

Μοριακή Βιολογία και Γενετική Φυτών

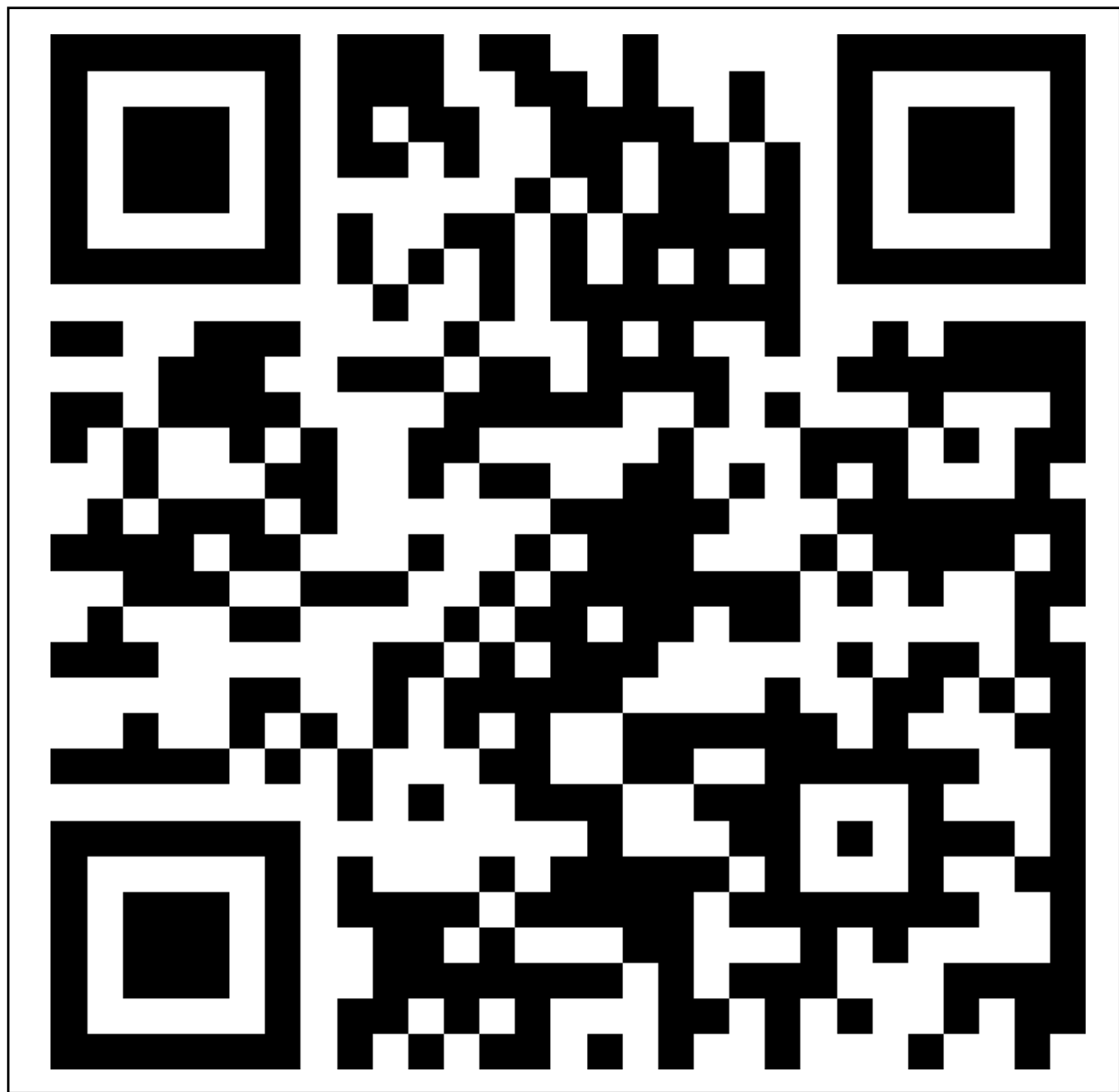
Τμήμα Μοριακής Βιολογίας & Γενετικής

Ακ. Έτος 2025-2026



Μαργαρίτης Τσιφιντάρης, PhD

mtsifintaris@gmail.com / mtsifint@mbg.duth.gr



Natural variation of *DROT1* confers drought adaptation in upland rice

[Xingming Sun](#), [Haiyan Xiong](#), [Conghui Jiang](#), [Dongmei Zhang](#), [Zengling Yang](#), [Yuanping Huang](#), [Wanbin Zhu](#), [Shuaishuai Ma](#), [Junzhi Duan](#), [Xin Wang](#), [Wei Liu](#), [Haifeng Guo](#), [Gangling Li](#), [Jiawei Qi](#), [Chaobo Liang](#), [Zhanying Zhang](#), [Jinjie Li](#), [Hongliang Zhang](#), [Lujia Han](#), [Yihua Zhou](#), [Youliang Peng](#) & [Zichao Li](#) 

[Nature Communications](#) **13**, Article number: 4265 (2022) | [Cite this article](#)

41k Accesses | **106** Citations | **14** Altmetric | [Metrics](#)

Εισαγωγή: Καλλιέργεια ρυζιού και ξηρασία

- Η ξηρασία αποτελεί ένα εμπόδιο στην παραγωγή καλλιεργειών, ιδίως στο πλαίσιο της κλιματικής αλλαγής και της αυξανόμενης ζήτησης νερού για τη γεωργία.
- Στην Κίνα, το 70% του νερού που προορίζεται για γεωργία χρησιμοποιείται μόνο για την παραγωγή ρυζιού.
- Το ρύζι αποτελεί βασική τροφή για περισσότερο από το μισό του παγκόσμιου πληθυσμού
- Η διαθεσιμότητα νερού άρδευσης θα αποτελεί ολοένα και περισσότερο περιοριστικό παράγοντα για την καλλιέργεια ρυζιού.

Η καλλιέργεια ποικιλιών ρυζιού που 1. απαιτούν λιγότερο νερό και 2. έχουν εξαιρετική αντοχή στην ξηρασία είναι επιτακτική ανάγκη.

