

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.00270

大麦 *Dhn6* 基因的克隆、蛋白质结构预测与干旱胁迫表达模式

钱刚¹, 平军娇¹, 张珍¹, 罗素元¹, 李学英¹, 杨明镇², 张达³

1. 遵义医学院细胞生物学与遗传学教研室, 遵义 563000;
2. 遵义医学院附属医院介入科, 遵义 563000;
3. 东北农业大学生命科学学院植物生理学研究室, 哈尔滨 150030

摘要: 脱水素(Dehydrins, DHNs)是高等植物胚胎发育晚期产生的一类特异多肽, 其表达累积程度与植物的发育阶段、低温、ABA 和脱水信号调节等因素密切相关。为了解脱水素的结构与干旱胁迫表达累积反应, 文章从六棱大麦分离到序列全长为 1 767 bp 的 *Dhn6* 基因, 序列分析结果表明, 该基因含一个 92 bp 内含子, 90~1 759 bp 为一个开放阅读框, 与裸大麦 *Dhn6* 基因(GenBank 登录号: AF043091)的同源性最高, 达 93.18%, 编码 523 个氨基酸残基的多肽, 预测蛋白质的分子量为 49.68 kDa, 理论等电点为 8.04。结构分析发现, 蛋白质具有 3 个螺旋区, 无规则卷曲构成二级结构的主要组分, 亲水氨基酸比例超过 83%; 三维结构预测发现, 多肽链自身反向平行排列成松散的亲水索链, K-片段参与兼性 α -螺旋结构域的形成, 意味着该脱水素具有束缚自由水、稳定细胞膜相结构的功能。实时定量 RT-PCR 检测结果表明, *Dhn6* 基因的相对表达水平在干旱处理 8 h 快速累积, 推测 DHN6 在大麦对干旱胁迫的早期响应中发挥重要功能。

关键词: 大麦; *Dhn6* 基因; 结构预测; 兼性 α -螺旋结构域; 干旱胁迫

Molecular cloning and protein structure prediction of barley (*Hordeum vulgare* L.) *Dhn6* gene and its expression pattern under dehydration conditions

QIAN Gang¹, PING Jun-Jiao¹, ZHANG Zhen¹, LUO Su-Yuan¹, LI Xue-Ying¹,
YANG Ming-Zhen², ZHANG Da³

1. Department of Cell Biology and Genetics, Zunyi Medical College, Zunyi 563000, China;
2. Department of Interventional Radiology, the Affiliated Hospital of Zunyi Medical College, Zunyi 563000, China;
3. Laboratory of Plant Physiology, College of Life Science, Northeast Agricultural University, 150030, China

Abstract: Dehydrins (DHNs), proteins with protective functions encoded by the late embryogenesis abundant (LEA), are differentially up-regulated at the transcriptional level under environmental stresses such as water deficit, salinity, and low temperature or in response to ABA. Data involving protein structure and expression of dehydrins could elucidate their functional roles under dehydration conditions in plants. *Dhn6* gene of 1 767 bp with an intron (92 bp) in six-rowed barley, a member of LEA D11, was cloned into pMD18-T vector in the present study. It shared 93.18% identity with *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* (GenBank accession: AF043091), encoding a protein composed of 523 amino acid residues with the predicted molecular weight of 49.68 kDa and the theoretical isoelectric point of 8.04. Analyses of domain and structure indi-

收稿日期: 2010-07-26; 修回日期: 2010-09-25

基金项目: 贵州省科学技术基金项目(编号: 黔科合 J 字[2007]2050 号)和贵州省遵义市科学技术基金项目(编号: 遵市科合农字 2007-05 号)资助

作者简介: 钱刚, 博士, 副教授, 研究方向: 植物分子遗传学。E-mail: pengjiaqiong@163.com

cated that the protein was dominantly composed of 83% hydrophilic amino acid residues, with numerous imperative curls and three loosed helices. Three-dimensional measurement revealed that the water-soluble lipid-associating protein was attributed to its twisted cable formed by reverse paralleled chains. Moreover, the putative amphipathic α -helices formed by K-segments might play roles in protecting membrane structure in barley. Significantly, relatively high accumulations of *Dhn6* gene were detected after 8 h of water deficit by real-time quantitative RT-PCR. These results possibly suggested that the accumulation of *Dhn6* gene could be critical for resistant dehydration in plants.

