

王玮,王悦,厉万荣,等.基于转录组测序的斧翅沙芥(*Pugionium dolabratum*)干旱胁迫应答基因表达分析[J].中国沙漠,2022,42(6):204-210.

基于转录组测序的斧翅沙芥(*Pugionium dolabratum*)干旱胁迫应答基因表达分析

王 玮,王 悦,厉万荣,王浩澎,杨 宁

(西北师范大学 生命科学学院,甘肃 兰州 730070)

摘要: 荒漠植物斧翅沙芥(*Pugionium dolabratum*)主要分布在中国西北地区的固定或半固定沙漠,具有较高的干旱环境适应能力,但对它的干旱胁迫耐受分子机制研究较少。本研究利用Illumina测序技术筛选斧翅沙芥干旱应答基因,通过转录组的从头组装,共获得154 875个unigenes,平均长度为1 437个碱基。干旱胁迫后,共有13 855个基因表达发生显著变化,其中7 182个基因上调表达,6 673个基因下调表达。GO功能富集分析表明差异表达基因显著富集到物质代谢、氧化还原和催化活性等功能;KEGG通路富集分析表明差异表达基因显著富集到氨基酸代谢、淀粉和糖代谢以及植物激素信号转导等途径。此外,鉴定到47个干旱诱导转录因子家族,主要包括HSF、ERF、WRKY、MYB、bHLH等。与沙芥相比,淀粉和糖代谢途径以及大量热胁迫转录因子在干旱胁迫后上调表达有可能是斧翅沙芥提高干旱胁迫耐受能力的特殊途径。本研究的结果初步揭示了斧翅沙芥对抗干旱胁迫的调控特征,为进一步理解斧翅沙芥干旱环境适应的分子机制提供线索。

关键词: 斧翅沙芥(*Pugionium dolabratum*); 干旱胁迫; 转录组; 转录因子

文章编号: 1000-694X(2022)06-204-07

DOI: 10.7522/j.issn.1000-694X.2022.00077

中图分类号: Q948.11

文献标志码: A

0 引言

荒漠先锋植物沙芥是十字花科沙芥属一年生或二年生草本植物,主要在甘肃、宁夏、内蒙古等地的沙漠或草原沙地分布,是中国特有物种^[1]。根据短角果的形态及植株特征,沙芥属植物至少分为5个种。近年来,借助于形态学观察和分子遗传学方法,沙芥属植物总体分为沙芥(*Pugionium cornutum*)和斧翅沙芥(*P. dolabratum*)2个种,距果沙芥(*P. calcaratum*)、鸡冠沙芥(*P. cristatum*)和翅果沙芥(*P. pterocarpum*)属于斧翅沙芥^[2]。沙芥属植物具有较高的食用和药用价值。沙芥富含粗纤维、蛋白质、维生素C及多种矿物质微量元素,肉质多浆、风味独特,长期以来作为蔬菜被沙区人民种植和食用^[3];沙芥味辛性温,可用于治疗消化不良、食物中毒等症状,其根味辛性凉,具有止咳、清肺热等疗

效^[1]。因此沙芥属植物的资源开发和机制研究具有重要的生态和经济效益。

沙芥和斧翅沙芥在距今9—22.8万年开始分离,分别进化出不同的习性来适应水分缺失的环境^[4]。在地理分布方面,沙芥主要分布在草原沙地、半固定沙漠或流动沙漠,而斧翅沙芥主要分布于固定或半固定沙漠^[2]。在形态方面,斧翅沙芥的叶片更窄而沙芥的茎更长,较窄的叶片可减少斧翅沙芥因蒸腾作用造成的水分损失,较长的茎可防止沙芥被流沙掩埋,反映出进化的适应性^[2,4-5]。在胁迫耐受方面,沙芥种子萌发对NaCl的极限耐受浓度为300 mmol·L⁻¹,显著高于斧翅沙芥的150 mmol·L⁻¹,表明沙芥对高盐胁迫具有更高的耐受能力^[6-7];相同干旱条件下,斧翅沙芥的抗坏血酸与谷胱甘肽含量及抗氧化酶活性均高于沙芥,表明斧翅沙芥清除活性氧的能力更强,干旱胁迫耐受能力强于沙芥^[8-9]。

收稿日期:2022-02-28; 改回日期:2022-04-25

资助项目:国家自然科学基金项目(32060168);甘肃省高等学校创新能力提升项目(2019B-040);西北师范大学青年教师科研能力提升计划项目(NWNU-LKQN-17-4)

