

姜泽锴,徐 宁,王明海,等. 干旱胁迫 24 h 不同绿豆品种的转录组分析[J]. 江苏农业科学,2025,53(22):66-72.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.22.008

# 干旱胁迫 24 h 不同绿豆品种的转录组分析

姜泽锴<sup>1,2</sup>, 徐 宁<sup>2</sup>, 王明海<sup>2</sup>, 邓鲲鹏<sup>2</sup>, 兰天娇<sup>2</sup>, 程钰鑫<sup>2</sup>, 包淑英<sup>2</sup>, 窦金光<sup>2</sup>,  
韩 丹<sup>2</sup>, 徐亚鹏<sup>3</sup>, 王 涵<sup>1,2</sup>, 郭中校<sup>1,2</sup>

(1. 吉林农业大学农学院, 吉林长春 130118; 2. 吉林省农业科学院作物资源研究所, 吉林公主岭 136100;  
3. 延边大学农学院, 吉林延吉 133000)

**摘要:**为了筛选出与绿豆抗旱性相关的差异表达基因,从 277 份绿豆种质资源中选出耐旱性良好的绿丰 2 号和耐旱性较差的 LD0146,采用 24% 的 PEG-6000 溶液模拟干旱胁迫,在 24 h 后对其萌发期样本进行转录组测序(RNA-Seq)分析。基于差异倍数  $|\log_2(\text{Fold Change})| \geq 1$  且  $P \leq 0.05$  的筛选标准,获得若干显著差异表达基因(DEG),这些基因涉及氨基酸代谢过程、氧化压力响应和碳代谢等重要代谢途径,其中 *jg18845*、*jg2723*、*jg143* 这 3 个差异表达基因已被证明与抗旱性有关。在基因本体(GO)数据库中,差异表达基因显著富集于代谢过程和生物合成等生物过程。在京都基因与基因组百科全书(KEGG)数据库中,差异表达基因显著富集于光合作用、碳代谢等关键代谢途径。研究结果表明,耐旱绿豆品种通过调节这些关键代谢途径和基因表达,在干旱胁迫下维持了生长和代谢活动。

**关键词:**绿豆;干旱胁迫;萌发期;基因表达;功能富集分析

**中图分类号:**S522.01 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)22-0066-07

绿豆(*Vigna radiata*)隶属于豆科(Leguminosae)蝶形花亚科(Papilionaceae)菜豆族(Phaseoleae)豇豆属(*Vigna*),染色体组为  $2n = 22$ 。绿豆是我国重要的食用豆类之一,在促进农业种植业结构调整和加快乡村振兴方面发挥着重要作用。干旱作为一种主要的非生物胁迫因素,对我国半干旱和干旱地区的农业生产造成了严重影响。绿豆的根系不发达,耐旱性较差,在萌发阶段表现尤为明显<sup>[1]</sup>。因此,筛选耐旱种质资源、挖掘耐旱基因、培育耐旱品种,是绿豆应对干旱的关键策略。

近年来,转录组学已成为推动豆类作物遗传改良和功能食品开发的重要工具。依托菜豆转录组数据开发的 EST-SSR 标记,有效地解析了菜豆种质的遗传多样性和亲缘关系,并构建了分子身份证<sup>[2]</sup>。

笔者所在课题组前期对耐旱材料和敏感材料

在干旱胁迫和对照条件下处理 24 h 后的胚进行转录组测序(RNA-Seq),通过分析比较 4 个组合的差异表达基因和代谢通路,深入理解绿豆萌发期耐旱的分子机制,旨在为开展绿豆耐旱种质创新奠定理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料及胁迫处理

本研究选用 2 个品种作为试验材料,分别为耐旱性良好的绿丰 2 号(DT)和耐旱性较差的 LD0146(DS)。

为模拟干旱胁迫条件,采用 24% 的 PEG-6000 溶液作为渗透剂(胁迫 24 h),而对照组则使用蒸馏水(胁迫 0 h),将 2 个品种消毒后的种子放入装有渗透剂或蒸馏水的培养皿中,每个处理设置 3 次生物学重复。24 h 后采集 2 个品种胁迫处理和对照条件下的胚芽进行液氮速冻,并储存于  $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中备用。

### 1.2 RNA 提取、文库构建与测序

使用天根 RNAprep Pure Plant Plus Kit 试剂盒提取样品总 RNA,提取后通过 Agilent 2100 生物分析仪检测 RNA 的完整性。随后,利用 Oligo(dT)磁珠富集带有 polyA 尾的 mRNA,并通过离子打断将 mRNA 打断至 250~300 bp 的片段,构建 mRNA 文