Keywords: barley (*Hordeum vulgare* L.); *Dhn6* gene; structure prediction; amphipathic α -helices; drought stress

高等植物胚胎发育晚期丰富蛋白(Late embryo-genesis abundant proteins, LEA proteins)是种子发育后期产生的一类小分子特异多肽, 根据氨基酸序列的同源性以及一些特殊的基元序列, LEA 蛋白被分为6组^[1, 2]。脱水素(Dehydrins, DHNs)是一类水溶性脂质联合体蛋白, 属于第2组 LEA 蛋白(LEA D-11), 其共同特征是C-端富含赖氨酸, 由15个氨基酸组成的保守序列, 即 EKKGIMDKIKEKLP(也称 K-片段); 通常N端有一保守基序 Y-片段, 二者之间还有一可被磷酸化、由6个丝氨酸串联的 S-片段^[3]。脱水素的表达累积程度与植物的发育阶段、低温、ABA 和脱水信号等因素密切相关^[4]。根据氨基酸序列特征, 推测脱水素的生物学功能主要表现在3个方面: (1) 在植物受到环境胁迫细胞失水情况下, 维持细胞内膜系统的结构稳定性; (2) 在细胞失水渗透压增高的情况下, 作为“溶剂”吸附富余的细胞内游离离子, 减小离子对植物细胞的伤害; (3) 在植物受到水分缺乏影响时, 起到分子伴侣的功能, 和其他功能蛋白结合, 在逆境下维持其他蛋白质的正常结构和功能, 以保证植物正常生理代谢功能的继续^[5, 6]。与其他 LEA 蛋白不同, 免疫学检测发现脱水素在细胞核和细胞质中都有分布^[7], 因此, Danyluk 等^[8]认为脱水素对逆境胁迫保护膜系统稳定性至关重要。

干旱是限制作物生产的主要非生物逆境之一, 干旱胁迫通过改变植物体内渗透平衡影响细胞膜相结构的稳定性^[9], 阐明抗旱蛋白的结构与胁迫表达机制能为深入了解植物抗旱蛋白的功能提供直接的证据, 对进一步探讨植物的干旱胁迫适应机制、提高作物的干旱胁迫抗性有重要意义^[10]。脱水素6是分子量最大的 LEA D-11 成员, 可能在植物抗旱过程中发挥重要功能^[2, 5], 尽管已明确 *Dhn6* 基因的结构与表达诱导因素, 但证明其抗旱功能的蛋白质结构

与环境胁迫累积数据尚少。因此, 本研究从贵州地方栽培大麦克隆了 *Dhn6* 基因, 并分析了蛋白质的性质、构象和胁迫表达特性, 为深入阐明高等植物抗旱机理提供基础资料, 也为基因工程抗旱作物新品种的培育奠定基础。

1 材料和方法

1.1 实验材料

参试大麦材料 BZ-12(*Hordeum vulgare* L.)系本研究组采自贵州毕节地区饲料用地方栽培品种。

1.2 方法

1.2.1 基因组总 DNA 的提取与 *Dhn6* 基因的克隆

取约 2 g 幼嫩大麦叶片, 液氮研磨, 稍作修改的 CTAB 法^[11]提取大麦基因组 DNA。根据裸大麦(*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*)*Dhn6* 基因序列(GenBank 登录号: AF043091)设计目的基因扩增引物(表 1)。PCR 扩增总体积 25 μ L, 其中包括 10 \times PCR Buffer 2.5 μ L, 25 mmol/L Mg^{2+} 1.5 μ L, 2.5 mmol/L dNTP 2 μ L, 10 μ mol/L 上、下游引物各 2 μ L, 基因组总 DNA 200 ng 和 1 U *Taq* DNA 聚合酶(天根生化科技有限公司), 加 ddH₂O 至 25 μ L。扩增程序为: 95 10 min; 95 60 s, 55 60 s, 72 60 s, 35 个循环; 72 8 min。PCR 产物经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳, 回收、纯化目的片段, 连接到 pMD18-T 载体, 转化大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞, 蓝白斑筛选, 碱裂解法提取质粒 DNA, PCR 检测并进一步用 *EcoR*、*Hind* 酶切(TaKaRa 生物公司)鉴定, 随机选取 3 个阳性克隆送重庆医科大学传染病实验室进行序列测定。

