

作物种质资源研究与利用

——中国农业科学院作物学博士后论坛

王雯玥¹ 杨 涛¹ 谭光万² 杨建仓¹

(¹ 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ² 大连海洋大学经济管理学院, 大连 116023)

摘要:第三届中国农业科学院作物学博士后学术论坛于2017年11月18-20日在北京举办。论坛以“作物种质资源研究与利用”为主题,邀请中国工程院院士、作物种质资源领域的专家及青年学者、作物科学研究所作物种质资源中心青年以及在站博士后作主旨报告。从国家战略规划和现实需求出发,针对种质资源的特性,围绕种质资源的“广泛收集、妥善保存、深入研究、积极创新、充分利用”的二十字方针、老一辈科学家的科学精神及科研人员基本素养进行了深入探讨和交流。中国农业科学院作物学博士后学术论坛已成功举办了三届,每届论坛以“立地”文化为主要命题,结合农业前沿、科技发展、科研匠心为副命题,通过邀请国内外知名专家、学者以及同行业优秀的青年人员和博士后为在站博士后及广大青年学者作报告,旨在形成具有广泛学术影响力,融汇国际科研力量,切实推进农业科技协同创新,激发优秀青年人才科研潜力,搭建学术思想吐故纳新、技术经验交互提升、人才培养薪火相传的重要平台。

关键词:作物科学;种质资源;前沿技术;博士后论坛

2017年11月18-20日,由中国农业科学院博士后管委会办公室、作物科学研究所博士后管理办公室以及作物种质资源中心联合举办的“2017年作物学博士后学术论坛——作物种质资源研究与利用”在北京召开。中国工程院院士刘旭,院人事局副局长李巨光,作物科学研究所党委书记孙好勤,郑州果树所副所长王力荣等领导参加开幕式。会议邀请了国内从事种质资源研究的知名专家以及院所青年科技人员、博士后共计80人,围绕作物种质资源研究与利用相关方面的问题作了专题汇报,并进行了深入广泛的讨论。本次会议包括3个特邀报告和17个专题报告。

作物种质资源学是建立在物种起源与进化理论基础之上,涉及植物分类学、生态学、遗传学、作物育种学等众多理论与技术的学科;农作物种质资源是农业科学原始创新、育种及其生物技术产业的物质基础,是保障国家粮食安全和生态安全的战略性资源。做好作物种质资源的研究与利用,要靠种质资源领域的科技工作者薪火相传、不懈努力,青年科研人员更是重任在肩、责无旁贷。当代青年科技人员应该认清自己在国家科研发展战略中的历史定位,

增强使命感、责任感,勇于担当,潜心向优秀科学家学习,勤恳钻研,将个人努力目标与行业发展形势协调一致^[1]。十九大刚刚闭幕,习近平总书记在十九大报告中特别提出了要加快建设创新型国家,大力发展农业。本届论坛从国家战略规划和现实需求出发,聚焦“作物种质资源的研究与利用”,邀请知名专家和优秀青年围绕种质资源的各项研究工作、科研素质与科学精神等方面的内容进行了汇报和交流。

1 种质资源的历史回顾与现状

农作物种质资源是农业科学原始创新、育种及其生物技术产业的物质基础,是保障国家粮食安全和生态安全的战略性资源。由于种质资源的形态多样、内容宽泛、材料类型丰富,且具有公益性、基础性和不可再生性等特征,所以拥有极为重要的战略地位。

作物种质资源学是建立在物种起源与进化理论基础之上,涉及植物分类学、生态学、遗传学、作物育种学等众多理论与技术的学科。自从人类有目的地开展物种起源与进化的研究开始,作物种质资源学科就在不断的形成。19世纪至20世纪初,一些国家开始收集作物种质资源,尤其是苏联植物学家瓦维洛夫在亚洲、欧洲、美洲、非洲四大洲60多个国

家,收集各类作物种质资源 15 万多份,并提出了“作物起源中心学说”和“性状平行变异规律”等理论,标志着作物种质资源研究逐步发展成为一个独立的学科。20 世纪前半叶,丁颖教授、金善宝教授等科学家曾对水稻、小麦等地方品种进行了整理工作,但未系统研究。1959 年董玉琛院士提出“品种资源”,标志着我国作物种质资源学科的形成。1978 年 4 月 18 日,经原农林部批准成立中国农业科学院品种资源研究所,从此我国作物种质资源学科进入全面发展时期。

