

2015年农业科学热点回眸

王媛媛

《科技导报》编辑部,北京 100081

摘要 2015年世界农业科学研究继续快速发展,在多个领域中取得了一批原创性、高水平研究成果。为追踪农业科学领域发展的前沿和热点,展现农业科学取得的杰出成就,本文回顾2015年植物遗传育种、动物遗传育种与动物医学、植物保护与病虫害防治、农产品加工及储藏、农业考古等农业科学领域取得的部分重要进展。

关键词 农业科学前沿;科学热点;研究进展

doi 10.3981/j.issn.1000-7857.2016.01.005

农业科技是现代科技创新体系的重要内容,是加快现代农业建设的决定性力量。中国自2004年开始,连续12年发布以“三农”(农业、农村、农民)为主题的中央1号文件,体现了中国对农业的重视。2015年,中国大力实施创新驱动发展战略,强化农业科技创新驱动作用,农业科技创新步伐明显加快,涌现出一批科技成果,在现代农业生物、资源环境保护、食品安全技术等领域取得重要进展,为提升农业生产能力、改善农村生态环境、提高农民生活水平发挥了重要作用。基于现代农业发展成就,本文从植物种质资源与现代育种、植物保护与病虫害防控、农业生产与食品安全、动物种质资源与现代育种、农业起源与进化等5个领域,展示2015年农业科技取得的重要进展。

1 植物种质资源与现代育种

1.1 水稻

水稻作为全球半数以上人口的主粮,如何提高其产量和品质一直是研究的热点。随着基因组学技术的发展,挖掘影响水稻产量和品质的基因资源,用于高产优质新品种选育成为水稻遗传改良的重要手段,优秀成果层出不穷。

株型是产量的重要决定因子,以“理想株型”为育种目标的遗传改良可极大地提高水稻产量,华中农业大学张启发、王磊等通过分析水稻3个

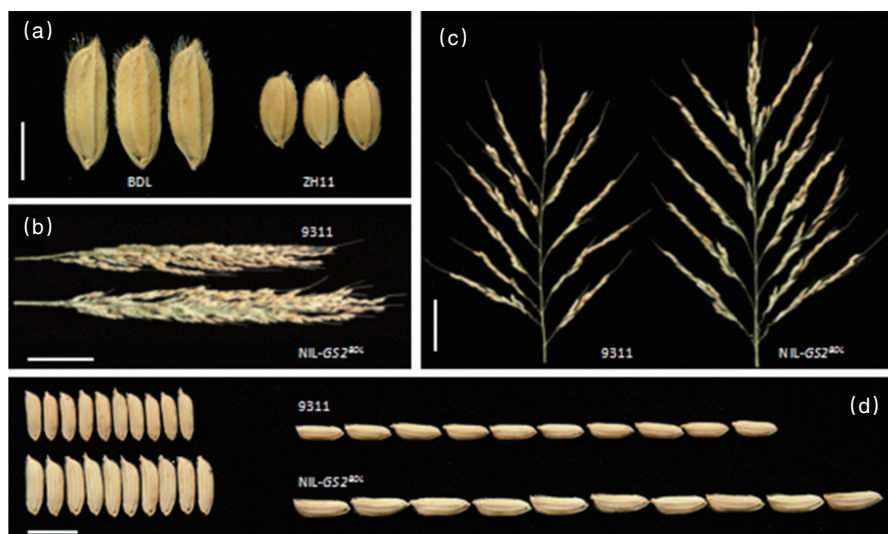


图1 提高超级稻产量的重要基因GS2

microRNA及其靶基因在水稻株型发育中的作用及其分子机制,揭示了新的控制水稻株型建成的调控途径,使水稻株型建成的分子调控机制有了重要突破^[1]。

籽粒大小和重量是水稻产量的构成要素,长期以来一直是很多作物育种改良的重要目标。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才、中国科学院李家洋课题组通过对一水稻大粒显性突变体(Big grain1, Bg1-D)的研究,发现BG1编码一个受生长素特异诱导的早期响应的未知功能蛋白,在水稻茎和穗的维管组织中特异表达。有意思的是,BG1过表达株系生长素极性运输能力显著增强,并导致水稻籽粒显著

增大^[2]。同时,中国水稻研究所与中国科学院遗传与发育生物学研究所等单位合作,从浙江地方大粒品种“宝大粒”中成功分离并克隆了一个能够显著提高超级稻产量的重要基因GS2,研究发现,GS2等位基因在miR396c靶点发生了一个稀有显性突变,造成该基因表达显著上升,从而促进细胞的分裂和生长,并最终特异增加了穗长和籽粒大小(图1)^[3]。另一研究中,中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才团队和福建省农业科学院水稻研究所赵明富团队、中国科学院遗传与发育生物学研究所李云海团队、武汉大学李绍清团队通过不同研究方法,阐述了生长调节因

