

# 小麦根系响应高盐胁迫的时序转录组分析

李红燕<sup>1</sup>, 陈向前<sup>2</sup>, 牛凤娟<sup>2</sup>, 李彦连<sup>1</sup>, 姜奇彦<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 济宁学院生命科学与生物工程学院, 山东曲阜 273155; <sup>2</sup> 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

**摘要:** 小麦是重要的粮食作物, 盐胁迫严重影响小麦的生长发育, 小麦的耐盐机制尚不完全清楚。本研究以济麦 19 为材料, 采用 NaCl 处理和时序 RNA 测序技术 (time course RNA-seq) 分析小麦根系响应高盐胁迫的分子机制。与盐胁迫 0 h 相比, 不同处理时间下小麦根中响应盐胁迫的差异表达基因总数为 5526 个。通过 Gene Ontology (GO) 和 Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) 分析发现, 在盐胁迫处理较早时期 (2 h 与 6 h), 差异表达基因在植物激素信号转导、氨基酸代谢、次级代谢等类别中显著富集。盐胁迫处理 6 h 之后, 参与逆境应答过程的差异表达基因开始富集。随着胁迫时间的延长, 对植物伤害加剧, 与高分子配合物、DNA 构象变化、蛋白质-DNA 结构变化相关的差异表达基因在盐处理 48 h 和 72 h 时富集。参与信号传导, 抗氧化胁迫, 渗透胁迫, 离子平衡和氨基酸合成的多个基因在盐胁迫处理不同时期都有差异表达, 其中三者多为盐胁迫诱导表达的差异表达基因。这些结果为小麦耐盐分子机制的研究提供了有价值的信息。

**关键词:** 小麦; 盐胁迫; 差异表达基因; 转录组分析

## Time-course Transcriptome Analysis in Wheat Root in Response to High Salinity

LI Hong-yan<sup>1</sup>, CHEN Xiang-qian<sup>2</sup>, NIU Feng-juan<sup>2</sup>, LI Yan-lian<sup>1</sup>, JIANG Qi-yan<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>College of Life Science and Bioengineering, Jining University, Shandong Qufu 273155;

<sup>2</sup>Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** Wheat (*Triticum aestivum* L.) is an important food crop worldwide. However, its growth has been heavily suppressed by salt stress. The molecular mechanisms of salt tolerance in wheat remain unclear. In this study we conducted research to decipher the mechanism of salt stress response in Jimai19 using NaCl treatment and time-course RNA sequencing. The total number of differentially expressed genes (DEGs) in response to salt stress was 5526 in wheat roots. Based on Gene Ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) analysis, it was found that DEGs were significantly enriched in the categories of plant hormone signal transduction, primary metabolic processes such as amino acid synthesis, and some secondary metabolic processes in the early stages of salt treatment. After 6 h of salt treatment, the DEGs involved in stress response began to enrich. With the extension of stress time and the damage to plant increased, the DEGs related to macromolecular complex, DNA conformational changes, protein-DNA structural changes etc, were enriched at 48 h and 72 h of salt treatment. Many genes involved in signal transduction, resistance to oxidative stress, osmotic stress, ion balance and amino acid synthesis were differentially expressed at different stages of salt treatment. Most genes of

收稿日期: 2021-09-27 修回日期: 2021-12-02 网络出版日期: 2021-12-20

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>

第一作者研究方向为小麦种质资源利用和逆境生物学, E-mail: lhysdjn13@163.com

通信作者: 姜奇彦, 研究方向为种质资源抗逆鉴定评价、抗逆基因挖掘与抗逆机理研究, E-mail: jiangqiyen@caas.cn

**基金项目:** 国家自然科学基金 (31601302); 国家重点研发计划项目 (2016YFD0100304); 中国农业科学院科技创新工程项目; 江苏省现代作物生产协同创新中心; 现代作物生产省部共建协同创新中心

**Foundation projects:** National Natural Science Foundation of China (31601302), National Key Research and Development Program of China (2016YFD0100304), Agricultural Science and Technology Program for Innovation Team, CAAS, Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production, Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production co-sponsored by Province and Ministry

the last three classes were induced by salt stress. These results provided valuable information on the salt tolerance of molecular mechanisms in wheat.

**Key words:** wheat; salt stress; differential expression genes; transcriptome analysis

土壤盐渍化是影响作物生长的非生物胁迫之一。我国盐渍土面积约 1 亿  $\text{hm}^2$ <sup>[1]</sup>, 给小麦等粮食作物的生产带来严重危害。全球气候变化正在进一步加速土壤盐碱化进程<sup>[2]</sup>。分析盐胁迫响应基因表达变化, 研究小麦耐盐分子机理, 对小麦耐盐品种培育具有重要作用。

盐胁迫条件下, 植物会启动包括分子调控、信号转导及物质代谢等复杂的调控网络和适应机制<sup>[3-4]</sup>。在感知到高渗透胁迫和离子毒害后, 细胞内被激活的  $\text{Ca}^{2+}$  信号会激活或抑制下游的转录因子, 作为对高盐度的响应<sup>[5-6]</sup>。这些转录因子再调控氧化还原反应相关和逆境胁迫相关的一些基因的表达, 有时, 这些逆境响应基因也受到复杂的激素信号转导网络调控<sup>[7]</sup>。此外, 盐胁迫下, 植物还会通过积累一些碳水化合物、次生代谢产物等调节渗透胁迫<sup>[8-9]</sup>。细胞壁作为植物抵御外部环境胁迫的最外层防线, 木质素、纤维素、果胶等细胞壁组分在盐胁迫条件下的代谢也十分复杂<sup>[10-11]</sup>。

关于小麦盐胁迫响应基因及小麦耐盐机理解析的研究已有很多报道。Amirbakhtiar 等<sup>[12]</sup>通过伊朗耐盐小麦品种 Arg 根系转录组测序分析, 提出转运蛋白、类苯丙烷生物合成、转录因子、糖基转移酶、谷胱甘肽代谢和植物激素信号转导相关基因在小麦响应高盐胁迫中发挥重要作用。还有研究通过蛋白质组学的方法解析小麦耐盐机理, 研究发现泛素化相关蛋白、转录因子、病原菌相关蛋白、膜内转运蛋白和抗氧化酶类等组成小麦复杂的盐胁迫响应调控网络, 减少盐胁迫对植物的伤害, 促进植物生长<sup>[4]</sup>。目前研究比较清楚的小麦耐盐机制是 *HKT* 介导的钠离子外排机制和 *SRO* 等介导的 ROS 稳态机制<sup>[13-14]</sup>。其中 ROS 稳态机制中的关键耐盐基因 *TaSRO1* 通过调控氧化还原稳态和提高基因组损伤修复能力促进生长发育、增强耐盐能力<sup>[15]</sup>。*TaAOC1* 和 *TaOPR1* 分别通过茉莉酸和 ABA 信号通路调控耐逆关键转录因子 *MYC2* 提高小麦耐盐能力<sup>[16-17]</sup>。

近年来, RNA 测序技术在植物非生物和生物胁迫反应研究中得到了广泛应用, 许多与不同代谢过程相关的盐胁迫响应基因被鉴定出来, 丰富了植物抗逆调控网络的信息<sup>[18]</sup>。特别是时序 (time-

course) 转录组分析的应用, 可以获得胁迫处理不同时间点的基因表达谱, 使得比较多个转录组成为可能, 比仅关注一个时间点的技术具有更高的准确性和灵敏性。因此, 基于 RNA-Seq 的技术是阐明植物在逆境条件下响应基因调控网络的有力手段。

本研究利用 RNA-Seq 技术, 分析盐胁迫处理下不同时间点小麦幼苗根系基因表达谱, 研究小麦盐胁迫不同时间点的应答基因, 解析小麦根系对盐胁迫的响应机理, 为解析小麦抗盐机制提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料处理

在 25 °C 培养箱中, 光照为 150  $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$ , 光周期为 14 h 光照 / 10 h 黑暗。小麦济麦 19 幼苗在 Hoagland 溶液中生长至 4 叶龄, 用 300 mmol/L NaCl 溶液胁迫处理。分别于处理后的 0、2、6、24、48、72 h, 采集植株的根 (记为 J0、J2、J6、J24、J48、J72), 用蒸馏水冲洗 3 次, 放入液氮中冷冻, 提取的总 RNA 样品保存在 -80 °C 冰箱中备用, 用于 RNA-seq 及 qRT-PCR 分析。

### 1.2 RNA-seq 测序及差异表达基因分析

参考 Jiang 等<sup>[19]</sup>的方法, 总 RNA 样品利用 RNA 纯化试剂盒 (TIANGEN, 北京, 中国) 按照厂家说明书进行纯化。分别建立 0、2、6、24、48、72 h 样本的转录组组装库, 然后进行 RNA 测序。RNA-seq 样品制备使用 Dynabeads mRNA DIRECT Kit (Thermo Fisher Scientific, CA, USA), 根据试剂盒说明书的步骤, 构建 cDNA 文库。通过琼脂糖凝胶纯化筛选 400~500 bp 的片段, 使用 HiSeq-2500 仪器 (Illumina, San Diego, CA, USA) 对合适的富集片段进行测序。

对 HiSeq-2500 测序获得的原始 reads 进行过滤, 得到 clean reads。使用 TopHat2 软件将 clean reads 与 *T. aestivum* 参考序列比对。小麦 (*Triticum aestivum* L.) 基因组序列从 cerealsDB 数据库 (<http://www.cerealsdb.uk.net/cerealgenomics/CerealsDB/copyright.php>) 下载。用 DEseq 包检测差异表达基因。差异表达基因确定条件为  $q < 0.005$  且绝对倍数变化  $\geq 2$ 。使用 Blast2GO 软件 (<https://www.biobam.com/download-blast2go>) 进行 GO 注释,

Pathfinder 软件 (<https://www.kegg.jp/kegg/pathway.html>) 对 KEGG 数据库进行 KEGG 通路注释。

### 1.3 qRT-PCR 方法验证 RNA-seq 结果

随机选取 10 个差异表达基因进行 qRT-PCR 分析,用于验证 RNA-seq 结果。根据产品说明书,使用 Superscript III 逆转录酶 (Invitrogen, Carlsbad,

CA, USA) 和 oligo(dT)18 引物,使用 DNase I 处理后的 RNA 进行 cDNA 第一链的合成。小麦 *Tubulin* 基因作为 qRT-PCR 扩增的内参基因,基因表达量的计算参考 Livak 等<sup>[20]</sup>的方法进行。所用引物序列见表 1。

表 1 用于 qRT-PCR 的引物

Table1 The qRT-PCR primers used in this study

引物名称 Primer name	正向序列 (5'-3') Forward sequence	反向序列 (5'-3') Reverse sequence
<i>Traes_1AS_EC6AB36AC</i>	CCGCAAGGAGAAGGACAAGG	GGATGAAGACGGTGGTGGC
<i>Traes_5DL_C2F7D9273</i>	AGAGCAAGGCGAAGAAAG	TTGTCTCGTAGGTGATGG
<i>Traes_2BS_A9BF5F962</i>	AAACATTCTGACCCTCTTCC	TCGCCCCATTGTGCTGA
<i>Traes_7AL_8DABB94C7</i>	GATGACCGCAGCCAACG	TGTAGTGCCCGCAAACC
<i>Traes_5DL_32B83E57E</i>	ACGAAGCCAGCAGAGGG	GTGCCAAGCGACCGATA
<i>Traes_2DL_6CD064E13</i>	TCCCGCATCTTCGTTG	CGTTATCGCCAGGTTTCT
<i>Traes_5DS_E58EBABFD</i>	ACGACTTCGCCATCACCG	GCTCCTCCACGAGTTCCA
<i>Traes_5BL_553A52826</i>	TACAGGTGGGAGGTTGTTGGA	GTCGTCGTAGTTGTCATCAGTCG
<i>Traes_2BL_C051606EA</i>	GTCATACCCGCTCTACCGA	CAATGAACACCTTGCCACC
<i>Traes_4AL_892C47ED5</i>	CCCGCTCTACAGGTTTCGT	AGGGCTCACCGTTCCAC
<i>Tubulin</i>	GAGGCCTCGTGTGGTGCCTTTGT	GCCCAGTTGTTACCCGCACCAGA

## 2 结果与分析

### 2.1 差异表达基因鉴定和时序表达模式分析

与盐胁迫处理前即盐胁迫处理 0 h 相比,在盐胁迫处理 2、6、24、48、72 h 的根中分别有 337、1823、3409、3917、3137 个差异表达基因,上调和下调的基因都是在 48 h 达到最多(图 1)。5 个时间点的差异表达基因有交叉,也有各个时间点单独发生变化的差异表达基因,其中 5 个时间点都发生变化的差异表达基因共 112 个(图 2)。

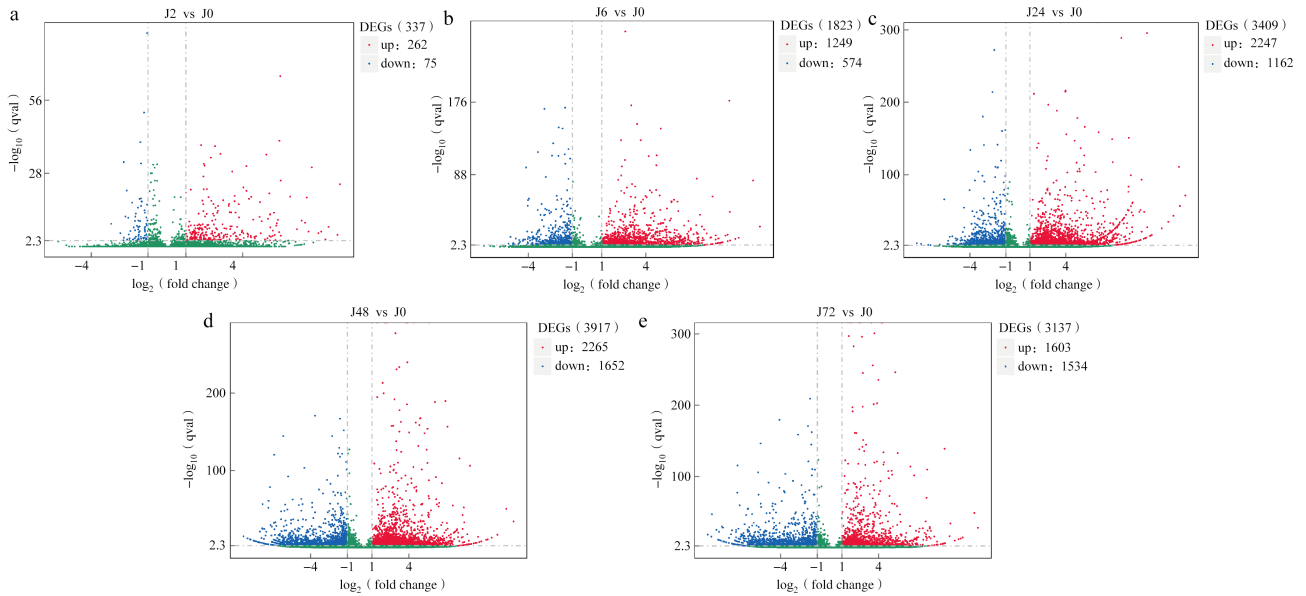
根据差异基因的相对表达水平值  $\log_2(\text{fold change})$ ,对不同处理中全部的 5526 个差异表达基因进行了聚类分析,将差异表达基因分为 3 组(第 I ~ III 组)(图 3a)。根据基因表达模式不同,将差异表达基因 h-cluster 聚类为 10 个亚类(subcluster)(图 3b)。其中亚类 1~3 对应基因表达模式大概是随着盐胁迫处理时间的加长,基因表达量持续下降(第 I 组);亚类 4~7 对应基因表达模式大概是随着盐胁迫处理时间的延长,基因表达量升高或后期略有下降,在盐胁迫处理中后期 24~48h 基因表达量

达到峰值(第 II 组);亚类 8~10 对应基因表达模式大概是随着盐胁迫处理时间的延长,基因表达量先升高后降低,在盐胁迫处理中期 6~24 h 基因表达量达到峰值(第 III 组)。

### 2.2 差异表达基因功能分析

GO 功能注释分为三大类:生物过程(Biological process)、细胞组分(Cellular component)和分子功能(Molecular function)。差异基因 GO 富集柱状图可以直观地反映出在这三大类功能富集的不同类别(GO term)差异基因的个数分布情况。对不同时间点在盐处理与对照间出现的差异表达基因进行了 GO 功能注释,并对不同处理的前 30 个 GO terms 富集情况做了统计(图 4)。

随着盐胁迫处理时间的延长,差异表达基因明显增多(图 1),盐处理 2 h 和 6 h 时,富集的前 30 个 GO terms 中主要集中在生物过程和分子功能两大类中。随着盐处理时间的延长,盐处理 24 h 开始,富集的前 30 个 GO terms 中开始出现细胞组分一类。具体来讲,盐处理 2 h 时富集的基因主要参与的生物过程为氨基酸代谢、有机酸合成、羧酸合成



火山图的横坐标  $\log_2(\text{fold change})$  和纵坐标  $-\log_{10}(\text{q-value})$  作为差异基因筛选的两个标准。

图中红色的点表示上调基因 ( $\log_2 \text{Fold\_change} > 1$ ,  $\text{q-value} < 0.005$ ), 蓝色的点表示下调基因

