

赤霉素促进低温胁迫下花生种子萌发的转录调控机制

宋兆锋¹, 张志民¹, 丁红², 李美君¹, 赵跃¹, 史普想³, 孙日丹¹, 陈小姝^{1*}, 吕永超¹, 宁洽¹, 李春雨¹, 高华援^{1*}

(1. 吉林省农业科学院(中国农业科技东北创新中心), 吉林 公主岭 136100; 2. 山东省花生研究所, 山东 青岛 266100; 3. 辽宁省沙地治理与利用研究所, 辽宁 阜新 123000)

摘要: 低温冷害是限制花生种子萌发的重要因素之一, 赤霉素(GA)能够打破种子休眠, 促进种子萌发。本研究以吉花25为试验材料, 在4℃条件下, 用赤霉素溶液浸种处理8h, 以清水浸种处理8h为对照, 28℃条件下发芽, 统计24h(吸水膨大期)露白率、72h(胚根伸长期)发芽率, 并对其取样进行转录组测序。结果表明, 赤霉素处理使花生种子露白率和发芽率显著高于对照。转录组分析表明, 胚根伸长期差异表达基因数大于吸水膨大期, 两个时期有253个基因共表达。相关分析表明, *MYB*、*bHLH*和*AP2/ERF-ERF*类转录因子是促进花生种子萌发的主要转录因子。转录组分析表明, 胚根伸长期差异表达基因数大于吸水膨大期, 两个时期有253个基因共表达。相关分析表明, *MYB*、*bHLH*和*AP2/ERF-ERF*类转录因子是促进花生种子萌发的主要转录因子。赤霉素处理抑制了种子吸水膨大期赤霉素代谢关键酶基因*AhGA2ox8*的表达, 提高了ABA降解途径*CYP707A3*基因的表达; 胚根伸长阶段诱导赤霉素受体基因*AhGID1*的下调表达, 促进了脱落酸不敏感蛋白基因5*AhABI5*的上调表达。由此表明, 外源GA处理花生种子, 使脱落酸(ABA)和GA合成代谢及信号转导相关基因显著差异表达, 提高了花生种子体内GA/ABA值, 使花生种子打破休眠而萌发。

关键词: 花生; 低温胁迫; 赤霉素; 萌发; 转录组

中图分类号: S565.2

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2025)05-0053-09

Transcriptional Regulation Mechanism of Gibberellin Promoting Peanut Seed Germination under Low Temperature Stress

SONG Zhaofeng¹, ZHANG Zhimin¹, DING Hong², LI Meijun¹, ZHAO Yue¹, SHI Puxiang³, SUN Ridan¹, CHEN Xiaoshu^{1*}, LYU Yongchao¹, NING Qia¹, LI Chunyu¹, GAO Huayuan^{1*}

(1. Jilin Academy of Agricultural Sciences(Northeast Agricultural Research Center of China), Gongzhuling 136100; 2. Shandong Peanut Research Institute, Qingdao 266100; 3. Liaoning Institute of Sandy Land Control and Utilization, Fuxin 123000, China)

Abstract: Low temperature damage is one of the important factors limiting peanut seed germination, and gibberellin can break seed dormancy and promote seed germination. This study used Jihua 25 as the experimental material and treated seeds with gibberellin solution at low temperature for 8h under 4°C conditions, with seeds soaked in water solution for 8h as the control(CK). All seeds were germinated at 28°C. The white exposure rate at 24h (water absorption stage) and germination rate at 72 h(embryonic root extension stage) were recorded, and samples were taken for transcriptome sequencing. The results showed that GA treatment significantly increased the white exposure rate and germination rate of peanut seeds compared to the control treatment. Transcriptome analysis showed that the number of different expressed genes during the elongation stage of embryonic roots was greater than that during the swelling stage, with 253 genes co expressed during both stages. Relevant analysis indicates that *MYB*, *bHLH*, and *AP2/ERF-ERF* transcription factors are the main transcription factors promoting peanut

收稿日期: 2024-11-25

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFD2300100)

作者简介: 宋兆锋(1995-), 男, 研究实习员, 硕士, 主要从事花生栽培与耕作研究。

通信作者: 陈小姝, E-mail: 13944940275@163.com

高华援, E-mail: ghy6413@163.com

seed germination. Transcriptome analysis showed that the number of differentially expressed genes during the elongation stage of embryonic roots was greater than that during the swelling stage, with 253 genes co expressed during both stages. Relevant analysis indicates that *MYB*, *bHLH*, and *AP2/ERF-ERF* transcription factors are the main transcription factors promoting peanut seed germination. The treatment with gibberellin inhibited the expression of *AhGA2ox8*, a key enzyme involved in gibberellin metabolism during the seed swelling stage, and increased the expression of *CYP707A3* gene, a pathway for ABA degradation. The elongation stage of the embryonic root induces downregulation of the gibberellin receptor gene *AhGID1* and promotes upregulation of the abscisic acid insensitive protein 5 gene *AhABI5*. This indicates that exogenous GA treatment of peanut seeds significantly differentially expressed genes related to ABA and GA synthesis metabolism and signal transduction, increased the GA/ABA ratio in peanut seeds, and promoted the breaking of dormancy and germination of peanut seeds.

