

2016年作物科学热点回眸

李韬, 李长成, 孙发宇, 施璇

江苏省作物遗传生理国家重点实验室培育点/粮食作物现代产业技术协同创新中心, 教育部植物功能基因组学重点实验室, 扬州大学小麦研究中心, 扬州 225009

摘要 作物科学是农业科学的核心科学之一, 在保障国家粮食安全和农产品有效供给、提高农业效益、发展现代农业等方面居重要地位。为了解作物领域发展的前沿和热点、展示作物科学研究中取得的杰出成就, 本文简述2016年水稻、玉米、小麦、大豆、棉花、油菜等作物在品种改良、基因克隆、基因组编辑技术等领域取得的部分重要进展, 并分析作物科学今后的发展重点和趋势。

关键词 作物科学; 品种改良; 2016研究热点

作物科学是粮食安全生产的基础, 是农业科学的核心, 是推动和发展农业现代化的关键。作物科学推动作物生产的发展, 从而保证了人类最基本的生活需求, 稳定了国计民生和社会经济的发展。世界上的三大作物是小麦、玉米和水稻, 作为全球最大的粮食生产国和消费国, 中国的特用小麦、油料大豆和高端大米主要还依靠进口。近年来, 全球粮食需求量不断增加, 但由于耕地面积减少、水资源不足、自然灾害频发等多种原因造成的世界性粮食危机日益加剧, 依靠科技进步确保粮食安全已成为世界各国的共识。中国历来高度重视作物科学研究, 不断加大科研投入, 在杂交水稻培育、抗虫棉研发等作物育种、栽培、生物技术领域都取得了突破性进展。本文主要回顾2016年中国科研人员在水稻、玉米、小麦等主要农作物研究中取得的部分重要成果, 简介了国际上获得的标志性成果。

1 水稻

水稻是全球最为重要的主粮作物之一, 全世界1/2以上人口以水稻为主食。为保障粮食安全, 对其产量、抗性、品质的相关研究一直是研究热点。

水稻产量是水稻研究中的重中之重, 2016年稻谷播种面积为 $3.01624 \times 10^7 \text{ hm}^2$, 同比下降0.17%, 产量 $2.06934 \times 10^8 \text{ t}$, 同比下降0.63%^[1], 因此产量研究尤其重要。水稻产量与单位面积穗数、每穗粒数(每穗颖花数)、成粒率、粒重、温度、株型等因素有关。中国科学院夏新界团队研究发现, 位于细胞核的1个一因多效的关键基因*O_sGL*, 在5个籼稻、粳稻品种中过量表达该基因, 能明显增加粒长(增24.8%)、粒重(增16.3%), 同时改良了水稻穗形和株形, 且该基因可正向调控水稻的耐非生物逆境, 如抗旱性、耐盐和耐低温等能力^[2], 该基因的合理利用, 对于提高水稻产量具有一定的意义。中国农业科学院徐建龙与上海生命科学研究院林鸿宣克隆到了1个控制水稻穗粒数性状的数量性状基因(QTL)*GNP1*^[3], 该位点既可显著增加穗粒数, 又可通过控制赤霉素合成相关基因对穗粒数性状和穗部性状发育调控起重要作用。上海生命科学研究院韩斌等^[4]定位并克隆了1个通过增加细胞的大小而使籽粒体积变大从而控制粒长和千粒重的关键数量性状位点QTL-*GLW7*(图1)^[4], 此研究既完善了基于全基因组关联分析

的水稻复杂性状基因鉴定的方法, 也阐明了水稻调控籽粒大小的新的分子机制, 该基因还将为粳稻的高产优质育种提供非常重要的基因资源, 可以用于水稻的分子设计育种^[4]。叶绿体作为高等植物光合作用的主要场所, 其研究有助于阐明植物光合调控机制进而增加产量。上海生命科学研究院滕胜等^[5]发现一个影响水稻低温条件下叶绿体发育的关键基因*TCDS*, 该类单加氧酶家族参与温度敏感的植物白化表型。中国科学院亚热带农业生态研究所夏新界等培育的“巨型稻”是结合了基因组学、分子遗传学、传统育种等方法, 经突变体选育、野生稻远缘杂交、分子标记定向选育而获得的水稻新种质, 是研发创制超高产新型水稻品种的宝贵材料^[6]。

中国水稻研究所郭龙彪和钱前等发现水稻体内NAD合成途径受阻可导致其叶部提前衰老, 而此途径中的关键限速基因的克隆和功能解析将有利于探究一种新的延缓水稻叶片衰老的方法, 从而实现水稻增产^[7]。中国水稻研究所钱前等分离了对水稻糙米和颖壳的发育起关键性调控作用的重要数量性状座位(QTL)基因*qBRR-10*, 该位点可提高稻谷产量并影响水稻糙米率, 这

收稿日期: 2016-12-25; 修回日期: 2017-01-12

作者简介: 李韬, 副教授, 研究方向为小麦遗传育种, 电子信箱: taoli@yzu.edu.cn; 李长成(共同第一作者), 硕士研究生, 研究方向为小麦抗病遗传,

电子信箱: 1628725885@qq.com

引用格式: 李韬, 李长成, 孙发宇, 等. 2016年作物科学热点回眸[J]. 科技导报, 2017, 35(1): 78-85; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2017.01.009

