

马铃薯萌芽出苗期根系对水分胁迫的响应机理分析

王晓娇^{1,2}, 蒙美莲^{1*}, 曹春梅², 逯春杏², 许飞²

(1. 内蒙古农业大学农学院, 呼和浩特 010019;

2. 内蒙古农牧业科学院, 呼和浩特 010031)

摘要:【目的】研究马铃薯根系对不同水分胁迫的响应机理。【方法】试验以马铃薯栽培品种‘克新1号’为材料, 利用Illumina HiSeqTM 4000高通量测序技术, 从转录组水平分析马铃薯萌芽出苗期根系对不同水分胁迫基因的差异表达, 分析萌芽出苗期根系对水分胁迫应答的分子机理。【结果】①通过对转录组测序分析, 中度水分胁迫样品中获得差异表达基因1 488个, 其中上调578个, 下调910个, 重度水分胁迫样品中获得差异表达基因5 241个, 其中上调1 905个, 下调3 336个, 共同差异表达基因369个, 差异基因主要与蛋白激酶、水解酶、氧化还原酶、水通道蛋白、转运蛋白、转录因子等相关; ②马铃薯萌芽出苗期根系中谷胱甘肽及其代谢途径参与了抵御水分胁迫处理的正调控; ③激素ABA、ET和CKs信号转导被激活, IAA、属于12个家族的107个蛋白磷酸酶基因, 可能参与水分胁迫应答, 其中丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C, PP2A)参与了ABA信号转导的调控; ④发现了属于54个家族的488个转录因子基因, 其中部分转录因子参与水分胁迫应答。【结论】在水分胁迫下, 马铃薯萌芽出苗期根系基因出现差异表达, 其中部分蛋白激酶、蛋白磷酸酶、氧化还原酶、转录因子及其参与的生物代谢途径和信号转导途径参与了水分胁迫的应答响应。

关键词: 马铃薯; 水分胁迫; 转录组; 差异表达基因; 响应机理; 根系

中图分类号: S532

文献标志码: A

doi: 10.13522/j.cnki.ggps.20180444

王晓娇, 蒙美莲, 曹春梅, 等. 马铃薯萌芽出苗期根系对水分胁迫的响应机理分析[J]. 灌溉排水学报, 2019, 38(5): 12-18.

0 引言

干旱是一个世界性的问题, 水资源短缺影响着植物的生长和发育^[1], 而中国是世界上主要的干旱国家之一, 干旱半干旱地区占国土面积的47%, 占总耕地面积的51%^[2], 据统计干旱造成的作物减产已超过其他逆境造成减产的总和^[3], 因此中国早已把提高作物抗旱性作为重点研究内容。新一代高通量测序技术为挖掘耐旱基因、研究植物对干旱胁迫的响应机制、揭示其耐旱机理提供了更简单、经济的方法, 为改良作物耐旱性、培育耐旱新品种提供理论依据。

马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)因其具有产量高、适应性强、营养丰富、粮菜兼用及综合加工利用途径广等特性, 已成为世界上仅次于稻、麦、玉米的四大作物之一。目前, 中国马铃薯种植面积稳定在5 333.3万hm², 但马铃薯主产区主要分布在干旱半干旱地区, 水资源有限, 马铃薯对水分较敏感, 不同程度的水分缺失都将影响马铃薯各生育期植株的生长发育, 影响马铃薯产量和品质。因此, 水分亏缺已经成为限制马铃薯产业发展的重要因素之一。近年来, 人们研究了耕翻深度^[4]、全膜垄作^[5]、轮套作^[6]等耕作方式对马铃薯生长的影响, 并取得一定成果。

植物感受到胁迫、将胁迫信号传递, 通过信号转导、胁迫应答基因表达达到蛋白质的表达调控, 最终引起植株多种形态、生理的变化来应对外界胁迫^[7]。以马铃薯栽培品种“克新1号”为试验材料, 通过不同程度土

收稿日期: 2018-08-17

基金项目: 国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-10-P17); 内蒙古自治区农牧业科学院青年创新基金项目(2015QNJJN10); 国家自然科学基金项目(31260416)

作者简介: 王晓娇(1985-), 女, 中级, 博士, 主要从事马铃薯栽培生理及病虫害防治研究。E-mail: 550456848@qq.com

通信作者: 蒙美莲(1960-), 女, 教授, 博士生导师, 主要从事马铃薯栽培生理方向研究。E-mail: mmeilian@126.com

壤水分胁迫处理,采用新一代 Illumina HiSeq4000 平台,对马铃薯萌芽出苗期不同程度土壤水分胁迫处理的根系样品进行转录组分析,旨在能够发掘出与耐旱或抗旱相关的基因,揭示耐旱或抗旱基因所参与的代谢途径、信号转导和调控机制,能够全面深入分析马铃薯对水分胁迫的响应机理,为培育抗逆新品种和马铃薯大田生产水分的科学管理提供一定理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料的准备及水分处理

