



# 大豆 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因的非生物胁迫诱导表达及启动子分析

张 军<sup>1</sup>, 尹珺伊<sup>1</sup>, 何佳琦<sup>2</sup>, 田秋丰<sup>1</sup>, 刘秋瑾<sup>1</sup>, 王 岩<sup>1</sup>, 史同瑞<sup>1</sup>, 翟 莹<sup>2</sup>

(1. 黑龙江省农业科学院 畜牧兽医分院, 黑龙江 齐齐哈尔 161005; 2. 齐齐哈尔大学 生命科学与农林学院/抗性基因工程与寒地生物多样性保护黑龙江省重点实验室, 黑龙江 齐齐哈尔 161006)

**摘 要:** Dof 家族是典型的植物特异性锌指转录因子家族, 在植物中可以对非生物胁迫产生应答。为初步研究大豆 Dof 家族主要转录因子编码基因 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在大豆抗非生物胁迫过程中的作用及调控原理, 本研究通过实时荧光定量 PCR 检测大豆幼苗中 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因在非生物胁迫下的表达情况, 并使用 PlantCARE 在线数据库分析两个基因上游启动子的作用元件。结果显示: *GmDof4* 在干旱、高盐、高温和低温胁迫下表达量升高; *GmDof11* 在干旱、高盐和低温胁迫下表达量升高, 在高温胁迫下表达量下降。启动子顺式作用元件预测结果显示, *GmDof4* 启动子中含有 1 个厌氧诱导元件、1 个低温响应元件和 1 个 MYB 转录因子结合位点; *GmDof11* 启动子中含有 3 个厌氧诱导元件、2 个低温响应元件、1 个防御和胁迫响应元件和 1 个 MYB 转录因子结合位点。此外, 它们的启动子序列中还含有脱落酸响应元件、茉莉酸甲酯响应元件、赤霉素响应元件以及生长素响应元件。结果说明 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的启动子区域含有逆境相关顺式作用元件, 能够参与大豆对非生物胁迫的应答。

**关键词:** 大豆; Dof 转录因子; 非生物胁迫; 启动子; 顺式作用元件

## Abiotic Stress Induced Expression and Promoter Prediction of *GmDof4* and *GmDof11* Gene in Soybean

ZHANG Jun<sup>1</sup>, YIN Jun-yi<sup>1</sup>, HE Jia-qi<sup>2</sup>, TIAN Qiu-feng<sup>1</sup>, LIU Qiu-jin<sup>1</sup>, WANG Yan<sup>1</sup>, SHI Tong-rui<sup>1</sup>, ZHAI Ying<sup>2</sup>

(1. Branch of Animal Husbandry and Veterinary of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161005, China; 2. College of Life Science and Agroforestry, Qiqihar University/Heilongjiang Provincial Key Laboratory of Resistance Gene Engineering and Protection of Biodiversity in Cold Areas, Qiqihar 161006, China)

**Abstract:** Dof family is a typical transcription factors family of plant-specific zinc finger that can respond to abiotic stress in plants. In order to preliminarily study the role and regulation principle of transcription factor coding gene *GmDof4* and *GmDof11*, we studied the major transcription factors of soybean Dof family in abiotic stress resistance. We detected the expressions of *GmDof4* and *GmDof11* in soybean seedlings under abiotic stress by real-time fluorescence quantitative PCR, and analyzed the *cis*-elements in the promoters of the two genes with PlantCARE online database. The result showed that the expression of *GmDof4* increased under drought, high salinity, high temperature and low temperature stresses. The expression of *GmDof11* increased under drought, high salinity and low temperature stresses, but decreased under high temperature stress. The prediction result of promoter *cis*-elements showed that the *GmDof4* promoter contained one anaerobic induction element (ARE), one low temperature responsive element and one MYB transcription factor binding site. The *GmDof11* promoter contained three AREs, two LTRs, one defense and stress responsive element (TC-rich repeats) and one MYB transcription factor binding site. In addition, their promoter sequences also contained abscisic acid responsive elements, MeJA responsive elements, gibberellin responsive elements and auxin responsive elements. These results indicated that the promoter regions of *GmDof4* and *GmDof11* contained stress-related *cis*-elements, and *GmDof4* and *GmDof11* were involved in response to abiotic stress in soybean.

