

# 马铃薯 *StMYB3* 基因的克隆、生物信息学及其表达分析

张宏宇<sup>1</sup> 田再民<sup>1</sup> 邱文萍<sup>1</sup> 崔颖硕<sup>1</sup> 桑乐飞<sup>1</sup> 王雅宁<sup>1</sup>  
董书君<sup>1</sup> 董莹莹<sup>1</sup> 侯韶英<sup>1</sup> 韩红艳<sup>2</sup> 魏东<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>河北北方学院农林科技学院, 075000, 河北张家口; <sup>2</sup>中化现代农业(内蒙古)有限公司, 010000, 内蒙古呼和浩特;  
<sup>3</sup>河北北方学院/河北省农产品食品质量安全分析检测重点实验室, 075000, 河北张家口)

**摘要** 马铃薯转录因子对花青素的影响主要体现在对马铃薯花青素合成途径相关转录因子的调控作用上。通过 RT-PCR 从马铃薯品种夏坡蒂(薯肉为白色)、万紫千红(薯肉为浅紫色)和 2013-89-61(薯肉为深紫色)中克隆出马铃薯 *StMYB3* 基因, 对其进行生物信息学分析和差异表达分析。结果表明, 马铃薯 *StMYB3* 基因目的片段长度为 710 bp, 编码的蛋白分子质量 20.71 kDa, 等电点 9.14, 属于亲水性蛋白。马铃薯 *StMYB3* 基因含有 R2R3-MYB 结构域和 bHLH 转录因子, 不含跨膜结构域, 系统进化分析表明马铃薯 *StMYB3* 基因与辣椒 *ScMYB* 序列相似度最高。经半定量 PCR 发现, 马铃薯 *StMYB3* 基因在不同部位表达量为嫩叶>老叶>茎>块茎>根, 2013-89-61 品种在各部位均属于高表达。

**关键词** 马铃薯; 花青素; *StMYB3*; 生物信息学; 表达分析

我国马铃薯产业发展迅猛, 随着生活水平的提升, 人们对马铃薯食品的需求也逐渐从满足温饱向追求更高的营养保健价值转变<sup>[1]</sup>。花青素具有抗氧化、保护视力、降低心血管疾病风险以及提高人体免疫力及抗炎等功能, 因而富含高花青素含量的彩色马铃薯成为马铃薯产业的研究热点<sup>[2-3]</sup>。植物中的花青素是一种天然水溶性色素, 能使植物呈现出各种颜色<sup>[4]</sup>。马铃薯的薯肉通常呈白色或黄色, 此外, 紫色和红色等彩色马铃薯中的花青素含量相对较高。植物中花青素的合成代谢受到转录因子的调控, 目前, 已鉴定出 3 类参与花青素代谢合成的转录因子, 分别为 MYB 家族成员、BHLH 蛋白和 WD40 因子, 其中 R2R3-MYB 为最主要的转录调控因子<sup>[5]</sup>。

MYB 转录因子是植物中最大的一类转录因子家族, 其重要的功能之一是调控花青素的合成<sup>[6]</sup>。MYB 转录因子在结构上有一段位于 N 端的保守 DNA 结合区 (MYB 结构域), 主要负责对靶基因上游启动子区域顺式作用元件的识别与结合<sup>[7]</sup>。MYB 结构域通常是由不完全重复的氨基酸序列组成, 重复序列 R 可分为 R1、R2 和 R3, 结构域之间的组合又可形成 4 种类型的 MYB 蛋白, 分别为单-MYB 结构域 (R1/2、R3) 蛋白、2R (R2R3)

蛋白、3R (R1R2R3) 蛋白和 4R (R1R2R2R1/2) 蛋白<sup>[8]</sup>, 广泛分布于植物中并发挥着重要的生物学功能, 包括植物的生长发育、次级代谢调控和胁迫应答等。MYB 转录因子还可以正向或负向调节花青素的生物合成<sup>[9]</sup>。史程程等<sup>[10]</sup>采用 RT-PCR 方法在葡萄风信子中克隆获得 1 个 *MaMYB114* 基因, 对其进行生物信息学分析和异源转化烟草功能验证, 表明其正向调控花青素合成。周薇<sup>[11]</sup>从中华红叶杨中分离了花青素合成相关转录因子 *MYB118L* 基因并对其蛋白序列特征、亚细胞定位、功能与作用机制进行探究, 初步揭示了 *MYB118L* 基因调控花青素合成过程的分子机制。鲁亚楠<sup>[12]</sup>通过转录组和 RT-PCR 分析发现文冠果中的 *XsMYB113-1*、*XsMYB113-2*、*XsMYB113-3* 和 *XsMYB113-4* 基因均能正向调控花青素的合成。通过多个试验, 不同植物中的 MYB 转录因子均被证实能够调控花青素合成, 揭示了 MYB 转录因子在花青素生物合成途径中的关键作用。