收稿日期:2024-12-24

基金项目:国家现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-08-Z8)。

作者简介:姜泽锴(2000—),男,山东济南人,硕士研究生,主要研究方向为作物遗传育种。E-mail:135167933@qq.com。

通信作者:郭中校,博士,研究员,主要研究方向为食用豆种质资源耐旱、耐盐碱、抗虫象等鉴定与种质创新及食用豆高产优质新品种选育及栽培技术。E-mail:guozhx@cjaas.com。

库。基于 Illumina NovaSeq 6000 平台进行双末端测序,总 RNA 提取、cDNA 文库构建及测序均委托北京诺禾致源科技股份有限公司完成。耐旱性强的品种萌发 24h 后,对照样品命名为 DT24(3 次重复分别命名为 DT24\_1、DT24\_2、DT24\_3),胁迫处理样品命名为 DTT24(3 次重复分别命名为 DTT24\_1、DTT24\_2、DTT24\_3)。早敏感品种萌发 24h 后,对照样品命名为 DS24(3 次重复分别命名为 DS24\_1、DS24\_2、DS24\_3),胁迫处理样品命名为 DST24(3 次重复分别命名为 DST24\_1、DST24\_2、DST24\_3)。设置 4 个比较组合,分别为 DTT24 与 DT24、DTT24 与 DST24、DST24 与 DS24、DT24 与 DS24。

### 1.3 生物信息学分析

对 Illumina NovaSeq 6000 平台测序产生的原始数据(raw data)进行质量控制,去除接头序列和低质量 reads,生成 clean reads。使用 HISAT2 软件将 clean reads 比对到绿豆品种参考基因组。比对完成后,统计每个基因的覆盖 reads 数,并通过 FPKM (Fragments Per Kilobase of exon model per Million mapped reads)方法计算基因的表达量及 4 个比较组合重复样品间的 Pearson 相关系数<sup>[3]</sup>。4 个比较组合差异表达基因(DEG)的筛选分析通过 DESeq2 软件完成,筛选标准为  $|\log_2(\text{Fold Change})| \geq 1, P \leq 0.05$ <sup>[4]</sup>。对筛选出的差异表达基因进行 GO (Gene

Ontology)富集分析以及 KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)通路分析,以揭示这些基因在生物学功能和代谢途径中的作用。

## 2 结果与分析

### 2.1 转录组测序结果评估和结果统计

Illumina 测序结果(表 1)显示,12 个样品在质控后共获得总读数 516 Gb 的 clean data。各样品的碱基质量值 Q20 均  $\geq 97.97\%$ , Q30 均  $\geq 94.22\%$ ,表明测序数据质量较高,碱基识别准确性良好。各样品的 GC 含量在 40.94% ~ 45.13% 之间。将 clean reads 比对到参考基因组上,总比对率均  $\geq 96.67\%$ 。由此可见,本次测序数据质量良好,能够满足后续分析的要求。

### 2.2 差异表达基因筛选

利用 DESeq2 软件以差异倍数  $|\log_2(\text{Fold Change})| \geq 1, P \leq 0.05$  标准筛选差异表达基因(图 1)。在比较组合 DTT 与 DT 中,检测到 4 561 个上调基因,5 465 个下调基因;在比较组合 DTT 与 DST 中,检测到 463 个上调基因,391 个下调基因;在比较组合 DST 与 DS 中,检测到 3 933 个上调基因,4 789 个下调基因;在比较组合 DT 与 DS 中,检测到 699 个上调基因,459 个下调基因。

表 1 转录组测序相关数据

样本名	测序总读数	质控后读数 (Gb)	错误率 (%)	总比对率 (%)	Q20 碱基百分比 (%)	Q30 碱基百分比 (%)
DT24_1	39 011 516	5.85	0.02	96.79	98.10	94.45
DT24_2	47 366 356	7.1	0.02	96.86	98.05	94.25
DT24_3	46 616 714	6.99	0.03	96.68	97.97	94.37
DTT24_1	43 406 784	6.51	0.02	96.97	98.10	94.28
DTT24_2	44 696 564	6.7	0.02	96.67	98.20	94.83
DTT24_3	44 806 552	6.72	0.03	96.99	98.00	94.66
DS24_1	41 944 766	6.29	0.02	96.79	98.10	94.82
DS24_2	41 181 366	6.18	0.02	96.86	98.05	94.69
DS24_3	40 221 298	6.03	0.03	96.68	97.97	94.22
DST24_1	43 398 352	6.51	0.02	96.97	98.10	94.71
DST24_2	38 758 614	5.81	0.02	96.67	98.20	94.72
DST24_3	45 545 284	6.83	0.03	96.99	98.00	94.88