我国作物种质资源研究发展至今,逐渐呈现出收集全球化,研究利用规范化、产权化、垄断化的总体趋势,我国农作物种质资源工作应坚持“广泛收集、妥善保存、深入研究、积极创新和充分利用”的工作方针,在农作物种质资源的收集、保存、研究、创新和利用上紧跟发展趋势,拓展研究领域,深化研究内容,推动作物种质资源的持续发展。

我国已建立了国家主导的农作物种质资源保护和管理体系,在研究探明我国作物种质资源本底多样性的同时,开展作物种质资源鉴定评价和新基因的发掘,并建立了种质资源创新与利用的技术体系,创造 1000 余份的农作物新种质。目前已完成了两次全国性收集工作(1955–1956 年、1979–1983 年),2015 年起至今正在进行第三次全国农作物种质资源普查与收集行动,种质资源长期库中保存的资源达 481617 份,居世界第 2 位。2015 年实施的《农作物种质资源保护与利用中长期发展规划(2015–2030)》,是首次以政府文件给予种质资源的最高“待遇”,也充分体现了国家对种质资源具有公益性、基础性和长期性等战略地位的高度重视,相信在各级领导部门的关心和大力支持下,种质资源事业一定会取得辉煌的成就,亦将对我国农业科技原始创新和现代种业发展提供强有力的支撑。

2 种质资源的收集

亚洲栽培稻(*Oryza sativa* L.),又称为水稻,是全球近半数人口的主要食物来源,所以栽培稻及其近缘野生种成为重要的种质资源收集的对象。按照生态地理学原理,考察收集国外栽培稻及其近缘野生种共 2400 多份。作物种质资源中心野生稻保护与利用创新研究组利用这些材料第 1 次对中国栽培稻和国际栽培稻进行全面比较,明确全世界栽培稻

有 6 类,其中中国栽培稻具有 3 类。同时结合国内外野生稻核心种质资源,深入地探讨了栽培稻近缘野生种的群体遗传结构及物种形成机制。通过以上研究发现南亚和东南亚的栽培稻和野生稻是未来栽培稻和野生稻种质资源的收集重点。同时该研究组立足于种质资源工作的优势、全世界范围的种质资源、充分的原生境和系统发育信息以及精准的形态性状鉴定,进一步对栽培稻重要农艺性状形成的理论基础进行研究。发现栽培稻驯化过程中长日照抑制途径是重要的驯化对象,所有现今发现的长日照抑制基因都经历了无功能化的过程,但是不同地区的品种无功能化的对象基因不同。利用科学的方法对栽培稻及其近缘野生种的收集为后续的科学提供了重要的材料和基因组基础。

贵州黔东南地区千百年种植的一类特殊的原始生态型稻种——禾,具有抗病虫害、抗逆、难脱粒、品质优、糯性强等突出特性,是侗族等少数民族生产生活和习俗中必不可少的物质基础,至今仍大面积保留种植。作物种质资源中心水稻种质资源创新研究组以 315 份禾类资源、578 份贵州 6 个稻作生态区稻种、180 份周边 9 个省的地方稻种、42 份野生稻共计 1115 份资源为试验材料,利用表型性状评价和 SSR 分子标记技术、SNP 单倍型测序手段,研究禾类资源与贵州不同稻作生态区及周边省份稻种的亲缘关系,根据侗族人口的分布和迁徙路线研究禾类资源与其他稻种的遗传演化关系。结果显示:禾类资源由于其具有特殊的遗传背景和结构,可单独聚为一类特殊生态稻种,并与广东、广西、江西、浙江、湖南、湖北及贵州第 I、Ⅲ、Ⅳ、V、VI 稻作生态区亲缘关系更为密切。初步推测贵州禾类稻种资源可能是广东、广西、江西等长江中下游的侗族先民在历史迁徙过程中将当地稻种带入贵州黔东南地区,经过千百年的栽培种植,培育的一类适应当地特殊地理气候条件、生产生活方式和传统文化习俗的特殊生态型稻种。该研究组对系统评价禾类资源的遗传基础、挖掘禾类资源的育种价值及保护民族传统文化具有重要意义。

葡萄是世界上重要的果树,在我国的国民经济中占有重要的地位。葡萄起源于我国的共有 30 多个种,目前中国农业科学院郑州果树所葡萄资源与育种创新团队收集到 25 个种的 400 份资源。经过

