

转基因技术改良水稻淀粉品质研究进展

丁一 丁箐雯 李冰清 沈易 张宁* 吴殿星

(浙江大学应用生物科学系, 杭州 310029; 第一作者: 3110100088@zju.edu.cn; * 通讯作者: 11216028@zju.edu.cn)

摘要: 淀粉是稻谷籽粒主要的营养和能量储藏形式, 主要由直链淀粉和支链淀粉组成。水稻淀粉品质的改良可以利用转基因技术修饰淀粉含量与质量的变化。本文综述了转淀粉合成相关基因改良水稻淀粉品质的实际案例。

关键词: 水稻; 淀粉; 转基因技术

中图分类号: S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-8082(2018)01-0001-05

淀粉不仅是人类最重要的碳水化合物和首要的能量来源, 也是发酵和淀粉工业的主要原料。稻米中含70%~80%的淀粉, 包括加工、蒸煮、食用品质、糊化、膨胀、粘稠等一系列最终用途均与淀粉品质直接相关。淀粉品质改良是水稻最重要的育种目标, 关系到品种的专用性、新颖农产品的开发与生物质的利用等。

水稻是我国第一大粮食作物, 稻米生产对确保我国粮食“量与质”的安全具有举足轻重的作用。目前, 食用品质改良是水稻育种的主要目标, 以营养保健和工业专用为目标的水稻育种尚未规模化开展。根据不同的应用目的, 针对性进行基因操纵设计淀粉品质, 以成功培育专用水稻新品种, 不仅有助于显著提高稻米的附加值, 也将深化稻米的精深加工、完善稻米的产业链、丰富和扩大稻米的应用范围和文化内涵, 非常符合当前供给侧改革的发展需求。水稻淀粉品质受不同的关键基因调控, 采用转基因技术可以针对性对淀粉品质加以修饰改良。本文综述了国内外采用转基因技术改良水稻淀粉品质的研究进展。

1 水稻淀粉生物合成途径中的关键酶及对应基因

淀粉是一种不溶于水的白色粉末状物质, 主要由直链淀粉和支链淀粉组成, 在粳稻、籼稻及糯稻中两者的含量及比例存在显著差异。淀粉颗粒是一种典型的半晶体, 包含结构规则的晶体区和部分不规则区域, 晶体区根据组成的不同可以分为A、B、C和V型。

作为碳水化合物的重要储存者, 淀粉在植物的生长周期中扮演着重要的角色。淀粉的生物合成始于光合作用合成葡萄糖, 然后转化为蔗糖。蔗糖通过源库运输进入籽粒, 在蔗糖合酶(Sucrose synthase, SuSy)的催化作用下可逆分解形成尿苷二磷酸葡萄糖(UDP-Glu-

cose, UDPG)和果糖(Fructose), 或在蔗糖转化酶(Invertase, Inv)作用下不可逆裂解成葡萄糖和果糖, 水稻胚乳中的淀粉合成过程主要以前者为主。接着UDPG在尿苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶(UGPase)作用下可逆地转化为葡萄糖和尿苷三磷酸(UTP)。果糖在果糖激酶(Fructokinase, FRK)作用下不可逆催化成成果糖-6-磷酸(F-6-P); UDPG在UDP-葡萄糖焦磷酸化酶(UDP-glucose pyrophosphorylase, UGPase)作用下转化为葡萄糖-6-磷酸(G-6-P)。磷酸己糖间很容易在糖酵解和其他途径的代谢循环中通过磷酸葡萄糖异构酶(Phosphoglucose isomerase, PGI)和葡萄糖磷酸变位酶(Phosphoglucomutase, PGM)进行相互转换, 最终以葡萄糖-1-磷酸(G-1-P)的形式流入淀粉合成方向。然后G-1-P在腺苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶(ADP-glucose pyrophosphorylase, AGPase)作用下转化为用于合成淀粉的糖基单元腺苷二磷酸葡萄糖(ADP-glucose, ADPG)。ADPG通过位于造粉体膜上特异的ADP-葡萄糖转运蛋白(ADP-glucose translocator, AGT)进入造粉体, 过程见图1^[1-2]。

