



中国农业科学院作物科学研究所

Institute of Crop Sciences,
Chinese Academy of Agricultural Sciences

2022 年报

Annual Report 2022

所长致辞

2022年，党的二十大胜利召开，绘就了新时代宏伟蓝图，吹响了新征程奋进号角。

这一年，作科所以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，遵循“四个面向”“两个一流”总要求，聚焦“国之大事”，国家种质库新库转段试运行顺利推进，为建成世界一流的种质库夯实基础。牵头组织的第三次普查抢救性收集资源累计达11.6万份，面向全国242家单位共享种质资源8.9万余份次，通过远缘杂交创制出突破产量瓶颈增产20%左右的小麦新品系15个。

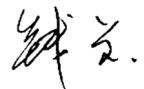
这一年，作科所狠抓“种子”大事，获批作物基因资源和育种全国重点实验室，种业前沿基础研究取得突破性进展。牵头完成水稻泛基因组、高质量豌豆参考基因组和泛基因组、饭豆高质量基因组构建，揭示水稻株型调控、玉米杂种优势群遗传改良与分化、谷子遗传驯化等新机制，发现的水稻高产基因 *OsDREB1C* 能同时提高光合效率 and 氮素利用率，提高栽培稻产量超过30%，为培育更加高产、氮肥高效以及早熟的作物品种提供了重要基因资源。育成品种年推广面积超过3000万亩，中麦578小麦、中黄901大豆等3个品种入选农业农村部主导品种，优质高产小麦“中麦578”实现订单生产、优质优价，年度应用面积超过500万亩。节本增产的耐除草剂转基因大豆在多地开展试验种植，为推进产业化应用提供科技支撑。

这一年，作科所积极响应部院党组重大应急决策，科技支撑夺取全年粮食稳产保供成效显著。针对5省1.1亿亩晚播冬小麦实施“壮苗行动”，牵头组织院小麦专家团及国家小麦体系，下沉主产省，挂图作战，为夺取夏粮丰收做出突出贡献。同时牵头院玉米、大豆产业专家团，常态化全方位为稳粮保供提供科技支撑。9项栽培生产技术入选农业农村部2022年粮油生产主推技术，年度推广应用面积超过8000万亩。其中，玉米密植滴灌技术在10余个省区示范推广，刷新了东北春玉米区千亩和万亩大面积亩产纪录。

这一年，作科所克服疫情影响，充分发挥国家战略科技力量作用，深化合作交流提升我国作物科学国际影响力。组织推进“G2P：农作物基因资源阐释”国际农业科学计划项目实施。成功举办第二届国际小麦大会等国际会议和多场国际培训班，来自78个国家9000余人次参与研讨交流。

展望未来，作科所将以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，深入贯彻落实二十大精神，锚定建设农业强国目标，紧盯粮食稳定安全供给头等大事，谨遵“尚农、崇德、求是、创新”的所训，扎实苦干、矢志奋斗，以产业急需为导向，紧盯世界农业科技前沿，聚焦底盘技术、核心种源和生物育种，大力开展科技创新，为提升我国农业科技水平，加快实现高水平农业科技自立自强提供坚实科技支撑，努力在建设农业强国征途中再立新功！

中国农业科学院作物科学研究所所长
中国科学院院士



C 目录 Contents

组织机构	1
重要数据	2
荣誉奖励	4
大事记	8
研究进展	30
团队结构	30
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	76
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
农业农村部谷物品质监督检验测试中心 /	
农业农村部谷物产品质量安全风险评估实验室（北京） /	
农业农村部农产品品质评价与营养健康重点实验室	86
植物转基因技术研究中心	87

组织机构



重要数据



● 李少昆团队“玉米密植高产水肥精准调控技术研发与推广应用”

● 吴存祥“农业技术推广贡献奖”

● 获批“作物基因资源与育种全国重点实验室”

● 中俄大豆国际联合研究中心

● 中国 - 乌拉圭大豆研究与创新“一带一路”联合实验室

● 玉米密植高产低水分籽粒直收技术

● 玉米水肥一体化密植高产粒收技术

● 玉米地膜替代绿色生产技术

● 玉米条带耕作密植增产增效技术

● 夏玉米防灾减灾稳产栽培技术

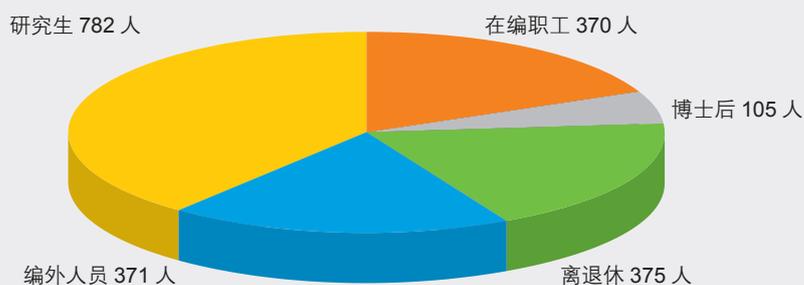
● 夏玉米推茬清垄种肥同播技术

● 小麦匀播节水减氮高产高效技术

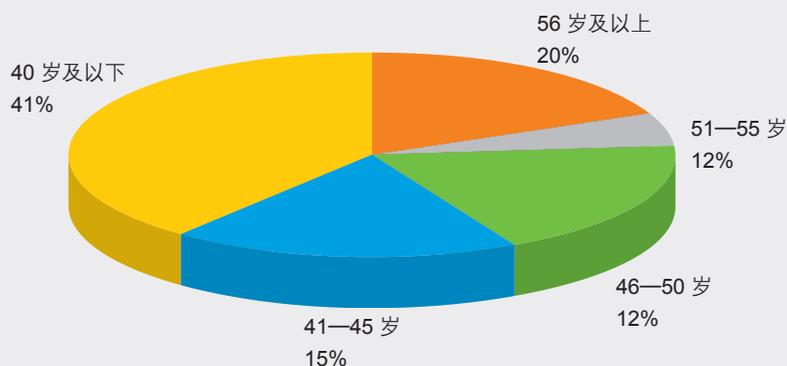
● 稻田秸秆还田的丰产减排耕作技术

● 黄淮海夏大豆免耕覆秸机械化生产技术

● 截至 2022 年底，全所人员 2003 人，其中在编职工共 370 人，正高级职称人员 121 人，副高级职称人员 133 人



研究所人员构成



科技人员年龄构成

荣誉奖励

2019-2021 年度全国农牧渔业丰收奖—农业技术推广成果一等奖

“玉米密植高产水肥精准调控技术研发与推广应用”项目，由李少昆研究员主持完成。该项目针对我国玉米种植密度与产量偏低、管理粗放、水肥利用效率不高等问题，创新玉米密植群体抗倒防衰高整齐度关键技术，构建密植高产水肥精准调控技术模式，实现节水省肥与高产协同。连续 7 次刷新全国高产纪录及创多省玉米万亩高产纪录，最高亩产 1663.25 公斤。采取“田间课堂”等多种形式加强推广，近 3 年在西北灌区累计应用 3830 万亩，增收玉米 406 万吨，水肥利用效率平均提高 21.6%，引领我国玉米生产技术的发展。



2019-2021 年度全国农牧渔业丰收奖—农业技术推广贡献奖

吴存祥研究员长期从事大豆栽培技术研发与推广工作，针对大豆主产区生产技术瓶颈，研发并推广黄淮海大豆免耕覆秸精量播种技术、东北北部大豆高产高效综合技术、西北旱区以覆膜为核心的大豆高产栽培技术，累计推广 2000 余万亩，节本增效 20 多亿元。同时，坚持农业技术科普宣传，助力打造一批“带不走的”技术力量。



国家高层次人才特殊支持计划科技创新领军人才

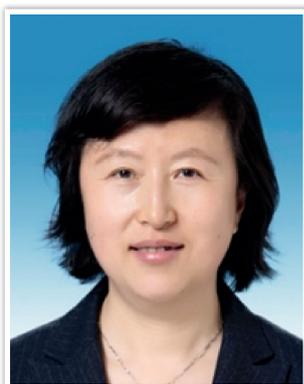


王文生 研究员



孙君明 研究员

农业农村部神农英才领军人才



李英慧 研究员



夏兰琴 研究员

农业农村部神农英才青年英才



武 晶 研究员



童红宁 研究员



张立超 副研究员



黎 亮 研究员



侯 鹏 副研究员

国家自然科学基金委海外优秀青年科学基金



周 鹏 研究员

第十七届中国青年科技奖



任玉龙 研究员

中国侨界贡献奖



毛 龙 研究员

4个中央和国家机关、部直属机关党委“四强”党支部



作物耕作与生态党支部



麦类资源党支部



小麦品质育种党支部



栽培与生理党支部

中国农业科学院 2022 年度科普作品



大事记

● 1月6日

从国家大豆产业技术体系 2021 年度工作会议上获悉，中国农业科学院大豆“藏粮于技”重大科研任务团队联合国家大豆产业技术体系在东北北部大豆主产区黑河市实施大豆科技成果转化“伙伴行动”，打造的 7 个千亩方示范田平均亩产 250.17 公斤，实现了大面积高产的预期目标，“伙伴行动”为大豆产业的增产增效打造了新模式。



● 1月7日

在 2021 第十六届中国全面小康论坛暨首届中国经济社会高质量发展论坛颁奖盛典上，作科所徐建龙研究员入选《小康》杂志社推选的“2021 年度中国社会发展十大杰出贡献人物”。



● 1月7日

作科所举行向治愈出院的巴基斯坦留学生 Irshad Ahsan 博士捐款仪式。所长钱前、党委书记范静、合作导师刘录祥代表全所职工将爱心捐款 76456 元、研究所困难补助 5000 元及勉励 Ahsan 博士的签名信交给 Ahsan 博士本人。在捐款仪式上，Ahsan 博士向研究所送上锦旗致谢并发表深情感言。“病魔无情大爱无疆，愿中巴友谊源远流长”，他真诚感谢研究所的关心、支持和帮助，使他在最艰难的时刻感受到家人般的温暖，感受到深厚的中巴情谊。



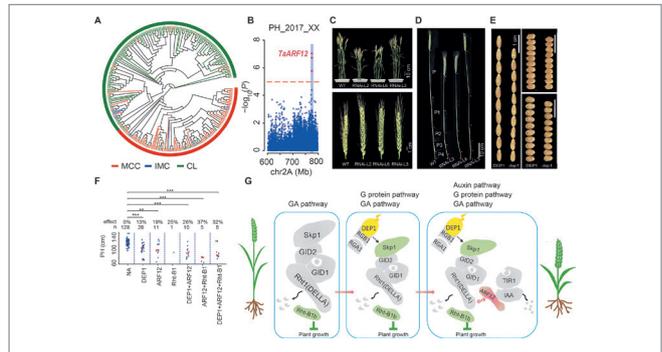
● 1月12日

美国科学院院士朱健康正式入驻作科所，并担任作科所组建的农业农村部基因编辑创新利用实验室主任，在“作科大讲坛”做“基因编辑育种产业化的机遇与挑战”学术报告。中国农科院院党组书记张合成，院党组成员、人事局局长陈华宁，副局长李巨光，作科所领导班子、创新团队首席，所内外相关领域专家等聆听报告并进行现场交流。



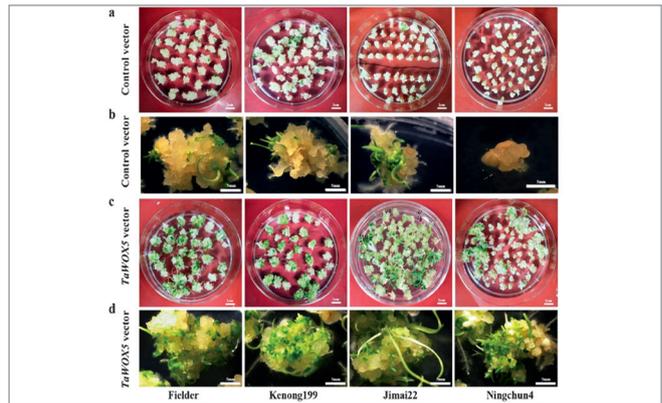
1月13日

生物信息学及应用创新团队协同小麦资源与利用创新团队在 *Molecular Plant* 发表题为 *Wheat breeding history reveals synergistic selection of pleiotropic genomic sites for plant architecture and grain yield* 的研究论文，该研究为小麦复杂性状遗传基础解析提供了切实可行的研究方法，进一步推动了小麦优异基因以及优异变异位点的挖掘和利用，对中国小麦高产育种具有指导意义。



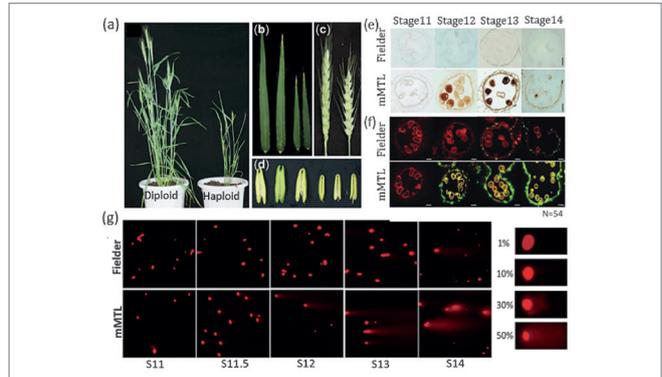
1月14日

作物转基因及基因编辑技术与应用创新团队在 *Nature Plants* 在线发表题为 *The gene TaWOX5 overcomes genotype dependency in wheat genetic transformation* 的研究论文，该研究鉴定了一个与小麦植株再生相关的基因 *TaWOX5*，利用 *TaWOX5* 基因克服了小麦遗传转化中的基因型依赖性难题。中国科学院种康院士、林鸿宣院士均对此工作做出高度评价，并表示该研究具有广泛的应用前景。



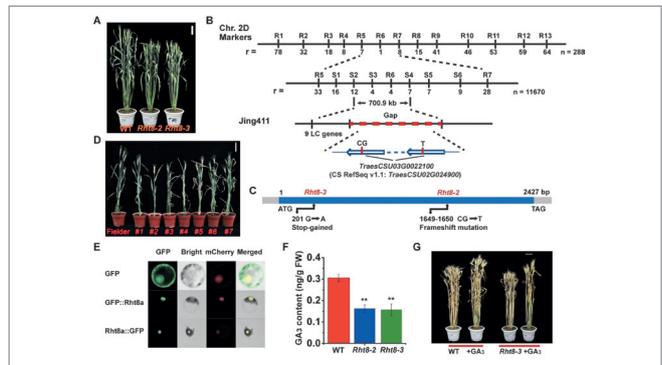
1月19日

生物信息学及应用创新团队在 *New Phytologist* 发表题为 *Matrilineal empowers wheat pollen with haploid induction potency by triggering postmitosis reactive oxygen species activity* 的研究论文，该研究解析了诱导产生小麦单倍体的分子机制，发现 mMTL 诱导产生单倍体的分子基础是其诱导三核花粉粒时期及其后期产生的活性氧引起 DNA 损伤，进而可能导致单倍体诱导过程中的染色体消除，该发现有利于加速双单倍体育种技术在育种中的应用，具有重要的理论和实践价值。



1月20日

小麦育种新技术及应用创新团队在 *Molecular Plant* 上在线发表了题为 *Cloning and functional characterization of Rht8, a "Green Revolution" replacement gene in wheat* 的研究论文，该研究成功克隆了小麦育种上广泛利用的重要矮秆基因 *Rht8*，并解释了其调控株高的机制。这项研究克隆的 *Rht8* 矮秆基因不仅为小麦株高调控的机制研究提供新思路，而且有助于 *Rht8* 基因的育种精准利用，为培育适宜株高的小麦新品种奠定了重要理论基础。



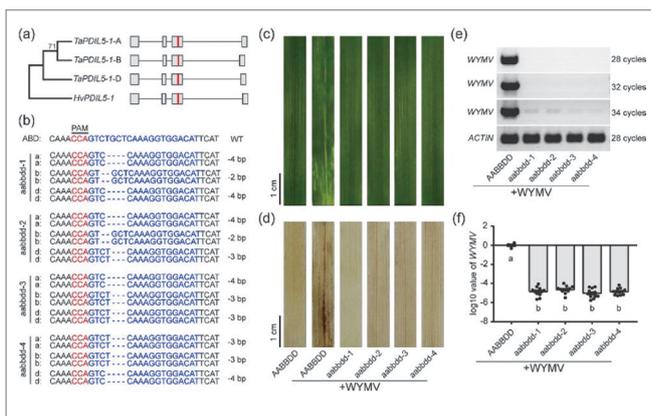
1月26日

水稻分子设计技术与应用创新团队负责的比尔及梅琳达·盖茨基金会项目“帮助西非国家建立水稻种业体系”启动会在作科所召开。该项目旨在原来盖茨基金项目“为亚洲和非洲资源地区培育绿色超级稻”的基础上进一步推动中国水稻科研技术在非洲落地，顺利完成非洲水稻育繁推一体化种业体系建设的任务目标。作科所所长钱前院士、副所长刘录祥，中国农科院国际合作局国际组织处处长翟琳、盖茨基金会北京办公室副主任朱庆华等领导 and 专家出席了本次活动。



1月28日

小麦大麦优异种质资源发掘与创新利用创新团队在 *New Phytologist* 上发表了题为 *Simultaneous editing of host factor gene TaPDIL5-1 homoeoalleles confers wheat yellow mosaic virus resistance in hexaploid wheat* 的研究论文，该研究克隆了首个小麦隐性抗病毒基因，可以有效改良品种对小麦黄花叶病的抗病性，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。



2月13日

全国春季农业生产暨加强冬小麦田间管理工作会议在山东省德州市召开。作科所赵广才研究员作为会议联合工作组成员向赴麦田调研的国务院副总理胡春华一行介绍小麦春管情况，并提出春季田间管理技术建议。中央农村工作领导小组成员兼办公室主任、农业农村部党组书记、部长唐仁健，山东省省委书记李干杰，省委副书记、省长周乃翔等参加田间调研活动。



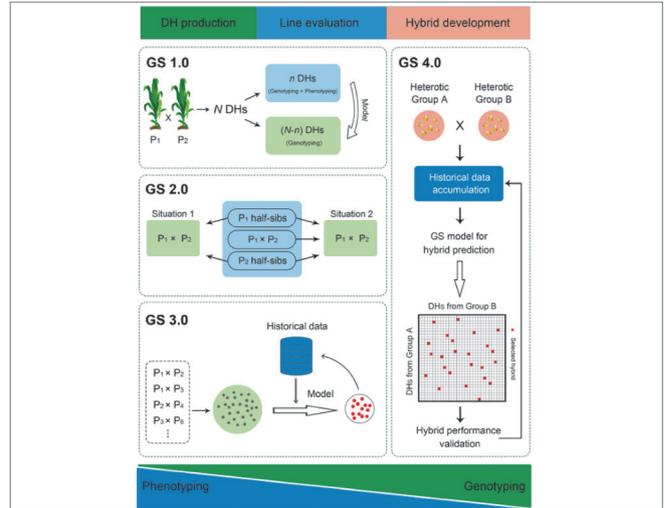
2月14日

作科所小麦、玉米、大豆专家 29 人参加农业农村部 2022 年文化科技卫生“三下乡”集中示范暨冬小麦“科技壮苗”和大豆玉米带状复合种植技术服务活动，并赴山东开展下乡技术指导，全力做好冬小麦“科技壮苗”支撑工作，保障夏粮丰收。农业农村部副部长张桃林出席活动并讲话，山东省副省长凌文，中国农科院副院长孙坦参加活动。



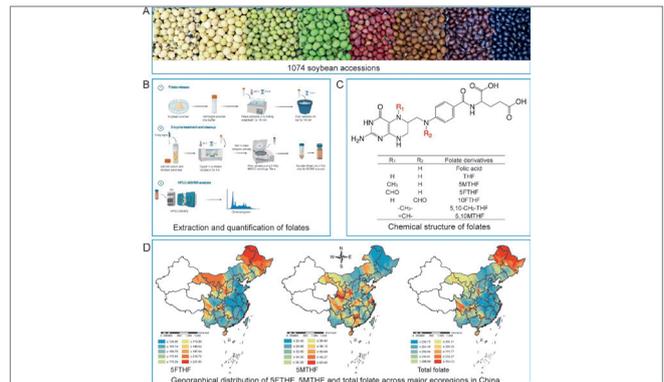
2月21日

黎亮研究员领衔、联合国内外多个研究团队在 *Molecular Plant* 上在线发表题为 *Integration of genomic selection with doubled-haploid evaluation in hybrid breeding: From GS 1.0 to GS 4.0 and beyond* 的观点文章, 该论文重点探讨了如何在育种实践中整合全基因组选择 (GS) 和双单倍体 (DH) 技术, 并创新性地提出了 GS 4.0 的概念, 为我国种业科技创新快速提升提供了新的思路。当前我国作物育种可以直接瞄准 GS 4.0 进行研究攻关, 打造我国“智能设计育种技术体系”, 为打好种业翻身仗提供有力支撑。



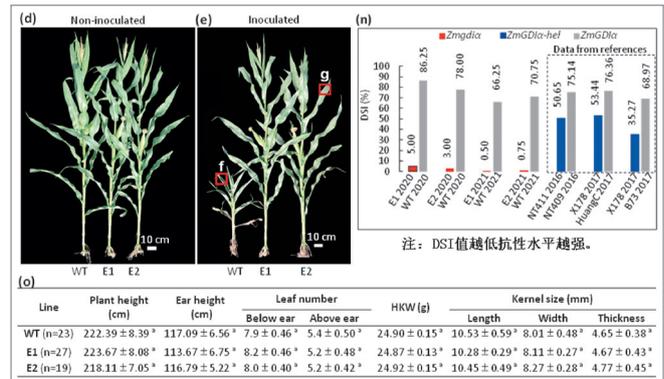
2月21日

大豆育种技术创新与新品种选育创新团队在 *Food Chemistry* 上在线发表了题为 *Profiling of naturally occurring folates in a diverse soybean germplasm by HPLC-MS/MS* 的研究论文, 该研究在创建了大豆叶酸 HPLC-MS/MS 快速鉴定技术的基础上, 首次解析了我国大豆种质叶酸的地理分布规律。研究表明, 来自中国东北部地区的大豆种质叶酸的含量显著高于南方地区种质, 该结果为高叶酸大豆育种提供理论指导。



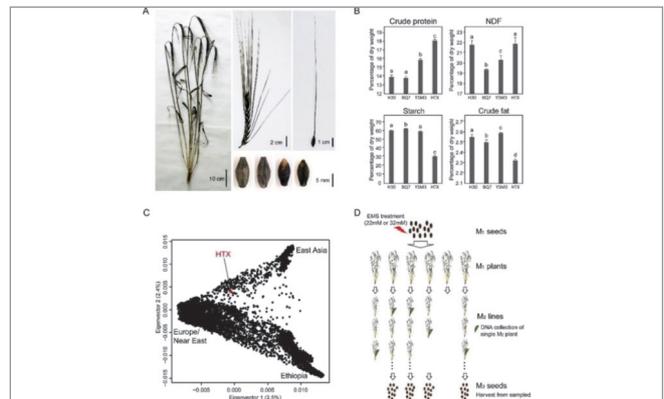
2月24日

作物分子育种技术和应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上在线发表了 *Targeted generation of Null Mutants in *ZmGDIα* confers resistance against maize rough dwarf disease without agronomic penalty* 的研究论文, 该研究利用 CRISPR/Cas 基因编辑技术进行了广泛筛选, 发现编辑基因 *ZmGDIα* 1 号外显子获得的两个纯合突变高抗玉米粗缩病, 且不影响生长发育与农艺性状表现, 该研究为利用基因编辑手段创制抗性突变提供了范例。



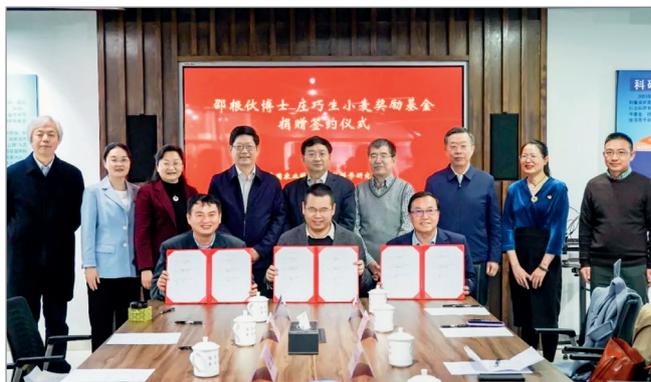
3月12日

小麦大麦优异种质资源发掘与创新利用创新团队联合中德多家科研单位, 合作构建了我国大麦地方品种“哈铁系”的化学诱变突变体库, 并建立了基于扩增子测序的经济高效鉴定基因组局部诱导突变技术 (TILLING 突变体筛选技术) 在 *Plant Communications* 上在线发表了题为 *A reference-guided TILLING by amplicon-sequencing platform supports forward and reverse genetics in barley* 的研究论文, 该研究平台的建立将为我国大麦种质创新、新基因发掘和功能研究提供有力支撑。



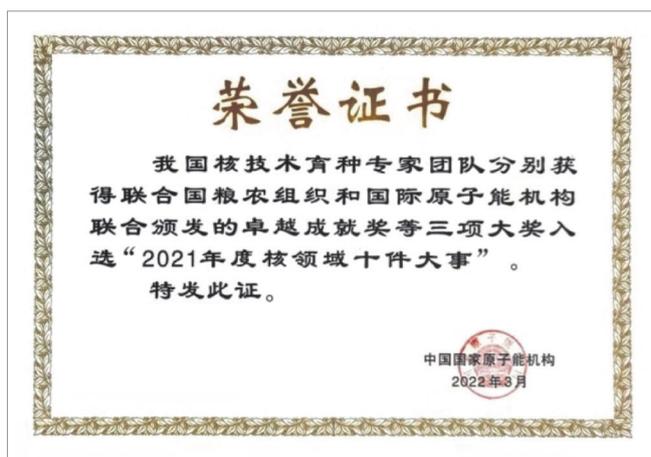
● 3月25日

大北农集团董事长邵根伙博士以个人名义向作科所“庄巧生小麦奖励基金”捐赠人民币500万元，助力小麦育种事业发展。邵根伙博士、研究生院党委书记兼北京中国农业科学院农业发展基金会副理事长贾广东、作科所所长钱前院士分别代表三方签署捐赠协议。中国农科院副院长、北京中国农业科学院农业发展基金会理事长梅旭荣为邵博士颁发捐赠荣誉证书。中国农科院原副院长万建民院士、中国农科院研究生院原院长刘大群、作科所副所长马有志、创种科技集团副总裁李军民、大北农集团副总裁王丹玉、创种科技集团副总裁王石等见证了签约。



● 3月28日

国家原子能机构在首届季度论坛上发布了2021年中国核领域十件大事，作科所小麦育种新技术与应用创新团队在2021年获得的2项植物诱变育种国际奖励“卓越成就奖”和“女性成就奖”入选。国家原子能机构科技委副主任张建华为入选事件颁发证书。国家原子能机构副主任董保同出席论坛并致辞。



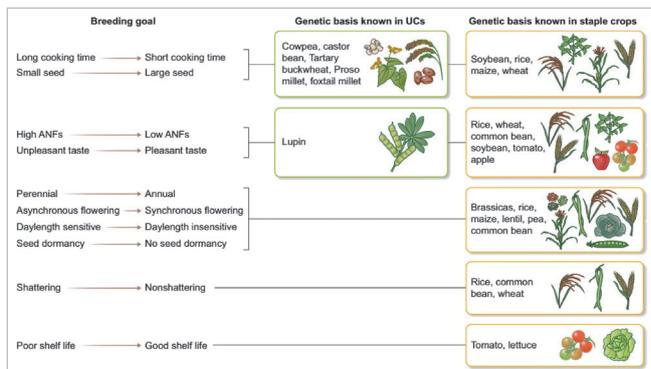
● 3月29日

作科所召开干部大会，中国农科院人事局副局长季勇同志宣读了关于王文生同志任作科所副所长的决定，王文生作表态发言。中国农科院党组成员、副院长王汉中出席会议并作重要讲话。



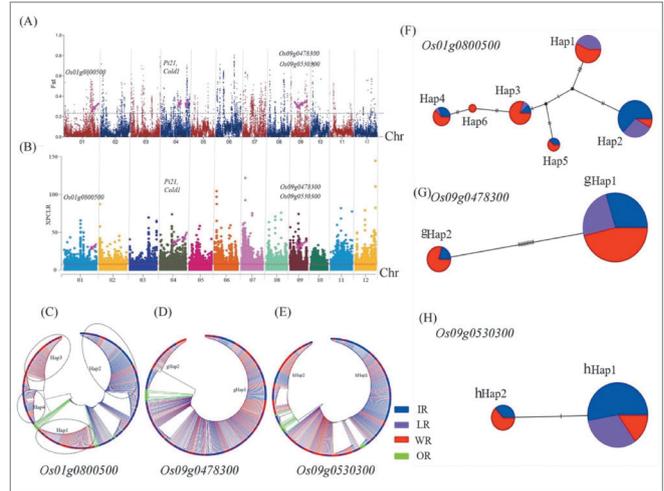
● 3月31日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队与英国科研团队合作应邀在 *New Phytologist* 上发表了题为 *Beyond a reference genome: pangenomes and population genomics of underutilized and orphan crops for future food and nutrition security* 的综述性研究论文，该研究系统概述了群体基因组学和泛基因组学方法在推动未充分利用和杂粮作物科学研究及保障未来人类食物和营养安全方面的应用前景。



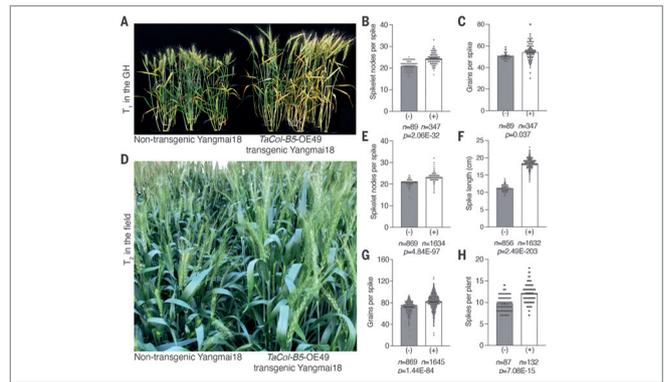
4月2日

水稻优异种质资源发掘与创新利用创新团队在 *Journal of Experimental Botany* 上发表了题为 Evidence for evolution and selection of drought-resistant genes based on high-throughput resequencing in weedy rice 的研究论文, 该研究发现, 杂草稻与栽培稻之间存在基因渗入, 支持了杂草稻起源于栽培稻的去驯化观点, 发掘了杂草稻中的抗旱相关基因 *PAPH1* 并验证了其功能, 为抗旱基因功能的深入研究与杂草稻的有效利用提供了理论支撑。



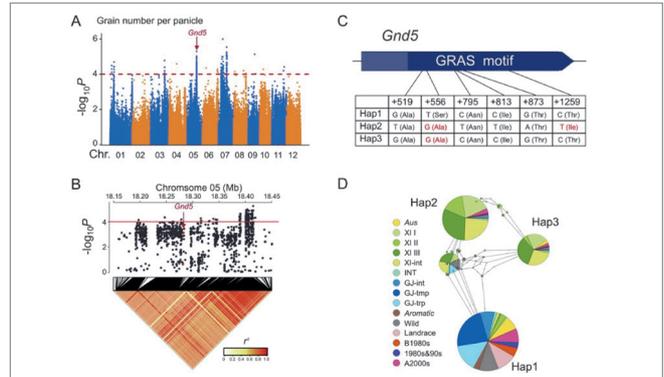
4月7日

小麦基因资源发掘与利用创新团队李甜副研究员合作参与的科学研究在 *Science* 上发表了题为 *TaCol-B5* modifies spike architecture and enhances grain yield in wheat 的研究论文, 该研究通过图位克隆方法定位到一个控制小麦小穗数的主效基因 *TaCOL-B5*, 该基因对小麦小穗数、分蘖数以及单株产量等性状都有明显的调控作用, 田间测产显示产量平均增长 11.9%, 该基因的发现对于深入了解小麦产量性状基因的作用机制具有里程碑式的意义。



4月13日

水稻优异种质资源发掘与创新利用创新团队在 *Plant Communications* 上在线发表了题为 Genomic insights on the contribution of introgressions from Xian/Indica to the genetic improvement of Geng/Japonica rice cultivars 的研究论文, 该研究系统解析了我国粳稻育成品种的演变规律和改良历史, 在基因组层面揭示了籼稻血缘渗入对粳稻遗传改良的贡献, 为未来水稻基因组育种提供了新思路。



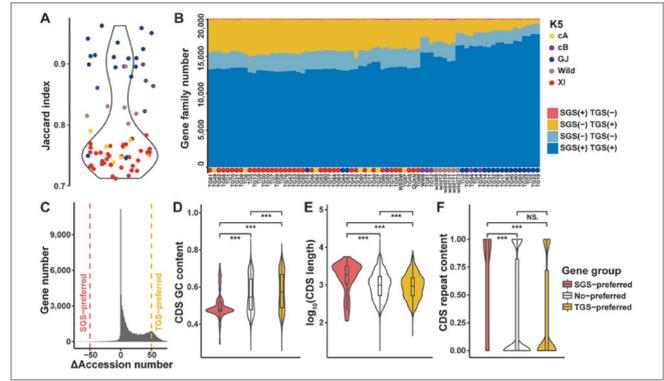
4月15日

在第七个“4·15”全民国家安全教育日之际, 科技部农村中心与作科所开展联学联建活动, 双方就如何进一步增强国家安全的意识, 聚焦主责主业持续做好作物科技创新工作, 为支撑保障国家粮食安全作出新的更大贡献展开了深入的学习交流。科技部农村中心主任邓小明, 副主任陈成, 各处室负责人, 中国科学院院士、作科所所长钱前, 党委书记范静等所领导班子, 职能部门负责人及专家代表等 40 余人参加了活动。



4月18日

水稻分子设计技术与应用创新团队与上海交通大学合作在 *Genome Research* 上在线发表题为 Long-read sequencing of 111 rice genomes reveals significantly larger pan-genomes 的研究论文, 该研究基于 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, 相关数据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, 培育突破性的水稻新品种具有重要意义。



