

2018年农业科学热点回眸

王艳杰,常旭虹*,王德梅,陶志强,杨玉双,赵广才*

中国农业科学院作物科学研究所,农业部作物生理生态重点实验室,北京 100081

摘要 盘点了2018年农业科学研究取得的一些重要成果。小麦、水稻、玉米及大豆、荞麦、马铃薯等主要粮食作物在基因组测序、分子育种、遗传机理解析、氮高效利用、起源演化、基因编辑等方面获得快速发展,发布了世界首个六倍体小麦基因组图谱,完成了3000份水稻基因组计划和中黄13的基因组测序,克隆了一系列产量、品质及抗病虫害基因,解析了一些重要的生长发育调控机制。油菜、棉花、茶叶、烟草等主要经济作物在基因组学、风味调控机理、光合效率等方面有所突破,中国油菜基础研究与应用已达到国际领先水平。此外,水稻、小麦、番茄、苹果等作物的病虫害防治,畜禽的繁殖、品种改良和疾病防治,蜜蜂的基因组和转录组解析,蚕病害防治和驯化历史,化肥和水稻品种对气候变化的影响、气候变化对作物产量的影响,茎叶类蔬菜和食用豆收获设备、油菜播种机等农机农艺领域均有突破性进展。

关键词 农业科学;粮食作物;经济作物;病虫害防治;气候变化

2018年是中国改革开放40周年。从1978年到2018年,中国的农业、农村、农民都发生了翻天覆地的变化,农业发展取得了举世瞩目的成绩。粮食产量从1978年的30476.7万吨增加到2017年的61791万吨,增长了1倍多;农村人均收入从1978年的113.6元增加到2017年的13432元,增长近117倍。2018年的“中央一号文件”《中共中央国务院关于实施乡村振兴战略的意见》,对实施乡村振兴战略进行了全面部署,要让“农业成为有奔头的产业,让农民成为有吸引力的职业,让农村成为安居乐业的美丽家园”,而农业、农民和农村的发展进步都要以农业科学研究为基础,只有研发出优良的作物、果树及畜禽等品种,合理的耕作、种植和养殖方式,有效的防控病虫害手段,才能促进农业进步、农民增收和农村发展。

回顾2018年,农业科学领域取得了一大批重要成

果。主要粮食作物包括小麦、水稻、玉米、大豆、荞麦及马铃薯等在基因组学、分子育种、种质创新、起源演化、遗传机理解析、氮高效利用、基因编辑及转基因品种等方面成果丰硕,历时13年完成了世界首个六倍体小麦的基因组图谱、发布了3000份水稻基因组图谱和中黄13的基因组测序结果、克隆了一系列产量、品质及抗病虫害基因、解析了一些重要的生长发育调控机制。主要经济作物包括油菜、棉花、茶叶、烟草等在基因组学、风味调控机理、光合效率等方面有所突破,中国油菜基础研究与应用已达到国际领先水平。此外,水稻、小麦、番茄、苹果等作物的病虫害防治,畜禽的繁殖、品种改良和疾病防治,蜜蜂的基因组和转录组解析、蚕病害防治和驯化历史、气候变化对作物产量的影响,茎叶类蔬菜和食用豆收获设备、油菜播种机等农机农艺领域均有突破性进展。

收稿日期:2019-01-05;修回日期:2019-01-10

作者简介:王艳杰,助理研究员,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:wangyanjie@caas.cn;赵广才(通信作者),研究员,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:zhaoguanglei@caas.cn;常旭虹(共同通信作者),副研究员,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:changxuhong@caas.cn

引用格式:王艳杰,常旭虹,王德梅,等.2018年农业科学热点回眸[J].科技导报,2019,37(1):65-86;doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2019.01.007

1 小麦

1.1 基因组

2018年8月17日,《Science》杂志在线刊发《Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome》研究论文(图1),标志着世界首个六倍体小麦基因组图谱完成,这也是迄今为止完成度最高且质量值最好的小麦基因组序列(图2)^[1]。小麦作为典型的异源多倍体,由3套不同的基因组构成,其体量是人类基因组的5倍、水稻的40倍,重复序列极高,破译难度巨大。为了实现获得面包小麦的高质量基因组序列愿景,2005年始,国际小麦基因组测序联盟分离了普通小麦品系“中国春”的21条染色体,并构建了相应的细菌人工染色体文库,后续的物理图谱构建、细菌人工染色体测序和序列的组装与分析则由联盟各成员分担。西北农林科技大学宋卫宁团队作为中国唯一参与并承担实质性研究工作的团队,完成了其中7DL染色体物理图谱构建及序列破译工作。



图1 六倍体小麦基因组图谱完成被选为《Science》封面文章(图片来源:《Science》)

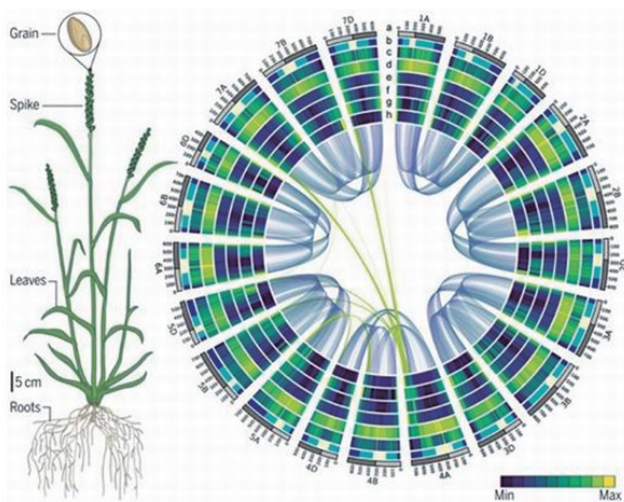


图2 小麦基因组编码、组装和排序(图片来源:《Science》)

世界首个六倍体小麦基因组图谱完成,可以说是获得了研究小麦的一个密码本,新加坡《南华早报》评价此项工作为“征服了遗传学的珠穆朗玛峰”。这项研究历时13年,是国际大协作的结晶,作者有200多人,隶属20多个国家的70多个单位。该研究整合了21条小麦染色体参考序列、物理图谱及多种公共资源数据,获得了超过470万个分子标记,该数据将极大的推动后续分子育种水平上的应用。未来,依据此基因组图谱,将极大促进小麦基因组进化、序列与分子育种、遗传育种等方面的研究,培育高产、抗旱、抗盐、抗病虫的小麦新品种,更好应对全球气候变化及人口膨胀带来的食品短缺的挑战,为小麦基因组改良工作奠定基础。

此外,中国科学院遗传与发育生物学研究所也完成了乌拉尔图小麦材料G1812的基因组测序和精细组装,绘制出了小麦A基因组7条染色体的分子图谱,注释出了41507个蛋白编码基因^[2]。该研究成果于2018年5月9日在《Nature》杂志在线发表。小麦A基因组测序和精细图谱绘制的完成,为国内外科研工作者解析小麦基因组进化和驯化提供了高质量的基因组信息和全新视角。乌拉尔图小麦地理分布见图3。

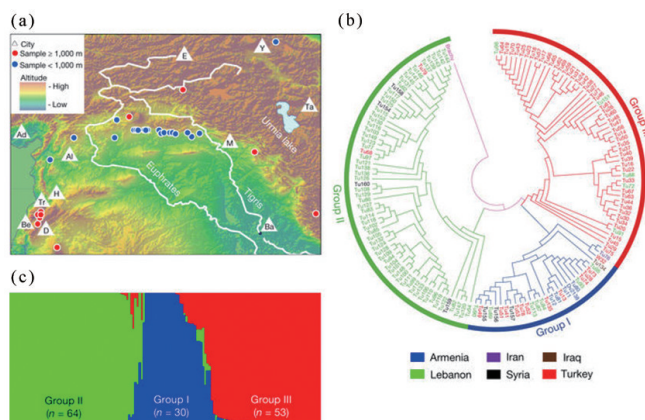


图3 乌拉尔图小麦地理分布(图片来源:《Nature》)

1.2 分子育种

小麦是常见的食物过敏源之一,会引发麸质过敏,导致乳糜泻、职业性哮喘以及“小麦依赖运动诱发的过敏性休克”。澳大利亚默多克大学主导的一项新研究成功确定了小麦基因组中产生致敏蛋白质的基因,这一成果将有助于培育出低致敏的小麦品种^[3]。抗性淀粉又称抗酶解淀粉、难消化淀粉,在小肠中不易被酶解,但在人的肠道结肠中可以与挥发性脂肪酸起发酵反应。澳大利亚联邦科学和工业研究组织历时11

年,开发出了一种富含抗性淀粉的新品种小麦,它比普通小麦多10倍的抗性淀粉,更有利于肠道健康,有助于抵御肠癌和II型糖尿病。目前一家美国公司已种植400 hm²,研究团队希望能进一步开发出适合不同地区的高抗性淀粉小麦^[4]。

1.3 基因编辑

中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员高彩霞通过基因枪将CRISPR/Cas9 IVT和RNP导入小麦未成熟幼胚实现基因组定点修饰的DNA-free基因组编辑体系。该方法只需要9~11周即可在T0代就获得不含外源DNA的靶向修饰小麦突变体。该DNA-free基因组编辑体系的建立将有助于进一步完善作物基因组编辑技术,推进基因组编辑育种产业化进程^[5]。

2 水稻

2.1 氮高效利用

中国科学家在水稻氮高效利用研究领域获得了系统性的重要成果,在国际相关领域引起了广泛关注。2015年,中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组发现籼稻品种利用硝酸盐的能力显著高于粳稻品种,并证明编码硝酸盐转运蛋白基因OsNRT1.1B的单碱基变异是导致粳稻与籼稻间氮肥利用效率差异的重要因素之一^[6]。2014年傅向东研究组发现水稻DEP1基因直接调控氮肥利用效率^[7]。

2018年,储成才研究组又对OsNRT1.1B同源基因OsNRT1.1A的功能进行了进一步探索,发现OsNRT1.1B主要参与水稻对外界硝酸盐刺激的初级应答反应,而OsNRT1.1A则参与水稻对细胞内硝酸盐及铵盐利用的调节。OsNRT1.1A过表达植株在高氮和低氮条件下均表现出显著的增产效果。尤其在低氮条件下,OsNRT1.1A过表达株系小区产量以及氮利用效率最高可提高至60%,且在高氮条件下可提早开花2周以上,从而有效缩短了水稻成熟时间(图4)^[8]。该研究成果为培育兼具高产与早熟品种,克服农业生产中高肥导致的“贪青晚熟”问题提供了解决方案,具有巨大的应用潜力。该项成果于2018年2月24日在《Plant Cell》杂志在线发表,并作为精品论文推送。2018年3月1日《Plant Cell》刊发了题为《The real yield deal? Nitrate transporter expression boosts yield and accelerates maturation》的评论文章^[9],对这一成果给予了高度评价,认为“虽然现

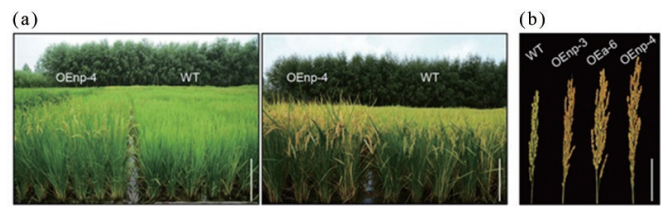


图4 NRT1.1A过表达植株表现出生物量和产量增加、生育期缩短(图片来源:《Plant Cell》)

有结果尚难保证通过这一基因能够解决世界饥饿问题。然而,该基因对提高氮利用率、加快成熟和增加产量的协同改良结果表明,该基因应该是人们寻找产量真正决定因子研究中值得关注的!”

与此同时,植物基因组国家重点实验室研究员左建儒、中国科学院院士李家洋、分子发育国家重点实验室研究员陈凡与中国水稻研究所研究员钱前、山东省农业科学院研究员谢先芝等团队合作,于2018年2月21日在《Nature Communications》杂志发表研究成果;鉴定了1个调控氮利用效率的基因ARE1,发现其通过调控氮利用效率提高水稻产量的遗传学机制^[10]。

氮素再利用对于植物新生组织的发育尤为重要。中国科学院遗传与发育生物学研究所程祝宽研究组揭示了OsOAT介导氮素再利用调节水稻籽粒发育的机制^[11]。OsOAT是水稻中鸟氨酸d-氨基转移酶的同源蛋白,催化鸟氨酸与 α -酮戊二酸反应生成谷氨酸和谷氨酸 γ -半醛,从而降低植株体内鸟氨酸浓度,解除鸟氨酸对精氨酸酶的抑制作用。OsOAT突变体中的精氨酸酶活性受到过度积累的鸟氨酸抑制,以精氨酸形式储存的氮源无法被再次利用,最终突变体表现出结实率降低和粒型异常的表型,而增施尿素可以恢复突变体的表型。

2.2 基因组

2018年,中国农业科学院作物科学研究所牵头,联合16家国际相关研究机构和大学,历时7年共同完成了“3000份水稻基因组计划”。该研究对来自全球89个国家的代表了78万份核心种质约95%遗传多样性的3010份水稻进行了重测序和大数据分析,针对水稻起源、分类和驯化规律进行了深入探讨,剖析了水稻核心种质资源的基因组遗传多样性;揭示了亚洲栽培稻的起源和群体基因组变异结构;建立了基于水稻基因组信息的数据库和应用平台,推进传统“经验育种”向现代“精准育种”跃升。该项目首次提出了籼、粳亚种的

独立多起源假说,并恢复使用籼(*Oryza sativa* subsp. xian)、粳(*Oryza sativa* subsp. geng)亚种的正确命名,使中国源远流长的稻作文化得到正确认识和传承^[12]。相关研究成果于2018年4月25日在线发表于《Nature》杂志(图5)。此项成果是国内外水稻研究专家大协作取得的成果,体现了中国在水稻基因组研究方面居于世界领先地位,并扩大了中国水稻功能基因组研究国际领先优势。在国家扩大开放的大背景下,重大数据共享和重大项目合作,将为中国乃至全球农业研究水平带来更大的飞跃。