淀粉的生物合成过程受多种酶的调控, 其中关键的有ADPG合成酶AGP、淀粉合成酶SS、分支酶SBE和去分支酶DBE。其中, SS又可以分为GBSS、SSI、SSII、SSIII、SSIV、SSV, SBE包括BEI及BEII, DBE可以分为ISA(EC3.2.1.68)和PUL(EC3.2.1.41)。ADPG合成酶AGP(EC2.7.7.27)主要负责在ATP存在的条件下, 催化G-1-P形成ADPG; 淀粉合成酶SS(EC2.4.1.21)主要负责葡聚糖链的延伸; 分支酶SBE

收稿日期: 2017-10-27

基金项目: 转基因专项(2014ZX08001006); 浙江省水稻育种项目(2016C02050-6)

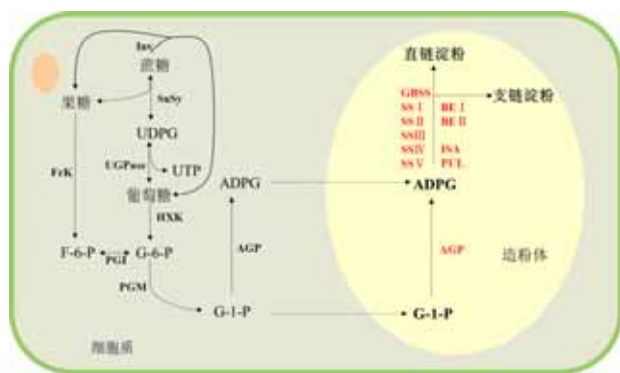


图1 水稻胚乳淀粉合成过程

(EC2.4.1.18)通过水解糖苷键,再通过糖苷键将断裂处连接,进而形成分支结构;去分支酶 DBE 降解 SBE 形成的支链。上述酶都存在同工酶,例如,水稻中有一种 SSI、三种 SSII、两种 SSIII、两种 SSIV、一种 SSV 以及两种 GBSS 同工酶。现已知的在水稻中编码 AGP 的基因有 7 个, *AGP-S1*、*AGP-S2a*、*AGP-S2b*、*AGP-L1*、*AGP-L2*、*AGP-L3*、*AGP-L4*; 编码 SSI 基因 *ss1*, 缺失后在淀粉含量上无明显差异; SSII 基因 *SS2a*、*SS2b*, 主要功能为调节链长的分布; SSIII 基因 *ss3a*、*ss3b*, 作用主要为在长链上连接并延伸支链; SSIV 基因 *ss4b*、*ss4a* 和 BEI 基因 *be1*, 可特异性地延长支链; BE II 基因 *be2a*、*be2b* (*ae*), 前者主要与淀粉合成的初始相关, 后者主要用于合成支链淀粉分支上的短链; ISA I 基因 *isa1* (*sug-1*), ISA II 基因 *isa2*, ISA III 基因 *isa3*, PUL 基因 *pul*, 其作用主要为修剪产生的不当分支; GBSS I 基因 *gbss1* (*wx*), 缺失后的突变体表现为全支链淀粉的形式等。上述基因均对水稻淀粉品质有影响^[3-4]。

2 水稻淀粉品质转基因改良研究

2.1 转 AGP 基因提高总淀粉含量

淀粉的生物合成经历几个步骤, 其中需要 ADP-葡萄糖焦磷酸化酶 (AGPase) 的催化作用, 水稻种子中 AGPase 的变构特性对淀粉的合成影响显著。

转 AGP 基因水稻试验中的目的基因在现有研究中多源自微生物, 所获得转基因水稻的总淀粉含量在一些研究中明显增加, 而在另外的一些研究中未发现显著变化。Sakulsingharoj 等^[5]采用农杆菌介导法将源自大肠杆菌的 *glgc-TM* 基因导入水稻种子中, 该基因主要编码一种具有催化活性的变构不敏感酶——ADP-葡萄糖焦磷酸化酶。该酶在转基因水稻胚乳中的细胞质及淀粉体中成功表达, 结果使总淀粉含量和种子重

