

中国水稻研究所

# 研究成果入选2020中国农业科学十大进展

本报讯 11月20日,中国农业农村科技发展高峰论坛暨中国现代农业发展论坛发布了《2020中国农业科学重大进展》,中国水稻研究所王克剑团队利用基因编辑技术实现杂交

稻自留种的研究成果入选其中。该研究由王克剑团队和中国科学院遗传与发育生物学研究所等单位合作,借助基因编辑技术将杂交稻中4个生殖相关基因敲除后,成功将无融合生殖

特性引入到杂交稻当中,从而实现杂合基因型的固定。该研究首次在杂交稻中实现了杂交水稻无融合生殖从0到1的突破,为解决杂交种制种繁、留种难的行业难题提供了有效途径。

此次论坛共发布10项能够充分代表2019年我国农业科技前沿研究水平、取得重大突破性进展的基础科学研究成果,涵盖基因编辑技术在农业上的应用、替加环素新型耐药基因、

非洲猪瘟病毒结构解析、土传病原真菌和农业氮素管理等研究领域,将有力促进相关应用技术研究,进而保障我国粮食安全、生物安全、“舌尖上安全”和农业可持续发展。

## 中国食品院 CICC 顺利通过现场评审

本报讯 日前,中国合格评定国家认可委员会(CNAS)评审组对中国食品院中国工业微生物菌种保藏管理中心(CICC)认可和CMA检验检测机构资质认定进行现场复评审和扩项评审。CNAS高级项目主管李宏代表评审专家组通报了CNAS复评审考核工作要求以及相关条款规定,介绍了评审内容与时间安排,交流了高新技术在检测实验室中的应用与评审情况。中国食品院副总经理程池表示将全力配合评审组的考核工作,希望通过本次复评审考核,进一步提高检验实验室的综合实力。

专家组依据CNAS-CL01:2018《检测和校准实验室能力认可准则》等多个相关认可文件,通过考察实验室环境、计量溯源性、培训考核、报告结果、方法验证、质量控制、内部

审核、管理评审等各项考察指标进行综合考评,结合现场试验情况,对实验室的管理体系运行情况进行了全方位的评审。经专家组审议,通过了实验室认可和检验检测机构资质认定。

通过此次评审,中国食品院CICC梳理完善了自身微生物鉴定检测系统,提升了综合能力和质量管理体系水平,并通过扩项新增了基于WGS全基因组测序技术的微生物序列测定分析检测能力,实现微生物菌种株水平的精准鉴定,为食品、药品、饲料、化妆品等领域的益生菌或发酵产品申报和生产过程中污染菌质控提供检测报告。

实验室将根据专家组提出的意见,做好相关改进工作,持续为社会各界提供公正、准确、客观的微生物检测数据和优质的技术服务。

## 油菜生产全程机械化技术入选“十三五”标志性成果

11月20日,2020中国农业农村科技发展高峰论坛暨中国现代农业发展论坛在南京隆重举办,大会发布了“十三五”期间农业科技标志性成果和2020中国农业农村重大新技术新产品新装备,国家油菜产业技术体系研发的“油菜全程机械化高产高效技术”入选“十三五”农业科技十大标志性成果。

针对我国油菜机械化生产程度低和技术集成度差的瓶颈问题,油菜产业技术体系在对品种、栽培、土肥、植保和机械等单项技术原始创新的基础上,集成了土壤适墒管理、适宜机械化收获的油菜品种、密度调控、缓控释全营养一次施肥、联合机械播种、芽前封闭除草、“一促四防”、机械收获、秸秆(菌核)腐解等9项核心技术,以“三高”(高产、高抗、高效)、“五化”(机械化、轻简化、集成化、规模化、标准

化)为目标,在全国主产区积极开展可复制、可推广的油菜全程机械化高产高效生产模式创建和示范推广工作,推广面积累计超过1亿亩,节本增效300亿元以上。全国油菜耕种收综合机械化水平从2007年不足20%提高到2018年53.6%,油菜机械化作业性能指标达到国际先进水平,为我国油菜生产全面实现机械化奠定了良好的工作基础。

近年来,油料所作为国家油菜产业技术研发中心依托建设单位,组织全国优势单位持续开展联合攻关,不断加强技术集成创新,以油菜全程机械化技术为核心创建了“六高”绿色高效发展、全产业链绿色高产高效等生产技术模式,引领了全国油菜产业发展方向,为推动我国油菜产业高质量发展作出了重要贡献。

