

刘雪梅, 王悦, 李玮琦, 等. 辣椒 miR169 及其靶基因的生物信息学分析[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(6): 1510-1515.  
doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2021.06.020

## 辣椒 miR169 及其靶基因的生物信息学分析

刘雪梅, 王悦, 李玮琦, 魏继承, 任如意, 郝爱平

(牡丹江师范学院生命科学与技术学院, 黑龙江 牡丹江 157011)

**摘要:** 为了解 miR169 基因家族在辣椒生长发育过程的重要调控作用, 通过生物信息学的方法对 can-miR169 基因家族的成员进行了染色体定位、序列保守性分析、系统发育进化树分析、前体序列二级结构预测和靶基因预测。结果表明: can-miR169 家族成员定位在 4 条染色体上; 成熟序列高度保守, 前体序列在产生成熟序列的位置高度保守; 预测结果显示 can-miR169 家族成员均有靶基因, 这些靶基因主要以靶基因核因子 A(NF-YA) 复合物为主, 且大体相同。这些靶基因可以参与到种子萌发、植株发育和对外界环境胁迫的应答等多种生命活动中。

**关键词:** miR169; 辣椒; 生物信息学; NF-YA

**中图分类号:** S641.3

**文献标识码:** A

**文章编号:** 1000-4440(2021)06-1510-06

## Bioinformatics analysis of miR169 and its target genes in pepper

LIU Xue-mei, WANG Yue, LI Wei-qi, WEI Ji-cheng, REN Ru-yi, HAO Ai-ping

(College of Life Sciences and Technology, Mudanjiang Normal College, Mudanjiang 157011, China)

**Abstract:** In order to understand the important regulatory role of miR169 gene family in the growth and development of pepper, the members of can-miR169 gene family were analyzed by bioinformatics, including chromosome mapping, sequence conservation analysis, phylogenetic tree analysis, precursor sequence secondary structure prediction and target gene prediction. The results showed that the members of can-miR169 family were located on four chromosomes, the mature sequence was highly conserved. The precursor sequence was highly conserved in the position where the mature sequence was produced. The forecasting results indicated that all members of can-miR169 family had target genes, which were mainly composed of nuclear factor Y (NF-YA) complexes and were roughly the same. These target genes can be involved in a variety of life activities such as seed germination, plant development and response to external environmental stress.

**Key words:** miR169; pepper; bioinformatics; NF-YA

MicroRNA(miRNA)是真核生物体内生的, 长度大致为20~24个核苷酸<sup>[1]</sup>, 具有一定的保守性、时序性和结构特异性的非编码小分子RNA。miRNA调控植物的生长发育、信号转导和对外界环境

非生物胁迫的响应等生命活动<sup>[2]</sup>。一个miRNA可能具有一个或多个靶基因, 且miRNA一般都是通过对靶基因的切割和翻译抑制<sup>[3]</sup>对靶基因进行调控。

从目前的研究结果来看, miRNA家族庞大且调控方式复杂, 其中, miR169是植物miRNA中几个最大的miRNA家族之一, 仅水稻miR169家族就登记了十几个家族成员, 且成员间具有大体相同的成熟序列和靶基因。近年, 越来越多的科研人员研究了miR169对植物的逆境调控作用。Li等<sup>[4]</sup>发现miR169可在水稻抗稻瘟病中起负调节作用。陈禹

收稿日期: 2021-04-20

基金项目: 牡丹江师范学院科研项目(YB2020005); 黑龙江省省属高等学校基本科研业务费科研项目(1353MSYYB011)