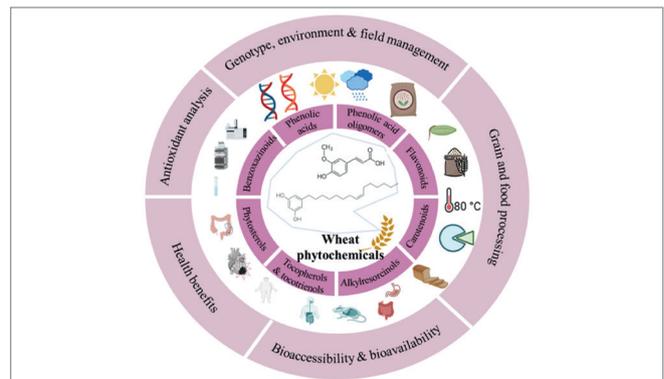
4月19日

作科所组织召开小麦“藏粮于技”、玉米“藏粮于技”、大豆“藏粮于技”、作物分子设计育种等 4 个创新工程院级重大任务 2022 年实施推进会。中国农科院科技局副局长熊明民、项目与成果管理处副处长解沛, 承担重大任务相关团队首席及骨干参加会议。会议由作科所副所长刘录祥主持, 以现场和线上相结合的方式进行。



4月29日

小麦品质研究与新品种选育团队与美国堪萨斯州立大学合作在 *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety* 上发表题为 A comprehensive review of wheat phytochemicals: From farm to fork and beyond 的综述性论文, 该研究阐明了小麦营养品质研究的重要意义, 并系统综述了当前研究进展和未来发展趋势。



4月29日

作科所与山西兴县签订杂粮产业合作协议。此次合作, 双方将在杂粮种业研究、杂粮试验示范基地、现代杂粮产业示范园区、晋绥杂粮特色小镇建设等方面展开合作, 推动区域杂粮产业基础研究、技术成果转移转化、科技企业孵化培育和专业人才培养等方面工作, 建立兴县现代杂粮种子创新基地, 推动兴县杂粮的创新链、产业链、价值链和服务链协同发展, 协助兴县打造成为中国“杂粮之乡”。吕梁市委书记孙大军, 山西省晋绥文化教育基金会副理事长段晓飞, 吕梁市政协副主席、兴县县委书记乔云, 作科所所长钱前、副所长刘录祥等出席签约仪式。会议由作科所副所长王文生主持并代表签约, 以线上、线下相结合的方式进行。



● 4月29日

作科所与大北农集团北京丰度高科种业举行合作项目签约仪式。双方将充分发挥各自科研、技术、人才和市场优势，联合开展玉米育种关键技术攻关，加快推进科技创新成果产业化进程，合作打造成为玉米育种科企深度融合、育繁推服一体化的行业标杆和模式典范，助力国家种业振兴。中国农科院原院长翟虎渠、原副院长刘旭，大北农集团常务副总裁创种科技首席执行官刘石，创种科技副总裁李军民，创种科技副总裁、丰度高科董事长王石，丰度高科副总经理秦琪中，作科所所长钱前、副所长刘录祥等出席签约仪式，副所长王文生主持会议。



● 4月29日

作科所与隆平生物技术(海南)有限公司举行合作项目签约仪式。双方约定，作科所玉米基因编辑育种创新研究组将向隆平生物转让三项发明专利，双方以此三个专利应用孵化为基础，共同推进玉米基因编辑技术体系建设、单倍体诱导与双单倍体育种技术等重要育种技术的推广应用。玉米基因编辑育种创新研究组组长谢传晓研究员与隆平生物董事长冯越分别代表双方签约。三亚市人民政府党组成员、副市长罗东，隆平生物董事长冯越、总经理吕玉平，中国科学院院士、作科所所长钱前出席签约仪式。作科所副所长刘录祥致欢迎词，副所长王文生主持会议。



● 5月8日

中国民主同盟盟员、中国科学院院士、著名小麦遗传育种学家、作科所研究员庄巧生先生因病医治无效，于2022年5月8日下午在北京逝世，享年105岁。他是我国小麦遗传育种学科的主要奠基人之一，毕生致力于新品种选育与研究，为国家粮食安全、种业科学发展做出了卓越贡献。主持育成北京8号、北京10号、丰抗8号等高产抗病冬小麦优良新品种，累计推广约4亿亩。他带头改进育种方法，主编的《中国小麦品种改良及系谱分析》等为提高全国作物育种理论水平发挥了积极作用。庄先生曾获全国科学大会奖、国家科技进步一等奖和二等奖、何梁何利基金科学与技术进步奖、新中国成立60周年“三农”模范人物等。



● 5月9日

小麦抗逆分子育种创新团队在 Plant Biotechnology Journal 上在线发表了题为 *GmTDN1 improves wheat yields by inducing dual tolerance to both drought and low-N stress* 的研究论文，该研究发现 *GmTDN1* 基因可协同提高小麦的抗旱性和氮肥利用效率，为同时提高小麦抗旱节水和氮肥利用效率开辟了新途径。



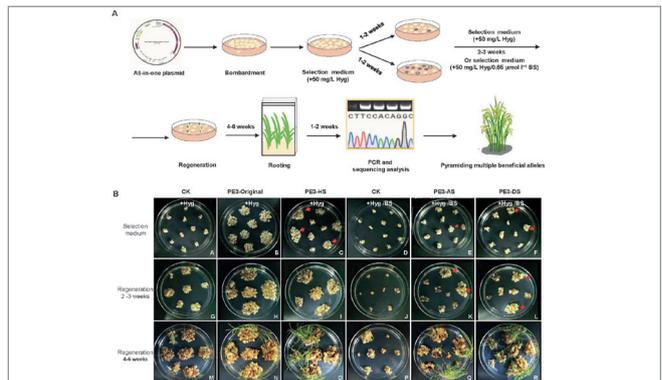
● 5月9日

作科所邀请中国工程院副院长邓秀新院士做客“作科大讲坛”，进行了“柑橘研究——从基础到产业”的专题报告。会前，邓秀新院士考察了国家作物种质库新库，中国农科院院长吴孔明、原副院长刘旭院士陪同。所领导、职能部门负责人、创新团队首席、青年人才、研究生等约500余人，通过线上、线下相结合的方式听取了报告。报告会由所长钱前院士主持。



● 5月25日

作物精准育种技术创新团队在 *Molecular Plant* 上在线发表了题为 *Multiplex precision gene editing by a surrogate prime editor in rice* 的研究论文，该研究成功研发出高效代理引导基因编辑器 PE3-HS、PE3-AS 和 PE3-DS，并率先在水稻中实现多个基因同时精准编辑，进一步拓展了引导编辑系统在农作物多基因聚合育种中的应用。此外代理引导基因编辑器的开发和利用，为作物多基因精准编辑提供了有效工具，有望在水稻等农作物中一代实现多个优异等位基因聚合，大大加快育种进程。



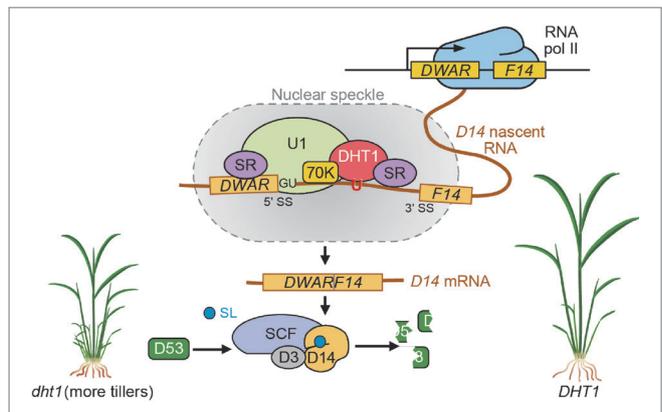
● 5月26日

中国农业科学院“增粮科技行动”发布会以线上视频形式举行，会议发布了“增粮科技行动”发展目标与重点任务，这是中国农科院继续推动实施“使命清单制度”，发布“强种”“沃田”科技行动后，开展的又一项重大科技行动，将为实现“口粮绝对安全，谷物基本自给”提供有力科技支撑，该行动由作科所牵头实施。中国农科院副院长、中国工程院院士王汉中出席发布会并讲话，所长钱前院士作了解读，会议由中国农科院副院长冯忠武主持。



● 6月7日

万建民院士领衔的作科所作物功能基因组研究创新团队在 *The Plant Cell* 上在线发表了题为 *Dwarf and High Tillering1 represses rice tillering through mediating the splicing of D14 pre-mRNA* 的研究论文，该研究克隆了水稻株型调控新基因 *DHT1*，并对其调控水稻分蘖的分子机制进行了深入解析，揭示了其通过调控独脚金内酯受体基因 *D14* 的转录和剪接来调控水稻分蘖的新通路，为水稻株型改良提供了新启示。



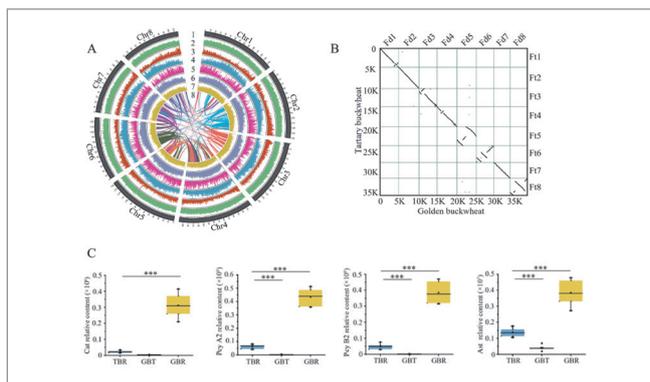
6月10日

中国农业绿色发展研究会发布了《关于2021年中国农业绿色发展研究会科学技术奖的表彰决定》，中国农业科学院作物研究所作物耕作与生态创新团队“水稻丰产优质与甲烷减排关键技术及应用”项目获科学技术一等奖。该项目由张卫建研究员主持，该成果可为我国粮食安全下农业减排固碳行动提供重要科技支撑。



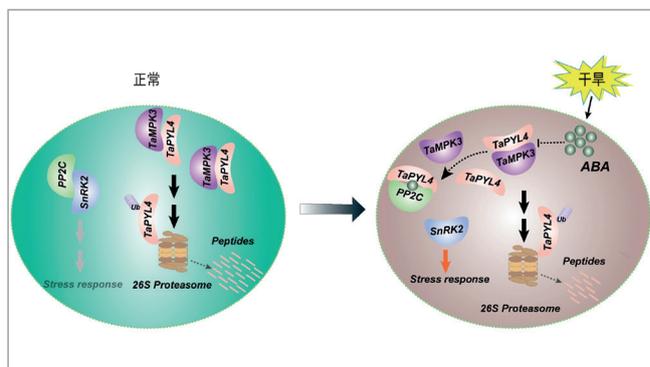
6月14日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队在 New Phytologist 在线发表题为 Comparison of buckwheat genomes reveals the genetic basis of metabolomic divergence and ecotype differentiation 的研究论文，该研究揭示了金荞麦和苦荞性状差异的重要原因，对金荞麦的生态类型进行了初步的划分和比较，并开发了与芦丁代谢相关的分子标记，为金荞麦的性状改良和品质育种，以及苦荞和金荞麦种间杂交的分子育种提供了理论依据。



6月20日

小麦抗逆分子育种创新研究组在 New Phytologist 上在线发表了题为 Mitogen-activated protein kinase TaMPK3 suppresses ABA response by destabilising TaPYL4 receptor in wheat 的研究论文，该研究证实了小麦 MPK3 可以通过促进 PYL4 的降解来负向调控小麦的耐旱性，有助于小麦平衡干旱胁迫响应和正常的植物生长发育，为小麦的抗旱育种提供了理论基础和基因资源。



6月22日

中麦 578 在黄淮麦区去年大面积晚播情况下仍然表现突出，各地喜获丰收。根据 6 月中旬对河北金沙河种植合作社万亩片中麦 578 进行实打验收，测产结果平均亩产 740 公斤，较 2021 年的 676 公斤增产 9.4%，还超过了大丰收之年 2020 年的 737 公斤，创造了优质强筋麦大面积高产记录。6 月 22 日，中麦 578 作为优质麦品种代表登上央视 1 套《焦点访谈—来之不易的丰收》节目。



6月23日

新疆生产建设兵团党委副书记、副政委，兵团党委宣传部部长刘见明一行到作科所栽培与生理创新团队奇台试验示范基地观摩调研玉米高产创建进展情况。刘见名对团队长期在新疆坚持开展玉米高产探索工作及取得的成绩给予了高度赞扬，希望产量再取得突破，并大面积推广应用。兵团农业技术推广总站站长王林，第六师师长莫拉力·阿不都满金，副师长王际华、王永信等有关负责同志参加考察调研。



6月26日

中国农业科学院第四届“农科开放日”活动在作科所开展，“农科优品”产品品鉴活动以“品鉴农科优品，感受作物科技，畅享健康生活”为主题。科学家们在农忙的喘息之际，面向广大社会公众开展了一次精彩纷呈的科普盛宴。现场活动以同步直播形式在光明网与社会公众见面，在线关注人数达 140.3 万人次。



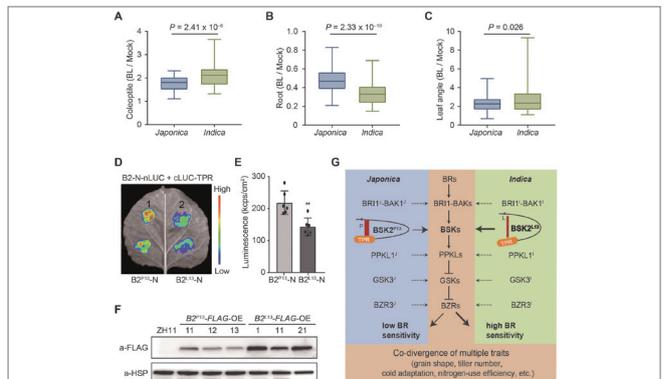
6月29日

在中国农科院纪念中国共产党成立 101 周年主题活动中，作科所所长钱前荣获建院 65 周年先进模范人物卓越成就奖，何中虎、李少昆、黄长玲、林启冰四位同志荣获卓越奉献奖。徐琼芳、林夕、崔淑兰 3 名老党员荣获“光荣在党 50 年”荣誉奖章。



7月1日

水稻分子设计技术与应用创新团队在 *Journal of Integrative Plant Biology* 上在线发表题为 *The divergence of brassinosteroid sensitivity between rice subspecies involves natural variation conferring altered internal auto-binding of OsBSK2* 的研究论文，该研究首次揭示了植物激素途径参与多个性状的籼粳分化，进一步分析发现 *OsBSK2* 同时介导了多种性状如粒型、分蘖数、耐冷性和氮利用效率的调控，为水稻多性状聚合遗传改良提供了新的理论基础。



7月1日

为庆祝中国共产党成立101周年和迎接党的二十大胜利召开，作科所党委组织开展了“庆七一、喜迎二十大”系列活动。其中作科所党委书记范静同志以“走好第一方阵 我为二十大做贡献”为主题讲授专题党课和参加中国农科院召开纪念中国共产党101周年主题活动的到广大党员领导干部一致好评，并表示要时刻牢记农业科研国家队使命，奋进新征程、建功新时代，以实际工作成绩迎接党的二十大胜利召开。作科所领导班子、党委委员、纪委委员、各部门负责人、在职党支部书记及支委、离退休和研究生党支部书记共计100余人参加活动。



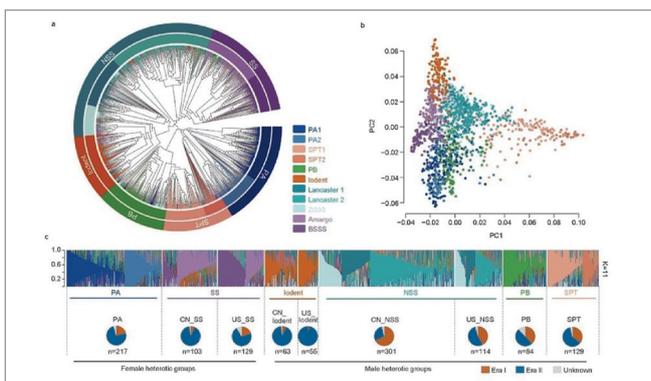
7月5日

水稻分子设计技术与应用创新团队在 *The Plant Cell* 在线发表题为 *Rice DWARF AND LOW-TILLERING and the homeodomain protein OSH15 interact to regulate internode elongation via orchestrating brassinosteroid signaling and metabolism* 的研究论文，该研究揭示了BR在协调不同茎节伸长过程中的重要作用，为水稻不同茎节长度的定制化分子设计提供了参考。期刊撰文对此高度评价，认为继利用赤霉素相关基因改良株高所促成的第一次绿色革命之后，BR相关基因有望成为推动下一代绿色革命的重要突破口。”



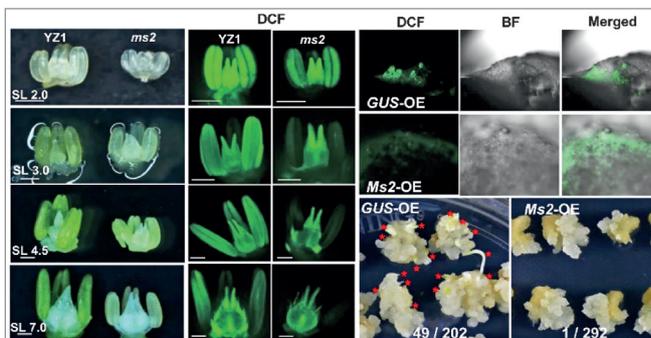
7月18日

玉米优异种质资源发掘与创新利用团队联合多家单位在 *Nature Plants* 在线发表题为 *Genomic insights into historical improvement of heterotic groups during modern hybrid maize breeding* 的研究论文，该研究揭示了玉米父、母本杂种优势群趋同与趋异选择的遗传规律，解析了玉米基因组分化特征及其对杂种优势的贡献，通过总结过去，将玉米育种实践经验理论化，为新时期玉米自交系创制和杂种优势利用提供理论指导。



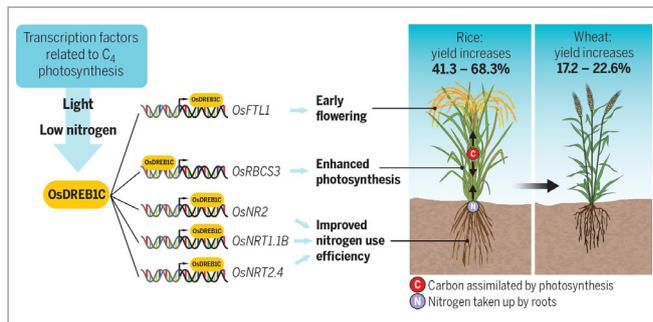
7月21日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 *Molecular Plant* 在线发表题为 *Wheat male-sterile 2 reduces ROS levels to inhibit anther development by deactivating ROS modulator 1* 的研究论文，该研究揭示了ROS是调控植物发育的重要信号分子，研究表明转录水平激活表达的Ms2蛋白通过促进TaRomo1蛋白的多聚化抑制TaRomo1蛋白活性，从而特异性地降低太谷核不育小麦花药中活性氧(ROS)信号水平，最终导致太谷核不育小麦花药在发育早期败育。



7月22日

作物耕作与生态创新团队在 *Science* 在线发表题为 *A transcriptional regulator that boosts grain yields and shortens the growth duration of rice* 的研究长文。该研究发现了水稻高产基因 *OsDREB1C*，通过激活参与光合作用、氮素吸收利用以及开花途径的多个靶基因，协同调控光合作用效率、氮素利用效率以及抽穗期等重要生理过程。增强该基因的表达可实现水稻田间产量提高 30% 以上，同时促进水稻提前抽穗，缩短生长周期。此外，*OsDREB1C* 在小麦等不同物种中均具有高产早熟的保守性功能。该研究通过单一基因对多个重要生理途径的聚合调控实现产量的突破，不仅为未来作物高产育种以及资源高效利用提供了重要的基因资源，同时也为作物高产理论创新和作物生产方式变革提供了新思路，对于保障国家粮食安全和生态安全具有重要意义。



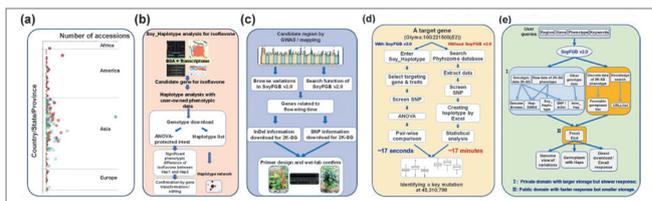
8月1日

山西农业大学—中国农科院作科所“杂粮联合研究中心”揭牌仪式在山西省太原市举行，作科所所长、中国科学院院士钱前和山西农业大学党委书记廖允成共同为“杂粮联合研究中心”揭牌，山西省科学技术厅二级巡视员蔡颖鑫，山西省农业农村厅二级巡视员闫寅宝，作科所副所长王文生，山西农大校长张强、副校长孔照胜参加活动。随后钱前一行还到“大寨杂粮试验示范基地”实地调研查看了基地建设情况及高粱、谷子、食用豆等杂粮的新品种试验效果，与全国人大代表、大寨村党总支书记郭凤莲同志进行了深入交流。双方在为大寨村量身筛选和种植“特”“优”杂粮，给大寨村插上科技的翅膀，进一步深入合作方面达成共识。



8月2日

水稻分子设计技术与应用创新团队和大豆优异基因资源发掘与创新利用团队联手在 *Science Bulletin* 在线发表题为 *A general model for “germplasm-omics” data sharing and mining: a case study of SoyFGB v2.0* 的研究论文，该研究升级功能基因组育种 FGB (Functional Genomics Breeding) 范式，联合搭建大豆代表性种质组学数据库，为将我国大豆种质资源优势转变为基因资源优势 and 品种优势提供重要信息平台 and 挖掘工具。



8月7-11日

为深入学习贯彻习近平总书记新时代中国特色社会主义思想，教育引导党员干部发扬红色传统、传承红色基因、赓续红色血脉、践行初心使命，作科所党委组织 37 位专兼职党务干部、团队首席、处级干部、优秀党员和民主党派代表赴延安市委党校，举办了“奋进新征程 建功新时代”第二期党建培训班。作科所党委书记刘录祥、延安市委党校副校长刘宁在开班仪式上讲话。



● 8月11日

作科所召开干部大会，院党组成员、人事局局长陈华宁同志宣布了农业农村部党组、中国农业科学院党组关于刘录祥同志任作科所党委书记的决定，中国农科院党组书记张合成出席会议并作重要讲话。作科所在京全体班子成员、中层、副高以上干部职工参加了会议。会议由所长钱前同志主持。



● 8月14日

中国农业科学院黑河大豆研究中心建设推进会在黑河市召开。作科所与黑龙江省农业科学院、黑河市人民政府、大北农集团签署了黑河大豆研究中心四方合作框架协议，并举行了中国农业科学院黑河大豆研究中心揭牌仪式。中国农科院党组书记张合成，黑龙江省人民政府副省长李海涛，大北农集团董事会主席邵根伙，农业农村部科技教育司一级巡视员张文、种植业管理司副司长曹桂玲，中国农科院副院长梅旭荣，黑龙江省农业农村厅副厅长方晓华，黑龙江省农科院院长刘娣，中国种子协会会长张延秋，作科所所长钱前院士出席会议。作科所党委书记刘录祥主持会议。



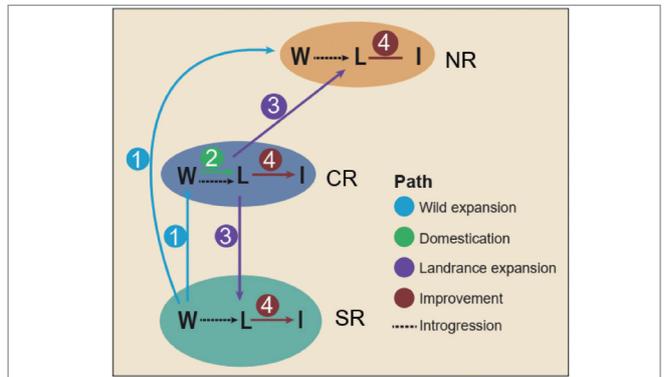
● 8月18日

作科所与神舟绿鹏农业科技有限公司在北京市通州区国际种业园签署“豆类新品种试验示范技术服务”合作协议，协议约定，充分发挥各自在种质资源创新、示范推广、加工利用等方面的优势，进一步促进豆农增收和企业增效，推动食用豆产业向高质量高效益发展。作科所所长、中科院院士钱前，副所长王文生，作物种质资源中心主任李立会、综合办主任顿宝庆，成果处处长肖永贵，国家食用豆产业技术体系首席科学家陈新等领导专家和 30 余人参加签约仪式及相关活动。会议由王文生副所长主持。



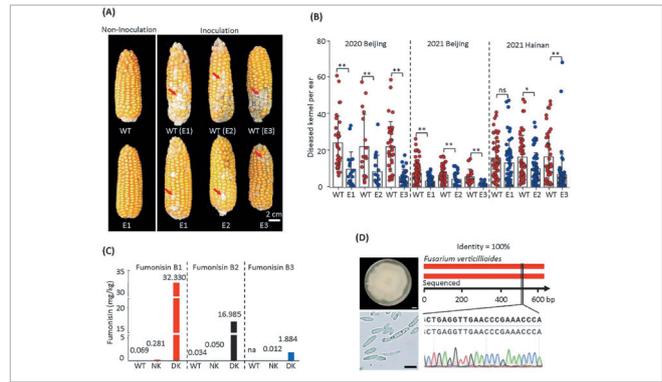
● 8月19日

大豆优异基因资源发掘与创新利用团队联合多家单位在 SCIENCE CHINA Life Sciences 上发表了题为 Genomewide signatures of the geographic expansion and breeding of soybean 的研究论文，该研究解析大豆地理扩张与育种的全基因组特征，提出大豆进化路线，发掘了大豆不同进化阶段受到选择的候选基因，从中克隆了一个重要的开花基因 *GmSPA3c*，为充分利用大豆种质资源规模化发掘优异基因资源、定向培育新品种奠定了基础。



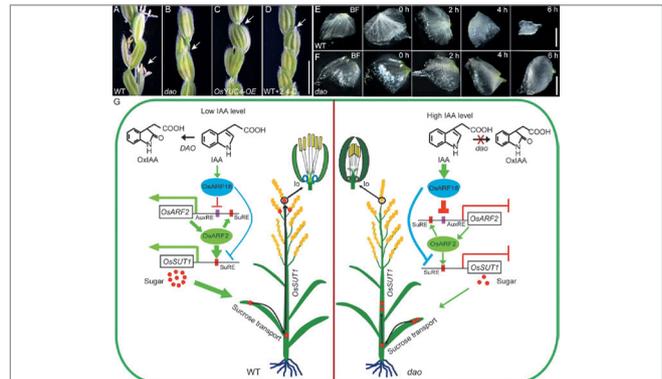
8月25日

作物分子育种技术和应用创新团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上在线发表了题为 *Engineering null mutants in ZmFER1 confers resistance to ear rot caused by Fusarium verticillioides in maize* 的研究论文，该研究通过基因编辑靶向编辑玉米内源基因，创制的突变体在多环境下对玉米拟轮枝镰孢穗腐病具有明显抗性，为抗穗腐病育种创制了重要的种质材料和育种技术，为继续深入深化镰孢菌抗性机制及其育种应用研究奠定了重要基础。



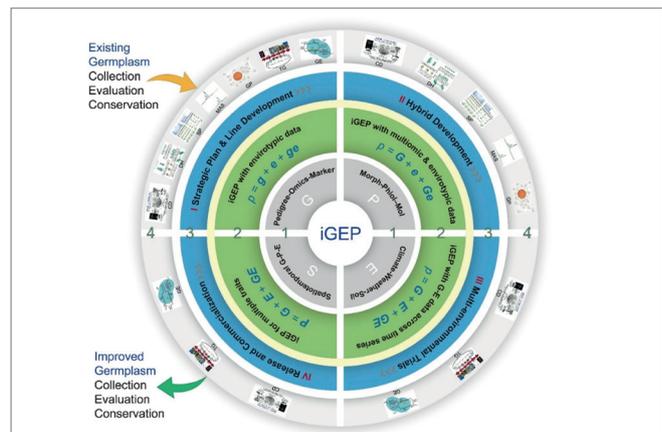
8月31日

万建民院士团队与南京农业大学水稻所在 PNAS 上在线发表题为 *Auxin regulates source-sink carbohydrate partitioning and reproductive organ development in rice* 的研究论文，该研究揭示了生长素信号级联反应调控蔗糖转运子表达，调节蔗糖从源（叶片）到库（浆片、花药和子房）的分配，进而影响水稻颖壳张开、花药开裂和籽粒灌浆结实的分子机制，为通过协调源-库-流分配提高农作物产量提供了重要理论依据。



9月7日

作物分子育种技术和应用创新团队在 *Molecular Plant* 上在线发表了题为 *Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction* 的研究论文，该研究提出和倡导了大数据和人工智能驱动下的智能育种新策略—基因组-环境组集成预测。这一新策略的提出，将改变过去主要利用基因型和表型进行选择的育种模式，使未来育种能够在基因型-表型-环境型全方位信息支撑下，准确预测特定基因型在特定环境下的表现，实现真正意义上的适应气候变化、适应特定环境的定向育种。



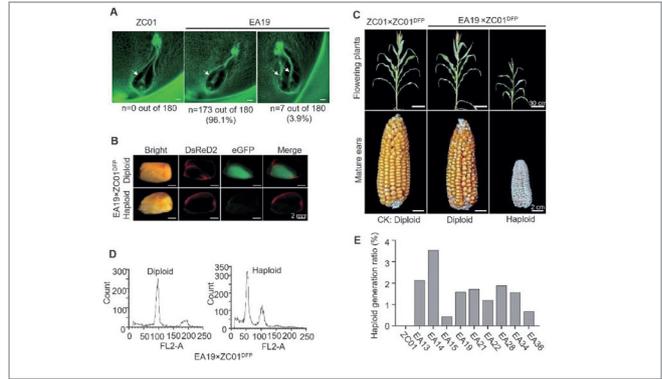
9月9日

为深入学习贯彻习近平新时代中国特色社会主义思想特别是习近平总书记关于“三农”工作和科技创新的重要论述和指示批示精神，院财务局党支部与我所管理一、管理二、燕麦公司党支部，共同开展了“走近作物科技 服务种业振兴”主题联学活动。财务局局长范静、副局长韩小玲、张士安出席活动，活动由副所长王文生主持，双方单位党员代表 40 余人参加活动。



9月10日

作物分子育种技术和应用创新团队在 *Plant Communications* 上在线发表了题为 *CRISPR/dCas-mediated gene activation toolkit development and its application for parthenogenesis induction in maize* 的研究论文，该研究基于 CRISPR/Cas 建立了可高效定向基因转录激活调控的技术工具，在活体卵细胞中激活了基因 *BABYBOOM* 的表达，实现了玉米母体细胞孤雌生殖，为单倍体诱导双单倍体育种技术提供了一种母体自主单倍体发生技术途径，具有重要的育种技术价值。



9月12日

由中国农业科学院和国际农业研究磋商组织 (CGIAR) 联合主办的第二届国际小麦大会在北京开幕。全国人大常委会副委员长武维华，联合国粮食及农业组织总干事屈冬玉，农业农村部党组成员、中国农业科学院院长吴孔明院士，国际小麦大会国际组委会主席克蒂斯·波兹尼亚克 (Curtis Pozniak)，CGIAR 执行主任克劳迪亚·萨多夫 (Claudia Sadoff)，中国作物学会理事长万建民院士等领导专家和专家出席开幕式并致辞。开幕式由中国工程院原副院长刘旭院士主持。



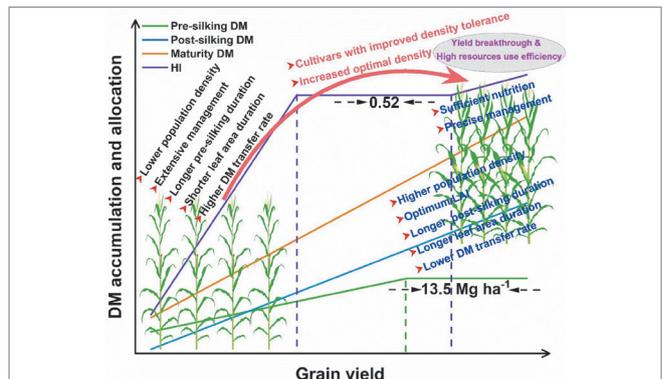
9月13日

中国农业科学院江苏科技小分队在作科所所长、中国科学院院士钱前带领下前往江苏淮安、镇江及南京市溧水区及江宁区一线调研指导秋粮抗旱抗高温夺丰收，重点考察了水稻、玉米、茶树的田间旱情，了解高温干旱给农作物造成的影响，并现场指导抗旱保收技术。钱前表示，作科所作为农业国家队，要牢记使命担当，始终走在夏收、抗旱工作前线，为国家粮食丰产丰收提供强有力的科技支撑。



9月16日

作物栽培与生理创新团队在 *Resources, Conservation and Recycling* 上在线发表了题为 *A global analysis of dry matter accumulation and allocation for maize yield breakthrough from 1.0 to 25.0 Mg ha⁻¹* 的研究论文，该研究基于多年在新疆奇台开展高产纪录重演试验结合近 50 年全球已发表相关文献数据，从全球尺度上阐述了实现玉米产量潜力突破的物质生产与分配规律，研究结果对于未来高产玉米品种选育以及产量潜力突破及资源高效利用的栽培技术创新具有重要指导意义。



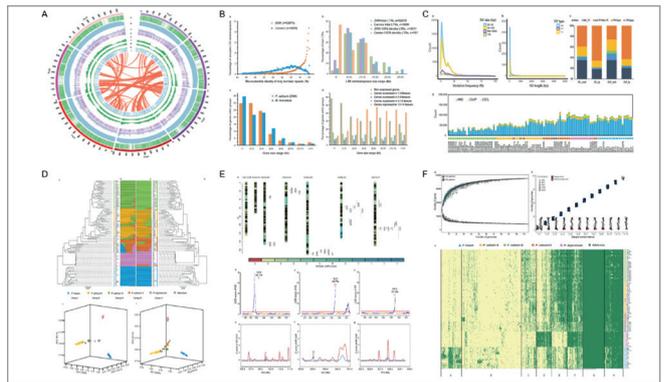
9月21日

中国侨联第九届新侨创新创业成果交流大会在北京举行。作科所毛龙研究员作为中央和国家机关代表荣获“中国侨界贡献奖”二等奖，这是中国农科院第三位获此殊荣的专家，是对海外归侨在农业科技发展做出的贡献的认可。中央书记处书记、中央统战部部长尤权，全国人大副委员长白玛赤林等党和国家领导人看望了获奖的同志，并一同合影留念。白玛赤林副委员长、中国侨联党组书记、主席万立骏等领导为获奖者颁奖。