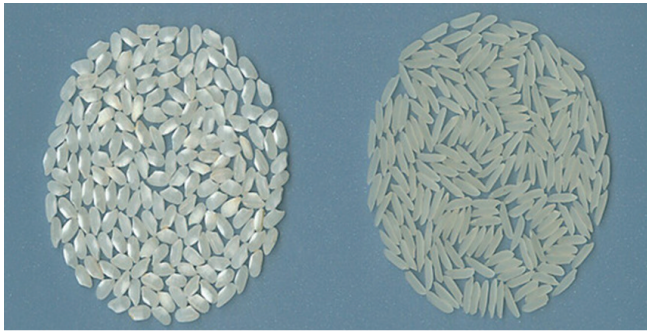


图2 水稻粒形对比

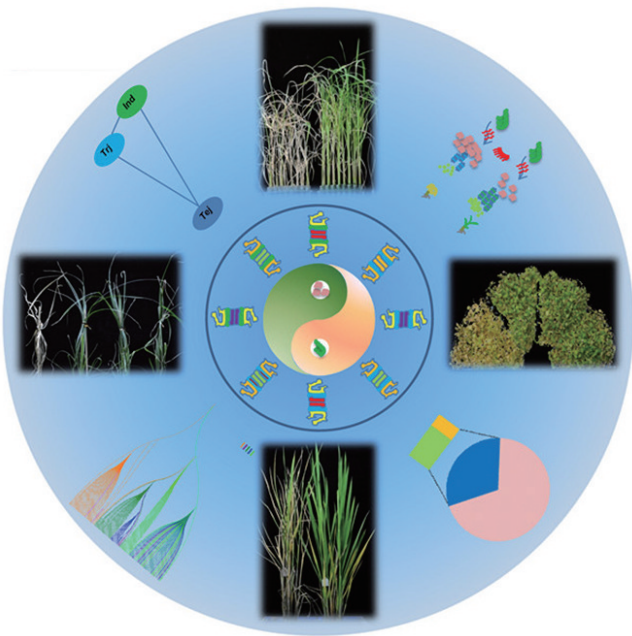


图3 林鸿宣院士从非洲稻中克隆控制高温性状的数量性状遗传位点

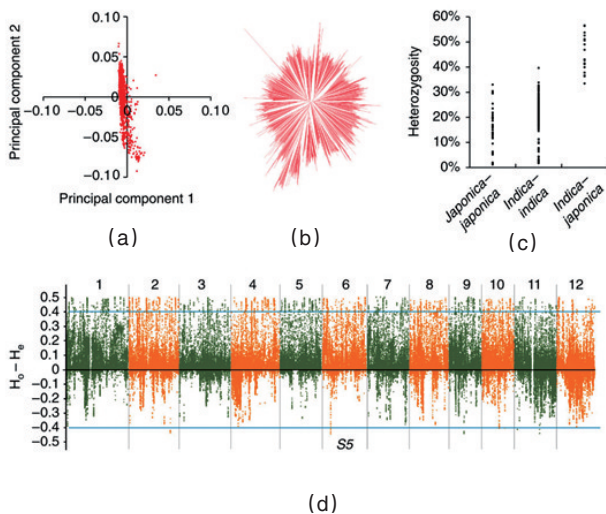


图4 杂交稻的遗传结构与杂合性

子受小 RNA 分子 miR396 抑制,会影响水稻籽粒大小和数量^[4]。

水稻粒形是衡量稻米外观品质的主要指标,同时也是影响水稻产量性状的重要因素之一。中国科学院研究所超级稻种质创新团队与中国科学院遗传与发育生物学研究所等单位合作研究发现,水稻染色体拷贝数变异可调控水稻的粒长和品质,为水稻粒形的分子设计和高产优质水稻新品种培育奠定了基础(图2)^[5]。中国科学院遗传与发育生物学研究所傅向东团队,从优质杂交水稻不育系泰丰A中成功分离并克隆了一个控制水稻粒形和提升稻米品质的重要基因 *GW7*,该基因同时可提高水稻产量和品质,未来可用于超级杂交水稻新品种培育^[6]。

温度是影响水稻产量的一个重要环境因子,低温和高温胁迫都会威胁水稻产量的稳定。水稻起源于热带和亚热带地区,因此对低温胁迫非常敏感,中国科学院植物研究所种康研究组与中国水稻研究所钱前研究组等合作,发现了水稻感

受低温的重要 QTL 基因 *COLD1* 及其人工驯化选择的单核苷酸多态性(SNP)赋予粳稻耐寒性新机制,该研究对基于分子设计培育水稻耐寒新品种具有重要的应用前景^[7]。高温可使粮食严重减产,因此发掘作物抗高温基因资源,进而培育抗高温新品种,一直是科学家待解的难题。中国科学院院士、中国科学院上海生命科学研究院林鸿宣从非洲稻中成功克隆了控制高温抗性的数量性状遗传位点(高温抗性1号基因, *TT1*)(图3^[8]),这在国际上是第一例^[9]。

杂交水稻育种技术的成功是中国近几十年来取得的重要科技成就,为中国的粮食安全做出了贡献,但关于杂种优势的遗传机理却一直未能破解。基于此,中国科学院上海生命科学研究院韩斌院士课题组联合中国水稻研究所杨仕华团队,通过基因组测序和群体水平上的遗传效应精细分析,发现杂交稻的高产主要来自大量优异等位基因的聚合(图4^[10])。了解杂交稻品种的基因组信息及其产量优势的遗传基础,将为杂交水稻的分子设计育种、杂种优势的机制研究以及通过基因组辅助的聚合育种技术培育出具有超亲优势的常规稻新品种打下重要基础^[11]。

1.2 玉米

玉米是重要的粮食作物,但距今约9000年前,墨西哥人利用野生墨西哥类蜀黍培育出的玉米并不是现在这个样子,那时的玉米粒被一层坚硬的外壳包裹着,并不适宜人类食用。一项遗传学领域的新研究对比了玉米和墨西哥类蜀黍的特征,发现在随后数千年内发生的DNA基础交换——通过 *tga1* 基因的C—G序列的基础交换产生了柔软的、裸露在外的玉米粒,从而让玉米进化成人们今天所熟悉的样子^[12]。

除了作为重要的粮食作物,玉米还是重要的饲料来源。同时,发达国家利用玉米作为生物能源的原材料,导致全球范围内玉米供需日趋紧张,因此提高玉米产量迫在眉睫。玉米的单株产量可由玉米的每穗籽粒数目及粒重共同决定,华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室张祖新课题组针对玉米的

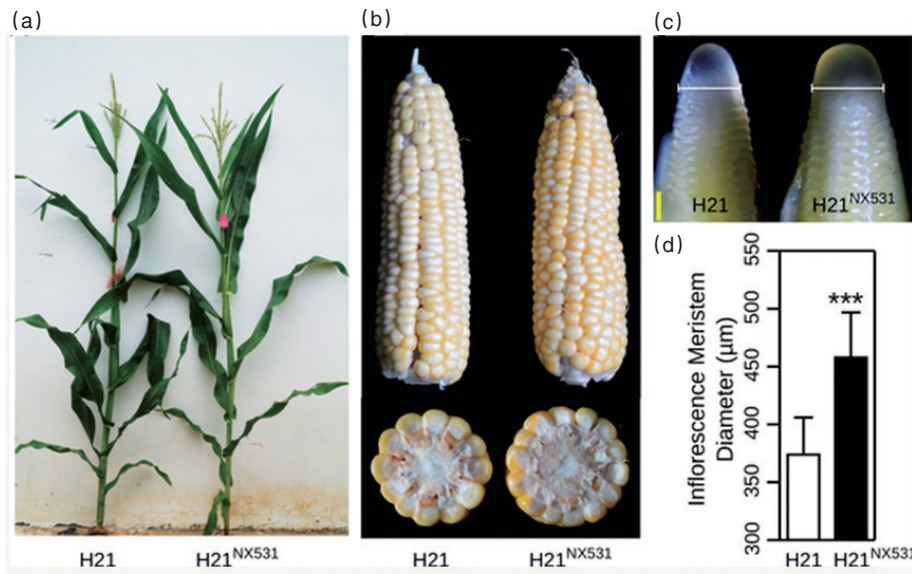


图5 H21和H21^{NX531}的植物和花序性能

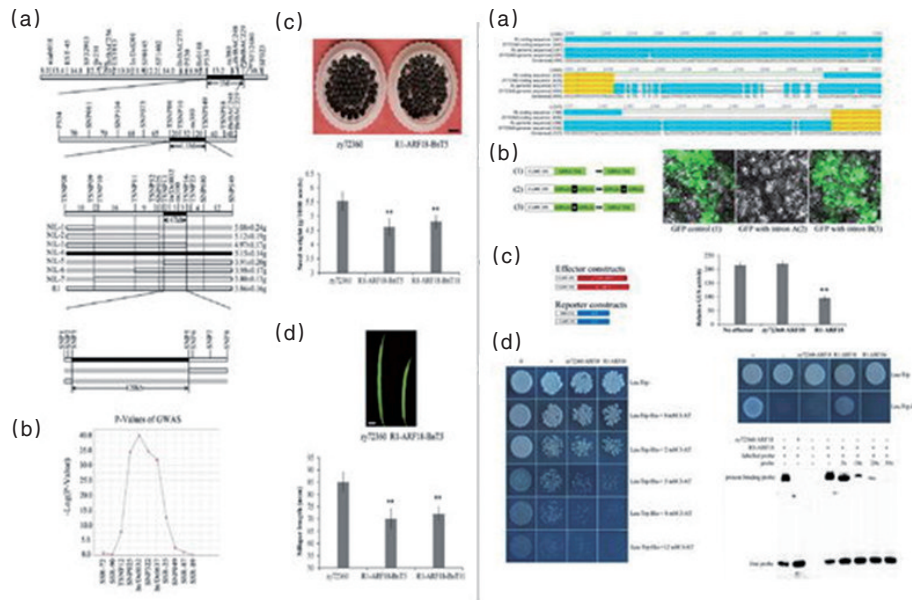


图6 油菜A9染色体上ARF18基因的相关研究结果

控制玉米籽粒数目的主效遗传位点KRN4,利用全基因组关联分析、图位克隆等手段,证实了KRN4为控制玉米雌穗发育重要基因*Unbranched3(UB3)*的顺式调控因子,通过远距离调节*UB3*基因的表达量,控制玉米穗行数的数量变异(图5^[13])。KRN4位点优良单倍型可以提高2行穗行数,增加近20%的每穗籽粒数目,因此显著提升玉米产量。研究同时发现,KRN4位点可以通过和*UB3*基因内的功能性SNP变异发生遗传互作,进一步提高玉米籽粒产量^[14]。

