

综合报告



基础农学学科发展研究



基础农学是农业科技进步和创新的原动力，是保障粮食安全、农产品有效供给和农业可持续发展的科学基础。2012年中央一号文件指出要“把农业科技摆在更加突出位置”，进一步明确了农业科技发展的战略定位，指出“农业科技的创新重点包括稳定支持基础性、前沿性、公益性科技研究”，包括“大力加强农业基础研究，突破一批重大理论和方法”“加快推进前沿技术研究，抢占现代农业科技制高点”，为基础农学研究驱动创新发展指明了方向。

一、基本情况

在中国科协的长期支持下，由中国农学会主持，2006—2015年组织农业科研机构、高等院校专家学者，开展了基础农学学科发展研究。从各年度选择基础农学一、二级学科分支领域，深入开展基础农学学科现状、进展、特点、发展趋势和展望的研究。

2006—2007年基础农学学科发展研究，首席科学家卢良恕，主持人信乃谔、许世卫、孙好勤，选择农业植物学、植物营养学、昆虫病理学、农业微生物学、农业分子生物学与生物技术、农业数学、农业生物物理学、农业气象学、农业生态学、农业信息科学10个分支领域开展专题研究。

2008—2009年基础农学学科发展研究，首席科学家戴景瑞、信乃谔，主持人陈阜、邹瑞苍、刘旭，选择作物种质资源学、作物遗传学、作物生物信息学、作物生理学、作物生态学、农业资源学、农业环境学7个分支领域开展专题研究。

2010—2011年基础农学学科发展研究，首席科学家刘旭、信乃谔，主持人许世卫、邹瑞苍、王全辉，选择农业生物技术、植物营养学、灌溉排水技术、耕作学与农作制度、农业环境学、农业信息学、农产品贮藏与加工技术、农产品质量安全技术、农业资源与区

划学 9 个分支领域开展专题研究。

2012—2013 年基础农学学科发展研究，首席科学家刘旭、吴孔明、喻树迅、信乃诠，主持人许世卫、邹瑞苍，根据基础农学学科及其分支领域的进展实际以及未来发展的引领作用，选择作物遗传育种、植物营养学、作物栽培、耕作学与农作制度、农业土壤学、农产品贮藏与加工技术、植物病虫害、农产品质量安全技术、农业资源与区划学、农业信息学、农业环境学、灌溉排水技术 12 个分支领域进行专题研究，覆盖面最广，强化了研究广度的拓展和研究深度的挖掘。

2014—2015 年基础农学学科发展研究，首席科学家刘旭，主持人许世卫、邹瑞苍，选择动物生物技术、植物生物技术、微生物生物技术、农业信息技术、农业信息分析、农业信息管理 6 个分支领域进行专题研究。

中国科协持续立项，深入开展基础农学学科发展研究，表明了该学科在中国农业科技中的基础性、前瞻性、战略性重要作用，同时，也表明了基础农学学科的内涵丰富、领域宽广与博大精深，需要我们不断地去研究、开拓、创新。

二、重要研究进展

2014—2015 年，涵盖基础农学学科一二级 16 个分支领域的研究均取得了重要进展，其中动物生物技术、植物生物技术、微生物生物技术、农业信息技术、农业信息分析、农业信息管理是较为活跃、进展快、创新力度大的研究领域。

（一）动物生物技术

动物生物技术学科是以动物为主要研究对象，以优秀动物个体的高效利用为目标，以分子生物学和细胞生物学为基础，着眼于全基因组、转录组、蛋白质组和细胞组学，采用基因工程、细胞工程、酶工程、蛋白质工程、发酵工程等手段，对动物特定性状和产品品质进行改造或提高的相关生物技术，以此获得新型生物制品，培育高产、优质畜禽品种。

动物生物技术主要的研究方向有以下四类：① 研究现有优良地方品种资源重要性状的遗传基础，解析造成性状变异的原因突变；② 研究重大疾病发生的分子机制，研发高效、快速检测技术和诊断试剂，为畜禽乃至人类重大疾病的预防和治疗以及重要性状（或遗传缺陷）的改造或修复提供重要理论依据；③ 探索畜禽的遗传改造技术，创制人类疾病治疗和健康保护所需的食品添加剂、药物、异种移植所需器官等，有效拓展畜牧产品的人类医学应用；④ 研发高精度、超早期、高通量的数字化品种选育技术，提升畜禽品种资源保护理论与技术水平，结合胚胎移植或体细胞核移植技术实现优良种质的快速、高效扩繁以及濒危物种的资源保护，推进优良品种资源利用效率。本报告拟对动物基因工程、细胞生物工程、动物分子评估技术、动物分子育种技术四个热门方向阐述其研究进展和重大成果。

1. 研究进展

(1) 动物基因工程

目前动物基因工程主要围绕提高外源基因在受体细胞中定点整合率、表达水平、精准靶向修饰 DNA 等开展研究, 尤其基因编辑技术日新月异, 不断创新。外源基因整合进入宿主细胞基因组常采用随机整合, 导致外源基因插入染色体的位置、拷贝数、表达水平等情况都不可预知, 染色体上外源基因插入区域的状态会影响其表达。基因打靶是通过外源基因与受体细胞基因组中序列相同或相近的基因发生同源重组, 将外源基因整合到某一特定位点上, 从而实现外源基因的定点整合、修饰和改造受体细胞遗传特性的技术, 能够实现外源基因稳定表达。2006 年, Yu 等人将体细胞核移植和基因敲除技术相结合制备了存活的朊蛋白基因敲除山羊, 为利用基因打靶技术制备抗疯牛病和羊瘙痒症动物新品种提供了新思路。

近年来, ZFN、TALEN、CRISPA/Cas9 技术通过对靶序列引入双链断裂, 极大地提高了特异位点序列的突变频率以及外源模板存在时的同源重组效率。2012 年, TALEN 被 *Science* 评为十大科学突破之一。2013 年, 美国两个实验室在 *Science* 杂志发表了基于 CRISPR/Cas9 技术在细胞系中进行基因敲除的新方法。CRISPR/Cas9 是目前最热门的基因组编辑工具, 2014 年以来, 国内外多个研究小组聚焦这一领域, 在 *Science*、*Nature* 和 *Cell* 等杂志上发表多项重要成果, 生物技术公司也迅速推出了相关产品。

