



网络出版日期:2020-06-02

doi:10.7606/j.issn.1004-1389.2020.06.008

网络出版地址:<http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20200601.1511.030.html>

盐胁迫下 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻的主要农艺性状分析

楚乐乐, 罗成科, 路旭平, 李芳兰, 马天利, 李培富

(宁夏大学农学院, 宁夏优势特色作物现代分子育种重点实验室, 银川 750021)

摘要 为探究盐胁迫下 *OsDSR2* 抑制表达后对水稻主要农艺性状和产量的影响, 进一步阐明 *OsDSR2* 参与调控水稻耐盐机制, 以野生型植株中花 11(ZH11) 和 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻不同株系 DR14 和 DR20 为试验材料, 植株幼穗分化期进行 0.15 mol/L 盐胁迫处理, 待植株完熟后测定穗长、每穗总粒数、每穗实粒数、结实率、单株穗数、单株粒质量、千粒质量等主要农艺性状, 并进行相关性和主成分分析。结果表明, 盐胁迫后 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻的单株穗数、结实率均显著高于野生型 ZH11, 正常条件下, *OsDSR2* RNAi 转基因水稻单株粒质量均显著低于野生型 ZH11, 盐胁迫后二者均降低但无显著性差异。与正常条件下相比, 盐胁迫处理后 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的千粒质量与每穗实粒数呈显著负相关性, 单株粒质量与穗长、结实率、千粒质量呈负相关性, 单株穗数与穗长、结实率呈负相关性, 单株粒质量与每穗总粒数呈正相关性; 结实率与穗长、每穗总粒数呈负相关性。盐胁迫处理后 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻第一、二主成分中, 分别是单株粒质量和结实率特征向量最大。综上, 盐胁迫下 *OsDSR2* 的抑制表达主要通过抑制水稻植株的单株穗数、结实率和单株粒质量的降低, 协调单株粒质量与单株穗数、结实率、千粒质量的关系以及结实率与千粒质量、单株穗数的关系, 从而调控盐胁迫下水稻的产量。

关键词 盐胁迫; *OsDSR2*; 水稻; 农艺性状

中图分类号 S511

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2020)06-0877-09

水稻是中国的主要粮食作物, 也是功能基因组研究的模式作物。近年来由于人类活动的影响, 土壤盐碱化程度加剧, 耕地面积减少, 致使包括西北地区在内的同类水稻产区的种植面积和产量受到限制, 严重影响着农业的可持续发展^[1]。随着现代生物技术的发展, 充分挖掘并克隆耐盐相关基因, 进一步利用转基因技术培育耐盐水稻品种, 提高水稻产量和品质, 成为主要育种手段之一。

Nakashima 等^[2] 研究认为 *OsNAC6* (与 *SNAC2* 为同一基因) 过表达转基因水稻虽增强了耐盐性, 但转基因水稻生长滞后且产量下降。He 等^[3] 研究证实可溶性无机焦磷酸酶基因 *ThPP1* 通过上调差异表达基因调节磷酸盐和渗透调节物质的积累, 进而增强转基因水稻植株的耐盐碱性。Guo 等^[4] 和 Guan 等^[5-6] 先后报道 *ALT1*、*OsLOL5* 和 *OsCu/Zn-SOD* 基因参与水

稻对盐碱胁迫的应答。Zou 等^[7] 研究发现 *OsABI5* 是一个水稻耐盐的负调节子, *OsABI5* 的抑制表达转基因水稻显示出较强的抗逆性。Tao 等^[8] 和 Liu 等^[9] 研究表明 *OsWRKY45-2* 和 *OsERF922* 负调控对盐胁迫具有一定耐受性。近年来, 关于正向调控水稻响应盐胁迫基因的研究较多, 关于负向调控水稻响应盐胁迫基因的研究相对较少, 盐胁迫下基因抑制表达后对水稻主要农艺性状调控的研究更少, 而本试验中 *OsDSR2* (LOC_Os01g 62200, DUF966-stress repressive gene 2 in *Oryza sativa*) 是一个多胁迫抑制基因, 该基因参与水稻逆境胁迫应答, *OsDSR2* 基因的超量表达增加了转基因水稻植株对盐胁迫的敏感性, 暗示 *OsDSR2* 可能负调控水稻对盐胁迫的耐受性^[10]。

实验室前期构建了 *OsDSR2* RNAi 抑制表达载体, 获得了抑制表达转基因水稻植株, 并进一步

收稿日期:2019-11-03 修回日期:2020-02-25

基金项目: 国家自然科学基金(31560297)。

第一作者: 楚乐乐, 男, 硕士研究生, 研究方向为水稻抗逆分子生物学。E-mail: Lele_keven@163.com

通信作者: 罗成科, 男, 副研究员, 研究方向为植物抗逆分子生物学。E-mail: chkluo2002@163.com

对 T3 代 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻四叶期的植株进行了表型鉴定和逆境生理指标(脯氨酸、可溶性糖、细胞膜透性、丙二醛、抗氧化酶活性、 Na^+ 、 K^+ 含量等)的测定。结果表明, *OsDSR2* RNAi 抑制表达转基因水稻在表型上表现出一定的耐盐性, 在生理层面上, 主要通过降低细胞膜透性、丙二醛(MDA)含量和 Na^+/K^+ , 增加脯氨酸(Pro)和过氧化物酶(POD)活性来提高苗期水稻植株的耐盐性。在此基础上, 开展盐胁迫下 *OsDSR2* RNAi 抑制表达转基因水稻的农艺性状特性的研究, 旨在揭示盐胁迫下 *OsDSR2* 抑制表达后对主要农艺性状的影响, 阐明 *OsDSR2* 参与调控水稻耐盐机制, 为进一步阐明 *OsDSR2* 参与调控水稻耐盐性作用机理奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

