

王春芳,吕鹏雁,史慎奎,等. 谷子 *SiNF-YA1* 基因的单倍型和表达分析[J]. 江苏农业科学,2025,53(1):26-32.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.01.004

谷子 *SiNF-YA1* 基因的单倍型和表达分析

王春芳^{1,2}, 吕鹏雁¹, 史慎奎^{1,2}, 张需涵³, 林伟^{1,2}, 祁东梅^{1,2}

(1. 河北民族师范学院生物与食品科学学院,河北承德 067000; 2. 河北民族师范学院冀北山区杂粮产业协同创新中心,河北承德 067000;

3. 河北师范大学生命科学学院,河北石家庄 050024)

摘要:谷子(*Setaria italica*)具有较高的营养价值和较强的抗逆性,而谷子抽穗期是决定农作物品种适应性的重要性状,开展谷子抽穗期相关基因的单倍型变异规律研究,对培育高产高效新品种具有重要意义。NF-Y 家族作为一类转录因子,可以与启动子序列中的 CCAAT-box 结合,同时 NF-YA 是调控植物生长发育的重要转录因子。本研究对谷子 *SiNF-YA1* 基因进行生物信息学和表达量分析,发现谷子 *SiNF-YA1* 基因存在于谷子的 9 号染色体上,编码 266 个氨基酸,亚细胞预测该基因主要定位在细胞核内;在启动子 2 000 bp 以内,有 13 个光响应相关的顺式作用元件;该基因有 3 个主效单倍型,其中抽穗期优异单倍型 Hap2 分布范围在 113°E、37°N,Hap2 与其他 2 个分型相比,我国地方品种占比最大。以春谷(张谷、Ci107)和夏谷(Ci247、Ci175)为材料,发现谷子 *SiNF-YA1* 基因在不同光照条件下春谷和夏谷中的相对表达量差异显著,推测谷子 *SiNF-YA1* 基因可能受光周期调控,进而影响了谷子的抽穗期。本研究为 *SiNF-YA1* 基因后续的功能研究以及优异谷子品种的选育提供了一定的理论依据。

关键词:谷子;*SiNF-YA1* 基因;单倍型分析;抽穗期;光周期

中图分类号:S515.03 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)01-0026-07

谷子(*Setaria italica*)具有较高的营养价值和较强的抗逆性^[1]。谷子对光照、温度、湿度等环境极为敏感,是 C₄ 高光效、基因组较小的典型代表,其单倍型物理图谱已被绘制完成,是一种极具潜力的早生 C₄ 禾本科作物,已成为重要的模式植物^[2]。谷子为短日照作物,能在短日照下促进成花。抽穗期是谷子生长发育的重要阶段,决定了谷子的产量和栽培面积。光照是谷子生长的重要环境因素,可以促进谷子的光合作用,加快碳水化合物合成,提高谷子的生长速率和产量,对谷子的生长发育具有重要意义。根据谷子的来源地和播种时期,可将其种质资源分为春谷和夏谷 2 个群体。春谷和夏谷抽穗期稳定,对光和温度敏感,这使得它们成为评价光、温敏感性的良好材料。

NF-Y 是一种能与 CCAAT-box 结合的转录因子,主要有 3 个亚家族:NF-YA、NF-YB、NF-YC。NF-YB 与 NF-YC 在胞质中以二聚体形式转

运入核,与 NF-YA 组成 NF-Y 三元复合体。NF-YA、NF-YB 和 NF-YC 是植物生长发育的重要调控因子,它们在植物的生长发育方面都有重要的研究价值^[3]。

近年来,NF-Y 在各种植物中的功能逐渐被挖掘。研究者陆续发现了 NF-Y 家族的成员,广泛参与水稻、拟南芥、小麦和玉米等作物的生长发育过程^[4]。解亚蒙等的研究表明,小麦 *TaNF-YA1* 基因在转录水平上响应干旱胁迫,参与植物对干旱的适应性,能提高植物的抗旱性^[5]。王洁敏研究发现,过表达 *ZmNF-YA1* 基因能明显提高玉米的抗旱性,为玉米抗逆育种提供了新的技术途径^[6]。赵航研究发现,过表达 *NF-YA8* 的转基因植株在长短日照条件下均表现明显的晚花表型,说明拟南芥 *NF-YA8* 基因能够抑制开花时间^[7]。许婧的研究表明,过表达水稻 *OsNF-YA8* 基因与抽穗开花相关基因 *Hd3a* 启动子区域结合并抑制其表达,影响光周期过程^[8]。董秀春研究发现,*TaNF-YB3* 在长日照的表达水平高于短日照,说明 *TaNF-YB3* 基因优先响应长日照^[9]。以上研究成果为研究谷子 *SiNF-Y* 家族基因的生物学功能提供了理论依据。

