

# 辣椒质膜水通道蛋白 *CaPIP1* 基因全长 cDNA 的分离及序列分析

官德义<sup>1</sup> 林金辉<sup>2</sup> 陈成聪<sup>2</sup> 牟少亮<sup>2</sup> 何水林<sup>1,2\*</sup>

(1. 福建农林大学 作物科学学院 福建 福州 350002; 2. 福建农林大学 生命科学学院 福建 福州 350002)

**摘要:** 通过对辣椒均一化 cDNA 文库的筛选分离获得了一个与烟草水通道蛋白 NtAQP1 高度同源的 aquaporin 基因全长 cDNA, 命名为 *CaPIP1*。序列分析结果表明该 cDNA 包含有 858 bp 的完整开放阅读框, 编码 286 个氨基酸, 具有 6 个跨膜区, 2 个 NPA 模序以及植物质膜水通道蛋白高度保守的序列。氨基酸同源性及进化分析同样表明 *CaPIP1* 为辣椒水通道蛋白家族新成员。

**关键词:** 辣椒; 水通道蛋白; 基因克隆; 序列分析

中图分类号: Q78; S641.3 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2012)04-0671-05

## Isolation and Sequence Analysis of a Full-Length cDNA Clone Encoding Aquaporin Gene *CaPIP1* in Pepper

GUAN De-yi<sup>1</sup>, LIN Jin-hui<sup>2</sup>, CHEN Cheng-cong<sup>2</sup>,  
MOU Shao-liang<sup>2</sup>, HE Shui-lin<sup>1,2\*</sup>

(1. College of Crop Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2. College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China)

**Abstract:** One 858 bp full-length cDNA clone was isolated from a pepper normalized cDNA library, which encodes a putative protein composed of 286 amino acids. The full-length cDNA was named *CaPIP1*. Amino acid sequence deduced by *CaPIP1* cDNA showed high similarity to NtAQP1 protein from tobacco. *CaPIP1* protein exhibited six transmembrane domains, possessing 2 NPA-motifs and highly conserved sequences of plant aquaporin. Amino acid similarity and phylogenetic analysis also indicated that *CaPIP1* was a new member of pepper aquaporin protein superfamily.

**Key words:** pepper; aquaporin; gene clone; sequence analysis

水分是植物生长发育和农作物产量的主要限制因子之一。植物水通道蛋白(aquaporin, AQP)可通过提高质膜的渗透性介导水分子或中性小分子在生物膜之间的快速运输过程<sup>[1]</sup>。水通道蛋白是 MIP (major intrinsic protein) 家族的重要成员之一, 在植物中水通道蛋白可分为四个主要的亚族: 定位于液泡膜的液泡膜内在蛋白(tonoplast intrinsic proteins, TIPs), 定位在质膜的质膜内在蛋白(plasma membrane intrinsic proteins, PIPs), 类 NOD-26 MIP 蛋白(NOD-26-like MIPs, NIPs) 及小分子碱性膜内在蛋白(small basic intrinsic proteins, SIPs)<sup>[2]</sup>。在结构上, 水通道蛋白具有 MIP 蛋白家族成员典型的由三个胞外环和两个胞内环相连的 6 个跨膜区及两个保守的天冬酰胺-脯氨酸-丙氨酸(Asn-Pro-Ala,

收稿日期: 2012-04-07 修回日期: 2012-06-08

基金项目: 国家自然科学基金项目(30600391、30971718) 和福建省自然科学基金项目(2008J0049)

作者简介: 官德义(1964—), 男, 实验师, 硕士, 主要从事作物遗传育种研究, E-mail: guandeyi@yahoo.com.cn; \* 通讯作者, 何水林, 教授, 博士, E-mail: shlhe2007@yahoo.com.cn。