Key words: Peanut; Low temperature stress; Gibberellin; Germination; Transcriptome

花生(*Arachis hypogaea* L.)是我国重要的经济作物和油料作物,近年来由于花生种植带的迁移,东北产区花生种植面积呈逐年增加的趋势。温度是影响花生生长发育和产量形成的重要因素之一^[1]。萌发期是花生生长过程中最重要也是最脆弱的一个阶段,在此过程中种子遭受环境胁迫会对花生产量造成严重影响。在高纬度和高海拔地区种植花生,播种期或苗期常遭到气温偏低的影响,抑制花生种子萌发或造成出苗不齐、苗小苗弱等现象^[2-3],影响花生产量。

研究表明,低温冷害严重抑制花生、小麦、玉米等种子的萌发,影响幼苗的形成^[4-6]。植物激素在种子萌发过程中发挥关键调控作用。赤霉素(Gibberellins, GA)能促进细胞伸长,促进胚的生长,而脱落酸(Abscisic acid, ABA)则抑制种子萌发,促进种子休眠^[7-8]。GA是一种微量高效的植物激素,能够打破植物种子休眠,促进种子发芽,调控后熟作用,对提高发芽率、缩短发芽时间具有重要作用^[9]。适宜浓度的GA能够有效提高玉米种子的发芽率、发芽指数^[10-11],秋葵种子萌发试验也得到相似的结论^[12]。外源ABA的添加提高了藜麦种子萌发过程中ABA的含量,抑制了种子的萌发^[13]。

转录组测序是筛选差异表达基因(Differentially Expressed Genes, DEGs)的高通量测序技术,已有研究利用转录组分析了植物种子休眠和萌发的相关差异表达基因^[14-15],低温处理使豆梨种子萌发过程中与植物激素(ABA、GA、CTK、ETH、BR、JA)代谢和信号转导相关的差异表达基因富集表达^[16]。Xu等^[17]对不同发育阶段的花生种子进行转录组测序分析,结果表明,在花生种子萌发阶段生长素信号、油菜素内酯合成和信号转导及GA、ABA信号转导等与植物激素合成和信号转导

相关的基因上调表达较多。生理指标测定表明,种子吸胀过程中ABA含量降低,GA含量增加,促进了花生种子萌发。

由于花生是喜温作物,一般花生品种对低温表现敏感^[18],所以低温对花生发芽、出苗和生长都有较大的影响。低温可能导致花生种子发芽率降低,对高油酸花生品种影响更大^[19],本研究选用的材料吉花25为高油酸花生品种。GA可提高种子发芽率,缩短发芽时间,缓解低温对种子萌发的抑制作用。研究表明,GA提高了低温胁迫条件下花生的萌发特性^[20],本研究对低温胁迫条件下GA对花生在吸水膨大期和胚根伸长期的差异表达基因进行功能注释和代谢通路分析,探索GA在低温胁迫条件下促进花生种子萌发的作用机制,进一步挖掘GA调控花生后熟的关键基因,为通过分子水平调控花生后熟进程,解决低温环境下花生生产中的实际问题提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

试验选用高油酸花生品种吉花25,由吉林省农业科学院花生研究所提供。

1.2 发芽试验

花生萌发试验所配制溶液和发芽试验参考陈小姝等^[18]的方法进行,将花生种子在4℃条件下,用赤霉素溶液(50 mg/L)和清水(CK)浸种处理8 h,3次重复,28℃恒温条件下发芽。在吸水膨大期(24 h)和胚根伸长期(72 h)选取萌发趋势相近的种子,去种皮、切碎,放入冻存管中,液氮速冻后置于-80℃超低温冰箱保存,用于RNA提取、转录组测序。

1.3 RNA的提取、文库构建和测序

使用RNA prep Pure Plant Kit(Tiangen, Beijing, China)提取总RNA。用NanoDrop 2000(Thermo

Fisher Scientific, Wilmington, DE)测定RNA浓度和纯度。使用Agilent Bioanalyzer 2100系统(Agilent Technologies, CA, USA)的RNA Nano 6000检测试剂盒评估RNA的完整性。转录组测序委托上海美吉生物科技有限公司完成。简要流程如下:提取样品总RNA,利用带有Oligo(dT)的磁珠富集mRNA,将mRNA打断成短片段,以短片段mRNA为模板,合成cDNA第一链,继而合成cDNA第二链,纯化,末端修复、加A尾并连接测序接头,琼脂糖凝胶电泳回收目的片段,PCR扩增,从而完成整个文库制备工作,构建好的文库进行测序。测序数据使用生物信息学分析平台BMK Cloud(www.biocloud.net)进行生物信息学处理,首先进行测序原始数据的处理得到去除接头等序列的clean data。而后将这些数据进行参考基因组比对,将序列定位到花生基因组上,过滤掉不能定位到基因组上的序列,然后基于这些序列进行测序质量的评估和基因表达量分析。

1.4 差异表达基因和富集分析

通过比较不同样本间的数据,筛选出差异表达基因,使用DESeq进行差异基因表达模式聚类分析。在差异表达基因检测过程中,将Fold Change ≥ 2 且FDR < 0.01 作为筛选标准。差异倍数(fold change)表示两样品(组)间表达量的比值。错误发现率(false discovery rate, FDR)是通过差异显著性P值进行校正得到的。采用了公认的Benjamini-Hochberg校正方法对原有假设检验得到的显著性P值进行校正,并最终采用FDR作为差异表达基因筛选的关键指标。差异表达基因的GO分析和KEGG Pathway富集分析利用Gene Ontology(GO)数据库(<http://geneontology.org>)和Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes(KEGG)数据库(<https://www.genome.jp/kegg/pathway.html>)对DEGs进行分析。

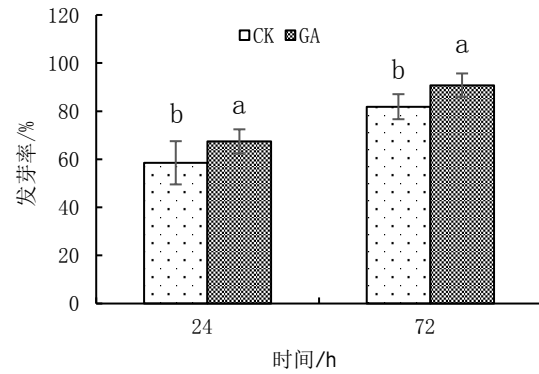
2 结果与分析

2.1 花生的发芽率

由图1可知,低温胁迫抑制了花生的萌发,GA处理促进了低温胁迫下花生的萌发,CK和GA处理24 h的发芽率分别为58.52%和67.41%,72 h的发芽率分别为81.85%和90.74%。低温胁迫下GA处理和CK处理花生的发芽率具有显著差异,表明GA处理可以提高低温胁迫下花生种子的活力,促进种子萌发。

