



2014—2015

园艺学 学科发展报告

REPORT ON ADVANCES IN
HORTICULTURAL SCIENCE

中国科学技术协会 主编 中国园艺学会 编著



中国科学技术出版社
CHINA SCIENCE AND TECHNOLOGY PRESS

56-12
2014—2015

园艺学

学科发展报告

REPORT ON ADVANCES IN
HORTICULTURAL SCIENCE

中国科学技术学会 主编

中国园艺学会 编著

中国科学技术出版社

· 北 京 ·

图书在版编目(CIP)数据

2014—2015 园艺学学科发展报告 / 中国科学技术协会主编; 中国园艺学会编著. —北京: 中国科学技术出版社, 2016.2

(中国科协学科发展研究系列报告)

ISBN 978-7-5046-7084-7

I. ① 2… II. ① 中… ② 中… III. ① 园艺—学科发展—研究报告—中国—2014—2015 IV. ① S6-12

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2016) 第 025835 号

策划编辑	吕建华 许 慧
责任编辑	高立波
装帧设计	中文天地
责任校对	杨京华
责任印制	张建农

出 版	中国科学技术出版社
发 行	科学普及出版社发行部
地 址	北京市海淀区中关村南大街16号
邮 编	100081
发行电话	010-62103130
传 真	010-62179148
网 址	http://www.cspbooks.com.cn

开 本	787mm × 1092mm 1/16
字 数	350千字
印 张	16
版 次	2016年4月第1版
印 次	2016年4月第1次印刷
印 刷	北京盛通印刷股份有限公司
书 号	ISBN 978-7-5046-7084-7 / S · 595
定 价	64.00元

(凡购买本社图书, 如有缺页、倒页、脱页者, 本社发行部负责调换)



2014—2015 园艺学学科发展报告

首席科学家 方智远

专 家 组

组 长 杜永臣

副组长 (按姓氏笔画排序)

孙日飞 张启翔 韩振海

成 员 (按姓氏笔画排序)

于贤昌	马 跃	王亮生	王晓武	包满珠
吕英民	刘凤之	刘君璞	刘孟军	许 勇
孙小武	孙日飞	李宝聚	李锡香	张 显
张 彦	张启翔	张振贤	陈发棣	陈昆松
易干军	赵 华	段长青	姜 全	高俊平
郭文武	葛 红	韩振海	喻景权	

学术秘书 张 彦

党的十八届五中全会提出要发挥科技创新在全面创新中的引领作用，推动战略前沿领域创新突破，为经济社会发展提供持久动力。国家“十三五”规划也对科技创新进行了战略部署。

要在科技创新中赢得先机，明确科技发展的重点领域和方向，培育具有竞争新优势的战略支点和突破口十分重要。从2006年开始，中国科协所属全国学会发挥自身优势，聚集全国高质量学术资源和优秀人才队伍，持续开展学科发展研究，通过对相关学科在发展态势、学术影响、代表性成果、国际合作、人才队伍建设等方面的最新进展的梳理和分析以及与国外相关学科的比较，总结学科研究热点与重要进展，提出各学科领域的发展趋势和发展策略，引导学科结构优化调整，推动完善学科布局，促进学科交叉融合和均衡发展。至2013年，共有104个全国学会开展了186项学科发展研究，编辑出版系列学科发展报告186卷，先后有1.8万名专家学者参与了学科发展研讨，有7000余位专家执笔撰写学科发展报告。学科发展研究逐步得到国内外科学界的广泛关注，得到国家有关决策部门的高度重视，为国家超前规划科技创新战略布局、抢占科技发展制高点提供了重要参考。

2014年，中国科协组织33个全国学会，分别就其相关学科或领域的发展状况进行系统研究，编写了33卷学科发展报告（2014—2015）以及1卷学科发展报告综合卷。从本次出版的学科发展报告可以看出，近几年来，我国在基础研究、应用研究和交叉学科研究方面取得了突出性的科研成果，国家科研投入不断增加，科研队伍不断优化和成长，学科结构正在逐步改善，学科的国际合作与交流加强，科技实力和水平不断提升。同时本次学科发展报告也揭示出我国学科发展存在一些问题，包括基础研究薄弱，缺乏重大原创性科研成果；公众理解科学程度不够，给科学决策和学科建设带来负面影响；科研成果转化存在体制机制障碍，创新资源配置碎片化和效率不高；学科制度的设计不能很好地满足学科多样性发展的需求；等等。急切需要从人才、经费、制度、平台、机制等多方面采取措施加以改善，以推动学科建设和科学研究的持续发展。

