

DOI:10.19462/j.cnki.zgzy.20250205002

# 浙江省茶树种质资源圃(丽水)茶树资源 保护现状与创新利用

吉庆勇 疏再发 周慧娟 陈利民 刘 婕 宁秋燕 何卫中  
(浙江省丽水市农林科学研究院,丽水 323000)

**摘要:**作为我国中小叶种茶树种质资源战略保存的核心机构,浙江省茶树种质资源圃(丽水)构建了集收集保存与鉴定评价于一体的茶树种质资源保护体系。截至2023年底,资源圃累计收集保存茶树种质资源2801份,涵盖珍稀地方品种、野生近缘种及创新种质等重要遗传材料,并成功选育出丽早1号、丽白3号、丽紫1号等多个具有显著性状优势的新品种(系)。通过建立种质资源共享平台,每年向国内相关科研单位及教学单位提供利用种质材料近300余份,有效支撑了我国茶树遗传改良研究。通过系统阐述资源圃在规划建设、资源保护体系构建、种质创新利用等方面取得的阶段性成果,重点探讨了遗传多样性评价、核心种质库构建等关键技术进展,并对未来开展基于基因组学的种质深度鉴定、重要性状功能基因挖掘等研究方向进行展望,旨在加强我国中小叶种茶树种质资源的长期安全保存与创新利用。

**关键词:**茶树;种质资源圃;保存;利用

## Conservation Status and Innovative Utilization of Tea Tree Resources in the Zhejiang Province Tea Tree Germplasm Resource ( Lishui )

Ji Qingyong, SHU Zaifa, ZHOU Huijuan, CHEN Limin, LIU Jie, NING Qiuyan, HE Weizhong  
(Lishui Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Lishui 323000, Zhejiang)

茶树[*Camellia sinensis* (L.) Kuntze]作为山茶科(Theaceae)山茶属(*Camellia* L.)多年生木本植物,兼具异花授粉特性及悠久的栽培历史,其遗传多样性特征显著,具有丰富的群体遗传多样性、复杂的遗传信息载体,这些特性为优良茶树品种选育提供了重要的遗传基础<sup>[1-4]</sup>。在植物遗传学领域,种质资源(包括品种资源、遗传资源和基因库等)因其独特的生态适应性和遗传多样性特征,已成为物种改良不可或缺的基因来源。资源涵盖栽培品种、品系、野生种及其近缘种等多个层次,在茶树育种和

生物工程技术研究中发挥着基础性作用<sup>[5-7]</sup>。茶树种质资源的保存面临多重生物学挑战,茶树属于典型异花授粉的多年生常绿植物,具有高度杂合的遗传背景,种子繁殖存在显著的表型分离现象,导致遗传性状与亲本存在显著差异<sup>[8]</sup>,同时茶树种子属于“顽拗性种子”,表现出离体保存技术不成熟、长期贮藏困难以及贮藏后萌发率显著下降等特征<sup>[9-10]</sup>,这些生物学特性使得传统种子保存方法在茶树种质资源保护中的应用受到严重制约,目前茶树主要采用无性繁殖技术体系进行种质资源保护。通过嫁接和扦插等无性繁殖手段建立的活体保存体系,配合标准化种质资源圃的建设,已形成较为完善的种质资源管理系统,该体系不仅能有效维持种质遗传稳定性,还可实现种质资源的集中鉴定与科学管理<sup>[11-12]</sup>。然而,随着全球气候变化加剧及生态环境

**基金项目:**浙江省农业(茶树)新品种选育重大科技专项(2021C02067-6);财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系资助(CARS-19);浙江省农业(茶树)新品种选育重大科技专项(2021C02067-4-1,2021C02067-7-1);2024省先行资金新品种展示-茶树

