中国科学: 生命科学 2025 年 第 55 卷 第 11 期: 2239 ~ 2249
SCIENTIA SINICA Vitae lifecn.scichina.com
《中国科学》杂志社 SCIENCE CHINA PRESS
评 述 中国知名大学及研究院所专栏 江西农业大学120周年专题

水稻自噬基因的功能研究及其应用

陈之皓[1,2,3], 熊艳[1,2], 计紫怡[1,2], 杨俊[1,2,3], 汪正杰[1,2], 王天亚[1,2], 肖雅亮[1,2], 贺浩华[1,2,3*], 边建民[1,2,3*]

1. 江西农业大学, 作物生理生态与遗传育种教育部重点实验室, 南昌 330045
2. 江西省作物生物育种与高效生产重点实验室, 南昌 330045
3. 教育部多熟制作物遗传改良国际合作联合实验室, 南昌 330045
* 联系人, E-mail: hhhua@163.com; jmbian81@126.com

收稿日期: 2025-07-16; 接受日期: 2025-10-21; 网络版发表日期: 2025-11-03
江西省"双千计划"(批准号: jxsq2023201057)、江西省重点研发计划(批准号: 20224BBF61030)资助项目

摘要 自噬是真核生物体内细胞对物质进行循环利用的重要过程, 即双层膜自噬小泡通过包裹受损蛋白质、聚集体及细胞器等细胞质成分, 转运至液泡或溶酶体降解并实现物质周转的过程. 这一过程受不同功能的自噬相关基因调控, 且在真核生物中高度保守. 研究表明, 植物自噬在维持细胞稳态、调节植物对非生物和生物胁迫的应答中发挥着重要作用. 近年来, 水稻自噬途径相关基因的鉴定和作用机理解析, 揭示了自噬途径在水稻生长发育过程中的重要性. 本文通过总结水稻自噬基因的鉴定、调控机制及调节水稻生长发育的研究进展, 从而探讨自噬基因在水稻生产中的潜在应用价值.

关键词 水稻自噬, 生长发育, 胁迫响应, 应用潜力

自噬是植物细胞长期进化中形成的一种分解和回收细胞内如过量蛋白质和损坏细胞器等不再需要的组分的关键周转代谢途径[1,2]. 自噬不仅有助于特定细胞器的质量控制, 如线粒体、叶绿体和内质网, 而且在应对各种胁迫、营养物质重新分配和防御病原体中扮演着至关重要的角色, 凸显了其在植物代谢、免疫和胁迫响应中的重要地位[3,4]. 植物细胞中的自噬主要分为巨自噬(macroautophagy)、微自噬(microautophagy)和分子伴侣介导的自噬(chaperone-mediated autophagy)三种形式[2]. 巨自噬通过形成双膜结构噬菌体封存细胞内物质, 并与中心液泡融合以降解这些物质, 是目前研究最为深入的自噬类型; 微自噬是一种进化上保守的自噬形式, 其特征是溶酶体或液泡膜直接内陷或形成膜管, 从而包裹并吞噬细胞质成分进行降解, 该过程的发生不依赖于复杂的自噬前体膜组装, 而是直接降解细胞器来完成自噬; 分子伴侣介导的自噬是一种选择性降解途径, 其中分子伴侣识别特定蛋白并将其靶向至溶酶体进行降解[5,6]. 在正常条件下, 细胞自噬活动不活跃, 维持细胞内外环境的稳态, 促进植物正常发育. 当植物面临环境胁迫时, 自噬活动会因刺激而增强, 通过对大量细胞内容物的降解和回收来降低胁迫的不利影响, 维持正常生长发育[7,8].

水稻(*Oryza sativa* L.)作为全球最重要的粮食作物之一, 其自噬途径的研究备受关注. 研究表明, 水稻与

引用格式: 陈之皓, 熊艳, 计紫怡, 等. 水稻自噬基因的功能研究及其应用. 中国科学: 生命科学, 2025, 55: 2239–2249
Chen Z H, Xiong Y, Ji Z Y, et al. Functional studies and applications of rice autophagy genes (in Chinese). Sci Sin Vitae, 2025, 55: 2239–2249, doi: 10.1360/SSV-2025-0223

© 2025《中国科学》杂志社 www.scichina.com
https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

拟南芥自噬途径核心调控网络既具有明显的保守性, 又在长期进化过程中演化出其独特生理适应特征[9,10]. 本文总结了近年来水稻自噬及调控相关基因的研究, 以期明晰自噬基因在水稻中的调控功能, 并对自噬基因在农业应用中的前景进行了展望.

1 自噬的发生机制

自噬相关基因ATG(autophagy-related)首次通过遗传学方法在酵母中鉴定, 标志着细胞自噬研究进入分子层面[11]. 细胞自噬是由一系列高度保守基因调控的代谢过程, 基于酵母细胞自噬的研究, 该过程开始于自噬启动(initiation), 历经自噬体成核(nucleation)、自噬体延伸与闭合(elongation and closure), 直至自噬体成熟并与溶酶体(或液泡)融合(maturation and fusion with lysosomes/vacuoles), 最终实现自噬内容物的降解与回收(degradation and recycling of cargo)[12].

1.1 自噬基因的分类

在酵母细胞自噬系统研究中, 按功能将调控自噬的*ATG*基因家族组成的功能复合体分为五类: (ⅰ) 自噬体形成的调控复合物, 即调控自噬起始与成核, 包括由ATG1, ATG11, ATG13和ATG101组成的ATG1/ATG13激酶复合体以及ATG6, ATG14, VPS15, VPS34和VPS38组成的PI3K复合体; (ⅱ) 介导自噬体膜延伸的泛素化结合系统, 主要包含由ATG3, ATG4, ATG5, ATG7, ATG8, ATG10, ATG12和ATG16参与的ATG8和ATG12系统; (ⅲ) 负责膜脂运输的跨膜蛋白组, 主要是由ATG2, ATG9和ATG18参与的转运调控系统; (ⅳ) 特异性识别降解目标的选择性自噬适配器, 如OsNBR1, NBR1同源基因OsDSK2和ATI1/2同源物; (ⅴ) 能量感知调控因子, 包括Target of rapamycin(TOR)复合体和sucrose non-fermenting-1-related protein kinase 1 (SnRK1)激酶, 后者通过磷酸化ATG1诱导自噬[12~16]. 这些功能模块共同构建了复杂的植物细胞自噬多层次调控体系, 并且这一自噬体系在调控水稻的产量、品质以及对胁迫环境的响应中发挥着重要的作用(图1).

