



科学研究

科技成果



学术交流



创新中心/创新联盟



科研平台



您当前所在的位置: 首页 > 科学研究 > 科技成果 > 科技成果

省农科院粮食作物研究所在水稻耐冷研究方面取得重要进展

发布日期: 2023-01-29

来源: 粮作所

作者: 吴边

近日, 省农科院粮食作物研究所水稻育种团队在国际知名期刊《International Journal of Molecular Sciences》上在线发表了题为“Transcriptome Analysis Revealed the Dynamic and Rapid Transcriptional Reprogramming Involved in Cold Stress and Related Core Genes in Rice Seedling Stage”的论文(DOI: 10.3390/ijms24031914)。省农科院粮作所为第一完成单位, 游艾青研究员和周雷研究员为共同通讯作者, 博士后吴边和硕士研究生陈思远为共同第一作者。

水稻起源于热带、亚热带, 相较于小麦、大麦等作物对低温更加敏感。低温冷害作为全球性自然灾害, 是导致水稻减产的主要逆境之一, 我国每年因冷害损失稻谷达50~100亿公斤。水稻生长发育的各个时期均可能遭遇冷害: 幼苗期遭遇低温会导致水稻出苗迟, 分蘖慢, 甚至死亡;孕穗期遭遇低温, 则造成颖花减少, 结实率降低, 最终导致减产。因此, 开展水稻耐冷性研究, 挖掘和鉴定耐冷基因, 是通过分子育种手段快速培育耐冷水稻新品种, 解决水稻冷害问题的重要方法之一。

该研究利用转录组和基因组测序, 全面系统分析了一对水稻近等基因系(NILs)在苗期响应冷胁迫的转录重编程过程, 并预测了四个关键候选基因。研究表明, 水稻苗期在冷处理的早期会发生快速而激烈的转录重编程;GO富集和KEGG通路分析表明, 应激反应、环境适应、信号转导、代谢、光合作用和MAPK信号通路参与了冷胁迫响应;通过进一步生物信息学分析, 筛选鉴定了四个潜在的耐冷候选基因, OsWRKY24、OsCAT2、OsJAZ9和OsRR6, 它们在NILs之间表现出显著的表达差异, qRT-PCR进一步验证了这一结果。基因组重测序分析表明, OsWRKY24在NILs之间存在大量的序列变异, 尤其启动子上的变异导致了一些顺式元件的改变如MYB转录因子结合位点等等。本研究不仅为水稻苗期在冷胁迫下转录重编程的动态变化提供了新的见解, 还预测了冷相关候选基因, 为进一步挖掘水稻耐冷基因和解析其分子机理奠定了基础。

上一篇: 中药材所育种与资源团队在国际学术期刊《Plant Science》上发表最新研究成果

下一篇: 粮作所麦类育种团队在JCR一区发表文章揭示大麦侧小穗发育新机制



新闻中心



通知公告



信息门户



电子期刊



图书馆



科技期刊