**Keywords:** Soybean; Dof transcription factor; Abiotic stress; Promoter; *cis*-element

Dof (DNA binding with one finger) 蛋白家族是一个典型的植物特异性锌指转录因子家族, 它们均含有 1 个 C<sub>2</sub>C<sub>2</sub> 型锌指状基序, 该基序能够特异性识别 (A/T)AAAG 序列<sup>[1]</sup>。自从第一个 Dof 基因从玉米中被分离以来<sup>[2]</sup>, 越来越多的 Dof 在不同植物中被

发现, Dof 的功能研究也随即开展。研究发现, Dof 基因参与植物的多种生物学过程, 并在其中发挥重要作用, 包括防御基因表达、种子萌发、光周期调控、种子贮藏蛋白的合成及蔗糖转运等<sup>[3-6]</sup>。Dof 转录因子家族中的部分成员可以响应干旱、高盐、高

收稿日期: 2020-12-04

基金项目: 中央引导地方科技发展专项 (ZY18C07-12); 齐齐哈尔市科技创新激励项目 (CNYGG-2020009); 黑龙江省普通本科高等学校青年创新人才培养计划 (UNPYSCT-2017153); 齐齐哈尔大学研究生创新科研项目 (YJSCX2020041)。

第一作者: 张军 (1982—), 男, 硕士, 助理研究员, 主要从事大豆分子遗传育种研究。E-mail: 307906439@qq. com。

通讯作者: 翟莹 (1982—), 女, 博士, 副教授, 主要从事大豆分子遗传育种研究。E-mail: fairy39809079@126. com。

温和低温等非生物胁迫。小麦中大部分 *Dof* 基因的表达可以被高温和干旱胁迫所调控<sup>[7]</sup>。大白菜中的 9 个 *Dof* 基因均能不同程度地响应高温、低温、高盐及干旱胁迫<sup>[8]</sup>。马铃薯的 35 个 *Dof* 基因中,大部分能被盐和甘露醇胁迫诱导上调表达,且 *StDof11* 可被高温胁迫上调表达,而 *StDof8*、*StDof14*、*StDof15* 和 *StDof22* 则被高温胁迫下调表达<sup>[9]</sup>。甜瓜的 9 个 *Dof* 基因中,7 个能够响应 PEG 胁迫,7 个能够响应高盐胁迫,5 个能够响应低温胁迫<sup>[10]</sup>。大豆 (*Glycine max* L.) 是人类蛋白和脂类的主要来源,大豆抗逆基因工程育种一直都是研究热点。Wang 等<sup>[11]</sup> 在 2007 年从大豆中鉴定了 28 个 *Dof* 转录因子基因,其中 *GmDof4* 和 *GmDof11* 可以提高转基因拟南芥种子中总脂肪酸和脂质含量。在椭圆小球藻中过表达 *GmDof4* 还可以提高其脂质含量<sup>[12]</sup>。但有关 *GmDof4* 和 *GmDof11* 与非生物胁迫之间关系的研究尚未见报道。

启动子是结构基因上游 RNA 聚合酶的识别和结合位点,是调控基因表达的关键因素<sup>[13]</sup>。启动子中的顺式作用元件可以与转录因子蛋白特异性结合,调控下游逆境相关基因的表达,从而使植物能够适应不利的外界环境。大豆 *GmERF9* 在低温胁迫下表达量升高,研究显示其启动子中含有多个胁迫相关的 MYB、MYC 及 WRKY 转录因子结合位点<sup>[14]</sup>。大豆 *GmGBPI* 启动子中含有干旱响应元件 MBS 和高温响应元件 HSE,导致其活性受干旱和高温胁迫的诱导<sup>[15]</sup>。大豆 *GmPR10* 启动子中存在多个响应水杨酸和茉莉酸的顺式作用元件,外源水杨酸和茉莉酸可以增强启动子的启动活性,表明 *GmPR10* 基因所介导的大豆抗病性可能依赖于水杨酸和茉莉酸信号通路<sup>[16]</sup>。所以,启动子的研究对于进一步了解基因的表达调控机制具有重要意义。

