

海雀稗 *PvMYB1* 基因的克隆与表达分析

高佳森^{1#}, 刘莉婷¹, 周鸿明¹, 邢玉芬¹, 陈志坚^{2,3}, 王志勇^{1*}

(1. 海南大学 热带农林学院/热带特色林木花卉遗传与种质创新教育部重点实验室, 海南 儋州 571737 中国;
2. 中国热带农业科学院 热带作物品种资源研究所/农业农村部华南作物基因资源与种质创制重点实验室,
海南海口 571101 中国; 3. 热带作物生物育种全国重点实验室, 海南 三亚 572024 中国)

摘要: 为探究 *MYB* 转录因子基因是否参与了盐胁迫下对海雀稗 (*Paspalum vaginatum* Sw.) 生长发育的调控, 本研究分析了盐胁迫对海雀稗生长的影响, 克隆了 *PvMYB1* 基因, 通过生物信息学及基因表达 2 种分析方法展开研究。结果表明, 盐胁迫抑制了海雀稗地上部和根系生长, 具体表现为总根长、根表面积及根体积的降低。海雀稗 *PvMYB1* 基因全长为 1 098 bp, 编码 365 个氨基酸残基, 蛋白分子质量为 39.26 kDa, 属于 R2R3-MYB 家族, 亚细胞定位预测 *PvMYB1* 蛋白定位于细胞核中。实时荧光定量 PCR 结果显示, *PvMYB1* 基因在叶中的表达量高于在根中的表达量; 不同时段 NaCl 处理结果显示, 质量浓度为 30 g·L⁻¹ 的 NaCl 处理显著提升了 *PvMYB1* 基因的转录水平。此外, 在不同质量浓度的 NaCl 处理的条件下, 当 NaCl 质量浓度升至 15 g·L⁻¹ 时, 根和叶中的 *PvMYB1* 基因的表达量显著上调。本研究结果揭示了 *PvMYB1* 可能参与了海雀稗对 NaCl 胁迫的应答。

关键词: 海雀稗; 盐胁迫; 基因表达; 转录因子

中图分类号: S688.4 文献标志码: A 文章编号: 1674-7054(2026)03-0431-08

高佳森, 刘莉婷, 周鸿明, 等. 海雀稗 *PvMYB1* 基因的克隆与表达分析[J]. 热带生物学报 (中英文),

2026, 17(3): 431–438. DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.20250106 CSTR: 32425.14.j.cnki.rdsxb.

20250106



植物在生长过程中常遭受生物和非生物胁迫, 这 2 种胁迫都会影响植物的健康、生长和产量^[1]。在极端温度、干旱和盐胁迫等非生物胁迫中, 盐胁迫尤其具有挑战性。全球有 100 多个国家存在盐渍化土壤(电导率 EC>2 dS·m⁻¹)^[2], 据估计全球盐碱化土壤面积已达 8.33 亿 hm²^[3]。当土壤中的盐质量浓度明显高于植物生长的适宜质量浓度时, 植物质膜的选择渗透性被破坏, 导致细胞内溶质快速外渗和大量盐离子进入细胞, 从而使植物受到盐毒害。在严重的盐胁迫下, 植物脱水、气孔闭合、叶绿素含量下降及光合作用中相关酶的活性降低, 从而抑制了植物地上部分的生长^[4-6]。同时, 也抑制了地下根系的生长。

研究表明, 植物主要通过离子区域化、选择性摄取和分配等方式启动相关调节机制来适应高盐

环境, 以抵抗不利影响并维持离子稳态^[7]。多项研究表明, *MYB* 转录因子在植物胁迫响应中发挥关键作用, 特别是在受非生物胁迫中^[8]。在玉米 (*Zea mays*) 中鉴定出植物中第一个 *MYB* 基因 *Cl*, *ZmMYBC1* 可以调节花青素的生物合成^[9]。随后, 越来越多的植物 *MYB* 超家族成员被鉴定出来^[10], 许多植物物种编码超过 100 种 R2R3 *MYB* 蛋白^[11]。到目前为止, 在拟南芥 (*Arabidopsis thaliana*)、水稻 (*Oryza sativa*) 中分别报道了 126^[12]、155 个 *MYB* 基因^[13]。在拟南芥中, 定位在细胞核上的 *AtMYB44* 能够增强转基因拟南芥气孔闭合的功能, 从而提高植物的耐旱性和耐盐性^[14]。同样定位于细胞核中的 *OsMYB2* 通过抑制或激活相关基因及通路在盐胁迫响应过程中发挥作用, *ABA* 通路中的 *OsMYB2* 在水稻盐毒害时, 通过转录调控相关基因来调节水



收稿日期: 2025-08-16

修回日期: 2025-09-18

基金项目: 国家自然科学基金项目(32060409, 32371782, 32460358); 海南省科技人才创新基金项目(KJRC2023C21); 海南大学南繁与热带高效农业研究协同创新中心项目(XTCX2022NYB08); 海南大学生态文明协同创新中心项目(XTCX2022STC10)