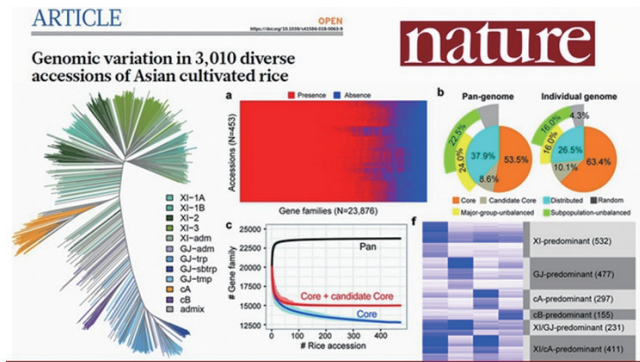


图5 3010份水稻基因组测序结果(图片来源:《Nature》)

自私基因是指双亲杂交后,父本或母本中能控制其自身的DNA片段优先遗传给后代的基因。它使亲本自身的遗传信息能更多、更快地复制,并能更多地传递给子代,其遗传不符合孟德尔遗传规律。2017年《Science》报道了小鼠和线虫自私基因的非孟德尔遗传现象,但关于植物的相关研究尚未有任何报道。中国农业科学院作物研究所万建民团队系统解析了水稻粳稻与籼稻杂种不育问题及遗传特性,发现水稻自私基因位点qHMS7控制杂种不育,群体分离不符合经典的孟德尔遗传模式,该研究有望解决水稻杂种不育难题^[13]。相关研究成果2018年6月8日在线发表于《Science》(图6)。

为发现水稻中的等位基因变异,已经进行了大规模重新测序。但是通过将短序列直接映射到日本粳稻“日本晴”参考基因组上,很多遗传变异信息经常会丢失。中国科学院上海生命科学研究院黄学辉团队利用泛基因组方法分析66个栽培(*Oryza sativa*)和野生稻(*Oryza rufipogon*)基因组变异的程度,构建了水稻泛基因组图谱,鉴定出了水稻基因组中2300万个序列变异,揭示了水稻种质间广泛存在和缺失变异,有助于推动水稻的进化和功能研究^[14]。

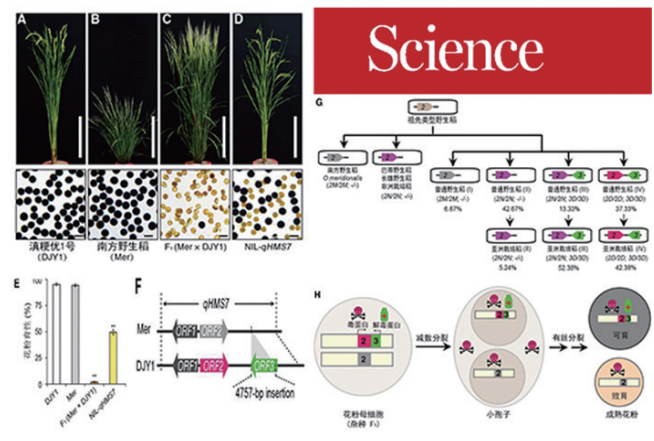


图6 水稻自私基因位点qHMS7控制杂种不育(图片来源:《Science》)

2.3 分子调控机理

水稻是中国的主要粮食作物之一,粒重、穗粒数和有效穗数是水稻产量三要素。因此水稻的籽粒大小影响着水稻的产量。目前已经克隆了一些控制水稻种子大小的重要基因,但水稻种子大小调控的分子机理仍不清楚。丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)通路在信号传递中起重要作用。MAPK途径的基本组成包括:MAPK激酶激酶(MKKK)、MAPK激酶(MKK)和MAPK。植物感受信号后,这3种激酶依次激活来调控下游基因的表达,从而调控生物体的生长发育以及对环境的响应等。中国科学院遗传与发育生物学研究所李云海课题等揭示了OsMKKK10、OsMKK4和OsMAPK6作为一个级联信号通路来调控水稻种子大小的分子遗传机理(图7)^[15],还发现OsMPK1在水稻籽粒大小调控上起重

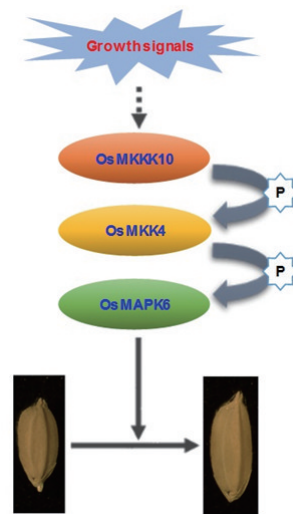


图7 MAPK信号途径调控水稻种子大小的分子机理(图片来源:《The Plant Journal》)

要作用,对提高作物产量有潜在的应用价值^[16]。水稻类病斑突变体是水稻自发形成类似感病坏死病斑的一类突变体。中国水稻研究所揭示了 ATP-柠檬酸裂解酶 A2 亚基参与了水稻细胞凋亡和抗病反应,有助于阐释植物天然免疫的调控机理和应用于水稻的抗病育种^[17]。

在水稻、玉米、小麦、谷子等作物的产量形成过程中,穗顶部小花退化对最终的产量形成有重要影响。中国农业科学院作物科学研究所万建民团队揭示了水稻穗顶部小花退化的遗传和分子机理,为高产品种选育以及在生产上避免因穗顶部退化引起的减产提供了理论基础^[18]。华中农业大学熊立仲课题组发现,Os-bZIP46 是参与水稻激素脱落酸 ABA 信号转导的重要转录因子,其功能受到一个关键的结构域 D 的显著调控,具有组蛋白 H2B 单泛素化功能的 E3 泛素连接酶 Os-HUB2 可以与 OsbZIP46 互作,同时作为一个正调控因子参与 ABA 信号转导和干旱应答,这对于探究植物抗旱分子机理和抗旱遗传改良具有十分重要的意义^[19]。中国科学院上海植物逆境生物学研究中心 Yoji Kawano 课题组揭示了水稻抗性蛋白 Pit 通过直接调控其下游鸟苷酸交换因子 (GEF) OsSPK1,从而进一步激活下游小 G 蛋白 OsRac1,实现对水稻免疫系统正调控的机理^[20]。中国科学院植物生理生态研究所薛红卫课题组发现水稻中的一个含有 SPOC 结构域的蛋白 Leaf inclination3 (LC3) 通过结合转录因子 LIP1 共同调控生长素信号,从而调控水稻叶倾角。适当的叶倾角有利于提高水稻光合效率,通过合理密植,能够有效提高产量^[21]。中国农业科学院农业资源与农业区划研究所揭示了土壤磷肥状况影响水稻叶片直立性的分子机理,为设计培育高产水稻品种提供了理论基础。SPX1 蛋白、SPX2 蛋白与 RLH1 蛋白形成了一对相互抗结的调控模块(图 8)。这个调控模块能够响应土壤磷素肥力状况,影响水稻叶枕(叶柄与叶鞘的连接区域)细胞的伸长,调节叶枕大小,最终影响水稻叶片直立性^[22]。

2.4 种质创新

中国农业科学院作物科学研究所、中国科学院植物研究所与澳大利亚联邦科学和工业组织合作,创建了一种半粒种子筛选体系,并利用这一体系筛检了近 3 万粒种子,获得了一个糊粉层增厚的水稻品系 ta2(图 9),使水稻的维生素、微量元素和膳食纤维等营养因子得到了普遍提升。这是国际上首次提出的一种改善水稻营养品质的新途径,并为培育高营养水稻提供了新

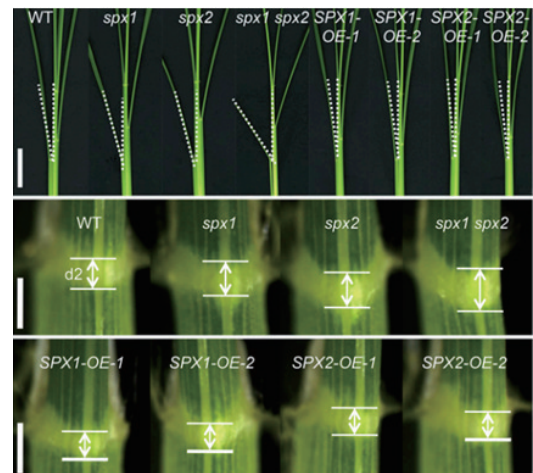


图 8 SPX1 和 SPX2 负调控水稻叶枕的细胞伸长及直立性(图片来源:《The Plant Cell》)

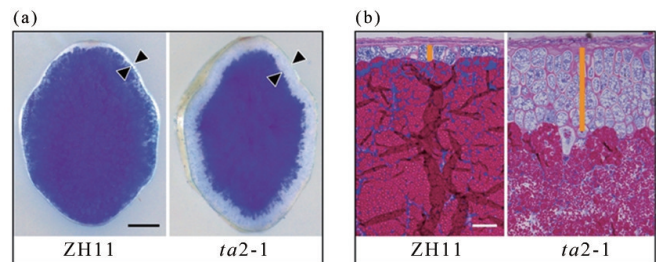


图 9 糊粉层增厚的水稻品系 ta2 及细胞(图片来源:《PNAS》)

型遗传材料^[23]。该成果于 2018 年 10 月 1 日在《PNAS》在线发表。

2.5 分子育种

倒伏是水稻高产稳产的主要限制因素之一。自 20 世纪 60 年代以来,以作物矮化育种为标志的“绿色革命”主要是利用赤霉素合成基因 SD1 的突变体,培育半矮秆性状。相关研究虽已在水稻中发现了超过 60 个基因可以导致半矮秆性状,但这些基因除影响茎秆长度外还影响其他农艺性状,难以应用于培育抗倒伏品种。目前,SD1 的突变仍然是培育水稻半矮秆性状的主要基因。由于可用基因的单一性,抗倒伏性状的分子育种受到了较大限制。SV14S 是一个在水稻育种上被广泛应用的温敏不育系,它的茎秆基部节间显著缩短,显示良好的抗倒伏能力。中国科学院上海生命科学研究院李来庚课题组通过遗传分析发现,该茎秆基部节间缩短是由单一基因控制的半显性遗传性状,并将该基因命名为 Shortened Basal Internodes(SBI)。研究发现 SBI 编码一个尚未报道的 GA2 氧化酶,在茎秆基部节间高表达。通过对大量水稻品种基因分析发现,该位点的

变化影响水稻品种株高及茎秆基部节间长度^[24]。研究组利用SBI等位变异培育出了一系列具有合理茎秆节长度结构、高度抗倒伏能力的水稻新品种,这些品种在大面积种植中显示出良好的高产、稳产、广适等特性。

中国科学院遗传与发育生物学研究所傅向东研究组从长粒型美国粳稻品种L204中成功分离并克隆了一个控制稻米产量和品质协同提升的重要基因LGY3,该基因编码一个MIKC型MADS-box家族蛋白OsMADS1^[25]。此外,还发现尼瓦拉野生稻和热带粳稻中存在一种新的变异类型,编码一个C端截短的蛋白OsMADS1lgy3,该等位变异可以让稻米变得更加细长,有效减少垩白率和垩白面积,显著提升了稻米在外观、口感等方面的品质。然而,在中国大面积种植的高产水稻品种中却不含这种自然变异类型。将等位基因OsMADS1lgy3引入中国现有高产杂交水稻后,在显著提升稻米品质的基础上还可使其产量增加7%以上;将该等位基因OsMADS1lgy3和高产基因dep1聚合并应用到常规稻育种中,不仅可显著提升稻米品质,还可进一步提高水稻产量10%以上。DEP1-GS3-OsMADS1分子模块的发现和有望解决水稻高产与优质之间的矛盾,未来可用于“超级稻”新品种培育,使得稻米能够同时好吃又高产。

粒形、粒重是决定水稻产量和品质的重要农艺性状。中国水稻研究所与中国科学院植物研究所合作,用中国高产优质主栽粳型品种“黄华占”与大粒粳型品种“吉资1560”构建重组自交系分析控制粒形和粒重的数量性状位点(QTL),在第3染色体末端发现一个控制水稻粒长和粒重的主效QTL TGW3。TGW3是个谷粒大小的负向调节因子,通过增加颖壳细胞大小、减少细胞数目,从而使颖壳变长,谷粒变大、变重(图10)^[26]。该项研究深入揭示了水稻粒重形成的分子机制,为水稻育种精准调控粒重提供了很好的基因资源。



图10 TGW3突变体使谷粒变大
(图片来源:《Molecular Plant》)

中国农业科学院作物科学研究所作物功能基因组研究创新团队利用水稻极度矮化突变体std1,揭示了类驱动蛋白通过影响细胞分裂进而调控水稻叶片大小和植株高度,进一步深化了人们对植物矮化机理的认识^[27]。中国科学院遗传与发育生物学研究所朱立煌研究组鉴定到一个影响水稻叶片平展性的长链非编码RNA基因——TWISTED LEAF(TL),利用RNAi降低TL的表达量造成水稻叶片表现为螺旋扭曲^[28]。中国科学院上海生命科学研究院发现并鉴定了控制水稻每穗粒数和粒型大小双重发育过程的关键基因GSN1,揭示了水稻每穗粒数和粒型大小协调发育的分子遗传机理^[29]。中国水稻研究所钱前课题组研究发现了控制水稻籽粒锰积累的主效数量性状位点(QTL),并由此创制了高锰低镉水稻的优良育种材料,使高锰低镉水稻不再是育种家的梦想^[30]。《Science》在线发表了四川农业大学与中国科学院遗传与发育生物学研究所、加州大学戴维斯分校合作完成的研究论文,发现了水稻理想株型建成的关键基因IPA1(Ideal Plant Architecture 1)在水稻稻瘟病抗病过程中的作用,并揭示了IPA1既能增加产量又能提高稻瘟病抗性分子作用机制^[31]。该研究打破了单个基因不可能同时实现增产和抗病的传统观点,为高产高抗育种提供了重要理论基础和实际应用新途径。NRT1.1B是水稻肽转运蛋白家族成员,对水稻硝酸盐的吸收和转运起着重要作用。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组与河南科技大学合作研究发现,NRT1.1B对硒代蛋氨酸也具有吸收和转运功能。水稻中过量表达NRT1.1B可显著提高根中硒代蛋氨酸向地上部转运,提高了水稻籽粒硒含量^[32]。中国科学院龚继明研究组通过10年的接力,克隆到了镉积累的关键调控基因CAL1,发现水稻重金属镉积累的机制,有助防控镉含量超标的“毒大米”^[33]。

