



2022年第31期总164期

杂交水稻专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 科学家发现水稻高产基因
2. 科技创新进展：揭示叶绿体稳定性调控水稻产量和品质新机制
3. 科技创新进展：合作研究揭示病原菌异染色质建立与转录沉默维持的新机制

▶ 学术文献

1. 盐胁迫下超级杂交稻潮油千号的比较转录组学分析
2. 水稻育种的新途径：多倍体育种

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8月1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. 科学家发现水稻高产基因

简介: 7月22日,《科学(Science)》杂志以研究长文的形式在线发表中国农业科学院作物科学研究所作物耕作与生态创新团队研究成果。科研团队从碳-氮协同调控作物产量出发,鉴定到水稻中一个重要转录因子OsDREB1C,发现该转录因子可同时提高水稻光合作用效率和氮素利用效率,显著提高作物产量。此外,OsDREB1C可使水稻提前抽穗,实现高产早熟。据周文彬研究员介绍,水稻是全世界最重要的粮食作物之一,全球超过一半的人口将其作为主要食物来源。在人口持续增加和耕地面积减少条件下,高产是农业生产不懈追求的目标,但近年来作物单产增长缓慢,进一步提高粮食单产亟需新的途径和策略。众所周知,光合作用是地球上一切生命物质和能量的基础,植物通过光合作用将二氧化碳和水同化为有机物,完成碳的固定;另一方面,氮素是叶绿素、蛋白质、核酸及代谢物的重要组成成分,是作物生长发育必需的大量元素。光合碳同化及氮素吸收利用的过程紧密偶联,对作物生长发育和产量形成至关重要,作物碳-氮代谢协同是作物实现高产的基础。在该项研究中,研究人员从光合碳同化和氮素吸收利用协同调控产量出发,在水稻中鉴定到一个同时受光和低氮诱导表达的转录因子OsDREB1C。研究发现,OsDREB1C基因过表达植株较野生型光合碳同化速率显著提高,在光下生长速度更快,并且叶片中积累更多光合同化产物,籽粒灌浆速率加快。同时,过表达植株对氮素的吸收转运能力增强,并能将更多的氮素分配到籽粒中,氮素利用效率显著提高。大田氮肥试验表明,在不施用氮肥条件下,OsDREB1C过表达植株产量已达到甚至高于野生型施用氮肥条件下的产量水平,实现“减氮高产”。此外,研究还意外发现,过表达OsDREB1C可使水稻抽穗期提前,并缩短整个生育周期。通过2018年至2022年间在北京、三亚、杭州的多年多点田间试验发现,在水稻品种“日本晴”中过表达OsDREB1C基因,较野生型可实现水稻显著增产,产量提高41.3~68.3%,收获指数提高40.3~55.7%,抽穗期提前13~19天;在栽培稻品种“秀水134”中增强表达该基因,较野生型产量提高30.1~41.6%,同时收获指数提高14.8~15.7%,抽穗期至少提前2天。OsDREB1C实现高产早熟的基础在于其光合效率和氮素利用效率的协同提高,在营养生长阶段快速地生长以积累足够多的生物量,在生殖生长阶段将大量的碳氮同化产物分配至籽粒中,最终使产量显著提升。研究人员采用多种分子生物学实验手段,进一步深入解析了OsDREB1C转录因子促进水稻高产早熟的分子作用机制。研究发现,该转录因子通过分别与作用于光合作用(OsRBCS3)、氮素吸收转运(OsNRT1.1B、OsNRT2.4和OsNR2)以及开花途径(OsFTL1)的多个靶基因结合,激活这些基因的表达,进而协同调控水稻的光合作用效率、氮素利用效率以及抽穗期。此外,研究人员还在普通小麦品种(Fielder)以及模式植物拟南芥(Col-0)中进行了多物种验证,发现在小麦中增强表达后可使小麦田间增产17.2~22.6%,早熟3~6天,说明该基因在不同作物中均具有提高产量、促进提前抽穗的保守性功能。该研究发现了单一基因可通过对多个重要生理途径的聚合,进而实现作物高产、早熟以及氮素高效利用,为未来通过协同改良多个生理性状实现作物产量潜力突破、减少氮肥施用提供了新思路和新策略。同时,该研究揭示了通过协同提高光合作用效率和氮素利用效率促进水稻高产的生理和分子机制,创新了作物高产理论,并为未来培育更加高产、氮肥更高效以及早熟新品种提供了重要基因资源,指导作物高产育种;该研究将为我们有效应对人口持续增长、耕地面积缩减及全球气候变化背景下如何进一步提高作物产量提供了可能,对于保障国家粮食安全和生态安全具有重要的理论意义和应用价值。

