

一个水稻 MYB 基因的功能初步分析

陈利维 王春台 余光辉 徐鑫 覃永华

中南民族大学生命科学院/武陵山区特色资源植物种质保护与利用湖北省重点实验室, 武汉 430074

摘要 从水稻中分离获得的一个新的、功能未知的 MYB 基因, 序列分析发现是一个典型的 R2R3-MYB 转录因子, 与拟南芥中的 MYB106 高度同源, 因此命名为 *OsMYB106*。亚细胞定位检测结果表明, *OsMYB106* 蛋白定位于细胞核中。Real Time PCR 结果显示 *OsMYB106* 在水稻幼穗时期表达最高, 并且受干旱、盐处理和冷胁迫的显著诱导上升表达。*OsMYB106RNAi* 抑制植株表现出矮化以及花粉败育。基因表达分析显示花粉发育相关基因 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 在抑制植株中表达显著降低, 揭示 *OsMYB106* 可能是通过调控 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 介导花粉细胞壁的发育进而影响花粉的育性。

关键词 水稻; MYB 转录因子; 表达; 功能; 育性

中图分类号 S 511.503.53 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2014)04-0007-06

MYB 蛋白是植物中极为重要的一类反式作用因子, 它们均具有 1 个高度保守的 DNA 结合域, 其中含有 1~3 个重复的 MYB 结构域。而植物体中绝大多数 MYB 蛋白为含有 2 个重复 MYB 结构域的 R2R3-MYB^[1-3]。

目前通过分子生物学分析和基因组学方法已在多种植物中鉴定出大量的 R2R3-MYB 蛋白, 部分基因的功能及其作用机制也已研究, 结果表明 MYB 转录因子在植物体的生长发育及基础代谢中具有重要的调节作用^[4-5], 并广泛参与植物次生代谢调控以及激素和环境因子的应答^[6-8]。拟南芥 *AtMYB75/PAP1* 等控制营养组织中花青素的生物合成^[9]; *AtMYB11/PFG1* 和大豆 *GmMYBZ2* 可能也参与植物类黄酮合成调控^[10-11]; *AtMYB125/DUO1* 是一个控制雄性生殖细胞分裂和分化的花粉特异因子, *DUO1* 在精细胞的特化过程中是必须的, 在生殖细胞分化为精子细胞的过程中起重要作用^[12]; *AtMYB21* 控制拟南芥花粉囊的发育和功能^[13]; *AtMYB33* 和 *AtMYB65* 对花粉囊和花粉都具有促进发育的作用^[14]。MYB 蛋白调控植物对生物和非生物胁迫反应, 参与植物生长过程的信号转导。菊花中的 *CmMYB2* 转录因子增强了植株的抗旱和耐

盐性, 将其转入拟南芥中还发现具有提高对 ABA 的敏感程度和推迟开花的作用^[15]; 水稻转录因子基因 *OsMYB3R-2* 在拟南芥中过量表达, 转基因植株对冻害、干旱和高盐的耐受性显著提高^[16]; 有报道在橡树中 *HbMYB1* 可能抑制诱导细胞凋亡的各种生物和非生物胁迫^[17]; 葡萄中 R2R3-MYB 型转录因子 MYB14 和 MYB15 在葡萄孢属真菌侵染葡萄的过程中起减轻对葡萄侵害的作用^[18]。因此, MYB 基因的分离克隆及其功能的研究对于认识和理解 MYB 转录因子在植物生长发育和生理过程中的作用具有重要的理论意义。

OsMYB106 是从水稻中分离克隆的 MYB 基因, 序列分析显示与拟南芥中参与表皮细胞发育的 MYB106 高度同源^[19-20], 为典型的 R2R3-MYB 转录因子。本研究在亚细胞定位、非生物胁迫下的表达及对植物育性影响等方面对此基因进行了初步的研究和分析。

