



小麦种质资源中重要育种目标性状的评价与创新利用

获得奖项：中华农业科技奖一等奖

完成人：张相岐等

完成单位：中国农业科学院、中国科学院遗传与发育生物学研究所



项目简介

作物种质资源是育种的物质基础。本项目针对我国小麦种质资源丰富但育种遗传基础狭窄这一尖锐矛盾，在国家科技攻关和支撑计划等项目资助下，围绕不同生态区不尽相同的育种目标性状，组织全国优势单位，历经12年，研发鉴定评价新技术12项、发掘和创制优异种质183份、公开发表新基因58个，攻克了种质资源鉴定效率低下、结果重复性差的难题，建立了资源引领育种、突破遗传基础狭窄的新途径，创建了优异种质资源发掘与高效利用的技术体系，开辟了市场经济下作物种质资源与育种协调发展的新模式。本项目共获国家发明专利10项、植物新品种权6项、发表论文112篇，其中SCI论文95篇，出版专著1部，获省部级科技一等奖励2项。

1、研制出重要育种目标性状表型和基因型鉴定评价新技术12项，攻克了鉴定效率低下、结果重复性差的难题。我国保存有4.5万份小麦种质资源，如何从中准确鉴定出可用于育种的优异资源，无疑是种质资源研究的首要任务。本项目研发了在同一生长季节内能够对众多生育期不同的种质资源的抗穗发芽、抗赤霉病、抗纹枯病等多个重要育种目标性状表型和蛋白质组成、外源目标基因等多个基因型同时进行鉴定的新技术12项，而且在3年时间内对12000余份小麦种质资源的15个重要育种目标性状进行了系统鉴定，评价结果能够在多个环境下进行重复。其中，10项获国家发明专利，1项成为农业部行业标准。

2、发掘和创造重要育种目标性状突出、遗传背景清楚的优异种质183份，公开发表新基因58个，建立了资源引领育种、突破遗传基础狭窄的新途径。本项目对已利用育种亲本的遗传基础进行了充分研究，向育种家提供未利用的优异基因资源，不仅引领育种家解决了遗传基础狭窄问题，而且提高了育种效率。

3、创建了优异种质资源发掘与高效利用的技术体系，开辟了市场经济下作物种质资源与育种协调发展的新模式。本项目通过对发掘和创造的优异种质在7个生态试验点进行田间展示，由不同生态区的育种家根据各自的育种目标自主选择，相互反馈相关信息，极大促进了作物种质资源与育种的协调发展。通过该技术体系，本项目向全国116个育种和科研单位分发各类种质资源21000余份，其中2011年与2001年相比，分发数量提高了10倍。据不完全统计，利用本项目提供的优异种质资源培育新品种34个，新品种累计种植面积1.33亿亩，取得社会效益55亿元。