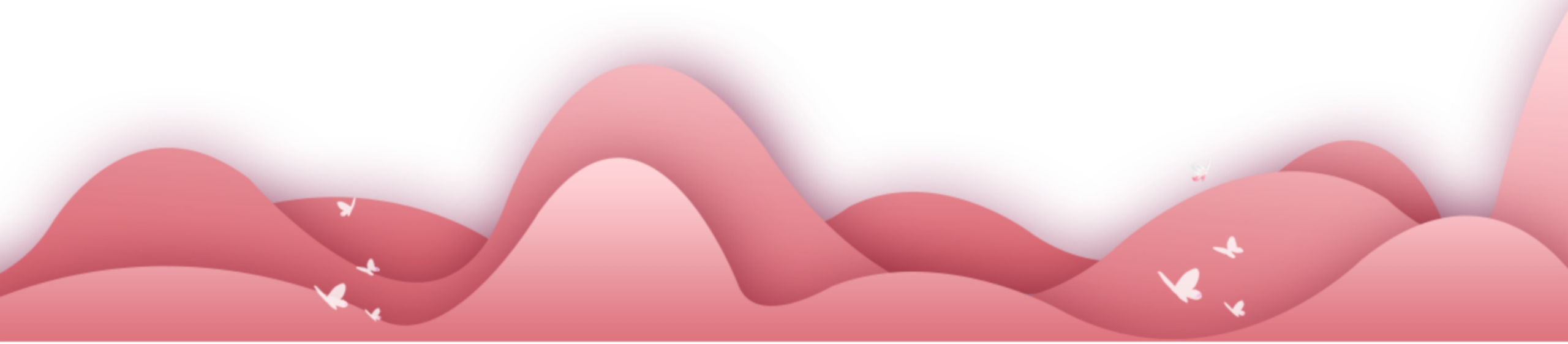
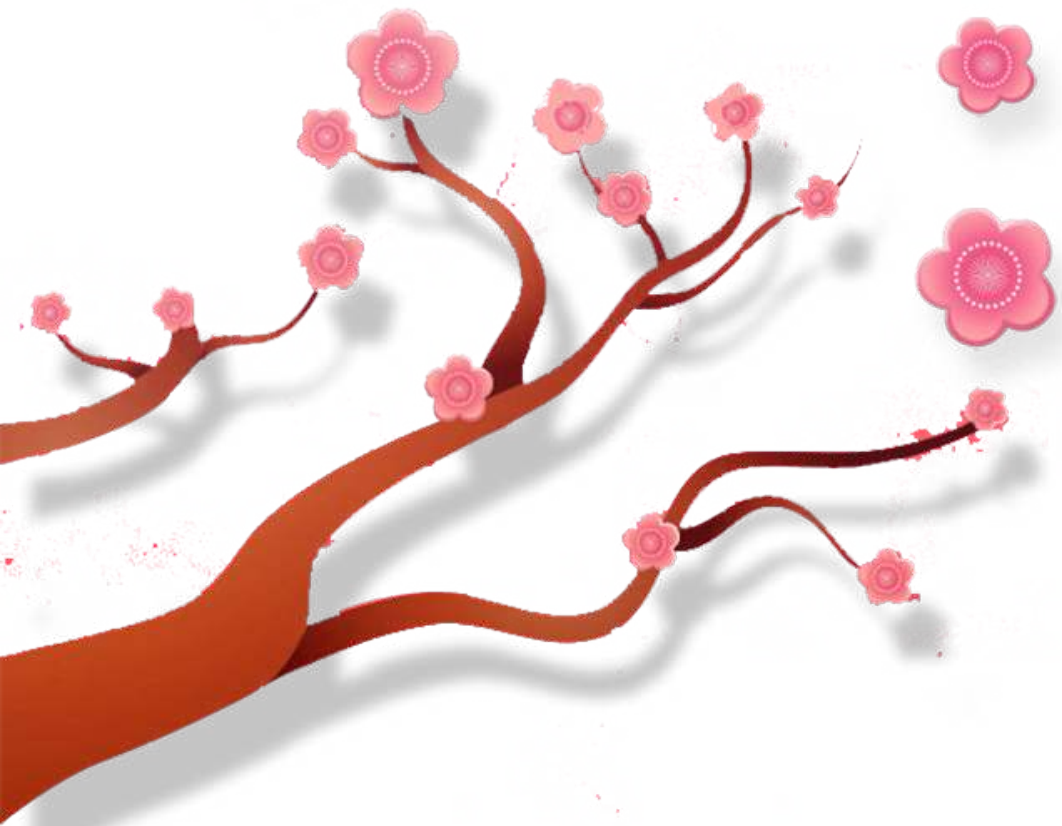