1.3 其他谷物

小麦是中国最重要的口粮作物之一,品种改良是稳定小麦生产最主要的科技因素,与产量性状相关的品种改良一直以来都是现代农业科技研究的热点。西北农林科技大学生命科学学院赵惠贤团队克隆得到了控制小麦籽粒大小的基因*TaCYP78A3*,利用BSMV-VIGS技术沉默该基因在小麦籽粒中的表达,可导致小麦种子大小降低11%。进一步的细胞学观察和分子水平检测,揭示小麦*TaCYP78A3*基因通过促进胚

珠和种子表皮细胞增殖影响种子大小的分子机制^[15]。

高粱是世界范围内最古老和最广泛种植的谷类作物之一,种植于亚洲、非洲以及世界上某些条件最恶劣的农作物种植区,美国堪萨斯州立大学的遗传学家以高粱为研究对象,比对了多个品种的环境适应特征。结果显示,农作物的基因组适应性特征有助于预测农作物品种如何应对来自环境的压力,并将结果建立一个数据库,以帮助发展中国家利用有限的资源更好地预测能够适应环境和生产季节的气候变化的高粱品种^[16]。

1.4 油料作物

粮油等主要农作物的价值70%来源于种子,种子产量的遗传改良一直是作物研究的重点,其功能基因克隆也是国际竞争的热点。而种子产量是由多基因控制的数量性状,特别是重要多倍体作物如小麦、油菜、棉花等,其基因组非常复杂,种子产量基因的图位克隆一直未能获得突破。虽然国际上很多团队在10余年前就获得了许多甘蓝型油菜的粒重主效QTLs,但一直未见其粒重基因被图位克隆的报道。由中国农业科学院王汉中领衔的油菜遗传改良创新团队研究发现,油菜A9染色体上调控生长素反应基因表达的转录因子*ARF18*基因的变异可调控粒重,且不改变角粒数,从而对产量产生影响(图6)。这项发现为油菜高产品种的分子设计和培育奠定了基础。同时,*ARF18*基因成为国际上通过图位克隆获得的第一个多倍体作物产量基因^[17]。

大豆是中国重要的粮食作物之一,栽培并用作食物及药物已有5000年历史。1804年大豆被引入美国,目前已成为美国除玉米之外第二大广为种植的农作物。但是当前的一系列大豆品种容易受到害虫和病原体的侵害,因此培育抗病大豆品种成为科学家的关注点。美国伊利诺伊大学香槟分校作物科学系大豆/玉米种质病理学和遗传学研究中心Singh,采用荷尔蒙疗法,将一个广受欢迎的大豆品种(Dwight)与一个多年生野生大豆品种杂交,培育出了

第一个能繁育的抗大豆锈病、大豆胞囊线虫和其他病原体的大豆品种,打开了野生大豆属物种的遗传材料这一“宝藏”^[18]。

2 植物保护与病虫害防控

2.1 农作物病虫害

稻瘟病俗称水稻“癌症”,会造成水稻严重减产。因此研究水稻抗瘟防御机制,培育抗稻瘟病的水稻品种对水稻生产意义重大。中国农业科学院植物保护研究所王国梁团队研究揭示了泛素连接酶底物在水稻抗稻瘟病中的新作用。他们在前期研究中发现稻瘟菌效应蛋白(AvrPiz-t)通过靶标水稻的泛素连接酶负调控水稻的免疫系统。此项研究首次鉴定了泛素连接酶在水稻中的互作蛋白,结果显示泛素连接酶特异性地与拟南芥生物钟和开花期调控基因(*ELF3*)在水稻中的同源蛋白Os-ELF3-2相互作用,OsELF3-2突变体和RNAi材料显著增强了对稻瘟菌的抗病性,说明OsELF3-2是水稻免疫的负调控因子,共表达试验结果表明泛素连接酶可促进OsELF3-2蛋白的泛素化降解,表明OsELF3-2是泛素连接酶泛素化的底物,泛素连接酶可通过靶标Os-ELF3-2调控水稻的免疫系统(图7)。这一研究极大丰富了对稻瘟菌效应蛋白AvrPiz-t在水稻中靶标蛋白作用机制的认识,有望为提出新的病害防控策略提供新思路^[19]。

植物中天然存在着复杂的防御体系,当植物受到害虫咬噬后,其释放的萜类化合物可以吸引害虫天敌启动间接防御系统。玉米作为中国的第一大作物,虫害是制约玉米产量的关键因素之一。研究玉米萜类合成酶基因的表达调控机制,对于解析玉米防御体系的分子调控网络及培育抗虫玉米品种具有重要意义。中国农业科学院生物技术研究所与植物保护研究所合作,利用模式植物“拟南芥”分析玉米*TPS10*基因的启动子序列,得到启动子-300至-200区段为基因诱导表达所必须的功能序列,通过酵母单杂交、生物信息学分析、凝胶阻滞、原生质体瞬时表达分析及转基因玉米验证,最终确定玉米

EREBS8 基因是调控玉米*TPS10*基因表达的关键基因,其通过调控*TPS10*基因的表达参与玉米的间接防御,为解析玉米及其他植物防御体系的分子调控网络提供了新的研究思路^[20]。

麦蚜是危害多种禾本科作物及杂草的害虫,从小麦苗期到乳熟期都可危害,刺吸小麦汁液,造成严重减产。中国较为常见的麦蚜主要有麦长管蚜、禾谷缢管蚜、麦二叉蚜3种,虽常在麦区混合发生,但在全球气候变化带来的选择压力下,其优势种正在发生变化。中国农业科学院植物保护研究所马春森团队通过6年的潜心研究发现,全球气候变化打破了农业害虫群落原有的平衡,改变了害虫群落物种间的相对优势度,使优势种(群落中具有最大密度、盖度和生物量,对生境影响最大的物种)发生了演替,气候变化正在改变农业害虫群落的优势种。麦蚜处于麦田生态系统中间营养级,其群落结构的改变,还将对“作物-麦蚜-天敌”系统造成影响^[21]。

2.2 果蔬病害

苹果产业是中国西部地区尤其是干旱半干旱地区农民发家致富的重要支柱产业,由苹果黑腐皮壳属真菌 *Valsamali* 引起的苹果树腐烂病,是中国苹果生产中的重大毁灭性病害,严重威胁中国苹果产业的健康发展。西北农林科技大学植物保护学院黄丽丽团队对苹果树腐烂病菌的致病机理进行了研究,发现苹果树腐烂病菌果胶酶、次生代谢物合成、氮转运相关蛋白和酸性外泌蛋白酶等相关基因的扩增和表达可能是该病菌适应性侵染树皮的主要决

