

未来“慧”农业

# 农业微生物：“菌”上大有用场

■本报记者 张双虎

“现在我愁的不是销量，愁的是产量供不上。”河南省新蔡县牛湾村益生菌水稻种植基地负责人彭东文说，“我的生态稻，在4月份开始种秧时就全部预售完了。”

前不久，河南省新蔡县牛湾村益生菌水稻种植基地的“丰收季”如期举办。得益于益生菌技术的使用，这种水稻在生长期中，病害、虫害率极大降低，不但减少了化肥农药用量，而且生产的大米颗粒饱满、色泽透亮、口感软糯、米香悠长。

牛湾村第一书记谢云介绍说，这是河南省首个把益生菌用到水稻种植方面的农业技术项目，随着技术的推广和试种带来收益的增加，越来越多村民想试一试这种技术，“明年种植面积将进一步扩大”。

微生物组学技术已经悄然在农业增产增效的“战场”上凸显力量。

## 被忽视的力量

“微生物组作为宿主的第二套基因组(第一套指宿主自身的基因组)，长期以来处于相对被忽视的状态。”中国农业大学生物学院植物生理学与生物化学国家重点实验室教授徐凌告诉《中国科学报》。

在农业领域，全球科学家投入了大量的人力物力，研究农作物的功能基因，用以改良植物性状、推动农业可持续发展、保障粮食安全，目前已取得了显著的成效。

一方面作物基因改良存在育种周期比较长等问题。另一方面，现在越来越多的研究发现，植物微生物组可以提高植物抗旱、抗病等重要抗性性状，促进氮磷等营养物质的吸收利用效率，广泛参与调控植株生长发育及杂种优势等多个生物学过程，并影响最终作物产量和品质。

“因此，接下来针对‘作物—微生物组’作用机理的研究，将大大加速传统育种与微生物群落育种相结合进行的农作物性状改良，以及农业微生物组产品(如生物种衣剂、微生物农药、微生物肥力等)的开发应用。”徐凌说，“这会推进高产优质、绿色高效现代农业的发展，符合国际农业生物技术的发展趋势，也是提升我国农业科技核心竞争力、保障国家粮食安全、提高农业综合效益的重要技术支撑。”

中国农业科学院农业微生物资源团队首席科学家魏海雷认为，农业微生物种质资源种类丰富，涵盖了细菌、真菌、病毒等重要类群，主要应用于肥料、食药、饲



科研人员在安徽蒙城采集小麦根际、根内、茎、叶片样品，以研究小麦微生物组与作物产量的关系。受访者供图

料、植保、农业环境等方面。微生物在探索高效、安全、资源节约、环境友好的现代农业发展之路上发挥着重要作用。

“特别是在绿色发展大背景下，农业微生物的应用极为迫切。”魏海雷说，“比如，解决‘藏粮于地’就需要微生物的参与，固氮微生物等微生物肥料可以增加土壤中的氮素来源，解磷、解钾微生物可以分解土壤中难溶的磷、钾，将其转变为作物能吸收利用的磷、钾化合物。”

此外，以微生物技术为纽带，通过农业废弃物的肥料化、沼气化、食用菌化和饲料化，把种植业、养殖业和居民生活紧密连接起来，可以减少环境污染，改善农村生态环境，发展农业循环经济，促进农业可持续发展。

## 微生物组的“好时代”

微生物组是指一个特定环境或生态系统中，全部微生物及其遗传信息的集合，其中蕴藏着极为丰富的微生物资源。

“全面系统地解析微生物组的结构和功能，将为解决人类面临的能源、生态环境、工农业生产 and 人体健康等重大问题带来新思路。”中国科学院南京土壤研究所研究员、中国科学院大学教授褚海燕在接受《中国科学报》采访时说，“然而，微生物组学研究在很大程度上取

决于其技术与方法的发展。”

在高通量测序技术出现以前，微生物研究主要基于分离培养和指纹图谱等技术，但由于这些技术存在不足，人们对于微生物的认识十分有限。本世纪初，微生物组学技术的兴起，对环境整体微生物群落进行分析成为可能，开创了微生物分子生态学研究的新时代。而高通量测序和质谱等技术的突破，使人们可以从DNA、RNA、蛋白质和代谢物等不同水平解析微生物组，以获得更为全面的微生物组信息。

