

2019年中国“大农业”里高科技成就展

2019年,我国“大农业”科研领域又诞生了诸多令人惊奇的发现,每一条都与我们息息相关。它们涵盖了观赏农业、林业、作物、医学等各个领域,包括睡莲、玉米、硅藻等进展。为了展现这些成就,本报特此就我国农业科学家今年发表的大部分重要论文进行梳理,以飨读者。

建立水稻无融合生殖体系 《自然—生物技术》

1月4日,中国水稻研究所研究员王克剑等在《自然—生物技术》上发表文章,利用基因编辑技术在杂交水稻中同时敲除4个水稻生殖相关基因,建立了水稻无融合生殖体系,得到杂交稻克隆种子,实现了杂合基因型固定。

研究人员利用CRISPR/Cas9基因编辑技术在籼粳杂交稻品种“春优84”中同时敲除PAIR1、REC8、OSD1和MTL等4个内源基因,获得了可以发生无融合生殖的Fix材料。Fix植株在营养生长阶段表现正常,但育性明显下降。通过细胞倍性检测,在其子代中获得了细胞倍性为二倍体且基因型与亲本完全一致的植株,这些F2代植株的表型也与其F1代杂交稻高度相似。

点评:无融合生殖是一种通过种子进行无性繁殖的生殖方式,可以随着世代更迭而不改变杂交品种的杂合基因型,从而实现杂种优势固定,有望给农业生产带来一次新的革命。

马铃薯自交衰退遗传机制解析 《自然—遗传学》

1月14日,《自然—遗传学》在线发表了云南师范大学马铃薯科学研究院与中国农业科学院农业基因组研究所共同完成的马铃薯自交衰退遗传机制解析成果。

研究人员开发了一套不依赖于亲本的基因分型方法。基于该方法,在3个群体中鉴定了15个极端偏分离的区域,暗示这些区域含有大效应的有害突变。结合表型分析,鉴定了5个纯合致死位点以及4个影响长势的位点。这些大效应的有害突变主要位于重组率比较高的区域,说明可以通过遗传重组将它们有效清除。

点评:本研究为二倍体马铃薯分子设计育种提供了理论基础,也为解析其他无性繁殖作物的自交衰退提供了借鉴。

水稻单碱基编辑系统脱靶效应 《科学》

2月28日,中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员高彩霞研究组在植物中对BE3、HF1-BE3与ABE单碱基编辑系统的特异性进行了全基因组水平评估,首次在体内利用全基因组测序技术全面分析和比较了这三种单碱基编辑系统在基因组水平上的脱靶效应,相关成果发表于《科学》。

研究发现经过单碱基编辑系统处理后,基因组内的插入或删除突变的数量与对照组相比没有显著变化,但是BE3与HF1-BE3,无论是在有无sgRNA的情况下,均可在水稻基因组中造成大量的单核苷酸变异(SNVs),且大部分为C>T

类型的碱基突变。

点评:该工作创新性地利用相似遗传背景的克隆植物及全基因组重测序解决了以前大量异质细胞序列分析的复杂性。

长绒“奢侈棉”形成遗传机制 《自然—遗传学》

3月18日,《自然—遗传学》在线发表了浙江大学教授张天真牵头的研究论文,报道了陆地棉和海岛棉的起源和种间分化的遗传机制,揭示了陆地棉广适性、长绒海岛棉优质的遗传基础。

研究组装出陆地棉遗传标准系TM-1和我国自育的海岛棉品种Hai7124染色体水平基因组,由此基因组完整性,尤其在重复序列富集的着丝粒区域组装完整性有了大幅提升。比较分析发现,特异基因表达、扩增和染色体结构变异是海陆驯化后分化的主要原因。

点评:该研究从基因组层面找到海岛棉与陆地棉的差异,对未来培育高产、纤维优良、适应性强的棉花新品种提供了有力的理论支持。

RNA为模板首次实现植物同源重组修复 《自然—生物技术》

3月18日,中国农业科学院作物科学研究所等机构的研究人员,使用RNA作为同源重组修复的模板,并分别利用核酶自切割和具有RNA/DNA双重切割能力的基因编辑系统,获得后代无转基因成分的抗ALS抑制剂类除草剂水稻植株。

该研究在植物中首次利用RNA作为同源重组修复模板,开辟了利用植物RNA作为同源供体模板进行同源修复的新思路。与通常使用的DNA模板不同,RNA模板可以在体内通过植物自身的转录系统持续产生,为同源重组修复提供更多的模板。

点评:本研究有望解决目前植物同源重组频率低下的难题,加速通过基因编辑技术,精准改良农作物重要农艺性状,进而定向创制农作物新种质的育种进程。

水稻亚种与根系微生物组互作关系 《自然—生物技术》

4月29日,《自然—生物技术》在线发表了中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员白洋、储成才课题组合作的研究论文,揭示了水稻亚种间根系微生物组与其氮肥利用效率的关系,证明了NRT1.1B(水稻肽转运蛋白家族的成员之一)在调控水稻根系微生物组的关键作用。