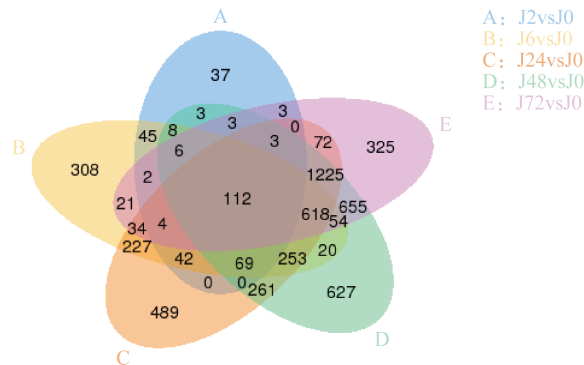
( $\log_2 \text{Fold\_change} < -1$ ,  $\text{q-value} < 0.005$ ), DEGs: 差异表达基因, J0、J2、J6、J24、J48、J72 分别代表盐处理

0、2、6、24、48、72 h 的采集样品, J2 vs J0、J6 vs J0、J24 vs J0、J48 vs J0、J72 vs J0 分别表示盐处理 2、6、24、48、72 h 与盐处理 0 h 相比的差异表达基因, 下同

The y-axis  $-\log_{10}(\text{q-value})$  and the x-axis  $\log_2(\text{fold change})$  of volcano plot were used as two filtering criteria to screen DEGs. The red dots represent up-regulated genes with  $\log_2 \text{Fold\_change} > 1$  and  $\text{q-value} < 0.005$  and the blue dots represent down-regulated genes with  $\log_2 \text{Fold\_change} < -1$  and  $\text{q-value} < 0.005$ , DEGs: Differentially expressed genes, J0, J2, J6, J24, J48, J72 represent the samples of salt treatment 0, 2, 6, 24, 48 and 72 h, respectively, J2 vs J0, J6 vs J0, J24 vs J0, J48 vs J0, and J72 vs J0 indicate respectively the differentially expressed genes at 2, 6, 24, 48, 72 h compared with 0 h of salt treatment, the same as below

图 1 盐胁迫处理不同时间点小麦根中差异表达基因

Fig. 1 Differentially expressed genes (DEGs) in wheat roots under salt stress at different time points



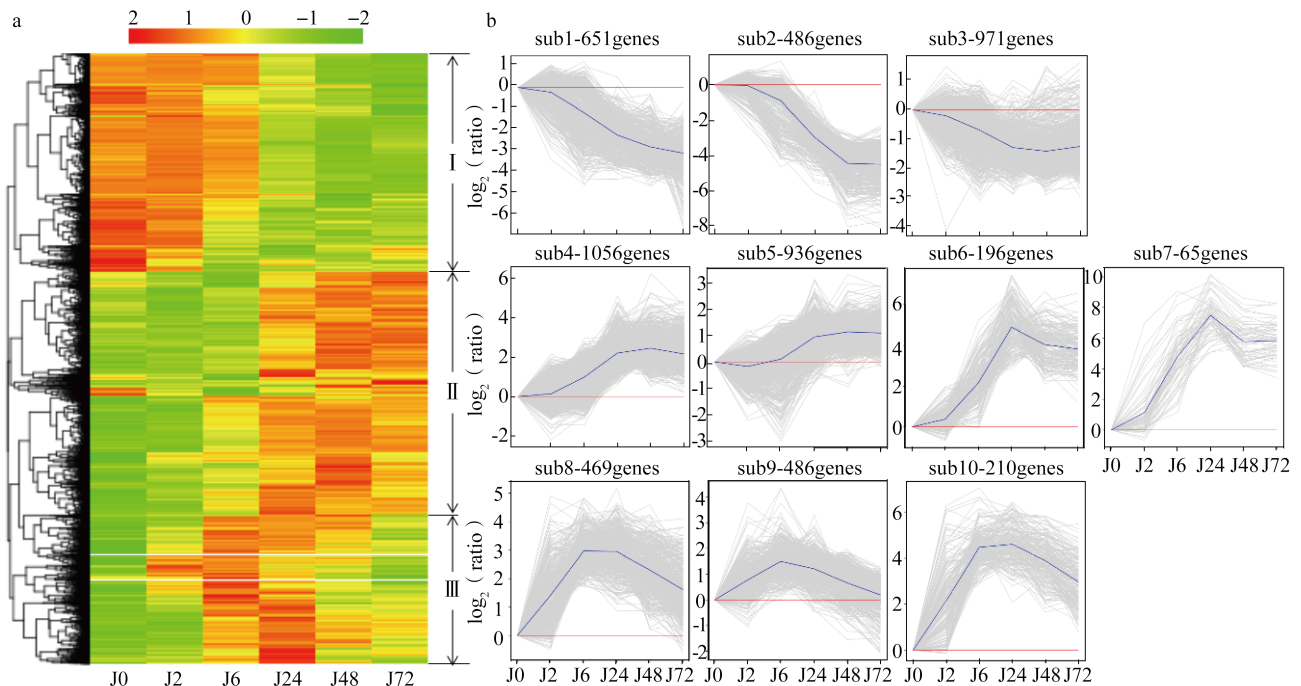
图中数字为差异表达基因数量

The numbers in figure are the number of the differentially expressed genes

图 2 盐胁迫处理不同时间点小麦根中差异表达基因 Venn 图

Fig.2 Venn diagram showing overlapped differential expressed genes (DEGs) among different time points





- a: 差异表达基因聚类分析, 每 1 行代表 1 个基因, 基因上调用红色表示, 下调用绿色表示。  
 b: 具有不同表达模式的差异表达基因亚类, sub 表示不同的亚类, 后面的数字表示这一亚类的差异基因数量  
 a: Hierarchical clustering analysis of differentially expressed genes, rows represent individual genes, genes that increased and decreased in abundance are indicated in red and green, respectively.  
 b: Subcluster of DEGs with different expressing profiles, sub indicates different subclass, and the numbers after sub indicate the differentially expressed genes in this subclass

图 3 盐胁迫不同时间点差异基因表达模式分析

Fig. 3 Profiles of DEGs from wheat roots at different time points

以及一些次级代谢过程等(图 4a), 且这个阶段差异表达基因多为上调(图 1)。盐处理 6 h, 参与氧化还原过程、逆境应答过程的差异表达基因开始富集, 同时, 氨基酸代谢、苯丙氨酸代谢相关的基因仍然富集(图 4b)。盐处理 24 h, 参与逆境应答的基因明显增加, 同时参与抗氧化胁迫及氨基酸代谢的基因仍然富集, 并开始出现与蛋白质二聚体活性相关的基因的富集(图 4c)。盐处理 48 h, 与生物过程有关的 GO terms 中参与单个有机体代谢过程(GO: 0044710)的基因最多, 参与羧酸及氨基酸代谢的基因富集程度也排在前 30 中, 但参与逆境应答、抗氧化胁迫相关的基因富集程度降低, 没有在富集的前 30 个 GO terms 中出现。与高分子配合物(GO: 0032991)、DNA 构象变化(GO: 0071103)、蛋白质-DNA 结构变化相关的基因在盐处理 48 h 和 72 h 时富集(图 4d、e)。细胞组分在某些时间点, 如盐处理 2 h 和 6 h, 没有在富集的前 30 个 GO terms 中出现。

利用 KEGG 数据库对不同处理中所有差异表

达基因所参与的代谢通路进行注释, 5 个处理时间点(2、6、24、48、72 h)分别和盐处理前比较, 每个处理的所有差异表达基因分别参与到 38、91、104、110 和 105 个代谢通路中, 除去交叉的通路, 共 115 条通路。对处理中的差异表达基因进行富集后, 共有 37 条通路在不同处理中排在前 20 名。其中 7 个通路在各个时间点都有富集, 包括苯丙素的生物合成, 苯丙氨酸代谢, 氮代谢, 次生代谢产物的生物合成, 亚油酸代谢, 丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢, 乙醛酸和二羧酸代谢等通路。只在盐胁迫早期(2 h 与 6 h)富集的差异表达基因主要参与的代谢通路有植物激素信号转导、植物病原菌互作、亚麻酸代谢、类胡萝卜素合成等通路。而光合作用、谷胱甘肽代谢、氨基酸合成、磷酸戊糖途径、生物碱合成等通路相关的基因在除盐胁迫 2 h 之后的其他时间点富集。一些特定氨基酸代谢, 核糖体、糖酵解和糖异生, 类黄酮生物合成等通路相关的基因在盐胁迫后期(48 h 与 72 h)富集(表 2)。

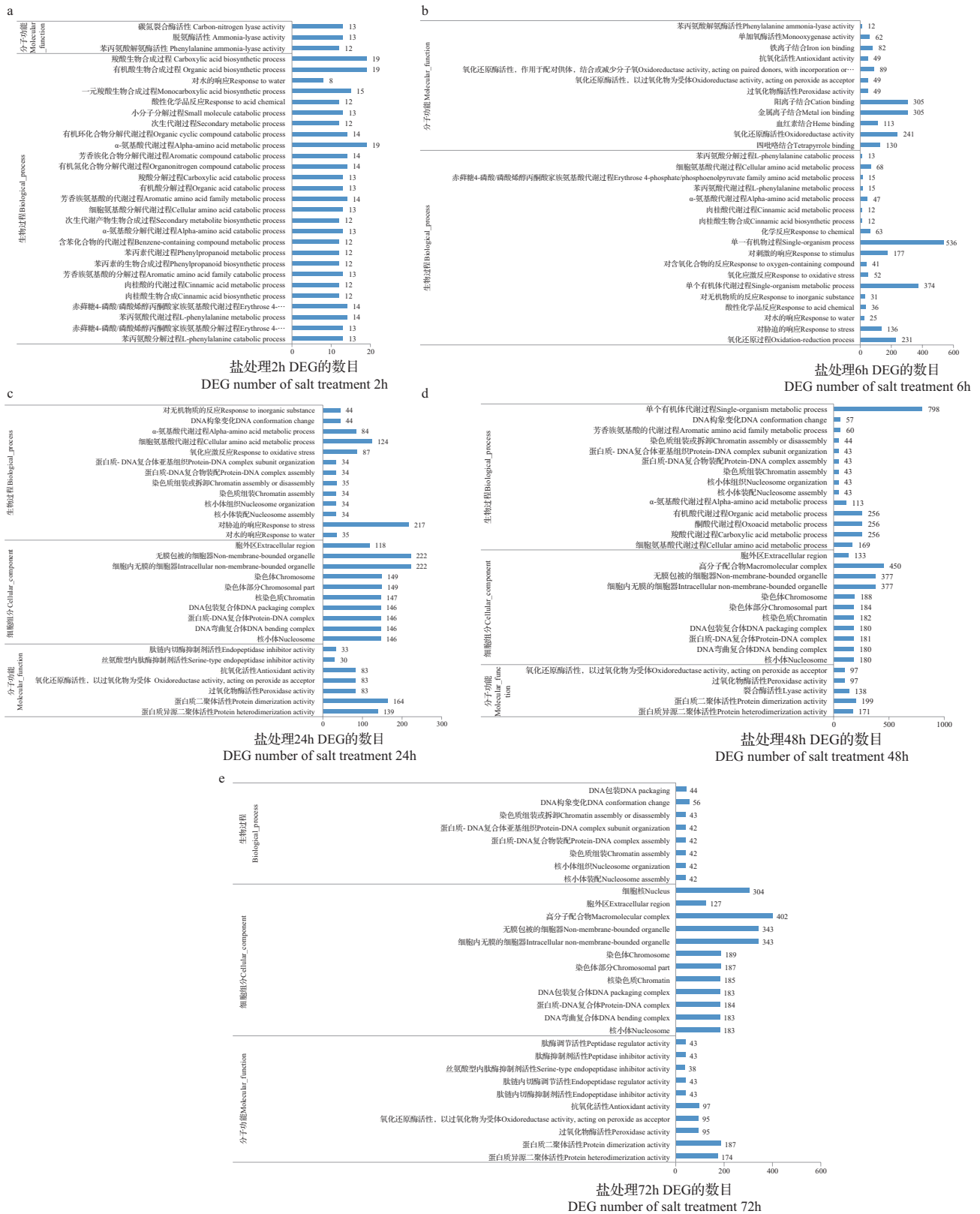


图 4 盐胁迫不同时间点差异表达基因的 GO 富集柱状图  
Fig.4 GO functional annotation of DEGs at different time points

表 2 盐胁迫处理不同时间点 ( 2, 6, 24, 48 和 72 h ) 经 KEGG 注释富集的前 20 条通路

Table 2 The top 20 KEGG annotated pathways at different time points ( 0, 2, 6, 24, 48 and 72 h after the initiation of salt treatment )

KEGG 编号 KEGG ID	KEGG 通路 KEGG Pathway	差异表达基因数目 Number of DEGs				
		2 h	6 h	24 h	48 h	72 h
bdi00940	苯丙素合成	27	77	144	172	155
bdi00360	苯丙氨酸代谢	22	68	112	146	131
bdi04626	植物病原菌互作	15	37	-	-	-
bdi04075	植物激素信号转导	13	38	-	-	-
bdi00330	精氨酸和脯氨酸代谢	6	-	-	40	37
bdi00910	氮代谢	4	18	21	24	19
bdi00592	$\alpha$ - 亚麻酸代谢	4	11	-	-	-
bdi01110	次生代谢产物的生物合成	32	175	361	483	407
bdi00906	类胡萝卜素生物合成	3	8	-	-	-
bdi00591	亚油酸代谢	2	5	11	13	12
bdi00410	丙氨酸代谢	3	-	21	-	25
bdi01040	不饱和脂肪酸合成	3	-	-	-	-
bdi00250	丙氨酸, 天冬氨酸和谷氨酸代谢	3	16	31	35	32
bdi00630	乙醛酸和二羧酸代谢	3	19	26	36	29
bdi01100	代谢过程	49	-	-	-	-
bdi00052	半乳糖代谢	3	16	31	-	-
bdi00130	泛素酮和其他萜醌生物合成	2	-	-	-	-
bdi01220	芳香化合物降解	1	5	-	-	-
bdi01212	脂肪酸代谢	3	-	-	-	-
bdi00945	二苯乙烯、二芳基庚烷和姜酚的生物合成	1	-	14	-	-
bdi00196	光合作用 - 天线蛋白	-	15	17	18	17
bdi00480	谷胱甘肽代谢	-	28	65	64	53
bdi02010	ABC 转运蛋白	-	11	-	-	-
bdi01230	氨基酸生物合成	-	45	112	174	130
bdi00710	光合作用生物体的碳固定作用	-	18	43	49	35
bdi00030	磷酸戊糖途径	-	12	31	35	27
bdi00950	异喹啉生物碱生物合成	-	7	17	24	22
bdi01200	碳代谢	-	-	90	115	-
bdi00270	半胱氨酸和甲硫氨酸代谢	-	-	39	52	47
bdi00460	( 水解 ) 酪蛋白氨基酸代谢	-	-	25	-	-
bdi00650	丁酸甲酯代谢	-	-	14	-	-
bdi00400	苯丙氨酸, 酪氨酸和色氨酸的生物合成	-	-	-	48	42
bdi03008	核糖体	-	-	-	162	134
bdi00010	糖酵解和糖异生	-	-	-	62	-
bdi00941	类黄酮生物合成	-	-	-	21	-
bdi00350	酪氨酸代谢	-	-	-	-	25
bdi00260	甘氨酸, 丝氨酸和苏氨酸代谢	-	-	-	-	36

- 表示该通路在该处理中没有被富集

Blank indicated that the pathway was not enriched during the treatment

### 2.3 盐胁迫下不同功能基因的差异表达

**2.3.1 植物激素信号转导相关基因在盐胁迫下的表达变化** 植物激素信号转导(bdi04075)通路中,在盐处理 2、6、24、48 和 72 h,分别出现了 13、38、54、60 和 61 个差异表达基因。影响植物生长的基因 25 个,包括 *AUX1*、*AUX/IAA*、*GH3*、*SAUR* 类基因,除了 *GH3* 类和部分 *SAUR* 类上调表达,其他大都在盐处理的中后期下调表达。影响抗病性的基因 28 个,包括 *TGA* 类,多在盐处理 48 h 和 72 h 上调表达,*PR-1* 类在盐处理不同时间点多为下调表达。影响气孔关闭的基因有 18 个,包括 *PYR/PYL* 类基因在盐处理 6 h 以后都表现为下调表达,*PP2C* 和 *SnRK2* 类在盐处理多个时间点都表现为上调表达。影响衰老和逆境响应的基因有 13 个,包括 *JAR1*、*COII*、*JAZ* 类基因,在盐处理的各个时期都有变化,多为上调表达。影响细胞分裂的基因有 5 个,包括 *CRE1*、*B-ARR* 类基因,在盐处理后都表现为下调表达(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 1)。

**2.3.2 逆境胁迫响应基因在盐胁迫下的表达变化** 在盐处理过程中(2~72 h),参与逆境胁迫响应(GO:0006950)的差异表达基因共有 313 个,在 2、6、24、48 和 72 h 分别有 23、136、217、215 和 205 个差异表达(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 2),其中响应氧化胁迫(GO:0006979)的基因有 129 个,在盐处理 2、6、24、48 和 72 h 分别有 7、52、87、94 和 95 个差异表达。在这 129 个响应氧化胁迫的基因中,除了 23 个分别属于不同类别外,106 个是过氧化物酶类,包括 95 个植物过氧化物酶,8 个血红素过氧化物酶和 3 个谷胱甘肽过氧化物酶。3 个谷胱甘肽过氧化物酶均在盐处理 6 h 后不同时间点上上调表达,而 95 个植物过氧化物酶有 28 个在盐处理 2 h 后不同时间点上上调,67 个在盐处理 2 h 后不同时间点下调,8 个血红素过氧化物酶中有 5 个基因在盐处理后下调,3 个上调(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 3)。除了 129 个响应氧化胁迫的基因,另外 184 个逆境响应基因中有 140 个基因在盐胁迫处理不同时间点表现为上调表达,如 19 个响应渗透胁迫的脱水蛋白基因在不同处理时间都上调表达,还有胚胎发育晚期丰富表达蛋白基因、多数 ABA 结合相关的基因、热激因子类等都在盐胁迫条件下上调表达。其余 44 个基因在盐胁迫处理各时间点都表现为下调表达(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 2)。

org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001,附表 2)。

**2.3.3 离子转运相关基因在盐胁迫下的表达变化** 参与离子转运(GO:0006811)的差异表达基因共 146 个,它们在盐胁迫处理的 2、6、24、48 和 72 h 分别有 12、52、85、97、85 个差异表达,多为上调表达。其中 41 个基因参与了离子跨膜运输(GO:0034220)。这些基因包括 3 个钠氢转运体(它们同时也出现在与逆境响应相关的差异表达基因中(GO:0006950))、28 个重金属相关结构域、14 个钾转运体、11 个 P 型 ATP 酶、6 个焦磷酸盐能质子泵、3 个钠/硫酸盐转运体、4 个锌/铁通透酶等(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 4、附表 5)。

