



2022年第43期总176期

杂交水稻专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 科技创新进展：鉴定到一个受高温诱导、调控稻米品质的关键转录因子并解析了其作用机制
2. 专家团队研究组合作揭示假尿苷修饰在水稻低温响应过程中的调控机制
3. 专家团队揭示移动的ARGONAUTE 1d调控水稻低温育性的新机制

▶ 学术文献

1. 氮素营养指数在机插秧杂交籼稻产量估算中的应用
2. IPA1通过GA和WRKY途径干扰淀粉代谢负调控早稻幼苗发育

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10月31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. 科技创新进展：鉴定到一个受高温诱导、调控稻米品质的关键转录因子并解析了其作用机制

简介：近日，中国水稻研究所胡培松院士团队在水稻胚乳发育及稻米品质受高温影响的调控机理研究方面取得重要进展，在Plant Communications上在线发表题为“OPAQUE3, encoding a transmembrane bZIP transcription factor, regulates endosperm storage protein and starch biosynthesis in rice”的研究文章，报道了水稻OPAQUE3 (O3) 编码一个具有跨膜结构域的bZIP转录因子 (OsbZIP60)，能同时调控胚乳储藏蛋白和淀粉的生物合成，参与维持高温下胚乳内质网 (ER) 稳态，保证水稻胚乳的正常发育，为稻米品质遗传改良提供了重要的理论依据。该研究发现了一个稻米品质高温更敏感的胚乳不透明突变体opaque3 (o3)，杭州自然高温环境下，野生型中花11籽粒饱满透明，而突变体o3籽粒灌浆速率降低，成熟籽粒中总淀粉、直链淀粉和总蛋白质及谷蛋白含量显著降低，谷蛋白57-kD前体大量积累，千粒重和单株产量均显著降低。设置更严格的人工高温 (35°C/28°C) 和常温环境 (28°C/22°C) 处理，发现人工高温环境下o3成熟籽粒比常温下突变表型更加极端，籽粒粉质皱缩，直链淀粉、蛋白质含量、粒重极显著降低，而中花11则变化较小，表明o3稻米品质对高温更敏感。细胞学观察发现o3胚乳ER结构异常，ER及其衍生囊泡中滞留了大量的蛋白前体；o3胚乳细胞中部分造粉体提前解体，导致大量的淀粉单粒存在。利用Mut-Map方法克隆了O3基因，发现O3编码一个含跨膜结构域的bZIP转录因子 (OsbZIP60)，O3在发育中的籽粒中高表达；亚细胞定位显示O3在ER与细胞核中双重定位，添加DTT诱导发生ER胁迫，或去除其跨膜结构域后，O3则主要定位于细胞核中。进一步研究发现O3可以直接结合胚乳储藏蛋白和淀粉合成相关基因GluA2、Pro114、Glb1、GBSSI、AGPL2、SBE1和ISA2的启动子中O2、GCN4等motif调控其表达，参与胚乳储藏蛋白与淀粉的合成。此外，O3还可以直接结合ER蛋白质加工核心分子伴侣基因OsbBIP1、PDIL1-1的启动子pUPRE-II box等，参与蛋白质加工与分泌。此外，O3受高温胁迫诱导高表达，高温下o3发生更加严重的ER胁迫，OsbZIP50、BIPs、PDILs、Calnexin、Osfes1C等响应内质网胁迫相关基因大幅度上调表达。严重的ER胁迫反馈促进O3的同源基因OsbZIP50等发生可变剪切进入细胞核，去激活BIPs、PDILs等相关基因的表达，帮助缓解高温下ER胁迫。本研究证明了O3在水稻胚乳发育，特别是高温胁迫下胚乳的正常发育中起着核心的调控作用。为稻米品质遗传改良及培育品质高温钝感水稻品种提供了重要的理论依据。此外，o3突变体胚乳中谷蛋白显著降低，也可以为培育适合肾脏病人食用的低谷蛋白专用水稻提供重要的基因资源。