单倍型分析技术在农作物领域应用广泛,如裔传灯等对水稻粒宽基因 *GS5* 的单倍型进行鉴定,该

收稿日期:2024-08-02

基金项目:承德市基础研究项目(编号:202305B093)。

作者简介:王春芳(1983—),女,河北丰宁人,博士,副教授,主要从事谷子分子育种研究。E-mail:wangchunfang18@126.com。

通信作者:祁东梅,博士,讲师,主要从事谷子功能基因研究。E-mail:dmqikaka@163.com。

研究结果为高产、优质水稻品种的选育和应用提供了理论依据^[10]。张林林等的研究表明,谷子 *SiTOCI* 基因可以调控抽穗时间,其早熟单倍型可用于分子育种的选择^[11]。姚琦等研究发现,*SiGI* 基因与抽穗期密切相关,该基因的 *Hap-6* 单倍型具有早熟且对产量影响较小的优点,是一种优良单倍型,可在分子育种中应用^[12]。张仁梁等运用 R 软件对单倍型进行了鉴别及可视化分析,探讨各单倍型之间的遗传变异、进化关系的规律^[13]。在此背景下,本研究选取 *SiNF-YA* 亚家族中的 *SiNF-YAI* 基因,采用生物信息学和表达量分析相结合的方法,进一步开展 *SiNF-YAI* 基因的功能研究,包括谷子 *SiNF-YAI* 基因的基本信息分析,单倍型分析和可视化,春、夏谷不同日照下的抽穗期相关的表达量以及谷子 *SiNF-YAI* 基因分型、品种与经纬度分析。以上这些分析为深入研究 *SiNF-YAI* 基因在谷子中的作用和分子机制奠定基础,尤其 *SiNF-YAI* 基因抽穗期单倍型的分析为优异谷子品种的选育提供了一定的参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

采用由中国农业科学院作物科学研究所提供的 5 个不同区域(2016 年新疆、2017 年齐齐哈尔、2020 年陕西榆林、2010 年海南、2016 年安阳)的谷子 *SiNF-YAI* 基因抽穗期数据。春谷(张谷、Ci107)和夏谷(Ci247、Ci175)中 *SiNF-YAI* 基因在不同光照下的相对表达量试验地点为河北省承德市河北民族师范学院杂粮基因资源与种质创新实验室(40.53°N,117.57°E)。

1.2 试验方法

1.2.1 *SiNF-YAI* 基因的序列查找及分析 利用在线网站查找序列并对其进行分析,在线网站信息见表 1。

表 1 谷子 *SiNF-YAI* 基因生物信息学分析项目及网站

分析项目	分析网站
基因序列信息	https://phytozome-next.jgi.doe.gov/
蛋白质理化性质	http://web.expasy.org/protparam/
亚细胞定位	http://www.softberry.com/
顺式作用元件	http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/

1.2.2 谷子 *SiNF-YAI* 基因的单倍型分析 采用 RStudio、Prism 等软件,参照 Zhang 等的研究方

法^[13],对单倍型进行可视化。利用 Ubuntu 网站,获得谷子 *SiNF-YAI* 基因与表型的相关性,并将其输出。使用 RStudio 对单倍型关联进行研究,统计其是否具有显著性差异。计算谷子 *SiNF-YAI* 基因分型的平均数与标准差,整理成表格,并绘制基因的变异位点。用 Excel 2007 将所有得到的变异位点整合,利用 Network 软件绘制谷子 *SiNF-YAI* 基因的单倍型可视化。

1.2.3 谷子 *SiNF-YAI* 基因的分型、品种与经纬度分析 通过 Excel 2007 对谷子 *SiNF-YAI* 基因的分型、品种数据文件作图,并用 PowerPoint 软件绘制。

通过 RStudio 对谷子 *SiNF-YAI* 基因分型、经纬度等数据进行处理,绘制成图。

1.2.4 谷子 *SiNF-YAI* 基因在不同光照条件下的表达量分析 参照张林林等的研究方法^[11],利用软件 GraphPad Prism 对春谷(张谷、Ci107)和夏谷(Ci247、Ci175)不同光照条件处理(长日照条件为 8 h 黑暗/16 h 光照,短日照条件为 16 h 黑暗/8 h 光照)的数据进行绘图。

2 结果与分析

2.1 谷子 *SiNF-YAI* 基因的基本信息分析

2.1.1 谷子 *SiNF-YAI* 基因序列信息 利用 Phytozome 数据库,得出 *SiNF-YAI* 基因的 ID 为 Seita.9G129400,全基因序列长 4 771 bp,存在于谷子的 9 号染色体,CDS 序列长 801 bp,基因位置在 8 142 983~8 147 753 bp 区间,编码蛋白序列存在 266 个氨基酸(表 2)。

表 2 *SiNF-YAI* 基因序列信息

名称	信息
基因号	Seita.9G129400
位置	谷子 9 号染色体
全基因序列长度(bp)	4 771
CDS 序列长度(bp)	801
编码蛋白序列长度(aa)	266
基因位置(bp)	8 142 983~8 147 753

