



第八章

农业前沿

8.1 工程研究前沿

8.1.1 Top 10 工程研究前沿发展态势

农业领域 Top 10 工程研究前沿体现了农业研究正朝着多学科深度融合、智能化和可持续发展方向迈进，整体呈现出“机理解析精准化、技术应用智能化、系统管理数字化、资源利用绿色化”的鲜明特征。具体表现在以下方面：① 动植物性状形成与调控机制的深度解析，如“水产动物重要性状形成的遗传解析”“基于多维组学的作物性状遗传网络解析”和“园艺植物生长发育及代谢的表观遗传调控机制解析”，致力于从基因组、转录组、表观组等多层次揭示农艺性状的遗传基础与分子网络；② 农业系统智能管理与响应模型的构建，如“农田生态系统管理大模型构建”“基于雷达组网的害虫迁飞规律研究”和“人工智能辅助新型动物疫苗与药物靶点发现及分子设计”，突出大数据、人工智能（AI）、遥感与数字孪生技术在农业预测、决策和灾害防控中的核心作用；③ 农业资源高效利用与生态互作机制的挖掘，如“根际生命共同体多界面生物级联增效机制”“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”和“农业动物环境适应性性状形成机制”，聚焦植物-微生物-环境互作、养分高效利用以及生物抗逆性调控；④ 农业材料与绿色技术的前沿创新，如“高性能纳米纤维素基多功能复合材料”，体现农业向生物基材料、低碳制造和循环系统的延伸拓展。

农业领域工程研究前沿核心论文情况如表 8.1 和表 8.2 所示，核心论文数区间为 15~700 篇，平均约为 131.6 篇，相比往年有明显提升；篇均被引频次区间为 11.76~172.16 次，平均约为 73.59 次；

表 8.1 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	农田生态系统管理大模型构建	19	3 271	172.16	2022.1
2	畜禽消化生理与饲料养分互作机制	61	3 721	61.00	2020.3
3	水产动物重要性状形成的遗传解析	69	908	13.16	2022.0
4	基于多维组学的作物性状遗传网络解析	15	1 675	111.67	2021.1
5	人工智能辅助新型动物疫苗与药物靶点发现及分子设计	105	17 955	171.00	2009.6
6	根际生命共同体多界面生物级联增效机制	62	1 642	26.48	2021.8
7	农业动物环境适应性性状形成机制	160	8 765	54.78	2020.2
8	基于雷达组网的害虫迁飞规律研究	50	588	11.76	2022.0
9	高性能纳米纤维素基多功能复合材料	700	68 118	97.31	2020.2
10	园艺植物生长发育及代谢的表观遗传调控机制解析	75	1 240	16.53	2021.6

表 8.2 农业领域 Top 10 工程研究前沿核心论文逐年发表数

序号	工程研究前沿	2019	2020	2021	2022	2023	2024
1	农田生态系统管理大模型构建	1	1	2	8	6	1
2	畜禽消化生理与饲料养分互作机制	14	26	12	7	2	0
3	水产动物重要性状形成的遗传解析	9	10	5	12	12	21
4	基于多维组学的作物性状遗传网络解析	1	6	2	3	3	0
5	人工智能辅助新型动物疫苗与药物靶点发现及分子设计	4	8	2	1	3	0
6	根际生命共同体多界面生物级联增效机制	5	9	15	10	10	13
7	农业动物环境适应性性状形成机制	52	52	36	15	5	0
8	基于雷达组网的害虫迁飞规律研究	0	9	12	12	2	15
9	高性能纳米纤维素基多功能复合材料	239	210	135	78	32	6
10	园艺植物生长发育及代谢的表观遗传调控机制解析	10	14	7	19	16	9

核心论文出版年度以 2020 年、2021 年和 2022 年为主，其中“农田生态系统管理大模型构建”的平均出版年为 2022.1，较其他前沿更贴近当前；而“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”等方向仍以 2020 年和 2021 年为主，反映不同前沿的发展阶段差异。

从国家与研究机构表现来看，中国在多数前沿中占据核心地位，尤其在“农田生态系统管理大模型构建”和“水产动物重要性状形成的遗传解析”中核心论文占比分别达到 100% 和 79.71%，显示出中国在智慧农业和遗传育种领域的显著影响力。美国、澳大利亚和欧洲国家（如挪威、丹麦、英国）则在动物营养、基因组学与材料创新方面保持较强实力。国际合作网络普遍存在，例如在畜禽营养与水产遗传领域形成中美、中欧等多边协作格局。

未来这些前沿将进一步融合多组学技术、人工智能、高性能传感与功能材料，推动农业由传统经验驱动向数据驱动和机制引导转型，实现从群体到个体、从田间到系统的全链条精准调控，为保障粮食安全、促进农业绿色转型和应对全球气候变化提供关键技术支撑。

（1）农田生态系统管理大模型构建

农田生态系统是保障全球粮食安全和生态平衡的核心单元，其健康运行对人类社会的可持续发展具有基础性作用。传统农田管理模式在面对粮食安全、气候变化、资源短缺等全球性挑战时，难以全面把握作物生产、环境变化和资源利用之间的复杂耦合关系。随着遥感、传感网络和大数据技术的快速发展，农田生态系统管理大模型被提出并逐步构建。其核心是通过融合多源异构数据，并结合机理模型和人工智能，形成可解释、可推演的农田生态系统管理数字孪生体，最终实现农田管理的精准化、智能化和可持续化。大模型可整合与解析来源多样、结构各异的多尺度海量数据，搭建数字化的“虚拟农田”信息底座，依托人工智能挖掘这些数据背后隐藏的复杂非线性关系，以机理模型为内核框架描述农田生态过程的内在规律，精准地模拟和预测农田生态系统的动态响应，并做出合理的管理决策。与传统管理模式相比，大模型具有更强的泛化能力和可扩展性，不仅能在区域和全球尺度上揭示农业与环境之间的反馈关系，还能挖掘潜在的优化路径。农田生态系统管理大模型的建立与应用，不仅是农业数字化和智能化发展的里程碑，也是应对气

候变化与粮食安全双重挑战的重要战略工具。

（2）畜禽消化生理与饲料养分互作机制

“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”是动物营养与畜牧工程的核心研究方向，旨在揭示动物消化系统与饲料养分之间的动态互作及其对消化、吸收、代谢和生产性能的影响。该领域已从传统的表观消化研究发展为多学科交叉的系统科学，聚焦动物-饲料-微生物互作网络，为精准营养与绿色养殖提供科学基础。研究历程经历了从整体观测到机制解析的演变。早期关注表观消化率与生长性能的宏观关系。随着分子生物学、微生物组学与代谢组学等技术的发展，逐步深入到肠道菌群、黏膜免疫和代谢通路等微观机制。当前，已进入多组学整合与大数据驱动阶段，借助体外模拟、类器官和人工智能等手段，在细胞与分子层面阐释互作机理，推动营养策略向“动态精准”跨越。主要研究方向包括：① 肠道微生物与宿主互作机制，重点研究功能性饲料组分对菌群结构及动物生理机能的调控作用；② 养分感知与代谢调控通路，探索营养素如何通过生理信号轴影响养分分配与利用；③ 肠黏膜屏障功能与营养干预，研究氨基酸、脂肪酸等对肠道完整性和免疫调节的作用机制；④ 智能化营养模型开发，整合动物基因型、生理阶段、环境参数和饲料养分，构建精准预测与决策系统，实现营养供给的动态优化。该领域的研究不仅具有重要理论价值，更是推动畜牧业走向精准化、绿色化和高值化的关键技术路径，对未来动物农业转型升级具有重要意义。

（3）水产动物重要性状形成的遗传解析

水产动物重要性状形成是指在自然选择与人工选择的长期作用下，水产动物逐渐积累并表现出生长、繁殖、抗病、肉质等对养殖与利用具有重要价值的性状过程。这一过程在人类渔业生产和水产养殖业的发展演变中发挥重要作用。具体来看，性状形成过程以水产动物基因组内的遗传变异为基础，通过选择和积累逐步固定有利性状。例如，在育种过程中，人类有目的地从具有多样性的群体中选择生长快、抗逆和抗病性强、肉质优良的个体。本质上，这一过程是基因组优良遗传变异的聚合与保留。然而，传统的人工选择历时漫长，且对性状的选择相对直观与经验化，在筛选优异性状的同时，也不可避免地导致群体遗传多样性的下降。相比之下，野生种质及天然群体往往在特定性状方面表现出明显优势，如更强的环境适应性、更优的抗病力以及特定肉质品质，这些特征为遗传改良提供了重要基因资源。如今，随着基因组学、分子标记和基因编辑等现代生物技术的发展，水产动物重要性状的遗传解析逐渐深入，人们能够在分子水平上识别和利用关键调控基因，加速目标性状的精准改良。在此背景下，深入解析水产动物重要性状形成机制，不仅有助于重新挖掘和利用在传统选择过程中丢失的宝贵基因资源，也为培育高产、优质、抗病和环境适应性强的新品种提供了科学依据，对应对环境变化和实现水产养殖业的可持续发展具有重要意义。

（4）基于多维组学的作物性状遗传网络解析

基于多维组学的作物性状遗传网络解析是指整合基因组学、转录组学、蛋白组学、代谢组学等多层次组学数据，系统性解析作物重要农艺性状形成的遗传调控网络。该研究前沿旨在打破单一组学的局限，通过多维度、全基因组水平的数据整合与挖掘，揭示基因-基因、基因-环境互

作调控性状形成的分子机制，为作物精准育种提供理论依据和目标基因资源。其主要研究方向包括：构建多组学整合数据库与分析平台，解析复杂性状（如产量、品质、抗逆性等）的遗传架构；挖掘调控关键性状的核心基因和信号通路；建立基因调控网络模型，预测优良等位变异组合；结合人工智能算法提升大数据挖掘与网络推断效率。随着测序技术成本下降和计算生物学方法不断进步，该领域正向更高分辨率、动态化、机制化的方向发展。未来，多维组学数据将与基因编辑、田间高通量表型组深度融合，推动作物遗传研究从“单个基因”向“网络调控”范式转变，为实现作物设计育种和智慧农业提供核心驱动力。

（5）人工智能辅助新型动物疫苗与药物靶点发现及分子设计

重大动物疫病和人兽共患病的广泛流行严重制约畜牧业高质量发展与公共卫生安全。传统疫苗与药物研发多依赖经验积累和高通量筛选，周期长、效率低、成本高，难以应对复杂多变的病原体与突发疫情。在这一背景下，人工智能逐渐成为基础研究的重要推动力，为新型疫苗与药物靶点发现及分子设计提供了高效、系统的新手段。人工智能的核心优势在于整合和解析多组学与大规模结构数据，识别关键病原因子与宿主靶点。通过深度学习、图神经网络和蛋白质语言模型等方法，可在基因组、转录组、免疫组学和结构组学层面精准预测保护性抗原表位及关键互作节点。同时，生成式模型与分子模拟算法能够虚拟筛选并优化候选抗原、抗体及小分子药物，大幅缩短研发周期，并提升候选分子的稳定性、免疫原性与可制造性。当前研究主要聚焦3个方面：一是基于反向疫苗学2.0的表位预测与多表位疫苗设计，结合人工智能解析病原逃逸突变，提出耐变异候选；二是利用人工智能驱动分子生成与对接模拟，加快小分子、肽类药物和纳米抗体的筛选与优化；三是通过主动学习和数字孪生技术，构建“数据—模型—实验”闭环，加快成果验证和迭代。未来，该领域将推动疫苗与药物研发由“经验驱动”向“数据与机制融合驱动”转型，由单一靶点拓展至多病原、跨物种的通用模型，进一步提升预测的可解释性和普适性。结合信使核糖核酸（mRNA）疫苗平台、纳米递送系统和精准动物模型，人工智能预测成果将加速转化应用。可以预见，人工智能将在重大动物疫病防控的基础研究中发挥战略作用，为突破疫苗设计瓶颈、推动新型药物研发提供坚实支撑。

（6）根际生命共同体多界面生物级联增效机制

作物养分高效不是一个单一的过程，而是涉及植物—土壤—微生物多界面互作的复杂过程。根际生命共同体多界面生物级联增效机制旨在系统阐释植物—根系—根际—菌丝际—土壤微生物连续体中，多界面生物互作通过级联效应协同提升养分效率的机制。其核心含义是，根系分泌物和菌丝分泌物等在根际、菌丝际等关键界面驱动微生物群落结构与功能演变，触发一系列生物互作连锁反应，从而显著活化土壤养分、增强植物吸收能力。主要研究方向包括：多界面碳—养分耦合与信号转导机制，研究碳流如何驱动养分循环及其信号调控路径；植物第一基因组与微生物组（第二基因组）协同机制，解析植物调控核心微生物组装配及其功能表达的分子基础；根系—根际—菌丝际—微生物级联互作过程，揭示关键分泌物与微生物类群介导的养分活化、传输与利用的通路及放大效应。发展趋势聚焦于多学科交叉与系统生物学方法的融合，包括利用同位素示踪、微生物组学、合成生物学与人工智能等手段，从定性描述走向定量解析与功能设计。

