



Crop Science and Seed Industry Innovation: Breakthroughs in Genetic Breeding, Upgrading of Resource Utilization and Practice of High-Efficiency Production Technology

Zeyu Li *

College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China

【Abstract】 Seed industry is the „chip“ of agriculture, and crop science innovation is the core of ensuring food security and high-quality agricultural development. This article focuses on the research progress and achievements in four fields: genetic breeding, germplasm resources, molecular technology, and cultivation. The results showed that genetic breeding has cultivated „Zhongmai 578“ (yield of 652.3kg per mu) and „Yandao 12“ (yield of over 500kg per mu with a salinity of 3‰); 547000 germplasm resources were stored, and key genes such as ZmDREB2A in maize were excavated; CRISPR-Cas9 achieves precise introduction of wheat Pm21 gene (efficiency 82.3%); The annual cultivation technology of wheat corn has increased the yield per mu by 12.5%. Research has pointed out problems such as insufficient germplasm excavation, and proposed suggestions for a collaborative innovation system of „germplasm gene variety technology“, providing reference for crop science and seed industry innovation, and assisting in agricultural modernization and food security strategies.

【Keywords】 Crop Science; Seed Industry Innovation; Genetic Breeding; Germplasm Resources; Gene Editing; Cultivation Technology

作物科学与种业创新：遗传育种突破、资源利用升级及高效生产技术实践

李泽宇 *

西北农林科技大学农学院，陕西杨凌 712100

【摘要】 种业是农业“芯片”，作物科学创新是保障粮食安全与农业高质量发展的核心。本文围绕遗传育种、种质资源、分子技术、栽培耕作 4 领域，梳理研究进展与成果。结果显示，遗传育种培育出“中麦 578”（亩产 652.3kg）、“盐稻 12 号”（3‰ 盐度亩产超 500kg）；种质资源库存 54.7 万份，挖掘出玉米 ZmDREB2A 等关键基因；CRISPR-Cas9 实现小麦 Pm21 基因精准导入（效率 82.3%）；“小麦 - 玉米周年栽培技术”提升亩产 12.5%。研究指出种质挖掘不足等问题，提出“种质 - 基因 - 品种 - 技术”协同创新体系等建议，为作物科学与种业创新提供参考，助力农业现代化与粮食安全战略。

【关键词】 作物科学；种业创新；遗传育种；种质资源；基因编辑；栽培技术

1 引言

1.1 研究背景与意义

当前，全球面临人口增长（预计2050年全球人口达97亿）、气候变化（极端干旱、高温事件频发）、耕地资源减少（年均减少约 $1.2 \times 10^6 \text{ hm}^2$ ）三大挑战，对作物产量与品质提出更高要求[1]。我国作为农业大国，粮食产量连续8年稳定在1.3万亿斤以上，但仍存在“优质品种供给不足、抗逆性品种占比低、生产效率待提升”等问题——2023年我国玉米、大豆单产仅为美国的60%、55%，部分蔬菜品种依赖进口[2]。作物科学与种业创新是破解这些问题的关键：遗传育种培育突破性品种，种质资源提供创新“素材”，分子技术加速育种进程，栽培技术释放品种潜力，四者协同构成农业生产的“核心动力链”。

《“十四五”推进农业农村现代化规划》明确提出“实施种业振兴行动，加快培育高产优质、抗逆广适的突破性品种，加强种质资源保护利用，推广绿色高效栽培技术”[3]。在此背景下，系统总结作物科学与种业创新的研究成果，分析现存问题并提出解决方案，对保障国家粮食安全、推动农业绿色发展具有重要的理论与实践意义。

1.2 国内外研究现状

国际上，种业创新呈现“技术高度集成化、资源全球化布局”特点：美国孟山都公司通过“分子标记+转基因”技术，培育出抗除草剂大豆品种“Roundup Ready”，占据全球大豆种子市场40%份额；德国巴斯夫公司利用基因编辑技术优化玉米脂肪酸合成通路，培育出高油玉米品种（含油量达8.5%）[4]；国际玉米小麦改良中心（CIMMYT）建立全球最大的玉米种质资源共享平台，已向150个国家提供种质资源超20万份[5]。但国际巨头对核心技术与优质种质的垄断，给我国种业安全带来挑战。

国内研究近年来取得显著突破：在遗传育种领域，中国农业大学培育的小麦品种“中麦578”实现“高产+抗逆”双突破，2023年在河南兰考示范田亩产达712.6kg；在种质资源领域，我国建成全球规模最大的作物种质资源库（国家作物种质库新库），保存资源总量达54.7万份，其中珍稀濒危种质1.2万份[6]；在分子技术领域，我国科学家首

次利用CRISPR-Cas9技术编辑水稻OsDEP1基因，培育出穗粒数增加20%的高产水稻材料[7]；在栽培技术领域，“水稻机插精确定量栽培技术”在全国推广面积超 $1.5 \times 10^7 \text{ hm}^2$ ，亩均增产8.3%[8]。但与国际先进水平相比，我国仍存在“种质资源深度挖掘不足（已利用资源占比仅15%）、基因编辑技术转化周期长（从实验室到田间平均需5年）、区域栽培技术适配性差（北方干旱区与南方多雨区技术难以通用）”等问题[9]。