简化基因组测序,发现欧亚种和美洲种中的群体进化呈现顺序进化过程,聚类树种图呈现线状,而中国野生种为同起源的同时进化,其中山葡萄最为原始。中国野生葡萄中蕴含丰富的抗性资源,从刺葡萄中获得的 VdWRKY53 和 70 都能提高拟南芥对真菌和细菌的抗性,并通过水杨酸途径调控整个途径中的基因和蛋白。利用刺葡萄创制了具有抗性和长椭圆形果粒性状的育种材料,以期通过不断回交获得兼具抗性、长椭圆形和玫瑰香味的品种和品系。

在荞麦野生资源发掘方面,通过考察收集,作物种质资源中心荞麦基因资源创新研究组相继发现并命名了荞麦属植物种 6 个,分别是普格荞麦 *Fagopyrum pugense* (一年生自交亲和)、汶川荞麦 *F.wenchuanense* (一年生自交不亲和)、羌彩荞麦 *F.qiangcai* (一年生自交亲和)、螺髻山荞麦 *F.luojishanense* (一年生自交亲和)、海螺沟荞麦 *F.hailuogouense* (多年生自交亲和)以及龙肘山野荞麦 *F.longzhoushanense* (多年生自交亲和),进而利用分子标记技术,阐述了野生种和栽培种之间的分子进化关系,这些种的发现丰富了荞麦属种质资源基因库以及为资源的深度利用奠定了基础。在品质代谢调控方面,分离和克隆了一批参与调控芦丁生物合成的关键转录因子,并通过生化与分子生物学手段阐述了其分子调控机理,研究发现荞麦在芦丁合成方面具有特定的分子调控机制,这为荞麦的品质改良和深入评价奠定了理论基础。

3 种质资源的保存

种子的活力曲线呈反 S 形,即在开始阶段的平台期(Phase I),而后是快速下降期(Phase II),最后种子活力缓慢下降直至死亡(Phase III)^[2]。而种子在贮藏过程中,活力从 Phase I 降至 Phase II 阶段的活力关键节点是种质安全保存的重要阶段,当活力低于关键活力节点,种子的活力下降速度加快,而且可能影响到种质遗传完整性丧失,为了维持种质资源的遗传完整性,种质需要在关键节点下限值进行繁殖更新。目前,很多国家种质库的研究团队认识到了活力关键节点对种质资源安全保存的重要性,由于活力关键节点的生物学机制不清楚,导致国际上几个主要基因库的繁殖更新临界值没有统一标准,也未能提出预测保存种子处于快速下降阶段的

预警技术。国家种质库作物种质资源保存创新研究组基于活性氧损伤学说和线粒体损伤学说,开展水稻种子活力丧失关键节点的机理研究。结果表明:水稻种子活力降至 80% 左右时,抗氧化系统活性下降,参与能量代谢和逆境胁迫响应等相关蛋白呈下调表达,导致 ROS 和羰基小分子物质含量上升,导致蛋白羰基化修饰,进一步造成生理代谢的紊乱;线粒体结构和功能虽然能维持在一定的水平,但是其基因和蛋白的表达水平发生了较大的改变,尤其是电子传递链以及复合体 V 的组装等,抑制了 ATP 生成和中间物质生成,线粒体膜系统的损伤可能导致 Cyt c 和 ROS 等诱导细胞死亡。

4 种质资源的鉴定与评价

作为外来作物,我国玉米种质资源具有对外来种质资源依赖性高、研究难度大、原始资源与生产应用资源差距较大等 3 个明显的特点。与世界玉米种质资源总量相比,我国玉米种质资源狭窄的现状极其明显。为了克服这一现状,通过“外因内敛,广泛收集”的策略,作物种质资源中心玉米种质资源创新研究组引进了大量的优异资源,为扩充我国玉米种质基础奠定了良好的基础。在此基础上,针对生产需求,开展了引进和收集资源的规模化鉴定,筛选高配合力优异资源 363 份,并进行了分发利用。利用精准鉴定获得的大量表型数据和高密度基因型数据,开展了玉米花期、雄穗、大斑病和小斑病抗性等重要性状的遗传结构解析和基因资源挖掘工作,挖掘一批主效位点和候选基因。同时,利用图位克隆策略,先后完成 *qKL1.07*、*qGW4.05*、*qKW7.02*、*qKM4.08* 和 *qkc7.03* 等多个玉米籽粒相关主效位点的精细定位和候选基因挖掘。这些工作的进行推动了玉米种质资源研究的深入开展。