***第一作者:** 高佳森(2001—), 女, 海南大学热带农林学院 2023 级硕士研究生。E-mail: gjiamiao0103@163.com

***通信作者:** 王志勇(1979—), 男, 教授, 博士生导师。研究方向: 热带草坪草遗传育种。E-mail: wangzhiyong@hainanu.edu.cn

稻的生长和耐盐性^[15]。因此, MYB 家族成员在响应盐胁迫、干旱胁迫、生物合成、气孔调节等方面发挥了作用。

海雀稗广泛分布于全球各地,特别是在热带和亚热带的沿海地区。这种植物以其鲜艳的颜色、优良的草皮质地、旺盛的生长能力、出色的适应性和抗逆性而闻名。海雀稗适应海水灌溉,是盐碱地区和热带、亚热带沿海地区绿化工的理想选择^[16]。通过对不同品种的海雀稗耐盐能力进行评价分析,发现维持较高的 K^+ 含量以及较高的地下 K^+/Na^+ ,可能是海雀稗耐盐的离子调节机制^[17]。目前,未有 MYB 基因通过离子调节响应海雀稗盐胁迫机制的报道。因此,本研究分析了极端耐盐种质‘USA17-18’对盐胁迫的生长响应,克隆并分析了 *PvMYB1* 基因,为解析海雀稗响应盐胁迫提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料 供试材料为海雀稗‘USA17-18’种质资源,现保存于海南大学儋州校区农科基地。

1.2 实验方法

1.2.1 植物材料的培养与盐胁迫处理 参照陈静波^[18]等的试验方法,剪下‘USA17-18’海雀稗顶端三节匍匐茎,挑选生长一致的匍匐茎用棉花固定在剪去尾部的离心管中于 1/2 Hoagland 营养液 (pH5.8) 中预培养 17 d,参考申晴等^[19]方法,分别进行以下处理: 1) 分别在 0、15、30 $g \cdot L^{-1}$ NaCl 处理液中 (pH5.8) 持续水培 14 d,采集叶片与根系组织样本,用于后续 RNA 提取及相关基因表达研究; 2) 在 30 $g \cdot L^{-1}$ NaCl 处理液中 (pH5.8), 设置不同时间处理: 0(CK)、5、10 d,收取叶和根系样品用于 RNA 提取和基因表达分析。

1.2.2 根系参数测定 参考黄杰等^[20]方法,使用 EPSON 12000XL 扫描仪(日本)扫描海雀稗根系图像。借助 WinRhizo Pro 软件(Regent Instruments, 加拿大)测定盐胁迫下植株的总根长、根表面积及根体积等参数,完成定量评估。

1.2.3 RNA 提取和 cDNA 合成 参照邹晓燕等^[21]的方法用 TRIzol 试剂(TIANGEN, 中国)提取海雀稗 RNA。海雀稗根叶组织的 RNA 提取步骤如下: 称取 0.1 g 样本,加入 1 mL TRIzol 提取液,经破碎仪充分破碎。加入 200 μL 三氯甲烷,剧烈震

荡混匀,室温静置 3 min。4 $^{\circ}C$ 条件下 11 999 $r \cdot min^{-1}$ 离心 15 min,收集上清液转移至新的 1.5 mL 离心管。加入等体积的异丙醇,震荡混匀后置于 -20 $^{\circ}C$ 反应 2 h。4 $^{\circ}C$ 11 999 $r \cdot min^{-1}$ 离心 10 min,去除上清液。加入 500 μL 无水乙醇清洗沉淀,4 $^{\circ}C$ 10 000 $r \cdot min^{-1}$ 离心 5 min 后去除上清液。最后加入 900 μL 体积分数为 75% 的乙醇,4 $^{\circ}C$ 10 000 $r \cdot min^{-1}$ 离心 5 min。弃上清,用枪头吸出残留液体,置于超净工作台中使沉淀风干,加入 30 μL 无 RNase ddH₂O 溶解 RNA。

cDNA 合成参考 HiScript III RT SuperMix for qPCR(+gDNA wiper)试剂盒方法。在 PCR 管中加入 4 μL RNA、4 μL 4 \times gDNA wiper Mix 和 8 μL RNase ddH₂O,轻轻混匀,42 $^{\circ}C$ 反应 2 min,置于冰上,加入 4 μL 5 \times HiScript III qRT SuperMix,轻轻混匀,37 $^{\circ}C$ 15 min,85 $^{\circ}C$ 5 s 反应,获得 cDNA,并置于 -20 $^{\circ}C$ 保存备用。

1.2.4 海雀稗 *PvMYB1* 基因克隆 根据本实验室前期海雀稗全长转录组结果,筛选得到 *PvMYB1* 基因全长序列。*PvMYB1* 基因全长片段由生工生物工程(上海)股份有限公司连接到 pUC-SP 载体后,对其进行测序分析,确认 *PvMYB1* 序列。

1.2.5 生物信息学分析 利用 ExPasy(<https://web.expasy.org/>)对 *PvMYB1* 进行蛋白理化性质分析,在 NCBI(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd/>)中对蛋白保守结构域进行分析;借助 SignalP v5.0 在线分析平台(<https://novopro.cn/tools/signalp>),完成 *PvMYB1* 蛋白信号肽预测,通过 WoLF PSORT (<https://wolfpsort.hgc.jp/>)预测亚细胞定位;采用 MEGA v11 软件构建蛋白进化树。