作者简介: 刘雪梅(1996-)女, 贵州黔东南人, 硕士, 研究方向为分子生物学与生物化学。(E-mail)lxm12252021@163.com

通讯作者: 郝爱平, (E-mail)swxhap@126.com

彤等<sup>[5]</sup>发现 miR169o 可以参与干旱胁迫的应答。舒李露等<sup>[6]</sup>发现当 miR169 过表达时能够促进山核桃植株提前开花。阮先乐等<sup>[7]</sup>发现油菜 miR169 可以参与到非生物胁迫的应答中。而董云等<sup>[8]</sup>进一步研究发现油菜 miR169d 也可以通过对靶基因的调控实现早花。方辉等<sup>[9]</sup>发现葡萄 miR169 是重要的生长发育和逆境胁迫的调控元件。Sorin 等<sup>[10]</sup>发现拟南芥 miR169 通过调节靶基因核因子 A (NF-YA) 来直接或间接地参与到植物对环境信号的应答中。Serivichyaswat 等<sup>[11]</sup>发现拟南芥 miR169 可以对外界温度的影响进行负调控。Hanemian 等<sup>[12]</sup>发现在拟南芥抗青枯病突变体中 miR169 表现为负调控, miR169 的过表达则使突变株失去抗性。Yu 等<sup>[13]</sup>发现在大豆中 gma-miR169c 通过抑制其靶基因 NF-YA 复合物的表达来对大豆干旱胁迫的应答起负调控作用, 是一种应对干旱胁迫的候选 miRNA。Zhang 等<sup>[14]</sup>发现在番茄中 sly-miR169c 的过表达增强了番茄的耐旱性。

在以往的研究中, NF-YA 转录因子在不同植物中的作用也被一点点地挖掘出来。Marcoantonio 等<sup>[15]</sup>研究发现 NF-YA 过表达可以延缓某种因胁迫造成的植物衰老。NF-YA 可以抑制一些包括早期 ABA 介导的基因表达, 还可以通过降低植物的生长速率来实现对非生物胁迫的调控, 而且一般含有 NF-YA 复合物的植物对外界环境胁迫所诱导的植物衰老具有一定的耐受性。Ni 等<sup>[16]</sup>发现在大豆中 NF-YA 与抗旱息息相关, NF-YA 可以通过增强大豆对高盐度和外源 ABA 的敏感性来发挥自己在正调控植物抗旱性的重要作用。

辣椒在中国是一种十分重要的蔬菜作物, 能够带来很大的经济效益, 但是产量易受环境因素的影响<sup>[17-19]</sup>。环境胁迫已成为制约农业发展的主要限制因子, 发掘利用植物自身的抗逆境能力, 选育优良品种已成为重要课题<sup>[20]</sup>。辣椒 miR169 (can-miR169) 家族之中成员较多且在辣椒的生长过程中可能具有复杂的调控关系, 但具体的作用机理以及调控机制尚未知道。本研究将利用 Phytozome 等数据库以及多种在线软件对 can-miR169 基因家族的序列分布、染色体定位特征、二级结构、发育进化树以及靶基因的调控机理进行一定的生物信息学分析, 以期明确 can-miR169 在辣椒生长过程中的调控作用, 为辣椒抗逆性研究以及优秀品种选育等提供

参考数据。

## 1 材料与方法

### 1.1 数据来源

在 miRNA 数据库 PmiREN (<http://www.pmiren.com/>) 中直接搜索 can-miR169 数据, 并通过下载的方式获得 can-miR169 家族的全部 15 名成员的成熟序列。

### 1.2 染色体定位

将 can-miR169 家族全部成员的前体序列以 FASTA 格式提交至数据库 PEPPER GENOME (<http://peppergenome.snu.ac.kr/>) 中通过在线比对的方式获得染色体定位信息, 其中参数设置均为默认值。

### 1.3 前体序列二级结构预测

将 can-miR169 的前体序列以 FASTA 格式提交至 RNAfoldWebServer (<http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/RNAfold.cgi>) 中, 预测 can-miR169 基因家族的全部成员的前体二级结构, 其中参数均为默认。

