

网络出版时间:2025-12-12
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251210.1748.002

小麦 TaNF-YB 基因家族的鉴定及*TaNF-YB-2* 基因的表达

雷蕊伶^{1,2}, 姚立蓉^{1,3}, 汪军成^{1,3}, 司二静^{1,3}, 马小乐^{1,3}, 孟亚雄^{1,3},
王化俊^{1,3}, 杨轲^{1,3}, 张宏^{1,3}, 李葆春^{1,2}

(1. 干旱生境作物学国家重点实验室/甘肃省作物遗传改良与种质创新重点实验室, 甘肃兰州 730070;
2. 甘肃农业大学生命科学技术学院, 甘肃兰州 730070; 3. 甘肃农业大学农学院, 甘肃兰州 730070)

摘要: NF-YB 作为一类关键的转录因子, 在植物正常生长发育和逆境胁迫应答中发挥调控作用。本研究利用 Hmmer 和 Blast 鉴定小麦 NF-YB 家族成员, 并对其蛋白理化性质、系统进化及基因结构等进行生物信息分析, 以兰天 134、陇紫麦 1 号和长 6878 等小麦为材料, 分析了苗期*TaNF-YB-2* 基因在干旱胁迫和盐胁迫下的表达模式。结果表明, 小麦全基因组中共鉴定出 10 个 TaNF-YB 家族成员, 依次命名为*TaNF-YB-1*~*TaNF-YB-10*, 编码蛋白均为不稳定的酸性蛋白。普通小麦中的 TaNF-YB 家族成员与斯卑尔脱小麦中的 NF-YB 家族成员具有较高的相似性, 属于进化保守型。*TaNF-YBs* 基因主要位于第一和第四同源群, 且存在 5 组基因呈现共线性特征。顺式作用元件分析显示 TaNF-YB 基因家族与胁迫响应有关。干旱和盐胁迫处理后, *TaNF-YB-2* 基因在小麦根系和叶片中表达量均呈上升趋势; 干旱处理下, 3 份抗旱小麦材料(兰天 134、陇紫麦 1 号和长 6878)中*TaNF-YB-2* 基因的相对表达量始终显著高于 2 份干旱敏感型材料(西科麦 518 和兰航选 121); 盐胁迫下处理 4 h 后的叶片和处理 6 h 后的根系中, 3 份耐盐小麦材料(兰天 134、陇紫麦 1 号和长 6878)中*TaNF-YB-2* 基因的相对表达量均持续显著高于 2 份盐敏感型材料(西科麦 518 和兰航选 121)。

关键词: 小麦; NF-YB 基因家族; 胁迫处理; 表达分析

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2026)02-0164-10

Identification of the TaNF-YB Gene Family and Expression of *TaNF-YB-2* Gene in Wheat

LEI Ruiling^{1,2}, YAO Lirong^{1,3}, WANG Juncheng^{1,3}, SI Erjing^{1,3}, MA Xiaole^{1,3}, MENG Yaxiong^{1,3},
WANG HuaJun^{1,3}, YANG Ke^{1,3}, ZHANG Hong^{1,3}, LI Baochun^{1,2}

(1. State Key Laboratory of Arid land Crop Science/Gansu Provincial Key Laboratory of Crop Improvement & Germplasm Enhancement, Lanzhou, Gansu 730070, China; 2. College of Life Sciences and Technology, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070, China; 3. College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070 China)

Abstract: NF-YB transcription factors play key regulatory roles in plant growth, development, and stress responses. In this study, HMMER and BLAST were used to identify members of the wheat NF-YB gene family, and their physicochemical properties, phylogenetic relationships, and gene structures were analyzed. Using wheat varieties including Lantian 134, Longzimai 1, and Chang 6878, the expression pattern of *TaNF-YB-2* at the seedling stage under drought and salt stress was examined. A total of 10 TaNF-YB family members were identified in the wheat genome and sequentially named

收稿日期: 2025-03-27 修回日期: 2025-12-01

基金项目: 联合科基金一般项目(24JRR840); 甘肃省科技计划项目(24CXNA038); 国家现代农业产业技术体系项目(CARS-05-04B-2); 甘肃省教育厅产业支撑计划项目(2021CYZC-12); 甘肃省科技计划项目(24CXNA028); 甘肃省自然科学基金(21JR7RA801; 20JR10RA507); 国家自然科学基金项目(31860377); 甘肃农业大学伏羲青年英才计划(GanfX-03Y06GAUfx-04Y011); 甘肃省科技支撑计划项目(1604NKCA052-2); 2023 年甘肃省级重点人才项目; 甘肃省农业科技支撑项目(KJZC-2023-2); 甘肃省优秀研究生“创新之星”项目(2022CXZXB-028); 甘肃省科技重大专项(17ZD2NA016)

第一作者 E-mail: 1685272603@qq.com(雷蕊伶)

通讯作者 E-mail: libc@gsau.edu.cn(李葆春)

TaNF-YB-1 to *TaNF-YB-10*. These proteins were unstable and acidic. The TaNF-YB members in common wheat showed high similarity to their homologs in spelt wheat, indicating evolutionary conservation. *TaNF-YBs* genes were mainly located on homologous groups 1 and 4, with five-gene pairs showing collinearity. Cis-element analysis suggested that TaNF-YB gene family are involved in stress responses. Under drought and salt stress, the expression of *TaNF-YB-2* increased in both roots and leaves. Under drought stress, the relative expression levels of *TaNF-YB-2* in three drought-resistant varieties(Lantian 134, Longzimai 1, and Chang 6878) were consistently significantly higher than in two drought-sensitive varieties(Xikemai 518 and Lanhangxuan 121). Under salt stress, the relative expression levels of *TaNF-YB-2* in the three salt-tolerant varieties were significantly higher than those in the salt-sensitive materials—in leaves after 4 h and in roots after 6 h of treatment.

Keywords: *Triticum aestivum*; NF-YB gene family; Stress treatment; Expression analysis

干旱与盐碱是全球范围内普遍存在的农业生产制约因素,严重制约着作物的正常生长与地理分布^[1],并对作物的产量与品质造成显著影响^[2]。在中国,有23个省、市、自治区农业生产受到这两种因素制约,进而影响经济、社会与生态可持续发展^[3]。在土地与水资源开发利用过程中,尤其在干旱与半干旱地区,干旱及土壤盐碱化已成为关注的焦点^[4]。研究表明,干旱条件下小麦产量可降低57%;盐碱条件下,小麦产量损失超过60%^[5]。因此,深入研究作物的抗旱和耐盐机理,对合理开发利用中国边际性土地及盐碱地资源具有重要现实意义^[6]。