未来将着力构建根际互作网络模型，开发基于微生物组靶向调控和植物-微生物协同设计的生物学增效途径，为实现农业绿色增产与养分高效利用提供理论突破和技术支撑。

(7) 农业动物环境适应性性状形成机制

农业动物环境适应性性状形成机制研究旨在阐明动物在长期进化与人工选育过程中，为应对极端温度、饲料差异、病原胁迫及高原低氧等环境挑战，所形成的基因型与表型特性及其内在规律。其核心在于解析基因组变异、表观遗传修饰、转录调控与环境适应性的协同机制。我国农业动物种质资源丰富、用途多样，但本土高适应性品种普遍存在生产性能偏低问题，难以满足现代规模化畜牧业需求；此外，现代商业化品种（如高产奶牛、肉鸡）因过度追求生产性能而导致长期高强度选育中耐热性、抗病性及饲料利用效率下降，限制了其在我国复杂多元的生产环境中的应用。多组学和单细胞测序等技术的发展为解析复杂环境适应性性状分子机制、探索“环境-基因”互作提供了强大支撑。面对资源约束趋紧以及气候变化加剧，未来研究将转向动态环境压力中动物适应响应与恢复机制研究，从分子机制拓展至生态系统水平评估，强化气候变化下遗传资源特性鉴定、挖掘保护与利用，为抗逆品种精准选育与创制提供指导。同时，基于人工智能和大数据构建预测模型，将有力地推动基因编辑与基因组选择等育种技术在抗逆性状改良中的应用。未来，随着该领域研究向多维度、动态化、精准化和智能化发展，其将为全球粮食安全和畜牧业可持续发展提供核心理论与技术支持。

(8) 基于雷达组网的害虫迁飞规律研究

迁飞性害虫在我国多发频发、突发暴发形势严峻，是长期威胁国家粮食安全、生物安全和生态环境安全的重大生物灾害。其通常于数百米至千米高空飞行，传统手段无法有效监测，因此，构建先进监测技术体系，突破迁飞性害虫早期监测预警与有效阻控的技术瓶颈，进而降低其扩散危害风险，已成为当前农业生物安全领域的核心关注焦点与前沿研究方向。昆虫雷达是实现空中迁飞性害虫精准监测的重要工具，利用昆虫雷达进行虫峰发现、种类自动识别、迁飞路径追踪、迁入时地预测、高效阻截等是该领域的主要研究方向。尽管昆虫雷达技术已展现出显著优势，在新型高分辨率昆虫雷达的研发和数据实时精准解算、基于雷达回波信号的害虫种类识别、融合雷达数据与多源信息的迁飞轨迹预测模型构建、害虫迁飞行为与环境因子互作机制解析、多雷达组网实现大范围联合实时监测、发展基于人工智能的自动化预警技术以及运用监测信息开展有效阻截等方向仍然面临一系列待解决的难题。开展全国尺度迁飞性害虫雷达联网监测、动态跟踪、精准预警和高效阻控研究，其成果不仅能为迁飞性害虫的科学防控提供关键技术支撑，更将为揭示空中昆虫生态系统的结构与功能、完善农业生物灾害综合防控体系奠定重要基础。

(9) 高性能纳米纤维素基多功能复合材料

在全球推动碳中和与可持续发展的背景下，从可再生生物质中提取的纳米纤维素因其兼具超高强度、轻质、巨大的比表面积、生物可降解、来源广泛等优异特性，已成为构建下一代高性能绿色材料的核心基元。高性能纳米纤维素基多功能复合材料正是将纳米纤维素作为增强相或功能基体，与聚合物、无机纳米粒子等其他材料通过多尺度复合设计，赋予传统材料前所未有的力学

性能和多重功能性的前沿领域，是解决当前资源、能源和环境挑战的关键科学路径之一。该领域的主要研究方向高度聚焦于“高性能化”与“多功能化”的融合。一方面，利用纳米纤维素卓越的力学性能，开发超强、超韧、轻量化的结构材料，替代石油基塑料及玻璃纤维等，应用于航空航天、汽车轻量化和绿色包装领域。另一方面，深度挖掘其纳米效应与丰富的表面化学特性，开发先进功能材料。例如，构筑柔性、透明的导电网络，应用于可穿戴电子设备与传感器；设计高孔隙率、高比面积的复合气凝胶或薄膜，应用于高效储能器件（电池/超级电容器）、电磁屏蔽以及水处理和环境修复。此外，该材料还具有优良的生物相容性，在生物医药领域如组织工程支架、药物控释载体等方面展现出巨大潜力。未来的发展趋势将集中于突破纳米纤维素低成本、规模化制备及其在复合体系中的分散性与界面相容性等关键技术瓶颈。同时，与增材制造（3D打印）等先进制造技术的深度融合，以实现复杂结构与功能的一体化构筑，以及开发能够响应光、电、热、pH等多重刺激的智能材料，构建全生物基、可循环的闭环材料体系，是该前沿未来发展的必然方向。

（10）园艺植物生长发育及代谢的表观遗传调控机制解析

表观遗传调控是指通过脱氧核糖核酸（DNA）甲基化、组蛋白修饰、染色质结构重塑等机制在不改变DNA序列的前提下调控基因表达的过程，在植物的生长发育、逆境胁迫响应和基因组稳定性维持中具有重要功能，但其详细的作用机制仍不明确。园艺作物种类多样，其产品器官又包括根、茎、叶、花、果等多种，生产中的生物逆境与非生物逆境频发，许多园艺作物以无性繁殖为主，这些都与表观遗传密切相关。挖掘园艺作物在生长发育、产品器官形成、高产优质、生物与非生物逆境抗性等重要农艺性状上的多层次表观调控因子，并解析其调控机制与调控网络，将为提高园艺作物产量和品质、增强环境适应性及抗逆能力、创制重要的基因和表观因子资源提供理论基础和新的思路与方法。

8.1.2 Top 3 工程研究前沿重点解读

8.1.2.1 农田生态系统管理大模型构建

（1）研究意义

农田生态系统是保障全球粮食安全和生态平衡的核心单元，其健康运行对人类社会的可持续发展具有基础性作用。传统农田管理模式在面对粮食安全、气候变化、资源短缺等全球性挑战时，难以全面把握作物生产、环境变化和资源利用之间的复杂耦合关系。随着遥感、传感网络和大数据技术的快速发展，农田生态系统管理大模型被提出并逐步构建。其核心是通过融合多源异构数据，并结合机理模型和人工智能，形成可解释、可推演的农田生态系统管理数字孪生体，最终实现农田管理的精准化、智能化和可持续化。大模型能够整合与解析来源多样、结构各异的多尺度海量数据，构建数字化的“虚拟农田”信息底座，利用人工智能，挖掘这些数据背后隐藏的复杂非线性关系，并将机理模型作为内核框架，描述农田生态过程的内在规律，精准地模拟和预测农田生态系统的动态响应，做出合理的管理决策。与传统管理模式相比，大模型具有更强的泛化能

力和可扩展性，不仅能在区域和全球尺度上揭示农业与环境之间的反馈关系，还能挖掘潜在的优化路径。农田生态系统管理大模型的建立与应用，不仅是农业数字化和智能化发展的里程碑，也是应对气候变化与粮食安全双重挑战的重要战略工具。

（2）研究现状

现代农业可持续发展对粮食安全、资源利用效率和生态环境保护提出了更高要求。然而，农田生态系统本身是作物、土壤、气候、微生物以及人类管理措施共同作用的复杂生态网络，过程高度动态且受多重不确定性影响。传统依赖经验或单一机理模型的管理方式，在刻画非线性耦合关系与跨尺度动态方面存在明显不足，难以同时兼顾农业生产力与生态效益的提升。这种局限性逐渐成为制约现代农业转型升级的关键瓶颈。随着多源数据获取与计算能力的提升，农田生态系统管理大模型在近年取得了快速进展。尤其是在数据同化、多模态融合和智能决策方面，大模型展现出前所未有的潜力。研究者通过集成卫星、无人机与地面传感器观测，实现了作物叶面积指数、土壤水分和地上生物量等关键变量的高精度动态监测，并成功将这些信息纳入模型更新过程，从而显著提高了农田系统状态估算与过程模拟的准确性。

在建模方法上，机理模型与深度学习的融合成为最新的研究趋势。部分工作通过将作物生理与土壤水文过程嵌入神经网络架构中，形成了兼具可解释性与预测精度的混合模型；另一些研究则利用图神经网络和注意力机制刻画农田系统中的复杂空间异质性与跨时空依赖关系，有效突破了传统模型在尺度拓展和非线性表征方面的局限。与此同时，数字孪生农田概念逐渐落地，以大模型为核心的虚拟-现实耦合系统已用于指导水肥调控、病虫害预测和碳循环评估等多元场景，为精准农业提供智能化解决方案。值得注意的是，大模型在区域与全球尺度的应用也迈出了实质性步伐。基于大规模遥感与气候资料的多任务模型已实现跨区域作物产量预测和农业环境效应评估，为宏观层面的粮食安全与气候变化应对提供科学支撑。同时，部分研究探索了大模型与政策模拟的结合，尝试评估不同管理措施或减排策略对农业生态系统的长期影响。例如华为与西北农林科技大学联合开发的“九壤耘星”、中国移动的“万象耕耘”等农业大模型平台。这些平台不仅提供预测功能，还支持智能问答、农情预警、自主决策等多样化服务，推动技术从“单点应用”走向“全面赋能”。这些成果表明，农田生态系统管理大模型正在从单点应用走向系统化、智能化与决策化的新阶段。

（3）未来研究方向与创新点

为进一步提升农田生态系统的预测、调控与优化能力，拓展大模型在农业可持续发展中的应用范围，农田生态系统管理大模型的技术潜力需从以下5个方向进一步强化：①空-天-地一体化数据的跨模态对齐与标准化处理将成为基础。通过融合遥感、气象、土壤、农机作业等多源数据，构建高质量的农业数据资源体系，提升大模型对复杂农田系统的表征能力，为模型训练提供数据基础。②物理信息机器学习、轻量化与边缘智能技术将成为技术主流。高性能计算与模型架构优化，突破大规模时空数据处理与模型推理的算力瓶颈，为农田大模型的高效运行提供技术先决条件；可解释人工智能与知识注入的持续发展，实现对模型推理过程的透明化与机理增强，提升预测结果的可靠性与科学性。③技术范式从“单点模型”转向“平台生态”，开源平台将

聚合数据、算法与算力，形成多方共建的应用生态。④交互方式从“被动分析”升级为“主动智能体”，模型能够自主规划农事并调度农机执行任务，实现全流程自动化。⑤应用场景从“大田生产”延伸至“全产业链”，覆盖供应链、碳交易、保险等领域。

在“农田生态系统管理大模型构建”工程研究前沿的核心论文主要产出国家方面，中国处于绝对领先地位，核心论文有19篇，占比100.00%；美国和新加坡分别以4篇（21.05%）和3篇（15.79%）位列第二、三位（表8.3）。从论文影响力来看，澳大利亚和丹麦虽然各只有1篇核心论文，但篇均被引频次均达到733.00，发文质量较高。中国核心论文的平均出版年为2022.1，表明该研究方向在中国较为新颖且处于活跃状态。在主要产出机构方面，苏州大学和南通大学各产出6篇核心论文，并列首位；中国科学技术大学虽仅有4篇核心论文，但被引频次高达1692次，篇均被引频次达423.00，显示出极高的研究质量；湖南大学虽然只有2篇核心论文，但篇均被引频次达470.00，研究成果影响力显著（表8.4）。国际合作方面，国家间和机构间均存在一定的研究合作（图8.1和图8.2），表明该研究领域具有明显的国际化合作特征。从研究影响力来看，在施引核心论文的主要产出国家中，中国以1219篇（69.66%）的绝对优势位居首位，美国和澳大利亚分别以131篇（7.49%）和101篇（5.77%）位列第二、三位（表8.5）；机构方面，中国农业科学院以236篇施引核心论文（30.81%）居于首位，中国科学技术大学（95篇，12.40%）

表 8.3 “农田生态系统管理大模型构建”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	19	100.00	3 271	172.16	2022.1
2	美国	4	21.05	1 366	341.50	2020.8
3	新加坡	3	15.79	833	277.67	2021.7
4	澳大利亚	1	5.26	733	733.00	2020.0
5	丹麦	1	5.26	733	733.00	2020.0

