



# 整合高通量表型组学与转录组学揭示水稻对高浓度CO<sub>2</sub>和镉胁迫响应的转录调控机制

郭位军<sup>1#</sup>，刘翰林<sup>1#</sup>，李东维<sup>1</sup>，谢上<sup>1</sup>，毛益超<sup>1</sup>，杨立文<sup>1</sup>，  
李聪<sup>1</sup>，王维轩<sup>1\*</sup>，田健<sup>2\*</sup>，谷晓峰<sup>1\*</sup>，普莉<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>中国农业科学院生物技术研究所

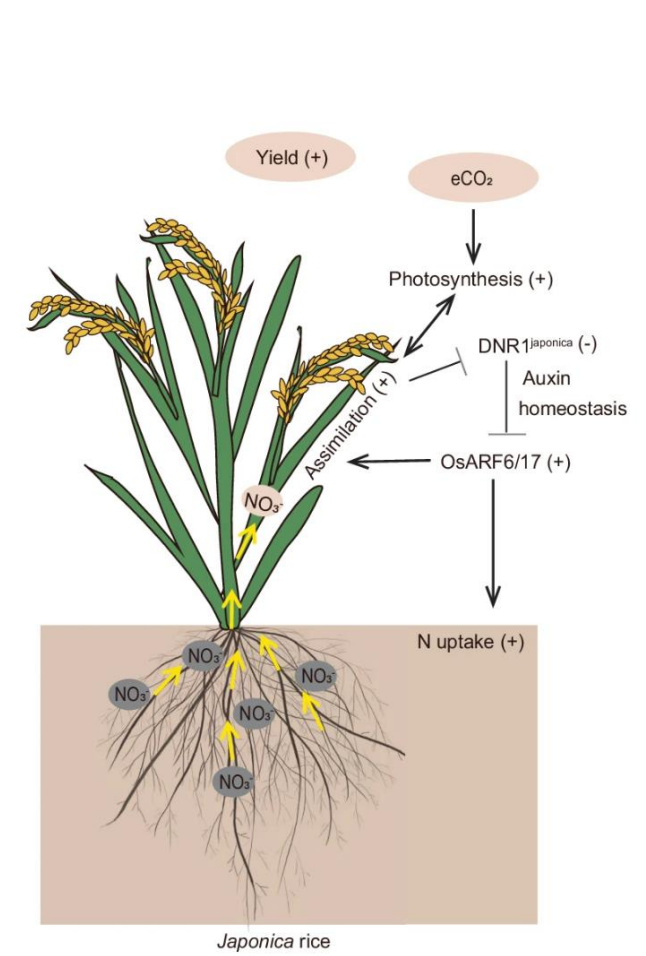
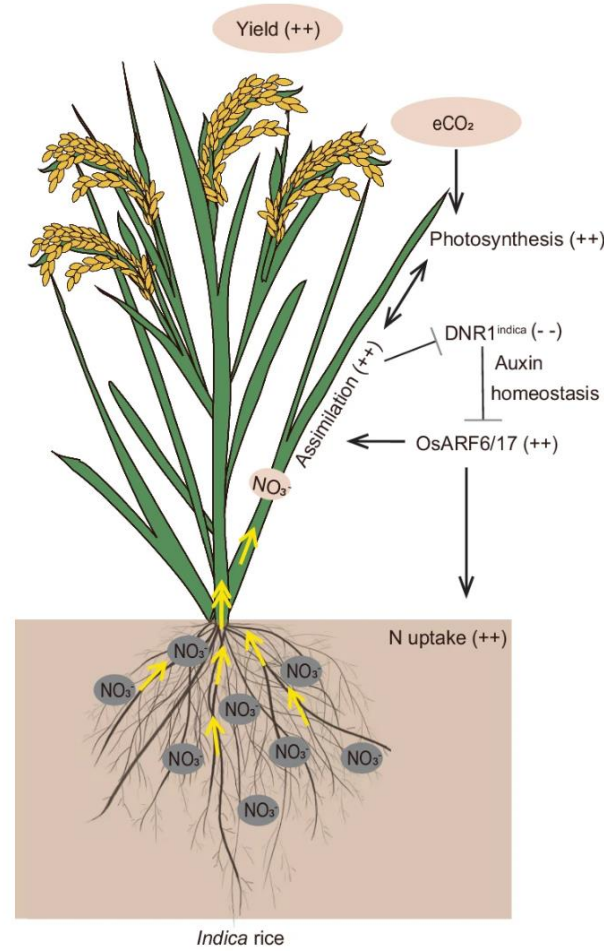
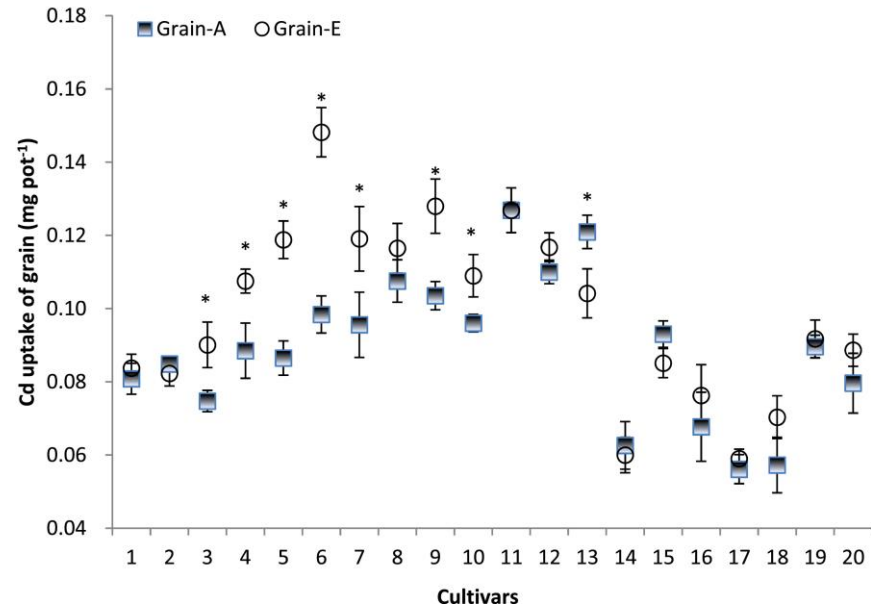
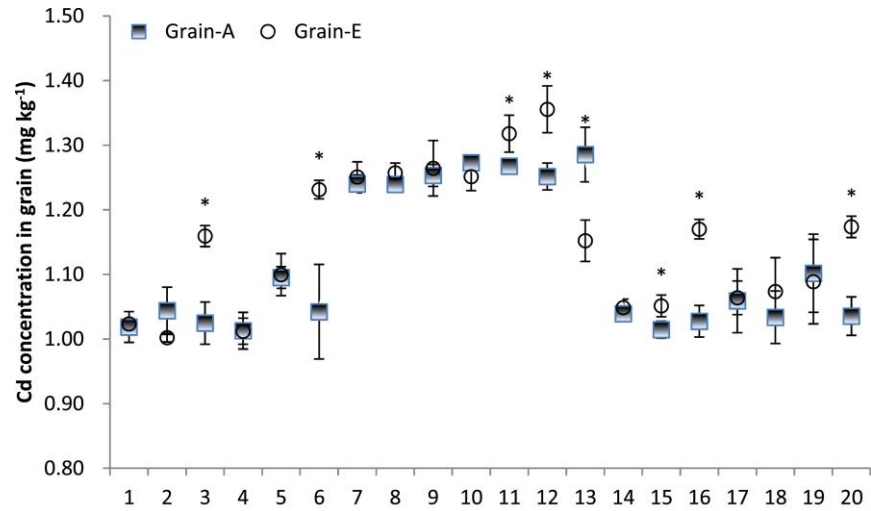
<sup>2</sup>中国农业科学院北京畜牧兽医研究所



