

麻类作物特色资源的创新与利用

粟建光¹, 戴志刚¹, 杨泽茂¹, 唐 靖¹, 谢冬微^{1,2}, 陈基权¹, 许 英¹, 徐建堂³,
张利国², 龚友才¹, 宋宪友², 程超华¹, 邓灿辉¹

(¹ 中国农业科学院麻类研究所, 长沙 410205; ² 黑龙江省农业科学院经济作物研究所, 哈尔滨 150086; ³ 福建农林大学, 福州 350002)

摘要: 总结了近5年来我国麻类作物资源收集保存、鉴定创新、分发利用的成绩, 重要农艺性状基因的定位和挖掘及其分子机理解析的新发现, 介绍了功能性叶用黄麻、强重金属吸附黄麻和药用工业大麻等特色资源的挖掘、创制和产业化创新应用现状和前景, 期望麻类种质资源研究能更好地服务麻类产业和区域经济发展、精准扶贫和乡村振兴。

关键词: 麻类; 特色资源; 创新; 利用

Innovation and Utilization of Characteristic Germplasm for Bast Fiber Crops

SU Jian-guang¹, DAI Zhi-gang¹, YANG Ze-mao¹, TANG Qing¹, XIE Dong-wei^{1,2},
CHEN Ji-quan¹, XU Ying¹, XU Jian-tang³, ZHANG Li-guo², GONG You-cai¹,
SONG Xian-you², CHENG Chao-hua¹, DENG Can-hui¹

(¹ Institute of Bast Fiber Crops, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410205; ² Institute of Cash Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086; ³ Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002)

Abstract: This report summarizes the achievements of collection, conservation, identification, innovation, distribution and utilization of bast fiber crop germplasms in China in the past five years. The mapping of important agronomic genes and deciphering of their molecular mechanism were described. The current status and future prospective of characteristic medicinal hemp and jute with functional leaf and high adsorption capacity for heavy metals are also reviewed. We believe that the theoretical and applied research of bast fiber germplasm have potential for serving the industries, the regional economic development, the targeted poverty alleviation and the rural revitalization.

Key words: bast fiber crops; characteristic germplasm; innovation; utilization

种质资源是农业种业创新发展的“芯片”, 是加快实现我国种业跨越式发展的物质基础。近年来, 依托“国家麻类种质资源中期库”和“国家苧麻种质资源圃”两个国家级创新平台, 在国家科技支撑计划、国家麻类产业技术体系、国家自然科学基金、农业部物种资源保护和中国农业科学院科技创新工

程等的支持下, 麻类资源研究实现了整体跃升, 资源收集和遗传多样性拓展稳步发展, 重要性状功能基因的定位和发掘取得重要进展, 特色种质挖掘创制和产业化应用取得了一些原创性成果, 应用领域广泛拓展, 为服务麻类产业和区域经济发展、精准扶贫和乡村振兴作出了应有的贡献。

收稿日期: 2018-09-13 修回日期: 2018-11-16 网络出版日期: 2018-11-21

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20181120.1447.001.html>

第一作者研究方向为麻类等南方经济作物种质资源创新与利用, E-mail: jgsu@vip.163.com

基金项目: 中国农业科学院科技创新工程 (CAAS-ASTIP-2017-IBFC01); 农业部作物种质资源保护与利用专项 (2016NWB044); 国家麻类种质资源平台 (NICGR2016-013); 国家麻类产业技术体系建设 (CARS-19-E01)

Fundation project: Science and Technology Innovation Project of Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS-ASTIP-2017-IBFC01), Special protection and utilization of Crop Germplasm Resources in Ministry of Agriculture (2016NWB044), National platform for germplasm resources of bast fiber (NICGR2016-013), Construction of technical system for national bast fiber crops industry (CARS-19-E01)

1 收集保存与遗传多样性拓展

至2017年12月底,国家麻类中期库收集保存麻类资源14795份(表1),来源于67个国家或地区,分属5科7属68种(含亚种或变种),成为全球资源数量最多、遗传多样性最丰富和研究最系统的

麻类资源研究中心。国内资源9961份,占67.37%,国外引进资源4825份,占32.63%;苧麻2058份、红麻2175份、黄麻2237份、亚麻6847份、大麻883份、青麻298份、黄秋葵297份,红麻、苧麻位居世界第一,黄麻仅次于印度和孟加拉居第三位,亚麻、大麻位居世界前列^[1-2]。

表1 我国麻类种质资源保存种类及数量(至2017年12月底)

Table 1 The species and quantity of conservative germplasm for bast fibers in China (Until the end of December 2017)

作物 Crop	植物学分类 Botanical classification	物种 Species	份数 Quantity	占比(%) Proportion
苧麻	荨麻科 Urticaceae 苧麻属 <i>Boehmeria</i> Jacq.	27	2058	13.92
红麻	锦葵科 Malvaceae 木槿属 <i>Hibiscus</i> L.	14	2175	14.71
黄麻	椴树科 Tiliaceae 黄麻属 <i>Corchorus</i> L.	12	2237	15.13
亚麻	亚麻科 Linaceae 亚麻属 <i>Linum</i> L.	8	6847	46.31
大麻	大麻科 Cannabinaceae 大麻属 <i>Cannabis</i> L.	2	883	5.97
青麻	锦葵科 Malvaceae 青麻属 <i>Abutilon</i> Mill.	2	298	2.01
黄秋葵	锦葵科 Malvaceae 秋葵属 <i>Abelmoschus</i> Medik.	3	297	2.01
合计 Total		68	14795	100

近5年,通过收集和国外引种,新增麻类资源1347份,其中国内1030份、国外317份,如菜用黄麻福农5号、鄱阳秋葵、保健用的巴马火麻、药用兼观赏用的黄蜀葵、观赏用的红花亚麻和箭叶秋葵等。新增3个物种或变种,即野生大麻变种(*Cannabis sativa* ssp. *Sativa* var. *spontanea* Vavilov)、箭叶秋葵(*Abelmoschus sagittifolius* (Kurz) Merr.) 和黄蜀葵(*Abelmoschus manihot* (L.) Medik.)。