2.1.2 谷子 *SiNF-YAI* 蛋白理化性质预测 利用 ProtParam tool 网站,得出谷子 *SiNF-YAI* 蛋白理化性质(表 3),该蛋白质相对分子质量为 28 192.55 u;存在 266 个氨基酸,其中甘氨酸(Gly)含量最高,为 10.3%,苯丙氨酸(Phe)含量最低,为 0.8%。该模型的等电点为 9.00,不稳定系数为 54.93,推测其不稳定;平均亲水系数为 -0.740,整体亲水性较好,疏

水性较差;脂肪族氨基酸系数为 60.98%,即大约有一半的氨基酸是脂肪族氨基酸。

表 3 SiNF - YA1 蛋白一级结构预测

名称	数值
氨基酸数目(个)	266
相对分子质量(u)	28 192.55
等电点	9.00
不稳定系数	54.93
脂肪族氨基酸系数(%)	60.98
平均亲水性	-0.740

2.1.3 谷子 SiNF - YA1 蛋白相互作用关系网络分析 利用 STRING 网站,SiNF - YA1 蛋白可与 NF - YB 亚家族蛋白发生相互作用。在 SiNF - YB 蛋白亚家族中存在 8 种能互作的蛋白,包括 SiNF - YB3、SiNF - YB2、SiNF - YB4、SiNF - YB14、SiNF - YB6、SiNF - YB9、NF - YB10 和 SiNF - YB5(表 4)。

表 4 NF - YA1 互作蛋白名称

基因号	蛋白名称
Seita. 3G213800(Si023400m)	NF - YB3(K3ZA33_SETIT)
Seita. 5G371200(Si003159m)	NF - YB2(K3XMN6_SETIT)
Seita. 9G365700(Si038696m)	NF - YB4(K4AII4_SETIT)
Seita. 4G125300(Si007865m)	NF - YB14(K3Y103_SETIT)
Seita. 1G302800(Si020091m)	NF - YB6(K3Z0M5_SETIT)
Seita. 4G125500(Si008357m)	NF - YB9(A0A368QTH6)
Si004874m	NF - YB10(K3Y2D4)
Seita. 2G384900(Si031069m)	NF - YB5(K3ZWT7_SETIT)

2.2 谷子 SiNF - YA1 基因的亚细胞定位分析 利用 Softberry 网站(<http://www.softberry.com/>),对谷子 SiNF - YA1 基因进行亚细胞定位分析,谷子 SiNF - YA1 基因在细胞核的位置权重是 6.16,在细胞膜的位置权重是 1.79,在胞外分泌的位置权重是 0.16,在线粒体的位置权重是 0.31,在过氧化物酶体的位置权重是 0.16,在叶绿体的位置权重是 0.36,在液泡的位置权重是 1.05。谷子 NF - YA1 基因在细胞核的位置权重占比最多,推测 SiNF - YA1 基因主要存在于细胞核中(表 5)。

表 5 SiNF - YA1 基因的亚细胞定位预测

位置	位置权重数值
细胞核	6.16
细胞膜	1.79
胞外分泌	0.16
细胞质	0.00
线粒体	0.31
内质网	0.00
过氧化物酶体	0.16
高尔基体	0.00
叶绿体	0.36
液泡	1.05

2.3 谷子 SiNF - YA1 基因的启动子作用元件分析 应用 PlantCARE 和 TBtools 软件,绘制出谷子 SiNF - YA1 基因启动子 2 000 bp 内的关键顺式作用元件的可视化(图 1)。在该基因启动子 2 000 bp 处,获得了 4 种共 13 个与光响应相关的顺式元件。由此推测该基因能够感受到光学信号,从而调控自身的表达,在不同的光照胁迫条件下,具有不同的转录调控功能,进而推测谷子 SiNF - YA1 基因可能参与了谷子抽穗期的调控。

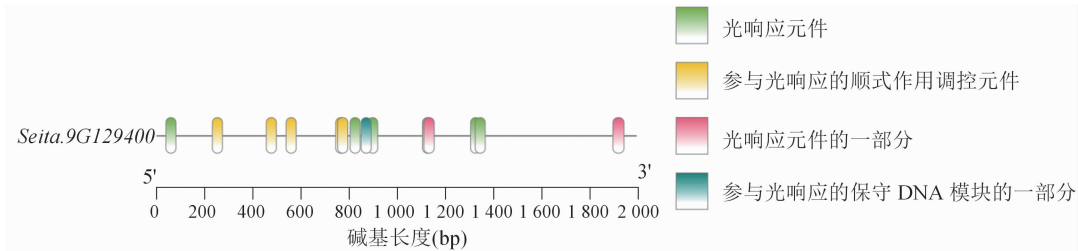


图1 SiNF - YA1 基因启动子 2 000 bp 序列光响应顺式作用元件

2.4 谷子 SiNF - YA1 基因的单倍型分析 对谷子 SiNF - YA1 基因及其启动子序列进行变异位点分析,结果(图 2)显示该基因启动子区共存在 27 个变异位点,CDS 区有 8 个变异位点,3' UTR 区有 18 个变异位点,包括 6 种单倍型,分别为 Hap1、Hap2、Hap3、Hap4、Hap5 和 Hap6。利用

