



视觉中国供图

2020年,我国大豆平均亩产132.4公斤,比2016年提高11%。在主产区立地条件欠佳的不利形势下,大豆亩产水平的提高,得益于育种科技的进步。

克隆关键基因、绘出泛基因组…… 破译育种“密码”,助大豆逆势增产

粮食育种科技系列报道②

◎本报记者 马爱平

大豆是重要的油料和蛋白饲料作物之一。我国的大豆消费需求包括食用大豆和压榨(油用及饲用)大豆两大类。“十三五”期间,我国食用大豆年均消费量约为1600万吨,压榨大豆年均消费量为9000万吨,大豆年均消费总量超过1亿吨,比“十二五”期间增长30%,预计“十四五”期间我国大豆年均消费量将在1.2亿吨左右。

长童期基因J

让低纬度地区也能种植大豆

“由于大豆种植效益偏低,国内相当一部分大豆生产用地属于营养水分失衡的非优耕地,干旱、涝害、土壤盐碱化等非生物胁迫因素严重制约了优良大豆品种的产量潜力发挥。”于彩虹说。

传统大豆育种方法主要依赖于表型选择,效率较低,而生物育种技术能够显著提升大豆性状改良与品种创新效率,有助于高效培育具备综合抗逆性的环境友好型品种。

“大豆生物育种策略的关键是,挖掘大豆育种关键基因,改良和创制优异的育种基础材料,构建分子育种平台,发展智能设计育种。”于彩虹说。

她举了一个例子,大豆是光周期敏感的短日照作物。大豆对光周期的反应通常影响着成熟期的长短,从而影响着产量。具体表现为同一品种在高纬度地区光照时间长、开花晚、成熟晚、产量高;而在低纬度地区光照时间短,则开花期提前,成熟较早,产量低。历史上大豆驯化与选育主要在中高纬度地区完成,而低纬度地区则长期被认为不适于大豆的种植及生产。大豆长童期性状在上世纪70年代被发现,并成功应用于低纬度地区大豆育种。上世纪90年代,研究发现J是控制大豆长童期性状的关键位点,然而其编码基因和分子调控机制一直未明确。

2016年,华南农业大学海课课题组和中国

2020年,我国大豆平均亩产132.4公斤,比2016年提高11%。“在主产区立地条件欠佳的不利形势下,大豆亩产水平的提高,得益于育种科技的进步。”3月28日,中国工程院院士、中国农业科学院副院长万建民告诉科技日报记者。

“面对大豆消费需求的不断增长,我国大豆总产量还需提高。”北京大北农生物技术公司南美业务负责人于彩虹在接受科技日报记者采访时表示,随着种植结构调整及“大豆振兴计划”的实施,近年来我国大豆实现稳定增产。我国生物育种技术自主培育的大豆品种也开始大范围推广,并逐渐走向国际。

农业科学院作物科学研究所韩天富课题组在《分子植物》上发表论文,阐述了研究者寻找了半个多世纪的巴西长童期基因J,并揭示了J来自中国、美国和巴西等不同品种大豆各生长期分布的规律;2017年和2020年,广州大学教授孔凡江、刘宝辉团队及其合作者团队先后在《自然·遗传学》杂志上发表两篇论文,报道了大豆长童期关键基因J的克隆及进化机制研究成果,揭示了大豆光周期调控开花的分子调控网络,系统阐释了大豆中高纬度适应的多基因进化机制。

长童期基因J可以作为改良大豆短日照高温适应能力的分子靶点。大豆具有了长童期性状就可在短日照条件下,延长成熟期并提高产量。研究发现,长童期基因J促进了光周期开花,且该基因突变型可推迟低纬度短日照条件下大豆开花时间,使大豆产量比野生型提高30%—50%。此外,长童期基因J上至少存在着8种功能缺失型等位变异位点,在育种中导入相关位点有助大豆品种在我国南方低纬度地区大面积推广和种植,缩小大豆种植的地区差距。

“长童期性状在育种上的发现与应用,使得巴西的大豆种植在低纬度地区快速扩展,从而使大豆的种植迅速成长为世界上主要的大豆生产国与出口国,显著改变了世界大豆的生产形势。”于彩虹说。