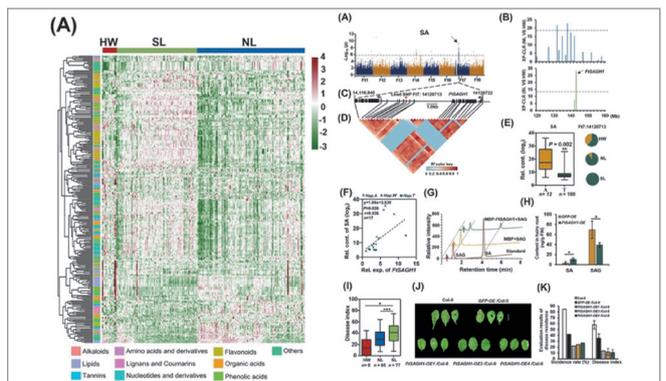
9月22日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队联合国内外多家合作单位在 *Nature Genetics* 上以长文的形式在线发表了题为 *Improved pea reference genome and pan-genome highlight genomic features and evolutionary characteristics* 的研究论文，该研究成功绘制了中国豌豆基因组高质量精细物理图谱，构建了栽培和野生豌豆泛基因组，解析了豌豆基因组进化特征、群体遗传结构，为揭示豌豆起源驯化，以及基因挖掘、种质创新、育种改良提供了宝贵资源及数据支撑。



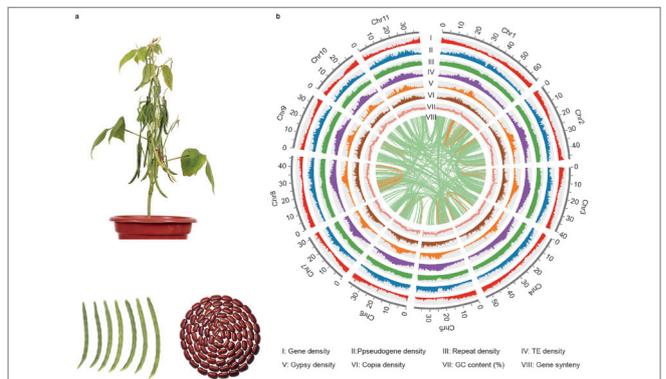
9月23日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用团队在 *Plant Biotechnology Journal* 上在线发表了题为 *Rewiring of the seed metabolome during Tartary buckwheat domestication* 的研究论文，该研究系统描述了荞麦在驯化过程中的代谢组变异图谱，揭示了苦荞重要代谢物定向变化的遗传机制，对苦荞药用特性和抗病性的遗传改良提供了理论依据。



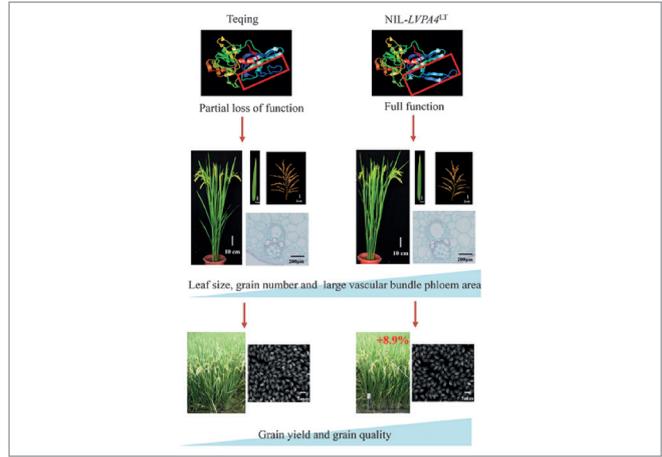
9月29日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队在 *Nature Communications* 上以长文的形式发表了题为 *Genomic analyses of rice bean landraces reveal adaptation and yield related loci to accelerate breeding* 的研究论文，研究团队通过对饭豆高质量参考基因组的组装、地方品种变异图谱的构建及开花期、生长习性、产量相关性状等基因发掘，揭示了饭豆的进化地位，为研究豇豆属进化提供了重要借鉴和宝贵资源，也为探索饭豆起源驯化和重要性状基因克隆奠定了基础。



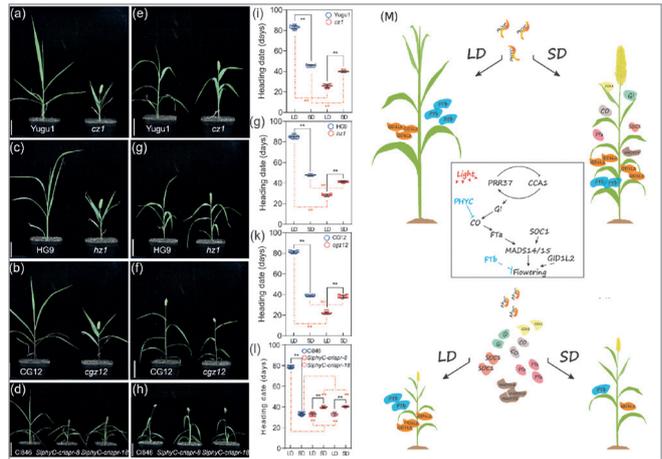
9月30日

水稻分子设计技术与应用创新团队与相关单位合作在 *Plant Physiology* 上在线发表了题为 *Large Vascular Bundle Phloem Area 4 enhances grain yield and quality in rice via source-sink-flow* 的研究论文，研究团队克隆到了一个控制水稻穗颈大维管束韧皮部面积性状的基因 *LVPA4*，该基因的突变体在小区试验中稻谷产量增幅 7.6 ~ 9.6%，同时有效提升了稻米品质。该研究从新的视角揭示了水稻单个产量基因通过源、库、流性状协调作用增加水稻产量和品质的调控机理，为水稻高产优质育种提供理论支持。



9月30日

特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队联合国内多家单位在 *New Phytologist* 上发表题为 *Domestication-associated PHYTOCHROME C is a flowering time repressor and a key factor determining Setaria as a short-day plant* 的研究论文，该研究在谷子中鉴定出了决定谷子光周期响应的关键调节因子 *SiPHYC*，为解析植物光周期响应遗传机制提出了新的见解，也为今后 C4 模式作物高效研究体系的建立提供了优异种质资源。此外，该研究构建了与之匹配的高效室内种植体系，为促进谷子作为模式植物研究体系的发展，推动禾谷类作物 C4、抗逆及品质等基因的鉴定研究奠定了基础。



10月9日

作科所与北京金色农华种业科技股份有限公司（以下简称“金色农华种业”）项目合作签约仪式在作科所举行。通过此次科企合作，双方将充分发挥各自科研、技术和市场优势，联合开展水稻基因编辑技术研发和生物育种推广应用，加快推进科技创新成果产业化进程。作科所副所长王文生和金色农华种业水稻种业事业部副总经理林勇分别代表双方签约。作科所所长钱前院士、夏兰琴研究员，大北农创种科技常务副总裁阳庆华、水稻种业事业部投资经理徐大明等领导 and 专家出席会议。



10月9日

金果飘香月，五谷丰登秋收忙。值此第五届中国农民丰收节、大江南北庆丰收之时，作科所、中国作物学会联合北京古代建筑博物馆、北京大北农科技集团股份有限公司共同举办“丰收时节话五谷-先农坛‘一亩三分地’直播活动”。作科所所长钱前院士、北京大北农科技集团股份有限公司邵根伙博士、北京市文物局一级巡视员范宝等出席活动。光明网、中国知网、新京报等媒体线上直播了本次活动。线上关注达到 108.6 万人次。



10月12日

从中国植物生理与植物分子生物学学会 2022 年学术年会上获悉，作科所所长、中国科学院院士钱前获 2022 年“中国植物生理与植物分子生物学学会 (CSPB) 杰出成就奖”，同时获该奖项的还有西北农林科技大学康振生院士。



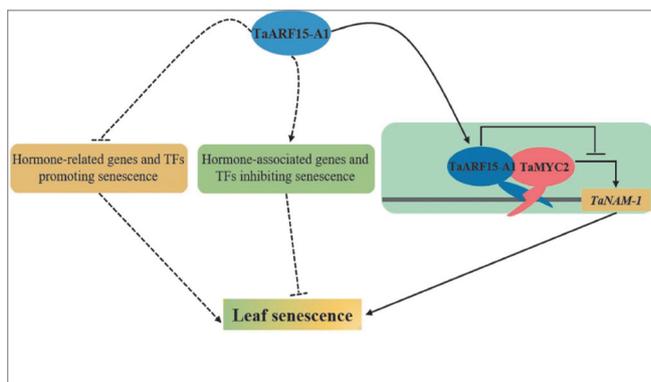
10月12日

中国农业科学院小麦产业专家团（简称小麦产业专家团）在北京正式启动，所长钱前代表小麦产业专家团的牵头单位作科所领取“中国农业科学院小麦产业专家团”授牌，党委书记刘录祥被授予团长聘书。农业农村部党组成员、中国农科院院长吴孔明，中国农科院党组书记张合成，农业农村部科技教育司司长周云龙，种植业管理司一级巡视员陈友权，中国农科院党组成员、人事局局长陈华宁出席会议。中国农科院副院长孙坦主持会议并介绍小麦产业专家团组建方案。



10月25日

小麦基因资源发掘与利用创新团队在 Plant Physiology 在线发表了题为 The auxin response factor TaARF15-A1 negatively regulates senescence in common wheat (*Triticum aestivum* L.) 的研究论文，该研究发现生长素响应因子 TaARF15-A1 负调控小麦衰老，且在中国小麦种质资源中 TaARF15-A1 不同单倍型与熟期和株高相关。此外研究成果为生长素路径参与调控谷类作物衰老提供了证据，也为小麦早熟性状提供了一个功能标记。



10月28日

作科所召开干部大会，传达学习党的二十大精神，部署安排学习宣传贯彻工作。所党委书记刘录祥主持会议，他表示，作科所要把深入贯彻党的二十大精神作为当前和今后一个时期的首要任务，要把学习贯彻党的二十大精神同当前科技创新工作结合起来，聚焦种业振兴、农业关键核心技术攻关和农业生物育种重点领域。研究所领导班子成员、党委委员、纪委委员、团队首席、支部书记、副处级以上干部共计 80 余人通过线上线下参加会议。



10月28日

作科所刘录祥研究员牵头主译的《突变育种手册(原书第三版)》中文版由科学出版社正式出版发行。该书从理化诱变因素、突变遗传基础、诱变处理技术、世代选育方法、重要性状育种、高效育种技术等六个方面,对植物突变育种的方案设计和具体操作提供指导和建议。该书是在1977年第二版的基础上的更新和补充,新增了离体培养、分子检测、高通量筛选等高效诱变育种技术,是新时期开展诱变研究和教学的重要参考工具用书。



11月3日

作科所、新疆农业科学院核技术生物技术研究所与九圣禾种业股份有限公司在北京签订小麦新品种航麦106转让合同航麦10是两所合作利用航天诱变育种技术联合选育的优良冬小麦新品种,于2022年通过新疆维吾尔自治区品种审定。2022年在新疆奇台5.8亩示范地实打亩产801.2公斤。作科所党委书记刘录祥,核生所副所长张跃强、九圣禾副总裁高雪飞分别代表合同方签约。作科所副所长王文生主持会议。



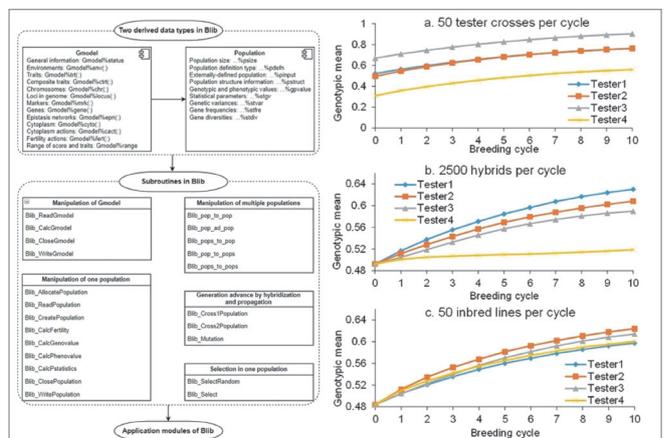
11月7日

作科所联合澳大利亚联邦科学与工业研究组织召开小麦抗旱耐热研究国际合作项目推进会。会上,中澳双方围绕小麦抗旱、耐逆、优质等种质资源鉴定、基因挖掘、新种质创制等研究进展,以及未来合作计划进行汇报和深入讨论,明确了合作研究的重点方向与内容,确定近期签署小麦抗旱耐热国际合作项目协议,为全球气候变化下中澳双方小麦产能稳定提升提供保障。会议由作科所党委书记刘录祥研究员、澳大利亚科工组织Fernanda Dreccer教授联合主持。中国农科院国合局,作科所和澳大利亚科工组织相关研究人员参加会议。



11月8日

生物信息学及应用创新团队在Communications Biology上发表了题为Blib is a multi-module simulation platform for genetics studies and intelligent breeding的研究论文,该研究构建了一个适合于所有二倍体物种的通用计算机仿真模拟平台Blib,为作物育种方法和育种流程的比较和优化、生物信息和遗传大数据的有效育种利用、分子设计育种和全基因组选择等提供了模拟预测和决策支持计算机工具,已经获得国家版权局计算机软件著作权登记证书。



11月18-19日

作物所举办了“学习二十大精神，加快种业科技创新”为主题的中层干部及青年人才履职能力建设培训班。此次培训，是贯彻落实党的二十大精神和院第五次人才工作会议精神，帮助青年干部人才进一步提升思想政治水平和履职创新能力的系列举措之一。全国人大农业与农村委员会主任委员陈锡文，农业农村部种植业司副司长吕修涛、科技发展中心副主任陈彦宾，中国常驻世界贸易组织农业参赞贡锡锋，中国农业大学农学院院长倪中福等出席活动并授课，中国农科院人事局副局长季勇，作物所领导班子等出席活动。



11月22日

由作物所和俄罗斯远东国立农业大学联合举办的中俄大豆产业与科教合作研讨会以视频会议方式召开。会上，中俄大豆专家围绕我国东北大豆主产区及俄远东地区大豆生产贸易、育种技术、品种审定、栽培模式及种子市场等内容进行了充分交流。会议由韩天富研究员主持，俄罗斯远东国立农业大学校长巴维尔·吉洪秋克、阿穆尔州农业部第一副部长阿达缅科·谢尔盖、黑河市委副书记丁泉宁、作物所党委书记刘录祥、中国农科院研究生院国际教育处处长汪勋清等领导 and 专家参会。



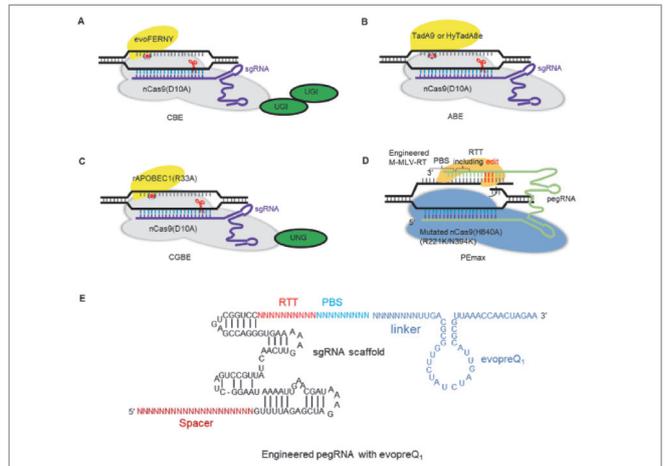
12月2日

近日，从国际原子能机构（IAEA）亚太核科技合作协定（RCA）奖项委员会传来喜讯，作物所刘录祥研究员分别获得“RCA 特别贡献奖”（集体奖）和“RCA 项目奖”（个人奖）两项大奖，以表彰他在 RCA 计划指导委员会的贡献和在组织实施 RCA 核技术育种项目的突出业绩。



12月8日

作物所/三亚南繁院作物精准育种技术创新团队在 *Journal of Integrative Plant Biology* 上在线发表了题为 *Plant base editing and prime editing: The current status and future perspectives* 的综述文章，文章重点回顾了碱基编辑器和引导编辑器的发展历程及在农作物改良中的应用，此技术的研发和利用，大大扩展了植物基因组精确编辑的范围和能力，为农作物重要农艺性状精准定向改良，提供了重要技术支撑。



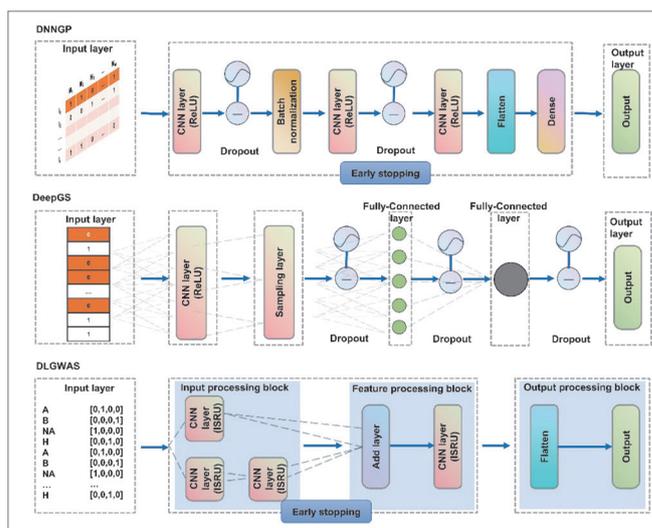
12月12日

由中国工程院主办，作科所、中国工程院农业学部、中国作物学会、中国作物学会分子育种专业委员会联合承办的“第366场中国工程科技论坛”在作科所以线上线下结合形式召开。中国农科院党组书记张合成、中国工程院副院长邓秀新院士、农业农村部科技教育司司长周云龙出席论坛并致辞，种康、邓兴旺、张新友、胡培松、许为钢、钱前等院士，农业农村部种业管理司二级巡视员谢焱等领导专家，以及来自全国302家科研院所、高校和企业的专家学者，近千人参加了论坛。论坛由大会主席万建民院士主持。



12月26日

作科所驻三亚南繁院作物精准育种技术创新团队在Molecular Plant上发表了题为DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multi-omics data in plants的研究论文，该研究提出利用植物海量多组学数据进行全基因组预测的深度学习方法，可以实现育种大数据的高效整合与利用，将助力深度学习在全基因组选择中的应用，为智能设计育种及平台构建提供有效工具。



12月29日

2022年阿里巴巴育种人才奖励颁奖仪式暨智慧育种项目年度总结会在作科所召开，总结了本年度工作进展与成效，为作科所10名专家颁发了“特别贡献奖”，31名专家颁发了“青年科学家奖”。中国农科院副院长、党组成员孙坦，农业农村部科技教育司一级巡视员张文、种业管理司二级巡视员谢焱，中国农科院农业发展基金会副理事长贾广东，阿里巴巴集团公共事务总裁闻佳、公益事业总裁孙利军，作科所领导班子成员等领导、专家出席会议。会议由党委书记刘录祥主持。



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	辛 霞	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	辛 霞
			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	张锦鹏*	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	黎 裕
大豆优异基因资源发掘与创新利用	李英慧	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	贾冠清*	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	路则府*	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	徐兆师	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
			大豆开花期调控	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	郝元峰*	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	孙 石	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	谢瑞芝*	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

辛霞，研究员，硕士生导师。2007年获得中国科学院研究生院/中国科学院植物研究所博士学位，中国农业科学院作物种质资源安全保存与信息化创新团队首席。研究方向：作物种质资源安全保存

Email: xinxia@caas.cn 电话: 010-82102757

主页: http://xinxia.icscaas.com.cn

重要论著

Yixin Lin, Haijin Xu, Guangkun Yin, Yuanchang Zhou, Xinxiong Lu, Xia Xin. Dynamic Changes in Membrane Lipid Metabolism and Antioxidant Defense During Soybean (*Glycine max* L. Merr.) Seed Aging, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 908949.

Hongchang Jia, Xin Liang, Lixin Zhang, Jinmei Zhang, Enoch Sapey, Xianyuan Liu, Yanhui Sun, Shi Sun, Hongrui Yan, Wencheng Lu, Tianfu Han. Improving Ultra-Low Temperature Preservation Technologies of Soybean Pollen for Off-Season and Off-Site Hybridization, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 920522.

辛霞, 尹广鹏, 张金梅, 陈晓玲, 何娟娟, 刘运霞, 黄雪琦, 卢新雄, 作物种质资源整体保护策略与实践, *植物遗传资源学报*, 2022, 23(3): 636-643.

尹广鹏, 辛霞, 张金梅, 陈晓玲, 刘运霞, 何娟娟, 黄雪琦, 卢新雄, 种质库种质安全保存理论研究的进展与展望, *中国农业科学*, 2022, 7: 1263-1270.

卢新雄, 辛霞, 刘旭, 农作物种质资源安全保存与有效利用, *中国农业科学技术出版社*, 2022.

代表性知识产权

ZL 202111091451.7, 一种马铃薯试管苗限制生长保存方法

研究组成员

陈晓玲	研究员	张金梅	副研究员
尹广鹏	副研究员	刘运霞	副研究员
何娟娟	副研究员	黄雪琦	研究实习生
李洋	助理研究员	王利国	工程师
任军	实验师	王建民	实验师
李鑫	陈四胜	严凯	

博士生

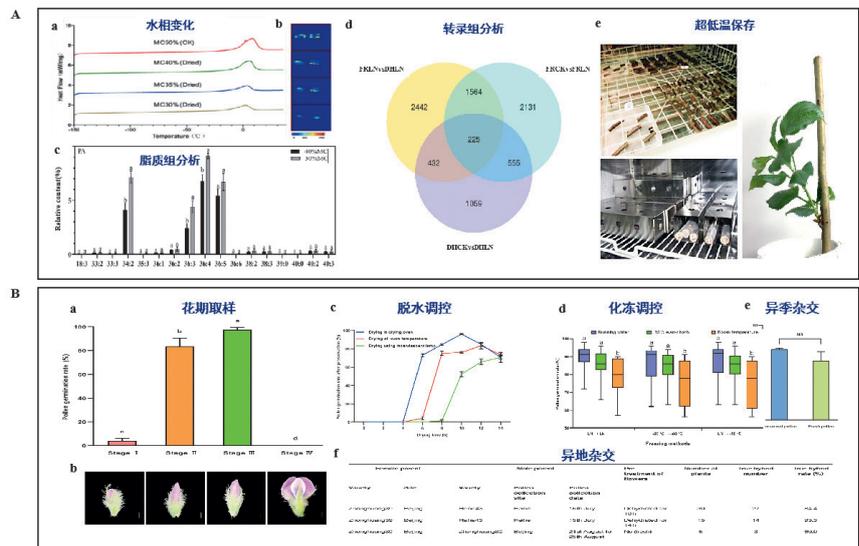
韩瑞才

研究生

林一欣 杨馨悦 马宏亮 王应敏 黄博原
许欣悦 赵云霞

亮点工作

超低温保存和试管苗保存是无性繁殖作物种质资源的重要离体保存方式，是国家作物种质库新库种质资源保存工作的重要组成部分。在超低温保存方面，取样、渗透脱水、冷冻保护、液氮保存、化冻复苏、再生培养等一系列处理，影响超低温保存存活再生。本研究组针对超低温保存存活率低的问题，研制了“脱水→程序降温→液氮保存→化冻回湿”一整套技术指标，利用低场核磁共振和差式扫描量热技术进行水相分析，揭示了高含水量样品因游离自由水易形成冰晶，导致细胞死亡；通过脂质组学和转录组学联合分析，初步解析了影响休眠芽超低温存活再生的甘油磷脂代谢响应机制，研究发现适宜脱水激活了苹果休眠芽磷脂酰胆碱合成途径 LPCAT 等关键酶，抑制了磷脂酶等关键酶，超低温保存后嫁接成活率从 27% 提高到 73%；阐明了取样时间、脱水、化冻对花粉超低温保存存活影响，解析了花粉脱水化冻调控机制，超低温保存后花粉萌发率达 80% 以上，超低温保存大豆花粉可异季异地杂交，实现跨时空利用。在试管苗保存方面，采取限制性生长措施，在维持试管苗种质遗传稳定的前提下，延长试管苗继代周期，减少继代培养次数。本研究组针对频繁继代、人力物力成本高的问题，通过解析茎尖培养进程调控规律，阐明培养基组分、低温锻炼等对茎尖和试管苗生长影响，研发了马铃薯试管苗限制生长保存技术，试管苗的继代周期由常规的 6 个月延长到 2 年。建立国家库超低温保存和试管苗保存技术体系，为新库离体保存无性繁殖作物种质资源提供技术支撑。



种质保存技术研发进度

A: 苹果休眠芽超低温保存存活再生机理研究; B: 大豆花粉超低温保存技术研发

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：种质资源标准规范与信息系统，种质资源空间信息分析与研究，种质信息与大数据。

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

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



亮点工作

大力推进农作物种质资源信息化建设。整理整合农作物种质资源基础数据，建立底层数据库，在此基础上针对农作物种质资源管理上存在的流程化和实时化不足，缺乏中间过程的信息管理等问题，研发设计了国家农作物种质资源管理信息系统；针对农作物种质资源登记工作需求，开发了农作物种质资源登记信息系统；配合农业农村部发布的首批可供利用的农作物种质资源目录，开发可供利用农作物种质资源查询系统；针对精准鉴定数据汇交的需求，研发了农作物种质资源精准鉴定表型数据汇交系统；针对农作物种质资源共享利用的需求，开发了国家农作物种质资源共享平台推动农作物种质资源信息化进程。

推动农作物种质资源共享利用机制出台。积极配合农业农村部启动农作物种质资源共享利用办法的制定工作，并与2023年4月15日正式推出《农作物种质资源共享利用办法（试行）》，规范了资源申请获取的条件、程序、数量和具体要求，建立了资源利用反馈和利益共享机制，积极推动农作物种质资源共享利用。



国家农作物种质资源登记系统

重要论著

Yunan Lin, Hao Wang, Yanqing Chen, Jiarui Tan, Jingpeng Hong, Shen Yan, Yongsheng Cao, Wei Fang, Modelling Distributions of Asian and African Rice Based on MaxEnt. *Sustainability* 2023, 15(3), 2765.

Yunan Lin, Yanqing Chen, Wei Fang, Yongsheng Cao, Design of Automated Warehouse Storage Scheme in Crop Genebank. *Advances in Transdisciplinary Engineering*, 2022, 33: 408-415.

研究组成员

方 洸 研究员 陈彦清 助理研究员
闫 燊 助理研究员

博士生

高 飞

研究生

林雨楠 王 浩

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

Zhuo Zhang, Manli Zhu, Bao Xing, Yongqiang Liang, Liang Zou, Mengzhuo Li, Xin Fan, Guixing Ren, Lizhen Zhang, Peiyou Qin. Effects of extrusion on structural properties, physicochemical properties and in vitro starch digestibility of Tartary buckwheat flour. *Food Hydrocolloids*, 2023 (135) 108197.

Bao Xing, Zhuo Zhang, Manli Zhu, Cong Teng, Liang Zou, Rui Liu, Lizhen Zhang, Xiushi Yang, Guixing Ren, Peiyou Qin. The gluten structure, starch digestibility and quality properties of pasta supplemented with native or germinated quinoa flour. *Food Chemistry*, 2023 (399) 133976.

Guixing Ren, Cong Teng, Xin Fan, Shengyuan Guo, Gang Zhao, Lizhen Zhang, Zou Liang, Peiyou Qin. Nutrient composition, functional activity and industrial applications of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Chemistry*, 2023 (410) 135290.

Xin Fan, Huimin Guo, Cong Teng, Xiushi Yang, Peiyou Qin, Aurore Richel, Lizhen Zhang, Christophe Blecker, Guixing Ren. Supplementation of quinoa peptides alleviates colorectal cancer and restores gut microbiota in AOM/DSS-treated mice. *Food Chemistry*, 2023 (408) 135196.

研究组成员

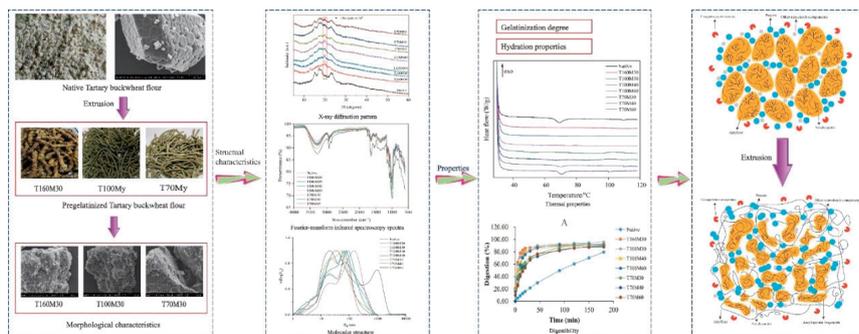
秦培友 副研究员

研究生

邢宝 张卓 李亚杰 朱曼莉 梁勇强
郭盛源 李梦卓

亮点工作

苦荞改良挤压加工关键技术研发与应用取得重要进展。围绕杂粮加工共性技术研发，系统比较分析了传统挤压技术和改良挤压技术对苦荞营养功能因子及其活性、淀粉结构及其理化性质和消化特性的影响，发现与传统挤压技术相比，利用改进挤压加工技术得到的预糊化苦荞粉含有更高的黄酮苷元和更低的黄酮糖苷，具有较强的抗氧化能力， α -葡萄糖苷酶抑制活性和相对温和的 α -淀粉酶抑制活性。改良挤压技术对预熟化苦荞粉中淀粉结构的破坏作用更小，使预熟化苦荞粉具有较高的慢消化淀粉含量和较低的体外估计血糖生成指数。研究表明改良挤压技术更适宜开发具有潜在抗氧化和降血糖活性的苦荞产品。研究结果先后发表于 TOP 期刊《Food Hydrocolloids》和一区期刊《Frontiers in Nutrition》上。此外结合项目任务目标要求，联合示范企业研发了苦荞红小豆挤压冲调粉、绿豆冲调粉 2 个产品，并实现了产业化生产示范，发企业标准 1 项《苦荞红小豆即食冲调粉，Q HTSW0014S-2022》。



挤压对苦荞麦粉结构、理化性质及淀粉体外消化率的影响

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: 抗逆种质资源收集与鉴定评价; 抗逆基因挖掘与新种质创制。

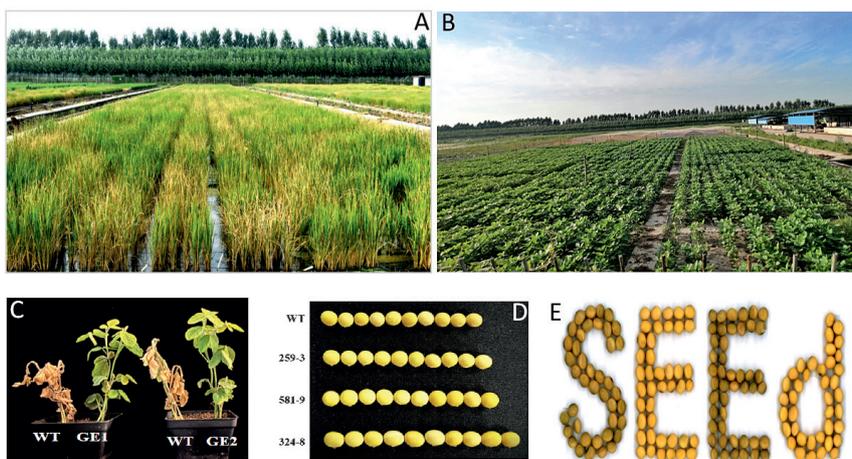
Email: zhanghui06@caas.cn 电话: 010-62186649

主页: http://zhanghui.icascaas.com.cn



亮点工作

盐碱地是我国重要的后备耕地战略资源, 合理开发利用盐碱地对保障国家粮食安全、端牢中国饭碗意义重大。聚焦“以种适地”的耐盐材料选育的国家重大需求, 2022 年种质资源抗逆性评价创新研究组系统开展了耐盐种质资源筛选和耐盐新种质的创制相关研究。创新研究组完成了 7035 份种质资源的全生育期耐盐性鉴定评价, 筛选出高耐盐种质资源 107 份, 涉及水稻、大豆、玉米、小麦等 7 种作物, 并研制了《小麦耐盐性鉴定评价技术规范》行业标准。解析了大豆 *GmEF8*, *lncRNA77580*, *MIR396*, *MIR164* 等基因的抗逆功能; 研发了大豆 *lncRNA* 大片段敲除技术体系, *miRNA* 家族不同成员多基因编辑技术体系, 以及基因编辑材料辅助快筛技术。在此基础上, 利用基因编辑手段, 实现了大豆抗逆、高产、高油相关的 19 个基因家族 140 个基因的编辑, 并初步筛选出籽粒变大、单株产量提高、耐盐性提高、油含量增加等的大豆基因编辑新种质 12 份, 为抗逆高产的大豆新品种培育提供重要的基因资源和材料基础。以上研究结果发表在 *International Journal of Biological Macromolecules*, *Plants* 等杂志上, 申请国家发明专利 2 项。



种质资源抗逆性评价及相关技术研发

A-B: 水稻、大豆全生育期耐盐性鉴定评价; C-D: 耐盐、高产基因编辑材料创制; E: 基因编辑大豆辅助筛选技术

重要奖项

转基因小麦环境生物安全评价技术体系建立与应用, 江苏农业科技奖技术创新三等奖

重要论著

Zhang H, Hou Z, Zhang Y, Li Z, Chen J, Zhou Y, Chen M, Fu J, Ma Y, Zhang H, Xu Z, A soybean EF-Tu family protein *GmEF8*, an interactor of *GmCBL1*, enhances drought and heat tolerance in transgenic *Arabidopsis* and soybean, *International Journal of Biological Macromolecules*, 2022, 205: 462-472.

Chen X, Jiang X, Niu F, Sun X, Hu Z, Gao F, Zhang H, Jiang Q, Overexpression of *lncRNA77580* Regulates Drought and Salinity Stress Responses in Soybean, *Plants*, 2023, 12(1): 181.

Bing Han, Di Cui, Xiaoding Ma, Guilan Cao, Hui Zhang, Hee Jong Koh, Longzhi Han, Evidence for evolution and selection of drought-resistant genes based on high-throughput resequencing in weedy rice, *Journal of Experimental Botany*, 2022, 73 (7): 1949-1962.

孙现军, 姜奇彦, 胡正, 李宏博, 庞斌双, 张风廷, 张胜全, 张辉, 小麦种质资源苗期耐盐性鉴定评价, *作物学报*, 2022, 49(4): 1131-1138.