Εισαγωγή: Καλλιέργεια ρυζιού και ξηρασία

- Το ρύζι μεγάλου υψομέτρου (upland rice) καλλιεργήθηκε σε περιοχές με κατάλληλη συχνότητα βροχοπτώσεων και αναπτύσσεται σε αερόβιες εδαφικές συνθήκες, ενώ ρύζι υπό κατάκλυση (lowland ή paddy rice) καλλιεργείται σε ορυζώνες με το βασικό του τμήμα να καλύπτεται από νερό.
- Υπάρχουν προφανείς γενετικές διαφορές μεταξύ αυτών όσον αφορά την αντοχή στην ξηρασία και τα χαρακτηριστικά που σχετίζονται με την παραγωγικότητα.
- Ωστόσο, η γενετική βάση των χαρακτηριστικών προσαρμογής στην αερόβια ξηρασία παραμένει ασαφής,



Hills



Irrigated



Rainfed uplands



Saline/Alkaline soils



Rainfed Shallow lowland



Rainfed lowland: Deep/semi deep

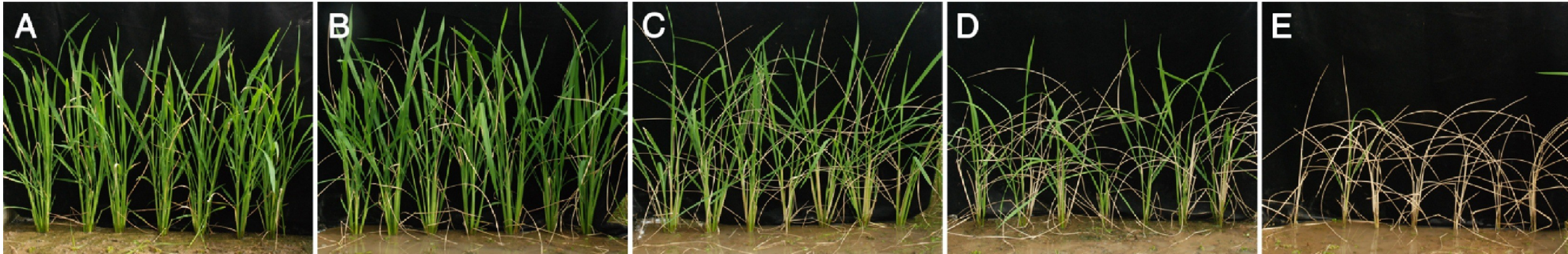
Γενετική βάση των χαρακτηριστικών προσαρμογής στην ξηρασία

Η γενετική βάση των χαρακτηριστικών προσαρμογής στην αερόβια ξηρασία παραμένει ασαφής



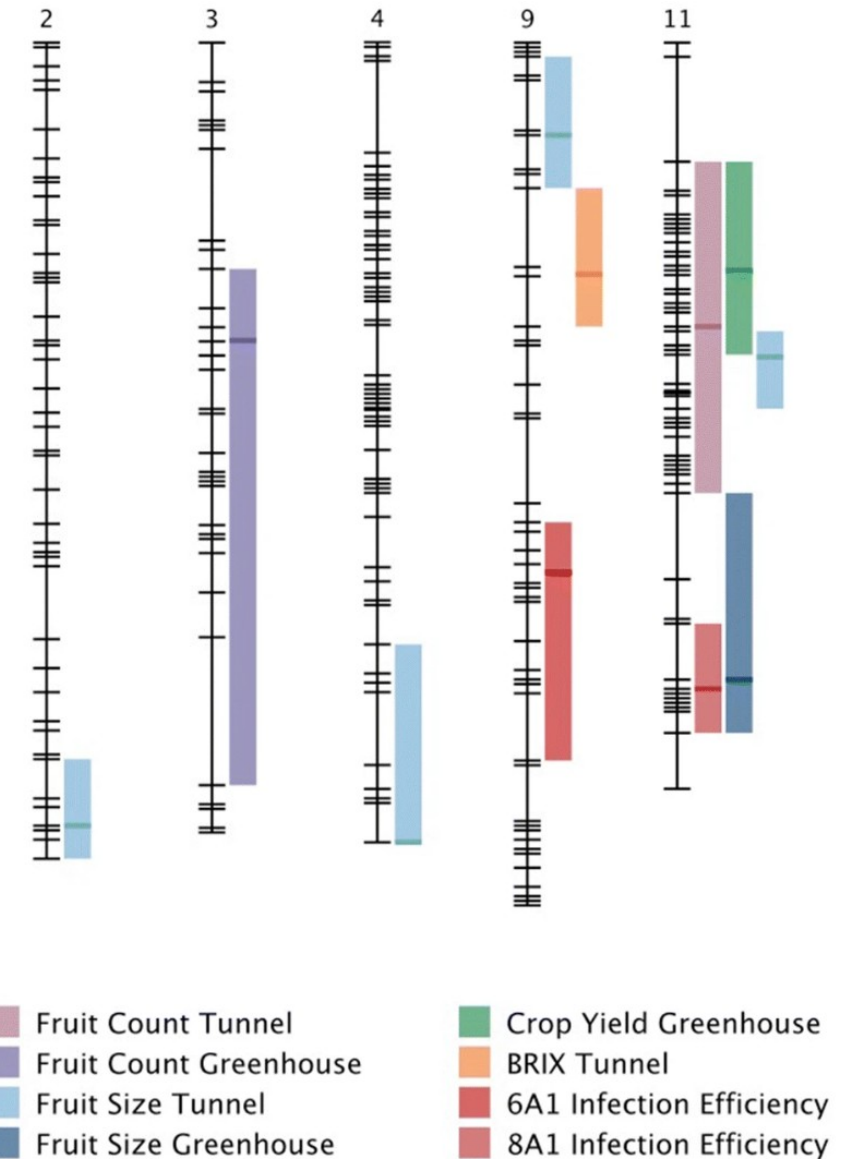
Αξιοποίηση των γονιδιακών παραλλαγών στην γενετική βελτίωση φυτών

Kim, Tae-Heon et al. "Drought-tolerant QTL qVDT11 leads to stable tiller formation under drought stress conditions in rice." *Plant science : an international journal of experimental plant biology* vol. 256 (2017): 131-138.



