

2017年中国农业科学热点回眸

王艳杰,常旭虹,王德梅,陶志强,杨玉双,赵广才

中国农业科学院作物科学研究所,农业部作物生理生态重点实验室,北京 100081

摘要 2017年,中国农业科学领域取得进一步发展,在作物分子育种、种质资源、植物保护与病虫害防治、动物遗传育种、畜禽疾病防治、园艺科学、分子生物技术、耕作栽培与农业机械化、农产品加工及储藏、农业环境与可持续发展等领域,涌现了一大批新成果和新技术,科技创新能力显著提高,农业科技成果转化逐步加快。本文对2017年中国在水稻分子设计育种、国家级小麦太谷核不育基因克隆、牛羊等畜禽育种、口蹄疫和禽流感等疾病防治、番茄风味解析、遗传转化和DNA测序技术、机械化种植管理和加工、马铃薯加工技术等领域取得的重要成果做一简要盘点。

关键词 作物分子育种;种质资源;病虫害防治;动物遗传育种;分子生物技术

习近平总书记在党的十九大报告介绍最近5年来中国经济建设取得的重大成就时指出“农业现代化稳步推进”,并强调农业农村农民问题是关系国计民生的根本性问题,必须始终把解决好“三农”问题作为全党工作重中之重,农业农村的现代化核心关键还要靠科技创新和科技进步。2017年中央一号文件也强调“强化科技创新驱动,引领现代农业加快发展”。2017年,中国农业科技的自主创新能力进一步提高,原始创新和基础研究方面涌现了一批重大新品种和新技术,一些设施技术在改变农业生产方式方面发挥了关键作用,农业科技成果转化进一步加快,围绕农业生产中的关键问题进行推广,创新推广转化模式机制效果明显。基于农业科技的创新成果,本文从主要农作物分子育种、种质资源、植物保护与病虫害防治、动物遗传育种、畜禽疾病防治、园艺科学、分子生物技术、耕作栽培与农业机械化、农产品加工及储藏、农业环境与可持

续发展、农业质量标准与检测等领域,回顾2017年中国农业科技领域取得的重要成果。

1 作物分子育种

高产、稳产品种是保障粮食安全、实现农业现代化的重要基础。现代农业的发展正积极推动传统育种向高效、精准、定向的分子设计育种转变。2017年,中国科学家应用“分子模块设计”培育的水稻新品种喜获丰收,构建了目前最高质量的水稻基因组参考序列,并在调控水稻理想株型、蒸煮品质、粒型、穗粒数、抗寒性、次生壁合成、涩白性、叶绿体、抗病性等分子机制方面取得了突破性进展,成功克隆国宝级小麦太谷核不育基因,完成小麦D基因组精细图,大麦、苦荞参考基因组测序,提出作物遗传增益改良理论和方法,为进一步实现精细化分子育种奠定了理论和应用基础。

收稿日期:2017-12-12;修回日期:2018-01-01

作者简介:王艳杰,博士,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:wangyanjie@caas.cn;赵广才(通信作者),研究员,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:zhaoguangcai@caas.cn;常旭虹(通信作者),副研究员,研究方向为小麦优质高产栽培理论与技术,电子信箱:changxuhong@caas.cn

引用格式:王艳杰,常旭虹,王德梅,等. 2017年中国农业科学热点回眸[J]. 科技导报, 2018, 36(1): 126-152; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2018.01.015

1.1 水稻

“分子模块设计”育种是分子育种技术的一种类型,可实现基因的直接选择和有效聚合。利用该技术育成的品种,具有理想株型的超级稻株叶形态及高产、多抗、早熟、矮秆抗倒的优点,实现了水稻超高产和抗性提升的完美结合,提高经济和社会效益。2017年10月31日,中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋团队与浙江省嘉兴市农业科学院李金军团队合作,运用“分子模块设计”技术育成的水稻新品种“嘉优中科1号”在当地不利的气象条件下亩产超过900 kg、每亩增产200 kg以上。在不增加任何成本的前提下,按每公斤稻谷2.8元计,农民每亩可增收560元以上。这意味着中国科学家突破传统育种技术,走出了分子育种的新路,为保障中国粮食安全提供核心战略支撑。“嘉优中科1号”是分子模块设计育种创新体系的成功实践,对引领中国长江中下游地区水稻品种升级换代具有里程碑式的意义^[1]。此外,李家洋领衔的团队,完成“水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”项目,荣获2017年度国家自然科学奖一等奖,中国科学院院士李振声评价该项目将引发一场新的“绿色革命”。

中国科学院遗传与发育生物学研究所梁承志团队与四川农业大学教授李仕贵合作,从2014年开始对一个籼稻基因组蜀恢498(R498)进行PacBio单分子测序,构建出一个目前最高质量的水稻基因组参考序列。其基因组完整性和连续性都大大高于日本晴及拟南芥等基因组,而且错误率更低、更顺畅(图1)。研究人员还

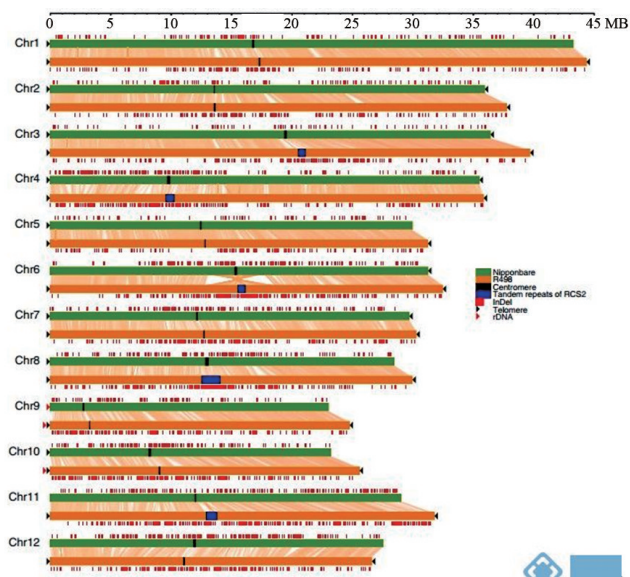


图1 蜀恢498和日本晴全基因的比较

(图片来源:《Nature Communications》, 2017-05-04)

组装出了一个完整的线粒体序列,发现了日本晴线粒体序列中的几个错误以及目前日本晴基因组参考序列中错误地掺入了很多线粒体和叶绿体的序列。蜀恢498基因组的完成,表明得到一个接近完成并在染色体水平上具有连续序列的高质量参考基因组是可行的,对于提高高等动植物基因组的组装质量具有重要的指导意义^[2]。

水稻理想株型的塑造是提高水稻产量和决定抗倒性的主要农艺性状的重要途径。中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋团队与中国科学院植物生理生态研究所何祖华团队合作,成功克隆及解析了水稻理想株型的优异基因IPA1(Ideal Plant Architecture 1),并推测该新位点大约在20世纪60年代起源于中国东南沿海。IPA1的不同等位位点对株型有着精细的剂量调控效应,实现IPA1的适度表达是形成大穗、适当分蘖和粗秆抗倒理想株型的关键(图2)。利用*ipa1*(现定名为*ipa1-1d*)及*ipa1-2d*新位点,与嘉兴农业科学院合作育成了嘉优中科系列品种,增产效果显著,实现了超级稻新品种的分子设计育种^[3]。

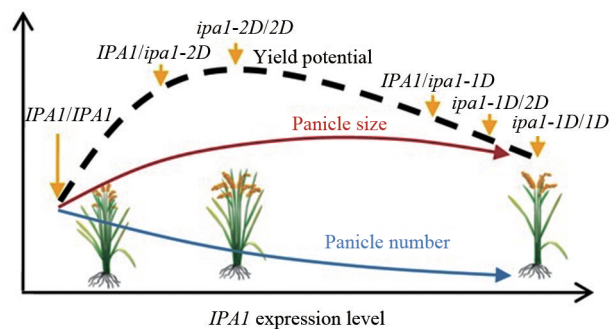
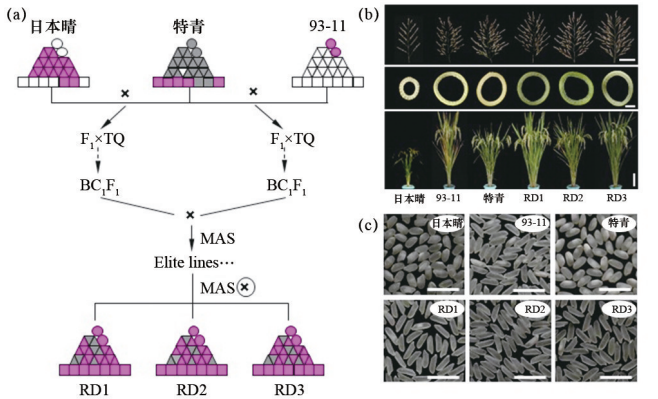


图2 不同自然等位组合创造不同的IPA1基因表达水平

(图片来源:《Nature Communications》, 2017-03-20)

水稻蒸煮品质主要受淀粉合成相关基因组成的遗传网络的调控。中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋团队与中国水稻研究所、深圳农业基因组研究所钱前团队联合,经过精心设计,以超高产但综合品质差的品种“特青”作为受体,以蒸煮和外观品质具有良好特性的品种“日本晴”和“93-11”为供体,对涉及水稻产量、稻米外观品质、蒸煮食味品质和生态适应性的28个目标基因进行优化组合,经过8年多的努力,利用杂交、回交与分子标记定向选择等技术,成功将优质目标基因的优异等位聚合到受体材料,并充分保留了“特青”的高产特性。这些优异的“品种设计”材料,在高产

的基础上,稻米外观品质、蒸煮食味品质、口感和风味等方面均有显著改良,以其配组的杂交稻稻米品质也显著提高(图3)。这项研究结果将极大推动作物传统育种向高效、精准、定向的分子设计育种转变^[4]。



(a) 高产优质水稻品种的流程设计;(b) 设计培育品系与亲本产量相关特性比较;(c) 设计培育品系与亲本品质相关特性比较,RD1、RD2和RD3分别为3个设计型新品系

图3 高产优质水稻品种设计及品种培育
(图片来源:《Nature Plants》,2017-03-20)

水稻粒型是决定籽粒重量进而影响水稻产量和品质的重要性状。中国农业科学院作物科学研究所万建民带领的水稻功能基因组学团队,揭示了控制水稻粒宽与粒重关键基因GW5通过调节油菜素内酯(brassinsteroids, BR)信号途径调控水稻籽粒发育的新机制,初步阐述了其功能作用模式与遗传调控网络,为水稻及其它禾谷类作物的增产提供了新的思路(图4)^[5]。

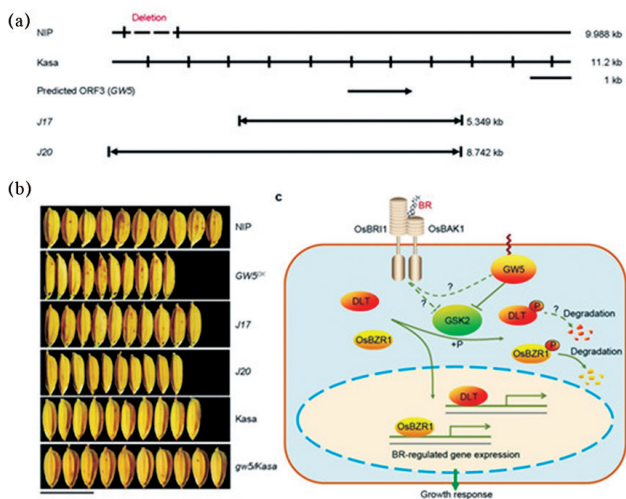


图4 GW5通过抑制GSK2磷酸化下游转录因子BZR1与DLT来调控籽粒发育
(图片来源:《Nature Plants》,2017-04-10)

在水稻产量构成的三要素中,每穗粒数(颖花数)是最重要因素之一。早在1937年就有科学家提出水稻“三花小穗”假说,认为水稻小穗中两个“无用”的颖片器官——护颖实际上是2个侧生小花退化而来,也就是说原始的水稻可能由3个小花构成,但一直以来这一假说缺乏直接证据。西南大学农学与生物科技学院何光华课题组利用EMS诱变,首次分离鉴定了一个显性功能获得性突变体 lateral florets1 (lf1),该突变体小穗除了产生正常的顶生小花外,护颖处还发育出了1~2个包含正常器官的侧生小花。通过图位克隆、细胞学、分子生物学等手段,揭示了LF1编码的HD-ZIPIII转录因子通过激活分生组织维持基因OSH1的异位表达起始侧生花分生组织形成的分子机制。研究结果明确证实了水稻“三花小穗”假说,同时为大幅度提高“每穗粒数”提供了新的途径,即培育“三花小穗”水稻品种,理论上可以大幅度提高“每穗粒数”,从而显著增产(图5)。该研究深度解析了水稻小穗侧生小花的发育调控机制,为水稻超高产分子设计育种奠定了基础^[6]。

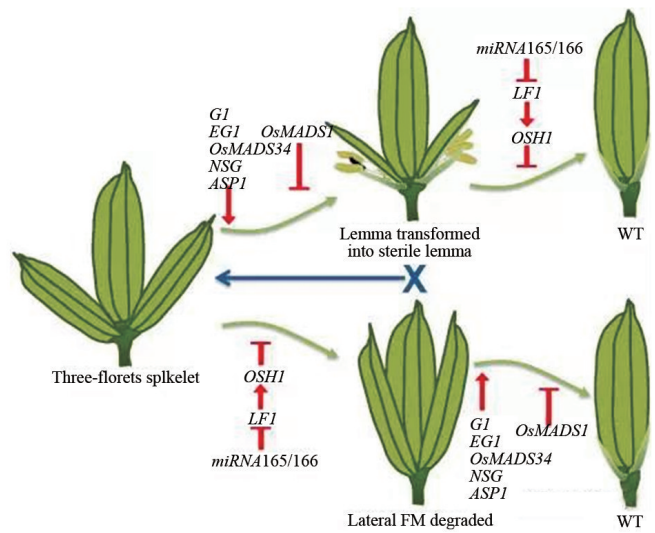


图5 在LF1诱导下水稻小穗结构变化模型
(图片来源:《PNAS》,2017-08-29)

每年全国范围内因冷害造成的水稻产量损失高达300万~500万t。因此,提高水稻孕穗期的耐寒性,将有助于增加结实率及避免相关病害的发生。中国农业大学李自超团队利用耐寒性突出的地方品种“昆明小白谷”,成功克隆1个抗寒基因CTB4a(cold tolerance at-booting stage),为培育耐寒性水稻品种提供了新的策略^[7]。中国科学院遗传与发育生物学研究所发现了1个

控制水稻的粒厚和粒宽的关键基因 *WTG1* (*wide and thick grain 1*), *wtg1-1* 突变体的粒宽、粒厚、千粒重以及主穗的穗粒数均增加, 粒长变短, 而过表达则会使水稻籽粒的粒宽及粒厚降低, 粒长增加。这对进一步利用 *WTG1* 改良水稻的籽粒大小、形状和产量具有十分重要的意义^[8]。水稻中次生壁合成水平与质量直接关系到株高、抗倒伏性等重要的农艺性状, 因而其合成受到严格的调控。中国科学院遗传与发育生物学研究所利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术发现 IIP4 蛋白是次生壁形成的负调控因子, 调控水稻茎秆强度, 为阐明水稻次生壁形成的分子机制以及作物高产优质分子设计育种提供了重要依据^[9]。中国农业大学农学院孙传清成功克隆了编码脂肪酸 β -氧化途径关键酶的基因 *NOG1*。将 *NOG1* 导入不含此基因的品种“中花 17”中可以使产量提高 25.8%, 在携带该基因的高产品种“特青”中过表达 *NOG1* 能够增产近 20%, 并且不影响株高、抽穗期、穗数、粒重等性状。*NOG1* 的克隆不仅为培育高产水稻品种提供了一个重要新基因, 也为揭示水稻产量性状调控的分子机制提供了新线索^[10]。

中国水稻研究所解析了杂交稻粒型和垩白性状的分子基础及其各显著位点的遗传效应, 同时建立了基于基因型的水稻品质表型的预测模型^[11]。中国水稻研究所与中国农业科学院植物保护研究所揭示了水稻细胞程序性死亡 (Programmed cell death, PCD) 和免疫调控的新机制, 进一步丰富了影响水稻类病斑突变的分子理论体系, 为高抗水稻分子育种提供了新的理论切入点^[12]。中国水稻研究所水稻品质遗传改良创新团队发现水稻 PEP 聚合酶的稳定性对高温逆境下叶绿体正常发育起着关键性的作用^[13]。中国水稻研究所水稻种质创新团队通过研究解析了水稻小穗内小花数目的发育调控机制, 为增加“每穗粒数”提供一条新的途径和观点^[14]。中国水稻研究所克隆了调控叶绿体发育的 *WF-SL1* 基因, 揭示了水稻叶绿体发育的新机制^[15]。中国农业科学院农业资源与农业区划研究所首次在水稻中鉴定了控制水稻中水杨酸合成的基因, 并阐明了水杨酸调控根系发育的机制^[16]。中国水稻研究所水稻基因组模块创新团队揭示了水稻高亲和钾离子转运蛋白参与水稻抗旱、耐盐的作用机制, 可为培育抗旱、耐盐水稻新品种提供理论基础^[17]。华中农业大学罗杰教授揭示了水稻氧糖基黄酮自然变异的生化基础及其在紫外耐受方面的作用, 为作物遗传改良实践提供了新资源^[18]。