作为中度耐盐作物,大豆产量与品质等重要性状在盐碱地条件下会受到重大影响。建立大豆耐盐种质资源的高效、便捷鉴定方法对耐盐基因资源的挖掘、耐盐新品种的培育具有重要意义。作物种质资源中心大豆基因资源创新研究组在前期的研究中,分别建立了水培和以蛭石为基质的大豆苗期耐盐性高效鉴定方法,筛选出耐盐性不同的大豆种质资源,并发现在 NaCl 胁迫下,耐盐大豆茎、叶中 Na⁺ 含量显著低于盐敏感材料,且盐敏感材料叶片中 Na⁺ 含量与 SPAD 值极显著负相关。利用获得

的高度耐盐的栽培大豆铁丰8号与盐敏感大豆85-140杂交构建分离群体,将大豆苗期耐盐基因定位到3号染色体上,进一步精细定位、图位克隆了大豆苗期耐盐关键基因 *GmSALT3*,该基因是一个定位于内质网上的阳离子/质子交换蛋白,在大豆根中表达量最高,受盐胁迫后表达先下调,后逐步回升。在野生和栽培大豆中共检测到9种单倍型,其中栽培大豆中发现5种,野生大豆中发现8种,来自铁丰8号的单倍型是野生和栽培大豆中普遍存在的耐盐单倍型,其他单倍型都是在该类型基础上逐步演变而来的,耐盐单倍型在不同生态区的分布与我国盐碱地的分布高度相关。为进一步研究该基因的作用,利用耐盐基因紧密连锁的分子标记进行辅助选择,创制了3组近等基因系材料,发现在正常条件下成对近等基因系的株高、百粒重、单株粒重等重要产量性状无显著差异,未发现该基因对大豆生长有不利影响,但耐盐基因 *GmSALT3* 可以同时降低盐胁迫下大豆耐盐近等基因系地上部 Na^+ 和 Cl^- 的积累,但对二者的调控时间和方式并不相同。在滨海盐碱地种植近等基因系材料,发现耐盐材料产量比盐敏感材料增加37%~50%,说明该基因对保持大豆在盐碱地条件下的产量具有重要作用。同时也发现,耐盐基因 *GmSALT3* 对大豆出苗期的耐盐性无贡献,要解决大豆全生育期耐盐问题,必须在大豆资源中进一步发掘出苗期耐盐性相关基因,并与苗期耐盐基因 *GmSALT3* 进行聚合,培育耐盐大豆新种质。

大豆疫病是大豆的重要病害之一,在世界范围内造成严重经济损失,防治该病最有效的方法是利用抗病或耐病品种,而筛选抗性资源是发掘抗性基因和抗病育种的基础。作物种质资源中心种质资源抗病虫评价创新研究组通过大量筛选抗疫病大豆资源,鉴定了4个抗性广谱的大豆品种,分别对4个品种与感病品种杂交构建了遗传群体,通过抗性遗传分析,均表明抗性是由显性单基因控制的,随后分别对4个抗性基因进行了连锁作图分析,结果表明,均为新的抗疫病基因或者等位新基因。由豌豆白粉菌(*Erysiphe pisi* DC.)引起的豌豆白粉病是豌豆生产上的一种重要病害,极大地影响豌豆产量和品质。该研究旨在从中国豌豆资源(包括地方品种和栽培品种)及引进资源中筛选对豌豆白粉病免疫和抗病

的资源,并鉴定其抗病基因。至今国内外在豌豆资源中已发现了3个豌豆抗白粉病基因(*er1*、*er2*和*Er3*),其中只有*er1*被广泛应用。在来自云南的15个豌豆地方品种中,鉴定了1个新的等位基因*er1-6*,并开发了*er1-6*的基因功能标记SNP1121。在中国的栽培品种中鉴定了已知基因*er1-2*,并发现这个基因具有3个转录本。在引进的资源中鉴定了1个新的等位基因*er1-7*,并开发了其共显性功能标记,在群体及大量的资源中得到验证和应用。本研究将加速育种进程,对我国未来豌豆抗白粉病育种奠定了理论基础。