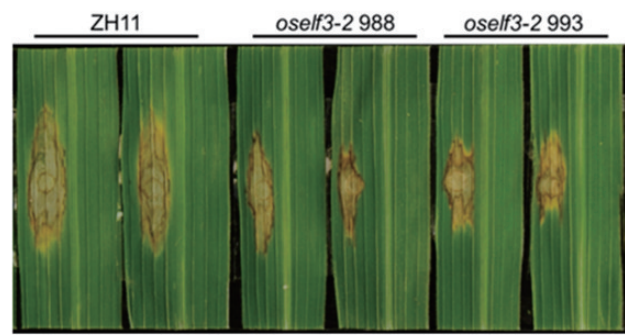


图7 OsELF3-2突变体和水稻ZH11接种稻瘟菌结果

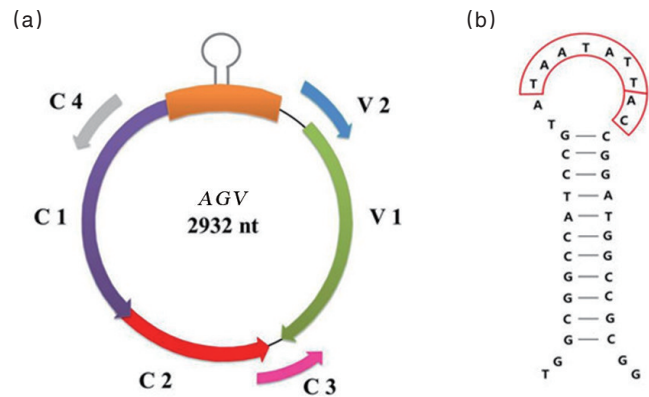


图8 AGV基因组结构(a)和基因间隔区的茎环结构(b)

定因子;次生代谢相关基因(簇)的变异,有可能导致了该病菌的寄主偏好性。该研究为病害有效防治方法的建立提供了理论依据^[22]。

除苹果树腐烂病菌的致病机理研究取得突破外,中国农业科学院植物保护研究所李世访团队与意大利病毒专家合作,发现了两种果树新病害。研究团队采用最新的病毒鉴定技术——高通量测序,首次从苹果中鉴定出苹果双生病毒(AGV)(图8^[23]),AGV不仅可以侵染苹果,还可以侵染烟草和番茄等草本植物,这也是对从木本植物分离出的双生病毒可以侵染草本植物的首次报道。随后该团队又从桑花叶型萎缩病感病样品中发现了桑花叶型萎缩病相关病毒(MMDaV),确认了MMDaV与桑花叶型萎缩病的相关关系。这两种新双生病毒的鉴定为中国果树病毒病害防控提供了新的理论依据,具有重要的实际意义^[24]。

2.3 其他经济作物病虫害

经济作物又称技术作物、工业原料作物,是指具有某种特定经济用途的农

作物。20世纪80年代初以来,中国在“决不放松粮食生产,积极发展多种经营”的方针下,逐步扩大了经济作物面积,随之而来的病虫害问题也成为研究热点。

棉花是重要的经济作物之一,中国自1997年开始在华北地区推广转*Bt*基因棉花新品种后有效地控制了棉铃虫害。但转基因抗虫棉不能杀死的一种非靶标害虫——盲蝽蟥,在棉铃虫种群数量下降的同时,逐渐上升为棉田的主要害虫。河南省农业科学院植物保护研究所封洪强团队通过对转基因抗虫棉重要害虫中黑盲蝽的基因表达分析发现,通过基因调控控制害虫是一条新的害虫防控途径,为中黑盲蝽的分子防控提供了理论依据,对开发新型中黑盲蝽治理技术具有重要价值,或可诞生治虫新策略^[25]。

魔芋是原产于中国的药食同源植物,魔芋产业被誉为21世纪的朝阳产业,魔芋也被联合国卫生组织确定为十大保健食品之一,特别受到韩国、日本及欧美市场的青睐。但因耕地面积所限,连作引起的魔芋软腐病频发,轻者造成减产,重者甚至绝收,成为制约魔芋产业发展的“瓶颈”。为了解决这一“瓶颈”难题,西北农林科技大学张忠良团队,根据连作障碍微生物修复原理与微生物防治原理,借鉴放线菌活菌制剂为连作土壤障碍微生物修复剂在辣椒、西甜瓜、番茄及草莓等作物上的应用经验,在魔芋软腐病原菌分离及拮抗性放线菌筛选研究、林下魔芋抗病机理等方面进行了探索,发现了新的魔芋软腐病致病细菌——菊果胶杆菌;发现魔芋软腐病发生与魔芋根区、根表土壤微生物区系异常有关,揭示了魔芋软腐病发生的微生态机制;揭示了刺槐林及核桃林下魔芋健康生长的微生态机制;筛选出了专门针对魔芋软腐病的生防放线菌;研制出对魔芋连作障碍有良好修复效果的防病促生放线菌制剂;提出了放线菌制剂与腐殖酸钾及专用有机肥配合施用提高魔芋抗病增产效果、解决魔芋连作障碍的新方法,并取得了良好的减轻病害、提高产量及改进品质的田间

效果^[26]。

3 农业生产与食品安全

桃是人们喜爱的水果之一,依据其果肉质度差异,可分为溶质桃、不溶质桃、硬质桃3种类型。在中国,主栽桃品种多为溶质桃,该类型桃成熟后果肉迅速软化,不仅大大缩短了果实的贮藏时间,而且极易受到病原微生物侵染,而硬质桃则不易变软。中国农业科学院郑州果树研究所王志强团队通过对比溶质型桃和硬质型桃成熟过程中生长素代谢调控基因的表达模式,并分析差异表达基因在硬质桃中对外源植物激素生长素(NAA)处理的响应模式,结合基因功能分析,筛选出生长素合成路径的限速酶基因——类黄酮单加氧酶基因(*PpYUC11*),并证明了*PpYUC11*是调控硬质性状的候选基因。这一研究拓展了对桃果实成熟软化分子机理的认识,同时开发的硬质性状的分子标记在培育耐贮藏桃新品种方面具有重要的应用价值^[27]。

马铃薯是世界第四大粮食作物,块茎的低温糖化现象严重影响油炸加工产品的品质,同时还会生成对人体有害的丙烯酰胺,控制低温糖化一直是马铃薯品质改良的重点和难点。华中农业大学园艺林学学院马铃薯科研团队首次发现马铃薯中存在由蔗糖转化酶、转化酶抑制蛋白和SNRK1激酶组成的蛋白质复合体,级联式地调节马铃薯块茎在低温贮藏条件下的转化酶活性。而SNRK1 α 亚基的磷酸化使其 β 亚基失去功能,从而激活了转化酶抑制蛋白,使转化酶不能降解蔗糖,因此减少了低温下马铃薯还原糖的积累(图9^[28])。该研究建立了蔗糖代谢途径马铃薯低温糖化的分子作用模式,为马铃薯低温糖化性

