

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2021.08.004

太子参 *NF-Y* 基因家族鉴定及表达分析

李 军， 周 涛， 王崇敏， 刘晓清

贵州中医药大学 中药民族药资源研究院，贵阳 550025

摘要：核因子 Y(NF-Y)是真核生物中一种重要的转录因子。采用生物信息学方法从太子参转录组数据库中鉴定 NF-Y 蛋白家族成员，通过转录组数据分析各基因在不同组织中的表达水平，研究 NF-Y 基因对土壤水分及蔗糖信号的响应。通过对 3 个转录组数据库的检索，确定了太子参 NF-Y 蛋白家族的 3 个亚家族，包含 9 个 *PhNF-YA* 成员，10 个 *PhNF-YB* 成员及 5 个 *PhNF-YC* 成员，发现 *PhNF-YA4* 等 9 个成员在叶中有较高表达，*PhNF-YA3* 在块根皮部及 *PhNF-YB3* 和 *PhNF-YB8* 在块根木质部中有较高表达。干旱胁迫可显著上调 11 个成员的表达，2 个成员的表达量随土壤水分含量的上升表现出上调的趋势。大部分基因能够响应蔗糖浓度的变化。这些结果暗示了水分、蔗糖等因子可通过影响器官中 NF-Y 蛋白的表达，改变植物 NF-Y 蛋白间的相互作用关系，进而调控器官的形态建成及逆境响应。

关 键 词：太子参；NF-Y 蛋白；转录组；表达分析

中图分类号：S567；R282 **文献标志码：**A **文章编号：**1673-9868(2021)08-0028-08

核因子 Y(nuclear factor Y, NF-Y)，又称 CBF 或亚铁血红素激活蛋白 HAP，主要由 NF-YA、NF-YB 及 NF-YC 3 个亚家族组成^[1]。NF-Y 蛋白家族的不同成员可通过不同途径进入细胞核，其中 NF-YA 是由 Importin β 介导输入核中，而含有 HFM 亚基的 NF-YB 和 NF-YC 作为异二聚体复合物则由 Importin 13 介导进入细胞核^[2]。3 个亚家族可以单独调控基因表达，也可形成 NF-YB/NF-YC CONSTANS 或 NF-Y 复合体，进一步结合 CCAAT 元件参与基因表达的调控^[3]。

在哺乳动物及酵母体内，NF-Y 的 3 个亚基均由单基因编码^[4]，但植物中每个亚基均由基因家族编码^[5]，提供了更多的 NF-YA/NF-YB/NF-YC 三聚体组合，增加了核因子 Y 功能的复杂性，参与了在种子萌发、胚胎发育、开花过程以及植物对氮、磷、脱落酸(ABA)以及盐分胁迫等的响应过程^[6]。研究表明大豆 *GmNF-YCa* 在蔗糖和甘露醇诱导后上调表达，过表达可显著改善甘露醇和蔗糖胁迫下拟南芥种子的发芽率、根长和侧根伸长明显等^[7]。谷子 *SiNF-YA6* 主要在根部表达，同时受低氮、干旱、高盐和 ABA 等胁迫的诱导表达，该基因的过表达显著提高了拟南芥对低氮胁迫的耐受性^[8]。由此可见，NF-Y 蛋白家族的不同成员不仅参与了植物多种生长发育进程，且在植物抵御逆境胁迫等方面具有重要作用。

太子参为传统中药，系石竹科植物孩儿参 *Pseudostellaria heterophylla* (Miq.) Pax et Hoffm 的干燥块根，含有多糖类、皂苷类、磷脂类、环肽类等活性成分，具有增强免疫力、降血糖、抗疲劳等多种功效^[9]。随着近年来太子参需求量的逐年上升，逐步转向人工种植，主要分布于温暖湿润的气候环境

收稿日期：2020-06-06
基金项目：贵州省国内一流建设学科项目(GNYL[2017]008号)；国家自然科学基金项目(81860667)；贵州省基础研究计划项目(黔科合基础[2018]1010)。
作者简介：李 军，副教授，主要从事植物分子生物学及分子生药学的研究。

中^[10]。高温、干旱等逆境容易引起太子参生长发育受阻,从而导致减产、病害等问题。因此,研究 *NF-Y* 基因家族的表达模式及对干旱胁迫的响应,对于深入理解其在太子参生长发育过程中的功能和作用,解析 *NF-Y* 蛋白在植物抵抗逆境胁迫中的作用机制具有重要意义。

1 材 料

供试材料为贵州施秉常用种,转录组数据由上海美吉生物医药科技有限公司测序完成。数据库 1:采用课题组前期构建的太子参转录组数据库(叶、茎、根表皮、根木质部)^[11];数据库 2:参照路丙社等^[12]的方法,设置 30%,44%,58%,72%,86%及 100%的土壤水分梯度,相对含水量=土壤含水量/田间持水量 $\times 100\%$,取块根进行转录组测序,de Novo 组装;数据库 3:采用 0.2 mg/L NAA(萘乙酸)诱导组培苗生根^[13],然后转入 MS+45 g/L 蔗糖,MS+60 g/L 蔗糖及 MS+75 g/L 蔗糖的培养基中培养,取块根进行转录组测序,de Novo 组装。

