

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2026.05.002

郭甜丽, 杨金华, 刘艳珠, 等. 芒果 *ECT* 基因家族的鉴定与表达分析 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 2026, 48(5): 13-24.

芒果 *ECT* 基因家族的鉴定与表达分析

郭甜丽, 杨金华, 刘艳珠, 雷元瑾, 赖松泽, 舒铭洋

广西大学农学院, 广西南宁 530004

摘要: YTH 结构域结合蛋白是特异性识别 N^6 -甲基腺苷(m^6A)的 RNA 结合蛋白, 大多标注为进化保守的 C 端区域蛋白, 参与转录后水平的基因表达调控。从芒果“四季蜜”基因组中鉴定出 12 个 *MiECT*, 其编码蛋白基序排列具有高度一致性, 可分为 YTHDF 和 YTHDC 亚家族。*MiECT* 多数成员外显子和内含子的大小及排列差异明显。启动子含有多种逆境响应和激素调控相关顺式作用元件。表达分析表明: *MiECT* 基因在不同胁迫条件下表达显著变化: 8 个成员在低温下显著上调, 6 个成员受干旱诱导上调, 7 个成员在炭疽病菌侵染后表达上升, 6 个成员的表达与溃败病发病程度正相关, 4 个成员在水泡病发病后表达增强。这些结果提示 *MiECT* 在芒果响应低温、干旱及病原侵染等胁迫过程中可能发挥关键作用。

关键词: 芒果; YTH 结构域; *MiECT* 基因; 家族鉴定; 表达分析

中图分类号: S667.7; Q786

文献标识码: A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



文章编号: 1673-9868(2026)05-0013-12

Identification and Expression Analysis of the *ECT* Gene Family in Mango

GUO Tianli, YANG Jinhua, LIU Yanzhu,
LEI Yuanjin, LAI Songze, SHU Mingyang

College of Agriculture, Guangxi University, Nanning Guangxi 530004, China

Abstract: YTH domain-containing proteins, which specifically recognize N^6 -methyladenosine (m^6A), are RNA-binding proteins mostly annotated as evolutionarily conserved C-terminal region (ECT) proteins and are involved in post-transcriptional gene expression regulation. In this study, 12 *MiECT* genes were identified from the genome of mango ‘Siji Mi’, with highly consistent motif arrangements in their encoded proteins, which could be classified into YTHDF and YTHDC subfamilies. Most members of *MiECT*

收稿日期: 2025-10-21

基金项目: 广西自然科学基金(青年科学基金)项目(2025GXNSFBA069379); 广西第二批青苗人才普惠性支持政策科研启动项目。

作者简介: 郭甜丽, 博士, 讲师, 硕士研究生导师, 主要从事果树逆境生物学研究。

exhibit pronounced variations in exon/intron size and arrangement. The promoters contain multiple cis-regulatory elements associated with stress response and hormone regulation. Expression analysis revealed distinct expression patterns under different stress conditions: 8 members were significantly upregulated under low temperature; 6 members were upregulated by drought; 7 members exhibited increased expression after anthracnose infection; 6 members displayed a positive correlation with the severity of internal flesh breakdown; and 4 members demonstrated enhanced expression following blister disease onset. These findings suggest that *MiECT* genes may play critical roles in stress response mechanisms in mango, including low temperature, drought, and pathogen infection.

Key words: mango; YTH domain; *MiECT* gene; family identification; expression analysis

RNA 修饰是基因表达调控中的重要转录后调节方式,其中 N^6 -甲基腺苷(m^6A)是真核生物 mRNA 中最常见的化学修饰,显著影响修饰转录本的稳定性和翻译效率^[1]。 m^6A 修饰过程由 3 类蛋白协同调控,Writer 甲基转移酶负责催化修饰添加,Eraser 去甲基酶负责去除修饰,而阅读蛋白 Reader 识别并结合 m^6A 位点,进而调控 RNA 代谢过程^[2]。这一动态可逆的修饰机制构成了一种关键的转录后调控轴^[3]。在植物中, m^6A 修饰被证实参与多个生物学过程,包括胚胎发生^[4]、生长发育^[5]、形态建成^[6]、开花时间调控^[5]、胁迫响应^[5]以及作物产量形成^[7-8]。YTH 结构域结合蛋白(ECT/YTP)作为一类含有 YTH521-B 同源结构域的 RNA 结合蛋白,在真核生物中被广泛认定为 m^6A 阅读蛋白^[9],能够识别 m^6A 修饰并参与调控 RNA 的代谢及功能多样性^[10]。该蛋白家族广泛存在于真核生物中,最早于小鼠中发现,随后在人类、酵母等多种物种中被鉴定^[11]。哺乳动物中的 YTP 可分为 3 类:YTHDF1-3(胞质 m^6A 阅读蛋白)、YTHDC1(核内蛋白,参与剪接调控)和 YTHDC2(具解旋酶活性)。它们均具有一个高度保守的 YTH 结构域,该结构域由 4~5 个 α 螺旋与 6 个 β 链构成 α/β 折叠,其中 β 链形成 β 桶状结构, α 螺旋则起稳定疏水核心的作用^[12-14]。此外,YTHDC2 还包含解旋酶结构域、ANK 结构域和 DUF1065 结构域^[13]。动物 YTP 被证明通过影响 RNA 剪接、稳定性和免疫原性,从而在免疫调节和抗肿瘤免疫中发挥重要作用^[15]。

与其他真核生物相比,植物 ECT 家族成员更为丰富。拟南芥和水稻中分别鉴定出 13 和 12 个 ECT 基因,标志着植物 ECT 系统鉴定研究的开端^[16]。苹果 *MhYTP* 基因家族包含 15 个成员^[17]。*MhYTP2* 被报道通过调控靶标 mRNA m^6A 修饰水平、稳定性和翻译效率影响苹果对低温^[18]、干旱^[18]、低氮^[19]和病原菌(白粉和炭疽)^[20-21]的抗性。小麦中鉴定出 39 个 *TaYTP* 基因,其表达与胁迫应答及发育进程密切相关^[22]。草莓^[23]、番茄^[24]等作物研究也进一步证实 YTP 在植株生长和果实发育中具有关键功能。