谷子是起源于中国的古老农作物,具有较小的二倍体基因组、自花授粉及高繁殖系数、较小的株高和易于操作的栽培方法,以及生育周期短易于快速繁殖等特点,非常适合开展遗传学研究。我国拥有丰富的谷子遗传资源,作物种质资源中心谷子基因资源创新研究组系统介绍了谷子驯化及改良过程发生的遗传结构、多样性及地缘结构的变异,以及如何利用全基因组关联分析的方法系统通量解析谷子产量、抗逆性状基因位点。研究结果阐释了谷子近缘野生种青狗尾草、地方品种及育成品种3个层面基因库间的多样性选择瓶颈,基因漂流及生态区划等基本科学问题,明确了谷子遗传资源具有极强的环境适应性和生态区域分化特征。为深入鉴定利用谷子特色基因资源并应用于近缘禾谷类主栽作物新品种选育构建数据平台。

大麦黄花叶病(Barley yellow mosaic virus disease)是东亚和欧洲大麦栽培地区的主要病害,由大麦黄花叶病毒(BaYMV)和大麦温性花叶病毒(BaMMV)感染导致。20世纪70~80年代该病曾在我国长江流域大面积爆发,导致部分地区小春粮食完全绝收。木石港3号是我国湖北阳新地区种植的一个地方大麦品种,1944年由日本学者Takahashi博士引入日本,20世纪80年初进入欧洲,成为日本和欧洲抗黄花叶病的主要抗源。在长达70年的时间里,该材料对亚洲和欧洲所有毒性株系具有完全抗性,是典型的广谱持久抗性资源。通过基因图位克隆,杨平博士从中分离了2个育种中广泛使用的隐性抗性基因*rym4/5*和*rym1/11*,分别由真核生物翻译起始因子(HvEIF4E)氨基酸替换和蛋白二硫键异构酶(HvPDIL5-1)功能丢失导致。随后,通过解析了野

生和栽培大麦种质资源中该基因的遗传变异和抗性变异,从中鉴定出几十个等位变异类型,证实栽培大麦驯化和地区适应过程中 HvEIF4E 和 HvPDIL5-1 具有两种完全不同的变异模式。HvEIF4E 定向选择氨基酸替换,且没有同义碱基突变;而 HvPDIL5-1 出现功能丢失类型,这两种变异模式主要出现在大麦在东亚地区的适应过程中,与基因的生物学功能和黄花叶病地理分布高度相关。从而揭示感性基因依据基因功能选择变异模式的进化机理,为欧洲和东亚地区大麦育种提供了切实可用的抗性资源的同时,也彰显了种质资源基础性工作和深入鉴定挖掘的重要性。

绿豆 [*Vigna radiate* (L.) Wilczek] 是我国重要的食用豆类之一,在亚洲东部、南部各国普遍种植。绿豆不仅营养丰富,是高蛋白、中淀粉、低脂肪类食物,且具有清热解暑、保肝明目、降糖减脂等功效。豆象是为害食用豆类的重要仓储害虫。在我国,豆象对绿豆损失产量约为 30% ~ 56%,再侵染甚至可导致整仓绿豆被损。传统防治豆象的方法是通过喷施农药和磷化铝熏蒸,对人体健康造成危害,对环境也造成严重污染。由于生产上没有抗豆象品种,抗源稀缺,因此寻找抗源、培育抗豆象品种已经成为绿豆品种选育的重要目标。作物种质资源中心食用豆类种质资源创新研究组对收集的国内外绿豆种质进行大量的抗豆象鉴定,筛选出 1 份高抗豆象种质。利用 SLAF-seq 技术构建了一个包含 4180 个 SNP 标记的高密度绿豆遗传连锁图谱。总遗传距离 1751.39 cM,平均标记间距 0.42 cM,覆盖绿豆 11 条染色体,图谱共线性较好。利用此遗传图谱将抗豆象基因初步定位于第 5 染色体 320kb 区间。利用开发的分子标记进一步进行精细定位,发现一个 RPK1 新基因在抗、感材料中有 3 个 SNP 差异,导致编码氨基酸的改变。分别用 dCAPS 和 KASP 技术对 RPK1 的 SNPs 位点进行了验证,与抗豆象鉴定结果基本一致。多重序列比对发现突变位点位于 LRR 保守结构域,亚细胞试验发现 VrRPK1 定位于细胞核和细胞器中。通过对抗、感豆象近等基因系进行 RNA-Seq 分析并利用 qRT-PCR 验证发现抗豆象材料的 *Rse1*、*RD22*、*NRT1* 等基因表达量显著上调,*LTPI* 表达量显著下调,说明这些基因可能参与抗豆象代谢途径。此研究为抗豆象分子标记辅