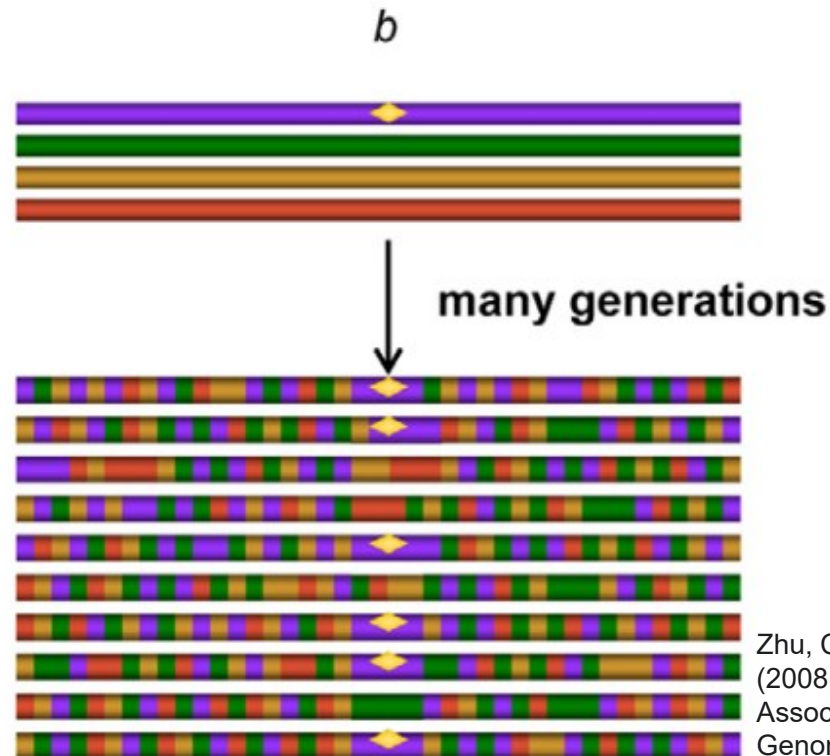
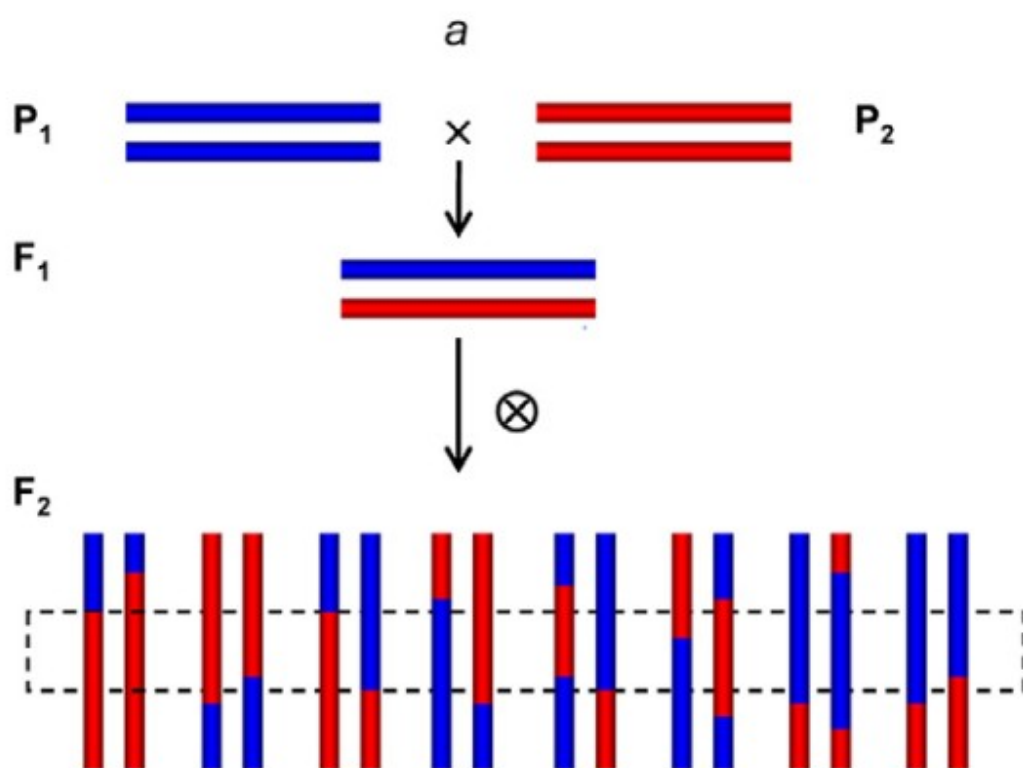
Αναλύσεις σύνδεσης και γενετική βάση ποσοτικών γνωρισμάτων

- Έχουν πραγματοποιηθεί αναλύσεις σύνδεσης (Linkage analyses) χρησιμοποιώντας πολλαπλά χαρακτηριστικά που σχετίζονται με την ξηρασία για να διευκρινιστεί ο γενετικός μηχανισμός της αντοχής στην ξηρασία
- Η κλωνοποίηση γονιδίων είναι δύσκολη: η αντοχή στην ξηρασία είναι πολυγονιδιακό αγρονομικό γνώρισμα με που ρυθμίζεται από πολλούς τόπους με μικρή συνεισφορά.



Ανάλυση Γενετικής Σύνδεσης (Genetic Linkage Analysis)

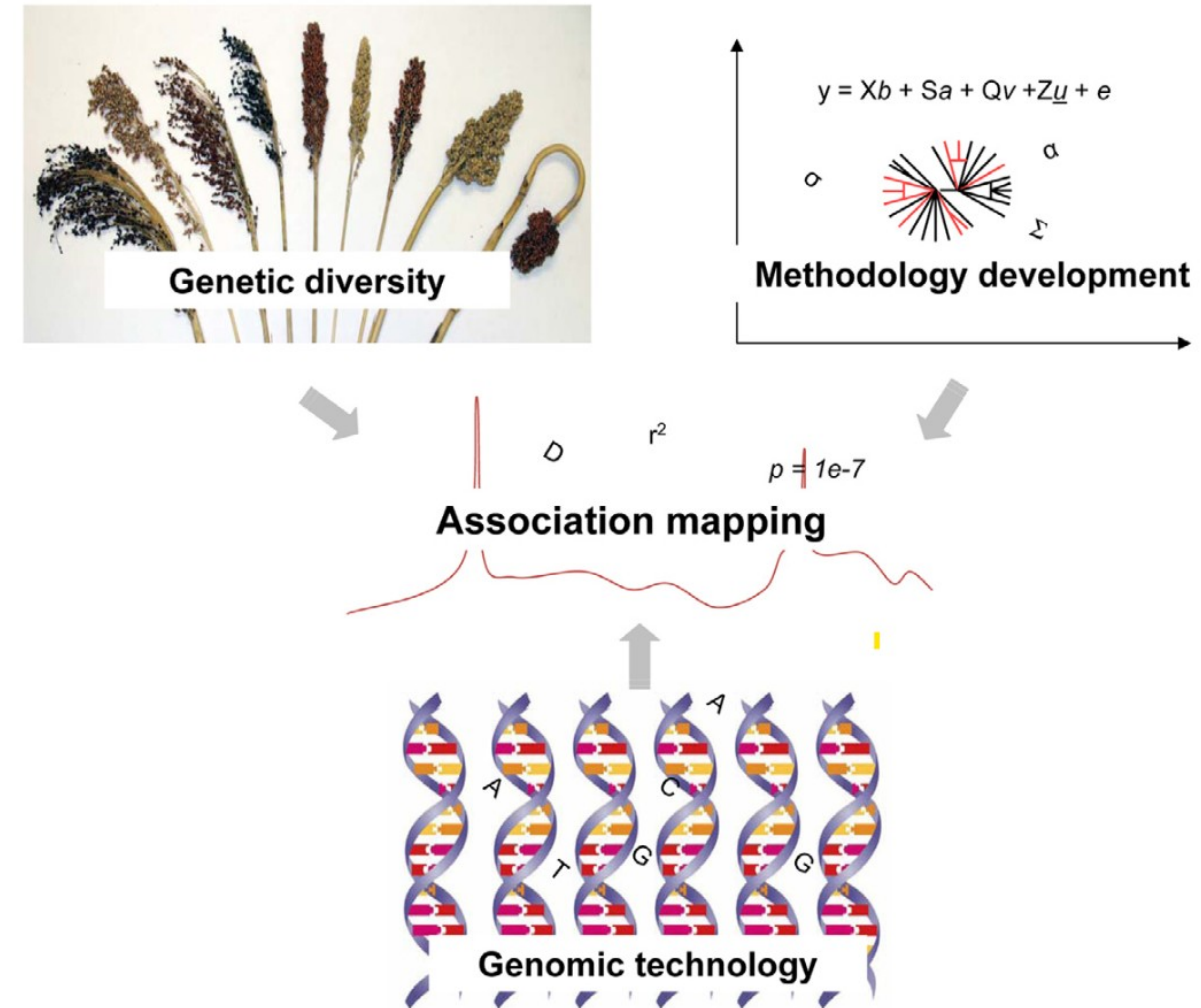
- Η ανάλυση γενετικής σύνδεσης αποτελεί μέθοδο που χρησιμοποιείται για τον προσδιορισμό της χρωμοσωμικής θέσης γενετικών τόπων που επηρεάζουν έναν συγκεκριμένο φαινότυπο, μέσω της ανάλυσης της συχνότητας ανασυνδυασμού μεταξύ ενός τόπου ενδιαφέροντος και γενετικών δεικτών εντός συγγενικών πληθυσμών. Η προσέγγιση αυτή αξιοποιεί τη φυσική εγγύτητα των τόπων στα χρωμοσώματα, επιτρέποντας την ανίχνευση σπάνιων αλληλομόρφων με σημαντική επίδραση στον φαινότυπο.

