

累计年推广150万亩以上,每年为云南菜农增收超50亿元

综合防治:击退蔬菜“癌症”打出组合拳

◎本报记者 赵汉斌

昔日半盈半亏种菜,如今踏实扩产增收。以番茄、辣椒等茄果类蔬菜为主的蔬菜产业,是云南省重点扶持的希望产业,也是促进区域乡村振兴、助力农民朋友脱贫致富奔小康的朝阳产业。但长期以来,一直有一个困扰云南蔬菜产业

菜地病毒病肆虐,菜农泪水往肚里咽

一直以来,云南省红河州番茄病毒病为害严重。矮化黄发的番茄“树”上,刚结满绿果,就出现斑点条纹,甚至烂果,一切令人猝不及防。育苗定植时,满怀丰收的期待;数月辛劳,换来的是几乎颗粒无收。一车车绿果堆在棚外的田埂上,弥勒市朋普镇黄连田村番茄种植户白杰欲哭无泪:“2015年以前,我种植的番茄、辣椒病毒病发病非常重,病毒病发生后,番茄、辣椒成品又小又丑,满是斑点瑕疵,商品性几乎为零。”与白杰同村的蔬菜种植大户仝析生介绍,蔬菜病毒病的发生,与品种、病毒、昆虫和杂草有关,采取单一的防控措施,根本没有办法,他们只能眼睁睁望着一垄垄番茄日渐萎蔫。“蔬菜病毒的传播方式主要是种子传播和昆虫传播,其中超过90%是虫传病毒。种子传播病毒可以通过种子消毒处理杀灭,而虫传蔬菜病毒防治的难度就大得多。”刘勇向科技日报记者介绍,虫传蔬菜病毒,往往先在菜地周围的阔叶杂

“一物降一物”,生物防治技术应对狡诈病毒

为害云南蔬菜的病毒种类约有30种,常年给番茄、辣椒等蔬菜造成损失达一半以上,严重的甚至造成绝产、绝收。“生产实际再次告诉我们,由于蔬菜病毒病复杂多变,依靠采用抗病毒病品种等单一方式,无法从根本上解决问题,防治蔬菜病毒病必须采取综合防控措施。”李凡说。面对蔬菜病毒,团队齐心协力,在多方面运



图① 千灯笼椒因蔬菜病毒导致良莠不齐



图② 番茄遭到病虫害



图③ 辣椒受到蔬菜病毒侵袭



图④ 番茄植株感染番茄斑萎病毒
视觉中国供图

发展的“卡脖子”问题,许多菜农因肆虐的蔬菜病毒病而血本无归,因此“病毒病”也被称为蔬菜的“癌症”。记者近日从云南省红河州弥勒市和楚雄州元谋县农业和科技部门了解到,国家大宗蔬菜产业技术体系病毒病防控岗位科学家、湖南省农业科学院研究员刘勇率领团队,常年驻守云南,服务菜农,目前在当地蔬菜病毒病防治中取得了显著成果,实现当地蔬菜产业增收和“菜篮子”充盈的双保障。

草上扩散,感染病毒的杂草会释放出新植二烯等化学物质,吸引烟粉虱、蚜虫、蚜虫等昆虫取食,此时也是病毒数量积累达到峰值之时。数量庞大的昆虫取食带毒杂草后,又迁飞到周边的蔬菜基地,就会把病毒传播到健康的蔬菜植株上。“如果蔬菜品种对病毒病没有抗性,则病毒可以顺利侵染并为害。因此,病毒病是否暴发成灾,除了病毒本身外,往往与携带病毒的阔叶杂草、传毒昆虫种类数量以及蔬菜品种是否抗该病毒等密切相关。”云南农业大学植保学院教授李凡介绍说。是放任病害肆虐?还是积极主动防治?这时,刘勇和李凡都关注到了云南菜农的“困”况。刘勇率领团队通过25年攻关,在对全国580多个重点蔬菜主产县的3500余个乡镇蔬菜病毒病进行长期系统研究和监测的基础上,研发了以“清毒源、选品种、抑种传、阻传播、增抗性”为核心的蔬菜病毒病综合防控技术体系,打出了“防癌”“治癌”组合拳。