芒果(*Mangifera indica* L.)作为漆树科芒果属的常绿乔木,是一种广泛栽培的热带果树^[25],其生长过程中常面临低温^[26]、干旱^[27]和病虫害^[28]等多种胁迫,这些因素严重影响芒果的产量与品质,制约芒果产业发展。为应对胁迫,植物通过调控基因表达以激活抗逆机制^[29]。因此,解析植物逆境应答的分子网络并挖掘关键基因,已成为作物遗传改良的重要研究方向。目前,芒果 ECT 基因家族尚未得到系统鉴定,其在生物与非生物胁迫中的功能亦有待深入探讨。本研究旨在对芒果 ECT 基因进行全基因组鉴定,分析其基因结构、启动子顺式作用元件,以及其编码蛋白的系统发育关系和保守结构域,探究该家族基因在不同胁迫条件下的表达模式,以为芒果抗逆分子育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 芒果 ECT 蛋白的筛选与特性研究

基于 YTH 保守结构域(Pfam PF04146)的 HMM 模型,利用 TBtools 软件搜索“四季蜜”芒果基因组数据库(非公开数据),获取含 YTH 结构域的 CDS 序列(去除内含子后),翻译为蛋白序列。通过 CD-Search 验证 YTH 结构域的存在,并用 BioXM 软件计算蛋白的等电点和分子量。

1.2 系统进化分析

用 MEGA11 计算最优进化模型, 采用最大似然法构建系统发育树, 并使用 Evolview 网站 (<https://www.evolgenius.info/evolview/#/treeview>) 可视化系统发育树。

1.3 蛋白保守基序、保守结构域和基因结构分析

将 MiECT 序列提交到 MEME 网站 (<http://meme-suite.org/tools/meme>), 得到保守蛋白质基序。利用 TBtools 分析基因结构、保守结构域和基序。

1.4 基因启动子区顺式作用元件分析

从“四季蜜”芒果基因库下载基因上游 2 000 bp DNA 序列, 上传到 Plantcare 网站 (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) 进行基因启动子区顺式作用元件预测。分析结果通过 TBtools 进行可视化分析。

1.5 MiECT 基因表达模式分析

试验材料为“四季蜜”芒果, 将芒果种子去掉种皮取出种胚, 用清水水培种胚, 每天更换清水。2 周后长出幼苗并将其进行移栽, 基质与蛭石比例为 9:1。培养 2 个月后选择长势均一的幼苗进行对应胁迫处理。

低温: 将 2 月苗龄幼苗放入 4 °C 培养箱中模拟低温胁迫, 分别于 0、6、12 和 48 h 采集成熟叶片, 立即置于液氮中冷冻, -80 °C 保存。

干旱: 在充分灌溉后进行, 浇水后记为 0, 分别于 0、6、12 和 48 h 采集成熟叶片, 立即置于液氮中冷冻, -80 °C 保存。

炭疽: 在相对湿度为 100% 的条件下, 对花后 100 d 的果实分别接种胶孢炭疽菌 (*Colletotrichum gloeosporioides*) 并进行黑暗处理, 分别于 0、6、12、48、72 和 96 h 采集果实组织, 立即置于液氮中冷冻, -80 °C 保存。

水泡病 (Blister) 和溃败病 (Internal flesh breakdown) 是由于果实中矿质元素不平衡所引起的生理性病害^[30-31], 样品采自广西大学标本园, 液氮速冻, 保存于 -80 °C 冰箱。

采用 FastPure Universal Plant Total RNA Isolation Kit 试剂盒提取植物总 RNA (诺唯赞生物), 所有耗材均使用 DEPC 酶处理并高温灭菌。采用 Hiscript IV All-in-one Ultra RT SuperMix for qPCR 试剂进行逆转录 (诺唯赞生物)。荧光实时定量 PCR (RT-qPCR) 染料为 ChamQ SYBR qPCR master Mixture (诺唯赞生物), 以芒果持家基因 *Actin* 为内参基因, 用 primer3 Plus 网站设计荧光定量 PCR 引物, 引物序列见表 1, 试验重复 3 次。

表 1 实时荧光定量的引物序列

引物名称	引物序列 (5'-3')
q-MiActin1-F	CCGAGACATGAAGGAGAAGC
q-MiActin1-R	GTGGTCTCATGGATACCAGCA
q-MiECT1.1-F	TGGGTTCAACCTCAGTGACG
q-MiECT1.1-R	CCCAGCATTTGCAGCATGTT
q-MiECT1.2-F	GGTCAAAGCCACTGAGACCA
q-MiECT1.2-R	GTA AACCCAGCATTGGCAGC
q-MiCPSF30-F	TACAAGCCGATTCCCTCGCTC
q-MiCPSF30-R	TCTTGTTACGGCACTCTCC
q-MiECT4-F	GCGGTCTTCTATCCCATGGG
q-MiECT4-R	CATTGGTGCCAAAGCCCATC
q-MiECT5.1-F	ATGAGAAGCGGCAGAAAGCT
q-MiECT5.1-R	GCGGACAAAACAACCTTCCC

续表 1

引物名称	引物序列(5'-3')
q-MiECT5. 2-F	AGCCGTGATACTCAGGAGGT
q-MiECT5. 2-R	CACGCGAACAACTTGAGCAA
q-MiECT6-F	GCAGCCTCATCCTGTGTTCT
q-MiECT6-R	GCTCTAGGGCCCCGATTTTT
q-MiECT8-F	AAGCGGTCAGTTCTGTGGAG
q-MiECT8-R	AACCTCCTGTGTGTCTCTGC
q-MiECT9-F	GCCATGCAAGAAAGGAAGGC
q-MiECT9-R	AACTTCCATGGGCCACAGAG
q-MiECT10-F	ACTGGCAGCAAGATAGGTGG
q-MiECT10-R	CATGTACGCGCATCATGCTC
q-MiECT11-F	AATGGGAGGCTGTGGAATGG
q-MiECT11-R	TTGGAGTGCTTGCCCATACA
q-MiECT12-F	GGCCGGTTGGAAAAGTCAAC
q-MiECT12-R	CTATCTCGCCTCCACCCAAC

1.6 数据统计与分析

采用 Excel 表格对数据进行初步汇总整理。利用 IBM SPSS Statistics 22.0 软件对各指标数据进行单因素方差分析, 因素不同水平间差异显著性采用 Tukey's 检验(设置 0.05 显著性水平), 用字母标记法进行显著性标注。利用 Graphpad Prism 9.5 制图。

