

追寻“圣杯”，无融合生殖有望重塑农业未来

■本报记者 李晨

在农业科学领域，无融合生殖被誉为“育种家的梦想”和“农业研究的圣杯”。这种通过种子进行克隆繁殖的方式，使优良杂交后代性状不发生分离，实现一次育种、代代可用。这也是中国工程院院士袁隆平研发的杂交水稻技术想要实现的最后一步。无融合生殖技术的实现，不仅有望大幅降低种子成本，还将彻底变革作物育种方式。

近期，在国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目“水稻无融合生殖分子机理研究”（以下简称区域创新发展联合基金项目）支持下，中国科学家在水稻无融合生殖研究中取得突破性进展，为这一梦想照进现实提供了关键支撑。

迎难而上：锁定无融合生殖“硬骨头”

“稻田是我儿时最深刻的记忆。”这句朴素的告白，折射出中国水稻研究所研究员王克剑与农业的不解之缘。

2000 年高考后，王克剑被扬州大学农学专业录取。随着深入接触遗传学研究，他不仅被其科学魅力吸引，更意识到我国农业与发达国家相比仍存在较大差距。2013 年，王克剑加入中国水稻研究所，从基础研究转向应用导向的研究。

深入田间调研后，王克剑发现，杂交稻种子价格是常规稻种的 10 倍以上，而且一旦遇到极端气候或贸易争端，就可能导致种子价格飙涨甚至断供，为粮食安全埋下严重隐患。这一现实问题让他坚定了研究方向：“要把更优质的种子送到农民手中。”

水稻是中国乃至全球的主要粮食作物，杂交水稻技术的推广曾带来产量的飞跃。然而，“对于育种家和种子企业而言，必须每年进行繁琐的杂交制种工作，耗费大量人力、物力和土地资源”。王克剑指出，这限制了杂种优势的进一步推广应用。

无融合生殖技术有望彻底解决这一难题。早在 1987 年，袁隆平就提出了杂交水稻育种的“三系法、两系法和一系法”发展战略，其中“一系法”即通过无融合生殖固定杂种优势，是杂交水稻的终极战略目标。

然而，杂交稻性状固定是困扰全球农业科学家数十年的难题。由于机制复杂，研究难度大，国际上的相关研究一度陷入低谷。20 世纪



王克剑带领团队在水稻田插秧。

受访者供图

30 年代，国际学术界提出利用无融合生殖固定杂种优势设想，欧美投入大量资源竞争，我国自 20 世纪 80 年代起攻关，却始终未果。

面对这片“无人区”，王克剑将无融合生殖定为团队主攻方向。“这像是摸着石头过河，但只要有突破，就能给农业生产带来巨大的普惠价值。”

区域创新发展联合基金项目的目标正是引导科研力量聚焦此类国家和区域重大需求。“项目在引导科研力量聚焦国家和区域重大需求方面发挥了关键作用。”王克剑表示，“这种‘需求牵引、问题导向’的布局，确保了研究与国家粮食安全战略同频共振。”

资源整合：跨机构协同攻关

2017 年，王克剑团队利用基因编辑技术敲除 4 个与水稻生殖相关的基因，使杂交稻绕过减数分裂和受精过程。2019 年 1 月，相关研究成果在《自然 - 生物技术》以封面文章的形式发表，宣告中国科学家首次成功获得杂交水稻克隆种子，实现无融合生殖杂交水稻“从 0 到 1”的突破。

该成果引起国际学术界广泛关注。“杂交水稻之父”袁隆平发文祝贺：“这项工作证明了杂交稻进行无融合生殖的可行性，是无融合生殖研究领域的重大突破。希望再接再厉，

早日将一系法杂交水稻应用到生产。”

至今，王克剑回忆起此事仍激动不已：“袁先生的鼓励为团队增添了温暖动力，促使我们加快成果研发。”