Weijun Guo, Hanlin Liu, Dongwei Li, Shang Xie, Yichao Mao, Liwen Yang, Cong Li, et al. 2026. Integrated high-throughput phenomics and transcriptomics uncover the transcriptional mechanisms underlying rice responses to elevated CO<sub>2</sub> concentration and cadmium stress. *iMetaOmics* 3: e70100. <https://doi.org/10.1002/imo2.70100>

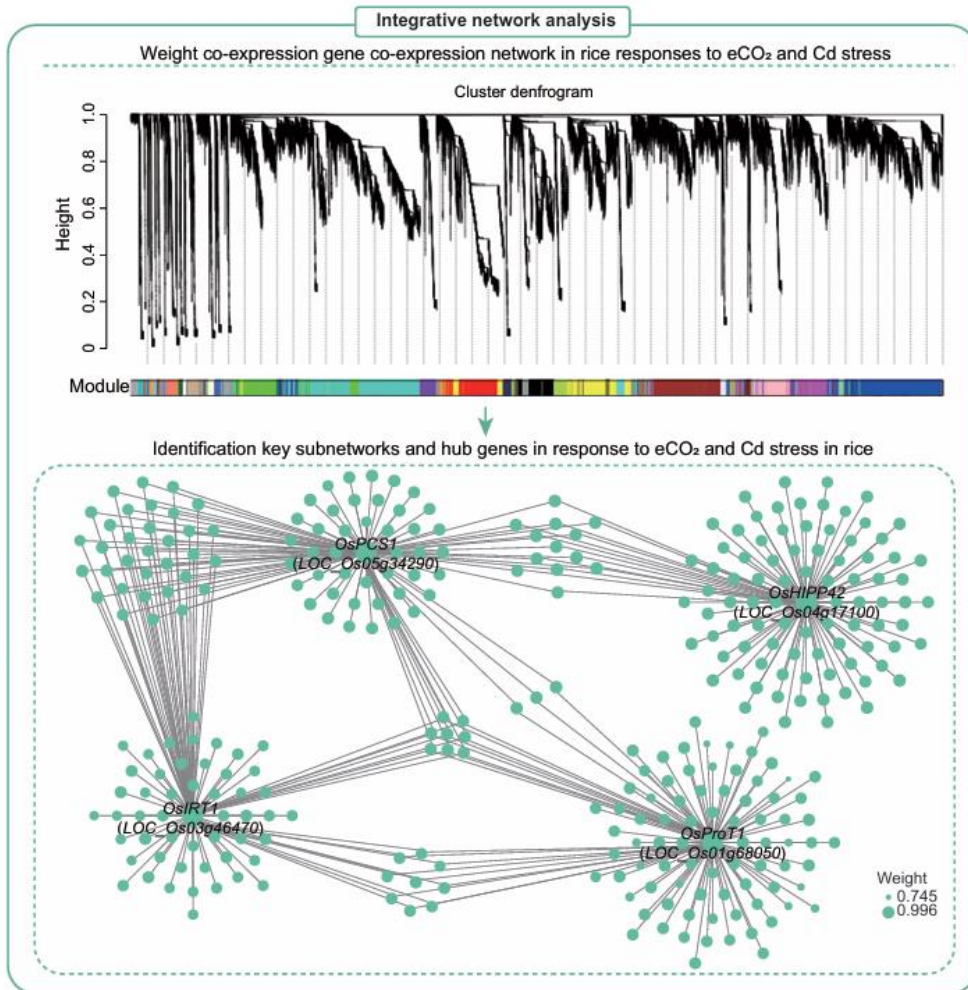
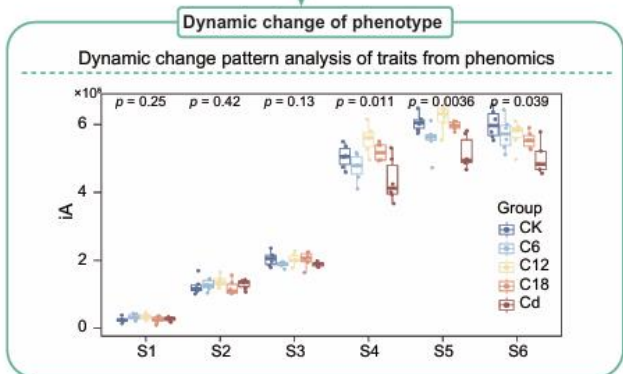
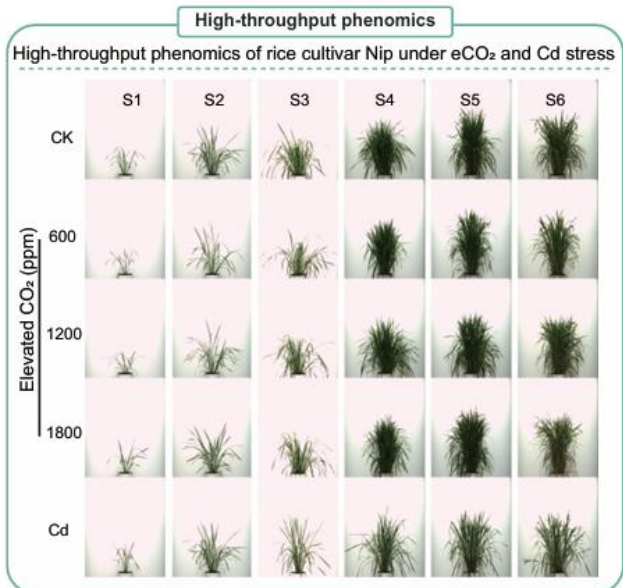


