



作者: 张晴丹 李晨 来源: 中国科学报 发布时间: 2020/12/29 13:36:58

选择字号: 小 中 大

盘点2020中国农业科研“亮点”

2020年,是决胜全面建成小康社会、决战脱贫攻坚的收官之年。农业生产持续发展,农村经济全面繁荣,农民生活显著改善。这其中,农业科技的贡献居功至伟。

这一年,虽然遭受新冠肺炎疫情冲击,但农业科学家并未停下研究的步伐。他们用卓越的研究和执着的精神为农业、农村、农民带去丰硕的科研成果,在希望的田野上写下了浓墨重彩的一笔。

为此,本报梳理和盘点这一年中国农业科学家发表的部分重要论文成果,以飨读者。

破解优质蛋白玉米育成之谜

《自然—通讯》1月7日

主要作者:上海交通大学教授王文琴团队和中国科学院分子植物科学卓越创新中心巫永睿团队

进展亮点:深入解析了优质蛋白玉米选育的基因组结构变异基础,全面挖掘了潜在的硬质胚乳修饰因子。发现了一些与多个胚乳修饰因子遗传位点紧密相连的候选基因,这些基因具有结构变异和表达水平改变等遗传特征。提出了解释优质蛋白玉米硬质胚乳形成的分子机制模型。

点评:构建了高质量优质蛋白玉米基因组,鉴定出具有结构变异和表达差异的候选基因,这将会促进优质蛋白玉米胚乳修饰因子分子标记开发和分子育种。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-019-14023-2>

揭示重要抗盐碱机制

《自然—通讯》1月10日

主要作者:中国农业大学教授蒋才富团队

进展亮点:报道了一个玉米抗盐碱数量性状基因ZmNSA1,可调控盐碱胁迫下玉米地上部钠离子稳态,揭示了EF-hand蛋白调控盐碱胁迫下钠离子稳态的新机制。

ZmNSA编码一个含有EF-hand结构域的钙离子结合蛋白,并能负调控MHAs的表达和抗盐碱应答。在盐碱胁迫下,细胞内钙离子浓度升高,钙离子结合ZmNSA1并促使其被26S蛋白酶体途径降解,上调MHA2和MHA4表达,促进根部氢离子外排,从而增强质膜Na⁺/H⁺反向转运体SOS1的活性,促进钠离子稳态,增强玉米对盐碱胁迫的耐受性。

点评:揭示了一种新的EF-hand蛋白解码钙离子信号机制,解析了它在玉米抗盐碱应答中的作用机制,是作物抗盐碱基础研究领域的重要成果。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41467-019-14027-y>

发现水稻产量和氮肥利用效率协同调控新机制

《科学》2月7日

International Science Editing
25年英语母语润色专家

发明专利 5个月授权
提高授权率 提高授权数量 免费润色评估

1200+ 专业资深
英文母语编辑
涵盖420+热门
研究领域

AJE.

促进优秀科技成果的
交流与传播
助中国科研学者提升
国际影响力

云集苏州 创赢未来
GATHER IN SUZHOU CREATE A FUTURE

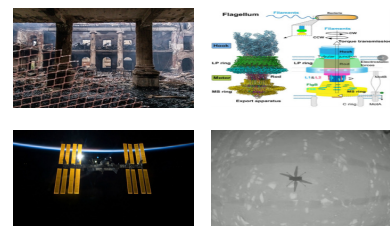
SCI英文论文润色翻译服务
SCI不录用不收费,不收定金

相关新闻

相关论文

- 1 科技部印发长三角科技创新共同体建设发展规划
- 2 张文宏:检测已增强,大规模传播基本不可能出现
- 3 重磅!施一公团队再解阿尔兹海默重要蛋白结构
- 4 教育部发布通知提交高校教学实验室安全工作报告
- 5 教育部部署2021年面向港澳台招收研究生工作
- 6 大蜜蜂能找到最好的花
- 7 新策略让膜蛋白靶标有望成药
- 8 倪光南院士:科技自立自强须增强原始创新能力

图片新闻



>>>更多

一周新闻排行

一周新闻评论排行

- 1 最新!2020中国高被引学者榜单正式发布
- 2 总书记考察清华,透露哪些教育“风向标”?
- 3 中科院博士论文走红:走出小山坳,不枉活一世



该成果以《科学》封面文章的形式报道。 傅向东供图

主要作者：中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员傅向东团队与三个实验室联合攻关

进展亮点：以封面文章的形式报道了赤霉素信号传导新机制提高水稻产量和氮肥利用效率的研究成果。

从携带“绿色革命”基因sd1的水稻品种93-11中，筛选到一个产量性状（分蘖）对氮素响应不敏感的突变体，并克隆了控制水稻氮肥高效利用的关键基因NGR5。

NGR5不仅通过介导H3K27me3组蛋白修饰参与氮营养促进植物生长发育过程，而且能与植物生长抑制因子DELLA蛋白互作；DELLA蛋白能竞争性结合赤霉素受体GID1蛋白，抑制赤霉素介导的NGR5蛋白降解，进而增加NGR5蛋白稳定性。