陈向前, 姜奇彦, 孙现军, 牛风娟, 张惠媛, 胡正, 张辉, 大豆多基因编辑表达载体的构建及应用, *作物学报*, 2022, 48(11): 2706-2726.

牛风娟, 陈向前, 高飞, 孙现军, 胡正, 张惠媛, 王丽侠, 姜奇彦, 张辉, 大豆长链非编码 RNA *lncRNA77580* 转基因材料的转录组分析, *植物遗传资源学报*, 2022, 23(03): 842-856.

李红燕, 陈向前, 牛风娟, 李彦连, 姜奇彦, 小麦根系响应高盐胁迫的时序转录组分析, *植物遗传资源学报*, 2022, 23(02): 592-630.

代表性知识产权

ZL 202210164472.5, 大豆多基因编辑表达载体及其构建方法与应用

ZL 2023102556529, *Gma-MIR396a* 基因编辑在调控提高大豆籽粒重量、抗逆能力中的应用

代表性标准规程

NYB-22135, 小麦耐盐性鉴定评价技术规范

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

博士后

张惠媛

研究生

陈向前 姜雪敏 胡静雯 赵宏岩



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.icascaas.com.cn>

重要论著

Deng D, Sun S, Wu W, Duan C, Wang Z, Zhang S, Zhu Z. Identification of causal agent inciting powdery mildew on common bean and screening of resistance cultivars. *Plants*, 2022, 11(7), 874.

Deng D, Sun S, Wu W, Zong X, Yang X, Zhang X, He Y, Duan C, Zhu Z. Screening for pea germplasm resistant to Fusarium wilt race 5. *Agronomy*, 2022, 12(6), 1354.

Deng D, Sun S, Wu W, Xiang C, Duan C, Yu D, Wu X, Zhu Z. Disease resistance and molecular variations in irradiation induced mutants of two pea cultivars. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(15), 8793.

Yu G, Zou J, Wang J, Zhu R, Qi Z, Jiang H, Hu Z, Yang M, Zhao Y, Wu X, Liu C, Li C, Yang X, Zhu Z, Chen Q, Fu Y, Xin D. A soybean NAC homolog contributes to resistance to *Phytophthora sojae* mediated by dirigent proteins. *The Crop Journal*, 2022, 10(2), 332-341.

Xia Y, Wang B, Zhu L, Wu W, Sun S, Zhu Z, Li X, Weng J and Duan C. Identification of a Fusarium ear rot resistance gene in maize by QTL mapping and RNA sequencing. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:954546.

Sun S, Deng D, Wu W, He Y, Luo G, Du C, Duan C, Zhu Z. Molecular characterizations of the *er1* alleles conferring resistance to *Erysiphe pisi* in three Chinese pea (*Pisum sativum* L.) landraces. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(19), 12016.

Long J, Sun S, Wu W, Shao Y, Duan C, Guo Y, Zhu Z. *Berkeleyomyces rouxiae* is a causal agent of root rot complex on faba bean (*Vicia faba* L.). *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:989517

Duan C, Zhao L, Wang J, Liu Q, Yang Z, Wang X. Dispersal routes of *Cercospora zeina* causing maize gray leaf spot in China. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022, 21(10): 2943-2956.

段灿星, 曹言勇, 董怀玉, 夏玉生, 李红, 胡清玉, 杨知还, 王晓鸣. 玉米种质资源抗腐霉茎腐病和镰孢茎腐病精准鉴定. *中国农业科学*, 2022, 55(2): 265-279.

段灿星, 崔丽娜, 夏玉生, 董怀玉, 杨知还, 胡清玉, 孙素丽, 李晓, 朱振东, 王晓鸣. 玉米种质资源对拟轮枝镰孢与禾谷镰孢穗腐病的抗性精准鉴定与分析. *作物学报*, 2022, 48(9): 2155-2167.

研究组成员

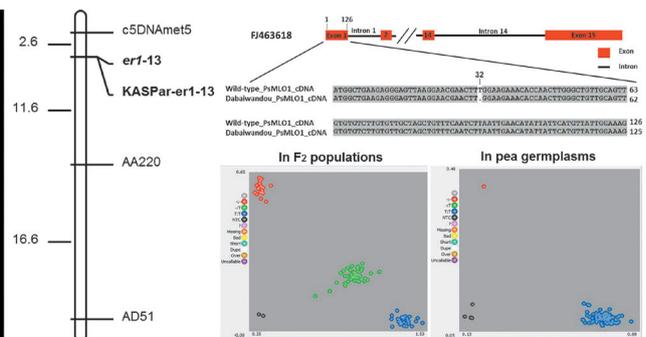
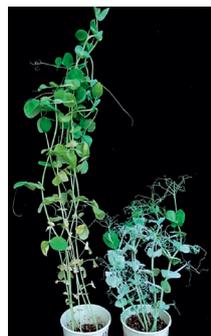
段灿星 研究员 孙素丽 副研究员
武文琦 助理研究员

研究生

邓东 龙刘星 朱利红 王丹华 李帅

亮点工作

在作物种质抗病性精准鉴定方面，首次运用花丝通道注射法同时对 109 份玉米优异种质进行了抗 6 种镰孢穗腐病的人工接种鉴定，筛选出 4 份兼抗 6 种镰孢穗腐病的种质；在 3 个环境精准鉴定了 701 份玉米资源对玉米大斑病 3 个生理小种的抗性，筛选出 19 份在不同环境下均对 3 个生理小种表现抗病的种质；完成 2679 份大豆资源抗疫霉病，鉴定出 334 份抗疫病资源；开展了豌豆抗枯萎病、白粉病和锈病，蚕豆抗锈病和黑根病、绿豆抗枯萎病和疫霉、普通菜豆抗炭疽病和白粉病、小豆抗锈病资源鉴定，共鉴定了 665 份资源，获得一批优异抗源。在抗病基因发掘方面，在地方豌豆品种大白豌豆中鉴定了一个抗白粉病基因新基因 *er1-13*，并开发了一个基因特异性功能 KASPar 标记 KASPar-*er1-13*；评价豌豆食荚大菜豌豆 1 号和成豌 8 号辐射突变体对白粉病和枯萎病抗变异，筛选获得 13 份兼抗白粉病和枯萎病优异种质，明确了成豌 8 号抗白粉病突变体抗病基因为 *er1-2*，揭示了突变体的分子变异。在作物病害鉴定方面，首次国内报道由 *Berkeleyomyces rouxiae* 引起的蚕豆根腐病、由 *Erysiphe vignae* 引起的普通菜豆白粉病、由 *Botrytis cinerea* 引起的豌豆茎腐病、由 *Fusarium cf. longipes* 和 *F. culmorum* 引起的玉米茎腐病。



豌豆抗白粉病基因 *er1-13* 鉴定与功能标记开发

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。

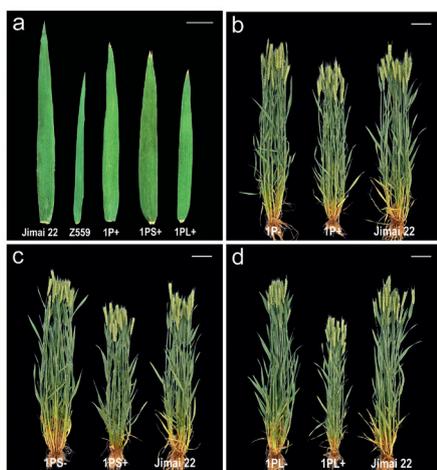
Email: lilihui@caas.cn 电话: 010-62186670

主页: http://lilihui.icscaas.com.cn



亮点工作

小麦近缘野生种冰草除具有多花多粒、耐寒抗旱、兼抗多种病害特性外，还有叶片短小、穗下茎长的株型改良优异基因。通过前期对整套小麦-冰草附加系的多年表型观察和认识，筛选出具有冰草典型特性的小旗叶附加系 II-3-1 ($2n=20''W+1P''+2P''$)，证实是 1 对冰草 1P 染色体代换 1 对小麦 1A 染色体并额外附加 1 对 2P 染色体的复杂附加/代换系。本年度完成了冰草携带小旗叶株型改良基因的又一进展，为小麦株型改良提供新的基因源。以具有冰草典型特性的小旗叶附加系 II-3-1 ($2n=20''W+1P''+2P''$) 为供体亲本，以济麦 22 为轮回亲本，通过连续回交分别获得了高代回交的 1P 附加系、1PS 附加系以及 1PL 附加系。通过连续 4 年的基因型和表型数据统计发现，导入冰草 1P 会使受体小麦的株高降低，同时会使小麦叶片长度和宽度降低。其中，在小麦中导入 1PS 会使小麦株高和叶片长度降低，但是对小麦叶片宽度没有影响。与阴性植株相比，1PS 附加系阳性植株的株高和叶长分别降低了 6.0 cm 和 2.3 cm，分别降低了 6.0% 和 14.9%。导入 1PL 可以同时降低小麦的株高、叶长和叶宽。与阴性植株相比，1PL 附加系阳性植株的株高、叶片长度和叶片宽度降低了 6.0 cm、2.2 cm 和 0.2 cm，分别降低了 7.5%、13.0% 和 12.0%。农艺性状考察表明，导入冰草 1PS 对产量性状没有明显影响，而导入冰草 1PL 染色体会带来一些连锁累赘，会使穗粒数和千粒重下降，建议冰草 1PS 片段可以直接利用，冰草 1PL 片段需要获得更小片段以便去除连锁累赘。本研究通过挖掘野生种冰草中的株型改良基因，导入冰草 1P 染色体创制出降低小麦株高和旗叶的新种质，为小麦的理想株型改良提供了新的基因源。



创制小旗叶株型改良新种质植株形态对比图

重要论著

- Xiao Wang, Bohui Han, Yangyang Sun, Xilu Kang, Meng Zhang, Haiming Han, Shenghui Zhou, Weihua Liu, Yuqing Lu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Jinpeng Zhang, Xu Liu, Lihui Li. Introgression of chromosome 1P from *Agropyron cristatum* reduces leaf size and plant height to improve the plant architecture of common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135:1951-1963.
- Yida Lin, Shenghui Zhou, Xuezhong Liang, Baojin Guo, Bing Han, Haiming Han, Jinpeng Zhang, Yuqing Lu, Zhi Zhang, Xinming Yang, Xiuquan Li, Weihua Liu, Lihui Li. Chromosomal mapping of a locus associated with adultstage resistance to powdery mildew from *Agropyron cristatum* chromosome 6PL in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135:2861-2873.
- Haiming Han, Xinyuan Ma, Zhen Wang, Kai Qi, Wenjing Yang, Weihua Liu, Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Yuqing Lu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li. Chromosome 5P of *Agropyron cristatum* induces chromosomal translocation by disturbing homologous chromosome pairing in a common wheat background. *The Crop Journal*, 2022, 11:228-237.
- Yangyang Sun, Haiming Han, Xiao Wang, Bohui Han, Shenghui Zhou, Meng Zhang, Weihua Liu, Xiuquan Li, Xiaomin Guo, Yuqing Lu, Xinming Yang, Jinpeng Zhang, Xu Liu, Lihui Li. Development and application of universal NDFISH probes for detecting Pgenome chromosomes based on *Agropyron cristatum* transposable elements. *Mol Breeding*, 2022, 42: 48.
- Shirui Xu, Xiajie Ji, Suli Sun, Haiming Han, Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li, Weihua Liu. Production of new wheat-A. cristatum translocation lines with modified chromosome 2P coding for powdery mildew and leaf rust resistance. *Mol Breeding*, 2022, 42:14.
- Xiajie Ji, Taiguo Liu, Shirui Xu, Zongyao Wang, Haiming Han, Shenghui Zhou, Baojin Guo, Jinpeng Zhan, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li, and Weihua Liu. Comparative Transcriptome Analysis Reveals the Gene Expression and Regulatory Characteristics of Broad-Spectrum Immunity to Leaf Rust in a Wheat-Agropyron cristatum 2P Addition Line. *Int. J. Mol. Sci.* 2022, 23:7370.

代表性知识产权

- ZL202010837276.0, 一种植物早熟蛋白及其编码基因与应用
- ZL201910355215.8, 小麦远缘杂交后代小片段易位系中发掘外源功能候选基因的方法

研究组成员

- | | | | |
|-----|------|-----|-------|
| 刘伟华 | 研究员 | 张锦鹏 | 研究员 |
| 杨欣明 | 副研究员 | 李秀全 | 高级实验师 |
| 韩海明 | 副研究员 | 周升辉 | 副研究员 |

博士生

郭宝晋

研究生

- | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|
| 杨雯晶 | 吉夏洁 | 林益达 | 亓凯 | 王筱 |
| 徐世锐 | 张宇昕 | 杨军丽 | 梁学忠 | 康西璐 |
| 王棕瑶 | 张成 | 朱灏宇 | 张萌 | 王杰 |
| 韩冰 | | | | |

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：大麦种质资源创新与利用。

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

主页: <http://yangping.icscaas.com.cn>

重要论著

Kan J, Cai Y, Cheng C, Jiang C, Jin Y, Yang P. Simultaneous editing of host factor gene *TaPDIL5-1* homoeoalleles confers wheat yellow mosaic virus resistance in hexaploid wheat. *New Phytologist*, 2022, 234: 340-344.

Jiang C, Lei M, Guo Y, Gao G, Shi L, Jin Y, Cai Y, Himmelbach A, Zhou S, He Q, Yao X, Kan J, Haberer G, Duan F, Li L, Liu J, Zhang J, Spannagl M, Liu C, Stein N, Feng Z, Mascher M, Yang P. A reference-guided TILLING by amplicon-seq platform supports forward and reverse genetics in barley. *Plant Communications*, 2022, 3: 100317.

Cheng C, Kan J, Li S, Jiang C, He X, Shen H, Xu R, Li B, Feng Z, Yang P. Mutation of barley *HvPDIL5-1* improves resistance to yellow mosaic virus disease without growth or yield penalties. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 1018379.

Jiang C, Lei M, Luan H, Pan Y, Zhang L, Zhou S, Cai Y, Xu X, Shen H, Xu R, Feng Z, Zhang J, Yang P. Genomic and pathogenic diversity of barley yellow mosaic virus and barley mild mosaic virus isolates in fields of China and their compatibility with resistance genes of cultivated barley. *Plant Disease*, 2022, 106:2201-2210.

Jin Y, Chen S, Xu X, Jiang C, He Z, Ji W, Yang P. Host specificity of soil-borne pathogens in *Hordeum* species and their relatives. *Plant Disease*, 2022.

代表性知识产权

ZL202210069710.4, 一种小麦黄花叶病抗病材料创制的标记组合物

研究组成员

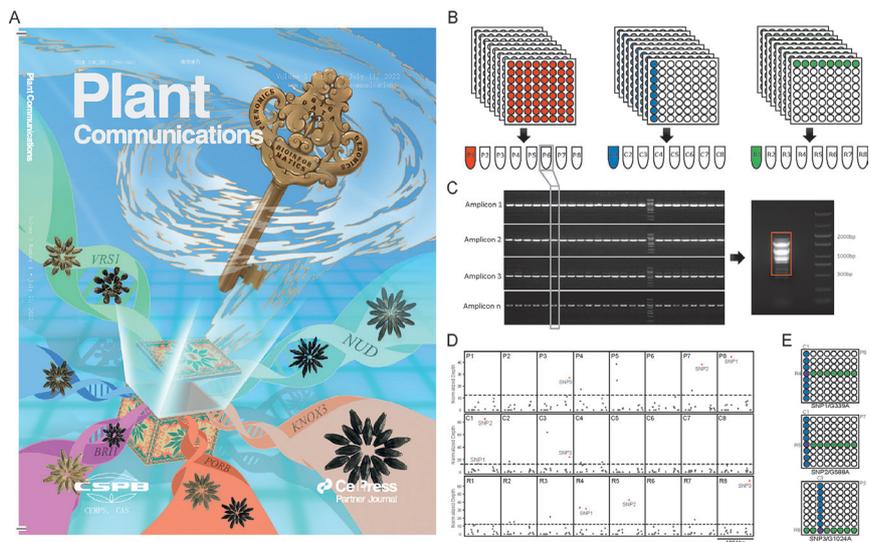
蒋枏璐 副研究员 阚金红 助理研究员
关海英 实验师

研究生

金彦龙 高广奇 程春园 吴文雪 安朝丹
孙 曼

亮点工作

理化诱变是创制遗传变异的经典方法，与基因编辑技术可以优势互补，在种质创新、遗传育种和新基因发掘等方面具有重要作用。由于缺乏一套背景一致的诱变群体资源及其相应的功能基因鉴定技术平台，我国在大麦/青稞基础研究与优异基因的应用方面，较国际前沿水平仍有差距。该研究组与多家单位合作以大麦地方品种“哈铁系”为亲本，通过化学诱变（EMS）构建了一套突变体库资源，同时借助多种测序策略组装了亲本“哈铁系”染色体水平的高质量参考基因组，并相应建立了一套经济高效的突变体筛选技术体系，证实该诱变群体的突变频率高于国外已报道的多个啤酒大麦诱变群体。基于此套遗传与技术资源，已向国内十余家科研院所提供了突变体筛选服务，有力地支持了我国大麦种质创新、新基因发掘和功能研究。



A. 相关研究结果被选作封面论文于 *Plant Communications* 发表。

B-E. 基于突变体库资源，结合样品三维混池与扩增子测序建立了一套经济高效的突变体筛选技术体系

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学专业获博士学位，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。

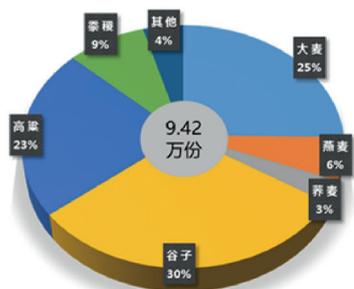
E-mail: guoganggang@caas.cn 电话: 010-62178203

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



亮点工作

在小宗作物种质资源基础性工作方面，致力于野生与优异种质资源引进，提升资源战略储备。第三次种质资源普查共接收大麦、燕麦、谷子、高粱、荞麦、藜麦等作物种质 10079 份，新编目入库 731 份，其中引进国外资源 216 份，完成 1500 份种质的基因型鉴定与表型精准鉴定，向各科研单位、育种企业及个人分发共享种质 7012 份次，以支撑资源鉴定筛选、育种材料创制及品种选育工作。在资源评价与创新方面，结合遗传多样性研究，重点开展小宗作物资源特色性状鉴定评价，针对性开展服务育种和产业需求的种质创新。鉴定出一级耐盐种质 39 份，抗旱种质 23 份，抗病大麦种质 24 份，筛选高油酸、低亚油酸优异种质，选育登记新品种 2 个。



基因组研究支持糜子单起源假说

重要奖项

高产优质广适大麦新品种选育及应用，河南省科技进步二等奖

代表性品种

谷子，冀谷 48，河北省审
谷子，冀谷 49，河北省审

代表性知识产权

ZL2022110765293.7 有色大麦籽粒花青素转运相关基因 HvGST 及其应用

代表性标准规程

T/HBCIA 009-2022 高油酸谷子种子生产技术规程

研究组成员

郭刚刚	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

樊超凤 徐东东

在籍研究生

窦婷语 裴红红 张静 李姗姗 刘少雄
赵梦薇 胡海斌

客座研究生

王倩 保殿荣 常华瑜 马敏虎 薛亚鹏
韩丽 许雅汇

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；分子技术与常规技术相结合，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

Chunhui Li, Honghui Guan, Xin Jing, Yaoyao Li, Baobao Wang, Yongxiang Li, Xuyang Liu, Dengfeng Zhang, Cheng Liu, Xiaoqing Xie, Haiyan Zhao, Yanbo Wang, Jingbao Liu, Panpan Zhang, Guanghui Hu, Guoliang Li, Suiyan Li, Dequan Sun, Xiaoming Wang, Yunsu Shi, Yanchun Song, Chengzhi Jiao, Jeffrey Ross-Ibarra, Yu Li, Tianyu Wang, Haiyang Wang. Genomic insights into historical improvement of heterotic groups during modern hybrid maize breeding. *Nature Plants*, 2022, 8(7):750-763.

Yong-Xiang Li, Jiawen Lu, Cheng He, Xun Wu, Yu Cui, Lin Chen, Jie Zhang, Yuxin Xie, Yixin An, Xuyang Liu, Sihan Zhen, Yunjun Liu, Chunhui Li, Dengfeng Zhang, Yun-Su Shi, Yanchun Song, Jianhua Wang, Yu Li, Guoying Wang, Junjie Fu, Tianyu Wang. cis-Regulatory variation affecting gene expression contributes to the improvement of maize kernel size. *The Plant Journal*, 2022, 111:595-1608.

Yixin An, Lin Chen, Yong-Xiang Li, Chunhui Li, Yunsu Shi, Dengfeng Zhang, Yu Li, Tianyu Wang. Fine mapping *qKRN5.04* provides a functional gene negatively regulating maize kernel row number. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135(6):1997-2007.

Honghui Guan, Xiaojing Chen, Kailiang Wang, Xuyang Liu, Dengfeng Zhang, Yongxiang Li, Yanchun Song, Yunsu Shi, Tianyu Wang, Chunhui Li, Yu Li. Genetic variation in *ZmPAT7* contributes to tassel branch number in maize. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(5):2586.

代表性知识产权

ZL202110141115.2, 一种玉米穗行数相关蛋白及其编码基因和应用

ZL202010294042.6, 转 *SbSNAC1* 基因玉米 *SbSNAC1-466* 的外源插入片段的旁侧序列及其应用

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

博士后

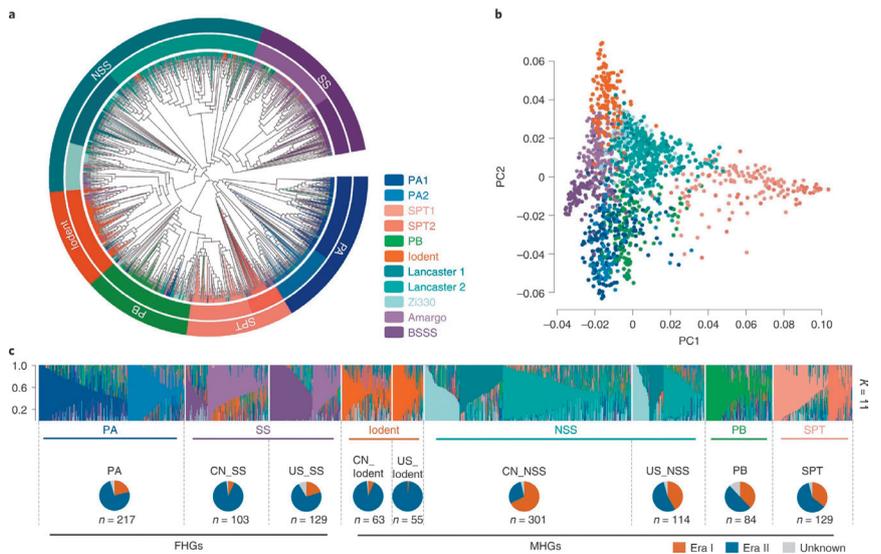
关红辉 马 帅

研究生

王东梅 王宇飞 杨子欣 陶柯宇 王开亮
李 燕 沙小茜 姚旭航 兰 倩 胡 悦
李慧洁 李 绅 杨 烨

亮点工作

玉米杂交种（单交种）生产利用率近 100%。玉米单交种选育的基础是父母本杂种优势群及其杂优模式的利用。然而，现代育种过程中父母本杂种优势群的遗传改良规律及其基因组学基础尚不清楚。本项目利用 1604 份国内外不同育种时期、玉米主产区育种应用的父本群和母本群，开展表型精准鉴定和基于重测序的基因型精准鉴定。通过对超过 305 万个表型数据点和 2.2 亿个遗传变异位点的分析，发现父本群和母本群的农艺性状改良既存在趋同选择也存在趋异选择，趋同选择性状与耐密高产育种目标相关，而趋异选择性状与母本及其杂交种的熟期和籽粒脱水速率相关。在此基础上，挖掘出一批与父、母本杂优势群性状趋同和趋异选择的重要基因资源，以及决定玉米杂种优势的重要基因组区段。本研究为玉米杂交种父、母本杂优势的遗传改良、强优势杂交种的选育及全基因组选择育种技术的开发提供了坚实的理论基础与基因资源。



1604 份代表性玉米种质资源的杂种优势群划分

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，农业农村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：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

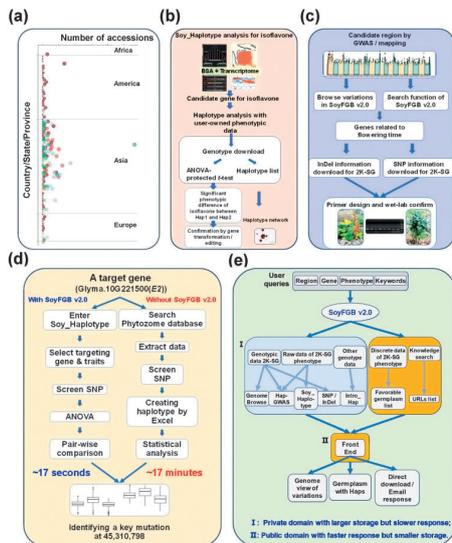
主页: http://qjulijuan.icscaas.com.cn



亮点工作

全面解析大豆地理扩张与全基因组特征，对大豆优异基因资源规模化发掘和新品种培育具有重要意义。对以初选核心种质为主的 2214 份代表性大豆种质资源进行重测序分析，通过系统发育树、种群结构和种群历史分析，提出野生和栽培大豆进化路线的四个阶段。第一阶段对应野生大豆从我国南部向北部的扩张，第二阶段是地方品种在我国黄河流域的驯化过程，第三阶段是地方品种从我国黄河流域向南、向北扩张，第四阶段是当地改良过程。在大豆地方品种的扩张中，遗传渗入主要来自当地（同域）的野生大豆种群，而非异域野生大豆种群，表明当地野生大豆的遗传渗入促进了当地地方品种的适应性。进一步分析表明，大豆花期的适应是一个连续的过程，并验证了 GmSPA3c 具有花期调节的功能，推测是经典开花基因 E7 的候选功能基因。

我国是大豆起源地，大豆种质资源最为丰富。随着海量基因型、表型、表型组等数据不断产生，急需共享利用数据平台。针对大豆在基因组和种质资源等方面的特点及用户需求差异，研究团队再次升级并拓展 FGB 范式，建立了 SoyFGB v2.0 数据平台。首先，SoyFGB v2.0 提供离散值的表型数据来帮助用户识别用于育种或遗传研究的“有用”种质资源，实现了 2K-SG 的 33 个数量性状与 9 个质量性状的非下载共享。其次，用户可以在不同基因组分辨率下的在线分析表型和单倍型变异的相关性。第三，获得基因组作图定位与表型性状相关区域，使用“搜索”和“浏览”模块，用户可以获取 2K-SG 的基因组变异，用于实验验证。根据用户实际体验，与传统 Excel 表格辅助进行单倍型分析相比，采用 SoyFGBv2.0 进行特定基因的单倍型分析能够提高效率近 60 倍。SoyFGB v2.0 的发布将不仅极大地促进大豆种质资源的单倍型挖掘，也为大豆种质资源组学数据共享和挖掘提供了通用新范式。



用户案例及 SoyFGB v2.0 的结构

重要奖项

耐除草剂转基因大豆，2022 全国农业高新技术成果交易活动最具孵化潜力项目奖

重要论著

Zheng T, Li Y, Li Y, Zhang S, Ge T, Wang C, Zhang F, Faruquee M, Zhang L, Wu X, Tian Y, Jiang S, Xu J, Qiu L. A general model for "germplasm-omics" data sharing and mining: a case study of SoyFGB v2.0. *Sci Bull.* 2022, 67(17):1716-1719.

Li YH, Qin C, Wang L, Jiao C, Hong H, Tian Y, Li Y, Xing G, Wang J, Gu Y, Gao X, Li D, Li H, Liu Z, Jing X, Feng B, Zhao T, Guan R, Guo Y, Liu J, Yan Z, Zhang L, Ge T, Li X, Wang X, Qiu H, Zhang W, Luan X, Han Y, Han D, Chang R, Guo Y, Reif JC, Jackson SA, Liu B, Tian S, Qiu LJ. Genome-wide signatures of the geographic expansion and breeding of soybean. *Sci China Life Sci.* 2023, 66(2):350-365.

Sun R, Sun B, Tian Y, Su S, Zhang Y, Zhang W, Wang J, Yu P, Guo B, Li H, Li Y, Gao H, Gu Y, Yu L, Ma Y, Su E, Li Q, Hu X, Zhang Q, Guo R, Chai S, Feng L, Wang J, Hong H, Xu J, Yao X, Wen J, Liu J, Li Y, Qiu L. Dissection of the practical soybean breeding pipeline by developing ZDX1, a high-throughput functional array. *Theor Appl Genet.* 2022, 135(4):1413-1427.

Lu Y, Zhang J, Guo X, Chen J, Chang R, Guan R, Qiu L. Identification of genomic regions associated with vine growth and plant height of soybean. *Int J Mol Sci.* 2022, 23(10):5823.

代表性品种

大豆，京通 608，吉甬

代表性知识产权

CN201910339010, 一种近红外光谱法测定大豆水溶性蛋白含量的方法

ZL201810563288.1, 大豆分子标记及其在检测大豆种子营养价值中的应用

ZL202010704911.8, 大豆香味分子标记 BADH2-InDel 及其应用

ZL201710536426.2, 大豆分子标记及其多态性在鉴定大豆分枝数性状中的应用

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
 李向华 副研究员

博士后

- 王影 张皓 李德林 张郑伟 郭华伟
 车荧璞

研究生

- 于莉莉 苏伯鸿 洪慧龙 田宇 孔祥莹
 赵宇杨 徐瑞新 郭潇阳 赵权 王雪晴
 苏鑫 张之昊 广慧 孙彦波 姜思琦
 卢蕾 李健依 祁平 葛天丽 徐江源
 刘亭萱 李战 王曼宇 胡媛媛 杨硕
 李刚 谢路 崔文慧 张尊勉 何梓莹
 郭诗雨 张家铭 侯宇轩 祁航 白东
 陈晓睿 孙建强 刘志鹏 李世宽 裴春玲
 曹杰 梁腾月 李进冬 张珂宇 李晓菲
 姚思源 石宇欣 刘珊 徐若男 骆萧剑
 王琦 周雅 张祥 刘欣玥 孙如建



WILD RICE CONSERVATION

野生稻保护与利用

杨庆文，研究员，博士生导师。2004 年获得中国农业大学博士学位。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。

研究方向：利用远缘杂交构建野生稻与栽培稻染色体置换系，发掘株型、穗型、粒型、品质、抗性等重要农艺性状的关键基因；通过表型和基因型相结合，揭示水稻重要农艺性状的演化规律；创制目标性状明确、综合性状优良的水稻新种质。

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

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

重要论著

Zhenyun Han, Fei Li, Weihua Qiao, Baoxuan Nong, Yunlian Cheng, Lifang Zhang, Jingfen Huang, Yanyan Wang, Danjing Lou, Jinyue Ge, Meng Xing, Weiya Fan, Yamin Nie, Wenlong Guo, Shizhuang Wang, Ziran Liu, Danting Li, Xiaoming Zheng, Qingwen Yang. Identification of candidate genes and clarification of the maintenance of the green pericarp of weedy rice grains. *Frontiers in Plant Science*. 2022. 930062.

Ziyi Yang, Yilin Zhang, Meng Xing, Xiaowen Wang, Zhijian Xu, Jingfen Huang, Yanyan Wang, Fei Li, Yamin Nie, Jinyue Ge, Danjing Lou, Ziran Liu, Zhenyun Han, Yuntao Liang, Xiaoming Zheng, Qingwen Yang, Hang He, Weihua Qiao. Genomic analysis provides insights into the plant architecture variations in *in situ* conserved Chinese wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Frontiers in Plant Science*. 2022. 921349.

Jinyue Ge, Junrui Wang, Hongbo Pang, Fei Li, Danjing Lou, Weiya Fan, Ziran Liu, Jiaqi Li, Danting Li, Baoxuan Nong, Zongqiong Zhang, Yanyan Wang, Jingfen Huang, Meng Xing, Yamin Nie, Xiaorong Xiao, Fan Zhang, Wensheng Wang, Jianlong Xu, Sung Ryul Kim, Ajay Kohli, Guoyou Ye, Weihua Qiao, Qingwen Yang, Xiaoming Zheng. Genome-wide selection and introgression of Chinese rice varieties during breeding. *Journal of Genetics and Genomics*. 49 (2022) 492-501.