在实现“从 0 到 1”的突破后，无融合生殖领域仍有多个关键科学问题亟须解决，包括一系法杂交稻杂合基因型遗传稳定性、提高克隆种子诱导率，以及多倍体水稻的生长发育机制。这些问题通过“行业需求 + 科学前沿”凝练出来。例如，行业需要解决杂交稻制种成本高的问题，而科学前沿则聚焦减数分裂、胚胎发生等基础生物学过程。

区域创新发展联合基金项目成功整合了全国优势科研力量，联合了中国水稻研究所、南京农业大学、浙江师范大学等多家高校和科研机构，形成了协同攻关的“国家队”，实现了基础研究与应用研究的无缝衔接。

王克剑带领团队建立多基因编辑系统，创新变体基因组编辑工具，试图通过基因敲除技术让杂交稻绕过有性生殖，直接产生克隆种子。

然而，实验室数据与田间效果的反差落差让研究屡屡受挫。“经常发生的情况是，测试数据完美，一到田间就出问题，一切都得推倒重来。”作为团队领头人，王克剑始终鼓励成员：“前沿科技探索必然伴随不确定性，需要我们付出更多时间和努力。”

王克剑营造多学科融合的氛围，制定创新机制，让每个成员都能迸发潜能。一个典型案例是“水稻八倍体种质创制与鉴定”课题。王克剑团队承担创制材料和表型考察，南京农业大学教授张文利团队进行基因组分析，浙江师范大学教授饶玉春团队负责实验室验证，最终首次创制出八倍体杂交水稻资源。

另外，针对无融合生殖杂交水稻能否稳定遗传的科学问题，他们通过对多个世代材料的基因组、甲基化和转录组分析，证实了克隆后代在表型、基因组水平和基因表达上均高度一

致，无融合生殖杂交水稻在不同世代间能保持遗传稳定性。

“这些成果不仅揭示了无融合生殖杂交水稻的遗传规律，还为作物育种提供了新思路。”王克剑解释。

技术突破：从概念验证到高效应用体系

“我们在杂交稻中首次引入无融合生殖特性，成功实现了无融合生殖杂交水稻‘从 0 到 1’的突破，但是，目前的策略仍然面临结实率低及诱导率低等问题。”王克剑告诉《中国科学报》，解决这些问题是培育杂种优势固定作物的关键前提，将有助于实现无融合生殖“从 1 到多”。

随后，王克剑带领团队在关键技术上取得系列突破。首先，团队利用基因编辑技术敲除 PAIR1、REC8、OSD1 等基因，在杂交稻“春优 84”中建立了新的人工无融合生殖体系，成功获得克隆种子。随后，通过优化策略，团队将克隆种子诱导率从初期的不足 5% 提升至近 100%。

“我们建立了正常结实率的无融合生殖体系，结实率可达 80% 以上，已达到商业化标准。”王克剑说，这些成果正加速向应用转化。他们创制的 6 份无融合生殖种质资源已在试验田多代试种，初步显示应用潜力。

《中国科学报》：请问区域创新发展联合基金项目是如何支撑你和其他团队一起攻克无融合生殖难题的？

王克剑：区域创新发展联合基金项目的支持帮助我们打破了单位壁垒，吸引了全国相关领域的优势团队。这种跨区域、跨部门的合作，不仅共享了实验平台和数据集，还避免了重复研究，提升了资源利用效率。

在项目执行中，不同学科背景的团队通过定期数据共享和研讨交流实现了深度融合。区域创新发展联合基金项目为这种协同创新提供了制度保障，如设立交叉学科项目激励机制，鼓励团队发表联合成果。

《中国科学报》：结合你在无融合生殖这一重大课题中的经历，你认为区域创新

区域创新发展联合基金项目还实现了杂交稻杂合基因型的固定与稳定遗传，为区域可持续发展提供了技术支撑。“一经推广，杂交稻种子成本有望从现在的 20 至 100 元 / 斤降至常规稻水平（2 至 5 元 / 斤），直接惠及农民。”王克剑算了一笔经济账。

