



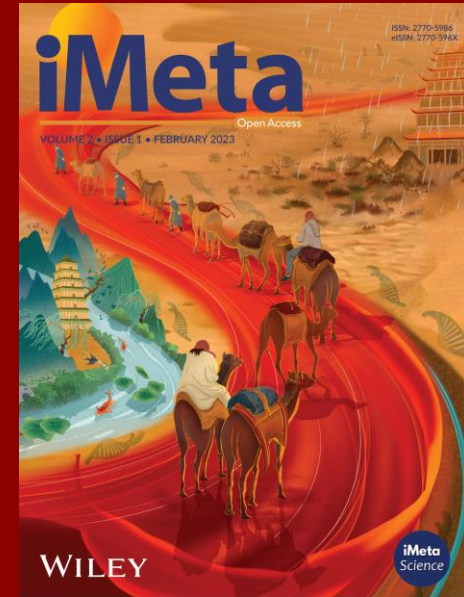
植物体内外环境组学交叉对话增强植物适应性与从头驯化

张林安^{1, 2, 3, 4#}, 董轩^{1#}, 刘凯¹, Nicolas Gonzalez⁵, Jose Manuel Estevez^{5, 6}, 李文学³,
邓兴旺², 于峰^{1, 4*}, 徐云碧^{2, 3, 7*}

¹湖南大学隆平农业学院; ²北京大学现代农业研究院;

³中国农业科学院作物科学研究所; ⁴岳麓山实验室; ⁵阿根廷莱洛伊尔基金会研究所

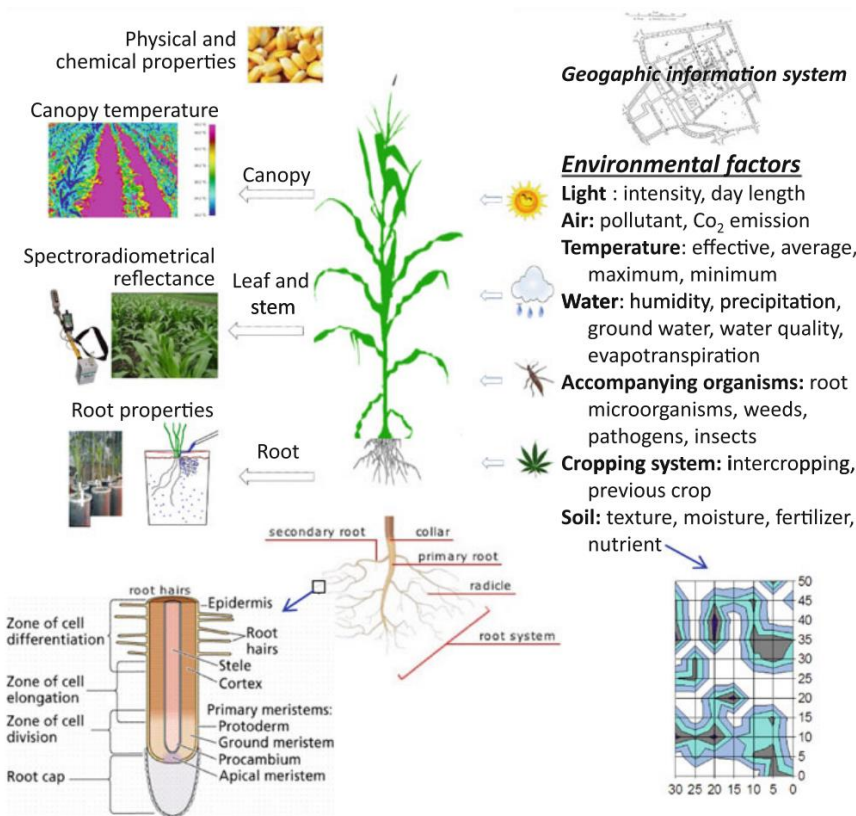
⁶智利安德烈斯贝洛大学; ⁷深圳华大万物科技有限公司



Lin-An Zhang, Xuan Dong, Kai Liu, Nicolas Gonzalez, Jose Manuel Estevez, Wen-Xue Li, Xingwang Deng, et al. 2026. Enviromics crosstalk between internal and external plant environments for enhanced adaptation and *de novo* domestication. *iMeta* 5: e70143. <https://doi.org/10.1002/imt2.70143>

引言

环境的"黑箱"