“目前微生物组学研究正处于从数量到质量、从结构到功能的关键转变时期。”褚海燕解释说，“微生物与其所处环境共同构成了复杂的微生物组，在支撑生态系统过程和功能中，发挥着不可替代的作用。为充分发挥微生物组在各前沿领域的关键作用，迫切需要深入理解微生物组的结构和功能。”

目前的组学技术仍存在一定局限性，建立在宏基因组学基础上的理论和模型是否适用于微生物组、针对个体层面的微生物研究是否适用微生物组等问题目前还没有明确的结论，仍需要更多的微生物组学数据支撑。

“微生物跟动植物等大型生物不同，单个微生物的作用微不足道。而且环境中的微生物数量巨大，每克土壤里，就可

能有成千上万种微生物，组学技术可将其作为一个整体研究，同时测定成千上万微生物的群落组成、功能和相互关系。”褚海燕说，“因此，微生物组学研究要和大数据、人工智能等技术结合起来，深入理解微生物的组成、多样性与时空分布，深入挖掘微生物的功能与调控机制。现在大数据、人工智能等技术的进步，让微生物组学研究进入了‘最好时代’。”

## 用好“后发优势”

“目前，世界范围内针对植物的微生物组学研究尚处于起步阶段，且多侧重于模式植物的理论研究，利用农作物进行大田应用试验的例子还比较少，对于‘作物—微生物组’在农业生产环境下的互作机理知之甚少。”徐凌说，“在此背景下，我国农业微生物组学正逐步体现出后发优势。”

目前，我国农业微生物组学技术体系逐步完善，有一批年轻且富有创造力的人才，但在“前沿理论”研究方面总体上处于跟跑状态，多偏重于技术应用，在基础研究、原创成果、顶尖人才、技术生态、基础平台、标准规范等方面，“与世界领先水平还存在明显差距”。

“因此，需继续加大农业微生物组理论研究的投入，致力于突破一批关键技术瓶颈(如微生物组基因组编辑技术、人工微生物群落合成技术等)，建立拥有自主知识产权的技术体系。”徐凌说。

徐凌指出，同时还要防范盲目跟跑国际热点，应面向我国农业生产的特定环境和实际需求，以主要农业动植物、农业微生物和农业生态为综合研究对象，从农业水土环境、作物种质、生物农药肥料等领域充分发掘农业微生物的应用潜力，助力我国资源节约型、环境友好型现代农业发展。

褚海燕认为，我们不仅要研究微生物群落分布，还要研究微生物组和作物产量、品质、生物固氮等功能之间的关系。通过生物信息分析、海量数据分析，识别关键微生物，然后分离培养，通过微生物间的网络关系筛选核心物种，构建最简“微生物组”，最后通过菌群移植或合成菌制剂来改良“非健康的土壤”，从而保证作物优质高产。

“农业微生物研究不仅涉及土壤微生物，还应关注农作物自身的微生物组。农业微生物研究将在解决粮食安全、环境保护、全球变化以及人类健康等方面起着更加重要的作用。”褚海燕说。

全球农业

美国康奈尔大学的研究人员开发了一种创新技术，可以跟踪微生物并了解它们处理土壤碳的各种方式。这些发现增加了人们对细菌如何促进全球碳循环的认识。相关论文近日发表于美国《国家科学院院刊》。

众所周知，土壤细菌很难研究，尽管它们是生物圈健康的关键参与者。它们将植物生物量转化为土壤有机质，而土壤有机质是土壤肥力的基础，其含碳量是大气(的)3倍。通过这种方式，细菌控制了最终进入大气或储存在土壤中的碳量，每年土壤微生物处理的碳量大约是所有人(为)排放总量的6倍。

“我们希望利用一些重要信息研究生物体本身，以便更好地了解它们在做些什么，以及为什么要这样做。”美国康奈尔大学土壤和作物科学系教授Daniel Buckley说，“我们了解得越多，就越能更好地预测土壤碳的变化。”

在预测碳循环和气候变化的计算机模型中，最大的不确定性是人们对于土壤细菌如何运作和影响土壤碳的了解甚少。提高人们对细菌在碳循环中所起作用的认识，将有助于气候模型建立者做出更准确的预测。