# 背景





# 亮点



- 获取涵盖水稻品种日本晴在eCO<sub>2</sub>和镉胁迫下六个关键生长阶段的高通量表型组学数据。
- 在多组织转录组分析中，差异表达基因与激素相关基因在Cd和eCO<sub>2</sub>条件下呈现出相似的表达模式。
- 构建了一个整合共表达网络，并鉴定出五个胁迫响应子网络。
- 枢纽基因OsMSR3的单倍型2频率从低纬度至高纬度地区以及从中国南部至东北部呈递减趋势，这与镉污染土壤的地理分布格局相吻合。



# 水稻在Cd和eCO<sub>2</sub>条件下的动态表型变化

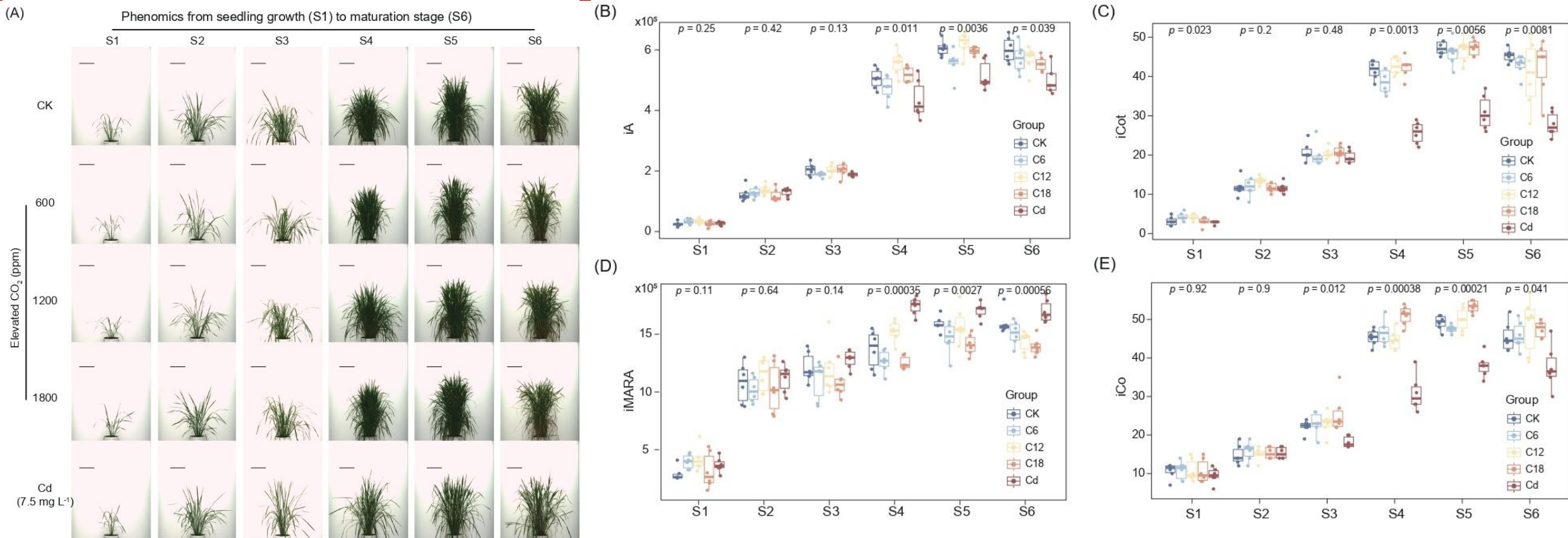
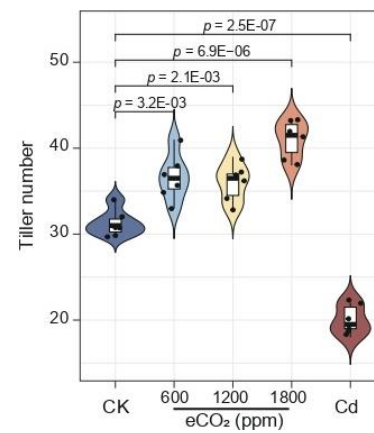
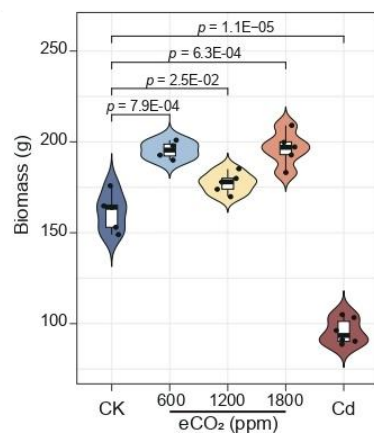


