



2022年第21期总154期

## 杂交水稻专题

### 本期导读

#### ➤ 前沿资讯

1. 中国科学院东北地理所等在bZIP71调控水稻抽穗期机制研究方面获进展
2. 专家团队系统总结植物分子农场的应用与发展前景
3. 专家团队在水稻植物激素信号物质调控细胞死亡和抗病性增强上取得新进展

#### ➤ 学术文献

1. 基于多时多模式模拟密集极化SAR数据的两种水稻散射强度分析与分类
2. 组蛋白乙酰转移酶复合物亚单位OsEAF6的缺失导致亚种间水稻杂交中的杂交破裂

中国农业科学院农业信息研究所  
联系人：于超；罗建军；李亮；顾亮亮  
联系电话： 0731-84690287  
邮箱：[agri@ckcest.cn](mailto:agri@ckcest.cn)  
2022年5月23日

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

## ➤ 前沿资讯

### 1. 中国科学院东北地理所等在bZIP71调控水稻抽穗期机制研究方面获进展

**简介:**中国科学院东北地理与农业生态研究所水稻分子育种团队近年来一直从事水稻抽穗期调控研究和分子育种方面的工作,前期研究探明了Hd2和Hd4是控制东北地区水稻抽穗期的主效基因,针对Hd2启动子区域的uORF的进行基因编辑,可以延迟抽穗期,系统鉴定了其他微效基因,并利用基因编辑技术缩短水稻抽穗期,审定了粳禾系列水稻品种4个。基于以上研究基础,该团队与合作者利用分子生物学及遗传学手段,证实了bZIP71位于Ehd1的上游,通过抑制Ehd1的表达参与水稻抽穗期调控,发现了调控水稻抽穗期的新基因bZIP71并解析了其分子机制。该项研究发现一个碱性亮氨酸拉链转录因子bZIP71是水稻开花的抑制子, bZIP71过量表达延迟水稻开花, bzip71敲除突变体提早开花。Ehd1、Hd3a和RFT1在bZIP71过量表达植株中低于野生型,在bzip71突变体中高于野生型,研究人员利用遗传学手段证实了bZIP71负调控水稻的抽穗期。bZIP71蛋白定位于细胞核中,具有转录激活活性及DNA结合能力。进一步实验表明, bZIP71发挥功能不依赖于Ehd1上游的调控因子Heading date 4 (Hd4)、Hd5和Hd2等,而是直接结合到Ehd1的启动子区域并抑制其表达。那么, bZIP71作为一个转录激活因子是如何发挥抑制靶基因Ehd1表达的作用的呢?研究发现, bZIP71与SDG711 (SET domain group protein 711) 和FIE2 (Fertilization independent endosperm 2) 存在互作关系,进而招募这两个多梳抑制复合体2 (PRC2) 成员到Ehd1启动子区域,调控Ehd1的H3K27me3水平 (H3组蛋白第27位赖氨酸的三甲基化修饰与基因沉默有关),导致bZIP71过量表达植株中Ehd1的H3K27me3水平显著升高,在bzip71突变体中降低。此外, bZIP71位于Ehd1的遗传学上游,而且二者呈现相反的光周期节律性表达模式。该项研究揭示了bZIP71调控水稻抽穗期的新机制,其功能发挥不依赖于Hd2、Hd4和Hd5,而是通过与PRC2的两个成员SDG711和FIE2的互作,调控Ehd1的H3K27me3水平。

**来源:**中国科学院

**发布日期:**2022-05-19

**全文链接:**

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/03/Csgk0GKGDP6AA9-IAARf9jqqsiw548.pdf>

### 2. 专家团队系统总结植物分子农场的应用与发展前景

**简介:**近日,华南农业大学生命科学学院、亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室、岭南现代农业科学与技术广东省实验室祝钦泷研究员与刘耀光院士团队在国际著名学术期刊《Trends in Biotechnology》(影响因子19.536,工程技术一区,生物工程技术领域排名3/159)在线发表了题为“Molecular farming using transgenic rice endosperm”的综述论文(论文链接地址:<https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2022.04.002>)。该论文系统总结了水稻胚乳作为生物反应器的优缺点、对分子农场概念提出了新的见解,并对如何提高目标产物含量及其面临的挑战进行了讨论,展望了利用水稻胚乳为代表的植物分子农场的未来发展方向。水稻胚乳是理想的生物反应器,因其遗传与生物信息资源丰富、具有表达复杂蛋白的能力、提取和处理目标产物的简易性、低的生产成本和较少的生物安全隐患等优点,已被广泛用于分子农业生产重组医用蛋白多肽和生物活性物质,如抗原和疫苗/口服疫

更多资讯 尽在农业专业知识服务系统:<http://agri.ckcest.cn/>

苗、抗体、药用蛋白质和多肽、维生素和矿物质、类黄酮、花青素和多酚（如作者前期创制的富含植物营养素花青素的“紫晶米”）、以及类胡萝卜素（如富含高级类胡萝卜素虾青素的功能型水稻新种质“赤晶米”）。基于目前分子农场的现状，该综述提出了增强水稻胚乳生物合成产量的策略，指出了水稻胚乳作为分子农场面临的挑战，并总结了一些相应的解决方案。最后，作者提出了未来通过调整法律法规和促进多学科合作，完善规模化生产，用水稻胚乳提供更多有价值的生物产品，如可用于低成本、大规模生产针对SARS-CoV-2的佐剂植物源性疫苗CoVLP等。