试验所用的水稻材料为野生型中花 11 (ZH11) 和 T2 代 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻的两个不同株系(DR14 和 DR20)。其中, ZH11 为对照(CK), *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株作为研究材料。该材料是根据 *OsDSR2* 的 cDNA 序列及其蛋白质的保守结构域, 通过扩增 *OsDSR2* 基因的 RNAi 目标片段(约 300 bp), 将其构建到干扰载体上, 利用农杆菌介导的遗传转化方法获得, 并对目的基因片段及其表达量进行了检测, 筛选出阳性植株, 最终选择干扰表达最为明显的两个株系(DR14 和 DR20)作为后续研究材料。

1.2 处理与方法

ZH11 种子置于 1/2 MS(Murashige and Skoog)培养基上发芽, 转基因水稻种子在含有潮霉素的 1/2 MS 培养基上筛选发芽, 待幼苗长至第 3 片叶时进行炼苗培养, 挑选长势一致的幼苗培养至四叶期, 移植于盆栽中(黄土与培养基按体积比为 3:2 混合而成), 盆栽置于宁夏大学科教园区温棚内, 转基因材料与其对应的野生型植株分别种 10 盆, 每盆 5 株。尽量保证转基因植株和野生型植株相邻种植, 试验设置 3 次重复, 随机排列, 当大部分材料进入幼穗分化期时, ZH11 和转基因水稻分别随机挑选 3 盆, 添加 0.15 mol/L NaCl 溶液进行盐胁迫处理 21 d 后, 换水恢复。此外, 随机挑选 3 盆不添加 NaCl(Normal) 即正常条件。待植株成熟后统计穗长、千粒质量、每穗总粒数等主要农艺性状。

1.3 数据的统计与分析

采用 SPSS 19.0 进行单因素方差分析(one-way ANOVA), 最小显著差异法(LSD)进行多重比较, 利用 OriginPro 2017 软件进行作图。

2 结果与分析

2.1 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株穗长与单株穗数

如图 1 所示, 盐胁迫处理前后, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的穗长与野生型 ZH11 均有极显著差异性($P < 0.01$)。盐胁迫处理引起两种不同材料的单株穗数的减少, 在正常条件下, *OsDSR2* RNAi 转基因植株(DR14 和 DR20)的单株穗数显著小于 ZH11($P < 0.05$), 均为 9.67, 但是盐胁迫条件下, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的单株穗数分别为 5.00 和 4.33, 而 ZH11 的单株穗数为 3.00。*OsDSR2* RNAi 转基因植株的单株穗数显著高于 ZH11($P < 0.05$), 说明盐胁迫下 *OsDSR2* 的抑制表达, 可以通过抑制单株穗数的降低来提高其对盐胁迫的适应性。

2.2 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株每穗的总粒数、实粒数与结实率

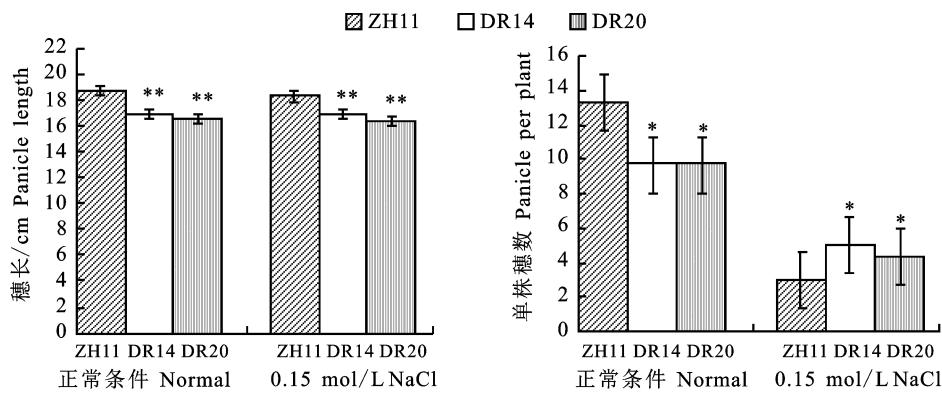
如图 2 所示, 正常条件下, *OsDSR2* RNAi 转基因植株与野生型 ZH11 的每穗总粒数、每穗实粒数均无显著差异性。盐胁迫处理后, *OsDSR2* RNAi 转基因植株与野生型 ZH11 的每穗总粒数、每穗实粒数均有所降低, 但两种材料之间均无显著差异性; 相比于正常条件下, 盐胁迫处理引起了两种植株的结实率降低, 盐胁迫后 ZH11 的结实率为 0.23, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的结实率为 0.27, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的结实率显著高于 ZH11($P < 0.05$), 说明盐胁迫下 *OsDSR2* 的抑制表达, 可以通过抑制结实率的降低来提高其对盐胁迫的适应性。