表 8.4 “农田生态系统管理大模型构建”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	苏州大学	6	31.58	640	106.67	2022.0
2	南通大学	6	31.58	532	88.67	2022.7
3	中国科学技术大学	4	21.05	1 692	423.00	2021.5
4	哈尔滨工业大学	3	15.79	833	277.67	2021.7
5	南洋理工大学	3	15.79	833	277.67	2021.7
6	南京大学	3	15.79	493	164.33	2022.0
7	湖南大学	2	10.53	940	470.00	2021.5
8	得克萨斯大学奥斯汀分校	2	10.53	752	376.00	2021.5
9	电子科技大学	2	10.53	258	129.00	2022.5
10	天津大学	2	10.53	237	118.50	2022.0

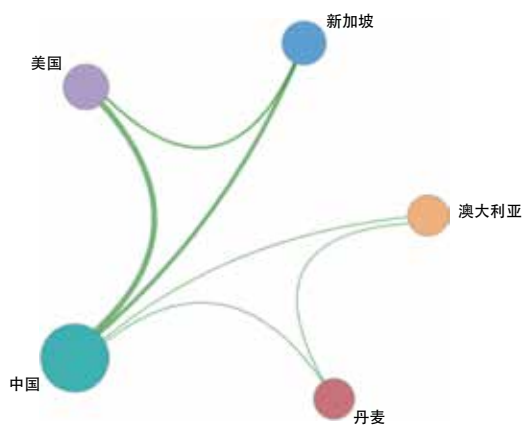


图 8.1 “农田生态系统管理大模型构建”工程研究前沿主要国家间的合作网络

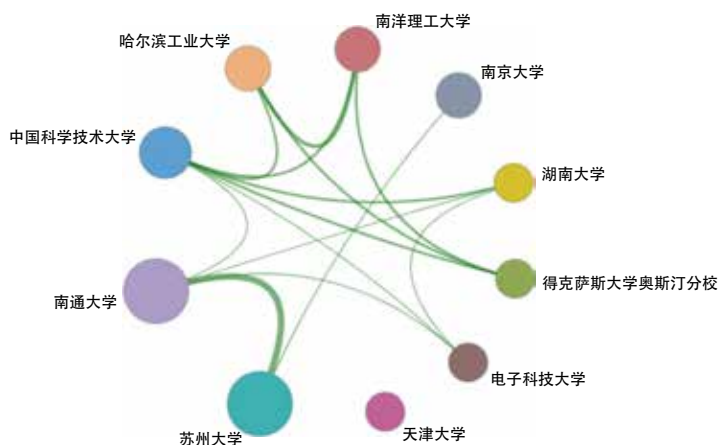


图 8.2 “农田生态系统管理大模型构建”工程研究前沿主要机构间的合作网络

表 8.5 “农田生态系统管理大模型构建”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	1 219	69.66	2023.4
2	美国	131	7.49	2022.9
3	澳大利亚	101	5.77	2023.3
4	新加坡	49	2.80	2023.1
5	加拿大	44	2.51	2023.0
6	德国	42	2.40	2023.2
7	英国	40	2.29	2023.2
8	韩国	40	2.29	2023.0
9	印度	36	2.06	2023.4
10	日本	28	1.60	2023.0

和湖南大学（70篇，9.14%）分列第二、三位（表 8.6），显示出中国研究机构在该领域的强劲实力和活跃度；平均施引年均在 2023 年左右，表明该研究前沿正处于快速发展和高度关注阶段。图 8.3 为“农田生态系统管理大模型构建”工程研究前沿的发展路线。

表 8.6 “农田生态系统管理大模型构建”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	中国农业科学院	236	30.81	2023.3
2	中国科学技术大学	95	12.40	2023.0
3	湖南大学	70	9.14	2023.3
4	天津大学	64	8.36	2023.0
5	苏州大学	61	7.96	2023.3
6	南通大学	53	6.92	2023.4
7	清华大学	52	6.79	2023.2
8	电子科技大学	38	4.96	2023.5
9	北京化工大学	34	4.44	2023.5
10	南洋理工大学	32	4.18	2023.0

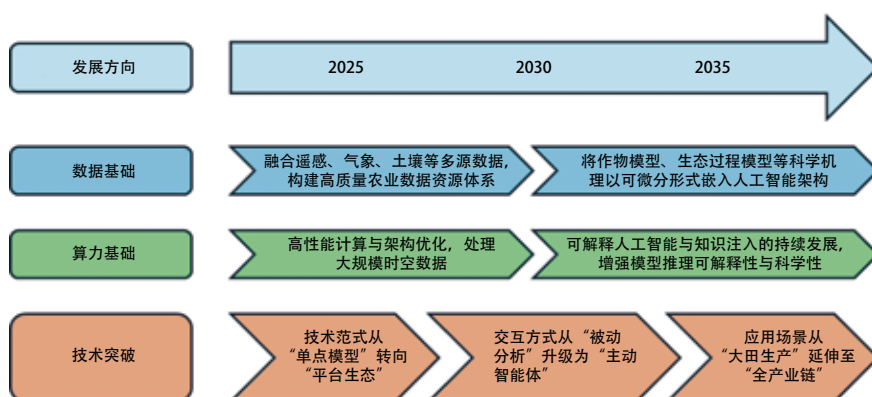


图 8.3 “农田生态系统管理大模型构建”工程研究前沿的发展路线

8.1.2.2 畜禽消化生理与饲料养分互作机制

“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”是动物营养学与畜牧工程领域的核心研究方向，旨在系统揭示动物消化系统如何与饲料养分发生动态、精细的相互作用，并影响养分的消化、吸收、代谢及整体生产性能。该领域从传统的“黑箱式”表观消化研究，逐步发展为多学科交叉的系统科学，聚焦于动物-饲料-微生物互作网络，是实现精准营养与绿色养殖的重要科学基础。发展历程经历了从整体观测到机制解析的演变。早期研究主要关注饲料表观消化率与动物生长性能的宏观关系。随着分子生物学、微生物组学和代谢组学等技术的发展，研究进入微观机制探索阶段，开始揭示饲料养分如何影响肠道菌群结构、黏膜免疫及代谢调控信号通路。当前，

研究已进入多组学整合与大数据驱动时代，利用体外模拟系统、类器官模型和人工智能等手段，在细胞和分子水平深入阐释互作机理，推动营养策略从“粗放通用”向“动态精准”跨越。该研究的重要性尤为突出。在资源与环境约束日益严峻的背景下，提高饲料利用效率可直接减少氮、磷排放，降低环境污染，推动畜牧业可持续发展。同时，通过营养手段调控肠道健康，可减少抗生素使用，改善动物福利，保障动物源性食品安全。此外，该机制的研究是实现精准饲喂、节能降耗、提升产业效益的核心科技支撑。主要研究方向包括：① 肠道微生物与宿主互作机制，重点研究功能性饲料组分对菌群结构及动物生理机能的调控作用；② 养分感知与代谢调控通路，探索营养素如何通过生理信号轴影响养分分配与利用；③ 肠黏膜屏障功能与营养干预，研究氨基酸、脂肪酸等对肠道完整性、免疫调节的作用机制；④ 智能化营养模型开发，整合动物基因型、生理阶段、环境参数和饲料营养养分，构建精准预测与决策系统，实现营养供给的动态优化。该领域的研究不仅具有重要理论价值，更是推动畜牧业走向精准化、绿色化和高值化的关键技术路径，对未来动物农业转型升级具有重要意义。

“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”相关核心论文的主要产出国家如表 8.7 所示。美国排名第一，拥有 20 篇核心论文，占 32.79%；中国排名第二，有 15 篇，占 24.59%；英国排名第三，有 8 篇，占 13.11%；其他国家如加拿大、意大利、瑞士分别有 7、5、4 篇核心论文。在主要产出机构方面，美国北卡罗来纳州立大学以 5 篇核心论文产出位居第一，占 8.20%，其次是帝斯曼-芬美意公司（3 篇，占 4.92%）；加拿大阿尔伯塔大学排名第三，有 2 篇，占 3.28%（表 8.8）。国家间的研究合作较为普遍，以美国与英国、瑞士之间合作相对紧密，中国则与加拿大、美国合作较多（图 8.4）。各主要机构间的合作网络如图 8.5 所示，以帝斯曼-芬美意公司与中国科学院、加拿大农业及农业食品部、墨尔本大学为主。施引核心论文的主要产出国家见表 8.9，施引核心论文数排名前三位是中国、美国和加拿大，其中，中国占 35.87%，美国占为 20.65%。施引论文的主要产出机构见表 8.10，施引核心论文数排名前三位是佐治亚大学、中国农业大学和中国农业科学院，分别占 12.17%、12.03% 和 12.03%。

表 8.7 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”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	20	32.79	1 577	78.85	2020.5
2	中国	15	24.59	911	60.73	2020.5
3	英国	8	13.11	352	44.00	2020.0
4	加拿大	7	11.48	449	64.14	2020.1
5	意大利	5	8.20	241	48.20	2020.6
6	瑞士	4	6.56	290	72.50	2019.8
7	法国	3	4.92	260	86.67	2020.0
8	西班牙	3	4.92	202	67.33	2020.3
9	韩国	3	4.92	179	59.67	2020.7
10	德国	3	4.92	137	45.67	2019.3

表 8.8 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”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	北卡罗来纳州立大学	5	8.20	317	63.40	2020.6
2	帝斯曼-芬美意公司	3	4.92	227	75.67	2020.0
3	阿尔伯塔大学	2	3.28	244	122.00	2020.5
4	墨尔本大学	2	3.28	227	113.50	2019.5
5	美国农业部农业研究服务局	2	3.28	156	78.00	2020.5
6	巴塞罗那自治大学	2	3.28	151	75.50	2020.5
7	中国科学院	2	3.28	129	64.50	2021.0
8	加拿大农业及农业食品部	2	3.28	127	63.50	2021.0
9	浙江大学	2	3.28	127	63.50	2022.0
10	哈珀亚当斯大学	2	3.28	110	55.00	2019.5

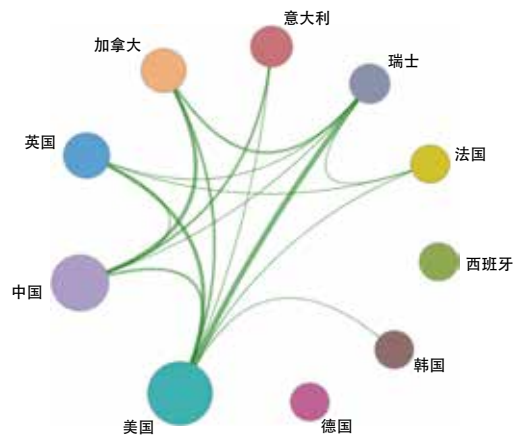


图 8.4 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”工程研究前沿主要国家间的合作网络

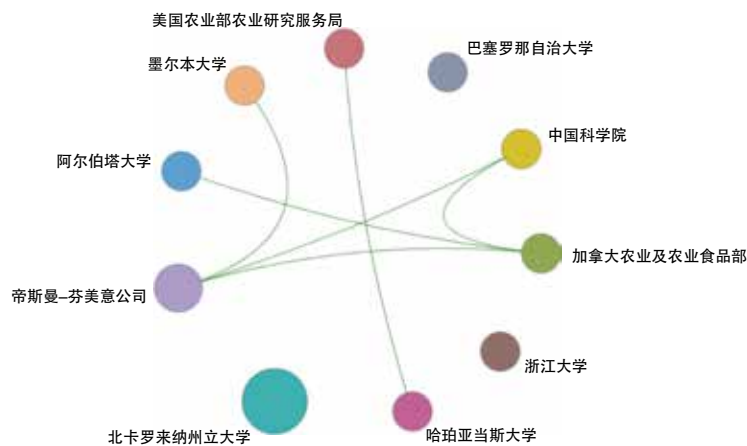


图 8.5 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”工程研究前沿主要机构间的合作网络

表 8.9 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”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	1 018	35.87	2023.0
2	美国	586	20.65	2022.7
3	加拿大	170	5.99	2022.5
4	巴西	153	5.39	2022.9
5	英国	151	5.32	2022.5
6	澳大利亚	138	4.86	2022.5
7	韩国	135	4.76	2022.8
8	意大利	129	4.55	2022.7
9	埃及	124	4.37	2022.9
10	德国	124	4.37	2022.4

