

## 七、农业

### 1 工程研究前沿

#### 1.1 Top 10 工程研究前沿发展态势

农业领域 Top 10 工程研究前沿主要包括：① 农作物育种相关生物学机制和机理的研究，如“作物泛基因组”“动物多组学功能基因挖掘”；② 提升动植物产品品质、产量及绿色生产的相关研究，如“作物产量-品质-效率协同提升机理与途径”“园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”“农作物病虫害智能识别机制和实时监测技术”“基于深度学习的林木病虫害诊断”“秸秆改性及快速腐解技术”；③ 动物医学与营养依然是畜牧方面的研究前沿，如“重要动物病原调控宿主炎症应答机制”“畜禽肠道健康与高效生长的无抗营养调控技术”。农业领域工程研究前沿的核心论文数区间为 18~67 篇，平均为 47 篇，与往年相近；篇均被引频次区间为 28.94~225.40，平均约为 84.54；核心论文出版年度以 2018 年和 2019 年为主，其中“农作物病虫害智能识别机制和实时监测技术”“秸秆改性及快速腐解技术”“畜禽肠道健康与高效生长的无抗营养调控技术”“多农机智能协同作业技术”“基于深度学习的林木病虫害诊断”的核心论文平均出版年以 2019 年为主，较其他入选前沿更贴近当前（表 1.1.1 和表 1.1.2）。

##### （1）作物泛基因组

泛基因组是一个物种中全部脱氧核糖核酸（DNA）序列的集合。近年来，泛基因组研究是作物基因组领域的重要研究方向之一，对于揭示作物的遗传多样性、解析演化驯化历史及促进功能基因发掘具有重要意义。目前，已完成玉米、水稻、小麦等主粮作物的多个高质量参考基因组的组装。相比于单个参考基因组，不同材料或品系的基因组序列可以更加全面和准确地反映该物种的遗传多样性，特别是包含串联重复、存

表 1.1.1 农业领域 Top 10 工程研究前沿

序号	工程研究前沿	核心论文数	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	作物泛基因组	50	11 270	225.40	2017.7
2	作物产量-品质-效率协同提升机理与途径	43	3 684	85.67	2018.5
3	园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络	58	3 321	57.26	2018.6
4	农作物病虫害智能识别机制和实时监测技术	42	4 876	116.10	2019.2
5	秸秆改性及快速腐解技术	67	1 939	28.94	2019.8
6	重要动物病原调控宿主炎症应答机制	54	2 603	48.20	2018.3
7	畜禽肠道健康与高效生长的无抗营养调控技术	35	2 313	66.09	2019.1
8	动物多组学功能基因挖掘	50	2 645	52.90	2018.2
9	多农机智能协同作业技术	40	3 615	90.38	2019.2
10	基于深度学习的林木病虫害诊断	18	1 340	74.44	2019.3

表 1.1.2 农业领域 Top 10 工程研究前沿逐年核心论文发表数

序号	工程研究前沿	2017	2018	2019	2020	2021	2022
1	作物泛基因组	4	7	9	9	3	0
2	作物产量-品质-效率协同提升机理与途径	9	16	8	6	4	0
3	园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络	15	13	15	12	2	1
4	农作物病虫害智能识别机制和实时监测技术	7	6	10	11	7	1
5	秸秆改性及快速腐解技术	11	7	13	5	14	17
6	重要动物病原调控宿主炎症应答机制	16	18	11	5	3	1
7	畜禽肠道健康与高效生长的无抗营养调控技术	0	12	11	10	1	1
8	动物多组学功能基因挖掘	15	18	9	7	0	1
9	多农机智能协同作业技术	6	9	5	13	7	0
10	基于深度学习的林木病虫害诊断	3	3	3	5	3	1

在缺失变异、染色体易位等在内的复杂基因组结构变异。在种属水平构建的泛基因组可为探究作物的起源和演化、解析驯化和去驯化过程、揭示功能基因的演变规律提供线索。此外，丰富的基因组信息的整合可用于鉴定作物物种的核心基因和泛基因集合，支撑作物优异基因资源的发掘和利用。近年来，高质量的无缝基因组和端到端的完整基因组组装的陆续完成，也为构建作物的泛基因组提供了强有力的参考。基于泛基因组的研究方法和解析策略也在不断完善，如基于泛基因组学的比对方法、基因家族功能注释、图形化泛基因组构建方法等。未来，通过与人工智能（AI）、机器学习等新兴技术结合，并融合丰富的表型数据，作物泛基因组研究有望为作物优异基因精准发掘和分子设计育种提供全面的基因组坐标系统，在作物基础研究和育种应用中发挥更加重要的作用。

### （2）作物产量-品质-效率协同提升机理与途径

作物产量-品质-效率协同提升，是指在系统揭示丰产优质高效协同形成规律及机理的同时，通过因地筛选适种良种与适期播栽，充分利用当地温光资源，优化养分管理与灌溉，达到高效利用肥水资源，从而实现农作物产量、品质和效率的协同提升。当前，我国水稻、小麦、玉米等主要作物单产已达较高水平。但随着我国经济社会的高速发展，人民生活质量的不断提高，现代农业高质量发展对作物生产提出了新的要求，迫切需要在主攻单产提高的同时有效提升品质和资源利用效率。因此，作物产量-品质-效率协同提升的机理解析与途径探索至关重要。其核心科学问题主要包括：① 作物生长发育与产量-品质-效率形成、作物-环境-栽培措施的互作对产量-品质-效率的综合影响以及作物产量-品质-效率协同提升的机理；② 作物产量-品质-效率协同提升品种的评价指标体系和综合筛选方法；③ 作物产量-品质-效率协同提升的调控途径与广适性栽培关键技术。以上相关理论与技术的突破将为我国作物丰产优质高效协同生产提供核心理论支撑和现代作物生产工程技术方案。

### （3）园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络

随着园艺产业快速发展和园艺产品总产量迅猛提高，产品品质性状变化、健康成分含量及园艺产品质量安全问题受到了密切关注。园艺产品品质包括外观品质、营养品质和风味品质等，主要有产品器官大小、形状、整齐度、色泽、耐贮运性、各种营养物质（糖、酸、淀粉、维生素、矿物质、类黄酮等）含量、

各种风味物质（氨基酸、芳香类物质等）含量和口感（软硬度、口内风味感觉等）等，品质性状复杂。近年来，我国在园艺作物果形、色泽、营养品质、风味和苦味物质形成与调控机理方面已开展了一些研究，特别是运用基因组、转录组和代谢组等手段，通过园艺产品品质相关物质代谢基因及其调控基因的挖掘与分析，明确了少数代谢物质的关键控制基因，对重要农艺性状分子机制和调控网络的了解也越来越多，但多数决定园艺产品品质的代谢物质还不清晰，其分子机制和代谢调控机理的研究更少。因此未来应该在现有基础上，从转运蛋白、转录调控因子、表观修饰因子以及非编码核糖核酸（RNA）等方面，开展不同层级的基因表达级联调控机制及其调控网络、植物激素信号转导与品质形成的交互调控以及品质代谢与环境的耦合调控机制等研究，探明园艺产品品质形成的调控网络和信号传导机制，为园艺产业提质增效提供科学依据。

#### （4）农作物病虫害智能识别机制和实时监测技术

在作物病虫害综合防治体系中，防治决策是核心，预测是决策的前提和基础，而监测是预测和决策必不可缺的依据，及时、快速、准确的监测技术在植物病虫害防治中十分重要。近些年，随着遥感、雷达、图像技术、定量分子检测技术、传感器技术、物联网技术、大数据分析、人工智能等高新技术的集成和发展，作物病虫害智能识别、实时监测和预警技术方面取得了比较明显的进步，大幅度提高了病虫害监测的时效性和准确度。作物病虫害智能识别技术主要由病虫害捕捉和诱集设备、探测或高清拍摄设备、实时传输平台、远程监控平台、智能识别与计数模型或算法、计算机或手机的网络客户端等模块组成，实现了病虫害监测由传统人工调查转变为病虫害信息实时采集、传输、识别、分析和预警等一体化的远程自动实时监控、识别与诊断。虽然目前多数病虫害识别和监测模型的准确性或适用范围不可避免地存在一定局限性，但随着人工智能、深度学习等技术的进一步发展，传统方法和新兴技术集成融合的作物病虫害智能识别和监测技术，将成为未来病虫害监测预警的主要发展方向。

#### （5）秸秆改性及快速腐解技术

秸秆还田对稳定维持耕地地力、提高养分利用率、减缓土壤酸化等具有重要作用，但由于秸秆碳氮比高，纤维素、木质素等成分结构复杂，直接还田腐解慢，易造成下茬作物缺氮与生长不良、病虫害加重等问题，异位腐解至少需2个月。因此，如何促进还田秸秆快速腐解是当前农业亟待解决的问题之一。秸秆腐解转换为有机质受本身性质、土壤理化性质与微生物综合影响。秸秆改性是指外源添加氮肥、纳米材料、化学改性剂、酶制剂、微生物菌剂等，通过调控秸秆腐解过程中的物理、化学或生物过程提高秸秆的腐解效率与产物功效。随着微生物学、有机物质表征等技术的快速发展，基于高效促腐菌剂筛选、秸秆改性等技术，提高秸秆原位与异位腐解速度，提升有机降解产物的性能及养分保蓄能力，构建不同气候环境下秸秆快速腐解的区域精准技术，对实现农业可持续发展、低碳农业发展和加快农业循环经济具有重要意义。

#### （6）重要动物病原调控宿主炎症应答机制

作为畜禽养殖和动物源食品消费大国，重大动物疫病以及人兽共患病的防治对于我国畜牧业的健康发展以及公共卫生安全至关重要。动物病原入侵机体能够诱导宿主的免疫应答，其对宿主炎症应答的调控与疾病的发生发展密切相关。炎症反应是宿主对于刺激的一种自我防御机制，在病原清除、增强机体抗病能力及阻止病原扩散等方面发挥着重要作用。具体来讲，病原入侵机体后，被宿主模式识别受体识别，起始一系列细胞内的信号转导，招募大量趋化因子、细胞因子以及活化的免疫细胞聚集到感染部位以清除病原，



造成局部的炎症反应。炎症反应由促炎性细胞因子介导，一些重要病原能够通过诱导促炎性细胞因子的大量释放而造成“细胞因子风暴”，导致组织强烈的局部炎症，辅助病原增殖；同时，病原也可通过激活炎性小体造成巨噬细胞裂解，完成病原的逃逸和扩散；此外，病原可通过调控宿主细胞内的多种信号通路，抑制促炎性细胞因子的表达和释放，从而免于被机体清除，建立持续感染。揭示病原对宿主炎症应答的调控机制，对于了解病原的致病机理，寻找感染性疾病的新治疗方案至关重要，相关研究成果也将为疫苗研发与疫病防控提供重要指导和理论依据。