本试验从马铃薯品种夏坡蒂 (Shepody)、万紫千红 (WZQH) 以及 2013-89-61 中克隆获得马铃薯 *StMYB3* 基因, 对其进行生物信息学分析, 并利用 RT-PCR 技术分析马铃薯 *StMYB3* 基因在马铃薯

作者简介: 张宏宇, 主要从事马铃薯栽培与育种研究, E-mail: 2458479956@qq.com

田再民为通信作者, 主要从事马铃薯栽培与育种研究, E-mail: nkxtzm@163.com

基金项目: 河北北方学院博士基金 (BSJJ202428); 河北北方学院校级课题 (XJ2023019); 河北北方学院 2024 年大学生创新创业训练计划项目 (202410092013)

收稿日期: 2024-11-19; 修回日期: 2025-03-10; 网络出版日期: 2025-05-22

不同品种和不同组织中的表达，为进一步深入研究马铃薯 *StMYB3* 转录因子功能提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试马铃薯品种为夏坡蒂（薯肉为白色）、万紫千红（薯肉为浅紫色）和 2013-89-61（薯肉为深紫色）。

### 1.2 试验地概况

试验材料种植于河北省张北县河北北方学院试验基地。田间播种采用随机区组设计，每个品种种植 5 行，3 次重复，行长 6 m，行距 70 cm，种植密度 52 500 株/hm<sup>2</sup>。采用正常田间管理，在盛花期取叶、茎和根的样本，在成熟期取块茎样本，在液氮中速冻后存放于 -80 °C。针对每个样本，于每次重复中选取 3 株并进行混合。

### 1.3 测定项目与方法

**1.3.1 总 RNA 的提取** 使用 Trizol 植物总 RNA 提取试剂盒（Plant RNAPure Kit）提取 RNA，用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA。

**1.3.2 cDNA 的合成** 以马铃薯提取的总 RNA 为模板，在 PCR 管中加入试剂 2 μL 5× g DNA Eraser Buffer、1 μL gDNA Eraser、5 μL 总 RNA，用 Rnase-free ddH<sub>2</sub>O，定容至 10 μL。42 °C 2 min（或者室温 5 min）去除基因组 DNA 污染。再加入 1 μL Primerscript PT Enzyme Mix I、1 μL RT Primer Mix、4 μL 5×Primerscript Buffer 2 和 4 μL RNase-free ddH<sub>2</sub>O。在 PCR 仪上进行反转录，反应程序为 37 °C 15 min，85 °C 5 s。

**1.3.3 基因克隆** 利用 Primer 5.0 软件设计引物。*StMYB3-F* 的引物序列（5'-3'）为 CTA CTTCAC ACAGTCTGATCCATCC；*StMYB3-R* 的引物序列（5'-3'）为 AGATCGAGTTCATAACGATGATGTC。取 0.2 mL 离心管，加入 13 μL ddH<sub>2</sub>O、2.5 μL *StMYB3-F*（10 μmol/L）、2.5 μL *StMYB3-R*（10 μmol/L），2 μL cDNA 及 20 μL 2×Vazyme Lamp Master Mix。PCR 扩增程序：94 °C 预变性 3 min；94 °C 变性 40 s，60 °C 退火 40 s，72 °C 延伸 40 s，循环 35 次；72 °C 修复延伸 10 min。

**1.3.4 马铃薯 *StMYB3* 基因扩增产物的检测** （1）制备 1% 琼脂糖凝胶，加入 5 μL 核酸染料，混匀后倒入凝胶模具中，静置 20 min，凝胶凝固后放入电泳

槽，并加入电泳缓冲液。（2）加样，10 μL PCR 产物样品，3 μL D2000 DNA Marker。（3）连接电泳，电压 150 V，电流 110 mA，电泳 20 min，取出凝胶放入凝胶成像仪中成像。