2 鉴定创新与分发利用

在海南海口和三亚、湖南长沙和沅江、福建福州和漳州、甘肃兰州和敦煌、黑龙江哈尔滨和大庆等10个地点开展了麻类种质资源的鉴定评价与繁种试验,近5年补充完善资源的性状鉴定数据19万多个,编目和繁种入国家长期库保存2562份、入麻类中期库2500份。

通过鉴定评价,挖掘和创制优异或特色种质资源79份,如中饲苧1号等粗蛋白含量18.0%以上的饲用苧麻种质6份,对红麻根结线虫免疫或高抗($0 \leq DI \leq 3.57$)的H006、H016、H017、H220等9份种质,红麻耐盐种质(盐害指数 $\leq 19.9\%$)中福红1号、中福红2号等6份,胡麻抗旱种质(加权抗旱系数 ≥ 0.687)定西17号、宁亚19号、定西18号、民乐红胡麻、晋亚3号等29份,黄麻耐盐种质(盐害指数 $\leq 33.2\%$)O-3、BL/042C、070-36和YA/046CO等8份,强金属强吸附黄麻种质(离子去除率 $\geq 96\%$)帝王菜1号、Y05-02和中黄麻4号等

6份,亚麻高木酚素种质y0314-2-4、双亚4等5份,大麻高CBD种质(THC低于0.3%,CBD高于4%)DMG231、DMG240、DMG227等10份^[2]。

为促进资源更好地服务于麻类科研、育种和产业发展,近5年累计向中国科学院地质所、华中农业大学、广西大学、中国农科院油料所、山西农科院、新疆农科院、大庆科学院等43家单位分发种质3300份次,田间展示优异种质资源60份(300份次),现场参观人数达1000人次,现场分发种质材料300份次以上。支撑了国家现代农业产业技术体系、国家科技支撑计划、国家自然科学基金项目、农业行业专项、中国农科院农业科技创新工程等各类科技项目59个,育成麻类新品种36个,支撑科技成果奖励4项,培养研究生15名,发表论文50篇(SCI 30篇)。特色资源服务了长沙锦农生物、迪睿合电子材料、河南莫洛海芽农业、汉麻投资集团等8家企业在环保材料、医药、营养保健品等麻类新型产业的开发和应用,社会、经济和生态效益显著。

3 麻类重要性状基因的定位和挖掘

麻类作物种植区域正逐步向盐碱地、山坡旱地、贫瘠地等非耕地转移,麻类多功能、多用途专用品种培育和产业化创新应用也方兴未艾,对种质资源研究提出了许多新要求,如何精准鉴定和深度挖掘优异基因和特色资源,并解析其分子机理,对新时代的麻类产业又好又快发展意义重大。

3.1 黄麻大麻资源遗传多样性

利用高通量测序技术开发出黄麻 311906 SNP 和 60000 多个 InDel 分子标记数据库, 利用其对来自中国、印度、孟加拉、肯尼亚、尼泊尔、美国、泰国、越南、俄罗斯、巴基斯坦和坦桑尼亚等 11 个国家 453 份长果黄麻种质进行了群体进化分析, 发现可分成 2 个大群, 5 个亚群(图 1)。长果黄麻具有中等的遗传多样性(He 值为 0.322, PIC 值为 0.270, 下同), 其中, 遗传多样性最高的国家为肯尼亚(0.332, 0.273), 其次为尼泊尔(0.307, 0.259)和中国(0.303, 0.253), 野生种质表现出最高的遗传多样性, He 值和 PIC 值分别为 0.362 和 0.299^[3]。从

分子层面全面分析了我国黄麻种质资源的遗传多样性组成, 对黄麻资源收集保存、分子身份的鉴定和优异基因挖掘以及分子育种具有重要意义。

大麻是我国起源的作物, 同种异名或同名异种现象严重。利用 ISSR 标记技术, 对 155 份地方品种分析, 发现了可做种质鉴定依据的单态带 56 条, 多态带 281 条(图 2); 通过其核型标记, 发现大麻染色体组成有 5 种, 核型类型有 3 种, 即 1B、2B 和 2A, 其中 2B 为新发现的类型。从染色体长度比、核型不对称系数等分析, 五常大麻是 27 种大麻中进化较高级类型, 而昌图、勃力等属于相对原始的类型^[5]。

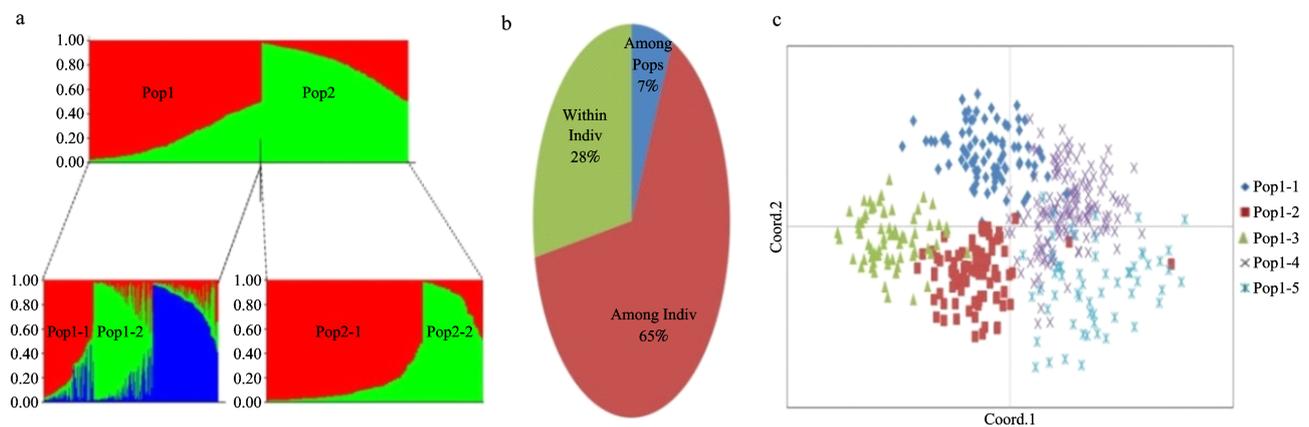


图 1 453 份长果黄麻种质群体结构分析^[4]

Fig.1 Population structure analysis of 453 jute germplasm (*C. olitorius* L.)