1.2.2 序列比对与蛋白质功能域分析

利用 NCBI 的 Blast 进行核苷酸序列比对, 并通过 ORF finder 确定阅读框架; 利用 Expasy ProtParam

表 1 引物信息

基因名称	引物序列(5' 3')	作用	GenBank 序列号	扩增长度(bp)
<i>Dhn6</i>	P ₁ : CGGCATCCGCTTGACATT P ₂ : GCAAGTCAGGCTCAGTTCAGT	基因克隆	AF043091	1 704
<i>Dhn6</i>	P ₁ : TTTACCGTGTGATAGATGTTGCA P ₂ : TGCAAACCGACCAGACAAACT	定量 RT-PCR	AF043091	72
<i>α-tubulin2</i>	P ₁ : AGTGTCTGTCCACCCACTC P ₂ : AGCATGAAGTGGATCCTTGG	内参	U40042	250

软件分析蛋白质的分子量、等电点和氨基酸组成;蛋白质结构功能域用 PROSITE 和 SMART 软件进行预测;蛋白质疏水性分析和螺旋卷曲分析分别采用 ProScale、CPHmodels-3.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/CPHmodels/>) 软件进行;使用在线工具 SOPMA (<http://www.expasy.org>) 预测各二级结构及其所占的比例;将氨基酸序列信息提交 European Bioinformatics Institute: <http://www.isb-sib.ch>, 基于同源建模原理, 利用 Swiss-model 对目的基因编码的蛋白质进行三维结构预测^[12]。

1.2.3 植物总 RNA 的提取与逆转录反应

将 BZ-12 大麦种子置于铺 3 层滤纸的培养皿中, 以蒸馏水浸泡, 于 22 ℃ 和每天 12 h 光照的温室培养, 避免干旱。7 d 后, 将幼苗转移到干燥的吸水滤纸上, 分别干旱处理 2 h、4 h、8 h 和 12 h 后剪取幼苗于液氮中冻存, 按 RNA 操作试剂盒(TaKaRa 生物公司)的方法提取植物总 RNA, 总 RNA 被稀释为 1 μg/μL, 并进行第 1 链 cDNA 的合成。逆转录反应体系 20 μL: 1 μg/μL 总 RNA 1 μL, 5×MLV Buffer 4 μL, 10 mmol/L dNTP 2 μL, 10 mmol/L Oligo(dT)₁₈ 1.5 μL, 10 U RNase Inhibitor, 10 U 逆转录酶, 加 0.01% DEPC 水至 20 μL。逆转录反应参数为: 30 ℃ 10 min, 42 ℃ 45 min, 99 ℃ 5 min, 5 ℃ 5 min。

1.2.4 目的基因相对表达水平检测

利用 Primer 5.0 软件, 按照实时定量 RT-PCR 要求设计目的基因和内参引物(表 1), 目的基因与内参同时以相同参数上机, 反应体系为 25 μL: cDNA 模板 0.5 μL, 1 U Taq DNA 聚合酶, 10× Buffer 2.5 μL, 25 mmol/L Mg²⁺ 1.5 μL, 2.5 mmol/L dNTP 2 μL, 10 μmol/L 上、下游引物各 1 μL, 荧光染料 SYBRGreen (TaKaRa 生物公司) 1 μL, 加 ddH₂O 至 25 μL。反应参数为: 95 ℃ 5 min; 94 ℃ 30 s, 58 ℃ 30 s, 72 ℃ 15 s, 40 个循环; 最后 72 ℃ 延伸 8 min。最适读板温度的选择: 扩增完毕, 对熔解曲线进行分析, 设定

最适读板温度比特异产物的熔解温度低 1~2 ℃。

每次每个样品重复 3 管用于实时荧光定量 RT-PCR 检测, 通过标准曲线确定目的基因与 *α-tubulin2* 检测的线性范围, 目的基因的相对表达水平通过 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 分析^[13], 数据的分析和处理通过 STATISTICA 软件完成。

2 结果与分析

2.1 大麦 *Dhn6* 基因序列分析

以大麦基因组 DNA 为模板进行 *Dhn6* 基因的 PCR 扩增, 当复性温度为 55 ℃ 时, 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测发现目的条带大小介于 1 500~2 000 bp 之间。蓝白斑筛选阳性克隆, 重组子经过 PCR、酶切鉴定, 结果表明重组子的插入片段与基因组为模板的扩增片段大小基本一致。

测序结果表明, 3 个阳性克隆的序列一致。将克隆到的基因序列通过 NCBI 的 Blast 比对分析发现, 目的序列与裸大麦 *Dhn6* 基因(GenBank 登录号: AF043091)的同源性最高, 为 98.13%, 除了编码序列有 14 个碱基的点突变之外, 从 ATG 开始, 在+926 bp 处富余一段 63 bp 的编码序列。利用 ORF finder 对目的序列分析结果表明, 该序列全长为 1 767 bp, 包含 1 个完整的开放阅读框, 编码框介于 90~1 759 bp, 其中, 位于+1188~1279 bp 之间有一个长度为 92 bp 的内含子(自 ATG 始)。

