

蓖麻 MYB 转录因子家族的鉴定和生物信息学分析

莫海英¹,李智昊¹,蔡国磊¹,陈鑫¹,吉巧琳¹,曹亚璞¹,杨海英²,杜刚¹

(1. 云南民族大学 民族医药学院,云南 昆明 650000;2. 云南民族大学 化学与环境学院,云南 昆明 650000)

摘要:MYB 是植物中最大的转录因子家族之一,在植物生长发育和逆境胁迫响应等多个生理生化过程中具有重要作用,但目前缺乏对蓖麻的 MYB 转录因子的系统分析.首先基于基因组挖掘出 32 个转录因子,并对其进行了蛋白基序、功能注释、系统进化以及理化性质的分类鉴定;其次基于转录组数据分析了胁迫条件下这些转录因子的表达谱,分析其对胁迫条件的响应.结果表明蓖麻在盐胁迫下和热胁迫下 MYB 蛋白表达量蓖麻的生长有影响.研究结果为进一步研究 MYB 转录因子在蓖麻非生物胁迫中的功能提供参考.

关键词:MYB 转录因子;蓖麻;盐胁迫;非生物胁迫

中图分类号:Q943.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-8513(2024)01-0063-08

转录因子(transcription factors, TFs)又称反式作用因子,是与真核生物基因的顺式作用元件结合并调控下游基因表达的一类蛋白分子,以响应内源性或外源性的刺激,激活或抑制靶基因的表达,从而控制生化和生理过程;依据转录因子的 DNA 结合域的差异,转录因子又分为许多基因家族^[1].其中 MYB 转录因子家族是真核生物中最通用的 TF 家族之一;癌基因 v-MYB 是在禽成髓细胞病毒中发现的第一个 MYB 转录因子^[2].MYB 转录因子是包含 53 个氨基酸残基的保守结构域,其中的 3 个色氨酸残基通过空间位置的排布,形成一个螺旋-转角-螺旋(helix-turn-helix, HTH)折叠^[3],可在特异识别位点与 DNA 的大沟结合^[4];依据 MYB 结合域数量的差异,MYB 家族被分为四个亚家族,分别是 1R-MYB、R2R3-MYB、3R-MYB 和 4R-MYB^[5].1R-MYB 是一类调控染色体结构稳定性与细胞形态建成的端粒结合蛋白^[6].R2R3-MYB 蛋白是植物中分布最广泛的一类 MYB 转录因子,在植物生长发育的各个过程发挥重要作用,例如调控次生代谢物质的生物合成、参与各种逆境胁迫响应、响应植物的激素应答等^[7].3R-MYB 蛋白广泛分布于动物以及真菌细胞中,在植物细胞中的含量相对较少,主要参与细胞周期和细胞分化,同时也参与部分逆境胁迫响应^[8].4R-MYB 目前仅在拟南芥、杨树、葡萄中有少量的发现,但其功能尚不明确^[9].MYB 蛋白广泛分布于植物体内,参与植物初级和次级代谢、生长发育、生理时钟调控、细胞周期发育、生物和非生物胁迫应答、植物防御等生物学过程的调控^[10],例如之前的研究从金鱼草、棉花、大豆、拟南芥、苹果和白菜等植物中鉴定得到功能各异的 MYB 转录因子^[11],金鱼草中 AmMYB308L 可抑制植物次生代谢途径中重要可溶性酚酸的合成^[12];红沙梨中 PyMYB10 和 PyMYB10.1 通过与 PybHLH 形成三元复合体调控花青素的生物合成^[13].

蓖麻(*Ricinus communis* L.),别名有蓖麻籽、大麻子、红蓖、老麻子、红麻等,为被子植物门大戟科蓖麻属一年生或多年生草本植物^[14],其经济价值主要体现在蓖麻籽油在生物能源、聚合物、精细化工产业中的利用,此外蓖麻还具有其他经济价值如蓖麻毒素提取用于医药农药、饼粕用于饲料化肥、叶片养蚕等^[15].蓖麻的生长适应性极强,从热带到温带地区均有分布,耐盐碱、耐瘠薄,在耕作粗放、自然条件差、污染较严重的条件下也能正常生长,蓖麻在环境绿化、防风固沙、防治水土流失、修复重金属污染土壤方面展现出其生态效益.蓖麻基因组测序于 2010 年初步完成,全基因组序列大约 350 Mb^[16],但关于蓖麻 MYB 转录因子家族功能研究少部分文献报道了在蓖麻的耐盐胁迫中 MYB 转录因子表达下调^[17],尚未对蓖麻植物的 MYB 转录因子进行系统分析,因此本研究通过蓖麻 MYB 基因家族的全基因组和转录组分析,以此与模式植物拟南芥的

收稿日期:2022-07-21.

基金项目:国家自然科学基金(81860624).

作者简介:莫海英(1998-),女,硕士研究生.主要从事化学生物学研究.

通信作者:杜刚(1973-),男,博士,教授,硕士生导师.主要从事生物信息学研究.

MYB 蛋白进行基序、聚类分析、功能注释分析、系统进化以及理化性质分析,并对不同逆境胁迫下蓖麻中 MYB 表达量差异进行研究,该研究为蓖麻植物 MYB 基因的功能研究提供了新的思路.

