

找到遗传密码,酸口甜口可“订制”

■本报记者 张晴丹

水蜜桃,不仅具有优质的风味,而且对世界现代桃品种遗传改良做出了重要贡献。然而,目前尚缺乏水蜜桃参考基因组,阻碍了其进行遗传研究和优异基因资源的挖掘和利用。“工欲善其事,必先利其器”,一个有代表性的高质量参考基因组,无疑可为桃风味改良提供强有力的工具。

近日,北京市农林科学院科研团队公布了中国水蜜桃高质量参考基因组,阐释了以水蜜桃为代表的优良品种对于全球桃育成品种的遗传贡献;进一步揭示了桃风味改良过程中,东、西方对甜度的趋同选择和酸度的分化选择模式,揭示了控制主要有机酸和可溶性糖的遗传位点,解析了重要基因在果实苹果酸和果糖积累中的功能。

这项研究提供了高质量参考基因组和丰富的遗传资源,为进一步深入解析桃果实风味形成的遗传机制,促进重要品质性状的遗传改良奠定了基础。相关成果在线发表于《自然—通讯》。

中国桃的两次“走出去”

桃属蔷薇科李属桃亚属落叶乔木果树,其全球种植面积及产值居核果类之首。中国是全球最大的产桃国,约占世界总产量的62%。

“桃的故乡在中国。现代桃95%以上品种都直接或间接与我国水蜜桃相关。”文章通讯作者、北京市农林科学院北京农业生物技术研究中心(以下简称生物中心)研究员谢华在接受《中国科学报》采访时说。历史上我国有两次栽培桃“走出去”的关键时期,对世界桃优良品种的形成起到了重要作用。

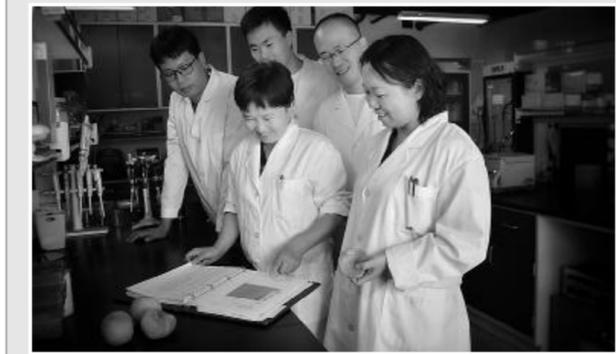
第一次“从无到有”,通过古丝绸之路,从我国西部地区传播到古波斯地区,后经欧亚大陆传到欧洲,于公元16世纪由欧洲传播至美洲大陆。第二次“从有助优”,从19世纪中叶开始,我国东部地区以中国水蜜桃为代表的优良品种通过海上丝绸之路传播到日本及美洲地区,并且更大范围地扩散至全球,拉开了桃现代品种选育和改良的序幕。

为揭示其果实重要农艺遗传基础,该研究团队选取了中国水蜜桃代表材料之一的龙华水蜜桃,采用三代单分子测序,搭配Hi-C挂载的策略对龙华水蜜桃基因组进行组装,获得了高质量的参考基因组(基因组大小为257.2 Mb,Contig N50为5.17 Mb)。

相对于目前已有的桃参考基因



“桃从我国传入世界各地以后,东、西方的桃品种在综合风味品质上出现了分化:西方品种追求酸甜可口;而东方口味更偏向低酸高甜。”



▲生物中心主要研究人员讨论最新研究成果。



▲中国水蜜桃代表材料之一的龙华水蜜桃。谢华供图

组,该参考基因组具有更高的完整度和连续性,突破了已有的参考基因组在遗传分析上的限制。“这个高质量的参考基因组将会对未来桃品质的研究产生更加深远的影响。”谢华告诉《中国科学报》。

调控糖酸风味的遗传密码

桃从我国传入世界各地以后,经过漫长的遗传改良,在遗传基础的选择上发生了改变,东、西方的桃品种在综合风味品质上出现了分化。西方品种的口味主要偏向于酸甜风味类型,追求一定糖酸比下的酸甜可口的风味;而东方口味更偏向于低酸高甜类型。

科研团队利用564份桃基因组数据,通过群体结构结合糖、酸相关表型的分析发现,与酸风味的东、西方分化选择不同,东、西方在追求甜度方面倒是默契的一致。

果实甜度是桃风味的重要决定因素。“果实中主要糖类有蔗糖、果糖、葡萄糖和山梨醇,我们基于全基因组分析,发现了多个控制果实主要糖类含量的QTLs位点及其遗传效应,为桃风味遗传改良提供了分子位点。”文章第一作者、生物中心助理研究员于洋在接受《中国科学报》采访时说。