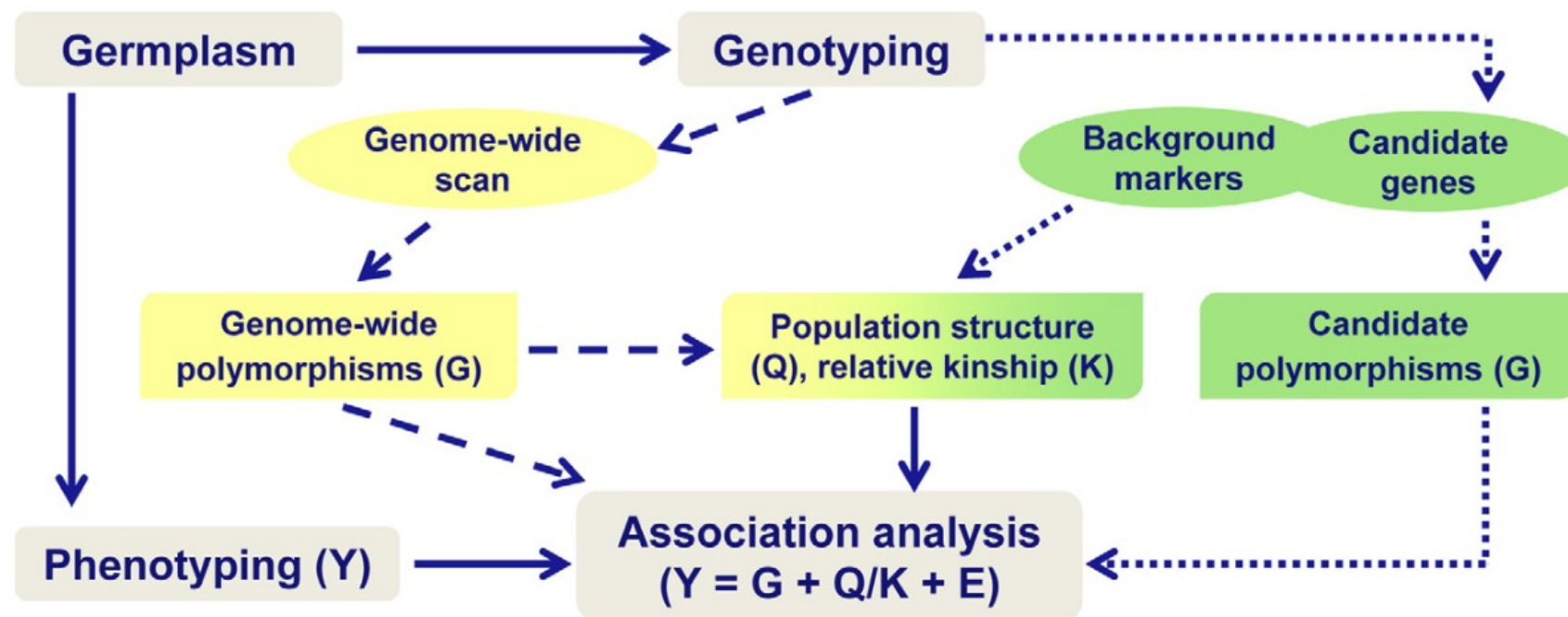


Zhu, C., Gore, M., Buckler, E.S. and Yu, J. (2008), Status and Prospects of Association Mapping in Plants. The Plant Genome

Μελέτες συσχέτισης σε επίπεδο γονιδιώματος (GWAS)

- Πρόσφατα, έχουν πραγματοποιηθεί GWAS για την διερεύνηση της γενετικής της αντοχής στην ξηρασία στον αραβόσιτο και το ρύζι, και πολλά γονίδια που σχετίζονται με την ξηρασία έχουν λειτουργικά διευκρινιστεί.
- Η Ανάλυση Γενετικής Σύνδεσης βασίζεται σε ελεγχόμενους συγγενικούς πληθυσμούς με περιορισμένο ανασυνδυασμό (χαμηλότερη διακριτική ικανότητα αλλά ισχυρό σήμα), ενώ οι GWAS αξιοποιούν την ανισορροπία σύνδεσης (linkage disequilibrium) σε πληθυσμούς με ποικιλομορφία παρέχοντας υψηλότερη διακριτική ικανότητα, αλλά απαιτώντας διόρθωση για πληθυσμιακή δομή.





Genome-wide association mapping	Candidate-gene association mapping
It is a comprehensive approach to systematically search the genome for causal genetic variation. A large number of markers are tested for association with various complex traits, and prior information regarding candidate genes is not required. It works best for a research consortium with complementary expertise and adequate funding.	Candidate genes are selected based on prior knowledge from mutational analysis, biochemical pathway, or linkage analysis of the trait of interest. An independent set of random markers needs to be scored to infer genetic relationships. It is a low cost, hypothesis-driven, and trait-specific approach but will miss other unknown loci.

Zhu, C., Gore, M., Buckler, E.S. and Yu, J. (2008), Status and Prospects of Association Mapping in Plants. The Plant Genome

Η ενσωμάτωση της πληθυσμιακής δομής (Q), της σχετικής συγγένειας (K) ή και των δύο στην τελική ανάλυση συσχέτισης εξαρτάται από τη γενετική σχέση των ατόμων του πληθυσμού χαρτογράφησης και τη διαφοροποίηση του υπό εξέταση γνωρίσματος. Το E αντιπροσωπεύει την υπολειπόμενη διακύμανση

Γενετική βάση των χαρακτηριστικών προσαρμογής στην ξηρασία

- Απαιτείται περαιτέρω έρευνα για να προσδιοριστεί η γενετική βάση των χαρακτηριστικών που σχετίζονται με την ξηρασία μεταξύ των ποικιλιών του ρυζιού.