Xu, Y., 2012. *Molecular Breeding* 29:833–854

基因型-环境互作 (GEI) : 看不见的驱动因素

植物表型源于基因型、环境以及基因型与环境的互作 (GEI)。传统上, 环境被视为静态的"背景噪音", 导致连接环境信号与表型结果的机制在很大程度上未被阐明。

目前的环境相关研究主要集中在外部环境, 很大程度上忽视了**内部与外部环境之间的相互作用**。

限制1: 基因组育种的瓶颈

基因组辅助育种受限于环境表征不足。如不量化环境因素, 基于标记的预测就无法解释完整的田间变异, 从而降低育种效率。

限制2: GEI的"黑箱"模型

经典统计模型将环境视为单一变量而非相互作用的信号线索, 阻碍了对气候变化条件下的机制理解和预测能力。

限制3: 野生种质的利用

具有抗逆性的野生物种的从头驯化, 因对其环境感知和适应机制了解有限而受到阻碍。

我们的核心使命: 通过解构环境的"黑箱"来突破瓶颈。我们旨在开发一个机制性框架来解码GEI, 为实现可持续农业提供精确的、数据驱动的植物改良策略。



多尺度环境连续体

外部环境组学 (E_{外部}) : 宏观视角

该分支利用遥感 (卫星) 监测宏观尺度的环境变量, 包括气候、土壤和生物因素。

GEFormer等人工智能模型利用这些数据集进行作物性能预测, 但它们仅提供"自上而下"的视角, 无法直接洞察植物内部的响应。

内部环境组学 (E_{内部}) : 微观视角

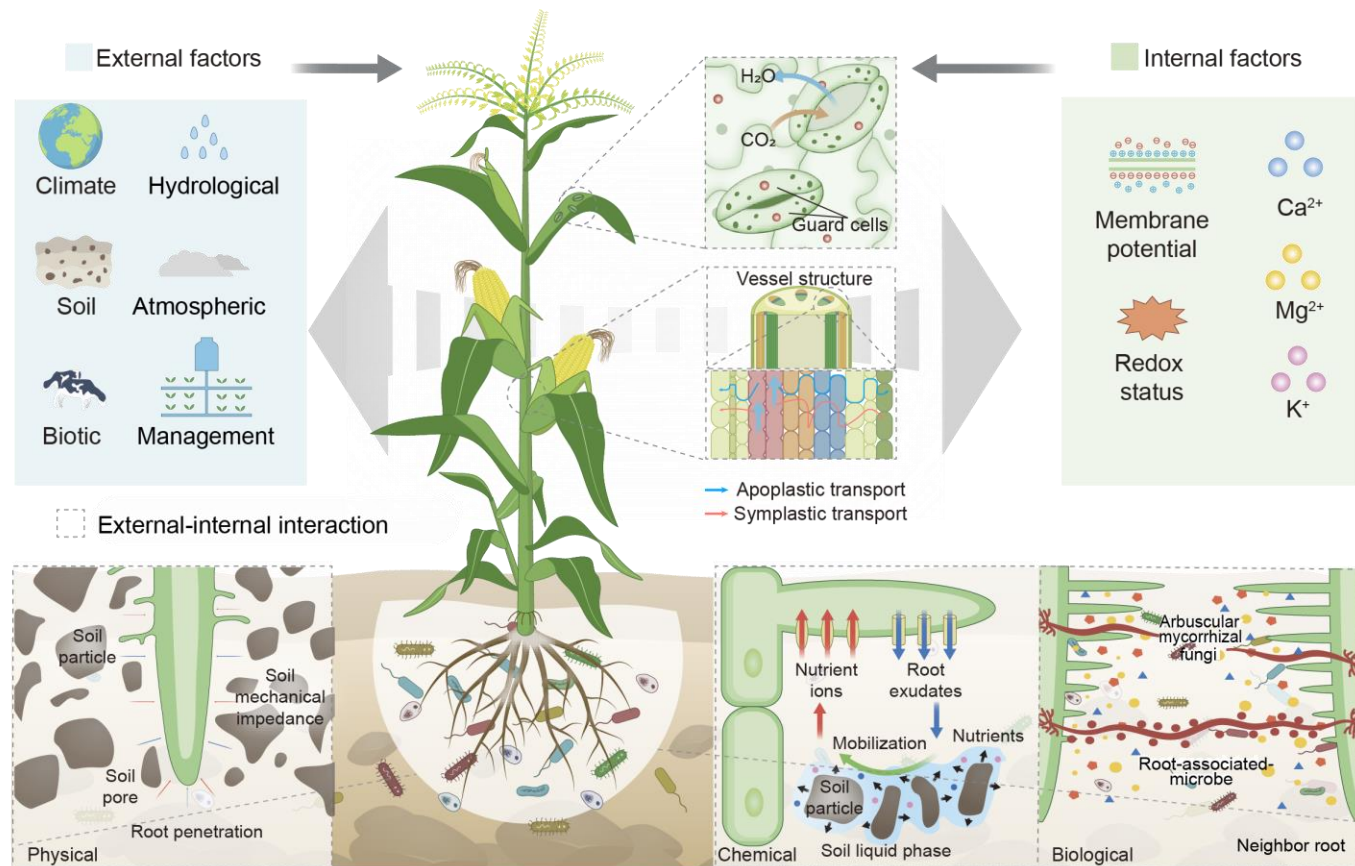
该学科利用电化学微传感器和基因编码的生物传感器来量化细胞水平的代谢通量、pH变化和基因表达。通过捕捉对外部信号的生理响应, 内部环境组学从机制上将环境信号与表型结果联系起来, 以实现精准的作物改良。