点评：该成果找到了一条既能提高产量又能降低化肥投入、减少环境污染的育种新策略，为培育“少投入、多产出、保护环境”的绿色高产高效新品种奠定了理论基础，并提供了有育种应用价值的基因资源。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.aaz2046>

揭示被子植物早期复杂演化历史

《自然-植物》2月24日

主要作者：四川大学教授刘建全联合华北理工大学、哈佛大学、兰州大学等

进展亮点：该研究对两种早期演化分支的水生植物代表种（茨实和金鱼藻）进行了基因组测序，揭示了被子植物早期的复杂演化历史。

- 4 科研范式变革的两大问题怎么破？专家跨界研讨
- 5 零下271℃、百瓦级！这项技术获重大突破
- 6 科学家合成新核素铀-214
- 7 论文致谢走红后 中科院博士回信了
- 8 柔性机器人手臂问世：让机器人不再拒人千里
- 9 堵住考研招生被“放鸽子”的政策漏洞
- 10 科研体制应避免“快学者”偏好

[更多>>](#)

编辑部推荐博文

- 周伯通（老顽童）的科研眼光
- 一种基于虚拟现实技术的移动机器人路径规划方法
- 本科毕业设计论文也许要改一改了
- 在7天内写好一篇科研论文的每日计划
- 居里夫人的另一种可能人生
- 博一的生活真是很快啊

[更多>>](#)

被子植物的五个主要演化分支——金鱼藻、睡莲类（芡实为代表）、木兰类、单子叶植物和核心双子叶植物——早期都经历了独立的多倍化事件，芡实最近还经历了一次基因组三倍化。

无油樟和睡莲类依次是其他被子植物的姐妹群，同时推测金鱼藻是真双子叶植物的姐妹群。研究发现，除杂交外，不完全谱系筛选可能是早期被子植物辐射分化过程中，引起主要分支之间基因树或核基因组—叶绿体基因组系统发育树分支关系不一致的主要原因。

点评：该研究对于阐明被子植物中主要分支的演化次序和生境转变，同时为后续生命之树，特别是水生被子植物适应性演化、不同类群加倍事件的研究都提供了基本框架，为认识被子植物早期辐射演化历史提供了证据。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-0594-6>

白羽扇豆高质量基因组发布

《自然—通讯》2月26日

主要作者：中国农业科学院研究员程锋团队和福建农林大学教授许卫锋团队

进展亮点：成功组装了磷高效利用模式作物白羽扇豆的染色体水平高质量基因组，揭示了白羽扇豆低磷适应的特征与其基因扩张与亚基因组优势关联。

白羽扇豆经历了与芸薹属等异源多倍体物种类似的全基因组三倍化事件，导致亚基因组优势现象。白羽扇豆的自身碳固定、排根发育建成、土壤磷活化和内部磷利用等四个先后调控途径的多个相关基因发生显著扩张和特异性低磷诱导表达。其中，生长素稳态调节关键基因对于排根形成至关重要，抑制其表达可大大减少排根形成。

点评：该研究对磷高效利用作物的筛选与培育具有重要的参考价值。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-14891-z>

“液体黄金”霍霍巴油可借油菜合成

《科学—进展》3月11日

主要作者：华中农业大学教授郭亮团队、陈玲玲团队联合国外5家单位合作完成

进展亮点：完成油料作物霍霍巴的高质量参考基因组，并解析了霍霍巴种子中蜡酯合成途径。

蜡酯的合成主要是通过脂酰辅酶A还原酶FAR将脂酰辅酶A还原成脂肪醇。然后，在蜡酯合成酶WS的作用下，脂肪醇与脂酰辅酶A发生酯化反应生成蜡酯。

蜡酯主要富集在种子的子叶中，而含量极少的三酰甘油则主要富集在种子的胚轴。种子不同部位的转录组分析表明，参与蜡酯合成的相关基因在子叶中的表达量远高于胚轴中的表达量。这些基因在空间上的表达差异，可能是造成蜡酯及三酰甘油在霍霍巴种子中存在明显分布差异的主要原因。

