

# 食用菌育种的研究进展\*

马三梅<sup>1</sup>, 王永飞<sup>1</sup>, 亦如瀚<sup>2</sup>

(1 暨南大学 生物工程学系, 广东 广州 510632; 2 暨南大学 环境工程学系, 广东 广州 510632)

[摘要] 对食用菌育种目标及单孢分离、组织分离、杂交育种、原生质体融合、理化诱变、空间诱变、分子生物学等育种方法的研究进展进行了综述, 认为随着生物学的发展, 杂交育种、原生质体融合及分子生物学方法仍然是食用菌育种的发展方向。

[关键词] 食用菌; 育种目标; 育种方法

[中图分类号] Q 949.329<sup>+</sup>.81

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2004)04-0108-05

食用菌是高等真菌中能形成大型子实体或菌核类组织, 并能供人们食用或药用的菌类总称。据统计, 我国有 720 种食用菌, 其分属于 143 个属, 51W H 科<sup>[1]</sup>。随着人们对食用菌营养价值和药用价值认识的提高以及食用菌生产所带来的经济效益的增加, 食用菌育种工作也成为科学家关注的热点之一。现对食用菌育种工作的研究进展进行综述, 以期对食用菌的育种工作提供参考。

## 1 食用菌育种目标的变化

高产、优质和抗逆是食用菌育种的最基本目标。随着人们生活水平的提高, 对食用菌的营养价值也提出了更高的要求, 所以口味、质地与营养价值已成为食用菌育种的主要目标。目前, 食用菌育种目标还包括以下几点: 第一是拓宽食用菌菌丝发育和出菇的适应温度, 使之可以在更广泛的地方种植; 第二是无孢子品种的培育。已有大量证据表明, 侧耳、平菇、香菇等食用菌的孢子可以引起菇农呼吸系统病变和过敏反应, 并患上呼吸道疾病<sup>[2]</sup>。随着室内袋装栽培量的增加, 这将成为日趋严重的问题, 并受到了栽培者和育种者的普遍关注。因此, 选育优良的无孢子菌株, 对栽培者有很强的吸引力。例如德国的 Gerlind Eger-Hummel<sup>[3]</sup> 博士已选育出 2 个商业化生产的无孢子平菇品种。此外耐贮性、不易突变和抗退化、基质利用率高也成为食用菌育种追求的目标。

## 2 食用菌育种方法的研究

食用菌的常规育种方法主要有单孢分离和组织

分离法、杂交育种法、原生质体融合、理化诱变以及空间诱变法。近年来, 由于分子生物学的迅猛发展和生物技术的广泛应用, 为食用菌新品种的选育奠定了良好的基础, 并取得了一些明显的成果。现将食用菌在单孢分离和组织分离, 杂交育种, 原生质体融合, 理化诱变、空间诱变和分子生物学方面的研究进展分述如下。

### 2.1 单孢分离和组织分离

单孢分离就是将采集到的孢子群单个分开培养, 让其单独萌发成菌丝而获得纯培养的方法。单孢分离是研究食用菌生物学特性和遗传育种的一项重要技术。例如王波等<sup>[4]</sup>通过对黄背木耳连续 3 年的组织分离, 分别得到 AP2-2, AP6 和 AP8 3 个菌种, 其产量分别比原始菌株增加 27.76%, 33.42% 和 60.24%。说明通过不定期的组织分离, 可以筛选出产量高和抗逆性强的菌种。这种通过组织分离, 而后经出菇或出耳试验, 从中筛选出产量高、抗逆性强、遗传性状优良的菌株, 再进行扩大繁殖的育种方法是目前采用最多的一种方法。

### 2.2 食用菌杂交育种

杂交育种是食用菌品种选育中常用的方法之一。20 世纪 70 年代, 冰岛的 Gerda Fritsche<sup>[5]</sup> 博士开始进行了双孢蘑菇的杂交育种工作, 并培育出 HorstU 1 和 HorstU 3 两个杂交种, 这两个品种都得到了广泛种植。1984 年, 台湾的 Liao C Y<sup>[6]</sup> 利用杂交育种的方法培育出一种适宜低纬度地区种植的香菇品种; 据陈文良等<sup>[7]</sup>报道, Inoue S 等利用杂交

