

越南油茶 *CdMYC2* 基因克隆、生物信息学分析与表达模式研究

羊娥月^{1,2#}, 李 杨^{1,2}, 莫明珠^{1,2}, 杨东梅^{1,2}, 刘 亚^{1,2}, 吴友根^{1,2}, 于 靖^{1,2*}

(1. 海南大学 热带农林学院, 海南 儋州 571737 中国; 2. 海南大学 三亚南繁研究院, 海南 三亚 572025 中国)

摘 要: MYC2 是一种重要的转录因子, 可以调控植物萜类次生代谢产物的合成。然而, 关于越南油茶 (*Camellia drupifera* Lour.) 中的 *CdMYC2* 转录因子知之甚少。本研究基于越南油茶的转录组注释数据获取了 *CdMYC2* 基因的相关序列信息。首次从越南油茶叶片中成功分离并克隆了一个 *CdMYC2* 基因, 其 CDS 序列长度为 1 515 bp, 编码 504 个氨基酸, 具有典型的 bHLH-MYC_N super family 和 bHLH_SF super family 保守结构域, 通过预测该基因位于细胞核中。多重序列比对结果进一步证实了扩增的 *CdMYC2* 属于 MYC2 家族转录因子。系统进化树显示, *CdMYC2* 与同科同属植物茶树 (*Camellia sinensis*) 聚为一支, 而与壳斗科栎属植物白栎 (*Quercus lobata*)、夏栎 (*Q. robur*) 的分支距离远。RT-qPCR 结果表明, *CdMYC2* 基因在叶片中的表达水平高于其他组织部位; 而在果实的不同发育阶段中, 9 月份果实的 *CdMYC2* 表达量达到最高。本研究为后续探究 MYC2 转录因子在调控越南油茶三萜皂苷生物合成途径中的功能提供了重要的参考依据。

关键词: 越南油茶; *CdMYC2*; 基因克隆; 生物信息学; 表达分析

中图分类号: S794.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-7054(2026)04-0578-09

羊娥月, 李杨, 莫明珠, 等. 越南油茶 *CdMYC2* 基因克隆、生物信息学分析与表达模式研究[J]. 热带生物学报 (中英文), 2026, 17(4): 578–586. DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.20250031 CSTR: 32425.14.j.cnki.rdsxb.20250031



植物在长期进化过程中形成了复杂的信号传导网络, 以应对多变的环境和生理需求。其中, 茉莉酸 (Jasmonate, JA) 作为一种重要的植物激素, 在调节植物的生长发育、逆境响应和次生代谢中发挥着关键作用^[1]。随着对 JA 信号通路的深入研究, MYC2 基因作为该通路中的核心转录因子, 受到了广泛关注。

MYC2 属于 bHLH (碱性螺旋-环-螺旋) 转录因子家族成员, 是 JA 信号传导的关键调控因子^[2]。研究表明, MYC2 通过识别并结合下游基因启动子中的 G-box 元件, 调控多种与 JA 响应相关的基因表达, 从而影响植物的防御反应、生长发育和次生代谢产物的合成^[3]。在植物次生代谢方面, MYC2 能够直接激活拟南芥中倍半萜烯合酶基因的转录, 从而提高倍半萜烯的合成^[4]。在蒲公英中, TaMYC2 通过与角鲨烯合酶基因启动子区域

的 E-box 元件结合来激活该基因的表达, 从而促进三萜类化合物蒲公英甾醇和蒲公英萜醇的积累^[5]。

油茶是山茶科 (Theaceae) 山茶属 (*Camellia* L.) 一类木本油料植物的总称, 包括普通油茶 (*C. oleifera* Abel.)、越南油茶 (*C. drupifera* Lour.) 等^[6-7]。越南油茶是海南油茶的主要栽培种, 茶油富含不饱和脂肪酸及丰富的活性成分, 具有较高的营养价值^[8]。三萜皂苷是油茶的主要活性成分之一, 具有降血糖和降血脂、抗炎、抗病毒、抗肿瘤、保肝和增强免疫等药理活性, 广泛的药理作用使其成为了近几年的研究热点^[9]。三萜皂苷在植物体内的积累易受环境因素如光照、水分、干旱和外源激素的影响^[10]。这些因素通过调节关键酶基因 (*HMGR*、*SS* 等) 的表达和代谢中间体的浓度来控制三萜皂苷的合成, 当植物遭受外界刺激时, 会激活这些酶基因的表达, 从而增强次生代谢物的

产生以抵御胁迫。

目前,植物次生代谢合成机制的研究已成为提高目标物质产量的主要手段,特别是通过调控转录因子来影响相关基因的表达,进而控制植物次生代谢的积累。然而,关于 *CdMYC2* 转录因子在越南油茶中的研究未见报道。本研究基于越南油茶转录组数据,运用基因克隆技术,从越南油茶中分离并克隆 *CdMYC2* 基因,并利用生物信息学方法对其理化性质、进化关系和蛋白质结构进行分析。通过 RT-qPCR 技术,研究 *CdMYC2* 基因在越南油茶不同组织和果实不同成熟发育期中的表达模式,为深入解析 *CdMYC2* 转录因子对越南油茶三萜皂苷生物合成积累的调控作用奠定了基础。