### （7）畜禽肠道健康与高效生长的无抗营养调控技术

抗生素滥用导致的细菌耐药性、生态环境污染以及食品安全等问题，已严重影响我国畜牧业健康发展。2020年，我国颁布“禁抗令”，饲料中全面禁止添加促生长类抗生素，由此给畜禽肠道健康与生长发育等方面带来巨大挑战。基于此，开发和应用绿色、安全的无抗营养调控技术，维持畜禽肠道健康、促进其生长发育，是我国畜牧业高效可持续发展的必然趋势。无抗营养调控技术是以饲料“营养结构”平衡为核心，整合集成营养素对动物免疫、肠道健康和致病因子的综合营养调控，实现在无抗条件下促进动物肠道发育，提高机体的抗病能力，确保动物健康和高效生产。无抗营养技术体系关键在于饲料营养结构的平衡与优化、饲料加工调制与精准饲喂，从营养源选择、配方设计与优化、添加剂组合筛选、饲料加工调制、饲喂方式和粪菌移植等方面调控肠道微生态平衡，促进畜禽肠道健康与高效生长。进一步加强无抗营养基础理论研究，推广应用无抗营养调控技术体系，是当前研究的难点与热点，相关研究成果必将为无抗条件下的畜禽肠道健康与高效生长提供理论指导和技术支撑。

### （8）动物多组学功能基因挖掘

动物多组学功能基因挖掘是指通过综合分析多种遗传组学、转录组学、蛋白质组学等数据，应用相关生物信息学方法，鉴定和研究动物基因组中具有重要功能与生物学意义的基因。动物多组学功能基因挖掘通常包括以下步骤：① 数据收集；② 数据预处理；③ 生物信息学分析（应用生物信息学工具和算法对预处理后的数据进行分析，包括基因组组装、基因定位、基因功能注释、转录本组装、表达量分析、蛋白质鉴定和定量等）；④ 功能基因挖掘（结合分析结果和已有的生物学知识，鉴定具有重要功能和生物学意义的基因，可能涉及富集分析、差异表达分析、蛋白质互作网络分析等）；⑤ 功能注释和解释；⑥ 生物学验证（通过实验验证或进一步的功能研究，确认功能基因在生物学过程中的重要作用）。该技术旨在解析优异动物种质中产肉量和品质、产奶量和乳品质、产绒毛量和品质、产蛋量，以及生长、发育、繁殖、抗病、抗热应激、耐低氧等重要性状形成的分子遗传基础，从而为基因组精准设计育种理论与技术创新提供依据，将极大地提高农业动物高产、优质、抗病、抗逆等优良性状的选择与创制的准确性，加速优良品种的定向培育进程。

### （9）多农机智能协同作业技术

据联合国预测，到2050年，全球人口将达到97亿，届时对粮食的需求量将比现在增加70%。而劳动力短缺已成为农业生产的现实问题，亟须深入推进农业现代化和产业升级。无人化智能农机可以通过自动化技术进行操作，减少对人工劳动力的依赖，实现高效率的农业作业，提高生产效率。但随着农业现代化的推进，农田规模不断扩大，单台农机的智能化和无人化将难以满足规模化高效生产需求，如何实现多台农机智能协同作业是研究热点，包括农机之间的实时数据传输和信息交互的通信与网络技术，实时获取农田环境信息和作物生长状态的感知与识别技术，多台农机的自主规划和协同控制技术，多台农机之间的任

务协调和作业调度技术,单台农机和多台农机协同作业的安全与保障技术(包括行驶安全、数据安全、系统可靠性和故障诊断等)等。相关关键核心技术的突破将实现农业生产任务分工和协作,提高作业效率,支撑智慧农业应用发展。

### (10) 基于深度学习的林木病虫害诊断

基于深度学习的林木病虫害诊断是一种运用深度学习技术来辨识和监测森林中病虫害威胁的创新方法。深度学习作为一类机器学习方法,其核心是构建和训练多层次的神经网络,以从大量数据中自动学习特征和模式。基于深度学习的方法能够精确地识别病虫害,并通过数据耦合分析其发生规律,相较于传统的病虫害辨识方法,其具有减少专业人员重复性工作、节省人力、时效性强、高效和准确等诸多优势。目前基于深度学习的林木病虫害诊断研究涉及林木病虫害图像识别、通过对灯诱或信息素诱害虫的监测和识别实现害虫计数和种群动态监测、借助卫星高分影像和无人机影像(可见光、多光谱和高光谱数据)监测森林病虫害的变化和预测病虫害发生趋势等。随着人工智能技术的发展,构建林木病虫害大模型,深入研究数据融合和多模态信息,探索模型设计、压缩和自动化架构搜索,提高模型的高效性与通用性,保护数据隐私和安全,促进跨地区(机构)合作,以及在区域病虫害监测网络基础上开展病虫害预测预报,对适应当前环境变化、病虫害入侵大趋势下的林业可持续发展具有重要意义。

## 1.2 Top 3 工程研究前沿重点解读

### 1.2.1 园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络

随着园艺产业的快速发展和园艺产品总产量的迅猛提高,产品品质性状变化、健康成分含量及园艺产品质量安全问题受到了密切关注。园艺产品品质包括外观品质、营养品质和风味品质等,主要有产品器官大小、形状、整齐度、色泽、耐贮运性、各种营养物质(糖、酸、淀粉、维生素、矿质营养、类黄酮等)含量、各种风味物质(氨基酸、芳香类物质等)含量和口感(软硬度、口内风味感觉等)等,品质性状复杂。近年来,我国在园艺作物果形、色泽、营养品质、风味和苦味物质形成与调控机理方面已开展了一些研究,特别是运用基因组、转录组和代谢组等手段,通过园艺产品品质相关物质代谢基因及其调控基因的挖掘与分析,明确了少数代谢物质的关键控制基因,对重要农艺性状分子机制和调控网络的了解也越来越多,但多数决定园艺产品品质的代谢物质还不清晰,其分子机制和代谢调控机理的研究更少。

随着测序技术的快速发展,成本也迅速降低,许多园艺植物已完成了基因组测序,或是更新为更优质的基因组。我国科学家在此领域做出了杰出的贡献。据不完全统计,有50余种园艺作物的基因组测序工作已经完成,为通过分子设计方法培育优异作物新品种奠定了基础。

目前已经定位到60余个控制糖分的数量位点,另外,蔗糖转运器、淀粉合成酶和液泡加工酶等间接作用于糖代谢的蛋白作用也陆续被解析。叶志彪团队通过代谢组的全基因组关联分析(mGWAS)定位到了编码铝激活苹果酸转运蛋白(ALMT9)、调控番茄苹果酸积累的主效位点TFM6(tomato fruit malate 6),明确了WRKY42通过结合ALMT9启动子上W-box来负调控ALMT9表达,进而抑制番茄果实中苹果酸的积累。已报道在番茄中有237个位点与抗坏血酸代谢途径的酶促反应相关,抗坏血酸代谢途径相关基因及其对应酶的代谢网络已初步建立。许多参与类胡萝卜素生物合成途径的基因已被分离

与克隆，并进行了功能验证。一些次生代谢物，如类黄酮、生物碱、苯丙烷类以及芳香类物质，也是园艺作物营养和风味品质形成的重要组分，在该领域，中国农业科学院和美国佛罗里达大学合作，确定了33种影响消费者喜好的主要风味物质，挖掘了49个调控风味物质积累的关键位点，揭示了番茄风味的物质基础和遗传改良路径，为培育美味番茄提供了切实可行的育种方案。

由于品质性状的复杂性，目前对性状形成的遗传学基础与调控网络的研究仍处于起步阶段，未来研究的重点包括：应用分子生物手段，建立与优化园艺作物遗传转化体系，挖掘与作物品质相关的关键基因，阐明基因对品质的调控作用，建立更加精细的分子调控网络，明确重要的节点调控基因；打破与品质连锁的不利基因的影响，实现园艺作物品质与逆境抗性等其他优良特性的共同提升，培育优质园艺作物品种；探讨环境与栽培技术对品质的调控机制，建立优质园艺作物设施栽培关键技术。

“园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿中核心论文数排名前三的国家是中国（占63.79%）、美国（占27.59%）和意大利（占12.07%）（表1.2.1）。该前沿核心论文的篇均被引频次分布在46.25~93.67，其中以色列和美国的篇均被引频次均超过了70.00。核心论文的主要产出机构（表1.2.2）方面，中国科学院、安徽农业大学、中国农业科学院的核心论文数及被引频次较高。由图1.2.1可知，国家间的研究合作较为普遍，其中中国与美国的合作相对更紧密。由图1.2.2可知，中国科学院与其他机构的合作较多。施引核心论文数排名前两位的国家是中国和美国，中国占比为49.05%，美国占比为14.35%（表1.2.3）。施引核心论文的主要产出机构（表1.2.4）方面，中国科学院、中国农业科学院和南京农业大学的施引核心论文数排在前三位。图1.2.3为“园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿的发展路线。

表 1.2.1 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿中核心论文的主要产出国家

序号	国家	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	中国	37	63.79	2 288	61.84	2018.7
2	美国	16	27.59	1 178	73.62	2019.1
3	意大利	7	12.07	423	60.43	2017.7
4	英国	7	12.07	367	52.43	2019.1
5	以色列	6	10.34	562	93.67	2018.2
6	西班牙	6	10.34	281	46.83	2018.5
7	法国	6	10.34	279	46.50	2018.5
8	荷兰	5	8.62	261	52.20	2019.2
9	澳大利亚	4	6.90	185	46.25	2018.0
10	德国	3	5.17	160	53.33	2018.7

表 1.2.2 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿中核心论文的主要产出机构

序号	机构	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	中国科学院	6	10.34	384	64.00	2019.7
2	安徽农业大学	6	10.34	302	50.33	2018.7
3	中国农业科学院	5	8.62	280	56.00	2020.0
4	华中农业大学	4	6.90	342	85.50	2017.5
5	浙江大学	4	6.90	329	82.25	2018.8
6	加利福尼亚大学戴维斯分校	4	6.90	251	62.75	2019.2
7	艾德蒙机械基金会研究与创新中心	4	6.90	218	54.50	2017.8
8	华南农业大学	4	6.90	190	47.50 </td <td>2018.8</td>	2018.8
9	康奈尔大学	3	5.17	387	129.00	2018.3
10	美国农业部农业研究服务局	3	5.17	266	88.67	2019.3