1.2.6 实时定量 PCR (RT-qPCR) 分析 参考刘莉婷等^[22]的方法,采用 QuantStudioTM Real-Time PCR 仪器(Thermo Fisher, 美国)进行实时荧光定量分析。20 μL 反应体系含: 10 μL ChamQ Universal SYBR qPCR Master Mix (Vazyme, 中国)、6 μL ddH₂O、上下游引物各 1 μL 及被 30 倍稀释的 cDNA 模板。95 $^{\circ}C$ 预变性 10 min; 随后进行 40 个循环的扩增,每个循环包括 95 $^{\circ}C$ 变性 15 s、58 $^{\circ}C$ 退火 30 s、72 $^{\circ}C$ 延伸 30 s; 循环结束后,于 95 $^{\circ}C$ 保持 15 s 采集终末信号,随后进行熔解曲线分析。基于 *PvMYB1* 基因表达量与看家基因 *PvEF1a* 表达量的比值计算相对表达水平^[23]。qPCR 引物信

息详见表 1。

表 1 *PvMYB1* 克隆和 qPCR 引物分析

Tab. 1 Primers for *PvMYB1* cloning and qPCR analysis

引物名称 Primer	引物序列(5'—3') Sequence
<i>PvMYB1-ORF-F</i>	ATGGGGCGGATCCCGTGCTGC
<i>PvMYB1-ORF-R</i>	TTACACCATGTGATTTGTCAGGTCA
<i>PvMYB1-RT-F</i>	GGCGCCTCATCCCCAAGAAT
<i>PvMYB1-RT-R</i>	GCCGCGATCACCGACCAC
<i>PvMYB1a-RT-F</i>	CACTGTCTGAGTGGGTTCTGCTAC
<i>PvMYB1a-RT-R</i>	GCCGATGAATTTTACTTGTTC

1.3 数据处理 通过 Microsoft Excel 2013 与 SPSS v20.0 软件完成数据处理与统计分析工作。

2 结果分析

2.1 不同质量浓度 NaCl 处理对海雀稗根系生长的影响 本研究分析了海雀稗根系受不同 NaCl 质量浓度胁迫的影响。从图 1-A 可以看出, 盐胁迫抑制了海雀稗根系生长, NaCl 处理浓度越高, 根系生长受抑制程度越大。相对对照(0 g·L⁻¹)处理, 15、30 g·L⁻¹ NaCl 处理下海雀稗总根长被显著抑制。(图 1-B—D)。

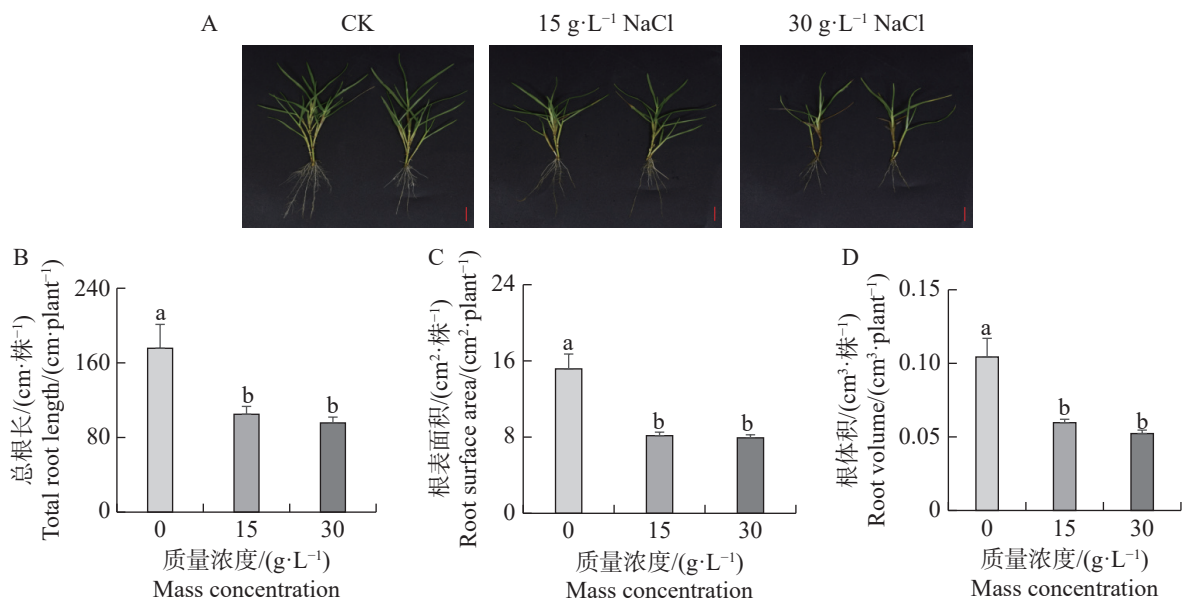


图 1 不同盐处理对海雀稗根系生长的影响

Fig. 1 Effects of different NaCl treatments on root growth of *Paspalum vaginatum*

注: 不同小写字母表示 $P < 0.05$ 的显著差异。下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences at $P < 0.05$. Same below.