1 材料与方法

1.1 材料

采用的蓖麻基因组数据来源于 JGI 官网 (Joint Genome Institute, <https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>, 美国能源部联合基因组研究所的植物比较基因组学门户网站), MYB 蛋白的预测基于蓖麻基因组数据库,水稻、玉米和拟南芥的 MYB 转录因子家族氨基酸序列分别来源于 NCBI 数据库 (National Center for Biotechnology Information, <http://www.biosino.org/pages/ncbi-1.htm>, 美国国家生物技术信息中心), 和拟南芥信息资源数据库 (PlantTFDB, <http://plantfdb.gao-lab.org/>).

1.2 蓖麻 MYB 转录因子的鉴定

玉米、水稻和拟南芥的 MYB 转录因子序列通过软件 clustalw) 进行比对,依据 clustalw 的比对结果采用 hmmer 软件 (可以快速确定两组序列之间的相似程度) 构建 MYB 转录因子的 hmm 模型,结合蓖麻基因组数据库检索结果,筛选 $evalue$ 小于 1×10^{-3} 的基因片段,提取相对应的氨基酸序列,最后取三大数据库 CDD (Conserved Domain Database, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd/>, 保守结构域数据库)、PFAM (Protein families, <http://pfam.xfam.org/>, 蛋白结构域数据库)、SMART (Simple Modular Architecture Research Tool, <http://smart.embl.de/>, 识别蛋白保守结构域) 进行结构域确认,作为蓖麻 MYB 转录因子.

1.3 蓖麻 MYB 转录因子蛋白基序分析鉴定

通过 The MEME Suite 5.3.3 (<https://meme-suite.org/meme/>, 用于研究 Motif 的组合工具套, Motif 是指在—组序列中重复出现的相似的序列模式) 程序对蓖麻 MYB 家族蛋白的基序进行分析,设定基序宽度的最大值为 50、最小值为 6,基序数量为 10,其余参数均为默认值,提取所选转录因子于基因组的位置信息,使用软件 TBtools (批量序列处理和交互式数据可视化) 绘制图像.

1.4 蓖麻 MYB 转录因子蛋白的结构分析

通过 bioperl 对提取出筛选好的蓖麻 MYB 转录因子家族蛋白序列进行理化性质分析.同时利用 SOPMA (http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa_sopma.html, 蛋白质二级结构预测软件) 对蛋白二级结构特征进行预测.

1.5 蓖麻 MYB 转录因子的 GO 注释分析

通过软件 PANNZER2 (<http://ekhidna2.biocenter.helsinki.fi/sanspanz/>, 预测功能描述 (DE) 和 GO 类), 对已筛选确定的蓖麻 MYB 转录因子进行功能注释.

1.6 蓖麻 MYB 转录因子与拟南芥 MYB 转录因子系统进化树的构建

对来源于 PlantTFDB 数据库的完整拟南芥 MYB 转录因子蛋白序列进行进化分析;采用 MEGA7 软件内置的 ClustalW 程序对蓖麻 MYB 家族蛋白序列以及下载的拟南芥 MYB 转录因子蛋白序列进行比对分析,采用邻接法 (重复次数为 1000 次) 构建系统发育树.

1.7 蓖麻 MYB 转录因子蛋白的转录组表达差异分析

从 NCBI 数据库中下载蓖麻的转录组数据,热胁迫转录组数据 (HS - 1: SRR17894243, HS - 2: SRR17894242, HS - 3: SRR17894241, CK - 1: SRR17894246, CK - 2: SRR17894245, CK - 3: SRR17894244), 盐胁迫转录组数据 (USZ - 1: SRR17069850, USZ - 2: SRR17069859, USZ - 3: SRR17069858, SSZ - 1: SRR17069856, SSZ - 2: SRR17069855, SSZ - 1: SRR17069854).

使用 trim_galore v0.6.7 去除 3' 端接头和过滤平均质量分数低于碱基质量值 30 (quality score of 30, Q30) 的读长 (reads); 使用 STAR version = 2.7.10a 软件与蓖麻参考基因组 (https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Rcommunis_v0_1) 进行比对. 使用 featureCounts 2.0.1 进行定量.

2 结果与分析

2.1 蓖麻 MYB 家族成员的获得

从蓖麻基因组数据中共挖掘出 32 条 MYB 基因序列,基因片段大小为 164 ~ 676 bp. 片段最短 164 bp

(29701. m000580), 编码 54 个氨基酸, 最长 676 bp (29737. m001227), 编码 225 个氨基酸, 片段平均长度为 378 bp (见附件表 2).

2.2 蓖麻 MYB 转录因子基序分析

32 个蓖麻 MYB 转录因子家族的 10 个基序, 研究发现 32 个蓖麻转录因子蛋白均具有基序 1 和 2 结构, 结合 MEME 和 smart 结构域在线分析, 发现在 32 个 MYB 转录因子中同时存在基序 1、2 和 3 时蛋白质中具有 2 个 MYB 结构域, 不具有基序 3 时只有 1 个 MYB 结构域, 基序 3 可能是一种典型的 MYB 基因结构域 (图 1).

