

棉花 *NHL* 基因家族鉴定及黄萎病菌 胁迫下的表达分析

刘丽霞, 刘正文, 王国宁, 张 艳, 张松雨, 柯会锋, 李志坤, 吴金华, 杨君,
阎媛媛, 孙正文, 吴立强, 张桂寅, 马峙英, 王省芬

(教育部华北作物种质资源重点实验室/河北省作物种质资源重点实验室/河北农业大学, 保定 071001)

摘要:已有研究证明拟南芥 *NHL*(*NDRI/HINI-like*)基因在抗病中发挥作用。本研究从海岛棉和陆地棉中分别鉴定出 100 个和 118 个 *NHL* 基因, 并对其进行了生物信息学分析。海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族成员几乎遍布各条染色体, 并可分为 3 个亚组, 都含有 3 个与拟南芥保守基序相似的保守结构域。利用接菌后抗病陆地棉品种的转录组数据, 分析 *NHL* 基因家族各成员表达变化, 发现在黄萎病菌胁迫下, 有 57 个陆地棉 *NHL* 基因在根和茎中的表达都发生了明显的变化, 其表达模式可分为 3 种类型: 接菌前高, 接菌后表达下降; 接菌前较高, 接菌后表达先降后升; 接菌前低, 接菌后表达升高。第一类基因的表达在接菌后一直受到抑制, 推测其在棉花抗黄萎病反应中受到负调控; 后两类基因受黄萎病菌诱导表达升高, 推测其在棉花抗病中受到正调控。本研究结果为分析成员较多的 *NHL* 基因家族在棉花抗黄萎病中的作用提供了理论依据。

关键词: 海岛棉; 陆地棉; *NDRI/HINI-like* 基因; 黄萎病; 抗病

Genome-Wide Identification of *NHL* Gene Family and Expression Analysis in Cotton under *Verticillium dahliae* Stress

LIU Li-xia, LIU Zheng-wen, WANG Guo-ning, ZHANG Yan, ZHANG Song-yu, KE Hui-feng, LI Zhi-kun,
WU Jin-hua, YANG Jun, YAN Yuan-yuan, SUN Zheng-wen, WU Li-qiang,
ZHANG Gui-yin, MA Zhi-ying, WANG Xing-fen

(North China Key Laboratory for Crop Germplasm Resources of Education Ministry/
Key Laboratory for Crop Germplasm Resources of Hebei/Hebei Agricultural University, Baoding 071001)

Abstract: Previous studies showed that *Arabidopsis* *NHL*(*NDRI/HINI-like*) genes played roles in the disease resistance. By bioinformatics analysis, we identified 100 and 118 *NHL* genes from Sea Island cotton and upland cotton, respectively. The *NHL* family members from Sea Island cotton and upland cotton were found to be distributed almost on all chromosomes. These genes can be divided into three subgroups, and all contained three conserved domains as observed with the conserved motifs of *Arabidopsis* *NHL* gene family. The expression patterns of *NHL* family members in upland cotton were analyzed on the basis of the previously published transcriptional data of the resistant upland cotton after inoculated with *V. dahliae*. Fifty-seven *NHL* genes represented obvious expression changes in the root and stem, with three types of and their expression patterns: (1) highly expressed before inoculation and then decreased after inoculation; (2) highly expressed before inoculation, but firstly decreased and then increased after inoculation; (3) lowly expressed before inoculation and then increased after inoculation. The genes (type-1) were negatively regulated in the cotton resistance to Verticillium wilt, while the genes (type-2 and type-3) were positively regulated. Thus, the accumulative results provided a theoretical basis for further analyzing the role of

收稿日期:2018-05-22 修回日期:2018-07-02 网络出版日期:2018-09-12

URL:<http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180910.1759.002.html>

基金项目:国家自然科学基金(31171597); 河北省百名优秀创新人才支持计划(14226308D); 河北省青年拔尖人才

第一作者研究方向为遗传学。E-mail: llx2009hebau@163.com

通信作者:王省芬, 研究方向为棉花遗传育种。E-mail: cotton@hebau.edu.cn

NHL gene family in cotton *Verticillium* wilt resistance.

Key words: *Gossypium barbadense* L.; *Gossypium hirsutum* L.; *NDRI/HIN1-like*; *Verticillium* wilt; disease-resistant

棉花一生中受到很多种病害的影响,其中黄萎病是影响棉花产量和品质最严重的土传维管束病害。在植物抵抗病原菌的过程中,抗性基因(R基因)起着重要作用^[1]。目前,大量的R基因已经被鉴定出来,并且被有效用于作物抗病遗传改良^[2]。近十年来,棉花中的一些抗黄萎病相关基因相继被鉴别出来,如 *GbVe*^[3]、*GbVeI*^[4]、*Gbvdr5*^[5]、*GbRLK*^[6]、*GhDHS1*^[7]、*GhPAO*^[8]、*Gbvdr3*^[9]、*Gbvdr6*^[10] 等,这些基因在增强棉花黄萎病抗性中发挥着重要作用。

已有研究发现,由一些R基因产物诱导的拟南芥对细菌和真菌病原体的抵抗都需要 *NDRI* 基因 (non-race-specific disease resistance gene) 的参与^[11],*AtNDRI* 在拟南芥抵御病菌的过程中起到非常重要的作用^[12]。在烟草中,*HIN1* 基因 (harpin-induced gene) 可以受过敏素蛋白(harpins)和病菌诱导,从而引发超敏反应^[13]。*HIN1* 基因与 *NDRI* 基因存在序列上的相似性,*NDRI/HIN1-like* 基因家族是从拟南芥基因组数据库中发掘出来的与拟南芥 *NDRI* 基因和烟草 *HIN1* 基因序列同源的基因^[14],拟南芥中发现了45个*NHL* 基因家族的成员,这些基因具有相似的内含子-外显子结构和序列特异的基序^[15]。在*NHL* 基因家族中发现了两个高度保守的基序 motif 2:NPNKRIGIYYD 和 motif 3:PFYQGH-KN,以及一个低保守性的基序 motif 1:LILWLILR-PXPKFXVQDATV^[16]。

对拟南芥*NHL* 基因家族的研究发现,*NHL2* 和*NHL3* 在拟南芥抵御丁香假单胞杆菌反应中发挥作用^[14];*NHL25* 和*NHL3* 受丁香假单胞杆菌和水杨酸(SA)诱导表达,预示了其在抗病中的作用^[16-17];*NHL10* 受花椰菜花叶病毒诱导表达,并且*NHL10* 在植物衰老过程中起一定作用^[15];*NHL6* 的超表达可以影响ABA合成及其信号途径,进而调节非生物胁迫下的种子萌发^[18-19];*NHL17* 在ABA处理的种子中表达上调^[18]。暗示着这些基因在拟南芥抗病及抗逆中起到重要的作用。

目前,海岛棉和陆地棉全基因组测序已经完成^[20-21],这为挖掘棉花中*NHL* 基因家族提供了重要基因组资源。本研究是基于海岛棉和陆地棉全基因组测序数据库,鉴定*NHL* 基因家族成员,之后对其基因结构、蛋白序列保守性、系统进化等进行分析,并且利用课题组获得的黄萎病菌胁迫后的陆地棉转

录组数据,分析*NHL* 基因家族成员的表达规律,为明确*NHL* 基因家族成员在抗病中的作用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 棉花*NHL* 基因家族序列的搜索

从拟南芥信息网站 TAIR (<http://www.arabidopsis.org/>) 下载*NHL* 基因家族序列,以查找到的拟南芥*NHL* 家族 44 条种子序列^[15]对海岛棉和陆地棉全基因组序列分别进行 BlastP,在阈值为 $1 \times e^{-4}$ 的条件下筛选出相应序列,将筛选出的序列重新与拟南芥全基因组进行 BlastP,仅保留与拟南芥*NHL* 家族同源的棉花序列,删除其他序列,从而得到海岛棉和陆地棉*NHL* 基因家族成员。

1.2 棉花*NHL* 基因家族的信息查找及染色体定位

从 Cotton Functional Genomics Database (Cotton-FGD) (<https://cottonfgd.org/>)^[22] 提取海岛棉、陆地棉*NHL* 基因家族中的各成员的基本信息,包括基因组序列、CDS 序列、编码的氨基酸序列、染色体位置等信息,之后使用 MapChart 软件绘制各基因染色体定位图。

1.3 基因结构、保守域、亚细胞定位及系统进化分析

基于各基因的全长序列和基因 CDS 序列,使用 Gene Structure Display Server (<http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>) 完成*NHL* 基因家族的基因结构图绘制;使用 MEME 的 Motif Discovery (<http://meme-suite.org/tools/meme>) 查找保守基序;EuLoc (<http://euloc.mbc.nctu.edu.tw/>) 在线对各基因的亚细胞定位进行预测分析^[23];利用 ClustalX 2.0 分析软件分别对海岛棉和陆地棉*NHL* 基因序列进行比对,参数设为默认值,导出并保存比对获得的文件,之后使用 MEGA7 软件中的相邻连接法(Neighbor-joining)构建*NHL* 基因家族的系统发育树,本研究中参数设为默认值。

1.4 黄萎病菌胁迫下棉花*NHL* 基因家族表达分析

从课题组前期获得的抗病陆地棉品种农大棉 601 接菌后 0 h、2 h、6 h、12 h、24 h、48 h 的转录组数据,提取陆地棉*NHL* 基因家族各成员的表达量,

对数据进行 $\log_2(1 + \text{RPKM})$ 处理,然后利用 Hemi 软件(<http://hemi.biocuckoo.org/>)作图,分析 *NHL* 基因家族各成员在黄萎病菌胁迫下的表达。对于黄萎病菌胁迫下差异表达的 *NHL* 基因家族成员,使用 Z-score 方法对接菌后各时间点的表达量进行标准化,使用软件 STEM(Short Time-series Expression Miner)聚类分析其表达模式,再利用 Hemi 软件作图。