经典模型: $P = G + E + G \times E$

优化模型: $E = E_{internal} + E_{external} + E_{internal} \times E_{external}$

什么是环境组学?

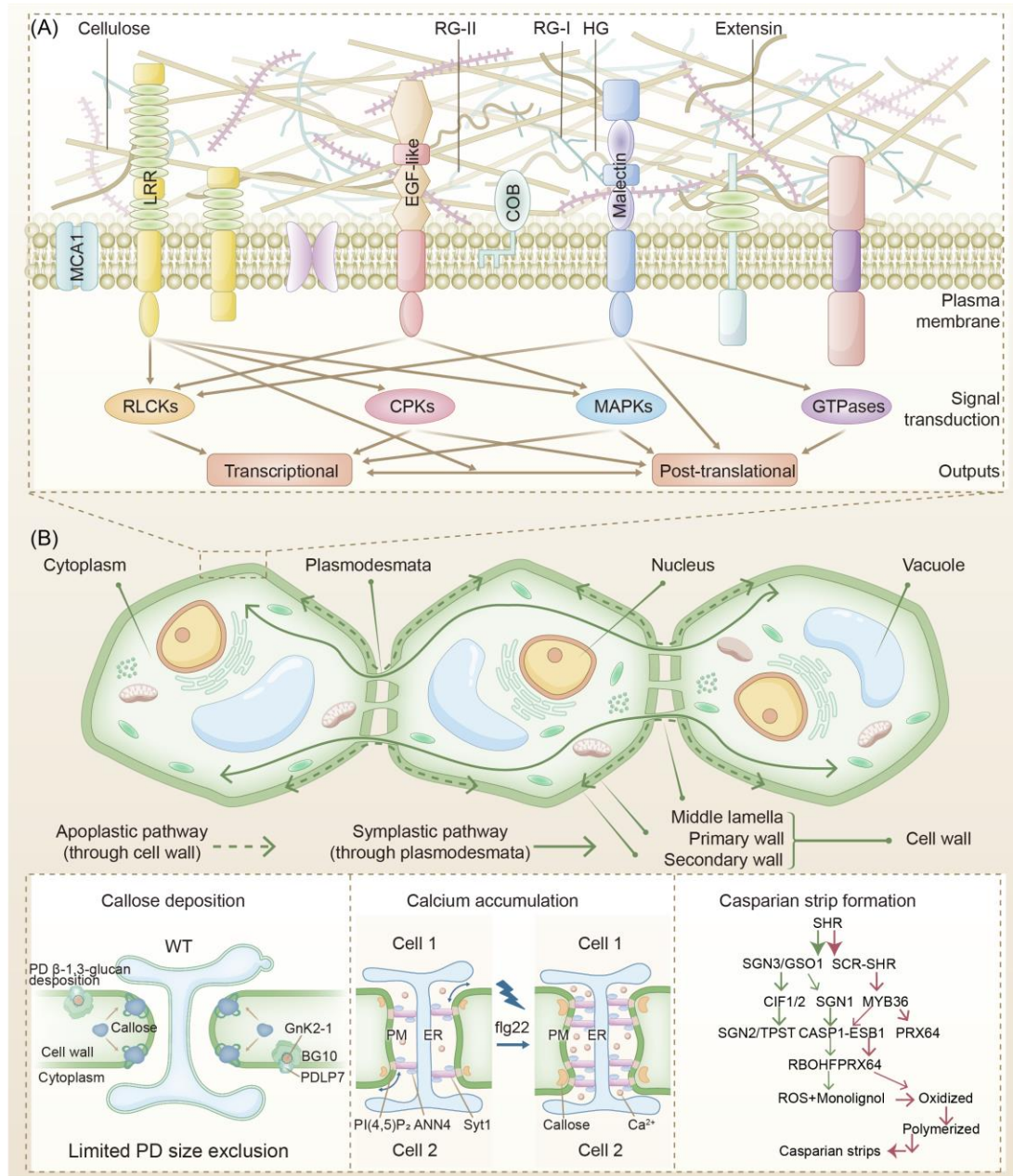
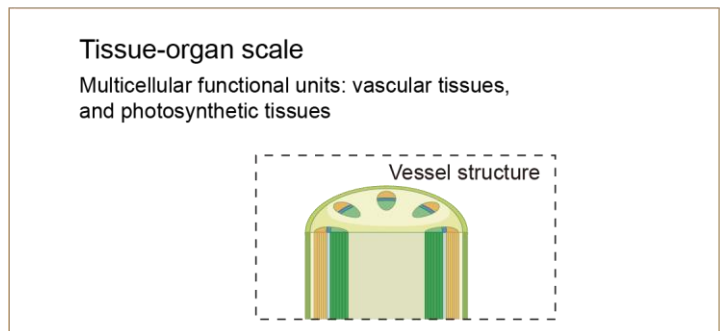
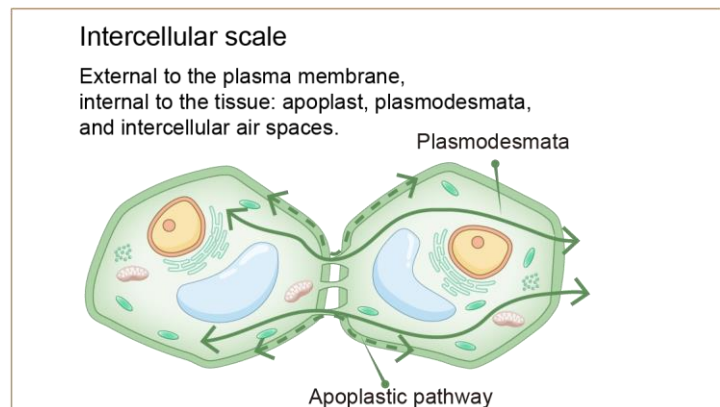
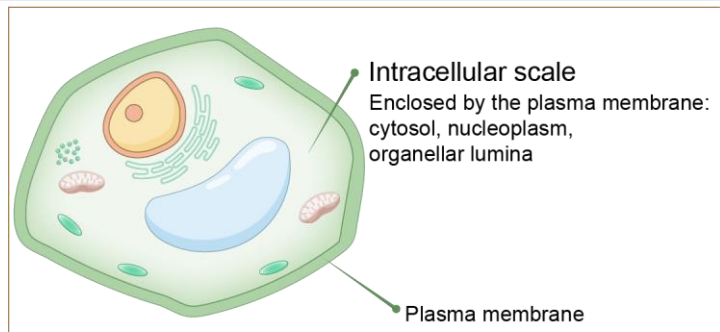
环境组学被定义为研究控制植物生长的多尺度环境因素的学科。它将内部 (E_{内部}) 和外部 (E_{外部}) 环境整合到一个统一框架中, 以理解植物与环境的相互作用。