来源：中国水稻研究所

发布日期：2022-10-25

全文链接：

http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0Yew_XiAS-93AAH_m1RjF8635.pdf

2. 专家团队研究组合作揭示假尿苷修饰在水稻低温响应过程中的调控机制

简介：中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风研究组和中国水稻所魏祥进研究组合作，通过正向遗传学鉴定了水稻苗期温度敏感突变体ospus1，表现为低温叶色白化。OsbPUS1编码水稻叶绿体定位的假尿苷合酶，且受低温诱导表达。OsbPUS1能够与叶绿体

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

rRNA前体直接结合并催化叶绿体rRNA发生假尿苷修饰。在低温下，OsPUS1的功能缺失造成叶绿体rRNA前体异常积累和成熟rRNA的减少，最终导致叶绿体中的核糖体生物合成和翻译状态受到干扰。结合转录组和翻译组分析表明，OsPUS1在调控植物生长发育和应激反应状态基因表达中发挥着重要的平衡功能，当这种平衡被破坏后会造成细胞内活性氧ROS的异常积累，最终导致低温下ospus1突变体异常白化的表型。该研究结果揭示了假尿苷修饰在水稻叶绿体核糖体生物合成和低温响应中的关键功能，在作物改良方面具有重要应用潜力。

来源：中国科学院

发布日期：2022-10-18

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/13/Csgk0GNaRbKAawsNAAGY3HaaAg0035.pdf>

3. 专家团队揭示移动的ARGONAUTE 1d调控水稻低温育性的新机制

简介：单子叶植物生殖细胞中产生大量21-和24-nt phasiRNA，和动物中piRNA类似参与雄配子发育，特别是极端温度下的育性调控，但有关phasiRNA的合成机制及功能调控却知之甚少。近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风研究组在Science China Life Sciences发表了题为Mobile ARGONAUTE 1d binds 22-nt miRNAs to generate phasiRNAs important for low-temperature male fertility in rice的研究论文，揭示了OsAGO1d可以从花药壁细胞移动到花粉母细胞，通过结合22-nt miRNA介导phasiRNA的合成以维持水稻低温育性。前期研究发现phasiRNA的合成需要22-nt miR2118和miR2275与AGO蛋白形成沉默复合体介导PHAS转录本起始切割，随后在RDR6以及DCLs的加工下，产生成熟的21-和24-nt phasiRNA (Johnson et al., 2009; Song et al., 2012a; Song et al., 2012b, Teng et al., 2020)。其中具有5' C特征的21-nt phasiRNA可以装载进入AGO蛋白家族的MEL1中参与减数分裂调控 (Nonomura et al., 2007; Komiya et al., 2014)，参与phasiRNA产生和发挥功能的其它AGO蛋白还未知该研究发现水稻OsAGO1d受低温诱导表达，OsAGO1d敲除突变株在低温下绒毡层降解延迟，导致雄性不育。通过RNA免疫共沉淀实验，发现OsAGO1d主要结合带有5' U 的21-nt phasiRNA以及miR2118和miR2275家族成员。通过全基因组小RNA测序发现OsAGO1d介导了近千个PHAS位点phasiRNA的产生。有意思的是，RNA原位杂交结果显示OsAGO1d主要在花药壁细胞中转录，而免疫荧光与免疫金标的结果则显示OsAGO1d蛋白更多的在花粉母细胞中积累，表明OsAGO1d蛋白质可以从花药壁细胞移动到花粉母细胞中。为了探究OsAGO1d的移动对phasiRNA合成的重要作用。研究人员通过分析依赖于OsAGO1d的phasiRNA组织表达及在花粉母细胞中的分布比例，揭示OsAGO1d在花药壁细胞中结合miR2118从而负责21-nt phasiRNA的产生，而移动到花粉母细胞中主要结合miR2275产生24-nt的phasiRNA。该研究解析了OsAGO1d介导phasiRNA代谢在低温育性调控的重要作用，其可移动的特性精细调控了不同长度phasiRNA的时空分布，为花药发育过程中花药壁与花粉母细胞之间信号交流提供了新的物质基础。