1 材料与方法

1.1 实验材料 越南油茶样本采集自海南大学儋州校区的油茶育苗圃(19°30'28" N, 109°29'45" E),不同成熟期果实采摘时间分别为 8、9 和 10 月。挑选生长状况优良的油茶植株,取其根、茎、叶和花部分作为提取 RNA 的样本。采用天根多糖多酚 RNA 提取试剂盒(RT411)对相应样品进行 RNA 的提取,而剩余的材料在液氮中冷冻,并在 -80 °C 下储存。提取的样品 RNA 经 Nanodrop Lite 核酸测定仪(thermo scientific, USA)检测浓度和质量分数 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测质量,合格后按照 MonScript™RTIII All in One Mix with dsDNase 试剂盒(MR05101)进行反转录获得第一链 cDNA,然后 -20℃ 保存。后续用于 *CdMYC2* 基因的扩增和实时荧光定量 PCR。

1.2 越南油茶 *CdMYC2* 基因的克隆 根据课题组已有的转录组数据,找到 *CdMYC2* 基因相关的序列,并使用 primer premier 5 软件设计特异性引物(表 1)。按照 PrimeSTAR®系列高保真 PCR 酶试剂(R045A)说明书设置反应体系进行扩增目的片段。用 1% 质量分数琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物,并回收符合大小的目的条带,回收产物的连接和转化依照 pBM16A Toposmart 克隆试剂盒(CL071-01)和大肠杆菌 DH5α 感受态细胞(DF1001)说明书进行。

1.3 生物信息学分析 采用 open reading frame finder 对 *CdMYC2* 的全长序列进行开放阅读框分析;通过 NCBI-Conserved Domain 预测 *CdMYC2*

表 1 用于基因克隆和 RT-qPCR 反应的引物序列

Tab. 1 Primer sequences for gene cloning and RT-qPCR reaction	
引物 Primer	序列(5'—3')Sequence (5'—3')
<i>CdMYC2-F</i>	ATGGATGAATTAATCATATCGTCAT
<i>CdMYC2-R</i>	CTAACAAGTCTGTCCTACCCC
<i>CdMYC2-QF</i>	CATCCAACAAAAGATAGGTG
<i>CdMYC2-QR</i>	CTTCTCTGTGTGTAAAGCCA
<i>Actin-F</i>	TTGGCATCGTTGAGGGTCT
<i>Actin-R</i>	CAGTGGGAACACGGAAAGC

的保守结构域;采用 NCBI(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)数据库下载不同植物的 MYC2 氨基酸序列;使用 DNAMAN v8.0 软件对 *CdMYC2* 和其他物种同源蛋白序列进行比对;采用 MEGA11 邻接法构建系统进化树,重复次数为 1 000;利用 ExPASy-ProtParam tool 在线分析 *CdMYC2* 编码的蛋白质的理化性质;利用 SignalP v3.0 在线软件预测 *CdMYC2* 蛋白信号肽;通过 TMHMM v2.0 分析 *CdMYC2* 的跨膜结构;NetPhos v3.1 在线软件预测 *CdMYC2* 的磷酸化位点;运用 Plant - mPLoc 在线网站预测亚细胞定位;SOPMA 在线工具预测 *CdMYC2* 的蛋白质二级结构;运用 SWISS-MODEL 在线工具预测 *CdMYC2* 的蛋白质三级结构。

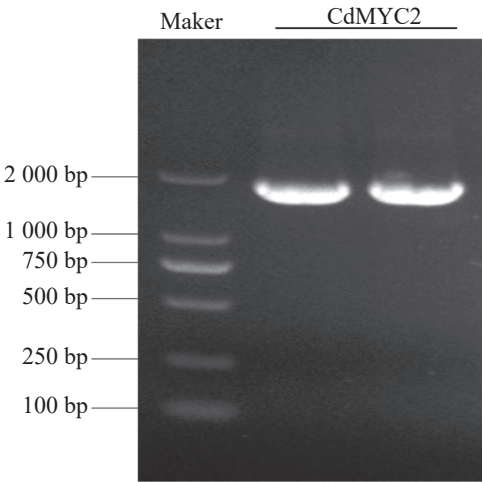


图 1 越南油茶 *CdMYC2* 基因 PCR 凝胶电泳图
Fig. 1 PCR gel electrophoresis of *CdMYC2* gene in *C. drupifera*