Network 软件将谷子 SiNF - YA1 基因 6 种单倍型可视化如图 3 所示。这 6 种单倍型中存在 3 个主效单倍型(图 4),包括 Hap1(单倍型频率为 501)、Hap2(单倍型频率为 191)和 Hap4(单倍型频率为 15)。将 5 个地区的 3 种主效单倍型抽穗期数据进行了整理和分析(表 6),发现 Hap2 的抽穗期天数数据明显小

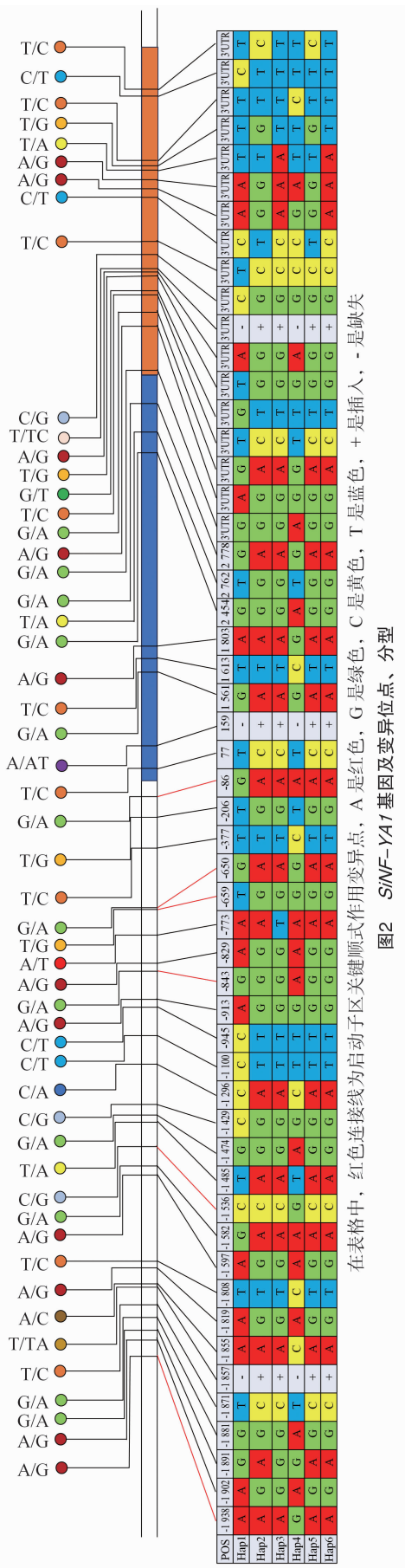


图2 *SiNF-YA1* 基因及变异位点、分型

在表格中，红色连接为启动子区关键顺式作用变异点，A 是红色，G 是绿色，T 是蓝色，+ 是插入，- 是缺失

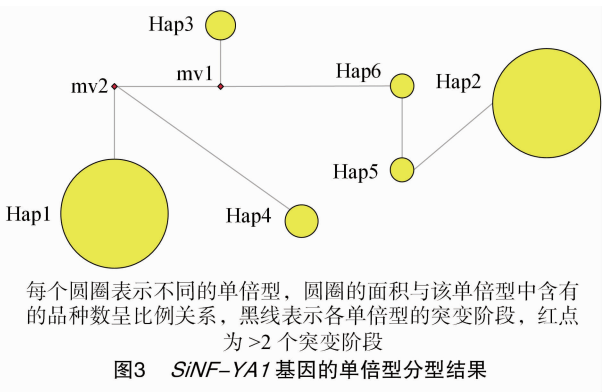


图3 *SiNF-YA1* 基因的单倍型分型结果

于 Hap1 和 Hap4,因此 Hap2 为抽穗期优异单倍型。

通过比较启动子主要分型差异位点,发现存在 6 个关键变异。由表 7 和图 2 可知,在启动子上游 1 938 bp 处(碱基为 A)、1 536 bp 处(碱基为 C)和 843 bp 处(碱基为 G),Hap1、Hap2 与 Hap4 存在差异,分别是 A/G、C/G、G/A 变异;在启动子上游 659 bp 处(碱基为 T)和 86 bp 处(碱基为 G),Hap2、Hap4 与 Hap1 存在差异,分别是 T/G、G/A 变异;在启动子上游 650 bp 处(碱基为 G),Hap1、Hap4 与 Hap2 存在差异,存在 G/A 碱基变异。综上所述,推测这 6 个 SNP 位点是谷子 *SiNF-YA1* 基因抽穗期调控的重要顺式作用变异位点。