...

Ρόλος του κυτταρικού τοιχώματος στην αντοχή στην ξηρασία

- Το κυτταρικό τοίχωμα αποτελεί την πρώτη γραμμή άμυνας των φυτών έναντι βιοτικών και αβιοτικών στρεσογόνων παραγόντων.
- Προσφατες μελέτες υποστηρίζουν ότι μεταλλάξεις σε γονίδια που επηρεάζουν τη σύνθεση ή δομή του κυτταρικού τοιχώματος μπορούν να μεταβάλουν την αντοχή στην ξηρασία (ή σε άλλους αβιοτικούς στρεσογόνους παράγοντες)
- Τα φυτά μπορούν να ανιχνεύουν αλλαγές στην αρχιτεκτονική του κυτταρικού τοιχώματος και να προσαρμόζουν την απόκρισή τους σε μεταβαλλόμενες περιβαλλοντικές συνθήκες.
- Κατά τη φυσιολογική ανάπτυξη, ο κυτταρικός πολλαπλασιασμός ρυθμίζεται από τον προσανατολισμό των μικροϊνίδια κυτταρίνης (cellulose microfibrils) στο κυτταρικό τοίχωμα, που καθορίζεται από τις πρωτεΐνες της οικογένειας COBRA.

Ρόλος του κυτταρικού τοιχώματος στην αντοχή στην ξηρασία

- Στο ρύζι, η οικογένεια COBRA περιλαμβάνει 11 μέλη, μεταξύ των οποίων:
 - BC1: απαραίτητο για τη διαμόρφωση του κυτταρικού τοιχώματος: η μετάλλαξή του προκαλεί εύθραυστα στελέχη (brittle culm) λόγω μειωμένου πάχους και περιεκτικότητας σε κυτταρίνη.
 - OsBC1L4: ομόλογο του BC1, και σχετίζεται με την διαμόρφωση του κυτταρικού τοιχώματος και με το ύψος του φυτού.
- Παρότι τα γονίδια COBRA είναι καθοριστικά για τον σχηματισμό του κυτταρικού τοιχώματος, ο ρόλος τους στην απόκριση στην ξηρασία και στην ισορροπία μεταξύ ανάπτυξης και αντοχής παραμένει σε μεγάλο βαθμό άγνωστος.

Ρυθμιστικά δίκτυα και μεταγραφικοί παράγοντες (ERFs)

- Η αντοχή στην ξηρασία περιλαμβάνει πολλαπλές αποκρίσεις και έχει συσχετιστεί με την έκφραση αρκετών γονιδίων η οποία ρυθμίζεται από ένα πολύπλοκο μεταγραφικό δίκτυο.
- Τα μέλη της οικογένειας ERF (Ethylene Response Factors) αποτελούν βασικούς ρυθμιστές της απόκρισης στην ξηρασία, δρώντας ως ενεργοποιητές ή καταστολείς της έκφρασης γονιδίων (GCC box-mediated gene expression).
- Ο ERF3 δρα ως μεταγραφικός καταστολέας → η υπερέκφρασή του μειώνει την αντοχή στην ξηρασία, ενώ μεταλλάξεις στο EAR motif εξουδετερώνουν αυτή την επίδραση.
- Επίσης, η υπερέκφραση του OsAP2-39 αναστέλλει την αντοχή στην ξηρασία

Αντίθετα, άλλοι ERF παράγοντες δρουν ως θετικοί ρυθμιστές:

- OsLG3 (OsERF62) αυξάνει την αντοχή μέσω ενεργοποίησης μηχανισμών απομάκρυνσης ROS
- ERF71 ενισχύει την αντοχή ρυθμίζοντας γονίδια ανάπτυξης του κυτταρικού τοιχώματος (Cell wall lignification)

- Οι ERF παράγοντες που ρυθμίζουν την αντοχή στην ξηρασία μέσω μεταβολών στη δομή του κυτταρικού τοιχώματος δεν έχουν μελετηθεί εκτενώς.

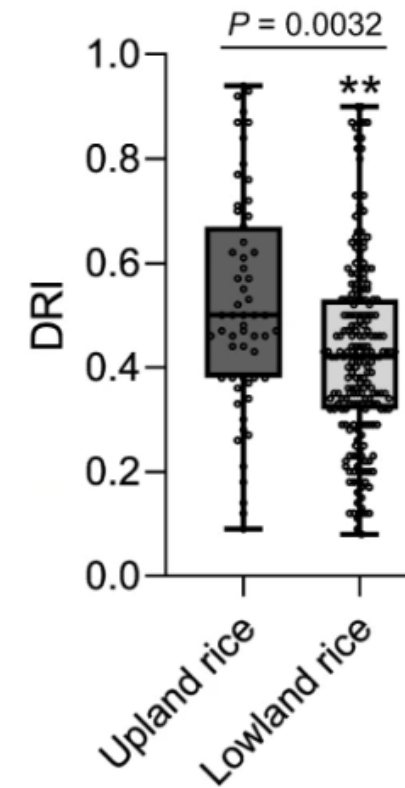
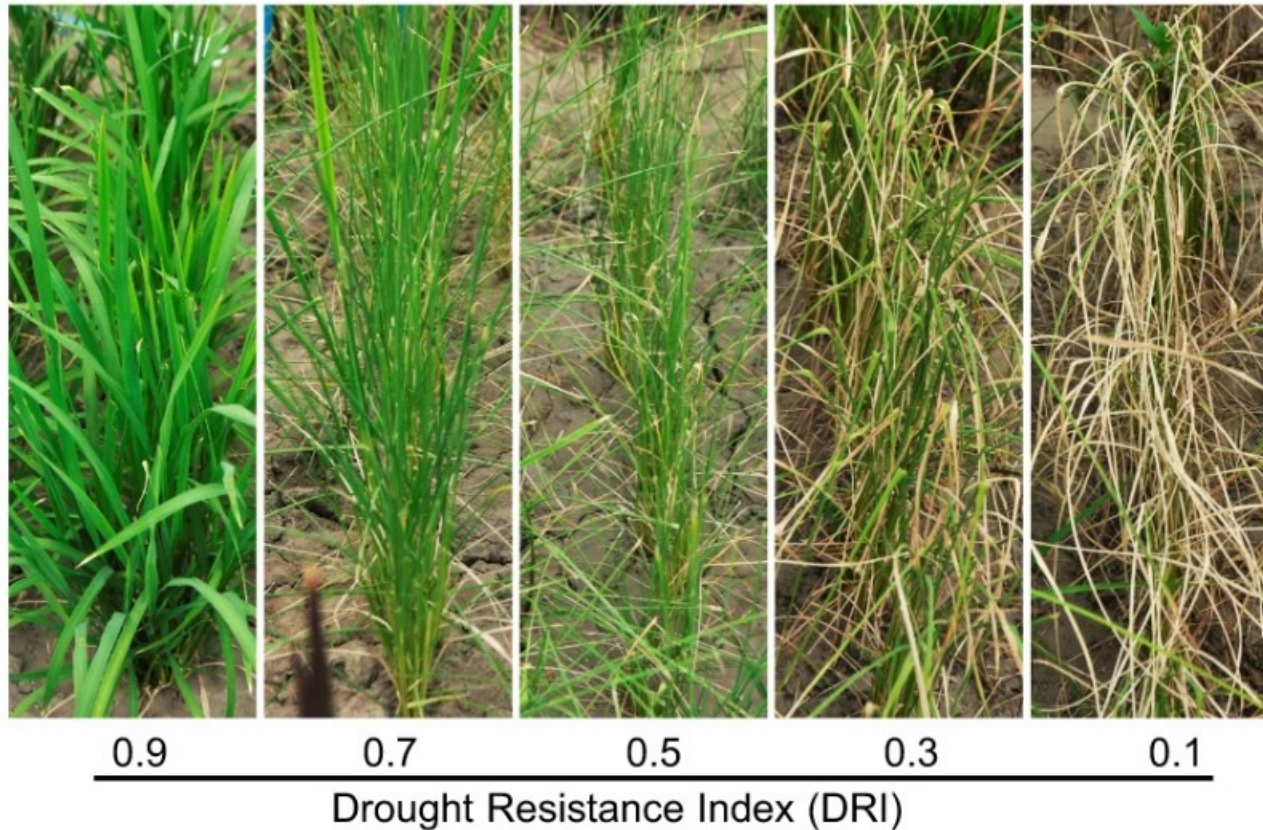
“In this work, we conduct a GWAS on a group of natural accessions composed of both upland and lowland rice and clone a drought resistance gene, DROT1, that encodes a COBRA family protein. DROT1 enhances drought resistance by adjusting cell wall structure and is directly repressed by ERF3 and activated by ERF71, in a mechanism that may help control the balance between plant growth and drought resistance. Additionally, natural variation in the promoter of DROT1 confers divergent drought resistance on upland and lowland rice, showing potential value for breeding.”

