

荞麦KCS基因家族的生物信息学鉴定与功能特征分析

高勇彬¹ 王万睿¹ 肖娟¹ 桑旦卓玛¹ 赵冠²

(1.墨脱县德兴乡农牧综合服务中心, 西藏林芝 860700; 2.西藏自治区农牧科学院 蔬菜研究所, 西藏拉萨 850000)

摘要 荞麦 (*Fagopyrum tataricum*) 因其丰富营养价值而备受关注, KCS基因家族在脂肪酸延长和逆境适应中发挥着关键作用。目前, 荞麦中KCS基因家族的系统研究尚未见报道。本研究首次对荞麦KCS基因家族进行了全面的生物信息学分析, 鉴定了25个KCS基因, 并分析了其理化性质、亚细胞定位、染色体分布及与其他植物的系统进化关系。结果显示, 荞麦KCS基因主要定位于细胞膜, 在染色体Ft1、Ft3和Ft7上形成明显的聚集; GO和KEGG富集分析揭示了其在生物合成、代谢途径及胁迫响应中的重要作用。结论表明, 荞麦KCS基因家族在长链脂肪酸合成和环境适应中具有重要功能, 为培育抗逆荞麦品种奠定了理论基础, 也为其他作物的改良提供了基因资源。

关键词 荞麦; KCS基因家族; 鉴定; 特征分析

中图分类号: S565

文献标志码: A

文章编号: 2096-4781 (2025) 06-0712-12

DOI: 10.19707/j.cnki.jpa.2025.06.004

Bioinformatic Identification and Functional Characteristics Analysis of KCS Gene Family in Buckwheat

GAO Yongbin¹, WANG Wanrui¹, XIAO Juan¹, Sangdanzhuoma¹, ZHAO Guan²

(1. Motuo County Dexing Township Agricultural and Animal Husbandry Comprehensive Service Center, Linzhi, Xizang 860700, China; 2. Vegetable Research Institute, Xizang Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Lasa, Xizang 850000, China)

Abstract: Buckwheat (*Fagopyrum tataricum*) has garnered significant attention due to its rich nutritional profile, and the KCS gene family plays a crucial role in fatty acid elongation and stress adaptation. Currently, systematic studies on the KCS gene family in buckwheat are lacking. This study provides the first comprehensive bioinformatic analysis of the KCS gene family in buckwheat, identifying 25 KCS genes and examining their physicochemical properties, subcellular localization, chromosomal distribution, and phylogenetic relationships with related plant species. The results show that KCS genes of buckwheat are primarily localized on the cell membrane and form distinct clusters on chromosomes Ft1, Ft3, and Ft7. GO and KEGG enrichment analyses indicate significant roles in biosynthesis, metabolic pathways, and stress response. In conclusion, the KCS gene family of buckwheat plays an essential role in long-chain fatty acid synthesis and environmental adaptability, laying a foundation for breeding stress-resistant buckwheat varieties and providing genetic resources for the improvement of other crops.

Key words: Buckwheat; KCS gene family; Identification; Characterization analysis

荞麦属蓼科荞麦属, 是一种起源于中亚并广泛栽培于世界各地的类谷物作物^[1,2]。在我国, 荞麦主要

分布在陕西、甘肃、宁夏、内蒙古、西藏和贵州等地^[3]。荞麦富含类黄酮、维生素、矿物质、叶绿素及膳食纤维等，因其营养、保健与药用价值备受关注，可用于食品、饲料及中药资源等领域^[4,5]。此外，荞麦的茎、叶、种子在传统医药中常用于缓解消化不良、气虚等症状，其壳还作为燃料和洗涤原料被广泛应用^[6,7]。荞麦适应湿凉，耐旱、耐贫瘠，生长期短，在边缘土地的利用和救灾备荒方面发挥着重要作用^[8]。

β -酮脂酰辅酶A合酶(β -ketoacyl-CoA synthase, KCS)是脂肪酸延伸酶复合体的重要组成部分，是催化酰基辅酶A与丙二酰辅酶A的缩合，也是超长链脂肪酸合成中的关键限速酶^[9]，在多酚类化合物及脂质膜的形成过程中发挥着核心作用。KCS基因最早在一个超长链脂肪酸缺失的拟南芥突变体中被筛选并分离出来，随后在植物界被广泛研究^[10]。Hai-Song Guo等在对多个物种的KCS同源基因鉴定及功能多样性分析后，推断出编码 β -酮脂酰辅酶A合酶的基因应该属于一个具有多个成员的基因家族^[11]。迄今为止，拟南芥的KCS基因家族中已鉴定出21个成员，它们参与调控超长链脂肪酸的合成，且具有明显的底物特异性^[12]，因此也展现出不同的催化活性^[11]。在模式植物拟南芥和水稻中，KCS基因被发现能够调控长链脂肪酸的生物合成，对植物的膜结构、抗逆性以及次生代谢产生深远影响^[13,14]。在抗逆性较强的大豆和棉花中，KCS基因的表达与抗旱性和抗寒性密切相关，表明KCS基因家族在不同植物适应环境变化过程中扮演着重要角色^[15]。

随着全球气候变暖和水资源短缺，提升作物的抗逆性成为粮食安全的关键^[16]。目前，荞麦抗逆机制的研究主要集中在表型、生理生化和分子水平方面^[17]。苦荞基因组的测序和注释为研究其重要基因家族提供了数据支撑^[18]。通过苦荞基因组的深入分析，研究者已发现多个参与次生代谢、抗逆性及发育调控的基因家族^[19]。然而，KCS基因家族作为植物抗逆相关基因在苦荞中的系统研究还未见报道。

本研究通过生物信息学方法对荞麦KCS基因家族成员进行鉴定，并对其基因参数、亚细胞定位、进化关系、保守基序、启动子区域顺式作用元件等参数特征分析和预测，初步探索其在荞麦生长发育及抗逆中的作用，旨在为后续荞麦抗逆研究和开发利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 数据获取

从MBKBASE数据库 (<https://www.mbkbase.org>)下载苦荞的全基因组、蛋白质组和CDS序列以及注释文件等。从Pfam蛋白家族数据库 (<http://pfam.xfam.org>)中获得ACP_syn_III_C (Pfam: PF08541)和FAE1_CUT1_RppA(Pfam: PF08392)两个结构域的隐马尔可夫模型。从National Center for Biotechnology Information数据库(NCBI,<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)下载*AtKCS*的蛋白序列。在Ensemble数据库(<https://www.ensembl.org>)下载拟南芥、杨树、大豆和番茄基因组相关数据。

