中国科学报

CHINA SCIENCE DAILY

中国科学院主管　中国科学报社出版　国内统一连续出版物号 CN 11－0084　代号 1－82

扫二维码 看科学报　扫二维码 看科学网

主办：中国科学院　中国工程院　国家自然科学基金委员会　中国科学技术协会

总第 8625 期　2024 年 11 月 8 日　星期五　今日 4 版

新浪微博 http://weibo.com/kexuebao　科学网 www.sciencenet.cn

葡萄如何一跃进入4.0 育种时代

■本报记者 李晨

14 年前，周永锋去芬兰求学时对葡萄还一无所知。随后他从松树转向葡萄，专注研究葡萄 10 年。3 年前，周永锋回国成为中国农业科学院深圳农业基因组研究所（以下简称基因组所）的研究员。

11 月 4 日，《自然－遗传学》在线发表周永锋团队的论文，他们在葡萄中首次实现了全基因组选择育种的新方法，将大幅缩短育种周期，且预测准确度高达 85%，育种效率比传统方法提高 400%。该研究有望实现葡萄精准设计育种，加速葡萄品种创制，并为其他多年生作物育种提供方法参考。

周永锋做出这一亮眼的成果用了 3 年。3 年，恰恰是葡萄从种下一颗种子到第一次开花结果的时间。

从松树到葡萄

2007 年，周永锋在兰州大学读硕士时研究的是松树，松树 20 年才能结果。“完成实验设计后，20 年后再见，育种成为遥遥无期的事。”周永锋说。

2010 年，周永锋拜入研究松树的芬兰奥卢大学教授、群体遗传学家 Outi Savolainen 门下。“选择松树作为多年生作物遗传改良的突破口是一条我曾经走过的‘弯路’，但在这条弯路上，我很幸运遇到了我的导师。他在群体遗传学方面颇有建树，使我得到了非常严格的训练，获益匪浅。这成为我今后利用群体遗传学和数量遗传学知识改造多年生作物的基础。”

就在周永锋找工作之际，美国加州大学教授、进化基因组学家 Brandon Gaut 开始关注多年生作物的育种问题。周永锋得知后非常想加入他的团队。

“Gaut 觉得葡萄等多年生作物的问题很大、研究很落后，而且多年生作物中有很多未被挖掘的基因资源‘富矿’，研究潜力很大。”周永锋凭借扎实的群体遗传学背景进入 Gaut 的视线，于 2015 年成为 Gaut 第一个从事葡萄研究的博士后。

葡萄的“逆天”秘密

葡萄是一种多年生作物。一个育种家在其科研生涯中只能做 8 至 10 代葡萄，这对培育新品种来说远远不够。

多年生作物往往基因组杂合度很高，育种水平还停留在 2.0 时代，“分子标记都没有用上”。周永锋说，水稻、玉米、大豆这些作物的育种已经进入了 4.0 时代。在从事博士后研究的 5 年里，周永锋有了惊人发现。

新疆吐鲁番葡萄沟里种植的葡萄“无核白”已经无性繁殖了 2000 多年。人们不断扦插、嫁接，但从来没有进行过杂交。“我们今天种植的葡萄品种还是 2000 多年前的葡萄。”周永锋说。

周永锋发现，葡萄两套单倍型基因组的差异巨大。“它们的差异高达 15%，而人类和大猩猩基因组的差异只有 1%。”2019 年，这一结论在《自然－植物》发表后，掀起了轩然大波。

“当时我们学校很多搞人类基因组研究的科学家都感到难以置信，跑到我们实验室询问这项研究。”周永锋说，如果仅从基因组上看，简直就像两个跨属的物种发生了杂交，然而这种情况在自然界中是不可能发生的。

由于葡萄长期无性繁殖，保留了大量体细胞变异，这种变异并不会通过杂交重组而被“剔除”，从而造就了两套基因组之间“逆天”的差异。

这项研究让从事杂交马铃薯基因组设计育种研究的中国科学院院士、基因组所研究员黄三文注意到了周永锋。

“黄老师问我为什么选择做葡萄研究，而不是水稻、玉米、小麦那些一年生的大作物。”周永锋回答，因为水稻、拟南芥等模式作物的遗传模式完全不适合无性繁殖的作物。如果要改造后者，就必须搞清楚它们的遗传模式，开发新的育种手段。

就这样，2021 年，周永锋成为基因组所唯一研究葡萄的课题组长（PI）。

一跃进入 4.0 育种时代

要想在葡萄上实现 10 多年前周永锋设想的全基因组选择育种，首先要找出最有代表性的核心种质资源。

葡萄有 1 万多个品种。“我们从中选择了 400 多份核心种质，既能代表葡萄的多样性，又能代表典型特色，如制干、酿酒、鲜食等。”在国家葡萄产业技术体系的支持下，周永锋课题组顺利完成了两年的葡萄表型调查工作。