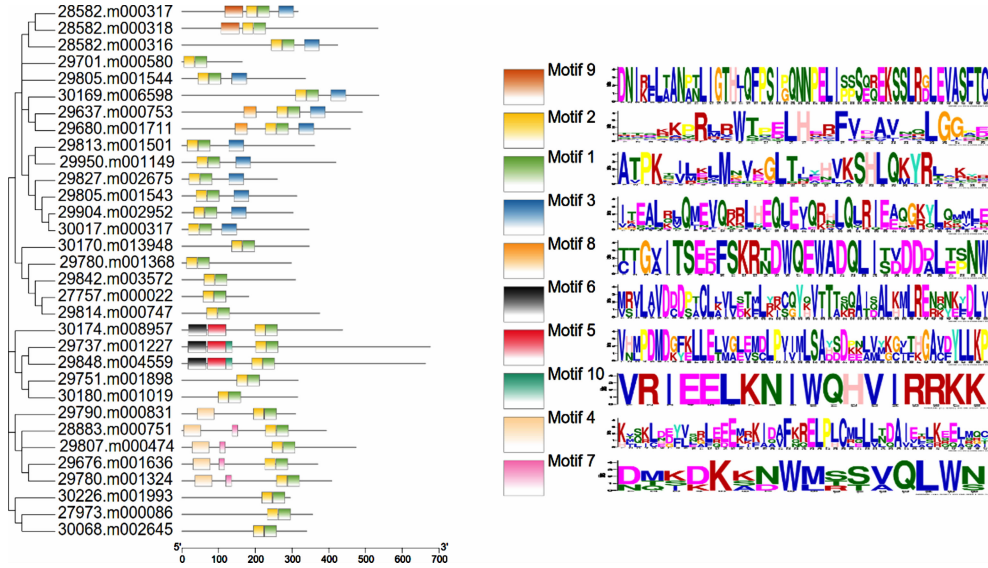


图 1 蓖麻 MYB 转录因子基序分析

即预测的 32 个蓖麻 MYB 基因家族主要是 1R - MYB 和 2R - MYB 基因亚家族. 即在 32 个蓖麻转录因子蛋白中具有 1R - MYB 结构域 (图 2) 的分别为 28582. m000318、29701. m000580、30170. m013948、29780. m001368、29842. m003572、27757. m000022、29814. m000747、30174. m008957、29737. m001227、29848. m004559、29751. m001898、30180. m001019、29790. m000831、28883. m000751、29807. m000474、29676. m001636、29780. m001324、30226. m001993、27973. m000086、30068. m002645, 具有 2R - MYB 结构域的分别为 28582. m000317、28582. m000316、29805. m001544、30169. m006598、29637. m000753、29680. m001711、29813. m001501、29950. m001149、29827. m002675、29805. m001543、29904. m002952、30017. m000317 (表 1).

