup>[27~33]</sup> 及 辽 宁 碱 蓬 (*Suaeda liaotungensis* Kitag ) cDNA 的 5 端和 3 端序列<sup>[34, 35]</sup>、中亚滨藜(*A trip lex centralasiatica* Iljin) cDNA 的近 5 端序列<sup>[36]</sup>等。目前, 菠菜和千穗谷的BADH 基因全序列<sup>[32, 37]</sup>、水稻(*O ryza sativa*)除 5 端和 3 端侧翼序列以外的全部外显子区和内含子区也已被克隆<sup>[38]</sup>。高等植物的BADH 基因在结构、表达特性及其与植物系统进化的关系方面均在一定程度上得到了研究。

2 BADH 基因结构的分析

2.1 编码区结构的研究

不同植物种间BADH 基因编码区序列的长度

表 1 不同物种间BADH 氨基酸推导序列的同源性比较

| Table 1 Comparisons of the deduced am ino acid sequences of BADH from different species |                                         |                                     |                                           |                                                           |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    | %                                       |
|-----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------------|-----------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|------------------------------------------------------|---------------------------------------|----------------------------------------|----------------------------------------|------------------------------------|-----------------------------------------|
| 植物名称<br>Plant name                                                                      | 菠菜<br><i>Sp inacia oleracea</i><br>BADH | 甜菜<br><i>B eta vulgaris</i><br>BADH | 山菠菜<br><i>A trip lex ortensis</i><br>BADH | 千穗谷<br><i>Am aranthus hypochon-<br/>d riacus</i><br>BADH4 | 海榄雌<br><i>A vicennia m arina</i><br>BADH<br>Clone 2 | 海榄雌<br><i>A vicennia m arina</i><br>BADH<br>Clone 13 | 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i><br>BADH | 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i><br>BBD 1 | 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i><br>BBD 2 | 水稻<br><i>O ryza sativa</i><br>BADH | 高粱<br><i>Sorghum bicolor</i><br>BADH 15 |
| 菠菜<br><i>Sp inacia oleracea</i> BADH                                                    |                                         |                                     |                                           |                                                           |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 甜菜<br><i>B eta vulgaris</i> BADH                                                        | 90 32                                   |                                     |                                           |                                                           |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 山菠菜<br><i>A trip lex hortensis</i> BADH                                                 | 90 70                                   | 88 58                               |                                           |                                                           |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 千穗谷<br><i>Am aranthus hypochondriacus</i> BADH 4                                        | 84 24                                   | 83 37                               | 82 73                                     |                                                           |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 海榄雌<br><i>A vicennia marina</i> BADH<br>Clone 2                                         | 76 36                                   | 73 35                               | 74 30                                     | 77 91                                                     |                                                     |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 海榄雌<br><i>A vicennia marina</i> BADH<br>Clone 13                                        | 75 51                                   | 73 09                               | 74 10                                     | 80 28                                                     | 85 37                                               |                                                      |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i> BADH                                                      | 72 06                                   | 70 90                               | 71 46                                     | 72 12                                                     | 67 68                                               | 70 08                                                |                                       |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i> BBD 1                                                     | 73 23                                   | 71 23                               | 72 38                                     | 73 04                                                     | 68 61                                               | 71 74                                                | 93 25                                 |                                        |                                        |                                    |                                         |
| 大麦<br><i>H ordeum vulgare</i> BBD 2                                                     | 73 13                                   | 72 69                               | 72 69                                     | 74 10                                                     | 70 54                                               | 71 20                                                | 70 94                                 | 71 66                                  |                                        |                                    |                                         |
| 水稻<br><i>Oryza sativa</i> BADH                                                          | 73 08                                   | 70 56                               | 71 72                                     | 72 78                                                     | 70 56                                               | 72 69                                                | 83 10                                 | 85 52                                  | 73 55                                  |                                    |                                         |
| 高粱<br><i>Sorghum bicolor</i> BADH 15                                                    | 65 56                                   | 63 92                               | 64 89                                     | 66 05                                                     | 63 09                                               | 63 45                                                | 73 93                                 | 74 59                                  | 64 89                                  | 79 43                              |                                         |
| 大肠杆菌<br><i>Escherichia coli</i> BETB                                                    | 38 87                                   | 39 04                               | 38 08                                     | 40 50                                                     | 40 83                                               | 38 96                                                | 39 12                                 | 39 58                                  | 37 42                                  | 38 83                              | 35 55                                   |

在已报道的BADH 氨基酸序列中, 存在两种有关该酶蛋白定位的信号肽。一种是N-端信号肽, 其氨基酸序列为Q L F I D G E<sup>[26~34, 38]</sup> (图 2), 被认为是定位于叶绿体的信号<sup>[26]</sup>, 但该信号肽缺乏典型性。另一种是C-端信号肽, 氨基酸序列为S K L<sup>[26~33, 35, 38]</sup> (图 3), 是定位于过氧化物酶体中的信号。从目前的研究结果看, 将具有C-端信号肽S K L 的BADH 定位于过氧化物酶体已无争议。但对具有不典型N-端信号肽的BADH 定位问题尚有争

相差不大, 最长的是大麦BBD 1 的编码序列, 长为1 518 bp, 编码 506 个氨基酸的多肽<sup>[30]</sup>; 最短的为高粱BADH 15 基因的编码区, 长为1 482 bp, 编码含 494 个氨基酸残基的多肽<sup>[31]</sup>。不同种间编码区序列的同源性较高, 表 1 是根据 Genbank (www. ncbi nlm. nih. gov) 上报道的不同种植物BADH 基因氨基酸推导序列所进行的同源性比较。从表 1 可以看出, 不同种间各BADH 基因氨基酸序列的同源性在 63% 以上。