不同尺度的内部环境组学

植物体内部环境组学：跨越细胞内、细胞间和组织-器官尺度





内部环境型鉴定用于预测性作物改良

为什么内部环境型鉴定具有重要价值？

它代表了作物科学领域的范式转变，从表层观察转向解码植物的内部状态。这种方法为理解植物对环境胁迫的响应提供了更深入、更具操作性的认知，从而实现更智能、更快速的作物改良。

超越单个遗传标记分析

考虑内部参数（如木质部 Na^+ 浓度）的遗传分析捕捉的是多基因网络的综合输出，与单个遗传标记相比，其结果能为多变环境下的植物表现提供更稳健、更具生物学相关性的预测指标。

因果洞察

与传统测量仅记录胁迫症状不同，环境型鉴定将性状解构为可量化的变量，揭示植物响应背后的因果驱动因素。这种机制性理解使得针对特定生理瓶颈（如养分运输）的精准干预成为可能。

技术进步

微探针技术的进步（电化学传感器、NMT、纳米线传感器）实现了实时、无损的田间环境型鉴定，彻底改变了不考虑环境的大规模表型分析。

转变作物改良：从被动应对到主动预见

通过整合系统性生物标志物、机制性洞察和先进测量技术，内部环境型鉴定使育种者能够将复杂的生物学数据转化为可操作的策略，加速气候韧性、高产作物的发展，并架起基础植物科学与农业应用之间的桥梁。



比较价值：考虑内部环境 ($E_{\text{内部}}$) 的分析与传统标记分析

传统标记定位

这种传统的基因-位点方法不考虑环境因素，受限于复杂的遗传互作网络，导致因果关系难以分离。基于这类单基因标记的标记辅助选择在不同环境中往往表现不稳定，因为外部条件和遗传背景噪音会掩盖表型效应。

