

石桃雄,汪 燕,梁成刚,等. 苦荞二磷酸尿核苷-半乳糖转运载体 *FtUTR* 的鉴定与分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(15):53-57.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.15.009

苦荞二磷酸尿核苷-半乳糖转运载体 *FtUTR* 的鉴定与分析

石桃雄,汪 燕,梁成刚,韦春玉,关志秀,黄 娟,朱丽伟

(贵州师范大学生命科学学院/荞麦产业技术研究中心,贵州贵阳 550001)

摘要:植物二磷酸尿核苷-半乳糖转运蛋白(UDP-galactose transporter, UTR)参与介导 UDP-半乳糖的跨膜运输,对于高尔基体内非纤维素多糖和糖蛋白合成至关重要。为了给苦荞糖运输及调控机制研究提供科学参考,本研究基于基因功能注释与同源基因比对,鉴定到 9 个苦荞 *FtUTR* 基因,其序列长度在 1 920~5 975 bp 间,氨基酸残基在 81~352 个间。*FtUTR* 氨基酸序列的一致性为 19.14%,说明苦荞不同 *FtUTR* 蛋白间序列保守性较低。但多个苦荞 *FtUTR* 可分别与同源的拟南芥 *AtUTR* 聚在一起,说明不同物种间 UTR 蛋白的进化关系较为紧密。基于茎的转录组测序鉴定到 5 个差异表达基因(DEGs),其中 *FtPinG0001931200.01* 在出苗后 5 d 高表达;*FtPinG0001901300.01* 和 *FtPinG0002689200.01* 在出苗后 10 d 高表达;*FtPinG0001931400.01* 和 *FtPinG0001052700.01* 在出苗后 15 d 高表达,推测它们可能在幼苗的特定发育阶段发挥作用。另外,幼苗发育过程中苦荞 DEGs 的表达量存在多个显著正相关或负相关关系。本研究结果可为下一步深入探索苦荞 *FtUTR* 调控 UDP-半乳糖运输以及生长发育提供基础。

关键词:苦荞;二磷酸尿核苷-半乳糖转运体;蛋白序列分析;基因表达

中图分类号:S517.01 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2021)15-0053-05

二磷酸尿核苷-半乳糖(UDP-galactose)是植物高尔基体内非纤维素多糖和糖蛋白合成的重要前体物质^[1-2]。UDP-半乳糖转运蛋白(UDP-galactose transporter, UTR)则是介导 UDP-半乳糖进行跨膜运输的重要载体,对于植物的生长发育具有重要作用^[3-4]。Khalil 等将人类的 UDP-半乳糖转运体基因 *hUGT1* 导入烟草,结果发现转基因烟草植株表现出类似于外源赤霉素喷施的形态特征^[5]。Reyes 等研究指出,拟南芥中 UDP-半乳糖转运体 *AtUTR1* 定位于内质网,体外试验证实 *AtUTR1* 能够参与 UDP-半乳糖和 UDP-葡萄糖运输^[6]。此外, Bakker 等鉴定获得 2 个拟南芥 UDP-半乳糖转运

体基因(*UDP-GalT1* 和 *UDP-GalT2*),互补试验证实它们具有 UDP-半乳糖底物特异性^[7]。Rollwitz 等则在拟南芥中鉴定到一个新的 UDP-半乳糖蛋白 *AtNST-KT1*^[8]。Handford 等研究发现,拟南芥 *AtUTR7* 调控了 UDP-半乳糖和 UDP-葡萄糖的运输,进而影响侧根的发育^[9]。Seino 等基于拟南芥 UDP-galactose transporter 序列比对,鉴定到水稻同源基因,并克隆了 4 个 *OsUGT* 基因,分别编码 350、337、345 和 358 个氨基酸残基^[10];互补试验证实 *OsUGT1*、*OsUGT2*、*OsUGT3* 可参与介导 UDP-半乳糖的运输,而 *OsUTG4* 则介导了 UDP-葡萄糖的运输。苏莹等基于同源比对鉴定到具有 UDP-半乳糖和 UDP-鼠李糖转运活性的水稻 *OsURGT1*,氨基酸残基数为 331 个,可能参与多种激素调控途径和逆境胁迫调控途径^[11]。

