



中国农业科学院作物科学研究所

Institute of Crop Sciences,
Chinese Academy of Agricultural Sciences

2020 年报

Annual Report 2020

所长致辞

2020年是极不平凡的一年。新冠肺炎疫情突如其来，危机之中扛稳国家粮食安全的重任更显艰巨。过去一年，在党中央、国务院的坚强领导下，在农业农村部、中国农业科学院党组的正确带领下，中国农业科学院作物科学研究所以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，深入贯彻落实部、院党组工作部署，积极创新工作方式，全力克服和减少疫情影响，继续在“四个面向”“两个一流”建设中走在前做表率，助推全面打赢脱贫攻坚战和“十三五”任务完美收官。

2020年，面向国家重大需求，作科所以“国家良种重大科研联合攻关”“国家重点研发计划”“藏粮于技”等重大项目为抓手，集中火力、攻坚克难，持续推进重大产品培育。农作物种质资源收集、保存、评价与创新利用能力不断提升，收集引进种质资源4730份，入库保存6986份，鉴定8638份，分发19959份次。审定小麦、玉米、大豆、水稻等新品种23个，获植物新品种权41项，制定技术标准22项，中单、中黄、中麦系列等作物品种年度推广面积达3000多万亩，高产优质强筋小麦“中麦578”成为首个同时通过黄淮南片和北片国审优质强筋小麦品种，创黄淮海区优质小麦高产纪录亩产841.5公斤；优质耐熟小麦“中麦895”成为我国第三大小麦品种；创制的耐草甘膦除草剂转基因大豆中黄6106已获得生产应用安全证书。

2020年，面向现代农业建设主战场，作科所坚持三创一体融合发展。利用基因编辑研发出“一步法”创制核不育系及其保持系的技术，为第三代作物杂交育种技术提供了高效的技术方案。玉米机械粒收绿色发展技术模式研究与示范成效显著，在新疆奇台连续7次刷新我国玉米高产纪录，最高亩产1663.25公斤。“玉米机械籽粒收获高效生产技术”入选2020年中国农业农村重大新技术。打造“政治统领、党建引领、科技支撑、结对帮扶”的“桦川模式”和“田间课堂”科技助农新方式，以桦川为代表的12个对口帮扶县脱贫攻坚和乡村振兴成效显著，作科所获得2020年度中国农科院脱贫攻坚与乡村振兴先进集体荣誉称号，桦川科技帮扶项目获第24届全国发明展览会“科技助力扶贫专项奖”。“黄淮海麦茬夏大豆免耕覆秸栽培技术体系构建与示范”和“大豆光温适应性改良技术创新与育种应用”成果有力支撑了大豆产业发展，分获2020年北京市科技进步一等奖和中国农业科学院杰出科技创新奖。

2020年，面向世界农业科技前沿，重要农艺性状基因克隆与作用机制解析取得新进展，发表重要论文515篇。克隆了水稻蛋白品质形成新基因GPA5，进一步完善了谷蛋白的转运调控网络(The Plant Cell)；揭示了赤霉素和脱落酸系统调控水稻株型分子机制(The Plant Cell)；发现了优化细胞分裂素空间分布可以同时提高水稻产量和抗性(The Plant Cell)；揭示了生物钟基因在大豆驯化中的作用机制(Molecular Plant、Plant Biotechnology Journal)；发现玉米增密种植可提高产量同时降低环境排放(Resources, Conservation & Recycling)；以谷子为模式植物，发现BR信号系统的负调控基因DPY1(PNAS)。

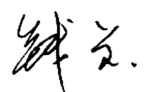
2020年，面向人民生命健康，开展功能性作物品种选育。从资源中筛选优质燕麦、绿豆、谷子、藜麦等系列特色杂粮作物产品，服务人民对营养健康的需求。开展高谷蛋白水稻、高抗性淀粉小麦新种质创制等前瞻性研究。

2020年，作科所持续发挥党组织政治核心作用，加强人才队伍建设，深化落实“放管服”改革，进一步释放创新活力。高质量优化调整创新团队，遴选3名首席、13名执行首席，巩固落实支部建在团队上，党建与业务融合。以何中虎获得2020年“全国先进工作者”称号为契机，大力弘扬科学家精神。持续优化人才支持体系，统筹推进科研、管理、支撑、转化四支队伍发展，全力打造作物科学人才集群。国家种质库新库土建工程已基本完工，国家作物表型与基因型鉴定设施(海南崖州)已开工建设。重要科技成果和重大事件在中央级媒体报道135次，科普“云参观”参与人数超过501.2万。《The Crop Journal》期刊影响力再度提升，SCI影响因子达到3.395。

2021年是从脱贫攻坚到全面推进乡村振兴的转型之年，是“十四五”的开局起步之年，也是向第二个百年奋斗目标迈进的历史关口。新征程期待新作为，新形势呼唤新担当。作科所将进一步深入贯彻“四个面向”“两个一流”重要指示精神，不忘初心、牢记使命，只争朝夕、不负韶华。大力提升科技创新能力，进一步落实藏粮于技战略；加强种质资源保护和利用，助推国家种质库项目早日投入运行；开展种源“卡脖子”技术攻关，有序推进生物育种产业化应用；深化体制机制改革，释放自主创新活力，坚持不懈推动作物科技创新向更高质量更高层次迈进，为保障国家粮食安全，实现农业高质高效、乡村宜居宜业、农民富裕富足做出更大贡献。

中国农业科学院作物科学研究所所长

中国科学院院士



C 目录 Contents

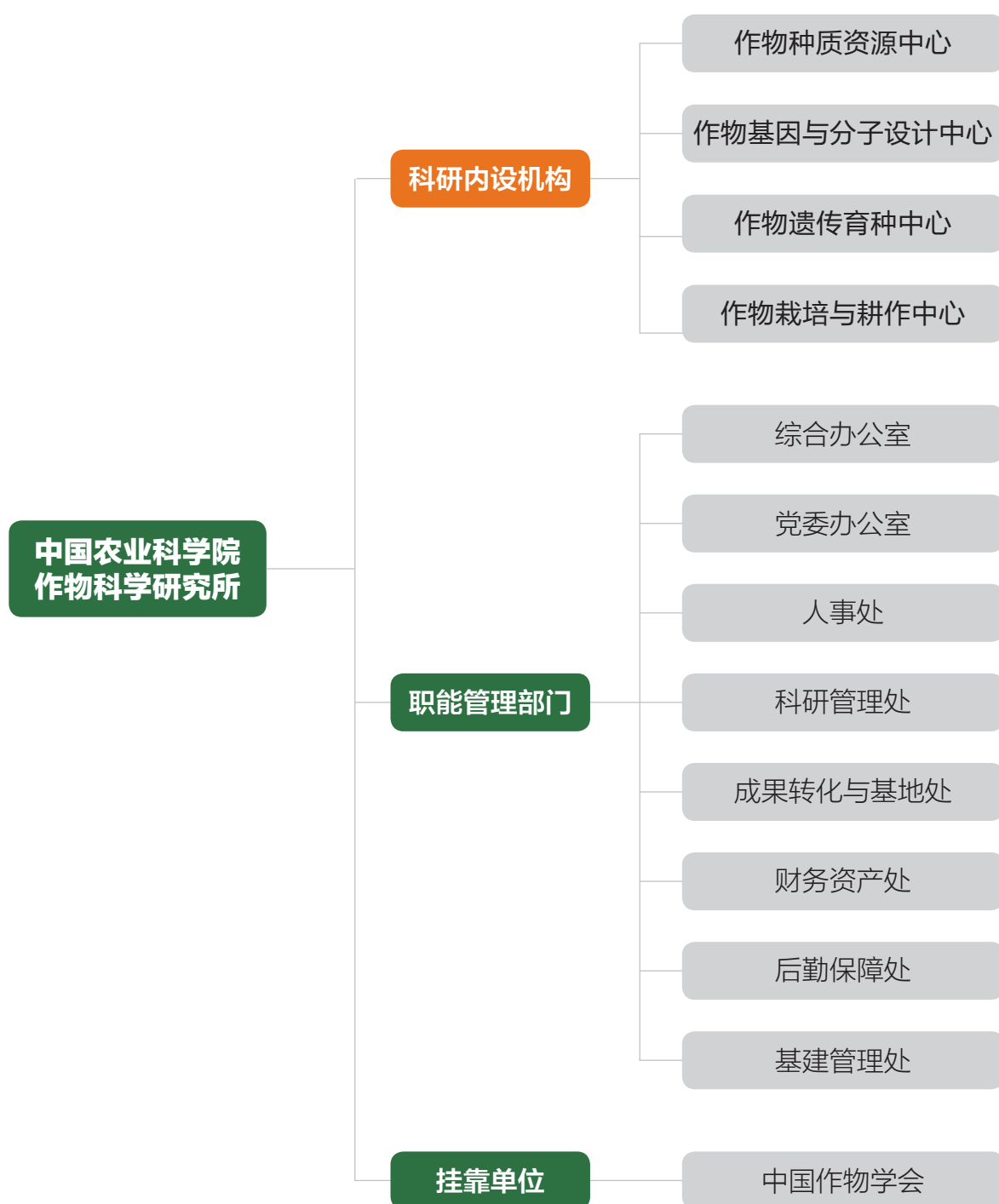
组织机构	1
重要数据	2
荣誉奖励	4
大事记	8
研究进展	28
团队结构	28
作物种质资源中心	30
作物种质资源保存创新研究组	30
种质信息与大数据创新研究组	31
种质资源品质评价创新研究组	32
种质资源抗逆性评价创新研究组	33
种质资源抗病虫评价创新研究组	34
小麦种质资源创新研究组	35
大麦基因资源创新研究组	36
小宗作物种质资源创新研究组	37
玉米种质资源创新研究组	38
大豆基因资源创新研究组	39
野生稻保护与利用创新研究组	40
水稻种质资源创新研究组	41
谷子基因资源创新研究组	42
荞麦基因资源创新研究组	43
食用豆类种质资源创新研究组	44
作物基因与分子设计中心	45
水稻功能基因组学创新研究组	45
水稻株型基因解析创新研究组	46
小麦基因资源挖掘与利用创新研究组	47

小麦株型基因解析创新研究组	48
小麦表观基因组学与遗传改良创新研究组	49
小麦抗逆分子育种创新研究组	50
玉米分子遗传改良创新研究组	51
大豆花期调控创新研究组	52
小麦生物信息学创新研究组	53
水稻分子育种创新研究组	54
水稻种子发育与品质改良创新研究组	55
水稻籽粒发育调控创新研究组	56
小麦复杂基因组解析创新研究组	57
大豆光信号转导创新研究组	58
水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组	59
作物数量遗传创新研究组	60
作物遗传育种中心	61
小麦品质育种创新研究组	61
小麦诱变育种创新研究组	62
小麦高产广适育种创新研究组	63
小麦抗逆育种创新研究组	64
基因编辑与新材料创制创新研究组	65
玉米优质抗逆育种创新研究组	66
玉米高产育种创新研究组	67
玉米工程化育种创新研究组	68
玉米分子育种创新研究组	69
玉米基因编辑育种创新研究组	70
特色作物育种创新研究组	71
大豆分子育种创新研究组	72

大豆高产优质育种创新研究组	73
作物栽培与耕作中心	74
大豆栽培创新研究组	74
精准栽培与管理创新研究组	75
小麦栽培创新研究组	76
玉米栽培创新研究组	77
作物表型创新研究组	78
作物耕作与生态创新研究组	79
作物光合生理调控创新研究组	80
作物化学调控创新研究组	81
重要支撑平台	82
农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程中心	82
国家作物种质库	83
植物转基因技术研究中心	84
农业农村部谷物品质监督检验测试中心	85
附 录	86
2020 年发表重要论文	86



组织机构



重要数据



●王天宇团队“玉米优异种质资源规模化发掘与创新利用”荣获科技进步二等奖（通过公示）

●韩天富团队“大豆光温适应性改良技术创新与应用”

●何中虎团队牵头完成的“耐热高产优质小麦新品种中麦 895 大面积推广应用”

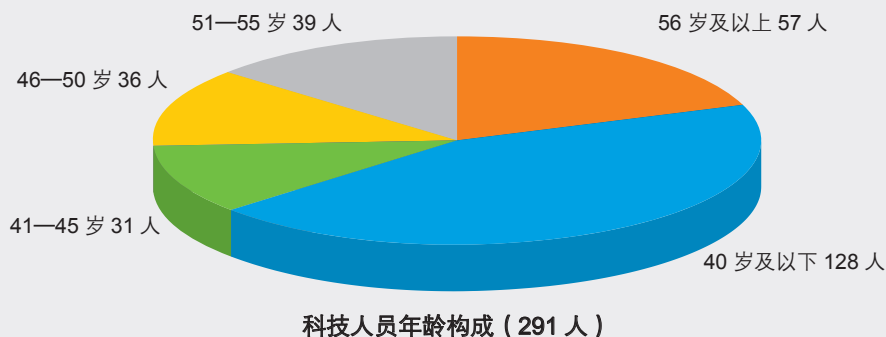
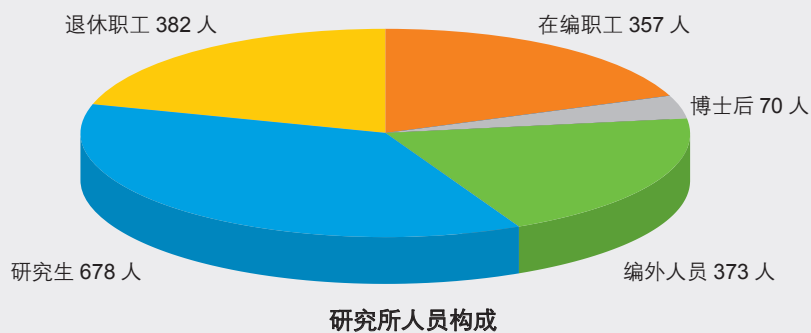
●邱丽娟团队牵头完成的“创制耐草甘膦除草剂转基因大豆新种质中黄 6106”

●高产优质强筋小麦“中麦 578”创黄淮海区优质小麦高产纪录亩产 841.5 公斤

●在黑龙江桦川，科技成果助力示范区作物增产 10%-15%、资源利用效率增加 15%-20%、亩节本增收 120-1000 元，产业增产增收成效显著

●中单、中黄、中麦系列等作物品种年度推广面积达 3000 多万亩

●截至 2020 年底，全所人员 1860 人，其中在编职工共 357 人，正高级职称人员 111 人，副高级职称人员 128 人



荣誉奖励

2020 年度国家科技进步奖二等奖（通过公示）

“玉米优异种质资源规模化发掘与创新利用”项目，由王天宇研究员主持完成。该项目历时 20 多年，以抗病、抗旱、配合力等重要育种性状为抓手，攻克规模化鉴定评价技术难题，发掘出杂种优势类群明确的抗病抗旱资源 186 份，通过构建高效种质创新技术体系，创制出杂种优势类群明确、目标性状突出的新种质 46 份；构建了定向组配和定向选择相结合的玉米生态育种模式，利用创新种质育成抗病抗旱高产新品种 22 个，培育品种应用面积超 1.9 亿亩；创建“技术、材料、信息”三位一体的玉米种质资源高效共享利用体系，无偿向全国科研育种教学单位及种子企业等分发共享玉米种质资源 3 万份次以上，支撑了 94 个新品种的育成，累计应用 3.8 亿亩，经济、社会和生态效益显著。



2020 年中国农业农村重大新技术

“玉米机械籽粒收获高效生产技术”，由作科所李少昆研究员带领的作物栽培与生理创新团队主持研发。针对收获时籽粒含水率高和收获质量差以及“一机多用”的技术难题，联合玉米主产区优势科研单位协同攻关，集成创新了宜粒收品种选择与布局、合理密植、保健栽培、适期收获、烘干存储等关键技术，实现玉米田间机械籽粒直收，推动了玉米收获向高效率、高质量发展，是当前玉米生产转方式、增效益和提升竞争力的重要途径与技术。



中国农业科学院十大科技进展

“耐热高产优质小麦新品种中麦 895 大面积推广应用”项目，由何中虎团队牵头完成。

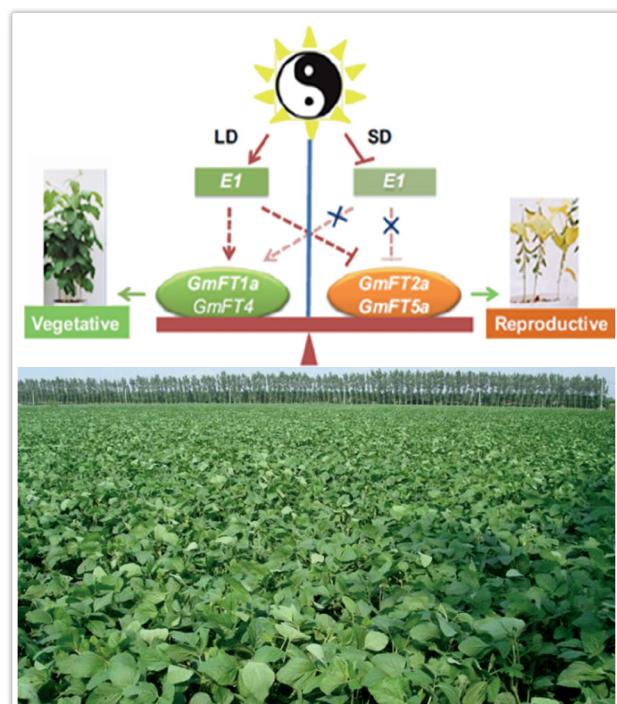


“创制耐草甘膦除草剂转基因大豆新种质中黄 6106”项目，由邱丽娟团队牵头完成。



2020 年中国农业科学院科学技术成果奖

“大豆光温适应性改良技术创新与应用”项目，由韩天富团队牵头完成。



全国先进工作者

何中虎 研究员

党的十九大代表，首届全国创新争先奖章获得者，“小麦品质研究与新品种选育”科研创新团队首席科学家、党支部书记。何中虎同志不忘初心、胸怀祖国、心系“三农”，长期投身祖国的小麦科研事业。他在小麦品质研究、育种可用分子标记发掘与应用、新品种培育和推动国内外学术交流方面做出重要贡献。在优质节水小麦新品种培育与分子育种技术研发方面先后育成 26 个小麦新品种。其中，中麦 175、中麦 895 和中麦 578 等品种在粮食主产区发挥重要作用，累计推广 1 亿多亩。特别是中麦 175 广适多抗高产优质，在陇东旱塬作为科技帮扶品种累计推广 200 万亩，增收粮食约 1 亿公斤。创立的小麦品种品质评价体系 and 基因标记技术在国内 30 个单位和 22 个国家使用。



全国创新争先奖状

黄长玲 研究员

培育出耐密高产优质广适玉米新品种，品种累计推广面积超过 1.05 亿亩，增创产值 80.3 亿元，种子企业开发品种销售额 23.6 亿元。创建基于茎秆拉力及穿刺力等结合分子标记和增密配合力测定等技术，构建高效育种技术体系，创制一批耐低氮高收获指数高产、耐密抗倒、耐旱、耐低氮、抗病优良自交系。开展重要农艺性状的遗传基础研究，揭示控制杂种优势的关键位点以及基因和蛋白表达调控网络。对细胞壁组分、消化品质及茎秆强度进行 QTL 定位，开发了分子标记，建立了全基因组选择方面的模型。曾获国家科技进步二等奖、农业农村部中华农业科技一等奖和中国农科院杰出科技成果奖，并获中国种业十大杰出人物、科学中国人年度人物和北京市科技盛典人物称号。



科技部创新人才推进计划重点领域创新团队



大豆优异基因资源发掘与创新利用团队

国务院政府特殊津贴获得者



张春义 研究员



杨庆文 研究员



吴宇锦 高级技师

国际荞麦协会杰出青年科学家金孔雀奖



周美亮 研究员

大事记

● 1月2日

我所召开全所干部大会，中国农科院人事局副局长季勇宣读了关于任命周文彬同志任作科所副所长的决定，中国农科院党组副书记、副院长吴孔明院士出席会议并作重要讲话。



● 1月5日

我所与江苏明天种业科技股份有限公司在北京举行了国审小麦新品种中麦 30 使用权转让签约仪式。中麦 30 由作科所小麦品质研究与新品种选育创新团队育成，抗寒性好，抗倒性强，丰产稳产，适宜在黄淮海区推广种植。双方将在平台建设、新品种选育及栽培技术研究等领域加强合作，为科技支撑粮食增产、农民增收和乡村振兴多做贡献。



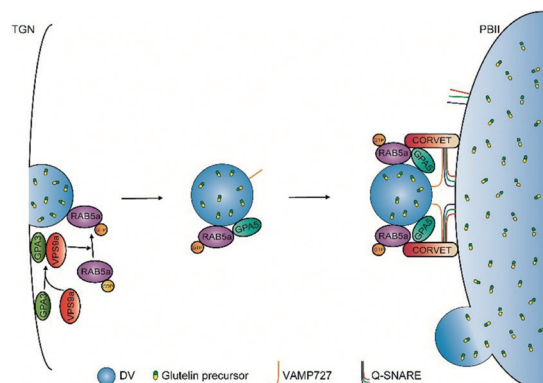
● 1月10日

在 2019 年度国家科学技术奖励大会上，我所主持完成的 2 项成果荣获国家科学技术进步二等奖，分别为黄长玲团队牵头完成的“耐密高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909 培育与应用”和赵广才团队完成的“优质专用小麦生产关键技术百问百答”项目。至此，作科所 2003 年以来获得的国家奖项已累计达 20 项。



● 1月13日

万建民院士团队在 The Plant Cell 上发表了题为 GPA5 Encodes a Rab5a Effector Required for Post-Golgi Trafficking of Rice Storage Proteins 的研究论文。研究克隆了水稻蛋白品质形成新基因 GPA5，并从细胞、遗传和生化层面阐明了 GPA5 在水稻贮藏蛋白后高尔基体转运中的关键作用，揭示稻米蛋白品质形成分子机制，对稻米蛋白品质改良具有重要指导意义。



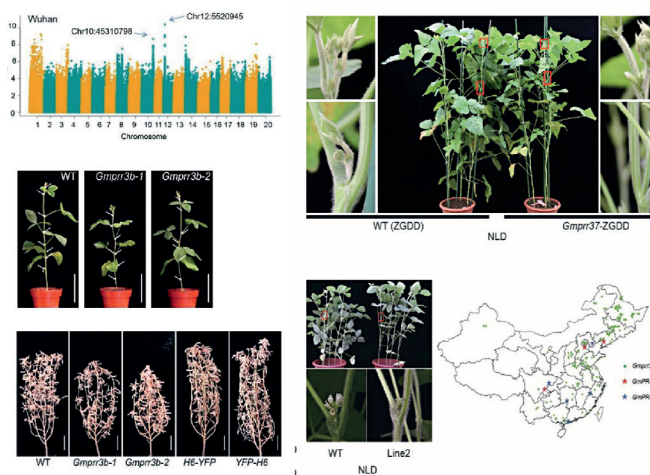
● 1月15日

我所工会携手青工委、妇委会，组织召开了2020年迎春团拜会。院直属机关党委副书记韩进、所领导班子成员及全体在职职工、部分离退休职工、各中心研究生代表等近五百余人参加活动。新老作科人欢聚一堂，互致问候，共迎新春。团拜会充分展示了作科人昂扬向上、勇于创新的良好精神风貌，表达了大家在新的一年里开辟新工作局面的决心和信心。



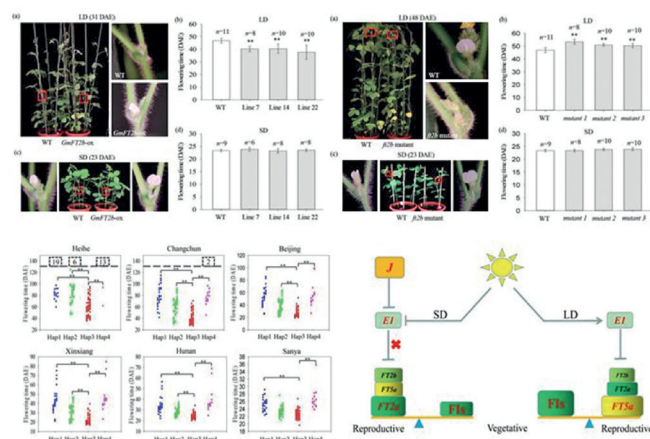
● 1月25日

作物分子标记技术及其应用创新团队和大豆育种技术创新与新品种选育创新团队分别在 *Molecular Plant* 和 *Plant Biotechnology Journal* 在线发表论文，通过不同策略克隆了与生物钟调控和大豆驯化相关的基因 *GmPRR3b/GmPRR37*，从多个侧面阐明了该生物钟基因调控大豆生物钟和生育期的功能机制，并揭示其自然等位变异与早花和高产性状的紧密联系及在大豆驯化和品种改良中的广泛利用。研究不仅对理解大豆驯化过程具有重要的科学意义，同时为选育应对气候变化和适应高纬地区种植的大豆品种提供了理论依据和重要靶点。



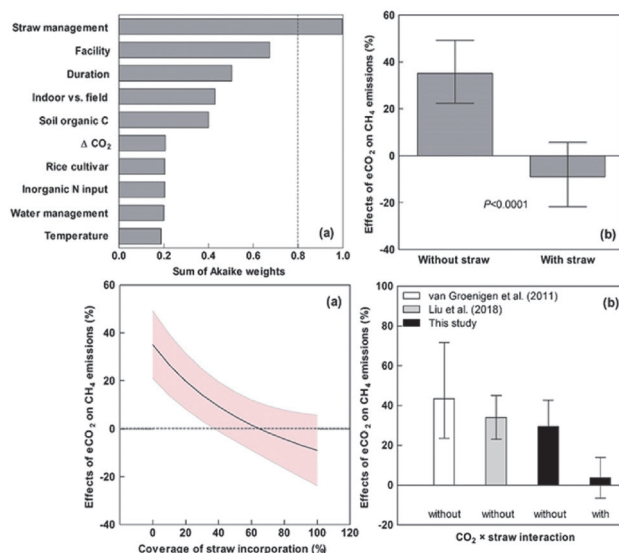
● 1月25日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队在 *Plant, Cell & Environment* 上在线发表题为 *Soybean adaption to high-latitude regions is associated with natural variations of GmFT2b, an ortholog of FLOWERING LOCUS T* 的研究论文，该研究系统解析了一个新的大豆花期调控关键基因 *GmFT2b* 的遗传效应，并提出了大豆花期调控的“天平”模型，为大豆品种的区域适应性改良和分子设计育种提供了新技术、新材料。



● 1月31日

作物耕作与生态创新团队通过联合攻关，在 *Global Change Biology* 发表题为 *Lower-than-expected CH₄ emissions from rice paddies with rising CO₂ concentrations* 的研究论文。研究揭示了秸秆还田和大气 CO₂ 浓度升高 (eCO₂) 对稻田甲烷 (CH₄) 排放的互作效应，发现秸秆还田可降低大气 CO₂ 升高造成的稻田甲烷排放。在秸秆还田条件下，eCO₂ 的稻田甲烷增排效应被国际上高估了 10 倍左右。



● 2月1日

我所召开所务会视频会，传达学习 1 月 31 日院新型冠状病毒肺炎防控调度会议精神，听取所班子成员各自分管部门疫情防控工作进展及存在的问题和建议，研究部署全所新型冠状病毒感染肺炎疫情防控工作下一阶段具体措施。要求充分认清疫情形势的复杂性、严峻性以及做好防控工作的重要性，压实工作责任，从严落实各项任务，运用好居家办公模式，科学合理安排工作等。



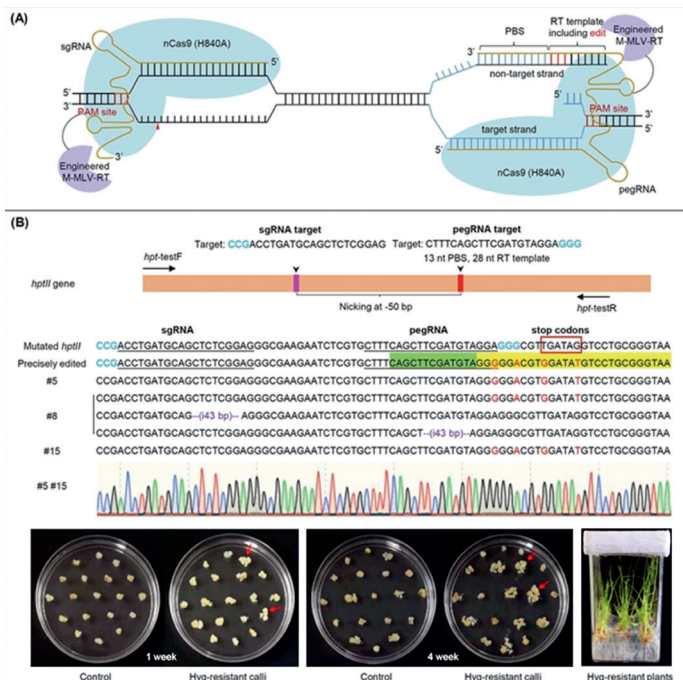
● 3月23日

农业农村部党组成员、中国农业科学院院长唐华俊，院党组书记张合成，党组副书记、副院长吴孔明，副院长冯忠武带队到作科所检查疫情防控与科研业务恢复情况。截至当日，我所 20 个创新团队已全部复工，所属实验室已全部恢复启用，在职职工返岗率达 93.4%，承担的 44 项国家重大科研项目和院级重大科研任务已全面复研。



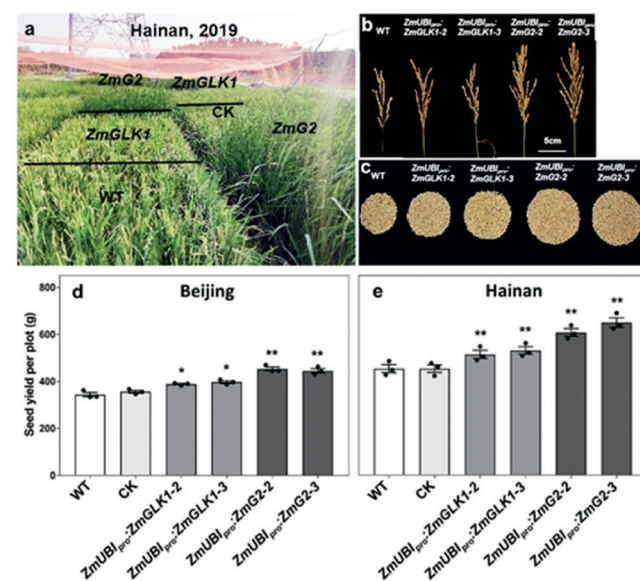
3月25日

作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Molecular Plant* 上发表了题为 *Precise Modifications of Both Exogenous and Endogenous Genes in Rice by Prime Editing* 的研究论文，该研究融合利用水稻密码子优化的 nCas9 (H840A) 蛋白和逆转录酶突变体，开发了一种高效的植物引导编辑系统，成功精准编辑了水稻的外源 hptII 突变基因和内源 OsEPSPS 基因，获得了精准编辑纯合和杂合植株，拓展了植物基因组精准编辑工具。



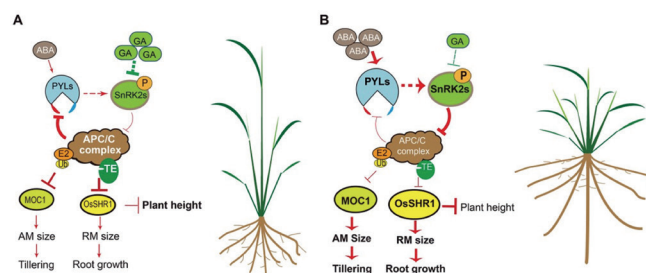
4月1日

耕作与生态创新团队在 *Communications Biology* 上发表了题为 *Maize GOLDEN2-LIKE genes enhance biomass and grain yields in rice by improving photosynthesis and reducing photoinhibition* 的研究论文。研究通过在水稻中表达玉米 GLK 转录因子基因 ZmGLK1 和 ZmG2，均可在大田条件下实现提高水稻光合作用效率和减轻中午或波动光下光抑制程度，最终实现生物量和产量的大幅提高，揭示了其在提高作物光合作用效率及抵御光抑制方面的生理机制。



4月7日

万建民院士团队在 *The Plant Cell* 上在线发表了题为 *The APC/CTE E3 Ubiquitin Ligase Complex Mediates the Antagonistic Regulation of Root Growth and Tillering by ABA and GA* 的研究论文，研究揭示了赤霉素和脱落酸系统调控水稻株型的分子机制。



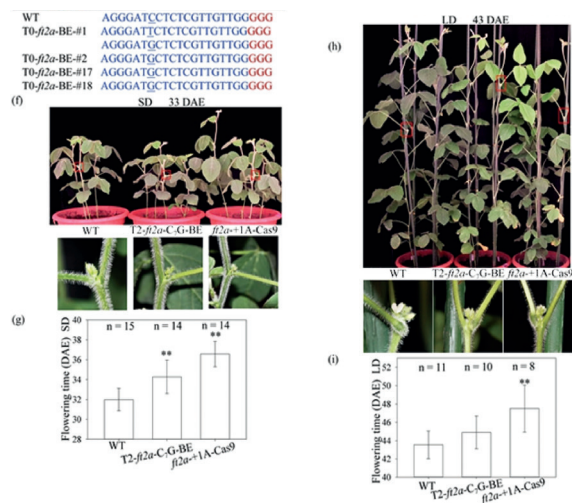
● 4月14日

我所与华为公司签署深化合作协议。作科所副所长刘录祥和华为中国政企数字政府农业行业副总经理许科分别代表双方签署合作协议。双方将围绕作物科学研究数字化建设,大力推进数字技术与作物科学研究相结合,推动成立联合实验室,开展在云平台、大数据、物联网、人工智能等科学领域的研究和探索。作科所所长刘春明、副所长周文彬,华为中国数字政府业务部副总裁王鹤军等出席了签约仪式。



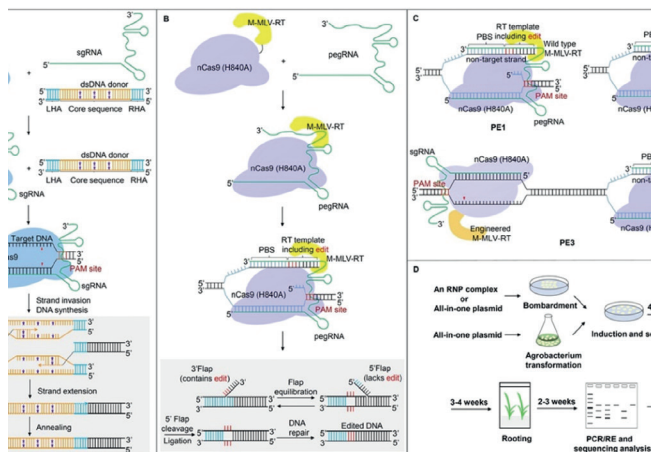
● 4月20日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队在 Plant Biotechnology Journal 上发表了题为 Target base editing in soybean using a modified CRISPR/Cas9 system 的研究论文,研究利用改造后的 CRISPR 基因组编辑系统,率先实现了大豆基因的单碱基替换,并获得了表型稳定的纯合突变系。



● 4月27日

转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 Molecular Plant 上发表了题为 Toward precision genome editing in crop plants 的观点文章,综述了迄今为止报道的植物基因组精准编辑策略,阐述了最新精准基因编辑技术-引导编辑 (Prime Editing) 系统的基本原理,介绍了该系统在植物中的相关应用,最后重点讨论了未来实现农作物高效精准基因编辑的可能研究方向与策略。



● 4月28日

农业农村部办公厅发布《关于开展国家农业科技示范基地建设的通知》。从该通知获悉,农业农村部在全国遴选了110家国家现代农业科技示范展示基地,我所顺义基地成功入选。



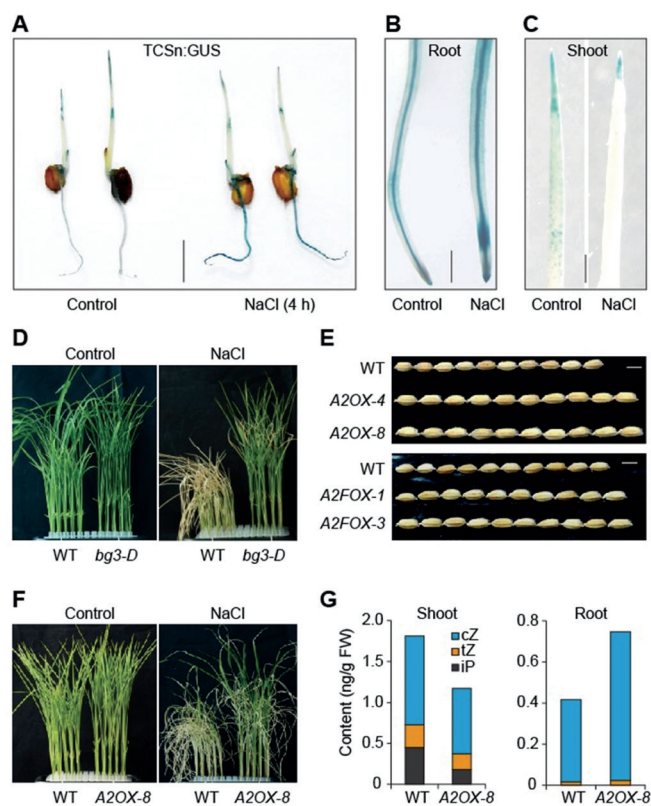
● 5月12日

我所召开全所干部大会，宣布钱前、马有志同志分别担任作科所所长、副所长的决定。院党组书记张合成同志，党组副书记、副院长吴孔明同志，院党组成员、人事局局长陈华宁同志出席大会。所领导班子成员、研究员以及中层干部参加会议。会议由吴孔明同志主持。



● 5月14日

水稻分子设计技术与应用创新团队在 *The Plant Cell* 上在线发表了题为 *ARGONAUTE2 Enhances Grain Length and Salt Tolerance by Activating BIG GRAIN3 to Modulate Cytokinin Distribution in Rice* 的研究论文，研究发现，植物激素细胞分裂素的分布模式在高盐胁迫处理下会迅速发生改变，从地上组织向地下根中积累，并发现过表达 *AGO2* 基因可通过表观修饰激活细胞分裂素转运基因 *BG3*，模拟盐胁迫状态下的细胞分裂素分布模式，从而同时提高水稻产量和抗盐性。



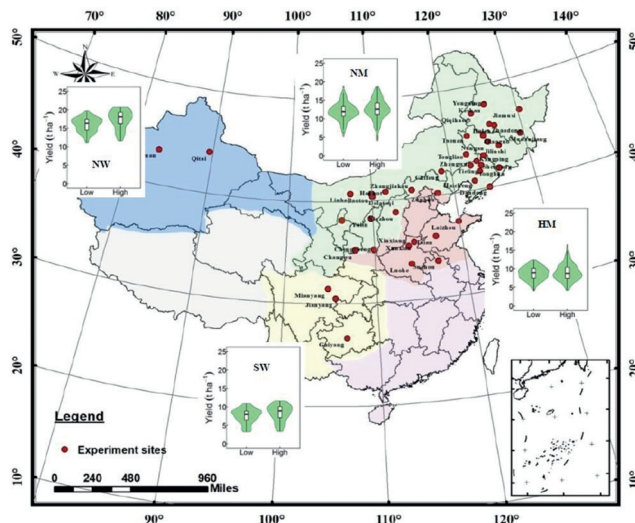
● 5月17日

我所牵头组织的国家小麦良种重大科研联合攻关视频会议在安徽省皖垦集团龙亢农场召开。此次会议鉴评出了黄淮南片、长江中下游和西南麦区的22个多抗与弱筋优质小麦品种，为保障国家粮食安全和农民增收提供强有力的品种支撑。中国工程院程顺和院士、赵振东院士，农业农村部种业管理司副司长孙好勤，安徽农业大学副校长马传喜教授等领导和专家参加了会议。会议由秘书长肖世和研究员主持。



5月18日

作物栽培与生理创新团队联合全国24个科研团队在 *Resources, Conservation & Recycling* 上发表了题为 *How to increase maize production without extra nitrogen input* 的研究论文, 研究发现在当前我国农田过量施用氮肥的背景下, 玉米种植密度每增加1.5万株/公顷可以显著提高不同区域籽粒产量的同时, 亦可降低碳排放强度并增加环境氮素回收利用。



5月30日

在第四个全国科技工作者日之际, 在北京举行的“第二届全国创新争先奖表彰奖励大会”上传来喜讯, 我所黄长玲研究员荣获全国创新争先奖状, 这是继李少昆研究员、何中虎研究员获第一届全国创新争先奖后我所获此荣誉的第3人。



6月1日

巴彦淖尔市副市长郭占江带队巴彦淖尔市农牧局一行到作科所对国家作物种质库建设、运行、管理等方面进行调研考察和座谈交流, 学习先进经验和做法, 建设黄河流域西北地区种质资源库。作科所所长钱前、副书记马秀勇参加了活动。



6月1日

小麦品质研究与新品种选育创新团队选育的优质强筋小麦新品种“中麦578”位于焦作市修武县的30亩高产示范田进行了现场实打验收, 小麦平均亩产达到841.5公斤, 创下黄淮麦区高产纪录。



● 6月7日

我所联合中国作物学会、北京市海淀区、光明网共同举办了作科所作物科普基地线上“云参观”，累计观看163.6万，同时最高在线14.4万。活动受到公众关注和热评，拉近了农业科研与公众的距离。作物栽培与生理创新团队王艳杰博士负责讲解介绍。此次活动是作科所在习总书记贺信三周年之际举办的“走进作物科学，认识藏粮于技”系列活动之一。



● 6月9日

我所举办小麦藏粮于技计划优异抗逆种质资源田间展示暨研讨会，展示了小麦基因资源发掘与利用创新团队筛选出的455份表型多样的抗旱耐热小麦种质，其中蕴藏着丰富的抗旱耐热基因资源，可供小麦育种家们按需选择利用。我所科研团队历时39年，通过田间和人工模拟干旱、高温条件，先后对2.4万份小麦种质资源材料进行了抗旱性、耐热性鉴定评价，筛选出一批抗旱性和耐热性比较突出的种质资源，其中抗旱耐热材料110余份，为小麦抗旱耐热育种提供了必要的物质基础。中国农科院党组书记张合成、副院长万建民院士，中国工程院刘旭院士、程顺和院士、康振生院士、胡培松院士，院办公室主任王晓举、科技管理局局长任天志、成果转化局局长王述民，作科所领导班子、“藏粮于技”项目组专家等领导和专家通过现场以及视频连线出席了会议。



● 6月23日

我所举办大豆藏粮于技重大任务中期交流视频会，会议以“产量突破”为主题，梳理大豆藏粮于技重大科研任务启动以来的工作进展和存在问题，探讨提升大豆产量的突破技术途径。副所长刘录祥等领导及项目组成员共计50余人通过视频参加了会议，会议由项目首席科学家韩天富研究员主持。



● 7月1日

我所召开了纪念建党99周年暨“两优一先”表彰大会，通报了作科所2018-2019年度优秀共产党员、优秀党务工作者和先进基层党组织获奖情况，向受表彰的27名优秀共产党员、12名优秀党务工作者和7个先进基层党组织颁发了证书和奖牌。所领导、党委委员、支部书记和支委以及全所200余名党员参加了大会，会议由党委副书记马秀勇主持。



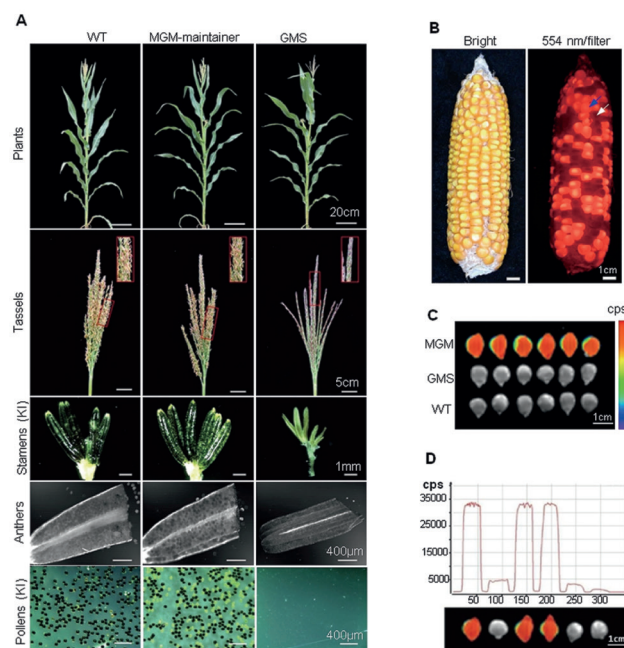
7月7日

院党组书记张合成到我所调研指导小麦“藏粮于技”重大科研任务实施进展，要求任务实施要抢占科技制高点、突破小麦产量提升核心技术、提高成果转化效率。副院长吴孔明院士、院办公室主任王晓举、科技管理局局长任天志、作科所领导班子、重大任务骨干成员等参加会议。会议由作科所所长钱前院士主持。



7月8日

谢传晓等在 *Molecular Plant* 上在线发表了题为 *Genome Editing Enables Next-Generation Hybrid Seed Production Technology* 的研究论文。该研究利用基因编辑研发出“一步法”创制核不育系及其保持系的技术，为第三代作物杂交育种技术提供了高效的技术方案。



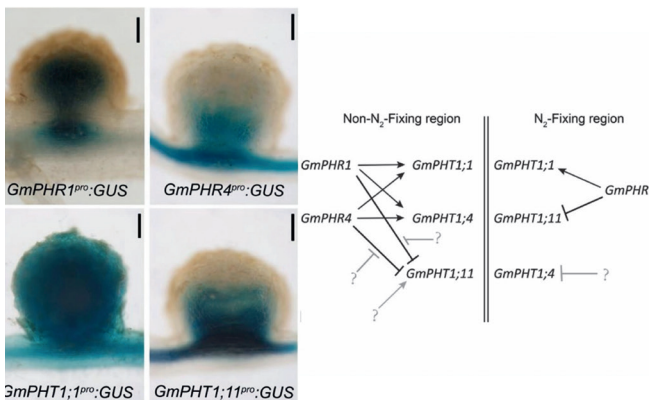
7月13日

农业农村部种业管理司孙好勤副司长一行到我所调研指导农业种质资源保护与利用工作，推动贯彻落实《国务院办公厅关于加强农业种质资源保护与利用的意见》及《农业农村部关于落实农业种质资源保护主体责任开展农业种质资源登记工作的通知》要求。作科所所长钱前院士、资划所所长杨鹏等陪同调研。



7月18日

作物基因组选择育种创新团队在 *Plant Physiology* 上发表题为 *Spatial Divergence of PHR-PHT1 Modules Maintains Phosphorus Homeostasis in Soybean Nodules* 的研究论文，解析了大豆维持根瘤中磷稳态的调节机制。该机制的解析拓宽了我们对大豆磷稳态调节机理的理解，为大豆的氮磷高效分子育种提供新的理论基础。



7月23日

我所组织开展院农科英才中期评估及所骨干人才遴选会议。所 19 名院农科英才和 2 名支持期满青年英才分别围绕管理协议中约定的目标任务、科研进展、团队建设、下一步工作计划等方面进行了全面、系统的汇报，同时进行了民主测评。中国农科院副院长万建民院士、人事局副局长李巨光、以及来自中国农业大学、中国科学院和北京大学等单位的 9 名专家出席会议。会议由钱前所长主持。



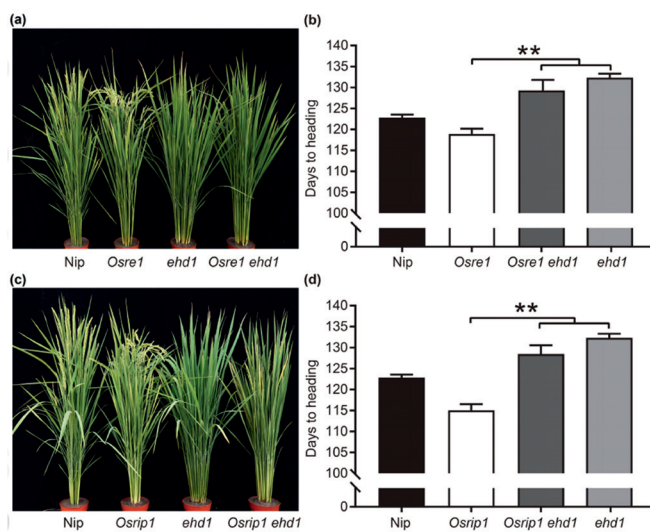
7月28日

北京大学现代农学院院长刘春明带队到我所考察调研，共同谋划合作发展。双方围绕开展全方位合作进行了座谈交流，深度探讨了科研合作的领域和方向，达成了初步共识，为进一步开展合作奠定了良好的基础。刘春明一行还参观了作物所作物科普基地、国家种质资源库和多功能展厅，详细了解了我所的所情所况和重要科研进展。所领导班子成员、专家代表及各部门负责人参加了活动。



8月5日

作物功能基因组研究创新团队在 Plant Biotechnology Journal 上发表题为 OsRE1 interacts with OsRIP1 to regulate rice heading date by finely modulating Ehd1 expression 的研究论文，研究揭示了水稻抽穗期关键基因 Ehd1 的调控机制，并对其作用模式进行了深入解析。



8月7日

我所发布了“2019 年中国核农学十大进展”，包括：广适高产稳产小麦新品种鲁原 502 实现大面积应用、扬辐麦系列品种助力弱筋高产小麦品种更新换代、核辐射诱变与水稻粳梗杂交种优势利用研究取得新进展等。



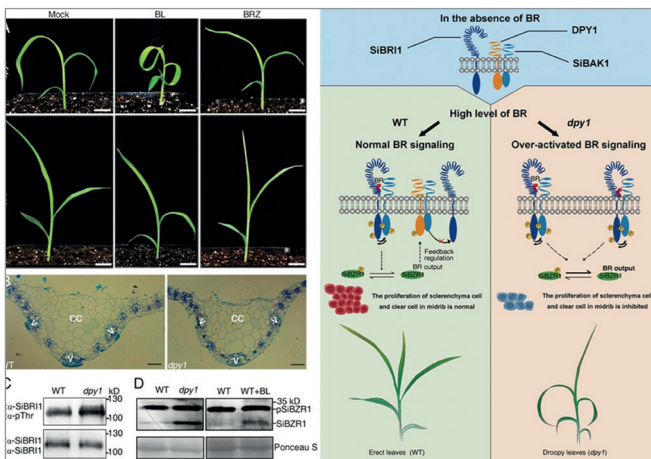
8月16日

中国农科院田间大课堂启动暨桦川科技帮扶现场会在黑龙江省桦川县举行。参会人员观摩了 11 位专家的“田间大课堂”授课现场，专家围绕水稻优质丰产、玉米提质增效生产、功能型大豆丰产增效以及食用豆绿色生产关键技术进行讲解，200 多位农民参与活动。会后，中国农业科学院和佳木斯市政府还签署了“佳木斯专家工作站共建协议”。中国农科院党组书记张合成，院党组副书记、副院长吴孔明，黑龙江省农业农村厅二级巡视员顾毅，佳木斯市委常委、组织部长刘立民，副市长田雨等领导出席本次活动。



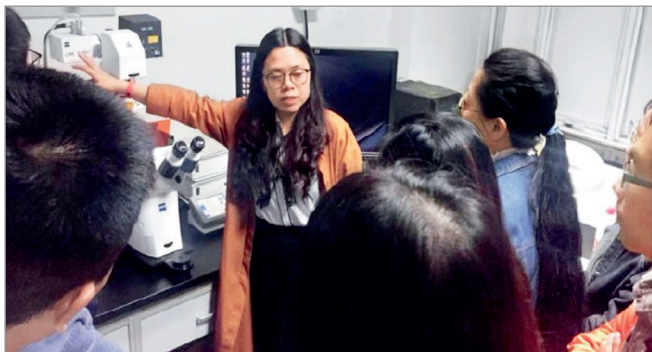
8月18日

刁现民等在 PNAS 上发表 DROOPY LEAF1 controls leaf architecture by orchestrating early brassinosteroid signaling 的研究论文，阐释了谷子的 DPY1 作为油菜素内酯信号的“刹车”基因调控叶片披垂与直立的分子机制，为禾本科作物株型研究提供了新思路。



8月20日

为更大限度的提高仪器设备使用率，提升研究所技术支撑平台的服务能力、扩大其影响力，以农作物基因资源与基因改良国家重大工程为核心，有效整合现有技术平台，8月20日，经院人事局局务会研究决定，同意植物转基因技术研究中心更名为重大平台中心。重大平台中心将围绕粮食安全等国家重大需求，在作物遗传基础解析、分子设计育种技术创新、重大品种创新等方面，继续为我国农业可持续发展提供强有力的科技支撑。



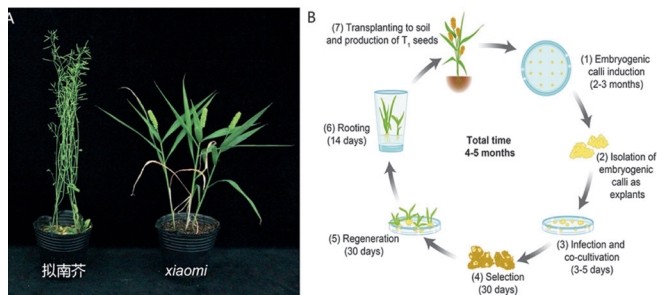
8月25-29日

我所所长钱前院士带队赴西藏地区对当地青稞、水稻、牦牛等农业试验和生产情况、对口帮扶情况进行调研考察。此次调研旨在西藏青稞主产区谋划打造青稞产业研发核心，分别以科技支撑西藏青稞产业集群建设、整合多方科技力量支持藏区农牧业产业化为突破口，进一步巩固帮扶成效。



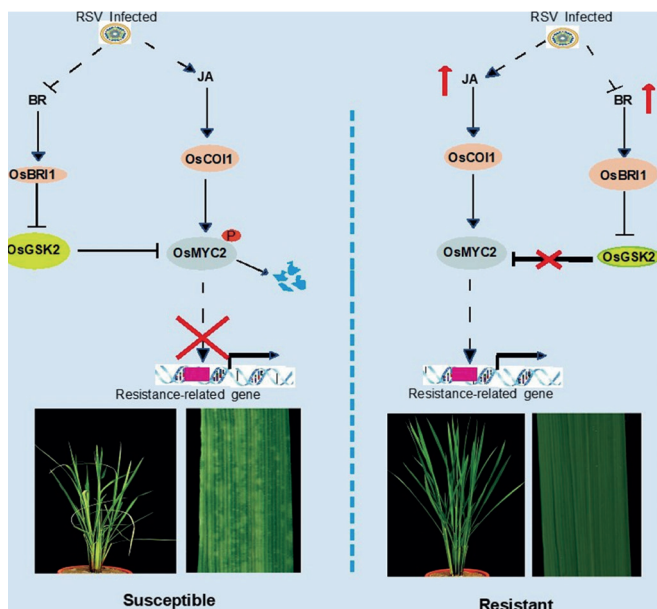
8月31日

作物转基因技术与应用创新团队在 *Nature Plants* 发表了题为 *A mini foxtail millet with an Arabidopsis-like life cycle as a C4 model system* 的研究论文，该研究与山西农业大学等单位合作，利用迷你谷子构建碳四禾谷类作物研究的模式植物体系，将极大促进 C4 高光效、氮素高效吸收利用机制、抗旱机制、遗传驯化和优异品质形成的分子基础等研究。



