

编者按

粮食安全是“国之大者”。提高水稻、玉米、小麦等主粮作物的产量,是保障国家重大需求——口粮安全的关键所在。

为进一步提高我国主粮作物的产量,过去 10 年间,在国家自然科学基金重大研究计划“主要农

作物产量性状的遗传调控网络解析”持续资助下,科学家围绕水稻、玉米和小麦产量性状的分子遗传机理开展了科研攻关。

10 年来,面向我国粮食安全的重大需求和生命科学的前沿领域,在该重大研究计划的支持下,科

学家解析了影响主要农作物产量性状的生长发育重要生物学过程的分子遗传及生理生化调控网络,创制了一批新的遗传种质,利用新育种方法培育出若干个新品种,为我国主要农作物高产品种培育提供了理论和技术支撑。

为主粮增产插上科技的翅膀

——记国家自然科学基金重大研究计划“主要农作物产量性状的遗传调控网络解析”

古老的农耕文明时代,人们历经几千年甚至上万年时间,将水稻、玉米、小麦等主粮作物从野生品种驯化成农家品种。现代农业兴起后,专职农业科技工作者则通过数十年时间,从传统的农家品种中选育出现代品种。无论是驯化还是选育,人们的目标都集中在提高农作物产量上。现代生物育种理论和技术的飞速发展,则有望使育种家们在更短时间内改良目标性状。

粮食安全历来是“国之大者”,提高水稻、玉米、小麦等主粮作物的产量是保障口粮安全的国家重大需求。

自 2013 年以来,在国家自然科学基金重大研究计划“主要农作物产量性状的遗传调控网络解析”支持下,我国科学家实现了系列育种科技创新,为主粮增产插上了科技的翅膀。

近期,该重大研究计划已完成评估。该重大研究计划指导专家组组长、中国科学院院士武维华在接受《中国科学报》采访时表示:“科研人员解析了主要农作物株型发育和籽粒形成这两个影响作物产量性状并且密切相关的重要生物学过程的分子遗传及生理生化调控网络,建立了主要农作物产量性状分子设计育种理论,为我国主要农作物高产品种培育提供理论和技术支撑。”

突破——从论文到田间

提高农作物产量一直是世代耕种者孜孜不倦的追求。2012 年前后,一组沉甸甸的数据让作物科学研究者倍感责任与使命之重大:全球人口持续增长,粮食的总需求急剧增加;我国耕地面积仅占全球的 8%,但要保证占世界 19% 人口的粮食需求;2012 年我国粮食进口 8024.6 万吨,同比增加 25.9%。

“只有提高水稻、玉米、小麦等主要农作物的单产,才能保障口粮安全的国家重大需求。”武维华和几位作物科学领域专家的共识是,育种科技创新势在必行,要不断加大农业基础科学研究的支持力度。

水稻、玉米和小麦三大粮食作物的单位面积产量等于单位面积穗数乘以穗粒数,再乘以单粒重。“产量构成因素包括穗数、穗粒数、粒重等,株型决定穗数和穗粒数,籽粒发育决定粒重。”该重大研究计划指导专家组副组长、中



指导专家组及管理工作组研讨会现场。

国科学院遗传与发育生物学研究所研究员薛勇彪介绍说。

那么,从微观的基因层次上来看,找到决定农作物株型和籽粒这两个宏观性状的关键基因,并弄清这些基因是如何运作的,就有希望提高农作物产量。

科学家将由控制复杂性状的主效基因或由多个基因构成并可进行遗传操作的功能单元定义为“遗传网络”,并提出发现和利用产量相关的关键基因,解析主要产量构成性状的复杂遗传网络,能够进一步挖掘作物产量遗传潜力,最终获得突破产量潜力的新的育种途径和方法。

然而,由于多个基因组成的网络变量过多,寻找、确认这些基因并厘清其相互作用在很长一段时间里都是科学难题。随着基因组学、测序技术的不断进步,作物性状遗传网络的研究工具日益成熟。

2012 年,当学科发展的契机与国家重大需求同时摆在面前时,武维华、万建民、韩斌等一批长期从事农作物遗传性状改良的科学家共同向国家自然科学基金委员会提出该重大研究计划。2013 年,该重大研究计划启动,科学目

