

■大话农科

随着2020年脚步的临近,“十年禁渔”也在抓紧推行,为长江渔业资源的可持续利用创造条件。作为我国“淡水鱼类的摇篮”,长江渔业资源包含鱼类约400余种,鱼类产量占我国淡水鱼类产量的70%左右,是渔业发展的重要支撑。

长江沿岸蓬勃的经济发展和人类活动,却给渔业资源带来了巨大创伤,鱼类种群不断减少,部分鱼类甚至就此消失。科学家们意识到,对长江鱼类进行全面的“摸底”已刻不容缓。

在长江大保护的背景下,中国科学院水生生物研究所(以下简称水生所)研究员何舜平课题组与多家单位合作,利用10多年来采集到的长江鱼类样品,首次对长江流域鱼类进行了全面的多样性评估,并建立了长江鱼类条形码数据库,让长江鱼也有了“身份证”。

急需对多样性“摸底”

作为世界三大河流之一,长江源于青藏高原,同时也是亚洲第一长河,流经西藏、云南、四川和其他七个省份,全长6300多公里。“长江流域面积广阔,地形地貌复杂,根据海拔、地形和水文特征,分为上游、中游、下游和河口段,其中上游的独特环境造就了众多特有鱼类物种。”何舜平在接受《中国科学报》采访时介绍。

长江上游是我国天然的淡水鱼类种质资源基因库,鱼类种类繁多,资源丰富,共有261种,其中特有鱼类107种。在这些特有鱼类中,最多的是鲤形目种类,共93种,占特有鱼类总数的86.92%,因而其在长江上游特有鱼类中具有非常重要的地位。

“裂腹鱼、高原鳅和鮡科鱼这三大高原鱼类是上游珍稀特有鱼类的重要组成部分。”论文第一作者、水生所博士生沈彦君告诉《中国科学报》。

近几十年来,水环境污染、水利工程兴修以及过度捕捞等因素导致生物栖息地不同程度地破坏,人类对资源的开发和利用远远超过其再生能力以及环境的容纳量,使得我国淡水鱼类资源受到严重威胁,鱼类种群数量急剧下降,部分鱼类甚至濒临灭绝。

“今天还能发现的鱼类,可能明天就消失了,所以要尽快完成对长江鱼类资源多样性的“摸底”,并建立相关的物种信息数据库。”沈彦君说。

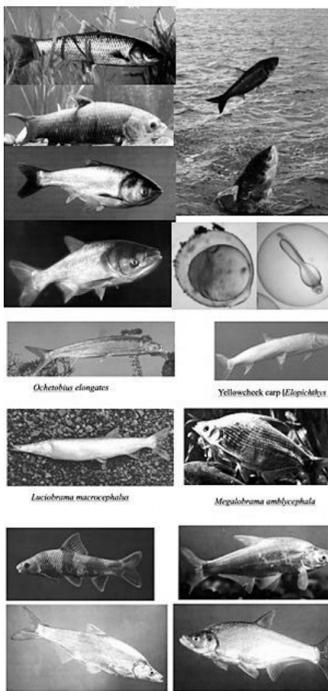
为响应国家“五位一体”建设和落实长江大保护战略,急需快速获取鱼类的基因信息,建立全面准确的基因序列数据库,这对物种多样性和遗传多样性保护至关重要。

随着科技的进步,分类方法不断完

长江鱼

有了「身份证」

■本报记者张晴丹



东亚特有的鲤科鱼类。何舜平供图

善和提高。不过,由于鱼类遗传变异性等特征,传统分类学方法在鱼类物种鉴定上相对比较困难。“长江流域鱼类资源的多样性评估需要更合理、更有效的分子鉴定体系。”何舜平表示。

因此,科研人员瞄准了一种新型物种鉴定手段——DNA条形码技术,该技术具有快速、高效、准确的优势,在食品安全、海关检疫、疾病防控、生态环境和生物多样性保护等领域扮演重要角色,得到广泛应用。

快速鉴定,提高效率

这项研究的难点在于样品的采集。十多年来,水生所一直在开展长江鱼类样品采集工作。何舜平和他的团队几乎走遍了长江流域沿岸的土地,样品采集工作尤为艰辛。

“特别是对于上游的样品采集十分困难,上游地形复杂,多峡谷、支流等,有些地方人迹罕至,特殊的气候条件和地理环境让我们经常遇到暴雨、山洪等。”