王克剑告诉《中国科学报》，区域创新发展联合基金项目是培养创新人才的平台，共培养研究生 10 名、在站博士后 1 名，多名青年科研人员快速成长。通过参与国家级项目，团队在原始创新和自主可控技术上显著提升。

目前，全球粮食作物无融合生殖研究竞争呈白热化状态。美国、法国、澳大利亚团队在水稻和高粱等作物方面进展迅速，有的已进入田间试验。《自然》杂志发文称，这项技术可能“带来第二次绿色革命”。中国团队在区域创新发展联合基金项目支持下，正从跟随走向并行，未来有望实现领跑。

尽管取得了很多成绩，王克剑始终保持科研人的清醒。“我们只是证明了无融合生殖方式的可行性，以后还需要更多学者共同参与，这条路才能越走越宽。”他常以中国水稻研究所科研楼中的标语自勉：“一粒种子可以改变世界，一项技术能够创造一个奇迹。”

“从实验室成功到田间应用仍有很长的路要走，但只要有了种子，就有希望。”王克剑说。

发展联合基金项目在支持和培养青年科技人才、解决产业关键问题方面最主要的成功经验是什么？

王克剑：区域创新发展联合基金项目的成功经验在于，一是以需求为导向，确保基础研究与地方需求不脱节；二是机制灵活，促进跨界跨单位合作；三是相对稳定的支持，允许长期攻关。

对于未来，建议进一步优化区域创新发展联合基金项目机制：一是提升包容度，对“从 0 到 1”的原始创新和需要长期投入的“硬骨头”课题，给予更大的探索空间和耐心；二是加强系统性布局，例如设立专项，以支持面向产业需求的长期协同攻关，破解更具全局性的产业难题。

破解育种难题让四川土猪“长得更快、肉质更优”

■本报记者 杨晨

临近新年，吃“刨猪汤”是川渝地区一项特色的民俗活动。喂养了一年的本地土猪肥瘦相宜、肉质鲜美，蒸、炒、煮皆宜。不过，这份极具地方特色的“舌尖记忆”却面临着市场的挑战：传统四川土猪虽口感出众，但生长缓慢、养殖成本高，长期处于“叫好不叫座”的困境。

如何让这份地方风味既留住乡愁，又能走上现代产业发展的新路？由四川农业大学教授李明洲团队承担的国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目“四川地方猪种骨骼肌生长和脂肪沉积关键基因组变异的鉴定及育种价值评估”（以下简称区域创新发展联合基金项目），从“四川地方猪如何长得更快、肉质更优”这一具体的“小切口”入手，在保护地方种质资源与深化育种研究的同时，实现了具有广阔市场前景的“大作为”。

育种“跷跷板”难题

四川是全国养猪第一大省份。2024 年，全省生猪出栏量达 6149 万吨，产值近 3000 亿元，占畜牧业总产值约 70%。本地黑猪适应性强、肌肉脂肪丰富、肉质鲜美，却长期面临“叫好不叫座”的困境。

“地方黑猪生长周期通常需 10 至 12 个月，是引进白猪的两倍，养殖成本高，肉价往往是普通猪肉的 2 至 3 倍。”李明洲指出，占据市场主流的外来白猪虽长得快、成本低，但在肉质风味和口感上远不及地方猪种。

四川地方猪种肉质优良，但因长期缺乏专门化选育和持续改良，其屠宰率、瘦肉率等胴体性状远低于引入的商业化猪种。上述情况构成了一个典型的育种“跷跷板”难题：如何在保证优良肉质的前提下，提高四川地方猪生长性能，以及优秀胴体性状？

近年来，李明洲团队围绕猪肉内性状关键基因鉴定及调控网络解析这一科学问题开展系统深入研究，以期培育优质高效的新猪种。

2019 年，国家自然科学基金委员会（以下简称自然科学基金委）设立的首批四川省联合基金项目，引来了“源头活水”。其中，“四川地方猪种骨骼肌生长和脂肪沉积关键基因组变异的鉴定及育种价值评估”项目以“需求牵引”，通过自然科学基金委和地方政府共同发布明确的指南，将李明洲团队的科研目光从“我想做什么”引导至“国家与地方需要我做什么”上来。