2 方 法

2.1 *NF-Y* 基因家族的鉴定

从 NCBI 中下载甜菜(*Beta vulgaris* L.)、拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)、水稻(*Oryza sativa* L.)等的 *NF-Y* 蛋白家族成员。通过 BlastP 分别比对 3 个数据库,从中鉴定太子参 *NF-Y* 家族同源序列,期望值设为小于 0.001,结合数据库原有的注释结果,剔除注释错误的序列,将 3 个数据库中鉴定的 *NF-Y* 蛋白序列统一编号。

2.2 系统进化树的构建及蛋白保守序列比对

采用 muscle 3.8 软件(<http://www.drive5.com/muscle/>)对太子参及甜菜、拟南芥及水稻进行多序列比对,分析结果用 MEGA X(<https://www.megasoftware.net/>)分析,采用邻接法(neighbor-joining method)构建 *NF-Y* 的系统进化树,检验参数 Boostrap 重复 1 000 次。利用 MEME 在线程序(<http://meme-suite.org/>)对 *NF-Y* 蛋白家族的保守基序进行分析,预测太子参 *NF-Y* 蛋白家族的蛋白质保守基序(Motif),参数设置为默认值,并用 WebLogo 软件(<http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>)展示保守基序。

2.3 表达分析

采用 RSEM 软件(<http://deweylab.biostat.wisc.edu/rsem/>)进行基因表达分析,采用 RPKM 值(reads per kb permillion reads)表示基因的相对表达水平,采用 Cluster 3.0 软件对 *NF-Y* 基因的表达水平进行标准化,最后采用 Heatmap 图展示基因的表达。

2.4 蛋白互作分析

采用美吉生物云平台(<https://cloud.majorbio.com/>)中的 STRING 数据库(<http://string-db.org/>)对 *NF-Y* 蛋白互作进行分析。参考拟南芥的蛋白互作关系,构建太子参 *NF-Y* 蛋白的互作关系网络。采用 confidence score 值评价互作关系的可信度,默认值 0.4,值越大代表互作关系越可靠。

3 结 果

3.1 太子参 *NF-Y* 家族基因的鉴定与生物信息学分析

采用拟南芥、水稻等模式植物的 *NF-Y* 蛋白检索 3 个太子参转录组数据库,结合注释信息及手工分析,共鉴定出 24 个 *NF-Y* 基因(表 1),分别归入 3 个亚家族,包括 9 个 *NF-YA*,10 个 *NF-YB* 及 5 个 *NF-YC*。其中数据库 1 中获得 9 个 *NF-YA*,6 个 *NF-YB* 及 4 个 *NF-YC*;数据库 2 中获得 8 个 *NF-YA*,8 个 *NF-YB* 及 4 个 *NF-YC*;数据库 3 中获得 8 个 *NF-YA*,7 个 *NF-YB* 及 4 个 *NF-YC*。*PhNF-YA8* 仅在数据库 1 中检索到,*PhNF-YB5*,*PhNF-YB6*,*PhNF-YB7*,*PhNF-YB9* 及 *PhNF-YC5* 未在数据库 1 中检索到,暗示这些基因可能是诱导型基因。

表 1 太子参 NF-Y 基因家族的筛选与鉴定

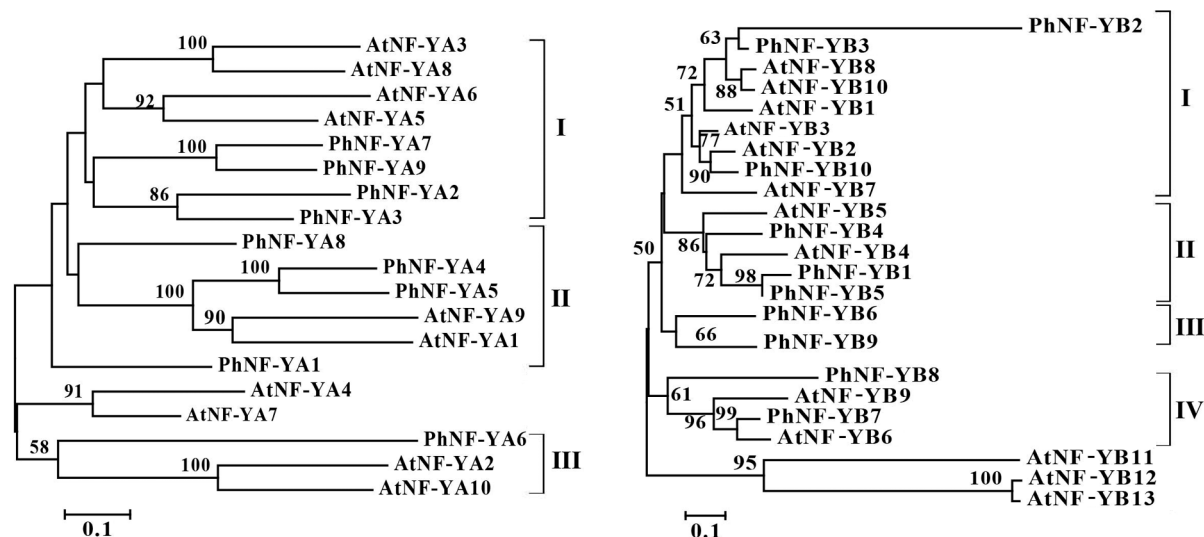
基因名称	数据库 1	序列长度/bp	数据库 2	序列长度/bp	数据库 3	序列长度/bp
<i>PhNF-YA1</i>	+	1 429	+	3 439	+	1 640
<i>PhNF-YA2</i>	+	2 044	+	4 708	+	2 909
<i>PhNF-YA3</i>	+	1 160	+	774	+	717
<i>PhNF-YA4</i>	+	1 529	+	2 220	+	914
<i>PhNF-YA5</i>	+	1 506	+	1 564	+	1 264
<i>PhNF-YA6</i>	+	1 581	+	1 230	+	1 326
<i>PhNF-YA7</i>	+	3 738	+	1 841	+	2 192
<i>PhNF-YA8</i>	+	562	—	—	—	—
<i>PhNF-YA9</i>	+	3 721	+	3 315	+	2 443
<i>PhNF-YB1</i>	+	381	+	281	+	396
<i>PhNF-YB2</i>	+	2 724	—	—	+	1 421
<i>PhNF-YB3</i>	+	2 092	—	—	+	2 002
<i>PhNF-YB4</i>	+	884	+	839	+	856
<i>PhNF-YB5</i>	—	—	+	599	+	406
<i>PhNF-YB6</i>	—	—	+	1 819	—	—
<i>PhNF-YB7</i>	—	—	+	452	—	—
<i>PhNF-YB8</i>	+	2 576	+	1 011	+	1 709
<i>PhNF-YB9</i>	—	—	+	256	—	—
<i>PhNF-YB10</i>	+	1 097	+	1 307	+	1 232
<i>PhNF-YC1</i>	+	1 698	+	3 891	+	2 255
<i>PhNF-YC2</i>	+	2 016	—	—	+	1 962
<i>PhNF-YC3</i>	+	3 137	+	1 442	+	2 790
<i>PhNF-YC4</i>	+	1 230	+	2 064	+	1 222
<i>PhNF-YC5</i>	—	—	+	383	—	—

