

基于柴胡转录组挖掘高温胁迫响应NAC转录因子

牛苏燕^{1*}, 胡欣月², 王延鑫², 刘佳怡³, 张晓申⁴, 左红娟⁴, 王俊杰², 张珍华^{1#}

¹郑州师范学院生物工程研究中心, 河南 郑州

²郑州师范学院生命科学学院, 河南 郑州

³郑州枫杨外国语中学, 河南 郑州

⁴郑州市农业科技研究院, 河南 郑州

收稿日期: 2026年5月12日; 录用日期: 2026年6月9日; 发布日期: 2026年6月23日

摘要

为探究气候变暖背景下柴胡响应高温胁迫的分子机制, 本研究以“郑柴胡3号”为实验材料进行高温胁迫与对照处理, 结合转录组测序筛选高温响应NAC转录因子, 并运用生物信息学方法分析其理化性质、保守基序、系统进化关系及表达模式。结果显示: 共鉴定出22个差异表达的柴胡NAC转录因子家族成员, 其中11个基因表达上调、11个下调; 理化性质分析表明, 22个NAC蛋白相对分子质量介于8681.83~60469.14 Da之间, 等电点平均值为6.67, 22个NAC家族蛋白均属于疏水性蛋白; 二级结构分析显示, 无规则卷曲和 α 螺旋占比较大, 其中无规则卷曲的平均占比为69.90%, α 螺旋的平均占比为13.18%; 保守基序分析显示, Motif 2出现频率最高(18个转录因子均含该基序), Motif 6包含的氨基酸序列最长(49个氨基酸), 22个NAC转录因子可依据基序组合分为5类; 系统进化分析表明, 柴胡NAC蛋白与拟南芥NAC蛋白存在保守进化关系。本研究基于转录组学系统挖掘柴胡响应高温胁迫NAC转录因子, 为鉴定候选的柴胡耐热基因及培育耐高温柴胡新品种提供潜在线索。

关键词

柴胡, 高温胁迫, NAC转录因子, 转录组测序, 生物信息学分析

Transcriptome-Based Identification of Heat-Responsive NAC Transcription Factors in *Bupleurum Chinense*

Suyan Niu^{1*}, Xinyue Hu², Yanxin Wang², Jiayi Liu³, Xiaoshen Zhang⁴, Hongjuan Zuo⁴, Junjie Wang², Zhenhua Zhang^{1#}

*第一作者。

#通讯作者。

文章引用: 牛苏燕, 胡欣月, 王延鑫, 刘佳怡, 张晓申, 左红娟, 王俊杰, 张珍华. 基于柴胡转录组挖掘高温胁迫响应NAC转录因子[J]. 生物过程, 2026, 16(2): 71-80. DOI: 10.12677/bp.2026.162009

¹Bioengineering Research Center, Zhengzhou Normal University, Zhengzhou Henan

²School of Life Sciences, Zhengzhou Normal University, Zhengzhou Henan

³Zhengzhou Foreign Language School, Zhengzhou Henan

⁴Zhengzhou Institute of Agricultural Science and Technology, Zhengzhou Henan

Received: May 12, 2026; accepted: June 9, 2026; published: June 23, 2026

Abstract

To investigate the molecular mechanism of *Bupleurum chinense* responding to high-temperature stress under the background of global warming, the variety “Zheng chaihu 3” was as the experimental material for high-temperature stress and control treatments in this study. Based on transcriptome sequencing data, we screened high-temperature responsive NAC transcription factors, and analyzed their physicochemical properties, conserved motifs, phylogenetic relationships and expression patterns by using bioinformatics methods. The results showed that 22 differentially expressed NAC transcription factor family members in *Bupleurum chinense* were identified, of which 11 genes were up-regulated and 11 were down-regulated. Physicochemical property analysis indicated that the relative molecular weight of the 22 NAC proteins ranged from 8681.83 Da to 60469.14 Da, with an average isoelectric point of 6.67, and all 22 NAC family proteins were hydrophobic proteins. Secondary structure analysis revealed that random coil and α -helix accounted for a relatively large proportion, among which the average proportion of random coil was 69.90% and that of α -helix was 13.18%. Conserved motif analysis showed that Motif 2 had the highest frequency (present in 18 transcription factors), and Motif 6 had the longest amino acid sequence (49 amino acids). The 22 NAC transcription factors could be divided into five categories according to motif combinations. Phylogenetic analysis indicated that there was a conserved evolutionary relationship between *Bupleurum chinense* NAC proteins and *Arabidopsis thaliana* NAC proteins. This study systematically identified high-temperature responsive NAC transcription factors in *Bupleurum chinense* based on transcriptome data, providing potential clues for the identification of candidate heat-tolerance genes and breeding of new heat-tolerant *Bupleurum chinense* varieties.