8月31日

万建民院士团队在 *PLoS Pathogens* 上发表题为 *Rice stripe virus suppresses jasmonic acid-mediated resistance by hijacking brassinosteroid signaling pathway in rice* 的研究论文，揭示了病毒通过“劫持”油菜素内酯途径进而抑制茉莉酸介导的水稻条纹叶枯病抗性的新机制，为通过分子设计育种培育水稻条纹叶枯病抗性品种提供了理论依据。



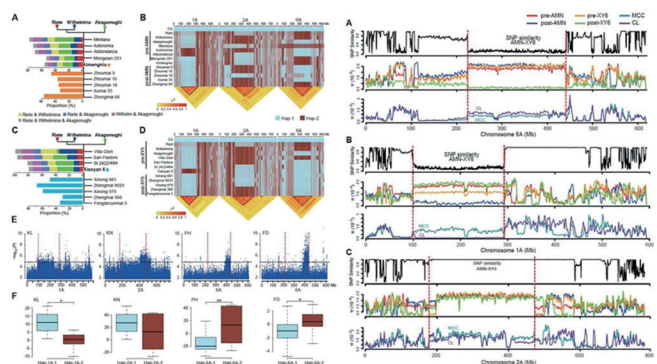
9月2日

我所与云南盛衍种业签署合作协议，双方将在充分发挥各自优势与能力互补、互利互惠原则的基础上深化双方合作，共同致力于我国玉米主产区东华北中晚熟区的种质创新和新品种选育工作。中国科学院院士、作科所所长钱前和云南盛衍种业总经理代同兴分别代表双方签约，副所长刘录祥、周文彬出席签约仪式。



9月5日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 *Molecular Plant* 上发表题为 *Resequencing of 145 Landmark Cultivars Reveals Asymmetric Sub-genome Selection and Strong Founder Genotype Effects on Wheat Breeding in China* 的研究论文，揭示了过去 70 年我国小麦育成品种基因组重塑和优化的过程，发现小麦三个亚基因组间存在显著的育种选择非对称性，提出基于跨着丝粒区形成的大的单倍型区段优劣评估品种（品系）育种价值的策略。



● 9月7日

我所组织开展 2020 年度秋季作物田间考察活动。所领导、各中心、职能部门主要负责人及创新团队首席、部分科研骨干等 60 余人，先后赴顺义、昌平试验基地，对玉米、水稻、大豆、谷子、高粱等秋季作物的种质创新、新品系与新品种培育、高产高效栽培技术等大田试验情况进行现场考察，以期进一步推进国家重点研发计划、现代农业产业技术体系、中国农科院藏粮于技等重大科研任务的实施落实。



● 9月10日

北京市委市政府在北京会议中心隆重召开 2019 年度北京市科学技术奖励大会。我所韩天富研究员主持完成的“黄淮海麦茬夏大豆免耕覆秸栽培技术体系构建与示范”成果获科学技术进步奖一等奖。



● 9月10日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队选育的谷子新品种“中谷 2”现场观摩会在辽宁省朝阳市召开，与会人员观摩了“中谷 2”的田间长势，仔细了解了品种的特征特性与栽培要点，普遍认为“中谷 2”株型清秀、产量潜力大，谷穗饱满紧实，田间长相好，在当地具有巨大的种植推广前景。



● 9月14日

农业农村部党组成员、中国农科院院长唐华俊到党建工作联系点——作科所小麦品质研究与新品种选育创新团队党支部开展调研，并就践行习近平总书记贺信指示精神、促进党建与科研深度融合与支部党员群众进行座谈交流。



● 9月16-18日

我所在“三区三州”科技帮扶县新疆喀什岳普湖县开展了耐盐碱水稻示范观摩，围绕适合当地种植的耐盐碱稻、早熟优质小麦、优质棉花新品种进行了推介并开设了耐盐碱水稻田间课堂进行高产种植技术培训。副所长刘录祥研究员出席活动。



● 9月20日

我所开展了“粒粒聚科技，穗穗皆丰收”2020年“农科开放日”秋季科普活动。院党组副书记、副院长吴孔明院士和海淀区人民政府党组成员、副区长沙海江共同为作科所“北京市海淀区科普教育基地”揭牌，院党组书记张合成，海淀区委农工委书记、区农业农村局局长张春明，海淀区农业农村局副局长鲁书强、侯晓博，海淀区北下关街道党工委书记王凌志，作科所领导班子等领导现场见证了揭牌仪式。同步举行的“大国重器”国家作物种质库、科普基地秋季作物云直播、种子发芽试验慢直播在线人数达277.6万。



● 9月25日

在新疆奇台的玉米密植高产全程机械化绿色生产技术实收测产暨现场观摩会上，我所栽培与生理创新团队的玉米密植高产示范田实收测产结果显示，示范田玉米最高亩产达到1663.25公斤，这是该团队第7次刷新我国玉米高产纪录。作科所党委书记范静，新疆生产建设兵团农业科学院院长刘景德等领导，玉米相关专家，当地技术人员等参加了活动。



● 9月22日

在新疆奇台的玉米密植高产全程机械化绿色生产技术实收测产暨现场观摩会上，我所栽培与生理创新团队的玉米密植高产示范田实收测产结果显示，示范田玉米最高亩产达到1663.25公斤，这是该团队第7次刷新我国玉米高产纪录。作科所党委书记范静，新疆生产建设兵团农业科学院院长刘景德等领导，玉米相关专家，当地技术人员等参加了活动。



● 9月24日

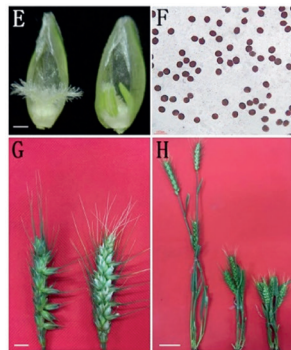
作物转基因技术与基因编辑创新团队在 Plant Biotechnology Journal 上发表题为 Fertility recovery of wheat male sterility controlled by Ms2 using CRISPR/Cas9 的研究论文, 该研究利用 CRISPR 技术编辑小麦 Ms2 基因, 彻底恢复了矮败小麦育性, 为从优良矮败小麦群体和太谷核不育小麦群体中培育小麦新品种奠定了基础。

CRISPR/Cas9-*Ms2*-9448

WT	GACCAACTCCAACTCAGGATGATGGTACGCTCTTTGC	+1bp
113-13	GACCAACTCCAACTCAGGATGATGGTACGCTCTTTGC	+1bp
NS-46	GACCAACTCCAACTCAGGATGATGGTACGCTCTTTGC	-1bp
201-2	GACCAACTCCAACTCAGGATGATGGTACGCTCTTTGC	-1bp

CRISPR/Cas9-*Ms2*-7721

WT	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
113-11	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
113-12	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
113-13	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
113-14	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
NS-4	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	+1bp
NS-7	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
NS-46	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp
NS-12	CTCTCTCTCTTTTCAGGGATGGTCCCGGAGGAACCTCA	-1bp



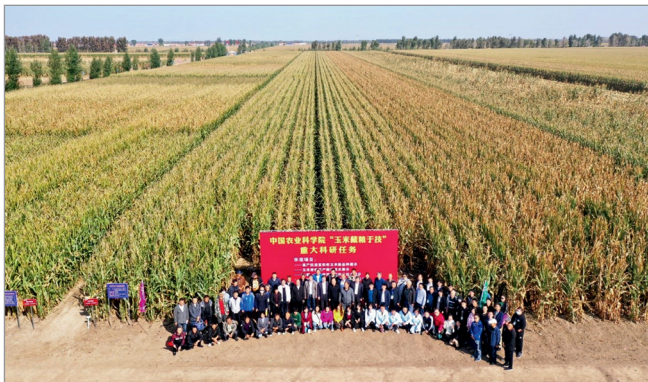
● 9月29日

2020 年玉米籽粒低破碎机械化收获技术暨玉米密植高产技术示范现场会在河南漯河舞阳县 16 万亩高标准粮田项目区召开。现场会集中展示了近年来粒收品种筛选、密植高产栽培、粒收机械作业以及烘干仓储等方面的研究成果, 进行了籽粒低破碎机收技术现场演示和实收测产。副所长刘录祥, 以及河南省农业农村厅副厅长王俊忠, 漯河市副市长乔彦强等出席活动。



● 9月30日

由我所主办的“玉米藏粮于技”现场观摩会暨玉米高质量发展论坛在内蒙古通辽市召开。现场展示了包括中单 111、中单 8812 等 64 个高产抗逆宜机收玉米新品种, 玉米密植高产栽培技术、水肥一体化资源高效利用技术以及机械粒收与全程机械化生产技术。副所长刘录祥, “玉米藏粮于技”重大科研任务首席专家李新海, 通辽市副市长赵白玉, 通辽市农牧局党组书记、局长姜晓东等领导出席活动。



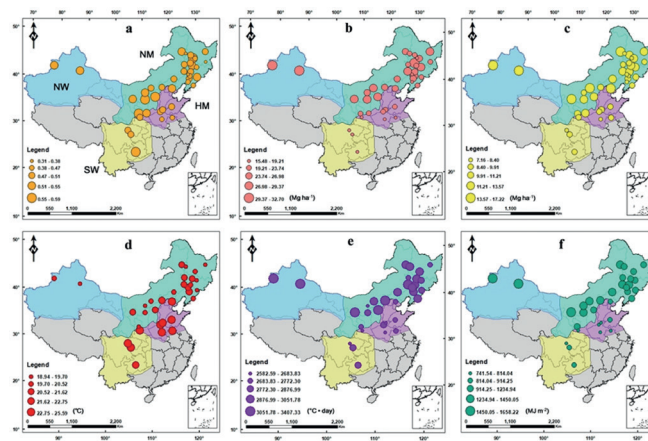
● 10月12至14日

农业农村部党组成员、中国农科院院长唐华俊到党建工作联系点——作物所小麦品质研究与新品种选育创新团队党支部开展调研, 并就践行习近平总书记贺信指示精神、促进党建与科研深度融合与支部党员群众进行座谈交流。



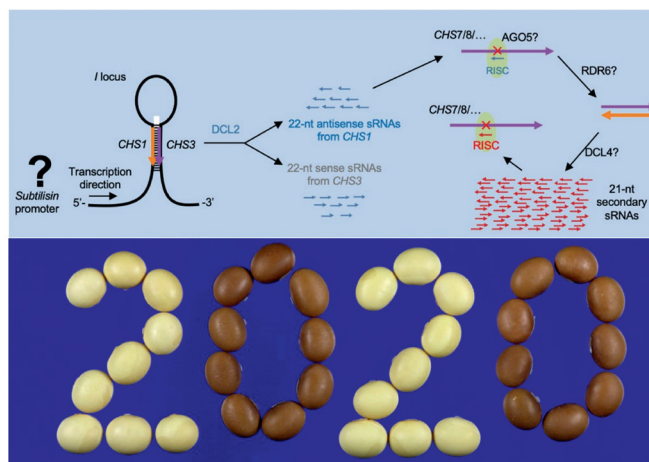
10月18日

我所在“三区三州”科技帮扶县新疆喀什岳普湖县开展了耐盐碱水稻示范观摩，围绕适合当地种植的耐盐碱稻、早熟优质小麦、优质棉花新品种进行了推介并开设了耐盐碱水稻田间课堂进行高产种植技术培训。副所长刘录祥研究员出席活动。



10月19日

作物生物信息学及应用创新团队在 The Plant Cell 发表了题为 Soybean DICER-LIKE2 Regulates Seed Coat Color via Production of Primary 22-Nucleotide Small Interfering RNAs from Long Inverted Repeats 的研究论文，系统解析了大豆种皮颜色调节的分子机制，为大豆外观品质改良提供了理论基础。



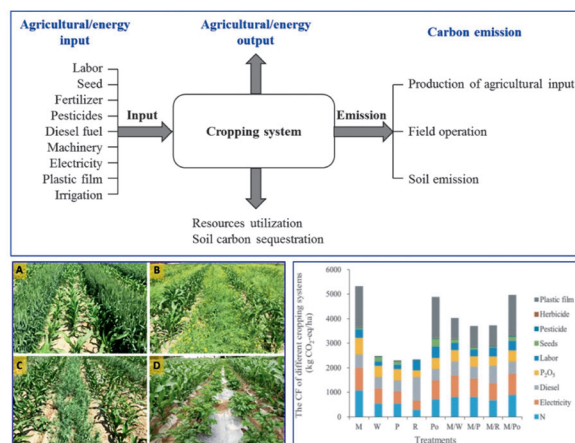
10月31日 -11月2日

我所举办了为期2天半的处级干部及优秀青年人才履职能力建设培训班。此次培训班是贯彻落实我院第三次人才工作会议精神，进一步帮助优秀青年干部人才开阔眼界、思路和胸襟，提高履职能力的重要举措。院党组书记、副院长吴孔明院士，副院长万建民院士出席活动并授课，党组成员陈华宁在启动式上致辞。来自院属各单位的新晋处级干部、青年人才等近300人通过线上、线下方式参加了培训。



11月4日

作物耕作与生态创新团队在 Food and Energy Security 上发表了题为 Maize-based intercropping systems achieve higher productivity and profitability with lesser environmental footprint in a water-scarce region of northwest China 的研究论文，该研究基于多年定位试验与生命周期分析，发现玉米间作系统在提高作物产量和水肥利用效率的同时，有利于降低农田碳排放和增加净生态系统经济价值。



● 11 月

据全国农业技术推广服务中心最新统计，中麦 895 夏收面积荣登全国冬麦品种前三名。中麦 895 由我所和棉花研究所合作育成，于 2012 年通过黄淮冬麦区南片国家审定，2019 年获神农中华农业科技奖一等奖。



● 11 月 19-21 日

我所牵头的“中国农业科学院桦川科技帮扶”在广东佛山举行的第二十四届全国发明展览会上亮相，一举斩获“科技助力扶贫专项奖”和“优秀展团奖”两个奖项。据悉，作科所是“科技助力扶贫”专区中唯一获优秀展团奖的项目单位。



● 11 月 20 日

2020 年玉米籽粒低破碎机械化收获技术暨玉米密植高产技术示范现场会在河南漯河舞阳县 16 万亩高标准粮田项目区召开。现场会集中展示了近年来粒收品种筛选、密植高产栽培、粒收机械作业以及烘干仓储等方面的研究成果，进行了籽粒低破碎机收技术现场演示和实收测产。副所长刘录祥，以及河南省农业农村厅副厅长王俊忠，漯河市副市长乔彦强等出席活动。



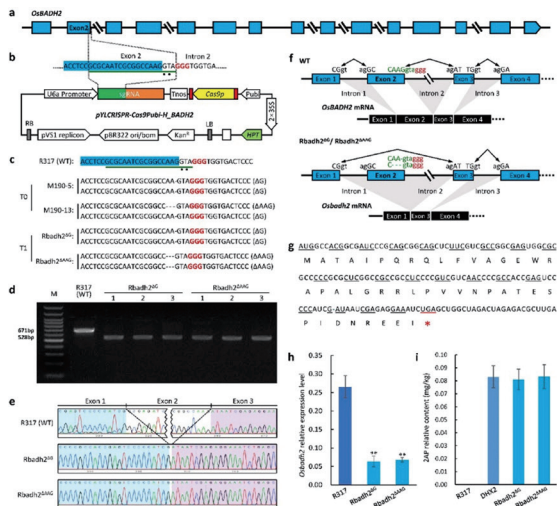
● 11 月 20 日

在南京举行的“2020 中国农业农村科技发展高峰论坛暨中国现代农业发展论坛”上，发布了《“十三五”期间农业科技标志性成果》和《2020 中国农业农村重大新技术新产品新装备》。作科所“玉米机械籽粒收获高效生产技术”成果入选中国农业农村重大新技术；作科所作为主要技术研发支撑单位的“玉米籽粒机收新品种及配套技术体系集成应用”被遴选为“十三五”期间农业科技标志性成果。



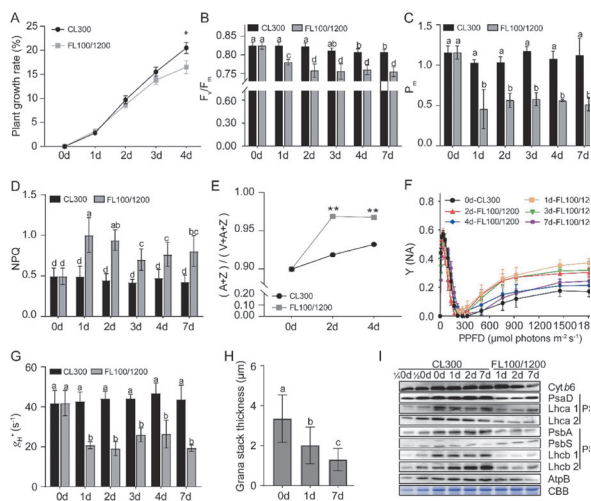
11月20日

作物生物信息学及应用创新团队在 Plant Biotechnology Journal 上发表题为 CRISPR/Cas9 induces exon skipping that facilitates development of fragrant rice 的研究论文，首次在植物中发现基因外显子跳跃剪接机制并创制香型水稻，为作物性状改良提供了新思路。



11月20日

我所作物耕作与生态创新团队在 Plant, Cell & Environment 在线发表题为 Getting ready for the ozone battle: Vertically transmitted fungal endophytes have transgenerational positive effects in plants 的研究论文。通过系统分析恒定光与波动光条件下水稻的生长、光合生理和叶片解剖结构差异，发现光合电子传递、ATP 合酶活性以及非光化学淬灭（热耗散）的调控是水稻适应波动光的重要生理过程。



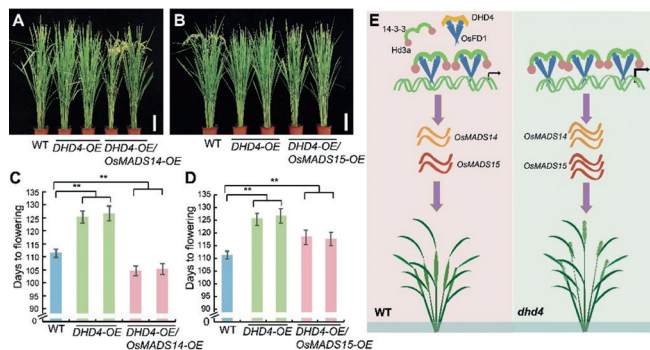
11月24日

全国劳动模范和先进工作者表彰大会在北京人民大会堂隆重举行。我所小麦专家何中虎研究员由党中央、国务院授予“全国先进工作者”称号。当天下午，作科所召开党委会议，发出向何中虎同志学习的倡议，号召作科所全体职工要学习和发扬何中虎研究员的先进事迹，大力弘扬科学家精神。



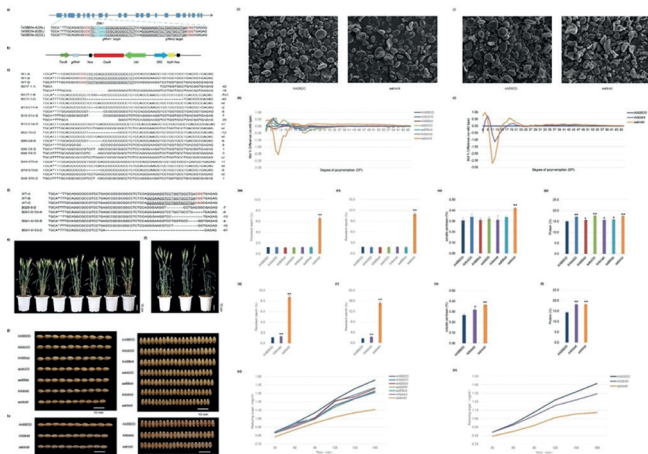
11月24日

作物功能基因组研究创新团队在 Molecular Plant 发表题为 DHD4, a CONSTANS-like family transcription factor, delays heading date by affecting the formation of the FAC complex in rice 的研究论文，研究鉴定出一个新的水稻抽穗期微效调控因子，并对其作用模式进行了深入解析。揭示了水稻抽穗期调控的新机制，对指导水稻抽穗期精细调控的分子育种和生产实践具有重要意义。



● 11 月 25 日

作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表题为 *Modification of starch composition, structure and properties through editing of TaSBEIIa in both winter and spring wheat varieties by CRISPR/Cas9* 的研究论文, 该研究利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术, 定点编辑敲除冬小麦品种郑麦 7698 和春小麦品种 Bobwhite 中的 *SBEIIa* 基因, 分别获得了高抗性淀粉的冬、春小麦新种质, 为培育营养功能型小麦新品种提供了新途径。



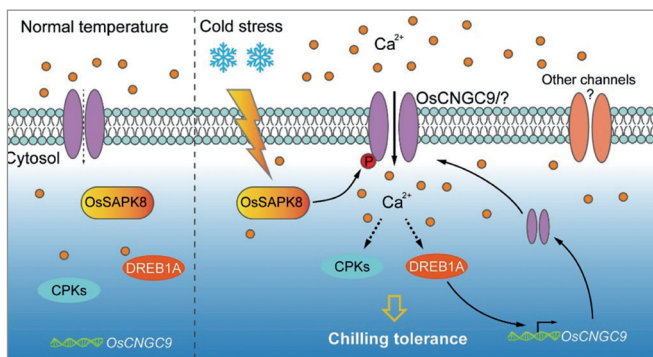
● 11 月 27 日

我所青年职工大会暨青年工作委员会换届大会在重大科学工程楼报告厅召开, 会议按照规定程序选举产生了第二届青工委委员。院直属机关党委副书记、院青工委主任韩进, 作科所所长钱前, 党委书记范静, 副所长刘录祥, 党委副书记、纪委书记马秀勇, 在家党委委员, 各中心和职能部门负责人以及全所 104 名青年职工参加了会议。会议由马秀勇主持。



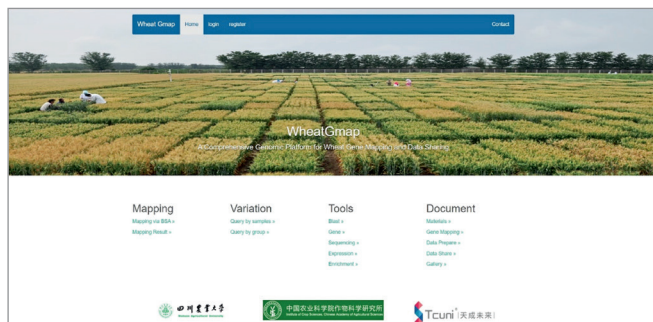
● 11 月 27 日

作物生物信息学及应用创新团队在 *Molecular Plant* 发表题为 *GmCRY1s modulate gibberellin metabolism to regulate soybean shade avoidance in response to reduced blue light* 的研究论文, 揭示了大豆隐花色素介导弱蓝光信号调控赤霉素代谢和避荫反应的分子机制, 并为扩大大豆适应范围及培育适合耐密抗倒高产大豆新品种提供了重要靶基因和育种新材料。



● 11 月 30 日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 *Molecular Plant* 发表题为 *WheatGmap: a comprehensive platform for wheat gene mapping and genomic studies* 的研究论文。研究牵头构建了小麦基因定位与基因组研究平台 -WheatGmap (<https://www.wheatgmap.org>), 为高效克隆小麦功能基因提供了一个有效的数据利用、分析和共享平台。



● 12月4日

中国科学院遗传与发育生物学研究所管理支撑二支部、遗传学会支部、基因中心一支部共 38 名党员来到我所和管理一支部及相关部门代表开展对接共建活动，致力于共同提升服务科研能力，更好地发挥基层党支部战斗堡垒作用和党员的先锋模范作用。双方围绕人事管理、全成本核算、党建和创新文化建设等方面进行了经验分享和深入探讨。作科所所长、中国科学院院士钱前，党委书记范静出席了活动。



● 12月6-7日

所长钱前院士带队赴黑龙江省黑河市，对黑河大豆产业进行调研考察，并对双方深入开展大豆科技合作相关事宜进行了座谈。黑河市委书记马里，市委副书记、市长李世峰等参加活动。



● 12月16日

我所与安庆市岳西县人民政府全面战略合作签约仪式在京举行。双方约定在农业科技联合攻关、成果转移转化、技术创新平台建设、科技人才交流培训等方面开展深入合作，以科技创新助力岳西县乡村振兴。作科所将利用人才、技术优势，依托岳西县发挥资源禀赋优势，共同推进大别山农作物与野生中草药种质资源收集保护、基因鉴定、质量检测等产业合作，助力安庆市长三角绿色农产品生产加工供应基地建设，推进岳西县现代农业高质量发展。中国农科院副院长刘现武、院成果转化局副局长文学，我所所长钱前、党委书记范静，安庆市委常委、岳西县委书记周东明等出席签约，作科所副所长周文彬、岳西县委书记周东明分别代表双方签订合作协议。



● 12月17日

中国农科院脱贫攻坚与成果转化工作会在京举行，我所获得 2020 年度中国农科院脱贫攻坚与乡村振兴先进集体荣誉称号。党委书记范静代表作科所作“党建业务互通互促 院地联合脱贫攻坚”的交流发言。



● 12月19日-20日

所长钱前院士带队赴四川省凉山彝族自治州，对凉山州荞麦产业进行调研考察，并出席了在凉山州西昌农业科学研究所高山作物研究站举行的“中国农科院作科所-凉山州农科所荞麦产业合作研讨会暨荞麦产业扶贫汇报会”，为当地荞麦产业建言献策。



研究进展

团队结构

科技创新工程 20 个创新团队（党支部）

创新团队 （党支部）名称	首席专家 （支部书记*）	研究方向	团队组成	
			创新研究组名称	组 长
作物种质资源安全 保存与信息化	卢新雄	收集国内外种质资源，研发安全保存技术，构建信息管理与共享服务平台	作物种质资源保存	卢新雄
			种质信息与大数据	曹永生
作物种质资源品质 和抗逆性状评价	任贵兴*	开展作物品质、耐盐碱、抗病等重要性状精准鉴定，发掘优异种质资源	种质资源品质评价	任贵兴
			种质资源抗逆性评价	张 辉
			种质资源抗病虫评价	朱振东
小麦大麦优异种 质资源发掘与创 新利用	李立会	开展小麦、大麦及其野生近缘植物种质资源的考查收集、精准鉴定、种质创新与分发利用研究	小麦种质资源	李立会
			大麦基因资源	杨 平
			小宗作物种质资源	郭刚刚
玉米优异种质资源 发掘与创新利用	黎 裕	开展重要性状优异玉米种质与基因资源挖掘，创制新材料	玉米种质资源	王天宇
大豆优异基因资源 发掘与创新利用	邱丽娟	系统评价我国大豆资源的表型和基因型多样性，创制新种质，挖掘重要性状基因	大豆基因资源	邱丽娟
水稻优异种质资源 发掘与创新利用	杨庆文*	开展水稻种质资源表型和基因型鉴定与评价，发掘水稻育种关键目标性状的优异资源，创制新种质	野生稻保护与利用	杨庆文
			水稻种质资源	韩龙植
特色农作物优异种 质资源发掘与创新 利用	刁现民*	收集和鉴定评价谷子、食用豆、荞麦等主要特色作物优异资源，发掘优异基因，创制核心材料	谷子基因资源	刁现民
			荞麦基因资源	周美亮
			食用豆类种质资源	宗绪晓
作物功能基因组 研究	程治军*	解析水稻籼、粳交杂种优势利用研究的基本科学问题，克隆和研究关键调控基因，解析水稻重要农艺性状形成的分子基础	水稻功能基因组学	张 欣
			水稻株型基因解析	李学勇
小麦基因资源发 掘与利用	张学勇	发展作物基因资源研究的理论与方法体系，克隆重要基因，解析重要种质资源的形成与演变规律，开展基于基因组学的资源创新	小麦基因资源挖掘与利用	张学勇
			小麦株型基因解析	孙加强
			小麦表观基因组学与遗传改良	路则府
作物转基因及基因 编辑技术与应用	马有志*	开展小麦抗逆、抗病、养分高效等重要基因克隆与功能解析，构建水稻、小麦等重要作物高效规模化转化、基因组编辑技术体系，创制突破性新材料	小麦抗逆分子育种	马有志
			基因编辑与新材料创制	夏兰琴
作物基因组选择育种	付俊杰	解析玉米等作物产量、品质、抗逆性等重要农艺性状的分子遗传基础，发掘重要农艺性状新基因	玉米分子遗传改良	王国英
			大豆花期调控	傅永福
			小麦生物信息学	刘 君

续表

创新团队 (党支部) 名称	首席专家 (支部书记*)	研究方向	团队组成	
			创新研究组名称	组 长
水稻分子设计技术与应用	徐建龙*	解析水稻基因组结构变异, 挖掘重要性状新基因并解析其功能, 建立水稻分子设计育种信息平台 and 设计技术, 开展绿色超级稻种质创新和新品种培育, 水稻营养品质改良和功能产品研发	水稻分子育种	徐建龙
			水稻种子发育与品质改良	刘春明
			水稻籽粒发育调控	童红宁
作物生物信息学及应用	毛 龙*	建立经典育种和全基因组选择育种遗传分析方法和分子设计育种软件工具及分析平台, 鉴定作物产量、开花、抗病等重要性状基因功能及调控网络, 并应用于育种实践	小麦复杂基因组解析	毛 龙
			大豆光信号转导	刘 斌
			水稻抗病基因挖掘与利用	赵开军
			作物数量遗传	王建康
小麦品质研究与新品种选育	何中虎*	小麦品质育种技术与新品种培育	小麦品质育种	何中虎
小麦育种新技术及应用	刘录祥	小麦育种新技术研究和新材料创制与新品种选育	小麦诱变育种	刘录祥
			小麦高产广适育种	李洪杰
			小麦抗逆育种	孙果忠
玉米遗传改良与新品种选育	李新海	优质抗逆玉米性状遗传解析, 优质抗逆玉米育种材料改良, 优质抗逆宜机收玉米新品种选育	玉米优质抗逆育种	李新海
			玉米高产育种	黄长玲
			玉米工程化育种	黎 亮
作物分子育种技术和应用	李文学*	研发玉米、高粱等作物的分子育种技术并应用于重要农艺性状的遗传改良	玉米分子育种	李文学
			玉米基因编辑育种	谢传晓
			特色作物育种	李桂英
大豆育种技术创新与新品种培育	韩天富*	开展光温适应性、品质和产量等重要性状遗传规律研究, 完善现代育种技术体系, 创制目标性状突出的育种新材料, 选育高产优质广适新品种	大豆分子育种	孙 石
			大豆高产优质育种	孙君明
			大豆栽培	吴存祥
作物栽培与生理	李少昆*	研究作物产量形成生理生态机制与产量潜力突破、作物资源高效利用的生理生态机制, 作物现代高产高效绿色生产技术研究与示范	精准栽培与管理	李少昆
			小麦栽培	常旭虹
			玉米栽培	马 玮
			作物表型创新研究组	金秀良
作物耕作与生态	张卫建*	开展作物生态与农田生态共性理论创新、作物耕作与逆境生态调控关键技术及产品研发, 创建作物绿色增产增效耕作与生态调控模式	作物耕作与生态	张卫建
			作物光合生理调控	周文彬
			作物化学调控	董志强

研究进展



CROP GERMLASM PRESERVATION

作物种质资源保存创新研究组

卢新雄，研究员。现任国家作物种质库主任，中国农业科学院作物种质资源安全保存与信息化创新团队首席。

研究方向：种子安全保存研究；种质活力监测预警研究；无性繁殖作物超低温等离体保存研究。

Email: luxinxiong@caas.cn 电话: 010-62174099

主页: <http://luxinxiong.icscaas.com.cn>

重要论著

Xu LX, Xin X, Yin GK, Zhou J, Zhou YC, Lu XX. 2020. Timing for antioxidant-priming against rice seed ageing: optimal only in non-resistant stage. *Scientific Reports*, 10: 13294.

行业标准

农作物种质资源调查收集技术规范. NY/T 3757-2020

代表性知识产权

ZL 201610801307.0, 一种用于野生大豆遗传完整性分析的繁殖更新方法

研究组成员

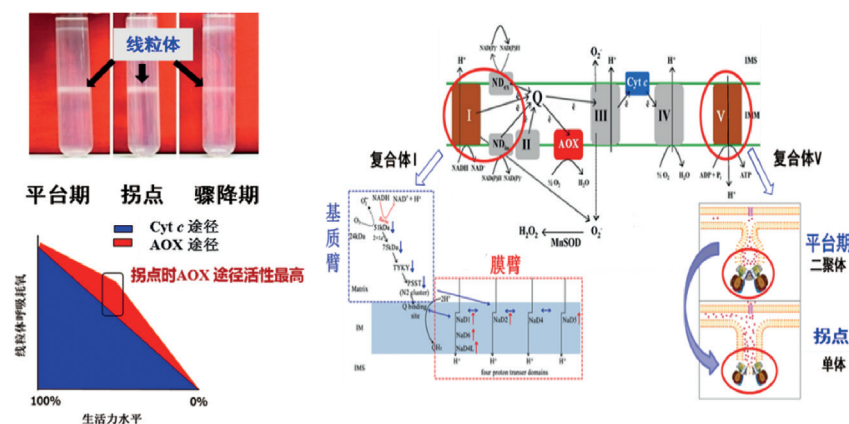
陈晓玲 研究员 辛霞 副研究员
刘运霞 副研究员 张金梅 副研究员
尹广鹏 副研究员 何娟娟 助理研究员
黄雪琦 研究实习员

研究生

冀婧 杨馨悦 林一欣 李洋 李健健
李格

亮点工作

种质衰老由高生活力平台期到骤降期的拐点，其发芽率范围为 70%~85%，是保障种质遗传完整性的生活力底限。针对保存种质衰老拐点生物学机制不清的问题，研究阐明了种子生活力衰老拐点的反馈调控机制，即种子生活力降至衰老拐点，线粒体结构和功能可维持在一定水平，但抑制了参与碳代谢、氮代谢、能量代谢和抗氧化系统蛋白的表达，抑制了生成种子萌发所需的 ATP 和中间物质；线粒体的细胞色素途径活性降低，mETC 复合体 I 基质臂亚基下调，抑制 NADH 氧化和电子传递，减少 ATP 合成，但会诱导线粒体的交替途径，提高交替氧化酶水平、调控 mETC 复合体 I 膜臂的核心亚基上调，维持质子转移，以补偿基质臂损伤引起的电子传递效率降低，维持 ATP 合成。当生活力低于衰老拐点，线粒体的交替途径活性降低，ROS 清除系统活性受到严重抑制，ROS 过度积累攻击脂类，导致 4-HNE 等羰基小分子物质积累，继而攻击蛋白，导致蛋白羰基化修饰，已鉴定出线粒体的 ATP 合成酶、苹果酸脱氢酶和琥珀酸脱氢酶发生了蛋白羰基化修饰，这些关键蛋白被羰基化修饰后易被水解酶分解，进而降低线粒体活性，最终进一步导致种子活力骤降。反馈调控机制的揭示，为构建种质衰老拐点的监测预警指标和技术奠定基础。



种子生活力衰老拐点分子机制研究

INFORMATION MANAGEMENT FOR CGR

种质信息与大数据创新研究组

曹永生, 研究员, 博士生导师。毕业于浙江大学计算机系。长期从事作物资源信息管理和信息系统研究工作。

研究方向: 监测规范和数据标准、信息管理和信息系统、统计分析和数据挖掘、GIS/WebGIS、图象识别和分析、信息监测和预警、信息网络和信息共享研究等。

Email: caoyongsheng@caas.cn 电话: 010-62186693

主页: <http://caoyongsheng.icscaas.com.cn>



亮点工作

牵头开展了国家农业科技基础性长期性工作国家作物种质资源数据中心建设。针对我国作物科技与产业发展重大需求, 在全国布设观测鉴定实验站, 开展作物种质资源长期联网定位观测鉴定, 积累并分析观测鉴定数据, 阐明其内在联系及发展规律, 挖掘优异资源, 为推动现代种业发展、保障国家粮食安全提供基础支撑, 为农业农村绿色发展和管理决策提供科学依据。强化数据质量控制, 制定并完善了 296 种作物的描述标准、数据标准和数据质量控制规范等标准规范共计 894 个; 创新站点布局方法, 加强联网观测鉴定, 在全国遴选出观测实验站 379 家, 建立了全国作物种质资源观测鉴定实验站体系; 强化数据汇交整合, 建立了观测数据库, 累计汇交观测鉴定数据 120 GB; 探索挖掘分析方法, 编制综合分析报告, 掌握资源水平、分析性状关联, 筛选优异资源; 强调成果多元展示, 编撰了多样性图集, 展示观测资源多样性。力争将该项工作打造成“全国一张网, 观测一个准, 数据一个库, 服务一条龙”的系统性工作。2020 年本数据中心在试运行期第三方评价中排名第一。



国家作物种质资源科学观测实验站分布

重要论著

陈彦清, 曹永生, 井福荣, 刘海洋, 方沔. 贵州 21 个资源调查县的种质资源地理空间分布特征. *植物遗传资源学报*. 2020, 21(3): 525-531.

研究组成员

方 沔 副研究员 陈彦清 助理研究员

研究生

林雨楠



NUTRITION AND QUALITY EVALUATION

种质资源品质评价创新研究组

任贵兴, 研究员, 博士生导师。1999 年获香港大学食品加工与保存专业博士。现任国家杂粮加工技术研发分中心(北京)主任, 全国名特优新产品(杂粮)营养品质评价鉴定机构技术负责人, 中国作物学会藜麦专业委员会会长, 中国农业科学院作物种质资源品质和抗逆性状评价创新团队首席。

研究方向: 食用豆等作物种质资源营养、功能及加工品质评价; 藜麦种质资源引进收集、品质评价及全产业链利用技术研究。

Email: rengxing@caas.cn 电话: 010-62115596

主页: <http://rengxing.icscaas.com.cn>

重要论著

Y Gao, XN Zhang, GX Ren, CE Wu, PY Qin, Y Yao.

Peptides from extruded lupin (*Lupinus albus* L.) regulate inflammatory activity via the p38 MAPK signal transduction pathway in RAW 264.7 Cells. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2020, 68, 11702-11709. (封面文章).

SX Dong, XS Yang, L Zhao, FX Zhang, ZH Hou, P

Xue. Antibacterial activity and mechanism of action saponins from *Chenopodium quinoa* Willd. husks against foodborne pathogenic bacteria. *Industrial Crops and Products*, 2020, 149: 112350.

P Xue, XS Yang, L Zhao, ZH Hou, RY Zhang,

FX Zhang, GX Ren. Relationship between antimicrobial activity and amphipathic structure of ginsenosides. *Industrial Crops and Products*, 2020, 143: 111929.

ZX Shi, YY Zhu, C Teng, Y Yao, GX Ren, A Richel.

Anti-obesity effects of α -amylase inhibitor enriched-extract from white common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) associated with the modulation of gut microbiota composition in high-fat diet-induced obese rats. *Food & Function*, 2020, 11, 1624-1634.

代表性知识产权

ZL201810404123.X, 鹰嘴豆中性多糖 CWP2-1 和 CWP2-2 的制备方法

ZL201610524319.3, 一种具有降血脂功效的绿豆蛋白的制备方法

研究组成员

么 杨 副研究员 秦培友 副研究员

杨修仕 助理研究员

研究生

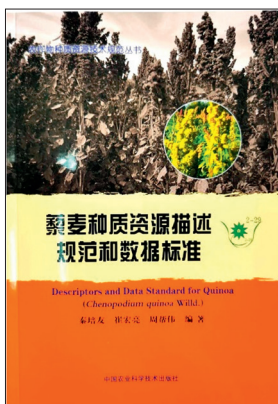
郭慧敏 滕 聪 范 鑫 邢 宝 孙梦涵

朱凯莉 王思宇 郭雨晴 张 卓 魏祖晨

周欣雨

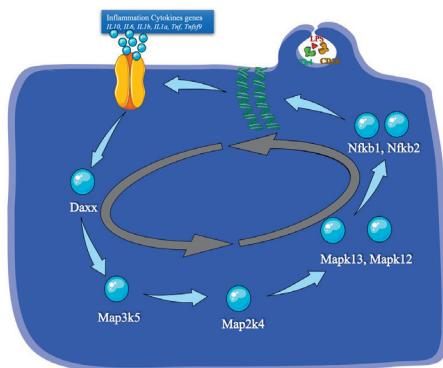
亮点工作

藜麦全产业链利用关键技术研究取得新进展。完成 166 份藜麦种质遗传多样性分析, 主编出版《藜麦种质资源描述规范和数据标准》, 选育的“中作藜 1 号”已参加山西省区试。牵头制定农业农村部行业标准《藜麦栽培技术规程》(NY/T3687-2020)。开展藜麦酚类物质体外消化特性研究, 证实藜麦多糖具抗氧化、降脂活性, 藜麦多肽具降血压活性, 研究成果发表在 *Food Hydrocolloids* 等高水平期刊。应邀加入由联合国粮农组织发起的农业缺水问题全球合作框架组织(WASAG), 任贵兴研究员在主题为“促进藜麦合作”的 WASAG 线上研讨会介绍中国藜麦产业发展的成功案例, 有力提升团队在藜麦研究领域的国际影响力。



《藜麦种质资源描述规范和数据标准》为藜麦种质资源表型鉴定提供参考标准;
《藜麦栽培技术规程》推动我国藜麦标准化栽培

食用豆营养品质评价研究取得新成果。完成 600 份次我国主栽绿豆品种的营养成分分析。解析羽扇豆抗炎及芸豆减肥的作用机理, 研究结果发表在农林 1 区期刊 *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (封面文章) 和 *Food & Function*。研发活性鹰嘴豆多糖及绿豆蛋白的制备方法, 获得发明专利授权 2 项。



ABIOTIC STRESS TOLERANCE EVALUATION

种质资源抗逆性评价创新研究组

张辉, 研究员, 博士生导师。2001 年获英国 Open University 分子生物物理学博士学位。

研究方向: 抗逆种质资源收集与鉴定评价; 抗逆种质创新; 抗逆基因挖掘及功能解析。

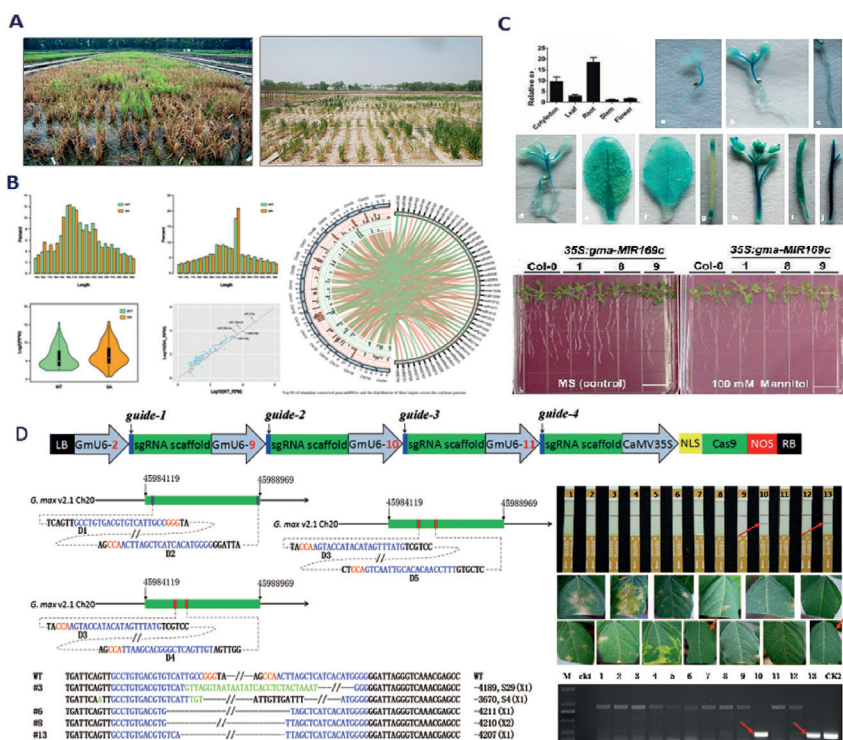
Email: zhanghui06@caas.cn 电话: 010-62186649

主页: http://zhanghui.icscaas.com.cn



亮点工作

盐、旱等非生物逆境严重制约着作物的生长, 抗逆种质资源的鉴定及抗逆基因的挖掘和利用是抗逆新种质创制的基础, 对作物的稳产、增产至关重要。为发掘抗逆种质资源, 2020 年创新研究组重点对小麦、大豆、水稻、谷子、菜豆等共 5699 份 (611580 份次) 种质资源进行了苗期、全生育期耐盐性鉴定评价, 筛选出高耐盐碱的种质资源 238 份。制定了小麦种质资源、转基因小麦、转基因水稻、转基因大豆耐盐性鉴定评价技术规范, 明确了芽期、苗期、全生育期的耐盐性鉴定评价关键参数及技术标准。在抗逆基因挖掘及抗逆机理研究方面, 为了区分在盐胁迫下应答性 miRNA 和功能性 miRNA, 持续性盐胁迫后, 对大豆根进行了转录组和 RNA 降解组测序, 鉴定了大豆根中持续盐胁迫响应 miRNA, phasiRNA 以及相关的基因, 系统分析了它们之间的调控关系, 为大豆响应盐胁迫功能性非编码 RNA 的研究提供基础。转化大豆发状根体系及转化拟南芥, 研究了 *gma-miRNA163c* 及 *GmNAC06* 的抗逆功能, 为大豆抗逆新种质创制提供候选基因。利用 dual-sgRNA-cas9 系统成功实现了大豆 lncRNA 的大片段敲除, 建立了大豆 lncRNA 功能缺失的研究技术体系, 为大豆 lncRNA 功能研究奠定基础。



抗逆种质资源筛选及抗逆基因挖掘

A. 水稻、小麦抗逆种质资源筛选; B. 持续盐胁迫下大豆功能性非编码 RNA 鉴定分析;
C. 大豆 miRNA163c 功能研究; D. 大豆 lncRNA 功能缺失研究体系建立

重要论著

FJ Niu, QY Jiang*, R Cheng, XJ Sun, Z Hu, LX Wang, H Zhang*. Metabolic profiling of DREB-overexpressing transgenic wheat seeds by liquid chromatography-mass spectrometry. *The Crop Journal*, 2020. 8:1025-1036.

FJ Niu, QY Jiang*, R Cheng, XJ Sun, Z Hu, LX Wang, H Zhang*. CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Wild Soybean (*Glycine soja*) Hairy Roots Altered the Transcription Profile of the Mutant. *Journal of Agricultural Science*, 2020, 12(9): 14-33.

Q Wang, YX Yang, GQ Lu, XJ Sun, YR Feng, SY Yan, Y Zhang, QY Jiang, H Zhang, Z Hu*, R Chen*. Genome-wide identification of microRNAs and phased siRNAs in soybean roots under long-term salt stress. *Genes & genomics*, 2020, 42(11):1239-1249.

AAE Abdel-Hameed, KVSK Prasad, QY Jiang, ASN Reddy*. Salt-Induced Stability of SR1/CAMTA3 mRNA Is Mediated by Reactive Oxygen Species and Requires the 3' End of Its Open Reading Frame. *Plant and Cell Physiology*. 2020, 61(4):748-760.

姜奇彦, 牛风娟, 孙现军, 胡正, 张辉. 转基因小麦外源基因向近缘野生植物漂移的风险评估. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(04): 966-974.

研究组成员

姜奇彦 副研究员 孙现军 副研究员
胡正 助理研究员

研究生

张慧媛 牛风娟



BIOTIC STRESS RESISTANCE EVALUATION

种质资源抗病虫评价创新研究组

朱振东，研究员，博士生导师。2003 年获中国农业科学院生物化学与分子生物学专业博士。国家食用豆产业技术体系病虫害功能研究室主任，病害防控岗位科学家。

研究方向：种质资源抗病性评价；作物抗病新基因发掘；植物病原菌遗传变异及分子检测；豆类病害鉴定及防治研究。

Email: zhuzhendong@caas.cn 电话: 010-82109609

主页: <http://zhuzhendong.icscaas.com.cn>

重要论著

Lu L, Xu Z, Sun S, Zhu Z, Weng J, Duan C. Discovery and fine mapping of qSCR6.01, a novel major QTL conferring southern rust resistance in maize. *Plant Disease*, 2020, 104(7): 1918-1924.

Duan C, Wang B, Sun F, Yang Z, Zhu Z, Wang X. Occurrence of maize ear rot caused by *Fusarium fujikuroi* in China. *Plant Disease*, 2020, 104(2): 587.

Sun S, Deng D, Duan C, Zong X, Xu D, He Y, Zhu Z. First report of southern blight of mung bean caused by *Sclerotium rolfsii* in China. *Crop Protection*. 2020, 130: 105055.

Sun S, Zhu L, Sun F, Duan C, Zhu Z. Pathotype diversity of *Fusarium oxysporum* f. sp. *mungicola* causing wilt on mungbean (*Vigna radiata*). *Crop & Pasture Science*. 2020, 71:878-883.

Wang B, Guo C, Sun S, Zhu Z, Duan C. First report of maize ear rot caused by *Fusarium sporotrichioides* in China. *Plant Disease*, 2020, 104(2): 567.

Zhong C, Sun S, Zhang X, Duan C, Zhu Z. Fine Mapping, Candidate Gene Identification and Co-segregating Marker Development for the Phytophthora Root Rot Resistance Gene *RpsYD25*. *Frontiers in Genetics*. 2020, 11: 799.

王晓鸣, 段灿星. 玉米病害和病原名称整理及其汉译名称规范化探讨. *中国农业科学*, 2020, 53(2):288-316.

段灿星, 董怀玉, 李晓, 李红, 李春辉, 孙素丽, 朱振东, 王晓鸣*. 玉米种质资源大规模多年多点多病害的自然发病抗性鉴定. *作物学报*, 2020, 46(8): 1135-1145.

张雪翠, 钟超, 段灿星, 孙素丽, 朱振东. 大豆品种郑 97196 抗疫霉病基因 *RpsZheng* 精细定位. *作物学报*, 2020, 46(7): 997-1005.

代表性知识产权

ZL201710153876.3, 与大豆抗疫病菌基因紧密连锁的分子标记 CAPs1516 及其应用

研究组成员

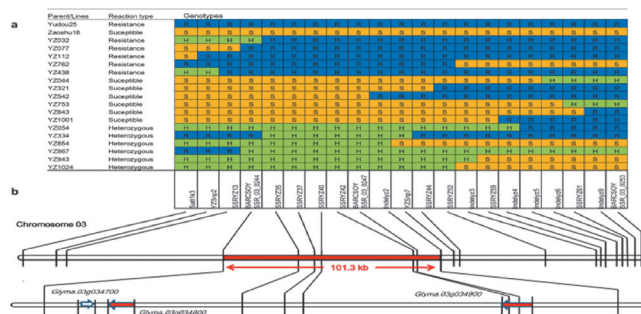
段灿星 副研究员 孙素丽 副研究员

研究生

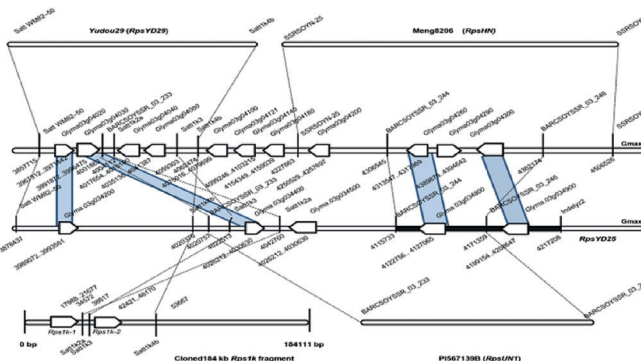
孙菲菲 路璐 王宝宝 张雪翠 邓东夏玉生

亮点工作

大豆疫病是由大豆疫霉引起的一种土传性根部病害，是世界性的毁灭性病害之一，培育及种植含有抗疫病基因的大豆品种是防治大豆疫病最经济、有效和环境安全的方法。大豆品种豫豆 25 是我国黄淮海地区主栽的大豆品种之一，对大豆疫霉具有广谱的抗性。我们的前期研究表明，该品种对大豆疫病的抗性由一个 3 号染色体上显性单基因 *RpsYD25* 控制。在此基础上，我们首先利用一个早熟 18 与豫豆 25 杂交的 F2:3 群体和 SSR 标记将 *RpsYD25* 定位在 3 号染色体 SSR 标记 Satt1k3 (2.2cM) 和 BARCSOYSSR_03_0253 (4.5cM) 之间。接着根据两亲本的全基因组重测序数据发掘 SNP、InDel 和 SSR 对杂交组合衍生的 1127 个 F3:4 家系进行重组交换家系的筛选，最终将 *RpsYD25* 精细定位在一个 101.3 kb 的基因组区域。该区域中含有 3 个基因模型，其中一个是具有锌离子结合蛋白和核酸结合蛋白结构域的基因，另外两个是具有典型抗病结构的 NBS-LRR 基因，推测这 3 个基因为 *RpsYD25* 的候选基因。5 个 SSR 标记被鉴定与 *RpsYD25* 共分离，有效性验证发现这些标记可作为 *RpsYD25* 诊断标记用于分子标记辅助选择育种。结合表型和分子鉴定表明，*RpsYD25* 的定位区间目前与 *RpsHN* 和 *RpsUN1* 的定位区域具有重叠，这 3 个抗疫病基因很可能是彼此互为等位基因或紧密连锁。



大豆抗疫病基因 *RpsYD25* 的精细定位



大豆抗疫病基因 *RpsYD25* 与已知 *Rps* 基因候选区域对比分析

WHEAT GERMPLASM RESOURCES

小麦种质资源创新研究组

李立会，研究员，博士生导师。1997 年获中国农业科学院作物遗传育种学博士学位。现任作物种质资源中心主任，中国农业科学院小麦大麦优异种质资源发掘与创新利用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：小麦种质资源基础性工作；小麦种质创新的理论与应用研究；小麦种质资源遗传多样性与系统发育研究。

Email: lilihui@caas.cn 电话: 010-62186670

主页: <http://lilihui.icscaas.com.cn>



亮点工作

我国依赖现有推广品种间杂交提高小麦产量的潜力已经进入平台期，如何进一步提高小麦产量势，需要从野生近缘种等遗传多样化更加广泛的种质资源中挖掘未被利用的优异基因取得突破。为了提升我国的小麦产量育种水平，团队提出可以利用提高穗粒数产量因子突破产量瓶颈的大胆设想。紧盯穗粒数产量因子这一目标，团队经过 13 年的不懈努力，终于在 2020 年获得产量三因子协调提高，依靠穗粒数产量因子提高小麦产量势的新种质普冰系 300，在河南新乡试验基地大田群体种植水平下，经测产较对照周麦 18 增产 14.5%。普冰系 300 亲本来源广泛，由小麦-冰草多粒渐渗系 FC 大穗、普冰 4201 为亲本，与引自美国的 Jagger、CMH83.605 和国内的主栽品种周麦 18、924144-2、植 7730 等 7 个亲本杂交组合选出，株高与对照相当，亩穗数 49 万，穗粒数 40 粒，千粒重 44 克。而对照周麦 18 的产量因子为亩穗数 46 万，穗粒数 33 粒，千粒重 42 克，具有高抗小麦白粉病、中抗条锈病、叶锈病，尤其突出的是抗茎基腐病，高产之外兼具绿色多抗特性，收获籽粒饱满、外观商品性好，面粉吸水率高于 65%，符合加工企业的需求。普冰系 300 的增产原因是在产量三因子协调提高基础上，主要受穗粒数产量因子的提高所贡献，穗粒数产量因子贡献率高达 21%。普冰系 300 高产、抗病、抗逆，为破解我国黄淮麦区小麦的产量提升瓶颈难题提供了突破性的创新种质资源。



重要奖项

黑粒小麦种质创新与食药两用新品种培育及利用，2020，河北省科学技术进步奖二等奖，李杏普，兰素缺，张业伦，孟雅宁，李立会，刘玉平，李子千

重要论著

H Liu, XT Zhang, YF Xu, FF Ma, JP Zhang, YW Cao, LH Li and DG An. Identification and validation of quantitative trait loci for kernel traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Plant Biology*, 2020, 20:529.

