

· 特邀综述 ·

## 我国杂粮种质资源创新研究: 现状与展望

武晶<sup>1</sup>, 汤沙<sup>1</sup>, 王红霞<sup>2</sup>, 常金华<sup>3</sup>, 刘长友<sup>4</sup>, 张凯旋<sup>1</sup>, 刘永辉<sup>1</sup>, 王彦楠<sup>1</sup>, 韩渊怀<sup>5</sup>, 刁现民<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; <sup>2</sup>中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所, 上海 200032

<sup>3</sup>河北农业大学, 保定 071001; <sup>4</sup>河北省农林科学院粮油作物研究所, 石家庄 050035; <sup>5</sup>山西农业大学, 太原 030031

**摘要** 该文系统综述了我国杂粮种质资源保存、鉴定评价、创新利用、基因资源挖掘研究现状, 以及基础研究存在的问题和挑战, 并提出杂粮研究的重点和发展方向。

**关键词** 杂粮, 种质资源, 基因

武晶, 汤沙, 王红霞, 常金华, 刘长友, 张凯旋, 刘永辉, 王彦楠, 韩渊怀, 刁现民 (2023). 我国杂粮种质资源创新研究: 现状与展望. *植物学报* 58, 6–21.

杂粮通常指水稻(*Oryza sativa*)、小麦(*Triticum aestivum*)、玉米(*Zea mays*)和大豆(*Glycine max*)以外的粮豆作物, 主要包括谷子(*Setaria italica*)、高粱(*Sorghum bicolor*)、糜子(*Panicum miliaceum*)、燕麦(*Avena sativa*)、荞麦(*Fagopyrum esculentum*)、大麦(*Hordeum vulgare*)、青稞(*H. vulgare var. nudum*)、甘薯(*Ipomoea batatas*), 以及普通菜豆(*Phaseolus vulgaris*)、绿豆(*Vigna radiata*)、小豆(*V. angularis*)、蚕豆(*Vicia faba*)和豌豆(*Pisum sativum*)等各类粮豆作物。我国素有“杂粮王国”之称, 是世界上最主要的杂粮生产国。据统计, 我国杂粮常年种植面积约  $1 \times 10^7$  hm<sup>2</sup>, 占全国粮食作物播种面积的9%–10%, 主要种植在干旱、半干旱地区, 是我国粮食供应体系和农业产业经济的重要组成部分, 对于保障区域性粮食安全和全社会食物多样性具有重要意义。杂粮抗旱节水、耐瘠薄, 是环境友好型作物, 也是应对环境挑战的重要战略储备。例如, 糜子和高粱的水分利用效率明显高于玉米, 被国际上认为是应对气候变暖和日益干旱环境的战略储备作物 (Pardo and VanBuren, 2021)。荞麦、糜子和绿豆等杂粮生育期短, 是典型的救灾作物(张耘等, 2007)。杂粮多具有特殊的功能成分, 其独特的营养保健功能为人民健康安

全保障和改善大众膳食结构所必需。谷子富含微量元素硒、铁和多种维生素, 具有防治失眠和心脑血管粥样硬化的作用; 燕麦富含皂甙素和 $\beta$ -葡聚糖, 对降低血脂有特殊功效; 荞麦富含生物类黄酮, 对软化血管及调节血脂血糖作用显著; 食用豆类则是重要的植物蛋白质来源(张耘等, 2007)。

加强杂粮基础研究, 保护我国特有的杂粮资源, 占领杂粮基础研究的全球制高点, 可为实现杂粮“绿色革命”奠定物质基础, 充分发挥杂粮在粮食安全主战场中的作用。杂粮特色资源的鉴定和开发利用, 如明光绿豆、定边红花荞麦、沁县沁州黄小米等农产品, 带动了农户增收致富, 成为拉动农村经济发展的新引擎和乡村振兴的重要抓手。我国杂粮种质资源丰富, 特色鲜明, 蕴含抗逆、营养成分突出等特有的优异基因资源。谷子和糜子的抗旱耐逆性强, 合成干物质需水少; 同时, 谷子及其野生祖先青狗尾草(*S. viridis*)正逐步发展成为禾谷类作物耐逆和C<sub>4</sub>光合作用研究的模式作物。因此, 挖掘其特有基因和独特的调控网络日益受到关注。此外, 杂粮营养成分突出, 对杂粮进行营养成分鉴定和利用价值评估, 挖掘控制高营养成分的基因/位点进而阐明其分子机制, 可为杂粮甚至主要粮食作物营养成分的改善奠定遗传基础, 并拓

收稿日期: 2022-08-19; 接受日期: 2022-12-01

基金项目: 国家重点研发计划(No.2019YFD1000700, No.2019YFD1000704)、国家谷子高粱产业技术体系(No.CARS-07)和国家食用豆产业技术体系(No.CARS-08)

\* 通讯作者。E-mail: diaoxianmin@caas.cn

宽未来营养健康食品的来源。相信不久的将来, 随着基因编辑和基因组技术在杂粮研究中的应用, 以及杂粮特有特优特异基因的挖掘, 将促进杂粮育种水平的迭代升级, 分子育种在杂粮中的应用也指日可待, 并带动整个杂粮产业的快速发展。

近年来, 我国杂粮基础研究取得系列突破, 在谷子、青稞、高粱、小豆和糜子等基因组测序, 谷子、普通菜豆和荞麦等单倍型图谱构建, 以及谷子、大麦和甘薯等作物功能基因挖掘方面取得重要进展, 奠定了我国部分杂粮基础研究在国际上的领先地位(Zhang et al., 2012, 2017, 2020; Jia et al., 2013; Zeng et al., 2015; Yang et al., 2015, 2022b; Shi et al., 2019; Zou et al., 2019; Wu et al., 2020; Peng et al., 2022; Guan et al., 2022)。然而, 与发达国家及大宗作物相比依然存在差距, 杂粮重大基础理论创新仍显不足。因此, 梳理我国杂粮在种质资源和基因资源等基础性研究方面的发展现状和存在的问题, 对我国抢占世界杂粮科技制高点、推动杂粮产业跨越式发展具有重要意义。

## 1 杂粮种质资源保护与利用现状

### 1.1 杂粮种质资源数量

种质资源是维护地球生物多样性、保障人类粮食安全和推动农业可持续发展的“希望火种”。我国是世界上保存杂粮种质资源种类最为丰富且数量最多的国家。截至目前, 国家作物种质库保存谷子、高粱、食用豆、燕麦、荞麦、大麦和甘薯等27个种的野生近缘种、地方品种和育成品种等种质资源共计13.4万份, 占国家作物种质库资源总量的四分之一, 其中食用豆的种质资源最多, 共计16个种约4.2万份。同时, 起源于我国的杂粮种质资源不仅数量多, 遗传多样性也较为丰富, 如我国保存谷子种质资源28 915份, 占世界谷子资源总量的70% (刁现民, 2022)。此外, 对起源于我国的作物, 研究人员特别重视对野生资源的保护利用。我国拥有全部的荞麦野生种, 除皱叶野荞麦(*F. crispatifolium*)以外, 其余20个荞麦属物种(含全部变种或亚种)已经保存于国家种质库(范昱等, 2020)。种质资源的数量与作物产区密切相关, 山西、河北、河南和山东的谷子资源数量约占总数量的70%, 而南方省份不是谷子产区, 因此资源数量很少, 尤其是东南

地区的浙江和福建等省份(刁现民, 2022)。丰富多样的种质资源为杂粮遗传育种基础研究和种业创新奠定了坚实的物质基础。

### 1.2 杂粮种质资源鉴定评价

针对杂粮丰富的种质资源开展表型鉴定和评价, 对于挖掘和利用优异种质资源具有重要意义。在对大量种质资源表型性状开展鉴定评价之前, 研究人员首先通过遗传多样性分析构建核心种质。目前, 每种杂粮均已构建了一套多样性较为丰富的核心种质, 核心种质包括野生种、地方品种和现代育成品种, 同时也从地域上保证遗传多样性, 既包括国内种质也包括国外种质。例如, 在普通菜豆中, 构建了包含683份种质资源的核心种质(包含529个地方品种和154个育成品种), 其中, 555份材料来源于国内, 128份材料来源于国外, 可以覆盖现有种质资源75%的遗传多样性(Wu et al., 2020)。

#### 1.2.1 表型鉴定

在构建核心种质的基础上, 研究人员针对核心种质逐步开展重要表型性状的鉴定评价。产量性状是关注的首要指标, 因此表型性状的鉴定评价居多, 筛选出产量性状突出的优异种质资源, 将其提供给育种家作为培育新品种的基础材料。在谷子中, 已构建了含499份农家品种、331份育成品种和111份国外品种的谷子应用核心种质, 在5个环境下对47个农艺和植物学性状进行了鉴定(Jia et al., 2013)。在此基础上, 对其中878份谷子种质资源的株高、穗长和单穗重等15个农艺性状进行鉴定, 利用主成分分析法和逐步回归分析法鉴定出单穗重和单穗粒重双高资源甘肃农家品种红金转以及长穗资源甘肃农家种昆昌谷(王海岗等, 2016)。周瑜等(2021)通过423份高粱种质资源的表型鉴定, 筛选出1份特矮秆和23份矮秆种质, 可为矮化育种提供新的资源。蔡羽等(2019)通过对我国102份大麦种质资源的15个产量性状进行鉴定, 筛选出4份具有高秆、大叶和抗倒伏等优异性状且适于籽粒选育的大麦资源。王兰芬等(2016)对646份普通菜豆种质资源进行表型鉴定, 筛选出35份具有大粒、多荚、长荚和宽荚等优异性状的种质资源。尽管已经完成了上万份种质资源的鉴定评价, 但整体而言, 鉴定评价的深度和广度还不足, 与我国保存的10万份杂粮种

质资源相比,完成表型鉴定的种质数量还远远不够。

### 1.2.2 核心种质精准鉴定

近年来,随着精准鉴定在小麦、水稻、玉米和大豆等主要粮食作物中逐步展开,谷子、普通菜豆、荞麦、绿豆和高粱等杂粮也完成了核心种质的精准鉴定,同时,构建了核心种质的表型和基因型变异库,为杂粮的育种生产提供了丰富的优异种质/基因资源。在谷子中,已完成了916份种质资源的生育期、株型穗型变异、籽粒产量形成和抗病能力等主要农艺性状在5个独立环境下的鉴定(Jia et al., 2013)。在食用豆中,完成了国内外683份普通菜豆种质资源在纬度差异较大的三亚、毕节、南阳和哈尔滨4地3年的产量、花期、籽粒特性和抗病性等主要农艺性状的鉴定评价(Wu et al., 2020);对475份小豆种质资源在北京、南宁和南阳等地的重要农艺性状进行鉴定评价,筛选出一批高产、早熟且适应性强的优异种质资源(Hu et al., 2022)。精准鉴定的开展为我国杂粮的基因挖掘与遗传改良提供了丰富的表型和基因型数据,大大提高了种质资源的利用效率和水平。