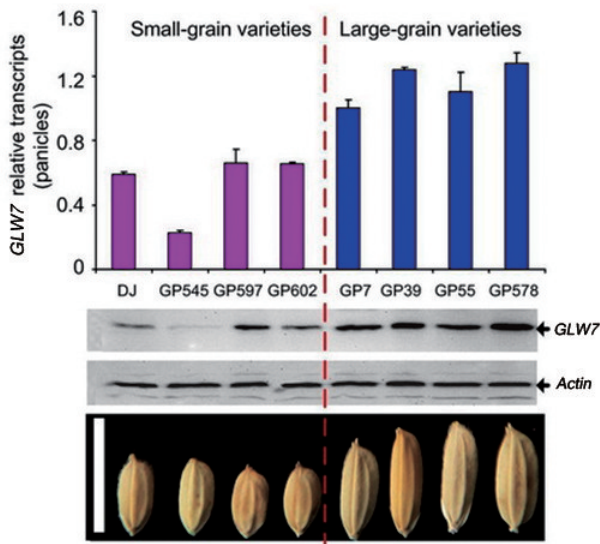


图1 GLW7在小粒品种与大粒品种间转录和翻译水平的差异

将为培育出糙率高和优质水稻新品种提供新线索^[8]。

逆境是造成水稻减产的重要原因,主要有虫害、干旱、病原菌等,增加水稻的抗逆性对于提高水稻产量具有重要意义。稻瘟病俗称水稻“癌症”,会造成水稻严重减产,中国农业科学院王国梁首次鉴定了稻瘟菌效应蛋白 AvrPiz-t 在水稻中的 bZIP 转录因子类型的靶标蛋白 APIP5,这一研究揭示了寄主 R 蛋白通过稳定病原菌效应蛋白在寄主中的靶标蛋白,从而抑制效应蛋白介导的细胞坏死的新机制,建立了水稻-稻瘟菌互作过程的新模型(图2),同时也有望为病害防控策略提供新思路。中

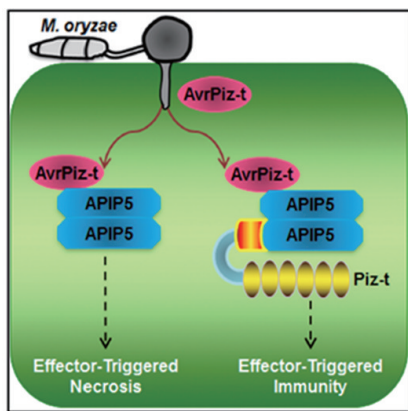


图2 水稻与稻瘟菌互作新模型

基因 *BPH9*,该基因通过水稻中水杨酸和茉莉酸信号途径实现对褐飞虱的抗性^[11],这一发现对于寄主-虫害相互作用共同进化和抗性品种的选育有重要意义。中国科学院李来庚研究组发现了水稻中生长信号与逆境响应有关的 *Remorin* 基因(*OsREM4.1*),还揭示了植物如何协调其生长与抵御环境胁迫的新机制(图4)^[12],对培育“高产高抗”水稻品种具有一定的应用价值^[12]。

近年来 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术因简便高效在植物中广泛使用,这为水稻种质资源创制及基因功能研究等工作提供了极大便利。随着研究的深入,该项技术也在应用中不断发展和

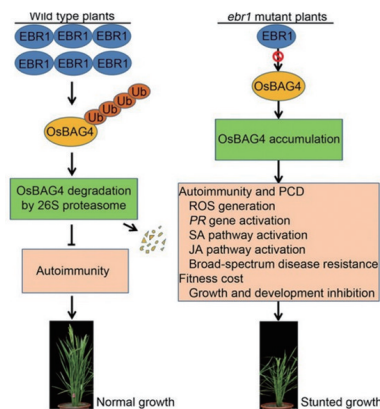


图3 EBR1-BAG4对植物免疫途径及生长发育的调控

改善。中国科学院上海生命科学研究所何祖华研究组^[10]成功克隆了广谱抗病调控基因 *EBR1*,实验证明 *EBR1* 的下游互作蛋白 *OsBAG4* 在植物免疫反应中扮演着重要角色。该研究还揭示了水稻 E3-BAG 蛋白模块调控免疫动态平衡与广谱抗病的分子机理(图3)^[10]。抗虫方面,华中农业大学张启发团队利用图位克隆在水稻12号染色体长臂上定位1个抗褐飞虱

随着人们生活水平提高,稻米品质研究日益受重视并取得较大成果。稻米中的大量贮藏蛋白质是稻米中仅次于淀粉的第二大类营养物质。其中谷蛋白是水稻种子中含量最高的贮藏蛋白,占种子总蛋白的60%以上,是稻米蛋白质品质改良的首选目标。中国农业科学院作物科学研究所万建民领衔的科研团队从细胞、遗传和生化层面阐明了 *GPA4* 蛋白在调控水稻贮藏蛋白内质网输出中的关键作用,阐述了谷蛋白

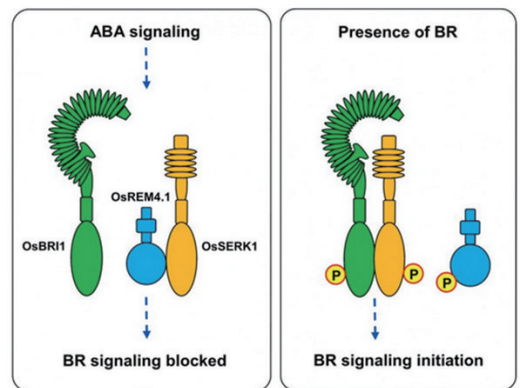


图4 植物激素油菜素内酯(BR)和脱落酸(ABA)调控植物生长与抵御环境胁迫的新机制

合成转运的调控机制^[17],这一研究为育种家改良稻米蛋白品质提供了重要理论依据。水稻品种中抗性淀粉含量对于提高稻米营养与医疗作用有着重要作用,中国科学院李家洋研究组与浙江大学吴殿星研究组通过对水稻高抗性淀粉突变体的研究,分离鉴定了1个新的抗性淀粉基因。该基因突变后显著提高了水稻胚乳中抗性淀粉、直链淀粉、脂类、直链淀粉-脂质复合体含量及糊化温度,降低了淀粉黏性,该研究也进一步揭示了抗性淀粉合成的分子机理^[18]。

