

破解优质蛋白玉米育成之谜

《自然—通讯》1 月 7 日

主要作者:上海交通大学教授王文琴团队和中国科学院分子植物科学卓越创新中心巫玉睿团队

进展亮点:深入解析了优质蛋白玉米选育的基因组结构变异基础,全面挖掘了潜在的硬质胚乳修饰因子。发现了一些与多个胚乳修饰因子遗传位点紧密相连的候选基因,这些基因具有结构变异和表达水平改变等遗传特征。提出了解释优质蛋白玉米硬质胚乳形成的分子机制模型。

点评:构建了高质量优质蛋白玉米基因组,鉴定出具有结构变异和表达差异的候选基因,这将会促进优质蛋白玉米胚乳修饰因子分子标记开发和分子育种。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-019-14023-2>

揭示重要抗盐碱机制

《自然—通讯》1 月 10 日

主要作者:中国农业大学教授蒋才富团队

进展亮点:报道了一个玉米抗盐碱数量性状基因 ZmNSA1,可调控盐碱胁迫下玉米地上部钠离子稳态,揭示了 EF-hand 蛋白调控盐碱胁迫下钠离子稳态的新机制。ZmNSA 编码一个含有 EF-hand 结构域的钙离子结合蛋白,并能负调控 MHAs 的表达和抗盐碱应答。

点评:揭示了一种新的 EF-hand 蛋白解码钙离子信号机制,解析了它在玉米抗盐碱应答中的作用机制,是作物抗盐碱基础研究领域的重要成果。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-019-14027-y>

发现水稻产量和氮肥利用效率

协同调控新机制

《科学》2 月 7 日

主要作者:中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员傅向东团队等

进展亮点:以封面文章的形式报道了赤霉素信号传导新机制提高水稻产量和氮肥利用效率的研究成果。

从携带“绿色革命”基因 sd1 的水稻品种 93-11 中筛选到一个产量性状(分蘖)对氮素响应不敏感的突变体,并克隆了控制水稻氮肥高效利用的关键基因 NGR5。NGR5 参与氮营养促进植物生长发育过程,而且能与植物生长抑制因子 DELLA 蛋白互作;DELLA 蛋白能竞争性结合赤霉素受体 GID1 蛋白,抑制赤霉素介导的 NGR5 蛋白降解,进而增加 NGR5 蛋白稳定性。

点评:找到既提高产量又降低化肥投入、减少环境污染的育种新策略,为培育“少投入、多产出、保护环境”的绿色高产高效新品种奠定了理论基础,并提供有育种应用价值的基因资源。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1126/science.aaz2046>

白羽扇豆高质量基因组发布

《自然—通讯》2 月 26 日

主要作者:中国农业科学院研究员程锋团队和福建农林大学教授许卫锋团队

进展亮点:成功组装了磷高效利用模式作物白羽扇豆的染色体水平高质量基因组,揭示了白羽扇豆低磷适应的特征与其基因扩张与亚基因组优势关联。白羽扇豆的自身碳固定、排根发育建成、土壤磷活化和内部磷利用等四个先后调控途径的多个相关基因发生显著扩张和特异性低磷诱导表达。其中,生长素稳态调节关键基因对于排根形成至关重要,抑制其表达可大大减少排根形成。

点评:对磷高效利用作物的筛选与培育具有重要的参考价值。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-14891-z>

霍霍巴油可借油菜合成

《科学—进展》3 月 11 日

主要作者:华中农业大学教授郭亮团队、陈玲玲团队联合国外 5 家单位

进展亮点:完成油料作物霍霍巴的高质量参考基因组。霍霍巴蜡酯主要富集在种子的子叶中,而含量极少的三酰甘油则主要富集在种子的胚轴。参与蜡酯合成的相关基因在子叶中的表达量远高于胚轴中的表达量。这些基因在空间上的表达差异,可能是造成蜡酯及三酰甘油在霍霍巴种子中存在明显分布差异的主要原因。

点评:深入了解霍霍巴蜡酯合成功制,为霍霍巴品种改良提供理论基础。高芥酸油菜种子中脂肪酸的组成正好符合霍霍巴中相关酶的底物偏好性,借油菜种子合成霍霍巴油成为可能。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay3240>