注(Note): Maker, DL 2 000 bp。

1.4 越南油茶 *CdMYC2* 基因的表达量分析 以越南油茶的不同组织部位和果实不同成熟期的 cDNA 为模板,扩增引物通过 Primer v5.0 软件设

2.2 越南油茶 *CdMYC2* 的保守结构域与蛋白序列同源比对分析 通过 NCBI-Conserved Domain 对 *CdMYC2* 的氨基酸序列进行保守结构域分析。结果发现, *CdMYC2* 基因具有两个保守结构域家族即 bHLH-MYC_Nsuperfamily(25~208 个aa)和bHLH_SFsuperfamily(298~371 个aa)。bHLH_SFsuperfamily 是一种碱性螺旋-环-螺旋(bHLH)结构域超家族, 包括 DNA 结合位点和多肽结合位点(图 3)。

多序列比对和系统发育分析是多物种同源物功能研究的重要方法。将 *CdMYC2* 的蛋白序列与从 NCBI 下载的不同木本植物中的同源蛋白序列进行多序列比对。结果显示, *CdMYC2* 在大多数 MYC2 中具有高度保守的 bHLH 结构域(图 4)。因此, 表明扩增的 *CdMYC2* 属于 bHLH 家族中的 MYC2 转录因子。系统发育树结果显示,

CdMYC2 与同科同属植物茶树(*C. sinensis*)的同源蛋白距离最近; 与壳斗科栎属植物白栎(*Quercus lobata*)、夏栎(*Q. robur*)的距离最远(图 5)。

2.3 *CdMYC2* 蛋白的信号肽、跨膜结构和亚细胞定位 利用 SignalP v3.0 在线软件预测 *CdMYC2* 蛋白信号肽, 结果显示 *CdMYC2* 蛋白为非分泌蛋白, 表明 *CdMYC2* 不会通过细胞的分泌途径被释放到细胞外, 而是留在细胞内执行其功能。经过 TMHMM v2.0 的分析, 发现 *CdMYC2* 不具有跨膜区域(图 6)。通过亚细胞定位网站在线预测, 结果显示 *CdMYC2* 定位在细胞核, 与作为转录因子发挥作用位置一致。NetPhos v3.1 预测 *CdMYC2* 的磷酸化位点, 发现总共有 60 个磷酸化位点, 其中丝氨酸磷酸化位点有 35 个, 苏氨酸磷酸化位点有 20 个, 酪氨酸磷酸化位点有 5 个(图 7)。