1.2 小麦

小麦是世界上最重要的粮食作物之一, 在中国粮食安全中也发挥着重要作用。小麦是严格雌雄同花、自花授粉作物, 杂交小麦种子的研制严格依赖于小麦雄性不育系。目前中国杂交水稻的种植面积大约是水稻总种植面积的 40%, 而全球杂交小麦的种植面积大约只有小麦总种植面积的 0.2%, 主要的原因就是没有可用于规模制种的稳定雄性不育系。2017 年以前还没有任何一个小麦雄性不育基因被克隆, 2017 年开始国内外科学家陆续克隆了小麦 *Ms2* 和 *Ms1* 基因。2017 年 4 月, 山东农业大学付道林团队和中国农业科学院贾继增团队分别发表了小麦 *Ms2* 基因克隆^[19]和鉴定工作^[20]。首都师范大学马力耕团队和北京大学邓兴旺团队成功克隆了 *Ms1* 雄性不育基因^[21]。这些基因的克隆使通过分子设计创制新的规模化小麦杂交制种技术成为可能。贾继增团队还完成了染色体级别的 D 基因组精细图谱的绘制。利用高质量的组装结果, 准确地进行基因注释, 构建了基因分布图、基因表达图、假基因分布图、重复序列分布图、甲基化分布图、重组率分布图和 small RNA 分布图, 揭示了转座子 (TE) 在小麦基因组中的重要功能, 研究成果将极大加速小麦重要基因克隆和分子育种研究 (图 6)^[22]。中国农业科学院作物科学研究所毛龙领衔的作物生物信息与应用创新团队, 在系统研究小麦幼穗发育早期 4 个决定后期穗粒数重要阶段基因表达的差异后, 解释了这一重要时期基因表达调控的特点。发现的调控基因可为今后分子育种中开发分子标记和进行遗传操作提供重要的信息^[23]。

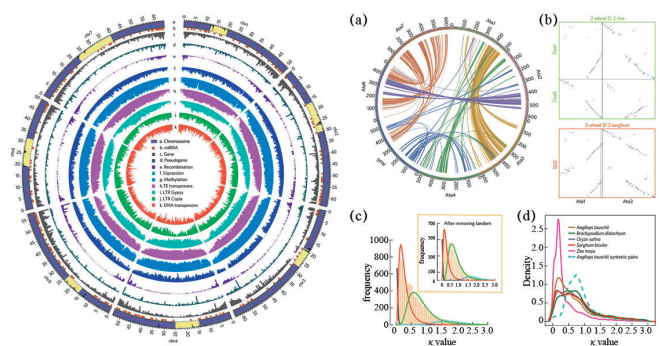


图6 节节麦 (*Aegilops tauschii*) 的基因组分布和进化 (图片来源:《Nature Plants》, 2017-11-20)

小麦穗分枝等穗型性状是单株产量的重要决定因素,而小麦庞大复杂的基因组极大增加了小麦研究的难度,相比于水稻、玉米、大麦的研究,关于小麦穗型调控在分子水平的研究相对空白。中国科学院遗传与发育生物学研究所利用前人筛选出的中国小麦微核心种质,通过转录组关联分析和基因共表达网络分析的策略研究了幼穗发育的基因表达调控网络,并验证了其中的关键因子在穗粒数调控中的作用。研究发现过表达基因 *TaTFL1* 可以延长幼穗分化时间,增加小穗数,小花数和穗粒数;过表达基因 *TaPAP2*、*TaVRS1* 可以缩短幼穗分化时间,减少小穗数、小花数和穗粒数。这为进一步解析小麦穗发育的遗传调控提供了理论基础^[24]。

1.3 玉米

玉米是中国重要的农作物,其籽粒油份、维生素 E 和维生素 A 原是对人类健康和动物生长发育有益的重要品质性状。中国农业大学李建生团队以油份、维生素 E 和维生素 A 原为目标性状,从数量性状位点定位和基因克隆入手,阐明了玉米油份提高的遗传学基础,挖掘了油份优良等位基因,开启了玉米油份分子育种的先例;挖掘了维生素 E 优良等位基因及功能标记,建立了分子育种体系,开辟了玉米品质育种的新方向;发现了高维生素 A 原优良等位基因分布的遗传规律,提高了国际生物强化项目的育种效率,开创了我国玉米分子育种技术对外输出的先例(图 7)。该成果发明的分子育种技术提升了中国种业科技水平,实现了我国玉米分子育种的重大突破。培育的优质甜玉米新品种 2012 至 2015 年在全国累计推广 354.1 万亩,占全国甜玉米种植面积的 21.5%,农民累计新增产值 28.3 亿元,企业累计新增利润 4244.4 万元,社会效益显著^[25]。

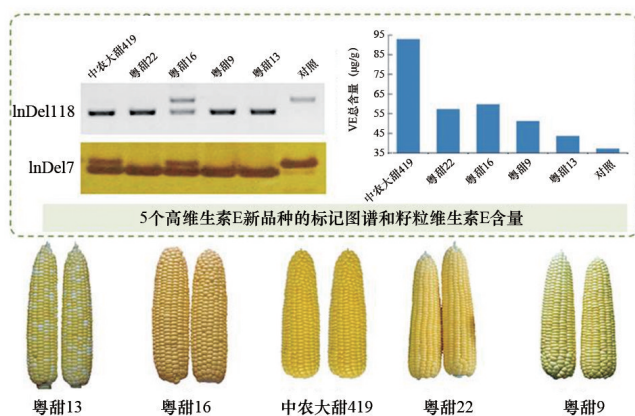


图 7 利用功能标记培育出 5 个高维生素 E 甜玉米新品种

现代栽培玉米是大约 1 万年前由生长在低海拔地区的野生大刍草 (*Zea mays* sp. *parviglumis*) 驯化而来。但是,野生大刍草和现代玉米的基因组大小类似,都高度复杂,有超过 85% 的重复序列,基因组组装非常困难。华中农业大学严建兵与陈玲玲团队基于中国农业大学李建生团队之前建立的玉米 Mo17 与大刍草类蜀黍的回交重组自交系群体,组装出较高质量的玉米和类蜀黍基因组。利用公共发表数据,发现 10% 以上的玉米基因组与野生大刍草基因组存在基因渗透,野生大刍草基因组对玉米的适应性,尤其是从平原到高原的适应和改良具有显著贡献。该研究首次准确估计出玉米每自交一代可以发生 49 到 89 个点突变,为下一步深入挖掘来自野生玉米材料中的优异基因,构建玉米泛基因组和玉米的遗传改良提供了宝贵资源和新的思路^[26]。

单倍体诱导也具有巨大的商业育种价值,利用单倍体诱导产生单倍体然后加倍产生纯合的二倍体,可以大大加快育种进程,助力作物的遗传改良。华中农业大学严建兵与中国农业大学金危危团队利用单细胞单核测序技术发现了诱导系成熟花粉的精核中存在高频的染色体片段化,证明了受精后胚中的染色体消除起始于花粉有丝分裂时期。该研究率先开发出玉米花粉单核 DNA 分离和测序的技术,并应用于玉米单倍体诱导机制的研究,为进一步研究单倍体诱导的分子机制提供理论支持(图 8)^[27]。

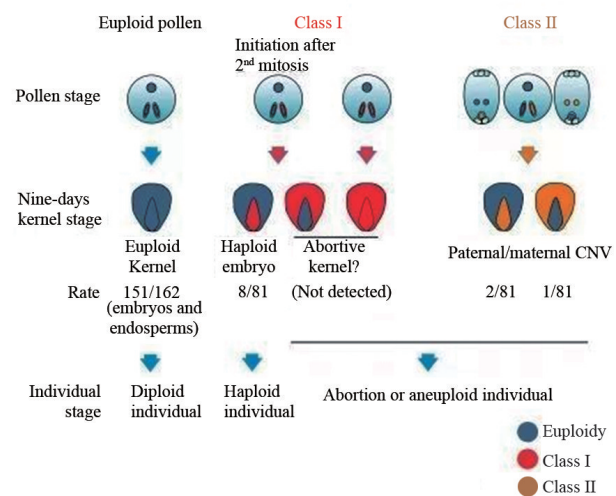


图 8 玉米单倍体后代产生模式 (图片来源:《Nature Communications》, 2017-10-23)

1.4 大豆

大豆是世界上重要的经济粮食作物,起源于中国黄淮海地区。中国农业科学院作物科学研究所发现大豆 FT 开花基因家族的不同成员存在功能分化。该研究拓宽并加深了对大豆 FT 开花基因家族的认识,提出了调控大豆发育方向的跷跷板模型,为进一步阐明影响大豆生长发育方向的分子机制奠定了基础^[28]。中国农业科学院作物科学研究所利用 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术定点敲除大豆开花调控关键基因 GmFT2a,成功创制出无外源基因、可稳定遗传的大豆晚花突变体材料,这是实现大豆重要农艺性状遗传改良的首例报道,为进一步阐明大豆光周期开花途径的分子机制和大豆基因组编辑技术的育种应用提供了成功范例^[29]。中国科学院遗传与发育生物学研究所联合其他单位,通过正向遗传学的方法图位克隆了大豆长童期(Long Juvenile, LJ) *J* 基因,发现 *J* 基因多种变异的产生是大豆适应低纬度地区和产量增加的重要进化机制,这些等位变异对大豆在低纬度地区的推广和生产必将起到重要的作用^[30]。

百粒重是大豆产量的重要构成因子,中国科学院遗传与发育生物学研究所等团队研究发现,来源于野生大豆 ZYD7 的 PP2C-1 基因显著增加了转基因拟南芥种子的重量(图 9)。功能分析发现,PP2C-1 能与油菜素内酯 BR 信号通路的转录因子如 GmBZR1 等相互作用,通过去磷酸化从而激活这些转录因子,促进下游控制种子大小的基因表达以提高粒重。种质资源分析发现,近 40% 的栽培大豆还没有 PP2C-1 基因型,后续研究可以将 PP2C-1 基因型通过杂交导入到不含该位点的大豆品种中,从而提高产量潜力,将对于大豆育种具有重要意义^[31]。

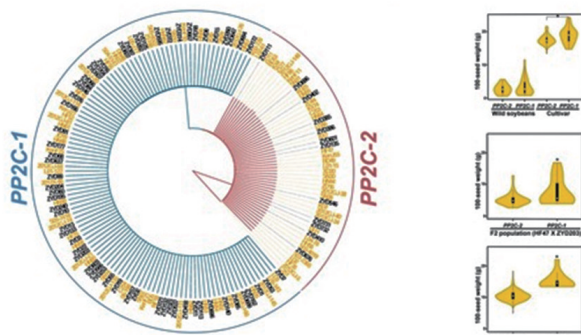


图9 大豆百粒重基因鉴定——不同大豆资源中PP2C变异分析
(图片来源:《Molecular Plant》,2017-03-28)

作物的产量、品质是多基因控制的复杂性状,并呈现耦合性。中国科学院遗传与发育生物学研究所联合多家研究团队深入解析了 809 份大豆材料的 84 个农艺性状间的遗传调控网络,发现 115 个关联位点可相互连锁,并将所观测的 51 个性状联系起来,形成复杂的多性状多位点调控网络(图 10)。该研究对于提高大豆的品质和产量具有非常重要的意义,同时也为其他作物性状耦合研究提供了借鉴^[32]。

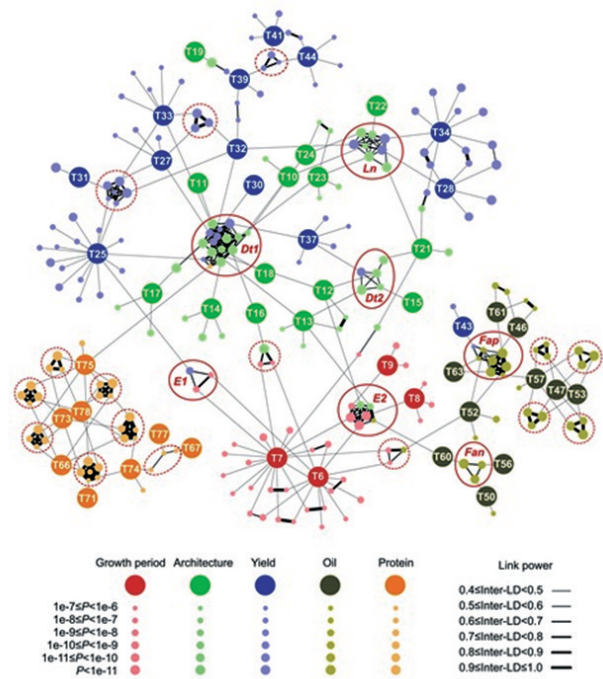


图10 大豆中不同农艺性状的关联网络分析
(图片来源:《Genome Biology》,2017-08-25)

1.5 大麦

大麦是全球第四大禾谷类作物,且集饲用、啤用和粮食作物于一体,在中国曾是栽培面积达一亿亩以上的重要农作物之一。高质量的大麦基因组参考序列是大麦遗传与育种研究取得突破性成果的重要支撑。大麦基因组全长 5.1 Gb,约为水稻基因组的 11 倍,含有 3.9 万多个蛋白编码基因,且多数为多拷贝,形成了复杂的基因家族,并富含转座因子,因此全基因组测序工作难度巨大。国际大麦测序联盟耗费了近 10 年时间,综合运用包括染色体构象作图和生物纳米作图等多种最先进的测序和组装技术,利用约 2.5 Tb 大麦基因组测序数据,组装完成了一个包含 4.79 Gb 的大麦高质量参考基因组序列,每条染色体均被排成一个线性分子,其中 94.8% 的组装序列明确定位在大麦各条染色体上。这

是科学家首次对大麦在长达1万年之久的驯化与选择过程中基因组发生遗传侵蚀(genetic erosion)的全面剖析,为有效拓宽栽培大麦日趋狭窄的基因库提供了应对策略。相关研究成果也证明中国的青藏高原及其周边地区是世界栽培大麦的一个重要进化和起源中心。这些研究成果是对中国大麦尤其是西藏野生大麦研究工作的又一重要贡献,显著提升了中国大麦研究的整体水平和在国际同行中的地位,并将有力地推动中国大麦遗传育种研究以及产业的进一步发展(图11)^[33]。



图11 大麦基因组测序研究成果在《Nature》以封面文章的形式发表(图片来源:长江大学新闻网)

1.6 苦荞

苦荞是少有的药食两用作物之一,具有良好的经济价值和开发潜力。苦荞具有营养价值高,耐铝、耐旱、耐寒等特性,适合在高海拔干旱或土壤肥力不足的地区种植。由于苦荞面粉中不含有麸质蛋白,对于麸质敏感的人群是一种极佳的谷物替代品,近年来受到越来越多的欢迎。然而苦荞育种及加工存在瓶颈,限制了其产量的提高及大面积的种植推广。中国科学院遗传与发育生物学研究所梁承志联合山西农科院乔治军、华南农农业大学王俊等多家团队首次获得了苦荞高质量的参考基因组489.3 Mb序列,并注释了33366个蛋白编码基因。一直以来,苦荞杂交育种在生产实践中具有较高难度,其主要原因是其花器官太小(约2 mm)。此参考基因组的获得将有助于通过突变体筛选、结合比较基因组研究来创制大花的苦荞,使杂交育种变成常规育种工作,从而尽快提高苦荞的产量,或是增加种子大小,使苦荞的加工变得容易,并消除苦荞的苦味因子(种子中的芦丁水解酶),从而促进苦荞产业的发展^[34]。

1.7 油料作物

芝麻是中国传统特色油料作物,富含芝麻素、植物甾醇等多种营养物质。但因种质数量少、农艺性状鉴定粗放、基因组信息不清、缺乏功能标记,导致育种可用亲本种质匮乏、育种技术落后、效率低,成为制约中国芝麻耐湿抗病高油高产品种选育和产业发展的重大瓶颈。中国农业科学院油料作物研究所张秀荣科研团队历时30年,构建了覆盖全国30个省市和世界五大洲42个国家、编目信息达30多万条、全球数量最多的芝麻种质库,率先完成芝麻全基因组测序,注释基因2.7万多个,构建了首张精细物理图谱和首个芝麻基因信息库,向全球公开基因信息数据量819.3 G,占世界同类报道的90.3%,引领了芝麻种质由表型鉴定向基因组信息研究的跨越。目前,已发掘出重要农艺性状主效QTL 77个和新基因46个,利用优异种质和功能标记育成芝麻新品种97个,占全国同期芝麻育成品种的74%,实现了全基因组精准发掘和分子育种技术重大突破,使中国在芝麻研究领域跃居国际领先行列^[35]。此外,中国农业科学院油料作物研究所还利用紫花黑芝麻资源“武宁黑”为母本,与美国资源“me den”杂交,选育出中国首个紫花观赏型芝麻新品种“H16”,是兼具观赏和食用价值的优质芝麻品种^[36]。

