

引用格式: 余硕, 付鹏跃, 包平安, 等. 楸树 *MYB* 基因家族的全基因组鉴定及盐胁迫关键基因成员筛选[J]. 浙江农林大学学报, 2026, 43(5): 925–934. YU Shuo, FU Pengyue, BAO Ping'an, *et al.* Genome-wide identification of *MYB* gene family and screening of key members under salt stress in *Catalpa bungei*[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2026, 43(5): 925–934.

楸树 *MYB* 基因家族的全基因组鉴定及 盐胁迫关键基因成员筛选

余 硕¹, 付鹏跃¹, 包平安¹, 曲冠证¹, 孙敬爽², 胡瑞阳², 王军辉³, 负慧玲⁴

(1. 东北林业大学 林木遗传育种全国重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150040; 2. 中国林业科学研究院华北林业实验中心 林木遗传育种全国重点实验室, 北京 102300; 3. 中国林业科学研究院 林业研究所 国家林业和草原局 林木育种与培育重点实验室/林木遗传育种全国重点实验室, 北京 100091; 4. 甘肃省小陇山林业科学研究所, 甘肃 天水 741022)

摘要: 【目的】盐胁迫是影响林木正常生长发育的关键非生物胁迫因子。楸树 *Catalpa bungei* 作为中国特有的珍贵用材树种, 其耐盐性分子机制研究尚属薄弱环节, 筛选楸树耐盐基因可为解析其耐盐机制及耐盐良种选育提供理论依据。

【方法】以楸树良种‘9-1’为材料, 在 0.1 mol·L⁻¹ NaCl 胁迫下, 设置 0、6、12、24、48、72、96 h 共 7 个时间梯度, 取其叶片进行全基因组鉴定、转录组测序和生物信息学分析。【结果】在全基因组水平共鉴定出 107 个楸树 *MYB* 家族成员(命名为 *CbuMYB*)。基因结构分析显示: *CbuMYB* 基因家族包含 10 个 Motif 和 8 个保守基序。系统发育分析将其划分为 12 个亚家族。盐胁迫时间序列表达谱显示: *CbuMYB* 家族成员响应模式呈差异化。*CbuMYB52*、*CbuMYB56* 和 *CbuMYB93* 于胁迫早期(6~12 h)与 0 h 相比显著下调($P < 0.05$); *CbuMYB9*、*CbuMYB19*、*CbuMYB23*、*CbuMYB95* 和 *CbuMYB96* 则在胁迫中后期(24~96 h)与 0 h 相比显著上调($P < 0.05$), 其中 *CbuMYB19* 在 72 h 出现单一诱导峰。

【结论】*CbuMYB* 家族成员之间具有较高的保守性, 其在盐胁迫下的时序表达特征揭示了该家族在楸树盐胁迫应答中的复杂调控模式。图 5 参 46

关键词: 楸树; 盐胁迫; 转录组; *MYB* 基因家族; 表达调控

中图分类号: S722.3 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2026)05-0925-10

Genome-wide identification of *MYB* gene family and screening of key members under salt stress in *Catalpa bungei*

YU Shuo¹, FU Pengyue¹, BAO Ping'an¹, QU Guanzheng¹, SUN Jingshuang²,
HU Ruiyang², WANG Junhui³, YUN Huiling⁴

(1. State Key Laboratory of Forest Tree Genetics and Breeding, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China; 2. North China Forestry Experiment Center, State Key Laboratory of Forest Tree Genetics and Breeding, Chinese Academy of Forestry, Beijing 102300, China; 3. Key Laboratory of Forest Tree Breeding and Cultivation, National Forestry and Grassland Administration/State Key Laboratory of Forest Tree Genetics and Breeding, Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China; 4. Xiaolongshan Forestry Science Research Institute, Tianshui 741022, Gansu, China)

Abstract: [Objective] Salt stress is a key abiotic stress factor affecting the normal growth and development of forest trees. *Catalpa bungei* is a precious timber tree species in China, and its salt stress tolerance has not been deeply studied yet. Screening the salt-tolerant genes of *C. bungei* can provide a theoretical basis for

收稿日期: 2026-03-09; 修回日期: 2026-08-01

基金项目: 中国林业科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(CAFYBB2020ZB004-2)

作者简介: 余硕(ORCID: 0009-0002-0188-3004), 从事楸树遗传转化研究。E-mail: y2875438113@163.com。通信作者: 孙敬爽(ORCID: 0000-0002-2384-7453), 副研究员, 博士, 从事林木遗传育种研究。E-mail: sjshuang1129@163.com

understanding its salt-tolerant mechanism and the breeding of salt-tolerant superior varieties. [Method] The superior variety ‘9-1’ of *C. bungei* was used as the material. Genome-wide identification, transcriptome sequencing and bioinformatics analysis were performed on the leaves under $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaCl stress for 0, 6, 12, 24, 48, 72 and 96 h. [Result] A total of 107 members of *C. bungei* MYB (*CbuMYB*) family were identified through genome-wide identification. The gene structure indicated that the *CbuMYB* gene family contained 10 motifs and 8 conserved motifs. Phylogenetic analysis was conducted and it was divided into 12 subfamilies. The time series expression profile of salt stress showed that the response patterns of the *CbuMYB* family members were differentiated: compared with 0 h, *CbuMYB52*, *CbuMYB56* and *CbuMYB93* were significantly downregulated in the early stage of stress (6–12 h) ($P < 0.05$). *CbuMYB9*, *CbuMYB19*, *CbuMYB23*, *CbuMYB95* and *CbuMYB96* were significantly upregulated in the middle and later stages (24–96 h) ($P < 0.05$), among which *CbuMYB19* showed a single induction peak at 72 h. [Conclusion] The members of the *CbuMYB* family have a high degree of conservation. The temporal expression characteristics of the *CbuMYB* family members under salt stress reveal the complex regulatory patterns formed in the salt stress response of *C. bungei*. [Ch, 5 fig. 46 ref.]

Key words: *Catalpa bungei*; salt stress; transcriptome; MYB gene family; expression regulation

土壤盐渍化作为制约植物生长的关键非生物胁迫因子, 通过离子毒性、渗透胁迫与氧化损伤等多重机制, 显著抑制种子萌发及林木生长发育^[1]。而中国盐碱地分布广泛, 东北、西北、华北及沿海地区均有大量存在, 总面积已超过 1 亿 hm^2 ^[2]。楸树 *Catalpa bungei* 作为中国特有的珍贵用材及园林绿化树种, 关于其响应盐胁迫分子机制的研究相对匮乏。土壤高盐致使离子不平衡, 过高钠离子通过根尖分生区进入植物细胞, 限制植物对养分和水分的吸收, 进而导致其生长发育缓慢^[3]。有研究表明: 楸树的耐盐机制涉及生理适应^[4]和分子调控^[5]2个层面, 过表达 *CbWRKY27* 的楸树植株较野生型耐盐性降低, 表明 *CbWRKY27* 在楸树体内呈现负调控机制^[6]。楸树具有重要的经济价值和生态价值^[7–8], 但其对盐胁迫敏感, 加之耐盐楸树品种或良种缺乏, 严重制约了该树种在盐渍化地区的推广应用^[9–12]。因此, 从生物信息学水平系统筛选楸树耐盐基因, 为选育耐盐楸树新品种提供理论基础, 对提升盐碱地利用效率、维护国家木材安全与生态屏障功能具有重要战略意义。