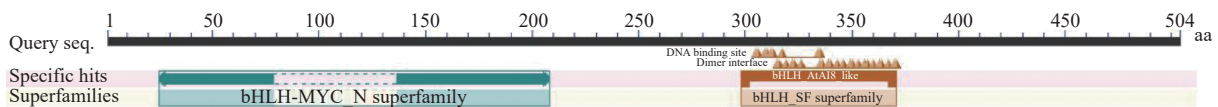


图 3 *CdMYC2* 保守结构域分析

Fig. 3 Analysis of conserved domains in *CdMYC2*

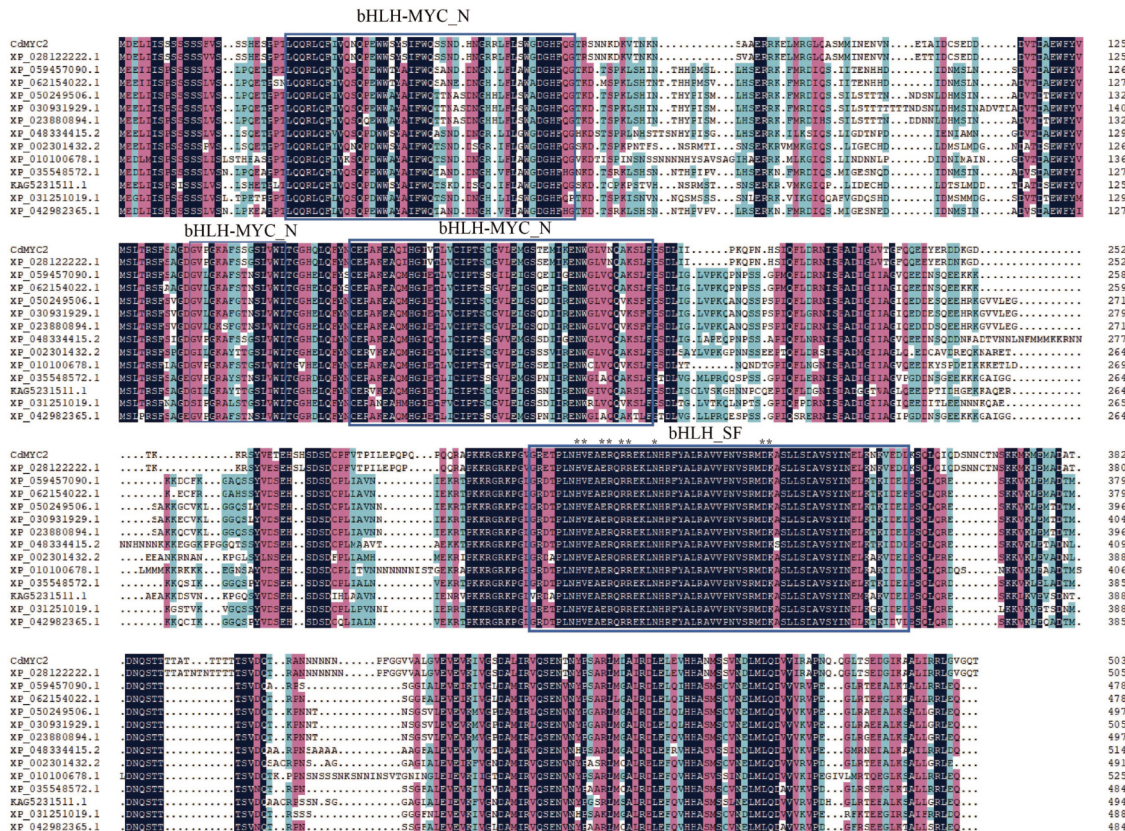


图 4 *CdMYC2* 与不同物种同源蛋白序列比对

Fig. 4 Sequence alignment of *CdMYC2* with homologous proteins of different species

注: *代表 DNA 结合位点。

Note: * represents a DNA binding site.