2.2 DHN6 氨基酸序列与理化性质分析

该基因编码含 523 个氨基酸残基的多肽, 多肽含有 2 个 Y-片段、1 个 S-片段以及 2 个 K-片段, 属于典型的 Y₂SK₂ 型脱水素。与裸大麦 *Dhn6* 基因(GenBank 登录号: AF043091)编码的多肽比较(图 1), 尽管目的基因有 14 个碱基出现点突变, 仅有 5 个突变导致氨基酸残基改变; 而且, 该基因富余的 63 个核苷酸编码由 21 个连续氨基酸残基组成的、富含

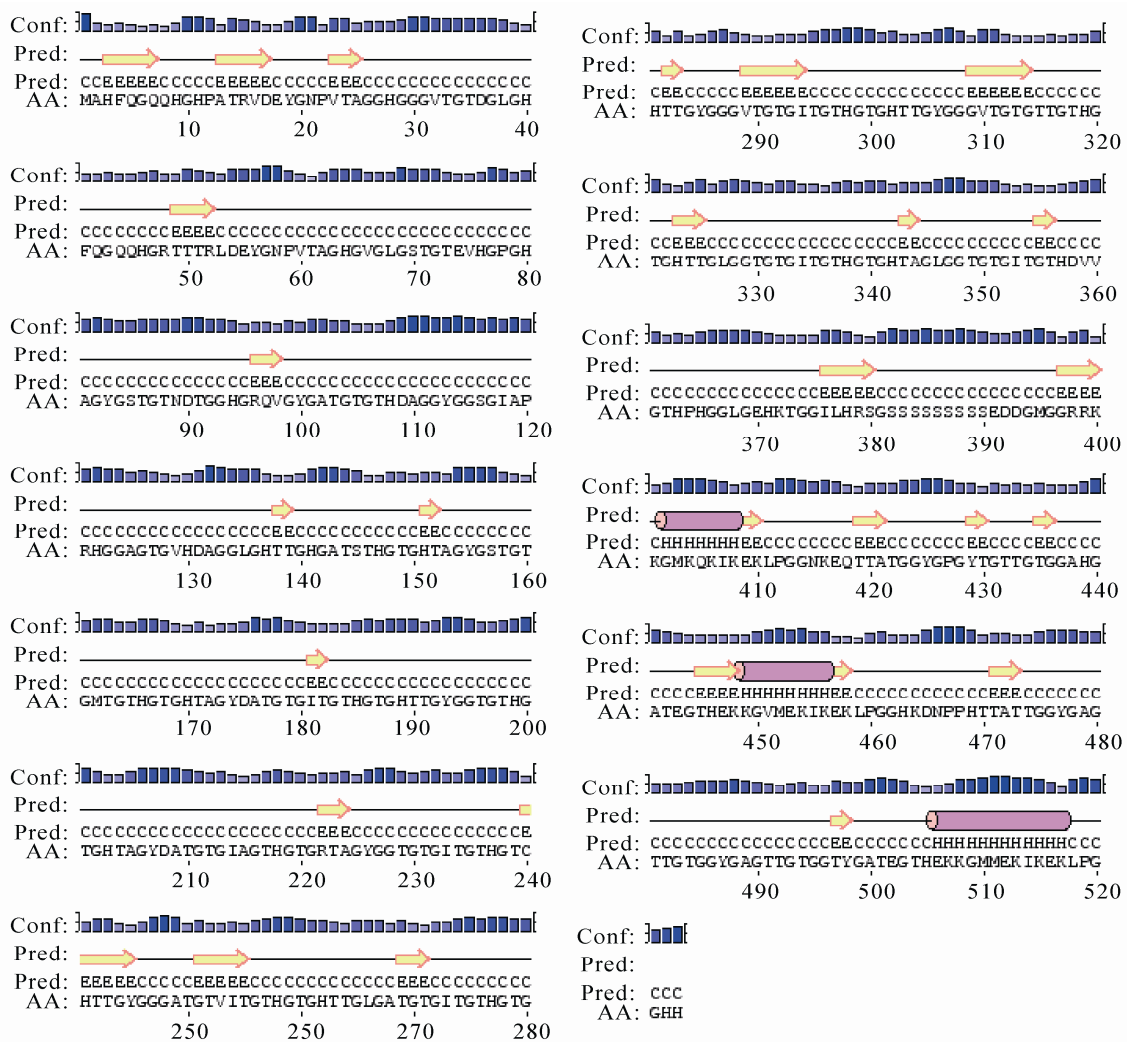



图 3 蛋白质二级结构预测结果

“——”表示无规则卷曲; “→”表示线性结构; “”表示 α -螺旋结构。

2.4 *Dhn6* 基因的干旱表达模式分析

实时定量 RT-PCR 检测结果发现, 随干旱处理时间的延长, *Dhn6* 基因转录表达累积水平越高。表现为干旱处理 2 h, 目的基因的 mRNA 累积水平极低; 在干旱处理 4 h, 其相对表达累积量显著升高, 为干旱 2 h 时表达累积水平的 36 倍; 到干旱处理 8 h 时表达量骤然升高, 超过干旱处理 2 h 的 380 倍; 在干旱 12 h 时, 表达累积程度放缓, 略高于干旱处理 8 h 时的表达量(图 5)。

3 讨论

脱水素是 LEA 家族成员最多的一大类蛋白, 疏水氨基酸含量很低, 甚至没有 Cys 和 Trp, 而负电荷

极性氨基酸的含量很高, Gly 的比例可达 20%~30%, 二级结构简单^[3, 14]。基于 3 种保守区域组成差异, 脱水素可分为 5 种类型: Y_nSK_2 、 K_n 、 SK_n 、 K_nS 和 Y_2K_n , 其中, Y_nSK_2 型脱水素是最丰富的一类, 是一类碱性或中性蛋白质, 大麦脱水素包括 YSK_2 、 K_9 和 SK_3 等 3 种类型^[5]。与所报道的裸大麦 DHN6(GenBank 登录号: AF043091)相比, 本研究分离的 *Dhn6* 基因编码的 Y_2SK_2 型脱水素富余一段富含 Gly、由 21 个连续氨基酸残基组成的多肽(图 1), Gly 的比例超过 32%, 因此, 该蛋白质表现出更高的亲水性, 也意味着该脱水素可能具有更强的束缚自由水能力。

