大话农科

# 寻找攻克水稻“癌症”的“利器”

■本报见习记者 韩扬眉

夏季到来，位居水稻病害之首的稻瘟病逐渐进入高发期。稻瘟病又称水稻“癌症”，严重时可致颗粒无收。因其危害巨大，我国水稻新品种审定实行稻瘟病抗性“一票否决”制。

一直以来，科学家们希望认清稻瘟病的发病抗病机制、寻找稻瘟病的抗性基因，从而最大限度控制稻瘟病发生，以及获得抗稻瘟病优势水稻品种。

日前，中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员朱立煌团队发现，在水稻中由稻瘟病抗性蛋白Pid3直接引发的抗病防卫信号具有一定程度的共通性，对稻瘟病抗病机制提供了新认识。近日，四川农业大学教授陈学伟团队应邀撰写稻瘟病广谱抗性综述文章，评述了国内外水稻稻瘟病广谱抗性相关遗传基础和分子机理等研究进展。上述成果分别发表于国际主流期刊《新植物学家》和《当代植物生物学观点》。

▲抗稻瘟病的水稻品种
◀陈学伟在水稻田间

## 变化多端的“黑势力”

“稻瘟病是由稻瘟病菌引起的最具破坏性的水稻真菌性病害。”朱立煌告诉《中国科学报》，水稻几乎所有的生长阶段都可能会感染，可致水稻减产10%~35%，甚至“全军覆没”。按照发病部位，稻瘟病分为叶瘟和穗瘟。其中，穗瘟发生于谷粒上，直接影响产量。

稻瘟病菌“黑势力”强大。受害对象不仅是水稻，近年来在南美洲发现小麦也染上了与稻瘟病基本为同一属病原菌的麦瘟病，并一度造成毁灭性损失。

在植物体内，稻瘟病菌生长扩散过程“简单”又迅速。陈学伟解释道，稻瘟病菌利用自身特性能够先附着在植物细胞表面形成侵染结构，进而使病原菌穿透寄主表皮细胞壁，在寄主细胞中生长发育。之后，被侵染的细胞又产生菌丝，并再次传播侵染到附近其它细胞。3~5天内，植物便可出现病症。

此外，稻瘟病菌的生长还受外部环境诱导，中国的四川、湖南等盆地地区通常为稻瘟病高发地，尤其在夏季，当相对湿度高达90%以上，且温度大约25~30摄氏度时，稻瘟病易发和流行。

“农药是控制稻瘟病的必要手段之一。但导致原有的抗病基因不再有效。

“就像每年流行的感冒病毒都不一样。”朱立煌说，“这也是稻瘟病的防控难点所在。”

然而，稻瘟病菌是一个“大家族”，有着种类繁多的小种。由于水稻品种和种植的生态区域不同，水稻抗稻瘟病的基因类型、各个水稻品种对稻瘟病菌的抗谱范围也各不相同。

此外，稻瘟病菌最大的特点还在于其变化多端，即便是今年在当地具有抗稻瘟病基因的品种，次年或者过几年，也会因为出现新的稻瘟病菌小种，加之致病优势菌群的变化，下降。

非小种特异性的稻瘟病抗性基因兼具持久广谱的抗性特点。陈学伟告诉《中国科学报》，此类基因是更普适性的“武器”，对绝大多数小种都有抗性，含有这样遗传基础基因的水稻，能够避免不同稻瘟病菌小种的侵染，但不足是抗性能力稍弱于上述特异性抗性基因。

“有可能会产生一些病斑，但对作物生长和产量没有明显影响，总体上利用价值很高。”陈学伟说。

此前，陈学伟团队挖掘了对稻瘟病的新型广谱高抗的水稻遗传资源，并阐明了其分子机理。另外，他们还与中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋院士团队合作发现了水稻抗稻瘟病的一个关键因子IPA1，既能提高产量，又能提高稻瘟病抗性。这一机制打破了单个基因不可能同时实现增产和抗病的传统观念，也为高产高抗育种提供了重要理论基础和实际应用途径。