核因子Y(NF-Y)转录因子在生物体内以异源三聚体的组合形式存在,由NF-YA、NF-YB和NF-YC三个亚基共同构成完整转录复合体。该复合体能够特异性识别并结合真核生物基因启动子的CCAAT框,从而精确调控下游基因的转录过程。NF-YB基因家族在多种植物生长发育和胁迫应答中发挥作用^[7]。苗雅慧等^[8]研究发现,与野生型相比,过表达*PwNF-YB8*的拟南芥幼苗根系伸长生长在干旱及盐胁迫下更具优势,该基因可与*PwHAP5*互作,参与花粉萌发和花粉管发育,并在响应干旱和盐胁迫中发挥作用。在玉米、拟南芥等植物中的研究进一步证实NF-YB具有抗逆功能^[9]。翟莹等^[10]研究表明,大豆*GmNF-YB24*基因通过异源过表达可显著增强转基因烟草的抗旱性。安雯等^[11]发现盐胁迫下过表达*MsNF-YB8*的拟南芥植株脯氨酸(Pro)积累显著增加,推测该基因通过增强渗透调节能力维持细胞稳态,进而提高转基因植株耐盐性。另有研究指出,小麦*TaNF-YB3;1*可增强植株耐旱和耐盐能力,在干旱和盐胁迫处理下,根系中的*TaNF-*

*YB3;1*基因表达水平显著上升^[12]。

目前,已在苜蓿、谷子、玉米、水稻、马铃薯、陆地棉和油桐等植物完成了NF-YB基因家族鉴定^[13-19],揭示了该家族在植物生长发育和逆境胁迫中的广泛作用。与上述作物相比,小麦NF-YB基因家族尚未在全基因组层面获得系统鉴定。本研究对小麦NF-YB家族基因进行全基因组鉴定及生物信息学分析,并结合模拟干旱和盐胁迫处理,对5份小麦材料中*TaNF-YB-2*基因表达模式进行解析,以深入探究TaNF-YB基因家族在小麦中的生物学功能,为小麦抗旱耐盐育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 TaNF-YBs全基因组鉴定

本研究基于系统发育,对六倍体普通小麦(*Triticum aestivum* L., AABBDD)及其二倍体祖先物种A基因组供体乌拉尔图小麦(*Triticum urartu*, AA)、B基因组斯卑尔脱小麦(*Triticum spelta*, BB)和D基因组节节麦(*Aegilops tauschii*, DD),以及四倍体祖先物种圆锥小麦(*Triticum turgidum*, AABB)与野生二粒小麦(*Triticum dicoccoides*, AABB)进行了NF-YB基因家族成员鉴定。从Ensembl Plants数据库获取乌拉尔图小麦、斯卑尔脱小麦、节节麦、圆锥小麦和野生二粒小麦的全基因组序列及基因组注释文件,利用hmmbuild构建隐马尔可夫模型,并基于该模型,采用hmmsearch程序对小麦及其祖先物种的蛋白质数据库进行同源序列比对,设置显著性阈值为 $E < 1 \times 10^{-5}$ 进行初级筛选,为确认所筛选基因包含完整保守结构域,进一步通过NCBI CDD和SMART对初步筛选获得的NF-YB家族

成员进行 Myb-related protein P 结构域检验。使用默认参数 CD-Hit 值 0.01 去除冗余序列。

依据基因在染色体上的位置分布及其同源性,对 TaNF-YB 家族成员进行命名。利用 Ex-PaSy 在线平台对该家族成员的理化性质进行生物信息学分析。

1.2 系统进化分析

下载小麦、大麦、水稻和拟南芥 NF-YBs 基因家族成员的氨基酸序列,采用 MEGA7 软件进行多序列比对,并构建 NJ 系统发育树(bootstrap = 1000),利用在线工具 Itol 对系统进化树进行美化。

1.3 基因结构、保守基序和顺式作用元件分析

采用 MEME 程序对 TaNF-YB 蛋白序列进行保守基序分析,参数设置基序最大数目为 10,长度范围 5~60 个氨基酸残基。基于小麦 GFF3 中获取 TaNF-YB 基因家族的编码区、上游调控区及基因下游位置信息。利用 TBtools 软件批量提取转录起始位点上游 TaYF-YB 基因家族的启动区域,提交至 PlantCARE 数据库进行顺式作用元件分析,并通过 TBtools 实现基因结构、保守基序、顺式作用元件的可视化呈现。

1.4 染色体位置可视化和共线性分析

基于小麦 GFF3 基因组注释文件,获取 TaNF-YB 基因家族成员在染色体上的定位区间信息,并通过 TBtools 的 Gene Location Visualize 模块对其进行可视化展示。采用 TBtools 中的 Protein Pairwise Similarity 工具进行蛋白相似度分析;利用其 MSCanX 工具进行共线性分析。

1.5 RNA-seq 数据处理及组织表达谱绘制

从小麦多组学网站获取小麦 NF-YBs 基因家族的转录组测序数据,基于根系和叶组织的 RNA-seq 数据,对表达量进行 $\log_2(\text{TPM}+1)$ 转化及标准化处理,利用 TBtools 软件绘制该基因家族在不同非生物胁迫处理下的表达谱。

1.6 实验材料及处理

实验材料为前期筛选出的耐盐抗旱小麦品种兰天 134、陇紫麦 1 号和长 6878,以及盐、干旱敏感材料西科麦 518 和兰航选 121,均由干旱生境作物学国家重点实验室麦类遗传育种课题组提供。选取籽粒饱满、大小均匀的供试小麦种子各 30 粒,依次进行 75%乙醇浸泡 10 min、无水乙醇浸泡 1 min、5%NaClO 浸泡 1 min 消毒处理,最后用灭菌水冲洗 5 次以彻底清除残留试剂。将处理后的种子腹沟朝下均匀摆放于发芽盒中,7 d

后选取生长一致的幼苗移栽至水培箱,每箱加入 9 L Hoagland 营养液,每 3 d 更换 1 次,光周期为 12 h 光照/12 h 黑暗,光照强度 1 000 Lx,湿度 40%~50%。待幼苗长至三叶一心期,分别进行干旱与盐胁迫处理,无任何处理为对照组,每处理组设 10 株幼苗。采用 20% PEG-6000 溶液模拟干旱胁迫,200 mmol·L⁻¹NaCl 溶液模拟盐胁迫,分别于处理 0、4、6、12 和 24 h 时采集各处理小麦的叶片和根系样品,液氮速冻后于-80℃的冰箱保存。

1.7 TaNF-YB-2 基因表达分析

使用 RNA simple Total RNA Kit(天根)提取小麦叶片和根系的总 RNA。通过浓度测定和凝胶电泳检测 RNA 的完整性和降解情况。质量符合的样本用于后续反转录实验。实时定量 PCR 使用 SuperReal PreMix Plus (SYBR Green)系统,以 Actin 作为内参基因(引物序列见表 1),扩增体系共 20 μL ,包含 cDNA 1 μL 、正/反向引物各 0.6 μL 、2 $\times$ SuperReal PreMix Plus 10 μL 、50 $\times$ Rox 0.4 μL 、ddH₂O 7.4 μL 。PCR 程序:95℃预变性 15 min;95℃变性 10 s;60℃退火/延伸 32 s,共 40 个循环。采用 2^{- $\Delta\Delta\text{Ct}$} 法计算基因表达量。