本研究通过在线数据库获取 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的基因序列,设计特异性引物并通过实时荧光定量 PCR 方法对 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在非生物胁迫(干旱、高盐、高温和低温)下的表达量进行检测,并使用在线数据库预测 *GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子中的逆境相关顺式作用元件,探讨 *GmDof4* 和

*GmDof11* 在非生物胁迫下差异表达的分子基础,进而解析其响应非生物胁迫的原因。

1 材料与方法

1.1 材料

齐齐哈尔地区广泛种植的大豆品种北豆 9 号,由齐齐哈尔大学植物分子育种研究室提供。

1.2 方法

1.2.1 非生物胁迫处理 在温室中,将大豆种子播种至沙土中(大田土:细沙 = 1:1)。待根长至 5 cm 左右时移入 Hoagland 营养液中,待第一片三出复叶完全展开后进行非生物胁迫处理。干旱胁迫处理,用含 20% PEG8000 的 Hoagland 营养液培养大豆幼苗;高盐胁迫处理,用含 200 mmol · L<sup>-1</sup> NaCl 的 Hoagland 营养液培养大豆幼苗;高温和低温胁迫处理,将大豆幼苗连同 Hoagland 营养液分别移入 42 ℃ 和 4 ℃ 的培养箱中。在不同处理时间点 0、1、2、5、10 和 24 h 分别剪取 0.1 g 第一片三出复叶(0 h 作为对照),迅速置于液氮中并保存在 -80 ℃ 超低温冰箱中。

1.2.2 RNA 提取及 cDNA 合成 使用 Takara 公司的 RNAiso Plus 试剂提取非生物胁迫处理材料的总 RNA。总 RNA 提取质量通过琼脂糖凝胶电泳和 OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> 值检测。使用 Novoprotein 公司的 cDNA 反转录试剂盒进行反转录。

1.2.3 实时荧光定量 PCR 根据 NCBI 数据库 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 中已经公布的 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因序列,使用 Primer 5 软件设计实时荧光定量 PCR 引物,选择大豆 *β-Tubulin* 基因作为内参基因(表 1)<sup>[17]</sup>。所用引物均由上海生工公司合成。使用 BIO-RAD CFX96 Real-Time PCR 仪进行实时荧光定量 PCR,反应程序:95 ℃ 预变性 1 min;95 ℃ 变性 20 s,58 ℃ 退火 1 min,循环 40 次。20 μL 反应体系包括:2 μL cDNA、上下游引物各 0.8 μL、10 μL 2 × SYBR qPCR SuperMix Plus (Novoprotein 公司),用去离子水补足。采用 2<sup>-ΔΔCt</sup> 法计算 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因在非生物胁迫下的相对表达量,所有样本均重复 3 次。

表 1 实时荧光定量 PCR 引物序列

Table 1 Sequences of primers in real-time fluorescence quantitative PCR

| 基因<br>Gene       | GenBank 登录号<br>GenBank accession number | 上游引物<br>Forward primer      | 下游引物<br>Reverse primer          |
|------------------|---|-----------------------------|---------------------------------|
| <i>GmDof4</i>    | DQ857254                                | 5'-GAGGCTCCGACCCACCATC-3'   | 5'-GTCCAAATAGCGGGGCACTTC-3'     |
| <i>GmDof11</i>   | DQ857261                                | 5'-TCCCTCCTCGGCAAACCTTC-3'  | 5'-TAACCCCAACCCACACCAGAATTGC-3' |
| <i>β-Tubulin</i> | GMU12286                                | 5'-GGAAGGCTTCTTCGATTGCTA-3' | 5'-AGTGGCATCCTGCTACTGC-3'       |

1.2.4 启动子中顺式作用元件的预测分析 于在线数据库 GmGDB (<http://www.plantgdb.org/GmGDB/>) 中搜索并下载 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因的起始密码子上游2 000 bp 的启动子序列。使用在线数据库 PlantCARE (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) 进行顺式作用元件的预测分析。

2 结果与分析

2.1 非生物胁迫诱导 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因表达情况分析

2.1.1 干旱胁迫 实时荧光定量 PCR 结果显示, *GmDof4* 在干旱胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 0.56 ~ 5.24, 最低值出现在处理后 10 h, 最高峰值出现在处理后 24 h; *GmDof11* 在干旱胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 0.79 ~ 21.22, 最低值出现在处理后 1 h, 最高峰值出现在处理后 2 h (图 1)。

