



在线办公系统 [LOGIN](#)

- [作者投稿](#)
- [作者查稿](#)
- [专家审稿](#)
- [稿件终审](#)
- [编辑办公](#)

学报相关信息

- [【投、审稿特别注意事项】](#)
- [论文被引情况查询方法](#)
- [引用本刊文章的简便方法](#)
- [论文中插图的有关要求](#)
- [电子版PDF校对稿修改方法](#)
- [论文写作要求](#)
- [参考文献著录](#)
- [最新《核心期刊》](#)

友情连接

- [北京勤云科技发展有限公司](#)
- [期刊界](#)
- [CSCD数据库来源期刊表](#)
- [中国期刊全文数据库](#)
- [国外数据库收录中国期刊动态](#)
- [个人空间](#)

许 玲,孙晓波,张 旭,余桂红,李建宏,马鸿翔.荆州黑麦 *NPRI*同源基因 *ScNPRI*的克隆与特性分析[J].麦类作物学报,2011,31(2):21~28

荆州黑麦 *NPRI*同源基因 *ScNPRI*的克隆与特性分析

Cloning and Characterization of *NPRI* Homolog Gene *ScNPRI* in *Secale Cereale* Cv *Jingzhouheimai*

DOI:

中文关键词: [荆州黑麦](#) [ScNPRI](#) 克隆 抗病性

英文关键词: [Secale Cereale](#) cv *Jingzhouheimai* [ScNPRI](#) Clone Disease resistance

基金项目:农业生物转基因品种培育专项(2008ZX08002-001、2009ZX08002-011B); 农业部行业专项(201103013); 江苏省农业自主创新项目(cx10128;cx09635)。

作者

单位

许 玲,孙晓波,张 旭,余桂红,李建宏,马鸿翔 (1.南京师范大学生命科学学院, 江苏南京 210097; 2.江苏省农业科学院生物技术研究所, 江苏南京 210014)

摘要点击次数: 98

全文下载次数: 55

中文摘要:

为了明确荆州黑麦*ScNPRI*基因的功能,对荆州黑麦*NPRI*同源基因*ScNPRI*进行克隆并分析了其表达特性。利用同源序列法和RACE技术从荆州黑麦中克隆得到*NPRI*同源基因的3 185 bp全长cDNA序列,该基因包含了一个编码507个氨基酸(1 524 bp)的开放阅读框、终止密码子TGA、5'端1 517 bp的非编码区和3'端144 bp的非编码区,命名为*ScNPRI*。利用生物信息学软件对其结构进行分析, *ScNPRI*编码的氨基酸序列与已知的小麦、水稻*NPRI*基因编码的氨基酸序列具较高的同源性,分别达到92.4%和90.3%。荧光定量PCR发现, *ScNPRI*基因在小麦不同器官中均有表达,在叶、茎、根中表达较高; *ScNPRI*基因在植物抗病相关信号分子水杨酸、茉莉酸和乙烯处理后上调表达,在白粉病菌、纹枯病菌和赤霉病菌的诱导下, *ScNPRI*基因也上调表达。研究结果表明, *ScNPRI*基因与水杨酸和乙烯信号转导途径有关,参与寄主对病原菌侵染的防御反应。

英文摘要:

NPRI is a key regulator in plant systemic acquired resistance (SAR). *Scnpr1* gene was isolated by homologous cloning and RACE (rapid amplification of cDNA ends) method from *Secale Cereale* cv *JingzhouHeimai*. The full length cDNA of *Scnpr1* gene was 3185 bp, which contained an open reading frame with the length of 1524 bp DNA encoding a 507 amino acids, untranslated region of 1517bp at 5' end and 144bp at 3' end .The predicted protein *Scnpr1* shares high homology with a reported *NPRI* from barley (72%) and a rice *NPRI* (65%) by using bioinformatics analysis for the structure of *ScNPRI*. Its expression pattern was clarified by LightCycler Real Time PCR. The expression of *Scnpr1* was regulated by signal molecules MJ, ET, SA, and upregulated when treated with the pathogens of *Erysiphe* *cichoracearum*, *Rhizoctonia* *cerealis* and *Fusarium* *graminearum*. The results indicated that *Scnpr1* gene was the homologous gene of *NPRI* gene in *Secale Cereale*. The expression of *Scnpr1* gene was relevant to ET and SA signal transduction pathways, and it potentially involved in host defense responses to wheat pathogen.

[查看全文](#) [查看/发表评论](#) [下载PDF阅读器](#)

关闭

您是第476666位访问者

版权所有《麦类作物学报》编辑部

技术支持: 本系统由北京勤云科技发展有限公司设计