代表性知识产权

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 娄单敬 格金月
邢梦 范伟雅 聂亚敏 郭文龙 王世壮
刘自然 王银婷 陈文熹

亮点工作

国家野生稻种质资源圃(三亚)是中国农业科学院作物科学研究所牵头建设的现代种业提升工程项目,项目于2021年立项,2022年被列入现代种业提升工程。该项目占地面积178亩,其中设施区8.58亩。田间工程根据功能分别被划分为物种展示区、鉴定评价区、繁殖更新区、资源保存区、特殊物种保存区、原生境模拟区和创新利用区等7个区域,可保存全球所有野生稻物种约4万份种质资源。项目建成后将被打造成国际野生稻学术交流基地、南繁水稻育种服务基地和青少年科普教育基地。在农业农村部、三亚市和所领导的亲切关怀和指导下,本课题组从规划布局、可研报告、初步设计、施工方案等方面提供全方位技术支持,目前主体工程基本完工,课题组采取边建设边入圃的方式已保存野生稻资源1.3万份。



国家野生稻种质资源圃主体工程基本完工

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。

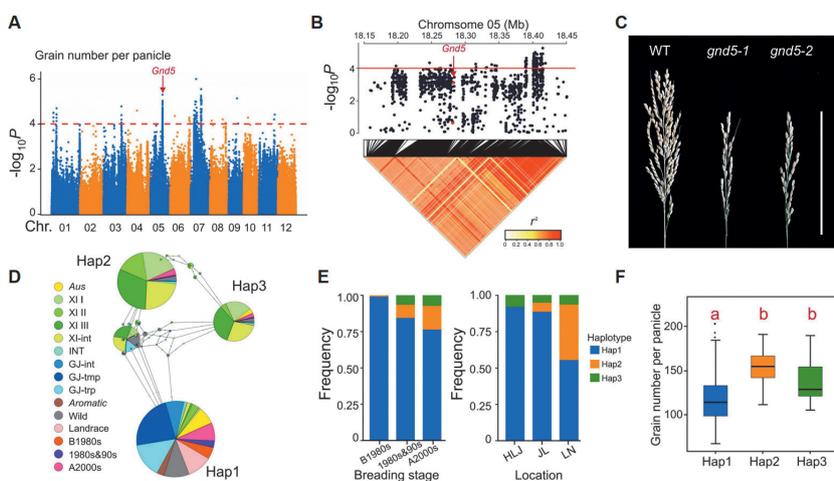
Email: hanlongzhi@caas.cn 电话: 010-62176784

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



亮点工作

在漫长的粳稻品种改良过程中，粳稻品种的基因组上留下了诸多育种印迹，研究粳稻品种基因组的演变规律和改良历史，可为优化粳稻育种路线提供重要科学依据。本研究对 816 份我国不同时期代表性粳稻品种进行了重测序，并整合已发表的 5500 份水稻测序数据，系统分析了不同时期主栽品种的基因组组成。研究发现，自 20 世纪 80 年代以来，来自 3 个不同籼稻亚群的血缘向粳稻品种中的渗入持续增加，使粳稻的重要性状发生了显著变化，如稻瘟病抗性提高、穗粒数增加、单株穗数减少、株型由多穗型向重穗大穗型转变。还发现与株型、产量和抗病虫性相关基因的等位基因由籼稻渗入到粳稻中，籼稻血缘的渗入贡献了粳稻品种中缺乏的一些优异等位基因，从基因组层面反映了我国粳稻的改良历史。另外，研究还鉴定了一个调控水稻穗粒数的新基因 *Gnd5*，与野生型相比，敲除 *Gnd5* 的突变体穗粒数显著减少。进一步分析发现，*Gnd5* 基因是渗入的靶基因，对育种具有重要的应用价值。此外，通过研究各骨干亲本系谱中穗粒数相关基因单倍型的利用模式，发现多基因的优势单倍型聚合利用存在较强的系谱背景特异性，这将有助于未来在广泛遗传背景下进行 QTL 聚合和育种路线优化。该研究系统分析了我国粳稻育成品种的演变规律和改良历史，为未来水稻基因组育种提供了新思路。



全基因组关联分析定位了控制水稻穗粒数的关键渗入基因 *Gnd5*

重要论著

Di Cui, Han Zhou, Xiaoding Ma, Zechuan Lin, Linhua Sun, Bing Han, Maomao Li, Jianchang Sun, Jin Liu, Guixiu Jin, Xianju Wang, Guilan Cao, Xing Wang Deng, Hang He, Longzhi Han. Genomic insights on the contribution of introgressions from *Xian/indica* to the genetic improvement of Geng/*Japonica* rice cultivars. *Plant Communications*, 2022, 3: 100325.

Lina Zhang, Di Cui, Xiaoding Ma, Bing Han, Longzhi Han. Comparative analysis of brown rice reveals insights into the mechanism of colored rice via widely targeted metabolomics. *Food Chemistry*, 2022, 133926.

Bing Han, Di Cui, Xiaoding Ma, Guilan Cao, Hui Zhang, Hee Jong Koh, and Longzhi Han. Evidence for evolution and selection of drought-resistant genes based on high-throughput resequencing in weedy rice. *The Journal of Experimental Botany*, 2022, 73: 1949-1962.

Chunhui Liu, Di Cui, Aixia Jiao, Xiaoding Ma, Xiaobing Li, Bing Han, Huicha Chen, Renchao Ruan, Yanjie Wang and Longzhi Han. Kam Sweet Rice (*Oryza sativa* L.) is a Special Ecotypic Rice in Southeast Guizhou, China as Revealed by Genetic Diversity Analysis. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 830556

Chunyan Ju, Xiaoding Ma, Bing Han, Wei Zhang, Zhengwu Zhao, Lei Yue Geng, Di Cui, Longzhi Han. Candidate gene discovery for salt tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) at the germination stage based on genome-wide association study. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:1010654.

Jin Liu, Liqin Yu, Xiaoding Ma, Huiying Zhou, Di Cui, Jiachao Hu, Si Le, Bing Han, Wu Chen, Longzhi Han, Maomao Li. Identification of the major quantitative trait locus cluster *qGNPS4.1* for grain number and panicle structure in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breeding*, 2022, 141(2): 223-235.

Chunhui Liu, Yanjie Wang, Xiaoding Ma, Di Cui, Bing Han, Dayuan Xue, Longzhi Han. Traditional agricultural management of Kam Sweet Rice (*Oryza sativa* L.) in southeast Guizhou Province, China. *Journal of ethnobiology and ethnomedicine*, 2022, 18: 30.

Qian Huang, Chunyan Ju, Yibing Cheng, Di Cui, Bing Han, Zhengwu Zhao, Xiaoding Ma, and Longzhi Han. QTL Mapping of Mesocotyl Elongation and Confirmation of a QTL in Dongxiang Common Wild Rice in China. *Agronomy*, 2022,12:1800.

Chunhui Liu, Yanjie Wang, Aixia Jiao, Xiaoding Ma, Di Cui, Xiaobing Li, Bing Han, Huicha Chen, Renchao Ruan, Dayuan Xue, Longzhi Han. Effects of Traditional Ethnic Minority Food Culture on Genetic Diversity in Rice Landraces in Guizhou Province, China. *Agronomy*, 2022, 12: 2308.

代表性知识产权

ZL202010709583.0, 与水稻耐冷基因 *qSF12* 相连锁的分子标记及其应用。

代表性标准规程

NYT 1019-2021, 水稻种质资源鉴定技术规范。

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 王斐 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>

重要奖项

谷子新种质矮 88 的创制、遗传解析与应用，河北省科技进步一等奖

重要论著

Hailong Wang, Guanqing Jia, Ning Zhang, et al. Domestication-associated PHYTOCHROME C is a flowering time repressor and a key factor determining *Setaria* as a short-day plant. *New Phytologist*, 2022, 236(5):1809-1823.

Renliang Zhang, Hui Zhi, Yuhui Li, et al. Response of Multiple Tissues to Drought Revealed by a Weighted Gene Co-Expression Network Analysis in Foxtail Millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 12:746166.

Sha Tang, Mojgan Shahriari, Jishan Xiang, et al. The role of AUX1 during lateral root development in the domestication of the model C-4 grass *Setaria italica*. *Journal of Experimental Botany*, 2022, 73:2021-2034.

贾冠清, 刁现民. 中国谷子种业创新现状与未来展望. *中国农业科学*, 2022, 4: 653-665.

刁现民. 育种创新造就谷子种业新发展. *中国种业*, 2022 (4) :1-4

桑璐曼, 汤沙, 张仁梁等. 谷子热激蛋白 HSP90 家族基因鉴定及分析. *植物遗传资源学报*, 2022, 4: 1085-1097.

张硕, 智慧, 张伟等. 谷子条纹叶突变体 t122 表型分析及基因初定位. *植物遗传资源学报*, 2022, 23(4): 1076-1084.

代表性品种

谷子, 中谷 19, 国家登记

谷子, 中谷 25, 国家登记

谷子, 中谷 9, 国家登记

谷子, 中谷 989, 国家登记

代表性知识产权

ZL2021108161533, 与谷子黄色素含量相关的分子标记及其应用

代表性标准规程

T/CROPSSC 001-2022, 优质谷子(小米)

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

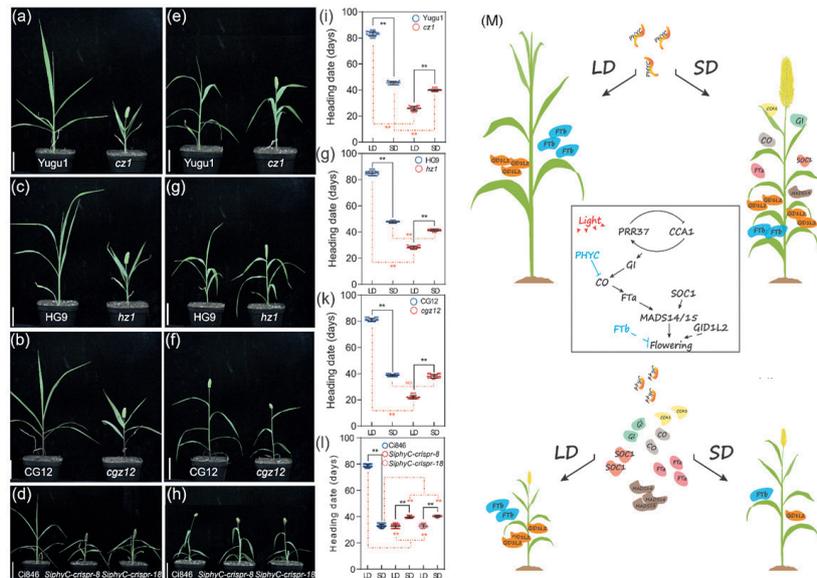
吴红波 贺强 赵志英 张伟

研究生

孟强 张林林 张仁梁 张卉 张慧
张艳艳 梁红凯 杨宝兰 任玉双 袁迪
王彦楠 张诗慧 姚琦 郑植 徐官瑾
贾焱 周在旭 金梦 刘彬

亮点工作

植物在长期进化过程中通过适应四季变化, 在适当时间开花完成世代繁衍。由于四季变化造成日照长度(即光周期)不同, 在大于临界日长才能够开花的植物称为长日植物, 如拟南芥、二穗短柄草、小麦、大麦等植物; 小于临界日长才能够开花的植物称为短日植物, 包括水稻、玉米、大豆、高粱、谷子等植物。长日植物在长光周期环境下开花比短光周期环境下开花提前, 短日植物则恰恰相反。长期以来, 植物对不同光周期响应的遗传调控机制仍然不清楚, 决定植物长日或短日属性的关键调控因子至今尚未明确。本研究发现 SiPHYC 参与了狗尾草到谷子的驯化过程, 此外, 研究人员利用谷子 SiphyC 突变体具备的早熟效应, 以及可以快速加代的特性, 构建了与之匹配的高效室内种植体系, 结果表明 SiphyC 突变体的种植密度较野生型可以提高 4 倍之多, 并且可以实现种子到种子生命周期在 45 天之内完成, 这进一步完善了谷子功能基因鉴定及高效研究技术体系平台, 为促进谷子作为模式植物研究体系的发展, 推动禾谷类作物 C4、抗逆及品质等基因的鉴定研究奠定了基础。



SiPHYC 基因调控作物抽穗分子机制

野生型 (Yugu1、HG9、CG12、Ci846) 与 SiphyC 突变体 (cz1、hz1、cgz12、SiphyC-crispr) 在长光周期 (a-d) 和短光周期 (e-h) 条件下抽穗期统计分析, (i-l) 抽穗期的数据统计, (M) 调控通路工作模型

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: 010-82106367

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

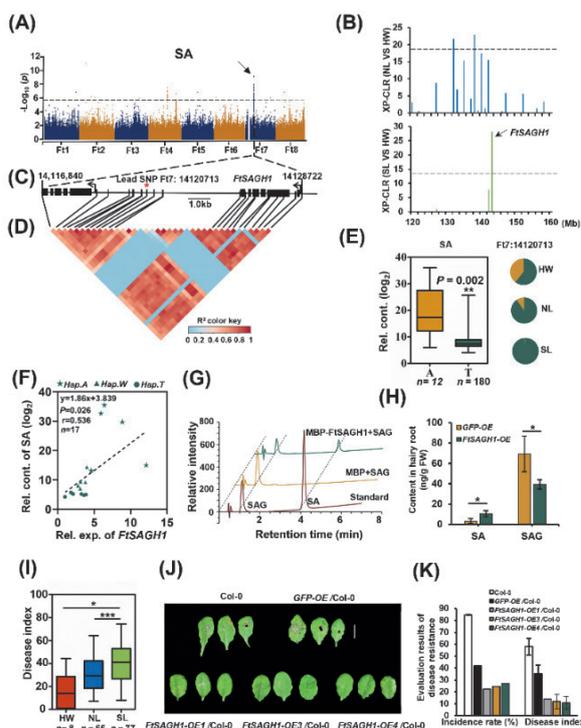


亮点工作

苦荞隶属蓼科荞麦属 (*Fagopyrum Mill*), 是一种起源于我国的重要杂粮作物, 至今已有 4000 多年的栽培史。前期研究发现在荞麦驯化过程中, 黄酮类物质芦丁等物质含量降低且抗病能力减弱, 但其背后的遗传基础并不清楚。研究利用 200 份苦荞微核心种质资源的成熟谷粒为研究材料, 构建了苦荞代谢组数据库, 其中包含 567 种已知代谢物和 525 种未知代谢物。对苦荞野生群体 HW 和地方栽培群体 NL、SL 的代谢组进行比较发现, 与 HW 野生群体相比, 北方群体 NL 和南方群体 SL 中分别有 245 种和 265 种显著差异代谢物, 其中 98 种代谢物表现出类似的动态变化趋势。包括儿茶素、表儿茶素、原花青素 B2 等黄酮类物质。分析发现 336 个代谢物的 384 个 mGWAS 定位信号位于驯化区间内, 这表明大多数差异代谢物的在驯化过程中受到了选择。

荞麦立枯病是由立枯丝核菌引起的一种严重病害, 威胁荞麦的增产、稳产。该研究对代谢组微核心种质群体中的 150 份苦荞品种 (包括 8 个野生材料) 进行了立枯病抗性评价。发现三个群体的病情指数依次升高, 即 HW 的抗病性最强, NL 次之, SL 抗病能力最差, 而三个群体中的 SA 含量也依次降低。在植物遭受病原体入侵时, 储存在液泡中的无活性形式的水杨酸糖苷 (SAG) 会水解, 形成有活性的 SA, 增强免疫反应。但负责这一过程的水杨酸糖苷水解酶鲜有报道。通过对 SA 含量的 mGWAS

发现了一个基因 FtSAGH1。分析表明, FtSAGH1 的表达量与 SA 含量正相关。体外酶活实验表明, FtSAGH1 能够水解 SA 2-O- β -glucoside 生成 SA, 而同区间内的另两个基因编码的糖苷水解酶类似物却不具备此功能。在苦荞毛状根中过表达 FtSAGH1 可以提高 SA 含量, 而 SAG 含量减少。在拟南芥中异位表达 FtSAGH1, 可以提高对立枯丝核菌的抗性。



水杨酸的降低导致苦荞驯化过程中立枯病抗病性发生变化

重要论著

Zhao H, He Y, Zhang K, Li S, Chen Y, He M, He F, Gao B, Yang D, Fan Y, Zhu X, Yan M, Giglioli-Guivarc'h N, Hano C, Fernie AR, Georgiev MI, Janovská D, Meglič V, Zhou M. Rewiring of the Seed Metabolome during Tartary Buckwheat Domestication. *Plant Biotechnology Journal*. 2023, 21(1):150-164.

He M, He Y, Zhang K, Lu X, Zhang X, Gao B, Fan Y, Zhao H, Jha R, Huda Md. N, Tang Y, Wang J, Yang W, Yan M, Cheng J, Ruan J, Dulloo E, Zhang Z, Georgiev MI, Chapman MA, Zhou M. Comparison of buckwheat genomes reveals the genetic basis of metabolomic divergence and ecotype differentiation. *New Phytologist*. 2022, 235(5): 1927-1943.

Chapman MA, He Y, Zhou M. Beyond a reference genome: pangenomes and population genomics of underutilized and orphan crops for future food and nutrition security. *New Phytologist*. 2022, 234(5):1583-1597.

Ding M, He Y, Zhang K, Li J, Shi Y, Zhao M, Meng Y, Georgiev MI, Zhou M. JA-induced FtBPM3 accumulation promotes FTERF-EAR3 degradation and rutin biosynthesis in Tartary buckwheat. *The Plant Journal*. 2022, 111(2): 323-334.

代表性品种

荞麦, 中苦 3 号, 川认

代表性知识产权

ZL 2020 1 0561877.3, 苦荞来源的鼠李糖基转移酶及其编码基因和应用

研究组成员

张凯旋 副研究员

博士后

何毓琦 关超男 黄旭

研究生

赵辉 卢翔 何佳悦 赖弟利 高元芬
李伟 赵梦雨 龙欧 刘洋 陈媛媛
欧阳屹南 沈伦豪 李光胜 付梓平
刘桐 肖雅文

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。现任农业农村部大宗粮豆专家指导组副组长。

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

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

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

重要论著

- Yang T, Liu R, Luo Y, et al. Improved pea reference genome and pan-genome highlight genomic features and evolutionary characteristics. *Nature Genetics*. 2022 (54): 1553-1563.
- Guan J, Zhang J, Gong D, et al. Genomic analyses of rice bean landraces reveal adaptation and yield related loci to accelerate breeding. *Nature Communications*. 2022 (13): 5707.
- Li X, Tang Y, Wang L, et al. QTL mapping and identification of genes associated with the resistance to *Acanthoscelidesobtectus* in cultivated common bean using a high-density genetic linkage map. *BMC Plant Biology*. 2022, (22):260.
- Li G, Liu R, Xu R, et al. Development of an Agrobacterium-mediated CRISPR/Cas9 system in pea (*Pisumsativum* L.). *The Crop Journal*. 2022.
- Wu L, Chang Y, Wang L, et al. Genetic dissection of yield related traits in response to drought stress in common bean. *The Crop Journal*. 2022.
- Hu L, Luo G, Zhu X, et al. Genetic Diversity and Environmental Influence on Yield and Yield-Related Traits of Adzuki Bean (*Vignaangularis* L.). *Plants*. 2022 (11): 1132.
- Ji Y, Chen Z, Cheng Q, et al. Estimation of plant height and yield based on UAV imagery in faba bean (*Viciafaba* L.). *Plant Methods*. 2022(18): 26.
- Yang P, Chang Y, Wang L, et al. Regulatory mechanisms of the resistance to common bacterial blight revealed by transcriptomic analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Frontiers in Plant Science*. 2022 (12):800535.
- Cheng Y, Xiang N, Cheng X, et al. Effect of photoperiod on polyphenol biosynthesis and cellular antioxidant capacity in mung bean (*Vignaradiata*) sprouts. *Food Research International*. 2022(159):11162.

代表性品种

豌豆, 中秦 3 号, 国审

研究组成员

王述民 研究员 武 晶 研究员
王兰芬 研究员 王丽侠 研究员
杨 涛 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

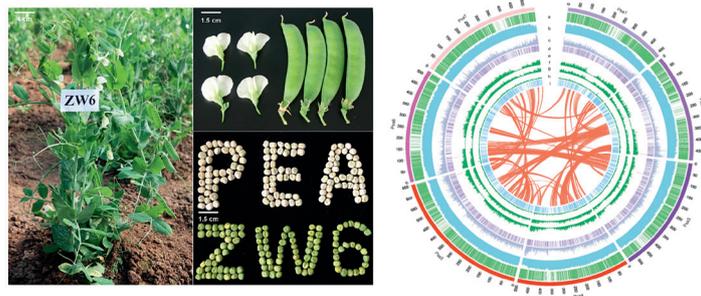
研究生

王 栋 李 冠 季一山 Md.M.Rahman
李孟伟 严 昕 黄淑贤 刘泽豪 李晓明
吴 磊 李 园 王梦菲 刘永辉 谷子轩
吴 爽 赵莉莉 公 丹 张金涛 贾 龙
陈天晓 李诗情 王思航

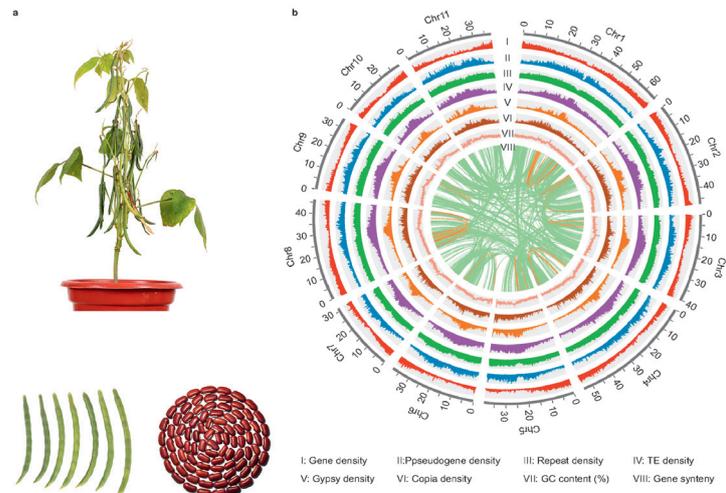
亮点工作

中国豌豆高质量参考基因组和泛基因组构建。自孟德尔发现遗传定律以来, 豌豆作为遗传研究的模式植物, 受到了学界和公众的广泛关注。然而, 豌豆基因组非常大, 组装起来相当复杂, 豌豆高质量基因组精细物理图谱一直未能完成, 严重阻碍了豌豆的理论和应用研究。该研究团队成功绘制了中国豌豆基因组精细物理图谱, 揭示了豌豆基因组结构和进化特征, 发掘了一批孟德尔性状和重要农艺性状相关位点和基因, 构建了栽培和野生豌豆泛基因组, 为豌豆起源驯化、基因挖掘、种质创新和育种改良研究提供了宝贵资源及数据支撑。

饭豆高质量基因组及重要性状遗传解析。作为小众豆种, 饭豆是典型的“亚洲作物”, 遗传育种研究落后, 且缺乏高质量基因组和精细物理图谱, 阻碍了饭豆重要性状的遗传解析和优异基因的挖掘利用。该研究团队完成了饭豆高质量基因组组装和解析, 揭示了其进化地位, 解析了群体遗传多样性和遗传结构, 鉴定出多个重要性状主效位点和候选基因, 发掘了一批优异潜在育种亲本材料, 对未来饭豆育种改良提供重要参考, 同时也为豇豆属其他作物的育种研究提供优异基因资源。



中国豌豆高质量参考基因组和泛基因组构建



饭豆高质量基因组及重要性状遗传解析

万建民, 教授, 博士生导师。1995 年获日本京都大学遗传学专业农学博士。2015 年 12 月当选中国工程院院士。现任全国政协常委, 中国农业科学院学术委员会主任。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: 围绕籼粳杂交种不育性低、株高偏高、超亲晚熟以及品质差等问题, 克隆控制水稻不育性、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

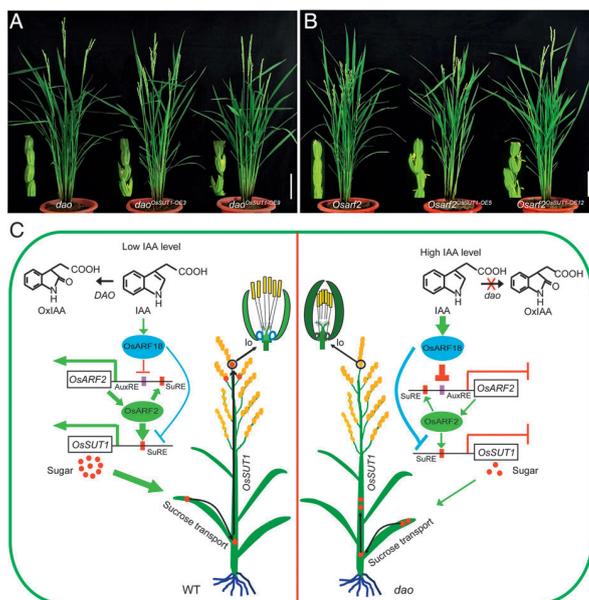
主页: http://wanjianmin.icscaas.com.cn



亮点工作

揭示水稻株型调控新机制。水稻株型是决定水稻产量的重要因素, 独脚金内酯 (SLs) 是近年发现的调控株型的新植物激素。目前虽已揭示 SL 信号传递的基本通路, 但对该通路基因的转录和剪接调控机制仍理解有限。通过对一个水稻矮秆多分蘖突变体 *dht1* 进行图位克隆分析, 鉴定 *DHT1* 基因编码一个新的核不均一性核糖核蛋白, 该蛋白参与调节大量基因的 Pre-mRNAs (包括 SL 受体基因 *D14*) 的内含子剪接。*dht1* 突变导致 *D14* 基因的 Pre-mRNA 转录和剪接受阻, 进而减少 *D14* 蛋白, 阻碍了 SL 信号传递, 最终导致 SL 信号通路的抑制子 *D53* 蛋白积累, 促进了分蘖。该研究揭示了通过调控 SL 受体基因 *D14* 的转录和剪接来调控水稻分蘖的新通路, 为水稻株型改良提供了新启示。

揭示生长素调控水稻光合产物源库分配新机制。蔗糖在源库器官间的分配与运输是影响农作物产量的重要因素。生长素是植物体内的一种非常重要的激素。然而, 目前关于生长素和蔗糖如何协同调控作物生长发育的分子机制仍然不清楚。本团队前期筛选获得了一个水稻生长素氧化双加氧酶失活的 *dao* 突变体, 该突变体叶片中蔗糖含量增加, 但花器官 (浆片、花药和子房) 中的蔗糖含量却显著降低。实验证明, *OsARF2* 通过直接结合 *OsSUT1* 启动子中的糖响应元件调节其表达, 而 *OsARF18* 则通过直接结合生长素反应元件或糖响应元件抑制 *OsARF2* 和 *OsSUT1* 表达, 从而调控蔗糖从源到库的运输。研究结果揭示了生长素信号级联反应调控蔗糖转运子表达, 调节蔗糖从源 (叶片) 到库 (浆片、花药和子房) 的分配, 进而影响水稻颖壳张开、花药开裂和籽粒灌浆结实的分子机制, 为通过协调源-库-流分配提高农作物产量提供了重要理论依据。



生长素调控水稻中蔗糖的源-库分配和生殖器官发育模式图

重要论著

Tianzhen Liu, Xin Zhang, Huan Zhang, Zhijun Cheng, Jun Liu, Chunlei Zhou, Sheng Luo, Weifeng Luo, Shuai Li, Xinxin Xing, Yanqi Chang, Cuihan Shi, Yulong Ren, Shanshan Zhu, Cailin Lei, Xiuping Guo, Jie Wang, Zhichao Zhao, Haiyang Wang, Huqu Zhai, Qibing Lin, Jianmin Wan. Dwarf and High Tillering1 represses rice tillering through mediating the splicing of D14 pre-mRNA. *The Plant Cell*, 2022, 34(9): 3301-3318.

Zhigang Zhao, Chaolong Wang, Xiaowen Yu, Yunlu Tian, Wenxin Wang, Yunhui Zhang, Wenting Bai, Ning Yang, Tao Zhang, Hai Zheng, Qiming Wang, Jiayu Lu, Dekun Lei, Xiaodong He, Keyi Chen, Junwen Gao, Xi Liu, Shijia Liu, Ling Jiang, Haiyang Wang, Jianmin Wan. Auxin regulates source-sink carbohydrate partitioning and reproductive organ development in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 2022, 119 (36): e2121671119.

Mengyuan Yan, Tian Pan, Yun Zhu, Xiaokang Jiang, Mingzhou Yu, Rongqi Wang, Feng Zhang, Sheng Luo, Xiuhao Bao, Yu Chen, Bingli Zhang, Ruonan Jing, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Cailin Lei, Qibing Lin, Shanshan Zhu, Xiuping Guo, Yulong Ren, Jianmin Wan. FLOURY ENDOSPERM20 encoding SHMT4 is required for rice endosperm development. *Plant Biotechnology Journal*, 2022, 20(8): 1438.

Yupeng Wang, Fuqing Wu, Qibing Lin, Peike Sheng, Ziming Wu, Xin Jin, Weiwei Chen, Shuai Li, Sheng Luo, Erchao Duan, Jiachang Wang, Weiwei Ma, Yulong Ren, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Cailin Lei, Xiuping Guo, Haiyang Wang, Shanshan Zhu, Jianmin Wan. A regulatory loop establishes the link between the circadian clock and abscisic acid signaling in rice. *Plant Physiology*, 191(3): 1857-1870.

Fan Wang, Zhijun Cheng, Jiachang Wang, Feng Zhang, Baocai Zhang, Sheng Luo, Cailin Lei, Tian Pan, Yongfei Wang, Yun Zhu, Min Wang, Weiwei Chen, Qibing Lin, Shanshan Zhu, Yihua Zhou, Zhichao Zhao, Jie Wang, Xiuping Guo, Xin Zhang, Ling Jiang, Yiqun Bao, Yulong Ren, Jianmin Wan. Rice STOMATAL CYTOKINESIS DEFECTIVE2 regulates cell expansion by affecting vesicular trafficking in rice. *Plant Physiology*, 189(2): 567-584.

代表性品种

水稻, 京粳 6 号, 国审
 水稻, 京粳 7 号, 国审
 水稻, 京粳 8 号, 国审
 水稻, 京粳 9 号, 国审

代表性知识产权

ZL202010767148.3, 一种与水稻胚乳淀粉颗粒发育相关的蛋白 FSE5 及其编码基因和应用
 ZL2019111303227, 一种植物储藏蛋白合成相关蛋白 F690 及其编码基因与应用
 ZL202011250950.1, 一种植物谷蛋白分选相关蛋白 OsD15 及其编码基因与应用
 ZL2021101617009, 一种植物谷蛋白分选相关蛋白 OsGA7 及其编码基因与应用
 ZL20210267450.7, 与植物株型相关的蛋白及其编码基因和应用-2

研究组成员

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

博士后

汪欲鹏 罗胜 郑海 王建

研究生

董坤 刘鑫 张冰蕾 张瑾晖 邕长燕
 冯淼 金鑫 包秀浩 张鹏程 王永飞
 张玉 杨文琨 万戈兴 朱韵

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.icascaas.com.cn>

重要论著

Suyash B. Patil; Francois F. Barbier; Jinfeng Zhao; Syed A. Zafar; Muhammad Uzair; Yinglu Sun; Jingjing Fang; Maria-Dolores Perez-Garcia; Jessica Bertheloot; Soulaïman Sakr; Franziska Fichtner; Tinashe G. Chabikwa; Shoujiang Yuan; Christine A. Beveridge; Xueyong Li, Sucrose promotes D53 accumulation and tillering in rice, *New Phytologist*, 2022, 234(1):122-136.

Yan Chun, Ashmit Kumar and Xueyong Li. Genetic and molecular pathways controlling rice inflorescence architecture. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:1010138.

Muhammad Uzair, Suyash B. Patil, Hongrui Zhang, Ashmit Kumar, Humphrey Mkumbwa, Syed Adeel Zafar, Yan Chun, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Muhammad Ramzan Khan, Shoujiang Yuan and Xueyong Li. Screening Direct Seeding-Related Traits by Using an Improved Mesocotyl Elongation Assay and Association between Seedling and Maturity Traits in Rice. *Agronomy*, 2022; 12(4):975.

Jingjing Fang, Xueyong Li. Kinematic growth analysis of rice (*Oryza sativa*) leaf. *Methods in Molecular Biology*, 2022; 2382: 131-140.

刘婷; 王天浩; 淳雁; 李学勇; 赵金凤, 表观遗传调控植物分枝/分蘖研究进展, *植物学报*, 2022, 57 (4): 532-548.

代表性知识产权

ZL202210708937.9, 水稻 RCN21 蛋白及其编码基因与应用

ZL202210353757.3, 水稻 MST6 基因及其同源基因 MST3 在调控植物分枝或分蘖中的应用

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

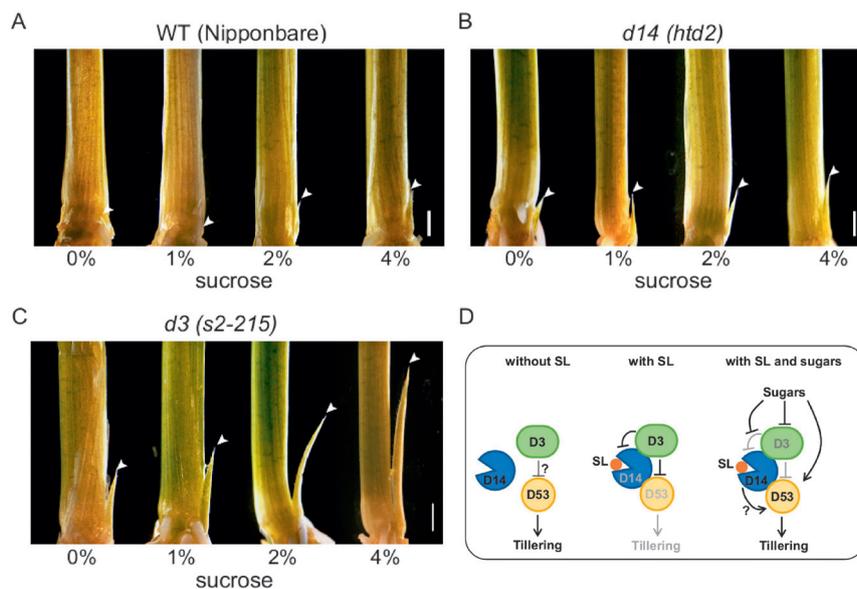
淳雁

研究生

莫天宇 王天浩 苗苗 Ashmit Kumar
Humphrey Mkumbwa Hnin Si Htun
GUL, RAO MUHAMMAD SAMRAN

亮点工作

植物分枝（分蘖）是影响作物产量的关键因素之一，受多种因素的调控。生长素和独脚金内酯抑制植物分枝，而糖和细胞分裂素促进植物分枝的产生。生长素对植物分枝的抑制作用部分是由独脚金内酯介导的。植物芽的生长与茎中生长素的消耗无关，而是与糖向芽的快速移动有关。有研究指出糖和独脚金内酯协同调控植物分枝和分蘖，但二者相互作用的机理并不清楚。研究发现蔗糖能够拮抗独脚金内酯对水稻分蘖的抑制作用。在机制水平上，蔗糖促进独脚金内酯关键负调节因子 D53 蛋白的积累，并拮抗独脚金内酯诱导的 D53 蛋白的降解。蔗糖可以抑制编码泛素连接酶的 D3 基因的转录，而过表达 D3 可以解除高浓度蔗糖对 D53 蛋白的稳定作用和对分蘖的促进作用。蔗糖也能够阻止独脚金内酯诱导的 D14 蛋白的降解，过表达 D14 能够促进 D53 蛋白的积累和蔗糖诱导的分蘖。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。



蔗糖和独脚金内酯协同调控植物分枝 / 水稻分蘖的分子机理

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。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：小麦应用基因组学及分子细胞遗传学。

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

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

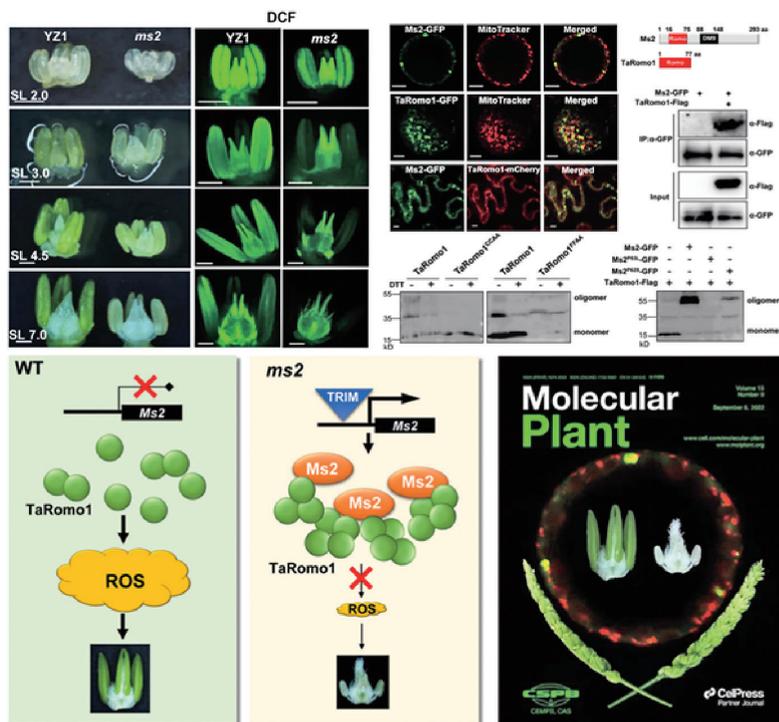


亮点工作

发现沉默 miR319 植株分蘖减少、茎秆变粗、旗叶和穗增大、穗粒数和千粒重提高，miR319 靶向 TaGAMYB3 调控小麦旗叶、穗生长发育，且 TaGAMYB3 通过激活下游基因 PSKR1、XTH23 等的表达参与调控旗叶发育，激活下游基因 MADS5、MADS51 等基因的表达参与调控穗发育；揭示了 miR319/TaGAMYB3 模块调控小麦株型增加产量的作用机制。

发现转录水平激活表达的 Ms2 蛋白通过促进 TaRomo1 蛋白的多聚化抑制 TaRomo1 蛋白活性，从而特异性地降低太谷核不育小麦花药中活性氧 (ROS) 信号水平，最终导致太谷核不育小麦花药在发育早期败育；并发现了植物发育信号 ROS 调控的新机制。

发现小麦 TaMOR 与生长素运输基因 PIN2 启动子结合，招募生长素响应因子 ARF5，激活 PIN2 的表达，从而正向调节次生根的起始，增加根数；揭示了小麦次生根起始的分子机理。



太谷核不育小麦花药败育的分子机制

重要奖项

抗旱高产广适小麦新品种“中麦 36”的选育与应用，大北农业科技奖二等奖

重要论著

Jian C, Hao PA, Hao CY, Liu SJ, Mao HD, Song QL, Zhou YB, Yin SN, Hou J, Zhang WJ, Zhao HX, Zhang XY, Li T. The miR319/TaGAMYB3 module regulates plant architecture and improves grain yield in common wheat (*Triticum aestivum*). *New Phytologist*, 2022, 235: 1515-1530.

