

# 大豆 *GmNPRs* 基因家族的鉴定及表达分析

张 语<sup>1</sup>, 王姝婷<sup>2</sup>, 巩元勇<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>攀枝花学院生物与化学工程学院(农学院), 四川 攀枝花

<sup>2</sup>攀枝花市经贸旅游学校, 四川 攀枝花

收稿日期: 2025年8月20日; 录用日期: 2025年9月8日; 发布日期: 2025年9月25日

## 摘 要

病程相关基因非表达子(non-expressor of pathogenesis-related genes, NPR)是植物系统获得性抗性(SAR)中的核心调控因子,在水杨酸(SA)介导的抗病信号通路中发挥关键作用。然而,大豆(*Glycine max*)中NPR基因家族的系统性鉴定与功能特征尚不明确。本研究基于大豆基因组数据,利用生物信息学方法全面鉴定了*GmNPRs*基因家族成员,并对其基因结构、染色体分布、理化性质、保守结构域、系统发育关系、氨基酸序列相似性及组织表达模式进行了系统分析。结果表明,大豆基因组中共鉴定出8个*GmNPRs*基因,不均匀分布在6条染色体上,其编码蛋白具有典型的BTB/POZ、Ank repeat和NPR1\_like\_C等保守结构域,但结构域组成存在明显差异,提示功能分化。系统发育分析显示,*GmNPRs*成员在进化过程中呈现明显的遗传分化,且与拟南芥、水稻、玉米和番茄等物种的NPR基因存在不同程度的同源关系。基因结构分析揭示外显子-内含子数量与长度变异显著,可能与其功能多样性相关。组织表达分析表明,*GmNPRs*基因在不同组织中呈现明显的组织特异性表达模式,部分成员在花、叶、根瘤等组织中高表达,暗示其在生长发育与共生互动中可能具有重要调控功能。本研究系统解析了大豆*GmNPRs*基因家族的分子特征与表达规律,为深入探究其在抗病、抗逆及发育调控中的生物学功能提供了理论基础,也为大豆抗病遗传改良和分子育种提供了候选基因资源。

## 关键词

大豆, *GmNPRs*基因家族, 生物信息学分析, 组织表达模式

# Identification and Expression Analysis of the *GmNPRs* Gene Family in Soybean

Yu Zhang<sup>1</sup>, Shuting Wang<sup>2</sup>, Yuanyong Gong<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>College of Biological and Chemical Engineering (Agricultural College), Panzhihua University, Panzhihua Sichuan

<sup>2</sup>Panzhihua City Economic and Trade and Tourism School, Panzhihua Sichuan

Received: Aug. 20<sup>th</sup>, 2025; accepted: Sep. 8<sup>th</sup>, 2025; published: Sep. 25<sup>th</sup>, 2025

\*通讯作者。

文章引用: 张语, 王姝婷, 巩元勇. 大豆 *GmNPRs* 基因家族的鉴定及表达分析[J]. 植物学研究, 2025, 14(5): 323-332.  
DOI: 10.12677/br.2025.145037

## Abstract

The non-expressor of pathogenesis-related genes (NPR) family plays a central role in plant systemic acquired resistance (SAR), acting as a key regulator in salicylic acid (SA)-mediated defense signaling pathways. However, the comprehensive identification and functional characterization of the NPR gene family in soybean (*Glycine max*) remain largely unclear. In this study, we systematically identified the *GmNPRs* gene family members based on the soybean genome database using bioinformatics approaches, and conducted in-depth analyses of their gene structures, chromosomal distributions, physicochemical properties, conserved domains, phylogenetic relationships, amino acid sequence identities, and tissue-specific expression patterns. A total of eight *GmNPRs* genes were identified and unevenly distributed across six chromosomes. The encoded proteins contain typical conserved domains such as BTB/POZ, ankyrin repeats (Ank), and NPR1\_like\_C, although domain compositions vary significantly among members, suggesting potential functional divergence. Phylogenetic analysis revealed clear genetic differentiation among *GmNPRs* members, with varying degrees of homology to NPR genes from *Arabidopsis thaliana*, rice, maize, and tomato. Gene structure analysis showed substantial variation in the number and length of exons and introns, which may contribute to functional diversification. Tissue expression profiling indicated distinct spatial expression patterns, with certain members highly expressed in flowers, leaves, and nodules, implying potential roles in developmental regulation and symbiotic interactions. This study provides a comprehensive molecular characterization of the *GmNPRs* gene family in soybean, laying a solid foundation for further functional studies on their roles in disease resistance, stress response, and development. The results also offer valuable candidate genes for genetic improvement and molecular breeding of disease-resistant soybean varieties.