点评：深入了解霍霍巴蜡酯合成机制，为霍霍巴品种改良提供了理论基础。高芥酸油菜种子中脂肪酸的组成正好符合霍霍巴中相关酶的底物偏好性，这使得在高芥酸油菜种子中合成霍霍巴油成为可能。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/sciadv.aay3240>

揭示阻止多个花粉管进入胚珠的分子机制

《自然》3月19日



刚刚授粉的拟南芥花，摘掉了部分萼片和花瓣。段巧红供图

主要作者：山东农业大学教授段巧红团队、美国马萨诸塞大学阿默斯特分校

进展亮点：发现了被子植物阻止多个花粉管进入胚珠的分子机制。

在拟南芥FERONIA受体激酶的缺失突变体中，多个花粉管进入同一胚珠的不正常现象很常见。原来，FERONIA受体激酶调控了低甲酯化果胶质在丝状器的积累，进而调控了第一个花粉管诱导的一氧化氮在丝状器中的积累。

一氧化氮对诱导花粉管进入胚珠的诱饵蛋白进行亚硝基化修饰，一方面阻止其分泌，另一方面使其失去诱导花粉管的活性，其他花粉管因此不能进入这个“名花有主”的胚珠。

点评：在分子与生化水平上揭示了胚珠如何协调“花粉管破裂”与“防止多个花粉管进入胚珠”这两个不同而又紧密相连的生物学过程，为进一步研究被子植物受精过程的调控机制提供了重要启示。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2106-2>

大豆驯化过程中开花的进化和选择

《自然—遗传》3月30日

主要作者：广州大学教授孔凡江和刘宝辉团队联合中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员田志喜团队

进展亮点：揭示大豆驯化过程中开花的进化和选择机制。发掘了两个长日照条件下控制开花期的关键位点Tof11和Tof12。这两个位点发生了渐进式的变异和人工选择。其中，tof12-1的功能缺失突变被强烈选择，并在栽培品种中被迅速固定下来，从而使栽培品种的开花期和成熟期普遍提前。

tof11-1的功能缺失型突变发生于tof12-1之后，在tof12-1遗传背景上再次受到选择，从而进一步缩短了栽培大豆的开花期和生育期，提高了栽培大豆的适应性。

点评：该研究不仅首次系统确认了光周期开花是作物核心的驯化性状，而且进一步完善了长日照条件下大豆光周期的分子调控网络，阐明了大豆适应高纬度生态环境的遗传基础，还发现了大豆驯化过程中同源基因的逐步进化与选择的分子机制。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>

绘制首个山苍子基因组图谱

《自然—通讯》4月3日



山苍子花 陈炳华摄

主要作者：中国林业科学研究院亚热带林业研究所研究员汪阳东团队

进展亮点：成功组装全球首个染色体级别的高质量山苍子基因组图谱，并基于此揭示樟科物种进化及其精油合成分子机制。

对樟科在中国分布的20属47个代表种进行了低覆盖度基因组测序，16属23个代表种进行了混合组织和花苞转录组测序。鉴定了调控樟科及山苍子精油主要化合物合成的关键酶基因LcuTPS42。

点评：该成果揭示了单萜合酶基因家族在樟科中的演化，有效促进了樟科植物单萜化合物的多样性和特异性，对揭示樟科植物的生物学特性、指导樟科遗传育种研究，特别是加速分子育种进程具有指导作用。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-15493-5>

找到小麦“癌症”克星

《科学》4月10日

主要作者：山东农业大学农学院教授、山东省现代农业产业技术体系小麦创新团队首席专家孔令让团队

进展亮点：团队从小麦近缘植物长穗偃麦草中首次克隆出抗赤霉病主效基因Fhb7，且成功将其转移至小麦品种中，首次明确并验证了其在小麦抗病育种中不仅具有稳定的赤霉病抗性，而且具有广谱的解毒功能。

点评：Fhb7基因的发现和抗病机制解析对水稻、玉米等作物育种同样具有重要意义。作为禾谷类作物种质改良和创新的难得基因，其在育种领域的推广应用，将有力提升我国农作物种质资源创新水平，为产业提质增效、确保国家粮食安全提供重要保障。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.aba5435>

五个异源四倍体棉花起源终被厘清

《自然—遗传》4月20日

主要作者：南京农业大学、德克萨斯大学、哈森阿尔法生物技术研究所、德州农工大学等

进展亮点：构建了所有五种异源四倍体棉花的高精度参考基因组。这五个种的形成是单一起源，并经历了20~60万年的自然演化，逐渐形成五个棉花种。其中，陆地棉和海岛棉经过8000年左右的独立人工驯化，成为最主要的栽培棉花。不同棉种在150万年的杂交、多倍化和进化过程中，基因数量和排列结构并没有非常显著的变化。而在8000年左右的人工驯化过程中，陆地棉和海岛棉的纤维长度和品质等发生了显著改变。

