

用基因“钥匙”开启玉米铁含量之“门”

——“农业生物技术新突破”系列报道之二

◎本报记者 马爱平

资料显示,全球约有20亿人处在微量元素缺乏的“隐性饥饿”之中,超过25亿人受到缺铁性贫血的困扰。在中国,贫血患者超过7亿人,其中有一半的人为缺铁性贫血。

为应对微量元素缺乏造成的“隐性饥饿”问题,中国农业科学院作物科学研究所作物分子育种技术和应用创新团队联合河南农业大学团队,鉴定出调控铁元素进入玉米籽粒的关键基因ZmNAC78,并首次解析了该基因和铁离子转运蛋白共同组成一个分子开关,控制铁元素进入玉米籽粒的分子机制。这一研究不仅发现了新基因,也为培育高产且富铁的玉米新品种提供了理论与技术支持。相关研究成果日前发表在《科学》杂志上,并入选中国农业科学院发布的《2024中国农业科学重大进展》。

“利用该基因,我们让玉米籽粒中的铁含量显著提高到每公斤70.5毫克,超出现有玉米籽粒平均含铁量2倍。同时,利用开发的分子标记,我们培育出籽粒富铁的玉米新品系。”论文通讯作者、中国农业科学院作物科学研究所研究员李文学在接受科技日报记者采访时说。

铁含量与产量负相关

铁是人体中含量最高的微量元素,也是人体必需的微量元素,承担着合成血红蛋白、肌红蛋白等功能。它是人体中多种酶的组成部分,也是心、肝、肾等器官正常运转的关键元素。铁如此重要,但在人类社会中,缺铁却是最普遍的问题之一。

“全球大约有三分之一的人受到缺铁引起的贫血病困扰,我国缺铁性贫血的发病率为10%。虽然依靠服用补铁剂等手段可以改善人的铁营养状况,但是成本较高且可能带来副作用。”中国农业科学院副院长曹永生说,“如果能将粮食作物的籽粒含铁量提高,将有助于低成本地改善大范围人群的铁营养状况。”

玉米作为全球广泛种植的重要粮食作



物,营养价值丰富,但在铁元素含量方面却一直表现平平。一般情况下,每100克玉米中的铁含量大约在0.3毫克到1.0毫克之间。这个数值与人们熟知的一些高铁含量食物差距明显,如每100克黄豆中的铁含量可达7毫克左右,每100克水稻中的铁含量大约在1.1毫克。

“玉米籽粒铁含量一般与产量呈负相关,这极大限制了培育既高产又富铁的玉米新品种。自2004年国际农业研究磋商组织设立‘生物强化挑战项目’以来,相关团队在富铁水稻研究方面已经取得了较大的进展。”李文学说,但由于玉米籽粒结构不同,铁等微量元素进入其中需要通过基底胚乳传递细胞传递,其生物学路径一直是植物营养领域悬而未决的问题。

锁定铁调控关键基因

在研究过程中,研究人员利用273份玉米自交系基因组数据,并结合6份极端材料转录组数据,成功锁定一个参与调控玉米籽粒铁含量的候选基因ZmNAC78。该基因在玉米授粉后16到24天的胚乳中高表达,这也是营养物质在玉米籽粒中快速积累的时期。

“该基因过表达时,玉米籽粒含铁量可

达到每公斤70.5毫克,显著高于‘生物强化挑战项目’为玉米设定的玉米籽粒铁含量每公斤60毫克的目标。”李文学说。

研究人员进一步解析了铁元素进入玉米籽粒的分子路径。实验显示,该基因在玉米营养物质进入子代的唯一界面——玉米籽粒基底胚乳传递细胞中优势表达,能够直接激活3个铁离子转运蛋白。

实验证明,3个铁离子转运蛋白均在胚乳发育早期高表达,且这3个铁离子转运蛋白也在基底胚乳传递细胞中表达,与基因ZmNAC78表达时间、空间位置一致。

“基因功能缺失突变体实验显示,这些铁离子转运蛋白在铁元素进入玉米籽粒路径中起到重要作用。在基底胚乳传递细胞中,基因ZmNAC78和铁离子转运蛋白共同组成一个分子开关控制铁元素进入玉米籽粒的转运通路。”李文学说。