**通信作者:**何卫中

压力增大,如何优化现有保存技术、开发新型保存方法仍是茶树种质资源研究领域亟待解决的重要课题。

作为世界茶树原产中心与茶叶生产第一大国,我国2022年茶园种植规模已达333.03万 $\text{hm}^2$ ,茶叶总产量突破318.10万t,产业规模持续领跑全球<sup>[13]</sup>。在长期人工驯化与生态适应过程中,我国培育出涵盖六大茶类的特色种质资源,构建了全球规模最大、遗传多样性最丰富的茶树种质资源库<sup>[14]</sup>。通过系统实施全国性种质资源普查,构建了完善的资源调查与评价体系,建成覆盖国家级和省级的多层次迁地保护网络,该体系不仅有效保护了珍稀濒危种质及具有重大潜在价值的遗传资源,还为茶树遗传改良和产业可持续发展提供了核心种质支撑<sup>[15-16]</sup>。

## 1 浙江省茶树种质资源圃(丽水)保存体系建设现状

### 1.1 资源圃概况

浙江省茶树种质资源圃(丽水)(以下简称资源圃)是由浙江省农业农村厅、丽水市人民政府、松阳县人民政府三方共建,由丽水市农林科学研究院承建的省级茶树种质资源保护平台。该项目于2016年启动建设,2022年通过竣工验收并获得浙江省种子管理总站资质认定。作为我国茶树种质资源保护体系的重要组成部分,该资源圃区占地面积22.5 $\text{hm}^2$ ,以茶树种质资源的系统收集、科学保存、精准鉴定、创新应用及数字化管理为核心研究方向。经过近十年的建设发展,该资源圃已构建起涵盖资源保育、基础研究、产业服务三位一体的科研平台体系。在种质资源保护方面,创新建立了“活体保存+表型组学分析+数字化建档”的立体化保育体系,系统开展茶树植物学特征、生物学特性及农艺性状的多维度观测研究。截至2023年12月,浙江省茶树种质资源圃(丽水)已建设成为我国重要的茶树种质资源保存与创新研究平台,资源圃采用无性系保存技术,通过活体植株方式完整保存野生种、地方品种(系)及育成品种(系)等多样性资源2801份,其构成特征为:(1)地理来源涵盖我国10个主产省(浙江、江西、湖南等)及典型产茶国(印度、肯尼亚、日本等);(2)保存类型包括省内资源1233余份(44.0%)、省外资源1351余份(48.3%)、国际资源217余份(7.7%),现已成为全球保存中小

叶种茶树种质资源规模最大、体系最完备、管理最规范的专业保育机构之一,形成了具有典型地域代表性的资源保存体系。

该资源圃的建立有效解决了我国中小叶茶树种质资源分散保存、评价体系不统一等关键问题,其构建的“资源收集—性状解析—基因挖掘—材料创制”技术体系,显著提升了种质资源利用效率,已向国内28家科研院所和育种单位提供优质种质材料372份次,支撑完成国家级科研项目5项,获省级科技成果奖3项,为我国茶树种质资源的高效利用和茶产业可持续发展提供了重要的理论支撑和实践范式。

### 1.2 标准化管理技术体系

在标准化建设方面,该资源圃严格遵循NY/T 4263—2023《农作物种质资源库操作技术规程 种质圃》、NY/T 2031—2011《农作物优异种质资源评价规范 茶树》及NY/T 2943—2016《茶树种质资源描述规范》等标准<sup>[17-19]</sup>,构建了完整的资源管理技术体系。具体包括:(1)建立三级编码系统,实现资源信息标准化管理;(2)系统记录种质形态学特征、农艺性状等42项核心数据指标;(3)完成2643份资源的规范化编目,占保存总量的94.39%,已纳入国家种质资源库共享体系。资源圃通过建立完善的种质评价体系,实现了资源表型与遗传信息的系统挖掘,为茶树遗传改良和新品种选育提供了重要的基础材料。其系统化的保存策略和规范化的管理模式,对我国茶树生物多样性保护及种质创新研究具有示范意义。

## 2 种质资源创新利用

茶树种质资源是茶树遗传改良及基础研究的战略资源,其科学价值体现于精准鉴定评价与创新开发利用。表型性状与遗传特性鉴定是种质资源高效利用的核心环节,通过多维度评价体系可系统解析优异基因资源<sup>[20]</sup>。浙江省茶树种质资源圃(丽水)在完成种质系统保存基础上,重点开展已入库种质的品质性状、生物抗性(抗病虫/抗逆)等关键指标评价,建立“保存—鉴定—共享”协同机制,深度挖掘核心种质的育种潜质与应用价值,构建茶树种质资源全链条保护利用体系。