用多套技术分层次的帮助农户成功大面积抵御了蔬菜“癌症”。光合细菌,是一类能以光作为能源环境中的小分子化合物为底物来合成生长所需要的营养物质的细菌。光合细菌是地球上最早出现的具有原始光能合成体系的原核生物,主要有绿硫细菌、紫硫细菌、绿色非硫细菌、紫色非硫细菌,约120种。“利用好光合细菌,对防治蔬菜‘癌症’十



生产实际再次告诉我们,由于蔬菜病毒病复杂多变,依靠采用抗病毒病品种等单一方式,无法从根本上解决问题,防治蔬菜病毒病必须采取综合防控措施。

李凡

云南农业大学植保学院教授

分关键。”刘勇表示。刘勇团队从大范围样本开始研究,他们共从5万多个光合细菌分离物中筛选到调控寄主植物抵抗病毒病的嗜疏小卵菌菌剂,其发酵后产生的含3个氨基酸的短肽可渗透到种子内部,从而钝化种皮和种胚传带的黄瓜绿斑嵌纹病毒等,使幼苗带毒率几乎为0;他们还分离获得了1种可以大量产生抑制和钝化病毒的Rhp-PSP蛋白的沼泽红假单胞菌(光合细菌中的一种),室内接种及田间大面积应用均表明,含有Rhp-PSP蛋白的沼泽红假单胞菌发酵液可以完全抑制当前大部分病毒对番茄和辣椒的侵染,防效高达90%以上。而针对如何阻断昆虫传播病毒的途径,刘勇团队还发明了基于纳米材料的杀虫剂,施于番茄等作物的根部后有效期长达30—45天,将防治昆虫用药次数由7—9次减少为1次,待番茄成熟

信科学用科学,菜农扩产增收回馈真金白银

李凡团队与刘勇团队合作以来,对云南主要蔬菜产区的病毒病开展了系统研究,探明了这些蔬菜作物的病毒种类、发生流行规律等,并将蔬菜病毒病综合防控技术体系引入云南,在昆明、红河、楚雄等地开展试验示范和大规模推广应用,在蔬菜播种定植前及时清除菜地周围的阔叶杂草,根据所在乡镇病毒病种类选择抗相关病毒病品种,用微生物农药消杀种子传带的病毒及提高植株对病毒病抗病力,再巧施纳米颗粒化农药杀灭传毒昆虫等。

农户仝析生在科研人员指导下,按照简明的“明白纸”说明书操作,采用刘勇团队研发的番茄品种和微生物农药及纳米化杀虫剂,“不仅几乎完全防治了病毒病,农药也由以前的一季施用15次,减少到3次就可以了。”仝析生说,由于杀虫剂施用方法改喷施为根灌,也没有空气污染,每亩番茄收入增加都超过了1.5万元。

与仝析生一样,白杰也是新技术、新成果的受益者。“如今番茄和辣椒病毒病基本上没有问题了,这套技术的优点是易学易懂,容易掌握。”白杰说,前几年,他只敢种五六亩番茄,如今逐渐掌握了综合防治新技术,今年他家的种植面积增

相关链接

生物制剂对蔬菜安全有效

为害蔬菜的病毒病种类繁多,目前为害我国蔬菜的病毒约有70种,但是在生产上造成大面积危害的主要有烟草花叶病毒、黄瓜花叶病毒、番茄斑萎病毒、番茄褪绿病毒、蚕豆萎蔫病毒、番茄黄化曲叶病毒、芜菁花叶病毒、黄瓜绿斑嵌纹花叶病毒等8种病毒,其中黄瓜绿斑嵌纹花叶病毒是种子传播的病毒,其它7种病毒主要是昆虫传播,有的种皮能够携带但是不会造成致害。

一滴唾液检出DNA,鸽子性别不再难分辨

◎本报记者 张晔

今年6月,泉州市的养鸽大户欧潘鸽业场主潘中南乐开了怀,近期他的鸽场共出栏销售鸽子10万多只。“多有了鸽子性别快速鉴定仪,我的鸽场养殖成本大大降低,繁育管理也更加精准高效。”潘中南说道。

