



四大作物良种重大科研 联合攻关研究简报

主 编：刘春明
副 主 编：吴晓玲 李新海
编 辑：邹 奎 厉建萌 陈丽娟 顿宝庆 孟 培

2017 年第 2 期（总第 2 期）



主办单位：农业部种子管理局

承办单位：中国农业科学院作物科学研究所

四大作物良种重大科研 联合攻关研究简报

2017年第2期(总第2期)

2017年7月5日出版

主办单位: 农业部种子管理局

承办单位: 中国农业科学院作物科学研究所

主 编: 刘春明

副 主 编: 吴晓玲 李新海

编 辑: 邹 奎 厉建萌 陈丽娟

顿宝庆 孟 培

本期编辑: 邹 奎

编辑出版: 四大作物良种重大科研联合攻
关秘书处(中国种业编辑部)

地址: 北京市中关村南大街12号(100081)

电话: 010-82109494

E-mail: chenlijuan@caas.cn

CONTENT

- 目 次 -

- 小麦节水抗旱良种攻关现场会在河北召开 ……(1)
- 小麦良种联合攻关抗赤霉素品种鉴定现场
观摩会在河南召开 ……………(2)
- 四大作物良种重大科研联合攻关最新科研
进展……………(4)

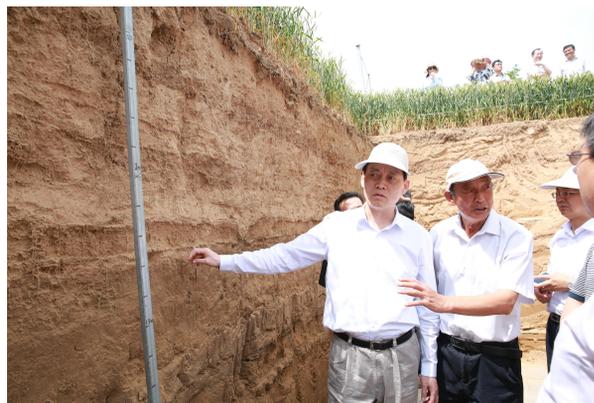
小麦节水抗旱良种攻关现场会在河北召开

5月19日，农业部在河北石家庄召开了小麦节水抗旱良种攻关现场会，研究推进小麦良种联合攻关工作。农业部副部长余欣荣出席会议并讲话。会议强调，要紧紧围绕推进农业供给侧结构性改革这条主线，突出绿色发展，推进协同创新，进一步拓展良种联合攻关的广度和深度，加快培育推广绿色生态、优质安全、多抗广适、高产高效的小麦新品种。



会议指出，2016年以来，小麦良种联合攻关突出问题导向和市场需求导向，坚持绿色发展，各项工作扎实推进，取得了阶段性进展，在抗赤霉病品种、节水抗旱品种选育方面取得了新突破。选拔出宁麦26、淮麦21、山农25等10多个对赤霉病有较好抗性的品种，以及石麦22、科农199、石家庄8号等近20个节水抗旱品种，小麦全生育期浇水次数由原来的4次减少到2次，并实现了稳产。同时，鉴定发掘出一批优异种质资源，育种理论与育种技术创新初见成效，为联合攻关深入开展奠定了良好基础。

会议强调，要把小麦联合攻关重点放在抗赤霉病、节水抗旱和优质专用等绿色品种选育上来，力争实现新突破。要加大抗赤霉病品种鉴定筛选力度，加快优异种质发掘与创制，培育抗赤霉病小麦新品种，推进农药减量控害。要加强小麦节水抗旱的形态、机理、效率等基础理论研究，加快节水稳产品种以及缺水雨养小麦新品种培育，解决华北地下水漏斗区水资源趋紧问题。要加快培育优质专用小麦新品种，加大展示示范力度，推进品种更新换代。



会议要求，要把农作物品种作为推进农业供给侧结构性改革的第一要素，充分发挥科研单位和种子企业“双轮”创新驱动的优势，加强现有资源整合，深入推进小麦绿色品种联合攻关。要进一步完善育种材料共享与收益分配机制，明晰育种材料产权归属，强化知识产权保护，实现优异种质