(2) 细胞生物工程

我国干细胞基础研究几乎与发达国家同步, 干细胞产业方兴未艾。国家在一系列重大科技专项中, 对以临床应用为目标的干细胞技术及产品研发给予了连续的巨额资金支持。目前我国生产的药品 97% 为仿制药, 其余基本都是剂型转换、分子结构修饰的所谓“新药”。客观地说, 我国在药物开发领域仅有“仿制”的经验, 尚未建立完善的“创制”体系。干细胞药品的未知性、高风险是对我国创新体系的全新挑战。干细胞作为战略性新兴产业的典型代表, 其自身发展特点决定着所带来的新技术、新产品、新业务在一定时期内超越现有标准和规范, “中国创造”必然会对“中国制造”时代形成的部门管辖条块构成冲击, 期待政府尽快作出响应。

2001 年, 中国农业大学在唐山芦台经济技术开发区成立了中国第一个体细胞克隆牛胚胎移植中心。次年 4 月, 中国第一头地方优质奶牛在芦台经济技术开发区诞生, 并于 2004 年利用胚胎移植技术成功培育出具有世界最新药物蛋白基因的 2 头克隆奶牛。中国科学院昆明动物研究所、云南中科院胚胎工程中心和西藏自治区共同合作于 2006 年 6 月利用胚胎移植技术成功获得了 4 头小牦牛崽, 同时技术人员成功导入了野生牦牛的遗传基因。新疆维吾尔自治区分别实现了牛、羊和驴的胚胎移植试验, 走在全国胚胎移植方向的前列。2004 年 6 月, 新疆天山马鹿种源保护与繁育基地利用胚胎移植繁育马鹿, 成功产下 7 头活体。2007 年 7 月, 新疆农牧科学院畜牧研究所成功获得了全国首例驴胚胎移植成果, 成功产下 1 头胚胎移植的策勒驴。

（3）动物分子评估技术

目前，动物分子评估技术普遍采用 SNP 芯片、基因组重测序、简化基因组测序等技术获得基因组范围内的单核苷酸变异（SNVs）和其他基因组结构变异（SVs），用来分析群体遗传结构、鉴定系统分类、挖掘基因功能等。2005 年，《Science》杂志首次报道利用全基因组关联分析（GWAS）鉴定年龄相关视网膜黄斑变性的结果，随后一大批有关复杂疾病的 GWAS 报道不断出现。随着不同基因组测序的相继完成以及高通量测序技术平台的搭建，GWAS 也开始在畜禽疾病性状和数量性状基因鉴定方面发挥重要作用。国家“863”计划课题“基于高密度 SNP 芯片的牛、猪基因组选择技术研究”以杜洛克种猪和荷斯坦奶牛为研究对象，采用全基因组 SNP 芯片对猪、牛基因组进行分子育种值估计，可以更准确地对种用家畜进行早期选种，开始了我国家畜全基因组分子评估的研究及应用。

（4）动物分子育种技术

全基因组选择。基因组选择是基于对畜禽 GEBV 的选择，因此 GEBV 评估的可靠性是实施基因组选择的关键。影响可靠性的因素主要包括使用标记的数量或密度、标记与功能基因之间的连锁不平衡关系、参考群体的规模及信息的可靠程度、性状本身的遗传特性等。目前的发展动态集中在以下 4 个方面，一是基因组选择模型的发展。目前基因组育种估计方法的研究主要有最佳线性无偏估计（Best linear unbiased prediction, BLUP）和贝叶斯（Bayes）两大类方法，另外还有针对不同选择方案对模型的改进和拓展，包括多性状基因组育种值估计时，将剩余多基因效应加入育种值估计模型；基于亲缘关系的基因组选育即一步法（Single-step method）估计基因组育种值等。二是参考群体的扩大和联合。参考群体大小是影响基因组育种值估计准确性的重要原因之一。在育种实践中，为扩大参考群体数量，提高 GEBV 准确性，奶牛育种组织之间已开展国际合作。目前在国际奶牛组织 InterBull 的倡导下，正在试图整合世界主要国家数据组建全球化的参考群，以期进一步提高 GEBV 准确率。三是基因组选择应用于杂交群体。研究表明，基因组选择可有效利用杂交群体表型，改进杂交群体的性状表现。在模型中考虑非加性效应，研究了纯系群体基因组选择对杂交后代群体的性状改进，结果表明考虑非加性效应的模型优于加性效应模型。四是高密度 SNP 芯片的开发和使用。遗传标记信息的增加可以提高 GEBV 准确率。当前在畜禽基因组选择研究中普遍采用 50 ~ 60K 的 SNP 标记，牛已从 54K 提高到 777K，鸡已从 60K 提高到 600K，高密度的商业化 SNP 芯片已经广泛应用。然而，并非标记密度越高，估计能力越强，只有在标记与 QTL 连锁程度较低时，增加标记密度才能提高基因组育种值估计能力。

转基因育种。我国的基因组编辑技术，尤其是动物机体的基因组编辑技术日益发展。利用这些新型的技术，近年来国内已经在猪、牛、羊等多种家畜中实现了基因组的定点修饰，并且肉质、生长速度、抗病能力等关键生产性状的基因改良也取得了一定的突破。

我国科研人员于 2014 年利用锌指核酸酶技术对牛成纤维细胞 Myostatin 基因进行了定点敲除，从而为肉用牛的品质改良和育种工作提供了基础资料。2012 年成功获得靶向识

别并切割绵羊 MSTN 基因的锌指核酸酶重组腺病毒。2013 年筛选出敲除 BLG 基因奶山羊的锌指核酸酶组合。2014 年利用 TALEN 技术获得了敲除 albumin 基因的阳性猪,为获得新的人血清白蛋白动物生物反应器奠定了基础。在此之后,又相继获得了含 HbgAg 乙型肝炎表面抗原基因的转基因兔、含 EPO 基因和人乙型肝炎表面抗原基因 2 种乳腺特异性表达的转基因山羊、含“生物钢”蛋白基因的转基因老鼠等各种转基因动物模型。

早在转基因技术发展的初始阶段,我国科学家就已经参与其中,培育的转人生长激素基因鱼属世界首例。目前,我国转基因育种的研究主要集中在提高动物生长率、提高动物产毛性能和品质、提高抗病性、改善肉质和奶质等几个方面,科研人员已经成功培育出转基因猪、牛、羊、鸡等重要家禽家畜新品种和家蚕、兔、水貂等经济动物。