### 2.3 差异表达基因的 GO 富集分析

利用 topGO 对绿丰 2 号、LD0146 的差异表达基因进行 GO 富集分析,涵盖了生物过程(biological process, BP)、细胞组分(cellular component, CC)和

分子功能(molecular function, MF)3 个方面。

由图 2 可知,在比较组合 DTT 与 DT 中,有关 BP 类别中共显著富集到 4 个分类条目,主要与外部封装结构(GO:0045229)、细胞壁组织(GO:0071555)、细胞

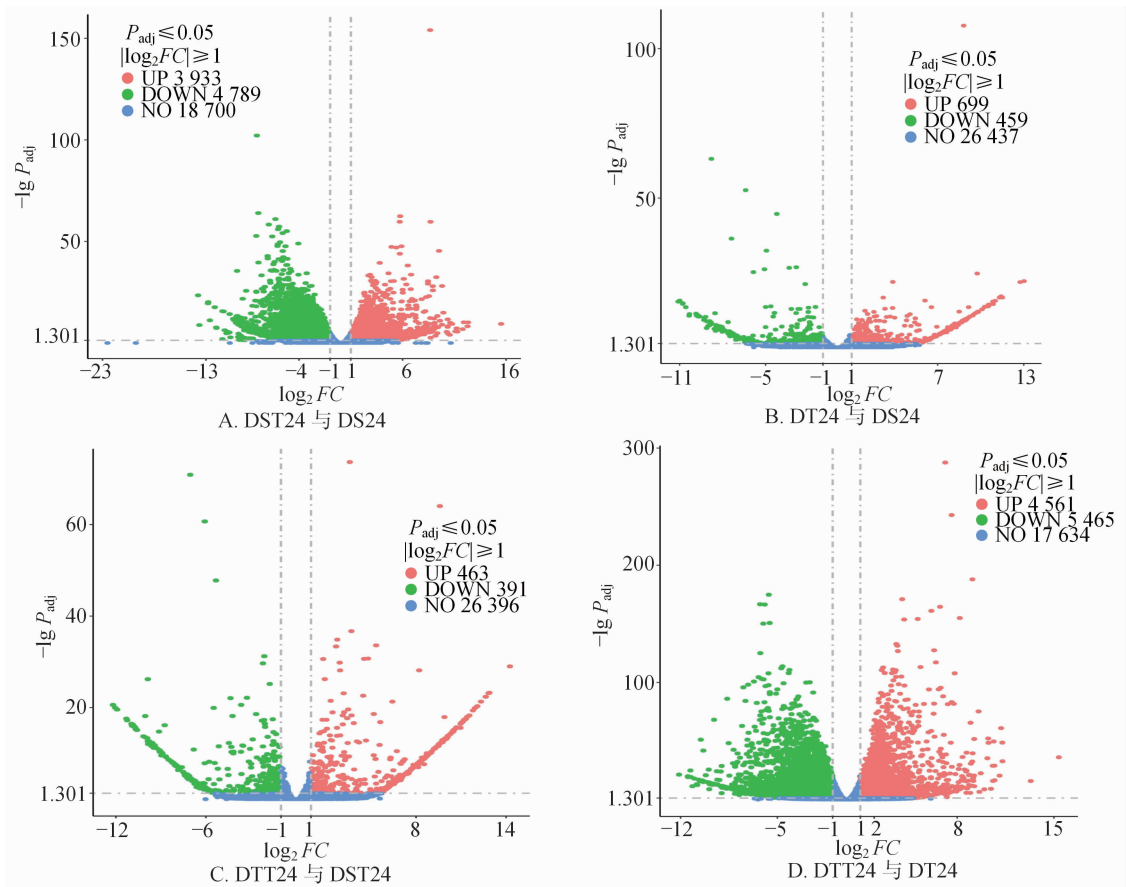


图1 差异表达基因火山图

壁修饰 (GO:0042545)、碳水化合物代谢过程 (GO:0005975) 有关;CC 类别显著富集到 4 个分类条目, 主要与细胞壁 (GO:0005618)、外部封装结构 (GO:0030312)、非原质体 (GO:0048046)、细胞外区域 (GO:0005576) 有关;MF 类别显著富集到 12 个分类条目, 主要与果胶酶活性 (GO:0030599)、木葡聚糖:木葡聚糖转移酶活性 (GO:0016762)、电子传递活性 (GO:0009055)、辅酶结合 (GO:0050662) 等功能有关。在比较组合 DIT 与 DST 中,BP、CC 均无显著性差异基因富集,MF 显著富集到 10 个分类条目, 主要与血红素结合 (GO:0020037)、四吡咯结合 (GO:0046906)、单加氧酶活性 (GO:0004497)、铁离子结合 (GO:0005506) 等功能有关。在比较组合 DST 与 DS 中,BP 类别中共显著富集到 12 个分类条目, 主要与低聚糖生物合成过程 (GO:0009312)、糖代谢过程 (GO:0005991)、外部封装结构 (GO:0045229)、细胞壁组织 (GO:0071555) 等功能有关;CC 类别显著富集到 1 个分类条目, 与肽酶复合体 (GO:1905368) 有关;MF 类别显著富集到 12 个分类条目, 主要与水解酶活性 (GO:0004553)、微管结合 (GO:0008017)、抗氧化活性 (GO:0016209)、丝氨酸型内

