

闽楠 Hsf 基因家族的鉴定、进化及其在非生物胁迫下的表达分析

廖文海^{1,2}, 汤行昊^{1,3}, 李婧姝^{1,2}, 郑秋棉^{1,2}, 王婷⁴, 陈世品¹, 曹光球^{1,2}, 曹世江^{1,2*}

(福建农林大学林学院, 福州 350002; 2. 福建农林大学林木逆境生理生态及分子生物学福建省高校重点实验室, 福州 350002; 福建省林业科学研究院, 福州 350002; 4. 福建农林大学植物保护学院, 福州 350002)

摘要: 为了探究热激转录因子(Heat shock transcription factor, Hsf)在闽楠生长发育及应对非生物胁迫响应中扮演的角色, 以期将来进一步研究闽楠 Hsf(PbHsf)基因家族的功能奠定基础。我们首先以获得的闽楠染色体水平基因组及其注释文件, 利用生物信息学方法鉴定并分析 PbHsf 基因的进化关系、保守基序、基因结构、编码蛋白的理化性质、蛋白结构和顺式作用元件, 使用 RT-qPCR 技术探索 PbHsf 基因在非生物胁迫下(包括干旱、盐、低温和高温胁迫)的表达量。在闽楠基因组中共鉴定出 17 个 PbHsf 基因家族成员, 它们不均匀的分配在 10 条染色体上。系统发育分析表明 PbHsf 基因可以分为三个典型的亚家族: HsfA、HsfB 和 HsfC, 分别含有 7、7 和 3 个成员。17 个 PbHsf 基因所编码的蛋白理化性质差异较大, 但都定位于细胞核。保守基序和三级结构指出 PbHsf 基因在功能上具有一定保守性和相似性。二级结构分析表明 PbHsf 蛋白中无规卷曲和 α 螺旋是主要组成。基因结构显示 PbHsf 基因含有不同数量的外显子和内含子。对启动子区域的顺式作用元件预测表明, PbHsf 基因可能参与了植物激素反应和胁迫反应。在闽楠 PbHsf 基因基因家族中发现 1 个串联重复事件和 7 个片段复制事件。共线性分析指出 PbHsf 基因家族的扩增主要通过片段复制事件, 且与双子叶植物基因组有较多共线性关系。PbHsf 基因在闽楠 5 个不同组织中的表达量明显不同, B 亚族基因在叶中表达较弱。此外, 5 个代表性 PbHsf 基因在干旱、盐、高温或低温胁迫下的表达谱表明它们应对非生物胁迫发挥多种功能, 推测 PbHsf 基因在植物生长发育和响应非生物胁迫中发挥着重要作用。本研究系统分析了 PbHsf 基因的特征和表达模式, 为将来研究闽楠这一濒危独特树种的 Hsf 基因的功能剖析提供有价值的见解和信息。