1.2 试验方法

1.2.1 苦荞KCS基因家族鉴定

通过已知拟南芥的21个KCS蛋白序列在苦荞全基因组蛋白数据库中BLAST分析和使用HMMER (E-value cut-off < 1E-5) 预测苦荞KCS家族蛋白。通过SMART (<http://smart.embl-heidelberg.de>)和InterPro (<http://www.ebi.ac.uk/interpro>)检查完整的保守域识别出荞麦KCS蛋白序列，并手动去除冗余序列。使用ExPasy在线工具网站(<http://web.expasy.org/protparam>)计算荞麦KCS蛋白理化性质，包括蛋白质序列的长度(SL)，

分子量(MW)和等电点(*pI*)。

1.2.2 荞麦KCS蛋白亚细胞定位预测

通过在线软件WOLFP SORT (<http://wolfsort.org>) 预测荞麦KCS蛋白亚细胞定位^[20]。

1.2.3 荞麦KCS基因在染色体上的定位

从荞麦基因组数据库中提取新鉴定的苦荞KCS家族成员的染色体定位信息, 并利用在线工具MG2C_v2.1进行可视化分析。利用BLASTP的方法对荞麦KCS基因的复制事件进行鉴定和分析。

1.2.4 多序列比对及比较系统发育树的构建

利用ClustalW软件对荞麦KCS蛋白结构域进行多序列比对。基于荞麦KCS和*AtKCS*的全长序列, 使用MEGA 7.0, 采用邻接法(Neighbor-Joining, NJ)和设定的参数(Poisson model, paired - deletion, 1000 bootstrap replication)构建系统发育树。根据*AtKCS*蛋白分类, 对已鉴定的荞麦KCS蛋白分为不同的组。

1.2.5 基因结构及保守基序分析

从苦荞基因组注释文件中提取KCS基因家族成员的gff文件, 通过GSDS对基因结构进行可视化分析。使用MEME 5.3.0对KCS蛋白的保守基序进行分析, 参数设置如下: 最大基序数为10, 基序长度为6到100, 其他参数为默认值。利用TBTOOLS进行可视化分析。

1.2.6 共线性分析

通过MCSCANX研究苦荞KCS成员的基因复制事件, 使用默认参数。在Ensemble网站数据库中下载拟南芥、杨树、大豆和番茄基因组数据, 用Circos进行物种间共线性分析并可视化。用KaKs Calculator 2.0计算已鉴定的荞麦KCS家族中基因对的Ks和Ka以及比值。

1.2.7 启动子顺式作用元件分析

使用Perl脚本提取荞麦KCS基因上游2000 bp的序列, 使用Plant CARE对顺式作用元件进行鉴定并筛选。通过TBTOOLS进行可视化分析。

1.2.8 GO和KEGG分析

为进行功能富集分析, EggNOG数据库(<http://eggnogdb.embl.de/#/app/home>)来预测转录因子家族中的基因数量。GO和KEGG使用TBTOOLS进行富集, $P \leq 0.05$ 为显著富集标准。使用Biozeron云平台(<http://www.cloud.biomicroclass.com/CloudPlatform>)进行统计分析和绘制图表。

2 结果与分析

2.1 荞麦KCS基因家族全基因组鉴定及成员理化性质分析

利用Pfam数据库中进行BLAST分析和HMMER搜索获得KCS相关的候选序列, 然后剔除冗余序列, 再次使用SMART和NCBI保守域网站检测KCS域, 手动剔除不完整的阅读框和短序列, 在荞麦中鉴定出25个含有KCS结构域的候选基因。将其命名为*FtKCS1-FtKCS25* (见表1)。

蛋白理化性质分析结果表明, 荞麦KCS蛋白的氨基酸数目介于383至514之间, 分子量在42 904.54至58 163.49 Da之间, 属于中等长度蛋白。等电点(*pI*)范围为8.66至9.15, 均呈碱性, 表明荞麦KCS蛋白在细胞膜环境中具有较高的稳定性, 这有助于在细胞膜上与带负电的脂类分子相互作用, 从而参与长链脂肪酸的合成和代谢过程。亚细胞定位预测表明荞麦KCS蛋白均定位于细胞膜, 符合KCS蛋白在脂肪酸

代谢中的作用特征。细胞膜是长链脂肪酸代谢的主要场所，因此荞麦 KCS 蛋白分布于细胞膜可能有助于其在脂类代谢和膜脂合成中的功能。荞麦 KCS 蛋白理化性质的分析结果揭示了荞麦 KCS 蛋白在荞麦生长发育及环境适应中潜在的生物学功能，为进一步研究其在脂肪酸代谢及抗逆性方面的作用机制提供了基础。

表 1 荞麦 KCS 基因家族蛋白理化性质分析

Tab.1 Analysis of physicochemical properties of buckwheat KCS gene family proteins

