



中国农业科学院作物科学研究所

Institute of Crop Sciences,
Chinese Academy of Agricultural Sciences

2021 年报

Annual Report 2021

所长致辞

2021年是“十四五”开局之年，恰逢建党百年华诞，是开启第二个百年奋斗目标新征程的开局之年。作科所以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，传承红色延安革命精神，加强种质资源保护和利用，建成国家农作物种质资源库新库并搬迁入驻；深入落实藏粮于技战略，开展种业科技创新；扎实推进南繁育种研究中心建设，坚决打好“种业翻身仗”；实施乡村振兴战略，深入一线开展技术指导和灾后应急服务。水稻广谱抗白叶枯病基因 Xa23 的发掘与应用、大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用、作物种质资源安全保存技术体系创建与应用等 3 项成果获神农中华农业科技奖一等奖。

天道酬勤，只争朝夕。

2021年，面向世界农业科技前沿，作物重要农艺性状基因克隆与作用机制解析取得新进展，发表科研论文 490 篇，获国家发明专利 80 项。研究揭示了小麦亚基因组空间互作，大豆密植徒长倒伏机制，以及水稻株型粒型、抽穗期、低温胁迫响应、白叶枯病菌的调控机制。关键技术创新取得新突破。建立了小麦多基因编辑技术体系，获得多个优异等位基因聚合的小麦新种质；基因编辑精准打靶启动抗性蛋白，使感病水稻变身抗病水稻。

2021年，面向国家重大需求，作科所以国家重大项目为抓手，集中火力、攻坚克难。第三次农作物种质资源普查与收集行动全面完成 2323 个县的普查和征集，开展 491 个县抢救性收集；普查收集农作物种质资源 1.1 万余份，长期库新增资源 5160 份，筛选出优异种质 818 份，共享分发 2.8 万份次。审定作物新品种 32 个，获植物新品种权 36 项，制定行业标准 3 项，小麦、玉米、大豆系列品种年度推广面积超 3000 万亩；优质强筋小麦“中麦 578”订单收购 50 万亩，实现麦农增收 5500 万元；利用耐草甘膦转基因大豆新种质“中黄 6106”培育的新品种，杂草防除、节本增效效果显著。

2021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。构建的玉米密植高产全程机械化绿色生产技术，被农业农村部遴选为全国主推技术，在全国 10 余个省区大面积推广应用。先后有 120 多位专家参与到 15 个科技帮扶县开展技术服务，其中利用“田间课堂”开展的技术培训达 2 万余人。面对历史罕见的强降雨灾害，先后派出 30 余名专家奔赴河南等 5 省，指导灾区农业生产，为稳粮保供提供了科技支撑。与隆平高科、阿里巴巴、大北农等企业积极探索科企合作新模式，与潍坊合作共建国家农综区现代种业研究院。桦川科技帮扶“田间课堂”党建案例获第三届党建创新成果“十佳案例”银奖。

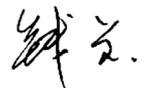
2021年，面向人民生命健康，开展优质燕麦、绿豆、谷子、藜麦等功能性作物研究和产业拓展。加大世壮牌燕麦保健片的推广，销售额比上一年度翻一番。谷子新品种“中谷 989”创河南省谷子高产纪录。

2021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。麦类种质资源团队获“全国工人先锋号”，刘录祥获“国家粮食生产先进个人”，吴宇锦获“全国技术能手”荣誉称号，徐建龙入选“2021年度中国社会发展十大杰出贡献人物”，万建民、刘录祥、郭刚刚分任国家种业创新、小麦、大麦青稞产业体系首席，周美亮、任玉龙入选“农业科研杰出人才培养计划”，阎哲、谢传晓、黎亮入选“院领军人才”，小麦诱变育种团队和郭会君分获 FAO 和 IAEA 联合授予的“卓越成就奖”和“植物诱变育种女性成就奖”，何中虎、李少昆获部优秀共产党员，耕作与生态党支部获先进基层党组织，39 人获阿里巴巴人才激励金奖励。重要进展被新闻联播报道 4 次，科普线上关注人数超过 274 万。

以上成绩的取得，离不开上级各部门对作科所关心支持，离不开全所职工、研究生的精诚团结和不懈努力，离不开关爱作科所发展的朋友们风雨同舟。在此，向你们表示衷心的感谢和诚挚的敬意！

展望 2022 年，加快实施种业振兴，保障国家粮食安全，稳住“三农”基本盘，任务更加繁重。作科所将以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，弘扬伟大建党精神，深入贯彻党中央、部院党组决策部署，坚持“四个面向”“两个一流”，以改革创新、求真务实的作风，扎实工作、开拓进取，奋力抓好作物种源关键核心技术攻关和科技支撑乡村振兴，以更加优异的成绩迎接党的二十大胜利召开。

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

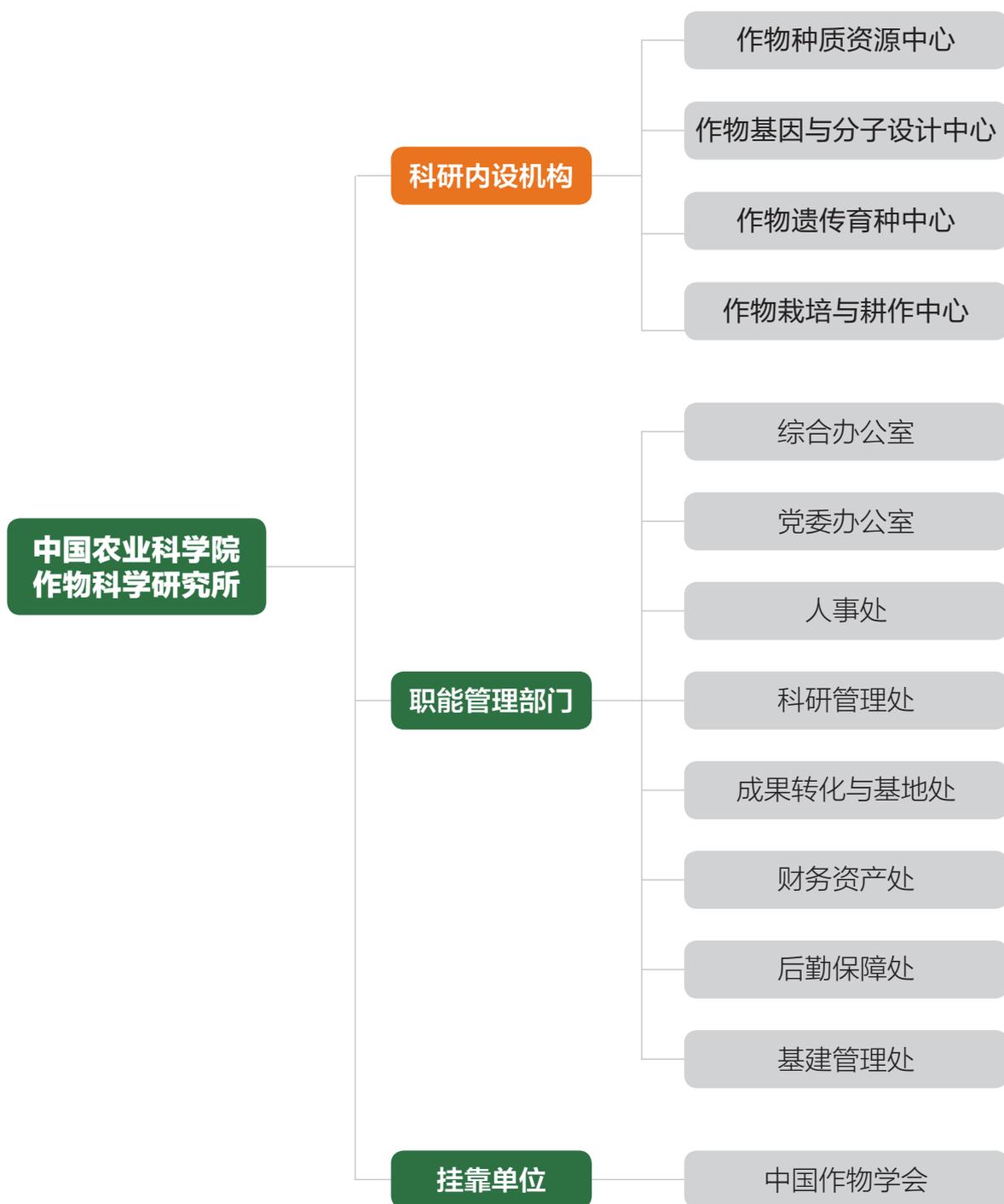
组织机构	1
重要数据	2
荣誉奖励	4
大事记	10
研究进展	30
团队结构	32
作物种质资源中心	32
作物种质资源保存	32
种质信息与大数据	33
种质资源品质评价	34
种质资源抗逆性评价	35
种质资源抗病虫评价	36
小麦种质资源	37
大麦基因资源	38
小宗作物种质资源	39
玉米种质资源	40
大豆基因资源	41
野生稻保护与利用	42
水稻种质资源	43
谷子基因资源	44
荞麦基因资源	45
食用豆类种质资源	46
作物基因与分子设计中心	47
水稻功能基因组学	47
水稻株型基因解析	48
小麦基因资源挖掘与利用	49

小麦株型基因解析	50
小麦表观基因组学与遗传改良	51
小麦抗逆分子育种	52
基因编辑与新材料创制	53
玉米分子遗传改良	54
大豆花期调控	55
小麦生物信息学	56
水稻分子育种	57
水稻种子发育与品质改良	58
水稻籽粒发育调控	59
小麦复杂基因组解析	60
大豆光信号转导	61
水稻抗病基因挖掘与利用	62
作物数量遗传	63
作物遗传育种中心	64
小麦品质育种	64
小麦诱变育种	65
小麦高产广适育种	66
小麦抗逆育种	67
玉米优质抗逆育种	68
玉米高产育种	69
玉米工程化育种	70
玉米分子育种	71
玉米基因编辑育种	72
特色作物育种	73
大豆分子育种	74

大豆高产优质育种	75
作物栽培与耕作中心	75
大豆栽培	76
精准栽培与管理	77
小麦栽培	78
玉米栽培	79
作物表型	80
作物耕作与生态	81
作物光合生理调控	82
作物化学调控	83
重要支撑平台	84
国家作物种质库	84
农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程	85
作科所科技平台	86
作科所国际合作平台	87
作科所基地	87



组织机构



重要数据

第**10**年位列
中国农业科学院
发展实力排名第1
总得分排名第1

5项
成果获2021年
神农中华农业
科技奖

1个
转基因大豆新品种获批
生产应用安全证书

成立**5**个
工作专班
助力打好
种业翻身仗

36项
植物新品种权

持续对接
13个县
开展科技帮扶

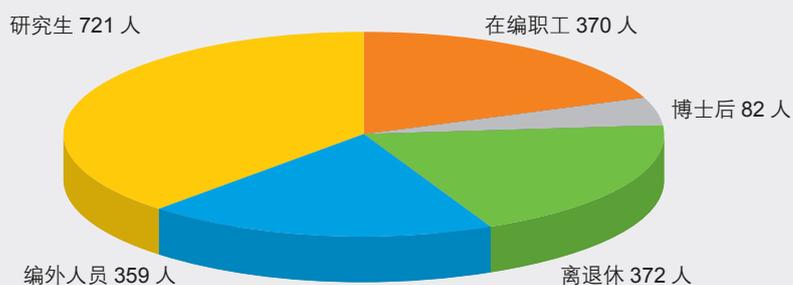
32个
新品种

30多位
专家奔赴5省
指导“稳粮保供”
农业生产工作

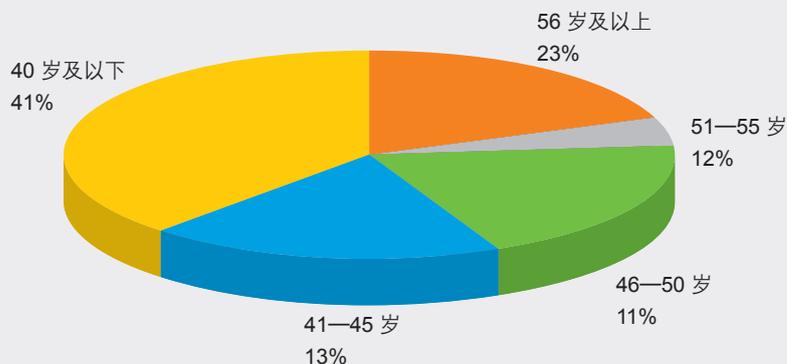
玉米密植高产
全程机械化生产
技术在全国
10余个
省区推广应用

被新闻联播报道
4次

- 赵开军团队“水稻广谱抗白叶枯病基因 Xa23 的发掘与应用”
 - 韩天富团队“大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用”
 - 卢新雄团队“作物种质资源安全保存技术体系创建与应用”
 - 李少昆团队“黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用”
 - 程须珍团队“中国食用豆类生产技术丛书”
- 中黄 6106 育成的大豆新品种，杂草防除，节本增效效果显著
- 国家作物种质库建设推进与入驻工作专班
 - 玉米种业翻身仗工作专班
 - 大豆种业翻身仗工作专班
 - 杂粮科技振兴工作专班
 - 检疫基地提升工作专班
- 中单、中黄、中麦系列等作物品种年度推广面积达 3400 多万亩
- 截至 2021 年底，全所人员 1904 人，其中在编职工共 370 人，正高级职称人员 115 人，副高级职称人员 135 人



研究所人员构成

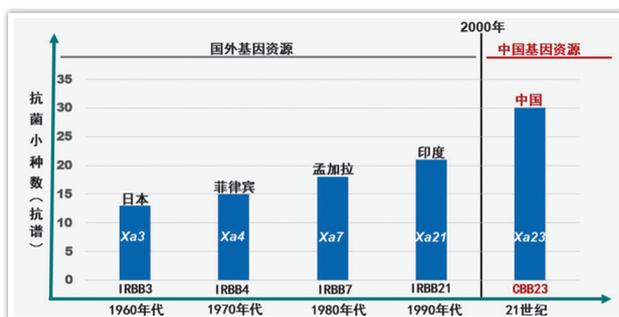


科技人员年龄构成

荣誉奖励

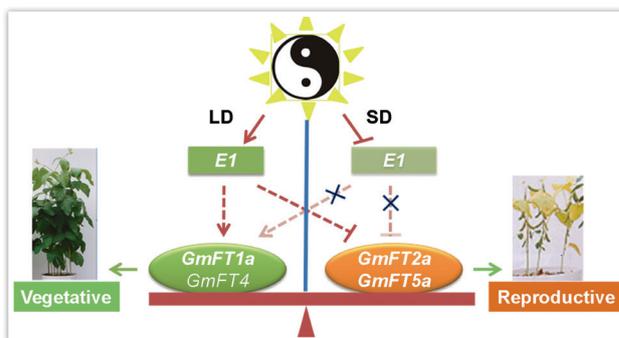
2021 年神农中华农业科技奖一等奖

“水稻广谱抗白叶枯病基因 Xa23 的发掘与应用”项目，由赵开军研究员主持完成。该项目从 1987 年开始，创建了野生稻抗白叶枯病资源的“抗谱全覆盖”筛选技术，创制出广谱高抗白叶枯病新种质 CBB23，被国际同行誉为广谱抗白叶枯病基因资源的国际新标杆，改写了我国长期依赖国外抗白叶枯病资源的历史。该项目还从 CBB23 中克隆了著名的广谱高抗白叶枯病抗性基因 Xa23 及病原菌中对应的互作基因 *avrXa23*，阐明了 Xa23 广谱抗病的分子机理，为其有效利用奠定了理论基础。开发了分子标记辅助选择 Xa23 的高效育种技术，有效突破了野生稻抗病基因难以直接用于栽培稻育种实践的困局。该项目的技术和产品具有重大创新，整体达国际先进、部分达国际领先水平，已被全国 50 多个单位引用，全国已育成含 Xa23 的抗病水稻品种 70 多个，累计推广应用超过 1 亿亩，实现经济社会效益近 150 亿元。在驱动我国抗病水稻品种升级换代、解决白叶枯病危害问题及促进水稻产业绿色发展等方面发挥了关键作用。



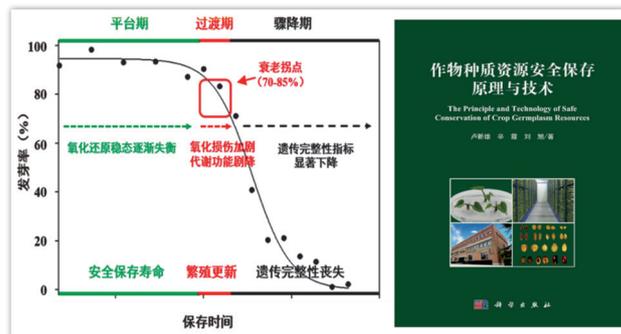
2021 年神农中华农业科技奖一等奖

“大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用”项目，由韩天富研究员主持完成。该项目聚焦我国大豆集中产区向东北北部和黄淮海南部转移后对品种光温适应性的新需求，兼顾世界热带地区大豆生产快速发展的新形势，深入开展大豆光温生理和遗传机制研究、大豆光温适应性改良技术创新和广适大豆新品种选育。该成果完成期间发表论文 106 篇，授权专利 13 项；审定大豆新品种 39 个，获得植物新品种权 38 项。项目组及技术应用单位选育品种累计推广 1.24 亿亩，增产大豆 207.9 万吨，新增效益 52.19 亿元，为我国大豆生产的发展和食用大豆的安全供给做出了突出贡献。



2021 年神农中华农业科技奖一等奖

“作物种质资源安全保存技术体系创建与应用”由卢新雄研究员主持完成。该项目针对确保库圃资源高生活力与遗传完整性，以及珍稀资源抢救入库圃保存的重大需求，创立了拐点理论，攻克了“保、繁、入”关键技术，为安全保存提供了重要的理论和技术支撑。本成果获国家发明专利 11 项，软件著作权 3 项，发表论文 76 篇（SCI 24 篇），出版著作 3 部。本成果支撑了种质延长寿命、减少活力监测和繁殖更新，节本降费 50 余万元；国家库圃向社会共享资源 8.4 万份，其中直接生产利用品种 823 个，支撑培育品种 765 个，近 3 年社会经济效益 600 余万元，为支撑我国种业振兴、传承农耕文明、保护农业生物多样性与生态安全做出了重要贡献。



2021 年神农中华农业科技奖二等奖

“黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用”项目，由李少昆研究员主持完成。该项目获得各类专利授权 15 项，制定了地方标准与技术规程 9 项；“玉米籽粒低破碎机械化收获技术”2018-2020 连续 3 年被列为全国十大引领性农业技术；“玉米机械籽粒收获高效生产技术”被评选为 2020 中国农业农村九大重大新技术之一；“玉米籽粒机收新品种及配套技术体系集成应用”被评选为“十三五”期间我国农业科技标志性成果。集成成熟的玉米机械粒收技术实现了夏玉米从无到有的根本转变，近 2 年在黄淮海夏播区累计推广 2385.77 万亩，新增经济效益 25.93 亿元，经济、社会和生态效益显著，改变了夏玉米生产方式。



2021 年神农中华农业科技奖科学普及类

《中国食用豆类生产技术丛书》，由作科所程须珍研究员主持完成。本成果针对食用豆种类多、范围广且区域性强，主要分布在经济和生态条件较差的偏远地区，新技术新成果普及难度大等问题，联合国家食用豆产业技术体系有关专家与生产一线科技人员，面向基层农技人员、企业/合作社、种植大户等重点推荐了高产优质多抗新品种 335 个，适于我国不同生态区应用的轻简高效与机械化生产技术 42 项，主要病虫害绿色安全高效综合防控技术 31 项，新产品加工技术 24 项。截至 2020 年 12 月，共出版、印刷本丛书及其衍生的挂图、光盘、培训手册、彩页、明白纸等 30 余万册，推动了我国食用豆现代生产理念与新成果、新技术的普及应用，社会、生态和经济效益显著。本丛书的创作理念、表现形式及科普渠道等也为其他小宗粮豆作物科技成果的科普作品创作与普及提供了有益借鉴。



全国工人先锋号 麦类种质资源团队

该团队由我国作物种质资源学科奠基人董玉琛院士建立、刘旭院士传承、李立会研究员发展，现有成员 27 名，其中中国工程院院士 1 人。团队通过优异种质资源鉴定与创新，支撑了全国科研院所培育小麦大麦新品种 146 个，累计种植面积 3.84 亿亩，对支撑我国小麦及作物育种持续突破的贡献意义重大。通过院地支部共建、科企协作，联合开展西藏、四川、甘肃、青海等贫困地区青稞产业科技扶贫，累计示范推广青稞新品种和新技术 1300 余万亩，新增产值 13.7 亿元，示范推广辐射农牧民 52 万余人，为脱贫攻坚和乡村振兴战略实施做出了积极贡献。团队以第一完成人获得国家科技奖励 6 项，其中创新团队奖 1 项，科技进步一等奖 1 项、二等奖 2 项，技术发明二等奖 1 项；此外，还先后获得省部级科技奖励 14 项、国家发明专利 11 项，创制优异种质并有效利用培育新品种 70 余个，个人荣誉 7 项。



全国粮食生产先进个人 刘录祥 研究员

牵头组织河南、山东等 5 省专家，开展晚播区小麦促弱转壮和夺夏粮丰收行动，为保障国家粮食安全、农村防灾减灾等提供了强有力的科技支撑，体现了中国农科院作为国家战略科技力量的责任和担当，展示了“国家队”招之即来、来之能战、战之能胜的斗争精神，为农业生产再获丰收、粮食产量再创新高作出了积极贡献，赢得了地方政府、农民朋友和新闻媒体的赞誉和好评，也得到了农业农村部唐仁健部长的赞扬和肯定。



全国技术能手 吴宇锦 高级农艺师

长期在玉米育种一线工作。参加了国家重点研发计划、863 项目、转基因专项等国家级项目，获国家科技进步二等奖 2 项（排名第 4 和第 8），神农中华农业科技奖一等奖 1 项（排名第 3），中国农业科学院科学技术成果杰出科技创新奖 1 项（排名第 5）。参与选育并通过国家品种审定玉米品种 6 个、省审（认）定品种 12 个、获得植物新品种权 5 项。享受国务院政府特殊津贴。



国家高层次人才特殊支持计划科技创新领军人才



周文彬 研究员



谢传晓 研究员

国家高层次人才特殊支持计划青年拔尖人才



任玉龙 研究员

国家自然科学基金委海外优秀青年科学基金



路则府 研究员



刘学 研究员

农业科研杰出人才培养计划入选者



周美亮 研究员



任玉龙 研究员

FAO 和 IAEA “植物诱变育种女性成就奖”



郭会君

FAO 和 IAEA “卓越成就奖”



小麦诱变育种团队

农业农村部优秀共产党员



何中虎 研究员



李少昆 研究员

农业农村部先进基层党组织



作物耕作与生态党支部

“第三届党建创新成果展示交流活动”十佳案例银奖



《面对面做示范 接地气解难题——
“田间课堂”打造助力乡村产业振兴新模式》

大事记

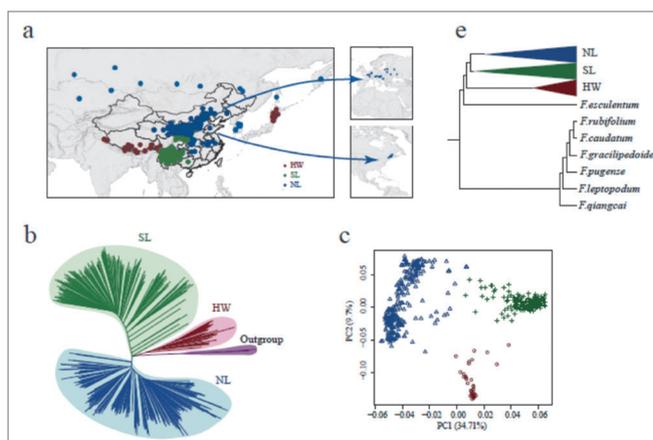
● 1月8日

作科所与阿里巴巴进行合作洽谈，双方围绕数字化农业、智能育种等方面进行了广泛交流，就研发农业卡脖子技术，宣传推广农业科技成果、深化乡村振兴战略合作达成了初步合作意向。作科所所长钱前院士、阿里巴巴集团副总裁刘湘雯、项煌妹出席活动。



● 1月12日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队在 *Genome Biology* 上发表了题为 *Resequencing of global Tartary buckwheat accessions reveals multiple domestication events and key loci associated with agronomic traits* 的学术论文。通过联合国内外 10 余家科研单位，对来自 14 个国家的 510 份苦荞核心资源的全基因组进行重测序，构建了苦荞基因组变异图谱，解析了苦荞种质资源的遗传多样性和群体结构，揭示了苦荞的起源和传播驯化路径，明确了我国西南地区作为全世界苦荞多样性中心和栽培苦荞起源驯化中心的独特地位，为研究苦荞驯化和性状改良奠定了重要的理论基础。



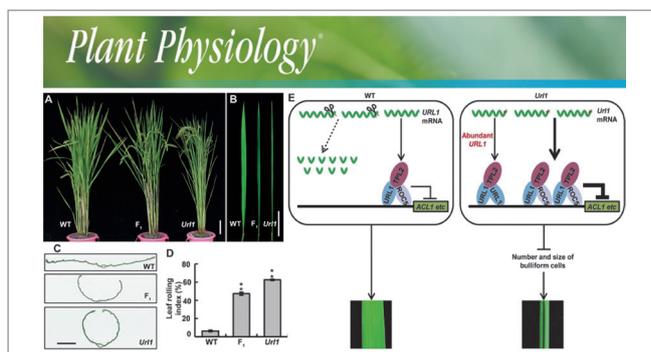
● 1月12日

作科所与安徽隆平高科种业有限公司就国审玉米新品种中玉 303 使用权转让举行签约仪式。中玉 303 由玉米种质资源创新团队育成，具有高产稳产、优质抗病、适应性广的特性，适宜在黄淮海夏播区推广种植。在河南省鹤壁市淇滨区刘寨村种植的 15 亩中玉 303，经籽粒实收测产，亩产高达 1060.8 公斤，实现了夏玉米单季吨粮田的目标。中玉 303 的育成是种质资源深度发掘创新与高效利用密切结合的成功范例。所长钱前院士和隆平高科董事长毛长青分别代表双方签约，党委书记范静，副所长刘录祥、周文彬、马有志出席签约仪式。



● 1月13日

作物功能基因组研究创新团队在 *Plant Physiology* 在线发表题为 *The URL1–ROC5–TPL2 transcriptional repressor complex represses the ACL1 gene to modulate leaf rolling in rice* 的研究论文，揭示了 URL1 基因通过形成转录抑制复合物，调控水稻叶片的卷曲的新机制。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。



● 1月20日

中国农科院工作会议 - 信息化工作专题会议在京举行，作科所荣获 2020 年度“数字农科院 2.0”应用先进单位，郑军和陆美斌分获先进个人和突出贡献个人。党委书记范静代表作科所领奖，副所长刘录祥代表研究所做典型发言。



● 1月29日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队在四川省凉山彝族自治州发现了蓼科荞麦属一新种，该新种被命名为长花柱野生荞麦 (*Fagopyrum longistylum* M. Zhou & Y. Tang)。相关研究成果在 *PHYTOTAXA* 上发表。该种的发现打破了传统上对荞麦属花型的认知，为荞麦产量育种和荞麦属起源驯化提供了重要的材料基础，也为植物花型进化和自交亲和性研究提供了重要的基因资源。



● 2月4日

作科所与先正达北京创新中心举行合作项目签约仪式。党委书记范静和先正达北京创新中心总裁张蓓分别代表双方签署合作协议。本次合作将围绕玉米和大豆抗逆高产等研究领域开展，这是先正达集团继去年 8 月与中国农科院签署全新合作框架协议之后与中国农科院研究所签订的首批合作项目。副所长刘录祥，先正达中国种子业务首席技术官张健出席签约仪式，先正达全球种子战略合作总监 Stuart Harrison 等通过视频会议参加签约仪式。



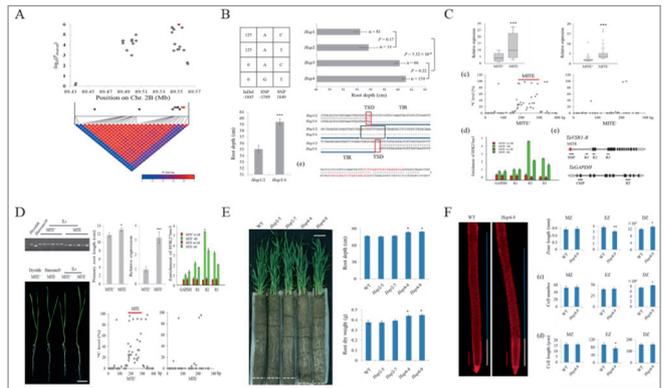
2月6-7日

作物所组织召开了创新研究组与核心支撑单元考核评估会。此次会议旨在加快贯彻落实中央经济工作会议、中央农村工作会议关于“开展种源‘卡脖子’技术攻关，立志打一场种业翻身仗”的决策部署和2021年院工作会议精神，进一步梳理研究所科技创新能力、加强科研团队建设。会议邀请万建民院士、王汉中院士、康振生院士、张洪程院士、张福锁院士、胡培松院士、李培武院士、朱祯研究员，以及所长钱前院士、党委书记范静等专家组成考核评估专家组，中国农科院副院长万建民院士担任专家组组长。



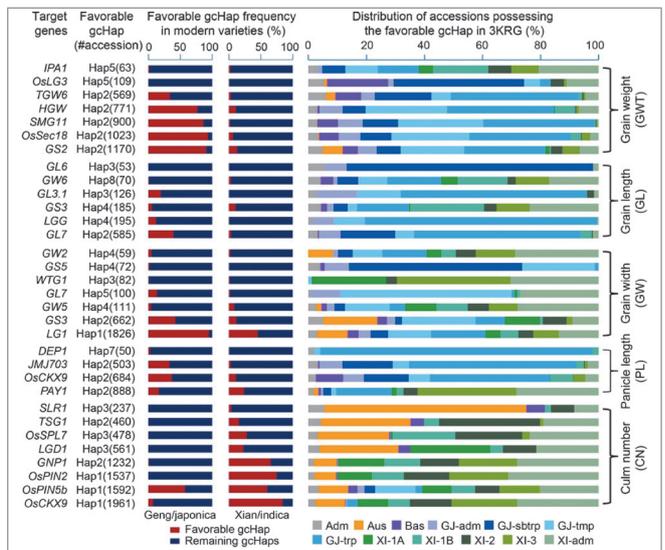
2月8日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表了题为 *A transposon in the vacuolar sorting receptor gene TaVSR1-B promoter region is associated with wheat root depth at booting stage* 的研究论文，该研究揭示了 TaVSR1-B 在控制根深方面的功能，并明确了与深根系相关的优异单倍型以及不同单倍型差异表达的分子机理。这项工作为阐释小麦根系发育提供理论依据，为小麦育种提供优异基因和种质资源。



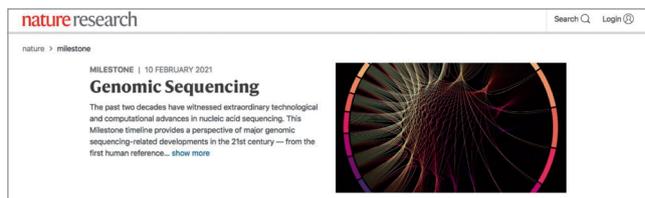
2月10日

水稻分子设计技术与应用创新团队在 *Molecular Plant* 上发表了题为 *The landscape of gene-CDS-haplotype diversity in rice: Properties, population organization, footprints of domestication and breeding, and implications for genetic improvement* 的研究论文，该研究构建了一个全基因组基因功能单倍型数据集，全面揭示了亚洲栽培稻基因功能单倍型自然变异特征，提出亚洲栽培稻多起源(驯化)假说，并开发了适用于功能单倍型数据全基因组关联分析和全基因组预测的软件包“HAPS”，为今后水稻基因的基础研究和复杂性状有利等位基因发掘提供极大便利，同时也对其他作物群体基因组、功能基因组和设计育种研究具有借鉴意义。



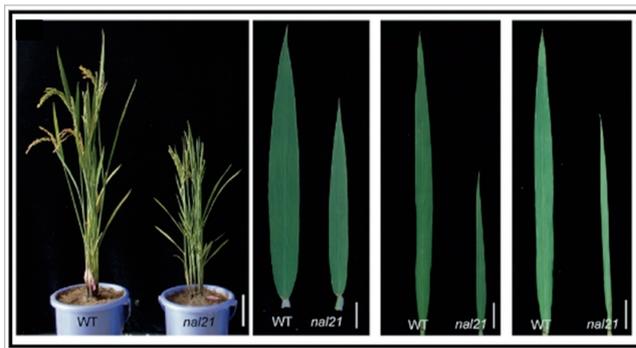
● 2月24日

大豆优异基因资源发掘与创新利用团队于2014年9月14日发表在《Nature Biotechnology》上的“一年生野生大豆的泛基因组构建”相关研究入选《自然》杂志评选的20年来测序技术的发展历程和17个重要里程碑事件。该研究在国际上率先构建和分析了第一个植物泛基因组，开启了动植物泛基因组研究历程。截止该研究入选，文章引用次数已高达364次，为后续动植物领域泛基因组的研究发展，提供了方法和启示，具有里程碑意义。



● 2月25日

作物功能基因组研究创新团队在 Plant Physiology 上发表了题为 Narrow Leaf21, encoding ribosomal protein RPS3A, controls leaf development in rice 的研究论文，该项研究揭示了叶片发育过程中关键转录因子的适当翻译调控是维持叶片正常形态所必需的，这项工作为完善水稻叶型发育分子机制提供新的理论依据。



● 2月25日

黑龙江省黑河市委书记李世峰带队到作科所共商如何打好大豆种业翻身仗。双方就黑河大豆生产能力提升的长效机制以及所地深度合作打好种业翻身仗开展深入交流探讨。所长钱前、党委书记范静、副所长刘录祥等出席座谈。



● 3月5日

院党组书记张合成出席作科所党委“落实藏粮于技战略，打好种业翻身仗”主题党日活动，带领党员、专家共同学习了习近平总书记在中央经济工作会议和中央农村工作会议上关于粮食安全和打好种业翻身仗的重要指示精神，以及中央巡视组对中国农科院巡视整改的要求。活动旨在推进党建与重点工作深度融合，集中力量打好种业翻身仗。吴孔明院士、王汉中院士、钱前院士、胡培松院士出席会议。党委书记范静主持会议。



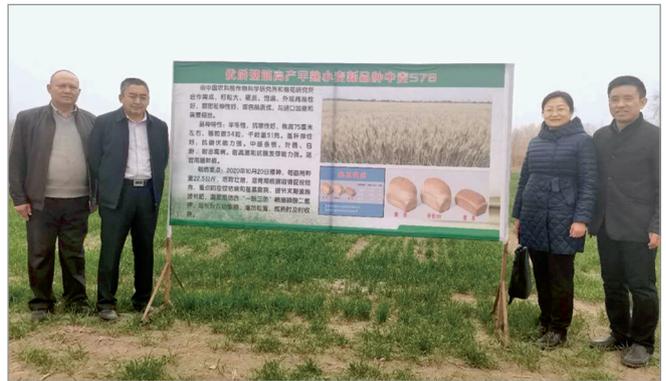
3月8日

中国农业科学院举行的纪念“三八”国际妇女节表彰大会上，作科所谢瑞芝研究员、所妇委会、刁现民家庭、杨建仓处长分别荣获2019-2020年度院巾帼建功标兵、先进基层妇女组织、五好文明家庭、妇女之友称号。



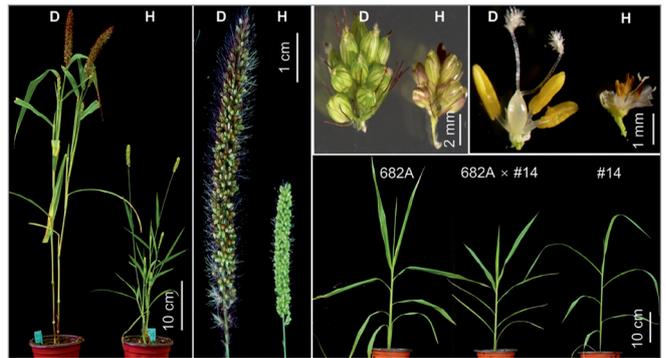
3月17-18日

党委书记范静带队赴作科所“三区三州”重点帮扶县新疆喀什岳普湖县对接作科所2021年科技帮扶工作并考察当地重点引种的作科所小麦品种中麦578田间生产情况，为助力当地创建小麦复种耐盐碱稻的新模式，力争两季亩产达吨粮水平，保障岳普湖县主粮安全奠定基础。



3月22日

作物转基因技术与应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表了题为 *Establishing in planta haploid inducer line by edited SiMTL in foxtail millet (*Setaria italica*)* 的研究论文，研究利用 CRISPR-Cas9 技术结合高效的谷子遗传转化平台编辑了谷子 SiMTL 基因获得谷子单倍体诱导系，并成功通过自交和杂交首次获得谷子单倍体。该成果为建立谷子双单倍体育种平台奠定了坚实的基础，对进一步提高单倍体诱导频率，加快谷子育种进程具有重大意义。



4月6日

作科所与华智生物技术有限公司战略合作签约仪式在京举行，所长钱前、华智生物技术有限公司总裁田冰川分别代表双方签约。双方将优势互补、互利合作，利用作科所科技创新、科研平台、人才培养等特点，依托华智生物技术有限公司的产业和技术研发优势，共同助力作物新品种培育、新技术研发和成果落地转化。中国农科院副院长万建民院士、在京所领导班子、生物技术研究所所长李新海等出席签约仪式。



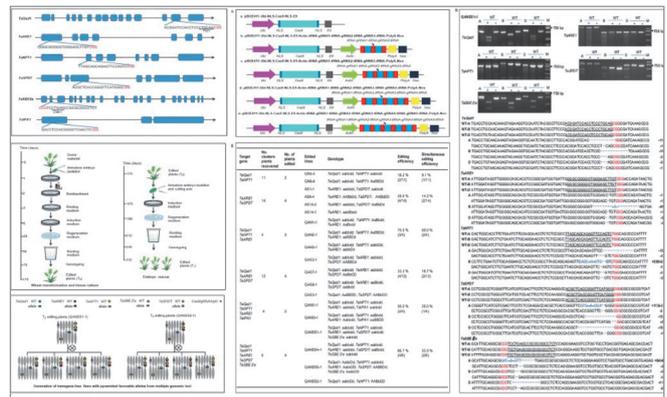
4月24日

作科所与北京康普森生物技术有限公司联合召开了“中国植物基因组产业转化高峰论坛暨首届中国大豆产业链发展高峰论坛”。会上首次发布了大豆优异基因资源发掘与利用创新团队和康普森公司合作研发的新一代大豆基因型鉴定芯片——“中豆芯”系列基因芯片，将在大豆科学问题解析和新品种培育等方面发挥重要作用。



4月28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 *Pyramiding favorable alleles in an elite wheat variety in one generation by CRISPR-Cas9-mediated multiplex gene editing*，研究利用 CRISPR/Cas9 介导的多基因编辑技术，在冬小麦品种郑麦 7698 中实现了同时靶向 2 个、3 个、4 个和 5 个基因的定点敲除编辑，一代实现了多个优异等位基因聚合，并通过胚拯救和后代分离，成功获得了无转基因、聚合多个优异等位基因的小麦新种质，为小麦和其它多倍体农作物开展多基因聚合育种提供了重要的技术支撑。



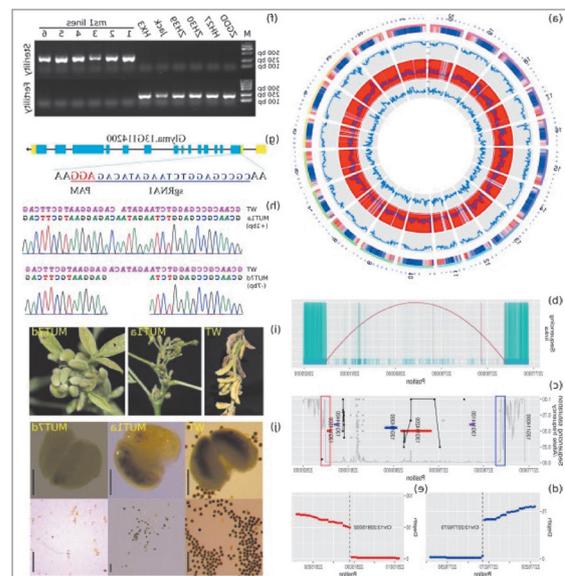
5月1日

2021 年全国五一劳动奖揭晓，作科所小麦大麦优异种质资源发掘与创新利用创新团队荣获中央和国家机关“全国工人先锋号”称号。该团队由我国作物种质资源学科奠基人董玉琛院士建立、刘旭院士传承、李立会研究员发展，现有成员 27 名，其中中国工程院院士 1 人。该团队数十年如一日，立足种质资源岗位，“循序渐进、勇于创新”的团队精神，是对新时代科学家精神和劳模精神的充分诠释，为实现作物种质资源国家新战略和保障国家粮食安全提供了重要动力。



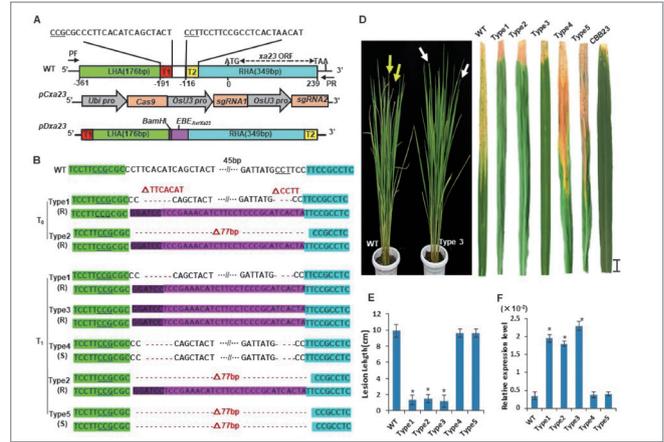
5月4日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队联合国内优势单位在 *Plant Biotechnology Journal* 在线发表了题为 *The cloning and CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of a male sterility gene MS1 of soybean* 的研究论文，该研究成功克隆了大豆遗传育种界寻觅 50 年的雄性不育基因 MS1，是大豆雄性不育基因分子克隆和功能实证的首例报道，为提高大豆雄性不育 ms1 轮回选择群体的育种效率、利用基因编辑技术定向导入雄性不育性状、拓宽大豆品种的遗传基础提供了重要支撑。研究建立的公共对照池分子克隆策略对于重要突变体基因分子克隆具有重要的借鉴价值。



