

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.06.005

引用格式:何彩,刘源,晋敏,等.沙木蓼 MYB-related 基因家族的鉴定及其响应干旱胁迫的表达模式研究[J].草地学报,2026,34(6):2012–2021

HE Cai, LIU Yuan, JIN Min, et al. Identification of MYB-related Gene Family in *Atraphaxis bracteata* and Study on its Expression Pattern in Response to Drought Stress[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(6):2012–2021

沙木蓼 MYB-related 基因家族的鉴定及其响应干旱胁迫的表达模式研究

何彩^{1*}, 刘源², 晋敏¹, 吴媛¹, 王素贞¹, 胡芳¹

(1. 武威市林业科学研究院, 甘肃武威 733000; 2. 甘肃农业大学林学院, 甘肃兰州 730000)

摘要: MYB-related 基因家族在植物生长发育及逆境胁迫中起关键作用。本研究基于沙木蓼(*Atraphaxis bracteata*)全长转录组数据,采用生物信息学方法鉴定了其 MYB-related 基因家族,分析了进化关系、基因结构、理化性质,并采用 qRT-PCR 分析了其在干旱胁迫下各组织的时空表达模式。结果显示,共鉴定出 55 个成员,分为 5 个亚组;编码蛋白多呈亲水性,主要定位于细胞核, Motif 2 为特征基序, Motif 4 保守性最高,蛋白质二、三级结构以无规则卷曲为主。表达分析表明,干旱胁迫 24 h 后基因表达量均高于 6 h 和 0 h,多数基因在叶中表达较高,这些基因在根茎中对重度干旱响应更强,而在叶中则对轻度干旱更为敏感。综上,沙木蓼 MYB-related 基因家族在干旱胁迫中具有组织特异性表达模式,为今后功能研究与抗逆育种提供了理论依据。

关键词: 沙木蓼; MYB-related; 干旱胁迫; 表达模式

中图分类号: Q943.2; S793.9

文献标识码: A

文章编号: 1007-0435(2026)06-2012-10

Identification of MYB-related Gene Family in *Atraphaxis bracteata* and Study on its Expression Pattern in Response to Drought Stress

HE Cai^{1*}, LIU Yuan², JIN Min¹, WU Yuan¹, WANG Su-zhen¹, HU Fang¹

(1. Wuwei Academy of Forestry, Wuwei, Gansu Province 733000, China;

2. College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu Province 730000, China)

Abstract: MYB-related gene family plays important roles in plant growth, development, and stress response. This study analyzed the number, evolutionary relationships, gene structure, and physicochemical properties of MYB-related family genes in *Atraphaxis bracteata* by bioinformatics methods based on the full-length transcriptome data of *A. bracteata*. The qRT-PCR was used to analyze the temporal and spatial expression patterns of these genes in various tissues of *A. bracteata* under drought stress, and to analyze their response to drought stress. The results showed that a total of 55 MYB-related family members of *A. bracteata* were identified and divided into 5 subgroups. The encoded proteins were mostly hydrophilic and mainly located in the nucleus. Motif 2 was the characteristic motif, while Motif 4 had the highest conservation. The secondary and tertiary structures of their proteins were mainly irregularly coiled. Expression analysis showed that after 24 h of drought stress, gene expression levels were higher than those at 6 h and 0 h, and most of these genes were highly expressed in the leaves. These genes responded more strongly in roots and stems under severe drought, while they had higher expression levels in leaves under mild drought. In summary, the MYB-related gene family of *A. bracteata* exhibited distinct tissue-specific expression patterns under drought stress, laying a theoretical foundation for subsequent functional research and stress resistant breeding.

Key words: *Atraphaxis bracteata*; MYB-related; Drought stress; Expression pattern

收稿日期: 2025-08-28; 修回日期: 2025-10-16

基金项目: 甘肃省科技计划项目(自然科学基金)(24JRRH007, 25JRRH004); 武威市科技创新人才计划项目(WW25A01RYFL002)资助

作者简介: 何彩(1985-), 女, 汉族, 甘肃武威人, 博士, 正高级工程师, 主要从事荒漠化防治研究, E-mail: hcyldfcl@163.com

MYB 转录因子家族是真核生物中规模最大且功能最为多样的转录调控因子家族之一。该家族由 Klempnauer 等人在禽类骨髓细胞瘤病毒中首次发现^[1],随后玉米(*Zea mays*)C1 基因的克隆促进了 MYB 转录因子在植物中的研究^[2],并在拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)^[3]、水稻(*Oryza sativa*)^[4]等植物中开展了系统研究。该家族蛋白的典型特征是含有 1~4 个不完全重复的 MYB 结构域,该结构域由 50~53 个氨基酸残基构成,形成特殊的螺旋-转角-螺旋(HTH)三维结构^[5],能够特异性识别并结合靶基因启动子区域的顺式作用元件^[6]。根据所含 MYB 结构域的数量和组成特点,植物 MYB 家族被划分为四大亚类:MYB-related(含单个 R1-MYB 结构域)、R2R3-MYB(含两个串联 R2 与 R3 重复结构域)、3R-MYB(含 R1、R2、R3 三个重复结构域)及 4R-MYB(含四个 MYB 重复结构域)^[6-8]。其中,R2R3-MYB 是 MYB 转录因子家族中数量最多的一类亚族,在拟南芥(*A. thaliana*)^[9]、水稻(*O. sativa*)^[4]等多种植物中均分离到多个家族成员,且对其功能研究较为深入。

MYB-related 是植物中第二大类 MYB 转录因子,在马铃薯(*Solanum tuberosum*)中鉴定出 138 个成员^[10],木豆(*Cajanus cajan*)中共鉴定出 48 个成员^[11],川白芷(*Heracleum maximum*)中共鉴定出 122 个成员^[12],油桐(*Vernicia fordii*)中鉴定出 53 个成员^[13]。MYB-related 蛋白功能差异较大,包括能结合植物端粒 DNA 共有序列(TTTAGGG)的因子^[14],还可作为转录激活因子发挥作用^[15],其中部分因子(如 CCA1 和 LHY)^[16]与生物钟活性密切相关。近年来,多项研究揭示了 MYB-related 基因家族在植物生理和胁迫响应中的重要作用。如花生(*Arachis hypogaea*)AhMYB30 能够通过同时激活 DREB/CBF 和 ABA 信号通路来增强植物对低温和盐胁迫的抗性^[17],辣椒(*Capsicum annuum*)CaMYB37 是调控辣椒素生物合成的关键转录因子^[18],部分 MYB-related 成员参与桂花(*Osmanthus fragrans*)挥发性有机化合物(VOCs)的合成调控^[19]等。这些研究为理解植物转录调控网络提供了新的视角。