1.8 棉花

棉花是事关国计民生的重要经济作物和纺织原料。随着产业结构调整,棉花种植区域逐步向西部地区转移。目前,新疆已发展成为中国最大的棉花产区。中国农业科学院棉花研究所严根土领衔的科研团队以选育多抗稳产棉花品种为主攻目标,历经10多年攻关,培育的棉花品种“中棉所49”具有优质、高产和广适性等明显特点,有效解决了南疆棉花生产上出现的品种产量稳定适应性差、比强度低、枯萎病和黄萎病日趋严重等问题,减少了棉纺企业的配棉成本、降低了次品率,提升了中国棉花和纺织市场的竞争力。创建了基于“中棉所49”的棉花种植标准化技术体系,为中国棉花种植规范化提供了一个先例。据统计,截至2015年,“中棉所49”累计推广面积7000多万亩,新增利润123.3亿元,为新疆棉花生产乃至全国棉花产业的稳定发展作出了卓有成效的贡献^[37]。

中国农业科学院棉花研究所培育的无膜种植早熟丰产新品系“中棉619”,实现了特早熟、耐盐碱、耐低温、丰产的综合性状改良,研发配套了无膜栽培技术,

并多年多点示范和应用。该成果为彻底解决棉田残膜污染创新了技术途径,关键技术达到国际领先水平^[38]。中国农业科学院生物技术研究所郭三堆、张锐领衔的科研团队成功培育出高抗低残留抗草甘膦除草剂棉花新品系,为中国棉田杂草防治的机械化水平提升和降低棉花生产成本提供了可能^[39]。中国农业科学院棉花研究所棉花抗逆鉴定团队创建了一种简单高效的耐盐相关内源基因编辑突变体筛选方法,应用CRISPR/Cas9系统精确有效地编辑棉花的2个耐盐相关的内源基因,为棉花的基因功能研究和分子育种提供了新思路^[40]。

1.9 作物遗传理论

作物遗传育种理论也取得了重要进展。中国农业科学院作物科学研究所首席科学家徐云碧领衔的玉米分子育种技术和应用创新团队,经过3年努力,总结和发展了一系列改进遗传增益的分子育种理论、技术和方法(图12),相关成果发表在《实验植物学杂志》“达尔文评论”栏目。该团队近年来发展了基于种子DNA的基因型分析方法、连锁-关联分析联合图法、选择性混合样品分析法、多杂种群体全基因组关联分析法、全基因组选择育种策略、玉米单倍型图谱、高密度SNP芯片、环境型和环境型鉴定新概念等。其中环境型鉴定概念在国际上被看成为1990年以来与转基因、基因组选择和基因组编辑等技术并列、影响植物育种的几大技术潮流之一。遗传增益改良的理论、方法和技术的整合和发展将有助于推动国际学术界和种业界为保障人类食物安全和供应共同努力,以建立现代育种技术流程,构建综合育种平台,并采用分子育种的技术和方法培育高产、优质、抗逆的植物新品种^[41]。

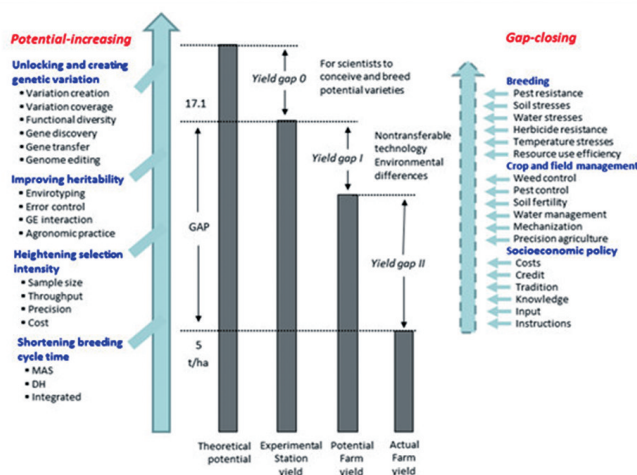


图12 遗传增益改良的理论

(图片来源:《Journal of Experimental Botany》,2017-05-17)

2 种质资源

2.1 植物种质资源

种质资源作为一种战略性资源,在未来的国家竞争中争夺将更趋激烈。2016年,中国保存的种质资源已达47万份(约2300个物种)。数十年来,特异基因资源的发现及利用成为农业育种的“武功秘籍”,但是,随着多数代表性植物全基因组测序的结束,科研人员越来越认识到植物表型研究的重要性。农作物最终收获的是表型,而不是基因型,同样的作物和基因在不同环境下生长的表型可能不一样。通过表型组学来研究表型与基因、环境之间的关系迫在眉睫。欧洲、美国、日本、澳大利亚等发达国家已先后建立作物表型组学研究机构,中国在这一领域还缺乏大型基础设施和资源统筹的举措。虽然中国创造了以不足7%的耕地面积养活了全球近1/5人口的奇迹,但是良种对中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。因此,中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^[42]。

普通野生稻(*Oryza rufipogon*)一直被认为是亚洲栽培稻的野生祖先,也是水稻改良过程中的重要种质资源。普通野生稻经过近万年的驯化到农家品种,再经过近百年的现代育种得到现代栽培稻品种,这一过程伴随着遗传多样性的减少和很多优异基因的丢失,野生稻资源也不断萎缩。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才团队通过对已发表的大量野生稻和栽培稻基因组数据的深入挖掘,发现野生稻基因组中有着人工选择驯化的痕迹,从而巧妙地证实有大量栽培稻基因流入野生稻群体。全基因组分析发现,现存野生稻群体中有着大量的来自栽培稻的遗传成分,甚至部分“野生稻”就是近期野化的栽培稻。这证明当前的野生稻应被视为一个“杂种群”,而非一个独立物种,它通过广泛的基因流和栽培稻联系在一起,随着栽培稻共同演化(图13)。这一发现也告诫人们,实施更加科学的野生稻资源保护刻不容缓^[43]。

杂草稻目前已成为世界性的稻田恶性杂草,在东南亚、南美洲等稻区大面积分布,严重危害水稻生产。在中国江苏、广东、辽宁和宁夏等地大面积发生,已成为中国稻田杂草中除稗草外最严重的杂草之一。杂草

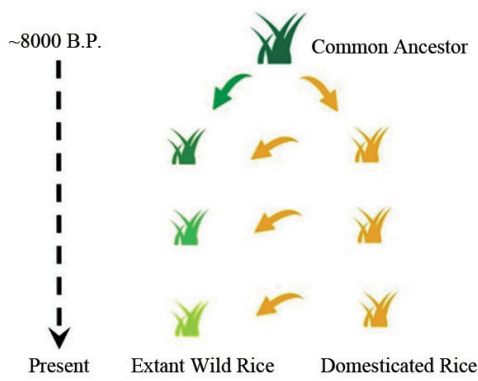


图13 野生稻受到栽培稻(黄色)的不断遗传侵蚀
(图片来源:《Genome Research》,2017-04-06)

稻经过长期环境适应,具备落粒特征,种子成熟即散落田间,来年随水稻耕作生长季节与栽培稻伴生。由于其遗传背景与栽培稻极其相似,除草剂难以根除,给水稻生产带来极大影响。浙江大学农业与生物技术学院樊龙江团队联合中国水稻研究所陆永良团队,以杂草稻群体为材料,通过基因组重测序及其群体遗传学分析,揭示了水稻去驯化过程遗传变化及其杂草稻环境适应的进化机制(图14)^[44]。

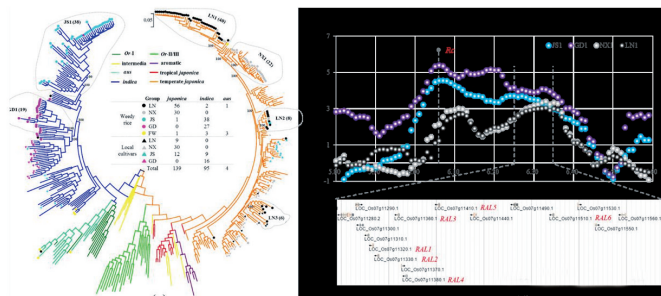


图14 (a) 栽培稻及其去驯化水稻(杂草稻)系统发生树;
(b) 趋同进化环境适应基因位点
(图片来源:《Nature Communications》,2017-05-26)

莴苣作为世界上最为重要的蔬菜之一,有着悠久的种植历史。莴苣有多个栽培类型,不同类型间形态差异较大,其分化历程不是很明确。华中农业大学园艺林学学院匡汉晖团队从1000份的莴苣种质资源中筛选出240份核心种质,通过对核心种质的转录组测序,分析了莴苣的遗传多样性、群体结构和驯化等(图15)。研究发现所有的栽培类型均由野生种 *Lactuca serriola* 经历一次驯化事件产生。莴苣是沿着古丝绸之路由地中海地区传入中国,并逐渐演化为茎用莴苣即莴笋。该研究还揭示了莴苣驯化及其花青素合成的调控网络,为培育较高营养价值的莴苣品种提供了新的策略^[45]。

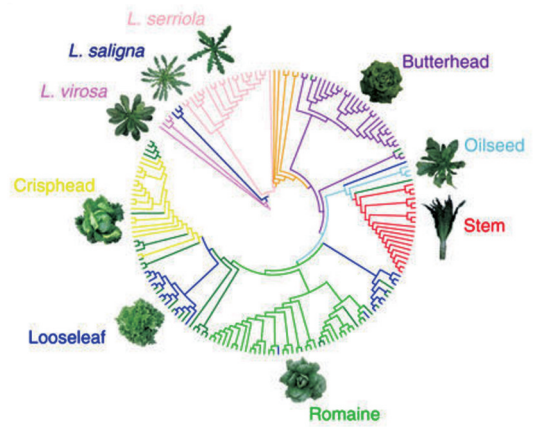


图15 莴苣不同栽培种和野生种的聚类分析树
(图片来源:《Nature Communications》,2017-12-22)

苹果是世界温带地区栽培面积最大的果树之一,其起源演化与人类文明进步密不可分,一直以来备受国际苹果研究界的广泛关注。山东农业大学陈学森团队与美国康奈尔大学费章君团队对亚洲、欧洲和美洲等世界范围的苹果属24个种、117份种质资源进行了全基因组重测序,在分子水平上揭示了苹果起源、演化和驯化的规律,并证明世界栽培苹果起源于中国新疆(图16)。研究结果表明新疆塞威士苹果野生种沿古丝绸之路向西交流,逐渐演化形成当今的世界栽培苹果(西洋苹果);而随着民族交往的增加,新疆塞威士苹果在向东交流中,与山荆子等野生苹果种杂交、驯化而产生了中国早期的绵苹果,这为绵苹果在中国如何演化提供了明确答案。该成果对推动苹果种质资源保护与利用及遗传育种提供了重要的理论与技术支撑,也标志着中国在该领域的研究居国际领先水平^[46]。



图16 全新的苹果进化图
(图片来源:《Nature Communications》,2017-08-16)

2.2 动物种质资源

西域黑蜂来源于天山东部地区,至今已有1700多

年的历史。蜂蜜一直是当地哈萨克少数民族牧民重要的糖类、热量来源,更是宗教祭祀活动中必不可少的祭品。蜂群具有采集力强、分蜂性弱、抗低温和抗病虫害能力强等特点,适合在中国大部分地区饲养和应用,特别是长江以北等蜜蜂资源分布集中、面积大、冬季长的区域。同时也可作为优良育种素材,培育适应大规模农作物授粉、绿色抗病、繁殖力快的蜜蜂新品种。中国农业科学院蜜蜂研究所石巍团队从2006年起,历经11年时间,经过野外采集与初步鉴定、野外自然交尾、扩繁和基因组学分析等,最终明确了西域黑蜂是中国特有的蜜蜂遗传资源。这是中国首次发现西方蜜蜂的原生种群,结束了中国没有西方蜜蜂的历史。中国作为同时拥有东方蜜蜂和西方蜜蜂两大主要饲养蜂种的国家,蜜蜂资源大国的地位得到进一步加强。西域黑蜂的发现和利用,将有效缓解中国西方蜜蜂依赖进口的现状,加速培育适合中国生态环境的蜜蜂新品种进程^[47]。

3 植物保护与病虫害防治

病虫害防治是作物高产优质的前提,挖掘抗病虫作物是培育优良品种的必要条件。中国植物保护研究领域在转基因抗虫棉抗性减弱、大丽轮枝菌引起的棉花黄萎病、花生条纹病毒、稻瘟病、水稻条纹和矮缩病毒、农药使用等方面取得了新进展。

3.1 转Bt基因抗虫棉花

转Bt基因抗虫棉花、玉米和大豆已在世界范围内广泛种植,高效控制了靶标害虫的发生与危害,显著减少了化学农药的用量。但近年来,因害虫产生抗性导致防治失败的案例不断出现,已成为影响Bt作物持续利用的最主要因素。中国农业科学院植物保护研究所吴孔明团队对中国长江流域Bt棉花与红铃虫的互作关系开展了11年的研究工作,阐明了害虫对苏云金芽胞杆菌(*Bacillus thuringiensis*, Bt)作物抗性治理新策略,首次证明了Bt作物和非Bt作物种子混合可以有效治理害虫的抗性,对推动Bt作物产业和转基因作物环境风险管理工作的进展有重要理论和应用意义^[48]。

中国科学院遗传与发育生物学研究所朱祯团队通过大量RNAi靶标的筛选,最终确定控制昆虫保幼激素代谢的关键基因为最佳靶标。并与南京农业大学张天真实验室合作培育了可表达阻断棉铃虫激素合成dsRNA的转基因棉花,该转基因棉表现出很强的抗虫

性,尤其对于Bt耐受性棉铃虫系有很好防治效果。此外,分析多年抗虫生测数据表明,RNAi抗虫棉可明显延缓棉铃虫抗性的产生。以昆虫保幼激素RNAi抗虫棉及RNAi+Bt的聚合棉可以克服棉铃虫对单一策略转基因棉易产生耐受性的难题,同时为下一代抗虫作物的研发奠定了基础^[49]。

3.2 大丽轮枝菌

大丽轮枝(*Verticillium dahliae*)是一种毁灭性的维管束土传植物病原真菌,曾与马铃薯晚疫病并列为世界头号检疫对象,寄主非常广泛,全球范围内由大丽轮枝菌引起的黄萎病损失每年超过数百亿美元。中国农业科学院农产品加工研究所戴小枫研究团队首次从基因组学角度深入剖析了大丽轮枝菌寄主适应性的分子进化机制,阐明了大丽轮枝菌寄主广谱性与专化性动态平衡的基因组学基础,为进一步阐明大丽轮枝菌侵染为害和致病机理,发展相应的关键防控技术提供了理论基础^[50]。该研究团还首次发现了大丽轮枝菌不含锌指结构域的Fungal_trans类转录因子具有致病性调控功能,揭示了其调控植物细胞壁降解酶基因表达参与病原侵染寄主的致病新机制^[51]。首次发现了大丽轮枝菌中利用损伤相关分子模式(DAMPs)参与病原与寄主互作,明确了角质酶参与土传病原真菌侵染根部组织的新功能,同时证实纤维素结构域(CBM1)兼具促进酶活和抑制免疫反应的特性^[52]。还发现棉花跨膜受体蛋白介导的黄萎病抗性机制及其基因调控网络,建立了人类对棉花抗黄萎病分子机制的新认识^[53]。这些发现都为防治由大丽轮枝菌引发的病害及利用抗病基因开展抗性分子遗传改良奠定了基础。

棉花黄萎病是由大丽轮枝菌引起的头号生产病害,也是世界性难题,造成中国棉花年均产量损失15%以上,严重威胁棉花生产安全。生产上一直缺乏抗黄萎病棉花品种。中国农业科学院农产品加工研究所戴小枫领衔的科研团队发表了首个基于简化基因组测序的棉花黄萎病抗性全基因组关联分析的研究结果,发现了14个抗病新位点,揭示了棉花多基因协同控制黄萎病抗性的分子遗传规律(图17)。为后续棉花抗黄萎病功能基因挖掘、分子标记开发和多位点分子标记辅助抗病育种奠定了基础^[54]。