作者简介:王玮(1983—),女,甘肃兰州人,博士,副教授,主要从事植物发育与逆境适应的细胞生物学研究。E-mail: wangwei5020@126.com
通信作者:杨宁(E-mail: xbsd-yn@163.com)

然而,斧翅沙芥耐受干旱胁迫的遗传机制尚不清楚,本研究以斧翅沙芥叶片为材料,采用Illumina HiSeq高通量测序技术,获得干旱胁迫前后的基因表达谱信息并进行比较分析、GO功能富集和KEGG通路富集,以期挖掘斧翅沙芥干旱胁迫条件下差异表达基因特征,为进一步系统研究其干旱胁迫耐受机制提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 材料

斧翅沙芥短角果收集于宁夏回族自治区石嘴山市平罗县,选取籽粒饱满的种子,参考之前报道的方法进行表面消毒和催芽^[5,10]。以0.1%升汞浸泡5 min,无菌水冲洗6次,点播于湿润的无菌滤纸覆盖的培养皿(直径9 cm)上,置于培养箱中22℃暗培养催芽。种子萌发后,移植到沙土比3:1的花盆中继续培养至第3片和第4片叶片完全膨大时的六叶一心期进行干旱胁迫处理和取样。

1.2 方法

1.2.1 干旱胁迫条件

盆栽的斧翅沙芥幼苗随机分成对照组和干旱处理组2组,每组3个生物学平行($n=20$)。参考沙芥的干旱胁迫处理方法^[5],采用重度干旱条件为本研究干旱条件,即土壤含水量为田间持水量的75%—85%为对照组,土壤含水量为田间持水量的30%—40%为干旱处理组。对照组和干旱处理组分别收集第3叶片或第4叶片,液氮速冻,−80℃下保存。

1.2.2 RNA提取与测序

cDNA文库构建和测序服务委托北京诺禾致源科技股份有限公司进行。斧翅沙芥叶片总RNA提取后,加入带有Oligo(dT)的磁珠富集mRNA,将富集的mRNA加入fragmentation buffer打断,并以短片段化的mRNA为模板,六碱基随机引物为引物,通过逆转录PCR合成双链cDNA。双链cDNA纯化后,分别进行末端修复、加poly(A)尾巴、连接测序接头后,通过PCR扩增和再次纯化获得cDNA文库。随后进行Illumina HiSeq测序。

1.2.3 序列组装和注释

测序获得的原始测序序列(raw reads)按照质量值 $Q_{phred} \leq 20$ 的碱基数不超过总碱基数50%的标准过

滤后得到clean reads,使用Trinity进行从头组装并使用Corset进行层次聚类,获得unigene。为获得基因功能信息,将Unigene与Nr(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)、Nt(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)、Pfam(<http://pfam.sanger.ac.uk/>)、KOG/COG(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/COG/>)、Swiss-prot(<http://www.ebi.ac.uk/uniprot/>)、GO(<http://www.geneontology.org/>)和KEGG(<http://www.genome.jp/kegg/>)7个数据库进行比对,得到基因注释。

1.2.4 差异表达基因分析

采用RSEM软件将每个样本的clean reads与Trinity拼接得到的转录组作为参考序列做比对,每个基因的相对表达量用RPKM(Reads per kilo bases per million reads)方法计算。采用DESeq方法筛选差异表达基因(阈值 $\text{padj} < 0.05$),FDR(false discovery rate) ≤ 0.05 并且 $\log_2 X$ [X 为基因差异位数(Fold Change)]的绝对值 ≥ 1 的Unigene被认为是具有统计学显著性意义的差异表达基因。注释过的基因分别按照GO三个大类(生物过程、细胞组分和分子功能)和参与的KEGG代谢通路进行GO功能显著性富集分析和KEGG通路显著性富集分析。

2 结果与分析

2.1 转录组数据质量评估

通过对Illumina测序数据进行质量评估,斧翅沙芥对照组(CK)和干旱处理组(DT)各3个生物学重复得到的平均clean reads数分别为51 979 319和49 043 718;各样本Q20均大于98%,Q30均大于95%(表1),表明测序结果质量可靠。通过Trinity拼接和Corset层次聚类,6个样本共获得154 875个