中国科学院植物研究所漆小泉研究组发现,缺失水稻三萜合酶OsOSC12/OsPTS1的突变体在湿度低于60%的环境中表现为不育,而在湿度高于80%的环境中则表现为完全可育,是一种新型的湿度敏感型雄性核不育材料,也是继早期发现的水稻光/温敏雄性不育材料之后的又一种条件雄性不育材料(图11)^[34]。由于早期发现的光/温敏雄性不育系的育性需要严格控制温度或光照,极大地限制了其应用范围,而新型不育系的育性只受扬花期环境湿度的影响,可在夏季干旱少雨的

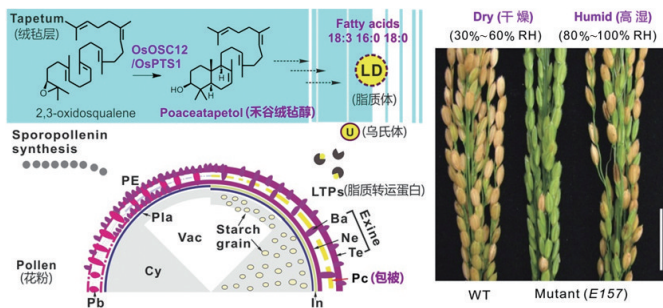


图 11 三萜代谢途径调控花粉包被形成及水稻湿敏雄性不育(图片来源:《Nature Communications》)

地区配制杂种,从而突破目前水稻杂种优势利用的地域限制。此外,采用相同的研究方法和技术,有望获得多种禾本科作物的湿敏雄性不育材料,开创作物两系杂交育种和杂种优势利用的新篇章。

分蘖角度是禾本科植物的分蘖与主茎之间的夹角,与作物群体产量密切相关,受到多种因素的共同调控,单纯依靠传统的遗传学方法进行克隆非常困难。中国科学院遗传与发育生物学研究所王永红团队与李家洋团队合作,以重力反应为切入点,结合 RNA-seq 技术和生物信息学方法,通过研究水稻茎重力反应过程中的动态转录组变化,探索出了一条挖掘水稻分蘖角度调控基因以及调控通路的有效途径(图 12),为该领域的研究提供了新思路^[35]。

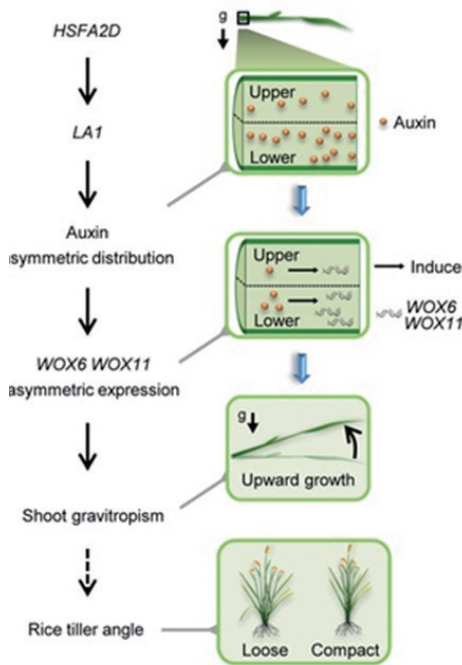


图 12 水稻分蘖角度调控的核心途径(图片来源:《The Plant Cell》)

2.6 转基因水稻

中国农业科学院作物科学研究所夏兰琴实验室与美国加州大学圣地亚哥分校赵云德实验室合作,揭示了 Cpf1 介导的同源重组修复途径(homology-directed DNA repair, HDR)实现农作物基因替换的修复机制,并在水稻中成功实现乙酰乳酸合成酶(Acetolactate Synthase, ALS)基因的等位基因替换,获得抗除草剂水稻^[36]。西班牙莱里达大学与巴塞罗那艾滋病研究所共同合作,开发出能同时生产 3 种可中和 HIV 的蛋白,作为一种低成本 HIV 预防性用药生产方法。这种转基因水稻可生产 1 种抗体(单克隆抗体 2G12)和 2 种糖结合蛋白(凝集素 griffithsin, 凝集素 cyanovirin-N),这 3 种蛋白质能够阻止 HIV 病毒与人类细胞的相互作用,这是 HIV 病毒感染的第一步。这种方法可以直接将水稻种子研磨粉碎并以局部膏剂或糊剂的形式施用,而不需要进一步的处理或纯化步骤^[37]。

2.7 其他

中国农业科学院植物保护研究所周焕斌团队成功开发出水稻单碱基编辑系统 rBE3、rBE4、rBE5、rBE9r、rBE14 工具箱实现了碱基 C·G 向 T·A 的高效定向替换,这对于对水稻基因功能解析和现代分子育种研究具有重大推进作用,特别是对水稻品种的缺陷型基因进行修饰矫正,有利于加快水稻育种进程以及延长现有品种的商业周转期。此外,该团队引入人源 AID 胞嘧啶脱氨酶,开发出 rBE5 和 rBE9 升级版系统,成功、高效实现了对水稻中多个靶基因的高效定点编辑。该系统避免了 APOBEC1(鼠源胞嘧啶脱氨酶)对 TC 偏好性的问题,对 TC、AC、GC 和 CC 具有同样较高的编辑效率,大大扩展了单碱基编辑技术在植物上的应用,对水稻功能基因组学和现代分子育种研究具有重大推进作用^[38-39]。

中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风研究组与英国 John Innes Centre 丁一惊研究组合作,利用硫酸二甲酯(dimethyl sulfate, DMS)对体内 mRNA 二级结构标记的方法(图 13),从结构组学角度深入探讨了水稻 mRNA 二级结构的特征和潜在的生物学功能,推测 RNA 序列与 RNA 二级结构的保守性和多样性为不同的 RNA 赋予了不同的生物学功能,二者相辅相成,却又相互独立,使生物体在保持基本生长发育过程稳健性的基础上,具备适应不同生长环境的可塑性^[40]。这一研究为深入研究与重要农艺性状相关的基因提供了一个全新的认知维度。

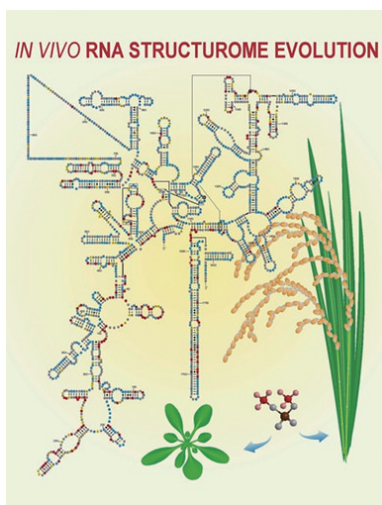


图13 水稻RNA二级结构组的进化研究
(图片来源:《Molecular Plant》)

3 玉米

3.1 起源演化

2018年12月14日,《Science》杂志刊登了美国Smithsonian Institution考古学家Kistler等关于玉米的驯化史的研究成果^[41]。美国威斯康星大学Yves Vigouroux等在2002年发表的研究成果中认为,当下的玉米都是9000年前后墨西哥南部某地驯化的玉米的后代,而非是由多个不同地区的野生玉米独立驯化而来。然而,此项研究反驳了上述观点。Kistler等对108个广泛种植于美洲大陆的现代玉米品种、11个古代美洲玉米及玉米的野生祖先——墨西哥类蜀黍(teosinte)的基因样本进行了测序分析,发现墨西哥南部的农民在大约距今9000年前后开始驯化墨西哥类蜀黍,墨西哥类蜀黍在距今7500年前后被带到了中美洲,并于6500年前后传入了南美洲。但是,在中美洲和南美洲,玉米在被驯化的过程中,其基因就已经与墨西哥类蜀黍的基因库隔离开来(图14)。换言之,中美洲和南美洲的玉米并非是从墨西哥南部引进的现成的被驯化品种,它们很可能是被当地的农民独立地由野生品种驯化而来

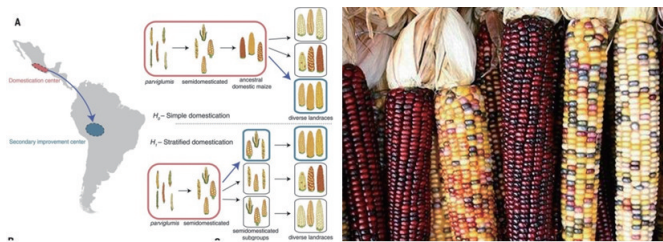


图14 玉米驯化历史示意(图片来源:《Science》)

的。此外,基因组学、语言学、考古学和古生态学数据表明,亚马孙西南部是部分驯化玉米的二级改良中心。人类干预下的多次传播是现代南美玉米在生物地理学方面呈现出多样性的原因。

在被驯化之前,野生玉米的植株只有25 mm长,每株玉米只有1个玉米棒。这样的特质无法满足大规模粮食生产的需要。所以,野生玉米的驯化是一个非常重要的过程。有学者认为,许多世纪以来,美洲原住民通过长期人工选择,促进了玉米植株的生长。每株玉米植株由此前只能结出一穗玉米演化到可以长出几个玉米穗。奥尔梅克人和玛雅人在整个中美洲培育和种植了许多玉米品种,他们将玉米煮熟、磨碎,然后通过各种加工方法将其做成食品。Kistler等估计,大约4000年前,玉米在南美洲低地农耕地区已经广泛栽培。与此同时,早期的玉米也出现在今美国西南部地区。此外,研究人员还发现,在大约1000年前的南美洲,另一波玉米种植大潮向东扩展,从安第斯山脉传播到大西洋海岸附近。部分经过驯化的玉米种子被种植在田地里,最终在不同的种植中心都出现了完全驯化的玉米品种^[42]。

3.2 分子育种

玉米氮肥施用过量的问题在中国非常普遍。氮肥施用量过高不仅引起一系列环境问题,也易使玉米在生育后期发生倒伏,造成严重减产。据估计,中国每年因玉米倒伏造成的产量损失近100万t。虽然大家公认氮肥与玉米倒伏密切相关,但是其中的机制一直有待于破解。中国农业科学院作物科学研究所发现miR528通过靶基因ZmLAC3和ZmLAC5调控玉米木质素合成,进而影响高氮条件下玉米的倒伏性,首次详尽阐述了miRNA、氮素与木质素三者之间的关系,为培育抗倒伏玉米品种提供了分子生物学证据^[43]。

中国农业科学院作物科学在转录组水平上解析了玉米表皮蜡质基因(glossy基因)共表达调控网络,并借助该网络克隆了2个玉米表皮蜡质新基因ZmCER8、gl14,为后续克隆玉米表皮蜡质基因提供了重要的基因资源^[44]。中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所巫永睿研究组克隆和功能解析了玉米草酸降解途径中的关键酶——草酰辅酶A脱羧酶(Oxalyl-CoA Decarboxylase1, OCD1)基因,该基因突变以后籽粒胚乳呈现出粉质的表型,同时籽粒的储存物质合成和粒重也发生下降(图15)^[45]。揭示了草酸降解途径

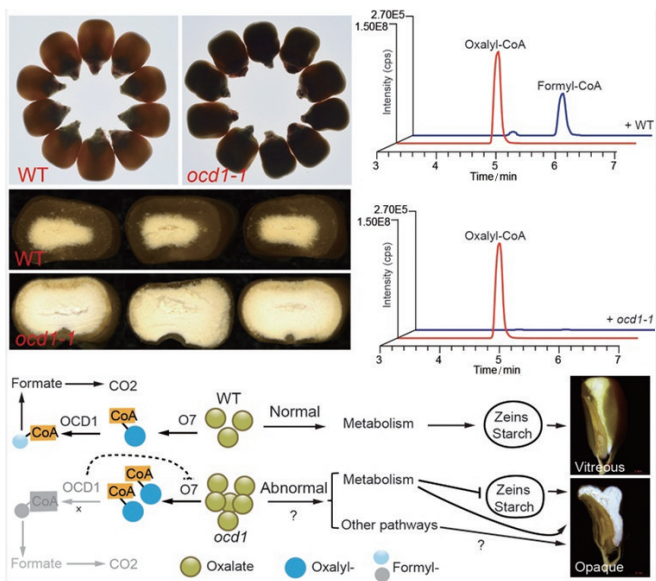


图 15 草酰辅酶 A 脱羧酶突变体籽粒表型、酶活验证和作用模式(图片来源:《The Plant Cell》)

与籽粒胚乳发育、代谢和营养品质的关系,为将来遗传改良草酸含量较高的蔬菜(如菠菜)等提供了候选基因和分子机制。

在玉米中,大多数发育突变体仅影响 1 个或 2 个植物繁殖单位,少有影响植株形态建成多个方面的突变体。华中农业大学玉米团队鉴定到了 1 个以不同方式影响多个分生组织的突变基因 *gif1*。该基因突变导致窄叶、不规则的短节间和植株矮化,而且突变体雌雄花序表型显著差异,雌花序长分枝增加,而雄花序分枝减少,花序分生组织膨大(图 16)^[46]。

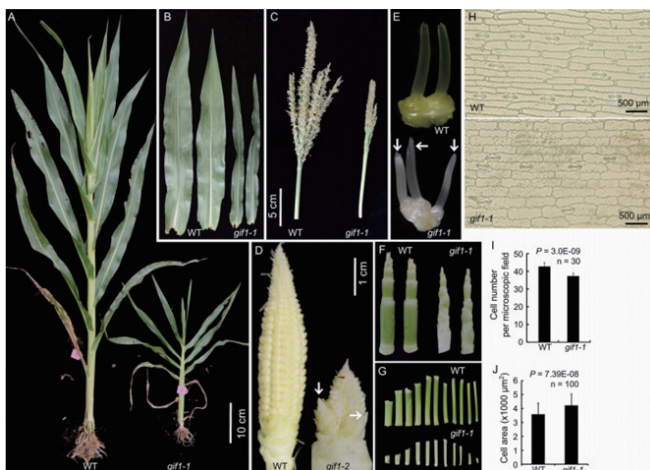


图 16 *gif1-1* 基因的营养和花絮表型特性(左:野生型;右:*gif1-1*)(图片来源:《The Plant Cell》)