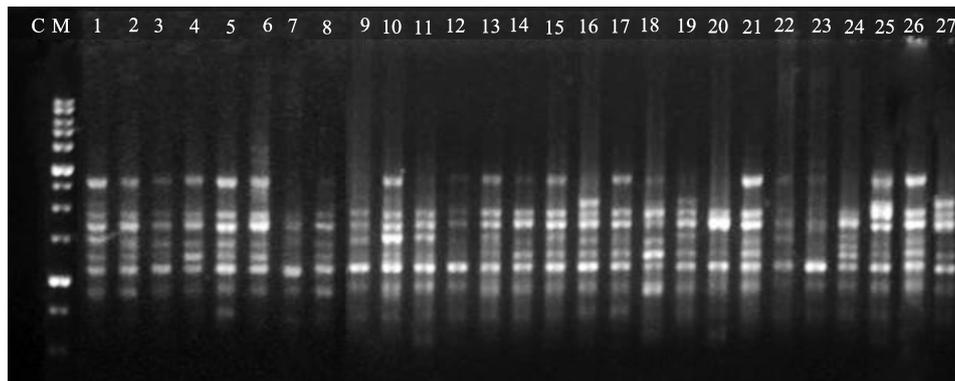


图 2 ISSR 引物 U848 对部分大麻品种基因组 DNA 的扩增图谱^[5]

Fig.2 Amplification of genomic DNA of selected hemp varieties by ISSR primer U848

3.2 黄麻红麻抗逆基因挖掘及分子机理解析

利用 250 mmol/L 的 NaCl 溶液对 300 份黄麻种质苗期耐盐性进行了评估, 发现不同种质耐盐性差异显著, 并筛选出 2 个耐盐极端类型种质, 极端耐盐的 TC008-41 和极端盐敏感的 NY/252C。利用转录组测序技术, 对这 2 个种质进行了盐胁迫下转录组测序, 筛选出 45 个耐盐候选基因, 这些基因主要参与了胱氨酸代谢通路(图 3)和 ABA 代谢通路(图 4)。用 10% 浓度 PEG 模拟干旱环境, 处理 2 个

广泛栽培的长果黄麻品种广丰长果和圆果黄麻品种粤圆 5 号, 12 h 后取长果黄麻和圆果黄麻处理组和对照组根组织进行转录组测序, 发现了 15 个耐旱基因, 这些基因主要参与了 ROS 和 SOD 代谢通路(图 5)。该结果对黄麻耐盐和耐旱机制解析和抗逆分子育种具有重要意义^[6-7]。

将红麻品种福红 952 幼苗分别在 0、70、140、200 mmol/L NaCl 的半强度 Hoagland 营养液下处理 6 d 后, 提取蛋白用双向电泳技术鉴定盐胁迫下差异

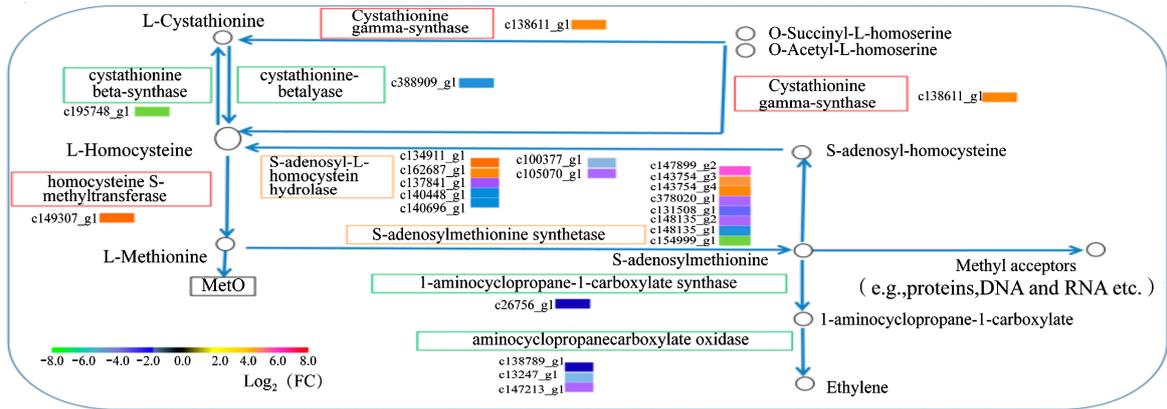


图3 盐胁迫下胱氨酸代谢通路^[8]

Fig.3 The metabolic pathway of cystine under salt stress

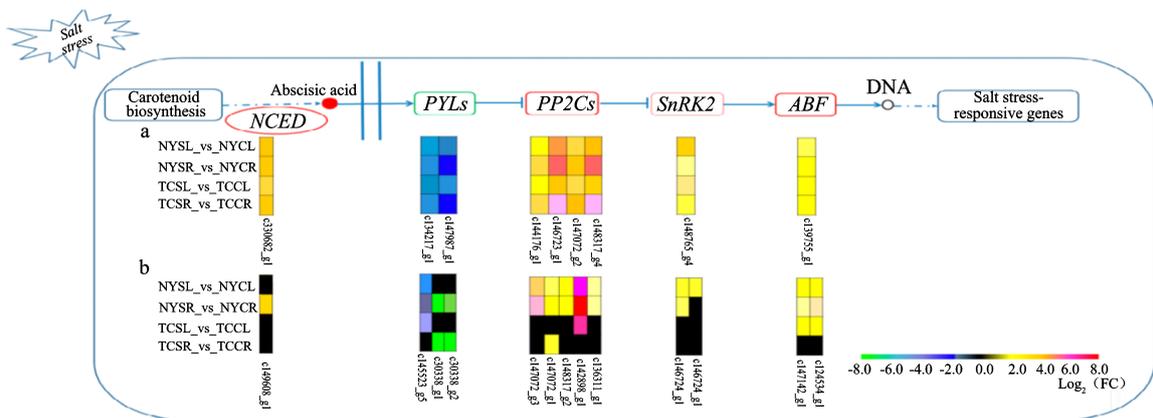


图4 盐胁迫下 ABA 代谢通路^[7]

