

农科视野

青年科学家的“深圳基因”

■本报记者 王方

“基因组学是近年来生命科学领域发展最为前沿的学科之一，在农业科学技术进步中发挥着重要的引领作用，并将整体提升农业行业的竞争力。”中国农业科学院深圳农业基因组研究所所长(以下简称基因组所)黄三文表示。

这是一座年轻的国家级研究所，有一支年轻的科学家队伍，从事着农业基因组学的创新事业，不仅“解读”作物与动物基因组，而且已经开始“书写”基因组，为我国农业的跨越式发展贡献智慧。

从猪产业谈起

基因与农业怎么关联？基因组所青年科学家在做什么工作？不妨从六畜之首——猪谈起。

中国是世界上最大的猪肉生产和消费国。国家统计局数据显示，2017年全国生猪出栏68861万头。长期以来，在我国肉类消费结构中，猪肉一直占据着主导地位。可以说，猪产业关系着国计民生。

基因组所研究员、猪基因组设计育种创新团队首席科学家唐中林向记者介绍，“猪肉品质决定着猪产业的价值，关系着我国粮食安全、社会稳定和可持续发展。猪肉性状的改良一直是我国育种界最重要的研究课题之一”。

在基因组所，就有一群科学家，以猪等动物为主要研究对象，通过全基因组选择和基因编辑技术，对猪等重要动物进行分子设计育种和种质创新，为农业生产优良动物种质、为人类健康研究提供理想动物医学模型而努力着。

基因组所的科学家利用高通量组学技术从三维基因组学、基因组、转录组、甲基化组、蛋白组和代谢组等多元组学及其互作角度，解析动物骨骼肌等重要组织器官生长发育和经济性状形成的遗传和表观遗传机制，阐明关键基因和非编码RNA的功能，挖掘调控猪肉等重要经济性状的候选基因。

不仅如此，研究所动物基因组中心还组织了猪基因组设计育种、动物功能基因组学、农业表观基因组学三支创新团队发起了“良猪计划”。

其中，猪基因组设计育种创新团队主要研究猪肉性状形成的分子机制，通过高通量挖掘猪肉相关关键基因和非编码RNA因子，利用高密度SNP芯片对猪进行全基因组选择，培育优良优质的优良品种，并采用基因组定点编辑技术创制猪育种新材料。

动物功能基因组学创新团队主要以小鼠、猪和斑马鱼等为研究对象，构建脊椎动物的三维转录调控网络，大规模筛选并验证转录调控元件，进而应用于动物遗传育种。

农业表观基因组学创新团队则致力于猪等农业动物生长发育及环境应激过程中的表观基因组学研究。

近年来，测序技术和计算机技术的进步，为



基因组所供图

猪肉种界的发展提供了极大的便利。唐中林为此感慨道：“记得十几年前，为了验证猪的生产性能，我在屠宰场里杀了三四百头猪，还是半夜起来杀的，因为厂家一大早就得要拉走销售，不能浪费了。如今利用基因组学、云计算平台、人工智能等现代化技术手段，在猪刚出生时就能预测如母猪的繁殖能力、猪的生长速度、猪肉品质好坏等信息，不用等到它长到100公斤时，也不需要屠宰才知道了。”

那么，基因是怎样影响猪的产肉性状的？科研人员又是如何提高选择的准确性和可预见性，并加快育种速度的？

小基因 大探索

“目前，在我国生猪品种结构中占主导地位的是瘦肉型猪，其瘦肉率高、生长速度快，产业价值高，适合规模化养殖，但抗逆性差。与之相比，我国地方猪品种多，猪具有抗病性好、更耐寒或耐热等优点，所产猪肉细嫩多汁、品质好，但普遍存在瘦肉率低、生长慢、经济效益低等问题。因此，我们希望通过基因手段开发利用丰富的地方猪种质资源，改良猪肉品质，提升产业价值。”唐中林表示。

猪肉性状形成的分子机制极其复杂，受miRNA、lncRNA和circRNA等多种RNA分子及其多维网络互作调控。其中，circRNA是区别于传统线性RNA的一类新型RNA分子，具有闭合环状结构，在猪肉发育过程中扮演着举足轻重的角色。

目前，基因组所研究人员已从猪脂肪、心肌和肝等9种不同组织以及3个发育阶段的骨骼肌中，系统鉴定5934个circRNA。其中30%以上的circRNA作为miRNA的核心(sponges)对基