2.2 基因表达谱分析

对基因表达矩阵进行分层聚类,并使用Pearson相关系数进行分析(图2),除GA_{24 h-3}外,其他11



注:小写字母不同表示差异显著($P < 0.05$)。

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

图1 不同处理条件下不同阶段花生种子的发芽率
Fig.1 Germination rates of peanut seeds at different stages under different treatment conditions

个样本分为吸水膨大期基因表达和胚根伸长期基因表达两个簇,表明花生种子内基因表达对种子萌发时期具有稳定和独特的反应。对不同处理间的差异表达基因进行配对比较,与CK处理相比,共有303个差异表达基因在吸水膨大期特异表达,在胚根伸长期共有10568个基因特异表达,253个基因在所有处理中都差异表达。

2.3 吸水膨大期差异表达基因的分析

与CK相比,花生种子吸水膨大期GA处理使种子中有192个基因上调表达和364个基因下调表达。GA处理下种子中556个差异表达基因被分配到95个通道途径。图3为显著富集的20个通道途径,其中14个与谷胱甘肽代谢(ko00480)途径相关的基因、6个光合作用-天线蛋白(ko00196)下调表达、7个玉米素生物合成(ko00908)途径基因显著下调表达;3个糖鞘脂生物合成(ko00604)、3个糖胺聚糖降解(ko00531)、3个其他聚糖降解(ko00511)等糖酵解相关途径基因显著上调表达。此外,本研究还鉴定到11个碳代谢(Ko01200)相关途径、7个乙醛酸和二羧酸酯代谢(Glyoxylate and dicarboxylate metabolism, ko00630)途径、2个油菜素甾醇合成途径(ko00905)基因在GA处理后表现出显著的差异表达。

2.4 胚根伸长期差异表达基因的分析

与CK相比,GA处理使花生种子胚根伸长期有10821个基因差异表达,其中4722个基因上调表达,6099个基因下调表达。GA处理下种子中差异表达基因被分配到134个通道途径,其中Plant hormone signal transduction(ko04075)途径相关

