- 2 Chang C, Konkantis J. Identification of a new member of the steroid receptor superfamily by cloning and sequence analysis. *Biochem Biophys Res Comm*, 1988, 155: 971~ 977
- 3 Lee C H, Chang L M, Wei L N. Molecular cloning and characterization of a mouse nuclear orphan receptor expressed in embryos and testes. *Mol Reprod Dev*, 1996, 44: 305~ 314
- 4 Socher S A, Yin Y, Dewolf W C, et al. Temperature-mediated germ cell loss in the testis is associated with altered expression of the cell_cycle regulator p53. *J Urol*, 1997, 157: 1986~ 1989
- 5 Lin D L, Chang C. p53 is a mediator for radiation-repressed human TR2 orphan receptor expression in MCF_7 cells, a new pathway from tumor suppressor to member of the steroid receptor superfamily. *J Biol Chem*, 1996, 271: 14649~ 14652
- 6 穆小民, 刘以训. 孤儿受体 TR2 mRNA 在恒河猴睾丸中表达的研究. *科学通报*, 1999, 44(3): 292~ 295
- 7 Yin Y, Dewolf W C, Morgentaler A. Experimental cryptorchidism induces testicular germ cell apoptosis by p53-dependent and _independent pathways in mice. *Biol Reprod*, 1998, 58: 492~ 496

(1999-04-07 收稿, 1999-07-02 收修改稿)

大豆灰斑病抗病基因 **RAPD** 标记的分子特征 及抗、感种质的 **SCAR** 标记鉴定

邹继军^④ 杨庆凯^④ 陈受宜^{*} 陈庆山^④
刘亚光^④ 董 伟

(中国科学院遗传研究所, 北京 100101; ④东北农业大学大豆研究所, 哈尔滨 150030. * 联系人)

摘要 与大豆灰斑病抗病基因连锁的共显性标记 OPS03_{620&580} 的 2 个特征片段 OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀ 的全序列分析表明, 共显性分离的主要原因在于引物扩增区域内 30 bp 的插入(或缺失). Southern 杂交显示, OPS03₆₂₀ 来源于大豆基因组中的单拷贝或低拷贝序列, 可用作 RFLP 探针. 将 RAPD 标记转化成共显性的 SCAR 标记 SCS3_{620&580}. 用 SCS3_{620&580} 检测 93 株 F₂ 群体所得结果与 RAPD 标记检测结果相同, 对 62 份大豆灰斑病抗感种质资源的测试显示, 在绝大部分抗、感种质之间存在明显多态性. 此标记兼具 RFLP 和 RAPD 的优点, 在灰斑病抗病育种中具有广泛的应用价值.

关键词 大豆灰斑病 抗病 分子标记 共显性

大豆灰斑病是一种世界性病害. 在中国主要发生于东北地区, 尤其是黑龙江省东部的三江平原和中部绥化地区, 流行年造成严重减产, 是目前黑龙江省危害最大的大豆病害之一. 在中国鉴定的 11 个大豆灰斑病菌(*Cercospora sjina*)生理小种中, 1, 7 和 10 号是优势小种^[1], 对 7 号小种的抗性由单显性基因 *Rcsc7* 控制^[2].

植物抗病育种中, 传统的抗病鉴定不仅时间长, 而且受到许多条件限制, 如: 田间环境变化影响鉴定结果的准确性, 检疫病害的鉴定必须限定在一定区域内进行, 某些病害的抗性与植物发育阶段有关等. 分子标记技术的发展为育种工作者提供了有力的辅助工具, 可以弥补传统抗性鉴定的某些不足. 利用紧密连锁的分子标记可在短时间内对品种的抗性进行鉴定. SCAR (sequence characterized amplified region) 标记是根据 RAPD 标记两端序列, 设计合成 1 对 18~ 25 个碱基的引物, 通过特异 PCR 扩增来揭示多态性, 此类标记结合了 RFLP 和 RAPD 的优

点,更便于育种工作中使用^[3~8].

在前面的研究中,我们已利用东农 91-212(感病)和东农 9674(抗病)的杂交后代群体,筛选到 2 个显性和 1 个共显性的 RAPD 标记^[2]. 本研究的目的是: () 分析与 *Rcsc7* 连锁的共显性 RAPD 标记 OPS03_{620&580} 分子特征; () 将 RAPD 标记转化成 SCAR 标记; () 用 SCAR 标记检测抗、感种质资源.