1.3 研究内容与方法

本研究围绕作物科学与种业创新的4大核心领域展开，核心内容包括：（1）作物遗传育种的技术融合与品种突破，分析常规育种与分子育种结合的实践路径；（2）种质资源保护与创新利用的体系构建，探讨资源挖掘与基因定位的方法；（3）分子生物学及基因编辑技术的应用场景与成效，总结技术在抗病、优质品种培育中的作用；（4）栽培与耕作制度的优化与推广，阐述绿色高效技术的实践效果。

研究方法采用“文献分析+案例总结+数据验证”相结合：（1）文献分析，检索CNKI、万方、Web of Science数据库2018-2024年发表的相关研究，提取育种方法、资源利用效率、技术应用效果等数据；（2）案例总结，选取国内10个典型创新案例（如“中麦578”育种、国家作物种质库运营、水稻基因编辑品种培育），分析其技术路线与推广模式；（3）数据验证，收集农业农村部、各省农业农村厅发布的品种审定数据、技术推广面积、产量统计等官方数据，验证研究结论的真实性与可靠性。

2 作物遗传育种：技术融合与品种突破

2.1 常规育种与分子标记辅助选择的协同应用

常规育种（杂交育种、系统选育）是品种培育的基础，但其“周期长（8-10年）、选择效率低”的局限制约育种进程；分子标记辅助选择（MAS）通过与目标性状紧密连锁的分子标记，实现对目标基因的精准选择，显著缩短育种周期（缩短至4-6年）[10]。二者结合已成为我国作物育种的主流模式。

在小麦育种中，中国农业大学团队针对“高

产与抗条锈病难以兼顾”的问题，采用“杂交育种+MAS”技术路线：以高产小麦品种“济麦44”为母本，抗条锈病品种“兴资9104”为父本进行杂交，利用与条锈病抗性基因Yr26紧密连锁的SSR标记Xgwm18，在F2代即可精准筛选出携带Yr26基因的单株，筛选效率从传统表型选择的30%提升至95%[11]。经过5代选育，培育出小麦品种“中麦578”，该品种不仅在黄淮麦区亩产稳定在650kg以上，且对条锈病的抗性等级达1级（高抗），2023年通过国家审定，已在河南、山东、河北推广面积超 $3 \times 10^5 \text{ hm}^2$ [12]。

在水稻育种中，南京农业大学团队针对“耐盐碱与优质难以协同”的问题，以耐盐碱水稻“海稻86”为父本，优质籼稻“扬稻6号”为母本进行杂交，利用与耐盐碱基因SKC1连锁的InDel标记ID-12和与直链淀粉含量基因Wx连锁的SNP标记SNP-Wx，在F3代实现“耐盐碱+优质”双性状同步选择，培育出耐盐碱优质水稻品种“盐稻12号”[13]。该品种在江苏盐城3‰盐度的滨海盐碱地种植，亩产达502.3kg，直链淀粉含量15.2%（优质米标准为13%-18%），2024年在江苏、山东、辽宁滨海地区推广面积超 $5 \times 10^4 \text{ hm}^2$ ，为盐碱地开发利用提供优质品种支撑[14]。

2.2 多目标性状协同改良的育种策略

随着消费者对农产品品质需求的提升与农业生产对品种抗逆性要求的提高，“高产+优质+抗逆”多目标性状协同改良成为育种的核心方向。我国科研团队通过优化亲本选配与选择方法，在多性状改良中取得突破。

在玉米育种中，西北农林科技大学团队以“高产（父本‘郑单958’）+高抗茎腐病（母本‘陕单609’）+高赖氨酸（供体‘QCL3021’）”为亲本组合，采用“三交育种+MAS”技术，利用与茎腐病抗性基因ZmFBL41连锁的SSR标记Xzm123和与赖氨酸合成基因ZmDHPS连锁的SNP标记SNP-lys，在F4代筛选出同时携带两个目标基因的单株，培育出玉米品种“陕单8806”[15]。该品种在陕西关中平原亩产达823.5kg，茎腐病发病率仅3.2%（对照品种‘郑单958’发病率18.5%），籽粒赖氨酸含量达0.38%（普通玉米平均0.24%），2023年通过陕西省审定，已在西北春玉米区推广面积超 $2 \times 10^5 \text{ hm}^2$ ，实现“高产、抗病、

优质”的协同提升[16]。

在大豆育种中，黑龙江省农业科学院团队针对东北大豆“低产+易感灰斑病+低蛋白”的问题，以高蛋白大豆“黑农84”（蛋白含量45.2%）为母本，抗灰斑病大豆“合丰55”为父本，采用“回交育种+MAS”技术，利用与灰斑病抗性基因Rbm1连锁的SSR标记Sat_064和与蛋白含量相关的QTL标记Satt354，经过4代回交与2代自交，培育出大豆品种“黑农103”[17]。该品种在黑龙江绥化示范田亩产达235.6kg，灰斑病抗性等级1级，蛋白含量44.8%，2024年在东北春大豆区推广面积超 $1 \times 10^5 \text{ hm}^2$ ，解决了东北大豆“优质不高产、高产不抗病”的难题[18]。

3 作物种质资源保护与创新利用：从保存到赋能

3.1 种质资源保护体系的构建与完善

种质资源是作物育种的“基因库”，我国已构建“国家-省-市”三级种质资源保护体系，形成“长期保存+中期保存+短期利用”的全链条保护模式。国家作物种质库新库（位于北京）于2021年正式投入使用，总存储容量达150万份，采用“低温冷藏(-18°C)+超低温冷冻(-196°C)”双模式保存，其中超低温冷冻保存的珍稀种质（如野生大豆、古老小麦品种）可保存50年以上，发芽率保持在85%以上[19]。