3.3 花生条纹病毒

花生条纹病毒具有广泛的寄主范围,主要通过带毒蚜虫以非持久性方式进行传播,可侵染茄科和豆科

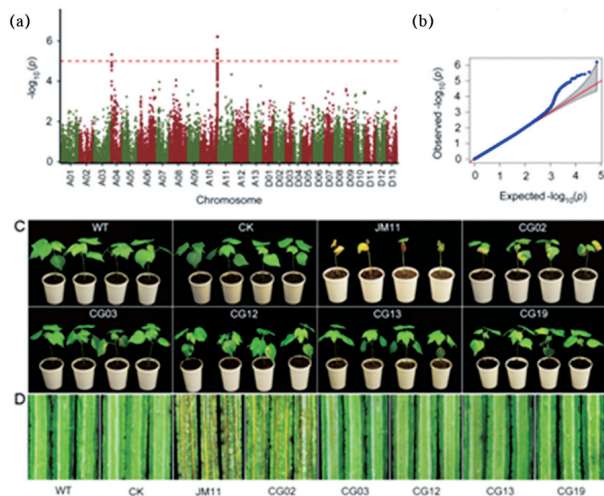


图 17 利用基因沉默技术分析大丽轮枝菌抗性的候选基因 (图片来源:《Plant Biotechnology Journal》,2017-03-29)

等经济作物,引起严重花叶皱缩和斑驳等症状,直接造成产量损失和品质的下降。中国农业科学院烟草研究所烟草病虫害防控科研团队揭示了马铃薯Y病毒属成员——花生条纹病毒(Peanut mosaic virus, PsTV)与寄主的互作机制,为后续开展马铃薯Y病毒属病毒的隐性抗病基因筛选和病害有效防控奠定了理论基础^[55]。

3.4 稻瘟病

稻瘟病是水稻重大病害之一,严重影响水稻的产量和品质。目前分离出的稻瘟病抗性基因主要编码NBS-LRR类蛋白,多属小种特异性抗性,基因类型单一,抗性难以持久。相比之下,非小种特异抗性具有抗谱广、抗性持久等特点,在水稻抗病育种中可发挥重要的作用。四川农业大学陈学伟团队以具有广谱高抗特性的水稻地谷为研究材料,利用GWAS(全基因组关联分析)和抗病性共相关分析,发现抗病性与编码C₂H₂类(锌指蛋白类)转录因子的基因Bsr-d1(广谱抗性地谷1)的启动子一个关键碱基变异存在共分离特性(图18)。同时发现,该碱基变异导致转录因子MYBS1(具有MYB结构域结合特征的转录因子)对Bsr-d1的启动子结合增强,从而抑制Bsr-d1响应稻瘟病菌诱导的表达,导致Bsr-d1所直接调控的H₂O₂(过氧化氢)降解酶基因表达下调,使H₂O₂降解减弱,细胞内H₂O₂富集,最终提高水稻的免疫反应和抗病性。该自然变异在提高水稻抗病性的同时,对产量性状和稻米品质并没有明显影响。这一研究结果不仅揭示水稻广谱抗病性的分子机制,而且为稻瘟病广谱抗病育种提供了基础,也为其他粮食作物相关新型抗病机理的研究提供了重要借鉴^[56]。

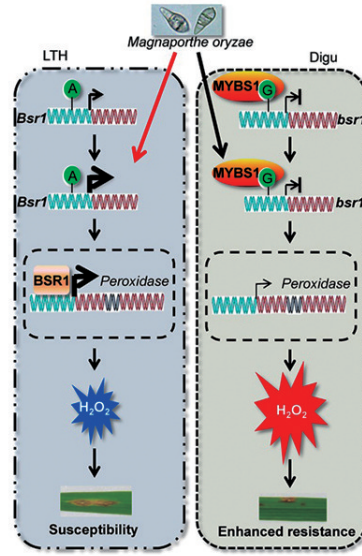


图 18 C₂H₂类转录因子Bsr-d1调控水稻广谱抗性的模式 (图片来源:《Cell》,2017-06-29)

3.5 水稻条纹病毒

水稻条纹病毒(Rice stripe virus, RSV)引起的水稻条纹叶枯病是目前中国以及东亚地区粳稻生产上最严重的病毒病害之一,近几十年在中国多次爆发流行。中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓凤与北京大学生命科学院李毅团队发现了一个单子叶植物所特有的、受水稻条纹病毒侵染抑制的水稻负调控抗病因子miR528, miR528能够被AGO18竞争性结合,抑制miR528进入RISC剪切复合体,从而释放miR528的靶mRNA AO,抗坏血酸氧化酶AO通过调节植物体内的氧化还原稳态,从而促进植物体内活性氧(ROS)的积累进而启动下游的抗病毒通路(图19)。该研究揭示了

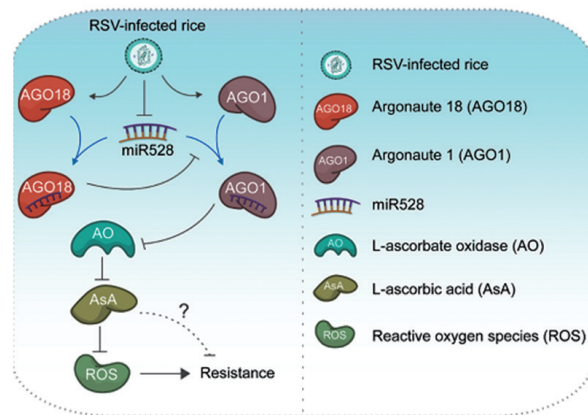


图 19 MiR528参与植物抗病毒机制模式 (图片来源:《Nature Plants》,2017-01-06)

miR528 及其调控的靶基因在水稻与病毒相互作用过程中的抗病机制^[57]。

中国农业科学院植物保护研究所周雪平团队通过对水稻条纹病毒(RSV)的生物学、编码蛋白功能及病毒病防控研究,揭示水稻条纹病毒通过干扰植物蛋白棕榈酰化快速建立侵染新机制,进一步探索了 RSV 和寄主植物之间的博弈现象,发现了该病毒具备在与植物共进化过程中精巧地调控植物防御蛋白水平从而帮助其快速建立侵染的能力。研究中选取了 RSV 的 2 种自然寄主——单子叶寄主水稻和双子叶寄主本氏烟,分别鉴定了 2 种寄主植物对应的 Remorin 蛋白,并发现 RSV 采用类似的手段干扰 Remorin 的棕榈酰化修饰并通过自噬途径降解该蛋白,减弱其对病毒细胞间移动的抑制(图 20)^[58]。

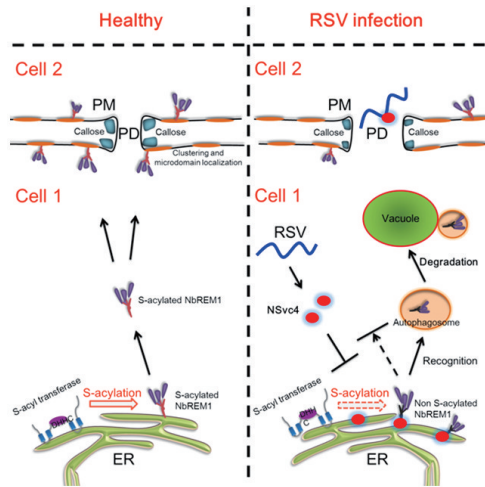


图 20 RSV 干扰 Remorin 的棕榈酰化修饰和促进细胞间移动的过程
(图片来源:《Molecular Plant》,2017-12-08)

3.6 水稻矮缩病毒

北京大学生命科学学院李毅团队发现水稻矮缩病毒(Rice dwarf virus, RDV)侵染水稻后乙烯含量显著升高,通过遗传学、生物化学以及生物信息学等方法,揭示了 RDV 如何通过诱导水稻体内乙烯合成促进病毒自身侵染与复制的分子机理。RDV 编码的非结构蛋白 Pns11 能够特异地与水稻中甲基供体的关键酶 S-腺苷甲硫氨酸合成酶 1(OsSAMS1)发生相互作用,提高其催化产物 S-腺苷甲硫氨酸(SAM)及其下游产物 ACC 和乙烯含量的升高,乙烯含量的升高有助于病毒对水稻的侵染。此外,还发现乙烯信号通路的持续响应使水

稻极易感染 RDV,而阻断乙烯信号通路后水稻表现为对 RDV 极强的耐受性。该研究发现乙烯信号通路在病毒与植物互作中发挥重要功能,更准确的认识病毒和宿主之间相互作用(图 21)^[59]。

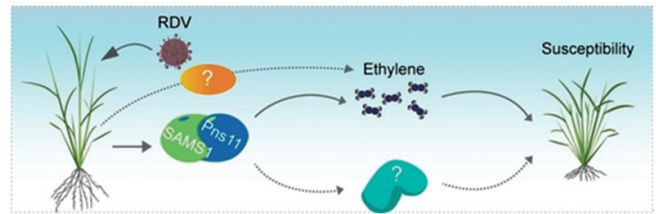


图 21 RDV 诱导乙烯有利于病毒自身侵染模式
(图片来源:《eLife》,2017-10-10)

3.7 大豆疫霉菌

疫霉菌是农业生产的重要威胁。目前已经发现疫霉菌有 160 多种,可侵染数千种植物,每年导致的作物产量损失超过几百亿美元。疫霉菌也是 170 年前马铃薯晚疫病流行引发“爱尔兰大饥荒”的元凶。南京农业大学王源超团队以大豆病原疫霉菌为研究对象,发现了疫霉菌致病新机制,解决了困扰国际植物病理学界近百年的科学问题,提出了作物疫霉菌“诱饵模式”致病机制模型,从分子水平揭示了作物疫病成灾机制。该团队研究发现,在疫霉菌侵染作物早期,病原菌向胞外分泌糖基水解酶(Xyloglucan-specific EndoGlucanase, XEG1)攻击寄主植物细胞壁,而寄主植物则利用水解酶抑制子(Glucanase Inhibitor Protein, GIP1)抑制其活性;进化过程中,病原菌又获得了 XEG1 的失活突变体(XEG1-Like Protein, XLP1),以诱饵的方式竞争性干扰抑制子 GIP1,与 XEG1 协同攻击寄主植物的抗病反应,从而导致病害发生。研究证实,这种“诱饵模式”是多种疫霉菌攻击不同寄主植物的共同模式(图 22)。

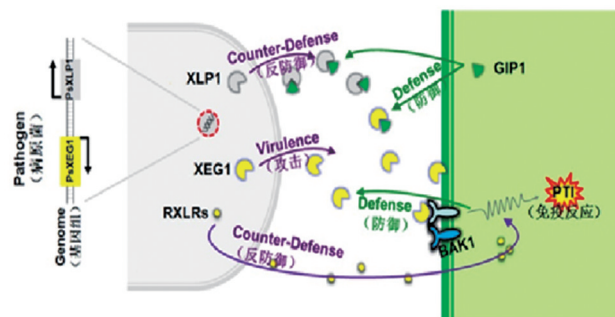


图 22 疫霉菌新致病机制“诱饵模式”模型
(图片来源:《Science》,2017-02-17)

XEG1 在卵菌、真菌和细菌中广泛存在,表明“诱饵模式”是它们共有的致病机制。该研究结果不仅为开发诱导植物广谱抗病性的生物农药和作物抗病育种提供了科学依据,而且为发展安全高效作物病害控制策略奠定了基础^[60]。

大豆疫霉菌(*Phytophthora sojae*) 感染大豆引发的疫霉根腐病是大豆生产上的毁灭性病害之一。该病原菌可在大豆的各个生育期感染大豆,造成 10%~60% 的产量损失,每年在全球范围内导致的直接经济损失高达十几亿美元。大豆疫霉根腐病的防治始终是困扰国内外大豆生产的重要难题之一。南京农业大学作物疫病研究团队研究发现大豆疫霉菌分泌的效应蛋白 PsAvr3c 能够进入到大豆的细胞核内,通过和可变剪切复合体上的亚基 GmSKRPs 蛋白互作,抑制 GmSKRPs 的降解过程,进而影响其蛋白的稳定性。进一步研究发现,在大豆体内瞬时表达效应蛋白 PsAvr3c 和靶标蛋白 GmSKRPs 都能使寄主防卫相关基因的可变剪切发生改变,进而导致大豆对大豆疫霉菌的抗病性显著降低。该研究首次发现了病原菌在 mRNA 的剪切水平上调控寄主免疫反应的一种新机制,有望为农作物抗病性的改良提供重要依据^[61]。

3.8 农药

农药是保障农业生产不可或缺的生产资料,但因其特有的生态毒性,使用不科学会带来诸多负面影响。针对当前中国农药成分隐性风险高、药液流失严重、农药残留超标和环境污染等突出问题,中国农业科学院植物保护研究所郑永权团队经过多年攻关,率先提出了农药高效低风险理念,发明了瓜蚜等精准选药试剂盒 26 套,准确率达到 80% 以上;发明了药液沾着展布比对卡,可减少农药用量 20%~30%;发明了 12 套药剂喷雾雾滴密度指导卡,减少药液喷施量 30%~70%。相关成果已推广应用 1.8 亿亩次,新增农业产值 150 亿元,新增效益 107 亿元,取得了显著的经济、社会和生态效益^[62]。

3.9 其他

中国农业科学院植物保护研究所王桂荣研究团队发现气味结合蛋白(PBPs)和化学感受蛋白(CSPs)用于信息素组分向环境中释放或进行雌雄间传递,阐述了气味结合蛋白和化学感受蛋白这 2 个昆虫化学感受基因家族的最新研究进展^[63]。该团队利用最新的 CRIS-

PR/Cas9 基因编辑技术结合神经电生理记录等技术,首次揭示了性信息素拮抗剂参与调控棉铃虫最优交配时间,并阐明了其作用的分子机制^[64]。该团队利用反向化学生态学的方法揭示熊蜂与蛾子可能共享结构类似的性信息素成分,证明了反向化学生态学研究策略不但适用于昆虫学的研究,也适用于其它脊椎动物尤其是组织不易获得的动物的研究^[65]。该团队还揭示了植物防御物质合成途径,并成功转入到水稻中,发展出新型抗虫水稻^[66]。

RNA 沉默是植物抵御病毒侵染的重要防卫机制。全球的番茄、棉花、木薯、豆类、小麦、玉米等作物遭受双生病毒的毁灭性危害。中国农业科学院植物保护研究所周雪平团队揭示了病毒抑制植物 RNA 沉默新机制^[67]。中国农业科学院植物保护研究所王国梁团队,通过图位克隆方法鉴定到 1 个负调控水稻程序性细胞死亡的 DRP 类蛋白,首次在水稻中发现细胞色素 c 从线粒体的释放调控程序性细胞死亡的现象,为进一步深入了解 DRP 类蛋白参与程序性细胞死亡分子机制与水稻抗病反应信号传导奠定了重要基础^[68]。

4 动物遗传育种

基于分子生物学技术的快速发展和广泛应用,中国科学家先后完成了驯鹿的全基因组测序、解析羊繁殖能力的分子调控机制、培育了首例适应高海拔高山寒旱生态区的细毛羊新品种、培育抗病黄羽肉鸡品种、构建了一套奶牛基因组选择育种技术、建立了首个农业动物的环状 RNA 数据库等,积极推动了中国畜禽育种和产业发展。

4.1 鹿

中国是鹿类动物资源最为丰富的国家,分布约有 20 种鹿类动物,而驯鹿是最具代表性的鹿科动物之一,是鹿科物种中唯一被驯化、雌雄个体均生长鹿角的鹿科动物。中国农业科学院特产研究所李光玉团队在国际上首次破译鹿科动物全基因组序列(图 23)。驯鹿全基因组测序的完成,不仅为研究人员从基因组水平挖掘驯鹿生长、代谢和抗寒等重要性状的分子机制提供了科学指导,而且为驯鹿驯化历史、基因组演化、群体遗传及鹿类动物的进化等理论研究奠定了重要基础^[69]。

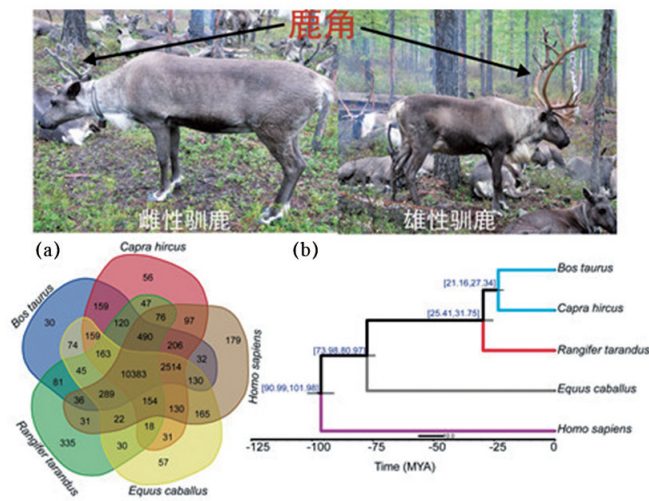


图23 驯鹿特有基因家族(a)与系统发育解析(b)
(图片来源:《Giga Science》,2017-11-01)