植物BBX转录因子基因家族的研究进展

汇报人：

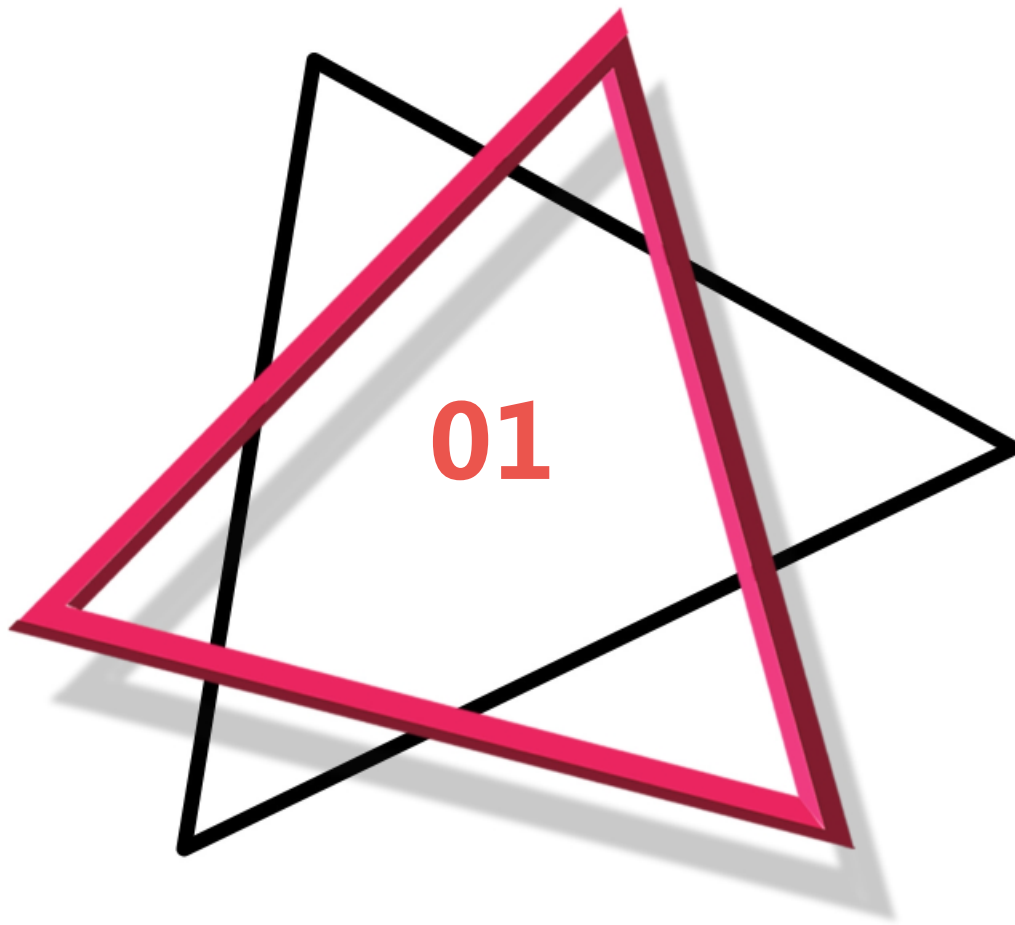
2024-02-06





CONTENTS

- 引言
- 植物BBX转录因子基因家族成员与结构
- 植物BBX转录因子基因家族表达调控机制
- 植物BBX转录因子在生长发育中的功能研究
- 植物BBX转录因子在逆境胁迫响应中的作用机制