2 结果与分析

2.1 芒果 *MiECT* 基因家族的成员鉴定及其编码蛋白的理化性质分析

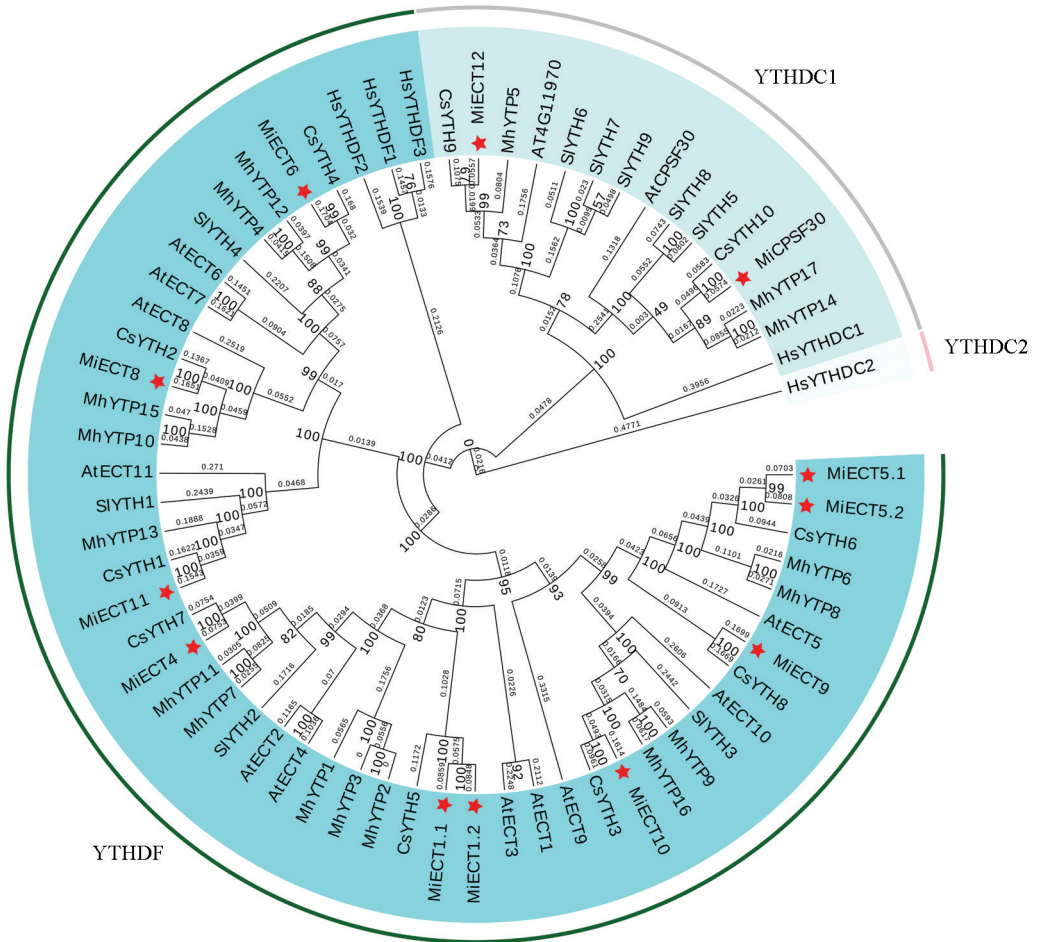
在“四季蜜”芒果基因库中共鉴定到 12 个 *ECT* 基因, 并预测其编码蛋白的理化性质, 如表 2 所示。在这些 *ECT* 蛋白中, *MiECT8* 的氨基酸序列最长, 为 1 083 个氨基酸, 分子量约为 119.6 kDa; 而 *MiECT12* 最短, 仅含 203 个氨基酸, 分子量约为 23.1 kDa。这些蛋白的等电点分布范围为 5.12(*MiECT10*)至 8.42(*MiECT12*)。

表 2 芒果 *MiECT* 编码蛋白的理化性质

基因名字	基因 ID	蛋白分子量/KDa	蛋白等电点(pH)	蛋白长度/aa
<i>MiECT1. 1</i>	MiSJ02g00927	65.9	7.26	604
<i>MiECT1. 2</i>	MiSJ03g01179	69.1	6.99	626
<i>MiCPSF30</i>	MiSJ06g00376	76.2	6.65	698
<i>MiECT4</i>	MiSJ03g00566	76.4	7.10	695
<i>MiECT5. 1</i>	MiSJ03g00768	72.1	5.18	656
<i>MiECT5. 2</i>	MiSJ11g00913	71.2	5.38	650
<i>MiECT6</i>	MiSJ02g01824	77.0	5.55	702
<i>MiECT8</i>	MiSJ12g00676	119.6	6.70	1083
<i>MiECT9</i>	MiSJ08g01390	69.5	7.69	633
<i>MiECT10</i>	MiSJ15g00777	117.7	5.12	1041
<i>MiECT11</i>	MiSJ04g00952	60.6	6.52	545
<i>MiECT12</i>	MiSJ05g01426	23.1	8.42	203

2.2 芒果 MiECT 家族成员的系统进化分析

为探究 ECT 家族成员间的进化关系, 用芒果、拟南芥、苹果、番茄、人类和甜橙这 6 个物种共 66 条 ECT 蛋白序列构建了系统发育树, 如图 1 所示。进化分析表明, 芒果 ECT 蛋白可划分为 YTHDF 和 YTHDC 两个亚家族。其中, 仅 MiECT12 和 MiCPSF30 归属于 YTHDC1 亚类, 这一分类特征与拟南芥中 11 个 ECT 蛋白属于 YTHDF 亚家族、2 个属于 YTHDC 亚家族的情况类似。所有分析的植物 ECT 蛋白中均未发现与人类 HsYTHDC2 直系同源的蛋白。进一步亲缘关系分析显示, 芒果 ECT 与其他物种存在若干直系同源关系, 尤其与甜橙的 ECT(YTH) 基因亲缘较近, 如 CsYTH4 与 MiECT6、CsYTH2 与 MiECT8、CsYTH7 与 MiECT4 等。此外, 芒果也与拟南芥(如 AtECT5 与 MiECT9)和苹果(如 MhYTP16 与 MiECT10)等物种的 ECT 基因表现出较近的进化关系。



At: *Arabidopsis thaliana*; Cs: *Citrus sinensis*; Hs: *Homo sapiens*; Mh: *Malus hupehensis*; Mi: *Mangifera indica*; Sl: *Solanum lycopersicum*。