关键局限： 依赖静态的遗传标记而非动态的生理响应，降低了在现实农业环境中的稳健性。

考虑内部环境参数 ($E_{\text{内部}}$) 的遗传分析

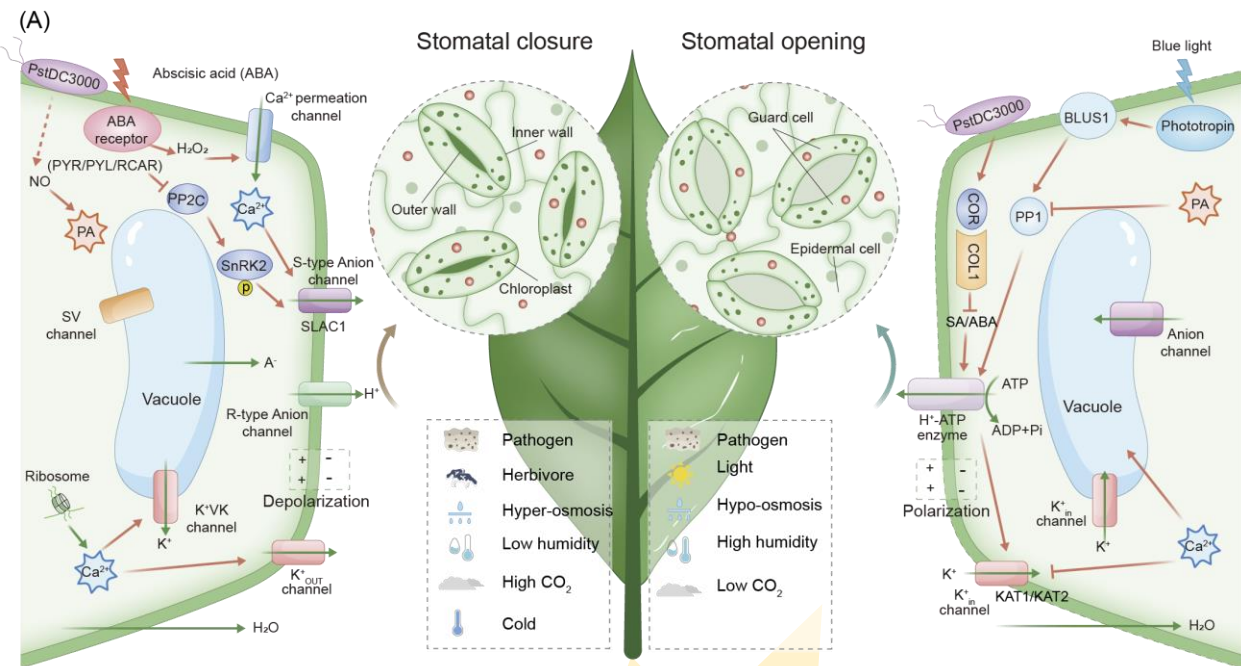
$E_{\text{内部}}$ 捕捉植物的综合生理状态（如耐盐性、养分平衡）作为表现的直接决定因素。与传统遗传标记分析不同，考虑内部环境参数 ($E_{\text{内部}}$) 的遗传分析固有地反映了对环境波动和遗传背景变异的动态响应。