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

来源: 中国农业科学院作物科学研究所

发布日期:2022-07-22

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/39/Csgk0Yc465GABa3lAANaFQZRWQ4024.pdf>

2. 科技创新进展: 揭示叶绿体稳定性调控水稻产量和品质新机制

简介: 近日, 中国水稻研究所种质创新课题组在SCIENCE CHINA Life Sciences发表了题为“LSL1 controls cell death and grain production by stabilizing chloroplast in rice”的研究论文, 该论文揭示了一个含有未知功能结构域的蛋白参与调控叶绿体氧化还原稳态的机制, 进而影响水稻的产量与品质。叶绿体作为植物光合作用的重要场所, 其能量转移及氧化还原稳态的维持对于植物发育至关重要。水稻作为最重要的粮食作物之一, 叶绿体发育异常通常会引起籽粒发育异常, 导致减产和品质受损。解析叶绿体及籽粒发育的分子调控机制, 为保障粮食安全提供分子育种策略。研究人员通过EMS诱变分离得到了一个类病斑ls11突变体, 该突变体在全生育期均表现为类病斑表型。生理实验表明, ls11中活性氧过度积累, 维持ROS稳态的关键酶活性严重失调。TUNEL和彗星实验表明ls11突变体中发生了DNA的异常降解和细胞死亡。ls11突变体叶绿体发育异常, 结合转录组数据表明, LSL1参与光合作用和叶绿素合成过程。叶绿体异常导致了光合作用受损, 其籽粒大小和品质均降低。深入探究LSL1潜在的分子机制, 通过酵母双杂实验对LSL1蛋白进行互作筛选, 鉴定到两个叶绿体发育相关蛋白PAP10与PsaD。LUC和BIFC实验也证实了这一互作关系。值得注意的是, 突变的LSL1蛋白失去了与PsaD蛋白发生互作的能力。因此该研究认为LSL1通过与PAP10和PsaD互作来共同维持叶绿体和细胞正常发育, 进而决定水稻产量和品质。

来源: 中国水稻研究所

发布日期:2022-07-20

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/39/Csgk0Yc46cKAf1D9AAGlgXIUYv0127.pdf>

3. 科技创新进展: 合作研究揭示病原菌异染色质建立与转录沉默维持的新机制

简介: 7月16日, 中国水稻研究所寇艳君研究团队与浙江大学农学院陶增研究员在New Phytologist杂志合作发表了题为“The additional PRC2 subunit and Sin3 histone deacetylase complex are required for the normal distribution of H3K27me3 occupancy and transcriptional silencing in Magnaporthe oryzae”的研究论文, 揭示了稻瘟病菌中多梳抑制复合体2 (Polycomb Repressive Complex 2, PRC2) 介导的异染色质分布和转录沉默维持的调控机制, 加深了对稻瘟病菌致病机理的理解, 也为稻瘟病害防治提供了理论指导。水稻是世界上尤其是我国最重要的粮食作物之一, 稻瘟病菌引起的穗颈瘟和节瘟造成的水稻减产最为严重, 据全国农技推广中心预测数据显示2022年稻瘟病发生面积可达6000万亩次。揭示稻瘟病菌致病机制, 挖掘重要致病因子作为潜在药物靶点, 对稻瘟病害防治具有重要意义。高等生物的生长发育需要适当的基因维持转录沉默, PRC2催化的组蛋白H3第27位赖氨酸的三甲基化修饰 (H3K27me3) 是一类重要的维持基因转录沉默的翻译后修饰。团队前期报导了稻瘟病菌中PRC2复合体的核心亚基Kmt6-Suz12-Eed是维持H3K27me3介导的基因沉默所必需的, 同时核心亚基在稻瘟病菌