中国科协所属全国学会是我国科技团体的中坚力量，学科类别齐全，学术资源丰富，汇聚了跨学科、跨行业、跨地域的高层次科技人才。近年来，中国科协通过组织全国学会

开展学科发展研究，逐步形成了相对稳定的研究、编撰和服务管理团队，具有开展学科发展研究的组织和人才优势。2014—2015 学科发展研究报告凝聚着 1200 多位专家学者的心血。在这里我衷心感谢各有关学会的大力支持，衷心感谢各学科专家的积极参与，衷心感谢付出辛勤劳动的全体人员！同时希望中国科协及其所属全国学会紧紧围绕科技创新要求和国家经济社会发展需要，坚持不懈地开展学科研究，继续提高学科发展报告的质量，建立起我国学科发展研究的支撑体系，出成果、出思想、出人才，为我国科技创新夯实基础。

A stylized, handwritten signature in black ink, likely belonging to Han Ming, positioned above the date.

2016 年 3 月

“十二五”期间，中国园艺产业在连续多年快速发展的基础上依然保持了稳定增长，产业规模和总产值持续增大。2014年园艺产业总产值超过了2万亿元，对农民增收的贡献进一步加大。园艺科学研究的步伐进一步加快，科技创新和对产业发展的支撑能力有了显著的提高，国际竞争力和影响力进一步增强，特别是园艺作物基因组学、代谢组学研究取得了一系列具有重大国际影响的成果。

近3年来，中国科学家主导完成了甜橙、梨、中华猕猴桃、枣、番茄、辣椒、甘蓝和西瓜等的基因组测序以及桃、黄瓜和番茄基因组重测序和变异组学分析。基因组测序及重测序研究获得了许多重要的发现，例如揭示了一些园艺作物的起源进化以及在人类选择下如何经历驯化和改良果实由小到大的进化历程。通过运用代谢组学、遗传学、分子生物学等多种研究手段，发现了一些与产品品质相关的重要代谢物质合成的基因及调控因子。这些重要研究结果发表在《科学》(Science)、《自然遗传学》(Nature genetics)等杂志上，得到国际学术界的高度评价并被广泛引用。近年来在蔬菜和果树中先后完成了大量的控制品质、抗病性、抗逆性的基因定位，并挖掘出了一些重要的功能基因，开发出了大量的可以在育种实践中应用的分子标记。

近3年来，全国科研单位和大学新引进、收集、评价了一大批园艺植物种质资源，其中很多引自国外，进一步丰富了我国园艺作物基因库。同时，通过常规育种与分子标记聚合技术，创制出一大批抗病、抗逆、优质以及具有特殊应用价值的优异资源材料，有力推进了园艺作物遗传育种研究。

在园艺作物育种技术研究方面，分子标记辅助选择技术更加完善，应用更加普及，雄性不育利用取得显著突破。新育成了果树、蔬菜、花卉各类品种600多个，新品种的国际竞争力有了显著增强。

园艺作物优质高效栽培关键技术取得了重要的进展，研发出了高光效树体整形技术、微垄覆膜技术、起垄覆盖行间生草技术。我国独创的园艺作物日光温室节能高效栽培技术取得新的突破，将日光温室果菜冬季不加温生产从最低气温 -23°C 地区推移到 -28°C 地区。研发出蔬菜平衡施肥配方，形成了土壤肥水精准管理技术。土壤安全消毒技术、作物秸秆生物反应堆技术等在全国各地特别是蔬菜连作障碍高发区推广成效显著。成功地开发出

月季切花无土栽培基质和营养液配方、牡丹盆花冬季催花生产技术和无土栽培技术体系。2013 年以来共获得了 8 项国家奖励成果。

本报告是中国园艺学会在组织编写《2011—2012 园艺学学科发展报告》的基础上，组织 50 多位专家编写的。报告分综合报告和专题报告两部分，专题报告包括果树学、蔬菜学和观赏园艺学专题。报告重点对近年来我国园艺学学科最新研究进展及取得的成果进行了归纳总结，对国内外研究进展进行了比较并对园艺学科发展做了展望，希望能够为同行及相关学科学者的科技创新工作提供参考。