沙木蓼(*Atraphaxis bracteata*)隶属蓼科(Polygonaceae)木蓼属(*Atraphaxis*),具有耐旱、耐盐碱及速生固沙等特性,是我国西北干旱区典型的荒漠灌木,对逆境具有较强的适应能力,在干旱半干旱区生态恢复中发挥重要作用。本课题组前期

通过分析不同年份沙木蓼生理、转录及代谢特征,揭示了沙木蓼对干旱环境的适应能力^[20],此外,还发现在干旱胁迫条件下,沙木蓼根、茎、叶中的差异表达基因在昼夜节律通路均显著富集,其中 MYB-Related 是参与 LHY 蛋白调控的主要转录因子,且多数上调^[21]。这提示沙木蓼 MYB-Related 基因家族在其响应干旱胁迫过程中发挥着重要作用,然而目前尚未见该家族的相关报道。

为此,本研究基于沙木蓼全长转录组,对沙木蓼 MYB-related 基因家族成员进行鉴定和生物信息学分析,以明确其组成及结构特征;并在每个亚组中选取 1 个转录表达量较高的基因,采用实时荧光定量(qRT-PCR)分析其在干旱胁迫下沙木蓼幼苗根、茎、叶中的时空表达模式,以期为沙木蓼 MYB-related 基因家族的后续功能研究提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

用清水(CK)、-0.2 MPa 山梨醇(轻度干旱胁迫)、-0.6 MPa 山梨醇(重度干旱胁迫)溶液处理 40 d 苗龄的沙木蓼,分别取处理 0 h、6 h、24 h 沙木蓼的根、茎和叶,置于液氮中,带回实验室,在-80℃下储存,以备用于 qRT-PCR 检测。

1.2 沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白的鉴定及其系统发育树构建

本研究所使用沙木蓼全长转录组测序相关数据均来源于课题组前期研究成果,数据上传至 NCBI 数据库(登录号:PRJNA 1 028 835),去除其中冗余序列及残缺序列之后进行筛选。使用在线网站 PFAM 下载 MYB-related 隐马尔可夫模型 SANT(PF00249),再使用 TBtools II 软件中 Simple HMM Search 功能将沙木蓼基因组蛋白质数据与 MYB-related 隐马尔可夫模型进行搜索比对,选择 E 值 $\leq e^{-10}$ ^[22]蛋白质序列作为候选沙木蓼 MYB-related 基因家族。通过 NCBI 在线网站中 CDD 数据库分析 MYB-related 基因家族蛋白的保守结构域,再使用 TBtools II 软件中 Visualize NCBI CDD Domain Pattern 功能进一步分析,剔除保守结构域不完整的序列,根据分析结果确定沙木蓼 MYB-related 基因家族成员。

利用 MEGA7 软件中 ClustalW 功能将沙木蓼

的 MYB-related 基因家族序列进行整理比对,将比对结果使用邻接法建立系统发育进化树,Bootstrap 值设置为 1000,其他参数均使用默认参数,再使用在线网站 iTOL 对进化树进行美化处理。

1.3 沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白理化性质预测与亚细胞定位

使用在线网站 ExPASy 中 ProtParam 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族成员的氨基酸数量(Number of amino acid)、分子量(Molecular weight)、理论等电点(Theoretical pI)、不稳定指数(Instability index)、脂肪系数(Aliphatic index)及平均疏水性(Grand average of hydropathicity)^[23]进行分析;使用在线网站 GenScript 中 WoLF PSORT 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族的亚细胞定位情况进行分析。

1.4 沙木蓼 MYB-related 基因家族保守基序

利用在线网站 MEME 对沙木蓼 MYB-related 基因家族保守基序进行分析,再使用 TBtools II 软件中 Visualize Motif Pattern 功能进行可视化;使用在线网站 NCBI 中 Batch CD-Search 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族保守结构域进行分析,再使用 TBtools II 软件中 Visualize Domain Pattern 功能进行可视化;使用 TBtools II 软件中 Gene Structure View 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族的保守基序、保守结构域及系统发育进化树进行综合作图。

1.5 沙木蓼 MYB-related 基因家族二级结构与三级结构预测

使用在线网站 Prabi 中 SOPMA SECOND-ARY STRUCTURE PREDICTION METHOD 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白的 α -螺旋、延伸链、 β -折叠及无规则卷曲^[24]进行预测。再使用在线网站 ExPASy 中 SWISS-MODEL 功能对沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白进行三级结构预测。

1.6 沙木蓼 MYB-related 基因家族成员时空表达模式分析

采用 Total RNA Extractor (Trizol) 试剂盒 (B511311) 分别提取经山梨醇模拟干旱处理不同时

间点的沙木蓼根、茎、叶组织的总 RNA,并反转录为 cDNA。以所得 cDNA 为模板,利用 qRT-PCR 技术,检测 MYB-related 基因家族中代表不同亚族的 6 个基因在干旱胁迫下的时空表达模式。所用基因特异性引物序列见表 1,内参基因为 18S RNA,其引物序列为:F:5'-GAAAGGGAGGGATTGGGTCT-3',R:5'-GTTCTTCCGAGTTGTGATGTCTG-3'。

qRT-PCR 反应体系详见表 2。反应程序设置如下:95℃预变性 3 min;随后进行 45 个循环的 95℃变性 15 s 与 60℃退火/延伸 30 s。每个样本设置 3 次技术重复。基因相对表达量采用比较 Ct 法($2^{-\Delta\Delta C_T}$ 法)进行计算。

