

专家警告应控制粮食生产对环境的影响

《自然》近日在线发表的一篇论文指出,如果不采取行动应对人口和收入水平的预期变化,2010年到2050年期间,粮食系统(为全球人口提供食物所涉及的过程和基础设施)对环境造成的影响可能会上升50%~90%。研究者分析了几种

环境影响的缓解方式,发现它们无一能独立地对预期增加的环境压力产生足够的缓解作用。对此,他们认为必须采取联合措施。

英国牛津大学的 Marco Springmann 及同事运用国家级详细数据建立了一个全球粮食

系统模型,用来研究与粮食有关的环境影响。基于该模型以及当前和将来粮食需求的估算数据,作者将2010年和2050年的粮食相关环境影响在五大环境领域进行了量化。这五大领域为:气候变化相关的温室气体排放、土地系统变化相关的

耕地利用、地表水与地下水的淡水使用,以及氮肥和磷肥施用。研究者预测,截至2050年,如果技术变革和其他缓解措施缺位的话,就每个指标来看,粮食系统对环境造成的压力将增加50%~92%。

研究者分析了几种缓解粮

食系统对环境的影响的方式,如选择更健康的植物性饮食、提升技术和管理(农产量增加和水管理优化)、减少粮食损失和浪费。分析指出,如果把这些措施结合使用,到2050年,许多预期会增加的环境压力或许能得到缓解。

甜甜的甘蔗还可以更甜?



甘蔗割手密种基因组的破译是甘蔗基础生物学研究的一个里程碑。这些研究将促进甘蔗分子生物学的快速进展,使甘蔗实施分子育种策略成为可能,从而加快甘蔗品种改良和产业发展。

五味之一的“甜”,离不开甘蔗的贡献。甘蔗为什么这么甜,能不能更甜?全世界90多个国家生产甘蔗,种植面积达2600万公顷。科学研究能否促使甘蔗产业更上一层楼?这些问题在最近一项研究成果中得到了解答。

学术期刊《自然-遗传学》(Nature Genetics)日前在线发表福建农林大学教授明瑞光团队的研究论文《甘蔗割手密种同源多倍体基因组》,在全球首次公布甘蔗割手密种的基因组,并解析了甘蔗割手密种的系列生物学问题。

甘蔗割手密基因组首次公布

根据联合国粮农组织数据,甘蔗的产值在农作物中排在玉米之前,水稻、小麦、大豆、西红柿之后,名列第五。我国则是全球第三大甘蔗生产国,全国糖业信息中心最新数据显示,2018/2019年度全国种植甘蔗128万公顷,产量为7700万吨,农业直接年产值约385亿元。

甘蔗不仅经济价值巨大,其本身也是世界上最重要的糖和生物燃料作物,生产80%的糖和40%的生物燃料,是单产生物量最大的作物,也是发现C4光合作用途径的植物和研究同源多倍体遗传的主要植物。

不过,尽管甘蔗如此重要,甘蔗基因组的破译却一直是世界性难题。近十多年来,国际上很多积极开展甘蔗基因组研究的国家,如巴西、法国、泰国等,均未获得突破性进展。

“这是由于受甘蔗复杂的大基因组、高多倍体以及同源异源杂交品种等因素限制。”明瑞光解释道。

正是因为很难取得突破性进展,也就导致了长久以来甘蔗品种单一化的问题十分严重,产业依靠扩大种植面积等传统生产方式已经难以维系。

“我们这项研究的结果,产生的基因组学资源,将有助于缩短甘蔗育种周期,加快甘蔗品种改良,让‘甜蜜事业’变得更甜。”明瑞光说。

他介绍,现代甘蔗品种是热带种和野生种割手密杂交后,再通过与热带种回交恢复高糖分含量和高生物量。杂交种的基因组组成是:75%~85%来自热带种、15%~25%来自割手密。

割手密是甘蔗栽培品种的重要原始亲本之一,在甘蔗杂交育种方面具有重要利用价值,其提供的是病虫害和逆境的抗性基因。

因此,福建农林大学基因组中心教授张积森团队从甘蔗野生种割手密富含抗性基因和染色体基数降低等生物遗传特征入手,在甘蔗割手密种基因组中首次发现了富集抗性基因的重组区域,系统地阐明了割手密作为甘蔗育种抗原的生物学基础。

由此首次破译甘蔗割手密种的基因组,并揭示了割手密种的基因组演化、抗性来源、高糖以及自然群体演化的遗传学基础。如糖分积累是甘蔗最重要的生物学问题之一,该研究指出糖转运蛋白基因家族的串联复制和扩张是甘蔗属高糖的基因组学基础。