1 材料与方法

1.1 材料

抑制载体遗传转化受体是水稻粳稻品种中花 11 (*Oryza sativa* L. ZH11); 抑制载体 pHellsgate II

收稿日期: 2013-11-08

基金项目: 国家自然科学基金青年项目(31201091)和湖北省自然科学基金项目(2012FFB07408)

陈利维, 硕士研究生, 研究方向: 生物化学与分子生物学, E-mail: lilychen0306@163.com

通信作者: 覃永华, 博士, 讲师, 研究方向: 水稻逆境分子生物学, E-mail: qinyonghua@mail.scuec.edu.cn

和亚细胞定位载体 p1381-GFP,均由笔者所在实验室保存;用于总 RNA 抽提采用的试剂 Trizol 和 cDNA 逆转录酶 Super Script III Reverse Transcriptase,购自 Invitrogen 公司;所用转化菌株是大肠杆菌 DH-5 α 和农杆菌 EHA109。

1.2 OsMYB106 基因 cDNA 的克隆

根据 NCBI 公布的水稻基因组序列,查找了基因 OsMYB106 在 TIGR(LOC_Os08g33660) 和 KOME(AK059468)的候选序列,根据其可能的候选序列,利用 Primer Premier 5.0 软件设计引物(F: 5'-ATGGGCGTTCACCATGCTG-3'/R: 5'-CTAGAGCAAAGGTGGCTGCA-3'),以水稻 ZH11 叶片 cDNA 为模板扩增基因 OsMYB106 全长。全长基因构建到 pMD18-T 载体上,测序验证。

1.3 蛋白 OsMYB106 的亚细胞定位

利用引物(F: 5'-ATGGGCGTTCACCATGCTG-3'/R: 5'-GAGCAAAGGTGGCTGCA-3')从连接有基因 OsMYB106 cDNA 全长序列的 pMD18-T 载体上扩增出完整的 ORF。扩增产物和 p1381-GFP 载体经 Sal I 和 Pst I 双酶切、纯化回收后构建融合 GFP 的表达载体 p1381-OsMYB106-GFP。用基因枪法将 p1381-OsMYB106-GFP 转化到 MS 培养基预培养 4 h 的洋葱表皮细胞中,在 Leica TCS SP2 激光共聚焦荧光扫描显微镜下观察实验结果。

1.4 基因 OsMYB106 组织及逆境表达谱

通过 Real Time PCR 方法检测基因 OsMYB106 在水稻不同组织器官及干旱处理等逆境胁迫材料中的表达水平。引物序列: F-ATCGGAGCAGGCT-

OsMS2:5'-GTAGTCGAGATGTCAGAGAAGCC-3'/5-GATCCCTCCAGGTGCTCTCG-3';

CYP704B2:5'-GGCAGAGTTGTAGACATGCA-3'/5'-CGACAGTATGTCGTGCTTGA-3';

OsCP1:5'-GCCTGCTTCCTCCTCATCC-3'/5'-GTGCTCCGCGTTGTACCTG-3';

OsC6:5'-GGACATCATCTCCACCTGC3'/5'TGAAATCCCTCCTTTGGTA-3'

2 结果与分析

2.1 cDNA 全长序列的获得

在水稻全基因组芯片中选取了 1 个在幼穗中高度表达的 MYB 基因,作为本试验的候选基因。通过生物信息学分析发现该基因全长序列为 2 094 bp,含有 3 个外显子和 2 个内含子,开放阅读框 ORF 为 1 074 bp,编码 357 个氨基酸,具有 2 个 MYB 结构域,是一个典型的 R2R3-MYB 转录因子。由于与拟南芥中的 MYB106 具有高度的同源性,因此,命名为 OsMYB106。利用特异引物以水

TCACAG3'/R-5' CCATTGCTGGACTCATCCC 3'。所用材料源于中花 11 的叶片,胁迫材料的处理:中花 11 种子催芽后,在正常生长条件下至四叶期时进行各种逆境处理,干旱处理是将幼苗直接暴露于空气中失水,在 0、1、2、3 h 取样;高盐胁迫是将幼苗移入含有 200 mmol/L NaCl 的水培液中,在 0、3、6、10 h 取样;低温胁迫是把幼苗放入 4 °C 冷处理,在 0、1、2 h 取样。