### 1.4 生物信息学分析

利用 NCBI 完成马铃薯 *StMYB3* 基因的 ORF 查找和氨基酸序列的推导；用 ProtParam-EXPASY（<http://www.expasy.org/tools/protparam.html>）完成蛋白分子量和理论等电点的分析；用 DNAMAN 完成多序列氨基酸的比对；用 MEGA 构建系统进化树；用 Expasy（<http://au.Expasy.ch/tools/protscale.html>）工具完成蛋白疏水性分析；用 EXPASY（<http://www.expasy.org/>）构建蛋白质的三级结构；用 SOPMA（<http://pbil.ibcp.fr/>）构建蛋白质的二级结构；用 TMHMM SERVER（[www.cbs.dtu.dk/services/](http://www.cbs.dtu.dk/services/)）完成蛋白质的跨膜区预测。

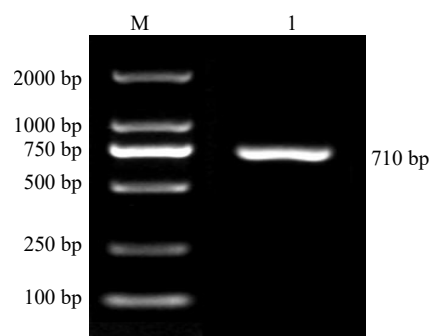
### 1.5 数据处理

用 SPSS16.0 软件进行方差分析，使用新复极差法进行显著性比较。

## 2 结果与分析

### 2.1 马铃薯 *StMYB3* 基因的克隆

电泳结果（图 1）显示，在 710 bp 处有马铃薯 *StMYB3* 基因的清晰条带。



M: D2000 DNA 分子量标准；1: *StMYB3* 基因片段。  
M: D2000 DNA Marker; 1: *StMYB3* gene fragment.

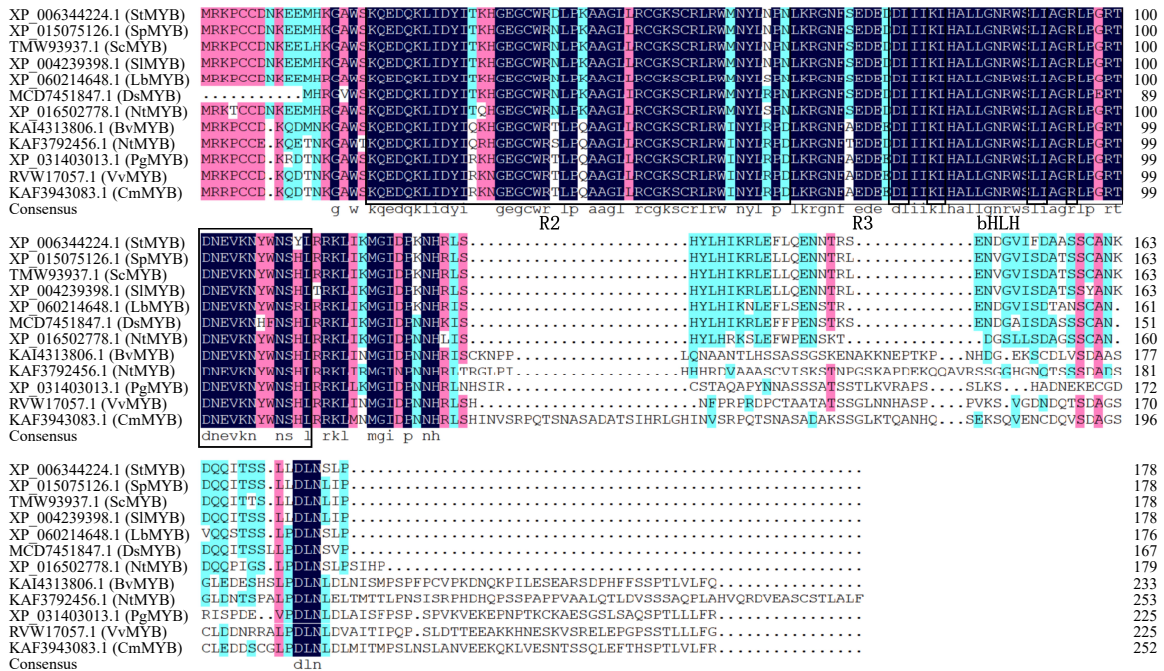
图 1 马铃薯 *StMYB3* 基因 PCR 产物的电泳结果  
Fig.1 Electrophoretic results of PCR products of potato *StMYB3* gene