Keywords

Bupleurum chinense, High-Temperature Stress, NAC Transcription Factor, Transcriptome Sequencing, Bioinformatics Analysis

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

柴胡(*Bupleurum chinense* DC.)为伞形科植物柴胡的干燥根,药性微寒,味道苦、辛,主要归肝、胆、肺经,在临床上有着和解表里、疏肝解郁、升举阳气的药用功效[1]。在全球气候逐渐变暖,同时中药材的市场需求也在不断增加的情况下,高温胁迫已经成为影响柴胡人工栽培产量和品质的一个重要非生物逆境因素。高温环境不只会直接影响到柴胡的正常生长和发育过程,还会对其次生代谢产物的合成与积累过程造成明显干扰,进而使得柴胡中发挥核心药效的柴胡皂苷含量出现明显降低的情况[2]。

NAC 转录因子是植物界里独有的一类转录调控因子,在陆生植物的各类群中都有着非常广泛的分布,是陆地植物基因组中普遍存在的一类重要调控元件[3]。NAC 家族转录因子的主要结构特点是由约

150~160个氨基酸构成的蛋白质N端含有高度保守且特异的NAC结构域,其中N端独特的DNA结合域及C端的转录激活域在植物非生物胁迫应答中发挥重要的调控作用,从而使植物发生一系列生理生化变化,增强植物对非生物胁迫的抗性[3]-[5]。例如,在拟南芥中,AtNAC019、AtNAC055和AtNAC072受热胁迫显著诱导表达,过表达这些基因可增强转基因植株的耐热性,而功能缺失突变体则对热胁迫敏感[6]。在水稻中,OsNAC6受冷、干旱和高盐等非生物胁迫诱导表达,过表达OsNAC6的转基因水稻对脱水和盐胁迫的耐受性显著增强,但对稻瘟病的抗性也有所提高,同时存在生长迟缓和产量下降的副作用[7]。Hu等的研究也发现过量表达水稻SNAC2的转基因植株对冷胁迫、盐胁迫和PEG处理的耐受性提高,对ABA更敏感[8]。在番茄中,SINAC1受高温诱导表达,过表达SINAC1增强了转基因番茄的耐热性,与热激蛋白基因HSP70和HSP90的表达上调相关[9]。此外,有研究表明NAC转录因子不仅参与了植物响应非生物胁迫,也参与了植物的生长发育。例如,在温室条件下,水稻过表达植株ONAC095-OE株高和根长与野生型相比没有显著变化,而表达抑制植株ONAC095-SRDX生长迟缓,株高矮11~15%,根长和千粒重没有显著差异;在干旱和冷胁迫下,ONAC095-OE植株与野生型表现相当,但ONAC095-SRDX植株表现出耐旱性提高,而耐冷性降低[10]。现阶段有关柴胡如何响应高温胁迫的分子机制研究整体还处在初步探索阶段,尤其是从转录调控角度对其耐热性进行系统分析的相关研究还存在明显不足。因此,本研究基于柴胡转录组学数据,研究植物抗逆过程中的NAC转录因子家族,筛选并挖掘出柴胡在应对高温胁迫时的关键调控基因,从分子层面分析柴胡自身的耐热机制,为后续借助分子育种手段培育出耐高温且品质优良的柴胡新品种提供相应的理论依据和可用的基因资源。

2. 材料与方法

2.1. 实验材料与高温胁迫处理

本实验选用的材料是“郑柴胡3号”,将种子种到营养钵,培育成株高在16到20厘米之间的植株,挑选长势一致的柴胡植株12盆分成两组。置于培养箱(Percival LT-36VL,美国)中分别进行高温胁迫处理(白天38℃/黑夜28℃)和对照处理(白天25℃/黑夜20℃),在16h光照和8h黑暗的条件下处理3d后,从2个处理条件下分别取6株柴胡幼苗,立即放入液氮速冻后于-80℃冰箱保存备用。

2.2. 总RNA的提取与转录组文库的构建

采用植物RNA提取试剂(Qiagen, Hilden, Germany)提取柴胡叶片总RNA。质量检测后,构建2个不同的mRNA测序文库(L-D和L-T为柴胡对照组和高温胁迫的叶片测序文库)进行测序。

2.3. NAC转录因子的筛选及生物信息分析

基于柴胡转录组数据筛选出柴胡NAC基因序列,利用ORF Finder在线工具预测每条序列的开放阅读框(ORF),并去除ORF不完整或存在异常的序列,将获得的有效序列通过BLAST同源比对分析,最终鉴定出NAC转录因子。利用在线分析软件ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam/>)对其进行蛋白理化性质(相对分子质量、pI值、平均疏水性等)分析;借助SOPMA在线工具 (https://npsa.lyon.inserm.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=NPSA/npsa_sopma.html)对柴胡NAC蛋白质的二级结构进行预测;利用MEME在线软件对柴胡NAC家族转录因子的保守基序进行分,并用TBtools软件进行可视化处理;利用MEGA 7.0.26软件,将柴胡NAC家族蛋白序列和拟南芥NAC家族蛋白序列比对分析之后用邻接法建立系统进化树;基于柴胡NAC基因在不同文库中的表达量用HemI1.0.3.7软件绘制表达热图,并以 $\log_2(\text{foldchange})$ 大于1或小于-1,且P-value > 0.05为显著性差异表达基因,对获得的NAC转录因子进行差异分析。