点评：首次揭示了五个多倍体棉花进化和驯化的遗传和表观遗传规律，同时为通过种间杂交、表观遗传育种和基因编辑改良棉花提供了理论支撑和特有的基因组资源。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-020-0614-5>

寻找现代玉米改良的足迹

《自然—遗传》4月27日

主要作者：华南农业大学王海洋团队、中国农业科学院生物技术研究所、北京大学等

进展亮点：从种质资源库和中外育种学家手中搜集了350份玉米育种材料，并在海南、吉林、河北等4个环境收集了这350种育种材料的表型数据。分析发现，现代玉米育种过程中，中美两国的玉米育种材料都经历了向着更低的穗位、更少的雄穗分枝数、更紧凑的叶夹角及更早的开花期方向发展的趋同选择，表明这四个性状的改良对玉米耐密性提高的重要性。

与上述4个关键性状有关的有利等位基因，随着时间的推移，在中美育种材料中出现的频率同时显著上升，揭示了四个性状在中美育种过程中受到趋同选择的遗传基础，也印证了这些位点的重要性。

得到了1888个在现代玉米育种过程中受选择的基因组区域，涉及逾5000个功能基因，其中包含一大批调控玉米耐密性和抗逆性的关键候选基因。

点评：这是一个跨越不同育种年代、不同国家的玉米育种选择规律分析，挖掘了近一个世纪以来玉米关键农艺性状改良和产量提升的遗传基础和关键调控基因。解析了国内外现代玉米选育过程中的“育种选择指纹”，描绘出现代玉米改良的足迹。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-020-0616-3>

增加一种植物就能获得显著的多样性效益

《自然—植物》5月4日

主要作者：上海市农业科学院研究员蔡友铭团队联合复旦大学、浙江农林大学等

进展亮点：通过分析全球2900余组植物种植的比较试验数据发现，在农业、草原和森林系统，增加植物物种多样性能够提高捕食性天敌的丰度和捕食率、寄生性天敌的丰度和寄生率，从而减少害虫、保育害虫的天敌、提升作物产量与品质。

在农田系统中，植物物种多样性增加可表现为作物间套作，或者农田周边种植其他经济植物等。这给天敌昆虫提供了一个很好的躲避恶劣天气的庇护所，也能为它们提供花蜜等食物。

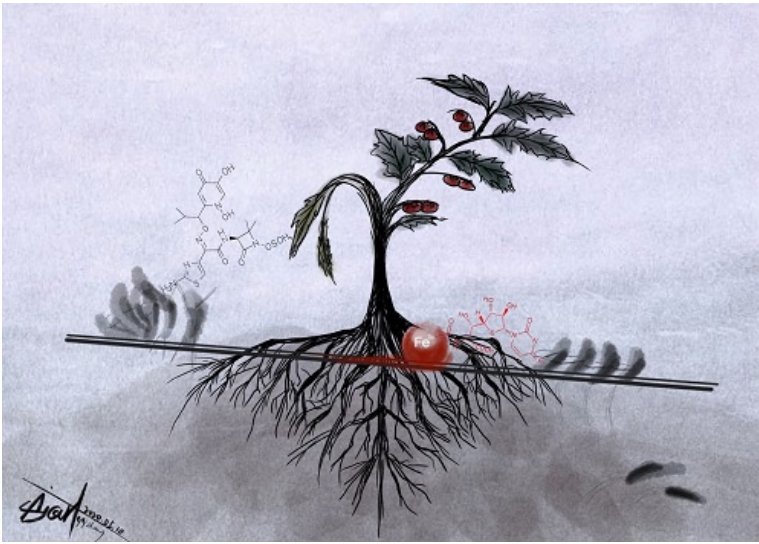
有趣的是，添加一种植物与添加多种植物，对增加农业生态系统中的天敌数量并没有太显著的影响。因此，在农业生态系统，只需在主栽作物田块通过种植诱集植物、间套作、果园生草等措施添加1种植物，便可明显增加主栽作物上天敌的数量和多样性。

点评：植物物种多样性可以帮助农民、决策者利用有益昆虫提供的重要生态系统服务。这为降低农药用量、防止农药污染、保护生态环境，提供了食物网层面的理论依据。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41477-020-0654-y>

铁载体是根际稀缺资源保卫战中的“秘密武器”

