

■ 大话农科

气候无常变化,农业精准预言

■ 本报记者 王方

当下,全球气候变化带来极端气候事件频发,农作物又将受到怎样的影响?事实上,更为精准的评估方法应该被拓展到重要粮食作物预测中。

南京农业大学国家信息农业工程技术中心教授朱艳领衔的科研团队,将农业信息学与作物栽培学相结合,发展基于模型的作物生长监测诊断和生产力预测预警技术,为国家粮食安全及智能化管理提供数字化支撑。

其团队在气候变化效应评估领域不断获得新进展,相继在《自然-气候变化》《美国科学院院刊》《全球气候变化》等国际知名期刊上发表研究成果。

更精准可信的评估模型

世界粮农组织(FAO)一份评估报告表明,到2050年,全球粮食需求将增加60%以上,但气候变化尤其是温度升高对粮食生产带来巨大挑战。因此,在全球尺度上明确气候变化对作物生产力的影响,对于制定缓解和应对气候变化措施、确保全球粮食安全生产具有重要意义。

而一个问题是,全球范围内,关于温度升高对小麦作物生产潜在效应的定量评估模型约有30种,它们各自的结果却存在较大差异。谁才是可信的?

朱艳介绍,目前在定量评估温度升高对全球作物生产潜在效应方面存在很大的不确定性。因此,科学合理地评估温度升高对全球作物生产的潜在效应成为气候变化研究领域的热点。

“高可信度的科学分析与结果,能精准预测未来气候条件下的农作物产量和品质。更重要的是,未来农业到底能不能满足人类的生存需求?”朱艳说,“这不仅时刻提醒着人们所要面临的食物短缺的挑战,更提醒我们要抓紧时间研究对策。”

为此,朱艳团队牵头与美国、法国、德国、英国等国科学家展开了合作研究,在全球范围内选取30个生态点,通过30余套评估模型得出平均结果,最终这些结果通过平均效应形成方法集合,使研究结果的置信区间范围达到了95%。

这就是他们2016年发表于《自然-气候变化》的一项研究:在全球、国家以及站点尺度上,系统比较了基于栅格尺度的模拟模型方法、基于典型生态站点的模拟模型方法和基于历史观测数据的统计回归方法等不同方法,在评估温度升高对小麦生产潜在效应方面的表现。

团队首次提出通过综合利用不同方法形成



朱艳(左一)在指导实验研究。

南京农大供图

方法集合,可以更好地量化气候效应评估中不同方法的不确定性,显著提升气候变化对作物生产效应评估的可信度,为科学分析全球气候变化与粮食安全生产奠定了基础。

不止一种作物、一支队伍

“智慧农业是一个交叉领域,真正做到顶天立地,需要做好顶层设计,更需要分工协作、融合创新。”朱艳说。

她告诉记者,团队设计了独一无二的“智慧农业”模型,将品种、土壤、气候、管理方式等参数“嵌入”,如果一个种植区需要更为精准地评估这种作物的产量和质量,就能够准确计算。

团队成员、南京农业大学国家信息农业工程技术中心副教授刘兵介绍:“目前,水稻、玉米、大豆等重要粮食作物的模型都已建成。另外,团队的一些模型还被国内外科学家用来反推气候变化。”

小麦、大米、玉米和大豆为人类提供了2/3的摄入热量。而气象记录显示,过去一个世纪,这四种作物种植区的年平均温度增加了1.0℃,

预计下个世纪还会继续增加。

团队在《美国科学院院刊》发表的一项研究显示,全球平均气温每升高1.0℃,小麦全球产量将平均下降6.0%,水稻将下降3.2%,玉米将下降7.4%,大豆将下降3.1%。其中玉米损失最大。

通过研究气温升高对全球主要农作物的影响进行综合评估显示,农业生产面临巨大风险。“因此迫切需要重新启动国家研究和推广计划,以抵消未来气候变化的影响。”朱艳说。

团队构建的RiceGrow和WheatGrow模型,自2011年开始分别参加全球水稻模型协作组和小麦模型协作组的研究。这属于国际农业模型比较和改进(AgMIP)项目,旨在通过气象、作物、经济和模型等领域专家的协作来提高农业模型在全球的预测能力,以应对未来气候条件下全球粮食安全的问题。

朱艳介绍,“我们通过研究生联合培养、合作项目研究、举办国际会议等多种形式,广泛开展国际交流合作,与国际作物模型领域的主要研究机构均建立了良好的合作关系。”