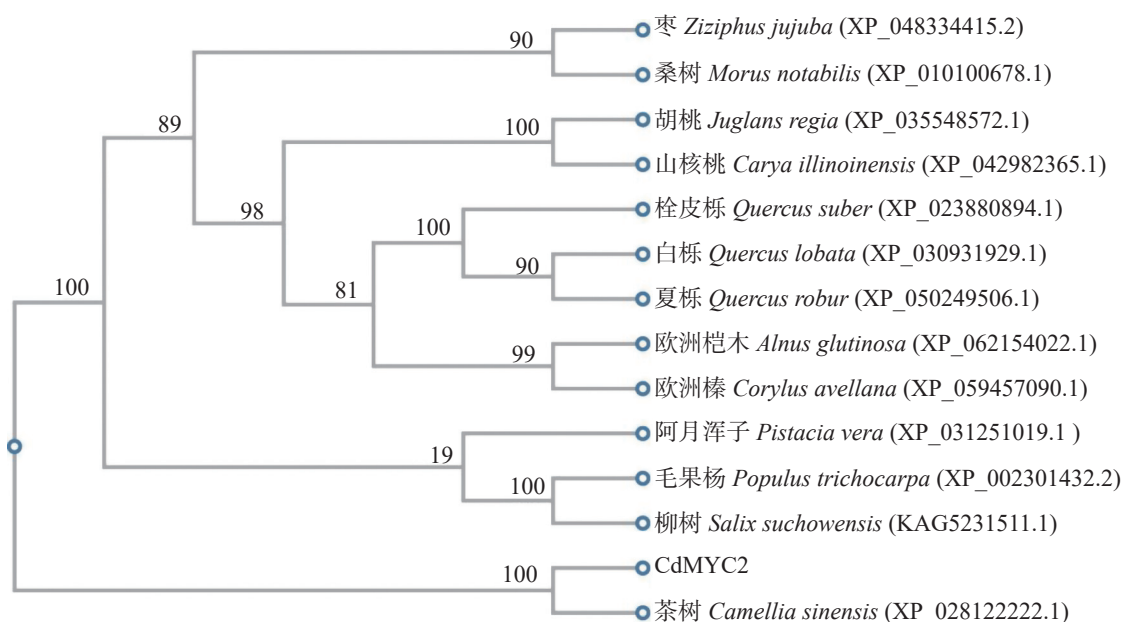


图 5 CdMYC2 蛋白的系统发育树分析

Fig. 5 Phylogenetic tree analysis of CdMYC2 protein

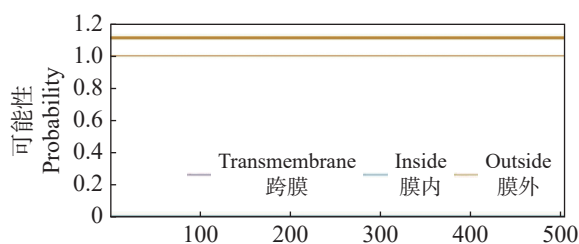


图 6 CdMYC2 蛋白跨膜结构预测

Fig. 6 Prediction of transmembrane structure of CdMYC2 protein

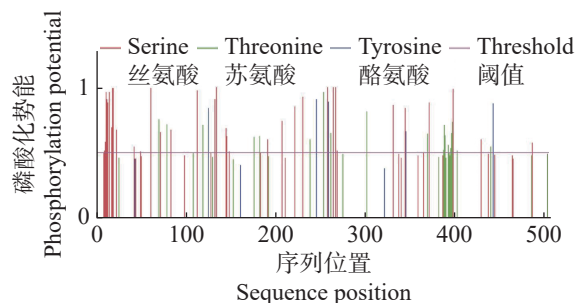


图 7 CdMYC2 蛋白磷酸化位点预测结果

Fig. 7 Prediction results of CdMYC2 protein phosphorylation sites

2.4 越南油茶 CdMYC2 的二级结构和三级结构预测 利用 SOPMA 在线工具对越南油茶 CdMYC2 蛋白质的二级结构进行分析, 结果其主要由无规则卷曲 (random coil)、 α -螺旋 (alpha helix) 与延伸链 (extended strand) 构成, 其中无规则卷曲结构由 308 个氨基酸残基组成, 占比 61.11%; α -螺旋结构由 146 个氨基酸残基组成, 占比 28.97%; 延伸链结构由 50 个氨基酸残基组成, 占比 9.92% (图 8)。通过 SWISS-MODEL 在线软件预测 CdMYC2 蛋白质的三级结构, 得到与茶树 (*C. sinensis*) 中的 bHLH 转录因子 (A0A4V6RY05.1.A) 结构相似度 (98.41%) 较高的蛋白质三级结构模型, 该结果与进化树分析结果一致, 这一高相似度表明两者在结构层面上可能存在紧密的功能关联 (图 9)。

2.5 越南油茶 CdMYC2 的理化性质分析 利用 ExPASy-ProtParam tool 在线分析 CdMYC2 编码的蛋白质的理化性质。结果显示, CdMYC2 分子式 (formula) 为 $C_{2424}H_{3851}N_{713}O_{789}S_{21}$; 分子质量 (molecular weight) 为 56279.81; 等电点 (theoretical pI) 为 5.72; 在构成该蛋白质的氨基酸中, 丝氨酸 (Ser) 的占比最高, 达到了 10.1%, 不稳定系数 (instability index) 为 46.62, 属于不稳定蛋白质, 脂溶指数 (aliphatic index) 为 73.10, 亲水性系数 (GRAVY) 为 -0.608, 属于亲水性蛋白。使用 ExPASy ProtScale 在线软件对 CdMYC2 蛋白亲疏水性进行评估, 结果显示 CdMYC2 的亲疏水性值在 -3.411 ~ 2.333, 分布总体上呈现出小于 0 的趋势, 这表明 CdMYC2 更倾向于亲水性 (图 10)。