《自然—微生物》5月11日



张耀予绘图

主要作者: 南京农业大学教授沈其荣团队联合瑞士、荷兰、英国学者

进展亮点: 铁是根际微生物和土传病原菌争夺的核心稀缺资源之一。铁载体是细菌分泌的化合物, 主要用来螯合环境中稀缺的三价铁。细菌需要特定的受体才能吸收对应结构的铁—铁载体螯合物。

有些铁载体可以抑制青枯菌生长, 产量越大抑制能力越强, 被称为抑制型; 而一些低产细菌产生的铁载体却为青枯菌的生长提供了便利, 被称为便利型铁载体。

当便利型铁载体介导促进效应时, 根际细菌的铁素竞争力弱, 分泌的铁载体被青枯菌剥削利用, 促进了青枯菌的生长, 而自身由于分泌铁载体消耗了大量的能量, 却无法回收自己的铁载体获得铁素营养, 因此生长受阻; 反之亦然。

有趣的是, 抑制作用最强的细菌是, 与青枯菌系统发育距离相对较近并产生大量铁载体的分离株。

点评: 铁载体介导的根际细菌与青枯菌之间的铁竞争, 是预测土壤微生物群落中细菌—青枯菌共存模式、决定病原菌是否入侵成功, 以及对宿主植物造成破坏的普遍机制。利用上述结论, 可以工程化生产抑制型铁载体微生物。

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0719-8>

解析蒺藜苜蓿复叶发育新机制

《自然—植物》5月11日



研究成果被选为《自然—植物》封面故事。 陈江华供图

主要作者：由中国科学院西双版纳热带植物园陈江华团队

进展亮点：以封面文章发表了蕨藜苜蓿复叶形态模式建立的新机制。

该研究通过正向遗传学筛选到一类新的五叶突变体pinna1：不同于palm1突变体中小叶以掌状聚集，pinna1突变体中的五个小叶以羽状方式排列，额外增生的两片小叶起始于顶端小叶的基部，形成奇数类羽状复叶模式。

最终定位了PINNA1基因，它特异地在不同时期的叶原基中表达。遗传分析表明，PINNA1与SGL1基因间具有遗传上位性；定量PCR和时空表达分析揭示，pinna1突变体中SGL1的表达量显著上调，而其表达空间也显著的扩大；生化实验证明，PINNA1与PALM1精巧协同合作实现对复叶发育过程中SGL1时空表达的精确调控。

点评：这项成果揭示了一个重要的调控蕨藜苜蓿复叶发育的新机制，为苜蓿的分子育种和改良提供了重要参考。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-0642-2>

发现新型广谱抗菌增效剂

《自然—微生物学》5月18日

主要作者：中国农业大学沈建忠院士团队

进展亮点：首次报道了一种新型线性短链广谱抗菌增效剂SLAP-S25，可以提高多种临床常用抗菌药物如四环素、万古霉素、氧氟沙星、利福平和多粘菌素对多重耐药大肠杆菌以及其它耐药的革兰氏阴性菌的抗菌效果。

SLAP-S25和多粘菌素联合应用恢复了10种不同的多粘菌素耐药革兰氏阴性菌对多粘菌素的敏感性，但对肺炎克雷伯菌则需采用SLAP-S25和其他种类抗菌药联用策略。

SLAP-S25和多粘菌素联合应用有效抑制了87株临床分离的多粘菌素耐药大肠杆菌的生长。此外，SLAP-S25不仅能恢复携带多粘菌素耐药基因mcr的革兰氏阴性菌对多粘菌素的敏感性，还能降低其用药量，

点评：为合理用药和治疗多耐药病原菌感染提供了新策略，为保障多粘菌素类药物作为抗革兰氏阴性菌感染的“最后一道防线”提供了新思路和技术支持。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41564-020-0723-z>

首次破译同源四倍体紫花苜蓿基因组

《自然—通讯》5月19日

主要作者：西北工业大学教授邱强团队、中科院昆明动物研究所、中科院西双版纳植物园等

进展亮点：发表我国地方特有品种新疆大叶紫花苜蓿的四倍体基因组，并成功将四倍体基因组组装到了32条染色体上。

开发出基于CRISPR/Cas9的高效的基因编辑技术体系，成功培育获得了一批多叶型紫花苜蓿新材料，其杂交后代表现出稳定的多叶型性状且不含转基因标记。

点评：将实施紫花苜蓿分子育种策略成为可能，从而为加快我国优质苜蓿品种培育和牧草产业发展提供重要科技支撑。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-16338-x>