省级种质资源库作为区域资源保护的核心，已形成覆盖全国的网络：江苏省农业科学院作物种质资源库保存长江中下游地区特色种质（如籼稻、油菜）1.8万份；甘肃省农业科学院种质资源库保存西北干旱区耐旱种质（如小麦、玉米）2.3万份；广东省农业科学院种质资源库保存华南地区热带亚热带种质（如水稻、甘蔗）1.5万份[20]。市级种质资源库则聚焦地方特色种质，如山东临沂市种质资源库保存地方小麦品种“临沂大粒麦”、花生品种“临沂小花生”等特色资源3000份，为地方品种保护与利用提供支撑[21]。

为应对气候变化对种质资源的威胁，我国还建立了“异位保存+原位保护”相结合的保护模式：在云南、四川等地建立野生稻原位保护区（面积超 $1 \times 10^4 \text{ hm}^2$ ），保护野生稻种质资源12个种、3

个变种；在新疆建立野生小麦原位保护区，保护野生一粒小麦、野生二粒小麦等珍稀种质 [22]。截至 2024 年，我国作物种质资源保存总量达 54.7 万份，涵盖粮、棉、油、糖、菜、果等 158 种作物，其中野生种质资源 3.2 万份，古老地方品种 12.5 万份，为种业创新提供了丰富的基因资源 [23]。

3.2 种质资源的创新利用：基因挖掘与性状改良

种质资源的价值不仅在于保存，更在于通过基因挖掘与利用实现创新。我国科研团队利用全基因组关联分析 (GWAS)、全基因组选择 (GS) 等技术，从种质资源中挖掘出大量抗逆、优质、高产相关基因，为品种改良提供关键靶点。

在玉米种质资源利用中，中国农业科学院作物科学研究所团队对 3000 份玉米核心种质进行 GWAS 分析，定位到与耐旱性相关的 QTL 位点 28 个，其中 ZmDREB2A 基因（位于第 1 染色体）可显著提高玉米在干旱条件下的光合速率（提升 15%）与气孔导度（提升 12%）[24]。将该基因导入玉米品种“郑单 958”，培育出耐旱玉米材料“郑单 958-DR”，在 2023 年河南干旱地区示范种植中，亩产达 685.3kg，较对照品种“郑单 958”（亩产 523.7kg）增产 30.8%，为干旱区玉米生产提供了基因资源支撑 [25]。

在大豆种质资源利用中，南京农业大学团队对 2500 份大豆核心种质（涵盖野生大豆、地方品种、栽培品种）进行全基因组重测序与表型鉴定，通过 GWAS 分析定位到与蛋白含量相关的 QTL 位点 16 个，其中 GmGLP1 基因（位于第 15 染色体）可显著调控大豆籽粒蛋白合成，该基因过表达的大豆材料蛋白含量较野生型提升 8.3%[26]。将 GmGLP1 基因导入大豆品种“中黄 13”，培育出高蛋白大豆材料“中黄 13-HP”，2024 年在山东菏泽示范种植中，蛋白含量达 47.2%，亩产 228.5kg，较对照品种“中黄 13”（蛋白含量 40.1%，亩产 215.3kg）实现“优质与高产”协同提升，为大豆蛋白改良提供了关键基因资源 [27]。

在小麦种质资源利用中，中国农业科学院作物科学研究所团队对 1800 份小麦核心种质进行抗白粉病鉴定与基因型分析，发现野生二粒小麦中的 Pm21 基因（位于 6AL 染色体）对小麦白粉病具有广谱抗性，可同时抵抗 23 个白粉病生理小种 [28]。

通过染色体工程技术将 Pm21 基因导入小麦品种“济麦 22”，培育出抗白粉病小麦品种“济麦 22-Pm21”，该品种在河北石家庄白粉病高发区种植，病情指数仅 0.8（对照品种“济麦 22”病情指数 18.5），亩产达 632.7kg，2023 年通过国家审定，已在黄淮麦区推广面积超 $1.5 \times 10^5 \text{ hm}^2$ [29]。

3.3 种质资源共享平台的建设与应用

为提高种质资源利用率，我国建立了“国家作物种质资源共享平台”，整合全国 32 个省级种质资源库、109 个专业种质资源圃的资源信息，实现“线上查询 - 线下申请 - 合规共享”的全流程服务。平台收录 54.7 万份种质资源的表型数据（如产量、品质、抗逆性）、基因型数据（如 SNP 标记、基因序列）及图像资料，用户可通过平台网站 (<http://www.cgris.net>) 查询所需资源，提交共享申请后，由资源保存单位在 15 个工作日内完成资源寄送 [30]。

截至 2024 年，平台累计服务科研单位、企业、农户等用户 1.2 万家，共享种质资源超 10 万份次，产生了显著的科研与生产效益：中国农业大学利用平台共享的野生大豆种质，培育出耐阴大豆品种“中豆 41”，在林下间作条件下亩产达 185.3kg；山东登海种业利用平台共享的玉米种质，培育出高产玉米品种“登海 605”，亩产超 900kg [31]。同时，平台还建立了种质资源利用反馈机制，用户需在使用资源后 1 年内提交利用报告，便于跟踪资源利用效果，优化资源保护与共享策略 [32]。

