

农科视野

张勤、张沅领衔的科研团队首次提出中国荷斯坦牛综合遗传评估的基因组性能指数(GCPI),研发了以基因组选择为核心的综合性分子育种方案,并在全国实施。

基因组选择分子育种技术:

一头种公牛诞生的背后

■本报记者 王方

针对我国奶牛育种的落后状况、我国奶业由数量增长型向质量效益型转型的迫切需求,瞄准现代动物基因组学技术的发展趋势及其在奶牛育种中的巨大应用价值,历时19年,对奶牛基因组选择分子育种技术体系开展了系统全面的研究……

近年来,获得北京市科学技术奖2项,国家授权发明专利15项、软件著作权14项,发表学术论文103余篇,其中SCI收录68篇。整体技术水平达到国际先进,部分达到国际领先水平。

这就是中国农业大学动物科技学院教授张勤、张沅及其团队。2017年1月9日,团队成果“中国荷斯坦牛基因组选择分子育种技术体系的建立与应用”获得了2016年度国家科学技术进步奖二等奖。近日,《中国科学报》记者对团队进行了专访。

选育优秀种公牛是关键

奶业是农业乃至国民经济的重要组成部分。荷斯坦牛是世界范围内的主要奶牛品种,作为奶业生产的主要贡献者,荷斯坦牛的培育历史十分悠久,且足迹已遍布世界多国。

“不同国家对荷斯坦牛的育种目标侧重点不同。北美侧重单产高,欧洲侧重乳脂、乳蛋白含量高,有的地区希望奶牛抗病性好,还有的地区希望乳肉兼用。”项目主持人、中国农业大学动物科技学院教授张勤告诉记者,各国培育出了各具本土特色的荷斯坦牛。

新中国成立以后,我国奶业得到了快速发展。经过多年持续选育,培育了我国自己的奶牛品种——中国荷斯坦牛,在目前我国饲养的近1400万头奶牛中,80%以上属中国荷斯坦牛。

尽管中国荷斯坦牛品种有了较大改进,但与发达国家相比,仍有很大差距。“就产量而言,2010年美国、加拿大等国的奶牛单产9000~10000千克,我国平均单产4500千克,其中北京、上海等地单产约7500千克。”张勤说。

国际业界公认,遗传育种对奶牛生产水平的贡献率在50%以上。“我国奶业生产水平与发达国家有较大差距,根本原因是我国奶牛群体的遗传水平低,依靠传统的育种技术难以改变这种状况。”项目主要完成者之一、中国农业大学动物科技学院教授张沅表示。

中国荷斯坦牛群体遗传改良效率不高,自主选育优秀种公牛的能力不强,对引进国外种公牛有较大的依赖性。目前的育种工作主要是在现有的优良品种中系统地开展选育工作,实现群体的持续遗传改良。

而在以人工授精为主导技术的奶牛繁育体系中,一头种公牛每年可承担一万头以上母牛的配种,可以说,选育优秀种公牛是奶牛育种的核心工作。

在传统的奶牛育种中,优秀种公牛需要经过后裔测定进行选择,尽管其选择准确性高,但这种方法的弊端在于选择周期长、育种



成本高、效率较低。

“判断一头青年公牛是否可以作为种公牛,要看它女儿的产奶成绩。需要先配种,等后代母牛出生,再等它长大、配种、产犊并进入泌乳期,观测其产奶情况,如此一来大约需要5~6年时间。”张勤说道,青年公牛闲置饲养五六年,成本高,效率低下,越来越不适应日益发展的产业需求。

基因组选择技术是核心

通过育种实现群体遗传改良是提高奶业生产水平和效率的关键。以基因组选择为核心的分子育种技术则为之提供了机遇。

21世纪以来,基于基因组高密度标记信息的基因组选择技术(GS)成为动物育种领域的研究热点。张勤表示,利用该技术,可实现青年公牛早期准确选择,而不必通过后裔测定,从而大幅度缩短世代间隔,加快群体遗传改良,并显著降低育种成本。

自2009年始,欧美主要发达国家就将基因组选择技术全面应用于奶牛育种中。国内也在相当时间里开展了这项工作。

张勤、张沅领衔的科研团队系统开展了奶牛基因组选择分子育种技术研究,取得了一系列重要创新性研究成果,建立了完善的技术体系,并大规模产业化应用。

该团队创建了具有自主知识产权的中国荷斯坦牛基因组选择技术平台,提升了我国奶牛遗传评估的整体技术水平。构建了我国唯一奶牛基因组选择参考群体,该群体由6000头母牛和400头验证公牛组成,对每头牛测定了高密度SNP标记基因型和产奶、健康、体型、繁殖等34个性状的表现;研发了TA-BLUP、BayesTC π 等基因组育种预测新方法,以及利用低密度芯片进行基因组育种预测的优化策略;开发了海量基因组