1 材料与方 法

() 植物材料及抗病鉴定. 用于 SCAR 检测的大豆种质资源包括 62 份抗、感品种和品系(表 1). 取保存在 PDA 培养基上的大豆灰斑病菌 7 号生理小种,转接在高压灭菌的高粱培养基上扩大培养. 待孢子萌发后,用蒸馏水清洗成孢子悬浮液,孢子浓度为 $5 \times 10^3/\text{mL}$,于成株期分 2 次在傍晚进行喷雾接种. 根据叶片病斑情况进行调查,凡小型病斑(病斑平均直径小于 0.4 mm)不超过 3 个的记为抗病,小型病斑数 3 个以上或染有大型病斑的记为感病.

表 1 用 SCS3_{620&580} 检测抗感种质资源

编号	品种或品系	R/S ^{a)}	SCS3 ₆₂₀	SCS3 ₅₈₀	编号	品种或品系	R/S	SCS3 ₆₂₀	SCS3 ₅₈₀
1	东农 42	R	+	^{b)}	32	合 69-231	S		+
2	东农 38	S		+	33	巴 905	S		+
3	东农 593	S		+	34	东农 1807	S		+
4	东农 594	S		+	35	钢 5151	S	+	
5	东农 9674	R	+		36	双跃 4 号	R	+	
6	绥农 10	R	+		37	东农 1716	R	+	
7	东农 95-130	R	+		38	龙 91-10567	S		+
8	合丰 30	R		+	39	东农 1574	R	+	
9	东农 95-58	S		+	40	黑农 33	R		+
10	垦农 7	S		+	41	东农 1887	R	+	
11	垦农 4	R	+		42	巴 24	R	+	
12	东农 95-165	S		+	43	东农 95-202	S		+
13	东农 90-035	R	+		44	东农 95-124	R	+	
14	农大 24931	S		+	45	九农 1 号	R	+	
15	东农 94-352	S		+	46	东农 79-399	S		+
16	东农 37	R	+		47	北 89-1	S		+
17	合丰 27	S		+	48	东农 40567	R	+	
18	东农 91-212	S		+	49	东农 96-1035	R	+	
19	吉林 30	S		+	50	黑农 39	S	+	
20	合丰 29	S		+	51	合 9270	S		+
21	丰收 12	S		+	52	农大 1088	S		+
22	沃奇	S		+	53	合 P3-772	S		+
23	巨选 1 号	S		+	54	天北白目	R		+
24	绥农 4	R	+		55	农大 8170	R	+	
25	30822	R	+		56	东农 1665	R	+	
26	Flambeau	R	+		57	龙 8807	S		+
27	东农 8143	S		+	58	绥 94-5672	S		+
28	美国 2 号	S		+	59	东农 8090	R	+	
29	绥农 8	S		+	60	龙 93-16	S		+
30	农大 13699	R	+		61	合丰 25	R	+	
31	合丰 22	S		+	62	铁 6915	R	+	

a) R/S 表示对 7 号小种抗性的田间接种鉴定结果, b) + 表示检测到特异标记

() RAPD 扩增产物的克隆及测序. RAPD 程序按照前面描述的方法进行^[2]. 用 Gene Clean 试剂盒纯化回收已证明是连锁的 RAPD 标记,然后连接到 pGEM[®]-T Vector Easy(Promega

<https://engine.scichina.com/doi/10.1360/csb1999-44-23-2544-x>

公司)载体上. 将克隆的 RAPD 产物用 *EcoR* iv 进行酶切处理, 依据与原来的 RAPD 标记长度的比较和以此插入片段为探针进行 Southern 杂交的结果鉴定克隆产物. 测序反应利用 DYEnamic™ Direct Cycle Sequencing 试剂盒(Amersham 公司)在 373A 型 DNA 自动测序仪上完成.

() Southern 杂交. 所用 6 种限制性内切酶为 *BamH* iv, *Dra* iv, *EcoR* iv, *EcoR* (Ⅲ) *Hind* (Ⅳ) 和 *Taq* iv, 大豆总 DNA 为 6 μg, 反应时加入 1 mmol/L 的亚精胺以促进酶切完全, 酶切时间大于 10 h. 琼脂糖凝胶浓度为 0.8%, 电泳缓冲液为 1×TBE, 电压 45 V, 电泳时间大于 12 h. 用 Hybond N⁺ 滤膜(Amersham)在碱性条件下吸印, 再与用随机引物标记法标记的探针进行杂交. 洗膜条件为: 2×SSC, 1% SDS 和 1×SSC, 1% SDS, 于 65℃摇床上各洗 15 min. 在-70℃冰箱内放射自显影 7~10 d.