2 结果与分析

2.1 棉花 *NHL* 基因家族成员的鉴定

基于获得的拟南芥 *NHL* 家族的 44 个成员的序列,从海岛棉、陆地棉基因组中分别提取出 100 个和 118 个基因。根据各基因在染色体上的位置依次命名 *GbNHL001* ~ *GbNHL100*、*GhNHL001* ~ *GhNHL118*。

基因的基本信息如表 1 和表 2 所示,这些基因的大小介于 159 ~ 11664 bp 之间,编码的氨基酸为 52 ~ 999 个。对海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族各成员进行亚细胞定位预测,大部分 *NHL* 基因都定位在膜上,包括细胞质膜、核质膜、叶绿体膜等,还有部分基因位于胞外、细胞核、细胞质、叶绿体、线粒体上。棉花 *NHL* 基因家族基因数目较多,它们在细胞的亚细胞定位的位置不同,反映出其行使的功能可能不同。除去位于不能组装到染色体上的大片段上的基因外,*NHL* 家族各成员分布在棉花基因组各染色体上(除海岛棉 D03 上没有 *NHL* 基因外),在棉花 A05、A06、A09、D05、D06 和 D09 染色体上分布较密集,数个基因串联地分布在染色体上(图 1 和图 2),可能是由于此基因家族的扩张导致了棉花中部分 *NHL* 基因的串联。

表 1 海岛棉 *NHL* 基因家族基因信息表

Table 1 Information of *NHL* gene family in *G. barbadense*

基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	编码蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
<i>GbNHL001</i>	GOBAR_AA30523	A01:1954-3957	2004	196	叶绿体质膜
<i>GbNHL002</i>	GOBAR_AA37991	A01:61105657-61107128	665	189	胞外
<i>GbNHL003</i>	GOBAR_AA06406	A02:25067469-25068131	663	179	线粒体质膜
<i>GbNHL004</i>	GOBAR_AA26585	A03:5910608-5911390	783	260	胞外
<i>GbNHL005</i>	GOBAR_AA24454	A03:89303464-89304588	1125	374	核质膜
<i>GbNHL006</i>	GOBAR_AA18185	A03:97372935-97373657	723	215	细胞质核
<i>GbNHL007</i>	GOBAR_AA04218	A03:103583062-103583811	750	249	细胞质膜
<i>GbNHL008</i>	GOBAR_AA25652	A04:71013902-71014524	623	180	细胞质核
<i>GbNHL009</i>	GOBAR_AA22061	A05:4220243-4222665	2423	371	胞外
<i>GbNHL010</i>	GOBAR_AA23202	A05:8093709-8094341	633	210	细胞质膜
<i>GbNHL011</i>	GOBAR_AA20691	A05:9794880-9796516	777	258	胞外
<i>GbNHL012</i>	GOBAR_AA33195	A05:12906955-12907710	756	251	线粒体
<i>GbNHL013</i>	GOBAR_AA17939	A05:29330521-29331087	567	188	细胞质膜
<i>GbNHL014</i>	GOBAR_AA17940	A05:29331620-29332399	780	259	细胞质膜
<i>GbNHL015</i>	GOBAR_AA19137	A05:97084887-97085856	970	285	细胞质膜
<i>GbNHL016</i>	GOBAR_AA13422	A06:27836494-27837327	834	277	细胞质膜
<i>GbNHL017</i>	GOBAR_AA16859	A06:62651638-62652571	934	229	细胞质膜
<i>GbNHL018</i>	GOBAR_AA38775	A06:99771755-99773139	1385	421	细胞质膜
<i>GbNHL019</i>	GOBAR_AA33407	A06:114053430-114054730	1301	308	线粒体
<i>GbNHL020</i>	GOBAR_AA06769	A06:115083304-115085277	1974	372	细胞质膜
<i>GbNHL021</i>	GOBAR_AA06770	A06:115089065-115089775	711	236	细胞质膜
<i>GbNHL022</i>	GOBAR_AA23623	A07:2094036-2094578	543	146	细胞核
<i>GbNHL023</i>	GOBAR_AA16878	A07:18866804-18870104	3301	493	胞外
<i>GbNHL024</i>	GOBAR_AA22112	A07:20629066-20629698	633	210	细胞质膜
<i>GbNHL025</i>	GOBAR_AA35969	A08:77322786-77324513	1728	186	细胞质膜
<i>GbNHL026</i>	GOBAR_AA26779	A08:92260870-92261586	717	238	叶绿体质膜
<i>GbNHL027</i>	GOBAR_AA34544	A08:115704728-115705543	816	271	细胞质膜
<i>GbNHL028</i>	GOBAR_AA13837	A09:49546463-49550598	4136	428	细胞质膜
<i>GbNHL029</i>	GOBAR_AA32959	A09:55952966-55956322	3357	588	胞外
<i>GbNHL030</i>	GOBAR_AA30094	A09:58950838-58951470	633	210	细胞质膜

表1(续)

基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	编码蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
GbNHL031	GOBAR_AA30093	A09:58953834-58954763	718	199	叶绿体
GbNHL032	GOBAR_AA25736	A09:62284327-62285087	761	215	细胞核
GbNHL033	GOBAR_AA08178	A09:65185641-65186415	775	236	细胞质膜
GbNHL034	GOBAR_AA08179	A09:65222899-65223567	669	222	细胞质膜
GbNHL035	GOBAR_AA25587	A10:1453964-1455497	1534	261	细胞质膜
GbNHL036	GOBAR_AA33539	A10:7586861-7587649	789	262	线粒体
GbNHL037	GOBAR_AA15690	A10:18228654-18229331	678	225	细胞质膜
GbNHL038	GOBAR_AA26642	A11:1401392-1402030	639	212	细胞质膜
GbNHL039	GOBAR_AA26643	A11:1404190-1404828	639	212	细胞质膜
GbNHL040	GOBAR_AA35081	A11:9247106-9247840	735	244	叶绿体
GbNHL041	GOBAR_AA40345	A11:113658040-113659415	1376	175	细胞质膜
GbNHL042	GOBAR_AA18496	A12:74747618-74750296	2679	268	细胞质
GbNHL043	GOBAR_AA16808	A12:76692079-76695428	3350	271	细胞质膜
GbNHL044	GOBAR_AA20883	A12:95945688-95951826	5921	782	细胞质核
GbNHL045	GOBAR_AA19583	A12:96691380-96695101	3722	672	细胞质核
GbNHL046	GOBAR_AA31276	A13:107556601-107560536	3936	459	胞外
GbNHL047	GOBAR_DD25600	D01:126232-127982	1751	159	叶绿体
GbNHL048	GOBAR_DD20529	D01:8970250-8970881	632	190	细胞核
GbNHL049	GOBAR_DD00467	D01:57869999-57870628	630	209	细胞质膜
GbNHL050	GOBAR_DD00468	D01:57882807-57883436	630	209	细胞质膜
GbNHL051	GOBAR_DD00469	D01:57912887-57914056	1170	210	线粒体
GbNHL052	GOBAR_DD15837	D02:9771289-9772011	723	240	胞外
GbNHL053	GOBAR_DD11771	D02:28309925-28310587	663	179	线粒体
GbNHL054	GOBAR_DD01697	D02:54371968-54373095	1128	375	核质膜
GbNHL055	GOBAR_DD05249	D04:41415830-41416446	617	178	细胞质核
GbNHL056	GOBAR_DD25798	D04:48292174-48294550	2377	367	核质膜
GbNHL057	GOBAR_DD29864	D05:7429337-7429969	633	210	细胞质膜
GbNHL058	GOBAR_DD35428	D05:9162232-9163014	783	260	胞外
GbNHL059	GOBAR_DD38101	D05:10670687-10673082	2396	415	细胞核
GbNHL060	GOBAR_DD20048	D05:12646303-12647264	962	236	细胞质膜
GbNHL061	GOBAR_DD16528	D05:28405321-28406006	686	176	细胞质膜
GbNHL062	GOBAR_DD10996	D06:17410654-17411484	831	226	胞外
GbNHL063	GOBAR_DD16348	D06:32324435-32325055	621	206	细胞质膜
GbNHL064	GOBAR_DD03243	D06:49380916-49381569	654	217	细胞质膜
GbNHL065	GOBAR_DD14466	D06:58209052-58209974	923	212	线粒体
GbNHL066	GOBAR_DD17608	D06:59639214-59640424	1211	304	胞外
GbNHL067	GOBAR_DD17607	D06:59643752-59644474	723	169	胞外
GbNHL068	GOBAR_DD26525	D07:2506037-2506870	834	277	胞外
GbNHL069	GOBAR_DD17667	D07:15832509-15835614	3106	461	胞外
GbNHL070	GOBAR_DD02526	D07:17121397-17122029	633	210	细胞质膜
GbNHL071	GOBAR_DD02527	D07:17125226-17131526	6301	215	细胞质膜
GbNHL072	GOBAR_DD19958	D08:33982933-33983530	492	163	细胞质膜
GbNHL073	GOBAR_DD04016	D08:45054309-45057264	2833	411	高尔基体质膜
GbNHL074	GOBAR_DD04022	D08:45146142-45146858	717	238	叶绿体
GbNHL075	GOBAR_DD04098	D09:29381052-29381627	576	191	细胞质膜
GbNHL076	GOBAR_DD27216	D09:31558760-31562066	3307	479	胞外
GbNHL077	GOBAR_DD29551	D09:33506674-33507306	633	210	细胞质膜
GbNHL078	GOBAR_DD29552	D09:33509555-33510262	708	235	细胞质膜
GbNHL079	GOBAR_DD15995	D09:35973994-35974755	762	253	细胞核
GbNHL080	GOBAR_DD25177	D09:38076828-38077706	879	292	胞质外模

表1(续)