5月7日

农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程作物生物信息学及应用创新团队在 *Molecular Plant* 上发表了题为 *Engineering broad-spectrum resistance to bacterial blight by CRISPR-Cas9-mediated precise homology directed repair in rice* 的研究论文，研究利用基因编辑技术将“感病”品种水稻转变成广谱高抗白叶枯病的水稻品种，创制了广谱高抗白叶枯病水稻培育的新途径，这是对水稻白叶枯病抗性优异基因 *Xa23* 和新兴的基因组编辑技术在水稻改良中应用的重大扩展，为有效利用重要的基因核心元件提供了模型。



5月8日

中央农办主任、农业农村部党组书记、部长唐仁健一行到作科所三亚南繁基地调研，考察野生稻种质资源圃，钱前院士介绍了作科所依托南繁基地，开展作物种质资源鉴定、育种材料创制、加代、扩繁以及生物育种等工作进展，汇报了育成玉米、水稻、大豆等一系列作物新品种等工作成效。唐仁健强调，作科所要加大农业种质资源保护力度，促进产学研深度融合，推进良种联合攻关，加快培育具有世界先进水平的优良品种。农业农村部总经济师、办公厅主任魏百刚、科教司司长周云龙、种业管理司司长张兴旺，中国农科院副院长孙坦及海南省有关领导陪同调研。



5月17日

黑龙江省佳木斯市委副书记、市长丛丽带队到作科所开展调研座谈，围绕进一步深化所地现代农业产业合作进行了广泛交流。钱前所长表示将举全所之力，充分发挥作科所人才、技术、成果等综合优势，长期、持续、稳定开展桦川科技帮扶，并进一步总结合作经验与模式，辐射带动佳木斯市乡村振兴战略实施。作科所所长钱前、党委书记范静、副所长刘录祥，佳木斯市副市长申甲等出席本次活动。



5月18日

农业农村部党组成员、中国农科院院长唐华俊一行到作科所三亚南繁基地调研，考察作物表型设施、野生稻种质资源圃，听取了所长钱前关于南繁试验基地支撑农业科技工作的工作汇报。唐华俊强调，作科所要进一步提升南繁基地支撑能力，着力打造南繁育种平台，加快种子科技创新研究，提升野生稻优异基因发掘与种质创制能力，夯实“打好种业翻身仗”基础，为支撑国家种业发展，保障粮食安全作出进一步贡献。副院长刘现武，院办公室、院科技局、院基建局、院成果转化局、南繁研究院、海南农科院有关领导陪同调研。



● 5月24日

作科所联合农业农村部计划财务司，与审计署农业农村司、农业水利审计局共同开展“学党史农史 助力种业发展”主题党日活动，全体党员干部实地调研了国家种质资源库，结合科研实际回顾党史农史，听取了钱前院士、作科所领导和专家关于南繁育种、生物育种、种质资源保护利用以及所党建业务融合工作情况。中国农科院副院长梅旭荣、计划财务司司长陶怀颖、审计署农业农村司司长和杰钱前院士等出席活动。活动由所党委书记范静主持。



● 5月26日

在习近平总书记致我院贺信四周年之际，作科所在国家作物种质库建设项目施工现场举办植树活动，庆祝中国共产党成立100周年，落实习近平总书记对项目的重要批示精神，纪念国家作物种质库土建工程顺利完工，统一思想，凝聚精神，进一步加快国家作物种质库建设步伐。农业农村部党组成员、中国农科院院长唐华俊、院党组书记张合成等院领导班子全体，中国工程院刘旭院士，所长钱前院士、党委书记范静等所领导班子成员出席活动。院有关部门负责人，作物种质资源中心专家代表、项目参建单位代表等100余人参加活动。



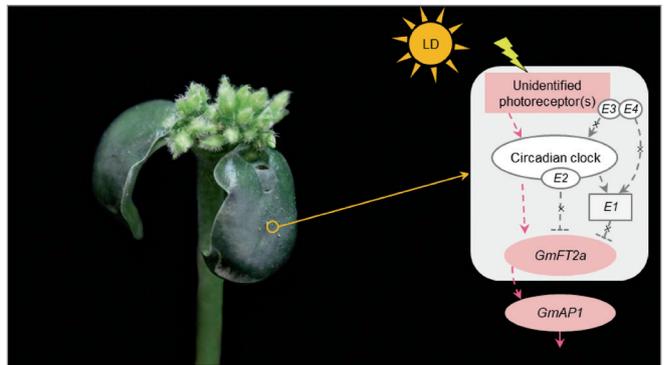
● 5月20-27日

在习近平总书记致中国农业科学院建院60年贺信四周年之际，作科所组织召开了京外小麦“藏粮于技”现场考察活动，重点考察了小麦-冰草创新优异种质、优质强筋高产小麦新品种中麦578，抗赤霉病、高产优质等育种材料，以及核心基因资源材料等。中国工程院原副院长刘旭院士，中国农科院副院长吴孔明院士、副院长万建民院士、副院长孙坦，科技管理局副局长熊明民、成果转化局副局长冯艳秋，所长钱前院士、党委书记范静，农业农村部科技教育司产业技术处处长徐利群，中国种子协会副会长马淑萍、河南省新乡县县委书记申乐民等出席考察活动。



● 5月28日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队在 Plant, Cell & Environment 上发表了题为 Cotyledons facilitate the adaptation of early-maturing soybean varieties to high-latitude long-day environments 的研究论文，研究系统阐述了子叶的开花诱导功能及其分子基础，揭示了子叶在早熟大豆品种适应高纬度长日照环境中的独特作用，对高纬度长日照地区大豆等短日作物的早熟育种和栽培具有一定指导意义。



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。所长钱前、副书记马秀勇参加了活动。



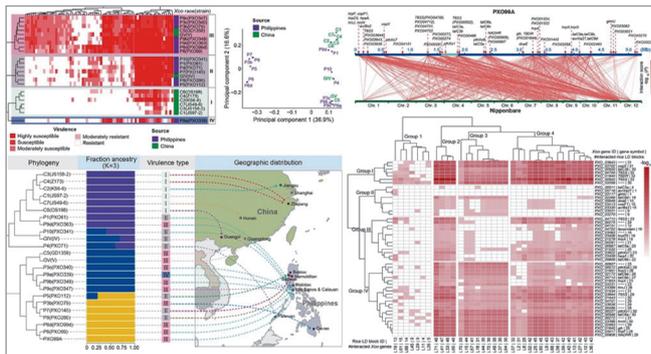
6月2-6日

为深入贯彻落实党中央关于党史学习教育部署要求，教育引导党员干部发扬红色传统、传承红色基因、牢记初心使命，作科所党委组织40位党员干部在延安干部培训学院枣园分院举办了“学习百年党史 坚定理想信念”党建培训班。在庄严的国歌声中，培训班顺利开班。所长钱前院士、所党委书记范静、延安干部培训学院副院长杨晓红出席开班仪式并作讲话。



6月2日

水稻分子设计技术与应用创新团队在 *The Plant Cell* 上发表了题为 *Reciprocal adaptation of rice and Xanthomonas oryzae pv. oryzae: cross-species 2D GWAS reveals the underlying genetics* 的研究论文，研究揭示了水稻与白叶枯病菌相互适应的遗传机制，为作物与其病原菌的共适应模式和相关机制研究提供了新线索。



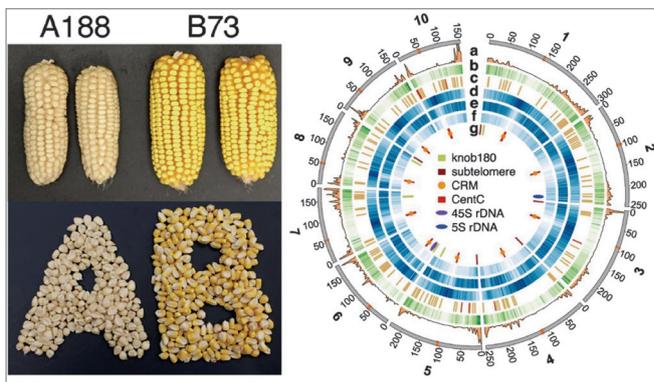
6月8日

作科所与阿里巴巴公益基金会、中国农业科学院农业发展基金会、阿里巴巴达摩院共同签署“智慧育种公益项目”合作协议，共同推动建立生物技术（BT）、信息技术（IT）与智能技术（AT）的深度融合的“智慧育种”平台，打造和培养一支专业化的智慧育种人才队伍，为加快培育作物新品种提供重要技术支撑，助力国家打赢“种业翻身仗”。中国工程院原副院长刘旭院士，农业农村部科技教育司司长周云龙、种业管理司副司长孙好勤，中国农科院副院长梅旭荣、院财务局局长陈金强，作科所所长钱前，党委书记范静，阿里巴巴公益事业群总裁胡晓明、公共事务总裁闻佳等领导出席签约仪式。



6月9日

作物基因组选择育种创新团队与美国堪萨斯州立大学合作在 *Genome Biology* 上发表题为 *Chromosome-level genome assembly of a regenerable maize inbred line A188* 的论文，对玉米重要自交系 A188 的基因组进行了组装。该研究在高质量的基因组组装基础上，深入解析了玉米愈伤组织的基因表达和 DNA 甲基化特征，并利用比较基因组方法揭示了基因组结构变异对玉米性状的重要影响。



6月11日

作物所与北京博创联动科技有限公司就“优质水稻绿色优高效技术服务”和“农机农艺深度融合的无人农场建设方案”签署合作协议，共同在浙江嘉兴构建高标准水稻数字化无人精准生产模式，并依托作物所试验基地开展农机农艺深度融合的无人农场生物技术、智能农机和信息技术试验，推进智慧农业示范基地的样板田建设。所长钱前院士，北京博创联动科技有限公司创始人、首席执行官陶伟等领导出席签约仪式，副所长周文彬主持签约仪式。



6月23日

中国仪器仪表学会授予作物所全国首个“中国仪器仪表学会科学仪器设备验证评价中心（生命科学站）”（以下简称验评中心）。验评中心将依托作物所重大平台中心技术力量，积极开展新产品技术验证、性能测试、测量方法的开发与研究、应用示范等工作，同时，凝聚一批专业技术人才，为后续的整机研发、关键零部件研发及应用技术开发储备人才。验评中心的成立将为国产仪器制造商在研制可靠、耐用、好用、用户愿意用的高端科学仪器上提供坚实的理论和实践基础，为切实提升我国科学仪器自主创新能力和装备水平提供强有力的技术支撑，全面促进国产仪器设备快速发展。



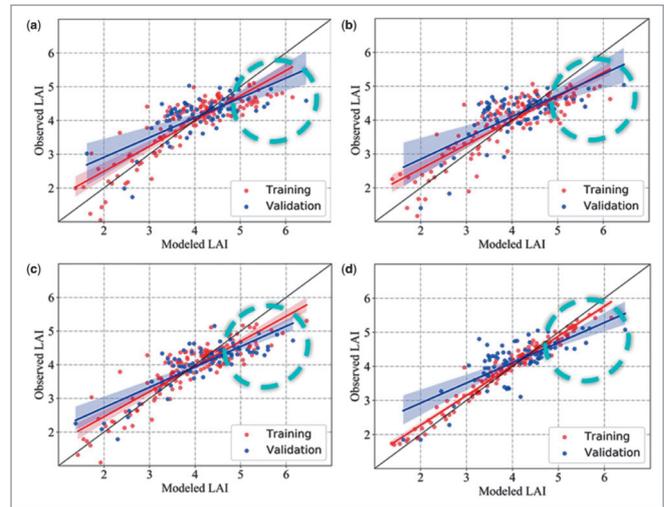
6月29日

为隆重庆祝党的百年华诞，引领激励全所党支部和党员干部担当作为、锐意进取、争做先锋，积极投身一流研究所建设，作物所召开庆祝中国共产党成立 100 周年大会，所党委向 50 位老党员颁发了“光荣在党 50 年”纪念章，表彰了“两优一先”先进典型。在家所领导班子成员、党委委员、“光荣在党 50 年”党员代表、离退休后从事党务工作 10 年以上人员代表、部院所“两优一先”受表彰代表、各党支部书记、支委、在职支部党员和学生党员代表共计 150 余人参加了会议。会议由所党委书记范静主持。



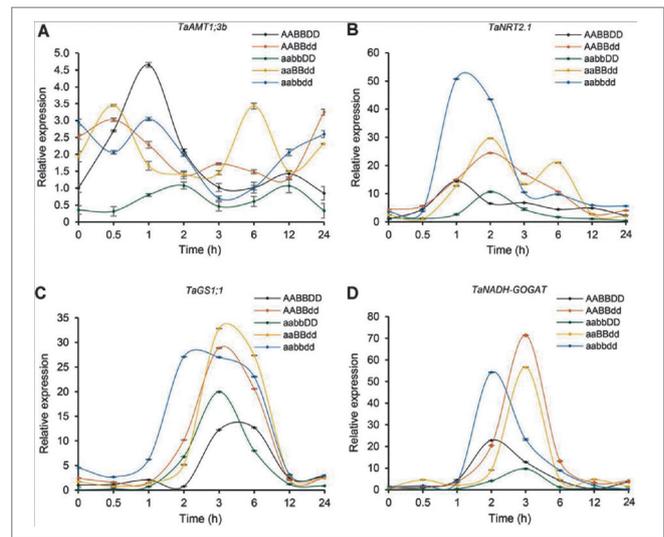
7月15日

作物栽培与生理创新团队在 *Plant Physiology* 发表了题为 *Estimating leaf area index using unmanned aerial vehicle data: shallow vs. deep machine learning algorithms* 的研究论文, 该研究基于无人机高通量作物表型观测平台采集的 RGB、多光谱和热红外图像构建多模态数据, 对玉米叶面积指数进行精确估测, 为更精细化的指导玉米田间水肥管理, 发展智慧农业提供依据。



7月16日

作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Journal of Integrative Plant Biology* 发表了题为 *Increasing yield potential through manipulating of an ARE1 ortholog related to nitrogen use efficiency in wheat by CRISPR/Cas9* 的研究论文, 该研究利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术, 定点敲除小麦品种郑麦 7698 中的 *TaARE1* 基因, 获得了具有高产和氮高效利用潜力的小麦新种质, 为培育资源高效利用小麦品种提供了新途径, 对于减少氮肥施用量, 增加小麦产量, 确保粮食安全和农业可持续发展具有重要意义。



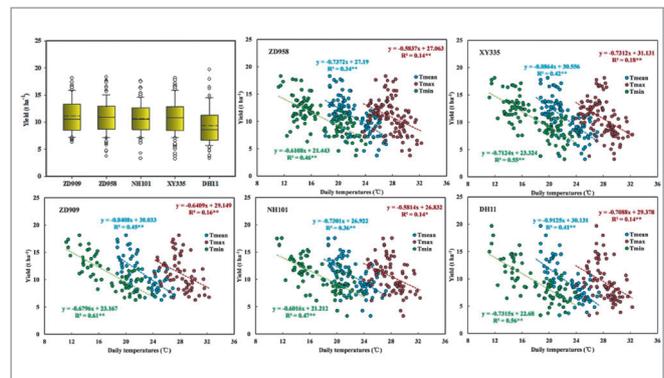
7月20-21日

由作物栽培与生理创新团队举办的“玉米密植高产全程机械化绿色生产技术”现场观摩和田间课堂培训在新疆生产建设兵团第六师奇台总场和第四师 71 团成功举办, 所党委书记范静, 沈阳农业大学、河南农科院等科研院校、种子企业、规模化生产合作社、新疆建设兵团第六师等领导 and 专家出席活动, 当地农业生产大户等 200 余人参加了本次田间课堂培训。



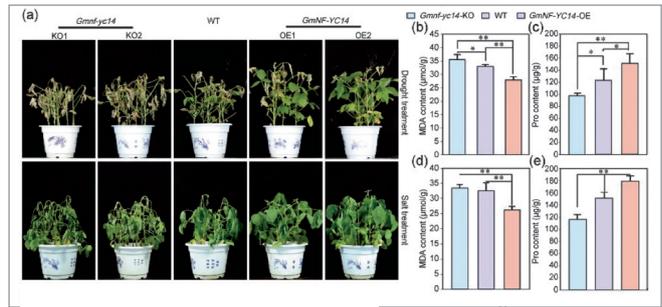
7月26日

作物栽培与生理创新团队联合全国 24 个科研团队在 *Resources, Conservation and Recycling* 发表了题为 *Full length article Quantifying maize grain yield losses caused by climate change based on extensive field data across China* 的研究论文, 该研究建立的模型可为预测气候变化对未来玉米产量变化可能产生的定量结果以及缓解策略 (例如品种选择等) 提供指导, 为我国玉米“藏粮于技”和提质增效生产提供理论依据。



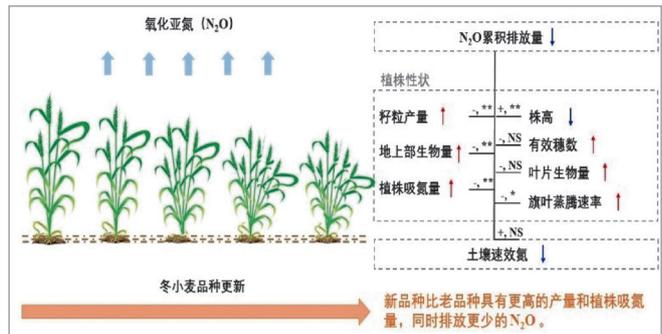
8月2日

转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表了题为 *The NF-Y-PYR module integrates the abscisic acid signal pathway to regulate plant stress tolerance* 的研究论文, 该研究揭示了大豆中的一个转录因子核因子 Y 在响应大豆干旱和盐胁迫中, 调控植物脱落酸受体蛋白 PYR 基因的分子机制, 对于培育抗逆大豆品种具有重要意义。



8月3日

作物耕作与生态创新团队在 *Agriculture, Ecosystems and Environment* 上发表题为 *Less N₂O emission from newly high-yielding cultivars of winter wheat* 的研究论文, 该研究通过田间试验揭示了病毒通过“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。



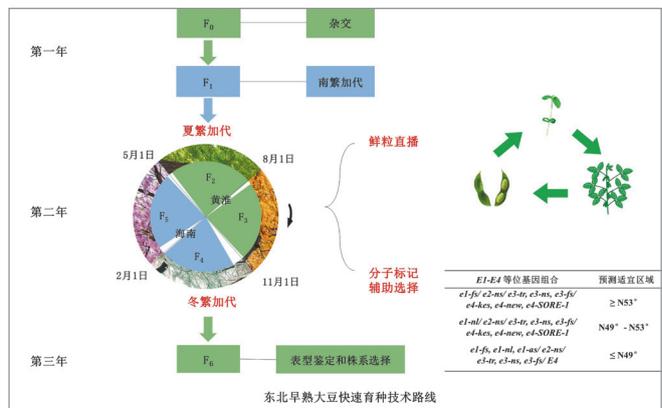
7月31日 -8月4日

作科所派出专家组奔赴河南因暴雨受灾地区, 对灾后作物恢复生产进行指导。连续5天, 专家组走过了17个乡镇49个受灾村, 白天在田间地头调研指导, 夜晚制定农作物灾后复耕减损方案。他们克服天气炎热、灾情疫情的影响, 连续作战、不怕疲劳、为民排忧解难, 受到当地农技部门、新型农业经营主体和农民的高度赞赏。新华社、央视、河南省电视台、河南日报等多家媒体多次跟踪报道。



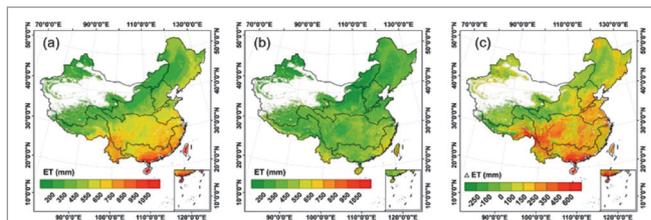
8月17日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队在 *Frontiers in Plant Science* 上发表题为 *Speed-Breeding System in Soybean: Integrating Off-Site Generation Advancement, Fresh Seeding, and Marker-Assisted Selection* 的研究论文, 该研究利用我国黄淮海和华南地区夏季相对较短的日照和高温条件, 分别实现北方春大豆和黄淮海夏大豆的异地夏繁2代, 成功构建了完全依赖自然光温条件的低成本、高效率大豆快速育种技术体系。该成果对其短日照作物育种效率的提高也具有借鉴价值。



8月19日

作物栽培与生理创新团队所领在 Earth System Science Data 上发表了题为 Long time series of daily evapotranspiration in China based on the SEBAL model and multisource images and validation 的研究论文, 该研究利用多源卫星数据及陆地表面能量平衡算法模型, 构建了我国空间分辨率为 1 公里的每天蒸散发数据集, 并利用通量塔数据和流域水量平衡对数据集进行了研究。该数据集可以帮助我们更好地了解我国水资源变化, 植被耗水特征及干旱事件的发生。



8月27日

由钱前院士与陈晓亚院士主持的中国科学院咨询评议项目“推动我国农田轮作轮休的技术与政策需求”启动会在作科所召开。中国农科院院长唐华俊、院办公室主任孙研, 中国科学院学部工作局副局长苏荣辉、主任薛淮, 作科所党委书记范静、副所长周文彬出席本次活动。陈宜瑜院士、李家洋院士、吴孔明院士、万建民院士、方荣祥院士、林鸿宣院士、曹晓风院士、张佳宝院士、于贵瑞院士、黄三文研究员以及杨鹏研究员等 11 位专家听取了作科所作物耕作与生态创新团队首席科学家张卫建研究员的项目工作方案汇报, 并围绕项目研究目标、研究内容与成果产出提出了宝贵建议。本次活动采用线上与线下相结合的方式, 还有来自全国 30 家项目参与单位的 50 余位成员参加了启动会。



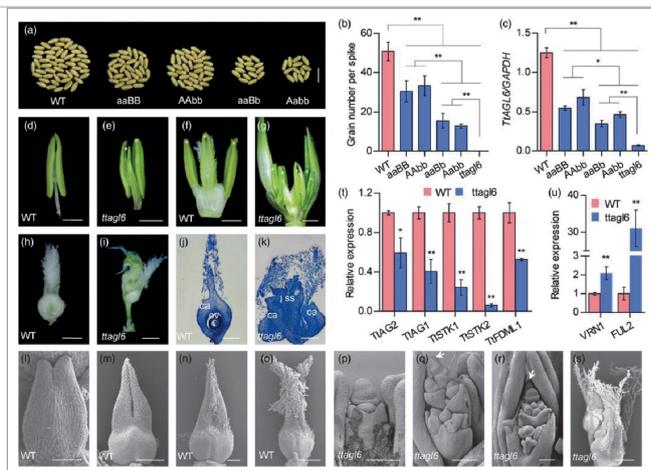
9月4日

全国谷子产业创新发展大会在伊川召开, 中科院院士、所长钱前, 国家高粱谷子产业体系首席科学家刁现民, 洛阳市人民政府副秘书长王智朋等等领导和专家出席活动。会上, 钱前和刁现民研究员, 共同为伊川县颁授“全国谷子新品种展示基地”标牌, 标志着伊川小米产业发展迈上新台阶。



9月6日

生物信息学及应用创新团队与四川农业大学小麦所合作在 Plant Biotechnology Journal 上在线发表了题为 The wheat AGL6-like MADS-box gene is a master regulator for floral organ identity and a target for spikelet meristem development manipulation 的研究论文, 系统研究了 AGL6 在小麦花器官和小穗发育中的功能及其调控机制, 并通过调控 AGL6 表达实现了增加小穗数和穗粒数, 为小麦高产育种提供了参考。



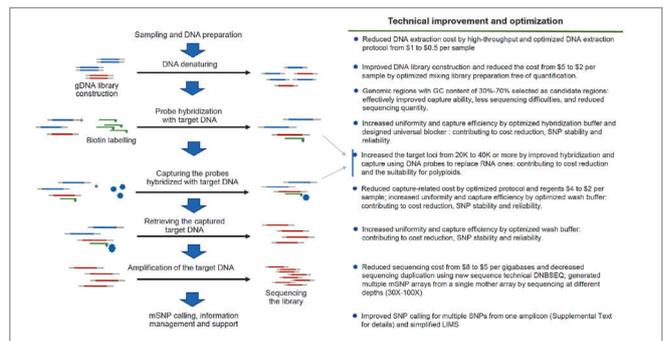
● 9月14日

作科所在北京顺义试验基地举办“打好玉米种业翻身仗”田间考察暨座谈研讨活动，试验地现场展示了我所在玉米种质资源鉴定筛选、双单倍体、紧凑株型等优异种质创制等方面的最新进展，部分材料组配的杂交组合表现出早熟抗倒脱水快等宜机收优良特性，中单111、中单153、中玉303等一批新品种展现出良好的田间表现，得到与会专家一致好评。座谈会上，大家围绕玉米株型发育机理解析、基因编辑玉米株型改良育种应用、玉米宜机收新种质创制与新品种培育等进行了深入交流和研讨。科技部中国农村技术开发中心主任邓小明、农业科技处处长葛毅强等莅临指导，所长钱前院士、党委书记范静等陪同考察。



● 9月14日

作科所作物分子育种技术和应用创新团队与石家庄博瑞迪生物技术有限公司领衔的联合研究小组，致力于液相生物芯片的研发。经过几年的努力，开发出高密度靶向测序-液相芯片技术体系，在通量、成本和效益上可以完全取代固相芯片，研究成果先后在《中国农业科学》、Molecular Breeding 和 Plant Communications 杂志发表。



● 9月20日

联合国粮农组织 (FAO) 和国际原子能机构 (IAEA) 在国际原子能机构第 65 届大会上联合授予作科所小麦诱变育种团队“卓越成就奖”、授予该团队成员郭会君副研究员“植物诱变育种女性成就奖”。这是该团队继 2014 年荣获 FAO/IAEA 联合国授予的诱变育种成就奖之后的又一次获奖。FAO 总干事屈冬玉和 IAEA 总干事拉斐尔·马利亚诺·格罗西出席颁奖仪式并颁奖。我国常驻维也纳代表团王群大使应邀出席颁奖仪式并致辞。



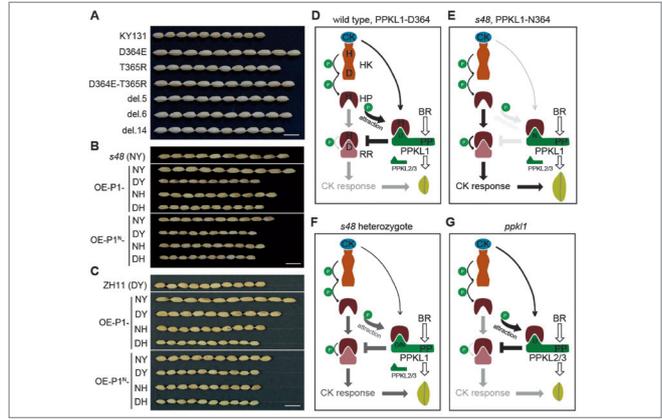
● 9月17日

作科所在昌平、顺义试验基地举办“种质资源创新利用”秋季考察观摩活动，重点考察了玉米双单倍体育种、优异紧凑株型种质创制和种质资源鉴定筛选，大豆新品种展示示范试验、种质基因挖掘及生物育种新成果，以及水稻高光效品种创制等。大豆新品种中黄301、中黄78，玉米新品种中玉303等新品种表现出了较好的耐密、抗病、抗倒伏等高产特性。审计署农水审计局副局长孙庆红和农业农村部计划财务司一级巡视员宋昱带队莅临指导，所长钱前院士等一同考察调研。



9月22日

水稻分子设计技术与应用创新团队与中国科学院遗传与发育生物学研究所合作在 *Molecular Plant* 上在线发表了题为 *A cryptic inhibitor of cytokinin phosphorelay controls rice grain size* 的研究论文, 该研究, 共创制了千粒重从 20g 到 38g 渐次分布的水稻材料, 从而建立了一套水稻籽粒大小精准设计系统。PPKL 家族蛋白对细胞分裂素信号的抑制作用可能是一个古老的功能, 其功能位点隐藏在甾醇类激素油菜素内酯信号组分中, 发掘并利用其对作物进行分子设计改良具有重大应用价值。



9月23日

中国农民丰收节之际, 农业农村部副部长张桃林带队赴新疆乌鲁木齐安宁渠试验站调研了我所牵头实施的国家转基因重大专项“抗逆转基因玉米新品种培育”课题工作进展, 以及农业农村部国家玉米良种重大联合攻关等项目抗旱玉米田间试验情况。新疆维吾尔自治区党委副书记张春林、所党委书记范静和新疆农业科学院党委书记卢蜀江等领导陪同调研。



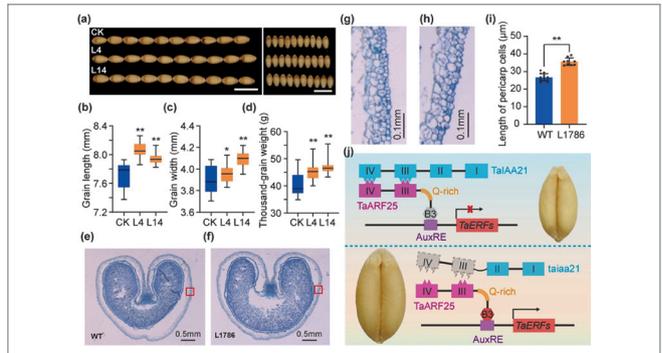
9月25日

作科所特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队选育的优质、高产、广适、抗除草剂谷子新品种“中谷 989”在谷子主产区河南省洛阳伊川进行实地测产, “中谷 989”亩均穗数 41,667 穗, 平均穗重 14.94 克, 实测亩产达到 622.39 公斤, 创下了河南省谷子亩产高产纪录。此次测产由河南省农业技术推广总站副主任平西川领衔的专家组组织开展。



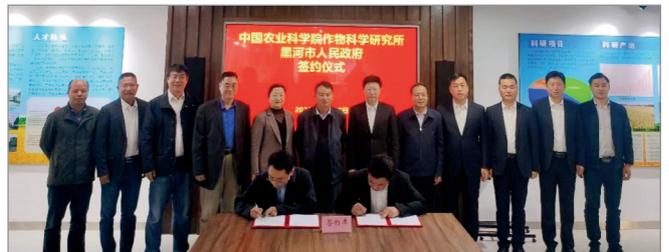
10月12日

生物信息学及应用创新团队在 *The Plant Journal* 上在线发表了题为 *TaIAA21 represses TaARF25-mediated expression of TaERFs required for grain size and weight development in wheat* 的研究论文, 该研究通过筛选籽粒发育早期高表达的生长素响应因子, 鉴定出生长素途径抑制因子 *TaIAA21* 和 *TaARF25* 与基因 *TaERF 3* 组成籽粒发育调控分子模块, 并验证了其通过内部互作调控籽粒的粒型和粒重。



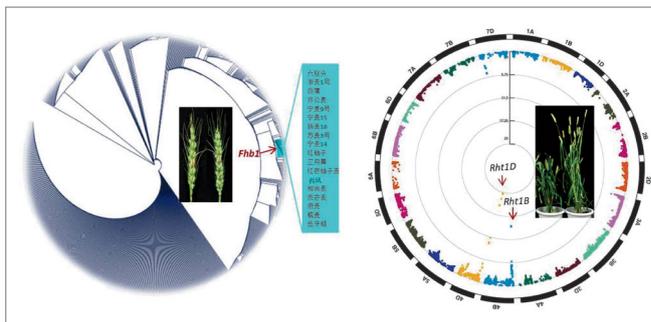
10月18日

作科所与黑河市人民政府正式签署战略合作框架协议, 双方将共建中国农科院作科所黑河大豆研究中心。所党委副书记马秀勇和黑河市委副书记张建国分别代表双方签约。所长钱前院士、党委书记范静和黑河市长王玉升出席签约仪式。



10月21日

由作科所小麦基因资源发掘与利用创新团队自主开发的660K高密度和55K中密度SNP芯片在国家“十三五”科技创新成就展上亮相。该团队利用自主测序的小麦D基因组祖先种山羊草和普通小麦矮矮58以及400份小麦材料重测序获得的基因组变异信息，独立开发了有完全知识产权的660K高密度与55K中密度SNP芯片。与国外的同类芯片相比，具有通量高、检测效率高、性价比高的优点，是当前小麦分子标记的首选SNP芯片。



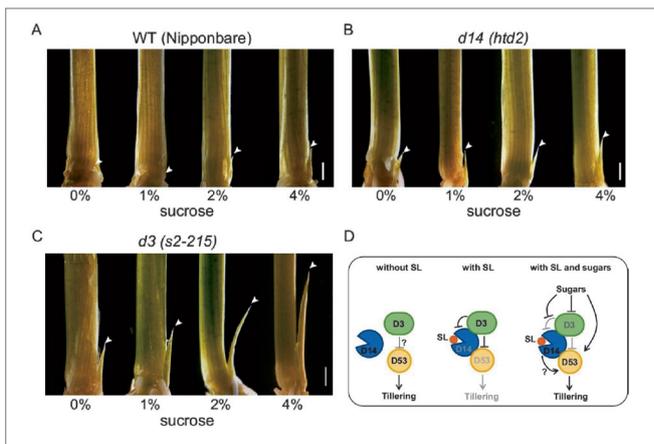
10月26-27日

由中央和国家机关工委旗帜杂志社、深圳市直属机关工委主办的第三届党建创新成果展示交流活动在深圳举行。作科所党委提交的党建案例“面对面做示范 接地气解难题——‘田间课堂’打造助力乡村振兴新模式”获第三届党建创新成果展示交流活动“十佳案例”银奖。此次交流活动从全国528个案例中初评，筛选出“围绕中心”“建设队伍”“服务群众”三个方面的“十佳案例”共30个进行现场展示演讲比赛，评选出“十佳案例”金奖6名、银奖9名和铜奖15名。



10月29日

作物功能基因组研究创新团队与澳大利亚昆士兰大学合作在New Phytologist上在线发表了题为Sucrose promotes D53 accumulation and tillering in rice的学术论文，该研究利用分子和遗传学手段鉴定出蔗糖和独脚金内酯在调控植物分枝过程中相互拮抗的分子靶点，在分子水平上揭示了蔗糖和独脚金内酯相互作用来调控分枝和分蘖的机理。



11月1日

中国农科院党组书记张合成带队调研作科所北京特产降脂燕麦开发有限责任公司经营情况及杂粮作物研究和开发情况。张合成要求，要切实抓好粮食安全这个“国之大者”，抓好主要粮食作物研究；二要把杂粮作为特色优势的领域来布局，加强基础研究；三要高度重视成果转化工作，扎实做好院所两级合作，办好燕麦公司。中国农科院副院长孙坦，院办公室主任孙研、科技局局长杨鹏、财务局局长陈金强、成果转化局局长赵玉林等参加调研。所长钱前院士、党委书记范静、副所长刘录祥，所相关部门负责同志和杂粮专家代表陪同调研。



11月3日

从2020年度国家科学技术奖励大会上获悉，作科所王天宇研究员牵头完成的“玉米优异种质资源规模化发掘与创新利用”项目获国家科技进步二等奖。王天宇牵头的“项目研究团队，20多年来，在拓展我国玉米种质资源基础上，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，实现抗病抗旱性状的规模化鉴定发掘，并在创新利用等方面取得突破，产生显著社会、经济和生态效益。”



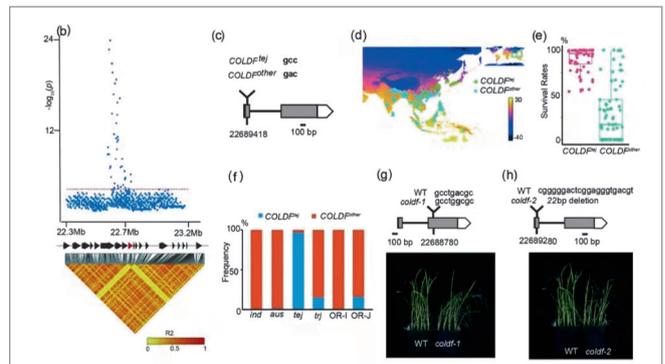
11月4日

农业农村部发布了关于2020—2021年度神农中华农业科技奖的表彰决定的通知，作科所5项成果榜上有名。其中，赵开军研究员牵头的“水稻广谱抗白叶枯病基因Xa23的发掘与应用”、韩天富研究员牵头的“大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用”、卢新雄研究员牵头的“作物种质资源安全保存技术体系创建与应用”3项成果荣获科学研究类成果一等奖；李少昆研究员牵头完成的“黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用”荣获科学研究类成果二等奖；程须珍研究员牵头的“中国食用豆类生产技术丛书”荣获神农奖科学普及奖。



11月15日

水稻优异种质资源发掘与创新利用团队与国际水稻研究所合作在Plant Biotechnology Journal上在线发表了题为Genomic signatures of domestication and adaptation during geographical expansions of rice cultivation的研究论文，该研究通过对185个野生稻和743个栽培稻品种进行关联分析，找到了128个水稻环境适应性相关联的基因位点，解析了水稻驯化过程中的环境适应性遗传机制，为培育广适性水稻品种打下基因学基础。



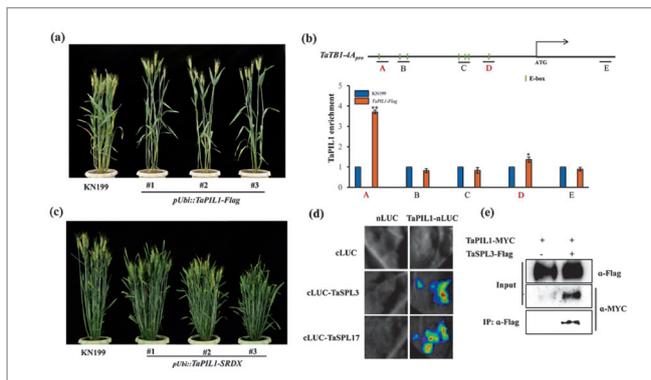
11月18日

农业农村部党组成员、中国农业科学院院长吴孔明到作科所调研，听取了研究所在科技创新、成果转化、平台基地、国际合作、人才团队、党的建设等方面的汇报，并与科研人员座谈，征求对院所管理机制、科研创新发展的意见建议。吴孔明强调，研究所要自觉履行保障国家粮食安全的职责使命，聚焦科技创新和种子要害问题。副院长王汉中主持座谈会。院党组成员、人事局局长陈华宁参加调研，院机关相关部门负责同志，所领导班子、各部门负责人、科研人员代表参加了座谈。



11月20日

小麦基因资源发掘与利用创新团队与山东省农业科学院水稻研究所合作在 *New Phytologist* 上发表题为 *Transcription factors PILs directly interact with SPLs and repress tillering/branching in plants* 的研究论文, 本研究揭示了 PILs 转录因子在调控小麦和水稻株型方面具有重要作用, 并且证明其通过保守的分子机制来调控作物的株型, 丰富了对小麦和水稻株型调控理论的认识, 同时为作物株型遗传改良提供了重要理论依据和基因资源。



11月23日

作科所与山东省潍坊市举行线上签约仪式, 共建潍坊国家农综区现代种业研究院。根据协议, 研究院将围绕专用小麦、特色玉米、优质杂粮、饲草新品种, 推进建立“研究院+研发团队+运营推广公司”的协同合作机制, 促进地方杂粮产业发展, 服务乡村振兴。中国农科院副院长王汉中, 成果转化局局长赵玉林, 所党委书记范静, 潍坊市副市长李兰祥、副秘书长叶全宝等出席签约仪式。签约仪式通过线上方式举行, 由副所长刘录祥主持。



12月3日

作科所培育的优质强筋小麦新品种“中麦578”在2021年度的订单收购量达27.5万吨, 相当于50万亩地的小麦产量。订单收购“中麦578”的包括益海嘉里、大成良友、河北金沙河等知名面业企业, 每公斤加价0.2元, 仅优价部分实现麦农增收5500万元。



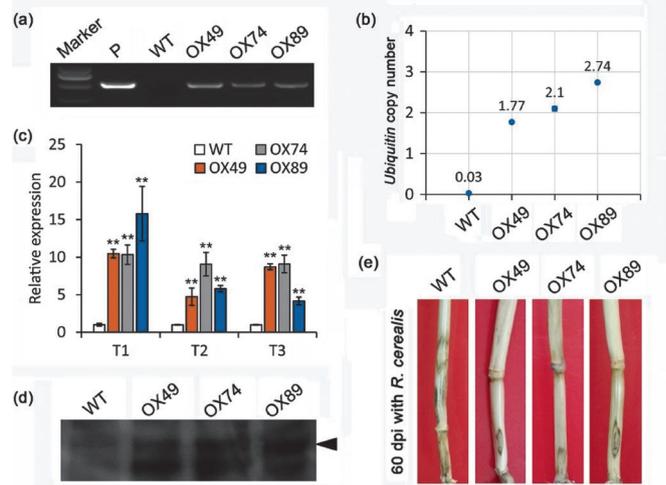
12月4-5日

作科所举办了“加强人才队伍建设, 促进种业振兴发展”为主题的处级干部及青年人才履职能力建设培训班。此次培训班是贯彻落实2021年中央人才工作会议精神和院四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、促进种业振兴发展的重要举措。中国农科院人事局副局长李巨光、所长钱前院士在开班仪式上致辞, 党委书记范静、副所长刘录祥、党委副书记、纪委书记马秀勇、副所长马有志出席活动。所处级干部、团队首席、执行首席、院所各类青年人才等100多人通过线上、线下方式参加了培训。



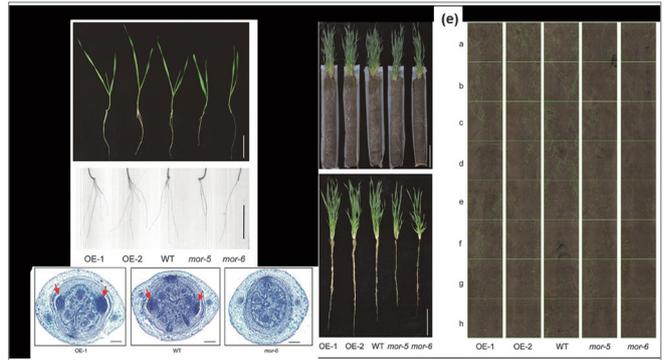
12月7日

作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 发表题为 *Overexpression of TaSTT3b-2B improves resistance to sharp eyespot and increases grain weight in wheat* 的研究论文, 研究发现调控小麦纹枯病抗性的新基因 *TaSTT3b-2B* 基因在不同小麦材料中的表达水平与籽粒大小成正相关, 在纹枯病侵染条件下, 过表达该基因显著提高了籽粒大小。研究成果为小麦抗纹枯病分子机制解析提供了新思路, 同时展现了 *TaSTT3b-2B* 基因在小麦抗病遗传改良和产量提升中的潜在应用价值。



12月10日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表题为 *TaMOR is essential for root initiation and improvement of root system architecture in wheat* 的研究论文, 该研究揭示了 *TaMOR* 基因调节小麦次生根起始的分子机制, 并开发分子标记, 确定了其与株高、根干重相关的优异单倍型, 明晰了不同单倍型根干重差异的分子机理。



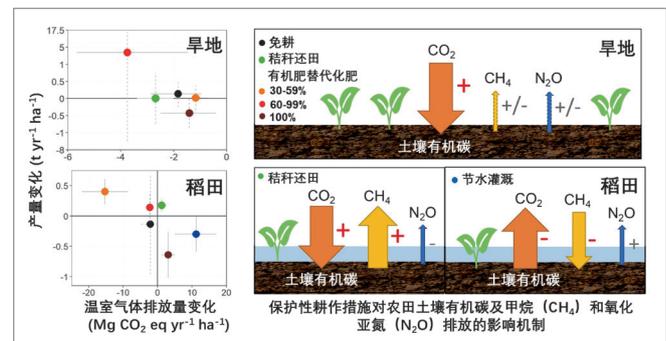
12月18日

在中国作物学会粟类作物专业委员会“优质谷子全产业链融合发展研讨会”上, 作科所“特色农作物优异种质资源发掘与创新利用”创新团队选育的谷子新品种“中谷19”、“中谷25”和“中杂谷67”等表现突出, 获评一级优质米。



12月20日

作物耕作与生态创新团队在 *Global Change Biology* 发表题为 *Can cropland management practices lower net greenhouse emissions without compromising yield* 的研究论文, 研究揭示了秸秆还田与少免耕等保护性耕作措施的丰产稳产和减排固碳效应, 这是继该团队揭示稻田丰产减排耕作途径之后的又一新发现。



12月23日

农业农村部种植业管理司司长潘文博带队到作科所中圃场试验基地调研小麦栽培科研进展情况。潘文博一行听取了赵广才研究员关于不同播期小麦试验实施情况介绍，以及晚播麦田管理技术建议，实地查看了不同播期小麦的田间生长情况。种植业管理司副司长刘莉华、副司长吕修涛等领导参加调研，副所长马有志陪同调研。



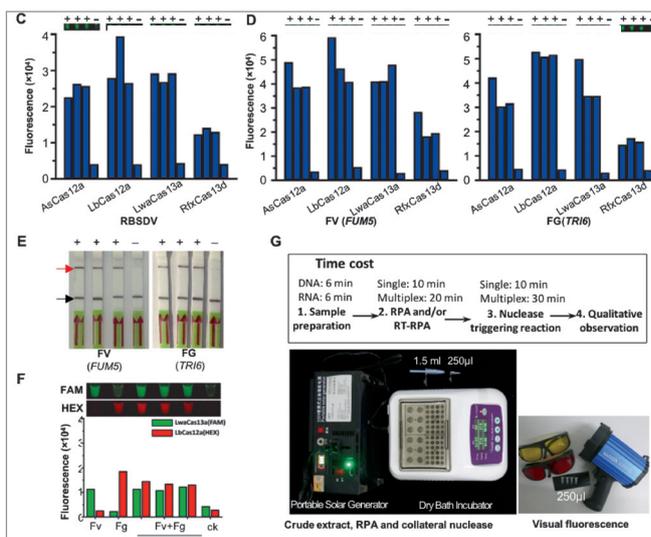
12月24日

为持续深化“放管服”改革，加强管理人员与科研人员的沟通交流，促进研究所管理效能提升，管理一支部联合管理二支部和三支部与栽培耕作中心党支部开展面对面座谈交流。双方开诚布公、热烈讨论交流，既增进了双方理解，也收集到了第一手的问题。这是管理支部加强党建与业务工作融合、联系基层、服务科研，持续开展的第四次“科研管理面对面”对接活动，受到科研人员广泛欢迎和肯定。党委书记范静、党委副书记马秀勇出席活动，管理支部和栽培耕作中心支部党员群众约60人参加。



12月27日

玉米基因编辑与育种应用创新研究组在 SCIENCE CHINA Life Sciences 在线发表题为 A field-deployable method for single and multiplex detection of DNA or RNA from pathogens using Cas12 and Cas13 的研究论文，该研究鉴定了 RfxCas13d 靶向 RNA 引发“反式切割”活性的基本特征，研制出基于 RfxCas13d、LwaCas13a、LbCas12a 与 AsCas12a 的多套核酸检测工具，并研发出田间实时可视化灵敏定性定量检测方法，该工具为当前仍无有效诊断技术的病原体检测提供了高效、低成本的开发途径，具有广阔的技术开发场景与应用价值。



12月28日

作科所与开鲁县人民政府正式签署科技合作协议，双方将共同推进玉米密植高产技术等优秀科研成果转化应用，带动提升开鲁县和周边地区玉米种植业发展和乡村振兴。所长钱前院士和刘洋县长代表双方签约。栽培耕作中心主任李少昆及部分科研骨干，开鲁县副县长颜伟东、县人大主任孙国栋、县委常委张文军、县政协主席姜晶莹、通辽市农业技术推广中心主任叶建全及各乡镇有关负责同志参加了签约仪式。



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
			种质资源抗病虫害评价	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	付俊杰
			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	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

卢新雄，研究员，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资深首席。

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>

重要奖项

作物种质资源安全保存技术体系创建与应用，2020-2021 年度神农中华农业科技奖一等奖

重要论著

作物种质资源库的设计与建设要求. *植物遗传资源学报*. 2021,22(04) 873-880.