杂交水稻育种技术为中国乃至世界的粮食安全做出了重大贡献。2016年是袁隆平“水稻雄性不孕性”研究成果发表50周年,袁隆平领衔的科研团队又在超级杂交稻高产攻关上取得重大进展,创造了世界双季稻最高产量纪录、世界高纬度地区高产纪录、世界水稻百亩片单产最高纪录^[19]。而对于杂种优势产生的遗传机理一直以来并不清楚,中国科学院韩斌研究组、黄学辉研究组联合中国水稻研究所杨仕华团队收集大量的杂交稻品种材料,对多套具有代表性的杂交稻遗传群体进行基因组分析和田间产量性状考察,综合利用基因组学、数量遗传学等技术手段系统地鉴定出了控制水稻杂种优势的主要遗传(数量性状或基因)位点,这些遗传位点在杂合状态时大多表现出不完全显性,而杂交育种产生了全新的基因型组合,从而在杂交一代高效地实现了对水稻花期、株型、产量各要素的理想搭配,进而形成杂种优势。这项研究不仅对推动杂交稻和常规稻精细分子设计育种有重大意义,还为选育出更高产优质水稻种质资源做出极大贡献^[20]。此外,华中农业大学张启发研究团队克隆到了水稻控制光敏感雄性核不育的基因 *pms1*,并对其功能进行了解析(图5)。研究表明 *pms1* 是不完全显性基因,农垦 58S(不育)与可育品种在 *pms1* 区间存在一个碱基突变,而这一突变导致了农垦 58S(不育)在长日照下能产生更多 phasiRNA,从而造成雄性不育,这首次揭示了 phasiRNA 的功能并证明

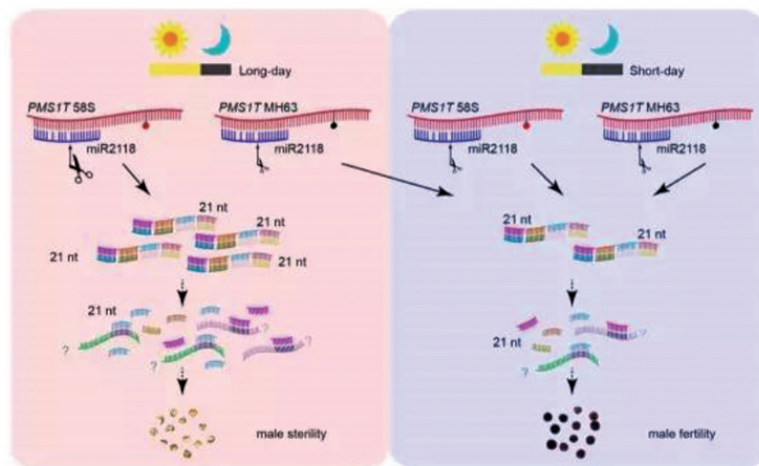


图5 *pms1* 调控光敏感雄性核不育的作用机理

其控制重要的农艺性状^[21]。此外,基于传统的三系法和两系法,深圳市作物分子设计育种研究院的邓兴旺和唐晓艳团队通过筛选水稻突变体库获得1个隐性核基因控制的雄性不育突变体,并利用 *OsNPI* 基因成功构建了1个新型的水稻杂交育种技术体系,此项研究丰富了不育系的遗传多样性^[22]。

2 玉米

玉米又名苞谷、棒子等,按照用途可以分为特用玉米和普通玉米。玉米作为全世界第一大作物,是重要的粮食作物、饲料作物、油料作物及能源作物,鲜食玉米还可以作为水果食用。2016年全国玉米播种面积和总产量均居首位,分别是 $3.67597 \times 10^7 \text{ hm}^2$ 和 $2.19554 \times 10^8 \text{ t}$ ^[23]。2016年中国审定的玉米品种共34个^[24]。

在玉米籽粒发育和产量方面,中国农业科学院作物科学研究所王国英等发现玉米 *UBL1* 基因影响 mRNA 转录后的剪接,在玉米籽粒和幼苗发育中发挥着关键作用。研究表明 *UBL1* 基因具有核酸外切酶的活性,负责细胞内剪接体复合物的重要组分 U6 snRNA 的修饰,功能缺失导致其总量减少及部分 3' 末端修饰异常,从而造成 mRNA 的剪接障碍。转录组测序分析进一步证实了功能缺失突变体中部分基因存在内含子滞留。研究成果对揭示玉米籽粒发育和产量形成的分子基础具有重要

意义^[25]。中国科学院上海生命科学研究院巫永睿等报道了玉米胚乳重要转录因子 O2 和 OHPs 在调控醇溶蛋白基因表达过程中功能差异化的最新研究进展,该项工作不仅完善了醇溶蛋白调控网络,还对基因复制和功能分化做出了深入的例证研究^[26]。他们还通过构建 O2、*PbfRNAi* 和 *OhpRNAi* 不同组合的双突变和三突变,揭示这3个转录因子调控了90%的醇溶蛋白表达。该研究结合 α -zein 和 γ -zein 在胚乳蛋白体形成过程中的时空表达模式,进一步提出了这3个转录因子调控蛋白体形成的分子模型。该研究进一步推进了人们对玉米籽粒醇溶蛋白合成及其他作物种子储存蛋白表达调控分子机理的认识^[27]。在作物育种中,营养品质和产量同等重要,然而这2个关键农艺性状常常相互对立,巫永睿的团队经过研究证明 O2 和 PBF 同时调控玉米蛋白品质和粒重,提出将来培育优质蛋白玉米可用 RNAi 直接沉默醇溶蛋白基因,从而避免用 O2 突变体影响淀粉合成和粒重^[28]。

在玉米抗性方面,中国科学院昆明植物研究所吴建强等深入分析了玉米受到机械损伤及模拟黏虫取食处理前后,转录组、蛋白质组、代谢组以及抗虫相关激素的变化。通过大规模数据分析,该研究首次揭示了玉米在特异识别黏虫取食后,在转录、蛋白以及次生代谢产物层面,如何进行有效的抵御,为

玉米品种改良及新品种培育提供了大量的候选基因、蛋白和代谢物的基础数据^[29]。在玉米抗旱基因克隆和功能研究方面也取得进展,中国科学院植物研究所秦峰研究组利用全球不同地区的玉米自交系组成的自然变异群体,通过全基因组关联分析发现,83个遗传变异位点(解析至42个候选基因)与玉米苗期抗旱性显著相关。其中,最显著的位点是第9号染色体上的 *ZmVPP1* 基因,该基因编码一个定位于液泡膜上的质子泵-焦磷酸水解酶(图6)^[30]。该研究对玉米抗旱性的遗传改良具有重要意义,为玉米抗旱新品种的培育提供了重要的基因资源和选择靶点。