其研究还相继得到国家自然科学基金、国家杰出青年科学基金、国家“111”引智基地项目以及江苏省高校优势学科建设工程的资助。

再评估粮食安全的风险

2015年《巴黎协定》提出,本世纪末前,把全球平均温升控制在前工业水平的2.0℃以内,并将努力把温升限定在1.5℃内。当前迫切需要从经济、社会、生态、农业等方面评估全球增温1.5℃和2.0℃所带来的影响。而农作物生产受到气候变化影响更是首当其冲。

日前,朱艳团队联合全球18个国家的47所高校和科研机构的科学家,再次采用多模型集合方式,定量评估了温度升高1.5℃和2.0℃对全球小麦产量的潜在效应,在全球和区域尺度上明确了增温对作物生产的影响。成果发表于《全球变化生物学》。

论文第一作者刘兵介绍,本研究基于全球小麦主产区60个代表性站点,采用包括国家信息农业工程技术中心自主开发的WheatGrow模型在内的国内外31套小麦生长模拟模型,在生态点、国家和全球尺度上系统评估了全球增温1.5℃和2.0℃对小麦生产力的影响。

研究结果显示,如果考虑CO₂浓度升高对小麦产量的正面效应,未来增温情景下全球多数区域的小麦生产力略有升高,其中在增温1.5℃和2.0℃情景下的全球小麦总产增幅分别为1.9%和3.3%。

但是,作为通讯作者,朱艳补充介绍,对于包括印度、非洲部分国家在内的小麦生长季高且缺少降雨的区域来说,小麦产量却呈显著降低的趋势,且小麦产量波动增加,极端低产风险明显加大。

“这些产量风险加大的地区目前多属于经济欠发达区域,因此气候变化的不利影响将会进一步加剧这些区域的粮食安全问题。”朱艳说。

论文共同通讯作者、美国佛罗里达大学教授Senthil Asseng表示,该研究在全球和区域尺度上明确了增温对作物生产的定量影响,对于提出针对性缓解和应对措施、确保全球粮食安全生产具有极其重要的意义。

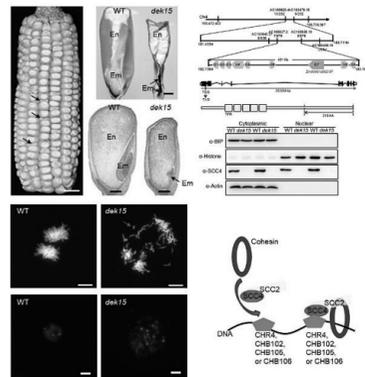
精确设计农作物播种方案,精确诊断农作物长势,精确预测粮食产量和品质,朱艳和她的科研团队还在继续开拓。

相关论文信息:

DOI:10.1038/nclimate3115

DOI:10.1073/pnas.1701762114

DOI:10.1111/gcb.14542



玉米籽粒发育重要机制获揭示

本报讯(记者王方)近日,《The Plant Cell》杂志在线发表植物生理学与生物化学国家重点实验室、国家玉米改良中心、中国农业科学院作物研究所任涛课题组最新研究成果。该研究克隆和功能解析了一个编码黏连蛋白 loader 亚基 Sister Chromatid Cohesion Protein 4 (SCC4)的基因,揭示了 SCC4 参与染色体分离和玉米籽粒发育的分子机制。

黏连蛋白(cohesin)是一个环形的SMC(染色体结构维持)复合物,主要由4个核心亚基组成:SMC1、SMC3、SCC1和SCC3。这个黏连蛋白负责DNA复制完成后的姐妹染色单体的黏连,是有丝分裂和减数分裂中保证遗传物质稳定传递到子细胞的关键复合物。黏连蛋白还在基因表达调控、DNA凝缩和DNA修复等方面发挥作用。Cohesin loader复合物,由SCC2和SCC4组成,促进cohesin结合到染色体的特定位点上。SCC2主要负责与cohesin的结合,而SCC4主要负责识别cohesin在染色质上的结合位点。在植物中,cohesin复合物的研究较少,特别是SCC4的功能知之甚少。

宋任涛课题组通过对经典玉米籽粒突变体dek15的定位克隆,并进行转基因功能互补和等位测验,确定其是由于编码SCC4的基因第一个外显子上的单碱基突变导致蛋白翻译提前终止造成的。