XJ Li, X Xu, WH Liu, XQ Li, XM Yang, ZG Ru and LH Li. Dissection of Superior Alleles for Yield-Related Traits and Their Distribution in Important Cultivars of Wheat by Association Mapping. *Front. Plant Sci.*, 2020, 11:175.

QF Li, YQ Lu, CL Pan, ZJ Wang, FL Liu, JP Zhang, XM Yang, XQ Li, WH Liu, LH Li. Characterization, identification and evaluation of a novel wheat-*Agropyron cristatum* (L.) Gaertn. disomic addition line II-30-5. *Genet Resour Crop Evol*, 2020, 67:2213-2223.

YH Che, N Song, YP Yang, XM Yang, Y Zhang, JP Zhang, HM Han, XQ Li, SH Zhou, LH Li, WH Liu. Dynamic QTL mapping for plant height in the hybrid population of *Agropyron* Gaertn. *Plant Breeding*, 2020, 139:1016-1028.

代表性品种

小麦，川麦 93，国审麦 20210001

研究组成员

刘伟华 研究员	杨欣明 高级农艺师
李秀全 高级实验师	张锦鹏 研究员
周升辉 副研究员	韩海明 助理研究员

研究生

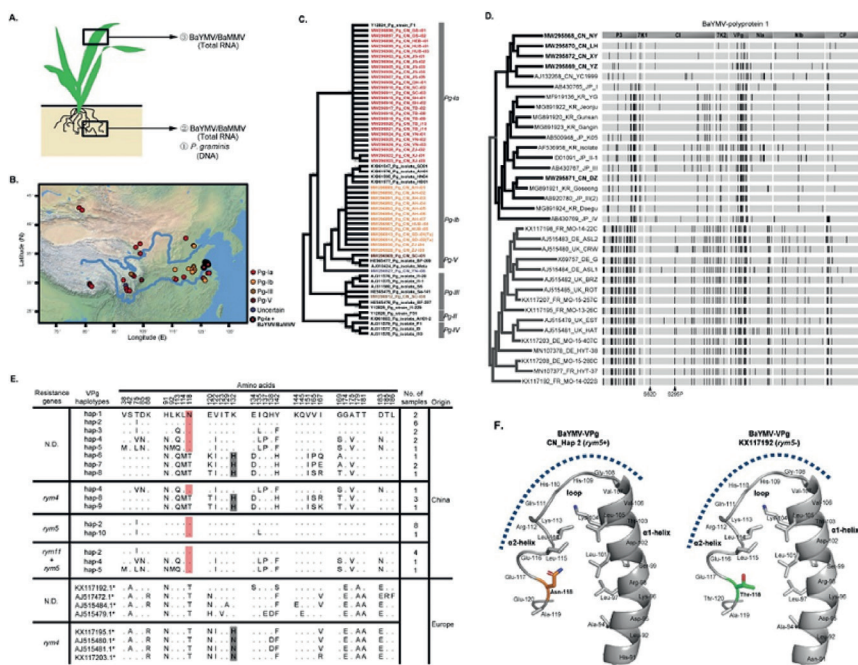
孙洋洋	张 智	吉夏杰	杨雯晶	徐世锐
王 筱	仵 凯	匡紫垣	韩船舶	王立宇
康西璐	梁学忠	张 成	王棕瑶	林益达

大麦基因资源创新研究组

主页: <http://yangping.icscaas.com.cn>

金彦龙 Sarah Tasnim Sunny Ahmar
高广奇 严露曦 李珊珊 程春园

大麦黄花叶病是欧洲与东亚地区冬麦生产中的主要病毒病害，通过土壤真菌禾谷多黏菌作为中间宿主进行传播，因此难以进行防治与根除。前期在我国大麦黄花叶病流行地区进行了 900 份大麦种质资源的抗性调查，从中发现欧洲与东亚主要的抗性基因供体在我国流行病区均表现出不同程度地丧失抗性。由此，本研究小组展开了全国范围内的病原分布调查与变异分析，以期发掘其中优势病毒小种得以攻克现有抗性基因的关键变异位点；同时结合宿主因子不同单倍型对各个病毒小种的抗性反应，揭示病毒基因组与宿主抗性基因的共进化模式。本研究首次发现，病毒中间宿主禾谷多黏菌在我国分布非常广泛，除了黄花叶病流行的长江流域地区，也在我国西部尚未报道过病害的地区存在。从大麦黄花叶病流行的江苏地区，分离出 8 个小种的病毒基因组全长序列。通过与国际上现有的所有小种进行比较，发现了病毒基因组变异的热点区域，以及其中能攻克现有抗性基因的关键位点。本研究结果将对未来广谱抗性资源的发掘与育种利用提供科学依据。



A. 病原调查取样示意图; B. 大麦黄花叶病毒及其中间宿主禾谷多黏菌在我国的地理分布; C. 中间宿主禾谷多黏菌的亚型鉴定; D. 大麦黄花叶病毒基因组序列的变异位点分布; E. 大麦黄花叶病毒变异热点 VPg 蛋白在我国病毒小种中的单倍型变异及优势单倍型; F. 与我国主效抗性基因 *rvm5* 位点兼容型和 incompat 型病毒小种的 VPg 蛋白关键区域单倍型结构差异预测

MINOR CROP GERMPLASM RESOURCES

小宗作物种质资源创新研究组

郭刚刚, 研究员, 硕士生导师。2009 年中国农业大学作物遗传育种专业获博士学位, 2015 年入选首批中国科协青年人才托举计划, 2016-2017 年德国 IPK 访问学者。现任作物种质资源中心副主任。

研究方向: 大麦青稞种质资源保护与利用; 大麦青稞产量和品质性状形成及其分子机制解析。

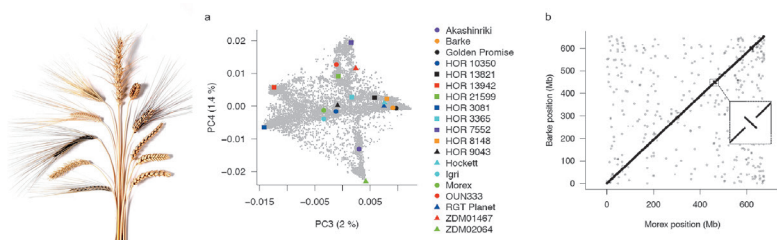
E-mail: guoganggang@caas.cn 电话: 010-62178203

主页: <http://guoganggang.icscaas.com.cn>

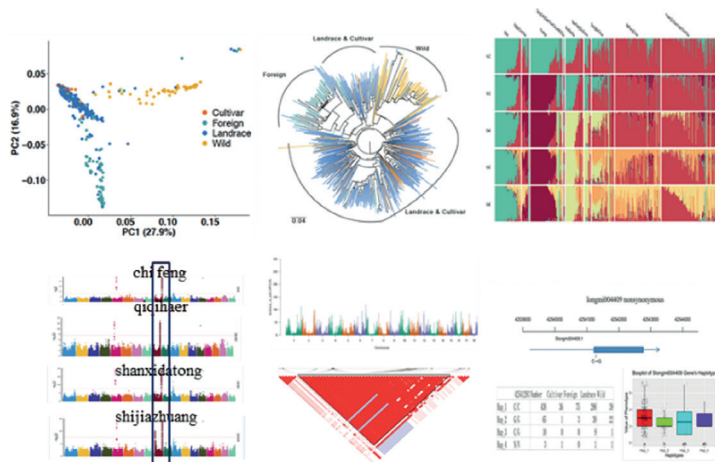


亮点工作

2020 年重点收集小宗作物各类野生资源、近年新育成品种和通过第三次全国普查收集到的地方品种, 丰富我国小宗作物种质资源保存种类。完成大麦、燕麦、荞麦、谷子、高粱、黍子、糜子等各类小宗作物种质资源收集引进共 633 份, 截至 2019 年 12 月, 我国已入长期库小宗作物种质资源共计 8.2 万份; 深入开展了 1739 份资源主要农艺性状的多年多点精准鉴定, 340 份资源的抗逆性鉴定, 完成 220 份谷子育成品种的品质分析评价, 发掘优异种质资源提供育种和生产利用; 积极提供资源分发利用, 向全国 57 家科研单位提供小宗作物种质资源 4109 份次, 有效支撑小宗作物学科基础和应用基础研究。研究组还在支撑青稞基因组演化与重要性状功能基因挖掘、功能性稻麦新品种选育及综合利用、饲用优质高产饲用大麦新品种选育及生产关键技术集成示范等方面发挥了重要作用, 作为主要完成人和完成单位, 2020 年度获评省部级科技奖励两项。另外, 本年度还对 516 份糜子代表性种质 (包括 78 份世界各国种质、331 份国内地方品种、43 份育成品种以及 64 份野生糜子), 开展覆盖主要生态区的七个试验点表型鉴定研究并完成了基因组重测序, 为推进糜子起源演化机制研究奠定重要基础; 开展野生糜子分类地位研究, 证明野生糜子和栽培糜子具有共同祖先, 野生糜子作为变种 (*Panicum miliaceum* subsp. *ruderales*) 更为恰当。



协作完成世界大麦泛基因组研究



黍稷重要农艺性状基因挖掘

重要奖项

功能性稻麦新品种选育及综合利用, 2020, 云南省科学技术进步二等奖

饲用优质高产饲用大麦新品种选育及生产关键技术集成示范, 2020, 四川省科学技术进步三等奖

重要论著

Duan ZL, Han WH, Yan L, Wu B. Reference gene selections for real time quantitative PCR analysis of gene expression in different oat tissues and under salt stress. *Biologia Plantarum*. 2020, 64: 838-844.

杨勇, 廖文华, 郭刚刚, 黄海蛟. 西藏高海拔边境县青稞种质资源. 2020 中国农业科学技术出版社.

研究组成员

张京 研究员 陆平 研究员
刘敏轩 副研究员 吴斌 副研究员
高佳 助理研究员 王春超 助理研究员

科研助理

李红梅 李珍 刘志敏 赵宇欣 焦长春
于玉梅 王文卓 晏林

博士后

徐东东 樊超凤

研究生

赛婷语 张仁旭 郭爱奎 裴红红 张静
邵欢欢 陈小红 王蓉 赵盟



MAIZE GERMPLASM RESOURCES

玉米种质资源创新研究组

王天宇, 研究员, 博士生导师。1996 年获法国国立布根第大学植物遗传专业理学博士学位。现任中国农业科学院玉米种质资源研究利用课题组组长, 中国作物学会玉米专业委员会副主任委员, 国家玉米品种审定专业委员会委员。

研究方向: 围绕玉米绿色、高效、适宜机械化作业等关键生产问题, 收集引进国内外优异种质资源, 鉴定与评价玉米种质利用价值, 进行玉米产量、抗旱、抗病等重要农艺性状遗传解析和重要基因资源挖掘; 利用分子与常规技术相结合, 创制优良玉米新种质。

Email: wangtianyu@caas.cn 电话: 010-62186632

主页: <http://wangtianyu.icscaas.com.cn>

重要奖项

玉米优异种质资源规模化发掘与创新利用, 2020 年, 国家科学技术进步奖二等奖(通过公示), 王天宇, 黎裕, 杨俊品, 扈光辉, 刘成, 王晓鸣, 杨华, 王振华, 程伟东, 李永祥

重要论著

李永祥, 李春辉, 杨俊品, 杨华, 程伟东, 汪黎明, 李凤艳, 李会勇, 王延波, 李淑华, 扈光辉, 刘成, 黎裕, 王天宇. 中国玉米骨干亲本黄早四杂种优势形成的遗传基础解析, *中国农业科学*, 2020, 53(20):4113-4126.

L Chen, Y Li, C Li, Y Shi, Y Song, D Zhang, H Wang, Y Li, T Wang. The retromer protein ZmVPS29 regulates maize kernel morphology likely through an auxin-dependent process(es). *Plant Biotechnol J*, 2020, 18(4):1004-1014.

J Guo, C Li, X Zhang, Y Li, D Zhang, Y Shi, Y Song, Y Li, D Yang, T Wang. Transcriptome and GWAS analyses reveal candidate gene for seminal root length of maize seedlings under drought stress. *Plant Science*, 2020, 292:110380.

B Tang, Y Li, Z Mu, L Chen, H Guo, Z Chen, C Li, X Liu, D Zhang, Y Shi, Y Li, T Wang. Fine mapping and candidate gene analysis of *qKW7b*, a major QTL for kernel width in maize. *Molecular Breeding*, 2020, 40:67.

Y An, L Chen, Y Li, C Li, Y Shi, D Zhang, Y Li, T Wang. Genome-wide association studies and whole-genome prediction reveal the genetic architecture of KRN in maize. *BMC Plant Biology*, 2020, 20:490.

代表性知识产权

CNH3323, 植物新品种权

CNH4450, 植物新品种权

研究组成员

黎裕 研究员 石云素 研究员
李永祥 副研究员 李春辉 副研究员
宋燕春 高级实验师 张登峰 助理研究员
刘旭洋 助理研究员

博士后

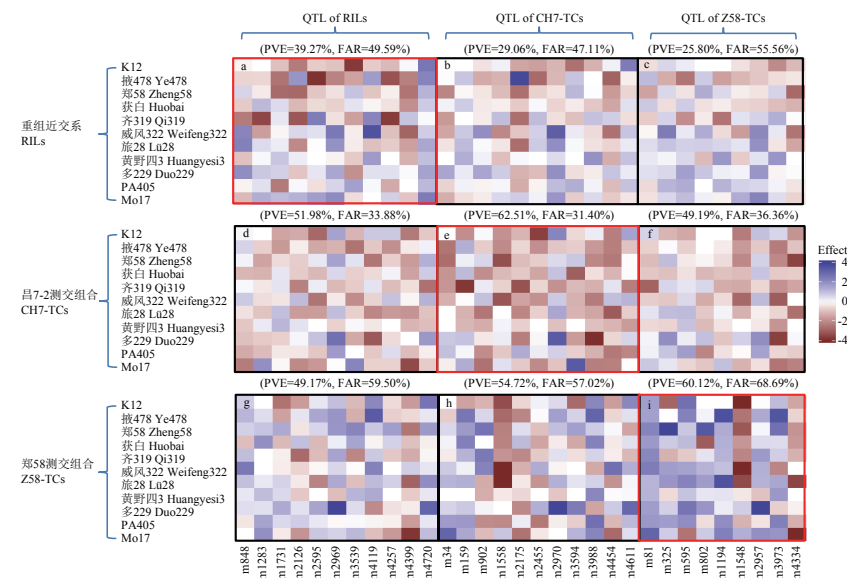
刘旭洋

研究生

汤斌 曾廷儒 郭剑 安怡昕 关红辉
王宇飞 王东梅 贾慧琳 陈小晶 王萌
杨子欣

亮点工作

解析玉米骨干亲本黄早四杂种优势形成的遗传基础, 对指导我国玉米骨干亲本高效利用具有重要研究与利用价值。以玉米骨干亲本黄早四为共同亲本构建的巢式关联分析(NAM)群体为试验材料, 分别与改良瑞德 × 黄改系杂优利用模式的代表自交系郑 58 和昌 7-2 进行测交, 并在全国 10 个试验点开展测交群体的表型鉴定。结果表明, 强优势测交组合(郑 58 测交群体)的产量表现与 NAM 群体自身的产量表现相关性较低, 表明强优势测交组合的产量表现受家系自身的影响较小。两个测交群体定位到的 QTL 中, 分别仅有 27% 和 25% 与 NAM 群体定位结果重叠或相邻。主效应点的复等位分析结果表明, 对于郑 58 测交群体, 在单穗产量 QTL 中, 68.69% 的增产等位变异来自骨干亲本黄早四。利用郑 58 测交群体共鉴定到 13 个重要的产量相关基因组区段, 来自黄早四的等位变异在其中的 11 个区段表现为增产, 这些区段对黄早四杂种优势的形成具有重要作用。



中国 NAM 及其测交群体单穗产量相关 QTL 遗传效应的复等位分析

SOYBEAN GENETIC RESOURCES

大豆基因资源创新研究组

邱丽娟，研究员，博士生导师。1989年获东北农业大学农学博士学位。现任中国作物学会常务理事、大豆专业委员会会长，农业部大豆基因资源研究与利用创新团队牵头人，中国农业科学院大豆优异基因资源发掘与创新利用创新团队首席。获国务院特殊津贴、农业部农业科研杰出人才、中国农科院跨世纪学科带头人和二级杰出人才、农业部有突出贡献的中青年专家、国家机关代表，农业部巾帼建功标兵等荣誉。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：大豆种质资源遗传多样性及与演化机制；基于基因组学的大豆资源挖掘；大豆新种质创制的理论与应用。

Email: qjulijuan@caas.cn 电话: 010-82105840

主页: http://qjulijuan.icscaas.com.cn



亮点工作

大豆生长发育对光照条件尤其敏感，绝大多数品种的适应性窄。从我国大豆种质资源中克隆了控制开花期和成熟期的关键驯化基因 *GmPRR3b*。该基因协同外界光温环境，不仅参与调控开花时间，而且影响主茎节数和单株产量。通过长期持续选择，与早花和高产性状紧密关联的优异单倍型 H6，在野生、栽培大豆的地方品种、选育品种的比例持续提高。本研究揭示了中国地方品种对于环境适应性的遗传基础，发现了 *GmPRR3b* 的优异单倍型，为培育广适高产新品种提供了理论和材料支撑。

土壤盐渍化是影响大豆产量的主要非生物胁迫之一，*GmSALT3* 是前期图位克隆的一个大豆重要耐盐基因，在异源表达系统中研究 *GmSALT3* 的耐盐性，明确该基因调控 Na^+ 、 K^+ 和 Cl^- 的积累，详细阐述了其耐盐调控新机制。近等基因系比较发现，尽管大豆中 Na^+ 和 Cl^- 外排均与 *GmSALT3* 相关，但通过两种不同的机制外排， Na^+ 的外排主要通过限制根木质部 Na^+ 的装载，而 Cl^- 外排则通过韧皮部再循环从地上部运回根中，提出了 *GmSALT3* 具有调控韧皮部 Cl^- 再循环的功能，进而改善植物的耐盐性。

针对我国大豆生产中的草害问题，通过创新大豆遗传转化技术和草甘膦耐受性快速鉴定技术，利用自主知识产权基因培育出对广谱、低残留除草剂草甘膦具有高耐受性的转基因大豆中黄 6106，转基因大豆中黄 6106 与非转基因大豆具有同样的环境和食用安全性，环境风险可控，已获得生产应用安全证书。中黄 6106 的分子特征明确，其应用已申请获得国内和国际发明专利。种植耐草甘膦转基因大豆可节约成本、挽救由于杂草导致的产量损失，减少农药残留。中黄 6106 转育的耐草甘膦转基因大豆优良新品系展示出应用前景，为大豆产业的降本增效和农业绿色发展提供了重要支撑。该成果入选中国农业科学院 2020 年十大科技进展和农业农村部“十三五”农业科技十大标志性成果。



中黄 6106 耐草甘膦除草剂特性及除草效果比较

重要论著

C Li, YH Li, YF Li, HF Lu, HL Hong, Y Tian, HY Li, T Zhao, XW Zhou, J Liu, XN Zhou, SA Jackson, B Liu and LJ Qin. A domestication-associated gene *GmPRR3b* regulates the circadian clock and flowering time in soybean, *Molecular Plant*, 2020, 13:745-759.

Y Qu, RX Guan, J Bose, SW Henderson, S Wege, LJ Qiu, M Gilliam. Soybean CHX-type iontransport protein *GmSALT3* confers leaf Na^+ exclusion via a root derived mechanism, and Cl^- exclusion via a shoot derived process, *Plant Cell Environ*, 2020, 1-14.

SF Lamlo, Y Zhang, BH Su, HT Wu, X Zhang, JD Fu, B Zhang, LJ Qiu. Map-based cloning of a novel QTL qBN-1 influencing branch number in soybean (*Glycine max*), *The Crop Journal*, 2020, 793-801.

ZY Wei, Y Chen, B Zhang, YL Ren, LJ Qiu. *Gmga3* is involved in post-golgi trafficking of storage proteins and cell growth in soybean cotyledons, *Plant Science*, 2020, 1-11.

ZX Liu, HH Li, ZW Gou, YJ Zhang, XR Wang, HL Ren, ZX Wen, BK Kang, YH Li, LL Yu, HW Gao, DC Wang, XS Qi, LJ Qiu. Genome-wide association study of soybean seed germination under drought stress, *Molecular Genetics and Genomics*, 2020, 295:661-673.

代表性知识产权

农基安证字(2020)第196号, 转 g2-epsps 和 gat 基因耐除草剂大豆中黄 6106 在黄淮海夏大豆区生产应用的安全证书

ZL201910553754.2, 一种以 PMI 为筛选基因的大豆遗传转化方法

ZL201710718017.4, 抗大豆胞囊线虫相关 CAPS 标记检测方法及其引物

代表性品种

大豆, 中吉 602, 国审豆 20200024

研究组成员

关荣霞 研究员 李英慧 研究员
郭勇 研究员 阎哲 研究员
刘章雄 副研究员 谷勇哲 助理研究员

博士后

王影 张皓 聂腾坤 张郑伟

研究生

高华伟 李艳妃 孙如建 张永芳 于莉莉
苏伯鸿 田宇 洪慧龙 赵宇杨 郭蒲阳
Ochar Kingsley 李德林 孙彦波 张之昊
姜思琦 王婉 杨静 王好让 赵婷婷
于春霖 陈玲玲 宿洋 葛天丽 徐江源
刘亭萱 杨硕 李战 张家铭 白东
侯宇轩 郭诗雨 祁航 何梓莹 刘志鹏
孙建强 陈晓睿 李世宽 裴春玲 曹杰



WILD RICE CONSERVATION

野生稻保护与利用创新研究组

杨庆文，研究员，博士生导师。中国农业科学院水稻优异种质资源发掘与创新利用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：致力于将现代育种和分子生物学技术应用于国内外野生稻的遗传多样性、保护生物学、新基因发掘、种质创新和水稻起源进化等研究领域。利用远缘杂交构建野生稻与栽培稻染色体置换系，发掘株型、穗型、粒型、品质、抗性等重要农艺性状的关键基因；通过表型和基因型相结合，揭示水稻重要农艺性状的演化规律；创制目标性状明确、综合性状优良的水稻新种质。

Email: yangqingwen@caas.cn 电话: 010-62189165

主页: <http://yangqingwen.icascaas.com.cn>

重要论著

LZ Zhang, JF Huang, YY Wang, et al. Identification and genetic analysis of qCL1.2, a novel allele of the "green revolution" gene SD1 from wild rice (*Oryza rufipogon*) that enhances plant height. *BMC Genetics*, 2020, 21:62.

YX Cui, JR Wang, L Feng, et al. A combination of Long-Day Suppressor Genes Contributes to the Northward Expansion of Rice. *Frontiers in Plant Sciences*, 2020, 11:864.

JR Wang, JX Shi, S Liu, et al. Conservation recommendations for *Oryza rufipogon* Griff. in China based on genetic diversity analysis. *Scientific Reports*, 2020, 10:14375.

乔卫华, 张宏斌, 郑晓明, 等. 我国作物野生近缘植物保护工作近 20 年成就与展望, *植物遗传资源学报*, 2020, 21(6): 1329-1336.

郑晓明, 周海飞, 陈文俐, 等. 东南亚与南亚野生稻种质资源收集与初步研究, *植物遗传资源学报*, 2020, 21(6): 1503-1511.

研究组成员

乔卫华 副研究员 郑晓明 副研究员
张丽芳 科研助理 程云连 科研助理
韩振云 博士后

研究生

李 飞 王艳艳 黄婧芬 杨子怡 宋 玥
邢 梦 格金月 姜单静 聂亚敏 范伟雅

亮点工作

通过对重点选择的全国野生稻种质资源的鉴定评价，鉴定出 10 份耐盐种质。其中 3 份耐盐种质在持续的千分之七盐浓度胁迫下能够成活并抽穗。利用该优异资源构建了一批遗传群体，为野生稻优异种质研究利用提供了基础。利用构建的染色体片段置换系、重组自交系等，定位到一个来自野生稻的 C2H2 转录因子参与了水稻的耐盐性，过表达该基因的转化植株表现为对 ABA 敏感。进一步的研究发现该基因受到 ABA 信号通路中关键基因 ABI4 的调控，栽培稻中，启动子区域的一个自然变异导致 ABI4 的转录激活受阻，耐盐能力下降。研究为栽培稻耐盐种质的创制提供了材料与基因资源。

水稻从热带和亚热带的野生稻中被驯化后，不断扩展种植面积现在已经能在所有的大陆种植。为了研究水稻种植区域扩张的相关适应性基因组基础，我们对 185 份野生稻和 743 份栽培稻进行了基因组重测序分析，这些材料代表 33 个水稻生长区和所有主要水稻亚群。结果表明，在驯化和改良过程中，与水稻适应性相关的受选择基因组区段大于 130 个。通过构建高分辨率的野生稻与栽培稻渐渗图谱，发现来自野生稻群体的基因流促进了栽培稻对新环境的适应，但基因组渐渗的同时导致对有利基因（适应性基因）与不利基因（抗性基因）的区域连锁。结合基因型与环境因子的关联分析确定了 128 个等位基因与日照长度和温度变化的相关性。



野生稻种质资源耐盐鉴定以及创制的耐盐新种质

RICE GERMPLASM RESOURCES

水稻种质资源创新研究组

韩龙植, 研究员, 博士生导师。1999 年获韩国首尔大学作物育种学专业博士学位。研究方向: 水稻种质资源基础性工作; 水稻种质资源精准鉴定与种质创新; 水稻抗逆等重要性状的新基因发掘; 水稻种质资源遗传多样性与演化机制研究。

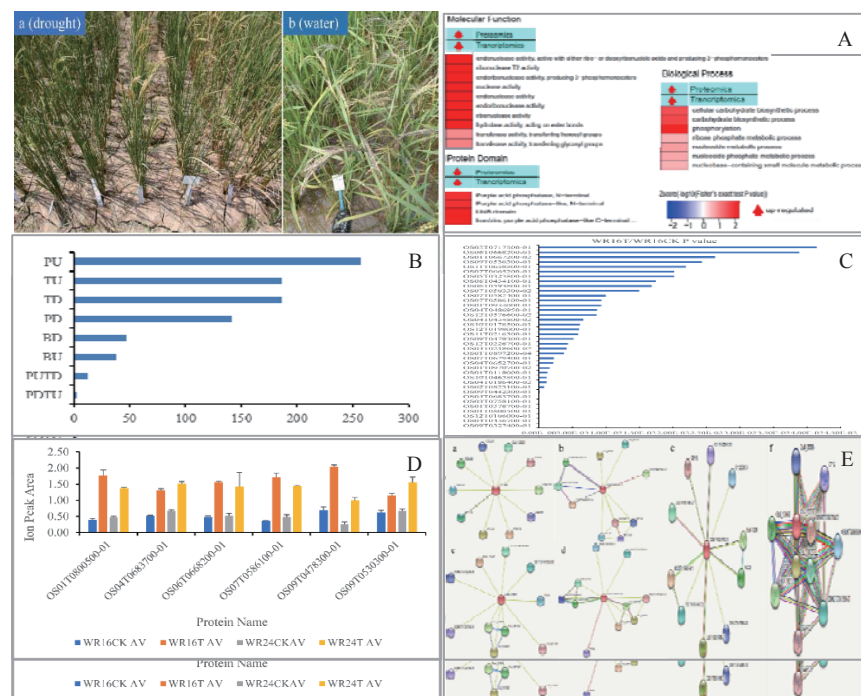
Email: hanlongzhi@caas.cn 电话: 010-62176784

主页: http://hanlongzhi.icscas.com.cn



亮点工作

杂草稻通常分布在水稻田或周边废弃耕地里, 作为杂草型作物与生产田水稻共生长, 具有高度落粒、持久休眠、种皮红色等典型特征, 影响着水稻的正常生长发育和产量, 但它具有生长速度快、抗逆等优异特性。发掘杂草稻抗旱种质、阐明抗旱分子机制对水稻抗旱育种具有重要意义。本研究利用从我国东北三省等收集的 133 份杂草稻为试验材料, 于 2016 ~ 2017 年冬季和 2017 ~ 2018 年冬季在三亚实验基地进行了行断水法自然抗旱鉴定, 调查株高、穗长、叶卷曲度、叶赤枯度、叶绿素含量、氮含量等 10 个性状, 并通过 PCA 分析和隶属函数法建立综合抗旱指数计算公式: $D = \sum_{i=1}^n [\mu(x_i) \times w_i] i=1, 2, 3, \dots, n$ 。根据 D 值, 将抗旱性分为强抗旱 ($D \geq 0.8$)、抗旱 ($0.8 > D \geq 0.5$)、中度抗旱 ($0.5 > D \geq 0.4$)、敏感 ($0.4 > D \geq 0.2$)、极敏感 ($D < 0.2$)。鉴定结果表明, 供试杂草稻 75.18% 的样本综合抗旱指数 D 值大于 0.5, 杂草稻总体表现为较强的抗旱性。其中, WR16、WR157 等 10 份杂草稻表现为强抗旱。以 WR16 为材料, 通过组学联合和 PRM 验证鉴定若干抗旱相关蛋白, 并构建蛋白互作网络。鉴定出 38 个与抗旱性显著相关的蛋白 ($P < 0.05$), 并进行 PRM 验证。根据蛋白互作网络分析, 推测 OS09T0478300-01、OS09T0530300-01 和 OS01T0800500-01 等蛋白可能在抗旱过程中发挥重要作用 (Scientific Reports, 2020)。



杂草稻抗旱相关蛋白鉴定与 PRM 验证

A. 转录组和蛋白组联合分析; B. 获得的蛋白质数; C. 获得的 38 个上调蛋白;

D. 部分鉴定蛋白的 PRM 验证; E. 部分鉴定蛋白的互作网络

重要论著

D Cui, HF Lu, CF Tang, JM Li, XX A, TQ Yu, XD Ma, EL Zhang, YJ Wang, GL Cao, FR Xu, YL Qiao, LY Dai, RQ Li, SL Tian, HJ Koh, LZ Han. Genomic analyses reveal selection footprints in rice landraces grown under on-farm conservation conditions during a short-term period of domestication. *Evolutionary Applications*, 2020, 13:290-302.

B Han, XD Ma, D Cui, YJ Wang, LY Geng, GL Cao, H Zhang, HJ Koh, LZ Han. Analysis of evolutionary relationships provides new clues to the origins of weedy rice. *Ecology and evolution*, 2020, 10:891-900.

B Han, XD Ma, D Cui, YJ Wang, LY Geng, GL Cao, H Zhang, LZ Han. Comprehensive evaluation and analysis of the mechanism of cold tolerance based on the transcriptome of weedy rice seedlings. *Rice*, 2020, 13:12.

B Han, XD Ma, D Cui, LY Geng, GL Cao, H Zhang, LZ Han. Parallel reaction monitoring revealed tolerance to drought proteins in weedy rice (*Oryza sativa* f. spontanea). *Scientific Reports*, 2020, 10:12935.

行业标准

NY/T 3692-2020, 水稻耐盐性鉴定技术规程

代表性知识产权

ZL201810549350.1, 一种水稻全生育期耐盐性鉴定评价方法

ZL201810038621.7, 与水稻耐旱基因 qLR19 相连锁的分子标记及其应用

ZL201710511696.83, 一种调控水稻粒型和叶色的去泛素化酶基因 UBPS 及其应用

研究组成员

马小定 副研究员 崔迪 助理研究员
曹桂兰 实验师

博士后

韩冰 刘进

研究生

耿雷跃 张立娜 刘春晖 唐如玉 雷丽霞
王翠利 沈航 罗兰



SETARIA GENETIC RESOURCES

谷子基因资源创新研究组

刁现民，研究员，博士生导师。1998 年获中国科学院植物研究所植物生理学专业博士学位。现任国家谷子高粱产业技术体系首席科学家，农业农村部小宗粮豆专家指导工作组组长，中国农业科学院特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队首席。

研究方向：谷子近缘野生种资源的搜集和整理；谷子种质资源的遗传变异本底分析及关联分析等功能基因发掘平台构建；基于杂种优势利用的谷子品质和株型育种。

Email: diaoxianmin@caas.cn 电话: 010-62126889

主页: <http://diaoxianmin.icscaas.com.cn>

重要论著

M Zhao, S Tang, H Zhang, M He, J Liu, H Zhi, Y Sui, X Liu, G Jia, Z Zhao, Ji Yan, B Zhang, Y Zhou, J Chu, X Wang, B Zhao, W Tang, J Li, C Wu, X Liu, X Diao. DROOPY LEAF1 controls leaf architecture by orchestrating early brassinosteroid signaling. *PNAS*, 2020, 117(35): 21766-21774.

Z Li, G Jia, X Li, Y Li, H Zhi, S Tang, J Ma, S Zhang, Y Li, Z Shang, X Diao. Identification of blast-resistance loci through genome-wide association analysis in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) Beauv.). *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(0): 2-10.

代表性知识产权

GDP 谷子 (2020) 110098, 中谷 7

ZL201710236254.7, 用于鉴定春夏谷类型的引物对其应用

ZL201710691367.6, 蛋白质 SiNADP-ME3 及其编码基因在调控植物抗性中的应用

研究组成员

智慧 研究员 贾冠清 研究员
汤沙 副研究员 王立伟 助理研究员

博士后

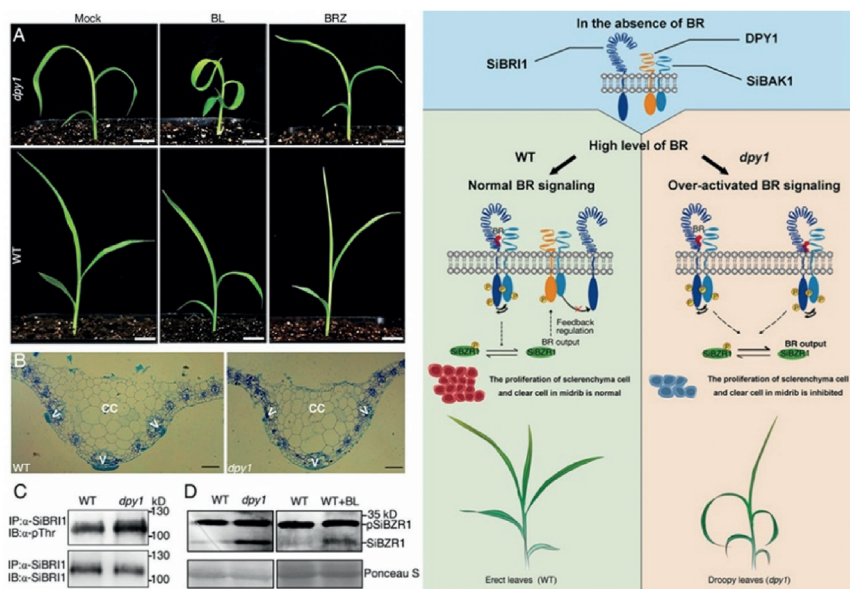
吴红坡 贺强

研究生

王海龙 唐婵娟 王恩博 孟强 张伟
张仁梁 李传宗 田宝 高远瞩 王琦
张卉 张慧 满欣雨 杨宝兰 赵利蓉

亮点工作

叶片是植物光合作用和有机物合成的主要器官，与叶片形态建成相关的株型直接影响作物的种植密度及产量。作物育种过程中追求叶型直立紧凑，从而有利于密植条件下的光能有效利用。利用谷子叶片严重披垂的突变体 *dpy1*，克隆了控制谷子叶片披垂的基因 *DPY1*，该基因编码的 *DPY1* 蛋白激酶可以与油菜素内酯受体通过胞内的激酶结构互作，并竞争性地抑制油菜素内酯受体与受体间的互作水平，从而抑制早期油菜素内酯信号的过度激活。*DPY1* 作为“刹车”基因，通过以上过程促进细胞伸长和分裂，提高叶片的支撑力，从而使叶片趋向直立，且这种机制在玉米、水稻等禾本科作物中是保守和共享的。该研究揭示了禾谷类作物叶片坚实度的遗传学基础及其调控机制，为作物株型改良提供了新的基因资源及研究思路。同时，谷子及其野生种青狗尾草由于基因组小、高效转化、生育期短，且易于实验室培养操作，正在快速发展成为禾本科黍亚科和 C4 光合作用的模式植物。本研究必将促进谷子模式植物体系的发展，也巩固了我国在谷子基础研究中的国际领先地位。



谷子叶片披垂基因 *DPY1* 克隆

A. 突变体 *dpy1* 和野生型对 BR 的响应; B. 突变体叶片横切观察; C. *DPY1* 与 *SiBRI1* 互作;
D. *DPY1* 影响 *SiBZR1* 的磷酸化; E. *DPY1* 作为“刹车”基因的工作模型

BUCKWHEAT GENETIC RESOURCES

荞麦基因资源创新研究组

周美亮, 研究员, 博士生导师。2014 年获荷兰莱顿大学理学博士学位。现任国际荞麦协会常务理事、中国作物学会常务理事。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向: 荞麦种质资源搜集、鉴定与利用; 荞麦关键农艺性状和品质性状的遗传机制解析。

Email: zhoumeiliang@caas.cn 电话: 010-82106368

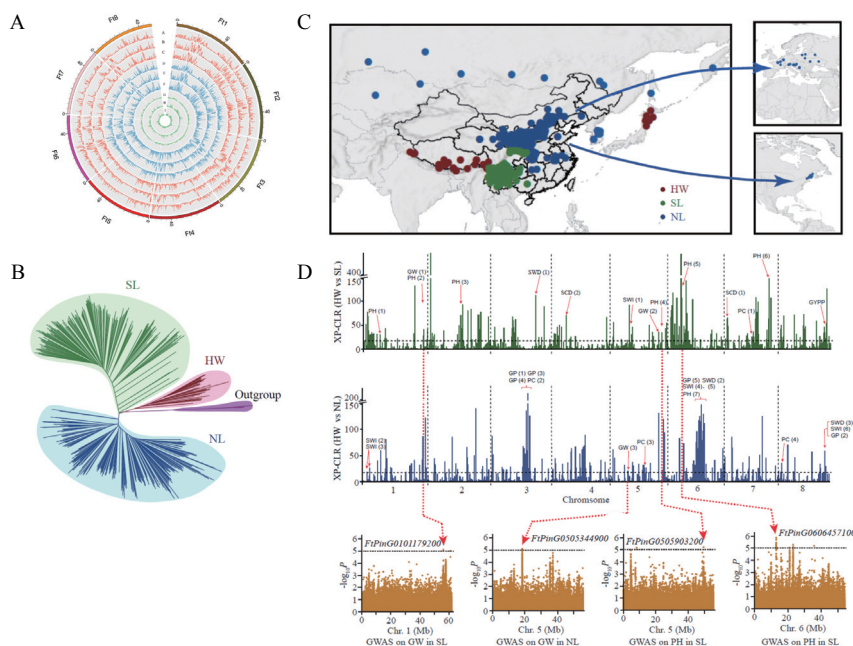
主页: <http://zhoumeiliang.icscaas.com.cn>



亮点工作

揭示了苦荞起源传播之谜。构建了涵盖野生种、农家种不同层次的来自 14 个国家的 510 份核心种质资源, 进行了多年多点的农艺性状和品质性状的鉴定评价, 通过 10 倍全基因组重测序, 挖掘到超过 109 万个单核苷酸多态性 (SNP), 绘制了苦荞基因组变异图谱 (图 A)。通过进化分析、主成分分析、群体结构分析及遗传分化系数分析, 将 510 个种质分为三个群体, 即一个野生群体 HW, 两个栽培群体 NL 和 SL (图 B)。并从分子水平验证了苦荞起源于喜马拉雅地区, 然后传播到中国的南方和北方, 形成中国南北栽培苦荞的两个独立分支, 由中国北方传播到韩国、中亚、俄罗斯、欧洲以及北美地区 (图 C)。

鉴定了苦荞关键驯化位点。为了挖掘苦荞驯化过程中的受选择区间, 通过分别计算野生群体与两个栽培群体间的 XP-CLR 和 DCMS 并结合重要农艺性状的 GWAS 分析, 在两个栽培群体中分别鉴定到与株高、千粒重、果皮颜色、黄酮类物质含量等农艺和品质性状相关的独立驯化区间及重要遗传位点 (图 D)。并且通过计算栽培群体间的遗传分化系数, 同时结合野生群体和栽培群体间的核苷酸多样性比较, 在两个栽培群体中分别挖掘到各自的特有驯化区间。除此之外, 利用 GWAS 分析对挖掘到的产量和芦丁生物合成相关的关键基因进行了功能解析。证明了我国是世界荞麦属多样性中心、栽培起源中心和驯化改良中心, 为研究苦荞驯化和性状改良奠定了重要的理论基础。



构建苦荞基因组变异图谱, 揭示苦荞的起源和传播驯化路径

A. 种质资源基因变异; B. 系统进化和群体结构分析; C. 起源和传播驯化路径; D. 驯化区间和重要农艺性状位点

重要论著

Cheng C, Fan Y, Tang Y, Zhang K, Joshi DC, Jha R, Janovská D, Meglič V, Yan M, Zhou M. *Fagopyrum esculentum* ssp. *ancestrale*-A Hybrid Species Between Diploid *F. cymosum* and *F. esculentum*. *Frontiers in Plant Science*. 2020, 16;11:1073.

范昱, 丁梦琦, 张凯旋, 唐宇, 方洸, 杨克理, 张宗文, 程剑平, 周美亮. 中国野生荞麦种质资源概况与利用进展 [J]. *植物遗传资源学报*. 2020, 21(6): 1395-1406.

研究组成员

张凯旋 副研究员

博士后

何 铭 何毓琦

研究生

赵 辉 陈 诚 李世娟 范 昱 何佳悦
卢 翔 左 倩 杨 迪 郝彦蓉 翁文凤
李金龙 刘 福 何 风 康 珍 赵梦雨
赖地利 Rintu Jha Nurul Huda



SETARIA GENETIC RESOURCES

食用豆类种质资源创新研究组

宗绪晓，研究员，博士生导师。2008 年获中国农业大学作物遗传育种专业农学博士。现任农业农村部小宗粮豆专家指导组副组长。

研究方向：围绕食用豆类粮、菜、饲、食疗兼用、固氮改良土壤和环境友好等显著特性，开展种质资源收集、鉴定评价、遗传改良与创新利用研究。研发豌豆、蚕豆、普通菜豆、绿豆等基因组学、基因编辑、表型组学鉴定等先进平台。采用常规育种与分子育种相结合的手段，创制新种质，培育高产、优质、多抗、广适性的菜用和干籽粒用食用豆新品种，挖掘食用豆类重要农艺性状的关键基因并深入研究其基因功能，解析食用豆类重要农艺性状形成的分子基础。

Email: zongxuxiao@caas.cn 电话: 010-62186651

主页: <http://zongxuxiao.icscaas.com.cn>

重要论著

Wu J, Wang L, Fu J, et al. Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north-south cline. *Nature Genetics*. 2020;52:118-125.

Wang D, Yang T, Liu R, et al. RNA-Seq analysis and development of SSR and KASP markers in lentil (*Lens culinaris* Medikus subsp. *culinaris*). *The Crop Journal*. 2020(8):953-965.

Lei L, Wang L, Wang S and Wu J. Marker-trait association analysis of seed traits in accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in China. *Frontiers in Genetics*. 2020, 11:698.

Wang J, Li J, Liu Z, et al. Construction of a high-density genetic map and its application for QTL mapping of leaflet shapes in Mung bean (*Vigna radiata* L.). *Frontier in Genetics*. 2020, 11:1032.

Wang L, Wang J, Luo G, et al. Construction of a high-density adzuki bean genetic map and evaluation of its utility based on a QTL analysis of seed size. *The Journal of Integrative Agriculture*. 2020, 19(0): 2-10.

Ji Y, Liu R, Hu J, et al. Genetic diversity analysis for narrow-leaved lupin (*Lupinus angustifolius* L.) by SSR markers. *Molecular Biology Reports*. 2020, 47: 5215-5224.

代表性知识产权

GPD 豌豆 (2020)11044, 中秦 1 号

NY/T3755-2020, 豌豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法

NY/T3756-2020, 蚕豆品种真实性鉴定 SSR 分子标记法

ZL201611062135.6, 一种蚕豆 SSR 指纹图谱的构建方法

ZL201611266919.0, 豌豆耐旱相关 SSR 引物组合及其应用

ZL201611247537.3, 一种豌豆 SSR 指纹图谱的构建方法

ZL201710831156.8, 用于鉴定豌豆品种和纯度的核心 SSR 引物及试剂盒

ZL201710191317.1, 来源于绿豆的抗旱相关蛋白 VrNAC1 及其编码基因和应用

研究组成员

王述民 研究员 程须珍 研究员
武 晶 研究员 王兰芬 研究员
杨 涛 副研究员 王丽侠 副研究员
陈红霖 副研究员 王素华 高级实验师
刘 荣 助理研究员 常玉洁 助理研究员

研究生

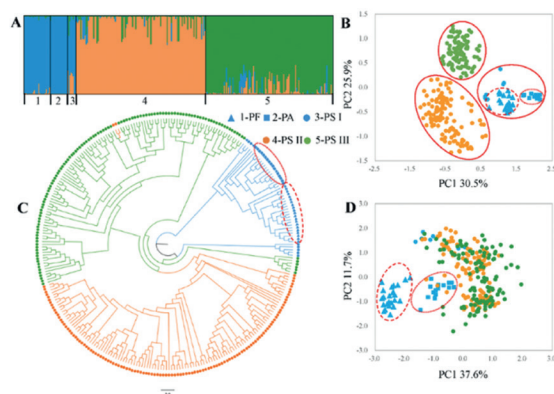
王 栋 李晓明 李 冠 吴 磊 季一山
杨鹏辉 李 园 王晨瑜 李孟伟 严 昕
王梦菲 程 媛 张金涛 公 丹 李建领
Md.M.Rahman H.Md.Monoar

亮点工作

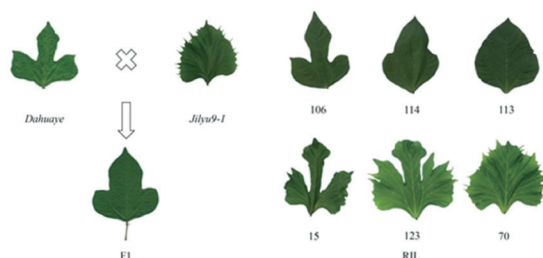
栽培和野生豌豆的群体遗传结构和物种划分。豌豆属 (*Pisum*) 系统分类长期存在争议。利用 34 个形态性状和 87 个 SSR 标记，对其下 323 份栽培和野生种质进行综合群体遗传学分析，确定了 3 个主要遗传分组，组 I 包含野生豌豆和埃塞俄比亚豌豆，组 II 和组 III 包含不同地理分布的栽培豌豆；*P.fulvum* 和 *P.abbyssinicum* 具有独特遗传背景和形态特征，支持 *P.fulvum*、*P.abbyssinicum* 和 *P.sativum* 三物种的豌豆属分类观点，不支持栽培豌豆 *P.sativum* 的种下细分；确认中国豌豆种质有别于国外，遗传上分为两组。

普通菜豆抗旱性评价及全基因组关联分析。普通菜豆核心种质芽期、苗期抗旱评价综合分析筛选鉴定到抗性资源，结合核心种质全基因组重测序和 GWAS 获得根系性状遗传位点 209 个，候选基因包括 NAC、MYB、AREB、DREB、蛋白激酶等；苗期反复干旱检测确定 11 号染色体端部位点表现稳定，包含 7 个显著下调和 1 个显著上调基因。

绿豆高密度遗传图谱构建及重要性状的 QTL 分析。绿豆 RIL 群体测序构建 21508 个 SNP 的遗传连锁图谱，检测到分布在 35 个区间的 47 个与变异叶形、株高、百粒重等相关 QTL。其中皱缩叶定位在 LG10 上，该区间有已注释基因 35 个，其中编码 TCP2 的 16777103 位置上发生单点突变 (G → A)，由编码色氨酸转为终止子，导致叶缘皱缩。



栽培和野生豌豆的群体遗传结构和物种划分



绿豆高密度遗传图谱构建及重要性状的 QTL 分析

RICE FUNCTIONAL GENOMICS

水稻功能基因组学创新研究组

万建民，教授，博士生导师。1995 年获日本京都大学遗传学专业农学博士。2015 年 12 月当选中国工程院院士。现任中国农业科学院副院长。历任南京农业大学农学院院长、中国农业科学院作物科学研究所所长。中国农业科学院农科英才顶端人才入选者。

研究方向：围绕籼粳杂交种育性低、株高偏高、超亲晚熟以及品质差等问题，克隆控制水稻育性、株型、抽穗期、品质和抗性等重要农艺性状的关键基因，并深入研究基因功能，解析水稻重要农艺性状形成的分子基础。采用分子育种与常规育种相结合的手段，创制新种质，培育高产、优质、多抗和广适性的水稻新品种。

Email: wanjianmin@caas.cn 电话: 010-82105837

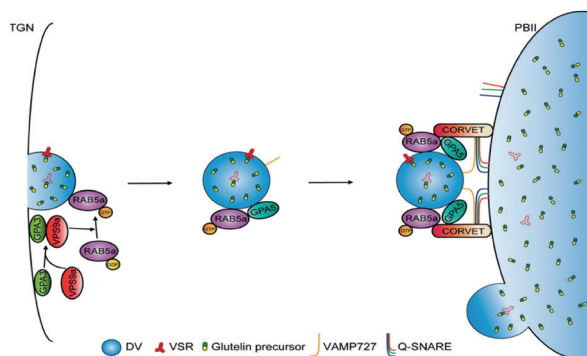
主页: <http://wanjianmin.icscaas.com.cn>



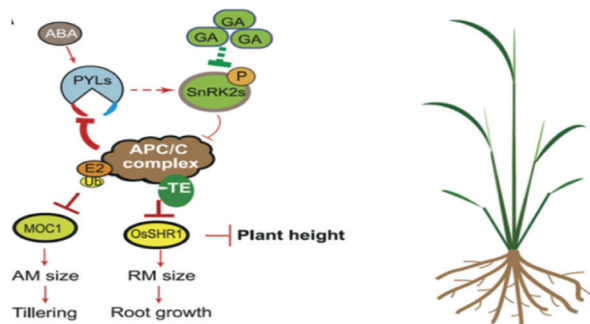
亮点工作

谷蛋白是稻米中含量最高的蛋白组分，约占总蛋白含量的 60% 以上。因此，谷蛋白是稻米蛋白品质改良的首选目标。但目前谷蛋白合成、转运和沉积的分子机制还知之甚少。我们以一个谷蛋白前体增加突变体 *gpa5* 为材料，通过图位克隆策略鉴定了一个植物特有的含有 Phox 结构域的蛋白质。细胞、生化和遗传学实验证实 GPA5 是小 G 蛋白 Rab5a 的下游效应因子，它可以通过招募下游栓系复合体和融合复合体介导致密囊泡和蛋白体 II 的融合。该研究在分子层面系统揭示了谷蛋白后高尔基体运输的分子机制，拓展了人们对植物特有囊泡转运系统的认知，也为水稻蛋白品质改良提供了基因资源和理论依据 (*The Plant Cell*, 2020)。

水稻株型是与产量密切相关的重要农艺性状，受到极其复杂的分子网络调控，迄今仍有诸多未解之谜。我们团队前期证实 E3 泛素连接酶复合体的一个激活子 TE 可以抑制水稻分蘖，同时 TE 还可以通过调控脱落酸受体降解来介导赤霉素对脱落酸信号途径的拮抗。但赤霉素和脱落酸如何拮抗水稻根发育和分蘖的分子机制仍不清楚。该研究进一步证实通过 SnRK2-APC/CTE 调控模块，赤霉素和脱落酸拮抗调控 APC/CTE 复合体的 E3 泛素连接酶活性，进而系统调控水稻根生长和株型。该研究对水稻株型改良具有重要指导意义 (*The Plant Cell*, 2020)。



GPA5 调控谷蛋白转运的分子调控模型



赤霉素和脱落酸拮抗调控水稻根系和分蘖的分子模型

重要论著

YL Ren, YH Wang, T Pan, YL Wang, YF Wang, L Gan, ZY Wei, F Wang, MM Wu, RN Jing, JC Wang, GX Wan, XH Bao, BL Zhang, PC Zhang, Y Zhang, Y Ji, CL Lei, X Zhang, ZJ Cheng, QB Lin, SS Zhu, ZC Zhao, J Wang, CY Wu, LJ Qiu, HY Wang, JM Wan. GPA5 encodes a Rab5a effector required for post-Golgi trafficking of rice storage proteins. *The Plant Cell*, 2020, 32: 758-777.

J He, YQ Liu, DY Yuan, MJ Duan, YL Liu, ZJ Shen, CY Yang, ZY Qiu, DM Liu, PZ Wen, J Huang, DJ Fan, SZ Xiao, YY Xin, XN Chen, L Jiang, HY Wang, LP Yuan, JM Wan. An R2R3 MYB transcription factor confers brown planthopper resistance by regulating the phenylalanine ammonia-lyase pathway in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2020, 117: 271-277.

QB Lin, Z Zhang, FQ Wu, M Feng, Yao Sun, WW Chen, ZJ Cheng, X Zhang, YL Ren, CL Lei, SS Zhu, J Wang, ZC Zhao, XP Guo, HY Wang, JM Wan. The APC/CTE E3 ubiquitin ligase complex mediates the antagonistic regulation of root growth and tillering by ABA and GA. *The Plant Cell*, 2020, 32:1973-1987.

代表性品种

水稻，京粳 4 号，国审

水稻，京粳 5 号，国审

代表性知识产权

ZL201810422247.0, 一种植物谷蛋白分选相关蛋白 OsGPA5 及其编码基因与应用

研究组成员

程治军 研究员	雷财林 研究员
张欣 研究员	王洁 研究员
任玉龙 研究员	赵志超 副研究员
朱彬彬 副研究员	林启冰 副研究员
郭秀平 高级实验师	

博士后和研究生

刘金灵	汪欲鹏	王家昌	蔡茂红	潘天
董坤	刘鑫	齐烟舟	王建	颜梦圆
张冰蕾	张瑾晖	岂长燕	冯淼	金鑫
包秀浩	张鹏程	王永飞	张玉	杨文琨



RICE PLANT ARCHITECTURE

水稻株型基因解析创新研究组

李学勇，研究员，博士生导师。2003 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所遗传学专业理学博士。2003 年至 2008 年在美国耶鲁大学分子细胞与发育生物学系开展博士后研究。

研究方向：水稻株型发育的分子遗传机理；研究与产量相关的农艺性状包括分蘖、穗型、叶型等；筛选优质农艺性状水稻种质资源或突变体，并研究该基因的作用机理，评价其育种利用价值。

Email: lixueyong@caas.cn 电话: 010-82107409

主页: <http://lixueyong.icscaas.com.cn>

重要论著

SA Zafar, SB Patil, M Uzair, JJ Fang, JF Zhao, TT Guo, SJ Yuan, M Uzair, Q Luo, JX Shi, L Schreiber, XY Li. *DEGENERATED PANICLE AND PARTIAL STERILITY 1 (DPS1)* encodes a CBS domain containing protein required for anther cuticle and panicle development in rice. *New Phytologist*, 2020, 225(1):356-375.