沈彦君回忆道。他们在各个地点使用各种工具捕获标本,对爬鳅等喜欢生活在激流中石头下的鱼类,科研人员往往要拿网兜在水底才能捕获。

收集到鱼类样品后,研发团队对这些样品做了DNA条形码测序。DNA条形码技术简单易操作,能够快速解决物种鉴定的“分类障碍”问题,大大提高工作效率。

DNA条形码研究的主要目的是对样本进行快速有效区分。“此次研究,我们共收集长江鱼类2830条条形码序列,涉及16目、40科、135属、238种。通过构建DNA条形码参考数据库,首次对长江流域鱼类进行了全面的分子评估,涉及的物种约为目前长江已知物种的64.2%,几乎包含大家所知的鱼类,其中30%的河口鱼类多数处在支流位置,分布窄、种类少。”何舜平说,82%的鱼类物种能够有效鉴定到物种水平。

科研人员发现,鱼类的物种分化过程与青藏高原的隆升有直接的关系,裂腹鱼、高原鳅和鮡科鱼这三大高原鱼类

复杂的形成及分化机制导致不同物种间存在共享单倍型,部分同属物种可能由于局部适应的趋同进化也存在共享单倍型,但通过条形码技术仍能够将这些物种很好地鉴定到科和属的水平。

“我们还发现,长江鱼类条形码生物多样性高于形态多样性,部分物种存在较高的隐存多样性。”沈彦君说。

“身份证”的重要性

每种鱼类的DNA条形码都是不一样的,就好像我们的“身份证”一样独一无二。DNA条形码的神奇之处在于,当鱼类在某水域活动时,水中会留下该鱼类的DNA,如果我们能够获得这些DNA与现有DNA条形码参考数据库比对,就可以知道这片水域生活着哪种长江鱼类。

“因此,我们构建的DNA条形码参考数据库能够为今后的长江鱼类多样性调查、资源保护和监管提供有力帮助。”何舜平表示。

据了解,长江刀鱼从过去最高产4142吨下降到年均不足100吨,青鱼、草鱼、鲢鱼、鳙鱼这“四大家鱼”与上世纪50年代相比,种苗发生率下降了90%以上,其他鱼类资源量也在大幅萎缩。

“通过我们的研究成果,搞育种的科研工作者可以去筛选适宜品种,确定哪些鱼类的人工繁育和养殖更有发展前景和经济价值,对人工增殖放流也有一定的参考意义。”沈彦君表示。

为了保护长江水生生物资源,此前,多部委联合印发《长江流域重点水域禁捕和建立补偿制度实施方案》,规定“2020年底以前,完成长江干流和重要支流保护区以外水域的渔民退捕,暂定实行10年禁捕”,这一空前严格的长江“十年禁渔”措施正在积极推进。

沈彦君介绍,十年禁渔让鱼类有喘息的机会,可以继续繁衍,现在有了长江鱼类的DNA条形码参考数据库和遗传多样性资料,在十年后,通过与现有研究数据进行对比,看看鱼的种类有没有增加或者减少,生物多样性有没有得到恢复,这个意义十分重大。

基础研究才是创新的源泉。“对于这个DNA条形码参考数据库,我们还会尽量去补充和完善,让它发挥更重要的作用。”何舜平说,除了长江鱼类DNA条形码之外,他们还在推进黄河和珠江流域的鱼类DNA条形码计划,最终覆盖我国所有流域。目前,他们已经在科技部支持下,完成了中国水产品DNA条形码数据的收集。

相关论文信息:https://doi.org/10.1111/1755-0998.12961

■进展

科学家发现决定玉米分蘖的基因由大刍草渗入

本报讯 近日,中国农业大学农学院国家玉米改良中心教授林中伟课题组揭示了玉米株型演化的一个关键分子遗传机制。相关研究成果发表在《自然-通讯》上。

玉米的祖先大刍草具有许多分蘖,在野外环境具有明显进化优势。而驯化后的玉米往往是独秆、不产生分蘖,并且茎秆坚韧得以支撑高产的穗子。然而,在玉米多样化的演化过程中,甜玉米与爆裂玉米却偏离这种作物共有的驯化模式。两者往往产生3-4个分蘖。

究竟为何甜玉米、爆裂玉米会产生分蘖?又如何产生?作物驯化中的这种平行变化是否具有共同的分

子遗传基础?