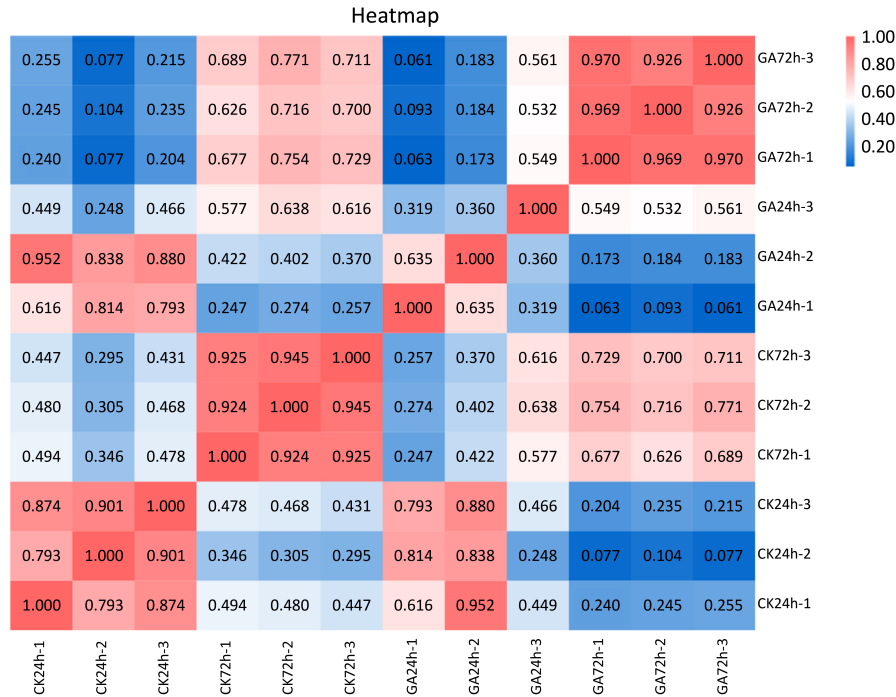


图2 不同处理间样本相关性分析

Fig.2 Sample correlation analysis among different treatments

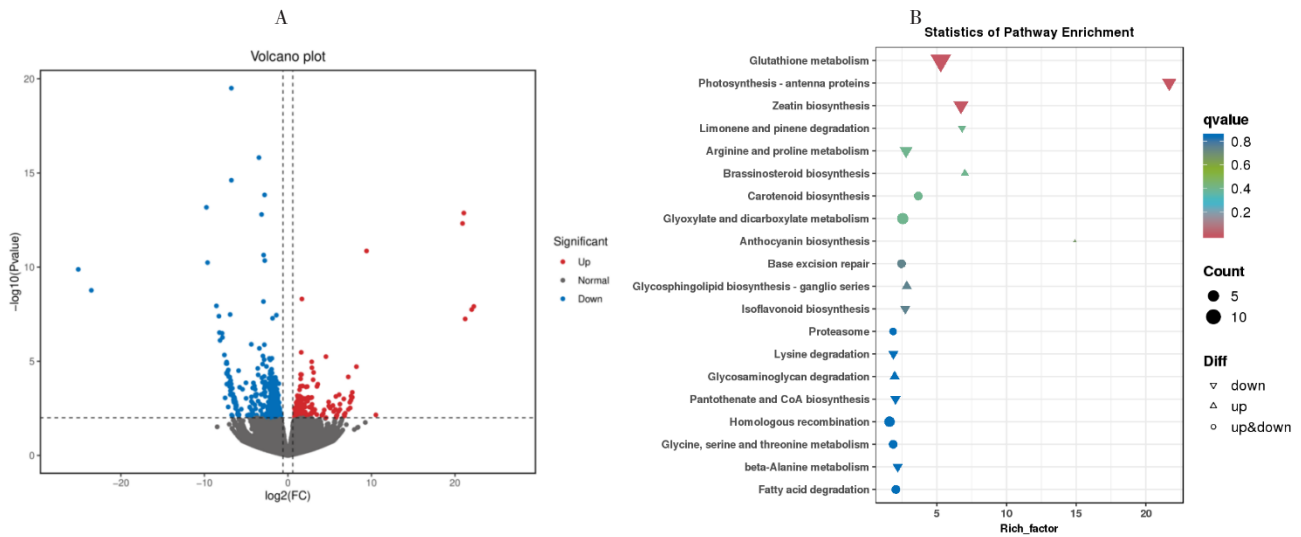


图3 吸水膨大期 GA 处理下差异表达基因的功能注释分析

Fig.3 Functional annotation analysis of differentially expressed genes under GA treatment during the water absorption and swelling period

基因数目最多,为339个。图4展示了显著富集的前20个通道途径。81个类黄酮生物合成(ko0094),30个萜、哌啶和吡啶生物碱的生物合成(ko00960),40个倍半萜和三萜生物合成(ko00909),38个异喹啉生物碱生物合成(ko00950)等次生代谢途径相关基因在GA处理下显著差异表达;GA处理使105个半乳糖代谢(ko00052)、41个糖鞘脂生物合成(ko00604)、53个糖胺聚糖降解(ko00531)、63个其他聚糖降解(ko00511)等糖酵解相关途径基因

显著差异表达。80个谷胱甘肽代谢(ko00480)、57个精氨酸和脯氨酸代谢(ko00330)等氮代谢相关途径的基因在GA处理下也显著差异表达。

2.5 共表达基因的分析

对两个萌发时期共表达的253个差异表达基因进行分析,由图5A可以看出,基因的表达受GA处理的影响分为两簇,GA_{24h}和GA_{72h}的相关性高于CK处理下的相应萌发时期。为了推断这些差异基因的潜在功能,进行了基因本体(GO)分析,并

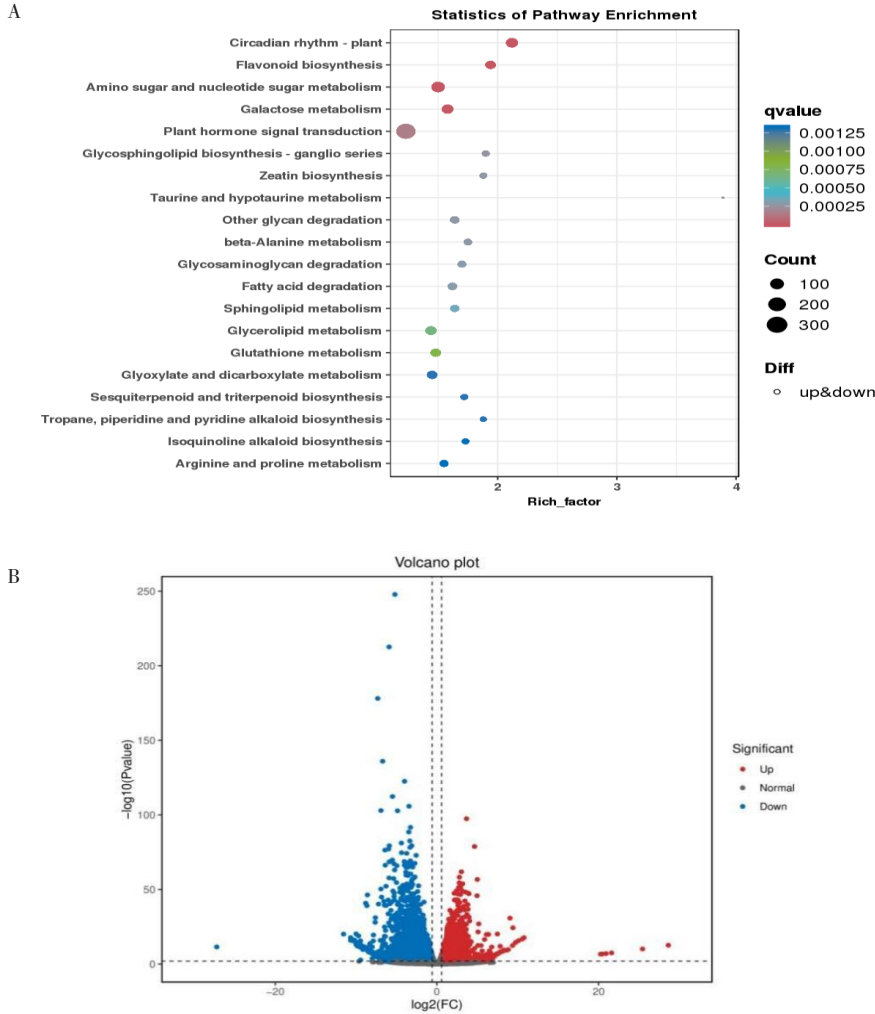


图4 胚根伸长期 GA 处理下差异表达基因的功能注释分析

Fig.4 Functional annotation analysis of differentially expressed genes under GA treatment during the elongation phase of the radicle

对这些基因的序列注释进行了表征。253个基因中有204个(80.63%)被分配了GO通路,图5B、图5C和图5D分别展示了生物过程、细胞组成和分子功能3个部分的前20个富集P值最显著的GO节点信息。其中对赤霉素的反应(GO:0009739)、氧化应激反应的正调控(GO:1902884)、细胞包膜(GO:0030313)、光系统II(GO:0009523)、UDP糖基转移酶活性(GO:0008194)、氧化还原酶活性(GO:0016491)等途径的基因得到了富集表达。