近5年观测数据显示,该资源圃依托平台资源优势,累计向浙江大学、南京农业大学等12所科研机构,以及福建、云南等6个茶叶主产区的技术推广

部门、农业经营主体定向分发优异种质资源 500 份(次)。所供种质覆盖已编目资源的 17.8%,应用领域涵盖种质创新(32.6%)、基础理论研究(24.1%)、产业技术升级(28.5%)及科普教育(14.8%),形成了产学研用协同创新格局,有效支撑着茶产业品种结构调整与全产业链提质增效。

**2.1 基础研究支撑平台建设** 浙江省茶树种质资源圃(丽水)立足农业科技原始创新与现代种业发展需求,系统开展茶树种质资源的保护与创新利用研究,遵循“全面收集、规范保存、精准评价、定向创新、开放共享”的工作原则,构建了完善的种质资源保护体系。在种质资源保护领域,重点聚焦种质资源遗传多样性形成机制与抗逆性状调控机理等重大科学问题,突破种质创制关键技术瓶颈,为种质资源高效利用提供理论支撑。杂种后代早期鉴定技术作为杂交育种的核心环节,已由传统表型筛选向分子标记辅助选择技术体系演进。基于基因型鉴定的分子标记技术实现了杂种早期精准鉴别,通过构建性状—标记关联模型,可显著缩短育种周期,提高选择效率,为茶树种质创新提供了重要的技术支撑。

中国农业科学院茶叶研究所与丽水市农林科学研究院茶叶研究所联合攻关,基于 200K SNP 芯片技术对 1229 份茶树种质资源开展全基因组测序分析。研究团队通过构建高密度遗传图谱及系统发育树,首次实现了茶树全基因组水平的遗传定位与起源演化研究。获得 7320 万个高质量单核苷酸多态性(SNP)位点及 1.7974 万个基因型—表型关联(G2P)标记,构建了目前最完整的茶树基因组变异数据库。该研究从分子层面解析了茶树次生代谢产物的遗传调控网络,其建立的 SNP 分子标记体系为茶树重要性状定向改良提供了理论依据,同时开发的基因组选择技术为茶树分子设计育种奠定了方法学基础<sup>[21-24]</sup>。

**2.2 遗传育种体系构建** 我国茶树遗传改良技术体系历经实生选种向现代生物育种转型,当前已形成以杂交育种为主体、分子标记辅助选择(MAS)为技术支撑的协同创新格局<sup>[25-27]</sup>。浙江省茶树种质资源圃(丽水)作为省级种质创新平台,通过构建“资源普查—核心种质筛选—多组学鉴定”三级技术体系,实现特异育种材料定向创制。研究集成多点环境适应性测试(MET)、中间试验与区域示范梯

度验证系统,建立涵盖种质创新( $F_1$  筛选效率提升 40%)、品种比较(农艺性状数据库完备度达 92%)、推广评估(选育周期缩短约 30%)的全链条育种技术体系,其标准化作业参照规程已被纳入 NY/T 3928—2021《农作物品种试验规范 茶树》。

2020 年以来,丽水市农林科学研究院在茶树种质资源研究领域取得了突破性进展。研究团队通过系统开展茶树种质资源综合评价,构建了包含 1500 份核心种质的资源评价体系。具体研究工作包括:(1)表型特征分析:完成 1500 份种质资源的形态特征及生物学特性系统观测;(2)品质特性研究:实施 700 份资源的茶类适制性评价,并对 200 份资源进行品质成分检测;(3)抗性机制解析:开展 300 份资源的抗寒性评价及 200 份资源的抗病虫性研究;(4)遗传基础研究:完成 300 份变种的染色体核型分析和 400 份资源的 DNA 指纹图谱构建。通过多维度筛选,获得特异性状种质资源 201 份,其中包含形态器官特异种质 10 份、抗寒种质 30 份、优质红茶种质 20 份、红绿茶兼优种质 30 份及绿茶优质种质 20 份;在生化成分筛选中,获得高多酚( $\geq 25.00\%$ )、高氨基酸( $\geq 5.5\%$ )、高/低咖啡碱( $\geq 5.5\%$  或  $\leq 1.5\%$ )及高 EGCG(表没食子儿茶素没食子酸酯, $\geq 25\text{mg/g}$ )等特异性状资源 91 份。基于上述研究成果,已成功选育出 40 个具有重要应用价值的茶树新品系,包括特早生型丽早 1 号、丽早 2 号等 3 个品种(系),绿茶优质型丽茶 1 号,以及叶色特异型丽白 1 号、梯田白等 9 个白化品系。特别值得关注的是获得了 13 个生化成分特异种质,其中 12 个已获植物新品种权,包括丽白 3 号、丽白 5 号、丽早 1 号、丽茶 7 号、丽黄 6 号、丽黄 7 号、丽紫 1 号等。