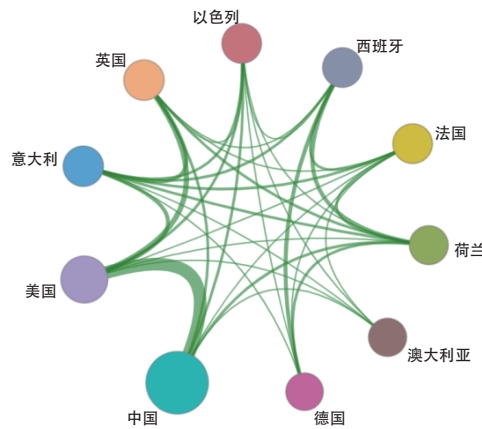


图 1.2.1 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿主要国家间的合作网络

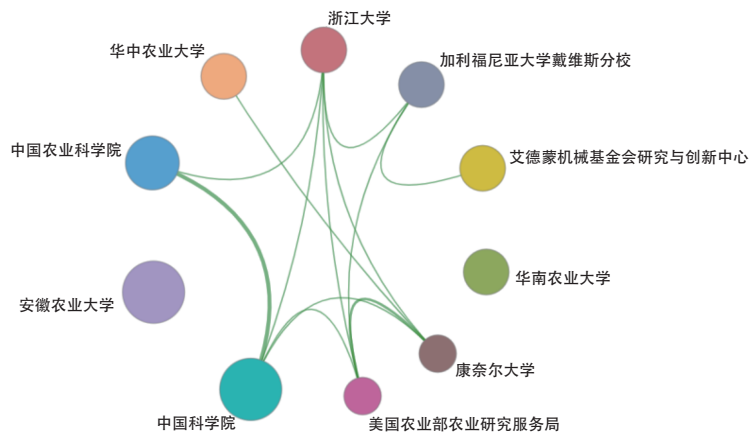


图 1.2.2 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿主要机构间的合作网络

表 1.2.3 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出国家

序号	国家	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国	1 623	49.05	2021.1
2	美国	475	14.35	2020.8
3	意大利	216	6.53	2020.7
4	西班牙	174	5.26	2020.8
5	德国	161	4.87	2020.9
6	印度	155	4.68	2021.2
7	法国	154	4.65	2020.5
8	英国	110	3.32	2021.0
9	澳大利亚	84	2.54	2020.5
10	日本	79	2.39	2020.8

表 1.2.4 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出机构

序号	机构	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国科学院	150	15.59	2021.1
2	中国农业科学院	141	14.66	2021.1
3	南京农业大学	100	10.40	2021.0
4	华南农业大学	92	9.56	2021.0
5	华中农业大学	90	9.36	2020.9
6	浙江大学	73	7.59	2021.1
7	福建农林科技大学	70	7.28	2021.1
8	安徽农业大学	70	7.28	2020.8
9	美国农业部农业研究服务局	62	6.44	2020.8
10	山东农业大学	57	5.93	2021.2

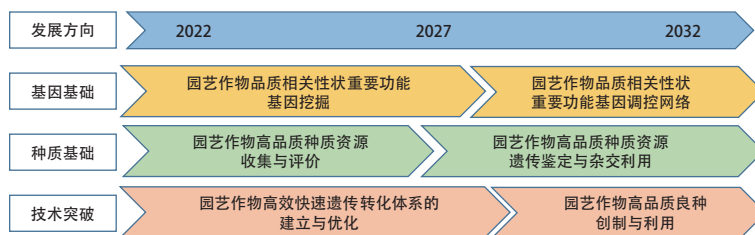


图 1.2.3 “园艺作物品质性状形成的遗传学基础与调控网络”工程研究前沿的发展路线



### 1.2.2 动物多组学功能基因挖掘

畜禽业健康发展是保障我国粮食和畜产品安全的战略需要，而种业位于养殖产业链条的上游，未来对畜牧业发展的贡献度将进一步提升。畜禽重要经济性性状形成的分子机制极为复杂，而目前功能基因组图谱注释不完善、优异性状关键基因及调控机制不明确，严重制约了种质资源高效利用、遗传改良与重大畜禽新品种创制进程。

随着现代生物技术的不断发展，畜禽育种工作者从早期只能宏观上利用性状的遗传力来描述性状的遗传规律，到利用分子标记解析影响数量性状的相关调控区域，再到现在可以直接解析 DNA 序列变异与复杂性状的关系。这些重要性状的已知致因突变可以直接应用于育种实践，为培育优良品种奠定了坚实的基础。动物多组学功能基因挖掘正是畜禽重要性状分子遗传基础解析、基因组序列以及功能基因组研究中的关键，也是培育优良动物新品种的重要前提，是长期以来国内外动物遗传育种研究领域的焦点。

自 2009 年至今，基于全基因组单核苷酸多态性 (SNP) 芯片的全基因组选择技术迅速发展，并在欧美发达国家的奶牛、肉牛、猪、肉鸡育种中得到广泛应用。2014 年，澳大利亚科学家牵头启动国际千牛基因组计划。2015 年，欧盟和美国成立“国际动物基因组功能注释项目”，以达到预测畜禽种质资源重要性状的目的。我国科学家则先后主导或参与了鸡、鸭、猪、鹅、牦牛、羊等不同畜禽的基因组项目，联合不同国家先后启动了万种鸟类基因组计划、宏基因组计划等科学计划，为阐明重要经济性性状遗传机理奠定了基础。此外，国内外研究者鉴定了一批与生长、肉质、繁殖、产奶等重要经济性性状相关的差异表达基因、差异表达蛋白、差异甲基化基因等，并对它们之间的调控关系进行了探究，在猪胴体性状、奶牛乳成分合成和乳房炎抗性、绒山羊毛囊发育等分子机制等方面都有重要发现；获得了奶牛、猪、肉牛、鸡、肉鸭等全基因组拷贝数变异图谱，发现了多个与产奶性状、体尺性状、胴体性状、免疫性状、肉质性状等相关的重要候选基因。国内外动物基因组功能注释项目（如 FAANG、FarmGTEEx 等）的启动，引领了组学时代下农业动物表型性状的分子调控机制解析，同时随着动物多组学功能基因挖掘应用基础研究的不断深入，农业动物育种也正在加速从传统的常规育种逐渐转变为多组学智能设计育种。

动物多组学功能基因挖掘技术主要包括：在动物泛基因组、基因组、表观组、时空转录组、蛋白质组、代谢组、表型组等多组学的大数据联合分析基础上，综合运用遗传学、基因组学、生物信息学、分子生物学、生物化学、细胞生物学、动物育种学等方法，揭示动物全景多维组学特征，筛选动物高产、优质、抗逆、抗病等性状相关的数量性状基因座 (QTL) 定位和分子标记，挖掘关键遗传变异、功能基因、调控序列和调控网络，揭示基因、表型与环境的互作规律，为动物育种提供分子遗传选择标记和操纵目标。该领域技术旨在解析优异动物种质中产肉量和品质、产奶量和乳品质、产绒毛量和品质、产蛋量，以及生长、发育、繁殖、抗病、抗热应激、耐低氧等重要性状形成的分子遗传基础，从而为基因组精准设计育种理论与技术创新提供依据，以极大地提高农业动物高产、优质、抗病、抗逆等优良性状的选择与创制的准确性，加速优良品种的定向培育进程。

“动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿中核心论文数排名前三的国家是美国（占 38.00%）、中国（占 38.00%）和英国（占 10.00%）（表 1.2.5）。该前沿核心论文的篇均被引频次分布在 45.00~82.00，其中英国、澳大利亚和荷兰的篇均被引频次均超过了 65.00。在主要产出机构方面，加利福尼亚大学戴维斯分校、图卢兹大学和西北农林科技大学产出的核心论文及被引频次较多（表 1.2.6）。由图 1.2.4 可知，国家间的研究合作较为普遍，其中英国、美国和中国的合作相对更紧密。由图 1.2.5 可知，各机构间存在一定的合作关系。施引核心论文数排名前两位的国家是中国和美国，中国占比为 30.38%，美国占比为 24.14%，且平均施引年较晚，表现出较强的研发后劲（表 1.2.7）。施引核心论文的主要产出机构（表 1.2.8）方面，中

表 1.2.5 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿中核心论文的主要产出国家

序号	国家	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	美国	19	38.00	1 153	60.68	2018.6
2	中国	19	38.00	924	48.63	2018.4
3	英国	5	10.00	348	69.60	2018.6
4	法国	5	10.00	287	57.40	2018.0
5	德国	5	10.00	225	45.00	2018.4
6	澳大利亚	4	8.00	288	72.00	2018.5
7	加拿大	4	8.00	235	58.75	2017.8
8	丹麦	3	6.00	168	56.00	2018.0
9	西班牙	3	6.00	167	55.67	2018.0
10	荷兰	2	4.00	164	82.00	2018.5

表 1.2.6 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿中核心论文的主要产出机构

序号	机构	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	加利福尼亚大学戴维斯分校	4	8.00	270	67.50	2018.5
2	图卢兹大学	4	8.00	252	63.00	2018.2
3	西北农林科技大学	4	8.00	190	47.50	2018.0
4	昆士兰大学	3	6.00	232	77.33	2018.3
5	爱丁堡大学	3	6.00	224	74.67	2018.7
6	爱荷华州立大学	3	6.00	205	68.33	2020.0
7	美国农业部农业研究服务局	3	6.00	190	63.33	2019.0
8	奥胡斯大学	3	6.00	168	56.00	2018.0
9	法国国家农业科学研究院	3	6.00	163	54.33	2017.7
10	中国农业大学	3	6.00	159	53.00	2019.3

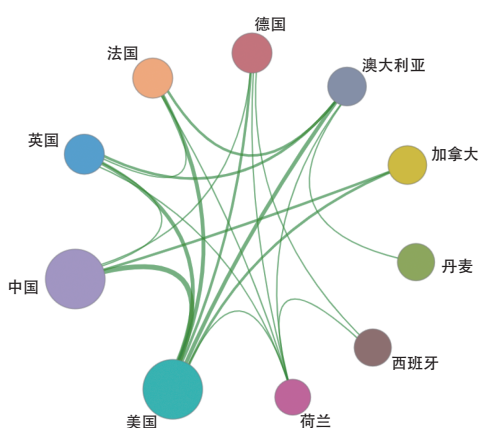


图 1.2.4 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿主要国家间的合作网络

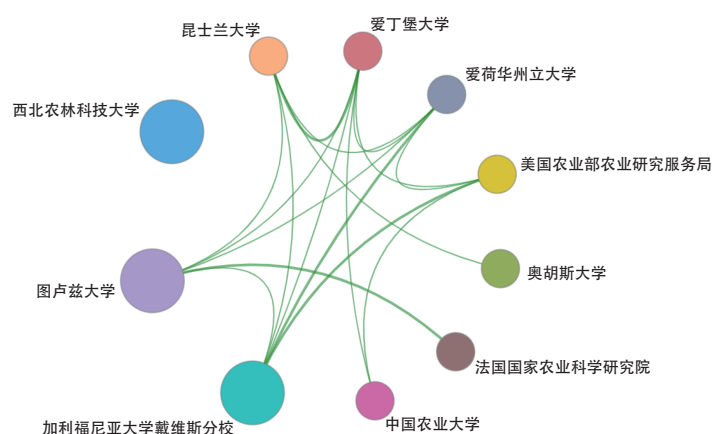


图 1.2.5 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿主要机构间的合作网络

表 1.2.7 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出国家

序号	国家	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国	979	30.38	2021.0
2	美国	778	24.14	2020.5
3	英国	247	7.66	2020.5
4	德国	235	7.29	2020.3
5	法国	177	5.49	2020.5
6	澳大利亚	172	5.34	2020.6
7	加拿大	145	4.50	2020.5
8	印度	144	4.47	2020.9
9	意大利	127	3.94	2020.4
10	西班牙	123	3.82	2020.5