数据快速处理和基因组育种值计算平台。

发掘了一批奶牛重要经济性状功能基因,为提高基因组选择准确性提供了重要基因信息。率先在我国奶牛群体中利用高密度SNP标记进行了产奶、健康、体型和繁殖性状的大规模全基因组关联分析,并利用多种组学技术发掘了71个与这些性状显著关联的候选基因。首次在国际上报道了PTK2、EEF1D、UGDH、GPIHBP1、PDE9A、HAL、SAA2等影响产奶性状的重要功能基因,并证实了DGAT1和GHR基因对中国荷斯坦牛产奶性状具有显著遗传效应。

该团队还研发了奶牛遗传缺陷和亲子关系关系的分子鉴定技术,建立了我国荷斯坦公牛遗传缺陷及亲子关系监控体系。研发了CVM、BLAD、DUMPS、CTLN、BS等5种奶牛主要遗传缺陷的基因诊断技术和利用微卫星或SNP标记进行亲子关系的鉴定技术,完善了奶牛分子育种技术,填补了国内空白。

产业化应用效益佳

“每个国家都有自己的奶牛基因组选择参考群体。国外通行的做法是用种公牛构建参考群体,但在我国这样的公牛数量太少,不足以构建参考群体,因此,基于我国奶牛育种的实际情况,我们团队构建了以母牛为主的参考群体。”张勤告诉记者,所获得的选择准确性与大部分国家用公牛作为参考群体所获得的选择准确性相当,而且无偏性更好。目前,国外也在参照这一方式,逐渐把母牛加入其中。

项目完成者之一、中国农业大学动物科技学院教授孙东晓还记得2010年QTL-MAS国际会议上,组委会提供基因组数据,由各国科研工作者“华山论剑”,用各自的方法进行评估处理,团队研发的

TA-BLUP基因组育种值预测新方法无偏性和准确性均列第一。

张勤、张沅领衔的科研团队将基因组选择技术平台创建、奶牛重要性状功能基因挖掘、奶牛主要遗传缺陷诊断和亲子关系分子鉴定等成果进行技术集成,建立符合我国奶牛育种实际情况的、以基因组选择为核心的分子育种技术体系。该体系成为我国荷斯坦青年公牛遗传评估的唯一方法。

团队首次提出中国荷斯坦牛综合遗传评估的基因组性能指数(GCPI),研发了以基因组选择为核心的综合性分子育种方案,并在全国实施。“这一指数并不是简单的各项相加,而是综合考虑其权重大小。”张勤补充道。

基因组选择分子育种技术被农业部指定为我国荷斯坦青年公牛的遗传评估方法。自2012年起在全国所有种公牛站推广应用,四年间选择了930头优秀青年公牛在全国使用,至少可获得232.5万头优良后代母牛,大幅提高群体遗传改良速率和生产效益。

公牛选择准确性达到0.67~0.80,较常规选择技术提高了22%;公牛世代间隔由常规育种的6.25年缩短到1.75年;年遗传进展达到0.49遗传标准差,较常规选择技术提高一倍;每头母牛的年产量奶量提高225千克;成果应用以来已获经济效益13.35亿元,预计未来5年内还将产生经济效益96.12亿元。

下一步,团队希望不断扩大优化参考群体,在方法上更加完善,评估的性状也要扩大,在应用范围上更广泛。

张沅表示,在世界奶牛育种技术变革时代,抓住机遇,研发我国奶牛基因组选择分子育种技术体系,有利于增强自主培育优秀种公牛的能力,提高群体遗传改良的效率,缩小与发达国家的差距,实现我国奶业的跨越式发展。

进展

中国农科院植保所揭示水稻程序性细胞死亡新机制

本报讯日前,中国农业科学院植物保护研究所王国梁科研团队通过图位克隆方法鉴定到一个负调控水稻程序性细胞死亡的DRP类蛋白(死亡抵抗蛋白),揭示了该蛋白通过调控水稻细胞色素c从线粒体的释放而控制细胞程序性死亡发生的新机制。相关成果于1月12日在线发表在国际期刊《科学公共图书馆-病原学(PLoS Pathogens)》上。

据悉,动植物中普遍存在的程序性细胞死亡(Programmed Cell Death,PCD)是生物体自我调节细胞死亡的典型形式,在生长发育与生物或非生物胁迫过程中起重要作用。植物中假病斑突变是在没有外来病原物侵染情况下细胞自发形成的程序性细胞死亡,这种遗传学上的突变会带来抗性相关基因的诱导表达和植物对病虫害的抗性增强。对假病斑发生与形成机制进行深入研究,了解植物程序性细胞死亡分子机制、植物抗性机理与信号传导都具有重要的指导作用,同时可为选育植物抗性新材料提供分子依据与遗传材料。