() 引物设计及 SCAR 分析. 根据克隆的 RAPD 片段两端序列设计了 1 对 20 碱基的引物(图 1). 用 SCAR 引物进行扩增的反应条件如下: 25 μL 反应体系包括 10 mmol/L Tris-HCl, pH=8.3, 50 mmol/L KCl, 100 μmol/L dNTPs, 0.2 μmol/L 每种引物, 1.0 U *Taq* DNA 聚合酶, 2.5 mmol/L Mg²⁺ 和 20 ng 模板 DNA. 热循环反应条件为 94℃, 5 min; 然后 94℃, 1 min, 52℃, 1.5 min, 72℃, 1.5 min, 共 40 个循环; 再在 72℃延伸 10 min. 扩增反应在 Perkin Elmer 9600 型扩增仪上进行. 扩增产物在 1.3% 琼脂糖凝胶、TAE 缓冲液、电压 3 V/cm 下电泳 2.5 h, 经 EB 染色后在紫外灯下观察结果并照相.

2 结果和讨论

2.1 共显性 RAPD 标记 OPS03_{620&580} 的分子特征

与大豆灰斑病抗病基因连锁的 RAPD 标记 OPS03_{620&580} 的 2 个片段 OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀ 在群体中以共显性的方式分离, 用其判断纯合抗性和杂合抗性的准确率分别为 100% 和 97.5%^[2]. 分别从胶上回收并克隆了 OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀ 片段. 通过对克隆产物酶切图谱及其为探针与亲本、F₁ 及 F₂ 代的 RAPD 产物进行 Southern 杂交, 证明了克隆产物即为所要片段(结果未示). 对这 2 个片段进行了全序列分析(图 1), 结果表明, OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀ 的实际长度分别为 647 和 597 bp, 两端 10 个碱基的序列与引物 OPS03(5'-CAGAGGTCCC-3') 完全相同. OPS03₆₂₀ 和 OPS03₅₈₀ 之间的多态性是由碱基替换、插入(或缺失)引起的: 两序列之间存在 30 个碱基(TTTCITTCAAAAAAAAAAATCCCAATTCA)的插入或缺失, 在 2 个片段中还有个别碱基的替换或缺失(图 1). 通常情况下, 在 DNA 的等位区域内, 由于 RAPD 引物的扩增靶序列发生点突变, 使 2 个反向聚合引物扩增靶序列之间的 DNA 区域丢失, 从而形成显性标记^[9]. 而在本研究中, 由于 OPS03 引物扩增区域内碱基的插入或缺失形成了共显性标记. 此类标记比显性的 RAPD 可提供更多的信息.

东农 9674(父本)和东农 91-212(母本)的总 DNA 分别用 *BamH* iv, *Dra* iv, *EcoR* iv, *EcoR* (Ⅲ) *Hind* (Ⅳ) 和 *Taq* iv 完全酶切. 以 OPS03₆₂₀ 片段为探针进行 Southern 杂交. 图 2 示出 OPS03₆₂₀ 与 6 种内切酶酶切产物杂交产生 1~3 条带. 据此判断此 DNA 片段在大豆基因组中以单拷贝或低拷贝形式存在. 用 *Dra* iv, *EcoR* (Ⅲ) *Hind* (Ⅳ) 和 *Taq* iv 酶切时, OPS03₆₂₀ 可在东农 9674 和东农 91-212 之间揭示出明显的多态性. 选择 *EcoR* (Ⅲ) 酶切进行的亲本及 F₂ 个体间多态性分析示于图 3, 3 种杂交带型可准确区分亲本及纯、杂合子. 以上结果表明, OPS03₆₂₀ 可作为 RFLP 探针使用.