Li AL, Hao CY, Wang ZY, Geng SF, Jia ML, Wang F, Han X, Kong XC, Yin LJ, Tao S, Deng ZY, Liao RY, Sun GL, Wang K, Ye XG, Jiao CZ, Lu HF, Zhou Y, Liu DC, Fu XD, Zhang XY, Mao L. Wheat breeding history reveals synergistic selection of pleiotropic genomic sites for plant architecture and grain yield. *Molecular Plant*, 2022, 15: 504-519.

Liu J, Xia C, Dong HX, Liu P, Yang RZ, Zhang LC, Liu X, Jia JZ, Kong XY, Sun JQ. Wheat malesterile 2 reduces ROS levels to inhibit anther development by deactivating ROS modulator 1. *Molecular Plant*, 2022, 15: 1428-1439.

Li CN, Wang JY, Li L, Li JL, Zhuang MJ, Li B, Li QR, Huang JF, Du Y, Wang JP, Fan ZP, Mao XG, Jing RL. TaMOR is essential for root initiation and improvement of root system architecture in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2022, 20: 862-875.

研究组成员

- | | |
|--------------------|-------------|
| 景蕊莲 研究员 | 孔秀英 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 副研究员 | 李龙 助理研究员 |
| 董珊珊 石瑞风 | 赵小雷 崔天号 史红丽 |
| 刘兢 柳玉平 尹纪巧 孙春慧 李嘉璐 | |
| 郑伶俐 徐五满 | |

博士后

- 简超 刘盼 崔立超 刘云川

研究生

- | | | | | |
|-----|-----|-----|-----|-----|
| 赵静 | 李慧芳 | 蒯玮 | 郝平安 | 刘淑娟 |
| 焦成智 | 庄蕾 | 曹丽娜 | 潘玉雪 | 张寅辉 |
| 张艳菲 | 朱治 | 张逸宁 | 杨丽丽 | 王晋萍 |
| 胡格 | 范子培 | 汪敏 | 朱婷 | 闫星 |
| 杨哲 | 程昊 | 解振诚 | 李展 | 杨宇昕 |
| 陈耀宇 | 吴丽芬 | 曹睿 | 吕宝莲 | 王唤唤 |
| 崔国庆 | 孔垂正 | 严冬 | 胡艳珍 | 王登可 |

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

Jie Liu, Chuan Xia, Huixue Dong, Pan Liu, Ruizhen Yang, Lichao Zhang, Xu Liu, Jizeng Jia, Xiuying Kong, Jiaqiang Sun, Wheat Male sterile 2 reduces the ROS levels to inhibit anther development by deactivating ROS modulator 1, *Molecular Plant*, 2022, 15(9):1428-1439.

研究组成员

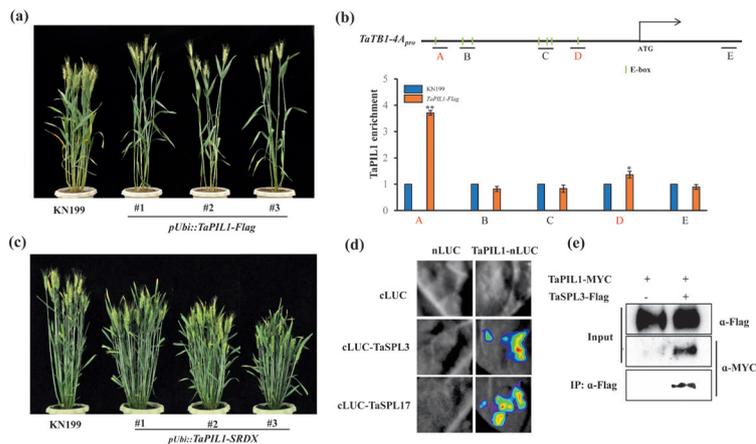
孙加强 研究员 张韞玮 助理研究员

研究生

荆叶醒 杨瑞珍 杨子怡 白宛青

亮点工作

小麦太谷核不育基因 *Ms2* 是我国优异和珍贵的小麦基因资源，利用该基因已培育了多个小麦品种，创造了巨大的经济效益。围绕太谷核不育小麦花药的败育的分子机制，历经多年攻关，2017年成功图位克隆了 *Ms2* 基因。但由于 *Ms2* 编码一个未知功能蛋白，其如何导致太谷核不育小麦花药败育的分子机制尚不清楚。在本研究中发现转座子插入激活表达的 *Ms2* 蛋白通过抑制 ROS 调节蛋白 TaRomol1 的活性，从而降低太谷核不育小麦花药中活性氧 (ROS) 的积累，最终导致太谷核不育小麦花药败育。本研究揭示了激活表达的 *Ms2* 蛋白如何导致太谷核不育小麦花药败育的分子基础，并发现了 *Ms2* 参与植物 ROS 信号调控的新机制，为研究 ROS 在植物发育中的生物学作用具有重要的科学意义。



太谷核不育小麦花药败育的分子机制

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 年获得中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。现任创新团队小麦基因资源发掘与利用首席，The Plant Journal 编委。入选中国农业科学院农科英才青年英才。

研究方向：鉴定和研究小麦非编码区调控序列、解析关键转录因子的调控网络；探索通过基因编辑调控序列、人工设计调控网络实现精准控制基因表达以改良作物表型；开发新的大规模测定蛋白-蛋白互作和蛋白-DNA 互作新组学方法。

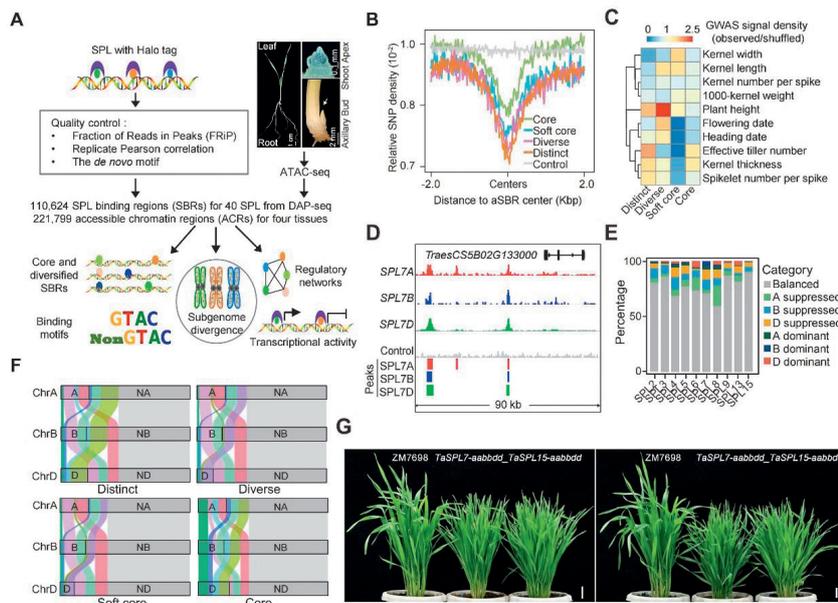
Email: luzefu@caas.cn 电话: 13426065229

主页: http://luzefu.icascaas.com.cn



亮点工作

小麦是一个复杂起源的异源六倍体，小麦三个亚基因组基因表达模式和水平的分化被认为是小麦多倍体优势形成的基础，SPL (SQUAMOSA promoter binding protein-like) 是植物特有的一类转录因子，在植物的生长发育和胁迫应答中发挥重要作用。研究组采用 DAP-seq 和 ATAC-seq 以及 RNA-seq 等多组学手段，获得了小麦 40 个 SPL 转录因子的全基因组高质量结合图谱。发现 SPL 结合区域 SNP 的变异较小，并和很多重要的农艺性状相关，高低亲和 SPL 结合位点相关的基因在功能上存在分化。SPL 对在不同亚基因组共线性基因附近调控序列的结合存在明显差异，仅有不到 8% 的“triads”基因同时受到同样 SPL 所调控，并且 SPL 的差异结合对共线性基因的非平衡表达相关联，暗示调控区的序列变异是小麦多倍体表达分化的重要基础。通过敲除 TaSPL7 和 TaSPL15 的遗传学材料验证了 SPL 功能的保守性和多样性，也证明低亲和位点对于小麦亚基因组的差异表达发挥了重要作用，该研究为小麦改良提供了理论指导和基础材料。



结合 DAP-seq 和 ATAC-seq 揭示低亲和位点参与小麦亚基因组表达分化建立

重要论著

Hongcui Pei, Wan Teng, Lifeng Gao, Hengbin Gao, Xueni Ren, Yanhong Liu, Jizeng Jia, Yiping Tong, Yonghong Wang, Zefu Lu. Low-affinity SPL binding sites contribute to subgenome expression divergence in allohexaploid wheat. *Science China(Life Sciences)*, 2023, 66(04):819-834.

研究组成员

赵光耀 研究员 贾继增 研究员
高丽锋 副研究员 裴洪翠 助理研究员

博士后

刘盼

研究生

孔垂正 刘衍宏 严冬 张家梓 张佳琳
胡艳珍 李雨珊 罗帅 杨文强 王登可
吕鹏程

WHEAT MOLECULAR GENETICS

小麦抗逆分子育种



马有志，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；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

Huiyuan Li, Ziwei Zhu, Shaoya Li, Jingying Li, Lei Yan, Chen Zhang, Youzhi Ma and Lanqin Xia. Multiplex precision gene editing by a surrogate prime editor in rice. *Molecular Plant*, 2022, 15(7):1077-1080.

Yongbin Zhou, Jun Liu, Jinkao Guo, Yanxia Wang, Hutai Ji, Xiusheng Chu, Kai Xiao, Xueli Qi, Lin Hu, Hui Li, Mengyun Hu, Wensi Tang, Jiji Yan, Huishu Yan, Xinxuan Bai, Linhao Ge, Mingjie Lyu, Jun Chen, Zhaoshi Xu, Ming Chen and Youzhi Ma. GmTDN1 improves wheat yields by inducing dual tolerance to both drought and low-N stress. *Plant Biotechnology Journal*, 2022, 20(8): 1606-1621.

Wen-si Tang, Li Zhong, Qing-qian Ding, Yi-ning Dou, Weiwei Li, Zhao-shi Xu, Yong-bin Zhou, Jun Chen, Ming Chen and You-zhi Ma. Histone deacetylation AtSRT2 regulates salt tolerance during seed germination via repression of vesicle-associated membrane protein 714 (VAMP714) in Arabidopsis. *New Phytologist*, 2022, 234: 1278-1293.

Ying Liu, Tai-Fei Yu, Yi-Tong Li, Lei Zheng, Zhi-Wei Lu, Yong-Bin Zhou, Jun Chen, Ming Chen, Jin-Peng Zhang, Guo-Zhong Sun, Xin-You Cao, Yong-Wei Liu, You-Zhi Ma and Zhao-Shi Xu. Mitogen-activated protein kinase TaMPK3 suppresses ABA response by destabilising TaPYL4 receptor in wheat. *New Phytologist*, 2022, 236(1): 114-131.

Huawei Shi, Ming Chen, Lifeng Gao, Yanxia Wang, Yanming Bai, Huishu Yan, Chengjie Xu, Yongbin Zhou, Zhaoshi Xu, Jun Chen, Wensi Tang, Shuguang Wang, Yugang Shi, Yuxiang Wu, Daizhen Sun, Jizeng Jia, Youzhi Ma. Genome-wide association study of agronomic traits related to nitrogen use efficiency in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135: 4289-4302.

代表性知识产权

ZL201910777608.8, 植物耐逆性相关蛋白 GmDof41 在调控植物耐逆性中的应用

ZL202010401427.8, 一种与植物产量性状和耐逆性相关的蛋白及其应用

ZL202010407063.4, SITGAL6 蛋白质的新用途

ZL202010429271.4, 一种与植物氮的吸收利用相关的 SITGAL5 蛋白质及其相关生物材料与应用

ZL202010305155.1, SIMYB56 蛋白及其编码基因在调控植物耐旱能力中的应用

ZL202010305871.X, SIMYB56 蛋白及其编码基因在调控植物耐低氮性中的应用

ZL202010407074.2, 一种与植物抗逆性相关的 SIMYB4 蛋白及其相关生物材料与应用

ZL202010511241.8, 氮的吸收利用相关的植物基因 SiCUC1 及其相关生物材料与应用

ZL201910022969.1, 植物脱水应答元件编码蛋白及其编码基因在耐低氮胁迫中的应用

ZL201910777609.2, 小麦盐胁迫相关蛋白 TaCSN5 及其编码基因与应用

ZL202010401854.6, SINAC67 蛋白及其编码基因和应用

ZL202010401862.0, SIMYB61 蛋白及其相关生物材料在调控植物抗逆性中的应用

ZL201810678201.5, 一种植物耐逆性相关蛋白 TaMAPK3 及其编码基因和应用

研究组成员

陈明 研究员 徐兆师 研究员
陈隼 副研究员 周永斌 助理研究员

博士后

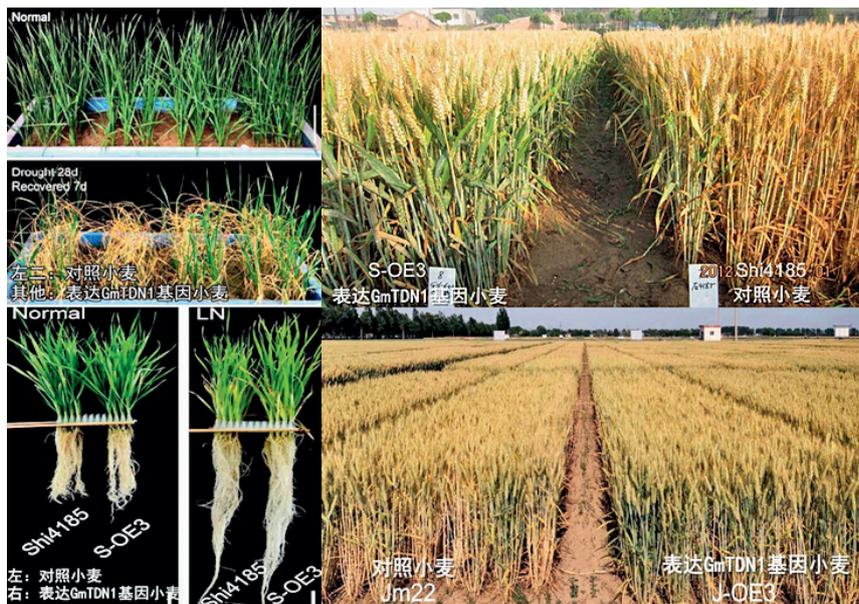
于太飞 唐文思 郑雷 陈凯

研究生

何章 罗明昭 鹿志伟 李佳慧 张春光
王道平 张美珊 朱紫薇 郭佳庆 王玉龙

亮点工作

干旱和缺氮是影响全球小麦产量的主要限制因素，协同改良小麦的抗旱节水和耐低氮能力具有重要意义。植物水分和养分代谢是相关的生理过程。以往的研究表明，干旱胁迫强烈影响氮代谢，相反，施氮也可以提高作物的耐旱性。因此，了解干旱胁迫响应和氮素吸收利用的相互关系对于协同调控植物抗旱性及氮利用效率具有重要的意义。研究组研究人员从抗逆性强的大豆品种铁丰8号中克隆了转录因子基因 *GmTDN1*，基因表达谱分析表明 *GmTDN1* 可以响应干旱、低氮等各种非生物胁迫，将 *GmTDN1* 导入石4185和济麦22二个主栽小麦品种，显著提高了小麦的节水抗旱性和氮肥利用效率。连续3年在3个不同地点进行的田间试验表明，导入 *GmTDN1* 基因的石4185和济麦22小麦在节水条件下和缺氮条件下产量分别提高13.0%和24.5%。进一步研究发现，在小麦中过量表达 *GmTDN1* 基因可以上调 *LEA*、*EREBP1*、*WRKY46* 等干旱胁迫应答基因以及硝酸盐转运体基因 *NRT2.5* 的表达，增强了小麦的光合和渗透调节、抗氧化，以及根系氮素吸收能力，最终协同提高小麦的抗旱性和氮肥利用效率。



经过干旱处理（上图）和低氮处理（下图）的小麦生长情况

GENE EDITING AND CREATION OF NOVEL GERMPLASM

基因编辑与新材料创制

夏兰琴，研究员，博士生导师。现任中国农科院作物精准育种技术创新团队首席，农业农村部基因编辑创新利用重点实验室（海南）常务副主任。先后入选中国农业科学院“领军人才”和农业农村部神农英才“领军人才”。现任植物生理学与分子生物学学会植物生物技术分会副会长、植物生理学与分子生物学学会女科学家分会委员、中国遗传学会基因编辑分会委员。兼任 Journal of Integrative Plant Biology (JIPB) 和 Journal of Integrative Agriculture (JIA) 编委，aBiotech 高级编辑。

研究方向：CRISPR/Cas 介导的基因组编辑新技术、新方法的研究及其在小麦、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。

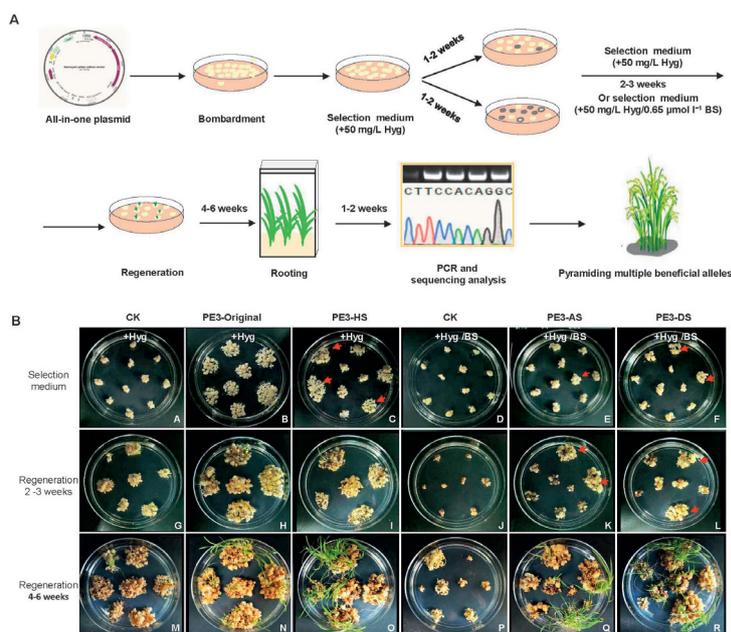
Email: xialanqin@caas.cn 电话: 010-82105804

主页: http://xialanqin.icscaas.com.cn



亮点工作

引导编辑系统 (PE) 能够在不存在 DNA 双链断裂缺口和 DNA 供体修复模板的情况下，实现小片段靶向插入、删除和所有类型的单碱基自由转换和颠换，为农作物基因组精准编辑提供了有效工具，将极大提高农作物定向育种效率。但是，目前已报道的植物引导编辑存在编辑效率低、靶点依赖性强，且仅限于单个基因的引导编辑。针对上述问题，研发团队在前期研究基础上，进一步优化 PE3 引导编辑系统，分别建立了基于潮霉素抗性基因的代理引导基因编辑器 PE3-HS、基于双草醚抗性基因的代理引导基因编辑器 PE3-AS、基于潮霉素抗性基因和双草醚抗性基因的双代理引导基因编辑器 PE3-DS。研究人员分别利用上述 3 种代理引导基因编辑器对水稻内源 *OsSPL14*、*OsDHDPS* 和 *OsNR2* 基因进行编辑，分别获得了 *OsSPL14*、*OsDHDPS* 和 *OsNR2* 基因精准编辑的水稻植株。与对照 (PE3) 相比，PE3-HS 和 PE3-AS 编辑器将基因精准编辑效率提高了约 2-14 倍，双代理 PE3-DS 编辑器将精准编辑效率最高可提高约 50 倍，表明代理引导基因编辑器的研发和应用可显著提高植物引导编辑效率，大大节约了劳力和物力。在此基础上，该研究利用双代理 PE3-DS 编辑器对不同内源基因组合：*OsSPL14* 和 *OsDHDPS*、*OsSPL14* 和 *OsEPSPS*、*OsSPL14* 和 *OsVQ25*、*OsSPL14* 和 *OsCYP71A1*、*OsDHDPS* 和 *OsVQ25* 同时进行精准编辑，获得了多个内源基因同时精准编辑的水稻新材料。代理引导基因编辑器的开发和利用，为作物多基因精准编辑提供了有效工具，有望在水稻等农作物中一代实现多个优异等位基因聚合，大大加快育种进程。



建立高效代理引导基因编辑器，在水稻中率先实现多基因精准编辑

重要论著

Li, H., Zhu, Z., Li, S., Li, J., Yan, L., Zhang, C., Ma, Y., & Xia, L. (2022). Multiplex precision gene editing by a surrogate prime editor in rice. *Molecular Plant*, 15(7), 1077–1080.

Chen, J., Li, S., He, Y., Li, J., & Xia, L. (2022). An update on precision genome editing by homology-directed repair in plants. *Plant Physiology*, 188(4), 1780–1794.

Hao, Z., Tian, J., Fang, H., Fang, L., Xu, X., He, F., Li, S., Xie, W., Du, Q., You, X., Wang, D., Chen, Q., Wang, R., Zuo, S., Yuan, M., Wang, G. L., Xia, L., & Ning, Y. (2022). A VQ-motif-containing protein fine-tunes rice immunity and growth by a hierarchical regulatory mechanism. *Cell Reports*, 40(7), 111235.

Li, J., Zhang, C., He, Y., Li, S., Yan, L., Li, Y., Zhu, Z., & Xia, L. (2022). Plant base editing and prime editing: The current status and future perspectives. *Journal of Integrative Plant Biology*, 65(2), 444–467.

Zhang, J., Li, H., Zhong, X., Tian, J., Segers, A., Xia, L. & Francis, F. (2022). RNA-interference-mediated aphid control in crop plants: a review. *Agriculture*, 12, 2108.

代表性知识产权

ZL202110175765.9, 一种 CRISPR/Cas9 系统介导的小麦多基因敲除编辑体系

ZL202010895136.9, 通过抑制小麦中 TaVQ5 基因的表达提高小麦抗病性的方法

ZL202010895147.7, TaVQ25 基因在调控小麦对白粉病和纹枯病抗性中的应用

研究组成员

和玉兵 副研究员 李少雅 副研究员
闫磊 助理研究员 张臣 助理研究员

博士后

李晶莹 陈继林 严浪 马宾杰

研究生

田金福 张春光 李玉才 钟雪 罗金满
徐佳竞 李淳馨 马向杰 朱紫薇 王文学
李晨菲 张子怡

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。现任作物基因组选择技术与应用创新团队首席科学家。

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.icascaas.com.cn>

重要论著

Junjie Fu, Yangfan Hao, Huihui Li, Jochen C Reif, Shaojiang Chen, Changling Huang, Guoying Wang, Xinhai Li, Yunbi Xu, Liang Li. Integration of genomic selection with doubled-haploid evaluation in hybrid breeding: From GS 1.0 to GS 4.0 and beyond, *Molecular Plant*, 2022, 15:577-580.

Hongwei Zhang, Dissection of the genetic basis of yield traits in line per se and testcross populations and identification of candidate genes for hybrid performance in maize, *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(9):5074.

Pingxi Wang, Yuan Yang, Dongdong Li, Jialiang Xu, Rilang Gu, Jun Zheng, Junjie Fu, Jianhua Wang, Hongwei Zhang, Cloning of a new allele of ZmAMP1 and evaluation of its breeding value in hybrid maize, *The Crop Journal*, 2022, 11(1):157-165.

代表性知识产权

ZL202210357365.4, ZmAMP1 基因的突变等位基因及其应用

ZL201910749466.4, 一种提高全基因组预测准确性的方法

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
王逸茹 助理研究员 胡翠玲 工程师

博士后

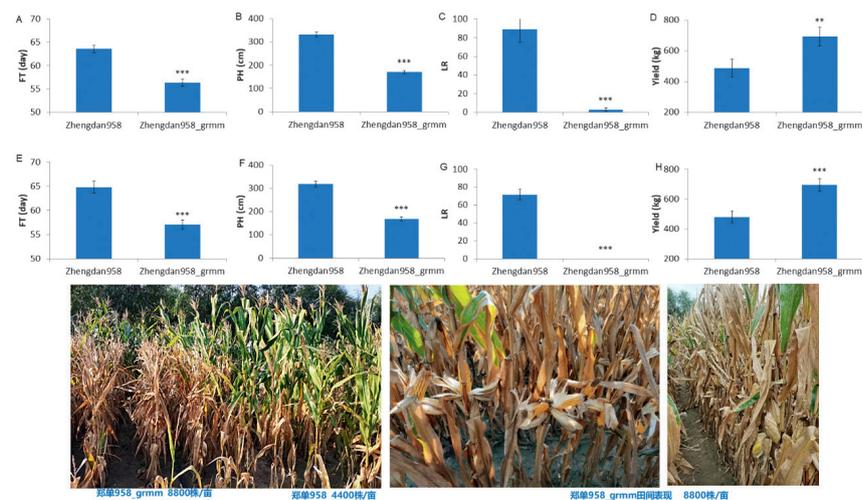
陈岩

研究生

卢嘉雯 王晓丽 甄斯涵 高新朋 韩明芳
李健 王琪琪 王小东 陈志峰 李瑞
鲍润灏 马育庭 刘茜 杨文妍 王子龙

亮点工作

育种性状相关基因的克隆和鉴定对于玉米分子设计育种至关重要。本研究以玉米自交系 B73 为研究对象，利用基因组和 31 个组织的转录组、翻译组和小 RNA 组数据，以及利用高通量酵母双杂交获得的互作组数据，建立了玉米全息整合图谱，该图谱包含 1400 多个功能性调控网络和 280 多万对互作对。通过将该图谱整合到机器学习模型中对玉米开花期性状相关基因进行预测，并验证了 20 个基因与开花期相关，利用这些基因及这些基因参与的调控网络，重构了玉米开花期调控网络，为玉米开花期的遗传改良提供了基因资源。进一步，我们对一个同时控制株高和花期的基因 ZmAMP1 进行验证，并从自然群体中筛选到一个 ZmAMP1 的功能缺失突变体，发现位于 200 位氨基酸的变异是导致 ZmAMP1 功能缺失的原因，进一步将该基因导入到杂交种中，发现含有该基因的杂交种具有耐密植、抗倒伏和提早成熟的优点，为玉米“矮密早”育种提供重要的基因和材料资源。



携带 ZmAMP1_grmm 的 F1 改良品系的田间评价

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 月在英国 John Innes 研究中心从事访问学者及博士后研究，2002 年 1 月至 2004 年 12 月在德国 Max Planck 研究所从事博士后研究。

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

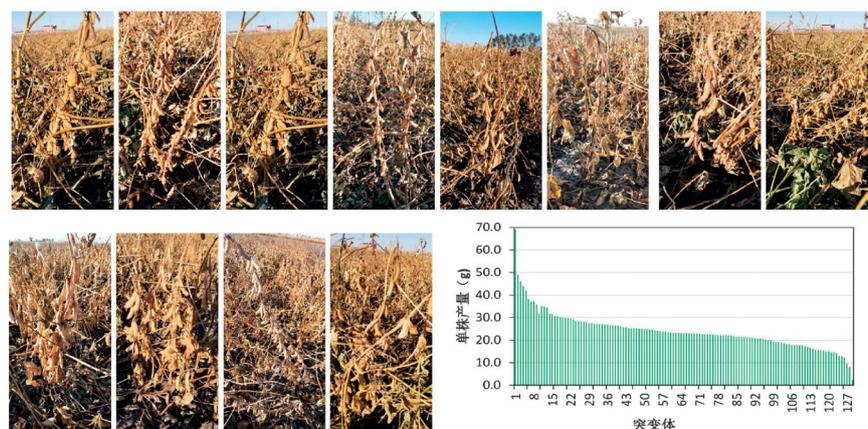
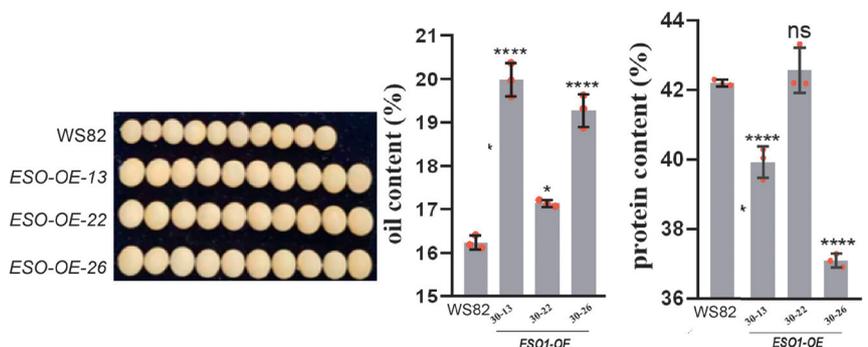
主页: http://fuyongfu.icscaas.com.cn



亮点工作

高油高产是我国大豆生产的重要问题。我们筛选到一个控制细胞分裂、并直接调控油分合成的基因，该基因的过表达导致大豆种子增大、油分含量显著上升（最高达 2.8%），而蛋白含量下降（如图上部分）。因此，该基因可以作为大豆高油、高产的育种靶基因。

大豆是光周期非常敏感的植物，大豆在超过两个纬度区域之间生长受到严重限制；因而，不同区域的大豆优异品种常常因光周期限制而无法引种推广。我们以中黄 13 为背景筛选突变体，成功获得上百个突变体。这些突变体能在超过 6 个纬度的区域正常开花结荚成熟，并且其中三分之一突变体的单株产量在 25 克以上。这些突变体有望成为光周期敏感性研究的重要材料，有些突变体还可能直接推广应用。



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

A: ESO1, 一个高油，大粒基因; B: 光周期广适应性突变体 (中黄 13 背景)

重要论著

Huang, P., Lu, M., Li, X., Sun, H., Cheng, Z., Miao, Y., Fu, Y., and Zhang, X. (2022). An Efficient Agrobacterium rhizogenes-Mediated Hairy Root Transformation Method in a Soybean Root Biology Study. *International journal of molecular sciences* 23(20):12261.

代表性知识产权

ZL202110540173.2, 大豆油菜素内酯合成酶基因 GmDET2-1 和 GmDET2-2 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

研究生

黄鹏辉 孙慧宇 张明霞 吴 靓 董 蕊
伍慧琳 李青遥 李相蓓 张 闯 潘文宁



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；建立和维护生物数据分析与育种服务平台。

Email: liujun@caas.cn 电话: 010-82105823

主页: <http://liujun.icascaas.com.cn>

重要论著

Liu H, Yang L, Xu S, Lyu MJ, Wang J, Wang H, Zheng H, Xin W, Liu J, Zou D. OsWRKY115 on qCT7 links to cold tolerance in rice. *Theor Appl Genet.* 2022, 135(7):2353-2367.

Zhou Y, Liu J, Guo J, Wang Y, Ji H, Chu X, Xiao K, Qi X, Hu L, Li H, Hu M, Tang W, Yan J, Yan H, Bai X, Ge L, Lyu M, Chen J, Xu Z, Chen M, Ma Y. GmTDN1 improves wheat yields by inducing dual tolerance to both drought and low-N stress. *Plant Biotechnol J.* 2022, 20(8):1606-1621.

Cao L, Lyu M, Wang J, Wang X, Li X, Jing R, Liu J, Hu X. Genomic and Transcriptomic Dissection of the Large-Effect Loci Controlling Drought-Responsive Agronomic Traits in Wheat. *Agronomy (Basel)* 2022, 12(6): 1264.

Zhu M, He Q, Lyu M, Shi T, Gao Q, Zhi H, Wang H, Jia G, Tang S, Cheng X, Wang R, Xu Andi, Wang H, Qiao Z, Liu J. Integrated genomic and transcriptomic analysis reveals genes associated with plant height of foxtail millet. *The Crop Journal*, 2023.11(2):593-604.

周悦, 程溪柳, 高英, 孙莹璐, 王欢, 刘君, 白江平. 高通量半自动基因组 DNA 提取仪的开发与应用, *植物遗传资源学报*, 2022, 23(4):1224-1232.