试验以马铃薯栽培品种‘克新1号’为材料,采用盆栽种植,栽培盆放置在智能温室大棚中,播种时间2016年4月,试验用盆为上口径26 cm、下口径18 cm、高17 cm的塑胶盆,每盆中装有5 kg土壤,土壤有机质质量为11.15 g/kg,全氮量为1.52 g/kg,土壤的田间最大持水率为24.18%。设3个胁迫处理梯度:重度水分胁迫(DLWR)、中度水分胁迫(LWR)和正常供水(NWR),其土壤含水率分别为土壤田间最大持水率的25%、50%和85%。每盆播种5粒块茎种子,播深8~10 cm,每个处理设3个重复。每天17:00采用称质量法,补充失去的水分,控制不同处理间土壤水分,使各处理保持设定的土壤含水率,试验过程中不施肥。胁迫25 d后,进行根系样品混合取样(每盆中所有根系混合),将取好的根系样品迅速放入液氮中冷冻,将冷冻好的样品置于-80℃超低温冰箱中保存备用。

1.2 试验方法

将采取的根系样品用干冰盒包装好,送北京诺禾致源生物信息科技有限公司进行总RNA提取,其中利用琼脂糖凝胶检测RNA完整性和是否污染,利用Nanodrop检测RNA质量,通过高通量测序平台进行测序。利用软件DESeq^[8]进行不同样品间差异基因分析,筛选出样品间的差异表达基因,并对差异基因进行显著性($P<0.05$)分析,以未进行水分胁迫处理的NWR为对照,对DLWR、LWR 2个胁迫样品表达基因的上下调关系进行统计。将筛选到的差异表达基因,利用软件GO seq^[9]进行生物学功能分析,利用KOBAS(2.0)软件将获得的差异表达基因序列在KEGG数据库(kyoto encyclopedia of gene and genomes,京都基因与基因组百科全书)中进行注释^[10],分析确定差异表达基因所参与的主要生物代谢途径和信号转导途径。利用iTAK软件进行转录因子预测和分析^[11]。

1.3 数据处理

利用Excel进行数据整理并作图。

2 结果与分析

2.1 样本间差异基因分析

从表1可以看出,以 $P<0.05$ 来评估样本间的差异基因,与NWR处理相比,DLWR处理和LWR处理2个样本的上调和下调基因均明显增加,与NWR处理相比,DLWR处理差异表达基因5 241个,其中上调基因1 905个,下调基因3 336个;与NWR处理相比,LWR处理差异表达基因1 488个,其中上调基因578个,下调基因910个;与LWR处理相比,DLWR处理差异表达基因1 995个,其中上调基因467个,下调基因1 528个,差异基因中,下调基因数均高于上调基因数;中度水分胁迫样本与重度水分胁迫样本存在共同差异表达基因369个,通过对部分差异显著基因分析发现,Novel01287、Novel02252、Novel02253、Novel02254、Novel06005、Novel06006、PGSC0003DMG400001529、PGSC0003DMG400017632、PGSC0003DMG400028578等基因主要与蛋白激酶、氧化还原酶、水解酶、水通道蛋白、转运蛋白、转录因子等相关。

表1 差异基因比较分析

样品比较	差异基因	上调基因	下调基因
DLWR vs NWR	5241	1905	3336
LWR vs NWR	1488	578	910
DLWR vs LWR	1995	467	1528

2.2 根系中谷胱甘肽代谢反应

还原型谷胱甘肽(GSH)是植物体内非常重要的ROS非酶促清除系统。GSH生物合成的主要前体是L-半胱氨酸和L-谷氨酸。水分胁迫下谷胱甘肽的代谢途径如图1所示。从图1可以看出,在水分胁迫处理下,亮氨酸氨肽酶(PepA)表达量的增加,将会增加L-半胱氨酸量,增加谷胱甘肽的合成量。GSH向R-S-谷胱甘肽转移的途径中,谷胱甘肽硫转移酶发挥着重要的作用,在水分胁迫处理下与谷胱甘肽转移酶相关的基因