这一系列发现,为培育富铁玉米奠定了坚实的理论基础。

一个关键基因的发现,意味着未来可能有更多富铁玉米的出现。“这是‘从0到1’的进步。”李文学说。该研究在揭开铁进入玉米籽粒的生物学路径的同时,也为解析微量元素如何进入小麦等具有传递细胞的不谷类作物提供了新思路。

促进全球人口营养提升

为探索基因ZmNAC78在现代育种上的应用,研究人员利用该基因开发的分子标记辅助选择籽粒铁含量不同的玉米品种,并将选育出的玉米自交系分为籽粒铁含量高的单倍型1和籽粒铁含量低的单倍型2。此后,研

视觉中国供图

我国科学家解析了铁元素进入玉米籽粒的分子机制,为培育高产且富铁的玉米新品种提供了理论与技术支持。

视觉中国供图

究团队将选育的3个单倍型1品种、2个单倍型2品种和对照品种郑单958在黄淮海地区和西南地区进行试验种植。

试验发现,基因ZmNAC78是在不降低产量的情况下增强玉米铁元素的有利基因资源。此外,研究发现选育的3个单倍型1品种的籽粒铁含量比单倍型2品种平均高出25.82%—33.91%,并且所选育的品种籽粒含铁量都显著高于国内杂交玉米品种每公斤18.5毫克的籽粒平均铁含量。

“这是一项重大科学前沿工作,同时又非常有实际用处。不光能解决中国的民生问题,也能解决世界性民生问题。”著名生物学家、美国国家科学院院士邓兴旺说。

华南农业大学教授储成才表示,在我国,作物对铁的吸收受土壤酸碱度的影响很大,而这个新成果,在偏碱性的土地上仍能有效提高作物铁含量,将来有望应用于国内盐碱地等边际土地。同时,新成果应用于非洲等土壤贫瘠地区,增加玉米甚至其他禾本科植物的铁含量,对中国乃至全球人口营养补充都有非常重要的意义。

对于发展中国家,尤其是那些以玉米为主食且面临营养不良问题的地区而言,富铁玉米的推广种植将是改善民众营养状况的一剂良方。通过日常饮食增加铁元素的摄入,能够有效预防和缓解缺铁性贫血等疾病,提高民众的身体素质,尤其是对儿童的身体和心智发育有着不可估量的积极作用。

“我国农业科研工作者,既要解决重大科学问题,也要解决重大产业问题。产量虽是首要问题,但营养、品质、抗性、养分高效利用等农业可持续发展要素同样不可忽视,这都是利用基因育种的研究方向。”中国工程院院士万建民表示,此项成果或可有效解决产业需求,意义重大。

新方法精准预测家牛杂交育种优势

科技日报(记者赵汉斌)记者3月10日从中国科学院昆明动物研究所获悉,中国科学院院士张亚平团队日前联合国内外畜牧研究团队,在家牛杂交育种领域取得重要突破。研究团队揭示了家牛杂交群体中线粒体DNA与核基因组的相互作用规律,并提出了基于核质互作的杂种优势预测新方法。相关研究成果日前发表在国际学术期刊《分子生物学与进化》上。

杂交育种是农业生产中提升生产性能、保障粮食安全的关键技术。通过引入

遗传关系较远的亲本进行杂交,杂交后代往往能够表现出优于亲本的生产性能。这种现象被称为杂种优势。然而,杂种优势的遗传机制复杂,预测难度大,一直是制约杂交育种技术发展的瓶颈。此外,杂交育种过程中还可能产生繁殖力下降、生长发育受阻等问题,这些问题通常与线粒体和细胞核之间的不兼容有关。