2.2 不同浓度盐处理对海雀稗干质量的影响 从图 2-A, B 可以看出, 不同浓度 NaCl 处理不仅造成了地上部差异, 同时也抑制了海雀稗根部干质量。相对对照(0 g·L⁻¹)处理, 15、30 g·L⁻¹ NaCl 处理下海雀稗根部干质量被抑制了 5.0%、23.7%, 海

雀稗地上部干质量被抑制了 23.1%、35.9%。结果表明, 随着 NaCl 浓度的升高, 海雀稗的生长被抑制的程度有越来越严重的趋势。

2.3 海雀稗 *PvMYB1* 基因的克隆 本研究通过 PCR 方法, 利用 *PvMYB1*-pYES2 质粒扩增出 *PvMYB1* 基因(图 3)。经 PCR 产物测序分析,

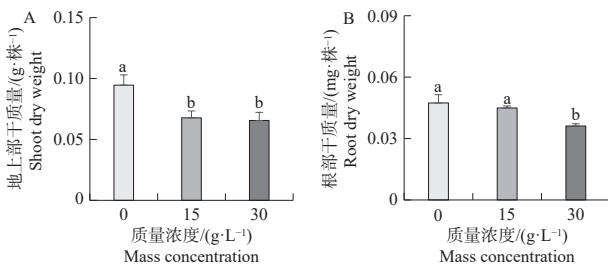


图 2 不同盐处理对海雀稗干质量的影响

Fig. 2 Dry weight of *Paspalum vaginatum* under different NaCl treatments

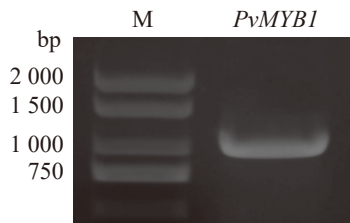


图 3 *PvMYB1* 基因的克隆

Fig. 3 Cloning of *PvMYB1* gene

注(Note): M, DL 2000 DNA Marker

PvMYB1 基因包含 1 098 bp 核苷酸序列, 编码 365 个氨基酸残基。该蛋白分子质量大小为 39.3 kDa, 理论等电点(*pI*)5.7, 属于亲水性蛋白。

2.4 *PvMYB1* 蛋白理化性质分析 通过 NCBI Conserved Domains 数据库分析, 蛋白质结构域(图 4)预测显示 *PvMYB1* 蛋白 N 端具备两个保守 SANT 结构域, 属于 MYB 转录因子 R2R3 亚家族。其中, 第一个 SANT 域(14~63 位)含 50 个氨基酸残基, 第二个 SANT 域(17~61 位)由 45 个氨基酸残基组成。经 WoLF PSORT 预测, 该蛋白定位于细胞核。

2.5 *PvMYB1* 同源蛋白进化树分析 为分析 *PvMYB1* 蛋白与不同物种 MYB 蛋白的关系, 本研究将 *PvMYB1* 与水稻、玉米、大豆(*Glycine max*)、小麦(*Triticum aestivum*)、拟南芥等 MYB 蛋白构建进化树。基于图 5 系统发育分析, 多种植物 MYB 蛋白聚类为 5 组。*PvMYB1* 与水稻 OsMYB4 同源性较高, 被分在第一组中。这表明 *PvMYB1* 可能具有与 OsMYB4 相似的增加植物对干旱胁迫的生理生化适应性的功能。

2.6 *PvMYB1* 基因组织表达分析 本研究通过定量 PCR 的方法分析了 *PvMYB1* 基因在海雀稗不同组织中的表达情况。如图 6 所示, *PvMYB1* 在海雀稗根、茎和叶中均有所表达, 且 *PvMYB1* 在叶和茎中的表达量显著高于在根中的表达量。

2.7 不同盐浓度处理对 *PvMYB1* 基因表达的影响 图 7 显示, *PvMYB1* 基因在 NaCl 质量浓度升至 $15 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 时, 在根和叶中的表达量显著上调。然而, 随着 NaCl 质量浓度进一步增至 $30 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$, 表达量又显著下降。 $15 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 盐处理条件下 *PvMYB1* 基

因在根和叶中的表达量与对照和 $30 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 盐处理组之间差异达显著水平。*PvMYB1* 对盐胁迫呈先升后降的表达模式, 其可能在 $15 \text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ NaCl 范围内发挥早期应答作用。

2.8 不同时间盐处理对 *PvMYB1* 基因表达的影响 如图 8 所示, 与 0 d 相比, NaCl 处理 5 d 和 10 d 的 *PvMYB1* 基因表达量在海雀稗的根和叶中都显著上升。但是 NaCl 处理 5 d 的海雀稗的根和叶中的 *PvMYB1* 基因表达量与 NaCl 处理 10 d 的 *PvMYB1* 基因表达量无显著差异。

3 讨论

自然环境恶化、不良的灌溉方式和气候变化加剧了土壤盐碱化问题。高盐环境胁迫下, 土壤中过量可溶性盐分对多数植物是有不利影响的^[24]。种植耐盐植物可以提高盐碱地的利用率, 但是由于耐盐性差, 包括紫花苜蓿(*Medicago sativa*)在内的传统牧草植物的产量和质量受到盐胁迫的影响^[25]。海雀稗作为优良的草坪草、牧草和盐碱地改良草种, 在对海雀稗、杂交狗牙根(*Cynodon dactylon* × *C. transvaalensis*)、结缕草(*Zoysia japonica*)、假俭草(*Eremochloa ophiuroides*)等草坪草的耐盐性分析中发现, 海雀稗在盐胁迫下表现出更好的生长性能, 表现为盐处理下生长被抑制的程度较小以及较高的草坪质量^[26]。同一草种中不同品种或品系的耐盐性有明显差异, 因此对海雀稗种质资源进行耐盐性评价, 从中筛选出了极端耐盐种‘USA17-18’^[17]。本研究中以‘USA17-18’海雀稗为实验材料, 为了更好地探究海雀稗耐盐机制, 本研究克隆了海雀稗 *PvMYB1* 基因, 并对其进行生物信息学及基因