2.6 越南油茶 CdMYC2 基因的表达模式分析 为

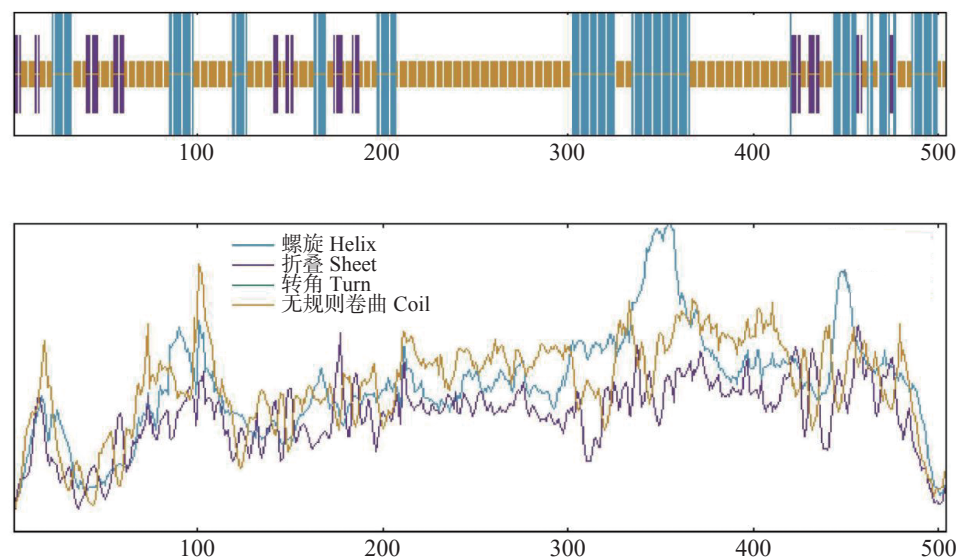


图 8 *CdMYC2* 蛋白二级结构预测图
Fig. 8 Secondary structure prediction of *CdMYC2* protein

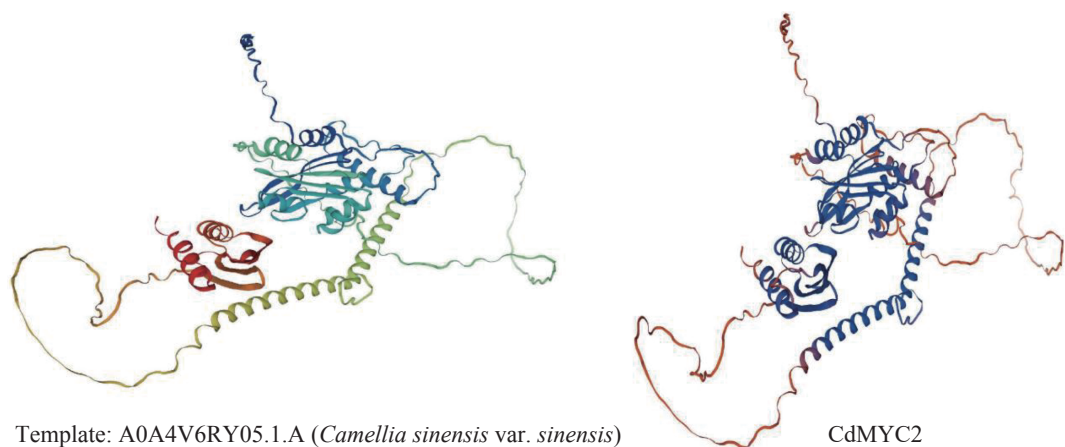


图 9 *CdMYC2* 蛋白三级结构预测模型
Fig. 9 The tertiary structure prediction model of *CdMYC2* protein

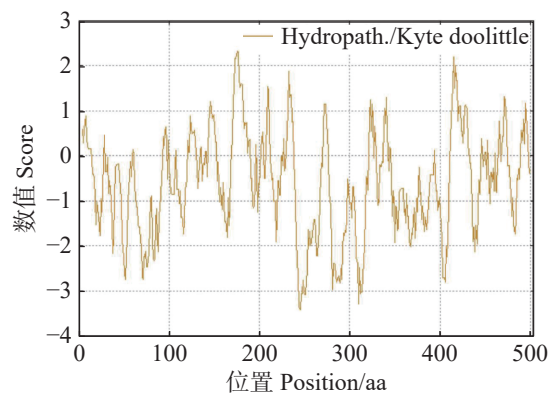


图 10 *CdMYC2* 蛋白的亲疏水性预测图
Fig. 10 Prediction of hydrophilicity and hydrophobicity of *CdMYC2* protein

了深入了解 *CdMYC2* 的表达模式,使用实时荧光定量 PCR(RT-qPCR)技术分析其在越南油茶不同组织部位以及果实不同成熟阶段的表达模式。结

果表明,在植物的不同组织中,*CdMYC2* 基因在叶片中的表达最为活跃,其次是根和茎中的表达,但在花中几乎没有表达(图 11-A)。而在果实的不同成熟期中,*CdMYC2* 基因在 S2 时期表达量最高,其次是 S1 时期,在 S3 时期的表达量过低(图 11-B)。因此,结果表明 *CdMYC2* 基因的表达模式具有组织特异性和发育阶段特异性。

3 讨 论

越南油茶作为山茶科山茶属植物,其体内含多种活性成分,其中三萜皂苷是主要活性成分之一。研究表明 MYC2 能够调控植物中三萜皂苷的合成。然而,越南油茶 *CdMYC2* 是否调控三萜皂苷的研究尚未报道。

MYC2 属于碱性螺旋-环-螺旋 (bHLH) 家族

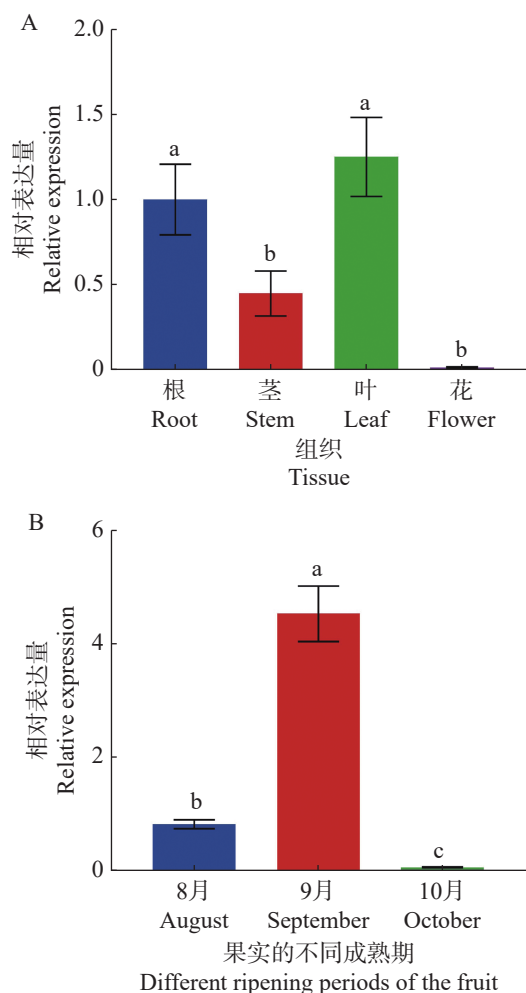


图 11 越南油茶 *CdMYC2* 基因的相对表达水平
Fig. 11 Relative expression level of *CdMYC2* gene in *C. drupifera*

注: 不同小写字母表示具有显著性差异 ($P < 0.05$)。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences ($P < 0.05$).