1.2 自噬形成途径

ATG1/ATG13蛋白激酶复合体是启动自噬体形成的关键枢纽, 其活性受上游激酶TOR与SnRK1的协同调控, 响应营养与能量信号变化[12]. TOR作为真核生物保守的丝氨酸/苏氨酸激酶, 通过整合营养、能量及环境信号调控细胞生长与代谢. 在植物中, 由TOR, LST8(lethal with Sec13 protein 8)和RAPTOR(regulatory associate protein of TOR)组成TORC1复合体抑制自噬. 其中, RAPTOR负责识别并招募底物蛋白, 协助TOR结合底物进行磷酸化进程, LST8则起稳定TOR-RAPTOR复合物结构的作用[13,14]. 此外, RAPTOR能特异结合ATG13的TOS基序, 当植物营养充足时, TOR活性促进ATG13磷酸化并抑制ATG1自磷酸化, 削弱ATG1-ATG13互作从而抑制细胞自噬, 而在营养不足时, TOR活性被抑制, 导致去磷酸化的ATG13与高度磷酸化的ATG1紧密组装成复合体, 从而启动细胞自噬过程[15,16]. 同时, 植物SnRK1作为保守的能量感受器, 通过感知环境胁迫和细胞内碳水化合物水平动态调节激酶活性[17]. 一方面, SnRK1可磷酸化下游代谢酶反馈调控碳水化合物稳态, 协调植物生长发育. 另一方面, SnRK1通过直接磷酸化ATG1或间接抑制TOR活性正向调控自噬, 并在长期饥饿条件下直接磷酸化PI3K复合体亚基ATG6启动自噬通路[18,19].

自噬启动后, ATG1/ATG13激酶复合体通过协调PI3K复合体与ATG9复合体协同驱动自噬体前体形成. 其中, PI3K复合体以VPS34为核心, 通过催化生成磷脂酰肌醇-3-磷酸(PI3P)介导巨自噬的膜成核, 而且PI3P在吞噬泡膜富集后, 通过招募含FYVE结构域的效应蛋白对自噬囊泡转运进行调控[20]. 同时, 跨膜蛋白ATG9在ATG1-ATG13激活下, 向自噬体组装位点运输脂质, 并与ATG2-ATG18复合体互作, 共同促进前体膜的扩展与重塑, 实现自噬前体的形成[21].

研究表明, 自噬体膜的延伸与闭合过程依赖两条关键的类泛素化修饰通路协同作用. 在水稻中, ATG4半胱氨酸蛋白酶对ATG8 C末端切割后暴露其甘氨酸残基, 被切割后的ATG8与E1样酶ATG7结合, 随后转移至E2样酶ATG3, 最终促成ATG8与磷脂酰乙醇胺(phosphatidyl ethanolamine, PE)共价结合形成膜锚定复合物ATG8-PE[22,23]. 与此同时, ATG12在ATG7介导下与特异性E2结合酶ATG10结合, 继而被转移至ATG5形成ATG12-ATG5共价复合物, 并进一步寡聚化连接ATG16形成多聚体, 最终在吞噬前体膜上完成对ATG8的脂化修饰[24,25], 使ATG8-PE持续嵌入驱动自噬体前膜渐进式扩张, 使其从杯状结构延伸并最终闭合形成

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

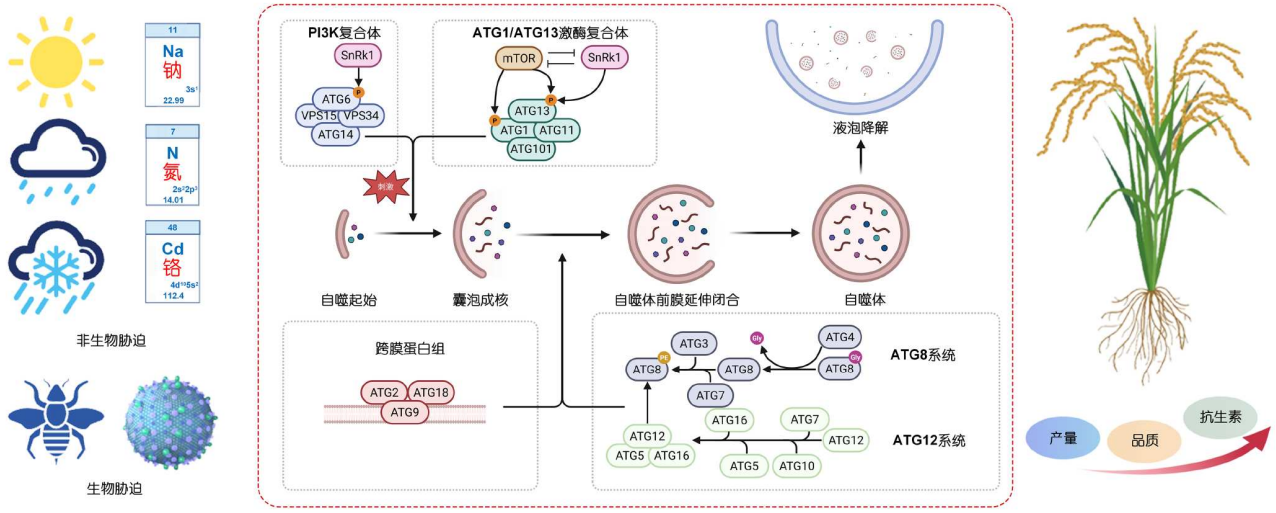


图 1　植物自噬的发生过程
Figure 1　The process of autophagy in plants

成熟的自噬体, 并通过ATG8的相互作用位点识别自噬底物[13]. 另一方面, 自噬体会与液泡融合, 内部囊泡(即自噬小体)释放至液泡腔, 被驻留水解酶系统降解[2]. 附着于自噬体内膜的ATG8-PE在液泡中被同步降解, 而外膜上的ATG8-PE则由ATG4蛋白酶切割, 使ATG8从PE上解离以实现回收利用[23].

2　水稻自噬基因的鉴定与功能研究

由*ATGs*基因介导的水稻自噬不仅有助于特定细胞器的质量控制, 如线粒体、叶绿体和内质网[26~30], 而且在应对各种胁迫、营养物质重新分配和防御病原体中扮演着至关重要的角色, 凸显了其在水稻代谢、生长发育、免疫和胁迫响应中的重要作用[31~34].