表 1 中各物种BADH 基因编码区编码的氨基酸序列中, 均含有醛脱氢酶高度保守的十肽以及与酶功能有关的半胱氨酸(C) 残基(高粱BADH1 除外)。保守十肽序列多为V T L E L G G K S P, 但水稻、大麦(BADH 和BBD 1) 和高粱(BADH 15) 中的十肽序列为V S L E L G G K S P, 即第 2 位的苏氨酸被丝氨酸替代<sup>[23, 26~33, 38]</sup> (图 1)。

论。在菠菜叶片中, 大约 90% 的BADH 活性存在于叶绿体基质中, 少量存在于细胞质中<sup>[12, 39]</sup>。Weretilnyk 等<sup>[31]</sup>克隆到的BADH 基因序列极有可能与定位于叶绿体中的BADH 是一致的。骆爱玲等<sup>[40]</sup>除在菠菜叶细胞的叶绿体中检测到BADH 外, 也在过氧化物酶体、微粒体以及 100 000 g 上清液中检测到了BADH。H ibino 等<sup>[33]</sup>从双子叶植物海榄雌的 cDNA 文库中筛选了 2 个BADH 基因克隆(克隆 2 和克隆 13), 克隆 2 具有不典型的N-端信号肽,

克隆 13 则具有典型的 C-端信号肽。Nukamura 等<sup>[30]</sup>从大麦中克隆到的 2 个 BADH 中, BBD1 具有 C-端信号肽 S K L, 表明其定位于过氧化物酶体中; 而 BBD2 虽具有 N-端信号肽 Q L F I D G E, 但进一步研究表明, BBD2 的 N-端序列未经过修饰, 不

可能定位于叶绿体或线粒体中, 最大的可能性是存在于细胞质中。从以上报道可以看出, 不同类型的 BADH 在细胞中的定位具有多样性, 可能分别位于叶绿体、过氧化物酶体或细胞质等部位。

|                                             |         |            |                               |   |          |
|---------------------------------------------|---------|------------|-------------------------------|---|----------|
| 大肠杆菌 <i>Escherichia coli</i> BETB           | AASSLKE | VTLELGGKSP | LIVFDD-ADLDLAADTAMMANFFSS-GQV | C | TNGTRVFV |
| 牛线粒体 Bovine mitochondrial ALDH              | GKSNLKR | VTLEIGGKSP | NIIMSD-ABMDWAVEQAHFALFFNQ-GQC | C | CAGSRTFV |
| 马线粒体 Horse mitochondrial ALDH               | GKSNLKR | VTLELGGKSP | FIVFAD-ADLETALEVTHQALFYHQ-GQC | C | VAASRLFV |
| 人细胞质 Human cytosolic ALDH                   | GKSNLKR | VTLELGGKSP | CIVLAD-ADLDNAVEFAHHGVFYHQ-GQC | C | IAASRIFV |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | AAQLVKP | VTLELGGKSP | IVVFEDV-DIDKVVETWIFGCFWTN-GQI | C | SATSRLLV |
| 甜菜 <i>Beta vulgaris</i> BADH                | AAQLVKP | VTLELGGKSP | IVVFEDV-DIDQVVEWTFGCFWTN-GQI  | C | SATSRLLV |
| 山菠菜 <i>Atriplex hortensis</i> BADH          | AAQLVKP | VTLELGGKSP | VIMFEDI-DIETAWEWTLFGVFWTN-GQI | C | SATSRLLV |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | AAGLVKP | VTLELGGKSP | IVIFEDV-DLDKAAEWTFGCFWTN-GQI  | C | SATSRLLV |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone2)    | AAQLVKP | VTLELGGKSP | IVVFEDV-DLDTAAEWTLFGCFWTN-GQI | C | SATSRLLV |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone13)   | AAQLVKP | VTLELGGKSP | IVVFEDV-DLDTAAEWTLFGCFWTN-GQI | C | SATSRLLV |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BADH              | AAQMVKP | VSLELGGKSP | LVTFDVADIDKAVEWMLGCF-NGGQV    | C | SATSRLLL |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD1              | AAQMVKP | VSLELGGKSP | LVTFDVADIDKAVEWMLGCF-NGGQV    | C | SATSRLLL |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD2              | AAPTVKP | VTLELGGKSP | IVVFDDV-DIDKAVEWTLFGCFWTN-GQI | C | SATSRLLI |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | ASQMVKP | VSLELGGKSP | LIVFDDV-DIDKAVEWAMFGCFA-NAGQV | C | SATSRLLL |
| 高粱 <i>Sorghum bicolor</i> BADH1             | AAPMVKP | VTLELGGKSP | IVVFDDV-DIDKAVEWTLFGCFWTN-GQI | A | AHISSYPY |
| 高粱 <i>Sorghum bicolor</i> BADH15            | AAQMVKP | VSLELGGKSP | LIVFDDIRDIDKAVEWTFGILP-NAGQV  | C | SAASRLLL |

图 1 BADH 和其他醛脱氢酶的保守十肽与半胱氨酸残基

Fig 1 The conserved decapeptide and cysteine residue in BADH and other non-specific ALDHs

|                                             |             |         |            |
|---------------------------------------------|-------------|---------|------------|
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | MAFFIPAR    | QLFIDGE | WREPIKKNRI |
| 甜菜 <i>Beta vulgaris</i> BADH                | MSMPIPSR    | QLFIDGE | WREPIKKNRI |
| 山菠菜 <i>Atriplex hortensis</i> BADH          | MAFFIFAR    | QLFIDGE | WREPLKNRI  |
| 辽宁碱蓬 <i>Suaeda liaotungensis</i> BADH4      | MSIPIPSR    | QLFIDGE | WREPIKKNRI |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | MAIRVPSR    | QLFIDGE | WREPIKKNRI |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone2)    | MSTMAIRMPTR | QLFIDGE | WREPVQRKRI |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD2              | MVAPAKIPQR  | QLFIDGE | WRAPALGRRL |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone13)   | MAIRIPSR    | QLFIDGK | WREPVNRKRI |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BADH              | MAAPPAIPRR  | GLFIGGG | WREPTLGRHI |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD1              | MAAPPAIPRR  | GLFIGGG | WREPTLGRRL |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | MAAPSAIPRR  | GLFIGGG | WREPSLGRRL |
| 高粱 <i>Sorghum bicolor</i> BADH15            | MAAADVPR    | PSFIGGD | WREPCLPVCQ |