1.5 OsMYB106 RNAi 转基因水稻的遗传转化和表型鉴定

以基因 OsMYB106 cDNA 全长序列为模板,利用特异引物(F: 5'-AGCGATGAACTGGAGGGT-3'/R: 5'-CACAAATGCGTGGAGGAA-3')的扩增产物同源重组到干扰载体 pHellsgate II 上。然后通过农杆菌介导的遗传转化方法^[21]将质粒转入受体水稻品种 ZH11 得到 21 株转基因植株。以野生型 ZH11 为对照,通过 Real Time PCR 检测其中 15 株转基因抑制植株的表达量,得到抑制成功的 Os-MYB106 RNAi 转基因植株。花粉育性观察采用碘染(KI-I₂)法,在显微镜下观察花粉染色情况。转基因 T1 代植株的株高和结实率的数据来源于各家系 20 棵单株的统计结果。

1.6 花粉发育相关基因在 OsMYB106 RNAi 转基因水稻花药中的表达检测

本试验通过 Real-Time PCR 检测了花粉发育相关基因 OsMS2^[22]、CYP704B2^[23]、OsCP1^[24] 和 OsC6^[25] 在 OsMYB106 RNAi 转基因水稻花药中的表达量,所用的特异引物如下:



M: Marker DL5000; 1, 2: OsMYB106.

图 1 基因 OsMYB106 的扩增

Fig. 1 Amplification of gene OsMYB106 by PCR

稻幼穗 cDNA 为模板,RT-PCR 获得 1 074 bp 的 ORF 片段(图 1),经测序验证,序列正确。

2.2 亚细胞定位

OsMYB106 作为一个转录因子,PredictNLS 软件预测是一个核蛋白。基因枪法将重组质粒 P1381-OsMYB106-GFP 转入洋葱表皮细胞,25 °C 暗培养 24~36 h 后,激光扫描共聚焦荧光显微镜观察。结果显示,在转化重组质粒 p1381-OsMYB106-GFP 的洋葱表皮细胞中,细胞核部位观察到有绿色荧光(图 2A 和 2C)。可见,OsMYB106 定位于细胞核,与亚细胞定位预测结果一致。

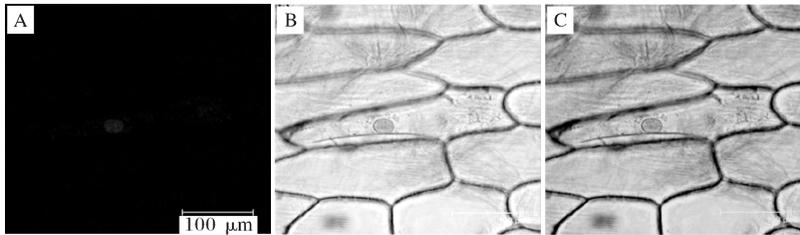
2.3 OsMYB106 的表达模式

Real Time PCR 结果(图 3)显示基因

OsMYB106受多种逆境胁迫处理显著诱导上升表达。在干旱处理中(图 3A),OsMYB106 的表达呈波浪形变化,在 3 h 处达到最高。在盐胁迫(图 3B)和低温处理(图 3C)过程中,OsMYB106 的表达水平在前期变化不大,随着处理的进行,表达量显著上升。上述结果显示 OsMYB106 参与了水稻的逆境应答途径。组织表达谱(图 3D)显示 OsMYB106 在水稻幼苗和幼穗中表达最强,在愈伤、茎、剑叶以及花药也有较高的表达,在根中的表达最弱。表明 OsMYB106 在水稻的营养生长和生殖生长过程中起着一定的作用。