2.3 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株单株粒质量与千粒质量

如图 3 所示, 相比于正常条件下, 盐胁迫处理后 *OsDSR2* RNAi 转基因植株与 ZH11 的千粒质量降低, 但两种材料在盐胁迫处理前后均无显著差异性; 但转基因植株的千粒质量高于 ZH11 的千粒质量。正常条件下, ZH11 的单株粒质量为 38.06 g, *OsDSR2* RNAi 转基因植株 DR14 和 DR20 的单株粒质量为 24.42 g, 24.49 g, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的单株粒质量极显著低于

对照($P<0.01$),而盐胁迫处理后两种材料的单株粒质量并无显著性差异。说明盐胁迫下 *OsD-*

SR2 的抑制表达,可以通过抑制单株粒质量的降低来提高其对盐胁迫的适应性。



* significant level of $P<0.05$, ** significant level of $P<0.01$, the same below

图 1 盐胁迫下 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株中穗长和单株穗数

Fig. 1 Panicle length and panicle per plant in *OsDSR2* RNAi transgenic rice plants under salt stress

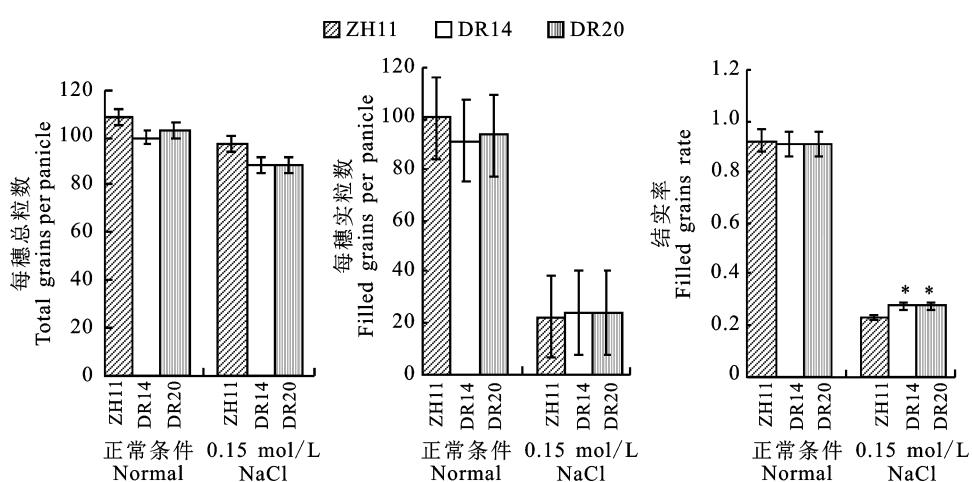


图 2 盐胁迫下 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株中每穗总粒数、每穗实粒数和结实率

Fig. 2 Total grains, filled grains per panicle and filled grain rate in *OsDSR2* RNAi transgenic rice plants under salt stress

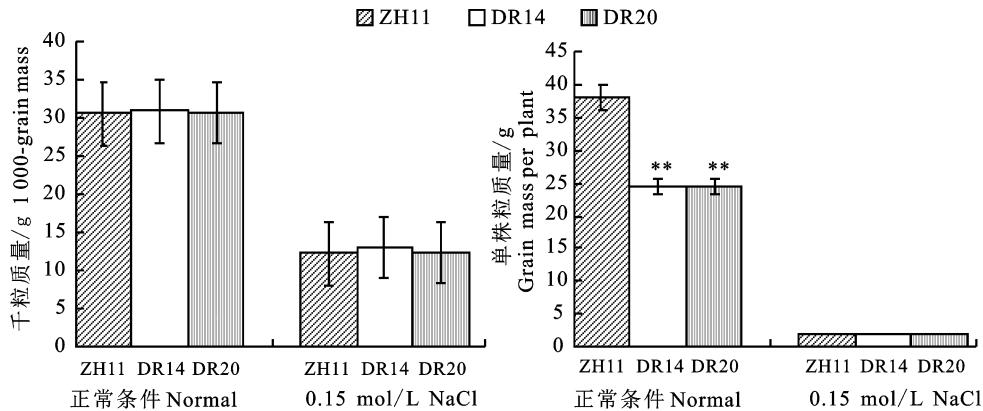


图 3 盐胁迫下 *OsDSR2* RNAi 转基因水稻植株千粒质量和单株粒质量

Fig. 3 Grain mass per plant and 1 000-grain mass in *OsDSR2* RNAi transgenic rice plants under salt stress

2.4 *OsDSR2 RNAi* 转基因水稻植株主要农艺性状相关性

在正常条件下(表1),ZH11的千粒质量与穗长、每穗总粒数、每穗实粒数、每穗实粒率、单株粒质量呈正相关性,与单株穗数呈负相关性,其中与穗长呈极显著正相关性($P<0.01$);单株粒质量与每穗总粒数、每穗实粒数呈负相关性,与结实率呈正相关性;单株穗数与每穗实粒数、结实率呈负相关性,其中与结实率呈显著负相关性($P<0.05$);结实率与穗长呈正相关性,每穗实粒数与穗长、每穗总粒数呈正相关性。

