生物质炭成就有机水稻碳汇"第一拍"

◎本报记者 金 凤

近日,一块位于江苏省南京市高淳区东坝街道和睦涧村的水稻田备受关注。2022年7月,高淳区与生态环境部南京环境科学研究所、南京农业大学、南京国环有机产品认证中心有限公司合作,向和睦涧村淳和水稻专业合作社的500亩有机水稻田投放了60吨生物质炭。观测数据显示,2022年11月30日至2023年11月30日,这片稻田病虫害发生率平均下降15%,土壤固碳量平均增加89%,稻田温室气体直接排放平均减少16%,净排放量平均减少51%,共产生碳汇130.67吨二氧化碳当量。

不仅如此,这些碳汇随后被一家公司以每吨75元、总价9800.25元的成交价拍下,成为全国生物质炭有机水稻产生碳汇的"第一拍"。种田人变"卖碳翁",种水稻的同时收获好空气,还能将"碳票"换成钞票。成就这片水稻田的生物质炭到底为何物?生物质炭的应用是否能为碳减排提供有力支撑?

实现碳减排的同时吸附 有机污染物

稻田是温室气体甲烷的重要排放源,我国每年稻田甲烷排放量约500万一800万吨。2022年5月,农业农村部、国家发展改革委共同印发《农业农村减排固碳实施方案》,将稻田甲烷减排行动置于十大行动之首。

生物质炭是否能为有机稻田固碳减排分忧,成为专家学者的关注点。事实证明,生物质炭的潜力不可小觑。

生物质炭是指将秸秆、树枝、菌渣等生物质废弃物,在无氧或限氧环境中,经高温热裂解所产生的富碳固态物质。南京农业大学资源与环境科学学院副教授程琨告诉科技日报记者,在无氧或限氧条件下,生物质废弃物在250℃—750℃发生热解。其碳水化合物结构崩解后,将产生生物质炭、木醋液和生物质可燃气。目前国内外生物质热解技术大致可分为三大类:一类是在小于500℃环境下的低温慢速热解,一类是在500℃—700℃的中温快速热解,一类是在700℃以上的高温闪速裂解。

"生物质炭用于农业生产能增加土壤有机质、改善土壤性质,提高土壤养分和水分保持能力,促进作物生长,提高作物产量并改善农产品品质。"南京农业大学资源与环境科学学院教授郑聚锋说,生物质炭一般呈碱性,施入土壤后可以中和土壤酸性,促使土壤中的重金属离子沉淀。同时,生物质炭还可以有效吸附土壤中的重金属,减少作物对重金属的吸收。

"我们和国内其他学术团队大量的田间试验显示,生物质炭可以显著降低我国南方镉污染稻田水稻籽粒对镉的吸收。"郑聚锋介绍,生物质炭具有较大比表面积、孔隙多,能够吸附并固定有机污染物在其表面,还能通过增强土壤中微生物的活性,提高微生物分解有机污染物的能力。因此,生物质炭施用于含有机污染物的土壤,可以有效阻控植物对有机污染物的吸收。

生物质炭除被直接施用进行土壤改良外,还可与氮、磷、钾等化学肥料按照一定比例混合后,制成生物质炭基肥,作为新型肥料在农田中广泛应用。郑聚锋曾统计过国内247个观测点的炭基肥田间试验数据,发现施加了炭基肥后,玉米、大豆、水稻、蔬菜等作物增产率达7.8%—16.8%,所有作物平均增产10.9%。

"我们团队在2017年也做过研究,发现在农田施加生物质炭基肥后,可以提升肥料的养分利用效率并降低温室气体排放。其中,氮素利用效率提升了43%,而碳排放降低了20%。"郑聚锋说。



在江苏省南京市六合区,科研人员在对生物质炭进行稻田应用示范试验。 受访者供图

在炭化装备研制等方面 已有创新成果

在国际社会,生物质炭市场呈现出勃勃生机。国际生物质炭协会和美国生物质炭协会发布的《2023年全球生物质炭报告》显示,生物质炭生产商、经销商、增值生产商和设备制造商的营收在2023年超过了6亿美元,2021—2023年间的复合年均增长率达到了97%。预计到2025年,生物质炭相关产业营收将进一步增长至33亿美元。

郑聚锋介绍,相关文献显示,生物质炭每年在全球具备的碳移除潜力可达3亿吨—20亿吨二氧化碳当量。若得到广泛应用,生物质炭在中国的固碳减排潜力可接近9000万吨二氧化碳当量。