SA Zafar, SS Zaidi, SL Singla-Pareek, OP Dhankher, XY Li, S Mansoor, A Pareek. Engineering abiotic stress tolerance via CRISPR-Cas mediated genome editing. *Journal of Experimental Botany*, 2020, 71(2):470-479.

Y Chun, JJ Fang, SA Zafar, JY Shang, JF Zhao, SJ Yuan and XY Li. MINI SEED 2 (MIS2) encodes a receptor-like kinase that controls grain size and shape in rice. *Rice*, 2020, 13(1):7.

代表性知识产权

ZL201710817093.0, 水稻 HTD5 基因、其编码蛋白及应用

ZL201811325247.5, 水稻卷叶基因 URL1 及其应用

ZL 202010302486.X, 一种水稻 MIT2 基因及其编码蛋白与应用

研究组成员

赵金凤 副研究员 房静静 助理研究员
彭理想 科研助理 安素涛 科研助理

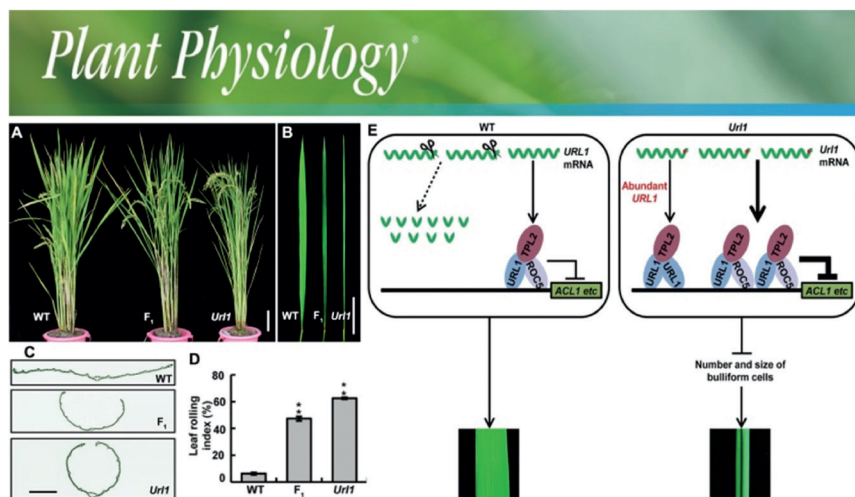
研究生

淳 雁 任蒙蒙 任凡凡 刘 婷 莫天宇
王天浩 Ashmit Kumar Humphrey Mkumbwa

亮点工作

叶片作为水稻光合作用的主要场所，其形态改良是水稻株型育种的重要目标之一。叶片适度卷曲有利于塑造紧凑株型、改善群体结构、提高光合效率和产量。目前虽已在水稻中克隆获得多个控制叶片卷曲的基因，但是各个基因在遗传和生化水平的关系仍然未知，有待于克隆更多基因，构建和完善水稻叶片卷曲分子调控网络。另外，已克隆的多数卷叶基因突变后伴随矮化、育性降低等不利产量性状，因此没能在育种中得以有效利用。

利用 EMS 诱变粳稻品种日本晴，获得了一份半显性内卷叶突变体 *Url1* (*Upward rolled leaf1*)，其叶片上表皮泡状细胞数目和面积减少，导致叶片内卷，因而该突变体株型直立，但株高、穗型、育性及籽粒大小均未受到不利影响，适宜在高密度条件下种植。利用图位克隆的方法分离获得了 *URL1* 基因，该基因编码 HD-ZIP IV 家族转录因子 ROC8。在 *Url1* 突变体中，该基因 3' -UTR 区 特异且保守的 CNS2 motif 发生了一个单碱基替换 (C-T)，增强了其 mRNA 的稳定性，使得 *URL1* 基因在突变体中的表达量显著高于野生型。进一步生化分析表明，*URL1* 可与另一 HD-ZIP IV 家族成员 ROC5 及转录抑制辅助因子 TPL2 形成转录抑制复合物，直接结合到泡状细胞发育正调控因子 *ACL1* 基因启动子上并抑制其表达。在 *Url1* 突变体中，采用基因编辑技术分别敲除 TPL2 或 ROC5 基因或超表达 *ACL1* 基因均可部分抑制其卷叶表型。这些结果表明 *URL1* 在水稻叶形调控中具有重要作用，并且其 3' -UTR 区 特异且保守的 CNS motif 对 HD-ZIP IV 家族成员 mRNA 稳定性具有潜在的精细调控作用。该项研究有助于构建和完善水稻叶片卷曲分子调控网络，对水稻株型育种具有重要的理论和指导意义。



A-D 水稻半显性内卷叶突变体 *Url1* 的表型；E *URL1*-*ROC5*-*TPL2* 转录抑制复合体工作模式图

WHEAT GENE RESOURCES

小麦基因资源挖掘与利用创新研究组

张学勇，研究员，博士生导师。1992 年获中国农科院研究生院农学博士。现任农业农村部作物基因资源与种质创新学科首席科学家，国家十三五育种专项“主要农作物优异种质资源形成与演化规律研究”项目首席，中国农业科学院小麦基因资源发掘与利用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。研究方向：控制小麦重要性状的关键基因、染色体区段在进化和品种演变过程中的流动；小麦的结构和功能基因组学；小麦产量形成、株型发育、抗旱抗病等新基因的发掘和种质资源创新。

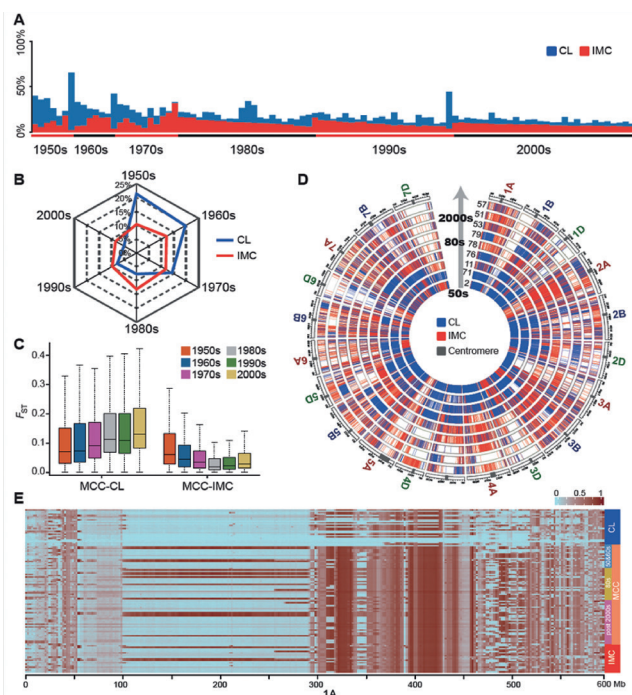
Email: zhangxueyong@caas.cn 电话: 010-82106695

主页: <http://zhangxueyong.icscaas.com.cn>



亮点工作

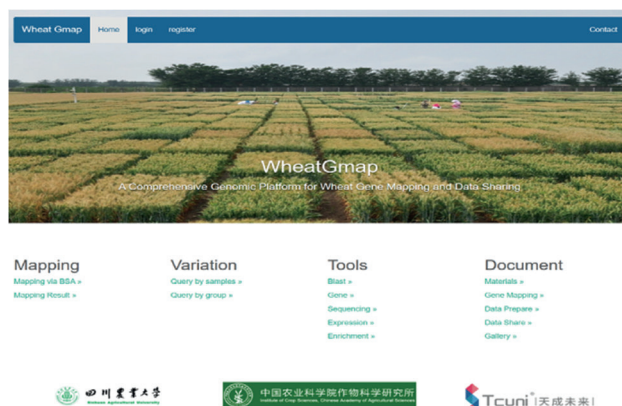
解析了过去 70 年中国小麦代表性品种基因组演变规律。中国小麦育种受外来种质影响很大，其作用在上世纪 80 年代育成品种中达到顶峰。外来种质贡献了一些我国地方品种中缺乏的基因组区段单倍型。



不同时期代表性品种基因组组成及演变

(CL: 地方品种; IMC: 引进品种; MCC: 现代品种)

构建了小麦基因定位与基因组研究平台。提供了一个有效的数据利用、分析和共享平台。



WheatGmap 在线分析平台主要功能及界面

重要论著

Hao CY, Jiao CZ, Hou J, Li T, Liu HX, Wang YQ, Zheng J, Zhang XY, et al. Resequencing of 145 Landmark Cultivars Reveals Asymmetric Sub-genome Selection and Strong Founder Genotype Effects on Wheat Breeding in China. *Molecular Plant*. 2020, (13):1733-1751.

Liu YC, Hou J, Zhang XY. The NAC transcription factor NAC019-A1 is a negative regulator of starch synthesis in wheat developing endosperm. *Journal of Experimental Botany*, 2020, 71: 5794-5807.

Wang JY, Wang RT, Jing RL. RING finger ubiquitin E3 ligase gene *TaSDIR1-4A* contributes to determination of grain size in common wheat. *Journal of Experimental Botany*. 2020, 71(18): 5377-5388.

研究组成员

景蕊莲 研究员	孔秀英 研究员
赵光耀 研究员	高丽锋 副研究员
郝晨阳 副研究员	毛新国 副研究员
刘红霞 副研究员	李甜 副研究员
张立超 副研究员	夏川 副研究员
王景一 助理研究员	侯健 助理研究员
李超男 助理研究员	李龙 助理研究员
贾继增 研究员	昌小平 副研究员
董姗姗 顾艳春 柳玉平 赵小雷 章晓曦	
刘玉红 石瑞凤 史红丽 张洁 李嘉璐	
荣洁 刘琳珊	

博士后

简超 刘盼

研究生

李府	张雪莹	李玲	董纯豪	张有富
李天豹	毕晨曦	解振诚	刘云川	赵静
张艳菲	孔垂正	李慧芳	武丽芬	张蕾
李丹萍	白彦明	苗凌峰	张浩	于春美
张佳玲	刘艳娜	严冬	陈欣	李玉莹
庄梦佳	王小璐	李畅	魏玮	Uzm



WHEAT PLANT ARCHITECTURE DISSECTION

小麦株型基因解析创新研究组

孙加强, 研究员, 博士生导师。2005 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所理学博士。2005-2013 年在中国科学院遗传与发育生物学研究所工作, 2008、2010-2012 年期间于德国 Freiburg 大学做访问学者和德国洪堡学者, 中国农业科学院院级青年英才计划入选者。担任第五届全国农业转基因生物安全委员会委员。研究方向: 小麦重要农艺性状的遗传解析与种质创新。

Email: sunjiaqiang@caas.cn 电话: 010-82107842

主页: <http://sunjiaqiang.icscaas.com.cn>

重要论著

Yang Zongju, Yan Baiqiang, Dong Huixue, He Guanhua, Zhou Yun, Sun Jiaqiang. (2020). BIC 1 acts as a transcriptional coactivator to promote brassinosteroid signaling and plant growth. *The EMBO Journal*, 40. 10.15252/embj.2020104615.

Kong, W., Wang, L., Cao, P., Li, X., Ji, J., Dong, P., Yan, X., Wang, C., Wang, H., Sun, J. (2020). Identification and genetic analysis of EMS-mutagenized wheat mutants conferring lesion-mimic premature aging. *BMC genetics*, 21(1): 88.

He, G., Liu, P., Zhao, H., Sun, J. (2020). The HD-ZIP II transcription factors regulate plant architecture through the auxin pathway. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(9):3250.

研究组成员

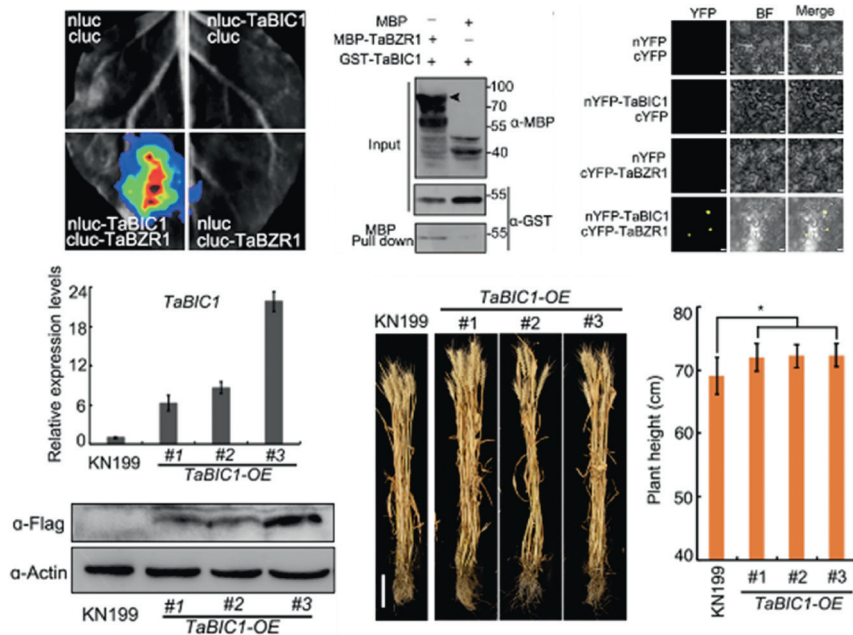
张福玮 助理研究员

研究生

何冠华 杨瑞珍 闫百蕾 董慧雪 荆叶醒

亮点工作

油菜素内酯 (BRs) 是一类重要的植物类固醇激素, 参与植物生长发育的多个过程。当受体激酶聚合体 BRI1-BAK1 与 BRs 结合后, 磷酸化细胞膜定位的细胞质激酶 BSK1 和 CDG1, 而后细胞质激酶磷酸化 BSU1, 导致 BIN2 的激酶活性降低, 最终将信号传递给转录因子 BZR1 和 BZR2 (BES1), 进而调控下游 BR 响应基因的表达。已有报道表明多个蛋白与 BZR1 互作, 并作为 BZR1 的抑制子起作用, 但是对 BZR1 共激活子的研究存在空白。本文通过荧光素酶互补技术筛选到了 BZR1 的互作蛋白 BIC1, 并深入解析了 BZR1 与共激活子 BIC1 调控下游基因转录的机制; 分子生物学和遗传学数据证明 BIC1 与 BZR1 互作调控小麦株高。2020 年 10 月 14 日, 相关研究结果已发表在国际著名学术期刊 *The EMBO Journal* 上, 中国农业科学院作物科学研究所博士杨宗举为该文的第一作者, 孙加强研究员为该文章的通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划, 转基因重大专项和国家自然科学基金的资助。



油菜素内酯调控植物株型的分子机理

WHEAT EPIGENOMICS AND GENETIC IMPROVEMENT

小麦表观基因组学与遗传改良创新研究组

路则府，所聘研究员，博士生导师，2015 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2015 年-2019 年在佐治亚大学从事博士后研究工作。入选中国农业科学院作物科学研究所青年英才 A 类。

研究方向：小麦表观基因组学参与基因表达调控机制解析及作物分子设计利用。

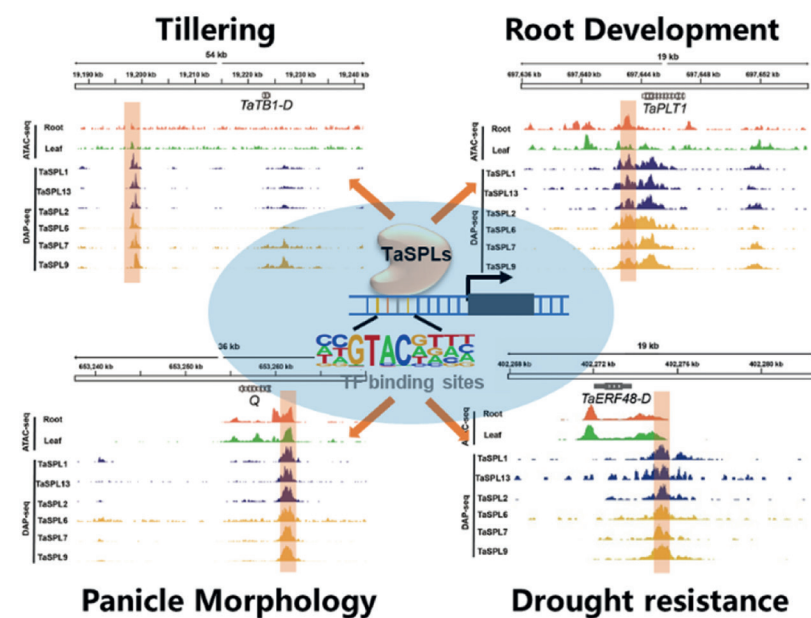
Email: luzefu@caas.cn 电话: 010-82105847

主页: <http://luzefu.icscaas.com.cn>



亮点工作

小麦 (*Triticum aestivum* L.) 是由三个不同来源的亚基因组组成的异源六倍体 (AABBDD)，其基因组庞大复杂，基因间非编码区占据 97% 以上。非编码区包含基因表达调控的关键元件 (Cis-Regulatory Elements; CREs)，如启动子、增强子及抑制子等。如何在庞大的非编码区中寻找重要调控序列是小麦基因组学研究的重要课题。本研究组从事小麦表观基因组学和遗传改良研究；鉴定小麦重要转录因子的调控网络；研究小麦调控序列与重要农艺学性状之间的调控机制；发掘新的抗倒伏基因位点；建立小麦表观基因组学的信息平台。我们通过使用多种表观基因组学手段，包括 ATAC-seq、关键组蛋白 ChIP-seq、HiC/HiChIP 以及 DAP-seq 和 RNA-seq 等鉴定了小麦多种组织的调控序列，寻找其目标基因并结合遗传学手段对其功能进行深入解析。研究发现小麦 SPL 转录因子家族可能通过结合不同的靶标基因参与调控小麦的分蘖、开花、穗部形态和根发育等生长发育过程。



ATAC-seq 与 DAP-seq 结合鉴定小麦 SPLs 的下游重要目标基因

研究组成员

任雪妮 科研助理

博士后

裴洪翠

研究生

李晓松 张佳琳



WHEAT MOLECULAR GENETICS

小麦抗逆分子育种创新研究组

马有志，博士，研究员，博士生导师。现任作物基因与分子设计中心主任，农业农村部麦类生物学与遗传育种重点实验室主任。中国农科院作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队首席。中国作物学会常务理事、作物学报常务编委。全国农业科研杰出人才，中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：高通量筛选、克隆抗逆、抗病基因及功能解析；解析小麦抗逆等重要农艺性状形成的分子基础；创制新种质，培育抗逆小麦新品种。

Email: mayouzhi@caas.cn 电话: 010-82109718

主页: <http://mayouzhi.icscaas.com.cn>

重要论著

Zhou Y, Chen M, Guo J, Wang Y, Min D, Jiang Q, Ji H, Huang C, Wei W, Xu H, Chen X, Li L, Xu Z, Cheng X, Wang C, Wang C, Ma Y. Overexpression of soybean DREB1 enhances drought stress tolerance of transgenic wheat in the field. *Journal of Experimental Botany*. 2020, 71:1842-1857.

The wheat LLM-domain-containing transcription factor TaGATA1 positively modulates host immune response to *Rhizoctonia cerealis*. *Journal of Experimental Botany*. 2020, 71: 344-355.

Ma XJ, Fu JD, Tang YM, Yu TF, Yin ZG, Chen J, Zhou YB, Chen M, Xu ZS, Ma YZ. Soybean GmNFYA13 improved salt and drought tolerance in transgenic Arabidopsis and soybean. *Front Plant Sci*, 2020, 11: 587244.

Ma XJ, Yu TF, Li XH, Cao XY, Ma J, Chen J, Zhou YB, Chen M, Ma YZ, Zhang JH, Xu ZS. Overexpression of GmNFYA5 confers drought tolerance to transgenic Arabidopsis and soybean plants. *BMC Plant Biol*. 2020, 20: 123.

代表性知识产权

ZL201610187135.2, EdHP1 蛋白在提高植物对重金属铅的抗性中的应用

ZL201710012846.0, 抗逆相关蛋白 SiMYB148 在调控植物抗逆性中的应用

ZL201710270264.2, 抗病转 TaOMT-A 基因小麦的培育方法及相关生物材料与应用

ZL201811036722.7, 兼抗纹枯病和根腐病的转基因小麦的培育方法及其相关生物材料

研究组成员

张增艳 研究员 陈明 研究员
徐兆师 研究员 林志珊 副研究员
魏学宁 副研究员 陈隽 副研究员
祝秀亮 副研究员 周永斌 助理研究员
王春霄 研究助理

博士后

于太飞 唐文思 郑雷 郑甲成

研究生

刘英 赵娟莹 茹京娜 鹿志伟 徐幸
陈凯 罗明昭 何章 陈露 赵梦洁

亮点工作

小麦是我国主要粮食作物之一，然而小麦主产区主要分布在干旱、半干旱和盐碱地区，干旱和盐碱造成了小麦严重减产。我们将来自大豆的一个 DREB 类转录因子 *GmDREB1* 转入国审品种济麦 19，通过连续多年多点的田间试验证明，转基因小麦在干旱 / 节水条件下比受体对照最高增产 17-18%，水分利用效率明显提高，抗旱节水效果明显（图 1）；另外，从小麦中获得一个耐盐相关的重要基因 TaCSN。该基因通过 26S 蛋白酶体途径，促进了 TaPP2C74 的降解，从而影响了转基因植株的耐盐性（图 2）。这为解析初步小麦耐盐性机理和调控途径奠定了基础，对小麦耐盐分子育种改良也具有重要意义。

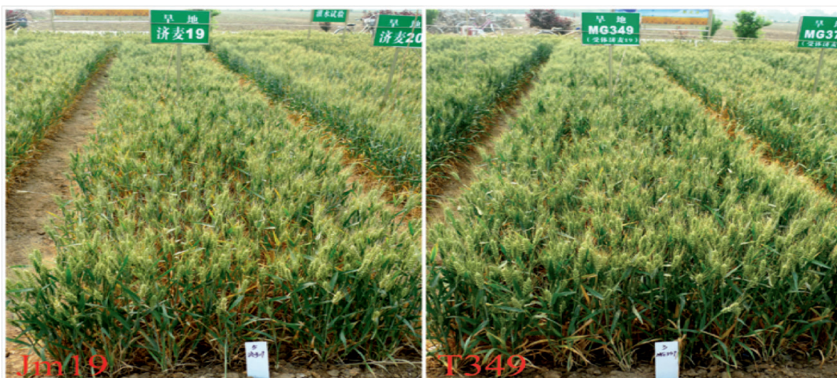


图1虚

图 1 过表达 *GmDREB1* 提高了转基因小麦的抗旱性

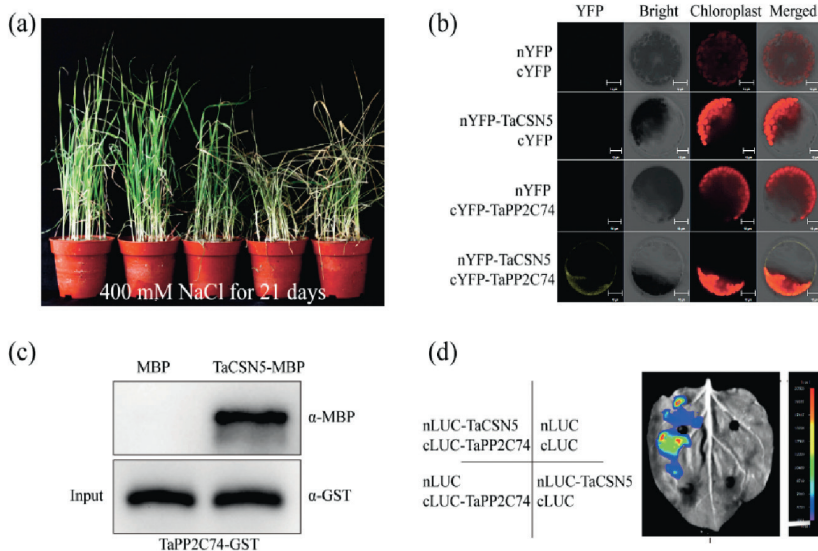


图 2 小麦 TaCSN 介导了植物耐盐性

a. 耐盐表型；b-d.TaCSN 与 TaPP2C74 的互作与降解

MAIZE MOLECULAR GENETICS

玉米分子遗传改良创新研究组

王国英，教授，博士生导师。1991 年获西北农业大学农学博士学位，1989 年至 1991 年在英国诺丁汉大学学习，1999 和 2004 年分别在美国 Iowa 州立大学、Kentucky 大学做访问学者，1991 年至 2006 年在中国农业大学生物学院工作。现任中国农业科学院作物基因组选择育种创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：抗虫、抗除草剂转基因玉米；玉米产量、抗逆等重要农艺性状的基因克隆和功能鉴定；玉米基因组选择育种技术等。

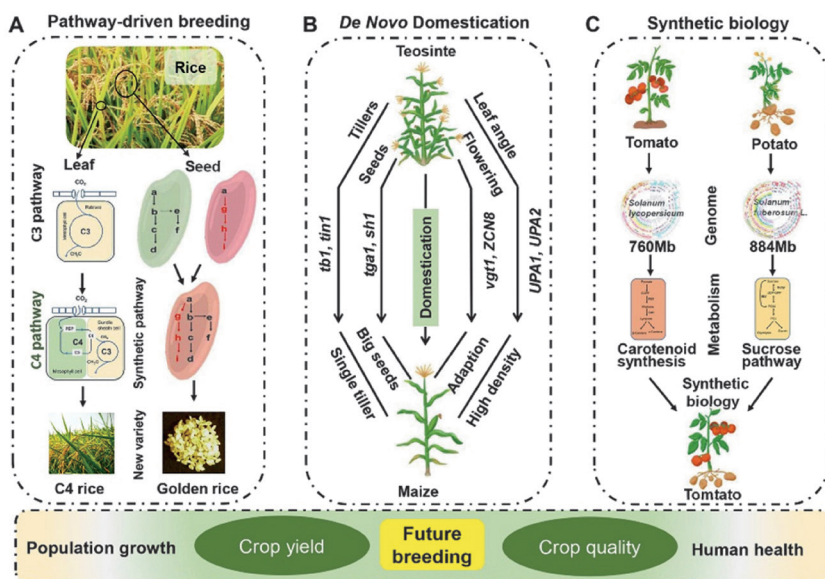
Email: wangguoying@caas.cn 电话: 010-82105862

主页: <http://wangguoying.icscaas.com.cn>



亮点工作

遗传奥秘是指控制物种外在表现的功能基因及其相互作用，了解和利用这些遗传奥秘是解决粮食安全和营养问题的关键。概述了揭示遗传奥秘的主流方法，并提出利用互作组大数据来解析遗传奥秘。系统介绍了互作组大数据的概念、检测方法、分析技术以及数据资源。在此基础上，创造性地提出了结合互作组大数据和人工智能技术来解析遗传奥秘的策略，详细描述了全面解析遗传奥秘的方法，提出了未来育种科技的三个方向。互作组大数据将推动未来育种科技的发展，促进作物产量和品质的提升。



互作组大数据与机器学习技术可加速功能基因的批量克隆和育种科技的发展

A. 当大量功能基因克隆之后，可以挖掘表型的调控通路，从而进行基于通路的育种；B. 可以挖掘调控驯化性状的基因，从而促进从头驯化育种或驯化性状的分子设计育种；C. 可以通过对功能基因的改造促进基于合成生物学的育种科技发展

重要论著

Wu L, Han L, Li Q, Wang G, Zhang H and Li L, Using Interactome Big Data to Crack Genetic Mysteries and Enhance Future Crop Breeding, *Mol Plant*, 14(1):77-94, 2020.

Fan K, Peng Y, Ren Z, Li D, Zhen S, Hey S, Cui Y, Fu J, Gu R, Wang J, Wang G and Li L, Maize Defective Kernel605 Encodes a Canonical DYW-Type PPR Protein that Edits a Conserved Site of nad1 and Is Essential for Seed Nutritional Quality, *Plant Cell Physiol*, 61(11):1954-1966, 2020.

代表性知识产权

CN201711382711.XA, 一种玉米全基因组 SNP 芯片及其应用

N201711099442.6, 拟南芥 U1A 基因在提高植物耐盐性中的应用 C

研究组成员

郑 军 研究员 付俊杰 研究员
刘允军 副研究员 张红伟 副研究员
崔 钰 助理研究员 谢玉心 助理研究员
胡翠玲 工程师

博士后

王逸茹 任珍静 陈全全

研究生

陈卫卫 郝杨帆 范开建 王哲远 甄斯涵
杨 悦 张肖逢 秦 阳 何田利 李梦瑶
陆晏天 张 洁 王晓丽 卢嘉雯 王小东
李 健 马育庭 齐春来 乌日尼勒 李 瑞
高 歌 杨宗莹 张 松 杨 媛 邵 婧
卢雨晴 王琪琪 宋泽萌 闫静怡 韩明芳
张峥峥 鲍润源 刘亚苹 徐卓伊 杜 瑶
魏倩涵



SOYBEAN FLOWERING CONTROL

大豆花期调控创新研究组

傅永福，研究员，博士生导师。1998 年获中国农业大学博士学位，2000 年 10 月至 2001 年 1 月赴英国 John Innes 研究中心进行访问学者及博士后研究，2002 年 1 月至 2004 年 12 月赴德国 Max Planck 研究所进行博士后研究。

研究方向：重点关注大豆光周期广适应性差、产量低等生产问题；研究花期调控、营养生长与生殖生长之间的协调以及地上部与根系之间协调的分子调控机制；探索相关基因在生产上的应用策略，创制大豆高产和广适应性新种质。

Email: fuyongfu@caas.cn 电话: 010-82105864

主页: <http://fuyongfu.icscaas.com.cn>

重要论著

Lu M, Cheng Z, Zhang X, Huang P, Fang C, Yu G, Chen F, Xu K, Chen Q, Miao Y, Han Y, Feng X, Liu L, and Fu Y. Spatial divergence of PHR-PHT1 modules maintains phosphorus homeostasis in soybean nodules. *Plant Physiol*, 2020, 184, 236-250.

Xiao L, Jiang S, Huang P, Chen F, Wang X, Cheng Z, Miao Y, Liu L, Searle I, Liu C, Wu, X, Fu, Y, Chen, Q, and Zhang X. Two Nucleoporin98 homologous genes jointly participate in the regulation of starch degradation to repress senescence in Arabidopsis. *BMC Plant Biol*, 2020, 20, 292.

代表性知识产权

ZL201610645053.8, 一种利用 RNAi 技术提高大豆产量的方法

ZL201710104144.5, 大豆花药、胚珠及根冠特异启动子 GmFTL2 及其应用

ZL201711408981.3, 一种大豆组织特异性启动子 GmFTL5 及其应用

ZL201810887072.0, 大豆核孔蛋白基因 GmNup96 在调节植物根瘤发育中的应用

ZL201811439049.1, 大豆光合作用相关基因 GmGRF5-1 及其编码蛋白与应用

ZL201910302741.8, 核孔蛋白 Nup98a 和 Nup98b 在调控植物开花时间中的应用

研究组成员

张晓玫 副研究员 陈福禄 助理研究员

博士后

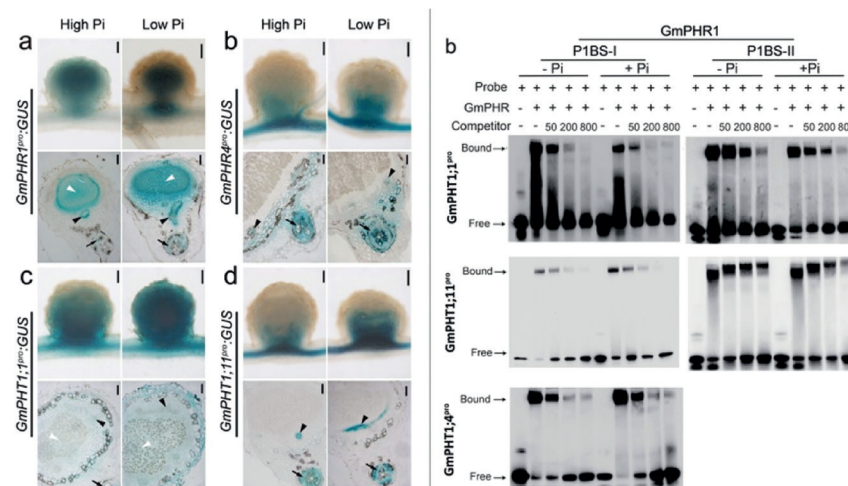
程志远

研究生

黄鹏辉 孙慧宇 吴 靓 张明霞 伍慧琳 董 蕊

亮点工作

鉴定出了 1 个大豆磷转运载体 (GmPHT1;11) 和 4 个磷胁迫响应因子 (GmPHR1~GmPHR4)，它们在根瘤的不同组织中显示出特定的表达模式。研究证实了在根瘤中磷胁迫响应因子与磷转运载体之间存在复杂的网络调控关系。同时，还发现过表达 GmPHT1;11 的大豆植株根瘤中磷含量增加，根瘤大小增大，固氮酶活性升高。基于此，研究建立了大豆根瘤中磷转运载体和磷胁迫响应因子 (GmPHR-GmPHT1) 的调节模型，二者通过相互交叉的调控方式，在根瘤固氮区和非固氮区形成了多样的调控网络，共同维持根瘤中磷的动态平衡，从而调节根瘤的发生和发育。



GmPHR 和 GmPHT1 的组织特异性表达

WHEAT BIOINFORMATICS

小麦生物信息学创新研究组

刘君，研究员，博士生导师。2009 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所生物信息学博士。

研究方向：从事生物学信息与分子聚合育种研究。自主研发自动化核酸提取仪器和高通量高密度的分子标记检测系统；开发组学和计算生物学分析工具和流程；论证重要农艺性状的调控基因；构建和维护生物数据分析与育种服务平台。

Email: liujun@caas.cn 电话: 010-82105869

主页: <http://liujun.icscaas.com.cn>



亮点工作

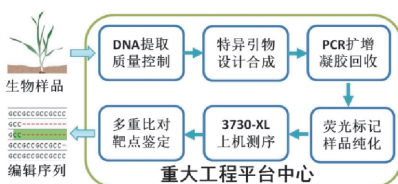
自主设计并优化了“便携式 96 孔超顺纳米磁珠操作仪”及其试剂方案，具有通量高、兼容强、质量好、成本低等优点。与作物所重大平台中心开展联合研发合作，利用平台中心的大型仪器，开发了“全基因组基因编辑靶点 / 脱靶检测”等关键技术流程 4 项，申请专利 5 项，授权 2 项，在平台实现年度技术服务 30 余万份。该技术促进了分子辅助育种的大规模开展。

开展功能基因组学研究，在谷子中正向定位株高相关基因。鉴定谷子 SD1 基因与植株矮化相关。鉴定 SAD2 能够通过调控活性氧通路介导植物抗病性。

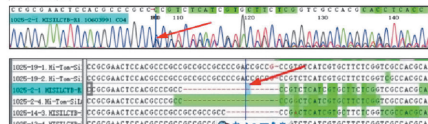
深度参与研究所在贫困地区开展科技帮扶工作。在大别山区安徽省岳西县指导农户进行中草药资源种质资源收集，开发重要分子标记 50 余个，其中白芍和白芨的两项关键标记可开发为标记物检测技术。在黑龙江和吉林水稻主产区开展作物育种与乡村振兴科技下乡活动，指导农户进行水稻种植，帮扶农民 200 余户。

作物基因编辑靶点快速测序鉴定技术

中国农业科学院作物科学研究所是植物基因编辑技术领域的优势单位。为实现基因编辑材料的高效检测，平台中心推出基因编辑靶点快速测序鉴定的一站式技术支撑服务。



靶点鉴定



使用桑格法测序会在插入缺失位点产生连续错位的套峰，无法读出序列。辅以生物信息学分析则可精准鉴定各类靶点基因组序列变异。

支撑服务特色

- 快速：标准化一体化流程，5个工作日交付结果
- 精准：Sanger法高质量测序，行业金标准检测
- 价低：自主研发流程，价格为市场同类服务的62%
- 省心：一站套餐式技术服务，返还高质量DNA样品，提供生物信息学分析报告

重要论著

Zheng Y., Zhan Q.D., Shi T.T., Liu J., Zhao K.J., Gao Y. The nuclear transporter SAD2 plays a role in calcium- and H₂O₂-mediated cell death in *Arabidopsis*. *Plant J.*, 2020, 101(2):324-333.

Lu B.W., An F.X., Cao L.J., Gao Q., Wang X., Yang Y.J., Liu P.M., Yang B.L., Chen T., Chang L.X., Chen Q.H., Liu J. Comparative transcriptomics characterized the distinct biosynthetic abilities of terpenoid and paeoniflorin biosynthesis in herbaceous peony strains[J]. *Peer J*, 2020, 8(10):e8895.

代表性知识产权

ZL202021400342.X, 一种便携式 96 孔超顺纳米磁珠操作仪

ZL201811511143.3, 一种通过基因编辑技术培育抗白叶枯病水稻的方法

研究组成员

高英 副研究员
程溪柳 助理研究员

博士生

贺强 孙莹露 魏钰 徐东东

研究生

吕明杰 石添添 王芮 朱梦圆
高倩 王竞馨 刘远航



RICE MOLECULAR GENETICS

水稻分子育种创新研究组

徐建龙, 研究员, 博士生导师。2001 年获浙江大学作物遗传育种专业农学博士。现任中国农业科学院水稻分子设计技术与应用创新团队首席, The Crop Journal 责任编委, 作物学报常务编委。

研究方向: 水稻种质资源高产、抗旱、耐盐、耐冷、抗病、营养高效利用等基因定位、克隆和有利基因挖掘研究; 水稻分子设计和全基因组选择育种, 创制优质绿色性状新种质, 选育绿色超级稻新品种。

Email: xujianlong@caas.cn 电话: 010-82105856

主页: <http://xujianlong.icascaas.com.cn>, http://www.mbreeding.cn/profile/Jian-Long_Xu.htm

重要奖项

水稻遗传资源的创制保护和研究利用, 2020 年国家科技进步一等奖(通过公示), 第三完成单位

重要论著

C Wang, Yu H, Huang J, Wang W, Faruquee M, Zhang F, Zhao X, Fu B, Chen K, Zhang H, Tai S, Wei C, McNally K, Alexandrov N, Gao X, Li J, Li Z, Xu J, Zheng T. Towards a deeper haplotype mining of complex traits in rice with RFGB v2.0. *Plant Biotechnology Journal*, 2020,18:14-16.

Wang Y, Wang J, Zhao X, Yang S, Huang L, Du F, Li Z, Zhao X, Fu B, Wang W. Overexpression of the transcription factor gene OsSTAP1 increases salt tolerance in rice. *Rice*, 2020, 13:50.

Q Qin, Wang Y, Huang L, Du F, Zhao X, Li Z, Wang W, Fu B. A U-box E3 ubiquitin ligase OsPUB67 is positively involved in drought tolerance in rice. *Plant Mol Biol*, 2020, 102: 89-107.

F Zhang, Zhang F, Huang LY, Zeng D, Cruz CV, Li ZK, Zhou YL. Comparative Proteomic analysis reveals novel insights into interaction between rice and *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *BMC Plant Biology*, 2020, 20:563.

代表性品种

水稻, 春两优华占, 国审
水稻, 春两优粤禾丝苗, 国审
水稻, 春 9 两优华占, 国审

代表性知识产权

ZL201810060674.9, 与水稻苗期根长相关的 SNP 分子标记及其应用

ZL201810058662.2, 与水稻抗旱相关的 SNP 分子标记及其应用

ZL201811472128.2, OsHap2C 及其编码基因在调控水稻白叶枯病抗性中的应用

ZL201811472166.8, 水稻白枯病抗性相关蛋白 OsBBR1 及其编码基因与应用

CNA20191001766, 春两优华占

研究组成员

傅彬英 研究员 高用明 研究员
周永利 研究员 王文生 研究员
赵秀琴 副研究员 郑天清 副研究员
张帆 副研究员 黎志康 研究员
Shahzad Naveed 亚非国家杰出青年科学家

博士后

王银晓

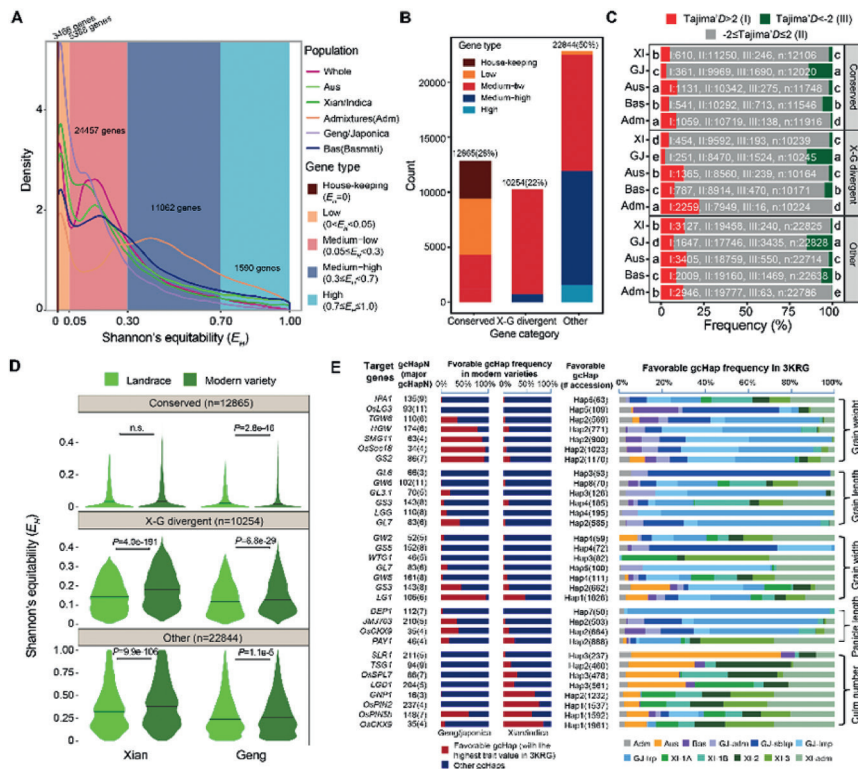
研究生

卢家玲 杜丰平 刘晴 李健敏
Ratan Ganapati 翟来圆 石慧敏
赵璞 谢自艳 汪娟 郑珍珍 吴越华
王登级 冯远航 王艳茹 梅松 由慧
徐林云 雷元宝 苗思雨 李英博 姜静
张岳

亮点工作

水稻基因功能单倍型的多样性解析与利用。为了高效挖掘利用水稻种质资源有利变异, 我们研究了水稻基因功能单倍型 (gcHap) 在全球 3010 份测序水稻种质中的重要特征。结果共发现约 1040 万个 gcHap, 平均每个基因 226 ± 390 个 gcHap。按照基因多样性和亚群间相似系数可将水稻基因划分为三大类: 12865 个保守基因, 10254 个粳籼亚种分化基因和 22844 个其他基因。大量亚群分化基因和群体特异 gcHap 的发现支持了栽培稻的多起源模式。育种选择造成基因多样性普遍增加, 至少 14266 个基因的主要 gcHap 受到选择。现代品种中控制粒重、分蘖数和穗长多个已知基因的“有利”gcHap 频率较低, 通过聚合这些“有利”gcHap 在未来水稻改良中潜力巨大。

优质绿色超级稻新品种培育。利用自主选育配合力强的中籼光温敏两系不育系春 6S 和春 199S, 测配并审定了一批优质、高产、抗病、抗倒、耐高温的绿色超级稻新组合, 春两优华占通过长江上游和中下游中籼、华南晚籼国审以及湖北省早熟中籼直播稻审定; 春两优粤禾丝苗、春两优粤新油占和春 9 两优华占通过华南晚籼国审; 春 9 两优 0822 和春 9 两优粤新油占进入长江中下游中籼生产试验, 预计未来 3-5 年这些新品种在长江流域有较大的应用面积。



3010 份水稻种质中基因功能单倍型的特征

RICE GRAIN DEVELOPMENT AND QUALITY IMPROVEMENT

水稻种子发育与品质改良创新研究组

刘春明，研究员，博士生导师。1996 年获英国 John Innes Center/UEA 博士学位。现任中国农业科学院作物科学研究所所长，中国作物学会副理事长兼秘书长，国家重大研究计划首席科学家，中国科学院大学岗位教授等职。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：主要研究植物胚胎与胚乳发育的分子调控和细胞间信号转导、小分子多肽调控胚胎-胚乳信号交流的机理、水稻胚乳糊粉层和淀粉胚乳分化。

Email: liuchunming@caas.cn 电话: 010-82108563

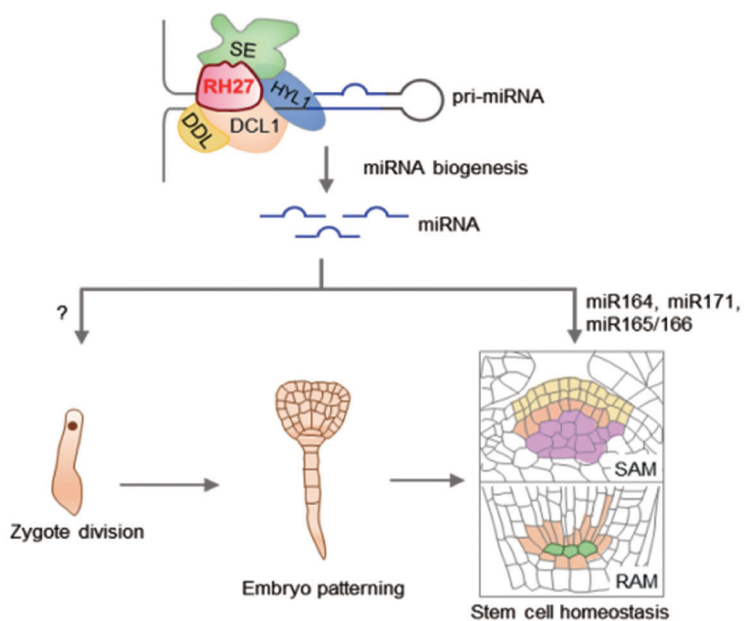
主页: <http://liuchunming.icscaas.com.cn>



亮点工作

植物的受精后合子的第一次分裂是高等植物发育起点，启动了随后的细胞分裂、组织分化和器官发生。胚后发育过程中，形成于胚胎期的干细胞通过其稳态调控机制保证植物拥有不断形成新组织和器官的能力。因此，对合子激活和干细胞稳态调控机制的解析一直是生命科学领域重要研究方向。

解析了 DEAD-boxRNA 解旋酶调控 miRNA 生物合成、合子激活和干细胞稳态维持机制。前人研究表明 DEAD-boxRNA 解旋酶在拟南芥基因组中有 58 个成员，参与 RNA 的代谢过程，如 mRNA 输出、mRNA 剪切及 rRNA 加工等，但在 miRNA 生物合成过程中是否发挥作用仍未知。本研究发现，DEAD-boxRNA 解旋酶 RH27 基因的强突变体 *zyg4-1* (*rh27-1*) 表现为合子致死，而其弱突变体 *rh27-2* 能够完成胚胎发育，但胚后发育表现出严重的根尖和茎尖干细胞稳态紊乱。*rh27-2* 中与干细胞稳态维持相关基因的表达水平显著上调，而调控这些基因的 miRNA 水平显著下调。全基因组小 RNA 测序及 RT-qPCR 分析结果显示，*rh27-2* 茎尖和根尖中大部分 miRNA 及其前体水平明显降低。进一步研究发现，RH27 在体内可以结合 pri-miRNA，并且能够直接结合参与 miRNA 加工的 DCL1、DDL、HYL1 及 SE。这些结果表明，RH27 是 miRNA 剪切复合体的一个新组分，并在合子激活和干细胞稳态维持中发挥重要作用。该研究为 DEAD-boxRNA 解旋酶参与调控 miRNA 合成提供了证据，提出了合子激活和干细胞稳态调控新机制。



RH27 通过 miRNA 生物合成途径调控合子分裂和干细胞稳态维持途径

重要论著

Yao XF, Wu SY, Guo L, Liu CM. Efficient CEL1 endonuclease production in *Nicotiana benthamiana* through transient expression and applications in detections of mutation and gene editing events. *Plant Science*, 2020, 296: 110469.

Liu CM. The war between wheat and *Fusarium*: fighting with an alien weapon. *SCIENCE CHINA Life Sciences*, 2020, 63(9), 1425-1427.

研究组成员

郭林 助理研究员 马燕玲 助理研究员

博士后

杨小雨

研究生

刘丽凤 李蓉 杨谨



REGULATION OF GRAIN DEVELOPMENT

水稻籽粒发育调控创新研究组

童红宁，研究员，博士生导师，2010 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2017 年获基金委优青资助，并入选中国农业科学院农科英才领军人才。

2018 年入选科技部中青年科技创新领军人才。

研究方向：水稻籽粒发育与油菜素内酯调控机制解析及作物分子设计利用。

Email: tonghongning@caas.cn 电话: 010-82108748

主页: <http://tonghongning.icscaas.com.cn>

重要论著

Yin W#, Xiao Y, Niu M, Meng W, Li L, Zhang X, Liu D, Zhang G, Qian Y, Sun Z, Huang R, Wang S, Liu C, Chu C, and Tong H. ARGONAUTE2 Enhances Grain Length and Salt Tolerance by Activating BIG GRAIN3 to Modulate Cytokinin Distribution in Rice. *Plant Cell*, 2020, 32(7):2292-2306.

Xiao Y#, Zhang G#, Liu D, Niu M, Tong H*, and Chu C*. GSK2 stabilizes OFP3 to suppress brassinosteroid responses in rice. *Plant Journal*, 2020, 102(6):1187-1201.

Dong N#, Yin W, Liu D, Zhang X, Yu Z, Huang W, Liu J, Yang Y, Meng W, Niu M, and Tong H*. Regulation of brassinosteroid signaling and salt resistance by SERK2 and potential utilization for crop improvement in rice. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11:621859.

Xiao Y#, Zhang J, Yu G, Lu X, Mei W, Deng H, Zhang G, Chen G, Chu C, Tong H*, and Tang W*. Endoplasmic reticulum-localized PURINE PERMEASE1 regulates plant height and grain weight by modulating cytokinin distribution in rice. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11:618560.

代表性知识产权

ZL201711423192.7, 一种同时提高植物产量和抗性的基因及其应用

ZL201810443275.0, 控制水稻耐冷性的基因 TSG2 及其应用

ZL201910103699.7, 多基因编辑提高水稻耐旱性的方法

研究组成员

孟文静 助理研究员 牛 梅 助理研究员

黄 微 科研助理

博士生

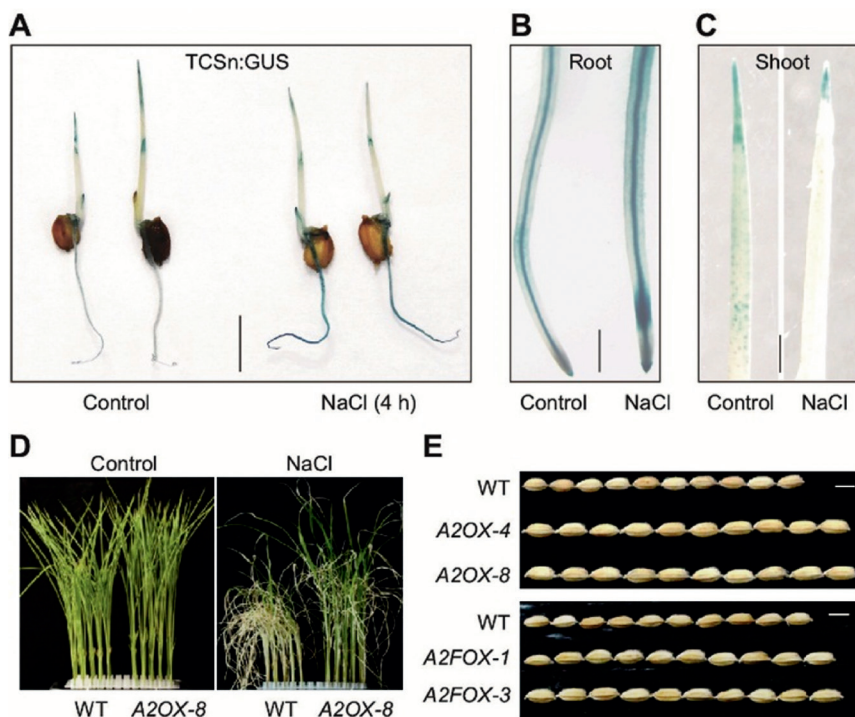
殷文超 刘大普

研究生

张晓星 刘霁虹 董娜娜 杨延利

亮点工作

高产稳产是作物育种的长久目标，但由于作物产量和抗性往往具有一定的补偿效应，如何在不利条件下保持高产是育种工作的重大挑战。细胞分裂素在植物生长发育过程中发挥着重要作用，并在体内存在复杂的转运系统，但在作物中对其功能了解甚少。创新组新的研究表明，植物激素细胞分裂素的分布模式在高盐胁迫处理下会迅速发生改变，从地上组织向地下根中积累，说明植物可通过调整细胞分裂素的空间分布对高盐胁迫做出响应，从而提高对胁迫的适应性。通过操纵参与此过程的关键组分，不仅可发挥细胞分裂素促进生长发育的功能，还可大幅增强植物的耐逆性。奠定在这一新的理论基础上，我们发现过表达 AGO2 基因可通过表观修饰激活细胞分裂素转运基因 BG3，模拟盐胁迫状态下的细胞分裂素分布模式，并且过表达 AGO2 或 BG3 均可通过改变细胞分裂素空间分布显著增加水稻粒长和耐盐性，从而例证了这一途径的可行性。与整体操纵激素的含量不同，操纵激素转运体现了一种更经济弹性的原则，并有望克服高产高抗之间的矛盾，因此在分子设计育种上具有巨大潜力 (Yin et al., 2020)。此外，创新组通过筛选固醇类激素油菜素甾醇特异组分，获得一个膜信号蛋白 SERK2，发现其突变后导致株型紧凑却不影响粒型但耐盐性降低，而过表达后可同时增加粒长和耐盐性却不影响株型，具有一定应用潜力 (Dong et al., 2020)。



操纵细胞分裂素空间分布可同时增产耐逆

A-C. 高盐诱导细胞分裂素从地上往根中积累; D-E. 操纵 AGO2 可同时增加粒长和耐盐性

WHEAT COMPLEX TRAITS DISSECTION

小麦复杂基因组解析创新研究组

毛龙, 研究员, 博士生导师。1995 获中国科学院遗传所 (现遗传发育所) 与 John Innes 植物研究中心联合培养博士。现任基因与分子设计中心副主任, 中国农业科学院作物生物信息学及应用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向: 解析小麦重要农艺性状形成的分子基础; 创建小麦复杂基因组解析的高效平台, 为小麦高产、抗病育种提供优异的基因资源。

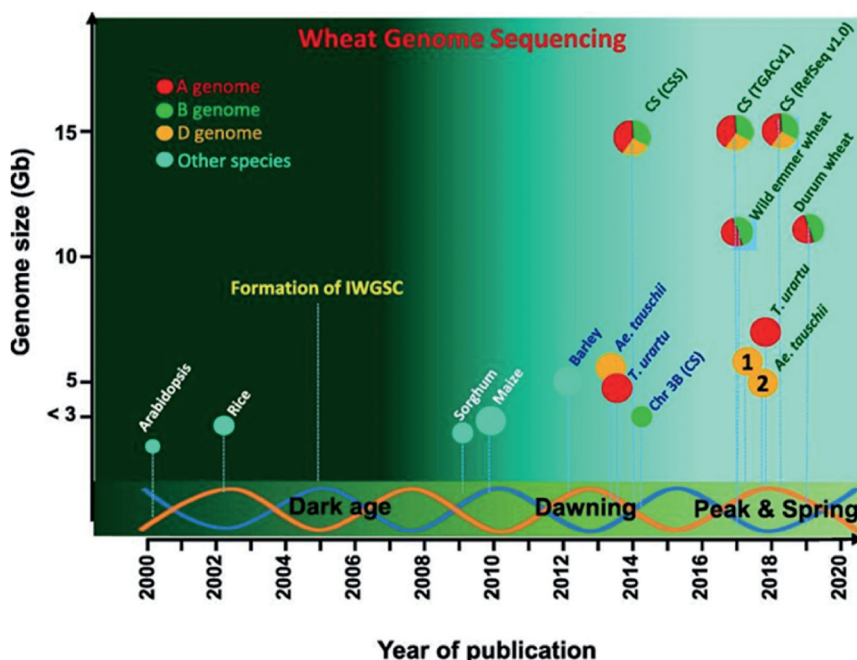
Email: maolong@caas.cn 电话: 010-82105861

主页: <http://maolong.icscaas.com.cn>



亮点工作

小麦是异源六倍体, 基因组大且重复序列多。随着测序技术和基因组组装方法的不断改进, 由多个国家组成的团队发起的小麦基因组测序竞争日趋激烈, 因此采取了类似于拟南芥和水稻测序的传统策略。在不同的阶段, 同一品种 (如中国春) 的多个基因组序列被不同的研究群体以其各自特殊的测序策略产生, 最后终于在水稻基因组完成 16 年和玉米基因组完成 9 年之后, 小麦研究界拥有了自己的参考基因组。本文详细综述了小麦基因组测序的最新进展, 突出了研究者借助多样化基因组学工具, 重建了小麦这一多倍体植物的模型, 以研究多倍体进化、驯化、同源表达的遗传和表观遗传调控机制, 以及在基因组水平上确定其遗传多样性。小麦基因组分辨率的提高也将有助于加速小麦品种改良, 新产生的品种将对生物和 / 或非生物胁迫的耐受性更强, 品质更好, 产量更高。



小麦基因组测序进展大事记

重要论著

Guan J, Diego C, Yun Z, Rudi A, Li A, and Mao L. The Battle to Sequence the Bread Wheat Genome: A Tale of the Three Kingdoms. Genomics, Proteomics & Bioinformatics. 2020, 18(3):221-229.