2.4 RNAi 转基因水稻表型分析

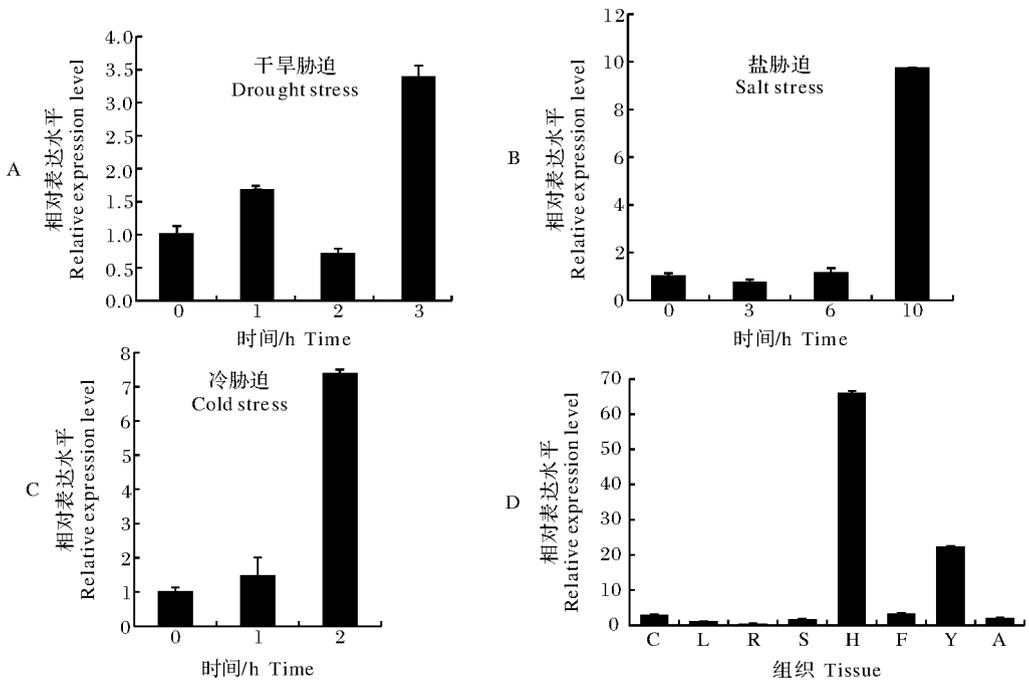
干涉表达载体质粒 OsMYB106 RNAi 遗传转



A: 荧光图片 Dark field for green fluorescence; B: 明场图片 Bright light for onion epidermal cell; C: 合成图片 A 和 B merged.

图 2 蛋白 OsMYB106 的亚细胞定位

Fig. 2 The subcellular localization of OsMYB106



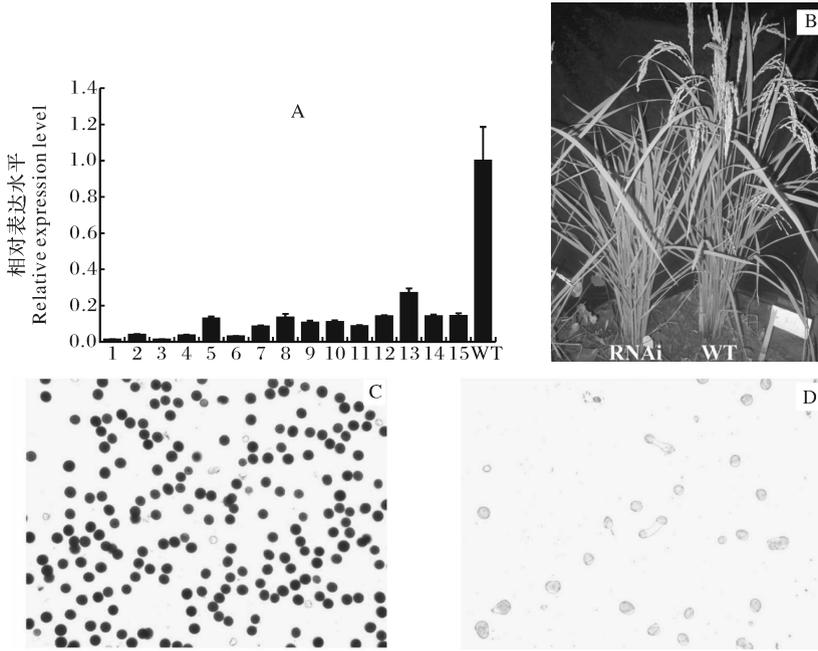
C: 愈伤 Callus; L: 叶 Leaf; R: 根 Root; S: 茎 Stem; H: 幼苗 Shoot; F: 剑叶 Flag leaf; Y: 幼穗 Young panicle; A: 花药 Anther.