量均有所增加。宋敏等^[6]通过转细菌 AGPase 突变子 *glgc16* 基因得到转基因水稻, 与野生型相比, 转基因水稻的千粒重提高了 5.6%~22.0%, 但总淀粉含量无显著差异。

2.2 转 SS 基因调控直链淀粉含量

2.2.1 转反义 *Wx* 基因降低直链淀粉含量

对转淀粉合成酶基因的研究较多, 主要集中在 *GBSSI*。 *GBSSI* 基因, 即 *Wx* 基因, 编码直链淀粉合成的淀粉合成酶, 位于第 6 号染色体, 由 14 个外显子和 13 个内含子组成。在水稻中, 已知 *Wx* 基因有 *Wxa* 和 *Wxb* 2 个等位基因, 分别集中在粳和籼两种类型的水稻中, 前者蛋白活性约为后者的 10 倍^[7]。

直链淀粉含量是评价稻米品质的重要理化指标, 中等适宜的直链淀粉含量对稻米食味品质具有至关重要的决定作用。通过导入 *Wx* 反义基因, 调控水稻的直链淀粉含量, 可以得到直链淀粉含量明显减少的转基因植株^[8-10]。 Shimada 等^[11]用水稻 *Wx* 基因外显子 4 和 9 之间的一个 1.0 kb 片段与 35S 启动子反向连接, 然后采用电激法将其导入水稻原生质体中, 得到了直链淀粉含量明显减少的植株。 Terada 等^[9]将 2.3kb 的反向 *Wx* cDNA (其中包含 450 bp 的 *Wx* 基因第 1 内含子片段) 与玉米乙醇脱氢酶 (*Adhl*) 启动子连接, 构建载体, 转化获得一批转基因植株, 这些转基因植株在花粉和胚乳中的直链淀粉含量都有所下降。 陈秀花等^[12]在转反义 *Wx* 基因水稻植株中获得了 1 株直链淀粉含量由野生型的 25.4% 下降到 7.02% 的转基因植株。

2.2.2 转 *DUL*、*SSS*、*SSIIa* 基因降低直链淀粉含量

Zeng 等^[13]将 8285bp 的含全部 *Dul* 编码区域及部分上下游区域的 DNA 片段采用农杆菌介导法及电击法导入 *dul* 突变体水稻中。 *Dul* 基因编码了 1 个 Prp1 蛋白, 该蛋白与 mRNA 前体的剪接有关。 *dul* 突变体比之野生型, 由于 *Wxb* 前体 mRNA 转录水平降低了 30% 左右, 直链淀粉含量显著降低。

胡昌泉等^[14]采用农杆菌介导法将可溶性淀粉合成酶基因 (*SSS*) 和淀粉分支酶基因 (*SBE*) 导入籼稻恢复系明恢 86 中, 导致直链淀粉含量大幅度降低。

Fujita 等^[15]将源自籼稻品种的有活性的 *SSIIa* 导入粳稻背景的 *isa1* 突变体中, 在突变体中不可溶 α -葡聚糖含量只有 3.1%, 而在转基因植株中其含量超过 60%。在突变体中可溶性成分占总 α -葡聚糖大于 95%, 在转基因植株中只有 35%~70%。实验结果表明, *SSIIa* 只会延长一些外部链及 α -葡聚糖并导致不可溶性增

表 1 水稻淀粉生物合成中的四种关键酶及对应基因

淀粉合成 4 种关键酶		功能	相关编码基因
AGP		催化 G-1-P 形成 ADPG	<i>AGP-S1、AGP-S2a、AGP-S2b、AGP-L1、AGP-L2、AGP-L3、AGP-L4</i>
SS	GBSS	缺失后百分百表现为直链淀粉形式	<i>gbss1(wx)</i>
	SS I		<i>ss1</i>
	SS II	调节链长分布	<i>ss2a、ss2b</i>
	SS III	长链上连接并延伸支链	<i>ss3a、ss3b</i>
	SS IV		<i>ss4a、ss4b</i>
SBE	SS V	特异性延长支链	<i>be1</i>
	BE I		
DBE	BE II	短链的合成	<i>be2a、be2b(ae)</i>
	ISA	修剪产生的不当分支	<i>Isa1、isa2、isa3</i>
	PUL		
			<i>pul</i>