标为全面解析主要农作物生长发育重要生物学过程的分子遗传及生理生化调控网络,为我国主要农作物高产品种培育提供理论和技术支撑。

面向我国粮食安全的重大需求和生命科学的前沿领域是该重大研究计划的出发点,也是落地点。10 年来,科学家取得了丰硕的科研成果,完成了 228 个调控株型和籽粒发育相关的关键新基因的克隆与功能解析,发现了株型和籽粒发育等产量性状形成的新机制,创建了分子设计育种的新方法。“如今,我国水稻、玉米株型和籽粒发育等方面研究的国际影响力显著提升,相关研究实现了由‘并跑’到‘部分领跑’。”武维华表示。

这些科学突破不仅写进了 700 多篇论文中,也写在了田间地头。据介绍,通过实施该重大研究计划,科学家利用分子设计育种的新方法已培育出 25 个国审和省审新品种。

求实——“科学”说了算

在该重大研究计划实施过程中,指导专家组和项目科学家体会最深的是“求实”二字。

“自然科学基金委听取并且尊重专家的意见,而我们专家组把握大方向,进行‘粗中有细’的管理,科学家则踏踏实实埋头做研究。”薛勇彪说,“一切都是‘科学’说了算。”

该重大研究计划在 2018 年中期评估时做了两个重要调整。

第一个调整是关于实施周期。该重大研究计划的实施周期原定为 8 年。在 2016 年的一次指导专家组会议上,专家在讨论科研进展时提出实施周期延长 1 年的想法。“当时,我们主要是考虑农作物生长周期长、容易受气候等不确定因素的影响。”薛勇彪说。因此,中期评估时,指导专家组向评估综合组提出这一想法,并获得通过。

第二个调整是关于科学研究内容。原计划是以我国最重要的作物水稻和研究程度相对落后的玉米为研究对象,前 5 年以自由探索为主的立项阶段按这一计划进行。中期评估时,评估综合组建议,小麦也是我国重要的粮食作物,考虑到我国已具有较好的研究基础,建议将小麦纳入该项目研究范畴。此外,中期评估后的集成项目也针对小麦产量、品质的遗传调控网络构建及分子设计育种作了安排部署。此外,还提出了在主要关注“产量性状”的同时,支持部分研究课题开展提升“品质性状”研究工作的建议。

在项目科学家看来,中期评估对研究计划及时作出的调整方案,都是实事求是地基于作物科学本身的规律,为后阶段项目的集成奠定了基础。

遵循科学的规律,该重大研究计划还在科研范式变革上进行了有益探索。在实施过程中,指导专家组注意到,生物学的测序技术和信息学的前沿焦点发生了变化。测序技术由转录组测序发展到单细胞测序,信息学的前沿焦点则从大数据转向人工智能。对此,薛勇彪介绍说:“我们及时跟进科学研究的安排部署,在单细胞数据分析方法、深度学习等前沿技术方向布局,利用生物学和信息学的前沿交叉手段,指导分子育种和玉米、水稻、小麦重要性状的分子解析。”

“分子导航育种”便是上述前瞻部署的产物。研究人员利用生物信息学技术将水稻关键功能变异位点逐一锚定到水稻基因组的精确位置,并利用遗传群体对其效应强弱进行了精

准评估,首次绘制出一张完整的水稻基因关键变异电子图谱。研究人员进而基于该图谱开发出水稻“地图导航”系统 RiceNavi,初步实现了水稻育种的智能化。

据上海师范大学教授黄学辉介绍,借助于 RiceNavi 的选配指导和路线优化,研究人员仅用两年半时间就实现了既定育种目标,获得了株型紧凑、生育期略短、有香味的新品系“导航 1 号”。目前,该成果已正式转让给我国大型种业集团进行推广应用,将为水稻新品种的快速培育提供技术支持。

在指导专家组看来,生物学和信息学交叉研究已经是这一领域的发展趋势,该重大研究计划在这一方面的探索才刚刚开始。

当然,“科学”说了算,还体现在维护项目评审过程的公正性方面。“只有科研做得好,项目才能上。”无论在前期的自由探索阶段,还是在后期的集成阶段,这都是指导专家组所坚守的学术生命线。