基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	编码蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
GbNHL081	GOBAR_DD33835	D10:1369078-1370305	1228	269	细胞质膜
GbNHL082	GOBAR_DD05903	D11:1167529-1168167	639	212	细胞质膜
GbNHL083	GOBAR_DD27919	D11:9037887-9038621	735	244	细胞核
GbNHL084	GOBAR_DD10224	D11:9696670-9697284	615	204	细胞质膜
GbNHL085	GOBAR_DD26046	D11:64335681-64336313	633	210	细胞质膜
GbNHL086	GOBAR_DD20466	D12:35385137-35385874	738	245	叶绿体
GbNHL087	GOBAR_DD27009	D12:37785088-37787283	2196	242	细胞质膜
GbNHL088	GOBAR_DD33450	D12:50345931-50352161	6231	673	细胞质核
GbNHL089	GOBAR_DD21504	D12:51216677-51221759	5083	707	细胞质核
GbNHL090	GOBAR_DD29420	D13:58535661-58540606	4946	467	细胞质膜
GbNHL091	GOBAR_AA20739	scaffold_0122. UKA:93145-93927	783	260	胞外
GbNHL092	GOBAR_AA25469	scaffold_0179. UKA:134592 - 135206	615	204	细胞质膜
GbNHL093	GOBAR_AA30113	scaffold_0280. UKA:7254-10188	2812	400	核质膜
GbNHL094	GOBAR_AA32010	scaffold_0343. UKA:5602-10339	4738	655	细胞质膜
GbNHL095	GOBAR_AA38867	scaffold_0663. UKA:22179-24188	2010	245	细胞质膜
GbNHL096	GOBAR_DD36544	scaffold_1045. UKD:27161-27913	753	250	核质膜
GbNHL097	GOBAR_AA21676	scaffold_1105. A01:89-718	630	209	细胞质膜
GbNHL098	GOBAR_AA21678	scaffold_1105. A01:27698-28225	528	175	细胞质膜
GbNHL099	GOBAR_DD10818	scaffold_1785. D05:280682-281437	756	251	线粒体
GbNHL100	GOBAR_DD30720	scaffold_1935. D10:71611-72400	733	258	线粒体

表2 陆地棉 *NHL* 基因家族基因信息表Table 2 Information of *NHL* gene family in *G. hirsutum*

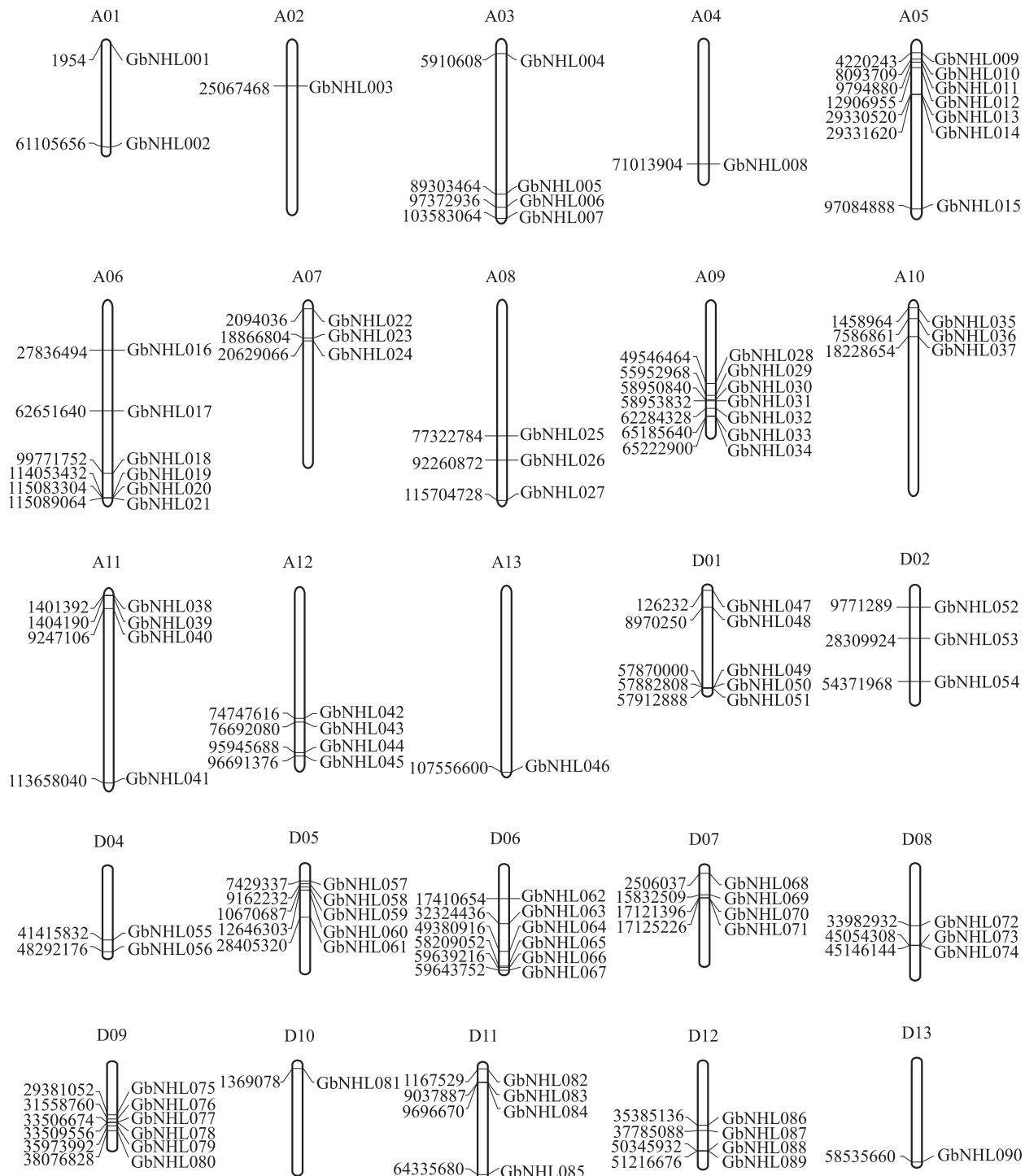
基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
GhNHL001	Gh_A01G0008	A01:65114-67112	1999	245	细胞质膜
GhNHL002	Gh_A01G1723	A01:96185187-96185816	630	209	细胞质膜
GhNHL003	Gh_A01G1725	A01:96211113-96211742	630	209	细胞质膜
GhNHL004	Gh_A01G1726	A01:96222404-96223084	681	226	胞外
GhNHL005	Gh_A02G0918	A02:35041425-35042087	663	220	细胞质膜
GhNHL006	Gh_A03G1156	A03:83198845-83199969	1125	374	核质膜
GhNHL007	Gh_A03G1865	A03:99663938-99666895	2958	262	核质膜
GhNHL008	Gh_A04G0033	A04:353070-353882	813	270	细胞质膜
GhNHL009	Gh_A04G0480	A04:23598585-23599214	630	209	细胞质膜
GhNHL010	Gh_A04G1185	A04:62051824-62053309	1330	338	细胞质膜
GhNHL011	Gh_A05G0326	A05:3579431-3580255	825	274	胞外
GhNHL012	Gh_A05G0645	A05:6815956-6816545	590	193	细胞质膜
GhNHL013	Gh_A05G0870	A05:8653559-8654341	783	260	胞外
GhNHL014	Gh_A05G1122	A05:11360656-11361411	756	251	线粒体
GhNHL015	Gh_A05G1174	A05:11828374-11829322	949	232	细胞质膜
GhNHL016	Gh_A05G2344	A05:28659193-28659972	780	259	细胞质膜
GhNHL017	Gh_A05G3390	A05:88537591-88538340	750	249	细胞质膜
GhNHL018	Gh_A06G0785	A06:27964384-27965217	834	277	细胞质膜
GhNHL019	Gh_A06G1030	A06:55095957-55096577	621	206	细胞质膜
GhNHL020	Gh_A06G1266	A06:91864172-91864825	654	185	胞外
GhNHL021	Gh_A06G1677	A06:101866814-101867578	765	254	线粒体
GhNHL022	Gh_A06G1781	A06:102783118-102783828	711	236	细胞质膜
GhNHL023	Gh_A06G1782	A06:102787668-102788255	588	195	胞外
GhNHL024	Gh_A07G0964	A07:18147311-18150606	3296	493	胞外