2.6 相关转录因子

与CK相比,花生种子吸水膨大期GA处理,共有65条转录因子差异表达,图6A显示了前20位相关转录因子,其中LOB(6)、AP2/ERF-ERF(4)、C2C2-CO-like(4)、GARP-G2-like(4)和MYB(4)等转录因子相关表达基因较多。花生种子萌发胚根伸长期,赤霉素处理下共筛选到1383条转录因子,前20位相关转录因子见图6B,前5位转录因子分别为bHLH(87)、RLK-Pelle_DLSV(72)、MYB(59)、AP2/

ERF-ERF(57)和RLK-Pelle_LRR-XI-I(55)。由此表明,MYB、bHLH和AP2/ERF-ERF类转录因子在GA处理后在种子吸水阶段和胚根伸长阶段相关差异表达基因均较多,是促进花生种子萌发的主要转录因子。

2.7 种子萌发过程中GA和ABA途径相关基因的分析

种子吸水膨大期筛选到12个赤霉素途径和8个ABA差异表达途径相关基因,其中2个锌指蛋白受赤霉素的处理上调表达,3个LBD蛋白基因下调表达,1个ASR蛋白基因下调表达。赤霉素处理抑制了种子吸水膨大期赤霉素代谢关键酶基因AhGA2ox8(arahy.V95IY3)的表达,提高了ABA降解途径脱落酸8'-羟化酶基因CYP707A3(arahy.LXP1WJ)的表达(表1)。

与吸水膨大期相比,胚根伸长期GA和ABA途径的差异表达基因数目显著增加,筛选到57个GA途径和114个ABA途径相关差异表达基因。

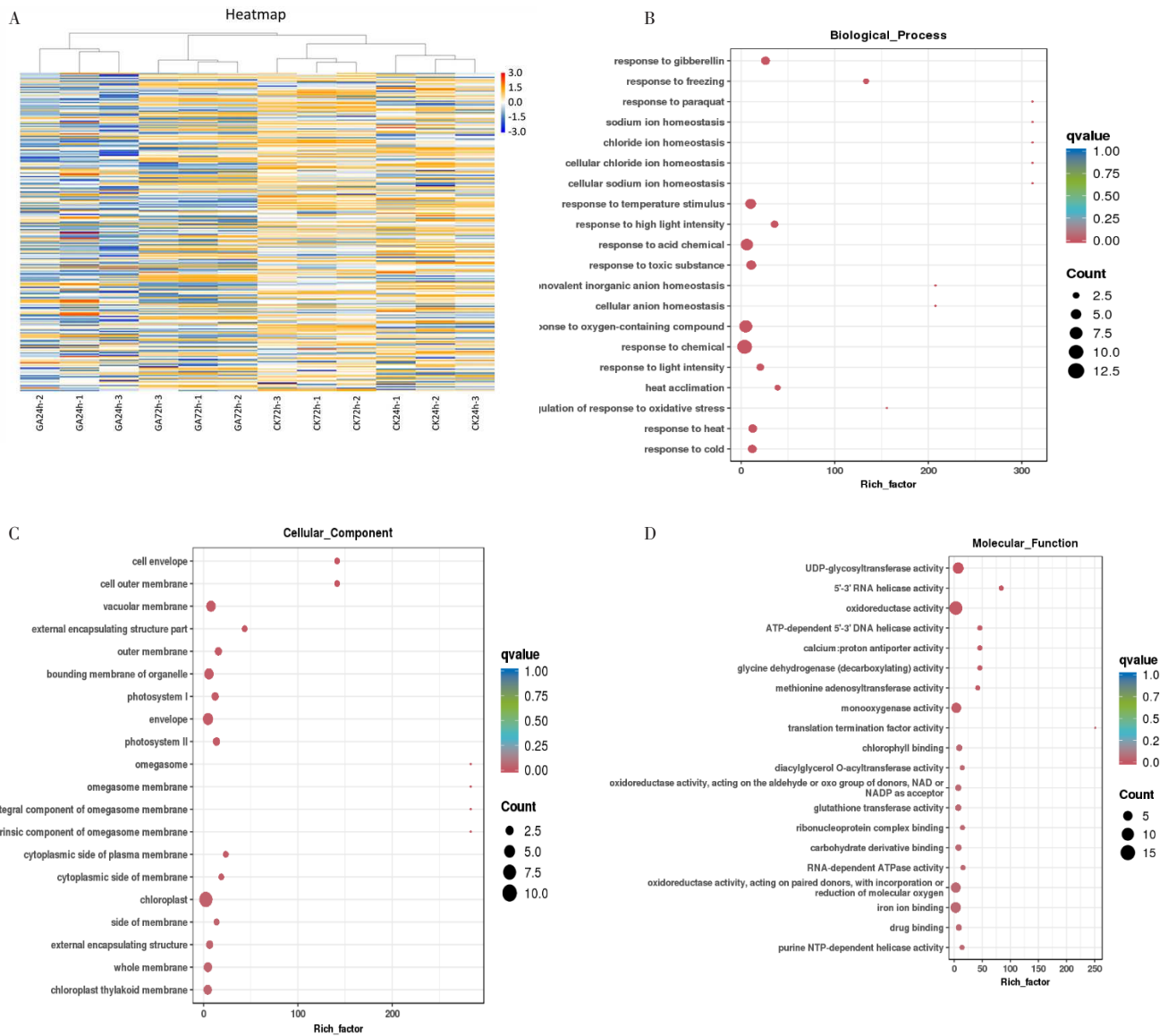


图5 不同萌发时期共表达差异基因的功能注释分析

Fig.5 Functional annotation analysis of co-expressed differentially expressed genes at different germination stages