表 1.2.8 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出机构

序号	机构	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国科学院	104	14.05	2021.1
2	中国农业科学院	102	13.78	2020.9
3	中国农业大学	86	11.62	2020.7
4	爱丁堡大学	81	10.95	2020.7
5	美国农业部农业研究服务局	75	10.14	2020.7
6	西北农林科技大学	59	7.97	2020.7
7	华中农业大学	56	7.57	2021.1
8	昆士兰大学	52	7.03	2020.4
9	四川农业大学	47	6.35	2020.7
10	加利福尼亚大学戴维斯分校	40	5.41	2020.5

国科学院、中国农业科学院和中国农业大学排在前列，其中中国科学院的施引论文数排在首位。

值得注意的是，动物复杂经济性状是由大量遗传元件参与，通过复杂的发育调控网络展示出来，并不断受到自然或人工选择作用而逐渐形成的。单一基因对性状的贡献有限且在不同环境条件下效应区别较大，不同性状间耦合和拮抗的调控网络及其内在核心调控单元还未完全解析，由于遗传连锁而形成的一因多效和多因一效现象，成为动物多组学功能基因挖掘的关键瓶颈，同时也限制了动物分子设计育种，尤其是多性状协同改良的遗传进展。因此，未来研究应从丰富多组学数据来源和拓宽多组学联合分析深度两个方面入手。① 传统的功能基因组学针对单一性状的静态遗传关联研究（SNP、GWAS），或者针对发育过程中单一基因或信号通路的功能研究，很难准确绘制基因型到表型的系统演化框架。针对不同的经济性状形成的独特多因子调控模型，充分利用三维基因组（Hi-C）、蛋白质互作组、多时空表观组（ATAC-Seq、ChIP-seq）、单细胞测序、空间转录组测序、基因编辑技术、GWAS 算法优化等新兴整合分析技术，解析不同座位等位基因间组合与相互作用对复杂性状表型形成的调控网络，挖掘可用于育种实践的关键功能元件。② 农业动物重要性状分子遗传基础研究需要大规模试验群体及数据的支撑，以及对于关键表型的持续、系统和深入的监测与研究，因此多组学智能设计育种的广泛研究必然意味着动物的多组学信息呈超指数型增长。如何解读海量异质性的多组学数据，整合来自不同研究的多组学信息，以解析遗传变异与重要经济性状间的关系，面临着极大的挑战。通过可参考的动物复杂性状多组学数据库与动态整合分析方法攻克单一组学止步于标记和表型间的“相关”分析，突破难以揭示“因果”的瓶颈，从整合和系统生物学角度解析动物复杂性状的成因。图 1.2.6 为“动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿的发展路线。

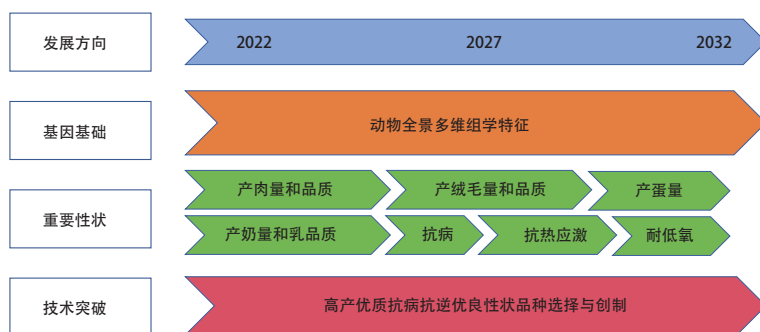


图 1.2.6 “动物多组学功能基因挖掘”工程研究前沿的发展路线

### 1.2.3 基于深度学习的林木病虫害诊断

林木是自然界中最复杂的非刚性有机生命体，在生态系统中扮演着生态位形成、能量流动和物质循环的重要角色。此外，森林作为固碳的重要场所，是陆地生态系统中最大的有机碳库之一。联合国粮食及农业组织发布的报告显示，2020年，全球树林面积为40.45亿公顷<sup>1</sup>，占地球陆地面积的31%。结合第九次全国森林资源连续清查结果、中国森林资源核算结果和《中国林业统计年鉴》相关统计结果，测算平均每亩森林的效益显示，中国平均每亩森林年涵养水源量为192.34吨、年吸收大气污染物量为12.1千克、年释氧量为315千克。2022年，中国主要林业有害生物危害林地面积为1.78亿亩<sup>2</sup>，松材线虫病危害2200万亩，病死松树数量达1000万株，白蛾等其他检疫性有害生物危害2800万亩。因此，林木病虫害诊断

1 1公顷=10000平方米。

2 1亩≈666.67平方米。

研究对于维护森林生态系统健康、提高林业产值以及保护生物多样性具有重要意义。

传统的林木病虫害辨识方法依赖于人工方法和传统图像处理技术，往往受限于人工判断和有限的特征提取能力，在准确性和效率方面存在限制；另外，技术人员缺口大，导致防控工作滞后，造成巨大的经济损失或超量用药，影响生态安全和生物多样性。基于深度学习的方法，通过构建深层神经网络，从大规模的图像和数据中自动学习复杂的特征与模式，实现更精确、快速的病虫害诊断。目前，基于深度学习的林木病虫害诊断技术涉及使模型更好地适应不同病虫害诊断的多任务学习、减少数据需求和训练时间的迁移学习、确定病虫害位置的目标检测算法、清晰界定受感染区域与健康区域的语义分割等算法。基于深度学习的林木病虫害诊断技术研究趋向于模型的高效性与通用性、实时监测与反馈、自动化与智能化、数据融合和多模态信息、AI大模型等。

基于深度学习的林木病虫害诊断主要集中于林木病虫害图像识别、监测灯诱或信息素引诱害虫进行害虫计数以实现种群动态监测和虫情测报、借助卫星高分影像和无人机影像（可见光、多光谱和高光谱数据）监测森林病虫害面积的变化和预测病虫害发生趋势。

“基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿中核心论文数排名前三的国家是美国、中国和印度（表 1.2.9）。该研究前沿的核心论文篇均被引频次分布在 45.00~123.00，除埃及和印度外，其他国家篇均被引频次均超过了 50.00。核心论文的主要产出机构（表 1.2.10）方面，伊斯兰堡通信卫星大学、苏丹王子大学、华盛顿大学、夏威夷大学和夏威夷大学马诺阿分校的核心论文数及被引频次较多。施引核心论文的主要产出国家（表 1.2.11）方面，中国、印度和美国排在前三位。施引核心论文的主要产出机构（表 1.2.12）方面，中国科学院、伊斯兰堡通信卫星大学和迪肯大学排在前三位。国家间的合作较为普遍、网络复杂（图 1.2.7），其中埃及、印度和沙特阿拉伯的合作相对更为紧密。由图 1.2.8 可知，同一国家内的不同机构及不同国家的各机构间均存在一定的合作关系，如首尔大学与滑铁卢大学，夏威夷大学与夏威夷大学马诺阿分校，华盛顿大学、苏丹王子大学和伊斯兰堡通信卫星大学间均有紧密合作。

基于深度学习的林木病虫害诊断能够更精确地识别和预测病虫害。目前，基于深度学习的林木病虫害诊断研究还存在数据不平衡和标注困难、模型泛化能力不强、数据隐私和安全保护不足等问题。因此未来需要加强对林木病虫害模型的高效性与通用性、多模态信息及数据的深入挖掘研究，如探究基于 AI 大模型的林木病虫害识别方法，集成病虫害图像、三维形态特征、遥感影像及 DNA 信息等的多模态信息融合与识别，群体学习与跨地区合作、基于病虫害区域智能监测网络的大数据分析及预警系统、模型可解释性与可视化研究等（图 1.2.9）。

表 1.2.9 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿中核心论文的主要产出国家

序号	国家	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	美国	5	27.78	436	87.20	2019.4
2	中国	5	27.78	263	52.60	2019.4
3	印度	4	22.22	196	49.00	2020.2
4	沙特阿拉伯	3	16.67	249	83.00	2021.0
5	巴基斯坦	2	11.11	219	109.50	2020.0
6	澳大利亚	2	11.11	124	62.00	2019.0
7	巴西	2	11.11	105	52.50	2020.0
8	埃及	2	11.11	90	45.00	2020.0
9	加拿大	1	5.56	123	123.00	2017.0
10	韩国	1	5.56	123	123.00	2017.0

表 1.2.10 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿中核心论文的主要产出机构

序号	机构	核心论文数	论文比例 /%	被引频次	篇均被引频次	平均出版年
1	中国矿业大学(北京)	2	11.11	122	61.00	2019.5
2	伊斯兰堡通信卫星大学	1	5.56	150	150.00	2020.0
3	苏丹王子大学	1	5.56	150	150.00	2020.0
4	华盛顿大学	1	5.56	150	150.00	2020.0
5	夏威夷大学	1	5.56	131	131.00	2018.0
6	夏威夷大学马诺阿分校	1	5.56	131	131.00	2018.0
7	首尔大学	1	5.56	123	123.00	2017.0
8	滑铁卢大学	1	5.56	123	123.00	2017.0
9	延世大学	1	5.56	123	123.00	2017.0
10	埃默里大学	1	5.56	123	123.00	2021.0

表 1.2.11 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出国家

序号	国家	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国	395	28.66	2021.2
2	印度	217	15.75	2021.5
3	美国	215	15.60	2020.9
4	沙特阿拉伯	109	7.91	2021.5
5	英国	78	5.66	2021.1
6	韩国	77	5.59	2021.1
7	巴基斯坦	76	5.52	2021.4
8	澳大利亚	62	4.50	2020.7
9	意大利	55	3.99	2020.9
10	西班牙	47	3.41	2021.4

表 1.2.12 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿中施引核心论文的主要产出机构

序号	机构	施引核心论文数	施引核心论文比例 /%	平均施引年
1	中国科学院	34	17.62	2021.4
2	伊斯兰堡通信卫星大学	25	12.95	2021.3
3	迪肯大学	17	8.81	2019.3
4	苏丹王子大学	16	8.29	2021.0
5	西北理工大学	16	8.29	2021.1
6	华盛顿大学	15	7.77	2021.9
7	诺维阿应用科学大学	14	7.25	2021.9
8	阿卜杜拉国王科技大学	14	7.25	2021.9
9	沙特国王大学	14	7.25	2021.8
10	中南大学	14	7.25	2021.4