苦荞是我国的特色杂粮作物,主要种植于西南高寒地区^[12]。苦荞生育期短,同时具有耐贫瘠、耐冷凉、耐干旱等特性,加之其营养保健功能突出,深受人们的喜爱^[13-14]。不过,作为一种小宗作物,苦荞栽培驯化时间短,基础研究开展较为滞后,开展与苦荞糖运输及调控机制的相关研究工作,可为探索苦荞生长发育与产量形成提供科学参考。本研究首次对苦荞 UDP-半乳糖转运基因家族 *FtUTR*

收稿日期:20201-04-14

基金项目:国家自然科学基金(编号:32060511);贵州省科技支撑计划(编号:黔科合 ZC[2019]2298);贵州省高层次创新型人才“千层人才”项目;贵州省荞麦种质资源保育及创新重点实验室建设基金(编号:黔教合 KY[2017]002);贵州省研究生教育创新计划(编号:黔教合 YJSCXJH[2020]100)。

作者简介:石桃雄(1980—),女,宁夏石嘴山人,博士,副教授,研究方向为荞麦数量遗传学, E-mail:shitaoxiong@126.com;共同第一作者:汪 燕(1985—),女,重庆人,博士,副教授,研究方向为荞麦种质资源创新与遗传育种, E-mail:yanwanguf@163.com。

通信作者:梁成刚,博士,副教授,研究方向为荞麦遗传育种。 E-mail:jesselcg@163.com。

基因进行筛选、鉴定与生物信息学分析,明确 *FtUTR* 基因信息及编码蛋白理化特性、系统发育关系,并结合转录组测序分析苦荞 *FtUTR* 的表达模式等,为苦荞糖类运输的分子调控机制等相关研究提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

基于拟南芥 TAIR 基因库 (<https://www.arabidopsis.org/about/datasources.jsp>) 中查询获得的 *AtUTR* 基因序列和苦荞转录组测序数据库的基因功能注释,进行序列同源比对,筛选并鉴定苦荞 *FtUTR* 基因。

1.2 苦荞 *FtUTR* 基因及编码蛋白的序列分析

登陆 NCBI 网站 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) 进行苦荞 *FtUTR* 基因的最长开放阅读框编码蛋白(MaxORF)及编码蛋白的氨基酸序列预测。登陆 ExPasy 网站 (<https://web.expasy.org/protparam/>) 进行苦荞 *FtUTR* 编码蛋白的氨基酸残基数、蛋白分子质量、等电点、疏水性和脂肪族氨基酸指数的预测。登陆蛋白结构预测网站 (<http://smart.embl-heidelberg.de/>) 进行苦荞 *FtUTR* 蛋白的跨膜结构功能域预测。利用 DNAMAN 软件分析

FtUTR 氨基酸序列的保守位点。利用 MEGA 5.0 软件 Cluster W 进行 *FtUTR* 氨基酸序列多重序列比对分析,使用 Neighbor-joining 法进行蛋白聚类分析,重复次数设置为 1 000 次。

1.3 苦荞 *FtUTR* 基因的表达与相关性分析

试验于 2018 年在贵州省荞麦工程技术研究中心基地进行,在苦荞出苗后 5、10、15 d 对基部茎进行转录组测序和基因表达分析,并鉴定差异表达基因(DEGs)。利用 MeV 软件制作 *FtUTR* 基因的表达量热图,SPSS 19.0 进行 *FtUTR* 基因表达量的相关性分析。