抗稻瘟病基因与病原菌之间的“斗争”向来是一个复杂过程。了解抗病机制，有利于更精准的调控基因发挥作用。

朱立煌解释道，当病原菌侵染含有抗病基因的植物细胞时，其所分泌出的特殊蛋白——效应子便会激发植物一系列的抗病反应，其中一个重要的反应过程是细胞过敏性坏死，“一部分细胞质自我牺牲，与病原菌‘同归于尽’，从而抑制它们生存”。

然而，基因多种多样，究竟是哪些基因在抗病过程中发挥主力作用？抗病基因究竟如何激发一系列抗病反应？我们了解得非常有限。

已有研究发现，编码NLR蛋白的抗病基因对植物免疫具有重要作用，它能引发对多种病原微生物以及昆虫的显性防卫反应，从而赋予植物对病原小种的免疫性。目前，在水稻中已鉴定出的有病原菌小种特异性的抗稻瘟病基因，绝大部分都是编码NLR蛋白的抗性基因。

近日，朱立煌团队解析的Pid3蛋白就是一种典型的NLR类抗稻瘟病基因，其直接激活下游防御反应的分子机理，有助于进一步阐明稻瘟病抗性反应的信号途径，为水稻的稻瘟病抗病性改良提供新的理论参考。

“但不同的抗稻瘟病基因直接激活的对象可能相同，也可能不同，还需要探索。”朱立煌说。

## 更新战斗“武器”

目前克隆的抗病基因基本已得到应用，并通过杂交和反复选择，获得了诸多总体品质较好的水稻品种。

陈学伟表示，事实上，育种家在选种过程中，在稻瘟病区的天然压力下，已筛选并培育了含抗稻瘟病基因的水稻品种，只是不知道具体哪个或哪些基因在起作用。而科学家们找到后，可加快这些抗病基因的应用进程和效率。

抗病基因的挖掘为分子设计育种提供了条件。然而，由于病原菌小种变化多端，使得不同水稻产区抗病基因也有选择性，找到针对性的有效抗病基因依然是待破解的难题。

“未来还会‘冒’出哪些稻瘟病菌小种？什么样的基因组合可尽量避免稻瘟病的发生？”朱立煌指出，尽管目前水稻新品种的稻瘟病基本得到控制，但还存在诸多值得思考的问题。

除此之外，解析病原菌致病机理，通过设计药物抑制关键的侵染过程，也是目前正在研发的防控手段。“并非每个地区的水稻都有好的遗传基础能够克服病害，有些地区病害过于严重时，会给广谱抗性基因造成太大‘压力’，水稻还是可能会生病。”陈学伟说。

在陈学伟看来，“稻瘟病菌是生物链中天然存在的生物，很难完全灭绝，我们要做的是通过研究和实践最大限度地防控和减少其危害。此外，病原菌的致病过程和机制不断进化，我们要找到斗争的有效‘武器’，并不断更新”。

相关论文信息：*DOI:10.1111/nph.15816*
*DOI:10.1016/j.pbi.2019.03.015*

进展

## 喀斯特地区耕作触发土壤碳氮损失机制被揭示

**本报讯** 近日，中国科学院亚热带农业生态研究所环江喀斯特生态系统观测研究站研究员王克林团队在喀斯特石灰土耕作扰动下土壤养分损失过程机制方面的研究取得系列进展。

西南喀斯特地区土层浅薄、二元结构发育、水土资源不匹配，生态环境极为脆弱。以往研究表明，喀斯特自然生态系统土壤碳氮养分含量显著高于同地区红壤，然而在开垦利用后呈现急剧损失的特征（原生土壤开垦两年后SOM损失率达20%~40%），但目前对其损失过程和机制仍缺乏充分认知，难以支撑喀斯特土壤退化过程阻控和生态功能高效提升。