为此,课题组对甜玉米的主效分蘖QTL-tin1进行深入的分子遗传机理分析。研究发现,tin1基因控制了一个复杂基因网络而促进玉米分蘖芽的不断伸长,最终分蘖形成。这种包含多途径的复杂基因网络使得tin1能够在分蘖抑制基因tb1强表达的情况下绕过tb1而形成分蘖。

序列分析表明,甜玉米tin1基因的这个剪接位点变异竟来自于大刍草。这个关键变异在大刍草和普通玉米种的分布比例很低,而在甜玉米和爆裂玉米种的分布比例达到50%。转基因分析表明,该基因上调表达后,分蘖增加,同时雌穗数也相应增加。甜玉米是

典型的鲜食玉米,主茎及分蘖上雌穗都可正常发育,这样分蘖长有雌穗便可增加产量。爆裂玉米的雌穗往往较小,同样分蘖增加会增加雌穗数,也无疑会提高产量。

由于所有栽培玉米包括甜玉米和爆裂玉米都包含有栽培型的tb1基因,这说明在玉米多样性演化的过程中,tin1位点的关键变异是tb1在栽培玉米中固定之后,由大刍草渗入到甜玉米及爆裂玉米中。这种渗入促使甜玉米及爆裂玉米偏离了正常的驯化路径,部分地保留了其祖先的分蘖习性。(张晴丹)

相关论文信息:https://doi.org/10.1038/s41467-019-13425-6

25个基因参与调控油菜氮效率

本报讯 近日,华中农业大学徐芳森课题组联合基因组重测序和转录组测序技术深入揭示了调控油菜氮效率的生物学机制。相关成果发表在Plant, Cell & Environment上。

已有研究表明,甘蓝型油菜的氮效率存在巨大的基因型差异,然而其调控机制并不清楚。课题组前期通过苗期营养液培养实验和大田实验筛选了两个不同氮效率油菜基因型。研究发现,相比氮低效基因型,氮高效基因型

在成熟期具有更高的产量和氮吸收利用效率,苗期具有更发达的根系以及更高的氮同化和光合能力。通过对两个不同氮效率基因型进行基因组重测序发现,氮高效基因型拥有比氮低效基因型更多的基因型变异。通过基因功能注释发现,氮高效基因型在氮效率相关基因的变异数量要多于氮低效基因型。结合转录组分析,课题组发现地上部有11个基因,根部有14个基因,不仅存在基因型变异,也在两品种间对缺氮的响应

有巨大的表达差异,这些基因主要涉及光合作用和C/N平衡。

随后,课题组通过基因共表达网络鉴定了控制油菜氮效率的关键基因。研究表明,氮吸收效率、氮利用效率以及光合作用和C/N代谢的平衡共同影响着油菜的氮效率。同时鉴定了调控这些过程的关键基因,为改良油菜的氮效率提供了重要的理论基础。(张晴丹)

相关论文信息:https://doi.org/10.1111/pce.13689

解析猪松果体褪黑素合成的调控机制

本报讯 松果体是重要的内分泌器官,其分泌的褪黑素能调控相关时钟基因的表达进而调节生物节律。扬州大学兽医学院教授崔胜带领团队持续对褪黑素开展研究,并揭示调控猪褪黑素的合成机制,相关成果发表在Journal of Pineal Research上。

目前对褪黑素合成与分泌的认知主要来源于小型啮齿类动物,而对家畜家禽的研究较少。去甲肾上腺素可促进褪黑素的分泌,但其分子机制仍不清楚。

甲肾上腺素与体外松果体原代细胞培养的方法相结合,证明了LIM同源盒家族转录因子ISL1介导了去甲肾上腺素对褪黑素合成与分泌的上调作用。实验证明去甲肾上腺素通过激活ERK信号通路促进ISL1的表达,而ISL1直接结合到N-乙酰转移酶基因的启动子上,促进N-乙酰转移酶基因的转录,进而促进褪黑素的合成。团队成员通过体外培养的猪松果体细胞中发现,过表达MicroRNA-7可显著抑制N-乙酰转移酶基因的表达与褪黑素的合成。而体内与体外

实验均证明了褪黑素通过激活JAK/STAT3信号通路促进MicroRNA-7的表达。MicroRNA-7直接与RAFI mRNA的3'-UTR结合,抑制RAFI的翻译,从而下调去甲肾上腺素所激活的RAFI/MEK/ERK信号通路,阻碍褪黑素的合成。研究揭示了褪黑素拮抗去甲肾上腺素对褪黑素合成调控作用的相关分子机制。(沙爱红 张晴丹)