3.2 太子参 NF-Y 家族基因蛋白的保守基序及进化分析

为了推测 24 个太子参 NF-Y 蛋白的功能，分别构建了 NF-YA,NF-YB 及 NF-YC 氨基酸序列的系统进化树(图 1). 太子参的 9 个 NF-YA 蛋白分别归入 3 个类群，其中 PhNF-YA2,PhNF-YA3,PhNF-YA7, PhNF-YA9 与 AtNF-YA3,AtNF-YA5,AtNF-YA6,AtNF-YA8 归为第 1 类群，PhNF-YA1,PhNF-YA4, PhNF-YA5,PhNF-YA8 与 AtNF-YA1,AtNF-YA9 归为第 2 类群，PhNF-YA6 与 AtNF-YA2,AtNF-YA10 归入第 3 类群.

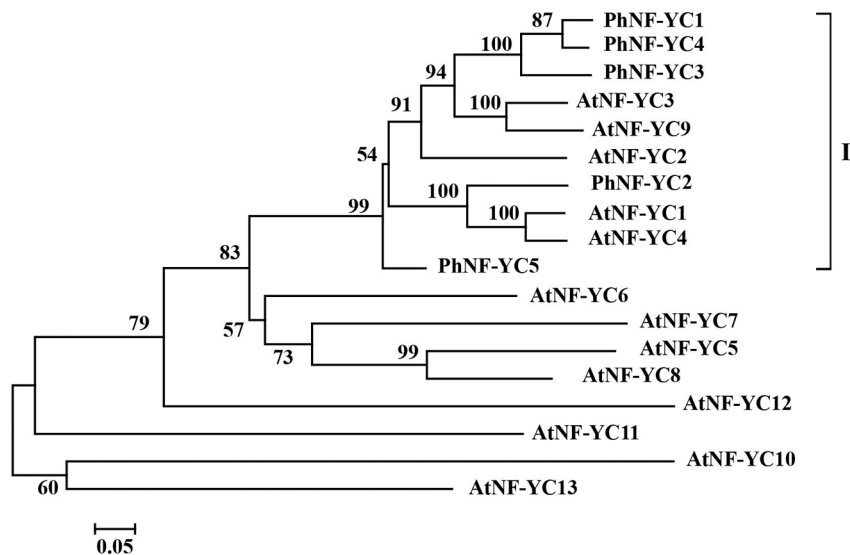
太子参的 10 个 NF-YB 蛋白分别归入 4 个类群，其中 PhNF-YB2,PhNF-YB3,PhNF-YB10 与 AtNF-YB1,AtNF-YB2 等 6 个拟南芥 NF-YB 蛋白归入第 1 类群，PhNF-YB1,PhNF-YB4,PhNF-YB5 与 AtNF-YB4,AtNF-YB5 归入第 2 类群，PhNF-YB6 及 PhNF-YB9 归入第 3 类群，PhNF-YB7,PhNF-YB8 与 AtNF-YB6,AtNF-YB9 归入第 4 类群. 太子参的 5 个 PhNF-YC 蛋白归入同一个类群.