3. 结果与分析

3.1. 高温响应 NAC 转录因子的筛选

从柴胡转录组文库中筛选出了 22 个响应高温胁迫的 NAC 转录因子。其基因长度在 633 到 2156 bp 之间, 其中, TRINITY_DN26517_c0_g1 基因长度最长, TRINITY_DN26766_c0_g1 基因长度最短, 氨基酸数目在 74 到 542 个之间(表 1)。

Table 1. Characteristics of NAC transcription factor genes in *B. chinense*

表 1. 柴胡 NAC 转录因子基因的特征

基因 ID	基因长度	氨基酸数目
Gene ID	Gene length/bp	Number of amino acids
TRINITY_DN22287_c0_g2	1132	321
TRINITY_DN23361_c0_g1	1965	277
TRINITY_DN24802_c0_g1	1097	215
TRINITY_DN25283_c1_g1	1070	194
TRINITY_DN25412_c0_g1	1270	137
TRINITY_DN25690_c0_g1	1727	542
TRINITY_DN26222_c1_g2	887	219
TRINITY_DN26418_c0_g2	1467	384
TRINITY_DN26418_c0_g3	1419	336
TRINITY_DN26517_c0_g1	2156	487
TRINITY_DN26517_c0_g2	1057	290
TRINITY_DN26766_c0_g1	633	79
TRINITY_DN27064_c0_g1	1295	271
TRINITY_DN27633_c0_g1	1590	394
TRINITY_DN27809_c0_g2	1500	349
TRINITY_DN29787_c2_g3	655	177
TRINITY_DN30115_c1_g1	1066	348
TRINITY_DN30176_c2_g3	1673	353
TRINITY_DN30463_c2_g3	1026	267
TRINITY_DN30688_c0_g1	748	74
TRINITY_DN31753_c2_g1	982	326
TRINITY_DN33460_c2_g1	782	234

3.2. 柴胡 NAC 蛋白理化性质及二级结构预测

理化性质分析结果表明, 22 个 NAC 家族蛋白的平均相对分子质量为 32403.82 Da, 其中分子质量最大的是 TRINITY_DN30688_c0_g1 编码的蛋白, 分子质量为 8681.83 Da, 而分子质量最小的是 TRINITY_DN25690_c0_g1 编码的蛋白, 其分子质量为 60469.14 Da; 等电点的平均值为 6.67, 最小值的是

TRINITY_DN26517_c0_g1 编码的蛋白, 其等电点为 4.55, 最大值则是 TRINITY_DN25412_c0_g1 编码蛋白为 9.99 (表 2)。22 个 NAC 家族蛋白的平均疏水性值均小于 0, 其中 TRINITY_DN30115_c1_g1 (-0.921) 为最小值, 22 个 NAC 家族蛋白均为属于疏水性蛋白。

二级结构预测结果显示, 22 个 NAC 蛋白都含有 α 螺旋、 β 转角、延伸链和无规则卷曲这四种构型 (表 2): 其中, α 螺旋和无规则卷曲在蛋白结构中所占的平均比值, 分别达到了 13.18% 和 69.90%, 延伸链和 β 转角的平均占比则分别是 14.06% 和 2.86%, 而且在这 22 个 NAC 家族蛋白当中, 每一个蛋白的无规则卷曲占比均为最大。此外, 有 8 个 NAC 蛋白的 α 螺旋比例超过了延伸链的比例, 另外 14 个则表现相反。

Table 2. Physicochemical properties and secondary structure of *B. chinense* NAC family proteins