传改良提供了丰富的表型和基因型数据,大大提高了种质资源的利用效率和水平。

### 1.2.3 病虫害抗性鉴定

病虫害严重影响作物的产量和品质,病虫害抗性鉴定也是杂粮种质资源鉴定的重要内容之一。目前,已经完成了谷子谷瘟病、高粱丝黑穗病、大麦赤霉病、普通菜豆细菌性疫病、绿豆根腐病、豌豆白粉病、小豆尾孢枯叶病、蚕豆锈病以及甘薯黑斑病等生产中主要病害和蚜虫及豆象等虫害的抗性鉴定评价(表1,表2)。病虫害的抗性鉴定主要包括室内可控条件和田间鉴定2种方式。采用喷雾器接种法完成了2040份小豆种质资源尾孢叶斑病成株期抗病鉴定,获得抗性资源B1494等;采用大田自然病圃法鉴定241份蚕豆种质资源锈病抗性,获得2份高抗材料96-99和9584-1-1。同时,在室内温湿可控条件下,主要针对苗期病害进行评价。例如,利用玉米粉接种体法完成了362份普通菜豆种质资源镰孢菌枯萎病的抗性评价;Li等

表1 杂粮病害抗性鉴定评价(部分)

Table 1 Identification and evaluation of disease resistance in minor cereals (partial)

作物	病害	鉴定数量(份)	鉴定时期	优异资源	参考文献
谷子	谷瘟病	1468	苗期	民权青谷、开封麦茬谷和西华老来变等	卫丽等, 1999
	黑穗病	2050	成株期	南京19和龙爪粘谷子等	温琪汾等, 2006
高粱	丝黑穗病	150	成株期	45A和L429A等	姜钰等, 2015
	黑束病	110	成株期	LR625和1038R等	胡兰等, 2019
大麦	冠锈病	75	苗期	阿青6号和藏青320等	田晓等, 2018
	白粉病	921	成株期	木石港3号和S-096等	黄金堂等, 2008
	根腐病	205	苗期	垦啤麦9号和蒙啤麦3号等	吕二锁等, 2015
普通菜豆	细菌性疫病	146	苗期	金连豆和BAT1198等	朱吉凤等, 2015
	镰孢菌枯萎病	362	苗期	土褐豆和AFR703等	薛仁凤, 2012
	炭疽病	683	苗期	红芸豆等	Wu et al., 2020
绿豆	枯萎病	215	苗期	榆绿1号和绿资5(白荚)等	沈颖超等, 2022
豌豆	白粉病	396	苗期	B582-179和G0002602等	王仲怡等, 2013
小豆	尾孢叶斑病	2040	成株期	B1494	魏淑红, 2000
	锈病	1003	苗期	B1484、B1485和B1488等	曹如槐等, 1991
	白粉病	500	成株期	G-I-20和86早27等	喻少帆等, 1997
	疫霉茎腐病	70	苗期	B276和B491等	朱振东和王晓鸣, 2003
蚕豆	锈病	241	成株期	96-99和9584-1-1等	李月秋等, 2002
甘薯	黑斑病	1107	成株期	满村香和小白藤等	赵冬兰等, 2005
	基腐病	126	成株期	浙薯255和浙薯38	沈升法等, 2022
	茎线虫病	768	成株期	假芋薯、徐79-6-1和W71等	孙近友等, 1993
荞麦	轮纹病	50	苗期	YZ-18	卢文洁等, 2017

表2 杂粮虫害抗性鉴定评价(部分)

Table 2 Identification and evaluation of insect pest resistance in minor cereals (partial)

作物	虫害	鉴定数量(份)	鉴定时期	优异资源	参考文献
高粱	麦二叉蚜和高粱蚜	292	苗期和成株期	PB14648-6和PI550607等	杨慧勇等, 2020
普通菜豆	豆蚜	800	苗期	F0000478和F0001927等	韩文智等, 1991
绿豆	绿豆象	481	/	C05199、C05202和C05528	陈红霖等, 2020
蚕豆	绿豆象	500	/	H0048、H0092和H0094等	张红岩等, 2016
豌豆	绿豆象	256	/	G0003519和G0003837等	仲伟文等, 2014
	豌豆蚜	406	成株期	G0274和G0649等	苟桂珍和朱健美, 1991

(2021)完成了900多份谷子核心种质的苗期谷瘟病抗性鉴定, 鉴定出大毛毛谷、黄棒头和齐头黄等高抗基因型, 高抗材料占总样品数的1.6%。此外, 为了获得稳定一致的抗性资源, 也有研究者采用温室和田间鉴定2种方法相结合进行资源评价。例如, 通过对800份普通菜豆种质资源室内和田间评价相结合鉴定出2份中等豆蚜抗性资源(表1, 表2)。

#### 1.2.4 抗逆性鉴定

杂粮具有抗旱、耐盐碱、耐贫瘠和适应性强等特点。因此, 开展杂粮非生物逆境抗性资源筛选, 不仅对于培育抗性品种具有重要意义, 而且其所蕴含的抗性基因资源对于改善杂粮及其它作物的抗性亦有重要价值。目前, 杂粮的非生物逆境抗性鉴定主要集中在干旱、盐害和冷害等方面(表3)。非生物逆境抗性受环境影响较大, 因此研究者对抗性进行评价多针对作物的不同时期。例如, 已完成了普通菜豆种质芽期、苗期和成株期抗旱性鉴定, 从644份材料中鉴定出小饭豆和六十日早等芽期抗旱种质以及四季豆、家雀蛋和白芸豆等苗期抗旱种质, 从210份材料中鉴定出奶花芸豆、白菜豆和ISB-82-865等成株期高抗旱种质; 对谷子不同生育时期的抗性鉴定也获得了一批抗性资源。例如, 对3 761份谷子进行全生育期田间抗旱鉴定, 结果鉴定出晋谷20号、狼尾巴、朱砂红、东方亮、94-33和鹅羊谷等抗旱性强的种质资源(表3)。耐盐性是近年来备受关注的重点性状之一。胡亮亮等(2022)对346份绿豆种质资源进行胁迫处理后, 通过对地上部鲜重、根鲜重和根长等指标的分析, 鉴定出苗期高耐盐种质1份。通过杂粮的表型鉴定评价, 筛选出抗旱、耐盐碱和耐冷的杂粮种质资源, 可为提高杂粮抗逆能力奠定基础(表3)。

#### 1.2.5 品质性状鉴定

杂粮营养丰富, 既可作为主食补充营养, 又可调节膳食结构, 一些杂粮还具有“药食同源”的养生作用。我国科学家开展了一系列杂粮品质性状的鉴定评价, 挖掘了一批品质优良的杂粮种质资源, 为杂粮产业发展注入了活力。整体上来看, 杂粮中对蛋白质、脂肪和淀粉的评价居多, 而对其它特有营养成分的鉴定偏少。对1 468份谷子种质测定蛋白质和脂肪含量, 鉴定出辉县十里香和系县狗尾巴等10份高蛋白、高脂肪谷子资源; 对532份高粱种质粗蛋白、赖氨酸和单宁含量进行测定, 筛选出高蛋白、高赖氨酸和低单宁优异资源15份(如白高粱和板八高粱); 对山西省种质库内保存的149份普通菜豆种质资源进行蛋白质和淀粉含量评价, 鉴定出高蛋白资源13份、高淀粉资源2份、高脂肪资源1份和高纤维资源6份; 对362份小豆种质资源的出沙率、亮度和红度进行分析, 鉴定出高沙率种质86早47等和高亮度、高红度种质B-1-1、86中57、HBN-1和JN95-0等(表4)。杂粮特有营养成分鉴定也取得了一定进展, 对来自全国不同地区的169份谷子黄色素含量与外观品质进行鉴定评价, 获得高黄色素(主要为类胡萝卜素)种质安04-4117和保31811等23份材料; 对31份荞麦种质资源黄酮类化合物含量进行测定, 筛选出高黄酮种质昭苦2号, 对39份荞麦种质资源芦丁含量进行测定, 筛选出高芦丁种质黔苦4号和甜荞(表4)。

#### 1.3 杂粮优异资源的挖掘利用

近百年的作物遗传育种历史表明, 重要资源的发现和利用是作物育种突破和生产水平提升的关键, 杂粮也表现出同样的规律。在谷子方面, 从引进的资源中鉴定出株高中等、抗倒伏的材料六十日, 陈家驹等

表3 杂粮非生物逆境抗性鉴定评价(部分)

Table 3 Identification and evaluation of abiotic stress tolerance in minor cereals (partial)

作物	非生物逆境	鉴定数量(份)	鉴定时期	优异资源	参考文献
谷子	干旱	3761	全生育期	狼尾巴和朱砂红等	温琪汾等, 2005
		201	芽期	郑821和衡8326等	秦岭等, 2013
	盐碱	100	萌发期	晋育红谷、公矮6号、红钙谷和晋谷29	张笛等, 2019
		63	萌发期	济谷16和汾特11号等	韩飞等, 2018
高粱	干旱	396	萌发期	L316、494、L269和24-1	张丽霞等, 2018
	盐碱	6000	芽期和苗期	双粒和库车黄等	王明珍等, 1992
大麦	干旱	100	成株期	S-130、Z16和沾益红毛大麦等	张毅等, 2022
	盐碱	10234	萌发期	福84-8104和浙9343等	谢承陶, 1993
普通菜豆	干旱	644	芽期	小饭豆和六十日早	Wu et al., 2022a
			苗期	四季豆、家雀蛋和白芸豆等	
绿豆	盐碱	42	苗期	黑芸豆和紫花芸豆等	李琳等, 2016
		113	芽期	当地吉豆等	王兰芬等, 2014
	干旱	70	苗期	C0005161等	王兰芬等, 2015
		303	成株期	C0000062和冀绿2号等	王兰芬等, 2019
豌豆	盐碱	346	苗期	C0004125和C0006310等	胡亮亮等, 2022
	干旱	87	芽期	G0002457和G0002293等	李玲等, 2017
小豆	盐碱	32	芽期	QW27和法国618等	亚秀秀等, 2022
	干旱	235	苗期	R147和CCA065	单云鹏等, 2019
蚕豆	盐碱	1059	芽期	B1555、B1556和B1627等	王修臣等, 1992
		384	苗期	G-I-34、JN95-0和E0064	濮绍京等, 2008
	冷害	31	芽期	H0000995、Z4和H0000693等	樊有存, 2021
甘薯	盐碱	200	全生育期	S37-2和苏薯14号等	马佩勇等, 2018
	寒害	441	成株期	雪薯和冬薯等	张雄坚等, 2008
荞麦	干旱	290	芽期	品苦1号等	杨迪, 2021