随后，他们对表型数据和基因组数据进行深入挖掘，确定了大量控制葡萄重要生产性状如果实大小、含糖量、酸含量、香气等的基因。

“葡萄很多重要性状是数量性状，由多基因控制，往往没有主效基因。”周永锋说，控制单宁这一葡萄酒中最重要的风味物质的基因就是如此。

“全基因组选择育种体系有很多优势。”周永锋说，首先是人工智能在葡萄性状预测方面表现出极高的精准度。团队训练的人工智能模型，已经能够对单宁这种数量性状进行预测，准确率高达 85%。

这一方法大大节省了时间。传统育种 6 年才能获得两代葡萄，而全基因组选择育种依靠基因编辑技术改变作物开花时间，可以实现 6 年 6 代葡萄。在葡萄幼苗时期，先通过基因测序得到它的基因型，再利用人工智能模型预测性状。

该方法显著减少了人力和物力投入。如果杂交后获得 300 颗种子，全部种下去起码需要十几亩地，还需专人栽培养护。而全基因组选择育种仅需将小苗种在培养盆中，待其发芽即可。

这使育种效率得到极大提高。传统育种一次约可选择两三百个表型特征，而全基因组选择育种技术一次可选择上万甚至十几万种表型特征。

这样的方法让葡萄迅速迈入育种 4.0 时代，且可以用在其他多年生或无性繁殖作物上。论文评审人说，无论是对基因组学研究还是对葡萄育种来说，这一工作都极具吸引力和意义。

如何“打”赢进口酒

2021 年，贺兰山的葡萄景象让周永锋大为震惊。

那是他第一次亲眼看到，入冬之际，果农把巨大的葡萄藤埋入 3 米厚的土层下抵御寒冷；来年春天，他们再将其从厚土层下挖出、扶起。

酿酒葡萄一般生长在南北纬 30° 至 50° 之间的温带地区，这里的葡萄酒庄往往都种植着几十年、上百年的粗壮的老葡萄藤。而在我国北方，很难看到老葡萄藤，因为过大、过粗的藤条埋土越冬更为费力。

“我们的葡萄酒为什么‘打’不过进口酒？”周永锋说，现代国产葡萄酒成本居高不下的主要原因是，一半以上的成本来自每年埋土越冬。到岸原瓶进口葡萄酒大约 50 元，而本土产葡萄酒成本却达不到一瓶 50 元以下。

周永锋坚信能够在耐受零下 40 摄氏度的东北山葡萄中发现抗寒基因，改良我国葡萄品种，使其更具抗寒、抗冻性，无需采用冬季埋土保护的栽培方式。这将是大幅降低我国葡萄酒生产成本的一个重要解决方案。

此外，我国丰富的野生葡萄资源中富含多种酚类物质，这也是葡萄酒的风味物质。他们将从上万份野生资源中挖掘改良葡萄风味的基因。

“我今年刚好 40 岁，还能干 20 多年才退休，可以做 20 多代葡萄。我希望在退休前为解决葡萄酒的产业问题作出一些贡献。”周永锋说。

相关论文信息：

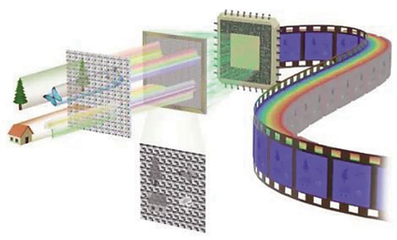
https://doi.org/10.1038/s41588-024-01967-5

全球首款百通道百万像素高光谱实时成像器件问世

本报讯（记者温才妃 通讯员吴楠）中国工程院院士、北京理工大学教授张军团队首创片上光谱复用感知架构，自主研制了全球首款百通道百万像素高光谱实时成像器件，光能利用率创造世界纪录。11 月 7 日，相关研究成果发表于《自然》。

团队提出了片上光谱复用感知理论与技术，改变了传统几何分光、窄带测量、物理输出模式，实现了片上宽带异化调控的高光谱成像。团队自主研制出高光谱智能成像器件，将光能利用率由典型的不足 25%跨越提升至 74.8%。该器件仅重数十克，工作波段覆盖了可见光和近红外超宽波段，具有国际领先的空－时－谱分辨率，拥有完全自主知识产权。