PGSC0003DMG402011367、PGSC0003DMG400011012、PGSC0003DMG400002174、PGSC0003DMG400014654、PGSC0003DMG400031094、PGSC0003DMG400002169、PGSC0003DMG400002171、PGSC0003DMG400002172、PGSC0003DMG400031092、PGSC0003DMG400019728、PGSC0003DMG400028783、PGSC0003DMG400007844、PGSC0003DMG400040636、PGSC0003DMG400002170 均呈下调表达,减缓了 GSH 向 GSSG 的转换速度,增加了谷胱甘肽的量,因谷胱甘肽具有清除因逆境引起细胞内产生的自由基的功能,谷胱甘肽代谢反应参与了根系抵御水分胁迫的应答。

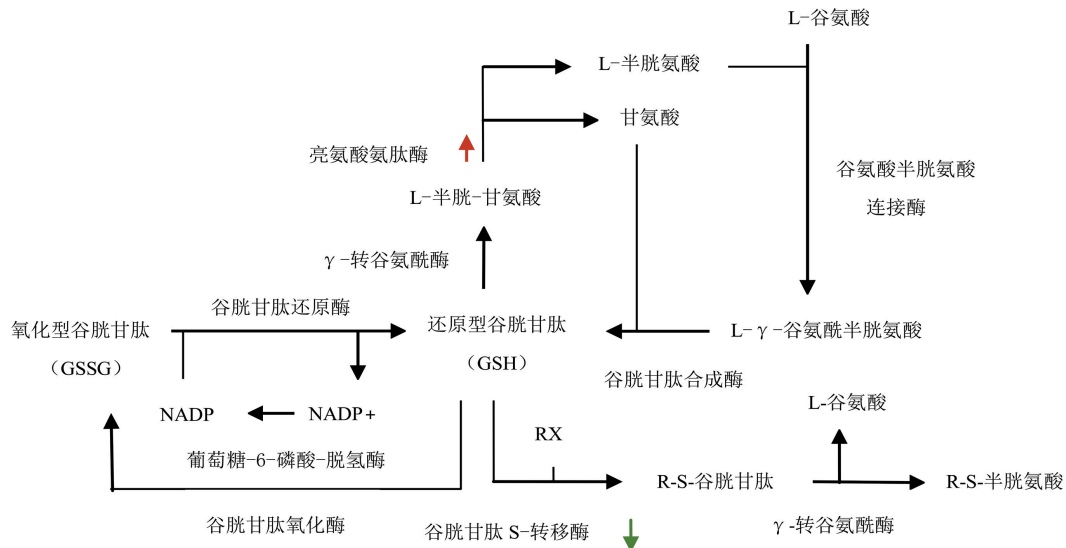


图1 水分胁迫对谷胱甘肽代谢途径的影响

2.3 根系内源激素信号转导的反应

图2为水分胁迫处理下,马铃薯根系中内源激素信号转导情况。从图2可以看出,生长素(IAA)转入蛋白(AUX1)基因、生长素响应基因 AUX/IAA、ARF、GH3、茉莉酸(JA)信号转导中间体基因 JAR1、JAZ、MYC2、水杨酸(SA)信号转导依赖的 NPR1 基因表达量均下调,说明 IAA、JA 和 SA 信号转导途径被抑制。细胞分裂素(CKs)信号转导的反应调节子 B-ARR、A-ARR、脱落酸(ABA)信号转导核心组分 PP2C、SnRK2、ABF、乙烯(ET)信号转导相关 ETR 等基因表达量均上调,说明水分胁迫下,马铃薯根系中 ABA、ET、CKs 等信号转导被激活。