表 1 实时荧光定量 PCR 引物
Table1 Primer for qRT-PCR

基因 Gene	引物序列 Primer sequence(5'-3')	
	F	R
TaNF-YB-2	GGGCTTCGAGGAGT-ACATCG	GCTCCTCCATGAGG-ACCAAG
Actin	ACCGTGGTGATGTT-GTGC	TGGTGGCTGGTAGT-TGATA

1.8 数据统计与分析

利用 MEGA7 与 DNAMAN 分析并构建系统进化树,采用 Excel 2019 和 SPSS 进行数据分析,应用 Origin 软件完成图表绘制。

2 结果与分析

2.1 TaNF-YB 全基因组鉴定及其理化性质

本研究在小麦全基因组范围共鉴定到 10 个 TaNF-YB 成员,根据染色体位置依次命名为 TaNF-YB-1~TaNF-YB-10(表 2)。理化性质分析表明,TaNF-YB 蛋白的氨基酸长度在 314~346 aa 之间;所有成员不稳定系数均大于 40,属于不稳定蛋白;平均亲水系数介于-0.706~-0.493 之间,表现为亲水性;理论等电点范围为 4.79~

6.52,均呈酸性;分子质量分布于 34 791.89~37 988.52 Da 之间。

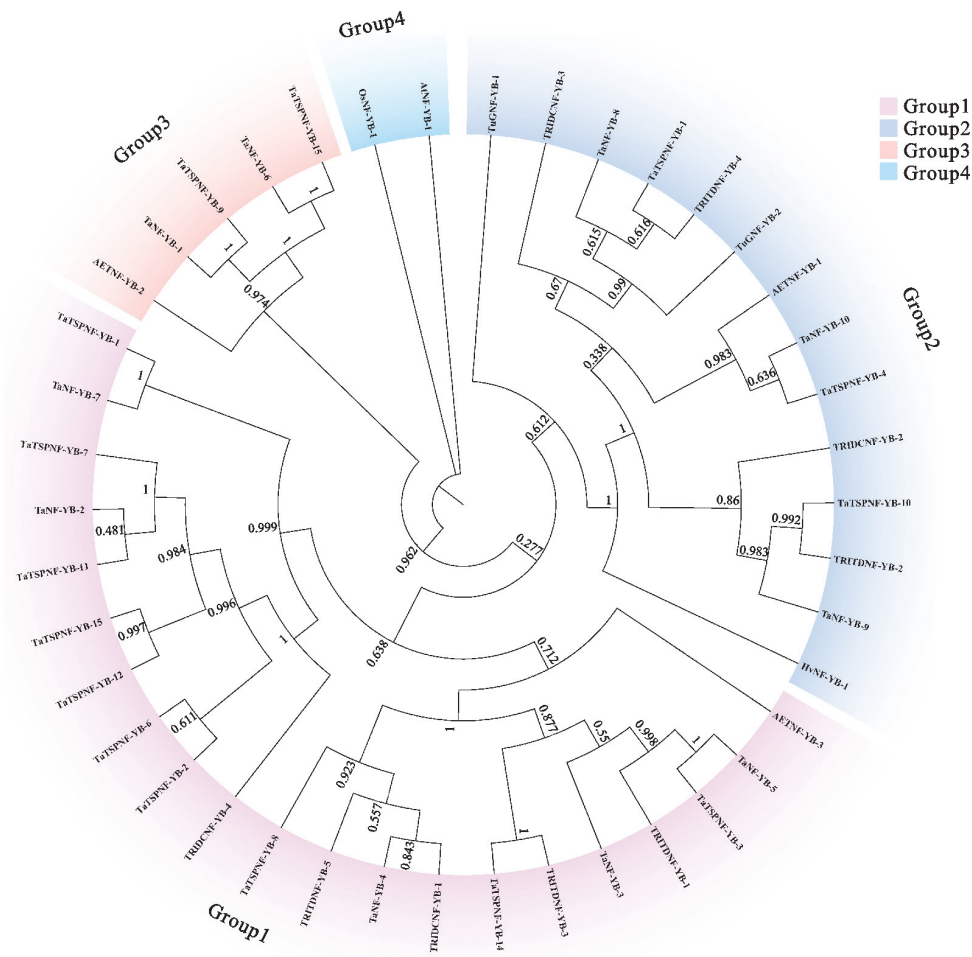
2.2 系统进化分析

为研究 TaNF-YB 蛋白及其祖先物种 NF-YB 蛋白与其他物种的系统进化关系,构建了包含小

麦 4 个祖先物种以及拟南芥、水稻、大麦 NF-YB 蛋白和 10 个 TaNF-YB 成员的系统发育树。结果(图 1)显示,所有成员可划分为 4 个亚组(Group 1~Group 4)。亚组 1 包含 21 个 NF-YB 成员,分别为 5 个 TaNF-YB、10 个斯卑尔脱小麦

表 2 TaNF-YBs 基因编码蛋白的理化特性
Table 2 Physical and chemical properties of proteins encoded by TaNF-YBs genes

基因 ID Gene ID	基因 Gene	氨基酸数量 Number of amino acids/aa	不稳定系数 Instability index	总平均亲水性 GRAVY	理论等电点 Theoretical pI	分子质量 Molecular weight/Da
TraesCS1A02G021500.1	TaNF-YB-1	337	50.59	-0.660	6.31	37 460.92
TraesCS1B02G005200.1	TaNF-YB-2	332	54.69	-0.615	6.52	36 719.28
TraesCS1B02G023400.1	TaNF-YB-3	321	53.71	-0.560	4.79	35 485.56
TraesCS1B02G023500.1	TaNF-YB-4	321	54.02	-0.493	5.11	35 608.97
TraesCS1B02G049700.1	TaNF-YB-5	321	51.80	-0.581	4.93	35 646.85
TraesCS1D02G020900.1	TaNF-YB-6	339	57.53	-0.669	6.23	37 988.52
TraesCS1D02G021700.1	TaNF-YB-7	314	63.21	-0.706	6.31	34 791.89
TraesCS4A02G118400.1	TaNF-YB-8	346	52.97	-0.598	5.19	37 722.93
TraesCS4B02G186000.1	TaNF-YB-9	346	54.80	-0.595	5.19	37 752.95
TraesCS4D02G187100.1	TaNF-YB-10	346	53.24	-0.579	5.05	37 610.80



Ta 和 TaTSP:普通小麦;Os:水稻;AT:拟南芥;Hv:大麦;AET:节节麦;TuG:乌拉尔图小麦;TRITD:硬粒小麦。
Ta and TaTSP:Common wheat;Os:Rice; AT:Arabidopsis thaliana; Hv:Barley; AET:Aegilops tauschii; TuG:Triticum urartu; TRITD:Durum wheat.