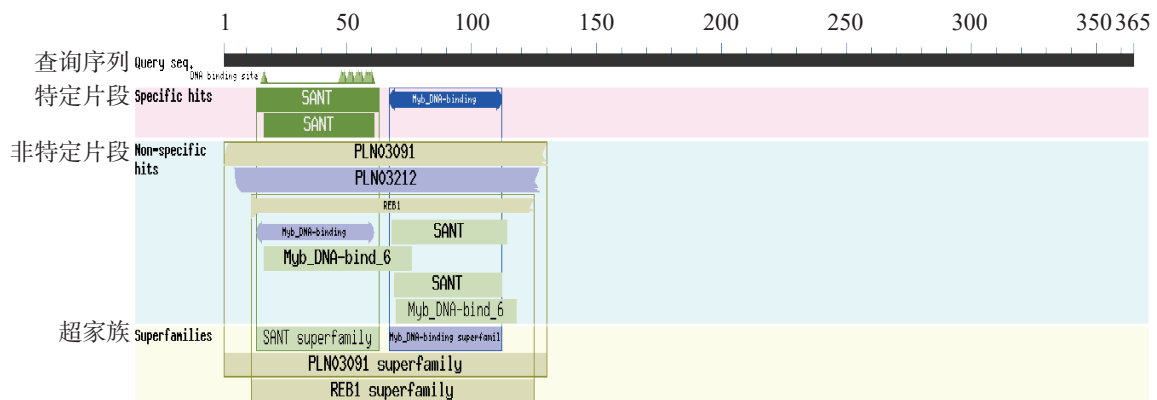


图 4 *PvMYB1* 保守结构域分析
Fig. 4 Analysis of conserved domains of *PvMYB1*

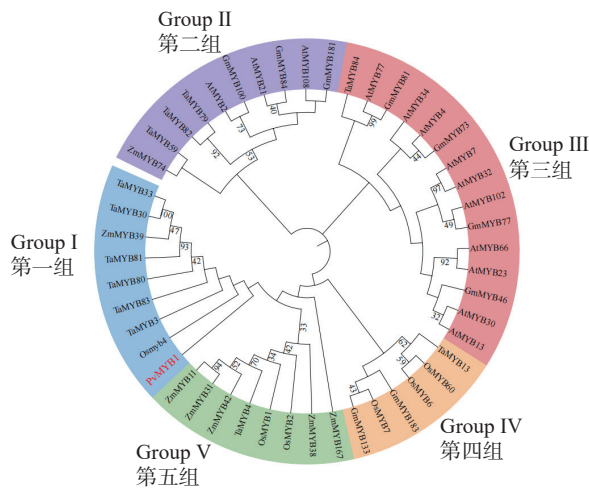


图 5 MYB 蛋白进化树分析
Fig. 5 Phylogenetic analysis of MYB proteins

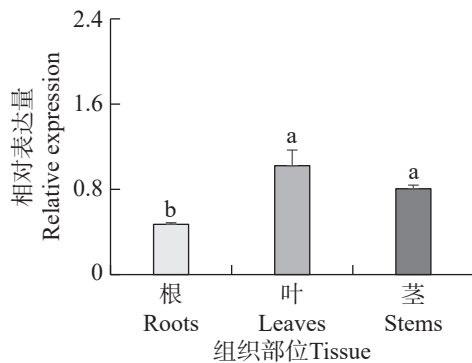


图 6 海雀稗 *PvMYB1* 基因组织表达分析
Fig. 6 Expression analysis of *PvMYB1* in different tissues

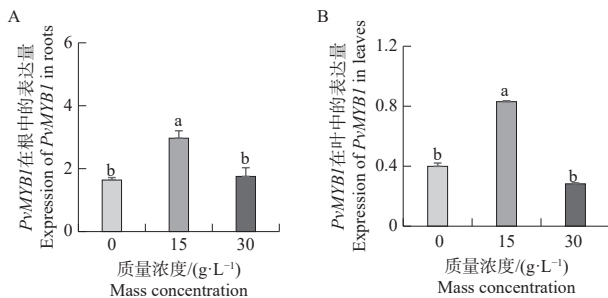


图 7 不同盐质量浓度处理对 *PvMYB1* 基因表达的影响
Fig. 7 Expression analysis of *PvMYB1* at different salt mass concentration treatments

表达分析。

MYB 转录因子广泛分布于植物体内, 在调控植物生长发育的各个阶段中发挥着作用^[11]。MYB 蛋白可以通过它们在 N 末端高度保守的 DNA 结合结构域(DBD)来代表, 该结构域也称为 MYB 结构域^[27]。它在功能上与 DNA 结合和蛋白质-蛋白质相互作用相关, 由 1 到 4 个不完全重复序列(R)组成。根据不完全重复的氨基酸序列(R)的数量,

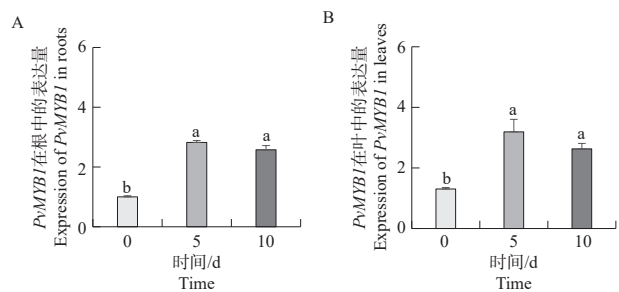


图 8 30 g·L⁻¹ NaCl 不同时间梯度处理对 *PvMYB1* 基因表达的影响
Fig. 8 Expression analysis of *PvMYB1* at different time treatment in 30 g·L⁻¹ NaCl