表1 测序数据概况

Table 1 Summary of Illumina RNA sequencing

样品	过滤数据 读段数量	质量值 ≥ 20 碱基	质量值 ≥ 30 碱基
		百分比 Q20/%	百分比 Q30/%
CK1	47 083 896	98.43	95.71
CK2	51 089 578	98.14	95.04
CK3	57 764 482	98.14	95.06
DT1	47 438 914	98.26	95.38
DT2	46 524 568	98.36	95.58
DT3	53 167 672	98.21	95.22

unigenes, 其中 67 006 (43.26%) 个 unigenes 长度为 200—1 000 nt, 52 101 (33.64%) 个 unigenes 长度为 1 000—2 000 nt, 35 768 (23.09%) 个 unigenes 长度大于 2 000 nt。Unigenes 的平均长度和 N50 分别为 1 437 nt 和 1 956 nt。

2.2 基因功能注释

将获得的 unigenes 与 7 个数据库比对, 136 667 (88.24%) 个 unigenes 在 Nt 数据库得到注释, 136 008 (87.81%) 个 unigenes 在 Nr 数据库得到注释, 在 Pfam、KOG、Swiss-prot、GO 和 KEGG 数据库分别注释了 95 298 (61.53%)、43 162 (27.86%)、111 119 (71.74%)、99 810 (64.44%) 和 57 349 (38.24%) 个 unigenes。

2.3 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因分析

为鉴定斧翅沙芥干旱胁迫应答基因, 我们将对照组和干旱处理组的斧翅沙芥叶片表达基因进行差异表达基因 (differentially expressed gene, DEG) 分析。对照组和干旱处理组之间共获得 13 855 个 DEGs, 其中 7 182 个 DEGs 上调表达, 6 673 个 DEGs 下调表达 (图 1)。上调表达基因数高于下调表达基因数。

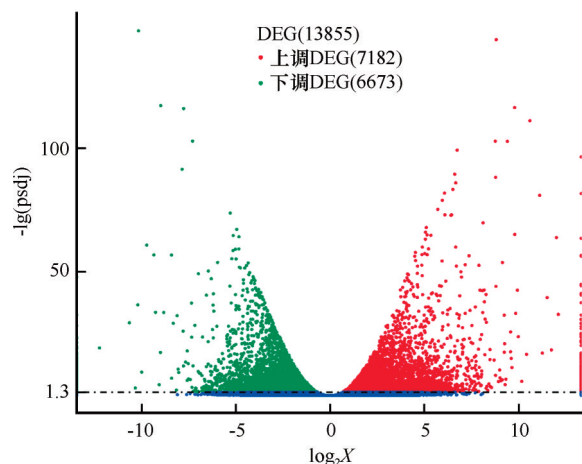


图1 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因(DEG)的表达分析

Fig.1 Expression analysis of differentially expressed genes in *Pugionium dolabratum* under drought treatment

2.4 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因的GO富集

为分析斧翅沙芥干旱胁迫后差异表达基因的功能, 我们对获得的 DEGs 进行 GO 功能富集分析 (图 2)。这些 DEGs 富集到生物过程、细胞组分和分子功能 3 个大类的 59 个小类中; 富集到生物过程中

的 DEGs 主要集中在单一生物代谢过程 (3 474)、氧化还原过程 (1 346)、单一生物合成过程 (1 281)、氧乙酸代谢过程 (1 144)、有机酸代谢过程 (1 144)、羧酸代谢过程 (1 123)、碳水化合物代谢过程 (917) 和脂质代谢过程 (851); 富集到细胞组分中的 DEGs 主要集中在质体 (251)、叶绿体 (246)、类囊体 (204)、类囊体部分 (185)、光合膜 (177) 和光系统 (150); 富集到分子功能中的 DEGs 主要集中在催化活性 (5 981)、氧化还原酶活性 (1 362)。

