DOI:10.16861/j.cnki.zggc.2026.0248

马铃薯 *StMYB48* 基因的克隆及其在不同胁迫下的表达分析

牛苏燕[1],刘佳怡[2],张珍华[1],张晓申[3],张晓静[3],郭建成[4]

(1.郑州师范学院 郑州 450044; 2.郑州枫杨外国语中学 郑州 450001; 3.郑州市农业科技研究院 郑州 450007; 4.河南百亩田农业科技有限公司 河南漯河 462600)

摘 要:MYB 转录因子广泛参与调控植物的生长发育、次生代谢以及对生物和非生物胁迫的响应。为解析马铃薯 *StMYB48* 基因在非生物胁迫中的功能,通过 RT-PCR 技术从马铃薯品种 Russet Burbank 叶片中克隆获得 *StMYB48* 基因,并利用生物信息学方法和实时荧光定量 PCR 对该基因的序列特征及其在不同品种和不同胁迫条件下的表达模式进行分析。结果表明,*StMYB48* 基因的开放阅读框长度为 519 bp,编码 172 个氨基酸,具有保守的 SANT 结构域,属于 MYB 转录因子;蛋白质相对分子质量为 20.24 kD,理论等电点为 5.68,不稳定系数为 65.09,亲水性值为-1.035,为不稳定性亲水蛋白;蛋白质二级结构以无规则卷曲和 α 螺旋为主;同源性分析表明,马铃薯 *StMYB48* 基因与二倍体野生马铃薯、番茄和潘那利番茄的相似性在 95.00%以上;实时荧光定量 PCR 分析表明,在 2 个马铃薯品种中,*StMYB48* 在低氮肥、高温逆境胁迫处理下均被抑制表达。由此推测,*StMYB48* 作为负调控因子参与了马铃薯低氮肥和高温逆境胁迫的响应过程,本研究结果为进一步探究 *StMYB48* 基因的生物学功能及培育马铃薯抗逆新品种提供了理论依据。

关键词:马铃薯;MYB 转录因子;基因克隆;表达分析

中图分类号:S532 **文献标志码:**A **文章编号:**1673-2871(2026)10-035-07

Cloning and expression analysis of *StMYB48* gene in potato under different stresses

Niu Suyan[1], Liu Jiayi[2], Zhang Zhenhua[1], Zhang Xiaoshen[3], Zhang Xiaojing[3], Guo Jiancheng[4]

(*1. Zhengzhou Normal University, Zhengzhou 450044, Henan, China; 2. Zhengzhou Fengyang Foreign Language School, Zhengzhou 450001, Henan, China; 3. Zhengzhou Academy of Agricultural Science and Technology, Zhengzhou 450007, Henan, China; 4. Henan Baimutian Agricultural Technology Co., Ltd., Luohe 462600, Henan, China*)

Abstract: MYB transcription factors are widely involved in the regulation of plant growth and development, secondary metabolism, and responses to biotic and abiotic stresses. To elucidate the function of the potato *StMYB48* gene under abiotic stress, the *StMYB48* gene was cloned from the leaves of the potato cultivar Russet Burbank using RT-PCR technology, and its sequence characteristics and expression patterns in different varieties and under different stress conditions were examined using bioinformatics methods and quantitative real-time PCR, respectively. The results showed that the length of open reading frame of the *StMYB48* gene is 519 bp, encoding 172 amino acids. It contains a conserved SANT domain and belongs to the MYB transcription factor family. The relative molecular mass of the MYB48 protein is 20.24 kD, with a theoretical isoelectric point of 5.68, an instability index of 65.09, and a grand average of hydropathicity of −1.035, indicating it is an unstable hydrophilic protein. The secondary structure of the protein is predominantly composed of random coils and alpha helices. Homology analysis revealed that a similarity of over 95.00% with those from diploid wild potato, tomato, and *Solanum pennellii*. The qRT- PCR analysis indicated that expression of *StMYB48* was suppressed under low-nitrogen and high-temperature stresses in both potato varieties. These results suggest that *StMYB48* gene may act as a negative regulator participated in the response of potato to low nitrogen fertilizer and high temperature stress. This study

收稿日期:2026-03-30;**修回日期:**2026-05-30

基金项目:郑州市青年人才项目(2024);河南省大学生创新创业训练计划项目(S202512949014);河南省科技副总项目(2025);郑州师范学院大学生创新创业训练计划项目(DCY2024021);河南省高等学校重点科研项目(27B210013)

作者简介:牛苏燕,女,副教授,主要从事薯类作物育种及功能基因组学等研究工作。E-mail:niusuyan@zznu.edu.cn

通信作者:张珍华,男,讲师,主要从事生物信息学及作物育种等研究工作。E-mail:zhenhuayuemu@163.com

provides a theoretical foundation for further exploring the biological function of the *StMYB48* gene and for breeding new potato varieties with enhanced stress resistance.