资源交流与共享。要加快小麦育种信息平台建设，构建联合攻关大数据，充分利用现代生物技术、信息技术，提高育种效率。

会议期间，余欣荣还同与会代表一起实地考察了辛集马兰农场小麦品种节水、节肥试验、节水品种示范以及河北省农科院旱作所的抗旱小麦品种试验、品种展示。中国农科院党组书记陈萌山出席会议并考察。

小麦良种联合攻关抗赤霉病品种 鉴定现场观摩会在河南召开

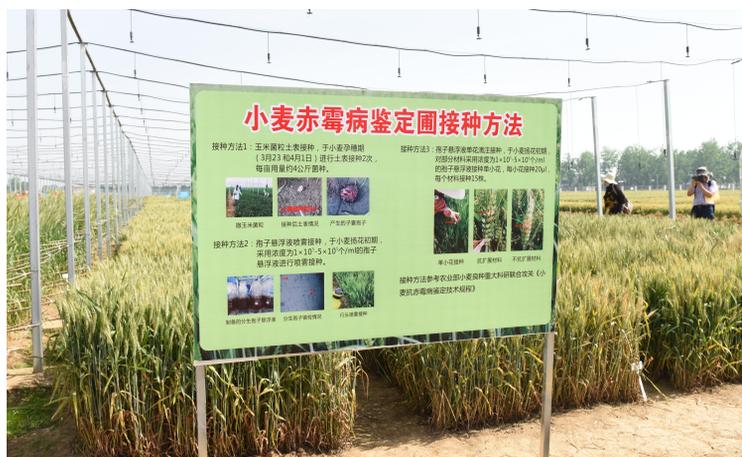
5月10日，农业部种子管理局会同中国农科院作科所等单位在河南省南阳市召开了小麦良种联合攻关抗赤霉病品种鉴定现场观摩会。从品种田间表现情况看，初步鉴定出中抗赤霉病品种（育种材料）37个、中感的89个。



近几年小麦赤霉病重发频发，对小麦产量及品质影响极大。2017年，小麦良种联合攻关组在南阳市农业科学院试验田安排了1896份育种材料、品种，采用单花滴注接种和喷雾方法进行赤霉病抗性鉴定，鉴定圃规模和设施为国内首创，受到与会专家、代表一致好评。通过鉴定，一是从现有审定品种中筛选抗病品种，加快推广利用；二是从当前国家和省级品种试验品种中筛选抗病品种，加快审定进程；三是从育种材料中选择抗病材料，组配、创造抗病品种，经过3-5年时间，为黄淮麦区筛选审定一批抗赤霉病品种。

会议指出，联合攻关是产学研相结合，整合成员单位优势资源，快速提升育种创新能力的有效途径，今后要重点加强五方面的工作：**一要进一步明确攻关目标。**小麦良种联合攻关要突出抗赤霉病、抗旱节水以及优质专用等绿色优质专用品种选育。**二要健全优化合作机制。**集中各方人才、技术、种质资源、资金各方优势，完善联合攻关模式，加大推广力度。**三要加快现代育种技术应用。**加强传统育种技术与现代生物技术的有机结合，特别是利用分子标记技术提高育种效率。**四要整合资源，实现共享。**建立大数据、大平台，推动攻关联合体成员单位育种资源、成果有条件共享与收益按比例分享，调动各方积极性。**五要加快育种成果转化利用。**加强抗赤霉病品种、优质专用小麦品种展示示范力度，加快优质专用品种推广应用。