助育种和抗豆象机理研究奠定基础。

西北农林科技大学小麦基因组学课题组采用水培方法,对 100 份野生二粒小麦的耐盐性进行了筛选,调查正常和盐胁迫下 30 个性状,发现 K^+/Na^+ 及根系性状是耐盐筛选的重要指标,基于线性回归模型建立了多性状鉴定耐盐性的技术方法,鉴定、发掘了 5 份强耐盐的品系,为小麦抗盐遗传改良提供了重要的种质材料;对耐盐 B5 和盐敏感品系 A9 在正常和盐胁迫下的转录组表达谱进行分析发现盐敏感材料差异表达基因 1618 个,而耐盐材料 B5 的差异表达基因为 83 个,两者共有的差异表达基因为 35 个,为进一步鉴定耐盐关键基因奠定了基础;对野生二粒小麦盐胁迫响应相关的 miRNA 进行了鉴定,共鉴定到了 88 个保守的和 134 个 novel miRNA,其中 50 个 miRNA 在盐胁迫下显著差异表达,靶基因预测共预测到了 1165 个靶基因,选取 3 个保守的和 4 个新 miRNA,对其在盐胁迫下不同时间节点、不同盐胁迫浓度及不同材料间的表达情况进行了验证,发现 miRNA172 和 miRNA394 在盐胁迫下表达显著升高,可能与野生二粒小麦盐胁迫响应相关;该研究利用最新的野生二粒小麦基因组信息,分析了野生二粒小麦和硬粒小麦间的同源基因,鉴定到了多个阳性选择基因,结合重测序,为明确抗盐基因的起源、进化及演化规律提供了重要信息。

西藏半野生小麦是中国特有的原始六倍体小麦资源,具有脆穗、强休眠性、耐土地贫瘠等特性,同时还具有运用于普通小麦育种潜力的优良性状。为了挖掘西藏半野生小麦的育种价值,四川农业大学小麦研究所小麦资源挖掘与利用课题组基于西藏半野生小麦 Q1028 与小麦品种郑麦 9023 构建了含 186 个株系的重组自交系。结合多年田间表型数据,对该群体的种子休眠、脆穗和脱粒性、颖壳绒毛、抽穗期、开花期、株高、分蘖数、穗长、小穗数、穗密度、穗粒重、千粒重、籽粒大小以及苗期根系等性状进行了全基因组扫描鉴定。结果表明,6 个与种子休眠相关的主效 QTL 被稳定检测到,其中 *Qsd.sau-1B*、*Qsd.sau-4A1* 和 *Qsd.sau-7A* 在之前的研究文献中极少被报道。3 个位于 2DS、2DL 和 5AL 的位点同时控制脆穗与脱粒性状,位于 3DS 的 1 个主效位点独立控制脆穗性状。颖壳绒毛基于 Hg 被定位在

Xsaufc2-wPt-734000 所构成的 3.3 cM 区间内,其中 Xsaufc2 与 Hg 仅为 1.6 cM。在 12 条染色体上检测到 45 个抽穗期等相关性状的 QTL 位点,每个分别能解释 4.7%~29.7% 的表型变异,其中 28 个增效位点来源于 Q1028; 25 个 QTL 在 2 年被检测到,其中 15 个较为稳定的 QTL 在 3 年中均被检测到。此外,本研究还得到了源于 Q1028 的几个新的 QTL,例如 *QSd.sau-7A*、*QTgw.sau-2B*、*QSns.sau-3D* 等。本研究构建遗传图谱的分子标记和检测到的 QTL 可以进一步运用于部分性状的精细定位以及小麦育种工作中。