2.1　水稻自噬基因的系统性鉴定

水稻自噬相关基因的鉴定与功能解析是揭示水稻自噬分子机制的基础. 目前在真核生物中已鉴定出40多种*ATGs*基因, 且这些自噬相关基因在动物、植物和酵母中都具有一定的保守性[35,36]. 通过与酵母和拟南芥ATG蛋白序列进行同源比对、Pfam数据库确认ATG特征结构域以及系统进化分析等途径, 成功鉴定出在一套完整的水稻*ATG*家族基因, 共有33个*ATG*同源基因, 并被归类为13个不同的*ATG*亚家族, 分别是*ATG1* (*OsATG1a*, *OsATG1b*, *OsATG1c*), *ATG3*(*OsATG3a*, *OsATG3b*), *ATG4*(*OsATG4a*, *OsATG4b*), *ATG5* (*OsATG5*), *ATG6*(*OsATG6a*, *OsATG6b*, *OsATG6c*), *ATG7*(*OsATG7*), *ATG8*(*OsATG8a*, *OsATG8b*, *OsATG8c*, *OsATG8d*, *OsATG8e*, *OsATG8f*, *OsATG8i*), *ATG9*(*OsATG9a*, *OsATG9b*), *ATG10*(*OsATG10a*, *OsATG10b*), *ATG12*(*OsATG12*), *ATG13*(*OsATG13a*, *OsATG13b*), *ATG16*(*OsATG16*)和*ATG18*(*OsATG18a*, *OsATG18b*, *OsATG18c*, *OsATG18d*, *OsATG18e*, *OsATG18f*)[37]. 这些基因参与了从自噬诱导到自噬体与液泡/溶酶体融合的整个自噬过程. 这些系统性鉴定工作, 结合对其在不同组织、不同时期表达模式的深入分析, 为构建水稻中由ATG蛋白介导的、高度保守且复杂精密的完整自噬调控网络奠定了坚实的分子基础. 研究表明, 自噬基因调控的水稻自噬过程是一个由多个*ATG*基因协同调控的完整通路, 在生长发育、逆境胁迫应答和代谢调控中发挥着重要作用(表1)[20,37~63].

2.2　抗病响应中的调控作用

自噬作为高度保守的先天性免疫反应, 在真核生物抵御病原体入侵中发挥了核心作用. 动物研究表明, 自噬通过直接清除病毒颗粒和成分, 增强免疫信号转导以及促进病毒抗原提供给免疫细胞等方式来防御病毒感染[64]. 在水稻抗病毒防御中, 水稻条纹病毒(rice stripe virus, RSV)感染可诱导水稻自噬的激活, 促进病毒相关蛋白的降解. 其中, 自噬相关基因*OsATG5*在调

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

表 1 水稻自噬基因功能研究汇总
Table 1 Summary of functional studies on rice autophagy genes

功能	具体过程	基因	参考文献
生长发育	叶片衰老	*OsATG7*, *OsATG10*	[38,39]
	花粉成熟	*OsATG5*, *OsATG7*, *OsATG12*	[40~42]
	种子质量	*OsATG4*, *OsATG7*, *OsATG9*, *OsATG13*	[20,43,44]
	抽穗期	*OsATG5*, *OsATG7*, *OsATG8*, *OsATG12*	[42,45]
非生物胁迫	氮胁迫	*OsATG1*, *OsATG4*, *OsATG5*, *OsATG6*, *OsATG8*, *OsATG12*, *OsATG13*, *OsATG16*, *OsATG18*	[37,46~49]
	干旱胁迫	*OsATG6*, *OsATG18*, *OsATG10*	[37,39,50]
	盐胁迫	*OsATG8*, *OsATG10*	[37,39]
	碳胁迫	*OsATG3*, *OsATG6*, *OsATG7*, *OsATG13*, *OsATG16*	[37,51,52]
生物胁迫	病毒防御	*OsATG5*, *OsATG8*,	[53~55,57,58]
	真菌防御	*OsATG1a*, *OsATG1b*, *OsATG6*, *OsATG8*, *OsATG9*, *OsATG12*, *OsATG13*, *OsNBR1*	[42,56,59~63]
代谢调控	脂质代谢	*OsATG7*, *OsATG8*	[37,43]
	淀粉降解	*OsATG4*, *OsATG8*, *OsATG9*, *OsATG13*	[43,44]

控过程中起核心作用. RSV的p2蛋白可直接与OsATG5结合，并被自噬系统识别后降解，从而限制病毒积累[55,57]. 此外，水稻黑条矮缩病毒通过外壳蛋白P10靶向宿主脂质代谢关键酶OsFAD7, 该酶负责催化茉莉酸(jasmonic acid, JA)合成前体α-亚麻酸的产生. P10直接结合OsFAD7上的ATG8互作基序，并招募自噬蛋白OsATG8b形成复合物，将OsFAD7转运至自噬体-液泡途径降解，导致JA生物合成受阻，从而削弱抗病毒防御. 遗传证据表明, 过表达OsFAD7可提升JA水平并增强抗病毒性，而沉默JA受体OsCOI1可消除此保护作用，揭示了“自噬-脂质代谢-JA通路”是病毒免疫逃逸的关键途径[58].

在水稻抗真菌与抗虫防御中，自噬过程在防御中发挥积极作用. 当抗性蛋白BPH14识别昆虫唾液效应蛋白BISP后，水稻自噬受体OsNBR1介导形成三元复合物(BISP-BPH14-OsNBR1)，再通过依赖OsATG8的自噬过程将BISP转运至自噬体-液泡途径降解. 该过程通过负反馈调节及时终止免疫信号，在昆虫取食阶段限制BISP积累以维持免疫稳态，并于取食终止后36小时内清除残留BISP，有效避免持续性免疫激活引发的生长抑制与产量损失. 自噬缺陷突变体*osnbr1*因BISP降解受阻，在增强水稻抗虫性的同时也抑制了其部分优异农艺性状，证实自噬是平衡抗性与生长的核心调控枢纽[53]. 此外，自噬基因*OsATG1a*，*OsATG1b*，*OsATG8b*，*OsATG10*和*OsATG12*在水稻抗病响应中发挥着重要作用[59~63]. 其中，*OsATG1a*突变体表现出显著增强的抗病性，*OsATG1a*和*OsATG1b*具有冗余作用，其作用机制表明OsATG1能够与RhoGAP蛋白SPIN6互作，通过磷酸化SPIN6，促进其对OsRac1-GTP的水解，导致植株抗病免疫反应受到抑制[59]；*OsATG8b*过表达植株具有较强的稻瘟病菌抗性，其作用机制研究表明，OsATG8b特异结合内质网自噬受体OsHLP1形成复合物，招募免疫负调控蛋白OsNTL6到自噬小体中，经选择性自噬途径使其在液泡中被降解，从而增强水稻对稻瘟病的抗性[60]；*OsATG10b*突变体在氧化胁迫下呈现蛋白羰基化积累与死亡敏感表型，通过调控自噬选择性降解氧化损伤蛋白及受损细胞器，阻断活性氧(reactive oxygen species, ROS)积累诱导的细胞死亡级联反应[39]；*OsATG12*突变体对稻瘟病菌具有较强抗病性，而*OsATG12*过表达导致植株病斑长度与病原菌生物量均显著增加，感病性加剧[42]. 研究表明，在稻瘟病菌侵染过程中多个自噬基因表达上调，启动子分析显示，多数*OsATGs*含有响应水杨酸(salicylic acid，SA)和JA等植物防御激素的顺式作用元件，说明自噬过程可能通过参与SA和JA等激素信号通路，在植物免疫调控中发挥重要作用. *OsATG6c*，*OsATG8a*，*OsATG9b*和*OsATG13a*等功能缺失使植株对稻瘟病菌更敏感，说明这些基因在水稻抗稻瘟病调控发挥着重要作用[63].