小麦良种联合攻关顾问赵振东院士，河南省农科院院长张新友院士，攻关联合体成员单位代表，以及黄淮麦区有关科研教学单位、种子企业代表，共180多人参加了观摩会。



四大作物良种重大科研联合攻关最新科研进展

1、控制水稻粒宽的关键数量性状位点 GSE5 成功定位

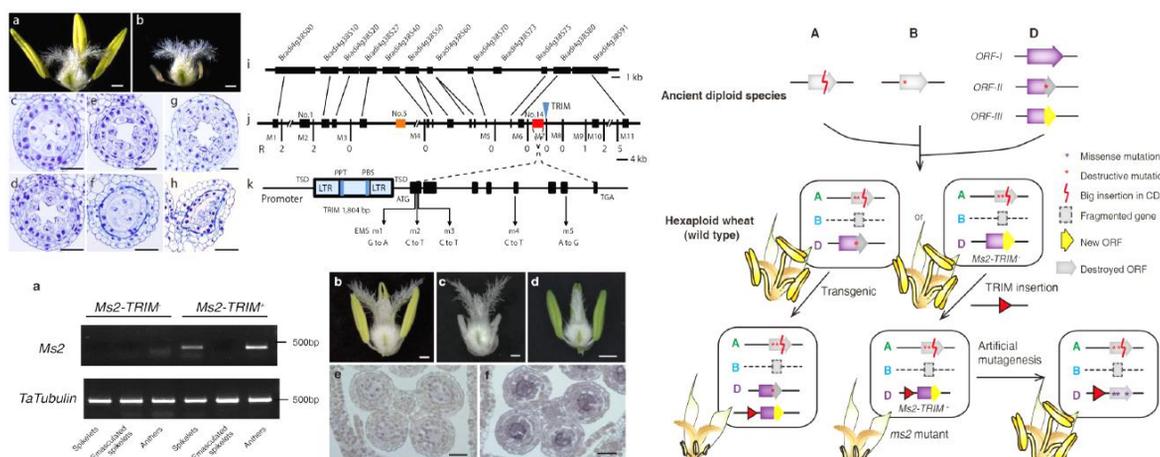
良种联合攻关理论创新组成员单位中国科学院遗传与发育生物学研究所、中国水稻研究所、中国科学院植物研究所合作，对 102 份籼稻品种进行基因组测序，对籽粒大小进行表型分析，通过全基因组关联分析和基因表达分析，定位到一个控制粒宽的关键数量性状位点 GSE5。通过基因表达分析、基因敲除和转基因功能互补验证等方法，证明 GSE5 基因在不同水稻品种间的差异表达是造成粒宽差异的主要原因。研究发现部分籼稻品种 GSE5 启动子有 950 碱基缺失 (DEL1)，大部分粳稻品种 GSE5 启动子有 1.2kb 缺失 (DEL2)，DEL1 和 DEL2 降低了 GSE5 表达量，从而导致籽粒变宽。在 46.1% 的籼稻品种中，GSE5 启动子含有 DEL1 和 367 bp 插入，而 81.3% 的粳稻品种 GSE5 启动子含有 DEL2。研究表明籼稻品种中 DEL1 和粳稻品种中的 DEL2 均造成 GSE5 基因表达量的下降，导致粒宽增加。运用 CRISPR/Cas9 技术敲除 GSE5 基因可以使籽粒进一步变宽、粒重增加。相反，GSE5 过表达植株种子细长。GSE5 通过影响种子的细胞数目来控制籽粒宽度。现代栽培稻是通过普通野生稻进化而来，对不同地区普通野生稻 GSE5 的序列分析表明，现代栽培稻中 GSE5 的不同单倍型是从不同的野生稻选育而来。该研究阐明了籼稻品种间和籼粳亚种之间粒宽差异的分子遗传基础，有望进一步利用 GSE5 基因改良水稻籽粒大小和产量，对于水稻高产育种具有重大意义。

2、成功克隆与解析小麦太谷核不育基因 Ms2

中国农业科学院作物科学研究所自 20 世纪就开始了太谷核不育材料进行研究，且硕果频出。作科所刘秉华研究员通过杂交构建了矮秆基因和太谷核不育基因紧密连锁的矮败小麦，该材料的利用大大提高了小麦育种效率。作科所贾继增研究员和孔秀英研究员的研究团队对该基因的克隆工作已经开展了将近 20 年，近期在克隆与解析小麦太谷核不育基因 Ms2 方面获得突破性进展。2017 年 4 月 24 日，孔秀英研究员在第 13 届国际小麦遗传大会上应邀做了大会报告，首次公开报道了该基因。相关研究论文已于近期在 Nature Communications 发表 (DOI: 10.1038/NCOMMS15407)。文章以中国农科院作科所为第一完成单位，作科所夏川、张立超、邹彬为共同第一作者，孔秀英和贾继增为共同通讯作者。山东农业大学付道林课题组也克隆了该基因并在同一杂志发表。