中国园艺学会
2015 年 10 月

序 / 韩启德

前言 / 中国园艺学会

综合报告

园艺学学科发展研究 / 3

1 引言 / 3

2 园艺学学科最新研究进展 / 4

3 园艺学学科国内外研究进展比较 / 28

4 园艺学学科发展趋势及展望 / 39

参考文献 / 45

专题报告

果树学学科发展研究 / 51

蔬菜学学科发展研究 / 102

观赏园艺学学科发展研究 / 182

ABSTRACTS IN ENGLISH

Comprehensive Report / 235

Advances in Horticultural Science / 235

Reports on Special Topics / 238

Advances in Fruit Science / 238

Advances in Vegetable Science / 239

Advances in Ornamental Plant Science / 240

索引 / 242

综合报告



园艺学学科发展研究

1 引言

近年来,中国园艺产业和科学研究发展进一步加快,果树、蔬菜、观赏植物等主要园艺作物栽培面积和产量持续稳定增长。中国园艺作物栽培面积居世界第一,总产量约占世界的40%。中国栽培果树树种占世界主栽果树树种的82%(束怀瑞,2012)。2014年,我国果园面积13127.2千公顷,果品总产量1.66亿吨;蔬菜播种面积21404千公顷,总产量7.60亿吨;花卉种植面积1270.2千公顷(中华人民共和国农业部,2014)。园艺产业总产值超过了2万亿元,对农民增收的贡献进一步加大。

在国家及地方各类科技项目支持下,中国园艺学学科在种质资源、遗传育种、栽培技术与生理、基因组学与生物技术、病虫害综合防治、产品贮藏保鲜与加工利用、果品质量安全与检测技术和果园机械化与信息化技术等方面取得丰硕成果,并在生产中应用,对产业发展起到推动作用。

2013—2014年中国园艺学学科在国际顶级学术期刊上发表了多篇高水平论文,获得国家级奖励成果8项。其中2013年5项:“桃优异种质发掘、优质广适新品种培育与利用”“南方葡萄根域限制与避雨栽培关键技术研究及示范”“苹果贮藏保鲜与综合加工关键技术研究及应用”“杨梅枇杷果实贮藏物流核心技术研发及其集成应用”“柠檬果综合利用关键技术、产品研发及产业化”;2014年3项:“甘蓝雄性不育系育种技术体系的建立与新品种选育”“西瓜优异抗病种质创制与京欣系列新品种选育及推广”“荔枝高效生产关键技术创新与应用”。

本学科发展报告从基础研究进展(包括基因组学研究、功能基因挖掘、重要性状遗传规律、果实品质调控),种质创新研究成果,重要技术突破(果树优质高效栽培关键技术、果园机械化与信息化技术、蔬菜连作障碍克服技术、蔬菜日光温室节能高效全季节生产技

术、西瓜甜瓜生长发育调控与栽培技术、花卉良种繁育技术、花卉现代化与产业化栽培技术、病虫害防治技术、产品保鲜与加工利用技术、产品质量安全与检测技术等)和学科建设成效方面,回顾总结了近年中国园艺学学科发展现状,比较评析国内外学科发展状态,分析探讨国际上最新研究热点和发展趋势,提出未来的研究目标和方向建议。

2 园艺学学科最新研究进展

2.1 基础研究进展迅速

2.1.1 基因组学研究

(1) 果树基因组学研究

继国外完成葡萄(Jaillon *et al.*, 2007)、番木瓜(Ming *et al.*, 2008)、苹果(Velasco *et al.*, 2010)、草莓(Shulaev *et al.*, 2010)、海枣(Al-Dous *et al.*, 2011)、香蕉(D'Hont *et al.*, 2012)和桃(The International Peach Genome Initiative, 2013)等果树全基因组测序(乔鑫等, 2014)之后,我国主导完成了甜橙(Xu *et al.*, 2013)、梨(Wu *et al.*, 2013年)、中华猕猴桃(Huang *et al.*, 2013)、枣(Liu *et al.*, 2014a)的全基因组测序和桃(Cao *et al.*, 2014)的全基因组重测序。在测序方法上,葡萄和番木瓜采用了第一代测序方法;苹果和香蕉采用了一二代结合的技术,而梨、甜橙、桃和枣均采用第二代测序方法。