## Keywords

Soybean, *GmNPRs* Gene Family, Bioinformatics Analysis, Tissue-Specific Expression Pattern

Copyright © 2025 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

植物在生长发育过程中面临多种病原菌(如真菌、细菌、病毒)的侵袭,导致产量和品质下降。为抵御病原菌侵害,植物进化出复杂的防御机制,其中系统获得性抗性(systemic acquired resistance, SAR)是一种重要的广谱抗病途径,可通过局部感染诱导全株产生持久抗性[1]。病程相关基因非表达子(non-expressor of pathogenesis-related genes, NPR)家族是调控 SAR 的核心因子,在水杨酸(salicylic acid, SA)介导的抗病信号通路中发挥关键作用[2] [3]。

*NPR* 基因首次从拟南芥中克隆得到,其突变体 *npr1* 表现出对多种病原菌的敏感性增强,且 *PR* 基因(pathogenesis-related gene)表达受抑[4]。*NPR* 蛋白家族成员通常包含 BTB/POZ 结构域、锚蛋白重复序列(ankyrin repeats)和核定位信号,通过与转录因子 TGA 家族互作激活下游 *PR* 基因表达,从而增强植物抗病性[5] [6]。研究表明,*NPR1* 作为 SA 受体,在 SA 积累时从细胞质寡聚体解聚为单体并进入细胞核,与 TGA 形成复合物启动抗病反应[7]。此外,*NPR* 家族成员还参与生长发育、抗逆响应等多种生理过程,如拟南芥 *NPR1* 可调控叶片衰老和顶端弯钩形成[8],柑橘 *CiNPR3/4* 通过调节 SA 和茉莉酸(jasmonic acid, JA)信号通路增强对黄龙病的抗性[9]。

近年来, *NPR* 基因家族在多种植物中的鉴定与功能研究取得进展。在菜心中, *BcNPR1* 基因受 SA 诱导表达, 其过表达可显著提高对炭疽病的抗性[1]; 柑橘 *CiNPR3* 和 *CiNPR4* 通过与 *CsTGA* 转录因子互作激活 *PR* 基因, 增强对黄龙病的防御能力[9]; 拟南芥 *AtNPR1* 在转基因水稻、番茄中过表达后, 植株对真菌和细菌病害的抗性显著提升[10][11]。这些研究表明, *NPR* 基因在植物抗病中具有功能保守性, 但其家族成员的数量、结构特征及表达模式因物种而异, 且调控机制存在物种特异性。

大豆(*Glycine max*)是重要的油料和蛋白作物, 其产量和品质常受大豆疫霉、大豆花叶病毒等病害影响[12]。目前, 关于大豆 *NPR* 基因家族的研究较少, 其成员数量、进化关系、表达模式及在抗病中的作用尚未明确。深入解析 *GmNPRs* 基因家族的特征的表达规律, 可为揭示大豆抗病分子机制及抗病育种提供理论依据。本研究拟基于大豆基因组数据, 鉴定 *GmNPRs* 家族成员, 分析其基因结构、进化关系及组织表达模式, 并探讨其在生物胁迫下的响应特征, 为阐明大豆 *NPR* 家族的功能及应用奠定基础。

## 2. 材料及方法

### 2.1. 材料

拟南芥 *AtNPRs* 基因家族共有 6 个成员, 分别是 *AtNPR1* (At1g64280)、*AtNPR2* (At4g26120)、*AtNPR3* (At5g45110)、*AtNPR4* (At4g19660)、*AtNPR5* (At2g41370)和 *AtNPR6* (At3g57130), 它们的氨基酸序列从 aramemnon 网站(<https://aramemnon.botanik.uni-koeln.de/>)获取。水稻 *OsNPRs* 基因家族 5 个成员(*OsNPR1* (LOC\_Os01g09800.1)、*OsNPR2* (LOC\_Os01g56200.1)、*OsNPR3* (LOC\_Os01g72020.1)、*OsNPR4* (LOC\_Os11g04600.1)、*OsNPR5* (LOC\_Os12g04410.1))、玉米 *ZmNPRs* 基因家族 5 个成员(*ZmNPR1* (GRMZM2G022606\_T02)、*ZmNPR2* (GRMZM2G026556\_T02)、*ZmNPR3* (GRMZM2G039867\_T01)、*ZmNPR4* (GRMZM2G060723\_T01)、*ZmNPR5* (GRMZM2G076450\_T01))和番茄 *SINPRs* 基因家族 6 个成员(*SINPR1* (Solyc02g069310.2.1)、*SINPR2* (Solyc04g040220.2.1)、*SINPR3* (Solyc05g018160.1.1)、*SINPR4* (Solyc07g044980.2.1)、*SINPR5* (Solyc10g079460.1.1)、*SINPR6* (Solyc10g079750.1.1))的氨基酸序列从 Phytozome 网站(<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>)获取。

### 2.2. 方法

#### 2.2.1. 大豆 *GmNPRs* 基因家族的鉴定

以拟南芥 *AtNPRs* 基因家族所有成员的氨基酸序列为探针在 Phytozome 大豆基因组数据库 ([https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Gmax\\_Wm82\\_a6\\_v1](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Gmax_Wm82_a6_v1))中进行 BLAST 搜索, 获得 E 值小于  $e^{-10}$  的相似性序列, 再通过对功能结构域的进一步分析筛选获得大豆 *GmNPRs* 基因家族成员。

#### 2.2.2. 大豆 *GmNPRs* 基因染色体定位

*GmNPRs* 基因家族成员在大豆染色体上具体的位置信息在 Phytozome 大豆基因组数据库获取, 用 Map Inspect 软件绘制基因的染色体物理分布图[13]。

#### 2.2.3. 大豆 *GmNPRs* 基因家族基本特征分析

利用 DNASTAR Lasergene 软件中的 EditSeq 模块分析 *GmNPRs* 基因家族成员核苷酸序列, 获得各成员的编码区长度和 CDS 长度; 利用 ExPASy-ProtParam tool (<http://web.expasy.org/protparam/>)在线分析获得 *GmNPRs* 各成员蛋白质的氨基酸长度、分子质量、理论等电点、不稳定系数等基本理化信息 [13]。