2. 重大成果

(1) 高通量测序技术的应用

一是我国利用二代 Illumina HiSeq2000 测序平台,对金丝猴进行全基因组重测序。通过比较基因组学,结合功能实验和宏基因组分析,揭示了灵长类植食性适应的分子机制,并阐明了金丝猴属的起源和演化历史。研究结果于 2014 年 11 月 2 日以封面文章在 *Nature Genetics* 上发表。

二是中国联合其他国际研究组,通过绵羊与其他哺乳动物的遗传基础进行比较,解释了绵羊特殊消化系统及绵羊独特脂肪代谢过程,定位了维持其厚实、毛茸茸的皮毛性状基因。相关文章发表于 2014 年 6 月 6 日的 *Science* 杂志上。

三是中国科学家通过比较北极熊和棕熊的基因组,揭示出北极熊是比以前认为的更为年轻的一个物种,分析结果还揭示了与北极熊能够极端适应北极地区生活相关的几个基因。相关研究结果被选作封面故事发表在 2014 年 5 月 8 日的 *Cell* 杂志上。

四是中国联合美国研究人员共同完成构建了覆盖中国 24 个省、市、自治区现有 68 个猪种的中国地方猪种基因组 DNA 库,发现了中国北方猪单倍型很可能来自另一个已经灭绝的猪属 (*Suide*)。这是首次在哺乳动物中发现古老属间杂交导致适应性进化的遗传学证据。该研究于 2015 年 1 月 26 日发表在 *Nature Genetics* 杂志上。

五是中国科学家对藏獒、藏狗及低海拔犬种进行全基因组测序,并结合中国土狗和灰狼的群体 SNP 数据,挖掘到藏獒基因组中高度分化的区域,发现了 EPAS1、HBB16 等低氧选择基因。这些研究结果发表在 *Molecular Biology and Evolution* (2014 年 2 月) 和 *Genome Research* (2014 年 8 月) 杂志上。

六是中国学者测定了蒙古马和普氏野马的全基因组,确认了蒙古马和普氏野马间的一次染色体罗伯逊易位事件,并且发现罗伯逊易位并没有导致染色体更多的局部重排。研究还发现了两种重复序列对基因组的不稳定性有强烈影响,该成果于 2014 年 5 月 14 日发表在 *Scientific Reports* 杂志上。

七是中国学者在古代动物遗传评估上取得重要进展,成功获取了世界上最古老的鸡骨遗骸线粒体 DNA 序列,证明了一万年前生活在中国北方地区的家鸡原始群体是现代家鸡

的祖先群体之一，该研究于 2014 年 12 月 9 日以封面文章发表在 *PNAS* 杂志上。

（2）基因表达技术的发展

基因组编辑技术的快速发展。随着高通量测序技术的发展，后基因组时代的研究重点已转移至如何阐明基因功能，而新的基因组编辑技术的兴起，极大地推进了基因功能研究的进展。研究者采用基因打靶技术可获得许多疾病相关模型，这些模型在基因功能、疾病治疗及基因治疗等方面发挥着越来越重要的作用。2013 年 6 月，上海市调控生物学重点实验室、华东师范大学生命科学院生命医学研究所课题组在 *Nucleic Acids Research* 上发表了关于转录激活样效应因子核酸酶（TALEN）的技术论文，成为世界上最早利用该技术构建基因敲除小鼠的两个团队之一。

2014 年，中国农业大学获得世界上首例利用 CRISPR/Cas9 技术打靶基因的绵羊，建立了定点编辑 *Myostatin* 基因的绵羊模型，从而为 CRISPR/Cas9 应用于绵羊生产性状和抗病性状的研究提供了参考和依据。南京大学模式动物研究所于 2014 年 12 月成功利用 CRISPR/Cas9 系统在孪生食蟹猴中介导了精确的基因打靶修饰，该成果进一步证实了利用 CRISPR/Cas9 系统在猴子中实现基因编辑的可行性。2015 年 3 月，西北农林科技大学通过 TALEN 技术获得了抗结核的转基因牛。2015 年 4 月，吉林大学利用最新的 CRISPR/Cas9 技术成功培育出两种基因敲除克隆小型猪，即酪氨酸酶基因敲除猪和 *PARK2* 与 *PINK1* 双基因敲除猪，建立了人类白化病和帕金森综合征两种猪模型。

转基因动物的高效制备。目前，我国拥有很多优秀的研发团队，拥有很强的科研能力。与发达国家相比，在很多方面我们有自己的特色，某些方面甚至走在世界前列。2014 年，首次利用 CRISPR/Cas9 系统得到了 *vWF* 基因敲除猪，证明了 CRISPR/Cas9 技术在大动物中的可应用性。同年，世界上第一个利用 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术培育出的转基因羊诞生。在高品质转基因奶牛制备方面，中国已建立了具有自主知识产权和国际先进水平的转基因奶牛生产和扩繁技术平台，并已获得原代转基因奶牛 60 多头、第二代转基因公牛 24 头、第三代转基因奶牛 200 多头。经国家农业部批准，这些高品质转基因奶牛已进入转基因生物安全评价生产性试验。而经中国疾病预防控制中心食品研究所等机构检测，转基因奶牛具有正常的生长、繁殖及生产性能。

（3）生物传感器的研发和应用

自 1962 年科学家们首次在水母体内发现绿色荧光蛋白（GFP）以来，这种神奇的蛋白质技术获得了飞速发展，成为生物学功能研究的重要工具之一。除了水母中的绿色荧光蛋白，研究人员还从其他动物体内分离获得了多种 GFP 样的荧光蛋白。在过去的十年里，各种不同光谱的荧光蛋白不断被发现，受到启发的研究人员一直期待着开发出一种工具能够对生物功能进行直接的显像研究。除了最常见的利用荧光蛋白成像观测基因表达和蛋白质动态，现在科学家们又利用荧光蛋白生成了生物传感器，用于检测离子和小分子浓度、酶活性、蛋白质翻译后修饰及蛋白构象改变。此外，一些荧光蛋白所具有的独特特性使得这些荧光蛋白在适当的刺激下可经历结构的改变，打开荧光这个开关或者荧光发射波