果树全基因组测序提供了大量的生物信息学数据,标志着果树学研究进入了后基因组时代,必将促进果树的基因组结构、物种起源与进化等领域的研究。梨的基因组约为512M,组装完成了97.1%的基因组长度,共包含42812个基因,其中28.5%的基因在表达时具有不同剪切形式;另外梨基因组中重复序列约有271.9M,约占全基因组的53.1%。柑橘的基因组为367M,预测包含29445个基因。桃的基因组大小为267M,编码27852个基因。枣的基因组长度为438M,注释大约32808个基因。

在已经完成测序的10种果树中,很多发生了基因组复制现象,如大约3000万~4500万年前,梨和苹果经历了一次全基因组复制事件;此外基因组测序研究发现,草莓和桃没有发生近代全基因组复制事件。对于非蔷薇科果树柑橘,多个品种的基因组比较分析表明,甜橙起源于柚与柑橘的回交杂种。枣的基因组在历史进化中经历了复杂的染色体断裂、融合及片段重组过程,但未发生全基因组复制事件。桃全基因组重测序研究,在全基因组水平上绘制了从光核桃到普通桃的进化路线,并鉴定了与人工选择相关的候选基因。

(2) 蔬菜基因组学研究

继我国率先主导完成了黄瓜(Huang *et al.*, 2009)、马铃薯(The Potato Genome Sequencing Consortium, 2011)、白菜(Wang *et al.*, 2011)和番茄(The Tomato Genome Consortium, 2012)国际基因组计划之后,我国又主导相继完成了辣椒(Qin *et al.*, 2014)和甘蓝(Liu *et al.*, 2014b)的基因组序列解析,以及黄瓜(Qi *et al.*, 2013)和番茄(Lin *et al.*, 2014)的基因组重测序,南瓜和冬瓜的全基因组测序已经接近尾声,对推动中国蔬

菜学科发展起到了至关重要的作用。

我国科学家对黄瓜、白菜、甘蓝、番茄、辣椒等作物全基因组序列的破译,为主要蔬菜的物种起源进化研究奠定了基础。黄瓜和甜瓜同属于甜瓜属,发现黄瓜染色体 1, 2, 3, 5, 6 分别与甜瓜染色体 2 和 12, 3 和 5, 4 和 6, 9 和 10, 8 和 11 具有共线性,这表明物种分化之后,黄瓜的每条染色体由两条祖先染色体融合而来。此外还发现染色体内部重排以及部分染色体间重排。通过比较芸薹属基因组与其他十字花科植物基因组确定了芸薹属蔬菜基因组 3 次重复的复制发生之前的祖先核型为 7 条染色体的 tPCK, 与盐芥相同。在茄科蔬菜方面,对栽培辣椒“遵辣 1 号”及其野生祖先 Chiltepin 进行了基因组测序,并对另外 18 个栽培品种和 2 个野生种辣椒重测序,分析鉴定出候选的驯化基因,为解释辣椒的起源与进化起到重要作用 (Qin *et al.*, 2014)。

在基因组测序的基础上我国开展了多个蔬菜作物的变异组及驯化和分化研究。黄瓜重测序发现黄瓜基因组中有 100 多个区域受到了驯化选择,确定西双版纳黄瓜 β -胡萝卜素羟化酶的基因失效导致其富集 β -胡萝卜素。番茄重测序发现了 5 个驯化阶段单果质量 QTLs, 13 个改良阶段单果质量 QTLs。番茄驯化和野生资源利用导致约 25% (200Mb) 基因组区域被固定。此外还分别对西瓜和栽培辣椒进行了变异组研究。