图 1 NF-YB 蛋白的系统进化树
Fig.1 Phylogenetic tree of NF-YB proteins

TsNF-YB、5 个野生二粒小麦 TdNF-YB 和 1 个节节麦 AeNF-YB,其成员数量明显多于其他 3 个亚组;亚组 2 包含 14 个 NF-YB 成员;亚组 3 包含 5 个 NF-YB 成员;亚组 4 包含 2 个 NF-YB 成员。亚组 1、亚组 2 和亚组 3 中小麦 NF-YB 家族成员与斯卑尔脱相应成员显示出较高的序列相似性。

2.3 基因结构和保守基序分析

使用 MEME 软件对小麦 NF-YB 蛋白进行保守基序分析,结果显示 TaNF-YBs 蛋白中共存在 10 个保守基序(Motif)(图 2)。结合系统进化关系,进一步将TaNF-YBs 基因分为 3 个亚组(图 2)。其中,Motif1~Motif9 在所有 TaNF-YBs 蛋白中均存在,表明这些基序构成了该家族的核心结构特征。Motif10 为亚组 1 所特有,但并非该亚组所有成员均具备。对TaNF-YBs 基因结构进一步分析表明,同一亚组成员在基序排列上较为相似(图 2),所有成员均由 3 段 CDS 构成。这种基因结构特征与保守基序组成的高度一致性,共同印证了 TaNF-YBs 家族在进化过程中形成的

结构保守特征。

通过对 TaNF-YB 家族成员基因结构的分析,发现所有TaNF-YB 基因结构相似,都含有 3 个外显子和 2 个内含子。TaNF-YB-1、TaNF-YB-2 和 TaNF-YB-7 3 个基因均未检测到 UTR 区,提示其转录调控可能依赖于核心启动子元件或表观遗传修饰机制(如 DNA 甲基化)。

2.4 TaNF-YB 基因家族成员顺式作用元件分析

基因启动子区域内存在的调控序列对基因的表达具有重要影响。分析结果表明,在TaNF-YB 基因启动子区域内识别出 55 种特异性调控元件。按其功能响应方式可分为三类:激素响应元件、植物发育相关元件以及非生物胁迫响应元件(图 3)。进一步分析显示,所有TaNF-YB 基因均包含三类核心调控元件:(1)激素响应元件,包括 ABRE、CGTCA-motif、TGACG-motif;(2)发育相关元件 as-1;(3)胁迫响应元件,包括 CAAT-box、G-box、MYB、MYC、STRE 和 TA-box。

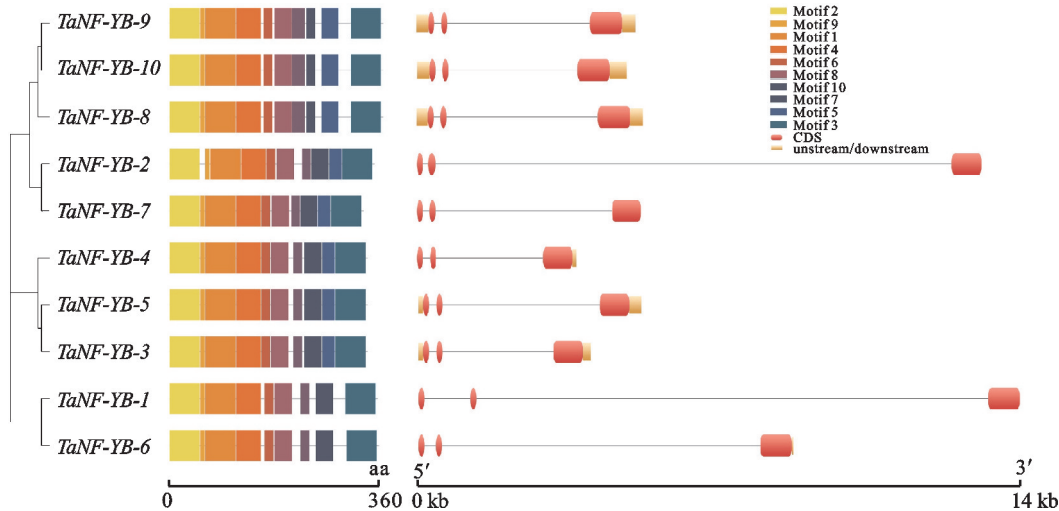


图 2 TaNF-YB 基因家族的保守蛋白基序及基因结构
Fig. 2 Motif and genes structural analysis of TaNF-YB family

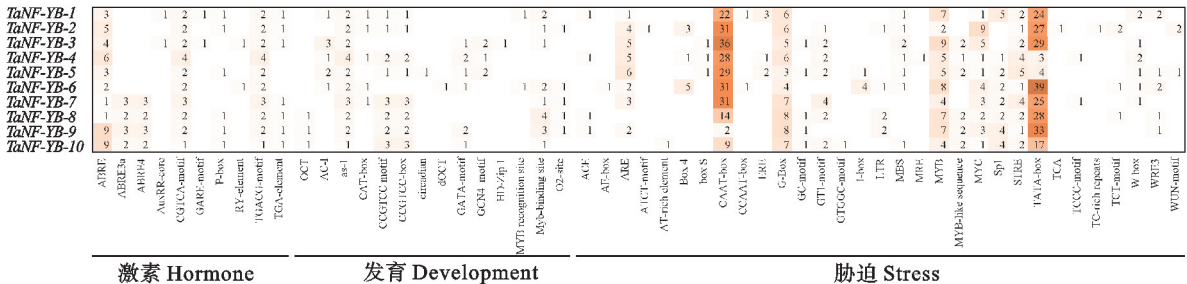


图 3 TaNF-YB 基因顺式作用元件分析
Fig. 3 Identification of cis-elements of TaNF-YB genes

2.5 TaNF-YB 基因家族成员的染色体定位及编码蛋白分析

小麦 TaNF-YB 基因家族的染色体定位结果如图 4 所示。10 个TaNF-YB 基因被定位在 1A、1B、1D、4A、4B 和 4D 染色体上,其分布呈现明显偏好性,1B 染色体上的TaNF-YB 基因数量最多,为 4 个;1D 染色体上有 2 个;其余染色体上各有 1 个。蛋白相似性分析显示(图 5),10 个 TaNF-YB 家族成员的蛋白序列相似性介于 69.38%~100%之间,其中 TaNF-YB-3 与 TaNF-YB-4、TaNF-YB-5 蛋白序列相似度整体较高,推

测这 3 个编码基因之间存在重复扩张事件。

2.6 TaNF-YB 基因家族成员共线性分析

共线性分析结果显示,存在 5 对具有共线性特征的基因,其中包括 TaNF-YB-8 和 TaNF-YB-9、TaNF-YB-9 和 TaNF-YB-10、TaNF-YB-8 和 TaNF-YB-10 等 3 对(图 6)。结合氨基酸序列比对、染色体分布及基因结构特征,推测这些基因对为亚基因组同源基因。此外,TaNF-YB-2、TaNF-YB-3、TaNF-YB-4 和 TaNF-YB-5 以及 TaNF-YB-6 和 TaNF-YB-7 等 6 个基因可能存在基因重复扩张事件。