SCC4基因突变后籽粒变小,胚乳内含物大量减少且胚致死。进一步分析发现,SCC4基因缺失造成严重的细胞周期和胚乳内复制紊乱。细胞学结果显示SCC4功能缺失造成严重的有丝分裂缺陷,包括姐妹染色单体提前分离和多种染色体分离错误,且导致大量非整倍体的出现。SCC4功能缺失造成的黏连蛋白功能缺陷可能是造成这些细胞分裂缺陷和籽粒发育异常的主要原因。此外,酵母双杂筛选出的四个染色质重塑蛋白可能参与招募SCC4,进而促进cohesin在染色质上的定位。这是首次对植物SCC4进行的功能鉴定。

宋任涛为通讯作者,博士研究生何永辉为论文第一作者。该工作得到了科技部和国家自然科学基金委资助。

相关论文信息:DOI: 10.1105/tpc.18.00921

■ 动态

20篇论文入选 中国农科院中长期代表作

本报讯(记者李晨)近日,中国农业科学院利用论文的“学科规范化引文影响力”(CNCI, Category Normalized Citation Impact)指标,评选出20篇2014—2018年中长期代表作论文。

CNCI是论文被引频次的规范化指标,即论文实际被引次数与同文献类型、同出版年、同学科领域文献的期望被引次数(基准值)的比值。它排除了学科领域、出版年与文献类型对论文影响力的偏差,可以较好地反映单篇论文的学术影响。如果一篇论文的CNCI值大于1,则可以认为它的影响力高于国际平均水平,如果小于1则反之,且指标数值与影响力正相关。当一篇文献被划归至多个学科领域时,其CNCI值是实际引用与预期引用之比平均值。

此次选出的20篇中长期代表作论文由中国农科院为第一作者机构或通讯作者机构,来自植物学、昆虫学、水产科学、遗传学、环境科学等多个学科,包括作物所、植保所、蔬菜所、基因组所各4篇,棉花所2篇,饲料所、水稻所、油料所、茶叶所和环保所各1篇。代表作中既有《Nature》、《Science》、《Cell》等国际顶尖期刊论文,也有许多期刊影响因子并不突出但在所属学科被引用情况表现优异的论文,体现了近5年来中国农科院各学科领域取得的高影响力研究成果。

据悉,中国农科院将坚持以创新质量和学术贡献为核心的评价导向,不断探索建立更加符合农业基础研究特点和规律的论文评价指标,推动传统的“以刊论文”与“唯影响因子”式评价向对论文本身质量评价转变,推动年度论文评价、论文数量评价向中长期代表作评价转变。

■ 前沿

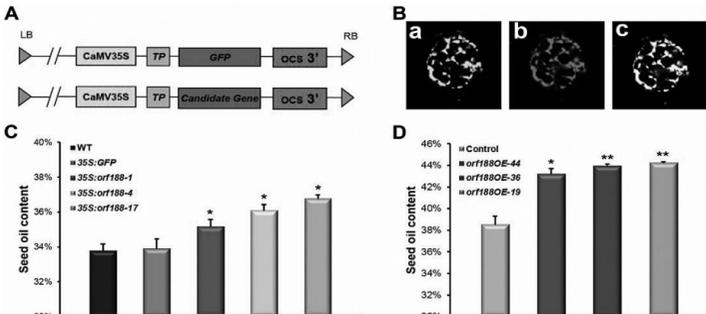


Figure 3. Identification of orf188 as being the CE-SOC determinant gene and analyses of seed oil content and fatty acid compositions in orf188-overexpressing Arabidopsis or rapeseed lines.

油菜种子含油量调控基因首次被克隆

本报讯(记者李晨)日前,《分子植物》(Molecular Plant)在线发表了中国农业科学院油料作物研究所王汉中院士团队最新成果。该团队在国际上首次成功克隆了农作物种子性状的第一个细胞质调控基因orf188,并揭示了该基因调控油菜种子高含油量的作用机制。该成果为油菜高含油量育种提供了新途径,为育种过程中杂交母本的选择提供了理论支撑,对于农作物不同类型细胞质的应用具有重要的指导意义。

含油量是油菜产量最重要的构成因子之一,随着现代育种对含油量潜力的不断挖掘,提高品种的含油量越来越困难。该团队在油菜含油量遗传研究的基础上,从细胞质效应着手对含油量母体调控新机制研究

取得突破,筛选到两个对含油量具有极显著细胞质正负效应的品种,鉴定出特异基因orf188控制细胞质的含油量正效应,过表达该基因可以大幅度提升含油量。研究表明,orf188为nap(nap-like)型油菜品种特有基因,是一个新近进化形成的嵌合基因。

该团队十余年来围绕油菜种子性状的母体调控进行系统研究,此次对细胞质基因调控种子含油量机理的揭示,是该团队继发现角果皮发育调控种子粒重和含油量之后发现的又一条母体调控新途径,进一步丰富和完善了种子性状的母体调控理论,也为其他农作物性状细胞质效应的解析提供了借鉴。