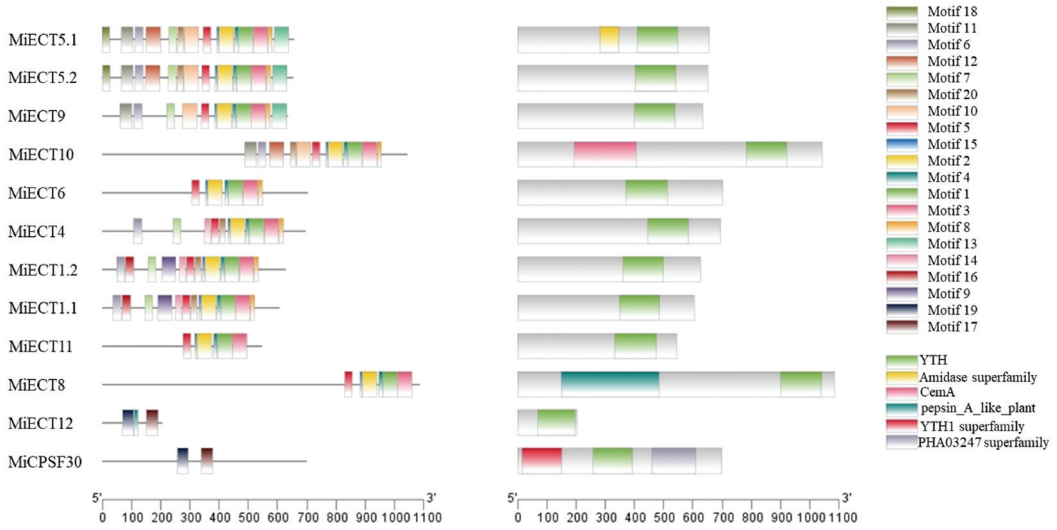
图 1 芒果与拟南芥、苹果、番茄、人类、甜橙的 ECT 家族系统进化关系

2.3 芒果 MiECT 基因家族编码蛋白的保守基序、保守结构域及其基因结构分析

基序分析结果如图 2a 所示, 在 MiECT 家族中, 除 MiECT12 和 MiCPSF30, 所有成员均包含 6 个按相同顺序排列的基序, 即 Motif5、Motif15、Motif2、Motif4、Motif1 和 Motif3。

MiCPSF30 所含基序数量最少, 仅包括 Motif19 和 Motif17, 比 MiECT12 少一个基序。保守结构域分析表明所有 MiECT 蛋白均包含典型的 YTH 结构域, 但其在蛋白质中的位置存在亚家族特异性, YTHDF 亚家族的 YTH 结构域更靠近 C 端, 而 YTHDC1 亚家族的 MiECT12 和 MiCPSF30 的 YTH 结构域则位于

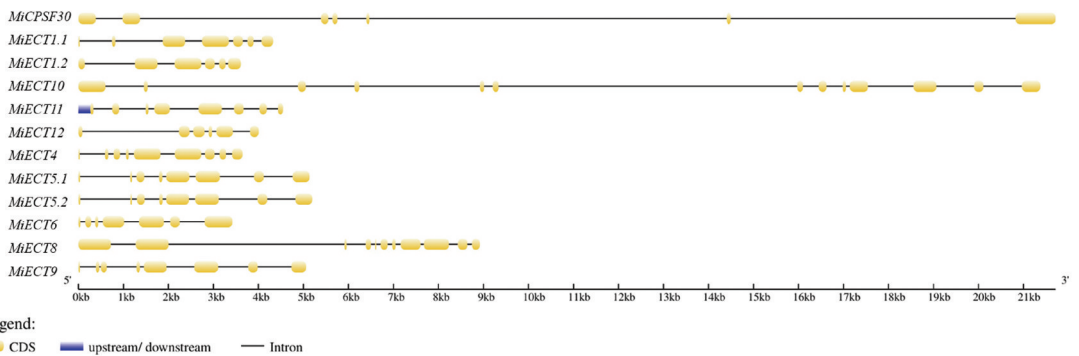
蛋白质中部。除 YTH 结构域外,未发现其他保守结构域(图 2b)。这些高度一致的基序排列和结构域分布模式表明, MiECT 在进化上具有高度保守性。通过对比 *MiECT* 基因的 mRNA 序列与基因组序列,并利用 TBtools 软件绘制了 12 个 *MiECT* 基因的外显子-内含子分布图。分析显示,所有 *MiECT* 家族成员均含有不少于 5 个内含子,且大部分基因在外显子和内含子的大小及排列方式上存在显著差异,表明这些基因可能经历了独立的进化过程。值得注意的是, *MiECT5.1* 与 *MiECT5.2*, *MiECT1.1* 与 *MiECT1.2* 表现出高度相似的基因结构(图 2c),提示它们可能来源于串联重复事件。



a



b



c

图 2 芒果 *MiECT* 基因家族编码蛋白的保守基序(a)、保守结构域(b)及其基因结构(c)分析

2.4 芒果 *MiECT* 基因启动子区顺式作用元件分析

分析 *MiECT* 基因启动子顺式作用元件, 结果如图 3 所示, 发现 *MiECT* 基因启动子区含有丰富的激素响应、胁迫响应及光响应等相关顺式作用元件, 包括茉莉酸甲酯(MeJA)响应、脱落酸(ABA)响应、厌氧诱导响应、赤霉素响应、低温响应等元件。其中, 参与厌氧诱导响应、茉莉酸甲酯(MeJA)响应和脱落酸响应的顺式作用元件几乎存在于所有 *MiECT* 基因中。