### 2.2 马铃薯 *StMYB3* 蛋白序列比对和进化树的构建

在 NCBI 中利用 BLAST 查找其他物种 *MYB3* 基因编码的同源蛋白序列进行比对，马铃薯 *StMYB3* 蛋白序列与辣椒（*Solanum chilense*）（TMW93937.1）、龙葵（*Solanum penneli*）

(XP\_015075126.1)、番茄 (*Solanum lycopersicum*) (XP\_004239398.1)、烟草 (*Nicotiana tabacum*) (XP\_016502778.1) 和枸杞 (*Lycium barbarum*) (XP\_060214648.1) 的序列一致性都在 100%；与曼陀罗 (*Datura stramonium*) (MCD7451847.1) 的序列一致性为 89%；与睡莲 (*Nymphaea thermarum*) (KAF3792456.1)、石榴 (*Punica*

*granatum*) (XP\_031403013.1)、栗子 (*Castanea mollissima*) (KAF3943083.1)、紫荆花 (*Bauhinia variegata*) (KAI4313806.1) 和葡萄 (*Vitis vinifera*) (RVW17057.1) 的序列一致性均为 99%，整体序列一致性范围为 89%~100%，表明该 MYB 蛋白在不同物种间具有高度保守性。通过 DNAMAN 进行同源蛋白序列比对，如图 2 所示，马铃薯 StMYB3



结构域为 R2R3-MYB 结构域和 bHLH 转录因子。  
 The domain is the R2R3-MYB domain and the bHLH transcription factor.

图 2 马铃薯 StMYB3 蛋白的多序列对比  
 Fig.2 Multiple sequence alignment of the StMYB3 protein in potato

蛋白序列中存在 R2R3-MYB 结构域，其中包含 bHLH 转录因子。

通过 MEGA 构建系统进化树，如图 3 所示，马铃薯 StMYB3 蛋白与辣椒 ScMYB 蛋白在同一支上，同源关系最近，而茄科龙葵 SpMYB 和番茄 SIMYB 在另一个分支。

2.3 马铃薯 StMYB3 蛋白分子量和理论等电点分析

通过 ProtParam 软件在线预测分析：马铃薯 StMYB3 基因编码的蛋白分子式为 C<sub>904</sub>H<sub>1441</sub>N<sub>273</sub>O<sub>266</sub>S<sub>10</sub>，分子质量为 20710.65 Da，理论等电点为 9.14，带负电荷的氨基酸残基 (Asp+Glu) 为 23 个，带正电荷的氨基酸残基 (Arg+Lys) 30 个；不稳定系数为 59.62，均为不稳定蛋白 (不稳定系数 < 40 为稳定蛋白)，理论推导半衰期大约为 30 h；脂肪系数平均为 80.06，总平均亲水性为 -0.822。

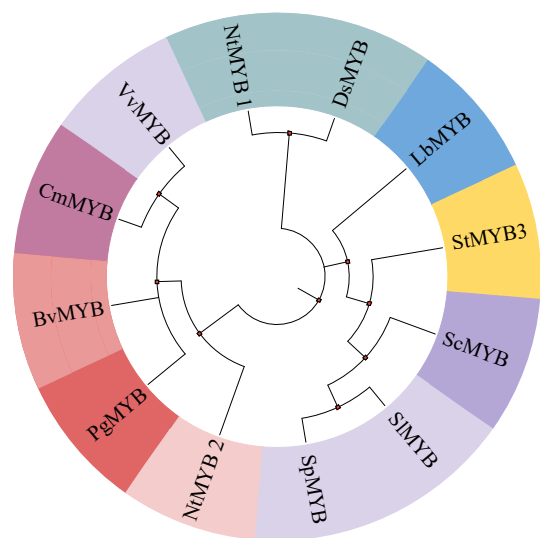


图 3 马铃薯 StMYB3 蛋白与其他物种 MYB 蛋白的系统进化树  
 Fig.3 Phylogenetic tree of potato StMYB3 protein and MYB proteins of other species