Fig.4 The metabolic pathway of ABA under salt stress

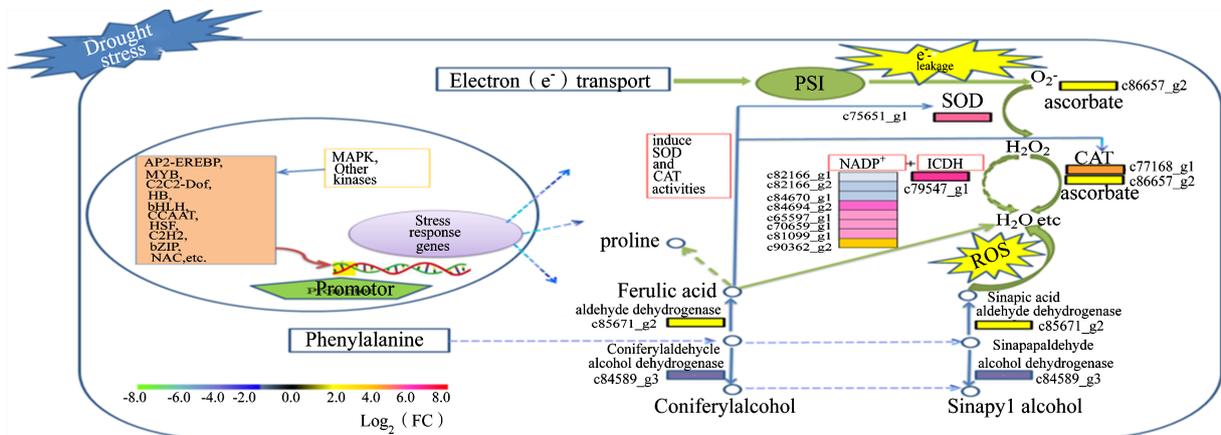
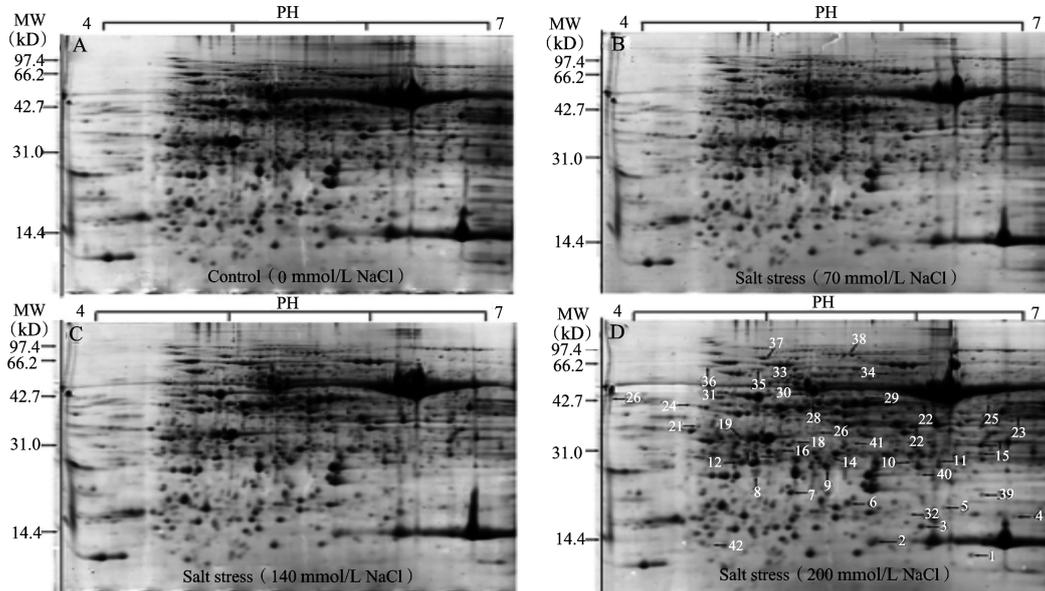


图5 黄麻耐旱基因及其代谢通路^[9]

Fig.5 The drought resistance gene of jute and its metabolic pathway

蛋白表达,经 MALDI-TOF 质谱分析共鉴定出放氧增强蛋白、小热休克蛋白、脱氢抗坏血酸还原酶、硝酸还原酶、超氧化物歧化酶等 42 个差异蛋白,其中 S-腺苷甲硫氨酸依赖甲基是经胁迫诱导产生的,36 个蛋白表达量上调,6 个蛋白下调(图 6)。这些蛋

白按主要功能可分为物质代谢、蛋白合成与降解、细胞防御、细胞生长、离子转运、光和作用等。利用这些蛋白序列可进一步克隆耐盐基因用于红麻耐盐转基因育种。



第一向为 24cm 的线性 IPG 胶条 (pH4~7), 第二向为浓度 12% 的 SDS-PAGE 胶;

A~D 分别为 NaCl 浓度: 对照、70mmol/L、140 mmol/L、200mmol/L

Linear IPG tape (pH 4-7) with 24 cm in the first direction, 12% of SDS-PAGE adhesive in the second direction, and concentration of NaCl in the A~D direction: control, 70 mmol/L, 140 mmol/L, 200 mmol/L

图 6 不同盐浓度胁迫下红麻叶片蛋白的双向电泳图谱^[10]

Fig.6 Bidirectional electrophoretogram of the protein in kenaf leaves under different salt concentrations

通过分析红麻转录组中的基因注释,首次从 104 个 *MYB* 转录因子中筛选出 10 个红麻 *R2R3-MYB* 转录因子基因序列,结合棉花(陆地棉)、拟南芥、小麦等作物的 10 个已报道具有抗旱功能的 *R2R3-MYB* 转录因子序列进行聚类分析,发现这 10 个具有抗旱功能的 *MYB* 基因和红麻的 10 个 *MYB* 基因的蛋白质编码序列高度保守,因此可推测红麻的这 10 个 *MYB* 转录因子很可能也具有抗旱调控功能(图 7)。本结果可为 *MYB* 调控红麻耐旱的分子机理提供理论依据^[10]。