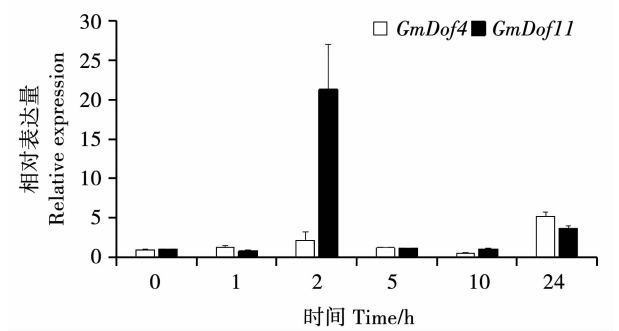


图 1 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在干旱胁迫下的相对表达量  
Fig. 1 The relative expression of *GmDof4* and *GmDof11* under drought stress

2.1.2 高盐胁迫 实时荧光定量 PCR 结果显示, *GmDof4* 在高盐胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 0.74 ~ 3.50, 处理后的 10 h 出现最低值, 最高峰值出现在处理后的 24 h; *GmDof11* 在高盐胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 0.52 ~ 1.87, 最低峰值出现在处理后 1 h, 最高峰值出现在处理后 24 h (图 2)。

2.1.3 高温胁迫 实时荧光定量 PCR 结果显示, *GmDof4* 在高温胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 1.14 ~ 2.48, 处理后 5 h 出现最低值, 最高峰值出现在处理后 1 h; *GmDof11* 在高温胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 0.26 ~ 0.97, 最低值出现在处理后 1 h, 处理后 5 h 出现最高峰值 (图 3)。

2.1.4 低温胁迫 实时荧光定量 PCR 结果显示, *GmDof4* 在低温胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量

变化范围为 0.83 ~ 5.42, 最低峰值出现在处理后 10 h, 最高峰值出现在处理后 24 h; *GmDof11* 在低温胁迫处理下 0 ~ 24 h 的相对表达量变化范围为 1.94 ~ 7.89, 处理后 2 h 出现最低值, 最高峰值出现在处理后 5 h (图 4)。

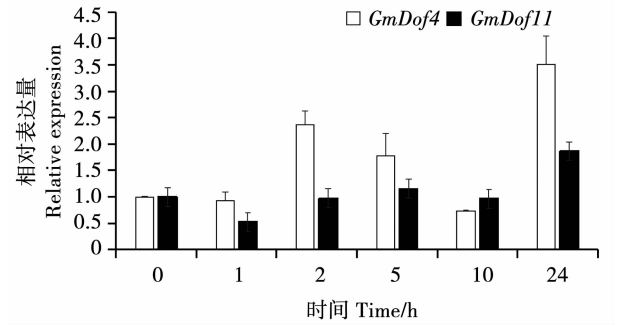


图 2 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在高盐胁迫下的相对表达量  
Fig. 2 The relative expression of *GmDof4* and *GmDof11* under salt stress

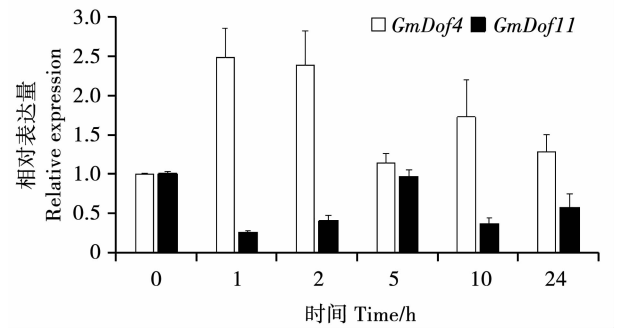


图 3 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在高温胁迫下的表达量  
Fig. 3 The relative expression of *GmDof4* and *GmDof11* under heat stress

