

核桃 VQ 基因家族响应炭疽病胁迫应答的功能潜力

谢牧洪, 朝阳 (Banzouzi Bouzika Vailly Jubline), 陈思思, 唐艳, 陆颖, 杨桂燕*

(西北农林科技大学林学院, 核桃工程技术研究中心, 陕西 杨凌 712100)

摘要:【目的】VQ 蛋白是植物中一种具有 VQ 基序 (FxxhVQxhTG) 的转录调节因子家族, 能够独立或与其他转录因子协同参与多种信号传导途径, 调节植物的生长、发育以及对生物和非生物胁迫的防御反应。核桃 (*Juglans regia*) 产量和品质受炭疽病影响严重, 探明核桃炭疽病的分子响应机制亟待进行。因此, 本研究鉴定了核桃 VQ 基因家族, 并分析在炭疽病胁迫处理和自然染病状态下其在不同组织中的表达变化, 为后续研究核桃抗病机理奠定基础。【方法】用生物信息学方法在核桃全基因组中鉴定 VQ 基因, 明确其理化性质、亚细胞定位、基因结构、保守基序、蛋白质结构、启动子元件、系统发育关系; 用实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 技术分析炭疽病处理下 VQ 基因的表达水平, 并对不同基因间响应炭疽病的潜力进行相关性分析。【结果】共鉴定出 15 条 JrVQ 基因 (JrVQ1~JrVQ15), 分布在核桃的 9 条染色体上, 编码蛋白长度 74~393 aa, 相对分子量 10,626.55 Da~46,740.42 Da, 理论等电点 5.94~10.67。JrVQ 蛋白由 α -螺旋、延伸链、无规则卷曲构成。JrVQ 启动子中包含众多与植物生长、抗逆响应相关的元件。炭疽菌处理后, JrVQs 在核桃叶、青皮、茎中都受炭疽病诱导表达, 且表达峰值出现在感染后的第 6、9 d, 与致病高峰期一致。相关性分析发现 VQ 基因家族响应炭疽病胁迫过程存在广泛的蛋白互作关系。【结论】从核桃中鉴定的 15 个 VQ 家族基因具有典型 VQ 保守结构域, 能不同程度显著应答炭疽病胁迫, 具有调控炭疽病抗性的潜力。