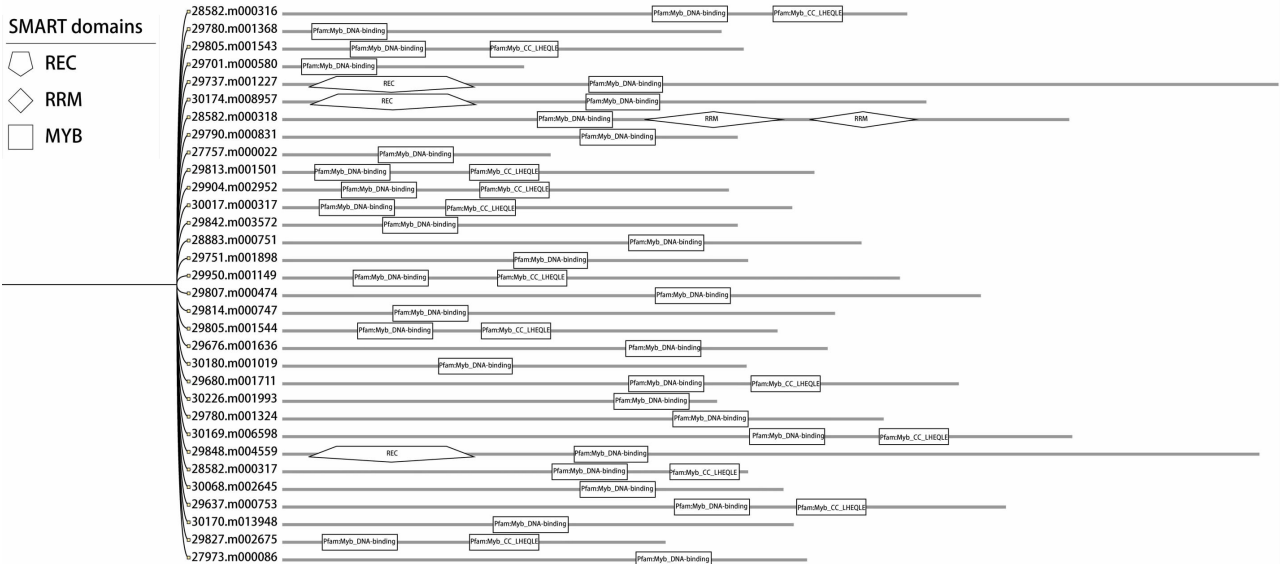


图 2 蓖麻中 MYB 基因在 smart 里的结构域

表 1 蓖麻中 MYB 基因在 smart 里鉴定的结构域

结构域个数	MYB 基因名
1	28582. m000318、29701. m000580、30170. m013948、29780. m001368、29842. m003572、27757. m000022、29814. m000747、30174. m008957、29737. m001227、29848. m004559、29751. m001898、30180. m001019、29790. m000831、28883. m000751、29807. m000474、29676. m001636、29780. m001324、30226. m001993、27973. m000086、30068. m002645
2	28582. m000317、28582. m000316、29805. m001544、30169. m006598、29637. m000753、29680. m001711、29813. m001501、29950. m001149、29827. m002675、29805. m001543、29904. m002952、30017. m000317

2.3 蓖麻 MYB 家族蛋白理化性质分析

理化性质结果(见附件表 2),此次研究中 32 个 MYB 家族蛋白平均相对分子质量为 42 132,最小值为 29701. m000580 编码蛋白的 18734. 7,最大值为 29737. m001227 编码蛋白的 74390. 5. 等电点(pI)平均值为 7. 39,最小值为 30174. m008957 编码蛋白的 4. 8,最大值为 30226. m001993 编码蛋白的 9. 88,其中 pI 大于 7 的 MYB 家族蛋白有 18 个,大于 pI 小于 7 的 14 个,证明大部分蓖麻 MYB 家族蛋白表现为偏碱性. 依据 MYB 家族蛋白结构特征预测结果,32 个 MYB 蛋白主要由无规卷曲(58. 0%)、 α 螺旋(29. 9%)、延伸链(8. 4%)和 β 转角(3. 4%)组成.

2.4 蓖麻 MYB 转录因子的 GO 注释分析

GO 注释结果表明,蓖麻 32 条 MYB 转录因子序列中有 31 条均被注释到生物过程、分子功能和细胞组分,并被进一步富集为 26 个功能类别(图 3). 其中生物过程主要富集在生物过程调节,生物调节,细胞过程和代谢过程;分子功能集中富集在结合调控上,细胞组分主要富集在细胞,细胞部分和细胞器调控上. 可推测,蓖麻 MYB 转录因子通过结合到 DNA 区域发挥相应的调控功能,主要涉及植物的细胞过程、发育过程和物质代谢等过程(图 3).

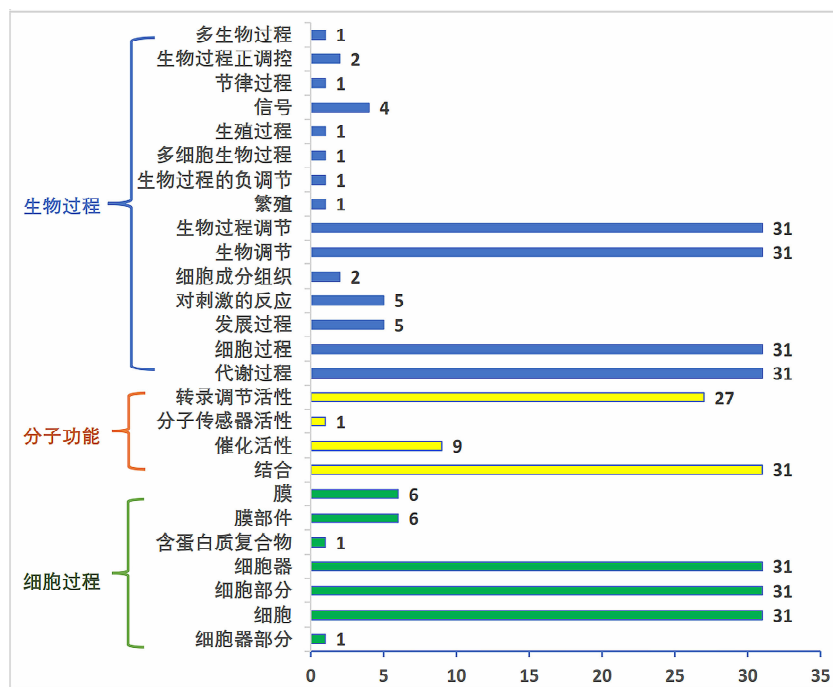


图 3 蓖麻转录因子功能注释

2.5 蓖麻 MYB 蛋白进化分析

在 PlantTFDB 数据库中下载拟南芥所有的 MYB 家族蛋白氨基酸序列(共 168 个),将上述筛选出的蓖麻 MYB 家族蛋白和下载到的拟南芥 MYB 家族蛋白利用软件 MEGA7 构建进化树. 根据聚类结果(图 4),可将蓖麻 MYB 转录因子分为 2 个亚家族,其中绿色标记的一类亚家族成员 22 个(28582. m000317—30017. m000317; 28582. m000317、28582. m000318、27757. m000022、29814. m000747、29842. m003572、29676. m001636、29780.