植物细胞脱水会破坏细胞质膜和细胞内膜系统膜脂双分子层表面的水合保护体系, 并通过破坏细胞自由基代谢平衡, 加剧膜脂的过氧化, 引起膜融

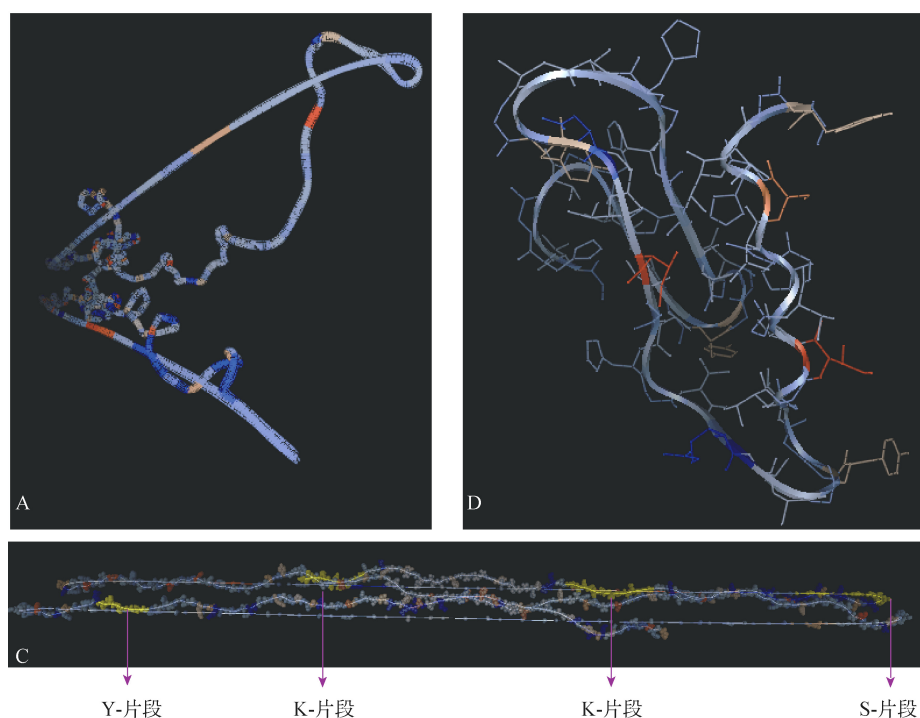


图 4 蛋白质的三维结构预测结果

A: 脱水素 6 主链结构与三维构象; B: 兼性 α -螺旋结构域; C: 保守片段在三维结构的分布。

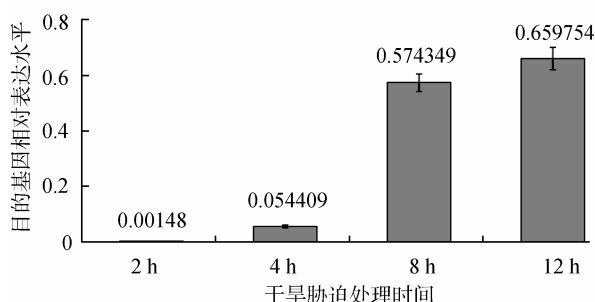


图 5 *Dhn6* 基因的相对表达水平检测结果

合甚至膜结构的严重破坏^[3, 4]。有研究认为, 脱水素能够形成兼性 α -螺旋结构域, 即正电荷氨基酸位于极性/非极性氨基酸交界面, 负电荷氨基酸与疏水面相对, 构成的兼性 α -螺旋结构域既具备局部疏水功能区, 也具有亲水作用, K-片段可能参与这个结构域的形成^[5, 15, 16], 本研究结果(图 3、图 4)也证实了这一结论。因此, 脱水素是一类水溶性脂质蛋白联合体, 推测兼性 α -螺旋结构域的疏水基团有利于脱水素在细胞失水时防止蛋白质之间的凝聚, 并具有稳定细胞内膜系统膜相结构的功能^[5]。我们的分析结果表明, 大麦 DHN6 的二级结构主要由无规则卷曲和线性结构相间排列, 仅有 3 个短的 α -螺旋结构,

这表明 DHN6 亲水基团外露, 能够形成更大的亲水表面。高级结构预测也证实 DHN6 具有兼性 α -螺旋结构域(图 4B)及高度的亲水松散索链状结构(图 4C), 这种结构意味着该脱水素在植物细胞受到水胁迫时不仅能防止细胞水分流失, 还具有稳定细胞膜相结构、防止蛋白质凝聚的功能, 这与 Compbell 等^[5]和 Dure^[15]关于脱水素结构与功能的论述一致。