#### 2.2.4. 大豆 *GmNPRs* 基因结构图绘制

所需大豆 *GmNPRs* 基因家族各成员编码区序列和 CDS 序列以 FASTA 格式一一对应保存在两个文本

文档, 用 GSDS (Gene Structure Display Server, <http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>)在线绘制大豆 *GmNPRs* 基因结构图[14], 同时在线获取各基因外显子和内含子的长度信息。

### 2.2.5. 大豆 *GmNPRs* 功能结构域和进化树分析

利用 SMART ([https://smart.embl.de/smart/change\\_mode.cgi](https://smart.embl.de/smart/change_mode.cgi))以及 Pfam 32.0 (<http://pfam.xfam.org/>)搜寻鉴定 *GmNPRs* 的功能结构域(Domain), 在线分析 *GmNPRs* 各成员氨基酸序列的功能结构域分布情况, 用 Mega 7 软件采用 Neighbor-Joining (邻接法)构建大豆 *GmNPRs* 蛋白各成员氨基酸序列进化树。

### 2.2.6. 植物 NPRs 蛋白序列系统发育分析

利用 Mega 7 软件采用 Neighbor-Joining (邻接法)构建大豆(*GmNPRs*)、拟南芥(*AtNPRs*)、水稻(*OsNPRs*)、玉米(*ZmNPRs*)、番茄(*SINPRs*)蛋白共 30 条氨基酸序列的系统发育树, 校验参数 Bootstrap = 1000。

### 2.2.7. 大豆 *GmNPRs* 氨基酸序列一致性和差异性比对

将大豆 *GmNPRs* 所有成员氨基酸利用 DNASTAR Lasergene 软件中的 MegAlign 模块进行两两间的一致性和差异性分析。

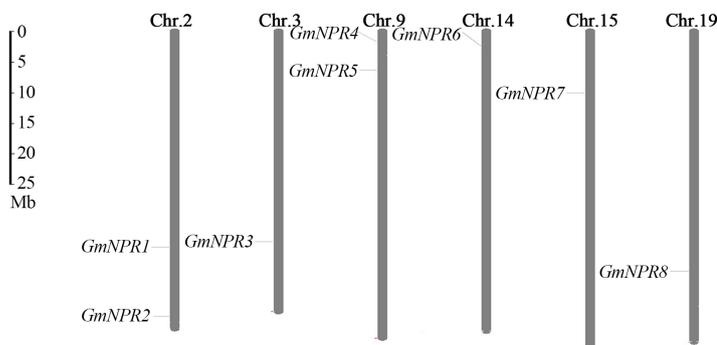
### 2.2.8. 大豆 *GmNPRs* 基因组织表达分析

通过 Phytozome 数据库, 获得大豆 *GmNPRs* 基因在花(Flower)、叶(Leaves)、根瘤(Nodules)、荚果(Pod)、根(Root)、根毛(Root Hair)、种子(Seed)、茎尖分生组织(Shoot Apical Meristem)、茎(Stem)等 9 个组织部位表达量数据(FPKM), 再通过  $\log^2$  均一化处理, 将获得的数据利用 Heml 1.0 软件绘制成 *GmNPRs* 基因表达热图[15]。

## 3. 结果与分析

### 3.1. 大豆 *GmNPRs* 基因家族的鉴定及染色体定位

在 Phytozome 大豆基因组数据库共检索获得大豆 *GmNPRs* 基因家族成员 8 个, 他们不均匀的分布在 6 条染色体上, 根据它们在染色体上排列的先后顺序依次命名为 *GmNPR1*-*GmNPR8*。如图 1 所示, *GmNPR1* 和 *GmNPR2* 位于 2 号染色体上, *GmNPR3* 基因位于 3 号染色体上, *GmNPR4* 和 *GmNPR5* 分布在 9 号染色体上, *GmNPR6* 基因分布在 14 号染色体上, *GmNPR7* 基因分布在 15 号染色体上, *GmNPR8* 基因分布在 19 号染色体上, 2 号和 9 号染色体均分布有 2 个 *GmNPRs* 基因, 其他 4 个染色体都只有 1 个 *GmNPRs* 基因分布。从 *GmNPRs* 基因在染色体上的分布位置来看, 他们都位于染色体的两端, 2 号、3 号和 19 号染色体分布的基因在下端, 9 号、14 号和 15 号染色体的分布基因在上端。



**Figure 1.** Chromosomal physical distribution of *GmNPRs* genes in soybean  
**图 1.** 大豆 *GmNPRs* 基因染色体物理分布

### 3.2. 大豆 *GmNPRs* 基因的基本特征分析

通过对大豆 *GmNPRs* 基因的基本特征信息表分析得知(见表 1), 在各基因的编码区长度差异明显, 范围在 2639 bp (*GmNPR8*)至 5120 bp (*GmNPR6*)之间; CDS 长度介于 1242 bp (*GmNPR8*)至 1773 bp 之间, 其中 *GmNPR2*、*GmNPR4*、*GmNPR6* 和 *GmNPR7* 的 CDS 长度均为 1773 bp, 编码的氨基酸长度均为 590 aa, 而 *GmNPR8* 的 CDS 最短, 对应的氨基酸长度也最短(413 aa)。编码蛋白的分子质量在 45.48 kDa (*GmNPR8*)至 66.67 kDa (*GmNPR6*)之间, 理论等电点介于 5.65 (*GmNPR5*)至 6.24 (*GmNPR8*)之间, 均呈弱酸性。不稳定系数分析表明, 所有成员的不稳定系数在 42.15 (*GmNPR7*)至 49.91 (*GmNPR6*)之间, 提示这些蛋白均为不稳定蛋白, 其中 *GmNPR7* 的稳定性相对较高, *GmNPR6* 的稳定性相对较低。上述结果表明 *GmNPRs* 家族基因在序列特征上存在一定的多样性, 可能与其功能分化相关。