Zhang Z, Li A, Song G, Geng S, Gill B, Faris J, Mao L. Comprehensive analysis of Q gene near isogenic lines reveals key molecular pathways for wheat domestication and improvement. Plant Journal. 2020, 102(2):299-310.

研究组成员

李爱丽 研究员 耿帅锋 副研究员
刘少帅 助理研究员 孔星辰 博士后

研究生

王芳 贾美玲 孙国梁 王振玉 付明雪
Garcia Castillo Diego Fernando
陶姝 邓中印 廖如意 张红杰



SOYBEAN PHOTOBIOLOGY

大豆光信号转导创新研究组

刘斌, 研究员, 博士生导师。2008 年获中科院遗传与发育生物学研究所遗传学博士学位。国家优青, 中国农业科学院农科英才领军人才。

研究方向: 克隆大豆生育期、光形态建成和品质等重要基因; 解析光环境调控大豆生长发育的分子基础。

Email: liubin05@caas.cn 电话: 010-82108435

主页: <http://liubin.icscaas.com.cn>

重要论著

Jinbu Jia, Ronghuan Ji, Zhuowen Li, Yiming Yu, Mayumi Nakano, Yanping Long, Li Feng, Chao Qin, Dongdong Lu, Junpeng Zhan, Rui Xia, Blake C. Meyers, Bin Liu, Jixian Zhai, Soybean DICER-LIKE2 Regulates Seed Coat Color via Production of Primary 22-Nucleotide Small Interfering RNAs from Long Inverted Repeats, *The Plant Cell*, 2020, 32(12):3662-3673.

Cong Li, Ying-hui Li, Yanfei Li, Hongfeng Lu, Huilong Hong, Yu Tian, Hongyu Li, Tao Zhao, Xiaowei Zhou, Jun Liu, Xinan Zhou, Scott A. Jackson, Bin Liu, Li-juan Qiu, A Domestication-Associated Gene GmPRR3b Regulates the Circadian Clock and Flowering Time in Soybean, *Molecular Plant*, 2020, 13(5):745-759.

Huawei Zhai, Lu Xiong, Hongyu Li, Xiangguang Lyu, Guodong Yang, Tao Zhao, Jun Liu, Bin Liu, Cryptochrome 1 Inhibits Shoot Branching by Repressing the Self-Activated Transcription Loop of PIF4 in Arabidopsis, *Plant Communications*, 2020, 1(3): 100042.

代表性知识产权

ZL201711114702.2, 大豆 GmCRY1b 基因在调控植物高度和开花时间中的应用

ZL201810904422.X, AtBIX 基因在调控植物开花时间中的应用

ZL201810982630.1, GmCRY2c 在调控植物株高方面的应用

ZL201810982676.3, GmCOP1a 和 / 或 GmCOP1b 在调控植物株高方面的应用

ZL201810972260.3, OsBICs 基因在调控植物株高、开花时间中的应用

研究组成员

李宏宇 研究员 赵涛 副研究员

刘军 副研究员

博士后

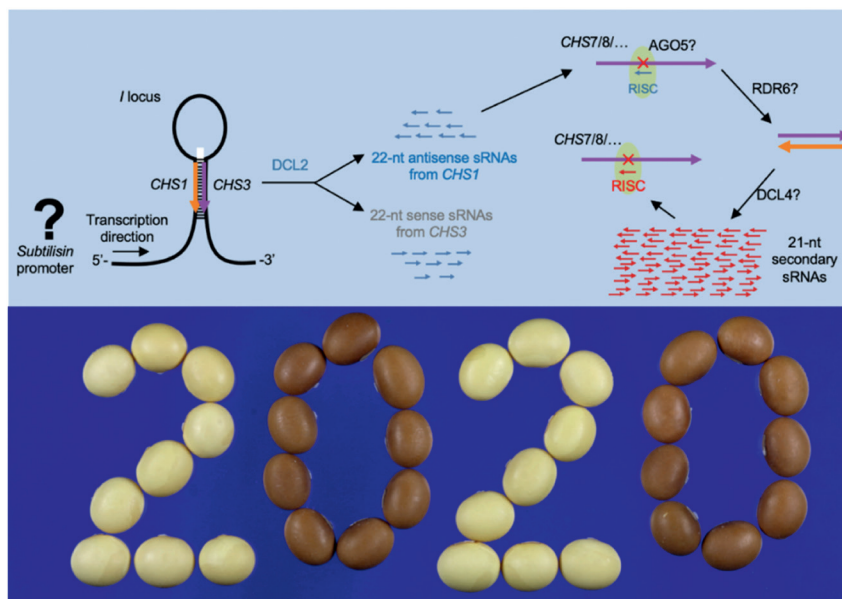
姬荣桓 吕向光

研究生

秦超 许志永 赵芬 穆若兰 李庄
屠其超 张丽雅 张艳艳 焦元辰

亮点工作

植物中长度为 22 个核苷酸 (22-nt) 小 RNA (sRNA) 能够激发次级小干扰 RNA (siRNA) 产生, 进一步增强基因共沉默效率。依赖 DCL2 蛋白的 22-nt siRNA 在大豆和玉米等许多主要农作物中累积量很高。这些 siRNA 是如何产生的, 以及它们在正常生长条件下是否具有重要功能, 仍不清楚。本课题组利用基因组编辑技术同时敲除了天隆 1 号大豆品种中两个编码 DCL2 蛋白的同源基因 (*GmDCL2a* 和 *GmDCL2b*), 获得 *Gmdcl2a/2b* 双突变体。测序表明, 22-nt siRNA 在该双突变体中缺失。突变体中靶向沉默查尔酮合成酶基因 (CHS) 的 22-nt siRNAs 和次级的 21-nt siRNAs 无法生成, 导致种皮中酮类物质合成酶的累积量显著增加, 大豆种皮颜色从黄色变为棕色。有意思的是 *Gmdcl2a/2b* 突变体种子的棕色深浅表型与光照强度相关, 且 *GmDCL2* 基因的表达受光照强度影响。该研究揭示了 DCL2 在调节自然性状中的重要作用, 并为改良大豆外观品质提供了新思路。



揭示生物钟基因 *GmPRR3b* 在大豆驯化中的功能机制

RICE DISEASE RESISTANCE

水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组

赵开军，研究员，博士生导师。1989 年获中国农业科学院作物遗传育种专业博士。现任国际水稻研究所 - 中国联络科学家 (2003-2006); *Frontiers in Plant Science* 编委，作物杂志副主编。

研究方向：水稻抗病新基因的鉴定发掘、克隆及分子机理解析；寄主抗病基因与病原菌无毒基因在分子水平上的相互作用；采用基因编辑等分子育种技术与常规育种相结合的途径，培育高产、优质和多抗的水稻新品种。

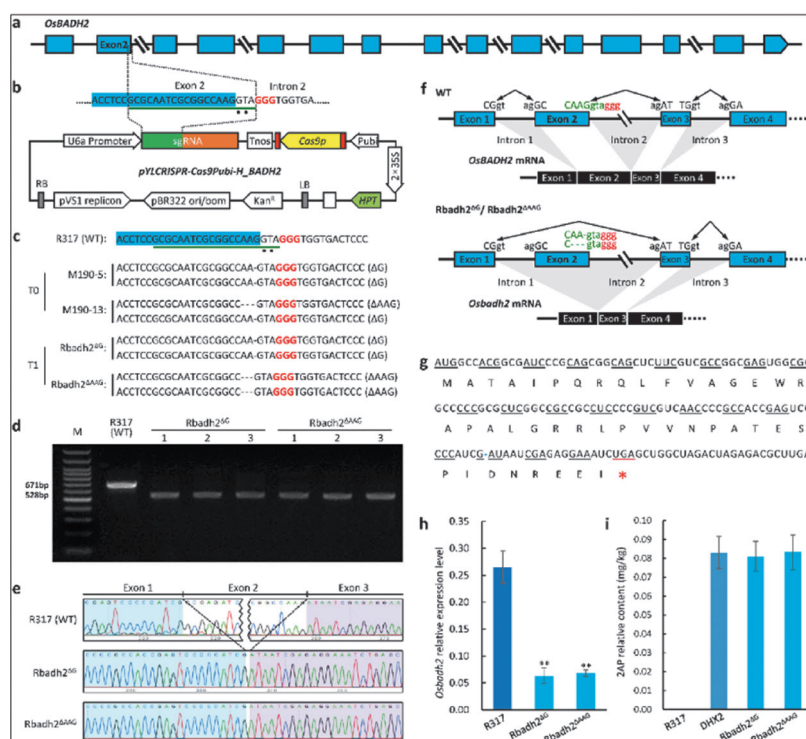
Email: zhaokaijun@caas.cn 电话: 010-82105852

主页: <http://zhaokaijun.icscaas.com.cn>



亮点工作

首次发现植物中外显子跳跃剪接机制并创制香型水稻。前体 mRNAs (pre-mRNAs) 剪接是真核细胞基因表达的重要生物学过程。mRNA 剪接复合体通常按照 GU-AG 规则，将 pre-mRNAs 的内含子剪除并将各外显子依次链接成成熟的 mRNA，以将遗传信息进一步传递至翻译的蛋白质。如果成熟的 mRNA 缺少某个 (些) 外显子，则称为外显子跳跃剪接 (exon skipping)。前人研究表明，基因内含子的末端碱基缺失或替换，可引起哺乳动物基因外显子跳跃剪接，然而在植物中尚未发现外显子跳跃剪接现象。该创新小组与湖北省农业科学院粮食作物研究所等单位合作，在利用基因组编辑技术创制香稻的研究中，特意将 *OsBADH2* 基因第 2 外显子和第 2 内含子连接点作为 CRISPR/Cas9 的编辑靶点。通过农杆菌介导法获得一批转基因水稻植株，系统分析后不仅发现设计的靶位点实现成功编辑，而且观察到 *OsBADH2* 基因第 2 外显子末端核苷酸 G 的缺失，会导致其产生的成熟 mRNA 中第 2 外显子整体缺失，从而发现植物中也存在外显子跳跃剪接机制。*OsBADH2* 基因第 2 外显子的跳跃剪接使新的 mRNA 中密码子序列改变，进而导致编码蛋白翻译的提前终止，造成 *OsBADH2* 基因功能丧失，最终创制出香型水稻。该研究不仅首次发现植物基因外显子跳跃剪接现象，而且明确其调控的关键位点是外显子末端核苷酸。此机制的发现为作物性状改良提供了新的思路。



CRISPR/Cas9 介导的水稻基因外显子跳跃剪接并促进香稻品种培育

重要论著

Mishra, R., Joshi, R. K., & Zhao, K. Base editing in crops: Current advances, limitations and future implications. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(1):20-31.

Abdelrahman, Mohamed & Zhao, Kaijun. Genome Editing and Rice Grain Quality. *The Future of Rice Demand: Quality Beyond Productivity*, 2020, 395-422.

Chonghui Ji, Zhiyuan Ji, Bo Liu, He Cheng, Hua Liu, Sanzhen Liu, Bing Yang, Gongyou Chen, Xa1 Allelic R Genes Activate Rice Blight Resistance Suppressed by Interfering TAL Effectors, *Plant Communications*, 2020, 1(4):100087.

郑凯丽, 纪志远, 郝巍, 唐永超, 韦叶娜, 胡运高, 赵开军, 王春连, 水稻白叶枯病感病相关基因 Xig1 的分子鉴定及抗病资源创制, *作物学报*, 2020, 46(9):1332-1339.

代表性知识产权

ZL201811511143.3, 一种通过基因编辑技术培育抗白叶枯病水稻的方法

研究组成员

王春连 研究员 纪志远 副研究员

博士后

Mohamed Abdelrahman

研究生

Rezwan Tariq 唐永超 卫正 徐江民

孙宏达 郑宇涵 Sohaib Shafique

李曼 王宏杰



CROP QUANTITATIVE GENETICS

作物数量遗传创新研究组

王建康，研究员，博士生导师。1996 年获南京农业大学作物遗传育种专业农学博士，2000 年-2004 年在国际玉米小麦改良中心开展博士后研究。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：数量遗传学、群体遗传学、生物信息学及其育种应用等相关领域的基础和应用基础研究。包括连锁分析、高通量分子标记连锁图谱构建、QTL 定位、互作分析、基因型到表型预测研究；开发连锁图谱构建软件、QTL 定位软件、育种模拟工具、集成遗传育种工具、全基因组选择育种平台；开展育种建模方法、已知基因信息的育种利用、育种方法的比较和优化、育种设计、全基因组选择研究。

Email: wangjiankang@caas.cn 电话: 010-82105846, 13718971708

主页: <http://wangjiankang.icscaas.com.cn>, <http://www.isbreeding.net>

重要论著

王建康, 李慧慧、张鲁燕. 基因定位与育种设计 (第 2 版), 科学出版社, 2020 年, 北京.

Wang, J., J. Crossa, J. Gai. Quantitative genetic studies with applications in plant breeding in the omics era. *Crop J.*, 2020, 8: 683-687.

Zhang, L., H. Li, L. Meng, J. Wang. Ordering of high-density markers by the k-Optimal algorithm in solving travelling salesman problems. *Crop J.*, 2020, 8: 701-712.

Ali, M., L. Zhang, I. DeLacy, V. Arief, M. Dieters, W.H. Pfeiffer, J. Wang, H. Li. Modeling and simulation of recurrent phenotypic and genomic selections in plant breeding under the presence of epistasis. *Crop J.*, 2020, 8: 866-877.

Ali, M., Y. Zhang, A. Rasheed, J. Wang, L. Zhang. Genomic prediction for grain yield and yield-related traits in Chinese winter wheat. *Int. J. Mol. Sci.*, 2020, 21, 1342.

Qu, P., J. Shi, T. Chen, K. Chen, C. Shen, J. Wang, X. Zhao, G. Ye, J. Xu, L. Zhang. Construction and integration of genetic linkage maps from three multi-parent advanced generation inter-cross populations in rice. *Rice*, 2020, 13:13.

Li, Z, Namgyal Lhundrup, G. Guo, Kar Dol, P. Chen, L. Gao, Wangmo Chemi, J. Zhang, J. Wang, Tashi Nyema, Dondrup Dawa, H. Li. Characterization of genetic diversity and genome-wide association mapping of three agronomic traits in Qingke Barley (*Hordeum Vulgare* L.) in the Qinghai-Tibet Plateau. *Front. Genet.*, 2020, 11, Article 638.

代表性知识产权

2020SR1238535, 遗传育种建模、模拟和预测 Blib 平台 [简称 Blib]

研究组成员

李慧慧 研究员 张鲁燕 副研究员
钱亚红 中级实验师 孟磊 软件工程师
王心晖 软件工程师

博士后

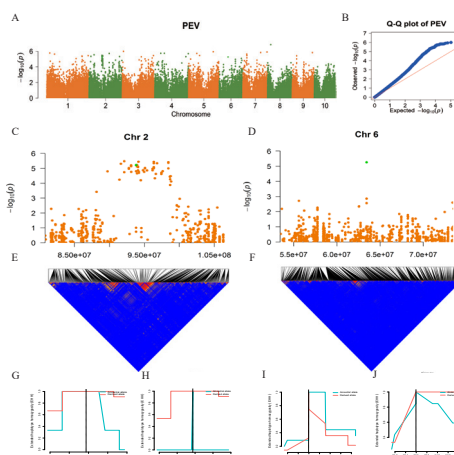
Mohsin Ali

研究生

屈平平 李志勇 单丹婷 王珂麟 霍雪雪
冯英伟

亮点工作

玉米选择印记遗传模型破译和爆裂相关性状遗传分析。爆裂玉米是最古老的栽培玉米类型，基于 GBS 测序技术的爆裂性的遗传基础研究很少。我们鉴定了 526 个 CIMMYT 自交系 (CML) 的 7 个与爆裂相关性状的表型变异。全基因组关联分析检测到了 162 个与爆裂性状相关的位点，并通过 764 个热带玉米地方品种的多样性群体得到了验证。EigenGWAS 结果表明，在这 162 个位点中有 62 个受到选择作用。在这些爆裂相关的位点中，促进爆裂的等位基因频率平均为 55.27%。大部分与爆裂相关的点同时受到选择作用。本研究为爆裂玉米的遗传学研究建立新的基准之外，还为基因发掘和育种奠定了基础，同时提供了更多的证据来揭秘逐渐消失的爆裂能力。



玉米选择印记遗传模型破译和爆裂相关性状遗传分析

A. 全基因组关联分析曼哈顿图和连锁不平衡热图; B-E. 拓展单倍型分析 (EHH) 和爆裂位点在 764 份地方品种爆裂极端表现个体中的频率分布

青藏高原青稞的遗传多样性分析和重要农艺性状基因定位。六棱大麦主要产于西藏，中文称之为“青稞”，藏语称之为“nas”。青藏高原环境的复杂性为研究青稞的育种和适应性提供了独特的机会。然而，对青稞许多重要农艺性状的遗传结构仍然知之甚少。本研究利用 308 份青藏高原青稞品种，通过简化基因组测序获得的大规模基因型数据及其抽穗期、株高和穗长在西藏三个地点（拉萨、林芝、南木林）的表型观测数据，开展多样性分析和重要农艺性状基因定位。结果表明，西藏地方品种稀有 SNP 数目高于育成品种，地方品种连锁不平衡衰减速度要快于育成品种，西藏地方品种的遗传多样性高于育成品种。定位出 62 个控制青稞抽穗期、株高和穗长的 QTL，注释到 114 个基因，其中 48 个 (77.42%) 是本研究首次发现，52 个 (83.87%) 位于基因间区，28 个 (45.16%) 为一因多效 QTL; 3 个与抽穗期显著关联的位点位于春化和光周期基因 HvVRN1、HvVRN3 和 PPD-H2 附近 0.30-1.30 Mb 内。定位出 16 个选择位点，与抽穗期和株高相关的 6 个 QTL 同时也受到选择，表明青稞抽穗期和株高与选择适应性密切相关。

WHEAT BREEDING AND QUALITY RESEARCH

小麦品质育种创新研究组

何中虎，研究员，博士生导师。1989 年获中国农业大学遗传育种专业博士学位，曾在国际玉米小麦改良中心做博士后研究。现任国家小麦改良中心主任，中国农业科学院小麦品质研究与新品种选育创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：开发验证育种可用分子标记，培育高产优质广适新品种。

Email: hezhonghu02@caas.cn 电话: 010-82108547

主页: <http://hezhonghu.icscaas.com.cn>



亮点工作

强筋高产品种中麦 578。与棉花研究所合作育成，组合为中麦 255/ 济麦 22。面包烘焙品质好，达到进口优质加拿大小麦的水平，大面积产量与主栽高产品种持平，早熟、抗病耐热，适应性广，已通过黄淮冬麦区南片国家和河南、安徽 2 省审定及黄淮冬麦区北片初审，秋播约 300 万亩。品种使用权已转让隆平高科、山东黎明等种业公司，与企业合作研制优质面包和饺子粉等，发展势头好。2020 年河南省焦作市高产创建亩产 841.5 公斤，创全国优质强筋小麦高产纪录；河北金沙河万亩区实打验收平均亩产 737 公斤。适宜黄淮南片的河南、江苏和安徽北部、陕西关中及黄淮北片的山东、河北中南部、山西南部中等以上肥力水地种植。



中麦 578

高产优质小麦新品种济麦 23。与山东省农业科学院作物研究所合作育成（本所为第二育种单位，第一育种人），2016 年通过山东省审定，2018 年通过河北省和山西省引种备案。济麦 23 是我国黄淮麦区第一个利用分子标记育种技术育成的小麦新品种，用优质早熟亲本豫麦 34 与济麦 22 杂交回交 2 次、优质高分子量麦谷蛋白亚基 Dx5 和 By8 分子标记辅助选择育成。济麦 23 产量较济麦 22 提高 5% 左右，品质明显改善，熟期比济麦 22 早熟 2-3 天，抗病和抗逆性更强。2019、2020 连续 2 年在山东招远实打亩产高达 821.49 公斤、831.64 公斤，创中强筋小麦高产典型。2019 年夏收 147 万亩、2020 年夏收约 400 万亩，秋播约 800 多万亩。



济麦 23



重要论著

Jie Chen, Xin Hu, Taotao Shi, Huanran Yin, Dongfa Sun, Yuanfeng Hao, Xianchun Xia, Jie Luo, Alisdair R. Fernie, Zhonghu He, Wei Chen. Metabolite-based genome-wide association study enables dissection of the flavonoid decoration pathway of wheat kernels. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18: 1722-1735.

Wu, Y., Li, M., He, Z. et al. Development and validation of high-throughput and low-cost STARP assays for genes underpinning economically important traits in wheat. *Theor Appl Genet*, 2020, 133: 2431-2450.

Yang, L., Zhao, D., Meng, Z. et al. QTL mapping for grain yield-related traits in bread wheat via SNP-based selective genotyping. *Theor Appl Genet*, 2020, 133: 857-872

代表性品种

小麦，中麦 578，国审；河南和安徽省审小麦，中麦 30，国审
小麦，中麦 875，国审

代表性知识产权

ZL 201811036566.4，一种辅助鉴定小麦粒重性状的方法及其专用引物组

ZL 201811024441.X，鉴定小麦分蘖角度性状的方法及其专用引物组

CNA20171916.8，中麦 578

CNA20191002303，中麦 30

研究组成员

夏先春 研究员	陈新民 研究员
张勇 研究员	张艳 研究员
郝元峰 副研究员	曹双河 副研究员
肖永贵 副研究员	李思敏 副研究员
王德森 高级农艺师	
Awais Rasheed 副研究员	

博士后

徐登安 Muhammad Adeel Hassan

研究生

付路平	赵德辉	骆旭梅	朱展望	武竞春
王悦	田秀苓	谢丽娜	董艳	武玉莹
刘萃鹤	倪忠秋	费帅鹏	杨舒蓉	孙梦静
李玲莉	许小宛	宋杰	刘丹	



WHEAT MUTAGENESIS AND BREEDING

小麦诱变育种创新研究组

刘录祥，研究员，硕士生导师。现任中国农业科学院作物科学研究所副所长，中国农业科学院小麦育种新技术及应用创新团队首席。兼任国家农作物航天诱变技术改良中心主任、国际原子能机构 RCA 核技术应用项目指导委员会成员、中国原子能农学会理事长。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：围绕作物重要性状诱变改良，研究空间环境、原子能辐射等诱发作物遗传变异的生物学效应机理，开发诱变新技术与新方法，创制具有重要育种价值的突变新基因、新种质、新材料，培育小麦等作物新品种，为作物育种技术进步提供科技支撑。

Email: liuluxiang@caas.cn 电话: 010-62122719

主页: <http://liuluxiangicscaas.com.cn>

重要奖项

YT Li, HC Xiong, HJ Guo, CY Zhou, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, YP Ding and LX Liu. Identification of the vernalization gene VRN-B1 responsible for heading date variation by QTL mapping using a RIL population in wheat. *BMC Plant Biology*, 2020, 20:331.

HC Xiong, HJ Guo, YD Xie, JY Gu, LS Zhao, SR Zhao, YP Ding, FQ Kong, L Sui and LX Liu. Comparative transcriptome analysis of two common wheat varieties induced by 7Li-ion beam irradiation reveals mutation hotspot regions and associated pathways. *Radiation Physics and Chemistry*, 2020, 170: 108650.

HC Xiong, CY Zhou, HJ Guo, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, YP Ding and LX Liu. Transcriptome sequencing reveals hotspot mutation regions and dwarfing mechanisms in wheat mutants induced by gamma-ray irradiation and EMS. *Journal of Radiation Research*, 2020, 61: 44-57.

CY Zhou, HC Xiong, YT Li, HJ Guo, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, YP Ding, XY Song and LX Liu. Genetic analysis and QTL mapping of a novel reduced height gene in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(7): 1721-1730.

A Irshad, HJ Guo, SL Zhang and LX Liu. TILLING in Cereal Crops for Allele Expansion and Mutation Detection by Using Modern Sequencing Technologies. *Agronomy*, 2020, 10: 405.

代表性知识产权

2020SR1833098, 种质定位系统 V1.0

研究组成员

赵林妹 研究员	郭会君 副研究员
谢永盾 副研究员	熊宏春 副研究员
古佳玉 助理研究员	赵世荣 高级技师
丁玉萍 高级农艺师	

博士后

Ahsan Irshad 王超杰

研究生

周春云	李於亭	曾伟伟	王良娟	方汉顺
何子伟	翟雷	王雪晴	张家梓	仇琳
杜启迪	付美玉	白家兴	李红叶	谢晓梅
薛倩文	王小路	杜国峰	王庆果	

亮点工作

综合利用小麦小孢子高效液体培养与诱发突变技术育成 2 个航麦系列小麦新品种。花药液体漂浮离体培养能够解决固体培养方法中存在的细胞壁及其他组织干扰的问题，且在离体培养过程中会释放出成千上万个小孢子到液体培养基中，具有产生更多花粉苗的潜力。本研究组建立并优化了可一年多次接种的小麦小孢子高效液体培养技术体系，具有愈伤组织诱导率和绿苗产率高的特征。利用该技术结合空间诱变技术育成节水高产绿色小麦新品种航麦 3290 完成北京市节水组生产试验，待颁证；育成广适高产小麦新品种航麦 802 完成河北省冀中北生产试验，待颁证，同时参加北京市第二年和国家黄淮南片第一年区域试验；育成的航麦 818、航麦 819 分别参加黄淮南片和北部冬麦区第二年区域试验。

利用小麦表型突变体库挖掘到株高等重要农艺性状新的有益等位变异。表型突变体是挖掘重要新基因的材料基础，本研究组前期筛选鉴定了 4000 余份稳定的小麦表型突变体，在此基础上结合 660K SNP 芯片和关联分析等技术，利用 190 份突变体的株高、千粒重等 10 个性状在 5 个环境下的表型性状数据，挖掘到新的株高有益等位变异 8 个、降低旗叶夹角有益等位变异 1 个，证明 5DL 染色体上 10Mb 的区段能够同时影响株高和千粒重。利用早抽穗突变体鉴定到早熟基因 Vrn-B1，并开发了可用于育种早期世代选择的功能性标记。挖掘到降低株高的新 QTL 位点一个，可解释表型变异的 8.85%。



小麦突变新品种田间表现

A. 航麦 3290 ; B. 航麦 802

WHEATBREEDING FOR HIGH-YIELD AND WIDE ADAPTABILITY

小麦高产广适育种创新研究组

李洪杰，研究员，博士生导师。1988 年获中国科学院植物研究所植物学专业博士。中国植物保护学会第十届、第十一届和第十二届理事会理事，The Crop Journal 技术编辑，《作物学报》编委。

研究方向：针对黄淮海区和北部冬麦区的主要病害（白粉病和赤霉病），利用基因组学和分子标记技术，发现抗病新基因，创制抗病新种质；利用矮败小麦、单倍体育种、分子育种和常规育种技术，培育高产、优质、抗病抗逆和小麦新品种。

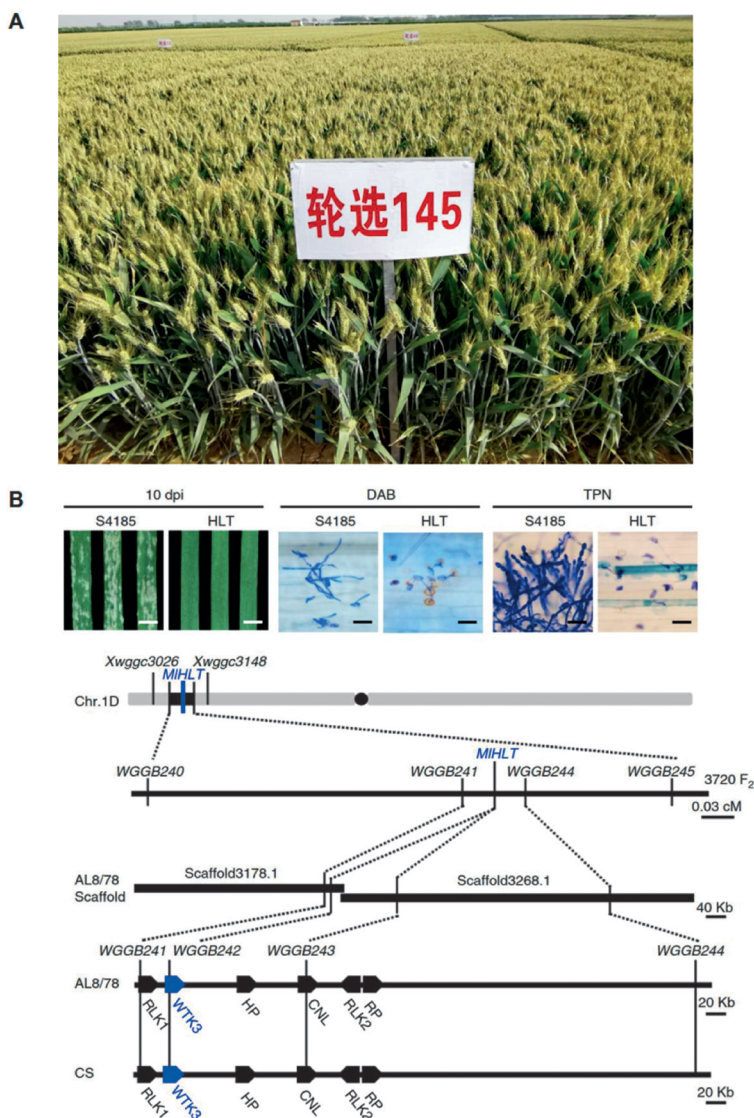
Email: lihongjie@caas.cn 电话: 010-82105321

主页: <http://lihongjie.icscaas.com.cn>



亮点工作

轮选 145 和轮选 146 通过国家审定。轮选 6 号、轮选 16、轮选 45、轮选 145、轮选 146、轮选 166 和轮选 266 获得植物新品种权证书。其中，小麦新品种轮选 145 在保持亲本济麦 22 优点的基础上，产量有所提高、早熟且抗倒伏性突出，有望成为黄淮北片的主推品种。图位克隆地方品种和野生二粒小麦抗白粉病基因 *Pm5e*、*Pm24*，和 *Pm41*，这 3 个基因对于提高小麦品种白粉病抗性将发挥重要。



小麦新品种选育和 *Pm24* 基因克隆研究进展

A. 轮选 145 和济麦 22 田间长势; B. 抗白粉病基因 *Pm24* 克隆

重要论著

Lu P, Wang Z, Li B, Li J, Li Y, Qiu D, Shi W, Yang L, Wang N, Guo G, Xie J, Wu Q, Chen Y, Li M, Zhang H, Dong L, Zhang P, Zhu K, Yu D, Zhang Y, Deal KR, Huo N, Liu C, Luo MC, Dvorak J, Gu Y, Li H, Liu Z. A rare gain of function mutation in a wheat tandem kinase confers resistance to powdery mildew. *Nature Communications*, 2020, 11: 680.

Li M, Dong L, Li B, Wang Z, Xie J, Qiu D, Li Y, Shi W, Yang L, Wu Q, Chen Y, Lu P, Guo G, Zhang H, Zhang P, Zhu K, Li Y, Zhang Y, Wang R, Yuan C, Liu W, Yu D, Luo M, Fahima T, Nevo E, Li H, Liu Z. A CNL Protein in Wild Emmer Wheat Confers Powdery Mildew Resistance. *New Phytologist*, 2020, 228: 1027-1037.

Xie J, Guo G, Wang Y, Hu T, Wang L, Li J, Qiu D, Li Y, Wu Q, Lu P, Chen Y, Dong L, Li M, Zhang H, Zhang P, Zhu K, Li B, Deal KR, Huo N, Zhang Y, Luo M, Liu S, Gu Y, Li H, Liu Z. A rare single nucleotide variant in *Pm5e* confers powdery mildew resistance in common wheat. *New Phytologist*, 2020, 228: 1011-1026.

Cui L, Ren Y, Zhang Y, Tang Z, Guo Q, Niu Y, Yan W, Sun Y, Li H. Characterization of resistance to cereal cyst nematode, agronomic performance, and end-use quality parameters in four perennial wheat-Thinopyrum intermedium lines. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 594197.

代表性品种

小麦，轮选 145，国审
小麦，轮选 146，国审

代表性知识产权

CNA20181346.7, 轮选 6 号
CNA20170571.6, 轮选 16
CNA20170571.6, 轮选 45
CNA20181348.5, 轮选 145
CNA20170733.1, 轮选 146
CNA20181349.4, 轮选 166
CNA20181350.0, 轮选 266

研究组成员

周 阳 研究员 刘宏伟 副研究员
杨 丽 高级实验师 张宏军 副研究员

博士后

吴培培

研究生

邱 丹 Tesfay Gebrekirstos 胡经煌
黄义文 石晓涵 代旭冉 Habteab Goitom
薛新慧



WHEAT BREEDING FOR STRESS-RESISTANCE

小麦抗逆育种创新研究组

孙果忠, 研究员。2007 年获中国农业科学院植物病理学专业农学博士。2018 年 11 月至 2019 年 5 月, 英国 John Innes Centre (JIC) 访问学者。现任国家小麦产业技术体系遗传育种岗位专家。

研究方向: 通过揭示小麦发育进程与冬季冻害、倒春寒、干热风等逆境耐受性的关系, 挖掘抗逆基因, 探索操纵环境因子来培育抗逆高产品种; 开展品种广适性测试, 协调品种 - 环境 - 栽培措施间的关系, 构建小麦绿色生产技术集成模式。

Email: sunguozhong@caas.cn 电话: 010-82107463

主页: <http://sunguozhong.icscaas.com.cn>

重要论著

闫长生等. 广适性小麦新品种鉴定与评价 (2018-2019 年度), 中国农业出版社, 2020.

代表性品种

小麦, 中麦 6052

小麦, 中麦 6079

代表性知识产权

CNA20182254.5, 中麦 6052

CNA20182257.2, 中麦 7083

CNA20182256.3, 中麦 7068

CNA20182253.6, 中麦 6018

研究组成员

肖世和 研究员

闫长生 研究员

陈旭 高级农艺师

姚丹婷 助理研究员

贾丹 科研助理

刘翼 科研助理

蒋云锋 工人

张勤枝 工人

研究生

王娟 Waqas Ijaz

亮点工作

中麦 6052 通过 2020 年国家黄淮南片冬麦区初审。半冬性中熟品种, 幼苗半匍匐、苗壮、叶色深绿、冬季冻害轻。春季起身拔节快、抽穗慢, 抗倒春寒能力突出。株型适中, 成穗率高、穗层整齐。纺锤形穗、结实性好, 白壳、白粒、角质、容重高。株高 81.3cm, 茎秆粗壮、抗倒性好。田间白粉、条锈、纹枯等病害轻。亩穗数 43.5 万、穗粒数 33.8 粒、千粒重 42.8 克。中筋, 蛋白质含量 12.7%、稳定时间 6.6min、最大拉伸阻力 422.8Rm.E.U.。2018-2020 年参加国家小麦良种联合攻关试验, 大区试验平均亩产 560.8 公斤, 比周麦 18 增产 3.9%; 生产试验亩产 550.6 公斤, 比周麦 18 增产 6.2%。氮素利用效率高, 氮效率指数 (NUI) 达 1.75。

中麦 6079 通过 2020 年国家黄淮北片水地组初审。半冬性中熟品种, 幼苗半匍匐、叶色深绿、抗寒性 1 级; 分蘖力强、株型紧凑、穗层整齐。纺锤形穗、穗下节较长, 结实性好, 熟相好。长芒、白壳、白粒、角质、容重高。亩穗数 44.9 万, 穗粒数 33.8 粒, 千粒重 50.2 克。品质测定为中筋, 蛋白质含量 13.9%、稳定时间 4.2 分钟、最大拉伸阻力 314.2Rm.E.U.。2018-2020 年参加国家小麦良种联合攻关试验, 大区试验亩产 560.8 公斤, 比济麦 22 增产 6.5%, 生产试验 608.1 公斤, 比济麦 22 增产 7.6%。属绿色节水节肥品种, 氮效率指数 (NUI) 1.458, 磷效率指数 (PUI) 1.579, 节水指数 1.223。



中麦 6052

GENE EDITING AND CREATION OF NOVEL GERMPLASM

基因编辑与新材料创制创新研究组

夏兰琴，三级研究员，博士生导师。2000 年获中国农科院生物技术研究所博士学位。2002-2003 年在德国慕尼黑大学植物研究所从事博士后研究。曾在德国植物遗传育种研究所、英国洛桑实验站、加拿大农业部 Lethbridge 研究中心分别作为访问学者和 RI Research Fellow 进行合作研究。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：CRISPR/Cas 介导的基因组编辑新技术、新方法的研发及其在小麦、水稻重要农艺性状改良中的应用；抗蚜虫转基因小麦新种质创制。

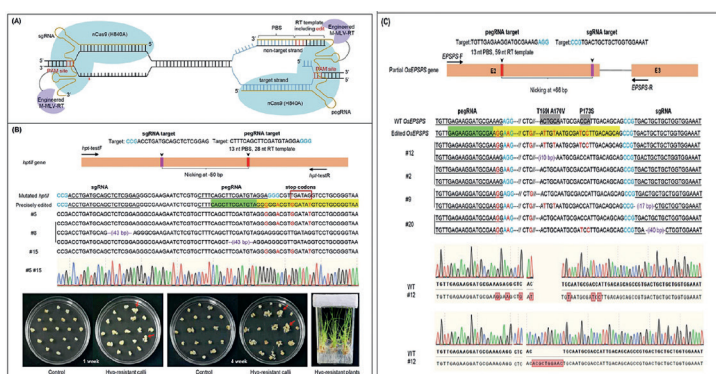
Email: xialanqin@caas.cn 电话: 010-82105804

主页: http://xialanqin.icscas.com.cn



亮点工作

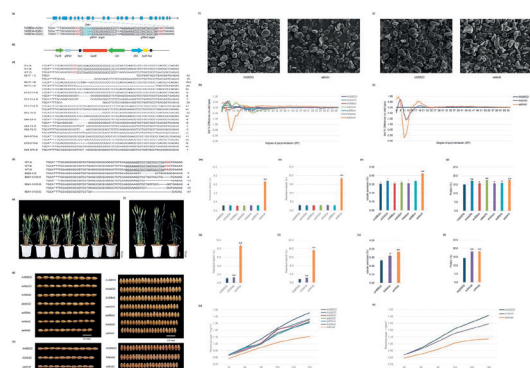
利用优化的引导基因编辑器在水稻中实现高效精准基因编辑。同源重组修复方式 (HDR) 介导的 CRISPR/Cas 基因组编辑系统能够实现目标基因特定核苷酸的改变，但目前同源重组在植物中的效率非常低。另外，由 CRISPR 系统衍生的胞嘧啶脱氨酶和腺嘌呤碱基编辑器，目前只能实现部分类型的碱基替换。因此，迫切需要建立更高效的植物基因组精准编辑技术体系。本研究基于动物引导编辑系统，通过进一步优化该系统，分别实现了水稻外源 *hptII* 突变基因和内源 *OsEPSPS* 基因进行精准基因编辑，编辑效率分别为 9.38% 和 2.22%。高效植物引导编辑系统的建立，为水稻以及其他作物基因组精确编辑提供了有力工具，有望加速农作物定向遗传改良的进程。



水稻高效引导编辑系统的建立

A. 植物引导编辑 (PGE3) 示意图; B. 水稻外源 *hptII* 突变基因的精准编辑; C. 水稻内源基因 *OsEPSPS* 的精准编辑

利用基因编辑技术创制出高抗性淀粉小麦新种质。抗性淀粉主要存在于高直链、低支链淀粉颗粒中，其含量与高直链淀粉含量呈直线正相关，是一种非常重要的膳食纤维资源，对于改善人类健康、降低糖尿病、高血脂和肥胖症等多种慢性疾病风险具有重要意义。本研究利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术，定点编辑敲除冬小麦品种郑麦 7698 和春小麦品种 Bobwhite 中的 *SBEIIa* 基因，分别获得了高抗性淀粉的冬、春小麦新种质，为培育营养功能型小麦新品种提供了新途径。



小麦新种质的创制

A. 基因编辑载体以及突变体基因型; B. 突变体株型和籽粒性状; C. 突变体籽粒淀粉体结构以及面粉生理化和营养特性分析

重要论著

Huiyuan Li, Jingying Li, Jilin Chen, Lei Yan, Lanqin Xia, Precise Modifications of Both Exogenous and Endogenous Genes in Rice by Prime Editing. *Molecular Plant*, 2020, 13: 671-674.

Jingying Li, Huiyuan Li, Jilin Chen, Lei Yan, Lanqin Xia. Toward Precision Genome Editing in Crop Plants. *Molecular Plant*, 2020, 13: 811-813.

Jingying Li, Guai Jiao, Yongwei Sun, Jun Chen, Yingxin Zhong, Lei Yan, Dong Jiang, Youzhi Ma, Lanqin Xia, Modification of starch composition, structure and properties through editing of *TaSBEIIa* in both winter and spring wheat varieties by CRISPR/Cas9. *Plant Biotechnology Journal*, 2020.

Shaoya Li, Yingxiao Zhang, Lanqin Xia, Yiping Qi. CRISPR-Cas12a enables efficient biallelic gene targeting in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18: 1351-1353.

Sutar Suhas Bharat, Shaoya Li, Jingying Li, Lei Yan, Lanqin Xia. Base editing in plants: current status and challenges. *The Crop Journal*, 2020, 8: 384-395.

Shaoya Li, Lanqin Xia. Precise gene replacement in plants through CRISPR/Cas genome editing technology: current status and future perspectives. *ABIOTECH*, 2020, 1: 58-73.

代表性知识产权

ZL 201710098892.7, 一种 CRISPR/nCas9 介导的定点碱基替换在植物中的应用。

ZL 201810385868.6, 一种利用 CRISPR/LbCpf1 系统实现目的基因在植物中同源重组的方法。

研究组成员

闫 磊 助理研究员 张 臣 助理研究员

王 宁 助理研究员 穆怀珍 科研助理

余宁博 科研助理

博士后

李少雅 陈继林

研究生

张佳慧 李晶莹 李慧园 田金福 张春光

钟 雪 李玉才 徐佳亮 罗金满 曹明新

朱紫薇 田成立 张华婷



MAIZE BREEDING FOR HIGH QUALITY AND STRESS RESISTANCE

玉米优质抗逆育种创新研究组

李新海，研究员，博士生导师。国家玉米产业技术体系首席，中国农业科学院玉米遗传改良与新品种选育创新团队首席，转基因专项重大课题负责人。入选国家高层次人才计划、“国家百千万人才工程”，全国农业科研杰出人才，中国农业科学院农科英才领军人才。

研究方向：玉米遗传改良与种质创新。

Email: lixinhai@caas.cn 电话: 010-82106457

主页: <http://lixinhai.icscaas.com.cn>

重要论著

Wang L, Zhou Z, Li R, Weng J, Zhang Q, Li X, Wang B, Zhang W, Song W, Li X. Mapping QTL for flowering time-related traits under three plant densities in maize. *The Crop Journal*, 2020.

Yong, H., Tang, J., Zhao, X. et al. Effect of five modified mass selection cycles on combining ability in two Chinese maize populations. *Euphytica*, 2020, 216: 57.

Lu Xin, Zhou Zhiqiang, Yuan Zhaohui, Zhang Chaoshu, Hao Zhuanfang, Wang Zhenhua, Li Miaopeng, Zhang Degui, Yong Hongjun, Han Jienan, Li Xinhai, Weng Jianfeng. Genetic Dissection of the General Combining Ability of Yield-Related Traits in Maize[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11.

代表性品种

玉米，中单 685，国审
玉米，中单 123，国审
玉米，中单 107，国审
玉米，中单 111，黑龙江省审

代表性知识产权

CNA20151996.3，中单 105
CNA20151999.0，CA345
CNA20152000.5，CA364
CNA20152001.4，CA622
CNA20152002.3，CA810
CNA20191005206，中单 603
ZL201811332359.3，转基因抗虫玉米 CM8101
外源插入片段旁侧序列及其应用
ZL201710754084.1，玉米 SNAC 基因中的遗传变异在玉米耐旱性检测中的应用

研究组成员

李明顺 研究员 郝转芳 研究员
张德贵 副研究员 翁建峰 副研究员
雍洪军 副研究员 韩洁楠 助理研究员
周志强 助理研究员

博士后

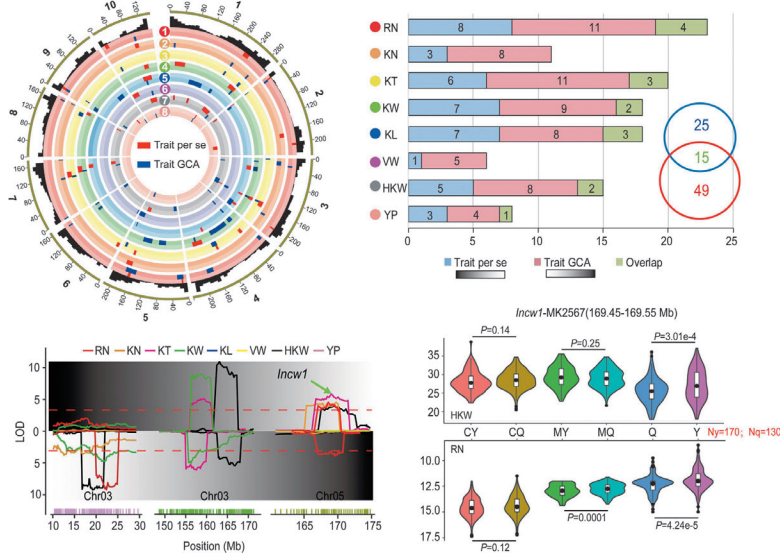
张晓聪 吴建忠 许振南

研究生

鲁鑫 程子祥 王洋 王飞飞 陈勇
程名 王晓楠 邵宇新 王美娟 李望舒
李一 王馨玉 刘晓丽 高晶 罗平
苏越 郭增辉

亮点工作

玉米产量配合力遗传解析。杂种优势利用是提高玉米产量的重要途径，配合力是评估优异亲本自交系的重要指标。以昌 7-2 和 Mo17 为测验种，掖 478 和齐 319 重组自交系群体为试验材料，解析产量相关性状一般配合力效应遗传基础。研究表明：95 个数量性状位点中有 17 个位点同时影响产量相关性状及其一般配合力效应，27 个位点仅影响产量性状自身。qHKW5-2 位于第 5 号染色体上，包含与产量相关已克隆基因 *Incw1*。鉴定到的性状一般配合力效应位点对于玉米杂交育种具有重要潜在应用价值。



8 个产量相关性状及其 GCA 效应相关 QTL 分布比较及 qHKW5-2 位点验证

育成高产早熟抗倒玉米新品种中单 685。优化东北区中熟组杂种优势模式，采用高密度抗逆、配合力测配、穿梭鉴定、分子标记辅助育种等技术，创制早熟耐密抗倒自交系 CA364 和 CA898。通过数字化、规模化测试，选育出优良早熟新品种中单 685，2018-2019 年参加东华北中早熟春玉米组区域试验，两年平均亩产 728.35 千克，比对照吉单 27 增产 4.94%。2019 年生产试验中，平均亩产 685.0 千克，比对照吉单 27 增产 1.7%。2020 年 9 月在东北经历 3 场台风，中单 685 表现出极强的抗倒能力，在强逆境下确保丰产。



中单 685 田间表现

HIGH-YIELD MAIZE BREEDING

玉米高产育种创新研究组

黄长玲，二级研究员。1988 年获北京农业大学（现为中国农业大学）农学硕士学位。现任作物遗传育种中心主任。国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项项目首席，中国农业科学院农科英才领军人才入选者，全国创新争先奖获得者，2012-2017 年中国种业十大杰出人物，第十一届中国作物学会理事，中国作物学会玉米专业委员会副秘书长。获国家科技进步二等奖一项，部级一等奖 1 项，中国农科院科技成果奖 1 项。

研究方向：耐密高产广适玉米品种选育；重要农艺性状的遗传基础研究。

Email: huangchangling@caas.cn 电话: 010-82109600

主页: <http://huangchangling.icscaas.com.cn>

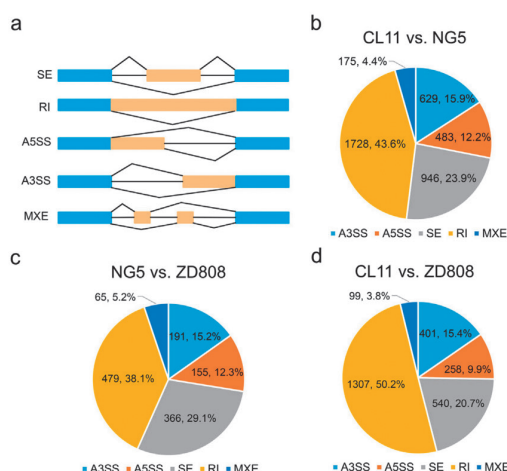


亮点工作

面向我国东华北、西北春玉米区以及黄淮海夏玉米区生产发展需求，开展耐密、早熟、脱水快、适宜机械化收获的玉米材料创制和新品种选育。2020 年育成高配合力、抗病、耐热优良自交系 15 个，新品种中甜 401 和中糯 336 通过国家审定，中单 8803 完成国家区试程序，中单 909 完成新疆引种程序，中单 8951 进入国家机收组区试，中单 8812 晋级第二年区试。新品种中单 8812 产量潜力高，在新疆奇台农场 8000 株/亩密度下，亩产达 1510 公斤；在内蒙古通辽市 4900 株/亩密度下产量达 1049 公斤。



中单 8812



差异可变剪切模式影响杂种优势形成

开展重要农艺性状的遗传基础研究，重点包括玉米杂种优势机理解析，玉米抗倒性、脱水速率等性状遗传位点挖掘及玉米全基因组选择技术育种应用。在玉米杂种优势机理解析方面，通过转录组测序分析了杂交种及其亲本自交系的基因差异可变剪切，揭示了亲本显性的基因可变剪切模式在杂种优势形成中的重要作用。在抗倒性状研究方面，对玉米细胞壁组分和茎秆穿刺强度开展动态 QTL 定位，并利用相关 QTL 位点开展了玉米茎秆强度和抗倒性全基因组选择分析。以上研究为玉米品种产量和抗倒性遗传改良奠定了理论基础。

重要奖项

第二届全国创新争先奖，2020，黄长玲

代表文章

Liu, X., Hu, X., Li, K., Liu, Z., Wu, Y., Wang, H., Huang, C. Genetic mapping and genomic selection for maize stalk strength. BMC Plant Biology, 2020, 20: 1-16.

石慧敏, 蒋成功, 王红武, 马庆, 李坤, 刘志芳, 吴宇锦, 李树强, 胡小娇*, 黄长玲*. 2020. 玉米籽粒突变体 dek48 的表型鉴定与基因定位. 作物学报, 46(9):1359-1367.

蒋成功, 石慧敏, 王红武, 李坤, 黄长玲, 刘志芳, 吴宇锦, 李树强, 胡小娇*, 马庆*. 2020. 玉米籽粒突变体 smk7 的表型分析和基因定位. 作物学报, 47(2): 285-293.