Comparative Proteomics at the Critical Node of Vigor Loss in Wheat Seeds Differing in Storability. *Front. Plant Sci.* 12: 707184.

代表性知识产权

ZL 202010582947.3, 一种花叶玉簪试管苗保存方法

ZL 202010583016.5, 一种花叶玉簪试管苗保存培养基及其应用

研究组成员

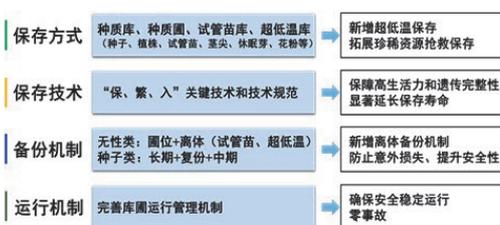
辛霞 研究员 陈晓玲 研究员
刘运霞 副研究员 张金梅 副研究员
尹广鹏 副研究员 何娟娟 副研究员
黄雪琦 研究实习生

研究生

林一欣 杨馨悦 马宏亮 王应敏 黄博原

亮点工作

针对资源安全保存理论基础较为薄弱的问题，进一步从氧化损伤角度，深化拓展衰老拐点的生物学机制研究，发现氧化还原稳态失调是生活力骤降的主要因素之一。通过解析耐贮性差异较大的二份小麦种质在衰老拐点的蛋白表达调控机制，发现耐贮存种子在生活力平台期具有较强的防止氧化损伤和细胞毒素的过度积累，并维持氧化还原和碳稳态等方面的能力，以应对在种质保存过程中氧化损伤。该研究丰富了种质资源安全保存方面的认识，结合前期在低温保存条件下生活力监测方面的研究，总结凝练提出了安全保存拐点理论，实现了种质资源安全保存理论的重要突破。此外，系统总结了近 20 年的研究，创新了保存监测拐点预警、繁殖更新维持原真、珍稀资源离体入库的资源“保、繁、入”关键技术，攻克了安全保存核心技术难题；创建了构建了种质库、种质圃、试管苗库、超低温库 4 种方式“保、繁、入”一体化的“四位一体”安全保存技术体系，应用广泛，新增资源 13.2 万份，种质保存寿命显著延长，拐点种质可预测，实现了保存数量与质量同步提升，确保了国家 50 万份战略资源安全。以上形成了“作物种质资源安全保存技术体系创建与应用”成果，获得了 2020-2021 年度神农中华农业科技奖一等奖。



INFORMATION MANAGEMENT FOR CGR

种质信息与大数据

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。

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

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



亮点工作

国家作物种质资源数据中心建设与运行：2021年数据中心组织实验站严格按照数据标准，汇交整合9个挂牌站2020年及2021年观测鉴定数据，数据量共计3.3GB，包括水稻、小麦、玉米等40余种作物的2876份资源的数据，及2163张性状照片数据。经过5年的建设，建成国家作物种质资源数据中心，建立由1个数据中心、9个国家站、143个观测点组成的全国作物种质资源科学观测鉴定体系，形成“点（数据中心）-线（国家站）-面（观测点）”三级观测鉴定模式，并且在2020年中国农科院科技局组织的第三方考核中取得第一的好成绩。工作开展以来，中心制定并完善了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，基本涵盖了我国的主要作物类型。依据以上标准规范，中心下属实验站根据本单位内已有资源情况积极开展观测工作，并取得了大量的观测鉴定数据，累计汇交数据123.4GB，共观测资源36698份，包括61个科、154个属、162种作物，以此为基础建立了国家作物种质资源观测鉴定数据库。针对两年的观测鉴定数据，利用数理统计分析方法对数据进行分析挖掘，并将分析结果形成了观测鉴定报告；基于已有的气象和区划数据、379家站点空间分布数据和100家挂牌实验站数据，研究了国家作物种质资源观测站点体系布局方法，得出了初步的布局方案，并撰写论文1篇；另外，在数据汇交方面，中心积极配合总中心开发和完善新汇交系统，共建立字典2.5万余个，字段1.4万余个，作物表单130个，将现有的作物标准规范全部录入系统，完成了作物标准规范的信息化工作，为今后数据汇交工作打下了良好的基础。

研究组成员

方 泐 研究员 陈彦清 助理研究员

博士后

高 飞

研究生

林雨楠



国家作物种质资源数据中心门户网站首页截图



NUTRITION AND QUALITY EVALUATION

种质资源品质评价

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: renguixing@caas.cn 电话: 010-62115596

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

重要论著

Cong Teng, Peiyou Qin, Zhenxing Shi, Weiyei Zhang, Xiushi Yang, Yang Yao, Guixing Ren, Structural characterization and antioxidant activity of alkali-extracted polysaccharides from quinoa, *Food Hydrocolloids*, 2021, 113, 106392.

Bao Xing, Cong Teng, Menghan Sun, Qingping Zhang, Bangwei Zhou, Hongliang Cui, Guixing Ren, Xiushi Yang, Peiyou Qin, Effect of germination treatment on the structural and physicochemical properties of quinoa starch, *Food Hydrocolloids*, 2021, 115, 106604.

Xiushi Yang, Kaili Zhu, Huimin Guo, Yanlou Geng, Wei Lv, Siyu Wang, Yuqing Guo, Peiyou Qin, Guixing Ren, Characterization of volatile compounds in differently coloured *Chenopodium quinoa* seeds before and after cooking by headspace-gas chromatography-ion mobility spectrometry, *Food Chemistry*, 2021, 348, 129086.

Cong Teng, Bao Xing, Xin Fan, Biao Zhang, Yajie Li, Guixing Ren, Effects of Maillard reaction on the properties and anti-inflammatory, anti-proliferative activity in vitro of quinoa protein isolates, *Industrial Crops and Products*, 2021, 174, 114165.

Zhenxing Shi, Baoqing Dun, Zuchen Wei, Changyou Liu, Jing Tian, Guixing Ren, Yang Yao, Peptides released from extruded adzuki bean protein through simulated gastrointestinal digestion exhibit anti-inflammatory activity, *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69: 7028-7036.

代表性品种

藜麦, 中藜 1 号藜麦, 蒙产

代表性知识产权

ZL201610116344.8, 一种三七根转化皂苷在制备抗真菌絮状表皮癣菌、红色毛癣菌、须毛癣菌药物方面的应用

研究组成员

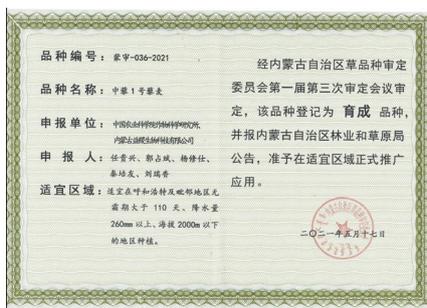
秦培友 副研究员 么杨 副研究员
杨修仕 助理研究员

研究生

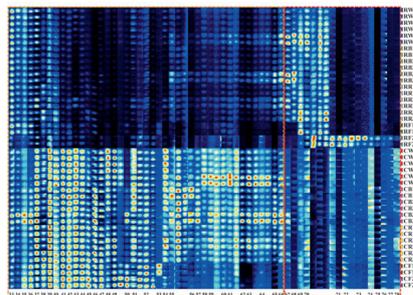
郭慧敏 滕聪 范鑫 邢宝 孙梦涵
朱凯莉 王思宇 郭雨晴 张卓 魏祖晨
李亚杰 朱曼莉

亮点工作

在藜麦全产业链利用关键技术研发中取得新进展。以藜麦全产业链利用关键技术研发为目标, 重点开展藜麦种质资源创新利用、营养功能评价及产品开发等方面研究, “中藜 1 号”新品种通过内蒙古草品种审定。该品种由秘鲁引进的“QA-L-12-15”种质资源为亲本选育而成。碱法提取藜麦多糖结构鉴定及抗氧化活性评价。研究通过碱法提取藜麦总多糖, 并从中分离纯化出一种低分子量多糖 SQAP-2 (2.02 × 10³ Da), 经结构鉴定发现其由 Glc-(1 →, → 4)-Glc-(1 →, → 4, 6)-Glc-(1 → 等糖苷键连接, 比例为 1 : 3 : 1。藜麦碱提多糖 SQAP-2 通过 DPPH, ABTS, 羟自由基, 超氧化物自由基清除活性和三价铁还原能力表现出较强的抗氧化活性, 可作为一种新型、绿色的抗氧化剂在食品工业领域里应用。解析发芽萌动技术对藜麦淀粉结构和理化性质的影响机制。研究发现发芽处理未改变藜麦淀粉的晶体结构, 但破坏了淀粉颗粒有序结构; 增加了直链和支链淀粉的分子量; 发芽处理降低了淀粉的回生率和峰值粘度, 增加了崩解值和溶解度, 在制作酱料和馅料等产品时能够提供更好的质地和口感。研究结果为藜麦淀粉类产品研发和品质改良提供了理论基础和技术支撑。糖基化反应增强藜麦蛋白抗炎与抗增殖活性。研究发现经过糖基化反应藜麦蛋白的溶解度、乳化性能、吸水性能均显著改善; 藜麦蛋白改性后的抗炎、抗增殖活性显著提高。糖基化反应处理后的藜麦蛋白可作为一种功能食品成分使用。藜麦食味品质评价技术研究取得新进展。利用顶空-气相色谱-离子迁移谱(HS-GC-IMS)技术对 11 份不同颜色藜麦蒸煮前后的气味成分进行分析, 共鉴定出 61 种挥发性物质, 最小二乘法判别分析结果表明, 蒸煮前后不同颜色藜麦的挥发性成分组成存在显著差异。该研究初步明确了不同颜色藜麦的香气成分差异, 可有力支撑藜麦食味品质评价。



中藜 1 号品质审定证书



不同颜色藜麦的挥发性物质指纹图谱

ABIOTIC STRESS TOLERANCE EVALUATION

种质资源抗逆性评价

张辉，研究员，博士生导师。2001 年获英国 John Innes Centre 分子生物学理学博士学位。

研究方向：种质资源收集与抗逆性鉴定评价；抗逆基因功能解析；抗逆新品种培育。

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

主页: http://zhanghui.icscaas.com.cn



亮点工作

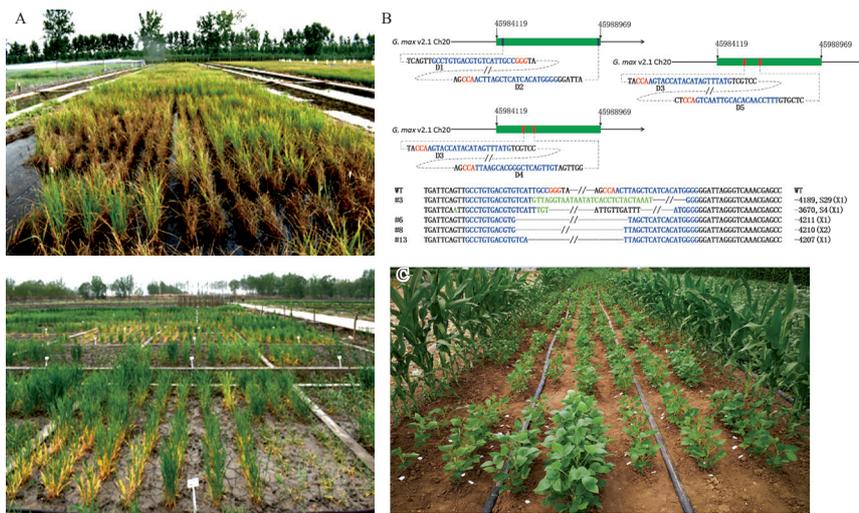
盐、旱等非生物逆境严重制约着作物的生产，抗逆种质资源的筛选及抗逆基因的挖掘和利用是抗逆新种质创制的基础，对作物的稳产、增产至关重要。为发掘抗逆种质资源，2021 年创新研究组完成了 4189 份共计 9379 份次种质资源的全生育期耐盐性鉴定评价，筛选出高耐盐碱的种质资源 185 份。为挖掘抗逆基因、创制抗逆新种质开展了大豆逆境相关非编码 RNA 基因编辑技术体系的研究和利用。利用 CRISPR/Cas9 技术，引入成对 sgRNA，成功实现了大豆 lncRNA 的大片段敲除，并创制了大豆 lncRNA 大片段敲除突变体，研究了大豆 *lncRNA77580* 的抗逆功能。并利用同尾酶将不同 GmU6 启动子驱动表达的 sgRNA 串联，成功构建了 CRISPR/Cas9 多基因编辑表达载体，成功创制 61 个大豆 miRNA 基因家族 252 个成员的编辑突变体。为大豆非编码 RNA 基因编辑及功能研究提供重要的技术支撑，对遗传转化效率低效的大豆基因编辑具有重要的应用价值。以上研究结果，发表在 *Functional Plant Biology*, *Plant Molecular Biology* 等杂志上，申请国家发明专利 1 项。

研究组成员

张辉 研究员 姜奇彦 副研究员
孙现军 副研究员 胡正 助理研究员

研究生

张惠媛 牛风娟 陈向前



抗逆种质资源筛选及抗逆基因挖掘

A: 耐盐碱种质资源筛选; B: 大豆 lncRNA 大片段敲除; C: 大豆 miRNA 基因编辑抗逆大豆新种质创制



BIOTIC STRESS RESISTANCE EVALUATION

种质资源抗病虫评价

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>

重要奖项

中国食用豆类生产技术丛书，2020-2021 年度神农中华农业科技奖科学普及奖
西北地区玉米主要土传病害绿色防控体系构建与应用，甘肃省科技进步三等奖

重要论著

Chang Y, Sun F, Sun S, Wang L, Wu J, Zhu Z. Transcriptome analysis of resistance to Fusarium wilt in mung Bean (*Vigna radiata* L.). *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12:1213.

Sun F, Sun S, Yang Y, Zhou B, Duan C, Shan W, Zhu Z. A novel disease of mung bean, *Phytophthora stem rot* caused by a new forma specialis of *Phytophthora vignae*. *Plant Disease*, 2021, 105(8):2160-2168.

Sun F, Sun S, Ye W, Duan C, Li B, Shan W, Zhu Z. Genome sequence data of three formae speciales of *Phytophthora vignae* causing *Phytophthora stem rot* on different *Vigna* species. *Plant Disease*, 2021, 105(11):3732-3735.

Deng D, Sun S, Du C, Xiang C, Long J, Chen W, Zhu Z. Three *Sclerotinia* species as the cause of white mold on pea in Chongqing and Sichuan of China. *Journal of Integrative Agriculture*, 2021, 20(11):2957-2965.

Sun F, Sun S, Tian J, Duan C, Zhu Z. First Report of *Paramyrothecium foliicola* causing leaf spot on *Vigna radiata* in China. *Plant Disease*, 2021, 105(4):1207.

Sun S, Liu C, Duan C, Zhu Z. Wildfire, a new bacterial disease of mung bean, caused by *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*. *Journal of Plant Pathology*, 2021, 103(2):649-653.

Cao Y, Zhang J, Han S, Xia L, Ma J, Wang L, Li H, Yang L, Sun S, Zhu Z, Duan C. First report of maize stalk rot caused by *Fusarium kyushuense* in China. *Plant Disease*, 2021, 105(11): 3759.

张雪翠, 孙素丽, 卢为国, 李海朝, 贾岩岩, 段灿星, 朱振东. 河南大豆新品系抗大豆疫霉根腐病基因鉴定. *作物学报*, 2021, 47(2):275-284.

郭成, 王宝宝, 王春明, 张小杰, 陈晓霞, 周天旺, 李敏权, 段灿星. 甘肃玉米镰孢茎腐病原菌种群多样性分析. *核农学报*, 2021, 35(11): 2521-2527.

郭成, 王宝宝, 王春明, 张小杰, 陈晓霞, 周天旺, 李敏权, 段灿星. 甘肃玉米镰孢茎腐病原菌种群多样性分析. *核农学报*, 2021, 35(11): 2521-2527.

研究组成员

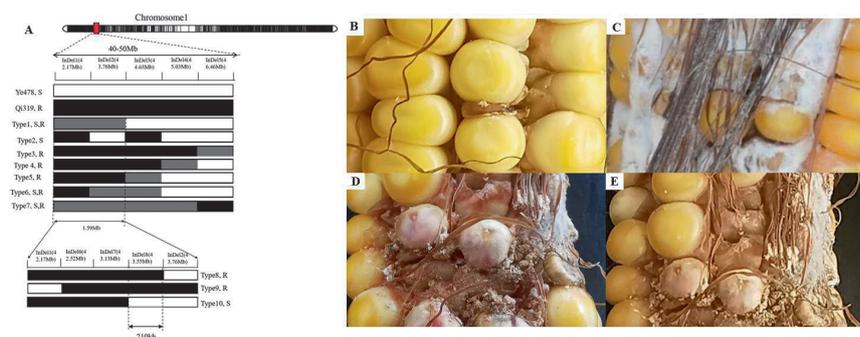
段灿星 副研究员 孙素丽 副研究员
武文琦 副研究员

研究生

孙菲菲 邓东 夏玉生 龙刘星 朱利红

亮点工作

镰孢穗腐病是我国玉米生产上最重要的病害之一，严重影响玉米的产量和品质。穗腐病致病菌侵染玉米籽粒或穗轴后，造成籽粒腐烂且品质下降，并产生有毒代谢产物，引起食物中毒，给食品和饲料产业带来巨大的安全风险。种植和利用抗穗腐病品种是控制该病害的安全、经济和有效措施。筛选抗穗腐病的玉米种质、发掘和鉴定穗腐病抗病基因和 QTL 是进行抗病品种培育的基础。齐 319 是经多年鉴定的对镰孢穗腐病具有稳定抗性的自交系，利用感穗腐病自交系掖 478 与齐 319 构建的重组自交系群体，通过多年多点精准表型鉴定，结合高密度物理图谱，在 3 年共 9 个环境下检测到 17 个抗性 QTL 位点，其中 qFER1.03 位于 bin 1.03，能在多环境下稳定表达，LOD 值最大为 9.88，表型贡献率最高达 15.4%。在此基础上，利用掖 478 与齐 319 构建的染色体片段置换系 CL171 及其次级分离群体，将 qFER1.03 精细定位到 43.5-43.7 Mb 的物理区间，位于标记 InDel 8 和 InDel 2 之间。结合转录组测序分析抗、感材料间的差异表达基因，初步确定 GRMZM2G017792(MPK3)为 qFER1.03 的候选基因。利用 Pr CMV-VIGS 系统，成功沉默 CL171 中的 GRMZM2G017792 基因，使其表达量降低 34%-57%，表型鉴定显示，GRMZM2G017792 基因沉默后，CL171 的抗镰孢穗腐病能力显著下降，进一步确认 GRMZM2G017792 为抗穗腐病候选基因。



玉米抗穗腐病基因 qFER1.03 精细定位及功能验证

A. qFER1.03 精细定位; B. 含 qFER1.03 的 CL171 接种后反应; C-E. VIGS 沉默株接种后发病情况

WHEAT GERMLASM RESOURCES

小麦种质资源

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资深首席。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。

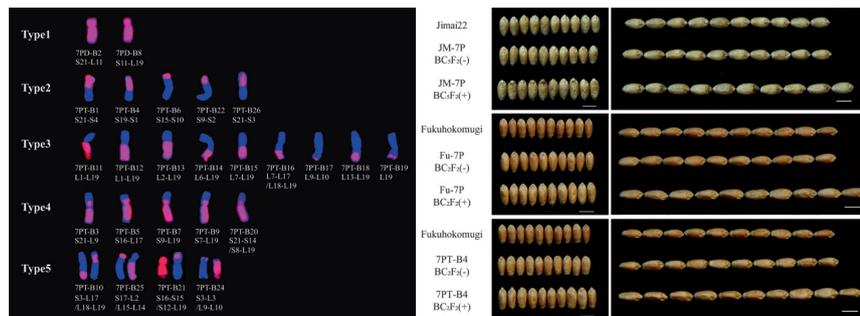
Email: lilihui@caas.cn 电话: 010-62186670

主页: <http://lilihui.icscaas.com.cn>



亮点工作

冰草属物种具有多花多粒，耐寒抗旱以及兼抗多种病害等优良特性，被认为是小麦改良的最佳外源供体之一。团队实现小麦与冰草的远缘杂交以来，创制的小麦-冰草 7P 附加系 II-5-1 相较于小麦亲本具有高粒重、小旗叶等优良特性，并通过辐照的方式创制了一批小麦-冰草 7P 易位系和缺失系。为明确冰草 7P 染色体在小麦背景中的遗传效应并且进一步定位高千粒重位点，首先构建了不同小麦背景 (Fukuho 和济麦 22) 的 7P 附加系分离群体，通过对两个背景的多世代分离群体进行田间考察，发现冰草 7P 染色体导入小麦后阳性植株的平均粒重显著高于阴性材料，并且发现粒重的提高主要是由粒长增加所导致。为了定位该粒重相关位点，对 7P 附加系 II-5-1 的辐照后代进行了鉴定，共获得易位系 23 个、缺失系 2 个。结合筛选到的 158 个 7P 染色体特异 STS 标记，构建了包含 40 个染色体区段的冰草 7P 染色体物理图谱。对含有 7P 染色体不同区段的易位系和缺失系遗传分析，发现含有 7PS1-2 区段的易位系和缺失系分离群体中，阳性材料的平均粒重显著高于阴性材料，千粒重提高均在 4.5% 以上。在一些外源片段较小的易位系中还发现，阳性材料在粒长增加的同时，粒宽也显著提高，说明随着外源染色体片段的变小，其携带的连锁累赘也在减少。通过上述研究明确了冰草 7P 染色体导入到小麦后具有改变小麦粒形、提高粒重的效应，并且该位点不受小麦遗传背景的限制，新种质的创制为小麦的高产育种提供了多样化的基础材料。



小麦-冰草 7P 易位系的创制与提高粒重效应

重要论著

Sun Y, Lyu M, Han H, Zhou S, Lu Y, Liu W, Yang X, Li X, Zhang J, Liu X, Li L. Identification and fine mapping of alien fragments associated with enhanced grain weight from *Agropyron cristatum* chromosome 7P in common wheat backgrounds. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134: 3759-3772.

Qi K, Han H, Zhang J, Zhou S, Li X, Yang X, Liu W, Lu Y, Li L. Development and characterization of novel *Triticum aestivum*-*Agropyron cristatum* 6P Robertsonian translocation lines. *Molecular Breeding*, 2021, 41:59.

Zhang, Z., Zhou, S., Liu, W., Song, L., Zhang, J., Han, H., Yang, X., Lin, Y., Li, X., Li, L. Molecular Cytogenetic Analysis of the Introgression between *Agropyron cristatum* P Genome and Wheat Genome. *International journal of molecular sciences*, 2021, 22(20): 11208.

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	亓凯	匡紫垣	韩柏辉	王立宇
康西璐	梁学忠	张成	王棕瑶	林益达
张萌	朱瀚宇			



BARLEY GENETIC RESOURCES

大麦基因资源

杨平, 研究员, 博士生导师。2014 年获德国哈勒大学博士学位。中国农业科学院院级青年英才计划入选者。

研究方向: 大麦野生资源研究和饲用大麦遗传改良; 大麦基因资源研究方法构建和资源创制; 麦类作物黄花叶病资源发掘和机制解析。

Email: yangping@caas.cn 电话: 010-82107467

主页: http://yangping.icscaas.com.cn

重要论著

Yang P, Scheuermann D, Kessel B, Koller T, Greenwood JR, Hurni S, Herren G, Zhou S, Marande W, Wicker T, Krattinger S, Ouzunova M, Keller B. Alleles of wall-associated kinase gene account for three of the major northern corn leaf blight resistance loci in maize. *The Plant Journal*, 2021, 106:526-535.

Kan J, Gao G, He Q, Gao Q, Jiang C, Ahmar S, Liu J, Zhang J, Yang P. Genome-wide characterization of WRKY transcription factors revealed gene duplication and diversification in populations of wild to domesticated barley. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22:5354.

Gao G, Kan J, Jiang C, Ahmar S, Zhang J, Yang P. Genome-wide diversity analysis of TCP transcription factors revealed cases of selection from wild to cultivated barley. *Functional & Integrative Genomics*, 2021, 21:31-42.

Yan L, Jiang C, Cai Y, Pan Y, Xu R, Luan H, Shen, H, Ahmar S, Zhang J, Yang P, Feng Z. Evaluating the genetic effects of seed dormancy regulatory genes Qsd1 and Qsd2 in global collection of cultivated barley (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) with functional kometitive allele-specific PCR markers. *Plant Breeding*, 2021, 140:827-834.

代表性知识产权

ZL201811592341.7, 大麦黄花叶病抗性基因 eIF4EHOR3298 及其鉴定方法和应用

研究组成员

蒋枏璁 副研究员 阚金红 助理研究员
关海英 实验师

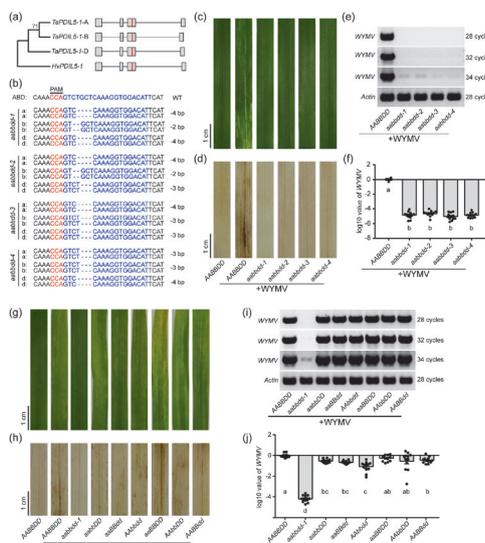
研究生

金彦龙 高广奇 Sarah Tasnim 严露曦
李珊珊 程春园 吴文雪 安朝丹

亮点工作

以土壤禾谷多黏菌为中间载体传播的病毒病害, 是小麦、大麦等麦类作物的主要病毒病害, 严重威胁国家粮食生产安全。其中, 小麦黄花叶病由小麦黄花叶病毒 (WYMV) 引起, 大麦黄花叶病由大麦黄花叶病毒 (BaYMV) 和大麦温 and 花叶病毒 (BaMMV) 单一或复合感染引起, 这三种病毒均属于马铃薯 Y 病毒科的大麦黄花叶病毒属。在异源六倍体小麦中, 目前报道了数十个抗病基因位点均为显性遗传, 尚无抗病毒基因被克隆; 而二倍体大麦中 BaYMV/BaMMV 抗病基因绝大多数为隐性遗传, 因此推测小麦同源基因的功能冗余, 掩盖了单个或部分基因拷贝变异引起的隐性抗病遗传效应, 使得多倍体物种中隐性抗病基因少有报道。

研究鉴定了小麦 *TaPDIL5-1* 基因在 A、B、D 亚基因组上的同源拷贝。该基因在大麦中的同源基因 *HvPDIL5-1* 编码一个蛋白二硫键异构酶, 其功能丢失对 BaYMV 和 BaMMV 具有广谱抗病性。利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术, 创制了 *TaPDIL5-1* 在 A、B、D 亚基因组上的小麦基因编辑材料。通过人工杂交和分子标记辅助选择, 构建了 *TaPDIL5-1* 三个拷贝均被编辑的三突变体株系, 以及分别敲除单个或者两个拷贝的单、双突变体株系。接种病毒发现, 三突变体材料表现出对小麦黄花叶病毒的完全抗病性, 单突变体或双突变体仍感病。且三突变体材料与未编辑的野生型比较, 株高、抽穗期、等九个农艺性状均没有显著差异。由此证实, *TaPDIL5-1* 作为感病宿主因子参与小麦黄花叶病毒感染, 通过基因编辑中该基因, 可以改良小麦对黄花叶病的抗病性。该研究克隆了首个小麦抗病毒基因, 也证实通过基因编辑技术可以创制隐性抗病毒材料, 为多倍体物种中隐性抗病基因的发掘和创新利用提供了新路径。



编辑小麦 *TaPDIL5-1* 基因的三个同源拷贝赋予小麦对黄花叶病的遗传抗病性

MINOR CROP GERMLASM RESOURCES

小宗作物种质资源

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、燕麦、荞麦、谷子、高粱、黍稷种质资源的收集保护、鉴定评价和创新利用。

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

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



亮点工作

在种质资源普查收集、保存鉴定、创新利用和分发共享方面，引进收集大麦种质资源 235 份（国外引进 125 份），燕麦种质资源 100 份（国外引进 79 份），谷子、高粱、黍稷种质资源 215 份（国外引进 105 份）。编目入库大麦种质资源 235 份，燕麦种质资源 100 份，谷子、高粱和黍稷种质资源 396 份；完成 500 份大麦种质资源、100 份燕麦种质资源，270 份高粱种质资源的表型精准鉴定；向各单位分发共享大麦种质资源 1182 份次，燕麦种质资源 923 份次，谷子、高粱、黍稷种质资源 1150 份次，主要用于资源鉴定和筛选、优异材料创制及育种、抗病品种选育、早熟品种选育以及古代农作物遗存等方面的研究。在功能基因挖掘和鉴定方面，利用简化基因组测序，完成国家作物种质库中国大麦种质资源遗传本底鉴定，构建核心种质；发掘一个大麦籽粒颜色控制基因 *HvGST*，通过调节花青素转运发挥功能；发掘一个控制青稞产量基因 *HvQTGW1*；通过对燕麦葡聚糖合成基因 *AsCs1F*、*AsCs1H* 和 *AsCs1J* 的表达特性分析，发现其合成受到光照调节。

研究组成员

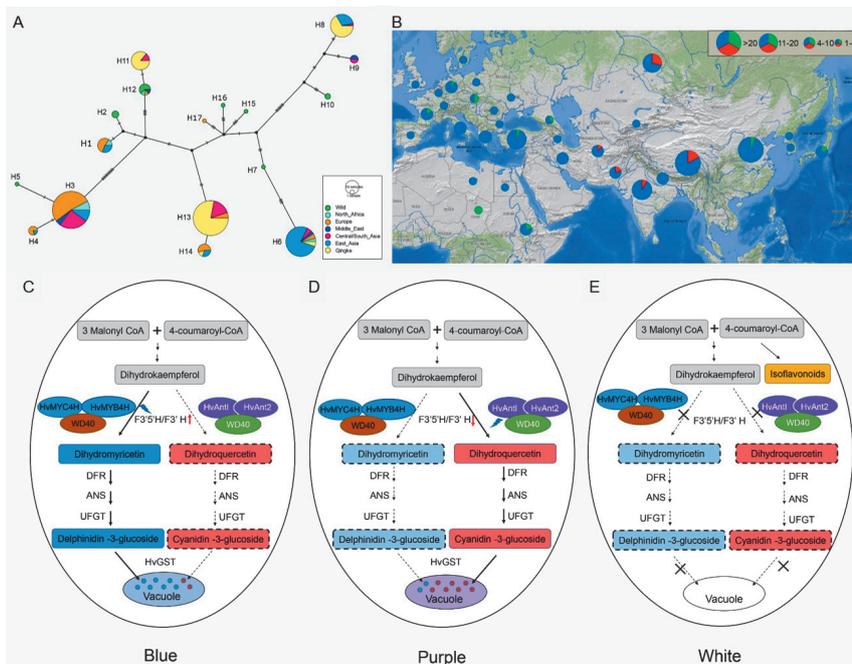
郭刚刚	研究员	张京	研究员
陆平	研究员	吴斌	副研究员
刘敏轩	副研究员	高佳	助理研究员
王春超	助理研究员		

博士后

徐东东 樊超凤

研究生

窦婷语	张仁旭	郭爱奎	裴红红
张静	邵欢欢 (客座)	陈小红 (客座)	
赵盟 (客座)		王蓉 (客座)	



大麦籽粒颜色调控及花青素转运机制研究



MAIZE GERMPLASM RESOURCES

玉米种质资源

黎裕，研究员，博士生导师。2001 年获中国农业科学院作物遗传育种专业博士学位。现任中国农业科学院玉米优异种质资源发掘与创新利用创新团队首席，作物种质资源中心副主任。

研究方向：主要从事玉米种质资源研究。收集引进国内外优异种质资源，开展玉米种质资源精准鉴定，进行玉米产量、抗旱、抗病等重要农艺性状遗传解析和基因资源挖掘；利用分子与常规技术相结合，创制优良玉米新种质。

Email: liyu03@caas.cn 电话: 010-62131196

主页: <http://liyu.icscaas.com.cn>

重要论著

Bo Peng, Xiaolei Zhao, Yi Wang, Chunhui Li, Yongxiang Li, Dengfeng Zhang, Yunsu Shi, Yanchun Song, Lei Wang, Yu Li, Tianyu Wang. Genome-wide association studies of leaf angle in maize. *Mol Breeding*, 2021, 41:50.

Swarts Kelly, Eva Bauer, Jeffrey C. Glaubitz, Tiffany Ho, Lynn Johnson, Yongxiang Li, Yu Li, Zachary Miller, Cinta Romay, Chris-Carolin Schön, Tianyu Wang, Zhiwu Zhang, Edward S. Buckler, Peter Bradbury. Joint analysis of days to flowering reveals independent temperate adaptations in maize. *Heredity*, 2021, 126:929–941.

代表性品种

玉米，中玉 749，国审

玉米，中金玉 2513，国审

玉米，中金玉 4688，国审

代表性知识产权

ZL201710325090.5，一种鉴定玉米籽粒性状的方法及其专用试剂盒

ZL201910922005.2，与玉米籽粒产量相关的蛋白质及其编码基因

研究组成员

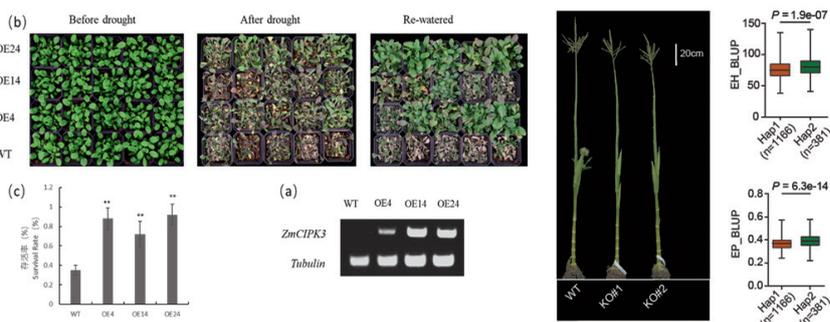
王天宇 研究员 李永祥 副研究员
李春辉 副研究员 张登峰 助理研究员
刘旭洋 助理研究员 何冠华 助理研究员

研究生

关红辉 王宇飞 贾慧琳 王东梅 陈小晶
杨子欣 陈嘉婕 陶柯宇 王开亮 李燕
沙小茜 兰倩 胡悦 李慧洁

亮点工作

围绕玉米种业的绿色高效发展，玉米种质资源团队在全国不同生态区开展了 4276 份次玉米种质资源抗旱性、耐低氮、人工接种抗病性等性状的鉴定评价，同时利用重测序和芯片的方法完成了 405 份优异种质的基因型精准鉴定，分析了每份种质的遗传血缘构成和划分了其杂种优势类群。基于各类性状精准鉴定结果，并结合田间综合评价，筛选出 203 份抗旱、抗病、耐低氮、高配合力等优异种质资源，并在北京顺义进行了田间展示。此外，利用鉴定出的优异种质，发掘并克隆了一个株型基因 *ZmEMF1L1* 和一个抗旱基因 *ZmCIPK3*，并挖掘其优异等位基因，为玉米株型和抗旱性的遗传改良提供了重要的基因资源。



抗旱基因 *ZmCIPK3* 和株型基因 *ZmEMF1L1* 表型

SOYBEAN GENETIC RESOURCES

大豆基因资源

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。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基因资源挖掘；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

我国大豆种质资源数量在国际上居首位，但资源利用率不到 5%，有巨大的开发潜力。在 2000 余份大豆核心种质全基因组数据基础上，选取代表性位点，纳入已克隆的重要性状功能基因和 QTL 位点等信息，研制出 SoySNP618K (中豆芯) 大豆功能型基因芯片。该芯片可广泛用于种质资源亲缘关系分析、新基因发掘、分子进化分析、分子身份证构建、全基因组选择育种等领域。SoySNP618K (中豆芯) 基因芯片的研发，一方面助力大豆研究工作者高效解析大豆的遗传信息，夯实大豆遗传机理的研究，另一方面帮助育种家快速选育满足市场需求的品种，提升大豆产业的竞争力。

土壤盐渍化是影响大豆生长和产量的主要非生物胁迫之一，发掘大豆耐盐基因对于培育耐盐大豆品种、开发利用盐碱地意义重大。利用耐盐性较高的野生大豆种质 NY36-87 和 2 个盐敏感大豆品种中黄 39 和 Peking 构建的遗传群体，将野生大豆 NY36-87 中的耐盐基因 GmSALT3 和 GmSALT18 分别定位到 98kb 和 241kb 区间，为耐盐大豆育种提供了遗传材料和新的位点。利用全基因组重测序数据在 279 个中国大豆地方品种中鉴定出 5 种 GmSALT3 单倍型，开发了 5 个基于 PCR 的功能标记，对 706 个国内大豆品种和 536 个品系进行基因分型。这些分子标记可精确地识别耐盐 (98.9%) 和敏感 (100%) 材料，并且可以准确地追踪大豆品种中的耐盐基因，并用于大豆分子育种定向选择。

杂草危害是我国大豆生产中的重要难题，利用基因工程技术培育耐草甘膦除草剂大豆新品种，为杂草有效防治提供了更好的解决方案。耐草甘膦转基因大豆中黄 6106 在获批黄淮海夏大豆区生产应用安全证书的基础上，通过进一步的环境安全评价，2021 年获批北方春大豆区的安全证书，覆盖全国两个大豆主产区。通过多年多点测试，合作转育的新品种中联豆 1505 等达到品种审定标准。中联豆系列新品种在大豆主产区开展大面积展示和示范，可以降低除草成本 50% 以上，同时施用环境友好型除草剂草甘膦可有效解决后茬作物的药害问题，实现粮豆持续均衡高产稳产和农业绿色发展。



耐除草剂大豆除草效果对比

重要论著

- Nadeem M, Chen A, Hong H, Li D, Li J, Zhao D, Wang W, Wang X, Qiu L. GmMs1 encodes a kinesin-like protein essential for male fertility in soybean (*Glycine max* L.). *J Integr Plant Biol.* 2021, 63(6): 1054-1064.
- Guo X, Jiang J, Liu Y, Yu L, Chang R, Guan R, Qiu L. Identification of a novel salt tolerance-related locus in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.). *Front Plant Sci.* 2021, 12: 791175.
- Guan R, Yu L, Liu X, Li M, Chang R, Gilliam M, Qiu L. Selection of the salt tolerance gene GmSALT3 during six decades of soybean breeding in China. *Front Plant Sci.* 2021, 12: 794241.
- Yang X, Liu X, Zhou Y, Zhang F, Huang L, Wang J, Song J, Qiu L. New insights on the function of plant acyl carrier proteins from comparative and evolutionary analysis. *Genomics.* 2021, 113(1 Pt 2): 1155-1165.

