安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 594-606
Journal of Anhui Agricultural University [DOI] 10.13610/j.cnki.1672-352x.20260910.003

王　超，韩金龙，陈云义，等. 中国樱桃 *WRKY* 基因家族鉴定及其表达分析[J]. 安徽农业大学学报, 2026, 53(4): 594-606.
Wang Chao, Han Jinlong, Chen Yunyi, et al. Identification and expression analysis of the *WRKY* gene family in Chinese cherry[J]. Journal of Anhui Agricultural University, 2026, 53(4): 594-606.

中国樱桃 *WRKY* 基因家族鉴定及其表达分析

王　超，韩金龙，陈云义，孙永平，景金泉，郭成宝*
(江苏丘陵地区南京农业科学研究所，江苏 南京 210046)

摘　要：【目的】WRKY 转录因子在园艺植物果实发育过程中发挥关键调控作用。本研究旨在探究中国樱桃（*Prunus pseudocerasus* (Lindl.) G. Don）WRKY 转录因子家族的全基因组特征及其在果实发育过程中的表达模式，并筛选调控果实发育与成熟的关键候选基因。【方法】从中国樱桃全基因组中鉴定 *WRKY* 基因家族成员，利用生物信息学方法系统分析其理化性质和进化关系等，并结合 3 个中国樱桃品种果实不同发育时期的转录组数据，分析其表达模式。【结果】共鉴定到 58 个中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员，命名为 *PpseWRKY1*～*PpseWRKY58*。这些基因不均匀分布在 8 条染色体上，编码蛋白长度为 117～644 aa，等电点范围为 4.94～9.92，且均为亲水性蛋白。系统进化分析结果显示，58 个 *PpseWRKY* 基因可分为I、II和III族，分别包含 12、39 和 7 个成员。保守基序和基因结构分析表明，所有中国樱桃 *WRKY* 基因均含有保守的 W RKYGQK 基序，且同一亚族内基因结构和保守基序相似性较高。*PpseWRKY* 基因家族启动子区富集了大量与激素调控、光响应及胁迫响应相关的顺式作用元件。共线性分析发现，中国樱桃种内存在 15 对 *PpseWRKY* 基因片段复制事件。转录组数据与 RT-qPCR 验证结果表明，中国樱桃 *WRKY* 基因的表达在不同品种及果实不同发育阶段存在显著差异。多数基因（如 *PpseWRKY27*、*PpseWRKY37*、*PpseWRKY49* 和 *PpseWRKY53*）在绿果期的表达量最高，随果实成熟进程显著下调，推测其参与果实前期生长发育调控；而 *PpseWRKY5* 和 *PpseWRKY23* 表达量随果实发育逐渐升高，推测其正向调控果实成熟与品质形成过程。【结论】本研究首次系统解析了中国樱桃 WRKY 转录因子家族的全基因组特征及其在果实发育中的表达模式，为深入解析其在果实发育与成熟中的功能提供了理论基础。

关键词：中国樱桃；果实发育；WRKY 转录因子；基因家族；表达分析
中图分类号：S662.5　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1672–352X (2026)04–0594–13

Identification and expression analysis of the *WRKY* gene family in Chinese cherry

Wang Chao, Han Jinlong, Chen Yunyi, Sun Yongping, Jing Jinquan, Guo Chengbao
(Nanjing Institute of Agricultural Sciences in Jiangsu Hilly Areas, Nanjing 210046, China)

Abstract: [**Objective**] WRKY transcription factors play crucial regulatory roles in fruit development in horticultural plants. This study aimed to systematically characterize the genome-wide features of the WRKY transcription factor family in Chinese cherry (*Prunus pseudocerasus* (Lindl.) G. Don), analyze its expression patterns during fruit development, and screen for key candidate genes involved in regulating fruit development and ripening. **[Method]** *WRKY* gene family members were identified from the Chinese cherry genome, and comprehensive bioinformatics analyses were conducted to explore their physicochemical properties and phylogenetic relationships. Expression patterns were investigated using transcriptome data from different fruit developmental stages of three Chinese cherry cultivars and validated *via* RT-qPCR. **[Result]** Fifty-eight *WRKY* gene family members were identified in the *P. pseudocerasus* genome and designated as *PpseWRKY1*–*PpseWRKY58*. These genes were unevenly distributed across eight chromosomes and encoded proteins ranging from 117 to 644 amino acids with isoelectric points of 4.94 – 9.92; all predicted proteins were hydrophilic. Phylogenetic analysis classified the 58 *PpseWRKY* genes into three groups:

收稿日期：2026-01-21；**录用日期：**2026-06-03；**网络出版日期：**2026-09-11
基金项目：2025 年甘薯、草莓等品种资源保存与利用项目（1021302504/004）；2025 年南京市地方果树资源收集、保存与评价（1041302505）
作者简介：王　超，研究实习员，E-mail：3564037343@qq.com
* **通信作者：**郭成宝，研究员，E-mail：gchengbao@163.com

Group I (12), Group II (39), and Group III (7). Conserved motif and gene structure analyses revealed that all *PpseWRKY* genes contained the conserved WRKYGQK motif, with high similarity in gene structure and conserved motifs within the same group. Numerous cis-acting elements related to hormone regulation, light response, and stress response were enriched in the promoters of *PpseWRKY* genes. Collinearity analysis identified 15 segmental duplication pairs among *PpseWRKY* genes. Transcriptome and RT-qPCR analyses showed distinct expression patterns of *PpseWRKY* genes among different cultivars and fruit developmental stages. Most genes, such as *PpseWRKY27*, *PpseWRKY37*, *PpseWRKY49*, and *PpseWRKY53*, were highly expressed at the green fruit stage and significantly down-regulated during ripening, suggesting roles in early fruit development. In contrast, the expression levels of *PpseWRKY5* and *PpseWRKY23* gradually increased during fruit development, implying positive regulatory functions in fruit ripening and quality formation. [**Conclusion**] This study provides the first systematic characterization of the genome-wide features of the WRKY transcription factor family and their expression profiles during fruit development in Chinese cherry, establishing a theoretical foundation for further functional analysis of fruit development and ripening.

Keywords: Chinese cherry; fruit development; WRKY transcription factor; gene family; expression analysis

中国樱桃（*Prunus pseudocerasus* (Lindl.) G. Don）俗称小樱桃，为蔷薇科李属樱亚属果树，原产于中国，在我国种植历史悠久。该树种适应性强，广泛分布于黄河流域、长江流域及西南地区，以江苏为例，东塘樱桃和垂丝樱桃等本土品种即为其代表性类型。中国樱桃素有“春果第一枝”之美誉，因其成熟期早、色泽鲜亮、风味酸甜适宜且营养丰富，近年来在消费市场中受欢迎度持续上升。作为一种兼具经济价值与观赏价值的特色果树，中国樱桃在乡村旅游和都市农业等新兴业态中正发挥着日益重要的作用[1]。果实发育研究涵盖基础理论阐释、农业生产实践、产业提质增效和人类营养健康等多个维度，对中国樱桃这类特色果树而言，其应用价值尤为突出。

WRKY 转录因子是植物中一类规模庞大且功能重要的转录因子家族。其成员能够特异性识别并结合顺式作用元件 W-box，从而广泛参与调控植物的生长发育、次生代谢以及生物与非生物胁迫响应等过程[2]。自首个 *WRKY* 基因家族中的 *SPF1* 从甘薯中克隆以来[3]，目前已完成枇杷[4]、菠萝[5]、葡萄[6]、石榴[7]、猕猴桃[8]和桃[9]等多种园艺植物 *WRKY* 基因家族的鉴定。在生长发育调控方面，WRKY 转录因子通过靶向结合下游基因启动子行使功能。例如，番茄 SlWRKY71 通过抑制 *CAS1* 表达延缓果实成熟[10]；桃 PpWRKY14 则通过激活 *PpACS1* 与 *PpACO1* 加速该过程[11]；森林草莓与苹果中的 WRKY71 蛋白通过调控开花相关基因促进提前开花[12-13]。在胁迫响应中，*WRKY* 基因家族成员通过正向或负向调控增强植物适应性。草莓 FaWRKY29 和 FaWRKY64 负调控果实对灰霉病的抗性，而 FaWRKY47 起正调控作用[14-15]；番茄 SlWRKY75 和苹果 MdWRKY56 可提升植株抗旱性[16-17]；茄子 SmWRKY26 能增强植株耐冷性[18]。此外，WRKY 转录因子也深度参与次生代谢物的合成调控。例如，梨 PbrWRKY53 通过靶向 *PbrNCED1* 促进维生素 C 合成[19]；葡萄 VvWRKY22 通过与 VvSnRK1.1/VvSnRK1.2 互作调节果实糖分积累[20]；牡丹 PoWRKY31 通过激活 *PoWRKY75* 推动木质素生物合成[21]；苹果 MdWRKY17、MdWRKY72 和 MdWRKY10 被证实能显著促进花青素积累[22-24]。这些研究共同印证了 WRKY 转录因子功能的多样性及其在植物生命活动中的核心作用。