图 2 N-端信号肽序列

Fig 2 Signal peptide at the end of N-terminus

|                                             |                |
|---------------------------------------------|----------------|
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | ISDEPWGWYKSP   |
| 甜菜 <i>Beta vulgaris</i> BADH                | ISNEPWGWYKSP   |
| 山菠菜 <i>Atriplex hortensis</i> BADH          | ISDEPWGWYKSP   |
| 辽宁碱蓬 <i>Suaeda liaotungensis</i> BADH4      | ISDEPWGWYKSP   |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | ISDEPWGWYKSP   |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone2)    | VSSEPWDWYKSP   |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD2              | TSAPPWGWYKAPAN |
| 海榄雌 <i>Avicennia marina</i> BADH(Clone13)   | VSSEPWDWYKSP   |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BADH              | CKDELYGWYQRP   |
| 大麦 <i>Hordeum vulgare</i> BBD1              | CKDELYGWYQRP   |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | CSDEPWGWYRPP   |
| 高粱 <i>Sorghum bicolor</i> BADH15            | CSDEPWGWYRPP   |

图 3 C-端信号肽序列

Fig 3 Signal peptide at the end of C-terminus

2 2 非编码区序列研究

菠菜和千穗谷BADH 基因全序列的长度分别为 8 856 和 8 998 bp<sup>[32, 37]</sup>。水稻的全部外显子区和内含子区长为 4 428 bp<sup>[38]</sup>, 3 个 DNA 序列均含有 14 个内含子。除了菠菜的第 5 内含子外, 3 个序列内含子剪切点处完全遵从 GT-AG 规则, 即每个内含子的 5 端碱基为 GT, 3 端为 AG, 该位点是 RNA 聚合酶 II 的剪切点。菠菜第 5 内含子的 5 端测序结果

为 GC, 而不是 GT, 被认为是复制错误造成的<sup>[37]</sup>。内含子的大小各不相同, 如千穗谷的内含子长度从 75 bp 到 2 723 bp 不等, 总长度达 5 624 bp 之多, 远长于其外显子的总长度(1 503 bp)<sup>[32]</sup>。不同种间内含子的长度相差悬殊, 如水稻的内含子总长度仅为 2 913 bp, 大约是千穗谷的 1/2。但菠菜、千穗谷与水稻外显子剪切点的位置却是极其一致的, 图 4 所示为剪切点两侧的氨基酸序列<sup>[32, 37, 38]</sup>。

|                                             |                                                    |
|---------------------------------------------|----------------------------------------------------|
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --VINPSTEEII--GDIPAATAED--ATYLRAIAAK--ITEKKDHFVK-- |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --IINPSTEEII--GDIPAATAED--AKYLRAIAAK--ITEKKDYFAK-- |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --VVPNATEATI--GDIPAATAED--AKYLKAIAAK--IKDKKSYLAL-- |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --KPFDEAVLDI--DDVASCFEYF--LGVVGLISPW--NYPLLMTWK--  |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --KPLDEAARDI--DDVAGCFEYY--LGVVGLISPW--NYPLLMTWK--  |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --KPLDEAAGDM--EDVAACFEYY--IGVVGLITPW--NYPLLMTWK--  |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --VLKPSELASV--TCLEFGVCN--PLVSHPDVVK--IAFTGSSATG--  |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --VLKPSELASV--TCLELAEVCR--PLACHPDVVK--VAFTGSTATG-- |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --VLKPSELASL--TCLELGGICA--PLASHPHVDK--IAFTGSTETG-- |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --VMASAAQLVK--PVTLELGGKS--VVFEDVDIDK--VVEWTIFGCF-- |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --VMSSAAQLVK--PVTLELGGKS--VIFEDVDLDK--AAEWTAFGCF-- |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --IMITASQMVK--PVSLELGGKS--IVFDDVDIDK--AVEWAMFGCF-- |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --CSATSRLLVH--ESIAAEFVDK--RLGPVISKGQ--YDKIMKFIST-- |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --CSATSRLLVH--ESIAAEFLDR--RLGPVVSKSQ--YEKVLKFIST-- |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --CSATSRLLLH--EKIAKRFLDR--RLGSVVSEGG--YQKIMKFIST-- |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --TILYGGSRPE--HLKKGYIIEP--IA--LANDTE--YGLAAAVFS--  |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --TILCGGSRPE--HLKKGYIIEP--EAIELANDT--QYGLGAAVLS--  |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --TILYGGARPQ--HLKRGFFIEP--V--ELANDTH--YGLAGAVIS--  |
| 菠菜 <i>Spinacia oleracea</i> BADH            | --DLRCERITK--ALEVGAVVWN--SGFGRELGEW--GIQNYLNIKQ--  |
| 千穗谷 <i>Amaranthus hypochondriacus</i> BADH4 | --DLRCERITK--ALEVGAVVWN--SGFGRELGEW--GLENYLNLIKQ-- |
| 水稻 <i>Oryza sativa</i> BADH                 | --DLRCERISK--AIQSGIVWIN--SGFGRELGGW--GLDNYLSVKQ--  |