“在此之前,我们一直认为桃甜度遗传改良中的‘主角’可能是蔗糖,但是通过遗传分析发现,在东、西方桃甜

度改良过程中果糖含量的提升发挥了更为重要的作用。”谢华指出。

“在寻找控制果糖含量基因位点时,我们使用了多种方法,建立了多个模型,最终我们确定位于1号染色体上控制果糖含量的主效位点,并从中筛选到一个候选基因PpERDL16,该基因的表达量与果糖含量呈显著联系。”文章第一作者、生物中心博士后官健涛告诉《中国科学报》。

此外,结合桃材料多年表型数据,科研人员发现在桃改良过程中,东、西方群体的选择区间富集了与苹果酸、柠檬酸合成和转运相关的基因,为揭示二者有机酸表型分化提供了候选基因,并证实了PpALMT1这个关键基因可促进苹果酸在果实中的积累。

“找到了这些遗传密码,对于今后破解其机理以及用这些基因更有靶向地调控桃的风味,或者创造出人们更喜欢的糖酸比,具有非常大的应用价值。”文章通讯作者、生物中心研究员魏建华在接受《中国科学报》采访时说。

新阶段迎来更大挑战

桃是北京市第一新鲜果,作为全国最早开展桃育种工作的科研机构之一,北京市农林科学院林业果树科学研究院研究员、文章通讯作者姜全团队已推广了一批深得市场认可的好品种,如绿化九号、北京24号、瑞光、瑞蟠系列品种等。

目前,现代育种从常规育种进入到与分子育种有机整合的阶段。“我们现在吃的大部分桃品种都出自传统育种。但是,传统育种已进入一个瓶颈期,现在需要把基础研究成果加进来,以此促进传统育种进一步创新性变革,提升桃风味品质育种水平。”魏建华指出。

值得一提的是,此前北京市农林科学院在“桃果实可食用演化机制”和“蟠桃果形遗传调控机制”等基础研究方面取得突破性进展,相关研究成果已分别发表在《自然—通讯》和《基因组生物学》上。

基于这些基础研究,科研团队逐步开始付诸于分子设计育种改进的实践中。“我们现在一直在开发高通量分子设计育种平台,希望能够快速创造出更优异的桃种质。接下来,我们会在前期研究成果的基础上,开展人工预测和调控糖酸品质工作。”谢华说。

相关文章信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-23879-2>

给花生找“野亲戚”增强抵抗力

产商损失2000万美元的病害;也可以抵抗根结线虫,这是一个已批准的化学品无法解决的问题。它们是“诱导异源四倍体”,这意味着通过复杂的杂交将野生二倍体转化为四倍体。

第二组的3个品种均来自5个花生近缘种,表现出对叶斑病的抗性。其中一种还能抵抗番茄斑点枯萎病毒,这种病会摧毁没有自然抵抗力的花生作物。

创造第一个可育的异源四倍体是一个挑战,但之后科学家可以将其与花生杂交,并通过世代选择合适的性状。植物育种家能够利用它们,以获得两者的最佳组合——果实大小和味道都与现代品种相当,且具有野生种的抗病能力。

佐治亚州和其他州的花生产业已经展开了对花生和两个祖先种的测序工作。有了利用基因组开发的遗传分子标记,育种家不仅可以了解一种植物某个理想性状,还能确认负责该性状的基因组区域,并可以将DNA图谱分析与传统的田间选择相结合,加快培育新品种的复杂过程。

这些优良性状的分子标记为花生育种群体提供了遗传资源。随着工作的不断进行,《植物登记杂志》还将发布其他抗重要病害的花生种质。(王方编译) 相关文章信息: <https://doi.org/10.1002/plr2.20133>

第一组新品种系可以抵抗花生叶斑病,这是每年导致佐治亚州的花生生

进展

科学家发现水稻内质网胁迫应答新因子

本报讯 近日,中国科学院植物研究所研究员由乐庆团队发现,OsFes1C是OsBiP1的核苷酸交换因子,过量表达或抑制表达OsFes1C水稻植株对内质网胁迫更敏感,且生长发育受抑制。该研究揭示了OsFes1C调控OsBiP1的分子机理,加深了对水稻内质网胁迫应答机制的理解。相关研究成果发表于《植物生理学》。

研究人员在对内质网胁迫的水稻种子进行蛋白质组学分析时,鉴定到一个表达水平极显著上调的蛋白Os-

Fes1C。该蛋白与酵母和哺乳动物中的Fes1p同源,但与Fes1p定位于细胞质,响应胁迫不同,OsFes1C为内质网膜蛋白,表达受内质网胁迫和盐胁迫诱导。

他们进一步研究发现,OsFes1C可以直接与OsBiP1相互作用。添加ADP可以增强OsFes1C与OsBiP1的相互作用,而添加ATP则减弱其相互作用。(田瑞颖)