目前，针对中国樱桃基因家族的系统性研究仍相对有限。已有工作主要包括：Wang 等[25]完成了 *MYB* 基因家族的全基因组鉴定，并筛选出调控花青素积累的关键转录因子；Zhu 等[26]基于转录组数据鉴定了 *AP2/ERF* 基因家族，并解析了部分成员在花芽休眠转换与低温响应中的表达模式。尽管近缘物种甜樱桃中已完成 *WRKY* 基因家族的全基因组鉴定及果实发育过程中的表达分析，为本研究提供了重要参考，但甜樱桃与中国樱桃在基因组构成、倍性水平、环境适应性、抗逆特性及果实发育模式等方面存在显著差异。目前，中国樱桃 *WRKY* 基因家族的全基因组特征、进化规律、在果实发育中的动态表达模式及潜在功能仍未得到系统解析[27-28]。鉴于此，本研究基于 Jiu 等[29]发布的中国樱桃‘诸暨短柄’高质量基因组，首次对中国樱桃 WRKY 转录因子家族开展了全基因组鉴定与系统的生物信息学分析，并进一步解析了该家族基因在不同品种果实发育阶段的表达模式，以期为深入阐明该家族成员在果实发育中的生物学功能奠定理论基础。

1　材料与方法

1.1　供试材料

本研究的试验材料为 3 个中国樱桃品种：红妃（HF）、黑珍珠（HZZ）和黄色品种资源 NJY1。其中，红妃果实呈红色、肾形，果个较大，质地硬，

口感偏甜；黑珍珠果实呈红色、圆形，果个较小，质地硬，口感酸甜；NJY1 果实黄底红晕、圆形，果个大，质地软，口感偏酸。3 个品种的集中成熟期一致，表型与风味差异显著，是解析果实发育与品质调控的理想材料[30]。

所有材料均取自江苏省南京农业科学研究所铜山实验基地，树龄统一为 6 年，采用避雨栽培、密植纺锤形模式，且栽培管理措施一致。果实样品于 2025 年 3 月 26 日（花后 19 天，坐果膨大初期）开始首次采集，并以此作为各品种共同的采样起始节点，以确保发育进程的一致性。采样初期（S1～S4）每周采集 1 次，进入转色期（S5）后调整为每 3 天采集 1 次，共覆盖 7 个连续的发育时期（S1～S7）。

采样时每个时期选取 5 棵树，采集树冠外围高度一致、果实大小和色泽均匀、无病虫害及机械损伤的健康果实，每 10 个果实混合为一个生物学重复样本，共设置 3 个生物学重复。每个时期的样品经去核后，立即用液氮研磨成粉，并置于－80 ℃超低温冰箱中保存备用。

为精准对齐不同品种的发育阶段，本研究基于形态学指标（果实纵横径、色泽、硬度、可溶性固形物含量等）统一界定关键时期[30]，从中选取绿果期（S2）、转色期（S5）和成熟期（S7）的样品进行转录组测序（图 1），每个关键时期均设置 3 个生物学重复。

1.2 试验方法

1.2.1 中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员鉴定、理化性质分析及染色体定位 从拟南芥 TAIR 数据库（https://www.arabidopsis.org/）下载 72 个 AtWRKY 蛋白序列及基因组文件（TAIR10）。以 Jiu 等[29]发表的中国樱桃‘诸暨短柄’基因组为参考，获取其基因组、蛋白质组及 GFF 注释文件。首先，利用拟南芥 AtWRKY 蛋白序列，通过 TBtools 的 BLASTP 程序对中国樱桃蛋白质组进行同源搜索[31]；同时，从 Pfam 数据库（http://pfam.xfam.org/）获取 Pfam-A 文件，利用 WRKY 转录因子家族对应的隐马尔可夫模型（PF03106）执行 HMM-search 检索，并将上述两种方法获得的候选成员取交集，作为中国樱桃 *WRKY* 基因家族的最终候选基因。随后，利用 NCBI CDD 数据库（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/cdd/）验证候选蛋白是否含有 WRKY 保守结构域。最后，借助 TBtools 的 Protein Parameter Calc 插件分析 WRKY 蛋白的理化性质，包括氨基酸数目、分子量及等电点。



图 1 3 个中国樱桃品种不同发育时期果实表型

Figure 1 Fruit phenotypes of three Chinese cherry cultivars at different developmental stages

1.2.2 中国樱桃 *WRKY* 基因家族系统进化分析 利用 MEGA 软件对中国樱桃和拟南芥 WRKY 蛋白的保守结构域序列进行多重比对。采用邻接法构建系统发育树，自展值设为 1 000；通过 iTOL 在线平台（https://itol.embl.de/）对进化树进行可视化。

1.2.3 中国樱桃 *WRKY* 基因家族保守基序、结构域和基因结构的分析利用 NCBI CDD（https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi）进行 WRKY 蛋白保守结构域搜索，将获得的 hit data 数据文件通过 TBtools 的 Gene Structure 插件进行基因结构分析；通过 MEME 网站（https://meme-suite.org/meme/）获得 WRKY 蛋白的 MAST XML output 结果文件，并利用 TBtools 的 Gene Structure（Advance）插件对保守基序、结构域和基因结构进行可视化。

1.2.4 中国樱桃 *WRKY* 基因家族启动子顺式作用元件和共线性分析 通过 TBtools 提取中国樱桃所有基因 ATG 上游 2 000 bp 的启动子序列，再利用 Fasta Extract（Recommended）插件筛选 *WRKY* 基因家族的启动子序列。经 PlantCARE 在线网站（http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/ plantcare/ html/）预测启动子顺式作用元件并整理信息后，利用

TBtools 的 Simple Biosequence Viewer 插件进行可视化。利用 TBtools 中的 One Step MCScanX 插件进行中国樱桃种内共线性分析，以参考基因组注释文件（GFF3 格式）和蛋白序列文件（FASTA 格式）为输入，采用默认参数鉴定基因组内的片段复制事件，并使用 Advanced Circos 工具对结果进行可视化。随后，分别利用甜樱桃基因组（PAV_Regina_V1.fa）及蛋白文件、拟南芥基因组（TAIR10）及蛋白文件与中国樱桃进行两两种间共线性分析，步骤同种内共线性分析，并将鉴定到的 *WRKY* 基因家族成员高亮显示。

1.2.5　中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员在果实不同发育时期的表达模式分析　转录组测序由北京诺禾致源生物科技股份有限公司利用 Illumina 二代测序平台完成。基于 3 个中国樱桃品种果实 3 个不同发育时期的转录组数据，分析 *WRKY* 基因家族成员的表达模式。提取各样本中 *WRKY* 基因家族成员的 FPKM 值，利用 TBtools 软件绘制表达热图。

表 1　中国樱桃部分 *WRKY* 基因实时荧光定量 PCR 引物序列

Table 1　Primer sequences for partial *WRKY* genes in Chinese cherry

基因名称	正向引物(5' - 3')	反向引物(5' - 3')
Actin	AACCCTAAGGCAAACCGTGAGAAA	TCGAGAACAATACCCGTAGTACGACC
PpseWRKY27	ACATCAGGCTCAAACCGCTTA	TCCGGTGTTTCGGTTCTTGT
PpseWRKY37	ATGCCACCAAGCCAGATGAG	TCCTGTGGTGTCAAATGGGAA
PpseWRKY49	ACTACTGGAAGTTTTGGGGCT	GTTACTCCATGCCTGTTCGTG
PpseWRKY53	TCCAAACCAGCAGCTTAGTCC	GAAGCGAAATTGGGATCTTTGGA
PpseWRKY23	TCAAGCTTCTTCCCCGACAC	ATTGGGCGGAACCATCAACT
PpseWRKY5	GCTTGTTGCGGACTGCTTAC	TCGGTATCTCAGGTGGTGGT