### 1.4 序列比对分析与系统发育进化树分析

利用 Multiple Sequence Alignment (<https://www.genome.jp/tools-bin/clustalw>) 和 ESPrpt3.X (<http://esprpt.ibcp.fr/ESPrpt/cgi-bin/ESPrpt.cgi>) 对 can-miR169 的成熟序列进行多序列比对, 结果利用 WebLogo (<http://weblogo.berkeley.edu/logo.cgi>) 绘制序列保守性图片。Logo 图可以显示出序列中每个位置上碱基出现的频率以及序列保守程度。其中参数均为默认值。利用 MEGA X 通过邻近法 (Neighbor-Joining method) 绘制 can-miR169 基因家族的系统发育进化树, 其中 Bootstrap 设置为 1 000 次, 其余参数均为默认值。

### 1.5 靶基因预测

利用 PmiREN (<http://www.pmiren.com/>) 和 WMD3 (<http://wmd3.weigelworld.org/cgi>) 的在线预测获得 can-miR169 家族成员的靶基因预测信息, 结果再通过利用 NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 的 Nucleotide 数据库以及 BLAST 的在线比对进行靶基因的功能注释。

## 2 结果与分析

### 2.1 can-miR169 家族成熟序列分析及其基因定位结果

利用 PmiREN 数据库搜索到 15 个 can-miR169

基因家族成员(表 1),结果显示除 can-miR169c 和 can-miR169g 的长度为 22 个碱基外其余 13 个成员的长度均为 21 个碱基。利用数据库 PEPPER GENOME 对全部 15 个成员进行定位,结果显示 15 个基因序列分布在 4 条染色体上,分别为染色体 2、染色体 4、染色体 7、染色体 8。其中有 8 个成员位于染色体 7 上,分别为 can-miR169a、can-miR169b、can-

miR169e、can-miR169f、can-miR169g、can-miR169j、can-miR169k、can-miR169l,有 5 个成员位于染色体 8 上,分别为 can-miR169d、can-miR169h、can-miR169m、can-miR169n、can-miR169o,其余 2 个成员中 can-miR169c 位于染色体 2 上,can-miR169i 位于染色体 4 上。

表 1 can-miR169 家族成熟序列及其基因定位结果

Table 1 The mature sequences and gene localization results of can-miR169 family

miRNA	miRNA 成熟序列(5'→3')	基因定位
can-miR169a	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 7:16539417-16539504
can-miR169b	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 7:17068233-17068320
can-miR169c	CAGCCAAGGATGACTTGCCGGC	染色体 2:166844506-166844625
can-miR169d	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTA	染色体 8 :111451386-111451477
can-miR169e	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTA	染色体 7 :18202672-18202766
can-miR169f	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTA	染色体 7:16443711-16443803
can-miR169g	AGTAGCCAAGGATGACTTGCCCT	染色体 7:16395710-16395805
can-miR169h	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTT	染色体 8:111540844-111540948
can-miR169i	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 4:19701329-19701433
can-miR169j	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 7:16282649-16282740
can-miR169k	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 7 :17068658-17068749
can-miR169l	TAGCCAAGGATGACTTGCCCTG	染色体 7 :16282433-16282516
can-miR169m	TTAGCCAAGGATGACTTGCCCT	染色体 8 :112337771-112337862
can-miR169n	TTAGCCAAGGATGACTTGCCCT	染色体 8 :112401507-112401603
can-miR169o	TTAGCCAAGGATGACTTGCCCT	染色体 8:86421952-86422052

## 2.2 can-miR169 家族成员成熟序列的保守性分析

利用 Multiple Sequence Alignment 和 ESPrpt 3.X 对 can-miR169 家族成员成熟序列及前体序列进行保守性分析(图 1),并利用 WebLogo 对结果绘制了更为直观的序列保守性对比图(图 2)。由图 1 和图 2 可以看出 can-miR169 家族成熟序列中 18 个碱基完全保守,另有 2 个碱基高度保守,其余碱基保守性较低甚至不保守,而且 can-miR169a、can-miR169b、can-miR169i、can-miR169j、can-miR169k、can-miR169l、can-miR169m、can-miR169n、can-miR169o 和 can-miR169d、can-miR169e、can-miR169f 成熟序列碱基完全相同。前体序列高度保守区域几乎与成熟序列完全重合,而前体序列其余位置保守性差应可能是其处于不同发育阶段不同的植物组织中造成的。