Αναζήτηση QTLs που σχετίζονται με την αντοχή στην ξηρασία στο ρύζι

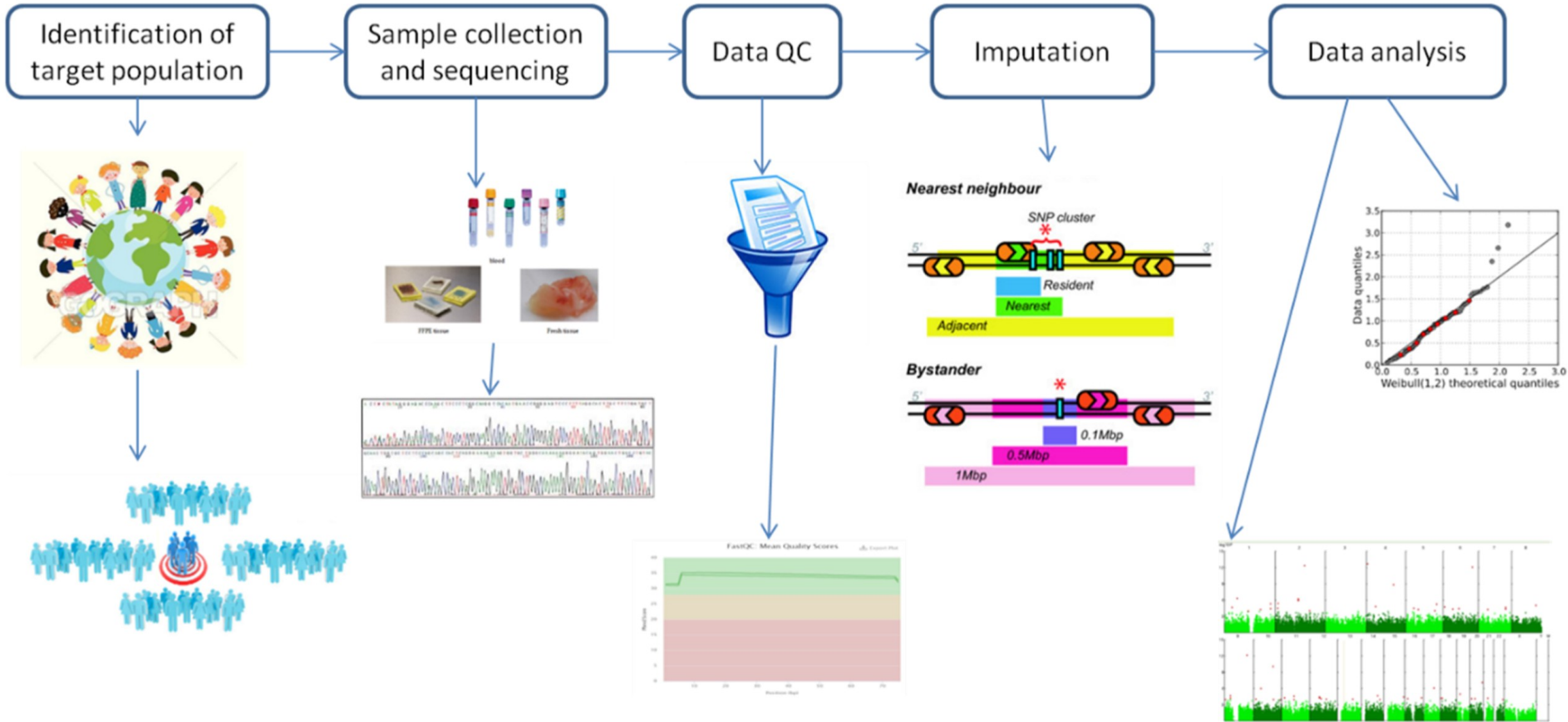
271 rice germplasms

59 upland rice

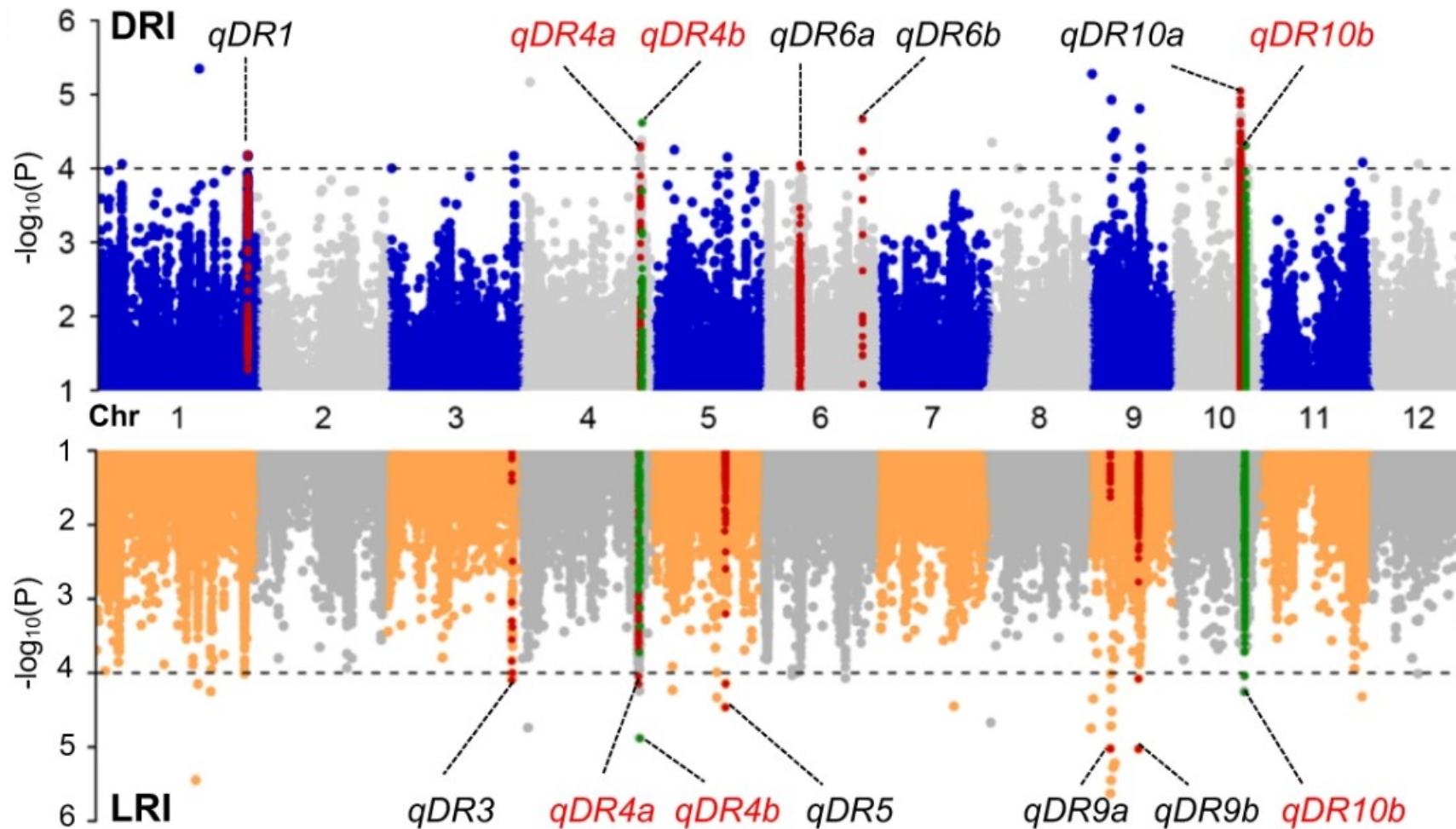
212 lowland rice