揭示阻止多个花粉管

进入胚珠的分子机制

《自然》3 月 19 日

主要作者:山东农业大学段巧红团队、美国马萨诸塞大学阿默斯特分校

进展亮点:在拟南芥中,FERONIA

受体激酶调控了低甲酯化果胶质在丝状器的积累,进而调控了第一个花粉管诱导的一氧化氮在丝状器中的积累。

一氧化氮对诱导花粉管进入胚珠的诱饵蛋白进行亚硝基化修饰,一方面阻止其分泌,另一方面使其失去诱导花粉管的活性,其他花粉管因此不能进入“名花有主”的胚珠。

点评:在分子与生化水平上揭示了胚珠如何协调“花粉管破裂”与“防止多个花粉管进入胚珠”这两个不同而又紧密相连的生物学过程,为进一步研究被子植物受精过程的调控机制提供了重要启示。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2106-2>

大豆驯化过程中开花的进化和选择

《自然—遗传》3 月 30 日

主要作者:广州大学教授孔凡江和刘宝辉团队联合中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员田志喜团队

进展亮点:发掘了两个长日照条件下控制开花期的关键位点 Tofl1 和 Tofl2。tofl2-1 的功能缺失突变被强烈选择,并在栽培品种中被迅速固定下来,从而使栽培品种的开花期和成熟期普遍提前。tofl1-1 的功能缺失型突变发生于 tofl2-1 之后,在 tofl2-1 遗传背景上再次受到选择,从而进一步缩短了栽培大豆的开花期和生育期,提高了栽培大豆的适应性。

点评:首次系统确认了光周期开花是作物核心的驯化性状,进一步完善了长日照条件下大豆光周期的分子调控网络,阐明了大豆适应高纬度生态环境的遗传基础,发现了大豆驯化过程中同源基因的逐步进化与选择的分子机制。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>

五个异源四倍体棉花起源终被厘清

《自然—遗传》4 月 20 日

主要作者:南京农业大学、美国得克萨斯大学、哈森阿尔法生物技术研究所、得州农工大学等

进展亮点:构建了所有五种异源四倍体棉花的高精度参考基因组。五个种的形成是单一起源,并历经了 20 万~60 万年的自然演化,逐渐形成五个棉花种。不同棉种在 150 万年的杂交、多倍化和进化过程中,基因数量和排列结构并没有非常显著的变化。而在 8000 年左右的人工驯化过程中,陆地棉和海岛棉成为最主要的栽培棉花,其纤维长度和品质等发生了显著改变。

点评:首次揭示了五个多倍体棉花进化和驯化的遗传和表现遗传规律,同时为通过种间杂交、表现遗传育种和基因编辑改良棉花提供了理论支撑和特有的基因组资源。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0614-5>

寻找现代玉米改良的足迹

《自然—遗传》4 月 27 日

主要作者:华南农业大学王海洋团队、中国农业科学院生物技术研究所、北京大学等

进展亮点:现代玉米育种过程中,中美两国的玉米育种材料都经历了向着更低的穗位、更少的雄穗分枝数、更紧凑的叶夹角及更早的开花期方向发展的趋同选择。与上述 4 个关键性状有关的有利等位基因,随着时间的推移,在中美育种材料中出现的频率同时显著上升,揭示了四个性状在中美育种过程中受到趋同选择的遗传基础。

点评:挖掘了近一个世纪以来玉米关键农艺性状改良、产量提升的遗传基础和关键调控基因。解析了国内外现代玉米选育过程中的“育种选择指纹”,描绘出现代玉米改良的足迹。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0616-3>

添加一种植物就有显著多样性效益

《自然—植物》5 月 4 日

主要作者:上海市农业科学院研究员蔡友铭团队联合复旦大学、浙江农林大学等

进展亮点:通过分析全球 2900 余组植物种植的比较试验数据发现,在农业、草原和森林系统,增加植物物种多样性能够提高捕食性天敌的丰度和捕食率、寄生性天敌的丰度和寄生率,从而减少害虫、保育害虫的天敌、提升作物产量与品质。在农业生态系统,只需在主栽作物田块通过种植诱集植物、间套作、果园生草等措施添加 1 种植物,便可明显增加主栽作物上天敌的数量和多样性。