长改变,从而能够脉冲标记细胞或分子亚群,实现复杂的动力学时空分析。

(二) 植物生物技术

植物生物技术学科是一门在植物学、遗传学、细胞生物学、分子生物学等学科基础上发展起来的新兴技术学科,主要目标是应用现代生物技术改良植物遗传性状、培育植物新品种和生产生物新产品。近年来,为了应对全球产业结构调整 and 贸易全球化对我国农业现代化的影响,国家加大了对植物生物技术的投入,实施了国家转基因生物新品种培育重大科技专项,在国家重点基础发展计划和国家高技术研究发展计划中部署了植物生物技术研究内容,使植物生物技术学科在基础理论、技术手段、安全管理、产业发展等方面均取得了显著成就。

1. 研究进展

(1) 植物细胞工程

脱毒及快速繁殖。植物脱毒及快繁的技术和方法已经基本定型,与过去相比没有重大技术升级和突破,产业化应用的规模也比较稳定。目前国内主要是跟随、消化、局部创新国外新技术并引进新物种扩大植物脱毒快繁种类等,而国外在研究成功无土栽培、气雾栽培、光自养微繁技术(无糖组培技术)、快繁生物反应器、人工种子、广谱抑菌剂、LED 新光源等新技术的同时,逐渐进入自动化、规模化生产水平,如日本麒麟公司已能在 1000 升容器中大量培养无病毒微型马铃薯块茎作为种薯,实现种薯生产的自动化。

育种研究。远缘杂交胚挽救技术结合分子标记辅助育种技术、染色体片段代换/渗入等技术,可实现远缘物种有利基因利用,在育种实践中仍然发挥着重要作用。重要经济植物的体细胞杂交目前较多选用近缘种内或种间以及较近缘属组合,主要是供体-受体式不对称融合。体细胞无性系变异通常用于单一或少数性状的变异,适合综合性状良好,但个别性状需要改良的品种。

药物及其他生物制剂的工业化生产。利用细胞悬浮培养、固定化细胞培养、毛状根培养和生物反应器等大批量培养组织、细胞,可以实现药用植物等来源生物产品(次生代谢产物、药物等)的规模化生产,如天然药物(人参皂苷、地高辛、紫杉醇、长春碱、紫草宁等)、食品添加剂(花青素、胡萝卜素、甜菊苷等)、生物农药(鱼藤碱、印楝素、除虫菊酯等)和酶制剂(SOD 酶、木瓜蛋白酶)等。植物细胞大规模培养属于细胞工程中起步较晚的技术,由于关键技术缺乏突破,只有少数有突出需求和价值的产品(人参皂苷、紫草宁、紫杉醇等)在韩国、日本、德国等国实现了商业化应用,我国在此方面技术相对薄弱。

(2) 植物染色体工程

倍性育种。葫芦科蔬菜单倍体育种主要集中于西瓜、甜瓜和黄瓜,苦瓜等单倍体育种处于起步阶段。西瓜多倍体的利用以四倍体和三倍体为主;无籽西瓜面积占湖南西瓜面积的约 60%;我国每年都有几十个无籽西瓜品种通过省级或国家审定。香蕉、葡萄、毛白杨

等植物的三倍体品种均已大面积推广种植。水稻、小麦等作物的花药培养是快速获得纯合体的有效途径，仍然在育种中发挥着重要作用。利用玉米单倍体育种技术只需 2 ~ 3 年即可育成稳定的纯系，国外大约 60% 的马齿型自交系、30% 的硬粒型自交系是利用单倍体技术选育出来的；我国起步较晚，利用该技术选育出了一些玉米自交系 / 杂交种，如川单 15、正红 211、农大高诱 1 号等。

染色体代换系和渗入系。植物的染色体片段代换系和片段渗入系主要应用于基因定位、基因功能和育种利用研究方面。如利用水稻染色体代换系进行耐冷 QTL 定位、抽穗期 QTL 定位、柱头长度控制基因定位等，普通小麦 - 长穗偃麦草异代换系抗白粉病种质培育，小麦 - 华山新麦草异代换系的鉴定，利用玉米片段代换系进行花期、株型相关的 QTL 定位，利用大豆片段代换系进行抗黑荚果病基因定位。

（3）植物基因工程

植物表达载体。传统的载体系统涉及一个或几个基因，现阶段常用的植物表达载体有 pBI121、CAMBIA 系列载体、利用 Gate-way 技术的系列载体、位点特异性重组（如 Cre/lox、FLP/FRT、R/RS 等）载体以及整合几个技术或几类质粒优点的载体，它们能基本满足当前基因工程研究的需求。高效、大容量的多基因表达载体，对于快速转化多个基因具有重要应用价值；我国科研人员构建了可转化的植物人工染色体载体，可转化 80 ~ 100 kb 的大片段，将在多基因转化、代谢途径重构等方面发挥重要作用；利用端粒介导的染色体截断技术成功构建了玉米微小染色体，但它应用于植物基因转移还存在较多技术障碍。

植物基因规模化转化技术平台。虽然植物遗传转化的方法很多，如基因枪介导法、农杆菌介导法和花粉管通道法等，但农杆菌介导法已经成为植物基因转化的主流方法。国内科学家通过改变愈伤组织与农杆菌的共培养方式等条件，可使测试的 4 个水稻品种的转化效率最高达 90%，最终总结出适于多数水稻品种的高效农杆菌遗传转化体系；建立的水稻规模化转基因技术的转化效率常年稳定在 40% ~ 60%，转化周期从传统的 5 ~ 6 个月缩短到 2.5 ~ 3 个月。在主要农作物中，小麦属于遗传转化比较困难的作物，转化效率较低、重复性较差、变化幅度大，国外报道的农杆菌介导的转化率为 0.7% ~ 44.8%。中国科研人员经过近 5 年的研究，建立了小麦规模化转基因技术体系，转化效率为 2% ~ 4%。国外较早建立了玉米规模化转基因技术平台，如美国孟山都公司有 200 人左右进行玉米遗传转化，每年获得 30 万株左右的转基因植株；我国最近也建立了玉米规模化转基因技术体系，以玉米杂交种 HiII 幼胚为受体的农杆菌介导的玉米遗传转化率约 5%，以玉米自交系综 31 幼胚为受体的遗传转化效率为 2% ~ 3%。棉属植物组织培养较难，遗传转化率低，但美棉 Coker201 的转化率较高（10% ~ 100%）。我国建立了以中棉所 24 为受体的农杆菌介导转化体系，总体转化率达 5% 以上。尽管转基因大豆在全球转基因作物中占据主导地位，但大豆的转化效率不高，农杆菌介导的转化效率为 0.03% ~ 32.6%、基因枪的转化效率为 0.8% ~ 20.1%；大北农生物技术中心目前已基本实现了批量转化，农杆菌介导的转化效率

