



攻克水稻“烂脚病”，他们“捞”出关键基因

■本报记者 李晨 通讯员 王一凡

盛夏时节，在江苏省扬州市江都区一片热浪翻滚的稻田里，农民们正背着沉重的喷雾器穿梭于田间，将防治药液均匀地喷洒在稻丛基部。这是当地今年第二次防治纹枯病，而这样的“农药拉锯战”年复一年地在水稻产区上演。

造成这场拉锯战的元凶是被称为“烂脚病”的水稻纹枯病。这种由立枯丝核菌引发的真菌病害，堪称世界水稻生产的三大“杀手”之一。它可侵袭各类水稻品种，足迹遍布南北稻区，轻则减产，重则绝收，让农民一年的辛劳付之东流。

近日，扬州大学教授左示敏团队联合中国农业科学院植物保护研究所、河北师范大学等单位，成功克隆出蕴藏在水稻自然品种中具有显著育种价值的抗纹枯病优异基因 SBRR1-1-R，为攻克这一长期制约水稻高产、稳产的“顽疾”提供了关键基因资源。

7月30日，相关研究成果在线发表于《自然-遗传学》。8月4日，《自然-遗传学》专门配发研究简报对该发现进行推介。

粮食的“隐形杀手”

“纹枯病菌隐蔽性很强，就像‘隐形杀手’潜伏在水稻基部叶鞘内侧，一旦药剂防控不及时、不到位，病害就会快速从基部向上传播，直至剑叶，也就是水稻植株最顶上紧靠稻穗的叶子，严重影响灌浆结实，此时再防治为时已晚。”左示敏向《中国科学报》描述纹枯病危害的隐蔽性。

数据显示，在中国主要稻区，纹枯病年均发生面积高达2.4亿亩。在高高产栽培田块，平均每10株水稻就有至少5株存在纹枯病危害。遇到高温高湿等有利于病害发生的天气条件，即便大量用药，纹枯病仍可蔓延扩展至植株中上部。受害稻株看似穗头饱满，实则叶鞘早已被病菌蛀空，常在风雨中成片倒伏。在我国，该病无论发生面积还是造成的产量损失，均位列水稻各病害之首。

目前，防治纹枯病主要依赖化学农药。然而，病菌往往藏身于药液难以触及的茎秆基部，土壤中顽强的菌核存活期甚至达10年之久，迫使农民每季需反复施药3至5次。据统计，纹枯病年均防治投入已位列水稻各病害之首，显著增加了老百姓种植投入成本。



发生纹枯病的水稻田。扬州大学供图

“最令人忧心的还是生态账。”左示敏介绍，长期大量使用杀菌剂不仅破坏了稻田生态系统，还加速了病菌抗药性的产生。然而，目前生产上推广的水稻品种普遍易感纹枯病。

中国工程院院士、中国农业科学院作物科学研究所研究员万建民表示，纹枯病是威胁全球水稻生产的重大病害，年均造成产量损失10%至30%。当前，抗纹枯病育种面临天然抗病基因缺乏、分子机制不明、抗性与农艺性状难以协同改良等关键瓶颈。因此，挖掘天然抗病基因并解析其功能，对水稻抗纹枯病育种和粮食安全至关重要。

从“大海捞针”到“精准定位”

“与稻瘟病、白叶枯病已发现数十个主效抗病基因相比，目前全球范围内已报道的水稻纹枯病抗性基因位点不足，且多数抗性基因存在抗性时效短、适用范围窄等问题，导致可供育种利用的抗源极度匮乏。”中国科学院院士、海南省崖州湾国家实验室副主任钱前表示，现有主栽品种普遍缺乏有效抗性，纹枯病已成为制约水稻单产提升的关键瓶颈。

“寻找抗纹枯病基因，是一场异常艰辛的‘马拉松’，其核心难点在于如何‘看得清’。”左示敏坦言。与其他大部分病害不同，纹枯病抗性受多个“微效基因”共同调控。虽然抗性基因有多个，但每个基因的抗性效果微弱，加上环境影响大，想要精准定位关键抗性基因犹如大海捞针。