代码	基因 ID	开始位置	结束位置	染色体	氨基酸数量	亚细胞定位	等电点	分子量
<i>FtKCS1</i>	FtPinG0001389600.01.T01	566 0211	5 661 846	1	465	质膜	8.96	52 282.77
<i>FtKCS2</i>	FtPinG0009270300.01.T01	32 961 879	32 965 584	1	469	质膜	8.66	52 551.84
<i>FtKCS3</i>	FtPinG0004165600.01.T01	61 436 872	61 439 531	1	514	质膜	9.14	58 163.49
<i>FtKCS4</i>	FtPinG0006457300.01.T01	1 682 401	1 685 734	2	433	质膜	9.15	49 110.23
<i>FtKCS5</i>	FtPinG0001463800.01.T01	9 648 881	9 652 561	2	383	质膜	9.00	42 904.54
<i>FtKCS6</i>	FtPinG0003934800.01.T01	58 674 220	58 676 659	2	513	质膜	9.31	57 273.48
<i>FtKCS7</i>	FtPinG0002943300.01.T01	6 188 483	6 190 353	3	427	质膜	8.84	47 553.17
<i>FtKCS8</i>	FtPinG0004396500.01.T01	47 672 189	47 674 284	3	446	质膜	8.95	49 733.65
<i>FtKCS9</i>	FtPinG0004396700.01.T01	47 683 687	47 685 308	3	506	质膜	9.16	56 910.81
<i>FtKCS10</i>	FtPinG0004396900.01.T01	47 733 411	47 735 731	3	456	质膜	9.18	50 921.03
<i>FtKCS11</i>	FtPinG0004397100.01.T01	47 742 321	47 744 268	3	506	质膜	9.1	56 880.02
<i>FtKCS12</i>	FtPinG0004397700.01.T01	47 760 581	47 762 529	3	506	质膜	9.14	56 775.94
<i>FtKCS13</i>	FtPinG0002362600.01.T01	54 053 649	54 055 277	3	529	质膜	9.11	59 738.81
<i>FtKCS14</i>	FtPinG0001353600.01.T01	11 417 736	11 421 205	5	462	质膜	9.37	51 839.51
<i>FtKCS15</i>	FtPinG0004564100.01.T01	15 500 686	15 503 719	5	403	质膜	8	44 406.03
<i>FtKCS16</i>	FtPinG0009073600.01.T01	19 490 637	19 493 971	5	418	质膜	9.56	46 642.33
<i>FtKCS17</i>	FtPinG0002671400.01.T01	2 529 519	2 531 073	6	310	质膜	9.18	34 568.84
<i>FtKCS18</i>	FtPinG0001442400.01.T01	9 101 993	9 103 429	6	473	质膜	9.07	54 064.84
<i>FtKCS19</i>	FtPinG0008981700.01.T01	5 587 895	5 590 008	7	430	质膜	9.16	48 365.01
<i>FtKCS20</i>	FtPinG0002617900.01.T02	14 287 259	14 289 015	7	520	质膜	9.28	58 672.24
<i>FtKCS21</i>	FtPinG0006120000.01.T01	29 444 279	29 445 983	7	376	质膜	9.16	41 684.76
<i>FtKCS22</i>	FtPinG0004622700.01.T01	38 939 407	38 942 158	7	383	质膜	8.26	43 384.98
<i>FtKCS23</i>	FtPinG0001658600.01.T01	41 356 130	41 358 753	7	525	质膜	9.13	59 303.43
<i>FtKCS24</i>	FtPinG0003506500.01.T01	49 512 268	49 514 449	7	507	质膜	9.07	57 018.23
<i>FtKCS25</i>	FtPinG0006775200.01.T01	31 490 561	31 492 313	8	512	质膜	9.35	57 682.94

2.2 荞麦 KCS 基因在染色体上的定位

荞麦基因组共有八条染色体(Ft1 至 Ft8)，其 KCS 基因家族成员在 8 条染色体上呈现聚集性和非均匀分布的特征（见图 1）。部分基因集中于 1 号、3 号和 7 号染色体，尤其在 3 号染色体上形成显著的基因簇 (*FtKCS9* 至 *FtKCS13*)，表明这些基因可能通过基因重复或簇状分布形成了功能协同机制。此种聚集性分布可能在脂肪酸合成的代谢通路中起到协同作用，有助于基因表达的共同调控。此外，某些荞麦 KCS 基因位于染色体的边缘区域（如 1 号染色体和 8 号染色体），推测其可能在响应外界环境和逆境刺激时具有特殊的表达模式。由染色体边缘分布的特性可以推测这些 KCS 基因可能在植物的抗逆性反应中发挥重要作用。荞麦 KCS 基因家族成员在染色体上的分布特征反映了荞麦 KCS 基因家族在不同染色体区域的功能差异性，为后续基因表达和功能验证研究提供了依据。

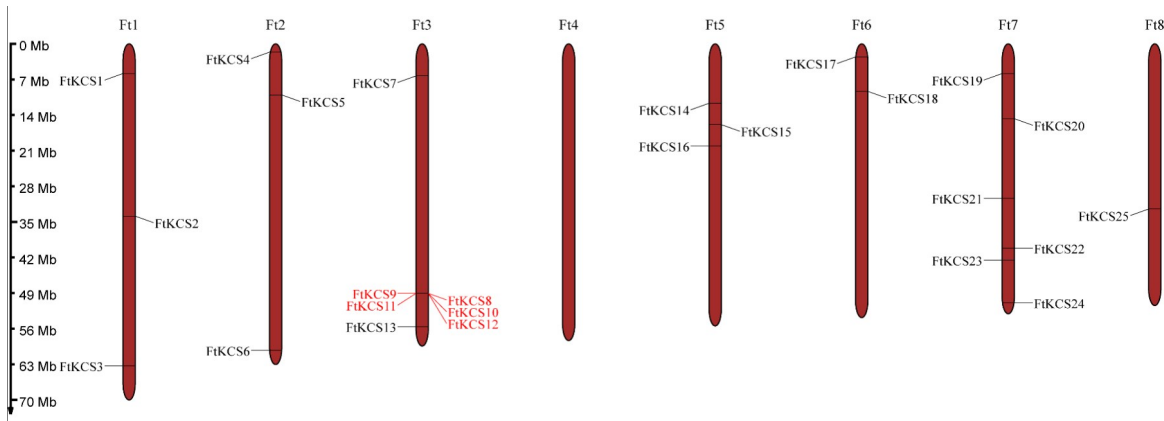


图1 荞麦KCS基因在染色体上分布图

Fig.1 The distribution map of KCS gene on chromosome in buckwheat

2.3 KCS基因家族成员系统发育分析

通过构建荞麦、拟南芥、水稻和大豆KCS基因家族的进化树，对不同物种间KCS基因家族的进化关系进行了系统分析（见图2）。进化树结果显示，荞麦KCS基因家族按进化关系划分为8个主要分支，多数分支中聚集了来自不同物种的KCS基因，表明其在进化过程中保留了较高的同源性。 α 分支中包含 *FiKCS4*、*FiKCS22* 和 *AtKCS20* 等基因，显示出荞麦与拟南芥KCS基因可能在长链脂肪酸合成方面具有保守性。同样， β 分支聚集了荞麦与水稻的 *FiKCS6*、*FiKCS24* 和 *OsKCS17* 等多个同源基因，表明荞麦和水稻可能共享相似的生物合成通路和环境适应性。此外， γ 分支包含 *GmKCS11*、*FiKCS20* 和 *AtKCS2* 等多个基因，揭示了荞麦KCS基因在适应不同生长环境中可能形成的特异化功能。