**Table 1.** Basic characteristic information of the *GmNPRs* gene in *Glycine max*

**表 1.** 大豆 *GmNPRs* 基因的基本特征信息

基因	基因座 ID	染色体	编码区长度/bp	CDS 长度/bp	氨基酸长度/aa	分子质量/kDa	理论等电点	不稳定系数
<i>GmNPR1</i>	Glyma02g188700	02	3178	1431	476	51.97	5.89	44.43
<i>GmNPR2</i>	Glyma02g283300	02	3341	1773	590	66.55	5.83	49.42
<i>GmNPR3</i>	Glyma03g128600	03	2688	1464	487	53.34	6.14	47.28
<i>GmNPR4</i>	Glyma09g020800	09	4253	1773	590	65.98	6.17	44.64
<i>GmNPR5</i>	Glyma09g064700	09	3216	1749	582	64.62	5.65	46.62
<i>GmNPR6</i>	Glyma14g031300	14	5120	1773	590	66.67	5.84	49.91
<i>GmNPR7</i>	Glyma15g127200	15	5115	1773	590	66.08	5.95	42.15
<i>GmNPR8</i>	Glyma19g131000	19	2639	1242	413	45.48	6.24	44.16

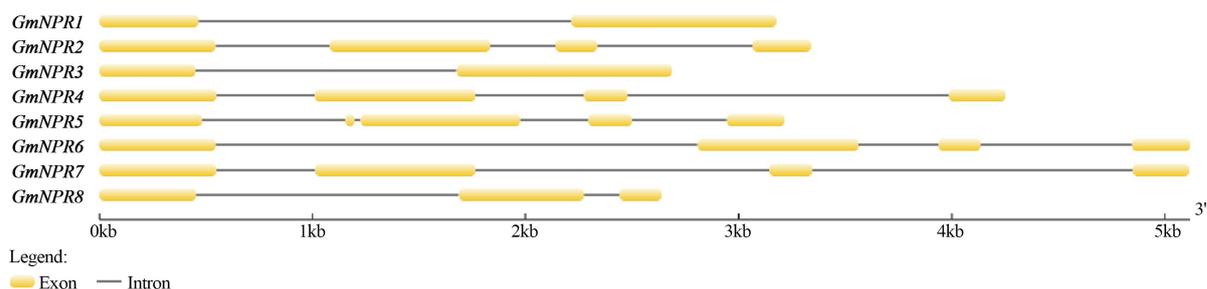
### 3.3. 大豆 *GmNPRs* 基因结构分析

通过对大豆 *GmNPRs* 基因成员的基因结构分析可知(图 2 和表 2), 该家族基因的外显子和内含子在数量及长度上存在显著多样性。外显子数量方面, *GmNPR1* 和 *GmNPR3* 均含 2 个外显子(E1、E2), *GmNPR8* 含 3 个外显子(E1-E3), *GmNPR2*、*GmNPR4*、*GmNPR6*、*GmNPR7* 含 4 个外显子(E1-E4), 而 *GmNPR5* 则含 5 个外显子(E1-E5), 呈现 2~5 个的变异范围。外显子长度上, 部分成员表现出一定保守性, 如 *GmNPR2*、*GmNPR6* 的 E1 (546 bp)、E2 (754 bp)、E3 (198 bp)、E4 (275 bp)长度完全一致, *GmNPR4* 与 *GmNPR7* 的 E1 (549 bp)、E2 (754 bp)、E3 (204 bp)、E4 (266 bp)长度相同, 提示这些基因可能具有较近的进化关系; 而 *GmNPR5* 的 E2 长度仅 43 bp, 与其他成员差异显著。内含子数量与外显子数量呈对应关系(内含子数 = 外显子数 - 1), 即 1~4 个不等, 其长度变异更为明显: 短者如 *GmNPR5* 的 I2 仅 29 bp, 长者如 *GmNPR6* 的 I1 达 2263 bp, 且同一位置内含子长度差异较大(如 *GmNPR2* 的 I3 为 728 bp, *GmNPR6* 的 I3 为 709 bp)。上述结构特征表明 *GmNPRs* 基因家族在进化过程中可能发生了外显子增减、序列长度变异等事件, 为进一步研究其功能分化提供了结构依据。

### 3.4. 大豆 *GmNPRs* 功能结构域和进化树分析

系统发育树构建结果显示(见图 3), *GmNPRs* 家族基因可聚类为多个亚支, 分支节点的 Bootstrap 值均为 100, 表明各亚支分类具有高置信度, 反映家族成员在进化过程中存在明显的遗传分化。蛋白结构域注释表明, *GmNPRs* 家族成员包含 BTB、DUF3420、Ank (Ank\_2、Ank\_4、Ank\_5)及 NPR1\_like\_C 等保守结构域, 不同成员的结构域组成呈现显著差异。例如, *GmNPR2* 含 BTB、DUF3420、Ank\_5 与