2.5 谷子 *SiNF-YA1* 基因的分型、品种、经纬度分析

2.5.1 谷子 *SiNF-YA1* 基因不同分型的经纬度分析 对 5 个地区的谷子 *SiNF-YA1* 基因的经纬度数据进行绘图分析,结果(图 5)表明,3 个单倍型中 Hap1 的分布最广,集中于 126°E、46°N,Hap2 的分布范围在 113°E、37°N,Hap4 分布较分散,主要分布在 111°E、32°N 附近。

2.5.2 谷子 *SiNF-YA1* 基因不同分型的品种分析

对 5 个地区的谷子 *SiNF-YA1* 基因的品种数据进行绘图分析,结果(图 6)表明,3 个单倍型中,Hap1 分型我国地方品种占比最多,为 53%,栽培品种占比为 34%,国外品种占比为 12%,野生近缘种仅占 1%;Hap2 分型我国地方品种占比最多,为 66%,栽培品种占比为 25%,国外品种占比为 8%,野生近缘种仅占 1%;Hap4 分型仅有我国地方品种和栽培品种,分别占 75% 和 25%,仍是我国地方品种占比最多。

2.6 谷子 *SiNF-YA1* 基因在不同光照条件下的相对表达量分析

本试验以春谷、夏谷为材料,采用不同光温处

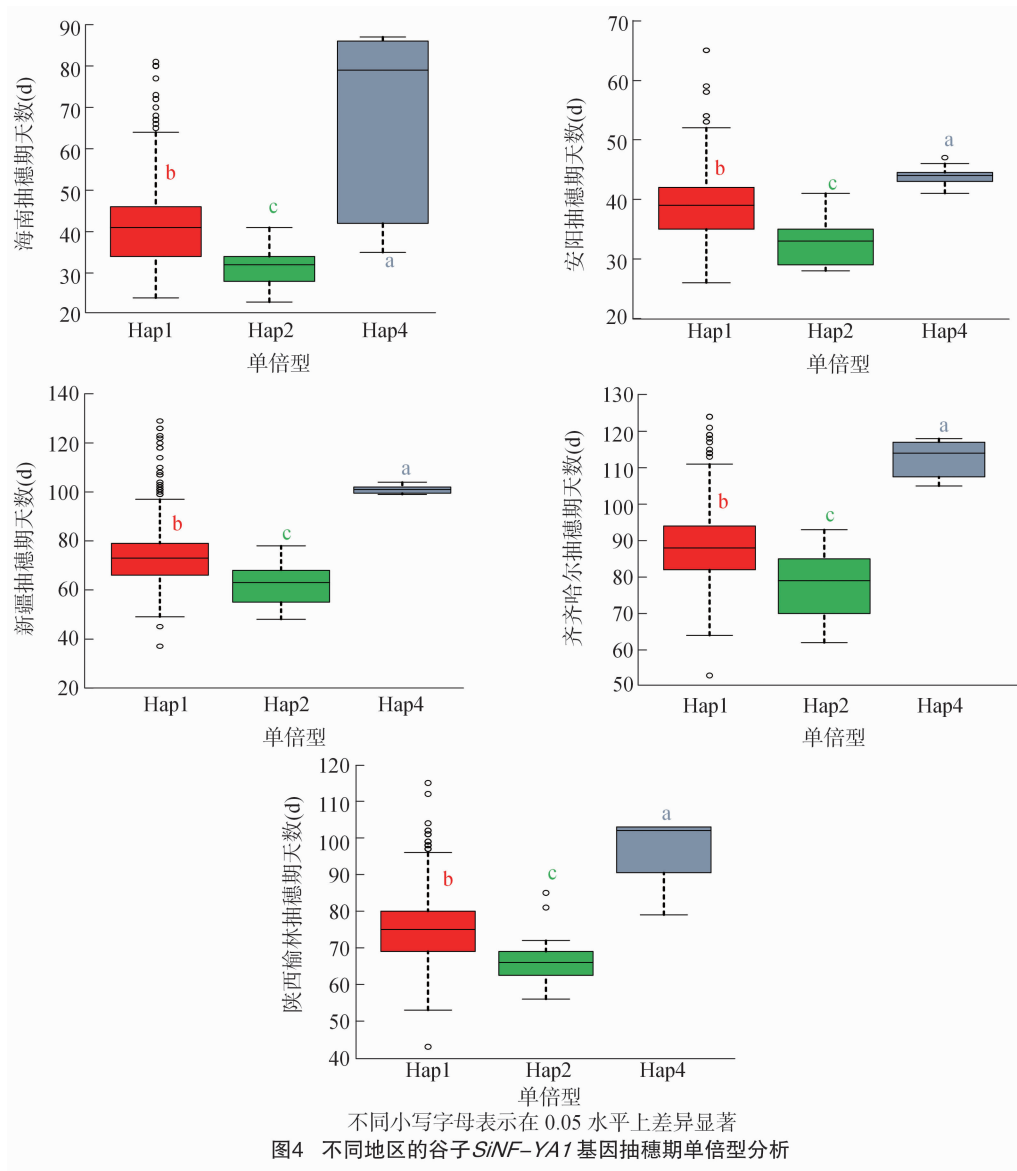


表 6 *SiNF-YA1* 不同单倍型抽穗期天数统计

单倍型	抽穗期天数(d)				
	2020 年陕西榆林	2017 年齐齐哈尔	2016 年新疆	2016 年安阳	2010 年海南
Hap1	75.611 ± 8.639b(529)	88.810 ± 9.059b(526)	73.693 ± 10.711b(534)	39.263 ± 5.208b(533)	41.112 ± 10.039b(517)
Hap2	74.549 ± 9.598c(235)	86.641 ± 10.520c(231)	71.843 ± 12.966c(236)	37.593 ± 5.594c(236)	40.222 ± 8.211c(230)
Hap4	96.250 ± 9.047a(12)	112.417 ± 4.443a(12)	100.917 ± 1.605a(12)	44.000 ± 1.472a(12)	67.000 ± 21.720a(8)

注:抽穗的天数均以平均值 ± 标准差表示;括号中数字表示材料的份数;同列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

表 7 *SiNF-YA1* 基因启动子关键顺式作用元件变异

变异类型	位置 (bp)	Hap1	Hap2	Hap4
A/G	-1 938	A	A	G
C/G	-1 536	C	C	G
G/A	-843	G	G	A
T/G	-659	T	G	G
G/A	-650	G	A	G
G/A	-86	G	A	A

理,通过对春谷(张谷,Ci207)和夏谷(Ci247,Ci175)中*SiNF-YA1*基因的相对表达量进行比较,结果(图7)表明,该基因的春、夏谷在长日和短日照条件下的表达水平有明显的不同。在短日照条件下,春谷中*SiNF-YA1*基因表达量显著低于夏谷中该基因的表达量(图7-a);在长日照条件下,春谷中*SiNF-YA1*基因表达量极显著高于夏谷中该基因的表达量(图7-b)。