1.2.6　中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员的 RT-qPCR 验证分析　采用 Trizol 法提取中国樱桃果实总 RNA，使用 SuperRT III 一管化反转录试剂盒（Biosharp，北京）反转录合成 cDNA，于−20 ℃保存。利用 NCBI Primer-BLAST 设计定量引物（表 1），以 Wang 等[25]报道的 *Actin* 基因为内参，进行相对表达量分析。荧光定量 PCR 采用 Biosharp SYBR Green qPCR Mix 试剂盒，在 CFX Connect™ Real-Time PCR Detection System（Bio-Rad，Hercules，CA，USA）上进行。反应体系总体积为 20 μL，采用两步法 PCR 程序。每个基因在 3 个品种果实的 3 个关键发育阶段（S2、S5、S7）均设置 3 个生物学重复。定量结果参照 Liang 等[32]的方法计算，统计图使用 GraphPad Prism 9 绘制。

2　结果与分析

2.1　中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员鉴定、染色体定位及理化性质分析

从中国樱桃基因组中共鉴定获得 58 个 *PpseWRKY* 基因家族成员，按照染色体编号及物理位置顺序依次命名为 *PpseWRKY1*～*PpseWRKY58*（图 2）。染色体定位分析结果表明，52 个 *PpseWRKY*

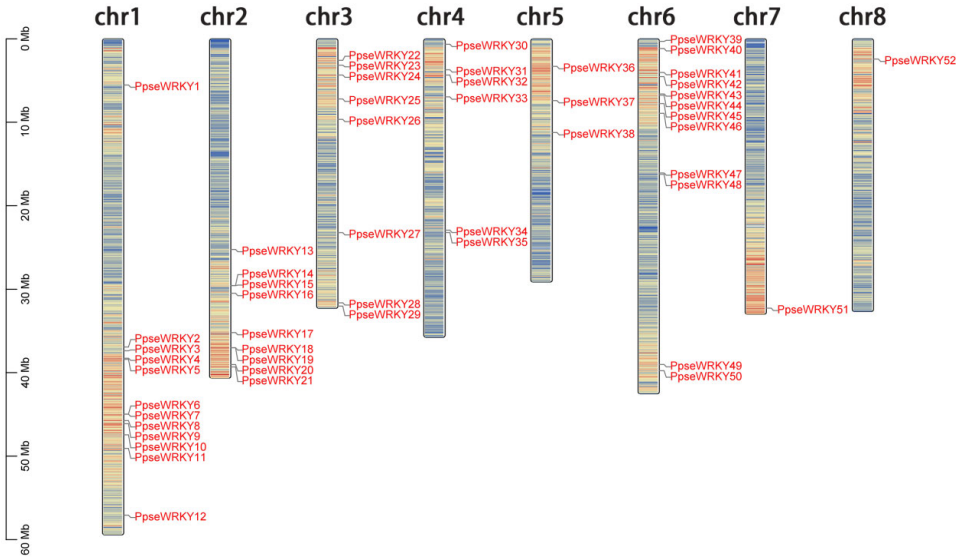


图 2　中国樱桃 *WRKY* 基因家族染色体定位

Figure 2　Chromosomal localization of *WRKY* genes in Chinese cherry

表 2 中国樱桃 *WRKY* 基因家族理化性质分析

Table 2 Analysis of physicochemical properties of *WRKY* gene family members in Chinese cherry

名称	基因 ID	氨基酸数目	分子量/Da	等电点(pI)	不稳定系数	亲水系数
PpseWRKY1	PAV01G009780.1	286	31 106.19	9.86	49.51	−0.57
PpseWRKY2	PAV01G068700.1	635	69 343.57	6.50	55.81	−0.83
PpseWRKY3	PAV01G069740.1	634	69 218.45	6.77	54.80	−0.82
PpseWRKY4	PAV01G071590.1	515	55 923.40	6.77	61.37	−0.94
PpseWRKY5	PAV01G071970.1	332	36 470.07	5.94	60.62	−0.85
PpseWRKY6	PAV01G084280.1	237	27 183.89	8.87	48.92	−0.81
PpseWRKY7	PAV01G084290.1	286	31 731.63	8.68	50.06	−0.59
PpseWRKY8	PAV01G085820.1	163	18 817.51	5.35	39.13	−1.17
PpseWRKY9	PAV01G086490.1	163	18 886.62	5.52	39.13	−1.20
PpseWRKY10	PAV01G089060.1	411	44 979.29	9.68	55.73	−0.55
PpseWRKY11	PAV01G091820.1	280	30 970.94	9.46	52.70	−0.70
PpseWRKY12	PAV01G104700.1	556	61 390.45	5.13	50.87	−0.92
PpseWRKY13	PAV02G044680.1	244	27 715.36	7.29	48.31	−0.99
PpseWRKY14	PAV02G052100.1	357	39 277.33	6.83	52.18	−0.79
PpseWRKY15	PAV02G052140.1	128	14 813.93	9.92	30.26	−0.93
PpseWRKY16	PAV02G054020.1	357	39 579.83	4.97	47.08	−0.63
PpseWRKY17	PAV02G062020.1	210	23 980.04	9.22	42.90	−0.83
PpseWRKY18	PAV02G065440.1	372	40 890.62	6.16	46.29	−0.70
PpseWRKY19	PAV02G065450.1	325	36 455.52	5.63	47.08	−0.82
PpseWRKY20	PAV02G069450.1	452	50 138.06	5.24	56.67	−0.67
PpseWRKY21	PAV02G070010.1	350	38 391.60	5.31	56.69	−0.64
PpseWRKY22	PAV03G004980.1	363	39 182.69	8.66	49.76	−0.56
PpseWRKY23	PAV03G006070.1	525	57 622.53	8.14	64.28	−0.95
PpseWRKY24	PAV03G008440.1	644	70 083.44	6.09	49.78	−0.76
PpseWRKY25	PAV03G013780.1	211	22 903.06	5.49	41.76	−0.96
PpseWRKY26	PAV03G018360.1	310	34 746.39	7.74	51.82	−0.99
PpseWRKY27	PAV03G044690.1	320	35279.38	8.77	45.33	−0.75
PpseWRKY28	PAV03G059100.1	319	35 400.51	6.75	62.67	−0.73
PpseWRKY29	PAV03G059840.1	617	66 932.83	6.42	53.71	−0.56
PpseWRKY30	PAV04G001430.1	622	67 657.60	7.06	48.04	−0.79
PpseWRKY31	PAV04G007400.1	283	30 840.54	5.56	57.98	−0.87
PpseWRKY32	PAV04G008380.1	334	37 047.79	6.55	55.34	−0.95
PpseWRKY33	PAV04G013190.1	546	59 760.41	7.00	60.09	−0.74
PpseWRKY34	PAV04G040840.1	587	64 025.44	6.07	51.72	−0.81
PpseWRKY35	PAV04G041410.1	586	64 429.90	6.32	51.08	−0.84
PpseWRKY36	PAV05G006290.1	613	66 449.05	7.20	51.52	−0.86
PpseWRKY37	PAV05G014100.1	356	39 929.31	5.23	59.13	−0.68
PpseWRKY38	PAV05G020910.1	117	13 416.42	9.62	47.88	−0.69
PpseWRKY39	PAV06G000570.1	738	80 852.54	6.05	53.47	−0.72
PpseWRKY40	PAV06G002280.1	353	39 839.57	9.68	50.76	−0.79
PpseWRKY41	PAV06G007840.1	333	37 823.70	5.45	49.22	−0.74
PpseWRKY42	PAV06G008750.1	579	64 503.48	8.55	59.58	−0.79
PpseWRKY43	PAV06G012780.1	297	33 189.66	5.10	58.50	−0.83
PpseWRKY44	PAV06G013120.1	297	33 229.77	5.25	58.36	−0.79
PpseWRKY45	PAV06G014970.1	475	51 760.15	8.84	49.34	−0.94
PpseWRKY46	PAV06G016980.1	326	35 515.18	9.60	40.72	−0.54
PpseWRKY47	PAV06G029510.1	196	22 061.26	6.95	55.71	−0.98
PpseWRKY48	PAV06G029700.1	239	27 260.57	9.03	51.63	−0.83
PpseWRKY49	PAV06G070480.1	589	64 636.34	6.98	51.70	−0.95
PpseWRKY50	PAV06G071920.1	568	61 691.55	5.93	50.85	−0.90
PpseWRKY51	PAV07G059240.2	533	58 891.39	5.55	57.98	−0.84
PpseWRKY52	PAV08G004930.1	355	39 997.28	9.58	59.62	−0.84
PpseWRKY53	PAV00G002050.1	326	36 463.93	7.62	52.09	−0.73
PpseWRKY54	PAV00G002060.1	287	31 788.68	8.68	49.33	−0.59
PpseWRKY55	PAV00G006630.1	486	52 841.26	6.11	41.59	−0.89
PpseWRKY56	PAV00G055320.1	312	34 518.37	4.94	41.82	−0.54
PpseWRKY57	PAV00G059290.1	644	70 087.38	6.06	49.46	−0.76
PpseWRKY58	PAV00G088550.1	286	31 126.17	9.92	49.51	−0.59