玉米是典型的异花授粉作物,通常其自交和杂交均能正常结实。然而自然界中一些玉米材料不接受外来花粉而授精结实,这种现象被称为单向杂交不亲和性(Unilateral Cross-Incompatibility, UCI)。由于 UCI 影响了花粉配子的传递方向,人们将控制这一现象的基因称之为 Gametophyte Factor(Ga)。第一个玉米单向杂交不亲和位点(Ga1)最早由 Correns 于 1902 年发现,是单向杂交不亲和性最彻底的位点之一,并在爆裂玉米育种和生产上广为应用。随后多个控制玉米杂交不亲和的位点被陆续发现,但尚未有任何基因被克隆。100 多年来,玉米 UCI 的分子机理一直是个谜。中国科学院遗传与发育生物学研究所陈化榜团队主导的研究成功克隆了控制玉米单向杂交不亲和现象的基因 *ZmGa1P*,并对其机理进行了探究。*ZmGa1P* 基因的成功克隆为实现玉米无隔离杂交种制种、特用玉米与普通玉米以及转基因和非转基因玉米的生殖隔离创造了条件。通过多年的育种实践,陈化榜研究组已利用该位点育成了中国首个杂交不亲和糯玉米,实现了玉米不亲和现象的无隔离应用^[47]。该成果于 2018 年 9 月 10 日在《Nature Communications》杂志发表。

3.3 分子调控机理

中国农业科学院作物科学研究所李文学团队研究揭示了玉米中的一个微小 RNA——miR399 在玉米适应低磷胁迫中的分子调控机制,对于培育磷高效玉米品种具有重要意义^[48]。此外,该团队在玉米籽粒发育的研究中取得重要进展,揭示了 *Urb2* 基因主要通过影响核糖体的生物合成和 pre-rRNA 的加工来影响籽粒发育和整个营养生长过程^[49]。

3.4 转基因玉米

中国农业科学院生物技术研究所陈茹梅课题组以玉米胚特异性双向启动子 PZmBD1 和 2A 连接肽为关键支撑点,利用多个可视化报告基因和花青素合成相关的基因,建立了一个可同时驱动 11 个基因同步表达的多基因表达体系。该多基因表达体系在引入 2 个转录因子 *ZmC1* 和 *ZmR2* 以及 2 个结构基因 *ZmBZ1* 和 *ZmBZ2* 后,首次以基因工程的方式在玉米胚中实现花青素的生物合成与积累,创制了高花青素的紫胚玉米种质^[50]。

3.5 基因编辑

中国农业科学院作物科学研究所联合中国农业科学院利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术定点突变创制了作物孤雌生殖单倍体诱导系,并为其配套了高效单倍

体筛选与鉴定标记,为作物双单倍体(doubled haploid, DH)育种技术体系提供了范例,具有很高的应用价值^[51]。基因叠加(gene stacking)是当前转基因作物研发的趋势,即在一个植物中同时转入两个或两个以上外源基因。对基因叠加的效应评估是转基因作物安全评估中的重要问题。中国农业科学院生物技术研究所解析了多基因叠加对玉米转录组和代谢组的影响,结果显示,转基因玉米育种复合所带来的基因表达和代谢物的变化数量介于常规玉米品种间的变异范围,对评估转基因作物的基因叠加效应提供了科学依据^[52]。

4 大豆

大豆起源于中国,古称“菽”,约在5000年前由其野生种驯化而来,随后广泛传播于世界各地。目前广泛采用的大豆参考基因组来源于美国品种“Williams 82”。该单一品种的基因组并不能完全代表所有大豆的遗传变异,特别是和美国地理距离遥远具有明显遗传变异的亚洲品种。中国科学院遗传与发育生物学研究所联合中国科技大学、江苏省农业科学院种质资源与生物技术所、北京贝瑞和康生物技术有限公司等,对中国国审大豆品种“中黄13”(Gmax_ZH13)的基因组进行从头组装,最终得到1.025 Gb的基因组序列,包含20条染色体和1条叶绿体,是目前连续性最好的植物基因组之一^[53]。Gmax_ZH13和Williams 82基因组之间存在着大量的遗传变异(图17),包括1404个易位事件、161个倒位事件、1233个倒位易位事件,以及在Gmax_ZH13

中出现的505506个小插入/缺失(1~99 bp)和17409个大插入/缺失(≥ 100 bp)。Gmax_ZH13基因组的发表标志着中国国产大豆有了优质基因“芯片”,对促进优质国产大豆生产意义重大。相关成果2018年7月27日以封面文章在线发表于《Science China: Life Sciences》。

许多豆科植物的种皮上都有一层含有致敏性过敏原的泥膜,使得种子不易被看见,进而防止动物进食,保护后代。然而,无泥膜的光泽的种子对于人类消费和健康是有利的,并且是驯化选择的目标。美国普渡大学教授马渐新发现,野生大豆种皮泥膜主要受Bloom1(B1)控制,负责荚果内果皮的生物合成。大豆驯化过程中,泥膜从有到无的转变与B1的编码区天然发生的核苷酸突变的人工选择有关。有趣的是,这种突变不仅使种子表面有光泽,而且提高了驯化大豆的种子含油量。种子中含油量的升高似乎是通过豆荚中b1调节的油生物合成的上调来实现的^[54]。该研究表明,驯化中多效性的机制,可能为种子油含量增加,种子粉尘减少的大豆品种开发提供新的策略。

5 荞麦

荞麦作为一种药食同源的粮食作物,不仅富含蛋白质、淀粉、纤维素、维生素、微量元素等营养成分,还富含其他粮食作物所不具有的生物黄酮类活性物质,其中芦丁是最主要的抗氧化、降三高、通血管的活性物质。中国农业科学院作物科学研究所系统解析了茉莉酸诱导的MYB抑制子调控苦荞芦丁生物合成途径的分子机制,为基因编辑高芦丁荞麦育种改良提供了分子生物学理论基础^[55]。

6 马铃薯

马铃薯是世界上最重要的块茎类粮食作物。长期以来,马铃薯的研究和生产以四倍体为主要对象,但四倍体马铃薯存在育种周期长、品种更新慢、薯块繁殖系数低、储运成本高、易携带病虫害等缺陷。为此,中国农业科学院农业基因组研究所黄三文研究团队联合国内外优势单位发起了“优薯计划”,用二倍体替代四倍体,并用杂交种子替代薯块,对马铃薯的育种和繁殖方式进行颠覆性创新^[56]。70%的马铃薯种质为二倍体,普遍存在自交不亲和的现象,限制了自交系的创制。利

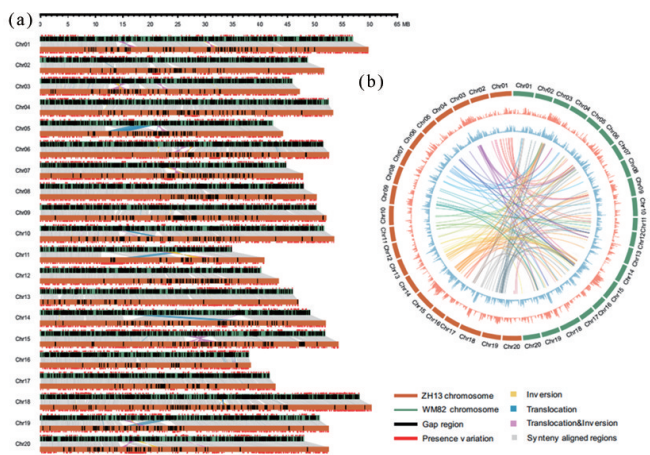


图17 Gmax_ZH13和Glycine_max_v2.0的基因组比较分析
(图片来源:《Science China: Life Sciences》)

用基因组编辑技术克服了自交不亲和的缺点,开辟了二倍体马铃薯育种的新途径,拓展了自交亲和马铃薯资源,将加速马铃薯的遗传改良。野生型和突变型马铃薯的比较见图 18。

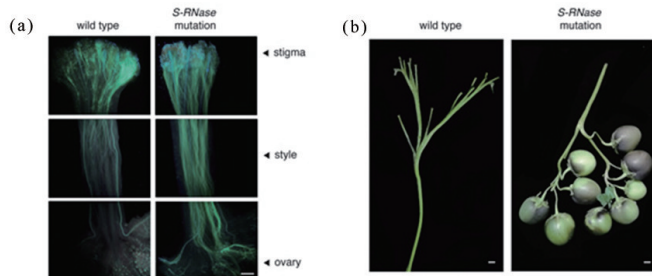


图 18 野生型和突变型马铃薯的比较分析
(图片来源:《Nature Plants》)

7 经济作物

7.1 油菜

近年来,中国科学家实现了从理论、技术、产品到转化的链式创新,推动了中国油菜基础研究与应用步入世界第一方阵。中国农业科学院油料作物研究所联合国内外相关单位先后完成了甘蓝型油菜及其祖先种白菜和甘蓝的全基因组测序,研究成果先后在《Science》《Natural Genetics》《Nature Communication》等杂志发表,奠定了中国在油菜基因组学研究方面的领先地位。在甘蓝型油菜基因组测序的基础上,油料所科学家首次证明油菜含油量主要受母体基因型调控,鉴定出含油量调控的 5 种不同途径,先后在《Plant Biotechnology》《Journal of Botany》等国际知名期刊发表重要研究论文 10 余篇。油料所科学家还首次在国际上通过图位克隆获得第一个多倍体作物产量基因,这项发现为油菜高产品种的分子设计和培育奠定了基础,成果发表于国际著名学术期刊《PNAS》。在油菜育种方面,建立了多目标数量性状聚合育种技术体系,创制出含油量达 64.8% 的特高油品系 YN171,刷新了油菜含油量世界纪录。先后育成一系列油菜高油、高产、多抗新品种。其中,中双 11 号被同行专家誉为中国“适合机械化收获的优良品种”,已连续 8 年被农业农村部选定为国家主导油菜品种;中油杂 39 是中国油菜区试历史上含油量最高、第一个超过 51% 的品种。油料所完成的国家发明专利“油菜含油量性状主效基因位点及应用”获

得第 18 届中国专利优秀奖。以该专利为核心发明技术之一的“油菜高含油量聚合育种技术及应用”获得国家技术发明奖二等奖^[57]。

7.2 棉花

棉花是世界上重要的纺织工业原料,与拟南芥、水稻、玉米等模式植物相比,棉花基因组测序较为落后。在过去 10 年中,二倍体棉花(A 和 D)和四倍体棉花(At-Dt)的基因组测序数据先后公布,为棉花的进化研究以及基因组结构动力学研究提供了基础。中国农业科学院棉花研究所宋国立团队系统阐述了棉花基因组测序的进程及最新研究结果,总结了近年来用于研究棉花功能基因组学的有效工具、方法和资源,整理并论述了与棉花纤维品质、株型、开花、抗逆,抗病虫等多个性状相关的重要功能基因及其功能,这些功能基因可作为候选基因在未来的棉花分子育种和转基因育种中将发挥巨大的潜力^[58]。华中农业大学棉花团队在已有三维基因组研究的基础上,进一步绘制了棉花二倍体和四倍体的三维基因组图谱(图 19)^[59]。该研究增加了对植物三维基因组结构的认知,揭示了三维基因组的进化与转录调控之间的关系。

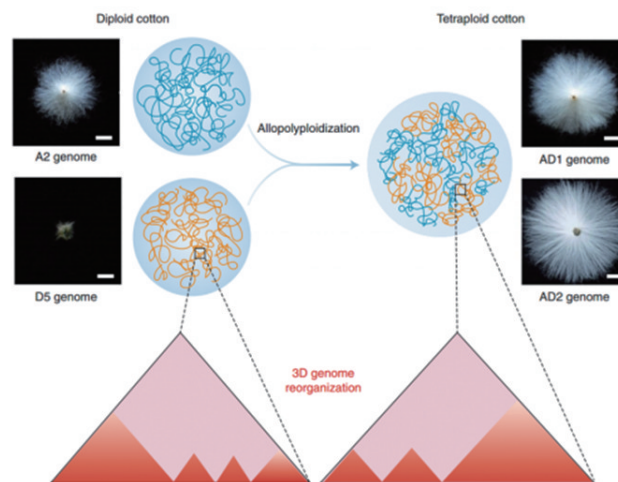


图 19 棉花二倍体和四倍体的三维基因组图谱
(图片来源:《Nature Plants》)

7.3 茶叶

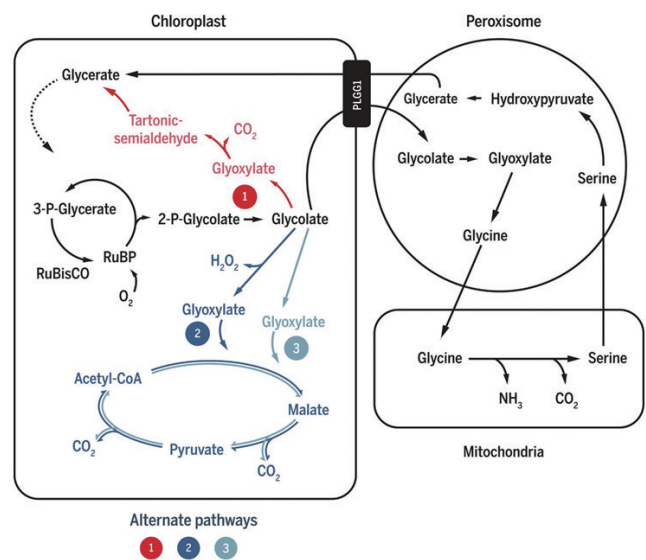
茶起源于中国,中国是世界上最早发现和利用茶树的国家,也是世界主要产茶国之一。茶产业已经成为中国国内消费和出口创汇的重要经济支柱之一。在实际生产中,合理使用氮肥不仅能够增加茶叶的产量,而且能够提高茶叶中氨基酸、嘌呤类生物碱等化合物的含量,改善茶叶品质。中国科学院昆明植物研究所