研究成果首次系统建立了浙西南茶树种质资源综合评价体系,创制的核心种质库较原有资源库遗传多样性指数提升 27.3%。所发掘的抗寒、优质及生化特异种质为茶树分子育种提供了关键亲本材料,形成“表型—品质—抗性—遗传”四维评价模型,为茶树种质创新提供了理论范式,具有显著的学术价值和应用前景。

**2.3 产业提升和乡村振兴** 浙江省作为我国茶叶主产区之一,具备优越的生态条件和悠久的栽培历史。位于浙闽交界的丽水市,依托中国生态第一市的区位优势 and 绿茶一类适生区的自然禀赋,现拥有

标准化茶园 3.63 万  $\text{hm}^2$ , 年产量达 3.19 万 t。根据丽水市《茶产业发展“十四五”专项规划》, 至 2025 年丽水市茶园面积将扩展至 4 万  $\text{hm}^2$ , 总产量突破 4 万 t, 预期实现全产业链产值逾 150 亿元。其中“丽水香茶”凭借独特的品质特征与精准的市场定位, 产量与产值分别占全市茶产业的 70% 和 50%, 在浙江香茶品类中占比超 70%, 形成显著竞争优势。该产品具有条索紧结、香高味醇、叶底绿明等品质特点, 尤其受北方消费市场青睐, 销售网络覆盖全国 20 余个省市。

产业发展提升的基础离不开良种良苗, 丽水市农林科学研究院从浙江省茶树种质资源圃(丽水)收集保存的茶树种质资源中筛选出近 40 份特异性茶树种质资源, 开展适制“丽水香茶”茶树新品种(系)筛选, 通过近 3 年的茶树生长状况、内含物质检测与感官审评, 筛选出丽茶 10 号、丽茶 4 号 2 个早生、优质、高产、抗性强的品种(系), 加工制作的香茶具有香高持久、滋味浓且鲜爽的典型特征, 绿茶品质与主栽品种龙井 43 相当, 是适制香茶的优良品种(系)。目前已在浙江、四川等省份适宜种植区域累计推广种植面积近千亩, 创造经济效益上亿元, 在乡村脱贫致富、茶树品种结构调整和产业可持续发展中起到了良好的示范作用。

### 3 茶树种质资源可持续利用发展路径

茶树种质资源的系统收集保存、精准鉴定与遗传评价及创新利用, 是维护农业生物多样性、保障国家种质资源安全的核心战略<sup>[11,28]</sup>。浙江省茶树种质资源圃(丽水)自 2022 年建成以来, 通过持续完善保存设施与技术体系, 已构建起涵盖离体保存、低温保存和田间活体保存的综合保护系统, 实现种质资源保存数量与质量的同步提升, 为茶树遗传育种、基因组学研究及茶产业高质量发展提供了重要物质基础和技术支撑。当前, 面对茶产业供给侧结构性改革和消费市场多元化发展的新需求, 种质资源工作面临遗传多样性解析不足、优异性状挖掘不深、共享利用效率不高等现实挑战。本研究团队拟从种质创新、基础研究、技术集成、服务功能 4 个维度开展系统性攻关, 重点突破茶树核心种质构建、功能基因挖掘、分子标记开发等关键技术, 推动种质资源从基础保存向高效利用的范式转变。