MYB 蛋白分为 4R-MYB、R1R2R3-MYB(3R)、R2R3-MYB(2R)和 1R-MYB4 类亚家族^[7]。其中, R2R3-MYB 属于在植物中普遍存在的转录因子类型之一^[28]。多数研究表明, R2R3-MYB 亚家族的基因具有 MYB-DNA-binding 和 2 个 SANT 结构域^[29], 通过在线工具对 *PvMYB1* 蛋白保守结构域进行分析, 结果表明, *PvMYB1* 蛋白具有 2 个 SANT 结构域、MYB-DNA 结合域和稳定的 PLN03091 结构域等, 符合 MYB 基因家族保守结构域特点, 是典型的 R2R3 型 MYB 转录因子。

系统进化分析显示, *PvMYB1* 蛋白与水稻 *OsMYB4*、小麦 *TaMYB33* 等已知参与非生物胁迫响应的 MYB 蛋白亲缘关系较近, 同属一个进化支, 提示 *PvMYB1* 可能具有类似的功能。在该组中, 定位于细胞核内的 *TaMYB33* 促进了渗透压平衡和活性氧清除的能力, 从而增强了转基因拟南芥的耐盐性和耐旱性^[30]。与之类似, *TaMYB80* 同样定位于细胞核上, 在转基因拟南芥中过表达 *TaMYB80* 增加了植物对高温和干旱的耐受性^[31]。MYB 转录因子对靶基因的转录调控通常发生在细胞核内, 定位于细胞核内的 *ZmMYB39* 通过与胁迫相关基因的表达的相互作用和促进其表达增强了玉米的耐旱性^[32]。*TaMYB30* 可以通过识别相关顺式元件直接与小麦蜡的生物合成相关的基因的启动子区域结合, 并激活其表达, 从而正向调控小麦蜡的生物合成^[33]。与之类似, 本研究中 *PvMYB1* 定位于细胞核中, *PvMYB1* 可能参与了海雀稗响应非生物胁迫的不同生理过程。

基因表达分析表明, 盐处理增强了 *PvMYB1* 基因在根和叶中在 30 g·L⁻¹ 盐处理 5 d、10 d 以及 15 g·L⁻¹ 盐处理 14 d 条件下的表达量。研究表明, 盐处理能增强拟南芥^[34], 水稻^[35], 小麦^[30], 大豆^[27]、

苹果 (*Malus Domestica*)^[36] 等植物 MYB 基因的表达。例如, 过表达 *OsMYB6* 的植株表现出更高的耐旱性和耐盐性, 且 *OsMYB6* 转基因植株中非生物胁迫响应基因的表达量与对照相比显著增加^[35]。类似的, 过表达 *TaMYB32* 的转基因拟南芥的耐盐性得到提高^[37]。AtMYB30 激活 AtAOX1a 表达以保持细胞氧化还原稳态, 从而赋予植物耐盐性^[38]。AtMYB49 可以通过调节叶片角质层的形成和维持叶片水分来提高植物的耐盐性, 此外还可以增加叶片中的钙离子水平, 并在盐胁迫下维持生物膜的稳定性^[39]。MYB 转录因子可以介导多种途径来增强植物的耐盐性, 因此推测 PvMYB1 可能也通过调控离子稳态、渗透平衡、氧化还原平衡参与海雀稗响应盐胁迫的过程。

4 结 论

本研究成功克隆了海雀稗 *PvMYB1* 基因, 其编码一个 R2R3-MYB 型转录因子。表达分析表明, *PvMYB1* 受盐胁迫显著诱导, 尤其在中等盐质量浓度 (15 g·L⁻¹) 和胁迫早期表达上调, 提示该基因在海雀稗响应盐胁迫过程中可能发挥重要的早期调控作用。

参考文献:

- [1] Balfagón D, Zandalinas S I, Mittler R, et al. High temperatures modify plant responses to abiotic stress conditions [J]. *Physiologia Plantarum*, 2020, 170(3): 335–344. <https://doi.org/10.1111/ppl.13151>
- [2] Zaman M, Shahid S A, Heng L. Guideline for salinity assessment, mitigation and adaptation using nuclear and related techniques [M]. Cham: Springer, 2018. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-96190-3>
- [3] Fao. Global map of salt-affected soils [R]. Rome: FAO, 2021: 1-20.
- [4] Liu G Y, Yu X, Zeng Y L, et al. *SOS2-FREE1* regulates *SOS1* tonoplast sorting to promote Na⁺ compartmentalization in vacuole during salt stress response [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2025, 67(10): 2545–2560. <https://doi.org/10.1111/jipb.13970>
- [5] Zhou H P, Shi H F, Yang Y Q, et al. Insights into plant salt stress signaling and tolerance [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 51(1): 16–34. <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2023.08.007>
- [6] Acosta-Motos J, Ortuño M, Bernal-Vicente A, et al. Plant responses to salt stress: adaptive mechanisms [J]. *Agronomy*, 2017, 7(1): 18. <https://doi.org/10.3390/agronomy7010018>
- [7] Zhang D W, Zhou H P, Zhang Y, et al. Diverse roles of MYB transcription factors in plants [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2025, 67(3): 539–562. <https://doi.org/10.1111/jipb.13869>
- [8] Li J L, Han G L, Sun C F, et al. Research advances of MYB transcription factors in plant stress resistance and breeding [J]. *Plant Signaling & Behavior*, 2019, 14(8): 1613131. <https://doi.org/10.1080/15592324.2019.1613131>
- [9] Paz-Ares J, Ghosal D, Wienand U, et al. The regulatory *c1* locus of *Zea mays* encodes a protein with homology to myb proto-oncogene products and with structural similarities to transcriptional activators [J]. *The EMBO Journal*, 1987, 6(12): 3553–3558. <https://doi.org/10.1002/j.1460-2075.1987.tb02684>
- [10] 李志强, 罗正乾, 徐琳黎, 等. 基于 T2T 基因组鉴定大豆 *R2R3-MYB* 基因家族及干旱和盐胁迫下的表达分析 [J]. *生物技术通报*, 2025, 41(5): 141–152. <https://doi.org/10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2024-0745>
- [11] Dubos C, Stracke R, Grotewold E, et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis* [J]. *Trends in Plant Science*, 2010, 15(10): 573–581. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2010.06.005>
- [12] Li J Y, Liu S Q, Chen P F, et al. Systematic analysis of the R2R3-MYB family in *Camellia sinensis*: evidence for galloylated catechins biosynthesis regulation [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 12: 782220. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.782220>
- [13] Katiyar A, Smita S, Lenka S K, et al. Genome-wide classification and expression analysis of MYB transcription factor families in rice and *Arabidopsis* [J]. *BMC Genomics*, 2012, 13(1): 544. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-544>
- [14] YOO J H, PARK C Y, KIM J C, et al. Direct interaction of a divergent CaM isoform and the transcription factor, *MYB2*, enhances salt tolerance in *Arabidopsis* [J]. *Journal of Biological Chemistry*, 2005, 280(5): 3697–3706. <https://doi.org/10.1074/jbc.m408237200>
- [15] Yang A, Dai X Y, Zhang W H. A R2R3-type MYB gene, *OsMYB2*, is involved in salt, cold, and dehydration tolerance in rice [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2012, 63(7): 2541–2556. <https://doi.org/10.1093/jxb/err431>
- [16] Karimi I Y M, Kurup S S, Ali Salem M A M, et al. Evaluation of Bermuda and Paspalum grass types for urban landscapes under saline water irrigation [J]. *Journal of Plant Nutrition*, 2018, 41(7): 888–902. <https://doi.org/10.1080/01904167.2018.1431669>
- [17] 申晴. 海雀稗种质资源遗传多样性与优异耐盐种质筛