**2.3.4 氨基酸合成相关基因对盐胁迫的响应** 参与氨基酸合成通路(bdi01230)的差异表达基因共 192 个,在盐处理的 2、6、24、48 和 72 h 时间点的差异表达基因分别为 4、45、112、174 和 130 个。这些基因在盐胁迫处理的不同时间点,只有 26 个下调表达,有 1 个在盐处理前期下调,后期上调表达,其他 165 个都表现为上调表达,涉及丝氨酸、色氨酸、甲硫氨酸、半胱氨酸、天冬氨酸、苏氨酸等多种氨基酸的合成(详见 <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20210927001>,附表 6)。

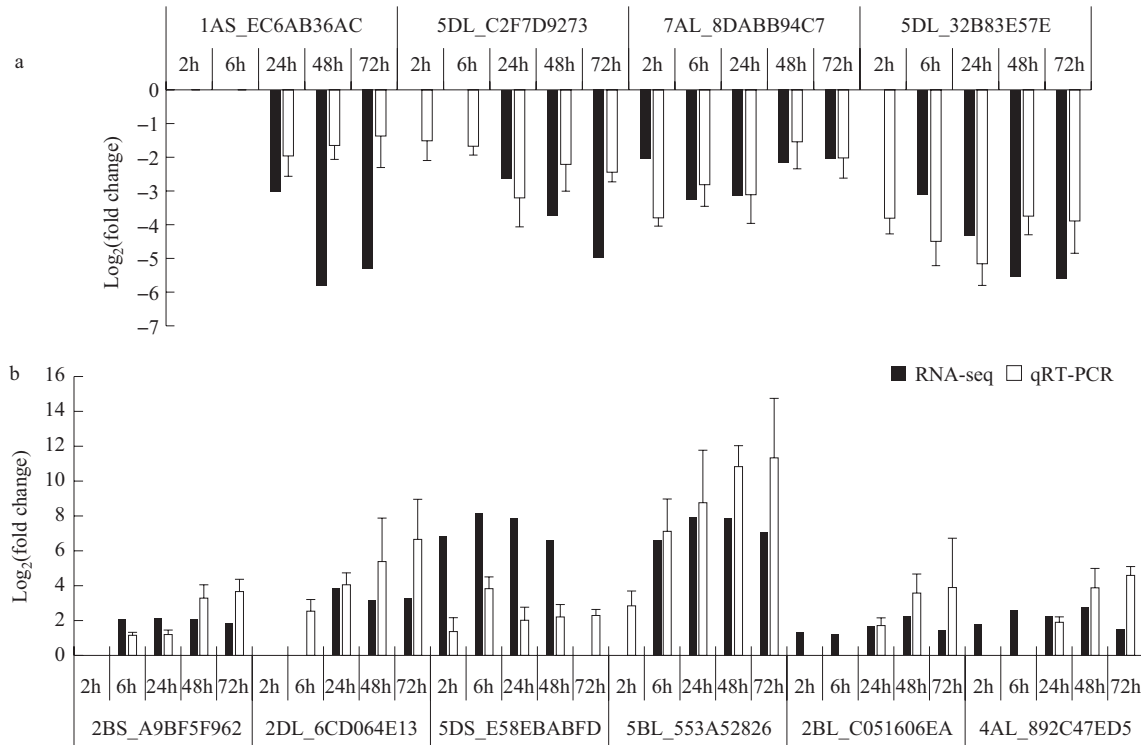
### 2.4 qRT-PCR 分析

随机选择 10 个差异显著基因进行 qRT-PCR,并与这些基因的 RNA-seq 结果进行比较(图 5)。由图 5 可以看出,选取的基因在两种分析方法下,基因表达趋势相近。

## 3 讨论

盐碱土是一种重要的土壤资源,在世界各地分布广泛。土壤盐分高会对小麦生长和产量造成严重影响。因此,了解小麦应对盐胁迫的机制对于耐盐小麦品种培育具有重要意义。本研究通过 RNA-seq 分析不同时间盐胁迫处理下大面积推广品种济麦 19 的基因表达谱变化,与盐胁迫处理前相比,在盐胁迫处理 2、6、24、48 和 72 h 共检测到 5526 个盐胁迫响应差异表达基因。小麦为响应高盐胁迫启动了复杂的调控网络。通过差异表达基因 GO 功能和 KEGG 代谢通路富集分析,在盐胁迫处理 2 h 就开始影响氨基酸代谢、有机酸合成、羧酸合成等初级代谢过程以及一些次级代谢过程,参与植物激素信号转导代谢通路的盐胁迫响应基因在盐胁迫处理早期即 2 h 和 6 h 富集。说明小麦在盐胁迫初期主要





图中横坐标轴下的基因 ID 省略了“Traes”

The gene ID on the horizontal axis was omitted “Traes”

图 5 用 qRT-PCR 方法验证 RNA-seq 中随机选择的差异表达基因的表达变化

Fig.5 Random selected genes with different expression patterns in RNA-seq were validated with qRT-PCR

启动胁迫信号接收和信号转导过程,并调控一些初级代谢和次级代谢过程。盐胁迫处理 6 h 之后,参与氧化还原过程、逆境应答过程的差异表达基因开始富集,如参与谷胱甘肽代谢途径,生物碱合成途径的基因。说明在盐胁迫处理一段时间后,小麦开始启动抗逆过程,抵抗由盐胁迫带来的氧化胁迫和渗透胁迫等。随着胁迫时间的延长,在处理后期(48 h 和 72 h),对植物的伤害加剧,与高分子配合物、DNA 构象变化、蛋白质-DNA 结构变化相关的差异表达基因开始富集,一些特定氨基酸代谢,核糖体、糖酵解和糖异生等通路相关的差异表达基因也在盐胁迫后期(48 h、72 h)富集,可能是由于长时间盐胁迫造成植物体内 DNA 或蛋白质发生结构变化甚至降解。

### 3.1 植物激素信号转导类基因与盐胁迫

在盐胁迫应答过程中,参与植物激素信号转导的多个基因家族发生变化,影响植物生长发育、逆境应答等多个方面(图 6)。AUX1、AUX/IAA、GH3 和 SAUR 基因参与生长素信号转导途径,可能影响细胞增大和植物生长。Jiang 等<sup>[21]</sup>对小麦生长素响应型 GH3 家族基因进行分析表明,许多 TaGH3 基因对生物和非生物胁迫有响应,可能在应激反应

中起重要作用,且 TaGH3s 是盐胁迫和渗透胁迫诱导表达基因。本研究中 GH3 基因在盐处理的 6, 24, 48 和 72 h 都上调表达。SAUR 基因家族的多个成员参与逆境胁迫响应,小麦 SAUR 基因过表达也可以提高转基因植物的耐盐能力<sup>[22-23]</sup>。影响气孔关闭的基因有 PYR/PYL 类, PP2C 和 SnRK2 类。PYR/PYL/RCAR (pyrabactin resistance/pyr1-like/regulatory components of ABA receptor) 为 ABA 的受体蛋白,是 ABA 信号传导网络中的核心组分<sup>[24]</sup>。蛋白磷酸酶 2C (PP2C) 是一种典型的 PPM Ser/Thr 磷酸酶,对所有已知的 Ser/Thr 磷酸酶抑制剂都有抗性<sup>[25]</sup>。ABA 与 ABA 受体结合,ABA 受体与蛋白磷酸酶 2C (PP2C) 相互作用,以增强 PP2C 对 SNF1 相关激酶 (SnRKs) 的抑制。然后,SnRKs 触发本质上主要具有抑制作用的下游基因表达,最终影响气孔关闭<sup>[26]</sup>。研究表明小麦 TaPP2C1 对 ABA 信号具有负调控作用,但对抗盐性有正调节作用。TaPP2C1 通过激活抗氧化系统和与 ABA 无关的基因转录过程产生抗盐能力<sup>[27]</sup>。本研究中的 Traes\_4AS\_CDC673BD9 属于 PP2C 基因,在盐处理的各时期都上调表达,与其有关的 PYR/PYL 如 Traes\_4BL\_E43C1BB11 基因在盐处理的中后期下

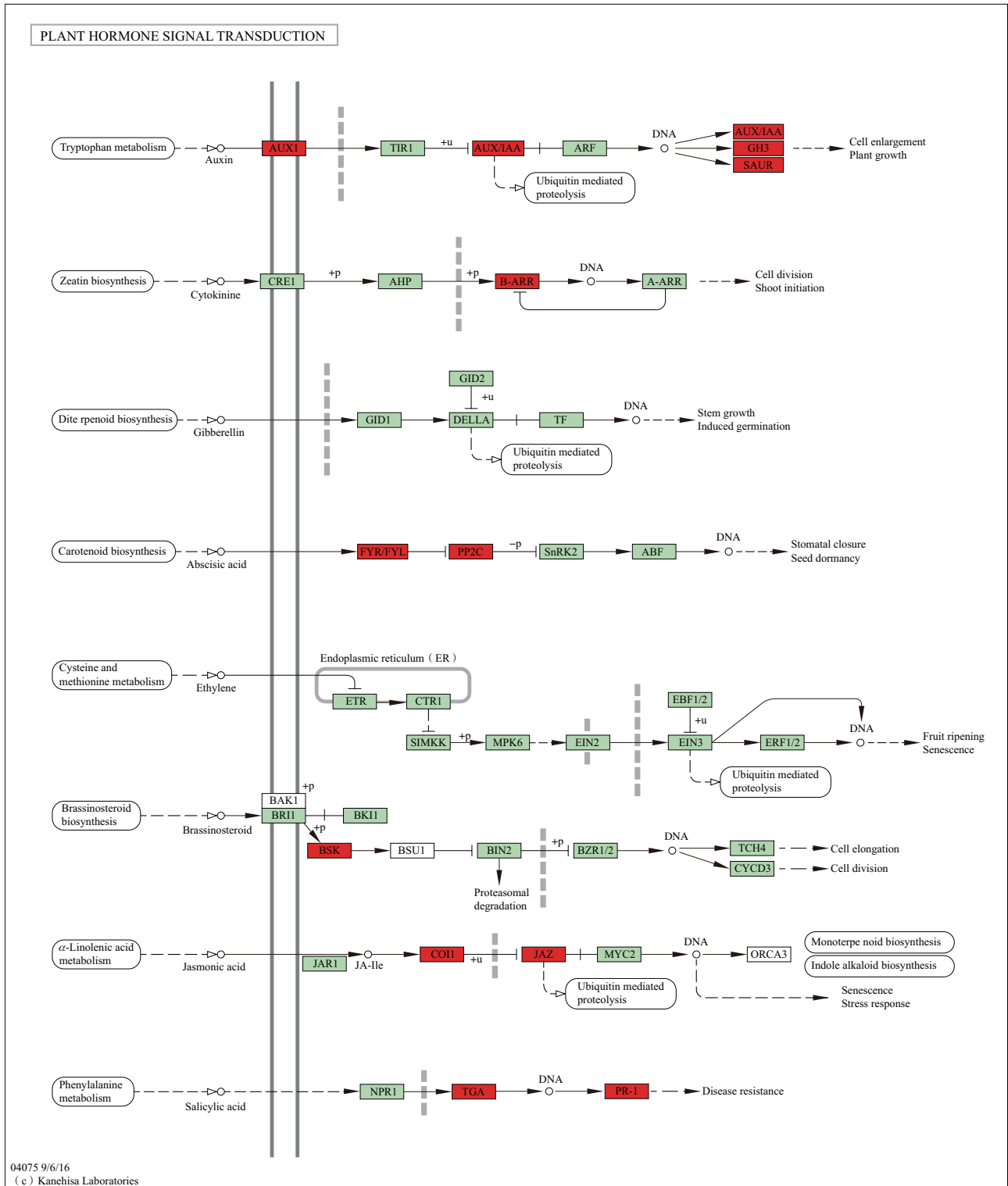


图 6 植物激素信号转导途径  
Fig.6 Pathway of plant hormone signal transduction

调表达, *SnRK2*, 如 *Traes\_2DL\_6CD064E13* 基因, 在盐处理中后期上调表达, 可能也与抗氧化系统的激活, 使小麦根系产生抗盐性有关。

### 3.2 植物逆境响应基因与盐胁迫

高盐环境通过渗透胁迫、离子胁迫和氧化胁迫等对植物产生伤害。活性氧 (ROS, reactive oxygen species) 是细胞代谢的副产物, ROS 清除系统在维持 ROS 产生和 ROS 清除过程之间的氧化还原稳态以及参与植物胁迫防御中发挥关键作用<sup>[18, 28]</sup>。活性氧清除体系包括非酶促抗氧化剂和酶促抗氧化剂。酶促抗氧化剂主要有超氧化物歧化酶、过氧化氢酶、抗坏血酸过氧化物酶、谷胱甘肽过氧化物酶和谷胱甘肽还原酶等<sup>[29-30]</sup>。本研究中盐胁迫处理的不同时期, 参与抗氧化胁迫的 129 个基因 (GO: 0006979) 中有 106 个是过氧化物酶类基因, 主要包括植物过氧化物酶、谷胱甘肽过氧化物酶基因和血红素过氧化物酶。这些基因在盐胁迫处理不同时间差异表达, 可能通过维持盐胁迫下植物细胞内活性氧物质的平衡, 缓解高盐胁迫给植物带来的伤害。

除了 129 个抗氧化胁迫相关基因外, 其他 184 个逆境响应基因中有 140 个在盐胁迫处理不同时间点上上调表达, 包括一些可溶性渗透物质。可溶性渗透物质是一种非常重要的分子, 对稳定生物结构具有重要作用<sup>[31]</sup>。如热激因子类基因 (heat shock factors, heat shock proteins), 在盐胁迫不同时间差异表达, 其中 19 个此类基因中 15 个上调表达, 很多研究表明热激蛋白类基因参与植物高盐胁迫响应<sup>[32-33]</sup>。还有 19 个脱水素 (Dehydrin) 基因和 2 个 LEA 基因 (*LEA-14*) 在盐胁迫处理不同时间上调表达。脱水蛋白是 LEA 家族的第 2 组成员。LEA 与对水分胁迫的耐受性有关<sup>[34]</sup>。脱水素蛋白是多种非生物胁迫下的重要保护剂, 对保护逆境条件下的细胞膜完整性具有重要作用<sup>[35]</sup>。

### 3.3 离子转运基因与盐胁迫

在不同时间盐处理条件下参与离子转运 (GO: 0006811) 的差异表达基因中, 出现了较多的钾转运体基因, 它们都参与了离子跨膜运输。研究表明, 硝酸钾的施用可以减轻氯化钠胁迫对不同耐盐性的冬小麦品种生长的影响, 从而减轻单盐离子的毒害作用<sup>[36]</sup>。Cai 等<sup>[37]</sup>对大麦 *HAK/KUP/KT* 钾转运基因家族及其非生物胁迫表达进行了鉴定。通过 qRT-PCR 分析表明, 6 个大麦 *HAK/KUP/KT* 基因 (*HvHAK*) 在盐、高钾和缺钾处理下表达水平平均上调。本研究中的 14 个钾转运体基因, 可能参与缓解

小麦盐胁迫下的离子毒害作用。P 型 ATP 酶在生物体中广泛存在, 构成了广泛的阳离子 (包括  $H^+$ 、 $Na^+$ 、 $K^+$ 、 $Ca^{2+}$  等) 转运体<sup>[38]</sup>, 是在植物跨膜转运中起重要作用的完整膜转运体<sup>[39]</sup>, 如 P 型质膜 (PM)  $H^+$ -ATP 酶参与了植物对各种生物和包括盐胁迫在内的非生物胁迫的抗性<sup>[40]</sup>。在离子转运基因中出现 11 个不同类型的 P 型 ATP 酶, 它们可能以不同方式参与小麦根系对盐胁迫的响应, 减少盐胁迫对植物带来的离子毒害作用。3 个钠氢转运体 ( $Na^+/H^+$  exchanger) 基因在盐胁迫下上调表达, 钠氢转运体是 SOS 信号途径中的重要成员, 而 SOS 途径在植物耐胁迫响应中发挥重要作用<sup>[41]</sup>。钠氢转运体基因可能通过参与 SOS 途径, 维持细胞内外离子平衡, 缓解盐胁迫带来的离子胁迫。可见小麦根系对盐胁迫的响应是多基因共同参与、多条通路共同调控的网络系统。