基因定位至 8 条染色体上，另有 6 个基因定位于 Scaffold 区域。这 52 个染色体定位基因的分布存在明显不均：1、2、3、4、6 号染色体上基因分布密度较高，而 5、7、8 号染色体上基因分布相对较少。*PpseWRKY* 家族成员的氨基酸残基数介于 117～644 aa 之间，分子质量范围为 22 061.26～80 852.54 Da，等电点（pI）分布在 4.94～9.92 之间（表 2）。从蛋白性质来看，该家族包含 32 个酸性蛋白、25 个碱性蛋白和 1 个中性蛋白；不稳定系数为 30.26～64.28，其中仅 3 个 WRKY 蛋白为稳定蛋白，其余 55 个均为不稳定蛋白；所有 PpseWRKY 蛋白均属于亲水性蛋白。

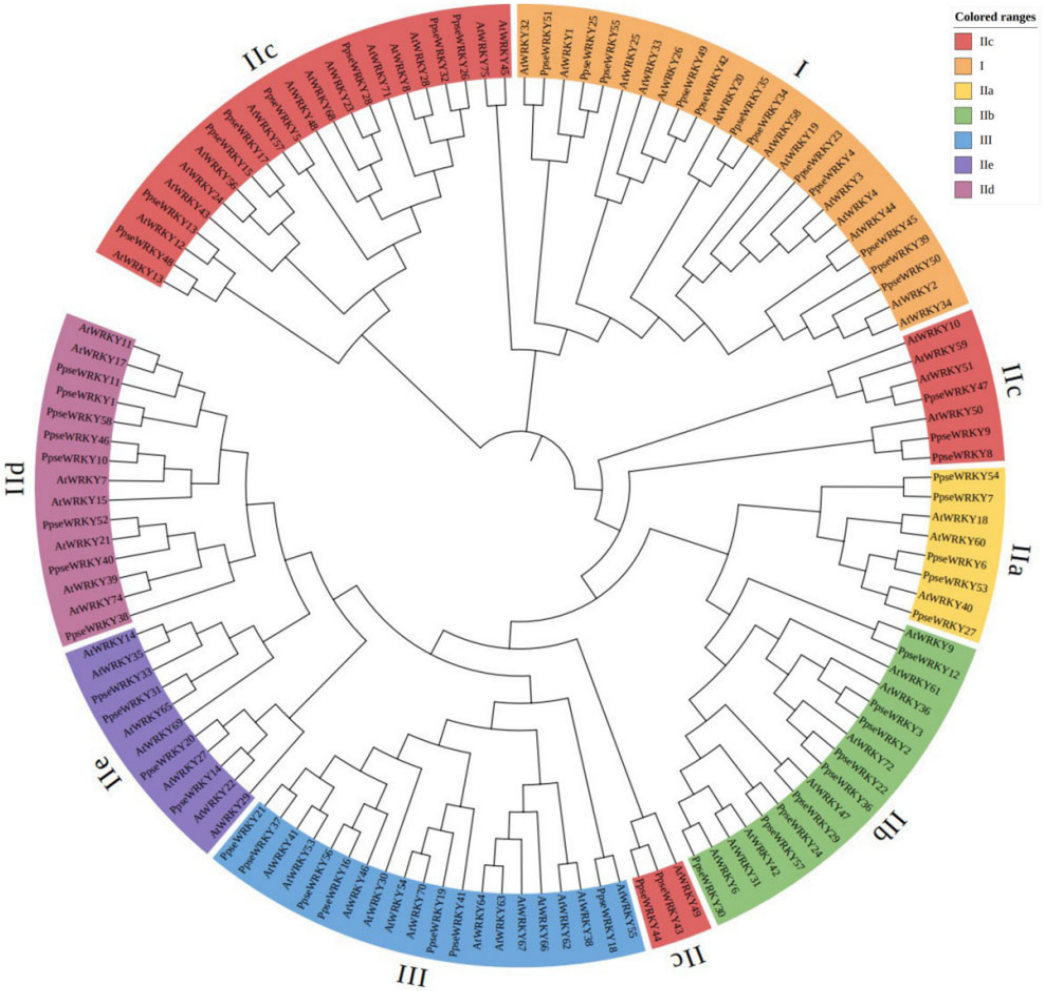


图 3　中国樱桃与拟南芥 *WRKY* 基因家族系统发育分析

Figure 3　Phylogenetic analysis of the *WRKY* gene family in Chinese cherry and *Arabidopsis thaliana*

2.2　中国樱桃 *WRKY* 基因家族系统发育分析

拟南芥作为模式植物，其 *WRKY* 基因家族的分类、亚族划分及功能研究已十分清晰[33]。通过跨物种进化分析，可对中国樱桃 58 个 *PpseWRKY* 基因进行准确的亚族划分。本研究借助 MEGA 软件，对中国樱桃与拟南芥 *WRKY* 家族成员的保守结构域序列进行多序列比对，并构建系统进化树。结果（图 3）表明，中国樱桃 *WRKY* 基因家族可划分为 3 个主要类群：Ⅰ族、Ⅱ族和Ⅲ族，成员数量分别为 12、39 和 7 个。其中，Ⅱ族可进一步细分为 5 个亚族，各亚族成员数依次为：Ⅱ-a（5 个）、Ⅱ-b（9 个）、Ⅱ-c（13 个）、Ⅱ-d（8 个）和Ⅱ-e（4 个）。系统发育分析显示，中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员在进化树的各主要分支中均有分布，且与拟南芥 *WRKY* 家族成员形成了清晰的同源聚类关系。

2.3　中国樱桃 *WRKY* 基因家族保守基序、保守结构域及基因结构分析

保守基序分析表明（图 4），中国樱桃 *WRKY* 基因家族同一分组内 Motif 类型及分布具有高度相似性。PpseWRKY 蛋白的保守基序数量为 3～9 个，其中 IIb 亚族保守基序数量最多（7～9 个）。在核心保守基序中，Motif 1 为 WRKYGQK 保守序列，Motif 2 为 C2H2 锌指结构基序，二者在大多数 WRKY 蛋白中均存在且保守性极高；Motif 3 虽也属于 WRKY

保守结构域，但仅存在于 I 族；IIa 和 IIb 亚族则均含有 Motif 5。在结构域的组成上，58 个 *PpseWRKY* 基因家族成员均含 WRKY 结构域（其中 5 个还含 WRKY superfamily 结构域），且存在亚族特异性结构域：Group IId 中除 *PpseWRKY38* 外，其余成员均含 Plant_zn_clust 结构域；Group IIb 的 *PpseWRKY57*、*PpseWRKY24* 含 bZIP superfamily 结构域，*PpseWRKY29* 含 zapB 结构域。基因编码区结构分析显示，同一族内基因外显子结构相似性较高，其中 Group I、Group IIa 和 Group IIb 外显子数量较多（4～6 个）；Group III、Group IIe 和 Group IId 中除 *PpseWRKY10*、*PpseWRKY11*、*PpseWRKY56* 外，其余成员均含 3 个外显子。

2.4 中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员启动子顺式作用元件分析

对 58 个已鉴定的 *PpseWRKY* 基因家族成员进行启动子顺式作用元件分析，结果显示其启动子中的顺式作用元件主要归为四大类（图 5）。其中，光响应元件包含 Box 4、ACE、AE-box、GA-motif、GATA-motif、I-box 和 G-box 等 10 种；胁迫响应元件涉及厌氧诱导元件 ARE、干旱诱导元件 MBS、低温响应元件 LTR 等；生长发育相关元件包括胚乳表达元件 GCN4-motif 和分生组织表达元件 TC-rich repeats；激素响应元件包含生长素响应元件（TGA-element、AuxRR-core）、脱落酸响应元件（ABRE）、茉莉酸响应元件（CGTCA-motif、TGACG-motif）、赤霉素响应元件（GARE-motif、P-box、TATC-box）与水杨酸响应元件（TCA-element）等。此外，*PpseWRKY* 基因家族成员的启动子上还存在大量 MYB、MYC 及 W-box 结合位点，暗示该基因家族可能受到其他转录因子的调控。



图 4 中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员的保守基序(A)、保守结构域(B)及基因结构(C)分析