因表达发挥重要调控作用。进一步的功能分析表明，猪出生后0~30天，circRNA主要调控骨骼肌的生长发育和肌纤维类型转换；30~240天时，circRNA主要调控骨骼肌糖代谢和钙离子信号。

为更好地研究circRNA在猪肉发育过程中的功能，基因组所研究人员首次成功构建了circRNA-miRNA-mRNA多维调控网络和环状RNA数据库，这也是农业动物首张环状RNA的时空图谱和首个数据库。这将为猪肉发育机制研究及其他农业动物的相关研究提供重要的参考和研究基础。

长约2米的DNA是如何压缩在小小的细胞里的？折叠的同时如何保证功能正常运行？要解答这个问题，这就不得不提三维基因组学了。

“如果说基因组测序是找到一篇文章中段落和句子的位置，功能基因组学是要解析它们所表达的意思，那么三维基因组学就是要弄明白怎么通过语法、通过怎样的语法把单词拼成句子，进而组成段落和文章的。”基因组所研究员、动物功能基因组学创新团队首席科学家张玉波用一个有趣的类比向我们展示了三维基因组学在分子生物学中的重要地位。

此外，他还向记者介绍，探究基因空间结构和功能之间的关系，这在全球范围内都属于新兴学科。

张玉波长期专注于三维基因组技术研发、三维基因组转录调控网络构建及非编码DNA调控元件对基因转录调控过程的研究。他带领团队原创性地研发了高效的全基因组染色质构象技术eHi-C，克服了传统经典Hi-C建库效率低、有效数据比例量低和原位Hi-C的酶切不完全和核内连接不确定性的弊端。

三维基因组学从一个新的角度阐释猪骨骼

肌的发育机制，为猪肉种界的发展提供了新的突破点，为此，张玉波自信地说：“当你想要达到猪肉品质与生长速度的平衡，又或者想要改善猪肉口感时，都可以利用三维基因组学来设计，采用基因组定点编辑技术创制猪肉育种新材料。”

落实到人才上

以上只是基因组所开展农业基因组学研究和大数据分析的其中一项工作。基因组所建设了农业生物组学基础、基因组学与动植物育种、基因组学与动植物健康三大学科领域的18个学科方向，组建起12支多学科多层次的科研团队，并取得了一批具有国际影响力的研究成果。

秉持“以事业聚才，靠感情留人”的理念，基因组所积极吸引海内外优秀人才。基因组所副所长饶敏杰表示，自2014年研究所建立以来通过全球公开招聘引进各类人才，打造了一支多层次、专业交叉的科研队伍，现有人员近200人，平均年龄32岁。

博士后是基因组所科研的中坚力量，目前累计招收博士后45名。黄三文团队的博士后祝光涛即为其中之一。

2017年1月，祝光涛作为第一作者在国际学术期刊《科学》(Science)上发表关于番茄风味调控机制的论文；今年1月，他又以第一作者在《细胞》(Cell)上发表了研究论文，利用多重组学的大数据继续破解番茄品质性状的驯化和遗传密码。这些研究成果为番茄果实风味和营养物质的遗传调控和全基因组设计育种提供了路线图。

“深圳博士后补贴政策待遇很优厚，我可以静下心来把科研工作做得更加全面深入，无问生计。深圳发展日新月异，是一个让年轻人来了就不想走的城市；研究所科研创新氛围浓厚，非常有活力，拥有一流的导师，专家学者经常前来交流，真是一个做学问、搞研究的好平台。”祝光涛告诉记者。

研究员阮珏是农业基因组学技术研发与应用创新团队的首席科学家，其团队致力于前沿测序技术与多组学分析算法的研发和应用，在基因组组学、比较基因组学、大片段测序文库构建以及稀有低频突变检测等方向取得重要进展。

阮珏介绍，“基因组学计算量庞大，第三代基因组测序技术更甚，测完后的组装也太慢。我们的基因组组学工具让这一时间以年计迅速降至以天计，不到100个小时即可完成，极大地节约时间成本，提高科研效率，就像‘深圳速度’”。

“希望未来有更多的人加入团队。我们需要你对科研要有一定的领悟力，有志于基因组学计算及实验技术。”一位研究员为自己钟爱的研究所打起了“广告”：“若你精通生物信息，对算法开发感兴趣，具有分子生物学实验开发测序的相关技术与经验，欢迎来这片热土从事基因组学研究。”

