
水稻EMOsOREM基因调控类胡萝卜素累积、分蘖及抗逆研究获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/14217.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

类胡萝卜素作为植物中重要的色素，是维他命A合成的前体物质，也是某些重要植物激素，如脱落酸（ABA）和独脚金内酯（SL）的前体物质。Orange(Or)基因是在天然突变的菜头呈橘黄色的花椰菜中发现的，其作为调控类胡萝卜素累积的重要因子在双子叶植物中已见报道；然而，对于单子叶植物水稻的OsOR基因的调控机制尚未明确。水稻是重要的粮食作物，大米胚乳中缺乏多种维生素和矿物质，其中包含类胡萝卜素。因此，研究水稻中类胡萝卜素含量的调控机制可为功能性大米的研发提供理论基础。

近日，中国科学院东北地理研究所方军团队在Plant Science上，在线发表了题为Overexpression of the rice ORANGE gene OsOR negatively regulates carotenoid accumulation, leads to higher tiller numbers and decreases stress tolerance in Nipponbare rice的研究论文。通过超量表达OsOR以及构建Cas9敲除突变体深入解析了OsOR的生物学功能和作用机制。研究发现，超量表达水稻OsOR基因的水稻植株在分蘖前期叶片表现出白色条纹，证实该现象可能由于OsOR通过调控类囊体的发育从而减少了类胡萝卜素的累积而导致。研究还发现，OsOR能够通过调控在水稻分蘖过程中起重要作用的植物激素SL的合成和信号传递途径，从而影响水稻的分蘖。此外，超量表达OsOR对盐胁迫和冷胁迫更为敏感，说明OsOR还参与水稻对非生物胁迫的应答过程。研究表明，与花椰菜中OR不同，水稻中组成型超量表达OsOR在叶片组织中对类胡萝卜素积累起负调控作用，但对分蘖有促进作用，同时降低了抗逆能力。该研究为进一步利用OsOR基因的功能（如组织特性表达OsOR基因）奠定了基础。

相关研究成果由中科院东北地理所方军团队与遗传与发育研究所研究员储成才团队等合作完成，东北地理所水稻分子育种学科组助理研究员于洋、东北农业大学硕士于纪洋、中科院上海植物生理生态研究所助理研究员王庆龙为论文共同第一作者，储成才和方军为论文共同通讯作者。研究

工作得到国家区域创新发展联合基金、黑龙江省自然科学基金和中科院战略性先导科技专项的资助。

[论文链接](#)

OsOR

超量表达植株的表型分析 (A) 野生型植株与超量表达植株中OsOR基因的表达量分析。(B) 叶片中叶绿素含量检测。(C) 野生型植株与超量表达植株的株高分析。(D) 野生型与超量表达OsOR基因的愈伤组织表型分析。(E) 分蘖早期表型分析。(F) 分蘖晚期表型分析。(G) 成熟期表型分析。(H) 暗处理下表型分析。

研究团队单位：东北地理与农业生态研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](#)转发