代表性知识产权

ZL202011139059.0, 一种基于 NGS 测序的 AcDs 全基因组位点高效检测引物和方法

ZL202111177100.8, SiLCYE 调控与你黄竹等谷子类胡萝卜素合成代谢的功能及应用

研究组成员

高英 副研究员 程溪柳 副研究员

博士后

贺强 魏钰 徐冬冬

研究生

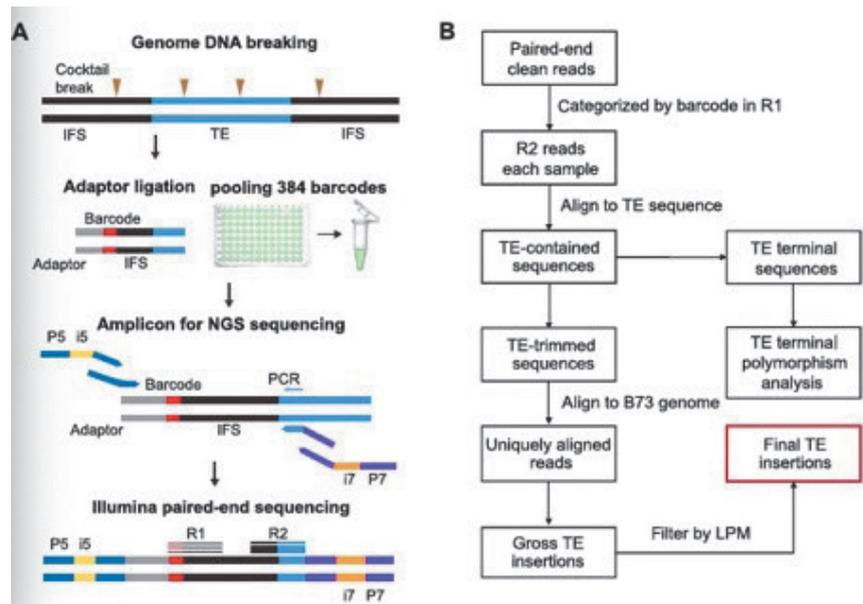
石添添 满欣雨 刘远航 王芮 徐安迪 雒蓉

亮点工作

开发了 TEA seq 建库测序流程, 鉴定玉米 K17 等背景 AcDs 转座子突变体文库。使用 TEA seq 能高通量的方式快速简便鉴定基因组特异位点周围的 DNA 序列, 且流程简单, 成本低, 可应用于基因位点快速定位。

利用多组学技术, 从谷子高矮秆育成品种的 F2 杂交群体中挖掘到 7 个调控株高的关键候选基因。论文展示了一个综合应用组学方法快速识别重要农艺性状相关基因的实例, 筛选出的株高调控候选基因将有助于阐明谷子株高的遗传基础, 分子标记将为标记辅助矮秆谷子育种提供参考。

鉴定不同谷子品种对多个田间流行的谷瘟病单孢菌株的抗病性调查, 收集广谱抗病性谷子资源材料。通过对谷子代表性地方育成品种和农家种进行 6 个谷瘟病流行小种的抗病性鉴定, 鉴定出广谱抗性谷子品系, 并且首次首先谷瘟病病原菌小种的遗传转化。



TEA seq 建库流程开发

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资深首席, *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、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与优质绿色超级稻新品种培育。

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

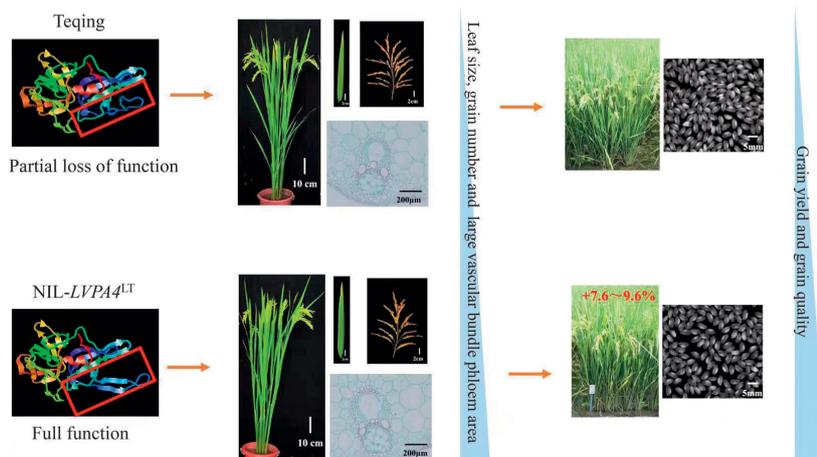
主页: <http://xujianlong.icscaas.com.cn>, http://www.mbreeding.cn/profile/Jian-Long_Xu.htm



亮点工作

揭示水稻单个产量基因通过源-库-流协调作用增加水稻产量和品质的调控机理。水稻穗颈维管束韧皮部组织是从叶片向穗部输送光合同化物的一个重要“流”性状, 其面积与产量呈显著的正相关, 克隆控制水稻流性状的重要基因, 揭示水稻流性状的调控机理, 对水稻超高产育种具有重要的指导意义。本研究克隆到了一个控制水稻穗颈大维管束韧皮部面积性状的基因, *LVPA4*, 该基因与窄叶基因 *NAL1* 等位。与轮回亲本特青相比, *NIL-LVPA4LT* 显著增加了穗颈大维管束韧皮部面积 (约 12.7%)、每穗总粒数 (约 17.2%)、每穗实粒数 (约 22.5%)、剑叶的叶面积、叶面积指数、以及抽穗期茎鞘非结构性碳水化合物 (NSC) 的含量, 最终导致了 *NIL-LVPA4LT* 在小区试验中稻谷产量增幅 7.6 ~ 9.6%, 同时改善了稻米品质。研究表明 *LVPA4* 单个基因通过源、库、流的协调作用, 同时提高了水稻产量和稻米品质, 在水稻高产优质育种中具有应用价值。

优质绿色超级稻新品种培育。利用自主选育配合力强的两系光温敏不育系春 199S, 测配了一批优质、高产、抗病、抗倒、耐高温的绿色超级稻新组合, 其中春 9 两优粳新油占和春 9 两优 0822 于 2022 年分别通过长江中下游中籼国审。春 9 两优 0822 两年区域试验平均亩产 638.8 千克, 比对照增产 7.6%; 生产试验平均亩产 636.3 千克, 比对照增产 7.7%。春 9 两优粳新油占两年区域试验平均亩产 642.4 千克, 比对照增产 5.6%; 生产试验平均亩产 637.1 千克, 比对照增产 7.6%。



水稻 *LVPA4* 基因提升稻米产量和品质

重要论著

- S Yu, Jauhar Ali, S Zhou, G Ren, H Xie, et al. From Green Super Rice to green agriculture: Reaping the promise of functional genomics research. *Molecular Plant*, 2022, 15: 9-26.
- F Zhang, H Xue, X Dong, M Li, X Zheng, Z Li, J Xu, W Wang, C Wei. Long-read sequencing of 111 rice genomes reveals significantly larger pan-genomes. *Genome Research*, 2022, 32: 853-863.
- X Wang, W Wang, S Tai, M Li, Q Gao et al. Selective and comparative genome architecture of Asian cultivated rice (*Oryza sativa* L.) attributed to domestication and modern breeding. *Journal of Advanced Research*, 2022, 42: 1-16.
- L Zhai, A Yan, K Shao, S Wang, Y Wang, Z Chen, J Xu. Large Vascular Bundle Phloem Area 4 enhances grain yield and quality in rice via source-sink-flow. *Plant Physiology*, 2022, 191: 317-334.
- J Wang, Y Li, Y Wang, F Du, Y Zhang, M Yin, X Zhao, J Xu, Y Yang, W Wang, B Fu. Transcriptome and Metabolome Analyses Reveal Complex Molecular Mechanisms Involved in the Salt Tolerance of Rice Induced by Exogenous Allantoin. *Antioxidants*, 11: 2045.
- H You, S Zafar, F Zhang, S Zhu, K Chen, C Shen, X Zhao, W Zhang, J Xu. Genetic mechanism of heterosis for rice milling and appearance quality in an elite rice hybrid. *Crop Journal*, 2022, 10: 1705-1716.
- F Zhang, C Zhang, X Zhao, S Zhu, K Chen et al. Genomic Architecture of Yield Performance of an Elite Rice Hybrid Revealed by its Derived Recombinant Inbred Line and Their Backcross Hybrid Populations. *Rice*, 2022, 15: 49.

代表性品种

水稻, 春 9 两优 0822, 国审
水稻, 春 9 两优粳新油占, 国审

代表性知识产权

- ZL201910764158.9, 用于水稻种质资源和品种鉴定的 SNP 标记组合及其应用
ZL201911227251.2, 水稻 *Os11g0681100* 基因及其编码蛋白的功能和应用
ZL202210741231.2, 水稻 *OsBHLH38* 蛋白及其编码基因在提高植物抗非生物胁迫中的用途

研究组成员

徐建龙 研究员	王文生 研究员
傅彬英 研究员	高用明 研究员
周永力 研究员	张帆 研究员
郑天清 副研究员	赵秀琴 副研究员
刘大普 助理研究员	黎志康 研究员

博士后

刘晴 孙玥

研究生

杜丰平	李健敏	Ratan Ganapati	石慧敏	翟来圆
赵璞	汪娟	尹明	陈文强	闫安
苗思雨	李英博	姜静	张岳	圣苑
王善文	雷远宝	曹慧敏	李萃萃	章果根
钱玉康	周子琪	陈天一	万斌	张文雨
丁志虎	毕志远	魏荣华	王燕芳	雷雨鑫
杨德臣	张决	徐凯	高梦雪	

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

Jinxin Liu, Mingwei Wu, and Chunming Liu. Cereal Endosperms: Development and Storage Product Accumulation. Annual Review of Plant Biology 2022. 73(1): 255-91.

研究组成员

郭林 副研究员 马燕玲 助理研究员

博士后

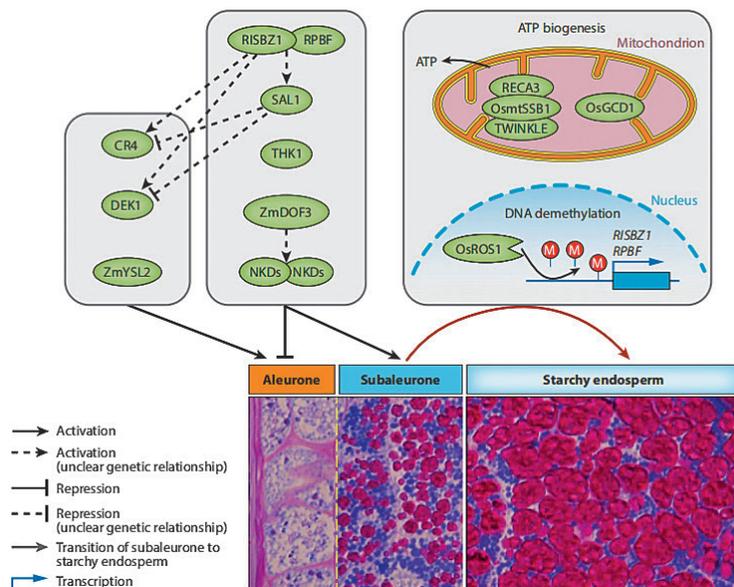
杨小雨

研究生

刘丽凤 李蓉

亮点工作

禾谷类作物的胚乳是人类粮食和动物饲料的最主要来源，同时也为工业产品提供了大量原材料。禾谷类作物胚乳发育和营养物质累积与粮食的产量和品质直接相关，其分子机制研究一直是国际植物发育生物学领域中的重要课题，对于保障国家粮食安全和人民身体健康具有重要意义。刘春明研究组长长期致力于水稻胚乳发育和营养物质累积的调控研究。研究组系统研究了水稻颖果和胚乳发育过程中每一细胞类型的形态、细胞分化和细胞程序化死亡时间节点；从分子遗传学水平解析了灌浆过程的调控机制；揭示了胚乳细胞通过能量稳态和 DNA 去甲基化调控糊粉层厚度的机理；利用遗传诱变与筛选获得糊粉层增厚的高营养水稻种质资源，并通过与香型紫米品种杂交创制了高营养中紫系列紫米新品种。并就禾谷类作物胚乳发育和营养物质累积等研究撰写综述文章，该综述对过去 30 余年禾谷类作物胚乳发育和贮藏物质积累的分子调控研究进行了系统总结，阐释了糊粉层和淀粉胚乳分化、灌浆过程中糖运输和卸载的可能机制，提出了以细胞质膜完整性丧失、胞间糖自由流动为基础的“自由贸易”淀粉合成工厂模型，对这一领域面对的重大科学问题和未来发展方向提出了见解。



糊粉层和淀粉胚乳分化、灌浆过程中糖运输和卸载的可能机制和提出的“自由贸易”淀粉合成工厂模型示意图

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，2020 年获中国农学会青年科技奖。2022 年获农业农村部神农青年英才奖。

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。

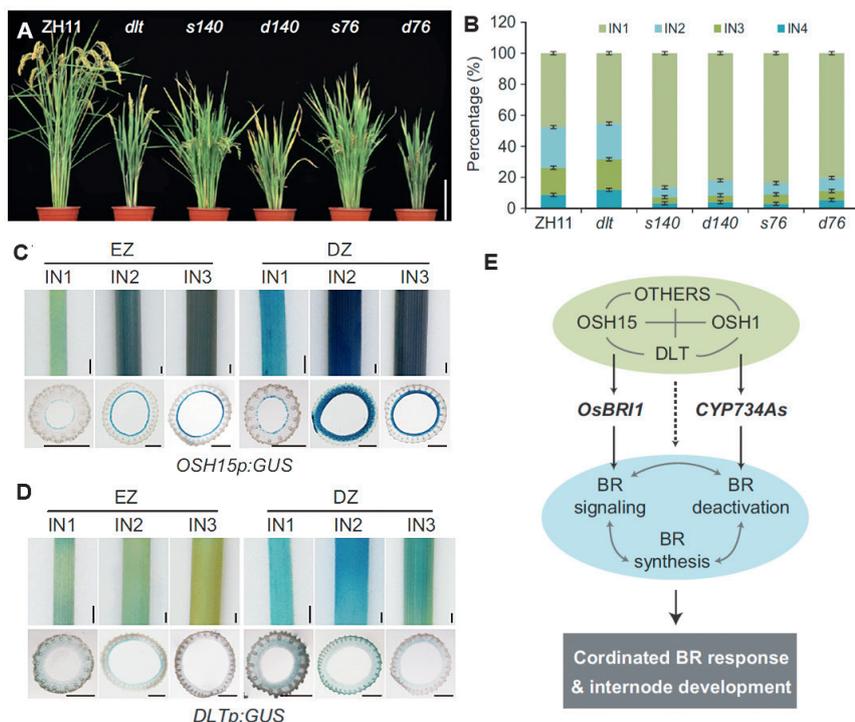
Email: tonghongning@caas.cn 电话: 010-82108748

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



亮点工作

水稻茎通常由 5-7 个不同长度的可见节间组成，决定着水稻的株高、穗发育和抗倒伏能力，影响作物田间表现和实际产量。植物激素油菜素甾醇 (BR) 调控水稻的叶夹角、株高及籽粒大小等重要农艺性状，在农业生产上具有重要的应用价值和潜力。典型的 BR 缺陷突变体通常表现为不同节间差异缩短的矮化模式，暗示 BR 对水稻不同茎节的组织模式具有重要调控作用，但这一过程具体如何实现的还不清楚。创新研究组利用前期鉴定的 BR 信号缺陷突变体 *dlt* 进行大规模诱变，筛选获得同源框基因 *OSH15* 突变的矮化突变体。遗传分析显示 DLT 与 *OSH15* 在不同组织存在协同、上位及加性等多种遗传效应。转录组数据分析结果显示两蛋白共同调控大量基因的表达，并且调控数量和幅度均具有组织依赖性关系。分子实验证明 *OSH15* 可以与 DLT 形成复合体，且 *OSH15* 与 DLT 在 IN1 和下部茎节具有相反的表达模式，同时 DLT 以剂量依赖方式促进 *OSH15* 对 *OsBRI1* 的直接激活效应。值得注意的是，BR 含量在突变体的幼穗和茎节中呈现了相反的变化趋势，进一步说明 BR 信号和合成之间的反馈调节作用也具有组织依赖性。该研究建立了三个经典的水稻矮化突变体 *d62 (dlt)*, *d61 (osbri1)*, *d6 (osh15)* 之间的分子遗传关系，揭示了 BR 在协调不同茎节伸长过程中的重要作用，为水稻不同茎节长度的定制化分子设计提供了参考。



DLT 和 OSH15 精细调控 BR 信号和代谢协调水稻不同茎节差异伸长

重要论著

Mei Niu; Hongru Wang; Wenchao Yin; Wenjing Meng; Yunhua Xiao; Dapu Liu; Xiaoxing Zhang; Nana Dong; Jihong Liu; Yanzhao Yang; Fan Zhang; Chengcai Chu; Hongning Tong; Rice DWARF AND LOW-TILLERING and the homeodomain protein OSH15 interact to regulate internode elongation via orchestrating brassinosteroid signaling and metabolism. *Plant Cell*, 2022, 34(10):3754-3772.

Wenchao Yin; Lulu Li; Zhikun Yu; Fan Zhang; Dapu Liu; Hongkai Wu; Mei Niu; Wenjing Meng; Xiaoxing Zhang; Nana Dong; Yanzhao Yang; Jihong Liu; Yongqiang Liu; Guoxia Zhang; Jianlong Xu; Shimei Wang; Chengcai Chu; Qian Qian; Hongning Tong, The divergence of brassinosteroid sensitivity between rice subspecies involves natural variation conferring altered internal auto-binding of OsBSK2. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2022, 64(8):1614-1630.

Dapu Liu; Xiaoxing Zhang; Qingliang Li; Yunhua Xiao; Guoxia Zhang; Wenchao Yin; Mei Niu; Wenjing Meng; Nana Dong; Jihong Liu; Yanzhao Yang; Qi Xie; Chengcai Chu; Hongning Tong; The u-box ubiquitin ligase TUD1 promotes brassinosteroid-induced GSK2 degradation in rice. *Plant Communications*, 2022, 4(2):100450.

代表性知识产权

202210239578.7, 复粒稻基因 CS 及其应用。

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 殷文超 助理研究员

博士后

刘大普

研究生

张晓星 刘霁虹 董娜娜 杨彦钊 李熙成
孙贵宾



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>

重要奖项

毛龙, 第九届侨界贡献奖

重要论著

Wang Z, Tao S, Liu S, Jia M, Cui D, Sun G, Deng Z, Wang F, Kong X, Fu M, Che Y, Liao R, Li T, Geng S, Mao L, Li A. A multi-omics approach for rapid identification of large genomic lesions at the wheat dense spike (wds) locus. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:1-11.

Wang Z, Deng Z, Kong X, Wang F, Guan J, Cui D, Sun G, Liao R, Fu M, Che Y, Hao C, Geng S, Zhang X, Zhou P, Mao L, Liu S, Li A. InDels identification and association analysis with spike and awn length in Chinese wheat mini-core collection. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, (23):5587.

Guan J, Wang Z, Liu S, Kong X, Wang F, Sun G, Geng S, Mao L, Zhou P, Li A. Transcriptome Analysis of Developing Wheat Grains at Rapid Expanding Phase Reveals Dynamic Gene Expression Patterns. *Biology-Basel*, 2022, 11(2): 281.

Li A, Hao C, Wang Z, Geng S, Jia M, Wang F, Han X, Kong X, Yin L, Tao S, Deng Z, Liao R, Sun G, Wang K, Ye X, Jiao C, Lu H, Zhou Y, Liu D, Fu X, Zhang X, Mao L. Wheat breeding history reveals synergistic selection of pleiotropic genomic sites for plant architecture and grain yield. *Molecular Plant*, 2022, 15(3):16.

Sun G, Geng S, Zhang H, Jia M, Wang Z, Deng Z, Tao S, Liao R, Wang F, Kong X, Fu M, Liu S, Li A, Mao L. Matrilial empowers wheat pollen with haploid induction potency via triggering post-mitosis ROS activity. *New Phytologist*, 2022.233:2405-2414.

代表性知识产权

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

博士生

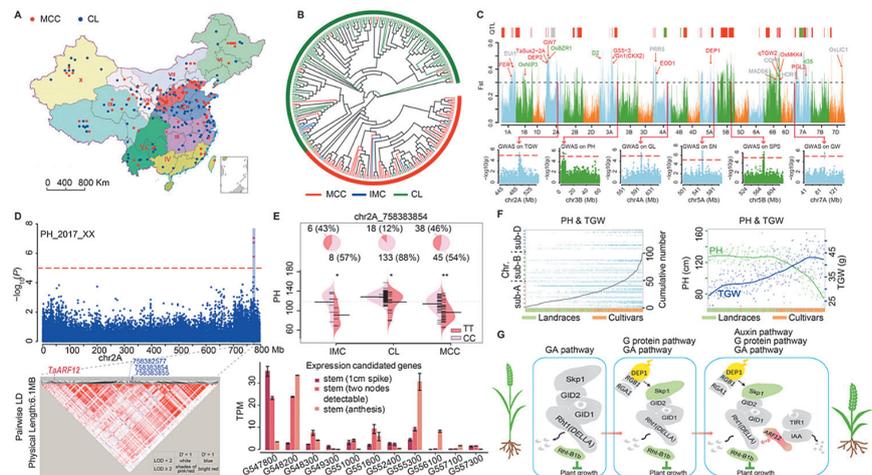
孔星辰

研究生

付明雪 邓中印 车育青 崔达达 廖如意
李洋 邓渊

亮点工作

解析中国小麦育种多性状协同改良的遗传基础。通过梳理过去近百年的中国小麦育种历史, 结合分子标记收集筛选到 287 份具有广泛遗传多样性的微核心种质材料。以上述 287 份国内微核心种质为材料, 结合 11 个重要农艺性状, 从育种选择、农艺性状遗传基础、多性状协同改良、优异位点聚合、后绿色革命中赤霉素路径的育种选择修饰等方面对国内小麦育种改良工作的分子遗传基础进行了全面解析。通过对育种过程中主要农艺性状的协同改良研究, 获得一批“降低株高 - 增加粒重”、“降低株高 - 缩短开花期”以及“缩短开花期 - 增加粒重”的协同位点, 其中优异协同位点在栽培种中表现出比例逐渐增加, 且随着育种进程呈现出逐渐累积的效应。研究结果表明现代育种改良通过 G 蛋白路径和生长素路径等多通路协调互作的模式对赤霉素路径进行选择调控, 以实现后绿色革命时代新的高产目标。



小麦育种历史揭示了多效基因组位点对株形和产量的协同选择

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。获国家优秀青年基金项目资助，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：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。

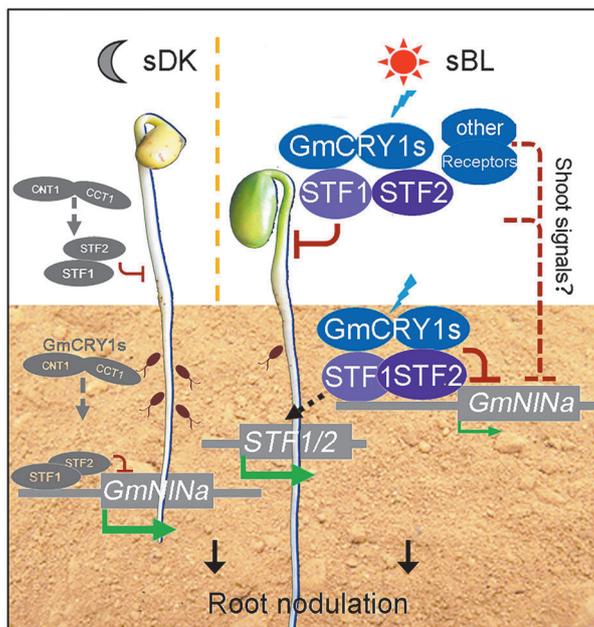
Email: liubin05@caas.cn 电话: 010-82108435

主页: http://liubin.icascaas.com.cn



亮点工作

豆科植物通过光合作用和共生固氮获取能量和氮养分。在此过程中，蓝光触发光合作用，低氮诱导共生结瘤，完成植物从异养生长到自养生长阶段的过渡。然而在从异养生长到自养生长的过渡过程中，蓝光和黑暗如何影响根部共生结瘤尚不清楚。本研究发现，短期黑暗可以促进大豆根部结瘤的形成，而蓝光则抑制结瘤的形成。大豆 TGACG 基序结合因子 STF1 和 STF2 是蓝光调节结瘤的关键基因，它们通过抑制结瘤起始基因 *GmNINa* 的转录来负调节大豆结瘤。隐花色素 GmCRY1s 是黑暗中结瘤所必需的，并且部分有助于蓝光抑制结瘤。此外，根中 GmCRY1s 介导蓝光诱导的 STF1 和 STF2 转录，同时 GmCRY1b 可以与 STF1 和 STF2 蛋白相互作用以稳定 STF1 和 STF2 的蛋白质稳定性。这些结果表明 GmCRY1s-STF1/2 模块在整合黑暗 / 蓝光和结瘤信号中起关键作用，揭示了光感应途径通过复杂的相互作用调节结瘤和自养生长，促进幼苗在低氮和光信号下生长的分子基础。本研究结果对于豆科植物的共生结瘤和光感应途径的理解具有重要意义。



蓝光受体 GmCRY1s-STF1/2 模块在整合黑暗 / 蓝光和结瘤信号中起关键作用

重要论著

Ji H, Xiao R, Lyu X, Chen J, Zhang X, Wang Z, Deng Z, Wang Y, Wang H, Li R, Chai Q, Hao Y, Xu Q, Liao J, Wang Q, Liu Y, Tang R, Liu B, Li X (2022) Differential light-dependent regulation of soybean nodulation by papilionoid-specific HY5 homologs. *Current Biology* 32 (4):783-795 e785.

Ji R, Xu X, Liu J, Zhao T, Li H, Zhai J, Liu B (2022) Induced Mutation in GmCOP1b Enhances the Performance of Soybean under Dense Planting Conditions. *International Journal of Molecular Sciences (IJMS)* 3 (10).

Mu R, Lyu X, Ji R, Liu J, Zhao T, Li H, Liu B (2022) GmBICs Modulate Low Blue Light-Induced Stem Elongation in Soybean. *Frontiers in Plant Science* 13:803122.

Xu Z, Wang R, Kong K, Begum N, Almakas A, Liu J, Li H, Liu B, Zhao T, Zhao T (2022) An APETALA2/ethylene responsive factor transcription factor GmCRF4a regulates plant height and auxin biosynthesis in soybean. *Frontiers in Plant Science* 13:983650.

Zhao F, Lyu X, Ji RH, Liu J, Zhao T, Li HY, Liu B, Pei YX (2022) CRISPR/Cas9-engineered mutation to identify the roles of phytochromes in regulating photomorphogenesis and flowering time in soybean. *The Crop Journal* 10 (6):1654-1664.

代表性知识产权

ZL202110096226.6, 大豆 CS1 基因及其应用
ZL202110555960.4, GmEID1 蛋白在调控大豆开花和主茎节数中的应用

研究组成员

李宏宇 研究员 赵涛 副研究员
刘军 副研究员

博士后

吕向光 姬荣桓

研究生

秦超 穆若兰 李庄 许志永 焦元晨
田冰 张艳艳 张丽雅 李宇赫



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。2003-2006 年担任国际水稻研究所 - 中国联络科学家；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: 010-82108751

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，大北农科技奖一等奖

水稻白叶枯病和条纹病绿色防控关键技术与应用，教育部科技进步奖一等奖

重要论著

Yongchao Tang, Chunlian Wang, Fujun Wang, Man Li, Yanli Fang, Zhiyuan Ji, Kaijun Zhao. Development of Designer Transcription Activator-Like Effector-Based Plant Growth Regulator for Higher Yield in Rice, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:924645.

Jiangmin Xu, Zhiyuan Ji, Chunlian Wang, Feifei Xu, Fujun Wang, Yuhua Zheng, Yongchao Tang, Zheng Wei, Tianyong Zhao, Kaijun Zhao. WATER-SOAKED SPOT1 Controls Chloroplast Development and Leaf Senescence via Regulating Reactive Oxygen Species Homeostasis in Rice, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:918673.

Zhizhou He, Yeyun Xin, Chunlian Wang, Hanshu Yang, Zhi Xu, Jihua Cheng, Zhouwei Li, Changrong Ye, Hexing Yin, Zhenyu Xie, Nan Jiang, Jing Huang, Jinhua Xiao, Bingchuan Tian, Yan Liang, Kaijun Zhao, Junhua Peng. Genomics-Assisted Improvement of Super High-Yield Hybrid Rice Variety "Super 1000" for Resistance to Bacterial Blight and Blast Diseases, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 881244.

Zhiyuan Ji, Hongda Sun, Yena Wei, Man Li, Hongjie Wang, Jiangmin Xu, Cailin Lei, Chunlian Wang, Kaijun Zhao. Ectopic Expression of Executor Gene Xa23 Enhances Resistance to Both Bacterial and Fungal Diseases in Rice, *International Journal of Molecular Science*, 2022, 23 (3):6545.

Zhiyuan Ji, Wei Guo, Xifeng Chen, Chunlian Wang, Kaijun Zhao, Plant Executor Genes, *International Journal of Molecular Science*, 2022, 23 (3):1524.

Zhao Kaijun, Rukmini Mishra, Raj Kumar Joshi, Genome editing technologies for Crop Improvement, Springer, 2022.

代表性品种

水稻，饭晶优 1770，桂审稻

水稻，先仙优 5105，桂审稻

水稻，咏绿优 5153，桂审稻

代表性知识产权

ZL202110295162.2，一种水稻叶色调控基因 WSS1 及其编码蛋白质和应用

研究组成员

王春连 研究员 纪志远 副研究员

刘亚培 助理研究员

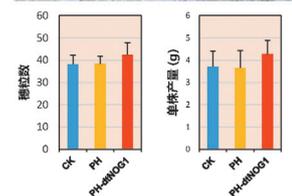
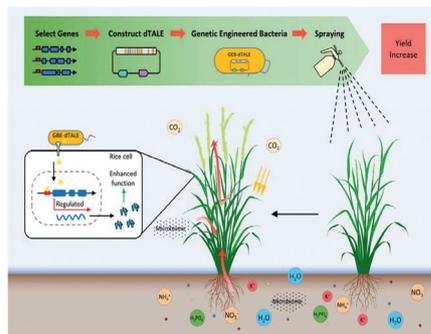
研究生

徐江民 李 曼 Sohaib Shafique

方妍力 田传玉 邓 欢 苏如意 李坤豪

亮点工作

TALE 效应蛋白是植物病原黄单胞菌的效应蛋白，通过病原菌的三型分泌系统 (T3SS) 注射到寄主细胞内部，可激活靶基因的表达，行使类似于真核生物转录因子的作用。项目基于 TALE 操纵靶基因的原理，建立人工 TALE 蛋白组装体系，靶向水稻增产、增效、抗病等基因位点，创制生物工程菌株；通过小区喷施微生物制剂达到增产、增效等目标，实现了病原菌与水稻间的“化敌为友”，创新品种遗传改良以外的粮食安全保障思路。



开发调控水稻基因表达调控的新工程菌

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: http://wangjiankang.icascaas.com.cn

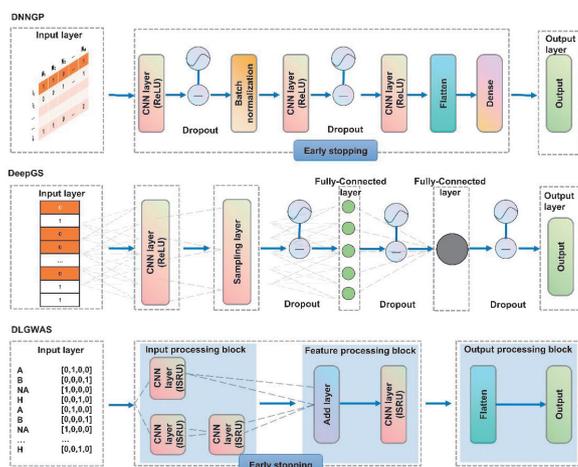


亮点工作

利用深度机器学习算法提高全基因组表型预测精确度: 全基因组选择通过构建模型进行早期世代的预测和选择, 能够缩短育种周期、提高选择效率、节省育种成本。统计模型作为全基因组选择的核心, 极大地影响了全基因组预测的准确度和效率。相较于传统模型, 人工智能和深度学习算法为解决大数据分析和高性能并行运算等难题提供了新的契机。我们提出利用海量多组学数据进行全基因组预测的深度学习新方法 (DNNGP), 以玉米、小麦和番茄为测试材料, 与其他五种主流预测方法进行对比。结果表明 DNNGP 有效避免过拟合、提高收敛速度; 在大规模数据集上预测优势更加明显, 比已有深度学习方法提速近 10 倍。DNNGP 针对具有复杂结构的海量数据进行高效数学建模, 实现育种大数据的高效整合与利用, 智能设计育种及平台构建提供有效工具。

新一代遗传仿真模拟基础平台 Blib 和育种流程仿真模拟平台 ISB 研制: 研制成功一个功能完善齐全、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。包含两个新的衍生变量, 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 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。植物育种模拟平台 ISB 是基于通用模拟预测平台 Blib 的一个应用模块, 可以同时开展纯系品种、杂种品种和无性系品种等三种品种类型育种流程或育种方法的模拟。

永久杂合遗传群体的遗传分析方法和集成分析软件 GAHP 研制: GAHP 集成软件可对四种类型群体进行单独和联合遗传分析, 即 (1) 双亲纯系群体 PIL, 纯系既可以是杂种 F1 配子的加倍单倍体, 也可以是通过连续自交产生的重组自交系; (2) PIL 与第一个亲本回交产生的永久回交群体 IB1; (3) PIL 与第二个亲本回交产生的永久回交群体 IB2; (4) PIL 中两两纯系间互交产生的永久 F2 群体 IF2。GAHP 软件集成了四大功能, 即 (1) 遗传连锁图谱绘制的 MHP 功能; (2) 双亲永久杂合群体方差分析的 VHP 功能; (3) 双亲永久杂合群体 QTL 定位的 QHP 功能; (4) 双亲永久杂合群体模拟的 SHP 功能。



DNNGP 的算法框架图

重要奖项

作物育种数字化技术研究与应, 北京市科学技术进步二等奖

重要论著

- Luyan Zhang, Huihui Li, Jiankang Wang, Blib is a multi-module simulation platform for genetics studies and intelligent breeding, *Communications Biology*, 2022, 5:1167.
- Luyan Zhang, Xinhui Wang, Kaiyi Wang, Jiankang Wang, GAHP: An integrated software package on genetic analysis with bi-parental immortalized heterozygous populations, *Frontiers in Genetics*, 2022, 13:1021178.
- Gen Xu, Xuan Zhang, Wenkang Chen, Renyu Zhang, Zhi Li, Weiwei Wen, Marilyn L. Warburton, Jiansheng Li, Huihui Li, Xiaohong Yang, Population genomics of Zea species identifies selection signatures during maize domestication and adaptation, *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1):72.
- Kelin Wang, Muhammad Ali Abid, Awais Rasheed, Jose Crossa, Sarah Hearne, Huihui Li, DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multiomics data in plants, *Molecular Plant*, 2022, 1(1):279-293.
- Mohsin Ali, Shan Danting, Jiankang Wang, Hafsa Sadiq, Awais Rasheed, Zhonghu He, Huihui Li, Genetic diversity and selection signatures in synthetic-derived wheats and modern spring wheat, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:877496.
- Muhammad Ibrar Khan, Zarnishal Kainat, Saman Maqbool, Ambreen Mehwish, Suhaib Ahmad, Hafiz Muhammad Suleman, Zahid Mahmood, Mohsin Ali, Abdul Aziz, Awais Rasheed, Huihui Li, Genome-wide association for heat tolerance at seedling stage in historical spring wheat cultivars, *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:972481.
- Danting Shan, Mohsin Ali, Mohammed Shahid, Anjuman Arif, Muhammad Qandeel Waheed, Xianchun Xia, Richard Trethowan, Mark Tester, Jesse Poland, Francis C. Ogbonnaya, Awais Rasheed, Zhonghu He, Huihui Li, Genetic networks underlying salinity tolerance in wheat uncovered with genome wide analyses and selective sweeps, *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135(9):2925-2941.
- Zhangxiang Liu, Huihui L, Xingrong Wang, Yanjun Zhang, Zuowang Gou, Xingzhen Zhao, Honglei Ren, Zixiang Wen, Yinghui Li, Lili Yu, Huawei Gao, Dechun Wang, Xusheng Qi, Lijuan Qiu, QTL for yield per plant under water deficit and well-watered conditions and drought susceptibility index in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.), *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 2022, 37(1): 92-103.

