

“万能钥匙”解锁马铃薯自交不亲和

■本报记者 李晨

马铃薯是世界上最重要的块茎类粮食作物,全球有13亿人口以马铃薯为主食。与大多数谷物类粮食作物不同,马铃薯靠块茎繁殖。

2013年起,中国农业科学院深圳农业基因组研究所(以下简称基因组所)研究员黄三文团队联合云南师范大学(以下简称云师大)等团队,发起“优薯计划”,即以二倍体育种替代四倍体育种,以杂交种子繁殖替代薯块繁殖。

二倍体马铃薯是一种自交不亲和的作物,培育二倍体自交系首先要克服自交不亲和。所谓自交不亲和,一般是指,具有雌雄蕊的花,其自身的花粉不能让自己的雌蕊受精结实。

1998年,日本和美国科学家发布了一种可自交的野生马铃薯,并证实这是由某个基因控制的。此后,很多科学家想找到这个基因却无功而返。

近日,《自然—通讯》在线发表了云师大和基因组所合作克隆的马铃薯自交亲和基因 *Sl* 及其调控机制。

中国农业大学教授李天中告诉《中国科学报》:“打破自交不亲和性的技术瓶颈,多代自交获得纯合自交系,利用选择的自交系育成的优良品种杂交种子生产,一直是马铃薯育种家的工作目标和努力方向。”

南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室教授吴巨友在接受《中国科学报》采访时说,这项成果将在创制二倍体马铃薯自交系、丰富其杂交亲本遗传基础中发挥重要作用,也将为其他配子体自交不亲和物种,如梨、苹果等的自交亲和品种选育提供新途径。

表型难鉴定 基因难克隆

1998年,日本和美国科学家合作发布了一株自交亲和的野生材料,并确定了这个材料的自交亲和性状受单个位点调控。

由于前人报道马铃薯1号染色体上的S位点调控了自交不亲和过程,所以日本科学家推测该位点通过抑制S位点起作用,将其命名为 *Sl*,可以理解为S位点抑制子。

“在马铃薯中,平均每条染色体上存在3000多个编码基因。如果把基因组当作一个宝藏,基因就相当于里面的一颗宝石。发现基因,代表知道这颗宝石的存在;把基因初步定位在某个染色体上类似于知道这颗宝石位于宝藏的哪一部分,但并不清楚具体位置;而成功地克隆这个基因则意味着准确找到了这颗宝石。”此次发表于《自然—通讯》的论文共



横切的彩色马铃薯的茎叶和种子,以及二倍体马铃薯的茎叶和种子。云师大供图

同通讯作者尚铁告诉《中国科学报》。

国际上多个实验室一直在尝试克隆 *Sl* 基因。然而,鉴定自交是否亲和首先需要大量自交授粉工作,通过授粉后是否坐果进行判断。

尚铁介绍,植株坐果与否受到多种环境因素影响。如果自交不亲和的植株授粉时发生了串粉,就会导致坐果。比如一阵风把其他植株的花粉吹到柱头上,或者授粉时镊子没有清理干净,沾上了其他植株的花粉,都可以让本身自交不亲和的植株自花授粉后坐果。

而那些自交授粉后不坐果的,有可能是温度太低或者太高,或者花粉育性出了问题,而不是由于自交不亲和。

“这就导致表型鉴定特别困难,且鉴定结果也不准确,给 *Sl* 基因的克隆工作带来了很大困难。”论文第一作者、云师大助理研究员马玲介绍,不仅表型难鉴定,前人还认为 *Sl* 基因与马铃薯的致死基因相连。所以当 *Sl* 位点纯合后,会导致后代致死,让他们无法得到 *Sl* 基因的纯合体。

“由于马铃薯自交亲和的表型易受外界环境干扰,该基因一直未被克隆。”黄三文说。

神奇的偏分离现象

在含有 *Sl* 位点的马铃薯植株自交后代中,会出现一种偏分离现象。论文共同第一作者、岭南现代农业科学与技术广东省实验

室深圳分中心研究员张春芝解释道,正常情况下杂合的基因型(A/a)自交后代中应该出现 A/A、A/a、a/a 三种基因型,比例分别是 1:2:1。而含有 *Sl* 基因的杂合个体自交后只出现 *Sl*/*Sl* 和 *Sl*/*sl* 两种基因型,比例为 1:1,找不到 *sl*/*sl* 基因型的个体。

“后代在12号染色体上出现了极端的偏分离比例。”张春芝说。

尽管前人也发现了这一偏分离现象,但他们认为原因是 *Sl* 与致死基因连锁,所以当 *Sl* 位点纯合后就会导致后代致死。

“然而,我们发现偏分离是受精造成的,即只有含 *sl* 基因的花粉才能够完成受精,因此后代中有 *Sl*/*Sl* 和 *Sl*/*sl* 基因型,没有 *sl*/*sl* 个体。”张春芝说。