为 5% ~ 8%，能基本满足产业化需求。

植物基因工程产品和产业化。植物基因工程产品主要以植物品种以及植物品种的大规模种植形式体现。1996 年转基因作物开始规模化种植，当年面积为 170 万公顷，2014 年达到 1.815 亿公顷，19 年增长 106.7 倍，其中发展中国家面积占 53%、发达国家面积占 47%。2014 年全球共计 28 个国家种植了转基因作物，面积依次为美国 7310 万公顷（大豆、玉米、棉花、油菜、南瓜、番木瓜、紫苜蓿、甜菜、西红柿）、巴西 4220 万公顷（大豆、玉米、棉花）、阿根廷 2430 万公顷（大豆、玉米、棉花）、印度 1160 万公顷（棉花）、加拿大 1160 万公顷（油菜、玉米、大豆、甜菜）、中国 390 万公顷（棉花、西红柿、杨树、番木瓜、甜椒）。2014 年，38 个国家和地区累计批准 27 种转基因作物、357 个转基因事件、1458 个食用许可证书、958 个饲用许可证书、667 个种植许可证书，批准转基因事件数量依次为日本 201 个、美国 171 个、加拿大 155 个、墨西哥 144 个、韩国 121 个、澳大利亚 100 个、新西兰 88 个、中国台湾 79 个、菲律宾 75 个、欧盟 73 个、哥伦比亚 73 个、南非 57、中国 55 个。据 2013 年统计，转基因作物的采用率大豆为 79%、棉花为 70%、玉米为 32%、油菜为 24%。1996—2013 年的 18 年间，转基因作物在全球产生了大约 1333 亿美元的农业经济收益，其中 30% 是由减少生产成本所得的收益，70% 来自累计增加的 4.4 亿吨产量带来的收益。

（4）植物基因组定点编辑技术

ZFN 系统。2005 年 ZFN 技术开始在植物上应用。国内外用 ZFN 在烟草内源基因上精确插入报告基因；用 CoDA 方法构建 ZFN 敲除拟南芥内源基因；用 ZFN 介导的双链断裂—同源靶向修复对拟南芥原卟啉原氧化酶基因进行了编辑。

TALEN 系统。TALE 核酸酶的可用靶位点更广泛，应用和发展更迅速。2012 年，TALE 核酸酶被 *Science* 杂志评为当年的十大科技突破之一。国内外用 TALEN 技术敲除水稻的感病基因 Os11N3，提高水稻抗病性；用 TALEN 转化烟草原生质体，基因同源重组效率达 4%；用 Golden Gate 法构建 TALEN 高效敲除了一系列短柄草和水稻中的基因。

CRISPR/Cas9 系统。CRISPR/Cas9 系统建立之后，很快在烟草和拟南芥、水稻、高粱、地钱、甜橙、番茄、大豆等植物上取得成功。与基因打靶、ZFN 和 TALEN 等基因组定点编辑技术相比，CRISPR/Cas9 技术简单、高效、精准，具有很大的发展前途。

（5）植物分子标记技术

主要作物的遗传连锁图谱是基于第一代分子标记建立的，因而以 RFLP 为代表的第一代标记仍然具有参考价值，但基因定位、标记辅助选择实践中一般先将它转化为第二代标记（如 STS 标记）再进行利用。以 SSR 标记为代表的第二代分子标记正在基因组作图、基因定位、亲缘关系鉴定、系统分类、分子标记辅助选择育种等领域发挥重要作用。但随着高通量测序成本和检测仪器价格的下降以及更多植物全基因组被解析，以 SNP 为代表的第三代分子标记技术将发挥更大作用。例如，开发了小麦基于 Illumina 技术平台的 9k 高通量 SNP 分析芯片，用于小麦遗传连锁图谱的构建、DNA 指纹分析、群体结构和连锁

不平衡分析以及亲缘关系、品种遗传多样、进化等方面的研究；利用 GWAS 技术对玉米重要农艺性状进行了解析，揭示了玉米籽粒油分的遗传基础，发现微效多基因的累加是人工选育高油玉米的成因；利用一种综合性的基因组分析方法在群体水平上探讨了具有代表性的杂交水稻及亲本的基因组，精细定位了杂种优势位点，发现了一批形成杂种优势的优异等位基因；选用分布于小麦 21 条染色体上的 81587 个 SNP 位点对河南省近年来审定的 96 个小麦品种进行了全基因组扫描，解释了小麦品种的遗传多样性与进化起源。

2. 重大成果

植物细胞工程。植物细胞工程理论、技术已经趋于成熟、完善，在脱毒快繁、细胞大批量培养等方面产业规模稳定，在原来相对落后的花卉产业近几年获得了一些阶段性成果，如“主要鲜切花种质创新与新品种培育”获 2012 年云南省科技进步奖一等奖，“高效诱导培养百合小鳞茎的方法”获 2014 年昆明市发明专利奖一等奖。