在区域创新发展联合基金项目支持下，四川农业大学联合四川省畜牧科学研究所的团

队开展了协同攻关。前者在畜牧学科基础研究领域具有良好根基，而后者则在产业技术研发和推广方面具有扎实基础。“良好的仪器设备配置、现代化的科研实验基地以及高效、完备的养猪生产设施均为项目的顺利实施提供了条件。”李明洲说。

更为重要的是，“需求牵引”本就包含应用导向。这要求不仅要在科研上有所突破，更要回答产业中的实际问题。这种导向促使李明洲从一开始就思考影响猪肉性状的关键基因功能能否用于分子标记辅助选择，从而加速了“实验室成果”到“育种产品”的技术落地。

破解生长密码

面对猪猪肉内性状这一由众多基因微妙调控的复杂体系，研究必须进入遗传机制的“深水区”。

前期研究表明，决定猪种间差异的关键，可能不在直接编码蛋白质的基因区域，而藏身于占比超过 98%、被视为“垃圾序列”的基因组非编码区。而这些区域又指挥着基因在何时、何地、以何种强度工作。

李明洲团队的首要工作是建立针对四川地方猪种非编码区基因组结构变异的高通量鉴定与精准分型技术体系，即为猪的遗传密码本中曾经被忽略的庞大“调控开关”构建一套全新的解码系统。

这些“开关”是如何工作的？“我们率先将国际前沿的‘三维基因组学’研究策略系统应用于农业动物经济性状解析。”团队成员、四川农业大学副教授龙科任介绍，传统基因组学如同查看线性序列的“二维地图”，而三维基因组学则能揭示 DNA 在细胞核内复杂的空间折叠与远程交互，就像构建了生命活动的“立体模型”。

通过整合基因组序列、基因表达（转录组）和三维空间构象数据，研究团队构建了解析猪肉内生长与脂肪沉积调控网络的整合分析体系，首次从动态空间视角，揭示了非编码变异如何通过“隔空对话”精准调控目标基因，从而影响着猪的“胖”“瘦”、长势快慢。

在上述技术突破的支撑下，李明洲团队鉴定出一批调控骨骼肌生长和脂肪沉积的关键基因组变异及其靶基因。团队因此先后获四川省自然科学奖一、二等奖各 1 项，四川省科技进步奖二等奖 1 项，获批国家自然科学基金创新研究群体项目（A 类）、科技部国家重点研发



计划项目等多个国家级项目。

成果最直接的应用在于育种。龙科任表示，既然知道了影响生长和肉质的关键遗传位点，就可以在猪的幼崽时期通过基因检测，预判它未来的生长潜力或肉质品质趋势，实现精准的早期选择、缩短育种周期。“进一步来讲，一旦清楚是哪些基因和调控元件起主导作用，可通过分子育种技术，有针对性地对这些遗传靶点进行选育或调控，从而更高效地引导猪的性状朝着期望的方向改变。”

“你看这里适合做五花肉还是火腿？”在菜市场的肉摊前，懂行的食客们常会这样讨论。优质五花肉追求肌肉脂肪形成的“花纹”，优质火腿则看重肌肉脂肪含量及风味物质。

过去，为了培育出适合做五花肉或者做火腿的猪，从事育种工作的科研人员依赖经验进行杂交选育，但效率低且具有偶然性。如今，李明洲团队可通过解析控制这些关键性状的基因与通路，为“定制化”育种提供科学依据。

龙科任解释，针对由少数主效基因控制的性状，可采用标记辅助选择进行早期优良个体筛选。而对于像脂肪含量这种由大量微效基因控制的复杂性状，则采用全基因组选择策略，在早期实现对猪类表型的整体预测和选择。