图 4 BADH 基因外显子剪切点两侧的氨基酸序列

-- 省略的氨基酸序列; — 内含子

Fig 4 Amino acid sequences on the two side of splicing sites between exons in BADH gene

-- Amino acid sequences not be shown; — Introns

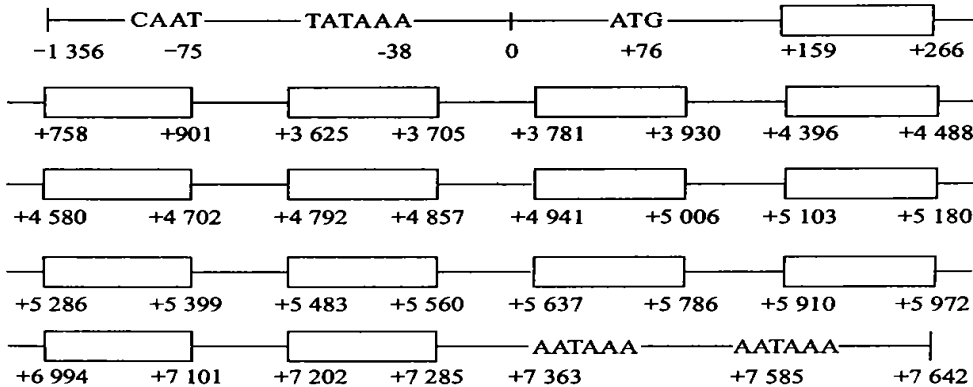


图 5 千穗谷BADH 基因结构

□ . 外显子序列; — 内含子或侧翼序列

Fig 5 Structure of BADH gene from *Amaranthus hypochondriacus*

□ . Exon; — Intron or flanking region

菠菜的 5 端侧翼序列长 2 459 bp, 3 端侧翼序列长 286 bp<sup>[37]</sup>; 千穗谷的 5 端侧翼序列和 3 端侧翼序列长分别为 1 514(其中 5 上游为 1 356 bp)和 357 bp, 对千穗谷启动子区进行的序列分析表明, TATA 框位于- 38 bp 处, CAAT 框位于- 75 bp 处, 1 个假的起始密码子(ATG)位于开放阅读框架外+ 76 bp 处<sup>[32]</sup>。这是目前认识最清楚的一个

表 2 不同 BADH 基因 poly(A) 信号与终止密码子之间的距离

| Table 2 Distance between poly(A) signal and stop codon in different BADH genes |                                        |                                    |                                             |                                                  |                                       | bp                                     |
|--------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------|------------------------------------|---------------------------------------------|--------------------------------------------------|---------------------------------------|----------------------------------------|
| 信号<br>Signal                                                                   | 菠菜<br><i>Spinacia oleracea</i><br>BADH | 甜菜<br><i>Beta vulgaris</i><br>BADH | 辽宁碱蓬<br><i>Suaeda liaotungensis</i><br>BADH | 千穗谷<br><i>Amaranthus hypochondriacus</i><br>BADH | 高粱<br><i>Sorghum bicolor</i><br>BADH1 | 高粱<br><i>Sorghum bicolor</i><br>BADH15 |
| 第一信号<br>First signal                                                           | 110                                    | 161                                | 114                                         | 76                                               | 73                                    | 82                                     |
| 第二信号<br>Second signal                                                          | —                                      | —                                  | 292                                         | 297                                              | —                                     | 200                                    |

虽然醛脱氢酶编码区的同源性较高, 而且还存在着高度保守的十肽和半胱氨酸序列, 但将菠菜 BADH 基因启动子区和前 3 个内含子序列与醛脱氢酶的相应序列进行比较, 却并未发现明显的同源性序列片段<sup>[37]</sup>。对比菠菜与山菠菜 BADH 结构基因 3 端部分序列和最后 1 个内含子的全部序列, 发现其编码序列的同源性极高, 而内含子的差别很大, 山菠菜的最后 1 个内含子为 106 bp, 菠菜的为 479 bp, 而且无明显的同源性<sup>[28]</sup>。

### 3 BADH 基因的表达特性

植物基因表达调控的分子机制可表现在 DNA 水平(基因拷贝数和重排)、转录水平、转录后水平(RNA 加工和运输)、翻译水平等方面, 而转录水平的调控是最主要的调控<sup>[41]</sup>。目前, 对 BADH 基因表达的研究还不够深入, 只对 DNA 水平、转录或转录后水平有一定的研究。

#### 3.1 DNA 水平的差异

关于 BADH 基因家族的研究, 因植物的不同结果差别较大。在甜菜 BADH 基因的研究<sup>[27]</sup>中, 发现在单倍体基因组中至少有 2 个相关序列。高粱 BADH 基因家族中的 BADH1 和 BADH15 基因, 在基因组中各有 1~2 个拷贝<sup>[31]</sup>。大麦含有 1 个小的由 2~3 个成员组成的多基因家族<sup>[29]</sup>; Nakamura 等<sup>[30]</sup>的进一步研究表明, BBD1 具有 2 个拷贝, BBD2 则只有单拷贝。而千穗谷 BADH 基因的拷贝数可能达 6 个之多<sup>[32]</sup>。Hibino 等<sup>[33]</sup>从海榄雌中克隆到 2 种 BADH 基因的 cDNA, 说明其家族中至少有 2 个成员。水稻和中亚滨藜基因组中, BADH 基因都是

BADH 基因结构(图 5)。在海榄雌 BADH 基因的 2 个克隆中, 克隆 2 的先端也出现了 2 个起始密码子序列, 但尚不能判断哪一个是真正的起始密码子<sup>[33]</sup>。不同 BADH 基因 3 端非编码区中, poly(A) 信号出现的位置各不相同, 各信号与终止密码子之间的距离如表 2<sup>[26, 27, 31, 32, 35]</sup>所示。