相关论文信息:https://doi.org/10.1111/jpi.12481 https://doi.org/10.1111/jpi.12552

■全球农业

裹上丝绸 细菌也能产肥料

根据美国麻省理工学院的最新研究,用一种能自然产生氮肥的细菌处理过的蚕丝包裹种子的同时也为正在发芽的植物提供了必需的营养,这可能使作物在其他非生产性土壤中的生长成为可能,比如盐分太高无法让未经处理的种子正常发育的土壤。

研究人员希望,在不需要专门设备的情况下,该研究可以以较低的成本应用,为现在被认为不适合农业发展的区域开辟空间。相关论文近日发表于美国《国家科学院院刊》。

这项工作源于麻省理工学院土木与工程教授Benedetto Marelli先前的研究,即利用丝绸涂层延长粮食作物的种子的保质期。

“我在做这方面研究时,偶然发现了可以用来增加土壤养分的生物肥料。”Marelli说,“这些肥料利用与某些植物共生的微生物,将空气中的氮转化为植物容易吸收的形式。”这不仅为农作物提供了天然肥料,而且避免了与施肥相关的问题,比如水资源污染、对土壤质量产生负面影响等。

固氮细菌在世界各地的土壤中自然存在,但不同地区发现了不同的地方品种,它们很难在其自然土壤环境之外保存。但丝绸可以保存这些生物材料,所以Marelli和他的团队决定尝试利用这些固氮细菌,即所谓的根瘤菌。

“我们一开始想出了在种衣剂中使用细菌的办法,一旦种子进入土壤,它们就会复苏。”Marelli介绍,然而,初步测试结果并不理想,细菌的保存不如预期。

此时,研究生Augustine Zvinvashe提出,在混合物中添加一种特殊营养素——海藻糖。利用海藻糖,一些生物体可

在缺水条件下生存。丝绸、细菌和海藻糖都悬浮在水中,研究人员只需将种子浸泡在溶液中几秒钟,就可以得到均匀的涂层。

他们使用的丝绸是水溶性的,所以一旦接触到土壤,细菌就会被释放。研究人员表示,实际上,这种涂层可以通过浸渍或喷涂的方式应用到种子上。任何一种工艺都可以在常温、常压下进行。

“种子简单地浸涂几秒钟就可以产生一层只有几微米厚的涂层。”Zvinvashe介绍,“这一过程快速、简单、可扩展,以便更大的农场和非熟练种植者利用它。”

这项技术也非常有效。“这种涂层提供了足够的保护和营养,使种子能够在盐分水平通常会妨碍其正常生长的土壤中发芽。”Marelli说,在细菌持续生产肥料的帮助下,这些植物比未经处理的种子更健康地生长,并在目前不适于农业生产的土壤中成功地生长。

根瘤菌通常为豆科作物(如普通豆类和鹰嘴豆)提供肥料,这向来是研究的重点,但也有可能使它们适应其他作物,这将在摩洛哥进行了合作测试,结果令人兴奋。”Marelli说。

下一步,研究人员正致力于开发新的涂层,即从土壤中吸收水分的涂层,不仅能保护种子免受盐渍土的侵害,还能使种子更耐旱。同时,明年他们将开始在摩洛哥的开放试验田进行试验种植。(王方编译)

相关论文信息:https://doi.org/10.1073/pnas.1915902116

■新农评

平行农业:以智能技术推动农业发展

■康彦珍

可持续的农业、粮食和自然资源是人类生存的根本。到2050年,世界人口预计为90亿~100亿人,需要生产比现在多60%~70%的食品,而同时需要对环境产生最小甚至零负面的影响,减少温室气体排放量,减少用水量,要考虑能源的可用性和成本增加保护性耕作的可行性,采用生物技术,增加有机食品产量。实现知识和信息的有效传播,减少由于信息不对称带来的资源浪费,及时地响应市场和环境变化,将是农业这一传统产业需要面临的挑战,对我们来说尤其如此。