线粒体DNA与核基因组遵循不同的遗传模式,它们之间的相互作用对维持线粒体功能至关重要。远缘物种杂交可能导致

致线粒体DNA与核基因组之间的不匹配,进而影响线粒体功能,产生杂交劣势。因此,如何协调杂交后代的线粒体DNA与核基因组的匹配问题,一直是进化生物学研究的热点。

研究团队以家牛杂交育种中常用的普通牛和瘤牛为研究对象,分析了近1000份家牛基因组数据。研究发现,在非洲杂家牛群体中,线粒体DNA全部来自普通牛,而核基因组主要来自瘤牛,表现出明显的线粒体DNA与核基因组不匹配现象。

研究结果显示,选择作用不断清除非洲家牛核基因组中的普通牛组分,增加了线粒体DNA与核基因组之间的不匹配程度,减弱核质互作。同时,选择作用通过富集瘤牛组分,影响线粒体相关的基因表达,提升线粒体拷贝数,改善线粒体功能,缓解和补偿了核质互作。这一发现揭示了核质互作进化中的新型核基因补偿机制,并表明线粒体DNA拷贝数可以作为预测杂交优势或劣势的新型分子标记,有望推动杂交育种技术进一步发展。

甘露醇需求增长,制备方法如何应变

◎洪恒飞 陈曼姣 本报记者 江耘

D-甘露醇(以下简称“甘露醇”)临床上常被用于降低眼内压、治疗脑水肿、促进药物和毒物排泄,具有抗氧化保护、调节渗透压和不可代谢等特性。这种常态下呈白色或无色结晶粉末状的有机化合物,可作为药物配方剂、食品添加剂、特种化学品,已广泛应用于功能性食品和制药行业。

目前,全球每年消耗约15万吨甘露醇。近年来,作为功能性糖醇和低热量甜味剂,甘露醇的需求持续增长,推动生产端改进工艺,提升制备效率。“工业绿色低碳转型是大势所趋,生物法合成甘露醇的生产工艺正受到更多关注。”浙江华康药业股份有限公司首席科学家李勉告诉记者。

不久前,李勉团队联合中国科学院院士、浙江工业大学教授郑裕国团队在《生物工程学报》发表论文,对现有微生物法制备甘露醇的方法进行了总结。论文指出,通过对工程菌株的开发、发酵和催化工艺调控策略的深入研究,微生物法有望进一步降低工艺成本,扩大应用范围,让甘露醇生产更经济、更环保。

发酵法:高产菌株、发酵工艺是关键

甘露醇存在于植物、地衣、藻类、真菌

和细菌中。出于经济成本考虑,目前市场上销售的甘露醇主要通过化学加氢合成法生产。

郑裕国团队成员、浙江工业大学教授柳志强介绍,化学加氢合成法工艺可靠、原料利用率高,不受地理和季节限制,成本较低,但是副产物山梨醇伴生比例高,甘露醇收率低。由于甘露醇是在高温高压的环境下制备,还可能存在安全风险。

相比化学加氢合成甘露醇,微生物发酵法具有专一性强、转化率高、副产物少、条件温和、原料来源广泛、产物易于分离等特点。

已有研究表明,人工定向选育的优良微生物菌种可将葡萄糖、果糖、蔗糖、甘油等不同底物直接发酵转化为甘露醇,进一步分离精制发酵液可获得甘露醇成品。

“高产菌株和发酵工艺是发酵生产甘露醇的关键。几种异型发酵乳酸菌和木糖假丝酵母是目前研究较多、发酵工艺最成熟的具有商业化生产潜力的菌种。”李勉说。

记者了解到,尽管异型发酵乳酸菌具有较高产量,但发酵时间较长,且发酵过程需添加富含多种营养的辅料,导致培养基成本较高。此外,在异型发酵乳酸菌的发酵过程中,副产物有机酸易积累,增加了产物分离难度,因此在发酵过

程中对反应物pH值的精确调控尤为重要。木糖假丝酵母发酵时间通常较异型发酵乳酸菌更长,时空产率相对较低,且发酵过程中甘露醇易被转化,因此需要精确控制温度和pH值,以确保较高的时空产率。