首个大豆泛基因组 为推进分子育种奠定基础

高质量参考基因组是作物育种基础研究和应用研究的基础。我国科学家曾经成功对大豆品种“中黄13”参考基因组进行了组装和注释,然而不同大豆种质资源之间存在较大的遗传变异,单一或少数基因组不能代表大豆群体的所有遗传变异,大豆分子设计育种亟须能够代表不同大豆种质材料的全新基因组资源。

2020年,中国科学院田志喜、梁承志、韩斌等研究者通过全基因组重测序对全球2898份具有遗传多样性的大豆种质材料进行分析和鉴定,进而构建了世界首个大豆泛基因组。

本次泛基因组研究所选用的大豆种质材料具有重要的育种和生产价值,其中“满仓金”“十胜长叶”等种质材料作为骨干核心亲本已各自培育出“黑河43”“齐黄34”等上百个优良新品种,

大豆育种特征

从以产量为核心走向区域化“定制”

我国大豆种植主要分布于黑龙江、安徽、内蒙古、吉林、河南等省份,近年来国内大豆平均亩产有一定提高,但仍处于较低水平,大豆种植综合收益不佳。

“我国大豆种植区域广,不同产区地理环境差异大,而大豆的光周期反应敏感性一定程度上限制了品种的广适性,需培育适宜不同地区的区域型大豆品种,才能有效提高国内大豆总产量。”于彩虹说。

“十三五”期间,大豆新品种的培育从以产量为核心向优质专用、抗病抗逆、资源高效、管理轻简化的多元化方向发展,以满足不同大豆生态区对品种的个性化需求。

随着大垄密播、浅埋滴管、免耕覆秸等技术模式的不断成熟,良种良法结合,刷新了小面积

这些品种被各个大豆主产区大面积推广种植。

“分子标记辅助选择、全基因组选择等是分子育种的代表性技术,其旨在对大豆内源基因进行聚合或修饰,赋予大豆新的性状,而这些育种技术的应用都依赖于对大豆功能基因组的深入研究和全面了解。”于彩虹说。

因此,大豆泛基因组和相关自然群体遗传变异的发布为大豆育种技术研究提供了重要的资源和平台,也为推进大豆分子设计育种、提升大豆产量奠定了基础。

此外,“十三五”期间,国内科院所还通过全基因组关联分析、连锁分析,基因组重测序等分子手段,鉴定克隆了一系列与大豆产量、品质、抗逆性、生育期等重要性状相关的关键基因,解析了一批新基因的功能和重要性状形成的分子机制,构建了大豆分子育种平台。

高产纪录,创造了大面积高产典型。万建民说:“比如,‘中黄37’蛋白质含量高、籽粒大,成为黄淮海地区主栽品种之一;‘中黄30’抗旱耐阴,成为西北地区主栽品种;‘中黄901’早熟高产,抗大豆灰斑病,适宜东北北部种植;‘中黄39’适宜种植区域从北纬20度到40度,是我国种植区域跨度最大的大豆品种。”

于彩虹也举例说,“黑科56”“黑科60”等超早熟大豆品种的育成,使我国大豆种植区向东北北部第六积温带等高寒地区拓展;“齐黄34”“中黄301”等耐密抗倒品种的育成,有效地满足了黄淮海地区机械化免耕覆秸种植对品种的新需求;“中豆41”“南农99-6”等品种育成与推广提高了南方地区大豆品种的耐高温干旱能力。

利用基因剪刀

切除工业微藻大片断染色体

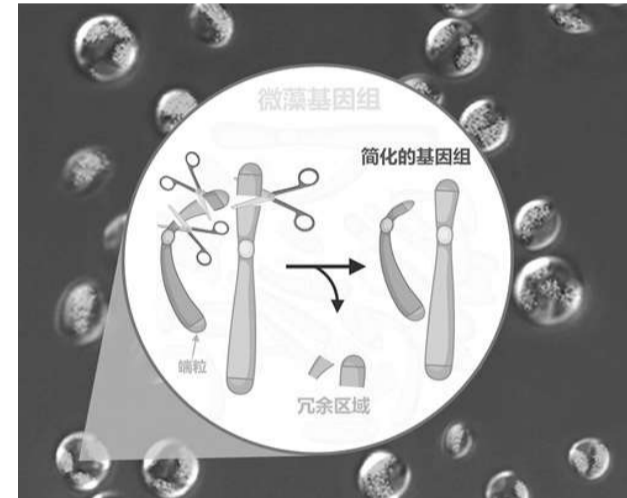
科技日报讯(记者王健高 通讯员刘佳)3月22日,记者从中国科学院青岛生物能源与过程研究所获悉,由该所单细胞中心徐健研究员主持完成的工业微藻染色体大片断精准切除技术,为藻类底盘细胞的开发打开了大门。相关成果发表在《植物学期刊》上。