### 3.4 氨基酸合成基因与盐胁迫

氨基酸合成通路 (bdi01230) 中的差异表达基因参与了多种氨基酸如谷氨酸、脯氨酸、精氨酸、半胱氨酸、甲硫氨酸等的合成。谷氨酸是合成脯氨酸和  $\gamma$ -氨基丁酸两种与胁迫相关代谢过程的底物<sup>[26]</sup>。研究表明, 脯氨酸通过渗透调节稳定抗氧化失调系统和保护细胞膜的完整性来降低活性氧对植物的伤害, 起到渗透调节作用。在植物中, 在环境胁迫条件下, 脯氨酸的代谢是通过其合成代谢和分解代谢之间的平衡来调节的。在盐或干旱胁迫下, 脯氨酸的产生得到促进, 并抑制其降解<sup>[42]</sup>。通过谷氨酰胺合成酶-谷氨酸合酶的协同作用, 可以将铵同化到含氮有机化合物上。马铃薯植株受到盐胁迫时, 谷氨酰胺合成酶积累量增加, 叶片同化率降低, 导致根系中铵态氮同化增加<sup>[43]</sup>。本研究中氨基酸合成通路中出现了 11 个谷氨酰胺合成酶基因, 其中有 6 个在盐处理中后期上调表达。S-腺苷甲硫氨酸合成酶基因是一种盐胁迫响应基因, 是 S-腺苷甲硫氨酸生物合成的关键酶。从甜菜 M14 中分离的 *BvM14-SAMS2* 基因在拟南芥中过表达提高了拟南芥对盐和  $H_2O_2$  的耐受性<sup>[44]</sup>。本研究在半胱氨酸和甲硫氨酸代谢通路 (bdi00270) 中, 出现较多的 S-腺苷甲硫氨酸合成酶基因在盐处理的不同时期上调表达。这些参与氨基酸合成的基因在盐胁迫下差异表达, 一方面可能是通过以上各种途径参与盐胁迫响应, 另一方面可能合成各类氨基酸, 引起氨基酸积累<sup>[9]</sup>, 进而抑制蛋白质的合成<sup>[45]</sup>, 节省能量用于植物响应高盐胁迫。

## 参考文献

- [1] 姜奇彦, 胡正, 张辉, 王萌萌, 唐俊源, 倪志勇, 姜锋. 大豆种质资源耐盐性鉴定与研究. 植物遗传资源学报, 2012, 13(5): 726-732  
Jiang Q Y, Hu Z, Zhang H, Wang M M, Tang J Y, Ni Z Y, Jiang F. Evaluation for salt tolerance in soybean cultivars (*Glycine max* L. Merrill). Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13(5): 726-732
- [2] Dadshani S, Sharma R C, Baum M, Ogonnaya F C, Léon J, Ballvora A. Multi-dimensional evaluation of response to salt stress in wheat. PLoS ONE, 2019, 14(9): e0222659
- [3] Zhu J K. Plant salt tolerance. Trends in Plant Science, 2001, 6(2): 66-71
- [4] Jiang Q Y, Li X J, Niu F J, Sun X J, Hu Z, Zhang H. iTRAQ-based quantitative proteomic analysis of wheat roots in response to salt stress. Proteomics, 2017, 17(8): 1600265
- [5] Deinlein U, Stephan A B, Horie T, Luo W, Xu G, Schroeder J I. Plant salt-tolerance mechanisms. Trends in Plant Science, 2014, 19(6): 371-379
- [6] Golldack D, Lüking I, Yang O. Plant tolerance to drought and salinity: stress regulating transcription factors and their functional significance in the cellular transcriptional network. Plant Cell Reports, 2011, 30(8): 1383-1391
- [7] Lata C, Prasad M. Role of DREBs in regulation of abiotic stress responses in plants. Journal of Experimental Botany, 2011, 62(14): 4731-4748
- [8] Pommerrenig B, Ludewig F, Cvetkovic J, Trentmann O, Klemens P A W, Neuhaus H E. In concert: orchestrated changes in carbohydrate homeostasis are critical for plant abiotic stress tolerance. Plant & Cell Physiology, 2018, 59(7): 1290-1299
- [9] Niu F J, Jiang Q Y, Sun X J, Hu Z, Wang L X, Zhang H. Metabolic profiling of *DREB*-overexpressing transgenic wheat seeds by liquid chromatography-mass spectrometry. The Crop Journal, 2020, 8: 1025-1036
- [10] Le Gall H, Philippe F, Domon J M, Gillet F, Pelloux J, Rayon C. Cell wall metabolism in response to abiotic stress. Plants, 2015, 4(1): 112-166
- [11] Tenhaken R. Cell wall remodeling under abiotic stress. Frontiers in Plant Science, 2015, 5: 771
- [12] Amirbakhtiar N, Ismaili A, Ghaffari M R, Nazarian Firouzabadi F, Shobbar Z S. Transcriptome response of roots to salt stress in a salinity-tolerant bread wheat cultivar. PLoS ONE, 2019, 14(3): e0213305
- [13] Wang M, Xia G M. The landscape of molecular mechanisms for salt tolerance in wheat. The Crop Journal, 2018, 6: 42-47
- [14] Munns R, Gilliam M. Salinity tolerance of crops - what is the cost? The New Phytologist, 2015, 208(3): 668-673
- [15] Liu S, Liu S, Wang M, Wei T, Meng C, Wang M, Xia G. A wheat SIMILAR TO RCD-ONE gene enhances seedling growth and abiotic stress resistance by modulating redox homeostasis and maintaining genomic integrity. The Plant Cell, 2014, 26(1): 164-180
- [16] Dong W, Wang M, Xu F, Quan T, Peng K, Xiao L, Xia G. Wheat oxophytodienoate reductase gene *TaOPR1* confers salinity tolerance via enhancement of abscisic acid signaling and reactive oxygen species scavenging. Plant Physiology, 2013, 161(3): 1217-1228
- [17] Zhao Y, Dong W, Zhang N, Ai X, Wang M, Huang Z, Xiao L, Xia G. A wheat allene oxide cyclase gene enhances salinity tolerance via jasmonate signaling. Plant Physiology, 2014, 164(2): 1068-1076
- [18] Zhang K, Cui H, Li M, Xu Y, Cao S, Long R, Kang J, Wang K, Hu Q, Sun Y. Comparative time-course transcriptome analysis in contrasting *Carex rigescens* genotypes in response to high environmental salinity. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, 194: 110435
- [19] Jiang Q Y, Niu F J, Sun X J, Hu Z, Li X H, Ma Y Z, Zhang H. RNA-seq analysis of unintended effects in transgenic wheat overexpressing the transcription factor *GmDREB1*. The Crop Journal, 2017, 5: 207-218
- [20] Livak K J, Schmittgen T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the  $2^{-\Delta\Delta CT}$  Method. Methods, 2001, 25: 402-408
- [21] Jiang W, Yin J, Zhang H, He Y, Shuai S, Chen S, Cao S, Li W, Ma D, Chen H. Genome-wide identification, characterization analysis and expression profiling of auxin-responsive GH3 family genes in wheat (*Triticum aestivum* L.). Molecular Biology Report, 2020, 47: 3885-3907
- [22] Guo Y, Jiang Q Y, Hu Z, Sun X J, Fan S J, Zhang H. Function of the auxin-responsive gene *TaSAUR75* under salt and drought stress. The Crop Journal, 2018, 6: 181-190
- [23] Guo Y, Xu C B, Sun X J, Hu Z, Fan S J, Jiang Q Y, Zhang H. *TaSAUR78* enhances multiple abiotic stress tolerance by regulating the interacting gene *TaVDAC1*. Journal of Integrative Agriculture, 2019, 18(12): 2682-2690
- [24] 王帅磊, 李子琪, 陈辉龙, 吴蒙, 葛伟娜. 谷子 PYR/PYL/RCAR 基因家族进化及表达分析. 分子植物育种, 2020, 18(17): 5544-5554  
Wang S L, Li Z Q, Chen H L, Wu M, Ge W N. Evolution and expression analysis of the PYR/PYL/RCAR gene family in *Setaria italic*. Molecular Plant Breeding, 2020, 18(17): 5544-5554
- [25] Rogers J P, Beuscher IV A E, Flajolet M, McAvoy T, Nairn A C, Olson A J, Greengard P. Discovery of protein phosphatase 2C inhibitors by virtual screening. Journal Medicinal Chemistry, 2006, 49: 1658-1667
- [26] Liu A, Xiao Z, Li M W, Wong F L, Yung W S, Ku Y S, Wang Q, Wang X, Xie M, Yim A K, Chan T F, Lam H M. Transcriptomic reprogramming in soybean seedlings under salt stress. Plant, Cell & Environment, 2019, 42(1): 98-114
- [27] Hu W, Yan Y, Hou X, He Y, Wei Y, Yang G, He G, Peng M. *TaPP2C1*, a group F<sub>2</sub> protein Phosphatase 2C gene, confers resistance to salt stress in transgenic tobacco. PLoS ONE, 2015, 10(6): e0129589.
- [28] Gaber A. The importance of *Arabidopsis* glutathione peroxidase 8 for protecting *Arabidopsis* plant and *E. coli* cells against oxidative stress. GM Crops & Food, 2014, 5(1): 20-26
- [29] 王宝山. 植物生理学. 第3版. 北京: 科学出版社, 2017, 282: 271-272  
Wang B S. Plant Physiology. Third edition. Beijing: Science Press, 2017, 282: 271-272
- [30] 王隽珍, 刘倩, 高娅妮, 柳旭. 植物对盐碱胁迫的响应机制研究进展. 生态学报, 2017, 37(16): 5565-5577



- Wang Q Z, Liu Q, Gao Y N, Liu X. Review on the mechanisms of the response to salinity-alkalinity stress in plants. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37 ( 16 ): 5565-5577
- [ 31 ] Liu C C, Liu Y G, Guo K, Fan D Y, Li G Q, Zheng Y R, Yu L F, Yang R. Effect of drought on pigments, osmotic adjustment and antioxidant enzymes in six woody plant species in karst habitats of southwestern China. *Environmental and Experimental Botany*, 2011, 71 ( 2 ): 174-183
- [ 32 ] Liu A L, Zou J, Liu C F, Zhou X Y, Zhang X W, Luo G Y, Chen X B. Over-expression of *OsHsfA7* enhanced salt and drought tolerance in transgenic rice. *BMB Reports*, 2013, 46 ( 1 ): 31-36
- [ 33 ] Zou J, Liu C, Liu A, Zou D, Chen X. Overexpression of *OsHsp17.0* and *OsHsp23.7* enhances drought and salt tolerance in rice. *Journal of Plant Physiology*, 2012, 169 ( 6 ): 628-635
- [ 34 ] Brini F, Hanin M, Lumbreras V, Amara I, Khoudi H, Hassairi A, Pagès M, Masmoudi K. Overexpression of wheat dehydrin DHN-5 enhances tolerance to salt and osmotic stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Reports*, 2007, 26 ( 11 ): 2017-2026
- [ 35 ] Yu Z, Wang X, Zhang L. Structural and functional dynamics of dehydrins: a plant protector protein under abiotic stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2018, 19 ( 11 ): 3420
- [ 36 ] Zheng Y, Jia A, Ning T, Xu J, Li Z, Jiang G. Potassium nitrate application alleviates sodium chloride stress in winter wheat cultivars differing in salt tolerance. *Journal of Plant Physiology*, 2008, 165 ( 14 ): 1455-1465
- [ 37 ] Cai K, Zeng F, Wang J, Zhang G. Identification and characterization of HAK/KUP/KT potassium transporter gene family in barley and their expression under abiotic stress. *BMC Genomics*, 2021, 22 ( 1 ): 317
- [ 38 ] Dyla M, Kjærsgaard M, Poulsen H, Nissen P. Structure and mechanism of P-Type ATPase ion pumps. *Annual Review of Biochemistry*, 2020, 89: 583-603
- [ 39 ] Zhang Y, Li Q, Xu L, Qiao X, Liu C, Zhang S. Comparative analysis of the *P-type ATPase* gene family in seven Rosaceae species and an expression analysis in pear (*Pyrus bretschneideri* Rehd. ). *Genomics*, 2020, 112 ( 3 ): 2550-2563
- [ 40 ] Xu Z, Marowa P, Liu H, Du H, Zhang C, Li Y. Genome-wide identification and analysis of P-Type plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase sub-gene family in sunflower and the role of *HHA4* and *HHA11* in the development of salt stress resistance. *Genes*, 2020, 11 ( 4 ): 361
- [ 41 ] Yang Q, Chen Z Z, Zhou X F, Yin H B, Li X, Xin X F, Hong X H, Zhu J K, Gong Z Z. Overexpression of *SOS* ( *salt overly sensitive* ) genes increases salt tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *Molecular Plant*, 2009, 2 ( 1 ): 22-31
- [ 42 ] Per T S, Khan N A, Reddy P S, Masood A, Hasanuzzaman M, Khan M I R, Anjum N A. Approaches in modulating proline metabolism in plants for salt and drought stress tolerance: Phytohormones, mineral nutrients and transgenics. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2017, 115: 126-140
- [ 43 ] Teixeira J, Fidalgo F. Salt stress affects glutamine synthetase activity and mRNA accumulation on potato plants in an organ-dependent manner. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2009, 47 ( 9 ): 807-813
- [ 44 ] Ma C, Wang Y, Gu D, Nan J, Chen S, Li H. Overexpression of *S-Adenosyl-L-Methionine Synthetase 2* from sugar beet M14 increased *Arabidopsis* tolerance to salt and oxidative stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2017, 18 ( 4 ): 847
- [ 45 ] Zhang J, Luo W, Zhao Y, Xu Y, Song S, Chong K. Comparative metabolomic analysis reveals a reactive oxygen species-dominated dynamic model underlying chilling environment adaptation and tolerance in rice. *New Phytologist*, 2016, 211 ( 4 ): 1295-1310

附表 1 植物激素信号转导中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (KEGG bdi04075)

Supplementary table 1 The changes of DEGs in the KEGG pathway of plant hormone signal transduction at different time points of salt treatment (KEGG bdi04075)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					基因简写 Gene family names	对植物生长的影响 Effect on plant growth
		2h-13	6h-38	24h-54	48h-60	72h-61		
1	Traes_1AS_EC6AB36AC			-	-	-	AUX1	影响植物生长
2	Traes_1DS_41F80CF4F			-	-	-	AUX1	
3	TRAES3BF080100190CFD_g			-	-	-	AUX1	
4	Traes_3AL_F4B6726BC				-	-	AUX1	
5	Traes_5DL_C2F7D9273			-	-	-	AUX/IAA	
6	Traes_5BL_9301BD154			-	-	-	AUX/IAA	
7	Traes_5DS_76A4D5D4E			-	-	-	AUX/IAA	
8	Traes_5DS_66E5D2F6D			-	-	-	AUX/IAA	
9	Traes_5AL_AB296E85D			-	-	-	AUX/IAA	
10	Traes_5BS_940DB64ED			-	-	-	AUX/IAA	
11	TRAES3BF002600150CFD_g			-	-		AUX/IAA	
12	Traes_5BS_8CD712BC5				-	-	AUX/IAA	
13	Traes_5BL_C86AC392A				-	-	AUX/IAA	
14	Traes_5DL_1CFC72F63					-	AUX/IAA	
15	Traes_5AS_7C1851556				-		AUX/IAA	
16	Traes_2BS_A9BF5F962		+	+	+	+	GH3	
17	Traes_2AS_EA18A1901		+	+	+		GH3	
18	TRAES3BF056700040CFD_g			+	+	+	GH3	
19	Traes_5DL_32B83E57E		-	-	-	-	SAUR	
20	Traes_5DL_677150034		-	-	-	-	SAUR	
21	Traes_5BL_80B9C8E10				-	-	SAUR	
22	Traes_4AL_0682CD14B				+	+	SAUR	
23	Traes_7DL_17EE618FC					+	SAUR	
24	Traes_7DL_E71974C9D					+	SAUR	
25	Traes_1AL_13807565F		+				SAUR	
26	Traes_2BL_9528AAD7C				+	+	TGA	影响抗病性
27	Traes_1BL_B03720C3B					-	TGA	
28	Traes_2AL_BD0C7A9A5					+	TGA	
29	Traes_4BL_DAFEC95DD				+		TGA	
30	Traes_7AL_3D09BF3CE				+		TGA	
31	Traes_4DL_73DC40D7B				+		TGA	
32	Traes_7DL_6293CE644				+		TGA	
33	Traes_7AS_FEE6CC75E1	-	-	-	-	-	PR-1	
34	Traes_7BS_94EB3B3D6		-	-	-	-	PR-1	
35	Traes_7BS_CB04276DC	-	-	-	-	-	PR-1	
36	Traes_7BS_8D9D397291		-	-	-	-	PR-1	
37	Traes_7AS_406885D49		-	-	-	-	PR-1	
38	Traes_7BS_46E1123CE		-	-	-	-	PR-1	
39	Traes_7AL_8DABB94C7	-	-	-	-	-	PR-1	