为攻克这一难题，自上世纪90年代末开始，扬州大学教授潘学彪便率先带领团队利用分子标记技术，逐步定位到多个重要的抗纹枯

病的数量性状位点。

“早期田间表型鉴定方法不够精准，我们走了不少弯路。”论文第一作者、扬州大学副教授冯志明回忆道，“比如，高温高湿天气，病害普遍严重，有抗性基因和无抗性基因的品种间病情差异会缩小。同样，低温干燥天气，病害发生轻，品种间的抗性差异也会缩小。如果没有精准的鉴定方法，很难将此抗性差异高效鉴别出来，导致同一基因去年鉴定有抗性，今年又没有了。”

潘学彪团队前期的抗病位点研究，成为这场“马拉松”中至关重要的一棒。在此基础上，左示敏带领团队接过重任，历经十余年持续攻关，深入研究了纹枯病菌特性和病害规律，革新性地建立了一套温湿度可控、消除环境干扰的纹枯病抗性表型精准鉴定技术体系，让精准识别微效抗性基因成为可能。

在精准鉴定技术的加持下，团队联合中国农业科学院植物保护研究所、河北师范大学等多家单位，对我国及周边国家或地区的200多份水稻推广品种资源进行了基因型和表型的“精确匹配”筛选。功夫不负有心人，关键抗病基因 SBRR1-1-R 终于浮出水面。

“这个基因就像水稻内置的‘调控枢纽’，编码一种防御信号关键管家蛋白，能高效激活抗病信号，抵抗病菌侵袭。”冯志明进一步揭示了其核心价值。研究发现，该基因内部存在一段独特的“增强密码”——一段位于基因启动调控区域的256个碱基片段，可以有效促进水稻抗病能力实现“质的飞跃”。

“这是大自然历经百万年演化的宝贵馈赠。”论文共同通讯作者、扬州大学教授杨泽峰介绍，“研究证实，该优异单倍型 SBRR1-1-R 起源于普通野生稻中的籼稻祖先亚群。在漫长的驯化过程中，籼稻产区由于气候适宜纹枯病发生，反而‘幸运’地保存了这一基因片段；而主要分布于温带的粳稻品种则绝大多数遗失了这份珍贵的抗病‘遗产’。”

钱前表示，这是国际上首个从水稻自然品种资源中克隆的抗纹枯病基因，是水稻抗纹枯病研究领域的一个重大突破，改变了以往水稻育种实践中没有可利用的抗纹枯病基因的现状，将加速抗纹枯病新品种的培育进程。（下转第2版）

传承“两弹一星”精神 践行能源报国之志

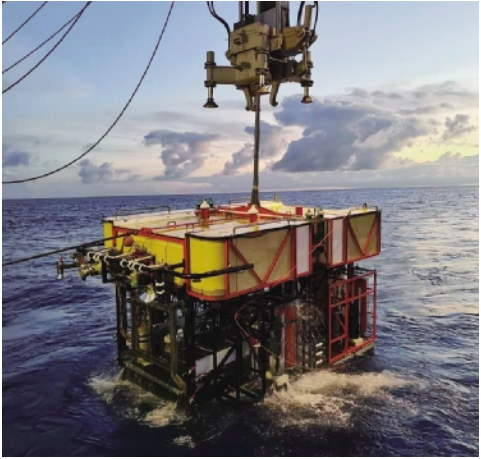
■吕雪峰

今年年初，在中国科学院2025年度工作会议期间，我再次参观了中国科学院与“两弹一星”纪念馆。老一辈科学家用简陋的仪器设备挑战科学极限，以惊人的速度创造世界奇迹，生动诠释了胸怀祖国的赤子之心、自立自强的民族气节和协同攻坚的集体智慧。

习近平总书记在十二届全国人大一次会议解放军代表团全体会议上强调，建设一支听党指挥、能打胜仗、作风优良的人民军队。我认为这与“两弹一星”的精神内核很相似，同样适用于广大科技工作者。在新中国成立初期，老一辈科学家就像一支“铁军”，创造了“两弹一星”伟业，让中国在世界舞台挺起脊梁；当前，面对科技革命浪潮和世界百年未有之大变局，我们作为国家战略科技力量，更要像军人一样，在抢占科技制高点的征程中打头阵、当先锋。