## 2.3 can-miR169 基因家族前体序列二级结构预测

利用在线软件 RNAfoldWebServer 对 can-miR169 基因家族前体序列进行二级结构预测。结

	1	10	20
Can-miR169k	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169l	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169i	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169j	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169b	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169a	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TG •
Can-miR169c	• • C	AGCCAAGGATGACTTGCC	GGC
Can-miR169m	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	• •
Can-miR169n	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	• •
Can-miR169o	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	• •
Can-miR169g	AGT	AGCCAAGGATGACTTGCC	• •
Can-miR169h	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TT •
Can-miR169d	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TA •
Can-miR169e	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TA •
Can-miR169f	• • T	AGCCAAGGATGACTTGCC	TA •

图 1 can-miR169 家族成熟序列比对结果

Fig.1 Comparison of mature sequences of can-miR169 family

果显示 can-miR169 基因家族成员均能形成稳定的茎环架构。在这些家族成员中,其结构特点与 Luan 等<sup>[21]</sup>研究结果相同,can-miR169 二级茎环结构高度可变,高度保守结构均位于茎区,其他区域在大小和茎环结构差异很大。挑选出几个较为典型的二级结构预测图 (can-miR169a、can-miR169g、can-

miR169k、can-miR169n 二级结构预测图)作为展示 (图3)。



图2 can-miR169 成熟序列的保守性分析

Fig.2 Conservative analysis of the mature sequence of can-miR169

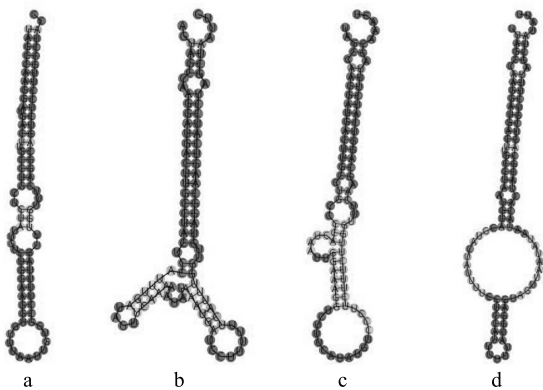


图3 can-miR169a (a)、can-miR169g (b)、can-miR169k (c)、can-miR169n (d) 前体序列的二级结构预测图

Fig.3 Secondary structure prediction diagram of can-miR169a (a), can-miR169g (b), can-miR169k (c), can-miR169n (d) precursor sequence

## 2.4 can-miR169 家族前体序列的系统发育进化树分析

利用 MEGA X 对 can-miR169 基因家族的前体序列进行比对分析并绘制系统发育进化树。结果显示,前体序列进化树(图4)显示,can-miR169 15 个成员除 can-miR169o、can-miR169c 外,共分为 3 个分支: can-miR169d、can-miR169h、can-miR169m、can-miR169n (分支 I), can-miR169a、can-miR169b、can-miR169l、can-miR169i (第 II 分支), can-miR169e、can-miR169g、can-miR169f、can-miR169j、can-miR169k (分支 III)。从进化树上,can-miR169o、can-miR169c 应比其他成员产生早,两者序列差异也较其他序列大。与此同时参考了 miRNA 数据库 PmiREN 中成熟序列表达位置和 RPM 值信息,大部分 can-miR169 成员的主要表达位置为植物的根和茎,只有 can-miR169c 在植物根、茎、叶、花、果实中

极少量表达。结合进化树,可解释 can-miR169c 成熟序列与其他成熟序列差异最大。因此推测 can-miR169 基因在其进化过程中发生了较多碱基突变、替换等现象,或者其进化过程更为复杂,这与蒋梦琦等<sup>[22]</sup>关于 miR156 家族的序列分析结果类似,即不同成员由于不同时间不同速度进化或所处于植物体不同的组织中从而导致前体序列差异较大,同时也证明了其在进化过程中功能区的保守性。