Key words: Potato; MYB transcription factor; Gene coloning; Expression analysis

马铃薯（*Solanum tuberosum*）作为全球第四大粮食作物，其稳定生产对保障粮食安全及维持现有饮食结构具有不可替代的重要作用。然而，在马铃薯的整个生育周期中，温度和氮素供应是影响块茎产量和品质的两大关键环境因子。当环境气温在白天持续高于 30 ℃且土壤温度超过 18 ℃时，马铃薯的光合作用与物质转运平衡将受到严重干扰[1]。高温不仅抑制叶片光合效率，减少“源”端同化物的供应，还会扰乱光合产物向“库”器官——块茎的运输与分配，导致源-库关系失调，进而造成块茎形成与膨大延迟，形态异常率增高，内部易出现坏死、褐化或空心等品质劣变现象，最终造成产量显著下降和商品价值降低[1-2]。在全球气候变暖的背景下，高温胁迫已成为制约马铃薯主产区稳产与高产的重要因素。此外，农业生产上为了获得马铃薯的目标产量，总依赖于过度施用氮肥，这不仅大幅增加了农业生产成本，还导致氮素利用效率低下，造成资源浪费。未被作物吸收的氮素以硝酸盐等形式进入环境，污染水体和土壤，加剧温室气体排放，对生态系统构成威胁[3]。更为严峻的是，过量氮肥会促使马铃薯块茎中积累大量硝酸盐和亚硝酸盐[4]。这些化合物通过食物链进入人体后，亚硝酸盐可与血红蛋白结合引发高铁血红蛋白症，对婴幼儿危害尤其显著；长期摄入更与肾上腺肾小球肥大、消化系统癌症等严重健康问题密切相关[5-6]。

MYB 转录因子是植物中数量最多、功能最多样的转录因子家族之一，广泛参与调控植物的生长发育、次生代谢以及对各种生物和非生物胁迫的响应。研究表明，拟南芥 *AtMYB68* 的表达受高温胁迫诱导，突变体 *myb68* 与野生型相比生长受阻，表明 *AtMYB68* 可能参与调控拟南芥高温胁迫下营养生长的某一过程[7]。过表达水稻 *OsMYB55* 基因能提高总氨基酸含量，以及由谷氨酰胺合成酶、谷氨酰胺转移酶和谷氨酸脱羧酶等酶激活合成的氨基酸含量，通过增强氨基酸的代谢，提高水稻对高温的耐性[8]。此外，MYB 类转录因子参与高等植物氮缺乏胁迫的应答调控。研究表明，过表达 *OsMYB305* 通过增强低氮条件下对硝酸盐的吸收能力，从而促进水稻生长[9]。在低氮条件下，转谷子 *SiMYB30* 基因的水稻转基因植株的生物产量、稻谷含氮量均显著高于野生型水稻。在过表达 *SiMYB30* 转基因水稻株系中，参与硝酸盐转运的相关基因 *NRT2.1*、*NRT2.2*、*NAR2.1* 在转基因水稻植株中的表达量相对于野生型水稻均有不同程度上调[10]。笔者前期对马铃薯品种 Russet Burbank 在高温胁迫和低氮肥胁迫下的转录组进行分析，发现 *StMYB48* 基因在高温处理和低氮肥处理幼苗中的表达量均显著下调[11]。鉴于此，笔者进一步利用 RT-PCR 技术从马铃薯品种 Russet Burbank 中克隆 *StMYB48* 基因，对其进行生物信息学分析，并对不同品种和不同胁迫（高温和低氮肥）下的表达模式进行研究，以期为进一步开展对 *StMYB48* 基因的功能解析和培育耐高温/耐低氮肥马铃薯新品种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

试验于 2024 年 3－12 月在郑州师范学院生物工程研究中心实验室（简称本实验室）进行。试验材料为本实验室保存的马铃薯品种 Russet Burbank（RB，薯条型品种）和 Shepody（SH，薯条和薯片兼用品种）。植物生长条件为温度 22 ℃/18 ℃（白天/黑夜），湿度 70%，光周期 14 h/10 h（光照/黑暗）。（1）高温胁迫处理：生长 30 d 后，选取长势一致的植株分成 2 组进行不同温度处理，每组 3 盆，设置 3 次重复。其中一组放置在 32 ℃/26 ℃（白天/黑夜）作为高温处理组，其余放置在 22 ℃/18 ℃（白天/黑夜）作为对照组。处理 3 d 后，分别收集不同植株的第 2 片展开叶，液氮速冻后放置在−80 ℃超低温冰箱中保存备用。（2）低氮肥胁迫处理：将 2 个品种的幼苗分别种植于低氮肥胁迫（0.05 mmol·L^{-1} N）和氮肥供应充足（7.5 mmol·L^{-1} N）条件的水培系统中[12-13]，生长 10 d 后，从 2 个处理条件下分别取 6 株马铃薯幼苗，立即放入液氮速冻后于−80 ℃冰箱保存备用。