m001324、28883。m000751、29807。m000474、29737。m001227、29848。m004559、29751。m001898、30180。m001019、29637。m000753、29680。m001711、30169。m006598、29805。m001544、29950。m001149、29827。m002675、29813。m001501、29904。m002952、30017。m000317), 第二类亚家族成员 10 个结果(30068。m002645—29780。m001368: 29780。m001368、30174。m008975、30226。m001993、29805。m001543、29790。m000831、27973。m000086、28582。m000316、29701。m000580、30170。m013948、30068。m002646), 并且被聚类到相同分支的蛋白具有相似的功能, 根据表 3 可以看出, 第一类亚家族中拟南芥的 MYB 蛋白 AT1G49010.1、AT5G08520.1、AT5G04760.1 基因与脱落酸介导的盐胁迫耐受的重要调节因子, 是脱落酸(ABA)信号转导所必需的, 因此蓖麻中的 MYB 转录因子(28582。m000317 - 30017。m000317 分支)可能是盐胁迫耐受的重要调节因子。

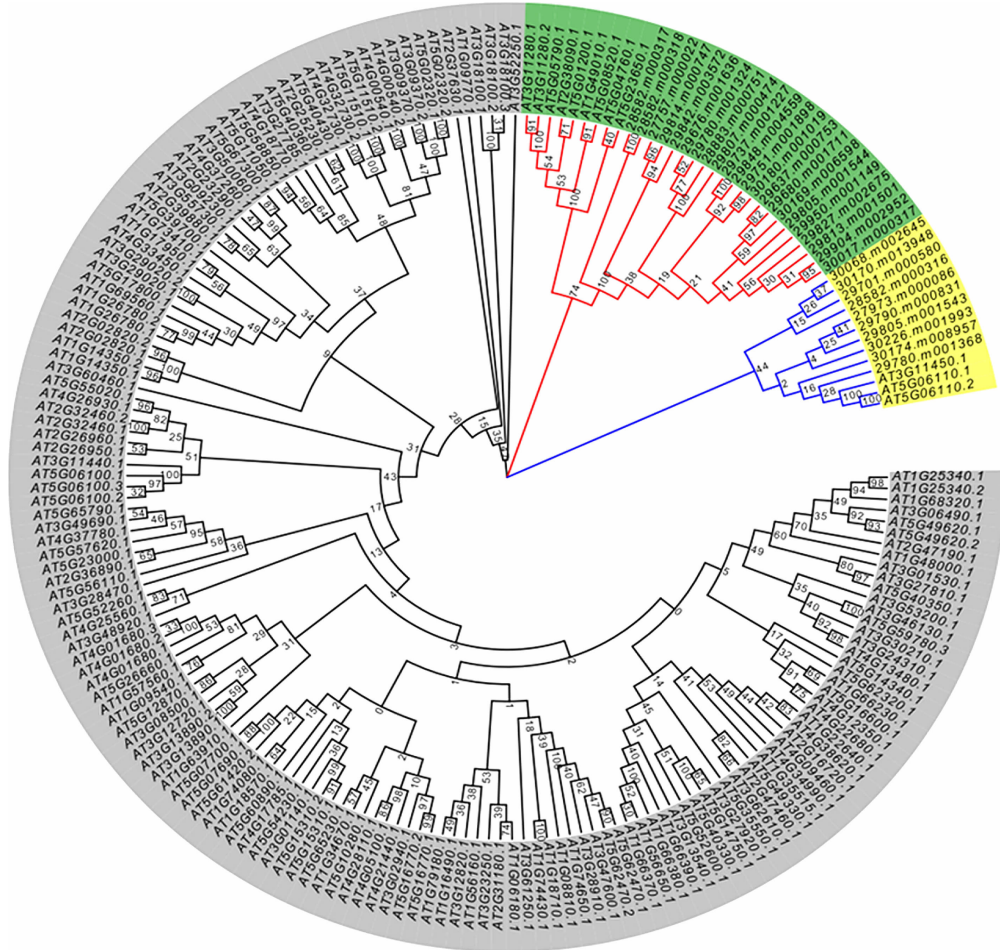


图 4 蓖麻 MYB 家族蛋白与拟南芥 MYB 家族蛋白进化树

表 3 蓖麻 MYB 转录因子与拟南芥 MYB 蛋白同源性功能比较

蓖麻 MYB 基因	拟南芥 MYB 基因	对应蛋白	功能	参考文献
28582。m000317 – 30017。m000317	AT3G11280.1	MYB 蛋白	与花的背腹不对称有关, 即调节生长发育有关	[18,19]
	AT3G11280.2			
	AT5G05790.1			
	AT2G38090.1			
	AT5G01200.1			
	AT5G08520.1	MYB 蛋白	脱落酸介导的盐胁迫耐受的重要调节因子, 是脱落酸(ABA)信号转导所必需的	[20,21]
	AT5G04760.1			
	AT5G23650.1	MYB 蛋白	同源结构域样转录调节因子	[22]
30068。m002645 – 29780。m001368	AT3G11450.1	MYB 蛋白	维持分生组织完整性的重要组成部分, 调节植物生长发育	[23,24]
	AT5G06110.1			
	AT5G06110.2			