NPA) 模式<sup>[3-4]</sup>。根据序列同源性及结构特征,质膜水通道蛋白 PIP 又可分为 PIP1 和 PIP2 两个亚组。两个亚组的成员间表现出不同的表达特征和功能,PIP2 介导了水分子通过质膜的过程,而一些 PIP1 却不具有转运水的活性<sup>[5]</sup>。植物中不同 PIP 家族成员参与了多个植物生长发育和响应逆境的过程。研究表明 PIP 蛋白具有提高叶片转运 CO<sub>2</sub>,促进光合作用的功能<sup>[6-8]</sup>,并参与到植物根生长及叶片偏上性生长的过程<sup>[9-10]</sup>。此外 PIP 蛋白还参与 ABA 介导的信号途径介导植物对干旱、冷和盐胁迫的应答过程<sup>[11-12]</sup>。有趣的是过量表达质膜水通道蛋白 *PIP1b* 基因的转基因烟草植株在正常生长条件下表现出较高的生长率、蒸腾速率、光合速率且气孔密度增大,但在干旱和盐胁迫下却没有明显的作用<sup>[13]</sup>。迄今为止,在动物及拟南芥、烟草、水稻、棉花、大豆、毛果杨<sup>[9-12,14-16]</sup>等植物中均有关于 PIP 基因克隆和功能的报道,但在辣椒中还未见相关报道。

辣椒(*Capsicum annuum* L.) 是一种重要的茄科蔬菜作物,对辣椒中参与生长发育或响应逆境应答过程的重要调节基因的研究是有效开展辣椒遗传改良的重要基础。质膜水通道蛋白不同家族成员参与了细胞水分运输过程、植物生长发育和逆境胁迫应答过程,因此本研究通过已建立的辣椒均一化 cDNA 文库筛选获得辣椒 *CaPIP1* 基因的全长 cDNA,并对其编码的氨基酸结构特征进行分析,为后续研究 PIP 蛋白在辣椒中功能奠定基础,并为有效开展辣椒遗传改良提供可能的理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

辣椒均一化 cDNA 文库为本实验室构建,滴度为  $1.8 \times 10^6$  cfu/mL。辣椒为福建省地方品种 L11。

### 1.2 方法

1.2.1 辣椒 *CaPIP1* 蛋白同源 EST 搜索、拼接及文库筛选引物的合成 以拟南芥 PIP1 (Q39196) 氨基酸序列为探针序列,从 GenBank(www.ncbi.nlm.gov) 中比对获得辣椒 EST 序列,通过 DNAMAN 进行重叠群分析,选取包含有 PIP1 蛋白保守域的共有序列,采用 PRIMER5 软件设计特异性引物: *Ca PIP1F*: 5' - CCTTGACCAGGGCTATT - 3'; *Ca PIP1R*: 5' - TGCATCGGTGTTGTAGAT - 3' 扩增序列长度为 368 bp。

1.2.2 均一化 cDNA 文库的筛选 采用特异性引物对文库进行 PCR 检测,依据 Yim 等<sup>[17]</sup>的方法,基于 PCR 技术通过逐级稀释文库,从中获得目的基因阳性克隆。PCR 反应条件为: 94 °C 预变性 5 min, 94 °C 变性 30 s, 50 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 35 个循环, 72 °C 延伸 10 min。以通用引物委托上海英骏生物技术公司测序。

1.2.3 序列分析 利用 Blastp( <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 搜索 NCBI 蛋白数据库对 *CaPIP1* 进行氨基酸序列同源性分析;采用 DNAMAN 软件对基因序列及编码的蛋白质结构进行分析;采用 ProtParam( <http://web.expasy.org/protparam>) 预测蛋白质的相对分子量和理论等电点;利用 TM-HMM - 2.0( <http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM>) 分析 *CaPIP1* 的跨膜结构;采用 Mega 5.01 软件对 *CaPIP1* 和拟南芥、烟草等其他物种的水通道蛋白氨基酸序列进行序列比对和分子进化树绘制。

## 2 结果与分析

### 2.1 辣椒 *CaPIP1* 基因克隆及序列分析

本研究通过文库稀释池法筛选辣椒均一化 cDNA 文库获得 *CaPIP1* 阳性克隆。测序结果表明该 cDNA 长度为 1 157 bp, 包含有 858 bp 的完整开放阅读框, 编码长度为 286 个氨基酸, 分子量为 30.63 ku 的蛋白(图 1)。ProtParam 软件预测结果表明该蛋白的理论等电点为 7.68。