值得注意的是，自噬在抗病毒免疫中呈现宿主-病原体博弈的双重性. 一方面，宿主可利用自噬降解病毒RNA沉默抑制因子，例如，烟草rgs-CaM通过自噬清除HC-Pro蛋白，解除其对RNAi通路的抑制[65]. 另一方面，

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

病毒也能通过劫持自噬机制实现免疫逃逸, 例如, 马铃薯卷叶病毒效应蛋白P0通过SCF泛素化系统介导RNAi核心元件AGO1的自噬性降解[66]. 水稻中是否也存在这种具有双重性质的自噬机制, 有待进一步发现和研究.

2.3　生长发育中的调控作用

近年来, 自噬机制被发现在调控淀粉代谢与关键蛋白降解中发挥了重要作用, 深度参与调控水稻籽粒的发育与品质. 自噬基因*GW3a*(*ATG4*同源基因)是水稻中被鉴定到的粒型负调控因子, 该基因编码的半胱氨酸蛋白酶通过切割OsATG8促进自噬体组装, 使自噬体将淀粉带入液泡中降解, 从而控制水稻籽粒大小. *GW3a*突变体自噬合成受阻, 自噬小体数量显著降低, 胚乳淀粉积累增加, 粒长、粒宽及千粒重显著提升[22]. 自噬关键基因*OsATG9b*和*OsATG13a*被鉴定在灌浆期高表达, 其缺失突变体表现为籽粒变小、垩白增加、直链淀粉含量下降, 而过表达植株的粒长、粒宽及千粒重得到显著提升[30]. 通过深入研究其作用机制发现, 千粒重调控基因*TGW6*通过其AIM2基序上关键位点Y148A被OsATG8b特异识别并结合, 使其被招募至自噬体降解, 从而引起籽粒性状的变化[30]. 虽然OsATG9b和OsATG13a不直接与TGW6互作, 但*OsATG9b*和*OsATG13a*的基因突变导致自噬功能丧失, 突变体中TGW6蛋白显著积累, 所以OsATG8b-TGW6介导的自噬体-液泡降解机制被认为是导致*OsATG9b*和*OsATG13a*突变体表型的原因[27,30,67]. 蛋白质组学分析表明, *osatg7*水稻突变体中145种蛋白质表达失调, 涉及碳水化合物代谢、氨基酸周转及氧化应激通路紊乱等多个生物过程的调节蛋白[43]. 研究表明, *osatg7*突变体表现出雄性不育表型, 在花药发育的单核期, OsATG7介导的自噬过程于绒毡层细胞中被激活, 形成自噬小体并包裹脂质体等细胞组分进行降解[40]. 脂质组学分析证实, 突变体花药中三酰甘油和二酰甘油积累异常, 磷脂酰胆碱的编辑和去饱和过程受损, 最终导致花粉粒内脂质体和淀粉颗粒积累不足、花粉外壁发育缺陷、花粉萌发率极低以及花药开裂受限, 从而引起雄性不育[40].

此外, 自噬途径在黑暗中选择性降解细胞核内的开花关键因子Hd1蛋白, Hd1参与水稻光周期诱导的抽穗期调控, 在短日照下正调控抽穗期, 在长日照下负调控抽穗期[68]. 研究发现, 自噬功能缺失突变体*osatg5*, *osatg7*和*osatg8*多突变体开花时间显著晚于野生型, 且这些突变体中Hd1蛋白积累增加. 在黑暗条件下, Hd1通过OsATG8识别其AIM1基序形成复合物, 经自噬途径转运至液泡降解. 这种Hd1-OsATG8的互作在黑暗中被显著增强, 且AIM1突变会破坏这种互作关系, 阻断Hd1降解并恢复突变体的开花表型. 进化分析表明, Hd1同源蛋白AIM1介导的自噬降解在被子植物中演化出现, 证明了这一选择性自噬降解底物机制在植物中的保守性[68].

2.4　逆境适应与代谢调控

水稻的固着性决定了其生长发育需要应对各种环境变化, 包括营养饥饿、盐胁迫、干旱和热胁迫等[69~72]. 在这些过程中不断有异常蛋白的产生, 而水稻自噬可参与清除因环境胁迫而产生的受损蛋白质和细胞成分, 从而在逆境胁迫应答中发挥重要作用[73].

氮是水稻必需的营养元素, 对水稻的生物量和产量起着关键作用. 氮饥饿会抑制分蘖形成、降低叶绿素合成及扰乱氮分配, 显著制约水稻的生长发育, 而细胞自噬会被激活以缓解损伤[74]. 氮饥饿会显著诱导自噬相关基因*OsATG8a*, *OsATG8c*和*OsATG8b*的表达, 增强自噬通量, 使自噬体数量增加、ATG8脂化水平提升以及选择性自噬底物NBR1降解加速, 从而高效回收细胞组分并缓解氮匮乏压力[46~49]. 例如, 在OsATG8b过表达株系中, 自噬活性显著增强, 这不仅促进氮代谢关键酶的活性提高, 还驱动氮从衰老组织向籽粒的转移, 显著提升氮再利用效率和氮分配至籽粒的比例. 最终, 这种自噬介导的氮循环优化显著提高氮吸收效率和氮利用效率, 尤其在低氮条件下, 同时通过增加有效分蘖数、穗数和籽粒产量, 实现产量增益. 反之, 自噬缺陷突变体*osatg8b*则表现出生长抑制、氮浪费以及产量和氮利用效率的严重下降. 这些效应在不同水稻遗传背景中均得到验证, 凸显自噬作为关键调控机制在增强水稻氮胁迫抗性和可持续生产中的核心价值[46].