于是,含有 *Sl* 基因的杂合个体自交产生的后代全部含有 *Sl* 基因,都是自交亲和的。“这样我们就不用对后代再进行繁琐的亲和本型鉴定,并利用这个特点扩大我们的后代群体用于基因定位,群体越大对基因定位帮助越大。”尚铁说。

吴巨友告诉《中国科学报》,利用后代均为自交亲和和表型的特点,他们将遗传群体扩大至6624个植株,最终从花粉RNA中克隆了 *Sl* 基因。

“我们发现了配子体导致的自交不亲和性,其世代均为自交亲和和表型,不用做表型鉴定,这样就可以扩大遗传定位群体数量,因而快速克隆了 *Sl* 基因。”黄三文说。

一把“万能钥匙”

虽然找到了马铃薯自交亲和基因,但它究竟是如何实现这一机制的呢?

吴巨友向《中国科学报》解释,植物自交不亲和的遗传位点称为S位点,分别编码雌蕊决定因子和花粉决定因子。

在分子水平上,马铃薯属于配子体自交不亲和性作物,表现为花粉管在花柱中停止生长,不能进入子房完成受精。该系统中,雌蕊的决定因子是S-RNase蛋白,它是一种细胞毒性蛋白,仅在花柱中表达,并被分泌到花柱传导组织中;而花粉的决定因子是位于S-locus上的SLF蛋白,它们在花粉中特异表达,不能识别自身的S-RNase,因此S-RNase的毒性作用存在,表现出自交不亲和。

当花粉管在花柱引导组织生长时,亲和与不亲和的S-RNase蛋白都可以进入花粉管。亲和的S-RNase在花粉胞质中被花粉SLF蛋白识别并降解;而不亲和的S-RNase被保留在胞质中发挥其毒性作用,引起花粉管的细胞程序性死亡而停止生长。

“如果认为S-RNase蛋白是雌蕊阻断花粉管进入的‘锁’,那么SLF蛋白就是打开这把‘锁’的‘钥匙’。”吴巨友说,通常,一种SLF只能识别1-2种类型的S-RNase,类似于一把钥匙开一把锁,如果一把钥匙能开多把锁,就可以产生广泛的自交亲和。

尚铁告诉《中国科学报》,他们鉴定到的 *Sl* 蛋白不是S位点上的SLF蛋白,且能识别超过10种类型的S-RNase,从而打破自交不亲和性,表现出“万能钥匙”的作用,可广泛应用于打破二倍体马铃薯的自交不亲和性,对于培育马铃薯自交系有重要作用。

“马铃薯自交亲和基因 *Sl* 的进化有其特殊意义,但现在还未可知。”黄三文说,目前也不清楚别的作物里是否有类似的基因存在。

李天中说,该研究突破了马铃薯自交不亲和性技术瓶颈,为自交系杂交育种提供了全新策略,是植物自交不亲和性理论研究与产业应用的成功范例。相较于传统策略,该方法创制的自交亲和马铃薯具有广谱性强、效率高等优势,为优薯计划提供了重要工具。

该研究也为遗传背景高度杂合、杂交育种随机性强、多种优良性状聚合的其他自交不亲和和性作物育种提供了借鉴和思路。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24266-7>

发现·进展

中国科学技术大学等

提出诊治“泛血管疾病”新思路

本报讯 中国科学技术大学教授翁建平团队与合作者提出了“血管内皮细胞稳态失衡是泛血管疾病进展的关键机制,改善各种病因与理化因素所致血管功能与结构紊乱的核心在于维护内皮细胞功能”的新理论。相关成果日前发表于《药理学评论》。

血管内皮细胞长约60微米,宽约20微米,厚度在0.1微米到10微米之间,在人体内分布极其广泛,总数约1200亿个,总面积约400平方米。血管内皮细胞除了维持血液和组织液的代谢交换,还承担维持血管张力、血管生成、止血等多种功能。

翁建平联合研究团队认为,血管内皮发生功能障碍会加速高血压、心力衰竭、动脉粥样硬化、冠心病等多种心血管疾病和其他泛血管疾病的发生发展。内皮细胞功能紊乱不仅与心血管疾病和糖尿病、脂肪肝、肥胖伴随的胰岛素抵抗等代谢性疾病密切相关,还与新冠肺炎等急性感染性疾病密切相关。血管内皮功能受到多种非编码核糖核酸和表观遗传调控因子的影响,有望成为心血管疾病治疗的潜在新靶点。他们系统阐明了内皮细胞稳态与内皮细胞功能紊乱的组成成分,指出内皮细胞功能紊乱是泛血管疾病发生发展的中心环节,提示靶向血管内皮功能紊乱可作为治疗泛血管疾病的潜在干预靶标,从而加速泛血管药物的研究开发。