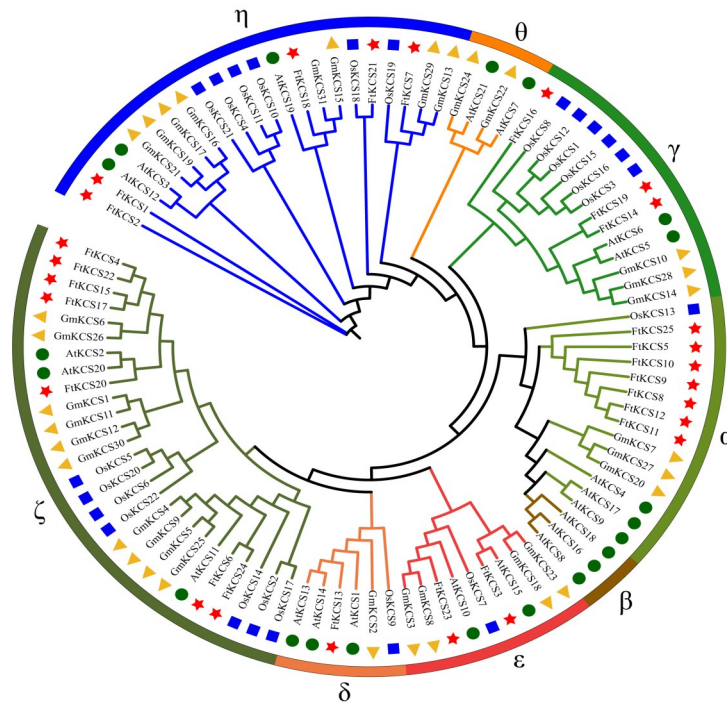


图2 荞麦KCS基因系统进化树

Fig.2 Phylogenetic tree of buckwheat KCS gene

值得注意的是， ϵ 和 ζ 等分支主要由荞麦 KCS 基因独立成簇，显示出物种特异性分化，这类基因可能经过特化进化，适应了荞麦的特殊生长需求。KCS 基因家族成员系统发育分析表明，荞麦 KCS 基因家族在不同物种间具有功能保守性和物种特异性分化的双重特征，且部分基因可能在荞麦的长链脂肪酸代谢及抗逆性调控中发挥重要作用。

2.4 荞麦 KCS 基因家族成员结构分析

对荞麦 KCS 基因家族的系统进化树、基因结构及 Motif 分布进行了系统分析，结果揭示了荞麦 KCS 基因家族在脂肪酸合成中的保守性和功能多样性（见图 3）。

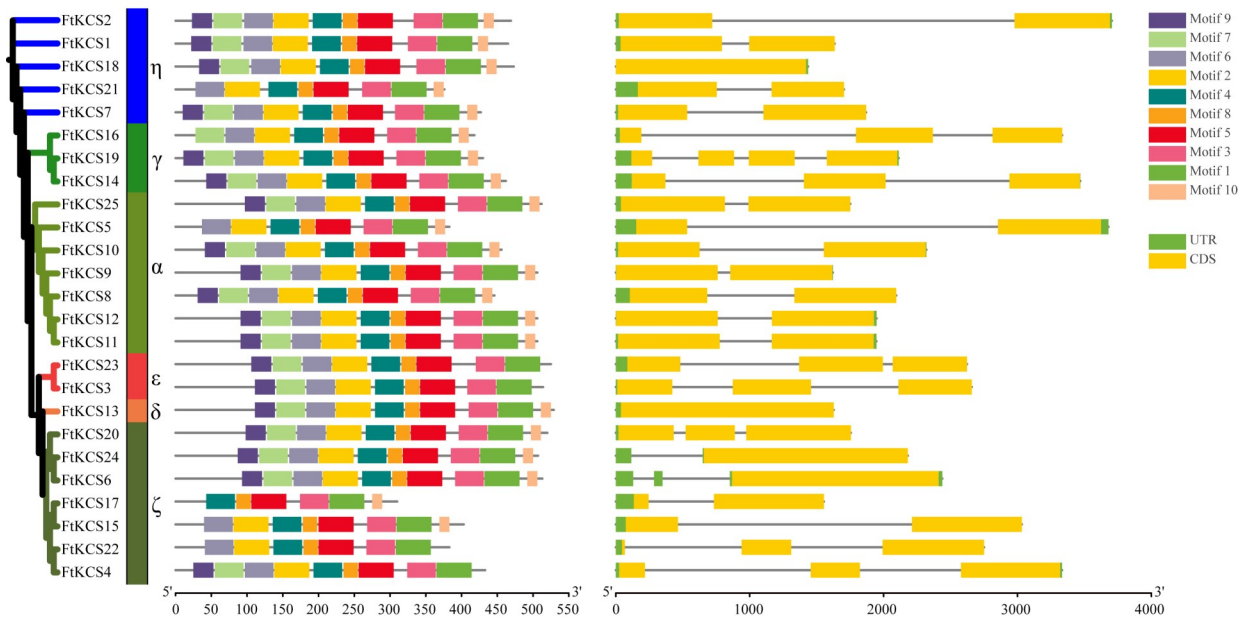


图 3 荞麦 KCS 基因家族成员的系统进化树、基因结构、结构域及 Motif 分析

Fig.3 Phylogenetic tree, gene structure, domain and Motif analysis of buckwheat KCS gene family members

系统进化树显示，荞麦 KCS 基因家族成员可分为多个分支，不同分支内的基因可能具有相似的功能特性，显示出家族成员在进化中的基因重复事件及序列同源性。基因结构分析表明，荞麦 KCS 基因在外显子和内含子数量上存在差异，但总体结构具有保守性，反映了其在脂肪酸代谢中的功能稳定性。此外，部分基因在 UTR 区域的差异可能影响其翻译效率和蛋白合成速率，从而对表达调控产生影响。Motif 分析结果显示，多数荞麦 KCS 成员共享保守的 Motif(如 Motif1、Motif3 和 Motif7)，表明这些 Motif 在长链脂肪酸合成中的核心作用。结构域分析进一步确认，所有荞麦 KCS 基因均含有典型的 KCS 酶活性结构域，同时部分基因具有其他附加结构域，这可能赋予其环境适应的特定功能。

2.5 荞麦 KCS 基因家族成员共线性分析

荞麦 KCS 基因家族的种内共线性分析结果表明，该基因家族成员在多个染色体(Ft1 至 Ft8)上存在显著的共线性关系，表明荞麦 KCS 基因家族在基因组中的片段重复和扩增过程（见图 4A）。通过这些重复事件，荞麦 KCS 基因家族在保留核心功能的同时，可能引入了新的结构特性，导致功能多样化。此外，部分荞麦 KCS 基因在染色体 Ft2 和 Ft8 上的分布表明其可能具备特定的生物学功能，例如在逆境条件下的脂肪酸代谢调控能力。种内共线性特征反映出荞麦 KCS 基因家族在进化中通过基因重复和分化实现了功能