图 3 OsMYB106 表达模式

Fig. 3 Expression model of gene OsMYB106 in rice

化受体 ZH11 得到转基因水稻植株 15 株, Real Time PCR 检测结果发现 *OsMYB106* 的表达量在所有转基因植株中都受到不同程度的抑制(图 4A)。观察 RNAi 转基因水稻的表型,发现抑制程度较高的第 1,2,3,4,6,11 号植株相对于野生型表现出株

高变矮和不结实等表型(图 4B)。通过 KI-I₂ 碘染试验在显微镜下观察 *OsMYB106* RNAi 转基因水稻的花粉粒考察花粉育性,野生型 ZH11(图 4C)作为对照, *OsMYB106* RNAi 转基因水稻的花粉粒明显表现为不育(图 4D),表明基因 *OsMYB106*



RNAi : *OsMYB106* 转基因抑制植株 RNAi transgenic plant of *OsMYB106*; WT:野生型植株中花 11 Wild plant ZH11; 1~15:转基因植株编号 The numbers of transgenic plants.

图 4 *OsMYB106* RNAi 转基因植株的表达水平及表型鉴定

Fig. 4 Identification of expression level and phenotype of *OsMYB106* RNAi plants

可能调控水稻花药和花粉的发育。

对可获得 T0 代种子的转基因家系 *OsMYB106* RNAi-5、10 以及 13 进行了 T1 代植株的表型观察及考种, RNAi 转基因各家系植株相比野生型 ZH11 植株,仍表现出不同程度的矮化以及育性降低的表型,具体结果见表 1。

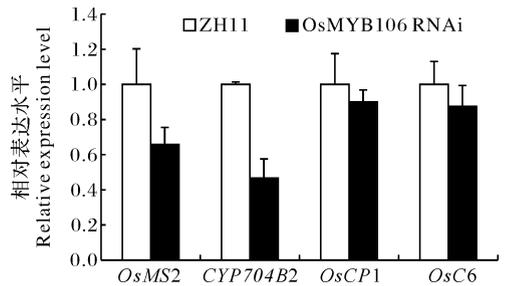
以及雄配子体形成过程中起着重要的作用。我们利用 Real Time PCR 检测了花药发育和花粉形成相关基因在抑制植株花药中的表达变化,以期初步了解 *OsMYB106* 导致花粉败育的分子机制。结果显示与花粉细胞壁形成相关基因 *OsMS2* 和 *CYP704B2*

表 1 RNAi 转基因家系株高和结实率¹⁾
Table 1 Identification of plant height and fertility of *OsMYB106* RNAi plants

家系 Line	株高/cm Plant height	结实率/% Fertility
ZH11	81.2 ± 2.4	92.3 ± 5.9
<i>OsMYB106</i> RNAi-5	66.5 ± 2.9**	44.5 ± 17.7**
<i>OsMYB106</i> RNAi-10	56.4 ± 4.2**	49.2 ± 12.9**
<i>OsMYB106</i> RNAi-13	74.9 ± 1.5**	60.0 ± 12.1**

1) ** 表示差异极显著 ** indicate very significant difference at 1 % level.