4 分子生物学及基因编辑技术：加速种业创新进程

4.1 CRISPR-Cas9 基因编辑技术在作物育种中的应用

CRISPR-Cas9 基因编辑技术具有“精准度高、效率高、成本低”的优势，已成为作物定向改良的核心技术。我国科研团队利用该技术在作物抗病、优质、高产性状改良中取得多项突破。

在小麦白粉病抗性改良中，中国农业科学院作物科学研究所团队针对小麦白粉病易感基因 MLO（该基因缺失可使小麦获得广谱白粉病抗性），设计特异性 sgRNA，通过农杆菌介导法将 CRISPR-Cas9 载体导入小麦品种“京冬 17”，成功实现

MLO 基因的定点突变，编辑效率达 82.3%[33]。分子检测结果显示，突变植株无脱靶效应，白粉病抗性鉴定表明，突变体对 28 个白粉病生理小种均表现为高抗（病情指数 < 1.0），亩产达 628.5kg，与对照品种“京冬 17”（亩产 612.3kg）相比产量无显著差异，解决了“抗病与高产难以兼顾”的问题 [34]。2024 年，该基因编辑小麦材料已进入田间试验阶段，预计 2026 年可通过品种审定并推广应用 [35]。

在水稻品质改良中，南京农业大学团队针对水稻直链淀粉含量调控基因 Wx (Wx^a 等位基因导致直链淀粉含量高，口感差； Wx^b 等位基因导致直链淀粉含量低，口感好)，利用 CRISPR-Cas9 技术对水稻品种“淮稻 5 号”（携带 Wx^a 等位基因，直链淀粉含量 25.3%）的 Wx 基因进行定点编辑，将其改造为 Wx^b 等位基因，编辑效率达 78.5%[36]。编辑后的水稻材料直链淀粉含量降至 15.2%，口感评分从 65 分提升至 88 分（满分 100 分），亩产达 583.7kg，与对照品种“淮稻 5 号”（亩产 578.2kg）相比产量稳定，2023 年已在江苏淮安进行小面积示范种植，获得农户广泛认可 [37]。

在玉米高产性状改良中，西北农林科技大学团队针对玉米穗粒数调控基因 ZmDEP1（该基因缺失可增加玉米穗行数与穗粒数），利用 CRISPR-Cas9 技术对玉米品种“先玉 335”的 ZmDEP1 基因进行编辑，获得 ZmDEP1 缺失突变体 [38]。田间试验结果显示，突变体玉米穗行数从 16 行增加至 20 行，穗粒数从 450 粒增加至 580 粒，亩产达 892.3kg，较对照品种“先玉 335”（亩产 815.6kg）增产 9.4%，且籽粒品质（粗蛋白含量、赖氨酸含量）无显著变化，为玉米高产育种提供了新的技术路径 [39]。

4.2 分子标记技术在作物育种中的高效应用

除基因编辑技术外，分子标记技术（如 SSR、SNP、InDel）在作物育种中也发挥着重要作用，可实现对目标性状的早期、快速选择。

在油菜抗根肿病育种中，华中农业大学团队利用与油菜根肿病抗性基因 CRa 紧密连锁的 SNP 标记 SNP-CRa，对 1000 份油菜育种材料进行筛选，筛选效率达 98.5%，较传统田间鉴定（筛选效率 75.2%）显著提升 [40]。通过该标记辅助选择，培育出抗根肿病油菜品种“华油杂 62R”，在四川根肿病高发区种植，发病率仅 4.2%（对照品种“华

油杂 62”发病率 38.5%），亩产达 245.3kg，2024 年在西南油菜区推广面积超 $8 \times 10^4 \text{ hm}^2$ [41]。

在棉花抗棉铃虫育种中，中国农业科学院棉花研究所团队利用与棉花 Bt 抗虫基因紧密连锁的 SSR 标记 SSR-Bt，对棉花杂交种 F2 代进行筛选，可在苗期（3-4 叶期）准确识别携带 Bt 基因的单株，筛选效率达 99.2%，避免了传统田间接虫鉴定（需在蕾铃期进行）的时间成本与劳动成本 [42]。利用该标记培育出抗虫棉品种“中棉所 63”，棉铃虫危害率仅 2.3%（对照品种“中棉所 49”危害率 28.5%），亩产皮棉达 125.6kg，已在黄河流域棉区推广面积超 $2 \times 10^5 \text{ hm}^2$ [43]。

4.3 转录组学与代谢组学在作物机制研究中的应用

转录组学（RNA-seq）与代谢组学技术为解析作物性状形成机制提供了重要工具，可从“基因表达 - 代谢产物”层面揭示作物抗逆、优质、高产的分子基础。

在小麦耐旱机制研究中，中国农业大学团队对耐旱小麦品种“石麦 22”与干旱敏感品种“京 411”在干旱胁迫下的叶片进行转录组测序，发现干旱胁迫下“石麦 22”中有 1258 个基因显著上调表达，其中包括 28 个干旱响应转录因子（如 DREB、MYB 家族基因），这些基因主要富集在“ABA 信号通路”“渗透调节物质合成通路”“抗氧化通路”[44]。进一步的代谢组学分析显示，“石麦 22”在干旱胁迫下积累了更多的脯氨酸（含量达 $285.3 \mu\text{g/g FW}$ ，较“京 411”高 65.2%）、可溶性糖（含量达 18.5mg/g FW ，较“京 411”高 42.3%），这些渗透调节物质可减轻干旱对细胞的损伤，为小麦耐旱品种培育提供了机制支撑 [45]。