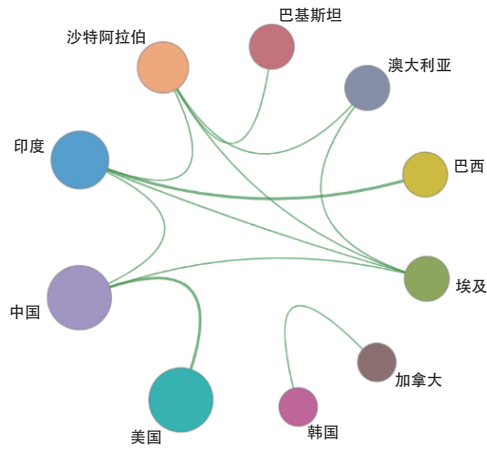


图 1.2.7 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿主要国家间的合作网络

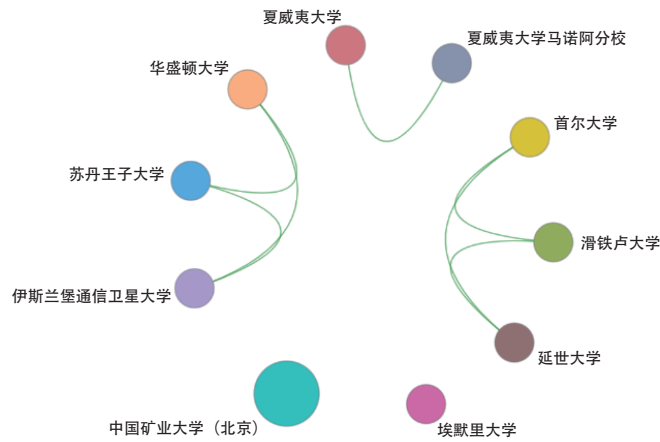


图 1.2.8 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿主要机构间的合作网络

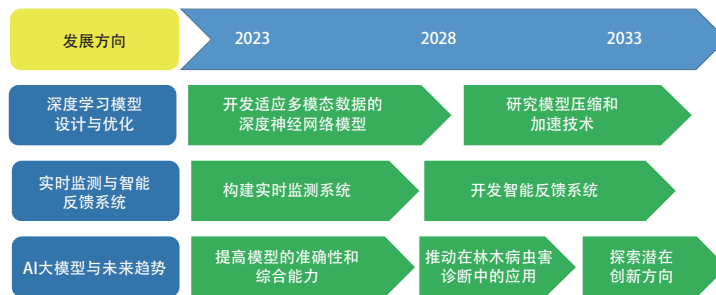


图 1.2.9 “基于深度学习的林木病虫害诊断”工程研究前沿的发展路线

## 2 工程开发前沿

### 2.1 Top 11 工程开发前沿发展态势

农业领域的 Top 11 工程开发前沿主要涉及农业绿色发展、智慧农业、农业工程等方向，并且体现多学科的交叉应用（表 2.1.1）。其中，与农业绿色发展相关的开发前沿包括“作物绿色超高产栽培技术”“基于结构生物学的绿色农药分子设计”“园艺作物高品质种质资源开发与利用”“堆肥过程有机质高效转化与污染物减控协同技术”“林木废弃物生物炼制”；与智慧农业相关的开发前沿包括“无人农场关键技术”“水产动物生态化繁育技术”；同时，基因编辑技术的深入应用是科研人员热衷的研究对象，相关研究前沿包括“畜禽基因组选配育种技术”“作物基因新型编辑器开发与应用”。各前沿涉及的核心专利 2017—2022 年公开情况见表 2.1.2。“基于结构生物学的绿色农药分子设计”的平均被引数高达 19.61，说明农业绿色

表 2.1.1 农业领域 Top 11 工程开发前沿

序号	工程开发前沿	公开量	引用量	平均被引数	平均公开年
1	作物基因新型编辑器开发与应用	4 658	63 027	13.53	2020.3
2	作物绿色超高产栽培技术	181	437	2.41	2019.7
3	园艺作物高品质种质资源开发与利用	88	137	1.56	2020.3
4	基于结构生物学的绿色农药分子设计	111	2 177	19.61	2018.8
5	堆肥过程有机质高效转化与污染物减控协同技术	797	6 983	8.76	2018.9
6	新型高效动物疫苗创制	52	119	2.29	2019.0
7	饲料的预消化发酵生物加工制备	73	76	1.04	2019.3
8	畜禽基因组选配育种技术	856	1 587	1.85	2020.0
9	无人农场关键技术	1 000	3 541	3.54	2019.7
10	林木废弃物生物炼制	46	71	1.54	2019.5
11	水产动物生态化繁育技术	52	25	0.48	2020.6

表 2.1.2 农业领域 Top 11 工程开发前沿核心专利逐年公开量

序号	前沿名称	2017	2018	2019	2020	2021	2022
1	作物基因新型编辑器开发与应用	281	455	695	807	1 128	1 292
2	作物绿色超高产栽培技术	20	24	43	23	39	32
3	园艺作物高品质种质资源开发与利用	10	10	7	7	26	28
4	基于结构生物学的绿色农药分子设计	36	18	20	14	11	12
5	堆肥过程有机质高效转化与污染物减控协同技术	176	183	187	125	65	61
6	新型高效动物疫苗创制	6	17	9	12	8	0
7	饲料的预消化发酵生物加工制备	0	23	21	15	9	5
8	畜禽基因组选配育种技术	85	106	142	138	205	180
9	无人农场关键技术	127	171	144	167	219	172
10	林木废弃物生物炼制	9	10	6	2	7	12
11	水产动物生态化繁育技术	5	1	3	5	25	13



发展近年来得到了科研人员的广泛关注。“作物基因新型编辑器开发与应用”的核心专利最多，公开量达4 658件（2022年高达1 292件），引用量高达63 027，远高于其他开发前沿。“新型高效动物疫苗创制”的核心专利最少，在2022年未出现核心专利。

### （1）作物基因新型编辑器开发与应用

基因编辑是指对生命遗传物质进行精确插入、删除或替换的遗传操作技术。基因编辑技术通过对生物体内功能基因或调控序列进行精准编辑，实现对目标基因的修复、有利基因的强化和有害基因的清除等，最终达到改进生物体功能的目的。作为当前最具颠覆性、引领性的生物育种前沿技术，基因编辑技术已成为发达国家和跨国种业公司的优先发展方向，是当前全球农业生物技术领域竞争的制高点。利用基因编辑技术，我国科学家实现了多种作物重要农艺性状的遗传改良，创制出新的优异种质。但由于基因编辑底盘核酸酶（如Cas9、Cas12a等）原始核心专利被美国等少数国外机构所垄断，我国作物基因编辑产品的产业化应用存在核心专利受制于人的潜在风险。因此，打破国外基因编辑技术底盘工具的专利垄断，挖掘具有我国自主知识产权的新型基因编辑底盘核酸酶，在作物中开发相应的基因敲除、碱基编辑、DNA片段插入和替换等基因编辑技术体系，对保障我国基因编辑技术产业安全具有重要意义。

### （2）作物绿色超高产栽培技术

作物绿色超高产栽培是指稳靠达到农田生态环境友好、资源高效利用、作物品质优良、单位面积产量可重演或突破所在区域顶级水平的栽培工程技术模式。

我国农产品需求量大，而人均耕地等资源少，因此在有限的耕地上探求作物更高的产量无疑是契合国情的基本方向。长期以来，我国在大田作物超高产栽培上已有多方面的探索，已涌现出较多高产典型，创造了不少超高产纪录。但以往多专注于单产的突破，实践中对秸秆全量还田固碳减排、肥水药剂绿色高效利用的关注不够，对超高产优质高效协同形成规律与机理也缺乏研究，形成的超高产栽培技术稳定性差，在大面积生产上难以复制与推广。因此，在新时期我国更为迫切地需要提高农产品自给率的形势下，针对上述问题深入研究大田作物绿色超高产规律与技术就显得格外重要。其核心科技问题主要包括：①大田作物绿色超高产形成规律及扩库强源畅流机理与调控途径；②绿色超高产种植方式与栽培新模式；③超高产秸秆全量无污还田土壤固碳培肥技术；④超高产体制下肥水药剂绿色高效利用机理与技术；⑤区域化绿色超高产全程机械化栽培技术集成与可复制性示范。

通过作物栽培学的自主创新及与生理学、环境生态学、信息学、机械工程学等前沿科学的交叉融合，创建中国特色作物绿色超高产栽培新理论、新技术，实现大田作物产量、品质、生产效率与生产效益的协同突破，作物综合生产能力提升30%以上，将有效推进我国作物生产现代化。

### （3）园艺作物高品质种质资源开发与利用

园艺种质资源是指携带不同种质的园艺植物的总称，包括各种园艺作物的栽培种（变种、栽培种和类型）、野生种、野生和半野生近缘种，以及人工创造的品种或品系或遗传材料等。园艺种质资源是园艺优质种质挖掘与创新、园艺作物遗传育种与产业发展的物质基础。我国是众多园艺作物的起源地，拥有丰富的园艺种质资源，但对园艺种质资源尤其是高品质资源的开发利用仍显不足。其核心技术需求主要包括：①园艺作物高品质种质资源的收集、评价与利用，建立高品质园艺作物种质资源库；②园艺作物表型的多性状、高通量、精准化鉴定技术创新与应用；③野生种质资源中高品质相关基因的挖

掘与应用技术，高品质重要基因的功能解析与调控网络；④ 通过有性杂交、物理与化学诱变、基因工程等手段，创制园艺作物高品质种质资源。相关技术的突破将极大地推动我国高品质园艺作物育种工作的发展。

#### （4）基于结构生物学的绿色农药分子设计

农药开发的传统方法是从各种化学起始物衍生出大量的先导化合物，然后直接在生物体上测试，通过设计—合成—测试—分析循环的不同轮次来进行优化，最终获得新的农药。据统计，成功开发一个新农药，需要合成 14 万个化合物，历时超过 10 年，投资近 3 亿美元，且研发成本和周期还在不断上升。而基于分子靶标的三维结构信息进行农药分子设计，能够快速地发现候选化合物，已经成为新型绿色农药研发的主流方法。在基于靶标结构的绿色农药分子设计中，主要技术方向包括以下两方面。首先，获得靶标的三维结构信息以及靶标分子与活性小分子之间的相互作用信息是进行分子设计的前提。通过分析靶标活性位点的结构特征、参与小分子结合的关键残基和不同物种靶标结构的差异性，能为高效、特异性的绿色农药设计提供基础。近年来，随着冷冻电镜等结构生物学技术的快速发展，越来越多的农药分子靶标的结构得到了解析，如几丁质合成酶、鱼尼丁受体等，但是可供使用的农药分子靶标的结构仍然较少，许多农药的分子靶标和结构信息匮乏，需要进一步推进相关的研究。其次，基于结构生物学的分子设计技术是缩短研发周期的关键。在分子设计中，需要综合考虑苗头化合物的虚拟筛选、从苗头化合物到先导化合物的优化、化合物的成药性分析、物理化学性质及毒理学性质预测、候选化合物选择等多个关键环节，构建基于结构生物学的绿色农药分子设计体系和平台。近年来，蓬勃发展的人工智能技术也为分子设计提供了新的机会，将人工智能技术与先进的分子设计方法结合，将进一步提升绿色农药创制效率。