两大“新星”提供优质“口粮”

■本报记者 张晴丹

“农业部儋州热带牧草种质资源圃”和“国家草种质资源南方备份库”，构建起了完备的牧草种质保存体系，并针对热带牧草抗旱、耐盐、耐铝等开展了抗逆性鉴定评价。

在国家牧草产业技术体系等项目的资助下，在热带牧草种质资源收集保存鉴定评价的基础上，中心就通过引种选育、选择育种、杂交育种、太空育种和转基因育种等育种手段开展了热带牧草品种选育。

柱花草具有高蛋白、耐刈割、适口性好等重要饲用价值，是热带、亚热带重要豆科牧草，目前在热带国家普遍应用于放牧草地改良及小农户栽培利用。“北有苜蓿，南有柱花草”之说足以体现柱花草在我国南方地区的重要性。

“中心选育的系列柱花草品种，亩产鲜草5000公斤左右，干草1吨左右，且营养价值高。对于家畜来说，这些柱花草品种就相当于吃的是肉。”中心副主任唐军在接受《中国科学报》记者采访时介绍。

据了解，柱花草既适宜胶园、果园间作，作

为覆盖绿肥压青和水土保持，又适作青饲料，用于草食家畜和家禽的饲养，现已成为我国热区及东南亚地区的当家豆科牧草品种。

“热研4号王草是由美洲狼尾草和象草杂交成的禾本科牧草，对于家畜来说相当于吃的是饭，产量非常高，每亩鲜草达20吨，如果水肥条件好则可达到30吨以上。”唐军说。

推广效果显著

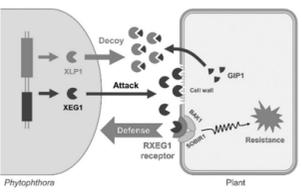
两大系列热带牧草新品种的育成，极大地满足了热区对于牧草的需求。为了让更多人受益，中心在全国各地进行了推广，并收效显著。

“热研4号王草在全国范围进行推广，从北种到黑龙江，往西到新疆，还有南方13个省区均有种植，累计推广面积1200多万亩。”唐军介绍，热研系列柱花草则累计推广800多万亩，云南、贵州、广西等南方9个省区都有种植。

2009年，热科院“热研4号王草选育及产业化推广利用”获中华农业科技奖二等奖。

前沿

南京农大揭示植物对疫病菌广谱抗性新机制



XEG1作用模式图

本报讯 植物大战病原体，谁来吹响“集结号”？南京农业大学作物疫病团队的研究者发现了这个起到关键防御作用的“一级哨兵”——RXEG1。2月9日，该团队在《自然-通讯》上发表研究论文，指出RXEG1是植物识别疫病菌的关键因子，同时揭示了植物识别病原菌入侵、激活自身免疫的新机制。

该研究通过系统分析烟草基因组中400多个编码细胞膜富含亮氨酸重复(LRR)类受体，建立了一套基于病毒诱导基因沉默技术的植物LRR类受体功能的高通量分析体系，成功鉴定到植物中识别疫病菌模式分子XEG1的受体蛋白RXEG1。随后发现，RXEG1是植物识别XEG1后产生细胞坏死及防卫反应的关键因子，激活RXEG1能够显著提高植物对疫病菌抗病性。

论文第一作者、南京农业大学植物保护学院青年教师王燕博士给记者作了个比喻，RXEG1就像战役中的“前哨”，它被激活后会第一时间吹响植物大战疫病菌的防御“集结号”，立即激发植物的抗病信号，全面启动作物对疫病菌的应急响应机制。

RXEG1能够识别不同疫病菌和真菌分泌的致病因子XEG1家族蛋白，表明这个“哨兵”具有很强的“适用性”，即作为一个免疫受体能够调节植物对不同病原菌的广谱抗性。

论文通讯作者、南京农业大学植物保护学院教授王源超告诉记者，该研究建立了一套作物免疫受体的高效精准定位体系，解决了科学家们过去“大海捞针”的技术障碍，有助于在不同作物中快速鉴定出关键免疫受体，加快对作物抗病资源的挖掘与利用，从而减少农药使用，有效提高农作物的经济和社会效应。(王方 许天颖 叶文武)

近年来，农业种植结构已由原来的粮食、经济作物二元种植结构改为粮食、经济作物、饲料作物三元结构，饲料逐渐受到重视。随着我国肉奶食品需求快速增长，国内对优质高产牧草品种的需求量也越来越大。