(农科院)

## 中国水产科学研究院长江所

# “淡水养殖池塘硅藻定向培育方法”获专利授权

本报讯 近日,由中国水产科学研究院长江水产研究所李莉副研究员等申请的“淡水养殖池塘硅藻定向培育方法”获国家发明专利授权,专利号:201511020481.3。

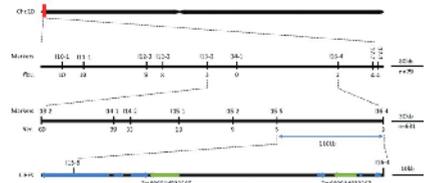
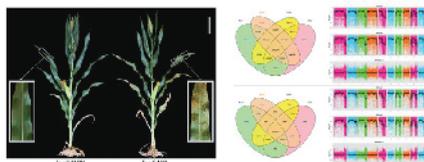
该发明通过调整养殖池塘中氮、磷、硅酸盐及微量元素的含量,同时考虑pH值和硅藻的接种浓度,在池塘内定向培育出以硅藻为优势种的优良藻相,可促进池塘硅藻的大量繁

殖,降低高产养殖池塘蓝藻爆发的风险;同时可有效地调控水质,减少病害发生,提高养殖产量和养殖产品质量。

该发明方法简单,无需配套设施,更易被推广和应用。

## 北京市农林科学院

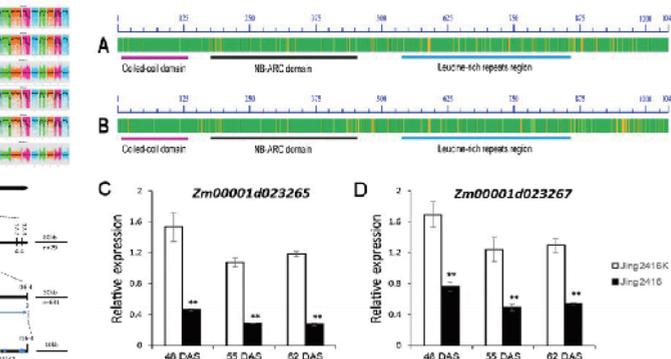
# 在玉米南方锈病抗性研究方面取得重要进展



京2416与京2416K对南方锈病的表现及RppM的精细定位

本报讯 据北京市农林科学院消息,近日,北京市农林科学院玉米DNA指纹及分子育种北京市重点实验室分子育种团队在国际主流期刊Frontiers in Plant Science上发表题为“Identification of RppM, a Southern Corn Rust Resistance Gene in Maize”的研究论文,精细定位了一个对玉米南方锈病高抗的主效基因RppM。

玉米南方锈病是由多堆柄锈菌(Puccinia polysora Underw.)引起的一种危害极大的气传性真菌病害,发病范围广泛。该病害爆发可导致减产20%~30%,严重可高达80%以上。近年来,国内外在南方锈病方面开展了不少研究工作,



候选基因的编码序列及表达量在双亲中的差异

包括组织病理学、基因定位及抗性相关基因功能分析等。但尚未有南方锈病抗性基因被克隆的报道。

京2416是院玉米中心创制的黄改群骨干自交系,具有熟期早、脱水快、耐干旱、抗高温、株型紧凑、叶色浓绿、适宜性广、散粉性好、自身产量及配合力高等多方面优点。该研究以京2416为轮回亲本,经过多代回交、自交及抗性鉴定,得到了一个抗病近等基因系抗锈京2416(京2416K)。以京2416与京2416K构建F2群体进行遗传分析,表明抗性基因RppM为单显性核基因控制。利用BSA分析和遗传连锁作图将RppM定位于10号染色体短

臂110kb区间内。

在此候选区间内有8个ORFs,其中Zm00001d023265和Zm00001d023267功能预测编码假定的CC-NBS-LRR蛋白,且在抗、感亲本中存在序列及表达量的差异,极有可能为RppM的候选基因。该研究为RppM基因克隆奠定了基础,对揭示南方锈病抗性遗传机制具有重要的理论价值。同时,为抗性育种提供可利用的基因资源,对培育高抗玉米新品种具有重要意义。

王帅博士为论文第一作者,赵久然研究员和宋伟研究员为共同通讯作者。该研究得到了北京学者计划、院创新能力建设专项的支持。