

[网站首页](#)[院情概况](#)[机构设置](#)[科学研究](#)[人才队伍](#)[合作交流](#)[成果转化](#)[党建文化](#)[管理服务](#)

您的位置：[首页](#) > [新闻中心](#) > [科技动态](#) > [详细内容](#)

科研进展|大麦SnRK家族基因鉴定及其对ABA的响应研究

来源：生物所 作者：陈志伟 发布时间：2021-04-28 13:20:31 浏览次数：296 次 【字体：小 大】

近日，由我院生物技术研究所陆瑞菊研究员、刘成洪研究员领衔的“麦类作物高效育种技术创制及其应用”科研创新团队在生物学国际主流期刊BMC Genomics上发表了题为“Genome-wide identification of sucrose nonfermenting-1-related protein kinase (SnRK) genes in barley and RNA-seq analyses of their expression in response to ABA treatment”的研究论文。

Chen et al. *BMC Genomics* (2021) 22:300
<https://doi.org/10.1186/s12864-021-07601-6>

BMC Genomics

RESEARCH ARTICLE

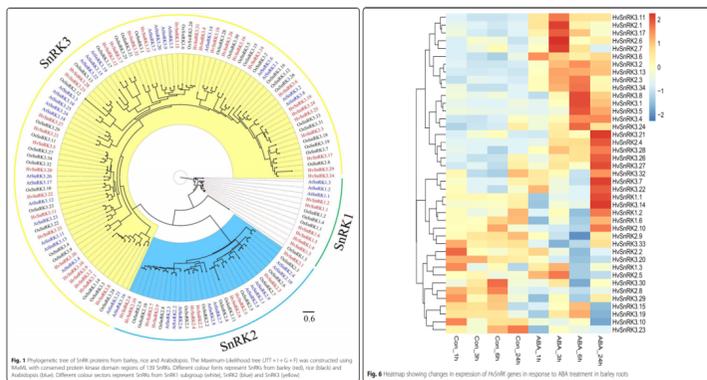
Open Access

Genome-wide identification of sucrose nonfermenting-1-related protein kinase (SnRK) genes in barley and RNA-seq analyses of their expression in response to abscisic acid treatment



Zhiwei Chen^{1,2†}, Longhua Zhou^{1,2†}, Panpan Jiang³, Ruiju Lu^{1,2}, Nigel G. Halford⁴ and Chenghong Liu^{1,2*}

蔗糖非发酵-1-相关蛋白激酶 (SnRK)，作为新陈代谢和生物或非生物胁迫信号途径的交叉感应器，有时候也涉及脱落酸 (ABA) 信号途径，在植物新陈代谢调控和生物或非生物胁迫反应中起着重要作用。因此，为应对气候变化的影响，研究作物SnRK将有助于培育抵抗各种生物或非生物胁迫的作物新品种。该基因家族在植物的进化中形成了三个亚家族，分别是SnRK1，SnRK2和SnRK3，后两个为植物中所特有。本研究中，团队人员首次在全基因组水平鉴定了大麦SnRK基因家族，利用生物信息学软件对其特性进行了分析和阐述，并利用转录组测序技术研究了其对于ABA处理的响应。该工作的完成，为进一步开展大麦青稞耐盐、耐低氮、抗白粉病等生物或非生物胁迫的分子机理研究提供了候选基因。



本文第一作者为陈志伟副研究员和周龙华博士，刘成洪研究员为本文通讯作者，英国洛桑研究院Nigel G. Halford教授（我院外籍客座研究员）作为最早开始系统研究植物SnRK的科学家之一也参与了相关工作。早在2012年，陈志伟作为访问学者在Nigel教授指导下完成了大麦SnRK基因在籽粒灌浆中作用的研究，并发表在国际期刊《Journal of Cereal Science》上，为本研究工作奠定了良好基础。本研究得到了上海市科技兴农重点攻关项目、上海市农科院卓越团队和科技支撑项目等资助。

【打印正文】

分享到:

奉浦院区地址

上海市奉贤区金齐路1000号

邮编：201403

电话：021-62208660

华漕院区地址

上海市闵行区北翟路2901号

邮编：201106

电话：021-62208660