相关文章信息: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab263>

玉米籽粒淀粉含量遗传机理获解析

本报讯 近日,中国农业国家玉米改良中心杨小红团队在《植物生物技术杂志》在线发表文章。该研究通过连锁分析、关联分析、代谢途径驱动分析等方法,在玉米全基因组水平上全面解析了玉米籽粒淀粉含量的遗传基础,为玉米产量和品质的遗传改良提供理论依据。

该研究以6个重组自交系群体为材料,利用单个群体的QTL定位、整合群体的联合连锁分析和基于RIL群体的全基因组关联分析等方法对淀粉含量进行遗传解析,共鉴定到50个控制淀粉含量的QTL和9对上位性QTL。QTL效应分析表明,少数大效应

加性QTL、大量微小加性QTL和少数微小上位性QTL是籽粒淀粉含量变异的遗传基础。通过QTL区间关联分析和代谢途径相关基因的共定位分析共鉴定到33个候选基因,其中27个基因因为非淀粉代谢途径基因,表明许多非淀粉代谢途径基因的自然变异可能对玉米籽粒淀粉含量的合成和积累起着重要作用。

该研究为高产优质新品种的培育提供了潜在的育种材料和基因资源,对玉米高产和淀粉品质的遗传改良具有重要意义。(王方)

相关文章信息: <https://doi.org/10.1111/pbi.13645>

气候变化如何影响害虫与天敌关系

本报讯 近日,中国农业科学院植物保护研究所《功能生态学》在线发表了论文,阐明了气候变暖通过影响天敌的种群结构和功能从而改变害虫-天敌种间关系的新机制。

研究员马春森介绍,目前气候变化生物学中多研究平均温度升高对生物及其相互关系的影响。而自然气候变化呈现显著的昼夜不对称性,夜间温度升高幅度显著高于白天,这一不对称的升温与平均温度升高相比,对农业生态系统中典型的捕食性天敌(瓢虫)、植食性害虫(蚜虫)产生截然不同的生物学效应。

平均温度升高对瓢虫存活、繁殖和寿命有显著的负面影响,进而抑制

了瓢虫的种群增长,导致其总捕食量降低,减弱了对蚜虫的控制作用。相反,等量的夜间温度升高则对瓢虫的重要性状无影响或有正面作用,促进了瓢虫的种群增长,导致其总捕食量趋于稳定,有利于维持对蚜虫的控制作用。

因此,夜间变暖通过对天敌本身的种群动态和天敌对害虫的捕食作用两方面产生影响,决定了气候变化下的害虫-天敌种间关系。该新发现强调了在自然变暖下研究害虫与天敌种群动态,及天敌防治害虫效率的重要性。(李晨)

相关文章信息: <https://doi.org/10.1111/1365-2435.13833>

大豆新品种中豆63竞拍出1500万元

本报讯 近日,中国农科院油料作物研究所选育的高产、优质、多抗、广适大豆新品种——中豆63品种经营权在2021年武汉种业博览会上经过20多轮加价,最终以1500万元成交并现场签约,成为此次种博会亮点。

据介绍,油料所南方大豆遗传育种创新团队历经20余年的系统研究,构建了“优异种质发掘+骨干亲本改造+生态穿梭育种+性状精准鉴定+分子标记辅助”的集成育种技术体系,突破了大豆高产与优质、抗倒、抗病等

的矛盾,选育出中豆63,实现了大豆高产优质多抗的协同改良。

中豆63高产稳产,在长江中下游、黄淮海片及西部山区均可推广种植。其中,在湖北省区试中平均亩产218.85公斤,较对照增产21.68%,居参试品种第一位;在贵州省区试中较对照增产17.76%,在黄淮南片多点鉴定试验中较对照增产8.83%。该品种蛋白质含量42.55%,脂肪含量21.56%,蛋白质+脂肪总含量达64.11%,口感好,适合豆制品加工。(陈海峰)

“北燕南飞”:让高原乡村冬闲田忙起来

■本报记者 李晨

会泽县是中国工程院的科技帮扶示范点。2017年以来,在中国工程院大力支持下,中国农业科学院院长、中国工程院院士唐华俊组织中国农科院专家团队迎难而上,立足地方特色产业开展科技攻关、技术集成与示范应用,全力助推该县脱贫攻坚与乡村振兴。通过多年科技创新,终于把小燕麦做成了大产业,助力会泽县顺利摘帽。

近日,唐华俊率专家团队来到云南省会泽县,实地调研高原特色燕麦产业发展。

“这是一项非常接地气的科技扶贫工作。”中国工程院院士朱有勇认为,该项工作覆盖了燕麦品种筛选、种植模式创新、农机选型与标准化作业、燕麦产品深加工研发等全产业链条,燕麦产业发展范式可在西南高寒冷山区大面积推广应用,使当地的脱贫攻坚与乡村振兴无缝对接。