研究表明^[2,5,26], MYB 转录因子在植物花药发育和花粉形成的调控途径,包括绒毡层发育、胼胝质的沉积和降解、光合产物的运输、花粉细胞壁的形成



ZH11:野生型植株 Wild plant; *OsMYB106* RNAi:RNAi 转基因植株 RNAi transgenic plant.

图 5 花药发育相关基因在 *OsMYB106* RNAi 植株中的表达检测

Fig. 5 Expression level of anther development related genes in plant *OsMYB106* RNAi

在 *OsMYB106* 抑制植株中表达显著下降,而控制花粉绒毡层发育基因 *OsCP1* 和 *OsC6* 的表达变化不显著(图 5)。这些结果表明基因 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 可能是 *OsMYB106* 的下游基因,*OsMYB106*可能是通过控制花粉的细胞壁形成来影响花粉的育性。

3 讨 论

真核基因的表达随细胞内外环境的改变而在不同层次上受到精确调控,而转录因子在转录水平的调控是很多基因表达调控的主要方式。转录因子需要在核定位信号的引导或在其他蛋白的协助下进入细胞核中,才能发挥其调控功能。本研究利用基因枪法将重组质粒 p1381-*OsMYB106*-GFP 转入洋葱表皮细胞进行瞬时表达,结果在细胞核中检测到了绿色荧光,表明 *OsMYB106* 蛋白定位于细胞核,这与转录因子的调控功能是相符的。

近年研究显示,*MYB* 转录因子在干旱、高盐、寒冷等非生物和生物胁迫中扮演着重要的角色。Real Time PCR 数据显示 *OsMYB106* 对非生物胁迫均表现有明显应答,特别是在高盐和低温胁迫中表达水平显著上升,推测 *OsMYB106* 像其他 *MYB* 基因一样在水稻逆境胁迫中具有重要的功能。另外,*OsMYB106* 在水稻绝大多数组织中都有表达,其中在叶鞘和幼穗中最为显著,这与 Rice GE 中 *OsMYB106* 的组织芯片表达数据是一致的(<http://signal.salk.edu/cgi-bin/RiceGE?JOB=EXPR&TYPE=GPL2025&QUERY=Os08g33660>),并且芯片数据显示 *OsMYB106* 在水稻幼穗中表达显著,表达量随着幼穗发育显著增强,在幼穗的长度为 15~22 cm 时表达量最高,表明 *OsMYB106* 在幼穗的发育过程中起着重要的作用。*OsMYB106* RNAi 转基因植株表现出矮化和结实率降低的表型,并且这些表型随着基因 *OsMYB106* 表达水平抑制程度的升高而变得更加明显,甚至导致不结实,这与 *OsMYB106* 在幼穗中的显著表达是相符的。花粉碘染试验显示 *OsMYB106* RNAi 转基因植株的花粉粒明显败育(图 4D),这可能是导致转基因植株结实率降低的原因。

OsMYB106 RNAi 转基因水稻表现为花粉不育,表明 *OsMYB106* 可能参与了水稻花药发育的调控。影响花药发育造成雄性不育的分子机理归纳起来主要有以下 3 种类型:(1)影响减数分裂前花药壁

细胞及性母细胞的分化;(2)影响减数分裂的过程;(3)影响后期绒毡层的发育^[27]。植物 *MYB* 转录因子主要是通过调控绒毡层发育、胼胝质的沉积和降解、光合产物的运输、花粉细胞壁的形成以及雄配子体形成来影响花粉的育性^[2,5,26],所以,我们检测了水稻中影响与花粉细胞壁形成关键基因 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 以及控制花粉绒毡层发育关键基因 *OsCP1* 和 *OsC6* 的表达水平。结果显示 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 在 *OsMYB106* 抑制植株中表达显著下降,而 *OsCP1* 和 *OsC6* 的变化不大,推测 *OsMYB106* 可能通过调控 *OsMS2* 和 *CYP704B2* 影响花粉细胞壁形成进而影响花粉育性。这与 *OsMYB106* 在拟南芥中同源基因 *MYB106* 影响叶片表皮细胞蜡质形成的功能相似,但具体的作用机制有待进一步研究。