关键优势： 提供植物表型状况的功能性、整体性读数，反映现实环境的适应性，且无需鉴定特定基因。

育种项目的战略结论

将基因组学与植物内部和外部环境型鉴定相结合，用动态功能性指标分析取代静态的遗传标记分析，从而鉴定出在多种环境中表现稳定的气候韧性品种。

相互作用机制：界面区室

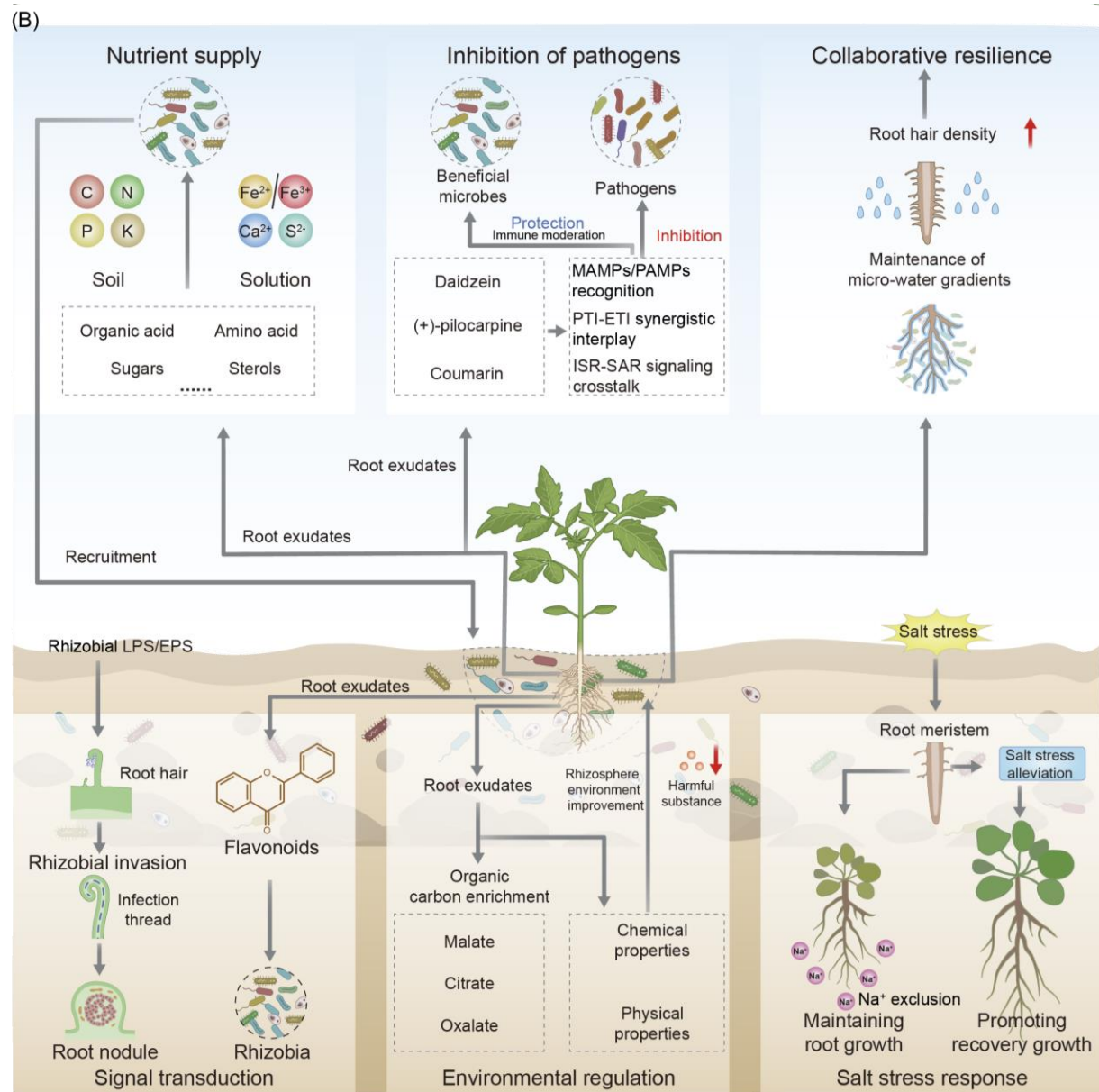


关键界面作用:

气孔: 调节气体 (CO₂/O₂) 和水交换。

根系: 感知土壤梯度并招募有益微生物。

植物气孔运动与根际互作调控网络



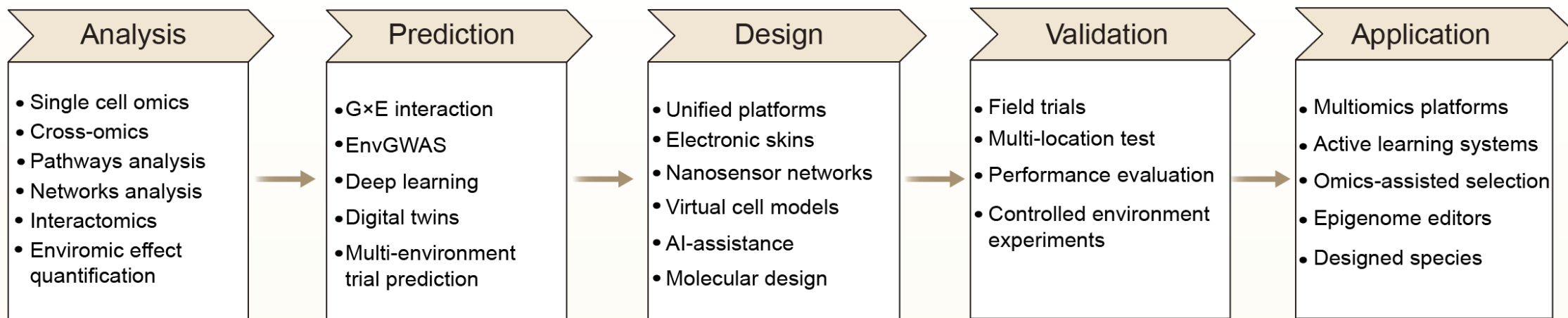


从头驯化的五阶段工作流程

预测性设计的整合范式

环境型鉴定整合多组学与机器学习，以加速从野生种质中驯化气候适应性作物。

Technical flowchart



未来展望：为变化的地球加速进化

这一预测性设计范式将传统驯化转变为数据驱动的工作流程。通过整合环境智能与合成生物学，我们能够定向设计作物的气候韧性，以保障粮食安全。



内部环境作为关键中间层

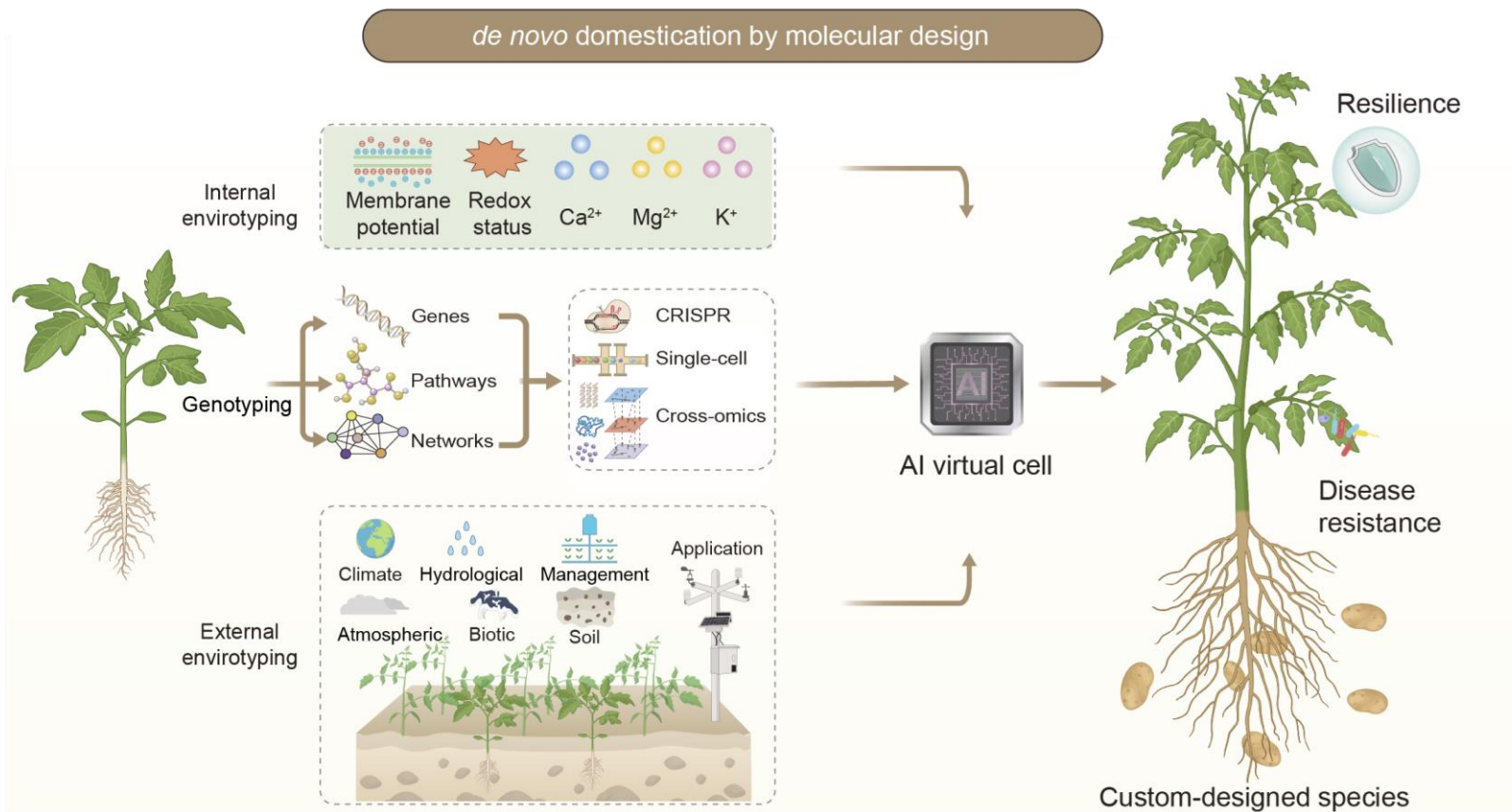
基于内部生理参数的分析优于单个标记分析，更好地连接基因型与表型，提供稳健性预测。