代表性品种

大豆，甘豆 5 号，蒙审
大豆，富中豆 1 号，蒙审

代表性知识产权

- 农基安证字 (2021) 第 005 号，转 g2-epsps 和 gat 基因耐除草剂大豆中黄 6106 在北方春大豆区生产应用的安全证书
- ZL201810359412.2，与大豆开花期和成熟期相关的 SNP 标记及其检测引物、方法与应用
- ZL201910374203.X，大豆出苗期耐盐性鉴定方法建立及耐盐种质筛选
- N.102019000020016，Metodo per analizzare rapidamente il contenuto del composto 2-AP (2-acetil-1-pirrolina) caratteristico dell'aroma di soia conil metodogc-mase applicazionlina caratteristico de
- 2021SR0094838，中豆芯一号亲缘关系检测软件 V1.0
- 2021SR0094839，中豆芯一号全基因组关联分析软件 V1.0

研究组成员

李英慧 研究员 关荣霞 研究员
阎哲 研究员 郭勇 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 李德林 张郑伟 高华伟

研究生

李艳妃 孙如建 于莉莉 苏伯鸿 田宇
洪慧龙 赵宇杨 郭潇阳 孙彦波 张之昊
姜思琦 王婉 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 王雪晴
苏鑫 李健依 赵权 王琦 石宇欣
李晓菲 路箫剑 张祥 周雅 刘珊

WILD RICE CONSERVATION

野生稻保护与利用



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: 18611392811

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

重要论著

Weihua Qiao, Yanyan Wan, Rui Xu, Ziyi Yang, Yan Sun, Long Su, Lizhen Zhang, Junrui Wang, Jingfen Huang, Xiaoming Zheng, Shijia Liu, Yunlu Tian, Liangming Chen, Xi Liu, Jinhao Lan, Qingwen Yang. A functional chromogen gene C from wild rice is involved in a different anthocyanin biosynthesis pathway in indica and japonica. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(5), 1531-1543.

Li F, Han Z, Qiao W, Wang J, Song Y, Cui Y, Li J, Ge J, Lou D, Fan W, Li D, Nong B, Zhang Z, Cheng Y, Zhang L, Zheng X and Yang Q. High-Quality Genomes and High-Density Genetic Map Facilitate the Identification of Genes From a Weedy Rice. *Front. Plant Sci.* 2021, 12:775051.

Hongbo Pang, Qiang Chen, Yueying, Ze Wang, Longkun Wu, Qingwen Yang & Xiaoming Zheng. Comparative analysis of the transcriptomes of two rice subspecies during domestication. *Scientific Reports* (2021) 11:3660.

代表性知识产权

ZL201910885636.1, 蛋白质 OrC1 在调控水稻籽尖和芒颜色中的应用

ZL 2020 1 1216303.9, 蛋白质 GL12.2 在调控水稻产量中的应用

研究组成员

杨庆文 研究员 郑晓明 研究员
乔卫华 副研究员

博士后

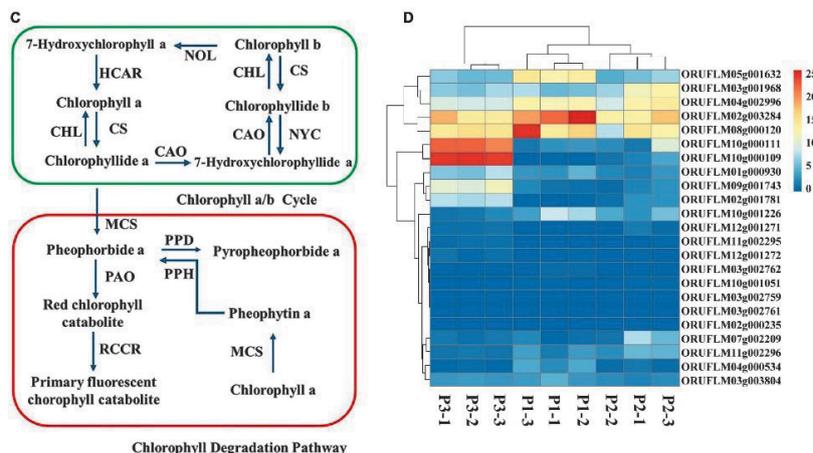
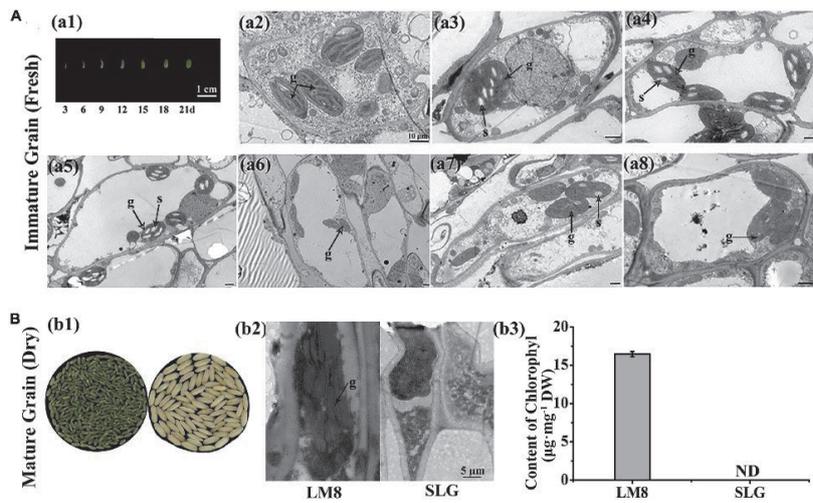
韩振云 肖晓蓉 赵明超 李亚鹏

研究生

李飞 黄婧芬 王艳艳 格金月 娄单敬
邢梦 聂亚敏 范伟雅 刘自然 郭文龙
王仕壮

亮点工作

LM8 是一份水稻中罕见的稻米完全成熟后果皮仍呈绿色的、富含微量元素高营养的杂草稻种质资源。通过构建遗传群体, 将表型与基因型相结合, 对果皮持绿的遗传调控机制进行研究。首次利用透射电子显微镜直接证明 LM8 在种子成熟过程中叶绿体不发生降解从而使叶绿素积累, 揭示了种子成熟后果皮仍保持绿色的成因。接下来, 利用 LM8 与白色稻米品种 SLG 杂交 F2 代, 发现绿色对白色为显性性状, 且绿色、褐色、白色果皮受两对基因控制。并且, 基于混池测序与转录组联合分析, 对果皮持绿候选基因的初步定位, 发现候选基因区域位于 4 号染色体的 6 个区域, 总长度 5.75M, 为精确定位果皮持绿靶基因奠定了基础。研究结果将对丰富糙米多元化选择、提高稻米营养品质、维护人类生命健康发挥重要作用。



成熟后仍保持绿色的稻米果皮成因及其候选基因的初步定位

RICE GERMPLASM RESOURCES

水稻种质资源

韩龙植，研究员，博士生导师。1999 年获韩国首尔大学作物遗传育种专业农学博士学位。

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；水稻抗逆性等重要性状新基因发掘；水稻种质资源遗传多样性与演化机制研究。

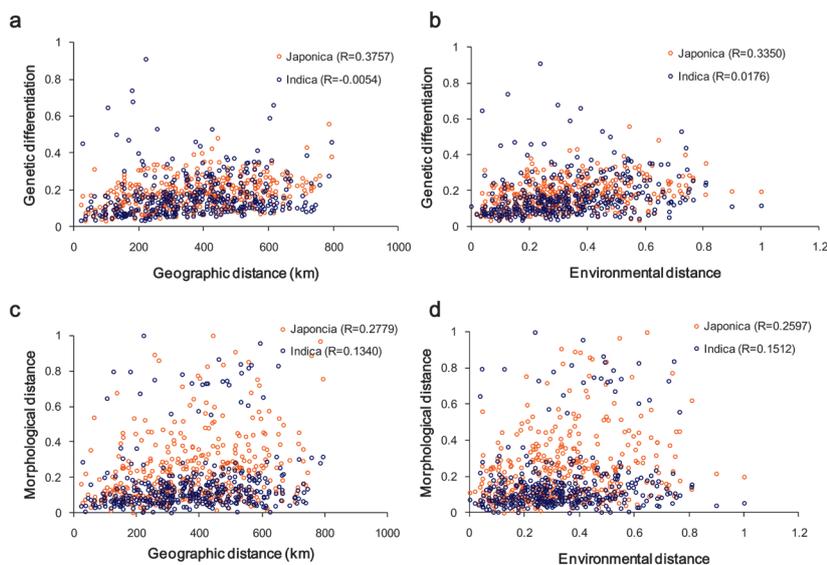
Email: hanlongzhi@caas.cn 电话: 010-62176784

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



亮点工作

水稻地方品种具有抗病虫性、抗逆性等诸多优异性状，是水稻种质资源的重要组成部分。目前云贵少数民族地区以农家保护方式仍然种植着水稻地方品种，阐明其遗传分化及影响因素对水稻地方品种的有效保护与利用具有重要意义。本研究利用 10 个目标基因和 48 个 SSR 标记对来自云南 28 个取样点的 594 个地方品种的遗传分化进行了研究，并对其中 108 份代表性样品进行了基因组重测序分析。研究表明，云南水稻地方品种遗传多样性在地理分布上存在较大差异，从南到北呈下降趋势。群体结构分析表明，水稻地方品种可明显分化为粳稻和籼稻两个亚群，在每亚群中，根据其地理来源进一步发生分化，分化为来自北部、南部和中部的三个小群。研究发现，粳稻亚群内部地理结构比籼稻亚群更明显。在粳稻群中，发现遗传分化和表型分化与地理距离密切相关，存在地理隔离模式；当控制了环境因素时，这种关系仍然非常显著，即基因流动与地理距离成反比。此外，基因流动也遵循环境隔离模式，即在相似的环境中基因流动更强。在籼稻（含南、北部群体）和粳稻（含南、北部群体）中分别鉴定到 314 和 216 个基因组差异化选择区段，体现了不同地理亚群的选择特征。此外，还研究发现有許多基因位点与环境因子显著相关，认为这些基因位点在水稻地方品种对当地环境适应性方面发挥重要作用。研究表明，地理隔离和环境异质对云南水稻地方品种的遗传分化具有重要影响，阐明了地理隔离和环境驱动的环境适应性导致有限的基因流是云南水稻地方品种遗传分化的主导因素。



云南地方稻种的地理隔离与环境隔离模式与不同地理来源群体的基因组选择信号

重要论著

Ruyu Tang, Di Cui, Jian Zhou, Wenju Li, Xiaoding Ma, Bing Han, Xiaohong Guo, Zhengwu Zhao, Longzhi Han. Comparative analysis of genetic diversity of rice (*Oryza sativa* L.) varieties cultivated in different periods in China. *Genet Resour Crop Evol*, 2021,68: 1439-1451.

Di Cui, Cuifeng Tang, Hongfeng Lu, Jinmei Li, Xiaoding Ma, Xinxiang A, Bing Han, Yayun Yang, Chao Dong, Feifei Zhang, Luyuan Dai and Longzhi Han. Genetic differentiation and restricted gene flow in rice landraces from Yunnan, China: effects of isolation-by-distance and isolation-by-environment. *Rice*, 2021,14:54.

Lina Zhang . Jianghong Tang . Di Cui . Cuifeng Tang . Xiaoding Ma . Xinxiang A . Bing Han . Guilan Cao . Zhengwu Zhao . Hee-Jong Koh . Longzhi Han. Identification of QTLs for cold tolerance at the booting and flowering stages in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 2021, 217: 214.

罗兰, 雷丽霞, 刘进, 张瑞华, 金桂秀, 崔迪, 黎毛毛, 马小定, 赵正武, 韩龙植. 利用东乡普通野生稻染色体片段置换系定位产量相关性状 QTL. *作物学报*, 2021, 47(7): 1408-1418.

农保选, 秦碧霞, 夏秀忠, 张宗琼, 杨行海, 曾宇, 谢慧婷, 李战彪, 韩龙植, 李丹婷. 栽培稻种质资源的南方水稻黑条矮缩病抗性鉴定评价. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(4): 939-950.

研究组成员

马小定 副研究员 崔迪 助理研究员
韩冰 助理研究员 曹桂兰 实验师

博士后

刘进

研究生

张立娜 刘春晖 王翠利 罗兰 沈航
鞠春燕 黄倩 程怡冰



SETARIA GENETIC RESOURCES

谷子基因资源

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资深首席。

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

Zhi H, He Q, Tang S, Yang J, Zhang W, Liu H, Jia Y, Jia G, Zhang A, Li Y, Guo E, Gao M, Li S, Li J, Qin N, Zhu C, Ma C, Zhang H, Chen G, Zhang W, Wang H, Qiao Z, Li S, Cheng R, Xing L, Wang S, Liu J, Liu J, Diao X. Genetic control and phenotypic characterization of panicle architecture and grain yield-related traits in foxtail millet (*Setaria italica*). *Theoretical and Applied Genetics*. 2021 Sep; 134(9):3023-3036.

He Q, Zhi H, Tang S, Xing L, Wang S, Wang H, Zhang A, Li Y, Gao M, Zhang H, Chen G, Dai S, Li J, Yang J, Liu H, Zhang W, Jia Y, Li S, Liu J, Qiao Z, Guo E, Jia G, Liu J, Diao X. QTL mapping for foxtail millet plant height in multi-environment using an ultra-high density bin map. *Theoretical and Applied Genetics*. 2021 Feb;134(2):557-572.

Wei Zhang, Hui Zhi, Sha Tang, Haoshan Zhang, Yi Sui, Guanqing Jia, Chuanyin Wu, Xianmin Diao. Identification of no pollen 1 provides a candidate gene for heterosis utilization in foxtail millet (*Setaria italica* L.). *Crop Journal*. 2021 May; ISSN 2214-5141.

Hussin SH, Wang H, Tang S, Zhi H, Tang C, Zhang W, Jia G, Diao X. SiMADS34, an E-class MADS-box transcription factor, regulates inflorescence architecture and grain yield in *Setaria italica*. *Plant Mol Biol*. 2021 Mar;105(4-5):419-434.

Zhang H, Tang S, Schnable JC, He Q, Gao Y, Luo M, Jia G, Feng B, Zhi H and Diao X (2021) Genome-Wide DNA Polymorphism Analysis and Molecular Marker Development for the *Setaria italica* Variety “SSR41” and Positional Cloning of the *Setaria* White Leaf Sheath Gene SiWLS1. *Front. Plant Sci*. 12:743782.

代表性知识产权

CN110386967B, 与植物雄性育性相关的蛋白 SiMS1 及其编码基因与应用

CN110407921B, 来源于谷子的植物籽粒发育相关蛋白 SGDW1 及其编码基因和应用

CN109956996B, 一种谷子产量相关蛋白 SiAMP1 及其编码基因与应用

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

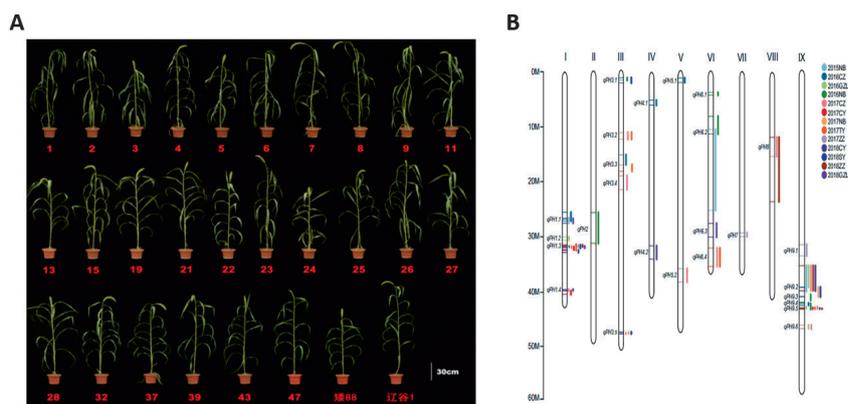
吴红坡 贺强 赵志英

研究生

王海龙 唐婵娟 孟强 张伟 张仁梁
张林林 张卉 张慧 满欣雨 桑璐曼
杨宝兰 梁红凯 袁迪 姚琦 王彦楠
张诗慧 庞建周

亮点工作

“矮 88”是谷子中矮秆育种的骨干亲本，目前已经利用矮 88 为亲本培育出的 100 多个谷子新品种，实现了谷子株高平均减低 0.33-1.36 米，增强了谷子的抗倒伏性，使谷子生产适应机械化收获，提供工作效率 20 倍以上。本课题组通过利用“矮 88 × 辽谷 1”RIL 群体的多年多点表型鉴定，将表型数据和高覆盖测序基因型数据整合，利用连锁分析发掘出控制谷子株高的 15 个新的 QTL，探明了三个主效 QTL *qPH1.3*, *qPH9.2* 和 *qPH9.5*，明晰了单一主效 QTL 和不同组合的量化育种改良效应；克隆了 *qPH1.3* 的矮秆基因 *SiGA2ox1* (*Dwarf5*)，开发了主效位点分子标记。同时，发现了多个矮 88 产量性状加性效应位点，开发出短穗颈基因 *Seita.9G064000* 的分子标记。



“矮 88”株高控制关键位点的定位与传递效应分析

A. “矮 88”衍生品种的株高及株型；B. “矮 88”来源株高 QTLs 的位置

BUCKWHEAT GENETIC RESOURCES

荞麦基因资源

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：荞麦属植物种质资源调查搜集、鉴定评价及新种质创制；荞麦关键农艺和品质性状遗传机制解析与育种利用；荞麦杂种优势研究与新品种选育。

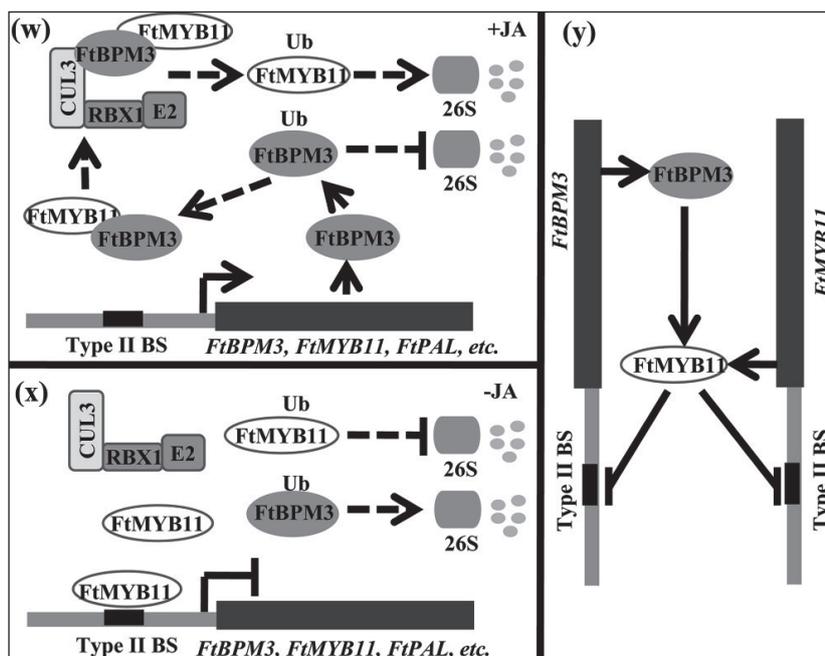
Email: zhoumeiliang@caas.cn 电话: 010-82106368

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



亮点工作

苦荞富含黄酮类次生代谢物，前期研究发现茉莉酸可以诱导 MYB 转录因子通过 26S 蛋白酶体途径降解，从而调控苦荞黄酮类物质的积累。但是这些 MYB 转录因子的降解机理还不清楚。通过对苦荞黄酮类物质山奈酚 -3-O- 芸香糖苷进行全基因组关联分析，发现 E3 泛素连接酶 FtBPM3 与山奈酚 -3-O- 芸香糖苷含量显著相关。进一步分析发现茉莉酸可以提高 FtBPM3 的稳定性，诱导 FtBPM3 降解苦荞黄酮代谢通路中的转录抑制子 FtMYB11，从而提高黄酮合成。而缺少茉莉酸时，FtBPM3 稳定性减弱，FtMYB11 反过来结合 FtBPM3 基因的启动子来抑制 FtBPM3 的表达，防止 FtBPM3 的过度积累，从而减少黄酮的合成。植物茉莉酸信号通路的这种“乒乓”调节机制对植物适应性的精确调控十分必要，为培育高黄酮含量的苦荞品种提供了理论基础。



FtMYB11 与 FtBPM3 对苦荞黄酮合成的“乒乓”调节机制

重要论著

Mengqi Ding, Kaixuan Zhang, Yuqi He, Qian Zuo, Hui Zhao, Ming He, Milen I. Georgiev, Sang Un Park, Meiliang Zhou, FtBPM3 modulates the orchestration of FtMYB11-mediated flavonoids biosynthesis in Tartary buckwheat, *Plant Biotechnology Journal*, 2021,19: 1285-1287.

Yuqi He, Kaixuan Zhang, Milen I. Georgiev, Meiliang Zhou, Ubiquitin Proteins and the Orchestration of Transcription Factors Activity. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 2021, 40(4): 366-377.

Kaixuan Zhang, Yu Fan, Wenfeng Weng, Yu Tang, Meiliang Zhou, *Fagopyrum longistylum* (Polygonaceae), a new species from Sichuan, China, *Phytotaxa*, 2021, 482(2):173-182.

Mengqi Ding, Kaixuan Zhang, Yu Tang, Yu Fan, Junzhen Wang, Faliang Li, Keli Yang, Wen Wen, Meiliang Zhou. Newly discovered tetraploid *Fagopyrum homotropicum* in Tibet, China, *Phytotaxa*, 2021, 528(3):202-208.

代表性品种

苦荞，川荞 6 号，重庆非主要农作物品种鉴定

博士后

何铭 何毓琦

研究生

赵辉 范昱 陈诚 李世娟 卢翔
何佳悦 赖弟利 刘福 何凤康 珍
赵梦雨 陈媛媛 Rintu Jha
Nurul Huda



SETARIA GENETIC RESOURCES

食用豆类种质资源

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学位。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、小豆等基因组学、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>

重要奖项

中国食用豆类生产技术丛书，2020-2021 年度
神农中华农业科技奖科学普及奖

重要论著

Chenyu Wang, Rong Liu, Yujiao Liu, Wanwei Hou, Xuejun Wang, Yamei Miao, Yuhua He, Yu Ma, Guan Li, Dong Wang, Yishan Ji, Hongyan Zhang, Mengwei Li, Xin Yan, Xuxiao Zong, Tao Yang, Development and application of the Faba_bean_130K targeted next-generation sequencing SNP genotyping platform based on transcriptome sequencing, *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(10):3195-3207.

Ana M González, Jacqueline K Vander Schoor, Chao Fang, Fanjiang Kong, Jing Wu, James L Weller, Marta Santalla, Ancient relaxation of an obligate short-day requirement in common bean through loss of CONSTANS-like gene function, *Current Biology*, 2021, 31(8):1643-1652.

Li-xia Wang, Jie Wang, Gao-ling Luo, Xing-xing Yuan, Dan Gong, Liang-liang Hu, Su-hua Wang, Hong-lin Chen, Xin Chen, Xu-zhen Cheng, Construction of a high-density adzuki bean genetic map and evaluation of its utility based on a QTL analysis of seed size, *Journal of Integrative Agriculture*, 2021, 20(7):1753-1761.

Lei Wu, Yujie Chang, Lanfen Wang, Jing Wu, Shumin Wang, Genetic dissection of drought resistance based on root traits at the bud stage in common bean, *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(4):1047-1061.

Yujie Chang, Feifei Sun, Suli Sun, Lanfen Wang, Jing Wu, Zhendong Zhu, Transcriptome Analysis of Resistance to Fusarium Wilt in Mung Bean (*Vigna radiata* L.), *Frontiers in Plant Sciences*, 2021, 12:679629.

代表性品种

豌豆，中秦 3 号，国审

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	刘永辉	张金涛	公 丹
李建领	贾 龙	Md.M.Rahman		

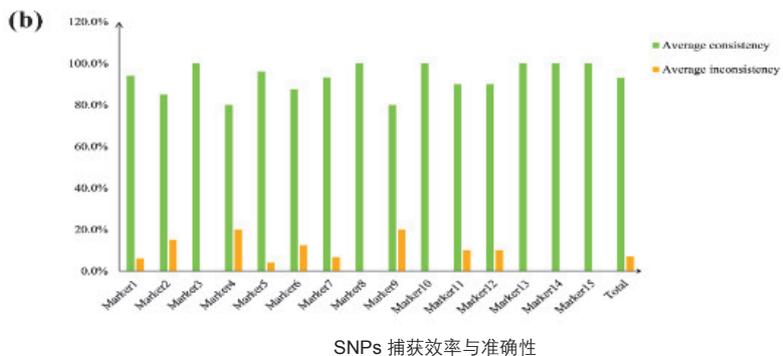
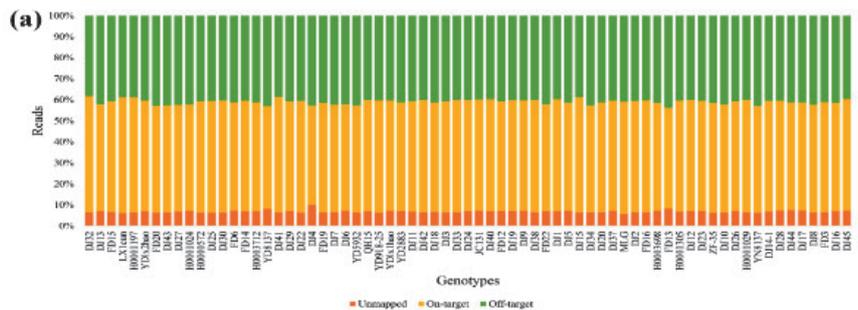
H.Md.Monoar

亮点工作

蚕豆 130K 液相基因芯片开发及应用。联合国内外多家单位，利用 102 份多样性的蚕豆种质资源的花与叶转录组数据，de novo 拼接注释 243,120 个 unigenes，检测到 1,579,411 个 SNPs，筛选确定 130,514 个多态性 SNP 标记，开发了 130K 蚕豆液相基因芯片。选取 69 份代表性蚕豆种质验证其捕获效率超过 90%，Sanger 验证其准确性超过 95% (图 1)。该研究为蚕豆种质精准鉴定及分子育种研究提供了有力基因分型工具，也为无参考和复杂基因组物种在基因组学方面的研究提供了很好的借鉴。

揭示普通菜豆光周期敏感性逐渐降低的分子机制。克隆了新的光周期基因 *PvCOL2*，对 800 多份普通菜豆种质资源光周期基因序列分析 (图 2) 表明：*COL2* 和 *PHYA3* 单倍型分布和频率说明普通菜豆的光周期适应性过程可分为两个阶段：*COL2* 功能缺失导致敏感度降低，随后通过 *PHYA3* 完全丧失敏感性。*COL2* 在 *PHYA3* 基因下游发挥作用，抑制 FT 基因的表达，可能与 *PvE1* 平行发挥作用。研究结果阐明了物候适应性的分子基础，并揭示了自然进化过程中的趋同效应。

绿豆种质资源耐盐评价及耐盐机制研究。建立并完善了绿豆苗期耐盐性鉴定评价方法，并筛选出高耐盐绿豆种质。分析了 ERF 在组织发育过程和非生物胁迫下的表达谱，*ERF055*、*ERF056* 和 *ERF112* 受干旱、高盐和 ABA 胁迫诱导，过量表达 *ERF112* 基因显著提高转基因拟南芥的抗旱耐盐性。



RICE FUNCTIONAL GENOMICS

水稻功能基因组学

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。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、中国农业科学院副院长。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。

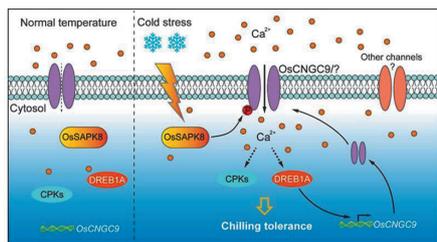
Email: wanjianmin@caas.cn 电话: 010-82105837

主页: http://wanjianmin.icscaas.com.cn



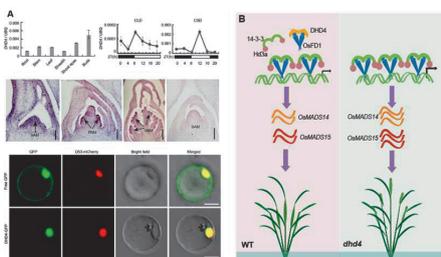
亮点工作

低温胁迫是影响植物生长、发育和地理分布的重要环境限制因素之一。细胞质中钙离子浓度的瞬时上升一直被认为是植物响应低温胁迫的早期核心事件之一, 但植物中负责调控这一过程的分子机制仍然未知。该团队前期研究发现, OsCNGC9 可以通过与类受体激酶互作正向调控水稻苗期稻瘟病抗性。在本研究中, 该团队发现 OsCNGC9 突变体 *cds1* 较野生型对低温胁迫更为敏感。研究表明, OsCNGC9 作为一个钙离子通道蛋白, 积极调控低温胁迫诱导的胞外钙离子内流、胞内钙离子浓度上升和低温胁迫相关的基因表达。进一步研究发现, 一个水稻低温信号转导途径中的关键蛋白激酶 OsSAPK8 可以与 OsCNGC9 互作, 通过将 OsCNGC9 磷酸化从而改变它的通道活性。此外, 在转录水平上, 低温诱导的 OsCNGC9 表达依赖于水稻低温胁迫相关的转录因子 OsDREB1A。实验证实, OsCNGC9 或 OsSAPK8 基因过表达均可以显著提高水稻对低温胁迫的抗性, 初步展现了 OsCNGC9 为中心的信号模块在水稻抗逆遗传改良中的潜在应用价值。



OsCNGC9调控水稻对低温响应的模式图

抽穗期是水稻的重要农艺性状之一, 决定水稻的地区适应性和产量。抽穗期微效基因的挖掘与功能研究, 对水稻品种抽穗期的精准改良具有重要意义, 但目前对水稻微效抽穗期基因的鉴定和利用报道较少。本团队通过筛选水稻转录因子过表达材料库, 鉴定到一个抑制水稻抽穗期的微效基因 *DHD4*。*dhd4* 敲除突变体除了抽穗期比野生型略早, 其他农艺性状株高, 分蘖, 产量等没有明显改变。分子、生化和遗传实验结果表明, DHD4 和 14-3-3 竞争性地与 OsFD1 互作, 从而影响 Hd3a-14-3-3-OsFD1 FAC 三蛋白复合体的形成, 导致 OsMADS14 和 OsMADS15 的表达水平降低, 最终延迟开花时间。该研究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。



水稻抽穗期基因DHD4的功能研究

重要论著:

Wang J, Ren Y, Liu X, Luo S, Zhang X, Liu X, Lin Q, Zhu S, Wan H, Yang Y, Zhang Y, Lei B, Zhou C, Pan T, Wang Y, Wu M, Jing R, Xu Y, Han M, Wu F, Lei C, Guo X, Cheng Z, Zheng X, Wang Y, Zhao Z, Jiang L, Zhang X, Wang Y-F, Wang H, and Wan J Transcriptional activation and phosphorylation of OsCNGC9 confer enhanced chilling tolerance in rice. Mol. Plant. 2021,14, 315-329.

Cai M, Zhu S, Wu M, Zheng X, Wang J, Zhou L, Zheng T, Cui S, Zhou S, Li C, Zhang H, Chai J, Zhang X, Jin X, Cheng Z, Zhang X, Lei C, Ren Y, Lin Q, Guo X, Zhao L, Wang J, Zhao Z, Jiang L, Wang H, and Wan J. DHD4, a CONSTANS-like family transcription factor, delays heading date by affecting the formation of the FAC complex in rice. Mol. Plant. 2021,14, 330-343.

Shirong Zhou, Shanshan Zhu, Song Cui, Haigang Hou, Haoqin Wu, Benyuan Hao, Liang Cai, Zhuang Xu, Linglong Liu, Ling Jiang, Haiyang Wang, Jianmin Wan Transcriptional and post-transcriptional regulation of heading date in rice. New Phytologist, 2021, 230: 943-956.

Juntao Chai, Shanshan Zhu, Chaonan Li, Chunming Wang, Maohong Cai, Xiaoming Zheng, Liang Zhou, Huan Zhang, Peike Sheng, Mingming Wu, Xin Jin, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Cailin Lei, Yulong Ren, Qibing Lin, Shirong Zhou, Xiuping Guo, Jie Wang, Zhichao Zhao and Jianmin Wan OsRE1 interacts with OsRIP1 to regulate rice heading date by finely modulating Ehd1 expression. Plant Biotechnology Journal, 2021, 19, 300-310.

代表性品种

水稻, 京粳 7 号, 国审
水稻, 京粳 8 号, 国审

代表性知识产权

ZL201910179386.X, 与植物株型相关的蛋白及其编码基因与应用
ZL201910179387.4, 一种水稻株型相关蛋白及其编码基因和应用

研究组成员

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

博士后

汪欲鹏

研究生

刘天珍	罗胜	董坤	刘鑫	王建
颜梦圆	张冰蕾	张瑾晖	岂长燕	冯淼
金鑫	李帅	闫文秀	张馨月	邢欣欣
万戈兴	杨文琨	寻子琦	常艳琦	陈煜
孙树君	王藩	巫明明	蔡茂红	荆若男
周春雷	周亮	尤世民	潘天	于鸣洲
王永飞	王启明	兰杰	雷斌	伍洪铭
雷德坤	包秀浩	张鹏程	张玉	季逸
缪荣	简安琪	孙琦		



RICE PLANT ARCHITECTURE

水稻株型基因解析

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

Jingjing Fang, Tingting Guo, Zhiwei Xie, Yan Chun, Jinfeng Zhao, Lixiang Peng, Syed Adeel Zafar, Shoujiang Yuan, Langtao Xiao and Xueyong Li, The URL1-ROCS-TPL2 transcriptional repressor complex represses the ACL1 gene to modulate leaf rolling in rice, *Plant Physiology*, 2021, 185(4):1722-1744.

Muhammad Uzair, Haixin Long, Syed Adeel Zafar, Suyash B Patil, Yan Chun, Lu Li, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Lixiang Peng, Shoujiang Yuan and Xueyong Li, Narrow Leaf21, Encoding Ribosomal Protein RPS3A, Controls Leaf Development in Rice, *Plant Physiology*, 2021, 186(1):497-518.

Lihua Liu, Mengmeng Ren, Peng Peng, Yan Chun, Lu Li, Jinfeng Zhao, Jingjing Fang, Lixiang Peng, Jijun Yan, Jinfang Chu, Yiqin Wang, Shoujiang Yuan, Xueyong Li, MIT1, encoding a 15-cis- ζ -carotene isomerase (Z-ISO), regulates tiller number and stature in rice, *Journal of Genetics and Genomics*, 2021, 48(1):88-91.

Mengmeng Ren, Minghan Huang, Haiyang Qiu, Yan Chun, Lu Li, Ashmit Kumar, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Hang He, Xueyong Li. Genome-wide Association Study of the Genetic Basis of Effective Tiller Number in Rice, *Rice*, 2021, 14:56.

Syed Adeel Zafar, Muhammad Uzair, Muhammad Ramzan Khan, Suyash B Patil, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Sneha Lata Singla-Pareek, Ashwani Pareek and Xueyong Li. DPS1 regulates cuticle development and leaf senescence in rice, *Food and Energy Security*, 2021;10:e273.

Yinglu Sun, Jinfeng Zhao, Suyash B. Patil, Jingjing Fang, Jun Liu, Xueyong Li. Improved dual luciferase reporter (DLR) assay to determine the protein stability, *Analytical Biochemistry*, 2021, 612:114021.

代表性知识产权

ZL201810474817.0, 水稻 MIS2 基因及其编码蛋白与应用

ZL201910620408.1, 水稻 DPS1 基因及其编码蛋白的应用

ZL 20201115105.3, 水稻 PAL1 基因及其编码蛋白与应用

研究组成员

李学勇 研究员 赵金凤 副研究员

房静静 副研究员

博士后

淳 雁

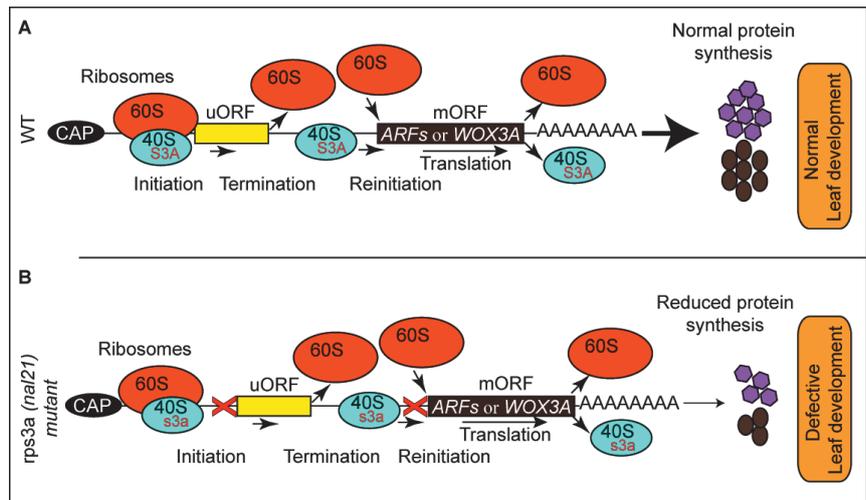
研究生

莫天宇 王天浩 苗 苗 Ashmit Kumar

Humphrey Mkumbwa

亮点工作

叶片是植物进行光合作用、呼吸作用和蒸腾作用的重要器官，也影响着植物的整体株型结构。其中，叶片宽度是叶片形态的重要指标，是一个由多基因控制的复杂数量性状。当前，部分调控水稻叶片宽度的基因已被克隆，如 NAL1、NAL2、NAL7、NAL9 和 NAL11 等。然而，叶片宽度调控的相关机制，特别是蛋白翻译水平上的调控仍有待研究。通过 EMS 诱变，获得了一个窄叶突变体 *nal21* (*narrow leaf 21*)。该突变体叶片大、小叶脉数目减少，叶片表皮细胞体积变小，细胞数目也减少，导致叶片变短变窄，同时该突变体对生长素的敏感性也降低。图位克隆表明，*NAL21* 编码一个核糖体小亚基蛋白 RPS3A。在 *nal21* 突变体中，游离的 40S 核糖体亚基显著减少，引起 80S 核糖体和多聚核糖体的含量也降低，导致多个在 5'-UTR 区具有上游开放阅读框 (uORF) 的生长素响应因子 (ARF) 的蛋白翻译效率降低，从而导致生长素调控的叶片细胞分裂和扩展受阻。进一步研究发现，RPS3A 还能在翻译水平上调控叶片侧向扩展关键转录因子 *OsWOX3A* (WUSCHEL-related homeobox 3A) 的表达。将 *OsARF11*、*OsARF16* 和 *OsWOX3A* 基因组 DNA 中的 uORF 定点缺失后能够比野生型基因组 DNA 更好地恢复 *nal21* 的窄叶表型，表明 RPS3A 可以通过 uORF 调节 ARFs 和 *WOX3A* 的翻译。总之，该项研究揭示了叶片发育过程中关键转录因子的适当翻译调控是维持叶片正常形态所必需的。



RPS3A 通过 uORF 介导的翻译调控叶片发育的模型

WHEAT GENE RESOURCES

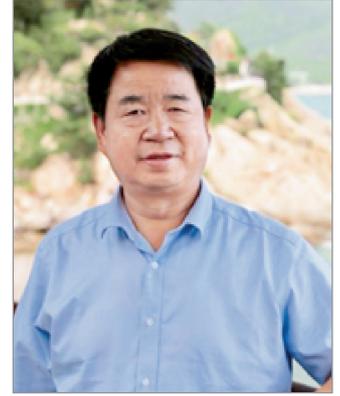
小麦基因资源挖掘与利用

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。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。

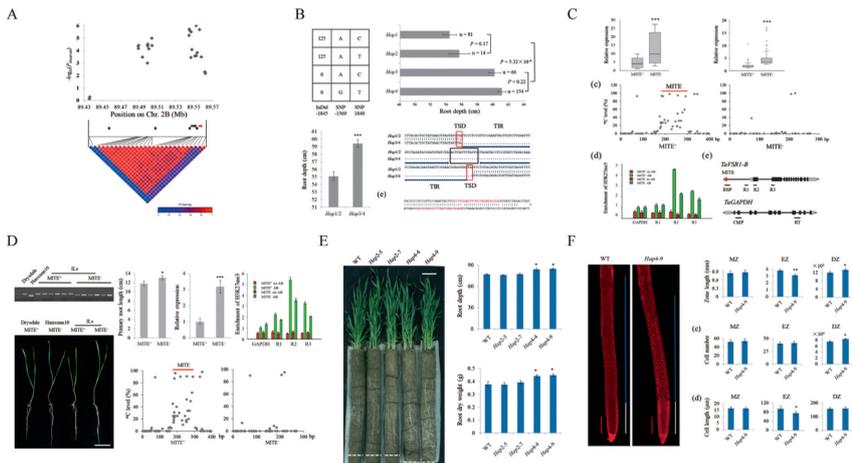
Email: zhangxueyong@caas.cn 电话: 010-82106695

主页: http://zhangxueyong.icascaas.com.cn

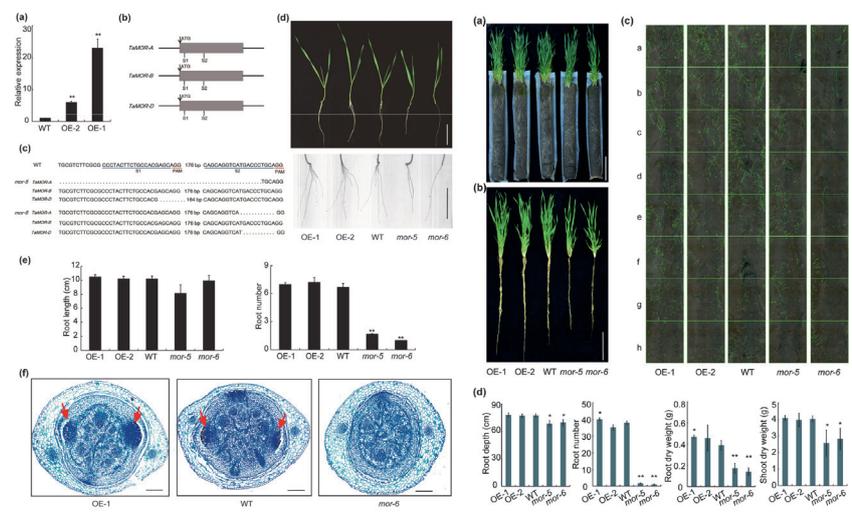


亮点工作

发现调控小麦孕穗期根系深度重要基因：液泡分选受体 TaVSR1-B。通过全基因组关联分析、突变体及转基因表型鉴定等方法，揭示了 TaVSR1-B 在控制根深方面的功能，并明确了与深根系相关的优异单倍型以及不同单倍型差异表达的分子机理。



揭示了小麦次生根起始关键基因 TaMOR 的功能及其调控机制，并鉴定了其与株高、根干重相关的优异单倍型，明晰了不同单倍型根干重差异的分子机理。TaMOR 与生长素应答因子 ARF5 互作共同激活生长素运输基因 PIN2 的表达。TaMOR-B 启动子区一个 MITE 插入导致附近区域 DNA 高度甲基化和 TaMOR-B 表达量的下降，从而使根数目和根干重降低。



重要奖项

小麦芽期和苗期耐盐性综合评价，领跑者 5000 中国精品科技期刊顶尖学术论文 -2020 年度 F5000 论文

重要论著

Wang ZW, Hao CY, Zhao J, Li C, Jiao CZ, Xi W, ... Zhang XY. Genomic footprints of wheat evolution in China reflected by a Wheat660K SNP array. *The Crop Journal*. 2021, 9 (1) : 29-41.