NPR1\_like\_C 结构域, 而 *GmNPR1*、*GmNPR3*、*GmNPR8* 则由 BTB、DUF3420、Ank\_2 构成。这种结构域组成的多样性与系统发育聚类 s 结果相关联, 提示 *GmNPRs* 家族成员在进化中发生功能分化。保守结构域的存在为基因功能研究提供线索, BTB 结构域参与蛋白互作, Ank 家族介导信号传导, NPR1\_like\_C 与免疫调控相关, 推测不同结构域组合赋予 *GmNPRs* 成员特异生物学功能, 如抗病信号通路调控, 该结果深入解析大豆 *GmNPRs* 基因的功能分化及分子调控机制奠定基础。



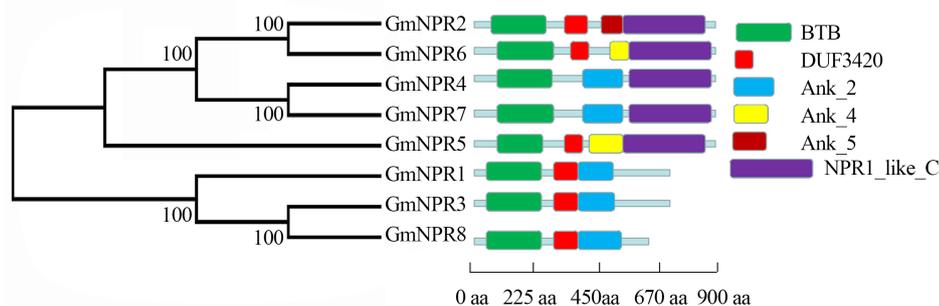
**Figure 2.** Gene structure diagram of soybean *GmNPRs*

**图 2.** 大豆 *GmNPRs* 基因结构图

**Table 2.** Comparison of exons and introns of *GmNPRs* genes

**表 2.** *GmNPRs* 基因外显子和内含子的比较

基因名	外显子及其长度/bp					内含子及其长度/bp			
	E1	E2	E3	E4	E5	I1	I2	I3	I4
<i>GmNPR1</i>	468	963				1747			
<i>GmNPR2</i>	546	754	198	275		535	305	728	
<i>GmNPR3</i>	453	1011				1224			
<i>GmNPR4</i>	549	754	204	266		462	510	1508	
<i>GmNPR5</i>	482	43	748	204	271	673	29	321	444
<i>GmNPR6</i>	546	754	198	275		2263	375	709	
<i>GmNPR7</i>	549	754	204	266		463	1378	1501	
<i>GmNPR8</i>	456	588	198			1232	165		



**Figure 3.** Phylogenetic tree and schematic diagram of functional domains of soybean *GmNPRs*

**图 3.** 大豆 *GmNPRs* 进化树和功能结构域示意图

### 3.5. 植物 *NPRs* 基因系统发育分析

用大豆 *GmNPRs* 成员氨基酸序列同拟南芥 *AtNPRs*、水稻 *OsNPRs*、番茄 *SINPRs*、玉米 *ZmNPRs* 构建

不同植物 *NPRs* 基因氨基酸序列的系统发育树，结果如图 4 所示。大豆 *GmNPRs* 成员分散于多个分支，如 *GmNPR3*、*GmNPR8*、*GmNPR1* 聚为一支，与部分水稻、玉米 *NPRs* 基因有较近亲缘；*GmNPR5*、*GmNPR2* 等在不同分支与其他物种 *NPRs* 基因交织，反映大豆 *GmNPRs* 基因在进化中既保留物种特异性，又因功能需求与其他物种存在趋同或趋异演化。节点支持率(如 100、99 等)为聚类可靠性提供依据，这有助于深入探究大豆 *GmNPRs* 基因家族的起源、进化历程，及在大豆免疫调控等生理过程中功能分化与保守性的分子机制，为大豆抗病遗传改良及基因功能研究奠定系统发育基础。