与正常条件下相比,盐胁迫处理后(表2),ZH11植株的千粒质量与穗长、每穗总粒数、每穗实粒数、单株粒质量呈负相关性,而与单株穗数呈正相关性,单株粒质量与每穗总粒数变为呈正相关性,与每穗实粒数、结实率呈负相关性,其中结实率呈显著负相关($P<0.05$),单株穗数与每穗实粒数呈负相关性,但二者之间已无显著性差异,而与结实率变为呈正相关性,结实率与穗长变为呈显著负相关性($P<0.05$),每穗实粒数与穗长、每穗总粒数变为呈负相关性。

表1 正常条件下 ZH11 植株主要农艺性状相关性

Table 1 Correlation of main agronomic traits in ZH11 plants under normal condition

性状 Trait	穗长 Panicle length	每穗总粒数 Total grains per panicle	每穗实粒数 Filled grains per panicle	结实率 Filled grains rate	单株穗数 Panicle per plant	单株粒质量 Grain mass per plant
每穗总粒数 Total grains per panicle	0.42					
每穗实粒数 Filled grains per panicle	0.69	0.94				
结实率 Filled grains rate	0.73	-0.32	0.01			
单株穗数 Panicle per plant	-0.84	-0.85	-0.97*	-0.23		
单株粒质量 Grain mass per plant	0.39	-0.67	-0.39	0.92	0.17	
千粒质量 1 000-grain mass	0.99**	0.53	0.77	0.64	-0.90	0.28

* 表示 $P<0.05$ 的显著水平, ** 表示 $P<0.01$ 的显著水平, 下同。

* Significant level of $P<0.05$, ** Significant level of $P<0.01$, the same below.

表2 盐胁迫后 ZH11 植株主要农艺性状相关性

Table 2 Correlation of main agronomic traits in ZH11 plants under salt stress

性状 Trait	穗长 Panicle length	每穗总粒数 Total grains per panicle	每穗实粒数 Filled grains per panicle	结实率 Filled grains rate	单株穗数 Panicle per plant	单株粒质量 Grain mass per plant
每穗总粒数 Total grains per panicle	0.86					
每穗实粒数 Filled grains per panicle	-0.83	-0.43				
结实率 Filled grains rate	-0.98*	-0.95	0.69			
单株穗数 Panicle per plant	-0.06	-0.57	-0.50	0.28		
单株粒质量 Grain mas per plant	0.93	0.61	-0.98*	-0.83	0.31	
千粒质量 1 000-grain mass	-0.48	-0.87	-0.08	0.67	0.90	-0.13

在正常条件下(表3),*OsDSR2 RNAi* 转基因植株的千粒质量与每穗总粒数、每穗实粒数、结实率、单株穗数、单株粒质量呈正相关性,其中与每穗实粒数、结实率、单株穗数呈显著正相关性($P<0.05$);单株粒质量与穗长、结实率呈正相关性,与每穗总粒数呈负相关性,其中与结实率呈显著正相关性($P<0.05$);单株穗数与穗长、结实率呈正相关性,其中与结实率呈极显著正相关性

($P<0.01$);结实率与穗长、每穗总粒数呈正相关性,其中与穗长呈显著正相关性($P<0.05$);每穗实粒数与穗长、每穗总粒数呈正相关性,其中与每穗总粒数呈极显著正相关性($P<0.01$);每穗总粒数与穗长呈正相关性。

盐胁迫处理后(表4),*OsDSR2 RNAi* 转基因植株的千粒质量与每穗总粒数、每穗实粒数、结实率,单株穗数,单株粒质量变为呈负相关性,其

中与每穗实粒数呈显著负相关性($P<0.05$)。单株粒质量与穗长、结实率呈负相关性,而与每穗总粒数变为呈正相关性。单株穗数与穗长、结实率变为呈负相关性。结实率与穗长、每穗总粒数变

为呈负相关性。每穗实粒数与穗长呈负相关性,与每穗总粒数呈正相关性,但无显著性差异。每穗总粒数与穗长呈负相关性,结实率与穗长呈负相关性。

表3 正常条件下 *OsDSR2 RNAi* 转基因水稻植株主要农艺性状的相关性Table 3 Correlation of main agronomic traits in *OsDSR2 RNAi* transgenic rice plants under normal condition

性状 Trait	穗长 Panicle length	每穗总粒数 Total grains per panicle	每穗实粒数 Filled grains per panicle	结实率 Filled grains rate	单株穗数 Panicle per plant	单株粒质量 Grain mass per plant
每穗总粒数 Total grains per panicle	0.12					
每穗实粒数 Filled grains rate per panicle	0.44	0.91 **				
结实率 Filled grains rate	0.81 *	0.30	0.66			
单株穗数 Panicle per plant	0.71	0.33	0.65	0.90 **		
单株粒质量 Grain mass per plant	0.61	-0.29	0.09	0.77 *	0.58	
千粒质量 1 000-grain mass	0.66	0.62	0.84 *	0.82 *	0.85 *	0.28

表4 盐胁迫后 *OsDSR2 RNAi* 转基因水稻植株主要农艺性状的相关性Table 4 Correlation of main agronomic traits in *OsDSR2 RNAi* transgenic rice plants after salt stress

