

聚焦国家重点研发计划之农业领域

七大农作物育种 畜禽重大疾病防控与高效安全养殖综合技术研发篇

从“经验育种”到定向高效“精确育种”

——记“主要粮食作物分子设计育种”项目

“十三五”末我国粮食作物良种选育将上新台阶,“主要粮食作物分子设计育种”项目已获2016年国家重点研发计划“七大农作物育种专项”14191万元经费支持,我国水稻、小麦和玉米新品种培育有望在2020年前取得重大突破。

本项目是2016年“七大农作物育种”专项支持力度最大的项目。本项目由中国科学院遗传与发育生物学研究所牵头实施,汇集国内优势单位57家、155名科技人员,设立“水稻分子设计育种”“小麦分子设计育种”“玉米分子设计育种”和“共性技术与信息平台”四个课题。

项目根据水稻、小麦、玉米三大作物的共性和特性,拟在分子设计育种方向上开展以下五方面的研究:一是主要粮食作物关键基因挖掘和分子设计;在分析不同地区三大粮食作物主栽品种特性的基础上,结合其产量、生育期和抗病虫等性状

相关的基因型,根据水稻、玉米等基因克隆和小麦测序信息等相关信息,利用已精确定位的高产、优质、抗病虫、耐逆、养分高效利用等重要性状基因/主效位点,发掘验证育种可用的基因特异性分子标记;二是研发和提高作物分子育种技术;利用育种材料全基因组遗传背景选择、分子标记筛选、基因快速导入和优异基因聚合等手段,显著提高传统育种效率,加快品种改良速度,建立作物分子育种技术体系和应用平台,克服多性状多基因聚合、后代选择效率低等难题,大幅度提高我国分子育种的理论和技术水平;三是新品种培育与推广;通过分子组装设计,将供体亲本与主栽品种进行杂交选育,利用分子标记进行辅助选择,尝试多性状、多基因位点的不同聚合方式,实现重要性状基因的聚合,创制高产、优质、抗病虫、耐逆、养分高效利用等有重大育种利用价值的新材料,最终培育出具有多种优良性状大面积

推广的突破性新品种;四是分子设计育种信息平台的建立;研制分子设计育种软件,建立农艺性状和基因信息数据库,建立并完善分子标记数据库和分子检测平台;五是生物安全的基因组编辑育种技术体系的建立;在技术层面完整地作物基因组编辑技术进行全方位的改进、完善和创新,提高基因组编辑技术的高效性和准确性,建立生物安全的作物基因组编辑育种技术体系。

本项目的实施将建立水稻、玉米、小麦等主要粮食作物品种分子设计信息系统和高效育种技术体系,形成大量具有自主知识产权的发明专利及技术标准,推进优质高产抗逆与资源高效利用育种的相关理论与技术创新,显著提升我国作物育种技术自主创新能力。通过培育推广突破性新品种,大幅提高作物单产,降低生产成本,大幅度减少农药用量,提高化肥利用率,节约水资源。

诱变育种:从“无中生有”到农作物品种持续创新

——记“主要农作物诱变育种”项目

日前,中国农业科学院作物科学研究所牵头的“主要农作物诱变育种”项目已获2016年国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项4774万元经费支持。

“十三五”期间本项目汇集国内48家优势单位、116名科技人员,设立了小麦诱变育种技术创新与品种创制、水稻空间诱变育种技术创新与品种创制、水稻诱变育种技术创新与品种创制、玉米诱变育种技术创新与品种创制、大豆等经济作物诱变育种技术创新与品种创制、主要农作物诱变共性技术开发研究等六个课题。

本项目重点开展以下5个方面的研究:一是主要农作物诱变损伤修复与基因突变的分子解析;研究高能重离子辐射、空间诱变、地面模拟诱变等诱发小麦、水稻、玉米、大豆、棉花、辣椒、番茄等主要农作物诱变的分子生物学效应,解析DNA损伤修复与突变发生的分子机理;结合新一代测序技术等最新分子生