为了解太子参 NF-Y 蛋白的序列特点，分析了太子参 NF-Y 蛋白的保守基序(图 2)，发现 PhNF-YA, PhNF-YB 及 PhNF-YC 亚家族中均具有一段高度保守的序列，暗示这些序列与太子参 NF-Y 蛋白的功能密切相关.



(a) NF-YA蛋白家族的系统进化树

(b) NF-YB蛋白家族的系统进化树



(c) NF-YC蛋白家族的系统进化树

图中分支点的数字表示基于 1 000 次重复该节点的自展支持率; 标尺代表遗传距离.

图 1 太子参与拟南芥 *NF-Y* 蛋白家族的系统进化树

3.3 不同组织中 *NF-Y* 家族基因的表达分析

为了进一步阐明太子参 *NF-Y* 蛋白的功能, 分析了这些基因在叶、茎、块根皮部及块根木质部中的表达模式(图 3a), 结果显示 9 个 *PhNF-YA* 基因中 *PhNF-YA4*, *PhNF-YA5*, *PhNF-YA7*, *PhNF-YA9* 仅在叶中有较高表达, *PhNF-YA2*, *PhNF-YA6* 在叶及茎中均有较高表达, *PhNF-YA1* 在块根木质部有较高表达, *PhNF-YA3* 在块根皮部有较高表达. 6 个 *PhNF-YB* 基因中 *PhNF-YB1* 和 *PhNF-YB4* 在块根皮部及茎中有较高表达, *PhNF-YB10* 仅在叶中有较高表达, *PhNF-YB3* 在块根木质部中有较高表达, *PhNF-YB8* 在块根木质部及叶中有较高表达. 4 个 *PhNF-YC* 基因中 *PhNF-YC2* 在叶中有较高表达, 其余基因表达量较低. 19 个基因的蛋白互作关系分析结果显示(图 3b), *PhNF-YA4* 及 *PhNF-YC2* 等 9 个 *PhNF-Y* 蛋白的互作关系在太子参叶片的生长发育过程中具有重要作用.

3.4 块根中 *NF-Y* 家族基因对土壤水分胁迫的响应

为了研究太子参 *NF-Y* 蛋白对水分胁迫的响应机制, 分析了不同土壤水分胁迫下块根中 *NF-Y* 基因的表达模式(图 4a), 结果显示 8 个 *PhNF-YA* 基因中 *PhNF-YA1*, *PhNF-YA4*, *PhNF-YA5*, *PhNF-*

YA7, *PhNF-YA9* 在干旱胁迫下(30%)有较高表达, *PhNF-YA1*, *PhNF-YA2*, *PhNF-YA3* 在低度干旱条件下(58%)有较高表达, *PhNF-YA6* 随着土壤水分含量的上升表现出上调的趋势. 10 个 *PhNF-YB* 基因中 *PhNF-YB2*, *PhNF-YB3* 及 *PhNF-YB8* 在干旱胁迫下(30%)有较高表达, *PhNF-YB10* 在适度干旱胁迫下(44%)有较高表达, *PhNF-YB1* 在低度干旱条件下(58%)有较高表达. 5 个 *PhNF-YC* 基因中 *PhNF-YC1*, *PhNF-YC3*, *PhNF-YC4* 在干旱胁迫下(30%)有较高表达, *PhNF-YC2* 与土壤水分的增加趋势基本一致, *PhNF-YC5* 仅在涝滞环境下(100%)有较高表达. 23 个 *PhNF-Y* 蛋白的互作关系表明(图 4b), *PhNF-YA1*, *PhNF-YB4*, *PhNF-YC3* 及 *PhNF-YC4* 等 11 个 *PhNF-Y* 蛋白积极响应土壤水分的胁迫, 调控植物的生长发育.