40	Traes_5BL_E0E3EC75D	-	-	-	-	PR-1	
41	Traes_5DL_43D95A3FE	-	-	-	-	PR-1	
42	Traes_7DS_C3A98D671			-	-	PR-1	
43	Traes_5DL_F71758B66	-				PR-1	
44	Traes_5DL_C997FC7EF	-		+	+	PR-1	
45	Traes_5DL_BABD13074					PR-1	
46	Traes_7DS_1797D4951	-	-			PR-1	
47	Traes_7DS_5969C1C34	-	-			PR-1	
48	Traes_7BS_AB98E8571	-				PR-1	
49	Traes_7DS_10C38526F1	-				PR-1	
50	Traes_5BL_039D79BEC					PR-1	
51	Traes_7BS_49D2E9794					PR-1	
52	Traes_7DS_ABBDA3DBB	-	-			PR-1	
53	Traes_5BL_9A790E8CF	-			+	PR-1	
54	Traes_4DL_3A1814A74	-	-	-	-	PYR/PYL	影响气孔关闭
55	Traes_4AS_72BEF89AC	-	-	-	-	PYR/PYL	
56	Traes_4BL_E43C1BB11	-	-	-	-	PYR/PYL	
57	TRAES3BF032700140CFD_g			-	-	PYR/PYL	
58	Traes_1AL_B82F1573F			-	-	PYR/PYL	
59	Traes_2DS_629ABEF42			+		PP2C	
60	Traes_4BL_3403452C0	+	+	+	+	PP2C	
61	Traes_4AS_CDC673BD9	+	+	+	+	PP2C	
62	TRAES3BF069100050CFD_g	+	+	+	+	PP2C	
63	Traes_5DL_C906A9208		+	+		PP2C	
64	TRAES3BF111700080CFD_g		+	+		PP2C	
65	Traes_5BL_1A9D2AC10		+	+		PP2C	
66	TRAES3BF051200120CFD_g			+	+	PP2C	
67	Traes_2AL_2FF604DA9			+	+	snRK2	
68	Traes_2DL_6CD064E13			+	+	snRK2	
69	Traes_2BL_616F08780			+		snRK2	
70	Traes_7DL_CF7463413			+	+	snRK2	
71	TRAES3BF044200200CFD_g		+	+		snRK2	
72	Traes_4DS_A0680809B					CRE1	影响细胞分裂
73	Traes_3DL_D82CA7827			-	-	B-ARR	
74	Traes_3AL_9D2735F60			-		B-ARR	
75	Traes_6AS_A42E71A00					B-ARR	
76	Traes_6DS_EF4A57213					B-ARR	
77	Traes_1BL_ACAA87960		+			JAR1	影响衰老和逆境响应
78	TRAES3BF077300030CFD_g			-	-	JAR1	
79	TRAES3BF018800040CFD_g			-	-	COI1	
80	Traes_3AL_887609B77			-	-	无	
81	Traes_5BL_7A6C3831E				+	JAZ	
82	Traes_2DL_7DD4A39D4		+	+	+	JAZ	
83	Traes_2AL_6CBE19B87		+	+	+	JAZ	

84	Traes_5DL_4186C5347		+	+	+	JAZ	
85	Novel01581				-	-	无
86	Traes_7DS_0B70FFE9A	+	+			JAZ	
87	Traes_7DS_C407F8C85	+	+		+	JAZ	
88	Traes_2BS_2C79AE2DE				+	JAZ	
89	Traes_5AL_BF3D7E764	+	+			JAZ	

-表示下调, +表示上调, 2h, 6h, 24h, 48h, 72h 后的数字分别表示盐处理后在这些时间点出现的差异表达基因数目, 下同  
- indicates downregulation and + indicates upregulation, and the numbers after 2h, 6h, 24h, 48h, and 72h, respectively, indicate the number of differentially expressed genes present at these time points after salt treatment, the same as below

附表 2 逆境胁迫响应中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (GO: 0006950)

Supplementary table 2 The changes of DEGs in the GO term of stress response at different time points of salt treatment (GO: 0006950)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					注释 Annotation
		2h-23	6h-136	24h-217	48h-215	72h-205	
1	Traes_6AL_1DAFF2711		-		+	+	4 羟基 3 甲基 2-1 基二磷酸合成酶, 细菌型
2	Traes_4BS_BB26E5EE1			-	-	-	ABA/WDS 诱导蛋白
3	TRAES3BF072300200CFD_g					-	ABA/WDS 诱导蛋白
4	Traes_4DL_B138DF6FC		+	+			ABC 转运体
5	Traes_2AL_CB95E606C		+		+		ABC 转运体
6	<b>Traes_4DL_3D374FF4C</b>		+	+	+		乌头酸酶家族, 4Fe-4S 簇结合位点
7	<b>Traes_5AL_F96AEDDB8</b>			+	+	+	醛脱氢酶结构域
8	Traes_1BL_D391EB3FA			+	+		NADP 依赖的氧化还原酶结构域
9	Traes_2BS_CADAA49C9			+	+	+	烷基过氧化氢还原酶亚基 C/硫醇特异性抗氧化剂
10	Traes_2BL_F99D9CC1A				+		氨基酸转运体
11	Traes_5DL_AC1F44221				+	+	吡啶醛磷酸依赖转移酶
12	Traes_1DS_B73C8DE93			+	+	+	吡啶醛磷酸依赖转移酶
13	Traes_1AL_A3A29B974				+	+	铍转运体
14	Traes_2BL_EDACDB387		+	+			amp 依赖的合成酶/连接酶
15	Traes_5DL_6889FCB7A			+			AP 内切酶 1, 保守位点
16	Traes_1DL_87F982556				+		超敏诱导反应蛋白
17	Traes_2DL_83EBEFBDC		-				Barwin 样内切葡聚糖酶
18	Traes_6AL_E3AACC03A		-		+	+	Barwin 样内切葡聚糖酶
19	TRAES3BF040500030CFD_g			+	+	+	Barwin 样内切葡聚糖酶
20	Traes_2AL_1AE31EB64					+	Barwin 样内切葡聚糖酶
21	Traes_5DS_8F312CB951	-	-		+	+	BetvI 域
22	Traes_5BS_91BD3E004		-			+	BetvI 域
23	Traes_7AS_8E6B88A80	+	+	+	+	+	BetvI 域
24	Traes_2BL_19C5224BE	+	+	+	+		BetvI 域
25	Traes_7DS_4D753C0D8	+	+	+	+	+	BetvI 域
26	Traes_2BL_B657F7F3A		+	+	+		BetvI 域
27	Traes_7DS_F962AB6D6		+	+	+	+	BetvI 域
28	Traes_2DL_194C61EBA		+	+	+	+	BetvI 域
29	Traes_4BL_FA20E9D93		+	+	+	+	BetvI 域



30	Traes_7BS_A2B219440		+		+		BetvI 域
31	Traes_4AS_C5AE1BBDD		+	+	+	+	BetvI 域
32	Traes_4DL_5C688784F		+	+	+	+	BetvI 域
33	Traes_2DL_B766A2857				+	+	BetvI 域
34	Traes_4BS_78BF31566		-	-	-	-	根系向光蛋白 2
35	<b>Traes_6AS_7FB8F9A66</b>		-	-		+	过氧化氢酶血红素结合位点
36	<b>Traes_6DS_3522B8EF6</b>		-		+	+	过氧化氢酶血红素结合位点
37	<b>Traes_7DL_44F6042FE</b>				+	+	过氧化氢酶血红素结合位点
38	<b>Traes_7BL_7A3B8A199</b>					+	过氧化氢酶血红素结合位点
39	Traes_2DS_0123E3CD9			+			钠氢转运体
40	Traes_2AS_22AADCA0B		+	+	+	+	钠氢转运体
41	Traes_2BS_3DBC04D39			+			钠氢转运体
42	Traes_4AS_A03AC635D				+	+	分支酸合酶
43	Traes_3DL_F5AAA74C3		+	+	+	+	第二类谷氨酰胺酰基转移酶域
44	<b>Traes_7DL_D5AD8EB4B</b>		+	+			Cro/c1 型螺旋-转-螺旋结构域
45	Traes_6DL_F11C3C833		+	+			隐色素/DNA 光解酶, 1 类
46	Traes_5DL_EF1C26105			-	-	-	半胱氨酸合酶/半胱硫氨酸合酶, 吡啶-磷酸附着位点
47	TRAES3BF089000230CFD_g		+	+	+	+	富含半胱氨酸的跨膜 CYSTM 结构域
48	Traes_2BS_B6E90913E		+	+	+	+	DAHP 合成酶, II 类
49	Traes_5AL_A31A96C83	+	+	+	+	+	脱水蛋白基因
50	Traes_6DL_134445958	+	+	+	+	+	脱水蛋白基因
51	Traes_5DL_D5836CCE6		+	+	+		脱水蛋白基因
52	Traes_6AL_E2BFEA5F4		+	+	+	+	脱水蛋白基因
53	Traes_6DL_42DF4F0A4		+	+	+	+	脱水蛋白基因
54	Traes_5DL_FBEBF189F3		+	+	+	+	脱水蛋白基因
55	Traes_5DL_134F29727		+	+	+	+	脱水蛋白基因
56	Traes_6DL_518F5BCCC		+	+	+	+	脱水蛋白基因
57	Traes_6AL_033D6C680		+	+		+	脱水蛋白基因
58	Traes_5AL_E4E5B111A		+	+			脱水蛋白基因
59	Traes_6DL_B28B5501C		+	+	+	+	脱水蛋白基因
60	Traes_5BL_3B390119D		+	+	+	+	脱水蛋白基因
61	Traes_5BL_EC1881F75			+			脱水蛋白基因
62	Traes_6AL_DAE444F2F			+			脱水蛋白基因
63	Traes_6DL_1D8021930			+			脱水蛋白基因
64	TRAES3BF114600130CFD_g			+			脱水蛋白基因
65	Traes_6DL_340B35395			+	+	+	脱水蛋白基因
66	Traes_3AL_94B08C0F8			+			脱水蛋白基因
67	Traes_6AS_453F82CC3			+			脱水蛋白基因
68	Traes_5BL_11C8800D4			+			发育/细胞死亡域
69	Traes_1AL_ACD6F45B9		+	+			叶酸生物蝶呤转运体  主要促进子超家族域
70	<b>Traes_3DS_D42FCD586</b>				+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I 类
71	<b>TRAES3BF099900080CFD_g</b>		+	+		+	GIGANTEA
72	Traes_4DL_B819BDB3C		-				球蛋白

73	Traes_2BL_342BDEA35	-	-	-	-	谷氨酰胺合成酶，催化结构域
74	<b>Traes_6AL_6DB42F289</b>	+	+	+	+	谷胱甘肽过氧化物酶
75	<b>Traes_2BL_B51F2BBE0</b>		+	+		谷胱甘肽过氧化物酶
76	<b>Traes_2DL_1827C450E</b>		+	+		谷胱甘肽过氧化物酶
77	Traes_4DS_F33F58A71	-			+	糖苷水解酶超家族
78	Traes_4BS_D4D9B5E3E		+			糖基转移酶，家族 1
79	Traes_4BL_E12FA6C4D			+	+	糖基转移酶，家族 3
80	Traes_5BL_8B9B2D843	+	+	+	+	GRAM 结构域
81	<b>Traes_3B_1F0EDAD3F</b>	-	-	-		血红素过氧化物酶
82	<b>Traes_3B_963F603FA</b>	-	-			血红素过氧化物酶
83	<b>Traes_2DL_AD0DDF120</b>		-	-	-	血红素过氧化物酶
84	<b>Traes_7AS_305142CC5</b>		+	+	+	血红素过氧化物酶
85	<b>Traes_2AL_93D483086</b>		-	-	-	血红素过氧化物酶
86	<b>Traes_3AL_C932A3F30</b>			+		血红素过氧化物酶
87	<b>Traes_7DL_B80093097</b>		-	-	-	血红素过氧化物酶
88	<b>Traes_5DL_BC355967A</b>			+		血红素过氧化物酶
89	TRAES3BF025700030CFD_g	+	+	+	+	热激因子
90	TRAES3BF021000010CFD_g		+			热激因子
91	Traes_5DL_431CCA490		+	+	+	热激因子
92	Traes_2BS_1484A7516		+			热激因子
93	Traes_4DL_9A51D1EB2		+	+		热激因子
94	Traes_2AS_53BFA14C7		+	+	+	热激因子
95	Traes_4BL_F6C3B5069			+		热激因子
96	TRAES3BF025700050CFD_g			+		热激因子
97	Traes_4DL_FA07D8414			+		热激因子
98	Traes_4DL_FFD4866F3		+	+	+	热休克蛋白 70 家族
99	<b>Traes_6DL_D9F5169D4</b>			+		热休克蛋白 70 家族
100	Traes_5BL_CF5A8348D		+	+		热休克蛋白 DnaJ，富含半胱氨酸的结构域
101	Traes_7BS_1A6D16C6B		+			热休克蛋白 Hsp90 家族
102	Traes_7DS_CB359539B		+	+		热休克蛋白 Hsp90 家族
103	Traes_5DL_89CF7F5DE			-	-	热休克蛋白 Hsp90 家族
104	Traes_5BL_0F3A986F9				-	热休克蛋白 Hsp90 家族
105	Traes_5AS_5B7BFBD23				-	热休克蛋白 Hsp90 家族
106	Traes_7AS_76670DCAB		+	+		热休克蛋白 Hsp90 家族
107	Traes_5AL_0C2D144B0			-	-	热休克蛋白 Hsp90 家族
108	Traes_4BL_A5E366742			+		热休克转录因子家族
109	Traes_5DS_A19E1C7D3			-		DNA 糖基化酶
110	Traes_5AL_E32D685B5			+		IQ 基序，EF-hand 结合位点  BAG 结构域
111	Traes_7AS_1BC3A985D				-	驱动蛋白运动结构域
112	Traes_7DS_40AEA3739				-	驱动蛋白运动结构域
113	Traes_5BL_4443086BA			+	+	蝎子毒素类
114	Traes_7BL_338C7044D			+		蝎子毒素类
115	Traes_2BL_BD8DBA189			-	-	蝎子毒素类
116	Traes_1DS_71FC77DBB		+	+	+	蝎子毒素类

117	Traes_1AS_8749E47E3		+	+	+	+	蝎子毒素类
118	Traes_5BL_C4B27C0A9				+	+	蝎子毒素类
119	Traes_2DL_9D3C220D8				-	-	蝎子毒素类
120	Traes_1AL_DDEE6AC00	+	+	+			胚胎发育晚期丰富表达蛋白基因
121	TRAES3BF042200050CFD_g	+	+	+	+	+	胚胎发育晚期丰富表达蛋白基因
122	Traes_5AL_FFACB1DE8					+	LysM 域
123	Traes_7AL_CEA9B770B		-	-	-	-	水通道蛋白样
124	Traes_5DL_0684F4918				+	+	mao-like 域
125	TRAES3BF048500010CFD_g				+	+	穿孔素(MACPF)结构域
126	<b>Traes_2DL_5247AB0F3</b>				-		甲基丙二酸-半醛脱氢酶
127	Traes_3AS_D0FDA4F87					-	小染色体维持复合物结合蛋白
128	Traes_5DL_3E5DAFBC3		+	+	+	+	线粒体载体结构域
129	Traes_7DS_F7F2E369E		-	-	-	-	mlo 相关蛋白
130	Traes_2DS_01D75F7C6		-				mlo 相关蛋白
131	Traes_7DS_600B0996B		-	-	-	-	mlo 相关蛋白
132	Traes_2BS_DABEABDDC		-				mlo 相关蛋白
133	Traes_2AS_1FC67C1BD					+	mlo 相关蛋白
134	Traes_4BL_06F78B23C						多种抗菌素挤压蛋白
135	Traes_5DL_D1D0CA79E		+	+	+	+	NAC 域
136	Traes_2BS_DD94DCFB7					-	nadh-泛素类氧化还原酶
137	Traes_6DS_E72FBC9FA					+	nadph 依赖的 FMN 还原酶样
138	Traes_4AS_FA04716B5				-	-	复制因子 A 蛋白 1
139	Traes_4DL_453E3B607				-	-	复制因子 A 蛋白 1
140	Traes_6DL_D0AEBD742				-	-	复制因子 A 蛋白 1
141	Traes_6AL_AE7423361					-	复制因子 A 蛋白 1
142	Traes_6AL_55A2DB2C6					+	卵巢肿瘤
143	Traes_2DL_F2D3DED15		-	-	-	-	草戊二酸/铁依赖性双加氧酶
144	<b>Traes_1AS_EB43CB105</b>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
145	<b>Traes_2DS_6FA5738431</b>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
146	<b>Traes_7BL_1E6AC54DC</b>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
147	<b>Traes_2DL_CAE4AEC4D</b>		-				植物过氧化物酶
148	TRAES3BF110100060CFD_g				+	+	植物过氧化物酶
149	<b>Traes_3AL_78711D4EB</b>				+	+	植物过氧化物酶
150	<b>Traes_3AL_EB37D49001</b>				+	+	植物过氧化物酶
151	<b>Traes_3DL_B38DFDDFF</b>				+	+	植物过氧化物酶
152	<b>Traes_2DL_D2E66B11E</b>				+	+	植物过氧化物酶
153	<b>Traes_7AL_A1C588F39</b>				-	-	植物过氧化物酶
154	<b>Traes_7AS_A76BFD751</b>					+	植物过氧化物酶
155	<b>Traes_4BL_83EC83B10</b>					-	植物过氧化物酶
156	<b>Traes_2DL_59588BD68</b>	-	-				植物过氧化物酶
157	<b>Traes_2BS_09313A224</b>				+	+	植物过氧化物酶
158	<b>Traes_3DL_F31768892</b>				-	-	植物过氧化物酶
159	<b>Traes_4AL_FB21608E8</b>					+	植物过氧化物酶
160	<b>Traes_7AL_9040EE6AE</b>					-	植物过氧化物酶