OPS03₆₂₀ 1 CAGAGGTCCCTTATCAATTGGATCTCATTATAATTGAGGATGCTCCTTGCTCTATTTTAA 60
 |||
 OPS03₅₈₀ CAGAGGTCCCTTATCAATTGGATCTCATTATAATTGAGGATGCTCCTTGCTCTATTTTTT
 引物 1 5' - CAGAGGTCCCTTATCAATTG -3'

30 碱基的插入或缺失序列

OPS03₆₂₀ 61 GCTGAATAAAATCCCAATTCCTTTCTTTCAAAAAAAAAAAATCCCAATTCATACGTAAAA 120
 |||
 OPS03₅₈₀ GCTGAATAAAATCCCAATTCC TACGCAAAA

OPS03₆₂₀ 121 AAATAAAAAGAATGTTTCGTGATCTGTCTTACTACCATTATCCAACCTCAAAGTCAATTTAG 180
 |||
 OPS03₅₈₀ AAATAAAAAGAATGTTTCGTGATCTGTCTTACTACCATTATCCAACCTCAAAGTCAATTTAG

OPS03₆₂₀ 181 ACAAATTTTCAGTTTTCCAATATGTATTGCTTACATAAGTGCTTATATACTAATATCTATA 240
 |||
 OPS03₅₈₀ ACAAATTTTAGTTTTACAATATGTATTGCTTAAATAAGTGCTTATATACTAATATCTATA

OPS03₆₂₀ 241 AATTAAGGTAAATGGTGGTGAGGGAGGAATCTTTAAATTTGATACAACTTTTTTATAT 300
 |||
 OPS03₅₈₀ AATTAATTTAAATAATTTTGAGGGAGGAATCTTTAAATCTGATACAACTTTTTTATAT

OPS03₆₂₀ 301 AAAATTATCACAAAAGCTTTTATTTTGAGGTTTGTATTTTTTATTCGATAACCCATA 360
 |||
 OPS03₅₈₀ AAAATTATCACAAAAGCTTTTATTTTGAGGTTTGTATTTTTTATTCGATAAAAAATA

OPS03₆₂₀ 361 TAGTATTCATGTTTTAGGCTTTTAGCGATACAGAGGTTGACAACCCTCTTATGAATAAGA 420
 |||
 OPS03₅₈₀ TAGTATTCATGTTTTAGGCTTTTAGCGATACAGAGGTTGACAATTTCTTATGAATAAGA

OPS03₆₂₀ 421 TAACGTAATTTATTGTTGGTGAACACAGTTAGAGGGATCCCCTCAAATTGAAGGTCTTTT 480
 |||
 OPS03₅₈₀ TAACGTAATTTATTGTTGGTGAACACAGTTAGAGGCATCCCCTCAAATTGAAGGTTTTTT

OPS03₆₂₀ 481 ATTATGAGTTTAATGTTTATATATCAAGTATTAATATATCAATTTTTTTCTATTTTATA 540
 |||
 OPS03₅₈₀ ATTATGAGTTTAATGTTTATATATCAATTATTAATATATCAATTTTTTTCTATTTTATA

OPS03₆₂₀ 541 TTCACTCAAATTTAAGTTTAAGACATCCACAAAATCCAATATCTAAATATAAAAAGTG 600
 |||
 OPS03₅₈₀ TTCACTCAAATTTAAGTTTAAGACATCCACAAAATCCAATATCTAAATATAAAGAGTG

OPS03₆₂₀ 601 ATGGGCATTGAGCTTAAGTCTCCTATTAATTTGATAATTCATGGGACCTCTG 650
 |||
 OPS03₅₈₀ ATGGGCATTGAGCTTAAGTCTCCTATTAATTTGATAATTCATGGGACCTCTG
 引物 2 3' - CGTAACTCGAATTCAGAGGA -5'

图1 OPS03₆₂₀和 OPS03₅₈₀的全序列及用于 SCAR 扩增的引物 1 和引物 2 的序列

图2 以 OPS03₆₂₀ 为探针与抗亲(R)、感亲(S)总DNA酶切产物的 Southern 杂交结果

图3 以 OPS03₆₂₀ 为探针与部分 F₂ 代单株总 DNA 的 *EcoR* (Ⅷ) 酶切产物的 Southern 杂交结果
1——东农 91-212(感病亲本), 2——东农 9674(抗病亲本),
3~ 15——F₂ 单株