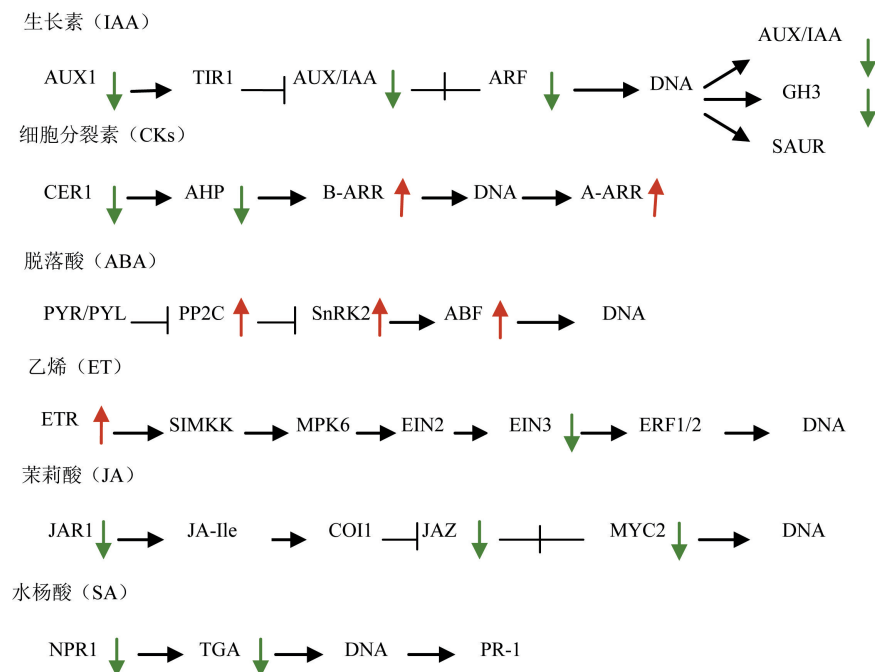


图2 水分胁迫下根系内源激素信号转导

2.4 根系中蛋白激酶、蛋白磷酸酶的反应

图3为不同水分处理下根系中蛋白激酶家族的反应(基因数小于6的蛋白激酶家族没有被列出)。在重度水分胁迫(DLWR)的根系中发现409个蛋白激酶,其中80个上调表达,329个下调表达,在中度水分胁迫(LWR)的根系中发现150个蛋白激酶,其中31个上调表达,119个下调表达,不同表达的蛋白激酶主要分布在7个家族,差异表达的蛋白激酶集中在丝氨酸-苏氨酸/酪氨酸-蛋白激酶和丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶2大家族(表2)。故随着水分胁迫程度的加剧,表达的蛋白激酶数量增多。