1.2 马铃薯总 RNA 的提取

利用植物多糖多酚 RNA 提取试剂盒（天根生化科技有限公司，北京），按照说明书提取不同胁迫处理马铃薯叶片的总 RNA（RB_LT 和 RB_LD 分别为马铃薯 RB 品种高温胁迫和正常生长条件的样品；SH_LT 和 SH_LD 分别为 SH 品种高温胁迫和正常生长条件的样品；RB_LL 和 RB_LC 分别为 RB 品种低氮肥胁迫和氮肥供应充足条件的样品；SH_LL 和 SH_LC 分别为 SH 品种低氮肥胁迫和氮

肥供应充足条件的样品），并对其纯度进行检测。

1.3　总RNA反转录及基因克隆

利用反转录酶 M-MLV 将提取的马铃薯 RB 品种的总 RNA 反转录成 cDNA 第一条链。以反转录获得的 cDNA 为模板，利用上游引物 ATGACTCCTCAAGAAGAACG 和下游引物 TGAAGAATCCACCCACAAGCAGG 扩增马铃薯 *StMYB48* 基因。对 PCR 产物进行琼脂糖凝胶电泳检测后，将符合预期大小的扩增产物回收后连接到载体 PMD19-T Vector 上，转入大肠杆菌 *DH5a* 进行测序分析。

1.4　马铃薯*StMYB48*基因的生物信息学分析

利用 NCBI 网站的 Blast 和 CD-search 对马铃薯 MYB48 蛋白的氨基酸序列进行比对分析和结构域预测；利用 NCBI 中的 Conserved Domain 预测目的基因的 CDS 区域；利用 ExPasy 网站的 ProtParam 工具对 MYB48 蛋白进行理化性质分析；利用 SOPMA 工具和 SWISS-MODEL 分别对 MYB48 蛋白质进行二级和三级结构预测；采用 PlantCare 软件分析基因启动子区的响应元件；采用 MEGA7.0.14 构建系统进化树。

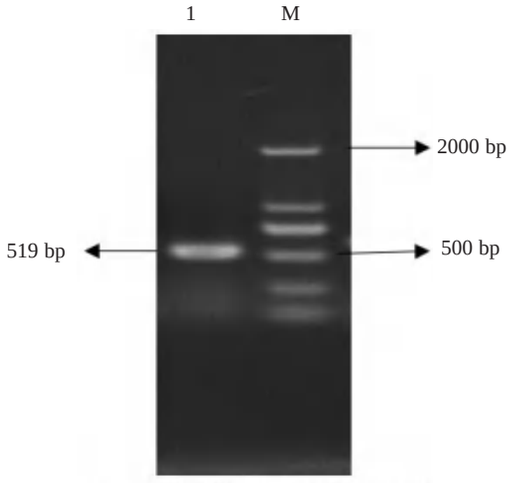
1.5　马铃薯*StMYB48*基因在不同胁迫条件下的表达分析

根据克隆出的 *STMYB48* 基因序列，设计特异性上游引物 AGGAACTTCTACGATACGGGTGG 和下游引物 GACATCCATAGAGTGTTTGGGCA，并以马铃薯 *EF1a* 基因作为内参基因[14]。利用荧光定量 PCR 技术，分析该基因在不同马铃薯品种及不同胁迫条件下的表达情况。采用 FastStart Universal SYBR Green Master（ROX）（Roche Mannheim，Germany）试剂盒，按照说明书的操作步骤进行。PCR 反应体系：2×SYBR Premix Ex *Taq* 10.0 μL，上游和下游引物各 0.8 μL，cDNA 模板 2.0 μL，加 ddH_2O 补足至 20 μL。PCR 反应条件为：95 ℃ 15 s；60 ℃ 15 s；72 ℃ 15 s；共 40 个循环，每个样本进行 3 次试验重复，3 次生物学重复，采用 $2^{-\triangle\triangle Ct}$ 的方法计算基因的相对表达量。

2　结果与分析

2.1　马铃薯*StMYB48*基因的克隆

对扩增产物进行凝胶电泳检测，结果如图 1 所示，以 2000 bp 的 Marker 为对照，马铃薯 *MYB48* 基因的核苷酸序列全长为 519 bp，CDS 全长为 519 bp，编码含 172 个氨基酸。



注：M 为 2000 bp DNA marker；1 为 *StMYB48* 基因的扩增产物。

Note：M represents DNA marker of 2000 bp；1 represents amplification product of *StMYB48* gene.