参 考 文 献

- [1] MARTIN C, PAZ A J. MYB transcription factors in plants [J]. Trends Genet, 1997, 13: 67-73.
- [2] STRACKE R, WERBER M, WEISSHAAR B. The R2R3-MYB gene family in *Arabidopsis thaliana* [J]. Current Opinion in Plant Biology, 2001(4): 447-456.
- [3] RABINOWICZ P D, BRAUN E L, WOLFE A D, et al. Maize R2R3-MYB genes: sequence analysis reveals amplification in the higher plants [J]. Genetics, 1999, 153: 427-444.
- [4] DU H, ZHANG L, TANG Y X, et al. Biochemical and molecular characterization of plant MYB transcription factor family [J]. Biochemistry (Mosc), 2009, 74: 1-11.
- [5] DUBOS C, STRACKE R, LEPINIEC L, et al. MYB transcription factors in *Arabidopsis* [J]. Trends Plant Sci, 2010, 15: 573-581.
- [6] BOREVITZ J O, XIA Y, BLOUNT J, et al. Activation tagging identifies a conserved MYB regulator of phenylpropanoid biosynthesis [J]. Plant Cell, 2000, 12: 2383-2394.
- [7] NESI N, JOND C, DEBEAUJON I, et al. The *Arabidopsis* TT2 gene encodes an R2R3 MYB domain protein that acts as a key determinant for proanthocyanidin accumulation in developing seed [J]. Plant Cell, 2001, 13: 2099-2114.
- [8] CHEN B J, WANG Y, HU Y L, et al. Cloning and characterization of a drought-inducible MYB gene from *Boea crassifolia* [J]. Plant Science, 2005, 168: 493-500.
- [9] APPELHAGEN I, LU G H, HUEP G, et al. Transparent testA1 interacts with R2R3-MYB factors and affects early and late steps of flavonoid biosynthesis in the endothelium of *Arabidopsis thaliana* seeds [J]. Plant J, 2009, 67: 406-419.
- [10] BORG M, BROWNFIELD L, KHATAB H, et al. The R2R3 MYB transcription factor *DUO1* activates a male germline-specific regulon essential for sperm cell differentiation in *Arabidopsis* [J]. Plant