2 结果与分析

2.1 苦荞 *FtUTR* 基因及蛋白序列分析

基于转录组测序的基因功能注释与拟南芥 *AtUTR* 序列比对筛选到 9 个同源苦荞 *FtUTR* 基因。如表 1 所示,苦荞 *FtUTR* 序列在 1 920 ~ 5 975 bp 间,MaxORF 的氨基酸残基在 81 ~ 352 个间,分子量在 8 780.03 ~ 39 287.30 u 间,等电点在 4.88 ~ 9.80 间,疏水性在 -0.200 ~ 0.728 间,脂肪族氨基酸指数在 72.35 ~ 111.03 间。跨膜结构域预测发现 6 个 *FtUTR* 的 MaxORF 跨膜结构域在 2 ~ 8 个间,3 个 *FtUTR* 的 MaxORF 蛋白不含有跨膜结构域。

表 1 苦荞 *FtUTR* 基因序列分析

| 基因编号 | 基因序列 (bp) | 氨基酸 (个) | 分子量 (u) | 等电点 | 脂肪族氨基酸指数 | 疏水性 | 跨膜结构域数量(个) |
|---------------------|-----------|---------|-----------|------|----------|--------|------------|
| FtPinG0002689200.01 | 3 638 | 100 | 11 107.10 | 8.61 | 101.30 | 0.632 | 0 |
| FtPinG0001052700.01 | 2 347 | 332 | 36 840.07 | 9.56 | 93.43 | 0.277 | 5 |
| FtPinG0001901300.01 | 2 193 | 126 | 14 380.89 | 9.80 | 88.97 | 0.196 | 3 |
| FtPinG0006904300.01 | 2 647 | 111 | 13 194.41 | 4.88 | 106.22 | 0.462 | 0 |
| FtPinG0001931400.01 | 1 952 | 352 | 39 287.30 | 8.14 | 102.44 | 0.410 | 6 |
| FtPinG0003694100.01 | 5 975 | 339 | 37 165.05 | 9.16 | 111.03 | 0.728 | 8 |
| FtPinG0001931200.01 | 1 945 | 81 | 8 780.03 | 8.57 | 72.35 | -0.200 | 0 |
| FtPinG0006716700.01 | 1 920 | 180 | 19 900.70 | 5.49 | 105.61 | 0.350 | 2 |
| FtPinG0007731500.01 | 2 652 | 101 | 11 022.00 | 5.55 | 96.53 | 0.388 | 2 |

对苦荞 *FtUTR* 的 MaxORF 蛋白序列进行比对分析,结果发现 9 个苦荞 *FtUTR* 的 MaxORF 蛋白序列一致性仅为 19.14%。如图 1 所示,9 个蛋白间不存在完全共同保守位点,仅存在 19 个相对保守位点,说明 *FtUTR* 间氨基酸序列差异较大。

2.2 苦荞 *FtUTR* 蛋白序列分析

利用拟南芥 *AtUTR* 蛋白序列与苦荞 *FtUTR* 蛋白序列进行聚类分析,由图 2 可知,拟南芥

UTR1、UTR3 与苦荞 FtPinG0001052700.01、FtPinG0001901300.01 被聚为一小类;拟南芥 UTR2 与苦荞 FtPinG0001931400.01、FtPinG0006716700.01 被聚为一小类;拟南芥 UTR6 与苦荞 FtPinG0006904300.01 被聚为一小类;拟南芥 UTR7 与苦荞 FtPinG0003694100.01 被聚为一小类;另外,苦荞 FtPinG0007731500.01、FtPinG0002689200.01 和 FtPinG0001931200.01 被聚为一小类。

