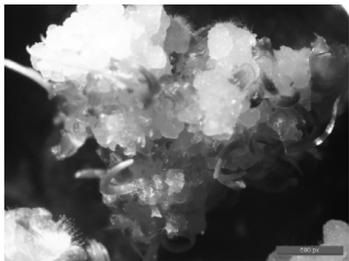


优秀！再生基因提高小麦遗传转化效率

■本报记者 李晨

“遗传转化效率和基因型依赖性制约小麦转基因研究与基因编辑研究及应用的主要障碍，我们的这项工作为解决这一难题提供了方案。”中国农业科学院作物科学研究所(以下简称作物所)研究员叶兴国对《中国科学报》说。

1月14日,《自然-植物》在线发表了作物所作转基因及基因编辑技术与应用创新团队联合日本烟草公司等单位完成的最新成果。他们找到一个与小麦植株再生相关的基因 TaWOX5,利用该基因克服了小麦遗传转化中的基因型依赖性难题,提高了小麦的遗传转化效率,将实现更多品种的转化和遗传改良。



TaWOX5 基因促进小麦愈伤组织分化。
中国农科院供图

限制小麦遗传改良的难题

遗传转化效率指用一定数量的植物组织获得转基因植株数量的百分率。而基因型依赖性指植物组织培养、遗传转化的成功局限于少数品种(基因型)。

叶兴国说,多数品种(基因型)不能用来做转基因和基因编辑,而没有基因型依赖性就意味着所有小麦品种都可以用来进行转基因和基因编辑。

近年来,虽然小麦遗传转化效率显著提高,但仅适用于少数模式小麦基因型,还有许多小麦品种不适合进行转基因和基因编辑。

叶兴国解释说,这是因为能够用于转化或基因编辑的少数小麦品种(基因型)的农艺性状、品质、抗病性等一般都比较差,转基因整合和基因编辑的产品不能直接在生产中应用或用于育种。而多数农艺性状好的品种由于转化效率非常低或不能转化,难以得到转基因植株和基因编辑植株及其产品。

“小麦等多倍体作物的基因遗传转化成功率限制了转基因生物技术与产业化,而基因型依赖性长期困扰植物遗传转化的瓶颈问题。”中科院院士种康说,即便是烟草、拟南芥和水稻等模式植物的遗传转化,也存在强烈的基因型依赖性,限制了利用转

基因技术对优良品种的遗传改良。随着基因编辑技术的完善和广泛应用,克服基因型依赖性显得更加重要。

中科院院士林鸿宣指出,遗传转化过程中的基因型依赖性问题普遍存在于各种作物中,并已成为限制转基因育种的瓶颈之一。“小麦是六倍体作物,遗传转化效率一直落后于其他主要农作物。”

论文共同第一作者、共同通讯作者,作物所副研究员王轲告诉《中国科学报》,实际上,小麦、玉米、大麦和籼稻等谷类作物的转化均不容易。因为这几种作物的组织培养再生植株的效率不高,能够用于转化的组织器官主要是幼胚或成熟胚;容易再生和容易转化的品种(基因型)比较少,即基因型依赖性比较强;这几种单子叶植物不是农杆菌的天然宿主,目标基因难以从农杆菌的载体上进入植物细胞。

科学家一直在努力解决上述难题。

2015年,日本烟草公司报道了农杆菌介导转化小麦的高效转基因技术体系。论文共同通讯作者、日本烟草公司 Yuji Ishida 博士介绍,这项被称为 PureWheat 的技术适用于 Fielder 等再生能力非常强的小麦品种(基因型),转化效率高达 40%~70%。其特点是通过专用培养基和物理处理小麦幼胚等技术改进,提高了农杆菌对小麦细胞的侵染,减弱

了农杆菌侵染对小麦细胞的伤害。“但没有提高小麦细胞或组织的再生能力,因此不适用于再生性能比较差的小麦品种。”

“虽然日本烟草公司利用模式基因型建立了小麦高效遗传转化体系,但基因型限制问题依然是小麦功能基因组研究、转基因育种和基因编辑育种的障碍。”林鸿宣说,因此,还需要找到克服小麦遗传转化中基因型依赖性的方法。