表 8.10 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”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	佐治亚大学	88	12.17	2023.0
2	中国农业大学	87	12.03	2022.8
3	中国农业科学院	87	12.03	2022.7
4	北卡罗来纳州立大学	81	11.20	2022.7
5	中国科学院	66	9.13	2022.7
6	四川农业大学	63	8.71	2022.8
7	美国农业部农业研究服务局	62	8.58	2022.6
8	南京农业大学	51	7.05	2022.8
9	圭尔夫大学	49	6.78	2021.9
10	西北农林科技大学	45	6.22	2022.9

图 8.6 为“畜禽消化生理与饲料养分互作机制”工程研究前沿的发展路线。未来 5~10 年工程开发前沿将突破传统营养学框架，迈向精准化、系统化与智能化的高度融合。其核心畜禽的精准营养需求及养分，并利用这些机制知识进行主动、精准的工程化干预，最终驱动畜牧业的产业升级。重点发展方向将集中于以下层面：

1) 畜禽精准营养需求与饲料养分高效利用机制：重点解析不同畜禽品种、生理阶段及养殖环境下动态营养需要量的精准参数，阐明常规与非常规饲料原料的养分消化动力学特征及供给效能，系统研究畜禽生理需求与饲料组分之间的互作机制。

2) 智能数字模型驱动精准饲喂系统：融合多组学数据与人工智能技术，构建可模拟畜禽消化代谢全过程的“数字动物”模型，实现对个体营养需求的动态预测与配方优化。依托智能感知与物联网系统，实时监测动物生理状态并自动调整饲喂策略，形成“感知—决策—执行”闭环，最终实现从群体营养到个体定制、从静态供给到动态响应的饲喂变革。

3) 靶向功能性添加剂的理性设计与应用: 基于肠道微生物与养分互作机制的深度解析, 运用合成生物学、精准发酵等先进生物制造技术, 定向开发可特异性改善肠道健康、增强消化吸收效率的新一代功能性添加剂, 实现对饲料养分利用效率的精准提升。



图 8.6 “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”工程研究前沿的发展路线

总而言之, 未来 5~10 年, “畜禽消化生理与饲料养分互作机制”的工程研究将是一个由精准方向引领、融合技术驱动并最终在产业层面实现价值重塑的完整链条, 必将推动畜牧业进入一个高效、绿色、智能的新时代。

8.1.2.3 水产动物重要性状形成的遗传解析

(1) 研究意义

水产动物重要性状形成的遗传解析对推动现代水产种业的发展具有重要意义。水产动物的主要经济性状, 如生长速度、繁殖能力、抗病性以及肉质风味等, 直接影响养殖效益和市场价值。而这些性状的形成, 既受到自然选择的长期影响, 也受到人工选择和养殖环境的调控, 其背后的遗传基础十分复杂。通过遗传解析, 可以系统揭示关键性状相关的基因及调控网络, 阐明性状表达的分子机制和遗传规律, 为精准育种提供科学依据。同时, 水产动物重要性状形成的遗传解析研究有助于建立高价值水产动物的基因资源库, 实现优良种质的保护与合理利用, 避免遗传多样性的丧失。此外, 基于遗传解析的育种策略能够显著提高育种效率和精准度, 缩短选育周期, 优化种群结构, 从而推动水产养殖生产的可持续发展。在全球水产品需求持续增长的背景下, 这类研究不仅能够保障水产品稳定供给, 还能够提升产业整体竞争力和经济效益, 为水产行业的现代化和高质量发展提供坚实的科学支撑和技术保障。

(2) 研究现状

近年来, 水产动物重要性状形成的遗传解析研究不断取得重要进展, 成为现代水产种业和养殖业发展的核心科技支撑。随着高通量基因组测序、转录组测序、表观遗传学以及单细胞组学等多种组学技术的广泛应用, 水产动物的生长速度、繁殖能力、抗病力、耐逆性以及肉质风味等核心经济性状的遗传基础逐渐被系统揭示。通过对这些性状背后的基因组信息进行解析, 研究者能够明确关键基因、调控网络和数量性状基因座 (QTL), 从而为精准育种和高效选育提供科学依据。在国内研究方面, 中国水产科学研究院、上海海洋大学、华中农业大学等科研单位先后完成了多种重要养殖鱼类的高质量基因组测序, 构建了高密度分子标记图谱, 为后续分子标记辅助选择 (MAS) 和基

基因组选择 (GS) 提供了坚实基础。同时, 研究团队通过关联分析、全基因组关联分析 (GWAS) 以及基因功能验证, 鉴定出与快速生长、抗病力、耐逆性及肉质品质相关的候选基因和关键 QTL。这些成果不仅为传统育种提供了分子工具, 还为新品种选育和优质种质资源的开发提供了理论依据与技术支持。与此同时, 转录组学、单细胞测序、表观遗传学以及基因调控网络分析等新兴技术的应用, 使研究者能够从不同层次解析性状形成的分子调控机制。例如, 通过转录组学研究可以揭示生长、免疫和代谢相关基因的表达模式; 通过单细胞测序技术可以分析不同细胞类型在性状形成过程中的作用; 表观遗传学研究则揭示了 DNA 甲基化、组蛋白修饰等对性状表达的调控效应。这些研究进一步深化了对水产动物性状形成机理的理解, 为精准育种提供了更加全面的分子依据。在国际上, 多个研究团队已在罗非鱼、大西洋鲑、鳟鱼以及对虾等物种中建立了基因组选择体系, 并将其应用于商业化育种实践。通过将基因组信息与表型数据结合, 育种者能够在早期阶段预测个体性状表现, 从而显著提高选育效率和准确性。这不仅缩短了育种周期, 还减少了资源投入, 为产业化生产提供了可操作的技术路径。

总体来看, 水产动物重要性状的遗传解析研究取得的成果, 不仅丰富了对性状形成分子机制的科学认识, 也为现代水产种业的技术革新提供了重要支撑。通过分子标记辅助选择和基因组选择, 研究者能够高效培育出生长快、抗病强、耐逆性高、肉质优良的新品种, 从而推动水产养殖业的高质量发展。随着组学技术的不断进步和大数据分析能力的提升, 未来水产动物遗传解析将更加精准和高效, 预计将在种质创新、产业优化和可持续养殖方面发挥更加重要的作用, 为保障水产品供给、提升产业竞争力以及推进水产种业现代化提供坚实的理论与技术保障。

(3) 未来研究方向与创新点

未来水产动物重要性状形成的遗传解析研究将主要集中在以下方向: ① 深入解析生长、繁殖、抗病、耐逆和肉质等核心性状的遗传基础, 揭示关键基因与调控网络, 为分子设计育种奠定理论依据; ② 加强野生种质和地方品种资源的收集、保护与遗传鉴定, 发掘优异性状基因, 拓展育种的遗传多样性; ③ 建立水产动物多组学联合分析平台, 整合基因组、转录组、蛋白质组和代谢组数据, 精准解析性状形成的分子机制; ④ 发展高通量表型鉴定与环境因子监测技术, 实现性状与环境互作的系统解析; ⑤ 推进精准育种体系建设, 将基因组选择、分子标记辅助选择与智能化养殖环境结合, 加快优良品种的培育与推广。

在“水产动物重要性状形成的遗传解析”工程研究前沿的核心论文主要产出国家方面, 核心论文数排名前三位的是中国 (占 79.71%)、挪威 (占 7.25%) 和美国 (占 7.25%) (表 8.11)。该前沿核心论文的篇均被引频次分布在 2.40~65.00 之间, 其中法国、芬兰和丹麦的篇均被引频次均超过了 50。在主要产出机构方面, 中国水产科学研究院、上海海洋大学、青岛海洋科学与技术试点国家实验室的核心论文数及被引频次较高 (表 8.12)。在国家间的合作网络方面, 国家间的研究合作较为普遍, 以中国、美国、挪威、菲律宾之间合作相对更紧密 (图 8.7)。在机构间的合作网络方面, 各机构间均存在一定的合作关系 (图 8.8)。施引核心论文的主要产出国家有中国、美国和加拿大等, 中国占比超过 1/3, 美国占比为 9.43% (表 8.13)。在施引核心论文的主要产出机构方面, 中国水产科学研究院、上海海洋大学、中国科学院的施引论文量排在前三位 (表 8.14)。图 8.9 为“水产动物重要性状形成的遗传解析”工程研究前沿的发展路线。

表 8.11 “水产动物重要性状形成的遗传解析”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	55	79.71	556	10.11	2022.0
2	挪威	5	7.25	167	33.40	2021.6
3	美国	5	7.25	12	2.40	2023.6
4	加拿大	4	5.80	97	24.25	2021.5
5	澳大利亚	4	5.80	44	11.00	2022.0
6	菲律宾	3	4.35	78	26.00	2019.3
7	法国	2	2.90	121	60.50	2021.0
8	泰国	2	2.90	11	5.50	2023.0
9	芬兰	1	1.45	65	65.00	2021.0
10	丹麦	1	1.45	54	54.00	2020.0

表 8.12 “水产动物重要性状形成的遗传解析”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	中国水产科学研究院	25	36.23	109	4.36	2022.3
2	上海海洋大学	10	14.49	40	4.00	2022.3
3	青岛海洋科学与技术试点国家实验室	7	10.14	62	8.86	2021.1
4	中国科学院	5	7.25	115	23.00	2021.8
5	中国农业科学院	5	7.25	95	19.00	2020.0
6	厦门大学	4	5.80	60	15.00	2022.8
7	中国海洋大学	4	5.80	60	15.00	2020.8
8	国际水稻研究所	3	4.35	78	26.00	2019.3
9	南京农业大学	3	4.35	36	12.00	2022.7
10	西南大学	3	4.35	31	10.33	2023.0

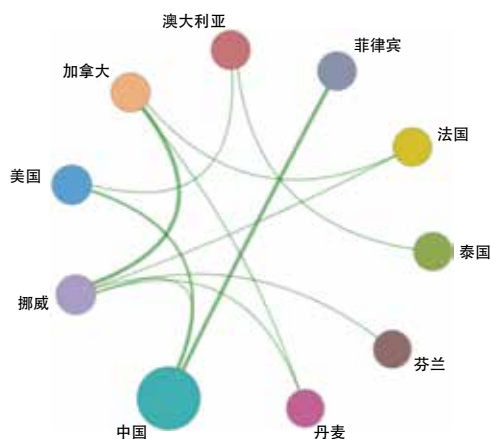


图 8.7 “水产动物重要性状形成的遗传解析”工程研究前沿主要国家间的合作网络

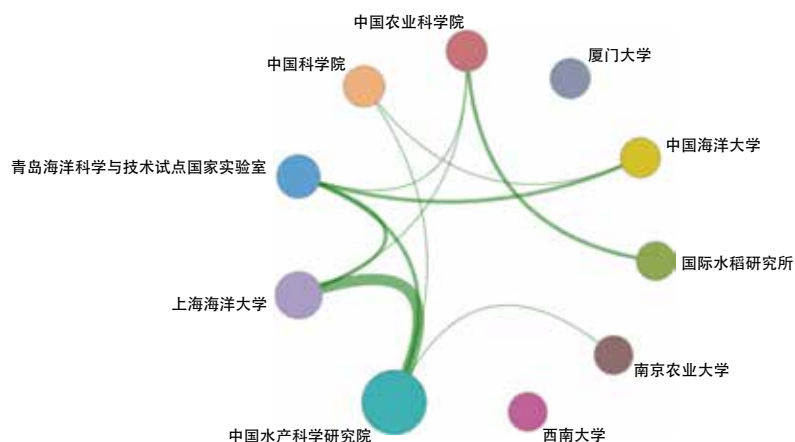


图 8.8 “水产动物重要性状形成的遗传解析”工程研究前沿主要机构间的合作网络

表 8.13 “水产动物重要性状形成的遗传解析”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	359	41.79	2023.0
2	美国	81	9.43	2022.8
3	加拿大	63	7.33	2022.6
4	法国	59	6.87	2022.7
5	挪威	58	6.75	2022.9
6	英国	45	5.24	2022.6
7	意大利	42	4.89	2022.5
8	西班牙	42	4.89	2022.6
9	澳大利亚	42	4.89	2022.5
10	芬兰	41	4.77	2022.9

表 8.14 “水产动物重要性状形成的遗传解析”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	中国水产科学研究院	76	21.23	2023.2
2	上海海洋大学	45	12.57	2023.2
3	中国科学院	44	12.29	2022.9
4	中国海洋大学	34	9.50	2023.1
5	蒙彼利埃大学	32	8.94	2022.2
6	赫尔辛基大学	29	8.10	2022.9
7	青岛海洋科学与技术试点国家实验室	28	7.82	2022.6
8	马来西亚登嘉楼大学	20	5.59	2022.2
9	厦门大学	17	4.75	2023.2
10	汕头大学	17	4.75	2022.2



