


[科学研究](#)
[获奖成果](#)
[发表论文](#)
[开放课题](#)
[最新成果](#)

长链非编码RNA在杨树生长和苯丙氨酸通路中的潜在作用

时间: 2021-12-01 来源: 重点实验室 作者: 重点实验室

林木遗传育种国家重点实验室林木基因组定向选择育种研究组在长链非编码RNA参与杨树生长和苯丙氨酸通路的研究取得新进展。

杨树作为我国重要的造林、生态和能源树种，长链非编码RNA (lncRNA) 可以在转录、转录后和表观遗传学水平上调节基因表达，因此挖掘lncRNA在生长和木材品质中的作用具有重要意义。

该研究以丹红杨和小叶杨为实验材料，通过材性测定、显微观察、lncRNA转录组测序、基因共表达网络分析，明确了丹红杨和小叶杨茎尖、发育中木质部显微结构差异 (图1) 和lncRNAs基因表达特点，筛选参与木质素、类黄酮生物合成途径的关键候选lncRNAs (图2)。在两个物种中共鉴定出6355个lncRNAs，差异表达lncRNAs与木质素和类黄酮途径的转录因子和结构基因共表达。此外，还发现了miR396、miR156等的潜在靶点lncRNAs。这一结果为更好地理解lncRNAs在苯丙氨酸途径和木材形成过程中的调节作用提供了基本证据。

研究结果以“Genome-Wide identification of long non-coding RNAs and their potential functions in poplar growth and phenylalanine biosynthesis (doi: 10.3389/fgene.2021.762678)”发表在Frontiers in Genetics上。博士生张磊为第一作者，胡建军研究员为通讯作者，研究工作得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金及国家转基因专项等课题的资助。

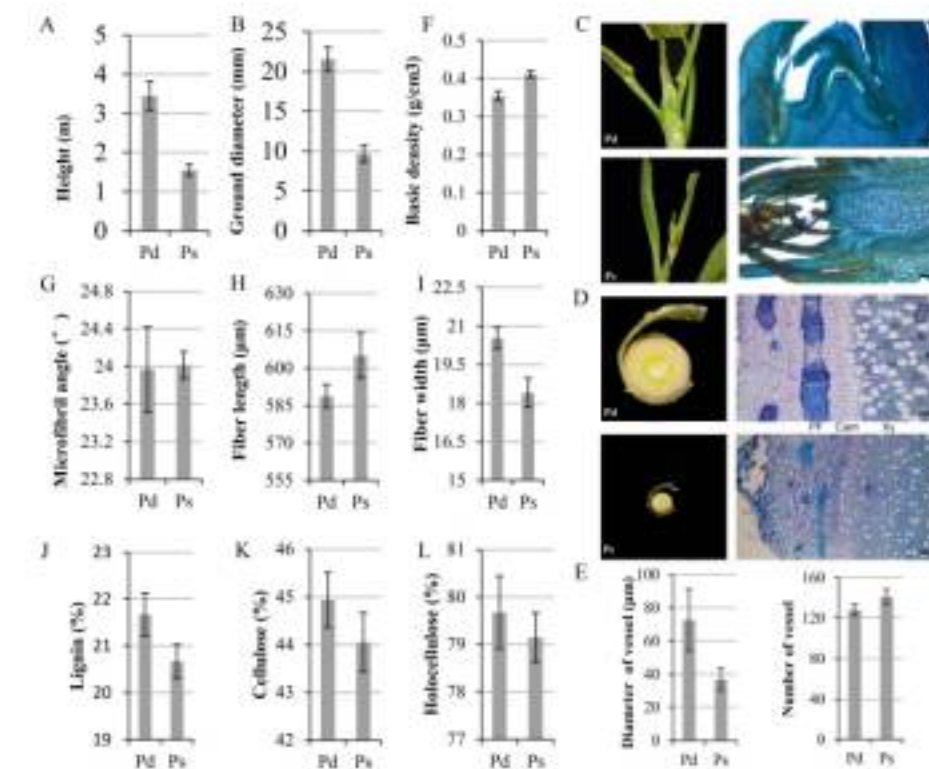


图1 丹红杨、小叶杨表型差异

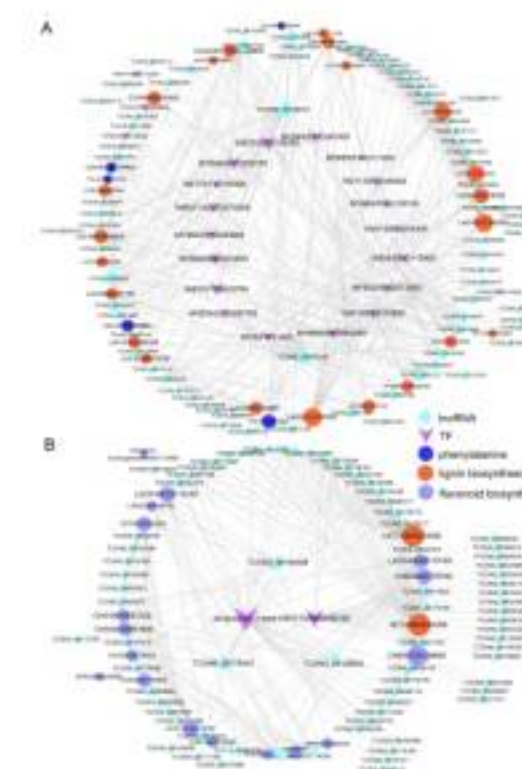


图2 苯丙氨酸通路差异lncRNAs共表达网络

上一条: [杨树叶片发育研究新进展](#)

下一条: [杨树干旱胁迫响应研究取得新进展](#)