MYB 转录因子结构基序通过特异性识别并结合靶基因启动子区段的特定顺式调控元件, 实现对下游基因转录过程的调控^[13–14]。MYB 转录因子广泛参与植物生长发育、次生代谢以及生物与非生物胁迫响应过程^[15–19], 其中 *R2R3-MYB* 已被证实在于旱、低温、高盐等多种逆境信号通路中发挥关键调控作用。如 *XsMYB44* 基因沉默通过抑制抗氧化酶和脯氨酸积累, 增加活性氧 (ROS) 水平, 降低文冠果 *Xanthoceras sorbifolium* 耐旱及耐热性^[20]; *MdMYB23* 过表达则通过激活 *MdANR* 启动子, 促进原花青素生物合成及 ROS 清除, 从而增强苹果 *Malus domestica* 和拟南芥 *Arabidopsis thaliana* 的抗寒性^[21]; 过表达 *GmMYB069* 可通过增强抗氧化酶活性, 抑制大豆 *Glycine max* 根部对 Na^+ 的吸收^[22]。目前, 木本植物中 MYB 转录因子参与耐盐调控的研究仍较为有限。已知毛白杨 *Populus tomentosa* *PtoMYB61* 通过调控次生壁发育增强耐盐性^[23], 银杏 *Ginkgo biloba* *GbR2R3-MYB1* 已被鉴定为盐胁迫响应的关键基因^[24], 而楸树 MYB 家族全基因组鉴定及盐胁迫响应模式尚不明确。鉴于此, 本研究以楸树 ‘9-1’ 为材料, 在 $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaCl 胁迫处理 0~96 h 后采集叶片, 通过转录组联合分析筛选关键响应基因 *CbuMYB*, 并开展全基因组鉴定, 解析 MYB 家族在盐胁迫相应下的表达模式, 以期对楸树耐盐调控网络构建提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料与盐胁迫处理

供试材料为东北林业大学林科楼培育的 15 d 楸树良种 ‘9-1’ 苗木, 基质配比为珍珠岩:蛭石:泥炭

土=1:1:2(质量比)。培养条件为 16 h 光照/8 h 黑暗, 光强为 $200 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$, 隔 2 d 浇水 1 次。选取 21 株长势一致的幼苗, 以 $200 \text{ mL } 0.1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ NaCl}$ 首次浇透土壤, 后续每 2 d 浇灌等量 $0.1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ NaCl}$ 维持盐浓度。分别于胁迫后 0、6、12、24、48、72、96 h 采集第 2 轮叶片, 液氮速冻后于 -80°C 保存, 用于活性氧测定及转录组测序, 每个时间点设 3 个生物学重复(单株独立样本)。

1.2 CbuMYB 基因家族全基因组鉴定及生物信息学分析

基于拟南芥数据库 (TAIR) 中 125 条 R2R3-MYB 蛋白序列, 比对楸树全基因组, 利用 TBtools^[25] 鉴定 CbuMYB 家族成员, 并根据染色体位置命名。使用 MEGA11 (MUSCLE 工具) 进行多序列比对, 利用 MEME 在线分析网站及美国国家生物技术信息中心 (NCBI) 数据库, 分别对保守基序 (Motif) 和保守结构域进行鉴定, 并通过 TBtools 进行基因结构可视化。基于最大似然法构建楸树与拟南芥 MYB 蛋白系统发育树, 利用 TBtools 完成染色体定位及启动子上游 2 kb 序列提取。通过 Plant CARE 数据库预测顺式作用元件, 并借助 TBtools Heat Map 插件对盐胁迫下 CbuMYB 家族每百万映射读数中每千碱基转录本的片段数 (FPKM) 进行表达量热图可视化。

1.3 转录组测序及表达验证

委托蓝景科信河北生物科技有限公司完成测序。使用试剂盒提取总 RNA, 经质量浓度为 1% 的琼脂糖凝胶电泳质检合格后, 以 $1 \mu\text{g}$ 总 RNA 建库, 于 Illumina Novaseq 平台测序, 原始数据以 R 包分析。盐胁迫各时间点叶片同时用于表型观测及二氨基联苯胺 (DAB) 染色, 检测活性氧积累。基于转录组数据, 结合差异表达 WGCNA 共表达网络筛选关键候选基因, 对 CbuMYB2、CbuMYB23、CbuMYB29 等显著差异表达基因进行实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 验证。使用在线工具设计引物, 以 Actin 和 MADH 为内参, 采用 TB Green Ex TaqTM II 酶进行 $20.0 \mu\text{L}$ 体系扩增 (含 cDNA $2.0 \mu\text{L}$ 、Premix $10.0 \mu\text{L}$ 、DAB 染料 $0.4 \mu\text{L}$ 、引物 $0.8 \mu\text{L}$ 及灭菌水 $6.0 \mu\text{L}$)。相对表达量以 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 法计算, 每个样本 3 次生物学重复, 将 FPKM 值 (F_{PKM}) 经 $\log_2(1+F_{\text{PKM}})$ 转换均一化后, 与 RT-qPCR 检测结果进行联合可视化分析。

2 结果与分析

2.1 CbuMYB 基因家族结构与保守结构域分析

通过楸树基因保守基序分析发现: 107 个 CbuMYB 基因家族成员共鉴定出 10 个 Motif 基序, 且每个成员至少含有一个保守基序, 除 CbuMYB25、CbuMYB89、CbuMYB106 仅包含 1 个 Motif 5 基序外, 其余 104 个 CbuMYB 成员都包含 Motif 1 基序, 表明 Motif 1 在楸树 CbuMYB 基因家族中相对较为保守 (附图 1)。保守结构域分析表明: 楸树 CbuMYB 基因家族包含 8 个保守结构域, 其中 105 个基因家族成员包含 1 个保守结构域, 95 个成员仅包含 PLN03212 superfamily 和 PLN03091 superfamily 保守结构域。楸树 CbuMYB 基因结构分析发现: 所有 CbuMYB 基因均含有编码序列 (CDS), 而家族内部基因结构发生明显变异, 其中 34 个 CbuMYB 基因成员不含有非翻译区 (UTR) 区域, 23 个家族成员不含内含子区域。

2.2 CbuMYB 基因家族系统发育分析

构建楸树与拟南芥 MYB 基因家族 (AtMYB) 系统进化树发现: CbuMYB 基因家族成员分为 12 个亚族 (附图 2), 其中第 2 亚族成员最多, 为 18 个 (16.8%), 第 3 亚族成员最少, 为 3 个 (2.8%), 其他亚家族成员 4~13 个不等。楸树与拟南芥同一亚族中的 CbuMYB 成员相似度较高 (0.8), 表明它们可能具有相似的生物学关系, 行使相同的生物学功能。