该成果全面多维度地概述了内皮细胞功能,阐述了内皮功能障碍在动脉粥样硬化性心血管疾病,以及其他泛血管疾病中的关键作用和深入的分子机制,系统总结了有效靶向内皮功能障碍的治疗途径。(桂延安)

相关论文信息: <https://doi.org/10.1124/pharmrev.120.000096>

南京信息工程大学

实现激光在线探测大气挥发性含硫污染物

本报讯(记者魏刚)南京信息工程大学教授刘玉柱课题组,在大气挥发性含硫污染物的激光在线探测研究中取得新进展,为大气挥发性含硫有机物的在线原位探测提供了一种新思路。相关研究成果近日在线发表于《分析原子光谱学杂志》。

硫及其化合物是一类重要的大气环境污染物,主要来源于煤、石油等化石燃料的燃烧排放,以及汽车尾气等。二氧化硫等含硫化合物能够参与大气环境中臭氧和二次气溶胶的形成,同时含硫化合物也是造成酸雨污染及土壤酸化的重要元凶,对于大气挥发性含硫有机物的探测研究一直是研究热点。

含硫有机物分子中的硫元素由于激发能高、谱线强度低等原因不易被直接探测,利用激光诱导击穿光谱技术(LIBS)直接在线探测硫元素被认为是一项极具挑战性的工作。

针对这一难题,研究团队通过自主设计,不断改进优化系统装置,成功研制了高功率激光诱导击穿光谱探测实验系统。研究人员以二甲基硫(DMS)作为探测分析对象,将LIBS实验系统应用于大气环境中的DMS气体直接检测,着重于在线探测硫元素,根据标准浓度样品实验建立定量分析模型。另外,研究人员通过自行研制的拉曼光谱实验平台对分子结构进行探测,结合高精度密度泛函理论计算方法,解析分子拉曼特征峰及其对应振动模式,获取分子的光谱指纹。该工作将为后续对于挥发性有机物与其他大气污染物的在线原位探测研究提供重要的实验基础与技术支撑。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1039/d1ja00017a>

中科院华南植物园

揭示优势树种对喀斯特生境适应机制

本报讯(记者朱汉斌 通讯员周飞)中科院华南植物园生态与环境研究中心博士研究生汤松波在研究员旷远文的指导下,在优势树种对喀斯特生境的适应性研究中取得进展。相关研究近日发表于《生态学与进化》。

喀斯特森林是分布在以碳酸盐岩类岩石和富含Ca²⁺、Mg²⁺的钙质土之上的植被生态系统,具有土层薄、土体不连续、保水能力弱、抵御外界干扰阈值低的特点。在我国西南喀斯特和非喀斯特森林,有诸多共有种均为森林的优势种。对比研究喀斯特与非喀斯特森林共有优势树种叶片功能性状差异及其内在关联性,可揭示植物对喀斯特生境的适应机制及石漠化植被恢复实践提供科学依据。

研究人员测定了贵州省喀斯特和非喀斯特森林18个优势种15个叶片功能性状,并构建了两种生境下不同功能性状之间的关联性。研究发现,15个叶片功能性状在喀斯特和非喀斯特生境下同时具有种间和种内的异质性和均质性特征,生境条件决定了优势树种叶片不同功能性状之间的关联性,优势树种能通过叶片中直接积累Ca并间接提高有机酸和矿物质含量、显著降低叶片构建成本的策略适应喀斯特生境。

该研究为喀斯特森林保护和石漠化植被恢复树种的选择提供了科学证据。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1002/ece3.7832>

简讯

ODC 中心举办第十期培训班

本报讯 近日,联合国教科文组织政府间海洋学委员会(IOC)海洋动力学和气候培训与研究区域(ODC)中心第十期培训班启动仪式暨十周年庆典活动在自然资源部第一海洋研究所(青岛)成功举办。

本次培训班主题为“气候模式及区域应用”,将通过线上线下相结合的方式举行。来自中国、美国、澳大利亚、日本和马来西亚等5个国家的9名专家将为24个国家的127名学员授课。

据悉,ODC中心是IOC框架下建立的第一个培训与研究区域,也是我国在联合国教科文组织框架下承办的首个海洋领域培训与研究区域。(廖洋 周明)

2021 健康中国创新实践案例征集展示活动启动

本报讯 近日,以“关爱职工健康 我们在行动”为主题的2021健康中国创新实践案例(寻找健康企业)征集展示活动交流会在京举行,多位与会嘉宾围绕健康企业和职工健康话题进行了探讨。会上,该案例征集展示活动宣告启动。