\* [收稿日期] 2003-04-14

[基金项目] 暨南大学引进人才启动基金项目(692016)

[作者简介] 马三梅(1971-), 女, 河南平顶山人, 副教授, 博士。主要从事植物生殖生物学研究。E-mail: sanmeiyongfei@sina.com

育种选育出一种香菇品种Hokken 601, 该品种产量增加, 味道鲜美, 在锯末的培养基质上生长更快。王泽生等<sup>[8]</sup>在双孢蘑菇杂交菌株AS2796家系的分子遗传研究中发现, 随着遗传代数的增加, 杂种子代和亲本间的遗传差异逐渐增大; mtDNA的酶切图谱表明, 双孢蘑菇的mtDNA呈单亲遗传; 酯酶的酶谱表明, 杂交后代具有两个亲本的标记带形。叶明等<sup>[9]</sup>用香菇杂交菌株农1与野生株Q进行正反杂交, 得到6个杂交后代, 结果表明, 3个正交菌株与3个反交菌株在酯酶同工酶与DNA水平上具有极高的相似性, 但对杀菌剂和温度的敏感性显示了其明显的遗传差异, 且农艺性状遗传差异也十分显著。正反杂交菌株在核基因相同情况下的遗传差异应主要归于细胞质差异。

### 2.3 原生质体融合

近年来, 原生质体融合已成为食用菌育种的新方法, 用该方法已经成功地创造了用常规方法不能杂交的两个菌株间的异核体。梁枝荣等<sup>[10]</sup>用凤尾菇营养缺陷型菌株与另一株营养缺陷型菌株进行原生质融合, 结果表明, 融合子之间以及亲本之间在菌落形态和菌丝生长速度上都表现出较大差异。例如, 梁枝荣等<sup>[11]</sup>以裂褶菌单核体原生质体为供体, 与凤尾菇单核体原生质体进行融合, 得到了大量生长速度和菌落形态差异较大的多核体和双核体融合子。这些融合子表现出一些新的生理特性, 例如菌丝体在木屑、麸皮培养料上生长速度较快, 在平板培养基和木屑培养料上能够较早、较快地形成原基和子实体等。说明原生质体融合可作为食用菌育种的一种有效途径。

闫培生等<sup>[12]</sup>对大球盖菇原生质体再生条件及单核化特性的研究发现, 大球盖菇原生质体单核化率高达77.6%, 且再生双核体和再生单核体在形成再生菌落时无时间差, 其生长速度亦无快慢之分, 液体预培养可显著减少单核化。李刚等<sup>[13]</sup>对灵芝的原生质体制备和再生进行了研究, 结果表明, 用0.6 mol/L甘露醇配制含质量分数2%溶壁酶和质量分数0.5%崩溃酶的复合酶, 当30 pH为6.0时, 酶解3 h, 可得到最高的原生质体制备率。而原生质体的再生以酶解2.5 h为宜, 酶解2.5 h所得到原生质体经精制, 用纤维二糖培养基进行双层平板培养法再生, 原生质体的再生率最高。

梁枝荣等<sup>[14]</sup>以凤尾菇、平菇、裂褶菌、香菇的灭活原生质体为供体, 不但省去了遗传标记诱变筛选的繁复工作, 避免了不良突变给育种工作带来的困

扰, 而且可以大大提高融合率。曹文苓等<sup>[15]</sup>对灵芝进行的研究发现, 用菌丝体制备原生质体时, 中国红灵芝最适菌龄为48 h, 酶液质量分数为3%, 稳渗剂以0.6 mol/L蔗糖为佳; 韩国红灵芝最适菌龄为40 h, 酶液质量分数为1%, 稳渗剂为0.4 mol/L甘露醇时原生质体产率最高。两种原生质体均以蔗糖作稳渗剂时再生率较高, 其最佳浓度为0.6 mol/L。在该条件下, 中国红灵芝原生质体再生率为32.0%, 韩国红灵芝为54.0%。在此基础上, 以质量分数30%的PEG作为融合诱导剂进行灵芝原生质体融合, 融合率为1.40%。