寻找高效的再生基因

2009年以来,在两项国家自然科学基金项目的资助下,该团队根据拟南芥和烟草等模式植物中报道的可能影响植株再生的基因,利用同源序列克隆法获得了小麦可能的再生相关基因。

王轲介绍,他们将这组备选基因分别在小麦中进行过表达,最终发现, TaWOX5 基因具有显著提高再生效率和转化效率的作用。

研究发现,过表达 TaWOX5 基因不但显著提高了 Fielder 和科农 199 等模式小麦基因型的转化效率,而且显著提高了济麦 22、郑麦 7698、苏麦 3 号和中国春等 22 个小麦推广品种或重要种质资源的转化效率,尤其是成功转化了宁春 4 号、矮抗 58、西农 979 等硬粒型明星小麦品种,转化效率提高了 2~10 倍。

“由于 TaWOX5 基因过表达能促进离体转化的小麦组织再生成转基因植株,以前容易转化的小麦品种(模式基因型)转化效率更高,以前转化率较低的品种转化率显著提高,以前不能转化的品种现在可以转化,扩大了可以转化的基因型(品种)的范围,减少了基因型的依赖性。”王轲说。

鉴于 TaWOX5 基因在小麦转化中的显著作用,他们又对 TaWOX5 基因在波兰小麦、栽培一粒小麦、黑麦、小黑麦、大麦和玉米等单子叶植物遗传转化中的作用进行了验证,结果发现,转化效率均显著提高。

根据此前报道,其他再生基因,如 WUS2 和 BBM 等,会严重影响愈伤组织分

化和再生植株根系发育,导致转基因植株畸形和不育等。“而 TaWOX5 基因没有这些负面影响。”王轲说。

此外,过表达 TaWOX5 基因的转基因植株表现为宽叶表型,因此可以根据该表型肉眼识别转基因植株,并在转基因植株自交后代中初步鉴定无筛选标记的转基因植株和基因编辑植株。

应用前景广阔

“上述结果表明, TaWOX5 基因大幅度提高了小麦等植物的转化效率,克服了基因型的限制,简化了鉴定工作,具有广阔应用前景。”叶兴国说,利用该技术可以对几乎所有小麦品种进行转基因改良和基因编辑改良,冲破了品种(基因型)的约束,具有很好的实际应用价值。TaWOX5 基因不但显著提高了小麦的转化效率,还克服了基因型的限制,使科研人员可以对任何感兴趣的小麦品种进行转基因改良和基因编辑改良。

叶兴国认为,预计 TaWOX5 也能提高水稻、谷子、高粱等单子叶植物的转化效率,克服基因型的依赖性。

种康高度评价了此项工作。他说,该项研究通过鉴定和利用小麦中的再生相关基因 TaWOX5,显著提高了大多数小麦品种的转化效率,基本克服了基因型障碍,并依托该基因建立了栽培一粒小麦、黑麦和六倍体小黑麦的遗传转化体系。

林鸿宣说,叶兴国团队利用 TaWOX5 基因基本解决了小麦遗传转化中基因型限制问题,为小麦转基因育种和基因编辑育种提供了强有力的技术支撑。

“与已报道的再生基因相比, TaWOX5 不影响愈伤组织分化和再生植株根系发育,不需要从愈伤组织中排除。有理由预测, TaWOX5 基因在小麦等植物基于转基因和基因编辑技术应用的基因功能鉴定和新材料创制中具有广泛应用前景。”种康说。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1038/s41477-021-01085-8>

简报

第八届全国青年科普创新实验暨作品大赛启动

本报 1 月 14 日,第八届全国青年科普创新实验暨作品大赛(以下简称大赛)启动活动在中国科技馆举行。

在大赛命题解读环节,清华大学教授任艳频和高云峰分别介绍了创意作品单元“智慧社区”命题和科普实验单元“未来太空车”命题。

大赛由中国科学技术协会主办、中国科技馆和中国科协青少年科技中心承办,全国设 28 个赛区。(高雅丽)

以桃金娘构建生态防控植物群落方法获发明专利

本报 由中科院华南植物园熊秉红等科研人员完成的“一种以桃金娘为优势种构建农业面源污染生态防控植物群落的方法”,近日获国家发明专利授权。

该方法有效增加地表径流时间 1.1~1.5 倍,消减悬浮物 46.3%~65.7%、总氮 20.3%~41.8%、总磷 22.6%~30.9%,不仅能有效阻控面源污染,还具备良好的景观美学功能,生态效益明显,简单易行,成本低廉。(朱汉斌 苏国华)