表 1 qRT-PCR 引物序列

Table 1 The primer sequence of qRT-PCR

基因编号 Gene ID	引物序列 Primer sequences
PB-MIX_transcript_4382-F	5' GAAGGATGTGCTTGCGTGAT 3'
PB-MIX_transcript_4382-R	5' TCAGGACGACAGATGGATGG 3'
PB-MIX_transcript_53242-F	5' CAAGACCTGCTGCCAATCAT 3'
PB-MIX_transcript_53242-R	5' TCAGTTGAGGTTTCCGCATT 3'
PB-MIX_transcript_45182-F	5' CAAGACCTGCTGCCAATCAT 3'
PB-MIX_transcript_45182-R	5' TCAGTTGAGGTTTCCGCATT 3'
PB-MIX_transcript_96200-F	5' TGCCAACAACGCTGTGAAC 3'
PB-MIX_transcript_96200-R	5' TGGTGCCTGTAAAGCCTCTG 3'
PB-MIX_transcript_3955-F	5' CCTGCTGCCAATCATCACTC 3'
PB-MIX_transcript_3955-R	5' TCAGTTGAGGTTTCCGCATT 3'
PB-MIX_transcript_83043-F	5' ACCAGCCACGGCATTCTTCT 3'
PB-MIX_transcript_83043-R	5' CTAGGGTAAAGCATTCCATTGG 3'

表 2 qRT-PCR 反应体系

Table 2 The reaction system of qRT-PCR

反应物质 Reactant	浓度 Concentration	体积 Volume/ μ L
SybrGreen qPCR 预混液	2×	5
SybrGreen qPCR Master Mix		
引物 F Primer F	10 μ mol·L ⁻¹	0.2
引物 R Primer R	10 μ mol·L ⁻¹	0.2
超纯水 ddH ₂ O		3.6
模板 Template (cDNA)		1
总量 Total		10

1.7 数据统计与分析

使用 Microsoft Excel 2019 软件进行数据整理,Origin 2024 对 qRT-PCR 所得数据进行分析作图,Adobe Photoshop 2020 软件进行插图排版。

表 3 沙木蓼 MYB-related 基因家族成员的理化性质

Table 3 Physical and chemical properties of MYB-related family members in *A. bracteata*

序列号 Sequence ID	氨基酸数量 Number of amino acid	分子量 Molecular weight	理论等电点 Theoretical pI	不稳定指数 Instability index	脂肪系数 Aliphatic index	平均疏水性 Grand average of hydropathicity	亚细胞定位 Subcellular localization
PB-MIX100167	117	13 186.35	4.99	52.52	55.81	−0.935	细胞核
PB-MIX11914	436	47 528.26	8.00	51.10	61.42	−0.640	细胞核
PB-MIX15595	306	33 679.52	8.96	50.97	72.91	−0.487	细胞核
PB-MIX16480	340	37 345.47	8.93	51.08	64.59	−0.515	细胞核
PB-MIX17082	136	15 795.35	11.84	60.26	70.29	−0.955	细胞核
PB-MIX17542	282	30 888.13	7.15	58.47	69.11	−0.629	细胞核
PB-MIX19028	327	35 677.51	6.59	60.89	71.83	−0.563	细胞核
PB-MIX33422	327	35 139.05	8.65	71.11	61.13	−0.692	细胞核
PB-MIX34342	685	74 653.71	7.59	52.86	55.34	−0.869	细胞核
PB-MIX34448	218	24 050.46	10.31	50.30	72.48	−0.485	细胞核
PB-MIX3910	788	86 576.88	6.19	59.18	67.65	−0.594	细胞核
PB-MIX3955	661	72 968.53	5.76	63.82	55.89	−0.923	细胞核
PB-MIX40279	356	39 158.39	9.36	40.91	73.57	−0.654	细胞核
PB-MIX40628	661	75 089.13	8.45	55.25	57.66	−1.062	高尔基体;细胞核
PB-MIX4382	685	74 667.73	7.59	52.86	55.49	−0.869	细胞核
PB-MIX45182	79	9 732.04	10.22	64.59	53.16	−1.247	细胞核
PB-MIX4533	96	11 237.84	9.30	40.15	74.27	−0.820	细胞核
PB-MIX46158	132	14 799.12	9.64	50.80	63.56	−0.679	细胞核
PB-MIX48329	422	47 757.09	4.96	56.02	54.36	−1.163	细胞核
PB-MIX51021	314	35 041.38	9.30	59.06	60.19	−0.802	细胞核
PB-MIX516	307	34 229.36	5.82	43.03	60.10	−0.678	细胞核
PB-MIX52659	995	109 938.85	5.32	48.66	70.82	−0.620	细胞核
PB-MIX53242	541	59 012.40	5.83	56.57	59.61	−0.740	细胞核
PB-MIX55003	307	33 913.43	9.27	60.08	62.57	−0.732	细胞核
PB-MIX55155	328	35 667.89	9.14	46.23	65.73	−0.646	细胞核
PB-MIX56829	311	34 579.69	8.67	57.92	58.07	−0.786	细胞核
PB-MIX5729	702	77 504.67	4.97	49.44	55.64	−1.032	细胞核
PB-MIX59259	211	23 758.09	9.92	48.03	73.55	−0.833	细胞核
PB-MIX61732	796	87 313.56	5.98	59.85	66.24	−0.601	细胞核
PB-MIX66859	243	27 269.52	10.08	40.26	83.46	−0.588	叶绿体;细胞核
PB-MIX69534	663	72 235.10	8.25	52.51	54.98	−0.844	细胞核
PB-MIX69544	108	12 371.91	8.77	62.81	61.39	−1.056	细胞核
PB-MIX70221	774	85 065.96	5.98	59.99	66.36	−0.626	细胞核
PB-MIX72737	99	11 217.30	9.84	41.40	111.21	0.290	细胞核
PB-MIX78660	685	74 637.64	7.60	53.54	55.34	−0.874	细胞核
PB-MIX79208	132	15 115.02	9.69	46.47	54.62	−1.036	细胞核
PB-MIX79628	181	20 391.17	9.59	50.78	71.22	−0.798	细胞核
PB-MIX83344	122	13 408.01	9.60	51.64	50.41	−0.926	细胞核
PB-MIX86002	378	42 074.60	9.12	69.97	67.01	−0.751	细胞核
PB-MIX86005	301	33 118.79	8.76	51.75	73.46	−0.505	细胞核
PB-MIX87129	355	39 625.24	9.52	49.66	71.49	−0.509	细胞核
PB-MIX87684	96	11 503.20	9.86	47.56	71.15	−0.717	细胞核
PB-MIX89263	168	19 078.26	10.63	41.38	75.54	−0.544	叶绿体
PB-MIX89668	138	15 375.83	9.66	49.74	66.45	−0.617	细胞核
PB-MIX90157	104	12 194.93	9.52	43.43	73.17	−0.734	细胞核
PB-MIX91051	166	19 689.70	9.99	71.22	58.80	−1.001	细胞核
PB-MIX92260	136	15 342.39	11.33	65.00	62.43	−0.924	细胞核
PB-MIX93997	502	51 922.27	9.98	51.75	66.73	−0.617	细胞核
PB-MIX94149	595	65 705.86	5.46	32.66	78.74	−0.673	细胞核
PB-MIX9560	389	43 002.85	5.98	57.57	62.65	−0.743	细胞核
PB-MIX95751	304	33 320.80	9.29	34.34	69.28	−0.545	细胞核
PB-MIX96200	596	65 464.22	5.62	60.05	58.04	−0.852	细胞核
PB-MIX9640	389	42 943.78	5.87	58.25	62.65	−0.735	细胞核
PB-MIX97194	366	39 572.12	6.56	61.14	54.37	−0.703	细胞核
PB-MIX98324	150	16 789.52	4.81	46.97	59.87	−0.791	细胞核