性状 Trait	穗长 Panicle length	每穗总粒数 Total grains per panicle	每穗实粒数 Filled grains per panicle	结实率 Filled grains rate	单株穗数 Panicle per plant	单株粒质量 Grain mass per plant
每穗总粒数 Total grains per panicle	-0.04					
每穗实粒数 Filled grains rate per panicle	-0.25	0.25				
结实率 Filled grains rate	-0.17	-0.65	0.57			
单株穗数 Panicle per plant	-0.21	0.68	0.27	-0.35		
单株粒质量 Grain mass per plant	-0.40	0.57	0.45	-0.13	0.37	
千粒质量 1 000-grain mass	0.49	-0.35	-0.78 *	-0.31	-0.07	-0.38

2.5 *OsDSR2 RNAi* 转基因水稻植株主要农艺性状主成分分析

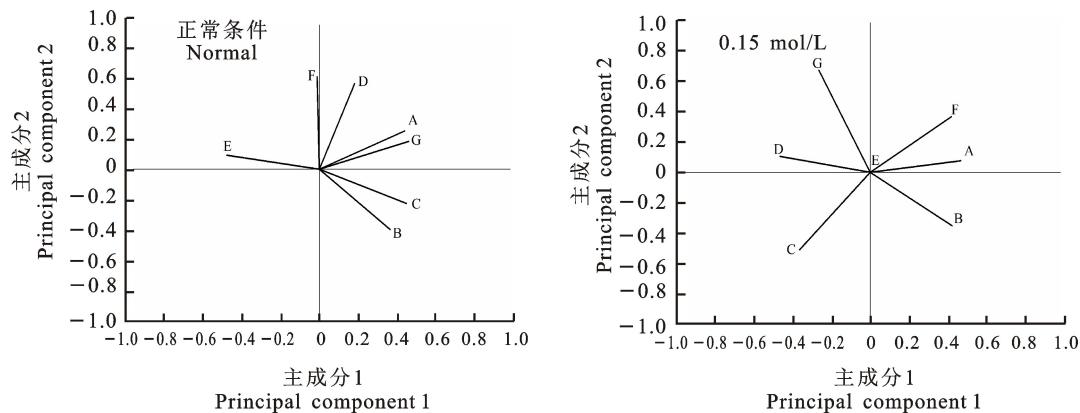
对穗长、每穗总粒数、每穗实粒数、结实率、单株穗数、单株粒质量、千粒质量等7个指标进行主成分分析,再从7个特征根中选取较大的2个特征根及特征向量,如表5和图4所示,正常条件下,第一主成分的遗传方差累积百分率为61.36%,每穗实粒数、千粒质量等特征向量较大,单株穗数(最大),在第二主成分中,方差累积百分率为100%,其特征向量中结实率和单株粒质量较大,每穗总粒数和每穗实粒数较小;相比于正常条件下,盐胁迫处理后,第一主成分的遗传方差累积百分率为75.08%,每穗实粒数、结实率、千粒质量特征向量变为负值,单株穗数、单株粒质量变为正值,穗长的特征向量最大,第二主成分的遗传

方差累积百分率为100%,千粒质量的特征向量变为最大。说明盐胁迫下,ZH11植株第一主成分中,随着穗长、单株粒质量、每穗总粒数的增大,会使每穗实粒数、结实率和千粒质量变小,第二主成分中,随着单株粒质量和千粒质量的增大,每穗总粒数和每穗实粒数减小。

表5 盐胁迫下 ZH11 植株特征根和累积百分率

Table 5 Selected eigen value and cumulative frequency in ZH11 plants under salt stress

处理 Treatment	特征根 Eigenvalue	累积百分率/% Cumulative frequency
正常条件 Normal	λ_1	4.295 0 61.36
	λ_2	2.705 0 100.00
0.15 mol/L NaCl	λ_1	4.504 7 75.08
	λ_2	1.495 3 100.00



A. 穗长; B. 每穗总粒数; C. 每穗实粒数; D. 结实率; E. 单株穗数; F. 单株粒质量; G. 千粒质量; 下同
A. Panicle length; B. Total grains per panicle; C. Filled grains rate; D. Filled grains per panicle; E. Panicle per plant; F. Grain mass per plant; G. 1 000-grain mass; The same below

图 4 盐胁迫下 ZH11 植株主成分分析载荷图

Fig. 4 Load diagram of principal component analysis in ZH11 plants under salt stress

表 6 和图 5 所示,正常条件下,第一主成分的遗传方差累积百分率为 64.48%,7 个指标的特征向量均为正值,其中以结实率、单株穗数、千粒质量的特征向量最大,在第二主成分中,方差累积百分率为 90.64%,其中每穗总粒数的值和单株粒质量的特征向量较高;相比于正常条件下,盐胁迫处理后,第一主成分的遗传方差累积百分率为 41.42%,结实率、千粒质量特征向量变为负值,第二主成分的遗传方差累积百分率为 84.31%,单株穗数、单株粒质量特征向量变为正值,结实率特征向量变为最大(负值)。说明盐胁迫下,OsDSR2 RNAi 转基因植株中第一主成分中,随着每穗实粒数和单株粒质量的增大,穗长和千粒质量变小。第二主成分中,随着每穗总粒数、单株穗数