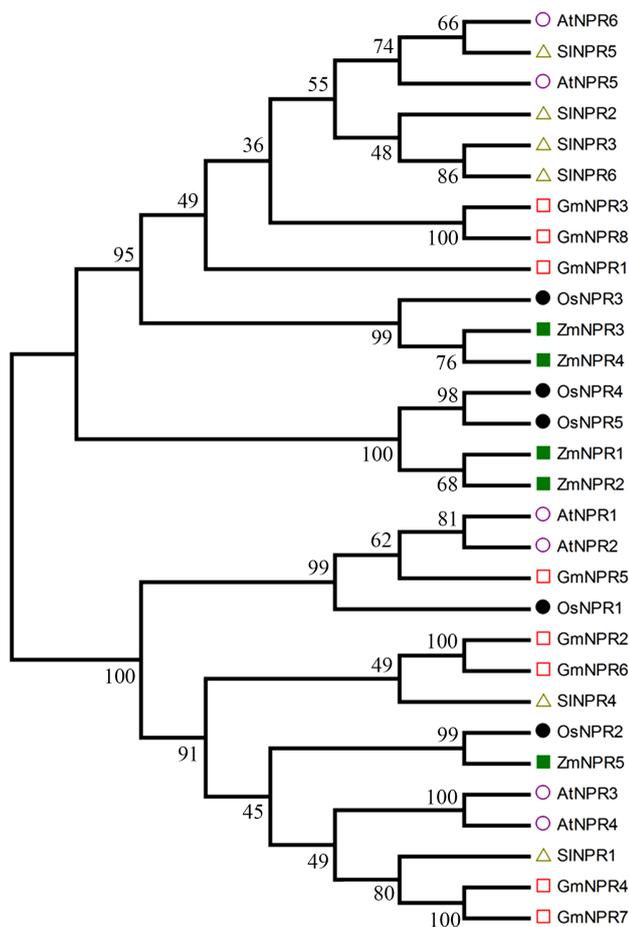


Figure 4. Phylogenetic tree of *NPRs* genes in different plants  
图 4. 不同植物 *NPRs* 基因系统发育树

### 3.6. 大豆 *GmNPRs* 氨基酸序列比对

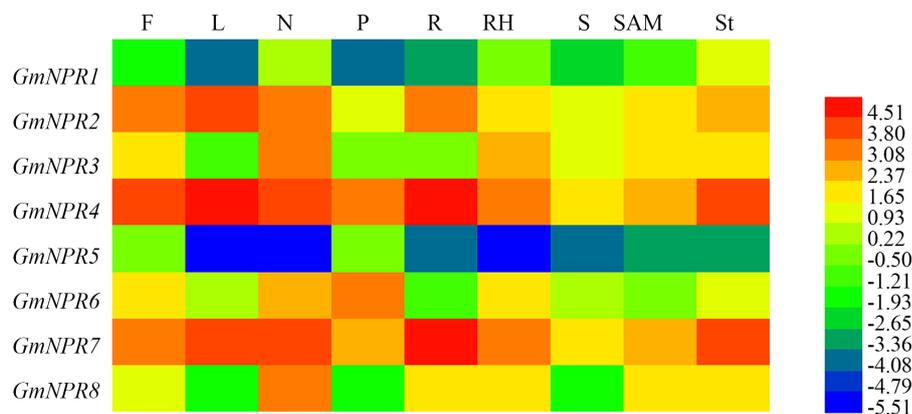
对大豆 *GmNPRs* 基因家族成员的氨基酸序列进行比对分析，通过 Percent Identity 矩阵呈现成员间序列相似性(图 5 所示)。结果表明，不同 *GmNPRs* 成员间氨基酸序列一致性存在显著差异，如 *GmNPR3* 与 *GmNPR4* 间一致性高达 84.2%，反映二者亲缘关系较近，序列保守性强；而 *GmNPR1* 与 *GmNPR2* 一致性仅 30.3%，体现出明显的序列分化。这种序列一致性的差异，为深入探究大豆 *GmNPRs* 基因家族成员在进化过程中的功能分化、相互作用及参与的生物学通路提供了分子基础，有助于解析该家族基因在大豆免疫调控等生理过程中协同与特异功能的序列决定因素，为后续基因功能验证及大豆抗病分子育种研究提供理论依据。

		Percent Identity									
		1	2	3	4	5	6	7	8		
Divergence	1	■	30.3	84.2	29.0	29.0	29.2	28.3	82.7	1	GmNPR1
	2	158.0	■	30.6	63.0	40.4	94.2	63.2	32.6	2	GmNPR2
	3	17.7	156.3	■	29.7	28.2	29.5	29.1	96.8	3	GmNPR3
	4	166.6	50.6	161.8	■	43.1	62.2	96.1	32.4	4	GmNPR4
	5	166.8	110.0	172.4	100.4	■	40.6	42.8	30.9	5	GmNPR5
	6	165.1	6.0	163.2	52.2	109.4	■	62.0	31.6	6	GmNPR6
	7	171.2	50.3	166.1	4.0	101.6	52.6	■	31.6	7	GmNPR7
	8	19.8	144.5	3.2	145.9	154.6	150.2	150.2	■	8	GmNPR8
		1	2	3	4	5	6	7	8		

**Figure 5.** Amino acid sequence alignment among soybean *GmNPRs* members  
**图 5.** 大豆 *GmNPRs* 成员间氨基酸序列比对

### 3.7. 大豆 *GmNPRs* 基因在不同组织的表达分析

图 6 系统呈现了大豆 *GmNPRs* 基因家族成员在花(F)、叶(L)、根瘤(N)、豆荚(P)、根(R)、根毛(RH)、种子(Se)、顶端生长点(SAM)及茎(St) 9 种组织中的表达谱差异。整体来看, *GmNPRs* 成员表达具有明显的组织特异性与基因特异性: *GmNPR5* 在根瘤、根、根毛等地下组织中呈现显著低表达, 而在花、顶端生长点等组织表达相对平稳, 推测其可能在地下部共生或胁迫响应中具有独特功能; *GmNPR4*、*GmNPR7* 在叶、根等组织中呈现高表达, 暗示其在地上部光合器官及地下部营养吸收器官的生理调控中可能发挥关键作用; *GmNPR1* 在多数组织中维持中低水平表达, 仅在花和顶端生长点有相对较高信号, 或与顶端发育及生殖器官建成相关。这种差异化表达模式反映了 *GmNPRs* 家族在大豆复杂组织功能分化中经历了精细的转录调控分工, 为后续解析该家族基因在大豆生长发育(如根瘤共生、顶端分生组织活性、种子发育)及环境适应性(如组织特异性胁迫响应)中的分子机制提供了关键线索。