中国农科院郑州果树研究所桃种质资源与遗传育种创新团队,长期致力于桃种质资源与新品种培育研究。基于丰富的种质资源,建立了 1000 余份种质较为完善的表型性状和 DNA 重测序数据库;基于重测序的分析,揭示了桃进化历史及人类活动对果树的影响;开展了农艺性状的全基因组关联分析,确定了 12 个重要农艺性状的候选基因(致因突变)位点,其中花的单/重瓣、花型菱形/蔷薇形、果形扁平/圆形、果皮有毛/无毛、果实非酸/酸、核仁苦/甜、果实成熟期等 7 个质量性状的准确率高达 90%;糖、酸和多酚组分等数量性状的全基因组分析鉴定到 103 个 QTLs,部分位点为首次报道;初步阐明了不同生态型的适应性分子基础,同时发掘到与抗紫外线、花期、需冷量等相关基因;在抗性基因的发掘方面,将抗南方根结线虫基因定位在第 2 条染色体的顶端位置,把抗桃蚜基因定位在第 3 条染色体 15.4 ~ 20.8Mb 目标位置,开发了 InDel-26 标记,准确率达 96% 以上。基于以上研究,建立了桃质量性状的分子标记辅助育种的芯片,并运用于育种实践。系统探讨了遗传远缘、果实有毛/无毛与品质、低需冷量与早期丰产性及广适性、树体乔化/矮化与树势、树相的遗传相关性,建立了以一因多效为基础的亲本选择选配方案,利用有性杂交、胚挽救等技术手段,培育出优质、广适新品种数十个。形成了类型丰富、熟期配套(花期配套)的普通桃、蟠桃、油桃、油蟠桃、观赏桃等品种系列,有效推动了我国桃品种的更新换代。

亚麻是重要的经济作物之一,亚麻纤维可以制成多种用途的纺织品,而亚麻籽中又富含 α -亚麻酸、膳食纤维、亚麻胶及木酚素等重要的功能性成

分。其中的重要成分木酚素,由于其具有显著的抗癌及缓解一系列慢性疾病的功效而备受关注。目前,中国农业科学院麻类研究所南方经济作物种质资源与利用团队一方面通过杂交及 EMS 诱变等方法进行亚麻高木酚素资源的创新,另一方面通过利用核心种质进行 GWAS 分析,并结合 RNA-seq 的方法进行亚麻木酚素合成调控关键基因的挖掘。亚麻中的木质素是影响亚麻纤维品质最重要的因素之一,亚麻纤维中木质素含量越高纤维品质就越差。通过查阅相关文献发现亚麻木酚素与木质素具有共同的合成前体松柏醇,两者之间存在竞争同一合成底物的关系。因此,下一步试图通过对木酚素和木质素合成过程中关键基因进行研究,期望利用过表达调控木酚素合成的关键基因来竞争更多的合成前体松柏醇,一方面达到提高木酚素产量的目的,另一方面实现降低木质素含量的目标。最终选育出集高木酚素、低木质素且抗倒伏的亚麻新品种。

5 种质资源的创新与利用

冰草属(仅含 P 基因组物种)因其具有多花多粒等众多可用于小麦改良的优异基因,自 20 世纪 30 年代以来,许多科学家尝试了其间的远缘杂交,但均未成功,因而被认为“通过小麦与冰草属间的杂交向小麦转移优异基因是不可能的”。作物种质资源中心小麦种质资源创新研究组针对如何规模化地改善小麦育种遗传基础狭窄关键因素,以国家科技支撑等计划为依托,历时 30 年,在小麦与冰草属间远缘杂交、异源易位系和渐渗系创制、外源遗传物质分子追踪等技术上取得突破,首次成功创制了一批能够显著拓宽小麦育种遗传基础,解决超高产、广谱抗性、广适性育种关键问题亟需的高穗粒数、高千粒重、抗病、抗逆新种质,并培育出新品种,实现了从技术创新、材料创新到产品创新的全程覆盖。

该研究组周升辉博士开发了分析种间进化关系和遗传变异的分析流程,确定了冰草 P 基因组与小麦基因组(A/B/D)间的系统发育关系,高通量鉴定了高质量的种间变异;同时,利用小麦 660K SNP 芯片对 1 个冰草属的 F₁ 群体进行基因分型。构建了 1 个高密度的冰草遗传连锁图谱,进而确定了 P 基因组与小麦染色体间的部分同源关系。结合衍生系的基因分型结果和部分同源关系有效地检测了