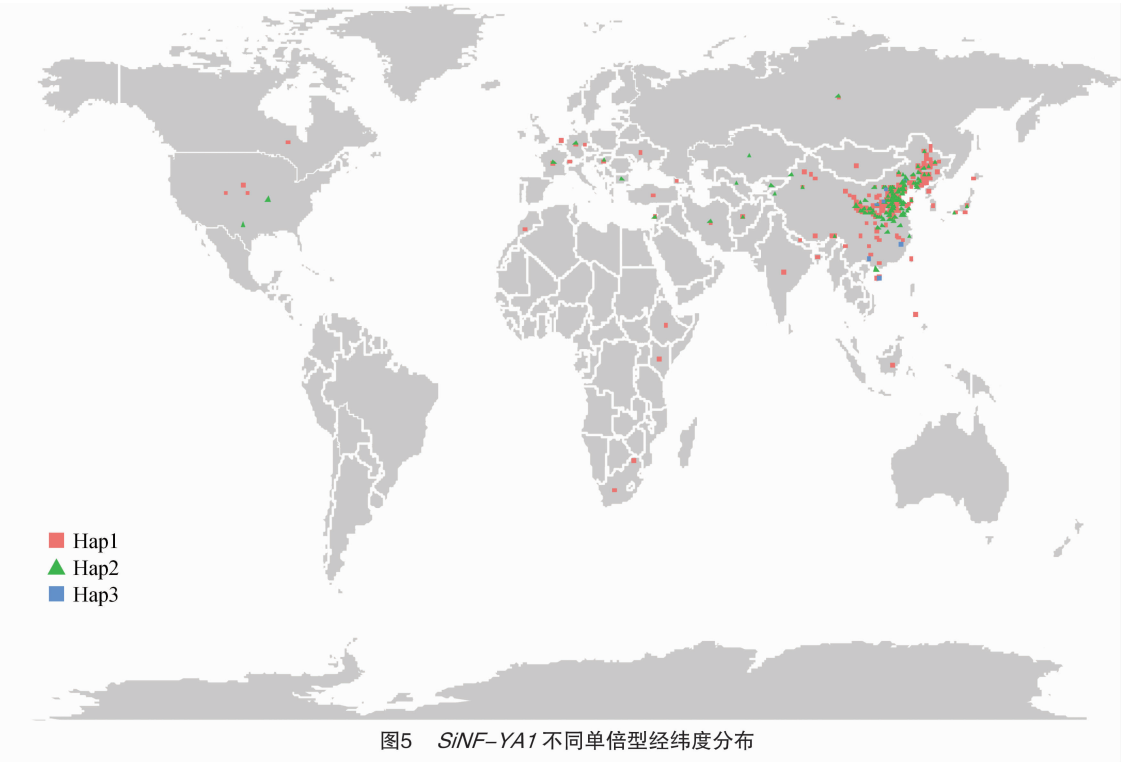


图5 *SiNF-YA1* 不同单倍型经纬度分布

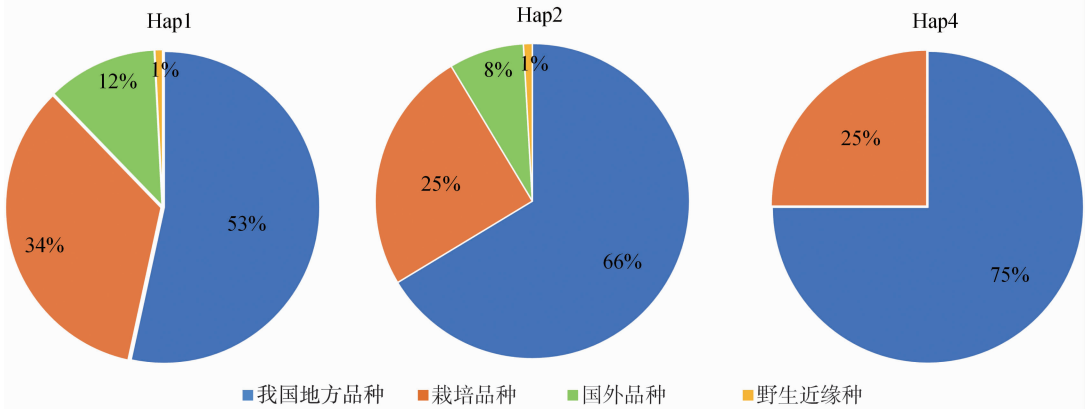


图6 *SiNF-YA1* 不同单倍型品种统计

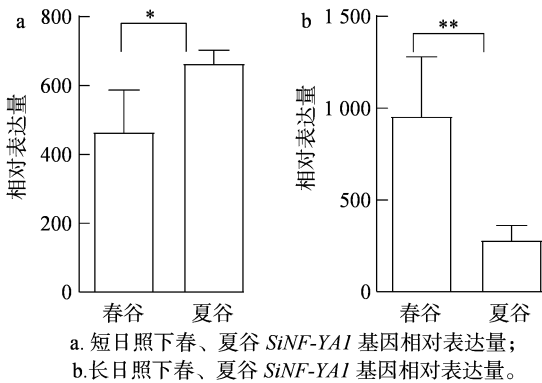


图7 长短日照处理下春、夏谷 *SiNF-YA1* 基因相对表达量

3 讨论与结论

NF-YA 是植物 NF-Y 转录因子的关键构成

亚基,在植物生长发育、抗逆及耐逆性等方面发挥着重要作用^[4,14]。近年来,NF-YA 在各种植物中的功能逐渐被发现,前人的研究表明,NF-YA 是一类广泛存在于植物生长发育中的重要调节因子,在演化过程中存在着大量的遗传冗余及功能分化,发现 NF-YA 在植物中可能具有更为复杂的功能,这将为植物适应复杂多变的环境提供新的理论依据^[15]。殷书欣等从大豆中克隆出 *GmNF-YA7* 基因,发现其位于大豆 8 号染色体上,编码含有 336 个氨基酸,对 *GmNF-YA7* 进行亚细胞定位分析,发现其定位在细胞核内^[16]。本研究发现,谷子 *SiNF-YA1* 基因位于 9 号染色体,全基因序列为 4 771 bp, CDS 序列为 801 bp,编码蛋白序列为 266 个氨基酸,理论等电点(pI)为 9.00,蛋白质为亲水蛋白。根据