2.5 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因的KEGG通路富集

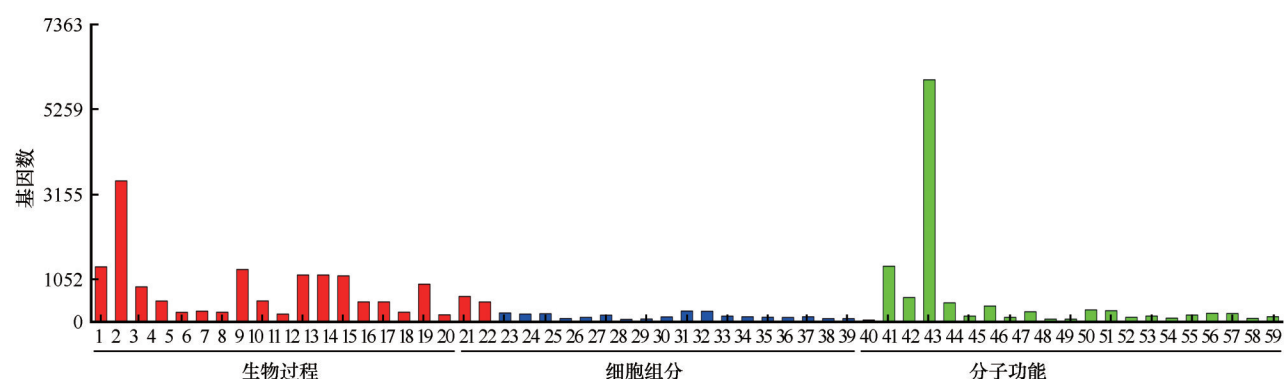
对获得的 DEGs 进行 KEGG 通路富集分析的结果表明, 采用 P 值小于 0.05 的通路定义为显著富集的 KEGG 通路, 共有 3 237 个 DEGs 富集到 38 个 KEGG 通路中。其中, 258 个 DEGs 富集到植物激素信号转导, 246 个富集到淀粉和蔗糖代谢, 218 个富集到乙醛酸和二羧酸代谢, 159 个富集到光合生物的碳固定, 156 个富集到甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢 (图 3)。

2.6 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达转录因子分析

转录因子广泛参与了植物干旱等非生物胁迫应答的调控。基于 Swiss-Prot 注释, 与对照组相比, 斧翅沙芥干旱胁迫后共有 47 个转录因子家族的 459 个 DEGs 表达量发生显著性变化, 其中 277 个 DEGs 上调表达, 182 个 DEGs 下调表达。含有差异表达 DEGs 最多的 10 个转录因子家族分别为 HSF、ERF、WRKY、MYB、bHLH、NF-Y、DIVARICATA、Trihelix、TCP、AP2/ERF (表 2)。干旱处理后, DEGs 上调表达数目最多的转录因子家族是热胁迫转录因子家族, 该家族中有 40 个成员的表达水平显著上调, 另有 7 个成员表达水平下调 (表 2 和图 4), 表明热胁迫转录因子可能参与了斧翅沙芥干旱胁迫应答基因表达的调控。

3 讨论与结论

沙芥属植物兼具较高的经济开发和生态保护功能, 既可作为食用蔬菜、中草药和饲用牧草, 又可作为生态屏障用于防风固沙、水土保持^[11]。近年来, 其适应性更广、抗逆性更强、营养更丰富的新品种不断被培育出来^[12]。已有研究表明, 沙芥通过调控参与光合作用、氮代谢、植物激素信号转导途径,



1: 氧化还原过程; 2: 单一生物代谢过程; 3: 脂质代谢过程; 4: 单羧酸代谢过程; 5: 光合作用; 6: 单羧酸生物合成过程; 7: 脂肪酸代谢过程; 8: 单一生物合成过程; 9: 脂质生物合成过程; 10: 脂肪酸生物合成过程; 11: 氧乙酸代谢过程; 12: 有机酸代谢过程; 13: 羧酸代谢过程; 14: 有机酸生物合成过程; 15: 羧酸生物合成过程; 16: 细胞醛代谢过程; 17: 碳水化合物代谢过程; 18: 甘油醛-3-磷酸代谢过程; 19: 细胞脂质代谢过程; 20: 化学反应; 21: 类囊体; 22: 光合膜; 23: 类囊体部分; 24: 光系统 II 放氧复合物; 25: 类囊体膜; 26: 光系统; 27: 光系统 I; 28: 质外体; 29: 光系统 II; 30: 质体; 31: 叶绿体; 32: 外包装结构; 33: 叶绿体部分; 34: 细胞壁; 35: 氧化还原酶复合物; 36: 质体部分; 37: 叶绿体包膜; 38: 质体包膜; 39: 系统 I 反应中心; 40: 氧化还原酶活性; 41: 辅因子结合; 42: 催化活性; 43: 辅酶结合; 44: 磷酸吡哆醛结合; 45: 裂解酶活性; 46: 单加氧酶活性; 47: 氧化还原酶活性, 作用于成对供体, 分子氧掺入或减少; 48: 转氨酶活性; 49: 转移酶活性, 转移含氮基团; 50: 氧化还原酶活性, 作用于供体的 CH-OH 基团; 51: 氧化还原酶活性, 作用于供体的 CH-OH 基团, NAD 或 NADP 作为受体; 52: 氧化还原酶活性, 作用于供体的醛基; 53: 抗氧化活性; 54: 氧化还原酶活性, 作用于供体的醛基, NAD 或 NADP 作为受体; 55: 碳碳裂解酶活性; 56: 四吡咯结合; 57: 亚铁原卟啉结合; 58: 氧化还原酶活性, 作用于单供体并结合分子氧; 59: 羧基裂解酶活性