我们必须“听党指挥”，始终坚持党的全面领导，将每个人的理想抱负融入为中华民族谋复兴的伟大事业。中国科学院青岛生物能源与过程研究所（以下简称青岛能源所）始终坚持党对科技事业的全面领导，以服务国家能源战略需求为导向，聚焦新能源、新生物、新材料等“三新”领域，持续凝练形成太阳能与氢能、固态电池、绿色生物制造等“三特”优势，不断强化使命导向科研布局，举全所之力共谋抢占能源绿色低碳领域科技高点行动方案，积极承担国家、中国科学院和地方等重大科技任务，以党的坚强领导顺利推进抢占能源绿色低碳领域科技高点的任务。

我们必须“能打胜仗”，坚定科技自立自强的理想信念，不断提升科技创新能力。青岛能源所坚持基础研究与应用研究融合、创新驱动与需求牵引融合、人才引育与成果产出融合、国家战略与区域发展融合，持续做好前沿科学研究与关键核心技术攻关培育工作，加强与重点区域和领军企业合作，努力产出关键性、原创性、引领性重大科技成果。其中，“生物基橡胶绿色制造关键技术”“功能油脂的微生物合成”等项目获批国家重点研发计划，“钙钛矿通用技术开发及试验检测平台”获批山东省科技示范工程项目，“新一代生物基绿色增塑剂反式乌头酸酯的关键生产技术开发与应用”项目荣获首届全国颠覆性技术创新大赛最高奖，“高性能固态锂电池材料、技术及系统应用”“反式乌头酸微生物绿色制造技术”项目分获2023年度、2024年度山东省技术发明奖一等奖。青岛能源所用行动证明了科技创新实力，



国际首台套兆瓦时级深海能源基站海试应用。青岛能源所供图

作出了科技创新贡献。

我们必须“作风优良”，秉承协力攻坚克难的团结之魂，传承老一辈科学家艰苦奋斗、严谨治学、团结合作的优良传统。青岛能源所坚持“清源聚能、求是创新、协力攻坚、追求卓越”，聚焦主责主业打造建制化力量，推进“大团队”协同攻关模式，设立“强基”计划、“抓攻关”计划，打造“分可独立作战、聚可合力攻关”的研究室学术共同体。青岛能源所还积极推动与行业龙头企业的全面合作，引导科研布局优化和重大成果产出，促进多学科、跨团队、全链条合作，强化协同攻关能力；联合6家单位科研管理骨干成立“医用PVC材料科技攻关突击队”，主动“揭榜挂帅”承担相关重大科研项目，推动全链条建制化科技攻关。

抢占科技制高点号角已经吹响。青岛能源所正以“两弹一星”精神为指引，在建设科技强国的伟大征程中践行“听党指挥、能打胜仗、作风优良”要求，参与谱写新时代的“群星闪耀时”！

（作者系青岛能源所所长、党委书记，本报记者廖洋整理）



科学家开创 超大片段基因精准无痕编辑新方法

本报讯（记者冯丽妃）8月4日，《细胞》报道了中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员高彩霞团队开发的一项具有里程碑意义的基因组编辑新技术——可编辑染色体水平大片段DNA精准操纵技术（PCE）。该技术在动植物中实现了从千碱基（kb）到兆碱基（Mb）级别DNA的多类型精准无痕操纵，显著提升了真核生物基因组的操纵尺度和能力。

基因组编辑技术作为生命科学领域的一项革命性突破，为基础研究和应用开发提供了强大的技术支撑。然而，大片段DNA编辑一直面临重大挑战，对数千乃至数百万碱基的精准操纵更是核心难题，现有工具在编辑效率、尺度、精准性及类型多样性等方面仍存在明显不足。位点特异性重组酶Cre-Lox系统具有染色体水平DNA操纵潜力，但由于存在位点的可逆性、酶活性难以提升及编辑后残留位点等问题，其应用受到极大制约。