高立志研究组以1年生云南大叶茶苗(*Camellia sinensis* var. *assamica*)为研究材料,发现不同氮水平和氮形态对茶叶中代谢物的积累模式的影响具有显著的差异^[60]。缺氮条件下(ND),茶树大量积累黄酮类物质,研究组推测这与ND中黄酮类物质合成基因,包括F3H、FNS、UF-GT、bHLH35和bHLH36的高表达密切相关。与缺氮茶苗相比,提供氮元素(NO_3^- 、 NH_4^+ 和NO)的茶苗叶片中显著富集脯氨酸、茶氨酸和谷氨酰胺,尤其是在铵态氮处理的茶苗叶片中最为明显。进一步的分析发现,作为耐铵和喜铵植物,在铵态氮处理的条件下,茶树通过高效的氮吸收、运输和同化以及活跃的蛋白质降解过程,大量富集茶叶风味物质茶氨酸以适应过量的铵离子,避免伤害。该研究为全面揭示不同氮水平和氮形态对茶叶中风味物质积累模式的调控机理奠定了重要基础。炭疽菌(*Colletotrichum fructicola*)是中国茶树炭疽病主要优势种之一,中国农业科学院茶叶研究所茶树遗传育种团队明确了过敏性坏死和活性氧代谢是茶树抵御炭疽菌侵染的重要方式^[61]。

7.4 烟草

果胶质多糖是植物初生细胞壁的主要成分,其在高尔基体中合成并被甲酯化,随后被细胞壁中的果胶甲酯酶(PME)去甲酯化。果胶质的甲酯化程度决定了果胶质多糖的生物物理学特性,从而影响到植物的生长发育,与植物的抗病性、抗倒伏性等农业性状紧密相关。中国农业科学院烟草研究所烟草功能基因组创新团队在植物细胞壁果胶质甲酯化调控研究中取得新进展,揭示了MYB52负调控种皮黏液质中的果胶去甲酯化以及参与该过程的组分,为果胶去甲酯化的调控机制及种皮黏液质形成的转录调控网络提供了创新性的观点。为研究初生细胞壁与次生细胞壁的关系,PME与PMEI之间的相互作用开辟了新思路^[62]。

在水稻和小麦等主要作物中,光合作用产生的有毒代谢物会降低光合作用的效率,而光呼吸生化通路可以有效地进行“排毒”,但这个过程大概消耗25%的光合作用积累下来的生物质能量。光呼吸是一条复杂的生化通路,涉及9个酶催化的步骤,反应还会发生在叶绿体、过氧化物酶体、以及线粒体等多个不同的部位。美国伊利诺伊大学利用合成生物学的方法,改变叶绿体内的乙醇酸代谢,提高了烟草的光合效率和生物量。田间试验最高可提高生物量40%,这或许是提高C3作物产量的一种方法^[63]。烟草中可替代的光呼吸途径见图20。



3种替代途径[1(红色)、2(深蓝色)和3(浅蓝色)]引入烟草叶绿体中,更有效地回收乙醇酸。RNAi抑制天然乙醇酸/甘油酸转运蛋白PLGG1,防止乙醇酸离开叶绿体并进入天然途径(灰色)

图20 烟草中可替代的光呼吸途径(图片来源:《Science》)

8 蜜蜂

中华蜜蜂主要分布在亚洲,是目前中国饲养最多,具有显著经济价值的2个蜂种之一,2006年被列为国家级畜禽遗传资源保护品种。与西方蜜蜂相比,中华蜜蜂工蜂更善于利用零星蜜源,对环境的抗逆能力更强,在低温下仍然可以外出采集,可以有效的抵抗西方蜜蜂的主要寄生害虫-蜂螨的危害,一直是国际上的研究热点。继西方蜜蜂基因组公布之后,中国农业科学院蜜蜂研究所与浙江大学、泉州师范学院、国家人类基因组上海研究中心、江西农业大学、美国农业部 Beltsville 蜜蜂研究中心、福建农林大学、中国科学院生物物理研究所、澳大利亚国立大学联合,解析了中华蜜蜂的基因组和转录组数据,揭示了中华蜜蜂的抗螨机制。发现中华蜜蜂对螨的抗性与抗菌肽的进化、东方蜜蜂的劳动分工的遗传基础有关。在有螨的情况下,中华蜜蜂表现出更警觉的清理行为,这表明中华蜜蜂的抗螨不仅与外来的刺激(如视觉和螨的气味)有关,其体内的内生基因可以启动工蜂的清理行为来移除螨的危害^[64]。这些进展有助于了解中华蜜蜂的抗螨机制,为蜜蜂的生物学提供了新的视角,有助于提高全球蜜蜂的健康水平。

蜜蜂群体的行为,已经被鉴定为在蜂群的健康方

面起主要作用的有梳理行为、螨敏感清理行为2种。这2种行为主要是在蜜蜂螨害及幼虫性病害中起到清理病害及病虫的作用。但是,蜜蜂是一种社会性昆虫,仍然有大量的群体性行为未被理解,如分蜂行为。为鉴定蜜蜂的分蜂行为是一种蜜蜂的防御行为,中国农业科学院蜜蜂研究所蜜蜂病虫害生物学创新团队利用行为学及病原学研究技术在中国3个省份开展相关研究,发现大量的非生殖性分蜂行为产生在病害严重的蜂群,并且随着病害的增加其分蜂次数也增加^[65]。研究证实了分蜂这一群体性行为在抵抗病害及逃离寄主的一种新机制。该研究不但为蜂群的健康管理提供新的技术指导,而且对相关研究具有重要的推动作用,是一种隔离病原的生存新机制。中国农业科学院蜜蜂研究所蜂种质资源与育种团队研究发现,蜜蜂、熊蜂和切叶蜂肽聚糖识别蛋白PGRP-SA的分子结构及识别功能和双翅目昆虫果蝇完全不同,发现膜翅目蜂类昆虫保留了主要的免疫途径,但其模式识别受体分子识别抗原的机制和双翅目蝇类明显不同,具有独特的肽聚糖识别特征,为深入研究蜂类昆虫免疫应答机制及其疾病预防提供了新的理论基础,对于传粉昆虫资源保护具有重要的意义^[66]。

9 蚕

家蚕血液型脓病,又名核型多角体病毒病,其病程短、发病快,占目前蚕病总发病率的70%左右,一旦发病,无法控制。一般小蚕期感染3~4天死亡,大蚕期感染4~6天死亡。中国农业科学院蚕业研究所徐安英研究员率领的科研团队新近育成的“华康3号”以“菁松×皓月”品种为基础,并导入抗血液型脓病主基因后,经十余载的精心选择和饲养,培育出的对血液型脓病具有高抗性的新品种,2017年通过了四川省蚕品种审定委员会的审定^[67]。2018年,抗血液型脓病家蚕品种华康2号、华康3号全国年累计推广量突破140万张,产生了良好的经济效益和社会效益^[68]。

动植物的驯化研究是生命科学研究的重要内容之一,而家蚕是中国重要的经济昆虫,也是目前唯一被人类完全驯化的无脊椎动物。为了揭示家蚕驯化和改良历史,中国农业科学院蚕业研究所等多家单位历时4年,选取了137个有代表性的家蚕种质资源和改良品种——涵盖了不同的地理系统、化性、眠性等主要种质特

征,通过高通量重测序和群体遗传学分析等手段,较为精细地重构了家蚕品系的演化历史^[69]。结果显示,中国的三眠地方品种分歧相对较早;以三眠地方品种为基础,家蚕品系开始大规模分化,包括进一步分化为中国四眠地方品种,以及同期传播至欧洲、南亚等地区的欧系品种和热带多化品种。研究人员还发现目前蚕桑生产所用的2种改良品系(中系改良种和日系改良种)是两次独立的改良过程,中国改良种基于中国四眠地方品种,而日本改良种更多地利用了引进的欧洲地方品种。

10 作物病虫害防治

小麦白粉病是世界性的作物病害,会造成小麦减产,从而带来经济损失。目前防治小麦白粉病的常规方法是喷施农药与培育抗病品种,但化学防控和抗病小麦品种在生产上都存在一定的应用瓶颈。中国科学院合肥物质科学研究院吴丽芳团队以经过修饰的天然纳米材料为主要原料,制备出一种高效的小麦白粉病防护剂,可替代化学农药防控白粉病^[70]。该技术具有成本低、施用方便等优势,对减少化学农药使用和提高小麦品质具有重要意义,应用前景良好。

小麦禾谷孢囊线虫(*Heterodera avenae* Woll., cereal cyst nematode, CCN)在世界分布广泛,是对小麦、大麦等禾本科作物和牧草有严重危害的重要病原性线虫。现有小麦品种资源中CCN的抗性相关基因较少,但在近缘物种易变山羊草1号(*Ae.variabilis* No.1)中却较丰富。中国科学院成都生物研究所龙海课题组以易变山羊草1号为材料,通过对前期CCN侵染诱导下的RNA-Seq分析筛选得到的候选基因AeVTDCs进行功能分析,推测AeVTDC1基因对CCN的抗性调节可能与TDC下游相关代谢物相关,而与IAA无关^[71]。这些结果为揭示抗CCN分子机理奠定了基础,也为AeVTDC1基因在禾谷类作物的分子育种中利用提供了依据。

蚜虫是危害小麦生产的主要害虫之一,据统计,中国每年小麦蚜虫危害面积可达2.5亿亩,造成减产15%~30%,严重时可达50%。目前,麦蚜防治以喷洒农药为主,但大量使用农药,不仅对人畜有害,而且造成了严重环境污染。培育抗虫小麦品种是防止蚜虫为害的最有效途径,但由于小麦现有种质资源中缺乏有效的抗蚜基因,抗性机制不明确,常规小麦抗虫育种难以奏效。中国农业科学院作物科学研究所利用小麦介导的

RNA干扰(RNAi)方法分离了小麦蚜虫诱导抗性相关基因Tafps,获得抗蚜虫小麦,为防治小麦蚜虫提供了有效方法^[72]。

水稻作为全球近1/3人口的主食,正面临着严重的病虫害威胁,通过提高水稻的抗病性对保证水稻产量具有重要的理论和应用价值。四川农大陈学伟团队成功鉴定并克隆了一个对水稻稻瘟病和白叶枯病均具有广谱抗性的隐性基因bsr-k1。从水稻育种实际需求来看,水稻bsr-k1中激活的免疫反应相对比较温和,对水稻的主要农艺性状没有明显影响,但又足够抵抗病原物的侵害(图21),为水稻广谱抗性育种提供了新基因和新策略^[73]。中国科学院微生物研究所方荣祥和张莉莉团队对灰飞虱卵传水稻条纹病毒(Rice stripe virus, RSV)的分子机制进行深入研究,首次阐明病毒利用媒介昆虫不同组织、不同切割方式的Vg实现自身存活及传播的分子机制,并探索了Vg作为非雌性特异性蛋白的分子生物学功能^[74]。

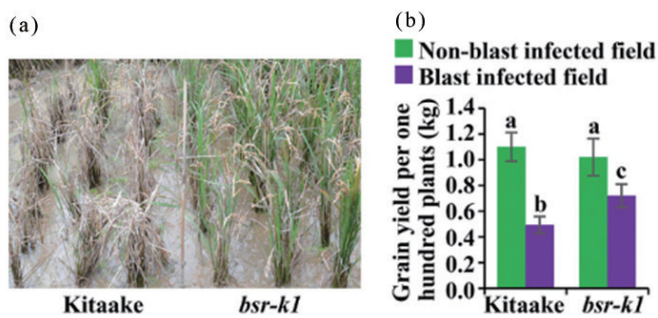


图21 突变体bsr-k1在田间对稻瘟病具有抗性
(图片来源:《PNAS》)

黄单胞菌是一类能够侵染水稻、小麦、番茄以及十字花科等多种单子叶和双子叶植物的病原细菌。水稻黄单胞菌侵染水稻造成的白叶枯病是水稻最主要的细菌性病害之一,给农业生产带来了巨大的损失。中国科学院微生物研究所张杰课题组对水稻白叶枯病菌16个non-TAL效应子的功能进行了系统分析,分离了在水稻黄单胞菌致病性中发挥关键作用的效应子XopK。研究发现XopK具有E3泛素连接酶活性,通过直接泛素化修饰水稻重要免疫受体激酶OsSERK2并介导其降解,抑制植物免疫反应从而促进病菌致病性(图22)^[75]。该研究揭示了水稻白叶枯病non-TAL效应子XopK的生化活性,阐明了其操控植物免疫的机理和在病菌致病过程中的功能。

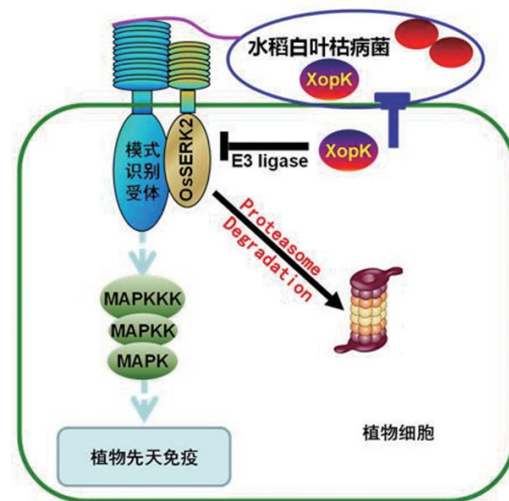


图22 XopK泛素化修饰OsSERK2导致其降解,抑制植物免疫反应从而促进水稻白叶枯病菌致病性
(图片来源:《New Phytologist》)

褐飞虱和螟虫是稻田中两种破坏性最大的害虫。五羟色胺是一种让人的大脑产生愉悦感的化合物,浙江大学农学院舒庆尧及其合作者研究发现:害虫也喜欢五羟色胺。害虫啃食水稻时,植株体内的五羟色胺含量会增加,对害虫来说,这使水稻的“口感”和“营养”都提升了^[76]。这是科学界第一次揭示五羟色胺与水稻抗性之间的关系,对培养更优抗性的水稻和发展防虫治虫策略提供新的思路。

稻飞虱是水稻生产中发生面积最大、造成危害最严重的害虫之一。武汉大学生命科学学院何光存课题组应用图位克隆法分离了抗稻飞虱主效基因Bph6并揭示了其介导的抗虫机制^[77]。Bph6是一个显性抗虫基因,因而在杂交水稻抗褐飞虱育种中具有重要应用价值。Bph6是一个广谱抗虫基因,对多种生物型褐飞虱和白背飞虱有高抗性,其抗性机制为抗生性、抗趋性和耐虫性。Bph6对水稻生长和产量无不良影响,在籼稻和粳稻背景下都有高抗性。Bph6等位基因在水稻中的进化见图23。