在玉米进化方面,2个独立研究团队对5000年前的玉米进行了古脱氧核糖核酸(DNA)的研究,该研究揭示了随着时间的推移玉米遗传特性发生的变化。Vielle-Calzada^[31]的研究团队发现有8个基因影响了玉米的关键特征,且他们在5000年前的玉米上发现携带 *tb1* (使植物更加容易收获)和 *bt2* (有助于促进淀粉量并提高谷粒甜味)。Wales^[32]的研究团队对古玉米基因组的21%进行测序,证实并补充了 Vielle-Calzada 的研究结果,认为古玉米携带 *tb1* 和 *bt2*。美国斯坦福大学、爱荷华州立大学、加州大学的科学家^[33]发现,在玉米和水稻的驯化过程中,SWEET(一类糖运输蛋白)介导的己糖转运调控了

种子的灌浆过程。研究人员发现 *Zm-SWEET4c* 在玉米和玉米早期的起源蜀黍中存在较大的差异,可能是玉米驯化过程中的一类重要的糖类代谢或转运功能位点。该研究发现了该基因参与调控种子的灌浆过程并提出调控灌浆的正反馈机制模型,还发现了水稻里的唯一的同源基因 *OsSWEET4*,进一步研究表明该基因也是水稻驯化过程中一类重要的糖类代谢或转运功能位点,这一植物SWEET转运蛋白调控种子的灌浆过程可为探索玉米和水稻高产新品种培育提供新思路。

3 小麦

小麦是世界上最重要、分布范围最广泛的粮食作物之一,中国是世界上小麦种植面积最大和总产量最高的国家,也是全球最大的小麦消费国。近年来,气候的急剧变化加重了小麦病害的流行,造成了小麦产量和品质下降,与此同时,优质小麦产量偏低,价格居高不下^[34]。小麦生产面临着严重挑战,迫切要求小麦品种改良与育种工作取得重大突破,以满足实际生产的需要。

山东省滨州市农业科学院耿爱民团队利用“蓝矮败”对小麦进行种质创新,育成具有保健功能的彩色小麦新品种^[35]。他们还利用“蓝矮败”筛选强优势组合和杂交制种技术,明确了强优势组合比例,筛选出9个强优势组合,其

产量较对照增产15%左右,最大增幅达25.2%,这为小麦杂种优势利用开辟了一条全新的途径^[35]。

英国牛津大学化学研究实验室与英国洛桑研究所合作,人工合成出天然糖分——海藻糖-6-磷酸(T6P)的前体,将T6P溶液喷洒开花后的小麦,麦粒大小及其淀粉与蛋白质含量能够提高20%(图7)^[36],麦粒吸收T6P越多,产量越高。这一全新化学运用可提高几乎所有农作物产量,有助于应对人口增长和气候变暖导致的全球性粮食危机。

小麦育种的最大瓶颈是缺乏创新的遗传资源,而小麦与野生近缘种的杂交是拓宽小麦遗传资源的一个有效的方法。英国诺丁汉大学 King 等表示,他们正在研究新的工厂化规模育种方法“shotgun”,能够在短时间内从不同物种中转移不同染色体的片段,极大丰富的遗传变异将成为未来新品种开发的基础^[37]。

小麦籽粒的颜色性状是评价小麦品质及遗传改良的重要内容,中国农业科学院作物科学研究所翟胜男等利用RNA干扰、转录组测序及定向诱导基因组局部突变相结合的实验策略,对小麦籽粒黄色素合成途径进行研究,揭示了八氢番茄红素合酶1基因(*Psy1*)(图8)调控面粉颜色的分子机制,对小麦品种改良具有重要意义^[38]。

小麦赤霉病已成为威胁中国小麦粮食安全的第一大病害,小麦赤霉病抗性是一个数量性状,遗传基础十分复杂。中国的小麦品种“苏麦3号”及其地方品种“望水白”等是优异的赤霉病抗源,其携带的抗性QTL *Fhb1* 在不同环境和不同遗传背景都较为稳定,因此应用最为广泛^[39-43]。Rawat 等^[44]在苏麦3衍生系的3BS染色体上克隆了 *Fhb1* 的一个候选基因——成孔毒素基因(*PFT*),该基因可能编码具有2个凝集素结构域和ETX/MTX2毒素结构域的嵌合凝集素。由于 *Fhb1* 位点极其重要,国内外多个实验室同时开展该QTL的克隆工作,但是由于小麦赤霉病表型鉴定和小麦基因组的“双重”复杂性,不同实验室报道的候选基因并不相同,因