(1984)利用该亲本培育出燕谷1号等抗倒伏品种。豫谷1号由六十日和土龙杂交选育而成, 并获国家发明奖二等奖。此外, 利用六十日还育成了鲁谷4号和冀谷6号。至20世纪90年代, 华北地区育成和推广的谷子品种70%以上具有六十日血缘。这些品种的培育使谷子株高降低20–30 cm, 抗倒伏性显著增强, 单产水平提高15%左右, 稳产性也显著增强。在甘薯方面, 徐薯18是1976年育成的品种, 该品种高产高抗根腐病, 有效缓解了制约中国甘薯生产的严重病害, 是我国推广面积最大的高产高淀粉品种, 曾获得国家科技发明一等奖, 并一直作为国家区域试验的对照品种。由于其具备高产、抗病和耐储等特点, 已被多家科研单位引进用作骨干亲本。截至2016年, 以徐薯18作为直接亲本先后衍生出优良甘薯新品种52个(王连军等, 2018)。在芸豆方面, 对农家品种黑芸豆进行辐射诱变, 鉴定出直立、抗倒伏材料龙芸豆4号, 利用其为亲

本延伸培育出龙芸豆14等抗倒伏品种。此外, 育种家以龙芸豆4号为亲本选育出中芸10号等芸豆新品种, 芸豆新品种的选育与应用获得黑龙江省科学技术进步二等奖。目前, 东北地区育成和推广的小黑芸豆品种80%以上具有龙芸豆4号血缘。这些品种的培育使芸豆株型从蔓生、半蔓生到直立, 抗倒伏性显著增强, 更适合机械化收获, 单产水平提高10%以上, 稳产性也显著增强。在燕麦方面, 裸燕麦资源永492具有抗倒伏、抗秆锈和黄矮的特点, 经系统选育而成的燕麦新品种小46-5, 是我国第1个水浇地高产燕麦品种, 较当时主栽品种华北2号增产32.1%, 并在20世纪70–80年代推广应用(任长忠和杨才, 2018)。利用该品种作亲本或延伸品种培育出冀张莜2号、冀张莜3号、冀张莜12号、品2号、晋20-1、内燕6号、蒙燕2号、内农大莜2号、定莜1号、定莜3号、坝莜3号、花中21号、坝莜8号和冀张莜11号等品种, 占我国杂交选育

表4 杂粮品质性状鉴定评价(部分)

Table 4 Identification and evaluation of quality traits in minor cereals (partial)

作物	品质性状	鉴定数量(份)	优质资源	参考文献
谷子	蛋白质和脂肪含量	1468	高蛋白、高脂肪种质: 辉县十里香和系县狗尾巴等	卫丽等, 1999
	粗蛋白、粗脂肪、赖氨酸和可溶性糖含量	2353	高蛋白、高脂肪种质: 高平秃头白和长治大黄谷等	王星玉, 1985
	黄色素含量	169	高黄色素种质: 安04-4117和保31811等	杨延兵等, 2012
	硒和蛋白质含量	112	高硒种质: 蝇头黄谷、毛毛谷和竹叶青等	刘三才等, 2009
高粱	单宁含量	827	低单宁种质: 花高粱和白高粱等	庾正平和贾丽娟, 1992
	粗蛋白、赖氨酸和单宁含量	532	高蛋白、高赖氨酸、低单宁种质: 白高粱和板八高粱等	朱志华等, 2003
大麦	蛋白质和赖氨酸含量	7089	高蛋白、高赖氨酸种质: 裸仁大麦和长芒大麦等	林澄菲等, 1991
	淀粉含量	179	高淀粉种质: 糯大麦(引) C2-2、USA-β和盐引2012-13	张英虎等, 2018
普通菜豆	粗蛋白、粗淀粉、粗脂肪和粗纤维含量	149	高蛋白种质: F0001239和F0001558 高淀粉种质: F0001952和F0001956 高脂肪种质: F0001474 高纤维种质: F0001571	郝晓鹏等, 2016
绿豆	蛋白质含量	850	高蛋白种质: DO317、D0946、DO287、DO428、DO846和DO47	贺微仙等, 1987
	淀粉含量	831	高淀粉种质: DO595、DO0049、DO431和DO433	
豌豆	花青素含量	234	高花青素种质: ABYSSINICUM、L805、ASIATICUM和EDELPERLE	田茜等, 2019
小豆	出沙率、亮度和红度	362	高出沙率种质: 86早47等	金文林等, 2006
	蛋白质含量	207	高亮度、高红度种质: B-1-1、86中57、HBN-1和JN95-0 高蛋白种质: EO570、EO1037、EO399、EO151、EO-258和EO945	贺微仙等, 1987
	淀粉含量	206	高淀粉种质: EO72、EO582、EO395和EO417	
蚕豆	蛋白质和淀粉含量	130	高蛋白种质: 竹秆青和样蚕豆 高淀粉种质: 小粒蚕豆和大扁蚕豆	唐代艳, 1990
甘薯	淀粉含量	332	高淀粉种质: 滕冲本地种、浙舟84-64和干系682-11等	张允刚和郭小丁, 2003
荞麦	黄酮含量	31	高黄酮种质: 昭苦2号	张广峰等, 2020
	芦丁含量	39	高芦丁种质: 黔苦4号和甜荞	秦培友, 2012

裸燕麦品种的20%以上。这些品种的选育使我国燕麦抗倒伏性显著增强, 单产水平提高30%以上, 稳产性也显著增强。此外, 亚蔬绿豆VC2719A、青稞昆仑1号和高粱A2V4A等优异种质也在杂粮品种的更新换代中发挥巨大作用。

## 2 杂粮新种质创制

我国杂粮新种质创制起步较晚。随着对种质资源研究越来越深入, 研究人员开始利用自然变异和杂交的方法创新种质, 并应用于育种生产, 之后物理化学诱变也广泛应用于杂粮的种质创新。在谷子中, 以郑矮2号为材料, 采用体细胞辐射诱变, 创制出矮秆紧凑株型骨干亲本矮88。该材料在谷子育种中的利用再次显著降低了谷子的株高, 提升了谷子的抗倒伏能力。据

不完全统计, 利用矮88及其衍生品种作为亲本, 目前已培育出77个审定或登记的新品种。在食用豆新种质创制方面, 以盐城红小豆1号为骨干亲本, 与地方品种和育成品种杂交育成的高产优质品种苏红2号、苏红3号、苏红4号和苏红5号成为江苏省红小豆主栽品种; 绿豆VC1973A与V2709有性杂交选育的高抗豆象的绿豆品种中绿4号, 利用引进绿豆VC1973A与VC2768A有性杂交选育的抗叶斑病中绿5号, 丰富了我国抗病虫绿豆种质资源(王乐政等, 2016)。时至今日, 通过杂交创新种质, 培育新品种仍是绿豆育种的主要手段。

与此同时, 利用物理、化学和航天诱变等手段创新种质, 进而培育新品种也取得了长足的进步。在谷子中, 通过Co<sup>60</sup> γ射线辐射谷子晋汾52选育出的晋谷21号, 两次荣获中国优质小米之冠(陈瑛和景小兰,

1991)。在食用豆中,利用 $\text{Co}^{60}$   $\gamma$ 射线辐射诱变处理农家品种普通菜豆,培育出我国第1个黑色直立型普通菜豆龙芸4号(魏淑红, 1997),并成为新品种培育的主要杂交亲本种质资源,且近年培育出新品种龙芸豆14和龙芸豆17(王强等, 2017, 2022);以小豆材料河北801为亲本,经电子束辐射诱变选育而成的京农24号,具有高产、广适及抗病的特点。在大麦中,采用 $\text{Co}^{60}$   $\gamma$ 射线辐射诱变后经连续定向选育而成的二棱啤酒大麦新品种扬啤4号集高产、多抗和优质于一体。化学诱变主要是利用甲基磺酸乙酯(EMS)诱变农作物创制突变体库,利用EMS诱变京农6号构建突变体库,培育出京农22号和京农26号等小豆新品种;以我国东北地区大麦地方品种哈铁系为材料,创制了EMS突变体库,有力支撑了我国大麦种质创新利用(Jiang et al., 2022)。随着转基因和基因编辑等手段在主粮作物中的成功应用,在杂粮中也开始尝试采用新技术创新种质。利用基因编辑技术在高粱中首次敲除了*SbBADH2*基因,创制出新型香高粱种质(Zhang et al., 2022)。此外,利用CRIPR/Cas9技术对大麦淀粉合成酶基因*SSIIa*进行编辑,获得了高抗性淀粉大麦新种质(Yang et al., 2022a)。

### 3 杂粮基因资源研究进展

#### 3.1 杂粮基因组研究

基因组蕴含了物种的全部遗传信息,是作物种质资源遗传多样性分析、资源精准鉴定以及基因功能研究的基础。近年来,随着测序技术的快速发展,特别是三代测序技术的出现,使基因组序列的组装更加便捷。我国科学家先后构建了谷子、小豆、荞麦、青稞、糜子、豌豆和燕麦等杂粮的基因组框架图(Zhang et al., 2012, 2017; Zeng et al., 2015; Yang et al., 2015, 2022b; Zou et al., 2019; Shi et al., 2019; Guan et al., 2022; Peng et al., 2022)。2012年,中美两国科研人员同时公布了我国谷子优异种质资源豫谷1号和张谷的全基因组序列(Bennetzen et al., 2012; Zhang et al., 2012);在国际上首次绘制出青稞基因组图谱,其大小为3.89 Gb,助力高原作物的适应性机制研究(Zeng et al., 2015);中国豌豆主栽品种中豌6号的基因组组装和解析,解决了长期以来悬而未决的豌豆基因组精细物理图谱组装难题,揭示了豌豆基因组结构

和进化的特征,发掘了一批与粒型、株高和莢型等孟德尔性状及重要农艺性状相关的位点和基因(Yang et al., 2022b);组装完成了苦荞和金荞高质量参考基因组,并从基因组水平揭示了金荞麦和苦荞性状差异的主要原因,推动了荞麦重要基因挖掘和遗传改良进程(Zhang et al., 2021; He et al., 2022);绘制六倍体甘薯的基因组精细图谱,开创了多倍体复杂基因组组装和分析的先河,具有重要意义(Yang et al., 2017);绘制了我国裸燕麦起源中心地方燕麦品种的分子图谱,获得了裸燕麦的高质量参考基因组,注释约12万个蛋白质编码基因(Peng et al., 2022)。泛基因组是一个物种内所有基因组信息的总和,包含该物种核心基因组和个体特有的可变基因组。近年来,研究人员意识到,由于物种内部个体差异,单个高质量基因组无法代表该物种的全部遗传信息,使得泛基因组成为基因组学领域的研究热点。目前,泛基因组研究在水稻、大豆、玉米、小麦和番茄等作物中已经取得了丰硕的成果(Bayer et al., 2020),但是在杂粮中相关研究较少。在高粱中,综合应用三代测序、Hi-C和转录组等多组学技术,对13个高粱品种(包含拟高粱、野生高粱和栽培高粱)进行从头组装,整合已经公布的栽培高粱参考基因组,构建具有广泛代表性的高粱泛基因组,极大地丰富了高粱基因库资源库的多样性(Tao et al., 2021)。在绿豆中,对217份绿豆核心种质进行全基因组重测序,使用Map-to-pan策略构建了首个绿豆泛基因组,其大小约为763 Mb,共鉴定出43 462个预测基因(Liu et al., 2022)。对杂粮进行大规模重测序和泛基因组研究,从群体水平揭示了杂粮遗传变异规律,不仅为杂粮基础研究提供了海量基因型数据,而且为其分子育种提供了优异的基因资源。