图 1　*StMYB48* 基因的 PCR 扩增

Fig. 1　PCR amplification of *StMYB48* gene

2.2　马铃薯StMYB48蛋白质的理化性质分析

利用 ExPasy 网站的 PrptParam 工具对 StMYB48 蛋白质的理化性质进行分析，结果表明，StMYB48 蛋白质的相对分子质量为 20.24 kD，理论等电点 pI 为 5.68，带负电荷的残基总数为 26，带正电荷的残基总数为 23；不稳定系数为 65.09，预测为不稳定性蛋白质；总亲水性系数为−1.035，预测其为亲水性蛋白质。

2.3　马铃薯StMYB48蛋白质结构域的预测和分析

利用 SOPMA（https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/secpred_ sopma. pl）软件对马铃薯 MYB48 蛋白质的二级结构进行预测。结果（图 2）显示，该蛋白质含有 α 螺旋、延伸链、β 折叠和无规则卷曲结构。其中含量最高的是无规则卷曲，为 54.65%，延伸链为 8.14%，β 折叠为 2.91%，α 螺旋为 34.30%。利用 SWISS-MODEL 软件对马铃薯 MYB48 蛋白质的三级结构进行预测（图 3），与图 2 的结果一致。使用 InterPro 在线软件预测分析，可知马铃薯 MYB48 蛋白质包括典型的 SANT/MYB 结构域和 MYB-Dom 结构域（图 4）。利用 PlantCare 软件分析该基因上游 2000 bp 启动子序列，发现含有光响应元件 11 个，脱落酸响应元件 3 个，水杨酸响应元件 1 个，推测该基因可能参与植物的生长发育和逆境胁迫响应。