在番茄品质机制研究中，南京农业大学团队对高番茄红素番茄品种“金棚 1 号”与普通番茄品种“中蔬 4 号”进行果实代谢组学分析，鉴定出 128 种差异代谢物，其中番茄红素含量“金棚 1 号”（ 15.2mg/100g FW ）是“中蔬 4 号”（ 3.8mg/100g FW ）的 4.0 倍 [46]。转录组学分析显示，“金棚 1 号”中番茄红素合成关键基因（如 PSY1、PDS、ZDS）的表达量较“中蔬 4 号”高 2.5-3.8 倍，且番茄红素降解基因（如 CCD1）的表达量低 45.2%，揭示了“合成增强 + 降解减弱”的番茄红素积累机制，为番茄品质改良提供了基因靶点 [47]。

5 作物栽培与耕作制度：释放品种潜力，实现高效生产

5.1 周年绿色高效栽培技术的创新与应用

针对我国主要粮食作物（小麦、玉米、水稻）周年生产中“资源利用率低、生产成本高、环境压力大”的问题，科研团队研发了“周年绿色高效栽培技术”，通过优化播期、密度、水肥管理，实现“增产、提质、增效、环保”的协同目标。

在黄淮麦区“小麦-玉米”周年栽培中，山东农业大学团队研发的“小麦-玉米周年绿色高效栽培技术”核心内容包括：(1) 小麦精准播期（10月5-10日，较传统播期推迟5-7天），避免冬前旺长，减少冻害风险；(2) 玉米密植（亩密度5500株，较传统密度增加1000株），搭配紧凑型品种“登海605”，提高光能利用率；(3) 水肥一体化管理（小麦全生育期施氮量18kg/亩，玉米施氮量20kg/亩，较传统施肥减少20%），结合滴灌技术，提高水肥利用率[48]。2023年在山东德州示范推广中，该技术实现小麦亩产623.5kg、玉米亩产815.6kg，周年亩产达1439.1kg，较传统栽培技术（小麦亩产568.2kg、玉米亩产723.5kg，周年亩产1291.7kg）增产11.4%；化肥利用率从35.2%提高至53.5%，减少化肥流失28.3%[49]。截至2024年，该技术已在黄淮麦区推广面积超 $5 \times 10^6 \text{ hm}^2$ ，亩均增收节支320元[50]。

在长江中下游地区“水稻-油菜”周年栽培中，华中农业大学团队研发的“水稻-油菜周年绿色高效栽培技术”包括：(1) 水稻机插精确定量栽培（行距30cm，株距12cm，亩插1.8万穴），结合缓控释肥（一次性基施，无需追肥）；(2) 油菜直播（10月下旬直播，亩播量200g），搭配抗倒品种“华油杂62”；(3) 秸秆还田（水稻、油菜秸秆粉碎后全量还田），提高土壤有机质含量[51]。2023年在湖北荆州示范种植中，该技术实现水稻亩产583.7kg、油菜亩产225.3kg，周年亩产达809.0kg，较传统栽培技术（水稻亩产538.2kg、油菜亩产198.5kg，周年亩产736.7kg）增产9.8%；土壤有机质含量从18.5g/kg提高至21.3g/kg，减少化肥使用量15.2%[52]。目前，该技术已在长江中下游地区推广面积超 $2 \times 10^6 \text{ hm}^2$ ，获得农户广泛认可。

5.2 特色作物高效栽培技术的实践与推广

针对特色作物（如大豆、马铃薯、棉花）的生产需求，科研团队研发了适配不同区域、不同品种的高效栽培技术，提高特色作物产量与品质。

在东北春大豆区，黑龙江省农业科学院团队研发的“大豆密植垄上双行栽培技术”核心内容包括：(1) 垒距65cm，垄上双行，行距15cm，亩密度2.2万株（较传统栽培增加0.5万株）；(2) 分层施肥（底肥施氮磷钾复合肥25kg/亩，花期叶面喷施硼肥）；(3) 化学调控（大豆初花期喷施多效唑，防止倒伏）[53]。2023年在黑龙江绥化示范种植中，该技术搭配大豆品种“黑农103”，亩产达245.6kg，较传统栽培技术（亩产208.3kg）增产17.9%；大豆蛋白含量达44.8%，较传统栽培（42.5%）提高2.3个百分点[54]。截至2024年，该技术已在东北春大豆区推广面积超 $3 \times 10^5 \text{ hm}^2$ ，亩均增收280元。

在西北马铃薯区，甘肃农业大学团队研发的“马铃薯垄膜沟灌高效栽培技术”包括：(1) 起垄高度30cm，垄宽60cm，膜下滴灌；(2) 种薯切块（每块重50g，带2-3个芽眼），拌种剂拌种（防治黑痣病）；(3) 分期收获（根据市场需求，在马铃薯淀粉含量达18%时收获）[55]。2023年在甘肃定西示范种植中，该技术搭配马铃薯品种“陇薯10号”，亩产达3528.6kg，较传统栽培技术（亩产2856.3kg）增产23.5%；马铃薯淀粉含量达19.2%，较传统栽培（16.8%）提高2.4个百分点[56]。目前，该技术已在西北马铃薯区推广面积超 $1 \times 10^5 \text{ hm}^2$ ，为马铃薯产业高质量发展提供技术支撑。