"目前我国的生物质炭研究在炭化装备研制、生物质炭工程技术创新、气炭肥多联产技术创制等方面,已经积累了一些创新成果。"南京农业大学资源与环境科学学院副教授下荣军说,当前,在水体、土壤、大气中的污染物吸附、钝化、降解方面,国内已经研发出多种生物质炭基材料。

此外,具有缓释高效功能的炭基复合肥等绿色肥料,也可以服务于农业面源污染治理。下荣军举例,有团队将生物质炭表面改性后,让其能针对性地吸附多环芳烃等污染物,抑制氧化亚氮、氨气、甲烷的排放,从而实现农业减污降碳。也有研究团队在秸秆等原材料热解过程中,通过添加铁、锰等氧化物,让生物质炭的表面能吸附更多污染物。

畜禽粪便的科学处理与资源化利用有利于消减污染物、减少养分流失、促进规模化畜禽养殖业可持续发展。下荣军介绍,有研究显示,将生物质炭与畜禽粪便共堆肥,可以增强发酵效果,并降低氨气的排放,减少堆肥中氮素损耗。

生物质炭与农业化肥的"联姻"也展现出应用前景。 "在化肥中添加生物质炭,可以利用生物质炭的孔隙和官能团,将化肥中的养分保持在土壤中,减少养分损失,从而提升养分利用效率。"卞荣军说。

不过,在卞荣军看来,生物质炭产业化还处于技术攻坚和商业化应用开拓的关键阶段,相关生产标准尚待建

立。例如提升热解装备的连续化生产能力,以及生物质热解过程中尾气的净化,都是当前需要重点关注的问题。

程琨则认为,当前生物质炭推广仍存在使用成本过高等短板。特别是生产成本和运输成本较高,每吨生物质炭的使用成本大约在1500元以上。

针对不同原料生物质炭 特性开发专用产品

使用生物质炭是提升土壤碳汇的一条有效途径,同时生物质炭也可以把生物质废弃物综合利用起来,符合低碳、绿色、高效、循环和可持续的高质量发展理念。2019年,联合国政府间气候变化专门委员会将生物质炭土壤固碳量的计算纳入《IPCC 2006年国家温室气体清单指南2019修订版》,这为生物质炭生态效益转化为经济效益提供了契机。

在程琨看来,未来,针对不同原料生物质炭特性开发专用产品,是生物质炭产业发展的重要方向。"例如,林木类生物质炭碱性高、孔隙发达,可直接用于重金属污染农田治理。林木类、果壳类生物质炭还可以与畜禽粪污混合堆肥,通过接种有益微生物,制备土壤调理剂,用于盐碱土、连作障碍土壤治理和中低产田土壤快速改良。而秸秆类生物质炭由于养分含量高,可以和化学肥料结合制备成生物质炭基肥,部分替代化学肥料用于主要粮食作物生产。"程琨说。

生物质废弃物炭化过程中的产物,也将产生经济价值。程琨介绍,炭化过程中产生的木醋液,可以和生物质炭浸提液用于生产商品液体肥,一方面能为植物生长提供养分,另一方面可作为植物促生剂提高植物抗逆性。此外,木醋液还可用于制备醋酸、醋酸盐等化学品,在农业、养殖业、护肤美容、医疗保健等领域发挥作用。炭化过程中产生的生物质可燃气则是重要的清洁能源,可通过替代传统化石能源用于发电或供热,服务于能源安全。

"针对生物质炭化技术进行多元化产品开发,通过专业化的农业绿色低碳技术服务、碳资产管理服务,可以构建'炭基农业'新模式,服务农业新质生产力发展。"对于生物质炭的未来,程琨信心满满。

₩ 研究进展

人参完整基因组发布

科技日报讯 (记者马爱平)5月13日,记者从中国农业科学院 获悉,该院深圳农业基因组研究所农业生物转录组与代谢组创新 团队发表了国际首个人参端粒到端粒完整基因组,并解析了人参 重要活性成分三萜皂苷的形成机制。相关研究成果日前发表于国际期刊《园艺研究》。

人参被誉为"百草之王",具有重要药用价值。三萜皂苷是其主要活性成分之一,对中枢系统和心脑血管具有显著保护作用。论文通讯作者、中国农业科学院深圳农业基因组研究所研究员李伟告诉记者,人参属于遗传背景极其复杂的异源四倍体。研究团队综合应用多种测序技术,成功构建了完整性高达99.3%的人参全基因组。此外,研究人员精确鉴定了48个端粒,并预测了24个着丝粒,显著提高了人参基因组的连续性、完整性和精确度。