| | | |
|-------------------------|--|-----|
| FtPinG0001052700.01.seq |MELHSSGLRRVLLLSFCVAGIWTAYISQGVLQENLSTKRFGADEKRF | 47 |
| FtPinG0001901300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931400.01.seq |MKGNDQARSLFGICLSSRPVWHQFLICSSGFFFGYGLINGVCEEVYV | 47 |
| FtPinG0002689200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0003694100.01.seq | MASNSTMNPILPVTEASRGDDKLFKGSAMTKRGAYAAISYMSCAVLLILFNKAALSSYSF | 60 |
| FtPinG0006716700.01.seq | | 0 |
| FtPinG0006904300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0007731500.01.seq | | 0 |
| Consensus | | 0 |
| FtPinG0001052700.01.seq | EHLAFLN..LAQNVVCLFSY...MMIKLWSRSSVGGAPWSSFWAGITNTIGFAMGIE | 101 |
| FtPinG0001901300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931400.01.seq | NRLQFSYGYWYTFVQGFVYLA...LYMNGFTTKQMVNPWKTYVKLSAVLMGSHGLTKG | 103 |
| FtPinG0002689200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0003694100.01.seq | PSANVITLTFQMISSCTFLYAMRRSKMISFSASESLNVIDNPFVTLVPLETLTHTFPLAMAY | 120 |
| FtPinG0006716700.01.seq | | 0 |
| FtPinG0006904300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0007731500.01.seq | | 0 |
| Consensus | | 0 |
| FtPinG0001052700.01.seq | ALKYISYPGQVLAKSSKMPVMLMGALVYGR..YSTSEYICTLLVAGGVSMFALAKTSS | 159 |
| FtPinG0001901300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931400.01.seq | SLAFLNYPAQIMFKSTKVLFPVMMMGAFIPGLRRKYPVHEYISAVLLVGLLLFTLADANT | 163 |
| FtPinG0002689200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0003694100.01.seq | LLYMLVLTMEAVRGVNVPMYTTLRRTIVVFTMAMEYILVRQKYTSSIVGSVVLIVLGAFAVA | 180 |
| FtPinG0006716700.01.seq | | 0 |
| FtPinG0006904300.01.seq | | 0 |
| FtPinG0007731500.01.seq | | 0 |
| Consensus | | 0 |
| FtPinG0001052700.01.seq | KTISKLAHFNAPLGYGLCFVNLAFDGFTNATQDSITSRYPKTTAWDIMLGMNLWGTIYNL | 219 |
| FtPinG0001901300.01.seq | | 13 |
| FtPinG0001931200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0001931400.01.seq | SPN.....FSIIGILMISGALIMDSFLGNLQEAIFTVNPDTTQMEMLFCCTVVGLPMLI | 217 |
| FtPinG0002689200.01.seq | | 0 |
| FtPinG0003694100.01.seq | GAR...DLSFDSYGYAVVFLANITTAIYLATIARIIGKS..SGLNSFGLMWCNGIVCGPLLL | 236 |
| FtPinG0006716700.01.seq | | 44 |
| FtPinG0006904300.01.seq |M | 1 |
| FtPinG0007731500.01.seq | | 0 |
| Consensus | | 0 |
| FtPinG0001052700.01.seq | GLMFGWPQASGYEAIKFCQKQPEAAWDILFYCLCGAVGQNFIFLTIISRFGLTNTTITTT | 279 |
| FtPinG0001901300.01.seq | VFMFGWPQASGYEAIQFCQKQPEAAWDVLFYCLCGAVGQNFIFLTIISRFGLTNTTITTT | 73 |
| FtPinG0001931200.01.seq |MAVVAAENKAMRDKTETWPMKVAIASKTNTAYTYGCCHEHHARD | 45 |
| FtPinG0001931400.01.seq | PPMILITGELS..RAWSSCSQHPYVYAVLVFEAMATFIGQVSVLSLIALFGAATAMVTTA | 275 |
| FtPinG0002689200.01.seq |MRFQLASIIICFPLHILHQCPEPPVFTCSAATLITGLHFLATTSMTISV | 48 |
| FtPinG0003694100.01.seq | LWTVYRGDLS..LTMNFPHLFSFGFLVVMFECSLLAFLFLNYIFLNTTLNSAITQTICGNL | 295 |
| FtPinG0006716700.01.seq | PPMILITGELS..RAWSCSCQHPYVYAVLVFEAMATFIGQVSVLSLIALFGAATAMVTTA | 102 |
| FtPinG0006904300.01.seq | ELSFSRLEHS...KLDLVFSTDFAIFFVLYTYLSDSEDPNPLVDFICSFVYVENLFLISS | 58 |
| FtPinG0007731500.01.seq |MIAITGNLSQFTICIGRFSAVTFCVVLGHM | 28 |
| Consensus |s p f s i fg t t | |
| FtPinG0001052700.01.seq | RFVIVVSSLLSG.NFLSRNQGWSVFMVFSGLSYQIYLLKWKQLKQKTSKTI..... | 332 |
| FtPinG0001901300.01.seq | RFVIVVSSLLSG.NFLSKNQWASVFMVFSGLSYQIYLLKWKQLKQKRRKAT..... | 126 |
| FtPinG0001931200.01.seq | NSPVRIMGG..INIG.SPTTLQ..QNIISICTSSAFQNLVS..... | 81 |
| FtPinG0001931400.01.seq | RKAVTLLLSYLLFT.KPLTEQHGSGLLLMTMCIIILKMPVDPSSPKKQLPDFKEEEDQHQQ | 334 |
| FtPinG0002689200.01.seq | LKWLGIQPTHLPAVEVVKFVLFANFSIVGMNVSIMMNSVGFYQVSTNRSTS..... | 100 |
| FtPinG0003694100.01.seq | KDLFTIGLGLIFGGLFEDLLNVIGQLLGFISGGLYAYYKLMGK..... | 339 |
| FtPinG0006716700.01.seq | RKAVTLLLSYLLFT.KPLTEQHGSGLLLMTMCIIILKMPVDPSSPKKHLPDFKEEEDQHQQ | 161 |
| FtPinG0006904300.01.seq | NCVMCQDFFYFLMLKFLYCLLLIRNWIINSRSLYHAFTSFARPLELTWQLKS..... | 111 |
| FtPinG0007731500.01.seq | KTIFVLLILGMEFCKEGLNLHVVAGMSIALGMMWYGNASSKPGGRFPWSPVLETQLEE | 88 |
| Consensus |k v ll g pl g k k | |
| FtPinG0001052700.01.seq | | 332 |
| FtPinG0001901300.01.seq | | 126 |
| FtPinG0001931200.01.seq | | 81 |
| FtPinG0001931400.01.seq | VRLQIGNLDQNEETRPLV | 352 |
| FtPinG0002689200.01.seq | | 100 |
| FtPinG0003694100.01.seq | | 339 |
| FtPinG0006716700.01.seq | VRLQIGNLDQNEETRPLV | 179 |
| FtPinG0006904300.01.seq | | 111 |
| FtPinG0007731500.01.seq | QDKMLDVEAEGKA..... | 101 |
| Consensus | | |