迎难而上,专家南下科技扶贫

云南省会泽县地处滇东北乌蒙山主峰地区,是我国集中连片特困地区之一,也曾是云南省第二深度贫困县,有建档立卡贫困人口6.9万人。该县山陡坡峭、土地贫瘠,生态环境脆弱,山地面积占比高达95.7%。

由于自然条件恶劣、交通不便、科技投入低,农业种植模式落后。会泽县有种植燕麦的历史,但由于品种老化、技术落后等原因,本土春播燕麦产量很低,最高亩产只有六七十公斤,严重制约了当地脱贫攻坚和群众致富。

2012年5月,中国工程院被确定为会泽县的国家定点帮扶单位。2017年11月,唐华俊应中国工程院邀请,组织中国农科院农业资源与农业区划研究所(以下简称农区所)、草原研究所(以下简称草原所)相关团队成员赴会泽调研。

由国家牧草产业体系综合试验站站长、资划所博士徐丽君,国家牧草产业体系岗位专家、草原所研究员孙启忠等组成的第一支科研小分队,开启了中国农科院科技扶贫之旅。

专家团队经过深入调研,决定引进北方燕麦优良品种,充分利用冬季大量闲置的土地资源,探索适合当地特点的“秋燕麦+”新种植模式,“科研机构+公司+基地+合作社+农户”的产业模式,大力发展冬闲田燕麦产业。

在经历了一次次失败和改进之后,团队引进的新品种目前籽实产量平均亩产已超过300公斤,最高达到460公斤,是传统品种的5倍以上,实现了“北燕南飞”。

团队还结合会泽县自然地理特征与燕麦种植农艺农机要求,攻克了西南山区机械化率低、标准化程度差的难题,提出了山区燕麦生产的标准化和规模化全机械生产示范与技术推广模式,选配了适合该地区燕麦地作业的各种机型。

这让会泽县看到了发展燕麦产业的曙光。会泽县委县政府工作报告提出,“大力发展燕麦产业以此助力会泽县的脱贫攻坚”。

产业融合,开发致富新产品

“燕麦引种成功了,获得了这么高的产量,后续产品如何加工、如何带动农民致富?”这是中国农科院的专家一直思考的问题。

为更快更好地攻克难题,唐华俊及时统筹院里不同研究所的科技资源,农产品加工研究所及时投入到了科技扶贫的行列中。

围绕燕麦深加工产品,加工所研究员王凤志团队提出了以市场需求为导向,以品种、品质、品牌、标准化“三品一标”为重点的全产业链发展模式。



唐华俊(左二)、朱有勇(左三)一行在会泽县调研燕麦产业发展。中国农科院供图

条灌装线的自动化燕麦乳加工生产线1条,完全达产后每小时可生产12000包燕麦产品。

一二三产业有机融合后,以农业特色产业带脱贫、以脱贫促发展,把科技扶贫落到实处,取得了明显的经济社会效益。

经过四年不懈努力,会泽县实现了“小燕麦、大产业”的扶贫目标,推动了西南高寒冷山区燕麦产业跨越式发展,有力助推了该区域的脱贫攻坚。2019年完成5万亩高产燕麦推广示范,2020年完成10万亩,2021年预计达到15万亩。

2020年,燕麦产业涉及农户13364户53212人,其中建档立卡贫困户5767户22891人,实现了亩均年收入4500元以上,取得了良好的经济社会效益,为会泽脱贫攻坚与乡村振兴探索出了一条“种好一亩地,脱贫一个人”的产业新路。

再接再厉,打造云南燕麦特色品牌

经过实地调研,唐华俊认为,会泽县燕麦产业发展还处于起步阶段,培育

自主品种、研制“宜地化”农机、研发高附加值燕麦产品是未来科技攻关的重中之重。

他表示,中国农科院将以此为契机,统筹全院科技资源,继续发挥科技、智库、资源等优势,多层次、宽领域巩固扶贫成果,助力农业绿色高质量发展,为全面实施乡村振兴战略做好支撑。

在人才培养方面,中国农科院专家团队将通过科技培训、学术交流,助力会泽构建“产学研结合、老中青结合、农工贸结合”的燕麦产业人才队伍,培养高层次人才,实现每年技术培训300人次。

在产业发展方面,中国农科院将继续强化科研经费保障,优化基础研究与应用研究结合的深度和广度,加快品种更新复壮与自主选育,解决燕麦品种“卡脖子”问题,争取选育自主品种1-2个,推广品种产量突破350-400公斤/亩。

与此同时,科研团队还将加快推进农机农艺配套,实现燕麦种植管理标准化、机械化与智能化;打造云南特色品牌,逐步实现产品的多元化、高值化,研发高端燕麦新产品2-3个,为当地乡村振兴做出新贡献。