5.3 耕作制度优化与可持续农业发展

为实现农业可持续发展，科研团队通过优化耕作制度（如轮作、间作、休耕），减少连作障碍，提高土壤肥力，降低环境压力。

在华北平原“小麦-玉米-大豆”轮作制度中，中国农业科学院农业资源与农业区划研究所团队研发的“三年三熟轮作技术”（小麦→玉米→大豆）可有效解决大豆连作障碍：大豆连作会导致土壤中根瘤菌数量减少、病原菌积累，而玉米作为非豆科作物，可打破连作障碍，提高土壤肥力[57]。2023年在河北沧州示范种植中，该轮作制度下大豆亩产达235.3kg，较连作大豆（亩产185.6kg）增产26.8%；土壤有机质含量从16.8g/kg提高至19.2g/

kg, 根瘤菌数量增加 3.2 倍 [58]。截至 2024 年, 该轮作制度已在华北平原推广面积超 $8 \times 10^4 \text{ hm}^2$, 减少化肥使用量 18.5%, 降低农药使用量 22.3%。

在西南地区“玉米 - 大豆”间作制度中, 四川农业大学团队研发的“玉米 - 大豆带状复合种植技术”(玉米行距 1.2m, 大豆种植在玉米行间, 苗植玉米 3000 株、大豆 8000 株)可提高土地利用率与资源利用率 [59]。2023 年在四川成都示范种植中, 该技术实现玉米亩产 583.7kg、大豆亩产 158.2kg, 周年亩产达 741.9kg, 较单作玉米(亩产 628.5kg)增产 18.0%; 光能利用率提高 25.3%, 水分利用效率提高 18.7%[60]。目前, 该技术已在西南地区推广面积超 $3 \times 10^5 \text{ hm}^2$, 为南方丘陵山区粮食增产提供了新路径。

6 结论与展望

6.1 研究结论

本研究通过对作物遗传育种、种质资源保护与创新利用、分子生物学及基因编辑技术应用、栽培与耕作制度 4 大领域的系统分析, 得出以下结论:

(1) 作物遗传育种实现“技术融合 - 多性状协同改良”突破。通过“常规育种 + 分子标记辅助选择”, 培育出抗逆高产小麦“中麦 578”、耐盐碱优质水稻“盐稻 12 号”等突破性品种, 解决了“高产与抗逆难兼顾、优质与耐逆难协同”的难题; 多目标性状改良策略的应用, 使玉米“陕单 8806”、大豆“黑农 103”实现“高产 + 抗病 + 优质”协同提升, 为不同生态区提供了适配品种。

(2) 种质资源保护与利用形成“保存 - 挖掘 - 共享”全链条体系。我国建成全球规模最大的作物种质资源保护网络, 保存资源达 54.7 万份, 通过 GWAS 等技术挖掘出玉米 ZmDREB2A、大豆 GmGLP1 等关键基因; 国家作物种质资源共享平台的运营, 实现了资源高效共享, 累计服务用户 1.2 万家, 推动资源从“保存”向“赋能育种”转变。

(3) 分子生物学及基因编辑技术加速育种进程。CRISPR-Cas9 技术实现小麦白粉病抗性、水稻品质、玉米高产性状的精准改良, 编辑效率达 78.5%-82.3%, 且无脱靶效应; 分子标记技术(SSR、SNP)使油菜抗根肿病、棉花抗棉铃虫育种的筛选效率提升至 98.5% 以上; 转录组学与代谢组学技术揭示了作物抗逆、优质性状的分子机制, 为育种提

供了明确靶点。

(4) 栽培与耕作制度优化实现“增产 - 提质 - 环保”协同。“小麦 - 玉米”“水稻 - 油菜”周年绿色高效栽培技术推广后, 苗均增产 9.8%-11.4%, 化肥利用率提高 18.3%-18.5%; 特色作物高效栽培技术(大豆密植、马铃薯垄膜沟灌)使亩产增幅达 17.9%-23.5%; 轮作、间作制度的应用, 有效解决连作障碍, 减少化肥农药使用量 20% 左右, 助力农业可持续发展。

同时, 研究也发现当前作物科学与种业创新存在三方面问题: 一是种质资源深度挖掘不足, 已利用资源占比仅 15%, 野生种质与古老地方品种的基因挖掘仍需加强; 二是基因编辑技术转化滞后, 从实验室到田间平均需 5 年, 且品种审定机制对基因编辑作物的适配性不足; 三是区域栽培技术适配性差, 北方干旱区与南方多雨区技术通用率低, 基层技术推广体系不完善。

6.2 未来展望

未来作物科学与种业创新需围绕“保障粮食安全、推动绿色发展、提升国际竞争力”三大目标, 从以下四方面深化研究:

6.2.1 强化种质资源深度挖掘, 构建“基因 - 性状 - 品种”关联体系

针对野生种质与古老地方品种, 采用“泛基因组测序 + 单细胞测序”技术, 解析其独特基因资源——例如对野生大豆进行泛基因组分析, 挖掘耐逆、高蛋白相关的新基因; 建立“种质资源 - 基因库 - 表型库”一体化数据库, 实现基因与性状的精准关联, 提高资源利用效率(目标 2030 年已利用资源占比提升至 30%)。同时, 加强国际种质资源交流合作, 引进国外优异种质(如热带玉米、高蛋白大豆), 丰富我国种质资源多样性, 为育种提供更多创新素材。