2.3 CbuMYB 基因家族启动子顺式作用元件预测分析

由图 1 表明: CbuMYB 基因家族成员的顺式作用元件功能集中在逆境响应、生长发育、激素响应和光响应 4 个主要方面, 其中 105 个楸树 CbuMYB 成员在逆境响应方面有调控基因表达元件, 揭示 MYB 成员可能是楸树逆境胁迫过程中的关键调控基因。96 个 CbuMYB 家族成员含有生长和发育元件, 59 个 CbuMYB 家族成员含有激素响应元件, 85 个 CbuMYB 家族成员含有参与光响应元件。

2.4 CbuMYB 基因家族盐胁迫下表型观测与表达热图

对盐胁迫处理后不同时期楸树叶片的表型变化 (图 2) 及 DAB 染色结果 (图 3) 观测发现: 与盐胁迫 0 h 相比, 盐胁迫 48 h 后叶片开始萎蔫、边缘开始出现卷曲, 96 h 后叶片卷曲现象更加严重。

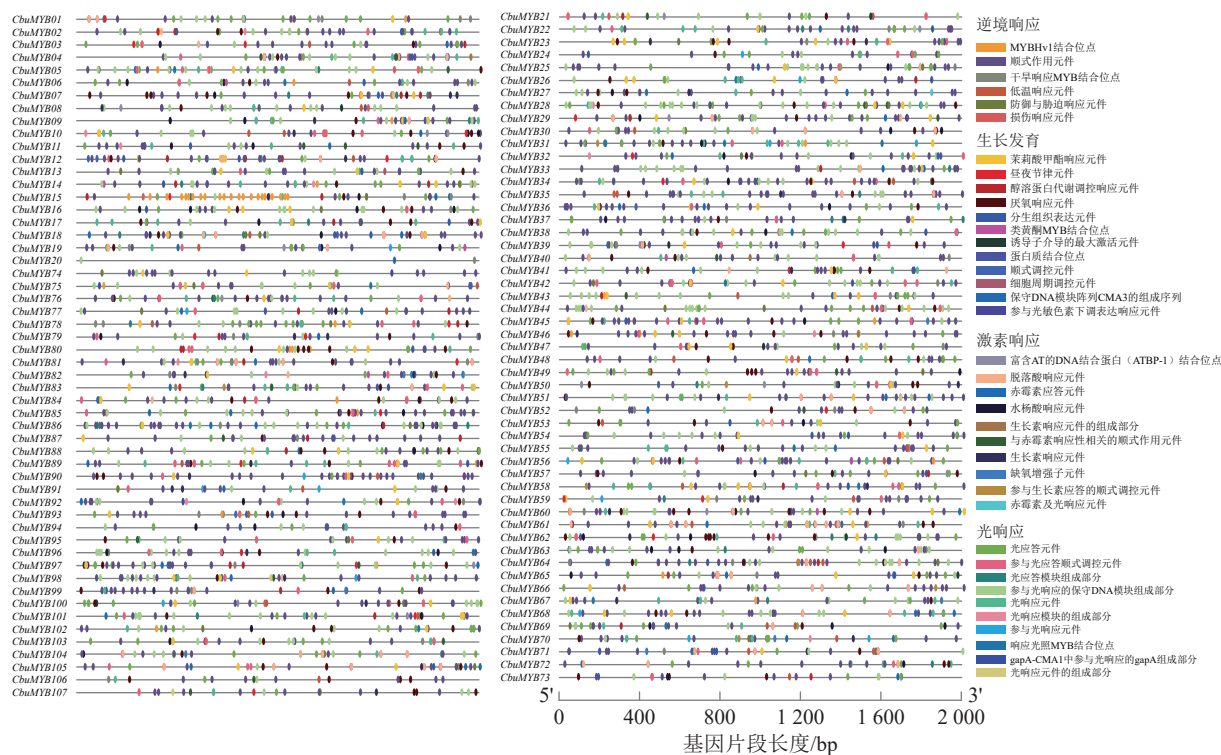
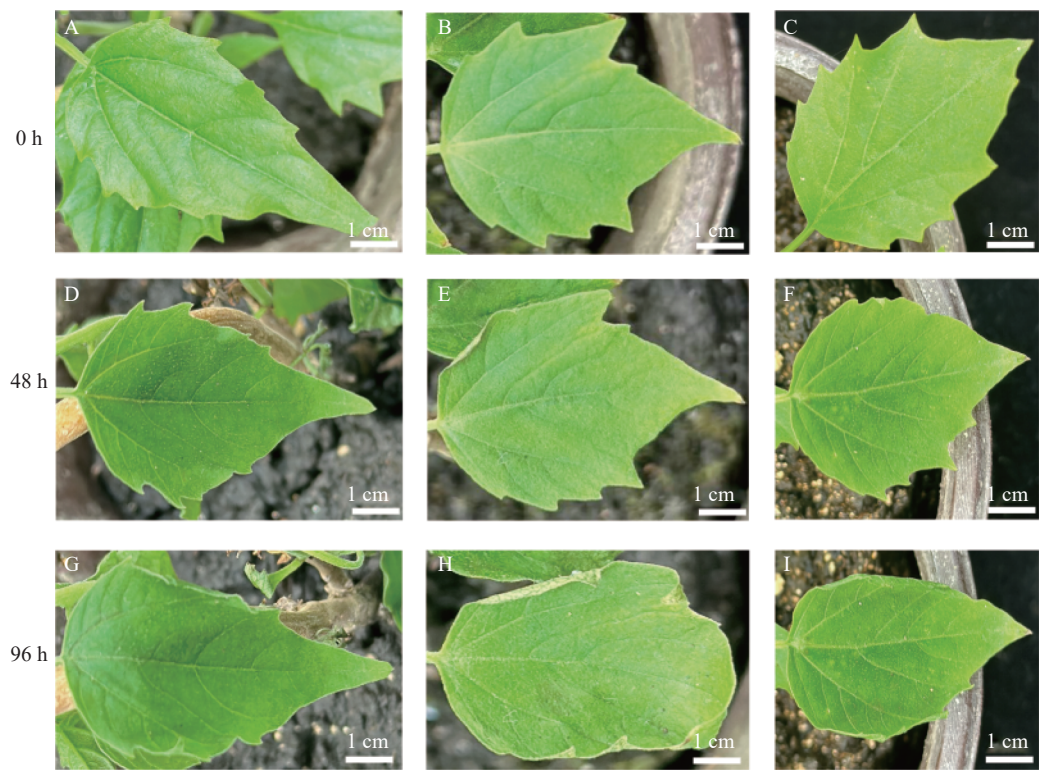


图 1 *CbuMYB* 基因家族成员顺式作用元件预测分析

Figure 1 Prediction of cis-acting elements in the promoter regions of *CbuMYB* gene family members



A~C为3株苗木0 h表型；D~F为3株苗木48 h表型；G~I为3株苗木96 h表型。

图 2 楸树良种‘9-1’盐胁迫不同时期的表型观测

Figure 2 Phenotypic observation of *C. bungei* superior variety ‘9-1’ under salt stress at different time periods