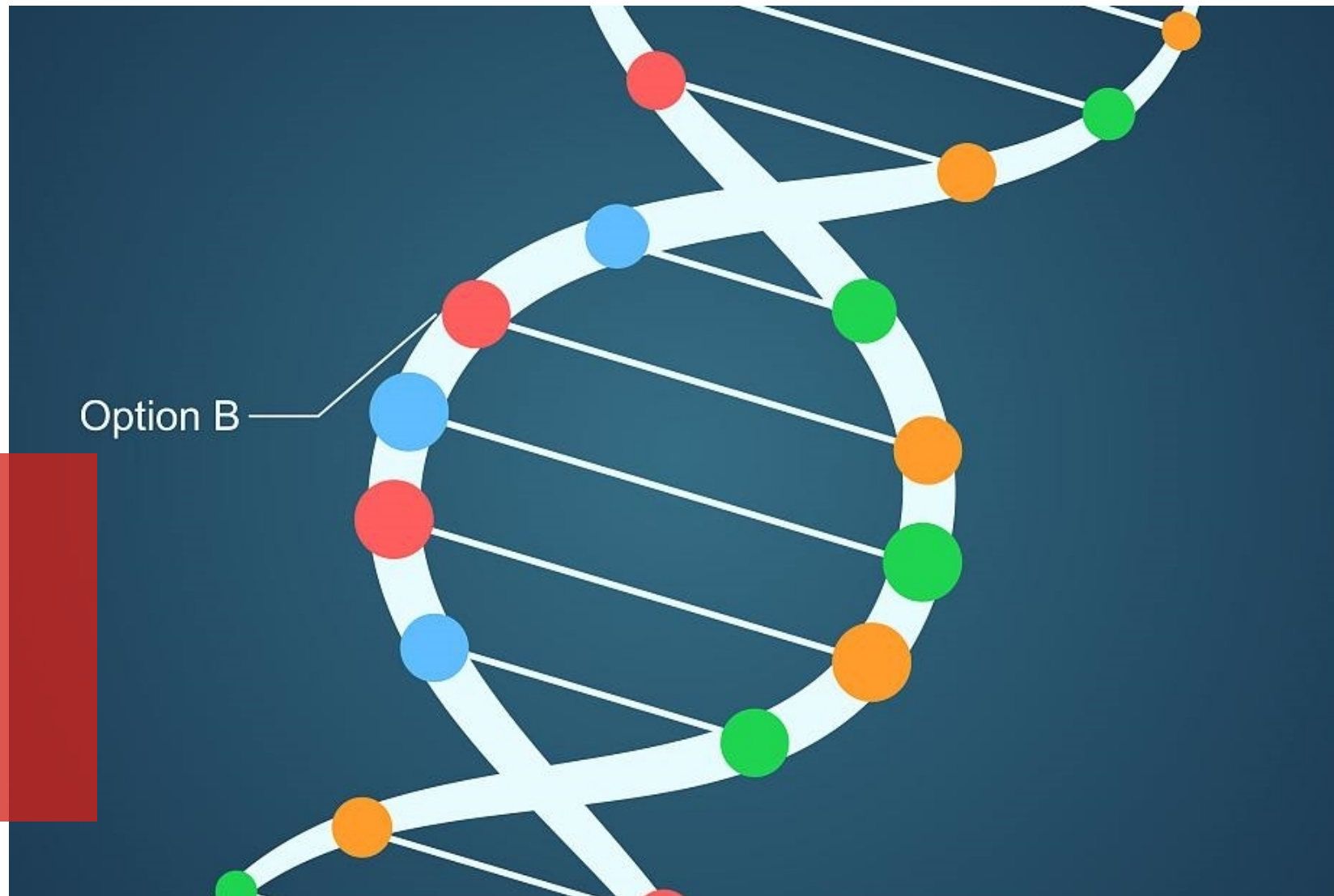
01

引言

植物BBX转录因子基因家族简介

BBX转录因子基因家族是一类包含多个成员的基因家族，其编码的蛋白质具有相似的结构域和功能。

BBX转录因子通过与靶基因启动子区域的特定序列结合，调控靶基因的转录表达，从而参与植物生长发育、光形态建成、逆境响应等生物过程。





国内外研究现状及发展趋势



01

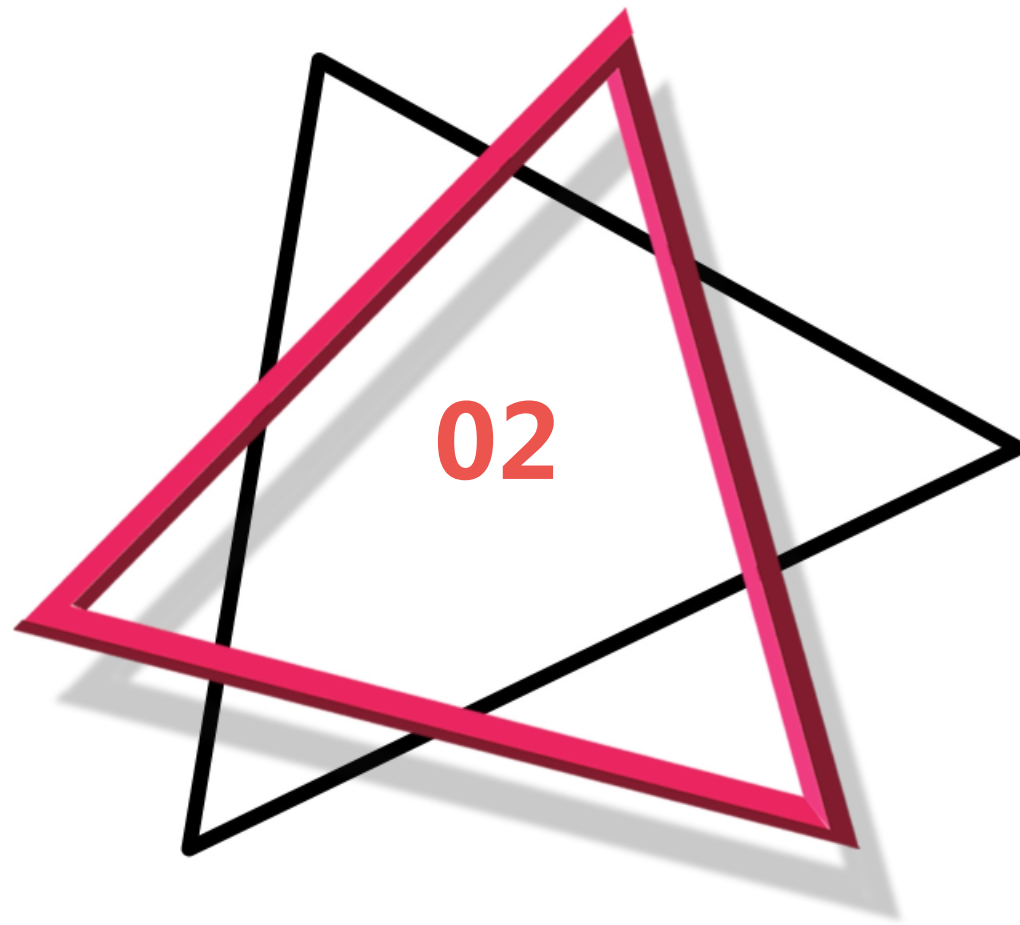
目前，国内外研究者已经克隆和鉴定了多个植物BBX转录因子基因，并对其功能进行了深入研究。

02

研究表明，BBX转录因子在植物生长发育和逆境响应中发挥着重要作用，如调控植物开花时间、参与光形态建成、提高植物抗逆性等。

03

随着基因组学和转录组学等技术的发展，越来越多的植物BBX转录因子基因将被发现和鉴定，其功能和调控机制也将得到更加深入的研究。同时，利用基因工程技术改良作物品种、提高植物抗逆性等方面也将成为未来研究的重要方向。