肽酶活性 (GO:0004252) 等功能有关。比较组合 DT 与 DS 中未显著富集到相关条目。

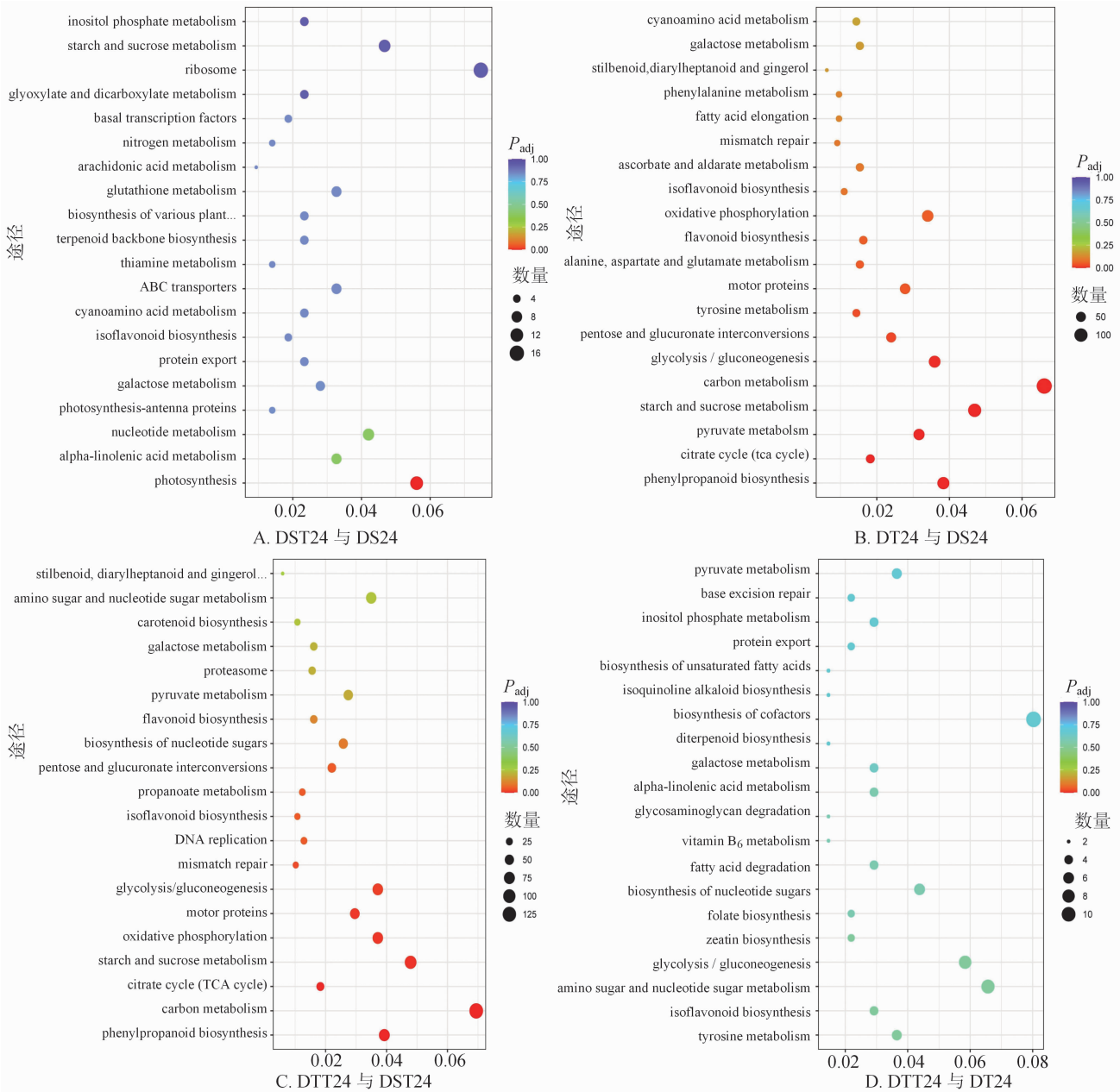
#### 2.4 差异表达基因的 KEGG 分析

对 4 个比较组合内筛选到的差异表达基因进行 KEGG 富集分析表明 (图 3), 在比较组合 DIT 与 DT 中, 显著富集到了糖酵解/糖元生成 (vra00010)、戊糖和葡萄糖醛酸的相互转化 (vra00040)<sup>[5]</sup>、酪氨酸代谢 (vra00350)、马达蛋白 (vra04814)、丙氨酸, 天门冬氨酸和谷氨酸代谢 (vra00250) 这 5 个代谢途径; 在比较组合 DST 与 DS 中, 显著富集到了淀粉和蔗糖代谢 (vra00500)、氧化磷酸化 (vra00190)、马达蛋白 (vra04814)、糖酵解/糖元生成 (vra00010)、错配修复 (vra03430) 等 9 个代谢途径<sup>[6]</sup>; 比较组合 DIT 与 DST、DT 与 DS 中均未显著富集到相关代谢途径。

#### 2.5 耐旱相关的差异表达基因

4 个比较组合的 Venn 图 (图 4) 显示, 有 53 个差异表达基因在 4 个比较组合中均存在, 其中有 20 个基因没有功能注释, 其余 33 个基因功能注释如表 2 所示, 表明这些基因可能是绿豆萌发 24 h 与耐旱性相关的候选基因。





inositol phosphate metabolism—肌醇磷酸代谢; starch and sucrose metabolism—淀粉与蔗糖代谢; ribosome—核糖体; glyoxylate and dicarboxylate metabolism—甘油醛酸与二羧酸代谢; basal transcription factors—基础转录因子; nitrogen metabolism—氮代谢; arachidonic acid metabolism—花生四烯酸代谢; glutathione metabolism—谷胱甘肽代谢; biosynthesis of various plant secondary...—各类植物次生代谢物生物合成...; terpenoid backbone biosynthesis—萜类骨架生物合成; thiamine metabolism—硫胺素代谢; ABC transporters—ABC转运蛋白; cyanoamino acid metabolism—氰基氨基酸代谢; isoflavonoid biosynthesis—异黄酮生物合成; protein export—蛋白质输出; galactose metabolism—半乳糖代谢; photosynthesis-antenna proteins—光合作用-天线蛋白; nucleotide metabolism—核苷酸代谢; Alpha-linolenic acid metabolism— $\alpha$ -亚麻酸代谢; photosynthesis—光合作用; cyanoamino acid metabolism—氰基氨基酸代谢; stilbenoid, diarylheptanoid and gingerol biosynthesis...