单拷贝<sup>[36, 38]</sup>而缺少多态性。由以上研究成果可以看出, 植物的 BADH 基因家族具有明显的多样性。

#### 3.2 转录或转录后水平的表达

许多资料<sup>[14, 26~28, 36, 38]</sup>表明, BADH 基因的表达受盐诱导, 但这个反应并不具有盐诱导的特异性, 而是对任何渗透胁迫的一般性反应<sup>[29]</sup>。渗透胁迫导致 BADH 基因 mRNA 水平提高, 可能与转录水平的提高有关, 但也可能是胁迫提高了 mRNA 稳定性的结果, 或二者兼而有之。因此, 这种诱导反应可能发生在转录水平, 也可能发生在转录后 mRNA 的加工过程, 或二者兼有<sup>[26, 29, 37]</sup>。

有人<sup>[27]</sup>在甜菜 BADH 基因的研究中提出, 在这一基因家族中, 有存在组成型与诱导型成员或组织特异性成员的可能性。在海榄雌的 2 个不同 BADH 基因的 cDNA 克隆中, 克隆 2 mRNA 的表达是受盐诱导的, 而克隆 13 的 mRNA 水平则几乎与盐诱导无关<sup>[33]</sup>, 这 2 个成员可能分别是该基因家族中的组成型表达和诱导型表达成员。Nakamura 等<sup>[30]</sup>进行 Northern 杂交表明, 大麦的 2 个 BADH 基因中, BBD1 在叶片中持续以低水平表达, 不具有诱导性, 而在根系中则受渗透胁迫诱导; BBD2 在根和叶中均受渗透胁迫诱导。可见, 大麦的这两个 BADH 基因具有组织特异性。对启动子和内含子序列的进一步研究, 或许能揭开 BADH 基因表达之谜。

脱落酸(ABA)曾被认为是渗透胁迫时诱导 BADH 基因表达的中介信号, 因为渗透胁迫常导致内源 ABA 水平的提高, 而外源 ABA 又可导致 BADH 基因 mRNA 水平的提高。但外源 ABA 诱导 BADH 基因 mRNA 积累的反应远远迟于盐或干旱

等的诱导反应。因此,可以推断存在着另外的调节胁迫诱导基因表达的信号转导途径,而BADH 基因的表达只是需要ABA 的间接参与<sup>[29]</sup>。

#### 4 BADH 基因的进化及其与植物系统进化的关系

在典型的不积累甜菜碱的植物——水稻中,发现了BADH 基因的低水平表达之后,引起了人们研究该酶在植物王国系统进化中所扮演角色的兴趣<sup>[38]</sup>。不同类型的BADH 在细胞中的不同定位,可能以有利于其酶活性的发挥为依据。大麦BADH 偏好以 $\text{NAD}^+$ ,而不是 $\text{NADP}^+$ <sup>[42]</sup>为辅因子,而 $\text{NAD}^+$ 在过氧化物酶体(或线粒体)中的含量高于叶绿体,在单子叶植物中,BADH 蛋白(具有C-端信号肽的类型)在过氧化物酶体中比在叶绿体中可能具有更高的活性。因此,Nakamura 等<sup>[38]</sup>认为,在进化过程中,单子叶植物BADH 蛋白(具有C-端信号肽的类型)的定位发生了由叶绿体到过氧化物酶体的变化,以便更有效地发挥其催化活性。

在高粱、海榄雌、大麦等植物中,分别克隆到了不同类型的BADH 基因,而且,同种植物中不同类型的BADH 间氨基酸的同源性,与不同种植物间该酶氨基酸的同源性相比均较低。从表1 可以看出,海榄雌的BADH 中,克隆13 和克隆2 的同源性(85.37%)与克隆13 和千穗谷的同源性(80.28%)近似;大麦BBD1 和BBD2 的同源性(71.66%)还低

于BBD1 和同科而不同属植物如水稻及高粱的BADH 的同源性(85.52%和74.59%)。Wood 等<sup>[31]</sup>还比较了高粱BADH1 和BADH15 的同源性(66%)及各自与菠菜(67%和64%)、甜菜(66%和62%)和大麦(62%和71%)BADH 的同源性,结果表明,高粱中2 个BADH 的同源性与其和其他物种BADH 的同源性近似,甚至还要低。这些情况说明,在进化过程中BADH 基因发生了不同类型的分化,各类型又按着不同的途径进化着,以致于在不同类型之间发生了较大变化。

对不同科双子叶植物甜菜碱的合成途径进行生物化学和免疫学研究时发现,能合成甜菜碱的植物可能是由1 个共同的被子植物祖先进化而来的<sup>[43]</sup>,由此将甜菜碱的研究与植物的系统进化联系起来。编码区氨基酸序列的同源性能很好地反映植物种间的系统发育关系,根据已报道植物与千穗谷BADH 氨基酸序列同源性的<sup>[32]</sup>高低,Legaria 等<sup>[32]</sup>绘制了树系图(图6),该图所反映的种间关系恰好与这些种的系统分类关系相吻合。后来克隆到的海榄雌BADH 基因编码的氨基酸序列同菠菜等双子叶植物的同源性也高于单子叶植物<sup>[33]</sup>。

如上所述,由于BADH 基因在进化过程中分化出了不同类型,因此,在以后利用该基因进行不同植物系统进化关系的比较时,应考虑采用同种类型,尤其是在系统关系较近的物种间比较时更应如此。