### 2.4 诱变育种

诱变育种是利用理化因素诱发变异, 通过选择育成新品种。理化因素主要包括电离射线( $\gamma$ 射线、X-射线)、非电离射线(紫外线等)、化学诱变剂及空间诱变等因素。诱变育种已成为十分有用的食用菌育种手段, 近年来发展尤其迅速。

2.4.1 X-射线诱变 X-射线辐射可以诱发食用菌发生突变。一般而言, X-射线剂量与被辐射后残存个体的突变频率成正相关<sup>[1]</sup>。通过辐射试验, 可以测知孢子或菌丝片段残存某一百分数所需的射线剂量, 根据此剂量再求得突变体存在的百分率。由于丝状真菌生化突变体的筛选要花费大量的时间和劳动, 所以最好能选用诱发突变率最高的辐射剂量<sup>[2]</sup>。

2.4.2 紫外线诱变 对于大多数从事真菌诱变育种工作的研究者来说, 使用紫外线比X-射线更为简单, 因为紫外杀菌灯是很便宜的诱变光源。用紫外灯进行诱变试验时, 要防止诱变处理的菌体暴露在有光复活作用的波长范围内。工作照明可采用黄色光, 因为这种光没有光复活作用。许襄中等<sup>[16]</sup>对无孢平菇菌株P22原生质体进行紫外线诱变处理, 经拮抗试验、孢子检测、扫描电镜和出菇试验, 筛选出1株中低温型、高产、菇形好的无孢平菇突变菌株4-10。朱宝成等<sup>[17]</sup>用紫外线照射紫孢侧耳双核菌丝原生质体, 再生后, 筛选生长势好的菌株, 通过出菇试验得到了生产性状与紫孢侧耳一致的无孢和少孢平菇新品种。

2.4.3  $\gamma$ 射线 谈希理等<sup>[18]</sup>利用<sup>60</sup>Co- $\gamma$ 射线和高低温间隙刺激等方法对羊肚菌进行处理, 发现不同的辐射剂量或同一剂量率对羊肚菌菌丝的生长及子实体原基的形成影响很大。陈再鸣等<sup>[19]</sup>应用<sup>60</sup>Co- $\gamma$ 射线对侧耳属变异株的双核菌丝体进行辐射诱变处理, 并对其再生菌落进行菌丝形态学、细胞学、生理生化鉴定。结果发现, 诱变株菌落形态发生明显变

化,气生菌丝减少,生长过程减慢,细胞直径变大,分枝增多,与原始菌株拮抗性明显;EST,POD同工酶显示其酶谱差异显著;结实性研究表明,诱变株较出发孢子实体分化正常,产量提高,抗性增强,品质良好。表明 $^{60}\text{Co}-\gamma$ 射线辐射诱变是改良侧耳属菌株的有效途径。韩新才等<sup>[20]</sup>用生理盐水配制的木耳单核担孢子悬浮液,以100~200 Gy剂量,20 Gy/min剂量率的钴60射线辐照(辐照诱变频率0.238%~4.440%)后,挑取3100个单孢萌发菌落,在完全培养基和基础培养基上筛选,共获得9株稳定的营养缺陷型单核菌株,其原生质体回复突变率小于 $10^{-6}$ ,其类型包括氨基酸、维生素和核酸碱基的单缺类型和复合多缺类型。