#### （5）堆肥过程有机质高效转化与污染物减控协同技术

堆肥过程有机质高效转化与污染物减控协同是指通过人工控制，在一定的水分、物料配比和氧气浓度条件下，功能微生物将原料中的有机质发酵转变为稳定腐殖质的过程，并在这个过程中促进腐殖化进程，减少因矿化作用或者堆肥环境造成的温室气体、臭气等污染气体排放。其核心技术需求主要包括：① 筛选兼具木质纤维素降解与腐殖质合成功能的微生物，研发以生物炭为载体的复合微生物菌剂，实现堆肥过程有机质定向腐殖化与污染气体减排协同；② 基于以废治污理念，筛选不同堆肥阶段调控腐殖化与污染物减控最为适宜的添加材料，进而构建并优化分阶段材料介导技术体系，实现堆肥过程靶向调控；③ 探明物理材料、化学材料、生物材料等外源材料介导的污染气体排放微生物驱动机制，阐明污染物排放规律，创新污染气体靶向调控与养分固持技术；④ 研发膜堆肥供风系统、监测系统、远程控制装备和系统，创新纳米多孔碳支架薄膜等在内的智能膜材料。相关技术的突破是保障国家农业有机废弃物安全资源化利用的关键，将为农业资源生态开发提供技术支撑和解决方案。

#### （6）新型高效动物疫苗创制

动物疫苗是一种用于保护动物免受特定疾病或病原体感染的生物制剂。通过引入灭活或致弱的病原体、部分组分或遗传信息，激活动物的免疫系统产生免疫保护反应，以提高动物对疾病的抵抗力。我国当前畜牧业养殖规模、饲养密度持续增长，伴侣动物数量增多，重大动物疫病和人兽共患病严重危害行业稳定发展与人类健康，而高效安全的疫苗免疫是疫病防控的核心手段之一。相较于欧美发达国家，我国在动物新型疫苗原创技术平台、抗原筛选与递送、佐剂制备上创新水平相对不足，提升空间较大。当

前该领域技术方向和发展趋势主要包括：新型疫苗筛选和递送通用技术研发；动物新型疫苗精准靶位筛选与设计；兼具安全性和有效性的黏膜免疫疫苗、亚单位疫苗、基因缺失标志疫苗、多表位疫苗、活载体疫苗、核酸疫苗、转基因植物可饲疫苗等新型疫苗开发；可区分野毒感染与免疫的疫苗策略及配套鉴别诊断试剂盒研发；完善的动物疫病监测和疫苗免疫效果评价体系构建；动物疫苗高效低成本的制备工艺、稳定保存等产业化关键技术的自主开发等。相关技术的突破将为国家重大动物疫病的防控以及净化根除提供技术支撑和解决方案。

#### （7）饲料的预消化发酵生物加工制备

饲料预消化技术是低抗、无抗饲养和个性化特色畜产品市场需求增加的必然结果。饲料的生物预消化发酵是通过酶解或微生物发酵技术对饲料进行预消化，将大分子营养物质降解为易被动物吸收的小分子物质，降低饲料中的有毒有害物质和抗营养因子，改善饲料适口性，增加饲料中粗蛋白质含量，提高饲料营养物质消化吸收效率，促进畜禽高效生长。饲料的预消化发酵生物加工制备体系主要包括：① 解析预消化饲料原料特性，依据原料空间结构和化学键类别判断其潜在消化关键点，明确所需关键酶；② 筛选优质安全的发酵菌株，深入研究其产酶种类与特性，挖掘产酶基因并调控高效表达，包括菌酶协同等；③ 优化发酵工艺，调控温度、pH 值、时间等发酵条件，创造良好的发酵环境，充分发挥酶的高催化效率与潜质；④ 评价应用效果，通过体内外、多层次畜禽养殖和验证试验，多层次评估预消化发酵产物的有效性和安全性。开发安全健康、高效环保的新型饲料产品，对促进畜禽养殖业高效可持续发展、提高畜牧业经济效益具有重要意义。

#### （8）畜禽基因组选配育种技术

畜禽基因组选配（genomic mating, GM）育种技术是指利用待选种用个体的基因组信息实施优化的选种和选配，可以控制群体近交的增长速率，实现长期且可持续的遗传进展。随着基因组选择技术的发展，在追求性状极致遗传进展的同时，群体的遗传多样性显著降低，限制了其他性状的选择空间，同时造成高产动物之间的亲缘系数较高，存在近交衰退的风险。由此，基于基因组信息的最优化选配技术逐渐受到重视。利用基因组信息，在控制近交、保持群体遗传多样性和最大化遗传进展等方面综合考虑，制定可持续选择的育种规划。目前，美国奶牛育种理事会已在奶牛群体中开展基因组选配的应用，相较于随机交配，基因组选配技术可使母犊牛价值提高 78 美元/头。利用 GM 实现种用动物的优化选择与选配，既需要考虑种用动物自身的遗传，也需要考虑配偶间的遗传关系和互补性，以及一些品种特有的特征和特性，从而使群体遗传杂合度的降低、近交系数的增加以及选择世代间遗传背景基因频率的改变都最小化。因此，GM 是一个非常复杂的问题。目前的研究大多考虑单一性状的加性遗传效应，多性状系统以及非加性遗传效应将是未来的研究方向。除优化选配方案外，GM 方法还可以应用于以下方面：① 发现未知的祖先或纠正不准确的家系；② 估计杂交动物或确认品种纯度的品种构成；③ 在基因组水平避免近交和估计非加性遗传效应；④ 发现和监测新的缺陷或经济性状的个体；⑤ 预测高产或低产个体出现的概率等多种情形或应用领域。GM 适用于在珍稀甚至濒危地方物种中构建 GM 核心育种体系，也可用于构建高产动物 GM 核心育种体系，这将为在优化选育中推广并应用 GM 奠定技术基础。

#### （9）无人农场关键技术

目前，我国农村劳动力老龄化、女性化、副业化日趋严重，“谁来种地”已成为我国农业和世界农业共同面临的问题。实践证明，采用智能农机和智慧决策管理等无人农场技术，可以大幅度提高劳动生产率、

土地产出率和资源利用率。解决“谁来种地”的有效途径是发展智慧农业，无人农场则是实现智慧农业的重要途径。无人农场关键技术包括：① 数字化感知技术，包括无人农场的作业环境、作业对象和作业机械信息的精准感知技术，以及实现全环节、全流程数字化的物联网技术；② 智能化决策技术，结合大数据、云计算、人工智能等技术，开展数据挖掘、知识发现等技术研究，实现农场生产决策智能化；③ 精准化作业技术，包括智能农机装备技术、多机协同技术、自动驾驶技术和精准作业技术，实现无人化智能装备自主精准作业；④ 智慧化管理技术，包括农作物生长管理、农机管理和农场管理，实现农业生产耕、种、管、收高效协同作业以及农场生产全流程智慧化管理。无人农场关键技术的突破将为解决“谁来种地”的问题提供技术支撑和解决方案，加快无人农场规模化应用，促进智慧农业发展。

#### （10）林木废弃物生物炼制

林木废弃物生物炼制，又称林木生物质炼制（相较于石油炼制而言），是以木材采伐和加工过程产生的废弃木质纤维生物质为原料，采用热化学、生物等处理方法生产液体燃料（燃料乙醇、生物柴油等）、平台化学品（糠醛、糠醇等）、饲料添加剂、生物基材料等产品的技术，包括生物转化和热化学转化两条路线。生物转化是以微生物或酶为催化剂，结合工业生物技术手段，将生物质绿色化转化的技术，其主要研究方向包括：以黄酮类、单宁类、萜类、苯丙素类等活性组分为主的林源次生代谢产物提取、分离和利用技术；以乳酸、乙二醇、丁二酸、呋喃二甲酸等材料前驱单体开发为主的制备技术；以生物天然气、纤维素乙醇、丁醇等燃料化学品制备为主的燃料制备技术。热化学转化是以热解、液化、气化等方式实现木质纤维转化的技术，其主要研究方向包括：以高品质燃气、先进碳材料前驱体等制备的热解气碳联产技术；以糠醛、酚类等平台化学品及液体燃料等制备的液化技术；以平台化学品为单体或以纤维素、木质素等为基体的生物基功能材料制备技术。近年来，随着生物炼制技术革新，我国在基础理论创新、关键核心及前瞻技术储备等方面存在不足，未来行业发展的主要方向包括：① 以原料利用多元化、转化体系高效化和产品高值化为主要目标，从可再生原料到终端产品的全产业链技术体系构建；② 研发生物转化及热化学转化交叉耦合技术，及其关键装备开发与技术体系构建。

#### （11）水产动物生态化繁育技术

水产动物生态化繁育技术是指通过减少人为操作，模拟自然产卵环境，维护亲本的动物福利，减少亲本损耗，使亲本可重复利用，做到“模拟自然，少人操作”。其理念是力求让水产动物在模拟的生态环境下自然受精，少用或者不用激素催产，尽量少人为干预收集精子和卵子，让水产动物繁育回归自然。近年来，随着养殖产业的迅猛发展，我国水产动物苗种需求急剧增长，而传统的繁育操作不利于亲本的持续性利用，带来巨大的经济损失，也不利于动物福利；此外，人工激素的使用不仅影响水产动物正常的生理活动，同时也带来环境污染的风险。因此，开展水产动物生态化繁育是产业向绿色生态化转型的重要策略。水产动物生态化繁育的核心技术包括：① 生态化亲本培育技术；② 模拟自然生态条件催产和受精；③ 生态化孵化和苗种培育。相关技术的突破将促进水产动物繁育向生态化转型，推动生态渔业高质量发展。

## 2.2 Top 3 工程开发前沿重点解读

### 2.2.1 基于结构生物学的绿色农药分子设计

基于结构生物学的绿色农药分子设计主要是指利用农药分子靶标的三维结构信息，理性地、精准地设

计开发绿色农药。绿色农药创制是一项十分复杂的多学科交叉集成的系统工程，具有投资大、周期长和风险高的特点。据统计，利用传统方法成功开发一种新农药，需要合成 14 万个化合物，历时超过 10 年，投资近 3 亿美元，而且近年来研发成本和周期还在不断上升。如果能够通过结构生物学的方法获得靶标的关键位点信息，结合计算机辅助药物设计方法对关键位点进行高通量的虚拟筛选和精准设计候选化合物，就能缩短研发周期、降低研发成本。

蛋白质的结构生物学和计算机辅助药物设计研究始于 20 世纪 60 年代，将两种技术结合形成基于结构生物学的药物设计最初主要应用在医药开发，在农药领域的应用较晚。然而，自 2013 年 Lamberth 等在 *Science* 上发表的文章《Current challenges and trends in the discovery of agrochemicals》中指出“Structure-based design is a growing discipline within crop protection research（基于结构的农药设计是作物保护研究领域中的一门不断发展的学科）”以来，基于结构生物学的绿色农药分子设计已经成为新农药创制的主流方法，并成功创制了一批新型的绿色农药。例如，基于琥珀酸脱氢酶（SDH）的结构，通过药效团连接碎片虚拟筛选方法（PFVS），设计开发了对水稻纹枯病、马铃薯晚疫病等具有良好防效的氟苯醚酰胺和氯苯醚酰胺；基于对羟基苯基丙酮酸双氧化酶（HPPD）的结构，通过靶向结合口袋关键残基 Gln293 构象变化的分子设计策略，开发了具有全新骨架结构的除草剂喹草酮和甲基喹草酮；基于脱落酸（ABA）受体结构，通过虚拟筛选的方式，筛选到了新的 ABA 受体激动剂 Opabactin（OP）。因此，基于结构生物学的绿色农药分子设计已在农药研发领域占据重要地位，并取得了许多成功的案例，这一方法的应用为寻找高效、环境友好的农药提供了新思路和工具。