针对以上问题，基于不同翻耕频率处理及玉米种植的原位控制试验，以土壤团聚体和微生物为切入点，通过连续监测土壤碳氮养分变化及关键过程，科学家初步探明耕作扰动下喀斯特土壤碳氮损失过程及机制。

结果表明，翻耕扰动主要破碎5~8mm粒级大团聚体，土壤总氮损失主要源于5~8 mm粒级团聚体闭蓄态有机质释放后被微生物迅速矿化利用，土壤硝化过程增强，大量硝态氮淋溶丢失，并伴随较高的地下水体污染风险。翻耕扰动导致土壤活性碳库迅速降低（DOC、MBC等），促进$CO_2$的排放。夏季高翻耕扰动显著提高$CO_2$排放通量，但是冬季各处理排放无显著差异。在夏季减少翻耕频率或者免耕是缓解$CO_2$排放的有效途径。玉米种植通过提高微生物代谢活性加速有机物的分解，进而促进$CO_2$排放，但是作物生长过程和作物残渣的存留会增加碳的输入，有利于土壤SOC的储存。喀斯特地区微生物量主要受翻耕扰动影响，而微生物代谢功能更多的是受玉米种植的影响。

以上研究成果发表在*Soil & Tillage Research*上。

（李晨）

相关论文信息：*DOI:10.1016/j.still.2019.05.006*

## 一种活性化合物将为海洋生物农药提供模板

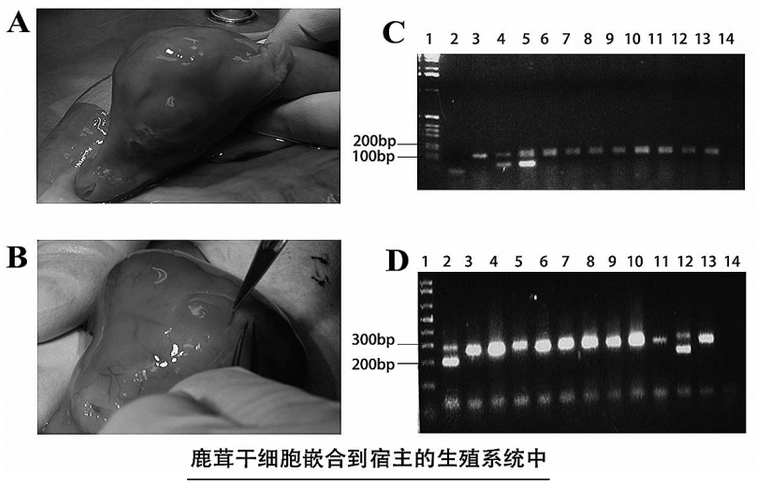
**本报讯** 近日，中国农业科学院烟草研究所滩涂生物资源保护利用创新团队在海洋真菌来源生物农药研究方面取得新进展，发现了海洋来源新颖结构3-decalinoyltetramic acid (3DTA)类活性化合物，为新颖高效海洋生物农药的研发提供了化合物模板。相关研究成果在线发表在《微生物学前沿》上。

国内外研究表明，海洋真菌能够产生结构新颖、生物活性显著的次级代谢产物，现已成为生物农药研究的热点。

该团队从一株海洋来源的木贼镰刀菌D39发酵提取物中，分离得到2个结构新颖的3DTA类化合物和4个同系列已知化合物。研究表明，该类化合物能够显著抑制多种植物病原菌并具有除草活性；该菌株经单菌多产物发酵优化后，可大大提高活性化合物的产量。该研究得到了国家自然科学基金、中国农科院科技创新工程、中央级公益性科研院所基本科研业务费专项和烟草所青年科学基金项目的支持。（李晨 鞠晓晖）