2.4.4 激光 陈五岭等<sup>[21-23]</sup>对3株香菇菌种采用He-Ne激光( $\lambda=632.8\text{ nm}$ )进行两次照射,筛选出3株比原菌株菌丝生长速率分别提高17.3%,73.7%和42.6%的变异株,经传代培养及酯酶同工酶谱分析,变异株具有良好的遗传稳定性,表明激光作为微生物新型诱变因子,具有正变率高、回复突变率低、遗传稳定性好的特点。所选育的香菇新菌种中试栽培结果表明,新菌种在生产条件下,生长周期平均缩短20 d以上,香菇产量平均提高10%~22.5%。

2.4.5 空间诱变 贾建航等<sup>[24]</sup>利用空间微重力、高真空、超洁净、强宇宙射线的特殊条件,将香菇等食用菌材料的菌丝体进行了气球搭载(升空高度25 km,空中停留时间为4 h)。返地后经过选育和鉴定,从中选出了农艺性状明显改善、产量明显提高的突变菌株。空间诱变可以丰富食用菌的种质资源,RAPD及AFLP分析的结果从分子水平证明了突变体的获得,在对其他食用菌材料,如木耳、紫孢侧耳、草菇、金针菇、灵芝等的卫星及气球搭载研究中也得到证明<sup>[24]</sup>。

## 2.5 分子生物学研究

2.5.1 RAPD的研究 随机扩增多态性DNA(Random amplified polymorphic DNA, RAPD)标记是Williams等<sup>[25]</sup>于1990年建立的,其以1个通常为10碱基的寡核苷酸序列为引物,对基因组DNA随机扩增,以得到的多态性图谱作为遗传标记。近年来RAPD技术在食用菌遗传育种中得到了广泛的应用。Zhang<sup>[26]</sup>等利用RAPD对15个香菇品种进行了研究,用7个引物就可以把13个香菇品种区分开,说明利用RAPD分析可以区分不同的香菇品种,在香菇遗传育种和品种改良中有重要作用。

Moore<sup>[27]</sup>对26个双孢蘑菇品系进行RAPD分析,用20个引物产生了211个RAPD标记。26个品系可以通过RAPD分析的结果区分出来,说明RAPD可在食用菌纯度鉴定和新品种保护中扮演十分重要的角色。

曾伟等<sup>[28]</sup>应用RAPD分析双孢蘑菇及大肥菇的种内及种间多态性,进一步证实由于双孢蘑菇的遗传保守性,多数孢子为自体可育的异核孢子,从而导致种内相似性很高;而依赖天然杂交的具四孢特性的大肥菇种内相似程度低。张永强等<sup>[29]</sup>对木耳子实体10个单孢萌发而成的单核体进行了RAPD分析,证实其具有极高的同源性。将单核体按其所属的交配型分为两类,每类各5个,构成A1,A2两个基因池。用33种单引物,20种双引物对其进行扩增,结果发现引物OPE19号能在这两个基因池间产生多态性,其中在A2基因池扩增产物中存在1条特异性谱带,而在A1基因池中不存在。推测这一谱带可能是与A2交配型基因连锁的分子标记。

林范学等<sup>[30]</sup>运用RAPD技术对来源于两个香菇双核菌株的孢子单核体、原生质体单核体及其杂交后代进行分析,结果表明,用9个随机引物共扩增出116条DNA片段,其中82.5%具有多态性。综合分析9个随机引物的扩增谱带,可将所有供试亲本的单核体清楚分开,且单核体聚类分析结果与其来源及遗传背景相吻合。此外,用两个双核亲本菌株的4个不同交配型孢子单核体两两交配,所得的杂交组合也可与双核亲本菌株明确地区分开来。

贾建航等<sup>[24]</sup>对香菇空间诱变菌株和对照菌株进行了RAPD分析,结果发现香菇经空间诱变后遗传物质发生了改变。谭琦等<sup>[31]</sup>利用RAPD技术对14个柳松菇野生菌株进行遗传差异测定,11个引物共扩增出96条DNA条带,在此基础上分析并构建了遗传相关聚类图。结果表明,希腊的6个菌株遗传差异较小,其相似系数>90%,与法国的菌株亲缘关系也近,相似系数在70%左右。