—苯乙烯类、二芳基庚烷类及姜辣素生物合成...; phenylalanine metabolism—苯丙氨酸代谢; fatty acid elongation—脂肪酸延长; mismatch repair—错配修复; ascorbate and aldarate metabolism—抗坏血酸与醛酸代谢; isoflavonoid biosynthesis—异黄酮类生物合成; oxidative phosphorylation—氧化磷酸化; flavonoid biosynthesis—黄酮类生物合成; alanine; aspartate and glutamate metabolism—丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢; motor proteins—运动蛋白; tyrosine metabolism—酪氨酸代谢; pentose and glucuronate interconversions—戊糖与葡萄糖醛酸互转; glycolysis/gluconeogenesis—糖酵解/糖异生; carbon metabolism—碳代谢; pyruvate metabolism—丙酮酸代谢; citrate cycle (TCA cycle)—柠檬酸循环(TCA循环); phenylpropanoid biosynthesis—苯丙素类生物合成; amino sugar and nucleotide sugar metabolism—氨基糖与核苷酸糖代谢; carotenoid biosynthesis—类胡萝卜素生物合成; proteasome—蛋白酶体; pyruvate metabolism—丙酮酸代谢; flavonoid biosynthesis—黄酮类生物合成; biosynthesis of nucleotide sugars—核苷酸糖生物合成; pentose and glucuronate interconversions—戊糖与葡萄糖醛酸互转; propanoate metabolism—丙酸代谢; isoflavonoid biosynthesis—异黄酮类生物合成; DNA replication—DNA复制; mismatch repair—错配修复; base excision repair—碱基切除修复; biosynthesis of unsaturated fatty acids—不饱和脂肪酸生物合成; isoquinoline alkaloid biosynthesis—异喹啉生物碱生物合成; biosynthesis of cofactors—辅因子生物合成; diterpenoid biosynthesis—二萜类生物合成; galactose metabolism—半乳糖代谢; alpha-linolenic acid metabolism— $\alpha$ -亚麻酸代谢; glycosaminoglycan degradation—糖胺聚糖降解; vitamin B<sub>6</sub> metabolism—维生素 B<sub>6</sub> 代谢; fatty acid degradation—脂肪酸降解; biosynthesis of nucleotide sugars—核苷酸糖生物合成; folate biosynthesis—叶酸生物合成; zeatin biosynthesis—赤霉素生物合成; glycolysis / gluconeogenesis—糖酵解 / 糖异生; amino sugar and nucleotide sugar metabolism—氨基糖与核苷酸糖代谢; isoflavonoid biosynthesis—异黄酮生物合成; tyrosine metabolism—酪氨酸代谢