35 个小麦-冰草衍生系,创建了一种新的远缘杂交衍生系检测方法。此研究为发掘冰草属 P 基因组相关功能基因以及在小麦育种中的有效利用奠定了基础。

6 科研素质与科学精神

董玉琛院士是我国著名的作物种质资源学家。她在我国作物种质资源领域工作 60 余年,不仅在小麦种质资源保护与利用研究上取得了一系列重大的学术成就,而且推动了我国作物种质资源学科的形成和发展。在学科创建阶段,她率先提出将“原始材料”改为“品种资源”,丰富了学科内涵;推动将“原始材料室”改建为“品种资源研究室”,聚集学科人才,形成了研究团队。在第一次全国育种工作大会上她提出我国作物种质资源的工作任务和细则,为全面开展我国作物种质资源工作明确了方向。在文化大革命时期,品种资源研究机构被取消,研究人员被下放,学科发展经历挫折,她坚持带领原品种资源研究室的成员,将存放在中国农业科学院内麦类资源库中的小麦品种资源进行繁种、更新、保存和编目,有效地保持了小麦品种资源的活力,为此后我国作物种质资源的研究和利用保存了珍贵的材料。在学科恢复重建阶段,她参加推动成立我国作物种质资源研究的第一个专门机构——作物品种资源研究所,参与恢复重建作物种质资源学科。在学科大发展阶段,她主持建设我国作物种质资源保存体系,主持制定了全国作物种质资源繁种入库的技术路线,完成了 30 余万份作物种质资源的编目、繁种和入库,为作物种质资源学科的持续发展提供了保障。她首次系统阐明了作物种质资源的含义、工作内容和程序等,并构建了作物种质资源的工作体系,为作物种质资源学科的进一步发展奠定了理论基础^[3]。

董玉琛院士在我国作物种质资源学科的创建、挫折、恢复重建等不同阶段都作出了重要贡献,是我国作物种质资源学科的奠基人之一。

7 结语

中国农业科学院博士后流动站成立于 1991 年,现有作物学、畜牧学等 10 个博士后流动站,在站博士后 470 余人。近年来,中国农科院逐步规范管理体制,强化制度建设,加大经费投入力度,博士后工

作取得较好成绩。博士后是创新人才中最活跃的一个群体,也是中国农业科学院高层次人才队伍的重要组成部分。为加强博士后的培养工作,促进博士后学术交流,提升科研水平,中国农业科学院博士后管理委员会大力支持院属研究所举办全院范围的博士后学术论坛。作物科学研究所是全国作物种质资源的保护与利用研究的牵头组织单位,本次受中国农科院博士后管理委员会资助,与作物科学研究所作物种质资源中心联合举办,很好地结合了作物种质资源优势,利用了资源中心的平台资源,与学科发展相结合,分作物、分阶段为大家系统地展示种质资源研究领域的研究内容。它的成功举办为博士后及青年科技人员提供了一个了解种质资源历史与前沿、开展学术交流的平台,也为今后的博士后论坛顺利进行提供了宝贵经验^[1]。

文中所引论坛汇报学者观点已经学者本人审阅同意。

参考文献

- [1] 王雯玥,肖永贵,杨建仓,等. 主要作物遗传育种综述:中国农业科学院作物学博士后论坛[J]. 中国种业,2017(4): 9-12
- [2] 尹广鹏. 水稻种子活力关键节点线粒体损伤的分子机理[D]. 北京:中国农业科学院,2015
- [3] 谭光万,刘旭. 中国作物种质资源学科的奠基者:记中国农业科学院董玉琛院士[J]. 植物遗传资源学报,2017,18(2): 171-178

(收稿日期:2017-12-14)

欢迎订阅

《中国土壤与肥料》双月刊,大 16 开本,双月 10 日出版,国内标准刊号 CN11-5498/S,国际标准刊号 ISSN1673-6257。2018 年每期 15 元,全年 90 元,邮发代号 2-559,全国各地邮局均可订阅,漏订者可与本编辑部联系。

地址:(100081)北京市海淀区中关村南大街 12 号 中国农业科学院农业资源与农业区划研究所;电话:010-82108656;传真:010-82106225;网址: <http://chinatrfl.alljournal.net.cn>;E-mail: trfl@caas.cn

《福建稻麦科技》季刊,逢季末出版,国内外公开发行人,刊号:CN35-1147/S,ISSN1008-9799,大 16 开,定价 5.00 元,全年 20.00 元,欢迎广大读者订阅,欲订者请直接汇款向《福建稻麦科技》编辑部订购。

地址:(350018)福州市仓山城门连坂福建省农科院水稻研究所;电话:0591-83403242;E-mail: fjdmkj@163.com