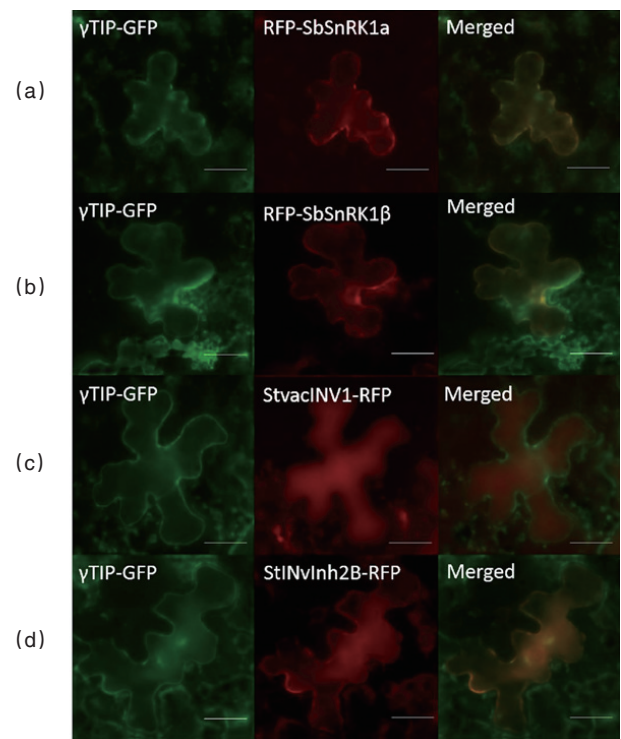


图9 目标蛋白的亚细胞定位

状的改良提供了理论依据和新途径^[29]。

4 动物种质资源与现代育种

4.1 动物遗传育种

随着现代生命科学与技术的迅速发展,转基因育种成为传统育种的有效补充,能够解决一些瓶颈问题,为育种提供新思路。

猪肉是人们餐桌上重要的动物性食品之一,随着生活水平的提高,人们对猪肉品质的要求也越来越高,因此如何培育出可提供高品质肉的猪成为研究热点。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所猪基因工程与种质创新团队通过基因编辑技术,成功制备并培育出具有“双肌”表型的肌抑素纯合子突变梅山猪新种群(图10^[30]),该种群与野生梅山猪相比瘦肉率提高近12%^[31]。他们还通过对猪全基因组拷贝数变异进行扫描,获得了多个与猪肉品质性状显著相关的基因拷贝数变异,为提高猪肉品质奠定了良好的理论基础,而在猪全基因组范围内进行肉质性状关联的研究在国际上也尚属首次^[32]。

绵羊是较为常见的饲养动物,可以为人类提供肉和皮毛等产品,体形决定

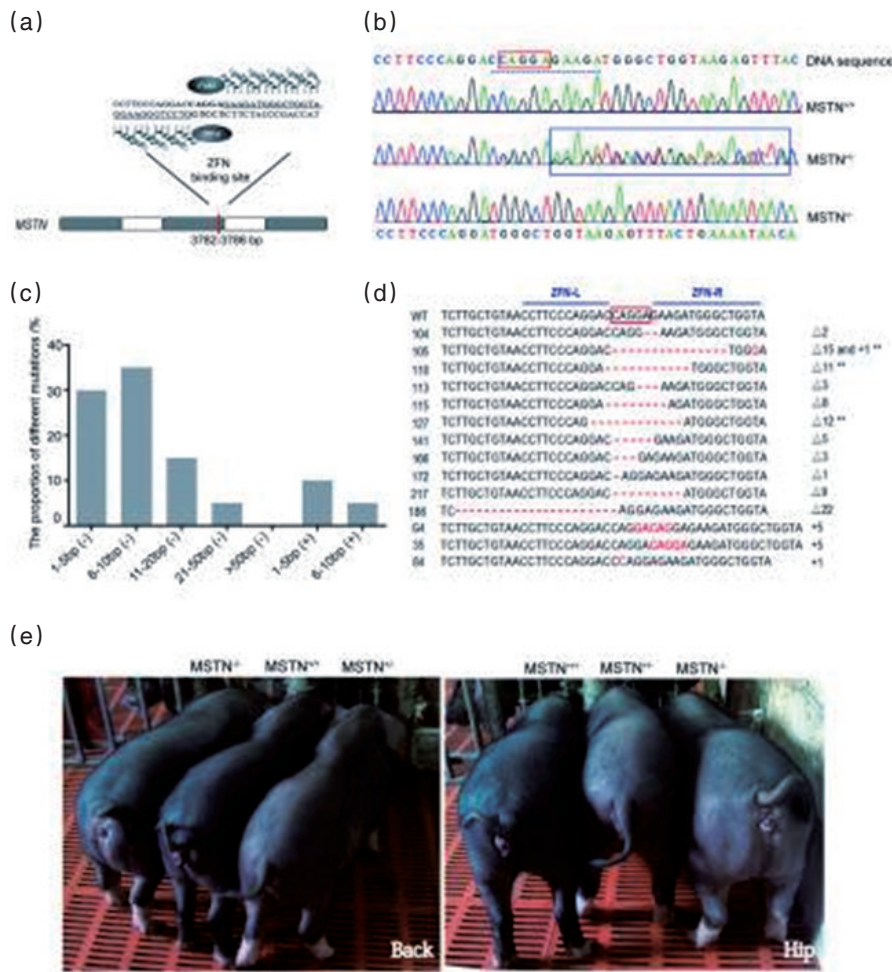


图10 突变梅山猪与野生梅山猪对比

着产量的高低。绵羊体尺主要包括体高、体重和体质,是由环境和基因共同决定的复杂性状。蒙古绵羊亚群体存在着明显的差异,如何能找到决定蒙古绵羊亚群体间体尺的基因是育种学家们面临的一项重大课题。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所杜立新团队,利用全基因组甲基化测序技术及大数据分析对3个体尺不同的蒙古绵羊亚群进行研究,获得了多个与绵羊体型大小相关的甲基化区域和两个 Cp-GDNA 甲基化位点(图11^[33]),为解决绵羊体型大小差异奠定了基础。本研究对绵羊全基因组水平进行甲基化研究在国际上尚属首例,对今后的绵羊分子育种具有推动作用^[34]。

4.2 动物医学

动物医学是研究、诊断和防治动物疾病,保障动物健康的综合性学科,随着社会的发展,动物医学的重要性日益

提高。作为最重要的动物性食源提供者之一,猪的健康被广泛关注。哈尔滨兽医研究所冯力团队经过10年努力,成功研制了针对猪传染性胃肠炎、猪流行性腹泻、猪轮状病毒(G型)三联活疫苗(简称猪腹泻三联苗),并在中国农业科学院哈尔滨兽医研究所维科生物技术开发公司正式投产上市。该猪腹泻三联苗采用传代细胞系进行生产,杜绝了外源病

毒污染等问题,其研制成功不仅填补了国内空白,而且能够做到一针同时预防3种主要危害养猪业的重大疫病,尤其是对控制混合感染具有很强的针对性,解决了困扰养猪业的重大难题^[35]。副猪嗜血杆菌病是猪群中的另一重要病害,该病由副猪嗜血杆菌引起,临床表现为多发性浆膜炎、脑膜炎、关节炎,给生猪产业带来巨大的经济损失。氟苯尼考是防治该病的一线药物,自该药物批准上市以来,许多国家针对副猪嗜血杆菌的药敏调查研究均未发现氟苯尼考耐药菌株。中国农业科学院上海兽医研究所猪呼吸综合症研究团队首次发现副猪嗜血杆菌氟苯尼考耐药株,并阐明外排泵基因*floR*是介导该耐药表型的分子机制。这对于氟苯尼考等兽药规范使用有指导意义,为猪副猪嗜血杆菌病的正确防控提供了理论基础^[36]。

猪是流感病毒的重要宿主。猪群中主要流行两种H1N1流感病毒,分别为经典H1N1猪流感病毒和类禽H1N1猪流感病毒。经典H1N1猪流感病毒1918年进入猪群,通过长期进化重组,