相关论文信息:

DOI:10.1016/j.molp.2019.01.012

■ 环球农业

对章鱼商业养殖说“不”

由美国、澳大利亚、西班牙科学家组成的一支科研团队在最新发表的分析报告中认为,目前在多个大陆处于发展阶段的章鱼商业养殖,将对可持续性和动物福利产生负面的连锁反应。

“我们都生活在水生动物快速驯化的时代,我们的研究也几乎完全围绕着人类可以养殖哪些水生动物的问题展开,而不是应该养殖哪些。”该研究的主要作者、美国纽约大学环境研究系助理教授Jennifer Jacquet说道。

他表示,无论是大学还是公司,都在养殖章鱼上投入了大量时间和金钱。“我们认为这是一个很大的错误。大量生产章鱼会重复我们陆地上在环境和动物福利方面所犯的许多同样的错误,而且在某些方面会更糟,因为我们必须饲养章鱼其他动物。”

该分析指出,目前有近190个国家饲养了约550种水生生物。西班牙、墨西哥、日本等国正在加大科学努力,以建立扩大章鱼商业养殖的知识框架。例如日本一家海鲜公司Nissui正在推进章鱼养殖,并预测到2020年,章鱼将完全进入养殖市场。

鉴于这样的发展,研究人员试图探索章鱼养殖场的潜在影响。

分析指出,与大多数作为草食动物进化而来的养殖动物不同,大多数养殖水生动物是食肉动物,例如鲑鱼、鲤鱼和鳕鱼。饲养它们对野生鱼类和无脊椎动物产生了额外的压力——全球约30%的鱼类捕获物被转化为其他动物的饲料,而主要消费是水产生养殖,这是过度捕捞背后的驱动力。

章鱼也是食肉动物,只会加剧目前的情况。章鱼养殖从未食用的饲料和粪便中产生高水平的氮和磷污染,这会导致氧气消耗。

研究人员表示,章鱼具有相当的认知和行为复杂性,这使得它们被放置在封闭环境中的农业方式与它们的组成极其不相容。因此,在现有水产养殖场发现的高死亡率、侵略性增加和寄生虫感染可能在章鱼身上更加明显。

除了这些农场式养殖所带来的挑战外,研究人员还质疑它们的必要性。

他们观察到:“如果社会决定我们不能养殖章鱼,那就意味着可以继续食用章鱼的人相对较少。”章鱼的主要市场——日本、韩国、



“大量生产章鱼会重复我们陆地上在环境和动物福利方面所犯的许多同样的错误,而且在某些方面会更糟,因为我们必须饲养章鱼其他动物。”

北地中海国家、美国和澳大利亚——是粮食安全市场。不养章鱼也不会对粮食安全造成影响。

“现在,章鱼的养殖受到了技术限制,技术突破后很可能在工业规模上养殖章鱼。如果有机会,我们希望与这些章鱼养殖项目相关的严重环境和福利问题得到重视,重新思考章鱼养殖该受到鼓励还是阻止。农业的未来还有更好的方向。”Jacquet表示。(方舍编译)

新单细胞DNA甲基化测序技术可应用于不同物种

本报讯华中农业大学玉米研究团队开发了一种能广泛应用于不同物种组织、不依赖于DNA甲基化状态的单细胞DNA甲基化测序技术。近日,国际知名学术期刊Molecular Plant在线发表了相关研究成果。

相对于传统的单细胞重亚硫酸盐测序技术(scBS-seq)的扩增策略,即直接将第一步扩增的小片段加上接头用于测序,新方法BRIF-seq的不同之处在于,将随机扩增产生的小片段进行了单链连接、MDA扩增及基于Tn5的建库步骤,从而保证了各种长度的转化片段都能进入文库用于测序。同时,通过快速剪切读段,使不

同来源的连接片段都能比对回基因组,达到数据最大化利用的目的。

结果证明,利用scBRIF-seq产生的读段比scBS-seq有更高的对比率和基因组覆盖度。研究者鉴定出玉米的四分体之间存在明显的DNA甲基化水平差异,而同一个四分体的四个小孢子间却没有显著的甲基化水平差异。细胞间的异质性位点也被鉴定出来。这些结果说明玉米的雄配子体发育过程中存在剧烈的甲基化重编程和巨大的细胞异质性。(李响 李金山)

相关论文信息:

DOI:10.1016/j.molp.2019.01.004