加。

2.2.3 转 *Wx* 基因增加直链淀粉含量

Liu 等^[16]采用农杆菌介导法将源自水稻包含 756bp 的反义 *Wx* 基因 DNA 片段及 *gusA* 编码序列与 3.1kb 的水稻 *Wx* 启动子融合,获得转基因水稻植株。所得的籼稻转基因植株,其直链淀粉含量表现出较高水平。基因分析表明,该转基因及其高直链淀粉含量特性均可稳定遗传。

Crofts 等^[17]将 1 个籼稻中的主效 *Wx^a* 基因转到粳稻的 *waxy(gbss1)* 突变体中,突变体的直链淀粉含量只有 25%,转基因植株的直链淀粉含量高达 41%,而支链淀粉的链长分布在突变体和转基因植株间无显著差异。结果表明,GBSSI 对表观直链淀粉含量有影响。Hanashiro 等^[18]通过将编码 GBSSI 的 *Wx* 基因导入 *Wx* 缺失的突变体中,发现其表观直链淀粉含量从原来难以检测到的极微量增加到淀粉总量的 21.6%~22.2%。

2.3 转 SBE 基因提高直链淀粉和抗性淀粉含量

转淀粉分支酶基因的研究也获得重要进展。通过导入双抑制基因,获得了高直链淀粉转基因植株,其抗性淀粉含量也显著提高,同时对其晶体结构、物理生化特性也有一系列明显的影响。

Tanaka 等^[19]将 18kb 的包括 *OSBEIIb* 基因及其启动子区的 DNA 片段导入 *be2b* 突变体,得到了从低到高具有表达梯度的一系列转基因植株。研究结果表明,该基因的表达与聚合度 DP 6-14 的支链淀粉及糊化温度密切相关。由于 *OSBEIIb* 基因的表达,突变体中原来的 B 型淀粉晶体在转基因植株中转变为 A 型晶体。这些结果表明,BEIIb 在支链淀粉中短链的形成中起到重要作用,对支链淀粉的晶体结构及糊化温度有影响。

Butardo 等^[20]通过构建 *SBEIIb*RNA 沉默表达体系获得了 *SBEIIb* 酶活抑制的转基因植株,分析其去分支淀粉的结构发现,转基因植株加倍的表观直链淀粉含

量不是由于直链淀粉比例的增加,而是因为支链淀粉中长链水平的增加。抑制 *SBEIIb* 酶对获得更高的抗性淀粉以降低血糖指数具有重要意义。

Zhu 等^[21]通过导入双反义基因获得了双抑制 *SBEI* 和 *SBEIIb* 的籼稻转基因植株,该 2 个基因的表达完全被抑制,颗粒结合淀粉合成酶的表达情况正常,与野生型相比,其表观直链淀粉含量从 27.2%提高到了 64.8%,抗性淀粉含量从 0%到 14.6%,总膳食纤维从 6.8%提高到了 15.2%。进一步研究发现,得到的高直链淀粉转基因水稻主要为 B 型淀粉晶体结构,支链淀粉部分长链比例显著增加,糊化温度升高,半复合淀粉颗粒导致淀粉抗性增加^[22]。Wei 等^[23-24]随后的研究发现,与野生型相比,转基因植株的凝胶温度更高,糊化焓和膨胀能力降低。在 75℃后,野生型从 A 型淀粉晶体转变为不定形态,而转基因植株则从 C 型转变为 B 型淀粉晶体,95℃时才变为不定形态。Man 等^[25-27]消化实验表明,转基因植株的淀粉晶体结构及颗粒外部区域的双螺旋结构导致转基因植株耐消化性能的提高。