Figure 4 Analysis of conserved motifs (A), conserved domains (B), and gene structure (C) of *WRKY* gene family members in Chinese cherry

2.5 中国樱桃 *WRKY* 基因家族种内及种间共线性分析

基因家族共线性分析对揭示基因家族的演化历史、基因组结构变异以及推断基因功能具有重要意义。中国樱桃 58 个 *PpseWRKY* 基因的种内共线性分析结果显示，该 *WRKY* 基因家族内部存在 15 对

片段重复事件（图 6），其中 Chr7 上未检测到共线性关系，Chr5 和 Chr8 分别仅有 1 个共线性基因对，表明中国樱桃 *WRKY* 基因家族的进化主要由片段重复事件驱动。物种间共线性分析表明，中国樱桃 *WRKY* 基因家族分别与拟南芥和甜樱桃 *WRKY* 基因家族存在共线性关系，共线性基因对数目依次为 68 对和 92 对（图 7），表明中国樱桃与甜樱桃之间的共线性关系更为紧密，反映出 *WRKY* 基因家族在蔷薇科李属植物进化过程中具有较高的保守性。

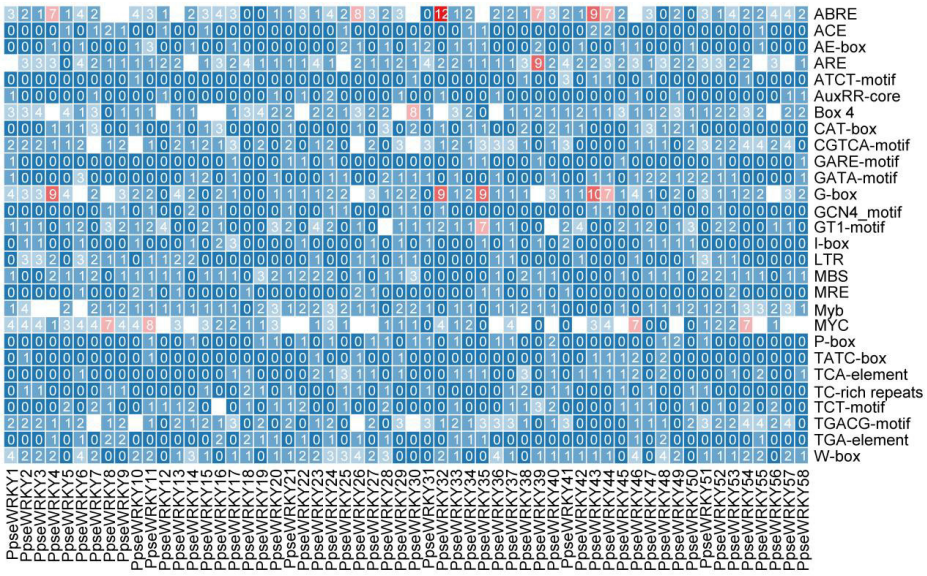


图 5　中国樱桃 *WRKY* 基因家族启动子顺式作用元件分析

Figure 5　Analysis of cis-acting elements in the promoter region of the *WRKY* gene family in Chinese cherry

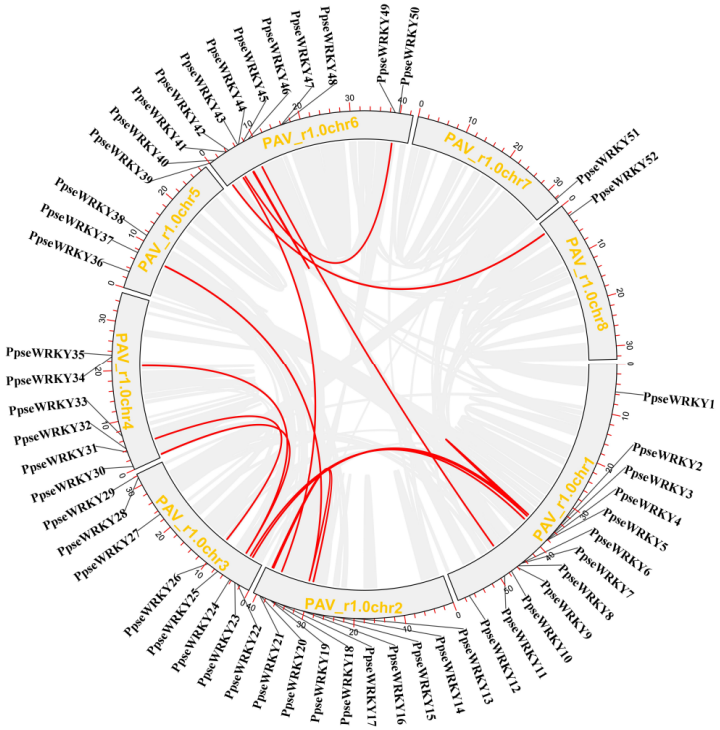


图 6　中国樱桃 *WRKY* 基因家族种内共线性分析

Figure 6　Intraspecific collinearity analysis of the *WRKY* gene family in Chinese cherry

2.6　中国樱桃 *WRKY* 基因家族成员在不同品种果实 3 个发育时期的表达模式

为明确不同试验样本的整体表达差异、生物学重复稳定性及样本聚类关系，基于所有样本的转录组表达量数据开展相关性热图分析与主成分分析（PCA）。相关性分析结果显示（图 8 A），同一品种同一时期的生物学重复间相关系数（R^2）普遍高于 0.9，组内重复性良好。PCA 结果（图 8 B）进一

步表明，不同果实发育时期（S2、S5、S7）沿主成分 PC1（39.57%）显著分离，不同樱桃品种（HF、HZZ、NJY1）主要在 PC2（17.75%）上形成明显聚类区分；同一时期的生物学重复样本均紧密聚集，无明显离群样本，表明转录组数据可靠。因此，基于 3 个中国樱桃品种果实不同发育时期的 FPKM 值，构建了 58 个 *PpseWRKY* 基因的表达图谱（图 9）。分析发现，中国樱桃 *WRKY* 基因家族在不同品种间和同一品种果实不同发育阶段的表达模式差异显著。从发育阶段来看，部分 *PpseWRKY* 基因在果实发育全程不表达或表达量很低；多数基因（如 *PpseWRKY27*、*PpseWRKY53*、*PpseWRKY37* 等）在 3 个品种的绿果期（S2）表达量最高，然后随果实发育显著降低；少数 *PpseWRKY* 基因在果实发育 3 个时期持续表达，如 *PpseWRKY30* 在 3 个品种果实发育的 3 个时期均保持较高表达；而 *PpseWRKY5* 的表达量则随 3 个品种果实发育进程逐渐升高，绿果期（S2）表达量较低，成熟期（S7）表达量最高。从品种差异来看，红妃与黄色品种 NJY1 的 *PpseWRKY* 基因表达模式更为相似，例如 *PpseWRKY53*、*PpseWRKY6* 等基因在红妃和 NJY1 绿果期（S2）的表达量显著高于黑珍珠同期，*PpseWRKY7*、*PpseWRKY54* 等基因在红妃绿果期（S2）的表达量显著高于黑珍珠和 NJY1 同期，而 *PpseWRKY23* 在黑珍珠转色期（S5）和成熟期（S7）的表达量则显著高于红妃和黄色品种同期。这些结果表明，*PpseWRKY* 基因家族成员在不同品种间和同一品种不同发育时期的表达模式存在显著差异。