表 2. 柴胡 NAC 家族蛋白理化性质及二级结构

基因	相对分子质量	PI 值	平均疏水性	α 螺旋	延伸链	β 折叠	无规卷曲
Geneid	Relative molecular mass	PI value	Average hydrophobicity	α -helix/%	Extended chain/%	β -sheet/%	Random coil/%
TRINITY_DN22287_c0_g2	36976.31	6.8	-0.851	9.03%	11.53%	2.49%	76.95%
TRINITY_DN23361_c0_g1	31245.29	5	-0.757	4.69%	10.83%	1.81%	82.67%
TRINITY_DN24802_c0_g1	24597.33	9.76	-0.401	14.88%	17.21%	4.65%	63.26%
TRINITY_DN25283_c1_g1	22842.02	9.3	-0.581	19.59%	18.04%	3.61%	58.76%
TRINITY_DN25412_c0_g1	15067.86	9.99	-0.731	8.03%	17.52%	5.11%	69.34%
TRINITY_DN25690_c0_g1	60469.14	5.1	-0.599	14.02%	11.07%	1.66%	73.25%
TRINITY_DN26222_c1_g2	24972.45	4.75	-0.8	21.92%	17.35%	3.65%	57.08%
TRINITY_DN26418_c0_g2	43975.77	7.01	-0.442	9.64%	11.72%	1.82%	76.82%
TRINITY_DN26418_c0_g3	37828.55	5.62	-0.532	10.12%	10.71%	2.08%	77.08%
TRINITY_DN26517_c0_g1	54189.23	4.55	-0.444	14.37%	6.57%	1.44%	77.62%
TRINITY_DN26517_c0_g2	32684.5	5.3	-0.708	11.38%	12.41%	2.07%	74.14%
TRINITY_DN26766_c0_g1	9395.85	5.1	-0.075	20.25%	13.92%	5.06%	60.76%
TRINITY_DN27064_c0_g1	30695.67	9.72	-0.799	9.96%	12.92%	2.21%	74.91%
TRINITY_DN27633_c0_g1	44112.47	5.04	-0.638	17.51%	10.15%	2.54%	69.80%
TRINITY_DN27809_c0_g2	38852.37	5.08	-0.568	16.91%	10.89%	2.58%	69.63%
TRINITY_DN29787_c2_g3	20250.33	9.78	-0.572	12.99%	20.90%	5.65%	60.45%
TRINITY_DN30115_c1_g1	40443.85	5.55	-0.921	18.68%	11.49%	1.15%	68.68%
TRINITY_DN30176_c2_g3	39997.56	5.96	-0.629	7.93%	11.61%	2.55%	77.90%
TRINITY_DN30463_c2_g3	31527.59	6.6	-0.871	7.87%	14.61%	2.25%	75.28%
TRINITY_DN30688_c0_g1	8681.83	6.75	-0.314	14.86%	25.68%	2.70%	56.76%
TRINITY_DN31753_c2_g1	37464.78	4.82	-0.813	10.74%	11.66%	3.37%	74.23%
TRINITY_DN33460_c2_g1	26613.35	9.21	-0.62	14.53%	20.51%	2.56%	62.39%

3.3. 柴胡转录因子 NAC 保守基序分析

柴胡转录因子 NAC 结构域预测结果表明, 在柴胡的 22 个转录因子中, Motif2 出现的频率最高, 18

个转录因子中都包含 Motif 2, Motif 6 的序列长度最长, 包含了 49 个氨基酸, 这些保守基序的 E 值普遍较低, 表明其统计显著性很高(图 1, 表 3)。通过图 1 可将柴胡 NAC 转录因子整体上分为五类: 第一类有 11 个基因都包含有 Motif 1、Motif 2、Motif 3、Motif 4、Motif 5, 同时有 2 个基因(TRINITY_DN27633_c0_g1、TRINITY_DN31753_c2_g1)含有 Motif 6, 同时有 2 个基因(TRINITY_DN26418_c0_g2、TRINITY_DN26418_c0_g3)含有 Motif 7; 第二类有 5 个基因包含有 Motif 3、Motif 4, 同时有 1 个基因(TRINITY_DN25283_c1_g1)含有 Motif 1、Motif 2, 同时有 1 个基因(TRINITY_DN26222_c1_g2)含有 Motif 2、Motif 5, 同时有 1 个基因(TRINITY_DN27064_c0_g1)含有 Motif 2、Motif 5、Motif 8; 第三类有 2 个基因包含 Motif 1、Motif 2、Motif 5, 同时有 1 个基因(TRINITY_DN30115_c1_g1)含有 Motif 4; 第四类有 3 个基因含有 Motif 2、Motif 5、Motif 8, 同时有 1 个基因(TRINITY_DN26517_c0_g1)含有 Motif 6, 同时有 1 个基因含有 Motif 3(TRINITY_DN27809_c0_g2); 第五类有 1 个基因只含有 Motif 3、Motif 8 的基因共 1 个(TRINITY_DN24802_c0_g1)。

Table 3. Amino acid composition of conserved Motifs in *B. chinense* NAC transcription factors

表 3. 柴胡 NAC 转录因子保守基序氨基酸组成

基序	氨基酸序列	E 值	长度
Motif	Amino acid sequence	E value	Length
Motif 1	GEKEWYFFSPDRKYPNGSRTNRATAAGYWKATGKDKAIYS	1.1e-348	41
Motif 2	NKKLVGMKKTLVFYKGRAPKGZKTBWVMHEYRLE	2.4e-323	34
Motif 3	LPPGFRFHPTDEELILHYLKRKILGKPFSAIPE	3.5e-262	35
Motif 4	VDLYKIEPWDLPGKA	3.1e-077	15
Motif 5	AQDEWVLCRVFKKSEGGQK	1.1e-063	19
Motif 6	YGAPFKEEDWADDECVGFSGFFDQENIVKEADNSCIDNNKAKNLPQGQV	3.4e-012	49
Motif 7	TTRRRLQKFMGGMFSFSVIGIVCAILWVLIGISVKLLGKYI	1.8e-010	41
Motif 8	GYWKATGKDKYI	1.8e-006	12