20个水稻品种的参考表观基因组图谱发布

《自然—通讯》5月27日

主要作者：华中农业大学教授李兴旺和李国亮团队

进展亮点：全面系统地描绘了20个水稻品种的表现参考基因组图谱。产生了多达500多套组学数据，覆盖20个有代表性的水稻品种及其多个组织，包括58个基因表达数据、32个全基因组DNA甲基化图谱、354个各种组蛋白修饰数据、58个全基因组开放染色质区域图谱。

基于此，从水稻表观基因组图谱中定义了15种染色质状态。水稻中存在大量具有增强子活性的启动子，这些启动子不仅调控相邻基因的表达，还可以作为增强子，通过染色质远程相互作用，调控远端与其互作基因的表达。

点评：该研究完成了水稻顺式调控元件和染色体状态的注释，鉴定到的籼粳稻之间染色体状态差异为研究水稻品种分化和环境适应性的提供了独特视角，也为全面解析水稻基因组结构提供重要资源。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-16457-5>

全球间套作增产模式获进展

《自然—植物》6月1日

主要作者：中国农业大学教授张福锁院士团队

进展亮点：间套作管理措施的综合应用在全球尺度上形成了增产效应不同的两种管理模式。

其中一种为高投入—高产玉米间套作管理模式，通过玉米与矮秆谷类作物搭配，采用条带种植、分期播种、充足养分投入等管理措施，较单作具有更大的增产效应，在中国广泛应用。

另一种是低投入—低产出间套作管理模式，通过豆科作物与矮秆谷物混作或单行交替种植，采用同种同收、较低养分投入等管理措施，增产效应较低，该模式在欧洲广泛应用。

高投入—高产玉米间套作模式的增产效应是低投入—低产出间套作模式的4倍。两种间套作模式较单作均具有节肥增产的优势。

点评：间套作不仅能满足低投入农业的生态目标，也是高投入农业中持续保障粮食安全的有效途径。在中国广泛应用的玉米间套作模式具有更大的增产效应，值得全球借鉴。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-0680-9>

揭示独脚金内酯信号转导机制

《自然》6月11日

主要作者：中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员李家洋院士团队

进展亮点：该研究系统鉴定了拟南芥独脚金内酯早期响应基因，阐明了独脚金内酯调控分枝数目、叶片形状以及花青素积累的分子机制，突破了独脚金内酯信号途径研究的瓶颈。他们发现，SMXL6, 7, 8能够作为转录因子调控自身转录，同时作为转录抑制蛋白调控分枝等发育过程，揭示了一种全新的植物激素信号转导机制。

点评：是独脚金内酯信号转导领域的突破性进展，提出了一种全新的植物激素信号转导机制，为探索激素作用机理提供了新思路，具有重要的科学意义。揭示了独脚金内酯信号通路中的转录调控网络，对全面解析独脚金内酯调控植物生长发育以及环境适应的分子机制、揭示植物与丛枝真菌共生的机制进而培育高产抗逆、营养高效、抗寄生的作物具有重要指导意义。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2382-x>

激素水平升高可致小菜蛾对Bt高抗性

《自然—通讯》6月12日

主要作者：中国农业科学院蔬菜花卉研究所研究员张友军团队

进展亮点：昆虫激素水平升高可以激活MAPK信号途径，反式调控多个中肠受体基因差异表达，从而导致小菜蛾对苏云金芽胞杆菌（Bt）杀虫蛋白Cry1Ac产生高抗性。

在Bt蛋白高抗的小菜蛾中，蜕皮激素（20E）和保幼激素（JH）含量均显著升高。它们之间的串扰可以激活MAPK信号途径反式调控机制，使小菜蛾在维持正常生长发育的前提下对Bt杀虫蛋白完美进化，从而产生高抗性。

点评：该研究在国际上首次揭示了经典的昆虫激素可以参与昆虫Bt抗性的新功能及其分子调控网络，研究结果对于我国田间重大农业害虫Bt抗性进化的监测预警和综合治理，以及新型Bt生物杀虫剂/转Bt基因抗虫作物的研发推广和可持续应用，均具有重要的理论和实践意义。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-16608-8>

建立新型可预测多核苷酸删除基因组编辑系统

《自然—生物技术》6月29日

主要作者：中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员高彩霞研究组

进展亮点：基于胞嘧啶脱氨以及碱基切除修复原理，首次将野生型SpCas9与胞嘧啶脱氨酶、尿嘧啶糖基化酶以及无嘌呤嘧啶位点裂合酶组合，建立了新型的多核苷酸靶向删除系统，并成功在水稻和小麦基因组中实现了精准、可预测的多核苷酸删除。

点评：该系统的建立可为植物基因组调控DNA的功能研究及设计育种提供了一个强有力的基因组编辑工具。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41587-020-0566-4>