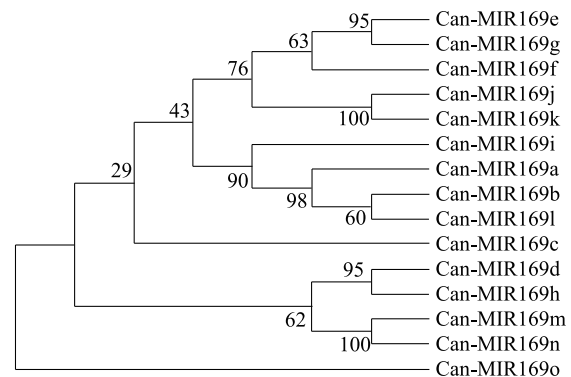


图4 can-miR169 前体序列系统发育进化树

Fig.4 Phylogenetic tree of precursor sequence of can-miR169

## 2.5 can-miR169 家族靶基因预测

利用数据库 PmiREN 和在线软件 WMD3 的初步预测以及 NCBI 的 BLAST 在线比对,获得了一个较为准确的 can-miR169 靶基因预测结果(表2)。结果显示,除 can-miR169g 外,其余成员均具有多个靶基因且大多数都为 NF-YA 转录因子基因,说明 NF-YA 转录因子基因是 can-miR169 家族的重要靶基因。这些靶基因编码产物中包含了多种转录因子和多种蛋白质,说明 miR169 参与调控了辣椒的多种生命活动,参与了辣椒的多种代谢活动。这为以后 can-miR169-NF-YA 非生物胁迫代谢途径研究提供了理论基础。



表 2 can-miR169 家族靶基因预测结果

Table 2 Target gene prediction results of can-miR169 family

miRNA	靶基因	基因功能预测
can-miR169a, can-miR169b, can-miR169d, can-miR169e, can-miR169f, can-miR169i, can-miR169k, can-miR169l	NF-YA1 基因	氮素营养
	NF-YA3 基因	早期胚胎发育、干旱胁迫
	NF-YA4 基因	根系生长、花期调控
	LOC107855437 基因	功能未知
	类 MYB 相关蛋白基因	调节种子萌发和种子发育
can-miR169c, can-miR169h	NF-YA1 基因	氮素营养
	NF-YA4 基因	早期胚胎发育、干旱胁迫
	NF-YA1 基因	根系生长、花期调控
	NF-YA3 基因	功能未知
	NF-YA4 基因	调节种子萌发和种子发育
	LOC107855437 基因	代谢
	类 MYB 相关蛋白基因	植物损伤应答
	类 $\beta$ -葡萄糖苷酶基因	免疫调节
	水杨酸甲基转移酶基因	功能未知
	类蛋白质结构受体族基因	功能未知
	LOC107866846 基因	功能未知
	五肽重复含蛋白 At3g09650 基因	植物生长、耐盐胁迫
	LOC107871294 基因	DNA 引导、DNA 干扰
	类 GIGANTEA 蛋白基因	
	类 Argonaute 蛋白基因	
can-miR169m, can-miR169n, can-miR169o	类 $\beta$ -葡萄糖苷酶基因	代谢
	水杨酸甲基转移酶基因	植物损伤应答
	类蛋白质结构受体族基因	免疫调节
	LOC107866846 基因	功能未知
	五肽重复含蛋白 At3g09650 基因	功能未知
	LOC107871294 基因	功能未知
	类 GIGANTEA 蛋白基因	植物生长、耐盐胁迫
	类 Argonaute 蛋白基因	DNA 引导、DNA 干扰