物学和基因组学技术,对重要突变体的特异性状进行遗传分析和分子鉴定,为育种的广泛利用和定向改良提供目的基因。二是主要农作物诱变育种关键技术研究;开发旨在提高基因突变频率,拓展突变谱和引导基因变异方向的核辐射与空间诱变等新途径,重点完善高能重离子、混合粒子场、质子、快中子等诱变因素处理靶室操作技术,建立主要农作物高效诱变技术体系;完善重要突变性状基因的TILLING、基因型等高通量筛选平台,建立高效的突变体筛选技术体系。三是主要农作物诱变新材料创制:诱变创制大容量、呈梯度的主要农作物主栽品种突变库;根据主要农作物各生态区的需求,创制产量、品质、抗病、抗逆、株型等重要性状突变新材料。四是主要农作物优良突变新品种选育与示范;有效利用核辐射、空间诱变及地面模拟诱变等方法,与细胞工程、杂种优势利用和常规育种有机结合,培育具有高产、

优质、抗病、抗逆、早熟等优良性状的新品种,通过试验示范、种企结合、良种良法配套栽培技术研究等措施方式,加速新品种的推广种植。五是诱变技术国际合作;重点开展与国际原子能机构、日本、韩国、澳大利亚、印尼等国际组织和国家的合作研究与人才交流,培养一支高水平的国际化诱变科技创新团队,保持我国在农作物诱变育种应用方面的世界领先地位。

本项目预期至2020年创制小麦、水稻、玉米、大豆、辣椒、番茄等作物新品种15个以上,新品种在项目期内累计推广650万亩,创造社会经济效益4.16亿元。同时,这些新品种的种子加工与推广将带动种业企业的创新发展。诱变创造出的一大批优异新种质(材料),将成为常规育种等取得重大突破的关键基础,以此作为杂交亲本,培育在产量和品质上有突破性的优良品种,将在更大范围内促进农作物增产。

为稻粮谋 藏粮于技 强优势水稻杂种再续力

——记“水稻杂种优势利用技术与强优势杂种创制”项目

为稻粮谋。在前两个五年计划的基础上,“十三五”中国强优势水稻杂种研究继续获得国家支持,整合全国45家水稻杂种优势利用优势单位,实施“藏粮于技”战略,不断向水稻更高产量冲刺,力保中国13亿人口口粮安全。

项目由湖南杂交水稻研究中心牵头实施,汇集全国各稻区45家水稻杂种优势利用优势单位、156名骨干研究人员,针对全国不同稻作生态区水稻生产实际情况、区域特色和拟解决的共性和个性关键问题设立了7个课题,主要从如下五个方面开展研究:一是水稻杂种优势利用新技术、新方法研究;研究稻属远缘种、亚种、近缘种、生态群间优异基因利用和杂种优势利用新技术、新方法,拓展强优势水稻杂种遗传基础;研究红莲型不育、光敏核不育、新型可控雄性核不育利用技术,建立安全型水稻杂种优势利用新技术;研究适应现代农业转变的轻简栽培、

集约化、机械化生产的强优势杂种新株型育种技术;二是强优势水稻杂种高效育种技术研究;利用细胞工程、高通量SNP标记等技术建立不同稻作区强优势水稻杂种亲本快速选育技术;研究不同稻作区水稻杂种优势预测与利用技术,建立和完善相应的强优势水稻杂种高效育种技术体系;三是水稻杂种优势核心种群构建与资源创新;挖掘水稻高产、高光效、耐热、耐寒、抗病虫、重金属低富集、养分高效等重要性状功能基因,创建优异基因轮回选择库,创新水稻杂种优势利用核心技术,创建全国不同稻作区水稻杂种优势类群及其利用模式;四是强优势水稻杂种骨干亲本创制;利用不同杂种优势类群,创制各稻区强优势突破性新材料,培育高配合力、高异交率的新型雄性不育系及强恢复系;五是强优势水稻杂种创制。根据全国各稻作区育种目标和生态条件,确定强优势水稻杂种的选育指