合作——形成强有力团队

回顾该重大研究计划实施历程,令指导专家感到欣慰的是,除了取得丰硕的科研成果,他们还“收获”了一支强有力的人才队伍。

薛勇彪表示,通过专家组的“引导”和“牵线”,各课题组之间加强了协作配合,实现了优势互补,通过 10 年的长期磨合,在作物科学领域形成了一支相对稳定的团队。其中,项目承担人刘耀光 and 钱前当选中国科学院院士,宋任涛、李云海、黄学辉、巫永睿、田丰、姚颖垠、谭禄宾和杨小红等 8 位学者获国家杰出青年科学基金项目资助,巫永睿、李一博、王少奎、杨小红、童红宁、李林、肖英杰、胡斌、杨宁等 9 位学者获优秀青年科学基金项目资助。在该重大研究计划实施期间,培养博士后 33 名、博士研究生 105 名、硕士研究生 108 名。

有了这支强有力的人才队伍,专家们对未来充满信心。他们的设想是,继续以国家粮食安全和“大食物观”的重大需求为导向,聚焦重要农作物基础理论创新与前沿技术开展研究,系统挖掘和阐明作物高产优质抗病耐逆的分子调控网络,更深入、系统地阐明作物复杂性状分子调控机制,建立智能化的设计育种体系,实现作物育种范式的跨越式发展。

揭开水稻分蘖调控之谜

分蘖是禾本科植物在地面以下或接近地面处所发生的分枝。对水稻而言,分蘖数目和分蘖角度是影响株型的两个重要因素,对水稻群体产量起决定性作用。

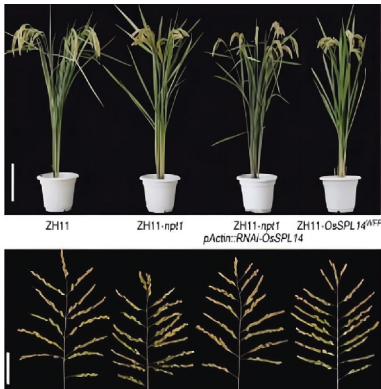
在国家自然科学基金重大研究计划“主要农作物产量性状的遗传调控网络解析”支持下,在中国科学院院士韩斌等责任专家指导下,研究人员先后挖掘、收集遗传材料,克隆一系列具有重要育种价值的基因,并通过水稻分蘖数目和分蘖角度的新基因作用机理解析,构建了调控分蘖数目和分蘖角度的关键遗传调控网络。

水稻分蘖数目直接决定水稻穗数进而影响水稻产量。作为一种新型植物激素,独脚金内酯在水稻分蘖数目的调控中扮演着重要角色,对其信号转导过程研究具有重要的科学意义。

科研人员在前期研究基础上,发现理想株型调控因子 IPA1 是独脚金内酯信号通路中负调控因子 D53 的下游靶基因,D53 蛋白通过与 IPA1 互作抑制 IPA1 的转录激活活性,从而抑制下游基因的表达。同时,IPA1 能直接结合 D53 的启动子并激活 D53 基因的表达,形成负反馈调节。这些研究成果贯通了独脚金内酯的信号转导途径。

研究人员还利用酵母双杂交方法筛选得到 IPA1 的互作蛋白 IPI1。研究表明,IPI1 编码一个泛素化连接酶(RING-finger E3 ligase),能够和 IPA1 在细胞核内发生互作,并泛素化 IPA1 蛋白。进一步分析揭示,IPI1 对 IPA1 的泛素化具有组织特异性,从而精细调控不同组织中 IPA1 蛋白水平。对此,业内专家认为,IPI1 在增加穗粒数的同时并没有“牺牲”分蘖数目,有望成为能够应用于生产实践的基因资源。

合适的分蘖角度对水稻植株的生长及群体产量至关重要。围绕影响分蘖角度形成的重要因素之一——



科研人员发掘新的理想水稻株型基因并阐明其调控网络。

重力反应,研究人员在全基因组水平上构建了水稻分蘖角度动态调控的分子网络,并挖掘到调控水稻分蘖角度形成的重要节点基因 HSA2D、LA1、WOX6 和 WOX11,在此基础上建立了以 LA1 为核心介导的水稻分蘖角度调控途径。

同时,研究人员发现,基因 Os-HOX1 和 OsHOX28 通过抑制 HSA2D 表达和降低内源生长素含量,冗余地调控水稻分蘖角度,进一步研究建立了以 HSA2D-LA1-WOX6/11 为核心的重力感应介导的分子遗传途径,丰富了水稻分蘖角度的遗传调控网络。

