

# 基因之后，作物“外表”成研究新热点，

## 换个方式理解“生命规律”

2019-10-30 10:32 | 作者： 新华报业网 | 标签： 表型

“上世纪以来，人类非常重视农作物基因型的改良，认为只有基因型的改变才能带来产量的改变。实际上，决定一种作物的除了基因型以外，大部分靠的是表型。”

10月23日，由南京农业大学、国际植物表型组织(IPPN)主办的第六届国际植物表型大会在南京举行。中国工程院院士盖钧镒认为，农作物表型和基因研究的深度和广度，直接影响到种质资源利用效率和现代种业的可持续发展。

表型研究，让作物“组团体检”成为可能。生命科学进入基因组时代以来，各种组学的充分发展使人类能从多个层面全面认识生命现象。

譬如怎样预估农作物产量？如何对茎叶进行无损测量以判断其生长状况？植株一天24小时的形态呈现什么样的动态变化？人类长久以来积累的主观经验往往会错过许多跨越植物生命周期的“重要时刻”，而表型研究让我们和植物走得更近。

表型，顾名思义就是指可以观测的生命体性状和特征，比如形状、结构、大小、颜色等。表型的精准度量已成为深入认识生命现象形成规律的基础，系统解析生命复杂系统的突破口。“表型和基因型是一对相对概念，生物体的表型是基因型和环境因素相互影响的

集合。”中国工程院院士盖钧镒解释，基因型是表型得以表达的内因，表型决定于基因和环境。

植物表型研究始于 20 世纪末，其核心是获取高质量、可重复的形状数据，进而量化分析基因型和环境互作效应及其对产量、质量、抗逆等相关性状的影响。但植物表型是难以“看见”的。“作物的产量，得种下去、长出来才能看见；物种的抗病性，得发了病才能知道。”盖钧镒说，找基因型首先要找优良的表型，有了表型才知道这是不是优良的基因型，“所以表型越来越重要。我们希望通过多种技术手段获取多种作物的表型。”

研究发现，植物接受的光和植物的表型有关。因而遥感、机器人技术、计算机视觉和人工智能的发展带来的现代多层次表型采集技术，为解决这些问题提供了可能。

近年来，随着高通量植物表型组学分析技术的不断发展，植物表型领域研究正受到国际广泛关注，美国、英国、法国、德国、荷兰、日本、澳大利亚等主要发达国家都在积极布局，相继出台国家级研究计划。为获取高质量、可重复的性状数据，很多顶尖科研团队和商业机构开发了一系列高通量、高精度表型工具。

精细农业，实时检测作物生长

“表型组的研究对培育新品种、实时检测作物生长、精细化作物栽培管理的贡献是相当巨大的。”东京大学名誉教授、日本科学技术振兴机构超先端研究总负责人二宫正士打了个比方，“用传统方式进行高粱穗的检测，需要把它们全部砍下来手动测量，一是难度大，

二是费时费力，一万株通常需要一周时间。而用无人机加上深度学习技术，只需要十分钟就可以做完。”

植物表型研究还可以通过分析作物对水分、氮肥吸收效率以大大节约化肥、水的使用量。“这可以助推数字化、精细化农业的发展，对环境也是非常友好的。”澳大利亚联邦科学与工业研究组织高级首席科学家、昆士兰大学著名的育种家和田间表型专家 Scott Chapman 说。从学科角度上讲，植物表型研究还可以检测到传统方式检测不到的参数，推动基础生物学科的发展。

基于机器学习的方法是进行作物表型检测和计数的最有前景的方法。但这种基于深度学习的方法有一个显著的局限性——通常需要大量手工标记的图像来进行训练。“训练样本的生成需要耗费大量时间和人力。如何缩小训练样本的同时保持比较好的检测结果？这是我们目前研究的方向之一。”二宫正士表示。

此外，粮食安全是维系社会稳定的“压舱石”、是国家发展的“定海神针”。我国迫切需要加强农作物种质表型和基因研究设施建设，探索基因组学理论和各种基因组学技术方法，为种质资源表型鉴定及有效保护提供新手段。表型组学是突破未来作物学研究和应用的关键研究领域，通过表型分析来描述关键性状可以为育种、栽培和农业实践提供基于大数据的决策支持。

表型组学潜力巨大，“中国方案”呼之欲出

美国国家科学基金会已将“理解生命规律，通过基因型的鉴定来预测表型”作为 6 大科学前沿之一。专家认为，作物表型组及其与基

基因组关系的解析，是高效创制利用种质资源、培育重大突破性品种的根本，代表着作物科学发展的前沿方向。

表型组学的巨大潜力，还体现在其与物理、计算机、工程、控制、植物学等多个学科的交叉发展上。南京农业大学副校长丁艳锋介绍说，目前，国内外表型组学已经呈现出五大发展趋势：由科学家个人兴趣转向规模化的合作研究，表型检测手段由单一转向综合化智能化，由单一尺度转向多尺度联合分析，由关键时间点转向全生命周期连续观测，由组内关联分析转向组间关联分析。

“虽然我国创造了以不足 7% 的耕地面积养活了全球近 1/5 人口的奇迹，但是良种对我国作物增产的贡献率仅占 35% 左右，与国际上优良品种占 50% 左右的贡献率存在较大差距。”丁艳锋说，这与我国基础研究相对薄弱，对作物重要性状形成机制解析不深入，全基因组选择基因组编辑等育种技术创新不足等有密切关系。

为加速现代农业发展，国内高校首个作物表型组学交叉研究中心在南京农业大学构建成立。与此同时，作物表型组学重大科技基础设施项目也正在积极筹建当中。项目通过单一、多元、复合环境精准控制，兼容稻、麦、棉、豆、玉米等主要农作物，利用高通量、高分辨、多尺度表型的实时动态精准分析，构建从基因组至表型组的作物多组学大数据高效解译。

据了解，项目目前已列入《国家重大科技基础设施建设“十三五”规划》。设施建设内容包括高通量表型数据采集与鉴定系统、环境模拟与检测系统、表型组-基因组大数据分析与整合系统等。该设

施建成后，具有从分子细胞到组织形态多层次、多生境和全生育期多尺度，对 6 种以上主要作物进行年百万株及日百亩大田表型精准采集与深度解析的能力。

我国保存的种质资源已达 45 万份（约 2300 个物种），如何用好这些种质资源必须重视起来。因此，我国迫切需要加强农作物种质表型和基因研究设施建设，探索基因组学理论和各种基因组学技术方法，为种质资源表型鉴定及有效保护提供新手段。

来源：新华报业网