161	<i>Traes_2DL_59D2939D1</i>	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
162	<i>Traes_2AL_CB4646D94</i>	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
163	<i>Traes_7DL_D99ED7064</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
164	<i>Traes_2BL_7C2F474DE</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
165	<i>Traes_7AL_80967149B</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
166	<i>Traes_2AS_52856F373</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
167	<i>Traes_2DS_3E640A897</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
168	<i>Traes_1AS_6C84785B3</i>			+			植物过氧化物酶
169	<i>Traes_1DS_3D2F70A22</i>			+	+	+	植物过氧化物酶
170	<i>Traes_2DL_B9574CFF6</i>			-	-	-	植物过氧化物酶
171	<i>Traes_2DS_2A74B044A</i>				+	+	植物过氧化物酶
172	<i>Traes_2DL_CC04FA45B</i>				-		植物过氧化物酶
173	<i>Traes_2BL_B36482127</i>				-		植物过氧化物酶
174	<i>Traes_7DL_46D8A0EC9</i>				-	-	植物过氧化物酶
175	<i>Traes_3DS_1A3A001FA</i>					-	植物过氧化物酶
176	<i>Traes_5BL_3ED1B0234</i>	+	+				植物过氧化物酶
177	<i>Traes_2BL_E8A65526C</i>	-	-	-			植物过氧化物酶
178	<i>Traes_5BL_881FB6FDE</i>		+	+	+	+	植物过氧化物酶
179	<i>Traes_5DL_D2F75A952</i>		+				植物过氧化物酶
180	<i>TRAES3BF082100020CFD_g</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
181	<i>Traes_2DS_708F03DA3</i>		-				植物过氧化物酶
182	<i>TRAES3BF008800140CFD_g</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
183	<i>Traes_7DL_3D602F140</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
184	<i>Traes_7DL_651CAF08</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
185	<i>Traes_2AS_3161D54F8</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
186	<i>Traes_2BL_1B580814E</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
187	<i>Traes_2AS_64E41196E</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
188	<i>Traes_2AL_4B9B7C710</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
189	<i>Traes_2DS_D76AB139C</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
190	<i>Traes_7DL_6233C6F03</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
191	<i>Traes_2BS_19F05C27A</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
192	<i>Traes_2AS_EE549925C</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
193	<i>Traes_2BL_8CD42B820</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
194	<i>Traes_7AL_AA1C50065</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
195	<i>Traes_2DL_1C4C67BC8</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
196	<i>Traes_2BS_EAB2C09D0</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
197	<i>Traes_2AL_520618712</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
198	<i>Traes_2BL_2B45081D4</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
199	<i>Traes_3B_8732922B8</i>		-	-	-	-	植物过氧化物酶
200	<i>Traes_4AL_DF55853C2</i>			+	+	+	植物过氧化物酶
201	<i>Traes_7BS_EB50DB903</i>			+			植物过氧化物酶
202	<i>Traes_2AL_328819CF7</i>			+	+	+	植物过氧化物酶
203	<i>Traes_1DS_103FB69FD</i>			+	+	+	植物过氧化物酶
204	<i>TRAES3BF117200110CFD_g</i>			+	+		植物过氧化物酶



205	<i>Traes_7AS_7232546E1</i>				+	植物过氧化物酶
206	<i>Traes_2DL_50A85C4AC</i>				+ + +	植物过氧化物酶
207	<i>Traes_2BL_A25152F2A</i>				+ + +	植物过氧化物酶
208	<i>Traes_1DS_D1434EA1A</i>				+ + +	植物过氧化物酶
209	<i>Traes_1AS_EAC96C4AF</i>				+ + +	植物过氧化物酶
210	<i>Traes_2DL_13C10DB2C</i>				- - -	植物过氧化物酶
211	<i>Traes_7DL_C074DC1F6</i>				- - -	植物过氧化物酶
212	<i>Traes_1DS_E3419AD8F</i>				- - -	植物过氧化物酶
213	<i>Traes_5BL_36EBD512B</i>				- - -	植物过氧化物酶
214	<i>Traes_1BL_4831B07DA</i>				- - -	植物过氧化物酶
215	<i>Traes_2AL_ACC48534E</i>				- - -	植物过氧化物酶
216	<i>Traes_3AS_F441DDE21</i>				- - -	植物过氧化物酶
217	<b>TRAES3BF171700070CFD_g</b>				- - -	植物过氧化物酶
218	<i>Traes_2BS_407669DEF</i>				- - -	植物过氧化物酶
219	<i>Traes_2AS_E9319FCC2</i>				+ + +	植物过氧化物酶
220	<i>Traes_5BS_419BCF8CE</i>				+ + +	植物过氧化物酶
221	<b>TRAES3BF008800150CFD_g</b>				- - -	植物过氧化物酶
222	<i>Traes_2AL_CF07AD4C3</i>				- - -	植物过氧化物酶
223	<b>TRAES3BF008800120CFD_g</b>				- - -	植物过氧化物酶
224	<i>Traes_7DL_CE37E2AF1</i>				- - -	植物过氧化物酶
225	<i>Traes_3AS_84C86F657</i>				- - -	植物过氧化物酶
226	<b>TRAES3BF008800130CFD_g</b>				- - -	植物过氧化物酶
227	<i>Traes_4DL_FB6118C7E</i>				- - -	植物过氧化物酶
228	<i>Traes_1AS_B16A9D49C</i>				- - -	植物过氧化物酶
229	<i>Traes_2AL_229EBA080</i>				- - -	植物过氧化物酶
230	<i>Traes_1DS_2E6ADBC5F</i>				- - -	植物过氧化物酶
231	<i>Traes_7DL_6EFFDA6D1</i>				+ + +	植物过氧化物酶
232	<i>Traes_2AS_457604359</i>				- - -	植物过氧化物酶
233	<i>Traes_7DL_23C901DF6</i>				- - -	植物过氧化物酶
234	<b>TRAES3BF048200030CFD_g</b>				- - -	植物过氧化物酶
235	<i>Traes_1BS_BE81667BB</i>				- - -	植物过氧化物酶
236	<i>Traes_1DS_C0DC8B186</i>				- - -	植物过氧化物酶
237	<i>Traes_2BS_B6EBC0962</i>				- - -	植物过氧化物酶
238	<i>Traes_2DS_2CCCA54C1</i>				- - -	植物过氧化物酶
239	<i>Traes_2BS_BDF775B04</i>				+ + +	蛋白激酶域
240	<i>Traes_2AL_D66EA2EB5</i>				- - -	蛋白激酶域
241	<i>Traes_7DS_B9C9FF49D</i>				- - -	蛋白激酶域
242	<i>Traes_2BS_338B2681F</i>				- - + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
243	<i>Traes_2AS_F03516AF01</i>				- - + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
244	<i>Traes_5AL_F0293EF43</i>				+ + + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
245	<i>Traes_5BL_64C4C409F</i>				- - + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
246	<i>Traes_2AS_F3FA5442E</i>				+ + + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
247	<i>Traes_6BS_539C8C254</i>				+ + + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
248	<i>Traes_3AS_075D3EB21</i>				+ + + +	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I

249	Traes_2DS_0C06DC519			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
250	Traes_5BL_48A71A1C1			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
251	Traes_2AS_D5CD0FD7B			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
252	Traes_2DS_E72225729			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
253	Traes_2BS_A2AC8AAE5			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
254	Traes_1DS_2E9ECAACA			+		+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
255	TRAES3BF273400020CFD_g			+	+	+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
256	Traes_1AS_1F23EB0E1				-	-	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
257	Traes_6AS_9A0F4784C					+	蛋白酶抑制剂 I13, 马铃薯抑制剂 I
258	Traes_2DL_51FF05F66					-	p 型 ATP 酶  重金属相关结构域, HMA
259	Traes_4BL_E5F9242FF			-	-	-	复制因子 A 蛋白 1
260	Traes_7BS_F8B0C3697			-	-		核糖核苷酸还原酶相关
261	Traes_7DL_310E46F15		-	-	-	-	Sant/Myb 域  Myb 域, 植物
262	Traes_6AS_A34A8593D			+	+	+	琥珀酸半醛脱氢酶
263	Traes_7DL_51CA70B80					+	硫胺素噻唑类合成酶
264	Traes_6BS_72F59E261		+				泛素结合酶, 活性位点
265	Traes_1DS_9927F6B6E			+	+	+	通用应激蛋白 A
266	Traes_6AL_88A0C8DB9			+			通用应激蛋白 A
267	Traes_6BL_07FCFDD8D			+			通用应激蛋白 A
268	Traes_2DL_60E7852F7				+	+	通用应激蛋白 A
269	Traes_1AL_A670FC1B3				-		通用应激蛋白 A
270	Traes_2AS_5EC2D7F6E					+	通用应激蛋白 A
271	Traes_2BS_3A775F5F1					+	通用应激蛋白 A
272	Traes_6DL_DBC111365				+		UspA
273	Traes_5BL_051E1F5B0				-		血管性血友病因子, A 型
274	Traes_3DL_E400E521A			+	+		WD40 重复结构域
275	Traes_5BL_65826E1A1			+			热休克转录因子家族
276	Traes_3DL_DC71E47C5			+			YTH 域
277	Traes_3DL_2AC567664		-	-	-	-	锌/铁通透酶
278	<b>Traes_1AL_712AAC3AE</b>			+			无
279	Novel09996	+	+	+	+	+	无
280	Novel09182	+	+	+	+	+	无
281	Novel08644	+	+	+		+	无
282	Novel02653	+	+	+		+	无
283	Novel08897		+	+	+	+	无
284	Novel04834		+	+	+	+	无
285	Novel02416		+	+	+	+	无
286	Novel00466		+	+	+		无
287	Novel02275		+	+			无
288	Novel02622		+	+	+	+	无
289	Novel06925		+	+			无
290	Novel01941		+	+	+	+	无
291	Novel02425		+	+	+	+	无
292	Novel04590		-		+	+	无

293	<i>Novel00504</i>	-	-	-	-	无
294	<i>Novel04442</i>	-	-	-	-	无
295	<i>Novel05338</i>	-	-	-	-	无
296	<i>Novel07597</i>	-				无
297	<i>Novel04165</i>	-	-	-	-	无
298	Novel08659		+			无
299	Novel03767		+	+	+	无
300	Novel02449		+	+		无
301	<i>Novel09554</i>		+	+	+	无
302	Novel03353		+			无
303	Novel02420		-	-		无
304	<i>Novel08291</i>		-	-	-	无
305	Novel08951		-	-		无
306	<i>Novel05266</i>		-	-	-	无
307	<i>Novel04647</i>		-	-	-	无
308	<i>Novel04645</i>		-	-	-	无
309	Novel07780		-		-	无
310	Novel00308		-	-	-	无
311	<i>Novel00436</i>		-	-	-	无
312	Novel07109			+	+	无
313	Novel02884				-	无

加粗斜体的为与附表 3 中响应氧化胁迫的基因 (GO:0006979) 为同一基因

The genes with bold and italic are the same genes to some ones in supplementary Table 3 (GO: 0006979)

附表 3 氧化胁迫响应中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (GO:0006979)

Supplementary table 3 The changes of DEGs in the Go term of response to oxidative stress at different time points of salt treatment (GO:0006979)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					注释 Annotation
		2h-7	6h-52	24h-87	48h-94	72h-95	
1	Traes_4DL_3D374FF4C		+	+	+		乌头酶家族, 4Fe-4S 簇结合位点
2	Traes_5AL_F96AEDDB8			+	+	+	醛脱氢酶结构域
3	Traes_7DL_44F6042FE				+	+	过氧化氢酶血红素结合位点
4	Traes_7BL_7A3B8A199					+	过氧化氢酶血红素结合位点
5	Traes_6DS_3522B8EF6		-		+	+	过氧化氢酶血红素结合位点
6	Traes_6AS_7FB8F9A66		-	-		+	过氧化氢酶血红素结合位点
7	Traes_7DL_D5AD8EB4B		+	+			Cro/c1 型螺旋-转-螺旋结构域
8	Traes_3DS_D42FCD586				+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I 类
9	TRAES3BF099900080CFD_g		+	+		+	GIGANTEA
10	Traes_6AL_6DB42F289		+	+	+	+	谷胱甘肽过氧化物酶
11	Traes_2DL_1827C450E			+	+		谷胱甘肽过氧化物酶
12	Traes_2BL_B36482127				-		谷胱甘肽过氧化物酶
13	Traes_7AS_305142CC5			+	+	+	血红素过氧化物酶
14	Traes_3B_963F603FA	-	-				血红素过氧化物酶
15	Traes_3B_1F0EDAD3F	-	-	-			血红素过氧化物酶

16	Traes_2DL_AD0DDDF120	-	-	-	-	血红素过氧化物酶
17	Traes_2AL_93D483086	-	-	-	-	血红素过氧化物酶
18	Traes_3AL_C932A3F30			+		血红素过氧化物酶
19	Traes_7DL_B80093097		-	-	-	血红素过氧化物酶
20	Traes_5DL_BC355967A			+		血红素过氧化物酶
21	Traes_6DL_D9F5169D4		+			热休克蛋白 70 家族
22	Traes_2DL_5247AB0F3		-			甲基丙二酸-半醛脱氢酶
23	TRAES3BF110100060CFD_g		+	+	+	植物过氧化物酶
24	Traes_7BL_1E6AC54DC	-	-	-	-	植物过氧化物酶
25	Traes_7AS_A76BFD751			+	+	植物过氧化物酶
26	Traes_7AL_A1C588F39		-	-	-	植物过氧化物酶
27	Traes_4BL_83EC83B10			-	-	植物过氧化物酶
28	Traes_3DL_B38DFDDFF		+	+	+	植物过氧化物酶
29	Traes_3AL_EB37D49001		+	+	+	植物过氧化物酶
30	Traes_3AL_78711D4EB		+	+		植物过氧化物酶
31	Traes_2DS_6FA5738431	-	-	-	-	植物过氧化物酶
32	Traes_2DL_D2E66B11E		+	+		植物过氧化物酶
33	Traes_2DL_CAE4AEC4D	-				植物过氧化物酶
34	Traes_1AS_EB43CB105	-	-	-	-	植物过氧化物酶
35	Traes_7AL_9040EE6AE				-	植物过氧化物酶
36	Traes_4AL_FB21608E8				+	植物过氧化物酶
37	Traes_3DL_F31768892		-	-	-	植物过氧化物酶
38	Traes_2DL_59588BD68	-	-			植物过氧化物酶
39	Traes_2BS_09313A224		+	+	+	植物过氧化物酶
40	Traes_7DL_D99ED7064	-	-	-	-	植物过氧化物酶
41	Traes_7DL_46D8A0EC9			-	-	植物过氧化物酶
42	Traes_7AL_80967149B	-	-	-	-	植物过氧化物酶
43	Traes_3DS_1A3A001FA				-	植物过氧化物酶
44	Traes_2DS_3E640A897	-	-	-	-	植物过氧化物酶
45	Traes_2DS_2A74B044A			+	+	植物过氧化物酶
46	Traes_2DL_CC04FA45B			-		植物过氧化物酶
47	Traes_2DL_B9574CFF6		-	-	-	植物过氧化物酶
48	Traes_2DL_59D2939D1	-	-	-	-	植物过氧化物酶
49	Traes_2BL_A25152F2A		+	+	+	植物过氧化物酶
50	Traes_2BL_7C2F474DE	-	-	-	-	植物过氧化物酶
51	Traes_2AS_52856F373	-	-	-	-	植物过氧化物酶
52	Traes_2AL_CB4646D94	-	-	-	-	植物过氧化物酶
53	Traes_1DS_3D2F70A22		+	+	+	植物过氧化物酶
54	Traes_1AS_6C84785B3		+			植物过氧化物酶
55	TRAES3BF171700070CFD_g		-	-	-	植物过氧化物酶
56	TRAES3BF117200110CFD_g		+	+		植物过氧化物酶
57	TRAES3BF082100020CFD_g	-	-	-	-	植物过氧化物酶
58	TRAES3BF048200030CFD_g				-	植物过氧化物酶
59	TRAES3BF008800150CFD_g			-	-	植物过氧化物酶



60	TRAES3BF008800140CFD_g	-	-	-	-	植物过氧化物酶	
61	TRAES3BF008800130CFD_g			-	-	植物过氧化物酶	
62	TRAES3BF008800120CFD_g			-	-	植物过氧化物酶	
63	Traes_7DL_CE37E2AF1			-	-	植物过氧化物酶	
64	Traes_7DL_C074DC1F6		-	-	-	植物过氧化物酶	
65	Traes_7DL_6EFFDA6D1				+	植物过氧化物酶	
66	Traes_7DL_651CAFC08	-	-		-	植物过氧化物酶	
67	Traes_7DL_6233C6F03	-	-	-	-	植物过氧化物酶	
68	Traes_7DL_3D602F140	-	-	-	-	植物过氧化物酶	
69	Traes_7DL_23C901DF6				-	植物过氧化物酶	
70	Traes_7BS_EB50DB903			+		植物过氧化物酶	
71	Traes_7AS_7232546E1			+		植物过氧化物酶	
72	Traes_7AL_AA1C50065	-	-	-	-	植物过氧化物酶	
73	Traes_5DL_D2F75A952	+				植物过氧化物酶	
74	Traes_5BS_419BCF8CE				+	植物过氧化物酶	
75	Traes_5BL_881FB6FDE	+	+	+	+	植物过氧化物酶	
76	Traes_5BL_3ED1B0234	+	+			植物过氧化物酶	
77	Traes_5BL_36EBD512B			-	-	植物过氧化物酶	
78	Traes_4DL_FB6118C7E				-	植物过氧化物酶	
79	Traes_4AL_DF55853C2			+	+	+	植物过氧化物酶
80	Traes_3B_8732922B8	-	-	-	-	植物过氧化物酶	
81	Traes_3AS_F441DDE21			-	-	-	植物过氧化物酶
82	Traes_3AS_84C86F657				-	-	植物过氧化物酶
83	Traes_2DS_D76AB139C	-		-	-	-	植物过氧化物酶
84	Traes_2DS_708F03DA3	-					植物过氧化物酶
85	Traes_2DL_50A85C4AC			+	+	+	植物过氧化物酶
86	Traes_2DL_1C4C67BC8	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
87	Traes_2DL_13C10DB2C			-	-	-	植物过氧化物酶
88	Traes_2BS_EAB2C09D0	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
89	Traes_2BS_407669DEF			-	-	-	植物过氧化物酶
90	Traes_2BS_19F05C27A	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
91	Traes_2BL_E8A65526C	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
92	Traes_2BL_B51F2BBE0			+	+		植物过氧化物酶
93	Traes_2BL_8CD42B820	-	-			-	植物过氧化物酶
94	Traes_2BL_2B45081D4	-					植物过氧化物酶
95	Traes_2BL_1B580814E	-	-				植物过氧化物酶
96	Traes_2AS_EE549925C	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
97	Traes_2AS_E9319FCC2				+	+	植物过氧化物酶
98	Traes_2AS_64E41196E	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
99	Traes_2AS_457604359					-	植物过氧化物酶
100	Traes_2AS_3161D54F8	-	-	-	-	-	植物过氧化物酶
101	Traes_2AL_CF07AD4C3				-	-	植物过氧化物酶
102	Traes_2AL_ACC48534E			-	-	-	植物过氧化物酶
103	Traes_2AL_520618712	-	-				植物过氧化物酶