“通过了解微生物在做什么，我们希望能够更好地预测未来碳循环中会发生什么，然后就如如何管理土壤做出更好的决定。”Buckley表示。

土壤微生物很小，很难在地下观察到，因此科学家对它们的需求了解不够，加上它们无法在实验室中培养，使其几乎无法被研究。

在这篇论文中，研究团队使用稳定同位素和高通量DNA测序来识

进展

## 研究揭示超快速冷却实现持久保鲜机理

本通讯 近日，中国农业科学院农产品加工研究所肉品加工与品质调控创新团队以羊肉为研究对象，阐明了超快速冷却对羊肉宰后僵直、新鲜度与微生物组成的影响。相关研究结果发表于《食品化学》等期刊上。

该研究发现，超快速冷却处理可以促进大量钙离子快速释放到肌浆中，激活肌球蛋白腺嘌呤核苷三磷酸酶，使肌纤维收缩导致肌原纤维小片化指数迅速升高，同时也降低了糖酵解速率和腺嘌呤核苷三磷酸消耗速率，提高了μ-钙蛋白酶活性，促进骨架蛋白降解与肌球蛋白解离，最终有效抑制宰后僵直的发生。

不仅如此，超快速冷却还可以显

别不同种类的细菌，并追踪每一种细菌如何随时间的推移消耗碳。

Buckley解释说：“这种方法使我们能够识别同位素标记的DNA，并找出哪种微生物吃了每种不同类型的碳。”他把这种方法比作在钞票上做记号，在城市里发行，然后在经济运行中跟踪它们。

他们发现微生物有不同的吸收碳的策略。快速生长、进食和死亡的微生物以易于获取的碳(如糖)为食。同时，其他细菌专攻更难分解和吸收的碳。这些微生物生长和消耗材料的速度更慢，而且更专业、更高效。在这项研究中，研究人员将这些类型的细菌归为“协会”，其是以同样的方式获取食物或碳的生物群。

这项新研究通过揭示微生物处理植物碳的不同策略，为土壤有机质的形成和损失提供了线索。在将来的工作中，该团队还将调查一些“协会”是否喜欢不同的栖息地，如森林或农田，以及土壤pH值对微生物群落的影响。

(王方编译) 相关论文信息：<https://doi.org/10.1073/pnas.2115292118>

# 追踪土壤细菌的「吃碳」行动

# 宁乡猪有了“身份证”

■本报见习记者 王昊昊

有上千年饲养历史的中国四大名猪之一宁乡猪，终于有了“身份证”!

近日，《分子生态学资源》发表研究论文，绘制了高精度宁乡猪基因组图谱，揭示了宁乡猪基因组内丰富的遗传变异和肉质优异性状的遗传基础。这意味着宁乡猪有了“身份证”。

## 溯源：解开宁乡猪好吃的“密码”

宁乡猪产于湖南宁乡市流沙河和草冲区域，以肉质鲜嫩、风味独特和不饱和脂肪酸含量高而著称。宁乡猪产业是宁乡市经济发展的主导产业之一，2020年，该市出栏花猪32万头，一、二、三产业综合产值35亿元。

“宁乡猪很好吃，产业发展也越来越好，但大家不知道宁乡猪到底好在哪里。”该论文第一作者、湖南农业大学动物科技学院教授马海明表示，要搞懂这个问题，只能从研究其基因入手。

在此之前，宁乡猪没有自己的基因组图谱，而是借用一个外来品种的基因组图谱，两者差异很大，可以说是“货不对板”。“这一定程度上制约了宁乡猪产业的发展。”马海明说。2016年，这项基础性研究正式启动。

大量研究表明，中国地方猪种的基因多样性高于欧洲猪种，而中外猪种在脂肪沉积和脂肪酸含量方面存在着显著差异。为此，该项研究还额外采了8个中国地方猪种的耳样进行了重测序。“采样过程充满艰辛，很多地方猪种存量很少，农户不愿意让团队采样。”马海明说，团队先后到湖南、重庆、广西和云南四地采样，花了近半年时间。

有了采样基础，团队采用单分子实时测序、空间三维基因组学等技术，对宁乡猪的遗传基因组进行了分析，组装了高精度的宁乡猪基因组，注释了20912个蛋白编码基因和34.04%的重复序列，筛选出了显著影响宁乡猪肉质的相关基因。