代表性品种

玉米, 中甜 401, 国审

玉米, 中糯 336, 国审

代表性知识产权

CNA20160054.3, 中单 856

研究组成员

黄长玲 研究员	刘志芳 研究员
王红武 研究员	田志国 副研究员
吴宇锦 高级技师	胡小娇 副研究员
李 坤 副研究员	刘小刚 助理研究员

研究生

石慧敏 韩璐璐 张 伟 杨 雪



MAIZE ENGINEERED BREEDING

玉米工程化育种创新研究组

黎亮，研究员，博士生导师。2010 年获中国农业大学博士学位，主要从事玉米单倍体育种技术研究。具有十年的跨国企业工作经历，先后任世界第四大种业集团法国利马格兰公司高级科学家和中国区大田作物研发总监。中国农业科学院作物科学研究所领军人才入选者。

研究方向：玉米单倍体育种技术；玉米全基因组预测技术；玉米宜机收种质创制与改良；玉米高产优质广适新品种选育。

Email: lililang05@caas.cn 电话: 010-82105761

主页: [Http://lililang.icscaas.com.cn](http://lililang.icscaas.com.cn)

研究组成员

衡燕芳 助理研究员
计怀春 育种工程师
张智彬 育种助理

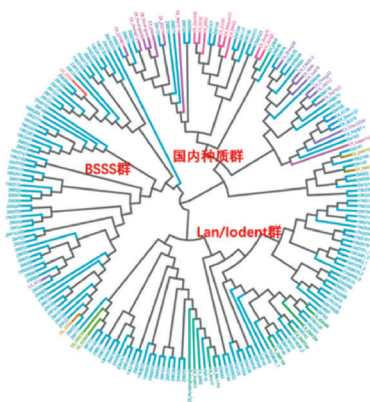
博士后

范开建

亮点工作

构建玉米温带优良自交系的基因型和表型数据库。玉米基因型和表型数据平台是全基因组预测育种体系的重要组成部分。构建了一个来源广泛的温带玉米自交系群体，共 204 份材料，包含目前国内广泛推广杂交种的亲本、历史上的骨干自交系和其他新选育的优良自交系，覆盖从温带极早熟到晚熟所有生态区。采用中玉金 10K 芯片进行基因分型，从聚类结果来看，可以清晰地归为 BSSS 群、Lan/lodent 群、国内种质群三大类群。下一步将扩大群体的数量，并收集自交系的表型以构建基因型和表型数据库，为育种家开展分子育种提供服务。

创制玉米早熟抗倒脱水快宜机收 DH 种质。随着城市化进程加快以及农村劳动力短缺，玉米全程机械化是必然趋势。而目前我国玉米的籽粒机收率还很低，主要原因在于目前推广的品种不适宜籽粒机收，而根本原因在于宜机收优良自交系的匮乏。宜机收种质创新与新品种选育成为目前玉米育种的重要方向。国外种质具有宜机收性状但是对本土环境的适应性有待提高，因此将国外种质的宜机收性和本土种质的适应性有机结合是优良自交系选育的思路。选择 36 个具有宜机收性状（早熟、耐密、脱水快、抗倒伏）的商业杂交种，共生产了 4000 份 DH 系，对这些 DH 系进行扩繁和观察。下一步将对这些 DH 系的宜机收特性进行评价，以筛选出优良的宜机收自交系。



骨干自交系的聚类分析图（左）和 4000 份玉米 DH 系的田间扩繁（右）

MAIZE MOLECULAR BREEDING

玉米分子育种创新研究组

李文学, 研究员, 博士生导师。2001 年获中国农业大学植物营养专业农学博士。科技部中青年科技创新领军人才, 教育部新世纪优秀人才支持计划, 中国农业科学院农科英才领军人才。作物分子育种技术和应用创新团队首席。

研究方向: 以 miRNA 为切入点, 以提高植物的养分利用效率为核心, 深入研究 miRNA 在植物适应养分过程中的作用; 开展玉米耐逆性的基因定位和相关功能标记的开发, 并用于分子标记辅助选择育种, 最终服务于高产高效、可持续发展的农业目标。

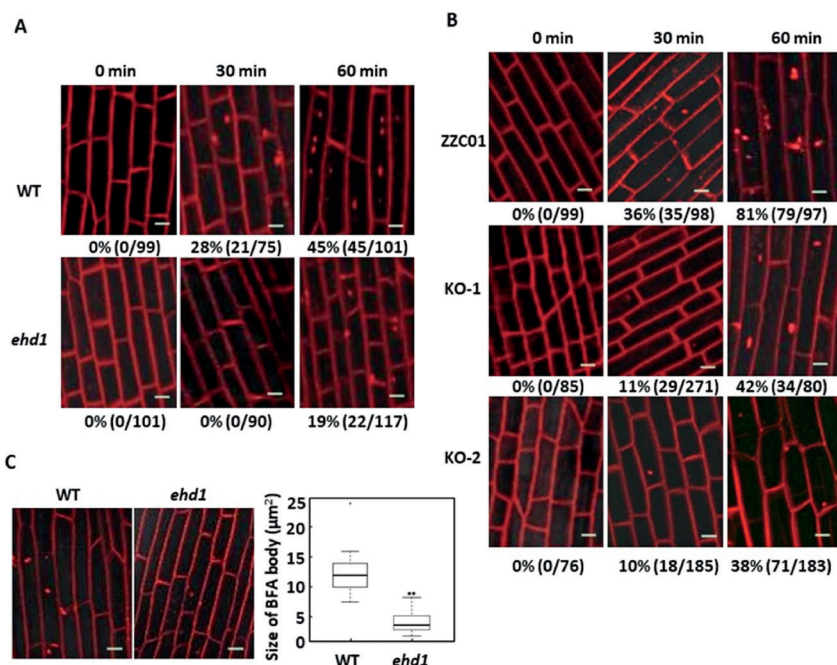
Email: liwenxue@caas.cn 电话: 010-82105799

主页: <http://liwenxue.icascaas.com.cn>



亮点工作

玉米的籽粒发育直接影响玉米产量, 克隆籽粒性状关键基因并解析其调控机理是深入了解籽粒发育机制、提高产量的重要途径。筛选田间育种材料中的自然突变体发现一份籽粒发育缺陷突变体。通过图位克隆及等位测试证实 ZmEHD1 为控制籽粒发育性状的目标基因。EHDs 蛋白在哺乳动物细胞中参与囊泡运输和信号转导, 但是在植物的作用尚不清楚。为验证玉米 EHD1 蛋白是否在玉米内吞过程中发挥作用, 研究人员利用 FM4-64 对 WT 和突变体植株的内吞过程进行研究, 发现 ZmEHD1 的突变会引起玉米内吞过程延迟; 利用 BiFC、酵母双杂、pull-down 实验验证 ZmEHD1 通过与 ZmAP2 σ 亚基作用参与玉米内吞过程。利用 RNA-seq、DR5::mRFP 和 pZmPIN1a::ZmPIN1a:YFP 转基因材料探明内吞的延迟会影响玉米生长素体内平衡, 进而影响玉米籽粒的发育 (Plant Physiol, 2020)。



FM4-64 的内吞作用在 ehd1 突变体和 KO 敲除植株中减弱

重要论著

Y Wang, W Liu, H Wang, Q Du, Z Fu, WX Li, J Tang. ZmEHD1 is required for kernel development and vegetative growth through regulating auxin homeostasis. *Plant Physiology*, 2020, 182:1467-1480.

Z Guo, C Zou, X Liu, S Wang, WX Li, Dan Jefferys, X Fan, M Xu, Y Xu. Complex genetic system involved in Fusarium ear rot resistance in maize as revealed by GWAS, bulked sample analysis and genomic prediction. *Plant Disease*, 2020, 104:1725-1735.

Z Li, X Liu, X Xu, J Liu, Z Sang, K Yu, Y Yang, W Dai, X Jin, Y Xu. Favorable haplotypes and associated genes for flowering time and photoperiod sensitivity identified by comparative selective signature analysis and GWAS in temperate and tropical maize. *The Crop Journal*, 2020, 8:227-242.

K Yu, H Wang, X Liu, C Xu, Z Li, X Xu, J Liu, Z Wang, Y Xu. Large-scale analysis of combining ability and heterosis for development of hybrid maize breeding strategies using diverse germplasm resources. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11:660.

代表性知识产权

ZL201711001789.2, 培育具有不同木质素含量的转基因植物的方法

ZL201711077965.0, 玉米 PILNCR1 及其在调控和检测玉米耐低磷胁迫中的作用

研究组成员

王山荏 副研究员 郭子锋 助理研究员
杨荣新 助理研究员

博士后

敖 曼 王洪秋 王雅菲 宫晓平

研究生

杜庆国 Syed Muhammad Sadiq Shah
闫鹏帅 陈 欢 代文双 胡玉梅 秦瑞东



MAIZE GENOME EDITING AND BREEDING-BY-DESIGN

玉米基因编辑育种创新研究组

谢传晓，研究员，博士生导师。2004 获中国科学院研究生院博士学位。2004 年 7 月至今在中国农业科学院作物科学研究所工作。期间于 2005 年赴国际玉米小麦改良中心 (CIMMYT) 短期访问学者。2017 年起任中国遗传学会基因组编辑分会学术委员会委员。

研究方向：玉米等高等植物基因编辑技术；玉米育种技术；玉米分子设计育种；种业应用技术。

Email: xiechuanxiao@caas.cn 电话：010-82107464 主

页：http://xiechuanxiao.icscaas.com.cn

重要论著

XT Qi, CS Zhang, JJ Zhu, CL Liu, CL Huang, XH Li* and CX Xie* (2020) Genome editing enables next-generation hybrid seed production technology. *Molecular Plant* 13 (9) :1262-1269.

CX Xie, YB Xu, JM Wan (2020) Crop genome editing : A way to breeding by design. *Crop J.* 8 (3):379-383.

YM Li, JJ Zhu, H Wu, CL Liu, CL Huang, JH Lan, YM Zhao, CX Xie*. (2020). Precise base editing of non-allelic acetolactate synthase genes confers sulfonylurea herbicide resistance in maize. *Crop J.* 8 (3):449-456.

XT Qi, H Wu, HY Jiang, JJ Zhu, CL Huang, X Zhang, CL Liu, BJ Cheng (2020). Conversion of a normal maize hybrid into a waxy version using in vivo CRISPR/Cas9 targeted mutation activity. (2020) *Crop J.* 8(3):440-448.

代表性知识产权

ZL201810263393.3, 一种高效植物受体孤雌生殖单倍体筛选方法

ZL 201811358854, 一种创制玉米甜糯籽粒种质的方法

主要审定品种

玉米，中单 89，安徽省审

研究组成员

刘昌林 副研究员 朱金洁 助理研究员
黄 晶 研究助理

博士后

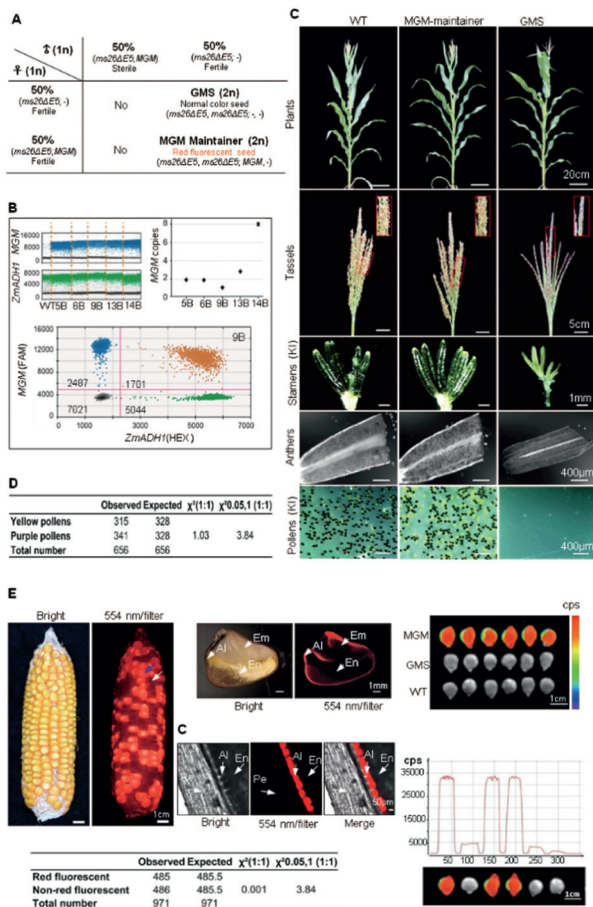
祁显涛

研究生

李丽娜 王虹麟 闫元元 吴 昊 张兰迎
王 南 吕仁瑶 孙善秋 邢瑞霞 毛文博

亮点工作

杂种优势利用是提高作物产量的有效途径，作物雄性不育系及其保持系的繁殖生产是杂种优势利用的前提。该研究组利用基因编辑实现了一步法创制核不育基因并筛选得到配套第三代杂交种生产技术保持系技术，利用 CRISPR/Cas9 基因编辑定点删除了玉米内源 MS26 基因重要功能域，创制了 ms26 Δ E5 隐性不育系，该编辑活性不影响同时提供的保持系所需的 MS26 基因的互补表达盒，并实现了保持系生物技术元件半合子遗传及其与不育系种子的荧光分拣。该技术可以拓展应用于其他杂交种作物中具有产业应用价值的细胞核育性基因种子产业化，为第三代作物杂交种技术提供了高效的解决方案，将助推第三代作物杂交育种技术的发展和产业化应用。该研究是利用基因编辑技术为农作物育种领域传统途径无法克服问题提供有效解决方案的又一个案例。(*Molecular Plant*, 2020)。



基因编辑创制第三代玉米杂交种及其种业应用

A. 创制的玉米第三代杂交种不育系与保持系配子基因型；B. 基因编辑创制的保持系元件拷贝数筛选与鉴定；C. 创制的不育系与保持系育性表型；E. 创制的保持系种子表型：可以世代接续繁殖 1:1 保持系与不育种的种子应用于种业生产

SPECIALITY CROP BREEDING

特色作物育种创新研究组

李桂英，研究员，硕士生导师。1998 年获中国农业科学院研究生院生物物理专业理学博士。

研究方向：酿酒高粱、能源 / 饲用高粱和饲用小黑麦、籽粒苋的新品种选育与利用研究。

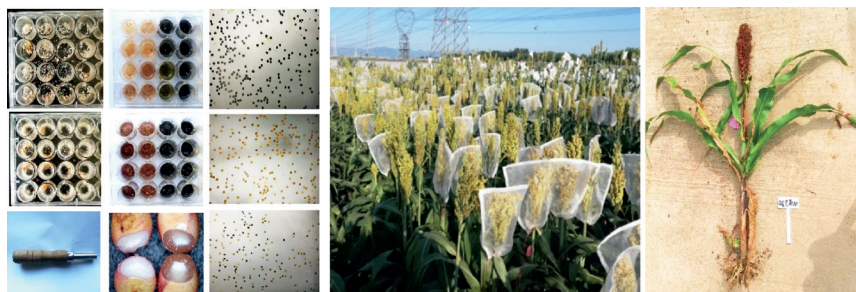
Email: liguiying@caas.cn 电话: 010-82108601

主页: <http://liguiying.icscaas.com.cn>



亮点工作

建立了粳高粱和糯高粱快速鉴别综合技术，育成一批糯高粱不育系和恢复系。高粱籽粒有糯性和非糯性之分，我国传统名酒均以糯高粱为主要原料。快速鉴别高粱糯性对育种和原料采购均具有重要意义。现有高粱粳糯的鉴定方法有目测法、染色法和蒸煮法等，但均存在鉴定效率不高的问题，影响糯高粱育种进程。本组在前人基础上，经过反复试验，总结出如下四种适合不同情形的高粱粳糯快速鉴别方法，即：刀切法，籽粒捣碎开水糊化法、冷水捣碎染色法和田间花粉染色法，综合利用这四种方法，使鉴定效率大大提高，加速糯高粱育种进程。



糯高粱育种

创新小黑麦合成方法，获得新型六倍体和八倍体小黑麦新种质。现有六倍体小黑麦是由四倍体分枝麦与二倍体黑麦杂交合成；八倍体小黑麦是由六倍体小麦“中国春”与二倍体黑麦杂交创造。本组利用现代四倍体硬粒小麦与二倍体 (RR)、四倍体 (RRRR) 黑麦杂交合成了新型六倍体小黑麦 (AABBRR) 和八倍体小黑麦 (AABBRRRR)。新型小黑麦表现矮秆、早熟、籽粒饱满、硬质抗三锈、抗白粉病、抗倒伏。新材料的育成，解决了结实率低、籽粒饱满度差、综合抗病性等问题，极大丰富了小黑麦的遗传资源，同时为通心粉专用型小黑麦的培育奠定了基础。

秸秆腐熟剂研究取得加大进展。玉米秸秆低温腐解难的问题，筛选出东北黑土适配菌株组合 7 个，低温或冻土环境接种菌剂的秸秆降解率比对照提高 8%-18%。采用旋混模式 + 菌剂促腐还田，可实现化肥用量减少 10% 以上，免耕覆盖模式施用菌剂玉米产量比不施用菌剂显著提高。

代表性知识产权

ZL201711063478.9, 瘤胃真菌木糖异构酶基因及其应用

ZL202021603269.6, 高粱籽粒糯性快速检测试剂工具箱

CN111896531A, 一种快速鉴别糯高粱和粳高粱的方法

CN111707662A, 一种高粱籽粒糯性快速检测方法及其应用

202011553303.8, 新型异源多倍体小黑麦的合成方法

202010416469.9, 一种籽粒苋种衣剂及制备方法

行业标准

燃料乙醇用玉米秸秆, NB/T10405-2020

研究组成员

顿宝庆 研究员 孟凡华 副研究员
潘照明 副研究员 游光霞 助理研究员
王 智 助理研究员

研究生

窦方敏 乌云坦满达 郝燕鹏



SOYBEAN MOLECULAR BREEDING

大豆分子育种创新研究组

孙石, 研究员, 硕士生导师。2008 年获南京农业大学作物遗传育种专业博士学位。2008 年至今在中国农业科学院作物科学研究所工作, 其中, 2012 年 8 月至 2013 年 5 月在美国阿肯色大学做访问学者。

研究方向: 以光温适应性等性状为重点开展大豆遗传规律研究, 完善常规育种和分子育种相结合的现代育种技术体系, 培育大豆新品种。

Email: sunshi@caas.cn 电话: 010-82108589

主页: <http://sunshi.icscaas.com.cn>

重要奖项

黄淮海麦茬夏大豆免耕覆秸栽培技术体系构建与示范, 北京市科学技术进步奖一等奖
大豆光温适应性改良技术创新与育种应用, 中国农业科学院科技成果奖

重要论著

- L Wang, S Sun, T Wu, L Liu, X Sun, Y Cai, J Li, H Jia, S Yuan, L Chen, B Jiang, C Wu, T Han. Natural variation and CRISPR/Cas9-mediated mutation in *GmPRR37* affect photoperiodic flowering and contribute to regional adaptation of soybean. *Plant Biotechnology Journal*. 2020, 1-13.
- L Liu, W Song, L Wang, X Sun, Y Qi, T Wu, S Sun, B Jiang, C Wu, W Hou, Z Ni, T Han. Allele combinations of maturity genes E1-E4 affect adaptation of soybean to diverse geographic regions and farming systems in China. *PLoS ONE*. 2020, 15(7): e0235397.
- L Zhang, W Liu, M Tsegaw, X Xu, Y Qi, E Sapey, L Liu, T Wu, S Sun, T Han. Principles and practices of the photo-thermal adaptability improvement in soybean. *Journal of Integrative Agriculture*. 2020, 19(2), 295-310.
- L Liu, L Gao, L Zhang, Y Cai, W Song, L Chen, S Yuan, T Wu, B Jiang, S Sun, C Wu, W Hou, T Han. Co-silencing E1 and its homologs in an extremely late-maturing soybean cultivar confers super-early maturity and adaptation to high-latitude short-season regions. *Journal of Integrative Agriculture*. 2020, 19(0), 2-11.

代表性品种

大豆, 中黄 301, 山东省审
大豆, 中黄 327, 北京市审

代表性知识产权

- ZL 2016 1 0569874. 8, 确定转基因生物中外源 DNA 片段的序列、插入位置和边界序列的方法
- ZL 2018 1 0816698. 2, 一种缩短大豆生长周期的方法
- ZL 2016 1 0656899. 1, 一种与植物开花期相关的蛋白及其编码基因与应用
- ZL 2018 1 0816698. 2, 一种提高大豆蛋白品质的方法及应用

研究组成员

韩天富 研究员 韩粉霞 研究员
闫淑荣 副研究员 蒋炳军 副研究员
武婷婷 副研究员 袁 珊 助理研究员

研究生

刘路平 许 鑫 SAPEY ENOCH 张春蕾
MESFIN TSEGAW TASSEW 张利新 孙佰全
EDEN TEFAMARIAM 张 岩 甄彩鑫
王筠雅 金 鑫 张君权 李 敏 龙池雨
金露萍 王 颖 王培国 王佳俊 孙艳辉
刘 昕 姜丽伟 董红霞 陈晓叶

亮点工作

针对黄淮海地区和国家大豆产业发展需求, 大豆分子育种创新研究组紧密围绕课题组的研究方向, 面向我国东北北部和黄淮海大豆主产区开展高产、优质、多抗、广适、适宜机械化作业的大豆新材料创制和新品种选育。

培育适宜黄淮海地区种植的高产、优质、抗病大豆新品种。2020 年大豆分子育种创新研究组选育的中黄 301 通过山东省审定、中黄 327 通过北京市审定。中黄 301 是适宜黄淮海南部大豆主产区种植的高产、优质、抗病、抗倒、广适、宜机收品种; 2016-2020 年连续 5 年高产示范田经专家现场实打实收, 亩产超过 300 Kg。中黄 327 为夏播高油大豆品种。

良种良法配套开展高产创建。在东北北部和黄淮海南部大豆主产区分别对中黄 901、中黄 301、中黄 37、中黄 39 等大豆新品种进行良种良法配套, 开展高产创建、展示示范和现场观摩, 在大规模应用中创造了一系列亩产 300 公斤以上的实收高产典型。今年对位于河南省获嘉县位庄乡新村的技术展示示范田实收 47 亩测产, 平均亩产 310.6 Kg。

对大豆光温适应性、生育期、品质等重要性状进行遗传基础和分子机制解析。“大豆光温适应性改良技术创新与育种应用”获中国农业科学院科技成果奖, 通过研究大豆光温反应机制, 创新光温适应性评价指标和技术, 发掘光温反应关键基因, 建立光温适应性改良技术体系, 培育适应不同光温条件的新品种并推广应用。克隆与生物钟调控和大豆驯化相关的基因 *GmPRR37*, 阐明了该基因调控大豆生物钟和生育期的功能机制, 并为选育应对气候变化和适应高纬地区种植的大豆品种提供了理论依据和重要靶点。通过鉴定 308 个国内大豆品种的重要生育期 E 等位基因组合与大豆品种地理区域适应性和耕作制度的关系, 研究结果有助于大豆生产中的种质资源评估鉴定、品种定向改良和区域化栽培制度的建立。



中黄 301 田间示范展示

SOYBEAN GENETICS AND BREEDING

大豆高产优质育种创新研究组

孙君明, 研究员, 博士生导师。2005 年获中国农业大学生物化学和分子生物学专业理学博士学位。现任作物遗传育种中心副主任, 北京国家大豆改良中心主任, 中国农村专业技术协会常务理事和大豆专业委员会主任委员。2018 年入选中国农业科学院农科英才领军人才。

研究方向: 围绕大豆产量和品质性状开展分子标记辅助育种工作, 开发大豆品质等重要性状的分子标记, 解析品质性状形成的分子机制。采用分子育种与常规育种相结合的手段, 创制新种质, 培育高产、优质、多抗和广适性的大豆新品种。

Email: sunjunming@caas.cn 电话: 010-82105805

主页: <http://sunjunming.icscaas.com.cn>



亮点工作

突破性大豆新品种选育与推广。高产耐密大豆品种中黄 73 通过国家黄淮南片审定; 超高产高油大豆品种中黄 35 在新疆地区实打实收 1 亩, 创亩产 416.89 公斤高产典型 (图 1), 已连续 5 年单产突破 400 公斤, 2020 年获大连市科技进步三等奖 (图 2); 据全国农业技术推广中心统计, 2019 年中黄 13 推广面积为 396 万亩, 居全国第二位, 累计推广超 1.1 亿亩。本研究组选育的大豆品种年推广面积 500 万亩左右, 占黄淮地区主导地位。

解析中国大豆种质异黄酮组分的地理分布规律。利用 1168 份中国大豆种质资源为材料, 采用高效液相色谱 (HPLC) 技术, 对 2017-2018 年 2 年 3 点种植的大豆种质异黄酮组成进行分析, 发现大豆种子中主要含有 6 种异黄酮组分, 其总异黄酮含量变化范围在 $745\mu\text{g g}^{-1}$ 至 $5253.98\mu\text{g g}^{-1}$ 之间, 相差达 7 倍。来自黄淮海地区的大豆种质的总异黄酮最高 ($2689.27\mu\text{g g}^{-1}$), 其次是南方地区和北部地区的大豆种质, 其总异黄酮含量分别为 $2518.91\mu\text{g g}^{-1}$ 和 $1942.78\mu\text{g g}^{-1}$ 。从中筛选出 35 份大豆种质的总异黄酮含量较高, 可以作为优异大豆种质材料。相关分析表明异黄酮单一组分与总异黄酮含量呈极显著正相关。主成分分析表明异黄酮糖苷和丙二酰基糖苷是大豆种质异黄酮的主要鉴别组分。另外, 基于 ArcGIS 软件绘制出中国大豆种质的异黄酮组分的区域分布图, 显示出明显的地理分布格局 (图 3), 可以有效指导中国大豆异黄酮品质育种工作 (Food Research International, 2020)。



中黄 35 在新疆地区的超高产示范田

重要奖项

高产高油广适大豆新品种中黄 35 的推广, 大连市科技进步三等奖 (第二完成单位)

重要论著

- M Azam, S Zhang, A M Abdelghany, A S Shaibu, Y Feng, Y Li, Y Tian, H Hong, B Li, J Sun. Seed isoflavone profiling of 1168 soybean accessions from major growing ecoregions in China. *Food Research International*, 2020, 130:108957.
- S A Shaibu, B Li, S Zhang, J Sun. Soybean cyst nematode resistance: Gene identification and breeding strategies. *The Crop Journal*, 2020, 8(6):892-904.
- A M Abdelghany, S Zhang, M Azam, S A Shaibu, Y Feng, Y Li, Y Tian, H Hong, B Li, J Sun. Profiling of seed fatty acid composition in 1025 Chinese soybean accessions from different ecoregions. *The Crop Journal*, 2020, 8(4): 635-644.
- S Zhang, B Li, Y Chen, S A Shaibu, H Zheng, J Sun. Molecular-assisted distinctness and uniformity testing using SLAF-sequencing approach in soybean. *Genes*, 2020, 11(2): 175.
- A M Abdelghany, S Zhang, M Azam, S A Shaibu, Y Feng, J Qi, Y Li, Y Tian, H Hong, B Li, J Sun. Natural variation in fatty acid composition of diverse world soybean germplasms grown in China. *Agronomy*, 2020, 10: 24.

代表性知识产权

- CNA20191002241, 中黄 103
CNA20191002240, 中黄 106

研究组成员

- 李 斌 副研究员 张晟瑞 助理研究员
李 静 助理研究员

博士后

- Muhammad Azam Ahmed M. Abdelghany

研究生

- 冯 岳 齐 杰 刘艺田
Suprio Ghosh Berhane S. Gebregziabhe
Kwadwo G. Agyenim-Boateng
怀园园 冯活仪 李椰城 张世碧 马彩优
郝雨水



SOYBEAN CULTIVATION

大豆栽培创新研究组

吴存祥，研究员，博士生导师。2009 年获华南农业大学作物遗传育种专业博士学位。国家大豆产业技术体系岗位科学家，国家农作物品种审定委员会大豆专业委员会委员，农业农村部大豆专家指导组成员，中国作物学会大豆专业委员会副主任委员、秘书长。

研究方向：大豆生长发育、产量与品质形成的生理生态机制；大豆绿色增产增效的耕作栽培技术研发与集成。

Email: wucunxiang@caas.cn 电话: 010-82105865

主页: <http://wucunxiang.icscaas.com.cn>

重要奖项

黄淮海麦茬夏大豆免耕覆秸栽培技术体系构建与示范，2019 年度北京市科技进步一等奖
大豆光温适应性改良技术创新与育种应用，2020 年度中国农业科学院杰出科技创新奖

重要论著

W Wang, Z Wang, W Hou, L Chen, B Jiang, W Liu, Y Feng, C Wu. *GmNMHC5*, a neoteric positive transcription factor of flowering and maturity in soybean. *Plants*, 2020, 9: 1-15.

L Liu, W Song, L Wang, X Sun, Y Qi, T Wu, S Sun, B Jiang, C Wu, W Hou, Z Ni, T Han. Allele combinations of maturity genes *E1-E4* affect adaptation of soybean to diverse geographic regions and farming systems in China. *PLoS ONE*, 2020, 15: e0235397.

C Xu, Y He, S Sun, W Song, T Wu, T Han, C Wu. Analysis of soybean yield formation differences across different production regions in China. *Agronomy Journal*, 2020, 112: 1-12.

杨如萍, 宋雯雯, 韦瑛, 贾贞, 魏野畴, 王立明, 吴存祥, 董博, 张国宏, 韩天富. 甘肃省大豆品种生育期组的划分及地理分布研究. *植物遗传资源学报*, 2020, 21: 2-16.

宋雯雯, 李继存, 赵云, 周静, 黄新阳, 曾海燕, 杨光明, 李素真, 吴存祥, 韩天富. 中国大豆微核心种质光温综合反映敏感性的鉴定. *植物遗传资源学报*, 2020, 21: 146-153.

代表性标准规程

大豆麦茬免耕覆秸精量播种技术, 农业农村部农业行业标准 (NY/T 3681-2020)

代表性知识产权

CNA20191004185, 中黄 306

CNA20160384.4, 中黄 901

ZL 2019 2 1360514.2, 用于作物幼苗的移栽装置

研究组成员

徐彩龙 助理研究员 宋雯雯 助理研究员

研究生

王文婷 杨琳 祁延萍 温惠文 李瑞东
王丽莹 华建鑫 吴宗声 王书君

亮点工作

黄淮海地区是我国高蛋白优质食用大豆集中产区。针对黄淮海地区麦茬大豆免耕播种困难、播种质量差、表土雨后板结、出苗率低，病虫害发生严重、保苗效果差，大豆药肥施用不科学、药效肥效较低，大豆收获质量差、田间损失量大等生产瓶颈问题，课题组协同国家大豆产业体系相关岗位，在前期工作的基础上，优化集成了黄淮海夏大豆免耕覆秸机械化生产技术模式。该技术全面解决了小麦机收后秸秆还田与大豆高质量播种之间的矛盾，通过前茬作物秸秆全量均匀还田，解决了土壤有机质含量不断下降的难题，实现了绿色可持续发展目标；播种环节多项作业一次性完成，节约了因多次农事操作而耗费的人力物力资源，显著提高了生产效率；集成绿色病虫害防控、大豆高质低损收获技术，实现了增产节本增效。该技术在示范应用中连续创造不同规模的实收高产典型：在中国农业科学院新乡万亩试验基地，2013-2020 年 8 年大豆平均亩产达到 311.9 公斤，其中 7 年次亩产超过 300.0 公斤；2020 年，河南省辉县占城镇千亩面积示范田实收测产 110 亩，平均亩产达 309 公斤，创造了黄淮海地区百亩超 300 公斤的新纪录；山东省东明县万亩规模示范田，核心地块实收最高亩产达 353.5 公斤，创造了我国夏大豆高产记录。



麦茬夏大豆免耕覆秸精量播种技术

PRECISION CULTIVATION AND CROP MANAGEMENT

精准栽培与管理创新研究组

李少昆，研究员，博士生导师。1996 年获中国农业大学农学专业博士。现任作物栽培与耕作中心主任，国家玉米产业技术体系岗位科学家，中国农业科学院作物栽培与生理创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：玉米高产高效栽培理论与技术；玉米生理生态学基础；玉米生产技术推广、科技服务与科普。

Email: liishaokun@caas.cn 电话: 010-82108891

主页: <http://lishaokun.icscaas.com.cn>



亮点工作

第七次刷新全国玉米高产纪录。按照“密植增穗，培育高质量抗倒群体，增加花后群体物质生产与高效分配”的产量突破途径，构建以抗倒、防衰和提高群体整齐度为核心的玉米密植高质量群体，2020 年研究团队在新疆奇台农场的示范田玉米最高亩产达到 1663.25 公斤，第 7 次刷新我国玉米高产纪录，光能利用率达到 2.49%，灌溉水生产效率达到 4.16kg/m³ 全国最高水平。

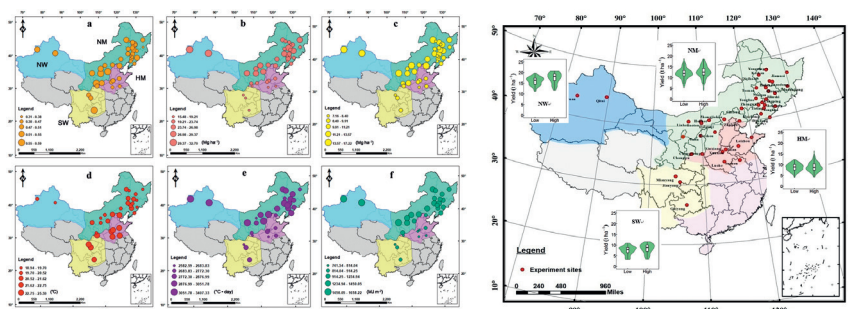


超高产玉米田长相



连续刷新我国玉米高产纪录

明确我国玉米产量提升途径及区域差异。基于自 2007 年以来的联网试验，明确了我国玉米生物量增加对产量的贡献率为 73.71%，显著高于收获指数的贡献率 (26.28%)；不同区域间生物量的差异是产量差异的主要原因，不同品种收获指数差异导致了品种间产量的差异；在全国范围内，在不增加肥料投入的前提下，每亩增密 1000 株产量可以提高 2.7-10.5%，同时降低环境活性氮与温室气体排放强度。



我国玉米生物量、收获指数和产量 (A, 左) 及增密种植提高资源利用效率 (B, 右) 的区域变化

推进玉米机械籽粒收获技术。通过宜机收品种的筛选、影响收获质量关键因素、籽粒脱水的生理机制、区域生态资源特点与品种配置、机具的配套与应用等方向的研究，集成了适应不同生态区域的玉米机械粒收技术模式并推广应用。“玉米机械籽粒收获高效生产技术”入选 2020 中国农业农村重大新技术；“玉米籽粒低破碎机械收获技术”入选全国农业十大引领技术；推动玉米粒收技术应用进入快速发展期。

重要奖项

李少昆，中国作物学会科学技术成就奖 - 杰出人 才奖，2020 年

玉米籽粒机收新品种及配套技术体系集成应用 “十三五” 期间农业科技标志性成果

重要论著

Liu W., Hou P., Liu G., Yang Y., Guo X., Ming B., Xie R., Wang K., Liu Y., Li S. Contribution of total dry matter and harvest index to maize grain yield-A multisource data analysis. *Food Energy Secur.* 2020, 9:e256.

Hou P., Liu Y., Liu W., Liu G., Xie R., Wang K., Ming B., ...Li S. How to increase maize production without extra nitrogen input. *Resources, Conservation and Recycling*, 2020, 160: 104913.

Liu G., Liu W., Yang Y., Guo X., Zhang G., Li J., Xie R., Ming B., Wang K., Hou P., Li S. Marginal superiority of maize: an indicator for density tolerance under high plant density. *Sci. Rep.*, 2020, 10: 15378.

Yang, Y., Guo, X., Hou, P., Xue, J., Liu, G., Liu, W., Wang, Y., Zhao, R., Ming, B., Xie, R., Wang, K., Li, S. Quantitative effects of solar radiation on maize lodging resistance mechanical properties. *Field Crops Res.* 2020, 255: 107906.

Daling Ma, Shaokun Li, Lichao Zhai, Xiaofang Yu, Ruizhi Xie, Julin Gao. Response of maize barrenness to density and nitrogen increases in Chinese cultivars released from the 1950s to 2010s. *Field Crops Research*, 2020, 250: 107766.

Xue J, Gao S, Fan Y, Li L, Ming B, Wang K, Xie R, Hou P, Li S. Traits of plant morphology, stalk mechanical strength, and biomass accumulation in the selection of lodgingresistant maize cultivars. *European Journal of Agronomy*. 2020, 117:126073.

主推技术

玉米机械籽粒收获高效生产技术，2020 中国农业农村重大新技术

玉米籽粒低破碎机械收获技术，2020 年全国农业十大引领技术

代表性标准规程

DB15/T1975-2020，内蒙古玉米机械收获减损技术规范

DB12/T932-2020，天津玉米机械收获技术规范

DB41/T1983-2020，河南省玉米机械收获高效生产技术规程 农科登字第 5259853 号，黄淮海夏播玉米机械粒收适宜时期决策系统 V1.0

ZL201811022792.7，一种基于源库关系确定玉米适宜群体密度的方法

ZL201810378188.1，一种确定玉米种植密度的方法

研究组成员

王克如 研究员 谢瑞芝 研究员

侯 鹏 副研究员 明 博 副研究员

薛 军 助理研究员 高世菊 高级技师

博士后

刘广周 张国强

研究生

李璐璐 范盼盼 高 尚 李姚姚 刘万茂

王 凤 侯梁宇 杨云山 黄兆福 王温州

白士杰 王 群 银学波 杨宏业 刘 月

王 震 李瑞平 薛贝贝 毛圆圆 项伟洋

张新龙 辛江凤 吴 琦 张 川 王玉港



WHEAT CULTIVATION

小麦栽培创新研究组

常旭虹，副研究员，硕士生导师。2012 年获中国农业科学院研究生院作物栽培学与耕作学专业博士。国家小麦产业技术体系岗位科学家。

研究方向：小麦优质高效栽培理论与关键技术；小麦产量与品质形成的生理生态机制；小麦稳产提质增效生产技术模式构建。

Email: changxuhong@caas.cn 电话: 010-82108576

主页: <http://changxuhong.icscaas.com.cn>

重要论著

Q LI, XH CHANG, XH MENG, D LI, MH ZHAO, SL SUN, HM LI, WC QIAO. Heat stability of winter wheat depends on cultivars, timing, and protective methods. *Journal of Integrative Agriculture*, 2020, 19(8): 1984-1997.

赵广才，王艳杰，漫话农作物，中国农业科学技术出版社。

代表性知识产权

ZL201710501914.X, 一种强筋小麦籽粒筛选器

ZL201710504839.2, 一种适用于小麦立体均匀可调节播种装置

研究组成员

王德梅 副研究员 王艳杰 助理研究员
赵广才 研究员 杨玉双 科研助理
高甜甜 科研助理

研究生

马瑞琦 刘安康 王玉娇 阙茗溪 于慧玲
郭丹丹 刘哲文

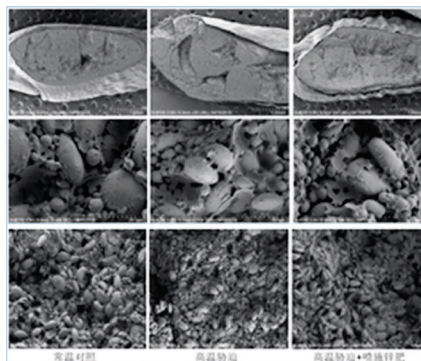
亮点工作

非生物逆境影响小麦产量品质的机理及资源高效栽培调控途径。高温、弱光及干旱等逆境条件，造成小麦籽粒中大淀粉粒减少、小淀粉粒数量大幅增加，是影响产量品质的主要原因之一； γ -醇溶蛋白含量调控小麦热稳定性，其含量越高，小麦热稳定性越强；弱光在一定程度上可改善小麦品质，但显著降低产量；日照时数对强筋小麦品质指标的影响以正效应为主，降水及大气湿度则以负向效应为主。合理的种植方式及调控措施可使冬前麦苗由弱转壮，缩小茎蘖间差异，提高群体整齐度和成穗群体质量；明确了节省水肥、提高产量及资源利用率的精准水肥管理技术指标：亩施无机纯氮 16kg，春季灌水 70-80m³，可稳定蛋白质含量，提高产量，氮肥生产率提高 14%，灌水利用率提高 18%，且分两次灌水的效率高于一次灌水的效率约 8%。

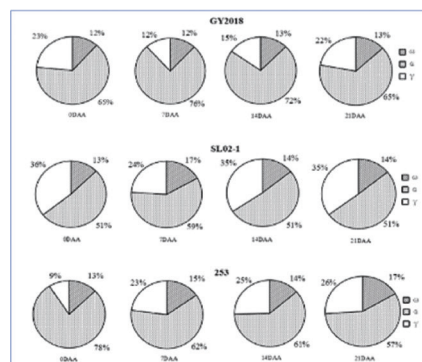
匀播稳氮控水抗逆一体化技术。每亩可节水 40m³，减少氮素 2 kg，节省种植成本 50 元，产量为 685.5 公斤，较常规条播对照田增产 10.2%，节本增效 10% 以上；强筋小麦品质指标达到国家标准。在宝丰源家庭农场建立示范区，500 亩小麦平均亩产 650 kg 左右，较周边农场单产提高 30 kg，亩增收 100 元以上。

中作小麦联合体品种通过审定。团队牵头组织的中作小麦联合体，在 7 省（市）共设 48 个试验点，完成总结报告 6 份，举办总结会议 1 次。经项目推荐，本年度通过国家审定品种 9 个；同时推荐 8 个品种申报国家审定。

作物科学研究所科普展示工作。团队负责的作物所作物科普基地，本年度被列为“北京市海淀区科普教育基地”。总计展示 40 种作物，108 个品种，4 种栽培技术。受疫情影响，接待线下团体参观 8 次，100 余人；举办 2 次云参观活动，光明网直播，在线观看超过 350 万人次。出版著作《漫话农作物》。



高温胁迫及锌肥调控对小麦淀粉粒的影响



γ -醇溶蛋白含量调控小麦热稳定性

MAIZE CULTIVATION

玉米栽培创新研究组

马玮, 副研究员, 硕士生导师。2010 年获中国农业大学植物营养专业博士。2007 年 10 月至 2008 年 11 月在德国蒂宾根大学遗传系从事访问学者研究。研究方向: 玉米高产高效简化栽培理论与关键技术创新; 作物根系 - 土壤互作机制; 两熟作物光温资源优化配置。

Email: mawei02@caas.cn 电话: 010-82106042

主页: <http://mawei.icscaas.com.cn>



亮点工作

率先创立了作物生产系统构成要素协同优化的“三适三调”栽培理论, 创新了适应气候条件调品种与播/收期布局、适应土壤地力调耕作措施、适应产量目标调密植方式的共性关键技术, 为破解粮食主产区三大并存难题提供共性理论与关键技术支撑。以作物生产系统气候、土壤和作物协同优化为突破口, 创立了适应气候条件调品种与播/收期、适应土壤地力调耕作措施, 适应产量目标调密植方式的“三适三调”栽培理论。创新了以“三适三调”理论为指导的三类关键技术: 一是适应气候条件调品种与播/收期的光热高效技术, 黄淮海麦玉两季接茬、东北春玉米调适区收获的品种布局, 显著提高了作物热量需求与区域热量变化匹配度, 使作物产量平均增加 6.9%-12.2%, 光温生产效率提高 6.8%-13.5%; 二是适应土壤地力调耕作措施的肥水高效技术, 即黄淮海麦玉季节间轮耕、东北春玉米多元化耕作, 使主产区耕层平均加深 10-15 cm, 土壤有机质年平均增加 0.3-0.6 g/kg, 作物产量平均增加 10.2%-13.4%, 肥水生产效率提高 17.2%-23.4%; 三是适应高产目标调增密种植方式的综合增效技术, 即黄淮海冬小麦匀播密植 - 夏玉米错位密植、东北春玉米多元调行增密种植, 优化了群体冠层结构, 产量平均增加 11.3%-15.2%, 光能利用率提高 12.1%-16.3%。

建立了以“一田三区”建设为统领的技术集成创新方案, 构建了攻关田、核心区、示范区和辐射区不同尺度产量和效率目标的技术模式, 实现了主产区小面积高产突破和大面积丰产高效协同提升。以“一田三区”建设为统领, 攻关田集成以健康耕层构建、合理密植、温光资源优化配置“三适三调”共性技术为核心的高产挖潜模式; 核心区通过简化措施与资源投入, 集成产量与效率目标兼顾的丰产增效引领模式; 示范区集成标准化应用模式, 带动辐射区大面积应用, 从而实现小面积高产突破和大面积丰产高效。

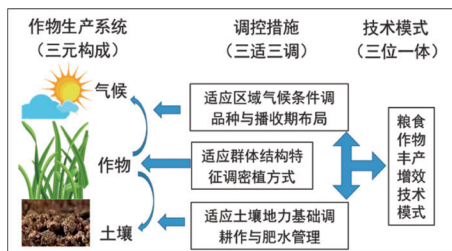


图 1 “三适三调”丰产增效栽培理论



图 2 夏玉米条带深旋双行密植精播机 (A) 和春玉米条带推秸秆还田机 (B)

重要论著

H Ren, Y Jiang, M Zhao, H Qi, CF Li. Nitrogen supply regulates vascular bundle structure and matter transport characteristics of spring maize under high plant density. *Frontiers in Plant Science*, 2020,2:123-134.

D Wang, GR Li, BY Zhou, M Zhan, CG Cao, QF Meng, F Xia, W Ma, M Zhao. Innovation of the double-maize cropping system based on cultivar growing degree days for adapting to changing weather conditions in the North China Plain. *Journal of Integrative Agriculture*, 2020,19(12):2997-3012.

BY Zhou, XF Sun, JZ Ge, CF Li, ZS Ding, SK Ma, W Ma, M Zhao. Wheat Growth And Grain Yield Responses To Sowing Date-Associated Variations In Weather Conditions. *AGRONOMY JOURNAL*, 2020,112:985-997.

YL Han, W Ma, BY Zhou, XL Yang, Salah A, CF Li, CG Cao, M Zhan, M Zhao. Effects Of Straw-Return Method For The Maize-Rice Rotation System On Soil Properties And Crop Yields. *Agronomy-Basel*, 2020,10(461):1-17.

赵明, 李从锋, 钟大森, 张昭. 我国多类型水肥一体化技术进展. *作物杂志*, 2020,1:199-200.

周宝元, 葛均筑, 侯海鹏, 孙雪芳, 丁在松, 李从锋, 马玮, 赵明. 黄淮海平原南部不同种植体系周年气候资源分配与利用特征研究. *作物学报*, 2020, 46(6):937-949.

李从锋, 王志刚, 王亚军, 齐华, 顾万荣, 张仁和, 周文彬, 赵明. 综合农艺管理推动玉米缩差增效. *中国农业科学*, 2020,53(15):3071-3082.

朴琳, 李波, 陈喜昌, 丁在松, 张宇, 赵明, 李从锋. 优化栽培措施对春玉米密植群体冠层结构及产量形成的调控效应. *中国农业科学*, 2020,53(15):3048-3058.

代表性标准规程

玉米秸秆间隔条带还田机械化栽培技术规程, 辽宁省地方标准

夏玉米小双行增密增产技术规程, 天津市地方标准

研究组成员

赵明 研究员	马兴林 研究员
李从锋 副研究员	丁在松 助理研究员
周宝元 助理研究员	黄素华 科研助理
高卓晗 科研助理	李广娥 科研助理

博士后

侯 帅

研究生

任 红	孙明月	赵 红	郭 栋	王士金
程 前	王 颖	王全会		



CROP PHENOTYPING

作物表型创新研究组

金秀良, 研究员, 博士生导师。2015 年获扬州大学作物栽培学与耕作学专业博士。2015 年 12 月 - 2019 年 2 月在法国农业科学院从事博士后研究。2015 年 12 月至 2019 年 2 月在法国农业科学院从事博士后研究。德国洪堡学者资助获得者。入选中国农业科学院作物科学研究所青年英才 A 类

研究方向: 作物表型平台研发与应用; 定量遥感在农业监测中的应用; 多源光学传感器研发与应用; 作物模型和多源遥感数据同化; 多源图像数据处理。

Email: jinxiuliang@caas.cn 电话: 010-82105097

主页: <http://jinxiuliang.icscaas.com.cn>

重要论著

Jin XL, Zarco-Tejada PJ, Schmidhalter U, Reynolds MP, Hawkesford MJ, Varshney RK, Yang T, Nie CW, Li ZH, Ming B, Xiao YG, Xie YD, Li SK. High-throughput estimation of crop traits: A review of ground and aerial phenotyping platforms, *IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine*, 2020,10.1109/MGRS.2020.2998816.

研究组成员

石磊 助理研究员 殷大萌 助理研究员

博士后

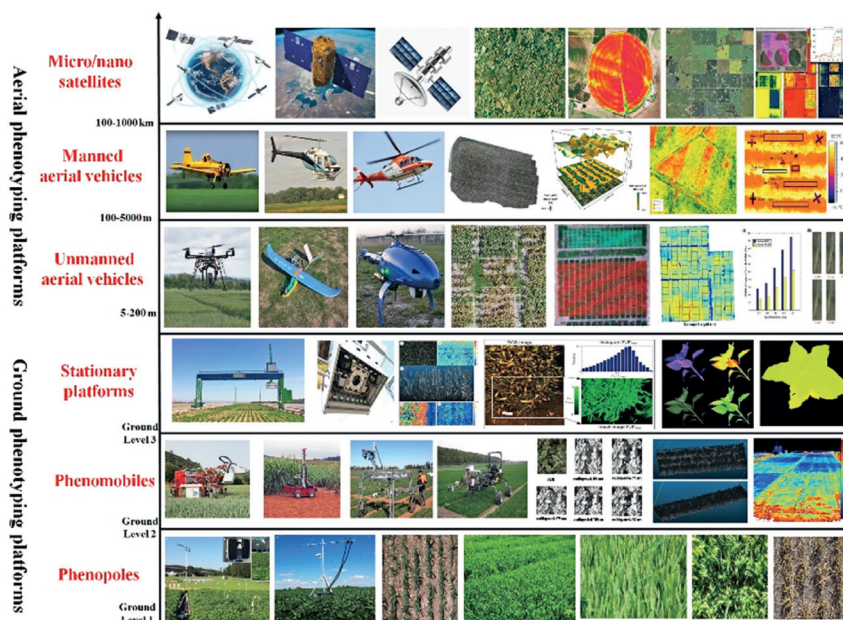
聂巨巍

研究生

白怡 程明瀚 邵明超 王思宇 王梓旭
余汛 刘帅兵 刘亚东 努热曼古丽

亮点工作

利用基因组学辅助育种的方法已成为新品种培育和作物提质增产的重要手段, 如何更好的将作物表型组和基因组数据进行关联分析, 快速准确地筛选目标性状和基因, 对于提高育种效率, 保证全球粮食安全具有重要意义。目前高通量的基因测序和分析技术已经比较成熟, 但高通量作物表型精准鉴定能力仍有待提升。该工作首先介绍了作物表型研究的起源与定义, 系统阐述了当前光学传感器 (RGB 相机、多光谱相机、高光谱成像仪、热红外成像仪、光合仪、荧光成像仪、立体相机和激光雷达) 在作物表型性状鉴定研究领域的发展现状, 而后重点介绍了地面 (固定大型表型平台、田间可移动表型平台和固定小型表型平台) 和航空 (无人机表型平台、有人机表型平台、纳米卫星表型平台) 作物表型性状鉴定平台在田间不同氮素、水分和病虫害等生物胁迫和非生物胁迫的作物表型性状鉴定的研究应用进展, 讨论了作物表型性状鉴定研究未来的新机遇、新方向和技术发展。随着生物信息技术的发展, 新型生物信息技术平台的数据计算与分析能力也将会进一步提升, 为作物表型组学技术的发展提供了基础支撑。今后, 基于新研发的光学传感器、作物表型平台、影像处理技术和大数据管理方法的有机融合, 高通量作物表型性状鉴定技术将提高标准化作物表型性状鉴定的估算精度并进一步加速作物育种计划中新作物表型性状的鉴定效率。表型组学技术的应用使种质资源和育种材料的重要表型性状的鉴定和对应基因的筛选更加高效和精准, 同时, 也将有助于优质高产新品种的培育, 为作物表型技术的应用提供了系统理论参考, 为优质新品种培育提供了新思路、新方法。



田间作物表型平台图例

AGRO-ECOLOGY AND FARMING SYSTEM

作物耕作与生态创新研究组

张卫建，二级研究员，博士生导师。1999 年获南京农业大学作物栽培学与耕作学专业博士。农业农村部东北黑土保护性耕作专家组成员，农业农村部全球重要农业文化遗产指导委员会委员，国家绿肥产业技术体系岗位科学家，中国耕作制度学会副理事长，中国农业科学院作物耕作与生态创新团队首席。

研究方向：作物耕作与农田生态系统；水稻丰产优质与资源高效利用；作物生产应对气候变化；区域农业可持续发展。

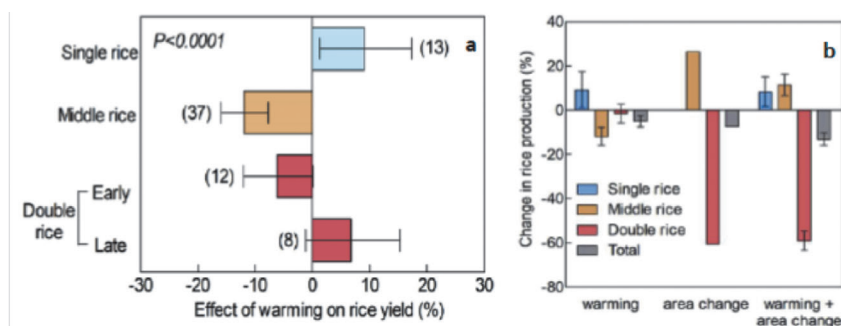
Email: zhangweijian@caas.cn 电话: 010-62156856

主页: <http://zhangweijian.icscaas.com.cn>



亮点工作

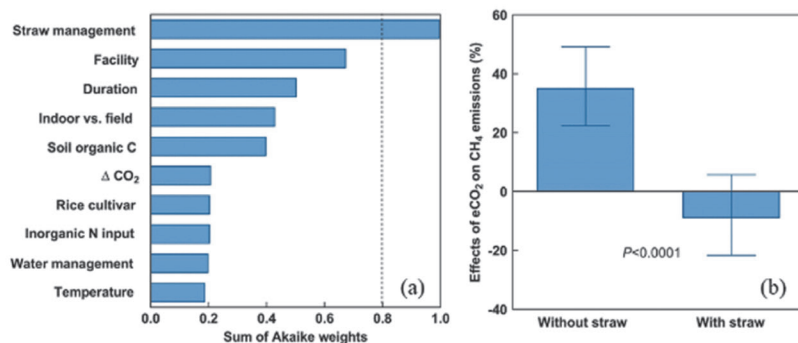
阐明了未来气温升高和双季稻面积下降对我国水稻总产的严重影响。全球气候变暖是科学事实，并将升高 1.5℃ 以上。与此同时，我国双季稻转为一季中稻的面积也在大幅度上升。通过全国联网增温试验，本团队发现未来升温 1.5℃ 将导致我国双季稻区早稻和全国两熟区中稻显著减产，但双季稻区晚稻和北方水稻明显增产。2050 年情景下，仅考虑气温升高对我国的影响，水稻总产将可能下降 5.0% 左右；但若兼顾我国双季稻转为中稻的变化趋势，水稻总产将下降 13.5%，该成果发表在《全球粮食安全 (Global Food Security)》上。



气温升高和稻作制度变化对我国水稻生产的影响

a. 未来升温 1.5℃ 对我国水稻单产的影响; b. 气温升高与稻作制度变化对我国水稻总产的影响

揭示了大气二氧化碳 (CO_2) 浓度升高对水稻生产和稻田甲烷 (CH_4) 排放的综合影响。国际上普遍认为 CO_2 浓度升高将显著提高 CH_4 排放，增幅将达 40% 左右。通过田间监测和综合分析，本团队发现 CO_2 浓度升高显著提高水稻单产，但对 CH_4 排放的影响取决于稻作技术，尤其是秸秆还田。秸秆不还田， CO_2 浓度升高显著提高 CH_4 排放；秸秆还田下， CO_2 浓度升高有降低 CH_4 排放的趋势。根据稻作区秸秆还田状况，全球 CO_2 浓度升高的 CH_4 增排效应只有 3.7%，其效应被国际上高估了 10 倍左右，该成果发表在《全球变化生物学 (Global Change Biology)》上。



气 CO_2 浓度升高对稻田 CH_4 排放的影响

a. 不同稻作技术在大气 CO_2 浓度升高对稻田 CH_4 排放影响的贡献分析; b. 不同秸秆管理措施对稻田 CH_4 排放的影响

重要论著

HY Qian, S Huang, J Chen, L Wang, BA Hungate, CV Kessel, J Zhang, AX Deng, Y Jiang, KJV Groenigen, WJ Zhang. Lower-than-expected CH_4 emissions from rice paddies with rising CO_2 concentrations. *Global Change Biology*, 2020, 26: 2368-2376.