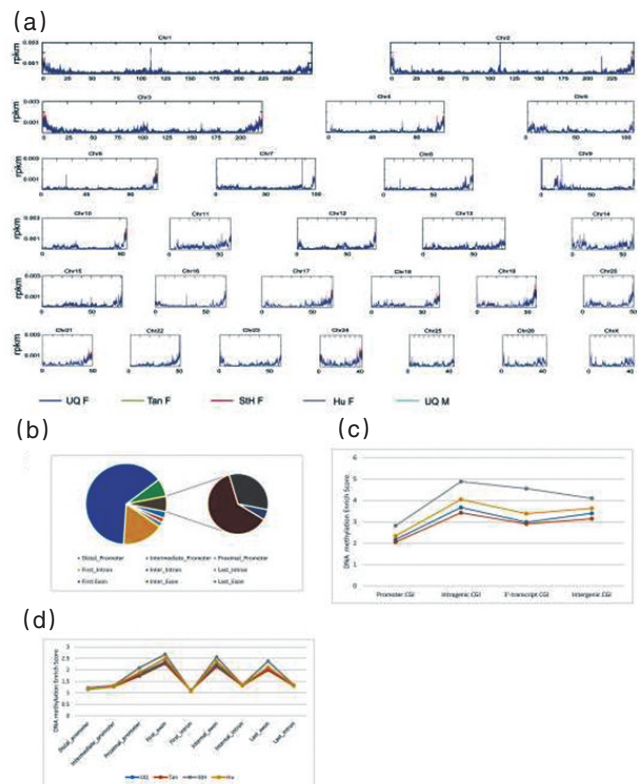


图11 绵羊品种间的染色体DNA甲基化及其分布规律

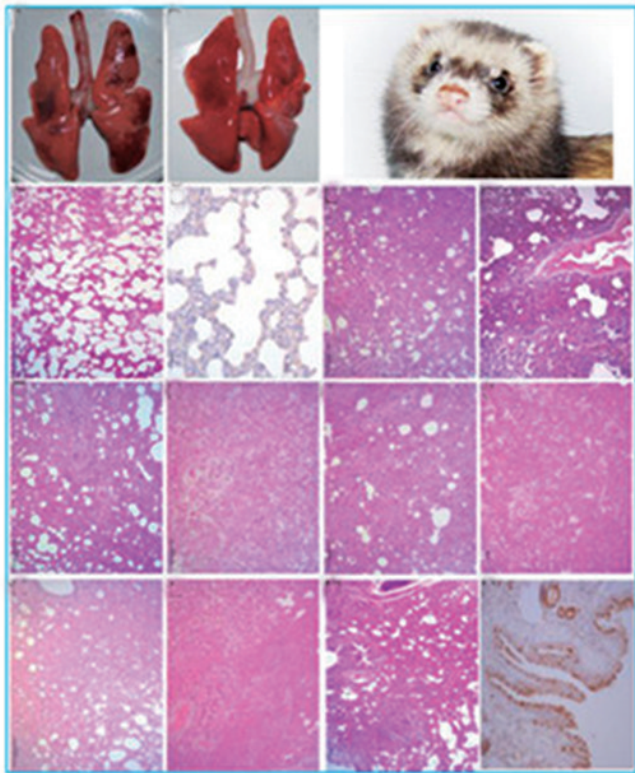


图 12 类禽 H1N1 猪流感病毒的相关研究结果

于 2009 年在北美进入人群并引发全球人流感大流行,被称为甲型 H1N1 流感。类禽 H1N1 流感病毒 1979 年在欧洲由禽类传入猪群,随后在欧洲和亚洲很多国家的猪群中流行,在欧洲和中国都有人感染发病的报告,其中在中国有 1 个死亡病例。2010 年以来,中国农业科学院哈尔滨兽医研究所陈化兰团队对猪流感进行了系统监测,从 3.6 万多头猪中分离出 228 株流感病毒,其中 139 株是类禽 H1N1 猪流感病毒,说明类禽 H1N1 猪流感病毒在中国的猪群中广泛存在。研究团队对这些病毒进行系统的遗传学和生物学研究(图 12)发现,类禽 H1N1 猪流感病毒在遗传学上形成多样性,所有病毒都已获得感染人的能力,大多数病毒具备了在人群中高效传播的能力,而目前使用的人流感疫苗和人群现有免疫力不能针对这些病毒为人体提供足够保护。从动物实验结果看,类禽 H1N1 猪流感病毒的致病力与引发 2009 年全球流感大流行的甲型 H1N1 流感病毒类似。由此可以认为类禽 H1N1 猪流感病毒是引起下次人流感大流行可能性最大的病毒,应

予以高度重视^[37]。作为肉、蛋的提供者,鸡传染病也是当前研究的热点之一。鸡传染性喉气管炎是一种急性、接触性上呼吸道传染病,是危害中国养禽业的主要传染病之一,免疫接种是预防该病发生的主要措施。然而,当前国内外养殖场广泛应用的弱毒活疫苗病毒会在免疫鸡体内发生基因重组,形成强致病力毒株,影响免疫效果或导致免疫失败,使疫情频繁暴发。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所刘胜旺团队在国际上首次鉴定了鸡传染性喉气管炎病毒感染的主要宿主调控因子,并详细阐述了其作用的分子机制,拓展了当前对于鸡传染性喉气管炎病毒与宿主细胞相互作用机制的认知,对探索不依赖宿主免疫系统的新型抗鸡传染性喉气管炎病毒治疗策略也具有重要意义^[38]。

5 农业起源与进化

5.1 作物驯化与起源

作为当今重要的粮食作物之一,玉

米在距今 4000 年前作为一种外来物种,从墨西哥传播开来。虽然已知玉米野生祖先是墨西哥类蜀黍,但关于这种农作物是如何开展自己“旅行”的科学家主要持两种观点——它可能传播到墨西哥的太平洋海岸,或者可能首先来到更加寒冷、更加干燥的墨西哥中部高地,并最终被种植在美国西南部地区。研究古基因组学的丹麦哥本哈根大学的 M. Thomas Gilbert 等比较了 32 种古代玉米棒的脱氧核糖核酸(DNA)——这些玉米棒有的来自墨西哥,有的来自美国西南部。研究发现,与沿着墨西哥太平洋沿岸生长的玉米品种相比,来自美国西南部的最古老玉米样本(大约距今 3000 多年)同来自墨西哥高地的玉米在基因方面更为类似。然而,玉米样本越年轻,其与沿岸品种共享的基因就越多。Gilbert 认为这表明玉米“最初是沿着高地路线行进的”(图 13)^[39]。但这种依然处于驯化早期阶段的农作物很可能在墨西哥高地或干燥的美国西南部地区并不“兴旺”。Gilbert 推测,几个世纪后,当地种植者“经历了很长的时间用其他品种来不断完善改良它”^[40]。

从中石器时代到新石器时代过渡的过程中,现代人类开始定居并种植食物。这在文明和技术进化史上是一个关键步骤。在欧洲,农业逐渐从约 1 万年前包括小麦在内的驯化植物最先被种植的古代安纳托利亚(如今的土耳其)向地中海和欧洲中部扩散。考古学家认为,农耕直到大约 6000 年前才到达大不列颠群岛(图 14^[41])。不过,小麦