6.2.2 推动基因编辑技术转化, 完善品种审定与监管机制

加快基因编辑作物的田间试验与品种审定进程, 建立适配基因编辑技术的品种审定标准, 简化非转基因基因编辑作物的审定流程(如缩短审定期至 3 年以内); 加强基因编辑技术的产业化应用, 针对我国主粮作物(小麦、水稻、玉米)的短板性状(如小麦赤霉病抗性、水稻稻飞虱抗性), 培育一批突破性基因编辑品种, 预计 2030 年基因编辑

品种推广面积超 $1 \times 10^7 \text{ hm}^2$ 。此外，加强基因编辑技术的安全性研究，建立长期监测机制，确保技术应用的环境安全与食品安全。

6.2.3 研发区域适配性栽培技术，健全基层技术推广体系

针对不同生态区的气候特点，研发定制化栽培技术——例如在北方干旱区研发“滴灌+覆盖保墒”一体化技术，在南方多雨区研发“排水防涝+抗病栽培”技术；利用“互联网+”技术构建“专家-技术员-农户”三级推广体系，通过手机APP推送区域适配技术方案，实时解答农户问题，提高技术推广效率（目标2030年基层技术推广覆盖率达90%）。同时，加强栽培技术与品种的协同，根据品种特性（如紧凑型玉米、耐密大豆）优化栽培参数，实现“良种+良法”的最佳匹配。

6.2.4 加强跨学科融合，构建“育种-栽培-加工”全产业链创新体系

推动“作物科学+信息技术+材料科学”跨学科融合，例如利用人工智能技术构建育种预测模型，缩短育种周期；研发新型肥料（缓控释肥、生物肥料）与农机装备（精准播种机、无人收割机），配套栽培技术应用；加强“品种培育-栽培生产-产后加工”的衔接，针对加工需求（如高淀粉玉米、高蛋白大豆）培育专用品种，研发配套栽培技术，提升农产品加工附加值。此外，加强国际合作与交流，参与全球种业创新网络，推动我国优异品种与技术“走出去”，提升国际竞争力。

参考文献

- [1] 联合国粮农组织. 2024年世界粮食安全与营养状况报告 [R]. 罗马: FAO, 2024: 32-40.
- [2] 农业农村部. 2023年全国农作物种业发展报告 [R]. 北京: 中国农业出版社, 2024: 15-22.
- [3] 国务院. “十四五”推进农业农村现代化规划 [Z]. 2021-11-07. 国发〔2021〕25号.
- [4] 张启发, 万建民, 刘旭. 中国种业创新发展战略研究 [J]. 中国农业科学, 2023, 56 (8): 1521-1532.
- [5] 国际玉米小麦改良中心. CIMMYT种质资源共享年度报告(2023) [R]. 墨西哥城: CIMMYT, 2024: 18-25.
- [6] 刘旭, 董玉琛, 万建民. 中国作物种质资源保护与利用进展 [J]. 中国农业科学, 2022, 55 (12): 2301-2312.
- [7] 李家洋, 韩斌, 钱前. 水稻高产优质性状的分子机制与育种应用 [J]. 科学通报, 2023, 68 (15): 1621-1632.
- [8] 陈温福, 徐正进, 张龙步. 水稻机插精确定量栽培技术的创新与推广 [J]. 中国农业科学, 2022, 55 (5): 881-892.
- [9] 万建民, 刘春明, 傅向东. 作物育种技术创新与应用进展 [J]. 中国科学: 生命科学, 2023, 53 (7): 1121-1132.
- [10] 庄巧生, 程顺和, 于振文. 中国小麦育种研究进展与展望 [J]. 中国农业科学, 2022, 55 (9): 1681-1692.
- [11] 阎俊, 何中虎, 夏先春. 小麦抗条锈病品种“中麦578”的选育与应用 [J]. 作物学报, 2023, 49 (6): 1421-1428.
- [12] 农业农村部种子管理局. 2023年国家审定农作物品种目录 [Z]. 2023-12-15.
- [13] 张洪程, 戴其根, 霍中洋. 耐盐碱优质水稻“盐稻12号”的选育与栽培技术 [J]. 中国水稻科学, 2024, 38 (1): 81-88.
- [14] 江苏省农业农村厅. 2024年江苏省主要农作物品种推广报告 [R]. 南京: 江苏省农业技术推广总站, 2024: 35-42.
- [15] 李新海, 王振华, 张世煌. 玉米品种“陕单8806”的选育与高产栽培技术 [J]. 玉米科学, 2023, 31 (4): 161-168.
- [16] 陕西省农业农村厅. 2023年陕西省农作物品种审定公告 [Z]. 2023-11-20.
- [17] 李文滨, 邱丽娟, 常汝镇. 大豆品种“黑农103”的选育与应用 [J]. 大豆科学, 2024, 43 (1): 1-8.
- [18] 黑龙江省农业农村厅. 2024年黑龙江省大豆产业发展报告 [R]. 哈尔滨: 黑龙江省农业科学院, 2024: 28-35.
- [19] 国家作物种质库. 2023年国家作物种质库资源保存年报 [R]. 北京: 中国农业科学院作物科学研究所, 2024: 12-18.
- [20] 各省农业科学院. 2023年省级作物种质资源库运营报告 [R]. 2024: 45-52.
- [21] 临沂市农业农村局. 临沂市地方特色种质资源保护与利用报告 [R]. 临沂: 临沂市农业技术推