研究发现，该基因没有保守的功能结构域，是仅存在于小麦族物种中的“孤儿”基因；Ms2 的产生经历了一个比较复杂的进化过程；一个新的非自主型的 TRIM 反转录转座子插入到 Ms2 基因的启动子区，激活了该基因并使其在花药中特异表达，导致不育表型的产生；Ms2-TRIM 插入只影响基因的

表达，这与该课题组以前在矮秆基因 *Rht3* 中鉴定的 CAAS-TRIM 插入引起基因结构改变不同 (Plant Physiology, 2011)，表明 TRIM 插入到基因附近增加了基因新功能和表型的可塑性；D 基因组的 *Ms2-TRIM* 可能来自 B 基因组的 5BL；该研究结果表明小麦多倍体化和富含转座子的特点为产生新的表型提供了丰富的遗传变异基础。



3、基因组编辑育种研究取得新进展

水稻突变体是进行水稻功能基因组学基础研究和水稻分子设计育种的重要材料。利用高效便捷的 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术和高通量的寡核苷酸芯片合成技术可以大规模地对水稻全基因组进行编辑，实现水稻突变体的高通量构建和功能筛选。该研究通过农杆菌介导的水稻遗传转化法，以水稻中花 11 作为受体材料，对水稻茎基部和穗部高表达的 12802 个基因进行高通量的基因组编辑，获得了 14000 余个独立的 T0 代株系，并对它们的后代进行了部分表型和基因型分析鉴定。这些研究表明，利用 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术大规模构建水稻突变体库并进行功能筛选是高效便捷获得水稻重要突变体和快速克隆对应基因的有效方法，同时能够为水稻分子设计育种提供重要的供体材料。该研究成果已于 2017 年 6 月 21 日在 *Molecular Plant* 杂志在线发表

(DOI:10.1016/j.molp.2017.06.006)，中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋研究组助理研究员孟祥兵和副研究员余泓为该论文的共同第一作者，李家洋研究员和高彩霞研究员为共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划和国家自然科学基金项目的资助。

此外，李家洋研究组还与中国水稻研究所王克剑研究组合作探索更为高效的水稻 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术，并于 6 月 12 日在 *Plant Biotechnology Journal* 杂志在线发表了研究论文

“Increasing the efficiency of CRISPR-Cas9-VQR precise genome editing in rice”

(DOI:10.1111/pbi.12771)。该研究通过优化 sgRNA 的结构 以及使用水稻内源性启动子来驱动

Cas9-VQR 变体的表达, 显著提高了 CRISPR-Cas9-VQR 系统在水稻中的基因组编辑效率。水稻研究所硕士研究生胡熙璟和中科院遗传发育所助理研究员孟祥兵为该论文的共同第一作者, 李家洋研究员和王克剑研究员为共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金、中国农科院科技创新工程经费的资助。