与现代农业发展较好的国家相比,我国与其既有共性也有差异。从技术成熟度来看,在欧、美等国(地区),智能农机装备早已进入大规模应用,而我国则起步相对较晚。农业传感器的核心技术主要被国外占有。现有的农业物联网平台中,数据或者缺失,或者准确性差,或者难以公开共享。从商业模式来看,我国已实施的智慧农业项目大多为政府示范项目或研究项目,缺乏可持续发展的商业模式,未能发挥大数据的商业价值。从学术研究来看,我国智慧农业相关的期刊论文虽然数量不少,但高被引文章很少,未能形成国际影响力。从产业生态来看,国外正主动形成由农业企业、智慧农业技术创新公司、市场、农资提供方等多方构成的智慧农业生态;我国也呈现出类似趋势,正处于萌芽期。从应用场景来看,国外土地相对集中,以美国为例,地广人稀,而且以平原为主,农业机械化程度高,大面积种植都是靠机械,因而农业信息化推广较易。而我国的土地较分散,过去以小规模种植为主,有些地区是丘陵山地,难以使用大机械,技术的使用需要因地制宜。

智能决策研究则基于数据和知识,同时是整体智慧农业系统的核心,提供农业智能技术直通系统的机遇。在一二三产业深度融合、数据丰富、通信方便

的时代,农业智能决策已从线下转到线上、从离线转为实时,需要新的理论体系的支撑。

因此,我们需要发展面向智慧农业的平行农业智能技术。平行农业的本质是在系统中构建一个与实际系统相对应的虚拟系统或人工系统,通过人工系统的推演、学习为实际系统的管理控制提供支持。平行农业基于ACP(人工系统A、计算机实验C、平行执行P)的平行系统,面对难以建模、难以解析预测的复杂系统而提出。

由于农业生产受品种、种植环境、管理者经验等因素的影响,具有很强的不确定性、多样性、复杂性,传统的农业描述主要是对农业生物行为的模拟,对生产环境乃至社会环境的模拟和建模,这逐渐使得模型与现实系统之间的建模鸿沟成为一个极为严峻的问题。

农业生物行为模拟中的作物生长建模是发展最快、成绩最显著的领域,也是农事模拟的基础。这类模型大多包含了作物的光合作用、呼吸、物质分配的描述,具有较强的机理性。结合植物器官层面的物质模拟和植物形态构建,形成了作物建模的一个前沿分支;植物功能结构模型。作物的生长过程中固然存在个体间的相互竞争,而且最新的模型发展可进行植物单株水平上的光合作用、物质合成和分配的模拟,但对于农业生产来说,关注的兴趣点主要为群体行为的模拟,以及生育期和产量。模型具有参数多、复杂度高、不易应用的特点,这些特点成为其应用于农业生产的瓶颈。

农业环境的描述包括主要气象因子的描述;农业环境的模拟为农作物的描述提供输入数据。一方面是农田环境的模拟,包括各种大气模型;另一方面是温室环境模型,包括玻璃连栋温室模型以及日光温室模型。温室环境中的温湿度等环境因子相互影响,基于知识的

环境模型的复杂度相当高,可用于温室的设计及对温室内能量流动的理解和教学,但用于栽培各种作物的实际温室的管理则不适宜。农事管理则包括作物种植日期、种植密度、肥料用量及方式、灌溉用量与时间确定等,以进行对农业生产的定量研究;农业经济因素的描述,包括农业再生产的投入与产出关系、市场价格模型等,可用于指导未来的生产计划安排。

现有的大部分作物和环境模型的特征在于,在给定当前系统状态与控制条件的情况下,理论上系统下一步的状态可通过求解方程而准确地获得,从而可以精确地计算和预测系统的行为,这类系统称为牛顿系统。以施肥为例,基于环境数据和作物模型可计算何时为作物的关键生长期和具体的生长量,根据经验比例关系可进行需肥量的模拟。

基于数据的人工系统构建方法将对象视为黑箱,关注输入和产出之间的关系,而不去对生命体内部复杂的过程进行建模和模拟。在数据充分的条件下,可以通过反复训练和学习达到期望的效果,实现人工系统构建的目的。

作物的生长由基因和环境决定,在不同的环境下,尽管作物的大小和生育期会有相应的调整(称为作物的可塑性),但仍保持一定的规律。知识和数据共同驱动的模式即是根据作物生长规律的描述与统计模型相结合的思路,将描述作物动态生长过程的模型与神经网络相耦合,使得模型有很强的可塑性,而且同时可以计算多种状态变量,从而获取作物生长过程的关键信息。这种方式不仅降低了对数据的依赖性,而且弥补了传统模型对坐果、分枝等可塑性行为难以模拟和预测的不足。

未来,这类模型在农业生产上将有很大的空间,平行农业将以其智能技术推动农业生产向智慧农业迈进。(作者单位:中科院自动化所)