**Figure 6.** Expression profiles of *GmNPRs* genes in different tissues of soybean  
**图 6.** *GmNPRs* 基因在大豆不同组织的表达情况

## 4. 总结与讨论

本研究围绕大豆 *GmNPRs* 基因家族展开, 综合运用生物信息学及相关实验方法, 对其进行了全面鉴定, 并深入分析了基因结构、进化关系以及组织表达模式, 研究成果为揭示大豆抗病分子机制及开展抗病育种提供了重要理论依据。

在基因家族鉴定方面, 从大豆基因组中成功鉴定出 8 个 *GmNPRs* 基因家族成员, 它们不均匀地分布于 6 条染色体上。与其他植物相比, 如拟南芥有 6 个 *AtNPRs* 基因家族成员, 水稻有 5 个 *OsNPRs* 基因家族成员, 茶树有 3 个 *CsNPRs* 基因家族成员[16], 大豆 *GmNPRs* 基因家族成员数量有所不同, 这体现了 *NPR* 基因家族在不同物种间的多样性。这种成员数量的差异可能与物种的进化历程、基因组大小以及面临的环境压力等因素有关。此外, 基因在染色体上的分布情况也暗示了基因家族的进化可能受到染色体结构和重组事件的影响, 类似的染色体分布特征在其他植物基因家族研究中也有发现[17][18], 这可能是基因家族进化的一种普遍现象。

对 *GmNPRs* 基因的基本特征分析表明, 各成员的编码区长度、CDS 长度、氨基酸长度、分子质量、理论等电点和不稳定系数存在明显差异, 这反映了基因结构的多样性。这种多样性可能与基因的功能分化相关, 不同的基因结构可能导致不同的蛋白质结构和功能。所有成员的理论等电点均呈弱酸性, 且不稳定系数提示它们均为不稳定蛋白, 这与其他植物中 *NPR* 基因家族成员的特性相似[16][17], 暗示了该家族蛋白在结构和功能上具有一定的保守性。

基因结构分析显示, *GmNPRs* 家族基因的外显子和内含子在数量及长度上存在显著多样性(详见图 2 和表 2), 基因结构的这种多样性表明, *GmNPRs* 基因家族在进化过程中可能发生了外显子增减、序列长度变异等事件, 这些事件可能是基因功能分化的重要驱动力。类似的基因结构变异在其他植物基因家族的进化研究中也有报道[16]-[18], 进一步支持了我们的观点。

功能结构域和进化树分析结果反映了家族成员在进化过程中存在明显的遗传分化, 蛋白结构域注释表明不同成员的结构域组成呈现显著差异(详见图 3)。这种结构域组成的多样性与系统发育聚类结果相关联, 提示 *GmNPRs* 家族成员在进化中发生了功能分化。保守结构域的存在为基因功能研究提供了线索, BTB 结构域参与蛋白互作, Ank 家族介导信号传导, *NPR1\_like\_C* 与免疫调控相关[3], 推测不同结构域组合赋予 *GmNPRs* 成员特异生物学功能, 如抗病信号通路调控。这与已有研究中 *NPR* 蛋白通过与转录因子互作激活下游 *PR* 基因表达, 从而增强植物抗病性的机制相符合[5][6]。

植物 *NPRs* 基因系统发育分析表明, 大豆 *GmNPRs* 成员分散于多个分支, 既保留了物种特异性, 又因功能需求与其他物种存在趋同或趋异演化(详见图 4)。这种进化关系有助于深入探究大豆 *GmNPRs* 基因家族的起源、进化历程, 以及在大豆免疫调控等生理过程中功能分化与保守性的分子机制。节点支持率为聚类可靠性提供了依据, 为大豆抗病遗传改良及基因功能研究奠定了系统发育基础。

氨基酸序列比对结果揭示了不同 *GmNPRs* 成员间氨基酸序列一致性存在显著差异, 这种序列一致性的差异, 为深入探究大豆 *GmNPRs* 基因家族成员在进化过程中的功能分化、相互作用及参与的生物学通路提供了分子基础。结合已有研究中 *NPR* 蛋白通过与转录因子互作发挥功能的机制, 我们推测, 氨基酸序列的差异可能导致蛋白与转录因子的互作方式和亲和力不同, 从而影响下游基因的表达调控, 进而实现不同的生物学功能。

组织表达分析显示, *GmNPRs* 基因家族成员在大豆不同组织中具有明显的组织特异性表达模式, 这种差异化表达模式反映了 *GmNPRs* 家族在大豆复杂组织功能分化中经历了精细的转录调控分工。已有研究表明, *NPR* 家族成员还参与生长发育、抗逆响应等多种生理过程[19][20], 我们的研究结果进一步支持了这一观点, 且为深入研究 *GmNPRs* 基因在大豆生长发育和抗逆过程中的具体作用提供了重要线索。

综合来看, 本研究全面鉴定了大豆 *GmNPRs* 基因家族, 深入分析了其基因结构、进化关系和组织表达模式。研究表明, *GmNPRs* 基因家族在进化过程中发生了显著的遗传分化 and 功能分化, 其成员在大豆的生长发育、抗病和抗逆等生理过程中可能发挥着不同的作用。然而, 本研究仍存在一定局限性。目前, 我们对 *GmNPRs* 基因家族成员的功能研究主要基于生物信息学分析和表达谱分析, 尚未对其功能进行直接验证。未来的研究可以通过基因敲除、过表达等实验技术, 深入探究各成员在大豆抗病、生长