图 8.9 “水产动物重要性状形成的遗传解析”工程研究前沿的发展路线

8.2 工程开发前沿

8.2.1 Top 11 工程开发前沿发展态势

农业领域的 Top 11 工程开发前沿集中体现了现代农业向智能化、绿色化和高值化转型的强劲趋势，其研发焦点紧密围绕人工智能深度赋能、资源高效利用与可持续发展、动物健康与食品安全保障三大方向展开。根据核心专利数据统计分析，这些前沿在近年的技术开发活跃度、影响力及国际合作态势呈现出显著差异。① 人工智能赋能农业智能化的前沿主要包括“基于人工智能的作物养分精准管理”“动物疫病智能诊断、监测与预警”和“多模态自适应具身智能农机技术与装备”。这些方向深度融合了传感技术、大数据、物联网与智能决策算法，致力于实现农业生产的精准化、自动化和自主化。其中，“基于人工智能的作物养分精准管理”核心专利公开量达 115 件，中国以 65 件（56.52%）占据领先地位，且被引数占比高达 82.22%，表明中国在该方向不仅研发活跃，技术成果影响力也尤为突出。② 绿色高效农业技术的前沿涵盖“粮食作物多熟栽培周年光温高效工程”“高性能木质素基绿色胶黏剂精准合成与应用”“设施-农机-农艺融合的设施园艺生产技术”和“作物品种分子设计与智造”。这些技术共同聚焦资源节约、循环利用、生态低碳和高光效生产，旨在突破资源约束、实现农业系统增效减排。其中，“作物品种分子设计与智造”的国际竞争态势鲜明，美国的核心专利公开量为 60 件（47.24%），新西兰虽仅 21 件，但其篇均被引数高达 102.24，显示出极高的影响力；中国在该方向的专利公开量仅 7 件，仍处于追赶阶段。③ 动物健康与食品安全工程前沿包括“畜禽重大疫病抗性品种培育”“畜产品品质提升的饲料营养调控技术”“基于生物化学的农药快速检测技术开发”和“水产动物疫病的快速准确检测技术”，着眼于从源头至餐桌的全链条安全与品质提升。其中，“畜禽重大疫病抗性品种培育”核心专利公开量达 103 件，中国占 88 件（85.44%），占据绝对优势，被引集中度也较高，显示出中国在该方向的强烈研发投入与产出主导地位。农业领域各工程开发前沿核心专利情况如表 8.15 和表 8.16 所示。

从总体态势看，人工智能与大数据技术在农业中的应用已成为最具活力和影响力的创新增长点，中国在智慧农业部分方向已形成规模优势，但在原始创新和关键核心技术（如分子设计育种）上仍与发达国家存在差距。绿色高效类前沿强调多学科交叉与系统集成，正推动农业从传统资源消耗型向智能绿色可持续模式转变。动物与食品安全类前沿则强调整合基因编辑、智能监测与绿

表 8.15 农业领域 Top 11 工程开发前沿

序号	工程开发前沿	公开量	引用数	平均被引数	平均公开年
1	畜禽重大疫病抗性品种培育	103	128	1.24	2022.1
2	基于人工智能的作物养分精准管理	115	90	0.78	2023.9
3	作物品种分子设计与智造	127	5 409	42.59	2021.5
4	动物疫病智能诊断、监测与预警	84	818	9.74	2022.4
5	畜产品品质提升的饲料营养调控技术	1 069	974	0.91	2021.1
6	粮食作物多熟栽培周年光温高效工程	176	251	1.43	2021.2
7	基于生物化学的农药快速检测技术开发	64	53	0.83	2022.0
8	水产动物疫病的快速准确检测技术	27	124	4.59	2023.3
9	设施-农机-农艺融合的设施园艺生产技术	232	235	1.01	2021.9
10	多模态自适应具身智能农机技术与装备	34	65	1.91	2023.5
11	高性能木质素基绿色胶黏剂精准合成与应用	1 364	6 366	4.67	2021.9

表 8.16 农业领域 Top 11 工程开发前沿核心专利逐年公开量

序号	工程开发前沿	2019	2020	2021	2022	2023	2024
1	畜禽重大疫病抗性品种培育	12	10	6	27	22	26
2	基于人工智能的作物养分精准管理	0	0	0	0	15	100
3	作物品种分子设计与智造	23	17	16	30	22	19
4	动物疫病智能诊断、监测与预警	3	7	9	18	30	17
5	畜产品品质提升的饲料营养调控技术	294	203	159	119	139	155
6	粮食作物多熟栽培周年光温高效工程	44	24	36	27	22	23
7	基于生物化学的农药快速检测技术开发	9	9	2	14	14	16
8	水产动物疫病的快速准确检测技术	0	0	2	2	9	14
9	设施-农机-农艺融合的设施园艺生产技术	17	41	41	44	39	50
10	多模态自适应具身智能农机技术与装备	0	1	3	1	3	26
11	高性能木质素基绿色胶黏剂精准合成与应用	145	178	246	205	270	320

色材料等技术，实现疫病防控、营养调控与安全检测的精准化、工程化。

国际合作网络分析表明，欧美国家在分子育种、智能算法等领域仍处引领地位，并已形成较稳定的合作集群；中国虽专利总量占优，但跨国合作广度仍有待加强，尤其在高端装备、生物智造等前沿领域。未来，这些工程开发前沿将进一步融合系统生物学、人工智能、先进制造与生态学原理，推动农业系统实现“资源-环境-食品-健康”的多元协同优化，为构建安全、高效、韧性和可持续的全球农业系统提供核心动力。

（1）畜禽重大疫病抗性品种培育

畜禽重大疫病抗性品种培育是指依托现代遗传育种技术，定向选育对非洲猪瘟、高致病性禽流感、布病等重大疫病具有先天遗传抵抗力的畜禽新品种（系），核心目标是从根本上降低感染风险和疫病传播，筑牢畜牧业生物安全防线，支撑产业可持续发展。近年来，我国高度重视动物抗病性状基础研究，发现了一批重要抗病基因并创制多种抗病育种新材料，但仍存在各种问题，例如：重大疫病抗性种质的抗病特性鉴定缺乏系统性评价标准，重大疫病抗病性状遗传调控机制解析缺乏特异性，重大疫病抗性品种选育进程滞后，创制的抗病畜禽育种新材料缺乏商业化应用检验。针对上述问题，亟须综合运用感染免疫学、群体遗传学、比较基因组学和分子生物学，针对畜禽黏膜免疫、固有免疫和体液免疫等重要免疫系统进行多组学（转录组、表观组、蛋白组等）联合分析，整合免疫系统组织多组学数据，系统挖掘影响病原微生物与宿主细胞互作、受体识别、免疫逃逸、病原微生物清除、细胞死亡方式等病原微生物致病机制的抗性关键基因和调控元件。设计高效基因编辑技术体系，综合基因工程和胚胎工程技术创制基因编辑畜禽新种质，在群体水平系统开展抗病能力、生物安全和育种价值评估，在保障遗传多样性的前提下，实现抗病育种从“被动应对”到“主动设计”的跨越，为应对新发突发疫病提供核心种源支撑。

（2）基于人工智能的作物养分精准管理

养分管理是保障作物高产和农业可持续发展的关键环节。传统施肥模式依赖经验与静态推荐，忽视土壤空间异质性和作物个体差异，导致肥料利用率低下，并加剧养分流失与环境负担。在资源约束与绿色转型的双重压力下，这一模式已难以满足现代农业的发展需求。人工智能的兴起为养分管理开辟了新路径。依托土壤与肥料大数据，结合机器学习和深度模型，可以构建作物生长与养分吸收的复杂映射，实现从田块尺度到单株层面的精准诊断与预测。更重要的是，人工智能能够贯穿作物全生育期，对养分供需进行动态监测与调控，分析预测缺素与病虫害发生风险，结合数字孪生模拟不同养分管理方案的产量与品质效应，并与智能农机装备联动，形成实时感知—智能决策—精准执行的闭环体系。未来，人工智能将推动作物养分管理从经验驱动走向数字驱动与智能驱动，从粗放施肥转向动态调控，从单一产量目标拓展至产量、品质与生态环境的系统优化。这不仅有助于显著提升肥料利用效率和作物生产力，更将为农业绿色发展和保障粮食安全提供重要战略支撑。

（3）作物品种分子设计与智造

作物品种分子设计与智造是指利用分子生物学、基因组学和合成生物学等先进技术，对作物遗传基础进行精准设计和高效构建，从而创造出具备理想农艺性状的新品种。这一概念源于传统育种的局限性，传统育种主要依赖自然变异和人工选择，周期长、效率低、随机性强，无法满足现代农业对高产、抗逆、优质作物的迫切需求。随着基因组测序技术的飞速发展，科学家们能够深入解析作物基因组结构、功能基因网络和调控机制，实现从分子水平对品种的“定制化”设计。具体而言，这一过程包括3个核心环节：首先，通过多组学分析（如基因组学、转录组学和代谢组学）解析控制产量、抗病、耐旱等关键性状的基因网络和遗传变异；其次，利用人工智能和大数据平台进行虚拟模拟和优化设计，构建理想品种的“蓝图”，如通过算法

预测基因组合的最优效果；最后，借助基因编辑工具或合成生物学方法，实现基因组的精准改造和快速组装，高效“制造”出新品种。这种方法大大缩短了育种周期，从传统方法的 10~15 年压缩至几年甚至几个月，同时保留了遗传多样性，避免了传统杂交中遗传基础的狭窄化。目前，主要技术方向聚焦于智能育种平台的构建，包括高通量基因型鉴定、机器学习辅助性状预测，以及基因回路设计合成。例如，在水稻和小麦等主要作物上，已成功设计出抗逆品种，提高了产量和资源利用效率。发展趋势方面，随着人工智能和量子计算的融入，分子设计将更趋智能化和自动化，实现“从基因到田间”的全链条智造；同时，结合气候变化挑战，未来将强调可持续性，如开发固氮作物减少化肥使用，或增强光合效率的品种以提升碳汇能力。这一前沿技术对保障全球粮食安全、促进农业绿色转型具有战略意义，有望重塑作物育种范式，推动农业可持续发展。

（4）动物疫病智能诊断、监测与预警

动物疫病智能诊断、监测与预警是支撑现代畜牧业高质量发展、保障公共卫生安全的关键支撑方向，旨在实现对重大疫病的早期发现、快速诊断、精准监测和动态预警。传统诊断往往依赖实验室检测，周期长、成本高，难以满足突发疫情快速处置需求。随着分子生物学、传感技术和人工智能的发展，智能诊断与监测体系逐渐建立，可实现病原的灵敏、多重检测，并通过养殖环境监控、临床影像与多源数据采集，对动物群体健康开展连续跟踪。主要技术方向包括：① 新一代分子诊断与现场快检技术，如 CRISPR 诊断、纳米孔测序、芯片与微流控平台，实现对多种病原的灵敏、快速、多重检测；② 物联网与大数据驱动的监测体系，依托传感器、养殖场环境监控、移动终端采集等多源数据，实现对动物健康和环境中潜在病原的连续监测；③ 人工智能与机器学习模型的预警与预测，通过深度学习、图神经网络和地理信息系统（GIS）分析病原传播链条和空间动态，构建区域性与跨境疫情风险预警系统。未来，该领域将呈现三大趋势：一是诊断更加快速便捷，推动即时检测与智能化决策；二是监测更加连续全面，构建个体-群体-区域多层次健康画像；三是预警更加精准主动，通过数字孪生与 AI 建模实现对潜在疫情的精准预判和多场景模拟。随着标准化数据平台和跨部门协作的建立，智能诊断、监测与预警将为全球动物疫病防控和公共卫生安全提供重要支撑。

（5）畜产品品质提升的饲料营养调控技术

畜产品品质提升的饲料营养调控技术，本质上是将动物营养学的最新研究成果转化为实际的生产技术，通过精准、主动、系统地干预动物日粮配方，从而定向、高效、安全地塑造出具有更佳食用价值、营养功能和市场竞争力的畜产品，是现代畜牧业实现高质量发展和产业升级的关键核心技术之一。目前亟须突破对优质肉、蛋、奶重要性状形成的理论认知局限，形成涉及饲料配方优化、功能性添加剂应用、精准饲喂管理等提升畜产品品质的营养调控技术与方案，改善畜产品的营养价值、感官品质和安全性。重点围绕 3 个方面开展研究：一是基于动物个体或群体的特定需求，通过科学调控营养素供给，以优化生产性能、健康水平和产品品质的技术体系；二是以营养素-代谢-表现遗传互作为研究思路，通过能量来源、脂肪酸组成、功能性添加剂协同优化，实现营养精准匹配，结合优质畜产品品牌营销，推动全产业链增值；三是通过能量重分配、氮代