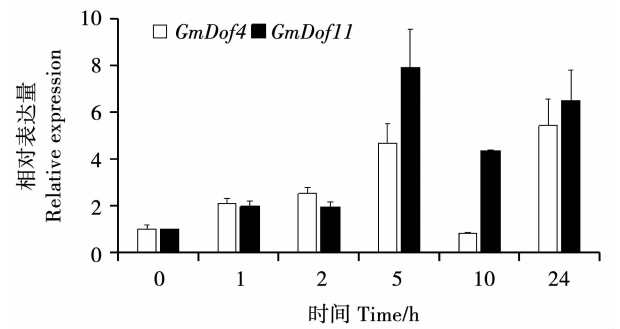


图 4 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在低温胁迫下的表达量  
Fig. 4 The relative expression of *GmDof4* and *GmDof11* under cold stress

2.2 *GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子顺式作用元件预测分析

对 *GmDof4* 和 *GmDof11* 基因启动子区域的逆境相关顺式作用元件的预测结果显示, *GmDof4* 启动子中含有 1 个厌氧诱导元件 (ARE)、1 个低温响应元件 (LTR) 和 1 个 MYB 转录因子结合位点; *GmDof11*

启动子中含有 3 个 ARE、2 个 LTR、1 个防御和胁迫响应元件(TC-rich repeats)和 1 个 MYB 转录因子结合位点。此外 *GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子中还含有多种激素响应相关元件,如脱落酸响应元件

(ABRE)、茉莉酸甲酯响应元件 (CGTCA-motif 和 TGACG-motif)、赤霉素响应元件 (GARE-motif)、生长素响应元件(TGA-element) (表 2)。

表 2 *GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子顺式作用元件预测  
Table 2 Prediction of cis-elements in *GmDof4* and *GmDof11* promoters

| 基序<br>Motif      | 预测功能<br>Predicted function                         | 序列<br>Sequence | 数目<br>Amount                        |
|------------------|--|----------------|-------------------------------------|
| ABRE             | 脱落酸响应元件<br>ABA responsive element                  | ACGTG          | <i>GmDof4</i> :3; <i>GmDof11</i> :3 |
| ARE              | 厌氧诱导元件<br>Anaerobic induction element              | AAACCA         | <i>GmDof4</i> :1; <i>GmDof11</i> :3 |
| CGTCA-motif      | 茉莉酸甲酯响应元件<br>MeJA responsive element               | CGTCA          | <i>GmDof4</i> :2; <i>GmDof11</i> :1 |
| GARE-motif       | 赤霉素响应元件<br>Gibberellin responsive element          | TCTCTTG        | <i>GmDof4</i> :0; <i>GmDof11</i> :1 |
| LTR              | 低温响应元件<br>Low temperature responsive element       | CCGAAA         | <i>GmDof4</i> :1; <i>GmDof11</i> :2 |
| MYB-binding site | MYB 转录因子结合位点<br>MYB binding site                   | CAACAG         | <i>GmDof4</i> :1; <i>GmDof11</i> :1 |
| TC-rich repeats  | 防御和胁迫响应元件<br>Defense and stress responsive element | ATTCTCTAAC     | <i>GmDof4</i> :0; <i>GmDof11</i> :1 |
| TGA-element      | 生长素响应元件<br>Auxin responsive element                | AACGAC         | <i>GmDof4</i> :1; <i>GmDof11</i> :1 |
| TGACG-motif      | 茉莉酸甲酯响应元件<br>MeJA responsive element               | TGACG          | <i>GmDof4</i> :2; <i>GmDof11</i> :1 |

3 讨 论

目前,通过 *Dof* 基因的超表达或异源表达改良植物的非生物胁迫抗性已经成为可能。例如,番茄 *Dof* 基因 *SICDF1* 和 *SICDF3* 的异源表达可以提高转基因拟南芥的抗旱和抗盐性<sup>[18]</sup>。番茄中的另一个 *Dof* 基因 *TDDF1* 的超表达能够提高转基因番茄的抗旱和抗盐性<sup>[19]</sup>。大豆中也报道了一些与非生物胁迫相关的 *Dof* 转录因子<sup>[20-21]</sup>。*GmDof4* 和 *GmDof11* 早在 2007 年就已经被克隆,它们在脂类合成及种子发育中发挥作用<sup>[11-12, 22]</sup>,但它们是否也能响应非生物胁迫并在大豆应对非生物胁迫时发挥转录调控功能值得进一步研究。研究表明基因的功能往往与其表达模式密切相关。因此,本研究检测了 *GmDof4* 和 *GmDof11* 在 4 种常见的非生物胁迫下的表达动态。结果显示,*GmDof4* 和 *GmDof11* 对4种非