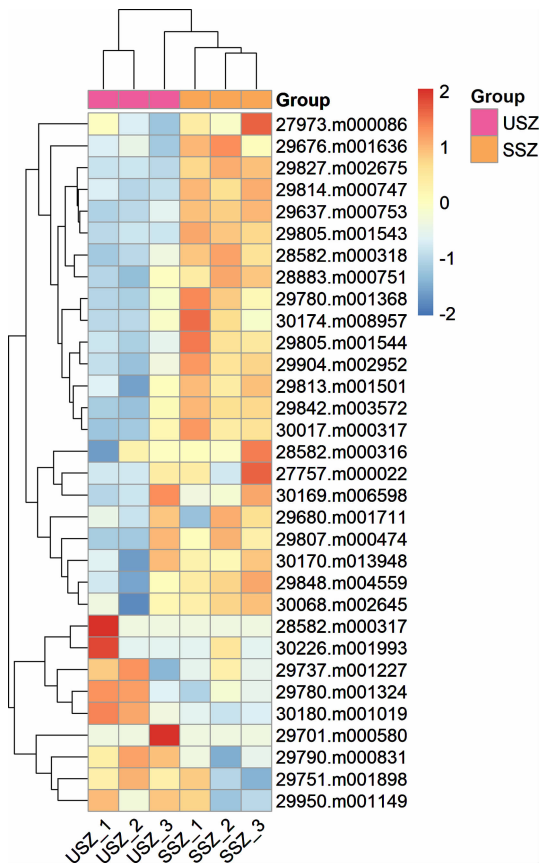
2.6 不同胁迫下 MYB 基因的转录组分析

2.6.1 盐胁迫下 MYB 基因的转录组分析

根据蛋白表达热图结果,32 个 MYB 蛋白的转录组在盐胁迫和正常情况下的表达量存在明显的差异;从图中可以看出 23 个 MYB 蛋白(占全部 MYB 蛋白的 71.88%)在盐胁迫的处理下表达上调;其中有 16 个属于第一类亚家族成员(占第一类亚家族蛋白 72.73%),分别为 28582. m000318、27757. m000022、29814. m000747、29842. m003572、29676. m001636、28883. m000751、29807. m000474、29848. m004559、29637. m000753、29680. m001711、30169. m006598、29805. m001544、29827. m002675、29813. m001501、29904. m002952、30017. m000317,表明蓖麻在盐胁迫下 MYB 蛋白表达上调,因此蓖麻中的 MYB 转录因子可能是盐胁迫耐受的重要调节因子(图 5)。

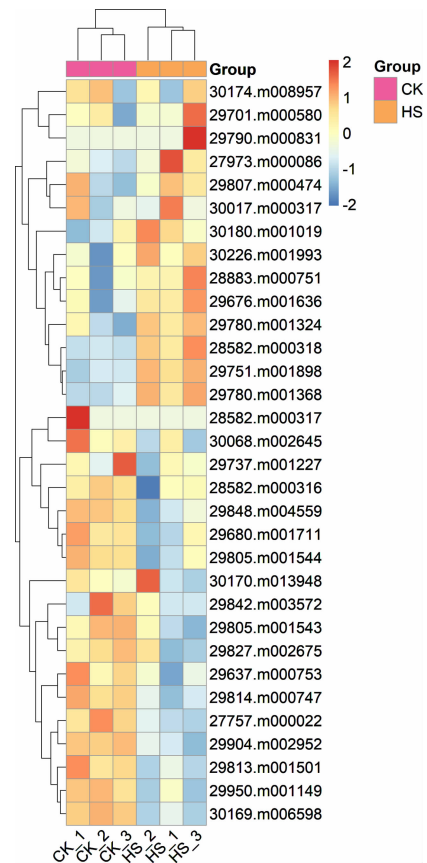
2.6.2 热胁迫下 MYB 基因的转录组分析

根据蛋白表达热图结果,在热胁迫下,19 个 MYB 基因表达量下调,13 个 MYB 基因表达量上调,其中 4 个 MYB 蛋白表达上调(29780. m1324、28582. m000318、29751. m001898 和 29780. m001368)具有相关性,这 4 个上调基因被聚类到一起,表明它们具有相似的表达模式,而 3 个 MYB 蛋白表达下调(29813. m001501、29950. m001149 和 30169. m006598)具有相似的表达模式,因此 MYB 基因在热胁迫下对蓖麻的生长有影响(图 11)。



USZ 代表正常情况下的蓖麻,SSZ 代表盐胁迫下的蓖麻,进行了 3 次重复实验;颜色键位于右上角,表示 MYB 基因表达情况

图 5 MYB 基因在盐胁迫和正常情况下的表达热图



CK 代表正常情况下的蓖麻,HS 代表热胁迫下的蓖麻,进行了 3 次重复实验;颜色键位于右上角,表示 MYB 基因表达情况

图 6 MYB 基因在热胁迫和正常情况下的表达热图

3 结语

MYB 是目前研究植物中数量最多的转录因子家族之一,现已在多种植物中被鉴定出来,例如:拟南芥、水稻、玉米和大豆^[25]。本研究在基因组水平上利用 PlantTFbeat 和 BLAST 在线软件对蓖麻 MYB 转录因子进行了鉴定和筛选。