鸽子是典型的“一夫一妻制”,这给配对和人工繁殖带来了很大的困难。长期以来,鸽子的性别鉴定都依赖有经验的老师傅眼看手摸,不仅准确率低,而且成本高,不利于幼鸽成长期管理。

南京大学模式动物研究所赵庆顺教授团队与南京尧顺禹生物技术有限公司合作,经过近10年研发,率先采用DNA检测方法,于2022年初成功研制出大规模鸽子性别鉴定的技术方法及成套设备,目前已在国内多地投入使用,为肉鸽规模化养殖提供了技术支撑。

一滴唾液如何分辨雌雄

烤乳鸽、鸽子汤、鸽子蛋……如今,肉鸽已经成为市民餐桌上的一道美味佳肴。

但是,在鸽业发展中,鸽的性别鉴定成为一个制约肉鸽,特别是蛋鸽产业化发展且急需解决的一个瓶颈问题。

由于鸽子是单一形态性,且生殖器也难以鉴别,因此在乳鸽早期无法鉴定其性别。等到鸽子生长至4.5—5月龄的青年鸽时,有经验的老师傅可以通过鸽子的生活状态,进行人工性别鉴定,但是其准确率也仅有70%—80%,且费时费力,严重制约了种鸽配对、蛋鸽生产以及鸽的早期选种,造成生产的极大浪费。

“遗传学上,鸽子的性别是由性染色体决定的。因此,理论上,利用基因识别技术,在实验室对鸽子性别鉴别的准确率可以达到100%。”赵庆顺告诉记者,在DNA检测的性别分析鉴定中,雌鸽的CHD基因型为W/Z,雄鸽的CHD基因型为Z/Z。

通过遗传学方法对鸽子进行性别鉴定很早就有报道,但是性别鉴定成本居高不下,一直是制约鸽子性别鉴定技术推广的关键障碍。

2013年起,赵庆顺教授和南京尧顺禹生物技术有限公司共同投入技术力量对鸽子性别鉴定技术进行研究,先后试验和比较了羽髓法、血液法和唾液的样品。他们通过对样本处理系统的优化设计和大量验证,突破了传统的采集血液、羽髓等损伤性方案,采用口腔脱落细胞的无损采样方法,有效降低了采样难度,提升了采样效率,同时有效避免了样本串扰及对鸽子的损伤,且易于进行产业化的大规模检测,同时样品鉴定结果重复性好,实验室准确率可达100%。

性别鉴定仪让新手变高手

DNA检测,这个听起来很“高大上”的实验操作,普通养殖户能否像科研人员那样熟练地上手,并得到准确的结果呢?

记者在尧顺禹公司实验室看到,检验人员用

时这种农药的残留几乎为0,大大减少了农药对环境和农产品的污染;根据他们多年的经验,病毒初次侵染时,90%以上病毒来源于菜田周围的10种阔叶杂草,因此铲除这些杂草可以大大减少病毒的量。为了便于农民掌握应用上述技术,刘勇和他的团队成员将其简化为“明白纸”,简化为一张简图。“明白纸”目前已经在多个省进行了大面积推广,取得了显著的经济、社会和生态效益。

周运斌是广西环尚农业科技有限公司云南市场负责人。他告诉记者,通过推广刘勇团队选育的“钻红5424”“米勒218”番茄抗病毒病品种以及“明白纸”,解决了部分番茄品种转色慢、转色差、产量低的问题,商品性、货架期与国外品种相比毫不逊色,适应性更是远胜洋品牌,把大宗蔬菜的种子牢牢攥在了自己手里。

今年开春一季度,大棚里一串串果子又大又实,几乎没有病果烂果,市场情况最好时能卖到每公斤7元的好价钱。几年来,云南多地的蔬菜企业和种植大户已向信科学、用科技转变,已经把国外品牌番茄品种挤出了云南蔬菜主产区。仅2021年,就在红河州推广应用3万余亩,按每亩增加1.5万元保守估计,一年可以为当地农民增收4.5亿元以上。同时,在元谋县,这几年通过应用病毒病综合防控技术,番茄种植面积也很快恢复到8万余亩。