相关论文信息：*DOI:10.3389/fmicb.2019.01285*

前沿




鹿茸干细胞嵌合到宿主的生殖系统中

### 干细胞家族再添一员

## 科学家全面定性鹿茸干细胞

**本报讯** 鹿茸是哺乳动物中罕见的能够周期性完全再生的器官，是研究哺乳动物器官再生的绝好模型。6月5日，自然出版集团下属的权威医学生命科学期刊之一《细胞死亡与疾病》（CELL DEATH & DISEASE）在线发表了中国农业科学院特产研究所（下称特产所）特种动物干细胞创新团队的最新成果。他们完成了对鹿茸干细胞全面系统的鉴定，为干细胞家族再添重要一员。

论文第一作者、特产所研究员王大涛告诉《中国科学报》，他们已经证实鹿茸干细胞不仅具备间充质干细胞的特性，还具有一定的胚胎干细胞的特性，能够通过胚胎注射的方式嵌合到宿主生殖系统中。

该团队此前的多项研究证实，鹿茸再生是一个基于干细胞的过程，并定位了这些干细胞。然而，鹿茸干细胞究竟有哪些特征、它与其他干细胞有哪些异同，这些问题一直没有得到解决。

带着这些问题，研究团队首先检测了多种干细胞核心标记因子在鹿茸干细胞中的表达情况，通过转录组测序比较了鹿茸干细胞与间充质干细胞、骨祖细胞、胚胎干细胞在转录水平的异同，明确了鹿茸干细胞核心标记因子。

通过胚胎嵌合实验，研究人员证实了鹿茸干细胞不像胚胎干细胞那样嵌合到整个宿主的组织中，也不像间充质干细胞那样完全消失，而是有限地嵌合到一些组织中，特别是嵌合到了生殖系统中。

“这就证明鹿茸干细胞在分化上介于成体干细胞与胚胎干细胞之间，为干细胞家族增添重要一员。”王大涛说。

论文通讯作者、特产所研究员李春义认为，该研究成果定性了具有刺激断肢再生能力的鹿茸干细胞，对深入解析鹿茸再生机制具有里程碑意义。

据悉，该研究得到了中国农科院科技创新工程及中国科学院A类战略先导专项的资助。（李晨 王冬昭）

环球农业

## 植物也有“夜猫子”

众所周知，人体有生物钟——在不同时区之间旅行后会出现时差反应和睡眠不足，即便是一个小时的不同步，我们的身体也需要几天时间来重新适应。

植物亦然。1729年，通过研究含羞草叶片的运动节律，人们首次发现了植物的昼夜节律波动的生物钟。现在，英国厄尔汉姆研究中心博士生Hannah Rees主导的一项研究则揭示了生物钟如何在不同作物物种中发挥作用。

更重要的是，他们开发出一种使用自然发生的“延迟荧光”的方法，精确测量了小麦和芸薹属植物的生物钟，这对今后作物改良研究大有裨益。

延迟荧光是植物被照射后发出的光，当植物在黑暗中放置时，光能持续很长时间。发表于*Plant Methods*上的相关论文阐明了是什么让小麦发出生物钟变化的滴答声，以及植物如何显示衰老迹象。

植物会因光照条件的变化而产生类似的反应。该研究发现，在芸薹属植物中，生物钟在24小时的光照下作用得更好；而在小麦中生物钟在持续的黑暗中作用得更好。

更有趣的是，在这两种植物中，生物钟似乎都随着植物年龄的增长而“摆动”得更快。

研究人员开发出一种可靠方法以观测小麦等植物的日常形态，这在过去是困难的：大多数方法依赖于基因改造——这种技术在小麦中不容易实现；其他观察叶片运动的方法只适用于双子叶植物，而小麦是单子叶植物。

这项方法的工作原理是测量光合系统II的延迟荧光，顾名思义，光合系统II对光合作用至关重要。光合系统II的活性在一个24小时的窗口内振荡，这对依赖太阳获取能量的生物体非常有用。

这项技术将使研究人员能够检测到作物间昼夜节律的差异，并有助于确定昼夜节律是否适合作物的生长环境。由于白昼长短的不同，生长在赤道附近的作物与生长在两极附近的植物可能需要不同的节律。生物钟与自然环境同步的植物更健康，产量也更高。