此外,研究人员还利用图位克隆技术,克隆了控制水稻株型和产量的新基因 PAY1;利用全基因组关联分析(GWAS)发掘出 30 个控制水稻分蘖角度的数量性状基因座(QTL),并展开深入分析。

总之,这一系列研究提升了我国相关领域的国际影响力,为水稻产量提高提供了重要理论基础和有望在利用价值的新基因,为实现水稻的分子育种奠定了坚实基础。

挖掘玉米“高产基因”

玉米的单株产量由玉米的每穗籽粒数目和穗粒重共同决定,挖掘控制玉米产量的“高产基因”,解析穗行数调控网络,可使玉米单产得到大幅度提高,对保障国家粮食安全有重大价值和现实意义。

在国家自然科学基金重大研究计划“主要农作物产量性状的遗传调控网络解析”支持下,在山东大学教授张宪省等责任专家指导下,研究人员综合利用农学与信息学,完成了调控玉米穗行数关键基因的克隆,并针对这些基因成功解析穗行数形成的遗传调控网络。

研究人员首先锁定候选基因 KR2,发现其对穗行数具有负调控作用。随后,他们通过表达分析、原生质体瞬时表达实验、核苷酸多态性分析等多项先进实验方法,最终确定是由于 KR2 上游非编码区在玉米驯化和改良过程中受到选择导致其表达量降低,从而提高玉米的穗行数。

基于上述结论,研究人员通过多年多点的田间试验、表型分析发现,与野生型相比,KR2 敲除突变体的穗行数、穗粒数、穗粒重等产量相关性状均有所提高,产量比野生型分别提高



创制了高产玉米新种质。术敲除功能基因或优化启动子,科研人员利用基因编辑技术

水稻分子设计育种：“新绿色革命”的起点



「稻稻产量(梗稻品质)优良品种」嘉禾优 7245。

在传统育种过程中,由于株型和籽粒发育等控制产量性状的关键基因克隆有限、调控网络不清晰,使得育种方式以田间选择为主,仅能针对个别位点开展分子标记辅助选择。

在国家自然科学基金重大研究计划“主要农作物产量性状的遗传调控网络解析”支持下,在中国工程院院士万建民等责任专家指导下,研究人员对理想株型和籽粒发育调控机理有了较为明确的认识,并在此基础上开展原创分子设计育种,高效、经济地获得了一系列高产、优质的组合和品种。研究人员认为,这些成果的取得标志着“新绿色革命”的起点,引领了育种新方向。

首先,通过农学与信息学融合,研究人员搭建起智能化育种系统。他们在水稻分子设计育种方法的研究中系统整理了所有公开报道的水稻数量性状基因研究结果,通过生物信息学技术将水稻关键功能变异位点逐一锚定到水稻基因组的精确位置,并利用遗传群体对其效应强弱进行了精准评估,首次绘制出一张完整的水稻基因关键变异电子图谱。

其次,水稻版的“地图导航”系统 RiceNavi 出炉,初步实现水稻育种的智能化。在常规稻主栽品种“黄华占”的改良中,科学家在“地图导航”系统的帮助下,只用了两年半时间,就获得了新品系

“导航 1 号”。这一新品种株型紧凑、生育期略短、有香味,已正式转让给我国大型种业集团,正在进行推广应用。

再次,基于多基因聚合分子,研究人员设计出一个高产、优质水稻新组合。中国科学院院士钱前带领课题组将“日本晴”和“9311”作为优良目标基因供体,主动对 28 个优良目标基因进行设计,涉及水稻产量、稻米外观品质、蒸煮食味品质和生态适应性等。该研究结果将极大推动作物传统育种向高效、精准、定向的分子设计育种转变。另外,研究人员还利用已克隆的系列产量基因设计出高产基因的聚合育种模型,阐述基于粒梗亚种间杂种优势利用的分子育种学理论并奠定了未来超级杂交稻设计的理论基础,为水稻生产的第三次产量飞跃提供了指导性思路。

最后,基于基础理论研究的优势和成果,研究人员培育出“理想株型”和“粒稻产量、梗稻品质”品种“嘉禾优 7245”等。水稻的“理想株型”是现代农业育种理论和技术研究领域中孜孜以求的一个梦想,研究人员建立水稻分子设计育种的理论框架与技术体系,培育出兼具“理想株型”和“粒稻产量、梗稻品质”特征的一系列品种,并在长江流域推广。

(本版文章由本报记者甘晓采写,图片均由研究团队提供)