Wang JY, Li L, Li CN, Yang X, Xue YH, Zhu Z, Mao XG, Jing RL. A transposon in the vacuolar sorting receptor gene TaVSR1-B promoter is associated with wheat root depth at booting stage. *Plant Biotechnology Journal*. 2021, 19: 1456-1467.

Jia JZ, Xie YL, Cheng JF, Kong CZ, Wang MY, Gao LF, et al. Homology-mediated inter-chromosome interactions in hexaploid wheat lead to specific subgenome territories following polyploidization and introgression. *Genome Biology*, 2021, 22(1):26.

代表性知识产权

202110200247.8, TaDRS1 蛋白及其编码基因在调控小麦株高和粒形中的应用
 ZL 2018 1 1343752.2, 小麦 2B 染色体根系深度相关的 KASP 标记及其应用
 ZL 2018 1 1358580.6, 小麦 6B 染色体根系深度相关的 KASP 标记及其应用

研究组成员

- | | | | |
|-----|-------|-----|-------|
| 景蕊莲 | 研究员 | 孔秀英 | 研究员 |
| 赵光耀 | 研究员 | 高云峰 | 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 | 副研究员 | 侯健 | 副研究员 |
| 李超男 | 助理研究员 | 李龙 | 助理研究员 |
| 贾继增 | 研究员 | 昌小平 | 高级实验师 |
| 董珊珊 | 石瑞风 | 赵小雷 | 崔天号 |
| 刘兢 | 赵李 | 柳玉平 | 尹纪巧 |
| 李嘉璐 | 郑玲俐 | 徐五满 | 孙春慧 |

博士后

- 简超 刘盼 崔立操

研究生

- | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|
| 刘云川 | 赵静 | 李慧芳 | Uzm | 蒯玮 |
| 郝平安 | 刘淑娟 | 焦成智 | 司雪梅 | 张晓旭 |
| 庄蕾 | 曹丽娜 | 潘玉雪 | 张寅辉 | 张艳菲 |
| 朱范子 | 范子培 | 汪敏 | 杨丽丽 | 王晋萍 |
| 程昊 | 解振诚 | 朱婷 | 闫星 | 杨哲 |
| 陈耀宇 | 武丽芬 | 李晨 | 杨宇昕 | 董纯豪 |
| 李丹萍 | 崔国庆 | 曹展 | 吕宝莲 | 王唤唤 |
| 胡艳珍 | 王登可 | 孔垂正 | 严冬 | 李天豹 |



WHEAT PLANT ARCHITECTURE DISSECTION

小麦株型基因解析

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，第五届、六届国家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

Guanhua He, Yunwei Zhang, Pan Liu, Yexing Jing, Lichao Zhang, Yingfang Zhu, Xiuying Kong, Huixian Zhao, Yun Zhou and Jiaqiang Sun. (2021). The transcription factor TaLAX1 interacts with Q to antagonistically regulate grain threshability and spike morphogenesis in bread wheat. *New Phytologist* 230: 988-1002.

Baiqiang Yan, Zongju Yang, Guanhua He, Yexing Jing, Huixue Dong, Lan Ju, Yunwei Zhang, Yingfang Zhu, Yun Zhou and Jiaqiang Sun. (2021). The blue light receptor CRY1 interacts with GID1 and DELLA proteins to repress gibberellin signaling and plant growth. *Plant Communications* 2, 100245.

研究组成员

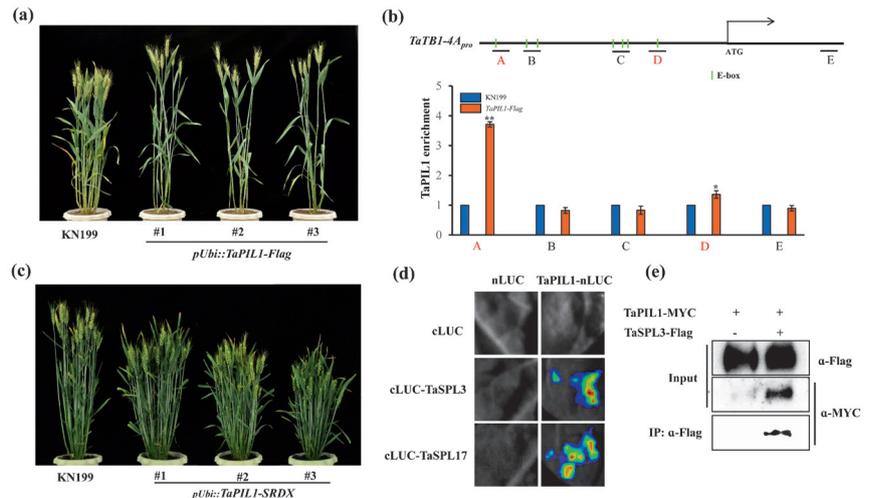
孙加强 研究员 张韞玮 助理研究员

研究生

何冠华 闫百蕾 董慧雪 荆叶醒
杨瑞珍 杨子怡

亮点工作

株型是决定小麦和水稻产量的重要农艺性状之一。该研究发现，在小麦中增加转录因子基因 *PIL1* 表达可显著降低分蘖数和增加株高，同时分蘖控制基因 *TB1* 的表达升高；相反，过表达人工融合转录因子 *PIL1-SRDX* 可以显著增加小麦分蘖数和降低株高，而 *TB1* 基因的表达受到抑制。进一步研究证明，*PIL1* 能够在转录水平直接激活 *TB1* 的表达。以上结果揭示了 *PIL1* 可能通过激活 *TB1* 基因的转录表达实现对小麦株型的调控。同时，在水稻中的研究也证实了 *PIL1* 可以通过影响 *TB1* 基因的表达来调控水稻株型。本研究揭示了 *PILs* 转录因子在调控小麦和水稻株型方面起着重要作用，并且证明其通过保守的分子机制来调控作物的株型，丰富了对小麦和水稻株型调控理论的认识，同时为作物株型遗传改良提供了重要理论依据和基因资源。



小麦 *PIL1* 转录因子通过激活 *TB1* 基因转录调控小麦株型

WHEAT EPIGENOMICS AND GENETIC IMPROVEMENT

小麦表观基因组学与遗传改良

路则府，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。2015-2019 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。现任 *The Plant Journal* 编委。

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.icascaas.com.cn://luzef>

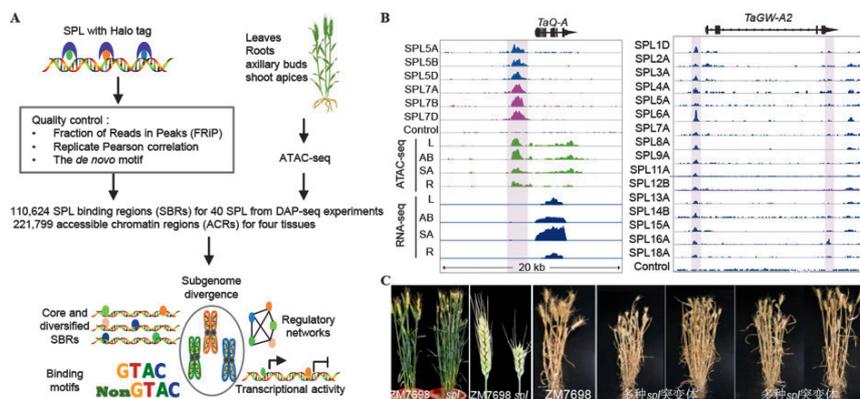


亮点工作

小麦是一个复杂起源的异源六倍体，转录因子及转录调控网络在植物生长发育及应对各种生物和非生物胁迫中具有关键作用。研究组采用 ATAC-seq、DAP-seq 以及 RNA-seq 等多组学手段，系统解析了小麦 AK58 中重要的 SPL 类转录因子家族 40 个成员的全基因组结合位点，发现 SPL 可能参与小麦很多重要农艺性状基因的表达调控，并且其低亲和力结合位点对小麦 SPL 的功能分化具有重要贡献。通过敲除 SPL 不同家族成员，获得了多个具有不同分枝数目，不同穗粒数等丰富农艺性状的小麦材料，为小麦改良提供了理论指导和基础材料。

干旱胁迫是威胁我国小麦产量和品质的重要因素，鉴定与干旱胁迫调控相关的关键基因或调控元件对品种改良具有重要意义。研究组和合作团队借助 ATAC-seq 和 RNA-seq 技术鉴定了小麦分蘖芽在干旱胁迫下的开放基因组和基因表达图谱，发现干旱条件下，小麦基因间区的染色质开放程度增加。还分析了抗旱响应中的重要转录调控因子，发现 bZIP、NAC 和 MYB 等广泛参与了小麦分蘖芽的干旱响应。过表达一个新的 MYB 转录因子的转基因小麦表现出分蘖变少、抗旱性增强的表型。该研究解析了小麦分蘖芽响应干旱的调控网络，为培育小麦抗旱品种提供了理论指导和材料支撑。

顺式调控序列是决定作物表型的关键功能元件，在作物驯化和改良中发挥重要作用。表观基因组学技术是挖掘和鉴定顺式调控序列的大规模高效手段。研究组已建立了植物 DAP-seq、ATAC-seq、HiC 以及组蛋白 ChIP-seq 等多种表观基因组学技术，并与国内多个单位（中科院遗传发育所、植物所，农科院基因组所、蔬菜所，首都师范大学，山东农业大学，河北农业大学等）建立合作，成功在小麦、水稻、玉米、谷子、白菜、番茄、马铃薯等多种植物上进行了应用。为解析植物重要生物学问题提供了表观基因组学的技术支撑。2021 年获得技术服务收入 48 万元。



小麦 SPL 转录因子家族调控网络的构建及应用

重要论著

Hao Tian, Yuru Li, Ce Wang, Xingwen Xu, Yajie Zhang, Qudsia Zeb, Johan Zicola, Yongfu Fu, Franziska Turck, Legong Li, Zefu Lu, Liangyu Liu Photoperiod-responsive changes in chromatin accessibility in phloem-companion and epidermis cells of Arabidopsis leaves *The Plant Cell*, 2021, 33(3): 475-491.

博士生

裴洪翠

研究生

张佳琳 李雨珊 刘衍宏



WHEAT MOLECULAR GENETICS

小麦抗逆分子育种

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：植物抗逆基因工程，主要开展重要基因克隆与功能解析，小麦抗逆分子育种研究。

Email: mayouzhi@caas.cn 电话: 010-82108789

主页: <http://mayouzhi.icscaas.com.cn>

重要论著

Luo J, Li S, Xu J, Yan L, Ma Y, Xia L. Pyramiding favorable alleles in an elite wheat variety in one generation by CRISPR-Cas9-mediated multiplex gene editing. *Mol Plant*. 2021 Jun 7;14(6):847-850.

Liu P, Zhang X, Zhang F, Xu M, Ye Z, Wang K, Liu S, Han X, Cheng Y, Zhong K, Zhang T, Li L, Ma Y, Chen M, Chen J, Yang J. A virus-derived siRNA activates plant immunity by interfering with ROS scavenging. *Mol Plant*. 2021 Jul 5;14(7):1088-1103.

Li J, Jiao G, Sun Y, Chen J, Zhong Y, Yan L, Jiang D, Ma Y, Xia L. Modification of starch composition, structure and properties through editing of TaSBEIIa in both winter and spring wheat varieties by CRISPR/Cas9. *Plant Biotechnol J*. 2021 May;19(5):937-951.

Yu TF, Liu Y, Fu JD, Ma J, Fang ZW, Chen J, Zheng L, Lu ZW, Zhou YB, Chen M, Xu ZS, Ma YZ. The NF-Y-PYR module integrates the abscisic acid signal pathway to regulate plant stress tolerance. *Plant Biotechnol J*. 2021 Dec;19(12):2589-2605.

Bai X, Zhan G, Tian S, Peng H, Cui X, Islam MA, Goher F, Ma Y, Kang Z, Xu ZS, Guo J. Transcription factor BZR2 activates chitinase Cht20.2 transcription to confer resistance to wheat stripe rust. *Plant Physiol*. 2021 Dec 4;187(4):2749-2762.

Chen K, Su C, Tang W, Zhou Y, Xu Z, Chen J, Li H, Chen M, Ma Y. Nuclear transport factor GmNTF2B-1 enhances soybean drought tolerance by interacting with oxidoreductase GmOXR17 to reduce reactive oxygen species content. *Plant J*. 2021 Aug;107(3):740-759.

研究组成员

陈明 研究员 徐兆师 研究员
陈隽 副研究员 周永斌 助理研究员

博士后

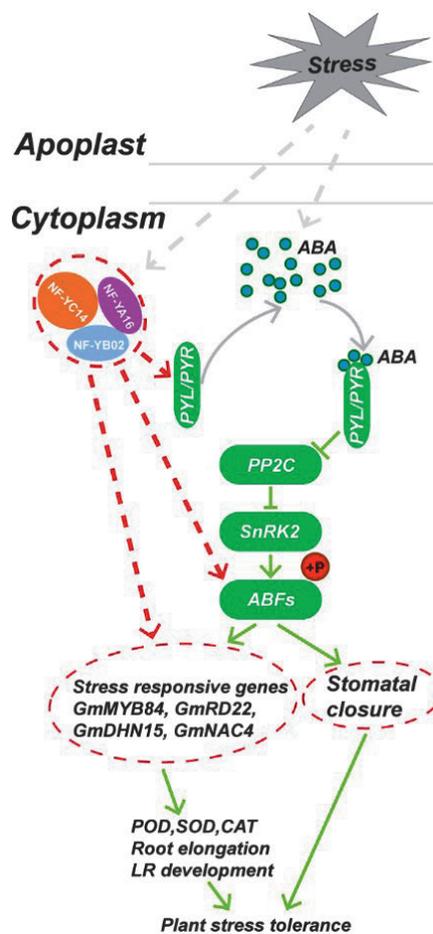
于太飞 唐文思 郑雷 陈凯

研究生

罗明昭 鹿志伟 侯泽豪 魏霁桐 李鑫
焦元辰 郭冬冬 李宜统 李颖 赵尚
何章 史华伟 徐幸 白彦明 王道平
张美珊 王超 孔亚楠 王艺璇 张慧娟
严吉吉 黄五州 王玉龙 郭佳庆 李培华

亮点工作

干旱和盐胁迫严重影响植物的发育，导致作物产量损失重大。然而，由于抗逆性状的复杂性以及产量影响因素的多样性，致使作物性状的改良面临着巨大的挑战。植物脱落酸 (ABA) 信号途径在植物抗逆过程中发挥着重要作用。近年来研究发现植物核因子 Y (NF-Y) 转录因子在胚胎形成、光合作用、根的生长、开花时间调控、逆境胁迫响应等诸多方面起重要作用。然而，关于 NF-Y、ABA 与植物抗逆性之间的关系目前尚不清楚。本团队从大豆中筛选到一个 NF-Y 转录因子 C 亚基成员 GmNF-YC14。研究发现，大豆 GmNF-YC14 与 GmNF-YB2/GmNF-YA16 能够形成异源三聚体，激活 GmPYR1 介导的 ABA 信号通路来调节大豆的耐逆性。另外，CRISPR/Cas9 产生的 GmNF-YC14 敲除突变体比野生型大豆植株对干旱更敏感。田间试验表明，在大豆中过表达 GmNF-YC14 或 GmPYR1 可以增强大豆的抗旱能力，且转基因大豆在干旱条件下表现出单株产量提高以及籽粒饱满度和茎基部周长增加。综上所述，该研究扩大了对植物 NF-Y 转录因子功能的认知，并提出了有关植物中 ABA 信号通路整合的重要问题，揭示了 NF-Y-PYR 模块在调控大豆干旱和盐胁迫中的分子机制，对于培育抗逆大豆品种具有重要意义。此外，GmNF-YC14 和 GmPYR1 基因在提高大豆植株耐逆性方面具有潜在的应用前景。



大豆 NF-Y 转录复合体调控植物抗逆模式图

GENE EDITING AND CREATION OF NOVEL GERMPLASM

基因编辑与新材料创制

夏兰琴，二级研究员，博士生导师，作物精准育种创新团队首席。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

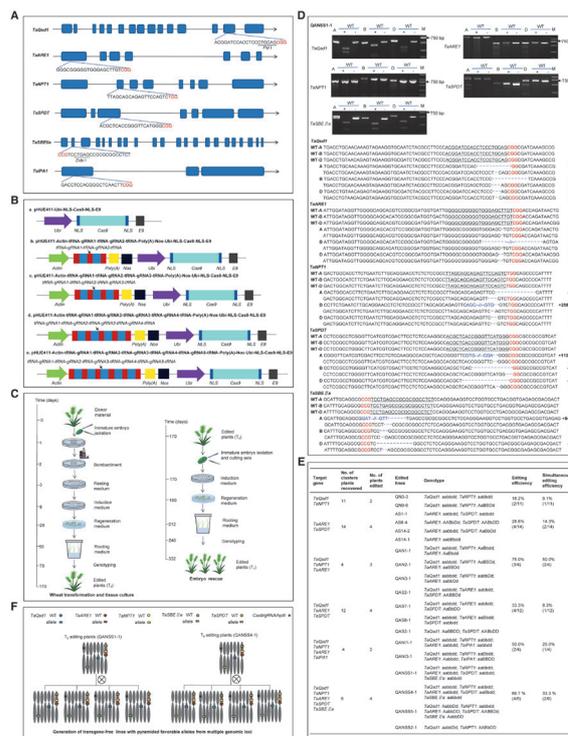
主页: http://xialanqin.icascaas.com.cn



亮点工作

利用多基因编辑技术获得一代聚合多个优异等位基因的小麦新种质。由于小麦的基因功能冗余和多倍体特性，利用常规育种方法，对多个基因控制的复杂农艺性状进行遗传改良，耗时费力、周期长、效率低。目前，CRISPR/Cas9 系统介导的基因编辑技术，已广泛应用于农作物功能基因组研究和作物遗传育种改良。但由于小麦为异源六倍体、基因组比较大且背景复杂，遗传转化效率相对较低，目前仍然缺乏高效的小麦多基因编辑体系。

本研究，利用 CRISPR/Cas9 系统和多顺反子 tRNA 自剪切体系，以目前黄淮麦区大面积推广种植的冬小麦品种郑麦 7698 为受体材料，开发了一种高效、通用的多基因编辑技术。以穗发芽抗性相关 (TaQsd1)、氮吸收利用 (TaARE1)、株型 (TaNP1、TaIPA1)、支链淀粉合成 (TaSBE II a) 和磷转运 (TaSPDT) 六个基因作为靶基因，分别构建同时靶向 2 个、3 个、4 个和 5 个基因组合的多基因编辑载体。该载体由水稻组成型启动子 Actin 驱动表达多个串联排列的 tRNA-gRNAs 单元，并且添加了具有增强转录本稳定性的 PolyA 结构和 Nos 终止子终止表达。将上述多基因编辑载体通过转化郑麦 7698，获得了 2、3、4、5 个基因在 15 个基因组位点编辑的植株，最高编辑效率可达 50%。进一步通过胚拯救和后代分离，在 T1 代中成功获得了无转基因、多个优异等位基因聚合的小麦新种质。小麦高效、通用多基因编辑体系的建立，将有助于促进小麦分子生物学研究和复杂性状形成的网络解析，定向创制小麦新种质，加速育种进程。



CRISPR/Cas9 介导的小麦多基因编辑，获得聚合多个优异等位基因的小麦新种质

重要论著

Luo JM, Li SY, Xu JJ, Yan L, Ma YZ, Xia LQ. (2021). Pyramiding favorable alleles in an elite wheat variety in one generation by CRISPR/Cas9-mediated multiplex gene editing. *Molecular Plant*, 14: 847-850.

Li JY, Jiao GA, Sun YW, Chen J, Zhong YX, Yan L, Jiang D, Ma YZ and Xia LQ. (2021). Modification of starch composition, structure and properties in both winter and spring wheat varieties through CRISPR/Cas9. *Plant Biotechnology Journal*, 19 : 937-951.

Zhang JH, Zhang HT, Li SY, Li JY, Yan L, Xia LQ. (2021). Increasing yield potential through manipulating of an ARE1 ortholog related to nitrogen use efficiency in wheat by CRISPR/Cas9. *Journal of Integrative Plant Biology*, 63: 1649-1663.

Xia LQ, Wang KJ, Zhu JK. (2021). The power and versatility of genome editing tools in crop improvement. *Journal of Integrative Plant Biology*, 63: 1591-1594.

Li SY, Zhang C, Li JY, Yan L, Wang N, Xia LQ. (2021). Present and future prospects for wheat improvement through genome editing and advanced technologies. *Plant Communication*, 2, 100211.

代表性知识产权

PCT/CN2016/077337, System for site-specific modification of ALS gene using CRISPR-Cas9 system for production of herbicide-resistant rice and use of same

ZL201810217936.8, LbCpf1-RR 突变体用于 CRISPR/Cpf1 系统在植物基因编辑中的应用

ZL201810385845.5, 一种 CRISPR/Cpf1 系统介导的以 RNA 转录本为修复模板的同源重组方法

ZL202010098739.6, 一种通过基因组编辑提高水稻抗病性的方法及其使用的 sgRNA

ZL201911058387.5, 一种通过基因组编辑提高小麦抗性淀粉含量的方法及其技术体系

研究组成员

和王兵 副研究员 闫磊 助理研究员
张臣 助理研究员

博士生

李少雅 李晶莹 陈继林

研究生

张佳慧 李慧园 田金福 张春光 李玉才
钟雪 罗金满 徐佳亮 曹明新 田成立
张华婷 朱紫薇 王文学

MAIZE MOLECULAR GENETICS

玉米分子遗传改良



付俊杰, 研究员, 博士生导师。2008 年于中国农业大学获得理学博士学位。2008 年到 2010 年在德国霍恩海姆大学从事博士后研究。

研究方向: 以玉米等作物为遗传材料, 结合基因组学、生物信息学、数据科学等技术手段在系统水平上解析复杂农艺性状的遗传网络, 完善基于基因组信息的复杂性状预测模型, 促进基因组辅助育种的应用。在技术方面特别关注“遗传大数据”分析过程中的关键计算技术/难题。

Email: fujunjie@caas.cn 电话: 010-82106846

主页: <http://fujunjie.icscaas.com.cn>

重要论著

Quanquan Chen, Jie Zhang, Jie Wang, Yuxin Xie, Yu Cui, Xuemei Du, Li Li, Junjie Fu, Yunjun Liu, Jianhua Wang, Guoying Wang, Riliang Gu, Small kernel 501 (*smk501*) encodes the RUBylation activating enzyme E1 subunit ECR1 (E1 C-TERMINAL RELATED 1) and is essential for multiple aspects of cellular events during kernel development in maize, *New Phytologist*, 2021, 230(6):2337-2354.

Kaijian Fan, Zhenjing Ren, Xiaofeng Zhang, Yan Liu, Junjie Fu, Chunlai Qi, Wurinile Tatar, Allan G. Rasmusson, Guoying Wang, Yunjun Liu, The pentatricopeptide repeat protein EMP603 is required for the splicing of mitochondrial *Nad1* intron 2 and seed development in maize, *Journal of Experimental Botany*, 2021, 72:6933-6948.

Hongwei Zhang, Yantian Lu, Yuting Ma, Junjie Fu, Guoying Wang, Genetic and molecular control of grain yield in maize, *Molecular Breeding*, 2021, 41:18.

研究组成员

付俊杰 研究员 王国英 研究员
郑 军 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

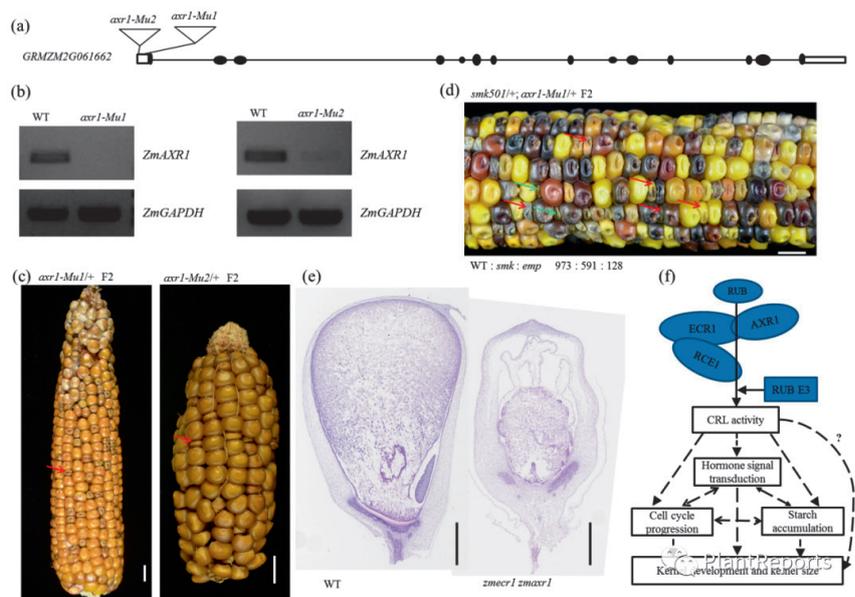
王逸茹 任珍静

研究生

卢嘉雯 王晓丽 韩明芳 张 松 李梦瑶
邵 婧 甄斯涵 王哲远 陈卫卫 李 健
杨宗莹 王琪琪 王小东 闫静怡 陈志峰
秦 阳 何田利 李 瑞 乌日尼勒
齐春来 杜 瑶 魏倩涵 贾思年 张肖逢
杨 媛 刘亚苹 高 歌 陆晏天 杨 悦
徐卓伊 鲍润灏 马育庭

亮点工作

种子发育是高等植物完成世代繁衍和粮食作物获取高产和高品质的关键过程。本研究从一个玉米小粒突变体 *smk501* 中克隆了编码 RUB 活化酶 E1 亚基的 *ZmECR1* 基因, 发现其 mRNA 在叶原基、顶端分生组织等具有较高的细胞增殖活性的组织中大量存在。转录组和蛋白质组图谱、激素水平分析和细胞增殖观察表明, *ZmECR1* 突变主要影响籽粒发育过程中的激素信号转导、细胞周期进程和淀粉积累。酵母双杂、荧光素酶和双分子荧光互补实验结果显示, *ZmECR1* 能够同时与两个 RUB E1 异源二聚体酶成分 (*ZmAXR1* 和 *ZmRCE1s*) 互作, 但截短 *ZmECR1* 只与 *ZmAXR1* 发生互作, 且两者互作存在特异性。通过分析两个 *ZmAXR1* 插入突变体 *axr-Mu1* 和 *axr-Mu2* 的表型, 发现其产生的小籽粒表型与 *smk501* 相似, 且 *zmecr1 zmamaxr1* 双突表现为空果皮籽粒表型。该研究为解析单子叶种子发育机理提供了新思路。



zmamaxr1 突变体和 *zmecr1 zmamaxr1* 双突籽粒表型展示, 及 ECR1、AXR1 调控玉米籽粒发育的机制模型

SOYBEAN FLOWERING CONTROL

大豆花期调控

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



亮点工作

精细调节成花素的表达显著提高大豆产量。我们发现成花素不仅调节植物开花，而且调控大豆的营养生长，包括叶片细胞的生长发育、叶绿体发育、光合作用。精细调节成花素的表达量，可以显著提高大豆光合效率，从而提高大豆在实验室和田间的产量；并且实验材料在不同地区的产量增幅在 7.2%-24.2% 之间。

筛选获得品质性状改良的转基因大豆新材料 G3。研究发现大豆 *GmGRF5* 基因的过表达会促进植株和叶片生长，其叶片的叶绿体片层结构更丰富、光合效率增强。进一步通过中间试验在田间筛选到一份品质性状优异的转基因大豆新材料 G3，该材料种子中的蛋白质含量与对照天隆 1 号相比提高 1.5 个百分点，百粒重增加 3.5%，小区产量增产 5.2%。创制新材料的同时，本实验室也对 *GmGRF5* 调控大豆光合作用及品质的机理进行解析，筛选到相关的 *GmGRF5* 下游靶基因。

阐明核膜孔蛋白 Nup96 调节开花的新机制。我们发现核膜孔的 Y-亚复合物各个成员协同参与 *FLC* 位点的表观修饰过程，并以其中的 Nup96 为重点进行深入分析。Nup96 与泛素连接酶 HOS1、染色质组蛋白表观修饰的复合物成员 HDA6 和 FVE、组蛋白 H2A.Z、RNA 聚合酶 II 等蛋白互作，并且与 HOS1、HDA6 的互作发生在核膜上；这种互作改变了 *FLC* 染色质的表观修饰和表达水平，从而调节开花时间。据此，我们提出假说，Nup96 通过 HOS1 介导与 HDA6 互作，调节 *FLC* 染色质的表观修饰和表达，调控开花时间。研究结果为进一步深入阐明植物开花机制提供新的理论基础，并为作物花期、熟期的调控提供了新的线索。

重要论著

Xu, K., Zhang, X.M., Chen, H., Zhang, C., Zhu, J., Cheng, Z., Huang, P., Zhou, X., Miao, Y., Feng, X., and Fu, Y.F. Fine-Tuning Florigen Increases Field Yield Through Improving Photosynthesis in Soybean. *Frontiers in Plant Science*. 2021, 12: 710754.

代表性知识产权

ZL202110540173.2, 大豆油菜素内酯合成酶基因 GmDET-1 和 GmDET-1 及其编码蛋白与应用
ZL202110185231.4, 大豆分生组织基因 GmWUS2 及其在根瘤发育中的应用

研究组成员

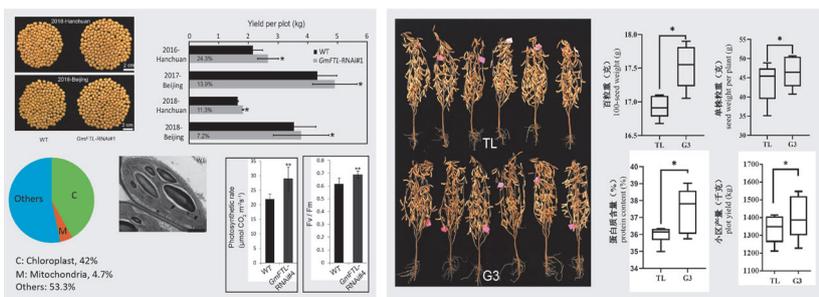
张晓玫 副研究员

博士后

程志远

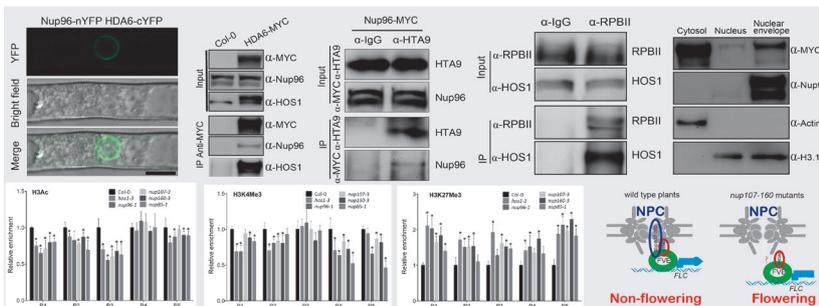
研究生

黄鹏辉 孙慧宇 渠可心 韩露 张明霞
吴靓 董蕊 伍慧琳 李青遥 李相葆



A: *GmFTL-RNAi* 通过增强光合作用提高大豆产量

B: G3大豆具有高产、高蛋白特性



C: 核孔蛋白Nup96通过HOS1介导与HDA6互作，改变*FLC*染色质的表观修饰和表达，调控开花时间

利用分子育种技术，改变花期基因的特异表达，提高大豆产量和品质



WHEAT BIOINFORMATICS

小麦生物信息学

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>

重要论著

Sun Y, Zhao J, Patil SB, Fang J, Liu J, Li X. Improved dual luciferase reporter (DLR) assay to determine the protein stability. *Anal Biochem.* 2021, 612:114021.

Lyu M, Liu H, Waititu JK, Sun Y, Wang H, Fu J, Chen Y, Liu J, Ku L, Cheng X. TEAseq-based identification of 35,696 Dissociation insertion mutations facilitates functional genomic studies in maize. *J Genet Genomics.* 2021, 48(11):961-971.

Wei Z., Abdelrahman M., Gao Y., Ji Z., Mishra R., Sun H., Sui Y., Wu C., Wang C., and Zhao K. Engineering Broad-Spectrum Resistance to Bacterial Blight by CRISPR/Cas9-Mediated Precise Homology Directed Repair in Rice. *Mol. Plant.* 2021, 14(8):1215-1218.

石添添, 高英, 王欢, 刘君. 细胞核质转运及其受体在植物抗病防御反应中的调控作用. *植物学报*, 2021, 56(4): 480-487.

代表性知识产权

一种便携式 96 孔超顺纳米磁珠操作仪, 中国实用新型专利, ZL202021400342.X. 一种底部侧吸式磁力架, 中国实用新型专利, ZL202021917582.7.

研究组成员

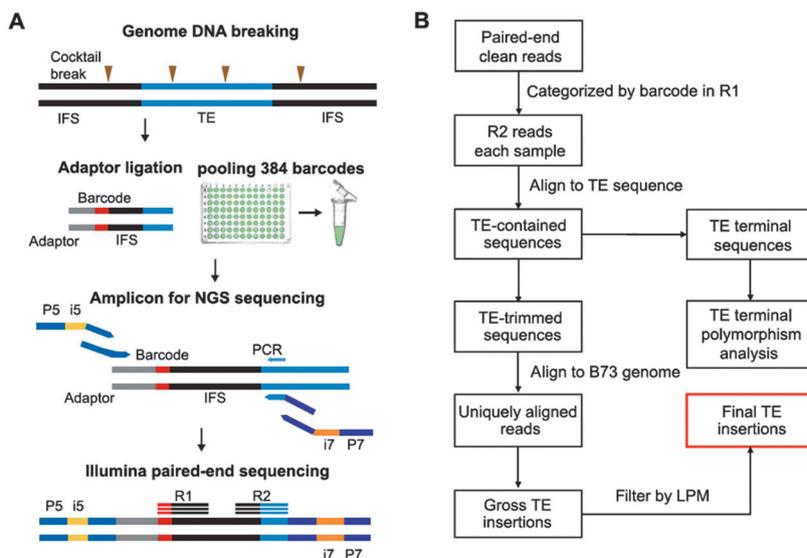
高英 副研究员 程溪柳 副研究员

研究生

石添添 满欣雨 刘远航 王芮 徐安迪 雒蓉

亮点工作

对育种技术体系的关键环节开展创新, 设计制造了高效、低成本核酸提取仪器套装和配套试剂盒, 解决了育种过程中大群体材料分子检测费时耗力的困难问题。其中“便携式 96 孔超顺磁纳米磁珠分离仪”及配套“一种上吸式钢珠分装器”为国内外首创, 依托重大平台中心与天根开展研企合作进行产品“Magnetic 96 Plant Genomic DNA Kit/ 磁珠法 96 通道植物基因组 DNA 提取试剂盒”(目录号 DP706) 的推广销售, 依托重大平台中心, 先后培训使用人员 100 余名、使用单位 30 余家, 获得服务收入 500 余万元; 研发了“连接子 lig-seq”及其衍生的“TEA-seq”NGS 建库测序技术, 应用于多类型、不同密度的基因组标记群开发及标记高效鉴定, 目前已实现了规模化检测, 与企业联合开展优质小麦等作物的检测技术开发, 为高品质酿酒禾谷类作物的筛选提供全基因组水平优选方案, 累计实现转化收入超过 60 余万元。



TEAseq library construction strategy and TE identification pipeline.

A NGS library construction workflow of TEAseq. The brown triangles represent the restriction sites in the genome. Adaptors with 5e10 bp barcodes (red) were added to the end of the DNA fragments. TE-IFS chimeric for NGS sequencing were amplified with primers containing TE-specific sequences. The final library contains barcodes in R1 reads and Ds terminal-flanking sequences in R2 reads. B The identification pipeline of Ds insertion sites.

RICE MOLECULAR GENETICS

水稻分子育种

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* 责任编辑, *Frontiers in Plant Science* 植物育种领域副主编, 作物学报常务编委。研究方向: 水稻种质资源高产、抗旱、耐盐碱、耐冷、抗病虫、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, 优质绿色性状新种质创制, 优质绿色超级稻新品种培育。

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

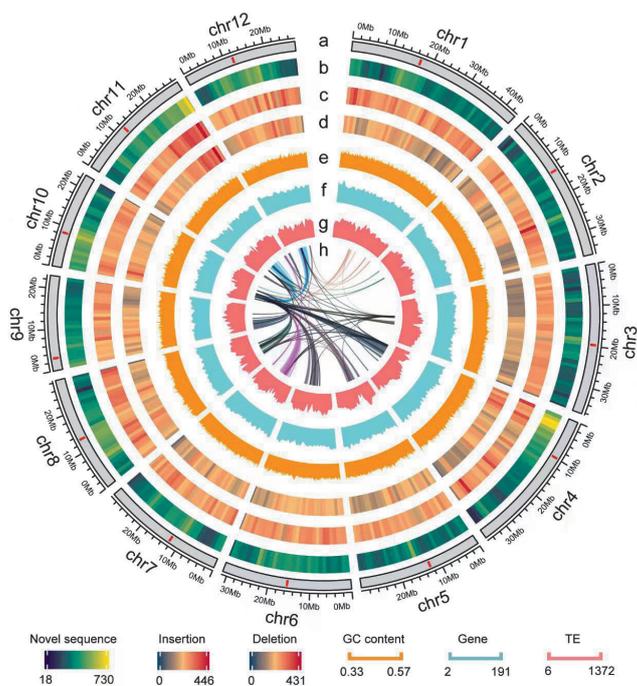
主页: <http://xujianlong.icscaas.com.cn>, http://www.rmbreeding.cn/profile/Jian-Long_Xu.htm



亮点工作

构建高质量水稻泛基因组。泛基因组的构建和基因存在-缺失变异 (PAVs) 分析是基因组研究的新热点。利用 111 份代表性水稻资源的二代和三代全基因组测序数据, 构建了高质量水稻泛基因组, 获得了 9 个代表性水稻群体的高质量参考基因组, 其中包括 5 个无缺 (gapless) 水稻基因组。相比由 3000 份水稻种质资源二代测序数据构建的泛基因组, 该研究构建的高质量泛基因组更加完整, 包含 879 Mb 的非冗余新序列, 涉及 19,319 个新的蛋白质编码基因, PAVs 假阳性率更低。此外, 检测到 14,471 个 PAVs 与多个农艺性状的显著关联, 表明基因 PAVs 对水稻表型变异可能具有重要贡献。该研究获得的高质量水稻基因组、泛基因组和基因 PAVs 等资源, 有利于促进水稻功能基因组研究, 同时有助于深度挖掘基因组变异和优良基因, 对培育突破性的水稻新品种具有重要意义。

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两系光温敏不育系春 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 9 两优华占通过湖北省早熟中籼直播审定, 该品种两年区域试验平均亩产 647.40 公斤, 比对照黄华占增产 11.51%。生产试验平均亩产 663.87 公斤, 比对照黄华占增产 10.45%。春 9 两优粤新油占和春 9 两优 0822 进入长江中下游中籼生产试验。中农粳 861 通过黑龙江省二积温带晚熟组审定。



基于 111 份水稻材料构建的高质量泛基因组特征

重要论著

- F Zhang, C Wang, M Li, Y Cui, Y Shi, Z Wu, Z Hu, W Wang, J Xu, Z Li, The landscape of gene-CDS-haplotype diversity in rice: Properties, population organization, footprints of domestication and breeding, and implications for genetic improvement. *Molecular Plant*, 2021, 14: 787-804.
- F Zhang, Z Hu, Z Wu, J Lu, Y Shi, J Xu, X Wang, J Wang, F Zhang, M Wang, X Shi, Y Cui, C Cruz, D Zhuo, D Hu, M Li, W Wang, X Zhao, T Zheng, B Fu, J Ali, Y Zhou, Z Li, Reciprocal adaptation of rice and *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*: cross-species 2D GWAS reveals the underlying genetics. *The Plant Cell*, 2021, 33: 2538-2561.
- F Zhang, Y Shi, J Ali, J Xu, Z Li, Breeding by selective introgression: Theory, practices, and lessons learned from rice. *The Crop Journal*, 2021, 9: 646-657.
- Y Wang, F Du, J Wang, Y Li, Y Zhang, X Zhao, T Zheng, Z Li, J Xu, W Wang, B Fu, Molecular dissection of the gene *OsGA2ox8* conferring osmotic stress tolerance in rice. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22: 9107.
- J Lu, C Wang, D Zeng, J Li, X Shi, Y Shi, Y Zhou. Genome-wide association study dissects resistance loci against bacterial blight in a diverse rice panel from the 3000 rice genomes project. *Rice*, 2021, 14: 22.