4.2 羊

中国是养羊大国,存栏量和羊肉产量均位居世界第一,但肉羊品种繁殖慢,严重制约了肉羊的生产能力。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所苗向阳团队采用多组学及生物信息学方法,对不同繁殖力羊的基因表达情况进行系统研究,发现了调控羊繁殖力的关键功能基因和蛋白以及羊繁殖力的信号调控通路,首次系统深入地揭示了羊高繁力性状的分子调控机制,为提高动物繁殖力提供了新的思路和方法^[70]。中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所杨博辉历时20年,成功培育出首例适应高海拔高山寒旱生态区的细毛羊新品种——高山美利奴羊,这是中国高山细毛羊培育的新突破^[71]。

4.3 鸡

中国年出栏肉鸡100亿只以上,居世界第一位。其中,黄羽肉鸡出栏量占中国肉鸡总量的近50%,且市场需求不断增长。但黄羽肉鸡的生产效率低、品质下降、疾病发生率高等问题一直制约着黄羽肉鸡的产业发展。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所文杰团队创建了节粮优质抗病黄羽肉鸡品种选育技术体系,培育国家审定新品种4个,新品种在推广地区的同类型产品中市场占有率达30%以上,辐射到全国20多个省市自治区,推广父母代种鸡1100万套,商品鸡15.5亿只,获经济效益34.15亿元,经济和社会效益显著^[72]。

4.4 牛

中国奶业生产水平与发达国家有较大差距,根本

原因是中国奶牛群体的遗传水平低,依靠传统的育种技术难以改变这种状况。中国农业大学张勤团队利用分子育种技术研究,建立了中国唯一的奶牛基因组选择参考群,该群体由6000头母牛和400头验证公牛组成。对每头牛测定了高密度SNP标记基因型和产奶、健康、体型、繁殖等34个性状的表型;研发了奶牛遗传缺陷和亲子关系的分子鉴定技术,建立了中国荷斯坦种公牛遗传缺陷及亲子关系监控体系;发掘了一批奶牛重要经济性状功能基因,为提高基因组选择准确性提供了重要基因信息。率先在中国奶牛群体中利用高密度SNP标记进行了产奶、健康、体型和繁殖性状的大规模全基因组关联分析。建立了奶牛主要遗传缺陷的基因诊断技术和利用微卫星或SNP标记进行亲子关系的鉴定技术,完善了奶牛分子育种技术,填补了国内空白。创建了中国荷斯坦牛基因组选择分子育种技术体系,成为中国荷斯坦青年公牛遗传评估的唯一方法。根据中国奶牛育种的实际情况,首次提出中国荷斯坦牛综合遗传评估的基因组性能指数(GCPI),研发了以基因组选择为核心的综合性分子育种方案,并在全国实施。2012年成果应用以来,已获经济效益13.35亿元,预计未来5年还将产生经济效益96.12亿元^[73]。

中国农业科学院水牛研究所梁贤威通过分子生物学手段构建了一套奶水牛基因组选择育种技术,并应用该技术初步在养殖示范区开展了高产奶水牛核心群的选择,这标志着中国奶水牛选育初步进入了现代分子育种的新时代,开启了奶水牛基因组选择育种研究的大门,对迅速增加良种奶水牛存栏量,加快水牛产业的发展具有重要的意义^[74]。

4.5 猪

中国是世界上最大的生猪养殖和猪肉消费国,猪肉性状改良一直是猪育种界最重要的研究课题之一。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所和深圳农业基因组研究所合作,破译环状RNA对猪产肉性状形成调控机制,并构建首个农业动物的环状RNA数据库,为猪品种的改良提供科学基础^[75]。

5 畜禽疾病防治

畜禽疾病防治是畜禽健康生长和优良育种的基本条件。近年来,中国畜禽业遭受了口蹄疫、禽流感、禽白血病、蓝耳病、腹泻、病毒及其他感染,造成了严重的

经济损失,中国农业科学院哈尔滨兽医研究所、上海兽医研究所、兰州兽医研究所等多家单位,从治病机理、疫苗研究、疾病防控等方面积极开展大量研究,为畜禽疾病防治和新药开发奠定了基础。

5.1 口蹄疫

口蹄疫是猪、牛、羊等主要家畜和其它家养、野生偶蹄动物共患的一种急性、热性、高度接触性传染病,该病传播途径多、速度快,曾多次在世界范围内暴发流行,造成巨大的经济损失,被世界动物卫生组织(OIE)列为A类传染病之首。疫苗免疫是预防口蹄疫的重要手段。中国农业科学院兰州兽医研究所才学鹏团队创新了制苗种毒选育、定向设计构建种毒并实现国际首例产业化、首创工业化固相多肽合成技术体系;创建了病毒抗原悬浮培养、浓缩纯化工艺技术体系和新的疫苗制造规程、标准。相关成果突破了国外技术壁垒和垄断,主要关键技术均居国际领先水平,使中国口蹄疫疫苗质量达到国际领先水平,推动和引领了中国畜禽疫苗行业发展(图24)。集成上述技术研制的疫苗在全国累计销售75亿mL,直接经济收益达56亿元,间接经济效益超过1100亿元^[76]。2016年10月16日,由中国农业科学院兰州兽医研究所联合相关企业创制的口蹄疫病毒标记疫苗“猪口蹄疫O型病毒3A3B表位缺失灭活疫苗(O/rV-1株)”成功获批注册。该疫苗是国际上首例能够精准鉴别口蹄疫病毒感染与疫苗免疫动物的新型生物制品^[77]。

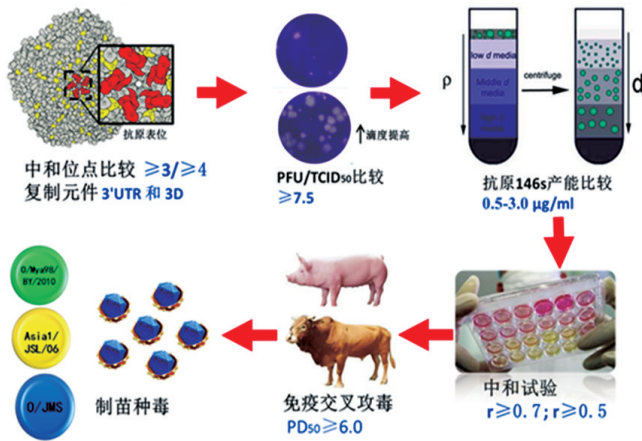


图24 口蹄疫疫苗研发过程

5.2 禽流感

中国农业科学院哈尔滨兽医研究所陈化兰领衔的国家禽流感参考实验室历时近4年的系统监测和研究,全面揭示了H7N9病毒的进化和变异情况,率先发现了

高致病性H7N9病毒,并且证明了它们对人蕴藏更大危害(图25)。农业部对H7N9病毒防控做出重要部署,在2017年3—8月捕杀和销毁100多万只鸡,控制了多起H7N9高致病性禽流感疫情。国家禽流感参考实验室研发的“H5+H7二价灭活疫苗”可同时预防家禽的H5和H7高、低致病性流感病毒,已于2017年“秋防”投入应用,将在阻止家禽H7N9病毒传播,减少环境病毒载量,阻断人感染H7N9病毒等方面发挥重要作用^[78]。

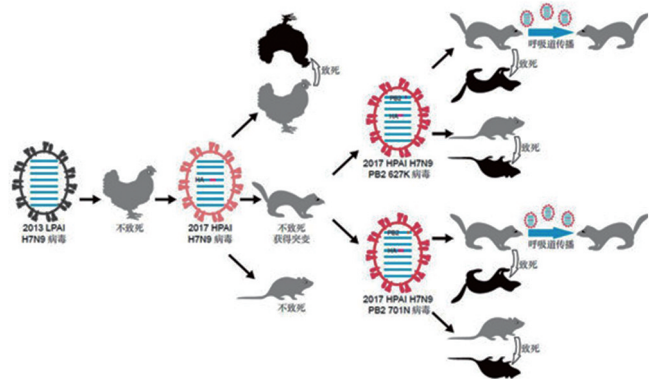


图25 H7N9病毒的进化和变异情况(2013—2017)

(图片来源:《Cell Research》,2017-10-24)

5.3 禽白血病

禽白血病是《国家中长期动物疫病防治规划(2012—2020年)》中优先防治的重要家禽传染病,没有可用的疫苗和有效的治疗措施,主要通过检测和诊断净化核心种鸡群,费时费力。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所禽免疫抑制病团队揭示了禽白血病病毒感染机制,发现J亚群禽白血病病毒与细胞受体的第一个膜外环直接结合;首次揭示第一个膜外环上的12个氨基酸是介导病毒进入细胞的最小受体功能域,其与病毒囊膜蛋白结合,启动病毒对宿主感染过程。进一步研究发现,在病毒感染过程中,人为添加可溶性的膜外环蛋白,可以抑制病毒复制,阻止病毒感染。这项研究阐明了J亚群禽白血病病毒进入细胞的分子机制,为研发抗病毒新药和制定抗病毒新策略提供了重要理论依据^[79]。

5.4 蓝耳病

猪繁殖与呼吸综合征(PRRS),又称“蓝耳病”,是危害全球养猪业最重要的疾病之一。其病原猪繁殖与呼吸综合征病毒,是公认的“疑难”病毒,具有极为复杂的免疫抑制和免疫逃逸机制。病原体复杂性导致的该病临床防治和净化困难也一直是困扰中国养猪业的一大难题。中国农业科学院上海兽医研究所马志永领衔的

猪呼吸道传染病创新团队,从PRRSV抑制宿主关键获得性免疫分子SLA-I (swine leukocyte antigen -I, 猪白细胞抗原I)入手,利用流式细胞技术确定了PRRSV抑制宿主SLA-I这一问题,从分子和细胞水平解析了PRRSV利用自身蛋白来控制宿主细胞SLA-I表达的机制,成功解析了PRRSV复杂的免疫抑制和免疫逃逸机制,推动PRRSV疫苗的研究和使用技术(图26)^[80]。

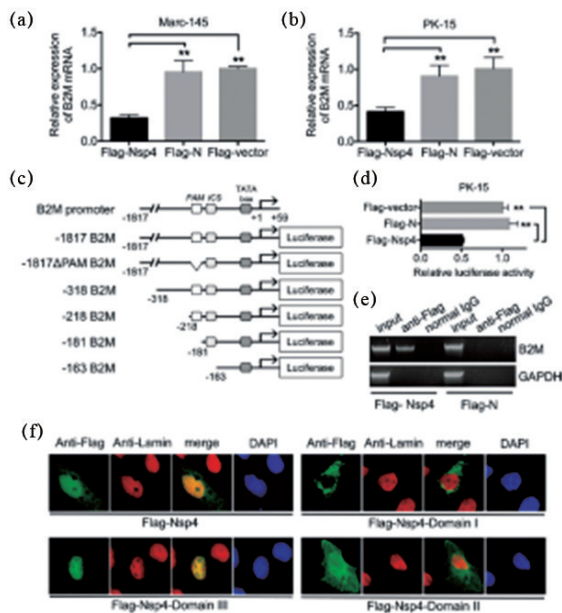


图26 PRRSV Nsp4 Domain III区域是抑制 β 2M的转录的关键区域

(图片来源:《Journal of Virology》,2016-12-21)

5.5 猪腹泻

猪流行性腹泻是由猪流行性腹泻病毒引起的,可导致猪呕吐、水样腹泻,且哺乳仔猪高死亡率的一种病毒性传染病,给养猪业造成了重大经济损失。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所猪消化道传染病创新团队克隆表达了猪源三型干扰素,可有效抑制流行性腹泻病毒感染,为猪流行性腹泻病防控提供了新思路^[81]。

5.6 传染性法氏囊病

传染性法氏囊病(IBD)是一种侵害3~6周龄雏鸡的急性、高度接触性、致死性传染病。超强毒感染一旦发生,可致雏鸡100%死亡,给养殖业造成巨大损失。世界动物卫生组织(OIE)将IBD列为影响社会经济的重要疫病。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所王笑梅团队在禽类重要免疫抑制病毒——传染性法氏囊病病毒(IBDV)与宿主相互作用研究中,揭示了宿主蛋白VDAC1通过增强RNPs复合体的稳定性从而促进聚合酶活性进而增强病毒复制的机制^[82]。

5.7 兔瘟

兔病毒性出血症病毒(Rabbit viral hemorrhagic disease, RHDV)属于杯状病毒科兔病毒属,是一种与兔养殖业密切相关的病毒,由其引发的兔出血症为急性、败血性传染病,具有极高的发病率和病死率,俗称“兔瘟”,给养兔业造成了重大经济损失。该病毒自1984年首次在中国报道以来,一直由于该病毒缺乏稳定的体外组织培养系统,严重制约了RHDV病原学以及疫苗学等方面的研发。中国农业科学院上海兽医研究所成功解决了RHDV体外增殖的技术难题,在杯状病毒研究领域取得了突破性研究进展,为RHDV致病机理研究和疫苗研发奠定了基础^[83]。

5.8 革兰氏阴性菌

大肠杆菌和沙门氏菌是主要人畜共患革兰氏阴性病原菌,造成腹泻及其他感染。对于仔猪和禽类,致病性大肠杆菌和沙门氏菌的发病率约5%~30%,严重者可导致死亡,病死率达90%以上,给畜禽养殖业带来了极大的危害,中国每年由此造成的经济损失数以亿计。人感染致病性大肠杆菌和沙门氏菌每年导致170万~250万患者死亡。中国农业科学院饲料研究所王建华团队成功创制特异性杀灭革兰氏阴性菌的新型窄谱抗菌解毒双效肽N系列,具有低毒、专抗革兰氏阴性菌、中和内毒素等特点,该研究结果为窄谱抗菌解毒双效肽等新型抗生素替代品的创制及关联新药开发提供了理论依据,有利于促进绿色抗菌产品的推广应用,符合窄谱特异性抗菌解毒新药开发需求^[84]。

5.9 埃博拉病毒

埃博拉病毒于20世纪70年代被发现,感染人可引起严重的埃博拉出血热,致死率最高可达90%,但自病毒发现以来到2014年前未造成大范围的流行。2014年初,非洲出现的埃博拉疫情共导致1万余人的死亡,给国际社会造成严重的经济和社会负担。由于该病毒的超强致死率,其被视为是生物恐怖主义的工具之一。目前尚没有获得许可在临床应用的疫苗,也没有特效的抗病毒药物。中国农业科学院哈尔滨兽医研究所基础免疫团队郑永辉和王斌在国际上首次阐明了埃博拉病毒囊膜糖蛋白的合成机制(图27),为抗埃博拉病毒药物的研发提供了新的理论依据^[85]。此外,该团队还发现了抗艾滋病病毒的天然免疫机制。这一最新结果揭示了艾滋病病毒一个“软肋”,为开发新的治疗方法提供了新策略^[86]。

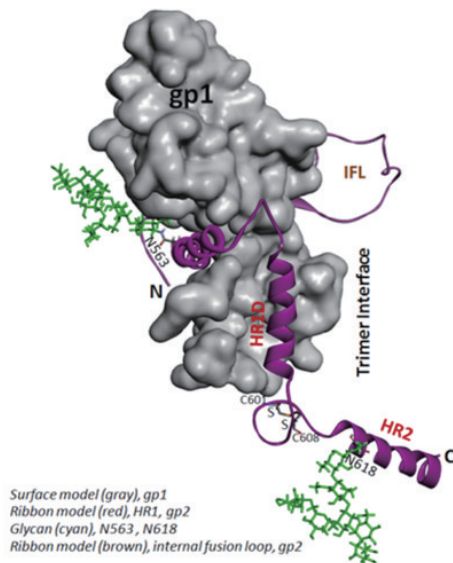


图27 埃博拉病毒囊膜糖蛋白的合成机制
(图片来源:《The Journal of Biological Chemistry》, 2017-02-14)

5.10 蜜蜂防病及检测

针对近年来全国大范围的出现蜜蜂死亡及爬蜂现象,中国农业科学院蜜蜂研究所首次在中国蜂群中鉴定了蜜蜂丝状病毒,该病毒在中国蜂群中具有较高的感染率^[87]。中国农业科学院蜜蜂研究所建立了一种能够同时分析蜂蜜和蜂王浆中涉及的42种抗生素的高通量技术方法,将样品前处理效率提高20倍以上,极大地节省了检测时间,检测成本减少了10~50倍,大幅度降低了有毒试剂的消耗,灵敏度高于现有的国家标准,该研究成果已经在农业和食品方面的多家实验室广泛推广和应用^[88]。浆蜂是中国特有的、从意蜂中选育出的世界上蜂王浆产量最高的蜂种,其大脑在调控蜜蜂行为尤其是工蜂的哺育和采集行为中发挥至关重要的作用。中国农业科学院蜜蜂研究所发现浆蜂和意蜂大脑膜蛋白和膜蛋白的磷酸化在重要代谢通路中存在显著差异;浆蜂的大脑膜蛋白及其磷酸化加强了对哺育和采集行为的调控,进而支持蜂王浆高产的生理需要,对阐明蜂王浆高产和蜜蜂产浆生物学具有创新性的理论价值^[89]。