### 2.4 马铃薯 *StMYB3* 蛋白亲水性和疏水性分析

利用 ExPASy 工具中的 ProtScale 软件在线分析。马铃薯 *StMYB3* 蛋白的亲水性分析见图 4。结果表明，马铃薯 *StMYB3* 基因所编码的蛋白亲水性氨基酸均匀分布在整条肽链中，且多于疏水性氨基酸，为亲水蛋白。

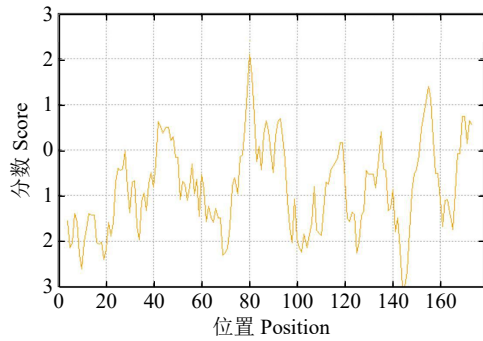


图 4 马铃薯 *StMYB3* 蛋白的疏水性分析

Fig.4 Hydrophobicity analysis of potato *StMYB3* protein

### 2.5 马铃薯 *StMYB3* 蛋白质二级结构和三级结构的预测

对 SOPMA 进行蛋白质二级结构的预测，如图 5 所示，马铃薯 *StMYB3* 蛋白质二级结构以无规则卷曲为主，其次为  $\alpha$ -螺旋， $\beta$ -折叠最少。通过在线网址进行蛋白质三级结构的预测，获得马铃薯 *StMYB3* 蛋白质三级结构图（图 6），形状呈倒“L”型。