干旱和盐胁迫是水稻产量和品质下降的主要原因, 而自噬在水稻干旱与盐胁迫耐受中发挥核心保护作用[75,76]. 其机制涉及胁迫诱导的自噬通路激活、损伤组分清除及信号通路的协同调控, 干旱和高盐胁迫可特异性上调自噬相关基因表达并促进自噬体形

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

成[51]. 例如, 水稻中一对同源基因*OsATG9a*和*OsATG9b*通过拮抗调控自噬从而影响干旱耐受性[77]. *OsATG9a*正调控干旱诱导的自噬流和ABA信号通路, 增强抗旱性, *osatg9a*突变体在干旱下自噬活性降低、ABA通路基因诱导减弱、存活率显著下降, 而*osatg9b*突变体的表型则完全与之相反[73]. 在耐盐胁迫方面, 水稻自噬受体OsNBR1通过调控ROS稳态正向调节水稻的耐盐性[78]. *osnbr1*突变体表现出显著盐敏感表型, 突变体中呼吸爆发氧化酶同源基因*OsRBOH9*表达显著上调, 驱动NADPH氧化酶活性升高, 而*OsNBR1*过表达株系则增强耐盐性[78]. 值得注意的是, OsNBR1介导的耐盐途径独立于Na^+/K^+离子转运系统, 而是通过精确调控ROS生成实现胁迫适应.

综上所述, 水稻自噬基因介导的应对逆境胁迫途径主要有: (ⅰ) 选择性降解氧化损伤蛋白和受损细胞器, 维持正常的生理代谢过程; (ⅱ) 通过受体OsNBR1介导的选择性降解, 降低胁迫环境对细胞的持续损伤; (ⅲ) 回收碳、氮等营养元素维持能量稳态, 并通过降解水通道蛋白动态调节细胞渗透平衡. 盐胁迫经NADPH氧化酶依赖的ROS通路激活自噬, 而干旱则通过ABA通路途径诱导自噬[79~82].

3 水稻自噬的农业应用潜力

作为全球最重要的粮食作物之一, 水稻实现高产稳产对保障全球粮食安全具有至关重要的意义, 水稻科学研究成为应对粮食安全挑战的关键[83,84]. 在过去的十年中, 植物自噬的研究对象已从模式植物扩展至包括水稻在内的主要农作物. 鉴于其在发育和应激反应中的关键作用, 深入解析其分子机制, 将为推动水稻品种改良并最终实现农业可持续发展提供重要的理论支撑.

3.1 基因编辑技术在水稻自噬中的应用

在水稻分子育种层面中, 基因的遗传变异会导致水稻品种性状的改良. 随着水稻分子育种技术的发展, 育种家可通过精准编辑水稻自噬相关基因选育出更多优良性状的品种. 例如, 敲除*OsATG5*基因使植株抽穗期改变[45]; *OsATG4a*功能缺失突变体会导致籽粒变大影响水稻产量, 而*OsATG9*和*OsATG13*功能缺失会导致水稻籽粒变小, 品质降低[22,30]; 自噬还影响花粉生长、发育, 敲除*OsATG7*创制自噬缺陷水稻株系, 其介导的花药绒毡层降解缺陷导致的雄性不育表型, 可为水稻杂交育种提供不育系材料[40]. 自噬除影响水稻的生长发育外, 也可以增强水稻的胁迫抗性. 例如, 通过碱基编辑技术修饰自噬选择受体蛋白的AIM结构域, 增强其与受体OsNBR1互作以提升盐胁迫抗性[78], 启动子编辑技术优化*OsATG8d*的干旱响应元件, 使其对ERF5转录因子的结合更敏感, 加速自噬胁迫响应[85]. 此外, 近些年在植物基因组启动子区域插入短转录增强子以提高特定基因表达量的新编辑技术正快速发展, 该技术在今后对于编辑正向调控的水稻自噬基因应用农业生产将发挥重要作用. 相较于传统转基因技术, 基因编辑技术因其高效精准的优势, 能更高效精准地在水稻中编辑自噬基因, 更加有利于水稻育种的改良.

3.2 外源激素和生长调节剂在水稻自噬中的应用

在水稻生产应用中, 可以利用植物生长调节剂或外源激素调控水稻自噬. 使用自噬抑制剂(3-methyladenine, 3-MA)处理水稻幼苗, 可以显著抑制自噬活性, 导致自噬小体数量减少, 影响一系列自噬调控的通路, 进而调控水稻的农艺性状[86~88]. 例如, 使水稻氮利用效率降低, 并加剧低氮胁迫下的叶片早衰和生物量损失; 对花药喷施3-MA可抑制绒毡层脂滴降解, 增加花粉三酰甘油积累量, 可使野生型与*osatg7*突变体的雄性不育表型一致, 为水稻三系法育种提供不育系. 通过3-MA处理, 可在短时间内复现自噬基因突变体的性状, 为水稻自噬基因研究提供了一种佐证的方式.

在水稻胁迫应用中, 外源喷施JA可调控水稻选择性自噬, 显著降低水稻中黑条矮缩病毒的积累, 使叶片黑斑减少、植株矮化缓解[58]. 而外源喷施ABA可显著增强水稻的干旱耐受性, ABA信号通过调控*OsATG9*介导的自噬活性, 在维持细胞稳态的同时平衡生长发育与逆境适应, 提升植株在水分胁迫下的存活能力[78]. 外源喷施褪黑素可显著诱导番茄*ATG8*和*ATG5*的表达, 清除热胁迫积累的蛋白聚集体, 使花粉存活率和结实率提高[89]; 而低浓度油菜素内酯可通过转录因子BZR1结合*ATG8*启动子, 激活自噬缓解花粉低温损伤[90]. 由于自噬功能在植物中的保守性, 未来的农业应用中, 这些外源激素和生长调节剂的使用在水稻中也可尝试[91,92].

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

4 总结与展望

近年来, 植物自噬的研究已经不再局限于模式植物中, 水稻自噬研究被越来越多的学者关注. 在水稻中, 已明确自噬在水稻生长发育、非生物胁迫以及生物胁迫中的重要作用. 尽管如此, 水稻中的自噬研究, 尤其是自噬基因调控网络仍然不够完善. 植物中已被验证的一些重要调节通路尚未在水稻中得到充分研究, 例如, TOR和SnRK1的磷酸化, ATG1激酶复合体和PI3K的复合, 选择性自噬的降解底物筛选等机制以及对于“微自噬”这一自噬形式的分子机制探索. 未来水稻自噬研究需聚焦于几个方面. 首先, 在机制深化上, 需完整解析自噬在水稻中的调控机制及选择性自噬受体的底物识别规律, 揭示自噬与激素信号互作的时空动态网络. 此外, 除了选择性自噬, 微自噬作为一种由液泡膜直接介导的降解途径, 其在营养循环和细胞器更新中的机制与功能, 是未来水稻乃至植物自噬研究的一个重要且尚未充分开发的领域. 其次, 在应用拓展方面, 基因编辑技术可靶向*ATG*基因家族冗余成员(如水稻*OsATG8*家族基因), 创制抗逆高产新种质. 同时, 探索植物生长调节剂(如褪黑素、油菜素内酯)通过激活自噬增强抗逆性的农艺策略, 为农业增产增效提供新途径.