2.5.2 线粒体DNA(Mitochondrial DNA, mtDNA)的研究 Fukuda等<sup>[32]</sup>对香菇mtDNA的RFLP遗传规律进行研究,在杂交后代仅有父母双方中一方的mtDNA,在原生质融合后代中发现了重组的mtDNA。说明利用常规杂交育种技术,mtDNA没有发生改变,而原生质融合后代的mtDNA发生了改变。这一发现为利用原生质融合进行香菇遗传育种提供了理论依据。Mary等<sup>[33]</sup>对蘑菇属中双孢蘑菇(*Agaricus bisporus*)和*Agaricus*

*bitorquis* 等几个蘑菇线粒体的 *atp6* 基因序列进行分析, 以发现其亲缘关系, 结果表明, 双孢蘑菇与 *A. subf loccosus*, *A. subperonatus* 可作为一个亚组, *A. bitorquis* 和 *A. campestris* 与双孢蘑菇的亲缘关系最近。

2.5.3 转基因方面的研究 Stoop 等<sup>[34]</sup>1996年首次建立了双孢蘑菇的转化体系, 这为双孢蘑菇的遗传转化工作奠定了良好基础。而分子生物学的发展为食用菌的遗传转化提供了技术支持, 王春晖等<sup>[35]</sup>以平菇DNA为供体, 草菇原生质为受体, 用 PEG, CaCl<sub>2</sub> 作诱导剂, 将平菇DNA导入草菇原生质体, 选育出 V157-1 菌株, 该菌株在菇型、酶活力及生物转化率上与亲本 V157 有显著差异, 该研究为食用菌育种提供了一条新途径。贾建航等<sup>[36]</sup>采用氯化苜方法提取香菇总DNA, 用 Gene Pulser II 电击系统

将香菇DNA导入平菇单核原生质体, 通过香菇DNA的导入, 利用基因互补原理获得了能出菇的转化子 1-1 和 13-48, 并对转化子进行了拮抗试验、菌丝生长速度分析、酯酶同工酶分析和 RAPD 分析。

### 3 展望

综上所述, 由于食用菌的遗传基础复杂, 许多性状受多基因控制, 所以食用菌的遗传工程育种仍有困难。现在主要还是利用自然育种系统, 佐以诱变育种、原生质体融合和转基因等方法来实现种间甚至属间的基因重组。目前品种的更新仍满足不了生产的需要, 从而制约了生产的发展, 但是随着生物学的飞速发展, 杂交育种、原生质融合和分子生物学 3 方面的工作一定能够取得可喜的成绩。