(3) 西瓜和甜瓜基因组学研究

我国完成了栽培西瓜全基因组的序列分析,获得了高质量的西瓜基因组序列图谱,并成功破译了西瓜遗传“密码”(Guo 等, 2013)。研究人员采用“全基因组鸟枪法”测序策略,进行双末端测序,得到总量约为 46 G 的基因序列数据,获得了高质量的西瓜基因组序列。拼接后的序列覆盖 83.2% 的西瓜基因组,在解码的西瓜基因组中共鉴定出约 23440 个基因,其中 96.8% (22682 个) 的基因已经精确定位到染色体上。进化分析表明:现代栽培西瓜 11 对染色体是由 21 对祖先染色体经过复杂的断裂和融合过程进化而来,半野生西瓜 (*Citrullus lanatus* subsp. *Mucosospermus*) 是现代栽培西瓜 (*Citrullus lanatus* subsp. *Vulgaris*) 最直接的祖先。从半野生西瓜到现代栽培西瓜的驯化过程中,发现多个基因组区域受到强烈选择,进而形成了现代栽培西瓜具有的含糖量高、早熟等生物学特征。对 20 份代表性西瓜重测序获得了 678 万个 SNP 位点和 96 万个 InDel 位点,为深入开展西瓜生物学研究和改良育种提供了海量的数据基础。重测序分析表明:大量抗病基因在从野生西瓜到现代栽培西瓜的进化和人工驯化过程中丢失。

自此之后,我国西瓜基因组学研究得到了迅猛发展。例如,构建了包含 3 个西瓜亚种,共计 SSR 等标记 1339 个,58 个已经发表的 QTL 和 12 个新发现的 QTL 的整合图谱 (Ren 等, 2014),定位了控制西瓜果实相关性状的 8 个加性 QTL 与 1 对上位性 QTL (刘传奇等, 2014),对抗炭疽病基因进行分子标记鉴定 (牛晓伟等, 2014)。构建了基于西瓜基因组重测序的 SNP-CAPS 标记开发平台,其准确性达 70% 以上,解决了在西甜瓜分子育种领域有效分子标记较少等问题。

甜瓜基因组重测序已经在国内多家单位展开。

(4) 花卉基因组学研究

目前我国已完成了梅花 (Zhang *et al.*, 2012)、中国莲 (Ming *et al.*, 2013)、小兰屿蝴蝶兰 (Cai *et al.*, 2015) 的全基因组测序工作。香荚兰、牡丹、月季、桂花、高山杜鹃、紫薇等多种花卉基因组学研究正在进行中 (张启翔, 2015)。

梅花全基因组测序, 获得了 31390 多个注释基因, 并通过高密度遗传连锁图谱实现了组装序列与 8 条染色体的对应关系。通过对基因组数据的分析, 首次发现能直接催化生成梅花花香中重要成分——乙酸苯甲酯的 BEAT 基因家族在梅花基因组中显著扩增, 由于扩增基因的剂量效应, 可能增加了乙酸苯甲酯的含量, 从而使梅花具有独特的花香。再者, 研究人员鉴定了 6 个与休眠相关的 MADS-box 转录因子在梅花基因组中串联重复分布, 并在其上游找到 6 个 CBF 基因的结合位点, 推测它们可能是梅花提早解除休眠, 早春开花的关键因子。而在抗病方面, 鉴定出大量与之相关的基因家族发生了扩张, 特别是 PR 基因家族, 这可能与梅花抵御真菌等病菌的能力相关 (程堂仁, 2013)。

中国莲 (*Nelumbo nucifera*) 基因组测序结果显示, 莲基因组大约有 2.7 万个基因, 全长 9.3 亿个核苷酸, 是水稻的 2.2 倍。中国莲基因组的成功测序标志着水生植物、水生经济作物的研究进入基因组学时代。此前由于没有基因组序列, 也没有序列背景比较清楚的近缘物种, 因而莲的新基因发掘进展异常缓慢。拥有了莲基因组序列, 能大大加速新基因的挖掘, 促进水生经济作物育种进入新的发展时期。