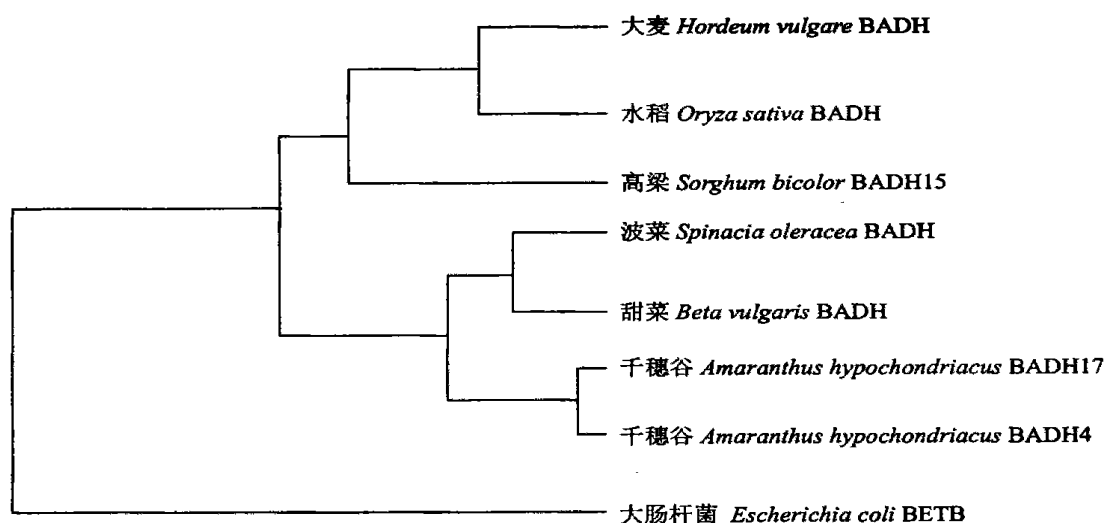


图6 由BADH 氨基酸序列推导的植物系统关系<sup>[32]</sup>

Fig 6 Dendrogram of relationships among BADH proteins

从已报道的BADH 基因的启动子和内含子序列中,未发现该基因在植物不同种间有明显的同源性<sup>[28, 37]</sup>。

以上情况表明,在进化过程中,不同种植物BADH 基因由于受到较大的选择压力,其编码区结构趋于保守,而非编码区的变异程度则相对较大。目前所发表的具有BADH 基因的植物之间亲缘关系较远,最近的也是科内属间,如果比较属内乃至种内不同植物的非编码区序列,尤其是启动子的结构,也许会得出不同的结果。因为植物启动子的顺式调节元件除了一些共有的保守序列外,不同来源的启动子还通常具有种属特异的调节序列<sup>[44]</sup>,对其进行分析,对阐明植物的系统关系可能具有积极的意义。

## 5 讨 论

据报道<sup>[45]</sup>,在被子植物中有 23 个目存在含甜菜碱的物种,在分析测定过的 212 种植物中,178 个种含有甜菜碱类化合物。梁峥等<sup>[15]</sup>测定的 15 种植物叶片中均含有甜菜碱,因此认为,甜菜碱比较广泛地分布于高等植物中。而目前仅对上述 10 种植物的BADH 基因进行了不同程度的研究,并且这 10 个种又主要集中于藜科(Chenopodiaceae)和禾本科(Gramineae),因此,还有大量的BADH 基因资源等待研究、开发和利用。对能高效表达该基因的植物种类的研究和开发,有利于寻找能在干旱和盐碱地上生长的对人类有价值的物种;从能高效表达该基因的物种中克隆该基因,并将其转入现有的栽培植物

品种中,可以有效地利用大量荒芜的盐碱地和干旱地,节省淡水资源,缓解耕地日益减少、淡水资源不足和人口不断增加之间的矛盾。

在含甜菜碱的植物中,不同种间的含量存在较大差异<sup>[15, 43]</sup>,这种差异可能是由多方面原因造成的,如内源胆碱的含量、CMO 基因及BADH 基因的表达水平等,所以考查甜菜碱表达量的差异应从整个代谢过程出发。BADH 基因的表达水平可能受前两者的限制,也可能由其自身调控区的结构决定。当前,BADH 基因工程取得了一定进展,转基因植物的耐盐性有了一定程度的提高,但仍存在表达水平偏低的问题<sup>[46~52]</sup>,这种情况可能由上述一种或几种原因造成,应作多方面的探讨。而针对BADH 基因本身来说,其表达调控机理当是研究的重点。

在植物中,BADH 基因的分布可能比CMO 基因的分布更广泛,因为在水稻、大麦、木榄(*B. ruguiera gym norrhiza* (L.) Lamk)、秋茄树(*Kandelia candel* L.)、红海兰(*Rhizophora stylosa* Griff.)、海榄雌等植物中只检测到BADH,而检测不到CMO<sup>[37, 29, 32]</sup>。DNA 或蛋白质序列的系统发育分析已经成为研究各种生物进化历史的重要工具<sup>[53]</sup>,上面的论述也表明,BADH 基因的演化与植物的系统进化有着密切的联系,由于BADH 基因广泛地分布在植物中,所以对其序列进行分析有望成为研究植物系统发育的重要手段,对揭示某些植物的系统进化之谜也可能具有积极的意义。