发育等生理过程中的具体功能和作用机制。此外，还可以进一步研究 *GmNPRs* 基因与其他基因之间的互作网络，以及它们在不同环境条件下的表达调控机制，为大豆抗病育种和遗传改良提供更全面、深入的理论依据。

## 基金项目

攀枝花学院博士科研启动经费项目(035200254)。

## 参考文献

- [1] 王东升. *BcNPR1* 基因及其与外源 SA 协同调控菜心炭疽病抗性分子机制研究[D]: [硕士学位论文]. 广州: 华南农业大学, 2021.
- [2] 闫晓寒, 王向尧, 刘培源, 等. NPR1 结构与功能的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(3): 46-52.
- [3] 刘琳琳, 甄军波, 刘迪, 等. NPR1 调控植物抗病机制及功能研究进展[J]. 中国棉花, 2020, 47(7): 1-6.
- [4] Cao, H., Glazebrook, J., Clarke, J.D., *et al.* (1997) The Arabidopsis NPR1 Gene that Controls Systemic Acquired Resistance Encodes a Novel Protein Containing Ankyrin Repeats. *Cell*, **88**, 57-63. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)81858-9](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)81858-9)
- [5] Ding, Y., Sun, T., Ao, K., *et al.* (2018) Opposite Roles of Salicylic Acid Receptors NPR1 and NPR3/NPR4 in Transcriptional Regulation of Plant Immunity. *Cell*, **173**, 1454-1467. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.03.044>
- [6] 彭爱红. *NPR* 和抗菌基因对柑橘黄龙病的抗性研究[D]: [博士学位论文]. 重庆: 西南大学, 2021.
- [7] Mou, Z., Fan, W. and Dong, X. (2003) Inducers of Plant Systemic Acquired Resistance Regulate NPR1 Function through Redox Changes. *Cell*, **113**, 935-944. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(03\)00429-X](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(03)00429-X)
- [8] Huang, P.X., Dong, Z., Guo, P. R., *et al.* (2020) Salicylic Acid Suppresses Apical Hook Formation via NPR1-Mediated Repression of EIN3 and EIL1 in Arabidopsis. *The Plant Cell*, **32**, 612-629. <https://doi.org/10.1105/tpc.19.00658>
- [9] 彭爱红, 赵晓春, 邹修平. 柑橘 *CiNPR3* 和 *CiNPR4* 基因对黄龙病的抗性调控机制[J]. 园艺学报, 2021, 48(5): 873-884.
- [10] Chern, M.S., Fitzgerald, H.A., Yadav, R.C., *et al.* (2001) Evidence for a Disease-Resistance Pathway in Rice Similar to the NPR1-Mediated Signaling Pathway in Arabidopsis. *The Plant Journal*, **27**, 101-113. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313x.2001.01070.x>
- [11] Lin, W.C., Lu, C.F., Wu, J.W., *et al.* (2004) Transgenic Tomato Plants Expressing the Arabidopsis NPR1 Gene Display Enhanced Resistance to a Spectrum of Fungal and Bacterial Diseases. *Transgenic Research*, **13**, 567-581. <https://doi.org/10.1007/s11248-004-2375-9>
- [12] 朱婷婷, 王春生, 孙珊珊, 等. 转 *NPR1* 和 *CHR3* 抗病基因提高大豆对疫霉根腐病抗性研究[J]. 大豆科学, 2021, 40(2): 168-176.
- [13] 巩元勇, 赵丽华, 闫飞. 番茄 *ZIP* 基因家族全基因组鉴定及表达模式分析[J]. 东北农业科学, 2023, 48(2): 42-48, 109.
- [14] Hu, B., Jin, J., Guo, A.Y., Zhang, H., Luo, J. and Gao, G. (2015) GSDB 2.0: An Upgraded Gene Feature Visualization Server. *Bioinformatics*, **31**, 1296-1297. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu817>
- [15] 巩元勇, 赵丽华, 闫飞, 等. 大豆 *GeBP* 转录因子基因家族的生物信息学分析[J]. 广西植物, 2022, 42(2): 294-303.
- [16] 薛承进, 赵兰馨, 赵德刚, 等. 茶树 *NPR* 基因家族成员鉴定与表达分析及冷诱导 *CsNPR3* 的基因克隆[J]. 浙江农业学报, 2025, 35(7): 1511-1522.
- [17] 王攀, 蔡兆明, 廖静静, 等. 大白菜 *NPR* 家族基因鉴定及表达模式分析[J]. 分子植物育种, 2021, 19(3): 746-758.
- [18] 李登高. 马铃薯 *StCRKs* 及 *StNPRs* 基因家族研究[D]: [博士学位论文]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2021.
- [19] 杨文博, 严汉池. 植物水杨酸受体 *NPR* 结构与功能研究进展[J]. 中国野生植物资源, 2023, 42(11): 70-76.
- [20] 刘冰琪, 颜沛沛, 王培育, 等. 金线兰 *NPR1* 基因克隆及其抗性响应表达分析[J]. 东南园艺, 2021, 12(5): 403-410.