来源：中国科学院

发布日期：2022-10-18

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0Yew-J2ATzM8AANucI99yFQ742.pdf>

学术文献

1. Application of the Nitrogen Nutrition Index to Estimate the Yield of Indica Hybrid Rice Grown from Machine-Transplanted Bowl Seedlings (氮素营养指数在机插秧杂交籼稻产量估算中的应用)

简介: The purpose was to comprehensively compare the prediction accuracy of different nitrogen nutrition indexes (NNILAI and NNIDM) derived from critical nitrogen concentration (N-c) models established by the leaf area index (LAI) and dry matter (DM) in estimating the grain yield of indica hybrid rice grown from machine-transplanted bowl seedlings. Therefore, field experiments were conducted with two high-yielding indica hybrid rice varieties and five nitrogen application rates in 2018 and 2019. The results show that NNIDM peaked in the stem elongation stage, while NNILAI had its maximal value in the mid-tillering stage during the growth stages. The NNILAI had the highest correlation with the relative effective panicle number in the tillering stage when compared with the NNIDM, and the threshold points of the NNI were 0.971 (active tillering stage) and 1.106 (mid-tillering stage). Moreover, the NNILAI had the highest correlation with the relative seed setting rate in the stem elongation-panicle initiation stage compared with the NNIDM, and its threshold points were 1.116 (stem elongation stage) and 1.053 (panicle initiation stage). In contrast, the NNIDM had the highest correlation with the relative seed setting rate in the heading stage compared with the NNILAI, and its threshold point was 1.050 (heading stage). Therefore, the NNILAI in the tillering-panicle initiation stage and NNIDM in the heading stage should be merged to effectively improve the nitrogen nutrition status and its evaluation in addition to the prediction accuracy of the yield of indica hybrid rice grown from machine-transplanted bowl seedlings. This study provides a theoretical basis for improved understanding of the nitrogen status and yield prediction of indica hybrid rice grown from machine-transplanted bowl seedlings.

来源: AGRONOMY-BASEL

发布日期:2022-03-20

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/41/Csgk0Yew7deAfw82AFsybwqHaPo789.pdf>

2. IPA1 Negatively Regulates Early Rice Seedling Development by Interfering with Starch Metabolism via the GA and WRKY Pathways (IPA1通过GA和WRKY途径干扰淀粉代谢负调控早稻幼苗发育)

简介: Ideal Plant Architecture 1 (IPA1) encodes SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 14 (SPL14) with a pleiotropic effect on regulating rice development and biotic stress responses. To investigate the role of IPA1 in early seedling development, we developed a pair of IPA1/ipa1-NILs and found that seed germination and early seedling growth were retarded in the ipa1-NIL. Analysis of the soluble sugar content, activity of amylase, and expression of the alpha-amylase genes revealed that the starch metabolism was weakened in the ipa1-NIL germinating seeds. Additionally, the content of bioactive

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

gibberellin (GA) was significantly lower than that in the IPA1-NIL seeds at 48 h of imbibition. Meanwhile, the expression of GA synthesis-related gene OsGA20ox1 was downregulated, whereas the expression of GA inactivation-related genes was upregulated in ipa1-NIL seeds. In addition, the expression of OsWRKY51 and OsWRKY71 was significantly upregulated in ipa1-NIL seeds. Using transient dual-luciferase and yeast one-hybrid assays, IPA1 was found to directly activate the expression of OsWRKY51 and OsWRKY71, which would interfere with the binding affinity of GA-induced transcription factor OsGAMYB to inhibit the expression of alpha-amylase genes. In summary, our results suggest that IPA1 negatively regulates seed germination and early seedling growth by interfering with starch metabolism via the GA and WRKY pathways.

来源: INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES

发布日期:2021-06-20

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/13/Csgk0GNahWAYrMYAB2YjBf-7VQ489.pdf>