2.2 SCAR 引物的合成及基因组 DNA 扩增

根据测得的核苷酸序列, 合成了 1 对 20 碱基的 SCAR 引物(图 1). 引物 1(5'-CAGAGGTC-CCTTATCAATTG-3') 包含所用的随机引物并向内延伸 10 个碱基; 引物 2(5'-AGGAGACT-TAAGCTCAATGC-3') 不包含随机引物. 此对引物在东农 9674(抗病亲本)、东农 91-212(感病亲本), F₁(抗病) 和 F₂ 个体中的扩增结果揭示了与 OPS03_{620&580} 类似的共显性特点(图 4). 将此标记命名为 SCS3_{620&580}, 它由 SCS3₆₂₀ 和 SCS3₅₈₀ 2 个特征带组成. 在抗病亲本和抗病的 F₂ 单株中可检测到 SCS3₆₂₀ 的特征带; 在感病亲本和感病的 F₂ 单株中可检测到 SCS3₅₈₀ 的特征带; 而在 F₁ 和抗病的 F₂ 杂合单株中则可同时检测到 2 条带(图 4). 用于连锁分析的 F₂ 群体共 93 株, 其中 75 株抗病, 18 株感病. 利用 MapMaker2.0 软件, 临界 LOD 取 3.0, 计算 SCS3₆₂₀ 与 *Rsc7* 的连锁距离为 8.7 cM. 在其他由 RAPD 标记转化成 SCAR 标记的研究中, 有的呈显隐性标记, 有的扩增带需经

图4 与 *Rsc7* 连锁的共显性 SCAR 标记 SCS3_{620&580}

M——分子量标记(MDNA *Hind* III/*EcoR* IV); 1——东农 9674(抗病亲本, 只有 SCS3₆₂₀ 特征带); 2——东农 91-212(感病亲本, 只有 SCS3₅₈₀ 特征带); 3——F₁(抗病, 同时具有 SCS3₆₂₀ 和 SCS3₅₈₀ 2 条带); 4~ 9——F₂(抗病, 只有 SCS3₆₂₀ 特征带); 10~ 14——F₂(抗病, 同时具有 SCS3₆₂₀ 和 SCS3₅₈₀ 2 条带); 15~ 20——F₂(感病, 只有 SCS3₅₈₀ 特征带). 分子量最大的条带为共有带

酶切后才可揭示出多态性^[6,7]. 本研究中直接将 RAPD 标记转化成共显性的 SCAR 标记, 不仅可以像 OPS03_{620&580}那样简单、快速地鉴定纯合和杂合抗性, 且具有稳定性高、重复性好等优点.

2.3 SCS3_{620&580}在灰斑病抗感种质资源中的检测结果

SCS3_{620&580}在东农 91212 × 东农 9674 的组合后代中与抗病性有很高的共分离比率, 那么此标记是否可用于其他抗、感种质资源呢? 为此, 我们用此标记检测了 62 份大豆品种或品系, 并与这些材料的田间接种结果进行比较. 在 28 份抗病材料中, 25 份检测到抗病特征带 SCS3₆₂₀; 在 34 份感病材料中, 32 份检测到感病特征带 SCS3₅₈₀(表 1, 图 5). 这说明 SCS3₆₂₀和 SCS3₅₈₀可

图 5 SCS3_{620&580}在部分大豆抗、感种质资源中检测结果

M——分子量标记(ADNA Hind Ⅲ EcoR iv); 各样品编号对应的品种或品系名称见表 1

作为大多数抗病和感病种质检测的特征带用于大多数抗、感灰斑病材料配制的杂交组合中的辅助选择. 从表 1 还可看到, 约有 10% 抗病或感病材料不具有 SCS3₆₂₀或 SCS3₅₈₀特征带. 这种现象在以往的研究中也曾有过报道^[8,10,11]. Miklas 等人^[11]发现, 他们得到的分子标记可用于鉴定 Mesoamerican 起源的菜豆品种对锈病的抗性, 却不能用于 Andean 起源的品种, 因为在感病品种中同样可检测到抗病特征带. Horvath 等人^[10]得到的 PCR 标记在特定组合中与大麦抗锈基因的连锁距离为 0.7 和 2.8 cM, 但在其他组合中在抗、感材料间不能揭示出一致的多态性. Paltridge 等人^[8]利用与大麦黄矮病抗病基因 Yd2 连锁距离为 0.7 cM 的 PCR 标记 YLM 检测了 102 份大麦品系, 在 9 个带有 Yd2 基因的抗病品系中均检测到抗病的 YLM 特征带, 而在 93 个感黄矮病的品系中, 有 8 个品系中也检测到 YLM 特征带. 本研究中, 在感病的黑农 39 和钢 5151 中检测到抗病特征带 SCS3₆₂₀, 而在抗病的合丰 30、天北白目和黑农 33 中却检测到感病特征带 SCS3₅₈₀, 这可能由于此标记与 Rsc7 间的重组造成, 也有可能是由于上述 3 个抗病材料的抗性来源与东农 9674 不同所致. 东农 9674 与抗病品种合丰 30、黑农 33 对 7 号小种抗性的等位性测验正在进行中. 如果它们的抗性是由不同基因控制的, SCS3₆₂₀还将在不同抗性基因累加中起重要辅助作用.