标,利用强优势亲本大群体选配,通过生态育种、穿梭育种和规模化测试,选育聚合高产、优质、抗病虫、抗逆等优良性状基因的、适于现代耕作制度的水稻强优势杂种,并进行大面积示范与推广。

本项目将通过水稻杂种优势利用新技术研究和强优势杂种的选育和推广应用,将快速提升水稻杂种优势利用水平,可全面提升我国粮食的供给能力,促进农业生产的可持续发展,从而确保国家的粮食安全。本项目将以贯彻落实《国家中长期粮食安全和科技发展纲要》和新时期国家粮食安全战略为指针,按照“创新、协调、绿色、开放、共享”理念的要求,预期将研创一批产量潜力更高、综合性状更强的水稻强优势杂种。执行期间将创制强优势水稻杂种新品种30个,预计强优势杂种累计示范推广900万亩以上,可增产粮食4亿公斤左右,创造直接经济效益达10亿元以上。

解析机理 创新方式 提升效率

——记“主要农作物杂种优势形成与利用机理”项目

主要农作物杂种优势利用在世界范围内为农作物产量的提高作出了巨大贡献,然而杂种优势的生物学基础却是国际科学界的世纪难题。过去20年的研究显示,显性和超显性是杂种优势的主要遗传学基础,但重要农艺性状杂种优势形成的机制还不清楚。

国家重点研发计划项目“主要农作物杂种优势形成与利用机理”,将通过比较分析杂种优势利用最为成功的禾本科作物水稻和玉米的杂种优势机理,在多种组学水

平揭示杂种的组学特征,进而在基因水平阐明杂种优势形成的分子机理,从而能更好地理解为什么能产生杂种优势,怎样才能产生强杂种优势,使杂种优势理论获得突破。

前期杂种优势组学研究主要是基于单个杂种组合,并且只限于某个组学,不能产生一个系统的组学模型来解释杂种优势的组学特征。因此,不同杂种优势强度的组合间是否有共同的组学特征?这种组学特征又是什么?在不考虑上位性效应时,中亲优

势就是显性、超显性累加的净效应,并且大量的研究证明了显性、超显性在杂种优势中的重要作用。但是,显性、超显性效应产生的机制是什么?海量的组学数据(转录组、代谢组数据等)和丰富的重要基因功能信息能否用来准确预测杂种优势?这些都是亟待回答的科学问题。

“主要农作物杂种优势形成与利用机理”项目,将回答以下科学问题:一是主要农作物不同优势杂种组合的组学特征;二是显性、超显性形成的机制;三是杂种优

势的准确预测;四是高效杂种优势利用的新型雄性不育系及恢复系的创建。回答这些科学问题将对解析杂种优势的生物学基础这个生命科学界的世纪难题有所突破,并为作物杂种优势利用提供新策略和途径。

本项目将集中国内本领域优势单位,以水稻、玉米、油菜和小麦四大作物为研究对象开展项目的研究。集中深入开展杂种和亲本间的基因组、转录组、代谢组学特征比较,建立基因组结构、基因表达、代谢物分

和乙型肝炎的分布和流行新特点展开研究。二是病原感染与传播机制研究;将从病毒感染不同宿主细胞受体利用的角度,揭示乙型肝炎病毒跨宿主传播的分子机制,并研究狂犬病毒逆神经轴浆运输机制。三是病原复制/增殖机制研究;重点研究病毒蛋白及宿主因子在病毒复制与包装过程中的调控作用机制。四是病原诱导天然免疫应答及其调控机制研究;发掘神经嗜性病原天然免疫识别受体,解析病原逃逸宿主天然免疫的机制,筛选有效宿主抗病毒因子等。五是病原诱导获得性免疫应答及其调控机制研究;重点解析乙脑病毒调控Th细胞分化机制、狂犬病毒调控浆细胞和记忆性B细胞分化机制。六是病原入侵中枢神经系统(CNS)的机制研究;研究神经嗜性病原入侵中枢神经系统的途径,诱导血管内皮细胞活化及血脑屏障破坏的机制,为阻断病原入侵中枢神经