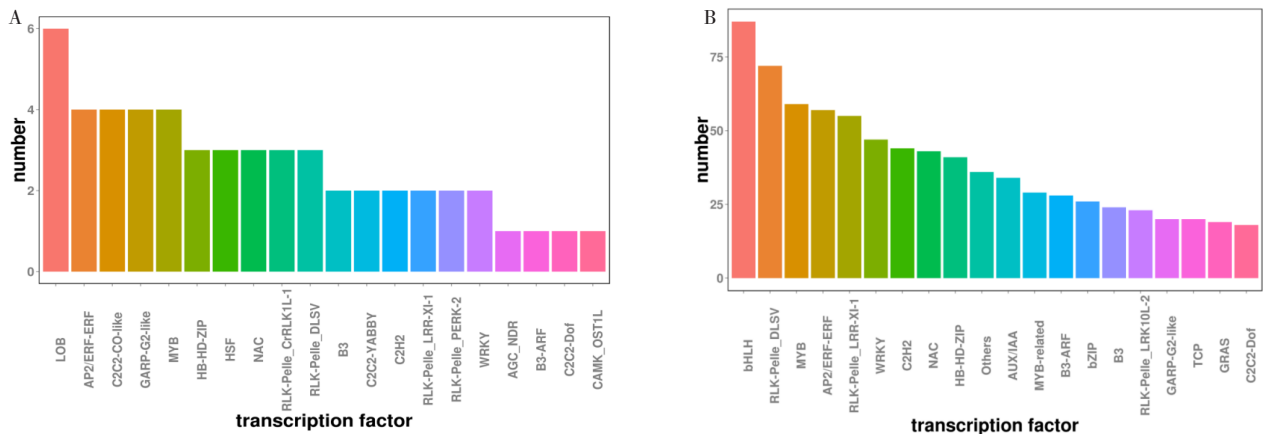


图6 GA处理低温胁迫下花生种子萌发相关转录因子

Fig. 6 Transcription factors related to peanut seed germination under low-temperature stress treated with GA

表1列出直接相关的部分基因,由表1可知,GA处理使胚根伸长阶段诱导2个赤霉素受体基因

*AhGID1(arahy. 99WGGU/aarahy. J64Z1K)*的下调表达,促进了脱落酸不敏感蛋白基因5 *AhABI5*

表 1 吸水膨大期和胚根伸长期 GA 处理下花生种子 ABA 和 GA 途径相关差异表达基因
Table 1 Differentially expressed genes related to ABA and GA pathways in peanut seeds treated with GA during the water absorption and swelling stage and the radicle extension stage

时期 Period	基因 ID Gene ID	注释 Note	基因 Gene	表达量变化 Expression level
吸水膨大期	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.2861FR	Gibberellin 20 oxidase 1	arahy.2861FR	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.V95IY3	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8 isoform X1	arahy.V95IY3	下调
	Arachis_hypogaea_newGene_2945	abscisic acid and environmental stress-inducible protein isoform X1	New Gene	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.4FY7U3	abscisic stress-ripening protein 2	arahy.4FY7U3	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.LXP1WJ	abscisic acid 8'-hydroxylase 3	arahy.LXP1WJ	上调
胚根伸长期	Arachis_hypogaea_newGene_12604	abscisic acid and environmental stress-inducible protein	New Gene	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.0F111G/ arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.VQ5KVR	abscisic acid receptor PYL4	arahy.0F111G/ararahy.VQ5KVR	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.3475Q7	abscisic acid 8'-hydroxylase CYP707A2	arahy.3475Q7	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.49VWUD/ arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.6NN0YE	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 7	arahy.49VWUD/ararahy.6NN0YE	上调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.772I7G	Abscisic acid receptor PYL9	arahy.772I7G	上调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.7V58Y4	abscisic acid 8'-hydroxylase 2 isoform X1	arahy.7V58Y4	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.EJT0HD	abscisic acid receptor PYR1-like isoform X1	arahy.EJT0HD	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.VS0QUM	abscisic acid receptor PYR1-like isoform X2	arahy.VS0QUM	上调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.IIHQCQ	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 2 isoform X1	arahy.IIHQCQ	上调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.99WGGU/ arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.J64Z1K	gibberellin receptor GID1B	arahy.99WGGU/ararahy.J64Z1K	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.985SC4/ arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.VR90R2	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8	arahy.985SC4/ararahy.VR90R2	下调
	arahy.Tifrunner.gnm1.ann1.FITUFL	gibberellin-regulated protein 4	arahy.FITUFL	上调

(*arahy.IIHQCQ*)的上调表达。由此表明,GA 处理使种子萌发过程中 GA 含量升高,ABA 含量降低,降低了种子 ABA/GA 值,促使花生种子打破休眠从而萌发。

3 讨论与结论

转录组分析技术是筛选植物体内代谢、响应环境变化等关键基因和途径的重要手段之一。对

不同处理的差异基因进行聚类分析,吸水膨大期和胚根伸长期两组差异明显,表明花生种子内基因表达对种子萌发时期具有稳定和独特的反应。GA 处理低温胁迫下吸水膨大期和胚根伸长期的差异表达基因分别为 556 个和 10 821 个,说明 GA 处理下使胚根伸长期的种子活力相关基因表达更丰富,促进了种子的萌发,与徐扬等^[21]GA 对种子萌发过程中差异代谢物的响应相一致。

种子的休眠与萌发受多种激素共同作用,其中 ABA 和 GA 是关键的两内源激素,发挥着决定性的作用。Hao 等^[22]对藜麦种子萌发过程中的植物激素信号转导途径分析发现,参与 GA 生物合成途径的基因如 *CqGA200X* 和 *CqGA30X* 以及 GA 受体基因 *CqGID1* 的转录水平在胚根伸长阶段显著上调表达。王菲菲等^[23]的花生萌发试验的转录组测序表明,花生休眠解除过程中,植物激素合成、代谢和信号转导相关基因差异表达显著,其中 GA 合成直接相关基因脱落酸 8'-羟化酶基因(*CYP707A2*)、赤霉素 20 氧化酶基因(*GA20ox*)、赤霉素 2 β 双加氧酶基因(*GA2ox*)上调表达,说明 GA 在促进种子萌发方面具有重要作用。张俊杰等^[24]研究表明,金丝李种子萌发过程中 GA 和 ABA 代谢相关的 *GA2ox1*、*GA2ox3*、*GID1* 等基因显著下调表达,而 *CYP707A2*、*GA20ox1* 和 *GA3ox2* 显著上调表达。本研究结果表明,GA 处理抑制了种子吸水膨大期赤霉素代谢关键酶基因 *AhGA2ox8* 的表达,提高了 ABA 降解途径 *CYP707A3* 基因的表达;胚根伸长阶段诱导赤霉素受体基因 *AhGID1* 的下调表达,促进了脱落酸不敏感蛋白 5 *AhABI5* 的上调表达。说明 GA 处理使种子萌发过程中 GA 含量升高,ABA 含量降低,降低了种子 ABA/GA 比值,促进了花生种子打破休眠从而萌发,与前人研究结果相一致^[22-24]。