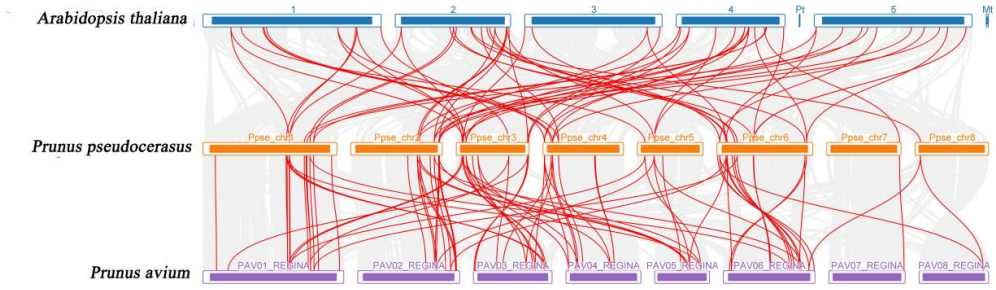
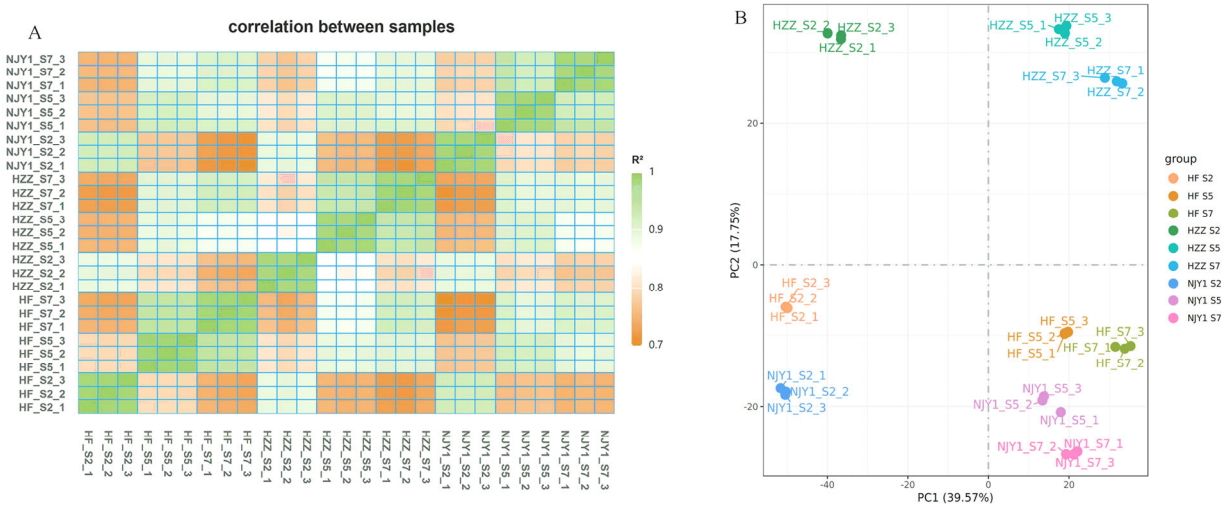


图 7 中国樱桃与拟南芥、甜樱桃 *WRKY* 基因家族种间共线性分析

Figure 7 Interspecific collinearity analysis of the *WRKY* gene family among Chinese cherry, *Arabidopsis thaliana*, and sweet cherry



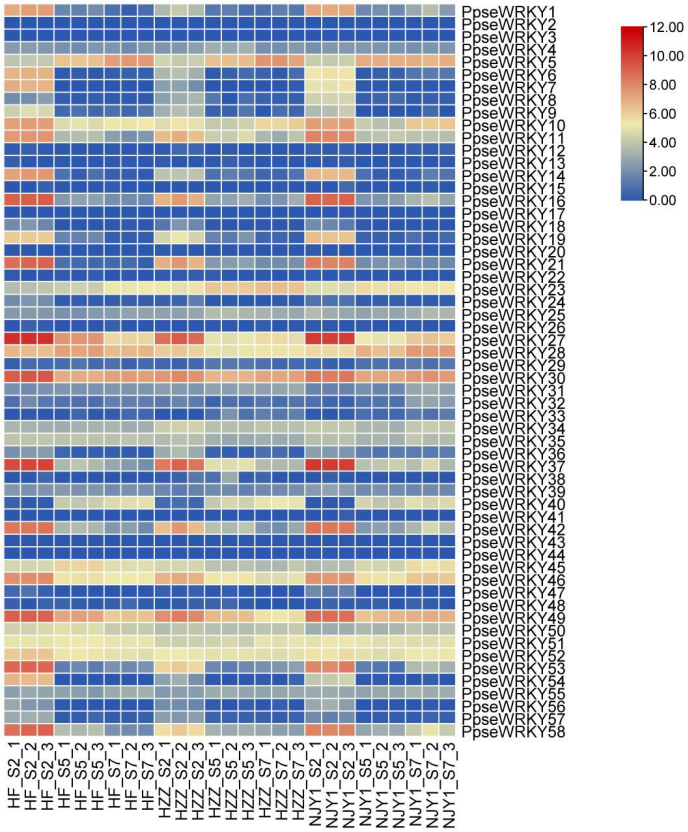
A.转录组样本相关性分析；B.主成分分析。

图 8 转录组样本相关性分析与 PCA 分析

Figure 8 Correlation analysis and principal component analysis (PCA) of transcriptomic samples

为验证中国樱桃 *WRKY* 基因家族在红妃、黑珍珠和黄色品种 NJY1 果实发育过程中的表达情况，基于转录组差异表达分析结果，筛选了 4 个在绿果期高表达且随果实成熟显著下调的代表性基因（*PpseWRKY27*、*PpseWRKY37*、*PpseWRKY49* 和 *PpseWRKY53*），以及 2 个随果实发育逐渐上调的基因（*PpseWRKY5* 和 *PpseWRKY23*），并利用 RT-qPCR 技术分析其表达模式。结果（图 10）显示，*PpseWRKY27*、*PpseWRKY37*、*PpseWRKY49* 和 *PpseWRKY53* 在红妃和黑珍珠绿果期（S2）表达量最高，随后随果实发育显著下降；而在黄色品种 NJY1 中，这 4 个基因在绿果期（S2）表达量最高，

转色期显著下调，成熟期又有所回升。*PpseWRKY5* 和 *PpseWRKY23* 在 3 个品种中均表现为随果实发育逐渐升高的表达模式。RT-qPCR 相对定量结果与转录组 FPKM 表达模式高度一致，进一步验证了本研究转录组数据的可靠性。



HF，红妃；HZZ，黑珍珠；NJY1，黄色品种；S2，绿果期；S5，转色期；S7，成熟期。

图 9　中国樱桃 *WRKY* 基因家族在不同果实发育时期的表达分析

Figure 9　Expression analysis of the *WRKY* gene family in Chinese cherry at different fruit development stages

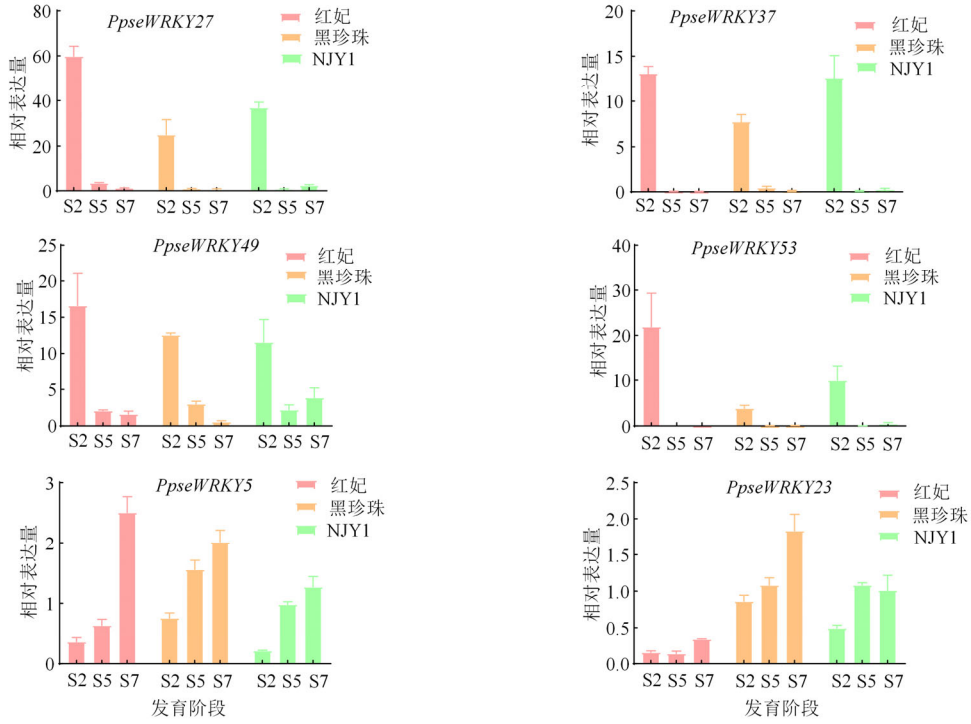


图 10　RT-qPCR 验证中国樱桃 *WRKY* 基因家族在果实不同发育阶段的表达模式

Figure 10　RT-qPCR validation of the expression patterns of *WRKY* genes in Chinese cherry during different stages of fruit development