图1.水稻在二氧化碳浓度升高 (eCO<sub>2</sub>) 和镉 (Cd) 胁迫下的高通量表型组学分析





# 多组织转录组揭示响应Cd和eCO<sub>2</sub>的共有转录功能

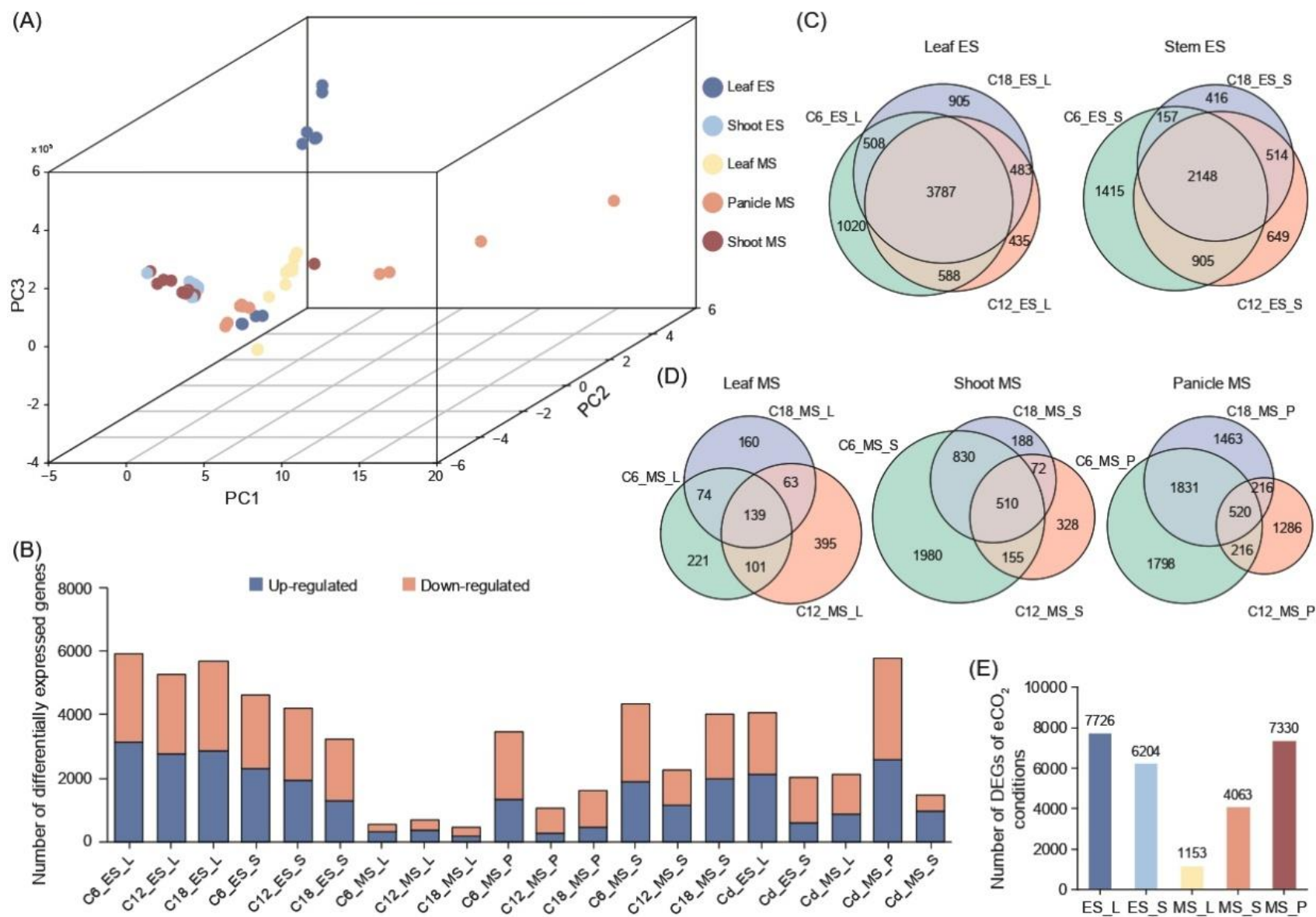


图2.水稻响应eCO<sub>2</sub>和Cd胁迫的组织特异性转录组谱



# 多组织转录组揭示响应Cd和eCO<sub>2</sub>的共有转录功能

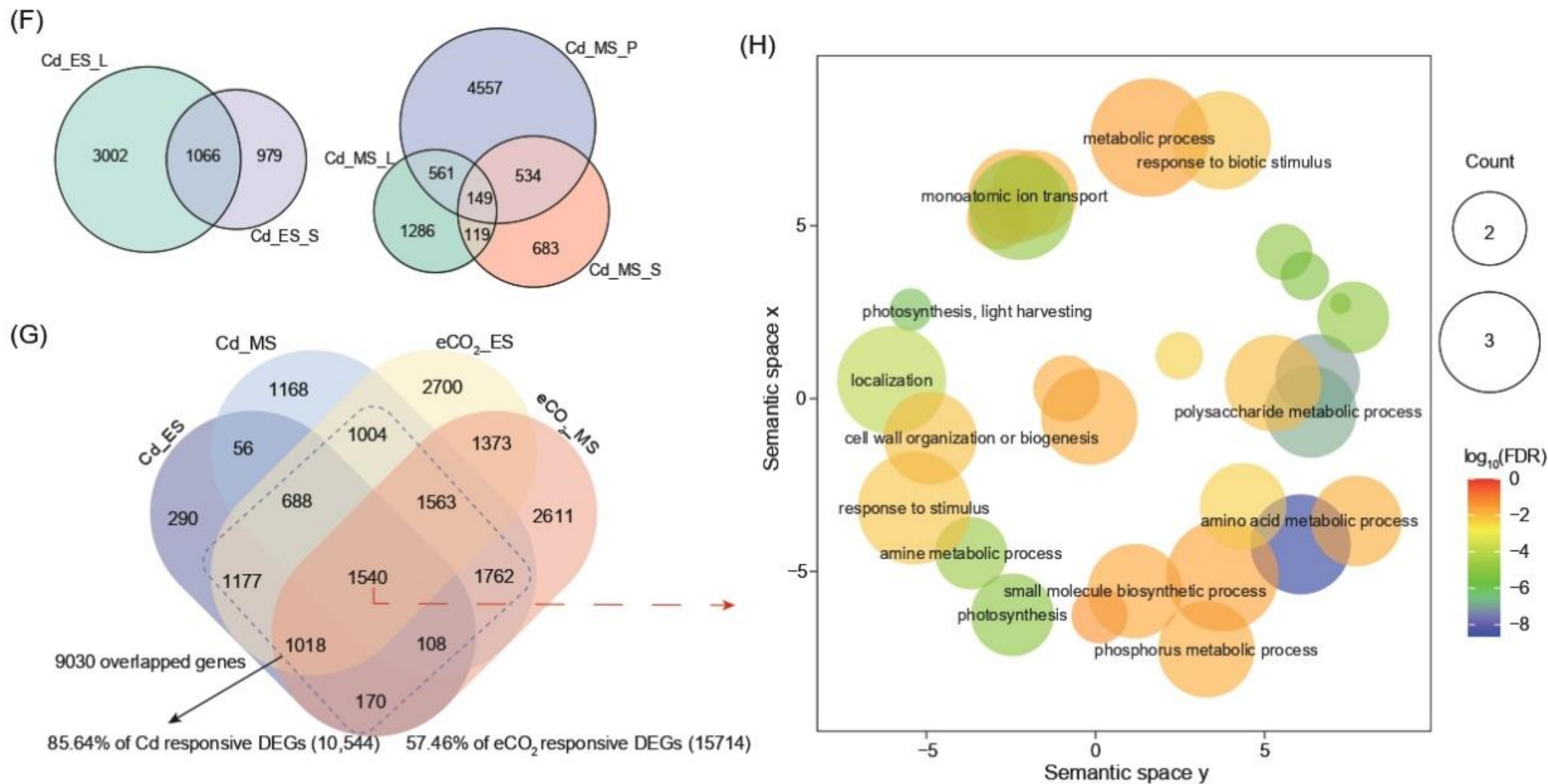


图2.水稻响应eCO<sub>2</sub>和Cd胁迫的组织特异性转录组谱



# 激素相关基因在Cd和eCO<sub>2</sub>条件下的动态变化

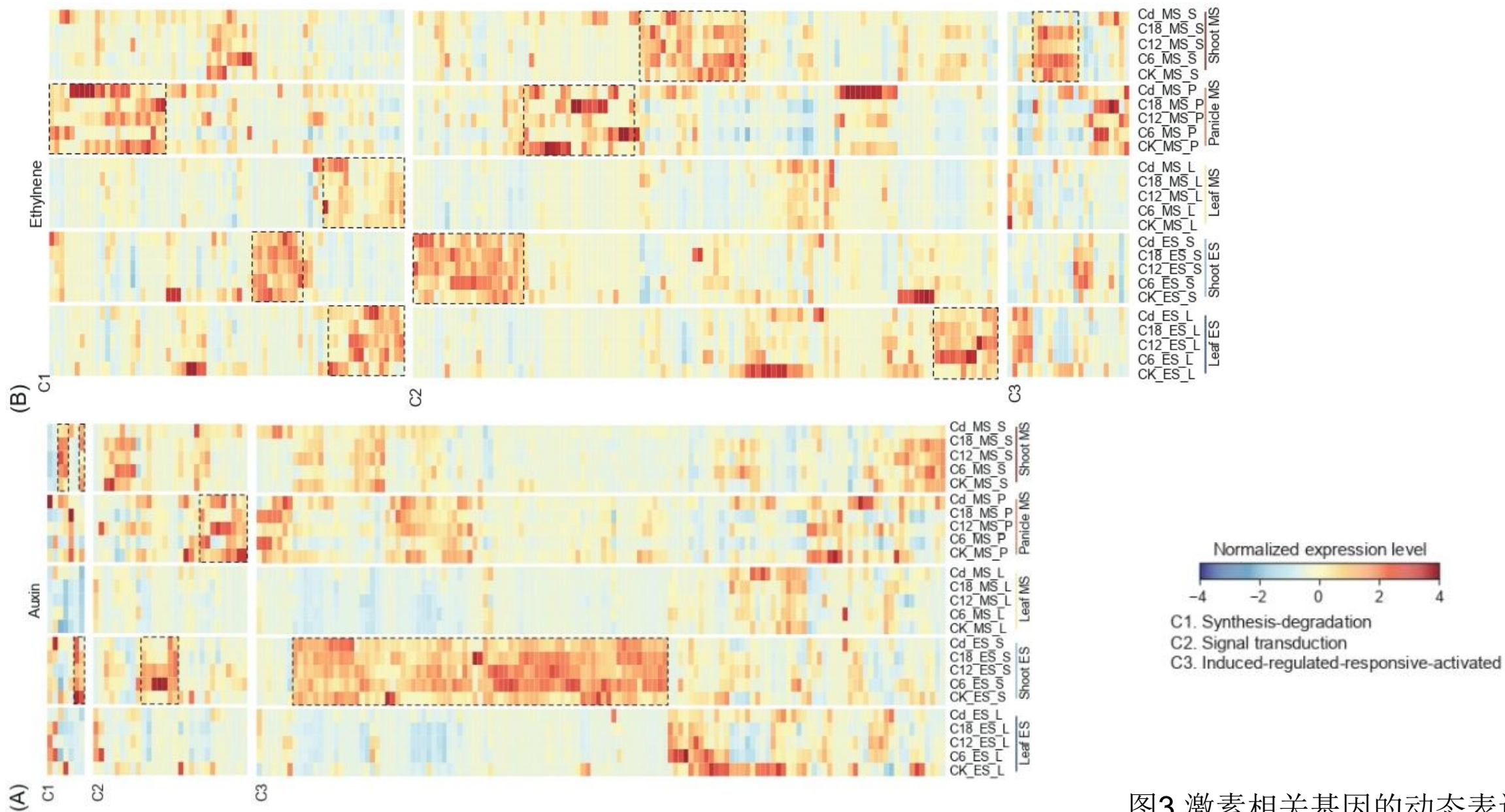