植物BBX转录因子基因家族成员与结构



家族成员分类及命名

基于序列相似性和结构域特征的分类

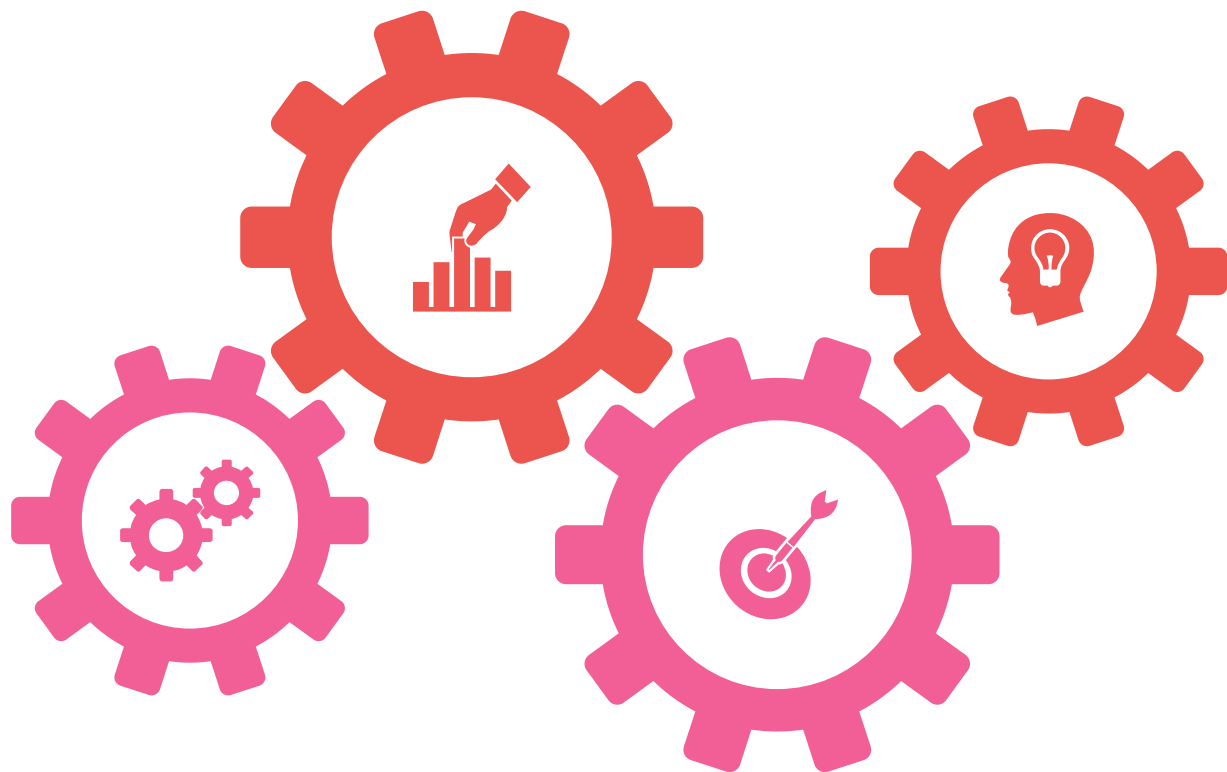
将植物BBX转录因子基因家族成员分为不同的亚家族或亚组，如BBX1、BBX2等。