图1 苦荞 FtUTR 蛋白氨基酸序列的比对分析

2.3 苦荞茎发育过程中 FtUTR 基因的表达分析

基于转录组测序,检测到 9 个 FtUTR 基因在苦荞出苗后 5、10、15 d 茎中均有表达,DEGs 鉴定发现 5 个 FtUTR 基因在不同时期茎中差异表达。由图 3-A 可知,不同时期茎 FtUTR 基因的表达量变化趋势不一致,主要存在表达量逐渐升高、逐渐降低、先升高后降低以及相对变化幅度较小的 4 种变化类型。由图 3-B 可知,1 个苦荞 FtUTR 差异表达基因

(FtPinG0001931200.01) 在出苗后 5 d 高表达;2 个苦荞 FtUTR 差异表达基因(FtPinG0001901300.01 和 FtPinG0002689200.01) 在出苗后 10 d 高表达;2 个苦荞 FtUTR 差异表达基因(FtPinG0001931400.01 和 FtPinG0001052700.01) 在出苗后 15 d 高表达,推测不同 FtUTR 基因可能在茎的特定发育阶段发挥功能。

2.4 苦荞 FtUTR 基因的相关性分析

对不同时期苦荞茎 FtUTR 基因的表达量进行

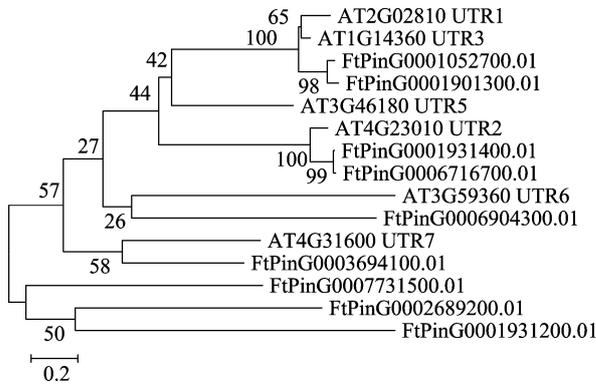


图2 苦荞 FtUTR 蛋白氨基酸序列聚类分析

相关性分析,由表 2 可知,*FtPinG0001931200.01* 与 *FtPinG0001052700.01*、*FtPinG0001931400.01* 呈显著或极显著负相关关系;*FtPinG0002689200.01* 与 *FtPinG0001901300.01* 呈极显著正相关关系,与 *FtPinG0001052700.01*、*FtPinG0001931400.01* 呈显著或极显著负相关关系;*FtPinG0001901300.01* 与 *FtPinG0001052700.01*、*FtPinG0001931400.01* 呈极显著负相关关系;*FtPinG0001052700.01* 与 *FtPinG0001931400.01* 呈极显著正相关关系。