和千粒质量的增大,穗长和单株粒质量增大,每穗实粒数和结实率减小。

表 6 盐胁迫下 OsDSR2 RNAi 转基因

水稻植株特征根和累积百分率

Table 6 Selected eigenvalue and cumulative frequency in *OsDSR2* RNAi transgenic rice plants under salt stress

处理 Treatment	特征根 Eigenvalue	累积百分率/% Cumulative frequency
正常条件 Normal	λ_1	64.48
	λ_2	90.64
0.15 mol/L	λ_1	41.42
	λ_2	84.31

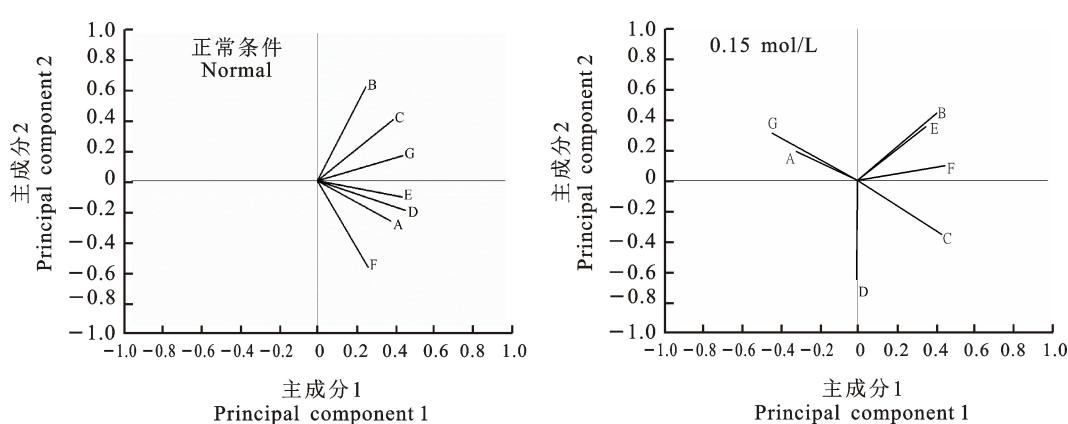


图 5 盐胁迫下 OsDSR2 RNAi 转基因水稻植株主成分分析的载荷图

Fig. 5 Load diagram of principal component analysis in *OsDSR2* RNAi transgenic plants under salt stress

3 讨论

优质、高产是水稻育种的主要目标,而高产的实现与农艺性状是相辅相成的,穗粒数、千粒质量、结实率等是反映稻谷产量重要性状^[11-12]。张秀茹等^[13]认为水稻产量与穗数、千粒质量、株高等达到极显著相关水平。本试验中通过比较 *OsDSR2* RNAi 转基因植株与 ZH11 盐胁迫前后的水稻主要农艺性状特点发现,盐胁迫处理后 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的单株穗数和结实率均显著高于 ZH11,单株粒质量由极显著低于野生型 ZH11 变为无显著性差异,而盐胁迫处理前后 *OsDSR2* RNAi 转基因植株和 ZH11 的千粒质量、每穗总粒数、每穗实粒数均无显著性变化,说明盐胁迫后, *OsDSR2* 的抑制表达可以通过抑制单株穗数、结实率和单株粒质量的降低来稳定水稻产量,从而达到对于盐胁迫的适应性。

水稻产量由每穗粒数、结实率、千粒质量等性状构成,不同研究结果发现各性状之间有着不同的关系,聂守军^[14]研究发现穗长与每穗穗数存在显著的正相关性。高良艳等^[15]研究认为,单株的产量与结实率以及千粒质量之间均呈正相关。李建国等^[16]研究发现,千粒质量对单株产量影响不明显,结实率与单株产量相关性较大。而本试验通过对水稻 7 个主要农艺性状相关性的分析发现,正常条件下, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的千粒质量与每穗实粒数、结实率、单株穗数间呈显著正相关性,结实率与单株粒质量、穗长间均呈显著正相关性,与单株穗数间呈极显著正相关性,每穗实粒数与每穗总粒数间呈极显著正相关性,盐胁迫处理后,千粒质量与每穗实粒数呈显著负相关性。相对于 ZH11 盐胁迫前后变化, *OsDSR2* RNAi 转基因植株的千粒质量受每穗实粒数、结实率和穗数的共同影响,而其结实率也同样受到单株穗数、单株粒质量和穗长的共同影响,但 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的结实率在盐胁迫后与单株穗数呈负相关性。综上说明,盐胁迫后, *OsDSR2* 的抑制表达,可以通过影响千粒质量与每穗实粒数、结实率、单株穗数的关系,以及结实率与单株穗数的关系,从而影响水稻的产量。

各主成分之间是一个独立的系统,采用主成分分析法对研究材料的众多形态学性状进行综合评价与分析已被广泛用于作物种质资源研究与品种选育,并取得了一定的应用效果^[17-18]。本试验