爱思唯尔报告显示：

中国净零研究机遇与挑战并存

■本报记者 倪思洁

日前,科研和医疗信息分析公司爱思唯尔发布题为《净零之路:全球清洁能源研究现状》的最新报告,回顾了 20 年间全球清洁能源的科研全景。报告显示,清洁能源领域相关研究已成为全球科研热点,中国在该领域研究中已处于世界领先地位。

记者了解到,报告基于爱思唯尔旗下同行评议文献摘要和引文数据库 Scopus 中索引的 160 多万篇 2001 年至 2020 年间发表的研究文献以及 80 多万页专利撰写而成,报告覆盖净零排放相关的多个领域的研究。

“我们将这些出版物的集合称为‘净零研究’,对这些研究的分析是为了增强我们对清洁能源研究和创新领域的理解,并为实现净零目标提供可行路径。”爱思唯尔大中华区研究分析部主管周鹿鹰说。

领跑全球：全球 1/4 净零研究来自中国

报告显示,全球清洁能源相关领域的研究正在快速增长。过去 20 年中,清洁能源领域相关的出版物在所有研究产出中所占比例有所上升,由 2001 年占全球总产出的 1% 增长到 2020 年的 5%。

自 2001 年以来,中国在清洁能源领域的研究持续增长,发文量早在 2012 年就已超过美国,成为全球第一。2001 到 2020 年间该领域的总产出约有 1/4(24%)都来自中国,其次分别是美国、印度、德国和日本。

清洁能源领域的专利产出数量在 2001 至 2020 年间也持续增长,近十年增长尤为迅速。中国在 2012 年和 2014 年先后超过美国和日本,成为清洁能源领域专利产出最高的国家。截至 2020 年末,全球该领域约一半的专利都来自中国。

在研究的技术成熟度方面,研究者关注的重点正在向应用技术转变。大量清洁能源研究聚焦于电推进技术,相关研究论文数量在过去十年中翻了一番,占清洁能源研究的比重从 5% 增长到 11%。此外,智能电网和物联网设备所涉及的太阳能、风能和无线数据技术的研究也出现了显著增长。

此外,报告还显示,清洁能源领域研究的国际合作高于全学科的平均水平,且在近十年持续增长。中国在该领域的国际合作率同样高于全学科的平均水平。

“在报告中我们看到,中国在清洁能源研究领域的贡献尤为突出,在科研文献和专利数量方面领跑全球。这体现了中国在该研

究领域的大量投入和实现‘双碳’目标的决心。”爱思唯尔大中华区总裁李琳说。

挑战仍存：中国净零研究影响力仍有差距

该报告在肯定中国为清洁能源研究作出贡献的同时,也指出了目前中国清洁能源研究面临的挑战。

报告显示,从归一化引文影响力指数来看,中国近十年在清洁能源领域研究产出的学术影响力虽然高于全球平均水平,也领先于日、韩,但与欧美一些发达国家相比仍有差距。

从近十年的科研产出来看,中国在清洁能源领域的研究主要集中在锂电池或二次电池相关的研究主题,该研究方向的相对活跃度也很高,其次为光催化、太阳能电池方向,以及风力发电和电能分布方向。但是中国在这些研究主题群下产出的学术影响力并不处于领先地位。

此外,中国该领域近十年产出的国际合作率相较于 2001—2010 年虽有显著增长,且高于全学科国际合作水平,但国际合作率不到 25%,明显低于该领域近十年产出的全球



苦苣 董玉梅摄

不同苦苣品种“抗冻”各有绝招

本报(记者张晴丹)近日,中央民族大学生命与环境科学学院教授龙春林团队利用转录组和代谢组的方法,对凉山彝族栽培的不同苦苣地方品种的耐冷机制进行了阐释。最新研究成果在线发表于《农业与食品化学杂志》。

前期的民族植物学调查发现,凉山彝族利用传统的苦苣栽培知识,在不同海拔的山区栽培苦苣的不同地方品种。该研究分别选择栽培在低海拔(1800~2000 米)的地方品种 RG 和高海拔(3000~3500 米)的地方品种 TM 进行耐冷机制研究。