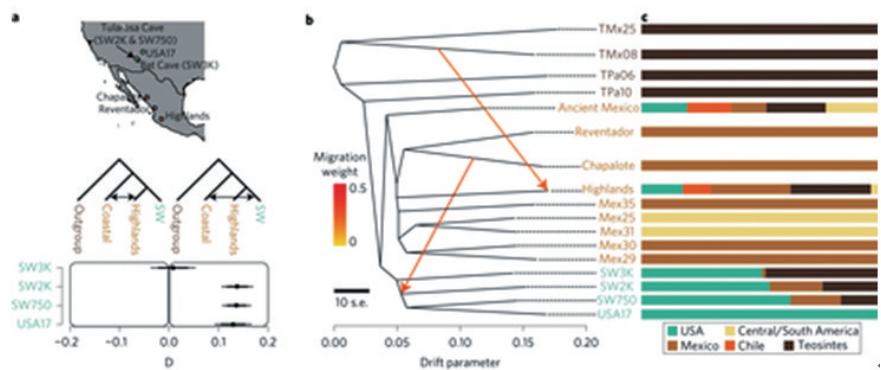


图 13 古代玉米的起源

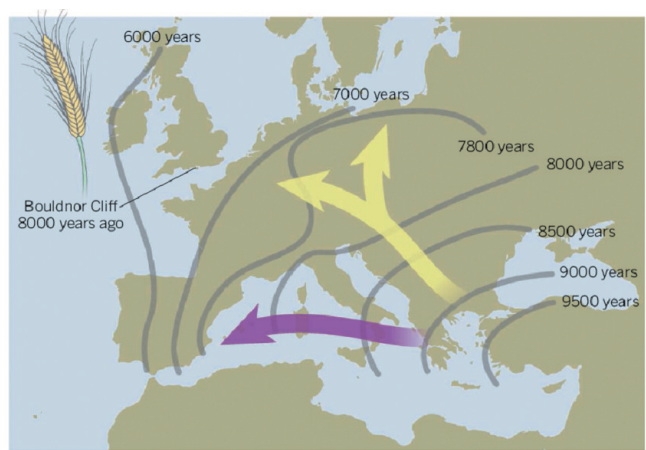


图 14 小麦在欧洲的传播

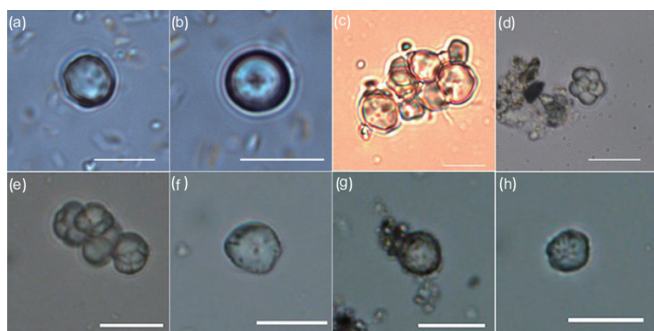


图 15 现代淀粉粒((a)~(d))和考古发现淀粉粒((e)~(h))

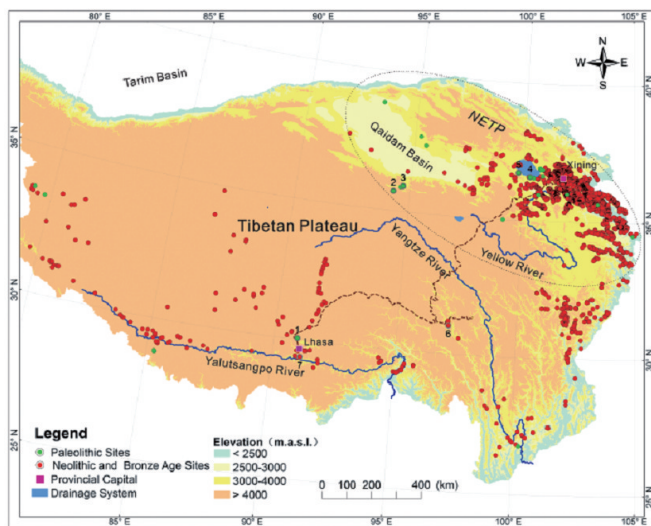


图 16 青藏高原上的史前遗址分布

或许并未在新石器时代之前的英国完全缺席。在一处被称为 Bouldnor Cliff 的史前遗址,科学家发现了同近东株系相匹配的小麦 DNA。但该团队并未发现谷类作物的花粉或任何其他考古学证据,证明小麦曾在该遗址种植。Bouldnor Cliff 居住者可能用来制作基本生面团的谷物或者说面粉,肯定来自一个更遥远的地方。研究人员推断,它们或许来自当时新石器时代的农民已经到达的巴尔干半岛或法国南部^[42]。

水稻一直被认为是中国长江流域最早被驯化的农业物种,然而中国科学院地理科学与资源研究所杨晓燕、中国科学院地质与地球物理研究所吕厚远分析了浙江上山的新石器时代遗址中石器上的植硅体和淀粉微体化石(图 15^[43]),证实稗草是浙江上山的主要资源,而水稻是

上山后期驯化的农业物种,即 1 万年前居住在长江流域的人类把稗草作为主食之一^[44]。

5.2 农业技术

史前人类如何定居高海拔高寒缺氧环境是目前学术界和社会公众广泛关注的科学问题。研究人类定居青藏高原的历史,对认识人类如何适应高原极端环境以及藏族人起源具有重要意义。兰州大学西部环境教育部重点实验室陈发虎、董广辉等对早前发表的考古调查报告进行梳理时发现了一个奇特的趋势,新石器时代遗址远远多于旧石器时代遗址,且绝大部分分布于青藏高原东北部。随后,研究小组对青藏高原东北部 200 余处史前遗址进行调查(图 16^[45]),选择完整的 53 个新石器、青铜文化遗址采集浮选样品;对浮选出的碳化植物种子测试获得 63 个碳 14 的年龄结果,并对动物以及人类骨骼进行了骨骼碳氮同位素研究。综合研究发现,古人类大规模向青藏高原扩散发生于距今 3600 年之后,以大麦为主的麦作农业为当时的人类提供了长期的食物来源。而史前人类从低强度的季节性游猎,到大规模永久定居于高海拔青藏高原经历了 3 个阶段:距今约 20000 年前—5200 年前,旧石器人群在青藏高原低强度的季节性游猎;距今 5200 年前—3600 年前,粟黍农业人群在青藏高原东北海拔 2500 m 以下河谷地区的大规模永久定居;距今 3600 年以后,农牧混合经济人群向高海拔地区的大规模扩张。该研究显示,史前人类恰恰是在距今 3600 年之后,全球气候转冷的大背景下才向青藏高原高海拔地区大规模扩张的,其关键的促进因素是农业技术革新而不是气候变化^[46]。

参考文献 (References)

- [1] 水稻株型及分枝调控研究获进展[EB/OL]. 2015-12-24. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/12/334722.shtm>.
- [2] 种子大小决定产量[EB/OL]. 2015-09-11. <http://news.sciencenet.cn/htmlpaper/20159111111213037315.shtm>.
- [3] 中国农业科学院. 水稻所合作研究发现超级稻增产新基因[EB/OL]. 2015-09-07. <http://www.caas.net.cn/ysxw/yw/259900.shtml>.
- [4] 找到水稻增产分子靶点[EB/OL]. 2015-12-30. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/2015123015592114538238.shtm>.
- [5] 中国农业科学院. 我科学家团队破解水稻粒长调控分子机制[EB/OL]. 2015-07-07. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/258256.shtml>.