- 选[D]. 海口: 海南大学, 2019. <https://doi.org/10.27073/d.cnki.ghadu.2019.001140>
- [18] 陈静波, 阎君, 姜燕琴, 等. 暖季型草坪草优良选系和品种抗盐性的初步评价[J]. *草业学报*, 2009, 18(5): 107–114. <https://doi.org/10.3321/j.issn:1004-5759.2009.05.016>
- [19] 申晴, 韦海燕, 卞华, 等. 海雀稗种质资源的耐盐性评价[J]. *热带生物学报*, 2020, 11(1): 11–19. <https://doi.org/10.15886/j.cnki.rds wxb.2020.01.003>
- [20] 黄杰, 宋剑灵, 安娜, 等. 柱花草磷饥饿响应基因 *SgPHR1* 和 *SgPHR2* 的克隆与表达分析[J]. *热带作物学报*, 2021, 42(8): 2158–2166. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-2561.2021.08.006>
- [21] 邹晓燕, 王林杰, 黄杰, 等. 柱花草 *SgNramp1* 和 *SgNramp2* 基因克隆与表达分析[J]. *草地学报*, 2022, 30(6): 1388–1395. <https://doi.org/10.11733/j.issn.1007-0435.2022.06.009>
- [22] 刘莉婷, 高佳淼, 周鸿明, 等. 地毯草扩张蛋白基因 *AcEXPA1* 的克隆与表达分析[J]. *草地学报*, 2025, 33(2): 351–359. <https://doi.org/10.11733/j.issn.1007-0435.2025.02.003>
- [23] 张郎织, 李季肤, 黄杰, 等. 地毯草 *AcMATE1* 基因的克隆与表达分析[J]. *热带作物学报*, 2021, 42(7): 1860–1867. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-2561.2021.07.007>
- [24] Park H J, Kim W Y, Yun D J. A new insight of salt stress signaling in plant [J]. *Molecules and Cells*, 2016, 39(6): 447–459. <https://doi.org/10.14348/molcells.2016.0083>
- [25] Campanelli A, Ruta C, Morone-Fortunato I, et al. Alfalfa (*Medicago sativa* L.) clones tolerant to salt stress: in vitro selection [J]. *Open Life Sciences*, 2013, 8(8): 765–776. <https://doi.org/10.2478/s11535-013-0194-1>
- [26] Marcum K B, Murdoch C L. Salinity tolerance mechanisms of Six *C4* turfgrasses [J]. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 1994, 119(4): 779–784. <https://doi.org/10.21273/jashs.119.4.779>
- [27] Liao Y, Zou H F, Wang H W, et al. Soybean *GmMYB76*, *GmMYB92*, and *GmMYB177* genes confer stress tolerance in transgenic *Arabidopsis* plants [J]. *Cell Research*, 2008, 18(10): 1047–1060. <https://doi.org/10.1038/cr.2008.280>
- [28] 陈娜, 迟晓元, 潘丽娟, 等. MYB 转录因子在植物盐胁迫调控中的研究进展[J]. *植物生理学报*, 2015, 51(9): 1395–1399. <https://doi.org/10.13592/j.cnki.ppj.2015.02.39>
- [29] 王文林, 陈海生, 郑树芳, 等. 澳洲坚果 *MiMYB2* 基因克隆及结构与功能分析[J]. *植物研究*, 2020, 40(6): 913–922. <https://doi.org/10.7525/j.issn.1673-5102.2020.06.014>
- [30] Sairam R, Tyagi A. Physiology and molecular biology of salinity stress tolerance in plants [J]. *Current Science*, 2004, 86(3): 407–421.
- [31] Zhao Y, Tian X J, Wang F, et al. Characterization of wheat *MYB* genes responsive to high temperatures [J]. *BMC Plant Biology*, 2017, 17(1): 208. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1158-4>
- [32] Ren Z Z, Zhang P Y, Su H H, et al. Regulatory mechanisms used by *ZmMYB39* to enhance drought tolerance in maize (*Zea mays*) seedlings [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 211: 108696. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.108696>
- [33] Liu L, Li H Y, Wang X Y, et al. Transcription factor *TaMYB30* activates wheat wax biosynthesis [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24(12): 10235. <https://doi.org/10.3390/ijms241210235>
- [34] Li W H, Zhong J L, Zhang L H, et al. Overexpression of a *Fragaria vesca* *MYB* transcription factor gene (*FvMYB82*) increases salt and cold tolerance in *Arabidopsis thaliana* [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(18): 10538. <https://doi.org/10.3390/ijms231810538>
- [35] Tang Y H, Bao X X, Zhi Y L, et al. Overexpression of a *MYB* family gene, *OsMYB6*, increases drought and salinity stress tolerance in transgenic rice [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10: 168. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00168>
- [36] Du B Y, Liu H, Dong K T, et al. Over-expression of an R2R3 *MYB* gene, *MdMYB108L*, enhances tolerance to salt stress in transgenic plants [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(16): 9428. <https://doi.org/10.18488/journal.105>
- [37] Zhang L C, Zhao G Y, Jia J Z, et al. Molecular characterization of 60 isolated wheat *MYB* genes and analysis of their expression during abiotic stress [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2012, 63(1): 203–214. <https://doi.org/10.1093/jxb/err264>
- [38] Gong Q Y, Li S, Zheng Y, et al. SUMOylation of *MYB30* enhances salt tolerance by elevating alternative respiration via transcriptionally upregulating *AOX1a* in *Arabidopsis* [J]. *The Plant Journal*, 2020, 102(6): 1157–1171. <https://doi.org/10.1111/tpj.14689>
- [39] Zhang L Y, Jiang X C, Liu Q Y, et al. The *HY5* and *MYB15* transcription factors positively regulate cold tolerance in tomato via the *CBF* pathway [J]. *Plant, Cell & Environment*, 2020, 43(11): 2712–2726. <https://doi.org/10.1111/pce.13868>

Cloning and expression analysis of *PvMYB1* in *Paspalum vaginatum*

Gao Jiamiao^{1#}, Liu Liting¹, Zhou Hongming¹, Xing Yufen¹,
Chen Zhijian^{2,3}, Wang Zhiyong^{1*}

(1. School of Tropical Agriculture and Forestry/Ministry of Education Key Laboratory of Genetics and Germplasm Innovation of Tropical Special Forest Trees and Ornamental Plants, Hainan University, Danzhou, Hainan 571737, China; 2. Institute of Tropical Crop Genetic Resources/Ministry of Agriculture and Rural Affairs Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement in Southern China, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, Hainan 571101, China; 3. State Key Laboratory for Tropical Crop Breeding, Sanya, Hainan 572024, China)

Abstract: Seashore paspalum (*Paspalum vaginatum* Sw.) were treated with different concentrations of salt to observe the effect of salt treatment on the growth of seashore paspalum, and the *PvMYB1* gene was cloned from seashore paspalum under different treatments and analyzed by using bioinformatics and gene expression analysis methods in a view to investigating whether *MYB* transcription factor genes are involved in the regulation of growth and development of seashore paspalum under salt stress. The results showed that salt stress inhibited the growth of both shoots and roots in seashore paspalum, manifested by reduction in total root length, root surface area, and root volume. The full length of the seashore paspalum *PvMYB1* gene was 1098 bp, encoding 365 amino acid residues, with a protein molecular weight of 39.26 kDa, and this gene belongs to the R2R3-MYB family. Subcellular localization prediction indicated that the *PvMYB1* protein was located in the nucleus. RT-qPCR analysis demonstrated that the expression of *PvMYB1* was higher in leaves than in roots. The results of salt treatment at different time periods showed that 30 g·L⁻¹ salt treatment significantly increased the transcription level of the *PvMYB1* gene. Moreover, under different salt concentration treatments, the expression levels of the *PvMYB1* gene in the roots and leaves were significantly upregulated when the salt concentration was 15 g·L⁻¹. All these results revealed that *PvMYB1* is implicated in the response of seashore paspalum to salt stress.

Keywords: *Paspalum vaginatum*; salt stress; gene expression; MYB

(责任编辑:邹游兴)