104	Traes_2AL_4B9B7C710	-	-	-	-	植物过氧化物酶
105	Traes_2AL_328819CF7		+	+	+	植物过氧化物酶
106	Traes_2AL_229EBA080			-		植物过氧化物酶
107	Traes_1DS_E3419AD8F		-		-	植物过氧化物酶
108	Traes_1DS_D1434EA1A		+	+	+	植物过氧化物酶
109	Traes_1DS_C0DC8B186				-	植物过氧化物酶
110	Traes_1DS_2E6ADBC5F			-	-	植物过氧化物酶
111	Traes_1DS_103FB69FD		+	+	+	植物过氧化物酶
112	Traes_1BS_BE81667BB				-	植物过氧化物酶
113	Traes_1BL_4831B07DA		-	-	-	植物过氧化物酶
114	Traes_1AS_EAC96C4AF		+	+	+	植物过氧化物酶
115	Traes_1AS_B16A9D49C			-	-	植物过氧化物酶
116	Traes_2DS_2CCCA54C1	-	-	-	-	植物过氧化物酶
117	Traes_2BS_B6EBC0962	-	-	-	-	植物过氧化物酶
118	Traes_1AL_712AAC3AE		+			无
119	Novel09554		+	+	+	无
120	Novel08291		-	-	-	无
121	Novel07597	-				无
122	Novel05338	-	-	-	-	无
123	Novel05266		-	-	-	无
124	Novel04647		-	-	-	无
125	Novel04645		-	-	-	无
126	Novel04442	-	-	-	-	无
127	Novel04165	-	-	-	-	无
128	Novel00504	-	-	-	-	无
129	Novel00436		-	-	-	无

附表 4 离子转运中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (GO:0006811)

Supplementary table 4 The changes of DEGs in the GO term of ion transport at different time points of salt treatment (GO:0006811)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					注释 Annotation
		2h-12	6h-52	24h-85	48h-97	72h-85	
1	Traes_6AL_1DAFF2711		-		+	+	4 羟基 3 甲基 2-1 基二磷酸合成酶, 细菌型
2	<b>TRAES3BF052700140CFD_g</b>				+	+	6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶
3	Traes_4DL_B138DF6FC		+	+			ABC 转运体
4	Traes_4AL_BDABA3C02	+	+				ABC 转运体
5	Traes_6DL_155CFC887		-	-	-	-	铝活化的苹果酸盐转运体
6	Traes_4DL_341830EFF			-	-	-	铝活化的苹果酸盐转运体
7	Traes_4DL_8E805248E				-	-	铝活化的苹果酸盐转运体
8	Traes_6AL_5D369F20D				-		铝活化的苹果酸盐转运体
9	TRAES3BF270400010CFD_g			+	+	+	氨基酸转运体
10	<b>Traes_2AL_01EEA15FC</b>			+	+	+	氨基酸/多胺转运体 I
11	<b>Traes_5AS_D408E8790</b>		+	+	+	+	氨基酸/多胺转运体 I
12	<b>Traes_4AL_BDE58EA71</b>			+	+	+	铵转运体

13	<i>Traes_5BL_EA85CB6BC</i>		+	+	+	铵转运体
14	<i>TRAES3BF009500020CFD_g</i>		+	+	+	铵转运体
15	<i>Traes_1AL_A3A29B974</i>			+	+	铵转运体
16	<i>Traes_2BL_EDACDB387</i>	+	+			amp 依赖的合成酶/连接酶
17	<i>Traes_3B_12D4A73C9</i>		+	+		ATP 酶、F1/V1/A1 复合物、阿尔法/亚基、核苷酸结合域
18	<i>Traes_3DL_EFB2D973B</i>		+			ATP 酶、F1/V1/A1 复合物、阿尔法/亚基、核苷酸结合域
19	<i>Traes_1DL_87F982556</i>			+		超敏诱导反应蛋白
20	<i>Traes_7BL_AAE28B6F4</i>			-		碳酸氢盐转运体, 真核生物
21	<i>Traes_4BS_78BF31566</i>	-	-	-	-	根系向光蛋白 2
22	<i>Traes_4DL_3F8034BFD</i>		-	-	-	阳离子转运体
23	<i>Traes_2DS_0123E3CD9</i>		+			钠氢转运体
24	<i>Traes_2AS_22AADCA0B</i>	+	+	+	+	钠氢转运体
25	<i>Traes_2BS_3DBC04D39</i>		+			钠氢转运体
26	<i>Traes_4AS_A03AC635D</i>			+	+	分支酸合酶
27	<i>Traes_3DL_8D6F782B1</i>			-	-	环核苷酸结合结构域
28	<i>TRAES3BF087600020CFD_g</i>		-	-	-	环核苷酸结合结构域
29	<i>Traes_3AL_D426C4603</i>			-	-	环核苷酸结合结构域
30	<i>Traes_4AL_BE405B578</i>		+			双孔结构域钾通道, 植物
31	<i>Traes_5AL_D01E0C753</i>	+	+	+	+	铁蛋白相关
32	<i>Traes_5DL_95DBDBAD1</i>	+	+	+		铁蛋白相关
33	<i>Traes_5BL_CEA21A155</i>	+				铁蛋白相关
34	<i>Traes_2BL_342BDEA35</i>			-	-	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
35	<i>Traes_5DL_BC355967A</i>			+		血红素过氧化物酶
36	<i>Traes_2AS_95611CAD2</i>	+	+	+	+	重金属相关结构域
37	<i>Traes_2AL_1CD7A8BB8</i>	+	+	+	+	重金属相关结构域
38	<i>Traes_5AL_6C9A5537F</i>		+	+	+	重金属相关结构域
39	<i>Traes_1AL_F7D3D18D3</i>		+	+	+	重金属相关结构域
40	<i>TRAES3BF113400040CFD_g</i>		+	+	+	重金属相关结构域
41	<i>Traes_5DL_919324386</i>		+			重金属相关结构域
42	<i>Traes_7DL_44DA42073</i>		-	-	-	重金属相关结构域
43	<i>Traes_1DL_C5B2202DE</i>		-	-	-	重金属相关结构域
44	<i>Traes_3DL_4EE343C68</i>			+		重金属相关结构域
45	<i>Traes_5DL_9CA107BC9</i>		+	+	+	重金属相关结构域
46	<i>Traes_5BL_219FAA6D8</i>			+	+	重金属相关结构域
47	<i>Traes_6DS_E72E5DE3F</i>			+		重金属相关结构域
48	<i>Traes_2DS_B38EE27C6</i>		+	+	+	重金属相关结构域
49	<i>Traes_3AL_514CB3741</i>			+		重金属相关结构域
50	<i>Traes_5BL_9FB18B8F8</i>			-	-	重金属相关结构域
51	<i>Traes_3AS_8D6430054</i>			-	-	重金属相关结构域
52	<i>Traes_1AL_1F3FBE952</i>			-	-	重金属相关结构域
53	<i>TRAES3BF171700120CFD_g</i>			-	-	重金属相关结构域
54	<i>Traes_3AL_4979C1182</i>			+		重金属相关结构域

55	Traes_5BL_4BCE2DBEF			+	+	重金属相关结构域
56	Traes_5AL_6C8BD96CB			+	+	重金属相关结构域
57	Traes_1BL_C9DE3E14F			+	+	重金属相关结构域
58	Traes_4DL_15C4B32F2			+	+	重金属相关结构域
59	Traes_3DL_0C5007990			+		重金属相关结构域
60	Traes_2DL_9E060D0BB			-	-	重金属相关结构域
61	Traes_2AL_13CBA4FEA			-	-	重金属相关结构域
62	Traes_4BL_CB87612F0			-		重金属相关结构域
63	Traes_2BL_31D4D0A2C				-	重金属相关结构域
64	Traes_5BL_028D02DF6	-	-			螺旋-螺旋基序  同源盒结构域
65	Traes_1DL_A77D41F00			+		主要促进者超家族
66	Traes_5DL_E85FB920C			-	-	主要促进者超家族
67	<b>Traes_7AL_CEA9B770B</b>	-	-	-	-	水通道蛋白样
68	<b>TRAES3BF07600060CFD_g</b>	+	+			线粒体载体蛋白
69	Traes_4DL_BF8FA960D			+	+	钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
70	Traes_1DL_7DFADD18F			+	+	钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
71	Traes_4BL_32F50466D			+		钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
72	Traes_3AL_7B579CC12			+	+	钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
73	Traes_4BL_55D6EC8CE			+		钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
74	Traes_1BL_DAB4F5AC0			+	+	钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
75	Traes_1AL_53EE5E7E2			+		钨酸盐-阴离子转运体 MOT2
76	Traes_4BL_06F78B23C				+	多种抗菌素挤压蛋白
77	Traes_2AL_088338613			-	-	Myc 型, 基本螺旋-环-螺旋(bHLH)结构域
78	Traes_6DS_E72FBC9FA				+	nadph 依赖的 FMN 还原酶样  黄蛋白样
79	Traes_6DL_5C536D720				-	亚硝酸盐/亚硫酸盐还原酶 4Fe-4S 结构域
80	Traes_5AL_B5FA7CEF0			-	-	亚硝酸盐/亚硫酸盐还原酶 4Fe-4S 域
81	Traes_5BL_6E029E99B	-	-	-	-	光系统 IPsaG/PsaK 域
82	Traes_2AL_14B62F6C1	-	-	-	-	光系统 IPsaG/PsaK 域
83	Traes_2AL_2317306B7				-	光电系统 IPsaO
84	<b>Traes_2AL_987F244D2</b>	-	-	-	-	钾转运体
85	<b>Traes_4BL_7FE25C6A2</b>	-	-	-	-	钾转运体
86	<b>Traes_2BS_E67905E6E</b>	+		+		钾转运体
87	<b>Traes_2AS_01BF89DD2</b>	+				钾转运体
88	<b>Traes_6AL_22D6C7054</b>	+				钾转运体
89	<b>Traes_2DL_74E015594</b>	-	-			钾转运体
90	<b>Traes_2BL_D0C7517E1</b>	-	-			钾转运体
91	<b>Traes_7DS_EDD619B0C</b>			+		钾转运体
92	<b>Traes_7BS_E3BDDBFEF</b>			+	+	钾转运体
93	<b>Traes_3AL_9E0B84E84</b>			+	+	钾转运体
94	<b>Traes_6DL_09B11D518</b>			+	+	钾转运体
95	<b>TRAES3BF072400210CFD_g</b>			+	+	钾转运体
96	<b>Traes_3DL_598708C12</b>			+	+	钾转运体
97	<b>Traes_2AL_D29AB4C01</b>				-	钾转运体
98	<b>Traes_2AL_D66EA2EB5</b>			-	-	蛋白激酶结构域

99	<i>Traes_1AL_F4F1F73DF</i>								P 型 ATP 酶
100	<i>Traes_4DL_CA9D24688</i>	+							P 型 ATP 酶
101	<i>Traes_4AS_D4EDEF05</i>	+							P 型 ATP 酶
102	<i>Traes_2DL_FAE13169F</i>		+	+	+	+			P 型 ATP 酶
103	Traes_6BS_A8B960E60				+	+			P 型 ATP 酶
104	Traes_2DL_51FF05F66							-	P 型 ATP 酶
105	Traes_2AL_D0EABF355							-	P 型 ATP 酶
106	Traes_7DL_A5269C73F		-						P 型 ATP 酶
107	Traes_1AS_972AA6CB4		+	+	+				P 型 ATP 酶
108	Traes_1DS_F69AA50CA				+	+			P 型 ATP 酶
109	Traes_4AS_D950EBDB0				+				P 型 ATP 酶
110	Traes_7AL_AA1B5DFB5		+	+	+	+			焦磷酸盐能质子泵
111	Traes_7DS_326DC5875							+	焦磷酸盐能质子泵
112	Traes_7AS_0EA301557							+	焦磷酸盐能质子泵
113	Traes_7BS_55CB27B54							+	焦磷酸盐能质子泵
114	Traes_7DS_D439AB891							+	焦磷酸盐能质子泵
115	Traes_7AS_848028906							+	焦磷酸盐能质子泵
116	Traes_1DS_2935DD94C		+						橡胶延伸因子
117	Traes_3AS_97DB7A886		-	-	-	-			钠/硫酸盐转运体
118	TRAES3BF102700130CFD_g		-	-	-	-			钠/硫酸盐转运体
119	Traes_3AS_F7562AE41				-	-			钠/硫酸盐转运体
120	Traes_4DL_CFC191A06	+	+	+	+	+			糖/肌醇转运体
121	<i>Traes_3AL_224FB10D3</i>				+	+	+		硫酸盐阴离子转运体
122	<i>Traes_3DL_B2B496552</i>				+	+	+		硫酸盐阴离子转运体
123	<i>TRAES3BF019900030CFD_g</i>				+	+	+		硫酸盐阴离子转运体
124	<i>Traes_5DL_A98953CFA</i>							-	双孔结构域钾通道
125	<i>Traes_4DS_AED0FD434</i>				+	+	+		V-ATPase 蛋白脂亚基
126	<i>Traes_4AL_CCF365247</i>						+		V-ATPase 蛋白脂亚基
127	TRAES3BF074300090CFD_g	-	-	-	-	-			锌/铁通透酶
128	Traes_3AL_DC3D5F65E		-	-					锌/铁通透酶
129	<i>Traes_3DL_2AC567664</i>		-	-	-	-			锌/铁通透酶
130	Traes_6DS_E7826C696							-	锌/铁通透酶
131	<i>Novel05847</i>	+	+	+					无
132	<i>Novel07337</i>	-						+	无
133	<i>Novel09017</i>		+	+					无
134	Novel04630		+						无
135	Novel00780		+	+	+				无
136	Novel04418		+	+	+				无
137	Novel04214		+	+	+	+			无
138	Novel04872		+	+	+				无
139	Novel04219		+	+	+	+	+		无
140	Novel05072		+		+				无
141	Novel03048		-	-	-	-			无
142	Novel00613				+				无

143	Novel08408		+	+	+	无
144	Novel00797			+		无
145	Novel00814				-	无
146	Novel06093				-	无

加粗斜体的基因为与附表 5 中离子跨膜运输的基因 (GO:0034220) 为同一基因

The genes with bold and italic are the same to some genes supplementary table 5 (GO: 0034220)

附表 5 离子跨膜运输中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (GO:0034220)  
Supplementary table 5 The changes of DEGs in GO terms of ion transmembrane transport at different time points of salt treatment (GO:0034220)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					注释 Annotation
		2h-6	6h-14	24h-25	48h-25	72h-23	
1	TRAES3BF052700140CFD_g				+	+	6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶
2	Traes_2AL_01EEA15FC			+	+	+	氨基酸/多胺转运体 I
3	Traes_5AS_D408E8790		+	+	+	+	氨基酸/多胺转运体 I
4	Traes_5BL_EA85CB6BC			+	+	+	铵转运体
5	Traes_4AL_BDE58EA71			+	+	+	铵转运体
6	TRAES3BF009500020CFD_g			+	+	+	铵转运体
7	Traes_1AL_A3A29B974				+	+	铵转运体
8	Traes_3DL_EFB2D973B			+			ATP 酶、F1/V1/A1 复合物、阿尔法/亚基、核苷酸结合域
9	Traes_3B_12D4A73C9			+	+		ATP 酶、F1/V1/A1 复合物、阿尔法/亚基、核苷酸结合域
10	Traes_4AL_BE405B578			+			双孔结构域钾通道, 植物
11	Traes_7AL_CEA9B770B		-	-	-	-	水通道蛋白样
12	TRAES3BF076000060CFD_g		+	+			线粒体载体蛋白
13	Traes_2AL_987F244D2	-	-	-	-	-	钾转运体
14	Traes_4BL_7FE25C6A2	-	-	-	-	-	钾转运体
15	Traes_6AL_22D6C7054		+				钾转运体
16	Traes_2BS_E67905E6E		+		+		钾转运体
17	Traes_2AS_01BF89DD2		+				钾转运体
18	Traes_2DL_74E015594		-	-			钾转运体
19	Traes_2BL_D0C7517E1		-	-			钾转运体
20	Traes_7DS_EDD619B0C			+			钾转运体
21	Traes_7BS_E3BDDBFEF			+	+		钾转运体
22	TRAES3BF072400210CFD_g				+	+	钾转运体
23	Traes_3AL_9E0B84E84				+	+	钾转运体
24	Traes_6DL_09B11D518				+	+	钾转运体
25	Traes_3DL_598708C12				+	+	钾转运体
26	Traes_2AL_D29AB4C01					-	钾转运体
27	Traes_2AL_D66EA2EB5				-	-	蛋白激酶结构域
28	Traes_1AL_F4F1F73DF			+			P 型 ATP 酶
29	Traes_4DL_CA9D24688	+					P 型 ATP 酶
30	Traes_4AS_D4EDEF05	+					P 型 ATP 酶

31	Traes_2DL_FAE13169F		+	+	+	+	P 型 ATP 酶
32	Traes_3DL_B2B496552			+	+	+	硫酸盐阴离子转运体
33	Traes_3AL_224FB10D3			+	+	+	硫酸盐阴离子转运体
34	TRAES3BF019900030CFD_g			+	+	+	硫酸盐阴离子转运体
35	Traes_5DL_A98953CFA				-		双孔结构域钾通道
36	Traes_4DS_AED0FD434			+	+	+	V-ATPase 蛋白脂亚基
37	Traes_4AL_CCF365247				+		V-ATPase 蛋白脂亚基
38	Traes_3DL_2AC567664		-	-	-	-	锌/铁通透酶
39	Novel05847	+	+	+			无
40	Novel07337	-				+	无
41	Novel09017		+	+			无