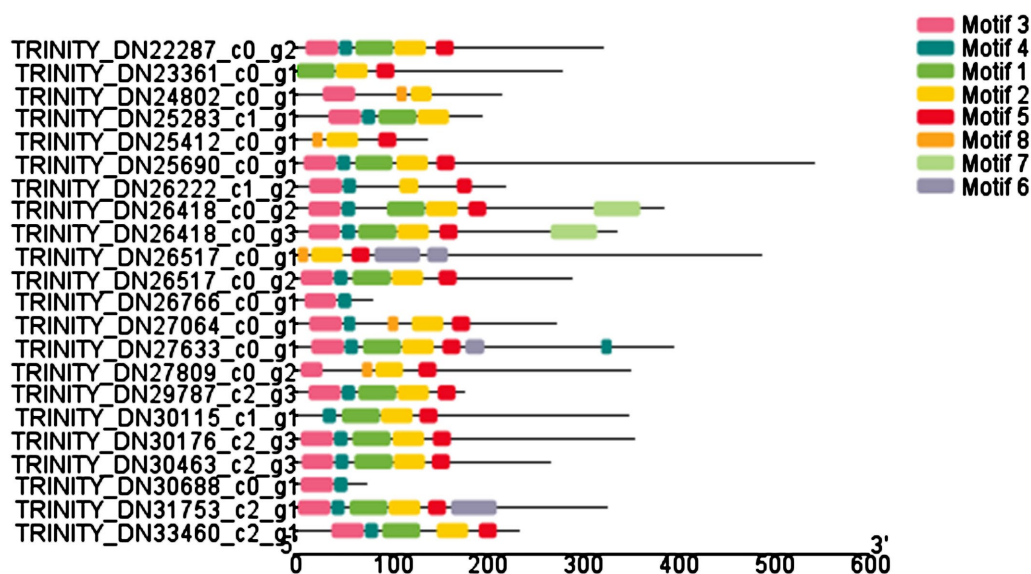


Figure 1. The motif of NAC transcription factor in *B. chinense*

图 1. 柴胡转录因子 NAC 基序

3.4. 系统进化分析结果

为了探究柴胡 NAC 蛋白的进化关系, 采用 MEGA7.0.26 软件, 将柴胡 NAC 家族蛋白和 138 个拟南芥 NAC 家族蛋白比对分析后构建系统树。由图 2 可知, NAC 基因家族具有较高的保守性, 其中 TRINITY_DN26517_c0_g2 和拟南芥 AT1G54330.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN30176_c2_g3 与 AT5G46590.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN27809_c0_g2 和 AT5G04400.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN26517_c0_g1 和 AT1G19040.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN25412_c0_g1 与 AT3G01600.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN27633_c0_g3 和 AT2G46770.1 和 AT1G32770.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN27064_c0_g1 和 AT5G14000.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN29787_c2_g3 与 AT3G15500.1 和 AT1G52890.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN30115_c1_g1 和 AT1G56010.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN33460_c2_g1 和 AT1G28470.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN31753_c2_g1 与 AT3G18400.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN23361_c0_g1 和 AT3G56560.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN22287_c0_g2 与 AT1G33280.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN30463_c2_g3 和 AT1G12260.1 与 AT1G62700.1 的亲缘关系较近, TRINITY_DN25283_c1_g1 和 AT3G44350.1 与 AT3G44350.2 的亲缘关系较近, TRINITY_DN26766_c0_g1 和 AT1G32870.1 与 AT1G32870.2 的亲缘关系较近。