代表性品种

水稻, 春 9 两优华占, 湖北省省审
水稻, 中农粳 861, 黑龙江省省审

代表性知识产权

- ZL201810409288.6, 水稻孕穗期耐冷基因 *qCT6.7DOD* 的分子标记及应用
ZL201810407803.7, 水稻孕穗期耐冷基因 *qCT6.3.12FAZ* 的分子标记及应用
ZL202010103836.X, 基因 *Os11g0682000* 及其编码的蛋白在调控水稻白叶枯病抗性中的应用

研究组成员

傅彬英	研究员	高用明	研究员
周永力	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

博士后

王银晓

研究生

杜丰平	刘晴	李健敏	Ratan Ganapati
石慧敏	翟来圆	赵璞	汪娟
尹明	王登极	王艳茹	梅松
陈文强	闫安	冯远航	苗思雨
李英博	徐林云	圣苑	周浩
王善文	姜静	张岳	李善文
王善文	雷远宝	曹慧敏	李萃萃
陆鲸冰	钱玉康	周子琪	陈天一
张文雨	高志远		万斌



RICE GRAIN DEVELOPMENT AND QUALITY IMPROVEMENT 水稻种子发育与品质改良

刘春明，研究员，博士生导师。1996 年获英国 John Innes Center/UEA 博士学位。现任北京大学现代农业学院院长，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。

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: 010-82106194

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

重要论著

Li DQ, Wu XB, Wang HF, Feng X, Yan SJ, Wu SY, Liu JX, Yao XF, Bai AN, Zhao H, Song XF, Guo L, Zhang SY, Liu CM. 2021. Defective mitochondrial function by mutation in THICK ALEURONE 1 encoding a mitochondrion-targeted single-stranded DNA binding protein leads to increased aleurone cell layers and improved nutrition in rice. *Molecular Plant*, 2021, 14(8):1343-1361.

Yu JT, Mao CJ, Zhong Q, Yao XF, Li P, Liu CM and Ming F. 2021. OsNAC2 Is Involved in Multiple Hormonal Pathways to Mediate Germination of Rice Seeds and Establishment of Seedling. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 699303.

代表性品种

水稻，中紫 4 号，山东省农

代表性知识产权

CNA20191003198，中紫 1 号植物新品种权

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

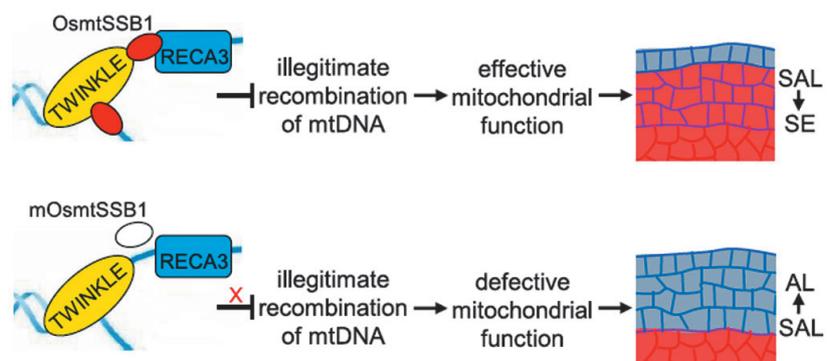
刘丽凤 李蓉

亮点工作

水稻是人类最重要粮食来源之一，水稻的胚乳是其主要的营养物质。三倍体的水稻胚乳是由受精的极核发育而来。灌浆期的水稻胚乳由外向内依次包括糊粉层、亚糊粉层和淀粉胚乳三部分。成熟胚乳的糊粉层为活细胞，淀粉胚乳为死细胞，位于二者之间的亚糊粉层细胞作为一种过渡细胞类型在发育早期既累积淀粉也累积蛋白质，在胚乳发育后期分化为淀粉胚乳。尽管糊粉层和淀粉胚乳细胞具有相同的发育起源，但是它们的细胞学形态、基因表达、营养物质组成和细胞命运却有很大差异，其背后的分子机理尚不清楚。

刘春明研究组此前在研究中利用半粒种子筛选方法获得了两个糊粉层增厚的水稻品系 *ta1* 和 *ta2*，研究人员对 *ta1* 品系进行进一步研究，发现 *ta1* 的糊粉层厚度约为野生型的 2 倍，且增加的糊粉层由亚糊粉层细胞发育而来。图位克隆结果表明，*ta1* 糊粉层加厚的表型是由 *OsmtSSB1* 基因突变引起。该基因编码一个定位于线粒体的单链 DNA 结合蛋白，在颖果的糊粉层、亚糊粉层和胚乳中高表达，而在淀粉胚乳中不表达。研究人员通过实验发现 *OsmtSSB1*-GFP 定位于线粒体，具有特异的单链 DNA 结合活性。*OsmtSSB1* 蛋白可分别与线粒体重组酶 *RECA3* 和 DNA 解旋酶 *TWINKLE* 互作。在野生型植物中，用 RNA 干扰的技术降低 *RECA3* 或 *TWINKLE* 的表达可以模拟 *ta1* 糊粉层加厚表型。此外，*ta1* 糊粉层细胞线粒体的异常 DNA 重组增加，电子传递链复合体 I 的含量及其 NADH 脱氢酶活性降低，导致胚乳中线粒体形态异常和 ATP 含量降低。

由此推测，*OsmtSSB1* 可能是通过与 *RECA3* 和 *TWINKLE* 相互作用，抑制水稻糊粉层细胞线粒体基因组 DNA 异常重组，维持线粒体有效的能量供应。而有效的能量供给是亚糊粉层细胞分化为淀粉胚乳细胞所必须的。研究人员通过多年的分子辅助育种工作，将 *ta1* 糊粉层加厚性状导入到紫米品种紫香糯 1306，并由此选育出糊粉层加厚、营养品质大幅度提高的紫米新品种（中紫 1 号）。这一研究不仅提升了我们对胚乳细胞分化机理的了解，也为禾谷类作物营养品质改良提高提供了新思路。



OsmtSSB1 调控水稻亚糊粉层细胞命运的分子机制，(AL: 糊粉层; SAL: 亚糊粉层; SE: 淀粉胚乳)

REGULATION OF GRAIN DEVELOPMENT

水稻籽粒发育调控

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：植物激素调控水稻高产耐逆性状的分子机制解析及分子设计改良。

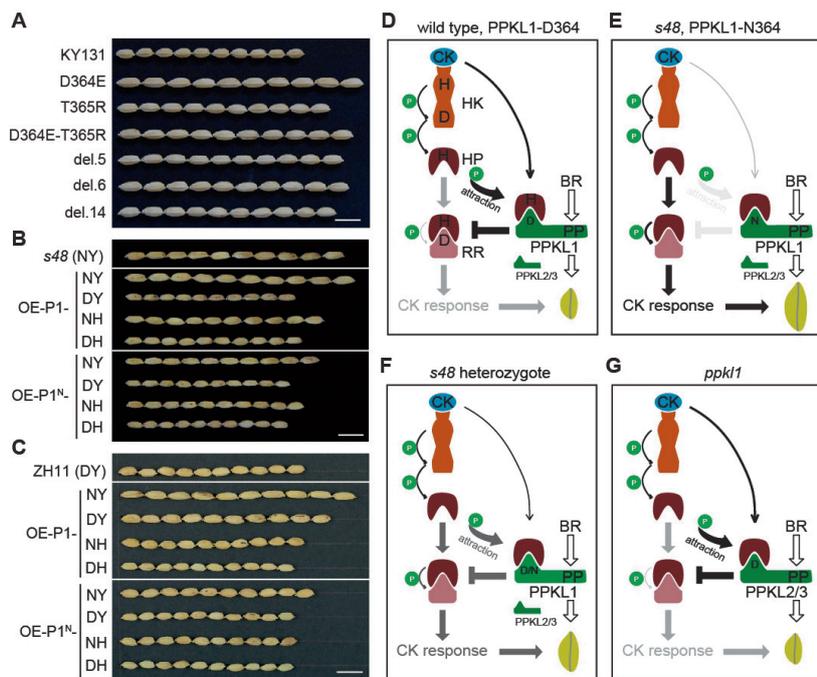
Email: tonghongning@caas.cn 电话: 010-82108748

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



亮点工作

植物中经典的细胞分裂素信号转导依赖于组氨酸受体激酶，组氨酸磷酸转移蛋白，以及细胞分裂素响应因子 RR 之间磷酸基团的转移，然而这一磷酸中继过程调控的分子机制仍知之甚少。在水稻中，细胞分裂素可以显著调控穗粒数，而对粒重或籽粒大小的调控功能也不清楚。创新研究组通过大规模诱变，筛选到一个大粒显性突变体并克隆了突变体基因 *PPKL1*。与 RR 蛋白类似，PPKL1 可与 AHP2 蛋白直接互作，并通过模仿 RR 蛋白功能区与其竞争 AHP2 的磷酸基团，导致磷酸中继效率大幅降低。当此功能区位点突变后则丧失了对信号传递的影响，相应地籽粒显著增大。创新研究组以优质水稻品种空育 131 为材料，针对该功能区进行基因编辑，获得多个可不同程度增大籽粒的基因型，部分可显著增产。该研究中研究人员共创制了千粒重从 20g 到 38g 渐次分布的水稻材料，从而建立了一套水稻籽粒大小精准设计系统。PPKL 家族蛋白对细胞分裂素信号的抑制作用可能是一个古老的功能，其功能位点隐藏在甾醇类激素油菜素内酯信号组分中，发掘并利用其对作物进行分子设计改良具有重大应用价值。



A-C. PPKL1 调控水稻籽粒大小; D-G. PPKL1 的竞争性抑制模型

重要论著

Dapu Liu; Zhikun Yu; Guoxia Zhang; Wenchao Yin; Lulu Li; Mei Niu; Wenjing Meng; Xiaoxing Zhang; Nana Dong; Jihong Liu; Yanzhao Yang; Shimei Wang; Chengcai Chu; Hongning Tong; Diversification of plant agronomic traits by genome editing of brassinosteroid signaling family genes in rice, *Plant Physiology*, 2021,187(4):2563-2576.

Ronghui Che; Bin Hu; Wei Wang; Yunhua Xiao; Dapu Liu; Wenchao Yin; Hongning Tong; Chengcai Chu; POLLEN STERILITY, a novel suppressor of cell division, is required for timely tapetal programmed cell death in rice, *Science China Life Sciences*, 2021, 65(6):1235-1247.

Yongqiang Liu ; Hongru Wang ; Zhimin Jiang; Wei Wang; Ruineng Xu; Qihui Wang; Zhihua Zhang; Aifu Li; Yan Liang; Shujun Ou; Xiujie Liu; Shouyun Cao; Hongning Tong; Yonghong Wang; Feng Zhou; Hong Liao; Bin Hu; Chengcai Chu ; Genomic basis of geographical adaptation to soil nitrogen in rice, *Nature*, 2021, 590(7847):600-605.

杨彦利; 童红宁; 水稻中油菜素甾醇功能机制解析与分子设计利用, *生命的化学*, 2021, 41(6):1171-1180.

代表性知识产权

ZL201810442678.3, 具有多籽粒簇生性状的转基因水稻的构建方法

ZL202010064301.6, 水稻 D11 基因在调控植物抗旱性中的应用

研究组成员

童红宁 研究员 孟文静 助理研究员
牛梅 助理研究员

博士后

殷文超 刘大普

研究生

张晓星 刘霁虹 董娜娜 杨彦利

WHEAT COMPLEX TRAITS DISSECTION

小麦复杂基因组解析

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>



重要论著

Jia M, Li Y, Wang Z, Tao S, Sun G, Kong X, Wang K, Ye X, Liu S, Mao L, Li A. TaIAA21 represses TaARF25-mediated expression of TaERFs required for grain size and weight development in wheat. *Plant Journal*, 2021, 108, 1754-1767.

Liu S, Ladera M, MM Poranen, et al. Evaluation of dsRNA delivery methods for targeting macrophage migration inhibitory factor MIF in RNAi-based aphid control[J]. *Journal of Plant Diseases and Protection -New Series-*, 2021(11).

张红杰, 邓中印, 陶姝, 孙国梁, 贾美玲, 王振玉, 廖如意, 郑兴卫, 李爱丽, 毛龙, 郑军, 耿帅锋. CIMMYT 新引进合成小麦株高性状全基因组关联分析. *植物遗传资源学报*, 2021, 4:1054-1067.

代表性知识产权

201910899664.9, 小麦 WLHS1 基因在调控植物的穗和籽粒发育中的应用

201911081824.5, 小麦 TaARF12 基因及其应用

202011446006.3, 小麦 TaPRR95-B 蛋白或其编码基因在调控植物株高中的应用

202011612390.X, 小麦 TaTFIIB 基因在调控小麦株高发育中的应用

202011612370.2, 小麦 TaMYB1 基因在调控小麦株高发育中的应用

202110246349.3, 一种小麦 TaB3-like-A 基因及其应用

202011612365.1, 小麦 TaC3HC4-like 基因在调控小麦粒厚发育中的应用

202011612366.6, 小麦 TaFBX113 基因在调控粒厚发育中的应用

202110540174.7, 小麦 TaARF25-B 基因、其突变体及其在调控株高和籽粒性状中的应用

研究组成员

李爱丽 研究员 周鹏 研究员
耿帅锋 副研究员 刘少帅 助理研究员

博士后

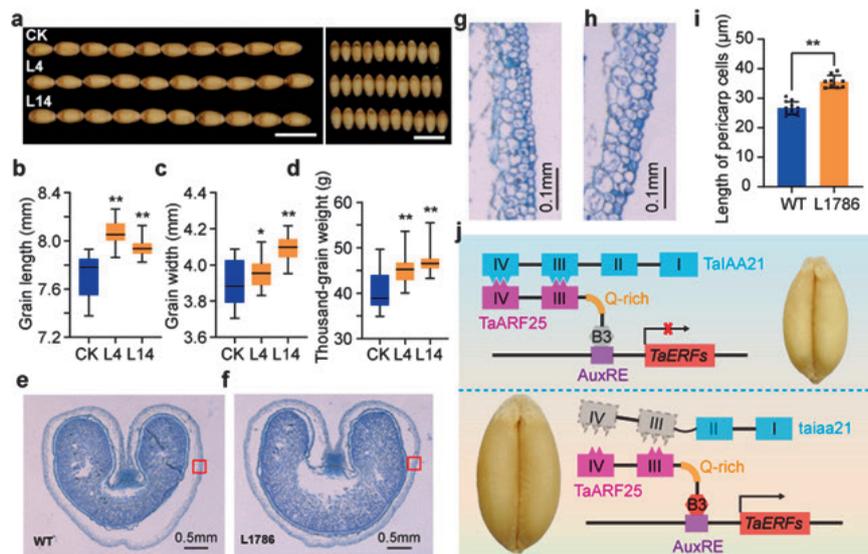
孔星辰

研究生

付明雪 车育青 廖如意 邓渊 李洋
崔达达 邓中印

亮点工作

粒长、粒宽和粒重是影响作物产量的重要因素。生长素信号对籽粒发育具有重要作用。生长素途径负调控因子在植物生长素信号传导通路中扮演重要角色, 对植物器官发育具有重要作用。但是, 到目前为止还没有发现该类转录因子在小麦籽粒发育中的功能。研究发现 TaIAA21 是小麦籽粒粒长、粒宽和粒重的负调控因子。通过对该基因进行生物技术操作可使籽粒外果皮细胞显著变大, 籽粒变大。通过筛选籽粒发育早期高表达的生长素响应因子, 鉴定出生长素途径抑制因子 TaIAA21 和 TaARF25 与基因 TaERF3 组成籽粒发育调控分子模块, 并验证了其通过内部互作调控籽粒的粒型和粒重。另外, 在我国小麦种质资源中的自然变异调查表明, 该基因大粒单倍型在栽培品种中出现的频率高于地方品种, 因此可推测, 小麦育种有选择该类单倍型的趋势。上述研究对小麦高产育种具有重要借鉴意义。



小麦生长素信号因子功能模块调控粒型和粒重的机制

SOYBEAN PHOTOBIOLOGY

大豆光信号转导

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，现任农业部北京大豆生物学重点实验室主任。

研究方向：通过克隆调控大豆光形态建成、避荫反应、生育期和品质等性状的重要基因；解析光环境调控大豆生长发育的分子基础。

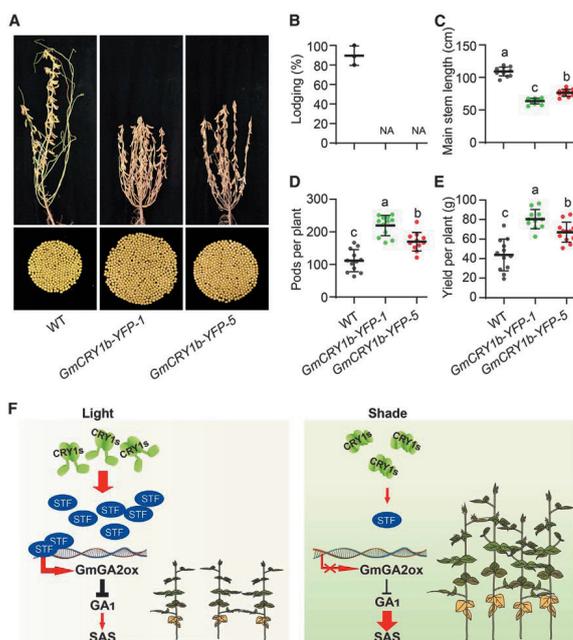
Email: liubin05@caas.cn 电话: 010-82108435

主页: http://liubin.icascaas.com.cn



亮点工作

密植和间套作（如玉米大豆条带复合种植）是提高大豆单产和有效利用种植空间的重要手段，然而高位叶片遮荫诱导大豆出现徒长倒伏及底部叶片早衰导致产量下降，严重制约了两种栽培模式的推广应用。本研究探讨了低红光/远红光（低R:FR）和弱蓝光两种遮荫信号调控大豆避荫反应的异同，结果表明低R:FR显著诱导大豆叶夹角变小以及叶柄伸长，而弱蓝光主要促进茎秆伸长和底部叶片衰老。利用CRISPR-Cas9技术对大豆基因组编码的7个蓝光受体隐花色素（*GmCRYs*）基因进行了敲除。结果表明：大豆隐花色素单突变体没有明显表型，但*Gmcr1s*四突变体即使在正常光照条件下也表现出明显的茎秆徒长、叶片早衰和倒伏，表明*GmCRY1s*基因功能冗余并共同调控茎秆徒长避荫反应。进一步研究揭示了*GmCRY1s*介导弱蓝光信号调控避荫反应的分子机制：蓝光激活的*GmCRY1s*在细胞质和细胞核内均形成光小体，促进豆科特异的bZIP转录因子STF1/2大量积累，STF1/2蛋白靶向*GmGA2ox*基因启动子上的G-box基序并上调其表达，从而降低内源赤霉素GA1的含量并抑制大豆茎秆伸长；反之，在弱蓝光条件下，*GmCRY1s*失活导致STF蛋白水平下降和*GmGA2ox*基因表达下调，活性赤霉素GA1获得积累从而促进大豆茎秆快速伸长避荫反应。研究结果入选2021年中国植物科学重要研究进展。



(A) 田间各过表达植株产量表型；(B-E) 田间各过表达植株产量数据统计；(F) *GmCRY1* 调控大豆避荫反应模型。

建立了隐花素介导弱蓝光信号调控大豆避荫反应的通路，为培育适合密植大豆新品种提供了材料和理论基础

重要论著

Xiangguang Lyu, Qican Cheng, Chao Qin, Yinghui Li, Xinying Xu, Ronghuan Ji, Ruolan Mu, Hongyu Li, Tao Zhao, Jun Liu, Yonggang Zhou, Haiyan Li, Guodong Yang, Qingshan Chen and Bin Liu. *GmCRY1s* modulate gibberellin metabolism to regulate soybean shade avoidance in response to reduced blue light. *Molecular Plant*, 2021, 14(2): 298-314.

Tao Wang, Jing Guo, Yaqi Peng, Xiangguang Lyu, Bin Liu, Shiyong Sun, Xuelu Wang. Light-induced mobile factors from shoots regulate rhizobium-triggered soybean root nodulation. *Science*, 2021, 374(6563): 65-71.

Xin Xu, Lixin Zhang, Xiaoning Cao, Lifeng Liu, Bingjun Jiang, Chunlei Zhang, Hongchang Jia, Xiangguang Lyu, Yumei Su, Yupeng Cai, Luping Liu, Shengrui Zhang, Fulu Chen, Cunxiang Wu, Bin Liu, Wensheng Hou, Shi Sun, Jinsheng Lai, Tianfu Han. Cotyledons facilitate the adaptation of early-maturing soybean varieties to high-latitude long-day environments. *Plant Cell Environ*, 2021, 44(8): 2551-2564.

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

吕向光 姬荣恒

研究生

秦超 穆若兰 李庄 赵芬 许志永
焦元晨 田冰 张艳艳 张丽雅



RICE DISEASE RESISTANCE

水稻抗病基因挖掘与利用

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学位。国际水稻研究所-中国联络科学家(2003-2006)；现任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>

重要奖项

水稻广谱抗白叶枯病基因Xa23的发掘与应用，2020-2021年度神农中华农业科技奖一等奖

重要论著

Wei Z., Abdelrahman M., Gao Y., Ji Z., Mishra R., Sun H., Sui Y., Wu C., Wang C., and Zhao K. (2021). Engineering Broad-Spectrum Resistance to Bacterial Blight by CRISPR/Cas9-Mediated Precise Homology Directed Repair in Rice. *Mol. Plant.* 2021, 14(8):1215-1218.

Zhao KJ and Zhang Q, 2021, A climate-resilient R gene in rice traps two pathogen effectors for broad and durable resistance to bacterial blight, *Mol. Plant.*, 2021, 14(3): 366-368.

Zheng Y, Xu J, Wang F, Tang Y, Wei Z, Ji Z, Wang C and Zhao K (2021) Mutation Types of CYP71P1 Cause Different Phenotypes of Mosaic Spot Lesion and Premature Leaf Senescence in Rice. *Front. Plant Sci.* 2021, 12:641300.

Abdelrahman M, Wei Z, Rohila JS and Zhao K (2021) Multiplex Genome-Editing Technologies for Revolutionizing Plant Biology and Crop Improvement. *Front. Plant Sci.*, 2021, 12:721203.

Rukmini MISHRA, Wei Zheng, Raj Kumar JOSHI, Kaijun Zhao. Genome editing strategies towards enhancement of rice disease resistance. *Rice Science*, 2021, 28(2): 133-145.

代表性品种

水稻，恒丰优 5052，桂审稻 2021013

研究组成员

王春连 研究员 纪志远 副研究员

研究生

唐永超 卫正 徐江民 郑宇涵
Sohaib Shafique 李曼 方妍力 王宏杰
田传玉

亮点工作

水稻广谱抗白叶枯病基因发掘与应用荣获中华农业科技一等奖。白叶枯病是水稻的毁灭性病害之一。种植抗病品种是防治该病的最佳措施，但我国在本世纪之前，缺乏自主的抗白叶枯病基因资源。“水稻广谱抗白叶枯病基因Xa23的发掘与应用”课题经3代科学家连续作战，终于从广西野生稻中发掘出了广谱抗白叶枯病基因Xa23，并使之成为生产上主流抗病基因，成为一个典型的从资源-基因-品种-生产(产业)的成功案例，荣获2020-2021年度神农中华农业科技奖科学研究类成果一等奖。该成果研制的产品(抗病基因资源)及标记辅助选择技术被水稻育种界广泛应用，扭转了我国长期依赖国外抗白叶枯病基因资源的局面，开启了我国抗白叶枯病水稻品种的新一轮迭代更新。

基因编辑精准打靶--将水稻感病品种速变成抗病品种。Xa23是能够广谱高抗白叶枯病的关键之一是其启动子区含有特殊的EBEAvrXa23序列。该序列能捕获白叶枯病菌保守的效应分子AvrXa23。在测序的3000多个栽培稻品种中，绝大多数(>85%)均有Xa23基因的编码框，但缺少EBEAvrXa23基序而不能表达，即为隐性等位基因xa23(表现感病)。据此，赵开军团队

发明了通过基因编辑技术将EBEAvrXa23基序定点整合到感病水稻品种xa23启动子区的技术，可以在1-2年内，使丰产优质但感白叶枯病的水稻品种变成丰产优质且抗白叶枯病的品种。以上研究结果，发表在Molecular Plant期刊上。

提出水稻Executor类抗病基因的未来研究方向。Xa7是国际著名的广谱、持久、耐热的水稻白叶枯病抗性基因，其持久抗性已延续40多年。2021年1月，浙江师范大学马伯军课题组与中国水稻所钱前团队发表了Xa7的克隆工作，此乃水稻

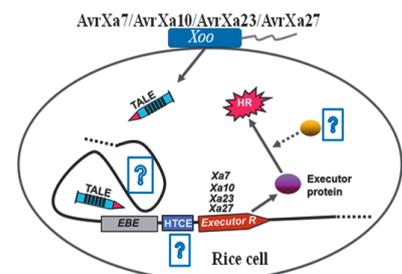
抗病基因研究的又一重大突破。赵开军和章琦应邀撰写一篇关于水稻白叶枯病基因研究及Xa7基因成功克隆的评述文章，重点剖析了Xa7基因鉴定及克隆的艰难历程和重大意义，分析了Xa7、Xa10、Xa23及Xa27等Executor类抗病(E)基因的特点、应用潜力及需要进一步研究的要点。该论文发表在Molecular Plant期刊上，为水稻E基因的研究和科学利用指明了方向。

水稻抗白叶枯病基因Xa23-影响及育种应用

- Xa23是十分稀有的Executor类抗病基因(全球仅克隆6个)
- Xa23是全球抗谱最广的白叶枯病抗性基因
- 含Xa23的抗病水稻品种推广面积已超1亿亩
- 携带Xa23基因提升水稻白叶枯病抗性至最高级

品种	抗病等级	抗病年份
恒丰优5052	最高级	2019-2021

Xa23基因及其育种利用



水稻E基因的未来研究方向

CROP QUANTITATIVE GENETICS

作物数量遗传

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、遗传育种模拟平台、基因型到表型预测平台、全基因组选择平台、集成遗传分析和育种应用平台; 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、育种设计和全基因组选择等方面的研究。

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

主页: <https://isbreeding.caas.cn>

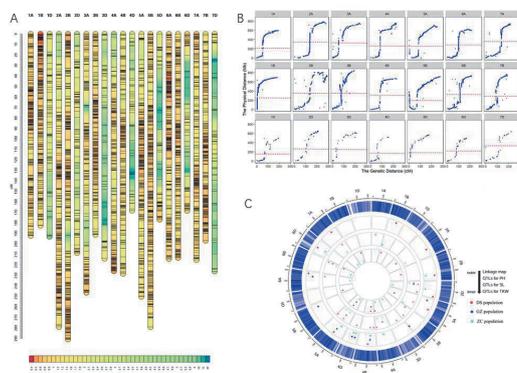


亮点工作

小麦多群体整合图谱构建以及在基因定位中的应用: 利用三个小麦重组自交系群体和小麦 90K SNP 芯片构建了一个高密度 SNP 标记整合图谱, 基于整合图谱进行 QTL 定位。整合图谱包含 21 个连锁群, 对应普通小麦的 21 条同源染色体。图谱总长 4558.55cM, 包含 25667 个标记, 染色体平均长度为 217.07cM。整合图谱的标记顺序与他们在物理图谱中的顺序具有较高的共线性, 平均秩相关系数为 0.95。鉴定出 21 个稳定的株高 QTL、27 个稳定的穗长 QTL 和 19 个稳定的千粒重 QTL。10 个 QTL 能在两个或者以上的群体中同时被定位到。

基因型与环境互作研究新思路: 环境 (E) 是如何影响同一基因型 (G) 复杂性状表型 (P) 变异的是数量遗传学研究的主要内容之一。随着高通量基因组测序技术的飞速发展, 人们对大规模种质资源群体和优良育种材料基因组进行了深入研究。但对 E 的研究远远落后于快速发展的 G 的研究。我们提出将高分辨率气候环境因子拟合到创新的基因型环境互作模型, 利用 1980-2018 年间覆盖全球 100 多个国家 700 多个试验站的全球小麦高质量高通量试验数据表明, 气候变化影响小麦育种, 针对耐热性状的区域特异性育种工作在气候变暖的情况下实现了更好的产量稳定性。结果表明, 针对耐热性状的区域特异性育种项目在气候变暖的情况下能实现更好的产量稳定性。

新一代遗传育种的仿真模拟计算机程序研制: 开发构建了一个适合于所有二倍体物种 (或减数分裂行为与二倍体相似多倍体物种) 的核心函数库, 称之为 Blib。Blib 采用 Fortran 中的 Type 定义了两个新的衍生变量, 一个称为 Gmodel, 用于定义与环境、性状、基因和遗传效应等因素相关的所有信息; 一个称为 Population, 用于定义遗传育种群体。Gmodel 几乎可以涵盖目前已知的所有遗传模型, Population 涵盖所有的遗传和育种群体。Gmodel 和 Population 以及建立在二者基础上的这些子程序, 共同构成了遗传育种建模、模拟和预测平台的核心函数库 Blib。利用 Blib, 可以比较容易地开发出适用于特定物种、特定育种方法、特定遗传现象的各种应用程序, 进而模拟优化遗传育种方法, 对特定亲本杂交后代的表现进行预测。



小麦多群体整合图谱构建以及在基因定位中的应用

重要论著

Construction of consensus genetic map with applications in gene mapping of wheat (*Triticum aestivum* L.) using 90K SNP array, *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 727077.

Warming climate challenges breeding. *Nature Plants*, 2021, 7: 1164-1165.

Characterization of the genetic basis of local adaptation of wheat landraces from Iran and Pakistan using genome-wide association study. *The Plant Genome*, 2021, e20096.

Genome-wide analyses reveal footprints of divergent selection and popping-related traits in CIMMYT's maize inbred lines. *Journal of Experimental Botany*, 2021, 72: 1307-1320.

Strategic use of Iranian bread wheat landrace accessions for genetic improvement: Core set formulation and validation. *Plant Breeding*, 2021, 140: 87-99.

Genome-Wide Identification and Expression Profiling Analysis of WOX Family Protein-Encoded Genes in Triticeae Species. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22, 9325.

Genomic selection to introgress exotic maize germplasm into elite maize in China to improve kernel dehydration rate. *Euphytica*, 2021, 217:168.

研究组成员

李慧慧 研究员 张鲁燕 副研究员
钱亚红 实验师 孟磊 工程师
黄章平 研究实习生 杜婷婷 研究实习生

博士后

Mohsin Ali 王小波

研究生

屈平平 单丹婷 王轲麟 冯英伟 霍雪雪
王竞馨 王欣茹 Ghulam Ali



WHEAT BREEDING AND QUALITY RESEARCH

小麦品质育种

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>

重要论著

Li J, Xie L, Tian X, Liu S, Xu D, Jin H, Song J, Dong Y, Zhao D, Li G, Li Y, Zhang Y, Zhang Y, Xia X, He Z, Cao S. TaNAC100 acts as an integrator of seed protein and starch synthesis exerting pleiotropic effects on agronomic traits in wheat. *Plant J.* 2021, 108(3):829-840.

Cao S, Luo X, Xu D, Tian X, Song J, Xia X, Chu C, He Z. Genetic architecture underlying light and temperature mediated flowering in Arabidopsis, rice, and temperate cereals. *New Phytol.* 2021, 230(5):1731-1745.

Tian X, Xia X, Xu D, Liu Y, Xie L, Hassan MA, Song J, Li F, Wang D, Zhang Y, Hao Y, Li G, Chu C, He Z, Cao S. Rht24b, an ancient variation of TaGA2ox-A9, reduces plant height without yield penalty in wheat. *New Phytol.* 2022, 233(2):738-750.

代表性品种

小麦，中麦 578，国审
小麦，中麦 30，国审

代表性知识产权

ZL201811030852.X, 一种用于检测中麦 895 抗赤霉病 QTL 的分子标记及使用方法

ZL201811080484.X, 基于中麦 895 的茎秆 WSC 含量基因标记及应用

研究组成员

夏先春 研究员	张 勇 研究员
郝元峰 研究员	张 艳 研究员
曹双河 副研究员	肖永贵 副研究员
李思敏 副研究员	刘金栋 副研究员
王德森 高级农艺师	田文斐 助理研究员
Awais Rasheed 副研究员	

博士后

Muhammad Adeel Hassan

研究生

骆旭梅	武竞春	谢丽娜	董 艳	宋 杰
曹 强	仝靖洋	刘 丹	李玲莉	孙梦静
曾建琪	许小婉	刘思洋	陈甜甜	卞英杰
邹新宇	赵紫慧	贾艺丹	Rabiu Sani Shawai	
李 雷	赵 聪	李文端	甘 甜	丁富功

亮点工作

强筋高产新品种中麦 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、抗病耐旱，适应性广，已通过黄淮海冬麦区南片、北片国家和河南、安徽 2 省审定，2021 年夏收面积 542 万亩，居全国第 9 位。品种使用权已转让给隆平高科、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。2021 年益海嘉里等合同收购 27 万吨中麦 578，相当于 50 万亩小麦产量，优价 0.2 元/公斤，增收 5500 万元。河北金沙河万亩实打验收平均亩产 607 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。



小麦新品种中麦 578 大面积推广与应用

WHEAT MUTAGENESIS AND BREEDING

小麦诱变育种

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党委书记、副所长，国家小麦产业技术体系首席科学家、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>



亮点工作

核能辐射育种技术研究与应用获得国际奖励 2 项。核能辐射诱变技术是植物育种的有效途径之一。小麦诱变育种创新研究组作为国际原子能机构 (IAEA) 亚太区域诱变育种技术合作项目牵头国总协调员单位，组织亚太区域 20 个成员国实施作物诱变育种国际合作项目，为发展中国家培训青年诱变育种科研人员。发起成立了亚太植物突变研究协会 (AOAPM); 与 FAO/IAEA 联合中心合作，共同发起和主办了第一届亚太植物诱变育种协作网研讨会，成立了植物诱变育种协作网 (MBN)，并发表了《荆州倡议》。研究建立了多样化地面模拟辐射诱变技术体系和高通量 TILLING 突变检测技术平台，为亚太区域成员单位以及非洲、东欧等跨地区成员国提供辐射诱变技术服务，推动中国作物诱变育种及产业应用“走出去”，为核技术促进全球粮食安全及农业可持续发展做出了中国贡献。2021 年 FAO 和 IAEA 联合授予小麦诱变育种团队“卓越成就奖”、授予该团队成员郭会君副研究员“植物诱变育种女性成就奖”。

综合应用核能辐射与加倍单倍体技术育成 2 个小麦新品种通过审定。育成优质广适面条小麦新品种航麦 802 通过河北省审定 (冀审麦 20210005)。其品质特性突出，面色色泽黄亮，口感光滑弹性好，软硬度适中；同时进入北京市第二年区试和黄淮北片第二年品比试验。育成节水高产航麦 3290 通过北京市审定 (京审麦 20210003)，较对照增产 5.7%-9.6%。航麦系列等小麦新品种本年度累计推广 481 万亩。



小麦突变新品种田间表现

A. 航麦 3290; B. 航麦 802

重要奖项

卓越成就奖，联合国粮农组织和国际原子能机构女性成就奖，联合国粮农组织和国际原子能机构刘录祥全国粮食生产先进个人，农业农村部刘录祥国际合作先进个人，中国农业科学院

重要论著

Xiong H, Li Y, Guo H, Xie Y, Zhao L, Gu J, Zhao S, Ding Y and Liu L, Genetic Mapping by Integration of 55K SNP Array and KASP Markers Reveals Candidate Genes for Important Agronomic Traits in Hexaploid Wheat. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12:628478.

Guo H, Du Q, Xie Y, Xiong H, Zhao L, Gu J, Zhao S, Song X, Islam T and Liu L, Identification of Rice Blast Loss-of-Function Mutant Alleles in the Wheat Genome as a New Strategy for Wheat Blast Resistance Breeding. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12:623419.

Xie Y, Zeng W, Wang C, Xu D, Guo H, Xiong H, Fang H, Zhao L, Gu J, Zhao S, Ding Y and Liu L, Fine Mapping of qd1, a Dominant Gene that Regulates Stem Elongation in Bread Wheat. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12:793572.

Xu D, Xie Y, Guo H, Zeng W, Xiong H, Zhao L, Gu J, Zhao S, Ding Y and Liu L, Transcriptome Analysis Reveals a Potential Role of Benzoxazinoid in Regulating Stem Elongation in the Wheat Mutant qd. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12:623861.

代表性品种

小麦，航麦 802，冀审麦 20210005

小麦，航麦 3290，京审麦 20210003

研究组成员

赵林姝 研究员 郭会君 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 丁玉萍 高级农艺师
赵世荣 农艺师

博士后

王超杰 Ahsan Irshad

研究生

周春云 李於亭 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
伍雨 方荣民 陈鑫 吴雨雨 董婷婷
王秋实 杨芷欣

WHEATBREEDING FOR HIGH-YIELD ANDWIDE ADAPTABILITY

小麦高产广适育种



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>

重要论著

Peipei Wu, Li Yang, Guanghao Guo, Jinghuang Hu, Dan Qiu, Yahui Li, Xiaohan Shi, Hongjun Zhang, Hongwei Liu, Juntao Zhao, Guozhong Sun, Yang Zhou, Zhiyong Liu, Hongjie Li, Molecular mapping and identification of a candidate gene for new locus Hg2 conferring hairy glume in wheat, *Plant Science*, 2021, 307: 110879.

Xiaohan Shi, Peipei Wu, Jinghuang Hu, Dan Qiu, Yunfeng Qu, Yahui Li, Yi Liu, Tesfay Gebrekirstos Gebremaram, Jingzhong Xie, Qihong Wu, Hongjun Zhang, Hongwei Liu, Li Yang, Guozhong Sun, Yang Zhou, Zhiyong Liu, Hongjie Li, Molecular characterization of all-stage and adult-plant resistance loci against powdery mildew in winter wheat cultivar Liangxing 99 using BSR-Seq technology, *Plant Disease*, 2021, 0: 1-8.

Bohong Tian, Lixin Zhang, Yanli Liu, Peipei Wu, Wei Wang, Yue Zhang, Hongjie Li, Identification of QTL for resistance to leaf blast in foxtail millet by genome re-sequencing analysis, *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134: 743-754.