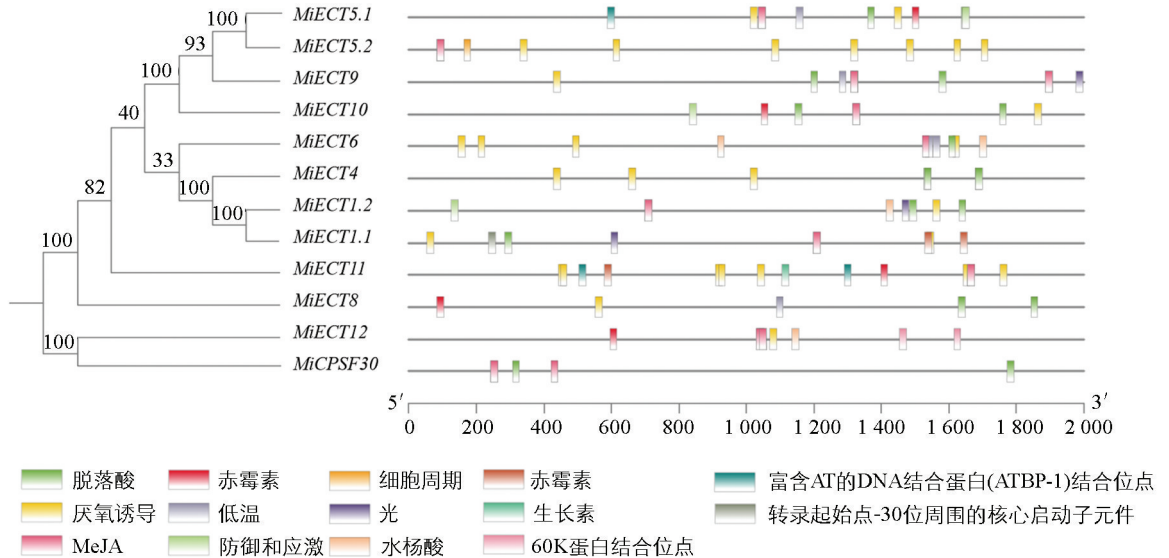


图 3 芒果 *MiECT* 基因家族成员启动子上游 2 000 bp 顺式调控元件

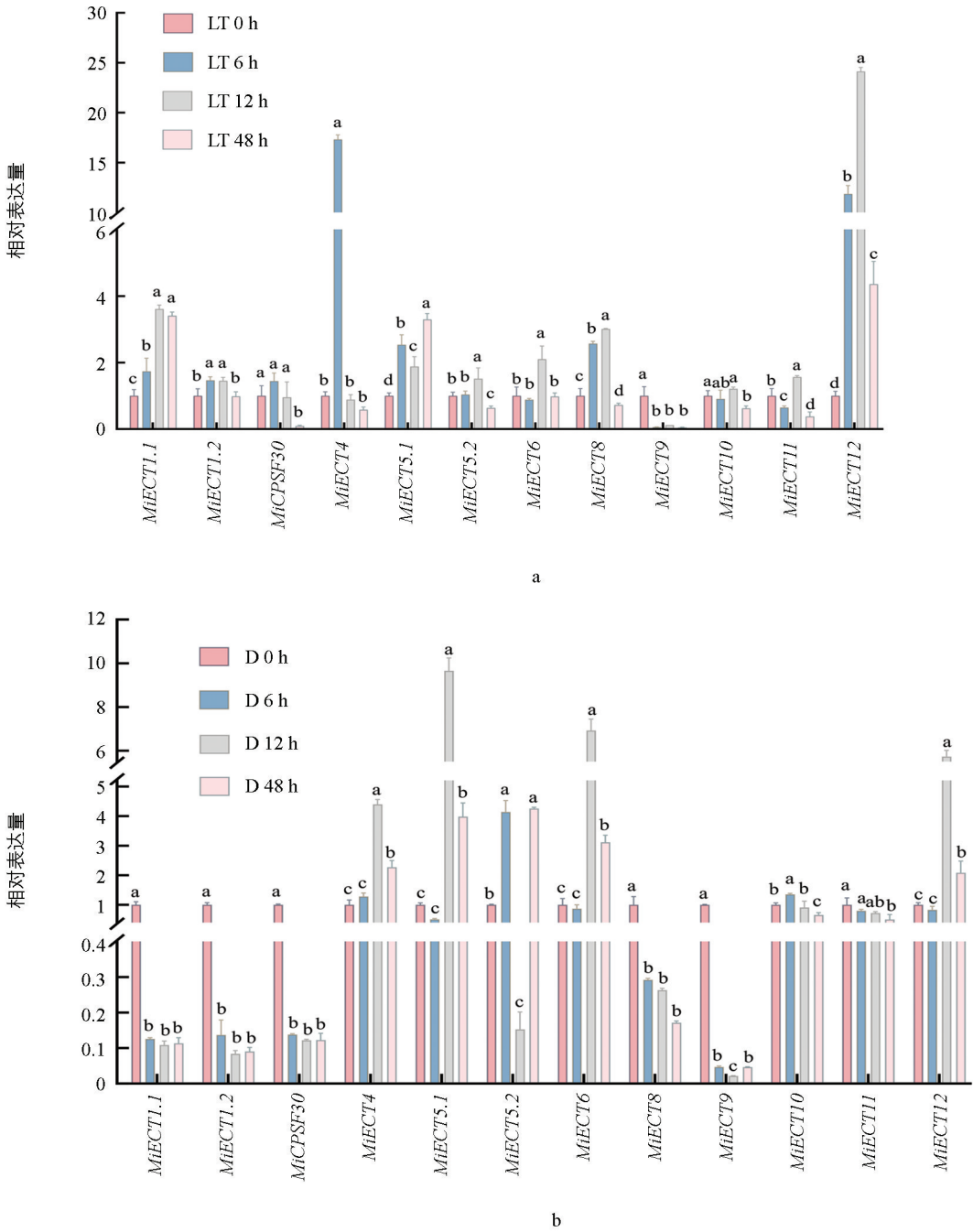
2.5 芒果 *MiECT* 基因在非生物胁迫处理下的表达模式分析

为探究 *MiECT* 基因在非生物中可能的生理功能, 采用 RT-qPCR 技术首先分析了该家族基因在低温胁迫下的表达模式。从图 4 可以看出, 除 *MiCPSF30*、*MiECT9* 和 *MiECT10* 外, 其他 *MiECT* 基因均受低温诱导显著表达。*MiECT4* 和 *MiECT12* 表现出极为强烈的应答: *MiECT4* 在胁迫 6 h 后的表达量急剧增至对照组的 18 倍; 而 *MiECT12* 的反应稍晚, 在 12 h 后表达量升至对照组的 24 倍(图 4a), 表明它们在低温响应中可能扮演关键角色。

此外, 分析了 *MiECT* 家族基因对干旱胁迫的响应。干旱处理显著抑制了 *MiECT1.1*、*MiECT1.2*、*MiCPSF30*、*MiECT8*、*MiECT9* 和 *MiECT11* 的表达; 相反, *MiECT4*、*MiECT5.1*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT10* 和 *MiECT12* 的表达则被显著诱导(图 4b)。

