

研究利用动态网络生物标记分析发现甘薯膨大的分子机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15645.html>

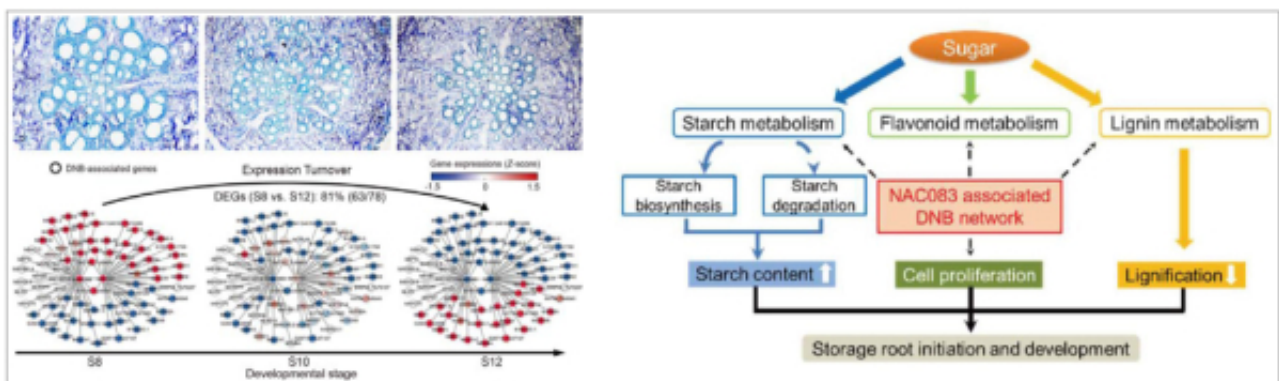
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

8月30日，中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员张鹏研究组与中科院分子细胞科学卓越创新中心研究员陈洛南研究组合作，在The Plant Journal上发表了题为Dynamic network biomarker analysis discovers IbNAC083 in initiation and regulation of sweet potato root tuberization的研究论文。研究通过动态网络生物标记（dynamic network biomarker, DNB）分析，揭示出甘薯根膨大过程中的关键转录因子以及调控机制。

甘薯是重要薯类作物，其储藏根的起始和发育对产量和品质的形成十分重要，而分子机制尚不清楚。因此，确定从膨大起始到储藏根形成的临界点，并鉴定出核心转录因子是研究的关键。研究人员通过对甘薯根发育过程中的转录组动力学进行DNB分析，确定了相当大比例（>9%）甘薯基因的阶段特异性表达模式，以及根发育早期和后期发生的重要事件，获得S10（直径3.5mm）时期为决定储藏根命运的关键时期，建立了储藏根发育的转录调控网络；此外，研究鉴定出关键转录因子IbNAC083为其核心起始因子，发现IbNAC083通过影响木质素、黄酮醇和淀粉的生物合成进而影响储藏根膨大的起始。

研究工作得到国家重点研发计划和国家自然科学基金等项目的资助。

[论文链接](#)



甘薯膨大过程关键时期IbNAC083关联基因的反转表达与调控网络分子模型

研究团队单位：分子植物科学卓越创新中心

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发