### 2.2 辣椒 *CaPIP1* 基因保守结构域分析

通过 BLASTP 比对蛋白保守区数据库(conserved domain database, CDD) 表明 *CaPIP1* 含有 1 个跨膜通道蛋白 MIP (major intrinsic protein superfamily) 保守区。利用 TMHMM - 2.0 分析 *CaPIP1* 的跨膜结构,表明该蛋白具有水通道蛋白典型的由三个胞外环和两个胞内环相连的 6 个跨膜区(TM) (图 2)。氨

```

1 TAGTTACGGGGGAAA CTCAGTTCCTTGA ACTGTCCACTCTT AACTCACAAAG TCTCAAACA
61 AAGCA AAAAGGGTTTTGAAGCTTTCAGCTTCTGTGTGTGTG TGAAAAAATGGC AGAAAAAC
M A E N
121 AAGGAG GAAGATGTTAGC CTTGGAGCTAACAAGTACAGGGAAA CACAACCATTGG GTACA
41 K E E D V S L G A N K Y R E T Q P L G T
181 GCAGCA CAAACAGACAAA GATTACAAAGAGC CACCACCAGCAC CATTGTTTGAAC CAGGA
61 A A Q T D K D Y K E P P P A P L F E P G
241 GAGTTGTCATCATGGTCC TTTTATAGGGCTGGTATTGCTGAGT TCATGGCAACTT TCTTG
81 E L S S W S F Y R A G I A E F M A T F L
301 TTCTTG TACATAACAATC TTGACTGTTATGGGACTTAAGAGAT CTGATAGTCTGT GTTCA
101 F L Y I T I L T V M G L K R S D S L C S
361 TCAGTT GGTATTCAAGGT GTTGCTTGGGCTTTTGGTGGTATGATCTTTGCTTTGGTGTAT
121 S V G I Q G V A W A F G G M I F A L V Y
421 TGTACT GCTGGTATCTCA GGAGGACACATCAACCCAGCTGTGACCTTTGGACTTTTCTTG
141 C T A G I S G G H I N P A V T F G L F L
481 GCAAGG AAGTTGTCCTTG ACCAGGGCTATTTTCTACATAGTGA TGCAGTGCCTTG GTGCA
161 A R K L S L T R A I F Y I V M Q C L G A
541 ATCTGT GGTGCTGGTGTG GTGAAGGGATTCA TGCAAGGACCAT ACCAAAGACTTG GTGGT
181 I C G A G V V K G F M Q G P Y Q R L G G
601 GGTGCT AATGTTGTTAAT CCTGGATACACCA AAGGTGATGGTC TTGGTGTGAAA TTATT
201 G A N V V N P G Y T K G D G L G A E I I
661 GGCACCT TTGTCCTTGTTT TACTGTTTTCT CAGCCACTGATG CCAAGAGAAATGC CAGA
221 G T F V L V Y T V F S A T D A K R N A R
721 GACTCAC ATGTTCCCTATTT TGGCACCCTTC CCATTGGATTG CAGTTTTCTTGGT TCAT
241 D S H V P I L A P L P I G F A V F L V H
781 TTGGCCA CCATCCCCATCA CCGGAAGTGGCA TCAACCCCGCCA GGAGTCTAGGAGC TGCT
261 L A T I P I T G T G I N P A R S L G A A
841 ATCATCT ACAACACCGATG CAGCATGGGATG ACCACTGGATCT TCTGGGTTGGACC ATTC
281 I I Y N T D A A W D D H W I F W V G P F
901 ATTGGTG CTGCTCTTGCTG CAGTTTACCACC AAACAATCATCA GAGCCATGCCATT CCAC
301 I G A A L A A V Y H Q T I I R A M P F H
961 AAGTCTT AAGTTTTCTGTC TCCACCATGGAT GGATTCTCAAGA CACCCTTCTTTTGTCAA
321 K S *
1021 ATTTTTAGT TGTCTCCTTGTG GATTTTCCTTCT GTTAAGATGTTT ATTATGTGTGTAAT
1081 TTATCAGGT TATGATGATGTA CTGTTACCTTGT TAATGAAGGTTT TTTATTTTATCCTTT
1141 TTAAAAAAA AAAAAAAA

```

图 1 *CaPIP1* 基因的 cDNA 及推定的氨基酸序列Fig. 1 The cDNA sequence and deduced amino acid sequence of the *CaPIP1* gene

氨基酸序列分析表明该蛋白含有 2 个 MIP 蛋白高度保守的天冬酰胺 - 脯氨酸 - 丙氨酸 (Asn - Pro - Ala, NPA) 模序, 在第一个 NPA motif 之后紧跟着一个保守的磷酸化位点 (R - K - X - S - X - X - R/K)。此外, *CaPIP1* 含有 MIP 家族蛋白的信号序列 SGXHXNPAVT、物质膜水通道蛋白特征序列 GG-GANXXXGY 和 TGI/TNPARSL/FGAAI/VI/VF/YN 以及水通道蛋白形成相关的高度保守序列 EXXX-TXXF/L (图 3)。