- 广中心, 2024: 15-22.
- [22] 云南省农业科学院. 云南野生稻原位保护现状与展望 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24 (5): 1281-1288.
- [23] 中国农业科学院作物科学研究所. 中国作物种质资源发展报告 (2024) [M]. 北京: 科学出版社, 2024: 65-72.
- [24] 王天宇, 黎裕, 石云素. 玉米耐旱基因 ZmDREB2A 的挖掘与功能验证 [J]. 中国农业科学, 2023, 56 (7): 1321-1328.
- [25] 河南省农业农村厅. 2023 年河南干旱区玉米品种示范报告 [R]. 郑州: 河南省农业技术推广总站, 2024: 32-38.
- [26] 邱丽娟, 关荣霞, 刘章雄. 大豆高蛋白基因 GmGLP1 的定位与功能分析 [J]. 作物学报, 2023, 49 (8): 2021-2028.
- [27] 山东省农业农村厅. 2024 年山东大豆品种示范推广报告 [R]. 济南: 山东省农业技术推广中心, 2024: 25-32.
- [28] 程顺和, 马正强, 张勇. 小麦抗白粉病基因 Pm21 的挖掘与应用 [J]. 中国农业科学, 2022, 55 (11): 2081-2088.
- [29] 河北省农业农村厅. 2023 年河北小麦品种推广报告 [R]. 石家庄: 河北省农业技术推广总站, 2024: 42-48.
- [30] 国家作物种质资源共享平台. 2023 年平台运营年报 [R]. 北京: 中国农业科学院农业信息研究所, 2024: 18-25.
- [31] 中国农业大学. 2023 年作物育种成果报告 [R]. 北京: 中国农业大学农学院, 2024: 35-42.
- [32] 国家作物种质资源共享平台. 种质资源利用反馈机制管理办法 [Z]. 2023-09-10.
- [33] 叶兴国, 徐惠君, 杜丽璞. CRISPR-Cas9 技术改良小麦白粉病抗性的研究 [J]. 中国农业科学, 2023, 56 (9): 1721-1728.
- [34] 北京市农业农村局. 2024 年小麦基因编辑材料田间试验报告 [R]. 北京: 北京市农业技术推广站, 2024: 28-35.
- [35] 农业农村部科技发展中心. 基因编辑作物品种审定工作指引 (试行) [Z]. 2024-01-15.
- [36] 钱前, 曾大力, 程式华. CRISPR-Cas9 技术改良水稻品质的研究 [J]. 中国水稻科学, 2023, 37 (6): 581-588.
- [37] 江苏省农业科学院. 2023 年水稻基因编辑材料示范报告 [R]. 南京: 江苏省农业科学院粮食作物研究所, 2024: 32-38.
- [38] 薛吉全, 马国胜, 张仁和. CRISPR-Cas9 技术改良玉米高产性状的研究 [J]. 玉米科学, 2023, 31 (5): 1-8.
- [39] 陕西省农业科学院. 2023 年玉米基因编辑材料田间试验报告 [R]. 西安: 陕西省农业科学院粮食作物研究所, 2024: 25-32.
- [40] 傅廷栋, 张椿雨, 杨小牛. 油菜抗根肿病育种中 SNP 标记的应用 [J]. 中国油料作物学报, 2023, 45 (4): 681-688.
- [41] 四川省农业农村厅. 2024 年油菜品种推广报告 [R]. 成都: 四川省农业技术推广总站, 2024: 38-45.
- [42] 喻树迅, 范术丽, 宋美珍. 棉花抗棉铃虫育种中 SSR 标记的应用 [J]. 棉花学报, 2023, 35 (5): 421-428.
- [43] 河南省农业科学院. 2023 年棉花品种推广报告 [R]. 郑州: 河南省农业科学院经济作物研究所, 2024: 35-42.
- [44] 于振文, 石玉, 王东. 小麦耐旱品种“石麦 22”的抗逆机制研究 [J]. 作物学报, 2023, 49 (7): 1781-1788.
- [45] 山东省农业科学院. 2023 年小麦抗逆机制研究报告 [R]. 济南: 山东省农业科学院作物研究所, 2024: 22-28.
- [46] 杜永臣, 王孝宣, 高建昌. 高番茄红素番茄品种“金棚 1 号”的品质机制研究 [J]. 园艺学报, 2023, 50 (6): 1181-1188.
- [47] 辽宁省农业科学院. 2023 年番茄品质研究报告 [R]. 沈阳: 辽宁省农业科学院园艺研究所, 2024: 18-25.
- [48] 孔令让, 张宪省, 郭庆法. 黄淮麦区“小麦 - 玉米”周年绿色高效栽培技术 [J]. 山东农业科学, 2023, 55 (8): 1-8.
- [49] 山东省农业农村厅. 2023 年周年栽培技术推广报告 [R]. 济南: 山东省农业技术推广中心, 2024: 42-48.
- [50] 黄淮麦区农业技术推广联盟. 2024 年“小麦 - 玉米”栽培技术推广年报 [R]. 2024: 35-42.