转录因子与特定的 DNA 结合,调控基因表达,从多层面调控植物种子萌发。已有研究表明,AUX/IAA、bHLH 和 WRKY 等转录因子家族成员在普通野生稻种子萌发中起到了主要作用^[25]。闫宗圣等^[26]研究表明,*MYB*、*WRKY*、*AP2/ERF-ERF*、*bHLH* 等转录因子在白鲜种子的萌发过程中被鉴定,并调控了部分与逆境相关基因的表达。拟南芥中 WRKY 家族转录因子能够调节 ABA 和 GA 代谢途径相关基因的表达,从而调控其种子体内 ABA 和 GA 水平^[27]。本研究结果表明,*MYB*、*bHLH* 和 *AP2/ERF-ERF* 类转录因子经 GA 处理后,在种子吸水阶段和胚根伸长阶段均上调表达较多,是促进花生种子萌发的主要转录因子,与水稻、白鲜种子的萌发有相似结论^[25-26]。低温胁迫下 GA 处理,相对种子吸水膨大期,胚根伸长期种子中 WRKY 家族转录因子数目增多,可能与拟南芥中具有相似调控作用^[27],调节 GA 和 ABA 相关基因的表达,从而促进低温胁迫下花生种子的萌发。

本研究分析了 GA 对低温胁迫下花生种子萌

发特性的影响,GA 处理分别提高了吸水膨大期和胚根伸长期的发芽率。转录组分析表明,胚根伸长期差异表达基因数大于吸水膨大期,两个时期有 253 个基因共表达。相关分析表明,*MYB*、*bHLH* 和 *AP2/ERF-ERF* 类转录因子是促进花生种子萌发的主要转录因子。外源 GA 处理花生种子时,使 ABA 和 GA 合成代谢及信号转导相关基因显著差异表达,提高了花生种子体内 GA/ABA 比值,促进了花生种子打破休眠从而萌发。

参考文献:

- [1] 殷登科,刘飞宇,王艳平,等.低温对花生种子萌发与品质影响的研究进展[J].东北农业科学,2024,49(1):65-69.
YIN D K, LIU F Y, WANG Y P, et al. Research progress on the effects of low temperature on peanut seed germination and quality[J]. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2024, 49(1): 65-69. (in Chinese)
- [2] 陈小姝,赵跃,蒋春姬,等.花生品种幼苗耐低温鉴定的生理生化指标筛选[J].中国油料作物学报,2020,42(4):649-657.
CHEN X S, ZHAO Y, JIANG C J, et al. Screening of physiological and biochemical indicators for low-temperature tolerance identification of peanut variety seedlings[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2020, 42(4): 649-657. (in Chinese)
- [3] ZHANG H, DONG J, ZHAO X, et al. Research progress in membrane lipid metabolism and molecular mechanism in peanut cold tolerance[J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 838.
- [4] 王艺喆,苏良辰.花生种子在低温胁迫下的萌发抑制生理研究[J].种子,2023,42(2):28-33.
WANG Y Z, SU L C. Physiological study on germination inhibition of peanut seeds under low temperature stress[J]. Seed, 2023, 42(2): 28-33. (in Chinese)
- [5] 刘瑞,周贵兰,洪越,等.低温对小麦种子萌发不同阶段生理特性的影响[J].北京农学院学报,2024,39(3):32-38.
LIU R, ZHOU G L, HONG Y, et al. The influence of low temperature on the physiological characteristics of wheat seeds at different germination stages[J]. Journal of Beijing University of Agriculture, 2024, 39(3): 32-38. (in Chinese)
- [6] 徐婷,王俊强,韩业辉,等.低温冷害对不同玉米种子萌发及 α -淀粉酶活性的影响[J].黑龙江农业科学,2023(10):1-6.
XU T, WANG J Q, HAN Y H, et al. The influence of low-temperature cold damage on the germination of different corn seeds and the activity of α -amylase[J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2023, (10): 1-6. (in Chinese)
- [7] LIU X, HOU X. Antagonistic regulation of ABA and GA in metabolism and signaling pathways[J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9: 251
- [8] 唐双,于安民,刘爱忠.脱落酸和赤霉素相互作用调控种子休眠或萌发的分子机理[J].分子植物育种,2022,20(20):6893-6900.
TANG S, YU A M, LIU A Z. The molecular mechanism by