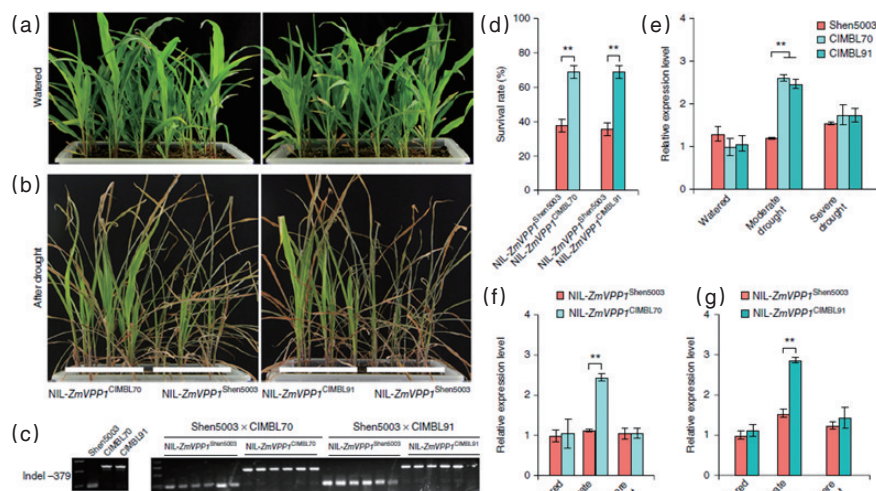


图6 抗性基因 *ZmVPP1* 的等位基因提高了苗期玉米的抗旱性

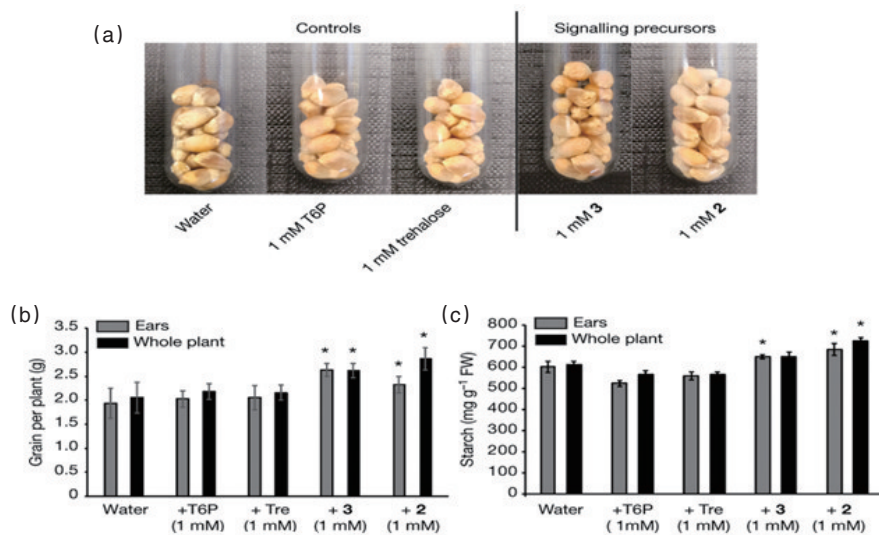


图7 喷施T6P增加了小麦产量

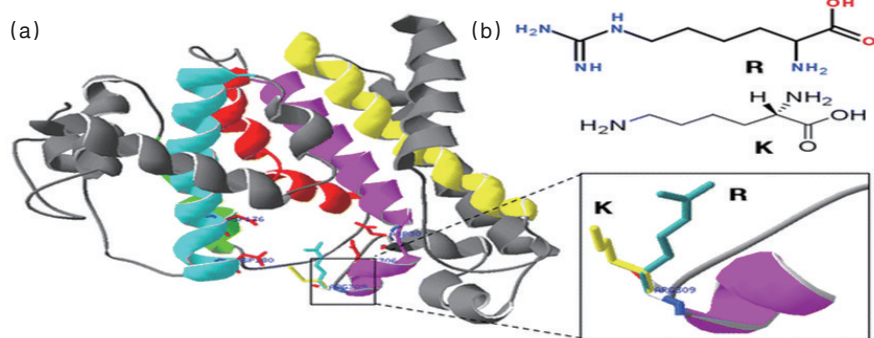


图8 *Psy1*的3D结构模型

此对 *Fhb1* 的候选基因仍存在争议。

可靠的赤霉病表型评价和抗性鉴定方法对于精确定位和克隆赤霉病抗性基因、培育抗病品种、解析抗性机制至关重要。单花滴注法^[45-48]是最常用的方法,但该法受温度和湿度等因素影响较大,往往需要保湿措施。扬州大学小麦研究中心李韬等发明的穗基部茎秆注射法^[49]在小麦抽穗后,将赤霉菌孢子液注射到穗基部节间内部,根据第1病小穗出现的时间以及接种后第22~25天的病小穗率,综合评价小麦的赤霉病扩展抗性,该方法与其他方法相比,接种效率更高但成本更低,提高了发病普遍率,并使品种抗、感表型差异最大化,更有利于普通技术人员判断小麦品种的赤霉病扩展抗性,与单花滴注法相结合,更能准确判断品种的赤霉病

抗性^[50]。

为了开拓赤霉病的新抗源,华中农业大学植物科学技术学院廖玉才团队从鸡的免疫体系分离获得第1个抗真菌病抗体及其基因 *CWP2*,并通过免疫蛋白组等技术,从武昌菌株的细胞壁蛋白中发现抗病抗体 *CWP2* 识别的抗原为禾谷镰刀菌膜蛋白乙二醛氧化酶 (GLX)^[51]。赤霉菌细胞膜上的 GLX 相当于细胞表面受体,能够特异结合、富集抗体 *CWP2* 及其融合蛋白于菌丝表面,其中抗体抑制 GLX 的活性,抗体融合蛋白的抗菌肽直接破坏真菌细胞壁,从而使植物表现抗病。这一发现为广泛应用这个抗体基因和抗原靶点控制赤霉病及其他镰刀菌引起的病害、发展基于抗体的环境安全真菌控制技术提供了依据。

4 其他作物

油菜是重要的油料作物,是中国国产食用植物油的第一大来源。中国农业科学院油料作物研究所王汉中团队经过10余年研究,发明了一种利用含油量主效基因位点和分子标记进行高油辅助育种的技术,与传统油菜高油育种方法相比,该技术含油量主效基因位点位置明确、贡献率高、主效基因位点的检测快速且不受环境影响、筛选效果显著、提高了高油性状选育效率、大大加快了高油油菜品种(系)的选育,利用该专利技术创制的高油新材料 YN171 含油量高达64.8%,比原油菜含油量世界最高纪录(61.7%)还高3个百分点,为高油育种提供了独特的种质资源^[52]。

大豆是中国重要的粮食作物和经济作物,高百粒重和高含量是栽培大豆重要的农艺性状和驯化特征。中国科学院张劲松研究组和陈受宜研究组针对驯化过程中发育大豆种子的转录组特征研究发现,在驯化过程中基因表达量及共表达网络发生了显著变化(图9)^[53],且基因表达量与网络衔接显著相关,这对于改善大豆的品质和增加大豆产量具有非常重要的意义^[53]。大豆根瘤菌是一种活的微生物制剂,根瘤内的根瘤菌与豆科植物互利共生,根瘤菌通过生物固氮制造的氨供给豆科植物。中国科学院王二涛研究组发现了植物-根瘤菌和植物-菌根共生中的关键基因 *DELLA*、*DELLA* 与下游的转录因子 *NSP2* 相互作用,进而形成 *DELLA*-*NSP2*-*NSP1* 转录因子复合体调控根瘤共生相关基因的表达,这一发现填补了植物-微生物共生信号转导过程中钙信号解析复合体和转录复合体之间的空白^[54]。

棉花是重要的经济作物,也是纺织工业的主要原料,在中国国民经济中占重要地位。棉花病害中当属黄萎病最为严重,由于引起该病害的病原在土壤40 cm 的土层生活,且变异频繁,传统杀菌剂和化学药剂防治难以奏效,因此培育抗病棉花品种成为科学家的关注点。中国科学院微生物研究所郭惠珊团队利用 RNAi 在早熟陆地棉中培育