- Cell, 2011, 23: 534-549.
- [11] PETRONI K, FALASCA G, CALVENZANI V, et al. The *At-MYB11* gene from *Arabidopsis* is expressed in meristematic cells and modulates growth in planta and organogenesis *in vitro* [J]. J Exp Bot, 2008, 59: 1201-1213.
- [12] ZHOU M L, HOU H L, ZHU X M, et al. Soybean transcription factor *GmMYBZ2* represses catharanthine biosynthesis in hairy roots of *Catharanthus roseus* [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2011, 91: 1095-1105.
- [13] CHENG H, SONG S, XIAO L, et al. Gibberellin acts through jasmonate to control the expression of *MYB21*, *MYB24*, and *MYB57* to promote stamen filament growth in *Arabidopsis* [J]. PLoS Genet, 2009, 5: e1000440.
- [14] MILLAR A A, GUBLER F. The *Arabidopsis* GAMYB-like genes, *MYB33* and *MYB65*, are microRNA-regulated genes that redundantly facilitate anther development [J]. Plant Cell, 2005, 17: 705-721.
- [15] SHAN H, CHEN S, JIANG J, et al. Heterologous expression of the chrysanthemum R2R3-MYB transcription factor *CmMYB2* enhances drought and salinity tolerance, increases hypersensitivity to ABA and delays flowering in *Arabidopsis thaliana* [J]. Mol Biotechnol, 2011, 51: 160-173.
- [16] DAI X, XU Y, MA Q, et al. Overexpression of an R1R2R3 MYB gene, *OsMYB3R-2*, increases tolerance to freezing, drought, and salt stress in transgenic *Arabidopsis* [J]. Plant Physiol, 2007, 143: 1739-1751.
- [17] HOLL J, VANNOZZI A, CZEMMEL S, et al. The R2R3-MYB transcription factors *myb14* and *myb15* regulate stilbene biosynthesis in *Vitis vinifera* [J]. Plant Cell, 2013, 25: 147-154.
- [18] PENG S Q, WU K X, HUANG G X, et al. *HbMyb1*, a Myb transcription factor from *Hevea brasiliensis*, suppresses stress induced cell death in transgenic tobacco [J]. Plant Physiol Biochem, 2011, 49: 1429-1435.
- [19] JAKOBY M J, FALKENHAN D, MADER M T, et al. Transcriptional profiling of mature *Arabidopsis trichomes* reveals that NOECK encodes the MIXTA-like transcriptional regulator MYB106 [J]. Plant Physiol, 2008, 148: 1583-1602.
- [20] OSHIMA Y, SHIKATA M, KOYAMA T, et al. MIXTA-like transcription factors and WAX INDUCER1/SHINE1 coordinately regulate cuticle development in *Arabidopsis* and *Torenia fournieri* [J]. Plant Cell, 2013, 25: 1609-1624.
- [21] LIN Y J, ZHANG Q. Optimising the tissue culture conditions for high efficiency transformation of indica rice [J]. Plant Cell Rep, 2005, 23: 540-547.
- [22] SHI J, TAN H, YU X H, et al. Defective pollen wall is required for anther and microspore development in rice and encodes a fatty acyl carrier protein reductase [J]. Plant Cell, 2011, 23: 2225-2246.
- [23] LI H, PINOT F, SAUVEPLANE V, et al. Cytochrome P450 family member *CYP704B2* catalyzes the omega-hydroxylation of fatty acids and is required for anther cutin biosynthesis and pollen exine formation in rice [J]. Plant Cell, 2010, 22: 173-190.
- [24] LEE S, JUNG K H, AN G, et al. Isolation and characterization of a rice cysteine protease gene, *OsCP1*, using T-DNA genetrap system [J]. Plant Molecular Biology, 2004, 54: 755-765.
- [25] ZHANG D, LIANG W, GU F, et al. *OsC6*, encoding a lipid transfer protein, is required for postmeiotic anther development in rice [J]. Plant Physiol, 2010, 154: 149-162.
- [26] WILSON Z A, ZHANG D B. From *Arabidopsis* to rice: pathways in pollen development [J]. J Exp Bot, 2009, 60: 1479-1492.
- [27] MCCORMICK S. Control of male gametophyte development [J]. Plant Cell, 2004, 16: 142-153.

Preliminary study of function of a MYB gene in rice

CHEN Li-wei WANG Chun-tai YU Guang-hui XU Xin QIN Yong-hua

College of Life Sciences, South Central University for Nationalities/Hubei Provincial Key Laboratory for Protection and Application of Special Plants in Wuling Area of China, Wuhan 430074, China

Abstract A novel unknown MYB gene, designated *OsMYB106*, was isolated from rice, which was a typical R2R3-MYB transcription factor, and homologous to MYB106 in *Arabidopsis*. Subcellular localization indicated that *OsMYB106* protein was located in nucleus. Real Time PCR showed that *OsMYB106* was expressed highly in young panicle, and induced obviously by drought and cold stress. *MYB106* RNAi plant showed dwarf and sterility. Further, pollen development related gene *OsMS2* and *CYP704B2* were down-regulated notably in plants *MYB106* RNAi, the results indicated that *OsMYB106* regulated *OsMS2* and *CYP704B2* involving in development of pollen cell wall to control the fertility of pollen.

Key words rice; MYB gene; expression; function; fertility

(责任编辑:杨锦莲)