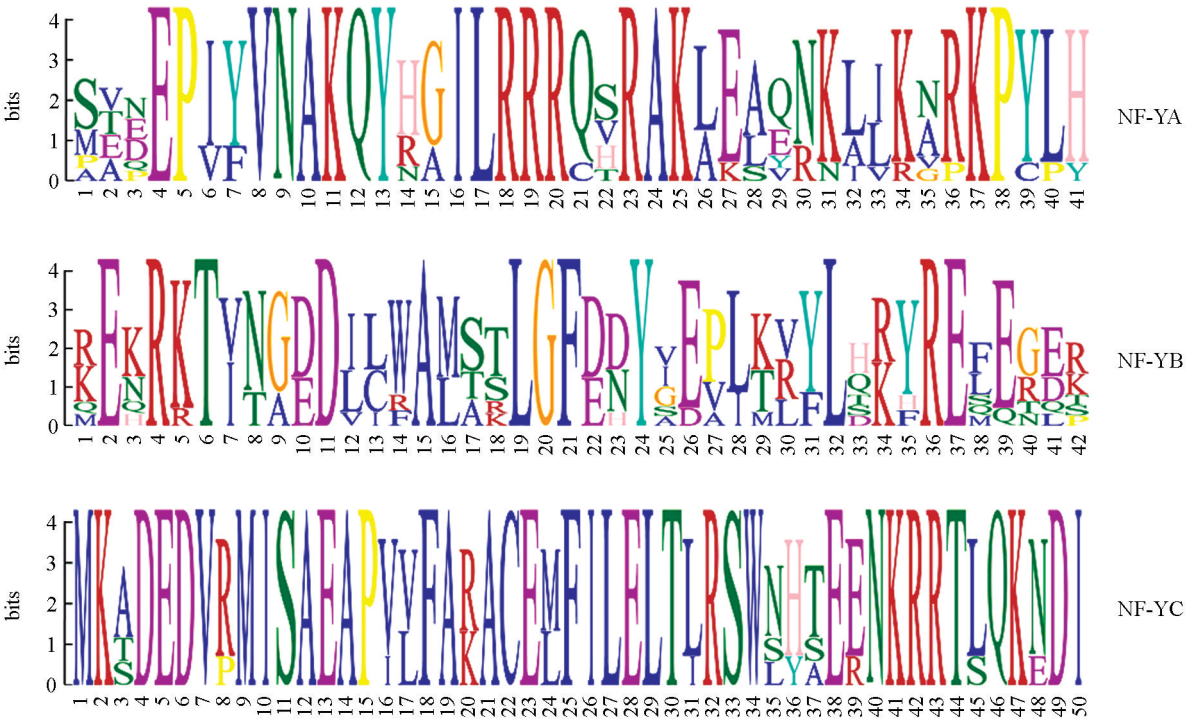


图 2 太子参 NF-Y 蛋白的保守基序

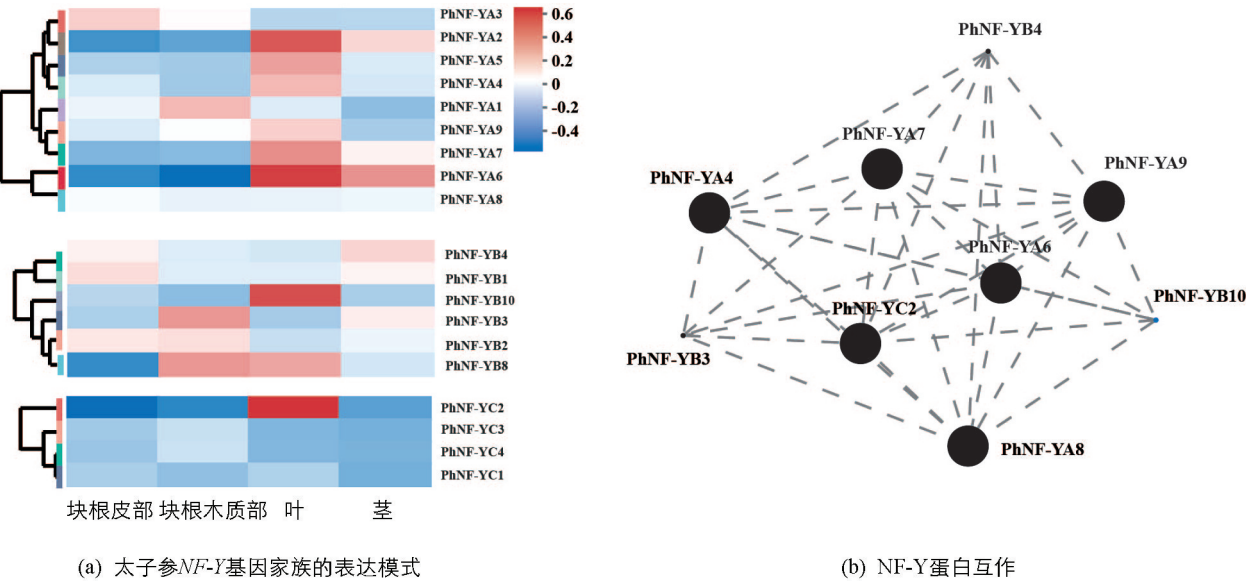


图 3 太子参 NF-Y 基因家族在不同组织中的表达及蛋白互作

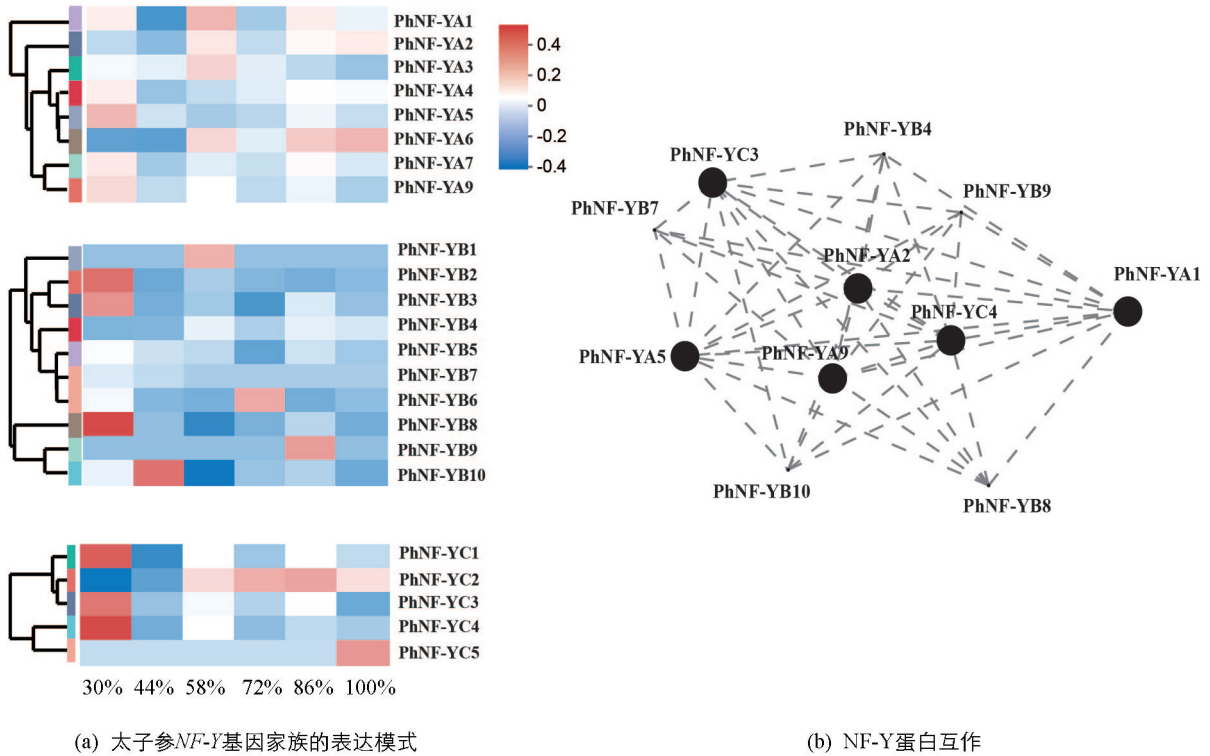


图 4 太子参块根中 *NF-Y* 基因家族在土壤水分胁迫下的表达及蛋白互作

3.5 根中 *NF-Y* 家族基因对蔗糖胁迫的响应

为了研究太子参 *NF-Y* 蛋白对蔗糖诱导的响应机制, 利用组培苗观察不同蔗糖浓度培养条件下太子参根部 *NF-Y* 蛋白的表达模式(图 5a), 结果显示, 随着培养基中蔗糖浓度的升高, 3 个 *PhNF-YA* 基因的表达呈现逐渐升高的趋势, 7 个 *PhNF-YB* 基因中 *PhNF-YB5* 的表达量随蔗糖浓度的升高而升高, *PhNF-YB1*, *PhNF-YB2* 的表达呈先上升后下降的趋势, *PhNF-YB3*, *PhNF-YB4*, *PhNF-YB8*, *PhNF-YB10* 的表达呈先下降后上升的趋势. 