#### 3.2 杂粮优异基因资源挖掘

随着基因组、转录组和泛基因组等研究在杂粮中的迅速开展,杂粮基因资源挖掘也由之前的SSR标记定位快速向基因克隆和关键基因解码转变,在杂粮中也克隆到一系列控制产量、抗病虫、抗旱、抗盐和品质等性状的基因。总体上,谷子和高粱的基因克隆及性状形成机制解析在杂粮中发展较为迅速。食用豆、荞麦和甘薯等杂粮也处于快速发展时期。同前,已克隆了一些高产、抗病虫和耐逆等相关基因,有谷子株高基因*D1*(Zhao et al., 2019)、穗发育关键调控基因

*Loose Panicle1*、*SiBor1*和*SiAUX1*等(Xiang et al., 2017; Tang et al., 2022; Wang et al., 2022a)、抗旱基因*SiARDP*、*PLDa1*、*SiMYB56*和*SiASR4*等(Peng et al., 2010; Li et al., 2014, 2017; Xu et al., 2020); 高粱芒基因*Awn1* (Zhou et al., 2021)和裸粒基因*GC1 (Glume Coverage 1)* (Xie et al., 2022); 普通菜豆生长习性基因*gh-lz* (刘春良等, 2017)、炭疽病抗性基因*Co-1<sup>HY</sup>* (Chen et al., 2017)和抗旱基因*PvXIP1;2* (Wu et al., 2022b); 大麦棱形基因*Vrs1a4* (Wang et al., 2021); 苦荞耐逆基因*FtMYB13*、*FtbHLLH3*和*FtbZIP83* (Yao et al., 2017; Huang et al., 2018; Li et al., 2019); 甘薯抗病虫相关基因*IbMIPS1*和*IbBBX24* (Zhai et al., 2016; Zhang et al., 2020)等。而对品质性状基因的定位和克隆研究要少, 包括谷子黄色素基因*PSY1* (Li et al., 2022b)和叶酸结合蛋白基因*SIFBP* (Hou et al., 2022); 高粱单宁合成基因*Tan1* (Xie et al., 2019); 荞麦芦丁合成基因*FtBPM3*和*FtMYB31* (Sun et al., 2020; Ding et al., 2021); 甘薯淀粉相关基因*IbGBSSI*、*IbSBE*和*IbSSI* (李丰, 2017)以及花青素相关基因*Ib3GGT*等(Wang et al., 2018)。

在基因定位和克隆的基础上, 我国科研人员完成了部分基因的作用机制解析。例如, 谷子叶片披垂基因*DPY1*通过与油菜素内酯(BR)共受体胞内的激酶结构互作, 并竞争性地抑制BR受体与共受体间的互作水平, 从而调控植物体早期BR信号过度激活(Zhao et al., 2020)。高粱*Tan1*可通过调节脂肪酸生物合成基因*SbGL2*的表达, 影响脂肪酸衍生挥发物的积累, 进而影响鸟类的取食行为(Xie et al., 2019)。苦荞*FtBPM3*作为E3泛素连接酶能够通过介导*FtMYB11*蛋白质降解来参与苦荞黄酮的生物合成。进一步分析发现, *FtBPM3*能够促进芦丁代谢通路的另一个转录抑制子*FtERF-EAR3*的降解, 从而促进芦丁的生物合成(Ding et al., 2021)。大麦*HvAKT2*和*HvHAK1*的过表达增强了K<sup>+</sup>吸收和H<sup>+</sup>稳态, 进而使干旱耐受性增强。与野生型和沉默株系相比, *HvAKT2*和*HvHAK1*过表达株系在整个质膜上表现出不同的K<sup>+</sup>、H<sup>+</sup>和Ca<sup>2+</sup>通量响应以及叶片中一氧化氮和过氧化氢的产生, 表明高亲和力和低亲和力的K<sup>+</sup>吸收机制及其与H<sup>+</sup>稳态的协调在野生大麦的干旱适应中发挥重要作用(Feng et al., 2020)。

全基因组关联分析是基于基因组中数以百万计

的单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)为遗传标记, 在全基因组水平上进行基因定位, 是针对复杂农艺性状挖掘基因的一种新策略。目前, 该方法已经广泛应用于杂粮的农艺性状相关基因定位。在谷子中, 针对国内外916份谷子品种开展了全基因组重测序, 构建谷子单倍体型图谱并完成47个主要农艺性状的全基因组关联分析(Jia et al., 2013); 对162份谷子栽培种、198份地方品种和38份野生种狗尾草开展了全基因组重测序、转录组和代谢组的多组学联合分析, 鉴定出57个与主要农艺性状相关的受选择的基因组热点区域, 这些基因与籽粒产量、籽粒大小、株高、分蘖数、抽穗期、耐旱性、抗寒性、耐热性、类胡萝卜素含量、糖含量、叶绿素含量、光合能力和谷子颜色等农艺性状相关(Li et al., 2022b)。在高粱中, 对全球范围内收集的445份种质资源开展全基因组重测序, 通过比较野生种、地方种、改良甜高粱和改良籽粒高粱全基因组差异, 解析了群体间遗传交流特征, 揭示了驯化和改良的基因组印迹及受选择驯化基因的单倍型变化模式(Wu et al., 2022b)。通过对683份普通菜豆种质资源的全基因组重测序, 构建了普通菜豆的精细单倍型图谱, 结合在我国不同纬度地区多年多点的表型精准鉴定结果, 通过全基因组关联分析鉴定出大量与产量、花期、籽粒特性和抗病性等主要农艺性状紧密相关的遗传位点, 为普通菜豆的基因挖掘与遗传改良提供了理论指导(Wu et al., 2020)。在对510份苦荞种质资源进行全基因组重测序的基础上, 通过全基因组关联分析挖掘出苦荞重要农艺和品质性状关键遗传位点(Zhang et al., 2021)。

### 3.3 杂粮转基因技术体系

随着对农作物基因功能研究的不断深入和细化, 作物转基因技术已经成为农作物基础研究以及分子育种的刚性需求。目前, 水稻和小麦转基因效率较高, 玉米和大豆稳定的遗传转化体系也已建立(Karthik et al., 2020; Molina-Risco et al., 2021; Wang et al., 2022b, 2022c)。杂粮中谷子、高粱和甘薯等可以实现稳定的遗传转化, 食用豆和荞麦等的遗传转化体系还需要进一步摸索(Zhao et al., 2000; Yang et al., 2011, 2020; 陈倩楠等, 2018)。目前, 谷子转基因技术体系较为成熟, 转化效率高, 谷子品种小米的遗传转化效率可达23.28% (Yang et al., 2020), 而基于谷

子品种Ci846的遗传转化平台最为稳定,以谷子成熟胚为外植体诱导愈伤组织,以NPTII(新霉素磷酸转移酶II)或HPT(潮霉素磷酸转移酶)为选择标记,通过农杆菌侵染后筛选抗性愈伤组织并分化产生转基因植株,遗传转化效率稳定在10%以上,目前已经完成千余个转基因事件。高粱的遗传转化也取得了较大进展,利用低单宁含量品种P898012和PH1391幼胚作为外植体首次在高粱遗传转化中取得成功(Zhao et al., 2000)。在研究人员的持续优化下,高粱遗传转化和转基因技术逐步成熟,转化率不断提高(Chou et al., 2020)。甘薯最为有效的转基因体系是基于胚性悬浮细胞系的根瘤农杆菌介导法,在甘薯中成功建立了可快速大量繁殖的甘薯胚性悬浮细胞系体系,克服了制约甘薯转基因技术高效应用的瓶颈(Yu et al., 2007)。

### 3.4 杂粮基因编辑技术体系

基因编辑是近年来兴起的一种能够对特定基因位点实施精准修饰的基因工程技术,根据技术原理的不同,基因编辑分为不同的体系,其中CRISPR-Cas基因编辑技术发展最快,应用也最为广泛。目前,已经初步建立了谷子、高粱、甘薯和豌豆等杂粮的基因编辑技术体系(Wang et al., 2019; Li et al., 2022a; Tang et al., 2022; Zhang et al., 2022)。科研人员利用CRISPR-Cas9技术结合高效的谷子遗传转化平台编辑谷子*SiMTL*基因,获得谷子单倍体诱导系,并成功通过自交和杂交获得谷子单倍体,填补了谷子单倍体育种的空白(Cheng et al., 2021)。此外,在谷子中还获得了对*DPY1*、*Bor1*和*AUX1*等基因成功编辑的株系(Zhao et al., 2020; Wang et al., 2022a; Tang et al., 2022)。目前,高粱中也建立了基因编辑平台,利用CRISPR/Cas9基因编辑技术在高粱中敲除了*SbBADH2*基因,创制出香型高粱(Zhang et al., 2022)。同时,基因编辑技术也成功应用于甘薯品质性状的改良,对徐薯22和泰中6号2个甘薯主栽品种的淀粉生物合成途径基因*lbGBSSI*和*lbSBEII*进行编辑,编辑效率达63%以上,编辑株系中直链淀粉和支链淀粉含量及链长发生了显著变化(Wang et al., 2019)。随着基因编辑技术的成熟和社会的进步,基因编辑体系必将在杂粮优异基因的高效利用和分子育种中发挥更加重要的作用。

## 4 展望

近年来,我国杂粮基础研究及产业发展取得了明显进步,特别是在保障国家粮食安全、维护人民营养健康和打赢脱贫攻坚战发挥了巨大作用。面对当前错综复杂的国际形势,潜在的粮食危机随时会发生,加之大众对饮食的多样化及营养健康的刚性需求,突破杂粮产业发展的技术瓶颈,大幅提高杂粮生产水平和市场竞争力,对有效补充粮食短缺和增加食物营养具有重要作用。