#### 3.1 茶树种质资源深度挖掘与品种选育 种质资

源保护的核心目标在于通过遗传多样性保存为育种和科研提供优质基因资源。我国茶树种植生态区多样性强, 亟需挖掘适应不同生境的高产优质种质, 特别是产量相关性状的关键基因及其等位变异, 为培育高产优质抗逆新品种奠定遗传基础。浙江省茶树种质资源圃(丽水)作为国家级资源保存机构, 已收集中小叶种资源 2801 余份, 但深度鉴定比例不足 30%。随着茶树全基因组测序和多组学技术的发展, 为资源深度挖掘提供了新的技术路径。

基于前期研究成果, 本研究构建四维整合创新体系: (1) 建立包含 25 项形态特征(叶形指数、新梢物候期等)和 18 项农艺性状(百芽重、发芽密度等)的标准化鉴定系统; (2) 构建“品质—加工—抗逆—抗病”四位一体评价模型, 量化茶多酚/氨基酸比值、多酚氧化酶活性、干旱胁迫指数( $\text{DSI} \geq 2.5$ )及小绿叶蝉抗性等级(1~5 级)等关键指标; (3) 在完成 1000 余份茶树核心种质资源深度重测序的基础上, 整合表型鉴定和精准评价数据, 运用全基因组关联分析(GWAS)和多组学联合分析等技术, 深入挖掘各类优异性状的关键效应基因及其等位变异, 为茶树分子育种提供丰富的基因资源; (4) 系统开展关键性状调控新基因的功能解析, 明确其分子机制及育种应用潜力, 进一步整合现代分子育种技术与传统杂交体系, 建立基于标记辅助选择的聚合育种技术体系。有效缩短育种周期并提高选择效率, 提升杂交后代的优株筛选准确率, 为茶树种质创新提供了理论支撑和技术路径。

#### 3.2 茶树种质资源保护与利用创新体系构建

茶树种质资源作为茶树遗传多样性保护的核心载体, 当前主要采用田间活体保存模式; 然而, 该模式存在一定的局限性。为突破传统保存方式的技术瓶颈, 本研究系统规划了以下重点工作体系: (1) 保存设施体系优化, 在国家、省市种业管理部门技术规范指导下, 升级浙江省茶树种质资源圃(丽水)的智能保存系统。通过建立温湿度联动控制装置和病虫害智能预警系统, 实现保存环境的动态精准调控, 使核心种质存活率提升至 98.6%。(2) 信息化管理平台建设, 整合 GIS 空间数据库和表型组学数据, 构建多维度种质资源信息管理系统(<http://125.124.5.103:809>)。系统采用 MySQL 集群架构, 已收录 1492 份种质的表型性状数据(包括 21 项形态指标、17 项品

质参数和9项抗性指标),实现EB级数据的可视化检索与智能分析。(3)种质资源管理制度创新,向国内外单位和个人提供种质资源时,严格遵守《中华人民共和国种子法》和《农作物种质资源管理办法》等法律法规,确保资源分发的合法性和规范性。(4)大数据应用平台构建,浙江省种子总站和丽水市农林科学研究院共同构建基于大数据的统一信息平台,统筹资源圃种质资源的收集、保存、评价、分发等业务,确保信息互联互通,提升资源共享和利用效率。资源圃已向国内单位提供种质资源实物共享300余份(次),主要用于山茶属植物系统分类、茶树育种及分子生物学等领域的研究。(5)完善科学传播机制,建立“科研—教育—生产”三位一体科普体系,年接待专业考察团组50批次,开展科普讲座30场次,培训新型职业农民560人次,显著提升了大众对种质资源的社会认知度。

#### 4 结语

浙江省茶树种质资源圃(丽水)通过设施升级、技术创新与管理优化的协同创新机制,构建了涵盖活体保存、DNA种质库与数字化信息平台的三位一体保护体系。研究团队建立了基于表型—基因型关联分析的茶树种质资源综合评价系统,实现了种质资源表型特征数字化表征与遗传信息深度解析。该体系突破了传统种质保存模式的技术瓶颈,构建了多维度茶树遗传资源保护网络,为茶树功能基因挖掘、分子标记辅助育种及种质创新利用提供了关键平台支撑。研究形成的标准化鉴定评价技术体系显著提升了种质资源利用效率,其成果已在浙南茶区实现产业化应用,为我国茶产业品种改良与高质量发展提供了重要种质保障。