代表性品种

小麦，轮选 6 号，国审

小麦，轮选 49，国审

小麦，轮选 149，国审

小麦，轮选 618，冀审

研究组成员

周 阳 研究员 杨 丽 研究员
刘宏伟 副研究员 张宏军 副研究员
吴培培 助理研究员

研究生

胡经煌 于 硕

亮点工作

选育矮秆大穗大粒品种轮选 6 号，2021 年通过国家黄淮南片审定。该品种突出的特点是矮秆、株型较紧凑，抗倒伏性好；大穗、穗层整齐；白粒、粒大、饱满度好；产量三要素协调。由于其矮秆大穗的特点，深受当地农户喜欢，有望成为黄淮南片主推小麦品种之一。

选育矮抗高产优质品种轮选 49，2020 年通过河南省审定、2021 年通过国家黄淮北片审定。轮选 49 克服了大多优质品种优质不高产的缺点，同时该品种还具有矮秆抗倒伏、抗寒性好、适应性广的特点，更难能可贵的是它对赤霉病具有一定的抗性。目前正在参加北部麦区试验，有望跨三个生态区审定。该品种对于提高我国小麦的优质化率将发挥重要的作用。



轮选 49

WHEAT BREEDING FOR STRESS-RESISTANCE

小麦抗逆育种

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：小麦抗逆基因挖掘与遗传机理解析；高产抗逆小麦新品种选育与推广。

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

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



亮点工作

中麦 6032 通过国家黄淮北片审定、安徽省审定，完成国家黄淮南片初审，参加冀中北生产试验，以及北京、天津引种程序。

该品种半冬性，黄淮北片与济麦 22 熟期相当，黄淮南片与周麦 18 熟期相当。幼苗半匍匐，叶色深绿，分蘖力强，成穗率高。冬季抗寒性好，抗倒春寒能力较好。节水性较强。株高 78.5cm，株型紧凑，茎秆坚韧、弹性好、抗倒性强。茎秆腊质轻，旗叶短宽上举。穗层整齐，熟相好。穗长方形，长芒，白粒，籽粒角质，饱满度好。亩穗数 47.2 万穗，穗粒数 32.6 粒，千粒重 46.8g。抗性：中感纹枯病、条锈病、叶锈病，高感赤霉病、白粉病。

国家黄淮北区试达到中筋小麦标准：籽粒容重 820g/L，蛋白质含量 15.5%，湿面筋含量 32.5%，稳定时间 5.6min，吸水率 61.6%，最大拉伸阻力 464.0 E.U.，拉伸面积 83.2cm²。安徽省区试达到中强筋小麦标准：容重 792g/L，粗蛋白(干基)15.37%，湿面筋(14%水分)35.3%，吸水量 59.9 mL/100g，稳定时间 7.2min、最大拉伸阻力 452E.U.，拉伸面积 100cm²。国家黄淮南片区试达到中强筋小麦标准：籽粒容重 796 克 / 升，蛋白质含量 15.6%，湿面筋含量 33.2%，稳定时间 8.6min，吸水率 62.1%，最大拉伸阻力 483Rm.E.U.，拉伸面积 95cm²。

产量性状：2019、2020 年黄淮冬麦区北片区试，平均亩产 611.3、562.2 kg，较济麦 22 增产 8.07%、4.48%。2018、2019 年安徽省区试，平均亩产 467.2、639.5kg，较济麦 22 增产 7.91%、6.46%。2020、2021 年黄淮冬麦区南片区试，平均亩产 552.23、563.01 kg，较周麦 18 增产 5.96%、7.2%。



高产广适小麦新品种中麦 6032

代表性品种

小麦，中麦 6052，国家黄淮南片
小麦，中麦 6032，国家黄淮北片
小麦，中麦 6079，国家黄淮北片
小麦，中麦 6032，安徽省省审

研究组成员

肖世和 研究员 闫长生 研究员
姚丹婷 助理研究员 陈旭 高级农艺师

研究生

彭文涛 张博文 温晓兰

MAIZE BREEDING FOR HIGH QUALITY AND STRESS RESISTANCE

玉米优质抗逆育种

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

Wu J, Sun D, Zhao Q, Yong H, Zhang D, Hao Z, Zhou Z, Han J, Zhang X, Xu Z, Li X, Li M and Weng J (2021) Transcriptome Reveals Allele Contribution to Heterosis in Maize. *Front. Plant Sci.* 12:739072.

Wang N, Cheng M, Cheng Y, Liu B, Wang X, Li G, Zhou Y, Luo P, Xi Z, Yong H, Zhang D, Li M, Zhang X, Vicente FS, Hao Z, Li X. Natural variations in the non-coding region of ZmNAC080308 contributes maintaining grain yield under drought stress in maize. *BMC Plant Biology*, 2021, 21:305.

Li D, Zhou Z, Lu X, Jiang Y, Li G, Li J, Wang H, Chen S, Li X, Würschum T, Reif JC, Xu S, Li M and Liu W (2021) Genetic Dissection of Hybrid Performance and Heterosis for Yield-Related Traits in Maize. *Front. Plant Sci.* 12:774478.

Yong H, Wang N, Yang X, et al. Genomic selection to introgress exotic maize germplasm into elite maize in China to improve kernel dehydration rate. *Euphytica*, 2021, 217(8).

代表性品种

玉米，中单 153，国审

玉米，中单 176，国审

代表性知识产权

CNA20191005232, CA80

CNA20191005234, CA193

CNA20191005233, CA240

CNA20191005196, CA652

CNA20191006187, 中单 111

研究组成员

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

博士后

许振南 鲁鑫

研究生

程子祥 王洋 王飞飞 王昊辰 邵宇新
陈勇 刘晓丽 王馨玉 苏越 郭增辉
荣克伟 卢跃磊 张宇星 李岩涛 洪泽渊
王云鹤 刘仕缘 刘德斌 李冉

亮点工作

优质抗逆宜机收玉米新品种的选育与推广。利用高效育种技术和优良种质资源，创制优质、耐密抗倒、抗病、籽粒含水量低的玉米新自交系，获得新品种权 5 项：CA80、CA193、CA240、CA652 和中单 111。建立规模化和数字化测试体系，培育适宜我国东北、黄淮海、西北和西南区的高产抗逆宜机收玉米新品种。有 36 个优良玉米组合参加国家或省级的生产或区域试验，其中培育的（国审玉 20210402）高产、早熟、耐密、耐盐碱、抗倒、宜机收，为未来打好种业翻身仗奠定了坚实的品种基础。中单 153 具有耐密性：与黄淮海区优势品种郑单 958 相比该品种具有抗倒、耐密，适宜密度在 5000 株/亩以上；具有高产稳产性：2020 年在河南鹤壁、安徽宿州、河北石家庄的大面积试验中均比对照郑单 958 增产 10% 以上，2021 年在山东齐河、河北石家庄再次大面积籽粒直收示范中产量均超过 800 公斤/亩；具有籽粒脱水快、宜机收特性：0.1% 的倒伏、倒折率低，0.3% 的空秆率低，23.8% 的收获时籽粒含水率低，完全可以实现在黄淮海籽粒直收。该品种成为黄淮海北部区高产、稳产的优势潜力新品种。



适宜黄淮海北部的高产籽粒机收新品种中单 153

HIGH-YIELD MAIZE BREEDING

玉米高产育种

黄长玲，二级研究员，硕士生导师。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，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。

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



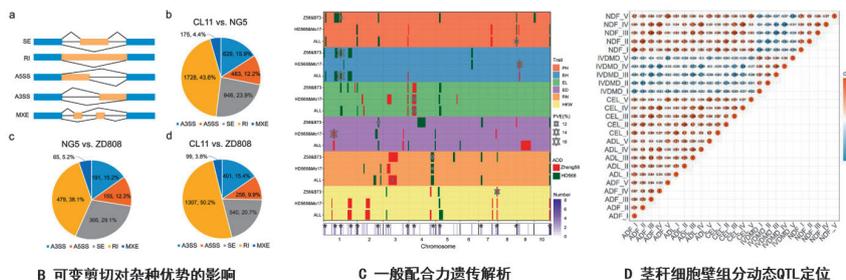
亮点工作

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。2021年育成高配合力、抗病、耐热优良自交系18个，中单8812完成国家审定试验待审，中单8921、中单8922晋级二年区域试验。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6000株/亩密度下产量达1049公斤。

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和一般配合力遗传分析，以及玉米抗倒性遗传位点挖掘和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。在一般配合力(GCA)遗传解析方面，利用不同测交群体开展定位分析，发现了可以稳定检测到的QTL位点，并通过分子标记辅助手段可以加快GCA相关位点聚合。在抗倒性状研究方面，对玉米细胞壁组分开展动态QTL定位。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。



A 中单8812



B 可变剪切对杂种优势的影响

C 一般配合力遗传解析

D 茎秆细胞壁组分动态QTL定位

重要奖项

玉米自交系 CL11 和 NG5, “全国杰出贡献玉米自交系”

玉米抗旱相关基因挖掘及作用机制研究, 河南省自然科学二等奖

重要论著

Xiaojiao Hu, Hongwu Wang, Kun Li, Xiaogang Liu, Zhifang Liu, Yujin Wu, Shuang Li, Changling Huang. 2021. Genome-wide alternative splicing variation and its potential contribution to maize immature-ear heterosis. *The Crop Journal* 9(2): 476-486.

Xiaogang Liu, Xiaojiao Hu, Kun Li, Zhifang Liu, Yujin Wu, Guang Feng, Changling Huang, Hongwu Wang. 2021. Identifying quantitative trait loci for the general combining ability of yield-relevant traits in maize. *Breeding science* 71(2): 217-228.

代表性品种

玉米单交种, 中单 8812, 国审

代表性知识产权

2021116639763, 玉米 DEK48 基因在玉米籽粒发育中的应用

202111682108X, 一种用于鉴定玉米糊粉层层数的 CAPS 标记及其检测方法

- CNA20151747.5, 玉米自交系 CA11DH52
- CNA20151748.4, 玉米自交系 CA11DH58
- CNA20151750.9, 玉米自交系 CA11DH65
- CNA20151751.8, 玉米自交系 CA11DH108
- CNA20151752.7, 玉米自交系 CA11DH228
- CNA20151753.6, 玉米自交系 CA11DH231
- CNA20151755.4, 玉米自交系 CA13DH38
- CNA20151756.3, 玉米自交系 CA13DH53
- CNA20151757.2, 玉米自交系 CA13DH100

研究组成员

- | | | | |
|-----|-------|-----|-------|
| 黄长玲 | 研究员 | 刘志芳 | 研究员 |
| 王红武 | 研究员 | 刘学 | 研究员 |
| 田志国 | 副研究员 | 吴宇锦 | 高级农艺师 |
| 胡小娇 | 副研究员 | 李坤 | 副研究员 |
| 刘小刚 | 助理研究员 | | |

研究生

- | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|----|
| 张伟 | 杨雪 | 周玉强 | 曹泉雄 | 王婧 |
| 张继东 | 陆雅萱 | | | |



MAIZE ENGINEERED BREEDING

玉米工程化育种

黎亮，研究员，博士生导师。2010年毕业于中国农业大学获博士学位，主要从事玉米单倍体育种技术研究、种质创新和新品种选育。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。2020年加入中国农科院作物科学研究所，2021年入选中国农业科学院领军人才C类。

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

Email: liliang05@caas.cn 电话: 010-82105761

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

研究组成员

衡燕芳 助理研究员 何东伟 农艺师
路亚明 农艺师 张智彬 农艺师

博士后

范开建

研究生

安泰 曾伟伟 冯艳飞

亮点工作

玉米早熟区新品种选育工作初见成效。我国极早熟区和早熟区玉米品种比较匮乏，国外品种占主导地位，自有品种市场占有率低，开展该熟区玉米品种的培育对打好种业翻身仗具有重要意义。针对该区域早熟、耐密、抗倒、宜机收等需求，以双单倍体技术、全基因组预测技术和传统育种技术相结合的方式开展新种质创新与新品种选育。2021年筛选出配合力较好、早熟、抗倒性好的自交系10余份，经多点测试筛选出表现优良的苗头组合18个，计划参加2022年极早熟区（14个）和早熟区（4个）的品比或区域试验。此外，中晚熟区和黄淮海夏播玉米区品种也有6个优良组合计划参加2022年的品比或区域试验。2021年正在参试的两个品种获得晋级，其中中单866进入内蒙古第二年区试，中单886进入黑龙江第一年区试。

智慧育种项目进展顺利。2021年6月，作科所和阿里巴巴公益基金会正式签署了智慧育种合作协议。本课题组围绕宜机收种质创新开展智慧育种，承担了玉米部分的数据收集工作。玉米全程机械化是必然趋势，而长期以来我国育种忽视对宜机收相关性状的选择导致目前适宜机收的品种很少，与国外品种的差距较大。为了开展宜机收种质创新，选择目前国际种业公司在中国审定推广的36个品种为基础材料创制DH系近4000份，对其中的2448份材料进行了基因组重测序和一年三点10个重要农艺性状（株高、穗位、叶长、叶宽、主轴长、叶夹角、穗长、秃尖、穗粗、轴粗）数据收集。DH系的测序数据分析工作也同步展开，在删除最小等位基因频率小于1%、SNP位点缺失率大于80%、杂合度大于20%的位点等一系列严格筛选过滤后，最终获得的461113个SNPs。以上工作为智慧育种项目顺利展开提供了良好的数据基础，下一步将基于这些数据开发新的统计模型。



科技部农村技术中心邓小明主任考察玉米品种选育进展

MAIZE MOLECULAR BREEDING

玉米分子育种

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：玉米抗倒机制的解析与应用 玉米籽粒发育的分子机制 玉米耐受胁迫相关非编码 RNA 的克隆及功能验证 玉米分子育种技术创新与应用。

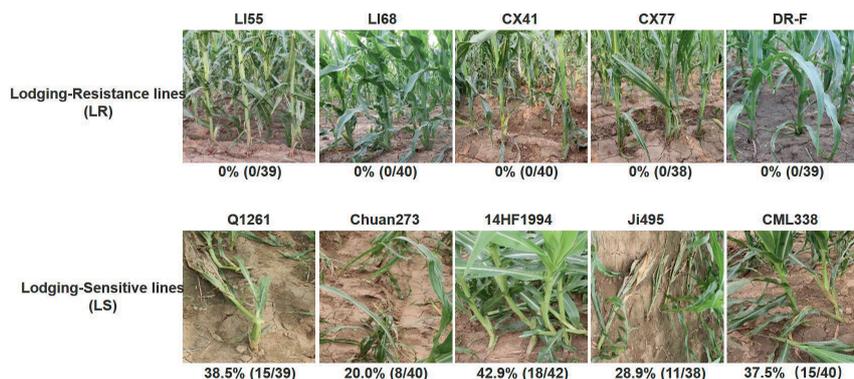
Email: liwenxue@caas.cn 电话: 010-82105799

主页: <http://111.203.21.87/cv/sp/CRZ3ws76.html>



亮点工作

抗倒伏基因的挖掘：对 443 份玉米自交系的田间倒伏表型进行评估，发现自交系 LI55、LI68、CX41、CX77 和 DR-F 为抗倒伏的材料；Q1261、Chuan273、14HF1994、JI495 和 CML338 为倒伏敏感的材料（图 1）。对这些材料的第三茎节解剖学结构进行观察，发现与倒伏材料相比，抗倒伏材料的皮层厚壁细胞厚度增加，维管束面积变大，玉米茎秆的皮层厚壁细胞加厚有助于玉米的抗倒伏性。通过链特异性 RNA-seq 分析，发现细胞壁生物合成通路在上调表达基因富集显著。这促使我们关注细胞壁生物合成的相关基因，并找出 14 个候选基因，虽然这些基因在玉米中的功能还有待进一步研究，但它们应该是抗倒伏玉米品系开发的目标。已经将这些基因在自交系郑 58 中进行编辑，获得了 T0 种子。



不同自交系在田间的表现

分子育种新技术开发：基于 GBTS 的 mSNP 标记技术体系可广泛应用于生物进化、遗传图谱构建、基因定位克隆、标记性状关联分析、后裔鉴定、基因渐渗、基因累加、品种权保护、产品质量监测、转基因成分 / 基因编辑 / 伴生生物检测等领域。本研究以玉米为例，采用 288 份热带 / 亚热带自交系、246 份甜玉米自交系、333 份来自中国、美国 and CIMMYT 的温带自交系，分别利用代表 mSNP 位点的标记、所有 SNP 标记、单倍型标记对这些材料的多样性、群体结构、连锁不平衡衰减进行了分析。同时以玉米轴色为例开展了全基因组关联分析。研究证实，利用 mSNP 及其单倍型替代固相芯片中的单一 SNP 标记能够获得额外的检测效率。基于 GBTS 的 mSNP 液相芯片技术具有广泛的物种适应性，可以用于所有动植物和微生物的分子检测。目前已经在 13 种主要农作物、蔬菜以及部分动物和微生物中开发了基于 GBTS 的液相芯片 50 余套，并已在上述有关领域得到广泛应用。

重要论著

Yu Guo, Yumei Hu, Huan Chen, Pengshuai Yan, Qingguo Du, Yafei Wang, Hongqiu Wang, Zhonghua Wang, Dingming Kang, Wen-Xue Li, Identification of traits and genes associated with lodging resistance in maize, *the Crop Journal*, 2021, 9: 1408-1417.

DU Qing-guo, YANG Juan, Syed Muhammad Sadiq Shah, YANG Rong-xin, YU Jing-juan, LI Wen-xue, Comparative transcriptome analysis of the different nitrogen responses in low nitrogen-sensitive and -tolerant maize genotypes, *Journal of Integrative Agriculture*, 2021, 20 (8) 2043-2055.

Guo Z., Yang Q., Huang F., Zheng H., Sang Z., Xu Y., Zhang C., Wu K., Tao J., Prasanna B.M., Olsen M.S., Wang Y., Zhang J., and Xu Y., Development of high-resolution multiple-SNP arrays for genetic analyses and molecular breeding through genotyping by target sequencing and liquid chip, *Plant Communications*, 2021, 2: 100230.

Zifeng Guo, Shuangzhen Zhou, Shanhong Wang, Wen-Xue Li, Hwei Du, Yunbi Xu, Identification of major QTL for waterlogging tolerance in maize using genome-wide association study and bulked sample analysis, *Journal of Applied Genetics*, 2021, 62:405-418.

Yuxin Yang, Zhiqin Sang, Qingguo Du, Zifeng Guo, Zhiwei Li, Xiuying Kong, Yunbi Xu, Cheng Zou, Flowering time regulation model revisited by pooled sequencing of mass selection populations, *Plant Science*, 2021, 304: 110797.

张兴平, 钱前, 张嘉楠, 邓兴旺, 万建民, 徐云碧, 分子植物育种助推南繁种业转型升级, *中国农业科学*, 2021, 54 : 3789-3804.

代表性知识产权

ZL201711001759.1, 植物木质素合成相关蛋白及其编码基因和应用

研究组成员

徐云碧 研究员 王山荏 副研究员
杨荣新 副研究员 郭子锋 助理研究员

博士生

王雅菲 宫晓平 杜庆国

研究生

郭雨 闫鹏帅 陈欢 王志华
胡玉梅 秦瑞东 李广贤 吕文帅

MAIZE GENOME EDITING AND BREEDING-BY-DESIGN

玉米基因编辑育种



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:(1) 玉米等高等植物基因编辑技术研发与种业应用; 系统建立了玉米等作物基因编辑技术体系, 研发的基因编辑技术被国内外 68 家单位与机构协议许可使用。(2) 玉米育种技术研发: 研制了玉米雄性核不育、第三代杂交种、单倍体诱导、抗粗缩病、耐除草剂、耐密株型、超甜与糯性、单倍体诱导联合基因编辑、直链淀粉及其环境友好衍生物等具有重大产业应用价值的高效定向育种技术体系。多项技术实现技术转让。

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

主页: http://xiechuanxiao.icscaas.com.cn

重要论著

Li, L., Duan, C., Weng, J., Qi, X., Liu, C., Li, X., Zhu, J., and Xie, C. (2022). A field-deployable method for single and multiplex detection of DNA or RNA from pathogens using Cas12 and Cas13.

Yan Y., Zhu J., Qi X., Cheng B., Liu C. and Xie C. (2021) Establishment of an efficient seed-fluorescence reporter-assisted CRISPR/Cas9 gene-editing in maize.

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 201811358854.1, 一种创制玉米甜糯籽粒种质的方法

研究组成员

刘昌林 副研究员 朱金洁 助理研究员
祁显涛 助理研究员 徐孝洁 高级农艺师
黄晶 实验师

博士后

李楚曦

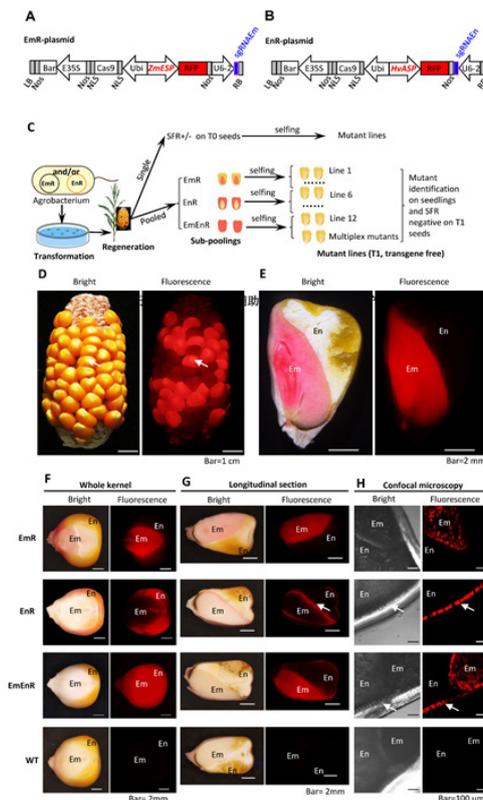
研究生

李丽娜 王虹麟 闫元元 吕仁瑶 毛文博
高惠敏 刘凯 符晓 孔铭 侯留迪

亮点工作

在鉴定 RfxCas13d 靶向 RNA 引发“反式切割”活性基本特征的基础上, 研发出基于 CRISPR/RfxCas13d 检测工具, 详细比较了 RfxCas13d、LwaCas13a、LbCas12a 与 AsCas12a 活性, 建立了多套核酸检测工具, 并研发出田间实时可视化灵敏定性定量检测方法。该研究拓展了基于 CRISPR 原理核酸检测工具的技术能力与应用范围, 具有重要的产业应用价值。相关研究结果以“A Field-Deployable Method for Single and Multiplex Detection of DNA or RNA from Pathogens Using Cas12 and Cas13”为题在 SCIENCE CHINA Life Sciences 杂志在线发表。

分别采用胚乳糊粉层特异性启动子 (HvASP) 和胚特异性启动子 (*ZmESP*) 驱动红色荧光蛋白 DsRED 的特异表达, 构建了胚 (Em-SFR/Cas9)、胚乳 (En-SFR/Cas9) 以及两者混合构库 (Em/En-SFR/Cas9) 荧光报告系统辅助 CRISPR/Cas9, 采用该系统对 14 个靶标基因开展了 CRISPR/Cas9 基因编辑应用验证。分别采用单个 Em-SFR/Cas9、单个 En-SFR/Cas9 与 12 个 Em/En-SFR/Cas9 混合载体的进行了农杆菌遗传转化, 结果表明无论是单靶标基因编辑, 还是混合构库基因编辑, 均可通过种子胚乳和胚中荧光特征, 准确鉴别转基因或非转基因, 大幅度提高了工作效率。而且, 多靶标混池基因编辑过程中, 还可以把籽粒分成 En-SFR/Cas9、Em-SFR/Cas9 和 Em/En-SFR/Cas9 三种类型, 显著缩小了靶标基因突变筛选的范围, 进一步提高了效率, 还筛选得到 13 个双基因复合突变和 4 个三基因复合突变。该系统可以扩展应用于其他种子作物, 尤其对于转化效率较低的物种或者大规模构突变库等工作具有更大的应用价值。相关研究结果以题为“Establishment of an efficient seed-fluorescence reporter assisted CRISPR/Cas9 gene-editing in maize”在 Journal of Integrative Plant Biology 杂志在线发表。



玉米种子荧光报告系统辅助 CRISPR/Cas9 (SFR/Cas9) 系统

SPECIALITY CROP BREEDING

特色作物育种

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

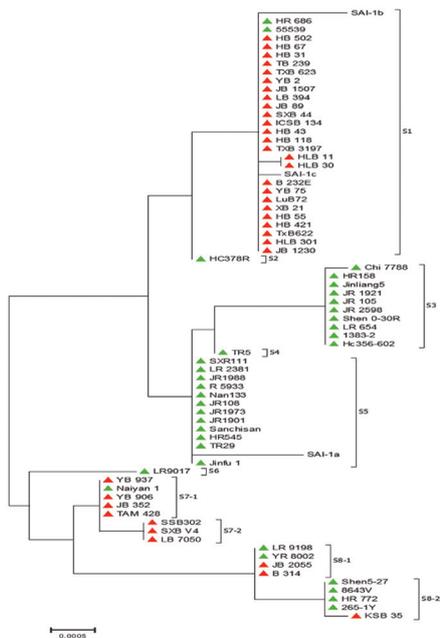
主页: http://liguiying.icscas.com.cn



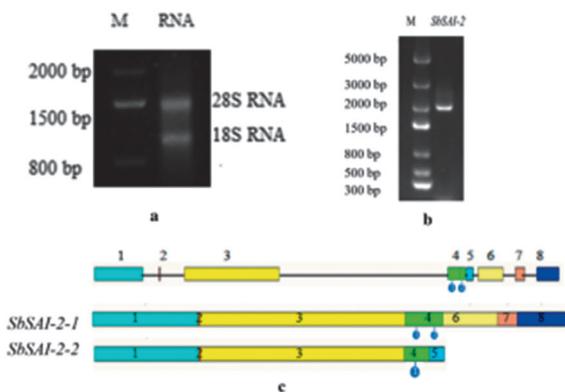
亮点工作

高粱可溶性酸性转化酶基因研究取得重要进展。研究了在育种中发挥重要作用的 35 份保持系和 34 份恢复系 *SbSAI-1* 基因单倍型分布。结果发现，保持系和恢复系具有几乎不同的 SAI-1 单倍型分布。*SbSAI-1* 基因单倍型的变化与产量的增加以及籽粒高粱育种的进展有关，这证明 SAI-1 可能在产量形成中起着非常重要的作用。我们还发现，随着育种的进展，*SbSAI-1* 基因趋于变短，这意味着内含子序列短，外显子保持不变，基因效率更高。研究还发现，不同种植区高粱杂交种的 SAI-1 单倍型组合不同。这些发现对提高育种效率、了解杂种优势和种质创新具有重要意义。

克隆 *SbSAI-2* 基因，并进行了功能验证。通过序列分析发现了两个转录本，只有一个转录物转化为活性蛋白。通过构建水稻 *OsVIN2* 突变株系和 *SbSAI-2-1* 过表达株系，验证该基因的功能。*Osvin2* 突变体株系的茎中转化酶活性降低，但没有显著差异，茎组织中果糖和葡萄糖含量没有显著变化，蔗糖含量增加了 38.89%。在 *SbSAI-2-1* 过表达系中，茎中的转化酶活性增加了 20 倍以上。茎组织中葡萄糖和果糖的含量分别增加了 2 倍和 3 倍，而蔗糖的含量则显著降低，低于检测限。研究表明，*SbSAI-2* 蔗糖代谢的关键酶。



35 份保持系和 34 份恢复系 *SbSAI-1* 基因单倍型分布



SbSAI-2 克隆与结构

重要论著

- Yanpeng Hao, Zuchen Wei, Zhi Wang, Guiying Li, Yang Yao and Baoqing Dun. Biotransformation of Flavonoids Improves Antimicrobial and Anti-Breast Cancer Activities In Vitro. *Foods*, 2021, 10, 2367.
- Zhengxing Shi, Baoqing Dun, Zuchen Wei, Changyou Liu, Jing Tian, Guixing Ren, and Yang Yao. Peptides Released from Extruded Adzuki Bean Protein through Simulated Gastrointestinal Digestion Exhibit Anti-inflammatory Activity. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021 69 (25), 7028-7036.
- Zuchen Wei, Nong Zhou, Liang Zou, Zhengxing Shi, Baoqing Dun, Guixing Ren and Yang Yao (2021) Soy Protein Alleviates Malnutrition in Weaning Rats by Regulating Gut Microbiota Composition and Serum Metabolites. *Front. Nutr.* 8:774203.
- Mei-Qi Yue, Zhi Wang, Bao-Qing Dun, Fen-Xia Han, Gui-Ying Li. Simplified methods of estimating fermentable sugar yield in sweet sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] stems. *Industrial Crops & Products*. 169(2021)113652.

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 王智 助理研究员
- 游光霞 助理研究员

博士后

- 李飞

研究生

- 郝燕鹏 张玉洁 周建双 石录悦



SOYBEAN MOLECULAR BREEDING

大豆分子育种

孙石, 研究员, 博士生导师。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

大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用, 2020-2021 年度神农中华农业科技奖一等奖

重要论著

Jiang B, Chen L, Yang C, Wu T, Yuan S, Wu C, Zhang M, Gai J, Han T, Hou W and Sun S. The cloning and CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of a male sterility gene MS1 of soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2021, 19: 1098-1100.

Xu X, Zhang , Cao X, Liu L, Jiang B, Zhang C, Jia H, Liu X, Su Y, Cai Y, Liu L, Zhang S, Chen F, Wu C, Liu B, Hou W, Sun S, Lai J, Han T. Cotyledons facilitate the adaptation of early-maturing soybean varieties to high-latitude long-day environments. *Plant, Cell and Environment*, 2021, 44:2551-2564.

Fang Y, Wang L, Sapey E, Fu S, Wu T, Zeng H, Sun X, Qian S, Khan M A A, Yuan S, Wu C, Hou W, Sun S, Han T. Speed Breeding System in Soybean: Integrating off-site generation advancement, fresh seeding and marker- assisted selection. *Frontier in Plant Sciences*, 2021, 12:717077.

Qi X, Jiang B, Wu T, Sun S, Wang C, Song W, Wu C, Hou W, Song Q, Lam H-M, Han T. Genomic dissection of widely planted soybean cultivars leads to a new breeding strategy of crops in the post-genomic era. *Crop Journal*, 2021, 9: 1079-1087.

代表性品种

大豆, 中黄 916, 国审
大豆, 中黄 80, 国审
大豆, 中黄 206, 国审
大豆, 中黄 311, 国审
大豆, 中黄 306, 国审
大豆, 中黄 302, 国审
大豆, 中黄 319, 山东省审
大豆, 中黄 320, 安徽省审
大豆, 中黄 210, 北京市审
大豆, 中黄 322, 北京市审
大豆, 中黄 333, 北京市审
大豆, 中黄 334, 北京市审

代表性知识产权

ZL201911226533.0, 植物耐盐耐旱性蛋白及其编码基因与应用

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	副研究员
陈福祿	副研究员		

博士后

许鑫

研究生

张春蕾	Mesfin Tsegaw	孙佰全	张利新
李啟明	杨茂翔	EDEN TESFAMARIAM	
张君权	李敏	龙池雨	金露萍
王培国	王佳俊	孙艳辉	董红霞
刘昕	陈晓叶	郭梦威	李森
吴水清			王羲昕

亮点工作

《大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用》荣获 2020-2021 年度神农中华农业科技奖一等奖, 该成果紧密围绕我国大豆集中产区向东北北部和黄淮海南部转移后对品种光温适应性的新需求, 面向世界热带地区大豆生产快速发展的新形势, 深入开展大豆光温生理和遗传机制研究、大豆光温适应性改良和广适大豆新品种选育推广。该成果发表论文 106 篇, 授权专利 13 项; 审定大豆新品种 39 个, 获得植物新品种权 38 项。项目组及技术应用单位选育品种累计推广 1.24 亿亩, 增产大豆 207.9 万吨, 新增效益 52.19 亿元, 为我国大豆生产的发展和食用大豆的安全供给做出了突出贡献。

培育中黄 306 等高产优质多抗大豆新品种。针对东北大豆主产区北移、黄淮海种植制度调整及农户生产规模扩大、机械化作业水平提升等新形势, 以及当前大豆单产水平低的主要问题, 采用常规育种与分子技术相结合, 选育适宜东北北部核心区种植的极早熟春大豆品种和适宜黄淮海地区种植的高产优质多抗夏大豆新品种选育, 为东北北部和黄淮海大豆主产区提供品种支撑。获得了 14 项植物新品种权, 审定了 12 个品种, 其中, 国审品种 6 个, 分别为中黄 916、中黄 80、中黄 206、中黄 311、中黄 306 和中黄 302。省审 6 个, 分别为中黄 319、中黄 320、中黄 210、中黄 322、中黄 333 和中黄 334。

成功克隆了大豆遗传育种界寻觅 50 年的雄性不育基因 *GmMS1*。大豆是典型的自花授粉作物, 育成品种遗传基础狭窄。本课题组利用已公开的大豆品种重测序数据作为公共对照池, 以 *ms1* 雄性不育纯合材料构建突变池, 通过高通量测序分析, 克隆该基因, 并通过 CRISPR/Cas9 技术, 创制该基因编辑突变体, 成功再现了 *ms1* 材料的雄性不育表型, 从而有力证实了 *Glyma.13G114200* 即 *GmMS1* 突变导致 *ms1* 材料的雄性不育。该研究是大豆雄性不育基因分子克隆和功能实证的首例报道, 为提高大豆雄性不育 *ms1* 轮回选择群体的育种效率、利用基因编辑技术定向导入雄性不育性状、拓宽大豆品种的遗传基础和研发第三代大豆杂交育种技术体系提供了重要支撑。



高产高蛋白耐盐大豆新品种中黄 306

SOYBEAN GENETICS AND BREEDING

大豆高产优质育种

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, 北京国家大豆改良分中心主任, 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。2007 年入选北京市科技新星计划 A 类人才, 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, 开发大豆营养品质等重要性状的分子标记, 解析营养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.icascaas.com.cn



亮点工作

突破性大豆新品种选育与推广。低豆腥味高油大豆中黄 78 通过湖北省扩区审定, 高异黄酮大豆中黄 102 通过北京市审定; 授权植物新品种权 1 项, 申请植物新品种权 2 项。2020 年中黄 13 推广面积 240 万亩, 位居全国大豆品种年种植面积第六位, 累计超 1.1 亿亩。另外, 中黄 17 推广面积 9 万亩, 中黄 35 推广面积 7 万亩。本课题组选育的大豆品种年推广面积 300 万亩左右, 占黄淮地区主导地位。

解析大豆种质营养品质组分的地理分布规律。利用 1151 份中国大豆种质资源为材料, 首先创建了大豆维生素 E 的高效液相色谱 (HPLC) 快速检测技术, 然后对 2017-2018 年 2 年 3 点种植的大豆种质维生素 E 组分进行精准鉴定, 发现大豆种子中主要含有 3 种维生素 E 组分, 其总维生素 E 含量变化范围在 $113.97\mu\text{g g}^{-1}$ 至 $361.07\mu\text{g g}^{-1}$ 之间, 相差达 3 倍。大豆栽培种的总维生素 E 含量高于农家种, 来自东北地区的大豆种质的 a- 和 g- 维生素 E 含量最高。相关分析表明 a- 和 g- 维生素 E 组分与地理经纬度呈极显著正相关。我们基于 ArcGIS 软件绘制出中国大豆种质的维生素 E 组分的区域分布图, 显示出明显的地理分布格局。我们还针对 333 份中美大豆品种的主要营养品质组分进行了多年多点的系统比较分析, 发现中国品种的蛋白质和油酸组分含量较高, 而美国品种的油分、异黄酮、可溶性糖和亚油酸含量较高。另外, 生育期组也显著影响大豆营养品质组分积累水平。上述研究为大豆营养品质育种提供可靠的理论指导和材料保障。



大豆品种中黄 78 的大田表现

重要论著

Azam M, Zhang S, Qi J, Abdelghany A M, Shaibu A S, Ghosh S, Feng Y, Huai Y, Gebregziabher B S, Li J, Li B, Sun J. Profiling and associations of seed nutritional characteristics in Chinese and USA soybean cultivars. *Journal of Food Composition and Analysis*, 2021, 98:103803.

Ghosh S, Zhang S, Azam M, Qi J, Abdelghany A M, Shaibu A S, Gebregziabher B S, Feng Y, Huai Y, Htway H, Agyenim-Boateng K, Liu Y, Feng H, Li J, Li B, Sun J. Seed tocopherol assessment and geographical distribution of 1151 Chinese soybean accessions from diverse ecoregions. *Journal of Food Composition and Analysis*, 2021, 100:103932.

Abdelghany A.M, Zhang S, Azam M, Shaibu AS, Feng Y, Qi J, Li J, Li Y, Tian Y, Hong H, Lamlo SF, Li B, Sun J. Exploring the phenotypic stability of soybean seed compositions using multi-trait stability index approach. *Agronomy*, 2021, 11, 2200.

Gebregziabher BS, Zhang S, Qi J, Azam M, Ghosh S, Feng Y, Huai Y, Li J, Li B, Sun J. Simultaneous determination of carotenoids and chlorophylls by the HPLC-UV-VIS method in soybean seeds. *Agronomy*, 2021; 11(4):758.

代表性品种

大豆, 中黄 78, 湖北省审

大豆, 中黄 102, 北京市审

代表性知识产权

CNA20201002575, 中黄 110

研究组成员

李斌 副研究员 李静 副研究员

张晟瑞 助理研究员

博士后

Muhammad Azam Ahmed M. Abdelghany

研究生

冯岳齐 杰 刘艺田 马彩优

Suprio Ghosh Berhane S. Gebregziabher

Kwadwo G. Agyenim-Boateng

Muhammad Ahsan Aimal Nawaz Khattak

怀园园 冯活仪 李椰城 张世碧 郝雨水

沙丹 胡蒙



SOYBEAN CULTIVATION

大豆栽培

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栽培与土肥研究室主任、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，农业农村部主要农作物生产全程机械化推进行动专家指导组成员，国家大豆和油料产能提升工程专家指导组成员，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

大豆光温适应性改良技术体系创建与育种应用，2020-2021年度神农中华农业科技奖一等奖

大豆新品种选育及高产高效技术集成与应用，2020年度宁夏回族自治区科学技术进步二等奖

重要论著

Xu C, Li R, Song W, Wu T, Sun S, Han T, Wu C. High density and uniform plant distribution improve soybean yield by regulating population uniformity and canopy light interception. *Agronomy*, 2021, 11, 1880.

Xu C, Li R, Song W, Wu T, Sun S, Shen W, Hu S, Han T, Wu C. Integrating straw management and seeding to improve seed yield and reduce environmental impacts in soybean production. *Agronomy*, 2021, 11, 1033.

Xu C, Li R, Song W, Wu T, Sun S, Hu S, Han T, Wu C. Responses of branch number and yield component of soybean cultivars tested in different planting densities. *Agriculture*, 2021, 11, 69.

Zhang X, Wu T, Wen H, Song W, Xu C, Han T, Sun S, Wu C. Allelic variation of soybean maturity genes E1-E4 in the Huang-Huai-Hai River Valley and the Northwest China. *Agriculture*, 2021, 11, 478.

李瑞东, 徐彩龙, 尹阳阳, 宋雯雯, 孙石, 韩天富, 吴存祥, 胡水秀. 增密对少分枝大豆品种光合特性和产量形成的影响. *大豆科学*, 2021, 40(5): 633-642.

张明明, 杨兴勇, 张勇, 薛红, 李微微, 宋雯雯, 吴存祥, 韩天富. 黑龙江省克拜地区大豆救灾补种品种的选择. *大豆科学*, 2021, 40(3): 344-353.

高玉秋, 徐彩龙, 马立晖, 杨舟, 吴存祥, 韩天富. 鄂伦春旗耕地土壤有机质含量的时空变化趋势及其与大豆产量的关系. *农学报*, 2021, 11(2): 57-63.

研究组成员

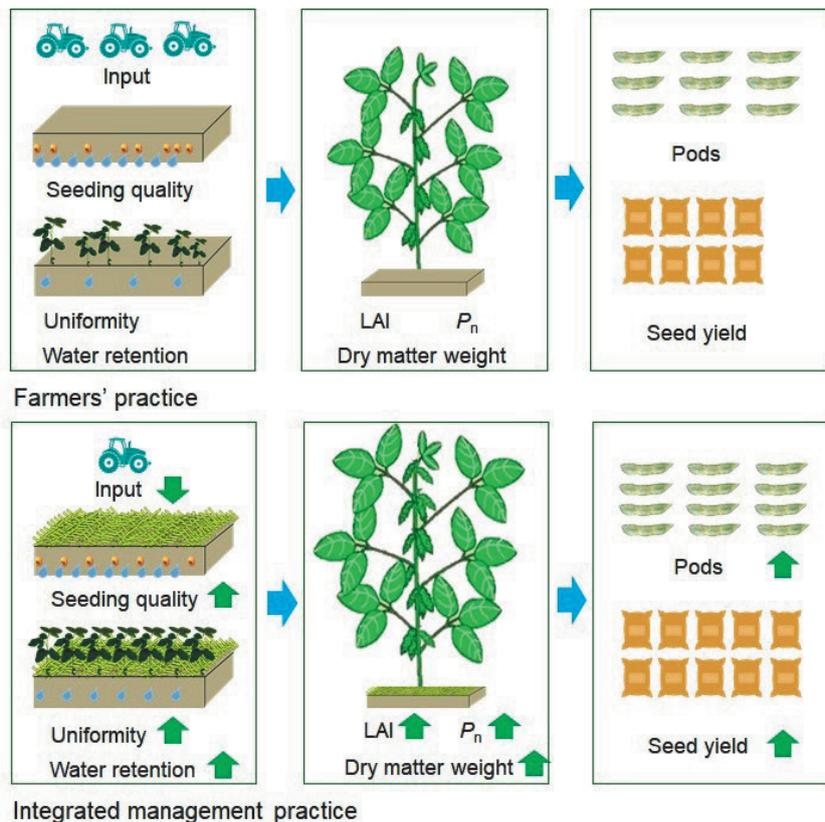
徐彩龙 副研究员 宋雯雯 助理研究员

研究生

杨琳 李瑞东 吴宗声 华建鑫 王书君
徐一帆 陈新蕾 张仲法 陈昕涛 李威

亮点工作

针对黄淮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覆盖还田，提高了耕层土壤水分，降低了土壤温度，改善了大豆生长的土壤环境，提高了出苗质量；播种等多项作业一次性完成，减少了人力物力投入，显著提高了生产效率；降低了温室气体的排放强度，实现了绿色可持续发展目标。同时，该模式集成绿色病虫害防控、大豆高质低损收获等关键技术，在示范应用中连续创造不同规模的实收高产典型，实现了增产节本增效：2013-2021年在中国农业科学院新乡万亩试验基地连续9年实测大豆平均亩产达到308.3公斤，其中7年亩产达到300公斤以上，验证了技术的先进性和稳定性。2021年该技术再次被农业农村部遴选为农业主推技术，目前已在黄淮海地区大面积应用，并在宁夏、新疆、江西、湖北等相关地区进行了初步推广，对大豆生产水平的提升起到了助力作用。



PRECISION CULTIVATION AND CROP MANAGEMENT

精准栽培与管理

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: lishaokun@caas.cn 电话: 010-82108891

主页: http://lishaokun.icscaas.com.cn

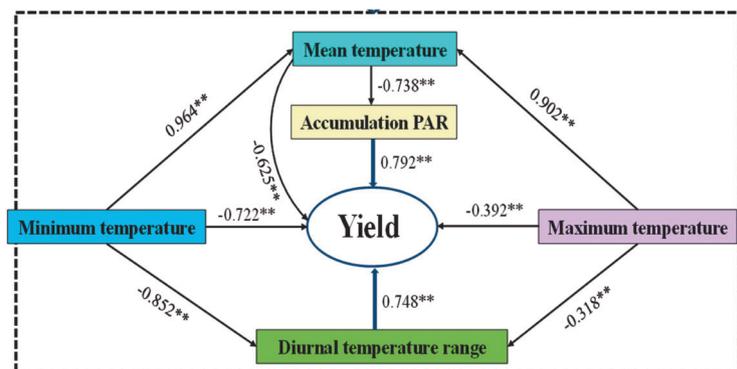


亮点工作

量化气候变化对玉米产量的影响：全球变暖对粮食生产带来的负面影响，量化气候变化对玉米产量损失的影响对于保障我国粮食安全至关重要。基于全国玉米典型生态区的联合试验，明确了昼夜温差和累积光合有效辐射是造成产量差异的主要原因。昼夜温差每降低 1℃和累积光合有效辐射每降低 100 兆焦，玉米籽粒产量分别减少 1.0 吨 / 公顷和 0.85 吨 / 公顷。玉米生长季平均温度和最低温度每升高 1℃，玉米籽粒产量分别降低 0.83 吨 / 公顷和 0.67 吨 / 公顷，即玉米生长季平均温度每升高 1℃，玉米减产 5.8%。不同品种对温度升高的反应差异较大。该研究可为预测气候变化对未来玉米产量变化可能产生的定量结果以及缓解策略提供理论依据。

玉米机械籽粒收获研究取得重要进展：机械籽粒收获作为现代玉米生产的重要技术特征，对于提升我国玉米产业水平与国际竞争力具有重要作用。通过跨生态区的玉米籽粒田间干燥动态研究，明确了花后积温是籽粒田间干燥的主要驱动因子，建立了籽粒含水率动态模型。针对东北和西北等典型玉米生产区域的热资源分布，研究提出了不同收获情景的优化策略，为这些地区选择适宜籽粒直收品种、决策适宜收获时期提供技术支持，促进春播玉米机械化收获。“黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用”获 2020 - 2021 年度神农中华农业科技奖二等奖。《玉米机械粒收质量现状及其与含水率的关系》获得中国百篇最具影响国内学术论文；《夏玉米籽粒含水率对机械粒收质量的影响》入选“第六届中国科协优秀科技论文”

春玉米密植高产水肥一体化精准调控技术推广应用成效显著：2021 年在内蒙古、辽宁、吉林、黑龙江等东北春玉米区建立了 36 个百亩、千亩至万亩示范片，辐射带动面积已超过百万亩。2021 年收获季节，对采用密植水肥一体化精准调控技术模式的 173 户进行测产验收，96.5% 的农户单产超过 1000kg/ 亩，平均达到 1064.4 kg/ 亩；采用常规密度水肥一体化模式的 46 户平均产量达到 900.5 kg/ 亩；示范田周边采取传统低密度、漫灌种植方式的 21 户平均产量为 689.7 kg/ 亩。采用密植高产精准调控技术模式农户的产量较低密度水肥一体化和传统低密度漫灌种植农户的亩产分别提高 163.9kg (18.2%) 和 374.7kg (54.3%) 。



影响玉米产量的关键气象因素

重要奖项

黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用
2020-2021 年度神农中华农业科技奖二等奖

重要论著

Hou, P., Liu, Y., Liu, W., Yang, H., Xie, R., Wang, K., Ming, B., Liu, G., Xue, J., Wang, Y., Zhao, R., Zhang, W., Wang, Y., Bian, S., Ren, H., Zhao, X., Liu, P., Chang, J., Zhang, G., Liu, J., Yuan, L., Zhao, H., Shi, L., Zhang, L., Yu, L., Gao, J., Yu, X., Wang, Z., Shen, L., Ji, P., Yang, S., Zhang, Z., Xue, J., Ma, X., Wang, X., Lu, T., Dong, B., Li, G., Ma, B., Li, J., Deng, X., Liu, Y., Yang, Q., Jia, C., Chen, X., Fu, H., Li, S. Quantifying maize grain yield losses caused by climate change based on extensive field data across China. *Resources, Conservation and Recycling* 2021, 174(5):105811.