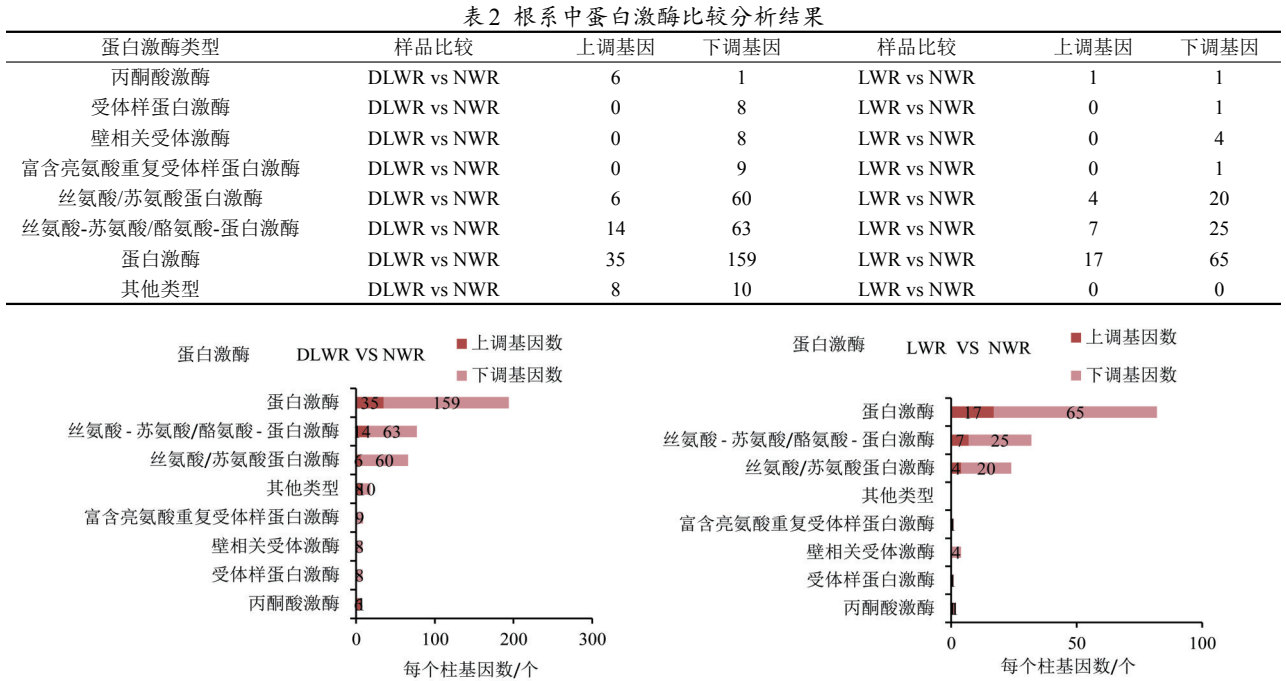


图3 不同水分处理下根系中蛋白激酶家族的反应情况

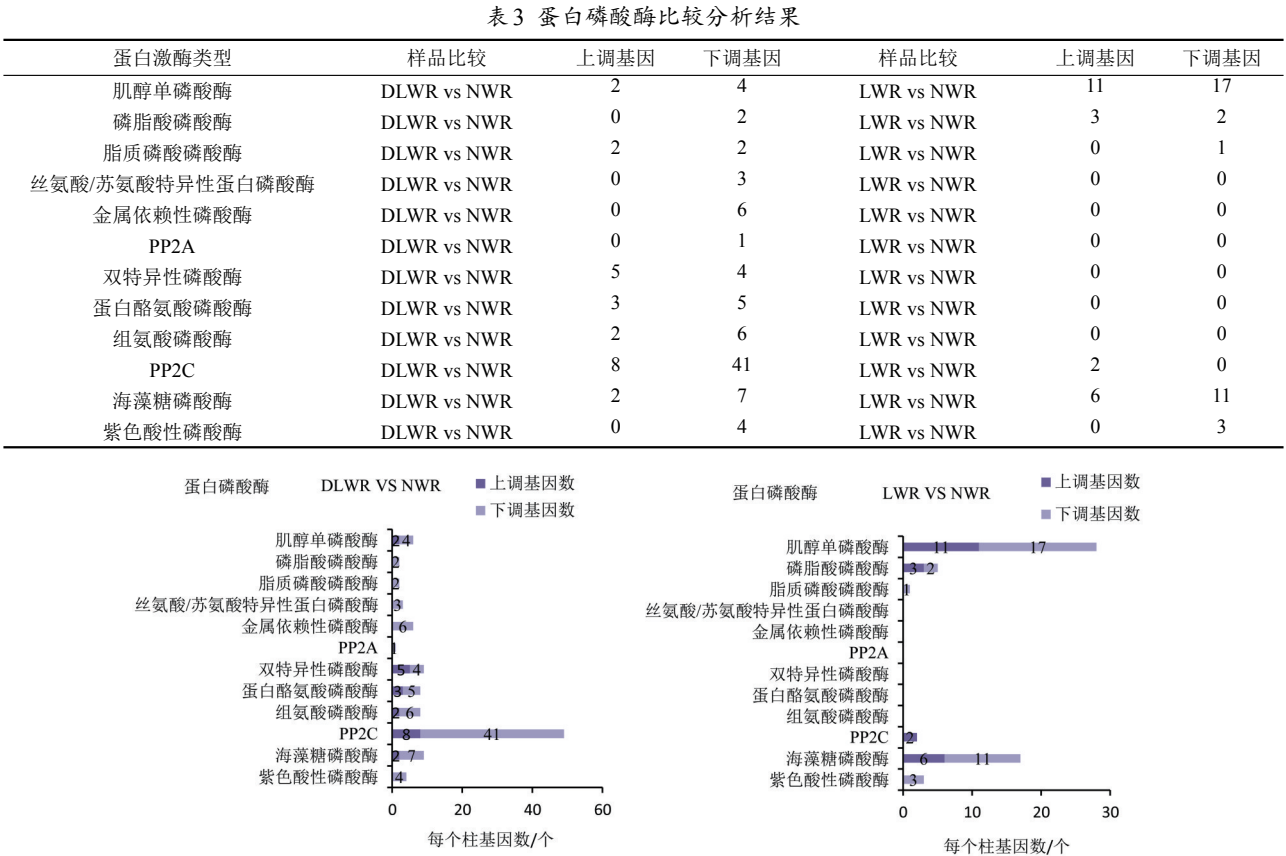


图4 不同水分处理下根系中蛋白磷酸酶家族的反应情况

图4为不同水分处理下根系中蛋白磷酸酶家族的反应。在重度水分胁迫(DLWR)的根系中发现107个蛋白磷酸酶,其中22个上调表达,85个下调表达,不同表达的蛋白磷酸酶主要分布在12个家族,差异表达的蛋白磷酸酶集中在丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C,PP2A)、蛋白酪氨酸磷酸酶、双特异性磷酸酶、组氨酸磷酸酶、海藻糖磷酸酶等家族。在中度水分胁迫(LWR)的根系中发现28个蛋白磷酸酶,其中11个上调表达,17个下调表达,与重度水分处理相比,蛋白磷酸酶数量也减少,差异表达的蛋白磷酸酶集中肌醇磷酸酶和海藻糖磷酸酶2大家族(表3)。故随着水分胁迫程度的加剧,表达的蛋白磷酸酶数量也在增多。