6 园艺科学

番茄是世界第一大蔬菜作物,中国以鲜食番茄为主,其风味品质更受关注,然而近年来消费者常常抱怨

“现在的西红柿越来越没有以前的味儿了”。风味不同于产量、抗病性、外形、色泽等易于量化的育种性状,这一特性“感觉到”,但“看不见、摸不着”,这就决定了研究的难度。为了解决这一难题,中国农业科学院深圳农业基因组研究所、蔬菜花卉研究所黄三文领衔的科研团队,对100多种番茄进行了多次严格的品尝实验,历时4年多的协同攻关,确定了33种影响消费者喜好的主要风味物质,获得了控制风味的250多个基因位点,首次阐明了番茄风味调控机制,为番茄风味改良奠定了重要理论基础。该研究团队进一步发现,之所以“西红柿没有以前的味道了”,是由于在现代育种过程过于注重产量、外观等商品品质,导致了控制风味品质的部分基因位点丢失,造成13种风味物质含量在现代番茄品种中显著降低,最终使得番茄口感下降。可喜的是,这项成果为培育美味番茄提供了切实可行的路线图。目前研究团队和育种家们合作已经培养出了含糖量提高的番茄新品种,力争恢复番茄原来的浓郁风味,使美味番茄早日进入人们的餐桌。相关成果在《Science》上以封面文章的形式发表(图28)^[90]。



图28 番茄风味调控机制研究成果在《Science》以封面文章的形式发表
(图片来源:《Science》, 2017-01-27)

百合是重要观赏、食用及药用植物。普通百合的观赏期通常只有10~20天,而具有紫色或紫红色的子房的紫斑百合(*Lilium nepalense* D. Don)和亚洲百合栽培品种“Tiny Padhye”等少数百合种类或品种,当花瓣脱落后,随着这些品种的紫色子房膨大形成果实,具有很好的观赏效果和长达2~3个月的观果期。红紫色的百合子房及果实可形成新的百合观赏价值,若能将这一

观赏性状扩展到更多百合品种中,将突破现有百合仅限于观赏花(被片)这一局限性。中国农业科学院蔬菜花卉研究所百合团队发现参与花青素苷合成通路的所有结构基因(除LhANS)在紫色子房中的协同共表达是紫色子房形成的关键机理,控制百合花瓣中花青素苷合成的重要调控因子LhMYB12-Lat在调控子房花青素苷合成中也起到重要作用(图29)^[91]。该团队还揭示了双色百合花和宜兴百合腋生珠芽形成的关键分子机理,这将为花色的人工调控及分子改良提供理论依据^[92-93]。

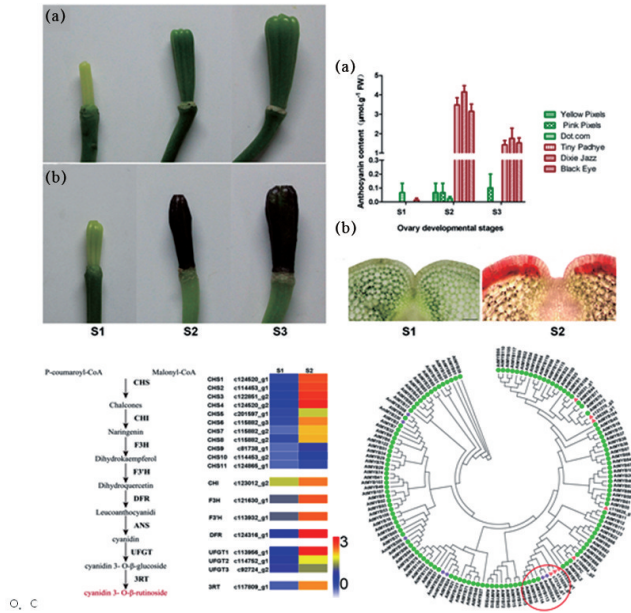


图29 白色紫色子房形成的分子机制
(图片来源:《International Journal of Molecular Sciences》,2016-11-20)

柑橘是自然界无融合生殖最具代表性和稳定性的物种之一,使得柑橘一粒种子可产生2~10个甚至30多个珠心苗,即母体的无性复制(Clonal copy),这可以使优良品种/基因型可以永久固定下来。华中农业大学邓秀新领衔的柑橘团队以柑橘原始种、野生种和栽培种的基因组为基础,采用比较基因组、遗传学和转录组等方法解析了柑橘“多胚”形成的分子基础,锁定了关键基因CitRWP,完成了4个柑橘代表种的基因组,利用单分子测序技术(PacBio)构建了迄今为止最为完整的柑橘基因组,其中Contig N50为2.2 Mb,是已经报道的柑橘基因组的18倍以上(图30)。柑橘多胚基因的发掘和利用对于固定优良基因型、排除珠心胚的干扰、提高育种效率具有重要意义^[94]。

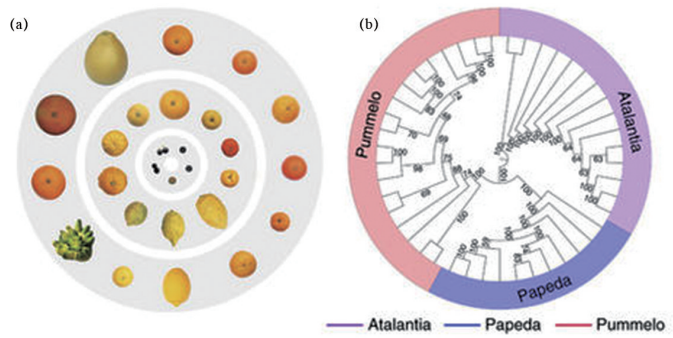


图30 原始、野生和栽培柑橘的遗传结构分析
(图片来源:《Nature Genetics》,2017-04-11)

7 分子生物技术

分子生物学技术的发展为农业科技创新注入了新动力。2017年,农业科学家利用分子生物学技术在作物开花调控、植物避荫反应、叶型发育、次生代谢物和育性调控等方面揭示了分子调控机制,为作物遗传改良和育种实践提供了重要理论基础。另外,创建了基因编辑突变体筛选方法、纳米遗传转化方法及DNA测序方法,并改进和发展了CRISPR/Cas9技术,发现了植物中高效的转录激活系统dCas9-TV,为作物分子遗传育种和转基因研究提供了关键技术支持。

7.1 作物开花调控

中国农业科学院作物科学研究所毛龙领衔的创新团队从成花素基因FT2的可变剪切角度揭示了一个新成花素基因转录后调控的分子机制,其在小麦、大麦等早熟禾亚科作物中具有保守性,是调控此类作物开花及抽穗期的重要机制(图31)^[95]。

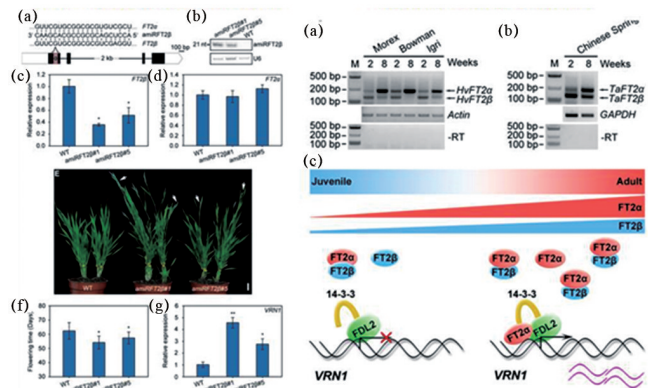


图31 人工下RNA干扰可变剪切转录使短柄草提前开花;FT可变剪切调控开花机制
(图片来源:《Nature Communications》,2017-02-01)

7.2 植物避荫反映

面对可用耕地日趋减少和人口的不断增加,密植栽培是提高作物单位面积产量的有效途径。然而,密植条件会引起植株的相互遮荫导致植株感受的光照质量发生改变,从而激发植株的一系列避荫反应,表现为植株的株高增加、茎秆变细、叶片变窄及早衰、开花提早、分枝减少,最终导致植株产量降低。因此,生产上要求培育耐密植的作物品种,耐密高产必须具有合理的株型。中国农业科学院生物技术研究所科研团队在高等植物避荫反应调控机制方面取得新进展,该研究首次阐明了光敏色素 phyB-PIFs 和 miR156-SPLs 调控模块之间的互作联系,完善了避荫反应的调控机理,为耐荫、耐密作物新品种的培育奠定了理论基础^[96]。

7.3 叶型发育

叶片是植物进行光合作用的主要器官,叶片的形态、结构等叶型性状直接决定植物的光合作用效率进而影响其生物产量。中国农业科学院生物技术研究所研究发现,过表达 WOX 家族基因 STF 能够引起水稻、二穗短柄草和柳枝稷等禾本科植物的叶片变宽、加厚,茎秆粗壮,光合效率明显提高,抗倒伏能力显著增强,为作物高光效遗传改良和育种实践提供了重要的理论基础^[97]。

7.4 次生代谢物和育性调控

植物能够合成各种次生代谢物,包括生物碱、萜类、黄酮类、硫代葡萄糖苷等,它们参与调控植物的品质、生长发育、生物和非生物胁迫等各种生理生化过程。中国农业科学院生物技术研究所深入揭示了 MYB 抑制子调控植物次生代谢物生物合成的分子机制,为植物代谢工程和品质改良提供了重要的理论基础^[98]。此外,还揭示了 5-甲基胞嘧啶修饰在植物信使核糖核酸上的分布规律,阐述了其调控植物发育及基因表达的新机制^[99]。中国农业科学院作物科学研究所研究发现一种新的蛋白质修饰方式调节植物育性,该研究丰富了植物育性调控机制,为将来作物遗传育种提供了新线索和思路^[100]。

7.5 基因突变体筛选

中国水稻研究所水稻染色体工程及基因组编辑创新团队与苏州大学黄健团队合作,创建了一种简单高效的基因编辑突变体筛选方法。利用 ACT-PCR,研究人员不仅在水稻中快速鉴定出单突变体和多突变体,同时也在斑马鱼中成功鉴定出突变体,表明 ACT-PCR

的应用不受物种的限制。除用于基因编辑突变体鉴定之外,研究还发现结合实时荧光定量 PCR 技术,ACT-PCR 还可用于定量计算在细胞系中进行的基因编辑效率,与常用的 PCR 产物酶切等方法相比,通过定量 ACT-PCR 得到的数据更为接近于真实的编辑效率^[101]。

7.6 遗传转化方法

发展高效、安全的新型遗传转化方法,一直是基因工程、分子生物学和遗传育种等领域的研究热点之一。传统植物转基因方法,通常需要比较繁杂的组织培养等植物再生程序,才能获得转基因植株,尤其像棉花等难再生作物的转基因植物制备更加困难。中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所与生物技术研究所科研团队开展联合研究,利用磁性纳米粒子作为基因载体,在外加磁场介导下将外源基因输送至花粉内部,经人工授粉利用自然生殖过程直接获得转化种子,再选育获得稳定遗传的转基因后代。该方法将纳米磁转化和花粉介导法相结合,克服了传统转基因方法组织再生培养和寄主适应性等方面的瓶颈问题,可以提高遗传转化效率,缩短转基因植物培育周期,实现高通量与多基因协同并转化,适用范围与用途非常广泛,对于加速转基因生物新品种培育具有重要意义,开辟了纳米生物技术研究的新方向(图 32)^[102]。

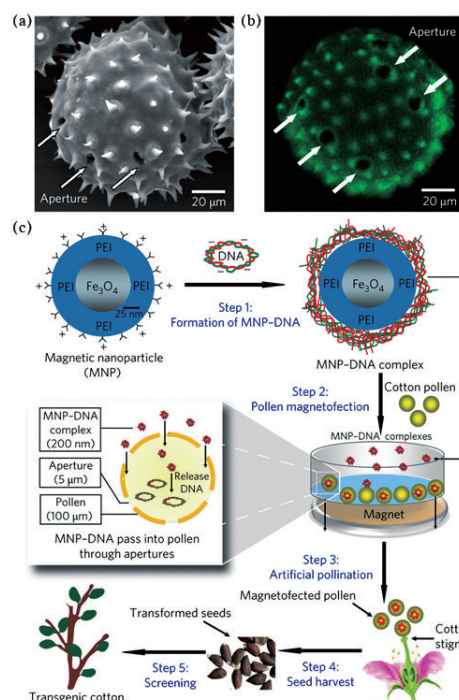


图 32 基于 Fe_3O_4 纳米磁转化系统的花粉介导棉花转基因技术过程和原理

(图片来源:《Nature Plants》,2017-11-27)

7.7 DNA 测序方法

北京大学黄岩谊团队日前在DNA测序方法的研究上取得重要突破。该团队在此前谢晓亮首创的荧光发生测序技术基础上发展了一种全新概念的测序方法——纠错编码(简称ECC)测序法。ACTG4种碱基,抽象成图33中4个不同颜色不同结构的镂空立方体,可以通过3种正交的方式解构为两两组合。在ECC测序中,每个碱基均通过3次“投影”进行了测量,再通过3个投影重构出原来的序列。ECC测序法采取一种独特的边合成边测序(SBS)策略,利用多轮测序过程中产生的简并序列间的信息冗余,大幅度增加了测序精度。这将为以后作物基因改良和育种提供更精确的测序手段^[103]。

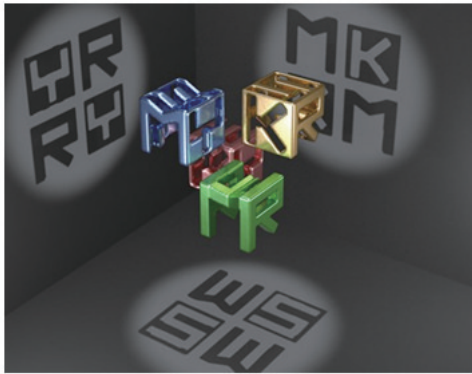


图33 DNA测序的4种碱基的抽象结构
(图片来源:《Nature Biotechnology》,2017-11-06)

7.8 CRISPR/Cas9 技术

CRISPR/Cas9是目前应用最为广泛的基因组编辑技术,已在作物基因功能研究及品种改良中取得了巨大成功,但这种方法存在潜在脱靶效应、易出现嵌合体、实验操作要求高、生产成本较高等缺陷。中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞团队通过将CRISPR/Cas9蛋白和gRNA在体外组装成核糖核蛋白复合体(RNP),再利用基因枪法将CRISPR/Cas9 RNP转入小麦细胞中,在2个六倍体小麦品种中分别对2个不同基因tagw2和tagasr7进行了定点编辑,成功地在小麦中建立了全程无外源DNA的基因组编辑体系。研究结果显示,CRISPR/Cas9的RNP表达体系可以明显降低脱靶效应。这种DNA-free的基因组编辑方法具有精准、特异、简单易行、成本低廉的优势,并且成功避免了外源DNA片段整合到基因组中的潜在风险。这一利用CRISPR/Cas9 RNP实现小麦基因组编辑的方法有助于

最大程度的减少监管,建立起精准、生物安全的新一代育种技术体系,加快作物基因组编辑育种产业化进程^[104]。此外,高彩霞团队还利用Cas9变体(nCas9-D10A)融合大鼠胞嘧啶脱氨酶(rAPOBEC1)和尿嘧啶糖基化酶抑制剂(UGI),构成了高效的植物单碱基编辑系统nCas9-PBE,成功地在三大重要农作物(小麦、水稻和玉米)基因组中实现高效、精确的单碱基定点突变,突变效率最高可达43.48%。nCas9-PBE技术无需在基因组的靶位点产生DNA双链断裂(DSB),也无需供体DNA的参与,具有简单、广适、高效的特点。nCas9-PBE单碱基编辑系统成功建立和应用,为高效和大规模创制单碱基突变体提供了一个可靠方案,为作物遗传改良和新品种培育提供了重要技术支撑^[105]。

转录激活子VP64与dCas9融合可以促进靶向基因的表达,但只能较小程度地提高转录水平。目前报道的3种基于dCas9技术的转录激活系统(VPR, SAM和SunTag)在动物细胞中得到很好的应用,但在植物中还没有一种有效的转录激活系统。中山大学教授李剑峰报道了一种植物中的高效的转录激活系统dCas9-TV,与dCas9-VP64相比,dCas9-TV在单基因或者多基因的激活方面都表现的比较强的激活效率,研究表明该系统同样适用动物细胞。该研究团队应用同样的策略,利用dCpf1替换dCas9,获得dCpf1-TV,该系统转录激活效率要低于dCas9-TV^[106]。

8 耕作栽培与农业机械化

良好的耕作栽培理论和制度是作物获得高产、优质、高效的重要基础和保障。农业机械化是实现作物耕作和管理现代化的关键条件。中国在小麦立体匀播技术、玉米增产增效研究、叶菜收获机、精确变量播种施肥机、油菜割晒机和种肥定位同播技术、菜油防病管理技术、菜籽油提取工艺装备、超级稻精量穴直播技术等方面取得新的进展。