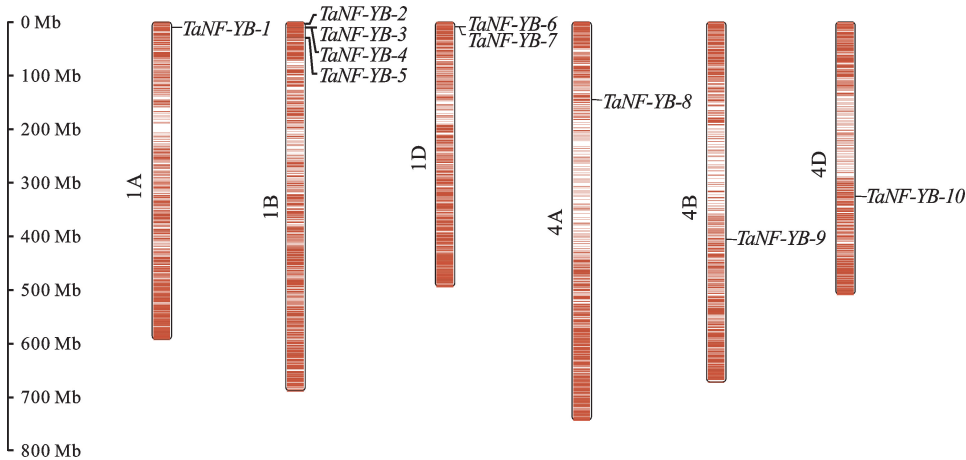


图 4 TaNF-YB 基因家族成员的染色体分布

Fig. 4 Chromosomal distribution of members of the TaNF-YB gene family

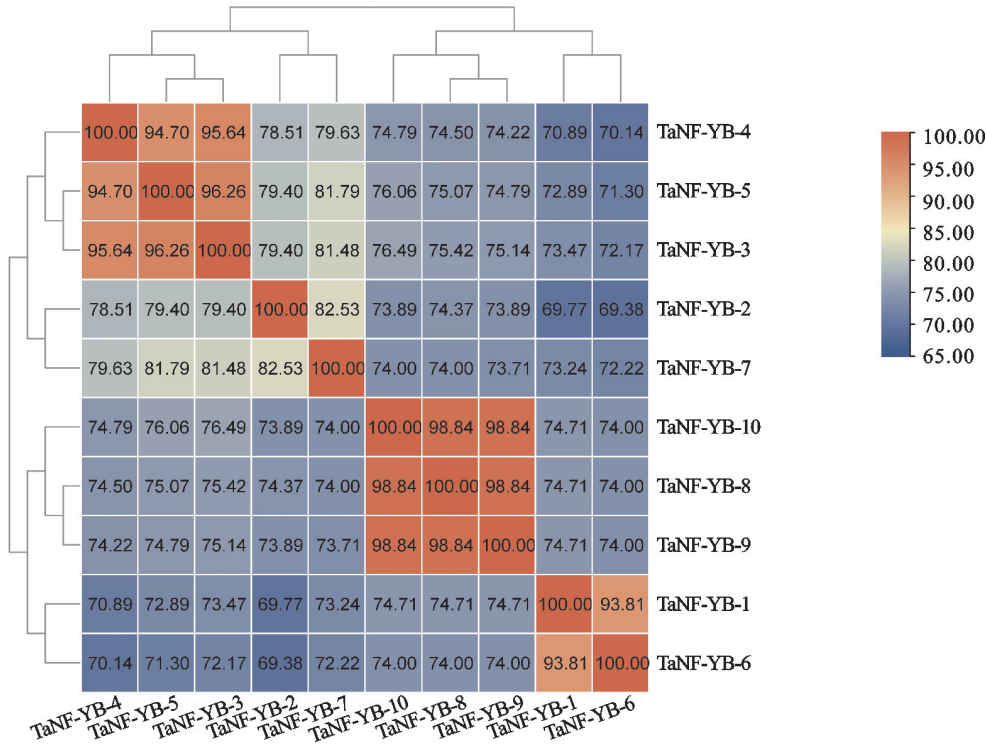


图 5 TaNF-YB 蛋白序列相似度

Fig. 5 Protein sequence similarity of TaNF-YB

2.7 TaNF-YB 基因家族表达模式分析

为验证 TaNF-YB 基因家族的生物学功能, 基于小麦多组学网站数据分析了盐胁迫和干旱胁迫处理下 TaNF-YB 基因家族的表达模式(图 7)。结果显示, 在 PEG 模拟的干旱胁迫下, 小麦 *TaNF-YB-2*、*TaNF-YB-9* 和 *TaNF-YB-10* 基因表达

量呈显著上升, 其中, *TaNF-YB-2* 基因的表达随处理时间持续上升, 而 *TaNF-YB-9* 和 *TaNF-YB-10* 基因的表达则呈先升后降趋势。在 NaCl 处理下, *TaNF-YB-1*、*TaNF-YB-4*、*TaNF-YB-6* 和 *TaNF-YB-7* 基因的表达整体上升; *TaNF-YB-2* 和 *TaNF-YB-5* 基因的表达呈先下降后上升; *TaNF-YB-3* 基因的