图3 差异表达基因的KEGG富集分析

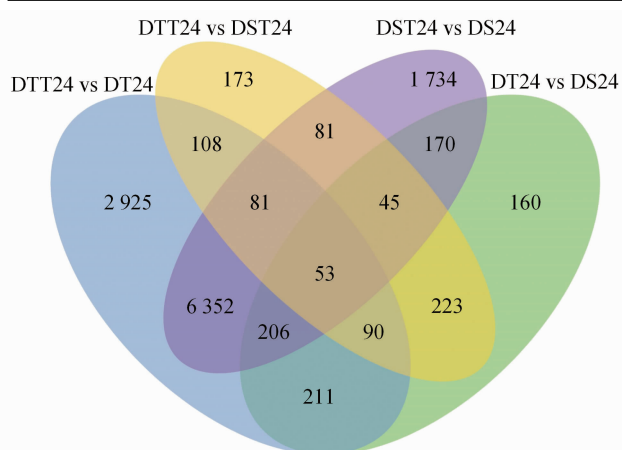


图4 差异表达基因的表达模式分析

表2 耐旱相关的差异表达基因汇总

基因编号	基因名称	功能描述
jg18845	<i>ADH1_PEA</i>	乙醇脱氢酶
jg2723	<i>ASMT_ARATH</i>	羟基吡啶-O-甲基转移酶
jg12448	<i>CRU4_ARATH</i>	种子储存蛋白
jg20309	<i>Y5614_ARATH</i>	LRR 类受体蛋白激酶
jg6929	<i>CAMK5_ARATH</i>	CDPK 相关激酶 5
jg15089	<i>Y3264_ARATH</i>	假定的 UPF0481 家族蛋白
jg31396	<i>PSB4_ARATH</i>	拟南芥蛋白酶体 $\beta$ 亚基 4 型
jg10724	<i>RHG1A_ARATH</i>	可能的 E3 泛素蛋白连接酶 RHG1A
jg27246	<i>EGY2_ORYSI</i>	可能的 EGY2 锌金属蛋白酶, 叶绿体
jg4516	<i>DTX21_ARATH</i>	解毒蛋白 21
jg16237	<i>NMAT3_ARATH</i>	核苷酸内含子成熟酶 3
jg16236	<i>LOR8_ARATH</i>	与 LURP-one 有关的蛋白质 8
jg13672	<i>NOL9_ARATH</i>	多核苷酸 5'-羟基激酶 NOL9
jg4434	<i>PTR18_ARATH</i>	硝酸盐/寡肽转运蛋白 NRTL/PTR 家族成员
jg31934	<i>DNJ11_ARATH</i>	合子蛋白 dnaJ 11, 叶绿体
jg13341	<i>SY132_ARATH</i>	合成轴突蛋白-132
jg14620	<i>GT121_ARATH</i>	谷氨酰胺氨基转移酶 GAT1_2.1
jg14519	<i>ENOXE_FRAAN</i>	2-亚甲基吡喃-3-酮还原酶
jg31397	<i>BEBT1_PETHY</i>	苯甲醇 O-苯甲酰基转移酶
jg31948	<i>PP373_ARATH</i>	推定的五肽重复序列蛋白 At5g09950
jg36807	<i>BGLI2_ORYSI</i>	$\beta$ -葡萄糖苷酶 12
jg15745	<i>KT15_ARATH</i>	Kunitz 胰蛋白酶抑制 5
jg10655	<i>GEMLI_ARATH</i>	类萌发素蛋白 1
jg24222	<i>ROGF7_ARATH</i>	鸟嘌呤核苷酸交换因子 7
jg4904	<i>HQGT_RAUSE</i>	对苯二酚葡萄糖转移酶
jg2577	<i>NRG2_ARATH</i>	硝酸盐调节基因 2 蛋白
jg13675	<i>C81E8_MEDTR</i>	细胞色素 P450 81E8
jg134	<i>PMA4_NICPL</i>	质膜 ATPase4
jg5903	<i>REC2_ARATH</i>	四肽重复蛋白
jg24193	<i>TIO_ARATH</i>	丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶 TIO
jg18235	<i>SCPI_MEDTR</i>	丝氨酸羧基酯酶 1
jg36360	<i>RGA2_SOLBU</i>	抗病蛋白 RGA2
jg36864	<i>GADT_SOYBN</i>	甘氨酸 4-二甲基烯丙基转移酶