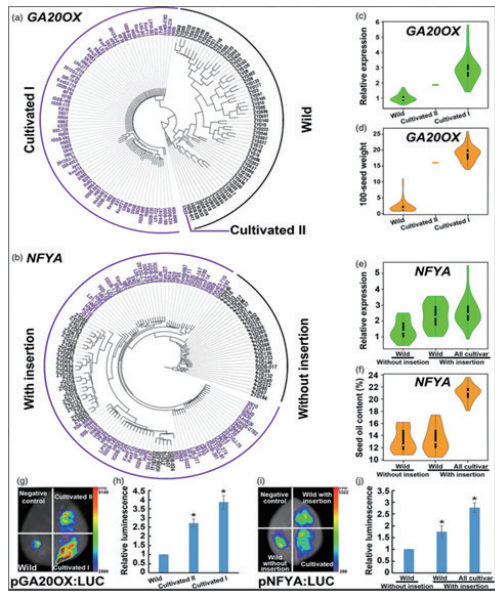


图9 大豆 *GA20OX* 和 *NFYA* 基因启动子聚类分析及单倍型与基因表达和籽粒性状的关系

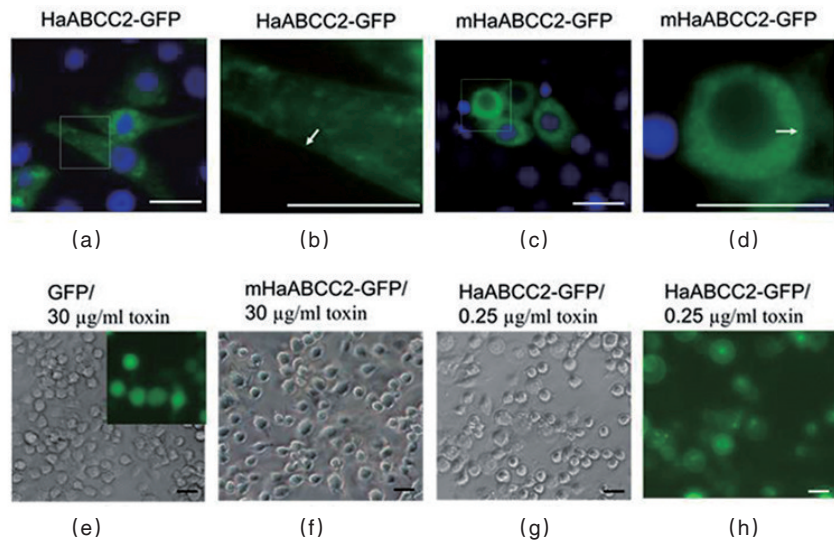


图10 *HaABCC2* 表达使 Hi5 细胞对 Cry1Ac 表现敏感

出了抗黄萎病的新品系并成功证实了植物—真菌跨界小RNA诱导病原靶基因沉默的抗病新途径的存在^[55]。这将为HIGS技术在棉花抗黄萎病的有效应用提供重要的理论支持,也为将来宿主—病原菌互作研究开辟了一个新领域。除黄萎病外,棉铃虫也对棉花生产造成很大危害,虽然转苏云金芽孢杆菌(Bt)的棉花可有效抵抗虫害,但随着棉铃虫抗性提高其抗虫效果明显下降,中国农业科学院发现棉铃虫Bt毒素受体基因*ABCC2*的变异可以导致其对Bt作物产生高水平的抗性,但这种变异显著增加了棉铃虫对另外一种生物毒素阿维菌素敏感性(图10)^[56]。这项科学发现证实了棉铃虫对2种生物毒素存在负交互抗性现象并阐述了其分子机理,为治理棉铃虫等靶标害虫对Bt作物的抗性提供了新思路^[56]。

5 结论

由于人口增长、全球气候变化影响、自然资源约束和退化等因素,粮食安全和食品安全问题一直是农业发展面临的挑战,但作物科学基础理论研究的深入、作物学科相关新技术的出现和日趋成熟、农业政策的持续优化和农业产业结构不断改善,都为未来的农业发展提供了重要的发展机遇。未来以下几个方面仍将是作物科学发展的重点和热点:主要农作物的全基因组高通量测序和高通量检测技术(如高通量分子标记SNP芯片的开发),在提高测序通量和组装质量、降低成本方面仍有较大的提升空间;继续加大基础理论研究,克隆控制农作物重要性状的基因,解析其机制和信号路径;整合和关联基因组学、转录组学、代谢组学、表观组学和表

型组学等手段,揭示生命科学真谛,为精准分子设计育种提供理论和技术支撑;野生资源优异基因的挖掘和利用、多种突变技术(太空育种、转座子以及物理和化学诱变)的应用、精准高效的基因编辑技术和转基因技术、作物表型的高通量、自动化和精准鉴定并结合常规育种技术,创建优异新种质和培育“大”品种,最终服务于“高产、优质、资源高效利用、生态和健康安全、稳产性好和适应性广、兼抗生物胁迫和非生物胁迫能力、适宜机械化”的作物育种总体目标。总之,继续增强作物科学的理论、技术支撑和储备能力,持续优化农业产业结构和政策,可保障粮食安全和食品安全,提高作物综合生产能力和效益,促进农业和农村经济可持续发展。

参考文献 (References)

- [1] 郑红明. 稻谷产量小幅下降 稻米价格震荡走强[EB/OL]. 2016-12-15. <http://futures.123.com.cn/show/486-37176.htm>.
- [2] Wang M, Lu X, Xu G, et al. OsSGL, a novel pleiotropic stress-related gene enhances grain length and yield in rice[J]. Scientific Reports, 2016, doi: 10.1038/srep38157.
- [3] Wu Y, Wang Y, Mi X F, et al. The QTL GNP1 Encodes GA20ox1, which increases grain number and yield by increasing cytokinin activity in rice panicle meristems[J]. PLoS Genetics, 2016, doi: 10.1371/journal.pgen.1006386.eCollection 2016.
- [4] Si L, Chen J, Huang X, et al. OsSPL13 controls grain size in cultivated rice[J]. Nature Genetics, 2016, 48(4): 447-456.
- [5] Wang Y F, Zhang J H, Shi X L, et al. Temperature-sensitive albino gene TCD5, encoding a monooxygenase, affects chloroplast development at low tem-