植物的抗旱性是一个复杂的数量性状, 植物对环境胁迫的适应是通过基因表达的上调或下调来实现的, 进而表现在植物的生理和生化反应上^[17], 植物在遭受干旱时会通过改变基因表达调控途径来适应植物所遭受的环境胁迫压力, 这种改变会导致合成相应的蛋白(如 LEA 蛋白)以逆转干旱胁迫给细胞造成的伤害^[18, 19]。在小麦、大麦和白杨中的研究表明, 随着干旱失水、盐和低温等环境胁迫时间的延长, 脱水素的表达累积水平越高^[20~22]。Jayaprakash 等^[23]以脱水素保守氨基酸序列制备抗体, 通过 Western 印迹证实了 LEA2 蛋白表达累积与干旱时间呈正相关。本研究的检测结果发现, *Dhn6* 基因的转录累积水平随着干旱胁迫时间的延长升高, 表明 DHN6 在逆转大麦干旱胁迫造成的伤害中可能发挥

重要作用。

由于干旱处理 8 h 时 *Dhn6* 基因转录水平的快速累积(图 5), 我们的结果还可能意味着细胞早期失水的转录调控与植物遭受长时间干旱胁迫的应答机制存在差异。迄今, 在大麦发现 13 个脱水素家族成员, 但并非所有的脱水素基因都被干旱胁迫诱导表达^[24], Choi 等^[25]发现 *Dhn12* 基因只在种子发育成熟过程中特异表达, 而干旱、ABA、低温和高盐都不能诱导其表达, 这表明不同的脱水素在植物抗旱过程中发挥的作用不同, 或转录调控机制存在差异。而且, 随着干旱胁迫时间的延长, 即使相同的 LEA 蛋白基因在抗旱性不同的大麦参试材料中的表达累积也有所不同^[10, 26], 因此, Qian 等^[26]认为植物的抗旱性可能取决于干旱胁迫早期 LEA 蛋白的累积程度; Suprunova 等^[27]在测定了大麦离体叶片失水率的基础上, 检测了脱水素的早期转录累积水平, 发现脱水素在抗旱性不同的大麦材料表达累积也存在差异。这些结果都说明不同的脱水素在应对植物干旱胁迫时应答机制并不相同, 可能与基因的顺式作用元件的差异有关。