植物染色体工程。一是小麦染色体组的起源。2014 年国际小麦基因组测序联盟基于分离染色体臂测序发表了小麦的全基因组草图；Marcussen 等在小麦和多个小麦近缘种（其中 A、D 基因组由中国研究组于 2013 年完成）全基因组草图基础上，进行基因组水平多基因树分析，提出了 A、B 染色体组 700 万年前分支，100 万 ~ 200 万年后 A、B 染色体组同倍杂交形成 D 染色体组，不早于 82 万年杂交形成 AABB，43 万年杂交形成小麦（AABBDD）的小麦起源新学说。二是拟南芥染色体工程。通过对拟南芥着丝粒特异性组蛋白基因 CENH3 改造得到突变体 GEM（genome elimination induced by a mix of CENH3 variants）；由于来自突变体的染色体组在合子的有丝分裂中高频丢失，F₁ 得到只含有非突变体亲本一套染色体的单倍体植株的频率为 25% ~ 50%。2011 年 Marimuthu 等报道以 2008 年 Ravi 等报道的减数不分离而成的四倍体与 GEM 杂交，获得 33% 源于四倍体配子的种子，即四倍体单性生殖的后代（2n）。2012 年 Wijnker 等报道反向育种（reverse breeding），RNAi 沉默减数分裂同源重组基因完全抑制减数分裂配对重组，其 F₁ 与 GME 杂交可获得单倍体，加倍可获得各种染色体组合的二倍体。由于拟南芥染色体分离、重组的分子机理与其他植物有很大的相似性，这些研究结果对其他作物单倍体诱导具有参考价值。三是植物的基因组测序。2012 年中国完成小米基因组草图，同年 8 国联合完成了雷蒙德氏棉全基因组测序，此后，中国相继完成了二倍体棉属植物木本棉的基因组测序（2014）、四倍体陆地棉基因组测序（2015）。2013 年中国完成西瓜全基因组测序工作。同年欧洲构建了甜菜的参考基因组、和中外合作完成短药野生稻基因组测序。2014 年中国完成了枣基因组测序工作、发布了蝴蝶兰全基因组图谱，同年几个中外研究组相继公布了辣椒的全基因组序列图。2015 年中国完成了青稞全基因组草图。这些植物基因组图谱的发布，将对植物染色体工程、分子标记、基因工程和基因分子生物学研究具有重要促进作用。

植物基因工程。一是青蒿素的高效生产。青蒿素是治疗疟疾的特效药。通过代谢途径规划，实现了酵母生产青蒿素酸产率达到 25g/L，然后再通过化学修饰半合成青蒿素，但成本仍然较高。据报道，在青蒿中超表达 IPI 基因后青蒿素的量较对照提高 30% ~ 70%，

将青蒿 FPS 基因超表达后青蒿素量较对照提高了 34.4%，超表达腺毛体特异表达的细胞色素 P450 蛋白及其伴体蛋白的基因后青蒿素的量较对照提高 2.4 倍，过表达 HDR 和 ADS 基因后青蒿素的量较对照提高 2.48 倍，过表达 DBR2 基因后青蒿素的量最高可达对照的 9.06 倍。二是水稻生产白蛋白。利用转基因水稻种子生产的重组人血清白蛋白在生理生化性质、物理结构、生物学功能、免疫原性与血浆来源与人血清白蛋白一致，并建立了大规模生产重组人血清白蛋白的生产工艺，获得了高纯度和高产量重组人血清白蛋白产品，证明利用转基因水稻种子取代现有基于发酵的表达技术来生产重组蛋白质是经济有效的。该项目获得 2013 年国家发明奖二等奖。三是新批准转基因作物。2012 年至今全球新批准商业化生产的转化事件 35 个，其中玉米 20 个、大豆 8 个、棉花 4 个、油菜 3 个。中国的转抗螟虫基因水稻、转植酸酶基因玉米的安全证书续申请得到批准，有效期为 2014 年 12 月 11 日至 2019 年 12 月 11 日。

植物基因组定点编辑技术。基因组定点编辑技术的重大进展和标志成果是 CRISPR/Cas9 技术。自 2012 年问世以来，其研发和应用迅速成为生物学研究热点，如采用 CRISPR-Cas 技术定点编辑了水稻和小麦两个作物的 OsPDS、TaMLO 等 5 个基因，获得了抗病性较高的水稻及小麦新株系。

植物分子标记技术。中国农业科学院作物科学研究所发掘 17 个不育位点及广亲和基因基础上，开发相应分子标记，聚合广亲和基因创制广亲和和恢复系和粳型亲粳不育系，解决了粳籼杂种半不育难题；在发掘早熟基因基础上，提出基于感光基因型和光钝感基因的分子设计方法，解决了粳籼杂种超亲晚熟问题；在发掘显性矮秆及株型关键基因基础上，开发相应分子标记，为培育粳籼交理想株型奠定基础；该成果获 2014 年度国家发明奖二等奖。北京市农林科学院蔬菜研究中心创新了西瓜分子标记辅助育种技术体系，解决了我国西瓜育种优异性状来源少和遗传基础狭窄的难题，选育出优势突出、综合性状领先的“京欣”系列西瓜品种，该成果获 2014 年国家科技进步奖二等奖。

（三）微生物生物技术

联合国生物多样性公约曾经对生物技术定义进行解释，认为生物技术是利用生物系统和有机体或者衍生物来研究、生产、改进产品，或者用于特殊的用途。按照这种定义，农业种植作物可能被视为最早的生物技术。通过这种早期生物技术，农民选择培育适合的作物、家畜，提高产量，生产足够的食物来支持和保障人口的增长。同时，人们也发现一些特定的物种或副产物可以有效地改善土地肥力，固定氮素，控制害虫，减少病害发生，并进行了选择和利用。人们生产过程中不自觉地应用生物技术，推进了物质文明和社会文明的发展。近年来，生物技术已经拓展成为包含生物学、医学、工程学、数学、计算机科学、电子学等多学科相互渗透的综合性学科。在农业微生物方面，生物技术主要涉及微生物在食品、饲料、兽药、肥料、农药等领域的应用，按照生物技术的定义，任何一种农业有益微生物的利用皆为生物技术的一种体现。由此可以看出，农业微生物生物技术也就是