A technical flow chart for genome-wide association studies (GWAS)



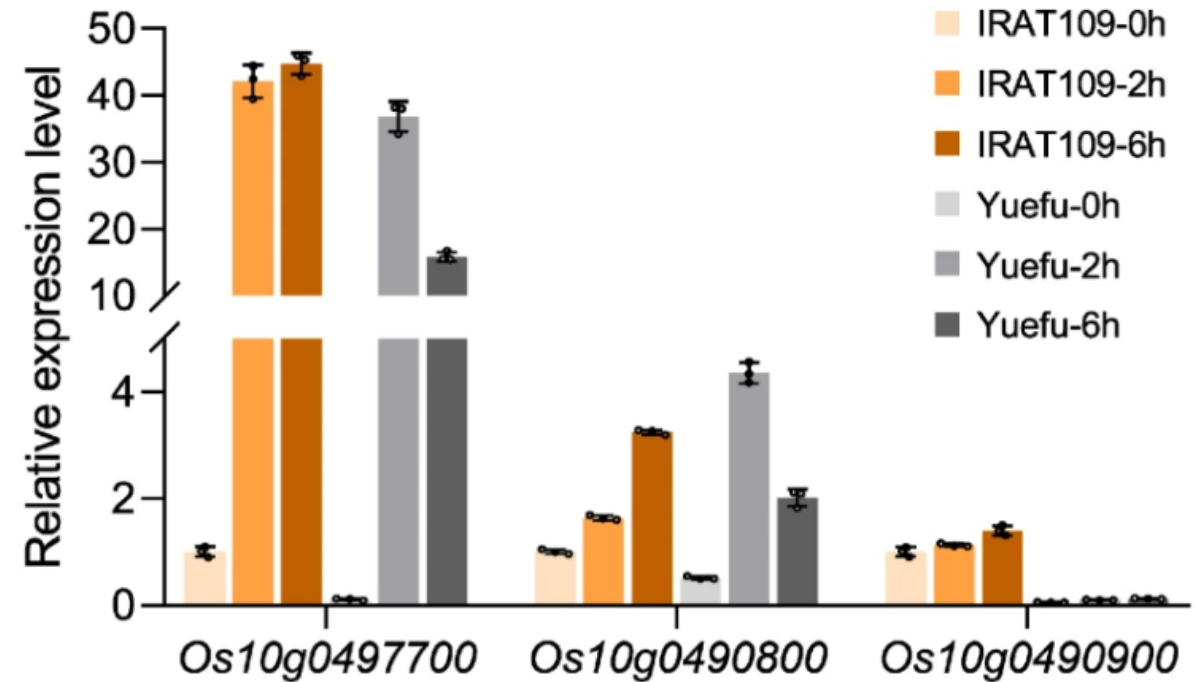
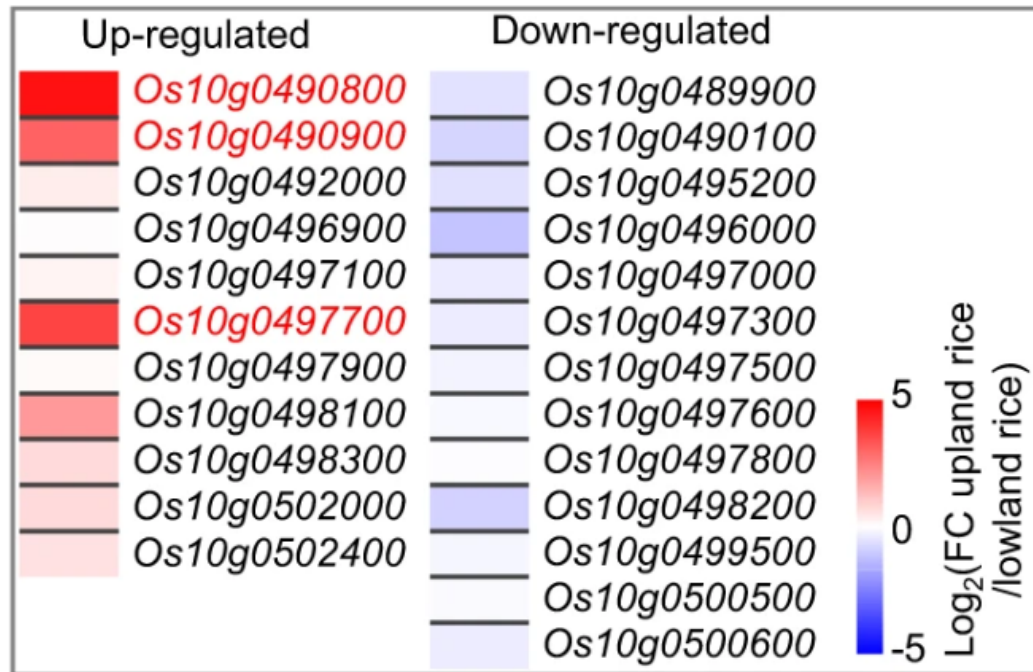
Αναζήτηση QTLs που σχετίζονται με την αντοχή στην ξηρασία στο ρύζι