为满足市场需求，50年来，中国热带农业科学院作物品种资源研究所一直坚持在热带牧草品种选育的道路上。经过三代人的共同努力，成功选育出两大系列牧草品种——热研4号王草和热研系列柱花草，全国范围推广效果显著。

营养好 产量高

上世纪50年代起，中国热带农业科学院作物品种资源研究所热带牧草研究中心(以下简称中心)就开始考察我国热带牧草种质资源情况，并先后收集国内热带牧草种质12600余份，引进国外优质热带牧草资源1800余份。

在农业部、科技部等支持下，中心建立了

民为国基，谷为民命。“如何用世界8%的耕地养活世界20%的人口”一直是个世界性难题。而超级稻的出现为解决这个难题提供了可能。为充分发挥超级稻的潜力，扬州大学农学院教授霍中洋团队深耕数十年终于取得出色成果。

近日，江苏省政府公布了《省政府关于表彰第八届江苏省农业技术推广奖的决定》，以扬州大学农学院霍中洋为第一完成人的项目“超级稻大面积丰产高效栽培技术集成与推广”荣获江苏省农业技术推广奖一等奖。该项目“量身定制”了江苏超级稻的栽培技术，社会和经济效益显著。

“量身定制”说丰年

近年来，中国超级稻的出现不仅大大提高了我国水稻产量，更被视为解决未来世界性饥饿问题的“法宝”。江苏是最早进行超级稻品种认定与示范推广的省份之一，也是超级稻品种选育与示范工作成效显著的省份之一。

然而，由于江苏省内生态生产条件差异大，超级稻品种数量多、品种区域布局不明确，栽培技术不配套，超级稻大面积增产潜力未能充分发挥。

针对这些障碍问题，团队潜心钻研数十年，为江苏省超级稻增产增效制定了一系列“量身定制”的措施方案。他们明确了江苏超级稻品种生态适应性，并建立了机械化种植方式与品种区域布局，从宏观尺度上为超级稻种植方式与配套品种选用决策提供了科学依据；研明了超级稻高产形成特征与生产优势，建立了超级稻丰产高效生育诊断指标，为大面积丰产高效栽培的因苗诊断提供了新方法，提高了高产、超高产重演性。

不仅如此，团队还提出了超级稻高产吸肥特性与肥水耦合调控技术，为精准高效施肥提供了新方法，提高了肥料利用率与生产效率；系统集成适合苏北、苏中、苏南不同生态区超级稻品种和不同种植方式丰产高效栽培技术体系，提升了超级稻大面积丰产高效栽培技术水平。

近年来，以霍中洋为第一完成人的研究成

果在江苏省累计推广4018万亩，占同期水稻面积的39.1%，累计新增稻谷166.9万吨，增收节支67.0亿元，产生了显著的社会与经济效益。

真正考验在获奖后

“水稻专家来了，我心里就踏实了！”这是霍中洋团队深入各地农田开展为农服务时最常听到的一句话。霍中洋团队连续15年开展江苏超级稻配套栽培技术研究与集成推广工作。在江苏扬州、常州、南通、泰州、宿迁等数十个县市建立了稳定的试验攻关田、百亩核心区、千亩示范片与万亩辐射区，及时跟踪最新育成的超级稻品种，针对性进行品种适应性、高产形成规律与关键技术攻关、技术集成与大面积示范推广等。

他们数十年如一日，奔波于江苏省各县市，只为研究成果能在江苏超级稻增产增效中发挥更大作用。为了创新江苏超级稻栽培栽培技术推广，霍中洋提出了“套餐”式推广模式，直接面

动态

浒苔多糖研究为高值化利用提供理论依据

本报讯 近日，中国农业科学院烟草研究所李义强团队针对影响环境和生态安全的天然原料——浒苔的高值化利用途径开展研究，探索了浒苔多糖等活性物质提取技术、功能及下一步在食品医药领域产业化应用前景，初步探明了浒苔多糖在吸水、吸油、起泡等化工方面的功能活性和抗氧化、降血脂等方面的医用生物活性，为实现科技创链和产业应用链条有机融合奠定了基础。相关研究成果在线发表在国际期刊《高分子碳水化合物》上。

2008年以来，我国东海、黄海海域大型海藻浒苔绿潮暴发，严重威胁沿海渔业、旅游业发展。如何有效利用浒苔资源，变废为宝，已成为改善生态环境和海藻综合利用的重要课题。