的多样化和适应性，以满足荞麦在不同环境中的生理需求。为进一步研究荞麦KCS基因家族在脂肪酸代谢中的调控机制奠定了基础。

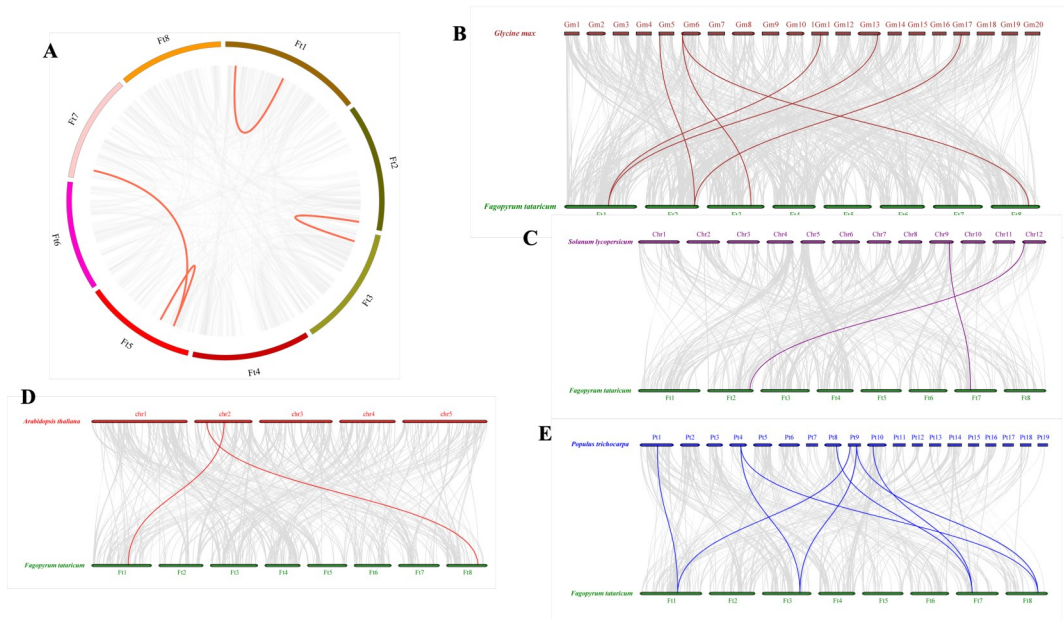


图4 荞麦KCS基因家族成员共线性分析

Fig.4 Colinearity analysis of KCS gene family members in buckwheat

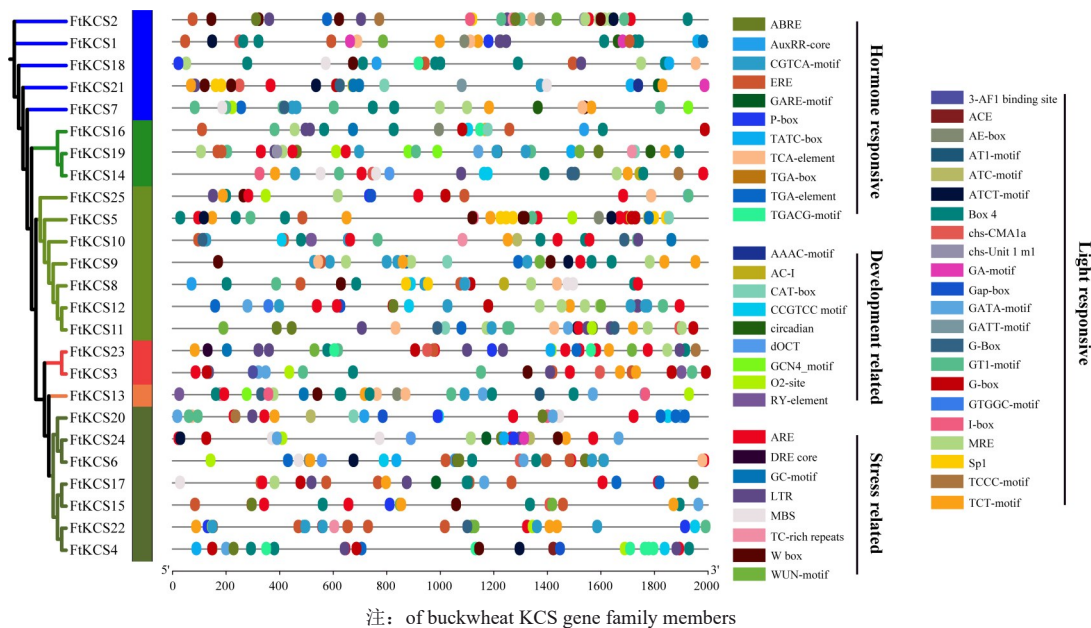


图5 荞麦KCS基因家族成员启动密码子上游2000 bp序列顺式作用元件
Fig.5 The cis-acting element of 2000 bp sequence upstream of the start codon

种间共线性分析结果显示，多个KCS基因在荞麦染色体(Ft1至Ft8)上与大豆(Gm1至Gm20)、番茄(Chr1至Chr12)、拟南芥(chr1至chr5)和杨树(Pt1至Pt19)间存在显著共线性区域(图4B-E)。荞麦与大豆的共线性关系揭示了这两个双子叶植物在脂肪酸代谢基因上的保守性(图B)，但大豆染色体数量更多，或反映出结构上的分化。与番茄的跨科共线性关系则表明(图C)，KCS基因家族的核心功能在不同演化支

系中得以维持。荞麦与拟南芥之间的共线性区域进一步支持了KCS基因在脂肪酸合成途径中的保守功能(图E),同时拟南芥作为模式物种为后续的功能验证提供了重要参考。此外,与杨树的共线性关系暗示了荞麦与木本植物在脂肪酸代谢调控上可能存在相似机制,但在细胞膜结构和功能需求上可能具有特异性调控模式。综上,共线性特征揭示了荞麦KCS基因家族的进化保守性与功能分化,为其在脂肪酸代谢和环境适应中的功能研究提供了理论支持。