李勉介绍,随着合成生物学技术的发展,未来科学家们有望设计开发新型高效的基因表达调控元件,构建经济高效的甘露醇微生物“细胞工厂”,从而在提高甘露醇产量的同时降低发酵成本。然而,这项工作具有较大的不确定性,且耗时较长,目前降低成本的难度依然较高。

催化法:挖掘高活性酶并实现辅因子再生

除了微生物发酵法,微生物催化法也是甘露醇主要的生物合成方法之一。其中,酶催化方法主要采用多酶偶联反应策略,通过多个连续反应模块直接将淀粉逐步分解成葡萄糖,并以其为底物通过酶催化法生成甘露醇。

酶是一种具有特异性的高效生物催化剂,绝大多数酶是活细胞产生的蛋白质。多数酶催化过程中,需要辅因子的参与。辅因子价格昂贵,在催化过程中属于消耗物。为确保催化的稳定性和效率,科研人员开发了一系列辅因子再生

策略。

“在甘露醇脱氢酶催化下,D-果糖可直接转化为甘露醇,该过程就需要辅因子NADH或NADPH的参与。”郑裕国团队成员、浙江工业大学青年骨干教师黎雪说,微生物催化法中,纯酶催化反应对条件要求较高,不适用于大规模生产。相比之下,全细胞催化法反应条件温和、对环境要求不苛刻、产率高、副产物少,是目前较为理想的甘露醇制备方法。

所谓全细胞催化法,是指在微生物细胞的作用下,将某种底物转化成特定产物的过程。相比纯酶催化反应,全细胞催化法可以利用细胞内的辅因子和其他酶与主反应耦合,降低催化剂的成本并且提高生物催化的效率。

“全细胞催化法若想大规模应用,仍需克服辅因子再生难、反应耗时长等问题。”李勉介绍,要解决反应耗时长的问题,就需要挖掘催化活性更高的酶,优化工程菌的表达系统,以提高酶的表达量和催化效率。

李勉说,总体来看,微生物发酵法和微生物催化法各有优劣。相比较而言,微生物发酵法的操作可能更简单。但是微生物发酵法生产甘露醇需要高性能的底盘细胞和精确的条件控制,而微生物催化法如果工程菌设计得当,其效率和产率相较于微生物发酵法有较大的优势。

研究进展

黄籽油菜高油积累“密码”揭示

科技日报(记者俞慧友)记者3月10日从湖南农业大学获悉,该校农学院教授刘忠松团队联合国内外相关单位,历经20余年攻关,从分子水平揭示了黄籽油菜高油积累的“底层逻辑”,并根据基因演变过程阐明了我国西南地区是这类油菜的单一起源。相关成果日前在线发表在国际学术期刊《美国科学院院报》上。

油菜种子颜色多为黑色或褐色,但芥菜型油菜、白菜型油菜和埃塞俄比亚芥中却存在自然变异的黄色种子,即黄籽。由于黄籽油菜的含油量显著高于黑籽或褐籽油菜,因此黄籽油菜已成为全球油菜育种的重要研究方向。但长期以来,业界尚不完全清楚黄籽油菜形成的分子机制及其高含油量的原因,也不清楚黄籽油菜的起源地和时间。

刘忠松团队对此展开了长达二十余年的研究。他们对芥菜型油菜地方品种四川黄籽、紫叶芥进行了全基因组T2T组装,并对包含芥菜型油菜在内的480份芥菜种质进行了重测序。在此基础上,团队通过全基因组关联分析和连锁作图,图位克隆出了芥菜型油菜黄籽调控基因TT8s,并证实该基因突变是导致黄籽油菜种皮不积累原花色素、种皮透明、种子呈现黄色胚的重要原因。

团队对全球1000余份种质的基因TT8s进行了变异分析,发现有14种不同变异类型。通过计算不同变异类型的出现时间,并结合其地理分布,他们进一步阐明了芥菜型黄籽油菜在大约2300年前起源于中国西南地区。