本研究从蓖麻的基因组数据中共鉴定到 32 个 MYB 转录因子,在 MEME 分析中发现所有的 MYB 转录因子中都具有基序 1 和基序 2 结构,当序列中只含有基序 1 和 2 时发现只有一个 MYB 结构域,当同时含有 1、2 和 3 时具有 2 个结构域,说明基序 1 和 2 是与 1R - MYB 亚基因家族的保守性相关的,也与 2R - MYB 亚基因家族的保守性有关,基序 3 只与 2R - MYB 亚基因家族的保守性有关,极有可能基序 3 就是蓖麻 MYB 转录因子中 R3 的保守结构域,因此具有 2 个保守结构域 MYB 转录因子可能是 R2R3 - MYB 转录因子.此外,根据 MYB 转录因子理化性质分析,MYB 转录蛋白大多偏碱性,大部分是无规则卷曲和 α 螺旋.

蓖麻 MYB 蛋白进化分析,蓖麻的 MYB 蛋白主要和拟南芥的 MYB 蛋白家族聚在 2 个大的分支上,因此蓖麻中 MYB 蛋白主要分为 2 个亚家族,值得注意的是,第一类亚家族中 28582. m000317 - 30017. m317000 蛋白(22 个)的功能可能是盐胁迫耐受的重要调节因子;并且第一类亚家族的 MYB 蛋白具有 2 个保守结构域,因此为 R2R3 - MYB 结构域,R2R3 - MYB 转录因子可能对药用植物的次生代谢过程起到调控转录的作用.

盐胁迫下蓖麻 MYB 蛋白的转录组分析,前人研究了不同的盐反应基因和组蛋白甲基化开关位点,并发现关键盐反应调控因子 RADIALIS - LIKE SANT (RSM1) 的转录可能受到双价 H3K4me3 - H3K27me3 修饰的调控^[26],本研究蓖麻在盐胁迫下大部分 MYB 蛋白表达上调,因此蓖麻中的 MYB 转录因子可能是盐胁迫耐受的重要调节因子;在热胁迫处理下,前人研究针对热胁迫下和恢复过程中蓖麻幼苗的脂质组学和转录组学进行了综合分析,并鉴定了大量热响应脂质分子和基因,发现三酰基甘油(TAGs)的合成可以显著地被热应激诱导并储存在细胞质中,但在恢复过程中它们会减少^[27],本文对其转录组公共数据再分析发现,在热胁迫下,13 个 MYB 基因表达量上调,其中 4 个 MYB 蛋白表达上调(29780. m1324、28582. m000318、29751. m001898 和 29780. m001368)具有相关性,这 4 个上调基因被聚类到一起,表明它们具有相似的表达模式,因此 MYB 基因在热胁迫下对蓖麻的生长有影响.

因此,通过对蓖麻不同逆境胁迫下的响应,MYB 基因对蓖麻的生长有调节作用.本研究首次系统的进行蓖麻基因组和转录组的 MYB 基因挖掘,并且首次对蓖麻在干旱,冷胁迫下,盐胁迫下和热胁迫下 MYB 蛋白的表达量进行转录组分析,为今后进一步解析蓖麻 MYB 转录因子的结构和功能奠定基础.

参考文献:

- [1] MESH T, IWABUCHI M. Plant transcription factors[J]. Plant and cell physiology, 1995, 36(8): 1405 - 1420.
- [2] GRAF T. Myb: a transcriptional activator linking proliferation and differentiation in hematopoietic cells[J]. Curr Opin Genet Dev, 1992, 2(2): 249 - 255.
- [3] OGATA K, KANEI - ISHII C, SASAKI M, et al. The cavity in the hydrophobic core of Myb DNA - binding domain is reserved for DNA recognition and trans - activation[J]. Nat Struct Biol, 1996, 3(2): 178 - 187.
- [4] JIA L, CLEGG M T, JIANG T. Evolutionary dynamics of the DNA - binding domains in putative R2R3 - MYB genes identified from rice subspecies indica and japonica genomes[J]. Plant Physiol, 2004, 134(2): 575 - 585.
- [5] ROSINSKI J A, ATCHLEY W R. Molecular evolution of the Myb family of transcription factors: evidence for polyphyletic origin[J]. J Mol Evol, 1998, 46(1): 74 - 83.
- [6] BILAUD T, KOERING CE, BINET - BRASSELET E, et al. The telobox, a Myb - related telomeric DNA binding motif found in proteins from yeast, plants and human[J]. Nucleic Acids Res, 1996, 24(7): 1294 - 1303.
- [7] ALBERT N W, GRIFFITHS A G, COUSINS G R, et al. Anthocyanin leaf markings are regulated by a family of R2R3 - MYB genes in the genus Trifolium[J]. New Phytol, 2015, 205(2): 882 - 893.
- [8] ITO M. Conservation and diversification of three - repeat Myb transcription factors in plants[J]. J Plant Res, 2005, 118(1): 61 - 69.
- [9] THIEDIG K, WEISSHAAR B, STRACKE R. Functional and evolutionary analysis of the Arabidopsis 4R - MYB protein SNAPc4 as part of the SNAP complex[J]. Plant Physiology, 2021, 185(3): 1002 - 1020.
- [10] PROUSE MB, CAMPBELL MM. The interaction between MYB proteins and their target DNA binding sites[J]. Biochim Biophys Acta, 2012, 1819(1): 67 - 77.
- [11] AMBAWAT S, SHARMA P, YADAV N R, et al. MYB transcription factor genes as regulators for plant responses: an overview[J]. Physiology and Molecular Biology of Plants, 2013, 19(3): 307 - 321.
- [12] 李莹. 金鱼草中 R2R3 - MYB 基因 AmMYB308L 的克隆及其功能研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2015.
- [13] FENG S, SUN S, CHEN X, et al. PyMYB10 and PyMYB10.1 Interact with bHLH to Enhance Anthocyanin Accumulation in Pears[J]. PLoS One, 2015, 10(11): e0142112.

