



2023年第54期总187期

杂交水稻专题

本期导读

▶ 前沿资讯

1. 专家研究组挖掘到能够提高草产量和耐镉性的双效基因PvBiP2
2. 专家团队在水稻抽穗期调控方面取得新进展
3. 两个控制水稻芒发育小肽可促进种子传播与萌发

▶ 学术文献

1. 通过CRISPR/Cas9系统编辑Wx和OsBADH2基因创建两系香糯杂交稻
2. 利用粒形QTL的遗传效应选育籼粳杂交稻长粒恢复系

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
2023年1月9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. 专家研究组挖掘到能够提高草产量和耐镉性的双效基因PvBiP2

简介: 我国南方铅、锌及钨矿的矿区及周边土地面临较为严峻的土壤镉(Cd)污染问题。用根系发达的植被覆盖污染土壤能够减少镉离子随降水等因素扩散到周边水源及土壤。柳枝稷是植株高大、根系发达的多年生禾草，其生物产量大，可作为优质能源植物和饲草。目前已有技术能够在柳枝稷生物质生物发酵过程中有效分离、无害化处理镉离子。因此，提高柳枝稷的镉耐性及其生物产量具有重要意义。近期，南京农业大学草业学院徐彬研究组和生科院蔡庆生教授合作在Journal of Hazardous Materials在线发表了题为“Overexpression of PvBiP2 improved biomass yield and cadmium tolerance in switchgrass (*Panicum virgatum* L.)”的研究性论文。该团队在前期研究中发现Cd胁迫导致柳枝稷的内质网胁迫响应，其中有4个内质网定位分子伴侣蛋白(BiP2s)和23个热休克转录因子(HSFs)均受到Cd胁迫上调表达。利用Cd敏感酵母突变体对上述BiP2s和HSFs进行筛选，发现PvBiP2和PvHSF4均能提高酵母的镉耐性。在镉胁迫和ER-胁迫诱导剂(DTT)的处理下，PvBiP2表达量上调，且PvBiP2启动子中存在HSE元件。利用Y1H及体内激活实验证明PvHSF4能够识别并激活PvBiP2的表达。在柳枝稷中过量表达PvBiP2不仅有效提高了柳枝稷的镉耐性，导致更高的镉积累量(提高90-140%)及较低的镉迁移效率(降低46-57%)，还显著提高了柳枝稷的生物产量(提高40-45%)。因此PvHSF4-PvBiP2分子模块可有效提高柳枝稷的镉耐性，PvBiP2具有提高植物镉耐性和生物产量的“双效作用”，可作为柳枝稷及其他植物遗传改良的优质目标基因加以开发利用。

来源: 南京农业大学

发布日期: 2023-01-02

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/48/Csgk0YgNJv-AV2fGAARjBF7PR7A190.pdf>

2. 专家团队在水稻抽穗期调控方面取得新进展

简介: 近日，广东省农业科学院水稻所在发育生物学权威杂志Development(发育生物学一区，IF=6.862)发表题为“OsFLZ2 interacts with OsMADS51 to fine-tune rice flowering time”的研究论文，此研究首次发现FLZ家族基因参与调控植物开花时间，并部分揭示了OsFLZ2基因调控水稻抽穗期的分子机制，为后续培育不同抽穗期的水稻新品种奠定了基础。抽穗期是水稻重要的农艺性状，它决定着水稻的产量以及区域和季节适应性。目前，虽然已有多个水稻抽穗期基因被鉴定报道，但水稻抽穗期调控网络复杂，遗传关系网络并不完善，因此仍需要不断挖掘新的调控基因，解析其调控机制，完善遗传关系网络，从而应用于水稻分子设计育种。研究团队前期通过生物信息学分析和转基因功能验证等手段，发现一类新的调控水稻生长发育和逆境胁迫响应的FLZ(FCS-LIKE ZINC FINGER proteins)家族基因(Ma et al., 2021, 马雅美等, 2022)。本研究中进一步发现过量表达OsFLZ2基因可以延迟水稻开花，而敲除OsFLZ2基因则导致水稻开花提前，说明OsFLZ2负向调控水稻开花途径相关基因(Hd1、Ehd1和Hd3a)。研究团队进一步通过IP-MS等蛋白互作分析实验，证实OsFLZ2蛋白与正向调控水稻抽穗期的转录因子OsMADS51相互作用。蛋白免疫印迹、双荧光报告系统实验等表明OsFLZ2可以促进OsMADS51蛋白降解，从而抑制OsMADS51对下游靶基因Ehd1的转录激活，因而延迟水稻开