3 讨论

随着组学技术的快速发展，越来越多的物种已完成 WRKY 转录因子家族的系统鉴定，极大地拓展了我们对这一基因家族的认识。然而，长期以来，由于缺乏高质量的参考基因组，中国樱桃 *WRKY* 基因家族的系统性鉴定研究较为匮乏。Jiu 等[29]于 2024 年发表的‘诸暨短柄’中国樱桃高质量基因组，为本研究的开展提供了关键的数据基础。本研究首次从中国樱桃全基因组中系统鉴定到 58 个 *PpseWRKY* 基因家族成员，该数量与甜樱桃（58 个）[27]、桃（58 个）[34]、梅（58 个）[35]和杏（56 个）[36]的 *WRKY* 基因家族成员数量相近，而低于蔷薇科其他果树如苹果（119 个）[37]、梨（103 个）[38]和草莓（222 个）[39]的 *WRKY* 基因家族成员数量。这一结果清晰地表明，*WRKY* 基因家族在蔷薇科不同类群间经历了差异化的扩张与收缩。

基于系统进化分析，本研究将 58 个 PpseWRKY 成员划分为 I、II、III 三大类，其中 II 类进一步细分为 5 个亚族（II-a 至II-e）。该分类方案与甜樱桃 *WRKY* 基因家族的研究结果一致[40]。基因结构与保守基序分析为理解该家族的进化提供了重要线索。结果显示，同一亚族内的 *PpseWRKY* 基因具有相似的外显子-内含子结构，且均包含典型的 WRKY 保守结构域；然而，不同亚族间保守基序（Motif）的组成与数量存在明显差异，这可能与功能分化密切相关。基因复制是驱动基因家族扩张与进化的重要力量。共线性分析显示，中国樱桃 *WRKY* 基因家族内部存在 15 对片段重复事件，表明片段复制在其家族扩张中发挥了关键作用。此外，比较基因组分析发现，中国樱桃与拟南芥之间存在 68 对共线性基因对，而与甜樱桃之间则存在 92 对，证实了中国樱桃与甜樱桃的亲缘关系较其与拟南芥更为密切[41]。

大量研究表明，*WRKY* 基因的启动子区通常富含光响应、激素响应及胁迫响应等顺式作用元件，预示其表达受复杂的环境与发育信号网络调控。例如，在苹果中，UV-B 可诱导 MdWRKY71-L 表达以调控花青苷合成[42]；在甜樱桃中，PavWRKY30 介导光诱导的花青苷生物合成从而调控果实着色[43]；此外，PavWRKY 转录因子也被证实参与 ABA、JA 等激素信号通路以调控生长发育[27]。本研究对 58 个 *PpseWRKY* 基因的启动子分析发现，其启动子区均含有丰富的上述响应元件，表明中国樱桃 *WRKY* 基因家族的表达与功能可能同样受光照、激素及生物/非生物胁迫信号的调控。本研究发现，大部分 *PpseWRKY* 基因在绿果期（S2）表达量最高，随后在转色期和成熟期显著下调。这种表达模式与已有报道中甜樱桃 *WRKY* 基因的表达特征存在差异[27]，该差异可能源于物种或品种的特异性。这表明中国樱桃中的多数 *PpseWRKY* 基因可能在果实早期发育（如果实细胞分裂与膨大）过程中发挥主要作用，参与调控果实前期生长的核心生物学进程。在甜樱桃中，PavWRKY57 已被证实随果实发育持续上调，通过调控花青素合成通路关键基因促进花青素积累，是果实成熟的核心正向调控因子[44]。本研究发现，中国樱桃 *PpseWRKY5* 的表达模式与 *PavWRKY57* 高度一致，其表达量随果实发育逐步上升并在成熟期达到峰值；序列同源性分析显示二者同源性高达 99%，高度保守的序列特征预示它们可能行使相似的生物学功能。此外，*PpseWRKY23* 同样表现为随果实发育表达量递增、成熟期维持高转录水平，提示其也可能参与果实成熟调控。在梨中，PyWRKY40 通过抑制 *DFR* 基因表达负调控花青素积累[45]；本研究中 *PpseWRKY27* 与 *PyWRKY40* 同源性达 98.44%，且表达量随果实发育显著下调，提示其可能同样负调控果实花青素积累。综上所述，本研究揭示了大部分 *PpseWRKY* 基因主要参与果实早期发育调控，而 *PpseWRKY5*、*PpseWRKY23* 等个别家族成员则在果实成熟调控中扮演关键角色。基于这些发现，未来研究将重点针对 *PpseWRKY5* 等核心候选基因，开展分子互作验证与遗传转化功能鉴定等试验，从分子与遗传层面解析其在中国樱桃果实发育与成熟进程中的具体调控机制。

4 结论

本研究基于中国樱桃全基因组数据，系统鉴定出 58 个 *PpseWRKY* 基因家族成员，明确了其染色体定位和理化性质特征。进化分析将其分为I、II（含 5 个亚族）、III族，与拟南芥分类高度一致，且同一亚族成员在保守基序、结构域及基因结构上具有高度保守性。启动子顺式作用元件分析显示，该家族基因含有光响应、胁迫响应、激素响应等多种元件，暗示其参与复杂的调控网络。表达模式分析揭示，该家族基因在不同中国樱桃品种及果实发育时期存在显著差异：多数 *WRKY* 基因在果实发育前期发挥作用，而 *PpseWRKY5* 等可能是果实成熟的正调控因子。本研究系统阐明了中国樱桃 *WRKY* 基因家族的生物学特性与潜在功能，为后续功能验证及果实发育研究提供了理论依据。

参考文献:

[1] 韩金龙, 王超, 景金泉, 等. 江苏南京果树产业发展现状与对策建议[J]. 中国果树, 2025(3): 147-151.

[2] Yu D Q, Chen C H, Chen Z X. Evidence for an important role of WRKY DNA binding proteins in the regulation of NPR1 gene expression[J]. Plant Cell, 2001, 13(7): 1527.

[3] Ishiguro S, Nakamura K. Characterization of a cDNA encoding a novel DNA-binding protein, SPF1 that recognizes SP8 sequences in the 5' upstream regions of genes coding for sporamin and beta-amylase from sweet potato[J]. Mol Gen Genet, 1994, 244(6): 563-571.

[4] 张雅玲, 邓朝军, 苏文炳, 等. 枇杷 WRKY 基因家族鉴定及其表达分析[J]. 福建农业学报, 2025, 40(5): 487-499.

[5] Xie T, Chen C J, Li C H, et al. Genome-wide investigation of WRKY gene family in pineapple: evolution and expression profiles during development and stress[J]. BMC Genom, 2018, 19(1): 490.

[6] 苏玲, 王鹏飞, 杨阳, 等. 葡萄全基因组 WRKY 转录因子鉴定和分析[J]. 黑龙江农业科学, 2019(1): 13-22.

[7] 任媛, 赵玉洁, 张心慧, 等. 石榴 WRKY 基因家族全基因组鉴定与表达分析[J]. 西北植物学报, 2020, 40(2): 218-231.

[8] 包昌艳, 邓浪, 周军, 等. 猕猴桃 WRKY 转录因子家族全基因组鉴定与分析[J]. 分子植物育种, 2018, 16(14): 4473-4488.

[9] 谷彦冰, 冀志蕊, 迟福梅, 等. 桃 WRKY 基因家族全基因组鉴定和表达分析[J]. 遗传, 2016, 38(3): 254-270.

[10] Sun C, Yao G F, Li L X, et al. E3 ligase BRG3 persulfidation delays tomato ripening by reducing ubiquitination of the repressor WRKY71[J]. Plant Physiol, 2023, 192(1): 616-632.

[11] Liu Y D, Xiao W, Liao L, et al. A PpEIL2/3– PpNAC1–PpWRKY14 module regulates fruit ripening by modulating ethylene production in peach[J]. JIPB, 2024, 66(11): 2470-2489.

[12] Lei Y Y, Sun Y P, Wang B T, et al. Woodland strawberry WRKY71 acts as a promoter of flowering via a transcriptional regulatory cascade[J]. Hortic Res, 2020, 7: 137.

[13] Su M Y, Yang Y, Lin C C, et al. WRKY transcription factor MdWRKY71 regulates flowering time in apple[J]. Plant Mol Biol, 2025, 115(2): 32.

[14] Lee M B, Han H, Lee S. The role of WRKY transcription factors, FaWRKY29 and FaWRKY64, for regulating Botrytis fruit rot resistance in strawberry (*Fragaria* × *ananassa* Duch.)[J]. BMC Plant Biol, 2023, 23(1): 420.

[15] Ling X, Chen Y, Wei Y Y, et al. A WRKY IIc transcription factor, FaWRKY47 enhances postharvest resistance to *Botrytis cinerea* in strawberry via activation of jasmonate biosynthesis and antioxidant defenses[J]. Postharvest Biol Technol, 2026, 232: 113967.