2.6 荞麦KCS家族基因成员顺式作用元件分析

荞麦KCS家族基因的顺式作用元件分析显示,该家族基因启动子区域富含多种与激素、胁迫、光照和生长发育相关的元件。多个荞麦KCS基因的启动子区域中含有激素响应元件(如ABA响应的ABRE和水杨酸响应的TC A-element)(见图5),表明该家族在应对干旱、病原菌侵染等环境压力时可能通过激素途径调控脂肪酸代谢。与此同时,启动子中大量的应激元件(如干旱响应的MBS和胁迫相关的TC-rich repeats)进一步暗示了该基因家族在环境胁迫下的响应机制。

此外,荞麦KCS基因家族启动子区域的光响应元件(如G-box和ACE元件)表明其在光信号调控下的潜在功能,可能帮助植物在不同光照条件下调节脂肪酸合成。同时,生长发育相关元件(如CAT-box和GCN4_motif)的存在暗示荞麦KCS基因家族在植物的生长发育过程中具有一定的调控作用。顺式作用元件的分布特征表明,荞麦KCS家族基因在植物的环境适应和生理发育中可能发挥多功能调控作用,为进一步探索其在脂肪酸代谢中的具体机制提供了线索。

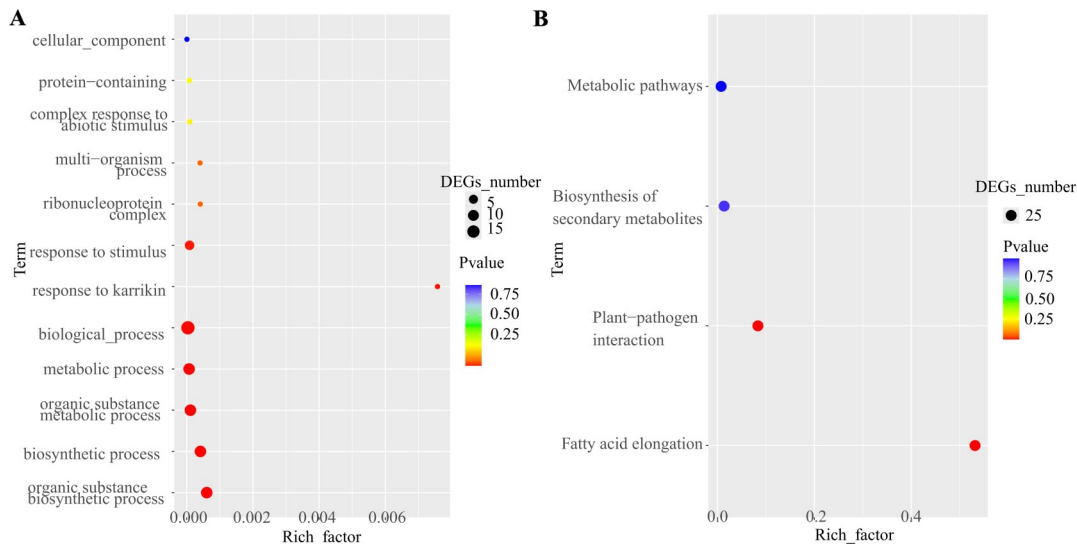


图6 荞麦KCS家族基因成员GO和KEGG富集分析

Fig.6 GO and KEGG enrichment analysis of buckwheat KCS family gene members

2.7 荞麦KCS家族基因成员GO和KEGG富集分析

荞麦KCS家族基因的GO和KEGG富集分析结果显示(见图6),该家族基因在多个生物过程、细胞组分和代谢途径中具有显著富集。在GO富集分析中,荞麦KCS家族基因在“生物合成过程”和“代谢过程”等生物过程中显著富集,表明其在脂肪酸合成和代谢中的重要作用;同时,该家族基因在“应对非生物刺激”相关元件中也有显著富集,提示其可能参与植物对干旱和高盐等非生物胁迫的响应。此外,

KEGG富集分析结果显示, 荞麦KCS家族基因主要富集于“脂肪酸延长”“植物-病原互作”和“次生代谢物生物合成”等通路中, 进一步揭示了荞麦KCS家族基因在长链脂肪酸合成和抗逆性中的潜在功能。结合以上结果, 可以推测荞麦KCS基因家族不仅在脂肪酸代谢中具有核心作用, 还可能在荞麦适应逆境和抗病反应中发挥着重要作用。

3 讨论

3.1 基因家族在进化中的保守性与功能分化

基因家族在进化过程中会经历复杂的复制、突变和选择压力, 逐渐形成功能保守与多样化的平衡^[11]。本研究的系统进化树及种间共线性分析结果表明, 荞麦KCS家族基因在结构和功能上与其他双子叶植物(如大豆、番茄)具有较高同源性, 且在杨树等木本植物中也保持了一定的共线性。这种保守性表明KCS基因家族在脂肪酸合成这一基础代谢途径中的核心功能在进化过程中得到了维持。这一发现与拟南芥、水稻中的研究结果一致, 暗示其在植物代谢和生理功能上具有广泛的作用^[21,22]。

此外, 荞麦KCS家族基因中的某些成员通过基因复制等方式实现了功能的多样化^[23]。基因结构分析显示, 不同荞麦KCS基因在外显子数量和结构上存在一定差异, 这可能为家族成员提供了特异化功能的基础^[24]。基因家族成员在保持核心功能的同时, 通过结构的微小变化适应了不同的生理需求, 为荞麦在多种环境中存活提供了必要的基因多样性。

3.2 荞麦KCS家族基因顺式作用元件的多样性及其在环境适应中的作用

顺式作用元件位于基因的启动子区域, 是调控基因表达的关键因素^[25]。本研究发现, 荞麦KCS家族成员的启动子区域富含多种激素响应、光响应、胁迫响应和生长发育相关的顺式作用元件, 表明荞麦KCS家族基因可能在多种环境信号下参与脂肪酸的合成和代谢调节^[25]。激素响应元件(如ABA响应的ABRE和水杨酸响应的TC A-element)在启动子区域的富集, 提示荞麦KCS基因家族可能在植物激素信号调控下响应外界胁迫, 调节脂肪酸的合成以维持细胞膜的稳定性^[26]。例如, ABA在植物应对干旱条件下的作用已在多种作物中得到广泛研究, 显示了激素在逆境中调控基因表达的重要性^[26]。荞麦KCS基因家族的ABRE元件可能在类似的逆境中发挥相应功能。