“芸薹属植物和小麦的生物钟节律差异给了我们有用的启示，聚焦于此，我们主导展开首个使用延迟荧光（光发射）作为改良作物工具的研究。”Hannah Rees表示。

“随着植物年龄的增长，生物钟会加速，这一事实也非常惊人。我们的下一个问题是，为什么会发生这种情况？拥有一个‘青少年时钟’和一个‘老年时钟’在生物学上各有什么优势吗？”Hannah Rees说，希望他们的工作有助于提高作物产量，允许育种者选择与生物钟匹配的作物，以便在世界某些地区实现最佳生长。

生物钟与植物的适应性、资源利用效率、竞争性生长和产量有关，对光合作用、害虫防治、气孔调节（水分管理）、开花、固氮等生物过程非常重要。有了对小麦生物钟工作原理更多的了解和理解，未来研究人员就可探究改善这种重要主食作物的潜力。

（文乐乐编译）

相关论文信息：
*DOI:10.1186/s13007-019-0436-6*

## 国际食物政策研究需要新伙伴关系

■本报记者 王方

全球格局正发生变化，中国成为国际社会的重要力量，并在国际发展援助中发挥更强大的作用，这为可持续发展目标的实现提供了新机遇。而要实现可持续发展目标、消除饥饿和营养不良，坚定的政治承诺和强有力的财政支持至关重要。

国际食物政策研究所（IFPRI）环境生产和技术部高级研究员、宏观农业研究所联合院长游良志近日表示，为保持财政健康，并继续影响公共政策决策与执行过程，IFPRI和其他国际农业研究机构需要发展新的伙伴关系并实现筹资渠道多样化。

对于国际发展，中国有着不同于其他传统捐助国的愿景。中国注重促进贸易、投资、知识转移、能力建设和社区主导发展战略来帮助人民摆脱贫困，这种做法受到了许多第三世界国家的欢迎。

游良志认为，中国的崛起及其有关可持续发展的观点为IFPRI提供了全新机遇：IFPRI能够与中国的决策者和学术界积极交流，并扩大在中国和世界其他地方的政策和研究影响力。

例如，作为最大的发展中经济体，中国愿与非洲分享农业经验，帮助非洲应对发展挑战。为快速启动非洲经济发展进程，IFPRI与中国政府和非洲联盟共同制订《中非农业现代化合作战略与行动计划》，这也是2018年中非合作论坛北京峰会的后续行动。为支持这一行动计划的制订，IFPRI于2018年与比尔和梅琳达·盖茨基金会等合作伙伴共同发布了《中非农业现代化合作：现状、挑战与新征程》报告。

中国还大力扩大研发经费规模，为国内学者和学生提供与世界各地专家共事的机会。IFPRI高级传播专员尚心远介绍，IFPRI与中国的学术网络分享其在农业经济和食物政策研究方面的跨学科知识和深厚的专业知识，为发展科学能力、填补知识空白，以及在社会科学、政策导向研究和其他研究领域之间搭建桥梁作出贡献。

2018年，IFPRI与华中农业大学在武汉成立国际化跨学科研究机构——宏观农业研究所（MARI），为来自两所机构不同学术背景的研究人员提供了一个学术平台，共同探索国内外食物系统复杂性的科学问题。

据悉，MARI研究活动旨在释放智能手机、无人机、大数据和人工智能等新兴技术在现代农业研究中的潜力。例如，IFPRI和华中农大的研究人员正在合作开发利用遥感技术和卫星图像支持农业生产决策的工具和数据库。

与此同时，通过MARI学术网络，IFPRI研究人员可以更积极地与来自国内和全球其他地区的研究人员和学生开展合作。

游良志指出，通过研究项目合作、会议、培训和指导研究生，IFPRI可以在来自中国和其他第三世界国家的未来农业研究人员和经济学家的能力建设方面作出贡献。