作为一种“负碳”的光合细胞工厂,工业微藻能将阳光、海水和二氧化碳大规模转化为油脂与氢,为清洁能源提供重要来源。除了光合作用、碳浓缩、油脂合成等关键功能模块以外,藻类基因组上通常还包括很多由可移动元件、重复序列等组成的“功能冗余”区域。这些大片断染色体DNA既是一种额外的代谢负担,也会影响基因组的可控性与稳定性。

但大片断操作藻类基因组通常极为困难,这阻碍着藻类底盘细胞的开发。针对这一瓶颈问题,中国科学院青岛能源所单细胞中心建立了精确可控的藻类染色体大片断DNA切除技术,首次对大于10万个碱基对的DNA片段进行了单重与连续删减,从而为“最小藻类基因组”的设计和“最简植物底盘细胞”的构建打开了大门。

研究人员设计了一个基于CRISPR/Cas的“基因剪刀”,通过两条用于定义剪切位置的向导RNA(gRNA)的共表达,实现了位于30号染色体5'端的基因组中最大目标片段(10万个碱基对)的精确删除。在此基础上,他们通过同时表达4条gRNA,实现了对同一细胞中30号与9号染色体上最长和次长目标片段的并行切除。

研究人员介绍,利用“拉曼组”等单细胞精度的代谢表型分析手段,他们惊奇地发现,尽管经历了这些染色体大片断切除手术,微藻细胞的生长速度、生物量、潜在最大光合速率、叶绿素荧光非光化学猝灭、油脂含量和脂肪酸不饱和度等关键性状却几乎没有受到影响。在生长速度和生物量累积速率上,一些工程株甚至略有小幅加快。这些发现表明,“大刀阔斧”式精确切除这些大片断的“基因剪刀”,是构建“最小藻类基因组”的必备工具。徐健表示,此次研发的染色体大片断切除技术,将推动以微拟球藻为光驱的合成生物技术研究和产业的发展。



工业微藻基因组中冗余片段被删除示意图

刘阳供图

深海软壁菌首次获得纯培养

为开发巨大生物资源库打开一扇门

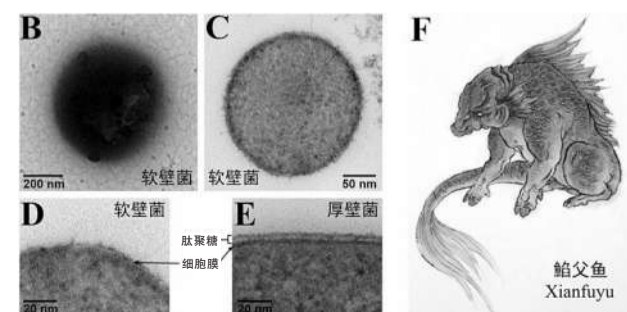
科技日报讯(记者王健高 通讯员王敏)深海蕴含着海量的微生物资源,却是地球上人们了解最少的生境之一。迄今为止,99.9%以上的深海微生物无法获得纯培养,科学家称之为难培养微生物,它们也是地球上尚未实现有效开发的巨大生物资源库。软壁菌门是一类独特的难培养微生物类群,此类菌无细胞壁却由厚壁菌门进化而来。

3月25日,记者从中国科学院海洋研究所获悉,该所孙超课题组在《国际微生物生态学学会杂志》发表论文称,他们首次培养出软壁菌门细菌,并获得了其特殊生命过程的独特认知,为突破深海难培养微生物的培养瓶颈及深入了解深海稀有微生物类群的环境适应机制提供了重要理论依据和研究范例。

科学家们通过宏基因组测序技术,预测软壁菌具有突出的核酸降解能力,对磷、氮等元素的循环有重要驱动作用,而且还能自如应对深海高压和陆地常压环境,在进化、耐压和元素循环等方面有独特的研究价值。但由于软壁菌生长慢、丰度低,迄今国际上还没有获得任何深海生境的纯培养菌株,无法对其开展深入研究。