面向未来新质新域应用的智能化、轻量化探测需求，团队创新提出了片上光谱宽带感知架构。该架构不同于传统分立几何分光方法，通过集成异化调控实现从复杂系统到集成器件的革新；不同于传统窄带测量机理，通过宽带耦合测量实现光通量的跨越提升；不同于传统物理测量输出模式，通过智能计算实现高分辨率高光谱成像。基于此架构，团队攻克了阵列化宽带光谱调控、高光谱智能成像器件制备、大规模高分辨光谱重建等一系列关键技术，自主研制出国内首款百通道百万像素高光谱实时成像器件。



片上光谱复用感知架构工作原理示意图。
研究团队供图

论文通讯作者兼第一作者、北京理工大学教授边丽蘅表示，该器件在遥感探测、生命健康、智慧农业、工业自动化等领域有广阔的应用前景。在遥感探测领域，团队使用该器件拍摄了月球表面的高清光谱视频，在弱光环境下实现观测目标的动态远程监测；在生命健康领域，该器件实现了动态血氧检测和水质污染分析；在智慧农业领域，该器件实现了叶绿素、糖度和水果淤伤的高精度检测；在工业自动化方面，该器件实现了纺织物的高精度自动分拣。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1038/s41586-024-08109-1

中国科学院启动科技成果转化“融合点”行动

本报讯（记者赵广立）11 月 6 日，中国科学院科技成果转化“融合点”行动首场活动在北京中关村国际创新中心举办。该活动以“焊牢科技与产业融合点，培育发展新质生产力”为主题，旨在通过供需精准对接，加速科技成果转化应用。

中国科学院党组成员、秘书长翟立新出席活动并致辞。他指出，组织开展“融合点”行动，是中国科学院深入落实党的二十届三中全会精神和习近平总书记在全国科技大会上提出的扎实推动科技创新和产业创新深度融合的具体举措。中国科学院启动实施科技成果转化“融合点”行动，目标是将抢占科技制高点创造的高质量科技成果应用到实践中，推动科技创新与产业创新深度融合。

翟立新介绍，“融合点”行动具有“一核四多”的特点。“一核”是以“焊”牢科技与产业的融合点，促进科技成果高效率转移转化为核心任务。“四多”一是多方式对接，通过成果路演、专利推介、供需洽谈、项目合作等与产业需求精准对接；二是多主体参与，科研院所、各类企业、中介机构、行业主管部门等共同参与；三是多领域覆盖，推介成果涵盖传统产业转型升级、战略新兴产业布局、未来产业培育等多个领域方向；四是多层次开展，围绕地方、区域、领域等科技需求，多层次多梯度开展活动。

北京市政府副秘书长许心超在致辞中指出，北京市将大力加强“四个中心”功能建设，提高“四个服务”水平，坚持“五子”联动融入新发展格局，以“央地合作”“院市合作”为重要着力点，深入推进怀柔综合性国家科学中心建设，共同推进科研攻关和成果转化，共同开展先行先试改革试点。

国家知识产权局知识产权运用促进司司长王培章在致辞中表示，国家知识产权局将深入推进专利转化运用专项行动，会同各部门、各地方，从提升专利质量和加强政策激励两方面发力，着力推动专利转化和产业化。希望以此次活动为契机，打造专利转化运用示范样板，推动重点产业知识产权强链增效。

本次活动是“融合点”行动的首场活动。活动中，中国科学院集中发布了院所近 2000 项拟转化科技成果和 1.2 万余件拟转化专利。另有 12 家中国科学院院属科研单位围绕北京市重点产业进行了重大科技成果推介。活动还举行了中国科学院研发的冷冻双束电镜光电关联成像系统首发仪式。

据悉，今后中国科学院将继续加强与国家相关部门和地方政府的深入合作，完善协调联动、优势互补的工作格局，在各地开展系列活动。

首场活动由中国科学院发展规划局和北京市科学技术委员会、中关村科技园区管理委员会共同主办。来自国务院国有资产监督管理委员会、工业和信息化部、国家知识产权局和北京市等有关部门以及科研单位、各类企业、专业化服务机构等的300 余人参加活动。

我国南海部分海域是“重要海洋哺乳动物区域”

本报讯（记者陈欢欢）近日，中国科学院深海科学与工程研究所海洋哺乳动物与海洋生物声学研究室分析了 2019 至 2023 年开展的 6 次南海深潜 / 远海鲸类科考航次数据，较完整地提供了我国南海深潜 / 远海鲸类物种分布、物种组成、相对丰度、社会行为和栖息地特征等关键信息，初步揭示了南海鲸类动物的生物地理格局特征。研究结果表明，西沙－中沙群岛周边海域是“重要海洋哺乳动物区域”（IMMA）。相关论文发表于《生物保护》。