谢优化和降低氧化应激，提高乳脂率和肌肉脂肪含量、富集功能性成分、改善肉质安全性与风味等，提升畜产品品质，突破精准营养与功能畜产品开发关键技术，为我国优质肉、蛋、奶产品的生产提供技术方案。

（6）粮食作物多熟栽培周年光温高效工程

粮食作物多熟栽培周年光温高效工程是指依据不同区域光温资源时空分布特征，通过优化熟制配置、作物品种精选与栽培技术的突破，实现多熟高效光合器官建成、产量形成期与最适光温关键期精准耦合，达成茬口高效衔接、多熟群体生产能力优化，大幅度提高作物光温日生产力，稳定提升单位面积周年总产的栽培工程。

我国耕地资源紧缺且区域光温差异显著，南部与中部地区光温充沛，具备一年两熟或三熟潜力，但传统多熟模式存在茬口衔接滞后、高效光合器官建成时机错位等问题，导致光温资源利用不充分；北部地区温度资源不足，多熟种植存在季节矛盾。长期以来，我国虽在复种指数提升上有很多探索，但对光温与作物生长关键期的匹配规律、多熟群体光温统筹利用机制研究薄弱，致使日生产能力偏低、总生产能力提升受限。在粮食需求刚性增长的新时期，开发周年多熟光温高效工程可破解“耕地有限、提产刚需”的矛盾，对保障国家粮食安全具有迫切现实意义。其核心科技问题主要有：① 多熟高效光合器官统筹建成规律及调控；② 多熟产量形成期与光温关键期的耦合机制；③ 日生产能力与周年总生产能力的协同提升；④ 多熟群体生产能力的光温适配调控；⑤ 多熟茬口高效衔接与光温持续周年统筹优化利用技术；⑥ 创新不同生态区光温高效栽培模式与实用技术体系。

通过粮食作物栽培学与农业气象学、信息学、机械工程等学科交叉融合探究，构建覆盖我国华南、华中及华北南部适应气候趋暖的多熟栽培周年光温高效技术体系，可实现周年光温利用效率提升15%以上，粮食周年总生产能力提升20%~30%，推动我国粮食生产从“季别光温利用”向“周年光温高效”转变，形成粮食产业新质生产力，为粮食安全提供重大工程技术支撑。

（7）基于生物化学的农药快速检测技术开发

我国是农药生产与使用大国，农业生产中农药会通过直接或间接途径残留在谷物、果蔬以及土壤和水中，对人体健康和生态环境构成直接威胁。传统检测技术（如气相色谱法、液相色谱法）因操作复杂、检测周期长，难以满足大批量农产品的快速筛查需求。而基于生物化学的农药快速检测技术，如酶抑制法、免疫分析法，可在短时间内检测农产品中的农药残留。以胶体金免疫层析试纸条为例，利用金标抗体与农药抗原的特异性反应，通过观察试纸条上T线显色情况来判断农药残留是否超标，数分钟内即可出结果，大幅提升了检测效率，可及时拦截农残超标的农产品流入市场，守护消费者“舌尖上的安全”。农药种类多，结构差异大，理化性质各异，制备特异性、高亲和性的农药识别材料是快速检测技术的重要前提；目前的研究致力于开发新型生物识别元件、引入纳米材料和微流控等先进技术手段，不断提升检测性能和适用范围，智能手机读数和物联网技术的融入，正推动该技术向智能化、网络化方向发展，为构建从农业生产到食品消费的全链条质量安全监控体系提供了有力的技术支撑，对保障食品安全和促进农业可持续发展具有重要意义。

（8）水产动物疫病的快速准确检测技术

水产动物疫病检测是保障水产养殖健康和产业安全的关键环节，其在水产养殖业的发展演变过程中发挥了重要作用，推动水产养殖健康可持续发展。传统的疫病检测方法主要依赖于形态学观察、组织病理学分析和常规培养鉴定，这些方法在早期防控中发挥了重要作用，但存在检测周期长、灵敏度低和难以早期发现等局限。究其本质，疫病检测的核心在于尽早、准确地识别病原，从而为防治提供科学依据。然而传统检测方式往往存在延迟，容易错失最佳防控窗口，导致疾病快速扩散，造成重大经济损失。随着分子生物学、免疫学及信息技术的发展，水产动物疫病的快速检测技术逐渐成熟并得到广泛应用。例如荧光定量聚合酶链反应（PCR）检测，可在数小时内高特异性鉴定病原；免疫学检测如酶联免疫吸附测定（ELISA）、胶体金试纸条，则可实现简便现场检测；近年来新兴的高通量测序、数字 PCR 和 CRISPR 靶向检测技术，能够同时实现多病原的精准识别和超高灵敏度检测，显著提高了检测效率和准确性。相较于传统检测方法，这些新型检测技术不仅缩短了检测时间，还能在病原学分子水平上实现更精确的定性和定量分析，对复杂病原混合感染和新发未知病原的发现尤为重要。在水产养殖规模化、集约化和全球化趋势下，疫病的传播风险和防控难度不断增加，快速准确的检测技术正成为疫病监测预警、防控决策和养殖管理的重要支撑。未来，结合人工智能、大数据和移动检测平台的多维融合，将进一步推动水产动物疫病检测走向智能化、现场化和实时化，为保障水产养殖业的可持续发展提供有力技术支撑。

（9）设施—农机—农艺融合的设施园艺生产技术

设施园艺已成为我国国民经济和社会发展中的重要产业，在确保我国粮食安全、提高人们生活质量、保障健康中国建设、促进农民增收和乡村振兴、助力现代农业发展、提升资源高效利用等方面作用突出。但我国设施园艺生产的机械化水平仍很低，加快设施园艺生产机械化进程是当前农业产业中的紧迫任务之一。基于“设施—农机—农艺”深度融合原则，建设设施蔬菜作物生产农艺、农机作业和设施建设融合的生产技术体系，是提高设施园艺生产机械化/轻简化栽培的基础。主要研究方向包括：日光温室和塑料大棚等设施结构的宜机化优化，方便机械进入与作业；分区域、分品种制定统一、科学的蔬菜种植农艺标准，明确不同蔬菜品种的行距、株距、播种深度、施肥量、灌溉量等关键参数，为机械化作业提供科学依据；研发适合设施作业的各类型机械装备，提高作业精度与质量；制定蔬菜机械化作业规范，明确农机的操作流程、作业质量要求和安全注意事项，确保机械化作业的高效、安全进行。

（10）多模态自适应具身智能农机技术与装备

面对劳动力短缺与精细化农业需求，传统农机智能化升级成为农业现代化关键。传统农机缺乏对非结构化农田环境的认知与自主响应能力，作业效率、精度和适应性已难以满足智慧农业的发展需求。具身智能作为融合环境感知、信息认知、自主决策与运动控制于一体的智能机制，可为智能农机赋予环境适应性与自主决策能力，已成为推动下一代农业智能机器人发展的重要方向。多模态自适应具身智能农业技术与装备旨在创制“多模态感知—自主认知—精准执行—在线反馈”全闭环的智能农机系统，研究多模态传感器（视觉、激光雷达、光谱等）融合，

精准识别复杂农田环境下作物、土壤、障碍物等关键信息；研究人工智能算法自主决策作业路径规划等任务；研制自适应底盘和灵巧执行机构完成精准作业控制；通过农机本体与农田、农场环境进行动态交互，从中不断学习、调整和进化作业策略。多个具身智能农机构成一个能够自组织、自学习的“农场级智能集群”，实现全生产流程的自主化与最优化农事作业，已成为智慧农业、农业工程领域关注的焦点和研究热点。前沿相关研究成果将为我国智慧农业和无人农场的实现提供核心装备支撑，变革农业生产模式，对保障国家粮食安全、促进农业可持续发展具有重大战略意义。

（11）高性能木质素基绿色胶黏剂精准合成与应用

木质素是自然界中储量最丰富的天然酚类聚合物，主要来源于制浆造纸和生物质炼制过程的工业副产物。木质素基胶黏剂是指以工业木质素为主要原料制备的黏接材料，广泛应用于木/竹质复合材料、金属及塑料制品的黏接。目前主流技术路径是通过木质素部分替代苯酚，合成多组分共聚型胶黏剂，以降低生产成本、减少毒性并实现工业副产物的高值利用。为推动木质素资源的高效转化，开发高性能绿色木质素基胶黏剂已成为研究热点，其高性能集中体现在优良的黏接强度、耐水性及环境稳定性等方面。由于木质素分子富含苯环和醚键结构，但存在反应活性低、结构复杂与不均一等局限，通常需借助酚化、脱甲基化、羟甲基化等化学活化方法或物理改性手段，打破其天然惰性，暴露更多活性位点，增强共聚反应能力。精准合成策略则致力于在分子层面调控反应路径，例如通过催化断裂 β -O-4醚键生成活性酚羟基，或引入柔性链段以改善胶黏剂韧性与界面相容性，从而实现性能的可控提升。高性能木质素基绿色胶黏剂的精准合成与应用，对于推动林业剩余物的高值资源化利用以及开发环境友好型新材料具有重大的经济与环境效益。

8.2.2 Top 3 工程开发前沿重点解读

8.2.2.1 畜禽重大疫病抗性品种培育

高致病性禽流感、非洲猪瘟等畜禽重大疫病，以高致死率与传染性为典型特征，不仅给养殖业带来直接巨大经济损失，也严重影响生产效率、危害畜禽产品供给安全与公共卫生安全，已成为畜禽种业和产业健康发展的重要限制因素。畜禽重大疫病抗性品种培育依托遗传改良手段富集、引入或编辑抗病相关基因，定向提升畜禽对重大病原的先天抵御能力，从源头减少疫病发生概率、病原变异频率与防控成本投入，为畜牧业安全生产提供遗传保障。然而，疫病抗性育种难以依赖表型组开展遗传选育，我国地方优良种质资源中蕴含的丰富抗病遗传变异鉴定不足、调控元件解析不清，严重限制了遗传基础的抗病育种应用。此外，抗病性状遗传力较低且与环境和其他重要经济性性状间互作复杂，导致关键基因定位难、效应评估不精确，种质创新理论基础仍显薄弱；基因编辑与基因聚合技术在动物育种中的应用仍面临生物安全、伦理审查及产业化推广壁垒。随着多组学技术融合与大数据分析能力的提升，未来对复杂抗病性状的遗传解析将更为深入，产学研深度融合持续加强，通过畜牧兽医学科深度交叉，系统整合感染免疫、遗传资源、技术创新与育

种实践，将推动抗性育种向高效化、精准化和工程化方向发展，最终构建起应对重大疫病的可持续解决方案。

畜禽重大疫病抗性品种的发展历程经历了从传统育种到分子育种的飞跃。早期传统选育通过长期抗病个体筛选与杂交育种积累抗性基因，但该方法周期长、精准度低。随着基因组学、大数据、分子遗传与基因编辑技术的迅速发展，畜禽抗病育种已进入新一轮科研突破与产业应用加速期。基于我国丰富的畜禽遗传资源扩大完善二代、三代基因组测序群体，建立世界范围内各畜禽品种基因组遗传变异（SNP、Indels、STR 和 SV）数据库，系统构建畜禽图泛基因组、遗传变异图谱和调控图谱。随后，通过整合基因组、转录组、表观组、代谢组和微生物组等多组学数据，研究人员得以全面解析抗病性状的复杂调控机制，为关键基因及标记的发现提供支撑。例如，西北农林科技大学构建了高效的猪遗传资源保护体系，鉴定出 62 个关键功能基因和 11 个分子标记，并通过基因编辑技术创制了抗病毒猪新品系，突破传统育种瓶颈。李奎团队绘制了涵盖多个组织的猪遗传调控图谱，定位了 207 个复杂性状的 QTL，为基因组选择和编辑育种提供了重要依据。在绵羊肺炎研究中，研究人员利用多组学技术鉴定出绵羊肺炎支原体为主要病原，并通过 GWAS 筛选出 *FOXF1* 基因及 2 个 SNP 位点，证实其与抗性显著相关。在禽类研究中，研究人员通过靶向测序发现巴西蓝蛋卡皮拉鸡 MHC B-L β II 基因存在 15 种等位基因（含 5 个新等位基因），其多样性增强了对沙门氏菌等病原的抗原呈递能力，为地方品种抗病资源利用提供了依据。这些成果凸显了组学技术从病原鉴定、抗性基因挖掘到表观调控解析的全链条支撑能力，正驱动抗病育种向精准化、高效化发展，为精准育种提供了坚实的遗传基础。