亚细胞定位结果,谷子 *SiNF-YAI* 基因极有可能位于细胞核中,并可能通过特异蛋白调控基因的表达和加工。徐珍珍等研究发现,异常棉 *GoanoNF-YA* 基因 5'上游 2 000 bp 的区域含有光应答等顺式作用元件^[17]。本研究发现谷子 *SiNF-YAI* 基因的启动子区共包含 13 个光响应的顺式作用元件,推测其可能在谷子抽穗期中发挥重要作用,这为研究谷子 *SiNF-YA* 家族基因的生物学功能提供了理论依据。

前人利用候选基因关联分析在作物中进行了许多功能基因的研究。张林林等通过对 *SiTOCI* 基因编码区及启动子区单倍型的分析,筛选出主效位点,发现早熟的优异主效单倍型适合用于分子育种^[11]。本研究发现,5 个区域(陕西榆林、齐齐哈尔、新疆、安阳、海南)均存在 3 个单倍型,且 3 个单倍型数和分型数及抽穗期数据均相同,由此推测,该基因可能与谷子抽穗期紧密关联。桑璐曼等研究发现,谷子热激蛋白 *HSP90* 基因启动子区有一段核心序列发生了改变,这个改变可能使转录因子无法对茉莉酸甲酯进行应答,从而影响谷子的抗旱性^[18]。本研究发现谷子 *SiNF-YAI* 基因存在 6 个关键变异,其分别在启动子上游 1 938、1 536、843、659、650、86 bp 处存在差异,这 6 个位置的碱基均发生变化,推测这 6 个 SNP 位点可能是影响谷子 *SiNF-YAI* 基因抽穗期的关键顺式作用变异位点。