植物病理学专家、中国工程院院士陈剑平认为,刘勇团队研发的蔬菜病毒病综合防治技术整体达到了国际先进水平,其中抗病毒病微生物农药达到了国际领先水平;部分技术被农业农村部列入主推技术,同时也受到了蔬菜种植者的广泛欢迎,在全国主要蔬菜产区获得了大规模推广应用。

目前,这项技术已在云南省昆明市晋宁区和寻甸县、楚雄市元谋县、红河州弥勒市、保山市隆阳区等蔬菜主产区大面积推广应用,累计年推广面积150万亩以上,每年为云南菜农增收50亿元以上。

针对如此多的病毒病,生物制剂对抗它们比较安全有效。例如,黄瓜绿斑嵌纹花叶病毒能够侵染种胚,因此该病毒的防治关键是将种胚上所传带的病毒杀灭,常用方法有高温(75℃左右)处理种子、化学药剂浸种、生物制剂拌种,但其中高温处理容易伤害种子,农民不易掌握,而化学药剂处理又容易造成对生态环境的污染,所以相对来说,无上述缺点的生物制剂是最安全有效的方法。

研究进展

首次发现潜在的作物高温感受器为农作物抗高温育种开辟新途径

科技日报讯(记者王春)随着全球气候变暖趋势的加剧,高温胁迫成为制约世界粮食生产安全的最为主要的胁迫因子之一。据报道,平均气温每升高1℃,会造成水稻、小麦、玉米等粮食作物3%—8%左右的减产。挖掘高温抗性基因资源、阐明高温抗性分子机制以及培育抗高温作物新品种成为当前亟待解决的问题。

中国科学院分子植物科学卓越创新中心林鸿宣研究团队和上海交通大学林尤舜研究团队合作,在研究中发现调控水稻高温抗性的新机制,这项成果不仅首次揭示了在一个控制水稻数量性状的基因位点(TT3)中存在由两个拮抗的基因(TT3.1和TT3.2)组成的遗传模块调控水稻高温抗性的新机制和叶绿体蛋白降解新机制,同时发现了第一个潜在的作物高温感受器。研究成果于6月17日在《科学》上发表。

一直以来,通过正向遗传学方法挖掘控制高温抗性的数量性状基因位点难度大,具有挑战性。研究团队经过近十年的努力,终于成功分离克隆了水稻高温抗性新基因位点TT3,并且阐明了其调控高温抗性的新机制。研究团队通过对大规模水稻遗传群体进行交换个体筛选和耐热表型鉴定,定位克隆到一个控制水稻高温抗性的基因位点TT3。为了解其生产应用价值,研究团队通过多代杂交回交方法把高温抗性强的非洲栽培稻TT3基因位点导入到亚洲栽培稻中,培育成了新的抗热品系,即近等基因系NIL-TT3CG14。

在抽穗期和灌浆期的高温处理条件下,NIL-TT3CG14的增产效果是对照品系NIL-TT3WYJ的1倍左右,同时田间高温胁迫下的小区增产达到约20%。通过转基因方法进一步验证TT3.1和TT3.2的高温抗性效果,结果表明在高温胁迫下,过量表达TT3.1或敲除TT3.2也能够带来2.5倍以上的水稻增产效果。而在正常田间条件下,它们对产量性状没有负面的影响。此外,由于TT3.1和TT3.2在多种作物中具有保守性,因此它们为作物抗高温育种提供了珍贵的基因资源,具有广泛应用前景和商业价值。