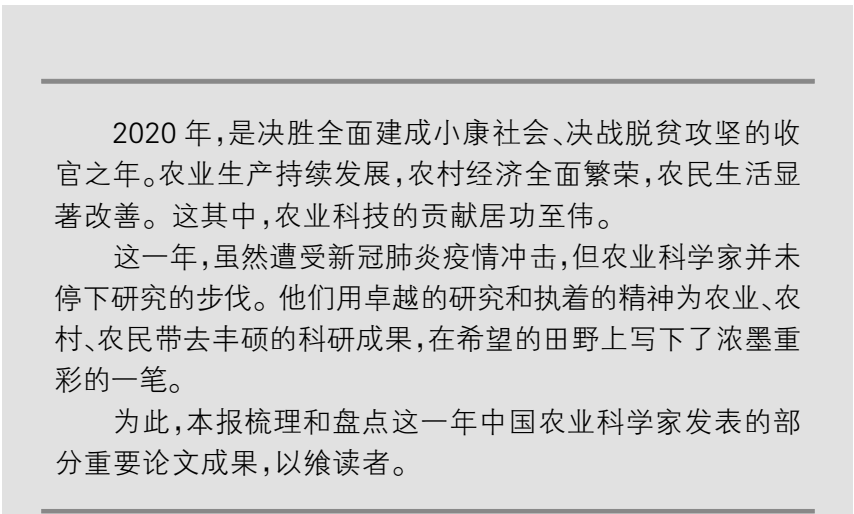
点评:植物物种多样性可以帮助农民、决策者利用有益昆虫提供的重要生态系统服务。这为降低农药用量、防止农药污染、保护生态环境,提供了食物网层面的理论依据。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0654-y>

铁载体是争夺根际稀缺资源“武器”

《自然—微生物》5 月 11 日

主要作者:南京农业大学教授沈其



2020,中国农业科研『亮点』频闪

■本报记者张晴丹李晨



▲铁载体是根际稀缺资源保卫战的“秘密武器”。张耀予绘图



▲蕨藜苜蓿复叶发育新机制被选为《自然—植物》封面故事。王二涛供图



▲杂合马铃薯卫工中国农业院供图

荣团队联合瑞士、荷兰、英国学者

进展亮点:有些铁载体可以抑制青枯菌生长,产量越大抑制能力越强,被称为抑制型;而一些低产细菌产生的铁载体却为青枯菌的生长提供了便利,被称为便利型铁载体。当便利型铁载体介导促进效应时,根际细菌的铁素竞争力弱,分泌的铁载体被青枯菌剥削利用,促进了青枯菌的生长,而自身由于分泌铁载体消耗了大量的能量,却无法回收自己的铁载体获得铁素营养,因此生长受阻;反之亦然。

点评:铁载体介导的根际细菌与青枯菌之间的铁竞争,是预测土壤微生物群落中细菌—青枯菌共存模式、决定病原菌是否入侵成功,以及对宿主植物造成破坏的普遍机制。利用上述结论,可以工程化生产抑制型铁载体微生物。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0719-8>

解析蕨藜苜蓿复叶发育新机制

《自然—植物》5 月 11 日

主要作者:中国科学院西双版纳热带植物园陈江华团队

进展亮点:以封面文章发表了蕨藜苜蓿复叶形态模式建立的新机制。筛选到一类新的五叶突变体 pinna1,五个小叶以羽状方式排列,额外增生的两片小叶起始于顶端小叶的基部,形成奇数类羽状复叶模式。最终定位了 PINNA1 基因,它在不同时期的叶原基中表达,并与 PALM1 精巧协同合作实现对复叶发育过程中 SGL1 时空表达的精确调控。

点评:新机制为苜蓿的分子育种和改良提供了重要参考。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0642-2>

找到新型广谱抗菌增效剂

《自然—微生物学》5 月 18 日

主要作者:中国农业大学沈建忠院士团队

进展亮点:首次报道了一种新型线性短链广谱抗菌增效剂 SLAP-S25,可以提高多种临床常用抗菌药物,如四环素、万古霉素、氧氟沙星、利福平和多黏菌素对多重耐药大肠杆菌以及其它耐药的革兰氏阴性菌的抗菌效果。SLAP-S25 和多黏菌素联合应用恢复了 10 种不同的多黏菌素耐药革兰氏阴性菌对多黏菌素的敏感性。

点评:为合理用药和治疗多药耐药病原菌感染提供了新策略,为保障多黏菌素类药物作为抗革兰氏阴性菌感染的“最后一道防线”提供了新思路和技术支持。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0723-z>