- [14] 刘月廉,刘朝裕,殷学贵,等.蓖麻名称的起源与蓖麻在中国的发展[J].中国蚕业,2022,43(3):49-55.
- [15] 孙振钧,吕丽媛,伍玉鹏.蓖麻产业发展:从种植到利用[J].中国农业大学学报,2012,17(6):204-214.
- [16] CHAN AP,CRABTREE J,ZHAO Q,et al. Draft genome sequence of the oilseed species *Ricinus communis*[J]. Nat Biotechnol, 2010,28(9):951-956.
- [17] HAN B,XU W,AHMED N,etal. Changes and associations of genomic transcription and histone methylation with salt stress in castor bean[J]. Plant Cell Physiol,2020,61(6):1120-1133.
- [18] GALEGO L,ALMEIDA J. Role of *DIVARICATA* in the control of dorsoventral asymmetry in *Antirrhinum flowers*[J]. Genes Dev, 2002,16(7):880-891.
- [19] ALMEIDA J,ROCHETA M,GALEGO L. Genetic control of flower shape in *Antirrhinum majus*[J]. Development,1997,124(7):1387-1392.
- [20] WANG T,TOHGE T,IVAKOV A,et al. Salt-Related MYB1 coordinates abscisic acid biosynthesis and signaling during salt stress in arabidopsis[J]. Plant Physiol,2015,169(2):1027-1041.
- [21] CHEN YS,CHAO YC,TSENG TW,etal. Two MYB-related transcription factors play opposite roles in sugar signaling in Arabidopsis[J]. Plant Mol Biol,2017,93(3):299-311.
- [22] RIECHMANN J L,HEARD J,MARTIN G,et al. Arabidopsis transcription factors:genome-wide comparative analysis among eukaryotes[J]. Science,2000,290(5499):2105-2110.
- [23] GUZMÁN-LÓPEZ JA,ABRAHAM-JUÁREZ MJ,LOZANO-SOTOMAYOR P,et al. Arabidopsis thaliana gonidialess A/Zuo-tin related factors (GlsA/ZRF) are essential for maintenance of meristem integrity[J]. Plant Mol Biol,2016,91(1-2):37-51.
- [24] FENG J,CHEN D,BERR A,etal. ZRF1 chromatin regulators have polycomb silencing and independent roles in development[J]. Plant Physiol,2016,172(3):1746-1759.
- [25] OH I H,REDDY E P. The myb gene family in cell growth, differentiation and apoptosis[J]. Oncogene,1999,18(19):3017-3033.
- [26] HAN B,XU W,AHMED N,et al. Changes and associations of genomic transcription and histone methylation with salt stress in castor bean[J]. Plant Cell Physiol,2020,61(6):1120-1133.
- [27] ZHANG Y Y,LI Y L,HAN B,et al. Integrated lipidomic and transcriptomic analysis reveals triacylglycerol accumulation in castor bean seedlings under heat stress[J]. Industrial Crops and Products,2022,180:114702.

Identification and bioinformatic analysis of *Ricinus communis* L MYB transcription factor family

MO Hai-ying¹, LI Zhi-hao¹, CAI Guo-lei¹, CHEN Xin¹, JI Qiao-lin¹,
CAO Ya-pu¹, YANG Hai-ying², DU Gang¹

(1. School of Ethnomedicine and Ethnopharmacy, Yunnan Minzu University, Kunming 650000, China;

2. School of Chemistry and Environment, Yunnan Minzu University, Kunming 650000, China)

Abstract: MYB is one of the largest family of transcription factors in plants, which plays an important role in many physiological and biochemical processes such as plant growth and development, stress response and so on. However, there is a lack of systematic analysis of MYB transcription factors in *Ricinus communis* L. In this study, 32 transcription factors were first identified based on the genome, and their protein motifs, functional annotation, phylogeny and physicochemical properties were classified and identified. For another, the expression profiles of these transcription factors under stress conditions were analyzed based on transcriptome data, and their responses to stress conditions were analyzed. The results showed that the expression of MYB protein in *Ricinus Communis* L under salt stress and heat stress influenced the growth of *Ricinus Communis* L. The results of this study provide a reference for further studies on the function of MYB transcription factors in *Ricinus communis* Labiotic stress.

Key words: MYB transcription factor; *Ricinus Communis* L; salt stress; abiotic stress