小兰屿蝴蝶兰 (*Phalaenopsis equestris*) 是一种广泛用于杂交育种的具有代表性和重要园艺价值的兰花, 由于其高度杂合, 给全基因组测序和组装带来了巨大挑战。基因预测显示, 小兰屿蝴蝶兰具有 29431 个蛋白编码基因。有趣的是这些蛋白编码基因的平均内含子长度达到 2922 碱基对, 显著超过了迄今为止所有植物基因组中平均内含子长度。进一步分析发现内含子中的大量的转座元件是其超长的主要原因。在基因组杂合区域, 自交不亲和途径的相关基因尤为富集, 这些基因对进一步揭示兰花自交不亲和机制极为重要。与其他许多植物基因组相似, 在小兰屿蝴蝶兰中也发现了一种兰花特有的古多倍化事件 (paleopolyploidy, 古代植物细胞中基因成倍复制), 这也许能用于解释为何兰花会成为地球上最大的植物家族之一。研究人员还通过比较其他植物基因组同源基因, 发现随着兰花品系发展, 出现了基因重复和 CAM 基因丢失的现象, 这表明基因重复事件可能导致了蝴蝶兰 CAM 光合作用的演变; 此外, MADS-box C/D-class, B-class AP3 和 AGL6-class 基因出现了扩增, 形成了多样化家族, 这些基因帮助兰花形成了高度特异化的花朵形态。

在牡丹基因组研究方面, 通过深圳华大科技人员与洛阳农林科学院技术人员的共同努力, 完成了对 1000 份牡丹种质资源和 120 份杂交后代的单个样本的基因组测序分析, 获得了 3500G 的测序数据, 取得了重要的阶段性研究成果: 第一次系统性进行了牡丹种质资源研究, 摸清了牡丹“家底”; 第一次绘制出牡丹聚类树, 搞清了牡丹“亲缘关系”; 第一次大规模开发出 269 万个多态性的 SNP 分子标记, 绘制了牡丹 DNA 指纹图谱, 为牡丹品种办理了“身份证”; 第一次定位牡丹农艺性状相关基因, 明晰了分子育种“路径”;

第一次绘制出牡丹高密度遗传连锁图，为牡丹基因组图谱绘制“奠定了基础”（白云飞和吕树作，2015）。

2.1.2 功能基因发掘

（1）果树重要功能基因挖掘及其作用机制研究

全基因组测序与基因表达分析技术极大地促进了果树功能基因的挖掘。通过分析香蕉科等果树的基因组和表达谱，发现了一些与病害防御和代谢相关的特异基因簇可用于改良香蕉对多种病害的抗性。梨基因组和转录组数据也被用于挖掘与自交不亲和性、果实石细胞形成、糖代谢、香气形成等相关的重要基因，为揭示这些生物学过程的分子机理提供切入点。枣通过基因组测序发现了大量的特色基因，发现在1号染色体上有一段高度保守的区域，该区域与抗逆和多糖代谢相关；枣富含维生素C是因为其维生素C合成和再生通路双重加强；枣含糖量高与其糖合成和韧皮部糖卸载关键基因显著扩张及上调表达有关；此外还发现了枣抗旱和果枝脱落等独特性状的分子机制。在桃中新发现的基因超过2000个，从全部的转录基因序列信息中分析得到SSR分子标记17979个。

近年来，多个调控果实品质和果树抗性的基因被克隆鉴定。研究表明，光信号转导途径的多个基因参与了苹果果实色泽形成的调控，苹果MdCOP1蛋白是光信号转导途径的分子开关，能够与调控花青苷合成的关键蛋白MdMYB1相互作用，将其泛素化修饰并降解，进而介导光诱导的花青苷积累调控；低温通过磷酸化MdbHLH3蛋白激活其转录活性，促进低温介导的花青苷积累；苹果MdbLHLH3特异地与MdMYB9（或MdMYB11）互作，调控茉莉酸介导的原花青苷积累。通过基因组分析，从红肉苹果中发现了一个MdMYB10的等位基因，即MdMYB110a。MdMYB10基因呈组成型表达，树体的不同器官（包括果肉）均积累花青苷，属于第一类红肉苹果；而MdMYB110a只在果皮和果肉中高水平表达，因此只有果皮和果肉呈现红色，属于第二类红肉苹果。此外，在西洋梨中，PbMYB10的启动子甲基化程度增加抑制了该转录因子的启动活性，从而降低了PbUFGT的转录活性使梨果皮中花青苷积累显著降低，导致绿皮芽变的形成，这一发现从表观遗传学上丰富了果皮颜色的形成与调控理论。