阐明植物抗旱的分子机理能更好地利用植物遗传途径提高作物的抗旱性^[10, 28], 尽管目前关于脱水素基因的表达和调控已经做了大量的研究, 却仅表明脱水素的表达与植物细胞失水有关, 关于 LEA 蛋白参与细胞脱水保护的准确功能并不清楚^[24]。因此, 明确众多抗旱基因的环境胁迫效应, 比较这些抗旱蛋白质的性质和高级构象特征, 可以为深入理解植物的抗旱分子机理提供更直接的证据。

参考文献(References):

- [1] Dure L, Crouch M, Harada J, Ho T-HD, Mundy J, Quatrano R, Thomas T, Sung ZR. Common amino acid sequence domains among the LEA proteins of higher plants. *Plant Mol Biol*, 1989, 12(5): 475–486.
- [2] Ramanjulu S, Bartels D. Drought- and desiccation-induced modulation of gene expression in plants. *Plant Cell Environ*, 2002, 25(2): 141–151.
- [3] Close TJ. Dehydrins: emergence of a biochemical role of a family of plant dehydration proteins. *Physiol Plant*, 1996, 97(4): 795–803.
- [4] Close TJ. Dehydrins: a commonality in the response of plants to dehydration and low temperatures. *Physiol Plant*, 1997, 100(2): 291–296.
- [5] Compbell SA, Close TJ. Dehydrins: genes, proteins, and associated with phenotypic traits. *New Phytol*, 1997, 137(1): 61–74.
- [6] Porcel R, Azcón R, Ruiz-Lozano JM. Evaluation of the role of genes encoding for dehydrin proteins (LEA D-11) during drought stress in arbuscular mycorrhizal *Glycine max* and *Lactuca sativa* plants. *J Exp Bot*, 2005, 56(417): 1933–1942.
- [7] Egerton-Warburton LM, Balsamo RA, Close TJ. Temporal accumulation and ultrastructural localization of dehydrins in *Zea mays*. *Physiol Plant*, 1997, 101(3): 545–555.
- [8] Danyluk J, Perron A, Houde M, Limin A, Fowler B, Benhamou N, Sarhan F. Accumulation of an acidic dehydrin in the vicinity of the plasma membrane during cold acclimation of wheat. *Plant Cell*, 1998, 10(4): 623–638.
- [9] Rampino P, Pataleo S, Gerardi C, Mita G, Perrotta C. Drought stress response in wheat: physiological and molecular analysis of resistant and sensitive genotypes. *Plant Cell Environ*, 2006, 29(12): 2143–2152.
- [10] Guo PG, Baum M, Grando S, Ceccarelli S, Bai GH, Li RH, Korff MV, Varshney RK, Graner A, Valkoun J. Differentially expressed genes between drought-tolerant and drought-sensitive barley genotypes in response to drought stress during the reproductive stage. *J Exp Bot*, 2009, 60(12): 3531–3544.
- [11] Clark MS 主编, 顾红雅, 瞿礼嘉主译. 植物分子生物学—实验手册(第一版). 北京: 高等教育出版社, 1998, 6–7.
- [12] Arnold K, Bordoli L, Kopp J, Schwede T. The SWISS-MODEL Workspace: a web-based environment for protein structure homology modelling. *Bioinformatics*, 2006, 22(2): 195–201.
- [13] Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2^{-ΔΔC_T} method. *Methods*, 2001, 25(4): 402–408.
- [14] Ingram J, Bartels D. The molecular basis of dehydration tolerance in plants. *Annu Rev Plant Physiol Mol Biol*, 1996, 47(1): 377–403.
- [15] Dure L III. Structural motifs in Lea proteins. In: Close TJ, Bray EA, eds. *Plant Response to Cellular Dehydration During Environmental Stress*. Rockville, MD, USA: American Society of Plant Physiologists, 1993, 91–103.
- [16] Garay-Arroyo A, Colmenero-Flores JM, Garcarrubio A, Covarrubias AA. Highly hydrophilic proteins in prokaryotes and eukaryotes are common during conditions of water deficit. *J Biol Chem*, 2000, 275(8): 5668–5674.