“这意味着我们摸清了宁乡猪的主

要遗传特性，掌握了高精度宁乡猪基因组图谱，获得了解开宁乡花猪好吃的‘密码’的钥匙。”马海明说，此前业界做过针对地方猪繁殖性状的基因组图谱，而此次获得的图谱针对肉质而做，基因分辨率高于此前的研究。

湖南省生猪产业体系首席专家、湖南农业大学动物科学技术学院教授贺建华是该研究论文共同通讯作者，他表示，现在市面上很多餐饮企业都广泛使用宁乡猪肉，但这些猪肉的真假难以鉴别。团队将在基因组图谱的基础上，进一步开发宁乡猪肉鉴别试剂盒，让普通民众能简单、快速地鉴别宁乡猪肉的真假。

## 发现：不同年龄段宁乡猪基因有差异

动物出生后，肌肉的生长发育主要表现为肌细胞生长与肥大，肌纤维数量却很少发生变化。目前，猪肉是人类获得动物性蛋白的主要来源。猪背最长肌是评价猪肉品质的主要部分。

该研究通过三代测序技术，获得了高质量的宁乡猪全基因组序列，其基因组组装大小为2.438 G，具有contig N50和contig的分别为26.1 Mb和139.033 Mb，通过Hi-C技术挂载到19个染色体上；通过对宁乡猪的肌肉组织、脂肪组织和肝脏组织转录组中可信核糖核酸(mRNA)与长链非编码RNA(lncRNA)分析，发现其在不同年龄段基因差异表达模式不同。

贺建华介绍，团队选择与同一头公猪配种的四头母猪后代，分别在30日龄、90日龄、150日龄、210日龄进行研究，每个时间点选择其中的一头母猪所产的3头雄性仔猪进行屠宰采样，每个时间点选的3头宁乡猪为全同胞，不同时间点之间为半同胞关系，共计12头。

在背最长肌的四个发育阶段，研究团队通过对6个组两两比较总共鉴定了7641个差异mRNA和510个差异



宁乡花猪 曾清华供图

lncRNA。在DEmRNA中，30日龄与90日龄中的差异mRNA数量最少，90日龄与210日龄之间的差异mRNA数量最多；在DElncRNA中，30日龄与90日龄差异lncRNA数量最少，30日龄与210日龄差异lncRNA数量最多。

为更好地研究宁乡猪肌肉在发育过程中差异基因的潜在功能，团队以30日龄为参照，构建了90日龄、150日龄、210日龄3个封闭组。结果显示，与30日龄相比，90日龄中394个基因上调，主要富集于小分子代谢过程、脂质代谢过程、脂肪细胞分化等；150日龄中有1652个基因上调，主要富集于核酸结合、核酸酶活性和核酸内切酶活性等；210日龄中2218个基因上调，主要富集于转移酶活性等。

“我们通过使用最新的三代测序技术，首次获得了宁乡猪的全基因组图谱；通过三代全基因组数据注释了宁乡猪转录基因和lncRNA信息，首次利用全转录组学研究方法，利用二代测序平台分析了宁乡猪背最长肌组织、背部皮下脂肪组织以及肝脏组织，以此研究宁乡猪在不同发育阶段与脂质代谢相关的基因对发育的调控。”马海明表示。

## 攻坚：掌握宁乡猪肉质变化规律

“基因组图谱绘制完成，意味着人类更进一步认识了延续千年的宁乡花猪，这是一个历史突破。”湖南省养猪协会副

会长、宁乡花猪产业发展协会会长李述初说。

他表示，传统育种方式育种至少要花八至十年，这一成果不仅可让育种时间缩短一半，还能很好地指导宁乡猪新品种种质资源创新研究工作，帮助大家进一步挖掘其优异基因，育出肉质更佳和经济效益更高的猪种，这对“熊猫猪”之称、曾几近濒临灭绝的宁乡猪产业发展意义重大。

“目前我们做的研究仍不够，比如，此次转录组测序研究中，仍然存在少量的mRNA没有功能注释，需要确定这些mRNA的功能；通过转录组测序分析，获得了大量的新鉴定的lncRNA及其预测的靶基因，需要进一步在功能性方面验证新lncRNA的作用；需要进一步对可能存在ceRNA关系的lncRNA-miRNA-mRNA对进行作用机制上的验证。”马海明说，团队未来将通过深入研究，逐步掌握宁乡猪在不同生长阶段肉质的变化规律。