### 2.3 辣椒 *CaPIP1* 基因同源性及系统进化分析

利用 *CaPIP1* 氨基酸序列进行 BLASTP 比对, 结果表明 *CaPIP1* 与同科植物烟草水通道蛋白 NtAQP1 (GenBank 登录号: CAA04750.1)、马铃薯 MIP 蛋白 (ABJ97677.1) 及矮牵牛通道蛋白 (AAL49748.1) 氨基酸序列同源性分别高达 97%、95% 和 95%, 与拟南芥质膜水通道蛋白 AtPIP1; 4 (Q39196) 和 AtPIP1-2 (NP\_182120.1) 氨基酸序列同源性分别为 85% 和 84%。

CaPIP1 氨基酸序列与拟南芥、烟草等物种的水通道蛋白经 Clustal X 聚类分析后,采用 Neighbor - Joining 法,并通过 Mega 5.01 在进行 1 000 次 bootstrap 统计学检测的基础上构建进化树。结果表明, CaPIP1 与水稻、葡萄、拟南芥、烟草的 PIP1 质膜水通道蛋白处于同一进化分支上,并与烟草 NtAQP1 的进化距离最近(图 4)。

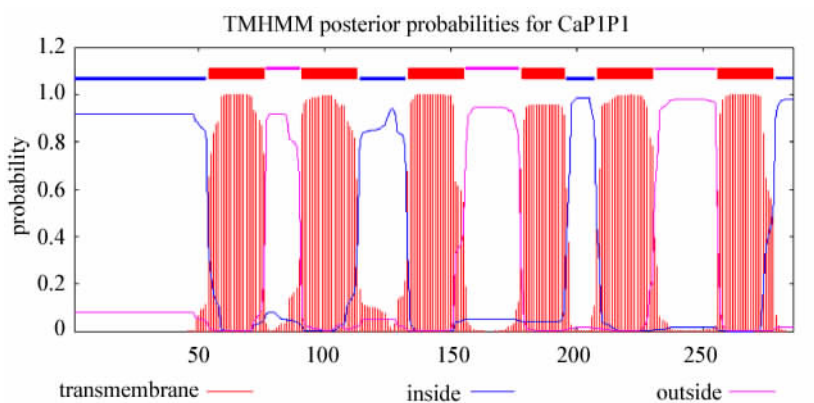


图 2 CaPIP1 跨膜结构域预测

Fig. 2 Transmembrane domain prediction of CaPIP1 protein

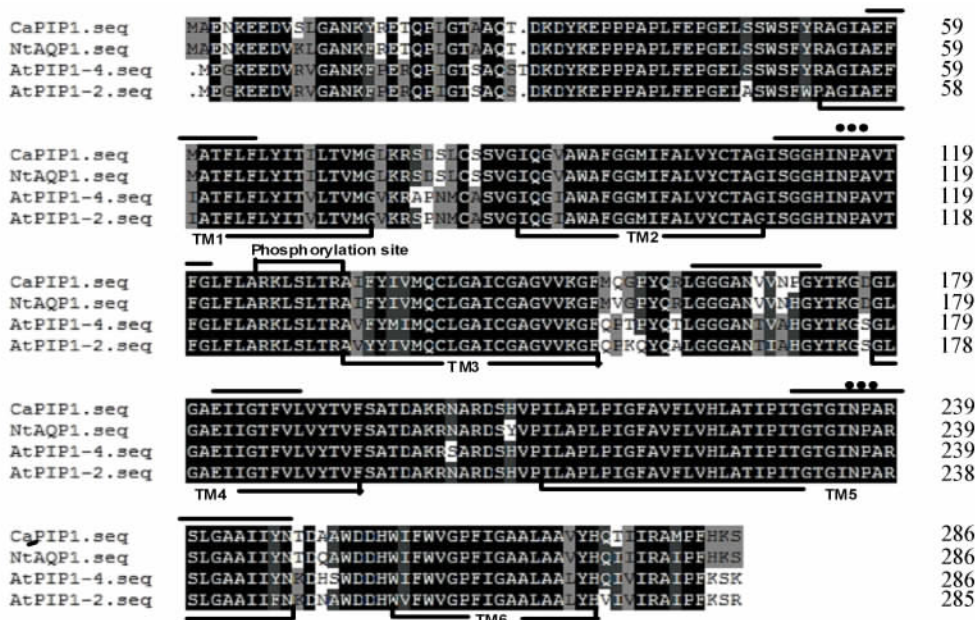


图 3 CaPIP1 蛋白氨基酸序列同源性分析

Fig. 3 Amino acids similarity analysis of CaPIP1 protein

TM1 - 6 为 6 个跨膜区域,●所示为 NPA 模序,Phosphorylation site 表示的氨基酸(R - K - X - S - X - X - R/K) 为保守的磷酸化位点,上划线所示分别为 MIP 信号序列 SGXHXNPAVT、物质膜水通道蛋白特征序列 GGGANXXXXGY、TGI/TNPARSL/FGAAI/VI/VF/YN 及水通道蛋白形成相关保守序列 EXXTXXF/L。