成员,其C末端含有高度保守的bHLH结构域,该结构域是bHLH家族蛋白的一个标志性特征^[2]。在本研究中,对获得的越南油茶 *CdMYC2* 进行保守结构域预测,结果显示其含有高度保守的bHLH结构域。进一步通过与其他物种同源蛋白序列的比对分析,笔者确认了 *CdMYC2* 与多数木本植物中的MYC2一样,均具备这一高度保守的bHLH结构域。该结构域同样存在于银杏^[11]、北柴胡^[12]、蒲公英等药用植物MYC2中。这一结果不仅证实了 *CdMYC2* 属于bHLH家族的转录因子,还表明其bHLH结构域在进化过程中具有保守性。然而,多序列比对结果也揭示了越南油茶 *CdMYC2* 保守结构域中氨基酸的数目和种类仍与其他物种存在差异,其中,与同科同属茶树的同源蛋白在碱基序列上差异小,相似度占比97.24%,而

与其余物种的同源蛋白在碱基序列上相似度均在70%以下,这说明在不同物种的进化中MYC2基因并非绝对静态,而是在不同物种间随着亲缘关系的疏远而展现出不同程度的碱基缺失与突变,进化树分析结果进一步印证了这一点,揭示了不同物种MYC2基因间的亲缘关系远近与它们的保守性程度密切相关^[13]。

基因在不同组织或发育阶段的表达水平,往往与其在生物体内的角色密切相关。通过RT-qPCR检测发现, *CdMYC2* 基因表达具有显著的组织特异性和发育阶段特异性。在组织特异性方面, *CdMYC2* 基因在叶片中的表达最为活跃,其次是根部和茎部,而在花中几乎不表达。由此,推测 *CdMYC2* 基因在叶片中具有较高的表达量可能是需要合成更多的三萜皂苷来抵御环境压力或参与光合作用等生理活动;相对而言,花中对这种化合物的需求较低,因此在花中的表达量最低。对此,已有研究表明,药用植物中三萜皂苷合成与受到环境因子影响有关,同时, bHLH 转录因子在植物合成次生代谢物(包括黄酮类、萜类、生物碱类等的生物合成)以应对环境压力过程中发挥了重要作用^[2,14]。此外,有研究还指出光反应产物是初生代谢与次生代谢过程中的重要物质,在三萜皂苷的生物合成途径中,多个关键步骤(如MVA的形成、MVA磷酸化生成MVAP、SS酶催化FPP缩合)均依赖于ATP和NADP(H)的参与^[15]。由于植物叶片是光合作用的主要场所,合理推测 *CdMYC2* 基因在越南油茶中表现出的组织特异性表达模式可能与其不同组织对三萜皂苷的具体需求和功能紧密相关。而这一推测与代佳妮^[7]、郑蔚等^[16]的研究发现越南油茶三萜皂苷生物合成途径中的关键酶基因(*CdHMGCR*、*CdSQS*、*CdSQE*)在叶片中的表达量最高,而在花中的表达量则最低的成果相吻合。在油茶果实的发育过程中, *CdMYC2* 基因在9月份表达量最高,其次是8月份,在10月份的表达量过低。据有关报道,在油茶果成熟过程中籽仁三萜皂苷含量呈现出先增加、后下降的趋势,9月的三萜皂苷含量达最高峰,随后在10月份下降^[17]。由此推测 *CdMYC2* 基因可能在调控三萜皂苷的生物合成中扮演着重要角色。

综上所述,本研究首次从越南油茶叶片中获

得 *CdMYC2* 基因序列, 为后续深入解析 MYC2 转录因子对越南油茶三萜皂苷生物合成积累的调控作用奠定了基础。

参考文献:

- [1] Wasternack C, Hause B. Jasmonates: biosynthesis, perception, signal transduction and action in plant stress response, growth and development. An update to the 2007 review in *Annals of Botany*[J]. *Annals of Botany*, 2013, 111(6): 1021–1058. <https://doi.org/10.1093/aob/mct067>
- [2] 郑嘉瑞, 杨晓燕, 叶家保, 等. MYC2 转录因子在植物中的功能研究进展[J]. *园艺学报*, 2023, 50(4): 896–908. <https://doi.org/10.16420/j.issn.0513-353x.2022-0102>
- [3] Kazan K, Manners J M. MYC2: the master in action[J]. *Molecular Plant*, 2013, 6(3): 686–703. <https://doi.org/10.1093/mp/sss128>
- [4] Hong G J, Xue X Y, Mao Y B, et al. *Arabidopsis* MYC2 interacts with DELLA proteins in regulating sesquiterpene synthase gene expression[J]. *The Plant Cell*, 2012, 24(6): 2635–2648. <https://doi.org/10.1105/tpc.112.098749>
- [5] Liu T, Liao J, Shi M, et al. A jasmonate-responsive bHLH transcription factor TaMYC2 positively regulates triterpenes biosynthesis in *Taraxacum antungense* Kitag[J]. *Plant Science*, 2023, 326: 111506. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2022.111506>
- [6] 刘进平, 周扬, 胡海燕, 等. 热带油茶种质资源综述[J]. *热带林业*, 2022, 50(4): 70–76. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1672-0938.2022.04.015>
- [7] 代佳妮. 越南油茶茶皂素合成关键酶基因 CvSQS、CvSQE 的克隆与功能分析 [D]. 海口: 海南大学, 2021. <https://doi.org/10.27073/d.cnki.ghadu.2021.000501>
- [8] 刘运锋, 邱兆志, 申新刚, 等. 茶油的化学成分和药理作用研究进展[J]. *南方农业*, 2020, 14(9): 132–134. <https://doi.org/10.19415/j.cnki.1673-890x.2020.09.067>
- [9] 黄运安. 油茶中三萜皂苷及其生物活性研究进展[J]. *食品安全质量检测学报*, 2024, 15(13): 59–67. <https://doi.org/10.19812/j.cnki.jfsq11-5956/ts.20240312008>
- [10] Li Y, Wang J, Li L, et al. Natural products of pentacyclic triterpenoids: from discovery to heterologous biosynthesis[J]. *Natural Product Reports*, 2023, 40(8): 1303–1353. <https://doi.org/10.1039/D2NP00063F>
- [11] Zheng J, Liao Y, Ye J, et al. The transcription factor MYC2 positively regulates terpene trilactone biosynthesis through activating *GbGGPPS* expression in *Ginkgo biloba*[J]. *Horticulture Research*, 2024, 11(10): uhac228. <https://doi.org/10.1093/hr/uhac228>
- [12] 王晨, 安立成, 李剑超, 等. 北柴胡 MYC2 转录因子的克隆及茉莉酸诱导的调控分析[J]. *植物生理学报*, 2021, 57(2): 439–450. <https://doi.org/10.13592/j.cnki.ppj.2020.0381>
- [13] Alix K, Gérard P R, Schwarzacher T, et al. Polyploidy and interspecific hybridization: partners for adaptation, speciation and evolution in plants[J]. *Annals of Botany*, 2017, 120(2): 183–194. <https://doi.org/10.1093/aob/mcx079>
- [14] 焦晓林, 高微微. 环境因子对药用植物三萜皂苷合成影响的研究进展[J]. *中草药*, 2011, 42(2): 398–402.
- [15] Dellas N, Thomas S T, Manning G, et al. Discovery of a metabolic alternative to the classical mevalonate pathway[J]. *eLife*, 2013, 2: e00672. <https://doi.org/10.7554/eLife.00672>
- [16] 郑蔚, 代佳妮, 严和琴, 等. 越南油茶 HMGCR 基因的克隆及表达分析[J]. *分子植物育种*, 2022, 20(13): 4296–4304. <https://doi.org/10.13271/j.mpb.020.004296>
- [17] 李好, 方学智, 钟海雁, 等. 油茶果成熟过程茶皂素含量分布状况[J]. *粮食与油脂*, 2013, 26(9): 24–26. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1008-9578.2013.09.007>

Cloning, bioinformatics analysis and expression pattern of *CdMYC2* gene in *Camellia drupifera*

Yang Eyue^{1,2#}, Li Yang^{1,2}, Mo Mingzhu^{1,2}, Yang Dongmei^{1,2}, Liu Ya^{1,2},
Wu Yougen^{1,2}, Yu Jing^{1,2*}

(1. School of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Danzhou, Hainan 571737, China; 2. Sanya Nanfan Institute, Hainan University, Sanya, Hainan 572025, China)

Abstract: *MYC2* is an important transcription factor that regulates the synthesis of terpenoid secondary metabolites in plants. However, little is known about the *CdMYC2* transcription factor in *C. drupifera*. In this study, the related sequence information of *CdMYC2* gene was obtained based on the transcriptome annotation data of *C. drupifera*. A *CdMYC2* gene was successfully isolated and cloned from the leaves of *C. drupifera* for the first time. Its *CDS* sequence length was 1 515 bp, encoding 504 amino acids, with typical bHLH-MYC_N super family and bHLH_SF super family conserved domains. This gene was predicted to be located in the nucleus. Multiple sequence alignment further confirmed that the amplified *CdMYC2* belongs to the MYC2 family transcription factor. The phylogenetic tree analysis showed that *CdMYC2* was clustered into a clade with *Camellia sinensis*, a plant belonging to the same family and genus, while it was far away from the clades of *Quercus lobata* and *Q. robur*. RT-qPCR results showed that the expression level of *CdMYC2* gene was higher in the leaves than in other tissues. Among the different developmental stages of the fruit, the expression of *CdMYC2* in the fruit reached the highest in September. This study provides an important reference for the subsequent exploration of the function of MYC2 transcription factor in the regulation of triterpenoid saponin biosynthesis pathway in *C. drupifera*.

Keywords: *Camellia drupifera*; *CdMYC2*; gene cloning; bioinformatics; expression analysis

(责任编辑: 钟云芳)