2.6 芒果 *MiECT* 基因在生物胁迫和生理性病害发生下的表达模式分析

在炭疽病菌胁迫下, *MiECT* 基因家族呈现出不同的表达模式: *MiECT1.1*、*MiCPSF30*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT8*、*MiECT9* 和 *MiECT11* 的表达显著上调; 而 *MiECT1.2*、*MiECT4*、*MiECT5.1*、*MiECT10* 和 *MiECT12* 的表达则受到抑制(图 5a)。在溃败病发生后, *MiECT* 基因的表达变化与病害严重程度呈现显著关联。其中, *MiECT1.1*、*MiECT1.2*、*MiCPSF30*、*MiECT4*、*MiECT10* 和 *MiECT11* 的表达水平与病情严重程度呈正相关; 与之相反, *MiECT5.1*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT9* 和 *MiECT12* 的表达水平则与病情严重程度呈负相关。此外, *MiECT8* 的表达未发生显著变化, 表明其不响应此胁迫(图 5b)。在水泡病发生后, *MiECT* 基因家族的表达出现分化: *MiECT1.1*、*MiCPSF30*、*MiECT10* 和 *MiECT11* 的表达被显著诱导; 而 *MiECT1.2*、*MiECT4*、*MiECT5.1*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT8*、*MiECT9* 和 *MiECT12* 的表达则受到显著抑制(图 5c)。上述结果表明, *MiECT* 基因家族成员在不同胁迫条件下具有特异性的表达调控模式, 可能广泛参与芒果对逆境胁迫的响应过程, 并与植物的抗逆机制密切相关。



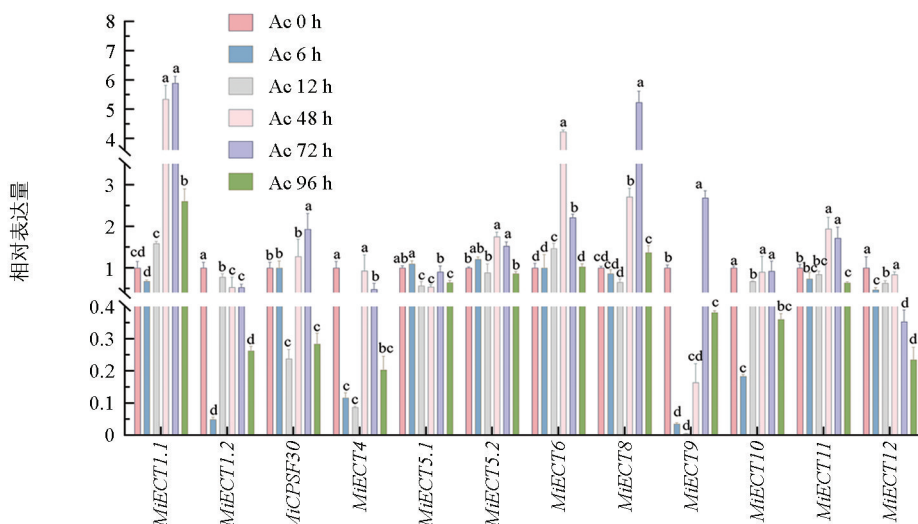
LT 即 Low Temperature, 表示低温胁迫。D 即 Drought, 表示干旱胁迫。试验重复 3 次, 数据以平均值±标准差(SD)表示。不同字母表示同一基因在处理下有显著差异, 数据运用单因素方差分析对每个变量进行 Tukey's 检验($p < 0.05$), 下同。

图 4 芒果 *MiECT* 基因在低温 (a) 和干旱 (b) 胁迫下的表达模式

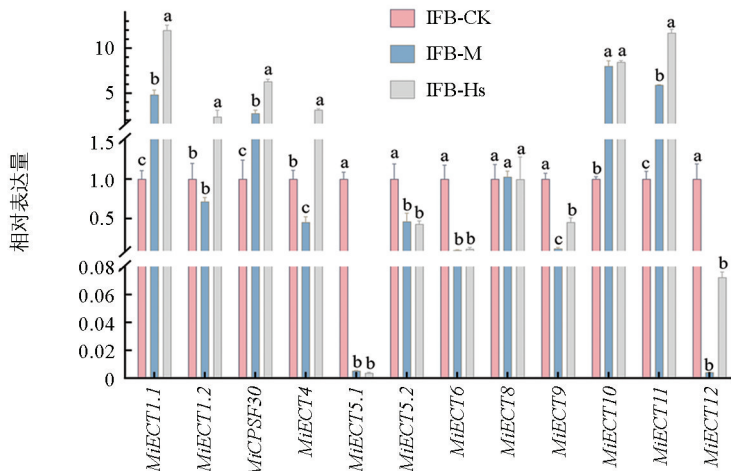
3 讨论与结论

3.1 讨论

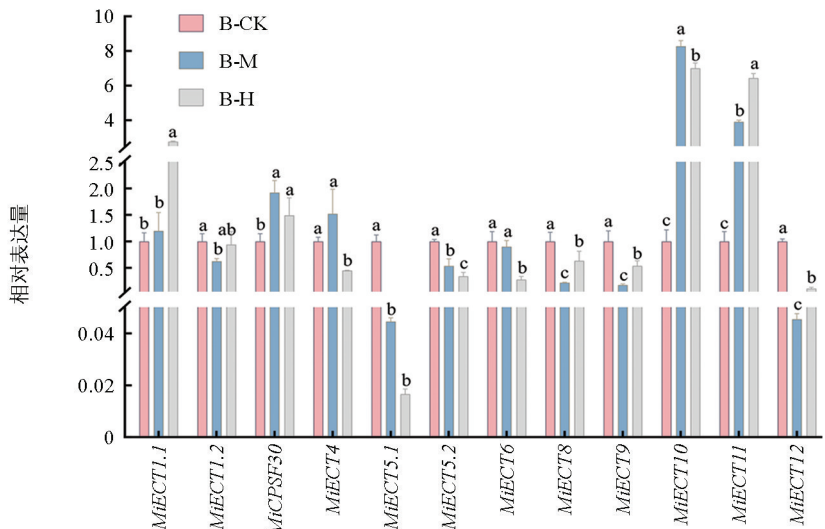
MiECT 蛋白作为 m^6A 的主要阅读蛋白, 在真核生物中具有高度保守性^[32]。植物 *ECT* 家族成员数量普遍多于动物, 例如拟南芥中有 13 个^[33]、水稻 12 个^[16]、苹果 15 个^[18]、番茄 9 个^[34]、甜橙 10 个^[35], 而普通小麦中更鉴定出 39 个 *ECT* 基因^[22], 均远多于人类的 5 个。本研究在芒果中鉴定到 12 个 *MiECT*, 其启动子含有多种激素与逆境响应元件, 包括茉莉酸甲酯、赤霉素和低温响应元件等, 表明该家族可能通过激



a



b



c

Ac 即 Anthracnose, 表示炭疽病胁迫, IFB 即 Internal Flesh Breakdown, 表示溃败病胁迫, B 即 Blister, 表示水泡病胁迫。CK 表示正常果、无发病; M 即 Moderate, 表示中度发病; H 即 High, 表示重度发病。