4 个 *PhNF-YC* 基因中 *PhNF-YC3* 及 *PhNF-YC4* 基因的表达受高浓度蔗糖诱导, *PhNF-YC1* 在高浓度蔗糖条件下表达受到抑制. 19 个 *PhNF-Y* 蛋白的互作关系表明(图 5b), *PhNF-YA1*, *PhNF-YB4*, *PhNF-YC2* 等 10 个 *PhNF-Y* 蛋白积极响应蔗糖胁迫, 协同调控植物的生长发育.

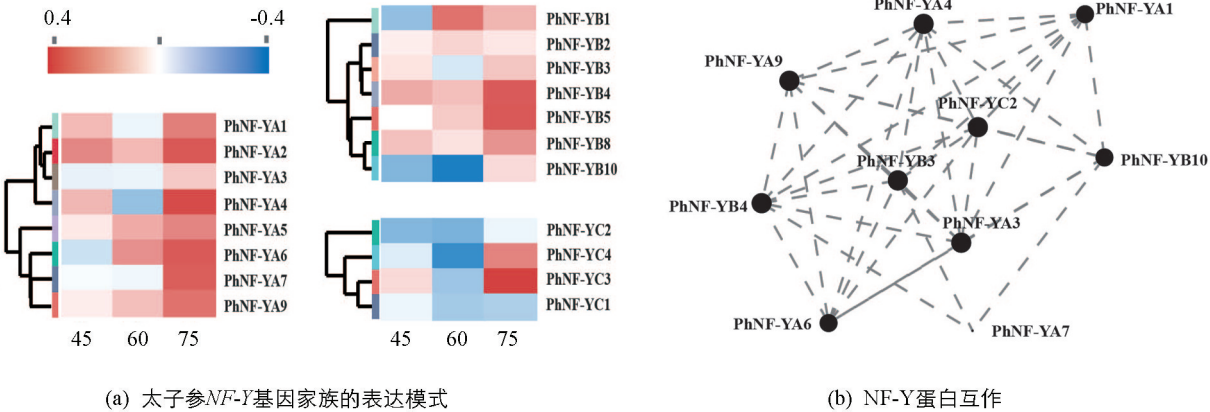


图 5 太子参根中 *NF-Y* 基因家族在蔗糖诱导下的表达及蛋白互作

4 讨 论

已有证据表明 *NF-Y* 蛋白在叶绿体形成及光合作用中具有重要作用. 拟南芥 *AtNF-YA5*, *AtNF-YB9* 和 *AtNF-YC9* 形成的复合体可与 *GCR1*, *GPA1* 和 *Pirin1* 组成信号传递链, 参与调控植株中叶绿素 a/b 结合蛋白基因的表达^[14]. 过量表达小麦 *TaNF-YB3* 后显著提高叶绿素含量、光合速率及早期生长率^[15]. 水