割手密种基因组的破译是甘蔗基础生物学研究的一个里程碑。这些研究将促进甘蔗分子生物学的快速进展,使甘蔗实施分子育种策略成为可能,从而加快甘蔗品种改良和产业发展。

明瑞光表示,由于甘蔗广泛种植于全球热带和亚热带地区,研究成果的推广应用将推动热带和亚热带地区农民脱贫致富。

攻克世界级技术难题

该研究由福建农林大学联合美国、巴西等国家的研究机构共同完成,标志着全球农作物基础生物学研究取得重大突破,奠定了我国在甘蔗研究领域的国际领先地位。

明瑞光团队是如何做的?

研究人员应用目前最先进的第三代测序技术加上物理图谱,将甘蔗割手密种四倍体基因组组装到了32条染色体上。这是第一次把同源多倍体基因组里面的基因注释到了等位基因,达到了最高分辨率,可以准确地研究同源多倍体的基因功能、基因表达、剂量效应以及遗传模式。

之后,通过比较割手密和高粱的同源染色体,发现割手密的两条祖先染色体从中间断裂,产生的四个染色体臂分别加到了四条染色体的末端,完成了染色体基数从10条减为8条的演化。

基因组内部比较分析,证实了割手密是同源多倍体,并且发生了两次间隔较短的全基因组复制事件。这推翻了原先的假说——认为多倍体甘蔗的基因组与芒草发生分化之前(3.8~4.6百万年)有一次异源多倍体化的事件,在它们分化后甘蔗属内部又发生了一次同源多倍化的事件。

除甘蔗基因组以外,目前尚没有其他同源多倍体基因组可以组装到染色体水平。其实,同源多倍体基因组的组装是一个世界级技术难题。

在这项研究中,基因组中心教授唐海宝、副教授张兴坦发明的ALLHiC新算法则填补了同源多倍体基因组拼接算法上的技术空白。

明瑞光介绍,多倍体基因组内多个等位基因之间存在序列相似性,如果仅仅依赖现有算法拼接会有很大的挑战。因此,为了解决同源多倍体组装难题,该研究开发了ALLHiC新算法。

“该算法有两处重要创新:一是结合染色体互作数据(HiC)解决了同源染色体分型问题,二是利用随机优化算法解决了高倍体染色体内短序列之间的排序和定向。ALLHiC算法有效区分了甘蔗基因组内多个单倍型,另外对于其他复杂多倍体基因组也会有广泛的应用。”唐海宝表示。

研究人员还确定了割手密中C4光合途径是经典的NADP-ME类型。因此,这些研究不仅将促进甘蔗分子生物学的快速进展,更由于甘蔗是发现C4光合作用途径的植物和研究同源多倍体遗传的主要植物,其对人类深化同源多倍体植物研究,同样具有十分重要的科学意义。

(中国科学报)

华南农业大学生命科学学院、亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室刘耀光院士团队利用高效的多基因载体系统TG-SII,实现了在水稻胚乳特异合成虾青素的营养强化目标,培育出世界首例胚乳富含虾青素的新型功能营养型水稻种质“虾青素米”,也称“赤晶米”。相关成果近日发表于《分子植物》。

类胡萝卜素是一类重要的植物营养素,而虾青素是一类橙红色类胡萝卜素,为类胡萝卜素的最高级形式,具有超强抗氧化活性。但尚未有水稻胚乳合成有效虾青素的报道。刘耀光团队通过分析水稻类胡萝卜素合成途径基因的表达模式,发现大多数类胡萝卜素合成的相关基因在水稻胚乳中处于不表达或低表达状态。在此基础上,结合对“黄金大米”的分析,确定了八氢番茄红素合成酶基因、八氢番茄红素脱氢酶基因、β-胡萝卜素酮化酶基因和β-胡萝卜素羟化酶基因等4个类胡萝卜素合成途径的关键基因,利用水稻胚乳特异性启动子和自主开发的高效多基因TGSII系统,在水稻胚乳中重新构建了不同基因组合的类胡萝卜素/酮式胡萝卜素/虾青素的生物合成途径。

该研究结果表明,双基因、三基因和四基因聚合转化水稻,分别获得了筛选标记删除,富含黄色β-胡萝卜素的黄金大米、橙红色的角黄素大米和虾青素大米新种质。从而证实,导入上述4个基因的最小组合就能够在水稻胚乳中实现虾青素的从头生物合成,获得富含虾青素的大米。

华南农大培育『赤晶米』水稻种质