参考文献

1 Signorelli S, Tarkowski Ł P, Van den Ende W, et al. Linking autophagy to abiotic and biotic stress responses. Trends Plant Sci, 2019, 24: 413–430
2 Wang L, Klionsky D J, Shen H M. The emerging mechanisms and functions of microautophagy. Nat Rev Mol Cell Biol, 2023, 24: 186–203
3 Wun C L, Quan Y, Zhuang X. Recent advances in membrane shaping for plant autophagosome biogenesis. Front Plant Sci, 2020, 11: 565
4 Su T, Li X, Yang M, et al. Autophagy: an intracellular degradation pathway regulating plant survival and stress response. Front Plant Sci, 2020, 11: 164
5 Liu Y, Burgos J S, Deng Y, et al. Degradation of the endoplasmic reticulum by autophagy during endoplasmic reticulum stress in *Arabidopsis*. Plant Cell, 2012, 24: 4635–4651
6 Rubinsztein D C, Shpilka T, Elazar Z. Mechanisms of autophagosome biogenesis. Curr Biol, 2012, 22: R29–R34
7 Izumi M, Ishida H, Nakamura S, et al. Entire photodamaged chloroplasts are transported to the central vacuole by autophagy. Plant Cell, 2017, 29: 377–394
8 Nakamura S, Hagihara S, Otomo K, et al. Autophagy contributes to the quality control of leaf mitochondria. Plant Cell Physiol, 2021, 62: 229–247
9 Tang J, Bassham D C. Autophagy in crop plants: what's new beyond *Arabidopsis*? Open Biol, 2018, 8: 180162
10 Agbemafle W, Wong M M, Bassham D C, et al. Transcriptional and post-translational regulation of plant autophagy. J Exp Bot, 2023, 74: 6006–6022
11 Noda T, Ohsumi Y. Tor, a phosphatidylinositol kinase homologue, controls autophagy in yeast. J Biol Chem, 1998, 273: 3963–3966
12 Glick D, Barth S, Macleod K F. Autophagy: cellular and molecular mechanisms. J Pathol, 2010, 221: 3–12
13 Hurley J H, Young L N. Mechanisms of autophagy initiation. Annu Rev Biochem, 2017, 86: 225–244
14 Pu Y, Luo X, Bassham D C. TOR-dependent and -independent pathways regulate autophagy in *Arabidopsis thaliana*. Front Plant Sci, 2017, 8: 1204
15 Díaz-Troya S, Pérez-Pérez M E, Florencio F J, et al. The role of TOR in autophagy regulation from yeast to plants and mammals. Autophagy, 2008, 4: 851–865
16 Suttangkakul A, Li F, Chung T, et al. The ATG1/ATG13 protein kinase complex is both a regulator and a target of autophagic recycling in *Arabidopsis*. Plant Cell, 2011, 23: 3761–3779
17 Rodriguez M, Parola R, Andreola S, et al. TOR and SnRK1 signaling pathways in plant response to abiotic stresses: do they always act according to the “yin-yang” model? Plant Sci, 2019, 288: 110220
18 Chen L, Su Z Z, Huang L, et al. The AMP-activated protein kinase KIN10 is involved in the regulation of autophagy in *Arabidopsis*. Front Plant Sci, 2017, 8: 1201
19 Huang X, Zheng C, Liu F, et al. Genetic analyses of the *Arabidopsis* ATG1 kinase complex reveal both kinase-dependent and independent

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

autophagic routes during fixed-carbon starvation. Plant Cell, 2019, 31: 2973–2995
20 Kihara A, Noda T, Ishihara N, et al. Two distinct Vps34 phosphatidylinositol 3-kinase complexes function in autophagy and carboxypeptidase Y sorting in *Saccharomyces cerevisiae*. J Cell Biol, 2001, 152: 519–530
21 Kotani T, Kirisako H, Koizumi M, et al. The Atg2-Atg18 complex tethers pre-autophagosomal membranes to the endoplasmic reticulum for autophagosome formation. Proc Natl Acad Sci USA, 2018, 115: 10363–10368
22 Huang S, Wang P, Li C, et al. Natural variation of an autophagy-family gene among rice subspecies affects grain size and weight. Crop J, 2024, 12: 121–132
23 Zhuang X, Chung K P, Luo M, et al. Autophagosome biogenesis and the endoplasmic reticulum: a plant perspective. Trends Plant Sci, 2018, 23: 677–692
24 Qi H, Xia F N, Xie L J, et al. TRAF family proteins regulate autophagy dynamics by modulating AUTOPHAGY PROTEIN6 stability in *Arabidopsis*. Plant Cell, 2017, 29: 890–911
25 Marshall R S, Li F, Gemperline D C, et al. Autophagic degradation of the 26S proteasome is mediated by the dual ATG8/ubiquitin receptor RPN10 in *Arabidopsis*. Mol Cell, 2015, 58: 1053–1066
26 Mamun M A A, Tang C, Sun Y, et al. Wheat gene *TaATG8j* contributes to stripe rust resistance. Int J Mol Sci, 2018, 19: 1666
27 Gao E, Zhao Y, Wu M, et al. Autophagy is essential for somatic embryogenesis in citrus through regulating amyloplast degradation and lipid homeostasis. New Phytol, 2025, 245: 684–697
28 Zhang B, Wang Y, Zhu Y, et al. The MON1-CCZ1 complex plays dual roles in autophagic degradation and vacuolar protein transport in rice. J Integr Plant Biol, 2025, 67: 35–54
29 Fan J, Yu L, Xu C. Dual role for autophagy in lipid metabolism in *Arabidopsis*. Plant Cell, 2019, 31: 1598–1613
30 Enrique Gomez R, Joubès J, Valentin N, et al. Lipids in membrane dynamics during autophagy in plants. J Exp Bot, 2018, 69: 1287–1299
31 Antonioli M, Di Rienzo M, Piacentini M, et al. Emerging mechanisms in initiating and terminating autophagy. Trends Biochem Sci, 2017, 42: 28–41
32 Cebollero E, Reggiori F. Regulation of autophagy in yeast *Saccharomyces cerevisiae*. Biochim Biophys Acta, 2009, 1793: 1413–1421
33 He C, Klionsky D J. Regulation mechanisms and signaling pathways of autophagy. Annu Rev Genet, 2009, 43: 67–93
34 Robaglia C, Thomas M, Meyer C. Sensing nutrient and energy status by SnRK1 and TOR kinases. Curr Opin Plant Biol, 2012, 15: 301–307
35 Yang Z, Klionsky DJ J. An overview of the molecular mechanism of autophagy. In: Levine B, Yoshimori T, Deretic V, eds. Autophagy in Infection and Immunity. Current Topics in Microbiology and Immunology. Berlin, Heidelberg: Springer, 2009. 1–32
36 Thompson A R, Vierstra R D. Autophagic recycling: lessons from yeast help define the process in plants. Curr Opin Plant Biol, 2005, 8: 165–173
37 Xia K, Liu T, Ouyang J, et al. Genome-wide identification, classification, and expression analysis of autophagy-associated gene homologues in rice (*Oryza sativa* L.) DNA Res, 2011, 18: 363–377
38 Wada S, Hayashida Y, Izumi M, et al. Autophagy supports biomass production and nitrogen use efficiency at the vegetative stage in rice. Plant Physiol, 2015, 168: 60–73
39 Shin J H, Yoshimoto K, Ohsumi Y, et al. OsATG10b, an autophagosome component, is needed for cell survival against oxidative stresses in rice. Mol Cells, 2009, 27: 67–74
40 Kurusu T, Koyano T, Hanamata S, et al. OsATG7 is required for autophagy-dependent lipid metabolism in rice postmeiotic anther development. Autophagy, 2014, 10: 878–888
41 Zhao P, Zhou X M, Zhao L L, et al. Autophagy-mediated compartmental cytoplasmic deletion is essential for tobacco pollen germination and male fertility. Autophagy, 2020, 16: 2180–2192
42 Hu F Z, Du Q, Yuan L H, et al. Cloning, et al. Cloning, expression and bioinformatics analysis of *OsATG12* gene in *Oryza sativa* (in Chinese). Mol Plant Breed, 2020, 17: 7979–7989 [胡方志, 杜强, 袁利花, 等. 水稻*OsATG12*基因的克隆、表达及生物信息学分析. 分子植物育种, 2020, 17: 7979–7989]
43 Sera Y, Hanamata S, Sakamoto S, et al. Essential roles of autophagy in metabolic regulation in endosperm development during rice seed maturation. Sci Rep, 2019, 9: 18544
44 Liu Z, Yang Q, Wu P, et al. Dynamic monitoring of TGW6 by selective autophagy during grain development in rice. New Phytol, 2023, 240: 2419–2435
45 Hu Z, Yang Z, Zhang Y, et al. Autophagy targets Hd1 for vacuolar degradation to regulate rice flowering. Mol Plant, 2022, 15: 1137–1156