3.3 亚麻木酚素合成相关候选基因的挖掘

以 300 份亚麻核心种质为材料,测定了 3 个不同环境下木酚素含量的表型数据,利用简化基因组测序技术(SLAF-seq)对木酚素含量性状进行全基因组关联分析(GWAS),鉴定出 7 个与木酚素合成显著关联的 SNPs 位点(图 8)。结合候选基因在一般线性模型(GLM)和混合线性模型(MLM)中及 3 个环境下的重复出现情况,在每个显著关联的 SNPs 位点周围 10 kb 的区域内筛选确定 32 个候选基因^[11]。

由于 GWAS 分析可能产生假阳性的问题,以木酚素含量极高的品种双亚 4 (6.64 mg/g) 和含量极低的品种 NEW1 (0.82 mg/g) 为亲本构建了 $F_{2,3}$ 群体,从中选取木酚素含量极高的 30 个株系和极低的 30 个株系,分别构建高池和低池,对双亲和混池进行基

于重测序的 BSA 分析。共检测出 436355 个 SNP 标记和 17608 个 InDel 标记,ED 关联算法和 SNP-index 关联算法交集得到 1 个与性状相关的候选区域,在 scaffold422 的 125001~163058 bp 处得到 1 个候选区,将候选基因定位在 380.6 kb 的范围内(图 9)。

为了验证 GWAS 和 BSA 分析结果的准确性,采用 RNA-seq 技术对高、低木酚素含量亚麻品种双亚 4 和 NEW1 种子的 3 个不同发育时期的转录组进行分析,获得了大量差异表达的 Unigene(图 10)。通过 GO 分类和 Pathway 富集性分析将这些差异表达 Unigene 归类于 128 个代谢途径,其中包含与木酚素合成相关的苯丙氨酸生物合成代谢途径(图 11)。苯丙氨酸是木酚素生物合成的原始材料,故分析其代谢过程中的关键基因即可挖掘到调控木酚素合成的候选基因。将苯丙氨酸代谢途径的 Unigene 序列在 KEGG 数据库中进行比对,获得了一些关键基因的功能注释^[12]。

通过 GWAS、BSA 和 RNA-seq 3 种方法联合分析,筛选出了亚麻木酚素合成的候选基因 *Lusudp*(暂命名),RNA-seq 也同时验证了 *Lusudp* 在双亚 4 号种子发育过程中持续上调表达。*Lusudp* 是一个新基因,目前尚无任何功能研究的报道,下一步将其功能进行深入研究,旨在解析其在亚麻木酚素合成过程中的功能,为培育高木酚素亚麻新品种奠定重要基础。

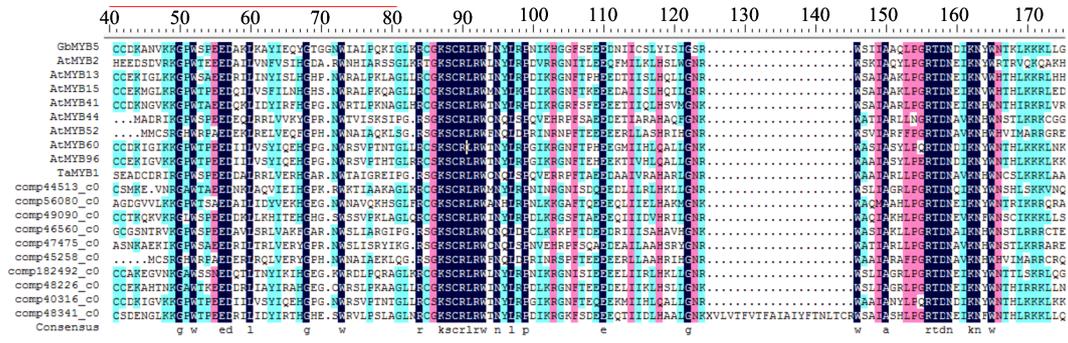


图7 红麻 R2R3-MYB 保守结构域序列对比^[10]

Fig.7 Comparison in conserved domain sequences of kenaf R2R3-MYB

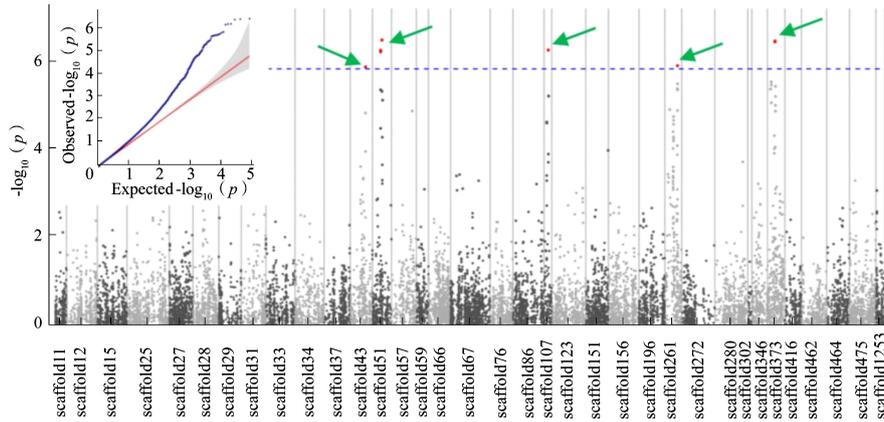


图8 GWAS 分析木酚素合成显著关联位点的曼哈顿图^[11]

Fig.8 Manhatten map of the significant correlation site for lignans synthesis using GWAS

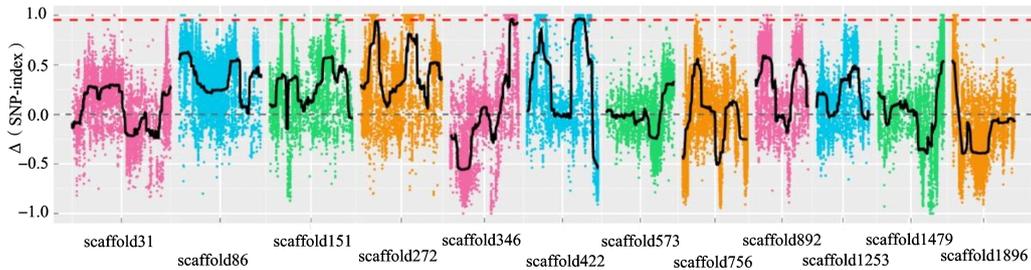


图9 双亚 4 x NEW1 F_{2,3} 群体 BSA 测序结果^[11]