基于已构建的高完整性人参基因组,研究人员对人参三萜皂苷合成基因在异源四倍体形成过程中的不平衡进化进行了深入探索。研究发现,串联重复和近端重复在人参三萜皂苷的生物合成过程中扮演了至关重要的角色。同时,在人参中有一个亚基因组的基因比另一个亚基因组的基因更为活跃,存在亚基因组优势现象。

"该研究为人参的遗传研究、育种规划,筛选优质人参种质资源,以及探索三萜皂苷的生物合成路径奠定了理论基础。"李伟说。

线粒体基因组编码的 第14个蛋白质发现

科技日报讯(记者叶青 通讯员胡冰鑫)5月13日记者获悉,中国科学院广州生物医药与健康研究院研究员刘兴国课题组首次发现并证实了线粒体基因细胞色素 b(CYTB)可编码一个新的线粒体基因编码胞质翻译的蛋白 CYTB-187AA,表明CYTB-187AA在哺乳动物的早期发育中发挥重要作用。研究成果近日刊发于国际期刊《细胞·代谢》。

细胞中有许多细胞器,它们有秩序地进行生命活动,维持整个细胞运转。其中,线粒体是一种特殊的细胞器,它们有自己的DNA,这些DNA被称为线粒体基因组。

"细胞核里储存着人体重要的基因组。基因组通过转录和翻译,构建出人体最根本的生命物质。"作为论文通讯作者,刘兴国介绍,"线粒体基因组也会进行转录和翻译。线粒体很小,容纳的线粒体基因组也小,只包含37个基因。这些基因各司其职,过去我们认为,其中有13个基因可以编码蛋白质。"

线粒体基因组编码区是否可以使用细胞质标准遗传密码编码新的蛋白质?课题组选取唯一的呼吸链复合物Ⅲ的线粒体编码基因 CYTB 作为研究对象。他们发现,CYTB除了在线粒体中编码细胞色素 b 之外,还可以利用胞质密码子,编码一个新的线粒体基因组编码胞质翻译的蛋白 CYTB-187AA。这个蛋白质定位到线粒体,通过与 SLC25A3 蛋白相互作用,能够调节能量的产生,参与个体早期发育过程

为了验证其线粒体基因组来源,研究人员比较了线粒体基因组缺失细胞和野生型细胞,发现 CYTB-187AA 仅在后者表达。"我们在敲降 CYTB-187AA 的小鼠模型中,发现 CY-TB-187AA 的减少会减少卵泡数量,从而损害雌性小鼠的生育

该研究改写了教科书中"线粒体基因组编码13个蛋白质"的论断,发现CYTB基因可以使用胞质核糖体的标准遗传密码编码第14个全新蛋白质。

开启微生物"生命暗物质"合成开关

◎本报记者 罗云鹏
通 讯 员 朱诗颖

微生物具有合成多种天然产物的能力。但在微生物合成天然产物时,大量合成基因仍处于沉默状态,限制了更多新天然产物的合成,这些产物被称为微生物"生命暗物质"。

近日,中国科学院深圳先进技术研究院合成生物学研究所研究员罗小舟与美国加州大学伯克利分校教授杰·基斯林、深圳湾实验室化学生物学研究所研究员唐啸宇,联合在《自然·代谢》发表最新研究成果。研究团队利用泛基因组分析技术,在

链霉菌属中鉴定了597个基因。他们发现了一个关键途径,能显著提升链霉菌的天然产物产量,并产生具有药物潜力的新化合物。这一成果对开发新型抗生素及提高天然产物产量具有重要意义。

中国科学院院士邓子新评价:"这项成果不仅激发了我们重启微生物天然产物'暗物质'生物合成的兴趣,也为合成生物学在药物研发等领域的应用提供了新策略。"

开发改造"细胞工厂"的新方法

放线菌是用于生产抗生素的主要微生 物之一。作为放线菌门类中最典型的一



类,链霉菌是已知生物合成基因簇最丰富的微生物之一。因此,链霉菌也被称为"细胞工厂"。

"为了在自然环境中生存,链霉菌可以进化出大量次级代谢基因,以基因簇形式生产各种生物活性物质,来抵抗外敌和抑制竞争者。"中国科学院深圳先进技术研究院合成生物学研究所助理研究员王欣然介绍,相比其他微生物,链霉菌中的次级代谢基因簇更多,不同菌株间能力差异也很大。

在研究团队看来,如果能找到产生生物活性物质能力有差异的链霉菌菌株,并研究哪些基因可能与活性物质的高产共同进化,就有望找到改造链霉菌促进产物合成、激活沉默基因簇的新方法,进而揭秘微生物"生命暗物质"。