DAB 染色结果显示：盐胁迫处理 6~12 h 后，叶片局部开始出现分散的浅褐色点状沉积，但整体着色程度较轻；处理至 24 h 时，叶片褐色染色区域显著扩大，呈现不规则斑块状分布，颜色深度明显加深，由浅褐色转为棕褐色；盐胁迫 48 h 后，褐色沉积面积急剧扩展，且褐色深度进一步加深至黑褐色；处理

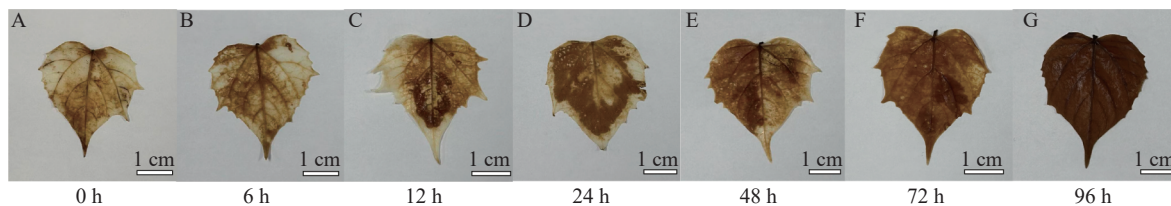
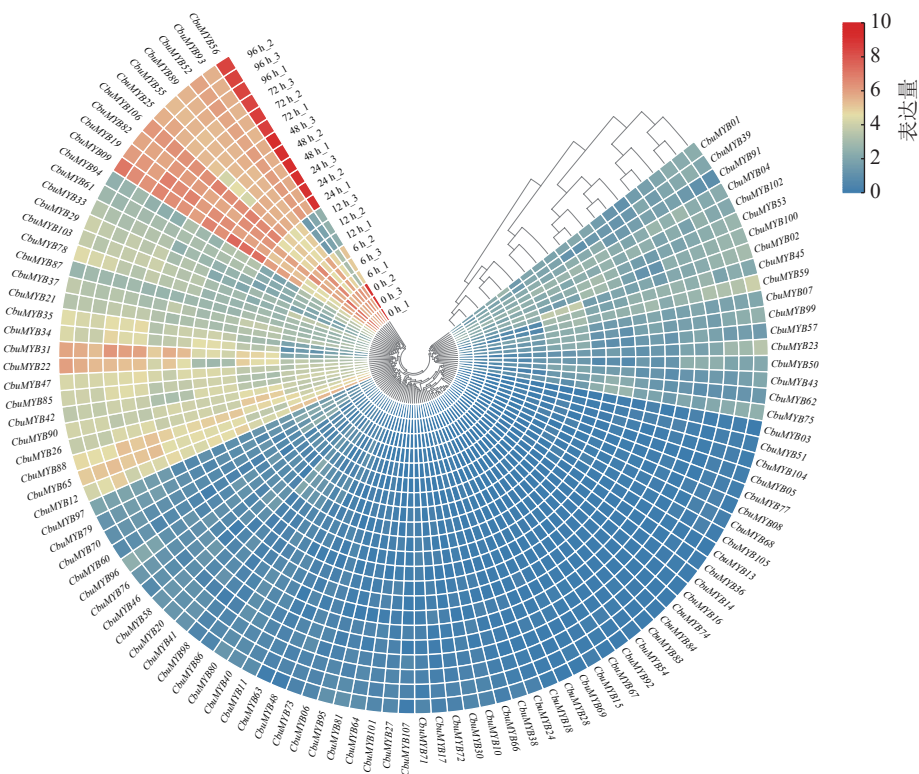


图 3 盐胁迫下楸树良种‘9-1’叶片活性氧积累的 DAB 染色检测

Figure 3 DAB staining detection of reactive oxygen species accumulation in leaves of *C. bungei* superior variety ‘9-1’ under salt stress

至 72 h 时, 褐色区域已覆盖叶片大部分面积, 仅叶片边缘残留少量黄绿色组织; 至 96 h 时, 整个叶片被深褐色至黑褐色均匀覆盖, 几乎观察不到正常组织。表型与活性氧结果均表明: 楸树在盐胁迫 48 h 开始受到损伤, 并随时间延长而程度加深。

基于楸树盐胁迫处理 (0、6、12、24、48、72、96 h) 转录组数据, 利用 TBtools 对 *MYB* 家族基因成员进行聚类分析。由图 4 表明: 楸树 31 个 *MYB* 基因成员参与盐胁迫反应, 其中 *CbuMYB9*、*CbuMYB19* 等 10 个成员是楸树盐胁迫响应的主要调控基因; 而 *CbuMYB12*、*CbuMYB21*、*CbuMYB22* 等 21 个成员在盐胁迫下表达量虽上调, 但差异程度不及 *CbuMYB9*、*CbuMYB19* 等 10 个成员。



中心圆字母分别为盐胁迫不同时间, 1、2、3 分别表示 3 个重复样本。

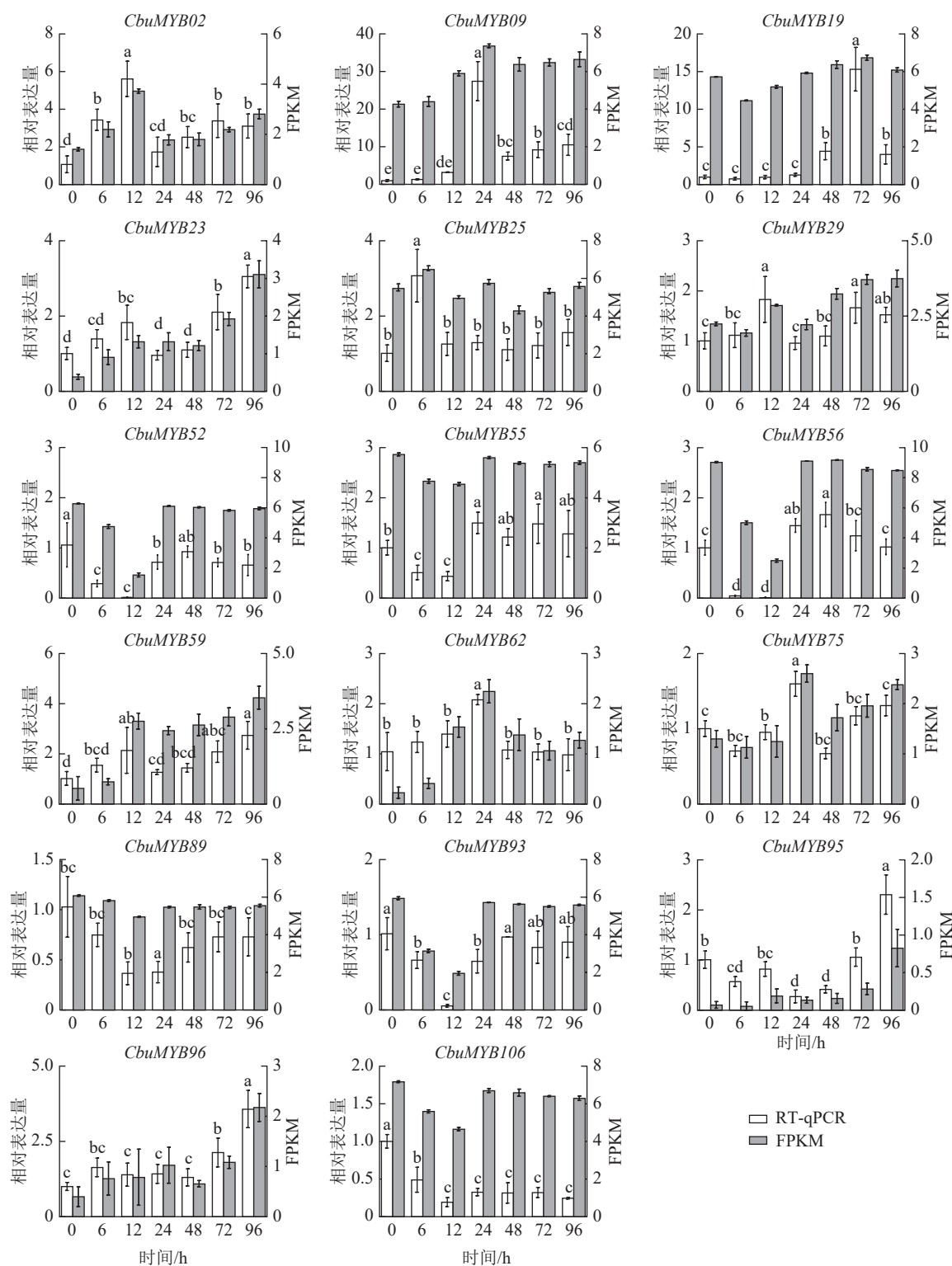
图 4 盐胁迫下 *CbuMYB* 基因家族的表达量热图分析Figure 4 Heat map analysis of the expression levels of *CbuMYB* gene family under salt stress