Fig.9 Results of BSA sequencing in 4 x NEW1 F_{2,3} populations

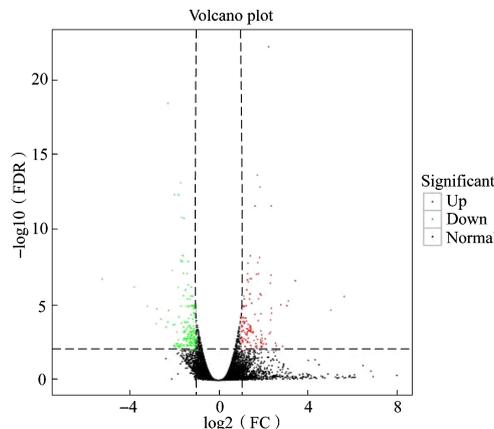


图10 差异基因火山图^[12]

Fig.10 Analysis of differentially expressed unigenes

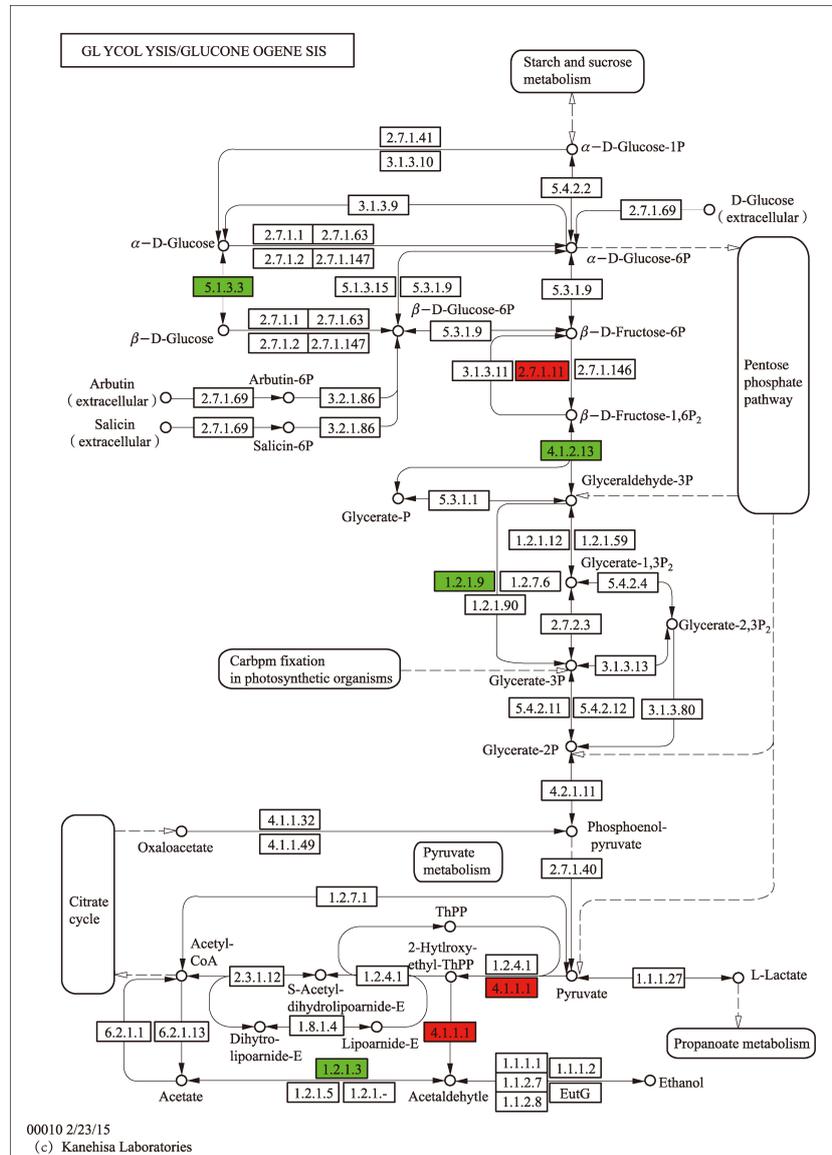


图 11 苯丙氨酸代谢途径^[12]
Fig.11 Metabolic pathway of phenylalanine

3.4 苕麻无融合候选基因的挖掘筛选

无融合生殖是自然界中存在的一种不发生核融合的生殖方式,在被子植物中指发生在植物胚珠中不经过精卵结合形成胚以种子进行繁殖的生殖方式,能产生遗传上与母本完全一致的后代,因此在农业上具有潜在的巨大利用价值。

悬铃叶苕麻 (*Boehmeria tricuspis* (Hance) Makino) 属荨麻科(Urticaceae)苕麻属(*Boehmeria* Jacq.), 主要分布在中国的长江流域及日本和朝鲜。本课题组在湖南、湖北、浙江等地先后发现了二倍体、三倍体和四倍体等 5 种悬铃叶苕麻材料,其中二倍体材料有 2 种,其中一种为雌雄同株有性生殖型,另一种为雌株兼性无融合生殖;三倍体 2 种,都是雌株专性无融合生殖型,而四倍体材料是雌雄同株兼性无融

合生殖。我们通过实验:证明雌雄同株二倍体是专性的蓼型胚胎发育的有性生殖,而三倍体单雌株进行的是专性的蝶须型二倍体孢子生殖(diplospory)。因为悬铃叶苕麻二倍体中存在稀有的无融合生殖材料,同时其是一种多年生草本,种子产量大,因此就成为了一种理想的研究无融合生殖材料。

通过对二倍体有性生殖型和三倍体无融合生殖型悬铃叶苕麻雌花胚胎发育 4 个阶段(I 期,MMC 形成;II 期,作用大孢子形成;III 期,成熟胚囊形成;IV 期,成熟胚形成)全长转录组的测序,得到 50457 个 unigenes。研究表明,植物激素信号传导、细胞循环调控、转录因子调控参与了二倍体孢子生殖发育或者倍性化反应,而 AGO、AP2、E3s 可能在悬铃叶苕麻二倍体孢子生殖中起了关键作用。大量特异表