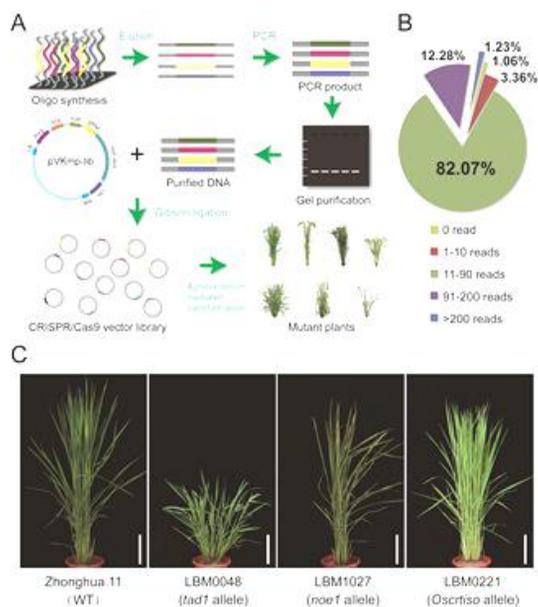


图1 高通量构建水稻 CRISPR/Cas9 突变体库

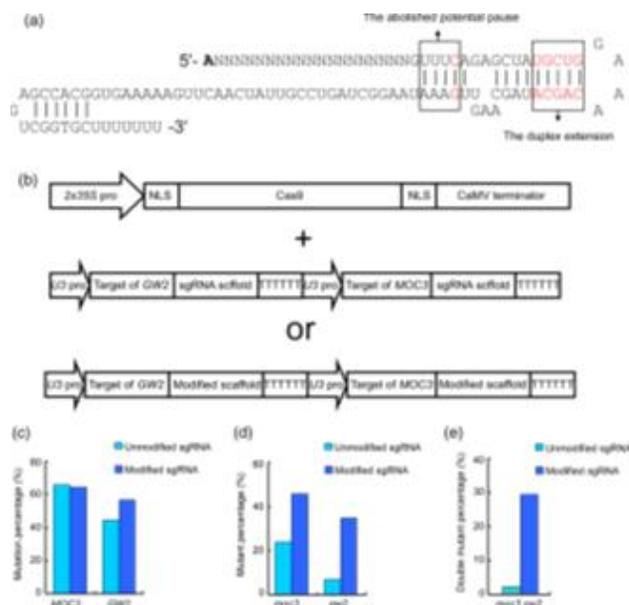
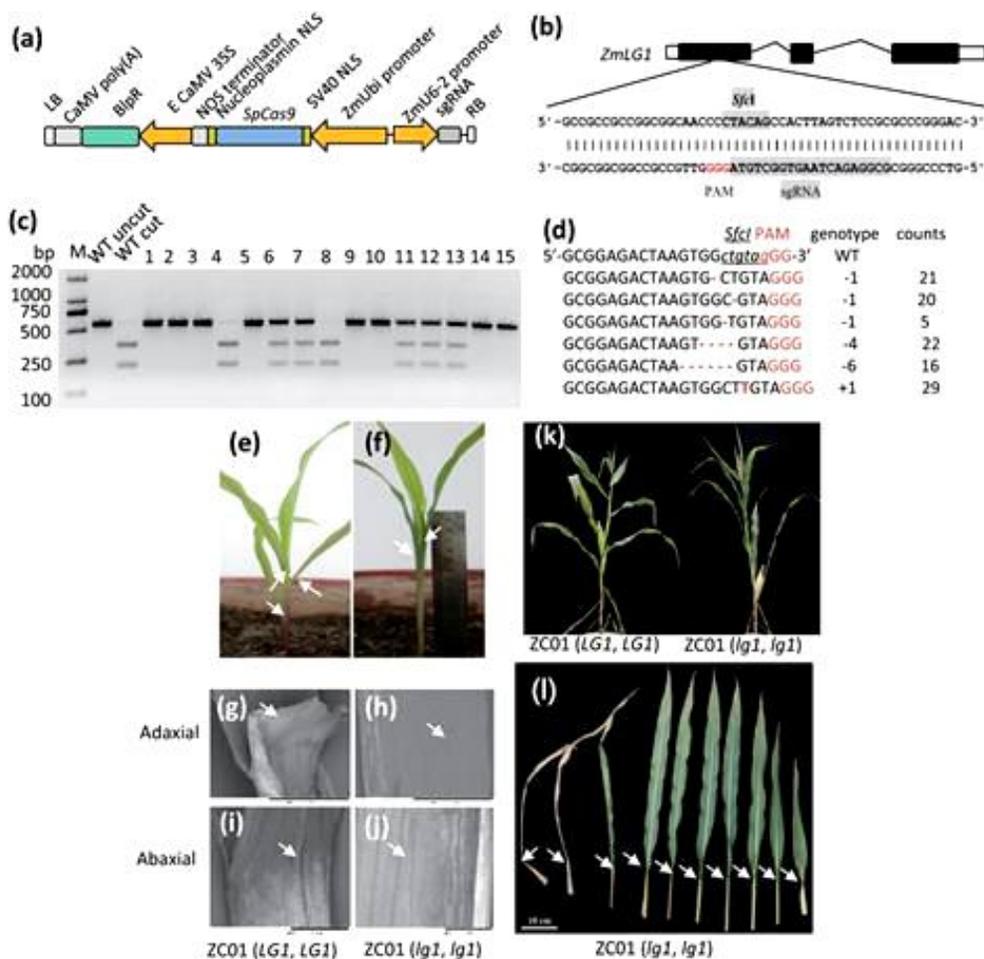