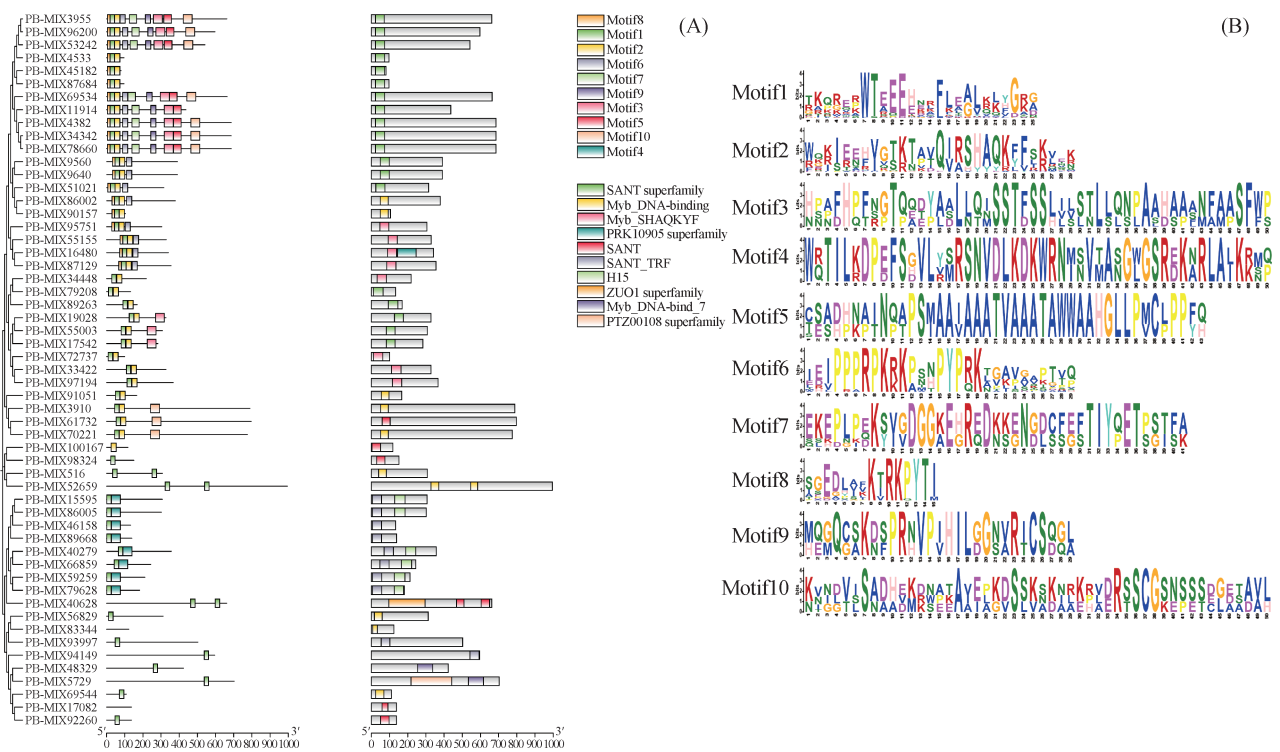


图 2 沙木蓼 MYB-related 基因家族成员保守基序分析

Fig. 2 Conserved motifs analysis of MYB-related gene family members in *A. bracteata*

注: (A) 为沙木蓼 MYB-related 基因家族成员保守基序综合分析图; (B) 为沙木蓼 MYB-related 基因家族成员保守基序可视化分析图

Note: (A) Comprehensive analysis chart of conserved motifs for MYB-related family members in *A. bracteata*; (B) Visualization analysis of conserved motifs in MYB-related family members of *A. bracteata*

2.5 MYB-related 基因家族在干旱胁迫下的时空表达特征

为进一步明确干旱胁迫下沙木蓼 MYB-related 基因家族的表达调控特性, 从不同亚族中挑选了 6 个非特异性上调表达基因研究其在不同程度干旱胁迫下的时空表达特征(图 4)。结果显示, 在轻度和重度干旱胁迫下 6 个基因表达量均在处理 24 h 时高于 6 h 和 0 h, 且在处理 24 h 时基因表达量表现出根 < 茎 < 叶 (PB-MIX_transcript_3955 除外), 另外根和茎在重度干旱胁迫下这些基因的表达量高于轻度胁迫, 而叶中多数基因的表达量在轻度胁迫下高于重度胁迫, 也说明 MYB-related 基因家族成员在不同程度干旱胁迫下 24 h 时发挥重要的调控作用, 且随着干旱程度的不同 MYB-related 基因家族的表达量表现出组织特异性。