#### 参考文献

- [1] 邱佳雄,高峰,李琳玉,张宁宁,陈志丹. 基于Delphi+AHP的茶树种质资源管理评价指标体系构建. 种子,2024,43(11):147-156
- [2] 杨代星,乔大河,杨春,陈娟,李燕,梁思慧,陈正武. 基于表型性状和生化成分的贵州乔木型茶树种质资源遗传多样性研究. 中国茶叶,2023,45(7):37-45
- [3] 蒙容君,陈亮,许原,林纬,周歧伟,谢义林,赖定清,赖家业. 广西三江茶树种质资源遗传多样性分析. 茶叶科学,2023,43(2):147-158
- [4] 孟繁博,陈芝能,黄道梅,王宇,金小菊,陈邦贵. 茶树资源的品质及农艺性状多样性分析. 种子,2022,41(2):76-80
- [5] 陈杰丹,马春雷,陈亮. 我国茶树种质资源研究40年. 中国茶叶,2019,41(6):1-5
- [6] 邱晓莹. 我国茶树品种登记现状及优质种质资源主要特征. 浙江农业科学,2024,65(5):1215-1223
- [7] 刘瑜,严芳,邵静娜,周慧娟,郑生宏,何卫中. 浙江丽水市地方茶树种质资源鉴定评价. 南方农业学报,2022,53(2):401-409
- [8] 王鹏杰,杨江帆,张兴坦,叶乃兴. 茶树基因组与测序技术的研究进展. 茶叶科学,2021,41(6):743-752
- [9] 杨海平,咸洋,韩彪,王磊,葛磊,解孝满,李文清. 林木顽拗性种子研究进展. 山东林业科技,2021(5):88-94
- [10] 潘丽梅,付金娥,万凌云,宋利沙,韦树根. 植物顽拗性种子保存及脱水、低温敏感性研究进展. 江苏农业科学,2021,49(4):1-7
- [11] 卢新雄,王力荣,辛霞,尹广鹏,张金梅,陈晓玲,何娟娟,刘运霞. 种质圃作物种质资源安全保存策略与实践. 植物遗传资源学报,2023,24(1):32-43
- [12] Caroline W, Daniel P, Richard W. Technical advance: leaf analyser: a computational method for rapid and large-scale analyses of leaf shape variation. The Plant Journal, 2008, 53(3):578-586
- [13] 梅宇,张朔. 2022年中国茶叶生产与内销形势分析. 中国茶叶,2023,45(4):25-30
- [14] 卢新雄,陈叔平,刘旭. 农作物种质资源保存技术规程. 北京:中国农业出版社,2008
- [15] Ebert A W, Engels J M M. Plant biodiversity and genetic resources matter. Plants, 2020, 9(12):1706
- [16] 闫婕,彭成,裴瑾,马云桐,高继海,陈江. 国家中药种质资源库的建设思路与发展策略. 成都中医药大学学报,2021,44(1):14-19,31
- [17] 郑殿升,刘旭,卢新雄. 农作物种质资源技术规程. 北京:中国农业出版社,2007
- [18] 陈亮,杨亚军,虞富莲. 茶树种质资源描述规范和数据标准. 北京:中国农业出版社,2005
- [19] 鄢东海,刘声传,魏杰,刘红梅,罗显扬,陈元安. 贵州地方茶树品种资源的鉴定与利用. 西南农业学报,2012,25(6):1972-1976
- [20] 江昌俊. 茶树育种学. 2版. 北京:中国农业出版社,2011
- [21] Wei K, Wang X H, Hao X Y, Qian Y, Li X, Xu L, Ruan L, Wang Y, Zhang Y, Bai P, Li Q, Aktar S, Hu X, Zheng G, Wang L, Liu B, He W, Cheng H, Wang L. Development of a genome-wide 200K SNP array and its application for high-density genetic mapping and origin analysis of *Camellia sinensis*. Plant Biotechnology Journal, 2022, 20(3):414-416
- [22] Liu Y J, Chen S, Jiang C K, Liu H R, Wang J Y, He W Z, Moon D, Chen J D, Chen L, Ma J Q. Combined QTL mapping, GWAS and transcriptomic analysis revealed a candidate gene associated with the timing of spring bud flush in tea plant (*Camellia sinensis*). Horticulture Research, 2023, 10(149):1-3
- [23] 金晶,刁学刚,冯海强. 2019年浙江茶产业现状及发展趋势预测. 中国茶叶,2020,42(3):53-57
- [24] Tanksley S D, McCouch S R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from wild. Science, 1997, 277:1063-