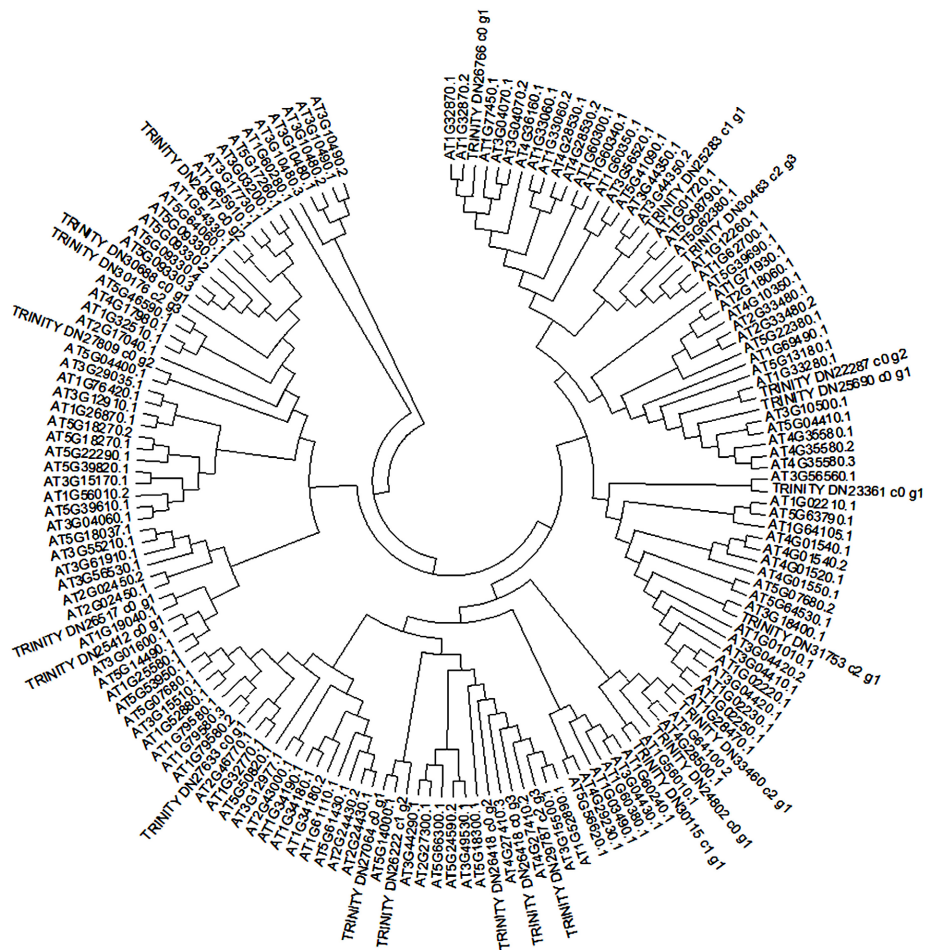


Figure 2. Evolutionary tree of *B. chinense* NAC transcription factor and Arabidopsis NAC transcription factor

图 2. 柴胡转录因子 NAC 蛋白与拟南芥转录因子 NAC 蛋白进化树

3.5. 关键 NAC 转录因子的表达模式分析

基于柴胡转录组数据,共筛选出 22 个差异表达的 NAC 转录因子,绘制了柴胡在高温胁迫下的表达热图(图 3)。结果显示,在高温胁迫后,11 个基因表达上调,11 个下调,其中有 8 个基因差异性表达水平较大,logFC 绝对值 ≥ 3 。在上调表达基因中,4 个基因的表达量上调倍数最大,TRINITY_DN23361_c0_g1 上调了 4.06 倍,TRINITY_DN25690_c0_g1 上调了 8.16 倍,TRINITY_DN26418_c0_g2 上调了 4.13 倍,TRINITY_DN26517_c0_g2 上调了 4.36 倍;在下调表达基因中,TRINITY_DN24802_c0_g1 下调倍数最大为 3.13 倍。此外,TRINITY_DN29787_c2_g3 和 TRINITY_DN31753_c2_g1 这两个转录因子基因在对照组和高温胁迫组中的表达量都较高。