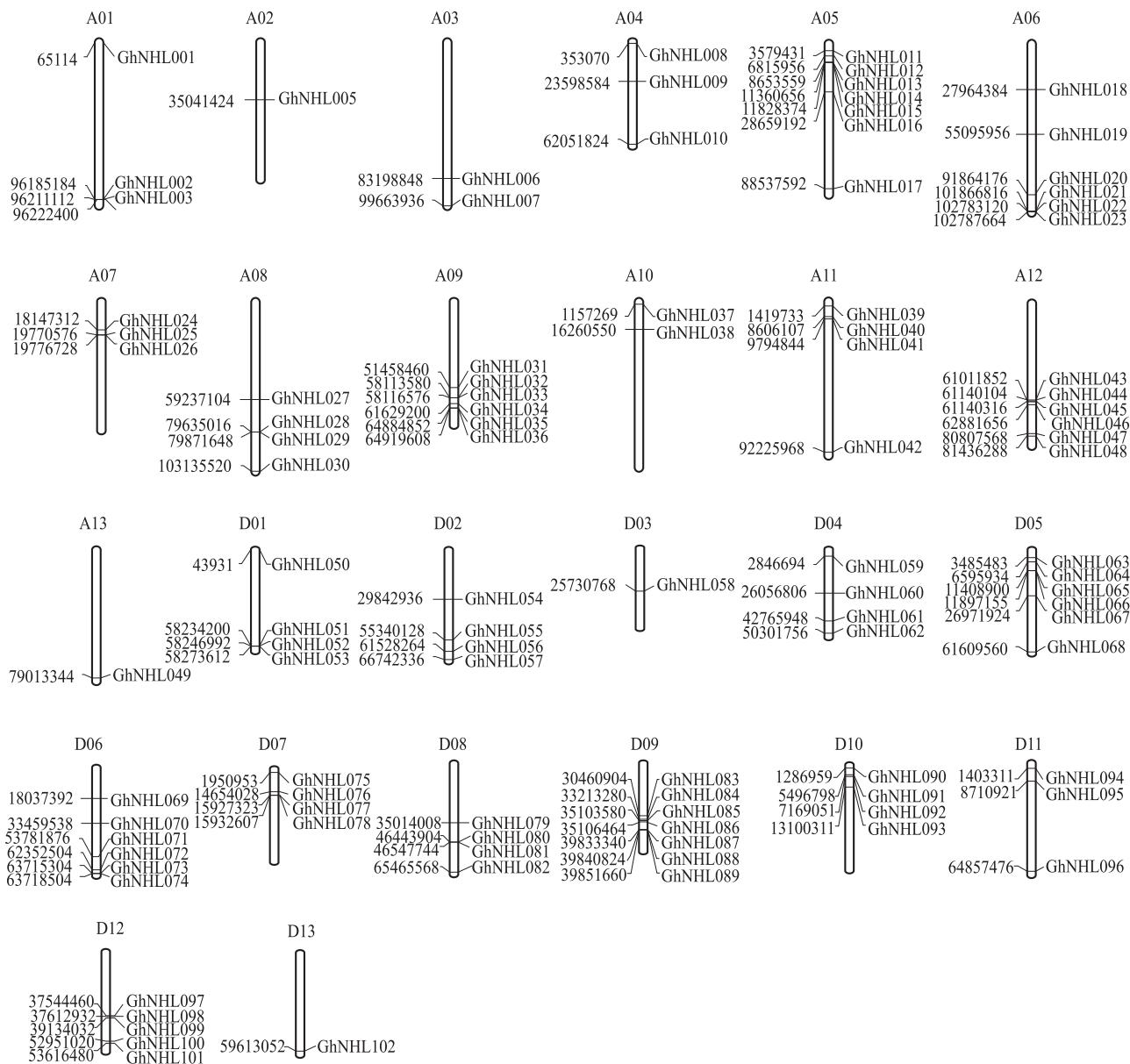
表2(续)

基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
GhNHL025	Gh_A07G1025	A07:19770577-19771209	633	210	细胞质膜
GhNHL026	Gh_A07G1026	A07:19776727-19777434	708	235	细胞质膜
GhNHL027	Gh_A08G0928	A08:59237102-59237737	636	211	细胞外质膜
GhNHL028	Gh_A08G1121	A08:79635014-79635730	717	238	叶绿体质膜
GhNHL029	Gh_A08G1126	A08:79871650-79874500	2851	429	核质膜
GhNHL030	Gh_A08G2218	A08:103135519-103136334	816	271	细胞质膜
GhNHL031	Gh_A09G0668	A09:51458460-51459035	576	191	细胞质膜
GhNHL032	Gh_A09G0929	A09:58113580-58114212	633	210	细胞质膜
GhNHL033	Gh_A09G0930	A09:58116575-58117282	708	166	叶绿体
GhNHL034	Gh_A09G1084	A09:61629199-61629960	762	253	细胞核
GhNHL035	Gh_A09G1271	A09:64884851-64885726	876	242	胞外
GhNHL036	Gh_A09G1272	A09:64919606-64920274	669	222	细胞质膜
GhNHL037	Gh_A10G0137	A10:1157269-1158066	798	265	细胞质膜
GhNHL038	Gh_A10G0795	A10:16260550-16261227	678	225	细胞质膜
GhNHL039	Gh_A11G0143	A11:1419733-1420371	639	212	细胞质膜
GhNHL040	Gh_A11G0852	A11:8606107-8606841	735	244	叶绿体细胞核
GhNHL041	Gh_A11G0921	A11:9794844-9795458	615	204	细胞质膜
GhNHL042	Gh_A11G2846	A11:92225964-92228446	2483	112	细胞外质膜
GhNHL043	Gh_A12G0987	A12:61011851-61018685	6835	386	细胞质
GhNHL044	Gh_A12G0992	A12:61140102-61140260	159	52	胞外
GhNHL045	Gh_A12G0993	A12:61140316-61141475	1160	204	细胞质膜
GhNHL046	Gh_A12G1056	A12:62881655-62882323	669	222	细胞质膜
GhNHL047	Gh_A12G1824	A12:80807565-80812077	4374	458	胞外
GhNHL048	Gh_A12G1885	A12:81436292-81440195	3904	652	细胞质核
GhNHL049	Gh_A13G1943	A13:79013347-79016749	3403	506	胞外
GhNHL050	Gh_D01G0007	D01:43931-45938	2008	245	细胞质膜
GhNHL051	Gh_D01G1973	D01:58234199-58234828	630	209	细胞质膜
GhNHL052	Gh_D01G1974	D01:58246992-58247621	630	209	细胞质膜
GhNHL053	Gh_D01G1975	D01:58273612-58274292	681	226	胞外
GhNHL054	Gh_D02G1083	D02:29842935-29843597	663	220	细胞质膜
GhNHL055	Gh_D02G1592	D02:55340130-55341257	1128	375	核质膜
GhNHL056	Gh_D02G1847	D02:61528264-61528986	723	240	胞外
GhNHL057	Gh_D02G2304	D02:66742337-66745413	3077	262	细胞外质膜
GhNHL058	Gh_D03G0739	D03:25730769-25731761	993	220	细胞质
GhNHL059	Gh_D04G0194	D04:2846694-2847446	753	250	核质膜
GhNHL060	Gh_D04G0913	D04:26056806-26057435	630	209	细胞质膜
GhNHL061	Gh_D04G1312	D04:42765947-42766557	611	176	细胞质核
GhNHL062	Gh_D04G1797	D04:50301756-50302784	1029	342	细胞核
GhNHL063	Gh_D05G0431	D05:3485483-3486307	825	274	叶绿体
GhNHL064	Gh_D05G0791	D05:6595934-6596566	633	210	细胞质膜
GhNHL065	Gh_D05G1292	D05:11408900-11409655	756	251	线粒体
GhNHL066	Gh_D05G1350	D05:11897155-11898116	962	236	细胞质膜
GhNHL067	Gh_D05G2611	D05:26971923-26972699	777	258	细胞质膜
GhNHL068	Gh_D05G3701	D05:61609562-61610374	813	270	细胞质膜
GhNHL069	Gh_D06G0908	D06:18037392-18038225	834	277	叶绿体
GhNHL070	Gh_D06G1245	D06:33459538-33460415	878	240	细胞质膜
GhNHL071	Gh_D06G1597	D06:53781877-53782530	654	185	胞外

表2(续)

基因名称 Gene name	基因 ID Gene ID	染色体定位 Chromosome location	大小(bp) Size	蛋白(aa) Protein	亚细胞定位 Subcellular localization
GhNHL072	Gh_D06G2051	D06:62352503-62353267	765	254	线粒体
GhNHL073	Gh_D06G2198	D06:63715304-63715897	594	197	细胞质膜
GhNHL074	Gh_D06G2199	D06:63718502-63719218	717	238	细胞质膜
GhNHL075	Gh_D07G0183	D07:1950953-1951786	834	277	胞外
GhNHL076	Gh_D07G1044	D07:14654028-14665691	11664	999	胞外
GhNHL077	Gh_D07G1101	D07:15927323-15927955	633	210	细胞质膜
GhNHL078	Gh_D07G1102	D07:15932607-15933314	708	235	细胞质膜
GhNHL079	Gh_D08G1132	D08:35014007-35014642	636	211	细胞质膜
GhNHL080	Gh_D08G1404	D08:46443902-46444618	717	238	叶绿体
GhNHL081	Gh_D08G1410	D08:46547742-46550613	2872	424	核质膜
GhNHL082	Gh_D08G2584	D08:65465567-65466369	803	239	叶绿体
GhNHL083	Gh_D09G0673	D09:30460904-30461479	576	191	细胞质膜
GhNHL084	Gh_D09G0841	D09:33213280-33216525	3246	497	胞外
GhNHL085	Gh_D09G0958	D09:35103581-35104213	633	210	细胞质膜
GhNHL086	Gh_D09G0959	D09:35106462-35107391	930	280	细胞质膜
GhNHL087	Gh_D09G1273	D09:39833341-39834207	867	288	细胞外质膜
GhNHL088	Gh_D09G1274	D09:39840825-39841454	630	209	细胞质膜
GhNHL089	Gh_D09G1275	D09:39851661-39852329	669	222	细胞外质膜
GhNHL090	Gh_D10G0158	D10:1286959-1287756	798	265	细胞质膜
GhNHL091	Gh_D10G0554	D10:5496798-5497586	789	262	线粒体
GhNHL092	Gh_D10G0658	D10:7169051-7171443	2393	256	细胞质膜
GhNHL093	Gh_D10G0967	D10:13100311-13100988	678	225	细胞质膜
GhNHL094	Gh_D11G0157	D11:1403311-1403949	639	212	细胞质膜
GhNHL095	Gh_D11G0994	D11:8710921-8711655	735	244	叶绿体
GhNHL096	Gh_D11G3201	D11:64857476-64858108	633	210	细胞质膜
GhNHL097	Gh_D12G1107	D12:37544460-37551260	6801	399	细胞质
GhNHL098	Gh_D12G1112	D12:37612931-37613668	738	245	叶绿体
GhNHL099	Gh_D12G1180	D12:39134030-39134725	696	231	细胞质膜
GhNHL100	Gh_D12G1996	D12:52951020-52956781	5762	657	细胞质核
GhNHL101	Gh_D12G2064	D12:53616482-53620329	3716	676	细胞质核
GhNHL102	Gh_D13G2338	D13:59613053-59617063	4011	492	胞外
GhNHL103	Gh_Sca012069G01	scaffold12069:1013-1810	798	265	细胞质膜
GhNHL104	Gh_Sca132506G01	scaffold132506:63-308	246	81	胞外
GhNHL105	Gh_Sca140707G01	scaffold140707:16-312	297	99	细胞核
GhNHL106	Gh_Sca146636G01	scaffold146636:6-320	315	105	胞外
GhNHL107	Gh_Sca017508G01	scaffold17508:237-515	279	93	胞外
GhNHL108	Gh_A07G2310	scaffold1917_A07:70188-71021	834	277	胞外
GhNHL109	Gh_A09G2481	scaffold2316_A09:59008-62567	3560	497	胞外
GhNHL110	Gh_A10G2253	scaffold2456_A10:9526-10314	789	262	线粒体
GhNHL111	Gh_A11G3305	scaffold3052_A11:29864-30496	633	210	细胞质膜
GhNHL112	Gh_A12G2559	scaffold3185_A12:1609811-1611370	1560	519	内质网质膜
GhNHL113	Gh_Sca033106G01	scaffold33106:88-1090	1003	110	细胞质核
GhNHL114	Gh_D03G1808	scaffold3933_D03:8669-9451	783	260	细胞质膜
GhNHL115	Gh_D05G3882	scaffold4074_D05:154817-155599	783	260	胞外
GhNHL116	Gh_D11G3524	scaffold4566_D11:27648-28262	615	204	细胞质膜
GhNHL117	Gh_A03G2061	scaffold514_A03:51425-52207	783	260	胞外
GhNHL118	Gh_Sca078795G01	scaffold78795:244-510	267	89	细胞质