1: oxidation-reduction process; 2: single-organism metabolic process; 3: lipid metabolic process; 4: monocarboxylic acid metabolic process; 5: photosynthesis; 6: monocarboxylic acid biosynthetic process; 7: fatty acid metabolic process; 8: single-organism biosynthetic process; 9: lipid biosynthetic process; 10: fatty acid biosynthetic process; 11: oxoacid metabolic process; 12: organic acid metabolic process; 13: carboxylic acid metabolic process; 14: organic acid biosynthetic process; 15: carboxylic acid biosynthetic process; 16: cellular aldehyde metabolic process; 17: carbohydrate metabolic process; 18: glyceraldehyde-3-phosphate metabolic process; 19: cellular lipid metabolic process; 20: response to chemical; 21: thylakoid; 22: photosynthetic membrane; 23: thylakoid part; 24: photosystem II oxygen evolving complex; 25: thylakoid membrane; 26: photosystem; 27: photosystem I; 28: apoplast; 29: photosystem II; 30: plastid; 31: chloroplast; 32: external encapsulating structure; 33: chloroplast part; 34: cell wall; 35: oxidoreductase complex; 36: plastid part; 37: chloroplast envelope; 38: plastid envelope; 39: photosystem I reaction center; 40: oxidoreductase activity; 41: cofactor binding; 42: catalytic activity; 43: coenzyme binding; 44: pyridoxal phosphate binding; 45: lyase activity; 46: monooxygenase activity; 47: oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen; 48: transaminase activity; 49: transferase activity, transferring nitrogenous groups; 50: oxidoreductase activity, acting on CH-OH group of donors; 51: oxidoreductase activity, acting on the CH-OH group of donors, NAD or NADP as acceptor; 52: oxidoreductase activity, acting on the aldehyde group of donors; 53: antioxidant activity; 54: oxidoreductase activity, acting on the aldehyde group of donors, NAD or NADP as acceptor; 55: carbon-carbon lyase activity; 56: tetrapyrrole binding; 57: heme binding; 58: oxidoreductase activity, acting on single donors with incorporation of molecular oxygen; 59: carboxy-lyase activity

图2 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因的GO富集分析

Fig.2 Gene Ontology Enrichment Analysis of differentially expressed genes in *Pugionium dolabratum* under drought treatment

尤其是抗坏血酸代谢途径相关基因的表达,提高了沙芥抗氧化能力进而增强其对于干旱胁迫的耐受能力^[5]。同时,沙芥通过在植株中积累氯离子和上调促氯离子积累、抗氧化、光合作用、碳固定相关基因的表达,增强其渗透调节能力、活性氧清除能力和碳同化效率,从而提高沙芥对盐胁迫的耐受能力^[13-14]。生理试验发现,与沙芥相比,近缘种斧翅沙芥具有更强的活性氧清除和干旱胁迫耐受能力,然而目前对斧翅沙芥抗旱机制的研究较少。

本研究利用 Illumina 测序技术高通量筛选斧翅沙芥干旱胁迫应答基因,共获得 13 855 个 DEGs,

GO 功能富集分析表明这些 DEGs 显著富集到物质代谢、氧化还原和催化活性等功能,KEGG 通路富集分析表明这些 DEGs 显著富集到氨基酸代谢、淀粉和糖代谢以及植物激素信号转导等途径,暗示这些功能和通路在斧翅沙芥干旱胁迫耐受中发挥调控作用,尤其是与沙芥干旱胁迫 DEGs 相比,斧翅沙芥参与淀粉和糖代谢等的 DEGs 显著增多,这可能通过渗透调节和能量代谢两方面功能促使斧翅沙芥具有更强的干旱胁迫耐受能力。