针对这些问题，高彩霞团队构建了系统性技术路径。首先，开发了高通量重组位点快速改造平台，提出不对称Lox位点设计原则，成功创制出新型Lox变体，显著提升目标编辑产物的稳定性；其次，团队自主开发了基于人工

智能方法的蛋白定向进化平台AiCE，对Cre蛋白的多聚化界面进行精准优化，获得了重组效率提升3.5倍的工程化Cre蛋白变体；最后，创建并优化了重组酶的无痕编辑策略Re-pe-gRNA，利用引导编辑器的高效特性对重组后残留的Lox位点进行精准替换，实现了基因组序列的无痕编辑。

基于这3项核心技术的集成，研究团队构建了PCE与RePCE两个可编程染色体编辑系统，可在动植物细胞中灵活编程Lox位点的位置与方向，实现超大片段置换、定向替换、染色体倒位、大范围删除乃至整条染色体易位等多种复杂的基因组精准操作。研究团队利用PCE技术成功创制了含315kb精准倒位的抗除草剂水稻种质，展示了其广阔应用前景。

新技术不仅为多基因叠加提供了可能，还通过操控基因组结构变异，为作物性状改良和遗传疾病治疗开辟新路径。研究人员表示，该技术有望推动新型育种策略的发展，并将加速人工染色体构建，并且在合成生物学等新兴领域也具有重要应用价值。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.07.011>

研究揭示早期地球磁场的产生机制

本报讯（记者刁雯雯）南方科技大学地球与空间科学系副教授林玉峰与合作者揭示了地球磁场发电机对地核流体黏度的不变性，并发现早期地球模型可产生与现今观测高度相似的地磁场结构和强度。近日，相关研究成果发表于《自然》。

地磁场能够阻挡太阳风高能粒子和宇宙射线对地球生物圈层的直接侵袭，是影响地球宜居性演化的关键因素之一。古老的岩石剩磁记录表明，地磁场至少已持续存在35亿年。1919年提出的“地球发电机模型”认为，太阳和行星磁场可能是在其内部导电流体中通过磁流体发电机产生并维持的，但地球发电机在地核中的具体运行机制仍不清楚。

随着高性能计算技术的发展，数值模拟成为研究地球磁场发电机过程的关键手段。但受计算能力限制，数值模拟采用的流体黏度远高于真实地核流体，制约了数值模型的可靠性。现有模型大多基于当前地核结构的球壳模型，而古地磁和热演化研究表明，在大部分地质历史时期，地球发电机是在整个液态地核中运行的。因此，地球发电机在固体内核形成之前的运行机制及其产生的磁场结构尚不清楚。

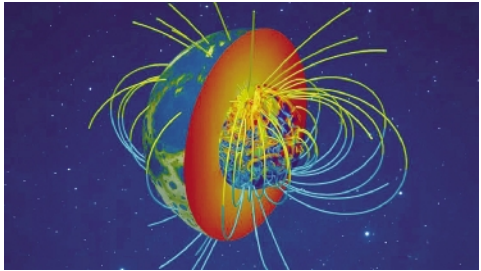
为此，研究团队开发了基于完全谱方法的高度并行算法，实现了全球三维非线性磁流体学方程的高效精确求解。利用该算法，团队构建了适用于早期地球的磁场发电机模型，完成了迄今最低黏度的地球磁场发电机模拟。研究发现，当流体黏度逐渐降低时，发电机产生的对流速度、磁场强度和空间特征尺度均保持不变，表明黏性力在极低黏度条件下可忽略不计。这

项研究通过直接数值模拟揭示了地球发电机对黏度的不变性，从渐近分析的角度实现了接近真实地核条件的无黏发电机理论突破。

他们还发现，地球自转产生的科里奥利力主导形成沿自转轴的柱状对流结构，洛伦兹力整体与其量级相当，但在强磁场区会超越科里奥利力，破坏局部柱状结构。对洛伦兹力的轴向力矩的定量分析表明，该模型接近满足1963年提出的忽略黏性力的理论约束，进一步验证了研究团队构建的地球发电机数值模型实现了无黏发电机模式。