命名规则及统一性

为确保命名的准确性和一致性，通常采用国际通用的命名法则，结合基因的功能和发现顺序进行命名。



基因结构与功能域分析



基因结构特征

分析植物BBX转录因子基因的编码区、非编码区以及内含子和外显子的结构特征，揭示基因结构与功能的关系。

功能域鉴定

通过生物信息学方法鉴定BBX转录因子基因家族成员中的保守功能域，如B-box、CCT等，并探讨其功能域的生物学意义。



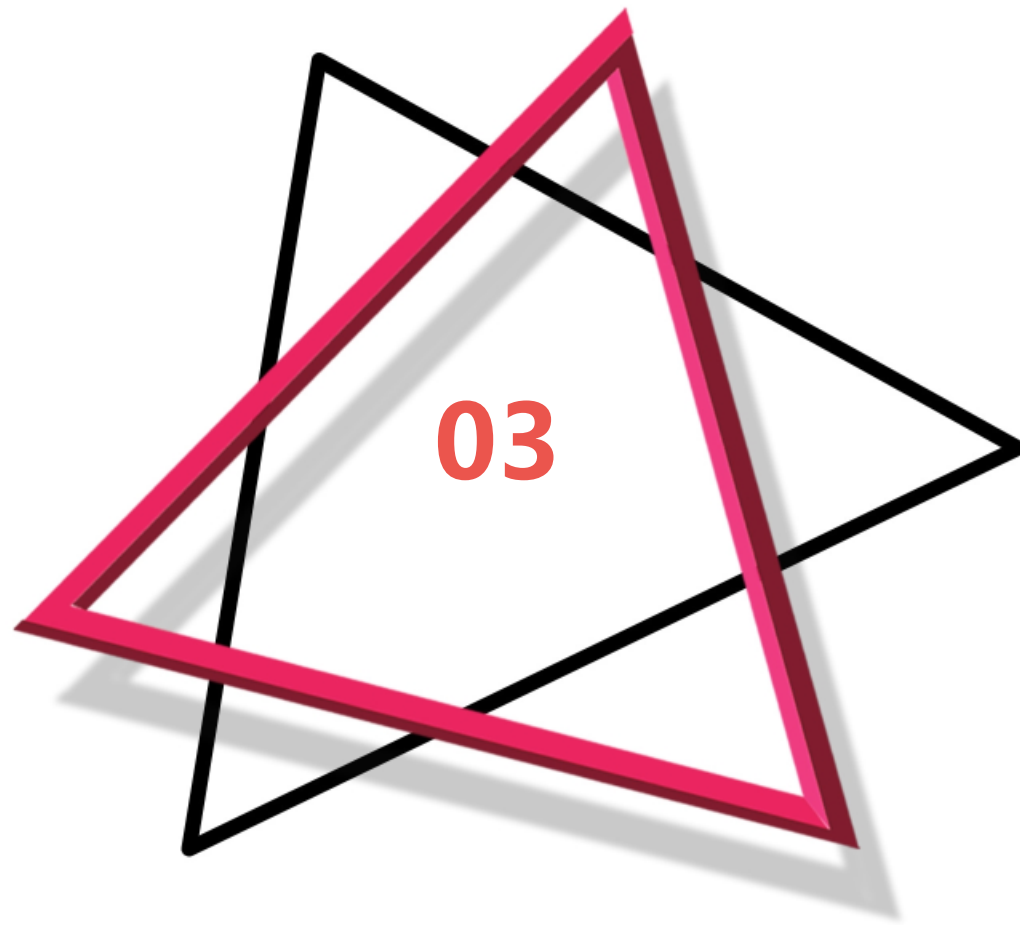
蛋白质互作网络预测与验证

蛋白质互作网络预测

利用生物信息学方法和数据库资源，预测植物BBX转录因子与其他蛋白质的相互作用关系，构建蛋白质互作网络。

实验验证方法

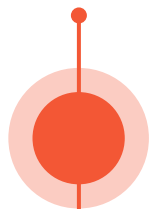
通过酵母双杂交、免疫共沉淀、荧光共振能量转移等实验技术，验证预测的蛋白质相互作用关系，揭示BBX转录因子在植物生长发育和逆境应答中的调控机制。



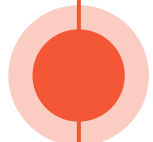
植物BBX转录因子基因家族表达调控机制



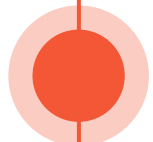
组织特异性表达模式研究



BBX转录因子在不同植物组织中的表达模式具有特异性，如在根、茎、叶、花和果实等组织中呈现不同的表达水平。



通过研究BBX转录因子基因家族的组织特异性表达模式，可以揭示其在植物生长发育过程中的功能和作用。



利用基因表达谱芯片技术和定量PCR等技术手段，可以准确检测BBX转录因子在不同组织中的表达情况，为深入研究其调控机制提供基础数据。



响应环境胁迫和激素信号途径



BBX转录因子能够响应多种环境胁迫，如干旱、高盐、低温等，通过调控下游基因的表达来适应环境变化。

BBX转录因子还参与植物激素信号转导途径，如生长素、赤霉素、脱落酸等，通过与其他转录因子或激素受体的相互作用来调控基因表达。



研究BBX转录因子在环境胁迫和激素信号途径中的调控作用，有助于揭示植物适应环境的分子机制和激素调控网络的构建。

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：
<https://d.book118.com/428057125123006100>