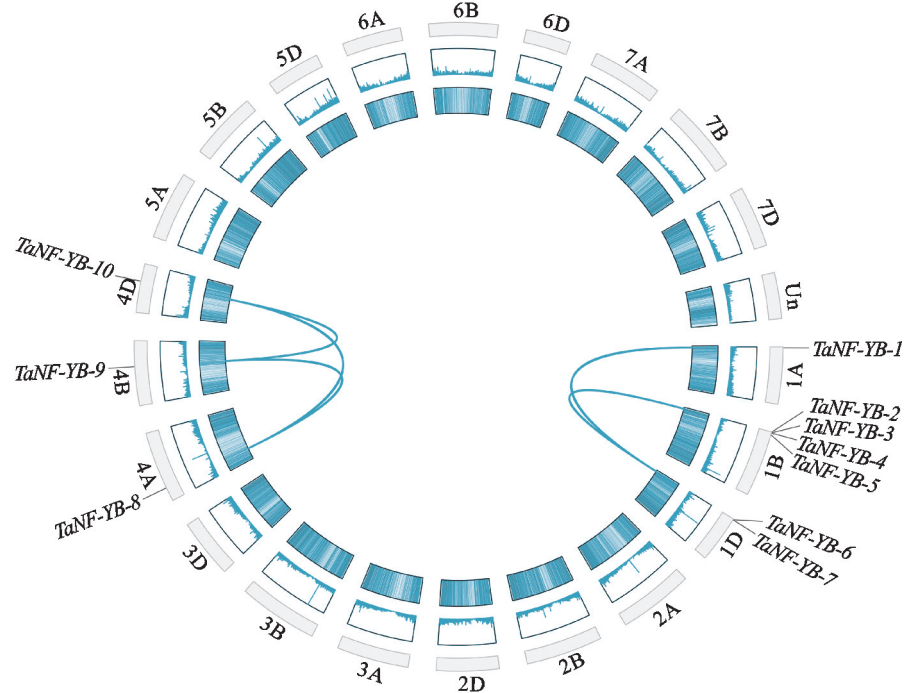


图 6 TaNF-YB 基因家族共线性分析
Fig. 6 Correlation analysis of TaNF-YB gene family

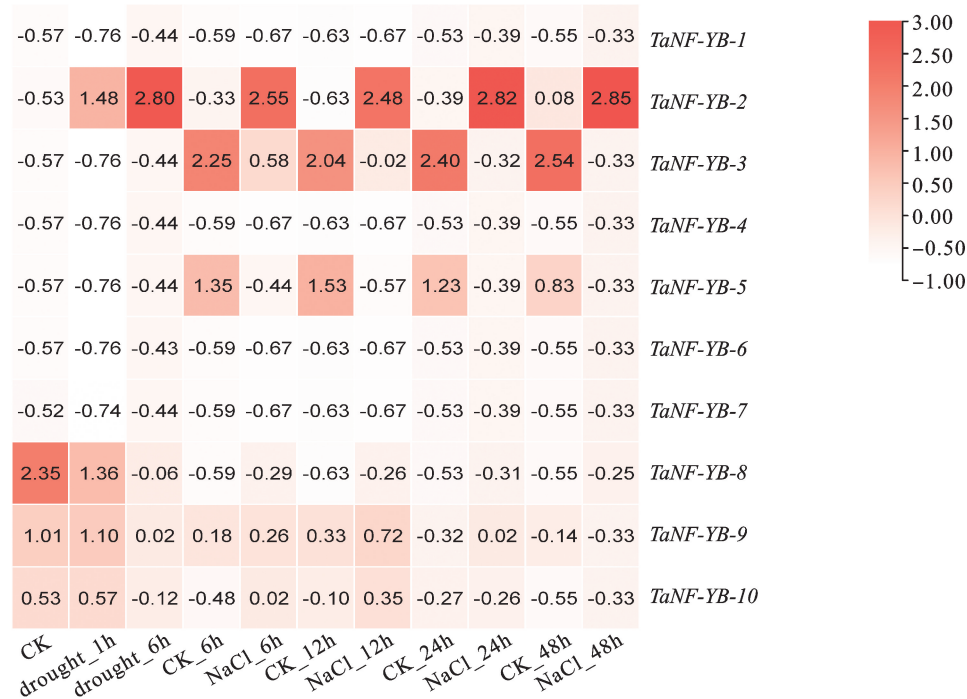


图 7 不同逆境胁迫下 TaNF-YB 基因家族成员的表达谱
Fig. 7 Expression profiles of members of the TaNF-YB gene family under different stresses

表达总体下降;TaNF-YB-8 基因的表达先上升后下降再上升;TaNF-YB-9 和 TaNF-YB-10 基因的表达则为先上升后下降。

为进一步探究TaNF-YB-2 基因在抗旱耐盐材料(兰天 134、陇紫麦 1 号和长 6878)和干旱(盐)敏感材料(西科麦 518 和兰航选 121)中的表达特征,采用 qRT-PCR 技术检测该基因在干旱(盐)胁迫下小麦叶片和根系中的表达水平。结果显示,干旱胁迫下该基因在 5 份小麦材料的根系和叶片中均上调表达。在叶片中,干旱(盐)处理

4 h 后,3 份抗旱耐盐小麦材料中TaNF-YB-2 基因的相对表达量始终显著高于 2 份干旱(盐)敏感材料(图 8A 和图 9A)。在根系中,干旱处理 0 h 时,3 份抗旱耐盐小麦材料与西科麦 518 的 TaNF-YB-2 基因相对表达量显著高于兰航选 121;干旱处理 4 h 后,3 份抗旱耐盐小麦材料仍显著高于 2 份干旱(盐)敏感型材料(图 8B)。在盐胁迫处理 6 h 后 3 份抗旱耐盐小麦材料的叶片(图 9A)和根系(图 9B)中 TaNF-YB-2 基因的表达量始终显著高于 2 份干旱(盐)敏感型材料。