此外,团队还在多环境中种植了重测序的芥菜种质,测定它们的含油量、粒重和皮壳率等性状。通过全基因组关联分析,他们发现了另一个基因STKs,并证实它与基因TT8s协同调控了黄籽油菜的种子颜色、低皮壳率和高油分积累,进一步揭示了黄籽油菜高油积累的分子基础。

“种植一亩黄籽油菜,比种植黑籽油菜能多产油10—20公斤,对保障我国食用油安全具有重要意义。我们的研究发现有望为黄籽油菜新品种选育提供新的策略和基因资源。”团队成员、湖南农业大学教授钱文说。

青藏高原发现大批真菌新物种

科技日报(记者杨宇航)记者3月10日从西藏自治区科技厅获悉,西藏自治区高原生物研究所与西藏自治区真菌重点实验室的大型真菌资源分类及利用研究团队发现了大批新物种。相关研究成果日前发表于学术期刊《真菌界》(真菌领域)。

青藏高原独特的气候条件和地理环境孕育了丰富多样的大型真菌资源。为揭开这一神秘资源的面纱,研究团队多次联合科考,成功采集了3361份珍贵标本,收集了一批野生菌株。

科研人员通过观察标本的外部特征,并结合真菌DNA条形码技术和分子系统发育分析,对标本进行深度剖析。鉴定结果显示,超过95%的标本被精准鉴定至属水平,确定了879个物种,包括已发表的19个新种和12个中国新记录种。这些新种和新记录种丰富了我国大型真菌物种库,成为揭示青藏高原生态系统奥秘的重要窗口。

据介绍,在高原生态系统中,大型真菌承担着分解者和共生者等关键角色,对物质循环、能量流动及生态系统平衡具有不可替代的作用。此外,科研团队还成功攻克喜马拉雅山菇的人工驯化难题,建立起完善的种质优化与规模化种植技术体系。这项成果已在日喀则市聂拉木县、山南市隆子县等地推广应用,不仅丰富了当地的菜篮子,还推动了食用菌产业的发展。



图为青藏高原的黄盖小脆柄菇。受访单位供图

我国最大的新疆耐盐碱微生物资源库创建

科技日报(记者孙越)记者3月10日从河南农业大学获悉,该校联合新疆农业科学院微生物应用研究所团队依托新疆重点研发项目,创建了我国最大的、拥有完全知识产权的新疆耐盐碱微生物资源库,并建立了相应的资源信息库和查询系统。

新疆是我国盐碱地类型最多、分布面积最广、积盐情况最为严重的地区,有着“世界盐碱土博物馆”之称。盐碱地是我国耕地扩容、提质、增效的重要战略后备资源。微生物改良法作为一种生态友好、可持续的改良方式,正逐步成为盐碱地治理的有效手段。新疆独特的地理、气候与生态条件,孕育了丰富且独特的微生物区系。

研究团队从南北疆采集样品2000余份,分离、鉴定、保藏了微生物资源2万余份,涵盖112个科、282个属、2264个种,创建了我国最大的新疆耐盐碱微生物资源库。通过对这些微生物进行分子鉴定及耐盐碱、抗盐碱、作物促生、抗病害等性能研究,为盐碱地改良微生物肥料的研发打下了基础,将有效促进对新疆盐碱地微生物生态的了解及盐碱地治理。利用资源库,科研工作者可以检索目标微生物物种的信息,从而促进菌株研究的合作与交流。

基于资源库,团队成员以棉花、玉米、花生、番茄等作物为应用对象,开发了具有耐盐碱、促生、抗病害等功能的微生物制剂。截至目前,依托资源库,团队申请专利18项、软件著作权3项,建立了国际领先的微生物筛选与鉴定平台。

“下一步,我们将扩大耐盐碱微生物资源的挖掘范围,将采样范围扩大至宁夏、内蒙古以及我国东部地区。团队也将加强微生物资源的功能鉴定、安全评价、稳定性保持、有益代谢物分析和产业化应用等工作,确保科研向生产力的转化。”团队带头人梁振普说,耐盐碱微生物资源库的建立,将有力推动新疆盐碱地的改良,对扩大可耕地面积和生态保护具有重要意义。