国家卫健委规划司司长毛群安在会上表示,健康企业建设是企业统筹解决职工健康问题、保障劳动者身心健康、实现企业可持续发展与员工协调发展的重要举措。开展健康企业建设,要着力改善企业环境、提升员工健康素养和引导职业人群主动践行文明健康的生活方式。(崔雪芹)

“国家生物安全出版工程”启动会召开

本报讯 近日,国家出版基金项目“国家生物安全出版工程”(以下简称“工程”)启动会在陕西西安召开。

据悉,“工程”于2021年获批,该项目以司法部与西安交通大学共建的“国家生物安全证据基地”为依托,基本涵盖国家的生物安全、生物安全证据、生物安全预警三个方面的内容,重点在基础研究、监测预警、应急处置等方面加大研究力度。(冯丽妃)



7月7日,在上海科技馆举行的“巴斯夫·小小科学家”活动中,小朋友们在做“健康防护”小实验。

据悉,“巴斯夫·小小科学家”活动每年举办一次,旨在引导儿童探索日常生活中的化学奥秘。今年夏天,该活动将先后在上海、北京和重庆三地的科技馆举办。今年,巴斯夫针对“气候变化”和“健康防护”推出全新实验,让孩子们通过动手做实验,理解“全球变暖”“细菌病毒传播”等概念。

黄辛摄影报道

“网红”CCR5“运营套路”揭秘

本报讯(见习记者田瑞颖)日前,中科院上海药物研究所研究员吴蓓丽团队、赵强团队和许叶春团队全面系统地阐释了趋化因子受体CCR5对内源性配体的识别机制和对细胞信号的转导机制,以及组成性激活状态下的受体激活机制。相关研究近日发表于《自然—通讯》。

免疫细胞的定向迁移是人体发生和完成免疫应答的必要条件。趋化因子及其受体系统控制细胞的定向迁移,在病原体的感染与清除、炎症反应、细胞及器官的发育等方面发挥着重要作用,是目前治疗各类炎症、艾滋病和癌症等的热门靶点。

“趋化因子受体CCR5与多种免疫相关炎症性疾病、癌症及病原体感染密切相关。针对趋化因子受体开展结构和功能研究可为相关药物开发提供基础和依据。”吴蓓丽在接受《中国科学报》采访时说。然而,人们一直未能明确阐释“网红”趋化因子CCR5的细胞信号识别与转导机制。

此次,研究人员运用单颗粒冷冻电镜技术、X射线晶体衍射法、动态构象计算

模拟等,结合功能实验对CCR5的配体识别及信号转导机制进行了系统研究,成功解析了CCR5分别与两种内源性配体(MIP-1a与RANTES)及G蛋白的复合物电镜结构,以及CCR5在不结合配体状态下与G蛋白的复合物电镜结构,同时还解析了CCR5与MIP-1a的高分辨率晶体结构。

以往研究表明,趋化因子受体的N端区域在内源性趋化因子的识别中发挥重要作用,但已报道的趋化因子受体结构中均不包含完整的受体N端。“趋化因子受体的N端是与趋化因子结合的关键区域,决定对趋化因子的选择性。”吴蓓丽说。

为了追踪完整的受体N端,研究人员通过解析CCR5与MIP-1a的复合物高分辨率晶体结构,并结合二硫键交联、分子动力学模拟,首次阐明了CCR5的N端与趋化因子的精细作用模式,为深入理解趋化因子特异性识别机制提供了重要信息。

通过比较CCR5分别与两种不同趋化因子结合的复合物结构,研究人员发现,与结合MIP-1a的受体相比,CCR5与

RANTES结合后其第一和第二个跨膜螺旋向外偏移,配体结合口袋开口增大,从而容纳体积较大的RANTES的N端,这一发现提示CCR5跨膜螺旋构象的可塑性为其结合不同的趋化因子提供了结构基础。

此外,研究人员还发现CCR5不结合配体时,受体第二个跨膜螺旋上氨基酸W86的侧链翻转90度,并进一步通过与氨基酸Y108、Y251、W248等形成疏水相互作用将受体稳定在激活构象,从而促使受体与G蛋白结合。这是首次阐明趋化因子受体的组成性激活机制。

该研究系统地揭示了CCR5在生理状态下与不同内源性趋化因子的识别模式,阐明了该受体对趋化因子信号转导的分子机制,为深入理解趋化因子受体的配体识别与信号转导机制提供了重要的结构信息,并为后续开展靶向药物的研发打下了坚实的基础。

“下一步,我们将基于这些新的结构信息开展药物研发。”吴蓓丽表示。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24438-5>