### 3 讨论

到目前为止,科研工作者已经从 35 种植物中发现了超 400 个 miR169 基因家族成员<sup>[23-24]</sup>。本研究利用生物信息学方法对 can-miR169 基因家族的成熟序列和前体序列进行了保守性分析、系统发育进化树分析、二级结构预测和靶基因预测,至此我们对 can-miR169 基因家族有了初步的了解。本研究结果显示,can-miR169 基因家族共有 15 个家族成员,且这 15 个家族成员在成熟序列中保守性较高,在前体序列中位于成熟序列产生位置的碱基保守性较高。通过对 can-miR169 基因家族前体序列的系统发育进化树的分析可以看出,前体序列在进化过程

中因处于不同植物组织在不同时间以不同的速率发生碱基突变和缺失从而产生了除茎区外几乎不具保守区的特点。

通过对靶基因的预测不难看出 can-miR169 家族成员除 can-miR169g 外都具有多个靶基因并且这些靶基因大体相同。这不仅表明在辣椒中 miR169 家族参与了多种生命活动的调控,也表明了辣椒中 miR169 家族具有大体相同的调控作用。在 can-miR169 家族众多的靶基因中,大多数为 NF-YA 转录因子基因,这说明 NF-YA 转录因子基因是 can-miR169 家族的主要靶基因。徐妙云等<sup>[25]</sup>发现在玉米中 NF-YA 能提高玉米对外界胁迫的耐受性。NF-YA 通过调控根系来作为对外界干旱、高盐等非生物

胁迫的应答,提高玉米对外界环境胁迫的耐受性。Zhao 等<sup>[26]</sup>发现在水稻中 NF-Y 复合物可以起到一定的抗旱作用,在对水稻 miR169 家族成员进行高盐诱导的研究中发现大量 NF-Y 亚基在干旱条件下受到抑制,说明调控 NF-Y 复合物的某些基因表达被关闭,进而说明 NF-Y 复合物在植物抗旱中发挥重要作用。Li 等<sup>[27]</sup>研究发现 NF-YA5 同样在植物抗旱方面可以起到作用,NF-YA5 可以通过在植物保卫细胞中的表达或者对气孔大小的调控来实现对植物抗旱性的调控,另外这也证明 NF-YA 复合物在植物抗旱性方面的调控作用是必不可少的。辣椒每年受干旱影响造成产量减少的情况频发,通过对 can-miR169 基因家族的生物信息学分析,可以为辣椒抗旱优良品种的选育与性状改良提供思路和理论基础。