CQ Chen, KJV Groenigen, HY Yang, BA Hungate, B Yang, YL Tian, J Chen, WJ Dong, S Huang, AX Deng, Y Jiang, WJ Zhang. Global warming and shifts in cropping systems together reduce China's rice production. *Global Food Security*, 2020, 24: 100359.

张俊, 张卫建, 李成玉, 张艳萍等 主编. 稻田秸秆. 还田技术手册. 2020. 中国农业出版社.

代表性知识产权

2020SR1252725, 黄淮海区域小麦轮耕丰产高效生产决策系统

2020SR0882745, 绿肥-谷子种植模式精准栽培决策系统

研究组成员

宋振伟 副研究员 郑成岩 副研究员
张俊 副研究员 邓艾兴 助理研究员

博士后

冯晓敏 张宇 孙涛

研究生

周博 钱浩宇 刘云龙 阮俊梅 严圣吉
吴柳格 李佳锐 李歌星 陈娜娜
Frederick Danso
Oluwaseyi Oyewale Bankole
Karrym Forsyth



REGULATION OF CROP PHOTOSYNTHESIS

作物光合生理调控创新研究组

周文彬，研究员，博士生导师。2008 年获中国科学院上海植物生理生态研究所植物学专业博士。现任作物科学研究所副所长、栽培与耕作中心副主任。

研究方向：作物高光效、高产和资源高效栽培生理。

Email: zhouwenbin@caas.cn 电话: 010-82108609

主页: <http://zhouwenbin.icscaas.com.cn>

重要论著

Li X#, Wang P#, Li J, Wei S, Yan Y, Yang J, Zhao M, Langdale JA, Zhou W*. Maize GOLDEN2-LIKE genes enhance biomass and grain yields in rice by improving photosynthesis and reducing photoinhibition. *Communications Biology*, 2020, 3: 151.

Niu L, Yan Y, Hou P, Bai W, Zhao R, Wang Y, Li S, Du T, Zhao M, Song J*, Zhou W*. Influence of plastic film mulching and planting density on yield, leaf anatomy, and root characteristics of maize on the Loess Plateau. *The Crop Journal*, 2020, 8: 548-564.

Cao D, Zhang J*, Yan H, Xun L, Yang S, Bai Y, Zhang S, Yao F*, Zhou W. Regional assessment of climate potential productivity of terrestrial ecosystems and its responses to climate change over china from 1980-2018. *IEEE Access*, 2020, 8: 11138-11151.

研究组成员

段凤莹 助理研究员 李霞 助理研究员
燕金香 科研助理

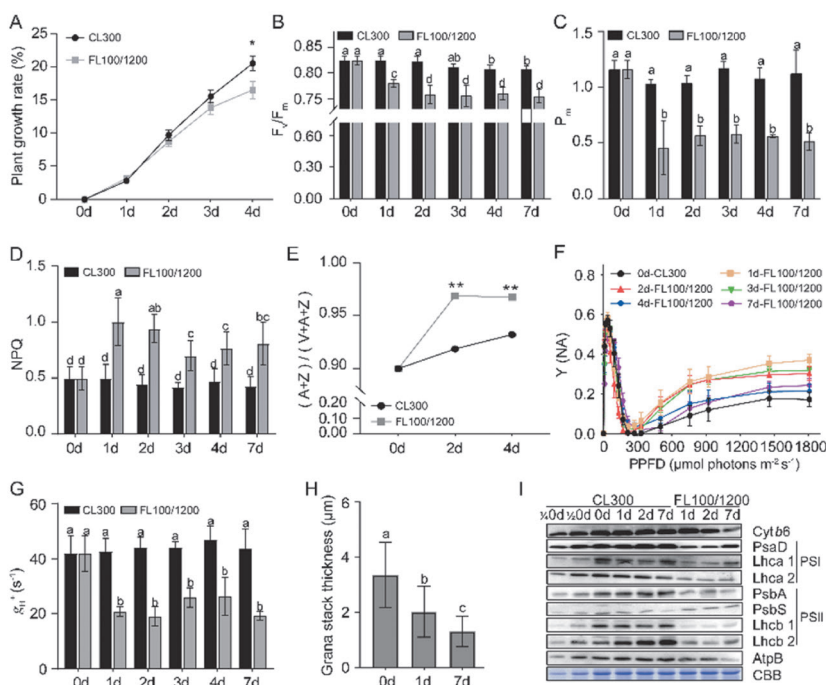
研究生

魏少博 耿入丹 牛丽 李静 卫泽
闫艳艳 戎亮秉 叶香媛 Soualiou Soualiou

亮点工作

在自然界中，由于太阳角度改变、云层运动、相邻植物叶片遮挡以及叶片颤动等的影响，使得大田中光照强度通常处于频繁的波动变化中（波动光）。目前有关大田作物对波动光的响应研究鲜有报道，特别是作物如何适应长期波动光的生理机制尚不清楚。研究通过系统分析恒定光与波动光条件下水稻的生长、光合生理和叶片解剖结构差异，发现光合电子传递、ATP 合酶活性以及非光化学淬灭（NPQ）的调控是水稻适应波动光的重要生理过程。

通过比较短期和长期波动光处理水稻植株，发现长期波动光处理降低了水稻植株的株高和生长速率。短期波动光处理主要抑制光系统 I 活性，而光系统 II 由于受到非光化学淬灭的保护受影响较小。随着波动光处理时间的延长，PsbS 蛋白含量增加，叶黄素循环组分玉米黄质大量积累，类囊体腔侧的酸化（ ΔpH ）程度增加，共同诱导较高的非光化学淬灭（NPQ）。长期波动光处理使光系统 I 受体侧限制增加，而 NPQ 的增加降低了光系统 II 的效率，电子传递速率在光系统 I 和 II 均下降，表明长期波动光处理使 PSI 和 PSII 活性均受到抑制。进一步研究表明，长期波动光处理使气孔开度减小，从而使气孔导度下降，进而限制了 CO_2 的同化，最终导致水稻生长受到抑制。该研究揭示了作物在波动光强下的光合生理调控机制，为作物在大田条件下实现光能高效利用提供了理论依据。



水稻适应长期波动光的光合生理调控机制

A 水稻波动光下生长情况；B 波动光处理下水稻叶片光系统 II 最大光化学效率（ F_v/F_m ）；C 波动光处理下水稻叶片的 P700 最大氧化值；D 波动光处理下叶片非光化学淬灭（NPQ）；E 波动光处理下叶片中叶黄素循环的脱环化程度；F 波动光处理下光系统 I 受体侧限制的变化；G 波动光处理下叶片类囊体堆叠厚度；H 波动光处理下叶片光合作用相关蛋白的含量

CROP GROWTH REGULATION

作物化学调控创新研究组

董志强, 研究员, 硕士生导师。2000 年获中国农业大学作物栽培学与耕作学专业博士学位。2000 年 7 月 -2002 年 7 月在中国农业科学院从事博士后研究。

研究方向: 作物抗逆稳产与优质高效化学调控理论与技术; 新型作物生长调节剂创制。

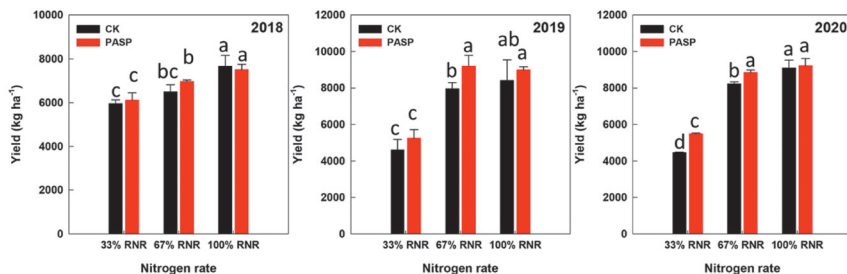
Email: dongzhiqiang@caas.cn 电话: 010-82106043

主页: <http://dongzhiqiang.icscaas.com.cn>



亮点工作

新型肥料增效剂的研发、应用与推广。当前, 我国农田施肥量大, 化肥利用率低, 流失的氮素、磷素给环境带来了严重的面源污染。针对大田作物氮素化肥利用率低的问题, 从改善土壤中铵离子和硝酸根离子运移特性和代谢过程的角度, 采用亲核加成聚合接枝技术, 以氨基酸、有机酸为改性剂, 在碱性条件下, 于聚琥珀酰胺 (PSI) 开环阶段, 合成了改性聚天门冬氨酸衍生物 (R-PASP), 并进一步络合锌、锰等离子, 合成了氮肥增效剂; 明确了 PASP-NH₄⁺ 和 PASP-NO₃⁻ 的土壤运移特点; 在代谢水平和分子水平, 明确了 R-PASP 促进硝酸根的转运和还原、促进氨基酸和蛋白质合成, 从而提高了氮素利用效率的内在机理。该增效剂与氮肥 (尿素) 以千分之三的重量比混用, 提高氮肥利用率 15% 以上。依托在河南新乡和吉林公主岭基地的长期定位试验田, 研究结果表明: 在减氮 1/3 条件下, 东北春玉米平均增产 6.2%, 华北夏玉米平均增产幅度 4.6%, 华北冬小麦增产 5.1%。依托该技术开发的“金钛能”系列复合肥累计推广面积超过 700 万亩。



添加 PASP 对不同施氮量下冬小麦产量的影响 (2018-2020)

作物抗逆防灾化控剂的研发、应用与推广。针对小麦、玉米生产中遇到的低温冷害、高温热害、风灾倒伏和旱薄盐碱等逆境胁迫, 从促根、壮秆、抗倒伏和促进光合产物形成的角度, 研制了小麦、玉米高光效调节剂和抗逆高产调节剂; 从调控光合效率、干物质积累分配和逆境代谢的角度, 明确了其提高抗逆性和提高产量品质的机理, 并配套了应用技术。在前期工作基础上, 示范推广本课题组自主创新研制的专利产品 - 抗逆增产调节剂 (“金得乐”、“吨田宝”和“玉米伴侣”) 及其应用技术 (“缩株增密”、“扩穗防衰”和“双重化控”技术)。



乙炔合剂不同施氮量下冬小麦产量的影响

重要论著

P Yan, CX Chen, TJ Xu, ZQ Dong. A novel plant growth regulator ameliorates chilling tolerance for spring maize in Northeast China. *Plant Growth Regulation*, 2020, 91: 249-261.

马正波, 董学瑞, 唐会会, 闫鹏, 卢霖, 王庆燕, 房孟颖, 王琦, 董志强. 四甲基戊二酸对夏玉米光合特性的调控效应. *作物学报*, 2020, 46 (10): 1617-1627.

李瑞杰, 唐会会, 王庆燕, 许艳丽, 王琦, 卢霖, 闫鹏, 董志强, 张凤路. 5-氨基乙酰丙酸和乙烯利对东北春玉米源库碳平衡的调控效应. *作物学报*, 2020, 46 (7): 1063-1075.

马正波, 董学瑞, 房孟颖, 王琦, 闫鹏, 王庆燕, 卢霖, 董志强. 矮壮素配合氮肥基施对华北夏玉米氮素利用的调控效应. *应用生态学报*, 2020, 网络首发: 1-14.

李瑞杰, 唐会会, 王庆燕, 许艳丽, 房孟颖, 闫鹏, 董志强, 张凤路. 5-氨基乙酰丙酸和乙烯利复配剂对东北春玉米光合特性及产量的影响. *作物杂志*, 2020, 2: 125-133.

代表性知识产权

ZL2017 1 1050104.3, 玉米抗倒伏抗逆境增产调节剂及其制备方法与应用

研究组成员

徐江 研究员	闫鹏 助理研究员
卢霖 助理研究员	董学瑞 科研助理
许艳丽 科研助理	董蕊 科研助理
郑赞 科研助理	

博士后

王庆燕

研究生

房孟颖 李春情 王琦

重要支撑平台

Center of the National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement

农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程中心

2020 年，重大科学工程中心致力于完善应用基因组学、蛋白质组学、小分子检测、细胞影像学技术平台的建设。全年累计为全国 35 家科研院所、大专院校和企业提供测试分析服务 35.5 万余份次，技术咨询服务 2.1 万余份次；仪器年均使用机时 1214.6 小时，对外服务 382.8 小时；相继举办技术培训 8 次，支撑培养研究生 600 人，支撑发表论文 36 余篇；与中国中医科学院西苑医院、中国农科院生物技术研究所、植物保护研究所等 10 余家单位开展合作交流，实现了仪器设备、技术和信息资源的开放共享。

在应用基因组学方面，共完成测序服务 32.6 万份次，完成 DNA 荧光片段分析 5 万条，DNA 合成 18 万碱基。

在蛋白质组学方面，完善了叶绿体类囊体膜蛋白复合体分离鉴定技术体系；利用 ÄKTA avant 完成糖蛋白、膜蛋白、标签蛋白等蛋白纯化体系。开展了大豆种子和大鼠血浆蛋白质组分析技术研究；完成杂交玉米中单 909 及其亲本的比较蛋白质组学分析；完成高粱耐旱品种 JTY 的及其 EMS 干旱敏感突变体 E24 突变体幼苗蛋白质组的质谱分析和数据挖掘；初步完成两个高粱耐旱品种和两个干旱敏感品种的比较蛋白质组学分析；初步完成大豆品种十胜长叶和中黄 35 及其重组自交系的蛋白质组学分析。

在小分子检测方面，完成了异黄酮、水杨酸、ABA、降钙素、生物素、阿维菌素、丁三醇等植物激素、糖类 5000 余份样品的分析测试。

在细胞影像学方面，激光共聚焦显微镜 LSM700 全年使用 1967.5 小时，主要应用于观察亚细胞定位、分子相互作用、质壁分离等；透射电子显微镜 HT7700 使用 1296 小时，主要应用于观察亚细胞结构、纳米微粒、蛋白结构等；完成制样 800 余份，超薄切片 1200 余份。



培训与参观接待

平台主要成员

张丽娜 潘映红 吴佳楠 魏潜 王道平 张春艳 陈祥燕 王德平 王丽星 霍玉红 高思琪 李艳青 朱立军 王静瑜 卓小华 张树东 张微微
王慈瑞 张鑫琳 姜珊 陈晶 王双伟 郝俊飞 张倩

研究生

牟永莹 王智博

NATIONAL CROP GENE BANK

国家作物种质库

国家作物种质库承担全国作物种质资源、品种标准样品的安全保存。2020 年主要进展如下：

作为种业创新的基础平台，支撑作用显著。本年度新增入库种质 9795 份，长期保存共计 340 余种作物、45 万份种质资源，保存总量位居世界第二。对外提供种质资源 2.1 万份次，支撑育成新品种 10 个、项目 / 课题 108 个、产业体系 12 个、国家和省部级奖 7 项、发明专利 / 软件著作权 13 项、SCI 论文 51 篇和专著 3 部。

标准样品安全保存为我国种业健康发展保驾护航。本年度新增保护品种、审定品种和登记品种样品接收、验质与保存 1.1 万份，累计安全保存 8.4 万份，本年度提供用于市场监管和执法鉴定等 1.1 万份，维护了权益人权益。

种质库建设和资源保存技术规范推广应用，引领行业发展。本年度通过技术培训、咨询、现场指导等方式，开展技术培训咨询 17 批 257 人次，指导甘肃省等省建设种质库 12 个。

接待政府部门、科研机构、高校、企业等参观、科普宣传 57 批 532 人。多次被媒体报道，本年度为《守护中国基因种质库》（经济半小时，中央 2 套）、《国家作物种质库里保存着 50 多万份作物基因》（新京报）、《农业农村部：我国长期保存作物种质资源超过 52 万份》（中国网）、《粒粒聚科技，穗穗皆丰收》（光明网）、《国家作物种质库》（中国农业科学院新闻中心）、《探秘农作物的“诺亚方舟”》（中国农业科学院作物科学研究所专题专栏）等报道。



国家作物种质库



试管苗库



低温库



媒体报道



科普宣传



媒体报道

平台主要成员

卢新雄 陈晓玲 辛霞 刘运霞 张金梅 尹广鹏 何娟娟 黄雪琦 李培 李鑫 王利国 严凯 任军 陈四胜 张凯 王建民

CEREAL QUALITY SUPERVISION AND TESTING CENTER, MINISTRY OF AGRICULTURE AND RURAL AFFAIRS/LABORATORY OF QUALITY AND SAFETY RISK ASSESSMENT FOR CEREAL PRODUCTS (BEIJING), MINISTRY OF AGRICULTURE AND RURAL AFFAIRS

农业农村部谷物品质监督检验测试中心/ 农业农村部谷物产品质量安全风险评估实验室（北京）

2020 年承担了 8 项科研计划和项目任务，分别是：

农产品产地土壤环境监测及农业资源环境相关技术服务：主要承担湖南、湖北、重庆、西藏 4 个省（自治区）827 个普通循环监测点土壤—农产品样品砷、汞、镉、铜、锌、镍等重金属检测，以及土壤样品 pH 值、阳离子、有机质、机械组成等理化指标检测，提交 1.4 万个检测数据和项目报告 2 份，并通过农业农村部土壤、谷物重金属能力验证。

污染耕地分级管控与评价技术支撑：完成了湖南、湖北、重庆、西藏 4 个省（自治区）377 个地力点和农药点 14 项有效态元素，砷、铅、汞、镉、铬、铜、锌、镍等重金属元素，pH 值、阳离子、有机质、机械组成等理化指标，以及 43 个土壤农残鲜样农药残留指标的检测，提交了 1.1 万检测数据。

农产品质量安全风险评估（小麦、玉米）：就面上常规防控，不同杀菌剂、不同种植品种、不同储藏条件对毒素污染累积的影响开展研究，总结了毒素污染原因及防控措施，为小麦、玉米产品的质量安全风险评估提供支撑服务。形成项目总结研究报告 2 份，发表学术论文 1 篇。

农产品质量安全检测：2020 监测了福建省、安徽省蔬菜、水果、食用菌和茶叶产品共计 333 个，完成甲胺磷、氧乐果、三唑磷、毒死蜱等 68 项农药残留的检测，提交了 2.2 万个监测数据，编写完成 8 个总结报告。通过了农业部认可和监委的农药残留、生物毒素能力验证。

2020 年国家粮食产品（稻米、小麦、玉米、马铃薯和谷子）质量安全专项监测项目：承担了山西、湖北两省五种作物 260 个样品的抽样，以及 7 项重金属、68 项农药残留、9 项生物毒素、蛋白质、脂肪、淀粉、干物质、还原糖、直链淀粉等的检测，同时完成 7 个小麦主产省 90 个样品的 5 项品质检测，提交 1.7 万个检测数据和 4 个项目报告，并通过专项监测重金属、生物毒素比对实验。

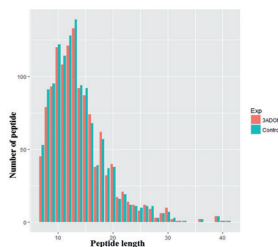
农业技术试验示范与服务支持项目（主产区专用小麦品质检测与分析）：2020 年在河北、江苏、安徽、山东、河南等 5 个省、32 个县（区、市）征集样品 260 份，品种 117 个，完成粗蛋白、降落数值、出粉率、湿面筋含量、粉质特性、拉伸特性、面包烘焙等 19 项品质参数的检测；发布了 2020 年小麦质量信息，组织鉴定面包专用品种 15 个；编写完成 2020 年项目总结报告。组织完成了 4 家中心品质实验室比对工作。

国家重点研发计划项目《新型农业投入品与优势特色农产品质量评价标准与标准样品实物研究》课题 3《优势粮油产品评价及分级标准及标准样品研究》完成了课题绩效评价，顺利通过专家考核。课题考核指标的 2 项国家标准样品及 1 项农业行业标准通过专家评审并完成报批。课题研制的《小麦不完善粒定性标准样品》等 2 项国家标准样品在国内尚属首创，本项工作的完成填补了国内小麦、玉米等粮油作物分等分级用标准样品的空白；制定的农业行业标准《米粉专用稻》为我国米粉专用稻的品质评价、专用稻的种植与推广和稻米产业的整体提升提供了技术支撑。



玉米不完善粒定性标准样品

自然科学基金—小麦水溶性蛋白对脱氧雪腐镰刀菌烯醇乙酰基衍生物去乙酰化机理：通过对小麦蛋白进行分级提取，以小麦清蛋白（水溶性蛋白）、球蛋白、醇溶蛋白与谷蛋白等组分为基质进行了研究，确定小麦水溶性蛋白是使 3-ADON 去乙酰化的关键活性物质。SDS-PAGE 电泳分析结合 LC-MS/MS 对目标组分蛋白质组进行鉴定，确定了潜在目标作用酶果胶乙酰酯酶、乙酰辅酶 A 乙酰转移酶、细胞色素 P450、组蛋白乙酰转移酶。此外探索了毒素 3-ADON 去乙酰化后对小麦蛋白质组乙酰化修饰水平的影响，分析乙酰化修饰蛋白对小麦潜在品质的影响。发表学术论文 1 篇。



3-ADON 去乙酰化对小麦乙酰化蛋白组的影响

重要论著

Wu Li, Huijie Zhang, Xuexu Hu, Yan Zhang, Wang Bujun. Deacetylation of 3-acetyldeoxynivalenol in wheat flour is mediated by water-soluble proteins during the making of Chinese steamed bread. *Food Chemistry*. 2020.303:125341.

Huijie Zhang, Li Wu, Weixi Li, Yan Zhang, Jingmei Li, Xuexu Hu, Lijuan Sun, Wenming Du, Bujun Wang. Conversion of Deoxynivalenol-3-Glucoside to Deoxynivalenol during Chinese Steamed Bread Processing. *Toxins*, 2020, 12:225.

牛欣宁, 王步军. 玉米粉中伏马毒素 FB1 基体标准物质的评价 [J]. *作物学报*, 2020, 46(7):1128-1133.

孙丽娟, 李京珊, 王步军. 不同油爆条件对不同类型爆裂玉米爆花特性影响 [J]. *食品研究与开发*, 2020, 41(7):36-40.

赵阳, 金龙国, 王步军. 作物转基因成分检测能力验证结果与分析 [J]. *食品安全质量检测学报*, 2020, 11(8):2663-2668.

刘宏超, 杨莹, 王步军. 3 种不同检测方法测定大豆水分含量的差异分析 [J]. *食品安全质量检测学报*, 2020, 11(9):2753-2757.

张慧杰, 王步军. 影响米粉品质的稻米质量指标分析. *农产品质量与安全*, 2020, (3): 78-81.

平台主要成员

王步军 研究员	李为喜 副研究员
金龙国 副研究员	吴 丽 副研究员
李静梅 工程师	胡学旭 高级实验师
张慧杰 助理研究员	杜文明 助理研究员
张 妍 助理研究员	孙丽娟 助理研究员

研究生

刘宏超 牛欣宁 赵 阳

2020 年发表重要论文

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
1	A mini foxtail millet with an Arabidopsis-like life cycle as a C4 model system	Zhirong Yang, Haoshan Zhang, Xukai Li, Huimin Shen, Jianhua Gao, Siyu Hou, Bin Zhang, Sean Mayes, Malcolm Bennett, Jianxin Ma, Chuanyin Wu, Yi Sui, Yuanhuai Han, Xingchun Wang	Nature Plants	6 (9):1167-1178
2	High-Throughput Estimation of Crop Traits: A Review of Ground and Aerial Phenotyping Platforms	Xiuliang Jin, Pablo Zarco-Tejada, U Schmidhalter, Matthew P. Reynolds, Malcolm J. Hawkesford, Rajeev K. Varshney, Tao Yang, Chengwei Nie, Zhenhai Li, Bo Ming, Yonggui Xiao, Yongdun Xie, Shaokun Li	IEEE Geoscience and Remote Sensing Magazine	9(1):200-231
3	A rare gain of function mutation in a wheat tandem kinase confers resistance to powdery mildew	Ping Lu, Li Guo, Zhenzhong Wang, Beibei Li, Jing Li, Yahui Li, Dan Qiu, Wenqi Shi, Lijun Yang, Ning Wang, Guanghao Guo, Jingzhong Xie, Qiuhong Wu, Yongxing Chen, Miaomiao Li, Huaizhi Zhang, Lingli Dong, Panpan Zhang, Keyu Zhu, Dazhao Yu, Yan Zhang, Karin R. Deal, Naxin Huo, Cuimin Liu, Ming-Cheng Luo, Jan Dvorak, Yong Qiang Gu, Hongjie Li, Zhiyong Liu	Nature Communications	11 (1):680
4	A Domestication-Associated Gene Gmpr3B Regulates The Circadian Clock And Flowering Time In Soybean	Cong Li, Ying-hui Li, Yanfei Li, Hongfeng Lu, Huilong Hong, Yu Tian, Hongyu Li, Tao Zhao, Xiaowei Zhou, Jun Liu, Xinan Zhou, Scott A. Jackson, Bin Liu, Li-juan Qiu	Molecular Plant	13 (5):745-759
5	Genome Editing Enables Next-Generation Hybrid Seed Production Technology	Xiantao Qi, Congsheng Zhang, Jinjie Zhu, Changlin Liu, Changling Huang, Xinhai Li, Chuanxiao Xie	Molecular Plant	13 (9):1262-1269
6	Resequencing of 145 Landmark Cultivars Reveals Asymmetric Sub-genome Selection and Strong Founder Genotype Effects on Wheat Breeding in China	Chenyang Hao, Chengzhi Jiao, Jian Hou, Tian Li, Hongxia Liu, Yuquan Wang, Jun Zheng, Hong Liu, Zhihong Bi, Fengfeng Xu, Jing Zhao, Lin Ma, Yamei Wang, Uzma Majeed, Xu Liu, Rudi Appels, Marco Maccaferri, Roberto Tuberosa, Hongfeng Lu, Xueyong Zhang	Molecular Plant	13(12):1733-1751
7	Toward precision genome editing in crop plants	Jingying Li, Huiyuan Li, Jilin Chen, Lei Yan, Lanqin Xia	Molecular Plant	13(6):811-813
8	Precise Modifications Of Both Exogenous And Endogenous Genes In Rice By Prime Editing	Huiyuan Li, Jingying Li, Jilin Chen, Lei Yan, Lanqin Xia	Molecular Plant	13(5):671-674
9	An R2R3 MYB Transcription Factor Confers Brown Planthopper Resistance by Regulating the Phenylalanine Ammonia-lyase Pathway in Rice.	He Jun, Liu Yuqiang, Yuan Dingyang, Duan Meijuan, Liu Yanling, Shen Zijie, Yang Chunyan, Qiu Zeyu, Liu Daoming, Wen Peizheng, Huang Jie, Fan Dejia, Xiao Shizhuo, Xin Yeyun, Chen Xianian, Jiang Ling, Wang Haiyang, Yuan Longping, Wan Jianmi	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	117 (1):271-277

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
10	DROOPY LEAF1 controls leaf architecture by orchestrating early brassinosteroid signaling	Meicheng Zhao, Sha Tang, Haoshan Zhang, Miaomiao He, Jihong Liu, Hui Zhi, Yi Sui, Xiaotong Liu, Guangqing Jia, Zhiying Zhao, Jijun Yan, Baocai Zhang, Yihua Zhou, Jinfang Chue, Xingchun Wang, Baohua Zhao, Wenqiang Tang, Jiayang Li, Chuanyin Wu, Xigang Liu, Xianmin Diao	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	117(35):21766-21774
11	Transcriptional repression specifies the central cell for double fertilization	Zhang MX, Zhu SS, Xu YC, Guo YL, Yang WC, Li HJ	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	117(11):6231-6236
12	BIC1 acts as a transcriptional coactivator to promote brassinosteroid signaling and plant growth	Z Yang, B Yan, H Dong, G He, J Sun	EMBO JOURNAL	40(1):e104615
13	Argonaute2 Enhances Grain Length And Salt Tolerance By Activating Big Grain3 To Modulate Cytokinin Distribution In Rice	Wenchao Yin, Yunhua Xiao, Mei Niu, Wenjing Meng, Lulu Li, Xiaoxing Zhang, Dapu Liu, Guoxia Zhang, Yangwen Qian, Zongtao Sun, Renyan Huang, Shiping Wang, Chun-Ming Liu, Chengcai Chu, Hongning Tong	Plant Cell	32(7):2292-2306
14	Gpa5 Encodes A Rab5A Effector Required For Post-Golgi Trafficking Of Rice Storage Proteins	Yulong Ren, Yihua Wang, Tian Pan, Yunlong Wang, Yongfei Wang, Lu Gan, Zhongyan Wei, Fan Wang, Mingming Wu, Ruonan Jing, Jiachang Wang, Gexing Wan, Xiuhao Bao, Binglei Zhang, Pengcheng Zhang, Yu Zhang, Yi Ji, Cailin Lei, Xin Zhang, Zhijun Cheng, Qibing Lin, Shanshan Zhu, Zhichao Zhao, Jie Wang, Chuanyin Wu, Lijuan Qiu, Haiyang Wang, Jianmin Wan	Plant Cell	32(3):758-777
15	Soybean Dicer-Like 2 Regulates Seed Coat Color via Production of Primary 22-nt Small Interfering RNAs from Long Inverted Repeats	Jinbu Jia, Ronghuan Ji, Zhuowen Li, Yiming Yu, Mayumi Nakano, Yanping Long, Li Feng, Chao Qin, Dongdong Lu, Junpeng Zhan, Rui Xia, Blake C. Meyers, Bin Liu, Jixian Zhai	Plant Cell	32(12):3662-3673
16	The APC/CTE E3 Ubiquitin Ligase Complex Mediates the Antagonistic Regulation of Root Growth and Tillering by ABA and GA	Qibing Lin, Zhe Zhang, Fuqing Wu, Miao Feng, Yao Sun, Weiwei Chen, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Yulong Ren, Cailin Lei, Shanshan Zhu, Jie Wang, Zhichao Zhao, Xiuping Guo, Haiyang Wang, Jianmin Wan	Plant Cell	32(6):1973-1987
17	Lower-than-expected CH ₄ emissions from rice paddies with rising CO ₂ concentrations	Haoyu Qian, Shan Huang, Jin Chen, Ling Wang, Bruce A. Hungate, Chris van Kessel, Jun Zhang, Aixing Deng, Yu Jiang, Kees Jan van Groenigen, Weijian Zhang	Global Change Biology	26(4):2368-2376
18	A CNL Protein in Wild Emmer Wheat Confers Powdery Mildew Resistance	Miaomiao Li, Lingli Dong, Beibei Li, Zhengzhong Wang, Jingzhong Xie, Dan Qiu, Yahui Li, Wenqi Shi, Lijun Yang, Qiuhong Wu, Yongxing Chen, Ping Lu, Guanghao Guo, Huaizhi Zhang, Panpan Zhang, Keyu Zhu, Yiwen Li, Yan Zhang, Rongge Wang, Chengguo Yuan, Wei Liu, Dazhao Yu, Ming-Cheng Luo, Tzion Fahima, Eviatar Nevo, Hongjie Li, Zhiyong Liu	New Phytologist	228(3):1027-1037

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
19	A rare single nucleotide variant in Pm5e confers powdery mildew resistance in common wheat	Jingzhong Xie, Guanghao Guo, Yong Wang, Tiezhu Hu, Lili Wang, Jingting Li, Dan Qiu, Yahui Li, QiuHong Wu, Ping Lu, Yongxing Chen, Lingli Dong, Miaomiao Li, Huaizhi Zhang, Panpan Zhang, Keyu Zhu, Beibei Li, Karin R. Deal, Naxin Huo, Yan Zhang, Ming-Cheng Luo, Sanzhen Liu, Yong Qiang Gu, Hongjie Li, Zhiyong Liu	New Phytologist	228(3):1011-1026
20	CRISPR-Cas12a Enables Efficient Biallelic Gene Targeting In Rice	Shaoya Li, Yingxiao Zhang, Lanqin Xia, Yiping Qi	Plant Biotechnology Journal	18(6):1351-1353
21	Metabolite-based genome-wide association study enables dissection of the flavonoid decoration pathway of wheat kernels	Jie Chen, Xin Hu, Taotao Shi, Huanran Yin, Dongfa Sun, Yuanfeng Hao, Xianchun Xia, Jie Luo, Alisdair R. Fernie, Zhonghu He, Wei Chen	Plant Biotechnology Journal	18(8):1722-1735
22	Natural variation and CRISPR/Cas9-mediated mutation in GmPRR37 affect photoperiodic flowering and contribute to regional adaptation of soybean	Liwei Wang, Shi Sun, Tingting Wu, Luping Liu, Xuegang Sun, Yupeng Cai, Jicun Li, Hongchang Jia, Shan Yuan, Li Chen, Bingjun Jiang, Cunxiang Wu, Wensheng Hou, Tianfu Han	Plant Biotechnology Journal	18(9):1869-1881
23	Target base editing in soybean using a modified CRISPR/ Cas9 system	Yupeng Cai, Li Chen, Yan Zhang, Shan Yuan, Qiang Su, Shi Sun, Cunxiang Wu, Weiwei Yao, Tianfu Han, Wensheng Hou	Plant Biotechnology Journal	18(10):1996-1998
24	Towards A Deeper Haplotype Mining Of Complex Traits In Rice With RfGb V2.0	Chun-Chao Wang, Hong Yu, Ji Huang, Wen-Sheng Wang, Muhiuddin Faruquee, Fan Zhang, Xiu-Qin Zhao, Bin-Ying Fu, Kai Chen, Hong-Liang Zhang, Shuai-Shuai Tai, Chaochun Wei, Kenneth L. McNally, Nickolai Alexandrov, Xiu-Ying Gao, Jiayang Li, Zhi-Kang Li, Jian-Long Xu, Tian-Qing Zheng	Plant Biotechnology Journal	18(1):14-16
25	How to increase maize production without extra nitrogen input	Peng Hou, Yuee Liu, Wanmao Liu, Guangzhou Liu	Resources, Conservation & Recycling	160:104913
26	Spatial Divergence of PHR-PHT1 Modules Maintains Phosphorus Homeostasis in Soybean Nodules	Mingyang Lu, Zhiyuan Cheng, Xiao-Mei Zhang, Penghui Huang, Chengming Fan, Guolong Yu, Fulu Chen, Kun Xu, Qingshan Chen, Yuchen Miao, Yuzhen Han, Xianzhong Feng, Liangyu Liu, Yong-Fu Fu	Plant Physiology	184(1):236-250
27	Zmehd1 Is Required For Kernel Development And Vegetative Growth Through Regulating Auxin Homeostasis1	Yafei Wang, Wenwen Liu, Hongqiu Wang, Qingguo Du, Zhiyuan Fu, Wen-Xue Li, Jihua Tang	Plant Physiology	182(3):1467-1480
28	Deacetylation of 3-acetyl-deoxynivalenol in wheat flour is mediated by water-soluble proteins during the making of Chinese steamed bread	Wu Li, Zhang Huijie, Hu Xuexu, Zhang Yan, Sun Lijuan, Li Weixi, Wang Bujun	Food Chemistry	303:125341
29	Effects of 1Dy12 subunit silencing on seed storage protein accumulation and flour-processing quality in a common wheat somatic variation line	Haiqiang Chen, Shijin Li, Yongwei Liu, Junxian Liu, Xiaolan Ma, Lipu Du, Ke Wang, Xingguo Ye	Food Chemistry	335: 127663
30	Folate content and retention in wheat grains and wheat-based foods: Effects of storage, processing, and cooking methods	Qiuju Liang, Ke Wang, Islam Shariful, Xingguo Ye, Chunyi Zhang	Food Chemistry	333: 127459

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
31	Integrated proteomics and metabolomics analysis of tea leaves fermented by <i>Aspergillus niger</i> , <i>Aspergillus tamarii</i> and <i>Aspergillus fumigatus</i>	Yan Ma, Tie-jun Ling, Xiao-qin Su, Bin Jiang, Bo Nian, Li-jiao Chen, Ming-li Liu, Zheng-yan Zhang, Dao-ping Wang, Yong-ying Mu, Wen-wen Jiao, Qian-ting Liu, Ying-hong Pan, Ming Zhao	Food Chemistry	334:127560
32	Rice stripe virus suppresses jasmonic acid-mediated immunity by hijacking brassinosteroid signaling pathway in rice	Jinlong Hu, Jie Huang, Haosen Xu, Yongsheng Wang, Chen Li, Peizheng Wen, Xiaoman You, Xiao Zhang, Gen Pan, Qi Li, Hongliang Zhang, Jun He, Hongming Wu, Ling Jiang, Haiyang Wang, Yuqiang Liu, Jianmin Wan	PLoS Pathogens	16(8):e1008801
33	GSK2 stabilizes OFP3 to suppress brassinosteroid responses in rice	Yunhua Xiao, Guoxia Zhang, Dapu Liu, Mei Niu, Hongning Tong, Chengcai Chu	Plant Journal	102(6):1187-1201
34	Global warming and shifts in cropping systems together reduce Chinas rice production	Changqing Chen, Kees Jan van Groenigen, Huiyi Yang, Bruce A. Hungate, Bing Yang, Yunlu Tian, Jin Chen, Wenjun Dong, Shan Huang, Aixin Deng, Yu Jiang, Weijian Zhang	Global Food Security	24:100359
35	Engineering Abiotic Stress Tolerance Via Crispr/Cas-Mediated Genome Editing	Syed Adeel Zafar, Syed Shan-e-Ali Zaidi, Yashika Gaba, Sneha Lata Singla-Pareek, Om Parkash Dhankher, Xueyong Li, Shahid Mansoor, Ashwani Pareek	Journal of Experimental Botany	71(2):470-479
36	Overexpression of soybean DREB1 enhances drought stress tolerance of transgenic wheat in the field	Yongbin Zhou, Ming Chen, Jinkao Guo, Yanxia Wang, Donghong Min, Qiyang Jiang, Hutai Ji, Chengyan Huang, Wei Wei, Huijun Xu, Xiao Chen, Liancheng Li, Zhaoshi Xu, Xianguo Cheng, Chunxiao Wang, Chengshe Wang, Youzhi Ma	Journal of Experimental Botany	71(6):1842-1857
37	RING finger ubiquitin E3 ligase gene TaSDIR1-4A contributes to determination of grain size in common wheat	Jingyi Wang, Ruitong Wang, Xinguo Mao, Jialing Zhang, Yanna Liu, Qi Xie, Xiaoyuan Yang, Xiaoping Chang, Chaonan Li, Xueyong Zhang, Ruilian Jing	Journal of Experimental Botany	71(18):5377-5388
38	The NAC transcription factor NAC019-A1 is a negative regulator of starch synthesis in wheat developing endosperm	Yunchuan Liu, Jian Hou, Xiaolu Wang, Tian Li, Uzma Majeed, Chenyang Hao, Xueyong Zhang	Journal of Experimental Botany	71(19):5794-5807
39	Contribution of total dry matter and harvest index to maize grain yield—A multisource data analysis	Wanmao Liu, Peng Hou, Guangzhou Liu, Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Bo Ming, Ruizhi Xie, Keru Wang, Yuee Liu, Shaokun Li	Food and Energy Security	9(4):e256
40	CRISPR/Cas9 editing of wheat TaQ genes alters spike morphogenesis and grain threshability	Liu Huiyun, Wang Ke, Tang Huali, Gong Qiang, Du Lipu, Pei Xinwu, Ye Xing-guo	Journal of Genetics and Genomics	47(9):563-575
41	Seed isoflavone profiling of 1168 soybean accessions from major growing ecoregions in China	Muhammad Azam, Shengrui Zhang, Ahmed M. Abdelghany, Abdulwahab S. Shaibu, Yue Feng, Yanfei Li, Yu Tian, Huilong Hong, Bin Li, Junming Sun	Food Research International	130:108957
42	Editorial for the Special Issue “Estimation of Crop Phenotyping Traits using Unmanned Ground Vehicle and Unmanned Aerial Vehicle Imagery”	Jin Xiuliang, Zhenhai Li, Clement Atzberger	REMOTE SENSING	12(6):940-949
43	The war between wheat and Fusarium: fighting with an alien weapon	Liu Chun-Ming	SCIENCE CHINA Life Sciences	63:1425-1427

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
44	Dissection of Molecular Processes and Genetic Architecture Underlying Iron and Zinc Homeostasis for Biofortification: From Model Plants to Common Wheat	Tong Jingyang, Sun Mengjing, Wang Yue, Zhang Yong, Rasheed Awais, Li Ming, Xia Xianchun, He Zhonghu, Hao Yuanfeng	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21 (23):9280
45	Ecotopic Expression Of The Antimicrobial Peptide DmAMPIW Improves Resistance Of Transgenic Wheat To Two Diseases: Sharp Eyespot And Common Root Rot	Qiang Su, Ke Wang, Zengyan Zhang	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21(2):64
46	Expression Analyses Of Soybean Voz Transcription Factors And The Role Of Gmvoz1G In Drought And Salt Stress Tolerance	Li Bo, Jia-Cheng Zheng, Ting-Ting Wang, Dong-Hong Min, Wen-Liang Wei, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, Zhao-Shi Xu, You-Zhi Ma	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21(6):2177
47	Genome-Wide Identification Of M35 Family Metalloproteases In Rhizoctonia Cerealis And Functional Analysis Of RcMEP2 As a Virulence Factor During The Fungal Infection To Wheat	Pan Lijun, Shengxian Wen, Jinfeng Yu, Lin Lu, Xiuliang Zhu, Zengyan Zhang	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21(8):2984
48	Genomic Prediction For Grain Yield And Yield-Related Traits In Chinese Winter Wheat	Ali Mohsin, Yong Zhang, Awais Rasheed, Jiankang Wang, Luyan Zhang	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21(4):1342
49	Global Characterization Of GH10 Family Xylanase Genes In Rhizoctonia Cerealis And Functional Analysis Of Xylanase RcXYN1 During Fungus Infection In Wheat	Lu Lin, Yongwei Liu, Zengyan Zhang	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21(5):1812
50	Overexpression of Soybean-Derived Lunasin in Wheat and Assessment of Its Anti-Proliferative Activity in Colorectal Cancer HT-29 Cells	Fan Xin, Peiyu Qin, Yuqiong Hao, Huimin Guo, Christophe Blecker, Nadia Everaert, Guixing Ren	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21 (24):9594
51	The Cysteine-Rich Repeat Protein TaCRR1 Participates in Defense against Both Rhizoctonia cerealis and Bipolaris sorokiniana in Wheat	Guo Feilong, Zilong Shan, Jinfeng Yu, Gangbiao Xu, Zengyan Zhang	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21 (16):5698
52	The HD-ZIP II transcription factors regulate plant architecture through the auxin pathway	He Guanhua, Pan Liu, Huixian Zhao, Jiaqiang Sun	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21 (9): 3250
53	The Soybean Bzip Transcription Factor Gene Gmbzip2 Confers Drought And Salt Resistances In Transgenic Plants	Yang Yan, Tai-Fei Yu, Jian Ma, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, You-Zhi Ma, Wen-Liang Wei, Zhao-Shi Xu	INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES	21 (2):670
54	Appraisal of wheat genomics for gene discovery and breeding applications: a special emphasis on advances in Asia	Awais Rasheed, Shigeo Takumi, Muhammad Adeel Hassan, Muhammad Imtiaz, Mohsin Ali, Alex I. Morgunov, Tariq Mahmood, Zhonghu He	Theoretical and Applied Genetics	133 (5):1503-1520
55	Bymovirus-induced yellow mosaic diseases in barley and wheat: viruses, genetic resistances and functional aspects	Congcong Jiang, Jinhong Kan, Frank Ordon, Dragan Perovic, Ping Yang	Theoretical and Applied Genetics	133 (5):1623-1640

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
56	Development and validation of high-throughput and low-cost STARP assays for genes underpinning economically important traits in wheat	Yuying Wu, Ming Li, Zhonghu He, Susanne Dreisigacker, Weie Wen, Hui Jin, Shengnan Zhai, Faji Li, Fengmei Gao, Jindong Liu, Rongge Wang, Pingzhi Zhang, Yingxiu Wan, Shuanghe Cao, Xianchun Xia	Theoretical and Applied Genetics	133:2431-2450
57	Genetic architecture underpinning yield component traits in wheat	Shuanghe Cao, Dangan Xu, Mamoon Hanif, Xianchun Xia, Zhonghu He	Theoretical and Applied Genetics	133:1811-1823
58	Genome-wide association analysis of stem water-soluble carbohydrate content in bread wheat	Luping Fu, Jingchun Wu, Shurong Yang, Yirong Jin, Jindong Liu, Mengjiao Yang, Awais Rasheed, Yong Zhang, Xianchun Xia, Ruilian Jing, Zhonghu He, Yonggui Xiao	Theoretical and Applied Genetics	133 (10):2897-2914
59	Genomic prediction across years in a maize doubled haploid breeding program to accelerate early-stage testcross testing	Nan Wang, Hui Wang, Ao Zhang, Yubo Liu, Diansi Yu, Zhuanfang Hao, Dan Ilut, Jeffrey C. Glaubitz, Yanxin Gao, Elizabeth Jones, Michael Olsen, Xinhai Li, Felix San Vicente, Boddupalli M. Prasanna, Jose Crossa, Paulino Pérez-Rodríguez, Xuecai Zhang	Theoretical and Applied Genetics	133 (10):2869-2879
60	Heterosis-associated genes confer high yield in super hybrid rice	Tianzi Lin, Cong Zhou, Gaoming Chen, Jun Yu, Wei Wu, Yuwei Ge, Xiaolan Liu, Jin Li, Xingzhou Jiang, Weijie Tang, Yunlu Tian, Zhigang Zhao, Chengsong Zhu, Chunming Wang, Jianmin Wan	Theoretical and Applied Genetics	133 (12):3287-3297
61	Identification and validation of genetic loci for tiller angle in bread wheat	Dehui Zhao, Li Yang, Kaijie Xu, Shuanghe Cao, Yubing Tian, Jun Yan, Zhonghu He, Xianchun Xia, Xiyue Song, Yong Zhang	Theoretical and Applied Genetics	133 (11):3037-3047
62	QTL mapping for grain yield-related traits in bread wheat via SNP-based selective genotyping	Li Yang, Dehui Zhao, Zili Meng, Kaijie Xu, Jun Yan, Xianchun Xia, Shuanghe Cao, Yubing Tian, Zhonghu He, Yong Zhang	Theoretical and Applied Genetics	133 (3):857-872
63	Screening and functional characterization of candidate resistance genes to powdery mildew from <i>Dasypyrum villosum</i> #4 in a wheat line Pm97033	Shijin Li, Zimiao Jia, Ke Wang, Lipu Du, Hongjie Li, Zhishan Lin, Xingguo Ye	Theoretical and Applied Genetics	133 (11):3067-3083
64	A Combination Of Long-Day Suppressor Genes Contributes To The Northward Expansion Of Rice	Cui Yongxia, Wang Junrui, Feng Li, Liu Sha, Li Jiaqi, Qiao Weihua, Song Yue, Zhang Zongqiong, Cheng Yunlian, Zhang Lifang, Zheng Xiaoming, Yang Qingwen	Frontiers in Plant Science	11:864
65	Assessment of Water and Nitrogen Use Efficiencies Through UAV-Based Multispectral Phenotyping in Winter Wheat	Yang Mengjiao, Hassan Muhammad Adeel, Xu Kaijie, Zheng Chengyan, Rasheed Awais, Zhang Yong, Jin Xiuliang, Xia Xianchun, Xiao Yonggui, He Zhonghu	Frontiers in Plant Science	11:927
66	Characterization of agronomic performance, end-use quality parameters, and resistance to cereal cyst nematode in four perennial wheat- <i>Thinopyrum intermedium</i> lines	Cui Lei, Ren Yongkang, Zhang Yanming, Tang Zhaohui, Guo Qing, Niu Yuqi, Yan Wenze, Sun Yu, Li Hongjie	Frontiers in Plant Science	11:594197
67	Combining a New Exome Capture Panel With an Effective varBScore Algorithm Accelerates BSA-Based Gene Cloning in Wheat	Dong Chunhao, Zhang Lichao, Chen Zhongxu, Xia Chuan, Gu Yongqiang, Wang Jirui, Li Danping, Xie Zhencheng, Zhang Qiang, Zhang Xueying, Gui Lixuan, Liu Xu, Kong Xiuying	Frontiers in Plant Science	11:1249

续表

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
68	<i>Fagopyrum esculentum</i> ssp. <i>ancestrale</i> -A Hybrid Species Between Diploid <i>F. cymosum</i> and <i>F. esculentum</i>	Cheng Cheng, Yu Fan, Yu Tang, Kaixuan Zhang, Dinesh C Joshi, Rintu Jha, Dagmar Janovská, Vladimir Meglič, Mingli Yan, Meiliang Zhou	Frontiers in Plant Science	11:1073
69	Generation Of Transgene-Free Semidwarf Maize Plants By Gene Editing Of gibberellin-Oxidase20-3 Using Crispr/Cas9	Zhang Jiaojiao, Zhang Xiaofeng, Chen Rongrong, Yang Li, Fan Kaijian, Liu Yan, Wang Guoying, Ren Zhenjing, Liu Yunjun	Frontiers in Plant Science	11:1048
70	Genetic dissection of the general combining ability of yield-related traits in maize	Lu Xin, Zhou Zhiqiang, Yuan Zhaohui, Zhang Chaoshu, Hao Zhuanfang, Wang Zhenhua, Li Mingshun, Zhang Degui, Yong Hongjun, Han Jienan, Li Xinhai, Weng Jianfeng	Frontiers in Plant Science	11:788
71	Genome-Wide Analysis of the GRAS Gene Family and Functional Identification of GmGRAS37 in Drought and Salt Tolerance	Wang Ting-Ting, Yu Tai-Fei, Fu Jin-Dong, Su Hong-Gang, Chen Jun, Zhou Yong-Bin, Chen Ming, Guo Jun, Ma You-Zhi, Wei Wen-Liang, Xu Zhao-Shi	Frontiers in Plant Science	11:604690
72	Genome-Wide Association Analysis of Fusarium Head Blight Resistance in Chinese Elite Wheat Lines	Zhu Zhanwang, Chen Ling, Zhang Wei, Yang Lijun, Zhu Weiwei, Li Junhui, Liu Yike, Tong Hanwen, Fu Luping, Liu Jindong, Rasheed Awais, Xia Xianchun, He Zhonghu, Hao Yuanfeng, Gao Chunbao	Frontiers in Plant Science	11:206
73	Genome-Wide Identification, Evolution, And Expression Of GDSL-Type Esterase/Lipase Gene Family In Soybean	Su Hong-Gang, Zhang Xiao-Hong, Wang Ting-Ting, Wei Wen-Liang, Wang Yan-Xia, Chen Jun, Zhou Yong-Bin, Chen Ming, Ma You-Zhi, Xu Zhao-Shi, Min Dong-Hong	Frontiers in Plant Science	11:726
74	GmNFYA13 improves salt and drought tolerance in transgenic soybean plants	Ma Xiao-Jun, Fu Jin-Dong, Tang Yi-Miao, Yu Tai-Fei, Yin Zhen-Gong, Chen Jun, Zhou Yong-Bin, Chen Ming, Xu Zhao-Shi, Ma You-Zhi	Frontiers in Plant Science	11:587244
75	Large-Scale Analysis Of Combining Ability And Heterosis For Development Of Hybrid Maize Breeding Strategies Using Diverse Germplasm Resources	Yu Kanchao, Wang Hui, Liu Xiaogang, Xu Cheng, Li Zhiwei, Xu Xiaojie, Liu Jiacheng, Wang Zhenhua, Xu Yunbi	Frontiers in Plant Science	11:660
76	Nitrogen supply regulates vascular bundle structure and matter transport characteristics of spring maize under high plant density	Ren Hong, Jiang Ying, Zhao Ming, Qi Hua, Li Congfeng	Frontiers in Plant Science	11:602739
77	Osmfs1/Oshop2 Complex Participates In Rice Male And Female Development	Lu Jiayu, Wang Chaolong, Wang Haiyu, Zheng Hai, Bai Wenting, Lei Dekun, Tian Yunlu, Xiao Yanjia, You Shimin, Wang Qiming, Yu Xiaowen, Liu Shijia, Liu Xi, Chen Liangming, Jang Ling, Wang Chunming, Zhao Zhigang, Wan Jianmin	Frontiers in Plant Science	11:518
78	Overexpression of GmUBC9 Gene Enhances Plant Drought Resistance and Affects Flowering Time via Histone H2B Monoubiquitination	Chen Kai, Tang Wen-Si, Zhou Yong-Bin, Xu Zhao-Shi, Chen Jun, Ma You-Zhi, Chen Ming, Li Hai-Yan	Frontiers in Plant Science	11:555794
79	Pleiotropic Effect of GNP1 Underlying Grain Number per Panicle on Sink, Source and Flow in Rice	Zhai Laiyuan, Wang Feng, Yan An, Liang Chengwei, Wang Shu, Wang Yun, Xu Jianlong	Frontiers in Plant Science	11:933

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
80	Regulation of Brassinosteroid Signaling and Salt Resistance by SERK2 and Potential Utilization for Crop Improvement in Rice	Dong Nana, Yin Wenchao, Liu Dapu, Zhang Xiaoxing, Yu Zhikun, Huang Wei, Liu Jihong, Yang Yanzhao, Meng Wenjing, Niu Mei, Tong Hongning	Frontiers in Plant Science	11:621859
81	SiMYB56 Confers Drought Stress Tolerance in Transgenic Rice by Regulating Lignin Biosynthesis and ABA Signaling Pathway	Xu Weiya, Tang Wensi, Wang Chunxiao, Ge Linhao, Sun Jianchang, Qi Xin, He Zhang, Zhou Yongbin, Chen Jun, Xu Zhaoshi, Ma You-Zhi, Chen Ming	Frontiers in Plant Science	11:785
82	Starch Metabolism in Wheat: Gene Variation and Association Analysis Reveal Additive Effects on Kernel Weight	Hou Jian, Liu Yunchuan, Hao Chenyang, Li Tian, Liu Hongxia, Zhang Xueyong	Frontiers in Plant Science	11:562008
83	The Ankyrin-Repeat Gene GmANK114 Confers Drought and Salt Tolerance in Arabidopsis and Soybean	Zhao Juan-Ying, Lu Zhi-Wei, Sun Yue, Fang Zheng-Wu, Chen Jun, Zhou Yong-Bin, Chen Ming, Ma You-Zhi, Xu Zhao-Shi, Min Dong-Hong	Frontiers in Plant Science	11:584167
84	The Circadian Clock Gene, Taprr1, Is Associated With Yield-Related Traits In Wheat (Triticum Aestivum L.)	Sun Han, Zhang Wenping, Wu Yongzhen, Gao Lifeng, Cui Fa, Zhao Chunhua, Guo Zhiai, Jia Jizeng	Frontiers in Plant Science	11:285
85	Dissection Of Superior Alleles For Yield-Related Traits And Their Distribution In Important Cultivars Of Wheat By Association Mapping	Li Xiaojun, Xu Xin, Liu Weihua, Li Xiuquan, Yang Xinming, Ru Zhengang, Li Lihui	Frontiers in Plant Science	11:175
86	Integrated analysis of the transcriptome and metabolome revealed the molecular mechanisms underlying the enhanced salt tolerance of rice due to the application of exogenous melatonin	Xie Ziyan, Wang Juan, Wang Wensheng, Wang Yanru, Xu Jianlong, Li Zhikang, Zhao Xiuqin, Fu Binying	Frontiers in Plant Science	11:618680
87	WRKY Transcription Factor OsWRKY29 Represses Seed Dormancy in Rice by Weakening Absciscic Acid Response	Zhou Chunlei, Lin Qibing, Lan Jie, Zhang Tianyu, Liu Xi, Miao Rong, Mou Changling, Nguyen Thanhliem, Wang Jiachang, Zhang Xiao, Zhou Liang, Zhu Xingjie, Wang Qian, Zhang Xin, Guo Xiuping, Liu Shijia, Jiang Ling, Wan Jianmin	Frontiers in Plant Science	11:691
88	Quantitative effects of solar radiation on maize lodging resistance mechanical properties	Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Peng Hou, Jun Xue, Guangzhou Liu, Wanmao Liu, Yonghong Wang, Rulang Zhao, Bo Ming, Ruizhi Xie, Keru Wang, Shaokun Li	Field Crops Research	255:107906
89	Response of maize barrenness to density and nitrogen increases in Chinese cultivars released from the 1950s to 2010s	Daling Ma, Shaokun Li, Lichao Zhai, Xiaofang Yu, Ruizhi Xie, Julin Gao	Field Crops Research	250:107766
90	Antibacterial Activity And Mechanism Of Action Saponins From Chenopodium Quinoa Willd. Husks Against Foodborne Pathogenic Bacteria	Shixia Dong, Xiushi Yang, Lei Zhao, Fengxiang Zhang, Zhaohua Hou, Peng Xue	INDUSTRIAL CROPS AND PRODUCTS	149:112350
91	How Incorporation Depth Of Corn Straw Affects Straw Decomposition Rate And C&N Release In The Wheat-Corn Cropping System	Hojatollah Latifmanesh, Aixing Deng, Liang Li, Zongjin Chen, Yuntan Zheng, Xiaotong Bao, Chengyan Zheng, Weijian Zhang	AGRICULTURE ECOSYSTEMS & ENVIRONMENT	300:107000