基因编辑技术的出现给动物育种带来了革命性变革，为培育畜禽抗病新品种提供了前所未有的机遇。国内外研究团队聚焦猪蓝耳病（PRRS）防控，通过删除关键受体 *CD163* 基因特定外显子，赋予种猪群体对抗多种在美国流行的 PRRS 毒株的能力，攻毒后病毒核酸和抗体检测表明这些种猪具有 100% 抗蓝耳性状。目前美国食品药品监督管理局（FDA）宣布批准 PIC 公司的基因编辑抗蓝耳猪安全有效，表明其已完成抗蓝耳猪从“概念验证”到“商业应用”的重大突破。中国农业科学院北京畜牧兽医研究所培育出全球首例同时抗 3 种重大疫病（猪繁殖与呼吸综合征、猪传染性胃肠炎病毒和猪德尔塔冠状病毒）的猪，且其繁殖与生产性能正常，为抗病猪新品种培育提供了关键材料与示范效应。在牛身上，基因编辑同样展现出显著潜力。西北农林科技大学团队通过 CRISPR 介入插入 *NRAMP1* 基因，显著提升了对牛结核病的抗性。美国农业部（USDA）与合作者通过修改牛 CD46 受体，培育出全球首例对牛病毒性腹泻病毒（BVDV）具备抗性的基因编辑犊牛“Ginger”。英国科学家通过编辑 ANP32A 蛋白，实现鸡对禽流感（H9N2）的部分抗性。此外，基因编辑已应用于提高家禽对沙门氏菌、禽流感、马立克病与新城疫等的抗性研究。

“畜禽重大疫病抗性品种培育”工程开发前沿中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 8.17、表 8.18、图 8.10 和图 8.11。核心专利公开量排名前三的国家是中国（88 件，占比为 85.44%）、捷克（8 件，占比为 7.77%）和韩国（6 件，占比为 5.83%）。韩国与英国之间有合作关系，其他国家之间没有合作。核心

专利产出最多的机构是中国农业科学院（32 件，占比为 31.07%），华南农业大学和 Biopharm 股份有限公司分别排在第二和第三位。被引数比例排名前二的机构是山东省农业科学院奶牛研究中心（18.75%）、山东奥克斯畜牧种业有限公司（18.75%）。捷克科学院分子遗传学研究所与 Biopharm 股份有限公司之间、首尔国立大学与山东奥克斯畜牧种业有限公司之间有合作关系。

表 8.17 “畜禽重大疫病抗性品种培育”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	88	85.44	104	81.25	1.18
2	捷克	8	7.77	16	12.50	2.00
3	韩国	6	5.83	8	6.25	1.33
4	英国	2	1.94	8	6.25	4.00
5	印度尼西亚	1	0.97	0	0.00	0.00

表 8.18 “畜禽重大疫病抗性品种培育”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	中国农业科学院	32	31.07	17	13.28	0.53
2	华南农业大学	9	8.74	2	1.56	0.22
3	Biopharm 股份有限公司	8	7.77	16	12.50	2.00
4	捷克科学院分子遗传学研究所	8	7.77	16	12.50	2.00
5	山东省农业科学院奶牛研究中心	6	5.83	24	18.75	4.00
6	首尔国立大学	6	5.83	8	6.25	1.33
7	山东奥克斯畜牧种业有限公司	5	4.85	24	18.75	4.80
8	山东农业大学	5	4.85	11	8.59	2.20
9	中国农业大学	5	4.85	6	4.69	1.20
10	西北农林科技大学	5	4.85	1	0.78	0.20

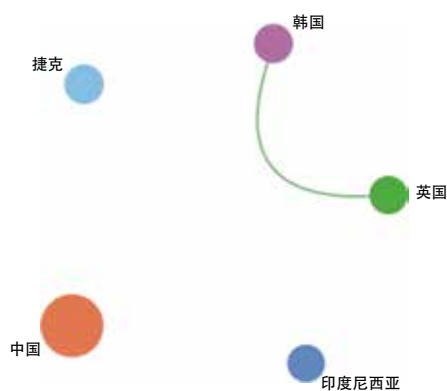


图 8.10 “畜禽重大疫病抗性品种培育”工程开发前沿主要国家间的合作网络

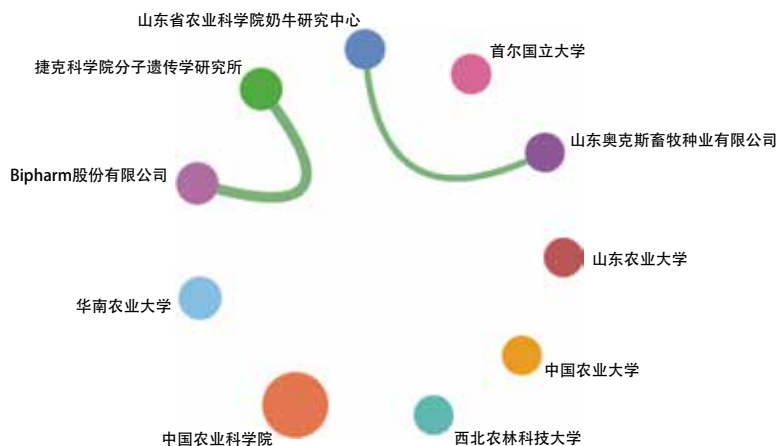


图 8.11 “畜禽重大疫病抗性品种培育”工程开发前沿主要机构间的合作网络

图 8.12 为“畜禽重大疫病抗性品种培育”工程开发前沿的发展路线。未来，畜禽重大疫病抗性品种培育将围绕遗传改良与智慧防控双轨并进，其中基因与分子育种驱动的抗病品种研发，以及智慧监测与综合防控技术融合应用，将成为引领产业升级的两大重点发展方向。首先，畜禽抗病性育种将依托基因组学与免疫基因组学的深入研究，端到端无缺口（T2T）完整参考基因组与泛基因组，加速抗病性相关功能基因或变异位点的发现和精准定位。同时，基因编辑技术将朝着高效、安全的方向继续优化，以实现多基因复杂性状的协同调控和稳健抗病性构建，并强调不引入外源基因的方式，以提升生物安全性和产业可接受度。最后，结合高通量表型组学、大数据统计模型与机器学习，将实现对抗病性“抗病”与“耐受”性状的系统评估，并用于选择反应范式育种决策。



图 8.12 “畜禽重大疫病抗性品种培育”工程开发前沿的发展路线

在充分发挥基因与分子育种潜力的同时，结合现代信息技术和智能化管理手段，将进一步提升抗病品种的实际应用效果和养殖场的整体防控能力。为此，需要建立健全“全链条、综合防控”体系，将疫苗、免疫、生物安全等传统技术与育种策略有机结合，减少对疫苗的过度依赖。同时，开展智能感知研究，将结构振动、射频识别、计算机视觉和可穿戴设备等技术初步应用于畜禽健康监测领域。在此基础上，将实时健康监测、行为识别等 AI 技术联合育种信息系统，实现对病症预警、饲养调控等功能的融合应用，大幅提升畜禽疫病预防与管理水平。并结合国家重点专项，

推动抗病种质与现代牧场科技创新融合落地。最终，构建集基因育种、智能监控、精准防控于一体的现代养殖生态系统，实现产-保-控-养一体化，推动疫病“区域净化与根除”，提升养殖业稳定性与可持续性。

8.2.2.2 基于人工智能的作物养分精准管理

作物养分精准管理是现代农业的重要环节，其核心目标是根据作物生长的不同阶段以及土壤、环境条件，实现精准、适量和高效的肥料投入，从而提升肥料利用率和作物产量，同时降低资源浪费和环境污染。传统施肥模式依赖经验和简化的模型，往往导致“过量-亏缺”并存的问题，既造成养分利用率低下，又带来土壤退化和水体富营养化等生态风险。基于人工智能的作物养分精准管理，则是通过人工智能算法与多源数据融合，构建动态决策模型，实现全生育期、全空间尺度的精准调控。这一前沿的本质是通过“感知-分析-预测-决策-执行”闭环系统，推动养分管理从经验化走向智能化，是农业数字化转型的重要突破口。

作物养分管理的发展可以划分为4个阶段。第一阶段：经验驱动的粗放施肥（20世纪中叶以前）。农户主要依赖经验、历年习惯和简单田间观察进行施肥，缺乏科学依据，施肥水平粗放且随意性强。这一阶段产量增长受限，且往往伴随土壤肥力下降。第二阶段：科学化的配方施肥（20世纪中后期至21世纪初）。随着土壤学、植物营养学的发展，逐渐推广基于土壤养分检测和作物营养诊断的配方施肥。此时施肥决策以静态土壤分析为依据，结合叶面诊断和施肥模型，实现了一定程度的科学化和均衡化，但存在空间态尺度粗糙和时间动态性不足的问题。第三阶段：精准化的差异化施肥（21世纪初以来）。遥感、地块传感器、物联网等新兴技术的应用，使施肥可在田间小尺度内实现空间差异化管理。变量施肥机、无人机施肥等装备得到应用，精准农业理念开始进入养分管理实践。然而，该阶段的决策仍偏向静态，数据碎片化严重，难以实现真正的连续动态调控。第四阶段：智能化的动态调控（近年来）。人工智能的兴起为养分精准管理带来根本性转变。深度学习和时序建模可整合作物图像、光谱、气象、土壤传感等多源异构数据，构建作物全生育期的养分供需动态预测模型。强化学习、因果建模则能实现施肥策略的自适应优化，与无人机、变量施肥机联动，实现作物生长全过程的动态、闭环调控。当前，智能化养分管理已进入快速发展期，但仍处于工程体系构建的初期阶段。

基于人工智能的作物养分精准管理具有多重重要意义：其一，能够大幅提升肥料利用效率，缓解化肥施用过量与农业面源污染问题，助力农业绿色转型；其二，通过动态调控和智能决策，可保障作物稳产高产，在耕地资源有限和气候波动加剧背景下保障粮食安全；其三，为农业数字化和智能化提供核心技术支撑，可推动智慧农业平台与智能农机的深度融合，进而提升农业全要素生产率，为农业转型和可持续发展作出积极贡献。

当前研究重点主要集中在以下方面：通过整合土壤传感器、作物影像、无人机遥感和气象大数据，构建深度学习模型，实现作物养分供需状态的实时诊断与预测；构建基于作物-土壤-环境耦合机制的动态模拟系统，结合时序建模和强化学习，形成“动态预测-实时反馈-智能决策”的闭环调控模式；开发与人工智能决策模型相适配的智能装备，包括无人机变量施肥、

机器人施肥系统，实现精准执行层面的落地应用；针对不同区域、不同作物和不同管理模式，探索迁移学习和边缘计算，提升模型的普适性和推广性。

相关核心专利主要产出国家、主要产出机构、主要国家间的合作网络分别见表 8.19、表 8.20 和图 8.13。核心专利公开量排名前三的国家是中国（65 件，占比为 56.52%）、美国（18 件，占比为 15.65%）和韩国（13 件，占比为 11.30%），合计占比超过八成。中国处于明显的领先地位，专利数量遥遥领先，同时被引数达到 74 次，占比高达 82.22%，显示出在该领域的核心影响力。美国虽排名第二，但被引数比例仅为 7.78%，平均被引数为 0.39，表明整体影响力有限；韩国虽有一定的专利数量，但尚未产生实际引用。值得注意的是，部分新兴市场国家如印度、土耳其和沙特阿拉伯也已有少量专利产出，其中印度在被引数方面表现相对突出，显示出其研究在国际上具备一定的学术影响。印度与埃塞俄比亚之间有合作关系，其他国家间尚无合作。

表 8.19 “基于人工智能的作物养分精准管理”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	65	56.52	74	82.22	1.14
2	美国	18	15.65	7	7.78	0.39
3	韩国	13	11.30	0	0.00	0.00
4	印度	5	4.35	4	4.44	0.80
5	土耳其	4	3.48	0	0.00	0.00
6	加拿大	3	2.61	0	0.00	0.00
7	埃塞俄比亚	1	0.87	4	4.44	4.00
8	沙特阿拉伯	1	0.87	3	3.33	3.00
9	德国	1	0.87	1	1.11	1.00
10	英国	1	0.87	1	1.11	1.00

表 8.20 “基于人工智能的作物养分精准管理”工程开发前沿中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	宾夕法尼亚州立大学地球与矿物科学学院	4	3.48	0	0.00	0.00
2	浪潮云信息技术股份公司	3	2.61	2	2.22	0.67
3	深圳市博坦科技有限公司	2	1.74	12	13.33	6.00
4	SUB-MERGEN 技术公司	2	1.74	3	3.33	1.50
5	中电万维信息技术有限责任公司	2	1.74	1	1.11	0.50
6	拜耳作物科学公司	2	1.74	0	0.00	0.00
7	CIBO 科技公司	2	1.74	0	0.00	0.00
8	山西西电信息技术研究院有限公司	1	0.87	8	8.89	8.00
9	兰州大学	1	0.87	6	6.67	6.00
10	黑龙江农投大数据科技有限公司	1	0.87	5	5.56	5.00