- peratures[J]. Journal of Experimental Botany, 2016, 67(17): 5187-5202.
- [6] 王曼玲. 亚热带生态所夏新界课题组成功培育高生物量巨型水稻. 2016-12-09. http://www.isa.ac.cn/xwzx/201612/t20161209_4718973.html.
- [7] Wu L, Ren D, Hu S, et al. Mutation of OsNaPRT1 in the NAD salvage pathway leads to withered leaf tips in rice[J]. Plant Physiology, 2016, 171(2): 1085-1098.
- [8] Ren D, Rao Y, Huang L, et al. Fine mapping identifies a new QTL for brown rice rate in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. Rice (NY), 2016, doi: 10.1186/s12284-016-0076-7.
- [9] Wang R Y, Ning Y S, Shi X T, et al. Immunity to rice blast disease by suppression of effector-triggered necrosis[J]. Current Biology, 2016, 26(18): 2399-2411.
- [10] You Q, Zhai K, Yang D, et al. An E3 ubiquitin ligase-BAG protein module controls plant innate immunity and broad-spectrum disease resistance[J]. Cell Host & Microbe, 2016, 20(6): 758-769.
- [11] Zhao Y, Huang J, Wang Z Z, et al. Allelic diversity in an NLR gene BPH9 enables rice to combat planthopper variation[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(45): 12850-12855.
- [12] Gui J, Shuai Z, Chang L, et al. OsREM4.1 Interacts with OsSERK1 to coordinate the interlinking between abscisic acid and brassinosteroid signaling in rice[J]. Developmental Cell, 2016, 38(2): 201-213.
- [13] Hu X, Wang C, Fu Y, et al. Expanding the range of CRISPR/Cas9 genome editing in rice[J]. Molecular Plant, 2016, 9(6): 943-945.
- [14] Hu X, Wang C, Liu Q, et al. Targeted mutagenesis in rice using CRISPR-Cpf1 system[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2016, doi: 10.1016/j.jgg.2016.12.001.
- [15] Lu Y, Zhu JK. Precise editing of a target base in the rice genome using a modified CRISPR/Cas9 system[J]. Molecular Plant, 2016, doi: 10.1016/j.molp.2016.11.013.
- [16] Li J, Meng X, Zong Y, et al. Gene replacements and insertions in rice by intron targeting using CRISPR-Cas9[J]. Nature Plants, 2016, 2(10): 16139.
- [17] Wang Y, Liu F, Ren Y, et al. GOLGI TRANSPORT 1B regulates protein export from the endoplasmic reticulum in rice endosperm cells[J]. Plant Cell, 2016, 28(11): 2850-2865.
- [18] Zhou H J, Wang L J, Liu G F, et al. Critical roles of soluble starch synthase SSIIIa and granule-bound starch synthase Waxy in synthesizing resistant starch in rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(45): 12844-12849.
- [19] 世界双季稻最高产量! 超级杂交稻今年创多项世界纪录[EB/OL]. 2016-11-25. <http://news.sina.com.cn/o/2016-11-25/doc-ifxyasmv1889744.shtml>.
- [20] Huang X H, Yang S H, Gong J Y, et al. Genomic architecture of heterosis for yield traits in rice[J]. Nature, 2016, 537(7622): 629-633.
- [21] Fan Y, Yang J, Mathioni S M, et al. PMSIT, producing phased small-interfering RNAs, regulates photoperiod-sensitive male sterility in rice[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, doi: 10.1073/pnas.1619159114.
- [22] Chang Z, Chen Z, Wang N, et al. Construction of a male sterility system for hybrid rice breeding and seed production using a nuclear male sterility gene [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(49): 14145-14150.
- [23] 国家统计局. 国家统计局关于2016年粮食产量的公告[EB/OL]. 2016-12-08. http://www.stats.gov.cn/tjsj/zxfb/201612/t20161208_1439012.html.
- [24] 中华人民共和国农业部公告第2424号[EB/OL]. 2016-07-18. <http://www.seedchina.com.cn/DefaultInfoDetail.aspx?InfolD=2424&TypeId=87>.
- [25] Li J, Fu J, Chen Y, et al. The U6 biogenesis like 1 plays an important role in maize kernel and seedling development by affecting the 3' end processing of U6 snRNA[J]. Molecular Plant, 2016, doi: 10.1016/j.molp.2016.10.016.
- [26] Yang J, Ji C, Wu Y R. Divergent transactivation of maize storage protein zein genes by the transcription factors Opaque2 and OHPs[J]. Genetics, 2016, 204(2): 581-591.
- [27] Zhang Z Y, Yang J, Wu Y R. Transcriptional regulation of zein gene expression in maize through the additive and synergistic action of opaque2, prolamine-box binding factor, and O2 heterodimerizing proteins[J]. Plant Cell, 2015, 27(4): 1162-1172.
- [28] Zhang Z Y, Zheng X X, Yang J, et al. Maize endosperm-specific transcription factors O2 and PBF network the regulation of protein and starch synthesis [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(39): 10842-10847.
- [29] Qi J F, Sun G L, Wang L, et al. Oral secretions from *Mythimna separata* insects specifically induce defence responses in maize as revealed by high-dimensional biological data[J]. Plant Cell and Environment, 2016, 39(8): 1749-1766.
- [30] Wang X, Wang H, Liu S, et al. Genetic variation in ZmVPP1 contributes to drought tolerance in maize seedlings[J]. Nature Genetics, 2016, 48(10): 1233-1241.
- [31] Vallebuena-Estrada M, Rodríguez-Arévalo I, Rougon-Cardoso A, et al. The earliest maize from San Marcos Tehuacán is a partial domesticate with genomic evidence of inbreeding[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2016, 113(49): 14151-14156.
- [32] Ramosmadrigal J, Smith B D, Morenomayar J V, et al. Genome sequence of a 5,310-Year-Old maize cob provides insights into the early stages of maize domestication[J]. Current Biology, 2016, 26(23): 3195-3201.
- [33] Sosso D, Luo D P, Li Q B, et al. Seed filling in domesticated maize and rice depends on SWEET-mediated hexose transport[J]. Nature Genetics, 2015, 47(12): 1489-1493.
- [34] 质优粮源短缺麦市或迎“多事之冬”[EB/OL]. 2016-12-15. <http://www.xiaomai.cn/html/news/20161215/404057.html>.
- [35] 耿爱民, 武利峰, 刘渤, 等. 小麦群体改良过程中蓝矮败的选择技术与技巧[J]. 中国种业, 2016(6): 14-17.
- [36] Griffiths C A, Sagar R, Geng Y, et al. Chemical intervention in plant sugar signalling increases yield and resilience[J]. Nature, 2016, doi: 10.1038/nature20591.
- [37] “工厂”里培育小麦新品种[EB/OL]. 2016-04-05. <http://www.caas.net.cn/nykjxx/fxyc/269285.shtml>.
- [38] Zhai S N, Li G Y, Sun Y W, et al. Genetic analysis of phytoene synthase 1 (*Psy1*) gene function and regulation in common wheat[J]. BMC Plant Biology, 2016, 16: 1-12.