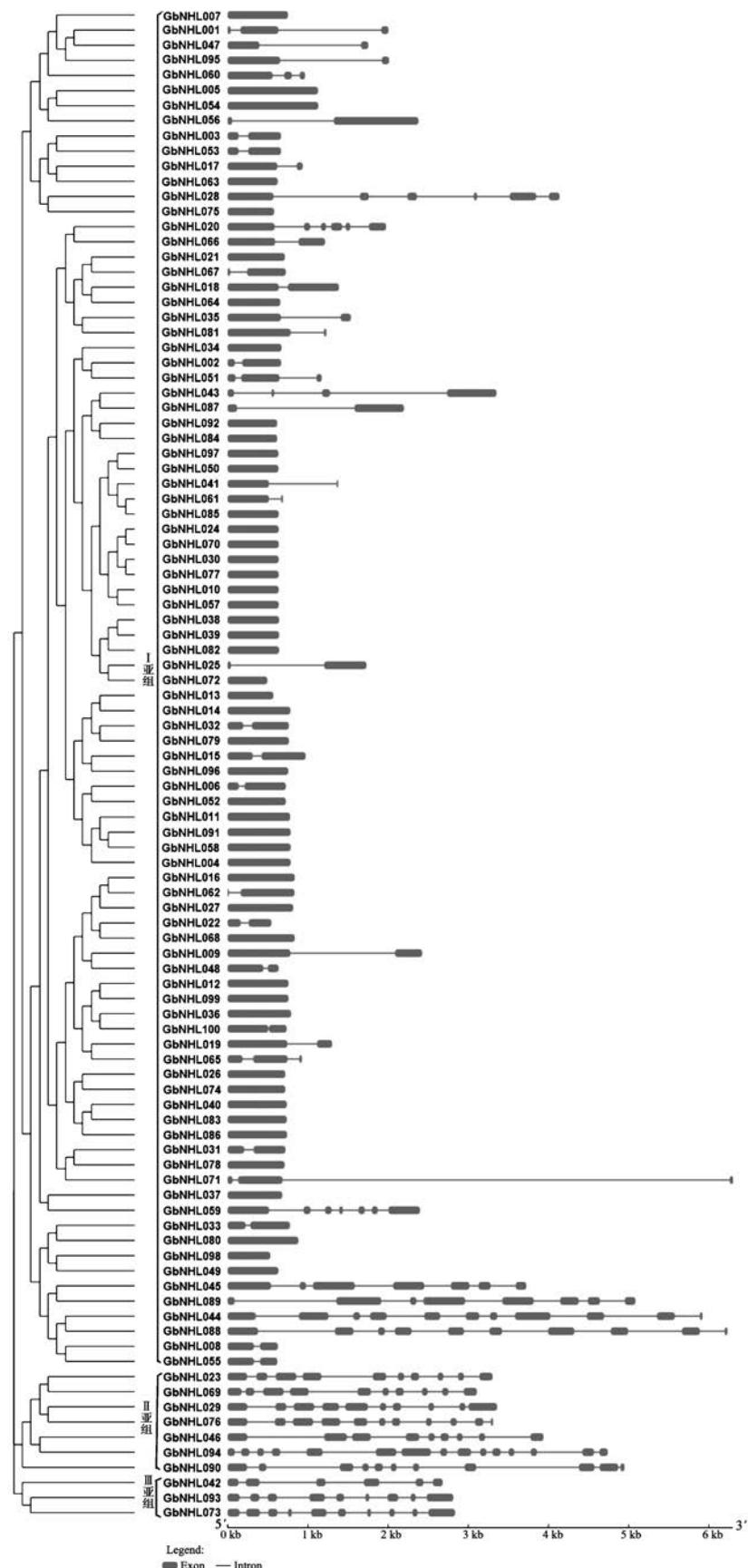
图 1 海岛棉 *NHL* 基因家族各基因染色体定位图Fig. 1 Chromosome location of *NHL* gene family in *G. barbadense*

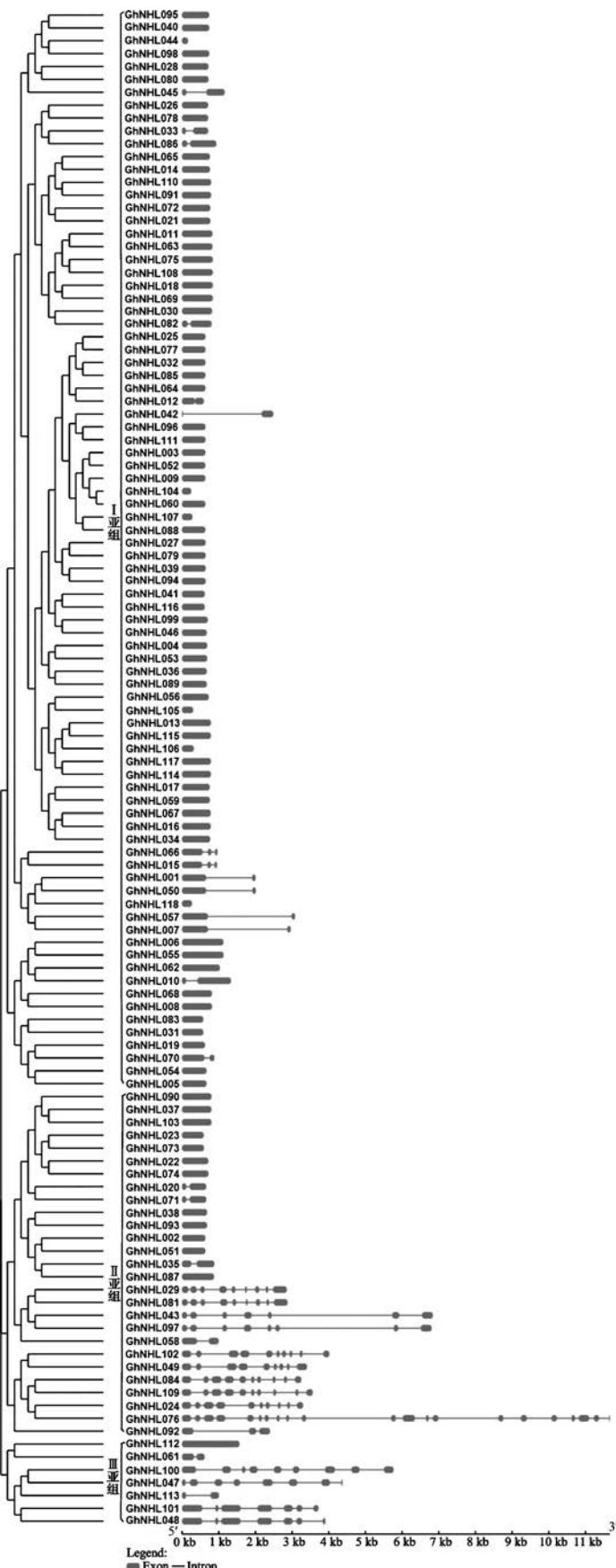
图2 陆地棉 *NHL* 基因家族各基因染色体定位图Fig. 2 Chromosome location of *NHL* gene family in *G. hirsutum*

2.2 棉花 *NHL* 基因家族结构分析

对海岛棉 *NHL* 基因家族的 100 个成员、陆地棉的 118 个成员的基因结构进行分析后发现, 该基因家族的外显子个数多在 1~2 之间, 但是部分基因成员的外显子数目较多, 最多的可达 21 个外显子, 结构较为复杂。结合基因结构及系统进化树分析可以将 *NHL* 基因家族分为 I、II、III 3 个亚组(图 3、图 4)。海岛棉 *NHL* 家族 I、II、III 亚组分别包含 90 个、7 个、3 个基因, 陆地棉 *NHL* 家族 I、II、III 亚组分别包含 84 个、27 个、7 个基因。海岛棉 *NHL* 家族 I 亚组的成员最多, 并且基因的外显