稻 *Os-NF-YB2/3/4* 可影响多个核酮糖-1, 5-二磷酸羧化酶/氧合酶小亚基和叶绿素 a/b 结合蛋白基因的表达^[16]. 本研究发现太子参 *PhNF-YA4*, *PhNF-YA5* 等 6 个基因, *PhNF-YB8*, *PhNF-YB10* 及 *PhNF-YC2* 在叶中大量表达, 且可能具有复杂的相互作用关系, 暗示这些基因在协同调控叶的生长发育及光合作用中具有重要作用, 但具体机制尚不明确. 拟南芥 *NF-YA1/5/6/9* 共同调控雄配子发育、胚胎发育、种子形态及萌发等^[17-18], 单个基因或两个基因的突变并不能发生表型的改变, 但过表达其中任一基因均能影响种子的发育, 暗示了太子参 *PhNF-YA* 亚家族也有功能冗余的可能性. 此外, *PhNF-YA1* 及 *PhNF-YB3*, *PhNF-YB8* 在块根木质部中有较高表达, 且进化分析结果显示 *PhNF-YA1*, *PhNF-YA4*, *PhNF-YA5*, *PhNF-YA8* 与 *AtNF-YA1*, *AtNF-YA9* 聚为一类, 暗示了这些太子参 *NF-Y* 基因可能与太子参块根的发育有一定关系.

NF-Y 蛋白在水分胁迫过程中具有重要作用. 研究表明拟南芥大部分 *NF-YA* 基因呈上调表达, 而小麦中 *NF-YA* 则相反^[19-20]. 过表达 *AtNF-YB1* 和 *ZmNF-YB2* 可显著减少转基因植株的叶片水分流失及提高抗旱能力^[21]. 部分 *NF-Y* 基因的转录受 ABA 途径调控, 转录后受到 miR169 的调控^[22]. 本研究中太子参 *PhNF-YA1*, *PhNF-YA4*, *PhNF-YA5*, *PhNF-YA7*, *PhNF-YA9*, *PhNF-YB2*, *PhNF-YB3*, *PhNF-YB8* 及 *PhNF-YC1*, *PhNF-YC3*, *PhNF-YC4* 在干旱胁迫下均显著上调, 且进化分析结果显示 *PhNF-YB2*, *PhNF-YB3*, *PhNF-YB10* 与 *AtNF-YB1*, *AtNF-YB2* 等 6 个拟南芥 *NF-YB* 蛋白归入一类, 暗示了这些太子参 *NF-YB* 蛋白与抗旱有密切联系. 此外, 蛋白间互作关系暗示 *PhNF-YC3*, *PhNF-YC4* 在干旱胁迫响应过程中可能具有核心调控作用. 值得注意的是, *PhNF-YA6* 及 *PhNF-YC2* 的表达随土壤水分的增加而增加, 揭示了这些基因在太子参感知土壤水分变化的过程中具有重要作用.

蔗糖及其衍生物不仅是光合同化物与能量的运输和贮藏形式, 也是植物中一种重要的信号分子, 调控基因表达及影响器官的生长发育^[23-24]. 本研究分析了太子参 *NF-Y* 蛋白对蔗糖胁迫的响应, 发现了大部分基因能够响应蔗糖浓度的变化, 暗示了环境因子可通过影响组织中蔗糖的分布来调控 *NF-Y* 蛋白的表达, 进而影响器官的形态建成.

参考文献:

- [1] MANTOVANI R. The Molecular Biology of the CCAAT-Binding Factor NF-Y [J]. *Gene*, 1999, 239(1): 15-27.
- [2] KAHLE J, BAAKE M, DOENECKE D, et al. Subunits of the Heterotrimeric Transcription Factor NF-Y are Imported into the Nucleus by Distinct Pathways Involving Importin Beta and Importin 13 [J]. *Molecular and Cellular Biology*, 2005, 25(13): 5339-5354.
- [3] MACH J. CONSTANS Companion: CO Binds the NF-YB/NF-YC Dimer and Confers Sequence-Specific DNA Binding [J]. *Plant Cell*, 2017, 29(6): 1183.
- [4] LALOUM T, DE MITA S, GAMAS P, et al. CCAAT-Box Binding Transcription Factors in Plants: Y so Many [J]. *Trends in Plant Science*, 2013, 18(3): 157-166.
- [5] YANG J, XIE Z, GLOVER B J. Asymmetric Evolution of Duplicate Genes Encoding the CCAAT-Binding Factor NF-Y in Plant Genomes [J]. *New Phytol*, 2005, 165(2): 623-631.
- [6] 丁慧霞, 刘 凤, 张利娟, 等. 植物中 NF-Y 转录因子的结构和功能研究进展 [J]. *分子植物育种*, 2017, 15(5): 1691-1701.
- [7] 李 敏, 于太飞, 徐兆师, 等. 大豆转录因子基因 *GmNF-YCa* 可提高转基因拟南芥渗透胁迫的耐性 [J]. *作物学报*, 2017, 43(8): 1161-1169.
- [8] 方广宁, 胡利芹, 王二辉, 等. 谷子转录因子 *SiNF-YA6* 的过表达提高转基因植株对低氮胁迫的抗性 [J]. *中国农业科学*, 2015, 48(20): 3989-3997.
- [9] 刘训红, 陈 彬, 王玉玺. 太子参多糖抗应激和免疫增强作用的实验研究 [J]. *江苏中医*, 2000, 21(10): 51-52.
- [10] 黄冬寿, 王树贵. 福建“柘荣太子参”栽培环境的道地性研究 [J]. *中国野生植物资源*, 2010, 29(2): 12-14.
- [11] LI J, ZHEN W, LONG D, et al. De Novo Sequencing and Assembly Analysis of the *Pseudostellaria heterophylla* Transcriptome [J]. *PLoS One*, 2016, 11(10): e0164235.
- [12] 路丙社, 白志英, 崔建州, 等. 干旱胁迫对阿月浑子叶片光合作用的影响 [J]. *河北农业大学学报*, 2004, 27(1): 43-47.
- [13] 洪晓云. 太子参离体快繁及多倍体诱导的研究 [D]. 福州: 福建农林大学, 2013.