图2 高效的 CRISPR-Cas9-VQR 基因组编辑系统

玉米联合攻关秘书长单位中国农业科学院作物科学研究所玉米分子育种技术和应用创新团队玉米基因组编辑育种创新研究组在《Plant Biotechnology Journal》杂志上发表了题为“RNA-guided Cas9 as an in vivo desired-target mutator in maize”的研究论文, 报道了该小组利用基因编辑技术提高作物育种效率的研究实例及其具体实现途径。该研究组采用基于 CRISPR 原理的 RNA 指导的 Cas9 核酸酶玉米基因编辑技术对玉米 LG1 (LIGULELESS1) 基因第 1 外显子序列进行定向突变, 产生基因敲除突变, 定向突变率达到 51.5%至 91.2%。研究人员把携带定向编辑 LG1 工具的玉米植株与一系列受体杂交, 通过植株活体基因编辑工具定向编辑受体目标基因, 实现了达到 11.79%至 28.71%活体目标基因编辑定点突变活性, 且可以稳定遗传。目标基因突变后, 植株突变表型明显, 叶片夹角表型减小至对照的 50%。田间试验还表明该突变紧凑株型表型具备通过增密从而实现增产的潜力。该研究证实了植株携带的基因编辑工具在配子体和孢子体水平存在很高的活性, 可以应用于玉米育种。针对玉米遗传转化困难且严重依赖基因型的特点, 该研究实现了有效利用基因编辑进行高效定向突变育种, 为推动基因组编辑技术育种应用提供了成功的范例。该研究得到了转基因重大专项、

国家自然科学基金和中国农业科学院科技创新工程等项目资助。硕士生李楚曦和刘昌林助理研究员为论文的共同第一作者，谢传晓研究员为论文通讯作者。



4、玉米单倍体诱导基因研究取得重大突破

在玉米育种单倍体育种的技术中，其最大的好处就是能够将育种的时间进行缩短，仅仅在两个世代就能够获取理论的纯系，同时也可以应用在杂交的组配当中。根据遗传诱导来作为基础的玉米单倍体育种技术，已经逐渐成为了玉米育种过程中的关键技术所在。在国外的很多企业当中，已经全部的实现了这些技术的规模化，从而已经成为了玉米育种的核心技术之一。

为探索玉米诱导产生单倍体的遗传学基础，中国农业大学陈绍江教授团队自从 2008 年开始就进行单倍体诱导相关 QTL 的定位工作。利用 4 个定位群体，经过 2 年初定位工作，在全基因组范围内共扫描得到 8 个控制诱导率的 QTL，其中位于第 1 号染色体的 QTL-qhir1 效应最大，也是

最重要的 QTL。接下来的三年时间，对 qhir1 进行了精细定位，最终将定位区间缩小到 243Kb 的区域。该成果发表到 TAG 期刊上，该结果报道后成为国内外相关单位开展基因克隆研究的重要基础。最后，博士研究生刘晨旭等通过 BAC 文库构建与测序、基因功能注释和生物信息学等分析，在定位区间内的 13 个基因中确定了 1 个编码磷脂酶的基因为候选基因。利用最新的 CRISPR/Cas9 定点突变技术，验证了该磷脂酶基因的突变导致玉米单倍体产生。通过 50 个不同背景自交系材料的磷脂酶编码基因测序分析，进一步证明了磷脂酶基因第四外显子的 4bp 碱基 CGAG 插入就是导致 Stock6 来源诱导系诱导产生单倍体的原因，与严建兵教授等研究预测的结果一致。该研究结果对进一步阐明单倍体产生的机理具有十分重要的意义，同时对其他作物的单倍体育种也具有重要借鉴意义。

