

# IJMS 福建农林林文雄张志兴：NMT 发现水稻通过维持根系 K/Na 稳态实现低温抗逆性 为水稻耐冷机制研究提供基础



International Journal of  
*Molecular Sciences*

Article

## Transcriptome Analysis of the Responses of Rice Leaves to Chilling and Subsequent Recovery

Zhong Li <sup>1,2</sup>, Muhammad Umar Khan <sup>2</sup> , Puleng Letuma <sup>3</sup>, Yuebin Xie <sup>1</sup>, Wenshan Zhan <sup>1</sup>, Wei Wang <sup>1,2</sup>, Yuhang Jiang <sup>1,4</sup>, Wenxiong Lin <sup>1,2,\*</sup> and Zhixing Zhang <sup>1,2,\*</sup>

### 一、基本信息

研究使用平台：NMT 温度胁迫创新平台  
期 刊：International Journal of Molecular Science

主题：NMT 发现水稻通过维持根系 K/Na 稳态实现低温抗逆性 为水稻耐冷机制研究提供基础

标 题：Transcriptome Analysis of the Responses of Rice Leaves to Chilling and Subsequent Recovery

影响因子：6.208

作者：福建农林大学林文雄、张志兴、李忠

### 二、检测离子 / 分子指标

Na<sup>+</sup>、K<sup>+</sup>

### 三、样品信息

水稻根分生区

### 四、中文摘要

提高水稻苗期的耐冷性对农业研究至

关重要。为了更好地了解水稻的耐冷机制，本研究对一个水稻品种 Dular 进行了生理检测和转录组学分析。低温抑制了水稻的叶绿素和非结构性碳水化合物（NSC）的合成，破坏了植株的离子平衡，导致水稻叶片功能受损。恢复常温处理可有效逆转冷胁迫。转录组结果显示，在三种不同的温度下鉴定出 21970 个基因，其中 11732 个基因差异表达。KEGG 分析显示，差异表达基因的功能类别主要为核糖体（8.72%）、光合作用天线蛋白（7.38%）、苯丙类生物合成（11.41%）和亚油酸代谢（10.07%）。亚细胞定位显示，大部分蛋白位于叶绿体（29.30%）、胞浆（10.19%）和细胞核（10.19%）。一些参

收稿日期：2022-12-26

编辑作者 E-mail:yanhan@nmtia.org.cn

与光合作用、核糖体、苯丙类生物合成和亚油酸代谢的基因在增强水稻对低温胁迫的适应性和恢复能力方面发挥关键作用。这些研究结果为今后水稻耐冷机制的研究提供了基础。

### 五、离子 / 分子流实验处理方法

水稻幼苗常温状态下 (CT) - 低温处理 24h (TR) - 恢复常温处理 24h (RC)

### 六、离子 / 分子流实验结果

采用非损伤微测技术 (NMT) 对水稻根分生区域进行了测定。3 种处理的水稻根系的离子流速有显著差异。常温下水稻根系中的  $K^+/Na^+$  处于稳态。冷胁迫影响了水稻根系中的离子平衡, 导致  $K^+$  的外排和  $Na^+$  的吸收, 从而破坏了  $K^+/Na^+$  平衡。恢复常温处理后, 植株能有效抑制  $K^+$  外排, 同时大量排出  $Na^+$  (图 1)。