# 农业育种数据的保护与利用策略

蒋海英<sup>1</sup> 陈玉冲<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>广西民族大学相思湖学院, 南宁 530225; <sup>2</sup>广西壮族自治区农业科学院, 南宁 530007)

**摘要:** 育种数据既是农业育种研究的基础,也是推动农业可持续发展的重要资源。传统的田间试验记录和基因组、转录组、翻译组、表观组、蛋白质组、代谢组等组学数据以及表型数据是育种数据的主要来源,具有多维性、动态性和共享性等特点。当前农业育种数据保护与利用存在数据分散与重复、数据产权归属不明确、数据共享开放利用与保护不平衡、海量数据带来数据存储与管理挑战等困境。针对这些问题,提出了完善数据产权制度、建立统一的农业育种数据库、推动数据共享机制、提高数据分析技术、推动国际合作与交流等农业育种数据保护与利用策略。随着人工智能技术的飞速发展,我国农业育种也将进入智能化时代,农业育种数据在智能化育种和农业现代化进程中将发挥更重要的科学价值。

**关键词:** 农业育种; 数据保护; 数据产权; 开放共享; 数据利用

## Protection and Utilization Strategies of Agricultural Breeding Data

JIANG Haiying<sup>1</sup>, CHEN Yuchong<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Xiangsihu College of Guangxi Minzu University, Nanning 530225; <sup>2</sup>Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007)

随着全球人口的不断增长和气候变化的加剧,农业作为支撑人类生存和发展的基础产业,面临着前所未有的挑战。种子是农业的“芯片”,也是农业现代化的核心要素<sup>[1]</sup>。农业育种是农业生产发展、粮食安全和环境保护的重要手段,在现代农业生产中发挥着关键作用。近年来,我国在生物育种和智慧育种创新领域取得了显著进展,已成为全球第二

大育种创新强国。然而,在新一代智慧育种技术领域,我国仍与美国存在明显差距<sup>[1]</sup>,而农业育种数据在这一过程中扮演着重要角色。农业育种数据是对农业育种过程进行记录并可以鉴别的符号,包括通过基础研究、应用研究和试验开发等产生的数据,以及通过考察调查、观测监测、检验检测等方式取得并用于农业育种活动的原始数据及其衍生数据。它既是农业育种研究的重要基础,也是推动农业可持续发展的重要资源。随着农业育种工作的不断深入,数据的积累和应用日益广泛,农业育种数据的有效

基金项目:广西民族大学相思湖学院2023年度校级科研项目(2023XJKY19)

通信作者:陈玉冲



1066

[25] 孙清明,李永忠,向旭,陈道明,杨晓燕,方静,吴绪波,周东辉,马帅鹏,马文朝. 利用 SNP 和 EST-SSR 分子标记鉴定荔枝新种质御金球. 分子植物育种,2013,11(3):403-414

[26] Ding F, Li H R, Wang J Y, Peng H X, Chen H B, Hu F C, Lai B, Wei Y Z, Ma W Q, Li H L, He X H, Zhang S W. Development of molecular markers based on the promoter difference of *LcFT1* to discriminate easy- and difficult-flowering litchi germplasm resources and its application in crossbreeding. BMC Plant Biology,

2021,21(1):539-549

[27] Chen J D, He W Z, Chen S I, Chen Q Y, Ma J Q, Jin J Q, Ma C L, Moon D G, Ercisli S, Yao M Z, Chen L. TeaGVD: A comprehensive database of genomic variations for uncovering the genetic architecture of metabolic traits in tea plant. Frontiers in Plant Science, 2022, 28(11):1-6

[28] 陈小央,李燕,吴早贵. 浙江省农作物种质资源保护实践和路径优化研究. 浙江农业科学,2024,65(12):2812-2818

(收稿日期:2025-02-05)