首次破译四倍体紫花苜蓿基因组

《自然—通讯》5 月 19 日

主要作者:西北工业大学教授邱强团队、中国科学院昆明动物研究所、中国科学院西双版纳植物园等

进展亮点:发表我国地方特有品种新疆大叶紫花苜蓿的四倍体基因组,并成功将四倍体基因组组装到了 32 条染色体上。成功培育获得了一批多叶型紫花苜蓿新材料,其杂交后代表现出稳定的多叶型性状且不含转基因标记。

点评:让实施紫花苜蓿分子育种策略成为可能,为加快我国优质苜蓿品种培育和牧草产业发展提供重要支撑。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16338-x>

20 个水稻品种表现参考基因组发布

《自然—通讯》5 月 27 日

主要作者:华中农业大学教授李兴旺和李国亮团队

进展亮点:描绘了 20 个水稻品种的表现参考基因组图谱。产生了多达 500 多套组学数据,覆盖 20 个有代表性的水稻品种及其多个组织。水稻中存在大量具有增强子活性的启动子,这些启动子不仅调控相邻基因的表达,还可以作为增强子调控远端与其互作基因的表达。

点评:鉴定到的籼粳稻之间染色体状态差异为研究水稻品种分化和环境适应性提供了独特视角,也为全面解析水稻基因组结构提供重要资源。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16457-5>

间套作中国模式增产效应更大

《自然—植物》6 月 1 日

主要作者:中国农业大学教授张福锁院士团队

进展亮点:高投入—高产玉米间套作管理模式,通过玉米与矮秆谷类作物搭配,采用条带种植、分期播种、充足养分投入等管理措施,较单作具有更大的增产效应,在中国广泛应用。

低投入—低产出间套作管理模式,通过豆科作物与矮秆谷物混作或单行交替种植,采用同种同收、较低养分投入等管理措施,增产效应较低,该模式在欧洲广泛应用。

前者的增产效应是后者的 4 倍。两种间套作模式较单作均具有节肥增产的优势。

点评:在中国广泛应用的玉米间套作模式具有更大的增产效应,值得全球借鉴。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0680-9>

激素水平升高令小菜蛾 Bt 高抗性

《自然—通讯》6 月 12 日

主要作者:中国农业科学院蔬菜花卉研究所研究员张友军团队

进展亮点:在 Bt 蛋白高抗的小菜蛾中,蜕皮激素和保幼激素含量均显著升高。它们之间的串扰可以激活 MAPK 信号途径反式调控机制,使小菜蛾在维持正常生长发育的前提下对 Bt 杀虫蛋白完美进化,从而产生高抗性。

点评:首次揭示了经典的昆虫激素可以参与昆虫 Bt 抗性的新功能及其分子调控网络。对于我国田间重大农业害虫 Bt 抗性进化的监测预警和综合治理,以及新型 Bt 生物杀虫剂/转 Bt 基因抗虫作物的研发推广和可持续应用,均具有重要的理论和实践意义。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-16608-8>

发现植物株型调控新机制

《自然—植物》7 月 13 日

主要作者:中国农业科学院蔬菜花卉研究所与深圳农业基因组研究所等

进展亮点:揭示黄瓜卷须身份基因 TEN 调控卷须发育和运动的分子机制,为基因内部结合的转录因子是如何调控基因表达这一基础的科学问题提供了一个重要的解答。

TEN 的 C 端负责结合到下游靶标的基因内增强子上,其 N 端结构域是一类全新的组蛋白乙酰转移酶,负责乙酰化修饰组蛋白 H3 的球体区域,维持染色质开放,从而激活靶标基因表达。

点评:为揭示转录因子结合到基因内部如何调控基因表达的科学问题提出了新见解,也为深入认识株型发育的基因调控网络提供了重要思路,并可直接用于培育轻简化栽培的黄瓜新品种。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0715-2>

首个古茶树基因组精细图谱绘制

《自然—通讯》7 月 24 日

主要作者:华中农业大学园艺林学学院教授闻玮玮课题组

进展亮点:在完成首个高质量染色体级别的古茶树基因组组装的基础上,利用 217 份多样的茶树资源的转录组数据,揭示了中国茶树育种中的骨干亲本,并鉴定了调控儿茶素生物合成的多个关键基因。在遗传和代谢水平上,古茶树和栽培种并未显著分化,表明在风味品质上,茶树可能未受到长期定向的人工选择。

点评:为茶树功能基因组学的发展提供基础和丰富资源,为茶树分子育种、品质提升以及有益天然产物生物合成奠定基础。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-17498-6>