2.4　StMYB48氨基酸序列同源性分析

在 NCBI 数据库 Blast 比对其他物种的蛋白质序列，结果显示，*StMYB48* 基因编码的蛋白质序列

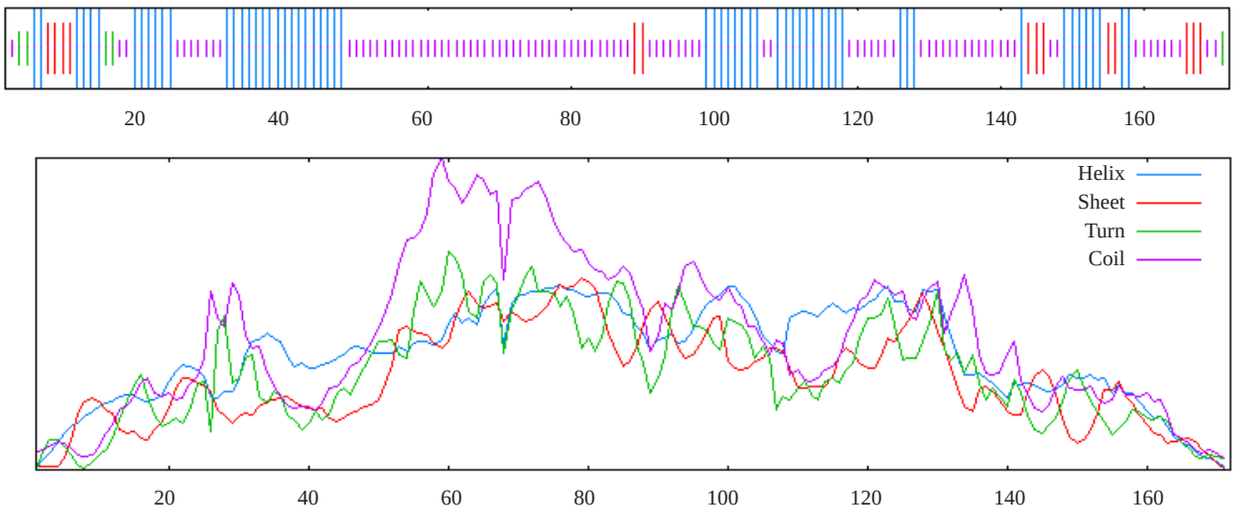


图 2　StMYB48 蛋白质二级结构的预测

Fig. 2　Secondary structure prediction of StMYB48 protein

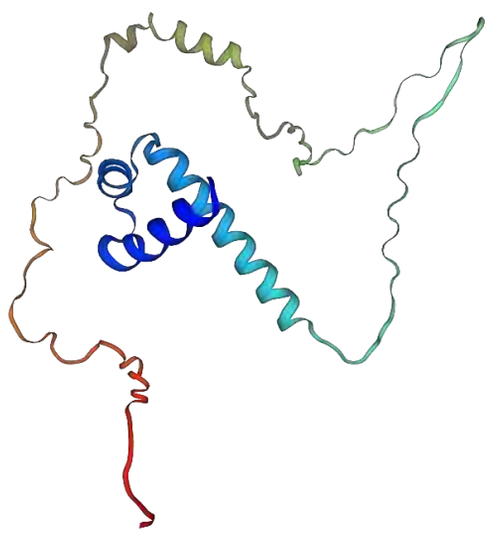


图 3　StMYB48 蛋白质的三级结构预测

Fig. 3　Tertiary structure prediction of StMYB48 protein

与 NCBI 报道的二倍体野生马铃薯（*Solanum verrucosum*）相似性高达 97.09%；与番茄（*Solanum lycopersicum* 、潘那利番茄（*Solanum pennellii*）、辣椒（*Capsicum annuum*）和欧白英（*Solanum dulcamara*）的相似性分别为 95.93%、95.35%、89.14%和 88.37%（图 5）。以上结果表明，*StMYB48* 基因编码的蛋白质序列与 NCBI 报道的茄科植物相似度较高，说明该基因较为保守。

2.5　*StMYB48* 基因在非生物胁迫下的表达分析

为了研究 *StMYB48* 在马铃薯高温和低氮肥胁迫下发挥的功能，在 2 个马铃薯品种的苗期进行高温和低氮肥胁迫处理。通过荧光定量 PCR 方法，对比分析了 *StMYB48* 基因在高温处理和正常生长条件、低氮肥胁迫和氮肥供应充足条件下的表达情况。结果显示，马铃薯 RB 品种中，*StMYB48* 基因在高温处理后的表达量与对照相比显著下降了 95.15%，低氮肥胁迫处理与氮肥供应充足相比显著下降了 59.21%。在马铃薯 SH 品种中，该基因在高温胁迫处理和低氮肥胁迫处理后，分别显著下降了 76.19% 和 69.88%（图 6）。qRT-PCR 验证的不同胁迫条件下 *StMYB48* 基因的表达趋势与转录组测序结果一致（图 7）。由此可知，马铃薯 *StMYB48* 基因被高温胁迫和低氮肥胁迫抑制表达。