科研人员通过生理学比较发现, TM

具有极强的冷害耐受能力,而 RG 则较为敏感。另外, TM 中总黄酮、芦丁和槲皮素等的含量变化(1.47、1.32 和 2.67 倍)也明显高于 RG。转录组及代谢组学分析显示, TM 具有更高水平的碳氮代谢变化。

此外,该研究着重分析了苯丙烷合成途径在冷胁迫下的响应。结果显示, TM 和 RG 中的苯丙烷类生物合成途径在冷处理后上调, TM 中芦丁合成相关基因的上调变化高于 RG,而 RG 在冷胁迫反应中显示出更高的花青素相关基因的表达。此结果与生理、代谢组结果一致,也表明了两个苦苣地方品种具有不同的

冷适应策略。

另外,芦丁和花青素生物合成相关基因与其他冷胁迫基因的相关性分析显示,芦丁和花青素合成途径中的 26 个基因与 11 个冷胁迫基因具有相关性,并构建了相互作用网络,筛选了芦丁和花青素合成途径中显著相关的 4 个 GTR 和 3 个 DFR 基因。

该研究为苦苣响应冷胁迫的多层机制提供了重要参考,同时为耐高寒的苦苣品种的选育提供了科学依据。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1021/acs.jafc.1c06915>

平均水平(39%)。中国该领域产出的体量较大,但企业产出占比只有 5%,并不占优势。中国在该领域产出中的产学研合作占比(4.3%)虽高于全学科水平,但仍低于全球平均水平(4.7%)。

专家支招：用系统方式开展净零研究

对此,清华大学地球系统科学系教授关大博在接受《中国科学报》采访时指出,这主要与在国际有影响力的相关领域,我国学者还在追赶有关。

他认为,目前,我国学者主要针对一些相对较“硬”的关键技术及装备制造方面,但是整个净零研究有一条“产业链”,如相对较“软”的标准、数据和平台模式研究,这些需要我国学者提升国际视野。

“例如,对‘什么是碳中和’全球没有定义,碳中和的标准是什么、数据是什么,我们的话语权还不够。目前,在全球 1.5 摄氏度、2 摄氏度目标的研究中,已经形成了若干路径模式,但没有一个是我们国家开发的。换句话说,我国在全球碳中和方法及数据相关领域并没有话语权。”关大博说。

复旦大学环境科学与工程系教授王玉涛表示,以往的研究往往集中在创新链的某一个环节,但涉及环境领域的科学研究需要采取系统的方式,特别是推行净零计划涉及系统的各个方面,需要协调各方利益。科学研究与技术发展创新只有同政策与市场设计相结合,并且针对社会和企业的实际需求,创新的系统方法才能真正帮助实现净零目标。

发现·进展

西湖大学与中山大学等

解密中老年人肠道真菌组图谱

本报(记者温才妃 通讯员李凯娜)近日,西湖大学生命科学院郑炬圣团队与中山大学陈裕明团队合作,首次揭示了人类衰老进程中的肠道真菌组图谱及其动态变化规律,发现了肠道真菌组与细菌组的跨界交互对人体代谢健康的潜在影响及多组学关联机制,为疾病防治及药物开发提供了潜在的新型靶点。相关研究成果在线发表于《胃肠》。

基于真菌组学作用假说的启示,郑炬圣团队与中山大学团队合作,在广州营养与健康队列(GNHS)中作了深入探索。GNHS 队列是一个包含 4000 多名参与者的中老年人队列(45 岁至 75 岁),从 2008 年至 2013 年间基线招募开始,每 3 年对所有参与者进行跟踪随访。通过 ITS2 基因测序,研究团队描绘了 1244 个中老年参与者的肠道真菌组图谱,并鉴定了核心肠道真菌的组成。其中有 184 个参与者,在 3 年随访的前后两个时间点进行了肠道真菌组的重复测量。

该研究发现,中老年人群中肠道真菌组的相当一部分组成在时间上(衰老过程中)是稳定的。肠道真菌组的变化主要受年龄、饮食习惯及生理状态的影响。具体而言,与中年个体相比,芽孢杆菌在老年人中更少,马拉色菌则更富集。长期乳制品摄入与酵母菌丰度呈正相关,但与念珠菌呈负相关。

同处一个生态系统,肠道真菌与细菌不可避免地会相互作用,并影响宿主代谢。肠道内的真菌与细菌是否可能通过生态交互协同调控宿主的代谢风险呢?