8.1 小麦立体匀播技术

“七分种,三分管”,强调了小麦播种技术的重要性。针对目前生产上小麦播种方式主要采用条播或撒播,容易出现播种不够均匀、深浅不一致、植株个体间差异较大等问题,中国农业科学院作物科学研究所赵广才团队研发的小麦立体匀播技术,使得麦苗由原来的成行成线,变为均匀分布,可一次完成施肥、旋耕、播

种、镇压、覆土、再镇压等6道作业工序,不仅省去了拖拉机反复进地作业造成的土地板结,而且节省农耗时间,既节能又环保(图34、图35)。小麦立体匀播技术打破了条播传统,使种、肥、土立体均匀分布,为每一颗种子提供尽量立体均衡的生长环境,上紧下松,不仅防漏风还能够防止水分蒸发。通过前后2次镇压,提高了小麦出苗的整齐度,有利于出苗全和形成冬前壮苗。同时增加了苗期田间覆盖度,有效减少土壤水分蒸发,利于节水。该技术还解决了缺苗、断垄现象,提高了小麦的分蘖成穗率和均匀度,是一项能够同时实现节本、增产和增效的创新技术。通过在陕西、安徽、河北、河南等地的试验示范,小麦立体匀播技术比传统播种技术平均增产5%以上。小麦立体匀播技术的研发成功,是小麦播种技术的一项重大变革,实现了土地替代技术与劳动替代技术的完美融合^[107-108]。



图34 小麦立体匀播机

(图片来源:中国农业科学院作物科学研究所研究员赵广才)



图35 利用小麦立体匀播技术播种的田间展示

(图片来源:中国农业科学院作物科学研究所研究员赵广才)

8.2 玉米增产增效研究

针对当前中国玉米生产面临的规模小、机械化程度低、秸秆综合利用率低、农药化肥用量大等问题,中国农业科学院作物科学研究所联合多家单位提出了以玉米密植群体调控栽培、玉米减肥增效与免耕、全程机械化、病虫害绿色防控、玉米-大豆减肥增效轮作、玉米粒籽直收与烘干、玉米秸秆综合利用、玉米生产信息化

管理等8项技术为核心的综合技术集成解决方案。项目2017年在铁岭县蔡牛张庄合作社开展示范,核心示范田每亩可增收接近400元。其中,亩产可达850 kg以上,增产50~100 kg、增收250元;综合节本超过140元,节约5元,节肥15元,节省劳动力成本120元以上^[109]。2017年,由中国农业科学院作物科学研究所李少昆牵头开展了玉米产量潜力突破研究和全程机械化技术示范推广,试验面积100亩,选用49个耐密高产品种,实施密植高产全程机械化栽培和水肥一体化技术,充分挖掘良种、良法与光温水肥资源的增产潜力。根据测产结果,共有11个品种单产达到1400 kg,其中最高实测单产达到1517.11 kg,再次刷新了全国玉米高产纪录,实现了单季亩产吨半粮的突破^[110]。

8.3 超级稻精量穴直播技术

中国水稻研究所王丹英的研究成果“超级稻机械精量穴直播高产高效技术研究及应用”,集超级稻高产高效与机械化轻简栽培为一体,解决了超级稻小播量条件下直播有序精量全苗、抗倒、除草和稳产等难题,成果累计应用面积201万亩,增产稻谷8.4万吨,增收2.3亿元。应用该技术亩省工1.1~1.6个,节肥7.4%,节水30%,效益显著^[111]。

8.4 精确变量播种施肥机

随着农业生产的发展,发展精准农业已成为现代农业可持续发展的迫切要求。作为精准农业主要的技术环节,精准播种、精准施肥是保证粮食作物丰产丰收的基础。由农业部南京农业机械化研究所种植机械创新团队研发的“精确变量播种施肥机”具有播量模型在线标定功能,可实现不同品种、不同类型种子、肥料的播量模型实时标定,增加了播种施肥装备的通用性,满足大型机具的作业功能多样化,同时该装备具有漏播、堵塞实时监测、RTK-GPS动态定位、CAN总线控制、网络通讯协议等特点,机手在驾驶室可实时接收作业地块的播种施肥处方图,结合研制的自动辅助驾驶系统,可实现播种施肥作业的“一键化”操作。该技术充分体现了以智能装备为载体、以信息化为特征的技术优势,代表了未来规模化、信息化、智慧化的现代农业发展方向^[112]。

8.5 油菜割晒机和种肥定位同播技术

针对油菜机械化收获损失率高、适应性差等问题,农业部南京农业机械化研究所创制了4SY-2型油菜割晒机、4SJ-1.8型油菜捡拾脱粒机、4LZY-2.0S型油菜联

合收割机和4LZY-3.5Z型油菜联合收割机。“油菜机械化收获技术”自2014年以来连续确定为农业部主推技术,其主要技术性能指标达到国际先进水平。成果在星光农机股份有限公司实施转化,在苏、浙、皖、湘、鄂等主产区大面积推广应用,为发展油菜生产作出了重要贡献^[113]。中国农业科学院油料作物研究所建立的种肥定位同播技术以油菜全程机械化生产为方向,通过农机农艺融合、关键技术集成创新,将有力推动油菜绿色高产高效“345”模式(成本控制在300元左右,亩产菜籽达到200 kg,亩纯收入实现500元)的示范推广^[114]。

8.6 菜油防病管理技术

中国农业科学院油料作物研究所针对油菜产中轻简化和机械化程度低,传统菌核病的防治技术滞后、费时耗工等油菜生产发展的制约因素,在国内率先研发并推广了油菜产中管理及菌核病防控全程轻简化、机械化技术集成。该技术体系由芽前封闭除草机械化技术、油菜“一促四防”(促进后期生长发育、防菌核病、防花而不实、防早衰、防高温逼熟)无人机喷药技术、油菜新型化学干燥技术、秸秆(菌核)快速腐解技术等4个核心技术组成,使油菜产中管理也变成一门“懒汉”技术。2013年以来,中国农业科学院油料作物研究所先后在油菜主产省份建立100万亩示范区(图36),发现油菜产中管理及菌核病防控全程轻简化、机械化技术体系与传统技术相比,成本降低2/3以上,菌核病防治效果平均提高18%以上,化肥农药减施20%以上,油菜增产15%以上,亩综合效益增加100元以上^[115]。



图36 湖南省沅江市草尾镇油菜产中机械化管理示范基地
(图片来源:中国农业科学院油料作物研究所)

8.7 菜籽油提取工艺装备

菜籽油是中国国产第一大宗的食用植物油。针对中国目前油料功能脂质市场需求快速增长,缺乏高效制备技术等难题,中国农业科学院油料作物研究所黄

凤洪团队经10多年协同攻关,建立了“高品质浓香菜籽油7D工艺技术装备”,加工的浓香菜籽油高脂类伴随物保留率从不足30%提高至80%以上,功能活性菜籽多酚 canolol 提高了8倍;发明了广适高效的脂质分子修饰与物理改性技术,创制出纯度达96.9%的新型功能脂质 α -亚麻酸甾醇酯,其脂溶性较甾醇提高20倍,整体技术处于国际领先水平,产品销往美国、德国、丹麦等国家和地区,为油料产业升级换代、改善国民营养健康和促进农民增收作出重要贡献^[116]。

8.8 叶菜收获机

蔬菜产业是中国农业农村经济重要支柱产业,关乎农民“钱袋子”和城镇居民“菜篮子”。据统计,全国叶类蔬菜种植面积高达1.2亿亩,但蔬菜生产机械化水平极低,目前依然沿袭传统的手工采收,严重制约了其规模发展。农业部南京农业机械化研究所果蔬茶创新团队研制的轻简型叶菜无序收获机、自走式叶菜无序收获机和手扶式叶菜有序收获机正式亮相(图37)。其中,叶菜有序收获技术填补了国内研究空白,满足了市场需要,为实现蔬菜全程机械化提供了重要的技术支持,极大的节省了时间和人力,在全国范围具有广阔的推广应用价值^[117]。



图37 叶菜收获机

(图片来源:农业部南京农业机械化研究所)

9 农产品加工及储藏

马铃薯适应性强、耐瘠薄干旱、产量高、营养丰富,对保障国家粮食安全、改善膳食营养、实现可持续发展至关重要。中国马铃薯种植面积、总产量均居世界第一,但因马铃薯不含面筋蛋白,成型性、延展性、成膜性、持气性差,手工难以制作成适合中国居民饮食习惯和口味偏好的主导产品,一直未成为中国居民主食。中国农业科学院农产品加工研究所在世界上率先实现

了马铃薯中式主食加工技术、产品、装备、工艺、专用品种筛选、原料生产、标准制订、检验检测方法、示范推广和企业培育的整体突破,创制的马铃薯主食加工系列技术、产品推向市场后得到业界广大同仁、企业和消费者的一致好评,先后得到党和国家领导人、有关部委和国际社会的高度评价。该成果在全国9个省7个市百余家重点企业示范应用,累计销售额45.4亿元,为社会创造新增经济效益8.9亿元,带动20万户农民种植马铃薯,增加农民收入4.0亿元,经济、社会效益显著,标志着中国马铃薯中式主食加工整体技术已达国际领先水平^[118]。此外,“马铃薯主食化精准营养3D食品打印技术”的发明,能够满足不同人群的精细化营养需求,引领现代食品产业发展的前沿技术^[119]。

10 农业环境和可持续发展

南方水稻(即长江中下游、西南、华南三大稻区)常年植稻面积3.76亿亩,其中低产水稻土约占1/3,制约了水稻高产增收。中国农业科学院农业资源与农业区划研究所周卫团队历时10余年,全面构建了低产水稻土改良与地力提升技术体系,研发出黄泥田有机熟化、白土厚沃耕层、潜育化水稻土排水氧化、反酸田/酸性田酸性消减、冷泥田厢垄除障等一系列低产水稻土改良关键技术,为中国水稻产业发展提供了有力支撑。该研究形成的系列成果已在南方11个省规模化应用,近3年累计示范推广5730万亩,技术覆盖率达51.5%,技术产投比达7.3:1,新增社会经济效益总产值161.5亿元,新增纯收入131.9亿元^[120]。

中国农业科学院作物科学研究所张卫建团队的研究发现,水稻高产新品种不仅可以通过根系分泌物和凋落物的形式为稻田 CH_4 产生菌提供更多的碳源,促进 CH_4 产生过程;同时也可以通过强大的通气组织(根系)为稻田 CH_4 氧化菌提供更多的氧气,促进 CH_4 氧化过程。因此,中国水稻高产新品种的大面积推广,不仅保障了国家的口粮安全,而且起到了 CH_4 显著减排效果,对应对气候变化的作物品种改良和稻作技术创新具有重要意义^[121]。

11 农业质量标准与检测

中国农业科学院农业质量标准与检测技术研究所

王静主持完成的“农产品中典型化学污染物精准识别与确证检测关键技术研究及应用”成果,针对农产品中化学性污染物的检测快速检测产品品种不全、高通量多组分确证技术覆盖面窄等问题,实现了基于分子印迹仿生识别技术的农产品中4种化学污染物的快速检测。创建了免疫检测增敏和复杂基质干扰控制技术,开发出21种稳定准确的试剂盒(试纸条)。构建了18套农兽药、违禁添加物等典型化学污染物的确证检测技术体系。目前已在全国31个省市的龙头企业、质检风评机构、科研院所及种养殖基地等1000余家单位应用,2013—2015年新增销售额4292.59万元。对促进农产品质量安全检测技术进步、保障消费安全作出了突出贡献,经济社会效益显著^[122]。

中国农业科学院农业质量标准与检测技术研究所通过调控和有序自组装后金基纳米材料(AuNMs)对电化学、可见光谱、荧光等信号的传导、放大和增强效应以及在分析科学方面的应用技术,为进一步建立稳定、可靠的农产品及饲料质量安全分析速测新技术与新方法提供了基础^[123]。奶业方面,依托中国农业科学院北京畜牧兽医研究所,建立中国首个专业性奶业技术研究实验室^[124]。

12 其他

中国家禽业从2004年开始遭受到H5N1高致病性禽流感的重大打击,2005年底开始中国对境内的所有的鸡、鸭、鹅等主要家禽实行全面强制免疫措施,取得了明显的防控效果。然而,中国每年的H5N1禽流感疫苗使用量约为200亿剂,每年的免疫成本约为60亿元;在过去的10余年间,中国的H5N1禽流感免疫总成本高达600多亿元,使财政长期背上了沉重的负担。中国农业科学院农业经济与发展研究所王济民领衔的粮食安全与畜牧经济创新团队,通过建立动物流行病模拟模型,对中国H5N1高致病禽流感所采取的防控策略进行了技术和经济综合评估。研究认为,中国H5N1禽流感防控“强制免疫”措施,成本巨大,采用直接的“扑杀”措施将是更好的选择。2004—2012年“直接扑杀”成本仅为“全面免疫”策略的1.36%,可节约防控成本约570亿元,扑杀措施具有巨大的经济优势。该研究为定量评价中国H5N1禽流感防控策略提供了新的视角,有助于提高中国H5N1禽流感防控决策的科学性^[125]。

小农户技术转型是全球可持续发展的巨大挑战。中国农业大学资源与环境学院张福锁团队建立了科技小院模式,通过产量差分析、农户参与式技术创新、农户组织模式创新与技术扩散途径创新等,系统破解了小农户增产增效的关键限制因素,并实现了县域尺度的增产增效。科技小院入住五年之后,曲周农民知识水平大幅提高,高产高效技术采用率从2009年的17.9%提高到了53.5%,2009—2014年,全县粮食单产实现了试验基地产量水平的79.6%(2009年为62.8%),全县粮食总产增长了37%,养分效率提高20%以上,农民收入增长了79%,曲周县一跃而成全国粮食生产先进县。研究团队已在全国21个省市建立了81个科技小院,探索不同区域、不同优势作物、不同经营主体条件下农业转型的技术、应用模式和区域大面积实现的途径。科技小院模式提供了农民与科学家交流、农民创新、不同服务主体协作的平台,是国际上关于大面积推动小农户增产增效的典型成功案例,是全球提高粮食产量、减少环境污染的重要途径^[126]。

参考文献 (References)

- [1] 我分子设计育种技术取得重大突破性进展[N/OL]. 光明日报, 2017-11-01(9). http://news.gmw.cn/2017-11/01/content_2666-3920.htm.
- [2] 科学家构建出目前最高质量的植物基因组参考序列[EB/OL]. (2017-05-05). http://www.cas.cn/syky/201705/t20170505_459-9285.shtml.
- [3] 水稻理想株型基因超高产等位位点的克隆与作用机理解析取得重要进展[EB/OL]. (2017-03-21). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201703/t20170321_4762124.html.
- [4] 分子设计育种调控水稻产量与品质[EB/OL]. (2017-03-24). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280451.html>.
- [5] 我科学家揭示水稻粒宽与粒重调控新机制[EB/OL]. (2017-04-11). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280948.html>.
- [6] 西南大学何光华教授团队发现水稻高产新途径[EB/OL]. (2017-08-29). http://www.sohu.com/a/168048605_732029.
- [7] 中国农大水稻耐寒性研究取得突破性进展[EB/OL]. (2017-03-27). <https://732029.kuaizhan.com>.
- [8] 李云海研究组在水稻籽粒大小调控研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-06-29). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201706/t20170629_4819970.html.
- [9] 周奕华研究组在水稻次生壁形成调控机理研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-11-28). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201711/t20171128_4899313.html.
- [10] 孙传清教授团队水稻产量性状基因克隆取得重要进展[EB/OL]. (2017-11-15). http://news.cau.edu.cn/art/2017/11/15/art_8769_543754.html.
- [11] 我科学家解析杂交水稻粒型和垩白性状的遗传基础[EB/OL]. (2017-08-21). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283992.html>.
- [12] 水稻所与植保所联合研究揭示水稻PCD和免疫调控新机制[EB/OL]. (2017-01-20). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279-161.html>.
- [13] 我科学家揭示水稻高温逆境下调控叶绿体稳定发育的分子机理[EB/OL]. (2017-11-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284742.html>.
- [14] 水稻所专家解析了水稻小穗内小花数目的发育调控机制[EB/OL]. (2017-11-15). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284-764.html>.
- [15] 水稻所揭示水稻叶绿体发育新机制[EB/OL]. (2017-06-16). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283340.html>.
- [16] 资划所发现水杨酸调控根系发育机制[EB/OL]. (2017-03-24). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280447.html>.
- [17] 水稻所发现水稻抗旱耐盐生理调控机制[EB/OL]. (2017-12-22). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/285120.html>.
- [18] 华中农大罗杰课题组在水稻次生代谢研究方向获得新进展[EB/OL]. (2017-12-07). http://www.sohu.com/a/209120608_732029.
- [19] 山东农大克隆“国宝级”小麦雄性不育基因[EB/OL]. (2017-04-29). http://www.sohu.com/a/137782356_355206.
- [20] 作科所成功克隆与解析小麦太谷核不育基因[EB/OL]. (2017-05-16). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282214.html>.
- [21] 我国科学家发表雄性不育基因MS1最新研究内容[EB/OL]. (2017-11-07). http://www.sohu.com/a/203050749_732029.
- [22] 作科所牵头绘制出小麦D基因组精细图[EB/OL]. (2017-11-21). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284818.html>.
- [23] 作科所研究揭示小麦幼穗发育基因调控特点[EB/OL]. (2017-05-26). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282864.html>.
- [24] 焦雨铃研究组等在小麦穗型调控分子模块解析中取得新进展[EB/OL]. (2017-08-15). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201708/t20170815_4847586.html.
- [25] 玉米重要营养品质优良基因发掘与分子育种应用[EB/OL]. (2017-03-15). <http://kjcg.cau.edu.cn/index.php?m=content&c=index&a=show&catid=10&id=86>.
- [26] 华中农大解析野生大刍草对玉米遗传改良的贡献[EB/OL]. (2017-12-01). http://www.sohu.com/a/207744206_732029.
- [27] 玉米单倍体诱导机制(华中农大和中国农大)[EB/OL]. 2017-10-23. http://www.sohu.com/a/199902325_732029.
- [28] 作科所专家提出FT家族基因调控大豆发育方向的跷跷板模型[EB/OL]. (2017-11-23). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284839.html>.
- [29] 作科所利用基因组编辑技术创制大豆晚花突变体[EB/OL]. (2017-05-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282928.html>.