马海明表示，红色原鸡、山羊以及一些水产物种的基因组研究已开展得比较多，随着越来越多的科研工作者参与农业动物基因组学研究，未来他们将绘制更多的农业动物基因组图谱，这不仅会促进相关农业产业更高效发展，还会帮助人类更深入地了解、认识这些物种的生长发育规律。

相关论文信息：<http://doi.org/10.1111/1755-0998.13550>

## PIL 家族转录因子抑制植物分蘖机制获解析

本通讯 近日，山东省农业科学院水稻研究所研究员谢先芝等，报道了PIL家族转录因子直接与SPLs互作，并在抑制小麦、水稻和拟南芥分蘖/分枝方面发挥重要作用。相关论文在线发表于《新植物学家》。

该研究首先对小麦TaPIL1进行过表达表型分析发现，TaPIL1通过上调TaTB1表达来抑制小麦分蘖。酵母单杂、瞬时表达和ChIP-qPCR实验结果表明，TaPIL1能够激活TaTB1转录。将TaPIL1与强转录抑制因子基序SRDX融合，结果发现TaPIL1-SRDX转基因小麦分蘖数增加，并表现出矮化表型，说明TaPIL1的转录激活活性

对于其抑制分蘖功能至关重要。基于前期研究发现TaSPL3/17直接激活TaTB1转录来抑制小麦分蘖，研究验证显示，TaPIL1可直接与TaSPL3/17互作。

进一步对水稻OsPIL11的功能进行鉴定发现，其过表达和功能缺失突变均分别减少或增加了水稻分蘖数，而这均是通过调控OsTB1表达实现的。在拟南芥中，同样证实PIF4与SPL9存在互作以抑制茎分枝。综上所述，转录因子PIF/PILs与SPLs的互作在抑制小麦、水稻和拟南芥分蘖/分枝中具有保守特性。(王方)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1111/nph.17872>

## 研究找到橡胶树叶片颜色变化关键因素

本通讯 近日，中国热带农业科学院橡胶所橡胶树花青素生物合成的转录调控方面取得重要进展，相关成果发表于《工业作物和产品》。该成果不仅丰富了对橡胶树花青素合成转录调控的认识，也为橡胶树遗传转化体系提供了高效的筛选标记。

橡胶树叶片的发育过程可分为古铜期、变色期、淡绿期和稳定期四个阶段。研究团队通过高效液相色谱分析发现一种花青素成分——矢车菊素是橡胶树叶片发育过程中颜色变化的一个关键因素。茉莉酸甲酯处理橡胶树胚可

以诱导花青素的合成积累，使其呈现出红色，说明花青素可以作为橡胶树胚遗传转化的选择标记。为此，团队克隆了一个新的MYB转录因子基因HbAN2，其表达水平与橡胶树组织中花青素的合成积累相一致。在烟草和橡胶树胚中，过表达HbAN2上调花青素合成通路中关键基因的表达从而促进花青素的积累，使转化子呈现红色而提高转基因的筛选效率。

(张晴丹) 相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.114225>

## 氧化石墨烯让亚洲玉米螟“变胖”“短命”

本通讯 近日，《生态毒理学与环境安全》在线发表了中国农业科学院植物保护研究所粮食作物害虫监测与控制创新团队的研究论文。他们发现，亚洲玉米螟幼虫取食含有氧化石墨烯的饲料后体形会“变胖”，并在蛋白及转录组水平上揭示促进玉米螟生长发育和寿命缩短的分子机制。

该团队在前期研究基础上发现，玉米螟幼虫取食含有氧化石墨烯的人工饲料后取食量显著增加，幼虫体重、蛹重和化蛹率增加，寿命缩短。同时也缩短了玉米螟幼虫为害农作物的时间。

通过转录组和蛋白组联合分析发现，氧化石墨烯可激活玉米螟体内的胰蛋白酶样丝氨酸蛋白酶、谷胱甘肽S-转氨酶、热休克蛋白和糖基转移酶，促进体内食物分解和吸收。

通过RNAi试验验证结果表明，胰蛋白酶基因是氧化石墨烯促进玉米螟生长的关键基因之一。该研究进一步佐证了氧化石墨烯可能提高农药的吸收并增强杀虫活性，为氧化石墨烯的合理开发利用，特别是针对经济害虫方面的应用提供了科学依据。(李昊)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.113008>