2.5 转录因子的反应

在水分胁迫处理的马铃薯根系库中发现488个转录因子基因(表4)。这些转录因子可被分为54个家族(图5)(图中基因数小于5的转录因子类型没有被列出)。其中A2/APETAL 乙烯应答元件结合蛋白(AP2/EREBP)、MYB、碱性螺旋-环-螺旋蛋白(bHLH)、WRKY、拟南芥C₂H₂型锌指蛋白家族、GRAS、Orphans、HB、碱性亮氨酸拉链(bZIP)、LOB、GNAT、G2-like、C₂C₂-Dof、AUX/IAA、C₃H、NAC结构域蛋白(NAC)、CCAAT等转录因子家族的多数成员基因上调表达。

表4 转录因子类型及表达量

转录因子类型	基因表达量	转录因子类型	基因表达量	转录因子类型	基因表达量
AP2-EREBP	56	bZIP	19	CCAAT	9
MYB	42	LOB	16	MADS	8
bHLH	34	GNAT	13	Tify	8
WRKY	32	G2-like	12	ABI3VP1	7
C2H2	31	C2C2-Dof	12	HSF	6
GRAS	25	AUX/IAA	12	TCP	5
Orphans	24	C3H	11	Others	74
HB	23	NAC	9		

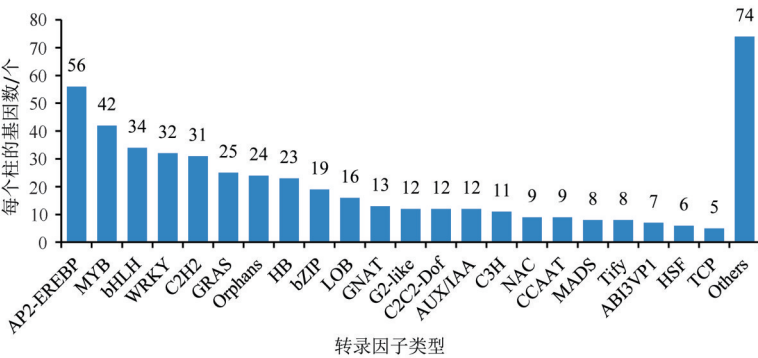


图5 根系转录因子的表达量

3 讨论

本研究发现,马铃薯萌芽出苗期根系在水分胁迫处理下,细胞内GSH、GPx的活性增强,因GSH是胞内抗氧化剂,能够保护DNA、蛋白质和其他生物分子抵抗氧化损伤,可参与氨基酸的跨膜转运^[12]、细胞内的信号转导,来维持细胞的正常活动^[13],本研究中根系的GSH活性增强,可有效保护了细胞膜免受ROS的侵害,增强氧化还原能力,提高植株抗逆性,马铃薯萌芽出苗期根系对水分胁迫产生生理响应。

本研究发现,马铃薯根系在水分胁迫条件下,与生长素(IAA)信号转导相关的生长素输入载体(AUX1)表达量下调,限制了生长素向性运输,生长素响应基因AUX/IAA、ARF、GH3表达量均下调,生长素信号转导水平被抑制,因生长素具有调控根系生长发育的功能,所以生长素信号转导被抑制将会限制根系的生长发育;在细胞分裂素(CKs)信号转导中,细胞分裂素受体蛋白组氨酸激酶(CRE1)基因、磷酸转运蛋白(AHP)基因表达量下调,但细胞分裂素反应调节子B-ARR和A-ARR表达量上调,A-ARR表达量受到细胞分裂素的诱导,Ren等^[14]研究发现B-ARR基因被激活将显著抑制主根和侧根的生长发育,说明当土壤中水分亏缺时将抑制马铃薯根系的生长发育,所以在实际生产中要维持合理的土壤含水率。

本研究中,与ABA信号转导相关的PP2C、SnRK2、ABF(ABA反应元件结合因子)等基因均上调表达,

ABA 量迅速升高, PYR/PYL 受体与 ABA 结合, 再结合蛋白磷酸酶 PP2C, 使蛋白激酶 SnRK2 激活, 诱导了 ABA 信号转导被激活, 且发现 ABA 量与 CAT 活性极显著正相关, 说明 ABA 提高了 CAT 活性, 增强根系的抗氧化能力, 提高植物抗逆性; 与乙烯(ET)信号转导相关的核心组分乙烯受体(ETR)编码基因表达量上调, ET 信号转导被激活, 在干旱胁迫下 ET 对水稻响应干旱胁迫有正调控作用^[15], 说明 ET 可能参与马铃薯根系抵御水分胁迫的正调控。本研究显示在水分胁迫下, ABA 和 ET 信号转导途径参与马铃薯根系抵御逆境的响应, 而 JA 和 SA 信号转导途径被抑制说明其与提高马铃薯根系抗逆胁迫无关或关系不大。