图3.激素相关基因的动态表达模式



# 激素相关基因在Cd和eCO<sub>2</sub>条件下的动态变化

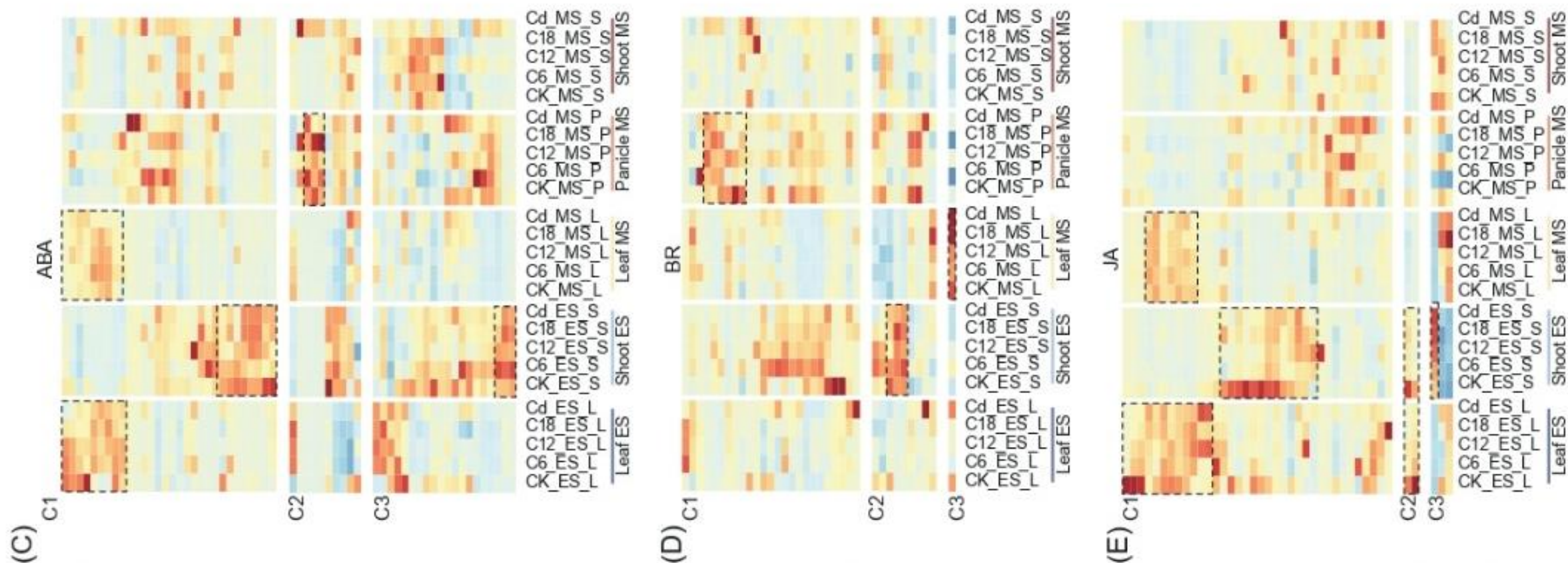


图3.激素相关基因的动态表达模式





# 水稻响应Cd和eCO<sub>2</sub>的转录调控子网络

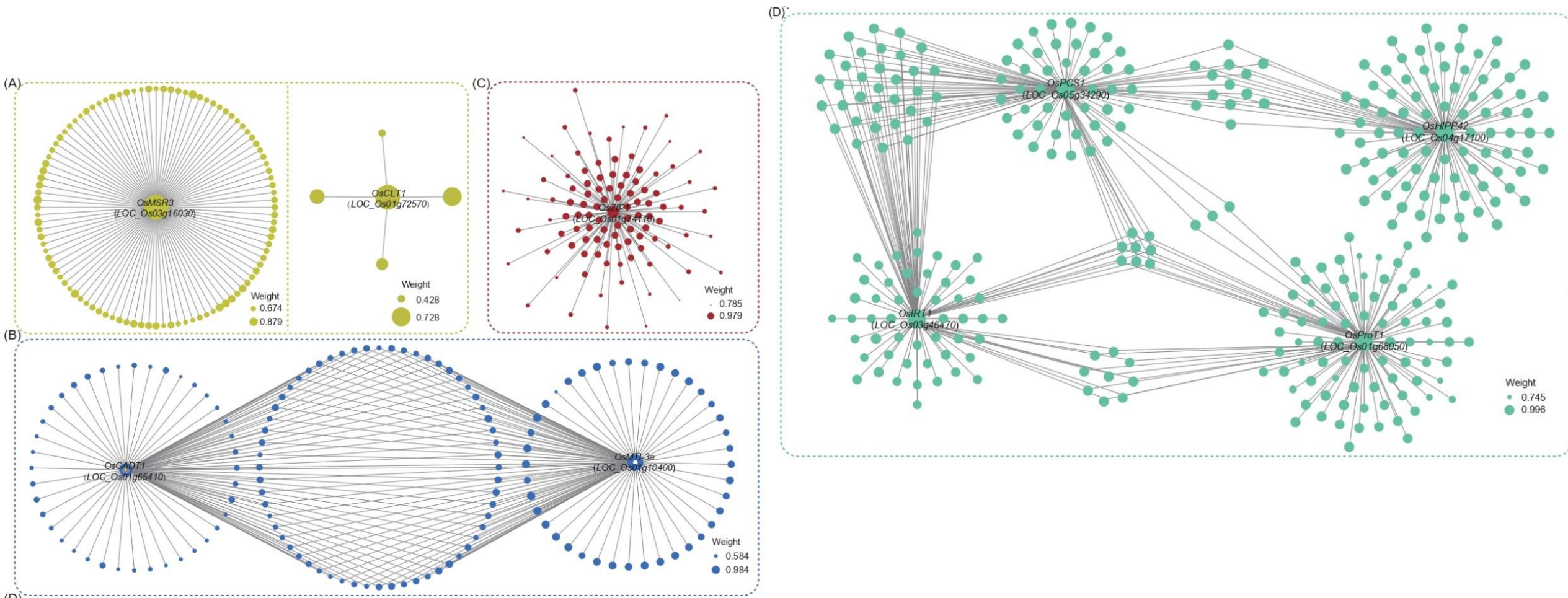


图5.水稻响应eCO<sub>2</sub>浓度和Cd胁迫的推定基因调控网络

# OsMSR3的自然变异可能导致水稻亚种间Cd和eCO<sub>2</sub>耐受性的差异

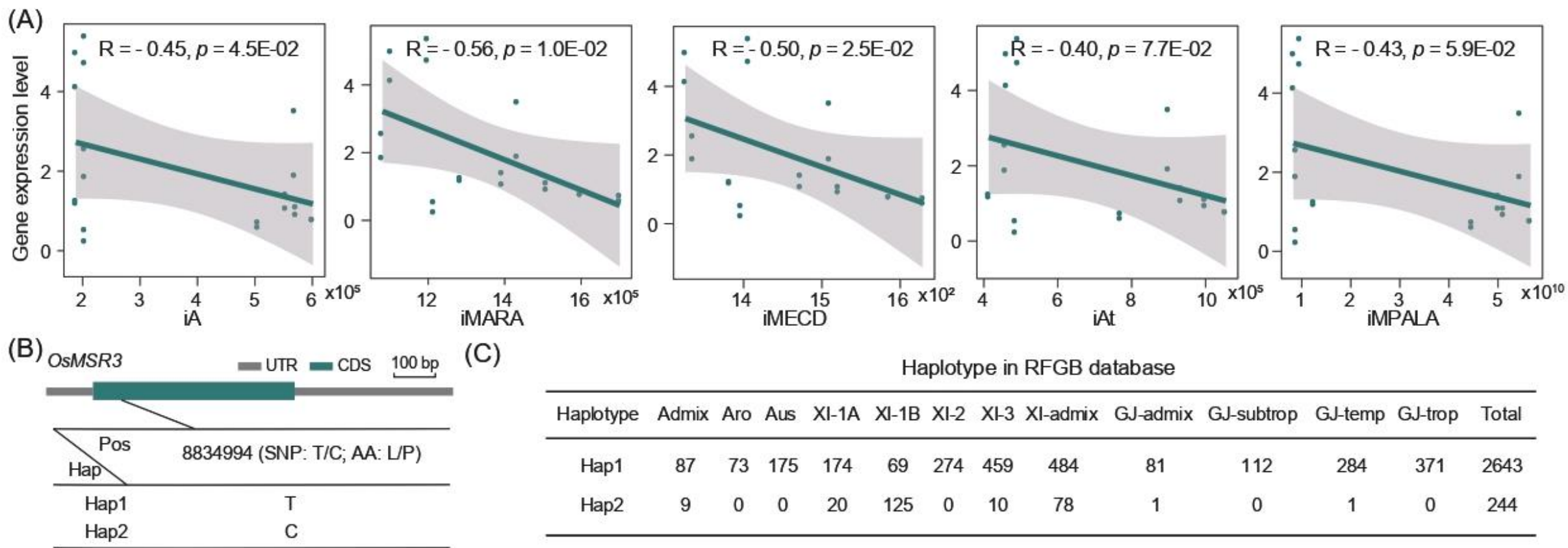


图6. OsMSR3的单倍型分析

