



2022年第25期总158期

杂交水稻专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 不同水稻品种硒积累和分配机制研究方面取得进展
2. 专家团队开发T-LOC工具系统分析转基因作物插入位点
3. 中国农大孙文献教授团队揭示稻曲病菌致病新机制

▶ 学术文献

1. 利用籼粳杂交获得的三个遗传群体进行基于二进制作图的QTL分析，发现水稻多粒形杂种优势相关位点
2. 茉莉酸盐缓解开花期高温胁迫对光温敏核不育水稻柱头活力的伤害

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
2022年6月20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. 不同水稻品种硒积累和分配机制研究方面取得进展

简介: 近日, 广东省农业科学院资环所土壤与肥料研究室在国际学术期刊Journal of Cereal Science (JCR大类二区) 发表题为“Comparation of Se accumulation and distribution of two rice (*Oryza sativa* L.) cultivars with high- and low- Se efficiency as affected by exogenous application of selenite”的研究论文, 揭示了灌浆过程中硒高、低效水稻品种累积硒的差异特征。资环所易琼博士为第一作者, 张木研究员为通讯作者。硒是人类和动物健康必需的微量元素, 在维持人体免疫系统健康和降低疾病风险方面发挥着重要作用。膳食中适当补充硒是摄入硒的有效途径, 稻米是最佳选择之一。但不同水稻品种间硒的积累和分配存在较大差异, 其具体机制尚不清楚。该论文阐明了硒高、低效水稻品种间硒积累与分配的差异机制, 为水稻增效富硒生产提供理论和技术支撑。研究表明, 水稻茎秆节在将下部硒向地上部转运过程中起到“泵”的作用, 高累积水稻茎节拥有更强的硒转运载体蛋白(NRT1.1B), 确保能将更多的硒上行运输; 灌浆过程中, 硒高累积水稻品组织内硒与其它多种类矿质元素同步向籽粒转运过程中拥有更加友好的协同运输关系; 硒高效水稻籽粒中硒优先分布在非胚端, 进而优化了籽粒硒的存储空间。

来源: 广东省农业科学院

发布日期:2022-06-15

全文链接:

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/06/Csgk0GKq4wKAB1_HAALF1EWHKXs449.pdf

2. 专家团队开发T-LOC工具系统分析转基因作物插入位点

简介: 近日, 中国农科院植保所作物病原生物功能基因组研究创新团队在国际知名期刊《植物生理学》(Plant Physiology) 在线发表了题为“T-LOC: a comprehensive tool to localize and characterize the T-DNA integration sites”的论文, 该研究开发了一个分析T-DNA插入位点分子特征的流程T-LOC。农杆菌介导的T-DNA转化是植物基因工程的核心技术, 被广泛应用于基础科研和遗传育种研究。T-DNA在植物基因组中的插入位点以及插入到基因组的T-DNA数目都是随机的, 且插入的T-DNA片段经常会突破左右边界的限制。此外, 通过其它方法包括基因枪介导转化、原生质体融合、花粉管通道法转化等产生转基因植物的外源DNA片段的具有类似的特性。转基因植物的分子特征(T-DNA插入位点、插入拷贝数、插入序列、以及对基因组造成的变化等)是转基因植物安全评价的主要内容和核心, 同时也是影响转基因植物性状的重要指标。传统上, southern杂交、荧光定量实时PCR可以用来评估T-DNA的拷贝数, 基于PCR的染色体步移技术(TAIL-PCR, Adapter-PCR)经常被用来分离T-DNA的插入位点, 但是上述方法只适用于T-DNA插入片段比较简单的转基因植物, 且操作复杂、耗时较长。转基因植物的高通量基因组测序数据已开始被应用于评价转基因植物的T-DNA插入片段的分子特征, 目前已经开发TDNAscan, 但是在多种T-DNA插入情况下, TDNAscan不能正确评估T-DNA插入位点, 同时TDNAscan不能评估转基因对植物基因组造成的变化。该论文开发了分析T-DNA插入位点的流程T-LOC (<https://github.com/sfli001/T-LOC>)。利用全基因组测序数据、植物基因组序列和转基因载体序列, T-LOC输出转基因组植物的所有T-DNA插入位点分子特征信息: 包括T-DNA插入位点模式图、T-DNA和植物基因组嵌合测序read序列、植

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

物基因组插入位点测序reads分布图、以及T-DNA插入位点上下游1kb植物基因组和载体序列。利用48个转基因水稻植株的全基因组测序数据，研究人员对T-LOC的性能进行了全面的评估。T-LOC从48株水稻中分离到了75个完整的T-DNA插入位点（含左、右T-DNA插入位点），包括左右边界定义的单个T-DNA、串联或倒置重复的T-DNA、带或者不带抗性筛选标记的截短T-DNA、携带T-DNA左右边界之外的T-DNA骨架、多个完整和截短的T-DNA串联体、T-DNA插入片段和转基因植物之间的超短片段DNA等。研究人员还发现了T-DNA片段可以与农杆菌的质粒DNA片段融合后插入植物基因组。T-DNA插入植物基因组的同时，会引起植物基因组的变化，包括植物基因组的短片段缺失、基因组片段复制、植物基因组完美修复、和植物染色体重排，T-LOC可以提供转基因植物基因组的变化。研究人员对这些研究结果通过PCR扩增、sanger 测序和Nanopore长read测序进行了验证，进一步证明了T-LOC是分析转基因作物插入位点分子特征的有效工具。

来源：中国农科院植物保护研究所

发布日期：2022-06-08

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0YcBnkmAGYzMAAKJLU96vrk570.pdf>