- [30] 大豆生态适应性遗传机制方面取得重要进展[EB/OL]. (2017-03-21). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201703/t2-0170321_4762099.html.
- [31] 张劲松研究组和陈受宜研究组等鉴定了大豆百粒重调控基因 [EB/OL]. (2017-04-05). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201704/t20170405_4771360.html.
- [32] 大豆重要性状遗传网络解析取得重要进展[EB/OL]. (2017-08-28). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201708/t2017082-8_4852246.html.
- [33] 大麦基因组研究取得重大突破[EB/OL]. (2017-05-04). <http://www.nsf.gov.cn/publish/portal0/tab448/info68457.htm>.
- [34] 苦荞基因组的测序揭示芦丁的生物合成及耐逆机制[EB/OL]. (2017-09-04). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/2017-09/t20170904_4855141.html.
- [35] 我国首个观赏型芝麻品种“H16”问世[EB/OL]. (2017-09-01). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284073.html>.
- [36] 我国芝麻研究跃居国际领先行列[EB/OL]. (2017-03-31). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280655.html>.
- [37] 突破品种选育及应用技术 助力新疆棉花产业稳定发展[EB/OL]. (2017-01-18). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279047.html>.
- [38] 新疆无膜棉示范成功助推产业链绿色发展[EB/OL]. (2017-09-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284314.html>.
- [39] 生物所育成新型高抗低残留抗草甘膦棉花[EB/OL]. (2017-04-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281545.html>.
- [40] 棉花所创建了一种简单高效的棉花内源基因编辑筛选方法[EB/OL]. (2017-05-04). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281-649.html>.
- [41] 我科学家领衔发表遗传增益改良长篇专论[EB/OL]. (2017-06-08). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283179.html>.
- [42] 基因之后,农作物外表成研究新热点[N/OL]. 科技日报, 2017-18-08(4).
- [43] 储成才课题组研究发现野生稻并不“野”[EB/OL]. (2017-04-10). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201704/t20170410_4-772871.html.
- [44] 浙江大学樊龙江团队揭示水稻去驯化及杂草稻环境适应遗传机制[EB/OL]. (2017-05-26). http://www.sohu.com/a/1436-00017_732029.
- [45] 华中农大在莴苣演化及花青素调控研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-12-24). http://www.sohu.com/a/212440483_7320-29.
- [46] 山东农业大学陈学森科研团队成功揭示苹果起源演化历史[EB/OL]. (2017-08-16). http://www.sohu.com/a/165075614_7-32029.
- [47] 我国首次发现西方蜜蜂的原生种群[EB/OL]. (2017-12-12). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/285017.html>.
- [48] 植保所研究阐明害虫对Bt作物抗性治理新策略[EB/OL]. (2017-05-11). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281967.html>.
- [49] 朱祯研究组在植物RNAi抗虫研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-03-28). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201703/t2-0170328_4764925.html.
- [50] 我科学家揭示大丽轮枝菌寄生适应性的分子进化机制[EB/OL]. (2017-11-06). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284670.html>.
- [51] 加工所发现黄萎病致病性调控新机制[EB/OL]. (2017-05-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282945.html>.
- [52] 加工所发现大丽轮枝菌与寄主互作新机制[EB/OL]. (2017-10-31). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284595.html>.
- [53] 加工所科研团队发现跨膜受体蛋白介导棉花对黄萎病的抗性分子机制[EB/OL]. (2017-06-06). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283099.html>.
- [54] 加工所研究揭示棉花抗黄萎病的分子遗传结构[EB/OL]. (2017-04-12). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280954.html>.
- [55] 烟草所发现花生条纹病毒侵染寄主新机制[EB/OL]. (2017-06-14). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283329.html>.
- [56] 我国科学家发现水稻广谱抗稻瘟病的新机制[EB/OL]. (2017-07-28). <http://www.nsf.gov.cn/publish/portal0/tab448/info69902.htm>.
- [57] 北大生命科学学院李毅课题组在RNA沉默通路参与水稻抗病毒防御机制研究方面取得新发现[EB/OL]. (2017-01-10). http://pkunews.pku.edu.cn/xxfz/2017-01/10/content_296527.htm.
- [58] 我科学家揭示水稻条纹病毒通过干扰植物蛋白棕榈酰化快速建立侵染新机制[EB/OL]. (2017-12-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/285035.html>.
- [59] 李毅课题组揭示了一种调控植物生长发育重要激素——乙烯有利于病毒侵染的分子机理[EB/OL]. (2017-10-16). http://pkunews.pku.edu.cn/xxfz/2017-10/16/content_299482.htm.
- [60] 我国科学家发现作物病原疫霉菌致病新机制[EB/OL]. (2017-02-27). <http://www.nsf.gov.cn/publish/portal0/tab448/info55643.htm>.
- [61] 南京农业大学作物疫病研究团队发现病原菌调控寄主免疫新机制[EB/OL]. (2017-12-13). http://www.sohu.com/a/20101-94584_732029.
- [62] 高效低风险理念引领农药新发展[EB/OL]. (2017-01-16). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/278656.html>.
- [63] 植保所阐述昆虫可溶性嗅觉蛋白功能的多样性[EB/OL]. (2017-05-19). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282511.html>.
- [64] 植保所揭示棉铃虫交配调控作用新机制[EB/OL]. (2017-05-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282940.html>.
- [65] 我科学家揭示熊蜂与昆虫共享结构类似的性信息素成分[EB/OL]. (2017-10-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284-574.html>.
- [66] 植保所揭示植物防御性物质合成途径[EB/OL]. (2017-05-19). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282514.html>.
- [67] 植保所揭示病毒抑制植物RNA沉默新机制[EB/OL]. (2017-

- 02-23). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279599.html>.
- [68] 植保所揭示水稻程序性细胞死亡新机制[EB/OL]. (2017-01-18). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279057.html>.
- [69] 特产所首次破译鹿科动物全基因组序列[EB/OL]. (2017-11-07). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284691.html>.
- [70] 牧医所专家发现羊繁殖力调控基因及分子机制[EB/OL]. (2017-01-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/278635.html>.
- [71] “高山美利奴羊新品种培育及应用”获甘肃省科技进步一等奖[EB/OL]. (2017-02-15). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279440.html>.
- [72] 创新黄羽肉鸡品种培育与应用技术, 支撑产业健康发展[EB/OL]. (2017-01-23). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279267.html>.
- [73] 中国荷斯坦牛基因组选择分子育种技术体系的建立与应用[EB/OL]. (2017-03-15). <http://kjcg.cau.edu.cn/index.php?m=content&c=index&a=show&catid=10&id=85>.
- [74] 水牛所开启奶水牛基因组选育研究的“大门”[EB/OL]. (2017-08-09). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283886.html>.
- [75] 牧医所破译环状 RNA 调控猪产肉性状形成分子机制[EB/OL]. (2017-08-02). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283803.html>.
- [76] 创新口蹄疫高效疫苗制备技术, 引领我国畜禽疫苗产业发展[EB/OL]. (2017-01-20). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279102.html>.
- [77] 兰州兽医所创制全球首例口蹄疫病毒标记疫苗[EB/OL]. (2017-11-03). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284640.html>.
- [78] 国家禽流感参考实验室为 H7N9 流感防控再立新功[EB/OL]. (2017-10-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284562.html>.
- [79] 哈尔滨兽医所揭示禽白血病毒病毒感染机制[EB/OL]. (2017-12-06). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284955.html>.
- [80] 上海兽医所揭示蓝耳病病毒免疫抑制机制[EB/OL]. (2017-01-22). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279189.html>.
- [81] 哈尔滨兽医所为猪流行性腹泻防控提供新策略[EB/OL]. (2017-03-14). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280144.html>.
- [82] 哈尔滨兽医所在传染性法氏囊病病毒与宿主相互作用研究中取得重要进展[EB/OL]. (2017-06-20). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283372.html>.
- [83] 上海兽医所突破兔病毒性出血症病毒体外增殖技术难题[EB/OL]. (2017-05-26). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282859.html>.
- [84] 我科学家创制专杀“革兰氏阴性菌”抗菌解毒双效肽[EB/OL]. (2017-06-20). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/283377.html>.
- [85] 我科学家首次发现埃博拉病毒囊膜糖蛋白合成机制[EB/OL]. (2017-03-01). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279783.html>.
- [86] 我科学家发现抗艾滋病病毒天然免疫机制[EB/OL]. (2017-04-12). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281008.html>.
- [87] 蜜蜂所在蜜蜂病毒流行及新病毒鉴定方面取得新进展[EB/OL]. (2017-01-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/278637.html>.
- [88] 蜜蜂所建立检测蜂蜜和蜂王浆抗生素残留高通量方法[EB/OL]. (2017-04-14). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281089.html>.
- [89] 蜜蜂所在蜂王浆高产机理研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-10-02). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284367.html>.
- [90] 我国科学家绘制番茄风味改良路线图-为培育美味番茄提供新技术[EB/OL]. (2017-01-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279290.html>.
- [91] 蔬菜所揭示百合紫色子房形成分子机制[EB/OL]. (2017-02-14). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279433.html>.
- [92] 蔬菜所揭示双色百合花形成的分子机理[EB/OL]. (2017-04-25). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281381.html>.
- [93] 蔬菜所揭示百合腋生珠芽形成的分子机理[EB/OL]. (2017-10-02). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284369.html>.
- [94] 柑橘团队基因组解码“多胚”机理获新进展[EB/OL]. (2017-04-10). <http://news.hzau.edu.cn/2017/0410/48818.shtml>.
- [95] 我科学家在作物开花分子调控机制研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-02-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279710.html>.
- [96] 生物所在植物避荫反应调控机制方面取得新进展[EB/OL]. (2017-08-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284038.html>.
- [97] 生物所发现调控植物叶型发育分子机制[EB/OL]. (2017-04-06). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280761.html>.
- [98] 生物所研究发现 MYB3 转录因子调控苯丙氨酸合成新分子机制[EB/OL]. (2017-05-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282923.html>.
- [99] 生物所揭示植物核糖核酸甲基化调控新机制[EB/OL]. (2017-10-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284410.html>.
- [100] 作科所揭示一种蛋白修饰方式调控植物育性新机制[EB/OL]. (2017-11-01). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284605.html>.
- [101] 水稻所创建一种简单高效的基因编辑突变体筛选方法[EB/OL]. (2017-04-12). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281001.html>.
- [102] 我科学家创立高效便捷植物遗传转化新方法[EB/OL]. (2017-11-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284897.html>.
- [103] 黄岩谊课题组在 DNA 测序方法的研究上取得重要突破[EB/OL]. (2017-11-07). http://pkunews.pku.edu.cn/xxfz/2017-11/07/content_299996.htm.
- [104] 高彩霞研究组在小麦 DNA-free 基因组编辑方法研究中取得新进展[EB/OL]. (2017-01-19). http://www.genetics.ac.cn/xwzx/kyjz/201701/t20170119_4738456.html.
- [105] 高彩霞研究组在作物基因组单碱基编辑方法研究中取得重要进展[EB/OL]. (2017-02-28). <http://www.genetics.ac.cn/>

- xwzx/kyjz/201702/t20170228_4751767.html.
- [106] 中山大学构建了一种高效的 Cas9 驱动的基因转录激活方法 [EB/OL]. (2017-11-22). http://www.sohu.com/a/2058434-09_732029.
- [107] 小麦立体匀播技术 [N]. 河北科技报, 2017-10-21(6).
- [108] 小麦立体匀播技术可节本增效_农机百科_中国农业机械网. (2017-01-10). <http://nongji.jinnong.cn/n/2017/1/10/2017-11010171297643.shtml>.
- [109] 玉米绿色增产增效技术集成和模式研究与示范取得新成效 [EB/OL]. (2017-09-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284309.html>.
- [110] 全国玉米高产纪录再刷新最高亩产 1517.11 公斤 [N/OL]. 经济日报, 2017-10-18(4).
- [111] 水稻所两成果分获 2016 年度浙江省科技进步一二等奖 [EB/OL]. (2017-04-21). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/28-1311.html>
- [112] “精确变量播种施肥机”实现农业精准作业 [EB/OL]. (2017-10-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284414.html>.
- [113] 农机化所科研成果获中国机械工业科学技术一等奖 [EB/OL]. (2017-11-20). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284797.html>
- [114] 种肥定位同播技术助推油菜“345”模式示范推广 [EB/OL]. (2017-09-29). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284344.html>.
- [115] 油菜产中机械化管理技术显身手 [EB/OL]. 2017-03-10. <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280031.html>.
- [116] 高品质浓香菜籽油 7D 工艺技术装备国际领先 [EB/OL]. (2017-04-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281572.html>.
- [117] 农机化所叶菜有序收获机填补国内研究空白 [EB/OL]. (2017-03-13). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280066.html>.
- [118] 我国马铃薯中式主食加工技术达国际领先水平 [EB/OL]. (2017-03-28). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280524.html>.
- [119] 马铃薯主食化精准营养 3D 食品打印技术亮相“砥砺奋进的五年”成就展 [EB/OL]. (2017-10-17). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/284447.html>.
- [120] 低产水稻土改良关键技术助力提升水稻增产农民增收 [EB/OL]. (2017-01-17). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/278961.html>
- [121] 我国水稻高产新品种有利稻田甲烷减排 [EB/OL]. (2017-05-11). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/281969.html>.
- [122] 中国农业科学院 4 项成果获北京市科学技术奖 [EB/OL]. (2017-05-23). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282742.html>.
- [123] 质标所在金基纳米材料分析应用方面取得新进展 [EB/OL]. (2017-03-03). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/279855.html>.
- [124] 我国首个专业性奶业技术研究实验室建成启用 [EB/OL]. (2017-03-01). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/280198.html>.
- [125] 农经所研究为定量评价 H5N1 禽流感防控策略提供新视角 [EB/OL]. (2017-05-27). <http://www.caas.net.cn/xwzx/kyjz/282935.html>.
- [126] Zhang W, Cao G, Li X, et al. Closing yield gaps in China by empowering smallholder farmers[J]. *Nature*, 2016, 537 (7622): 671.

Hot topics of agricultural sciences of China in 2017

WANG Yanjie, CHANG Xuhong, WANG Demei, TAO Zhiqiang, YANG Yushuang, ZHAO Guangcai

Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences; Key Laboratory of Crop Physiology and Ecology, Ministry of Agriculture of China, Beijing 100081, China

Abstract In 2017, Chinese agriculture sciences obtained further development. Crop molecular breeding, germplasm resources, plant protection and pest control, animal genetics breeding, diseases control of livestock and poultry, horticulture science, molecular biotechnology, crop tillage cultivation and agricultural mechanization, agricultural product processing and storage, agricultural environment and sustainable development, and other fields, have harvested a large number of new results and new technologies. This article reviews the development of Chinese agricultural science and technology in 2017, including the molecular design breeding in rice, cloning of male sterility gene Ms_1 and Ms_2 in wheat, cattle and sheep and other livestock and poultry breeding, prevention and cure of diseases such as foot and mouth disease and bird flu, tomato flavor parsing, genetic transformation and DNA sequencing technology, mechanization planting management and processing, and potato processing technology.

Keywords crop molecular breeding; germplasm resources; pest control; animal genetic breeding; molecular biotechnology ●



(责任编辑 陈广仁)