- [6] 基因新发现或可让水稻既优质又高产[EB/OL]. 2015-08-06. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/20158615422944236858.shtm>.
- [7] 水稻感知寒害分子机制阐明[EB/OL]. 2015-03-05. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/2015351522817535819.shtm>.
- [8] 中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所. 林鸿宣研究组在水稻抗高温和适应环境温度的分子机制研究中取得突破性进展[EB/OL]. [2016-01-06]. <http://www.nlpmg.ac.cn/xiaoxi/news150519.html>.
- [9] 科学家克隆出控制高温抗性的数量性状遗传位点[EB/OL]. 2015-05-26. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/5/319618.shtm>.
- [10] Huang X, Yang S, Gong J, et al. Genomic analysis of hybrid rice varieties reveals numerous superior alleles that contribute to heterosis[J]. *Nature Communications*, 2015: doi:10.1038/ncomms7258. <http://www.nature.com/ncomms/2015/150205/ncomms7258/full/ncomms7258.html>.
- [11] 杂交稻基因组学研究获进展[EB/OL]. 2015-02-09. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/2/313232.shtm>.
- [12] 基因修饰让玉米无壳且美味[EB/OL]. 2015-07-16. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/7/322975.shtm>.
- [13] Liu L, Du Y F, Shen X M, et al. KR4 controls quantitative variation in maize kernel row number[J]. *PLoS Genetics*, 2015: 10.1371/journal.pgen.1005670. <http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1005670>.
- [14] 玉米产量性状遗传基础研究获突破[EB/OL]. 2015-11-19. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201511191323852037949.shtm>.
- [15] 小麦控制籽粒大小基因功能研究取得新进展[EB/OL]. 2015-08-20. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/20158201120281736922.shtm>.
- [16] 基因组学预测农作物抗压能力[EB/OL]. 2015-07-15. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/7/322857.shtm>.
- [17] 中国农业科学院油料作物研究所. 我科学家破解油菜粒重调控分子机制[EB/OL]. 2015-09-06. <http://www.oilcrops.com.cn/ArticleView.aspx?id=1576>.
- [18] 可繁育抗锈病大豆品种培育成功[EB/OL]. 2015-06-26. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201562612452542636566.shtm>.
- [19] 中国农业科学院植物保护研究所. 我所创新团队揭示泛素连接酶底物在水稻抗稻瘟病中的新作用[EB/OL]. 2015-08-24. http://www.ippcaas.cn/html/2015_08_24/2585_10660_2015_08_24_104147.html.
- [20] 中国农业科学院. 生物所揭示玉米虫害间接防御基因表达调控机制[EB/OL]. 2015-09-09. <http://www.caas.net.cn/ysxw/yw/260028.shtm>.
- [21] 中国农业科学院. 植保所马春森研究团队发现气候变化正在改变麦蚜的优势种[EB/OL]. 2015-05-05. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/255392.shtm>.
- [22] 苹果树腐烂病菌致病机理研究取得突破性进展[EB/OL]. 2015-08-21. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201582115143961437042.shtm>.
- [23] 农科院植保所李世访团队从果树中发现2种新病毒[EB/OL]. 2015-05-27. <http://www.bio1000.com/gnjz/botany/503970.html>.
- [24] 农科院植保所发现两种果树新病毒[EB/OL]. 2015-07-03. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/2015731435696336573.shtm>.
- [25] 封洪强团队发现中黑盲蝽分子防控理论依据[EB/OL]. 2015-06-17. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/6/321005.shtm>.
- [26] 我国科学家破解魔芋软腐病“魔咒”[EB/OL]. 2015-03-18. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/3/315228.shtm>.
- [27] 中国农业科学院. 郑果所研究揭示桃果实肉质调控重要基因[EB/OL]. 2015-09-10. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/260099.shtm>.
- [28] Lin Yuan, Liu Tengfei, Liu Jun, et al. Subtle regulation of potato acid invertase activity by a protein complex of invertase, invertase inhibitor, and SU-CROSE ONFERMENTING1-RELATED PROTEIN KINASE1[J]. *Plant Physiology*, 2015, 168(4): 1807-1819.
- [29] 研究揭示马铃薯低温糖化的分子机制[EB/OL]. 2015-08-24. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/8/325524.shtm>.
- [30] Qian Lili, Tang Maoxue, Yang Jinzeng, et al. Targeted mutations in myostatin by zinc-finger nucleases result in double-muscling phenotype in Meishan pigs[J/OL]. *Scientific Reports*, 2015: 10.1038/srep14435. <http://www.nature.com/articles/srep14435>.
- [31] 培育出高瘦肉率梅山猪新种群[EB/OL]. 2015-10-29. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201510291535745837653.shtm>.
- [32] 北京畜牧所发现影响猪肉品质性状基因拷贝数变异[EB/OL]. 2015-10-14. <http://www.sciencetimes.com.cn/life/20151014/7859.html>
- [33] Cao Jiaxue, Wei Caihong, Liu Dongming, et al. DNA methylation Landscape of body size variation in sheep[J/OL]. *Scientific Reports*, 2015: doi:10.1038/srep13950. <http://www.nature.com/articles/srep13950>.
- [34] 发现影响绵羊体高和体斜角关键基因[EB/OL]. 2015-12-28. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201512289104622338135.shtm>.
- [35] 哈尔滨兽医所研制的猪腹泻三联活疫苗上市[EB/OL]. 2015-04-01. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/4/316111.shtm>.
- [36] 中国农业科学院. 上海兽医所创新团队发现猪嗜血杆菌氟苯尼考耐药株[EB/OL]. 2015-08-19. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/259530.shtm>.
- [37] 中国农业科学院. 类禽H1N1猪流感病毒可能引起下次人流感大流行[EB/OL]. 2015-12-30. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/265812.shtm>.
- [38] 中国农业科学院. 哈尔滨兽医所发现调控鸡传染性喉气管炎病毒感染的关键宿主因子[EB/OL]. 2015-10-29. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/262661.shtm>.
- [39] da Fonseca R R, Smith B D, Wales N, et al. The origin and evolution of maize in the Southwestern United States[J/OL]. *Nature Plants*, 2015: doi:10.1038/nplants.2014.3. <http://www.nature.com/articles/nplants20143>.
- [40] 科学家敲定玉米驯化路线[EB/OL]. 2015-01-12. <http://news.sciencenet.cn/htmlnews/2015/1/311425.shtm>.
- [41] Greger Larson. How wheat came to Britain[J]. *Science*, 2015, 347(6225): 945-946.
- [42] 古基因揭示小麦如何来到英国[EB/OL]. 2015-03-06. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/2015361031884535846.shtm>.
- [43] Yang Xiaoyan, Fuller Dorian Q, Huan Xiujia, et al. Barnyard grasses were processed with rice around 10000 years ago[J]. *Scientific reports*, 2015: doi:10.1038/srep16251. <http://www.nature.com/articles/srep16251>.
- [44] 研究发现一万年中国人的主食是稗草[EB/OL]. 2015-12-03. <http://paper.sciencenet.cn/htmlpaper/201512310223219237846.shtm>.
- [45] Chen F H, Dong G H, Zhang D J, et al. Agriculture facilitated permanent human occupation of the Tibetan Plateau after 3600 B.P.[J]. *Science*, 2015, 347(6219): 248-250.
- [46] 农业技术革新促使人类大规模定居青藏高原[EB/OL]. 2015-12-04. <http://news.sciencenet.cn/htmlpaper/201412422174560935054.shtm>.

(责任编辑 陈广仁)