“小切口”里有“大作为”

团队在提升选育准确性和速度的同时，也以乌金猪、杜洛克和大白猪为育种素材，与高金集团等企业合作培育兼顾产量与品质的“庄园黑猪”。在保证高肌肉脂肪含量的基础上，其

基于区域创新发展联合基金项目研究成果，团队培育出“庄园黑猪”品种。 科研团队供图

生长周期相较其他地方品种缩短 3 个月。相关产品已进入四川省内多家连锁超市销售。据不完全统计，其中有两家连锁超市 2025 年度销售额已超过亿元。

“这些成果产出是从一个具体的、区域的‘小切口’入手，最终由点及面，实现研究深化和产业发展的‘大作为’。”李明洲感叹，同样的科学问题，如果申请国家层面的重大项目或重点项目，评审专家可能会认为范围过于局限。反之，如果仅申请地方课题，又难以支撑起高水平基础研究，“而此次区域创新发展联合基金项目，给了我们机会”。

“大作为”在于团队以四川地方猪为研究对象所构建的研究体系、探索的遗传调控机制。如三维基因组学方法，其思路和范式对猪的遗传育种研究，乃至鸡、鸭、牛、羊等其他农业动物的重

《中国科学报》：未来这项研究将如何深化发展？

李明洲：过去，我们在肌肉组织整体层面定位影响生长和产肉的基因变异，但一块肌肉包含十几种不同功能的细胞，关键突变究竟在哪种细胞中发挥核心作用尚不明确。在组织层面的干预，可能将性状改良效率提升 2% 至 5%。而未来针对特定细胞内靶点的调控，则有望将这个提升数字提升至 10% 甚至 20%，为下一代高效精准育种奠定科学基础。

《中国科学报》：对于未来进一步优化区

要经济性状，都具有借鉴和启示意义。

中国是养猪大国，四川作为全国首屈一指的养猪大省和重要的商品猪生产基地，生猪产业关乎民生与经济重大需求。“我们的科学问题直指产业痛点。”李明洲表示。

在区域创新发展联合基金项目执行过程中，团队引入多位海内外优秀青年博士，涵盖了动物育种学、畜牧生产分子遗传学、生物信息学、数学等多个学科背景。

组建团队不只是简单的“物理拼接”，还需成员间产生“化学反应”。“我常常带他们进入生产一线，统一对当下科研问题的认识。”李明洲还选定了具有多学科教育背景及较强沟通能力的成员当“翻译官”，作为团队内连接点。此外，他采用迭代式的工作流程，通过短周期的计划 - 执行 - 评估，快速整合反馈，适时调整方向。

区域创新发展联合基金项目执行期间，课题组成员新获批青年科学基金项目（A 类）1 个、青年长江学者 1 人，团队骨干入选国家现代农业产业技术体系四川省生猪创新团队岗位专家 2 人。

在鉴定一个与脂肪沉积相关的关键非编码区结构变异时，生物信息学团队通过基因组比对和染色质构象分析预测了其潜在靶基因，分子遗传学团队则通过细胞实验验证了其调控功能，而育种团队利用大规模群体基因分型和表型数据进行关联分析、基因编辑动物创制，以实现育种价值评估。

“正是这种环环相扣的跨学科协作，使我们系统、完整地解析了一个新发现的基因组变异的生物学功能和育种潜力。”李明洲说。

域创新发展联合基金项目机制、促进更多“从 0 到 1”的突破，你有哪些建议？

李明洲：希望在项目评审中，进一步加大对“真联合、实协同”的考查权重，鼓励形成实质性的创新联合体。同时，适当增加对高风险、高回报的探索性研究的包容度，设立专门的资助渠道，鼓励挑战传统认知，为“从 0 到 1”的突破预留空间。此外，完善成果评价与共享机制，不能只考虑论文、专利等学术产出，也要看对解决实际问题的贡献，并促进项目间数据、资源的规范共享，实现国家科研经费投入效益的最大化。