进一步时序表达分析显示: *CbuMYB52*、*CbuMYB56* 与 *CbuMYB93* 在盐胁迫 6、12 h 后表达量下调, 至 24 h 恢复至胁迫初期水平, 其可能通过抑制下游靶基因表达, 负向调控楸树对盐胁迫的响应。而 *CbuMYB25* 在盐胁迫后 6 h 表达量上调, *CbuMYB9* 在盐胁迫 12 h 后表达量上调, *CbuMYB19* 在盐胁迫 72 h 表达量上调, 可能通过激活下游抗逆相关基因, 对楸树盐胁迫应答进行正向调控。

2.5 RT-qPCR 验证

为验证转录组数据可靠性, 对 17 个 *CbuMYB* 家族成员进行 RT-qPCR 分析。结果显示基因荧光定量表达变化趋势与转录组测序 (RNA-Seq) 结果基本一致 (图 5)。通过 RT-qPCR 分析发现: 在胁迫初期 (6~12 h), *CbuMYB52*、*CbuMYB55*、*CbuMYB56*、*CbuMYB93*、*CbuMYB106* 表达量与 0 h 相比显著下调 ($P < 0.05$), 仅 *CbuMYB02*、*CbuMYB25* 表达量呈现上调表达; 在胁迫后期 (72~96 h), *CbuMYB19*、

CbuMYB23、*CbuMYB95*、*CbuMYB96* 表达量与 0 h 相比上调表达。表明在盐胁迫早期楸树 *MYB* 基因可能以下调表达为主，而后期以上调表达为主。不同 *CbuMYB* 家族成员在盐胁迫过程中表达量变化存在差异，*CbuMYB09*、*CbuMYB19* 和 *CbuMYB56* 在盐胁迫下差异表达较为明显，其中 *CbuMYB09* 在 24 h 表达量与 0 h 相比上调 30 倍，*CbuMYB19* 在 72 h 表达量上调 15 倍；而 *CbuMYB56* 在 6、12 h 表达量下调，分别下调为 0 h 的 26、28 倍。



不同字母表示相对表达量在不同时间与 0 h 相比差异显著 ($P < 0.05$)。FPKM 为标准化后的值。

图 5 *CbuMYB* 基因家族成员的 RT-qPCR 验证

Figure 5 Experimental verification of *CbuMYB* gene family members by RT-qPCR

3 讨论

本研究对楸树 MYB 基因家族进行了全基因组鉴定与盐胁迫应答分析, 以拟南芥 125 个 R2R3-MYB 成员为参照, 从楸树基因组中鉴定出 107 个家族成员, 命名为 *CbuMYB01~CbuMYB107*。与拟南芥 (125 个)、杨树 *Populus spp.* (>200 个)、水稻 *Oryza sativa* (>100 个) 等物种相比, 楸树的 107 个 MYB 成员数量相对较少, 且全部属于 R2R3-MYB 亚家族^[26-28]。保守基序分析显示: Motif 1 存在于 104 个成员中, 是家族中最保守的基序, 而 *CbuMYB25*、*CbuMYB89*、*CbuMYB106* 仅含 Motif 5, 这种基序缺失现象在其他植物的 MYB 家族中亦有报道^[29]。楸树 CbuMYB 共包含 10 个 Motif 和 8 个保守结构域, 各成员外显子与内含子分布不均但结构高度保守, 这一特征与三七 *Panax notoginseng* 和紫花槭 *Acer pseudosieboldianum* 的全基因组鉴定结果相似^[30-31]。有研究发现: 23 个 *CbuMYB* 基因不含内含子, 表明无内含子基因通常与快速应激响应相关, 可在胁迫条件下实现快速表达^[32]。因此, 无内含子 *CbuMYB* 成员 (如 *CbuMYB09*、*CbuMYB19*) 在盐胁迫后期显著上调表达, 可能由于其简洁的基因结构, 能够快速响应胁迫信号。系统进化树将 *CbuMYB* 分为 12 个亚族, 其中第 2 亚族成员最多, 第 3 亚族最少, 而小麦 *Triticum durum* 和麻疯树 *Jatropha curcas* 中分别划分为 10 和 19 个亚族^[33-34], 表明不同植物中 MYB 家族的扩张模式和功能分化程度存在差异。同一亚族内 *CbuMYB* 与 *AtMYB* 成员相似度高达 0.8, 暗示它们可能执行相似的生物学功能。启动子区顺式作用元件预测显示: 启动子区富含与逆境响应、生长发育、激素应答及光响应等相关的顺式作用元件。其中 105 个 *CbuMYB* 成员含有逆境响应元件, 96 个含有生长发育元件, 85 个含有光响应元件。这一结果强调了 *CbuMYB* 基因家族在楸树应对多种环境胁迫 (干旱、低温、高盐) 中发挥广泛作用^[35], 在逆境响应元件中, 非生物胁迫响应元件尤为突出, 表明楸树 MYB 基因可能通过“自身调控与激素信号交叉调控”的方式参与盐胁迫响应, 这一结论与玉米 *Zea mays*^[36]、桉树 *Eucalyptus grandis*^[37] 的研究结果相似。