揭开神经嗜性病毒的神秘面纱

——记“重要神经嗜性人兽共患病免疫与致病机制研究”项目

人兽共患病防控关系动物和人民健康、环境与生态安全。随着环境、气候的改变,人类面临人兽共患病的威胁日益加剧。“重要神经嗜性人兽共患病免疫与致病机制研究”项目于2016年获得国家重点研发计划“畜禽重大疾病防控与高效安全养殖综合技术研发专项”立项支持,我国在重要神经嗜性人兽共患病的免疫与致病机制研究领域有望取得重大突破。

本项目经费为4900万元,执行期为2016—2020年。该项目由华中农业大学牵头实施,汇集国内14家优势单位、38名科技人员进行联合攻关。项目围绕狂犬病、乙型肝炎病毒的免疫与致病机制,从7个方面开展系统研究:一是病原生态学及分子流行病学研究;对我国新出现的狂犬病、乙型肝炎病毒,开展遗传演化、地理分布、感染率、毒力、免疫原性等分析,并对不同动物(尤其是野生动物)传播狂犬病

系统提供分子靶标。七是病原诱导神经损伤的分子机制研究;解析乙型肝炎病毒诱导中枢神经系统炎症反应的分子机制、狂犬病毒诱导神经递质产生异常的分子机制,为神经嗜性病毒引发中枢神经系统疾病的治疗提供新的药物靶标和理论依据。

本项目将全面揭示狂犬病毒和乙型肝炎病毒病原生态学及分子流行病学特征,发掘介导狂犬病毒和乙型肝炎病毒感染与传播的关键受体蛋白,阐明病毒复制以及与宿主免疫系统互作的新机制,解析其入侵神经系统、诱导神经损伤的关键信号通路。其研究成果不仅可以为狂犬病、乙型肝炎病毒的新型疫苗、诊断试剂、药物及治疗等防控技术与产品研发提供重要理论基础,而且还将推动我国神经嗜性病原研究新领域的拓展,具有重要的科学价值和社会意义。

精准研判 科学施检 分级预警 严防入侵

——记“潜在入侵的畜禽疫病监测与预警技术研究”项目

保障进出境我国动物及动物产品安全贸易的需求,提升口岸检疫把关技术水平,“潜在入侵的畜禽疫病监测与预警技术研究”项目已获2016年国家重点研发计划“畜禽重大疾病防控与高效安全养殖综合技术研发专项”4550万元经费支持,我国潜在入侵的畜禽疫病风险研判、监测与预警技术有望在2020年前取得重大突破。

本项目由中国检验检疫科学研究院牵头实施,汇集国内优势单位21家、169名科技人员,设立“外来畜禽疫病风险分析新技术研究”“潜在入侵的畜禽疫病口岸监测技术研究”“外来畜禽疫病现场快速检测技术与装备研发”“未知、变异动物疫病溯源及早期监测技术研究”和“外来畜禽疫病信息化预警和溯源技术研究”六个课题。

本项目根据外来畜禽疫病的共性和特性,拟开展以下六方面的研究:一是分析境外畜禽疫病信息,绘制风险传入场景树;构建基于专家研判系统的外来畜禽疫病半定量风险分析模型及定量风险分析模型,分