3 讨论

MYB 转录因子家族作为植物中最大且功能最为多样的转录调控因子家族之一, 在植物的生长发育、次生代谢以及逆境响应中发挥着重要作用。本

研究对沙木蓼 MYB-related 基因家族进行了系统鉴定和生物信息学分析, 共鉴定出 55 个家族成员, 并对其理化性质、保守基序、蛋白结构及干旱胁迫下的表达模式进行了系统研究。

3.1 沙木蓼 MYB-related 基因家族的分类与进化特征

通过系统发育分析, 沙木蓼 MYB-related 基因家族成员被划分为 5 个亚组, 其中 V 亚组包含的成员最多, 而 I 和 III 亚组成员最少, 这种不均匀分布与其他植物中的研究结果类似, 如马铃薯^[10]、木豆^[11]、川白芷^[12]。沙木蓼 MYB-related 基因家族的数量介于木豆和川白芷之间, 这可能与适应干旱环境的特殊生理需求有关, 也可能与沙木蓼以全长转录组数据为来源, 对其鉴定不够全面有关。系统发育分析还显示, 同一亚组内的成员在基因结构和功能上具有较高的相似性, 这与拟南芥 (*A. thaliana*) 和水稻 (*O. sativa*) 中 MYB-related 基因家族的研究结果一致^[3-4]。此外, 沙木蓼 MYB-related 基因家族的系统发育关系表明其可能在进化过程中经历了基因复制事件, 从而形成了功能多样化的亚组。

表 4 沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白二级结构分析

Table 4 Secondary structure analysis of MYB-related proteins in *A. bracteata*

基因名称 Gene name	α -螺旋 Alpha helix	延伸链 Extension chain	β -折叠 β -sheet	无规则卷曲 Random coil
PB-MIX100167	34.19	0.85	4.27	60.68
PB-MIX11914	20.41	2.06	0.69	76.83
PB-MIX15595	44.44	3.59	1.31	50.65
PB-MIX16480	25.88	1.47	0.59	72.06
PB-MIX17082	47.06	2.21	6.62	44.12
PB-MIX17542	11.35	8.87	1.42	78.37
PB-MIX19028	7.34	9.48	1.83	81.35
PB-MIX33422	9.17	8.26	1.22	81.35
PB-MIX34342	19.85	2.92	1.46	75.77
PB-MIX34448	9.63	8.72	1.83	79.82
PB-MIX3910	28.68	1.90	1.02	68.40
PB-MIX3955	24.21	2.87	1.51	71.41
PB-MIX40279	39.04	2.81	1.40	56.74
PB-MIX40628	62.63	2.12	1.21	34.04
PB-MIX4382	20.29	2.63	1.46	75.62
PB-MIX45182	48.10	2.53	2.53	46.84
PB-MIX4533	34.38	3.12	1.04	61.46
PB-MIX46158	16.67	6.06	3.03	74.24
PB-MIX48329	39.81	1.18	1.18	57.82
PB-MIX51021	11.46	3.50	0.32	84.71
PB-MIX516	32.25	3.91	1.95	61.89
PB-MIX52659	22.11	1.81	0.60	75.48
PB-MIX53242	18.67	3.14	1.11	77.08
PB-MIX55003	6.84	9.77	1.30	82.08
PB-MIX55155	23.78	2.13	0.91	73.17
PB-MIX56829	23.47	0.00	0.96	75.56
PB-MIX5729	24.22	1.42	1.14	73.22
PB-MIX59259	28.91	3.79	1.90	65.40
PB-MIX61732	25.75	3.89	1.13	69.22
PB-MIX66859	29.63	2.88	1.65	65.84
PB-MIX69534	20.66	2.87	1.36	75.11
PB-MIX69544	37.96	2.78	5.56	53.70
PB-MIX70221	28.55	2.97	0.65	67.83
PB-MIX72737	27.27	24.24	4.04	44.44
PB-MIX78660	19.42	2.48	1.31	76.79
PB-MIX79208	18.94	12.88	3.03	65.15
PB-MIX79628	35.36	3.87	3.31	57.46
PB-MIX83344	25.41	0.00	2.46	72.13
PB-MIX86002	11.38	3.44	0.79	84.39
PB-MIX86005	44.19	2.33	1.66	51.83
PB-MIX87129	25.35	2.54	0.56	71.55
PB-MIX87684	37.50	3.12	2.08	57.29
PB-MIX89263	27.98	10.12	2.38	59.52
PB-MIX89668	26.09	5.07	2.90	65.94
PB-MIX90157	35.58	0.96	1.92	61.54
PB-MIX91051	43.98	3.61	2.41	50.00
PB-MIX92260	27.94	3.68	2.21	66.18
PB-MIX93997	11.55	1.20	0.40	86.85
PB-MIX94149	39.66	1.34	0.00	58.99
PB-MIX9560	10.03	4.11	0.26	85.60
PB-MIX95751	26.64	1.97	0.99	70.39
PB-MIX96200	18.62	2.35	1.17	77.85
PB-MIX9640	10.03	4.88	0.77	84.32
PB-MIX97194	6.83	6.83	1.09	85.25
PB-MIX98324	30.00	2.00	2.67	65.33