本研究中, 随着水分胁迫程度的加剧, 根系中差异表达蛋白激酶、蛋白磷酸酶基因增多, 差异表达的蛋白激酶主要集中在丝氨酸-苏氨酸/酪氨酸-蛋白激酶和丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶 2 个家族, 差异表达的蛋白磷酸酶主要集中在丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C, PP2A)、组氨酸磷酸酶和肌醇磷酸酶 3 大家族。前人^[16]研究发现蛋白激酶和蛋白磷酸酶在植物体内是协同作用的, 当植物体感受到外界环境变化, 产生信号, 蛋白激酶磷酸化开启信号转导通路, 将信号传出去, 蛋白磷酸酶去磷酸化将信号转导关闭, 实现内部和外部信息的快速而准确传递, 维持信号转导的动态平衡, 维持植株正常的生命活动。通过对马铃薯根系中 ABA 信号转导途径分析, 丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C, PP2A)是 ABA 信号转导途径中关键调控因子, 说明丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C, PP2A)对提高根系抗性具有正调控作用。其他激素信号转导过程均有蛋白激酶和蛋白磷酸酶的参与, 因此, 可以认为在水分胁迫处理下, 根系中的蛋白激酶和蛋白磷酸酶参与激素信号转导, 调控根系抗逆性。

水分胁迫下, 根系中 AP2/EREBP、MYB、bHLH、WRKY、bZIP、NAC 和锌指蛋白等转录因子家族基因表达量上调, Xu 等^[17]、Chen 等^[18]、Johnson 等^[19]研究表明水分胁迫下 AP2/EREBP、MYB、bHLH、WRKY、bZIP、NAC 和锌指蛋白对植物响应胁迫具有正调控作用, 初步说明这些转录因子参与马铃薯根系应答水分胁迫的正调控, 具体如何调控需进一步研究。

4 结 论

1) 通过对转录组测序分析, 在中度水分处理样品中获得差异表达基因 1 488 个, 其中上调 578 个, 下调 910 个, 在重度水分处理样品中获得差异表达基因 5 241 个, 其中上调 1 905 个, 下调 3 336 个, 共同差异表达基因 369 个, 差异基因主要与蛋白激酶、氧化还原酶、水解酶、水通道蛋白、转运蛋白、转录因子等相关。

2) 在水分处理下, 马铃薯萌芽出苗期间根系中谷胱甘肽及其代谢途径参与了抵御水分处理的正调控。

3) 激素 ABA、ET 和 CKs 信号转导被激活, IAA、GA、JA 和 SA 信号转导被抑制, 其中 ABA 和 ET 信号转导途径参与提高植株抗逆反应。

4) 在中度和重度水分处理下, 分别发现属于 7 个家族的 150 个和 409 个蛋白激酶基因, 属于 12 个家族的 28 个和 107 个蛋白磷酸酶基因, 丝氨酸/苏氨酸磷酸酶(PP2C, PP2A)参与 ABA 信号转导的调控。

5) 发现了属于 54 个家族的 488 个转录因子基因, 其中 AUX/IAA 基因参与 IAA 信号转导。

参考文献:

- [1] 李生秀. 中国旱地农业[M]. 北京: 中国农业出版社, 2004: 1-59.
- [2] 宋志荣. 马铃薯对旱胁迫的反应[J]. 中国马铃薯, 2004(6): 330-332.
- [3] 曲涛, 南志标. 作物和牧草对于干旱胁迫的响应及机理研究进展[J]. 草业学报, 2008(2): 126-135.
- [4] 孟丽丽, 张婷婷, 蒙美莲, 等. 耕翻深度对马铃薯生长及土壤水分的影响[J]. 灌溉排水学报, 2018, 37(3): 58-65.
- [5] 孙梦媛, 刘景辉, 赵宝平, 等. 全膜垄作对旱作马铃薯土壤含水率、酶活性及产量的影响[J]. 灌溉排水学报, 2017, 36(4): 1-8.
- [6] 谭雪莲, 郭天文, 张国宏, 等. 轮套作对马铃薯根际土壤微生物和酶活性的影响[J]. 灌溉排水学报, 2016, 35(9): 45-50.
- [7] HUANG Guotao, MA Shiling, BAI Liping, et al. Signal transduction during cold, salt, and drought stresses in plants [J]. Molecular Biology Reports, 2012, 39(2): 969-987.
- [8] ANDERS Simon, HUBER Wolfgang. Differential expression analysis for sequence count data [J]. Genome Biology, 2010, 11(10): 106.
- [9] YOUNG M D, WAKEFIELD M J, SMYTH G K, et al. Gene ontology analysis for rna-seq: accounting for selection bias [J]. Genome Biology, 2010, 11(2): 14.
- [10] KANEHISA M, ARAKI M, GOTO S, et al. Kegg for linking genomes to life and the environment [J]. Nucleic Acids Research, 2007, 36(Database issue): D480-D484.
- [11] PAULINO PR, MAURICIO RPD, GUEDES CLG, et al. PlnTFDB: updated content and new features of the plant transcription factor database [J]. Nucleic Acids Research, 2010, 28(Database issue): D822-D827.