基因融合被证明是水稻新基因产生的重要机制

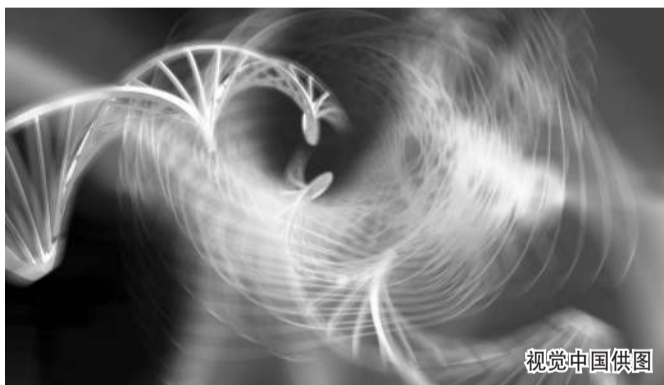
科技日报讯(记者赵汉斌)新基因是生物表型进化和物种形成的动力和源泉。记者近日从中国科学院昆明植物研究所获悉,研究人员近期研究发现,基因融合是水稻及其近缘种新基因产生的重要机制,这意味着新基因研究取得了又一项重要进展。相关研究结果发表在著名国际期刊《基因组生物学》上。

“由两个或两个以上基因形成的融合基因,不仅可以绕过漫长而又低效的位点突变带来的有害步骤,又可以通过序列重排而将远源相关或者不相关的功能结构域进行组合,极易产生新的结构特征和新的功能,从而助推物种的适应性演化。”论文通讯作者之一、中国科学院昆明植物研究所研究员章成君介绍,基于此,由他领衔的专题攻关组自主开发了基于系统发育框架的动态鉴定融合新基因的流程。

此次研究中,章成君、周艳丽等人利用我国最主要的粮食作物中稻属的多个基因组数据,在最年轻的分支上选取了4个目标物种,共鉴定到310个融合基因。其中梗稻、籼稻、非洲栽培稻和短舌野生稻分别含有80、62、67和43个物种特异的基因。通过基因组重测序分析,他们发现这些物种特异基因在群体中的固定频率分别为31.8%、15.4%、21.5%和93.3%,这可能对物种的适应性演化起着至关重要的作用。

研究人员进一步以梗稻为例,分析发现约有三分之一的融合新基因与其母基因有相似的表达模式,约三分之一的融合新基因具有分化的新表达模式。用基因编辑技术CRISPR/Cas9敲除实验表明,无论表达模式分化与否,融合基因都能介导表型效应,从而影响物种的适应性。

此项工作有望在大数据时代为融合基因的研究奠定方法和理论基础,并对未来优质水稻育种产生重要影响。



视觉中国供图

“一箭双雕”调控策略

可平衡植物生长与养分适应性

科技日报讯(记者马爱平 通讯员金云翔)近日,中国农业科学院农业资源与农业区划研究所土壤植物互作创新团队发现,GARP家族转录因子RLI1编码基因通过可变剪切的“一箭双雕”调控策略来平衡植物生长与低磷养分适应性的分子生理机制,相关研究成果发表在《植物细胞》上。

据中国农业科学院农业资源与农业区划研究所研究员易可介绍,磷是作物丰产所必需的大量营养元素。目前,我国耕地土壤普遍存在总磷含量高,而作物可吸收利用有效磷含量不足的问题。农业生产中往往通过大量施用磷肥来解决,但这不仅会导致田间磷肥利用率降低,也易引起水体富营养化等环境问题。因此,如何从作物自身出发,提高作物的磷养分吸收利用效率是我国农业生产亟须解决的问题。

研究团队基于前期报道的土壤磷素调控水稻株型的重要调控因子RLI1,进一步发现RLI1基因存在可变剪切现象。RLI1的可变剪切能产生两种蛋白亚型,RLI1a(包含MYB DNA结合域)和RLI1b(包含MYB和CC结构域)。两种蛋白亚型在外界磷素养分供应充足和缺乏条件下行使着不同的功能。当土壤有效磷供应充足时,水稻大量积累RLI1a亚型蛋白并激活油菜素内酯的合成及信号转导,以促进磷养分充足条件下的高效生长。当土壤有效磷供应不足时,RLI1b亚型蛋白大量积累,其与磷素核心调控因子PHR2协同激活磷饥饿应答信号,以提升水稻从外界获取磷养分的能力,促进体内磷养分的高效周转再利用,以此来帮助水稻抵御磷胁迫。进一步的研究发现,RLI1通过可变剪切来整合磷信号、磷平衡及生长的调控机制在被子植物中都是普遍存在的。该保守机制的解析,为今后培育株型理想磷养分高效的作物提供理论依据。