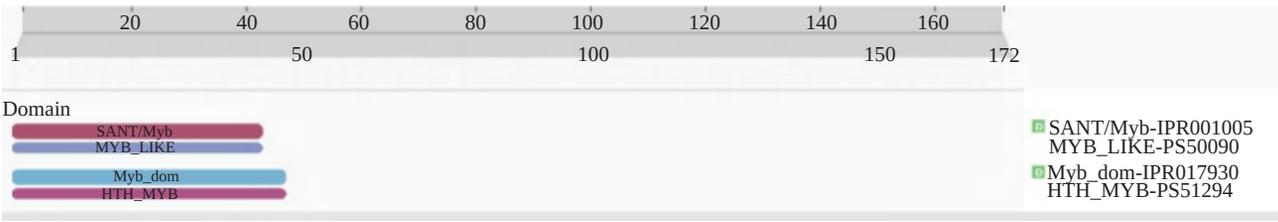


图 4　StMYB48 蛋白质的结构域预测

Fig. 4　The domain prediction of StMYB48 protein

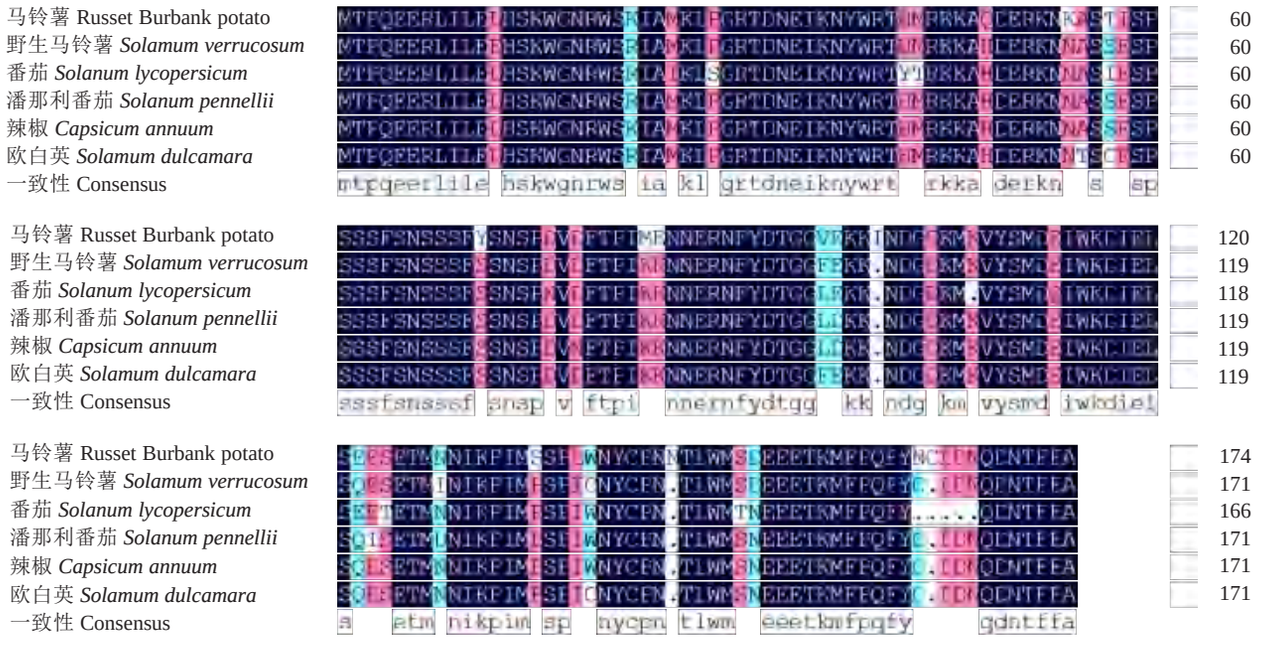
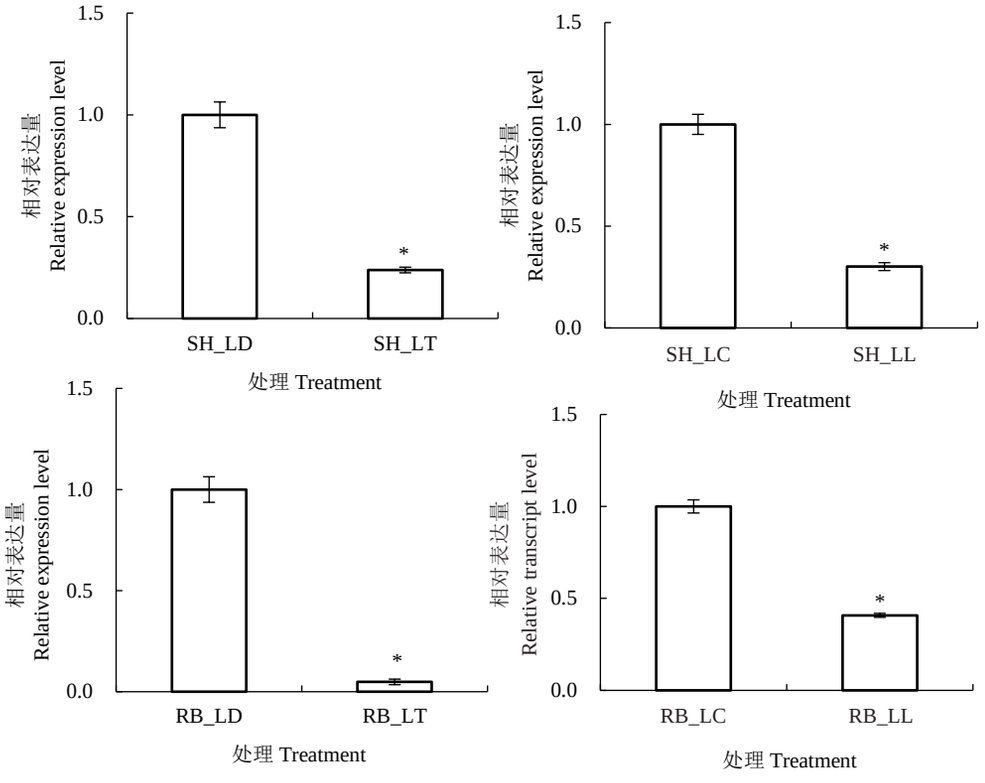


图 5　StMYB48 蛋白质与其他物种的多序列对比

Fig. 5　Multiple sequences alignment of StMYB48 protein in potato and other plants



注：*表示在 0.05 水平差异显著。

Note: * represents significant difference at 0.05 level.