发现植物株型调控新机制

《自然—植物》7月13日

主要作者：中国农业科学院蔬菜花卉研究所与深圳农业基因组研究所等

进展亮点：揭示了黄瓜卷须身份基因TEN调控卷须发育和运动的分子机制，为基因内部结合的转录因子是如何调控基因表达这一基础的科学问题提供了一个重要的解答。

TEN是一个新型多功能转录因子，其C端负责结合到下游靶标的基因内增强子上，其N端结构域是一类全新的组蛋白乙酰转移酶，主要乙酰化修饰组蛋白H3的球体区域，维持染色质开放，从而激活靶标基因表达。

点评：该研究成果为揭示转录因子结合到基因内部如何调控基因表达的科学问题提出了新的见解，也为深入认识株型发育的基因调控网络提供了重要的突破，并可直接用于培育轻简化栽培的无卷须黄瓜新品种。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-0715-2>

首个古茶树基因组精细图谱绘制

《自然—通讯》7月24日

主要作者：华中农业大学园艺林学学院教授闻玮玮课题组

进展亮点：在完成首个高质量染色体级别的古茶树基因组组装的基础上，利用217份多样的茶树资源的转录组数据，揭示了中国茶树育种中的骨干亲本，并鉴定了调控儿茶素生物合成的多个关键基因。

在遗传和代谢水平上，古茶树和栽培种并未显著分化，表明在风味品质上，茶树可能未受到长期定向的人工选择。

点评：为茶树功能基因组学的发展提供基础和丰富资源，为茶树分子育种、品质提升以及有益天然产物生物合成奠定基础。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-17498-6>

创制C₄禾谷类研究的理想模式植物

《自然—植物》8月31日

主要作者：山西农业大学杂粮分子育种团队与中国农业科学院作物科学研究所等

进展亮点：获得了一个超短生育期谷子“小米”，其生育期仅2个月左右，株高仅30厘米左右。生育期和株高与模式植物拟南芥相当，适合室内大规模种植研究。

在此基础上，组装了高质量的参考基因组，构建了全生育期基因表达图谱和谷子多组学数据库，并建立了高效稳定的遗传转化体系。从而将“小米”发展成了C₄禾谷类研究的模式植物。

点评：“小米”模式植物体系的建立将促进C₄高光效、氮素高效吸收利用机制、抗旱机制、遗传改良等研究。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-0747-7>

龙井茶树染色体级别基因组组装成功

《自然—通讯》9月7日

主要作者：中国农业科学院茶叶研究所和深圳农业基因组研究所主导、携手中国科学院昆明动物研究所及云南省农业科学院茶叶研究所等

进展亮点：以我国著名的优良茶树品种龙井43为材料，克服了其基因组高度杂合、重复序列比例高等复杂基因组组装难题，完成了染色体级别的基因组组装。

基于此，对来自世界不同国家和地区的139份有代表性的茶树材料进行了深度重测序，揭示了茶树群体的系统发生关系，描绘了栽培茶树的进化历史。

点评：该成果为茶树基因组学和育种研究，以及茶树遗传和进化研究提供了丰富的素材。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-18228-8>

马铃薯杂交种子在接近

《自然—遗传》9月28日



杂合马铃薯 RH 中国农科院供图

主要作者：中国农科院深圳农业基因组研究所研究员黄三文团队等

进展亮点：首次测序完成杂合二倍体马铃薯基因组，提供了迄今最完整的杂合马铃薯基因组、最全面的马铃薯单体型比较分析。

为构建高质量的参考基因组以及对单体型进行比较分析，该研究提出了高准确率HiFi read与遗传群体测序、HiC测序相结合的技术路线，克服了“重复序列”和“高杂合”这两个障碍，成功组装了染色体级别的单体型，为复杂基因组的解析提供了借鉴。

在二倍体马铃薯RH中检测到了22134个有害突变。有害突变散布在两套基因组中，与其他类型的变异呈马赛克式分布，并且有害突变还有可能与优良基因紧密连锁，很难通过传统杂交的方法彻底淘汰有害突变。

点评：为马铃薯二倍体育种提供基因组学支持，有助于利用基因组学和合成生物学方法快速打破马铃薯育种中的障碍，构建优良的二倍体自交系。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41588-020-0699-x>

榕树和榕小蜂精细基因组图谱发布

《细胞》10月8日

主要作者：中国科学院西双版纳热带植物园研究员陈进课题组与福建农林大学教授明瑞光课题组等

进展亮点：构建了2种榕树和1种传粉榕小蜂的高质量基因组精细图谱。并首次在分子机制上揭示了榕树气生根发育、性别决定和榕树一榕小蜂协同多样化等多项未解之谜。

两种榕树基因组存在大量的结构变异，如染色体断裂、片段化重复等。这些变异与植物免疫、萜烯类合成等重要的生物学过程有关，为其适应性演化提供了遗传基础。

点评：为榕树气生根特征进化和相关园艺品种开发提供了重要理论基础，并为榕树一榕小蜂协同进化等研究打开了组学分析的大门。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.043>