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

46 Fan T, Yang W, Zeng X, et al. A rice autophagy gene *OsATG8b* is involved in nitrogen remobilization and control of grain quality. Front Plant Sci, 2020, 11: 588

47 Yu J, Zhen X, Li X, et al. Increased autophagy of rice can increase yield and nitrogen use efficiency (NUE). Front Plant Sci, 2019, 10: 584

48 Zhen X, Zheng N, Yu J, et al. Autophagy mediates grain yield and nitrogen stress resistance by modulating nitrogen remobilization in rice. PLoS One, 2021, 16: e0244996

49 Zhen X, Li X, Yu J, et al. OsATG8c-mediated increased autophagy regulates the yield and nitrogen use efficiency in rice. Int J Mol Sci, 2019, 20: 4956

50 Zeng X, Zeng Z, Liu C, et al. A barley homolog of yeast ATG6 is involved in multiple abiotic stress responses and stress resistance regulation. Plant Physiol Biochem, 2017, 115: 97–106

51 Liu Y, Xiong Y, Bassham D C. Autophagy is required for tolerance of drought and salt stress in plants. Autophagy, 2009, 5: 954–963

52 Avila-Ospina L, Marmagne A, Soulay F, et al. Identification of barley (*Hordeum vulgare* L.) autophagy genes and their expression levels during leaf senescence, chronic nitrogen limitation and in response to dark exposure. Agronomy, 2016, 6: 15

53 Guo J, Wang H, Guan W, et al. A tripartite rheostat controls self-regulated host plant resistance to insects. Nature, 2023, 618: 799–807

54 Zeng H, Xie Y, Liu G, et al. Molecular identification of GAPDHs in cassava highlights the antagonism of MeGAPCs and MeATG8s in plant disease resistance against cassava bacterial blight. Plant Mol Biol, 2018, 97: 201–214

55 Zhang R, Wang T, Cheng Y, et al. Rice stripe mosaic virus M protein antagonizes G-protein-induced antiviral autophagy in insect vectors. PLoS Pathog, 2025, 21: e1013070

56 Minina E A, Moschou P N, Vetukuri R R, et al. Transcriptional stimulation of rate-limiting components of the autophagic pathway improves plant fitness. J Exp Bot, 2018, 69: 1415–1432

57 Zhang X, Yin Y, Su Y, et al. eIF4A, a target of siRNA derived from rice stripe virus, negatively regulates antiviral autophagy by interacting with ATG5 in *Nicotiana benthamiana*. PLoS Pathog, 2021, 17: e1009963

58 Liu J, Jing X, Wang P, et al. A fijivirus capsid protein hijacks autophagy degrading an ω-3 fatty acid desaturase to suppress jasmonate-mediated antiviral defence. Plant Biotechnol J, 2025, 23: 2891–2907

59 He F, Tao H, Wang R, et al. OsATG1 and OsATG8 exhibit autophagy-independent functions to oppositely regulate ROP GTPase-mediated plant immunity in rice. Mol Plant, 2025, 18: 1472–1489

60 Liang Y, Meng F, Zhao X, et al. OsHLP1 is an endoplasmic-reticulum-phagy receptor in rice plants. Cell Rep, 2023, 42: 113480

61 Wang Y, Nishimura M T, Zhao T, et al. ATG2, an autophagy-related protein, negatively affects powdery mildew resistance and mildew-induced cell death in *Arabidopsis*. Plant J, 2011, 68: 74–87

62 Lai Z, Wang F, Zheng Z, et al. A critical role of autophagy in plant resistance to necrotrophic fungal pathogens. Plant J, 2011, 66: 953–968

63 Xie X, Pei M, Liu S, et al. Comprehensive analysis of autophagy-related genes in rice immunity against *Magnaporthe oryzae*. Plants, 2024, 13: 927

64 Shoji-Kawata S, Levine B. Autophagy, antiviral immunity, and viral countermeasures. Biochim Biophys Acta, 2009, 1793: 1478–1484

65 Nakahara K S, Masuta C, Yamada S, et al. Tobacco calmodulin-like protein provides secondary defense by binding to and directing degradation of virus RNA silencing suppressors. Proc Natl Acad Sci USA, 2012, 109: 10113–10118

66 Derrien B, Baumberger N, Schepetilnikov M, et al. Degradation of the antiviral component ARGONAUTE1 by the autophagy pathway. Proc Natl Acad Sci USA, 2012, 109: 15942–15946

67 Shao W Q, Zhu W W, Luo M J, et al. Cholesterol suppresses GOLM1-dependent selective autophagy of RTKs in hepatocellular carcinoma. Cell Rep, 2022, 39: 110712