图 6　*StMYB48* 基因在不同品种及不同胁迫条件下的表达分析

Fig. 6　Expression analysis of *StMYB48* gene under different varieties and stress conditions

3　讨论与结论

马铃薯是一年生草本茄科茄属植物，块茎富含淀粉、维生素及微量元素，有“第二面包”的美誉。马铃薯不仅是我国的第四大主粮作物，同时也是蔬菜、牲畜饲料和加工的主要原料，被称为“世界粮

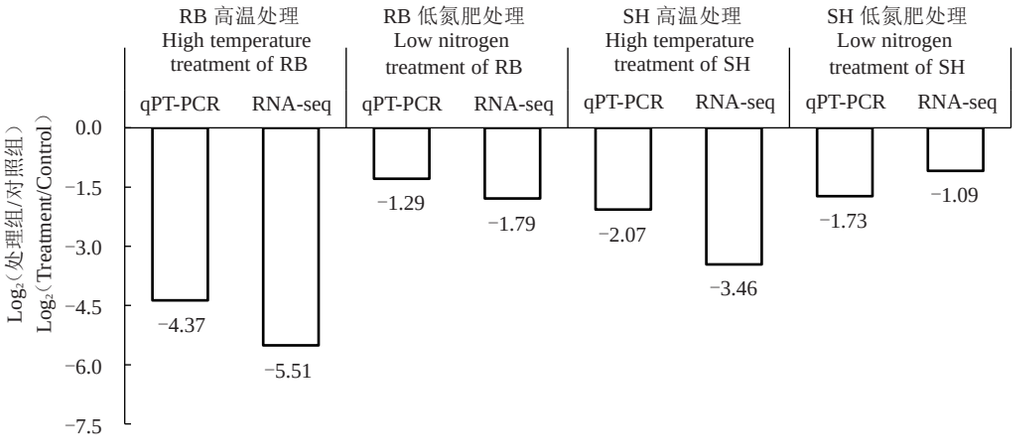


图 7　荧光定量 PCR 和转录组测序下 *StMYB48* 基因的表达分析

Fig. 7　Expression analysis of *StMYB48* gene using qRT-PCR and RNA-seq

仓”或“人类粮库”[15]。

MYB 转录因子是一种普遍存在于绝大部分苔藓植物、蕨类植物和被子植物中的十分关键的特异性蛋白质分子。研究表明，MYB 转录因子参与植物代谢、细胞形成、分化和发育过程及逆境胁迫响应，如温度、光照、干旱、盐分、营养元素和病虫害刺激的信号转导过程[16-19]。拟南芥 *AtMYB4* 基因参与冷胁迫的调控[16]，*AtMYB96* 和 *AtMYB60* 通过与脱落酸信号的级联作用调控植物气孔运动、干旱胁迫和抗病性[20-22]。水稻 *OsMYB2* 基因参与调控干旱、耐寒和高盐等多种逆境胁迫[23]。马铃薯 *StMYB44* 响应低磷胁迫[24]，豆科基因 *LjMYB101* 和 *LjMYB102* 可作为响应低氮肥胁迫的指示基因[25]。此外，有研究表明，罗布麻 *AvMYB48* 基因在低温和镉胁迫下均上调表达[26]。然而，番茄 *SlMYB48* 对高盐和干旱胁迫均产生响应，其表达量在高盐胁迫下被诱导表达，但却随着干旱处理时间的延长而被抑制表达[27]。牛苏燕等[11]基于转录组测序数据筛选出 6 个差异表达的 MYB 类转录因子基因，根据功能分析，发现 MYB 可作为马铃薯响应低氮肥胁迫的重要候选基因。

综上所述，笔者成功克隆了马铃薯 *StMYB48* 基因，长度为 519 bp，共编码 172 个氨基酸，编码蛋白质的相对分子量为 20.24 kD，理论等电点为 5.68，为亲水性不稳定蛋白。实时荧光定量 PCR 分析结果表明，高温逆境及低氮胁迫处理均能显著抑制 *StMYB48* 基因在马铃薯品种 Russet Burbank 和 Shepody 中的表达。由此推测，*StMYB48* 作为负调控因子参与了马铃薯低氮和高温逆境胁迫的响应过程，该研究结果为进一步解析 *StMYB48* 基因在响应逆境胁迫中的分子机制提供了理论支持，并为后期马铃薯抗逆新品种选育奠定了基础。

参考文献

[1] Rykaczewska K. The effect of high temperature occurring in subsequent stages of plant development on potato yield and tuber physiological defects[J]. American Journal of Potato Research，2015，92(3)：339-349.

[2] Tang R M，Niu S Y，Zhang G D，et al. Physiological and growth responses of potato cultivars to heat stress[J]. Botany，2018，96(12)：897-912.

[3] Prasad R，Hochmuth G J. Environmental nitrogen losses from commercial crop production systems in the Suwannee River Basin of Florida[J]. PLoS One，2016，11(2)：e0167558.

[4] Elrys A S，Abdo A I E，Desoky E S M. Potato tubers contamination with nitrate under the influence of nitrogen fertilizers and spray with molybdenum and salicylic acid[J]. Environmental Science and Pollution Research，2018，25：7076-7089.

[5] 石岩. 食品中亚硝酸盐过量的危害与防治[J]. 食品与健康，2006(2)：39.