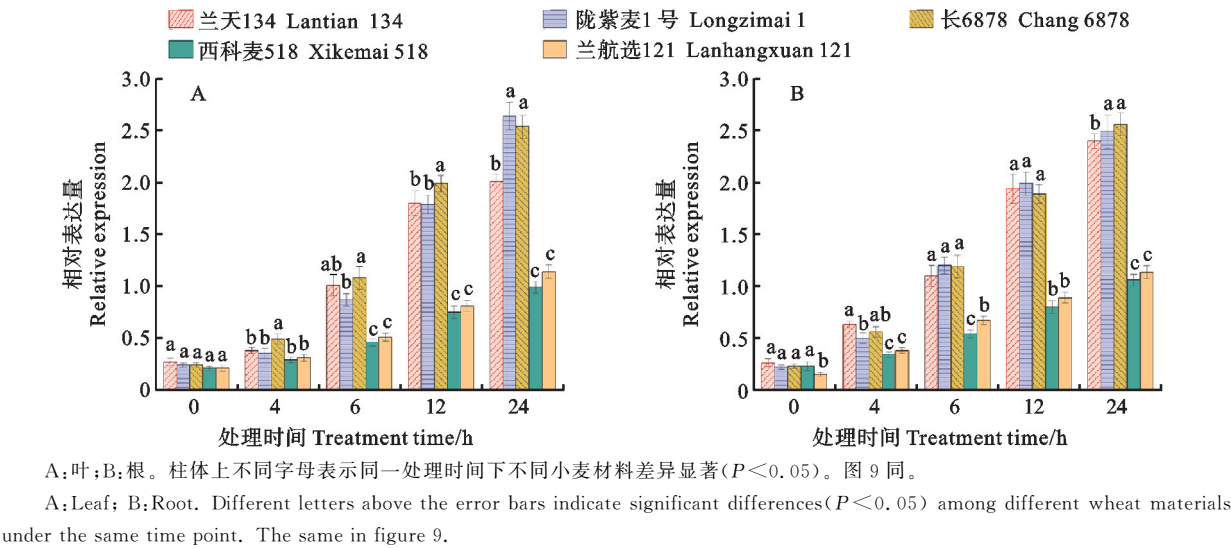


图 8 干旱胁迫下TaNF-YB-2 基因的表达

Fig. 8 Expression of TaNF-YB-2 gene under drought stress

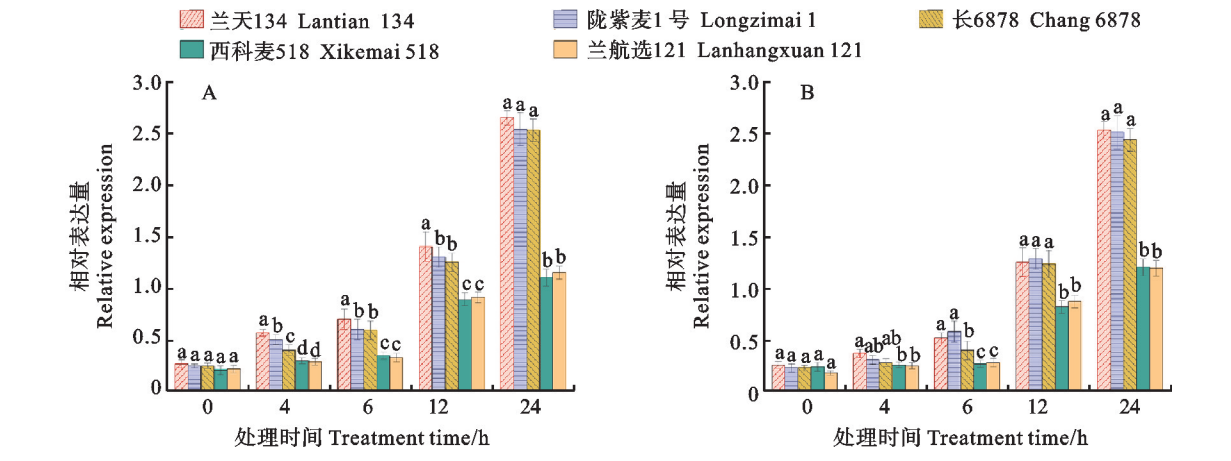


图 9 盐胁迫下TaNF-YB-2 基因的表达

Fig. 9 Expression of TaNF-YB-2 gene under salt stress

3 讨论

随着基因工程的不断进步,小麦中已有多个基因家族得到研究,如 TaSPL^[20], TaBAHD^[21], TaNRT1^[22] 和 TaPHY^[23] 等。本研究共鉴定出

10 个小麦 NF-YB 家族基因,其所编码的蛋白为富含酸性氨基酸的亲水性蛋白,与大豆、水稻、棉花中的研究一致^[18,24]。系统进化树分析表明, TaNF-YB 基因家族成员与斯卑尔脱同源基因具有较高相似性。基因结构与保守基序进一步分析

揭示该家族在结构组成上高度保守,且与胁迫响应密切相关。染色体定位与共线性分析结果显示,*TaNF-YBs* 基因主要位于第一和第四同源群,并存在 5 组共线性关系。启动子分析发现 *TaNF-YB* 基因家族含有大量胁迫响应相关元件。徐志军等^[15]在玉米 *NF-YB* 基因家族启动子区域也报道了类似的大量逆境响应元件,说明这类元件广泛参与植物逆境胁迫应答。小麦 *NF-YB* 基因家族在基因结构上基本一致,说明该家族在小麦中具有较高的保守性。本研究中 *TaNF-YB-8/9/10* 被识别为亚基因组同源基因,其启动子顺式作用元件存在差异,提示亚基因组同源基因的功能可能出现分化。与 *TaNF-YB-8* 相比,*TaNF-YB-9* 和 *TaNF-YB-10* 在激素信号传导途径中响应更为显著,对激素调控网络具有更关键的作用。

NF-YB 在植物逆境胁迫响应中的重要作用已在多个物种中得到验证。严东辉^[25]通过转录组分析发现,胡杨在干旱响应中 *NF-YB* 基因家族成员表达量显著上升,证实该家族在干旱响应和耐旱调节中发挥作用。坚伟宁等^[26]研究表明,*MsNF-YB3* 基因的表达可提升转基因植物的耐盐性、耐碱性、抗旱性和抗氧化性;*MsNF-YB4* 则能增强其抗旱与耐盐能力。李辉^[27]从菊芋中分离获得 5 条 *NF-YB* 候选基因,均可能参与盐胁迫应答,其中 *HtNF-YB2*、*HtNF-YB10*、*HtNF-YB11* 和 *HtNF-YB13* 等 4 个基因的表达同时受干旱胁迫显著诱导。另有多个研究指出 *NF-YB* 与体细胞胚发生有关,推测体细胞胚胎发生可能是植物在离体培养条件下的一种“逆境响应”过程,*NF-YB* 作为转录因子可能在此过程中激活了与抗逆相同的下游通路。

前期研究显示,*NF-YB3* 在小麦和大蒜的各个组织中均表达,其中在叶片的表达量最高^[28]。余鑫莲等^[29]研究显示,青稞茎、芒和颖壳组织中 *Hv2H. NF-YB3* 和 *Hv2H. nf-yb3* 均能表达,但 *Hv2H. nf-yb3* 在各组织中的表达水平显著低于 *Hv2H. NF-YB3*,且两者表达量随生育进程推进而持续下降,推测 *Hv2H. NF-YB3* 属于发育调控型基因。本研究明确了 *TaNF-YB-2* 的表达特征,胁迫处理后 *TaNF-YB-2* 在叶和根系中均呈上升趋势,表明该基因在叶和根系中均启动响应机制以抵抗逆境,属于胁迫响应型基因。后续需重点解析 *TaNF-YB-2* 在胁迫响应中的具体调控通路、下游靶基因及其在根系与叶中协调响应机制,

TaNF-YB-2 的高表达特性可与 *TaNF-YB4* 的抗旱功能模块整合,通过多基因叠加策略为培育广谱抗逆小麦品种提供理论依据。

参考文献:

- [1] HAZELL P, WOOD S. Drivers of change in global agriculture [J]. *Biological Sciences*, 2008, 363(1491): 495.
- [2] ZHU J K. Plant salt tolerance [J]. *Trends Plant Science*, 2001, 6(2): 66.
- [3] 王鹏程. 植物非生物胁迫适应: 使命与挑战 [J]. *植物生理学报*, 2023, 59(4): 681.
WANG P C. Resilience of plants to environmental stresses: mission and challenges [J]. *Plant Physiology Journal*, 2023, 59(4): 681.
- [4] 马光明. 水稻 *OsJAZ5* 对盐胁迫耐受性调节功能研究 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2024.
MA G M. Research on the regulatory function of rice *OsJAZ5* in salt stress tolerance regulation [D]. Guiyang: Guizhou University, 2024.
- [5] KHAN M S, RIZVI A, SAIF S, et al. Phosphate-solubilizing microorganisms in sustainable production of wheat: current perspective [M]. Singapore: Springer, 2017: 51.
- [6] 陈海银, 沈晖, 田军仓, 等. 植物叶绿素荧光参数对水盐胁迫的响应机制综述 [J]. *现代农业科技*, 2021, (19): 168.
CHEN H Y, SHEN H, TIAN J C, et al. Review on response mechanism of chlorophyll fluorescence parameters of plants to water and salt stress [J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2021, (19): 168.
- [7] LI S G, MA R, WANG F F, et al. Research progress on plant *NF-Y* transcription factors [J]. *Plant Physiology Journal*, 2021, 57(2): 248.
- [8] 苗雅慧, 鞠丹, 梁珂豪, 等. 青杆转录因子基因 *PwNF-YB8* 的克隆与功能分析 [J]. *林业科学*, 2021, 57(5): 77.
MIAO Y H, JU D, LIANG K H, et al. Cloning and functional analysis of transcription factor gene *PwNF-YB8* from *Picea wilsonii* [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2021, 57(5): 77.
- [9] 孙希媛. *TaNF-Y1* 和 *TaNF-Y2* 转基因小麦的抗旱性鉴定 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017: 16.
SUN X Y. Drought resistance identification of *TaNF-Y1* and *TaNF-Y2* transgenic wheat [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2017: 16.
- [10] 翟莹, 计俊杰, 陈炯辛, 等. 异源过表达大豆 *GmNF-YB24* 提高转基因烟草抗旱性 [J]. *生物技术通报*, 2025, 41(8): 137.
ZHAI Y, JI J J, CHEN J X, et al. Heterologous overexpression of Soybean *GmNF-YB24* improves resistance of transgenic tobacco to drought [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2025, 41(8): 137.
- [11] 安雯, 张新宇, 麻冬梅, 等. 紫花苜蓿 *MsNF-YB8* 基因的克隆及耐盐性分析 [J]. *草地学报*, 2025, 33(8): 2456.
AN W, ZHANG X Y, MA D M, et al. Cloning and salt tolerance analysis of *MsNF-YB8* gene in alfalfa [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2025, 33(8): 2456.