图 5 芒果 MiECT 基因在炭疽 (a)、溃败 (b) 和水泡 (c) 病胁迫下的表达模式

素信号通路参与芒果的逆境应答机制。例如 *MiECT4* 启动子区域未发现典型的低温响应元件,但是存在脱落酸响应元件,其受低温处理诱导显著表达。已有研究表明,在水稻中,低温胁迫可通过 ABRE 顺式作用元件诱导 ABA 反应基因上调^[36];而 ABA 作为一种关键的胁迫激素,在低温等渗透胁迫应答中起核心作用^[37]。由此推测 *MiECT4* 在低温下的诱导表达可能与 ABA 信号通路有关。

多项研究表明, *ECT* 基因在不同物种中广泛参与非生物胁迫响应,如低温、高温、干旱、盐和低氧等^[38-39]。例如, *AtECT12* 作为一个潜在 m^6A 阅读蛋白,在盐和干旱胁迫中通过调节特定 m^6A 修饰转录本的稳定性,增强植株抗逆性^[40]。苹果 *MhYTP1* 和 *MhYTP2* 受 ABA 诱导,通过结合靶标 RNA 调控水分运输和气孔行为,增强抗旱性^[18]; *MhYTP2* 还可通过结合并调控低温响应基因(*MdRH20* 和 *MdGRP2*),增强植株耐寒性^[41]。番茄 *SlYTH8* 过量表达导致对冷胁迫更敏感,可能与表皮毛形态变化相关^[42]。甜橙 *CsYTH2* 和 *CsYTH4* 受多种非生物胁迫及 ABA 诱导,表明其通过 ABA 信号通路在多重胁迫应答中发挥作用^[35]。这些结果共同说明 *ECT* 基因在植物抗逆过程中具有重要作用。本研究系统分析了芒果 *MiECT* 基因在多种胁迫条件下的表达模式,结果显示该家族成员呈现多样化的表达响应。*MiECT1.1*、*MiECT1.2*、*MiECT4*、*MiECT5.1*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT8* 和 *MiECT12* 响应低温胁迫显著上调表达; *MiECT4*、*MiECT5.1*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT10* 和 *MiECT12* 受到干旱诱导显著上调表达; *MiECT1.1*、*MiCPSF30*、*MiECT5.2*、*MiECT6*、*MiECT8*、*MiECT9* 和 *MiECT11* 受到炭疽病菌感染显著上调表达; *MiECT1.1*、*MiECT1.2*、*MiCPSF30*、*MiECT4*、*MiECT10* 和 *MiECT11* 的表达水平与溃败病发病程度呈正相关; *MiECT1.1*、*MiCPSF30*、*MiECT10* 和 *MiECT11* 的表达被水泡病胁迫诱导显著上调表达。表明芒果 *MiECT* 家族可能通过类似的分子机制参与胁迫响应。

3.2 结论

芒果中共鉴定出 12 个 *ECT* 家族成员,其中 10 个属于 *YTHDF* 亚家族,仅包含一个位于 C 末端的 *YTH* 结构域,未发现其他典型结构域;其余两个成员 *MiECT12* 和 *MiCPSF30* 属于 *YTHDC* 亚家族。*MiECT* 家族在进化上具有高度保守性。表达谱分析表明,该家族成员广泛响应低温、干旱等非生物胁迫以及炭疽病、水泡病和溃败病等生物胁迫,但各成员在不同胁迫类型及处理时间点表现出高度差异化的表达模式。这些结果为进一步解析 *MiECT* 基因的功能机制奠定了重要基础。

参考文献:

- [1] FRYE M, HARADA B T, BEHM M, et al. RNA Modifications Modulate Gene Expression During Development [J]. *Science*, 2018, 361(6409): 1346-1349.
- [2] MEYER K D, JAFFREY S R. Rethinking m^6A Readers, Writers, and Erasers [J]. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 2017, 33: 319-342.
- [3] PATIL D P, PICKERING B F, JAFFREY S R. Reading m^6A in the Transcriptome: m^6A -Binding Proteins [J]. *Trends in Cell Biology*, 2018, 28(2): 113-127.
- [4] GARCIAS-MORALES D, PALOMAR V M, CHARLOT F, et al. N^6 -Methyladenosine Modification of mRNA Contributes to the Transition from 2D to 3D Growth in the Moss *Physcomitrium Patens* [J]. *The Plant Journal*, 2023, 114(1): 7-22.
- [5] ZHENG H X, GAO Y P, DANG Y Y, et al. Characterization of the m^6A Gene Family in Sorghum and Its Function in Growth, Development and Stress Resistance [J]. *Industrial Crops and Products*, 2023, 198: 116625.
- [6] TAYIER S, TIAN E L, JIA G F. Regulatory Role of RNA N^6 -Methyladenosine Modification in Plants [J]. *Israel Journal of Chemistry*, 2024, 64(5): e202400029.
- [7] RAMAKRISHNAN M, RAJAN K S, MULLASSERI S, et al. Exploring N^6 -Methyladenosine (m^6A) Modification in