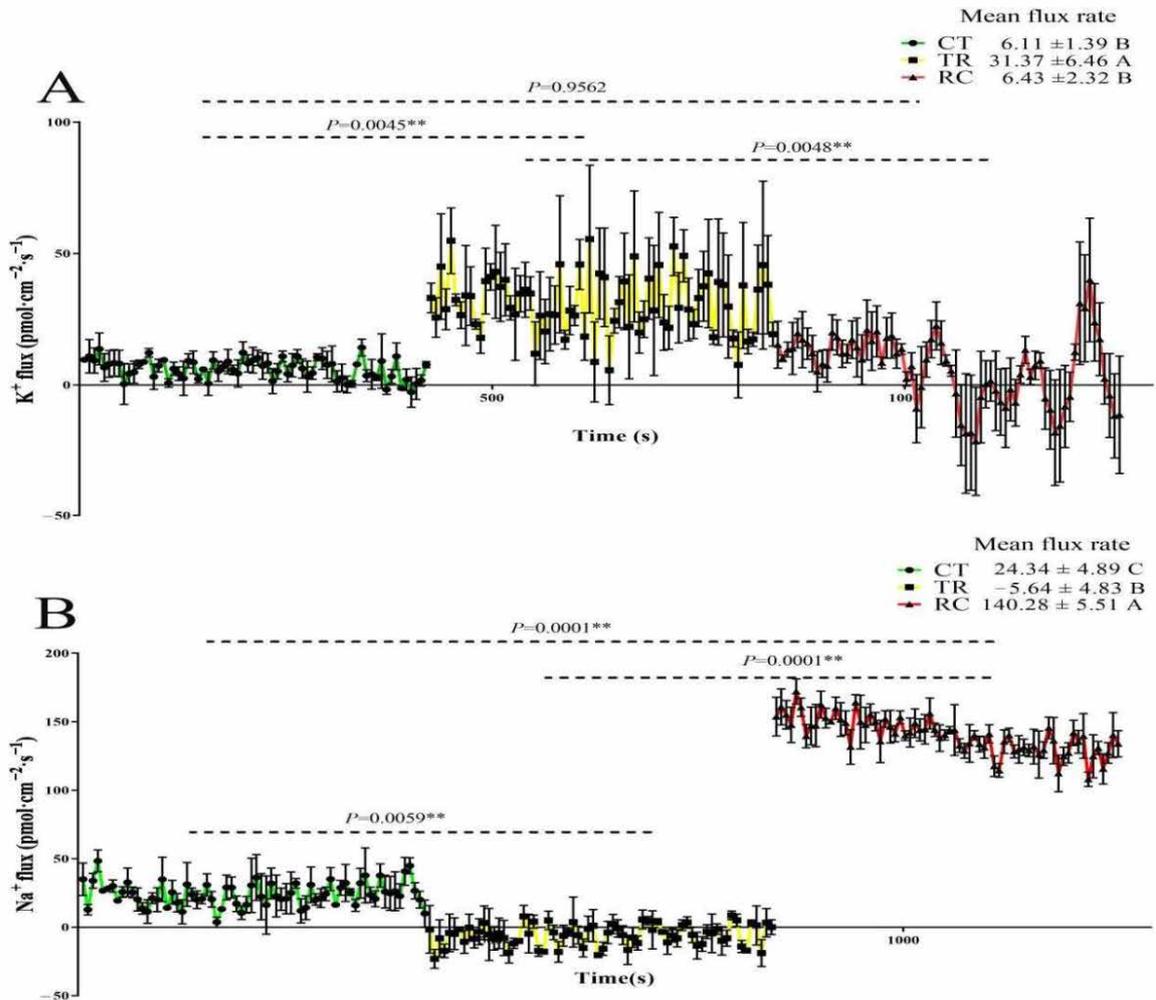


图 1. 根系离子流速情况。正值代表外排, 负值代表吸收。

## 七、其它实验结果

- 与 CT 处理相比, TR 处理显著降低了 Dular 叶绿素 a+b 和类胡萝卜素含量。一方面, RC 的叶绿素 a+b 和类胡萝卜素含量显著高于 TR, 但低于 CT; 另一方面, RC 的脯氨酸含量显著低于 TR 处理, 但高于 CT 处理。RC 的可溶性糖含量 (SSC) 和淀粉含量 (SC) 显著高于 TR 处理, 低于 CT 处理。这些结果表明, 虽然与 CT 处理不同, 但在 TR 处理下叶片发生了损伤, 而在 RC 处理下叶片恢复较快。
- 在所有 CT、TR 和 RC 样本中共鉴定出 21970 个基因。其中, 在 CT、TR 和 RC 样本中分别鉴定了 20096、20177 和 19209 个基因。此外, 在 CT 和 TR、TR 和 RC 以及 CT 和 RC 中分别鉴定出 839、733 和 444 个基因。共有 17748 个基因在所有三种处理 (CT、TR 和 RC) 中同步表达。
- 三种处理的主成分分析显示了转录组数据的高再现性。TR 和 CT 样品差异显著, 说明 Dular 的转录组在低温条件下发生了显著变化, 植株受到了强烈的胁迫。然而, RC 和 CT 样品之间的差异小于 CT 样品之间的差异。
- 一些参与光合作用、核糖体合成、苯丙类生物合成和亚油酸代谢的基因在增强水稻对低温胁迫的适应性和恢复能力方面发挥关键作用。

## 八、结论

低温严重影响水稻的生长发育。短时间低温处理后的温度恢复保证了水稻叶绿素和 NSC 的合成, 维持了植株的离子平衡。光合作用、亚油酸代谢的上调, 核糖体和苯丙类生物合成的下调, 表明温度恢复后植物的状态由冷胁迫向生长发育转变。这些结果表

明, 恢复常温处理可以有效地逆转冷胁迫。本研究揭示了水稻感知、传递低温信号并激发耐冷功能的过程和机理, 为进一步认识植物的耐冷机制, 加快耐冷作物分子育种的进展提供了理论基础。

## 九、测试液

$K^+$ : 0.1mM  $CaCl_2$ , 0.1mM  $KCl$ , 0.3mM MES, pH 6.0.

$Na^+$ : 0.1mM  $CaCl_2$ , 0.1mM  $KCl$ , 0.1mM  $NaCl$ , 0.3mM MES, pH 6.0

关键词: 温度变化; 水稻; 转录调控; 离子平衡; 生长与发展; 逆境胁迫; 能量代谢; 胁迫水平; 植物类

文献信息: Li Z, Khan MU, Letuma P, Xie Y, Zhan W, Wang W, Jiang Y, Lin W, Zhang Z. Transcriptome Analysis of the Responses of Rice Leaves to Chilling and Subsequent Recovery. *Int J Mol Sci.* 2022 Sep 15;23(18):10739. doi: 10.3390/ijms231810739. PMID: 36142652; PMCID: PMC9502032.