创制 C4 禾谷类模式植物

《自然—植物》8 月 31 日

主要作者:山西农业大学杂粮分子育种团队与中国农业科学院作物科学

研究所等

进展亮点:获得了一个超短生育期谷子“小米”,其生育期仅两个月左右,株高仅 30 厘米左右,适合室内大规模种植研究。在此基础上,组装了高质量参考基因组,构建了全生育期基因表达图谱和谷子多组学数据库,建立了高效稳定的遗传转化体系。从而将“小米”发展成了 C4 禾谷类研究的模式植物。

点评:“小米”模式植物体系的建立将促进 C4 高光效、氮素高效吸收利用机制、抗旱机制、遗传改良等研究。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0747-7>

组装龙井茶树染色体级别基因组

《自然—通讯》9 月 7 日

主要作者:中国农业科学院茶叶研究所和深圳农业基因组研究所、中国科学院昆明动物研究所及云南省农业科学院茶叶研究所等

进展亮点:以优良茶树品种龙井 43 为材料,完成了染色体级别的基因组组装。对来自世界不同国家和地区的 139 份有代表性的茶树材料进行了深度重测序,揭示了茶树群体的系统发生关系,描绘了栽培茶树的进化历史。

点评:为茶树基因组学和育种研究,以及茶树遗传和进化研究提供了丰富的素材。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18228-8>

马铃薯杂交种子更近了

《自然—遗传》9 月 28 日

主要作者:中国农业科学院深圳农业基因组研究所研究员黄三文团队等

进展亮点:首次测序完成杂合二倍体马铃薯基因组,提供了迄今最完整的杂合马铃薯基因组、最全面的马铃薯单体型比较分析。在二倍体马铃薯 RH 中,有害突变散布在两套基因组中,与其他类型的变异呈马赛克式分布。有害突变还有可能与优良基因紧密连锁,很难通过传统杂交的方法彻底淘汰有害突变。

点评:为马铃薯二倍体育种提供基因组学支持,有助于利用基因组学和合成生物学方法快速打破马铃薯育种中的障碍,构建优良的二倍体自交系。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0699-x>

解密植物干细胞如何抵御病毒

《科学》10 月 9 日

主要作者:中国科学技术大学教授赵忠课题组

进展亮点:解析植物干细胞抵御多种病毒侵染的分子机制。揭示植物茎顶端分生组织存在广谱抗病毒免疫的分子机制。在侵染过程中,病毒必须利用植物细胞内的蛋白质合成系统合成自身的蛋白,以完成自身的复制、组装和侵染过程。而干细胞关键调节基因 WUS 则通过直接抑制细胞内蛋白质合成的速率,限制了病毒的复制和传播。

点评:回答了为什么植物病毒不能侵染植物茎尖这一长期未解决的基本生物学问题,为未来作物广谱抗病毒防治提供了新的技术策略。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1126/science.abb7360>

解析水稻中重要二萜的代谢机制

《自然—植物》12 月 8 日

主要作者:海南大学教授罗杰团队

进展亮点:利用水稻自然群体进行代谢物全基因组关联分析,在水稻 7 号染色体成功定位鉴定了一个控制单环二萜自然变异的基因簇 DGC7。该基因簇在质体中催化形成 5,10-二酮一萜麻烯——一种具有潜在医用价值的重要二萜。DGC7 还能提高水稻对于白叶枯病的抗性。

点评:揭示了水稻单环二萜基因簇自然变异的生化基础及其在水稻抗病中的作用,为作物遗传改良提供了新资源。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-00816-7>

揭示豆科植物与根瘤菌

共生固氮分子机制

《自然》12 月 10 日

主要作者:中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员王二涛团队

进展亮点:植物干细胞关键转录因子 SCR 在豆科植物的皮层细胞表达,另一个干细胞关键转录因子 SHR 在维管束表达后移动到皮层细胞,使豆科植物皮层细胞获得了 SHR-SCR 分子模块。该干细胞分子模块赋予豆科植物皮层细胞分裂能力,能够被根瘤菌的共生信号激活,诱导豆科植物苜蓿的皮层分裂,形成根瘤。这使其有别于非豆科植物,回答了“为什么豆科植物能与根瘤菌结瘤固氮”的科学问题。

点评:发现了控制豆科植物根瘤共生固氮的关键分子模块,为非豆科植物皮层细胞命运的改造奠定了基础,并为今后减少作物对氮肥的依赖、实现农业生产的可持续发展提供了新思路。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-3016-z>