子个数大多数为 1 个(48 个基因)或 2 个(30 个基因), II 亚组和 III 亚组成员较少且基因结构较为复杂, 外显子数在 6~15 个之间。陆地棉 *NHL* 家族 I 亚组的成员也是最多的, 并且基因的外显子个数大多数为 1 个(70 个基因), 其余的为 2~3 个, II 亚组基因外显子数在 1~21 个之间, III 亚组外显子数在 1~9 个之间。这些结果表明, 基因结构与亚组分类存在一定的联系, 无论是海岛棉还是陆地棉, I 亚组以含有 1 个或 2 个外显子的基因居多, 而 II 亚组和 III 亚组中基因结构多数比较复杂, 含有较多的外显子。

图 3 海岛棉 *NHL* 基因家族进化树和基因结构Fig. 3 Phylogenetic tree and gene structure of *NHL* gene family in *G. barbadense*

图 4 陆地棉 *NHL* 基因家族进化树和基因结构Fig. 4 Phylogenetic tree and gene structure of *NHL* gene family in *G. hirsutum*

2.3 棉花 *NHL* 基因家族同源基因分析及保守域分析

在分子进化研究中,一般来说,如果两个基因序列之间的相似性达到 80%,就可以把这两个基因称为同源基因。对棉花中 *NHL* 基因家族各成员进行

序列比对后发现,绝大部分具有同源性的基因序列一致性在 90% 以上。同源性较高的基因在进化上关系也较近,这些序列高度相似的同源基因很可能发挥着相似的功能(图 5)。

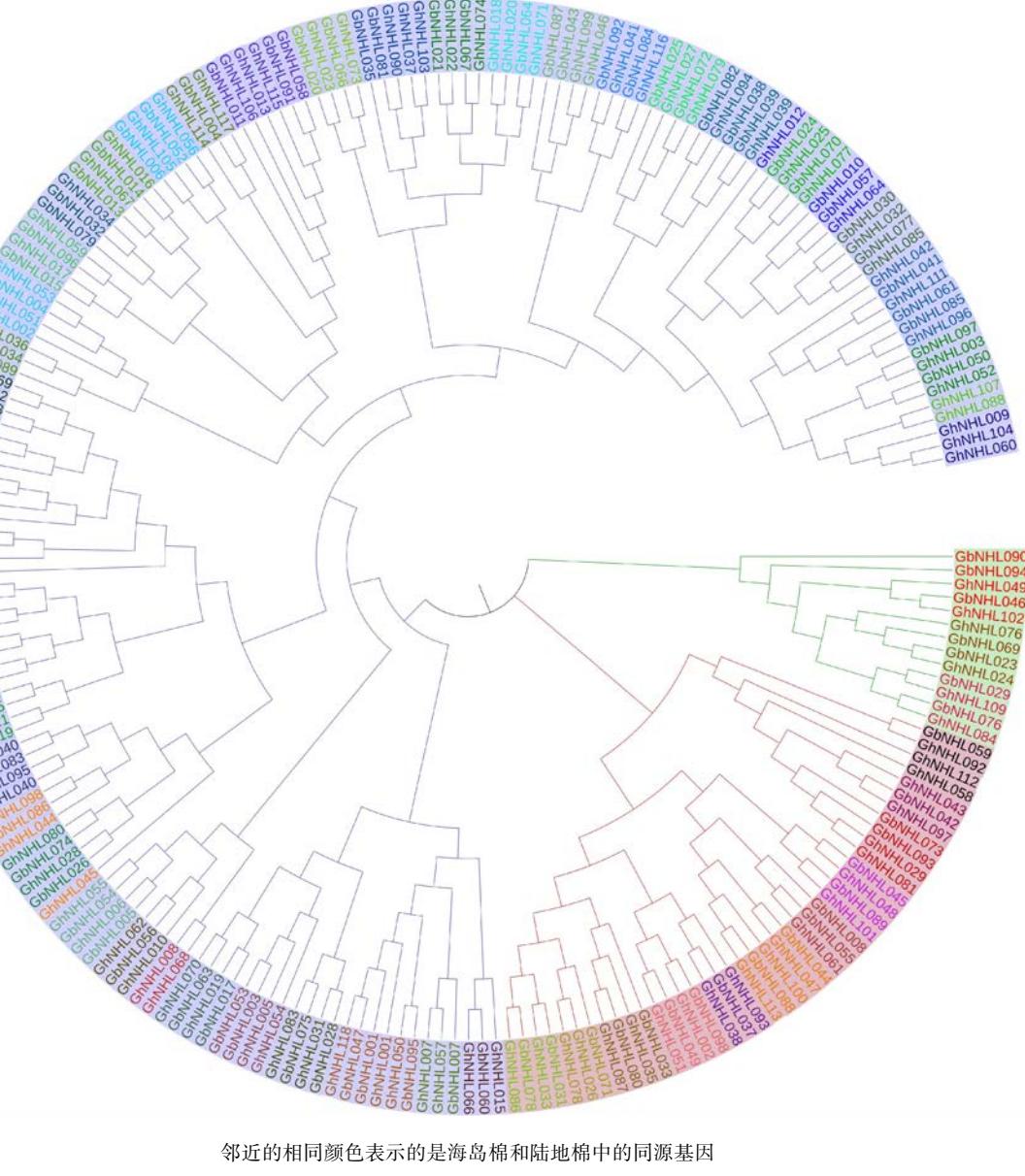


图 5 海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族进化树及同源基因分析

Fig. 5 Phylogenetic tree and homologous genes of *NHL* gene family in *G. barbadense* and *G. hirsutum*

通过分析海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族的氨基酸序列发现,海岛棉和陆地棉 *NHL* 家族各含有 3 个保守基序(表 3),而且海岛棉 *NHL* 家族的 3 个保守基序 TVTARNPNKKIGIYYDKLSVSA、IAVLILWLIL-RPHKPRFSLQSVTIYAFNL、LPPFYQGHKNTTLLK 与陆

地棉的 3 个保守基序 PSLLSANFQVTVTARNPNK-KIGIYYDKLV、IAVLJIWLILRPHKPRFTLQSVTIYAFNL、SLPPFYQGHKNTTVLKPVLK 具有相似的组成。此外,棉花中的这些保守基序与拟南芥中的 3 个保守基序 motif 1: LILWLILRPXPKPKFXVQDATV、motif 2:

NPNKRIGIYYD 和 motif 3:PFYQGHKN^[16] 之间存在相似的保守区域,这表明 *NHL* 基因家族在进化上相

对保守,预示着棉花中 *NHL* 基因很可能发挥着与拟南芥中 *NHL* 基因相似的功能。

表 3 海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族保守基序

Table 3 Conservative motifs of *NHL* gene family in *G. barbadense* and *G. hirsutum*

<i>GbNHL</i> 基因家族保守基序	<i>GhNHL</i> 基因家族保守基序
Conservative motif of <i>GbNHL</i> gene family	Conservative motif of <i>GhNHL</i> gene family
IAVLILWLILRPHKPRFSLQS VTIYAFNL	IAVLJ IWLILRPHKPRFTLQSVTIYAFNL
TVTARNPNK KIGIYYDKLSVSA	PSLLSANFQV TTVTARNPNKKIGIYYDKLV
LPPFYQGHKNTTLLK	SLPPFYQGHKNTT VLKPVLKG

加粗字体表示海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族相似的保守基序

Blod fonts indicate the similar conservative motifs between *GbNHL* gene family and *GhNHL* gene family

2.4 黄萎病菌胁迫下陆地棉 *NHL* 基因表达分析

根据课题组前期获得的黄萎病菌胁迫下抗病陆地棉品种农大 601 的根、茎组织的转录组数据,本研究分析了 *NHL* 基因在接菌前后的表达量变化,以推测这些基因在棉花黄萎病抗性中的作用。结果表明,在 118 个陆地棉 *NHL* 基因中,57 个基因的表达量在接菌后都发生了明显的变化,意味着这些基因参与了棉花抗黄萎病反应过程,其余 61 个基因在接菌前后的棉花根和茎中一直维持较低的表达水平(图 6),推测它们在棉花抵抗黄萎病菌过程中可能作用很小。

57 个差异表达基因在棉花根、茎组织中的表达模式可以分为 3 种类型(图 7a、7b):第 I 类表现为接菌前表达较高,接菌后表达下降,其中根中表达的基因有 18 个,茎中有 8 个;第 II 类表现为接菌前较高,接菌后表达先降后升,这类基因在根中表达的有 19 个,茎中有 27 个;第 III 类表现为接菌前表达低,而接菌后表达升高,其中根中表达的有 20 个,茎中有 22 个。从表达规律可以看出,第 I 类基因在棉花抵抗黄萎病菌过程中被抑制,它们在抗病过程中受到负调控,第 II 类和第 III 类都被黄萎病菌诱导,意味着这些基因参与了抗病反应过程。

3 讨论

本研究从海岛棉和陆地棉全基因组序列中分别鉴别出 100 个和 118 个 *NHL* 基因家族成员。生物信息学分析发现,海岛棉和陆地棉 *NHL* 基因家族含有的保守基序,其与拟南芥 *NHL* 基因家族的保守基序含有相似的结构。相比于拟南芥中发现的 45 个 *NHL* 基因,棉花中 *NHL* 基因家族成员要更多,拟南芥是二倍体植物,而海岛棉和陆地棉是四倍体,棉花中 *NHL* 基因的增多可能是基因组的扩增导致的。由基因位置分析发现,棉花 *NHL* 基因几乎遍布在所

有染色体上,是一个大家族,具有结构多样性,该基因家族的外显子个数多在 1~2 个之间,但是部分基因成员的外显子数目较多,最多的可达 21 个外显子,结构更为复杂,这可能是由于在长期的进化过程中基因发生变异和进化造成的,预示着 *NHL* 基因家族成员功能的多样性。