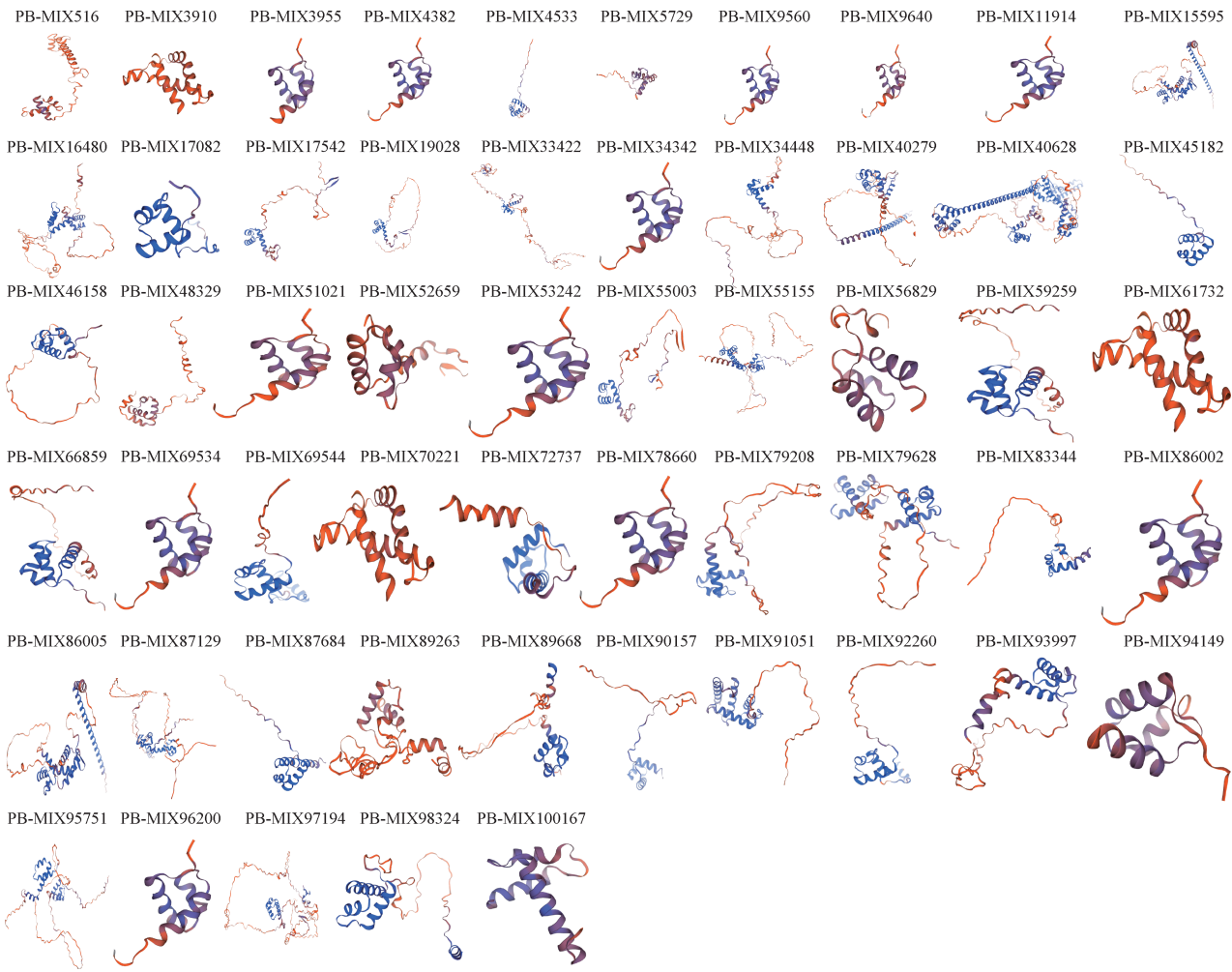


图 3 沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白三级结构预测

Fig. 3 Tertiary structure prediction of MYB-related gene family proteins in *A. bracteata*

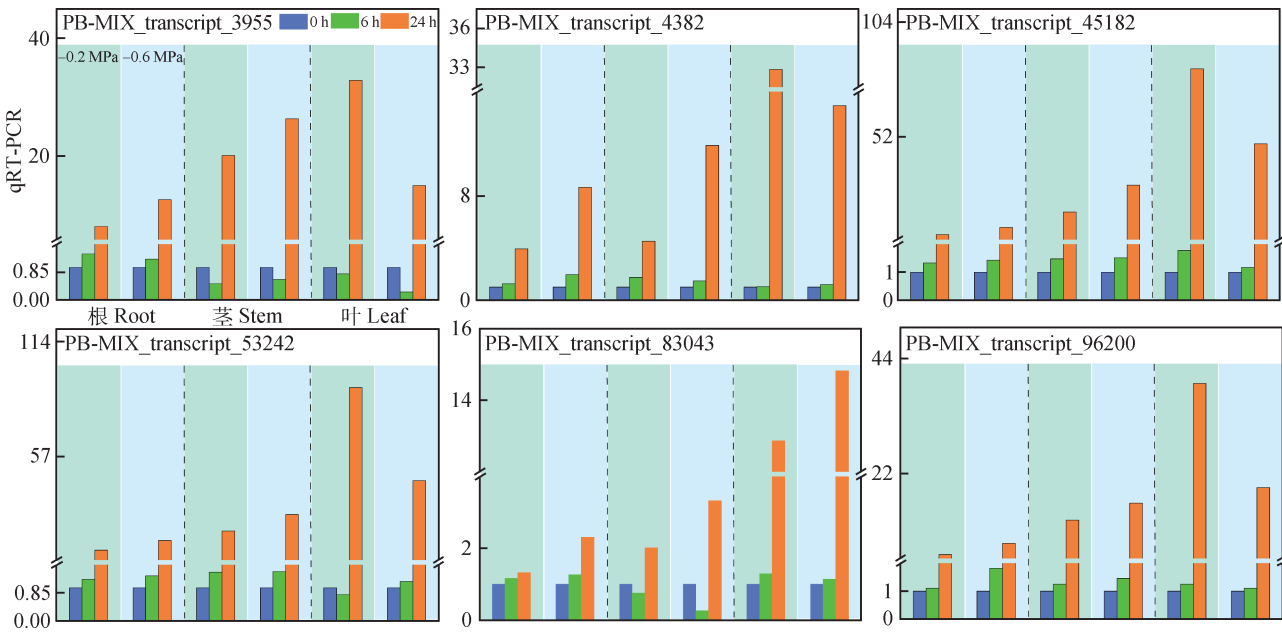


图 4 MYB-related 基因家族耐旱候选基因时空表达特征

Fig. 4 The spatiotemporal expression characteristics of partial MYB-related family members