- [12]张 珉. 小麦 NF-Y 家族转录因子 *TaNF-YB3;1* 分子特征及介导植株抵御干旱和盐分逆境的功能研究[D]. 保定:河北农业大学,2013:5.
ZHANG M. The Molecular characterization of wheat NF-Y family member *TaNF-YB3;1* and its roles in mediating plant tolerance to stresses of drought and salt [D]. Baoding: Agricultural University of Hebei,2013:5.
- [13]何春风. 苜蓿 NF-YB 基因家族抗旱基因的挖掘及功能研究[D]. 北京:中国农业科学院,2024:8.
HE C F. Mining and functional study of drought resistance genes of NF-YB gene family from *Medicago* [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences Thesis,2024:8.
- [14]樊武哲,武懿茂,赵文京,等. 谷子 NF-YB 基因家族的鉴定与生物信息学分析[J]. 山西农业科学,2019,47(11):1861.
FAN W Z, WU Y M, ZHAO W J, *et al.* Identification and bioinformatics analysis of NF-YB gene family in *Setaria italica* [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2019, 47 (11):1861.
- [15]徐志军,刘 洋,徐 磊,等. 玉米转录因子 NF-YB 基因家族的生物信息学分析[J]. 分子植物育种,2019,17(12):3807.
XU Z J, LIU Y, XU L, *et al.* Bioinformatics analysis of NF-YB gene family of transcription factor in *Zea mays* [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2019, 17(12):3807.
- [16]周天顺,余 东,孙志忠,等. 水稻转录因子 NF-YB 家族的生物信息学分析[J]. 分子植物育种,2018,16(18):5849.
ZHOU T S, YU D, SUN Z Z, *et al.* Bioinformatics analysis of the NF-YB gene family in rice [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2018, 16(18):5849.
- [17]轩袁国超. 马铃薯 NF-YB 基因家族鉴定及 *StNF-YB3.1* 在马铃薯中的功能分析[D]. 呼和浩特:内蒙古大学,2017:8.
XUANYUAN G C. Identification of potato NF-YB family genes and functional characterization of *StNF-YB3.1* in potato (*Solanum tuberosum* L.) [D]. Huhehaote: Inner Mongolia University,2017:8.
- [18]刘 静,徐珍珍,袁 娜,等. 陆地棉 NF-YB 基因家族的全基因组分析[J]. 华北农学报,2016,31(5):21.
LIU J, XU Z Z, YUAN N, *et al.* Genome-wide analysis of NF-YB gene family in *Gossypium hirsutum* L. [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2016, 31(5):21.
- [19]杨素素. 油桐 NF-YB 转录因子基因家族的分离及 *VLECI1* 对拟南芥的遗传转化[D]. 北京:中国林业科学研究院,2015:5.
YANG S S. Isolation of NF-YB Transcription factor gene family of tung tree and the genetic transformation of *VLECI1* into *Arabidopsis* [D]. Beijing: Chinese Academy of Forestry,2015:5.
- [20]贺金秋. 小麦 SPL 基因家族在非生物胁迫下的表达分析及 *TaSPL6* 的功能研究[D]. 郑州:河南农业大学,2024:6.
HE J Q. Expression of wheat SPL gene family under abiotic stress and functional study of *TaSPL6* [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University,2024:6.
- [21]张 鑫. 小麦 BAHD 家族基因的鉴定及 *TaBAHD35-1B* 参与磷饥饿胁迫响应的机制[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2024:5.
ZHANG X. Identification of wheat BAHD family genes and *TaBAHD35-1B* is involved in the mechanism of phosphorus starvation stress response [D]. Yangling: Northwest A&F University,2024:5.
- [22]郭志强,范佳利,朱立勋,等. 小麦 NRT1 基因家族鉴定、表达与 DNA 变异分析[J]. 分子植物育种,2025,23(1):1.
GUO Z Q, FAN J L, ZHU L X, *et al.* Identification, expression and DNA variation analysis of wheat NRT1 gene family [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2025, 23(1):1.
- [23]胡 懿,公 杰,赵 玮,等. 小麦 PHY 基因家族鉴定及热胁迫下表达分析[J]. 中国农业科技导报,2025,27(7):30.
HU Y, GONG J, ZHAO W, *et al.* Identification and expression analysis under heat stress of PHY gene family in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2025, 27(7):30.
- [24]HACKENBERG D, WU Y F, VOIGT A, *et al.* Studies on differential nuclear translocation mechanism and assembly of the three subunits of the *Arabidopsis thaliana* transcription factor NF-Y [J]. *Molecular Plant*, 2012, 5(4):876.
- [25]严东辉. 胡杨干旱响应转录组及 NF-YB 基因表达谱[D]. 北京:北京林业大学,2013:4.
YAN D H. Genome-wide transcriptional response and expressed NF-YB genes of *Populus euphratica* to drought stress [D]. Beijing: Beijing Forestry University,2013:4.
- [26]坚伟宁,左 朋,张国珍,等. 紫花苜蓿 *MsERF003* 的基因克隆及其在干旱胁迫中的功能分析[J]. 分子植物育种,2020,18(17):5674.
JIAN W N, ZUO P, ZHANG G Z, *et al.* Cloning and functional analysis of *MsERF003* gene in drought stress from *Medicago sativa* [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2020, 18 (17):5674.
- [27]李 辉. 菊芋去花对菊芋生长发育的影响以及对参与生长阶段调控基因 NF-YB 家族的克隆和表达分析[D]. 南京:南京农业大学,2014:7.
LI H. The effect of defloration on *Jerusalem artichoke* growth and cloning and expression parttern of HtNF-YB family [D] Nanjing: Nanjing Agricultural University,2014:7.
- [28]SUN X, REN Y Q, ZHANG X Z, *et al.* Overexpression of a garlic nuclear factor Y (NF-Y) B gene, *AsNF-YB3*, affects seed germination and plant growth in transgenic tobacco [J]. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 2016, 127(2):513.
- [29]余鑫莲,李 新,姚晓华,等. 青稞早抽穗主效 QTL *cqHv2H-2* 的遗传定位及候选基因分析[J]. 作物学报,2022,48(10):2463.
YU X L, LI X, YAO X H, *et al.* Genetic mapping and candidate gene analysis of the major QTL *cqHv2H-2* for early heading in barley (*Hordeum vulgare* L.) [J] *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(10):2463.