拟南芥中 *NHL* 基因是根据其与烟草 *HIN1* 基因和拟南芥 *NDR1* 基因序列上的相似性发掘出来的^[14]。已有研究证明, *HIN1* 在烟草中可诱导抗病^[24];大豆中的 *Hin1* 基因与大豆对疫霉根腐病抗性相关^[25];拟南芥 *AtHin1* 在植物细胞衰老和防卫过程中发挥一定的作用^[26]; *NDR1* 在多种植物对细菌和真菌病原体的抗病反应中都发挥重要作用^[11-12,27];拟南芥中的 *NHL3*、*NHL25* 和 *NHL10* 都与抗病存在一些关系^[14-16]。由此我们推测棉花 *NHL* 基因在抗病中可能也发挥作用。本研究通过转录组数据发现,在黄萎病菌胁迫下,陆地棉中有 57 个 *NHL* 基因的表达量发生了明显的变化。基因的表达模式与其发挥的功能之间具有紧密的联系^[28]。在系统进化上与 *NtHIN1*、*AtNHL2*、*AtNHL3*、*AtNHL10* 关系较近的 *GhNHL004*、*GhNHL036*、*GhNHL053*、*GhNHL089*, 与 *AtNHL25* 关系较近的 *GhNHL016*、*GhNHL034*、*GhNHL067* 都可受黄萎病菌诱导表达升高,表明这些基因以及与其表达模式相同的 *NHL* 基因在棉花抵抗黄萎病菌的过程中起着重要作用。而在黄萎病菌胁迫下,表达量明显下降且一直受到抑制的基因,其是否负向介导棉花抗病尚需进一步研究。

目前,关于 *NHL* 基因的抗病机理了解还较少,已有研究表明,拟南芥中超表达 *NHL2* 可导致 SA 信号途径中标志基因 *PR-1* 表达量升高^[14]。*AtNHL1* 和 *AtNHL8* 在转基因大豆中可诱导茉莉酸和乙烯途径标志基因表达,从而提高对大豆胞囊线虫病的抗性^[29]。茄属中的 *NHL* 基因 *StPOTHR1* 与 MAP 激酶

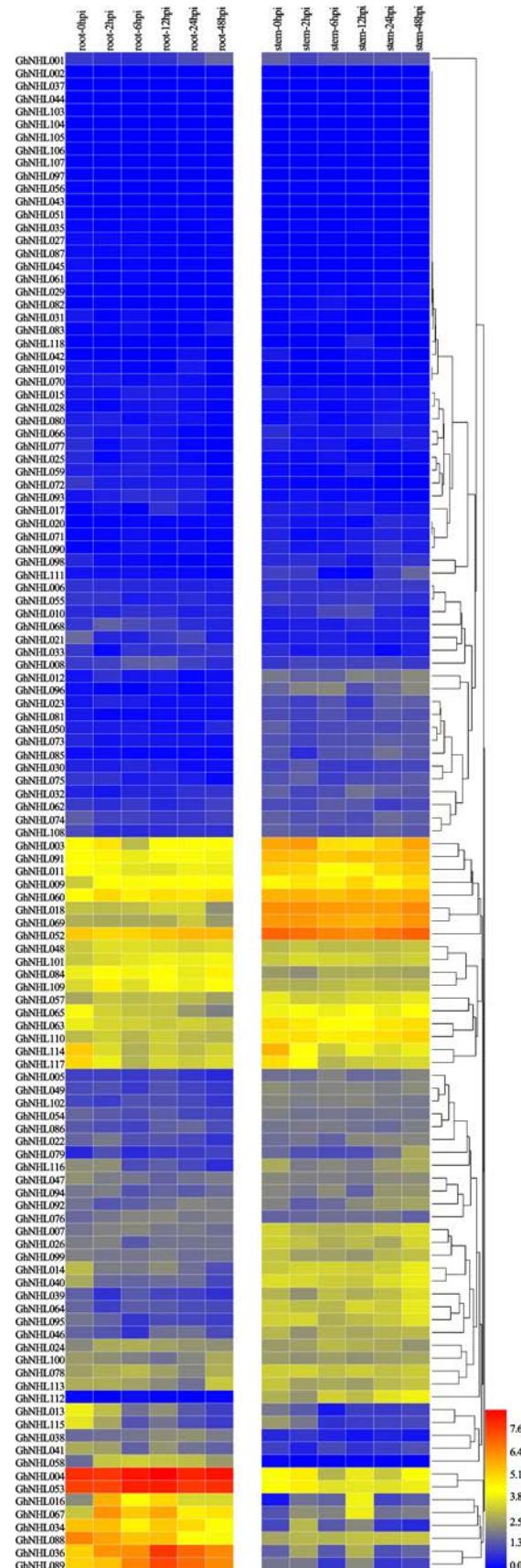
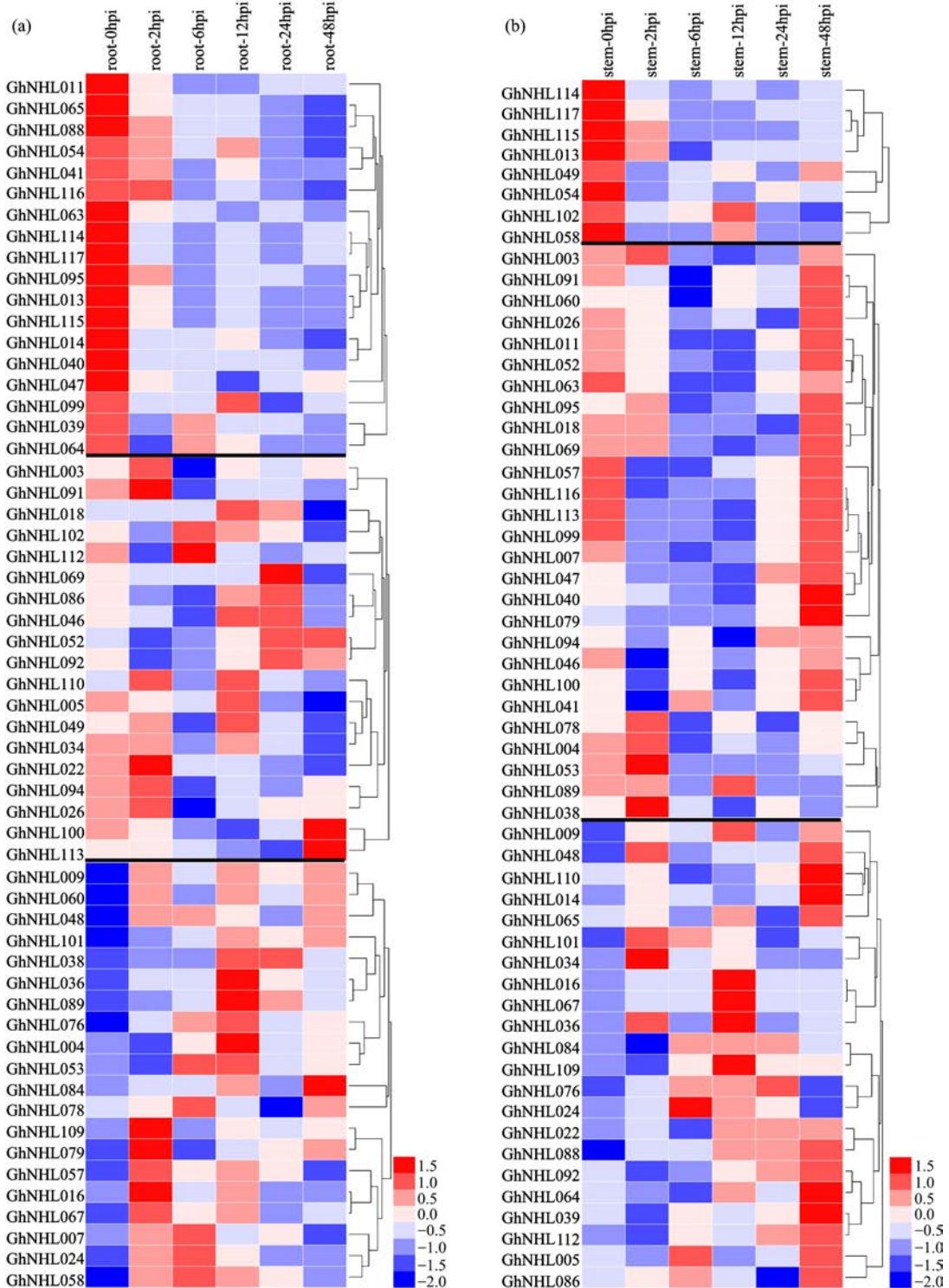


图6 黄萎病菌胁迫下,陆地棉抗病品种农大棉601中NHL基因表达分析

Fig. 6 The expression analysis of NHL genes in resistant cultivar ND 601 under *V. dahliae* stress



a;根中差异表达的基因;b;茎中差异表达的基因

a;The differentially expressed *GhNHL* genes in the root,b;The differentially expressed *GhNHL* genes in the stem图7 黄萎病菌胁迫下差异表达的陆地棉 *NHL* 基因表达模式分析Fig. 7 The patterns of *GhNHL* genes with differential expression under *V. dahliae* stress

信号级联的组份 NbMKK5L 互作,参与马铃薯免疫反应^[30]。由此推断 *NHL* 基因很可能参与各种信号反应,从而在植物抗病抗逆反应中发挥作用。棉花 *NHL* 基因家族成员众多,相似的保守基序保证了其

在功能上的联系,而各基因结构与序列的差异又使其功能产生了分化。目前对 *NHL* 基因在棉花抗病的研究很少,本研究中对棉花 *NHL* 基因家族的分析为将来更深入地研究其功能奠定了理论基础。