- [12] BOCK KW, LILIENBLUM W, FISCHER G, et al. The role of conjugation reactions in detoxication [J]. Archives of Toxicology, 1987, 60(1/3): 22-29.
- [13] KETTERER B, COLES B, MEYER D J. The role of glutathione in detoxication.[J]. Environ Health Perspect, 1983, 49: 59-69.
- [14] BO REN, YAN LIANG, YAN DENG, et al. Genome-wide comparative analysis of type-a arabidopsis response regulator genes by overexpression studies reveals their diverse roles and regulatory mechanisms in cytokinin signaling [J]. Cell Research, 2009, 19: 1 178-1 190.
- [15] WAN L, ZHANG J, ZHANG H, et al. Transcriptional activation of *osderf1* in *osarf3* and *osap2-39* negatively modulates ethylene synthesis and drought tolerance in rice [J]. Plos One, 2011, 6(9):e25216.
- [16] LI Y, FENG D, ZHANG D, et al. Rice mapk phosphatase *ibr5* negatively regulates drought stress tolerance in transgenic *nicotiana tabacum* [J]. Plant Science, 2012, 188/189: 10-18.
- [17] XU Yanjie, GAO Shan, YANG Yingjie, et al. Transcriptome sequencing and whole genome expression profiling of chrysanthemum under dehydration stress [J]. BMC Genomics, 2013, 14: 662.
- [18] CHEN X H, ZHUANG C G, HE Y F, et al. Photosynthesis, yield, and chemical composition of tieguanyin tea plants (*camellia sinensis* (L.) o. kuntze) in response to irrigation treatments [J]. Agricultural Water Management, 2010, 97(3):419-425.
- [19] JOHNSON S M, LIM F L, FINKLER A, et al. Transcriptomic analysis of *Sorghum bicolor* responding to combined heat and drought stress[J]. BMC Genomics, 2014, 15(1): 456.

Response of Roots of Potato at Seedling Stage to Water Stress

WANG Xiaojiao^{1,2}, MENG Meilian^{1*}, CAO Chunmei², LU Chunxing², XU Fei²

(1.College of Agronomy, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010019, China;

2.Inner Mongolia Academy of Agricultural & Animal husbandry Sciences, Hohhot 010031, China)

Abstract:【Objective】Root development at early stage has consequence for seasonal plant growth, and the purpose of this paper is to study the response of roots of potato at seedling stage to water stress. 【Method】The variety of KEXIN 1 was used in the experiment. We analyzed the gene expression at transcriptional level using high-throughout sequencing of Illumina HiSeq TM 4000 from the transcriptome to study the response of root to water stress.【Result】① Expression of 1488 genes was identified at moderate water stress, in which 578 were up-regulated and 910 were down-regulated. At sever water stress, expression of 5 241 genes were identified, among which 1 905 were up-regulated and 3336 genes were down-regulated, with 369 regulated neither way. The difference in gene expression was associated with protein kinase, hydrolase, oxidoreductase, aquaporin, transporter, transcription factors, among others. ②The glutathione and its metabolic pathway were involved in positive regulation to resist water stress during germination stage. ③The signal transduction of hormones ABA, *ET* and CKs were activated, yet the transduction of IAA, JA and SA was inhibited. The signal transduction pathways of ABA and *ET* were involved in improving the resistance of plant to water stress. ④Under moderate to severe water stress, 409 protein kinase genes from 7 families and 107 protein phosphatase genes from 12 families were found to have expressed, which might contribute to the resistance of plant to water stress. Serine/threonine phosphatase (PP2C, PP2A) was involved in regulating the ABA signal transduction. ⑤There were 488 transcription genes from 54 families, some of which were involved in resistance of the plant to water stress. 【Conclusion】Under water stress, genes in roots of potato seedling expressed differently. Some protein kinases, protein phosphatases, oxidoreductases, transcription and those involved in biological metabolic pathways and signal transduction pathways were involved in plant resistance to water stress.

Key words: potato; water stress; transcriptomes; different genes expression; response mechanism; root system

责任编辑:白芳芳