研究通过比较田间生长的68个籼稻和27个粳稻品种,发现籼稻和粳稻形成了截然不同的根系微生物组。通过遗传学实验,发现NRT1.1B的缺失和自然变

异显著影响水稻根系微生物组。

点评:该成果为研究根系微生物组与水稻互作及功能奠定了重要基础,也为应用有益微生物、减少氮肥的施用提供了参考。

质量最高热带玉米参考基因组 《自然—遗传学》

5月31日,华中农业大学教授严建兵团队在《自然—遗传学》发表文章,公布了迄今为止质量最高的热带玉米参考基因组,并公布了首份玉米结构变异图谱,结合这些信息首次克隆到影响籽粒重量自然变异的关键基因。

研究人员利用ZHENG58和热带小粒玉米品种SK构建的重组自交系群体,定位到了一个同时控制粒型和粒重的位点及其所在的基因ZmBAM1d,该基因正向调控玉米粒重。他们进一步将SK和B73的ZmBAM1d基因区域进行比较,发现了与粒重表型直接相关的结构变异。

点评:本发现对热带玉米优势抗逆性状的遗传学研究意义重大,是玉米优势农艺性状相关基因得到更充分挖掘的必要前提。

找到抵抗小麦“癌症”关键基因 《自然—遗传学》

6月10日,南京农业大学教授马正强团队在《自然—遗传学》上发表论文,通过图位克隆的方式,找到了抵抗小麦“癌症”赤霉病的关键基因Fhb1。

Fhb1是小麦中目前已知的最重要抗赤霉病QTL,具有最强的抗扩展效应,还可降低籽粒中真菌毒素积累。将其导入到中感或高感赤霉病小麦品种中,抗赤霉病扩展能力的提高幅度达76%。

点评:本研究为进一步揭示小麦抗赤霉病的分子机制奠定了重要基础。Fhb1基因将大大提高小麦抗赤霉病育种效率,在其他植物中利用该基因也有可能提高抗病能力。

驯鹿适应北极环境分子机制 《科学》

6月21日,西北工业大学教授王文、邱强及中国农业科学院特产研究所副研究员李志鹏等联合国内外研究团队,揭示了驯鹿适应北极环境的分子机制。相关成果发表于《科学》。

研究人员发现驯鹿的节律通路中的核心调控基因(PER2)发生了特异性突变,导致PER2基因与另一个节律核心基因无法结合。这让驯鹿丧失了昼夜节律分子钟,从而能适应北极高昼和极夜的环境。研究还发现驯鹿维生素D代谢通路中的两个关键基因,使得驯鹿对钙的吸收能力大大增强。

点评:这些结果让人们人们对极地动物

的适应性有了更全面、深入的了解,为维生素D对钙沉积影响、生物钟调控治疗人类睡眠障碍等一些人类健康问题的解决提供了重要线索。

反刍动物的起源与进化 《科学》

6月21日,西北工业大学、中国科学院昆明动物研究所等在《科学》在线发文,对44种反刍动物的基因组进行了从头组装,代表了跨越所有六个家族的36个属。

结合五个先前发表的bovid基因组、两个已发表的cervid基因组,以及最近更新的化石信息,该研究构建了该组的时间校准系统发育树,分析了物种种群历史,并研究了这些物种基因组进化。

点评:该研究结果不仅为了解这一重要哺乳动物群体的起源和进化及其特殊性状提供了数据,而且还具有将反刍家畜基因组资源置于进化背景和保护反刍动物生物多样性的意义。

解码植物感应盐胁迫信号机理 《自然》

7月31日,《自然》在线发表了深圳大学教授胡章立、杜克大学裴真明课题组的合作论文。该研究首次发现了植物盐受体糖基肌醇磷酸神经酰胺(GIPC),并揭示了其作用机制。

研究从寻找植物细胞感知盐胁迫的受体基因出发,解码了植物感应盐胁迫信号的分子机理,对进一步揭示植物适应全球环境变化的生理生态效应及分子机制具有重大的理论意义与应用价值。

点评:在全球及我国耕地盐碱化面积增加导致粮食严重减产以及植物生态退化的现状下,该研究对培育抗盐农作物有极其广泛的应用前景,有利于提升我国的粮食和生态安全。

首次阐明硅藻超级捕光结构 《科学》

8月2日,《科学》杂志在线发表了来自中国科学院植物研究所沈建仁、匡廷云团队与清华大学隋森芳团队合作成果。

该研究利用单颗粒冷冻电镜技术解析了一种中心纲硅藻——Chaetoceros gracilis的PSII-FCPII超级复合体的3.0埃分辨率的三维结构,这也是国际上首次报道硅藻光系统一捕光天线超级复合体的结构。

点评:本研究为阐明硅藻PSII-FCPII超级复合体中独特的光能捕获、传递和转化以及高效的光保护机制提供了重要基础,为后续指导设计新型作物、提高作物的捕光和光保护效率提供了新思路。

>> 下转15版