Sun 等^[28]采用农杆菌介导法,将 35S 启动子构建的淀粉分支酶 1 基因 *OsSbe1* 的过表达载体导入水稻,转基因植株的表观直链淀粉含量在糙米中介于 10.6%~25.0%之间(半数表现为含量显著降低,少部分增加 20.0%以上),而野生型为 18.0%。

2.4 转 DBE 基因优化支链淀粉的精细结构

Fujita 等^[29]通过转反义 *ISA1* 基因的方法获得了 *ISA1* 活性被抑制的转基因水稻植株。该转基因水稻中聚合度 DP≤11 的短链支链淀粉含量丰富,这是由于 *ISA1* 主要作用于支链淀粉分子,对不恰当分支进行整理。相较于 *isa1* 突变体,转反义 *ISA1* 植株由于剩余 *ISA1* 活性为野生型的 1/16,远高于 *isa1* 突变体的 1/100,其表型没有突变体明显。

2.5 转其他外源基因改良淀粉品质

除直接对水稻内相关基因进行转基因调控淀粉品质之外,一些源自其他生物的基因也被导入水稻,获得了一些淀粉品质发生改变的转基因植株。

Krishnamurthy 等^[30]将小麦硬度主效基因 *PINA* 和 *PINB* 导入到水稻中,获得的转基因水稻的谷粒质地柔软,研磨后淀粉颗粒损伤水平显著降低、完整淀粉颗粒结构比例上升。

Chiang 等^[31]将源自嗜热厌氧乙醇杆菌 *Thermoanaerobacter ethanolicus* 39E 的 2865bp 编码 75-1029 个成熟 APU(支链淀粉酶)的 DNA 序列及 *aAmy* 的下游或 *GluB* 启动子加上 *aAmy* 或 *GluB* 的信号肽序列分别导入水稻。研究发现,在成熟的种子中采用 *GluB-1* 启动子的比其余启动子的表达水平高,在发芽过程中,*aAmy8* 作为启动子的转基因植株表达量最高,直链淀粉含量降低,可溶性蔗糖含量增加。

大麦中的糖信号分子(Sugar signalling in barley 2, SUSIBA2)是一种只存在于植物的转录因子,参与调节糖分子诱导的基因表达。Su 等^[32]将该基因导入水稻,发现转基因植株在降低甲烷排放量的同时,植株成熟种子及茎中淀粉含量显著增加。

3 问题与展望

通过转基因技术对水稻淀粉品质进行调控主要有两种目的:一是改良水稻的淀粉理化特性,包括增加总淀粉含量、适度降低直链淀粉含量以及优化直链淀粉与支链淀粉的配比等;二是增进淀粉品质性状相关基因的遗传基础认识,采取过表达或抑制关键基因的方法,进一步阐释基因的功能,同时获得与原淀粉固有性质不同的转基因水稻。

对水稻淀粉品质进行改良,主要依赖传统育种方式,周期长,效果不明显;通过转基因技术改良水稻淀粉品质尚处于初级阶段,主要针对目的基因多为造粉体中直接作用于淀粉合成的酶基因,对上游基因的调控及影响研究仍不明确。随着对水稻淀粉生物合成的深入了解及对其基因调控网络的解析,转基因技术可望更广泛用于水稻淀粉品质的精确修饰或定向改良。