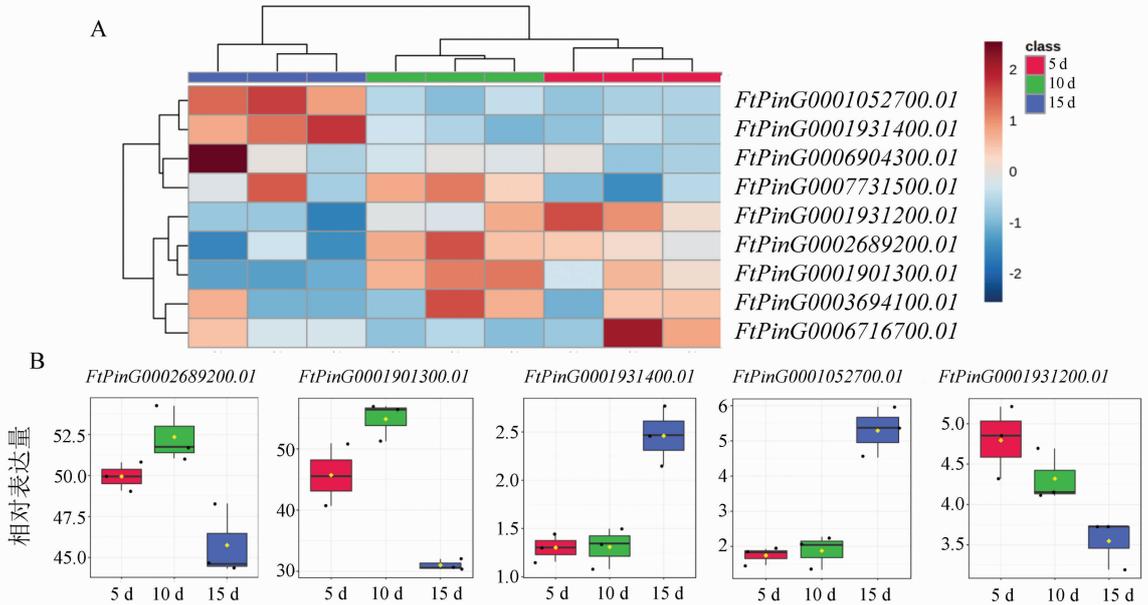


图3 苦荞茎不同发育期 FtUTR 的表达热图(A)与差异表达(B)基因分析

表 2 苦荞茎不同发育期 FtUTR 基因表达的相关性分析

| 基因 | 相关系数 | | | | | | | | |
|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| | <i>FtPinG0003694100.01</i> | <i>FtPinG0001931200.01</i> | <i>FtPinG0002689200.01</i> | <i>FtPinG0001901300.01</i> | <i>FtPinG0006716700.01</i> | <i>FtPinG0007731500.01</i> | <i>FtPinG0006904300.01</i> | <i>FtPinG0001052700.01</i> | <i>FtPinG0001931400.01</i> |
| <i>FtPinG0003694100.01</i> | 1.00 | 0.15 | 0.30 | 0.55 | 0.30 | 0.07 | 0.21 | -0.34 | -0.44 |
| <i>FtPinG0001931200.01</i> | | 1.00 | 0.60 | 0.57 | 0.09 | -0.38 | -0.25 | -0.74* | -0.87** |
| <i>FtPinG0002689200.01</i> | | | 1.00 | 0.84** | -0.29 | 0.33 | -0.44 | -0.79** | -0.77* |
| <i>FtPinG0001901300.01</i> | | | | 1.00 | -0.08 | 0.08 | -0.43 | -0.85** | -0.82** |
| <i>FtPinG0006716700.01</i> | | | | | 1.00 | -0.59 | -0.04 | 0.03 | 0.06 |
| <i>FtPinG0007731500.01</i> | | | | | | 1.00 | 0.15 | 0.25 | 0.13 |
| <i>FtPinG0006904300.01</i> | | | | | | | 1.00 | 0.50 | 0.23 |
| <i>FtPinG0001052700.01</i> | | | | | | | | 1.00 | 0.88** |
| <i>FtPinG0001931400.01</i> | | | | | | | | | 1.00 |

注: *、** 分别表示相关性显著 ($P < 0.05$)、极显著 ($P < 0.01$)。

3 讨论与结论

植物 UTR 蛋白介导的 UDP - 半乳糖跨膜运输对非纤维素多糖和糖蛋白合成具有重要作