Gao S., Ming B., Li L., Yin X., Xue J., Wang K., Xie R., Li S. Relationship and Distribution of In-Field Dry-Down and Equilibrium in Maize Grain Moisture Content. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2021, 304-305(6):108409.

Liu W, Liu G, Yang Y, Guo X, Ming B, Xie R, Liu Y, Wang K, Hou P, Li S., Spatial variation of maize height morphological traits for the same cultivars at a large agroecological scale. *European Journal of Agronomy*, 2021, 130: 126349.

Yang Y, Guo X, Liu G, Liu W, Xue J, Ming B, Xie R, Wang K, Hou P, Li S. Solar Radiation Effects on Dry Matter Accumulations and Transfer in Maize. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12(9):727134.

Liu G, Yang H, Xie R, Yang Y, Liu W, Guo X, Xue J, Ming B, Wang K, Hou P, Li S. Genetic gains in maize yield and related traits for high-yielding cultivars released during 1980s to 2010s in China. *Field Crops Research*, 2021, 270:108223.

代表性知识产权

一种用于玉米合理密植的免耕错位播种机, ZL202021561447.3
一种便携式玉米田间取样设备, ZL202021475102.6

代表性标准规程

DB11/T 257—2021, 籽粒玉米生产技术规程
DB11/T 258—2021, 夏播青贮玉米生产技术规程
DB 61/T 1471—2021, 灌区籽粒机收春玉米生产技术规程

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

博士后

刘广周 张国强

研究生

李璐璐 范盼盼 侯梁宇 王 凤 刘万茂
李姚姚 许红根 杨云山 黄兆福 高 尚
闫振华 王温州 银学波 杨宏业 刘 月
王 震 薛贝贝 毛圆圆 项伟洋 王玉港
张新龙 辛江风 吴 琦 张 川 李荣发
张明达 张婧云 郭晓霞 沈东萍 周林立
方 梁 张园梦 翟 娟 金 帅 郭慧荣
吴丽倩 张 龙 姚森崇 梁忠宇 冯大云



WHEAT CULTIVATION

小麦栽培

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

Yanjie Wang, Demei Wang, Zhiqiang Tao, Yushuang Yang, Zhenxian Gao, Guangcai Zhao, Xuhong Chang. Impacts of nitrogen deficiency on wheat (*Triticum aestivum* L.) grain during the medium filling stage transcriptomic and metabolomic comparisons. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 8:1-20.

王玉娇, 王德梅, 王艳杰, 杨玉双, 常旭虹, 石书兵, 赵广才. 不同生态区冬小麦材料产量和品质对追氮量的响应. *植物营养与肥料学报*, 2021, 27(4):719-727.

刘阿康, 王德梅, 王艳杰, 杨玉双, 马瑞琦, 高甜甜, 王玉娇, 阚茗溪, 赵广才, 常旭虹. 苗期调控对晚播小麦产量及氮素利用的影响. *作物杂志*. 2021(2):116-123.

代表性品种

小麦, 中麦 86, 天津市审

代表性知识产权

ZL201910961083.3, 一种小麦高温试验处理装置
2021SR0044586, 面筋洗涤时间连续监测及自动分析系统 V1.0

2021SR0071392, 不同产地强筋小麦籽粒、面粉、面团品质对光谱特征值响应分析系统 V1.0

2022RS0385906, 用于润麦过程中小麦籽粒均匀吸附水分的自动测控系统 V1.0

研究组成员

王德梅 副研究员 王艳杰 副研究员
赵广才 研究员

研究生

马瑞琦 刘阿康 王玉娇 阚茗溪 于慧玲
郭丹丹 刘哲文

亮点工作

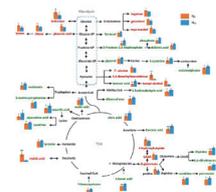
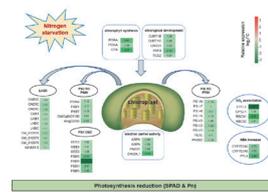
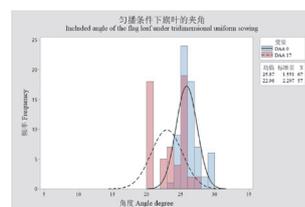
种植模式影响小麦产量及光资源利用的生理生态机理。与条播相比，匀播增加个体叶、茎、蘖在水平空间分布范围及角度，提高叶片在平面四个象限中分布的均匀度；开花到灌浆期，旗叶和倒 2 叶角度减小 1-2°，倒 3 叶角度增大 3-4°，LAI 提高 7%-10%，生育后期匀播叶面衰老速度相对较慢；群体垂直分层 LAI 由上到下增幅逐渐降低（13% 降至 3%），条播降幅较匀播高约 2 个百分点。匀播平均提升上部 3 个叶片光合速率 1.5%-2%、蒸腾速率 5%。匀播群体内透光率低于条播，接受光辐射增加 2-4 个百分点，湿度高于条播 1-2 个百分点。密度增加，越冬前至返青期，覆盖度平均提高 8% 左右；密度主要影响底层湿度，增幅约 3 个百分点。匀播较条播平均降低田间蒸发约 8%。施氮促进高位蘖少量成穗，提高亩穗数，相应使主茎及低位蘖成穗占比略有降低。提高密度，主茎及 1N 成穗占比增幅达到 10~15 个百分点，是亩穗数提高的主要原因。

解析氮胁迫影响小麦籽粒灌浆机制。灌浆中期，缺氮使 51 个与光合有关的基因显著下调表达，降低叶片光合效率；籽粒通过提高花青素、类黄酮、氨基丁酸等含量，促进 DNA 修复及抗逆能力；小麦处于高碳氮比环境，促进碳代谢及总糖合成，降低了蛋白含量。

集成高产潜力突破及稳氮控水绿色高效技术。建立高产攻关田，其中 4 个品种单产超过 75kg，最高达 854.7kg；百亩示范方平均为 763.5kg。建立稳氮控水绿色技术示范田，稳定总施氮量（15kg/亩）：氮肥底施、不浇水产量为 469.7kg/亩；氮肥底追各半、拔节浇 1 水（50m³/亩）亩产 586.5kg。

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，完成考察 2 次、总结报告 6 份，举办总结会议 1 次。经项目推荐，本年度有 5 个品种通过国家审定。

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，总计展示 40 种作物，110 个品种，3 种栽培技术。新华网、光明网直播，观看人次超过 250 万；接待线下参观 11 次 400 余人。



播种方式影响叶片夹角及低氮胁迫影响小麦灌浆机制解析

MAIZE CULTIVATION

玉米栽培

马玮，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研究与关键技术创新；作物根系 - 土壤 - 作物互作协同机制；两熟作物光温资源优化配置。

Email: mawei02@caas.cn 电话: 13699256482

主页: <http://booking.icascaas.com.cn/cv/sp/hkNjH279.html>



亮点工作

创建并优化了作物生产系统构成要素协同优化栽培理论。通过跨区域作物生产要素（气候、土壤、作物）与产量和资源效率互作关系的长期定位研究，明确了气候（温、光和水）分布与作物生育需求不匹配、土壤条件与肥水供给不匹配、群体质量与作物产量目标不匹配，是导致光热资源利用效率低、土壤地力下降、群体质量差等交织并存成为限制粮食主产区丰产高效的共性关键问题。基于此，率先确立了从作物生产系统构成要素（气候、土壤、作物）协同优化探索粮食丰产增效面临三大共性难题的解决途径，确立了从温光变化与作物生育需求匹配进行温光增效挖潜、土壤条件与丰产需求匹配进行肥水增效挖潜，产量目标与群体结构功能匹配进行综合增效挖潜的丰产增效途径及技术创新策略，并基于三类技术互作增效原则（三位一体）进行技术模式构建，形成特色丰产增效栽培理论。

创新了玉米条带耕作轻简机械化生产技术。针对目前土壤耕层障碍严重、秸秆还田难度大等问题，严重限制了玉米播种质量和密植高产潜力挖掘，秸秆深翻与免耕深松等耕作方法难以解决秸秆腐熟慢、地力提升慢、动力消耗大及播种质量差等问题。团队通过多年研究建立了玉米非播种带采取秸秆深埋、播种带采取推茬清垄交错方式的条带耕作方法，创造的“虚实相间”耕层构造兼具免耕与深耕的优点，形成了玉米适宜秸秆条带覆盖、条带混拌还田等新型条带耕作模式，可有效解决秸秆还田并提高播种质量，实现一播全苗。以玉米条带耕作为核心，通过田间一次作业完成条带深旋、秸秆条还、深层施肥及缩行密植精播等环节，形成绿色、轻简、高效的玉米条带耕作机械化生产技术。



玉米秸秆条带还田作业和玉米条带耕作密植技术的出苗效果

重要论著

- Xinbing Wang, Yuxin Miao. Evaluating model-based strategies for in-season nitrogen management of maize using weather data fusion. *Agricultural and Forest Meteorology*. 2021, 308-309:1-12.
- Fulai Ke, Xinglin Ma. Responses of maize hybrids with contrasting maturity to planting date in Northeast China. *Scientific Reports*. 2021, 11:1-9.
- Chenghao Zhao, Yanye Ruan; Lijun Zhang; Xinglin Ma. Transcriptional analyses of maize leaves in response to high-density planting. *AGRONOMY JOURNAL*. 2021, 31:1-37.
- Yuling Han, Ming Zhao. Straw return increases crop grain yields and K-use efficiency under a maize-rice cropping system. *THE CROP JOURNAL*. 2021, 9(1):168-180.

代表性知识产权

- ZL201810746423.6, 玉米耕免交错秸秆带状还田栽培方法
- ZL201510937960.5, 一种抗低温抗旱种子处理剂及其制备方法
- ZL201510428222.8 玉米推茬清垄旋耕播种方法代表性标准规程
- DB21/T3209-2019, 玉米秸秆间隔条带还田机械化栽培技术规程

研究组成员

- 马兴林 研究员 李从锋 副研究员
周宝元 副研究员 丁在松 助理研究员
王新兵 助理研究员

博士后

侯 帅

研究生

赵 红 王士金 梁 璐



CROP PHENOTYPING

作物表型

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: 作物表型鉴定和智慧农业研究。

Email: jinxiuliang@caas.cn 电话: 15611669703

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

重要奖项

“稻麦养分定量遥感与测土配方施肥全程智能化服务关键技术及应用”, 2020-2021 年度神农中华农业科技奖科学研究类成果二等奖

重要论著

Shuaibing Liu, Xiuliang Jin, Chenwei Nie, Siyu Wang, Xun Yu, Minghan Cheng, Mingchao Shao, Zixu Wang, Nuremanguli Tuohuti, Yi Bai, Yadong Liu, Estimating leaf area index using unmanned aerial vehicle data: shallow vs. deep machine learning algorithms, *Plant Physiology*, 2021, 187(3):1551-1576.

Xiaobin Xu, Chenwei Nie, Xiuliang Jin, Zhenhai Li, Hongchun Zhu, Haigang Xu, Jianwen Wang, Yu Zhao, Haikuan Feng, A comprehensive yield evaluation indicator based on an improved fuzzy comprehensive evaluation method and hyperspectral data, *Field Crops Research*, 2021, 270: 108204.

Minghan Cheng, Xiyun Jiao, Xiuliang Jin, Binbin Li, Kaihua Liu, Lei Shi, Satellite time series data reveal interannual and seasonal spatiotemporal evapotranspiration patterns in China in response to effect factors, *Agricultural Water Management*, 2021, 255: 107046.

Zixu Wang, Chenwei Nie, Hongwu Wang, Yong Ao, Xiuliang Jin, Xun Yu, Yi Bai, Yadong Liu, Mingchao Shao, Minghan Cheng, Shuaibing Liu, Siyu Wang, Nuremanguli Tuohuti, Detection and Analysis of Degree of Maize Lodging Using UAV-RGB Image Multi-Feature Factors and Various Classification Methods, *ISPRS International Journal of Geo-Information*, 2021, 10 (5): 309.

研究组成员

石磊 农艺师 殷大萌 助理研究员

博士后

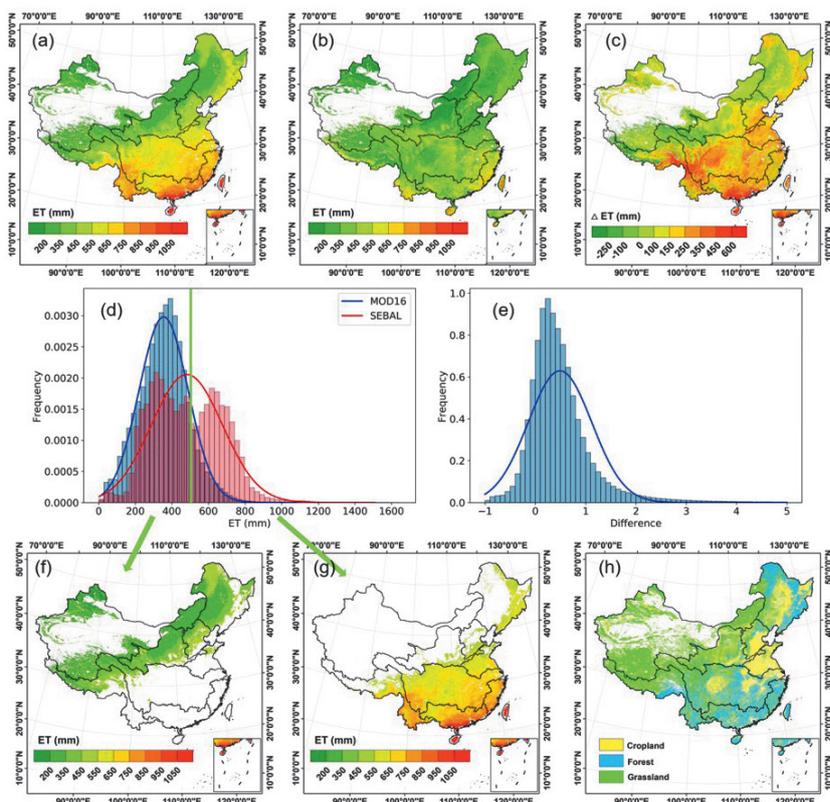
聂巨巍

研究生

程明瀚 刘帅兵 姜世谨 余汛 白怡
刘亚东 刘媛 周丽丽 贾箫 孟麟
邵明超 王梓旭 王思宇 许晓斌
努热曼古丽·托乎提

亮点工作

蒸散发作为水循环过程中一个重要的物理量。高时空分辨率的蒸散发产品对了解我国蒸散发长期的时空变化规律对合理分配水资源具有重要意义。而日尺度蒸散发产品能够精细的监测到每天植被耗水的变化,也能及时的感知到干旱的发生。但目前缺乏日尺度且高分辨率的蒸散发数据产品。本文基于 SEBAL 模型模拟了 2001-18 年中国的日尺度, 1km 分辨率的蒸散发数据集。通过 8 个通量塔的数据验证表明, SEBAL 模型能够很好的估算我国蒸散发, 精度达到 $r=0.79$, $RMSE=0.92\text{mm/d}$; 通过水量平衡进行验证, r 达到 0.98, $RMSE$ 为 48.99mm/year , 其表现优于 MOD16。另外, 本文对 SEBAL ET 数据在不同植被类型, 不同气候条件, 不同地形以及不同季节条件下, 进行了综合评估, 结果表明 SEBAL ET 表现稳定, 在多数条件下, 精度都能优于 MOD16 数据。此外, SEBAL ET 估算的蒸散发量也整体高于 MOD16, 更加接近实际值。总的来说, 这两个模型都具有良好的性能, 可以用于区域 ET 的定性分析和大多数定量分析。SEBAL ET 数据集可在 zenodo 数据库中获取。



SEBAL 和 MOD16 模型之间的比较

AGRO-ECOLOGY AND FARMING SYSTEM

作物耕作与生态

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。

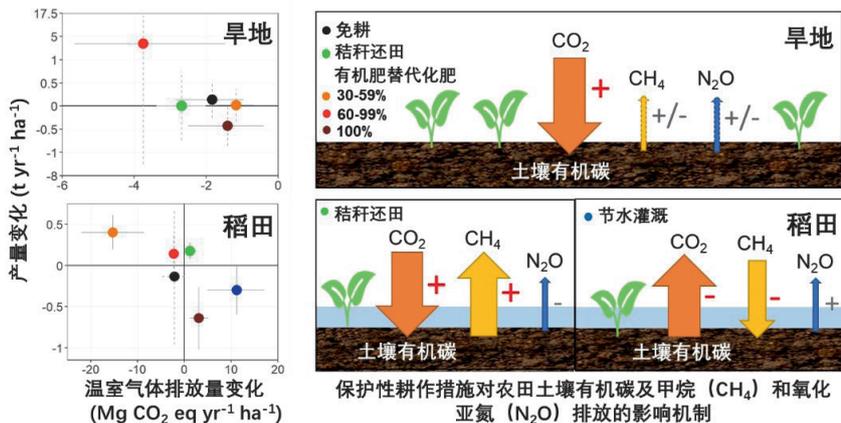
Email: zhangweijian@caas.cn 电话: 010-62156856

主页: http://zhangweijian.icascaas.com.cn



亮点工作

揭示了秸秆还田与少免耕等保护性耕作措施的丰产稳产和减排固碳效应。国家粮食安全和农业双碳目标的共赢，需要对新型作物生产管理技术进行粮食产量和农田温室气体排放的综合评价，以设计绿色低碳的农作新体系。以往大多数研究只涉及农田一种或两种温室气体，本研究首次对免耕、秸秆还田、有机肥替代化肥和节水灌溉等保护性耕作措施的净温室气体排放和作物产量影响进行了综合评价。基于田间观测数据网络，揭示了旱地系统保护性耕作措施主要通过促进土壤有机碳固定，减少净温室气体排放，实现“丰产减排”协同，尤其是在气温较高的地区；稻田系统中秸秆还田和节水灌溉的净温室气体排放主要由土壤有机碳固定和甲烷排放的权衡关系决定，区域差异显著。本研究可以在保障国家粮食安全前提下，为农业碳中和的农作技术选择及区域减排方案制定提供重要科学依据。



保护性耕作措施对旱地和稻田系统作物产量和温室气体排放的影响

重要奖项

水稻丰产优质与甲烷减排关键技术及应用，2021 年中国农业绿色发展研究会科学技术奖一等奖

重要论著

张卫建，张俊，张会民，等著. 稻田土壤培肥与丰产增效耕作理论和技术. 科学出版社. 2021.

Shang Z Y, Abdalla M, Xia L L, Zhou F, Sun W J, Smith P. Can cropland management practices lower net greenhouse emissions without compromising yield. *Global Change Biology*, 2021, 27 (19): 4657-4670.

Sun T, Feng X, Lal R, Cao T H, Guo J R, Deng A X, Zheng C Y, Zhang J, Song Z W, Zhang W J. Crop diversification practice faces a tradeoff between increasing productivity and reducing carbon footprints. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2021, 321: 107614.

Chen H, Zheng C, Chen F, Qiao Y Q, Du S Z, Cao C F, Zhang W J. Less N₂O emission from newly high-yielding cultivars of winter wheat. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2021, 320: 107557.

Wang L, Liu Y, Zhu X, Zhang Y, Yang H Y, Dobbie S, Zhang X, Deng A X, Qian H Y, Zhang W J. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on crop growth and soil N₂O emissions in the legume system. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2021, 322: 107641.

代表性知识产权

ZL202010099769.9, 一种稻田旱耕增氧减排技术

研究组成员

邓艾兴 助理研究员 宋振伟 研究员
郑成岩 副研究员 张俊 副研究员
尚子吟 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 唐志伟
严圣吉 吴柳格 李佳锐 陈坚 窦淑贤
李歌星 陈娜娜 王志平 Frederick Danso
Oluwaseyi Oyewale Bankole
Karrym Forsyth



REGULATION OF CROP PHOTOSYNTHESIS

作物光合生理调控

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，2009年至2015年在德国马普分子植物生理研究所从事博士后研究。现任中国农业科学院科技管理局副局长，中国农业科学院青年领军人才计划入选者，国家“万人计划”科技创新领军人才、科技部中青年科技创新领军人才。研究方向：作物光合生理、玉米栽培生理等。

Email: zhouwenbin@caas.cn 电话: 010-82107841

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

重要论著

Qianqian Guo, Xia Li, Li Niu, Paula E Jameson, Wenbin Zhou. Transcription-associated metabolomic adjustments in maize occur during combined drought and cold stress. *Plant Physiology*, 2021, 186(1): 677-695.

Yanyan Yan, Peng Hou, Fengying Duan, Li Niu, Tingbo Dai, Keru Wang, Ming Zhao, Shaokun Li, Wenbin Zhou. Improving photosynthesis to increase grain yield potential: an analysis of maize hybrids released in different years in China. *Photosynthesis Research*. 2021, 150: 295-311.

Liangbing Rong, Kaiyuan Gong, Fengying Duan, Shaokun Li, Ming Zhao, Jianqiang He, Wenbin Zhou, Qiang Yu. Yield gap and resource utilization efficiency of three major food crops in the world-A review. *Journal of Integrative Agriculture*. 2021, 20(2): 349-362.

Wenbin Zhou, Huaiyu Wang, Xi Hu, Fengying Duan. Spatial variation of technical efficiency of cereal production in China at the farm level. *Journal of Integrative Agriculture*. 2021, 20(2): 470-481.

牛丽, 白文波, 李霞, 段凤莹, 侯鹏, 赵如浪, 王永宏, 赵明, 李少昆, 宋吉青, 周文彬. 地膜覆盖对黄土高原地区两种种植密度下玉米叶片代谢组的影响. *作物学报*, 2021, 47(8): 1551-1562.

叶香媛, 周文彬. 植物果糖激酶研究进展. *科学通报*. 2021, 66(22): 2820-2831.

研究组成员

段凤莹 副研究员 李霞 助理研究员

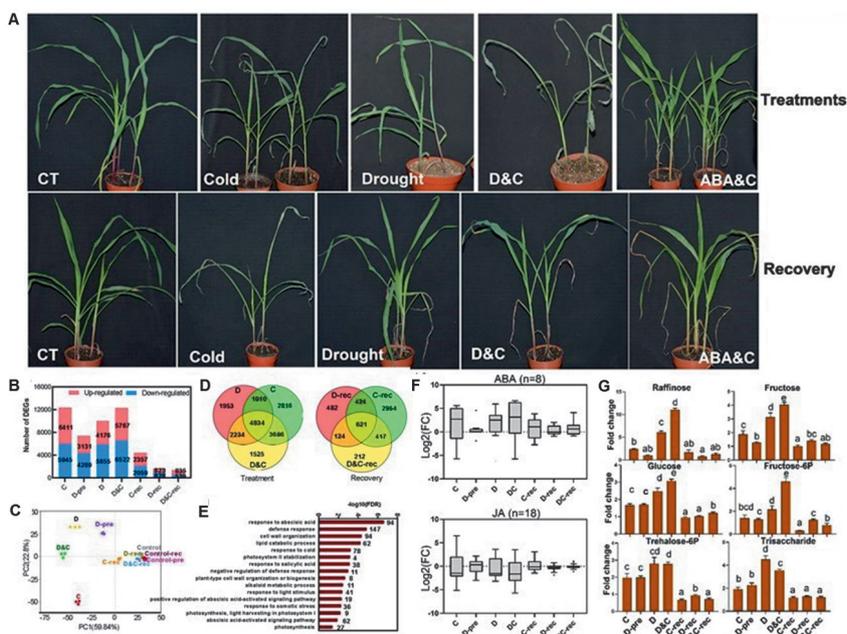
研究生

魏少博 耿入丹 卫泽 闫艳艳 戎亮乘
周昱婕 叶香媛 高园 袁洁
SOUALIOU SOUALIOU

亮点工作

在全球气候变化日益加剧的背景下，多重联合胁迫对作物生长发育及作物产量形成的不利影响日益显著。因此，需要通过培育耐受联合胁迫的新品种或采用栽培调控技术来提高作物对多重联合胁迫的耐受性。目前，大量的研究集中在单一胁迫对作物造成的生长发育、生理及分子的调控机制，而有关作物对多种胁迫组成的联合胁迫响应和适应的生理及分子机制知之甚少。

通过系统分析苗期玉米在单一干旱、冷害以及二者联合胁迫条件下的表型和光合生理差异，发现联合胁迫条件下干旱能够明显缓解冷害胁迫对玉米光合和生长等造成的损伤。通过转录组学和代谢组学分析，发现相对于单一冷害胁迫，联合胁迫诱导大量脱落酸合成及脱落酸合成关键基因上调、与胁迫响应相关糖类（棉子糖、海藻糖等）合成及其合成关键基因上调、胚胎发育晚期丰富蛋白编码基因上调、光合相关基因下调等；进一步通过外源脱落酸喷施的平行试验，验证了联合胁迫下干旱诱导产生的脱落酸在增强植物冷害耐受性中具有重要作用。研究阐明了玉米抵御干旱冷害联合胁迫的调控网络、生理代谢与分子途径，为培育耐受联合胁迫的作物以及建立抵御苗期干旱冷害联合胁迫的栽培措施提供重要的理论依据。



玉米抵御干旱冷害胁迫的生理与分子机制

A. 玉米在不同胁迫条件下的生长情况；B. 差异基因数目；C. PCA 分析；D. Venn 图分析；E. GO 富集分析；F. ABA 及 JA 合成途径基因表达变化；G. 糖类代谢物含量的变化。

CROP GROWTH REGULATION

作物化学调控

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：作物高产栽培生理生态与化学调控，作物逆境生理生态与化学调控，作物营养生理生态与化学调控，作物生理与化学调控。

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

主页: <http://booking.icscaas.com.cn/cv/sp/hae9lu81.html>



亮点工作

建立了杂粮作物抗旱耐盐化学调控技术：针对杂粮种植区域气候干旱、土壤瘠薄盐碱等障碍因素的发生规律和危害状况，探索了干旱、瘠薄和盐碱胁迫对谷子、高粱、食用豆（绿豆）、甘薯、荞麦保护酶活性、农艺性状和产量品质形成的影响，明确了磷酸胆碱合剂、多肽-有机酸-甘氨酸合剂的调控效应，建立了谷子、高粱、食用豆、甘薯和荞麦优质高产化学调控技术。

建立了玉米抗逆高光效生产化学调控技术：针对玉米密植高产群体冠层郁闭、叶片光合效率低，以及根系发育和吸收功能差、易倒伏早衰等问题，探索了增密对冠层光分布、叶片净光合速率以及 RuBP 羧化酶和 PEP 羧化酶活性的动态影响，以及增密对根系吸收合成功能的影响，明确了 5-ALA 和 ETH 对叶片光合效率的调控效应，建立了玉米抗逆高光效优质高产化学调控技术。

建立了玉米抗逆高光效生产化学调控技术：针对玉米、小麦氮素利用效率低和过量施肥的生产现状，探索了玉米叶片硝酸还原酶、谷氨酰胺合成酶、谷氨酸合成酶等氮素代谢关键酶活性对氮素梯度的动态响应，明确了磷酸胆碱、双聚糖蛋白调控玉米、小麦氮素高效的生理机理，建立了玉米、小麦“减氮增效”化学调控技术。

重要论著

马正波、董学瑞、房孟颖、王琦、闫鹏、王庆燕、卢霖、董志强. 矮壮素配合氮肥全基施对华北夏玉米氮素利用的调控效应. *应用生态学报*, 2021, 32(03):931-941.

代表性知识产权

ZL201711050104.3, 玉米抗倒伏抗逆境增产调节剂及其制备方法与应用

ZL202011322767.8, 一种甘蔗促根抗倒伏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

研究生

房孟颖 李春情 王琦 董好胜 任梁
郭丽娜 罗艺 王亚菲 张薇 陈迪苏
胡娅晴 杨璐瑶 孟凡琦

“三宁”金达能复合肥料

GB/T 2008-2009 国K03-00.0023 鄂农肥(2017)第3311号
N-P₂O₅-K₂O 总养分≥43%
18-20-5
【小麦适用】

净含量: 50千克 含氮(中氮)
企业通过ISO9001质量管理体系认证
湖北三宁化工股份有限公司
地址: 湖北省襄阳市江津路9号 襄阳市东津新区
网址: www.hb30.com 400-188-3838

冠加技术
本产品系三宁和中国农业科学院作物科学研究所联合研发, 依据优质高产冬小麦生长规律及栽培特点, 精配氮、磷、钾养分, 添加高品质腐植酸、植物源三宁专利核心成分—生物活性肥料, 是一代升级版、品质更优的新一代小麦专用肥料。

显著特点

1. 康糖醇及生物活性均含有大分子活性物质, 具有复合肥料养分元素、改良土壤、调节土壤微生态、促进作物代谢的功能, 生物活性肥料与常规肥料是最佳长效的结合, 效果更全面、更显著;
2. 能有效增强小麦抗旱、耐寒、抗盐碱等综合性能;
3. 可提前吸收养分利用效率, 利于节肥;
4. 促进小麦健壮生长, 利于增产、改善品质。

使用注意
本产品对区域及土壤无特殊要求, 一般用作基肥, 建议亩用量40-60千克, 具体用量根据目标产量、土壤肥力、使用习惯等的增减, 或遵照当地农技部门指导建议。

湖北三宁化工股份有限公司
地址: 湖北省襄阳市江津路9号 网址: www.hb30.com
本公司拥有国家高新技术企业、高新技术企业、高新技术企业认定证书。

“三宁”金达能复合肥料 - 小麦专用型

重要支撑平台

National Crop Genebank

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。2021 年主要进展如下：

作为种质资源战略保存中心，支撑作用显著。本年度新增入库种质 5760 份，长期保存共计 340 余种作物、45.8 万份种质资源，保存总量位居世界第二。对外提供种质资源 1.7 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 8700 份，累计安全保存 9.2 万份，本年度提供用于司法鉴定、品种等 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。本年度举办第二届农作物种质资源保存技术培训班，全国 77 家农作物、林木、园艺、药用、牧草等相关单位，200 多位从事种质资源库圃的管理、操作和技术研发人员参加。通过技术咨询、现场指导等，指导江西省等省级种质库圃建设 10 余个。

科普宣传。接待政府部门、科研机构、高校、企业等参观、科普宣传 120 批 1072 人次。多次被媒体报道，本年度为 CCTV-1 [新闻联播]《【新征程开局“十四五”】种业振兴加快推进 夯实农业现代化基础》、CCTV-1 [新闻联播]《【在习近平新时代中国特色社会主义思想指引下】夯实粮食生产能力基础 2 端牢 14 亿多中国人的饭碗》、CCTV-13 [朝闻天下]《聚焦打好种业翻身仗 记者探访国家农作物种质资源库》、光明网《青少年走进作科所探秘种子“方舟”，体验农事劳动》、中央纪委国家监委网站《视频 | 独家探访 52 万份种子的家——国家作物种质库》等报道 30 余次。1 人荣获“中国科协全民科学素质工作先进个人称号”。



国家作物种质库



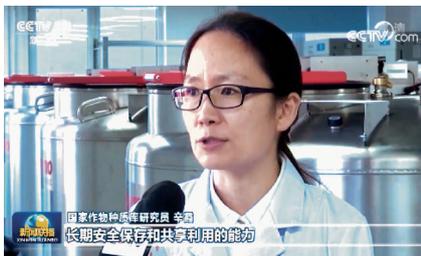
保存技术培训



接待参观访问



中央纪委国家监委网站报道



中央电视台 1 套新闻联播报道



张金梅获全民科学素质工作先进个人

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 李鑫 王利国 严凯 任军 陈四胜 张凯 王建民

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

2021年，重大平台中心进一步推进共性技术平台建设，为科技创新提供技术支撑，累计为30余家科企院校提供技术服务51万份次，培训800余人次。支撑在The Plant Cell、Molecular Plant、PNAS等刊物发表论文多篇。

完善现有技术平台。完善应用基因组学技术平台、蛋白质组学技术平台、小分子检测平台、细胞影像学技术平台的建设。优化DNA提取及测序流程、构建膜蛋白、标签蛋白等蛋白纯化体系、优化多类型复杂小分子检测技术流程，优化服务流程，提供专业化、一体化的技术服务。

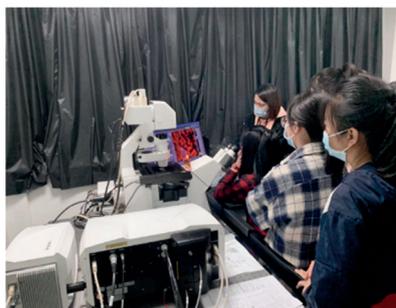
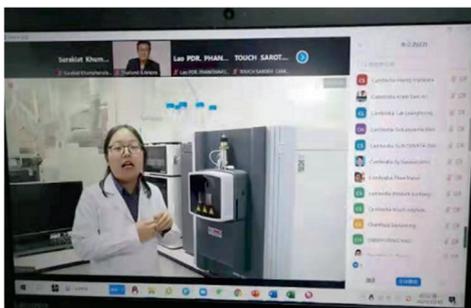
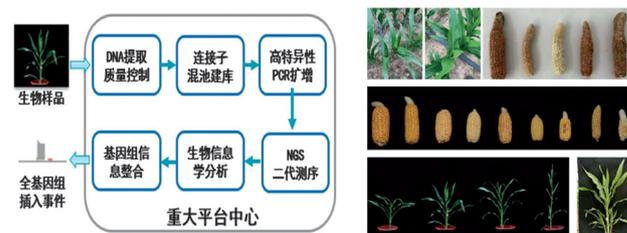
建成中国科学仪器自主创新应用示范基地。以“零成本”引进性能可靠的国产仪器设备15台(套)，市场价值1090万元；获得“中国仪器仪表学会科学仪器设备验证评价中心(生命科学站)”，取得仪器验评资质。利用国产仪器拓展植物激素、微量元素检测，增强了科技创新支撑能力。

聚焦技术创新。开发大规模、高通量、低成本、全基因组转基因序列插入事件测序鉴定技术；构建了遗传稳定的DS插入型突变体库，自主研发TEA-seq技术，在全基因组范围高通量测序鉴定了突变体单株内的Ds基因组插入位点信息。

创新合作机制，建立所-企联合实验室。与优势企业开展战略合作。与华智生物在平台共建、关键共性技术开发等方面展开深度合作，已合作开发了“快速高通量核酸提取”“快速基因编辑检测”等技术，为我国生物育种领域提供了大规模高通量的分子鉴定技术支撑。

加强信息化建设。升级了科技资源开放共享平台，并开发了微信小程序，注册用户达1500余人，为大型仪器开放共享提供保障；为了使科研人员操作更便利，进一步完善试剂耗材统一采购平台，升级了采购、审核、验收等功能，在阳光采购等方面发挥了重要的作用。

开展技术培训。举办技术培训18次(1次国际培训)，培训800余人，发挥了重大科学工程共享平台的作用，促进研究技术的推广、普及与应用。



作科所科技平台

平台名称	级别（国家级/省部级/院级）	授牌或批准时间
国家小麦原原种扩繁基地	国家级	1990
国家玉米原原种扩繁基地	国家级	1990
国家昌平综合农业工程技术研究中心粮食作物分中心	国家级	1991
国家小麦改良中心	国家级	1998
国家大豆原原种扩繁基地	国家级	1999
国家大豆改良北京分中心	国家级	2000
国家农作物种质资源保存中心	国家级	2001
国家农作物航天诱变技术改良中心	国家级	2003
国家种质北京多年生小麦野生近缘植物圃	国家级	2004
国家农作物种质资源共享平台	国家级	2008
作物分子育种国家工程研究中心	国家级	2008
国家杂粮工程技术研发分中心	国家级	2008
国家小麦产业技术研发中心	国家级	2008
国家玉米产业技术研发中心	国家级	2008
国家大豆产业技术研发中心	国家级	2008
国家谷子高粱产业技术研发中心	国家级	2009
国家食用豆产业技术研发中心	国家级	2009
国家大麦产业技术研发中心	国家级	2009
国家植物转基因技术研究中心	国家级	2009
国家转基因小麦环境安全评价与检测技术中心	国家级	2009
中国科技部美国农业部联合研究中心	国家级	2010
国家农业科学数据共享服务平台-作物分中心	国家级	2011
河南新乡农作物种质资源国家野外科学观测研究站	国家级	2015
国家作物表型与基因型鉴定设施（海南）	国家级	2020
农业部植物新品种保护办公室植物新品种保藏中心	省部级	1997
农业部谷物质量监督检验测试中心	省部级	2000
矮败小麦育种科技创新中心	省部级	2004
黄淮海北片小麦优质高产区域技术创新中心	省部级	2005
农作物国外引种隔离检疫基地	省部级	2006
能源作物高效培育技术示范基地	省部级	2008
农业部新乡矮败小麦重点野外科学观测试验站	省部级	2008
农业部新乡小麦高效育种技术科学观测实验站	省部级	2010
农业部作物基因资源与种质创制重点实验室	省部级	2011
农业部麦类生物学与遗传育种重点实验室	省部级	2011
农业部作物生理生态重点实验室	省部级	2011
农业部北京大豆生物学重点实验室	省部级	2011
农业部核辐射农业生物科学观测实验站	省部级	2011
农业部谷物产品质量安全风险评估实验室（北京）	省部级	2011
河北省涪源县国家小麦育种夏繁基地	省部级	2012

续表

平台名称	级别（国家级/省部级/院级）	授牌或批准时间
国家原子能机构核技术（辐射育种）研发中心	省部级	2021
中国农业科学院作物种质资源与生物技术重点开放实验室	院级	2008
中国农业科学院粮棉油料作物生理与栽培重点开放实验室	院级	2008
中国农业科学院作物遗传改良与生物技术重点开放实验室	院级	2008
中国农业科学院新乡矮败小麦野外科学观测试验站	院级	2012
中国农业科学院谷物产品质量安全风险评估研究中心	院级	2013
中国农业科学院粮食作物育种工程技术研究中心	院级	2015
中国农业科学院专业公共实验室	院级	2019

作科所国际合作平台

平台名称
农业农村部-CIMMYT玉米小麦联合实验室
中澳小麦改良联合中心
中美小麦品质与病害联合研究中心
中国农科院与法国农科院谷类作物基因组学联合实验室
CAAS-Bioversity农业生物多样性研究与发展中心
中泰食用豆类联合研究实验室
CAAS-CIMMYT玉米分子育种实验室
植物突变育种协作网
国际原子能机构育种技术协作中心
亚太植物突变研究协作网

作科所基地

基地名称	地理位置
院部基地	北京市海淀区皂君庙路2号
顺义基地	北京市顺义区赵全营镇后桑园村
昌平基地	北京市昌平区马池口村南
南口基地	北京市昌平区南口镇
唐海基地	河北省唐山市曹妃甸区第十一农场
涪源基地	河北省张家口市涪源县平定堡镇
廊坊基地	河北省廊坊市
公主岭基地	吉林省长春市公主岭
东营基地	山东省东营市现代畜牧业示范区绿洲二路50号
新乡基地	河南省新乡市新乡县七里营镇
海南基地	海南省三亚市崖州区南滨农场



(国家作物种质库新库)

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