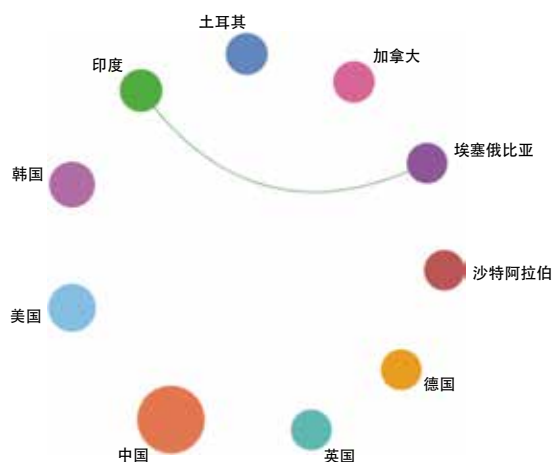


图 8.13 “基于人工智能的作物养分精准管理”工程开发前沿主要国家间的合作网络

从机构分布来看，专利产出最多的机构是宾夕法尼亚州立大学地球与矿物科学学院（4 件，占比为 3.48%），其次是浪潮云信息技术股份公司（3 件，占比为 2.61%）和深圳市博坦科技有限公司（2 件，占比为 1.74%）。值得关注的是，深圳市博坦科技有限公司虽仅有 2 件专利，但被引数达到 12 次，占比为 13.33%，平均被引数高达 6.00，显示出其研究成果质量较高。美国 SUB-MERGEN 技术公司和中国山西西电信息技术研究院有限公司的平均被引数也分别达到 1.50 和 8.00，显示出较强的技术价值。德国拜耳作物科学公司和美国 CIBO 科技公司虽有一定专利储备，但尚未形成明显的引用优势。在高校与科研机构中，兰州大学（平均被引数 6.00）在有限的专利数量下展现出较强的学术贡献，黑龙江农投大数据科技有限公司（平均被引数 5.00）也在应用转化方面表现突出。机构间尚无合作关系。

图 8.14 为“基于人工智能的作物养分精准管理”工程开发前沿的发展路线。未来 10 年，基于人工智能的作物养分精准管理将进一步深化其在机理建模、数据智能和装备智能化方面的融合发展。一方面，作物-土壤-环境机理模型与数据驱动模型将趋于深度融合，形成“机理+数据”双驱动的智能决策框架；另一方面，跨尺度、跨区域的数据互操作与知识迁移将成为重点突破口，使养分管理模型具备更强的普适性与适应性。同时，智能农机将与 AI 管理模型深度耦合，逐步实现从决策层到执行层的全链条自动化。在农业可持续发展与碳减排目标的推动下，该领域还将

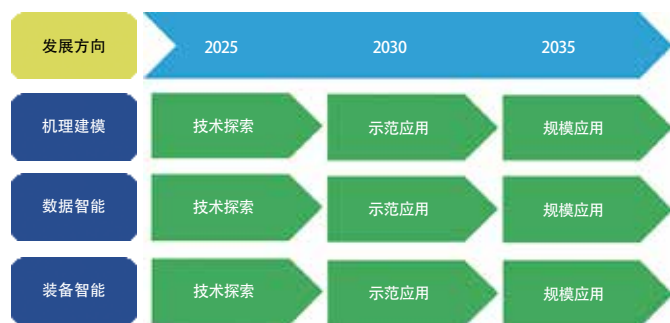


图 8.14 “基于人工智能的作物养分精准管理”工程开发前沿的发展路线

与绿色低碳技术紧密结合，探索“精准养分管理+碳汇增效”的新路径。总体而言，该工程前沿将成为推动农业生产方式由资源消耗型向智能绿色型转型的重要引擎，对未来农业的高效、绿色与可持续发展具有深远意义。

8.2.2.3 作物品种分子设计与智造

作物品种分子设计与智造是作物育种领域的一项颠覆性技术，旨在通过整合分子生物学、基因组学、合成生物学、人工智能与大数据等前沿技术，实现对作物遗传系统的精准解析、智能设计与高效构建，从而培育出具备高产、抗逆、优质、资源高效等优良性状的新品种。该前沿突破了传统育种依赖表型选择和杂交重组的技术瓶颈，实现了从“经验育种”到“精准设计”的范式转变，大幅提升育种效率与可预测性，是国际农业科技竞争的战略高地。

其发展历程可追溯至 20 世纪末基因组学技术的兴起。随着 2000 年以来水稻、玉米、小麦等主要作物参考基因组的陆续完成，作物功能基因组学研究迅猛发展，关键基因挖掘、等位变异鉴定、调控网络解析等基础研究为分子设计奠定了理论基础。2012 年后，CRISPR 等基因编辑技术的成熟，使得定向基因操作成为可能；同时，高通量测序、表型组学与人工智能技术的融合，推动了智能育种平台的初步形成。目前，该前沿已从概念探索进入示范应用阶段，国内外多家科研机构与企业已成功设计出一批抗病、耐盐碱、养分高效利用的新种质。

该前沿的重要性体现在多个方面：一是可应对全球气候变化与粮食安全挑战，通过定向设计适应性品种增强农业韧性；二是减少育种盲目性，显著缩短育种周期（从 10 年以上缩短至 3~5 年），降低人力与资源成本；三是推动绿色农业转型，例如设计氮高效利用作物可减少化肥施用，降低环境负荷。

根据核心专利数据分析，该领域技术创新活跃，全球布局集中。美国是最大的技术输出国，公开专利 60 件，占比为 47.24%，被引数为 1 987；新西兰虽然公开量（21 件，16.54%）位居第二，但被引数（2 147）和平均被引数（102.24）最高，显示其专利影响力突出；中国公开专利 7 件，占比为 5.51%，但被引数较低（3），平均被引仅为 0.43，表明我国仍处于技术追赶阶段，专利质量和影响力有待提升（表 8.21）。其他重要国家包括荷兰（公开量 9 件，7.09%）、加拿大（8 件，6.30%）、芬兰（6 件，4.72%）、德国（4 件，3.15%）等。

从机构分布看，企业是创新主体。美国生物联合公司公开专利 23 件，占比为 23.00%，被引数为 2 486，影响力最大；皮沃特生物股份有限公司和瑞克斯旺种子公司分别以 16 件和 12 件专利紧随其后（表 8.22）。先锋国际良种公司、拜耳作物科学公司等传统农业巨头也位居前列。中国机构中仅扬州大学等个别单位有少量专利公开，整体创新能力与产业转化能力较国际先进水平仍有较大差距。日本、新西兰等国之间有较多合作（图 8.15），企业间合作尤其是跨国农业公司之间的技术联盟成为推动前沿发展的重要力量（图 8.16）。

当前主要研究方向包括：功能基因组与调控机制解析、多组学数据整合与建模、基因编辑与合成生物学工具开发、人工智能辅助性状预测与优化设计、自动化高通量基因型-表型平台构建等。展望未来 5~10 年，该前沿将呈现以下发展趋势：一是技术融合进一步深化，尤其是人

表 8.21 “作物品种分子设计与智造”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	60	47.24	1 987	36.74	33.12
2	新西兰	21	16.54	2 147	39.69	102.24
3	荷兰	9	7.09	175	3.24	19.44
4	加拿大	8	6.30	671	12.41	83.88
5	中国	7	5.51	3	0.06	0.43
6	芬兰	6	4.72	0	0.00	0.00
7	德国	4	3.15	274	5.07	68.50
8	瑞士	4	3.15	47	0.87	11.75
9	日本	3	2.36	254	4.70	84.67
10	澳大利亚	2	1.57	226	4.18	113.00

表 8.22 “作物品种分子设计与智造”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	生物联合公司	23	23.00	2 486	57.48	108.09
2	皮沃特生物股份有限公司	16	16.00	328	7.58	20.50
3	瑞克斯旺种子公司	12	12.00	250	5.78	20.83
4	先锋国际良种公司	6	6.00	47	1.09	7.83
5	米凯利应用科学大学	6	6.00	0	0.00	0.00
6	芬兰自然资源研究所	6	6.00	0	0.00	0.00
7	芬兰东南应用科技大学	6	6.00	0	0.00	0.00
8	InnerPlant 公司	5	5.00	60	1.39	12.00
9	Medicago 公司	4	4.00	491	11.35	122.75
10	拜耳作物科学公司	4	4.00	332	7.68	83.00

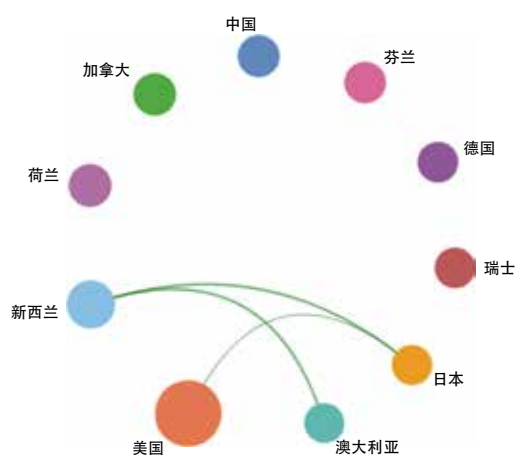


图 8.15 “作物品种分子设计与智造”工程开发前沿主要国家间的合作网络

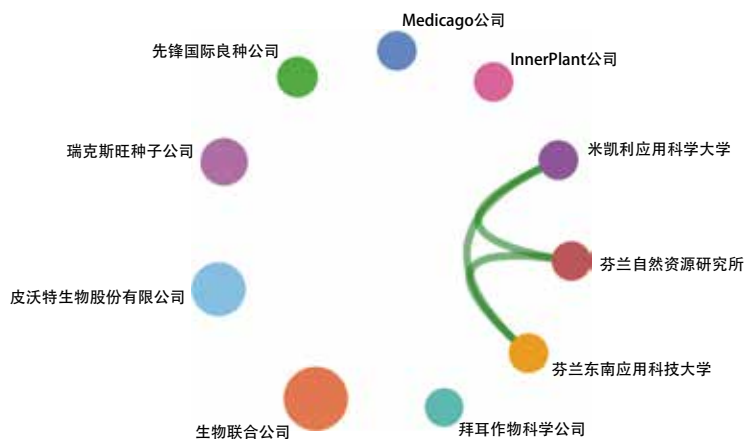


图 8.16 “作物品种分子设计与智造”工程开发前沿主要机构间的合作网络

工智能 + 量子计算将极大提升设计效率与规模；二是品种设计更注重系统性与可持续性，如设计碳汇型作物、固氮作物等；三是自动化、工厂化“智造”模式逐渐成熟，实现从基因型到品种的全链条数字化管理；四是面临伦理、生物安全及知识产权等治理挑战，需建立相应的国际标准与政策框架。预计到 2030 年前后，作物分子设计将在主要大田作物和经济作物中实现规模化应用，成为新一代育种体系的核心引擎，为全球粮食安全与农业可持续发展提供强有力的科技支撑。图 8.17 为“作物品种分子设计与智造”工程开发前沿的发展路线。



图 8.17 “作物品种分子设计与智造”工程开发前沿的发展路线

领域课题组成员

课题组组长：孙其信

专家组：

储富祥 戴景瑞 董朝斌 高 辉 韩丹丹 韩 军 胡 炼 黄宇翔 蒋剑春 李道亮
 李德发 李天来 刘 军 刘 俊 刘少军 刘 杨 卢 芸 罗锡文 倪中福 齐明芳
 沈建忠 孙周平 王军辉 王军军 王 敏 魏海燕 吴孔明 叶 俊 于文吉 臧 英
 张代辉 张福锁 张海鹏 张洪程 张守攻 张小兰 张 涌 周 毅 朱齐超

课题组:

陈卫国 初晓一 郜向荣 李红军 李云舟 刘晓娜 师丽娟 孙会军 姚银坤 臧英
赵杰 周丽英 周毅

执笔组:

董朝斌 高元鹏 韩丹丹 韩军 何杰 黄宇翔 李德发 刘德俊 刘军 刘俊
刘新刚 刘旭 刘杨 卢芸 罗锡文 马文涛 潘健 潘兴鲁 齐明芳 任韬宇
孙世坤 孙周平 王军辉 王军军 姚银坤 叶俊 张代辉 张海鹏 张浩文 张洪程
张林 张涌 周毅 朱齐超