参考文献

- [1] Belkhadir Y,Subramaniam R,Dangl J L. Plant disease resistance protein signaling: NBS-LRR proteins and their partners. *Current Opinion in Plant Biology*,2004,7(4):391-399
- [2] Gururani M A,Venkatesh J,Upadhyaya C P,Nookaraju A,Pandey S K,Park S W. Plant disease resistance genes: Current status and future directions. *Physiological and Molecular Plant Pathology*,2012,78:51-65
- [3] Zhang Y,Wang X F,Yang S,Chi J N,Zhang G Y,Ma Z Y. Cloning and characterization of a *Verticillium* wilt resistance gene from *Gossypium barbadense* and functional analysis in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Reports*,2011,30(11):2085-2096
- [4] Zhang B L,Yang Y W,Chen T Z,Yu W G,Liu T L,Li H J,Fan X H,Ren Y Z,Shen D Y,Liu L,Dou D L,Chang Y H. Island cotton *Gbwel* gene encoding a receptor-like protein confers resistance to both defoliating and non-defoliating isolates of *Verticillium dahliae*. *PLoS ONE*,2012,7(12):e51091
- [5] Yang Y W,Ling X T,Chen T Z,Cai L W,Liu T L,Wang J Y,Fan X H,Ren Y Z,Yuan H B,Zhu W,Zhang B L,Ma D P. A cotton *Gbwdr5* gene encoding a leucine-rich-repeat receptor-like protein confers resistance to *Verticillium dahliae* in transgenic *Arabidopsis* and upland cotton. *Plant Molecular Biology Reporter*,2014,33(4):987-1001
- [6] Jun Z,Zhang Z Y,Gao Y L,Zhou L,Fang L,Chen X D,Ning Z Y,Chen T Z,Guo W Z,Zhang T Z. Overexpression of *GbRLK*, a putative receptor-like kinase gene, improved cotton tolerance to *Verticillium* wilt. *Scientific Reports*,2015,5:15048
- [7] Yang J,Ji L L,Wang X F,Zhang Y,Wu L Z,Yang Y N,Ma Z Y. Overexpression of 3-deoxy-7-phosphoheptulonate synthase gene from *Gossypium hirsutum* enhances *Arabidopsis* resistance to *Verticillium* wilt. *Plant Cell Reports*,2015,34(8):1429-1441
- [8] Mo H J,Wang X F,Zhang Y,Zhang G Y,Zhang J F,Ma Z Y. Cotton polyamine oxidase is required for spermine and camalexin signalling in the defence response to *Verticillium dahliae*. *The Plant Journal*,2015,83(6):962-975
- [9] Chen T Z,Kan J L,Yang Y W,Ling X T,Chang Y H,Zhang B L. A *Ve* homologous gene from *Gossypium barbadense*, *Gbwdr3*, enhances the defense response against *Verticillium dahliae*. *Plant Physiology and Biochemistry*,2016,98:101-111
- [10] Yang Y W,Chen T Z,Ling X T,Ma Z Q. *Gbwdr6*, a gene encoding a receptor-like protein of cotton (*Gossypium barbadense*), confers resistance to *Verticillium* Wilt in *Arabidopsis* and upland cotton. *Frontiers in Plant Science*,2017,8:2272
- [11] Century K S,Shapiro A D,Repetti P P,Dahlbeck D,Holub E,Staskawicz B J. *NDRI*, a pathogen-induced component required for *Arabidopsis* disease resistance. *Science*,1997,278 (5345):1963-1965
- [12] Century K S,Holub E B,Staskawicz B J. *NDRI*, a locus of *Arabidopsis thaliana* that is required for disease resistance to both a bacterial and a fungal pathogen. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*,1995,92(14):6597-6601
- [13] Gopalan S,Wei W,He S Y. *hrp* gene-dependent induction of *hin1*: A plant gene activated rapidly by both harpins and the *avrPto* gene-mediated signal. *The Plant Journal*,1996,10(4):591-600
- [14] Dörmann P,Gopalan S,He S Y,Benning C. A gene family in *Arabidopsis thaliana* with sequence similarity to *NDRI* and *HIN1*. *Plant Physiology & Biochemistry*,2000,38(10):789-796
- [15] Zheng M S,Takahashi H,Miyazaki A,Hamamoto H,Shah J,Yamaguchi I,Kusano T. Up-regulation of *Arabidopsis thaliana NHL10* in the hypersensitive response to *Cucumber mosaic virus* infection and in senescent leaves is controlled by signalling pathways that differ in salicylate involvement. *Planta*,2004,218(5):740-750
- [16] Varet A,Parker J,Tornero P,Nass N,Nürnberg T,Dangl J L,Scheel D,Le J. *NHL25* and *NHL3*, two *NDRI/HIN1-like* genes in *Arabidopsis thaliana* with potential role(s) in plant defense. *Molecular Plant-Microbe Interactions*,2002,15(6):608-616
- [17] Varet A,Hause B,Hause G,Scheel D,Le J. The *Arabidopsis NHL3* gene encodes a plasma membrane protein and its overexpression correlates with increased resistance to *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000. *Plant Physiology*,2003,132(4):2023-2033
- [18] Bao Y,Song W M,Zhang H X. Role of *Arabidopsis NHL* family in ABA and stress response. *Plant Signaling & Behavior*,2016,11(5):e1180493
- [19] Bao Y,Song W M,Pan J,Jiang C M,Srivastava R,Li B,Zhu L Y,Su H Y,Gao X S,Liu H,Yu X,Yang L,Cheng X H,Zhang H X. Overexpression of the *NDRI/HIN1-like* gene *NHL6* modifies seed germination in response to abscisic acid and abiotic stresses in *Arabidopsis*. *PLoS ONE*,2016,11(2):e0148572
- [20] Zhang T Z,Hu Y,Jiang W K,Fang L,Guan X Y,Chen J D,Zhang J B,Sasaki C A,Scheffler B E,Stelly D M,Hulse-Kemp A M,Wan Q,Liu B L,Liu C X,Wang S,Pan M Q,Wang Y K,Wang D W,Ye W X,Chang L J,Zhang W P,Song Q X,Kirkbride R C,Chen X Y,Dennis E,Llewellyn D J,Peterson D G,Thaxton P,Jones D C,Wang Q,Xu X Y,Zhang H,Wu H T,Zhou L,Mei G F,Chen S Q,Tian Y,Xiang D,Li X H,Ding J,Zuo Q Y,Tao L N,Liu Y C,Li J,Lin Y,Hui Y Y,Cao Z S,Cai C P,Zhu X F,Jiang Z,Zhou B L,Guo W Z,Li R Q,Chen Z J.Sequencing of allotetraploid cotton (*Gossypium hirsutum* L. acc. TM-1) provides a resource for fiber improvement. *Nature Biotechnology*,2015,33(5):531-537
- [21] Liu X,Zhao B,Zheng H J,Hu Y,Lu G,Yang C Q,Chen J D,Chen J J,Chen D Y,Zhang L,Zhou Y,Wang L J,Guo W Z,Bai Y L,Ruan J X,Shangguan X X,Mao Y B,Shan C M,Jiang J P,Zhu Y Q,Jin L,Kang H,Chen S T,He X L,Wang R,Wang Y Z,Chen J,Wang L J,Yu S T,Wang B Y,Wei J,Song S C,Lu X Y,Gao Z C,Gu W Y,Deng X,Ma D,Wang S,Liang W H,Fang L,Cai C P,Zhu X F,Zhou B L,Chen Z J,Xu S H,Zhang Y G,Wang S Y,Zhang T Z,Zhao G P,Chen X Y. *Gossypium barbadense* genome sequence provides insight into the evolution of extra-long staple fiber and specialized metabolites. *Scientific Reports*,2015,5:14139-14152
- [22] Zhu T,Liang C Z,Meng Z G,Sun G Q,Meng Z H,Guo S D,Zhang R. CottonFGD: an integrated functional genomics database for cotton. *BMC Plant Biology*,2017,17(1):101-109
- [23] Chang T H,Wu L C,Le T Y,Chen S P,Huang H D,Horng J T. EuLoc: a web-server for accurately predict protein subcellular localization in eukaryotes by incorporating various features of sequence segments into the general form of Chou's PseAAC. *Journal of Computer-Aided Molecular Design*,2013,27(1):91-103
- [24] Lee J,Klessig D F,Nürnberg T. A harpin binding site in tobacco plasma membranes mediates activation of the pathogenesis-related gene *HIN1* independent of extracellular calcium but dependent on mitogen-activated protein kinase activity. *The Plant Cell*,2001,13(5):1079-1093
- [25] 华彩锋.大豆疫霉根腐病抗性相关基因 *Hin1* 的克隆及功能的初步研究.哈尔滨:东北农业大学,2014
- [26] Pontier D,Gan S S,Amasino R M,Roby D,Lam E. Markers for hypersensitive response and senescence show distinct patterns of expression. *Plant Molecular Biology*,1999,39(6):1243-1255
- [27] Gao X Q,Wheeler T,Li Z H,Kenerley C M,He P,Shan L B. Silencing *GhNDRI* and *GhMKK2* compromises cotton resistance to *Verticillium* wilt. *The Plant Journal*,2011,66(2):293-305
- [28] 安亚茹,杨君,刘正文,张桂寅,马峙英,王省芬.陆地棉 *XTH* 基因家族全基因组鉴定及在纤维发育过程的表达分析.植物遗传资源学报,2017,18(6):1179-1192
- [29] Maldonado A,Youssef R,McDonald M,Brewer E,Beard H,Matthews B. Overexpression of four *Arabidopsis thaliana NHL* genes in soybean (*Glycine max*) roots and their effect on resistance to the soybean cyst nematode (*Heterodera glycines*). *Physiological and Molecular Plant Pathology*,2014,86:1-10
- [30] Chen Q S,Tian Z D,Jiang R,Zheng X A,Xie C H,Liu J. *StPOT-HRI*, a *NDRI/HIN1-like* gene in *Solanum tuberosum*, enhances resistance against *Phytophthora infestans*. *Biochemical and Biophysical Research Communications*,2018,496(4):1155-1161