农业有益微生物在农业生产中的应用，此外还包含使其他农业微生物通过生物技术改造向有益微生物转化的过程。

1. 研究进展

随着研究的不断深入，在农业微生物生物技术领域不断涌现出新的理论、方法、观点、技术、成果，为农业科学研究和生产实践注入了新的活力，同时也出现了新的趋势。

（1）微生物生物技术在肥料方面的进展

近两年来，关于微生物肥料的研究主要集中在植物促生微生物的筛选及效果评价，尤其以植物根际促生细菌（plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR）最为广泛。在改善作物生长状况和品质方面，中国农业科学院农业资源与农业区划研究所研究团队通过对在含煤土壤中生长的大白菜施用或不施用解磷菌黑曲霉（*Aspergillus niger* 1107）的比较研究得出，该黑曲霉有效促进了大白菜的生长。南京农业大学研究团队在对番茄—菠菜轮作的农田系统中的 PGPR 研究时发现，PGPR 和蚯蚓粪配合使用时可以起到协同增效作用，可有效提高番茄的维生素 C 和菠菜中蛋白质的含量（Song 等，2015）。在微生物肥料介导的污染土壤植物修复方面，通过植物的种植来修复污染的土壤是目前世界范围内研究的热点，植物在重度污染土壤中的生长状态与其土壤修复效果密切相关。一些微生物可以刺激植物抗逆能力与存活能力，其作用方式也是多样的。因此，筛选具有该种特性的微生物肥料并开展其效果评价成为目前研究的重点。在植物病原体的拮抗剂研究方面，除了环境物理化学胁迫因素影响植物生长与生产性能外，植物病原物是为害植物生长的又一重要因素。利用微生物拮抗抗菌作用防止植物病害一直是人们关注的热点，近年来不断有新的进展。人们发现，有些微生物不仅可以控制病害发生，还可以促进植物生长，提高产量。南京农业大学研究团队研究证明解淀粉芽孢杆菌（*Bacillus amyloliquefaciens*）NJZJSB3 菌株可以有效控制油菜叶片上的核盘菌（*Sclerotinia sclerotiorum*）。与此同时，该菌还可以产生生物被膜、铁载体和细胞壁降解酶等物质，有效抑制病原菌，更好地促进植物生长。

（2）微生物生物技术在饲料相关研究的动态

近两年来，国内外对于微生物饲料的研究主要集中在微生物饲料添加剂、饲用酶制剂以及微生物提取物。由于抗生素作为饲料添加剂带来的种种问题，如抗生素残留问题和对抗生素产生抗性的病原菌问题等，目前世界范围内对抗生素添加剂陆续禁止，因此微生物饲料添加剂作为抗生素替代物成为国内外研究的热点。而饲用酶制剂也是近几年才陆续被人们认识到可以很好地促进动物生长，其主要研究焦点是其耐热、耐酸等性质上的改进，目前该领域的国内研究处于世界一流水平；近两年关于微生物提取物的研究主要集中在实际工业生产中如何改造更好的工程菌等。

在微生物饲料添加剂研究方面，用于饲料添加的微生物筛选与评价仍然是该领域的研究热点，目前国内相关研究已经比较深入，对菌株的效果评价涉及饲料风味、营养消化吸收、消化道微生物生态、动物生长发育、动物代谢免疫等多个层次。在饲用酶制剂研究方面，华中农业大学研究团队通过 8 周的草鱼生长情况评价发现，向草鱼饲料中加入植酸酶

可以改善草鱼的生长情况，提高其对营养物质的利用率；将植酸酶与饲料提前混合处理比将植酸酶喷洒到池塘中效果更好。在微生物提取物研究方面，北京化工大学与美国佐治亚大学科研团队合作研究，将大肠杆菌进行改造后使之可以克服反馈抑制而持续地将苯丙氨酸转化为酪氨酸，这一研究成果可以作为新的酪氨酸生产方法进行推广使用。天津大学研究团队通过遗传改造了一株大肠杆菌用以表达核黄素（维生素 B₂），而核黄素目前被广泛用于动物饲料添加剂中，该研究成果具有很大潜力应用于核黄素的工业生产中。

（3）微生物生物技术在生物农药方面的研究进展

广义的微生物农药包括活体微生物农药和农用抗生素，而狭义的微生物农药专指活体微生物农药。根据用途和防治对象不同，微生物农药主要包括微生物杀虫剂、微生物杀菌剂、除草剂等，近两年关于微生物生物技术在生物农药方面的研究主要集中在微生物杀虫剂和真菌杀虫剂领域。用作微生物杀虫剂的微生物种类有细菌、真菌、病毒、线虫和微孢子虫。其中细菌类的杀虫剂主要有苏云金芽孢杆菌、球形芽孢杆菌、日本金龟子芽孢杆菌和缓病芽孢杆菌等，目前研究热点包括改善细菌杀虫剂的环境适应性、鉴定克隆关键功能基因、新靶标害虫研究等几个方面。真菌杀虫剂是以昆虫病原真菌为有效成分的生物农药，以真菌分生孢子附着于昆虫的皮肤，分生孢子吸水后萌发而长出芽管或形成附着孢侵入昆虫体内，在体内菌丝体不断生长繁殖，造成病理变化和物理损伤，最后导致昆虫死亡。目前，已发现的杀虫真菌 100 多个属 800 多个种，其中以白僵菌（*Beauveria bassiana*）和绿僵菌（*Metarhizium anisopliae*）最多。近年，对昆虫病原真菌的研究主要集中在对其发育、侵染相关功能基因剂型的研究，并在此基础上进行遗传改良。

2. 重大成果

微生物中发现对糖尿病的有效成分。中国农业科学院农产品加工研究所对酵母源葡萄糖耐量因子（GTF）进行了结构解析以及功能评价，其研究通过温和溶剂提取、分子筛与膜组合分离及电感耦合等离子体原子发射光谱法/质谱（ICP-AES/MS）等生物技术分析，证实从 GTF 高产酵母中分离获得了两种含铬物质，其中 GTF 为小分子含铬物质，并通过红外光谱、质谱等技术对 GTF 进行结构解析。II 型糖尿病模型鼠试验表明，GTF 酵母菌粉可显著降低糖尿病小鼠总胆固醇和甘油三酯含量，高剂量的 GTF 酵母可显著降低糖化血红蛋白；对胰腺组织和 β 细胞有一定保护作用。本项成果为酵母源 GTF 作为补铬营养强化剂及保健食品配料的深度开发提供了重要理论依据。同时，本项目中的高 GTF 酵母制备技术可在保健食品、制药、饲料添加剂等企业转化应用，有助于开发形式多样的保健品中间原料或终端产品。

建立完善饲用酶制剂研究生产体系。中国农业科学院饲料研究所通过对酵母及芽孢杆菌高效表达机制的生物学基础研究，发现了一批新的表达因子及它们的作用机理和功能，并在此基础上构建、完善了饲料用酶高效表达技术体系，保障了饲料用酶的规模化廉价生产，最终突破了一系列饲料用酶研发的关键技术。该团队所从事的多种饲料用酶的开发工作始终保持国际领先地位，其创制的 4 种主要非淀粉多糖酶——木聚糖酶、葡聚糖酶、甘

露聚糖酶和 α -半乳糖苷酶均具有优良的性能和低廉的生产成本。该项成果荣获 2014 年度国家科技进步奖二等奖。

酵母多糖微量元素多功能生物制剂研究。中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所完成的“酵母多糖微量元素多功能生物制剂研究”采用微波诱变，筛选出既富含锌、铁微量元素，又高产多糖的遗传性状稳定的新酵母菌株，并获得 1 项专利。研制出集酵母多糖和微量元素锌、铁的生理功能于一体的高效、低毒多功能复合型生物制剂。该研究成果达到同类研究国际先进水平。