最后的模拟结果与地磁观测数据系统对比分析发现，早期地球模型产生的磁场特征与前寒武纪古地磁记录整体吻合，同时也能再现与现今观测相似的地磁场结构和强度。这一发现表明，地球发电机能够在数十亿年时间尺度上维持以轴向偶极子为主的稳定地磁场，为古地磁的重构和理解地球磁场长期演化提供了重要理论依据。

相关论文信息：
<https://doi.org/10.1038/s41586-025-09334-y>



研究示意图。南方科技大学供图

丹麦婴儿血液样本未经同意用于大规模基因研究



本报讯6月底，Sara（化名）收到一条信息，询问她是否愿意继续参与一项由丹麦奥胡斯大学科学家领导的大规模多中心研究项目（iPsych）。信息中称，iPsych项目研究人员已经对她出生时采集的血样进行了基因测序。近十多年来，他们一直在使用这些数据来调查精神疾病的遗传和环境因素。

据《科学》近日报道，Sara是1981年至2008年间出生的14万丹麦人之一，这是她第一次得知自己参与了世界最大精神疾病队列研究之一。事实上，她从未同意过自己的数据被使用。对此，丹麦媒体对该项目征求同意的方式进行了批评性报道。

iPsych项目于2012年启动。当时，一个伦理委员会认为它可免于获得参与者的知情同意。iPsych负责人表示，这一豁免符合丹麦法律，对于生成具有代表性的数据集至关重要，并且该项目已根据隐私法对所有敏感信息进行了匿名化保护。但荷兰阿姆斯特丹大学卫生法研究员Mahsa

Shabani说：“仅仅说这项研究在法律层面合规是不够的，还需要尊重参与者的基本权利。”

iPsych项目由遗传学家Anders Borglum和精神病学家Preben Bo Mortensen共同提出。他们意识到丹麦收集的新生儿血样样本可为国际研究作出“独特贡献”。自1981年以来，丹麦每一位新生儿都可以参与一项足跟血筛查，以检测致病性基因突变——条件是这些样本可以捐赠用于研究。

在很长一段时间里，这些样本都被保存在丹麦国家生物样本库中。但在21世纪初，遗传学家获得了一种新工具——全基因组关联研究，使其能够筛选出成千上万人的DNA，从而找到与特定性状和疾病相关的基因变异。Mortensen和Borglum提议使用新工具来分析储存的样本，从而确保其研究能代表丹麦人口。Mortensen说，若征求参与者同意，会不可避免地使数据集向那些更富有、年龄更大、受教育程度更高的人倾斜，这可能会产生虚假结果。

iPsych现在包含9万名精神疾病患者和5万名对照者的完整或部分基因组序列。利用丹麦独特且全面的公民数据收集系统，iPsych团队将这些基因数据与各种健康和社会结果联系起来。在过去13年里，利用这些数据，该项目研究人员已发表了1000多篇论文。

2019年，iPsych团队申请豁免延期，以便在2021年后继续从储存的血液样本中提取DNA和其他生物数据。但当时丹麦国家伦理委员会对豁免研究知情同意要求执行更严格政策，并拒绝了该申请，认为“这在伦理上不合理”。

尽管如此，iPsych仍继续使用已提取的基因数据发表论文。Mortensen说，这项研究是合法的，因为一旦在血液样本中测序DNA并将数据电子化存储，它就受数据保护法而非生物组织法的约束。

在丹麦媒体对该项目进行批评性报道后，患者权益倡导者和政府官员敦促Mortensen及其团队告知参与者，他们的数据正在被使用。作为回应，iPsych向所有14万名参与者发送了信息，要求他们在8月31日前对是否退出研究做出选择。

Shabani表示，允许参与者现在选择退出，是iPsych在伦理上继续下去的最低要求。但丹麦奥尔堡大学伦理学专家Thomas Ploug更希望看到iPsych向参与者告知其数据被用于的每个项目的具体细节。

Shabani还担心，这一事件可能会破坏人们对丹麦引以为傲的记录保存系统的信任。她补充说，如果iPsych的争议导致父母不愿参加儿童足跟血筛查这样的倡议活动，那将对该国公共卫生系统造成毁灭性打击。（文乐乐）