[6] 王子云，詹秀环，郭晓云. 不同处理方式对几种根茎类蔬菜亚硝酸盐含量的影响 [J]. 湖北农业科学，2013，52(21)：5268-5271.

[7] Deng M，Wang Y，Kuzma M，et al. Activation tagging identifies *Arabidopsis* transcription factor AtMYB68 for heat and drought tolerance at yield determining reproductive stages[J]. The Plant Journal，2020，104(6)：1535-1550.

[8] El- Kereamy A，Bi Y M，Ranathunge K. et al. The rice R2R3- MYB transcription factor OsMYB55 is involved in the tolerance to high temperature and modulates amino acid metabolism[J]. PLoS One，2012，7(12)：e52030

[9] Wang D J，Xu T Q，Yin Z K. et al. Overexpression of *OsMYB305* in rice enhances the nitrogen uptake under low-nitrogen condition[J]. Frontiers in Plant Science，2020，11：369

[10] 张玥玮. 谷子 MYB 类转录因子 SiMYB2 调控植物耐盐及 SiMYB30 调控植物耐低氮胁迫的功能解析[D]. 北京：中国农业科学院，2021.

[11] 牛苏燕，张珍华，郜作峰，等，在低氮肥胁迫下马铃薯MYB转录因子的特征分析[J]. 分子植物育种，2023，21（10）：3155-3164.

[12] Li X Q，Sveshnikov D，Zebarth B J，et al. Detection of nitrogen sufficiency in potato plants using gene expression markers[J]. American Journal of Potato Research，2010，87（1）：50-59.

[13] Sharifi M，Zebarth B J，Coleman W. Screening for nitrogen-use efficiency in potato with a recirculating hydroponic system[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis，2007，38（3/4）：359-370.

[14] 牛苏燕，张珍华，陈曼，等. 马铃薯 *StWRKY51* 基因的克隆及在高温胁迫下的表达分析[J]. 中国瓜菜，2024，37（7）：52-58.

[15] 谢从华. 马铃薯产业的现状与发展[J]. 华中农业大学学报（社会科学版），2012（1）：1-4.

[16] Vannini C，Locatelli F，Bracale M，et al. Overexpression of the rice *OsMYB4* gene increases chilling and freezing tolerance of *Arabidopsis thaliana* plants[J]. The Plant Journal，2004，37（1）：115-127.

[17] 陈清，汤浩茹，董晓莉，等. 植物Myb转录因子的研究进展[J]. 基因组学与应用生物学，2009，28（2）：365-372.

[18] Mattana M，Biazzi E，Consonni R，et al. Overexpression of *Osmyb4* enhances compatible solute accumulation and increases stress tolerance of *Arabidopsis thaliana*[J]. Physiologia Plantarum，2010，25（2）：212-223.

[19] 左然，徐美玲，柴国华，等. 植物MYB转录因子功能及调控机制研究进展[J]. 生命科学，2012，24（10）：1133-1140.

[20] Cominelli E，Galbiati M，Vavasseur A，et al. A guard-cell-specific MYB transcription factor regulates stomatal movements and plant drought tolerance[J]. Current Biology，2005，15（13）：1196-1200.

[21] Seo P J，Xiang F N，Qiao M，et al. The MYB96 transcription factor mediates abscisic acid signaling during drought stress response in *Arabidopsis*[J]. Plant Physiology，2009，151（1）：275-289.

[22] Seo P J，Lee S B，Suh M C，et al. The MYB96 transcription factor regulates cuticular wax biosynthesis under drought conditions in *Arabidopsis*[J]. Plant Cell，2011，23（3）：1138-1152.

[23] Agarwal M，Hao Y J，Kapoor A，et al. A R2R3 type MYB transcription factor is involved in the cold regulation of *CBF* genes and in acquired freezing tolerance[J]. Journal of Biological Chemistry，2006，281（49）：37636-37645.

[24] Zhou X J，Zha M R，Huang J，et al. StMYB44 negatively regulates phosphate transport by suppressing expression of *PHOSPHATE1* in potato[J]. Journal of Experimental Botany，2017，68（5）：1265-1281.

[25] Miyake K，Ito T，Senk D M. et al. Isolation of a subfamily of genes for R2R3-MYB transcription factors showing up-regulated expression under nitrogen nutrient- limited conditions[J]. Plant Molecular Biology，2003，53（1/2）：237-245.

[26] Abubakar A S，Feng X K，Gao G，et al. Genome wide characterization of R2R3 MYB transcription factor from *Apocynum venetum* revealed potential stress tolerance and flavonoid biosynthesis genes[J]. Genomics，2022，114（2）：110275.

[27] 刘佳凤，郭晓青，王桂强，等. 番茄 *SlMYB48* 基因生物信息学及表达分析[J]. 中国瓜菜，2024，37（4）：27-35.