基于一个分子靶标的结构，可以设计开发出数十种乃至上百种农药。以杀虫剂为例，目前全球超过 80% 的杀虫剂是基于四个结构明确的分子靶标开发的，分别是烟碱乙酰胆碱受体、乙酰胆碱酯酶、GABA 门控氯离子通道和压控钠离子通道。近年来，冷冻电镜技术和人工智能技术的兴起，为基于结构生物学的绿色农药分子设计与开发带来了前所未有的机遇。冷冻电镜技术的应用使得许多之前难以研究的农药分子靶标的结构得到了解析，如苯甲酰脲类农药的潜在靶标几丁质合成酶以及双酰胺类农药的靶标鱼尼丁受体。这一技术的突破使得我们能够更深入地了解农药与靶标之间的相互作用，为农药设计提供了更准确的基础。此外，人工智能技术不仅能够用于靶标结构的预测，还为农药分子设计方法的迭代和创新注入了新的活力，这一技术的发展有望进一步加快农药创制的进程。综上所述，冷冻电镜技术和人工智能技术的发展为基于结构生物学的绿色农药设计与开发提供了巨大的推动力。随着这些技术的不断进步和应用，我们可以期待更多高效、环境友好的农药的创制，为农业生产和环境保护做出积极贡献。

“基于结构生物学的绿色农药分子设计”相关核心专利的主要产出国家、主要产出机构、主要国家间的合作网络和主要机构间的合作网络分别见表 2.2.1、表 2.2.2、图 2.2.1 和图 2.2.2。核心专利公开量排名前三的国家是美国（54 件，占比为 48.65%）、丹麦（24 件，占比为 21.62%）和德国（16 件，占比为 14.41%）。中国有 7 件专利，排名第五，占比为 6.31%。美国、丹麦、瑞典、德国和澳大利亚之间有合作关系，其他国家间没有合作。核心专利产出最多的机构是诺维信公司（29 件），加利福尼亚大学和拜耳公司分别排在第二和第三位。被引数比例排名前四的机构是诺维信公司（50.44%）、加利福尼亚大学（13.64%）、Concentric Ag 公司（7.58%）和 Inocucor 科技公司（7.58%）。平均被引数最高的机构是诺维信公司，达到 37.86。拜耳公司与巴斯夫股份公司，英国环境、食物及乡郊事务部与杜伦大学，Concentric Ag 公司与

表 2.2.1 “基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿中核心专利的主要产出国家

序号	国家	公开量	公开量比例 /%	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	美国	54	48.65	1 064	48.87	19.70
2	丹麦	24	21.62	944	43.36	39.33
3	德国	16	14.41	146	6.71	9.12
4	英国	8	7.21	41	1.88	5.12
5	中国	7	6.31	21	0.96	3.00
6	澳大利亚	3	2.70	47	2.16	15.67
7	比利时	2	1.80	42	1.93	21.00
8	新西兰	2	1.80	0	0.00	0.00
9	加拿大	1	0.90	33	1.52	33.00
10	瑞典	1	0.90	10	0.46	10.00

表 2.2.2 “基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿中核心专利的主要产出机构

序号	机构	公开量	公开量比例 /%	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	诺维信公司	29	26.13	1 098	50.44	37.86
2	加利福尼亚大学	10	9.01	297	13.64	29.70
3	拜耳公司	10	9.01	87	4.00	8.70
4	巴斯夫股份公司	9	8.11	113	5.19	12.56
5	纳幕尔杜邦公司	9	8.11	79	3.63	8.78
6	英国环境、食物及乡郊事务部	8	7.21	41	1.80	5.12
7	杜伦大学	8	7.21	41	1.88	5.12
8	AgroSpheres 公司	7	6.31	84	3.86	12.00
9	Concentric Ag 公司	5	4.50	165	7.58	33.00
10	Inocucor 科技公司	5	4.50	165	7.58	33.00

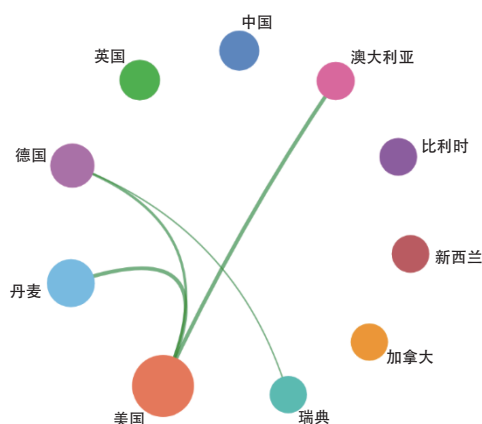


图 2.2.1 “基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿主要国家间的合作网络

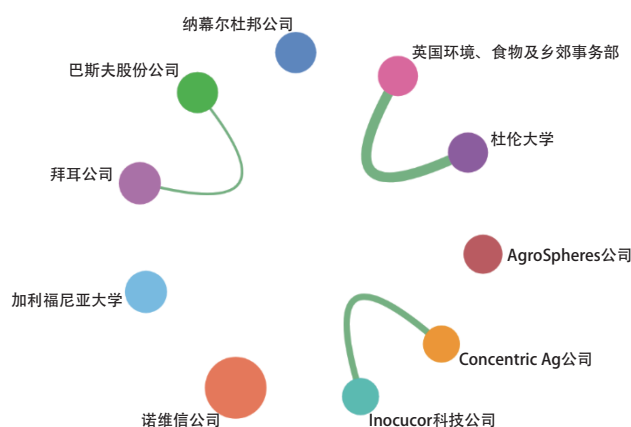


图 2.2.2 “基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿主要机构间的合作网络



图 2.2.3 “基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿的发展路线

Inocucor 科技公司之间有合作关系。

图 2.2.3 为“基于结构生物学的绿色农药分子设计”工程开发前沿的发展路线。未来 10 年，该工程开发前沿有望在以下两个方面取得进展。一是技术创新。随着人工智能、计算机辅助技术和大数据等新兴技术的不断发展，基于结构生物学的绿色农药分子设计领域也在不断创新。例如，可以利用人工智能和计算机辅助技术来开发新的农药分子设计方法和合理药物设计新平台；基于计算机辅助设计平台，构建覆盖广泛化学空间的小分子化合物库和发展高通量筛选方法，设计出具有易于修饰和衍生的新型农药分子骨架。二是环境保护。绿色农药分子设计也需要考虑对环境的影响。例如，可以通过开发基于靶标抗性预测的药物合理设计新方法，从源头上降低新农药创制抗性和交互抗性的风险。此外，还可以通过研究农药在环境中的代谢行为和代谢产物的安全性，以及代谢半衰期等因素来评估农药分子的环境安全性。总之，基于结构生物学的绿色农药分子设计领域在不断创新和发展，旨在通过技术创新和环境保护来实现更安全、更高效、更环保的农药生产。这一领域仍然面临着许多挑战，需要不断探索和创新才能取得更大的进展。

## 2.2.2 饲料的预消化发酵生物加工制备

饲料预消化技术是低抗、无抗饲养和个性化特色畜产品市场需求增加的必然结果。饲料的生物预消化发酵是通过酶解或微生物发酵技术对饲料进行预消化，将大分子营养物质降解为易被动物吸收的小分子物质，降低饲料中的有毒有害物质和抗营养因子，改善饲料适口性，增加饲料中粗蛋白质含量，提高饲料营

养物质消化吸收效率，促进畜禽高效生长。预消化饲料既有蛋白原料（发酵豆粕、发酵棉籽蛋白、烘爆大豆、水解鱼蛋白粉、棉籽酶解蛋白、小麦水解蛋白），又有能量原料（烘爆玉米、预糊化大米），是饲料产品的重要组成部分。按照饲料产品产值的 20% 计算，预消化原料产值的潜力高达 2 000 亿元。

我国饲料预消化发酵技术的发展历程大体可概括为三个阶段：第一阶段，20 世纪 80 年代的糖化饲料、青贮饲料等；第二阶段，20 世纪 90 年代将益生菌制成菌剂作为饲料添加剂加入基础日粮中；直到发展到现第三阶段的微生物发酵预消化饲料。近些年来，由于畜产品的社会需求量大大增加，造成优质蛋白质饲料原料缺乏以及长期使用抗生素产生的危害日益凸显，饲料预消化发酵技术得到了迅速发展。目前饲料预消化发酵在畜牧生产中已经开展了广泛的研究和应用，如在日粮中添加乳酸菌发酵液体饲料、葡萄皮发酵饲料等能够改善猪的肠道健康，提高生长性能；在蛋鸡养殖中，基础日粮中添加豆粕蛋白发酵饲料能够增加产蛋率、降低料蛋比和粪便中氨气的浓度。

饲料的预消化发酵生物加工制备体系主要包括：① 解析预消化饲料原料特性，依据原料空间结构和化学键类别判断其潜在消化关键点，明确所需关键酶；② 筛选优质安全的发酵菌株，深入研究其产酶种类与特性，挖掘产酶基因并调控高效表达，包括菌酶协同等；③ 优化发酵工艺，调控温度、pH 值、时间等发酵条件，创造良好的发酵环境，充分发挥酶的高催化效率与潜质；④ 评价应用效果，通过体内外、多层次畜禽养殖和验证试验，多层次评估预消化发酵产物的有效性和安全性。开发安全健康、高效环保的新型饲料产品，对促进畜禽养殖业高效可持续发展、提高畜牧业经济效益具有重要意义。

“饲料的预消化发酵生物加工制备”相关核心专利的主要产出国家和机构分别见表 2.2.3 与表 2.2.4。核心专利公开量排名前三的国家是中国（64 件，占比为 87.67%）、美国（6 件，占比为 8.22%）和韩国（2 件，占比为 2.74%）。各主要产出国家间没有合作关系。核心专利产出最多的机构是 Locus IP 公司（4 件），青岛农业大学排在第二位（2 件），其他机构核心专利产出均为 1 件。被引数比例排名前四的机构是 Locus IP 公司（10.53%）、纳幕尔杜邦公司（6.58%）、中国水产科学研究院淡水渔业研究中心（6.58%）和南京市水产科学研究所（6.58%）。平均被引数最高的机构是纳幕尔杜邦公司、中国水产科学研究院淡水渔业研究中心和南京市水产科学研究所，均为 5.00。南京市水产科学研究所与中国水产科学研究院淡水渔业研究中心有合作关系，其他机构间无合作关系（图 2.2.4）。图 2.2.5 为“饲料的预消化发酵生物加工制备”工程开发前沿的发展路线。