盐胁迫叶片表型与 DAB 染色结果清晰地揭示了楸树叶片损伤的时间进程。0~24 h 仅出现分散的浅褐色斑点, 活性氧积累尚不严重; 48 h 叶片开始萎蔫, DAB 染色转为棕褐色; 72~96 h 损伤急剧加重, 叶片几乎被黑褐色覆盖。这一时间节点与转录组中关键 *CbuMYB* 基因的表达变化高度吻合。目前已有研究表明: 大多数 MYB 基因在植物盐胁迫早期做出响应, 而后期响应的研究较少。这种“早期转录冲击”策略在拟南芥、杨树等多种植物中均有报道, 被认为是植物界保守的应急响应模式^[38-39]。在胁迫初期 (6~12 h), *CbuMYB52*、*CbuMYB56*、*CbuMYB93* 等成员表达量显著下调, 这一现象表明它们可能作为负调控因子, 盐胁迫早期迅速下调这些抑制因子, 可快速“去抑制”下游正调控基因, 从而启动耐盐反应^[40-41]。与本研究结果不同的是, 白桦 *Betula platyphylla* *BpMYB88* 在盐胁迫早期 (6~24 h) 启动下游基因表达^[42], 而楸树早期以下调为主, 体现了物种间响应策略的差异。*CbuMYB25* 在 6 h、*CbuMYB09* 在 12 h 显著上调, 表明它们是盐胁迫的中期响应正调控因子。尤其是 *CbuMYB09* 在 24 h 时表达量较对照上调 30 倍, 是本研究上调幅度最大的基因。胁迫后期 (72~96 h), *CbuMYB19*、*CbuMYB23*、*CbuMYB95*、*CbuMYB96* 表达量显著上调, 其中 *CbuMYB19* 上调 15 倍。此时叶片已出现严重活性氧积累和组织损伤, 这些后期上调基因可能参与胁迫损伤的修复过程及衰老诱导或程序性细胞死亡的调控^[43]。而棉花 *Gossypium spp.* 在 NaCl 处理 144 h 后叶片才开始出现轻微卷曲脱水, 且 MYB 基因表达较为显著^[44]。本研究楸树在 96 h 内出现强烈响应, 可能反映了楸树作为木本植物对盐胁迫更为敏感的特性。处理后期 (72~96 h) *CbuMYB* 基因显著上调, 与棉花后期上调的研究结果一致^[44]。推测其可能参与激活后期的适应性反应, 如抗氧化防御或次生代谢途径 (木质素、类黄酮合成), 以此抵御累积的离子毒害与氧化损伤^[45-46]。

4 结论

经全基因组鉴定, 楸树含 107 个 R2R3-MYB 蛋白, 包含 10 个 Motif 和 8 个保守结构域, 分属 12 个系统发育亚族 (第 2 亚族最大)。启动子区域富含逆境、激素等响应元件, 105 个成员含逆境响应元件。盐胁迫下叶片 48 h 开始萎蔫, 96 h 损伤严重。时序表达阶段性明显: 胁迫早期 (6~12 h) *CbuMYB52*、*CbuMYB56*、*CbuMYB93* 受到抑制, 胁迫中期 (12~24 h) *CbuMYB09* 骤升 30 倍, 胁迫后期 (72~96 h)

*CbuMYB19*上调15倍,在72 h出现单一诱导峰。本研究发现 *CbuMYB* 家族成员之间具有较高的保守性,揭示了楸树 *R2R3-MYB* “早期下调、后期上调”的盐胁迫响应模式,同时,筛选的关键候选基因可为楸树耐盐育种提供理论依据。

5 参考文献

- [1] 刘佳铭,王楠,马志梅,等. 蚯蚓-秸秆联合修复设施盐渍化土壤的效果及其作用机制[J]. *浙江农业学报*, 2026, **38**(2): 327–338. LIU Jiaming, WANG Nan, MA Zhimei, *et al.* Effect and mechanisms of remediation on salinized greenhouse soil by earthworm-straw[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2026, **38**(2): 327–338. DOI: [10.3969/j.issn.1004-1524.20250118](https://doi.org/10.3969/j.issn.1004-1524.20250118).
- [2] 刘小京,郭凯,封晓辉,等. 农业高效利用盐碱地资源探讨[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, **31**(3): 345–353. LIU Xiaojing, GUO Kai, FENG Xiaohui, *et al.* Discussion on the agricultural efficient utilization of saline-alkali land resources[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, **31**(3): 345–353. DOI: [10.12357/cjea.20220967](https://doi.org/10.12357/cjea.20220967).
- [3] GONG Zhizhong. Plant abiotic stress: new insights into the factors that activate and modulate plant responses[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2021, **63**(3): 429–430. DOI: [10.1111/jipb.13079](https://doi.org/10.1111/jipb.13079).
- [4] 王臣,虞木奎,王宗星,等. 9个楸树无性系对盐胁迫的差异响应[J]. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 2011, **35**(2): 20–24. WANG Chen, YU Mukui, WANG Zongxing, *et al.* Difference of response to salt stress of nine clones of *Catalpa bungei*[J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Sciences Edition)*, 2011, **35**(2): 20–24. DOI: [10.3969/j.issn.1000-2006.2011.02.004](https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-2006.2011.02.004).
- [5] 邵新强,王小艳,焦伟,等. 金丝楸幼苗响应盐碱胁迫的生理和转录组分析[J]. *林业科学研究*, 2023, **36**(1): 166–178. GAO Xinqiang, WANG Xiaoyan, JIAO Wei, *et al.* Physiological and transcriptomic analysis of *Catalpa bungei* seedlings in response to saline-alkali stresses[J]. *Forest Research*, 2023, **36**(1): 166–178. DOI: [10.12403/j.1001-1498.20220180](https://doi.org/10.12403/j.1001-1498.20220180).
- [6] GU Jiaojiao, LÜ Fenni, GAO Lulu, *et al.* A WRKY transcription factor *CbWRKY27* negatively regulates salt tolerance in *Catalpa bungei*[J]. *Forests*, 2023, **14**(3): 486. DOI: [10.3390/f14030486](https://doi.org/10.3390/f14030486).
- [7] BAO Pingan, SUN Jingshuang, QU Guanzheng, *et al.* Identification and expression analysis of *CCCH* gene family and screening of key low temperature stress response gene *CbuC3H24* and *CbuC3H58* in *Catalpa bungei*[J]. *BMC Genomics*, 2024, **25**(1): 779. DOI: [10.1186/s12864-024-10690-8](https://doi.org/10.1186/s12864-024-10690-8).
- [8] 彭方仁,郝明灼,梁有旺,等. 我国楸树种质资源现状及开发利用策略[J]. *林业科技开发*, 2011, **25**(6): 1–5. PENG Fangren, HAO Mingzhuo, LIANG Youwang, *et al.* Present situation and development and utilization strategy of *Catalpa bungeana* germplasm resources in China[J]. *China Forestry Science and Technology*, 2011, **25**(6): 1–5. DOI: [10.3969/j.issn.1000-8101.2011.06.001](https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-8101.2011.06.001).
- [9] 费鹏飞. 楸树组织培养体系的研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2007. FEI Pengfei. *Study on the System about Tissue Culture and Rapid Propagation of Catalpa bungei*[D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2007.
- [10] 包平安,刘帛鑫,何雅馨,等. 楸树 *NAC* 基因家族鉴定及低温胁迫响应关键基因筛选[J]. *植物研究*, 2026, **46**(3): 434–448. BAO Ping'an, LIU Boxin, HE Yaxin, *et al.* Identification of *NAC* gene family and screening of cold stress-responsive genes in *Catalpa bungei*[J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2026, **46**(3): 434–448. DOI: [10.7525/j.issn.1673-5102.2026.03.005](https://doi.org/10.7525/j.issn.1673-5102.2026.03.005).
- [11] 王茂鹏. 楸树响应盐胁迫转录因子的筛选及 *Cbuhdz34* 功能鉴定[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2025. WANG Maopeng. *Screening of Transcription Factors of Catalpa bungeana in Response to Salt Stress and Functional Identification of Cbuhdz34*[D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2025. DOI: [10.27009/d.cnki.gdblu.2025.000338](https://doi.org/10.27009/d.cnki.gdblu.2025.000338).
- [12] 付茵茵,宋彦勇,韩友吉,等. ‘鲁楸3号’楸树组培快繁体系的建立[J]. *山东林业科技*, 2026, **56**(1): 8–14, 21. FU Yinyin, SONG Yanyong, HAN Youji, *et al.* Establishment of a tissue culture and rapid propagation system for *Catalpa bungei* ‘Luqiu 3’[J]. *Journal of Shandong Forestry Science and Technology*, 2026, **56**(1): 8–14, 21. DOI: [10.3969/j.issn.1002-2724.2026.01.002](https://doi.org/10.3969/j.issn.1002-2724.2026.01.002).
- [13] JIANG Chenkun, RAO Guangyuan. Insights into the diversification and evolution of *R2R3-MYB* transcription factors in plants[J]. *Plant Physiology*, 2020, **183**(2): 637–655. DOI: [10.1104/pp.19.01082](https://doi.org/10.1104/pp.19.01082).
- [14] ZHANG Dawei, ZHOU Huapeng, ZHANG Yang, *et al.* Diverse roles of *MYB* transcription factors in plants[J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2025, **67**(3): 539–562. DOI: [10.1111/jipb.13869](https://doi.org/10.1111/jipb.13869).
- [15] XIAO Shenghua, HU Qin, SHEN Jili, *et al.* GhMYB4 downregulates lignin biosynthesis and enhances cotton resistance to