通过对水稻 ZH11 和 *OsDSR2* RNAi 转基因植株主要农艺性状的主成分分析发现,相比于正常条件下,盐胁迫处理后,第一主成分穗长的特征向量最大,第二主成分中千粒质量的特征向量最大。而 *OsDSR2* RNAi 转基因植株第一主成分中单株粒质量的特征向量最大,千粒质量次之,为主要影响因子。随着单株粒质量和每穗实粒数的增大,结实率和千粒质量变小,而盐胁迫后 *OsDSR2* 的抑制表达,抑制了转基因植株单株粒质量的降低,从而使 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的结实率和千粒质量相对于 ZH11 有所增大。在第二主成分分析中结实率的特征向量最大,为主要影响因子,随着结实率和每穗实粒数减小,每穗总粒数、单株穗数和千粒质量的增大。盐胁迫后 *OsDSR2* RNAi 转基因植株和 ZH11 的结实率均降低, *OsDSR2* RNAi 转基因植株显著高于 ZH11 的结实率,可能是盐胁迫下 *OsDSR2* 的抑制表达抑制 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的结实率降低,从而使 *OsDSR2* RNAi 转基因植株的单株穗数和千粒质量的增大,这与孙耀中等^[19]在 NaCl 胁迫下转 *BADH* 基因水稻农艺性状的主成分及聚类分析的研究结果相似,均证明了单株粒质量、结实率和千粒质量转基因植株适应盐胁迫的质量要影响因子,说明 *OsDSR2* 的干扰表达使单株粒质量和结实率成为影响盐胁迫下水稻产量重要因素。

4 结论

相比于 ZH11 植株,盐胁迫后 *OsDSR2* 可以抑制水稻植株的单株穗数、结实率和单株粒质量的降低,协调单株粒质量与单株穗数、结实率、千粒质量的关系,从而调控盐胁迫下水稻的产量。

参考文献 Reference:

- [1] SINGH A. Soil salinization and waterlogging: A threat to environment and agricultural sustainability [J]. *Ecological Indicators*, 2015, 57: 128-130.
- [2] NAKASHIMA K, TRANLAM-SON P, VAN NGUYEN D, et al. Functional analysis of a NAC-type transcription factor *OsNAC6* involved in abiotic and biotic stress-responsive gene expression in rice [J]. *Plant Journal*, 2010, 51(4): 617-630.
- [3] HE R, YU GH, HAN X R, et al. *ThPP1* gene, encodes an inorganic pyrophosphatase in *Thellungiella halophila*, enhanced the tolerance of the transgenic rice to alkali stress [J]. *Plant Cell Reports*, 2017, 36(12): 1929-1942.

- [4] GUO M X,WANG R C,WANG J,*et al.* *ALTI*, a Snf2 family chromatin remodeling ATPase, negatively regulates alkaline tolerance through enhanced defense against oxidative stress in rice [J]. *PLoS One*, 2014, 9(12): e112515.
- [5] GUAN Q J,MA H Y,WANG Z J,*et al.* A rice LSD1-like-type ZFP gene *OsLOL5* enhances saline-alkaline tolerance in transgenic *Arabidopsis thaliana*, yeast and rice[J]. *BMC Genomics*, 2016, 17(1): 142-153.
- [6] GUAN Q J,LIAO X,HE M L,*et al.* Tolerance analysis of chloroplast *OsCu/Zn-SOD* overexpressing rice under NaCl and NaHCO₃ stress [J]. *PLoS One*, 2017, 12 (10): e0186052.
- [7] ZOU M J,GUAN Y C,REN H B,*et al.* A bZIP transcription factor, *OsABI5*, is involved in rice fertility and stress tolerance [J]. *Plant Molecular Biology*, 2008, 66(6): 675-683.
- [8] TAO Z,KOU Y,LIU H,*et al.* OsWRKY45 alleles play different roles in abscisic acid signalling and salt stress tolerance but similar roles in drought and cold tolerance in rice [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2011, 62 (14): 4863-4874.
- [9] LIU D,CHEN X,LIU J,*et al.* The rice ERF transcription factor *OsERF922* negatively regulates resistance to Magnaporthe oryzae and salt tolerance[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2012, 63(10): 3899-3911.
- [10] LUO CH K,GUO CH M,WANG W J,*et al.* Overexpression of a new stress-repressive gene *OsDSR2* encoding a protein with a DUF966 domain increases salt and simulated drought stress sensitivities and reduces ABA sensitivity in rice[J]. *Plant Cell Reports*, 2014, 33(2): 323-336.
- [11] 程彩霞. 水稻分蘖消长动态与产量的研究[J]. 中国稻米, 2007(1): 37-39.
- CHENG C X. Study on tiller dynamics and yield in rice [J]. *China Rice*, 2007(1): 37-39.
- [12] 肖应辉,周倩倩,罗丽华. 水稻穗粒数及相关性状的遗传研究进展[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2013, 39(3): 221-227.
- XIAO Y H,ZHOU Q Q,LUO L H. Research progresses on the genetics of the grains number per panicle and its related traits in rice [J]. *Journal of Hunan Agricultural University(Natural Science)*, 2013, 39(3): 221-227.
- [13] 张秀茹,邵国军,邱福林,等. 辽粳系列水稻品种(系)产量、米质与农艺性状间的相关分析[J]. 吉林农业科学, 2005, 30(2): 24-26.
- ZHANG X R,SHAO G J,QIU F L,*et al.* Correlation analysis of yield, rice quality and agronomic characters of rice varieties(lines) of Liaojing series [J]. *Jilin Agricultural Sciences*, 2005, 30(2): 24-26.
- [14] 聂守军. 黑龙江省水稻主栽品种农艺性状与产量的相关性研究[J]. 中国农学通报, 2005, 21(2): 147-150.
- NIE SH J. The relation of characters of the main plant rice breeds in Heilongjiang province to the fields[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2005, 21(2): 147-150.
- [15] 高良艳,周鸿飞. 水稻产量构成因素与产量的分析[J]. 辽宁农业科学, 2007(1): 26-28.
- GAO L Y,ZHOU H F. Analysis of components and yield of rice yield [J]. *Liaoning Agricultural Sciences*, 2007 (1): 26-28.
- [16] 李建国,韩 勇,刘 博,等. 水稻品种农艺性状与产量的相关分析[J]. 北方水稻, 2008, 38(3): 78-80.
- LI J G,HANY,LIU B,*et al.* Correlation analysis of agro-nomic traits and yield of rice varieties [J]. *North Rice*, 2008, 38(3): 78-80.
- [17] 张赤红,曹永生,宗绪晓,等. 普通菜豆种质资源形态多样性鉴定与分类研究[J]. 中国农业科学, 2005, 38(1): 27-32.
- ZHANG CH H,CAO Y SH,ZONG X X,*et al.* Morphological diversity identification and classification of common bean germplasm resources [J]. *Scientia Agriculturna Sinica*, 2005, 38(1): 27-32.
- [18] 张礼凤,李 伟,王彩洁,等. 山东大豆种质资源形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 450-454.
- ZHANG L F,LI W,WANG C J,*et al.* Morphological diversity analysis of soybean germplasm resources in Shandong province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2006, 7(4): 450-454.
- [19] 孙耀中,东方阳,陈受宜,等. 氯化钠胁迫下转 *BADH* 基因水稻农艺性状的主成分及聚类分析[J]. 中国农学通报, 2003, 19(3): 23-25, 31.
- SUN Y ZH,DONGFANG Y,CHEN SH Y,*et al.* Principal components and cluster analysis of rice agronomic traits of *BADH* gene transferred under sodium chloride stress [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2003, 19(3): 23-25.