附表 6 氨基酸合成中的差异表达基因在盐胁迫处理不同时间点的表达变化 (KEGG bdi01230)

Supplementary table 6 The changes of DEGs in the KEGG pathway of amino acid synthesis at different time points of salt treatment (KEGG bdi01230)

序号 Code	基因 Gene ID	差异表达基因数目 Number of DEGs					注释 Annotation
		2h-4	6h-45	24h-112	48h-174	72h-130	
1	Traes_5BL_239C3C584			+	+	+	3-脱氢喹酸合酶 AroB 3-脱氢喹酸合酶结构域
2	Traes_5DL_7F872A678			+	+	+	3-脱氢喹酸合酶 AroB 3-脱氢喹酸合酶结构域
3	Traes_5AL_B2A591C28			+	+	+	3-脱氢喹酸合酶结构域
4	Traes_5AL_4C223658F				+		3-脱氢喹酸合酶结构域
5	Traes_7DL_C124A8690				+	+	6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶, c 端样
6	Traes_4DL_3D374FF4C		+	+	+		乌头酸酶
7	Traes_4BL_F7AFF4D6C		+	+	+		乌头酸酶
8	Traes_5AL_5A3A592D9		+	+	+		乌头酸酶
9	Traes_6AL_52C787626				+		乌头酸酶
10	Traes_2AL_608FCBC83		+	+	+	+	ACT 结构域 D-异构体特异性 2-羟酸脱氢酶, NAD 结合域
11	Traes_2DL_50F662E15		+	+	+	+	ACT 结构域 D-异构体特异性 2-羟酸脱氢酶, NAD 结合域
12	Traes_4DL_A7ECE81A1				+	+	ADC 合酶
13	Traes_4BL_9FA542592				+		ADC 合酶
14	Traes_5BL_62D9B877B			+	+	+	醛脱氢酶结构域
15	Traes_5DL_A2A5A19B4			+	+	+	醛脱氢酶结构域
16	Traes_5AL_F96AEDDB8			+	+	+	醛脱氢酶结构域
17	Traes_4BL_CA5CB0414			+	+	+	氨基转移酶 V 类, 吡哆醛-磷酸结合位点
18	Traes_4DL_A87BBFD01				+	+	氨基转移酶 V 类, 吡哆醛-磷酸结合位点
19	Traes_1DS_B73C8DE93			+	+	+	氨基转移酶 III 类 吡哆醛磷酸依赖转移酶, 主要 区域, 亚结构域 1
20	Traes_1AS_BEFEF1613				+		氨基转移酶 III 类 吡哆醛磷酸依赖转移酶, 主要 区域, 亚结构域 1
21	Traes_5AS_1FD9AEDF7		-	-			氨基转移酶, I 类/classIII 吡哆醛磷酸依赖转移 酶, 主要区域, 亚结构域 1
22	Traes_1BL_D8276D3DB					-	氨基转移酶, I 类/classIII 吡哆醛磷酸依赖转移



					酶, 主要区域, 亚结构域 1
23	Traes_4DL_9D7A18BBC	+	+	+	氨基转移酶, IV 类
24	Traes_4AS_6C0AB5E18	+	+	+	氨基转移酶, IV 类
25	Traes_1AL_3F7734C6B	+	+		氨基转移酶, I 类, 吡哆醛磷酸结合位点
26	Traes_1DL_34364ABFE		+		氨基转移酶, I 类, 吡哆醛磷酸结合位点
27	Traes_4AS_F71C13C9B	+	+	+	邻氨基苯甲酸合成酶成分 I, pabb 样
28	Traes_2DL_5FE860D5F		+	+	邻氨基苯甲酸合酶/对氨基苯甲酸合酶类结构域
29	Traes_2AL_8A5AB0B4E		+	+	邻氨基苯甲酸合酶/对氨基苯甲酸合酶类结构域
30	Traes_4DL_E23564FB1	-	-	-	芳香氨基酸消除裂解酶/苏氨酸醛缩酶
31	Traes_2BL_FDEA6E1DB		+	+	芳香氨基酸消除裂解酶/苏氨酸醛缩酶
32	Traes_2AL_C463CE949		+	+	芳香氨基酸消除裂解酶/苏氨酸醛缩酶
33	Traes_6DL_98AA889EF1		+		天冬氨酸/谷氨酸/尿苷酸激酶  谷氨酸/乙酰谷氨 酸激酶
34	Traes_6AL_0F8A39C3D	+	+	+	天冬氨酸/其他转氨酶
35	Traes_6DL_961B6AFC5			+	天冬氨酸/其他转氨酶
36	Traes_7AS_3D6C5F052			-	胆酸突变酶, AroQ 类, 真核生物
37	Traes_4AS_A03AC635D			+	分支酸合酶
38	Traes_4DL_A43826645			+	分支酸合酶
39	Traes_4BL_D59FF84CA			+	分支酸合酶
40	Traes_6DS_1C754D431	+	+		柠檬酸合成酶, 真核
41	Traes_6BS_682497935			+	柠檬酸合成酶, 真核
42	Traes_5BL_E3904C0B8			+	柠檬酸合成酶, 真核
43	Traes_5DL_E6D11E867			+	柠檬酸合成酶, 真核
44	Traes_5BL_1D75C197C			+	柠檬酸合成酶, 真核
45	Traes_3AL_BAAD1325D	+	+	+	II 类谷氨酰胺酰胺转移酶结构域
46	Traes_3DL_F5AAA74C3	+	+	+	II 类谷氨酰胺酰胺转移酶结构域
47	Traes_4BS_C9070AEA4			+	钴胺蛋氨酸合酶 MetE
48	Traes_4AL_8D0193195	+	+	+	钴胺蛋氨酸合酶 MetE
49	Traes_5DS_1BD5492E6			+	钴胺蛋氨酸合酶 MetE
50	Traes_5AS_5C5BA8A57			+	钴胺蛋氨酸合酶 MetE
51	Traes_2BS_062A02BD1	+			Cys/Met 代谢, 吡哆醛磷酸依赖酶
52	Traes_4DL_9264FDAD8			+	Cys/Met 代谢, 吡哆醛磷酸依赖酶
53	Traes_4BS_9F03438D0			+	Cys/Met 代谢, 吡哆醛磷酸依赖酶
54	Traes_5DS_581AB88F8	-			半胱氨酸合成酶
55	Traes_5DL_EF1C26105		-	-	半胱氨酸合成酶
56	Traes_5BL_F1E1934A0		-	-	半胱氨酸合成酶
57	Traes_2DS_E231054BE	+	+	+	DAHP 合成酶, II 类
58	Traes_2BS_B6E90913E	+	+	+	DAHP 合成酶, II 类
59	Traes_2AS_BEC9B768B	+	+	+	DAHP 合成酶, II 类
60	Traes_2AS_B52F26066		+	+	DAHP 合成酶, II 类
61	Traes_7DS_B4756536E			-	二羧基酸/6-磷酸葡萄糖脱氢酶
62	Traes_7AS_ED5778D91		+	+	烯醇化酶
63	Traes_7DS_425ED0B6D		+	+	烯醇化酶
64	Traes_5AS_116663495			+	烯醇化酶

65	Traes_5BS_F56E72D93				+	烯醇化酶
66	Traes_5DS_6429161E7				+ +	烯醇化酶
67	Traes_7DS_86C512854	+	+	+	+	烯醇丙酮酸转移酶结构域
68	Traes_7AS_4250651DD				+	烯醇丙酮酸转移酶结构域
69	Traes_4AL_C3729F680	-	-	-	-	果糖二磷酸醛缩酶, I类
70	Traes_4DS_F311D64BE	-	-	-	-	果糖二磷酸醛缩酶, I类
71	Traes_3AL_E9A97403A	+	+	+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
72	TRAES3BF107400010CFD_g	+	+	+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
73	Traes_4BS_D12DBE6D3		-	-	-	果糖二磷酸醛缩酶, I类
74	Traes_3DL_2AAF732B7		+	+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
75	Traes_3DS_D42FCD586			+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
76	TRAES3BF044000030CFD_g				+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
77	Traes_3AL_85A7AF612	+	+	+	+	果糖二磷酸醛缩酶, I类
78	Traes_3DL_0E549AF9C		+	+		果糖二磷酸醛缩酶, I类
79	Traes_3DL_6D215A5A91		+			果糖二磷酸醛缩酶, I类
80	Traes_3DL_C5D9E24D5		+	+		果糖二磷酸醛缩酶, I类
81	Traes_3DL_3E215D878		+	+	+	伽玛-谷氨酸磷酸还原酶 GPR  天冬氨酸/谷氨酸/ 尿苷酸激酶
82	TRAES3BF065800020CFD_g	+	+	+	+	伽玛-谷氨酸磷酸还原酶 GPR  天冬氨酸/谷氨酸/ 尿苷酸激酶
83	Traes_4AS_1CDA71553	-	-			谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
84	Traes_4BL_52F044A40	-	-	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
85	Traes_4DL_CB8E1061C	-	-			谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
86	Traes_6DL_24A8AB125	+	+	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
87	Traes_4BS_A4FF7F3EA	+	+	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
88	Traes_2BL_342BDEA35		-	-	-	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
89	Traes_6BL_95C7F7123		+	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
90	Traes_4AL_1CD626203		+	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
91	Traes_4DS_47A04A098		+	+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
92	Traes_6AL_2017727C4			+	+	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
93	Traes_2DL_B574C3BD1			-	-	谷氨酰胺合成酶, 催化结构域
94	Traes_6BS_970784007	+	+	+		甘油醛-3-磷酸脱氢酶, I型
95	Traes_6AS_D1274A812	+	+	+		甘油醛-3-磷酸脱氢酶, I型
96	Traes_7DL_961822B36		+	+	+	甘油醛-3-磷酸脱氢酶, I型
97	Traes_7AL_D93FC054C		+	+	+	甘油醛-3-磷酸脱氢酶, I型
98	Traes_6DL_B3AD4834A			+		甘油醛-3-磷酸脱氢酶, I型
99	Traes_5AL_BF01C6FA6			+	+	糖基转移酶, 家族 3
100	Traes_4DL_D9D130BEE		+	+	+	糖基转移酶, 家族 3
101	Traes_4BL_E12FA6C4D			+	+	糖基转移酶, 家族 3
102	Traes_5DL_724B74784		+	+	+	吲哚-3-甘油磷酸合酶
103	Traes_5BL_65DDBA449		+	+	+	吲哚-3-甘油磷酸合酶
104	Traes_5AL_B29005219			+	+	吲哚-3-甘油磷酸合酶
105	Traes_7BL_E14B151E3			+	+	吲哚-3-甘油磷酸合酶
106	Traes_2BL_CEC7F2D7B	+				NADP 依赖的异柠檬酸脱氢酶

107	Traes_4DL_6F5D84957			+	+		金属酶
108	Traes_4DL_614C6B143			+			金属酶
109	Traes_3DL_1C32EC971				+		金属酶
110	Traes_3DS_E64A72020				+		磷酸果糖激酶结构域
111	Traes_2DL_B896BF8FB	+		+			磷酸果糖激酶结构域
112	Traes_3DS_37C9669CB			+	+		磷酸果糖激酶结构域
113	Traes_2AL_4885854CD	+		+			磷酸果糖激酶结构域
114	TRAES3BF096900050CFD_g	+		+	+	+	磷酸果糖激酶结构域
115	Traes_3AS_FC23F0238	+		+	+	+	磷酸果糖激酶结构域
116	Traes_2BL_0ED5DCF4B	+		+		+	磷酸果糖激酶结构域
117	Traes_1DL_B4DC963C4				+	+	磷酸果糖激酶结构域
118	Traes_1AL_AE0622D50				+	+	磷酸果糖激酶结构域
119	Traes_1AL_7C91EF27D			-	-		磷酸甘油酸激酶
120	Traes_6BS_7508E51F3			+	+	+	磷酸甘油酸激酶
121	Traes_6DS_CDB16CE3F			+	+		磷酸甘油酸激酶
122	Traes_5BL_4BD236405			-	-	-	磷酸甘油酸/双磷酸甘油酸突变酶, 活性位点
123	Traes_2AL_6A34123EE	+		+	+		预苯脱水酶  ACT 结构域
124	Traes_2AL_D0DDA4776			+	+	+	预苯脱水酶  ACT 结构域
125	Traes_2BL_B3FFF8623			+	+	+	预苯脱水酶  ACT 结构域
126	Traes_5BL_7B0ED7548				+		预苯脱水酶  ACT 结构域
127	Traes_3AL_822D8A43D	+		+	+		吡啶核苷酸二硫酸氧化还原酶, NAD 结合域
128	Traes_5DL_FBCE5007F			+	+		丙酮酸羧基转移酶
129	Traes_5BL_60FBE677D				+		丙酮酸激酶
130	Traes_5DL_FAF23C705				+		丙酮酸激酶
131	Traes_5AL_89F608111				+	+	丙酮酸激酶
132	Traes_2AL_D6D188AA7			+	+		丙酮酸激酶
133	Traes_2BL_9B9195C2E				+		丙酮酸激酶
134	Traes_1DL_C49D3DA38					-	丙酮酸激酶
135	Traes_5BL_6E109E397				+		丙酮酸激酶
136	Traes_7AL_38E309909				+		吡啶-3-甘油磷酸合酶
137	Traes_6BL_786D392B4				+		s-腺苷甲硫氨酸合成酶
138	Traes_6DL_1C00C93A5			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
139	Traes_6DL_A5FDD2415			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
140	Traes_6AL_C23861D1C			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
141	Traes_6BL_33432353A				+		s-腺苷甲硫氨酸合成酶
142	Traes_6BL_FBF9DA7CE			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
143	Traes_6AL_643CE8D7C			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
144	Traes_6DS_762984823			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
145	Traes_3AS_D1E1079AA			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
146	TRAES3BF093000020CFD_g			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
147	Traes_6DL_F980A7D9A			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
148	Traes_6DL_F9589C62A			+	+	+	s-腺苷甲硫氨酸合成酶
149	Traes_4AL_8907101BD				+		半醛脱氢酶, 二聚体结构域  NAD(P)结合结构域
150	Traes_4DS_AEB645E0A				+		半醛脱氢酶, 二聚体结构域  NAD(P)结合结构域

151	Traes_4BS_A8F01CCC5					+	半醛脱氢酶, 二聚体结构域  NAD(P)结合结构域
152	Traes_2AL_44855EDCA	+	+	+	+		丝氨酸羟甲基转移酶
153	Traes_2BL_185ED969B	+	+	+	+		丝氨酸羟甲基转移酶
154	Traes_2DL_342FDBCBD			+	+		丝氨酸羟甲基转移酶
155	Traes_2DL_6887B32FF			+	+		丝氨酸羟甲基转移酶
156	Traes_7BS_32A05019A			+	+		莽草酸激酶/苏氨酸合酶样 1
157	Traes_7DS_351943FD9	+	+	+	+		莽草酸激酶/苏氨酸合酶样 1
158	Traes_7AS_069A1FA77			+	+		莽草酸激酶/苏氨酸合酶样 1
159	Traes_2AL_462550327			+	+		莽草酸激酶/苏氨酸合酶样 1
160	Traes_2BL_B1CC67771					+	莽草酸激酶/苏氨酸合酶样 1
161	Traes_6DL_AC5E9797C			-	-	-	硫胺素焦磷酸酶, c 端 tpp 结合
162	Traes_7BL_DD673BA6F			-	-	-	转醛缩酶
163	Traes_7DL_FCCDB9A46			-	-	-	转醛缩酶
164	TRAES3BF142600080CFD_g					+	转醛缩酶
165	Traes_3AL_1953CF160					+	转醛缩酶
166	Traes_2DS_538378717			+	+	+	类转酮酶
167	Traes_7DS_42F8FD2BD			+	+	+	类转酮酶
168	Traes_2AS_E6E3B4B88			+	+	+	类转酮酶
169	Traes_2DS_C4237A91B	+	+	+	+	+	类转酮酶
170	Traes_4AL_4C3BBE546					+	类转酮酶
171	Traes_7AS_CB60FA3AE			+	+	+	类转酮酶
172	Traes_3AL_7476159C8			-	-	-	三磷酸异构酶
173	Traes_7DS_88A1B6762			-	-	-	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
174	Traes_6BS_6D9026EAE	+	+	+	+	+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
175	Traes_7AS_BD89877A1			-	-	-	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
176	Traes_7DS_0E89F0D16			-	-	-	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
177	Traes_5AL_9BB8F318F			-	-	-	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
178	Traes_7AL_7C0CB1D06	+	+	+	+	+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
179	Traes_7DL_B73A0C80B			+	+	+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
180	Traes_7BL_28E519867			+	+	+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
181	Traes_7BL_360C54FAE					+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
182	Traes_7AL_291471D52					+	色氨酸合酶-亚基样 plp 依赖性酶
183	Traes_1BL_8841FEA7E			+	+	+	色氨酸合酶, 阿尔法链
184	Traes_1DL_7657153A4					+	色氨酸合酶, 阿尔法链
185	Traes_1AL_EF31F706D					+	色氨酸合酶, 阿尔法链
186	Traes_2DS_A573188C6					+	尿水解酶
187	Traes_2BS_E836C5A07					+	尿水解酶
188	TRAES3BF016700010CFD_g	+	+	+	+		无
189	Novel03843					+	无
190	Novel00352					+	无
191	Novel00344					+	无
192	Novel09697					+	无