致谢 作者对张劲松博士在引物设计和李子银先生在序列分析方面给予的帮助表示感谢. 本工作为国家自然科学基金(批准号: 39680014)和国家“八六三”高技术计划资助项目.

参 考 文 献

- 1 霍 虹, 马淑梅, 卢官仲. 黑龙江省大豆灰斑病菌(*Cercospora sojae* Hara)生理小种的研究. 大豆科学, 1988, 7(4): 315~ 320

- 2 邹继军, 董伟, 杨庆凯, 等. 大豆对灰斑病菌7号小种的抗性遗传及抗病基因的 RAPD 标记. 科学通报, 1998, 43(21): 2302~ 2307
- 3 Barret P, Deloume R, Feisset N, et al. Development of a SCAR (sequence characterized amplification region) marker for molecular tagging of the dwarf BREIZH (*Bzh*) gene in *Brassica napus* L. Theor Appl Genet, 1998, 97: 828~ 833
- 4 Dedryver F, Jubier M-F, Thouvenin J, et al. Molecular markers linked to the leaf rust resistance gene *Lr24* in different wheat cultivars. Genome, 1996, 39: 830~ 835
- 5 Kawchuk L M, Hachey J, Lynch D R. Development of sequence characterized DNA markers linked to a dominant verticillium wilt resistance gene in tomato. Genome, 1998, 41: 91~ 95
- 6 Ohmori T, Murata M, Motoyoshi F. Molecular characteristics of RAPD and SCAR markers linked to the *Tm-1* locus in tomato. Theor Appl Genet, 1996, 82: 151~ 156
- 7 Paran I, Michelmore R W. Development of a sequence characterized amplified region (SCAR) based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce. Theor Appl Genet, 1993, 85: 985~ 993
- 8 Patridge N G, Collins N C, Bendahmane A, et al. Development of YLM, a codominant PCR marker closely linked to the *Yd2* gene for resistance to barley yellow dwarf disease. Theor Appl Genet, 1998, 96: 1170~ 1177
- 9 Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res, 1990, 18: 6531~ 6535
- 10 Horvath D P, Dahleen L S, Stebbing J, et al. A co dominant PCR-based marker for assisted selection of durable stem rust resistance in barley. Crop Sci, 1995, 35: 1445~ 1450
- 11 Miklas P N, Stavely J R, Kelly J D. Identification and potential use of a molecular marker for rust resistance in common bean. Theor Appl Genet, 1993, 85: 745~ 749

(1999-02-12 收稿, 1999-07-23 收修改稿)

3 种化学诱导物对大鼠 *GST_P* 基因表达的影响及机理

廖名湘 刘东远 左瑾 张红云 方福德

(中国医学科学院 中国协和医科大学基础医学研究所 医学分子生物学国家重点实验室, 北京 100005)

摘要 大鼠谷胱甘肽 S-转移酶 P(*GST_P*) 基因可被多种化学致癌物诱导表达. 采用基因诱导实验、共转染报告质粒瞬时表达实验、凝胶阻滞实验和分子杂交实验探讨了 3 种化学物诱导 *GST_P* 基因表达的机理. 结果表明, 佛波酯(TPA)、甲基丙烯酸环氧丙酯(GMA)和 H_2O_2 对 *GST_P* 基因表达的影响及其机理不甚相同: TPA 和 GMA 主要通过激活 AP-1 或相应转录因子与 GPE 增强子元件相作用而促进 *GST_P* 表达, H_2O_2 则通过某些未知因子与 GPE 增强子元件相作用.

关键词 谷胱甘肽 S-转移酶 P 化学诱导物 基因表达调控

大鼠谷胱甘肽 S-转移酶 P (Glutathione S-transferase P, *GST_P*) 是化学诱导癌前病变和肝癌的一种可靠的肿瘤标志酶, 因此, *GST_P* 的表达可能与大鼠癌变过程密切相关. 在多步骤致癌过程中, 基因表达形式的改变是非常重要的步骤, 为探讨癌变过程中基因表达方式的改变, 研究癌变过程中涉及 *GST_P* 的特异表达的分子机理是很有必要的. *GST_P* 基因可被多种化学致