通过图位克隆策略，苹果柱型位点的候选基因已被锁定在几十个基因范围内。在桃中，甲基化修饰介导了桃的果实着色，还发现一个NAC转录因子与桃果肉红色性状紧密连锁。在柑橘中，克隆到一个bHLH转录因子，通过调控POD基因影响柑橘抗性。在草莓中，克隆鉴定了FaNCED1基因，该基因通过ABA信号影响草莓果实的色泽；FaBG3基因则调控果实的成熟和病原菌抗性。近年来研究发现，梨中GAI、KNI及NACP的mRNA可以通过韧皮部在杜梨（砧木）/鸭梨（接穗）中进行长距离的传递；苹果MdGAI1和MdGAI2的mRNA也可以通过嫁接长距离运输。这些研究为通过嫁接传递改良接穗或砧木性状提供了理论基础。

（2）蔬菜重要功能基因挖掘及其作用机制研究

我国在蔬菜作物全基因组关联分析解析重要农艺性状研究方面也取得重要成果。通

过关联分析发现,位于一个三萜合成酶基因上的单碱基变异导致了黄瓜叶子苦味素合成的关键变异。在番茄中发现位于一个 MYB 转录因子上的遗传变异决定了番茄果实的红粉颜色变化。此外,通过转录组结合其他分析,揭示了 9 个基因负责苦味物质葫芦素生物合成的代谢路径,同时发现这 9 个基因由两个“主开关”基因(*Bl* 和 *Bt*)分别在叶片和果实中控制。发现白菜基因组多倍化产生的多拷贝基因具备适应这些条件的冗余功能,调控网络比拟南芥更为复杂。基于高通量测序进行基因或 QTL 定位也取得重要进展。在黄瓜中,利用 QTL-seq 方法发现了控制黄瓜提前开花的基因 *FT*。通过 MutMap 方法确定了果实果皮颜色的关键控制基因。

2014 年,我国科学家通过群体遗传学分析,揭示了番茄果实变大经历了从醋栗番茄到樱桃番茄,再到大果栽培番茄的两次进化过程,在此过程中分别有 5 个和 13 个单果质量基因受到了人类的定向选择,鉴定了 186 (64.6Mb) 个驯化阶段和 133 (54.5Mb) 个改良阶段的受选择区域;通过比较不同番茄群体的基因组差异,发现第 5 号染色体是决定鲜食番茄和加工番茄(主要用于生产番茄酱)差异的主要基因组区域;通过全基因组关联分析,发现了决定粉果果皮颜色的关键变异位点,此位点的变异使得成熟的粉果番茄果皮中不能积累类黄酮;通过基因组比较分析,准确界定了栽培种番茄基因组中野生渐渗片段的位置和长度。研究结果为番茄进一步遗传改良提供了新的思路。

(3) 花卉重要功能基因挖掘及其作用机制研究

梅花全基因组测序的完成为梅花功能基因组学研究提供重要的理论框架,为其花色、花形、花香等重要观赏性状基因的遗传选育及品种改良提供了重要平台。在梅花传统杂交育种中,梅花抗寒性的提高会导致失去花香。成功克隆了梅花花香基因 *PmBEAT*,并初步阐明了梅花花香形成的分子机理,为梅花通过分子育种培育出具备怡人的芳香且抗寒性强的新品种奠定基础。

结缕草具有适应性广、抗逆性强等优良特性,是一种具有极大应用潜力的牧草兼草坪草。针对结缕草生长缓慢,在北方地区生长绿期很短等问题,对结缕草滞绿基因 *ZjSGR* 进行了克隆和功能研究,为揭开结缕草生长周期、绿期调控机制奠定基础,对于培育适应于北方饲草和绿化需要的结缕草新品系、新品种有重要意义。

毛竹是我国传统经营竹种,是集材用、食用、观赏等众多用途于一体经济竹种,毛竹营养生长周期长,但花期不确定且花后死亡。对毛竹开花的基因调控的可能途径进行了较深入研究,为毛竹安全生产奠定了重要的理论基础。

很多控制花卉重要性状(如抗旱、耐寒、耐盐碱、花香、花色、重瓣性、株形等)的相关基因也正在被挖掘和鉴定,其调控途径正在被揭示。这些基础性研究为花卉种质创新、重大技术突破奠定了基础。

2.1.3 重要性状遗传研究

(1) 果实糖、有机酸、色泽和单果质量等性状的遗传

果树受限于童期长和树体高大等因素,遗传研究难度大。近 3 年主要在果实糖、有机