5、四川农业大学找到防治水稻“癌症”新路径

稻瘟病被称为水稻“癌症”，可引起大幅减产，严重时减产 30%~50%。它在水稻各生长环节都可能发生，防治困难，一般只能靠施药或使用抗病基因改良的种子。科学家将抗病基因导入材料后，形成具有抗病性的水稻品种。但随着病原菌进化，抗病基因需要不断迭代更新，不然会失去作用。

从 2011 年起，四川农业大学教授陈学伟带领的研究团队与国内外专家合作，经过 7 年多的探索研究，终于发现水稻天然变异位点——编码 C2H2 类转录因子的基因 Bsr-d1 的启动子。陈学伟说，如果把当前广泛使用的抗病基因方式比作“服预防药式”防治，那么天然变异位点的方式则可称为“提高免疫水平式”防治。应用到实际生产中，可培育具有广谱抗病能力的品种，将在保证水稻品质、产量的同时，提高水稻对稻瘟病的抵抗力，避免病原菌进化导致的抗病能力失效问题，从而减少农药使用。

据悉，本研究是在“国家自然科学基金”“国家重点研发计划——七大农作物育种”“国家转基因生物新品种培育重大专项”等项目支持下，与加州大学戴维斯分校、中国科学院遗传与发育生物学研究所等国内外科研机构合作完成的。这一研究成果《一个转录因子的天然变异赋予水稻对稻瘟病的广谱抗性》，近日发表在国际学术期刊《细胞》上。

新闻来源：http://cqkp.cqnews.net/html/2017-07/02/content_42125466.htm

6、培育出首例胚乳富含花青素的水稻新种质“紫晶米”

2017 年 6 月 27 日，华南农业大学刘耀光研究员课题组，在 Molecular Plant 在线发表了研究论文(doi:<http://dx.doi.org/10.1016/j.molp.2017.05.008>)，并被选为封面文章。该论文利用新研发的高效的多基因载体系统 TGSII (TransGene Stacking II)，首次实现了在水稻胚乳合成花青素

的营养强化目标，培育出首例胚乳富含花青素的新型功能营养型水稻种质“紫晶米”。论文第一作者为祝钦泷副研究员，通讯作者为刘耀光研究员。



植物合成生物学、代谢工程以及涉及多基因的重要农艺性状的改良，需要同时操控多个基因的导入和表达。尽管目前已有一些多基因载体系统，但其仍然存在操作困难，费时、效率低的问题。为了解决这些技术难题，刘耀光科研团队开发了新一代高效、简便的多基因载体系统 TGS II (TransGene Stacking II)，可实现多基因的高效快速组装和多个基因同时转化植物的目的。针对在水稻胚乳产生花青素的育种难题，该团队通过分析水稻品种花青素合成相关基因的序列和表达，发现白米品种水稻中存在多个调节基因和结构基因的功能缺失，以及其他相关基因在胚乳中的不表达或低表达状态。在此基础上，他们采用 TGS II 载体系统同时导入转录因子组合和整套结构基因组合的新策略，构建了一个具有 10 个基因的多基因载体，包括用于胚乳特异合成花青素的 8 个基因（由不同的胚乳特异启动子控制）以及 2 个筛选标记和标记删除的基因。通过农杆菌介导的遗传转化，在粳稻和籼稻中实现了花青素在胚乳的特异合成，首次创造出具有高抗氧化活性的紫色胚乳水稻“紫晶米”。

上述研究成果为合成生物学、复杂代谢途径的基因工程、和复杂农艺性状的遗传改良等提供了高效的技术平台。“紫晶米”新种质的成功培育，表明高效多基因载体系统 TGS II 的切实可行和广阔的应用前景，为谷物营养强化和功能性谷物育种提供了新的思路。该研究得到国家自然科学基金、农业部转基因专项和广东省公益与能力建设项目的资助。