然而,与大肠杆菌、酵母菌等微生物相比,放线菌的遗传改造技术并不成熟。目前,该领域研究主要集中在对单个菌株的遗传物质、生活环境和代谢物质等进行调控,鲜有通用策略来提高不同天然产物产量。

为此,罗小舟团队花了将近4年时间,利用泛基因组分析技术,系统分析整个链霉菌属基因组,跳过了对放线菌单个菌株的研究,聚焦种群规律,建立了囊括20余种不同放线菌菌株的公共操作平台,通过"自下而上"的方式开发了普适性的改造方法。罗小舟说,这一方法节省了传统基于机理研究所耗费的时间与人力成本,为开发适用于多种植物和微生物的天然产物生产改造技术提供了新思路,并加快了探索天然产物合成未知领域的进程。

找到提升天然产物产量关键途径

研究团队利用泛基因组分析技术,鉴定了链霉菌中与聚酮化合物基因簇共同进化的597个基因,并发现其中合成辅酶吡咯喹啉醌(PQQ)的基因簇,在链霉菌合成天然产物的过程中发挥了关键作用。通过与上海交通大学教授白林泉、华中科技大学教授孙宇辉合作,研究人员在链霉菌菌株和工业放线菌菌株中引入PQQ的生物合成途径后发现,至少有16385种代谢产物的产量显著提高。其中,庆大霉素、安丝菌素等36种已知天然产物,有望用于制备菌剂、抗真菌剂和抗癌剂等。

值得一提的是,研究团队还观察到有新的代谢产物产生,其中一些具有潜在抗生素活性和临床感染菌株活性。"这证实了引入PQQ的生物合成途径使得链霉菌中一些沉默的基因簇被唤醒,激活了链霉菌中未被发现的潜在代谢途径,为新型抗生素等药物的开发提供了重要线索。"罗小舟说。此外,研究通过深入的蛋白质组和代谢组分析发现,引入PQQ的生物合成途径增强了链霉菌合成多种天然产物的效率。

"未来,我们将利用合成生物研究重大科技基础设施,对链霉菌中已发现的597个基因进行自动化分析,并随着更多基因功能表征,深入研究各个基因对天然产物的增产和激活机理等。"罗小舟介绍,团队将持续推进菌株的开发改造工作,探索链霉菌在生产抗生素和天然产物等方面的产业应用。

杀虫剂滥用 会在果蝇基因上"留痕"

科技日报讯(记者张佳星)随着模型和算法的进步,群体基因组学能够对同一物种的不同群体开展更精细的比对研究。5月13日记者获悉,北京大学研究团队在一项覆盖全球范围黑腹果蝇的上千个基因组的队列研究中发现,除了抗饥饿、耐热等自然因素相关的基因变化会反映在黑腹果蝇群体进化过程中,人类活动产生的影响,如杀虫剂滥用等也会在其基因上"留痕"。相关研究成果日前发表于《科学·进展》杂志。

"要了解一个物种群体基因组变化的'全景图',需要尽可能多地获得不同分支的样本。"论文通讯作者、北京大学生命科学学院教授陆剑告诉记者,研究团队依据地理分布规律,在全国选取了52个采样地点。

果蝇是重要的模式动物。此前美国和欧洲均开展了果蝇群体基因组学研究,以探索其演化历史和环境适应机制。但这些研究主要聚焦非洲、美洲和欧洲果蝇群体,对亚洲果蝇群体涉及较少。

此次研究在获得中国各地292个黑腹果蝇基因组的基础上,整合了国外已发表数据,建立了覆盖全球包含1356个基因组的队列研究。中国科学院动物研究所研究员张勇认为,该研究弥补了黑腹果蝇群体基因组学研究在亚洲地区的不足,勾勒了黑腹果蝇演化历史和环境适应的全球蓝图。

基于扎实的基因组学数据和海量生物信息数据分析,团队重建了黑腹果蝇的扩散历史,鉴定了不同群体中的正选择基因。"我们鉴定出数百个'受选择'基因,包括氧化应激、盐胁迫等相关基因,它们的变化反映着物竞天择的规律。"陆剑解释,这些"受选择"基因中,信号最强的与杀虫剂代谢相关,这意味着杀虫剂的使用对于物种进化的影响权重变得非常大。

在群体箱实验中,团队对来自中国野外200个品系的2000只 雄果蝇进行了杀虫剂抗性验证。结果进一步表明,基因变化与杀虫剂滥用存在关联。

"人类活动对于其他生物的影响远比我们看到的要大、要深。"陆剑说,这项研究成果为生态监测提供了新思路。未来,在生态修复工作中,黑腹果蝇或可作为杀虫剂滥用的生态指示种。