解密植物干细胞如何抵御病毒

《科学》10月9日

主要作者：中国科学技术大学教授赵忠课题组

进展亮点：解析了植物干细胞抵御多种病毒感染的分子机制。揭示了植物茎顶端分生组织存在广谱抗病毒免疫的分子机制。在感染过程中，病毒必须利用植物细胞内的蛋白质合成系统合成自身的蛋白，以完成自身的复制、组装和感染过程。而干细胞关键调节基因WUS则通过直接抑制细胞内蛋白质合成的速率，限制了病毒的复制和传播。

点评：回答了为什么植物病毒不能侵染植物茎尖这一长期未决的基本生物学问题，为未来作物广谱抗病毒防治提供了新的技术策略。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.abb7360>

拟南芥花期自然变异的调控新机制

《自然—通讯》11月17日

主要作者：安徽农业大学教授李培金课题组

进展亮点：对世界范围内102种拟南芥不同生态型的FLC基因的表达水平进行了定量分析，筛选到一个花期调控关键基因SSF。SSF蛋白具有两个变异类型SSF414D和SSF414N，这两种蛋白能被植物体广泛存在的蛋白泛素化修饰和降解系统识别，以调控SSF蛋白水平的高低，从而影响开花抑制基因FLC的表达水平，导致植物花期发生改变。

其中，414D主要存在于北方植物中，可以使植物晚花，适应北方的寒冷气候；而414N主要存在于南方的植物中，调控植物早花，以适应南方较为温和的生长环境。

进一步实验表明，SSF和FCA作为同源基因有着相反的功能。SSF可以调控植物晚花，FCA调控植物早花；FCA同时存在于双子叶和单子叶植物中，而SSF只存在于双子叶植物中。

点评：深入揭示了基因自然变异调控植物生育期的新机制，为植物分子育种提供了重要基因资源和理论依据。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-19666-0>

揭示水稻中重要二萜的代谢机制

《自然—植物》12月8日

主要作者：海南大学教授罗杰团队

进展亮点：利用水稻自然群体进行代谢物全基因组关联分析，在水稻7号染色体成功定位鉴定了一个控制单环二萜自然变异的基因簇DGC7。该基因簇由1个萜烯合成酶及2个CYP450酶组成，在质体中催化形成5,10-二酮-蓖麻烯，一种具有潜在医用价值的重要二萜。DGC7受到茉莉酸甲酯介导的表观调控因子JMJ705直接调控，并能提高水稻对于白叶枯病的抗性。

点评：揭示了水稻单环二萜基因簇自然变异的生化基础及其在水稻抗病方面的作用，为作物遗传改良提供了新资源。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41477-020-00816-7>

揭示豆科植物与根瘤菌共生固氮分子机制

《自然》12月10日



苜蓿根瘤器官 王二涛供图

主要作者：中国科学院分子植物科学卓越创新中心研究员王二涛团队

进展亮点：揭示豆科植物因皮层细胞获得SHR-SCR干细胞分子模块，而具有结瘤固氮的能力，使其有别于非豆科植物，回答了“为什么豆科植物能与根瘤菌结瘤固氮”的科学问题。

植物干细胞关键转录因子SCR在豆科植物的皮层细胞表达，另一个干细胞关键转录因子SHR在维管束表达后移动到皮层细胞，使豆科植物皮层细胞获得了SHR-SCR分子模块。该干细胞分子模块赋予豆科植物皮层细胞分裂能力，能够被根瘤菌的共生信号激活，诱导豆科植物苜蓿的皮层分裂，形成根瘤。

点评：发现了控制豆科植物根瘤共生固氮的关键分子模块，加深了人们对共生固氮的理解，为非豆科植物皮层细胞命运的改造奠定了基础，并为今后减少作物对氮肥的依赖，实现农业生产的可持续发展提供了新思路。

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41586-020-3016-z>

版权声明：凡本网注明“来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志”的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

打印 发E-mail给:

[关于我们](#) | [网站声明](#) | [服务条款](#) | [联系方式](#) | 中国科学报社 京ICP备07017567号-12 京公网安备 11010802032783

Copyright © 2007-2021 中国科学报社 All Rights Reserved

地址：北京市海淀区中关村南一条乙三号

电话：010-62580783