通过在培养基中添加大肠杆菌DNA,孙超课题组富集并纯培养了一株软壁菌。因其在进化和代谢特征上兼具软壁菌门和厚壁菌门的特征,研究人员将该菌命名为鲎父鱼菌(鲎父鱼是《山海经》中一种非鱼非猪的怪物)。

研究团队对该菌进行了转录组学研究,揭示了其代谢有机物和硫代硫酸钠进行能量转换的机制;他们借助“科学”号科考船的先进装置进行了深海原位实验,验证了该菌在自然生境中也具有降解DNA参与能量合成的独特生命过程。多项前期研究表明深海富含各种类型的核酸分子,是一些微生物(如软壁菌门)的重要能量来源。而这些类群降解核酸的突出能力促进了深海生境磷、碳、氮等生命元素的生物地球化学循环进程,对深海的物质循环和能量代谢具有重要的驱动作用。《国际微生物生态学学会杂志》主编认为,这一研究结果“对其他科学家分离和研究深海沉积物中的稀有物种将带来重要启示”。



深海菌株软壁菌门的培养策略、形态及命名 受访者供图

干细胞6项团体标准发布 进一步保障生物安全

◎新华社记者 董瑞丰

近日,中国细胞生物学会标准工作委员会发布了6项干细胞领域团体标准,中国科学院动物研究所国家干细胞资源库获颁我国第一张生物样本库认可证书。

为何要制定干细胞标准体系?怎样更好保障生物安全和伦理规范,同时加速临床应用?业内专家接受记者采访,对此做出解读。

治疗前景广阔 标准短缺成“瓶颈”

干细胞是一类具有自我复制能力的“种子”细胞,可以分化成多种功能细胞,参与细胞替代和组织再生。干细胞的临床研究和应用,近年给帕金森、卵巢早衰等疾病的治疗带来新希望。

但由于相关标准缺失,该领域出现一些鱼目混珠的乱象,少数人打着“干细胞美容”“干细胞抗衰老”等旗号招摇撞骗,部分有价值的研究和应用却重重受限。

“制定标准,可以让干细胞研究和应用有所参考。”中国科学院院士、昆明理工大学灵长类转化医学研究院院长季维智说,作为医学前沿领域,干细胞的理论和关键技术还在不断发展,标准也将随之不断完善。

郑州大学第一附属医院生殖中心主任医师孙莹璞最关注干细胞领域新技术、新产品在病人身上使用时,是否安全、有效并遵循了相关政策和标准。“6项标准发布,对于规范干细胞临床应用和研究,避免对病人造成伤害将起到重要作用。”

空白不断填补 伦理合规是难点

此次发布的6项干细胞团体标准,包括《人脐间充质干细胞》《人视网膜色素上皮细胞》《人诱导多能干细胞》《人心肌细胞》《人造血干/祖细胞》《原代人肝细胞》,对相应的细胞生物学特性、关键质量属性、生产工艺、生产过程和质量控制、检验方法及规则、包装与标签、储存运输等方面进行系统规定。

此次发布的6项干细胞团体标准,对相应的细胞生物学特性、关键质量属性、生产工艺、生产过程和质量控制、检验方法及规则、包装与标签、储存运输等方面进行系统规定。

示,系列标准发布后,对这6种干细胞临床研究的备案审核就有了更清晰依据。

标准发布的同时,中国合格评定国家认可委员会为国家干细胞资源库颁发了我国第一张生物样本库认可证书CNAS BB0001。

中国科学院干细胞与再生医学创新研究院副研究员彭耀进说,生物样本库的发展需格外注

意知情同意、隐私保护等伦理问题。比如,研究者在基因测序时发现了干细胞捐赠者得某类疾病的概率极高,是否有义务告知捐赠者?此类问题的边界需不断探索、完善。

团体标准先行 推动国际标准出台

干细胞等新兴领域,技术发展往往比标准制定“快一步”。

为减少监管空白,我国鼓励具备相应能力的学会、协会、商会、联合会等社会组织和产业技术联盟协调相关市场主体共同制定满足市场和急需需要的标准,供市场自愿选用,增加标准的有效供给。

中国标准化研究院党委书记、副院长王宗岭说,干细胞的新技术标准在学术团体内达成共识,满足创新需求,对未来的国家标准制定、推进团体标准国际化,具有重要的先行先试意义。

国际标准化组织(ISO)委员张勇说,目前关于干细胞的国际标准基本仍处于空白,我国的干细胞国际标准制定工作走在前列,未来将加快推进国际标准发布。