TM1 - 6, six transmembrane domains; ● NPA motifs; R - K - X - S - X - X - R/K, putative Phosphorylation site; SGXHXNPAVT, conserved signal sequence of MIP family; GGGANXXXXGY and TGI/TNPARSL/FGAAI/VI/VF/YN, typical conserved sequence of plant PIP1; EXXTXXF/L, conserved sequence related to formation of aquaporin.

### 3 讨论

水分的运输直接限制了包括辣椒在内的各种植物的生长发育过程,物质膜水通道蛋白广泛参与了植物中细胞水分运输和包括叶片、根的生长发育过程,并介导植物对冷、干旱和盐等非生物逆境的胁迫应答过程。研究表明辣椒水通道蛋白可能通过作用于根部或叶片,通过调节整个植物内环境参与辣椒对盐、重金属的胁迫应答<sup>[18-20]</sup>。但先前没有直接的辣椒水通道蛋白克隆报道。陈儒钢等人报道了一个可能在低温胁迫过程起调节作用的辣椒 TIP 类水通道蛋白<sup>[21]</sup>。在本研究中,首次通过高效的文库稀释池法筛选辣椒均一化 cDNA 文库,获得了一个与烟草质膜水通道蛋白 NtAQP1 高度同源的 aquaporin 基因全长 cDNA CaPIP1。CaPIP1 除了具有水通道蛋白典型的由三个胞外环和两个胞内环相连的 6 个跨膜区和 2 个 NPA 模序以外还具有物质膜水通道蛋白高度保守的序列。氨基酸同源性分析和分

子进化分析结果表明 *CaPIP1* 与烟草、葡萄、拟南芥等物种 PIP1 质膜水通道蛋白同源性高并处于同一进化分支上,说明 *CaPIP1* 应属于辣椒 PIP1 质膜水通道蛋白家族新成员。

在辣椒的栽培过程中,水分的运输不仅与生长发育相关,还直接影响到植株的抗逆程度。质膜水通道蛋白 *CaPIP1* 的首次克隆为研究辣椒水通道蛋白提供了一定研究基础。基于 *CaPIP1* 与其他质膜水通道蛋白高度同源(尤其与研究较深入的烟草 *NtAQP1*) 的结果,推测

*CaPIP1* 也可能与已报道的质膜水通道蛋白具有相似功能,可能在辣椒细胞水分运输、内环境平衡或逆境胁迫应答过程中起作用。但 *CaPIP1* 在辣椒中的具体作用还需后续对其表达和功能的进一步研究。

参考文献:

- [1]Preston G M , Carroll T P , Guggino W B , et al. Appearance of water channels in *Xenopus* oocytes expressing red cell CHIP28 protein [J]. *Science* ,1992 256( 5055) : 385-387.
- [2]Wudick M M , Luu D T , Maurel C. A look inside: localization patterns and functions of intracellular plant aquaporins [J]. *New Phytol* 2009 ,184( 2) : 289-302.
- [3]Fujiyoshi Y , Mitsuoka K , de Groot B L , et al. Structure and function of water channels [J]. *Curr Opin Struct Biol* ,2002 ,12( 4) : 509-515.
- [4]Park J H , Saier M H , Jr. Phylogenetic characterization of the MIP family of transmembrane channel proteins [J]. *J Membr Biol* ,1996 ,153( 3) : 171-180.
- [5]Chaumont F , Barrieu F , Jung R , et al. Plasma membrane intrinsic proteins from maize cluster in two sequence subgroups with differential aquaporin activity [J]. *Plant Physiol* ,2000 ,122( 4) : 1025-1034.
- [6]Hanba Y T , Shibasaki M , Hayashi Y , et al. Overexpression of the barley aquaporin *HvPIP2;1* increases internal CO<sub>2</sub> conductance and CO<sub>2</sub> assimilation in the leaves of transgenic rice plants [J]. *Plant Cell Physiol* ,2004 45( 5) : 521-529.
- [7]Flexas J , Ribas-Carbo M , Hanson D T , et al. Tobacco aquaporin *NtAQP1* is involved in mesophyll conductance to CO<sub>2</sub> in vivo [J]. *Plant J* ,2006 48( 3) : 427-439.
- [8]Uehlein N , Lovisolo C , Siefritz F , et al. The tobacco aquaporin *NtAQP1* is a membrane CO<sub>2</sub> pore with physiological functions [J]. *Nature* ,2003 425( 6959) : 734-737.
- [9]Li D D , Wu Y J , Ruan X M , et al. Expressions of three cotton genes encoding the PIP proteins are regulated in root development and in response to stresses [J]. *Plant Cell Rep* 2009 28( 2) : 291-300.
- [10]Siefritz F , Otto B , Bienert G P , et al. The plasma membrane aquaporin *NtAQP1* is a key component of the leaf unfolding mechanism in tobacco [J]. *Plant J* ,2004 37( 2) : 147-155.
- [11]Porcel R , Aroca R , Azcon R , et al. PIP aquaporin gene expression in arbuscular mycorrhizal *Glycine max* and *Lactuca sativa* plants in relation to drought stress tolerance [J]. *Plant Mol Biol* ,2006 60( 3) : 389-404.
- [12]Lian H L , Yu X , Lane D , et al. Upland rice and lowland rice exhibited different PIP expression under water deficit and ABA treatment [J]. *Cell Res* ,2006 ,16: 651-660.
- [13]Aharon R , Shahak Y , Wininger S , et al. Overexpression of a plasma membrane aquaporin in transgenic tobacco improves plant vigor under favorable growth conditions but not under drought or salt stress [J]. *Plant Cell* 2003 15( 2) : 439-447.

( 下转第 681 页)

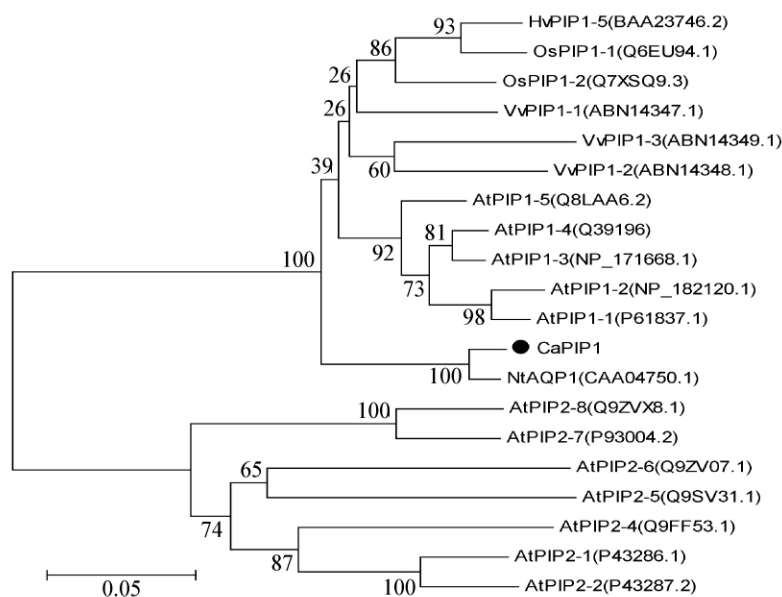


图4 辣椒 *CaPIP1* 蛋白系统发育分析

Fig. 4 Phylogenetic tree analysis of *CaPIP1* protein

西山的品种明显的区分开来; 还可以将‘苏杨2号’与‘东魁’、‘细蒂’等苏州地区主栽品种区分开来, 表明在 DNA 水平上优选单株‘苏杨2号’与苏州当地栽培品种存在着一定的差异, 证明‘苏杨2号’是不同于其他品种的新品种。