双生病毒在经济和粮食作物上造成毁灭性危害。云南番茄曲叶病毒(TLCYNV)是从云南番茄上分离到的双生病毒,中国农业科学院植物保护研究所植物与病毒互作实验室揭示了双生病毒蛋白通过影响植物的细胞周期促进病毒复制并产生症状的机制,为防治双生病毒提供了理论依据^[78]。

侵染苹果的病毒病多达40余种,但多数属于潜伏

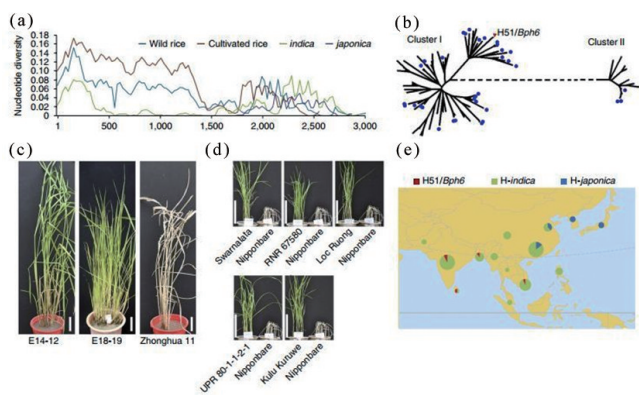


图 23 Bph6 等位基因在水稻中的进化图
(图片来源:《Nature Genetics》)

侵袭,不造成明显的症状。最近几年,由类病毒(viroid)引起的锈果病给中国的苹果生产带来严重威胁,导致苹果主产区大面积毁园。除锈果病外,苹果上还有一种外观可见的病毒性病害就是苹果花叶病。长期以来,人们一直以为中国的苹果花叶病也和国外报道的一样,是由苹果花叶病毒(Apple mosaic virus, ApMV)引起的,但国内多家单位虽经多年检测却一直没有检测到 ApMV,因而中国苹果花叶病的病原一直众说纷纭,没有定论。中国农业科学院植物保护研究所利用高通量测序技术从苹果花叶样品中鉴定出一种新的病毒,命名为苹果坏死花叶病毒(Apple necrotic mosaic virus, ApNMV),并证实这种病毒跟中国苹果花叶病高度相关,颠覆了人们对苹果花叶病病原的常规认知,为中国苹果花叶病的防控指明了方向^[79]。

11 畜禽及其疾病防治

11.1 奶牛

中国农业科学院北京畜牧兽医研究所奶业创新团队在机体能氮平衡影响奶牛乳蛋白合成的细胞信号通路机制研究中取得新进展^[80]。研究成果不仅提示了奶牛饲料中能氮的平衡供给对于调控奶牛乳腺泌乳的重要性,同时为调控奶牛乳腺泌乳分子靶点的筛选提供了理论依据。研究利用奶牛乳腺上皮细胞模型,通过流式细胞术、实时荧光定量 PCR 和蛋白质印迹的方法检测细胞周期、酪蛋白基因转录及蛋白表达、信号通路信号分子表达。结果表明,氨基酸或葡萄糖缺乏均可抑制奶牛乳腺上皮细胞增殖及酪蛋白基因转录和蛋白质的表达。氨基酸或葡萄糖缺乏对奶牛乳腺上皮细胞酪蛋白

基因转录和蛋白表达的抑制作用,与两者对细胞内 JAK2/STAT5 和 mTOR/AMPK 信号通路的抑制作用有关。葡萄糖缺乏对奶牛乳腺上皮细胞增殖、酪蛋白的合成及信号通路的抑制作用大于氨基酸。

11.2 羊

中国是世界上养羊大国,存栏量和羊肉产量均位居世界第一,但肉羊生产水平较低。繁殖性状是家畜的重要经济性状,直接影响集约化、规模化生产的经济效益,对养殖业的发展起到了关键性的作用。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所苗向阳团队发现了调控羊繁殖力的关键功能基因和甲基化基因、新的 lncRNAs、miRNAs 及其靶基因,为提高动物繁殖力和探寻更科学的生殖调控途径提供了新的视角和新的方法,对于中国养羊业的发展具有重要的意义^[81]。绵羊是人类最早驯化的动物之一,在世界范围内已被驯养的绵羊数量和分布区域远远超过野生绵羊。中国是历史悠久的养羊大国,绵羊品种间遗传多样性非常丰富,这为绵羊遗传进化研究提供了良好素材。部分藏羊由于地处西藏,地广人稀,管理粗放,直接放养于高原上,因此处于接近野生状态,即半野化阶段。随着人类环境意识的提高和绿化面积的不断扩大,越来越多的家养动物被抛弃进入自然环境中,因此,当前对半野化的研究显得尤为重要。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所肉羊遗传育种科技创新团队揭示了绵羊半野化过程中影响绵羊角型变化的重要功能基因和突变位点^[82]。中国绵羊的地理分布见图 24。

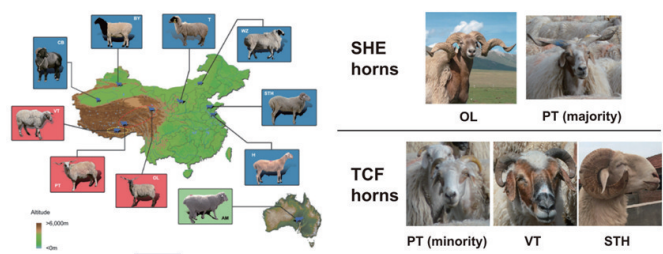


图 24 中国绵羊的地理分布(图片来源:《New Phytologist》)

11.3 猪

肠道微生物不仅在调节猪自身健康上发挥着重要作用而且直接影响着猪的生产效率。微生物寄居的“生态位”被认为在塑造肠道微生物群落方面发挥着决定性作用。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所家畜营养与调控科技创新团队利用 16s rDNA 测序技术对猪肠道菌群的空间分布情况进行了研究,发现猪肠道菌群空间

分布的异质性以及共生模式与其所在“生态位”的微环境紧密相关。核心微生物之间的互作对宿主肠道代谢和免疫发挥着重要作用,除了营养物质的供给、氧气浓度、pH值以外,胆汁酸组成以及微生物之间的互作关系等因素共同形成了肠道空间分布中各不相同的“生态位”,以支持肠道中不同微生物群体的生长^[83]。该成果可为靶向性调控肠道菌群、改善肠道健康提供重要的理论依据。

11.4 狗

狂犬病是由RABV引起的重要人兽共患病,全球每年因狂犬病致死人数高达6万。近年来,中国每年狂犬病报告病死人数在法定传染病中始终居前3、4位。RABV专门侵染神经系统,人感染后一旦出现神经症状,致死率几乎100%,目前尚无有效治疗药物。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所发现代谢型谷氨酸受体2(mGluR2)为RABV入侵神经细胞的全新受体,研究系首次报道重要神经信号传导分子——代谢型谷氨酸受体家族成员与嗜神经性病毒存在直接相互作用关系,阐明了RABV感染神经细胞的机制,为狂犬病的防治提供了理论基础^[84]。

11.5 鸭

2010年以来,新发鸭坦布苏病毒病在中国鸭群中广泛流行,给中国鸭养殖业造成了巨大的经济损失。中国农业科学院上海兽医研究所利用反向遗传技术,首次阐明坦布苏病毒不依赖蚊媒直接在动物间传播的分子基础,明确坦布苏病毒的E蛋白第156位氨基酸的改变影响坦布苏病毒在鸭体内的复制和鸭间传播能力,为新型疫苗的研制提供了理论依据^[85]。

11.6 鸡

沙门氏菌是一种全球性重要食源性人畜共患病致病菌,作为一种兼性胞内菌,它能够侵入宿主细胞内存活,逃逸宿主免疫系统和大部分抗生素的杀菌作用,引起抗生素耐药。然而,目前能够消除细胞内沙门氏菌的有效方法仍然非常有限。中国农业科学院家禽研究所沙门氏菌感染的主要来源——鸡为试验动物,发现了纳米氧化铁对沙门氏菌的抑制作用及其机制,为清除隐藏在宿主细胞内逃避宿主免疫系统和抗菌药物治疗的顽固性细菌感染提供了一种新的防治策略^[86]。相关研究成果以封面文章形式发表在《Theranostics》上(图25)。

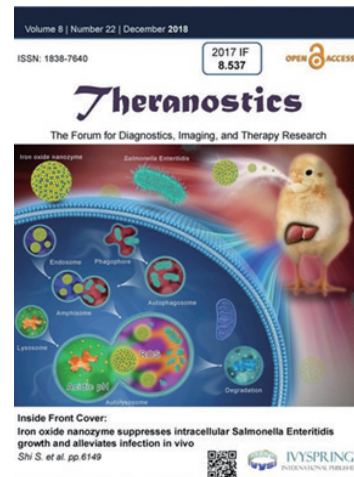


图25 纳米氧化铁对鸡沙门氏菌的抑制作用被选为《Theranostics》封面文章(图片来源:《Theranostics》)

11.7 乙脑

乙型脑炎病毒(Japanese encephalitis virus, JEV)是一种重要病毒性脑炎病原,主要流行于东亚、南亚及东南亚地区,严重危害人类健康。特别是14岁以下的儿童,感染发病后死亡率20%~30%,且高达50%的幸存者患有脑炎神经后遗症。JEV也是一种自然疫源性人畜共患病病原,由蚊传播,除感染人外,还感染马、野生水禽和猪。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所利用RNA干扰技术与基因敲除细胞系技术验证了宿主因子SPCS1(Signal peptidase complex subunit 1)参与了乙型脑炎病毒的复制调控,进一步完善了乙型脑炎等黄病毒复制生命周期的机制细节,加深了宿主因子与病毒相互作用的理解,为研制新的抗病毒药物提供了新思路与方向^[87]。中国农业科学院上海兽医研究所猪病毒性繁殖障碍综合症研究团队在JEV神经毒力研究方面取得重要进展,发现E蛋白138位氨基酸残基酸碱性能决定病毒毒力强弱,可作为强、弱毒株筛选鉴定的重要标志,也可作为监测具有E138突变的JEV疫苗是否出现毒力返强的靶位点^[88]。

12 气候变化

随着全球变暖愈演愈烈,农民将面临更多的干旱、洪水和难熬的高温,但这与虫害相比可能都不值一提。2018年8月30日《Science》报道的一项新的研究发现,更高的温度将会产生更多贪婪的蚜虫、毛虫和其他

吞噬庄稼的害虫,从而对世界粮食供应造成灾难性的后果。早在10年前,科学家就敏锐意识到昆虫的威胁。美国华盛顿大学Curtis Deutsch当时发表的一项研究表明,随着气温升高,需要消耗更多的热量,几乎所有昆虫都会加速它们的繁殖和新陈代谢。为了了解昆虫增加的这种食欲可能对全球食物系统造成何种危害,Deutsch团队建立了一个计算机程序,将数百种昆虫的生理数据与气候模型结合起来。研究发现,当地球温度平均上升2℃时——该计算机模型预测这一切将在2100年前后发生,小麦产量将减少46%,水稻产量减少19%,玉米产量减少31%。该模型预测显示,对于小麦和玉米来说,全球平均温度每升高1℃,其产量损失便会增加10%~25%(图26)。然而,在全球气温升高3℃后,水稻产量可能开始趋于稳定,这是因为许多在热带环境中生长的昆虫,在气温过高后可能会死亡。研究小组预测,像美国的“玉米带”、法国的麦田和中国的稻田等温带产粮地区遭受的打击将尤为严重^[89]。这些发现对全球粮食供应的进一步潜在气候影响进行估计,并且在未来针对作物-害虫-气候相互作用的区域和田间研究提供基准。

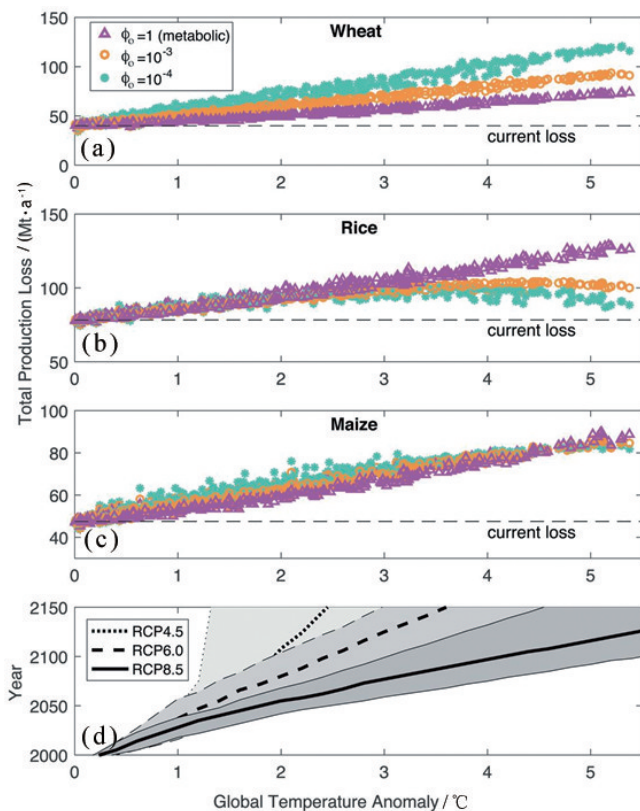


图26 由于气候变暖导致昆虫活动使全球作物产量减少的模型预测(图片来源:《Science》)

中国农业科学院棉花研究所轻简化植棉创新团队基于生命周期评价法(LCA)分析了1993—2012年中国作物生产温室气体排放及其构成,发现中国作物生产中化肥为第一大排放源;对比分析了中国作物生产过程中不同类型化肥的排放,探明碳酸氢铵、过磷酸钙、氯化钾分别为单位营养元素排放最低的氮、磷、钾化肥;在不考虑作物对不同化肥类型吸收利用差异的情况下,研究表明,采用最低排放类型化肥的施肥策略,中国作物生产平均每年将减少127.41 Mt二氧化碳当量(Mt CO₂eq),中国作物生产温室气体排放将减少23.45%^[90]。该研究结果为农业低碳减排提供了理论依据,将有助于实现作物生产绿色可持续。