#### 参考文献:

- [1] ZHANG B, WANG Q. MicroRNA-based biotechnology for plant improvement[J]. J Cell Physiol, 2015,230(1):1-15.
- [2] SZWEYKOWSKA-KULINSKA Z, JARMOLOWSKI A. Post-transcriptional regulation of microRNA accumulation and function; New insights from plants[J]. Mol Plant, 2018,11(8):1006-1007.
- [3] 李尧尧,常怀成,周海霞,等. 黄瓜 CsamiR156a 及其靶基因 CsSPLs 的生物信息学分析[J].分子植物育种,2021,19(7):2169-2176.
- [4] LI Y, ZHAO S L, LI J L, et al. Osa-miR169 negatively regulates rice immunity against the blast fungus *magnaporthe oryzae* [J]. Front Plant Sci, 2017,8:2.
- [5] 陈禹彤,陈华民,余超,等. 水稻 miR169o 及其靶基因 OsNF-YAs 对缺水胁迫的早期表达模式[J].生物技术通报,2015,31(8):76-81.
- [6] 舒李露,孙志超,张玮,等. 山核桃 miR169 克隆及功能分析[J].核农学报,2017,31(8):1453-1462.
- [7] 阮先乐,王俊生,刘红占,等. 油菜 miR169 基因家族的生物信息学分析及靶基因预测[J].浙江农业学报,2018,30(8):1273-1280.
- [8] 董云,王毅,靳丰蔚,等. 油菜 Bna-miR169 基因的分离与过表达初步分析[J].西北农业学报,2016,25(12):1809-1815.
- [9] 方辉,曲俊杰,孙嘉曼,等. 葡萄 miR169 及其靶基因的生物信息学分析[J].南方农业学报,2017,48(8):1329-1334.
- [10] SORIN C, DECLERCK M, CHRIST A, et al. A miR169 isoform regulates specific NF-YA targets and root architecture in Arabidopsis[J]. New Phytol, 2014,202(4):1197-1211.
- [11] SERIVICHYASWAT P T, SUSILA H, AHN J H. Elongated hypocotyl 5-homolog (HYH) negatively regulates expression of the ambient temperature-responsive microRNA gene MIR169[J]. Front Plant Sci, 2017,8:2087.
- [12] HANEMIAN M, BARLET X, SORIN C, et al. Arabidopsis CLAVATA1 and CLAVATA2 receptors contribute to *Ralstonia solanacearum* pathogenicity through a miR169-dependent pathway[J]. New Phytol, 2016,211(2):502-515.
- [13] YU Y, NI Z, WANG Y, et al. Overexpression of soybean miR169c confers increased drought stress sensitivity in transgenic Arabidopsis thaliana[J]. Plant Sci, 2019,285:68-78.
- [14] ZHANG X, ZOU Z, GONG P, et al. Over-expression of microRNA169 confers enhanced drought tolerance to tomato[J]. Biotechnol Lett, 2011,33(2):403-409.
- [15] MARCOANTONIO L G, ENRIQUE I L, ALFREDO C R, et al. Functional and transcriptome analysis reveals an acclimatization strategy for abiotic stress tolerance mediated by arabidopsis NF-YA family members[J]. PLoS One, 2012,7(10):e48138.
- [16] NI Z, HU Z, JIANG Q, et al. GmNFYA3, a target gene of miR169, is a positive regulator of plant tolerance to drought stress[J]. Plant Mol Biol, 2013,82(1/2):113-129.
- [17] 李小鹏,徐刚,郭世荣,等. 外源生长调节剂控制番茄和辣椒徒长及对产量和品质的影响[J]. 江苏农业科学, 2020, 48(5):126-131.
- [18] 潘宝贵,钱恒彦,戈伟,等.辣椒应答冷信号转导机制研究进展[J].江苏农业学报,2019,35(3):743-748.
- [19] 余小兰,张静,邹雨坤,等.不同施氮量对辣椒氮、磷、钾含量及产量的影响[J].江苏农业科学,2019,47(24):146-149.
- [20] 陈传亮,司素琴,张焕丽,等. 辣椒幼苗对干旱胁迫的生理响应[J].安徽农业科学,2018,46(14):60-61,63.
- [21] LUAN M, XU M, LU Y, et al. Expression of zma-miR169 miRNAs and their target ZmNF-YA genes in response to abiotic stress in maize leaves[J]. Gene, 2015,555(2):178-185.
- [22] 蒋梦琦,苏立遥,黄倏祺,等. 龙眼 miR156 家族及其调控靶标 SPL 的生物信息学和表达模式[J].应用与环境生物学报, 2020,26(3):558-565.
- [23] XING L, ZHU M, ZHANG M, et al. High-throughput sequencing of small RNA transcriptomes in maize kernel identifies miRNAs involved in embryo and endosperm development[J]. Genes (Basel), 2017, 8(12):385.
- [24] 李崇奇,沈文涛,言普,等. 猴面花 microRNA 及靶基因的生物信息学预测[J].贵州农业科学,2015,43(1):8-12.
- [25] 徐妙云,朱佳旭,张敏,等. 植物 miR169/NF-YA 调控模块研究进展[J].遗传,2016,38(8):700-706.
- [26] ZHAO B, GE L, LIANG R, et al. Members of miR-169 family are induced by high salinity and transiently inhibit the NF-YA transcription factor[J]. BMC Mol Biol, 2009,10:29.
- [27] LI W X, OONO Y, ZHU J, et al. The Arabidopsis NFYA5 transcription factor is regulated transcriptionally and posttranscriptionally to promote drought resistance[J]. Plant Cell, 2008,20(8):2238-2251.

(责任编辑:张震林)