谷子属光照敏感型作物,在光照条件差异大的情况下,对光照条件的适应能力较弱。近几年,以豫谷 18、中谷 2 号等为代表的广适型谷子新品种相继被培育出来,这在一定程度上说明了开展谷子广适性育种的可行性。

本研究通过对谷子 *SiNF-YAI* 基因抽穗期的单倍型分析可知,该基因的主效单倍型分型共 3 种, Hap2 抽穗期最短,为优异单倍型。启动子区发现存在 6 个关键变异,推测谷子 *SiNF-YAI* 基因与谷子抽穗期紧密关联,6 个 SNP 位点是抽穗期调控的重要顺式效应变异位点。

谷子 *SiNF-YAI* 基因的抽穗期优异单倍型 Hap2 分布范围在 113°E、37°N,3 个分型的品种均以我国地方品种为主, Hap2 较其他 2 个分型相比,我国地方品种占比最大,为 66%。

受地理位置和光照条件的影响,谷子在生育期内抽穗天数不同,可分为春谷、夏谷 2 种类型。本研究在不同光周期处理下谷子 *SiNF-YAI* 基因春谷

和夏谷的数据基因相对表达量差异显著或极显著,推测谷子 *SiNF-YAI* 基因可能受光周期调控,从而影响了谷子的抽穗期,这为深入研究谷子 *SiNF-YAI* 基因的生物学功能奠定了基础。

参考文献:

- [1] 贾冠清,刁现民. 谷子[*Setaria italica*(L.)P. Beauv.]作为功能基因组研究模式植物的发展现状与趋势[J]. 生命科学,2017,29(3):292-301.
- [2] Jia G Q, Huang X H, Zhi H, et al. A haplotype map of genomic variations and genome-wide association studies of agronomic traits in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. Nature Genetics, 2013, 45(8): 957-961.
- [3] 李世贵,马 瑞,王芳芳,等. 植物 NF-Y 转录因子研究进展[J]. 植物生理学报,2021,57(2):248-256.
- [4] 许 婧,牛百晓,陈 忱. NF-Y 转录因子调控植物生长发育的功能研究进展[J]. 植物生理学报,2022,58(7):1191-1200.
- [5] 解亚蒙,赵晓蕾,白菁华,等. 小麦 NF-Y 家族基因 *TaNF-YAI* 介导植株耐旱功能研究[J]. 河北农业大学学报,2023,46(1): 1-9.
- [6] 王洁敏. 过表达 *ZmPP2AA1* 基因和 *ZmNF-YAI* 基因对玉米植株抗逆性的影响[D]. 济南:山东大学,2017:62-63.
- [7] 赵 航. 拟南芥 NF-YA8 调控幼年向成年阶段转型及开花时间的分子机理研究[D]. 泰安:山东农业大学,2020:80.
- [8] 许 婧. 水稻 NF-Y 转录因子家族基因 *OsNF-YA8* 的功能分析[D]. 扬州:扬州大学,2022:57.
- [9] 董秀春. 小麦春化相关基因 *TaVRN2* 和 NF-Y 家族基因 *TaNF-YB3* 的分离与功能分析[D]. 泰安:山东农业大学,2011:111.
- [10] 裔传灯,王德荣,蒋 伟,等. 水稻粒宽基因 *GS5* 的功能标记开发 and 单倍型鉴定[J]. 中国水稻科学,2016,30(5):487-492.
- [11] 张林林,智 慧,汤 沙,等. 谷子抽穗时间基因 *SiTOCI* 的表达与单倍型变异分析[J]. 中国农业科学,2021,54(11):2273-2286.
- [12] 姚 琦,智 慧,孟 强,等. 谷子抽穗期基因 *SiGI* 的表达与单倍型变异分析[J]. 植物遗传资源学报,2024,25(9):1552-1564.
- [13] Zhang R L, Jia G Q, Diao X M. GeneHapR: an R package for gene haplotypic statistics and visualization [J]. BMC Bioinformatics, 2023, 24(1):199.
- [14] 徐珍珍,季 为,陈祥龙,等. 异常棉 NF-YA 家族基因鉴定及其在干旱胁迫下的表达分析[J]. 江苏农业学报,2023,39(6): 1265-1274.
- [15] 王园园,赵春月,孙润润,等. 亚洲棉 NF-YA 基因家族的全基因组鉴定及表达分析[J]. 分子植物育种,2021,19(14): 4564-4573.
- [16] 殷书欣,计俊杰,肖 情,等. 干旱诱导基因 *GmNF-YA7* 克隆及植物表达载体构建[J]. 大豆科学,2022,41(1):43-48.
- [17] 徐珍珍,季 为,陈祥龙,等. 异常棉 NF-YA 家族基因鉴定及其在干旱胁迫下的表达分析[J]. 江苏农业学报,2023,39(6): 1265-1274.
- [18] 桑璐曼,汤 沙,张仁梁,等. 谷子热激蛋白 *HSP90* 基因家族鉴定及分析[J]. 植物遗传资源学报,2022,23(4):1085-1097.