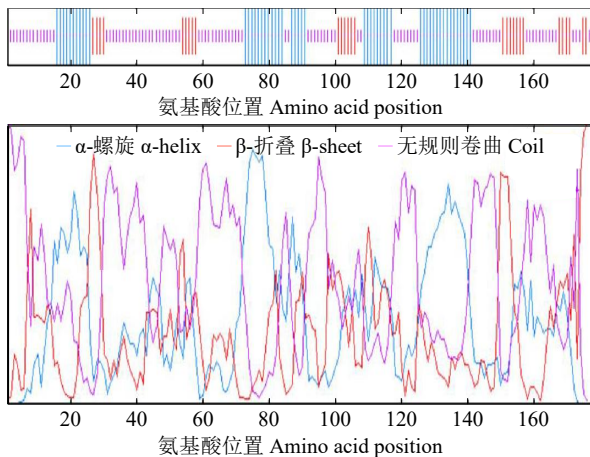


图 5 马铃薯 *StMYB3* 蛋白质二级结构预测

Fig.5 Secondary structure prediction of potato *StMYB3* protein

### 2.6 马铃薯 *StMYB3* 蛋白序列跨膜区预测

利用 TMHMM 工具对马铃薯 *StMYB3* 蛋白进行跨膜结构域预测，结果显示该蛋白序列中无跨膜螺旋结构区，跨膜区概率始终为 0，胞内区与胞质

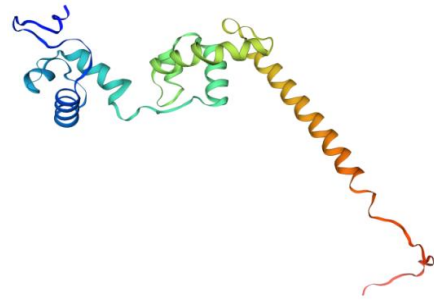


图 6 马铃薯 *StMYB3* 蛋白质三级结构预测

Fig.6 Tertiary structure prediction of potato *StMYB3* protein

区概率分布稳定，表明 *StMYB3* 属于非跨膜蛋白，符合转录因子的典型定位特征（图 7）。

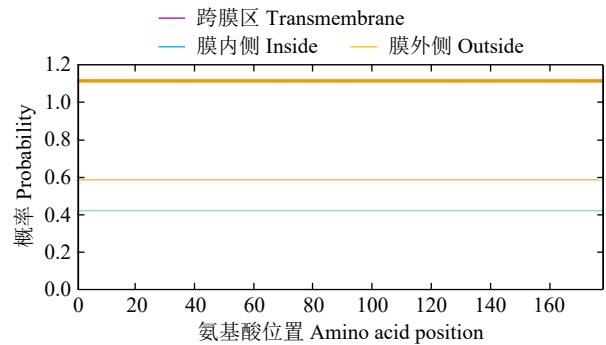


图 7 马铃薯 *StMYB3* 蛋白跨膜结构域分析

Fig.7 Transmembrane domain analysis of potato *StMYB3* protein

### 2.7 马铃薯 *StMYB3* 基因在不同组织部位的表达模式分析

通过半定量 RT-PCR 克隆目的基因和内参基因 *GAPDH*（图 8），利用 Quantity-One 软件分析马铃薯 *StMYB3* 基因在不同品种和不同部位的表达（图 9）。在根、茎、嫩叶和块茎中 3 个品种表达量均为 2013-89-61 > 万紫千红 > 夏坡蒂；在老叶中表达量为夏坡蒂 > 2013-89-61 > 万紫千红。老叶中夏坡蒂的表达量最高，嫩叶中万紫千红表达量

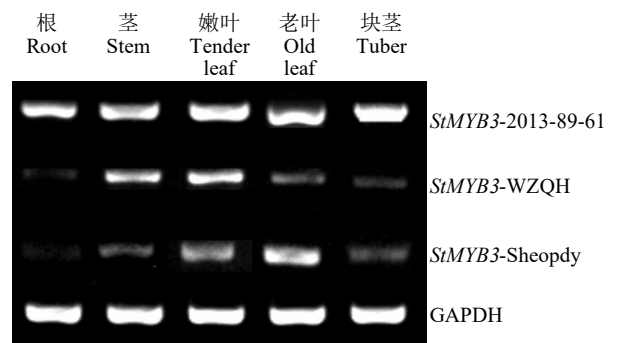
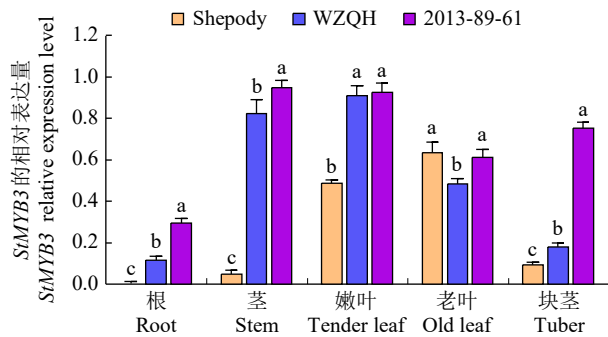


图 8 马铃薯 *StMYB3* 基因在 3 个品种不同组织中的表达

Fig.8 Expression of potato *StMYB3* gene in different tissues of three potato varieties



不同小写字母表示  $P < 0.05$  水平的差异显著性。  
Different lowercase letters indicate significant differences at  $P < 0.05$  level.

图9 马铃薯 *StMYB3* 基因的相对表达量

Fig.9 The relative expression level of *StMYB3* in potato

最高，茎中 2013-89-61 表达量最高，3 个品种均在根中表达量最低。在不同部位中，表达量为嫩叶 > 老叶 > 茎 > 块茎 > 根，该基因在嫩叶中表达最高，3 个马铃薯品种在根、茎和块茎中表达具有显著差异。