续表

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
92	Raffinose Synthase Enhances Drought Tolerance Through Raffinose Synthesis Or Galactinol Hydrolysis In Maize And Arabidopsis Plants	Tao Li, Yumin Zhang, Ying Liu, Xudong Li, Guanglong Hao, Qinghui Han, Lynnette M.A. Dirk, A. Bruce Downie, Yong-Ling Ruan, Jianmin Wang, Guoying Wang, Tianyong Zhao	JOURNAL OF BIOLOGICAL CHEMISTRY	295 (23):8064-8077
93	Peptides from extruded lupin (<i>Lupinus albus</i> L.) regulate inflammatory activity via the p38 MAPK signal transduction pathway in RAW 264.7 cells	Yue Gao, Xuna Zhang, Guixing Ren, Caie Wu, Peiyu Qin, Yang Yao	JOURNAL OF AGRICULTURAL AND FOOD CHEMISTRY	68 (42):11702-11709
94	Anti-obesity effects of α -amylase inhibitor enriched-extract from white common beans (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) associated with the modulation of gut microbiota composition in high-fat diet-induced obese rats	Zhenxing Shi, Yingying Zhu, Cong Teng, Yang Yao, Guixing Ren, Aurore Richel	Food & Function	11:1624-1634
95	Maize Golden2-Like Genes Enhance Biomass And Grain Yields In Rice By Improving Photosynthesis And Reducing Photoinhibition	Xia Li, Peng Wang, Jing Li, Shaobo Wei, Yanyan Yan, Jun Yang, Ming Zhao, Jane A. Langdale, Wenbin Zhou	COMMUNICATIONS BIOLOGY	3:151
96	Structural Characterization of Quinoa Polysaccharide and Its Inhibitory Effects on 3T3-L1 Adipocyte Differentiation	Teng Cong, Zhenxing Shi, Yang Yao, Guixing Ren	Foods	9(10):1511
97	Maize Defective Kernel605 Encodes a Canonical DYW-Type PPR Protein that Edits a Conserved Site of nad1 and Is Essential for Seed Nutritional Quality	Kaijian Fan, Yixuan Peng, Zhenjing Ren, Delin Li, Sihan Zhen, Stefan Hey, Yu Cui, Junjie Fu, Riliang Gu, Jianhua Wang, Guoying Wang, Li Li	PLANT AND CELL PHYSIOLOGY	61(11):1954-1966
98	Applications of genotyping-by-sequencing (GBS) in maize genetics and breeding	Nan Wang, Yibing Yuan, Hui Wang, Diansi Yu, Yubo Liu, Ao Zhang, Manje Gowda, Sudha K. Nair, Zhuanfang Hao, Yanli Lu, Felix San Vicente, Boddupalli M. Prasanna, Xinhai Li, Xuecai Zhang	Scientific Reports	10 (1):16308
99	Conservation recommendations for <i>Oryza rufipogon</i> Grif. in China based on genetic diversity analysis	Junrui Wang, Jinxia Shi, Sha Liu, Xiping Sun, Juan Huang, Weihua Qiao, Yunlian Cheng, Lifang Zhang, Xiaoming Zheng, Qingwen Yang	Scientific Reports	10 (1):14375
100	Marginal superiority of maize: an indicator for density tolerance under high plant density	Guangzhou Liu, Wanmao Liu, Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Guoqiang Zhang, Jian Li, Ruizhi Xie, Bo Ming, Keru Wang, Peng Hou, Shaokun Li	Scientific Reports	10 (1):15378
101	Overexpression Of V-Type H ⁺ Pyrophosphatase Gene Edvp1 From <i>Elymus Dahuricus</i> Increases Yield And Potassium Uptake Of Transgenic Wheat Under Low Potassium Conditions	Yongbin Zhou, Yan Li, Xueli Qi, Rongbang Liu, Jianhui Dong, Weihuan Jing, Mengmeng Guo, Qinglin Si, Zhaoshi Xu, Liancheng Li, Chengshe Wang, Xianguo Cheng, Youzhi Ma, Ming Chen	Scientific Reports	10(1):5020
102	Parallel Reaction Monitoring Revealed Tolerance To Drought Proteins In Weedy Rice (<i>Oryza Sativa</i> F. <i>Spontanea</i>)	Bing Han, Xiaoding Ma, Di Cui, Leiye Geng, Guilan Cao, Hui Zhang, Longzhi Han	Scientific Reports	10 (1):12935

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
103	QTL mapping and candidate gene analysis of seed vigor-related traits during artificial aging in wheat (<i>Triticum aestivum</i>)	Huawei Shi, Wanghui Guan, Yugang Shi, Shuguang Wang, Hua Fan, Jinwen Yang, Weiguo Chen, Wenjun Zhang, Daizhen Sun, Ruilian Jing	Scientific Reports	10 (1):22060
104	Timing for antioxidant-priming against rice seed ageing: optimal only in non-resistant stage	Ling-xiang Xu, Xia Xin, Guang-kun Yin, Ji Zhou, Yuan-chang Zhou, Xin-xiong Lu	Scientific Reports	10 (1):13294
105	Transcriptome and genome sequencing elucidates the molecular basis for the high yield and good quality of the hybrid rice variety Chuanyou6203	Juansheng Ren, Fan Zhang, Fangyuan Gao, Lihua Zeng, Xianjun Lu, Xiuqin Zhao, Jianqun Lv, Xiangwen Su, Liping Liu, Mingli Dai, Jianlong Xu, Guangjun Ren	Scientific Reports	10 (1):19935
106	Comprehensive Evaluation And Analysis Of The Mechanism Of Cold Tolerance Based On The Transcriptome Of Weedy Rice Seedlings	Bing Han, Xiaoding Ma, Di Cui, Yanjie Wang, Leiyue Geng, Guilan Cao, Hui Zhang, Longzhi Han	RICE	13 (1):12
107	Construction And Integration Of Genetic Linkage Maps From Three Multi-Parent Advanced Generation Inter-Cross Populations In Rice	Pingping Qu, Jinhui Shi, Tianxiao Chen, Kai Chen, Congcong Shen, Jiankang Wang, Xiangqian Zhao, Guoyou Ye, Jianlong Xu, Luyan Zhang	RICE	13 (1):13
108	Mini Seed 2 (Mis2) Encodes A Receptor-Like Kinase That Controls Grain Size And Shape In Rice	Yan Chun, Jingjing Fang, Syed Adeel Zafar, Jiangyuan Shang, Jinfeng Zhao, Shoujiang Yuan, Xueyong Li	RICE	13(1):7
109	Overexpression Of The Transcription Factor Gene OsSTAP1 Increases Salt Tolerance In Rice	Yinxiao Wang, Juan Wang, Xiuqin Zhao, Sheng Yang, Liyu Huang, Fengping Du, Zhikang Li, Xiangqiang Zhao, Binying Fu, Wensheng Wang	RICE	13 (1):50
110	Ws19 Encodes An Hnh Endonuclease Domain-Containing Protein That Is Essential For Early Chloroplast Development In Rice	Xingjie Zhu, Changling Mou, Fulin Zhang, Yunshuai Huang, Chunyan Yang, Jingli Ji, Xi Liu, Penghui Cao, Thanhliem Nguyen, Jie Lan, Chunlei Zhou, Shijia Liu, Ling Jiang, Jianmin Wan	RICE	13 (1):45
111	Global Profiling Of N-6-Methyladenosine Methylation In Maize Callus Induction	Xuemei Du, Ting Fang, Yan Liu, Meng Wang, Maosen Zang, Liying Huang, Sihan Zhen, Jie Zhang, Zichen Shi, Guoying Wang, Junjie Fu, Yunjun Liu	PLANT GENOME	13(2):e20018
112	Complex Genetic System Involved In Fusarium Ear Rot Resistance In Maize As Revealed By GWAS, Bulk Sample Analysis, And Genomic Prediction	Zifeng Guo, Cheng Zou, Xiaogang Liu, Shan hong Wang, Wen-Xue Li, Dan Jeffers, Xingming Fan, Mingliang Xu, and Yunbi Xu	Plant Disease	104(6):1725-1735
113	Discovery And Fine Mapping Of Qscr6.01, A Novel Major Qtl Conferring Southern Rust Resistance In Maize	Lu Lu, Zhennan Xu, Suli Sun, Qing Du, Zhendong Zhu, Jianfeng Weng, and Canxing Duan	Plant Disease	104(7):1918-1924
114	First Report of Nigrospora osmanthi Causing Leaf Spot on Tartary Buckwheat in China	Quan Shen, Xixu Peng, Feng He, Shaoqing Li, Zuyin Xiao, Haihua Wang, Xinke Tang, and Meiliang Zhou	Plant Disease	105(4):1227-1227
115	First report of Rhizoctonia solani AG-4 HGI Causing Stem Canker on Fagopyrum tataricum (Tartary buckwheat) in China	Shijuan Li, Kaixuan Zhang, Muhammad Khurshid, Yu Fan, Bingliang Xu, and Meiliang Zhou	Plant Disease	105 (2):505

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
116	Molecular-Assisted Distinctness And Uniformity Testing Using Slaf-Sequencing Approach In Soybean	Zhang S, Li B, Chen Y, Shaibu AS, Zheng H, Sun J	GENES	11(2):175
117	Traits of plant morphology, stalk mechanical strength, and the biomass accumulation in the selection of lodging-resistant maize cultivars	Jun Xue, Shang Gao, Yinghu Fan, Lulu Li, Bo Ming, Keru Wang, Ruizhi Xie, Peng Hou, Shaokun Li	European Journal of Agronomy	117:126073
118	Rice Osbt1 Regulates Seed Dormancy Through The Glycometabolism Pathway	Weihan Song, Qixian Hao, Mengying Cai, Yihua Wang, Xingjie Zhu, Xi Liu, Yunshuai Huang, Thanhliem Nguyen, Chunyan Yang, Jiangfeng Yu, Hongming Wu, Liangming Chen, Yunlu Tian, Ling Jiang, Jianmin Wan	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY	151:469-476
119	Evaluation of maize lodging resistance based on the critical wind speed of stalk breaking during the late growth stage	Jun Xue, Bo Ming, Ruizhi Xie, Keru Wang, Peng Hou, Shaokun Li	Plant Methods	16 (1):14
120	Efficient CEL1 endonuclease production in <i>Nicotiana benthamiana</i> through transient expression and applications in detections of mutation and gene editing events	Xue-Feng Yao, Shengyang Wu, Lei Guo, Chun-Ming Liu	Plant Science	296:110469
121	Gmga3 Is Involved In Post-Golgi Trafficking Of Storage Proteins And Cell Growth In Soybean Cotyledons	Zhongyan Wei, Yu Chen, Bo Zhang, Yulong Ren, Lijuan Qiu	Plant Science	294:110423
122	Osdog1L-3 Regulates Seed Dormancy Through The Absciscic Acid Pathway In Rice	Qian Wang, Qibing Lin, Tao Wu, Erchao Duan, Yunshuai Huang, Chunyan Yang, Changling Mou, Jie Lan, Chunlei Zhou, Kun Xie, Xi Liu, Xin Zhang, Xiuping Guo, Jie Wang, Ling Jiang, Jianmin Wan	Plant Science	298:110570
123	Conversion of Deoxynivalenol-3-Glucoside to Deoxynivalenol during Chinese Steamed Bread Processing	Zhang H, Wu L, Li W, Zhang Y, Li J, Hu X, Sun L, Du W, Wang B	Toxins	12 (4):225
124	Differential proteomic analysis of soybean anthers by iTRAQ under high-temperature stress	Jiajia Li, Muhammad Nadeem, Linying Chen, Minghua Wang, Mingyue Wan, Lijuan Qiu, Xiaobo Wang	Journal of Proteomics	229:103968
125	WHITE STRIPE LEAF8, encoding a deoxyribonucleoside kinase, is involved in chloroplast development in rice	L. L. Liu, J. You, Z. Zhu, K. Y. Chen, M. M. Hu, H. Gu, Z. W. Liu, Z. Y. Wang, Y. H. Wang, S. J. Liu, L. M. Chen, X. Liu, Y. L. Tian, S. R. Zhou, L. Jiang, J. M. Wan	Plant Cell Reports	39 (1):19-33
126	Cloning and molecular characterization of <i>Triticum aestivum</i> ornithine aminotransferase (TaOAT) encoding genes	Alia Anwar, Maoyun She, Ke Wang, Xingguo Ye	BMC Plant Biology	20 (1): 187
127	Comparative Proteomic Analysis Reveals Novel Insights into Interaction between Rice and <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i>	Fan Zhang, Fan Zhang, Liyu Huang, Dan Zeng, Casiana Vera Cruz, Zhikang Li, Yongli Zhou	BMC Plant Biology	20 (1):563

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
128	Genetic Mapping And Genomic Selection For Maize Stalk Strength	Xiaogang Liu, Xiaoqiao Hu, Kun Li, Zhifang Liu, Yujin Wu, Hongwu Wang, Changling Huang	BMC Plant Biology	20 (1):196
129	Genome-wide association studies and whole-genome prediction reveal the genetic architecture of KRN in maize	Yixin An, Lin Chen, Yong-Xiang Li, Chunhui Li, Yunsu Shi, Dengfeng Zhang, Yu Li, Tianyu Wang	BMC Plant Biology	20 (1):490
130	Identification and validation of quantitative trait loci for kernel traits in common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	Hong Liu, Xiaotao Zhang, Yunfeng Xu, Feifei Ma, Jinpeng Zhang, Yanwei Cao, Lihui Li, Diaoguo An	BMC Plant Biology	20 (1):529
131	Identification Of A Novel Erf Gene, Taerf8, Associated With Plant Height And Yield In Wheat	Lei Zhang, Pan Liu, Jing Wu, Linyi Qiao, Guangyao Zhao, Jizeng Jia, Lifeng Gao, Jianming Wang	BMC Plant Biology	20 (1):263
132	Identification of the vernalization gene VRN-B1 responsible for heading date variation by QTL mapping using a RIL population in wheat	Yuting Li, Hongchun Xiong, Huijun Guo, Chunyun Zhou, Yongdun Xie, Linshu Zhao, Jiayu Gu, Shirong Zhao, Yuping Ding, Luxiang Liu	BMC Plant Biology	20(1):331
133	Mining The Stable Quantitative Trait Loci For Agronomic Traits In Wheat (<i>Triticum Aestivum</i> L.) Based On An Introgression Line Population	Weiguo Chen, Daizhen Sun, Runzhi Li, Shuguang Wang, Yugang Shi, Wenjun Zhang, Ruilian Jing	BMC Plant Biology	20(1):275
134	Overexpression Of Gmnyf5 Confers Drought Tolerance To Transgenic Arabidopsis And Soybean Plants	Xiao-Jun Ma, Tai-Fei Yu, Xiao-Hui Li, Xin-You Cao, Jian Ma, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, You-Zhi Ma, Jun-Hua Zhang, Zhao-Shi Xu	BMC Plant Biology	20(1):123
135	Two nucleoporin98 Homologous Genes Jointly Participate In The Regulation Of Starch Degradation To Repress Senescence In Arabidopsis	Long Xiao, Shanshan Jiang, Penghui Huang, Fulu Chen, Xu Wang, Zhiyuan Cheng, Yuchen Miao, Liangyu Liu, Iain Searle, Chunyan Liu, Xiao-Xia Wu, Yong-Fu Fu, Qingshan Chen, Xiao-Mei Zhang	BMC Plant Biology	20(1):292
136	Base Editing In Plants: Current Status And Challenges	Sutar Suhas Bharat, Shaoya Li, Jingying Li, Lei Yan, Lanqin Xia	The Crop Journal	8(3):384-395
137	Conversion of a normal maize hybrid into a waxy version using in vivo CRISPR/Cas9 targeted mutation activity	Xiantao Qi, Hao Wu, Haiyang Jiang, Jinjie Zhu, Changling Huang, Xin Zhang, Changlin Liu, Beijiu Cheng	The Crop Journal	8 (3):440-448
138	Crop Genome Editing: A Way To Breeding By Design	Chuanxiao Xie, Yunbi Xu, Jianmin Wan	The Crop Journal	8 (3):379-383
139	Favorable Haplotypes And Associated Genes For Flowering Time And Photoperiod Sensitivity Identified By Comparative Selective Signature Analysis And Gwas In Temperate And Tropical Maize	Zhiwei Li, Xiaogang Liu, Xiaoqie Xu, Jiacheng Liu, Zhiqin Sang, Kanchao Yu, Yuxin Yang, Wenshuang Dai, Xin Jin, Yunbi Xu	The Crop Journal	8 (2):227-242
140	Functional markers developed from TaGS3, a negative regulator of grain weight and size, for marker-assisted selection in wheat	Wei Zhang, Huifang Li, Liya Zhi, Qiannan Su, Jiajia Liu, Xiaoli Ren, Deyuan Meng, Na Zhang, Jun Ji, Xueyong Zhang, Junming Li	The Crop Journal	8 (6):943-952
141	Genetic Bases Of Source-, Sink-, And Yield-Related Traits Revealed By Genome-Wide Association Study In Xian Rice	Yun Wang, Yunlong Pang, Kai Chen, Laiyuan Zhai, Congcong Shen, Shu Wang, Jianlong Xu	The Crop Journal	8 (1):119-131

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
142	Genome-wide alternative splicing variation and its potential contribution to maize immature ear heterosis	Xiaojiao Hu, Hongwu Wang, Kun Li, Xiaogang Liu, Zhifang Liu, Yujin Wu, Shuqiang Li, Changling Huang	The Crop Journal	9 (2):476-486
143	Influence of plastic film mulching and planting density on yield, leaf anatomy, and root characteristics of maize on the Loess Plateau	Li Niu, Yanyan Yan, Peng Hou, Wenbo Bai, Rulang Zhao, Yonghong Wang, Shaokun Li, Taisheng Du, Ming Zhao, Jiqing Song, Wenbin Zhou	The Crop Journal	8 (4):548-564
144	Map-based cloning of a novel QTL qBN-1 influencing branch number in soybean (<i>Glycine max</i>)	Sobhi F.Lamlom, Yong Zhang, Bohong Su, Haitao Wu, Xia Zhang, Jindong Fu, Bo Zhang, Li-Juan Qiu	The Crop Journal	8 (5):793-801
145	Metabolic profiling of DREB-overexpressing transgenic wheat seeds by liquid chromatography-mass spectrometry	Fengjuan Niu, Qiyan Jiang, Xianjun Sun, Zheng Hu, Lixia Wang, Hui Zhang	The Crop Journal	8 (6):1025-1036
146	Modeling and simulation of recurrent phenotypic and genomic selections in plant breeding under the presence of epistasis	Mohsin Ali, Luyan Zhang, Ian DeLacy, Vivi Arief, Mark Dieters, Wolfgang H. Pfeiffer, Jiankang Wang, Huihui Li	The Crop Journal	8 (5):866-877
147	Ordering of high-density markers by the k-Optimal algorithm for the traveling-salesman problem	Luyan Zhang, Huihui Li, Lei Meng, Jiankang Wang	The Crop Journal	8 (5):701-712
148	QTL mapping of drought tolerance traits in soybean with SLAF sequencing	Honglei Ren, Jianan Han, Xingrong Wang, Bo Zhang, Lili Yu, Huawei Gao, Huilong Hong, Rujian Sun, Yu Tian, Xusheng Qi, Zhangxiong Liu, Xiaoxia Wu, Li-Juan Qiu	The Crop Journal	8 (6):977-989
149	QTL mapping of qSCN3-1 for resistance to soybean cyst nematode in soybean line Zhongpin 03-5373	Yang Lei, Tian Yu, Liu Yulin, Reif Jochen C, Li Yinghui, Qiu Lijuan	The Crop Journal	9 (2):351-359
150	RNA-Seq analysis and development of SSR and KASP markers in lentil (<i>Lens culinaris</i> Medikus subsp. <i>culinaris</i>)	Dong Wang, Tao Yang, Rong Liu, Nana Li, Xiaomu Wang, Ashutosh Sarker, Xiaodong Zhang, Runfang Li, Yanyan Pu, Guan Li, Yuning Huang, Yishan Ji, Zhaojun Li, Qian Tian, Xuxiao Zong, Hanfeng Ding	The Crop Journal	8 (6):953-965
151	Soybean cyst nematode resistance: Gene identification and breeding strategies	Abdulwahab S.Shaibu, Bin Li, Shengrui Zhang, Junming Sun	The Crop Journal	8(6):892-904
152	Mapping quantitative trait loci associated with stem-related traits in maize (<i>Zea mays</i> L.)	Qiqi Shang, Degui Zhang, Rong Li, Kaixin Wang, Zimeng Cheng, Zhiqiang Zhou, Zhuanfang Hao, Jinbao Pan, Xinhai Li, Liyu Shi	PLANT MOLECULAR BIOLOGY	104:583-595
153	miR164-targeted TaPSK5 encodes a phyto-sulfokine precursor that regulates root growth and yield traits in common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	Yuke Geng, Chao Jian, Wu Xu, Hong Liu, Chenyang Hao, Jian Hou, Hongxia Liu, Xueyong Zhang, Tian Li	PLANT MOLECULAR BIOLOGY	104:615-628
154	Small grain and semi-dwarf 3, a WRKY transcription factor, negatively regulates plant height and grain size by stabilizing SLR1 expression in rice	Jie Lan, Qibing Lin, Chunlei Zhou, Yakun Ren, Xi Liu, Rong Miao, Ruonan Jing, Changling Mou, Thanhliem Nguyen, Xingjie Zhu, Qian Wang, Xin Zhang, Xiuping Guo, Shijia Liu, Ling Jiang, Jianmin Wan	PLANT MOLECULAR BIOLOGY	104:429-450

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
155	The Sweet Sorghum Sbwrky50 Is Negatively Involved In Salt Response By Regulating Ion Homeostasis	Yushuang Song, Jinlu Li, Yi Sui, Guoliang Han, Yi Zhang, Shangjing Guo, Na Sui	PLANT MOLECULAR BIOLOGY	102:603-614
156	Construction of a high-density genetic map and its application for QTL mapping of leaflet shapes in Mung bean (<i>Vigna radiata</i> L.)	Wang Jie, Li Jianling, Liu Zhenxing, Yuan Xingxing, Wang Suhua, Chen Honglin, Chen Xin, Cheng Xuzhen, Wang Lixia	Frontier in Genetics	11:1032-1032
157	Fine Mapping, Candidate Gene Identification And Co-Segregating Marker Development For The Phytophthora Root Rot Resistance Generpsyd25	Zhong Chao, Sun Suli, Zhang Xuecui, Duan Canxing, Zhu Zhendong	Frontier in Genetics	11:799-799
158	Genetic Bases of the Stomata-Related Traits Revealed by a Genome-Wide Association Analysis in Rice (<i>Oryza sativa</i> L.)	Chen Hongwei, Zhao Xiuqin, Zhai Laiyuan, Shao Kuitian, Jiang Kunwei, Shen Congcong, Chen Kai, Wang Shu, Wang Yun, Xu Jianlong	Frontier in Genetics	11:611
159	Identification of QTLs for Domestication-Related Traits in Zombi Pea [<i>Vigna vexillata</i> (A.) Rich], a Lost Crop of Africa	Amkul Kitiya, Somta Prakrit, Laosatit Kularb, Wang Lixia	Frontier in Genetics	11:803
160	Marker-Trait Association Analysis of Seed Traits in Accessions of Common Bean (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) in China	Lei Lei, Wang Lanfen, Wang Shumin, Wu Jing	Frontier in Genetics	11:698
161	Characterization of Genetic Diversity and Genome-Wide Association Mapping of Three Agronomic Traits in Qingke Barley (<i>Hordeum Vulgare</i> L.) in the Qinghai-Tibet Plateau	Li Zhiyong, Lhundrup Namgyal, Guo Ganggang, Dol Kar, Chen Panpan, Gao Liyun, Chemi Wangmo, Zhang Jing, Wang Jiankang, Nyema Tashi, Dawa Dondrup, Li Huihui	Frontier in Genetics	11:638
162	Identification Of New Qtl For Salt Tolerance From Rice Variety Pokkali	Tianxiao Chen, Yajun Zhu, Kai Chen, Congcong Shen, Xiuqin Zhao, Sergey Shabala, Lana Shabala, Holger Meinke, Gayatri Venkataraman, Zhong-Hua Chen, Jianglong Xu, Meixue Zhou	JOURNAL OF AGRONOMY AND CROP SCIENCE	206(2):202-213
163	Genome-wide association study of soybean seed germination under drought stress	Zhangxiong Liu, Huihui Li, Zuowang Gou, Yanjun Zhang, Xingrong Wang, Honglei Ren, Zixiang Wen, Beom-Kyu Kang, Yinghui Li, Lili Yu, Huawei Gao, Dechun Wang, Xusheng Qi, Lijuan Qiu	MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS	295 (3):661-673
164	Early Drought-Responsive Genes Are Variable And Relevant To Drought Tolerance	Cheng He, Yicong Du, Junjie Fu, Erliang Zeng, Sunghun Park, Frank White, Jun Zheng, Sanzhen Liu	G3-Genes Genomes Genetics	10 (5):1657-1670
165	Gmnmh5, A Neoteric Positive Transcription Factor Of Flowering And Maturity In Soybean	Wenting Wang, Zhili Wang, Wensheng Hou, Li Chen, Bingjun Jiang, Wei Liu, Yongjun Feng, Cunxiang Wu	PLANTS-BASEL	9 (6):792
166	Allele combinations of maturity genes E1-E4 affect adaptation of soybean to diverse geographic regions and farming systems in China	Luping Liu ,Wenwen Song ,Liwei Wang,Xuegang Sun,Yanping Qi,Tingting Wu,Shi Sun,Bingjun Jiang,Cunxiang Wu,Wensheng Hou,Zhongfu Ni,Tianfu Han	PLoS ONE	15(7): e0235397
167	Identification of genomic insertion and flanking sequences of the transgenic drought tolerant maize line	Tingru Zeng,Dengfeng Zhang ,Yongxiang Li,Chunhui Li,Xuyang Liu,Yunsu Shi,Yanchun Song,Yu Li,Tianyu Wang	PLoS ONE	15(4):022645

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
168	Identify QTLs and candidate genes underlying source-, sink-, and grain yield-related traits in rice by integrated analysis of bi-parental and natural populations	Yun Wang ,Junmin Wang ,Laiyuan Zhai,Chengwei Liang,Kai Chen,Jianlong Xu	PLoS ONE	15(8):e0237774
169	Qtl Mapping For Flag Leaf-Related Traits And Genetic Effect Of Qflw-6A On Flag Leaf Width Using Two Related Introgression Line Populations In Wheat	Xue Yan ,Shuguang Wang ,Bin Yang,Wenjun Zhang,Yaping Cao,Yugang Shi,Daizhen Sun, Ruilian Jing	PLoS ONE	15(3):e0229912
170	Spatio-temporal characteristics of agro-climatic indices and extreme weather events during the growing season for summer maize (<i>Zea mays</i> L.) in Huanghuaihai region, China	Zhentao Zhang, Xiaoguang Yang, Zhijuan Liu, Fan Bai, Shuang Sun, Jiayi Nie, Jiqing Gao, Bo Ming, Ruizhi Xie, Shaokun Li	International Journal of Biometeorology	64 (5):827-839
171	Agronomic, Physiological And Molecular Characterisation Of Rice Mutants Revealed The Key Role Of Reactive Oxygen Species And Catalase In High-Temperature Stress Tolerance	Zafar Syed Adeel, Hameed Amjad, Ashraf Muhammad, Khan Abdus Salam, Qamar Zia-ul- Li Xueyong, Siddique Kadambot H. M	FUNCTIONAL PLANT BIOLOGY	47(5):440-453
172	Antihypertensive effect of quinoa protein under simulated gastrointestinal digestion and peptide characterization	Huimin Guo,Yuqiong Hao, Aurore Richel, Nadia Everaert, Yinhuan Chen, Mengjie Liu, Xiushi Yang, Guixing Ren	JOURNAL OF THE SCIENCE OF FOOD AND AGRICULTURE	100 (15):5569-5576
173	Improvement in Photosynthetic Rate and Grain Yield in Super-High-Yield Maize (<i>Zea mays</i> L.) by Optimizing Irrigation Interval under Mulch Drip Irrigation	Dongping Shen, Guoqiang Zhang,Ruizhi Xie, Bo Ming, Peng Hou, Jun Xue, Shaokun Li, Keru Wang	Agronomy	10 (1778):1778
174	Relationship between stalk and cob mechanical strength during the late growth stage of maize	Xue, Jun, Qun Wang, Hongyan Li, Yinghu Fan, Lulu Li, Ruizhi Xie, Keru Wang, Bo Ming, Peng Hou, Shaokun Li	Agronomy	10 (10):1592
175	Effects of Straw-Return Method for the Maize-Rice Rotation System on Soil Properties and Crop Yields	Han Yuling, Wei Ma, Baoyuan Zhou, Xiaolong Yang, Akram Salah, Congfeng Li, Cougui Cao, Ming Zhan, Ming Zhao	Agronomy-Basel	10 (4):461
176	Leaf removal affects maize morphology and grain yield	Liu, Guangzhou, Yunshan Yang, Wanmao Liu, Xiaoxia Guo, Jun Xue, Ruizhi Xie, Bo Ming, Keru Wang, Peng Hou, Shaokun Li	Agronomy-Basel	10 (2):269
177	Natural Variation In Fatty Acid Composition Of Diverse World Soybean Germplasms Grown In China	Abdelghany Ahmed M., Shengrui Zhang, Muhammad Azam, Abdulwahab S. Shaibu, Yue Feng, Jie Qi, Yanfei Li, Yu Tian, Huilong Hong, Bin Li, Junming Sun	Agronomy-Basel	10(1):24
178	Tilling In Cereal Crops For Allele Expansion And Mutation Detection By Using Modern Sequencing Technologies	Irshad Ahsan, Huijun Guo, Shunlin Zhang, Luxiang Liu	Agronomy-Basel	10 (3):405
179	Yield, Agronomic and Forage Quality Traits of Different Quinoa (<i>Chenopodium quinoa</i> Willd.) Genotypes in Northeast China	Shah Syed S., Lianxuan Shi, Zhijian Li, Guixing Ren, Bangwei Zhou, Peiyou Qin	Agronomy-Basel	10 (1908):1908
180	Identifying Ways To Narrow Maize Yield Gaps Based On Plant Density Experiments	Li Jian, Man Wu, Keru Wang, Bo Ming, Xiao Chang, Xiaobo Wang, Zhaosheng Yang, Ruizhi Xie, Shaokun Li	AGRONOMY-BASEL	10 (2):281

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
181	Identification and genetic analysis of EMS-mutagenized wheat mutants conferring lesion-mimic premature aging	Weiwei Kong, Liming Wang, Pei Cao, Xingfeng Li, Jingjing Ji, Puhui Dong, Xuefang Yan, Chunping Wang, Honggang Wang, Jiaqiang Sun	BMC GENETICS	21 (1):88
182	Identification And Genetic Analysis Of qcl1.2, A Novel Allele Of The “Green Revolution” Genes d1 From Wild Rice (Oryza Rufipogon) That Enhances Plant Height	Lizhen Zhang, Jingfen Huang, Yanyan Wang, Rui Xu, Ziyi Yang, Zhigang Zhao, Shijia Liu, Yunlu Tian, Xiaoming Zheng, Fei Li, Junrui Wang, Yue Song, Jiaqi Li, Yongxia Cui, Li-Fang Zhang, Yunlian Cheng, Jinhao Lan, Weihua Qiao, Qingwen Yang	BMC GENETICS	21(1):62
183	A novel plant growth regulator ameliorates chilling tolerance for spring maize in Northeast China	Peng Yan, Chuan-xiao Chen, Tian-jun Xu, Zhi-qiang Dong	PLANT GROWTH REGULATION	91 (2):249-261
184	Characterizing the metabolites related to rice salt tolerance with introgression lines exhibiting contrasting performances in response to saline conditions	Ziyan Xie, Chunchao Wang, Shuangbing Zhu, Wensheng Wang, Jianlong Xu, Xiuqin Zhao	PLANT GROWTH REGULATION	92 (2):157-167
185	Comparative Transcriptomics Characterized The Distinct Biosynthetic Abilities Of Terpenoid And Paeoniflorin Biosynthesis In Herbaceous Peony Strains	Baowei Lu, Fengxia An, Liangjing Cao, Qian Gao, Xuan Wang, Yongjian Yang, Pengming Liu, Baoliang Yang, Tong Chen, Xin-Chang Li, Qinghua Chen, Jun Liu	PEERJ	8:e8895
186	First Report Of Southern Blight Of Mung Bean Caused By Sclerotium Rolfsii In China	Suli Sun, Feifei Sun, Dong Deng, Xu Zhu, Canxing Duan, Zhendong Zhu	CROP PROTECTION	130:105055
187	CRISPR/Cas9-Mediated Targeted Mutagenesis of Wild Soybean (Glycine soja) Hairy Roots Altered the Transcription Profile of the Mutant	Niu Fengjuan, Jiang Qiyan, Chen Rui, Sun Xianjun, Zheng Hu, Wang Lixia, Zhang Hui	Journal of Agricultural Science	12(9):14-33
188	Fine mapping and candidate gene analysis of qKW7b, a major QTL for kernel width in maize	Bin Tang, Yongxiang Li, Zhisheng Mu, Lin Chen, Huanle Guo, Zhihui Chen, Chunhui Li, Xuyang Liu, Dengfeng Zhang, Yunsu Shi, Yu Li, Tianyu Wang	MOLECULAR BREEDING	40:67
189	Fine Mapping Of qsd9, A Novel Locus For Seed Dormancy (Sd) In Weedy Rice, And Development Of Nils With A Strong Sd Allele	Thanhliem Nguyen, Kai Fu, Changling Mou, Jiangfeng Yu, Xingjie Zhu, Yunshuai Huang, Chunlei Zhou, Qixian Hao, Fulin Zhang, Weihai Song, Ping Wang, Yaping Chen, Tengfei Ma, Yunlu Tian, Shijia Liu, Ling Jiang, Jianmin Wan	MOLECULAR BREEDING	40:81
190	qGLS1.02, a novel major locus for resistance to gray leaf spot in maize	Xiangling Lv, Maoxing Song, Zixiang Cheng, Xiaoyan Yang, Xiaocong Zhang, Zhiqiang Zhou, Chaoshu Zhang, Lei Zheng, Yuan Li, Kairong Lei, Hongwei Wang, Wanli Du, Fenghai Li, Xinhai Li, Jianfeng Weng	MOLECULAR BREEDING	40:59
191	Change in Maize Final Leaf Numbers and Its Effects on Biomass and Grain Yield Across China	Liu Wanmao, Bo Ming, Ruizhi Xie, Guangzhou Liu, Keru Wang, Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Peng Hou, Shaokun Li	Agriculture	10(9):411
192	Nitrogen Split Application Can Improve the Stalk Lodging Resistance of Maize Planted at High Density	Qun Wang, Jun Xue, Guoqiang Zhang, Jianglu Chen, Ruizhi Xie, Bo Ming, Peng Hou, Keru Wang, Shaokun Li	Agriculture	10(8):1-13

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
193	Effect of five modified mass selection cycles on combining ability in two Chinese maize populations	Hongjun Yong, Juan Tang, Xinzhe Zhao, Fengyi Zhang, Zhiyuan Yang, Yi Li, Mingshun Li, Degui Zhang, Zhuanfang Hao, Jianfeng Weng, Jienan Han, Bo Peng, Xinhai Li	Euphytica	216 (4):57
194	Construction of a high-density adzuki bean genetic map and evaluation of its utility based on a QTL analysis of seed size	Li-xia WANG, Jie WANG, Gao-ling LUO, Xing-xing YUAN, Dan GONG, Liang-liang HU, Suhua WANG, Hong-lin CHEN, Xin CHEN, Xu-zhen CHENG	Journal of Integrative Agriculture	20 (7):1753-1761
195	Co-silencing E1 and its homologs in an extremely late-maturing soybean cultivar confers super-early maturity and adaptation to high-latitude short-season regions	Li-Feng Liu, Gao Le, Li-Xin Zhang, Yu-Peng Cai	Journal of Integrative Agriculture	19:2-11
196	Development And Identification Of Glyphosate-Tolerant Transgenic Soybean Via Direct Selection With Glyphosate	GUO Bing-fu, HONG Hui-long, HAN Jian-nan, ZHANG Li-juan, LIU Zhang-xiong, GUO Yong, QIU Li-juan	Journal of Integrative Agriculture	19(5):1186-1196
197	Innovation of the double-maize cropping system based on cultivar growing degree days for adapting to changing weather conditions in the North China Plain	Dan WANG, Guo-rui LI, Bao-yuan ZHOU, Ming ZHAN, Cou-gui CAO, Qing-feng MENG, Fei XIA, Wei MA, Ming ZHAO	Journal of Integrative Agriculture	19 (12):2997-3012
198	Kernel crack characteristics for X-ray computed microtomography (μ CT) and their relationship with the breakage rate of maize varieties	Peng-fei DONG, Rui-zhi XIE, Ke-ru WANG, Bo MING, Peng HOU, Jun-feng HOU, Jun XUE, Chao-hai LI, Shao-kun LI	Journal of Integrative Agriculture	19 (11):2680-2689
199	Key indicators affecting maize stalk lodging resistance of different growth periods under different sowing dates	Qun WANG, Jun XUE, Jiang-lu CHEN, Ying-hu FAN, Guo-qiang ZHANG, Rui-zhi XIE, Bo MING, Peng HOU, Ke-ru WANG, Shao-kun LI	Journal of Integrative Agriculture	19 (10):2419-2428
200	Principles and practices of the photo-thermal adaptability improvement in soybean	Li-xin ZHANG, Wei LIU, Mesfin Tsegaw, Xin XU, Yan-ping QI, Enoch Sapey, Luping LIU, Ting-ting WU, Shi SUN, Tian-fu HAN	Journal of Integrative Agriculture	19 (2):295-310
201	The M43 domain-containing metalloprotease RcMEP1 in <i>Rhizoctonia cerealis</i> is a pathogenicity factor during the fungus infection to wheat	Li-jun PAN, Lin LU, Yu-ping LIU, Sheng-xian WEN, Zeng-yan ZHANG	Journal of Integrative Agriculture	19 (8):2044-2055
202	The wheat receptor-like cytoplasmic kinase TaRLCK1B is required for host immune response to the necrotrophic pathogen <i>Rhizoctonia cerealis</i>	Tian-ci WU, Xiu-liang ZHU, Liang-jie LÜ, Xi-yong CHEN, Gang-biao XU, Zeng-yan ZHANG	Journal of Integrative Agriculture	19 (11):2616-2627
203	dCAPS Markers Developed For Nitrate Transporter Genes Tanrt2L12S Associating With 1000-Grain Weight In Wheat	Jun-fang HUANG, Long LI, Xin-guo MAO, Jing-yi WANG, Hui-min LIU, Chao-nan LI, Rui-lian JING	Journal of Integrative Agriculture	19 (6):1543-1553
204	<i>Pseudomonas</i> sp. TK35-L enhances tobacco root development and growth by inducing HRGPnt3 expression in plant lateral root formation	Yuan-yuan CAO, Hai-ting NI, Ting LI, Khien-duc LAY, Dai-song LIU, Xiang-yi HE, Kangmiao OU, Xin-yun TANG, Xiaobo WANG, Li-juan QIU	Journal of Integrative Agriculture	19 (10):2549-2560

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
205	Marker-assisted selection of qMrdd8 to improve maize resistance to rough dwarf disease	Zhennan Xu, Jinge Hua, Feifei Wang, Zixiang Cheng	Breeding Science	70(2):183-192
206	Antioxidant, anti - inflammatory, and antitumor activities of phenolic compounds from white, red, and black Chenopodium quinoa seed	Mengjie Liu, Kaili Zhu, Yang Yao, Yinhuan Chen, Huimin Guo, Guixing Ren, Xiushi Yang, Jincai Li	CEREAL CHEMISTRY	97(3):703-713
207	Genetic architecture of polyphenol oxidase activity in wheat flour by genome-wide association study	Shengnan Zhai, Zhonghu He, Weie Wen, Jindong Liu, Hui Jin, Jun Yan, Yong Zhang, Pingzhi Zhang, Yingxiu Wan, Xianchun Xia	Crop Science	60(3):1281-1293
208	Changes in bio-accessibility, polyphenol profile and antioxidants of quinoa and djlus sprouts during in vitro simulated gastrointestinal digestion	Qinping Zhang, Bao Xing, Menghan Sun, Bangwei Zhou, Guixing Ren, Peiyu Qin	Food Science & Nutrition	8 (8):4232-4241
209	Novel Dipeptidyl Peptidase-Iv And Angiotensin-I-Converting Enzyme Inhibitory Peptides Released From Quinoa Protein By In Silico Proteolysis	Huimin Guo, Aurore Richel, Yuqiong Hao, Xin Fan, Nadia Everaert, Xiushi Yang, Guixing Ren	FOOD SCIENCE & NUTRITION	8 (3):1415-1422
210	Device for determining critical wind speed of stalk breaking to evaluate maize lodging resistance	Xue Jun, Ming Bo, Wang Keru, Xie Ruizhi, Hou Peng, Li Yin-Sheng	International Journal of Agricultural and Biological Engineering	13:1-7
211	Evaluation of grain breakage sensitivity of maize varieties mechanically-harvested by combine harvester	Wang Yizhou, Li Lulu, Gao Shang, Guo Yanan, Zhang Guoqiang, Ming Bo, Xie Ruizhi, Xue Jun, Hou Peng, Wang Keru, Li Yin-Sheng	International Journal of Agricultural and Biological Engineering	13:8-16
212	Analysis of soybean yield formation differences across different production regions in China	Xu Cailong, He Yanqin, Sun Shi, Song Wenwen, Wu Tingting, Han Tianfu, Wu Cunxiang	Agronomy Journal	112 (5):4195-4206
213	Maize nitrogen use efficiency improved due to density tolerance increase since 1950S	Daling Ma, Xiaofang Yu, Bo Ming, Shaokun Li, Ruizhi Xie, Julin Gao	Agronomy Journal	112 (3):1537-1548
214	Optimizing Planting Density to Improve Nitrogen Use of Super High-yield Maize	Guoqiang Zhang, Dongping Shen, Ruizhi Xie, Bo Ming, Peng Hou, Jun Xue, Rongfa Li, Jianglu Chen, Keru Wang, Shaokun Li	Agronomy Journal	112 (5):4147-4158
215	Synergistic development of maize stalk morphology, carbohydrate, and strength as a strategy to reduce lodging risk	Jun Xue, Shang Gao, Lulu Li, Honggen Xu, Bo Ming, Keru Wang, Peng Hou, Ruizhi Xie, Shaokun Li	Agronomy Journal	112 (6):4962-4975
216	Wheat Growth And Grain Yield Responses To Sowing Date-Associated Variations In Weather Conditions	Baoyuan Zhou, Xuefang Sun, Junzhu Ge, Congfeng Li, Zaisong Ding, Shaokang Ma, Wei Ma, Ming Zhao	Agronomy Journal	112 (2):985-997
217	Dynamic QTL mapping for plant height in the hybrid population of Agropyron Gaetrn.	Yonghe Che, Nan Song, Yanping Yang, Xinming Yang, Yan Zhang, Jinpeng Zhang, Haiming Han, Xiuquan Li, Shenghui Zhou, Lihui Li, Weihua Liu	Plant Breeding	139 (5):1016-1028
218	Grassland conversion along a climate gradient in northwest China: Implications for soil carbon and nutrients	Xiaomin Huang, Zhenwei Song, Kees Jan van Groenigen, Zhiyu Xu, Bo Huang, Yi Zhang, Xiaoning Hang, Shuhao Tan, Degang Zhang, Weijian Zhang	Soil Use and Management	36 (3):410-419

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
219	Pathotype diversity of <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>moniliforme</i> causing wilt on mungbean (<i>Vigna radiata</i>)	Suli Sun, Lin Zhu, Feifei Sun, Canxing Duan, Zhendong Zhu	Crop & Pasture Science	71 (10):873
220	Weak border effects and great uniformity increase yield of maize (<i>Zea mays</i>) under dense population	Liu Guangzhou, Zhang Guoqiang, Hou Peng, Liu Yuee, Li Jian, Ming Bo, Xie Ruizhi, Wang Keru, Li Shaokun	Crop & Pasture Science	71:653-659
221	Wheat straw mulch improves summer maize productivity and soil properties	Noor Mehmood Ali, Nawaz Muhammad Mohsin, Ma Wei, Zhao Ming	Italian Journal of Agronomy	16 (1):123-134
222	Genetic diversity analysis for narrow-leaved lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) by SSR markers	Yishan Ji, Rong Liu, Jinguo Hu, Yuning Huang, Dong Wang, Guan Li, Md. Mosiur Rahman, Hongyan Zhang, Chenyu Wang, Mengwei Li, Tao Yang, Xuxiao Zong	MOLECULAR BIOLOGY REPORTS	47 (7):5215-5224
223	Genome-wide association study identifies QTLs conferring salt tolerance in rice	Hongzhou An, Kai Liu, Baoxiang Wang, Yunlu Tian, Yuwei Ge, Yuanyan Zhang, Weijie Tang, Gaoming Chen, Jun Yu, Wei Wu, Xiaolan Liu, Yaqin Zhao, Jin Li, Hanzhi Zhang, Bing Yang, Xingzhou Jiang, Chao Peng, Cong Zhou, Chengsong Zhu, Chunming Wang, Jianmin Wan	Plant Breeding	139 (1):73-82
224	Genome-wide identification of microRNAs and phased siRNAs in soybean roots under long-term salt stress	Qian Wang, Yingxia Yang, Guoqing Lu, Xianjun Sun, Youren Feng, Shuangyong Yan, Huiyuan Zhang, Qiyan Jiang, Hui Zhang, Zheng Hu, Rui Chen	Genes & Genomics	42 (11):1239-1249
225	Characterization, identification and evaluation of a novel wheat-Agropyron cristatum (L.) Gaertn. disomic addition line II-30-5	Qingfeng Li, Yuqing Lu, Cuili Pan, Zhangjun Wang, Fenglou Liu, Jinpeng Zhang, Xinming Yang, Xiuquan Li, Weihua Liu, Lihui Li	GENETIC RESOURCES AND CROP EVOLUTION	67 (8):2213-2223
226	Marker-Assisted Selection In A Global Barley (<i>Hordeum Vulgare</i> Subsp. <i>Vulgare</i>) Collection Revealed A Unique Genetic Determinant Of The Naked Barley Controlled By The Nud Locus	Miaomiao Lei, Murad Ali, Congcong Jiang, Zhenzhen Shen, Yu Cai, Ping Yang, Zongyun Feng	GENETIC RESOURCES AND CROP EVOLUTION	67 (2):273-280
227	Genome-wide association mapping for grain shape in rice accessions	Xianjin Qiu, Zhu S., Hu H., Wang C., Lv W., He L., Xu J., Li Z., Xing D., Yang L., Wei W.	International Journal of Agriculture and Biology	23(3):582-588
228	Optimal Nitrogen Supply Improves Grain Yield and Resource Use Efficiency in Winter Wheat under Supplemental Irrigation	Xin Wang, Yu Shi, Zhenwen Yu, Chengyan Zheng	International Journal of Agriculture and Biology	24:1135-1141
229	靶向测序基因型检测(GBTS)技术及其应用	徐云碧, 杨泉女, 郑洪建, 许彦芬, 桑志勤, 郭子锋, 彭海, 张丛, 蓝昊发, 王蕴波, 吴坤生, 陶家军, 张嘉楠	中国农业科学	53(15):2983-3004
230	农杆菌介导大麦无筛选标记转基因植株的获得	龚强, 王轲, 叶兴国, 杜丽璞, 徐延浩	中国农业科学	53(18):3638-3649
231	玉米病害和病原名称整理及其汉译名称规范化探讨	王晓鸣, 段灿星	中国农业科学	53(2):288-316
232	耐草甘膦转 EPSPS /GAT 大豆多重 PCR 检测体系的建立及应用	文静, 郭勇, 邱丽娟	中国农业科学	53(20):4127-4136
233	采用优化的数字PCR 方法分析转基因小麦外源基因拷贝数	据鹏举, 宁蕾, 葛林豪, 许成杰, 史华伟, 梁凯歌, 马亮, 刘陶然, 陈明, 孙黛珍	中国农业科学	53(10):1931-1939
234	不同栽培技术因子对雨养春玉米产量与氮素效率差异的影响	曹玉军, 姚凡云, 王丹, 吕艳杰, 刘小丹, 王立春, 王永军, 李从锋	中国农业科学	53(15):3036-3047

续表

序号	论文题目	论文作者	期刊名称	卷期页码
235	综合农艺管理推动玉米缩差增效	李从锋,王志刚,王永军,齐华,顾万荣,张仁和,周文彬,赵明	中国农业科学	53(15):3020-3023
236	优化栽培措施对春玉米密植群体冠层结构及产量形成的调控效应	朴琳,李波,陈喜昌,丁在松,张宇,赵明,李从锋	中国农业科学	53(15):3048-3058
237	中国玉米骨干亲本黄早四杂种优势形成的遗传基础解析	李永祥,李春辉,杨俊品,杨华,程伟东,汪黎明,李凤艳,李会勇,王延波,李淑华,扈光辉,刘成,黎裕,王天宇	中国农业科学	53(20):4113-4126
238	玉米穗腐病致病禾谷镰孢复合种的遗传多样性、致病力与毒素化学型分析	王宝宝,郭成,孙素丽,夏玉生,朱振东,段灿星	中国农业科学	53(23):4777-4790
239	玉米阳离子/质子逆向转运蛋白ZmNHX7的功能鉴定	张凌霄,焦珍珍,卜华虎,王逸茹,李健,郑军	作物学报	46(8):1185-1194
240	玉米ZmCIPK24-2基因在盐胁迫应答中的功能研究	李健,王逸茹,张凌霄,孙明昊,秦阳,郑军	作物学报	46(9):1351-1358
241	玉米耐深播主效QTL qMES20-10的精细定位及差异表达基因分析	任蒙蒙,张红伟,王建华,王国英,郑军	作物学报	46(7):1016-1024
242	玉米叶向值的全基因组关联分析	彭勃,赵晓雷,王奕,袁文娅,李春辉,李永祥,张登峰,石云素,宋燕春,王天宇,黎裕	作物学报	46(6):819-831
243	水稻包穗突变体sui2的遗传分析和基因精细定位	孙琦,赵志超,张瑾晖,张锋,程治军,邹德堂	作物学报	46(11):1734-1742
244	四甲基戊二酸对夏玉米光合生产特征的调控效应	马正波,董学瑞,唐会会,闫鹏,卢霖,王庆燕,房孟颖,王琦,董志强	作物学报	46(10):1617-1627
245	利用2个F2群体整合中国豌豆高密度SSR遗传连锁图谱	刘荣,王芳,方俐,杨涛,张红岩,黄宇宁,王栋,季一山,徐东旭,李冠,郭瑞军,宗绪晓	作物学报	46(10):1496-1506
246	大豆分枝数相关分子标记开发及qBN-18位点精细定位	吴海涛,张勇,苏伯鸿,Lamlom F Sobhi,邱丽娟	作物学报	46(11):1667-1677
247	基于BSA-seq技术挖掘大豆中黄622的多小叶基因	张之昊,王俊,刘章雄,邱丽娟	作物学报	46(12):1839-1849
248	利用EST-SSR标记评价羽扇豆属(Lupinus L.)遗传多样性	张红岩,杨涛,刘荣,晋芳,张力科,于海天,胡锦涛,杨峰,王栋,何玉华,宗绪晓	作物学报	46(3):330-340
249	中国高粱地方种质芽期苗期耐盐性筛选及鉴定	宝力格,陆平,史梦莎,许月,刘敏轩	作物学报	46(5):734-744
250	黄淮海平原南部不同种植体系周年气候资源分配与利用特征研究	周宝元,葛均筑,侯海鹏,孙雪芳,丁在松,李从锋,马玮,赵明	作物学报	46(6):937-949
251	基于CRISPR/Cas9核糖核蛋白体DNA定点内切酶体外活性建立高效基因型分析技术	王南,祁显涛,刘昌林,谢传晓,朱金洁	作物学报	46(7):978-986
252	大豆品种郑97196抗疫霉病基因RpsZheng精细定位	张雪翠,钟超,段灿星,孙素丽,朱振东	作物学报	46(7):997-1005
253	5-氨基乙酰丙酸和乙烯利对东北春玉米源库碳平衡的调控效应	李瑞杰,唐会会,王庆燕,许艳丽,王琦,卢霖,闫鹏,董志强,张凤路	作物学报	46(7):1063-1075
254	玉米种质资源大规模多年多点多病害的自然发病抗性鉴定	段灿星,董怀玉,李晓,李红,李春辉,孙素丽,朱振东,王晓鸣	作物学报	46(8):1135-1145
255	芥菜型油菜BjuB.KAN4基因调控类黄酮的途径	高国应,伍小方,黄伟,周定港,张大为,周美亮,张凯旋,严明理	作物学报	46(9):1322-1331
256	玉米籽粒突变体dek48的表型鉴定与基因定位	石慧敏,蒋成功,王红武,马庆,李坤,刘志芳,吴宇锦,李树强,胡小娇,黄长玲	作物学报	46(9):1359-1367
257	水稻白叶枯病感病相关基因Xigl的分子鉴定及抗病资源创制	郑凯丽,纪志远,郝巍,唐永超,韦叶娜,胡运高,赵开军,王春连	作物学报	46(9):1332-1339

本书编辑：卫 斐



(国家作物种质库新库效果图)

中国农业科学院作物科学研究所
Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences

www.ics.caas.cn



网站



微信公众号

地址 : 北京市海淀区中关村南大街 12 号
邮编 : 100081
电话 : 010-82109715
传真 : 010-82105819
电子邮件 : zuokesuo@caas.cn

Address: No.12 Zhongguancun South St.,
Haidian Dist., Beijing, 100081, P.R. China
Tel: +86-10-82105813
Fax: +86-10-82105819
Email: zuokesuo@caas.cn