Main Agronomic Traits Analysis of *OsDSR2* RNAi Transgenic Rice under Salt Stress

CHU Lele, LUO Chengke, LU Xuping, LI Fanglan, MA Tianli and LI Peifu

(Agricultural College of Ningxia University, Key Laboratory of Modern Molecular Breeding for Dominant and Special Crops in Ningxia, Yinchuan 750021, China)

Abstract In order to explore the effect of *OsDSR2* inhibition under salt stress on the main agronomic traits and yield of rice, and clarify the mechanism of *OsDSR2* involved in the regulation of rice salt tolerance. In this experiment, Zhonghua 11(ZH11) in wild-type plants and *OsDSR2* RNAi transgenic rice was used as experimental material. Salt stress of 0.15 mol/L was applied at young panicle differentiation stage of rice, and the main agronomic traits including panicle length, total grains per panicle, filled grains per panicle, filled grains rate, panicle per plant, grain mass per plant, 1 000-grain mass were determined after the plants were fully grown, and the correlation and principal component analysis were performed. The results showed that panicle per plant and filled grain rate per panicle of *OsDSR2* RNAi transgenic rice were significantly higher than that of wild-type ZH11 after salt stress. Under normal condition, the grain mass per plant of *OsDSR2* RNAi transgenic rice was significantly lower than that of wild-type ZH11, its grain mass per plant decreased but it had no significant difference after salt stress. Compared with the normal condition, the 1 000-grain mass had significantly negative correlation with filled grains per panicle of *OsDSR2* RNAi transgenic rice after salt stress, and grain mass per plant had a negative correlation with panicle length, filled grains rate and 1 000-grain mass. The grain mass per plant had positive correlation with total grains. The panicle per panicle had negative correlation with panicle length and filled grains rate per panicle. The filled grains rate per panicle had negative correlation with panicle length and total grains per panicle. Among the first and second principal components of *OsDSR2* RNAi rice, the eigenvectors of panicle length and grain mass were the greatest. In conclusion, the inhibition expression of *OsDSR2* increased grain mass per plant and impact of grain rate per panicle mainly by affecting the panicle per plant, filled grains rate and decrease of grain mass per plant, and by coordinating the relationships among the grain mass per plant, panicle per plant, grain yield per panicle and 1 000-grain mass per panicle as well as the relationships among filled grains, 1 000-grain mass and panicle per plant.

Key words Salt stress; *OsDSR2*; Rice; Agronomic traits

Received 2019-11-03 **Returned** 2020-02-25

Foundation item The National Natural Science Foundation of China(No. 31560297).

First author CHU Lele, male, master student. Research area: molecular biology of rice resistance. E-mail:Lele_keven@163.com

Corresponding author LUO Chengke, male, master supervisor. Research area: molecular biology of plants resistance. E-mail:chkluo2002@163.com

(责任编辑:史亚歌 Responsible editor:SHI Yage)