用^[1-3,15]。基于拟南芥 UTR 序列,在作物中陆续开展了同源基因的相关研究。例如 Seino 等克隆得到了水稻 OsUGT1、OsUGT2、OsUGT3、OsUGT4,分别编码 350、337、345、358 个氨基酸残基^[10]。本研究基

于转录组测序的基因功能注释与拟南芥 *UTR* 同源基因进行比对,筛选到 9 个苦荞 *FtUTR* 基因。其中, *FtPinG0001052700.01*、*FtPinG0003694100.01*、*FtPinG0001931400.01* *FtUTR* 基因分别编码 332、339、352 个氨基酸残基,其余 6 个 *FtUTR* 基因的最长开放阅读框编码氨基酸序列较短。跨膜结构预测发现,氨基酸序列较长的 *FtUTR* 蛋白含有多个跨膜结构域,虽然 3 个 *FtUTR* 基因的 MaxORF 不存在跨膜结构域,不过它们的其他 ORF 编码蛋白含有跨膜结构域,因此,推测 9 个苦荞 *FtUTR* 基因均能介导跨膜运输。

Seino 等指出植物中存在多个 UDP-半乳糖转运基因,但相互间进化关系并不紧密^[10]。本研究发现,苦荞 9 个 *FtUTR* 蛋白间序列一致性仅为 19.14%,且不存在完全共同保守位点,仅含 19 个相对保守位点,说明苦荞不同 *FtUTR* 蛋白间序列保守性较低。不过,多个拟南芥 *AtUTR* 与苦荞 *FtUTR* 被聚在一起,例如拟南芥 *AtUTR2* 与苦荞 *FtPinG0001931400.01*、*FtPinG0006716700.01* 被聚为一小类,说明不同物种间 *UTR* 蛋白的进化关系较为紧密。

本研究发现苦荞茎不同发育时期 9 个 *FtUTR* 基因表达量变化趋势不一致,基于转录组差异基因分析共鉴定到 5 个 DEGs,其中 *FtPinG0001931200.01* 在出苗后 5 d 高表达;*FtPinG0001901300.01* 和 *FtPinG0002689200.01* 在出苗后 10 d 高表达;*FtPinG0001931400.01* 和 *FtPinG0001052700.01* 在出苗后 15 d 高表达。苦荞出苗后 5 d,幼苗正处于子叶期,营养物质由地下种子向地上部分运输,10 d 时幼苗正逐步完成由子叶期向真叶期的过渡,而 15 d 时植株则完全进入真叶期,因此,推测这些 *FtUTR* 可能在幼苗的特定发育阶段发挥作用。另外,4 个 *FtUTR* 基因在茎不同发育时期表达量无明显变化,表明它们可能在幼苗发育过程中持续发挥作用。相关性研究发现,苦荞中 *FtUTR* 基因中 5 个 DEGs 间存在多个显著正相关或负相关的关系,而其余 4 个 *FtUTR* 基因与其他 *FtUTR* 基因间不存在显著性相关,说明这些 DEGs 间可能协调发挥功能或相互间存在功能互补现象。本研究为下一步深入探索苦荞 *FtUTR* 调控 UDP-半乳糖运输以及生长发育提供了基础。