转录因子是植物响应各种激素和环境因子、传递胞内信号、控制应答基因表达的重要调控蛋白。

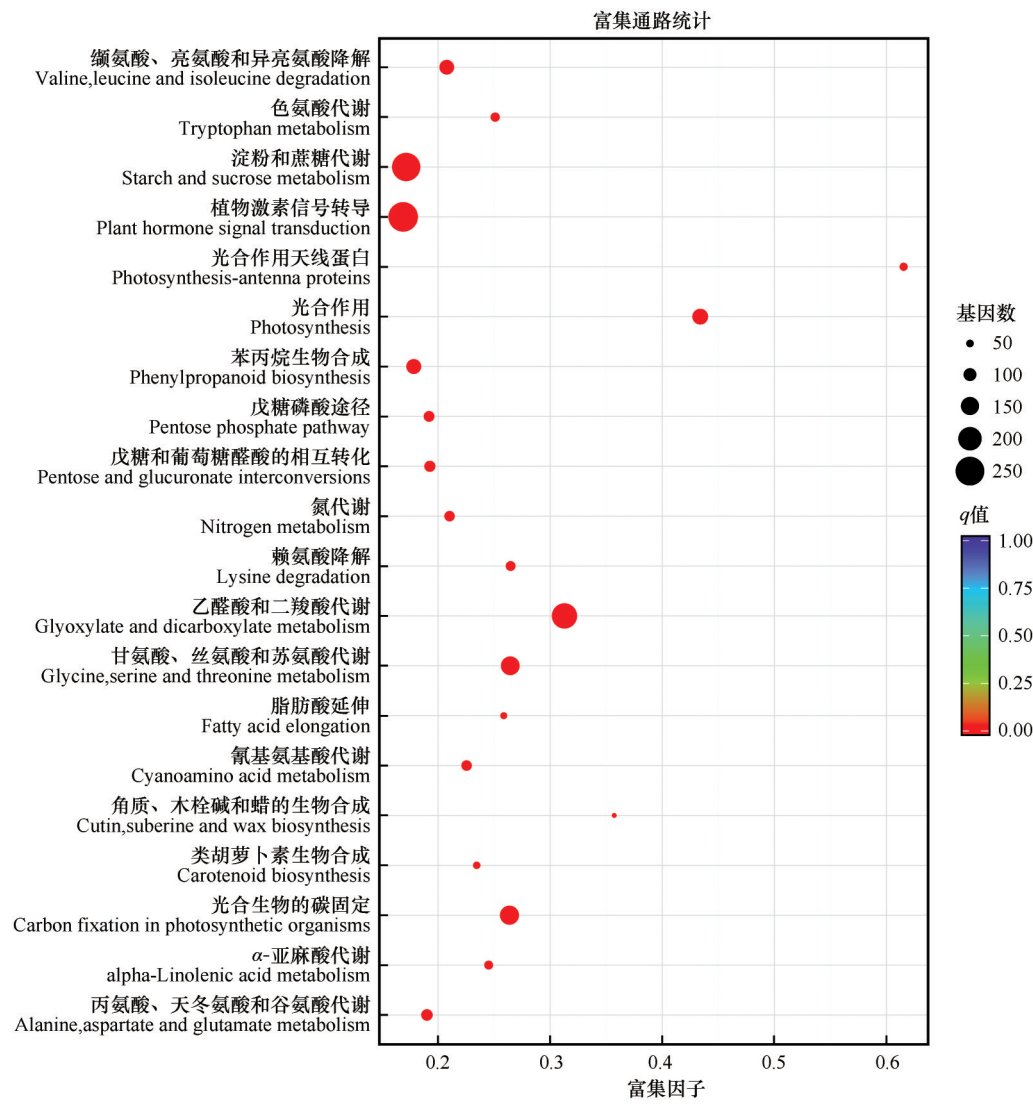


图 3 斧翅沙芥干旱胁迫差异表达基因的KEGG 富集分析

Fig.3 KEGG enrichment analysis of differentially expressed genes in *Pugionium dolabratum* under drought treatment

表 2 干旱胁迫下差异表达转录因子数目
Table 2 Numbers of differentially expressed transcription factors under drought stress treatment

转录因子家族	上调	下调
Heat stress transcription factor	40	7
Ethylene-responsive transcription factor	38	17
WRKY transcription factor	36	21
MYB family transcription factor	33	15
bHLH transcription factor	30	27
Nuclear transcription factor Y	17	6
DIVARICATA transcription factor	13	8
Trihelix transcription factor	10	6
TCP transcription factor	6	10
AP2-like ethylene-responsive transcription factor	4	12