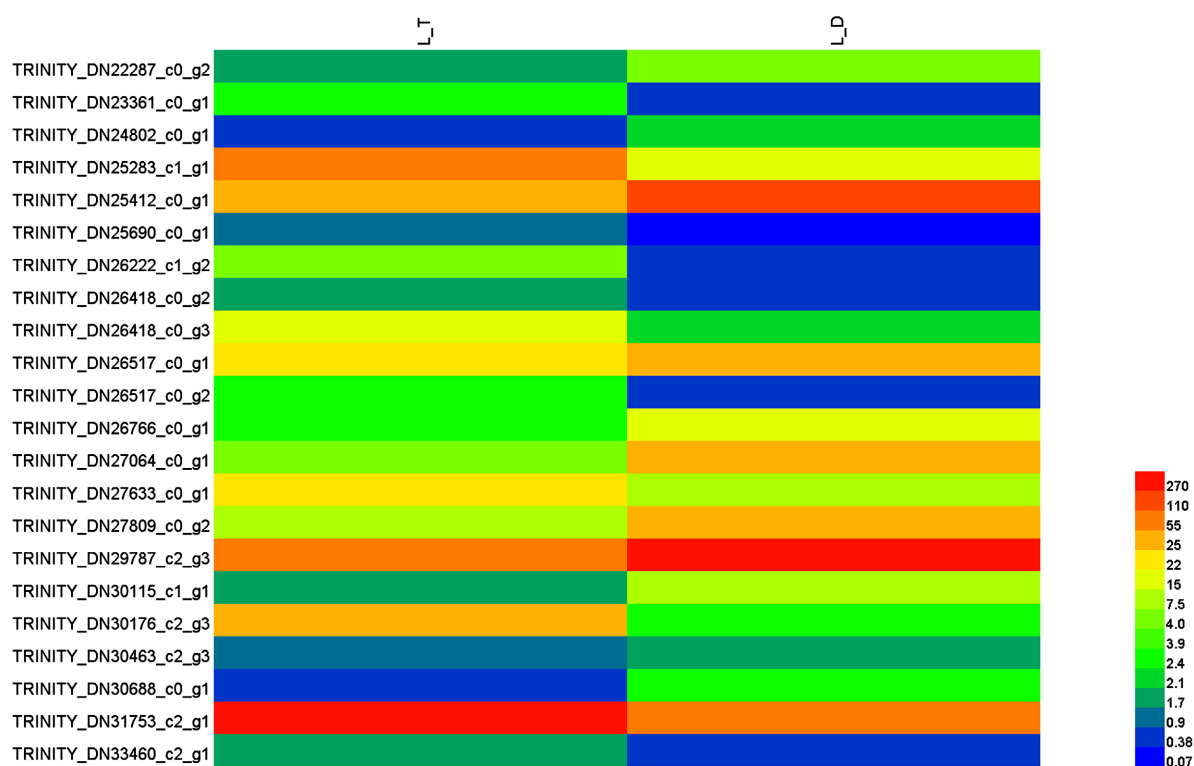


Figure 3. Expression analysis of NAC gene family in *Bupleurum chinense* under high-temperature stress
图 3. 柴胡 NAC 基因家族在高温胁迫条件下的表达量分析

4. 讨论与结论

NAC 转录因子是植物中特有的转录调控因子,不仅参与植物的生长发育进程,在生物与非生物胁迫等逆境响应中发挥关键作用[11]-[14]。到目前为止,关于柴胡 NAC 在高温胁迫下的响应特征及功能解尚不明确。本研究以柴胡的转录组数据为基础,借助生物信息学方法,共鉴定出 22 个柴胡 NAC 转录因子,基因表达分析表明 NAC 家族成员在高温胁迫下的表达模式存在差异,11 个基因上调表达,另外 11 个基因下调表达。理化性质分析表明这 22 个 NAC 家族蛋白均为疏水性蛋白。二级结构分析发现,无规则卷曲(平均占比 69.90%)和 α 螺旋(平均占比 13.18%)在其中占据着主导地位,其中无规则卷曲属于功能多样性区域,大概率能参与到蛋白与 DNA 的动态结合过程中,而 α 螺旋则构成了 NAC 结构域的核心骨架,这种结构特征和 NAC 转录因子“DNA 结合 - 转录激活”的核心功能是高度匹配的。

保守基序分析结果显示, Motif 2 的出现频率是最高的,共出现在了 18 个转录因子中,推测 Motif 2

为 NAC 结构域的保守功能区；本研究结合基序组合的差异，把 22 个柴胡 NAC 转录因子划分成了 5 个类别。在这 5 个类别里面，有 10 个基因同时包含了 Motif 1 至 Motif 5 这 5 种基序，推测这类基因在功能上可能会存在一定的协同性，能够一起参与到高温胁迫条件下的代谢调控过程中。

系统进化分析表明，柴胡 NAC 蛋白与拟南芥 NAC 蛋白存在高度保守的进化关系。柴胡 NAC 转录因子 TRINITY_DN25412_c0_g1 与拟南芥 AT3G01600.1 亲缘关系较近，研究证明 AT3G01600.1 (NAC044) 在拟南芥中是 G2/M 期细胞周期检查点的关键调控因子。当植物遭遇 DNA 损伤或高温胁迫时，NAC044 会被激活，通过抑制细胞周期蛋白的表达，强制细胞停滞在 G2 期，阻止其进入有丝分裂[15]，因此，我们推测柴胡 TRINITY_DN25412_c0_g1 与拟南芥 AT3G01600.1 的功能相似，很可能在柴胡受到高温胁迫时，通过这种的机制诱导细胞周期停滞，以应对高温对柴胡的损伤。此外，TRINITY_DN31753_c2_g1 与 AT3G18400.1 (NAC058) 的亲缘关系较近，NAC058 被证实在高羊茅中是高温胁迫响应核心调控因子，可与上游 NAC 转录因子形成保守 NAC-NAC 级协调控制模块，协同调控高温逆境下植株活性氧(ROS)稳态平衡、叶绿素降解代谢进程，介导高温诱导的叶片衰老与光合系统损伤[16]。所以推测柴胡 TRINITY_DN31753_c2_g1 可参与高温逆境氧化还原稳态调控、叶片光合结构保护与衰老进程调控，同时可与柴胡上游高温响应 NAC 成员形成协同调控通路，共同参与柴胡高温耐受性建成。

综上所述，本研究基于柴胡转录组学数据及生物信息学方法，对柴胡高温响应相关的 NAC 转录因子的结构特征与表达模式进行了系统分析，筛选出了响应高温胁迫的 NAC 转录因子。然而，研究过程中也存在一定的局限性，仅选用了“郑柴胡 3 号”一个品种开展实验，研究结果的普遍适应性还需要进一步验证；此外，未开展 NAC 转录因子与下游靶基因之间的直接互作关系，相关的调控通路也不明确。因此，后续将适当增加试验品种，同时利用基因敲除和过表达等方式对关键基因功能进行验证，以期耐高温柴胡新种质的选育奠定基础。

基金项目

河南省大学生创新创业训练计划项目建设专项经费资助(S202512949014)；郑州师范学院大学生创新创业训练计划项目建设专项经费资助(DCY2024021)；郑州市青年人才项目(2024)；河南省科技副总项目(2025)。