3. 中国农大孙文献教授团队揭示稻曲病菌致病新机制

简介：近日，中国农业大学植物保护学院孙文献教授团队在《植物细胞》（The Plant Cell）在线发表了题为《稻曲病菌效应因子SCRE6作为新型酪氨酸磷酸酶稳定免疫负调控因子OsMPK6以抑制水稻免疫》（*Ustilaginoideavirens secretes a family of phosphatases that stabilize the negative immune regulator OsMPK6 and suppress plant immunity*）的研究论文，揭示了稻曲病菌中的一种新型致病机制，其分泌一类酪氨酸蛋白磷酸酶，通过去磷酸化稳定水稻免疫负调控因子OsMPK6并抑制水稻免疫。同期的《植物细胞》（The Plant Cell）发表了Judith Van Dingenen题为《毒力效应因子致病新机制：真菌磷酸酶效应因子如何突破寄主免疫促进稻曲病菌侵染》（*A virulence effector resolved: how a fungal phosphatase effector promotes rice false smut*）的评论文章。该研究以稻曲病菌富含半胱氨酸蛋白SCRE6为研究对象，证实了SCRE6是稻曲病菌中发挥重要毒性功能的效应蛋白；通过生化实验揭示了SCRE6是一个以水稻免疫负调控因子OsMPK6（Mitogen-Activated Protein Kinase 6）为靶标的酪氨酸蛋白磷酸酶。当病原菌侵染时，水稻识别PAMP后诱导OsMPK6的磷酸化，促进其通过26S蛋白酶体途径降解而激活水稻抗病性。而稻曲病菌分泌的SCRE6能特异性去磷酸化OsMPK6，进而抑制OsMPK6降解，该蛋白积累促进稻曲病菌的侵染；此外，在稻曲病菌中还发现3个SCRE6同源蛋白，与SCRE6构成一类新型酪氨酸蛋白磷酸酶家族。该研究揭示了稻曲病菌致病的新机制，并为通过基因编辑技术创制水稻抗病新种质提供了思路。

来源：中国农业大学

发布日期：2022-05-30

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0YcBmrSAB21AAAJHpB5AJdE970.pdf>

➤ 学术文献

1. Bin mapping-based QTL analyses using three genetic populations

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

derived from indica–japonica crosses uncover multiple grain shape heterosis-related loci in rice (利用籼粳杂交获得的三个遗传群体进行基于二进制作图的QTL分析, 发现水稻多粒形杂种优势相关位点)

简介: Exploitation of heterosis between indica and japonica has important significance in scientific research and agriculture application. However, the molecular mechanism of grain shape heterosis in indica-japonica hybrid remains unknown in rice (*Oryza sativa* L.). To reveal the genetic mechanism of grain shape in indica-japonica hybrid, we constructed a high-generation recombinant inbred line (RIL) population and two testcross hybrid populations derived from the cross of RILs and two cytoplasmic male sterile material (YTA and Z7A) and then performed a bin mapping-based quantitative trait locus (QTL) mapping of multiple grain shape traits, such as grain length (GL), grain width (GW), and grain length-to-width ratio (GLWR). A total of sixteen QTLs and 30 heterosis-related QTLs of grain shape traits were detected. We found that GS3, GS5, and OsPPKL2 were also correlated with grain shape both in RILs and two testcross hybrid populations. Homologous gene analysis emphasized two candidate grain shape-associated genes (LOC_Os06g14260 and LOC_Os04g51950). Our findings uncover multiple grain shape heterosis-related loci and provides a new insight into heterosis mechanism of grain shape in rice.

来源: PLANT GENOME

发布日期: 2021-10-22

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/34/Csgk0YcBpHaAEes0ABROxZPfjOM317.pdf>

2. Jasmonates Alleviate the Harm of High-Temperature Stress During Anthesis to Stigma Vitality of Photothermosensitive Genetic Male Sterile Rice Lines (茉莉酸盐缓解开花期高温胁迫对光温敏核不育水稻柱头活力的伤害)

简介: Using photothermosensitive genic male sterile (PTSGMS) rice (*Oryza sativa* L.) lines to produce hybrids can obtain great heterosis. However, PTSGMS rice lines exhibit low stigma vitality when high-temperature (HT) stress happens during anthesis. Jasmonates (JAs) are novel phytohormones and play vital roles in mediating biotic and abiotic stresses. Little is known, however, if and how JAs could alleviate the harm of HT stress during anthesis to the stigma vitality of PTSGMS lines. This study investigated the question. Two PTSGMS lines and one restorer line of rice were pot-grown and subjected to normal temperature and HT stress during anthesis. The stigma exertion rate, stigma fresh weight, stigma area, contents of JAs, hydrogen peroxide (H₂O₂), and ascorbic acid (AsA), activity of catalase in stigmas, and the number of pollens germinated on the stigma of PTSGMS lines were determined. The results showed that a rice line with higher JAs content in the stigma under HT stress showed lower H₂O₂ content, higher AsA content and catalase activity in stigmas, larger stigma area, heavier stigma fresh weight, more pollens germinated on the stigma, and higher fertilization and seed-setting and rates. Applying methyl JAs during anthesis to rice panicles decreased the accumulation of reactive oxygen species and enhanced stigma vitality, thereby increasing fertilization and seed-setting rates of the hybrids of PTSGMS rice lines under HT stress. The

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

results demonstrate that JAs attenuate the injury of HT stress to the stigma vitality of PTSGMS rice lines through enhancing antioxidant ability.

来源: FRONTIERS IN PLANT SCIENCE

发布日期:2021-03-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/06/Csgk0GKq8NKAHGmoAEcS6WXDI8I948.pdf>