生物胁迫均能够应答,除 *GmDof11* 在高温胁迫下表达量下降外,其他胁迫处理均可以诱导 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的表达,但在响应时间及程度上存在差异。这与前人研究结果相似,例如,在小麦的 17 个能够响应干旱胁迫的 *Dof* 基因中,除 *TaDof14* 和 *TaDof15* 在干旱胁迫下表达量明显上调外,其余15个*Dof* 基因的表达量均下调,表明它们可能负向调控小麦的干旱适应性<sup>[6]</sup>;水稻中 28 个 *Dof* 基因的表达受 ABA、NaCl 或 PEG 胁迫的调节,其中 27 个 *Dof* 基因可以同时被 2 种或 2 种以上的胁迫诱导<sup>[23]</sup>。这些都反映了 *Dof* 转录因子功能的多样性及复杂性,它们可能在生理水平上参与不同胁迫相关信号途径之间的交互作用。

基因对非生物胁迫的应答可能取决于启动子的活性受逆境诱导启动。在 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的启动子区域均发现了几种与逆境胁迫相关的顺式

作用元件,包括厌氧诱导元件、低温响应元件、防御和胁迫响应元件等。这些顺式作用元件的存在为 *GmDof4* 和 *GmDof11* 受非生物胁迫的调控提供了依据<sup>[24]</sup>。基因对非生物胁迫的响应有可能是由启动子本身造成,也有可能启动子所结合的转录因子有关。*GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子中均含有 1 个 MYB 转录因子结合位点,表明 *GmDof4* 和 *GmDof11* 可能是 MYB 转录因子调控的靶基因,而 MYB 转录因子家族又广泛参与植物对逆境胁迫的响应,这也可能是 *GmDof4* 和 *GmDof11* 响应非生物胁迫的原因之一<sup>[14, 25]</sup>。但是 MYB 转录因子是否真的能够与 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的启动子结合并调控其表达,还需要进一步的试验来确定。

4 结 论

实时荧光定量 PCR 检测结果显示,*GmDof4* 在干旱、高盐、高温和低温胁迫下表达量升高;*GmDof11* 在干旱、高盐和低温胁迫下表达量升高,在高温胁迫下表达量下降。*GmDof4* 启动子中含有 1 个厌氧诱导元件、1 个低温响应元件和 1 个 MYB 转录因子结合位点;*GmDof11* 启动子中含有 3 个厌氧诱导元件、2 个低温响应元件、1 个 TC-rich repeats 和 1 个 MYB 转录因子结合位点。*GmDof4* 和 *GmDof11* 启动子序列中还含有脱落酸响应元件、茉莉酸甲酯响应元件、赤霉素响应元件以及生长素响应元件。说明 *GmDof4* 和 *GmDof11* 的表达量受逆境胁迫诱导发生变化,两个基因的变化规律存在一定差异,基因启动子区域均含有逆境相关顺式作用元件,能够参与大豆对非生物胁迫的应答。

参考文献

[1] Yanagisawa S, Schmidt R J. Diversity and similarity among recognition sequences of Dof transcription factors[J]. The Plant Journal, 1999, 17(2): 209-214.

[2] Yanagisawa S, Izui K. Molecular cloning of two DNA-binding proteins of maize that are structurally different but interact with the same sequence motif[J]. Journal of Biological Chemistry, 1993, 268(21): 16028-16036.

[3] 张雪,尹悦佳,范贝,等. 植物 Dof 转录因子的结构特点及功能研究进展[J]. 作物杂志, 2016(2): 14-20. (Zhang X, Yin Y J, Fan B, et al. Advances on the structural characteristics and function of Dof transcription factors in plant[J]. Crops, 2016 (2): 14-20. )

[4] Papi M, Sabatini S, Altamural M M, et al. Inactivation of the phloem-specific Dof zinc finger gene *DAG1* affects response to light

and integrity of the testa of *Arabidopsis* seeds [J]. Plant Physiology, 2002, 128(2): 411-417.