## [参考文献]

- [1] 林栖凤,李冠一.植物耐盐性研究进展[J].生物工程进展,2000,20(2):20-25
- [2] 梁 峥,骆爱玲.甜菜碱和甜菜碱合成酶[J].植物生理学通讯,1995,31(1):1-8
- [3] McCue K F, Hanson A D. Drought and salt tolerance: towards understanding and application[J]. Trends Biotechn, 1990, 8: 358-362
- [4] 侯彩霞,於新建,李 荣,等.甜菜碱稳定PS II放氧中心外周多肽机理[J].中国科学(C 辑),1998,28(4):355-361
- [5] 侯彩霞,汤章城.细胞相容性物质的生理功能及其作用机制[J].植物生理学通讯,1999,35(1):1-7
- [6] Weigel P, Lema C, Hanson A D. Choline oxidation by intact spinach chloroplasts[J]. Plant Physiol, 1988, 86: 54-60
- [7] Burnet M, Lafontaine P J, Hanson A D. A assay, purification and partial characterization of choline monooxygenase from spinach[J]. Plant Physiol, 1995, 108: 581-588
- [8] Rathinasabapathi B, Burnet M, Russel B L, et al. Choline monooxygenase, an unusual iron-sulfur enzyme catalyzing the first step of glycine betaine synthesis in plants: prosthetic group characterization and cDNA cloning[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1997, 94: 3454-3458
- [9] Pan S M, Moreau R A, Yu C, et al. Betaine accumulation and betaine aldehyde dehydrogenase in spinach leaves[J]. Plant Physiol, 1981, 67: 1105-1108
- [10] Pan S M. Betaine aldehyde dehydrogenase in spinach[J]. Bot Bull Acad Sin (Taipei), 1988, 29: 255-263
- [11] Liang Z, Luo A L, Tang L. Betaine aldehyde dehydrogenase from spinach leaves: purification and preparation of its antibody[J]. Chinese J Bot, 1993, 5: 58-64

- [12] Weigel P, Weretilnyk E A, Hanson A D. Betaine aldehyde oxidation by spinach chloroplasts[J]. *Plant Physiol*, 1986, 82: 753- 759
- [13] A rakawa K, Takabe T, Sugiyama T, et al Purification of betaine-aldehyde hydrogenase from spinach leaves and preparation of its antibody[J]. *J Biochem*, 1987, 101: 1485- 1488
- [14] Weretilnyk E A, Hanson A D. Betaine aldehyde dehydrogenase from spinach leaves purification, *in vitro* translation of the mRNA, and regulation by salinity[J]. *Arch Biochem Biophys*, 1989, 271(1): 56- 63
- [15] 梁 峰, 赵 原, 李浴春, 等 菠菜甜菜碱醛脱氢酶对甜菜碱的氧化[J]. *植物学报*, 1991, 33(9): 680- 686
- [16] A rakawa K, Mizuno K, Kishitani S, et al Immunological studies of betaine aldehyde dehydrogenase in barley[J]. *Plant Cell Physiol*, 1977, 33: 833- 840
- [17] Russell B L, Rathinasabapathi B, Hanson A D. Osmotic stress induces expression of choline monooxygenase in sugar beet and amaranth[J]. *Plant Physiol*, 1998, 116: 859- 865
- [18] Nuccio M L, Russell B L, Nolte K D, et al The endogenous choline supply limits glycine betaine synthesis in transgenic tobacco expressing choline monooxygenase[J]. *Plant J*, 1998, 16: 487- 496
- [19] Nuccio M L, McNeil S D, Ziemak M J, et al Choline import into chloroplasts limits glycine betaine synthesis in tobacco: analysis of plants engineered with a chloroplastic or a cytosolic pathway[J]. *Metab Eng*, 2000, (2): 300- 311
- [20] McNeil S D, Rhodes D, Russell B L, et al Metabolic modeling identifies key constraints on an engineered glycine betaine synthesis pathway in tobacco[J]. *Plant Physiol*, 2000, 124: 153- 162
- [21] 沈义国, 杜保兴, 张劲松, 等 山菠菜胆碱单氧化物酶基因(CMO)的克隆与分析[J]. *生物工程学报*, 2001, 17(1): 1- 6
- [22] 李秋莉, 高晓荣, 袁晓东, 等 一步 PCR 法快速扩增辽宁碱蓬胆碱加氧酶 cDNA 3' 端序列[J]. *植物学通报*, 2002, 19(5): 584- 587
- [23] Andresen P A, Kaasen I, Styrvoid O B, et al Molecular cloning, physical mapping and expression of the bet genes governing the osmoregulatory choline-glycine betaine pathway of *Escherichia coli*[J]. *J Gen Microbiol*, 1988, 134: 1737- 1746
- [24] Rozwadowski K L, Khachatourians G G, Selvaraj G. Choline oxidase, a catabolic enzyme in *Aerobacter pascens*, facilitates adaptation to osmotic stress in *Escherichia coli*[J]. *J Bacteriol*, 1991, 173: 472- 478
- [25] Boch J, Kempf B, Schmid R, et al Synthesis of the osmoprotectant glycine betaine in *Bacillus subtilis*: characterization of the gbsAB gene[J]. *J Bacteriol*, 1996, 178: 5121- 5129
- [26] Weretilnyk E A, Hanson A D. Molecular cloning of a plant betaine-aldehyde dehydrogenase, an enzyme implicated in adaptation to salinity and drought[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1990, 87: 2745- 2749
- [27] McCue K F, Hanson A D. Salt-inducible betaine aldehyde dehydrogenase from sugar beet: cDNA cloning and expression[J]. *Plant Molecular Biology*, 1992, 18: 1- 11
- [28] 肖 岗, 张耕耘, 刘风华, 等 山菠菜甜菜碱醛脱氢酶基因研究[J]. *科学通报*, 1995, 40(8): 741- 745
- [29] Ishitani M, Nakamura T, Han S Y, et al Expression of the betaine aldehyde dehydrogenase gene in barley in response to osmotic stress and abscisic acid[J]. *Plant Molecular Biology*, 1995, 27: 307- 315
- [30] Nakamura T, Nomura M, Mori H, et al An isozyme of betaine aldehyde dehydrogenase in barley[J]. *Plant Cell Physiol*, 2001, 42(10): 1088- 1092
- [31] Wood A J, Saneoka H, Rhodes D, et al Betaine aldehyde dehydrogenase in sorghum[J]. *Plant Physiol*, 1996, 110: 1301- 1308
- [32] Legaria J, Rajsbaum R, Munoz-Clares R A, et al Molecular characterization of two genes encoding betaine aldehyde dehydrogenase from amaranth. Expression in leaves under short-term exposure to osmotic stress or abscisic acid[J]. *Gene*, 1998, 218: 69- 76
- [33] Hibino T, Meng Y, Kawamitsu Y, et al Molecular cloning and function characterization of two kinds of betaine-accumulating mangrove *Avicennia marina* (Forsk.) Vierh[J]. *Plant Molecular Biology*, 2001, 45: 353- 363
- [34] 李秋莉, 高晓荣, 范 琦, 等 反向嵌套 PCR 法高效扩增辽宁碱蓬甜菜碱醛脱氢酶 cDNA 5' 末端序列[J]. *高技术通讯*, 2001, (11): 17- 19
- [35] 李秋莉, 高晓荣, 袁晓东, 等 一步 PCR 快速扩增辽宁碱蓬甜菜碱醛脱氢酶 cDNA 3' 末端序列(英文)[J]. *遗传*, 2002, 24(2): 179- 181
- [36] 陈秀娟, 王峻岭, 赵彦修, 等 中亚滨藜甜菜碱醛脱氢酶基因的表达特性[J]. *植物生理学报*, 2001, 27(4): 309- 312
- [37] 舒卫国, 艾万东, 陈受宜 菠菜甜菜碱醛脱氢酶基因全序列分析[J]. *科学通报*, 1997, 42(22): 2441- 2445
- [38] Nakamura T, Yokota S, Muramoto Y, et al Expression of a betaine aldehyde hydrogenase gene in rice, a glycine betaine nonaccumulator, and possible localization of its protein in peroxisomes[J]. *The Plant Journal*, 1997, 11(5): 1115- 1120
- [39] Weretilnyk E A, Hanson A D. Betaine aldehyde dehydrogenase polymorphism in spinach: genetic and biochemical characterization[J]. *Biochem Genet*, 1988, 26: 143- 151
- [40] 骆爱玲, 赵 原, 李浴春, 等 甜菜碱醛脱氢酶在菠菜叶细胞中的定位[J]. *植物生理学报*, 1995, 21(2): 117- 122
- [41] 孙乃恩, 孙东旭, 朱德煦 分子遗传学[M]. 南京: 南京大学出版社, 1995 332- 372
- [42] A rakawa K, Katayama M, Takabe T. Leaves of betaine and betaine aldehyde dehydrogenase activity in the green leaves, and etiolated leaves and roots of barley[J]. *Plant Cell Physiol*, 1990, 31: 797- 803
- [43] Weretilnyk E A, Bednarek S, McCue K F, et al Comparative biochemical and immunological studies of the glycine betaine synthesis