- Verticillium dahliae*[J]. *Plant Cell Reports*, 2021, **40**(4): 735–751. DOI: [10.1007/s00299-021-02672-x](https://doi.org/10.1007/s00299-021-02672-x).
- [16] BAI Qixian, DUAN Bingbing, MA Jianchao, *et al.* Coexpression of *PalbHLH1* and *PalMYB90* genes from *Populus alba* enhances pathogen resistance in poplar by increasing the flavonoid content[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, **10**: 1772. DOI: [10.3389/fpls.2019.01772](https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01772).
- [17] GE Linhao, DOU Yining, LI Maomao, *et al.* SiMYB3 in foxtail millet (*Setaria italica*) confers tolerance to low-nitrogen stress by regulating root growth in transgenic plants[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, **20**(22): 5741. DOI: [10.3390/ijms20225741](https://doi.org/10.3390/ijms20225741).
- [18] ZHOU Yuanyuan, ZHU Hong, HE Shaozhen, *et al.* A novel sweetpotato transcription factor gene *IbMYB116* enhances drought tolerance in transgenic *Arabidopsis*[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, **10**: 1025. DOI: [10.3389/fpls.2019.01025](https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01025).
- [19] WIESE A J, TORUTAEVA E, HONYIS D. The transcription factors and pathways underpinning male reproductive development in *Arabidopsis*[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2024, **15**: 1354418. DOI: [10.3389/fpls.2024.1354418](https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1354418).
- [20] LI Jingbin, ZHAO Shang, YU Xue, *et al.* Role of *Xanthoceras sorbifolium* MYB44 in tolerance to combined drought and heat stress via modulation of stomatal closure and ROS homeostasis[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2021, **162**: 410–420. DOI: [10.1016/j.plaphy.2021.03.007](https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2021.03.007).
- [21] AN Jianping, LI Rui, QU Fengjia, *et al.* R2R3-MYB transcription factor *MdMYB23* is involved in the cold tolerance and proanthocyanidin accumulation in apple[J]. *The Plant Journal*, 2018, **96**(3): 562–577. DOI: [10.1111/tpj.14050](https://doi.org/10.1111/tpj.14050).
- [22] 杨悦, 李昌宁, 孙晓露, 等. 大豆转录因子 *GmMYB069* 的克隆与耐盐功能鉴定[J]. *生物技术通报*, 2026, **42**(1): 1–12. YANG Yue, LI Changning, SUN Xiaolu, *et al.* Cloning and identification of salt tolerance function of soybean transcription factor *GmMYB06*[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2026, **42**(1): 1–12. DOI: [10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2025-0348](https://doi.org/10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2025-0348).
- [23] 李小欢, 陈相宇, 陶麒宇, 等. *PtoMYB61* 对毛白杨木质素合成及耐盐性的影响[J]. *生物技术通报*, 2025, **41**(6): 284–296. LI Xiaohuan, CHEN Xiangyu, TAO Qiyu, *et al.* Effects of *PtoMYB61* on lignin biosynthesis and salt tolerance in *Populus tomentosa*[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2025, **41**(6): 284–296. DOI: [10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2025-0006](https://doi.org/10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2025-0006).
- [24] 骆鹰, 谭智, 王帆, 等. 银杏 *GbR2R3-MYB1* 基因的克隆及非生物胁迫应答分析[J]. *生物技术通报*, 2022, **38**(10): 184–194. LUO Ying, TAN Zhi, WANG Fan, *et al.* Cloning and response analysis to abiotic stress of *GbR2R3-MYB1* gene from *Ginkgo biloba*[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2022, **38**(10): 184–194. DOI: [10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2021-1546](https://doi.org/10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2021-1546).
- [25] CHEN Chengjie, WU Ya, LI Jiawei, *et al.* TBtools-II: a “one for all, all for one” bioinformatics platform for biological big-data mining[J]. *Molecular Plant*, 2023, **16**(11): 1733–1742. DOI: [10.1016/j.molp.2023.09.010](https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.09.010).
- [26] KRANZ H D, DENEKAMP M, GRECO R, *et al.* Towards functional characterisation of the members of the R2R3-MYB gene family from *Arabidopsis thaliana*[J]. *The Plant Journal*, 1998, **16**(2): 263–276. DOI: [10.1046/j.1365-3113x.1998.00278.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-3113x.1998.00278.x).
- [27] YANG Xiaoyu, GUO Ting, LI Juan, *et al.* Genome-wide analysis of the MYB-related transcription factor family and associated responses to abiotic stressors in *Populus*[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2021, **191**: 359–376. DOI: [10.1016/j.ijbiomac.2021.09.042](https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.09.042).
- [28] 吴家胜, 赵彦宏, 汪旭升. 梗稻 MYB 蛋白家族的生物信息学分析[J]. *华南农业大学学报*, 2009, **30**(4): 43–47. WU Jiasheng, ZHAO Yanhong, WANG Xusheng. Bioinformatic analysis of MYB protein family in *Oryza sativa* L. ssp. *japonica*[J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2009, **30**(4): 43–47. DOI: [10.3969/j.issn.1001-411X.2009.04.010](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-411X.2009.04.010).
- [29] YANG Xiaoyu, LI Juan, GUO Ting, *et al.* Comprehensive analysis of the R2R3-MYB transcription factor gene family in *Populus trichocarpa*[J]. *Industrial Crops and Products*, 2021, **168**: 113614. DOI: [10.1016/j.indcrop.2021.113614](https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113614).
- [30] CHEN Xiang, MAO Yucheng, CHAI Weiguo, *et al.* Genome-wide identification and expression analysis of MYB gene family under nitrogen stress in *Panax notoginseng*[J]. *Protoplasma*, 2023, **260**(1): 189–205. DOI: [10.1007/s00709-022-01770-1](https://doi.org/10.1007/s00709-022-01770-1).
- [31] ZHANG Shikai, ZENG Dong, ZHANG Heng, *et al.* Genome-wide identification and functional analysis of R2R3-MYB genes in *Acer pseudosieboldianum*: insights into low temperature stress response and anthocyanin biosynthesis[J]. *BMC Plant Biology*, 2025, **25**(1): 795. DOI: [10.1186/s12870-025-06782-6](https://doi.org/10.1186/s12870-025-06782-6).
- [32] JEFFARES D C, PENKETT C J, BÄHLER J. Rapidly regulated genes are intron poor[J]. *Trends in Genetics*, 2008, **24**(8): 375–378. DOI: [10.1016/j.tig.2008.05.006](https://doi.org/10.1016/j.tig.2008.05.006).