### 3 讨论

在花青素合成调控中，MYB 与 bHLH、WD40 单独作用，或者三者形成 MBW 复合体调控花青素的合成<sup>[13]</sup>。MYB 与 MYC 转录因子 bHLH 具备结合活性，二者共同调控花青素合成晚期基因的表达<sup>[14]</sup>。本研究在马铃薯 *StMYB3* 蛋白序列中，发现了 R2R3-MYB 结构域的存在，这一结构域中还包含了与 bHLH 转录因子的相互作用。通过对不同品种和不同部位马铃薯 *StMYB3* 基因的表达分析，发现该基因在嫩叶中表达最高，而且马铃薯 *StMYB3* 基因在 2013-89-61（薯肉深紫色）的根、茎、嫩叶和块茎中表达量均为最高，因此马铃薯 *StMYB3* 基因可能参与马铃薯花青素合成的代谢路径。这与前人在研究马铃薯 MYB 转录因子的功能结果相近，例如，Lu 等<sup>[15]</sup>和 Zhang 等<sup>[16]</sup>发现在马铃薯块茎中克隆到的 R2R3-MYB 转录因子中有共表达因子 *StbHLH1*，在细胞核中表达且增强了 MYB 对花青素合成的调节作用。Jung 等<sup>[17]</sup>和许芸梅等<sup>[18]</sup>对马铃薯红色薯肉基因进行了定位和筛选，发现其候选基因为 R2R3-MYB 转录因子，与控制薯皮花青素积累的 *StAN2* (D/I) 相同。Liu 等<sup>[19]</sup>等研究了 3 个与 R2R3-MYB 转录因子 (*StAN1*、*StMYBA1* 和 *StMYB113*) 相关的功能，发现 *StMYBA1* 和 *StMYB113* 可以激活花青素的积累，且均具有部分 R2R3 结构域。而 *StbHLH1* 和 *StJAF13* 是花青素生物合成的关键共调

节因子，*StAN1*、*StMYBA1* 和 *StMYB113* 即使在没有色素积累的情况下也能表达。Rommens 等<sup>[20]</sup>发现 MYB 转录因子 *StMtf1* 转基因植株基因激活了苯丙烷类生物合成路径，与对照相比，转基因块茎中的咖啡酰奎宁酸含量增加了 4 倍，包括绿原酸 (CGA)，同时也积累了黄酮醇和花青素。上述研究均表明 MYB 转录因子是花青素合成调控中的核心元件，其与其他转录因子的相互作用构成了调控花青素合成的关键机制。在马铃薯中，MYB 转录因子不仅在马铃薯的花青素合成中发挥着关键作用，其还在不同组织（例如薯肉和薯皮）中具有调控作用。因此，马铃薯 *StMYB3* 基因的更多功能需要亚细胞定位和转基因操作等进行进一步验证。

### 4 结论

从马铃薯品种夏坡蒂、万紫千红和 2013-89-61 中克隆获得 *StMYB3* 基因，*StMYB3* 基因编码的蛋白属亲水蛋白，不含跨膜结构域，其蛋白质二级和三级结构高度相似，且马铃薯 *StMYB3* 基因具有 MYB 家族的典型特征。RT-PCR 结果表明 2013-89-61 表达量在不同组织部位均高于夏坡蒂和万紫千红，且在块茎中表达差异更显著，3 个马铃薯品种在根、茎、块茎中表达具有显著差异，证明马铃薯 *StMYB3* 基因可以调控花青素的形成。

#### 参考文献

- [1] 郝智勇, 杨广东, 邱广伟, 等. 马铃薯高类胡萝卜素资源材料筛选. 作物杂志, 2019(2): 71-77.
- [2] 李景伟. 彩色马铃薯高密度 SNP 遗传连锁图谱构建及花青素含量等重要性状的 QTL 定位. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2022.
- [3] 史瑞翔, 李博雯, 孙圣卿, 等. 彩色马铃薯产量和品质性状评价. 中国马铃薯, 2022, 36(6): 481-488.
- [4] 聂利珍, 李晓东, 谢锐, 等. 彩色马铃薯查尔酮合酶基因的克隆及生物信息学分析. 分子植物育种, 2022, 20(23): 7679-7686.
- [5] 刘玉汇. MYB 和 BHLH 转录因子对马铃薯块茎花色苷生物合成的调控机理研究. 兰州: 甘肃农业大学, 2016.
- [6] 孙保娟, 李涛, 游倩, 等. 茄科植物花青素合成相关的 MYB 转录因子研究进展. 中国农学通报, 2023, 39(36): 102-111.
- [7] Thompson M A, Ramsay R G. MYB: an old oncoprotein with new roles. BioEssays, 1995, 17(4): 341-350.
- [8] Dubos C, Stracke R, Grotewold E, et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis*. Trends in Plant Science, 2010, 15(10): 573-581.
- [9] 余斌, 杨宏羽, 王丽, 等. 引进马铃薯种质资源在干旱半干旱区的表型性状遗传多样性分析及综合评价. 作物学报, 2018, 44(1): 63-74.
- [10] 史程程, 陈鹏, 焦清正, 等. 葡萄风信子 *Ma MYB114* 基因的克隆及功能研究. 西北植物学报, 2023, 43(12): 2039-2048.
- [11] 周薇. 杨树 *MYB118L* 基因调控花青素合成机制研究. 宜昌: 三峡大学, 2023.