- 2016, doi: 10.1186/s12870-016-0916-z.
- [39] Guo J, Zhang X L, Hou Y L, et al. High-density mapping of the major FHB resistance gene *Fhb7* derived from *Thinopyrum ponticum* and its pyramiding with *Fhb1* by marker-assisted selection[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(11): 2301-2316.
- [40] Salameh A, Buerstmayr M, Steiner B, et al. Effects of introgression of two QTL for fusarium head blight resistance from Asian spring wheat by marker-assisted backcrossing into European winter wheat on fusarium head blight resistance, yield and quality traits[J]. Molecular Breeding, 2011, 28(4): 485-494.
- [41] Eckard J T, Glover K D, Mergoum M, et al. Multiple Fusarium head blight resistance loci mapped and pyramided onto elite spring wheat *Fhb1* backgrounds using an IBD-based linkage approach[J]. Euphytica, 2015, 204(1): 63-79.
- [42] Mergoum M, Froberg R C, Stack R W, et al. Registration of "Faller" spring wheat[J]. Journal of Plant Registrations, 2008, 2(3): 224-229.
- [43] Anderson J A, Wiersma J J, Linkert G L, et al. Registration of "Rollag" spring wheat[J]. Journal of Plant Registrations, 2015, 9(2): 201-207.
- [44] Rawat N, Pumphrey M O, Liu S X, et al. Wheat *Fhb1* encodes a chimeric lectin with agglutinin domains and a pore-forming toxin-like domain conferring resistance to Fusarium head blight[J]. Nature Genetics, 2016, 48(12): 1576-1580.
- [45] Bai G H, Kolb F L, Shaner G, et al. Amplified fragment length polymorphism markers linked to a major quantitative trait locus controlling scab resistance in wheat[J]. Phytopathology, 1999, 89(4): 343-348.
- [46] Li T, Zhang D D, Zhou X L, et al. Fusarium head blight resistance loci in a stratified population of wheat landraces and varieties[J]. Euphytica, 2016, 207(3): 551-561.
- [47] Li T, Bai G H, Wu S Y, et al. Quantitative trait loci for resistance to Fusarium head blight in the Chinese wheat landrace Huangfangzhu[J]. Euphytica, 2012, 185(1): 93-102.
- [48] Lin F, Kong Z X, Zhu H L, et al. Mapping QTL associated with resistance to Fusarium head blight in the Nanda2419×Wangshuibai population. I. Type II resistance[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(7): 1504-1511.
- [49] 李韬, 李磊, 郑飞, 等. 一种鉴定和评价小麦赤霉病扩展抗性的方法: 201410654050.1[P]. 2015-01-28.
- [50] 李韬, 李媛媛, 李磊. 小麦赤霉病: 从表型鉴定到抗性改良[J]. 科技导报, 2016, 34(22): 75-80.
- [51] Guo Q, Han J J, Shan S, et al. DNA-based hybridization chain reaction and biotin-streptavidin signal amplification for sensitive detection of *Escherichia coli* O157:H7 through ELISA[J]. Biosensors & Bioelectronics, 2016, 86: 990-995.
- [52] 胡志勇. 油料所油菜含油量育种技术获中国专利优秀奖[EB/OL]. 2016-12-21. <http://www.caas.net.cn/ysxw/kyjz/277859.shtml>.
- [53] Lu X, Li Q T, Xiong Q, et al. The transcriptomic signature of developing soybean seeds reveals the genetic basis of seed trait adaptation during domestication[J]. Plant Journal, 2016, 86(6): 530-544.
- [54] Jin Y, Liu H, Luo D X, et al. DELLA proteins are common components of symbiotic rhizobial and mycorrhizal signalling pathways[J]. Nature Communications, 2016, doi: 10.1038/ncomms12433.
- [55] Zhang T, Zhao Y L, Zhao J H, et al. Cotton plants export microRNAs to inhibit virulence gene expression in a fungal pathogen[J]. Nature Plants, 2016, 2(10): 16153.
- [56] Xiao Y T, Liu K Y, Zhang D D, et al. Resistance to *Bacillus thuringiensis* mediated by an ABC transporter mutation increases susceptibility to toxins from other bacteria in an invasive insect[J]. PLoS Pathogens, 2016, 12(2): e1005450.

Looking back the hot spots in crop science in 2016

LI Tao, LI Changcheng, SUN Fayu, SHI Xuan

Jiangsu Provincial Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology/Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops; Key Laboratory of Plant Functional Genomics of Ministry of Education; Wheat Research Center, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China

Abstract Crop science is one of the core branches of agricultural sciences, which plays an important role in ensuring national food security and adequate supply of agricultural products, and also in improving efficiency in agricultural production and revolutionizing the current agriculture. In order to understand the frontiers and hot fields in crop science, this paper reviews the progresses in the fields of cultivar improvement, gene cloning, genome editing in rice, corn, wheat, and other crops in 2016, and proposes the future highlights and hotspots in crop science.

Keywords crop science; variety improvement; research front in 2016

(责任编辑 王媛媛)