水稻是世界第二大口粮作物,稻田是全球甲烷(CH₄)最主要的人为排放源,水稻增产与稻田减排同等重要。水稻高产可通过提高生物学产量(biomass)和收获指数(harvest index, HI)实现(图27)。中国农业科学院作物科学研究所发现HI变化对CH₄排放的影响只在水稻后期显著,而且HI提高只在长期淹水稻田有减排效果,且减排潜力只有4.4%。目前全生育期淹水的稻田占稻田总面积不到30%,可见,通过提高HI实现CH₄减排的潜力非常有限^[91]。因此,仅靠提高现代品种的收获指数,很难实现水稻单产的大幅度提升和稻田CH₄排放的显著减少,高产低排放的品种选育和稻作创新需要新智慧。

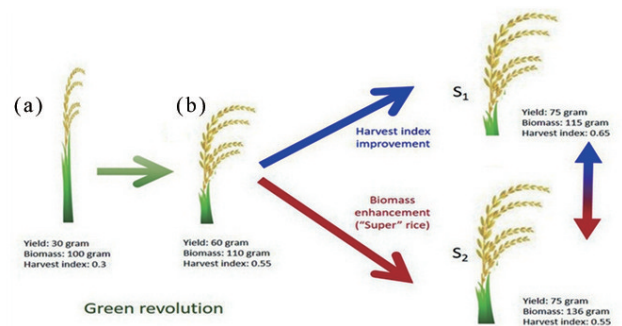


图27 提高稻田产量的种植策略(图片来源:《Global Change Biology》)

13 农机农艺

农业农村部南京农业机械化研究所成功开发了4GYZ-1200自走式叶类蔬菜收获机和4GCB-2自走式甘蓝收获机(图28),解决了当前规模化叶类蔬菜(甘蓝)机械收获普遍存在的切根一致性差、切割阻力大、易堵塞等问题。可收获小白菜、甘蓝、芦蒿、芹菜、苋



图28 4GYZ-1200自走式叶类蔬菜收获机(a)、
4GCB-2自走式甘蓝收获机(b)
(图片来源:农业农村部南京农业机械化研究所)

菜、菠菜、空心菜等多种蔬菜,达到国际领先水平,机械作业效率是人工的20~30倍,机具利用率提高了7~10倍,综合效益提高30%^[92]。油菜毯状苗机械化高效移栽是将油菜苗培育成机插水稻秧苗一样的盘根成毯的毯状苗,采用移栽机切块对缝插栽,可一次完成开窄沟、取苗、栽插、覆土、镇压和浇水等作业,具有作业效率高、土壤适应性强、节本增效显著、技术通用性好等突出优势,在长江中下游以及其他不具备直播条件的地区具有广泛的推广应用前景。“油菜毯状苗机械化高效移栽技术”频率达到300次/min,是意大利法拉利公司生产的世界最先进旱地移栽机(130次/min)的2.3倍,成功入选农业农村部科技教育司2018年10项重大引领性农业技术^[93]。

中国是世界上食用豆种类最多的国家,目前栽培有20余种,其中主要为绿豆、小豆、蚕豆、豌豆和芸豆。食用豆在机械收获时,极易发生籽粒破碎和较高的秸秆杂质,目前的食用豆收获大都依靠人工割晒(或摘荚)、脱粒和清选完成,作业强度大、生产成本低,仅蚕豆收获花费就占生产总成本的50%以上,伴随农村劳动力的转移,在收获季节普遍存在无人可用的情况,极大限制了产业的发展。农业农村部南京农业机械化研究所食用豆收获机械化团队在研发的全喂入式蚕豆、绿豆联合收割机,移动式双驱蚕豆、绿豆脱粒机及蚕豆、绿豆割晒机在江苏、青海、河南和山西等地成功进行收获作业试验示范,机械化收获作业效果良好,作业品质和效率满足生产需求,填补了国内食用豆专用收获机具的技术空白^[94]。采用蚕豆专用联合收获机进行作业,可一次性完成蚕豆的切割、脱粒和清选,作业速度可达到6亩/小时,综合作业效率是当前人工收获的20倍以上,每亩纯收益可提高30%,为广大农户大规模推广种植蚕豆提供了充足信心。

2018年12月,全球首批无土栽培香蕉在荷兰瓦赫宁根大学及研究中心(WUR)的温室中收割。利用椰糠和岩棉基质进行无土栽培不仅可有效控制经土壤传播的真菌病害——香蕉巴拿马病(Panama disease),而且可以更好地根据植物需要调配营养,减少营养流失约30%。其香蕉树的无土栽培经验,值得向全世界几百万公顷的香蕉种植地分享,可为应对“香蕉危机”提供了一种可能的方案^[95]。

14 结论

2018年,农业科学领域取得的重要成果主要集中在作物和畜禽的基因组学、基因克隆、分子育种及遗传机理解析等方面,特别是水稻的研究远远超过其他作物,仅水稻一种作物就克隆了几十个基因,而小麦、玉米等作物的基因克隆则相对迟缓。分子育种方面已经不只是注重产量的增加,更关注品质、抗病虫害的研究。2019年,将迎来新中国成立70周年,为了加快农业科学研究,应紧跟世界农业科学发展方向,发挥中国农业资源优势,力争在应对气候变化的情况下,更好的进行品种改良、病虫害防治、农机农艺发展,为实现乡村振兴及农业强国而努力。

参考文献(References)

- [1] The International Wheat Genome Sequencing Consortium. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome[J]. *Science*, 2018, 361(6403): eaar-7191. doi: 10.1126/science.aar7191.
- [2] Ling H Q, Ma B, Shi X L, et al. Genome sequence of the progenitor of wheat a subgenome Triticum Urartu[J]. *Nature*, 2018, 557: 424-428.
- [3] 基因研究有助于培育低致敏小麦[EB/OL]. (2018-08-22). <http://news.bioon.com/article/6726251.html>.
- [4] 澳科学家开发出更有利肠道健康的小麦新品种[EB/OL]. (2017-12-19). <http://news.bioon.com/article/6714669.html>.
- [5] Liang Z, Chen K L, Zhang Y, et al. Genome editing of bread wheat using biolistic delivery of CRISPR/Cas9 in vitro transcripts or ribonucleoproteins [J]. *Nature Protocols*, 2018, 13: 413-430. doi: 10.1038/nprot.2017.145.
- [6] Hu B, Wang W, Ou S J, et al. Variation in NRT1.1B contributes to nitrate-use divergence between rice subspecies [J]. *Nature Genetics*, 2015, 47(7): 834-838. doi: 10.1038/ng.3337.
- [7] Sun H Y, Qian Q, Wu K, et al. Heterotrimeric G proteins regu-

- late nitrogen-use efficiency in rice[J]. *Nature Genetics*, 2014, 46: 652–656. doi: 10.1038/ng.2958.
- [8] Wang W, Hu B, Yuan D Y, et al. Expression of the nitrate transporter gene *OsNRT1.1A/OsNPF6.3* confers high yield and early maturation in rice[J]. *The Plant Cell*, 2018, 30: 638–651. doi: 10.1105/tpc.17.00809.
- [9] Mach S. The real yield deal? Nitrate transporter expression boosts yield and accelerates maturation[J]. *The Plant Cell*, 2018, doi: 10.1105/tpc.18.00195.
- [10] Wang Q, Nian J Q, Xie X Z, et al. Genetic variations in *ARE1* mediate grain yield by modulating nitrogen utilization in rice[J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 735. doi: 10.1038/s41467-017-02781-w.
- [11] Liu C Z, Xue Z H, Tang D, et al. Ornithine δ -aminotransferase is critical for floret development and seed setting through mediating nitrogen reutilization in rice[J]. *The Plant Journal*, 2018, 96(4): 842–854. doi: 10.1111/tpj.14072.
- [12] Wang W S, Mauleon R, Hu Z Q, et al. Genomic variation in 3010 diverse accessions of Asian cultivated rice[J]. *Nature*, 2018, 557: 43–49. doi: 10.1038/s41586-018-0063-9.
- [13] Yu X W, Zhao Z G, Zheng X M, et al. A selfish genetic element confers non-Mendelian inheritance in rice [J]. *Science*, 2018, 360(6393): 1130–1132. doi: 10.1126/science.aar4279.
- [14] Zhao Q, Feng Q, Lu H Y, et al. Pan-genome analysis highlights the extent of genomic variation in cultivated and wild rice[J]. *Nature Genetics*, 2018, 50: 278–284. doi: 10.1038/s41588-018-0041-z.
- [15] Xu P, Duan P G, Yu H Y, et al. Control of grain size and weight by the *OsMKKK10-OsMKK4-OsMAPK6* signaling pathway in rice[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(6): 860–873. doi: 10.1016/j.molp.2018.04.004.
- [16] Xu R, Yu H Y, Wang J M, et al. A mitogen-activated protein kinase phosphatase influences grain size and weight in rice [J]. *The Plant Journal*, 2018, 95(6): 937–946. doi: 10.1111/tpj.13971.
- [17] Ruan B P, Hua Z H, Zhao J, et al. *OsACL-A2* negatively regulates cell death and disease resistance in rice[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018, doi: 10.1111/pbi.13058.
- [18] Heng Y Q, Wu C Y, Long Y, et al. *OsALMT7* maintains panicle size and grain yield in rice by mediating malate transport [J]. *The Plant Cell*, 2018, 30(4): 889–906. doi: 10.1105/tpc.17.00998 2018.
- [19] Ma S Q, Tang N, Li X, et al. Reversible histone H2B monoubiquitination fine-tunes abscisic acid signaling and drought response in rice[J]. *Molecular Plant*, 2018, doi: 10.1016/j.molp.2018.12.005.
- [20] Wang Q, Li Y Y, Ishikawa K, et al. Resistance protein *Pit* interacts with the GEF *OsSPK1* to activate *OsRac1* and trigger rice immunity[J]. *PNAS*, 2018, 115 (49): E11551–E11560. doi: 10.1073/pnas.1813058115.
- [21] Chen S H, Zhou L J, Xu P, et al. SPOC domain-containing protein leaf inclination3 interacts with LIP1 to regulate rice leaf inclination through auxin signaling [J]. *PLoS Genetics*, 2018,14(11): e1007829. doi: 10.1371/journal.pgen.1007829.
- [22] Ruan W Y, Guo M N, Xu L, et al. An SPX-RLI1 module regulates leaf inclination in response to phosphate availability in rice [J]. *The Plant Cell*, 2018, 30: 853–870. doi: 10.1105/tpc.17.00738.
- [23] Liu J X, Wu X B, Yao X F, et al. Mutations in the DNA demethylase *OsROS1* result in a thickened aleurone and improved nutritional value in rice grains[J]. *PNAS*, 2018, 115 (44): 11327–11332. doi: 10.1073/pnas.1806304115.
- [24] Liu C, Zheng S, Gui J S, et al. Shortened basal internodes encodes a gibberellin 2-oxidase and contributes to lodging resistance in rice[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(2): 288–299. doi: 10.1016/j.molp.2017.12.004.
- [25] Liu Q, Han R, Wu K, et al. G-protein $\beta\gamma$ subunits determine grain size through interaction with MADS-domain transcription factors in rice [J]. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 852. doi: 10.1038/s41467-018-03047-9.
- [26] Ying J Z, Ma M, Bai C, et al. *TGW3*, a major QTL that negatively modulates grain length and weight in rice[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(5): 750–753.
- [27] Fang J J, Yuan S J, Li C C, et al. Reduction of ATPase activity in the rice kinesin protein stemless dwarf 1 inhibits cell division and organ development[J]. *The Plant Journal*, 2018, 96 (3): 620–634.
- [28] Liu X, Li D Y, Zhang D L, et al. A novel antisense long non-coding RNA, twisted leaf, maintains leaf blade flattening by regulating its associated sense *R2R3-MYB* gene in rice[J]. *New Phytologist*, 2018, 218(2): 774–788. doi: 10.1111/nph.15023.
- [29] Guo T, Chen K, Dong N Q, et al. Grain size and number1 negatively regulates the *OsMKKK10-OsMKK4-OsMPK6* cascade to coordinate the trade-off between grain number per panicle and grain size in rice[J]. *The Plant Cell*, 2018, 30(4): 871–888. doi: 10.1105/tpc.17.00959.
- [30] Liu C L, Chen G, Li Y Y, et al. Characterization of a major QTL for manganese accumulation in rice grain [J]. *Scientific Reports*, 2018, 7: 17704. doi: 10.1038/s41598-017-18090-7.
- [31] Wang J, Zhou L, Shi H, et al. A single transcription factor promotes both yield and immunity in rice[J]. *Science*, 2018, 361(6406): 1026–1028. doi: 10.1126/science.aat7675.
- [32] Zhang L H, Hu B, Deng K, et al. *NRT1.1B* improves selenium concentrations in rice grains by facilitating selenomethionine translocation[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018,