通过整合式综合系统调查，研究团队在南海北部海域发现了大量鲸类动物，同时发现西沙－中沙群岛及其毗邻的琼东南大陆坡海域、西沙海槽一带海域高度符合成为 IMMA 的标准，面积约 16 万平方公里。以下特征符合 IMMA 关于海洋哺乳动物濒危程度、关键生活史活动和多样性的标准：IUCN 红色名录评级为“易危”的抹香鲸栖息于这些海域；包括抹香鲸在内的至少 10 余种鲸类物种在此有繁殖育幼行为；该区域实地调查至少记录到 17 个物种，远高于绝大部分现有 IMMA≥5 种海洋哺乳动物物种的多样性水平。

南海鲸类科考航次记录的多种深潜 / 远海鲸类物种。
研究团队供图

据悉，在海洋哺乳动物种类数目方面，我国南海北部海域可以与许多现有的知名 IMMA 媲美，如印度尼西亚的伯劳和东库泰区 IMMA（25 种）、新西兰的希库朗伊海沟 IMMA（22 种）、南库克群岛 IMMA（15 种）和大彭巴海峡 IMMA（13 种）。

研究人员指出，尽管西沙－中沙海域具有重要的“海洋哺乳动物保护－研究－管理”价值，但目前缺乏与之相匹配的海洋保护空间区划。他们建议以旗舰动物鲸类为主要保护对象，对其关键栖息地如西沙－中沙 IMMA 进行保护，系统全面地保护好南海海洋生态系统和海洋生物多样性。

相关论文信息：

https://doi.org/10.1016/j.biocon.2024.110808

11 月 6 日，记者从中国石化新闻办获悉，由中国石化部署实施的国内首口超 5000 米深层地热科学探井——福深热 1 井正式完工，进入开发利用新阶段。

福深热 1 井位于海南省海口市，是国家重点研发计划项目“深层地热资源探测评价关键技术研究”的配套工程，旨在揭示区域深层地热形成与富集机理，探测深层高温地热资源潜力，验证探测评价关键技术。今年 4 月，该井顺利完钻，井深达 5200 米，刷新了我国乃至亚洲地热科学探井的最深纪录。

图为福深热 1 井。

本报记者计红梅报道
中国石化供图

新出版模式可能让 *eLife* 失去影响因子

寰球眼

本报讯 近日，国际知名期刊 *eLife* 被科睿唯安旗下引文索引数据库 Web of Science 标注为“暂停状态”。据《科学》报道，原因是该期刊去年采用的新出版模式与 Web of Science 的质量标准相冲突，包括公开同行评审、不设传统的“接受”或“拒绝”标准等。此举可能危及 *eLife* 的影响因子（IF）。

eLife 管理层对科睿唯安的决定感到失望。他们在一份线上声明中写道：“它扼杀了使用开放科学原则改进出版和同行评审的尝试。”

科睿唯安在一份声明中表示，它将应用其质量标准对 *eLife* 以新模式发表的论文进行审查，且对这些论文表示担忧，因为 *eLife* 的发表标准“与同行评审的验证脱钩”。科睿唯安的调查结果可能导致 *eLife* 从其主期刊列表中删除。在这种情况下，*eLife* 将不再获得每年更新的 IF。

出版业资深人士一直在等待 Web of Science 的决定。美国冷泉港实验室出版社主任助理、bioRxiv 预印本平台联合创始人 Richard Sever 表示，暂停是“不可避免的”，因为科睿唯安和 *eLife* 采用的质量标准“明显冲突”。

2023 年 1 月，专注于生命科学的非营利性、仅在线发布的期刊 *eLife* 建立了一种新出版模式。在新模式下，该期刊保留了严格程序，以确定论文是否达到同行评审标准。发表论文的作者需缴纳 2500 美元。当收到评论时，期刊会将评论与原稿一起发布，无论评论是正面的还是负面的，评论和论文都可免费阅读。如果作者对评论作出回应而修改论文，*eLife* 会发布新版本。除了 Web of Science 外，论文的最终版本还会被其他学术数据库收录，如 PubMed 和 Google Scholar。

eLife 的管理人员表示，采用这种模式的一个目的是希望缓解一些困扰科学出版的问题，比如长时间拖延和缺乏透明度；另一个目的是挑战 IF 作为质量指标的主导地位。他们认为，IF 不适合也不可靠，并导致人们过度依赖少数高 IF 的期刊。

eLife 执行董事 Damian Pattinson 表示，*eLife* 从去年开始就与科睿唯安就是否在主期刊列表中保留该期刊进行了讨论。他称，科睿唯安对该期刊标注暂停是“越权”，“似乎试图定义学术出版的规则”。（李木子）