- pathway in diverse families of dicotyledons[J]. *Planta*, 1989, 178: 342- 352
- [44] 李一琨, 王金发. 高等植物启动子研究进展[J]. *植物学通报*, 1998, 15(增刊): 1- 6
- [45] Wyn Jones R G, Storey R. Betaines[A]. Paleg L G, Aspinall D. The physiology and biochemistry of drought resistance in plants[C]. Sydney Australia: Academic Press, 1981. 172- 204
- [46] Rathinasabathi B, McCue K F, Gago D A, et al. Metabolic engineering of glycine betaine synthesis: plant betaine aldehyde dehydrogenase lacking typical transit peptides are targeted to tobacco chloroplasts where they confer betaine aldehyde resistance[J]. *Planta*, 1994, 193: 155- 162
- [47] 梁 峥, 马德钦, 汤 岚, 等. 菠菜甜菜碱醛脱氢酶基因在烟草中的表达[J]. *生物工程学报*, 1997, 13(3): 236- 240
- [48] 刘凤华, 郭 岩, 谷冬梅, 等. 转甜菜碱醛脱氢酶基因植物的耐盐性研究[J]. *遗传学报*, 1997, 24(1): 54- 58
- [49] 郭 岩, 张 莉, 肖 岗, 等. 甜菜碱醛脱氢酶基因在水稻中的表达及转基因植物的耐盐性研究[J]. *中国科学(C 辑)*, 1997, 27(2): 151- 155
- [50] 何德洁, 董 伟, 李慧芬, 等. 转甜菜碱醛脱氢酶基因玉米及耐盐性研究[J]. *高技术通讯*, 1999, (2): 50- 52
- [51] 郭北海, 张艳敏, 李洪杰. 甜菜碱醛脱氢酶(BADH) 基因转化小麦及其表达[J]. *植物学报*, 2000, 42(3): 279- 283
- [52] 李银心, 常凤后, 杜立群, 等. 转甜菜碱醛脱氢酶基因豆瓣菜的耐盐性[J]. *植物学报*, 2000, 42(5): 480- 484
- [53] (美)根井正利, (美)库马著. 分子进化与系统发育[M]. 吕宝忠, 钟扬, 高莉萍, 等译. 北京: 高等教育出版社, 2002. 64- 75

## Studies on betaine aldehyde dehydrogenase (BADH) gene in plants

L IU Zhen-lin, DAI Si-lan

(College of Landscape Architecture, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

**Abstract:** A comprehensive study on the reports of plant betaine aldehyde dehydrogenase (BADH) gene in recent years has been made in the paper. The analysis based on 10 different BADH genes indicates that the sequences of coding regions tend to be conservative. The locations of splicing sites between exons are consistent, introns and flanking regions have no obvious homology. The expression of BADH genes is different on DNA level, the copies of the genes are different quantitatively, and it is different on transcription of post-transcription level, while tissue-specific, constitutive and stress-induced expression type are all existed. The change of the location of BADH and the agreement of different species' relationship which is shown by the homology of amino acid sequence with these plants' phylogenetic relationship indicate that the development of BADH gene is highly relevant to the phylogenetic relationship of plants.

**Key words:** betaine aldehyde dehydrogenase; gene structure; expressing characterization; phylogeny