[5] Mena M, Vicente-Cabajosa J, Schmidt R J, et al. An endosperm-specific Dof protein from barley, highly conserved in wheat, binds to and activates transcription from the prolamin-box of a native B-hordein promoter in barley endosperm[J]. The Plant Journal, 1998, 16(1): 53-62.

[6] Shaw L M, McIntyre C L, Gresshoff P M, et al. Members of the Dof transcription factor family in *Triticum aestivum* are associated with light-mediated gene regulation[J]. Functional & Integrative Genomics, 2009, 9(4): 485-498.

[7] 任永康,牛瑜琦,逯成芳,等. 小麦 Dof 转录因子家族全基因组鉴定和表达分析[J]. 河南农业科学, 2020, 49(9): 11-19. (Ren Y K, Niu Y Q, Lu C F, et al. Genome-wide identification and expression of wheat Dof transcription factors[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2020, 49(9): 11-19. )

[8] Ma J, Li M, Wang F, et al. Genome-wide analysis of Dof family transcription factors and their responses to abiotic stresses in Chinese cabbage[J]. BMC Genomics, 2015, 16(1): 33.

[9] 吴智明,张圣旭,梁关生. 马铃薯基因组中 Dof 转录因子家族的鉴定与表达特征分析[J]. 核农学报, 2015, 29(7): 1260-1270. (Wu Z M, Zhang S X, Liang G S. Genome-wide identification and expression analysis of the Dof transcription factor family in potato (*Solanum tuberosum* L.) [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2015, 29(7): 1260-1270. )

[10] 张焕欣,李国权,杨惠栋,等. 甜瓜 Dof 家族全基因组鉴定与表达分析[J]. 园艺学报, 2019, 46(11): 2176-2187. (Zhang H X, Li G Q, Yang H D, et al. Genome-wide identification and expression of Dof family in melon (*Cucumis melo*) [J]. Acta Horticulturae Sinica, 2019, 46(11): 2176-2187. )

[11] Wang H W, Zhang B, Hao Y J, et al. The soybean Dof-type transcription factor genes, *GmDof4* and *GmDof11*, enhance lipid content in the seeds of transgenic *Arabidopsis* plants[J]. The Plant Journal, 2007, 52(4): 716-729.

[12] Zhang J H, Hao Q, Bai L L, et al. Overexpression of the soybean transcription factor *GmDof4* significantly enhances the lipid content of *Chlorella ellipsoidea* [J]. Biotechnology for Biofuels, 2014, 7 (1): 128.

[13] 郭晋艳,郑晓瑜,邹翠霞,等. 植物非生物胁迫诱导启动子顺式元件及转录因子研究进展[J]. 生物技术通报, 2011 (4): 16-20. (Guo J Y, Zheng X Y, Zou C X, et al. Research progress of cis-elements of abiotic stress inducible promoters and associated transcription factors [J]. Biotechnology Bulletin, 2011 (4): 16-20. )

[14] 翟莹,张军,任巍巍,等. 大豆低温诱导启动子 *GmERF9P* 的克隆及活性鉴定[J]. 华北农学报, 2017, 32(5): 13-18. (Zhai Y, Zhang J, Ren W W, et al. Cloning and activity analysis of cold induced *GmERF9P* promoter from soybean [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2017, 32(5): 13-18. )

[15] 丁福全,杜海龙,索艺宁,等. 大豆 *GmGBPI* 启动子受激素和外源环境诱导的研究[J]. 大豆科学, 2016, 35(4): 683-686.

(Ding F Q, Du H L, Suo Y N, et al. Research of the promoter of soybean *GmGBPI* induced by hormone and exogenous environment [J]. Soybean Science, 2016, 35(4): 683-686. )

[16] 孟凡姍, 范素杰, 徐鹏飞, 等. 大豆 *GmPRI0* 基因启动子的克隆及序列分析[J]. 大豆科学, 2016, 35(4): 568-573. (Meng F S, Fan S J, Xu P F, et al. Cloning and sequence analysis of the *GmPRI0* gene promoter from soybean (*Glycine max* L.) [J]. Soybean Science, 2016, 35(4): 568-573. )

[17] Zhai Y, Shao S L, Sha W, et al. Overexpression of soybean *GmERF9* enhances the tolerance to drought and cold in the transgenic tobacco [J]. Plant Cell Tissue and Organ Culture, 2017, 128(3): 607-618.