研究团队发现,酵母目下的特定属与肠道细菌多样性相互作用,共同影响胰岛素抵抗,这使得微生物组跨界医学的概念得以验证。研究团队利用高维度的多组学数据,分析了肠道真菌与细菌分类、功能及粪便代谢物的生态网络,并根据先验知识,推断出了潜在的作用通路,这也为未来进一步的实验验证奠定了重要基础。另外,双向中介分析则表明,肠道细菌的功能以及粪便组氨酸可能介导了毕赤酵母对血液低密度脂蛋白胆固醇的影响。

该研究报道了人类中老年人中的肠道真菌组图谱,并首次分析了中老年人人群的真菌组差异及其与衰老的关联。3 年左右的长期随访揭示了人体肠道真菌组组成的长期稳定性,进一步增加了肠道真菌作为肠道生态系统基石的可能性。

相关论文信息:
<http://dx.doi.org/10.1136/gutjnl-2021-326298>

中科院水生生物研究所

揭示蛙病毒复制转录机器组织架构和作用机制

本报(见习记者荆淮桥)最近,中科院水生生物研究所水生病毒学学科组与桂建芳院士团队合作,鉴定并揭示了蛙病毒复制和转录机器的组织架构及相关作用机制。相关成果在线发表于《Cell&Bioscience》。

蛙病毒是一类跨种感染全球鱼类、两栖类、爬行类等变温动物的核质 DNA 病毒成员,但其复制和转录机制在很大程度上仍未知。

研究发现,蛙病毒的复制和转录机器是一个由至少 30 种病毒蛋白和 6 种宿主蛋白构成的复杂装置;其核心复制体由病毒 DNA 聚合酶(vDPOL)、增殖细胞核抗原、单链 DNA 结合蛋白、解旋酶/引物酶等构成;转录复合物的核心病毒 RNA 聚合酶则包含宿主 RNA 聚合酶 II 亚单位 Rpb3、Rpb6 和 Rpb11 等蛋白;实验验证了蛙病毒复制和转录机器中多种蛋白之间的关联与相互作用。

科研人员介绍,其中,转录复合物核心包含宿主聚合酶亚基,在核质 DNA 病毒群中尚属首次涉及。研究也进一步证实作为病毒 DNA 复制和转录的连接体与调节中心,蛙病毒复制体核心蛋白 vDPOL 可与不同病毒及宿主蛋白相互作用,这预示该机器在蛙病毒跨种感染过程中起关键作用,为进一步阐释子代蛙病毒的高效复制及跨物种感染机制提供全新视野。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.1186/s13578-021-00742-x>

中科院南京天文学技术研究所

高精度光谱定标系统将实现 10 厘米/秒精度

本报(记者沈春蕾)近期,中科院南京天文学技术研究所研究员肖东团队设计研制了一种可用于高精度光谱定标的基于真空法珀标准具(FPE)的高稳定定标光源系统。日前,相关成果分别发表于《天文学杂志》和《国际光学工程学会会刊》。

高精度光谱定标技术是运用视向速度法进行系外行星探测的关键技术之一,具有重要的科学意义。类地行星的探测和研究将定标精度的要求提高到 10 厘米/秒。

由于 FPE 对人射角度、腔长和折射率变化敏感,肖东团队从照明、气压和温度稳定性等方面开展研究,严格控制定标谱线稳定性。

肖东团队结合光纤扰模技术的研究基础,通过数值模拟和实验测试定量研究了耦合偏移和光纤扰动对定标光源输出谱线特性的影响,八边形光纤和双光纤扰模器可以极大提高光纤射出场稳定性,从而有效降低这种影响导致的谱线漂移。

在此基础上,肖东团队研制了满足定标谱线设计要求的机光系统和真空恒温系统,预期谱线自身稳定性达 10 厘米/秒。后续,团队将利用激光频率梳同步定标技术对此定标光源谱线的漂移特性进行研究,并进一步探索验证此类定标光源的使用方法和实测定标精度。

相关论文信息:
<https://doi.org/10.3847/1538-3881/abf045>
<https://doi.org/10.1117/12.2607080>