- [12] 鲁亚楠. 文冠果 *XsMYB113* 调控花色渐变的分子机制. 哈尔滨: 东北林业大学, 2022.
- [13] 王卫强, 钟巍然, 鞠远金, 等. 不同栽培条件对马铃薯紫云 1 号花青素含量影响的研究. 西南农业学报, 2010, 23(5): 1439-1442.
- [14] Chiu L W, Li L. Characterization of the regulatory network of *BoMYB2* in controlling anthocyanin biosynthesis in purple cauliflower. *Planta*, 2012, 236(4): 1153-1164.
- [15] Lu Q N, Yang Q. cDNA cloning and expression of anthocyanin biosynthetic genes in wild potato (*Solanum pinnatisectum*). *African Journal of Biotechnology*, 2006, 5(10): 811-818.
- [16] Zhang Y F, Jung C S, De J W S. Genetic analysis of pigmented tuber flesh in potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 119(1): 143-150.
- [17] Jung C S, Griffiths H M, Jong D M D, et al. The potato developer(D) locus encodes an R2R3 MYB transcription factor that regulates expression of multiple anthocyanin structural genes in tuber skin. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 120(1): 45-57.
- [18] 许芸梅, 李玉梅, 贾玉鑫, 等. 马铃薯红色薯肉调控基因的精细定位与候选基因分析. 中国农业科学, 2019, 52(5): 2678-2685.
- [19] Liu Y H, Wang K L, Espley R V, et al. Functional diversification of the potato R2R3 MYB anthocyanin activators AN1, MYBA1, and MYB113 and their interaction with basic helixloop-helix cofactors. *Journal of Experimental Botany*, 2016, 67(8): 2159-2176.
- [20] Rommens C M, Richael C M, Yan H, et al. Engineered native pathways for high kaempferol and caffeoylquinic acid production in potato. *Plant Biotechnology Journal*, 2010, 6(9): 870-886.

## Cloning, Bioinformatics, and Expression Analysis of *StMYB3* Gene in Potato

Zhang Hongyu<sup>1</sup>, Tian Zaimin<sup>1</sup>, Qiu Wenping<sup>1</sup>, Cui Yingshuo<sup>1</sup>, Sang Lefei<sup>1</sup>, Wang Yaning<sup>1</sup>,  
Dong Shujun<sup>1</sup>, Dong Yingying<sup>1</sup>, Hou Shaoying<sup>1</sup>, Han Hongyan<sup>2</sup>, Wei Dong<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>College of Agriculture and Forestry Science and Technology, Hebei North University, Zhangjiakou 075000, Hebei, China; <sup>2</sup>Sinochem Modern Agriculture (Inner Mongolia) Co., Ltd., Hohhot 010000, Inner Mongolia, China; <sup>3</sup>Hebei North University/Hebei Key Laboratory of Agricultural Products and Food Safety Analysis and Testing, Zhangjiakou 075000, Hebei, China)

**Abstract** The influence of potato transcription factors on anthocyanin accumulation is primarily reflected in their regulation of genes involved in the anthocyanin biosynthetic pathway. In this study, the *StMYB3* gene was cloned by RT-PCR from three potato cultivars: Shepody (white flesh), Wanziqianhong (light purple flesh), and 2013-89-61 (dark purple flesh). Bioinformatics characterization and differential expression analysis were performed. The results showed that the target fragment of *StMYB3* genes was 710 bp in length, encoding a protein with a molecular weight of 20.71 kDa and an isoelectric point of 9.14, which was identified as a hydrophilic protein. *StMYB3* genes contains R2R3-MYB domain and bHLH interaction motif but lacks a transmembrane domain. Phylogenetic analysis revealed that *StMYB3* genes shares the highest sequence similarity with the *ScMYB* gene from pepper. Semi-quantitative PCR results showed that the expression level of potato *StMYB3* gene in different tissues is: tender leaf > old leaf > stem > tuber > root, and the cultivar 2013-89-61 exhibited consistently high expression across all tissues.

**Key words** Potato; Anthocyanins; *StMYB3*; Bioinformatics; Expression analysis