- [33] BLANCO E, CURCI P L, MANCONI A, *et al.* R2R3-MYBs in durum wheat: genome-wide identification, poaceae-specific clusters, expression, and regulatory dynamics under abiotic stresses[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, **13**: 896945. DOI: [10.3389/fpls.2022.896945](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.896945).
- [34] PENG Xianjun, LIU Hui, WANG Dan, *et al.* Genome-wide identification of the *Jatropha curcas* MYB family and functional analysis of the abiotic stress responsive gene *JcMYB2*[J]. *BMC Genomics*, 2016, **17**(1): 251. DOI: [10.1186/s12864-016-2576-7](https://doi.org/10.1186/s12864-016-2576-7).
- [35] CHEN Yanhui, YANG Xiaoyuan, HE Kun, *et al.* The MYB transcription factor superfamily of *Arabidopsis*: expression analysis and phylogenetic comparison with the rice MYB family[J]. *Plant Molecular Biology*, 2006, **60**(1): 107–124. DOI: [10.1007/s11103-005-2910-y](https://doi.org/10.1007/s11103-005-2910-y).
- [36] WU Jiandong, JIANG Yingli, LIANG Yani, *et al.* Expression of the maize MYB transcription factor *ZmMYB3R* enhances drought and salt stress tolerance in transgenic plants[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2019, **137**: 179–188. DOI: [10.1016/j.plaphy.2019.02.010](https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.02.010).
- [37] ZHANG Jiashuo, WU Jinzhang, GUO Mingliang, *et al.* Genome-wide characterization and expression profiling of *Eucalyptus grandis* HD-Zip gene family in response to salt and temperature stress[J]. *BMC Plant Biology*, 2020, **20**(1): 451. DOI: [10.1186/s12870-020-02677-w](https://doi.org/10.1186/s12870-020-02677-w).
- [38] CHEN Zixuan, YE Chanjuan, ZENG Yuan, *et al.* Multiomics analysis revealed the temporally common and specific molecular changes in *Arabidopsis thaliana* (L.) under salt stress[J]. *BMC Genomics*, 2025, **26**(1): 1123. DOI: [10.1186/s12864-025-12292-4](https://doi.org/10.1186/s12864-025-12292-4).
- [39] LIU Jingui, HAN Xiao, YANG Tong, *et al.* Genome-wide transcriptional adaptation to salt stress in *Populus*[J]. *BMC Plant Biology*, 2019, **19**(1): 367. DOI: [10.1186/s12870-019-1952-2](https://doi.org/10.1186/s12870-019-1952-2).
- [40] MATSUI A, ISHIDA J, MOROSAWA T, *et al.* *Arabidopsis* transcriptome analysis under drought, cold, high-salinity and ABA treatment conditions using a tiling array[J]. *Plant & Cell Physiology*, 2008, **49**(8): 1135–1149. DOI: [10.1093/pcp/pcn101](https://doi.org/10.1093/pcp/pcn101).
- [41] JUNG C, SEO J S, HAN S W, *et al.* Overexpression of *AtMYB44* enhances stomatal closure to confer abiotic stress tolerance in transgenic *Arabidopsis*[J]. *Plant Physiology*, 2008, **146**(2): 623–635. DOI: [10.1104/pp.107.110981](https://doi.org/10.1104/pp.107.110981).
- [42] WANG Qiang, SHU Huiyu, DONG Guangyi, *et al.* The *BpNF-YC9-BpbHLH80* module: a key regulator of salt stress in birch revealed via hierarchical gene regulatory networks[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2026, **231**: 110951. DOI: [10.1016/j.plaphy.2025.110951](https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.110951).
- [43] 郑琳, 王凤敏, 凡婷婷, 等. 核桃 *JrGA3ox* 基因表达对生长及干旱胁迫的响应[J]. *浙江农林大学学报*, 2025, **42**(2): 261–272. ZHENG Lin, WANG Fengmin, FAN Tingting, *et al.* Response of *JrGA3ox* gene expression to growth and drought stress in *Juglans regia*[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2025, **42**(2): 261–272. DOI: [10.11833/j.issn.2095-0756.20240327](https://doi.org/10.11833/j.issn.2095-0756.20240327).
- [44] YU Huan, GUO Qi, JI Wei, *et al.* Transcriptome expression profiling reveals the molecular response to salt stress in *Gossypium anomalum* seedlings[J]. *Plants*, 2024, **13**(2): 312. DOI: [10.3390/plants13020312](https://doi.org/10.3390/plants13020312).
- [45] DAI Xiaoyan, XU Yunyuan, MA Qibin, *et al.* Overexpression of an *R1R2R3* MYB gene, *OsMYB3R-2*, increases tolerance to freezing, drought, and salt stress in transgenic *Arabidopsis*[J]. *Plant Physiology*, 2007, **143**(4): 1739–1751. DOI: [10.1104/pp.106.094532](https://doi.org/10.1104/pp.106.094532).
- [46] CHEN S, POLLE A. Salinity tolerance of *Populus*[J]. *Plant Biology*, 2010, **12**(2): 317–333. DOI: [10.1111/j.1438-8677.2009.00301.x](https://doi.org/10.1111/j.1438-8677.2009.00301.x).