### 3 讨论

干旱严重限制植物的生长发育,在应对干旱胁迫的过程中,植物进化出多种适应性机制,通过生成代谢物、维持氧化还原稳态、响应激素信号等多种途径来缓解干旱造成的损伤。本研究通过转录组分析发现,有 53 个差异表达基因在 4 个比较组合中均存在显著表达,其中有 3 个已被证实是与干旱胁迫显著相关的基因。

乙醇脱氢酶(ADH)是一种重要的含锌酶,与耐旱、低温以及病原菌入侵等逆境胁迫的应答有着紧密关系。乙醇脱氢酶参与催化乙醇和乙醛间的氧化还原反应,在植物的无氧呼吸中起着重要的作用。乙醇脱氢酶催化的反应是可逆反应,一方面,当乙醛浓度过高时可将其还原为乙醇进而避免乙醛对细胞的伤害;另一方面,ADH 也可重新将乙醇氧化为乙醛,同时生成还原型烟酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸(NADPH),为植物的代谢提供中间产物。*ADH1* 基因主要在叶片中表达,在乙醛生成乙醇的过程中发挥着最为关键的作用<sup>[7]</sup>。*ADH1* 基因编码区检测到 2 个非同义突变位点与耐旱系数显著关联:SNP\_108 与株高耐旱系数显著关联,贡献率为 7.183%;SNP\_635 与单株产量耐旱系数显著关联,贡献率为 13.374%。

干旱胁迫下,植物水分供应减少,细胞内水分压力降低,细胞内外 pH 值发生变化; $H^+$ -ATPase 通过调节细胞膜上的质子泵活性,维持细胞内 pH 值和电化学梯度稳定及细胞基本功能,提高干旱适应性。研究表明,干旱胁迫会增加蚕豆根系中过氧化氢( $H_2O_2$ )的积累,抑制质膜  $H^+$ -ATPase 磷酸化水平进而降低质膜  $H^+$ -ATPase 活性。 $H^+$ -ATPase 还可作为信号分子与其他蛋白质相互作用,激活或抑制干旱响应相关基因的表达,调节植物对干旱的应答。聚乙二醇(PEG)模拟干旱处理条件下,质膜  $H^+$ -ATPase 活性显著增强,有效调节离子转运,提高水稻对干旱的适应能力<sup>[8]</sup>。干旱胁迫下,质膜  $H^+$ -ATPase 通过调节细胞内外的酸碱平衡和离子通量,参与信号传导等方式维持细胞正常功能、提高植物干旱适应性。

褪黑素(MEL)是一种普遍存在于动植物中的吲哚类小分子化合物,是较强的内源性自由基清除剂,与褪黑素合成有关的是 ASMT 基因。随着研究的深入,MEL 在植物中的生理功能逐渐受到关