表 2.2.3 “饲料的预消化发酵生物加工制备”工程开发前沿中核心专利的主要产出国家

序号	国家	公开量	公开量比例 /%	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	中国	64	87.67	62	81.58	0.97
2	美国	6	8.22	13	17.11	2.17
3	韩国	2	2.74	0	0.00	0.00
4	斯洛伐克	1	1.37	1	1.32	1.00



表 2.2.4 “饲料的预消化发酵生物加工制备”工程开发前沿中核心专利的主要产出机构

序号	机构	公开量	公开量比例 %	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	Locus IP 公司	4	5.48	8	10.53	2.00
2	青岛农业大学	2	2.74	1	1.32	0.50
3	纳幕尔杜邦公司	1	1.37	5	6.58	5.00
4	中国水产科学研究院淡水渔业研究中心	1	1.37	5	6.58	5.00
5	南京市水产科学研究所	1	1.37	5	6.58	5.00
6	杭州更蓝生物科技有限公司	1	1.37	3	3.95	3.00
7	河北省农林科学院旱作农业研究所	1	1.37	3	3.95	3.00
8	开封嘉骏生物科技有限公司	1	1.37	3	3.95	3.00
9	深圳合民生物科技有限公司	1	1.37	3	3.95	3.00
10	湖北希普生物科技有限公司	1	1.37	2	2.63	2.00

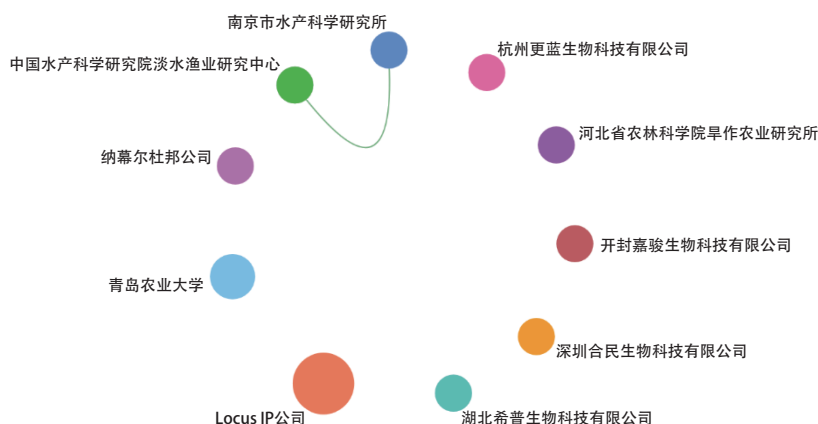


图 2.2.4 “饲料的预消化发酵生物加工制备”工程开发前沿主要机构间的合作网络

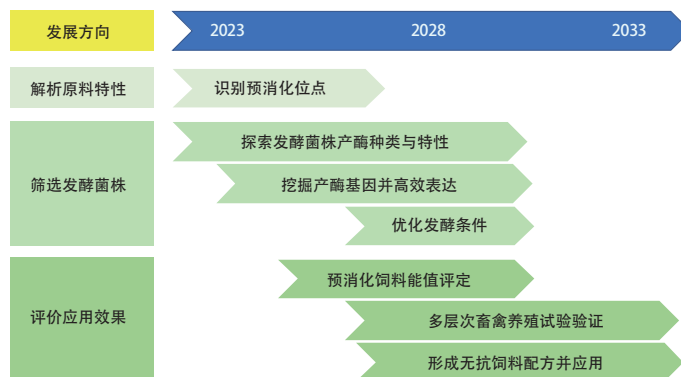


图 2.2.5 “饲料的预消化发酵生物加工制备”工程开发前沿的发展路线

### 2.2.3 水产动物生态化繁育技术

水产动物为人民群众提供了重要的优质蛋白质和优质脂肪。近年来开展的鱼类、贝类、虾蟹类等育种工作,不仅大大提高了产量,同时也提升了养殖产品的品质。随着人民群众对优美生态环境需求的日益增长,水产动物繁育亟须由传统方法向生态化转型。例如,我国养殖产量最大的草鱼在繁殖过程中需要进行激素催产和人工授精。在此过程中有可能损伤亲鱼内脏,也易造成皮肤感染,造成大量亲鱼产后死亡,不利于亲鱼的持续性利用,带来巨大的经济损失,也不利于动物福利;此外,人工激素的使用不仅影响鱼类正常的生理活动,同时也带来环境污染的风险。水产动物生态化繁育的目的是通过减少人为操作,模拟自然产卵环境,维护亲本的动物福利,减少亲本损耗,使亲本可重复利用,做到“模拟自然,少人操作”。相较于传统繁育技术,生态化繁育起步较晚。目前尝试的多种生态化繁育方案已经获得部分进展,有效地保护了优质亲本资源。生态化繁育的目标是通过模拟自然生态化的繁育条件,力求让水产动物在模拟生态环境下自然受精,少用或者不用激素催产,少用人为干预以收集精子和卵子,让水产动物繁育回归自然。

水产动物生态化繁育的优势主要表现在以下方面。① 亲本损伤低。相比于传统的人工繁育,水产动物生态化繁育仅仅需要构建亲本原生环境,少用或者不用人工激素,尽量避免采用人工干预授精,可以使亲本损失降到最低。② 环境友好。动物生态化繁育技术在繁殖过程中严格控制催产激素的用量,避免对环境造成负担。③ 成本较低。提高了亲本在催产后的存活率,为后续的繁育保存了大规模的亲本资源,且动物生态化繁育技术仅需要少量的人工操作,降低了人力成本。④ 动物福利。传统繁育技术涉及的人工操作较多,而生态化繁育技术通过拟生态化发展,有益于保障鱼类福利。综上,水产动物生态化繁育特别适合亲本资源宝贵的养殖品种,是推动绿色发展、符合生态文明建设要求的重要技术手段,是具有巨大潜力的水产动物繁育策略。

水产动物生态化繁育是随着生态、环保理念兴起而出现的新技术和研究热点,已经在部分水产动物繁育中开展研究,并取得了重要进展。然而,由于发展时间较短,其尚处于初级阶段。自2020年以来,水产动物生态化繁育领域有近52项成果发表,这些研究多集中于部分可以在人工养殖条件下自主排卵、受精的物种等。而对于需要人工催产的物种特别是鱼类的研究鲜有报道,其滞后原因包括:大多数良种场繁育工作研究人员和操作人员适应了高强度、高产出的苗种产出操作,为了追求短期的利益,忽略了生态效益;对水产动物生态化繁育的理念认识较为薄弱,未能开展相应的系统研究;水产养殖物种较多,对每一物种开展相关研究并建立生态化繁育技术体系需要较长期的研究,而生态化繁育研究起步较晚。

为克服困难促进水产动物生态化繁育技术发展,目前亟须:① 开展生态化繁育技术研究,突破技术瓶颈,针对重点养殖物种,明确生态化繁育条件的关键因子、参数,最终形成低成本、标准化、易操作的生态化繁育技术流程;② 构建生态化繁育技术体系,在建立生态化繁育技术流程的基础上,进一步开展小试和中试,根据不同物种、地域、养殖模式进行规模化试验,取得系统的生态化繁育模式;③ 在主要繁育基地、苗种场开展生态化繁育技术示范推广,建立高质量的生态化繁育苗种场,为实施水产动物生态化繁育技术推广提供标准化的范例。此外,由于繁育工作涉及亲本、子代、人工等消耗,需要大量的资金投入,应促进研究机构和育种公司进行长期稳定的合作和投入。

“水产动物生态化繁育技术”相关核心专利主要产出国家和主要产出机构分别见表2.2.5、表2.2.6。各主要产出机构间无合作。图2.2.6为“水产动物生态化繁育技术”工程开发前沿的发展路线。

表 2.2.5 “水产动物生态化繁育技术”工程开发前沿中核心专利的主要产出国家

序号	国家	公开量	公开量比例 /%	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	中国	52	100	25	100	0.48

表 2.2.6 “水产动物生态化繁育技术”工程开发前沿中核心专利的主要产出机构

序号	机构	公开量	公开量比例 /%	被引数	被引数比例 /%	平均被引数
1	安徽省农业科学院水产研究所	2	3.85	0	0.00	0.00
2	深圳市兴日生实业有限公司	2	3.85	0	0.00	0.00
3	重庆文理学院	1	1.92	4	16.00	4.00
4	江苏粤海饲料有限公司	1	1.92	4	16.00	4.00
5	浙江省海洋水产养殖研究所	1	1.92	4	16.00	4.00
6	华南农业大学	1	1.92	3	12.00	3.00
7	西南大学	1	1.92	2	8.00	2.00
8	天津市水产研究所	1	1.92	2	8.00	2.00
9	绵阳市安州区新民农业科技有限公司	1	1.92	1	4.00	1.00
10	青岛瑞滋海珍品发展有限公司	1	1.92	1	4.00	1.00

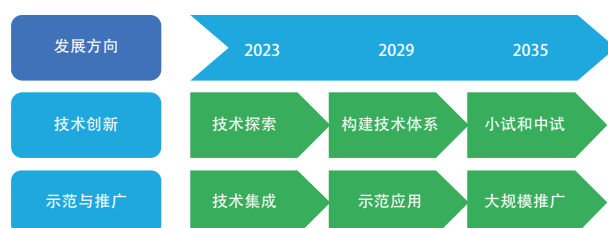


图 2.2.6 “水产动物生态化繁育技术”工程开发前沿的发展路线

## 领域课题组成员

课题组组长：张福锁

专家组：

陈建 陈威 陈源泉 戴景瑞 戴兆来 董朝斌 付梦姣 高辉 高元鹏 郭伟龙 韩丹丹  
 韩建永 韩军 郝格非 胡炼 胡群 胡小平 胡雅杰 李道亮 李德发 李虎 李九玉  
 李天来 李扬阳 刘德俊 刘军 刘俊 刘少军 刘伟 刘杨 罗锡文 齐明芳 沈建忠  
 汤陈宸 王桂荣 王晖 王军辉 王军军 王奎 王小艺 韦维 魏海燕 魏可 吴孔明

武振龙 叶俊 臧英 张福锁 张海鹏 张洪程 张守攻 张帅 张小兰 张彦龙 张涌  
赵金标 周磊 周毅 朱齐超

课题组:

初晓一 董朝斌 郜向荣 韩丹丹 胡盼 李红军 李云舟 刘德俊 刘军 刘晓娜 刘杨  
齐明芳 师丽娟 孙会军 王军军 姚银坤 臧英 张海鹏 赵杰 周丽英 周毅 朱齐超

执笔组:

陈建 陈威 董朝斌 戴兆来 付梦姣 高辉 高元鹏 郭伟龙 韩丹丹 郝格非 胡炼  
胡小平 胡雅杰 胡群 刘军 刘俊 刘伟 刘杨 李虎 李九玉 李扬阳 罗锡文  
齐明芳 王桂荣 王军军 王奎 王小艺 韦维 魏海燕 魏可 武振龙 叶俊 张福锁  
张洪程 张帅 张彦龙 张涌 赵金标 周磊 周毅