近几年的研究发现，浒苔多糖具有多种生物活性，在保健食品、制药等行业具有良好的应用前景。团队首次采用微波辅助水热提取法快速有效地获得了浒苔多糖，明确了微波水热提取条件对多糖产率、组分的影响规律，并对浒苔多糖的功能活性进行了挖掘。

研究表明，在特定的提取条件下，浒苔多糖具有很好的吸水性、吸油性以及起泡功能，并具有一定的抗氧化及胰脂肪酶抑制作用。研究论文对浒苔多糖组分、分子量、结构性质与其功能活性之间的关系进行了讨论，为浒苔资源高值综合利用提供了理论依据。(方舍 迟立鹏)

流感病毒复制周期调控机制研究取得进展

本报讯 中国农业科学院哈尔滨兽医研究所国家禽流感参考实验室日前在宿主蛋白调控流感病毒复制周期机制研究方面取得突破性进展，进一步完善了流感病毒与宿主蛋白形成的相互作用网络，深化了对流感病毒复制周期的理解，为研制新的抗流感病毒药物提供了潜在的靶点。相关研究成果在线发表于国际病原学权威期刊《公共科学图书馆-病原体》。

流感病毒不断进化变异，对动物和人类健康构成持续威胁，随时可能引发新的动物疫情暴力和公共卫生危机。因此，需要深入研究流感病毒的致病机制，发现病毒复制过程中与之相互作用的宿主蛋白，揭示其参与病毒复制周期调控的机制，为研制新型抗流感病毒药物以及干预治疗提供理论依据。

研究人员筛选到与流感病毒NP蛋白直接互作的宿主蛋白磷酸酯酶1(PLSCR1)，发现PLSCR1通过与NP蛋白结合抑制NP和病毒核糖核蛋白复合体(vRNP)进入细胞核，延缓病毒整个复制周期，进而显著抑制流感病毒增殖。进一步研究发现，PLSCR1、NP以及输入蛋白α(Imporin α)三者之间形成三聚体，阻碍细胞核输入通路关键因子输入蛋白β(Imporin β)与Imporin α的结合，阻止流感病毒NP和vRNP复合体通过主动输入途径进入细胞核，从而抑制流感病毒复制。(方舍 李呈军)

奖；2013年，热科院“柱花草种质创新与利用”获中华农业科技奖进步奖一等奖。

唐军表示，以前，南方养殖业多以耗粮型猪禽养殖为主，少有规模化草食家畜养殖，南方肉类供应也主要是猪肉。随着优质肉羊品种的推广种植，牛、羊等养殖逐渐在南方发展起来，这在某个层面来说也是保障了粮食安全。

除了研发新的优质品种之外，中心研究团队还在研发间作牧草技术、循环农业模式、牧草间作，可同时发展养殖业，还能保持水土、增肥地力、促进树木生长、延长林果生产年限。海南、广西、云南等地已广泛运用幼林校园、椰园、柚子、柑橘园等林下种草养鸡羊模式。

“接下来，我们将在岗位科学家刘国道研究员的带领下，根据国家关于草牧业发展策略，积极开展优质资源的挖掘，培育更优质的牧草新品种，并进一步加大草畜配套及复合农业技术推广示范，促进农业提质增效，实现农民和企业增收。”唐军说。

向农村，走向田间，沉到基层。

做好产前先导式培训、产中跟踪服务与现场指导、产后信息沟通与市场销售服务工作；针对生产需求撰写出一批实用技术著作与科普读物；部分县市示范区更推出了联耕联种、首席专家指点、技术人员包点、研究生蹲点、新型经营主体建点等新型服务模式。这被很多当地种植大户称为“看得见、学得上、效果好”的推广模式。

“让先进的科学技术和管理方式得到普遍推广和应用才是我们的最终目的，未来将继续在江苏推广这些‘套餐’式服务模式，并努力推向全国！”霍中洋在获奖后告诉《中国科学报》记者。

农业部水稻专家指导组组长、长江流域稻作技术创新中心主任张洪程院士表示，在规模化、集约化生产方式下，农场主、合作社与农业企业等对科技的需求将更加强烈，超级稻大面积丰产高效栽培技术将会发挥出更显著的优势，为保证国家粮食安全，把中国人的饭碗牢牢端在自己手中，贡献一份力量。