达基因的出现使我们推测二倍体孢子生殖要求激活相关联的特别通路的大量基因的表达。研究在发掘关键基因功能和通路的基础上解析悬铃木苾荩无融合生殖的发生及其分子机制,为今后创制无融合生殖材料提供理论依据和思路。

4 特色麻类资源挖掘创制与产业化创新

麻是传统的纤维原料,从服从国家战略需求,服务产业和区域经济发展要求出发,以麻改饲、麻育秧膜、重金属污染土壤治理、种养结合以及绿色发展等为重点方向,深入拓展麻类作物的多功能和多用途研究,引领和催生麻类战略性新兴产业。近年来,在叶用黄麻、重金属吸附专用黄麻,低毒高CBD药用大麻,高木酚素亚麻等特色资源的挖掘创制与产业化应用方面取得了重要进展,为引领新时期麻类新兴产业创新,服务精准扶贫和乡村振兴提供材料和技术支撑。

4.1 功能型叶用黄麻创制与多用途利用

黄麻的鲜嫩茎叶富含钙、硒、膳食纤维、氨基酸和果胶类多糖等,是一种绿色保健型蔬菜,具有补钙、减肥、防癌及降血脂血糖等效果,2008年北京奥运会列入运动员食谱。利用优异菜用种质甜黄麻与马里野生、厚叶绿等地方品种杂交,经过多年回交与定向选择,培育了具有自主知识产权的叶用型功能黄麻品种帝王菜1号、2号等系列品种,该品种营养丰富均衡,以采收鲜嫩茎叶为主,茎叶清脆润滑,口感色泽好,高钙(500~700 mg/100g)、富硒(约0.1 mg/100g)、高膳食纤维(8~10 g/100g)、高氨基酸(60~70g/kg),其钙和硒含量分别是其他大宗叶菜的10倍和100倍,且整个生长期基本不施农药,种植容易管理,一季可多次采收,供应时间达3~5个月,全国各地均可种植,产量可达30~45 t/hm²。

2014-2018年,与长沙锦农生物科技有限公司、福建省农业科学院亚热带农业研究所和重庆市渝东南农业科学院合作,在湖南长沙、福建漳州和重庆涪陵等地建立种植基地67 hm²,示范推广帝王菜,开发出适宜清炒、凉拌、汤、火锅,价格高出普通叶菜1~2倍的各种菜品,以及添加帝王菜粉制作的糕点、面食等,深受消费者喜爱。菜农实现种植纯收入超过15万元/hm²的经济效益,深受菜农欢迎。

与长沙锦农生物科技有限公司、河南莫洛海芽农业科技有限公司和北京暄和健康管理有限公司合作,开发出以帝王菜嫩茎叶为主要原料的莫洛海芽原生态美颜面膜、清肠康和帝王菜压片糖果等系列保健新产品上市。2017-2018年,公司在湖南省

沅江市新湾镇和贵州省晴隆县长流乡分别建立了13.3 hm²和20 hm²帝王菜优质原料生产示范基地,采用公司+农户的模式,助力精准扶贫和乡村振兴,农民实现每公顷纯收入3.75万~7.5万元,企业也得到优质稳定的原料保障。

4.2 重金属污水吸附剂专用黄麻种质的创制与应用

废水治理是当前环境保护与治理所面临的热点难点,开展重金属污水植物性吸附剂专用黄麻种质的创制、产品开发与应用研究,符合国家环保重大需求。黄麻作为一种潜在的新型废水处理生物材料主要有以下几个方面的优势:第一,黄麻是一种天然纤维素原料,可生物降解性能好,不会对环境造成污染;第二,黄麻原料高产廉价、来源丰富,工业吸附剂的制备工艺简单,大规模生产,可大大降低生产成本;第三,黄麻作为一种廉价吸附剂,根本不需要考虑再生的问题,吸附污染物后的废弃物,可以直接通过焚烧的手段进行处理,简单易行无污染。基于黄麻生物产量大,管理简单,适应性强,滩涂、旱地均可种植。无论是在农业还是工业,对保护社会生态环境均具有重要价值。

近年来,我们在黄麻优异种质资源的挖掘评价、吸附性能研究以及特色资源的产业化应用等做了许多富有成效的工作。通过农艺性状鉴定和重金属吸附性能测试,挖掘评价出产量高、晚熟、多分枝、多叶优异种质50多份,创制出适宜重金属吸附剂生产、干物质产量12~18 t/hm²、纤维品质优异的专用特色黄麻种质(品种)2~3个,如摩维1号、甜黄麻。研究发现,其对铜、铬、铅等重金属离子的去除率可达98%以上,对镍的去除率也可达80%以上,且沉降速度快、淤泥量少,符合工业生产的需求。2011-2017年,与长沙锦农生物科技有限公司和迪睿合电子材料(苏州)有限公司合作,开展了高效特色专用资源的评价鉴定、原料标准化种植和初加工技术规范研制和应用、吸附机理研究、黄麻重金属广谱吸附剂和专用离子吸附剂等新产品开发等。在湖南省沅江市和河南省信阳市建立了黄麻吸附剂优质原料生产示范基地,种植专用特色黄麻品种100 hm²,生产吸附剂原料近1500 t,采用公司+农户的模式,实现产业扶贫和乡村振兴,麻农每公顷收入4.5万~9.0万元,为企业增效1500万元。

据估计我国工业废水的年排放量约200亿t,重金属废水占16.6%,总量约33亿t。若50%的重金属废水使用黄麻吸附剂治理,按3 kg/t的原料用量,黄麻年需量达4950万t,种植面积将达333万hm²以上,产业发展和市场前景巨大。

4.3 高大麻二酚 (CBD) 工业大麻挖掘创制与产业应用

大麻二酚 (CBD) 是大麻中主要酚类物之一, 具有抗惊厥、抗呕吐、抗痉挛、抗焦虑、镇静作用、抗失眠、抗炎作用、抗氧化和抗安定药效等多种特殊药用功能, 是生产癫痫病、帕金森病、多种老年病、癌症特效药等药物的重要原料。目前, CBD 是工业大麻中药用价值极高的成分, CBD 药品开发利用是全球热点新型产业, 具有极大的商业利润和应用价值, 市场和产业发展潜力巨大, 预计 3~5 年内全球市场 CBD 产值可达 1500 亿美元。