### [参考文献]

- [1] 刘建玲, 阎锡海. 我国现代食用菌技术研究的特点及其前景展望[J]. 延安大学学报(自然科学版), 1999, 18(2): 68- 70
- [2] 张树庭, Miles P G. 食用蕈菌及其栽培[M]. 杨国良, 张金霞, 译. 河北保定: 河北大学出版社, 1992 11- 22
- [3] 陈士瑜. 菇菌生产技术全书[M]. 北京: 中国农业出版社, 1999 26- 28
- [4] 王波, 鲜灵, 唐利民, 等. 黄背木耳组织分离菌株比较试验[J]. 中国食用菌, 2001, 20(3): 8- 9
- [5] 暴增海, 柳焕章, 李月梅. 食用菌栽培原理与技术[M]. 北京: 中国标准出版社, 2000 61- 66
- [6] 吕作舟, 蔡衍山. 食用菌生产技术手册[M]. 北京: 中国农业出版社, 1992 126- 127.
- [7] 陈文良, 顾沁雪. 食用菌育种技术的研究进展[J]. 吉林农业大学学报(自然科学版), 1998, 20(增刊): 183- 187.
- [8] 王泽生, 廖剑华, 陈美元, 等. 双孢蘑菇杂交菌株 A S2796 家系的分子遗传研究[J]. 菌物系统, 2001, 20(2): 233- 237.
- [9] 叶明, 潘迎捷, 马桂荣, 等. 香菇正反双单杂交后代的遗传分析[J]. 菌物系统, 2001, 20(1): 94- 99
- [10] 梁枝荣, 安沫平, 通占元, 等. 利用原生质体融合研究凤尾菇中性菌株的交配反应[J]. 菌物系统, 2001, 20(2): 279- 282
- [11] 梁枝荣, 安沫平, 通占元. 凤尾菇和裂褶菌原生质体非对称融合研究[J]. 菌物系统, 2001, 20(1): 111- 115
- [12] 阎培生, 李桂舫, 蒋家惠, 等. 大球盖菇原生质体再生及单核化特性的研究[J]. 菌物系统, 2001, 20(1): 107- 110
- [13] 李刚, 李宝健. 灵芝原生质体分离与再生研究[J]. 菌物系统, 1999, 18(1): 79- 88
- [14] 梁枝荣, 张喜群, 王澄澈. 原生质体复活供体在食用菌融合中的应用初探[J]. 菌物系统, 1999, 18(3): 341- 342
- [15] 曹文芬, 郭顺星, 徐锦堂, 等. 灵芝原生质体制备、再生及融合的研究[J]. 菌物系统, 1998, 17(1): 51- 56
- [16] 许襄中, 夏道平. 原生质体紫外线诱变选育无孢高产平菇的研究[J]. 食用菌学报, 1997, 4(2): 11- 15
- [17] 朱宝成, 王谦. 原生质体诱变选育无孢平菇[J]. 遗传, 1994, 16(2): 32- 34
- [18] 谈希理, 刘光琼. 辐射选育羊肚菌新菌株及栽培试验总结[J]. 中国食用菌, 2001, 20(5): 39- 42
- [19] 陈再鸣, 曹若彬. <sup>60</sup>Co $\gamma$ 射线对侧耳属变异株的诱变效应[J]. 浙江农业学报, 2001, 13(2): 99- 102
- [20] 韩新才, 杨新美. 光木耳和琥珀木耳营养缺陷型菌株的辐射诱变及鉴定[J]. 中国食用菌, 1994, 13(2): 19- 21
- [21] 陈五岭, 姚胜利. He-N<sub>e</sub>激光在香菇速生高产菌株选育中的应用(I)[J]. 光子学报, 1997, 26(11): 972- 976
- [22] 陈五岭, 姚胜利. He-N<sub>e</sub>激光在香菇速生高产菌株选育中的应用(II)[J]. 光子学报, 1997, 26(11): 977- 981
- [23] 陈五岭, 罗海峰. He-N<sub>e</sub>激光诱变的香菇变异株遗传稳定性分析[J]. 光子学报, 2000, 29(4): 380- 384
- [24] 贾建航, 李传友, 金德敏, 等. 香菇空间诱变突变体的分子生物学鉴定研究[J]. 菌物系统, 1999, 18(1): 20- 24
- [25] William J G K, Kubelik A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J]. Nucleic Acids Research, 1990, 18(22): 6531- 6535
- [26] Zhang Y F, Molina F I. Strain typing of *Lentinula edodes* by random amplified polymorphic DNA assay[J]. FEMS Microbiology Letters, 1995, 131(1): 17- 20
- [27] Moore A J, Challen M P, Warner P J, et al. RAPD discrimination of *Agaricus bisporus* mushroom cultivars[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2001, 55(6): 742- 749
- [28] 曾伟, 宋思扬, 王泽生, 等. 双孢蘑菇及大肥菇的种内及种间多态性RAPD分析[J]. 菌物系统, 1999, 18(1): 55- 60
- [29] 张永强, 罗信昌. 木耳交配型混合集群RAPD分析[J]. 菌物系统, 1999, 18(2): 192- 196
- [30] 林范学, 林芳灿. 香菇亲本菌株及其杂交后代的RAPD分析[J]. 菌物系统, 1999, 18(3): 279- 283