Drought Resistance Index (DRI)
Leaf Rolling Index (LRI)

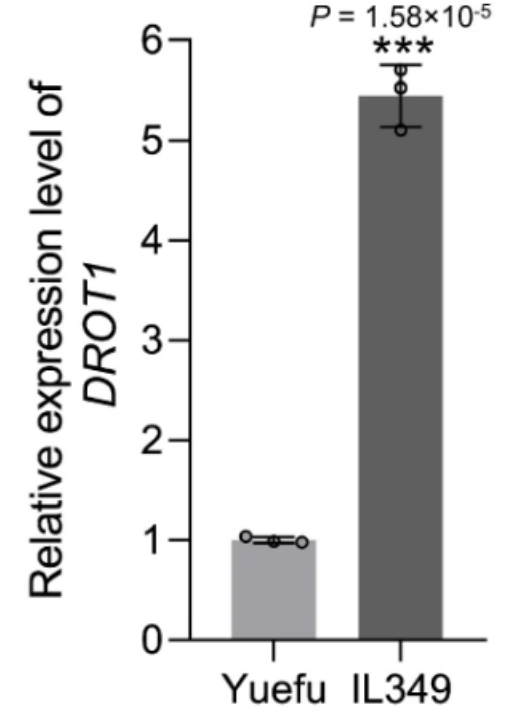
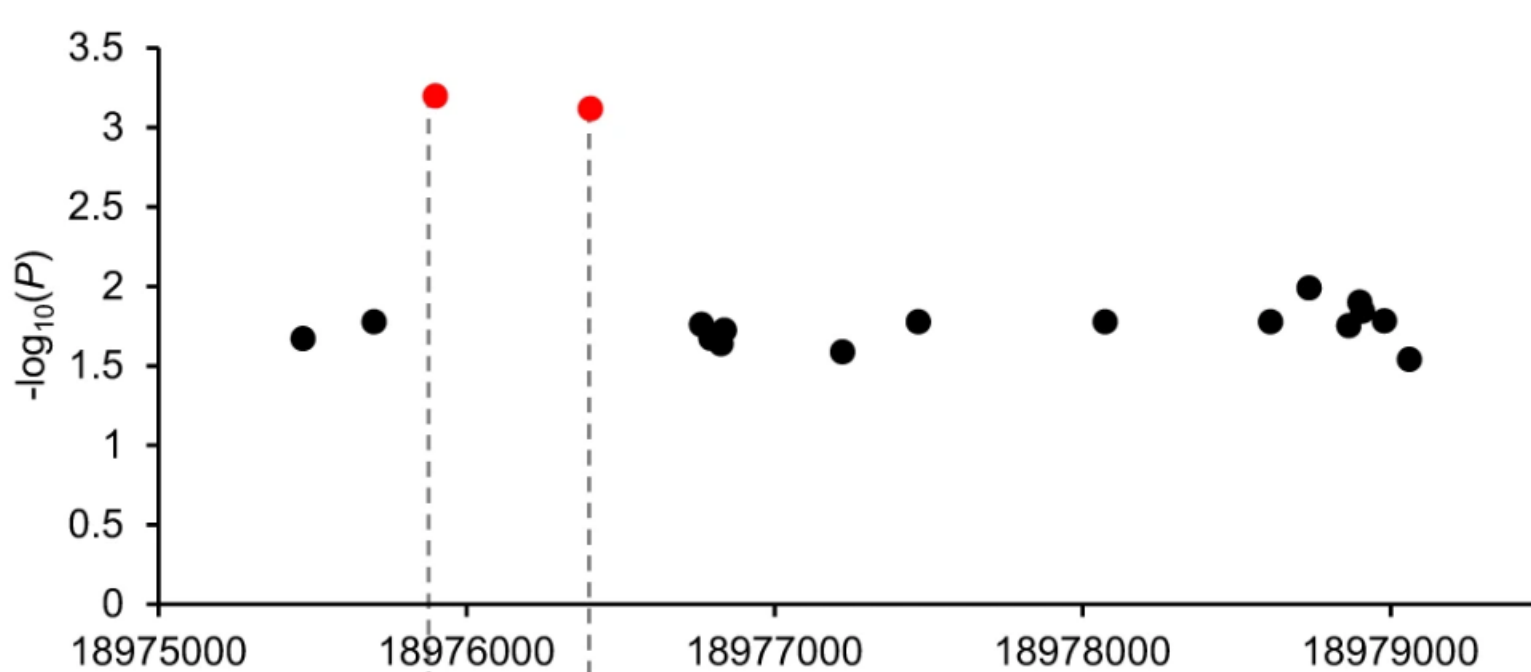
A total of 2,070,333 SNPs

Αναζήτηση QTLs που σχετίζονται με την αντοχή στην ξηρασία στο ρύζι



Lowland rice- **YueFu** (YF)
Upland rice- **IRAT109** (IR)

Αναζήτηση QTLs που σχετίζονται με την αντοχή στην ξηρασία στο ρύζι



"All the above results indicated that Os10g0497700 is a likely candidate gene for the drought resistance locus qDR10b, and we named it DROUGHT1 (DROT1)."

Lowland rice- **YueFu** (YF)
Upland rice- **IRAT109** (IR)

Στην παρούσα μελέτη

- Πραγματοποιήθηκε GWAS σε ποικιλίες ρυζίου για τον εντοπισμό γονιδίων αντοχής στην ξηρασία
- Ανιχνεύτηκε και κλωνοποιήθηκε το γονίδιο DROT1, που κωδικοποιεί πρωτεΐνη της οικογένειας COBRA.
- Το DROT1 βελτιώνει την αντοχή στην ξηρασία μέσω προσαρμογής της δομής του κυτταρικού τοιχώματος.
- Ρυθμίζεται αρνητικά από τον ERF3 και θετικά από τον ERF71, προσφέροντας ισορροπία μεταξύ ανάπτυξης και αντοχής.
- Μια φυσική παραλλαγή στον υποκινητή του DROT1 διαφοροποιεί την αντοχή μεταξύ των δύο ποικιλιών, παρουσιάζοντας δυνητική αξία για προγράμματα γενετικής βελτίωσης.