注<sup>[9]</sup>。MEL 在植物逆境胁迫响应和生长发育调节系统中发挥着重要的作用。渗透胁迫下, ASMT 基因过表达植株的气孔显著关闭。

通过对基因表达谱的分析, 识别出一批与耐旱相关的 DEGs, 这些基因在不同的生物过程中发挥重要作用, 并在干旱条件下呈现显著的上调或下调表达。氨基酸代谢相关基因 (ASMT\_ARATH 和 CYP81E8\_ARATH) 和氧压力响应相关基因 (SOD1\_ARATH 和 ADH1\_PEA) 既有上调也有下调表达, 表明这些基因在调控植物耐旱性中发挥了复杂的作用。光合作用相关基因 (BG12\_ARATH) 在耐旱品种中上调表达, 表明这些品种能够在干旱条件下维持较高的光合作用效率, 从而增强其抗逆性。研究还表明, 耐旱品种和不耐旱品种之间在某些路径上的基因表达变化不显著, 这可能与其内在的基因调控机制有关。干旱胁迫下的基因表达变化涉及复杂的调控网络, 由多个信号传导途径和转录因子的调控共同作用。MAPK 信号传导途径相关基因 (ROPGEF7) 和抗氧化酶基因 (SOD1\_ARATH) 的表达是植物应对干旱胁迫的主要机制之一。此外, 转录因子 DREB2A (DREB2A\_ARATH) 在干旱诱导基因表达中发挥了双重作用, 调控了许多干旱诱导基因的表达<sup>[10]</sup>。

本研究通过系统的转录组测序和生物信息学分析, 揭示了绿豆在干旱胁迫下的分子响应机制。随着萌发时间的延长, 基因表达水平发生显著变化, 但不同品种之间的变化不显著, 这提示了内在基因调控机制在不同时期对基因表达的影响。在光合作用相关通路中, 干旱胁迫导致光合作用相关基因的表达显著下调, 这可能影响植物的光合效率和生长。同时, 光合作用途径中的一些关键基因 (BG12\_ARATH) 在不同植物品种中表现出不同的调控模式, 这与基因的调控机制和功能差异有关。AP2/ERF 家族的转录因子 (ERF\_ARATH) 在耐旱品种中上调表达, 进一步表明其在植物对干旱胁迫应答中的重要作用。通过对这些转录因子的进一步分析, 发现它们不仅直接调控抗旱基因的表达, 还通过调节下游信号传导途径, 间接影响其他抗旱相关基因的表达。

#### 4 结论

本研究通过对耐旱和不耐旱绿豆品种在干旱

胁迫下的基因表达差异进行分析, 揭示了绿豆在干旱条件下的分子响应机制。研究发现, 耐旱品种在干旱条件下表现出更显著的基因表达变化, 尤其是在碳代谢、氨基酸代谢、光合作用等关键途径上。通过 GO、KEGG 分析, 确定了在干旱胁迫下显著变化的 DEGs, 这些基因在植物的代谢、信号传导和抗氧化防御中起到了关键作用。例如, 耐旱品种在氨基酸代谢过程、氧压力响应中的基因既有上调也有下调, 表明这些基因在调控植物耐旱性中发挥了复杂的作用。此外, 耐旱品种的光合作用相关基因在干旱条件下显著上调, 表明这些品种能够在干旱条件下维持较高的光合作用效率, 从而增强其抗逆性。

#### 参考文献:

- [1] Htwe K K, Guppy C, Blair G, et al. Mung bean nutrient uptake and root response to phosphorus and potassium placement strategies [J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 2023, 54 (19): 2625 - 2634.
- [2] 付阳云, 文晓鹏. 菜豆 EST-SSR 分子标记开发及部分种质分子身份证构建 [J]. 西南大学学报 (自然科学版), 2024, 46 (6): 63 - 73.
- [3] Trapnell C, Williams B A, Pertea G, et al. Transcript assembly and quantification by RNA - Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation [J]. Nature Biotechnology, 2010, 28: 511 - 515.
- [4] Love M I, Huber W, Anders S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA - Seq data with DESeq2 [J]. Genome Biology, 2014, 15 (12): 550.
- [5] Sakuma Y, Maruyama K, Osakabe Y, et al. Functional analysis of an Arabidopsis transcription factor, DREB2A involved in drought - responsive gene expression [J]. The Plant Cell, 2006, 18 (5): 1292 - 1309.
- [6] Zhang J H, Jia W S, Yang J C, et al. Role of ABA in integrating plant responses to drought and salt stresses [J]. Field Crops Research, 2006, 97 (1): 111 - 119.
- [7] 马思佳. 玉米 ADH1 和 ADH2 基因的序列变异及与耐旱相关性状的关联分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2015.
- [8] 闫文惠, 陆婷婷, 王焕然, 等. 质膜 H<sup>+</sup> - ATPase 影响植物生长发育及逆境响应研究进展 [J]. 植物生理学报, 2024, 60 (10): 1487 - 1501.
- [9] 高安静, 刘婷婷, 周美亮, 等. 外源褪黑素对干旱胁迫下苦荞幼苗生长及生理特性的影响 [J]. 南方农业学报, 2021, 52 (11): 3003 - 3012.
- [10] 梁细妹, 秦双双, 韦 范, 等. 转录因子在植物干旱应激中的功能研究进展 [J]. 生物资源, 2024, 46 (3): 220 - 230.