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

生长发育、应对环境胁迫和致病过程中效应蛋白的表达调控中起了重要作用。但是H3K27me3在染色体上的占据如何调控并不清楚。此外，在高等动植物中，多梳抑制复合体1 (PRC1) 可以促进染色质凝集，帮助PRC2实现对靶基因的稳定抑制，而在真菌中缺乏PRC1，PRC2如何实现对靶基因转录的稳定抑制有待进一步探索。本研究鉴定到PRC2的附属亚基P55，结合ChIP-seq和RNA-seq等方法，揭示了P55在H3K27me3在染色体上的分布以及基因转录沉默中的重要作用。进一步研究发现，P55与组蛋白去乙酰化复合体的Sin3相互作用，同时Sin3参与了H3K27me3的分布和靶基因转录沉默的调控，表明组蛋白去乙酰化可以与H3K27me3共同促进占据区域的异染色质化，协助PRC2实现对靶基因的稳定抑制。该研究阐明了真菌中调控H3K27me3分布和稳定维持基因转录沉默的新机制。

来源：中国水稻研究所

发布日期:2022-07-19

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/0B/Csgk0GLiN3GAGNM0AAHVsiCGg34702.pdf>

➤ 学术文献

1. Comparative transcriptomic analysis of the super hybrid rice Chaoyouqianhao under salt stress (盐胁迫下超级杂交稻潮油千号的比较转录组学分析)

简介: Background Soil salinization is a threat to food security. China is rich in saline land resources for potential and current utilization. The cultivation and promotion of salt-tolerant rice varieties can greatly improve the utilization of this saline land. The super hybrid rice Chaoyouqianhao (CY1000) is one of the most salt-tolerant rice varieties and is widely used, but the molecular mechanism underlying its salt tolerance is not clear. Results In this study, the characteristics of CY1000 and its parents were evaluated in the field and laboratory. The results showed that aboveground parts of CY1000 were barely influenced by salt stress, while the roots were less affected than those of its parents. A comparative transcriptomic strategy was used to analyze the differences in the response to salt stress among the male and female parents of CY1000 at the seedling stage and the model indica rice 93-11. We found that the salt tolerance of CY1000 was mainly inherited from its male parent R900, and its female parent GX24S showed hardly any salt tolerance. To adapt to salt stress, CY1000 and R900 upregulated the expression of genes associated with soluble component synthesis and cell wall synthesis and other related genes and downregulated the expression of most genes related to growth material acquisition and consumption. In CY1000 and R900, the expression of genes encoding some novel key proteins in the ubiquitination pathway was significantly upregulated. After treatment with MG-132, the salt tolerance of CY1000 and R900 was significantly decreased and was almost the same as that of the wild type after salt stress treatment, indicating that ubiquitination played an important role in the salt tolerance mechanism of CY1000. At the same time, we found that some transcription factors were also involved in the salt stress response, with some transcription factors responding only in hybrid CY1000, suggesting that salt tolerance heterosis might be regulated by transcription factors in rice. Conclusion Our results revealed that the ubiquitination pathway is important for salt

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

tolerance in rice, and several novel candidate genes were identified to reveal a novel salt tolerance regulation network. Additionally, our work will help clarify the mechanism of heterosis in rice. Further exploration of the molecular mechanism underlying the salt tolerance of CY1000 can provide a theoretical basis for breeding new salt-tolerant rice varieties.

来源: BMC PLANT BIOLOGY

发布日期:2022-05-07

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/0B/Csgk0GLfQKyAA-MXADwS6PHCfYQ656.pdf>

2. A New Way of Rice Breeding: Polyploid Rice Breeding (水稻育种的新途径: 多倍体育种)

简介: Polyploid rice, first discovered by Japanese scientist Eiiti Nakamori in 1933, has a history of nearly 90 years. In the following years, polyploid rice studies have mainly focused on innovations in breeding theory, induction technology and the creation of new germplasm, the analysis of agronomic traits and nutritional components, the study of gametophyte development and reproduction characteristics, DNA methylation modification and gene expression regulation, distant hybridization and utilization among subspecies, species and genomes. In recent years, PMeS lines and neo-tetraploid rice lines with stable high seed setting rate characteristics have been successively selected, breaking through the bottleneck of low seed setting rate of polyploid rice. Following, a series of theoretical and applied studies on high seed setting rate tetraploid rice were carried out. This has pushed research on polyploid rice to a new stage, opening new prospects for polyploid rice breeding.

来源: PLANTS-BASEL

发布日期:2021-02-24

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/39/Csgk0Yc2WLKAIPDJAASj4DTbesc646.pdf>