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

花。本研究首次发现FLZ家族基因参与调控植物开花时间，并部分揭示了OsFLZ2基因调控水稻抽穗期的分子机制，为后续培育不同抽穗期的水稻新品种奠定了基础，该基因的应用已授权发明专利1项（ZL202111051863.8）。

来源：广东省农业科学院

发布日期：2022-12-28

全文链接：

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1A/Csgk0G02kK2ARGHYAAIpCpLX5fQ795.pdf>

3. 两个控制水稻芒发育小肽可促进种子传播与萌发

简介：近日，华南农业大学农学院/岭南现代农业科学与技术广东省实验室作物资源高效团队在Molecular Plant在线发表了题为“Two awn development-related peptides, GAD1 and OsEPFL2, promote seed dispersal and germination in rice”的研究论文（连接：<https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.12.011>）。文章探讨水稻芒和种子萌发间的关系，揭示了两个EPIDERMAL PATTERNING FACTOR/EPIDERMAL PATTERNING FACTOR-LIKE家族小肽在调控芒发育与影响水稻种子萌发中的双重功能。生存和繁衍是一切生物的本能追求。自然界中，种子传播和萌发对植物生存和繁衍至关重要。植物进化出了一系列精妙的机制来促进种子传播和萌发，其中很多与种子特性有关，如种子顶端芒的发育、落粒性和种子休眠等。一旦种子成熟，便会从母体脱落，在芒和其他种子附属物帮助下向更远的地方传播，并在合适环境下萌发。前人研究表明，小麦芒通过响应外界湿度变化将种子推入潮湿的土壤，促进种子萌发；一些禾本科牧草芒长与种子萌发也有显著相关性。然而，水稻芒对种子的萌发及与种子萌发效率是否存在关联至今仍未有报道。金晶博士在前期研究中鉴定了两个与水稻芒发育相关基因，GAD1/OsEPFL1和OsEPFL2，它们编码属于EPIDERMAL PATTERNING FACTOR/EPIDERMAL PATTERNING FACTOR-LIKE家族的小肽。将水稻品种Kasalath（具有野生型OsEPFL2基因，具有长芒）与相同背景下的基因编辑突变体OsEPFL2cas（具功能缺失OsEPFL2等位基因，短芒或无芒）、W9311（具功能缺失GAD1等位基因，无芒）和OIL31（W9311与野生稻的渗入系，具野生型GAD1基因，具长芒）四个材料进行萌发实验，对GAD1和OsEPFL2基因表达进行分析，并检测种子萌发过程中可溶性糖含量和 α -淀粉酶活性，结果表明，GAD1和OsEPFL2不仅调控芒的发育，还参与调控种子萌发脱落酸（ABA）是调控种子萌发的重要激素。为了探究OsEPFL2和GAD1是否通过ABA信号途径调控种子萌发，用不同浓度的ABA处理水稻材料，结果表明，OsEPFL2和GAD1能在一定程度上缓解ABA对种子萌发和萌发后生长的抑制作用。进一步检测不同萌发时期种子ABA含量发现，随着种子吸涨萌发，ABA含量均有所下降，且无芒材料OsEPFL2cas和W9311均显著高于其相应对照Kasalath和OIL31。对ABA合成和信号基因表达分析发现，GAD1和OsEPFL2通过ABA合成和/或信号途径调控种子萌发。为了进一步探究水稻芒的物理结构是否影响种子萌发。对水稻芒进行人工去除，比较发现人工去除芒后Kasalath和OIL31种子与带芒种子在萌发率上并没有显著差异。那么芒的存在是否会通过影响种子进入土壤角度，进而影响种子的萌发呢？研究测量了种子从1米高度自由落入0.3%琼脂培养基中的自植率，结果表明，芒的长度在很大程度上会影响种子入土角度。进一步将水稻种子以不同角度播种到土壤中，发现水平播种（0°角度入土）的种子比其他角度入土种子萌发需要更长时间。表明芒的物理结构不直接作用于种子萌发，而是通过影响种子进入土壤角度进而影响种子萌发。因此，OsEPFL2和GAD1除了调节ABA信号促进种子萌发外，还正向调控芒的发育，进而协助种子进入土壤，间接提高种子在自然环境中的萌发效率。基于这些结果，研究认为在水稻利