参考文献

- [1] Smith A M, K Denyer A, Martin C. The synthesis of the starch granule [J]. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol*, 1997, 48: 65-87.
- [2] Zeeman S C, Kossmann J, Smith A M. Starch: Its metabolism, evolution, and biotechnological modification in plants [J]. *Annu Rev Plant Biol*, 2010, 61: 209-234.
- [3] Fujita N. Starch Biosynthesis in rice endosperm [J]. *Agri-Bioscience Monographs(AGBM)*, 2014, 4(1): 1-18.
- [4] Bajaj S, A Mohanty. Recent advances in rice biotechnology-towards genetically superior transgenic rice [J]. *Plant Biotechnol J*, 2005, 3(3): 275-307.
- [5] Sakulsingharoj C, Choi S B, Hwang S K, et al. Engineering starch biosynthesis for increasing rice seed weight: the role of the cytoplasmic ADP-glucose pyrophosphorylase [J]. *Plant Sci*, 2004, 167(6): 1323-1333.
- [6] 宋敏,李援亚,张云孙.导入 AGPase 基因的转基因可育水稻及其经济性状的研究[J]. *华北农学报*, 2001, 16(4): 11-14.
- [7] Fasahat P, Rahman S, Ratnam W. Genetic controls on starch amylose content in wheat and rice grains [J]. *J Genet*, 2014, 93(1): 279-292.
- [8] Shimada H, Tada Y, Kawasaki T, et al. Antisense regulation of the rice waxy gene-expression using a pcr-amplified fragment of the rice genome reduces the amylose content in grain starch [J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 86(6): 665-672.
- [9] Terada R, Nakajima M, Isshiki M, et al. Antisense Waxy genes with highly active promoters effectively suppress waxy gene expression in transgenic rice [J]. *Plant Cell Physiol*, 2000, 41(7): 881-888.
- [10] Itoh K, Ozaki H, Okada K, et al. Introduction of Wx transgene into rice wx mutants leads to both high- and low-amylose rice [J]. *Plant Cell Physiol*, 2003, 44(5): 473-480.
- [11] Shimada H, Tada Y, Kawasaki T, et al. Antisense regulation of the rice waxy gene expression using a PCR-amplified fragment of the rice genome reduces the amylose content in grain starch [J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 86(6): 665-672.
- [12] 陈秀花,刘巧泉,王兴稳,等.反义 Wx 基因导入我国籼型杂交稻重点亲本[J]. *科学通报*, 2002, 47(9): 684-688.
- [13] Zeng D, Yan M, Wang Y, et al. Du1, encoding a novel Prp1 protein, regulates starch biosynthesis through affecting the splicing of Wx(b) supercript stop pre-mRNAs in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Plant Mol Biol*, 2007, 65(4): 501-509.
- [14] 胡昌泉,徐军望,苏军,等.农杆菌介导法获得转可溶性淀粉合成酶基因籼稻[J]. *福建农业学报*, 2003, 18(2): 65-68.
- [15] Naoko F, Isao H, Sachi S, et al. Elongated phytylglycogen chain length in transgenic rice endosperm expressing active starch synthase IIa affects the altered solubility and crystallinity of the storage alpha-glucan [J]. *J Exp Bot*, 2012, 63(16): 5859-5872.
- [16] Liu Q, Wang Z, Chen X, et al. Stable inheritance of the antisense Waxy gene in transgenic rice with reduced amylose level and improved quality [J]. *Transgenic Res*, 2003, 12(1): 71-82.
- [17] Crofts N, Abe K, Aihara S, et al. Lack of starch synthase IIIa and high expression of granule-bound starch synthase I synergistically increase the apparent amylose content in rice endosperm [J]. *Plant Sci*, 2012, 193: 62-69.
- [18] Hanashiro I, Itoh K, Kuratomi Y, et al. Granule-bound starch synthase I is responsible for biosynthesis of extra-long unit chains of amylopectin in rice [J]. *Plant Cell Physiol*, 2008, 49(6): 925-933.
- [19] Tanaka N, Fujita N, Nishi A, et al. The structure of starch can be