- [17] Talamè V, Ozturk NZ, Bohnert HJ, Tuberosa R. Barley transcript profiles under dehydration shock and drought stress treatments: a comparative analysis. *J Exp Bot*, 2007, 58(2): 229–240.
- [18] Bartels D, Souer E. Molecular responses of higher plants to dehydration. In *Plant Responses to Abiotic Stress* (eds Hirt H & Shinozaki K), 2004, 9–38. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.
- [19] Hazen SP, Pathan MS, Sanchez A, Baxter I, Dunn M, Estes B, Chang HS, Zhu T, Kreps JA, Nguyen HT. Expression profiling of rice segregating for drought tolerance QTLs using a rice genome array. *Funct Integr Genomics*, 2005, 5(2): 104–116.
- [20] Zhu B, Choi DW, Fenton R, Close TJ. Expression of the barley dehydrin multigene family and the development of freezing tolerance. *Mol Gen Genet*, 2000, 264(1/2): 145–153.
- [21] Labhili M, Jourdi P, Gautier MF. Characterization of cDNAs encoding *Triticum durum* dehydrins and their expression patterns in cultivars that differ in drought tolerance. *Plant Sci*, 1995, 112(2): 219–230.
- [22] Pelah D, Wang WX, Altman A, Shoseyov O, Bartles D. Differential accumulation of water stress-related proteins, sucrose synthase and soluble sugars in *populus* species that differ in their water stress response. *Physiol Plantarum*, 1997, 99(1): 153–159.
- [23] Jayaprakash TL, Ramamohan G, Krishnaprasad BT, Ganeshkumar, Prasad TG, Mathew MK, Udayakumar M. Genotypic variability in differential expression of *lea2* and *lea3* genes and proteins in response to salinity stress in finger millet (*Eleusine coracana* Gaertn) and rice (*Oryza sativa* L.) seedlings. *Ann Bot*, 1998, 82(4): 513–522.
- [24] Choi DW, Koag MC, Close TJ. Map locations of barley *Dhn* genes determined by gene-specific PCR. *Theor Appl Genet*, 2000, 101(3): 350–354.
- [25] Choi DW, Close TJ. A newly identified barley gene, *Dhn12*, encoding YSK2 DHN, is located on chromosome 6H and has embryo-specific expression. *Theor Appl Genet*, 2000, 100(8): 1274–1278.
- [26] Qian G, Han ZX, Zhao T, Deng GB, Pan ZF, Yu MQ. Genotypic variability in sequence and expression of *HVA1* gene in Tibetan hulless barley, *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, associated with resistance to water deficit. *Aust J Agr Res*, 2007, 58(5): 425–431.
- [27] Suprunova T, Krugman T, Fahima T, Chen G, Shams I, Korol A, Nevo E. Differential expression of dehydrin genes in wild barley, *Hordeum spontaneum*, associated with resistance to water deficit. *Plant Cell Environ*, 2004, 27(10): 1297–1308.
- [28] Walia H, Wilson C, Wahid A, Condamine P, Cui XP, Close TJ. Expression analysis of barley (*Hordeum vulgare* L.) during salinity stress. *Funct Integr Genomics*, 2006, 6(2): 143–156.

•综合信息•

2011 年中国遗传学会学术年会将在新疆举行

为了推动我国遗传学的发展,交流遗传学领域的新成果、新进展,共同探讨遗传学领域的热点、难点问题,共商合作发展,根据中国遗传学会八届二次理事会研究决定,将于2011年8月9-12日在乌鲁木齐召开“2011中国遗传学会学术年会”。大会的主题是:“遗传学进步推动中国西部经济与社会发展”。

一、大会组委会

大会主席:李家洋

二、会议征文

会议接收医学遗传学、动物遗传学、植物遗传学、微生物遗传学、群体与进化遗传学、基因组学、蛋白质组学、发育遗传学、表观遗传学和药物基因组学等相关学科未发表过的论文摘要。请按《遗传》格式投送,字数限制在1000字以内,不用图表。截止日期为2011年6月30日。

三、大会报告

大会报告和分组报告的演讲人除邀请外将从提交的优秀论文中挑选,分组报告以人类与医学遗传;动物与发育遗传学;植物遗传学;表观遗传学;微生物遗传学/生物信息学/进化及群体遗传学/遗传学技术5个分会场展开交流。会议将出版论文集。

四、论文摘要提交和会议注册

论文摘要提交:提交征文之前先请注册报名,网址:www.geneticsociety.cn,点击“2011中国遗传学会学术年会”。在论文提交登陆对话框中输入用户名和密码后才能进行。