- doi: 10.1111/pbi.13037.
- [33] Luo J S, Huang J, Zeng D L, et al. A defensin-like protein drives cadmium efflux and allocation in rice [J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 645. doi: 10.1038/s41467-018-03088.
- [34] Xue Z Y, Xu X, Zhou Y, et al. Deficiency of a triterpene pathway results in humidity-sensitive genic male sterility in rice [J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 604. doi: 10.1038/s41467-018-03048-8.
- [35] Zhang N, Yu H, Yu H, et al. A core regulatory pathway controlling rice tiller angle mediated by the LAZY1-dependent asymmetric distribution of auxin[J]. *The Plant Cell*, 2018, 30: 1461-1475. doi: 10.1105/tpc.18.00063.
- [36] Li S Y, Li J Y, Zhang J H, et al. Synthesis-dependent repair of Cpf1-induced double strand DNA breaks enables targeted gene replacement in rice[J]. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69(20): 4715-4721. doi: 10.1093/jxb/ery245.
- [37] Vamvaka E, Farré G, Molinos-Albert L M. Molinos-Albert, et al. Unexpected synergistic HIV neutralization by a triple microbicide produced in rice endosperm[J]. *PNAS*, 2018, 115 (33): E7854-E7862. doi: 10.1073/pnas.1806022115.
- [38] Bin R, Fang Y, Yongjie K, et al. Improved base editor for efficiently inducing genetic variations in rice with CRISPR/Cas9-guided hyperactive hAID mutant[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11 (4): 623-626. doi: 10.1016/j.molp.2018.01.005.
- [39] Yan F, Kuang Y J, Ren B, et al. Highly efficient A·T to G·C base editing by Cas9n-Guided tRNA adenosine deaminase in rice[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(4): 631-634. doi: 10.1016/j.molp.2018.01.005.
- [40] Deng H J, Cheema J, Zhang H, et al. Rice In Vivo RNA structure reveals RNA secondary structure conservation and divergence in plants[J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(4): 607-622. doi: 10.1016/j.molp.2018.01.008.
- [41] Kistler L, Maezumi S Y, de Souza J G, et al. Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America[J]. *Science*, 2018, 362(6420): 1309-1313. doi: 10.1126/science.aav0207.
- [42] 基因研究揭示玉米驯化史[EB/OL]. (2018-12-20). http://ex.cssn.cn/sjs/sjs_hqzs/201812/t20181220_4796441.shtml.
- [43] 作科所在控制玉米倒伏性研究中获重要进展[EB/OL]. (2018-04-04). <http://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/131706.htm>.
- [44] Zheng J, He C, Qin Y, et al. Co-expression analysis aids in the identification of genes in the cuticular wax pathway in maize [J]. *The Plant Journal*, 2018, doi: 10.1111/tpj.14140.
- [45] Yang J, Fu M M, Ji C, et al. Maize oxalyl-CoA decarboxylase1 degrades oxalate and affects the seed metabolome and nutritional quality [J]. *The Plant Cell*, 2018, 30: 2447-2462. doi: 10.1105/tpc.18.00266.
- [46] Zhang D, Sun W, Singh R, et al. GRF-interacting factor1 regulates shoot architecture and meristem determinacy in maize [J]. *The Plant Cell*, 2018, 30: 360-374. doi: 10.1105/tpc.17.00791.
- [47] Zhang Z G, Zhang B C, Chen Z B, et al. A pectin methylesterase gene at the maize Ga1 locus confers male function in unilateral cross-incompatibility[J]. *Nature Communications*, 2018, 9: 3678. doi: 10.1038/s41467-018-06139-8.
- [48] Du Q G, Wang K, Zou C, et al. The PILNCR1-miR399 regulatory module is important for low phosphate tolerance in maize[J]. *Plant Physiology*, 2018, 177: 1743-1753. doi: 10.1104/pp.18.00034.
- [49] 中国农科院作科所与河南农大科学家合力解析玉米籽粒发育新机制[EB/OL]. (2018-03-06). <http://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/125729.htm>.
- [50] Liu X Q, Yang W Z, Mu B N, et al. Engineering of "Purple Embryo Maize" with a multigene expression system derived from a bidirectional promoter and self-cleaving 2A peptides [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018, 16: 1107-1109. doi: 10.1111/pbi.12883.
- [51] 作科所推动玉米单倍体诱导技术再升级[EB/OL]. (2018-07-19). <http://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/142083.htm>.
- [52] Wang X J, Zhang X, Yang J T, et al. Effect on transcriptome and metabolome of stacked transgenic maize containing insecticidal cry and glyphosate tolerance epsps genes[J]. *The Plant Journal*, 2018, 93(6). doi: 10.1111/tpj.13825.
- [53] Shen Y T, Liu J, Geng H Y, et al. De novo assembly of a Chinese soybean genome[J]. *Science China Life Sciences*, 2018, 61(8): 871-884. doi: 10.1007/s11427-018-9360-0.
- [54] Zhang D J, Sun L J, Li S, et al. Elevation of soybean seed oil content through selection for seed coat shininess[J]. *Nature Plants*, 2018, 4: 30-35.
- [55] Zhang K X, Logacheva M D, Meng Y, et al. Jasmonate-responsive MYB factors spatially repress rutin biosynthesis in *Fagopyrum tataricum*. [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69(8): 1955-1966. doi: 10.1093/jxb/ery032.
- [56] Ye M W, Peng Z, Tang D E, et al. Generation of self-compatible diploid potato by knockout of S-RNase[J]. *Nature Plants*, 2018, 4: 651-654. doi: 10.1038/s41477-018-0218-6.
- [57] 我国油菜基础研究与应用跨入世界第一方阵[EB/OL]. (2018-09-29). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/294032.html>.
- [58] 棉花所系统总结棉花基因组测序成果及其应用[EB/OL]. (2018-01-30). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/288187.html>.
- [59] Wang M J, Wang P C, Lin M, et al. Evolutionary dynamics of 3D genome architecture following polyploidization in cotton [J]. *Nature Plants*, 2018, 4: 90-97. doi: 10.1038/s41477-017-0096-3.
- [60] Huang H, Yao Q Y, Xia E H, et al. Metabolomics and transcriptomics analyses reveal nitrogen influences on the accu-

- mulation of flavonoids and amino acids in young shoots of tea plant (*Camellia sinensis* L.) associated with tea flavor[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2018, 66 (37): 9828–98382. doi: 10.1021/acs.jafc.8b01995.
- [61] Wang Y C, Hao X Y, Lu Q H, et al. Transcriptional analysis and histochemistry reveal that hypersensitive cell death and H₂O₂ have crucial roles in the resistance of tea plant (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) to anthracnose[J]. *Horticulture Research*, 2018, 5(1): 18. doi: 10.1038/s41438-018-0025-2.
- [62] 烟草所解析果胶质多糖脱甲酯化的转录调控机制[EB/OL]. (2018-02-11). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/288320.html>.
- [63] Paul F S, Amanda P C, Helen W L, et al. Synthetic glycolate metabolism pathways stimulate crop growth and productivity in the field[J]. *Science*, 2019, 363: 6422. doi: 10.1126/science.aat9077.
- [64] 蜜蜂所解析中华蜜蜂基因组和转录组[EB/OL]. (2018-02-02). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/288245.html>.
- [65] Diao Q Y, Hou C S. Does nonreproductive swarming adapt to pathogens[J]. *Plos Pathogens*, 2018, 14(1). doi: 10.1371/journal.ppat.1006742.
- [66] Liu Y J, Zhao X M, Huang J X, et al. An. Structural insights into the preferential binding of PGRP-SAS from bumblebees and honeybees to Dap-type peptidoglycans rather than Lys-type peptidoglycans[J]. *The Journal of Immunology*, 2018, doi: 10.4049/jimmunol.1800439.
- [67] 家蚕新品种“华康3号”通过审定[EB/OL]. (2018-03-19). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/288522.html>.
- [68] 蚕业所华康系列家蚕新品种全国年推广量突破 140 万张[EB/OL]. (2019-01-02). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/295036.html>.
- [69] 我国蚕业科学家开展合作研究揭示家蚕驯化和改良历史[EB/OL]. (2018-07-11). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/290197.html>.
- [70] Hu H, Ni J, Cai D Q, et al. A palgorskite-based nanocomposite effectively reducing the incidence of powdery mildew[J]. *Applied Clay Science*, 2018, 166: 113–122. doi: 10.1016/j.clay.2018.09.017.
- [71] Huang Q L, Li L, Zheng M H, et al. The Tryptophan decarboxylase 1 gene from *Aegilops variabilis* No.1 regulate the resistance against cereal cyst nematode by altering the downstream secondary metabolite contents rather than auxin synthesis[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 1297. doi: 10.3389/fpls.2018.01297.
- [72] Sun Y W, Sparks C, Jones H, et al. Silencing an essential gene involved in infestation and digestion in grain aphid through plant-mediated RNA interference generates aphid-resistant wheat plants[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018. doi: 10.1111/pbi.13067.
- [73] Zhou X G, Liao H C, Chern M S, et al. Loss of function of a rice TPR-domain RNA-binding protein confers broad-spectrum disease resistance[J]. *PNAS*, 2018, 115(12): 3174–3179. doi: 10.1073/pnas.1705927115.
- [74] Huo Y, Yu Y L, Chen L Y, et al. Insect tissue-specific vitellogenin facilitates transmission of plant virus [J]. *PLoS Pathogens*, 2018, 14(2): e1006909.
- [75] Qin J, Zhou X G, Sun L F, et al. The *Xanthomonas* effector XopK harbours E3 ubiquitin-ligase activity that is required for virulence[J]. *New Phytologist*, 2018, 220: 219–231. doi: 10.1111/nph.15287.
- [76] Lu H P, Luo T, Fu H W, et al. Resistance of rice to insect pests mediated by suppression of serotonin biosynthesis[J]. *Nature Plants*, 2018, 4: 338–344. doi: 10.1038/s41477-018-0152-7.
- [77] Guo J P, Xu C X, Wu D, et al. Bph6 encodes an exocyst-localized protein and confers broad resistance to planthoppers in rice[J]. *Nature Genetics*, 2018, 50: 297–306. doi: 10.1038/s41588-018-0039-6.
- [78] Mei Y Z, Yang X L, Huang C J, et al. Tomato leaf curl Yunnan virus-encoded C4 induces cell division through enhancing stability of Cyclin D 1.1 via impairing NbSK η -mediated phosphorylation in *Nicotiana benthamiana*[J]. *PLoS Pathogens*, 2018, 14(1): e1006789. doi: 10.1371/journal.ppat.1006789.
- [79] 植保所专家发现苹果花叶新病毒[EB/OL]. (2018-08-01). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/293577.html>.
- [80] Zhang M C, Zhao S G, Wang S S, et al. D-Glucose and amino acid deficiency inhibits casein synthesis through JAK2/STAT5 and AMPK/mTOR signaling pathways in mammary epithelial cells of dairy cows[J]. *Journal of Dairy Science*, 2018, 101: 1737–1746. doi: 10.3168/jds.2017-12926.
- [81] Miao X Y, Luo Q M, Zhao H J, et al. An integrated analysis of miRNAs and methylated genes encoding mRNAs and ncRNAs in sheep breeds with different fecundity[J]. *Frontiers in Physiology*, 2018, 8: 1049. doi: 10.3389/fphys.2017.01049.
- [82] Pan Z Y, Li S D, Liu Q Y, et al. Whole-genome sequences of 89 Chinese sheep suggest role of RXFP2 in the development of unique horn phenotype as response to semi-feralization [J]. *Giga Science*, 2018, 7(4): 1–15. doi: 10.1093/gigascience/giy019.
- [83] Zhang L, Wu W D, Lee Y K, et al. Spatial heterogeneity and co-occurrence of mucosal and luminal microbiome across swine intestinal tract [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 48. doi: 10.3389/fmicb.2018.00048.
- [84] Wang J L, Wang Z L, Liu R Q, et al. Metabotropic glutamate receptor subtype 2 is a cellular receptor for rabies virus[J]. *PLoS Pathogens*, 2018, 14(7): e1007189. doi: 10.1371/journal.

- ppat.1007189.
- [85] 上海兽医所首次阐明坦布苏病毒不依赖蚊媒直接在动物间传播的分子基础[EB/OL]. (2018-08-27). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/293728.html>.
- [86] Shi S, Wu S, Shen Y, et al. Iron oxide nanozyme suppresses intracellular *Salmonella* Enteritidis growth and alleviates infection *in vivo*[J]. *Theranostics*, 2018, 8(22): 6149-6162. doi: 10.7150/thno.29303.
- [87] 我科学家进一步揭示乙脑病毒组装机制[EB/OL]. (2018-04-08). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/288681.html>.
- [88] 上海兽医所发现决定乙脑病毒毒力位点[EB/OL]. (2018-09-30). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/294048.html>.
- [89] Curtis A D, Joshua J T, Michelle T, et al. Increase in crop losses to insect pests in a warming climate[J]. *Science*, 2018, 361(6405): 916-919. doi: 10.1126/science.aat3466.
- [90] Wang Z B, Chen J, Mao S C, et al. Comparison of greenhouse gas emissions of chemical fertilizer types in China's crop production[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2017, 141: 1267-1274. doi: 10.1016/j.jclepro.2016.09.120.
- [91] Jiang Y, Qian H Y, Wang L, et al. Limited potential of harvest index improvement to reduce methane emissions from rice paddies[J]. *Global Change Biology*, 2018, doi: 10.1111/gcb.14529.
- [92] 两款甘蓝收获机首次下地试验取得成功[EB/OL]. (2018-07-23). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/293510.html>.
- [93] 农机化所技术成果入选农业农村部十项重大引领性农业技术 [EB/OL]. (2018- 07- 24). <http://www.caas.cn/xwzx/kyjz/293522.html>.
- [94] 农机化所食用豆收获机具填补国内空白[EB/OL]. (2018-10-19). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/294137.html>
- [95] 全球首批无土栽培香蕉在荷收割,探索应对“香蕉危机”新路径 [EB/OL]. (2018- 12- 27). <http://www.sheshiyuanyi.com/news-id-1719.html>.

Hot topics of agricultural science in 2018

WANG Yanjie, CHANG Xuhong*, WANG Demei, TAO Zhiqiang, YANG Yushuang, ZHAO Guangcai*

Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences; Key Laboratory of Crop Physiology and Ecology of Ministry of Agriculture, Beijing 100081, China

Abstract In 2018, Chinese agriculture science obtained further development. The main food crops including wheat, rice, corn, soybean, buckwheat and potato had rapid development in aspects of genome sequencing, molecular breeding, genetic mechanism analysis, efficient nitrogen utilization, origin and evolution, gene editing. Specially, China issued the world's first genome map of hexaploid wheat, completed genome sequencing of 3000 rice accessions and soybean accession of Zhonghuang 13, cloned a series genes of production, quality and diseases and insects resistance, and analyzed some growth and development regulatory mechanisms. Some important commercial crops such as rape, cotton, tea, and tobacco had breakthroughs in genomics, flavor regulation mechanism, photosynthetic efficiency, etc. China's basic and application research of rape attained the international leading level. Moreover, a large number of breakthrough achievements were made in, for instance, the control of plant diseases and insect pests of rice, wheat, tomato, apple etc., breeding, varieties improvement and disease control and prevention of livestock and poultry, genome and transcriptome of bees, disease control and domestication of silkworm, impact of fertilizer and rice varieties on climate change, the impact of climate change on crop yield, stems leafy vegetables and edible bean harvesting equipment mechanization as well as rapeseeds sower technology, and other fields.

Keywords agricultural science; food crops; commercial crops; disease and pest control; climate change ●



(责任编辑 陈广仁)