3.2 沙木蓼 MYB-related 基因家族的理化性质与结构特征

理化性质分析表明,沙木蓼 MYB-related 基因家族成员的氨基酸数目、分子量、等电点等参数存在较大差异,这与 MYB-related 蛋白功能的多样性相吻合。例如,部分成员为酸性蛋白(等电点 <7),而另一些为碱性蛋白(等电点 >7),这种差异可能与其在不同环境中的功能适应性有关^[24]。此外,大多数成员为不稳定蛋白(不稳定指数 >40),这与 MYB 蛋白通常作为控制发育、代谢和对生物和非生物胁迫反应的调控因子的功能多样性特性一致。保守基序分析显示,Motif 2 是沙木蓼 MYB-related 基因家族中出现频率最高的基序,推测其为该家族的特征基序;Motif 4 的保守性最高,可能与 DNA 结合或蛋白质相互作用有关。保守基序主要分布在蛋白的 N 端,而 C 端较少,这与 MYB 结构域主要位于 MYB 蛋白的 N 端的特性相符^[3,7]。蛋白结构预测结果显示,沙木蓼 MYB-related 基因家族蛋白的二级结构以无规则卷曲为主(平均占比 68.12%),其次是 α -螺旋(26.13%),而 β -折叠和延伸链占比较低,无规则卷曲的高占比可能与其功能的可变性和多样性相关;三级结构预测进一步证实了二级结构的结果,并显示同一亚组的蛋白在三维结构上具有较高的相似性,这为其功能分类提供了结构基础。

3.3 沙木蓼 MYB-related 基因家族成员在干旱胁迫中的表达调控

干旱胁迫下的表达分析表明,沙木蓼 MYB-related 基因家族成员在根、茎、叶中表现出明显的时空特异性。在重度干旱胁迫 24 h 时,多数基因的表达量显著上调,尤其是在叶中,这与课题组前期研究中发现的干旱胁迫下沙木蓼差异基因在昼夜节律通路富集的结果一致^[21]。此外,根和茎中基因的表达量在重度干旱胁迫下高于轻度胁迫,而叶中则相反,这可能反映了不同器官对干旱胁迫的响应策略差异。例如,根和茎可能通过激活 MYB-related 家族来维持水分吸收和运输,而叶中则可能通过其他途径(如气孔关闭)来减少水分流失。这一发现与花生(*A. hypogaea*)AhMYB30 的研究结果类似,AhMYB30 通过激活 DREB/CBF 和 ABA 信号通路增强植物对低温和盐胁迫的抗性^[17]。此外,辣椒(*C. annuum*)CaMYB37 和桂花(*O. fragrans*)中的 MYB-related 成员也分别参与了次生代谢和花香合

成的调控^[18-19],表明 MYB-related 基因家族在植物逆境响应和代谢调控中可能具有多种调控功能。

3.4 与其他植物 MYB-related 基因家族研究的比较

目前关于 MYB-related 基因家族的研究多集中在模式植物或经济作物中,而对荒漠植物的研究较少。例如,掌叶大黄(*Rheum palmatum*)中的 RpMYB24 对损伤和温度胁迫响应显著,但对干旱胁迫不敏感^[25];玉米(*Z. mays*)ZmMYBE1 在发育调控中起重要作用^[26];黑果枸杞(*Lycium ruthenicum*)LrMYB1R1 的表达受盐胁迫抑制^[27]。相比之下,沙木蓼 MYB-related 基因家族在干旱胁迫下的显著上调表达,说明其在荒漠植物抗旱机制中的独特作用。此外,毛茛(*Ranunculus japonicus*)中鉴定出的 18 个 MYB-related 成员可能通过调控苯丙烷生物合成途径参与逆境响应^[28],而沙木蓼 MYB-related 基因家族的功能可能与此相似,但其具体机制仍需进一步验证。

4 结论

本研究对沙木蓼 MYB-related 基因家族进行了系统鉴定和生物信息学分析,鉴定出 55 个 MYB-related 基因家族成员,分为 5 个亚组,并揭示了其在蛋白结构、保守基序和干旱胁迫响应中的特征。研究结果不仅丰富了植物 MYB-related 基因家族的理论研究,也为沙木蓼的抗旱育种提供了候选基因。然而,本研究仍存在一些局限性:首先,蛋白质功能与结构的结论主要基于生物信息学预测,缺乏实验验证;其次,干旱胁迫下的表达谱分析仅涵盖 6 个基因,样本量有待扩大;最后,该家族成员的具体下游靶基因及调控网络仍不明确。未来的研究可从以下几个方面展开:利用转基因技术在模式植物或沙木蓼本体中验证关键基因在干旱胁迫响应中的生物学功能;结合酵母单杂交技术鉴定转录因子的直接下游靶基因,阐明其调控网络;进一步整合代谢组学分析,探究 MYB-related 基因家族如何调控下游次生代谢通路以响应干旱胁迫。这些深入研究将为系统解析沙木蓼基于 MYB-related 基因家族的抗旱分子机制奠定坚实基础,并推动其抗旱育种进程。

参考文献

- [1] KLEMPNAUER K H, GONDA T J, MICHAEL BISHOP J. Nucleotide sequence of the retroviral leukemia gene v-myb and