# OsMSR3的自然变异可能导致水稻亚种间Cd和eCO<sub>2</sub>耐受性的差异

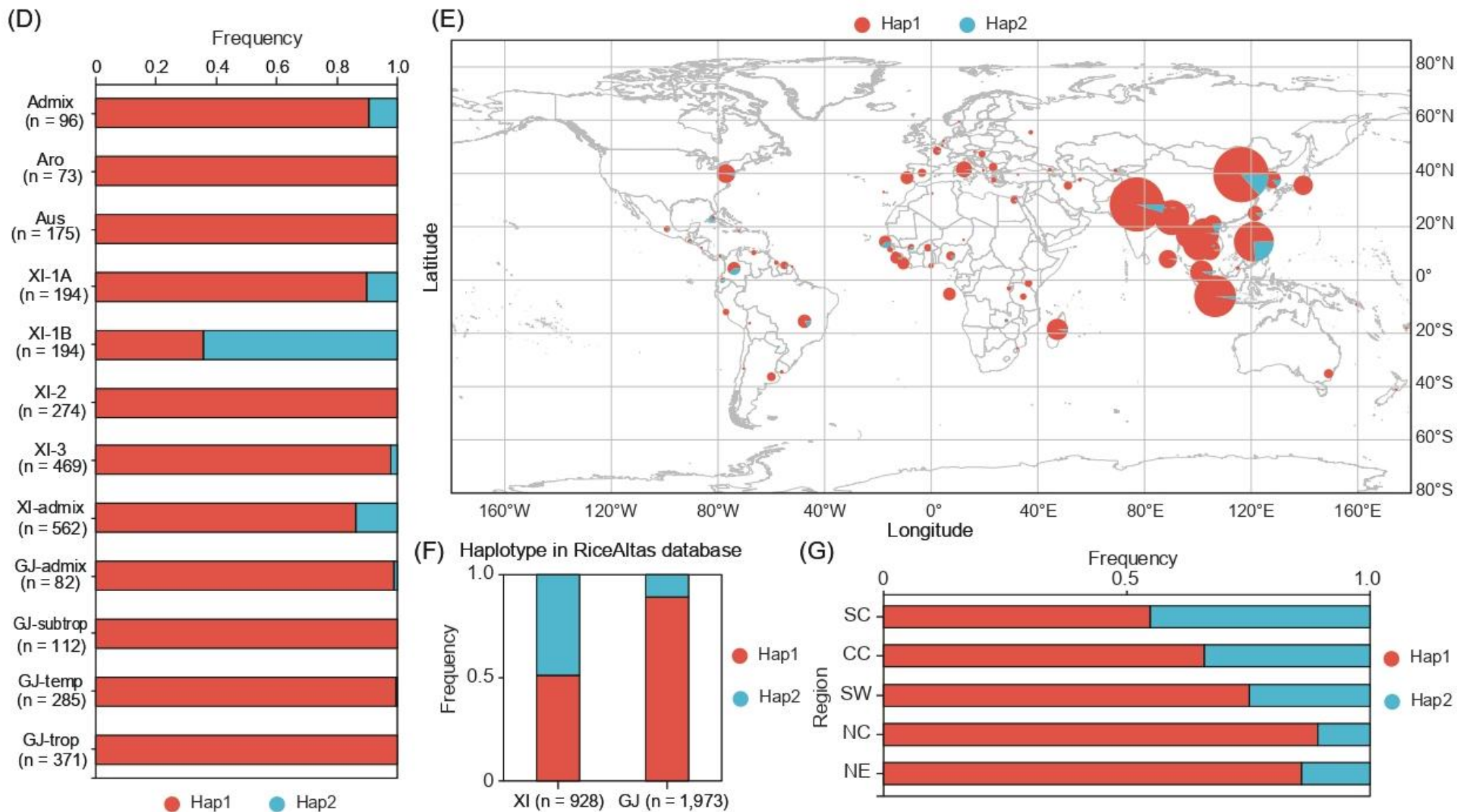


图6. *OsMSR3*的单倍型分析



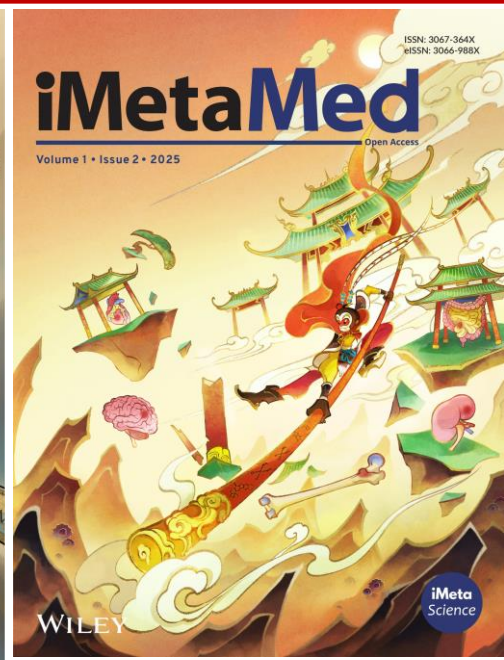
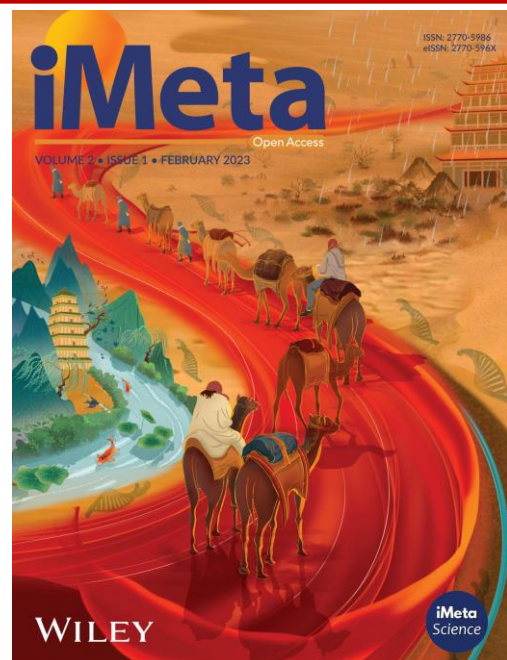
# 总结

- 构建水稻在Cd和eCO<sub>2</sub>条件下表型-转录组网络
- 高通量表型组学分析揭示水稻对Cd和eCO<sub>2</sub>响应中的表型相似性与差异性
- 差异表达基因和激素相关基因在响应Cd和eCO<sub>2</sub>时表现出相似的表达模式
- *OsMSR3*的群体分析鉴定出一个在CO<sub>2</sub>浓度升高条件下培育低镉水稻的潜在育种靶标

Weijun Guo, Hanlin Liu, Dongwei Li, Shang Xie, Yichao Mao, Liwen Yang, Cong Li, et al. 2026. Integrated high-throughput phenomics and transcriptomics uncover the transcriptional mechanisms underlying rice responses to elevated CO<sub>2</sub> concentration and cadmium stress. *iMetaOmics* 3: e70100. <https://doi.org/10.1002/imo2.70100>

# iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

# iMeta WILEY



**iMeta** (宏)期刊是由宏科学和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新影响因子(IF)33.2，位列全球第65，中国第5，**分区表生物学1区Top**，CNS级成果发表平台，外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

**iMetaOmics** (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

**iMetaMed** (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2026/3/30