技术驱动范式转变

实时内部环境型鉴定正将植物科学从描述性学科转变为预测性工程，以实现精准的性状优化。

从头驯化工作流程

五步框架通过改造野生物种的环境响应，将其转化为气候适应性作物，从而加速从头驯化。



通过聚焦内部环境、拥抱技术创新、应用结构化驯化，重新定义了作物改良——赋能21世纪高产、气候适应性作物的发展。



挑战与未来方向

技术瓶颈

非侵入式内部传感技术仍处于起步阶段。现有工具缺乏对生物体内细微内部环境波动进行实时、活体监测所需的精度。

数据整合

将海量环境组学和多组学数据集整合为准确的预测模型是一项重大的计算挑战。异质的数据格式和尺度为整体分析制造了显著障碍。

标准化

全球范围内缺乏标准化的环境型鉴定方案，阻碍了跨研究验证和可重复性。建立共享数据框架对于构建统一的知识库至关重要。

1. 统一标准

开发通用的环境型鉴定方案并建立共享的全球数据库。这将实现无缝的跨区域数据共享，加速协作突破。

2. 传感器创新

推进下一代微探针传感器阵列，实现高分辨率、非侵入式监测。微型化和灵敏度的突破是捕捉动态内部信号的关键。

3. 机制阐明

解析跨尺度的信号整合通路。将微环境刺激与表型响应联系起来，将提升复杂生物系统的预测能力。

4. 全球网络

培育国际研究联盟，汇集专业知识和资源。协作网络对于应对全球环境挑战和扩大研究影响力至关重要。



总结

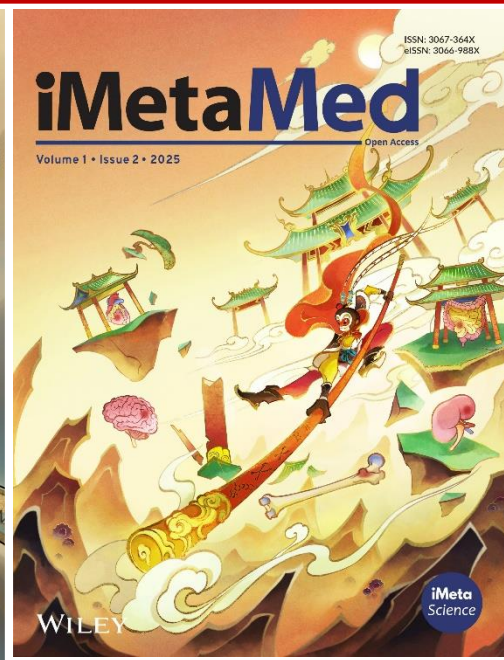
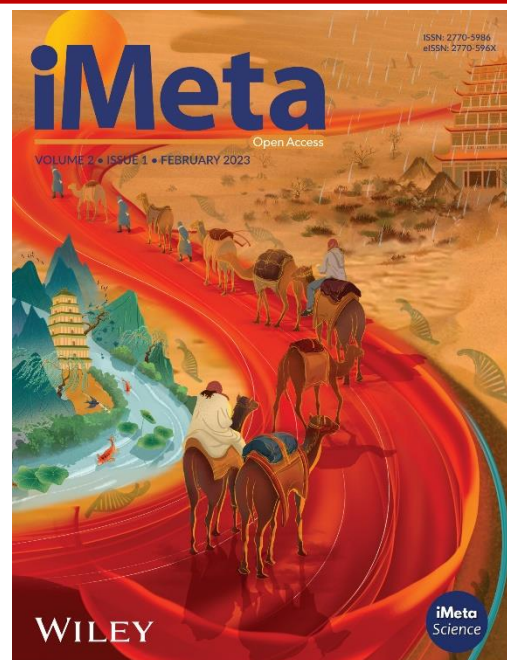
- 我们提出一个多尺度环境连续体框架，将环境“黑箱”解构为可测量的内部（ E_{internal} ）和外部（ E_{external} ）领域。
- 我们强调，内部环境组学是连接基因型与表型的关键桥梁，基于环境组学的分析提供比传统遗传标记分析更稳健的参数。
- 我们提出一个五阶段工作流程，整合环境型鉴定、多组学和精准育种，用于从头驯化的预测性设计。
- 最终，从多组学解析到靶向从头设计的演进，将实现作物适应性的精准工程化，保障全球粮食安全。

本研究将环境组学与合成生物学相结合，将环境复杂性转化为可操作的策略，以加速气候适应性作物的从头驯化。

Lin-An Zhang, Xuan Dong, Kai Liu, Nicolas Gonzalez, Jose Manuel Estevez, Wen-Xue Li, Xingwang Deng, et al. 2026. Enviromics crosstalk between internal and external plant environments for enhanced adaptation and *de novo* domestication. *iMeta* 5: e70143. <https://doi.org/10.1002/imt2.70143>

iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

iMeta WILEY



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，欢迎投稿！


主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>

 office@imeta.science
imetaomics@imeta.science

 宣传片

 [iMeta](#)



更新日期
2026/6/17