光响应元件(如G-box和ACE元件)在荞麦KCS基因启动子中的存在表明该家族基因可能受光信号调控^[27,28]。在其他植物中, 光响应元件已被证明可调控生物合成途径的基因表达^[29]。已有研究表明, 在光照条件下植物的脂肪酸合成速率往往受到光信号的显著影响^[30]。该发现表明, 荞麦KCS家族基因在光调节下可能具有独特的脂肪酸代谢调控机制, 以适应日夜变化的环境。此外, 顺式作用元件的多样性表明荞麦KCS家族基因在基础代谢和环境适应中均发挥了重要的调控作用, 为植物在不同环境条件下提供了代谢适应能力^[27]。

3.3 荞麦KCS家族基因功能保守性与多功能调控的平衡

本研究通过基因结构和顺式作用元件的分布分析发现, 荞麦KCS家族基因的结构具有较高的保守性, 所有成员均保留了KCS基因的关键Motif和结构域。该保守性在其他植物中也广泛存在, 表明KCS基因家族在脂肪酸合成途径中的功能高度保守^[31]。作为长链脂肪酸合成的关键酶, KCS在细胞膜形成、信号转导和抗逆反应中发挥着重要作用^[32]。

然而,不同荞麦KCS基因在顺式作用元件上的多样性进一步表明其功能的多样化潜力。部分基因在顺式作用元件上显示出特异的调控能力。某些荞麦KCS基因的启动子中含有丰富的逆境胁迫相关元件(如MBS和TC-rich repeats),表明这些基因在逆境条件下可能具有较强的表达调控能力^[33]。这样的多功能调控特性使荞麦KCS家族基因不仅在基础代谢中发挥作用,还能够灵活地适应环境变化,从而在干旱、低温和高盐等逆境条件下为植物提供适应性^[34]。

3.4 多样化的代谢调控机制与抗逆性功能

GO和KEGG富集分析揭示,荞麦KCS家族基因在脂肪酸延长、植物-病原互作和次生代谢物生物合成等通路中具有显著的富集,表明其在多样化的代谢调控中具有核心地位^[35]。KCS家族基因在长链脂肪酸延长途径中的富集显示其在植物细胞膜合成中不可或缺,而在抗病通路中的富集则表明荞麦KCS基因家族可能通过调控膜成分和结构在抗病性中发挥重要作用^[36]。次生代谢物的生物合成参与植物对外界胁迫的适应性反应,如抗氧化和防御病原体入侵等机制^[32]。本研究揭示的KCS家族基因的多功能性表明,其不仅在植物基础代谢中发挥关键功能,还通过环境响应元件实现了对外界胁迫的高效应对。

3.5 荞麦KCS家族基因的应用潜力与研究展望

荞麦作为一种高营养价值的作物,其脂肪酸代谢途径的调控具有重要的应用前景。本研究通过系统分析荞麦KCS家族基因的结构和功能,揭示了其在脂肪酸代谢和环境适应中的多重角色^[37]。该研究不仅拓展了我们对荞麦KCS家族基因在植物进化中保守性与多样化的理解,也为未来在荞麦抗逆性和脂肪酸代谢改良方面的应用提供了理论依据^[31]。

未来的研究可以结合基因表达分析和功能验证实验,进一步揭示荞麦KCS基因家族在特定环境条件下的生理功能和动态响应。借助现代生物技术手段(如基因编辑和转基因技术),特定荞麦KCS基因的功能可以在其他植物中进行验证,为探索其在抗逆性及代谢调控中的具体机制提供可能。随着气候变化带来的环境压力加剧,抗逆性作物的需求将持续增加,而荞麦KCS家族基因研究无疑为荞麦及其他作物的分子育种提供了重要的基因资源。

4 结论

荞麦作为一种重要的粮食作物,其在营养成分和逆境适应方面的优势为高海拔和旱区农业提供了重要潜力。脂肪酸作为细胞膜的关键成分,在维持细胞稳定性和应对环境胁迫中起着重要作用。本研究通过生物信息学方法首次系统地分析了荞麦KCS家族,鉴定出25个家族成员,并揭示其基因结构、染色体分布(主要聚集在Ft1、Ft3和Ft7上)及功能特征。GO和KEGG富集分析表明,荞麦KCS家族基因可能参与脂肪酸合成、代谢途径和胁迫响应,但这些功能需进一步实验验证。

本研究为荞麦脂肪酸代谢和抗逆性研究提供了初步理论基础。为今后荞麦抗逆育种提供借鉴。未来研究应聚焦于荞麦KCS基因在特定胁迫条件下的表达调控机制,并通过功能验证(如CRISPR/Cas9技术)进一步确定其生物学作用,以推动荞麦抗逆性改良及脂肪酸代谢研究的深入发展。

参考文献:

[1] HULIHALLI M, KUMAR B. Production potential of buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) as influenced by genotypes