- which abscisic acid and gibberellin interact to regulate seed dormancy or germination[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2022, 20(20): 6893–6900. (in Chinese)
- [9] WARD J M, SMITH A M, SHAH P K, et al. A new role for the Arabidopsis AP2 transcription factor, LEAFY PETIOLE, in gibberellin-induced germination is revealed by the misexpression of a homologous gene, SOB2/DRN-LIKE[J]. *Plant Cell*, 2006, 18(1): 29–39.
- [10] 胡海军, 蒙耀, 吴亚男, 等. 赤霉素对玉米种子萌发及生理指标的影响[J]. *粮食与油脂*, 2022, 35(9): 47–50.
HU H J, MENG Y, WU Y N, et al. The influence of gibberellin on the germination and physiological indicators of corn seeds[J]. *Cereals & Oils*, 2022, 35(9): 47–50. (in Chinese)
- [11] 郑艳冰, 党兰, 丛永柱, 等. 吡啶乙酸与赤霉素对玉米种子萌发和幼苗生长的影响[J]. *安徽农业科学*, 2014, 42(13): 3836–3838.
ZHENG Y B, DANG L, CONG Y Z, et al. The effects of indoleacetic acid and gibberellin on the germination of corn seeds and the growth of seedlings[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2014, 42(13): 3836–3838. (in Chinese)
- [12] 孟春芬, 严俊, 曾涛, 等. 赤霉素对秋葵种子发芽的影响[J]. *种子*, 2012, 31(11): 100–102.
MENG C F, YAN J, ZENG T, et al. The effect of gibberellin on the germination of okra seeds[J]. *Seed*, 2012, 31(11): 100–102. (in Chinese)
- [13] 陈凡, 丰扬, 王仕玉, 等. 外源ABA对藜麦种子萌发及ABA相关基因表达的影响[J]. *西北植物学报*, 2023, 43(2): 295–304.
CHEN F, FENG Y, WANG S Y, et al. The influence of exogenous ABA on the germination of quinoa seeds and the expression of ABA-related genes[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2023, 43(2): 295–304. (in Chinese)
- [14] XIE K, BAI J, YANG Y Y, et al. The RNA-seq transcriptome analysis identified genes related to rice seed dormancy[J]. *Biologia Plantarum*, 2019, 63(1): 308–313.
- [15] LI X, QIAO H, WANG Z, et al. A Comparative transcriptome analysis reveals new insights into pre-harvest sprouting (PHS) in wheat[J]. *Research Square*, 2021: 244262594.
- [16] ZHANG J, QIAN J Y, BIAN Y H, et al. Transcriptome and metabolite conjoint analysis reveals the seed dormancy release process in Callery Pear[J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(4): 2186.
- [17] XU P, TANG G, CUI W, et al. Transcriptional differences in peanut (*Arachis hypogaea* L.) seeds at the freshly harvested, after-ripening and newly germinated seed stages: insights into the regulatory networks of seed dormancy release and germination[J]. *PLoS One*, 2020, 15(1): e0219413.
- [18] 陈小妹, 刘海龙, 王绍伦, 等. 花生发芽至苗期耐低温性的鉴定及评价[J]. *东北农业科学*, 2019, 44(1): 12–17.
CHEN X S, LIU H L, WANG S L, et al. Appraisal and evaluation of low-temperature tolerance of peanuts from germination to seedling stage[J]. *Journal of Northeast Agricultural Sciences*, 2019, 44(1): 12–17. (in Chinese)
- [19] 杨翔宇, 张语桐, 宁洽, 等. 不同贮藏温度对吉林省花生种子萌发影响研究[J]. *东北农业科学*, 2023, 48(6): 47–53.
YANG X Y, ZHANG Y T, NING Q, et al. Research on the effects of different storage temperatures on peanut seed germination in Jilin Province[J]. *Journal of Northeast Agricultural Sciences*, 2023, 48(6): 47–53. (in Chinese)
- [20] 宋兆锋, 陈小妹, 李美君, 等. 低温胁迫下赤霉素对花生萌发特性的影响及转录组分析[J]. *花生学报*, 2023, 52(3): 8–19.
SONG Z F, CHEN X S, LI M J, et al. The effect of gibberellin on the germination characteristics of peanuts under low temperature stress and transcriptome analysis[J]. *Journal of Peanut Science*, 2023, 52(3): 8–19. (in Chinese)
- [21] 徐扬, 丁红, 张冠初, 等. 盐胁迫下花生种子萌发期代谢组学分析[J]. *生物技术通报*, 2023, 39(1): 199–213.
XU Y, DING H, ZHANG G C, et al. Metabolomics analysis of peanut seed germination period under salt stress[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2023, 39(1): 199–213. (in Chinese)
- [22] HAO Y, HONG Y, GUO H, et al. Transcriptomic and metabolomic landscape of quinoa during seed germination[J]. *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1): 1–13.
- [23] 王菲菲, 张胜忠, 胡晓辉, 等. 比较转录组分析花生种子休眠调控网络[J]. *作物学报*, 2023, 49(9): 2446–2461.
WANG F F, ZHANG S Z, HU X H, et al. Comparative transcriptome analysis of the dormancy regulatory network of peanut seeds[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2023, 49(9): 2446–2461. (in Chinese)
- [24] 张俊杰, 张灵芝, 夏科, 等. 珍稀濒危植物金丝李种子休眠解除的转录组分析[J]. *林业科学研究*, 2021, 34(1): 35–46.
ZHANG J J, ZHANG L Y, XIA K, et al. Transcriptome analysis of the release of dormancy from the seeds of the rare and endangered plant, *Prunus tomentosa*[J]. *Forest Research*, 2021, 34(1): 35–46. (in Chinese)
- [25] 杨靖祎, 周雯, 宋志平. 普通野生稻种子萌发的转录组动态研究[J]. *复旦学报(自然科学版)*, 2023, 62(3): 381–391.
YANG J Y, ZHOU W, SONG Z P. Transcriptome dynamics research on seed germination of common wild rice[J]. *Journal of Fudan University(Natural Science)*, 2023, 62(3): 381–391. (in Chinese)
- [26] 闫宗圣, 王乾, 王蕾, 等. 白鲜种子休眠解除过程中的转录组分析[J]. *种子*, 2022, 41(12): 35–40.
YAN Z S, WANG Q, WANG L, et al. Transcriptome analysis of the process of releasing the dormancy of White plant seeds[J]. *Seed*, 2022, 41(12): 35–40. (in Chinese)
- [27] ZHI Q L, LU Y, ZHEN W, et al. Cooperation of three WRKY-domain transcription factors WRKY18, WRKY40, and WRKY60 in repressing two ABA-responsive genes ABI4 and ABI5 in Arabidopsis[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2012, 63(18): 6371–6392.

(责任编辑:范杰英)