析外来畜禽疫病随进境动物及产品潜在入侵风险;建立外来畜禽疫病风险分析数据库。二是研究潜在入侵畜禽疫病的现场筛查、实验室精准检测等技术;研究非洲猪瘟等重要畜禽疫病RPA早期检测、激光显微切割免疫荧光等精准检测新技术;开展检测方法的国际验证;研发生物安全的标准物质并组装应用。三是研究进境动物及产品监测抽样框和布点选择策略;开展基于流行病学的监测抽样技术研究;研究口岸监测的风险不确定性,构建无疫监测抽样模型标准,构建畜禽疫病抽样模型;研发相关疫病的高通量监测技术并进行监测应用。四是研究外来畜禽疫病的现场快速检测技术及试剂;研发现场便携高灵敏的一体化检测设备;整合应用现场检测技术、试剂及装备,开展口岸现场的实时在线超敏检测和结果的自动采集上报。五是研究未知变异病原宏基因组学识别技术;构建病原体特征序列数据库;研究优化生物信息学分析流程,建立未知变异病原的分子溯源技术;建立潜在入侵的未知变异动物疫病

RPA等早期监测技术并示范应用。六是整合潜在入侵的畜禽疫病口岸及现场检测数据、监测数据、未知和变异病原监测数据,构建进境动物及产品疫情数据数据库;研究数据治理技术,构建基于检测监测数据的进境动物及产品溯源平台;挖掘不同维度数据的潜在联系,构建疫病传播态势场量化数学模型;建立外来畜禽疫病信息化预警平台。

本项目实施后,我国潜在入侵畜禽疫病防控体系将更加完善,风险研判、口岸检疫把关以及溯源预警等能力都将得到明显“升级换挡”;建立的以国家和产品类型检索对象的风险分析数据库,可满足快速通关放行对疫情研判的需求;项目研发的大力推广应用,可实现对口岸入境的禽畜及产品检测监测覆盖率80%以上,病原覆盖率90%以上;研究建立进境动物及产品疫情数据库;搭建潜在入侵畜禽疫病信息分级预警平台,可满足对90%以上进境牛、羊等畜禽以及40种以上检疫性疫病进行场景化分级预警的要求。

同一个世界 同一个健康

——记“畜禽重要病原耐药性检测与控制技术研究”项目

于养殖单位、高校和科研院所等不同技术平台以及不同检测规模的快速、高通量耐药性检测技术或产品,建立耐药性监测采样方法标准、检测判定标准和各类耐药性临床标准,构建畜禽病原耐药性检测和评价标准体系。二是耐药性预警技术研究;在建立监测技术的同时,在全国范围内开展不同规模养殖场抗菌药物和耐药性基础数据的大样本调查,掌握我国畜禽病原菌和养殖环境耐药菌的耐药特征,并在此基础上建立畜禽抗菌药物使用数据库,畜禽病原体(重要病原菌和球虫)、养殖环境耐药性数据中的耐药菌和耐药基因的数据库,建立动物病原菌的耐药性风险评估模型和环境生态风险评估技术体系,为我国建立兽药安全评价导则和环境安全评价导则提供基础数据和技术支持。三是耐药性防控技术研究;主要通过研究天然植物及其提取物、生物酶制剂和微生物类制剂等新型饲料抗生素的替代产品及综合应用技

术来减少抗菌药的使用;同时针对现有的经口给药的抗菌药物进行精准的生物药剂学(BCS)分类,引导兽药制剂研发,关注兽药剂型设计工艺和投药技术相结合,以兽医临床一线药物及专用药物为研究重点,以减抗增效,避免耐药性产生为目标,开展新制剂和投药新技术研究。此外,将获得与现有抗生素联合或单独使用有效治疗耐药病原菌感染和消减病原菌耐药性的候选药物和新兽药;建立其对畜禽主要病原菌感染的药动学/药效学同步模型,制定科学合理的用药规程和用药技术,延缓耐药性的产生。

项目的实施将显著提升我国动物疫病防控的科技创新能力,通过推广项目研发的耐药性防控技术,将减少我国畜禽养殖业抗菌药物的使用量,并培养一批从事畜禽病原菌耐药性研究的高水平人才,形成一支有国际影响力的研究队伍,提升我国在该领域的研究水平和国际学术地位。