- and fertilizer levels in Northern Transition Zone of Karnataka, India [J]. *Int J Curr Microbiol App Sci*, 2018, 7(9): 537-45.
- [2] WU L, HUANG S. Insect-pollinated cereal buckwheats: Its biological characteristics and research progress [J]. *Biodiversity Science*, 2018, 26(4): 396.
- [3] SONG Y, DONG Y, WANG J, et al. Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum* Gaertn.) landraces cultivated by Yi people in Liangshan, China [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2020, 67: 745-61.
- [4] FABJAN N, RODE J, KOŠIR I J, et al. Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum* Gaertn.) as a source of dietary rutin and quercitrin [J]. *Journal of agricultural and food chemistry*, 2003, 51(22): 6452-5.
- [5] KREFT I, GOLOB A, GERM M. A Crop of High Nutritional Quality and Health Maintenance Value: The Importance of Tartary Buckwheat Breeding [J]. *Agriculture*, 2023, 13(9): 1783.
- [6] ZHENG C, HU C, MA X, et al. Cytotoxic phenylpropanoid glycosides from *Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn [J]. *Food Chemistry*, 2012, 132(1): 433-8.
- [7] LIN Bing, HU Chang-ling, HUANG Fang, et al. Research progress on chemical constituents and pharmacological effect of *Fagopyrum tataricum* [J]. *Drugs & Clinic*, 2011, (01).
- [8] Gao Y, Hou H, Cang Q, et al. Global Research Trends and Future Directions for Buckwheat as a Smart Crop: A Bibliometric and Content Analysis [J]. *Foods*, 2024, 13(24): 4068.
- [9] ROSSAK M, SMITH M, KUNST L. Expression of the FAE1 gene and FAE1 promoter activity in developing seeds of *Arabidopsis thaliana* [J]. *Plant Molecular Biology*, 2001, 46: 717-25.
- [10] JAMES D, DOONER H. Isolation of EMS-induced mutants in *Arabidopsis* altered in seed fatty acid composition [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1990, 80: 241-5.
- [11] GUO H-S, ZHANG Y-M, SUN X-Q, et al. Evolution of the KCS gene family in plants: the history of gene duplication, sub/neofunctionalization and redundancy [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2016, 291: 739-52.
- [12] BLACKLOCK B J, JAWORSKI J G. Substrate specificity of *Arabidopsis* 3-ketoacyl-CoA synthases [J]. *Biochemical and biophysical research communications*, 2006, 346(2): 583-90.
- [13] TODD J, POST -BEITTENMILLER D, JAWORSKI J G. KCS1 encodes a fatty acid elongase 3 -ketoacyl -CoA synthase affecting wax biosynthesis in *Arabidopsis thaliana* [J]. *The Plant Journal*, 1999, 17(2): 119-30.
- [14] LEE S B, JUNG S J, GO Y S, et al. Two *Arabidopsis* 3 -ketoacyl CoA synthase genes, KCS20 and KCS2/DAISY, are functionally redundant in cuticular wax and root suberin biosynthesis, but differentially controlled by osmotic stress [J]. *The Plant Journal*, 2009, 60(3): 462-75.
- [15] HU W, CHEN L, QIU X, et al. AKR2A participates in the regulation of cotton fibre development by modulating biosynthesis of very-long-chain fatty acids [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(2): 526-39.
- [16] YAMAUCHI T, SHIONO K, NAGANO M, et al. Ethylene biosynthesis is promoted by very-long-chain fatty acids during lysigenous aerenchyma formation in rice roots [J]. *Plant Physiology*, 2015, 169(1): 180-93.
- [17] ZARGAR S M, HAMI A, MANZOOR M, et al. Buckwheat OMICS: present status and future prospects [J]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2024, 44(5): 717-34.
- [18] ZHANG L, LI X, MA B, et al. The tartary buckwheat genome provides insights into rutin biosynthesis and abiotic stress tolerance [J]. *Molecular plant*, 2017, 10(9): 1224-37.
- [19] SUN W, JIN X, MA Z, et al. Basic helix - loop - helix (bHLH) gene family in Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum*): Genome-wide identification, phylogeny, evolutionary expansion and expression analyses [J]. *International journal of biological macromolecules*, 2020, 155: 1478-90.
- [20] HORTON P, PARK K-J, OBAYASHI T, et al. WoLF PSORT: protein localization predictor [J]. *Nucleic acids research*, 2007, 35 (suppl_2): W585-W7.
- [21] MARTÍNEZ-CASTILLA L P, ALVAREZ-BUYLLA E R. Adaptive evolution in the *Arabidopsis* MADS-box gene family inferred from its complete resolved phylogeny [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2003, 100(23): 13407-12.

- [22] YANG Z, GAO Q, SUN C, et al. Molecular evolution and functional divergence of HAK potassium transporter gene family in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2009, 36(3): 161-72.
- [23] HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ T, MARTÍNEZ-CASTILLA L P, ALVAREZ-BUYLLA E R. Functional diversification of B MADS-box homeotic regulators of flower development: adaptive evolution in protein – protein interaction domains after major gene duplication events [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(2): 465-81.
- [24] KUUSK S, SOHLBERG J J, MAGNUS EKLUND D, et al. Functionally redundant SHI family genes regulate *Arabidopsis* gynoecium development in a dose-dependent manner [J]. *The Plant Journal*, 2006, 47(1): 99-111.
- [25] YAMAGUCHI-SHINOZAKI K, SHINOZAKI K. Organization of cis-acting regulatory elements in osmotic-and cold-stress-responsive promoters [J]. *Trends in plant science*, 2005, 10(2): 88-94.
- [26] KIM J-S, MIZOI J, YOSHIDA T, et al. An ABRE promoter sequence is involved in osmotic stress-responsive expression of the DREB2A gene, which encodes a transcription factor regulating drought-inducible genes in *Arabidopsis* [J]. *Plant and Cell Physiology*, 2011, 52(12): 2136-46.
- [27] HENG Y, LIN F, JIANG Y, et al. B-Box containing proteins BBX30 and BBX31, acting downstream of HY5, negatively regulate photomorphogenesis in *Arabidopsis* [J]. *Plant Physiology*, 2019, 180(1): 497-508.
- [28] LIN M, YAN J, ALI M M, et al. Isolation and functional characterization of a green-tissue promoter in japonica rice (*Oryza sativa* subsp. Japonica) [J]. *Biology*, 2022, 11(8): 1092.
- [29] LI X, WANG H-B, JIN H-L. Light signaling-dependent regulation of PSII biogenesis and functional maintenance [J]. *Plant Physiology*, 2020, 183(4): 1855-68.
- [30] YE Y, NIKOVICS K, TO A, et al. Docking of acetyl-CoA carboxylase to the plastid envelope membrane attenuates fatty acid production in plants [J]. *Nature Communications*, 2020, 11(1): 6191.
- [31] YANG L, FANG J, WANG J, et al. Genome-wide identification and expression analysis of 3-ketoacyl-CoA synthase gene family in rice (*Oryza sativa* L.) under cadmium stress [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1222288.
- [32] LIU X, ZHAO Z, YANG Y, et al. Genome-wide identification and expression analysis of the KCS gene family in yellow horn reveal their putative function on abiotic stress responses and wax accumulation [J]. *Horticulturae*, 2022, 9(1): 25.
- [33] RUI C, CHEN X, XU N, et al. Identification and structure analysis of KCS family genes suggest their responding to regulate fiber development in long-staple cotton under salt-alkaline stress [J]. *Frontiers in Genetics*, 2022, 13: 812449.
- [34] ZHANG A, XU J, XU X, et al. Genome-wide identification and characterization of the KCS gene family in sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) [J]. *PeerJ*, 2022, 10: e14156.
- [35] XUE Y, JIANG J, YANG X, et al. Genome-wide mining and comparative analysis of fatty acid elongase gene family in *Brassica napus* and its progenitors [J]. *Gene*, 2020, 747: 144674.
- [36] KIM J, KIM R J, LEE S B, et al. Protein – protein interactions in fatty acid elongase complexes are important for very-long-chain fatty acid synthesis [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2022, 73(9): 3004-17.
- [37] TONG T, FANG Y-X, ZHANG Z, et al. Genome-wide identification and expression pattern analysis of the KCS gene family in barley [J]. *Plant Growth Regulation*, 2021, 93: 89-103.