- Tree Species: Opportunities and Challenges [J]. *Horticulture Research*, 2023, 11(2): uhad284.
- [8] SONG P Z, CAI Z H, JIA G F. Principles, Functions, and Biological Implications of m⁶A in Plants [J]. *RNA*, 2024, 30(5): 491-499.
- [9] LIAO S H, SUN H B, XU C. YTH Domain: A Family of N⁶-Methyladenosine (m⁶A) Readers [J]. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2018, 16(2): 99-107.
- [10] FU Y, DOMINISSINI D, RECHAVI G, et al. Gene Expression Regulation Mediated through Reversible m⁶A RNA Methylation [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2014, 15(5): 293-306.
- [11] SONG P Z, TAYIER S, CAI Z H, et al. RNA Methylation in Mammalian Development and Cancer [J]. *Cell Biology and Toxicology*, 2021, 37(6): 811-831.
- [12] WANG X, LU Z K, GOMEZ A, et al. N⁶-Methyladenosine-Dependent Regulation of Messenger RNA Stability [J]. *Nature*, 2014, 505(7481): 117-120.
- [13] HSU P J, ZHU Y F, MA H H, et al. YTHDC2 Is an N⁶-Methyladenosine Binding Protein that Regulates Mammalian Spermatogenesis [J]. *Cell Research*, 2017, 27(9): 1115-1127.
- [14] XU C, WANG X, LIU K, et al. Structural Basis for Selective Binding of m⁶A RNA by the YTHDC1 YTH Domain [J]. *Nature Chemical Biology*, 2014, 10(11): 927-929.
- [15] LI F H, ZENG C, LIU J, et al. The YTH Domain-Containing Protein Family: Emerging Players in Immunomodulation and Tumour Immunotherapy Targets [J]. *Clinical and Translational Medicine*, 2024, 14(8): e1784.
- [16] LI D Y, ZHANG H J, HONG Y B, et al. Genome-Wide Identification, Biochemical Characterization, and Expression Analyses of the YTH Domain-Containing RNA-Binding Protein Family in *Arabidopsis* and Rice [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2014, 32(6): 1169-1186.
- [17] 王娜. 苹果 YTH 结构域 RNA 结合蛋白基因 *MhYTP1* 和 *MhYTP2* 的功能研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- [18] WANG N, YUE Z Y, LIANG D, et al. Genome-Wide Identification of Members in the YTH Domain-Containing RNA-Binding Protein Family in Apple and Expression Analysis of Their Responsiveness to Senescence and Abiotic Stresses [J]. *Gene*, 2014, 538(2): 292-305.
- [19] GUO T L, YANG Z H, BAO R, et al. The m⁶A Reader MhYTP2 Regulates the Stability of Its Target mRNAs Contributing to Low Nitrogen Tolerance in Apple (*Malus domestica*) [J]. *Horticulture Research*, 2023, 10(6): uhad094.
- [20] GUO T L, BAO R, YANG Z H, et al. The m⁶A Reader MhYTP2 Negatively Modulates Apple Glomerella Leaf Spot Resistance by Binding to and Degrading *MdRGA2L* mRNA [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2023, 24(10): 1287-1299.
- [21] GUO T L, LIU C H, MENG F X, et al. The m⁶A Reader MhYTP2 Regulates *MdMLO19* mRNA Stability and Antioxidant Genes Translation Efficiency Conferring Powdery Mildew Resistance in Apple [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2022, 20(3): 511-525.
- [22] SUN J, BIE X M, WANG N, et al. Genome-Wide Identification and Expression Analysis of YTH Domain-Containing RNA-Binding Protein Family in Common Wheat [J]. *BMC Plant Biology*, 2020, 20(1): 351.
- [23] XU P B, LI X Y, FAN J M, et al. Comprehensive Identification and Expression Analysis of the YTH Family of RNA-Binding Proteins in Strawberry [J]. *Plants*, 2023, 12(7): 1449.
- [24] 敖秋婧. m⁶A reader 蛋白 SIYTH2 对番茄生长发育的调控作用及其机制研究 [D]. 重庆: 重庆大学, 2022.
- [25] 温琼文, 王青叶. 元江县芒果产业现状及发展对策 [J]. *云南农业科技*, 2015(6): 65-67.
- [26] 张椿林, 杨小波, 杜成勋, 等. 低温胁迫对芒果花序的影响 [J]. *中南农业科技*, 2024, 45(7): 50-53.
- [27] 宋舒婷. 芒果生理参数对干旱胁迫的响应研究 [J]. *农业灾害研究*, 2023, 13(2): 111-113.
- [28] 林迺, 雷跃, 卢崇山, 等. 芒果主要病虫害研究进展 [J]. *农业科技通讯*, 2023(7): 147-152.
- [29] ALI S, KHAN N. Delineation of Mechanistic Approaches Employed by Plant Growth Promoting Microorganisms for

- Improving Drought Stress Tolerance in Plants [J]. *Microbiological Research*, 2021, 249: 126771.
- [30] 张月华, 苏穆清, 刘斌, 等. 凯特杧果肉溃败与钙营养关系分析 [J]. *中国南方果树*, 2021, 50(4): 82-86.
- [31] 刘萍. 配方施肥对金煌芒营养及品质的影响 [D]. 南宁: 广西大学, 2011.
- [32] PIOMPONI V, KREPL M, SPONER J, et al. Molecular Simulations to Investigate the Impact of N^6 -Methylation in RNA Recognition: Improving Accuracy and Precision of Binding Free Energy Prediction [J]. *The Journal of Physical Chemistry B*, 2024, 128(37): 8896-8907.
- [33] LEE K P, LIU K W, KIM E Y, et al. The m^6A Reader ECT1 Drives mRNA Sequestration to Dampen Salicylic Acid-Dependent Stress Responses in *Arabidopsis* [J]. *The Plant Cell*, 2024, 36(3): 746-763.
- [34] YIN S Q, AO Q J, TAN C Y, et al. Genome-Wide Identification and Characterization of YTH Domain-Containing Genes, Encoding the m^6A Readers, and Their Expression in Tomato [J]. *Plant Cell Reports*, 2021, 40(7): 1229-1245.
- [35] OUYANG Z G, DUAN H H, MI L F, et al. Genome-Wide Identification and Expression Analysis of the YTH Domain-Containing RNA-Binding Protein Family in *Citrus sinensis* [J]. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 2019, 144(2): 79-91.
- [36] SONG S, WANG G F, WU H, et al. OsMFT2 is Involved in the Regulation of ABA Signaling-Mediated Seed Germination through Interacting with OsbZIP23/66/72 in Rice [J]. *The Plant Journal*, 2020, 103(2): 532-546.
- [37] 尹言言, 刘靖, 郑炳松, 等. 脱落酸调控植物非生物胁迫研究进展 [J]. *核农学报*, 2025, 39(9): 1916-1927.
- [38] 段会会. 柑橘 CAMTA 和 YTH 基因应答非生物胁迫表达分析及转基因植株的培育 [D]. 赣州: 赣南师范大学, 2020.
- [39] 张盼, 余永旭, 曹领改, 等. m^6A 甲基化修饰响应植物生物胁迫和非生物胁迫的研究进展 [J]. *园艺学报*, 2023, 50(9): 1841-1853.
- [40] AMARA U, HU J Z, PARK S J, et al. ECT12, an YTH-Domain Protein, Is a Potential mRNA m^6A Reader that Affects Abiotic Stress Responses by Modulating mRNA Stability in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 206: 108255.
- [41] 郭甜丽. m^6A 阅读蛋白 MhYTP2 对苹果低温胁迫的调控功能研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2023.
- [42] ZHANG Y D, GUO T L, LI J Y, et al. Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) YTH Domain-Containing RNA-Binding Protein (YTP) Family Members Participate in Low-Temperature Treatment and Waterlogging Stress Responses [J]. *Horticulturae*, 2024, 10(5): 522.

责任编辑 王新娟