### 4.1 发挥种质资源优势,提升杂粮产业原创力

尽管我国拥有全世界最多的杂粮种质资源,但是资源优势对产业发展的推动作用并未充分发挥。首先,应加大杂粮地方品种和野生资源的收集力度,特别是起源于我国的谷子、荞麦和青稞等,同时积极引进国外优异资源,重点关注普通菜豆和大麦等杂粮的起源地或国家的种质资源。其次,利用基因组学、变异组学、泛基因组学及表型组学等手段对现有杂粮种质资源开展产量性状特别是品质性状的深度评价,鉴定野生种质资源和地方品种中的优异等位基因,建立重要性状的表型/基因型数据库,提高杂粮种质资源利用效率,使库存种质资源能够在杂粮产业发展中发挥应有的作用。

### 4.2 突破杂粮品种和技术瓶颈,推动杂粮产业转型升级

杂粮研发长期未得到高度重视,受品种及配套栽培技术等限制,杂粮单产潜力及特有价值远未得到有效挖掘。进一步通过表型组学、分子标记辅助育种和基因编辑等手段高效地筛选优异种质资源、创新种质和培育新品种,为提高杂粮的抗逆性和营养价值奠定物质基础;研发品种生态适应评价、化肥农药减施增效、品质调控以及轻简机械化生产等技术,创新和集成抗旱节水、高效防控、全程机械化等高产高效栽培技术体系;建立从品种、产地和产品多环节的质量追溯体系,推进杂粮产业转型升级。

### 4.3 充分挖掘杂粮的营养成分,实现产品的功能性

我国人民对健康生活方式越来越重视,特别是新冠疫情流行期间,人们更加关注食品的健康营养和保健功

能。通过食用杂粮来保证食物多样性, 已经成为一种趋势。因此, 应积极创新杂粮中功能成分检测、提取及功能性评价等技术, 攻克杂粮适口性差、缺乏延展性及难以主食化等难题, 研发杂粮主食化及加工新技术和新工艺; 充分挖掘杂粮特有的营养价值及不同杂粮品类相组合的功能性, 针对目标消费人群拓展产品类型, 为消费者提供具有针对性、营养均衡、消费体验美好、食用品质优良、功能性突出的大众化杂粮主食产品、功能性食品和休闲食品, 推动消费者对杂粮产品的认可, 扩大杂粮消费市场。

## 参考文献

- 蔡羽, 杨平, 冯宗云 (2019). 大麦表型多样性分析及优异饲草种质资源筛选. 植物遗传资源学报 20, 920–931.
- 曹如槐, 王晓玲, 南城虎, 李怡琳, 王晓鸣 (1991). 小豆种质资源对锈病的抗性鉴定研究. 植物病理学报 21(3), 22.
- 陈红霖, 胡亮亮, 杨勇, 郝曦煜, 李姝彤, 王素华, 王丽侠, 程须珍 (2020). 481份国内外绿豆种质农艺性状及豆象抗性鉴定评价及遗传多样性分析. 植物遗传资源学报 21, 549–559.
- 陈家驹, 王雅儒, 王升文, 吴舒致, 王尧琴 (1984). 抗倒伏谷子种质“六十日”及其衍生系统的应用. 作物品种资源 (3), 30–32, 35.
- 陈倩楠, 王轲, 汤沙, 杜丽璞, 智慧, 贾冠清, 赵宝华, 叶兴国, 刁现民 (2018). 以抗除草剂Bar基因稳定转化谷子技术研究. 作物学报 44, 1423–1432.
- 陈瑛, 景小兰 (1991). 旱地优质谷新品种晋谷21号. 山西农业科学 (10), 37.
- 刁现民 (2022). 育种创新造就谷子种业新发展. 中国种业 (4), 4–7.
- 樊有存 (2021). 蚕豆耐盐种质资源筛选与抗盐基因的克隆及表达分析. 硕士论文. 西宁: 青海大学. pp. 1–76.
- 范昱, 丁梦琦, 张凯旋, 唐宇, 方洸, 杨克理, 张宗文, 程剑平, 周美亮 (2020). 中国野生荞麦种质资源概况与利用进展. 植物遗传资源学报 21, 1395–1406.
- 苟桂珍, 朱健美 (1991). 豌豆品种资源对豌豆蚜抗性筛选鉴定结果. 甘肃农业科技 (1), 29–31.
- 韩飞, 诸葛玉平, 娄燕宏, 王会, 张乃丹, 何伟, 晁赢 (2018). 63份谷子种质的耐盐综合评价及耐盐品种筛选. 植物遗传资源学报 19, 685–693.
- 韩文智, 曹骥, 王晓玲, 曹如槐 (1991). 菜豆种质资源对豆蚜的抗性鉴定研究. 作物品种资源 (1), 32–33.
- 郝晓鹏, 田翔, 王燕, 郜欣, 畅建武 (2016). 山西普通菜豆种质资源籽粒品质分析和评价. 山西农业科学 44, 808–810, 832.
- 贺微仙, 郝惠斌, 刘世民, 王文真 (1987). 食用豆的营养品质鉴定. 作物品种资源 (1), 13–17.
- 胡兰, 刘可杰, 徐婧, 姜钰, 徐秀德 (2019). 高粱种质资源对黑束病的抗性鉴定与评价. 植物遗传资源学报 20, 550–555.
- 胡亮亮, 王素华, 王丽侠, 程须珍, 陈红霖 (2022). 绿豆种质资源苗期耐盐性鉴定及耐盐种质筛选. 作物学报 48, 367–379.
- 黄金堂, 李清华, 陈海玲 (2008). 大麦种质资源白粉病抗性鉴定与应用. 植物遗传资源学报 9, 101–104.
- 姜钰, 徐婧, 徐秀德, 胡兰 (2015). 高粱三系抗丝黑穗病鉴定与评价. 植物遗传资源学报 16, 417–421.
- 金文林, 濮绍京, 赵波, 王丽英, 吴刚, 苏丽丽 (2006). 小豆种质资源子粒品质性状的遗传变异. 作物学报 32, 1223–1230.
- 李丰 (2017). 甘薯淀粉合成相关基因的克隆与分子标记开发. 硕士论文. 济南: 山东大学. pp. 56.
- 李琳, 于崧, 蒋永超, 张婷婷, 邹春雷, 金珊珊, 郭建华, 梁海芸, 段君君, 于立河 (2016). 芸豆苗期耐盐碱性鉴定及品种筛选研究. 植物生理学报 52, 62–72.
- 李玲, 沈宝宇, 张天静, 杨涛, 刘荣, 宗绪晓 (2017). 豌豆种质资源芽期耐旱性评价及耐旱种质筛选. 植物遗传资源学报 18, 778–785.
- 李月秋, 彭宏梅, 梁仙, 羊国安, 包世英, 王丽萍 (2002). 我国蚕豆品种资源对蚕豆锈病的抗性鉴定. 植物遗传资源科学 (1), 45–48.
- 林澄菲, 张丽华, 李桂凤, 吕潇, 李家义 (1991). 我国大麦种质资源主要品质性状分析. 山东农业科学 (1), 30–32, 35.
- 刘春良, 王兰芬, 武晶, 王述民 (2017). 普通菜豆生长习性相关基因定位. 植物遗传资源学报 18, 713–719.
- 刘三才, 朱志华, 李为喜, 刘方, 李燕, 黄蓉 (2009). 谷子品种资源微量元素硒和蛋白质含量的测定与评价. 中国农业科学 42, 3812–3818.
- 卢文洁, 李春花, 王艳青, 孙道旺, 尹桂芳, 何成兴, 王莉花 (2017). 荞麦轮纹病抗性鉴定方法的建立及荞麦抗病种质资源的筛选. 中国农学通报 33(12), 98–102.
- 吕二锁, 张凤英, 蔺瑞明, 包海柱, 刘志萍 (2015). 大麦种质资源苗期根腐病抗性鉴定. 大麦与谷类科学 (3), 30–34.
- 马佩勇, 边小峰, 郭小丁, 贾赵东, 禹阳, 谢一芝 (2018). 甘薯全生育期耐盐种质筛选与耐盐性评价. 植物遗传资源学