#### 参考文献:

- [1] 缪松林, 王定祥. 杨梅[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1987: 1-40.
- [2] 贾继增. 分子标记种质资源鉴定和分子标记育种[J]. 中国农业科学, 1996, 29(4): 1-10.
- [3] 郭丽英, 黄桂香, 何新华, 等. 扁柑种质资源亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 热带作物学报, 2011, 32(3): 443-446.
- [4] 侯思宇, 孙朝霞, 申洁, 等. 30 个枣树种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物生理学报, 2011, 47(3): 275-280.
- [5] 孙淑霞, 李靖, 陈栋, 等. ISSR 分子标记技术在核桃品种鉴定中的应用[J]. 中国农学通报, 2011, 27(4): 173-177.
- [6] 钟凤林, 施维属, 潘东明. 福建柚类种质资源的 ISSR 分析[J]. 热带作物学报, 2010, 31(11): 1964-1968.
- [7] 林伯年, 徐林娟, 贾春蕾. RAPD 技术在杨梅属植物分类研究中的应用[J]. 园艺学报, 1999, 26(4): 221-226.
- [8] 钱皆兵, 陈子敏, 陈俊伟, 等. 优质大果杨梅新品系乌紫杨梅的生物学特性及 RAPD 鉴定[J]. 果树学报, 2007, 24(1): 64-67.
- [9] Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J]. Nucleic Acids Research, 1990, 18(22): 6531-6535.
- [10] 钱剑林, 俞文生, 王化坤, 等. 江浙地区杨梅主要品种的 ISSR 分析[J]. 植物资源与环境学报, 2006, 15(3): 17-20.
- [11] 邱英雄, 傅承新, 孔航辉. 杨梅不同品种的 ISSR 分析[J]. 农业生物技术学报, 2002, 10(4): 343-346.
- [12] 谢小波, 求盈盈, 戚行江, 等. 杨梅雌、雄种质遗传关系的 RAPD 和 ISSR 分析[J]. 果树学报, 2008, 25(2): 198-202.
- [13] 谢小波, 求盈盈, 戚行江, 等. 浙江杨梅品种遗传差异的 RAPD 和 ISSR 分析[J]. 浙江农业学报, 2008, 20(1): 1-5.
- [14] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification[J]. Genomics, 1994, 20: 176-183.
- [15] 崔艳涛, 孟庆瑞, 王文凤, 等. 安哥诺李果皮花青苷与内源激素、酶活性变化规律及其相关性[J]. 果树学报, 2006, 23(5): 699-702.
- [16] 张志栋, 柴春燕, 袁妮娜, 等. 杨梅基因组 DNA 提取方法筛选和优化研究[J]. 生物技术通报, 2007(6): 105-107.

---

#### (上接第 675 页)

- [14] Aroca R, Ferrante A, Vernieri P, et al. Drought, abscisic acid and transpiration rate effects on the regulation of PIP aquaporin gene expression and abundance in *Phaseolus vulgaris* plants[J]. Ann Bot, 2006, 98(6): 1301-1310.
- [15] Secchi F, MacIver B, Zeidel M L, et al. Functional analysis of putative genes encoding the PIP2 water channel subfamily in *Populus trichocarpa*[J]. Tree Physiol, 2009, 29(11): 1467-1477.
- [16] Forrest K L, Bhave M. The PIP and TIP aquaporins in wheat form a large and diverse family with unique gene structures and functionally important features[J]. Funct Integr Genomics, 2008, 8(2): 115-133.
- [17] Yim Y S, Moak P, Sanchez-Villeda H, et al. A BAC pooling strategy combined with PCR-based screenings in a large, highly repetitive genome enables integration of the maize genetic and physical maps[J]. BMC Genomics, 2007, 8: 47.
- [18] Martinez-Ballesta M C, Diaz R, Martinez V, et al. Different blocking effects of HgCl<sub>2</sub> and NaCl on aquaporins of pepper plants[J]. J Plant Physiol, 2003, 160(12): 1487-1492.
- [19] Cabanero F J, Martinez-Ballesta M C, Teruel J A, et al. New evidence about the relationship between water channel activity and calcium in salinity-stressed pepper plants[J]. Plant Cell Physiol, 2006, 47(2): 224-233.
- [20] Markus F, Daood H G, Kapitany J, et al. Change in the carotenoid and antioxidant content of spice red pepper (paprika) as a function of ripening and some technological factors[J]. J Agric Food Chem, 1999, 47(1): 100-107.
- [21] 陈儒钢, 朱文超, 巩振辉, 等. 辣椒水通道蛋白基因 CaAQP 的克隆与序列分析[J]. 中国农业科学, 2010, 43(20): 4323-4329.