本研究对在水稻组织培养过程中得到的一个水稻假病斑突变体dj-lm进行了遗传、生化和细胞生物学分析。该突变体从苗期到水稻成熟全生育期均呈假病斑表型,植株的抗病性增强,并伴有明显的活性氧簇产生。利用图位克隆方法成功克隆了控制该假病斑表型的基因Os-DRP1E,发现OsDRP1E的E409V点突变导致细胞死亡。进一步的功能分析表明,OsDRP1E的E409V突变影响其鸟苷三磷酸酶活性、线粒体定位的丢失和细胞色素c的不正常释放。

本研究首次在水稻中发现细胞色素c从线粒体释放调控程序性细胞死亡的现象,为进一步深入了解DRP类蛋白参与程序性细胞死亡分子机制与水稻抗病反应信号传导奠定了重要基础。

该研究以中国农科院植保所为第一完成单位,湖南农业大学联合培养博士研究生李智强和中国农科院植保所副研究员丁波是文章的共同第一作者,王国梁研究员与丁波副研究员为文章通讯作者,周雪平教授为文章的共同作者。该研究得到国家自然科学基金面上项目的资助。(李晨)

农业微生物菌剂增产表现优异

本报讯“生物农业联盟”日前公布了其2016年田间试验项目结果。其中,微生物菌剂增产表现优异,部分优秀微生物菌剂实现了玉米增产约12.55公斤/亩,大豆增产约7.17公斤/亩。

2017年,这一由孟山都公司和诺维信公司组建的联盟将推出两款新产品。一种为玉米微生物种衣剂,其活性成分为土壤中的一种真菌。该真菌在玉米植株的根部周围生长,帮助植株提升吸收土壤营养的效率。另一种产品则可促进土壤有益微生物的生长,帮助大豆植株的营养吸收,改善大豆植株健康状况。

“未来十年,农业微生物解决方案将成为行业主流。”诺维信集团生物农业业务副总裁Colin Bletskey表示:“我们的产品帮助农民以可持续发展的方式提高作物产量。我们不断探索植物与微生物间的作用机理,进一步推动微生物解决方案在农业领域的应用。”

孟山都公司全球蔬菜种子、种子处理解决方案及作物保护业务副总裁Juan Ferreira表示:“即使在2016年这样的作物产量记录的背景下,田间试验结果依然鼓舞人心。随着每一季田间试验的进行,我们在评估生物与环境相互作用机制方面不断积累经验,并进一步优化产品的精准定位。”

生物农业联盟微生物产品来自于自然界中天然存在的微生物,包括细菌和真菌。联盟产品有两大类:一类用于促进作物营养吸收,另一类用于作物病虫害防治。它们既可以用于玉米、大豆等大田作物,也可以用于水果、蔬菜等经济作物。微生物产品可提高作物产量,补充或者部分替代农药、化肥,减少农田中的二氧化碳释放。(丁佳)

前沿

紫花苜蓿航天诱变育种成功

本报讯(记者胡璇子 通讯员符金钟)近日,由中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所(以下简称兰州牧药所)通过神舟飞船搭载的紫花苜蓿太空试管苗试验获得成功,航天育种试验再传佳音。

2016年10月17日,我国发射的神舟十一号飞船搭载了兰州牧药所提供的紫花苜蓿太空试管苗进入太空,在轨运行33天后,试管苗成功返回地面。

据牧草航天育种课题组主持人杨红善介绍,由太空返回的试管苗,在全控人工气候条件下,经过营养补充、生长节律分析记录和适应性观察等训练过程,于12月13日移栽于种植土壤。经过两周的适应观察,试管苗相继长出三个复叶,生长状态良好,标志着此次太空试管苗搭载试验取得圆满成功,为我国苜蓿航天诱变新品种选育和航天诱变机理研究提供了宝贵的试验材料。

自2009年始,由兰州牧药所执行的牧草航天育种项目得到了中国农业科学院、甘肃科技厅等单位的连续支持,在兰州牧药所大洼山综合试验基地创建了“牧草航天育种资源圃”。先后通过神舟3号、8号、10号、11号飞船和天宫一号目标飞行器、实践十号返回式卫星等太空飞行器6次搭载



兰州牧药所供图

了8类牧草的33份种子材料,包括紫花苜蓿、燕麦、红三叶、猫尾草、羊草、中间偃麦草、黄花苜蓿和沙拐枣等,为我国牧草航天育种工程构建了重要的科研基础平台。以甘肃和宁夏的10个地区开展了苜蓿、燕麦和红三叶航天育种试验研究,成功培育出多叶性状的“航首1号紫花苜蓿”新品种,并已大面积推广应用。目前,牧草航天诱变育种研究处于常态化稳步推进之中。