- 报 19, 546–553.
- 濮绍京, 金文林, 史亚俊, 赵波, 万平 (2008). 人工环境鉴定小豆芽苗期耐冷性研究. 植物遗传资源学报 9, 41–45, 50.
- 秦岭, 杨延兵, 管延安, 张华文, 王海莲, 刘宾, 陈二影 (2013). 不同生态区主要育成谷子品种芽期耐旱性鉴定. 植物遗传资源学报 14, 146–151.
- 秦培友 (2012). 我国主要荞麦品种资源品质评价及加工处理对荞麦成分和活性的影响. 博士论文. 北京: 中国农业科学院. pp. 1–96.
- 任长忠, 杨才 (2018). 中国燕麦品种志. 北京: 中国农业出版社. pp. 35.
- 单云鹏, 陈新慧, 万平, 赵波, 杨凯, 李奕松 (2019). 小豆种质资源苗期抗旱性评价及抗旱资源筛选. 植物遗传资源学报 20, 1151–1159.
- 沈升法, 刘也楠, 李兵, 罗志高, 刘伟明, 吴列洪, 项超 (2022). 基于田间自然诱导法的甘薯基腐病种质资源抗性鉴定与评价研究. 植物遗传资源学报 23, 985–995.
- 沈颖超, 张志肖, 孙素丽, 王彦, 范保杰, 刘长友, 王珅, 苏秋竹, 时会影, 朱振东, 田静 (2022). 绿豆种质资源枯萎病抗性鉴定及抗性资源筛选. 植物遗传资源学报 23, 1660–1669.
- 孙近友, 邬景禹, 郭小丁, 谢逸萍, 唐君 (1993). 全国甘薯品种资源茎线虫病的抗性鉴定. 作物杂志 (1), 29–30.
- 唐代艳 (1990). 湖北省蚕豆地方品种资源的研究与利用. 湖北农业科学 (11), 16–18.
- 田茜, 李群, 戴双, 邓翠霞, 张文兰, 颜廷进 (2019). 国外引进豌豆特色种质资源的初步筛选及应用前景. 山东农业科学 51(10), 25–27.
- 田晓, 高滢, 旺姆, 蔺瑞明, 徐世昌 (2018). 大麦(青稞)品种苗期抗锈病鉴定与评价. 大麦与谷类科学 35(3), 42–46, 59.
- 王海岗, 贾冠清, 智慧, 温琪汾, 董俊丽, 陈凌, 王君杰, 曹晓宁, 刘思辰, 王纶, 乔治军, 刁现民 (2016). 谷子核心种质表型遗传多样性分析及综合评价. 作物学报 42, 19–30.
- 王兰芬, 武晶, 景蕊莲, 程须珍, 王述民 (2014). 绿豆种质资源芽期抗旱性鉴定. 植物遗传资源学报 15, 498–503.
- 王兰芬, 武晶, 景蕊莲, 程须珍, 王述民 (2015). 绿豆种质资源苗期抗旱性鉴定. 作物学报 41, 145–153.
- 王兰芬, 武晶, 彭琳, 季良, 王述民 (2019). 绿豆种质资源抗旱性鉴定评价. 植物遗传资源学报 20, 1141–1150.
- 王兰芬, 武晶, 王昭礼, 余莉, 吴宪志, 张时龙, 王述民 (2016). 普通菜豆种质资源表型鉴定及多样性分析. 植物遗传资源学报 17, 976–983.
- 王乐政, 高凤菊, 曹鹏鹏, 华方静, 田艺心 (2016). 中绿系列绿豆品种在鲁西北地区的表现及评价. 中国种业 (9), 47–49.
- 王连军, 雷剑, 苏文瑾, 柴沙沙, 杨新笋 (2018). 甘薯优良种质徐薯18的育种价值分析. 湖北农业科学 57(4), 11–14.
- 王明珍, 朱志华, 张晓芳 (1992). 中国高粱品种资源耐盐性鉴定初报. 作物品种资源 (2), 28–29.
- 王强, 孟宪欣, 尹振功, 魏淑红, 郭怡璠, 杨广东 (2022). 普通菜豆新品种龙芸豆17的选育. 中国种业 (5), 93–94.
- 王强, 魏淑红, 孟宪欣, 杨广东 (2017). 芸豆新品种龙芸豆14. 中国种业 (10), 84.
- 王星玉 (1985). 山西省谷子品种资源的品质研究. 作物品种资源 (3), 22–23.
- 王修臣, 田静, 李辉 (1992). 小豆品种资源耐盐性鉴定研究. 作物品种资源 (3), 25–26.
- 王仲怡, 包世英, 段灿星, 宗绪晓, 朱振东 (2013). 豌豆抗白粉病资源筛选及分子鉴定. 作物学报 39, 1030–1038.
- 卫丽, 王同朝, 张桂兰 (1999). 谷子品种资源营养成分分析及抗病性鉴定. 华北农学报 (2), 107–110.
- 魏淑红 (1997). 新品种龙芸豆4号特征特性及丰产栽培技术. 黑龙江农业科学 (5), 35–36.
- 魏淑红 (2000). 全国小豆种质资源抗尾孢菌叶斑病鉴定研究. 黑龙江农业科学 (3), 20–21.
- 温琪汾, 刘润堂, 王纶, 王星玉, 师颖 (2006). 谷子种质资源抗黑穗病鉴定与过氧化物酶研究. 植物遗传资源学报 7, 349–351.
- 温琪汾, 王纶, 王星玉 (2005). 山西省谷子种质资源及抗旱种质的筛选利用. 山西农业科学 (4), 32–33.
- 谢承陶 (1993). 盐渍土改良原理与作物抗性. 北京: 中国农业科技出版社. pp. 184–233.
- 薛仁风 (2012). 普通菜豆镰孢菌枯萎病抗病种质鉴定及抗病机理研究. 博士论文. 北京: 中国农业科学院. pp. 1–171.
- 亚秀秀, 杨东旭, 周桂梅, 陈健, 刘振兴 (2022). 豌豆种质资源耐盐性的鉴定与评价. 四川农业大学学报 40, 505–511.
- 杨迪 (2021). 苦荞种质资源抗旱性评价及相关基因的挖掘和功能分析. 硕士论文. 兰州: 兰州大学. pp. 1–92.
- 杨慧勇, 柳青山, 张一中, 张福耀, 张晓娟, 李志华, 范昕琦, 聂萌恩, 赵建武 (2020). 高粱种质资源抗蚜性评价. 植物遗传资源学报 21, 1112–1123.
- 杨延兵, 管延安, 秦岭, 石慧, 王海莲, 张华文 (2012). 不同地区谷子小米黄色素含量与外观品质研究. 中国粮油学报

- 27, 14–19.
- 喻少帆, 金文林, 张清润, 陈学珍, 郭明华 (1997). 小豆种质资源抗白粉病鉴定. *北京农业科学* (3), 41–42, 45.
- 庾正平, 贾丽娟 (1992). 山西省高粱品种蛋白质、赖氨酸和单宁含量研究. *作物品种资源* (4), 26–27.
- 张笛, 苗兴芬, 王雨婷 (2019). 100份谷子品种资源萌发期耐盐性评价及耐盐品种筛选. *作物杂志* (6), 43–49.
- 张广峰, 陈喜明, 韩云丽, 张忠梁, 李晓峰, 白洁 (2020). 31个荞麦品种的经济性状及品质分析. *种子* 39(5), 85–87, 91.
- 张红岩, 杨涛, 关建平, 杨生华, 方俐, 杜萌莹, 宗绪晓 (2016). 蚕豆抗绿豆象种质资源的鉴定. *作物杂志* (4), 86–92.
- 张丽霞, 王春语, 王平, 丛玲, 于惠琳, 陆晓春 (2018). 种子萌发期高粱抗旱材料的筛选与鉴定. *分子植物育种* 16, 5796–5803.
- 张雄坚, 房伯平, 陈景益, 罗忠霞, 黄立飞 (2008). 甘薯资源耐寒性调查. *广东农业科学* (S1), 67–68.
- 张毅, 杨轲, 汪军成, 姚立蓉, 司二静, 马小乐, 李葆春, 尚助武, 王化俊, 孟亚雄 (2022). 100份大麦种质资源成株期抗旱性鉴定及抗旱指标筛选. *麦类作物学报* 42, 441–450.
- 张英虎, 沈会权, 乔海龙, 陈健, 臧慧, 栾海业, 陶红, 徐肖, 杨红燕, 陈和 (2018). 大麦种质资源农艺性状鉴定及其利用. *大麦与谷类科学* 35(4), 58–59.
- 张耘, 刘占和, 王斌 (2007). 榆林小杂粮. 北京: 中国农业科学技术出版社. pp. 2, 10, 42, 60, 113.
- 张允刚, 郭小丁 (2003). 甘薯薯干高淀粉资源的鉴定及综合评价. *植物遗传资源学报* 4, 55–57.
- 赵冬兰, 张允刚, 唐军, 郭小丁 (2005). 抗甘薯黑斑病优异种质资源的筛选与评价. *植物遗传资源学报* 6, 80–83.
- 仲伟文, 杨涛, 段灿星, 姜俊焯, 王芳, 杨晓明, 宗绪晓 (2014). 豌豆种质资源抗绿豆象鉴定. *作物杂志* (5), 43–47.
- 周瑜, 李泽碧, 黄娟, 吴毓, 张亚勤, 张志良, 张晓春 (2021). 高粱种质资源表型性状的遗传多样性分析. *植物遗传资源学报* 22, 654–664.
- 朱吉风, 武晶, 王兰芬, 朱振东, 王述民 (2015). 菜豆种质资源抗普通细菌性疫病鉴定. *植物遗传资源学报* 16, 467–471.
- 朱振东, 王晓鸣 (2003). 小豆疫霉茎腐病病原菌鉴定及抗病资源筛选. *植物保护学报* 30, 289–294.
- 朱志华, 李为喜, 刘方, 张晓芳, 王文真, 刘三才, 李燕 (2003). 高粱种质资源主要品质性状鉴定与评价. *植物遗传资源学报* 4, 326–330.
- Bayer PE, Golicz AA, Scheben A, Batley J, Edwards D (2020). Plant pan-genomes are the new reference. *Nat Plants* 6, 914–920.
- Bennetzen JL, Schmutz J, Wang H, Percifield R, Hawkins J, Pontaroli AC, Estep M, Feng L, Vaughn JN, Grimwood J, Jenkins J, Barry K, Lindquist E, Hellsten U, Deshpande S, Wang XW, Wu XM, Mitros T, Triplett J, Yang XH, Ye CY, Mauro-Herrera M, Wang L, Li PH, Sharma M, Sharma R, Ronald PC, Panaud O, Kellogg EA, Brutnell TP, Doust AN, Tuskan GA, Rokhsar D, Devos KM (2012). Reference genome sequence of the model plant *Setaria*. *Nat Biotechnol* 30, 555–561.
- Chen ML, Wu J, Wang LF, Mantri N, Zhang XY, Zhu ZD, Wang SM (2017). Mapping and genetic structure analysis of the anthracnose resistance locus *co-1<sup>hy</sup>* in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *PLoS One* 12, e0169954.
- Cheng ZX, Sun Y, Yang SH, Zhi H, Yin T, Ma XJ, Zhang HS, Diao XM, Guo Y, Li XH, Wu CY, Sui Y (2021). Establishing *in planta* haploid inducer line by edited *SiMTL* in foxtail millet (*Setaria italica*). *Plant Biotechnol J* 19, 1089–1091.
- Chou J, Huang J, Huang YH (2020). Simple and efficient genetic transformation of sorghum using immature inflorescences. *Acta Physiol Plant* 42(3), 41.
- Ding MQ, Zhang KX, He YQ, Zuo Q, Zhao H, He M, Georgiev MI, Park SU, Zhou ML (2021). *FtBPM3* modulates the orchestration of FtMYB11-mediated flavonoids biosynthesis in Tartary buckwheat. *Plant Biotechnol J* 19, 1285–1287.
- Feng X, Liu WX, Qiu CW, Zeng FR, Wang YZ, Zhang GP, Chen ZH, Wu FB (2020). *HvAKT2* and *HvHAK1* confer drought tolerance in barley through enhanced leaf mesophyll H<sup>+</sup> homeostasis. *Plant Biotechnol J* 18, 1683–1696.
- Guan JT, Zhang JT, Gong D, Zhang ZQ, Yu Y, Luo GL, Somta P, Hu Z, Wang SH, Yuan XX, Zhang YW, Wang YL, Chen YH, Laosatit K, Chen X, Chen HL, Sha AH, Cheng XZ, Xie H, Wang LX (2022). Genomic analyses of rice bean landraces reveal adaptation and yield related loci to accelerate breeding. *Nat Commun* 13, 5707.
- He M, He YQ, Zhang KX, Lu X, Zhang XM, Gao B, Fan Y, Zhao H, Jha R, Huda MN, Tang Y, Wang JZ, Yang WF, Yan ML, Cheng JP, Ruan JJ, Dulloo E, Zhang ZW, Georgiev MI, Chapman MA, Zhou ML (2022). Comparison of buckwheat genomes reveals the genetic basis of metabolomic divergence and ecotype differentiation. *New*