- [31] 谭琦, 严培兰. 利用 RAPD 技术对不同地理环境下柳松姑菌株亲缘关系的分析[J]. 上海农业学报, 1999, 15(4): 18-21.
- [32] Fukuda M, Harada Y, Mahori S, et al. Inheritance of mitochondrial DNA in sexual crosses and protoplast cell fusions in *Lentinula edodes* [J]. *Curr Genet*, 1995, 27(6): 550-554.
- [33] Mary M R, Becky C, Paul A H. A phylogeny of the genus *Agaricus* based on mitochondrial ATP6 sequences[J]. *Mycologia*, 2001, 93(1): 30-37.
- [34] Stoop J M H, Mooibroek, H. Advances in genetic analysis and biotechnology of the cultivated button mushroom (*Agaricus bisporus*) [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 1999, 52(4): 474-483.
- [35] 王春晖, 张志光. 外源 DNA 片段导入草菇原生质体的研究[J]. 食用菌学报, 1999, 6(4): 1-6.
- [36] 贾建航, 李小兵. 香菇 DNA 导入平菇原生质体及转化子鉴定研究[J]. 食用菌学报, 1997, 4(4): 5-10.

## Review of edible fungi breeding

MA San-mei<sup>1</sup>, WANG Yong-fei<sup>1</sup>, YI Ru-han<sup>2</sup>

(1 Department of Bioengineering, Jinan University, Guangzhou, Guangdong 510632, China;

2 Department of Environment Engineering, Jinan University, Guangzhou, Guangdong 510632, China)

**Abstract:** This review focuses on the breeding objectives, isolation of homokaryons and isolation of tissue, crossbreeding, protoplast fusion, induced mutation breeding and molecular biology of edible fungi. It also puts forward that with the development of biology, cross-breeding, protoplast fusion and molecular biology are the development trend for edible fungi breeding.

**Key words:** edible fungi; breeding objectives; breeding methods

### · 简 讯 ·

## 国家农业科技成果转化资金项目 “高产、优质、多抗杂种小麦新品种西杂一号 大面积生产区试与示范”通过验收

由著名小麦育种专家、西北农林科技大学博士生导师张改生教授,主持承担的国家农业科技成果转化资金项目——“高产、优质、多抗杂种小麦新品种西杂一号大面积生产区试与示范”,于2004年3月6日在陕西杨凌通过了由国家科技部委托的陕西省科技厅组织的专家验收。

项目实施2年来,该项目组圆满完成了项目合同所规定的各项任务,建成了小麦杂交种亲本繁殖、制种与示范基地12个,并建成一套完整的杂种小麦育、繁、推一体化技术体系与推广转化网络。项目实施中新选育出的杂种小麦新组合“西杂五号”已完成陕西省区试并进入国家区试,新筛选出的具有自主知识产权的小麦杀雄剂SQ-1,不但已应用于杂种小麦优化制种,而且还成功地应用于小麦常规育种技术的改进,为我国小麦育种技术的综合改良作出了重要贡献。项目实施期间,累计制种面积达552.67 hm<sup>2</sup>,生产示范2.7万 hm<sup>2</sup>;净增小麦约2.43万 t,新增产值约3181万元,取得了明显的社会效益和经济效益。同时还与杨凌控股集团成立了全国唯一的专业性杂种小麦公司——杨凌金威特杂种小麦有限责任公司,为杂种小麦产业化的进一步扩大发展和大面积生产奠定了坚实的基础。

验收委员会还认为,该转化资金项目利用现有已审定的杂交小麦“西杂一号”的明显增产特点和市场化特点,并配套以高效优化制种技术,不但大幅度提高了小麦单产,改良了小麦品质,提高了农民收入,而且对我国稳粮促经和两高一优农业结构的调整,以及维护农业可持续发展,提高我国小麦生产的国际竞争力和确保我国21世纪粮食安全都具有非常重要的现实意义。与会专家一致认为,项目技术成果必将有力地推动我国杂种小麦的科研与生产,是我国小麦杂种优势利用研究上的一项重大突破。

(温晓平 供稿)