[18] Corrales A, Nebauer S G, Carrillo L, et al. Characterization of tomato cycling *Dof* factors reveals conserved and new functions in the control of flowering time and abiotic stress responses [J]. Journal of Experimental Botany, 2014, 65(4): 995-1012.

[19] Ewas M, Khames E, Ziaf K, et al. The Tomato *DOF* Daily Fluctuations 1, *TDDF1* acts as flowering accelerator and protector against various stresses [J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 10299.

[20] 刘蓓, 邱爽, 何佳琦, 等. 8 个大豆 *Dof* 转录因子的生物信息学分析及干旱诱导表达[J]. 大豆科学, 2020, 39(3): 377-383. (Liu B, Qiu S, He J Q, et al. Bioinformatics analysis and expression of eight *Dof* transcription factors in soybean under drought stress[J]. Soybean Science, 2020, 39(3): 377-383. )

[21] 翟莹, 何佳琦, 张军, 等. 大豆转录因子基因 *GmDof3* 的克隆及非生物胁迫诱导表达分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(18): 5894-5900. (Zhai Y, He J Q, Zhang J, et al. Cloning and abiotic stress induced expression analysis of transcription factor gene *GmDof3* in soybean[J]. Molecular Plant Breeding, 2020, 18(18): 5894-5900. )

[22] Yu J J, Shi G X, Yu D Y. Constitutive overexpression of *GmDof17-1*, a putative *DOF* transcription factor from soybean causing growth inhibition in tobacco[J]. Scientia Agricola, 2014, 71(1): 44-51.

[23] 周淑芬, 颜静宛, 刘华清, 等. 水稻 *Dof* 基因家族的组织表达谱及胁迫诱导表达特征分析[J]. 分子植物育种, 2012, 10(6): 635-643. (Zhou S F, Yan J W, Liu H Q, et al. Transcriptional profiling analysis of *OsDof* gene family in various rice tissues and their expression characteristics under different stresses [J]. Molecular Plant Breeding, 2012, 10(6): 635-643. )

[24] Wang Z, Zhu Y, Wang L L, et al. A *WRKY* transcription factor participates in dehydration tolerance in *Boea hygrometrica* by binding to the *W*-box elements of the galactinol synthase (*BhGolSI*) promoter[J]. Planta, 2009, 230(6): 1155-1166.

[25] 邱文怡, 王诗雨, 李晓芳, 等. MYB 转录因子参与植物非生物胁迫响应与植物激素应答的研究进展[J]. 浙江农业学报, 2020, 32(7): 1317-1328. (Qiu W Y, Wang S Y, Li X F, et al. Functions of plant MYB transcription factors in response to abiotic stress and plant hormones [J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2020, 32(7): 1317-1328. )

欢迎订阅 2021 年《大豆科学》

《大豆科学》是由黑龙江省农业科学院主管主办的大豆专业性学术期刊,被国内外多家重要数据库和文摘收录源收录的重点核心期刊。主要刊登有关大豆遗传育种、品种资源、生理生态、耕作栽培、植物保护、营养肥料、生物技术、食品加工、药用功能及工业用途等方面的学术论文、科研报告、研究简报、国内外研究述评、学术活动简讯和新品种介绍等。

《大豆科学》主要面向从事大豆科学研究的科技工作者,大专院校师生、各级农业技术推广部门的技术人员及科技种田的农民。

《大豆科学》为双月刊,16 开本,国内外公开发行。国内每期定价:40.00 元,全年 240.00 元,邮发代号:14-95。国外每期定价:40.00 美元(含邮资),全年 240.00 美元,国外代号:Q5587。全国各地邮局均可订阅,也可向编辑部直接订购。

地址:哈尔滨市南岗区学府路 368 号《大豆科学》编辑部  
邮编:150086  
电话:0451-86668735  
网址: <http://ddkx.haasep.cn>  
E-mail: [soybeanscience@vip.163.com](mailto:soybeanscience@vip.163.com)