参考文献:

[1] Zimowski J. Characterization of UDP - galactose; tomatidine

- galactosyltransferase from tomato (*Lycopersicon esculentum*) leaves [J]. Acta Biochimica Polonica,1994,41(2):202-204.
- [2] Bergenstrahle A, Tillberg E, Jonsson L. Characterization of UDP - glucose: solanidine glucosyltransferase and UDP - galactose: solanidine galactosyltransferase from potato tuber[J]. Plant Science, 1992,84(1):35-44.
- [3] Norambuena L. Transport of UDP - galactose in plants[J]. Journal of Biological Chemistry,2002,277(36):32923-32929.
- [4] Sprong H, Degroote S, Nilsson T, et al. Association of the Golgi UDP - galactose transporter with UDP - galactose: ceramide galactosyltransferase allows UDP - galactose import in the endoplasmic reticulum[J]. Molecular Biology of the Cell,2003,14(8):3482-3493.
- [5] Khalil M F, Kajiura H, Fujiyama K, et al. The impact of the overexpression of human UDP - galactose transporter gene *hUGT1* in tobacco plants[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering,2010,109(2):159-169.
- [6] Reyes F, Marchant L, Norambuena L, et al. AtUTR1, a UDP - glucose/UDP - galactose transporter from *Arabidopsis thaliana*, is located in the endoplasmic reticulum and up - regulated by the unfolded protein response[J]. The Journal of Biological Chemistry, 2006,281(14):9145-9151.
- [7] Bakker H, Routier F, Oelmann S, et al. Molecular cloning of two *Arabidopsis* UDP - galactose transporters by complementation of a deficient Chinese hamster ovary cell line[J]. Glycobiology,2005,15(2):193-201.
- [8] Rollwitz I, Santaella M, Hille D, et al. Characterization of AtNST - KT1, a novel UDP - galactose transporter from *Arabidopsis thaliana* [J]. FEBS Letters,2006,580(17):4246-4251.
- [9] Handford M, Rodríguez - Furlán C, Marchant L, et al. *Arabidopsis thaliana* *AtUTR7* encodes a golgi - localized UDP - glucose/UDP - galactose transporter that affects lateral root emergence [J]. Molecular Plant,2012,5(6):1263-1280.
- [10] Seino J, Ishii K, Nakano T, et al. Characterization of rice nucleotide sugar transporters capable of transporting UDP - galactose and UDP - glucose[J]. Journal of Biochemistry,2010,148(1):35-46.
- [11] 苏莹,杜强,郭崇炎,等. 水稻 *OsUGT1* 基因的生物信息学及表达谱分析[J]. 华北农学报,2020,35(5):1-10.
- [12] 梁诗涵,李境,周达,等. 中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2020,18(21):7254-7266.
- [13] 国旭丹,王超楠,张婧,等. 苦荞抗氧化性与生长条件的相关性[J]. 中国粮油学报,2019,34(3):19-23,37.
- [14] 李俊,卢扬,赵刚,等. 苦荞芽苗茶饮料发酵前后营养、风味及抗氧化活性的变化[J]. 食品与机械,2019,35(7):187-192.
- [15] Reyes F, León G, Donoso M, et al. The nucleotide sugar transporters AtUTR1 and AtUTR3 are required for the incorporation of UDP - glucose into the endoplasmic reticulum, are essential for pollen development and are needed for embryo sac progress in *Arabidopsis thaliana*[J]. The Plant Journal,2010,61(3):423-435.