秸秆无害还田技术取得进展。中国农业科学院油料作物研究所研究团队从油菜根际土壤中分离出了十多种微生物菌株，从中筛选出两株特异功能微生物，分别是能高效腐解油菜秸秆的哈茨木霉菌和高效腐解菌核的棘孢曲霉，并由这两种微生物生成复合菌剂，该菌剂可使油菜秸秆腐解率提高 23.9%、菌核腐解率提高 38.1%，同时可提高土壤理化及生物性状，使后茬水稻产量提高 3.0%，下季油菜菌核病病情指数下降 16.8，菜籽增产 5.0%。目前该微生物菌剂已大面积示范推广。

真菌杀虫剂致病机制研究与改良取得重要进展。浙江大学从 T-DNA 随机插入突变体库中发现了罗伯茨绿僵菌的致病突变体，其中甾醇转运蛋白基因 Mr-npc2a 被破坏。Mr-npc2a 的作用是帮助真菌在昆虫血腔内保持细胞膜的完整性。生物信息学分析表明，绿僵菌在进化过程中通过基因水平转移从寄主昆虫中获得 Mr-npc2a。该研究用实验证明了基因水平转移推动了病原真菌的毒力进化，丰富了真菌毒力进化理论。研究成果已经发表于 *PLoS Pathogens*。除此之外，通过遗传改良在蝗绿僵菌（*Metarhizium acridum*）中成功高效表达了 3 类昆虫离子通道阻遏多肽，显著提高了其感染蝗虫的能力，其中同时表达钙离子通道、钾离子通道和钠离子通道阻遏子的菌株提高幅度最大，半致死剂量降低 10 倍以上，杀虫时间缩短了 40%，蝗虫死亡前的取食量也显著降低。另外，研究证实高效表达这些多肽，不改变蝗绿僵菌的寄主范围。利用其构建的遗传改良菌株，有望开发出安全、高效的真菌杀虫剂。

Bt 微胶囊制剂理论研究取得重要进展。中国农业科学院植物保护研究所团队发现了控制细胞壁水解的关键基因 *cwlB*，该基因的缺失导致 Bt 母细胞不能裂解，这为进一步研究开发抗紫外 Bt 微胶囊制剂奠定了基础。该团队还构建了 Bt *sigK* 缺失突变株，该突变株芽孢发育与细胞裂解受到影响，进一步筛选了可以在该突变体中表达基因的 Bt 启动子并表达了 *Cry1Ba* 基因，不裂解的细胞壁包裹杀虫蛋白形成了微胶囊，进一步测试结果显示该微胶囊形式的蛋白可以显著抵抗紫外线对杀虫蛋白的灭活作用。

微生物农药、肥料持效性理论研究取得重要进展。微生物农药、肥料在植物根际形成生物被膜是其能否长期定殖、有效的重要因素。近年研究发现，植物本身的遗传、代谢特性与此密切相关，为进一步作物评价提供了新的指标。美国哈佛大学研究团队研究表明，定植于拟南芥的枯草芽孢杆菌形成与否由特定的植物多糖介导，这些多糖作为生物被膜的信号因子通过激酶控制磷酸化的调节因子 *spo0A* 来转换。除此之外，植物多糖作为糖的来

源供给生物被膜形成,该研究成果为由植物介导的枯草芽孢杆菌生物被膜的形成研究提供了证据。

(四) 农业信息技术

信息技术是对社会各个层面影响大、渗透力强的高新技术。现代信息技术的发展使人类社会开始步入信息化时代,给人类社会和经济发展带来了广泛而深远的影响。随着现代农业科学理论与信息技术的快速发展和逐步应用,信息技术与农业科学的交叉渗透催生了农业信息技术这一新兴学科领域。概括来说,农业信息技术是指利用信息技术对农业生产、经营管理、战略决策过程中的自然、经济和社会信息进行采集、存储、传递、处理和分析,为农业研究者、生产者、经营者和管理者提供信息查询、技术咨询、辅助决策和自动调控等多项服务的技术的总称。

农业信息技术的基础是传感器技术、测量技术、信息存储技术、信息分析技术与信息表达技术。农业信息技术的内容包括数据库技术(DB)、地理信息系统(GIS)、遥感监测(RS)、全球定位技术(GPS)、决策支持系统(DSS)、专家系统(ES)、作物模拟模型(CSM)、网络技术、智能控制技术、虚拟现实技术等。这些技术与农业技术相结合,应用在农业的方方面面,使农业信息化程度向更广泛、更深入的方向发展,从简单技术应用向综合性信息集成方面发展,从通用性的信息技术应用向通过信息技术集成开发方向发展。

1. 研究进展

随着现代信息技术的发展和渗透,特别是近年来物联网、云计算和大数据等学科理论和技术的突破与熟化,农业信息学学科理论和方法体系的发展也呈现出装备化、集成化、协同化的特征,信息技术在农业生产、经营、管理决策过程中发挥出越来越显著的作用,新型的信息产品和工具不断涌现,为我国农业的发展与转变提供了重要手段。

(1) 农业信息技术发展呈现出智能化、集成化特征

现阶段,农业信息技术方法正在逐步成熟,农业信息技术的研究更加面向实际农业科学问题的解决,并越来越注重研究深度和实用性的结合。随着农业物联网技术的发展,农用无线传感器及无线传感器网络技术、RFID 电子标签技术在农业领域得到了广泛应用,为农业数据和信息的获取提供了强有力的手段;而云计算技术的发展,使分布式计算、分布式数据融合、并行计算成为可能,为农业数据和信息的融合、关联提供了技术支撑;大数据技术则进一步将已有技术进行集成,并提供了更加强大的数据抽取、转换、装载;此外,数据分析和数据可视化技术为农业数据和信息的集成、处理和表达提供了方法和工具。因此,农业数据和信息获取、集成、处理、分析和展现的理论、技术和方法日趋成熟,为智能化的农业数据处理、决策奠定了基础,并具备了适用性农业智能装备研发与生产的条件。

(2) 现代农业信息技术体系日益完善

农业物联网技术与装备。在农业资源管理物联网建设方面,资源卫星可以获取极为精