ERF、AP2/ERF、WRKY、bHLH、MYB 家族转录因子是常见的调控植物生长发育和环境适应的转录因子^[15-16]。斧翅沙芥在干旱胁迫后,编码 ERF、WRKY、bHLH、MYB 家族转录因子的 DEGs 大多数上调表达,而编码 AP2/ERF 家族转录因子的 DEGs 大多数下调表达。此外,与沙芥干旱胁迫后差异表达的转录因子家族不同的是,本研究发现大量的热胁迫转录因子在干旱胁迫后上调表达,说明沙芥和斧翅沙芥可能存在不同的干旱胁迫调控机制。

本研究利用转录组分析技术对干旱处理条件下的斧翅沙芥幼苗叶片进行高通量测序分析,筛选得到大量显著富集到物质代谢、氧化还原和催化活性等功能和参与氨基酸代谢、淀粉和糖代谢以及植物激素信号转导途径的 DEGs,并分析了可能参与

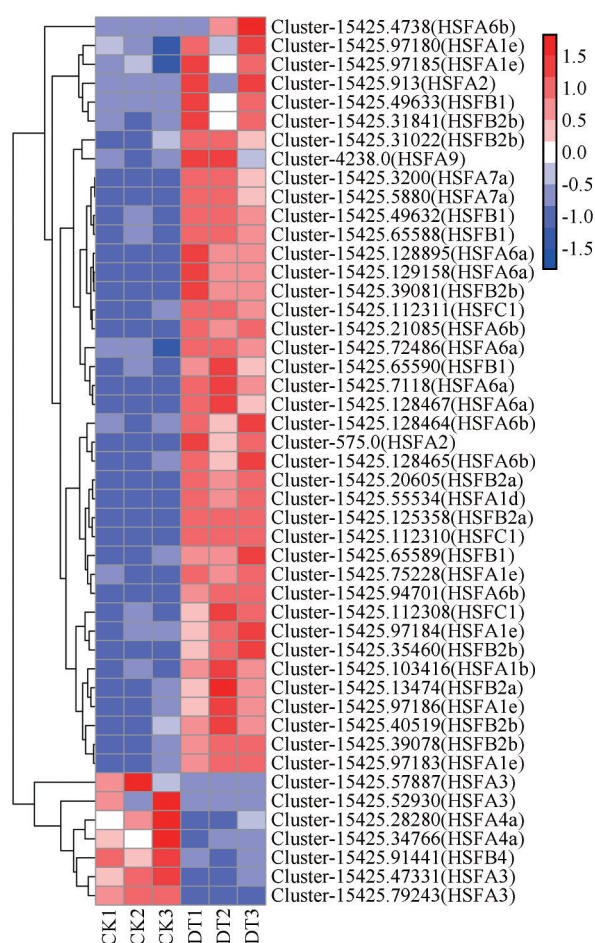


图4 干旱胁迫差异表达的热胁迫转录因子家族成员表达模式分析

Fig.4 Expression pattern of differentially expressed heat stress transcription factors under drought treatment

斧翅沙芥干旱胁迫调控的转录因子家族。这些结果初步揭示了斧翅沙芥对抗干旱胁迫的调控特征,为进一步理解斧翅沙芥干旱环境适应的分子机制提供线索。建议进一步深入研究热胁迫转录因子在斧翅沙芥干旱胁迫后上调表达的、对干旱的调控机制。

参考文献:

- [1] 高子舒,徐康宁,乌仁格格.沙芥的研究现状分析[J].广东化工,2018,45(8):138.
- [2] Yu Q S, Wang Q, Wang, A L, et al. Interspecific delimitation and phylogenetic origin of *Pugionium* (Brassicaceae) [J]. Journal of Systematics and Evolution, 2010, 48(3): 195–206.
- [3] Li H, Li C, Zhang C, et al. Compositional and gastrointestinal prokinetic studies of *Pugionium* (L.) [J]. Food Chemistry, 2015, 186: 285–291.
- [4] Wang Q, Abbott R J, Yu Q S, et al. Pleistocene climate change and the origin of two desert plant species, *Pugionium cornutum* and *Pugionium dolabratum* (Brassicaceae), in northwest China [J]. New Phytologist, 2013, 199(1): 277–287.
- [5] Wang P, Wang F, Yang J. De novo assembly and analysis of the *Pugionium cornutum* (L.) Gaertn. transcriptome and identification of genes involved in the drought response [J]. Gene, 2017, 626: 290–297.
- [6] 李娜,郝丽珍,宋兆伟,等. NaCl对沙芥种子萌发及幼苗建成的影响[J]. 内蒙古农业大学学报(自然科学版), 2010, 31(4): 58–63.
- [7] 宋兆伟,郝丽珍,文静,等. NaCl对斧翅沙芥种子萌发的影响[J]. 华北农学报, 2010, 25(2): 172–177.
- [8] 郑清岭,杨忠仁,张晓艳,等. 干旱胁迫对沙芥和斧形沙芥抗坏血酸含量及其代谢相关酶的影响[J]. 植物生理学报, 2018, 54(12): 1865–1874.
- [9] 郑清岭,杨冬艳,刘建文,等. 干旱胁迫对沙芥和斧形沙芥幼苗生长及抗氧化系统的影响[J]. 植物生理学报, 2017, 53(4): 600–608.
- [10] 王玮,杨宁,张莉环,等. 斧翅沙芥(*Pugionium dolabratum*)脂质转运蛋白基因PdLTP3的克隆及其对干旱胁迫的响应[J]. 中国沙漠, 2018, 38(3): 578–583.
- [11] 岳利军,袁坤,李海伟,等. 荒漠植物沙芥苗期对不同浓度NaCl的适应机制[J]. 草业学报, 2016, 25(1): 144–152.
- [12] 张凤兰,宁可真,杨忠仁,等. 沙芥新品种沙珍J-2号[J]. 中国蔬菜, 2020(11): 120–122.
- [13] Cui Y N, Li X T, Yuan J Z, et al. Chloride is beneficial for growth of the xerophyte *Pugionium cornutum* by enhancing osmotic adjustment capacity under salt and drought stresses [J]. J Exp Bot, 2020, 71(14): 4215–4231.
- [14] Cui Y N, Wang F Z, Yang C H, et al. Transcriptomic profiling identifies candidate genes involved in the salt tolerance of the xerophyte *Pugionium cornutum* [J]. Genes (Basel), 2019, 10(12): 1039–1060.
- [15] Martin R C, Kronmiller B A, Dombrowski J E. Transcriptome analysis of *Lolium temulentum* exposed to a combination of drought and heat stress [J]. Plants (Basel), 2021, 10(11): 2247–2277.
- [16] 王小敏,许姗姗,詹若挺,等. 基于转录组测序的越南安息香根,茎和叶基因表达分析[J]. 中草药, 2021, 52(8): 2392–2399.

Transcriptomic analysis of drought response genes in *Pugionium dolabratum*

Wang Wei, Wang Yue, Li Wanrong, Wang Haopeng, Yang Ning

(College of Life Science, Northwest Normal University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: *Pugionium dolabratum* is a xerophytic plant species mainly distributed in fixed or semi-fixed desert in northwest China, which possess strong adaptability to arid environment. However, the molecular mechanism of drought stress tolerance in *P. dolabratum* was known much less. In this study, we used Illumina sequencing to screen drought responsive genes in *P. dolabratum*, 154 875 unigenes with an average length of 1 437 nt were obtained by De novo transcriptome assembly. After drought stress, a total of 13 855 unigenes was significantly and differentially expressed, of which 7 182 genes were up-regulated and 6 673 genes were down regulated. GO enrichment analysis showed that the differentially expressed genes were significantly enriched in material metabolism, oxidoreductase and catalytic activity. KEGG enrichment analysis showed that the differentially expressed genes were significantly enriched in amino acid metabolism, starch and sucrose metabolism and plant hormone signal transduction. In addition, we identified 47 drought induced transcription factor families, mainly including HSF, ERF, WRKY, MYB, and bHLH. Compared with *P. cornutum*, the starch and sucrose metabolism and the up-regulated expression of heat stress transcription factors may be an alternative pathway to enhance tolerance capacity in *P. dolabratum* in response to drought stress. The results preliminarily revealed the regulatory characteristics of *P. dolabratum* in response to drought stress, and provided important clues for further insight into the molecular mechanism of drought environment adaptation in *P. dolabratum*.

Key words: *Pugionium dolabratum*; drought stress; transcriptome; transcription factor