[16] Zhang W, Fu Y, Li M, et al. SlWRKY75 functions as a differential regulator to enhance drought tolerance in tomato (*Solanum lycopersicum* L.)[J]. Plant Physiol Biochem, 2025, 227: 110189.

[17] Duan D Y, Yi R, Ma Y L, et al. Apple WRKY transcription factor MdWRKY56 positively modulates drought stress tolerance[J]. Environ Exp Bot, 2023, 212: 105400.

[18] Yang Y, Liu J, Zhou X H, et al. Eggplant WRKY26 functions as a positive regulator of cold tolerance by inducing autophagy[J]. Plant Physiol Biochem, 2025, 227: 110188.

[19] Liu Y, Yang T Y, Lin Z K, et al. A WRKY transcription factor PbrWRKY53 from *Pyrus betulaefolia* is involved in drought tolerance and AsA accumulation[J]. Plant Biotechnol J, 2019, 17(9): 1770-1787.

[20] Huang T, Yu D, Wang X Q. VvWRKY22 transcription factor interacts with VvSnRK1.1/VvSnRK1.2 and regulates sugar accumulation in grape[J]. Biochem Biophys Res Commun, 2021, 554: 193-198.

[21] Luan Y T, Yu H, An H L, et al. Phosphorylation of the transcription factor PoWRKY31 by PoKIN10 activates lignin biosynthesis to improve tree peony drought tolerance[J]. New Phytol, 2025, 248(4): 1784-1801.

[22] Bai Y X, Shi K, Shan D Q, et al. The WRKY17-WRKY50 complex modulates anthocyanin biosynthesis to improve drought tolerance in apple[J]. Plant Sci, 2024, 340: 111965.

[23] Hu J F, Fang H C, Wang J, et al. Ultraviolet B-induced MdWRKY72 expression promotes anthocyanin synthesis in apple[J]. Plant Sci, 2020, 292: 110377.

[24] Wang N, Liu W J, Mei Z X, et al. A functional InDel in the WRKY10 promoter controls the degree of flesh red pigmentation in apple[J]. Adv Sci, 2024, 11(30): 2400998.

[25] Wang Y, Tu H X, Zhang J, et al. Identifying potential anthocyanin biosynthesis regulator in Chinese cherry by comprehensive genome-wide characterization of the R2R3-MYB transcription factor gene family[J]. BMC Genom, 2024, 25(1): 784.

[26] Zhu Y Y, Liu X L, Gao Y D, et al. Transcriptome-based identification of AP2/ERF family genes and their cold-regulated expression during the dormancy phase transition of Chinese cherry flower buds[J]. Sci Hortic, 2021, 275: 109666.

[27] 陈超群. 甜樱桃果实发育过程内在品质形成关键代谢物质与调控途径的解析[D]. 雅安: 四川农业大学, 2023.

[28] 王平. 李属 VQ 和 WRKY 基因家族鉴定、蛋白互作预测及表达分析[D]. 南京: 南京农业大学, 2022.

[29] Jiu S T, Lv Z X, Liu M Y, et al. Haplotype-resolved genome assembly for tetraploid Chinese cherry (*Prunus pseudocerasus*) offers insights into fruit firmness[J]. Hortic Res, 2024, 11(7): uhae142.

[30] 陈云义, 王超, 韩金龙, 等. 中国樱桃全基因组 NAC 基因家族的鉴定与其在果实发育过程中的表达分析[J/OL]. 果树学报, 2026-01-30. https://doi.org/ 10.13925/j.cnki.gsxb.20250662.

[31] Chen C J, Chen H, Zhang Y, et al. TBtools: an integrative

toolkit developed for interactive analyses of big biological data[J]. Mol Plant, 2020, 13(8): 1194-1202.

[32] Liang X, Wang Y, Shen W X, et al. Genomic and metabolomic insights into the selection and differentiation of bioactive compounds in Citrus[J]. Mol Plant, 2024, 17(11): 1753-1772.

[33] Eulgem T, Rushton P J, Robatzek S, et al. The WRKY superfamily of plant transcription factors[J]. Trends Plant Sci, 2000, 5(5): 199-206.

[34] Chen M, Tan Q P, Sun M Y, et al. Genome-wide identification of WRKY family genes in peach and analysis of WRKY expression during bud dormancy[J]. Mol Genet Genomics, 2016, 291(3): 1319-1332.

[35] Bao F, Ding A Q, Cheng T R, et al. Genome-wide analysis of members of the WRKY gene family and their cold stress response in *Prunus mume*[J]. Genes, 2019, 10(11): 911.

[36] Jing C J, Wang D, Liu Z K, et al. Identification of the WRKY gene family in apricot and its response to drought stress[J]. Hortic Environ Biotechnol, 2023, 64(2): 269-282.

[37] Lui S, Luo C G, Zhu L M, et al. Identification and expression analysis of WRKY transcription factor genes in response to fungal pathogen and hormone treatments in apple (*Malus domestica*)[J]. J Plant Biol, 2017, 60(2): 215-230.

[38] Huang X S, Li K Q, Xu X Y, et al. Genome-wide analysis of WRKY transcription factors in white pear (*Pyrus bretschneideri*) reveals evolution and patterns under drought stress[J]. BMC Genomics, 2015, 16: 1104.

[39] Zou X H, Dong C, Liu H T, et al. Genome-wide characterization and expression analysis of WRKY family genes during development and resistance to Colletotrichum fructicola in cultivated strawberry (*Fragaria* × *Ananassa* Duch.)[J]. J Integr Agric, 2022, 21(6): 1658-1672.

[40] Chen C Q, Chen H X, Yang W L, et al. Transcriptomic and metabolomic analysis of quality changes during sweet cherry fruit development and mining of related genes[J]. Int J Mol Sci, 2022, 23(13): 7402.

[41] 王浩, 黄智林, 陈涛, 等. 基于 ITS 序列的中国樱桃、欧洲甜樱桃和毛樱桃种内遗传多样性及种间关系分析[J]. 园艺学报, 2018, 45(1): 126-138.

[42] 苏梦雨. MdWRKY71-L 和 MdJa2 调控苹果花青苷合成的分子机制[D]. 泰安: 山东农业大学, 2022.

[43] Du B Y, Ma X C, Xu H F, et al. PavWRKY30 mediates light-induced anthocyanin biosynthesis to regulate fruit coloration and quality in sweet cherry (*Prunus avium* L.)[J]. Plant Physiol Biochem, 2026, 233: 111233.

[44] Titeli V S, Michailidis M, Skodra C, et al. Transcription factors PaWRKY57 and PaNAC29 regulate fruit color and growth during sweet cherry development[J]. Plant Physiol, 2026, 200(2): kiaf647.

[45] Zhang X F, Zhang H, Yin M X, et al. PyWRKY40 negatively regulates anthocyanin synthesis in pear fruit[J]. Plant Sci, 2025, 351: 112323.

本刊青年编委刘英男特任教授在 *ACS Sensors* 刊发关于食品安全领域的研究成果

安徽农业大学食品与营养学院刘英男特任教授团队在国际期刊 *ACS Sensors*（IF=9.1）上发表了题为“One-Click Egg Safety Check: A Syringe-Integrated Portable Platform for On-Site Fluoroquinolone Residue Detection”的研究论文。

氟喹诺酮类药物作为畜禽养殖中广泛使用的广谱抗菌剂，其残留问题已成为食品安全监管的重点。针对这一挑战，研究团队构建了一种基于水凝胶的便携检测系统，将样品预处理与荧光检测集成于注射器式结构中，无需离心或大型仪器支持，即可实现高效净化和高选择性分析。

该系统包含双层过滤模块及固定于水凝胶中 Tb^{3+}/DTE-Cu NCs 比率型荧光探针，结合智能手机 RGB 分析功能，可灵敏、可视化地定量检测氟喹诺酮类药物残留，检测限低至 1.6 nmol·L^{-1}，全程操作在 3 min 内完成。该设计在复杂食品基质中展现出优异的适用性，为现场抗生素残留筛查提供了一种可扩展、低成本且无需复杂仪器的解决方案。此外，该平台具有良好的通用性，通过调整探针可拓展至其他污染物的检测，为下一代食品安全监测技术提供了新的发展方向。

安徽农业大学食品与营养学院刘英男特任教授为论文通讯作者，该研究得到国家自然科学基金项目（32202159）和安徽农业大学高层次人才引进项目（rc352109）的资助。

（内容来源于 Food Sensing Lab 公众号）