68 Yano M, Katayose Y, Ashikari M, et al. *Hd1*, a major photoperiod sensitivity quantitative trait locus in rice, is closely related to the *Arabidopsis* flowering time gene *CONSTANS*. Plant Cell, 2000, 12: 2473–2483

69 Han G, Wang M, Yuan F, et al. The CCCH zinc finger protein gene AtZFP1 improves salt resistance in *Arabidopsis thaliana*. Plant Mol Biol, 2014, 86: 237–253

70 Shen X, Wang Z, Song X, et al. Transcriptomic profiling revealed an important role of cell wall remodeling and ethylene signaling pathway during salt acclimation in *Arabidopsis*. Plant Mol Biol, 2014, 86: 303–317

71 Qi J, Song C, Wang B, et al. Reactive oxygen species signaling and stomatal movement in plant responses to drought stress and pathogen attack. JIPB, 2018, 60: 805–826

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

72 Hilker M, Schmülling T. Stress priming, memory, and signalling in plants. Plant Cell Environ, 2019, 42: 753–761
73 Wang P, Zhao Y, Li Z, et al. Reciprocal regulation of the TOR kinase and ABA receptor balances plant growth and stress response. Mol Cell, 2018, 69: 100–112.e6
74 Good A G, Shrawat A K, Muench D G. Can less yield more? Is reducing nutrient input into the environment compatible with maintaining crop production? Trends Plant Sci, 2004, 9: 597–605
75 Han S, Wang Y, Li Y, et al. The OsNAC41-RoLe1-OsAGAP module promotes root development and drought resistance in upland rice. Mol Plant, 2024, 17: 1573–1593
76 Liu C, Mao B, Yuan D, et al. Salt tolerance in rice: physiological responses and molecular mechanisms. Crop J, 2022, 10: 13–25
77 Li Y, Liu Y, Shi M, et al. Duplicated *OsATG9* genes antagonise autophagy to balance growth and drought tolerance in rice. Plant Cell Environ, 2025, 48: 6397–6401
78 Ma A, Nan N, Shi Y, et al. Autophagy receptor OsNBR1 modulates salt stress tolerance in rice. Plant Cell Rep, 2024, 43: 17
79 Yoshitake Y, Nakamura S, Shinozaki D, et al. RCB-mediated chlorophagy caused by oversupply of nitrogen suppresses phosphate-starvation stress in plants. Plant Physiol, 2021, 185: 318–330
80 Avin-Wittenberg T. Autophagy and its role in plant abiotic stress management. Plant Cell Environ, 2019, 42: 1045–1053
81 Sun X, Wang P, Jia X, et al. Improvement of drought tolerance by overexpressing *MdATG18a* is mediated by modified antioxidant system and activated autophagy in transgenic apple. Plant Biotechnol J, 2018, 16: 545–557
82 Sun X, Jia X, Huo L, et al. *MdATG18a* overexpression improves tolerance to nitrogen deficiency and regulates anthocyanin accumulation through increased autophagy in transgenic apple. Plant Cell Environ, 2018, 41: 469–480
83 Sasaki A, Ashikari M, Ueguchi-Tanaka M, et al. A mutant gibberellin-synthesis gene in rice. Nature, 2002, 416: 701–702
84 Fitzgerald M A, McCouch S R, Hall R D. Not just a grain of rice: the quest for quality. Trends Plant Sci, 2009, 14: 133–139
85 Zhu T, Zou L, Li Y, et al. Mitochondrial alternative oxidase-dependent autophagy involved in ethylene-mediated drought tolerance in *Solanum lycopersicum*. Plant Biotechnol J, 2018, 16: 2063–2076
86 Miller S, Oleksy A, Perisic O, et al. Finding a fitting shoe for Cinderella: searching for an autophagy inhibitor. Autophagy, 2010, 6: 805–807
87 Hou H, Zhang Y, Huang Y, et al. Inhibitors of phosphatidylinositol 3′-kinases promote mitotic cell death in HeLa cells. PLoS One, 2012, 7: e35665
88 Zeng K W, Fu H, Liu G X, et al. Aluminum maltolate induces primary rat astrocyte apoptosis via overactivation of the class III PI3K/Beclin 1-dependent autophagy signal. Toxicol In Vitro, 2012, 26: 215–220
89 Xu W, Cai S, Zhang Y, et al. Melatonin enhances thermotolerance by promoting cellular protein protection in tomato plants. J Pineal Res, 2016, 61: 457–469
90 Wang Y, Cao J J, Wang K X, et al. BZR1 mediates brassinosteroid-induced autophagy and nitrogen starvation in tomato. Plant Physiol, 2019, 179: 671–685
91 Zhou J, Yu J, Chen Z. The perplexing role of autophagy in plant innate immune responses. Mol Plant Pathol, 2014, 15: 637–645
92 Wang P, Wang T, Han J, et al. Plant autophagy: an intricate process controlled by various signaling pathways. Front Plant Sci, 2021, 12: 754982

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223

Functional studies and applications of rice autophagy genes

CHEN ZhiHao[1,2,3], XIONG Yan[1,2], JI ZiYi[1,2], YANG Jun[1,2,3], WANG ZhengJie[1,2], WANG TianYa[1,2], XIAO YaLiang[1,2], HE HaoHua[1,2,3*] & BIAN JianMin[1,2,3*]

[1] *Ministry of Education Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology and Genetic Breeding, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China*
[2] *Jiangxi Provincial Key Laboratory of Crop Bio-Breeding and High-Efficient Production, Nanchang 330045, China*
[3] *Ministry of Education Joint Laboratory for International Cooperation on Genetic Improvement of Crop Crops, Nanchang 330045, China*
* *Corresponding authors, E-mail: hhhua@163.com; jmbian81@126.com*

Autophagy is a crucial process in eukaryotic cells for recycling cellular components. It involves double-membrane autophagic vesicles engulfing damaged proteins, aggregates, organelles, and other cytoplasmic components, transporting them to vacuoles or lysosomes for degradation, thereby achieving material turnover. This conserved process in eukaryotes is regulated by autophagy-related genes with diverse functions and exhibits high conservation across eukaryotic organisms. Research indicates that plant autophagy plays a vital role in maintaining cellular homeostasis and regulating responses to abiotic and biotic stresses. Recent identification and functional analysis of autophagy-related genes in rice have revealed the significance of the autophagy pathway in rice growth and development. This paper summarizes advances in the identification and regulatory mechanisms of rice autophagy genes, along with their roles in regulating rice growth and development, thereby exploring the potential application value of autophagy genes in rice production.

rice autophagy, growth and development, stress response, application potential

doi: 10.1360/SSV-2025-0223

https://www.sciengine.com/doi/10.1360/SSV-2025-0223