来源：华南农业大学

发布日期：2022-05-18

全文链接：

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/31/Csgk0Ybcv\\_eAYyujAAH6IqokIQY867.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/31/Csgk0Ybcv_eAYyujAAH6IqokIQY867.pdf)

### 3. 专家团队在水稻植物激素信号物质调控细胞死亡和抗病性增强上取得新进展

简介：细胞程序性死亡（PCD）在植物生长发育过程中普遍存在，是决定作物生长和发育的重要过程。病斑突变体（LMMs）的形成与细胞发育、凋亡和植物抗病抗逆的防卫反应密切相关，是研究植物PCD分子机制和抗病性机制的理想材料。因此，探索植物LMMs背后的分子机制是当前的研究热点。在农业生产中，利用大麦类病斑突变基因mlo改良对白粉病的广谱抗性，已取得很大成功；玉米类病斑基因zmMM1突变体也表现出对北方叶枯病、灰斑病和南方锈病的广谱抗性；在当前已有的水稻类病斑突变体基因中，部分表现为对稻瘟病、白叶枯病、稻飞虱等广谱抗性增强；但关于调控坏死和抗性机制仍缺乏足够的认知。近日，福建省农业科学院生物技术研究所“作物分子设计育种科技创新团队”在The Crop Journal杂志在线发表了题为“Rice sl-MH-1 mutant induces cell death and confers blast resistance via the synergistic roles of signaling systems”的研究论文。该研究基于蛋白质组、代谢组和转录组学等方法，发现sl-MH-1突变体影响植物信号转导系统，并通过水杨酸、茉莉酸和脱落酸等协同作用，导致自然细胞坏死和提高稻瘟病抗性。

来源：福建省农业科学院

发布日期：2022-05-16

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/03/Csgk0GKGEZaAOBI5AAHsxpE0kIE078.pdf>

## ➤ 学术文献

### 1. Scattering Intensity Analysis and Classification of Two Types of Rice Based on Multi-Temporal and Multi-Mode Simulated Compact Polarimetric SAR Data (基于多时多模式模拟密集极化SAR数据的两种水稻散射强度分析与分类)

简介：Because transmitting polarization can be an arbitrary elliptical wave, and theoretically, there are numerous possibilities of hybrid dual-pol modes, therefore, it is necessary to explore the feature recognition and classification ability of compact polarimetric (CP) parameters

under different transmitting and receiving modes to different ground objects. In this paper, we first simulated, extracted, and analyzed the scattering intensity of two types of rice of six temporal CP synthetic aperture radar (SAR) data under three transmitting modes. Then, during different phenology stages, the optimal parameters for distinguishing transplanting hybrid rice (T-H) and direct-sown japonica rice (D-J) were acquired. Finally, a decision tree classification model was established based on the optimal parameters to carry out the fine classification of the two types of rice and to verify the results. The results showed that this strategy can obtain a high classification accuracy for the two types of rice with an overall classification accuracy of more than 95% and a kappa coefficient of more than 0.94. In addition, and importantly, we found that the CP parameters in the 1103 period (harvest stage) were the best CP parameters to distinguish the two types of rice, followed by the 0730 (seedling-elongation stage), 0612 (seedling stage), and 0916 (heading-flowering stage) periods.

来源：REMOTE SENSING

发布日期:2022-03-29

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/03/Csgk0GKF\\_ICASwymAGHifmwWFYs280.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/03/Csgk0GKF_ICASwymAGHifmwWFYs280.pdf)

## 2. Loss of OsEAF6, a Subunit of the Histone Acetyltransferase Complex, Causes Hybrid Breakdown in Intersubspecific Rice Crosses(组蛋白乙酰转移酶复合物亚单位OsEAF6的缺失导致亚种间水稻杂交中的杂交破裂)

**简介：**Gene duplication plays an important role in genetic diversification, adaptive evolution, and speciation. Understanding the mechanisms and effects of postzygotic isolation genes is important for further studies of speciation and crop breeding. The duplicate recessive genes hwe1 and hwe2 cause hybrid breakdown, characterized by poor vegetative growth and reproductive dysgenesis in intersubspecific crosses between *Oryza sativa* ssp. indica and japonica. Using a map-based cloning strategy, we found that HWE1 and HWE2 encode the Esa1-associated factor 6 (EAF6) protein, a component of histone acetyltransferase complexes. The indica hwe1 and japonica hwe2 alleles lacked functional EAF6, demonstrating that the double recessive homozygote causes hybrid breakdown. Morphological and physiological observations showed that weak plants with double recessive homozygotes had serious morphological defects with a wide range of effects on development and organs, leading to leaves with reduced chlorophyll content, flower and pistil malformation, and anomalies of gametogenesis. These findings suggest that EAF6 plays a pivotal role in the transcriptional regulation of essential genes during the vegetative and reproductive development of rice.

来源：FRONTIERS IN PLANT SCIENCE

发布日期:2022-03-08

全文链接:

[http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/31/Csgk0YbcsB-AS3H\\_ACk44R65W74288.pdf](http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/31/Csgk0YbcsB-AS3H_ACk44R65W74288.pdf)