- [14] WARPEHA KM, UPADHYAY S, YEH J, et al. The GCR1, GPA1, PRN1, NF-Y signal chain mediates both blue light and abscisic acid responses in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiol*, 2007, 143(4): 1590-1600.
- [15] STEPHENSONT J, MCINTYRE C L, COLLET C, et al. TaNF-YB3 is Involved in the Regulation of Photosynthesis Genes in *Triticum aestivum* [J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2011, 11(2): 327-340.
- [16] MIYOSHI K, ITO Y, SERIZAWA A, et al. OsHAP3 Genes Regulate Chloroplast Biogenesis in Rice [J]. *Plant J*, 2003, 36(4): 532-540.
- [17] MU J, TAN H, HONG S, et al. *Arabidopsis* Transcription Factor Genes NF-YA1, 5, 6, and 9 Play Redundant Roles in Male Gametogenesis, Embryogenesis, and Seed Development [J]. *Molecular Plant*, 2013, 6(1): 188-201.
- [18] FORNARI M, CALVENZANI V, MASIERO S, et al. The *Arabidopsis* NF-YA3 and NF-YA8 Genes are Functionally Redundant and are Required in Early Embryogenesis [J]. *PLoS One*, 2013, 8(11): e82043.
- [19] STEPHENSONT J, MCINTYRE C L, COLLET C, et al. Genome-Wide Identification and Expression Analysis of the NF-Y Family of Transcription Factors in *Triticum aestivum* [J]. *Plant Molecular Biology*, 2007, 65(1-2): 77-92.
- [20] HACKENBERG D, KEETMAN U, GRIMM B. HomologousNF-YC₂ Subunit from *Arabidopsis* and Tobacco is Activated by Photooxidative Stress and Induces Flowering [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2012, 13(3): 3458-3477.
- [21] NELSOND E, REPETTI P P, ADAMS T R, et al. Plant Nuclear Factor Y (NF-Y) B Subunits Confer Drought Tolerance and Lead to Improved Corn Yields on Water-Limited Acres [J]. *PNAS*, 2007, 104(42): 16450-16455.
- [22] LIW X, OONO Y, ZHU J, et al. The *Arabidopsis* NFYA5 Transcription Factor is Regulated Transcriptionally and Posttranscriptionally to Promote Drought Resistance [J]. *The Plant Cell*, 2008, 20(8): 2238-2251.
- [23] 王玉华, 杨 清, 陈 敏. 植物糖感知和糖信号传导 [J]. *植物学通报*, 2004, 21(3): 273-279.
- [24] 刘奕清, 刘长春, 徐安辉. 蔗糖对黄金合果芋试管苗生长及生理的影响 [J]. *西南大学学报(自然科学版)*, 2007, 29(6): 143-146.

Identification and Expression Analysis of *NF-Y* Gene Family in *Pseudostellaria heterophylla*

LI Jun, ZHOU Tao, WANG Chong-min, LIU Xiao-qing

Resource Institute for Chinese & Ethnic Materia Medica, Guizhou University of
Traditional Chinese Medicine, Guiyang 550025, China

Abstract: Nuclear factor Y (NF-Y) is an important transcription factor in eukaryotes. In this study, bioinformatics was used to identify NF-Y protein family members from the transcriptome database of *P. heterophylla*, and the transcriptome data were used to analyze the expression level of each gene in different tissues. Their response to soil water stress and sucrose was also studied. Three subfamilies of NF-Y protein family of *P. heterophylla* were identified by searching three transcriptome databases, including 9 members of *PhNF-YA*, 10 members of *PhNF-YB* and 5 members of *PhNF-YC*. It was found that 9 members, such as *PhNF-YA4*, were highly expressed in leaves. High expression level of *PhNF-YA3* and *PhNF-YB3*, *PhNF-YB8* were observed in bark and xylem of tuberous root, respectively. The expression of 11 members in the tuberous root of *P. heterophylla* was significantly up-regulated under drought stress. Two members had up-regulated expression in microtuberous root along with the increase of soil water content. Most genes could respond to content change of sucrose. These results suggest that some factors can affect the expression level of NF-Y protein in organs, change the interaction between different NF-Y proteins in plants, and regulate the morphogenesis of organs and response to stresses.

Key words: *Pseudostellaria heterophylla*; NF-Y protein; transcriptome; expression analysis

责任编辑 周仁惠