- manipulated by changing the expression levels of starch branching enzyme IIb in rice endosperm [J]. *Plant Biotechnol J*, 2004, 2(6): 507–516.
- [20] Butardo V M, Fitzgerald M A, Bird A R, et al. Impact of down-regulation of starch branching enzyme IIb in rice by artificial micro RNA- and hairpin RNA-mediated RNA silencing [J]. *J Exp Bot*, 2011, 62(14): 4927.
- [21] Zhu L J. High-amylose rice improves indices of animal health in normal and diabetic rats [J]. *Plant Biotechnol J*, 2012, 10(3): 353–362.
- [22] Zhu L J, Liu Q Q, Wilson J D, et al. Digestibility and physicochemical properties of rice (*Oryza sativa* L.) flours and starches differing in amylose content[J]. *Carbohydrate Polymers*, 2011, 86(4): 1751–1759.
- [23] Wei C, Qin F, Zhou W, et al. Comparison of the crystalline properties and structural changes of starches from high-amylose transgenic rice and its wild type during heating[J]. *Food Chem*, 2011, 128(3): 645–652.
- [24] Wei C, Qin F, Zhu L, et al. Microstructure and ultrastructure of high-amylose rice resistant starch granules modified by antisense RNA inhibition of starch branching enzyme [J]. *J Agric Food Chem*, 2010, 58(2): 1224–1232.
- [25] Man J, Yang Y, Zhang C, et al. Structural changes of high-amylose rice starch residues following in vitro and in vivo digestion [J]. *J Agric Food Chem*, 2012, 60(36): 9332–9341.
- [26] Qin F, Man J, Xu B, et al. Structural properties of hydrolyzed high-amylose rice starch by α -amylase from bacillus licheniformis [J]. *J Agric Food Chem*, 2011, 59(23): 12667–12673.
- [27] Wei C, Xu B, Qin F, et al. C-type starch from high-amylose rice resistant starch granules modified by antisense RNA inhibition of starch branching enzyme [J]. *J Agric Food Chem*, 2010, 58(12): 7383–7388.
- [28] Sun M M, Lee H J, Abdula S E, et al. Overexpression of starch branching enzyme 1 gene improves eating quality in japonica rice[J]. *J Plant Biotechnol*, 2013, 40(2): 88–101.
- [29] Fujita N, Kubo A, Suh D S, et al. Antisense inhibition of isoamylase alters the structure of amylopectin and the physicochemical properties of starch in rice endosperm [J]. *Plant Cell Physiol*, 2003, 44(6): 607–618.
- [30] Krishnamurthy K, Giroux M J. Expression of wheat puroindoline genes in transgenic rice enhances grain softness [J]. *Nature Biotechnol*, 2001, 19(2): 162–166.
- [31] Chiang C M, Yeh F S, Huang L F, et al. Expression of a bi-functional and thermostable amylopullulanase in transgenic rice seeds leads to autohydrolysis and altered composition of starch[J]. *Mol Breed*, 2005, 15(2): 125–143.
- [32] Su J, Hu C, Yan X, et al. Expression of barley SUSIBA2 transcription factor yields high-starch low-methane rice [J]. *Nature*, 2015, 523(7562): 602.

Rice Starch Quality Improvement by Transgenic Technology

DING Yi, DING Qingwen, LI Binqing, SHEN Yi, ZHANG Ning*, WU Dianxing

(Department of Applied Bioscience, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; 1st author: 3110100088@zju.edu.cn; *Corresponding author: 11216028@zju.edu.cn)

Abstract: Starch is the main form of nutrition and energy storage of rice grains, which is mainly composed of amylose and amylopectin. Improvement of quality of rice starch could be modified through changing the content and quality of starch by transgenic technology. The practical cases of starch quality improvement in transgenic rice of therelated starch synthesizing genes were reviewed in this paper.

Key words: rice; starch; transgenic technology

·综合信息·

江西省 2017 年审定通过的水稻新品种(1)

审定编号 (赣审稻)	品种名称	类型	选育单位	品种来源	全生育期 (d)	区试产量 (kg/667m ²)
20170001	长两优 39	籼型两系杂交稻	江西洪崖种业有限责任公司、湖南亚华种业科学研究院	长早 S × 中早 39	110.2	510.67
20170002	柒两优 2012	籼型两系杂交稻	江西金惠种业有限公司、株洲市农业科学研究所	株 712S × R2012	109.3	493.51
20170003	锦两优 816	籼型两系杂交稻	江西大地丰收种业有限公司、湖南隆平高科种业科学研究院有限公司	锦 4128S × HY16	109.8	496.28
20170004	潭两优 39	籼型两系杂交稻	江西博大种业有限公司、湘潭市农业科学研究所、中国水稻研究所	潭农 S × 中早 39	107.6	491.25
20170005	宏胡早糯	籼型常规糯稻	江西红一种业科技股份有限公司	中佳早 18 经 ⁶⁰ Co γ 辐射	105.0	473.00

(下转第 10 页)