南京农大植物保护学科又一研究成果在《科学》杂志发表

疫霉菌用“诱饵”击溃作物“防线”

■本报记者 王卉

1月13日,美国《科学》杂志以研究长文形式在线发表了南京农业大学教授王源超团队关于作物疫病发生机制的突破性成果。该成果揭示了病原菌攻击宿主的全新致病机制“诱饵模式”(DE-COY),为病害控制提供了重要的新方向。据悉,该期刊每期仅发表两篇长文。这是南京农业大学植物保护学院近一个月内在《科学》上发表的第二篇突破性研究成果。

该研究发现,疫霉菌在侵染植物早期向胞外分泌糖基水解酶(XEG1)攻击植物细胞壁,而植物则利用水解酶抑制剂(GIP1)抑制其活性;在进化的过程中,病原菌又获得了XEG1的失活突变体(XLP1),以“诱饵”DECOY的方式,竞争性干扰抑制剂GIP1,与XEG1协同攻击植物的抗病性。

该校植保学院博士马振川打了个比喻,“XEG1相当于疫霉菌攻击植物的常规导弹,导弹来了植物会启用自身的导弹防御系统GIP1来抑制其攻击。但有意思的是,疫霉菌会进化出‘假弹头’,即XEG1的失活突变体XLP1,这个假弹头虽然本身没有攻击性,但是它和植物抑制剂GIP1的结合能力要高出XEG1约5倍,即假弹头可以充当‘诱饵’,将作物防御系统的主要‘兵力’吸引过去,从而保护真弹头XEG1‘乘虚而入’,攻击作物导致病害发生。”

该团队在稍早的研究中还发现,植物能够利用细胞膜上的受体识别XEG1,启动基础水平的抗性,但是病原菌又可以分泌效应子到寄主胞

内干扰其抗性。由于糖基水解酶XEG1在卵菌、真菌和细菌中广泛存在,因此这一发现为开发能诱导植物广谱抗病性的生物农药提供了重要的理论基础。

作为国家杰青、教育部长江学者,农业部杰出人才、大豆体系岗位科学家,王源超在接受《中国科学报》记者采访时表示,该研究提出了病原菌致病新的概念性理论框架,在动物、植物、人类病原菌中都是第一次发现,对认识生物的协同进化和病害治理有非常重要的价值。

王源超说:“即便是肉眼看不见的病原菌在侵入宿主过程中,也上演着极其复杂和精确的‘攻击、防御、再攻击、再防御’的‘军备竞赛’,对这个过程的深入了解是发展安全高效病害控制策略的基础。”

据了解,疫霉菌引起的作物疫病曾被称为“植物瘟疫”,是农作物生产中危害非常严重的一类病害,19世纪中期曾引起欧洲的马铃薯晚疫病大流行,导致150万人饿死,几百万人逃亡美洲和澳洲,这场“爱尔兰大饥荒”被称为人类历史的转折点。目前已经发现的疫病菌有160多种,能侵染数千种植物,是全球粮食、食品和生态安全的重要威胁。

在我国,由疫霉菌引起的农作物病害每年导致的经济损失高达上百亿元。但由于这类病害具有发病快、变异快、流行快等特点,生产上的防控一直比较困难。南京农业大学的这一研究成果从全新的视角认识了这类病害危害严重的分子机理,为实现作

物疫病的可持续控制指明了新的方向。

该论文以马振川为第一作者,王源超为通讯作者。南京农业大学教授郑小波和董莎莎、美国俄勒冈州立大学教授Brett Tyler等参与了研究。

王源超向《中国科学报》记者介绍,十几年前,他们发现作物疫病在田间危害非常严重,马铃薯、大豆等作物极易感染,而病原菌很容易产生对农药的抗性。因此他们团队意识到,要开发出疫病的有效控制方法,必须深入了解病害是如何造成危害的。在2006年启动的农业部作物疫病行业科研专项的支持下,他们开展了这项研究,其间也得到了国家自然科学基金委多年的持续支持。

据了解,南京农业大学作物疫病研究团队已有30多年的发展历史,目前形成了一支包括4名国家杰青和优青,共计9名青年教师和70多名研究生的优秀科研团队。王源超表示,团队协作是该研究能够比较顺利走下去的另一个重要条件。

近年该团队承担了包括国家公益性行业专项、国家农业技术体系和国家自然科学基金等科研项目50余项,在包括《科学》《自然-遗传学》《植物细胞》等杂志上发表高水平研究论文120多篇,在作物疫病的成灾机理和病害防控技术等方面形成了一支有重要国际影响的创新团队。

《中国科学报》记者了解到,该研究成果对于开发生物农药、改良植物的抗病性都有很好的利用价值。该团队的一个小组正在尝试做下一步的开发利用,包括申请相关国内及国外专利。