参考文献

- [1] 刘婉琪, 周文君, 孔祥亮, 等. 柴胡疏肝散配伍规律的药效药理研究进展[J]. 辽宁中医药大学学报, 2026, 28(6): 100-105.
- [2] Gu, X., Yang, L., Wan, J., Dong, N., Chu, L., Zhang, D., *et al.* (2025) Genome-Wide Identification of BcMYB in *Bupleurum chinense* DC. and Its Regulatory Roles in Saikosaponins Synthesis under Temperature Stress. *BMC Plant Biology*, **25**, Article No. 1577. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07634-z>
- [3] Puranik, S., Sahu, P.P., Srivastava, P.S. and Prasad, M. (2012) NAC Proteins: Regulation and Role in Stress Tolerance. *Trends in Plant Science*, **17**, 369-381. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2012.02.004>
- [4] Ooka, H., Satoh, K., Doi, K., *et al.* (2003) Comprehensive Analysis of NAC Family Genes in *Oryza sativa* and *Arabidopsis thaliana*. *DNA Research*, **10**, 239-247.
- [5] 陆海芹, 李娜, 蒋凯旋, 等. NAC 转录因子调控植物生长发育和胁迫应答的研究进展[J]. 植物生理学报, 2024, 60(2): 271-283.
- [6] Chen, Y. and Xia, P. (2025) NAC Transcription Factors as Biological Macromolecules Responded to Abiotic Stress: A Comprehensive Review. *International Journal of Biological Macromolecules*, **308**, Article ID: 142400. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.142400>
- [7] Nakashima, K., Tran, L.P., Van Nguyen, D., Fujita, M., Maruyama, K., Todaka, D., *et al.* (2007) Functional Analysis of a NAC-type Transcription Factor OsNAC6 Involved in Abiotic and Biotic Stress-Responsive Gene Expression in Rice. *The Plant Journal*, **51**, 617-630. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313x.2007.03168.x>
- [8] Hu, H., You, J., Fang, Y., Zhu, X., Qi, Z. and Xiong, L. (2008) Characterization of Transcription Factor Gene SNAC2

- Conferring Cold and Salt Tolerance in Rice. *Plant Molecular Biology*, **67**, 169-181. <https://doi.org/10.1007/s11103-008-9309-5>
- [9] Li, Y., Zhang, X., Xia, C., Wu, T., Gao, Y., Zeng, L., *et al.* (2025) Molecular Mechanisms and Breeding Strategies for Heat Tolerance in Vegetable Crops under Global Warming. *Horticulture Research*, **13**, uhaf309. <https://doi.org/10.1093/hr/uhaf309>
- [10] Huang, L., Hong, Y., Zhang, H., Li, D. and Song, F. (2016) Rice NAC Transcription Factor ONAC095 Plays Opposite Roles in Drought and Cold Stress Tolerance. *BMC Plant Biology*, **16**, Article No. 203. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0897-y>
- [11] Shao, H., Wang, H. and Tang, X. (2015) NAC Transcription Factors in Plant Multiple Abiotic Stress Responses: Progress and Prospects. *Frontiers in Plant Science*, **6**, Article 902. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00902>
- [12] Singh, S., Koyama, H., Bhati, K.K. and Alok, A. (2021) The Biotechnological Importance of the Plant-Specific NAC Transcription Factor Family in Crop Improvement. *Journal of Plant Research*, **134**, 475-495. <https://doi.org/10.1007/s10265-021-01270-y>
- [13] Hu, H., Dai, M., Yao, J., Xiao, B., Li, X., Zhang, Q., *et al.* (2006) Overexpressing a NAM, ATAF, and CUC (NAC) Transcription Factor Enhances Drought Resistance and Salt Tolerance in Rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **103**, 12987-12992. <https://doi.org/10.1073/pnas.0604882103>
- [14] Redillas, M.C.F.R., Jeong, J.S., Kim, Y.S., Jung, H., Bang, S.W., Choi, Y.D., *et al.* (2012) The Overexpression of *Os-NAC9* Alters the Root Architecture of Rice Plants Enhancing Drought Resistance and Grain Yield under Field Conditions. *Plant Biotechnology Journal*, **10**, 792-805. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2012.00697.x>
- [15] Takahashi, N., Ogita, N., Takahashi, T., Taniguchi, S., Tanaka, M., Seki, M., *et al.* (2019) A Regulatory Module Controlling Stress-Induced Cell Cycle Arrest in *Arabidopsis*. *eLife*, **8**, e43944. <https://doi.org/10.7554/elife.43944>
- [16] Cao, L., Chen, Y., Xiao, K. and Chen, L. (2025) FaNAC047-FaNAC058 Module Coordinately Promotes Chlorophyll Degradation and Reactive Oxygen Species Production during Heat-Induced Leaf Senescence in Tall Fescue. *Journal of Integrative Plant Biology*, **67**, 1009-1027. <https://doi.org/10.1111/jipb.13897>