- its cellular progenitor c-myb: the architecture of a transduced oncogene[J]. *Cell*, 1982, 31(2):453-463
- [2] PAZ-ARES J, GHOSAL D, WIENAND U, et al. The regulatory c1 locus of *Zea mays* encodes a protein with homology to myb proto-oncogene products and with structural similarities to transcriptional activators[J]. *EMBO Journal*, 1987, 6(12):3553-3558
- [3] STRACKE R, WERBER M, WEISSHAAR B. The R2R3-MYB gene family in *Arabidopsis thaliana*[J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 2001, 4(5):447-456
- [4] KATIIYAR A, SMITA S, LENKA S K, et al. Genome-wide classification and expression analysis of MYB transcription factor families in rice and *Arabidopsis* [J]. *BioMed Central Genomics*, 2012, 13:544
- [5] OGATA K, MORIKAWA S, NAKAMURA H, et al. Comparison of the free and DNA-complexed forms of the DNA-binding domain from c-Myb[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 1995, 2(4):309-320
- [6] JIN H, MARTIN C. Multifunctionality and diversity within the plant MYB-gene family[J]. *Plant Molecular Biology*, 1999, 41(5):577-585
- [7] DUBOS C, STRACKE R, GROTEWOLD E, et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis* [J]. *Trends in Plant Science*, 2010, 15(10):573-581
- [8] ROSINSKI J A, ATCHLEY W R. Molecular evolution of the Myb family of transcription factors: evidence for polyphyletic origin[J]. *Journal of Molecular Evolution*, 1998, 46(1):74-83
- [9] STRACKE R, JAHNS O, KECK M, et al. Analysis of PRODUCTION OF FLAVONOL GLYCOSIDES-dependent flavonol glycoside accumulation in *Arabidopsis thaliana* plants reveals MYB11-, MYB12- and MYB111-independent flavonol glycoside accumulation[J]. *New Phytologist*, 2010, 188(4):985-1000
- [10] LIU Y H, ZENG Y T, LI Y M, et al. Genomic survey and gene expression analysis of the MYB-related transcription factor superfamily in potato (*Solanum tuberosum* L.) [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2020, 164:2450-2464
- [11] 张修齐, 董碧莹, 宋治华, 等. 木豆 MYB-related 亚家族基因鉴定及干旱胁迫下 *CcMYB-R48* 的功能解析[J]. *农业生物技术学报*, 2022, 30(9):1698-1712
- ZHANG X Q, DONG B Y, SONG Z H, et al. Identification of MYB-related subfamily genes in *Cajanus cajan* and functional analysis of *CcMYB-R48* under drought stress[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2022, 30(9):1698-1712
- [12] 姚菲, 江美彦, 杨云舒, 等. 川白芷 MYB-related 基因家族的生物信息学及表达模式分析[J]. *中国中药杂志*, 2022, 47(7):1831-1846
- YAO F, JIANG M Y, YANG Y S, et al. Bioinformatics and expression analysis on MYB-related family in *Angelica dahurica* var. *formosana* [J]. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2022, 47(7):1831-1846
- [13] 冉舵. 油桐 MYB 转录因子家族的鉴定与功能特征研究[D]. 长沙:中南林业科技大学, 2019:12
- RAN D. Genome-wide analysis of the MYB gene family in tung tree (*Vernicia fordii*) [D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology, 2019:12
- [14] YU E Y, KIM S E, KIM J H, et al. Sequence-specific DNA recognition by the Myb-like domain of plant telomeric protein RTBP1[J]. *Journal of Biological Chemistry*, 2000, 275(31):24208-24214
- [15] BARANOWSKIJ N, FROHBERG C, PRAT S, et al. A novel DNA binding protein with homology to Myb oncoproteins containing only one repeat can function as a transcriptional activator[J]. *Embo Journal*, 1994, 13(22):5383-5392
- [16] SCHAFER R, LANDGRAF J, ACCERBI M, et al. Microarray analysis of diurnal and circadian-regulated genes in *Arabidopsis* [J]. *The Plant Cell*, 2001, 13(1):113-123
- [17] CHEN N, PAN L J, YANG Z, et al. A MYB-related transcription factor from peanut, AhMYB30, improves freezing and salt stress tolerance in transgenic *Arabidopsis* through both DREB/CBF and ABA-signaling pathways[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14:1136626
- [18] LIU Y, ZHANG Z S, FANG K, et al. Genome-wide analysis of the MYB-related transcription factor family in pepper and functional studies of *CaMYB37* involvement in capsaicin biosynthesis[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(19):11667
- [19] YAN X, DING W J, WU X Y, et al. Insights into the MYB-related transcription factors involved in regulating floral aroma synthesis in sweet *Osmanthus* [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:765213
- [20] HE C, JIN M, LIU W, et al. The metabolomics and transcriptomics of *Atraphaxis bracteata* reveal age-related molecular alterations under naturally high temperature and drought conditions[J]. *Physiologia Plantarum*, 2024, 176(1):e14129
- [21] HE C, LIU W, JIN M, et al. Analysis of full length transcriptome and resistance characteristics of *Atraphaxis bracteata* under drought[J]. *Scientific Reports*, 2025, 15:807
- [22] 张忠鑫, 郭夕雯, 汪泽文, 等. 欧李 NAC 基因家族的鉴定及表达分析[J]. *果树学报*, 2023, 40(2):206-222
- ZHANG Z X, GUO X W, WANG Z W, et al. Identification and expression analysis of NAC gene family in *Cerasus humilis* [J]. *Journal of Fruit Science*, 2023, 40(2):206-222
- [23] 骆金婵, 靳雅荣, 杨煜琛, 等. 鸭茅 TCP 基因家族成员鉴定及表达分析[J]. *草地学报*, 2024, 32(6):1682-1692
- LUO J C, JIN Y R, YANG Y C, et al. Identification and expression analysis of TCP gene family members in orchardgrass[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2024, 32(6):1682-1692
- [24] JOANNA K, PAWEL M, DOROTA M, et al. The relationships between the isoelectric point and: length of proteins, taxonomy and ecology of organisms[J]. *BioMed Central Genomics*, 2007, 8:163
- [25] 赵霞, 李元敏, 李依民, 等. 基于全长转录组测序的掌叶大黄 R1-MYB 基因家族鉴定分析[J]. *药学报*, 2023, 58(5):1354-1363
- ZHAO X, LI Y M, LI Y M, et al. Identification and analysis of R1-MYB gene family in *Rheum palmatum* L. based on full-length transcriptome sequencing [J]. *Acta Pharmaceutica Sinica*, 2023, 58(5):1354-1363
- [26] JIA G Q, LI B, ZHANG D F, et al. Cloning and characterization of a novel R1-MYB transcription factor in maize[J]. *Progress in Natural Science*, 2009, 19(9):1089-1096
- [27] 王翠平, 陈建伟, 严莉, 等. 黑果枸杞 R1-MYB 转录因子基因的克隆及表达分析[J]. *中草药*, 2018, 49(1):203-210
- WANG C P, CHEN J W, YAN L, et al. Cloning and expression analysis of R1-MYB transcription factor in *Lycium ruthenicum* [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2018, 49(1):203-210
- [28] 樊金世博, 钟欣欣, 单婷玉, 等. 毛茛中与苯丙烷生物合成途径相关的 1R-MYB 类转录因子的鉴定与分析[J]. *植物科学学报*, 2024, 42(4):478-487
- FAN J S B, ZHONG X X, SHAN T Y, et al. Identification and analysis of 1R-MYB transcription factors regulating the phenylpropane biosynthesis pathway in *Ranunculus Japonicus* Thunb [J]. *Plant Science Journal*, 2024, 42(4):478-487