近年来, 麻类资源团队基于在大麻种质资源研究的优势, 与龙头企业北京汉麻投资集团合作, 开展高 CBD 工业大麻特色资源的鉴定筛选和创新利用研究。利用国内优良地方品种与引进野生资源杂交, 后代经多年鉴定筛选, 创制出一些四氢大麻酚 (THC) 含量低于 0.3%, 大麻二酚 (CBD) 含量达 6% 以上, 极具产业开发价值的特色药用优异种质, 是目前国内 CBD 原料用品种含量的 8 倍以上。

4.4 特色麻类资源服务产业扶贫和乡村振兴战略

近 5 年来, 在武陵山片区、秦巴山片区和大兴安岭南麓山区等国家扶贫攻坚主战场, 通过示范和推广高产值的帝王菜、重金属吸附专用黄麻、饲用苕麻、工业大麻、黄秋葵等特色麻类资源, 服务区域经济发展, 助力产业扶贫和乡村振兴取得一定的成效。

通过合作社 (企业) 加农户的推广种植模式, 在湘西花垣、邵阳城步、益阳沅江、湖北郧阳、河南信阳、重庆涪陵等地, 建立帝王菜、秋葵、强重金属吸附专用黄麻等特色资源或品种种植和初加工试验示范基地 66.7 hm^2 以上, 培训技术人员和农民 1500 人次以上, 实现每公顷纯收入 4.5 万多元。与专业合作社 (企业) 合作, 在黑龙江省兰西县、林甸县和孙吴县建立了优异工业大麻万公顷示范展示基地, 累计推广种植龙大麻 1 号、庆麻 1 号等优良品种 1 万 hm^2 , 专家下乡指导 50 人次, 召开高效栽培和纤维加工技术培训班 8 场次, 培训基层技术人员和麻农 900 人次, 纤维增产 10% 以上, 每公顷增收 1500 余元, 农民增收 1000 万元。为产业龙头江苏紫荆花纺织科技股份有限公司在西北干旱区、沿海滩涂地等优质原料生产基地建设, 提供优良品种中黄麻 1 号和摩维 1 号和种植技术服务, 累计种植约 1 万 hm^2 , 生产纤维超过 2 万 t, 促进了黄麻原料的国产化进程, 为产业扶贫和乡村振兴做出了应有的贡献。

参考文献

- [1] 粟建光, 戴志刚. 中国麻类作物种质资源及其主要性状. 北京: 中国农业出版社, 2017
Su J G, Dai Z G. Germplasm resources and main characters of Chinese Bast Fiber Crops. Beijing: China Agriculture Press, 2017
- [2] 戴志刚, 粟建光, 陈基权, 龚友才, 路颖, 宋宪友. 我国麻类作物种质资源保护与利用研究进展. 植物遗传资源学报, 2012, 13 (5): 714-719
Dai Z G, Su J G, Chen J Q, Gong Y C, Lu Y, Song X Y. Research Progress on protection and utilization of germplasm resources of bast fiber crops in China. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13 (5): 714-719
- [3] Niu X P, Qi J M, Zhang G Y, Xu J T, Tao A F, Fang P P, Su J G. Selection of reliable reference genes for quantitative real-time PCR gene expression analysis in Jute (*Corchorus capsularis*) under stress treatments. Frontiers in Plant Science, 2014, 90 (3): 175-180
- [4] Yang Z M, Lu R K, Dai Z G, Yan A, Chen J Q, Bai Z B, Xie D W, Tang Q, Cheng C H, Xu Y, Su J G. Analysis of genetic diversity and population structure of a worldwide collection of *Corchorus olitorius* L. germplasm using microsatellite markers. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 2018: 1-7
- [5] Cheng C H, Zang G G, Zhao L L, Gao C S, Tang Q, Chen J H, Guo X B, Peng D X, Su J G. A rapid shoot regeneration protocol from the cotyledons of hemp (*Cannabis sativa* L.). Industrial Crops & Products, 2016, 83: 61-65
- [6] Tang Q, Zang G G, Cheng C H, Luan M B, Dai Z G, Xu Y, Yang Z M, Zhao L L, Su J G. Diplosporous development in *Boehmeria tricuspidis*: Insights from de novo transcriptome assembly and comprehensive expression profiling. Scientific Reports, 2017, 7: 46043
- [7] Yang Z M, Yan A, Lu R K, Dai Z G, Tang Q, Cheng C H, Xu Y, Su J G. De novo transcriptome sequencing of two cultivated jute species under salinity stress. PLoS One, 2017, 12 (10): 185863
- [8] Yang Z M, Lu R K, Dai Z G, Yan A, Tang Q, Cheng C H, Xu Y, Yang W T, Su J G. Salt-Stress response mechanisms using de Novo transcriptome sequencing of Salt-Tolerant and sensitive *corchorus* spp. genotypes. Genes, 2017, 8 (9): 226
- [9] Yang Z M, Dai Z G, Lu R K, Wu B B, Tang Q, Xu Y, Cheng C H, Su J G. Transcriptome analysis of two species of jute in response to polyethylene Glycol (PEG)-induced drought stress. Scientific Reports, 2017, 7 (1): 16565
- [10] Niu X P, Qi J M, Chen M X, Zhang G Y, Tao A F, Fang P P, Xu J T, Onyedima S A, Su J G. Reference genes selection for transcript normalization in kenaf (*Hibiscus cannabinus* L.) under salinity and drought stress. Peerj, 2015, 3 (3): 1347
- [11] Xie D W, Dai Z G, Yang Z M, Sun J, Zhao D B, Yang X, Zhang L, Tang Q, Su J G. Genome-Wide association study identifying candidate genes influencing important agronomic traits of Flax (*Linum usitatissimum* L.) using SLAF-seq. Frontiers in Plant Science, 2018, 8: 1-13
- [12] Xie D W, Dai Z G, Yang Z M, Tang Q, Sun J, Yang X, Song X X, Lu Y, Zhao D B, Zhang L G, Su J G. Genomic variations and association study of agronomic traits in flax. BMC Genomics, 2018, 19: 1-12