- Phytol* **235**, 1927–1943.
- Hou SY, Zhang YJ, Zhao B, Man XX, Ma GF, Men YH, Du W, Yang Y, Li HY, Han YH, Zhao YF, Sun ZX** (2022). Heterologous expression of SiFBP, a folate-binding protein from foxtail millet, confers increased folate content and altered amino acid profiles with nutritional potential to *Arabidopsis*. *J Agric Food Chem* **70**, 6272–6284.
- Hu LL, Luo GL, Zhu X, Wang SH, Wang LX, Cheng XZ, Chen HL** (2022). Genetic diversity and environmental influence on yield and yield-related traits of adzuki bean (*Vigna angularis* L.). *Plants* **11**, 1132.
- Huang YJ, Zhao HX, Gao F, Yao PF, Deng RY, Li CL, Chen H, Wu Q** (2018). A R2R3-MYB transcription factor gene, *FtMYB13*, from Tartary buckwheat improves salt/drought tolerance in *Arabidopsis*. *Plant Physiol Biochem* **132**, 238–248.
- Jia GQ, Huang XH, Zhi H, Zhao Y, Zhao Q, Li WJ, Chai Y, Yang LF, Liu KY, Lu HY, Zhu CR, Lu YQ, Zhou CC, Fan DL, Weng QJ, Guo YL, Huang T, Zhang L, Lu TT, Feng Q, Hao HF, Liu HK, Lu P, Zhang N, Li YH, Guo EH, Wang SJ, Wang SY, Liu JR, Zhang WF, Chen GQ, Zhang BJ, Li W, Wang YF, Li HQ, Zhao BH, Li JY, Diao XM, Han B** (2013). A haplotype map of genomic variations and genome-wide association studies of agronomic traits in foxtail millet (*Setaria italica*). *Nat Genet* **45**, 957–961.
- Jiang CC, Lei MM, Guo Y, Gao GQ, Shi LJ, Jin YL, Cai Y, Himmelbach A, Zhou SH, He Q, Yao XF, Kan JH, Haberer G, Duan FY, Li LH, Liu J, Zhang J, Spannagl M, Liu CM, Stein N, Feng ZY, Mascher M, Yang P** (2022). A reference-guided TILLING by amplicon-sequencing platform supports forward and reverse genetics in barley. *Plant Commun* **3**, 100317.
- Karthik S, Pavan G, Manickavasagam M** (2020). Nitric oxide donor regulates *Agrobacterium*-mediated genetic transformation efficiency in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Plant Cell Tiss Org* **141**, 655–660.
- Li C, Yue J, Wu XW, Xu C, Yu JJ** (2014). An ABA-responsive DRE-binding protein gene from *Setaria italica*, *SiARDP*, the target gene of *SiAREB*, plays a critical role under drought stress. *J Exp Bot* **65**, 5415–5427.
- Li G, Liu R, Xu RF, Varshney RK, Ding HF, Li MW, Yan X, Huang SX, Li J, Wang D, Ji YS, Wang CY, He JG, Luo YF, Gao SH, Wei PC, Zong XX, Yang T** (2022a). Development of an *Agrobacterium*-mediated CRISPR/Cas9 system in pea (*Pisum sativum* L.). *Crop J* <https://doi.org/10.1016/j.cj.2022.04.011>
- Li JR, Dong Y, Li C, Pan YL, Yu JJ** (2017). *SiASR4*, the target gene of *SiARDP* from *Setaria italica*, improves abiotic stress adaptation in plants. *Front Plant Sci* **7**, 2053.
- Li Q, Wu Q, Wang AH, Lv BB, Dong QX, Yao YJ, Wu Q, Zhao HX, Li CL, Chen H, Wang XL** (2019). Tartary buckwheat transcription factor FtbZIP83 improves the drought/salt tolerance of *Arabidopsis* via an ABA-mediated pathway. *Plant Physiol Biochem* **144**, 312–323.
- Li XK, Gao JH, Song JY, Guo K, Hou SY, Wang XC, He Q, Zhang YY, Zhang YK, Yang YL, Tang JY, Wang HL, Persson S, Huang MQ, Xu LS, Zhong LL, Li DQ, Liu YM, Wu H, Diao XM, Chen P, Wang XW, Han YH** (2022b). Multi-omics analyses of 398 foxtail millet accessions reveal genomic regions associated with domestication, metabolite traits, and anti-inflammatory effects. *Mol Plant* **15**, 1367–1383.
- Li ZJ, Jia GQ, Li XY, Li YC, Zhi H, Tang S, Ma JF, Zhang S, Li YD, Shang ZL, Diao XM** (2021). Identification of blast-resistance loci through genome-wide association analysis in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) Beauv.). *J Integr Agri* **20**, 2056–2064.
- Liu CY, Wang Y, Peng JX, Fan BJ, Xu DX, Wu J, Cao ZM, Gao YQ, Wang XQ, Li ST, Su QZ, Zhang ZX, Wang S, Wu XB, Shang QB, Shi HY, Shen YC, Wang BB, Tian J** (2022). High-quality genome assembly and pan-genome studies facilitate genetic discovery in mungbean and its improvement. *Plant Commun* **3**, 100352.
- Molina-Risco M, Ibarra O, Faion-Molina M, Kim B, Septiningsih EM, Thomson MJ** (2021). Optimizing *Agrobacterium*-mediated transformation and CRISPR-Cas9 gene editing in the tropical *japonica* rice variety presidio. *Int J Mol Sci* **22**, 10909.
- Pardo J, VanBuren R** (2021). Evolutionary innovations driving abiotic stress tolerance in C<sub>4</sub> grasses and cereals. *Plant Cell* **33**, 3391–3401.
- Peng YL, Zhang JP, Cao GY, Xie YH, Liu XH, Lu MH, Wang GY** (2010). Overexpression of a *PLDα1* gene from *Setaria italica* enhances the sensitivity of *Arabidopsis* to abscisic acid and improves its drought tolerance. *Plant Cell Rep* **29**, 793–802.
- Peng YY, Yan HH, Guo LC, Deng C, Wang CL, Wang YB, Kang LP, Zhou PP, Yu KQ, Dong XL, Liu XM, Sun ZY, Peng Y, Zhao J, Deng D, Xu YH, Li Y, Jiang QT, Li Y, Wei LM, Wang JR, Ma J, Hao M, Li W, Kang HY, Peng ZS, Liu DC, Jia JZ, Zheng YL, Ma T, Wei YM, Lu F, Ren CZ** (2022). Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat. *Nat Genet* **54**,

1248–1258.

- Shi JP, Ma XX, Zhang JH, Zhou YS, Liu MX, Huang LL, Sun SL, Zhang XB, Gao X, Zhan W, Li PH, Wang L, Lu P, Zhao HM, Song WB, Lai JS** (2019). Chromosome conformation capture resolved near complete genome assembly of broomcorn millet. *Nat Commun* **10**, 464.
- Sun ZX, Linghu B, Hou SY, Liu RH, Wang L, Hao YR, Han YH, Zhou ML, Liu LL, Li HY** (2020). Tartary buckwheat *FtMYB31* gene encoding an R2R3-MYB transcription factor enhances flavonoid accumulation in tobacco. *J Plant Growth Regul* **39**, 564–574.
- Tang S, Shahriari M, Xiang JS, Pasternak T, Igolkina A, Aminizade S, Zhi H, Gao YZ, Roodbarkelari F, Sui Y, Jia GQ, Wu CY, Zhang LL, Zhao LR, Li XG, Meshcheryakov G, Samsonova M, Diao XM, Palme K, Teale W** (2022). The role of *AUX1* during lateral root development in the domestication of the model C<sub>4</sub> grass *Setaria italica*. *J Exp Bot* **73**, 2021–2034.
- Tao YF, Luo H, Xu JB, Cruickshank A, Zhao XR, Teng F, Hathorn A, Wu XY, Liu YM, Shatte T, Jordan D, Jing HC, Mace E** (2021). Extensive variation within the pan-genome of cultivated and wild sorghum. *Nat Plants* **7**, 766–773.
- Wang HL, Tang S, Zhi H, Xing LH, Zhang HS, Tang CJ, Wang EB, Zhao MC, Jia GQ, Feng BL, Diao XM** (2022a). The boron transporter SiBOR1 functions in cell wall integrity, cellular homeostasis, and panicle development in foxtail millet. *Crop J* **10**, 342–353.
- Wang HX, Wang CY, Fan WJ, Yang J, Appelhagen I, Wu YL, Zhang P** (2018). A novel glycosyltransferase catalyses the transfer of glucose to glucosylated anthocyanins in purple sweet potato. *J Exp Bot* **69**, 5444–5459.
- Wang HX, Wu YL, Zhang YD, Yang J, Fan WJ, Zhang H, Zhao SS, Yuan L, Zhang P** (2019). CRISPR/Cas9-based mutagenesis of starch biosynthetic genes in sweet potato (*Ipomoea batatas*) for the improvement of starch quality. *Int J Mol Sci* **20**, 4702.
- Wang JH, Xu ZM, Qiu XB, Li LL, Yu SY, Li T, Tang YY, Pu X, Zhang JY, Zhang HL, Liang JJ, Tang YW, Li W, Long H, Deng GB** (2021). Genetic and molecular characterization of determinant of six-rowed spike of barley carrying *vrs1.a4*. *Theor Appl Genet* **134**, 3225–3236.
- Wang K, Shi L, Liang XN, Zhao P, Wang WX, Liu JX, Chang YN, Hiei Y, Yanagihara C, Du LP, Ishida Y, Ye XG** (2022b). The gene *TaWOX5* overcomes genotype dependency in wheat genetic transformation. *Nat Plants* **8**, 110–117.
- Wang ZP, Zhang ZB, Zheng DY, Zhang TT, Li XL, Zhang C, Yu R, Wei JH, Wu ZY** (2022c). Efficient and genotype independent maize transformation using pollen transfected by DNA-coated magnetic nanoparticles. *J Integr Plant Biol* **64**, 1145–1156.
- Wu J, Wang LF, Fu JJ, Chen JB, Wei SH, Zhang SL, Zhang J, Tang YS, Chen ML, Zhu JF, Lei L, Geng QH, Liu CL, Wu L, Li XM, Wang XL, Wang Q, Wang ZL, Xing SL, Zhang HK, Blair MW, Wang SM** (2020). Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north-south cline. *Nat Genet* **52**, 118–125.
- Wu L, Chang YJ, Wang LF, Wang SM, Wu J** (2022a). The aquaporin gene *PvXIP1;2* conferring drought resistance identified by GWAS at seedling stage in common bean. *Theor Appl Genet* **135**, 485–500.
- Wu XY, Liu YM, Luo H, Shang L, Leng CY, Liu ZQ, Li ZG, Lu XC, Cai HW, Hao HQ, Jing HC** (2022b). Genomic footprints of sorghum domestication and breeding selection for multiple end uses. *Mol Plant* **15**, 537–551.
- Xiang JS, Tang S, Zhi H, Jia GQ, Wang HJ, Diao XM** (2017). *Loose Panicle1* encoding a novel WRKY transcription factor, regulates panicle development, stem elongation, and seed size in foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]. *PLoS One* **12**, e0178730.
- Xie P, Shi JY, Tang SY, Chen CX, Khan A, Zhang FX, Xiong Y, Li C, He W, Wang GD, Lei FM, Wu YR, Xie Q** (2019). Control of bird feeding behavior by tannin1 through modulating the biosynthesis of polyphenols and fatty acid-derived volatiles in sorghum. *Mol Plant* **12**, 1315–1324.
- Xie P, Tang SY, Chen CX, Zhang HL, Yu FF, Li C, Wei HM, Sui Y, Wu CY, Diao XM, Wu YR, Xie Q** (2022). Natural variation in *Glume Coverage 1* causes naked grains in sorghum. *Nat Commun* **13**, 1068.
- Xu WY, Tang WS, Wang CX, Ge LH, Sun JC, Qi X, He Z, Zhou YB, Chen J, Xu ZS, Ma YZ, Chen M** (2020). *SiMYB56* confers drought stress tolerance in transgenic rice by regulating lignin biosynthesis and ABA signaling pathway. *Front Plant Sci* **11**, 785.
- Yang J, Bi HP, Fan WJ, Zhang M, Wang HX, Zhang P** (2011). Efficient embryogenic suspension culturing and rapid transformation of a range of elite genotypes of sweet potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam.). *Plant Sci* **181**, 701–711.
- Yang J, Moeinzadeh MH, Kuhl H, Helmuth J, Xiao P, Haas S, Liu GL, Zheng JL, Sun Z, Fan WJ, Deng GF,**