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

用EPFL信号来同时调控种子的传播和萌发，这是一种高效的策略。这项研究表明，水稻小肽GAD1和OsEPFL2不仅能促进芒的发育，还能在种子萌发过程中降低种子ABA含量，提高 α 淀粉酶活性和释放可溶性糖。有意思的是，水稻芒还可以在种子传播过程中影响种子进入土壤角度，促进种子萌发，进而提高植物存活率。本研究阐明了EPF/EPFL家族小肽在水稻种子传播和萌发中的双重功能，加深了我们对芒在自然条件下促进植物生存繁衍的理解。

来源：华南农业大学

发布日期:2022-12-23

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/48/Csgk0YgNRvaAMk3yAAM6sUJEBr4093.pdf>

➤ 学术文献

1. Creation of Two-Line Fragrant Glutinous Hybrid Rice by Editing the Wx and OsBADH2 Genes via the CRISPR/Cas9 System (通过CRISPR/Cas9系统编辑Wx和OsBADH2基因创建两系香糯杂交稻)

简介: Global food security has benefited from the development and promotion of the two-line hybrid rice system. Excellent eating quality determines the market competitiveness of hybrid rice varieties based on achieving the fundamental requirements of high yield and good adaptability. Developing sterile and restorer lines with improved quality for two-line hybrid breeding by editing quality genes with clustered regularly interspaced short palindromic repeat (CRISPR)/Cas9 is an efficient and practical alternative to the lengthy and laborious process of conventional breeding to improve rice quality. We edited Wx and OsBADH2 using CRISPR/Cas9 technology to produce both homozygous male sterile mutant lines and homozygous restorer mutant lines with Cas9-free. These mutants have a much lower amylose content while having a significantly higher 2-acetyl-1-pyrroline aroma content. Based on this, a fragrant glutinous hybrid rice was developed without too much effect on most agronomic traits. This study demonstrates the use of CRISPR/Cas9 in creating two-line fragrant glutinous hybrid rice by editing the components of the male sterile and the restorative lines.

来源: International Journal of Molecular Sciences

发布日期:2023-01-03

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/10/1A/Csgk0G02jrKAbcggABNas3JsS7g663.pdf>

2. Breeding of the Long-Grain Restorer of Indica-Japonica Hybrid Rice by Using the Genetic Effects of Grain Shape QTLs (利用粒形QTL的遗传效应选育籼粳杂交稻长粒恢复系)

简介: Grain shape improvement, which determines grain yield, quality traits and commercial value, is an extremely important aspect of rice breeding. Grain size is controlled by multiple genes, and Marker Assistant Selection (MAS) breeding is effective for breeders in developing

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

stable and efficient markers to aggregate these genes in order to speed up the selection of new lines with desirable traits during the breeding process. In this study, functional markers were developed based on the sequence differences of five grain-shaped genes (GL7, GW6a, GS6, GW5 and TGW6) between the long-grain japonica rice variety Zhendao and the indica-japonica restorer R2027. We then constructed a population of recombinant inbred lines (RILs) based on their cross. The newly designed functional markers were used to genotype grain-size genes, and a genetic effect analysis was conducted to screen high-quality long-grain restorers. Our results reveal diverse effects of different genes on grain size, and the five genotypes were distributed in the 36 selected BC1F8 lines. Specifically, gw5 positively regulates grain width and 1000-grain weight, gl7 and gs6 positively regulate grain length but negatively regulate grain width and 1000-grain weight, tgw6 positively regulates grain length and gw6a positively regulates 1000-grain weight. The most outstanding outcome is that 5 of the 36 lines achieved in this study showing an excellent performance of long grain and yield characters are ideal materials not only for studying the interaction and genetic effects between polygenes but also as restorers or donors for dominant genes in indica-japonica hybrid rice breeding.

来源: Agronomy

发布日期:2022-12-29

全文链接:

<http://agri.ckcest.cn/file1/M00/03/48/Csgk0YgNQzqARUn0ACA-rIEIgYU199.pdf>