- Wang HX, Hu FH, Zhao SS, Fernie AR, Boerno S, Timmermann B, Zhang P, Vingron M (2017). Haplotype-resolved sweet potato genome traces back its hexaploidization history. *Nat Plants* 3, 696–703.
- Yang K, Tian ZX, Chen CH, Luo LH, Zhao B, Wang Z, Yu LL, Li YS, Sun YD, Li WY, Chen Y, Li YQ, Zhang YY, Ai DJ, Zhao JY, Shang C, Ma Y, Wu B, Wang ML, Gao L, Sun DJ, Zhang P, Guo FF, Wang WW, Li Y, Wang JL, Varshney RK, Wang J, Ling HQ, Wan P (2015). Genome sequencing of adzuki bean (*Vigna angularis*) provides insight into high starch and low fat accumulation and domestication. *Proc Natl Acad Sci USA* 112, 13213–13218.
- Yang Q, Ding JJ, Feng XQ, Zhong XJ, Lan JY, Tang HP, Harwood W, Li ZY, Guzmán C, Xu Q, Zhang YZ, Jiang YF, Qi PF, Deng M, Ma J, Wang JR, Chen GY, Lan XJ, Wei YM, Zheng YL, Jiang QT (2022a). Editing of the *starch synthase IIa* gene led to transcriptomic and metabolomic changes and high amylose starch in barley. *Carbohydr Polym* 285, 119238.
- Yang T, Liu R, Luo YF, Hu SN, Wang D, Wang CY, Pandey MK, Ge S, Xu QL, Li NN, Li G, Huang YN, Saxena RK, Ji YS, Li MW, Yan X, He YH, Liu YJ, Wang XJ, Xiang C, Varshney RK, Ding HF, Gao SH, Zong XX (2022b). Improved pea reference genome and pan-genome highlight genomic features and evolutionary characteristics. *Nat Genet* 54, 1553–1563.
- Yang ZR, Zhang HS, Li XK, Shen HM, Gao JH, Hou SY, Zhang B, Mayes S, Bennett M, Ma JX, Wu CY, Sui Y, Han YH, Wang XC (2020). A mini foxtail millet with an *Arabidopsis*-like life cycle as a C<sub>4</sub> model system. *Nat Plants* 6, 1167–1178.
- Yao PF, Li CL, Zhao XR, Li MF, Zhao HX, Guo JY, Cai Y, Chen H, Wu Q (2017). Overexpression of a Tartary buckwheat gene, *FtbHLH3*, enhances drought/oxidative stress tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *Front Plant Sci* 8, 625.
- Yu B, Zhai H, Wang YP, Zang N, He SZ, Liu QC (2007). Efficient *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation using embryogenic suspension cultures in sweet potato, *Ipomoea batatas* (L.) Lam. *Plant Cell Tiss Org* 90, 265–273.
- Zeng XQ, Long H, Wang Z, Zhao SC, Tang YW, Huang ZY, Wang YL, Xu QJ, Mao LK, Deng GB, Yao XM, Li XF, Bai LJ, Yuan HJ, Pan ZF, Liu RJ, Chen X, Wangmu Q, Chen M, Yu LL, Liang JJ, Dunzhu D, Zheng Y, Yu SY, Luobu Z, Guang XM, Li J, Deng C, Hu WS, Chen CH, Taba X, Gao LY, Lv XD, Abu YB, Fang XD, Nevo E, Yu MQ, Wang J, Tashi N (2015). The draft genome of Tibetan hulless barley reveals adaptive patterns to the high stressful Tibetan Plateau. *Proc Natl Acad Sci USA* 112, 1095–1100.
- Zhai H, Wang FB, Si ZZ, Huo JX, Xing L, An YY, He SZ, Liu QC (2016). A *myo*-inositol-1-phosphate synthase gene, *lbMIPS1*, enhances salt and drought tolerance and stem nematode resistance in transgenic sweet potato. *Plant Biotechnol J* 14, 592–602.
- Zhang D, Tang SY, Xie P, Yang DK, Wu YR, Cheng SJ, Du K, Xin PY, Chu JF, Yu FF, Xie Q (2022). Creation of fragrant sorghum by CRISPR/Cas9. *J Integr Plant Biol* 64, 961–964.
- Zhang GY, Liu X, Quan ZW, Cheng SF, Xu X, Pan SK, Xie M, Zeng P, Yue Z, Wang WL, Tao Y, Bian C, Han CL, Xia QJ, Peng XH, Cao R, Yang XH, Zhan DL, Hu JC, Zhang YX, Li HN, Li H, Li N, Wang JY, Wang CC, Wang RY, Guo T, Cai YJ, Liu CZ, Xiang HT, Shi QX, Huang P, Chen QC, Li YR, Wang J, Zhao ZH, Wang J (2012). Genome sequence of foxtail millet (*Setaria italica*) provides insights into grass evolution and biofuel potential. *Nat Biotechnol* 30, 549–554.
- Zhang H, Zhang Q, Zhai H, Gao SP, Yang L, Wang Z, Xu YT, Huo JX, Ren ZT, Zhao N, Wang XF, Li JG, Liu QC, He SZ (2020). *lbbbX24* promotes the jasmonic acid pathway and enhances fusarium wilt resistance in sweet potato. *Plant Cell* 32, 1102–1123.
- Zhang KX, He M, Fan Y, Zhao H, Gao B, Yang KL, Li FL, Tang Y, Gao Q, Lin T, Quinet M, Janovská D, Meglič V, Kwiatkowski J, Romanova O, Chrungoo N, Suzuki T, Luthar Z, Germ M, Woo SH, Georgiev MI, Zhou ML (2021). Resequencing of global Tartary buckwheat accessions reveals multiple domestication events and key loci associated with agronomic traits. *Genome Biol* 22, 23.
- Zhang LJ, Li XX, Ma B, Gao Q, Du HL, Han YH, Li Y, Cao YH, Qi M, Zhu YX, Lu HW, Ma MC, Liu LL, Zhou JP, Nan CH, Qin YJ, Wang J, Cui L, Liu HM, Liang CZ, Qiao ZJ (2017). The Tartary buckwheat genome provides insights into rutin biosynthesis and abiotic stress tolerance. *Mol Plant* 10, 1224–1237.
- Zhao MC, Tang S, Zhang HS, He MM, Liu JH, Zhi H, Sui Y, Liu XT, Jia GQ, Zhao ZY, Yan JJ, Zhang BC, Zhou YH, Chu JF, Wang XC, Zhao BH, Tang WQ, Li JY, Wu CY, Liu XG, Diao XM (2020). *DROOPY LEAF 1* controls leaf architecture by orchestrating early brassinosteroid signaling. *Proc Natl Acad Sci USA* 117, 21766–21774.

Zhao MC, Zhi H, Zhang X, Jia GQ, Diao XM (2019). Retrotransposon-mediated DELLA transcriptional reprogramming underlies semi-dominant dwarfism in foxtail millet. *Crop J* 7, 458–468.

Zhao ZY, Cai T, Tagliani L, Miller M, Wang N, Pang H, Rudert M, Schroeder S, Hondred D, Seltzer J, Pierce D (2000). *Agrobacterium*-mediated sorghum transformation. *Plant Mol Biol* 44, 789–798.

Zhou LN, Zhu C, Fang XJ, Liu HQ, Zhong SY, Li Y, Liu

JC, Song Y, Jian X, Lin ZW (2021). Gene duplication drove the loss of awn in sorghum. *Mol Plant* 14, 1831–1845.

Zou CS, Li LT, Miki D, Li DL, Tang QM, Xiao LH, Rajput S, Deng P, Peng L, Jia W, Huang R, Zhang ML, Sun YD, Hu JM, Fu X, Schnable PS, Chang YX, Li F, Zhang H, Feng BL, Zhu XG, Liu RY, Schnable JC, Zhu JK, Zhang H (2019). The genome of broomcorn millet. *Nat Commun* 10, 436.

## Germplasm Resource Innovation of Minor Cereals in China: Advances and Perspectives

Jing Wu<sup>1</sup>, Sha Tang<sup>1</sup>, Hongxia Wang<sup>2</sup>, Jinhua Chang<sup>3</sup>, Changyou Liu<sup>4</sup>, Kaixuan Zhang<sup>1</sup>  
Yonghui Liu<sup>1</sup>, Yannan Wang<sup>1</sup>, Yuanhuai Han<sup>5</sup>, Xianmin Diao<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; <sup>2</sup>CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences/Institute of Plant Physiology and Ecology, Shanghai 200032, China; <sup>3</sup>Hebei Agricultural University, Baoding 071001, China; <sup>4</sup>Institute of Cereal and Oil Crops, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050035, China; <sup>5</sup>Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030031, China

**Abstract** In this paper, we reviewed the research status of minor cereals in China—the germplasm conservation, identification and innovative utilization, etc. Furthermore, we analyzed the problems and challenges existing in the basic research of minor cereals in China, and proposed the priorities and development directions.

**Key words** minor cereals, germplasm resource, gene

Wu J, Tang S, Wang HX, Chang JH, Liu CY, Zhang KX, Liu YH, Wang YN, Han YH, Diao XM (2023). Germplasm resource innovation of minor cereals in China: advances and perspectives. *Chin Bull Bot* 58, 6–21.

\* Author for correspondence. E-mail: diaoxianmin@caas.cn

(责任编辑: 朱亚娜)