代表性知识产权

- 2022SR1039824, 软件著作权登记: 双亲永久杂合群体遗传分析集成软件 [简称: GAHP]V1.0
- 2022SR1039846, 软件著作权登记: 基于 Blib 的植物育种模拟平台 [简称: ISB]V1.0, 2022.8

研究组成员

- 李慧慧 研究员 张鲁燕 副研究员
- 高尚 助理研究员 钱亚红 高级实验师

博士后

- Mohsin Ali 王小波

研究生

- 屈平平 王轲麟 冯英伟 霍雪雪 王竞馨 王欣茹
- 刘 则 张恒益 卢东林 周 莹 Manzoor 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.icascaas.com.cn>

重要论著

Tian Wenfei, Zheng Yi, Wang Weiqun, Wang Donghai, Tilley Michael, Zhang Guorong, He Zhonghu, Li Yonghui. A comprehensive review of wheat phytochemicals: From farm to fork and beyond. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 2022, 21(3):2274-2308.

Maqbool Saman, Hassan Muhammad Adeel, Xia Xianchun, York Larry M., Rasheed Awais, He Zhonghu. Root system architecture in cereals: progress, challenges and perspective. *PLANT JOURNAL*, 2022, (1):110.

Hassan Muhammad Adeel, Fei Shuipeng, Li Lei, Jin Yirong, Liu Peng, Rasheed Awais, Shawai Rabiou Sani, Zhang Liang, Ma Aimin, Xiao Yonggui, He Zhonghu. Stacking of Canopy Spectral Reflectance from Multiple Growth Stages Improves Grain Yield Prediction under Full and Limited Irrigation in Wheat. *REMOTE SENSING*, 2022, 14 (17): 4318-4333.

代表性品种

小麦，中麦 578，国审

代表性知识产权

ZL202010376589.0，一种用于培育优质小麦的亲本品种的筛选方法及其使用的引物组组合
ZL201811018744.0，一种辅助鉴定小麦冠层温度性状的方法及其专用引物组

研究组成员

夏先春	研究员	张勇	研究员
张艳	研究员	郝元峰	研究员
肖永贵	副研究员	曹双河	研究员
李思敏	副研究员	王德森	高级农艺师
刘金栋	副研究员	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	全靖洋	刘丹	李玲莉	孙梦静
曾建琪	许小宛	刘思洋	陈甜甜	卞英杰
邹新宇	赵紫慧	贾艺丹	Rabiou Sani Shawai	
李雷	赵聪	李文端	甘甜	丁富功
刘炳炎	张玥	职蕾	闫绍林	

亮点工作

与棉花研究所合作育成，强筋高产新品种中麦 578。组合为中麦 255/ 济麦 22。面包烘焙品质优良，达到进口优质加拿大小麦水平，大面积产量与主栽高产品种持平，早熟、抗病耐热，适应性广，已通过黄淮冬麦区南片、北片国家和新疆审定，2022 年夏收面积 553 万亩，居全国第 9 位。2021 年益海嘉里等合同收购 27 万吨中麦 578，相当于 50 万亩地产量，优价 0.2 元 / 公斤，增收 5500 万元。2022 年合同收购 50 万吨，相当于 100 万亩地产量，优价 0.16 元 / 公斤，优质优价增收 8000 万元。2022 年河北金沙河 2.5 万亩平均亩产 648 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

小麦诱变育种

刘录祥，研究员。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。

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

主页: http://liuluxiang.icscaas.com.cn

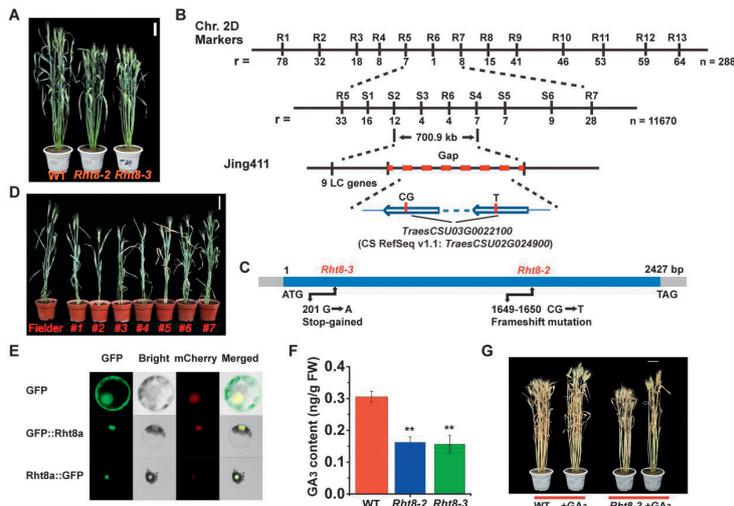


亮点工作

克隆了小麦重要矮秆基因 *Rht8* 并阐明了其调控株高的分子机制。利用优异矮源培育抗倒伏品种是小麦育种的重要目标之一。为深入挖掘小麦优异新矮源，团队利用诱变技术创制小麦优异矮秆突变体，通过构建大型遗传分离群体并结合新兴的长读长三代测序技术，图位克隆了小麦育种上广泛利用的重要矮秆基因 *Rht8* 及其新等位变异。该基因编码含有核糖核酸酶结构域的蛋白，通过调节赤霉素合成相关基因，影响活性赤霉素含量而降低株高。研究揭示了 *Rht8* 在我国小麦品种中的分布及其进化过程。开发了功能性基因分子标记实现了育种精准利用，所挖掘的 *Rht8* 基因新等位变异为我国不同麦区矮秆抗倒伏小麦新品种培育提供优异新矮源。

创制小麦 TILLING 外显子突变体库并正式对外发放。具有明确变异信息的突变体材料是反向遗传学研究的重要工具，随着中国春参考基因组的公布和外显子组测序技术的发展，为建立小麦饱和和外显子组突变体库奠定了条件基础。我们以北部冬麦区骨干亲本京 411 为材料，通过高能碳离子束、 γ 射线和甲磺酸乙酯诱变处理，构建了接近饱和的六倍体小麦 TILLING 外显子组突变体库。该库所包含的潜在功能性突变覆盖 97.09% 的高置信度基因和 71.12% 的低置信度基因，平均每个基因编码序列每 kb 有 57.5 个突变。对 C 离子束、 γ 射线和 EMS 变异特征的比较分析表明，C 离子束和 γ 射线比 EMS 诱导产生的变异更多样，包括大片段缺失、小片段和各种非同义单核苷酸变异。目前该突变体库已独家转让博瑞迪公司并在国内外发放，为 15 家单位 25 个研究团队提供 256 样次服务。

育成高产优质小麦新品种航麦 106。航麦 106 于 2022 年通过新疆审定（新审麦 2022 年 037 号），生育期比区试对照新冬 18 号早熟 3 天，大穗大粒，籽粒白色、角质、饱满，抗倒伏能力好，高抗白粉病、叶锈病和条锈病，品质为优质中筋类型。在北疆冬小麦区域试验中，两年平均亩产 556.60 公斤，比对照新冬 33 号增产 12.56%，比对照新冬 18 号增产 11.55%；生产试验中，平均亩产 610.58 公斤，比对照新冬 33 号增产 10.38%，比对照新冬 18 号增产 5.78%。2022 年在新疆奇台 5.8 亩示范地实打亩产 801.2 公斤。目前该品种已转让给新疆九圣禾种业股份有限公司推广经营。



小麦重要矮秆基因 *Rht8* 的克隆与作用机制解析

重要论著

Xiong Hongchun, Zhou Chunyun, Fu Meiyu, Guo Huijun, Xie Yongdun, Zhao Linshu, Gu Jiayu, Zhao Shirong, Ding Yuping, Li Yuting, Zhang Jiazi, Wang Ke, Li Xuejun and Liu Luxiang. Cloning and Functional Characterization of *Rht8*, a "Green Revolution" Replacement Gene in Wheat. *Molecular Plant*, 2022, 15: 373-76.

Wang Chaojie, Zhang Lili, Xie Yongdun, Guo Xiaofeng, Zhang Yanfang, Zhang Yamin, Irshad Ahsan, Li Yuting, Qian Huihui, Jing Doudou, Liu Guangyao, Wu Kaiming, Yang Na, Yang Guoli, Song Yulong, Guo Huijun, Zhao Huiyan, Wang Chengshe, Liu Luxiang, Zhang Gaisheng, and Ma Shoucai. A Superior Allele of the Wheat Gene *Tag13.3-5b*, Selected in the Breeding Process, Contributes to Seed Size and Weight. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135: 1879-91.

Irshad Ahsan, Guo Huijun, Rehman Ur Shoaib, Gu Jiayu, Wang Chaojie, Xiong Hongchun, Xie Yongdun, Zhao Shirong, and Liu Luxiang. Screening of Induced Mutants Led to the Identification of Starch Biosynthetic Genes Associated with Improved Resistant Starch in Wheat. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23: 10741.

Li Yuting, Xiong Hongchun, Zhang Jiazi, Guo Huijun, Zhou Chunyun, Xie Yongdun, Zhao Linshu, Gu Jiayu, Zhao Shirong, Ding Yuping, Fang Zhengwu, and Liu Luxiang. Genome-Wide and Exome-Capturing Sequencing of a Gamma-Ray-Induced Mutant Reveals Biased Variations in Common Wheat. *Frontier in Plant Science*, 2022, 12: 793496.

代表性品种

小麦，航麦 106，新疆区审

代表性知识产权

ZL201910228038.7，与小麦矮秆基因紧密连锁的 KASP 标记及其应用

ZL202110237826.X，一种与小麦穗型性状连锁的 SNP 标记、可鉴别小麦穗型的 CAPS 标记、试剂盒和方法

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

研究生

周春云 李於亭 张家梓 仇琳 杜启迪
付美玉 白家兴 李红叶 谢晓梅 薛倩文
王小璐 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 AND WIDE 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：针对黄淮麦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

Qiu D, Huang J, Guo GH, Hu JH, Li YH, Zhang HJ, Liu HW, Yang L, Zhou Y, Yang BZ, Zhang YD, Liu ZY, Li HJ. The Pm5e gene has no negative effect on wheat agronomic performance: evidence from newly established near-isogenic lines. *Frontiers in Plant Science*. 2022, 13.

Li YH, Lin RM, Hu JH, Shi XH, Qiu D, Wu PP, Goitom GH, Wang SQ, Zhang HJ, Yang L, Liu HW, Wu QH, Xie JZ, Zhou Y, Liu ZY, Li HJ. Mapping of wheat stripe rust resistance gene Yr041133 by BSR-Seq analysis. *The Crop Journal*. 2022, 10(2):447-455.

Zhang HJ, Xue XH, Guo J, Huang YW, Dai XR, Li T, Hu JH, Qu YF, Yu LQ, Mai CY, Liu HW, Yang L, Zhou Y, Li HJ. Association of the recessive allele vrn-D1 with winter frost tolerance in bread wheat. *Frontiers in Plant Science*. 2022, 13.

Huang YW, Dai XR, Liu HW, Yu S, Mai CY, Yu LQ, Yu GJ, Yang L, Zhou Y, Li HJ, Zhang HJ. Identification of effective alleles and haplotypes conferring pre-harvest sprouting resistance in winter wheat cultivars. *BMC Plant Biology*. 2022, 22(1):1-10.

Dai XR, Huang YW, Xue XH, Yu S, Li T, Liu HW, Yang L, Zhou Y, Li HJ, Zhang HJ. Effects of Fhb1, Fhb2 and Fhb5 on Fusarium Head Blight Resistance and the Development of Promising Lines in Winter Wheat. *International Journal of Molecular Sciences*. 2022, 23(23):15047.

代表性品种

小麦，轮选 145，国审

代表性知识产权

CNA20170426.3, 轮选 53 植物新品种权
CNA20170427.2, 轮选 117 植物新品种权
CNA20170428.1, 轮选 310 植物新品种权

研究组成员

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

研究生

胡经煌 李亚会 于 硕 张致宁

亮点工作

轮选 145 由济麦 22 和 169-5Z 杂交选育而成。2022 年通过国家黄淮南片审定（国审麦 20220124）、2020 年通过国家黄淮北片审定（国审麦 20200026）、2019 年通过河北省审定（冀审麦 20190004）。半冬性小麦品种，幼苗半直立，叶片宽短，叶色深绿，分蘖力强。株高 76 厘米，株型较紧凑，抗倒性强，穗层较整齐，熟相较好。穗近长方形，长芒，白粒，籽粒角质，饱满度较好。亩穗数 45.1 万穗，穗粒数 33.6 粒，千粒重 43.3 克。该品种在保持亲本济麦 22 高产广适的基础上，产量进一步提高，早熟、抗寒性好且抗倒伏性突出。轮选 145 同时通过黄淮南片和北片审定，有望成为黄淮麦区的主推小麦品种。



轮选 145 和对照

WHEAT BREEDING FOR STRESS-RESISTANCE

小麦抗逆育种

孙果忠，研究员，硕士生导师。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，国家小麦育种联合攻关秘书长。

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

高产广适小麦新品种中麦 6032 先后通过国家黄淮北片、安徽省和国家黄淮南片审定，以及河北省初审；正在参加北京市和天津市引种，以及新疆自治区品种比较试验。该品种半冬性，幼苗半匍匐，叶色深绿，分蘖力强，成穗率高。冬季抗寒性和抗倒春寒能力好，节水性较强。株型紧凑，茎秆坚韧、弹性好、抗倒性强。旗叶短宽上举，穗层整齐，熟相好。穗长方形，长芒，白粒，角质，饱满度好。中感纹枯病、条锈病、叶锈病，高感赤霉病、白粉病。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。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。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%。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%。2021、2022 年冀中北区试，平均亩产 599.6、583.5 kg，较中麦 175 增产 5.1%、4.0%。该品种已转让江苏大华种业集团有限公司和河北春淼种业有限公司，在生产上推广迅速，广受好评，2022 年推广面积约 30 万亩。2022 年 6 月 15 日，河北省种子总站组织实打实收，平均亩产 806.01 公斤。



高产广适小麦新品种中麦 6032

重要论著

Yao, D.; Ijaz,W.; Liu, Y.; Hu, J.; Peng,W.; Zhang, B.;Wen, X.; Wang, J.; Qiu, D.; Li, H.; et al. Identification of a Pm4 Allele as a Powdery Mildew Resistance Gene in Wheat Line Xiaomaomai. *Int. J. Mol. Sci.* 2022, 23, 1194.

王娟, 刘翼, 姚丹妤, 邹景伟, 肖世和, 孙果忠. 小麦生殖发育阶段对低温的敏感性鉴定. *作物学报*, 2022, 48(7): 1721-1729

Irshad A, Ahmed RI, Ur Rehman S, Sun G, Ahmad F, Sher MA, Aslam MZ, Hassan MM, Qari SH, Aziz MK and Khan Z (2022) Characterization of salt tolerant wheat genotypes by using morpho-physiological, biochemical, and molecular analysis. *Front. Plant Sci.* 13:956298.

Liu Y, Yu T, Li Y, Zheng L, Lu Z, Zhou Y, Chen J, Chen M, Zhang J, Sun G, Cao X, Liu Y, Ma Y and Xu Z. Mitogen-activated protein kinase TaMPK3 suppresses ABA response by destabilising TaPYL4 receptor in wheat. *New Phytologist* 2022, Vol.236 (1), p.114-131.

代表性品种

小麦, 中麦 6032, 国审

小麦, 中麦 12, 京津冀审

研究组成员

肖世和 研究员 姚丹妤 助理研究员
陈旭 高级农艺师 贾丹 研究实习生

研究生

张博文 彭文涛 温晓兰 万小能 王秀媛
Waqas Ijaz



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科学家, 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。入选国家高层次人才计划、“国家百万人才工程”, 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: 玉米遗传改良与新品种选育。

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

主页: http://lixinhai.icscaas.com.cn

重要论著

Jienan Han, Zenghui Guo, Meijuan Wang, Shiyuan Liu, Zhuanfang Hao, Degui Zhang, Hongjun Yong, Jianfeng Weng, Zhiqiang Zhou, Mingshun Li, Xinhai Li. Using the dominant mutation gene Ae1-5180 (amylose extender) to develop high-amylose maize. *Molecular Breeding*, 2022, 42:57.

Xin Lu, Zhiqiang Zhou, Yunhe Wang, Ruiqi Wang, Zhuanfang Hao, Mingshun Li, Degui Zhang, Hongjun Yong, Jienan Han, Zhenhua Wang, Jianfeng Weng, Yu Zhou, Xinhai Li. Genetic basis of maize kernel protein content revealed by high-density bin mapping using recombinant inbred lines. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:1045854.

Ping Luo, Yong Chen, Kewei Rong, Yuelei Lu, Nan Wang, Zhennan Xu, Bo Pang, Di Zhou, Jianfeng Weng, Mingshun Li, Degui Zhang, Hongjun Yong, Jienan Han, Zhiqiang Zhou, Wenwei Gao, Zhuanfang Hao, Xinhai Li. ZmSNAC13, a maize NAC transcription factor conferring enhanced resistance to multiple abiotic stresses in transgenic Arabidopsis. *Plant Physiol Biochem*, 2022, 170:160-170.

Zhennan Xu, Feifei Wang, Zhiqiang Zhou, Qingchang Meng, Yanping Chen, Xiaohua Han, Shuanggui Tie, Changlin Liu, Zhuanfang Hao, Mingshun Li, Degui Zhang, Jienan Han, Zhenhua Wang, Xinhai Li, Jianfeng Weng. Identification and fine-mapping of a novel QTL, qMrdd2, that confers resistance to maize rough dwarf disease. *Plant Disease*, 2022, 106(1):65-72.

Yu Zhou, Qing Lu, Jinxin Ma, Dandan Wang, Xin Li, Hong Di, Lin Zhang, Xinge Hu, Ling Dong, Xianjun Liu, Xing Zeng, Zhiqiang Zhou, Jianfeng Weng, Zhenhua Wang. Using a high density bin map to analyze quantitative trait loci of germination ability of maize at low temperatures. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:978941.

代表性品种

玉米, 中单 168, 国审

玉米, 中单 159, 省审

代表性知识产权

CNA20191005208, 中单 107

CNA20161966.8, 中单 122

CNA20191005209, 中单 123

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
罗平 陈勇 苏越 刘晓丽 王馨玉
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
上官小川

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 3 项: 中单 107、中单 122 和中单 123。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, 2022 年创新小组有 66 个优良玉米组合参加国家或省级的生产或区域试验, 选育出国审品种中单 168 和省审品种中单 159。其中培育的中单 168 (国审玉 20220386) 高产、耐密、抗倒、早熟, 为未来打好种业翻身仗奠定了坚实的品种基础。中单 168 品种适宜在我国西北春玉米区种植, 出苗至成熟 133.7 天, 比对照先玉 335 早熟 1.3 天。株型半紧凑 / 紧凑, 株高 302 厘米, 穗位高 127 厘米。果穗筒型 / 短锥型, 穗长 17.5 厘米, 穗行数 16-18 行, 百粒重 34.9 克。经测定, 籽粒容重 760 克 / 升, 粗淀粉含量 75.32%, 粗蛋白含量 9.67%, 粗脂肪含量 3.97%, 赖氨酸含量 0.28%。该品种有望成为西北的优势潜力新品种。



国审玉米新品种中单 168 田间表现

HIGH-YIELD MAIZE BREEDING

玉米高产育种

黄长玲，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



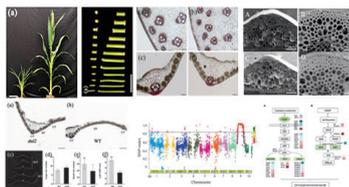
亮点工作

针对我国东华北、西北春玉米及黄淮海夏播玉米区生产发展面临的问题，开展高产多抗适宜机械化玉米新材料创制与新品种选育。2022年育成抗穗腐病自交系15份，紧凑株型种质改良20份，创制优异DH系140份，机收优异育种群体2个。新品种中单8812通过国家审定试验，获得审定证书，中单8921、中单8301、中单8101、中单8188、中单8120等16个品种分别晋级到二年区域试验和生产试验过程中。新品种中单8812在新疆奇台、内蒙古通辽、河南鹤壁的耐密高产创建中均取得优异的成绩。

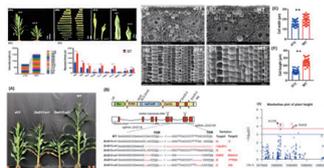
开展重要农艺性状的遗传基础解析，重点包括玉米株高基因ZmD13的图位克隆，玉米株高调控基因DNL2的定位以及玉米茎秆细胞壁组分动态QTL分析与遗传基础研究等方面。通过图位克隆玉米株高调控基因ZmD13，鉴定了优异基因型，开展标记辅助改良，为矮秆耐密玉米品种选育奠定基础。精细定位了玉米株高和叶型调控基因DNL2，解析了GA和IAA在调控细胞分裂生长和株高发育中的作用。以上研究为玉米品种株高遗传改良奠定了理论基础。



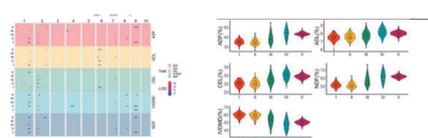
A中单8812通过国家审定



C玉米株高调控基因DNL2的定位



B玉米株高基因ZmD13的图位克隆



D玉米茎秆细胞壁动态发育QTL定位与遗传基础解析

重要论著

- Li Kun, Yang Xue, Liu Xiaogang, Hu Xiao-jiao, Wu Yujin, Wang Qi, Ma Feiqian, Li Shuqiang, Wang Hongwu, Liu Zhifang, Huang Changling. 2022. QTL analysis of the developmental changes in cell wall components and forage digestibility in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Integrative Agriculture* 21(12): 3501-3513.
- Lulu Han, Chenggong Jiang, Wei Zhang, Hongwu Wang, Kun Li, Xiaogang Liu, Zhifang Liu, Yujin Wu, Changling Huang, Xiaojiao Hu. 2022. Morphological Characterization and Transcriptome Analysis of New Dwarf and Narrow-Leaf (dnl) Mutant in Maize. *IJMS* 23(2):795.

代表性知识产权

- CN202210248740.1, 玉米半矮秆基因ZmD13的分子标记及其应用.
- CN202210248548.2, ZmD13蛋白在调控玉米株高中的应用.

研究组成员

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

研究生

- 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。2010-2020年先后任法国利马格兰集团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。2022年入选农业农村部神农英才青年英才。

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

E-mail: liliang05@caas.cn 电话: 010-82105761

主页: <http://liliang.icscaas.com.cn>

研究组成员

黎亮 研究员
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 李园 牛皓 冯艳飞
蒋俊霞 李聪

亮点工作

提出DH系高通量评价的GS4.0育种策略。随着玉米双单倍体(DH)技术的进步和不断优化,育种家已经可以在较短的时间内获得大量的DH系,但是面临着如何精准评价的挑战。全基因组选择(GS)技术在玉米育种中的应用越来越广泛,其基本原理是利用训练群体的基因型信息和表型信息构建预测模型,去预测只有基因型的个体表现。本课题组联合国内外多个研究团队提出了GS4.0的观点,并发表在Molecular plant上,为DH系的高通量评价提供了新的思路。具体来说,GS1.0是全同胞策略,利用双亲群体部分DH系构建训练群体去预测剩余的DH系;GS2.0是半同胞策略,利用具有共同亲本的多个半同胞群体部分家系构建训练群体去预测剩余的DH系;GS3.0是历史数据策略,利用育种项目中过去几年的历史数据构建训练群体去预测新生产的DH系;GS4.0是杂交种策略,直接利用DH系和DH系的杂交表现构建训练模型,去预测其他杂交组合的表现。GS4.0的观点为DH与GS的有机整合和落地应用提供了切实可行的思路。

作科所-丰度高科玉米联合育种攻关项目进展顺利。顺利完成了播种、田间考察和收获测产等关键环节的任务。经过双方联合考察和数据分析,最终选择了中单4378、中单8112等17个品种晋级。



作科所-丰度高科玉米联合育种攻关项目田间考察

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。现任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。

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

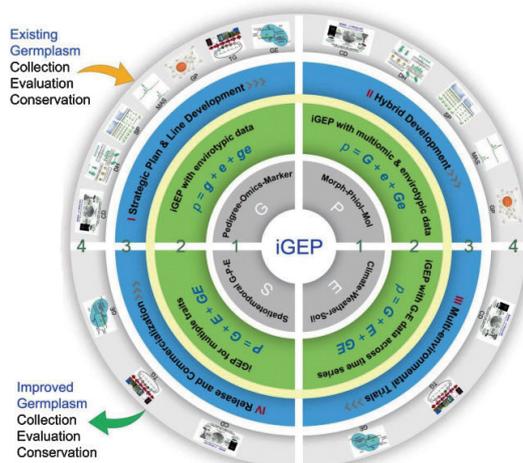
主页: http://liwenxue.icascaas.com.cn



亮点工作

提出基因组 - 环境组集成预测的智能育种新策略。植物表型是其基因型与环境共同作用的结果。目前育种中所采用的基因组选择技术大多是根据个体的基因型来预测表型，很少考虑个体所处环境对表型预测的影响。作物分子育种技术和应用创新团队联合多家单位，提出了大数据和人工智能驱动下的智能育种新策略——基因组 - 环境组集成预测。该策略引入不同时空下环境型变异及其与基因型和表型的数据集成所产生的大数据对人工智能的挑战，探讨了基因组 - 环境组集成预测有关的概念及其模型的构建、优化与实施，展望了如何利用智能育种提升植物改良的遗传增益，包括集成和利用多种育种技术和方法，实现资源利用和育种效率的最大化。这一新策略的提出，将改变过去主要利用基因型和表型进行选择育种模式，使未来育种能够在基因型 - 表型 - 环境型全方位信息支撑下，准确预测特定基因型在特定环境下的表现。

揭示 miRNA 调控植物铁稳态的分子机制。最近已有研究表明，在由铁 (Fe) 过量引起的，对氧化损伤的二次反应中，microRNA (miRNA) 具有重要作用。然而，miRNA 在植物对缺铁的反应中的重要性仍有待于探索。本文研究表明在缺铁条件下，mir164b 突变体的主根长度，侧根数，铁还原酶活性以及 IRT1 和 FRO2 的 mRNA 丰度，与在野生型 (WT) 中的情况相比均较高。对 miR164 敲低转基因植物根中铁浓度和铁还原酶活性的分析表明，miR164 家族成员在缺铁反应中具有不同的功能。过表达 NAC5 的植物比 WT 更能耐受缺铁。基因分析结果显示，NAC5 具有转录激活活性并能直接激活 NFYA8，染色质免疫沉淀随后进行定量聚合酶链反应 (ChIP-qPCR)、电泳迁移率变动分析 (EMSA) 和双荧光素酶报告基因分析。在缺铁条件下，NFYA8 的过表达与 NAC5 的过表达一样，也增加了主根长度、侧根数量、铁还原酶活性以及 IRT1 和 FRO2 的 mRNA 丰度。



大数据、人工智能和基因组 - 环境组集成预测驱动的智能育种平台

重要论著

Yunbi Xu, Xingping Zhang, Huihui Li, Hongjian Zheng, Jianan Zhang, Michael S Olsen, Rajeev K Varshney, Boddupalli M Prasanna, Qian Qian, Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-environmental prediction, *Molecular Plant* 2022, 5(11):1664-1695.

Qingguo Du, Wenshuai Lv, Yu Guo, Juan Yang, Shanhong Wang, Wen-Xue Li, MIR164b represses iron uptake by regulating the NAC domain transcription factor5-Nuclear Factor Y, Subunit A8 module in Arabidopsis, *Plant Physiology* 2022, 189(2):1095-1109.

Zifeng Guo, Shanhong Wang, Wen-Xue Li, Jiacheng Liu, Wei Guo, Mingliang Xu, Yunbi Xu. QTL mapping and genomic selection for Fusarium ear rot resistance using two F2:3 populations in maize. *Euphytica*, 2022, 218: 131.

代表性知识产权

ZL202210664238.9, 玉米 PILNCR2 基因及其在调控玉米耐低磷胁迫中得应用

ZL202210671416.0, ZmTGA4 基因及其在调控玉米叶夹角和增密增产中得应用

研究组成员

徐云碧 研究员 王山荭 副研究员
郭子锋 助理研究员

博士后

杜庆国 王洪秋

研究生

陈欢 秦瑞东 吕文帅 赵一悦

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。

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

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

重要论著

Qi, X., Gao, H., Lv, R., Mao, W., Zhu, J., Liu, C., Mao, L., Li, X., and Xie, C. (2022). CRISPR/dCas-mediated gene activation toolkit development and its application for parthenogenesis induction in maize. *Plant Commun.* 4(2):100449.

Liu, C., Kong, M., Yang, F., Zhu, J., Qi, X., Weng, J., Di, D. and Xie, C. (2022). Targeted generation of null mutants in ZmGDI α confers resistance against maize rough dwarf disease without agronomic penalty. *Plant Biotechnology Journal*, 20: 803-805.

Liu, C., Kong, M., Zhu, J., Qi, X., Duan, C. and Xie, C. (2022) Engineering null mutants in ZmFER1 confers resistance to ear rot caused by *Fusarium verticillioides* in maize. *Plant Biotechnology Journal*. 20, 2045.

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. *Sci. China Life Sci.*, 65 (7):1456-1465.

代表性知识产权

202011581248.3, 含有玉米种子荧光报告基因的 CRISPR-Cas9 基因编辑系统应用

202110473451.7, ZmFhbl 蛋白及其编码基因在提高玉米穗腐病抗性中的应用

202110997209.X, 一种基于 CRISPR-Cas 系统检测 RBSDV 病毒的试剂盒及检测方法

研究组成员

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

博士后

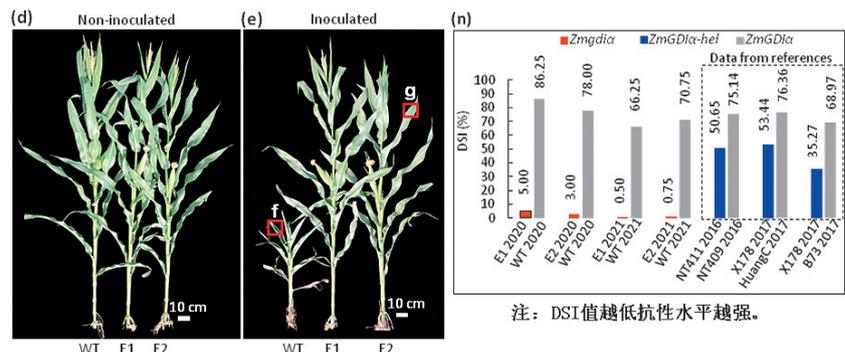
李楚曦 李丽娜

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
石佳鑫 马铭政

亮点工作

创制高抗玉米粗缩病育种技术。利用 CRISPR/Cas 基因编辑技术进行了广泛筛选，发现编辑基因 *ZmGDI α* 1 号外显子获得的两个纯合突变高抗玉米粗缩病，且不影响生长发育与农艺性状表现，具有重要的育种应用价值。采用成熟高效的基因编辑技术体系，获得了编辑事件 E1 (1bp 插入) 和 E2 (32 bp 缺失) 两个纯合突变体。通过人工接种水稻黑条矮缩病毒，发现突变材料 E1 和 E2 的抗病性显著高于对照的野生型材料 WT。与前期研究结果相比，E1 和 E2 等位基因的抗性远高于在不同遗传背景下自然等位基因 *ZmGDI α -hel* 的抗性。同时，在未接种条件下，WT、E1 和 E2 植株在生长或发育方面没有可见的表型差异。基于 *qMrdd8*，利用基因编辑技术创制玉米粗缩病抗性种质克服了自然等位基因 *ZmGDI α -hel* 抗性水平与回交转育效率的局限性。鉴于该基因在水稻、小麦、高粱与大麦等禾本科作物中的保守机制，也为这些作物的抗病育种策略提供了重要借鉴。



注：DSI 值越低抗性水平越强。

Line	Plant height (cm)	Ear height (cm)	Leaf number		HKW (g)	Kernel size (mm)		
			Below ear	Above ear		Length	Width	Thickness
WT (n=23)	222.39 ± 8.39 ^a	117.09 ± 6.56 ^a	7.9 ± 0.46 ^a	5.4 ± 0.50 ^a	24.90 ± 0.15 ^a	10.53 ± 0.59 ^a	8.01 ± 0.48 ^a	4.65 ± 0.38 ^a
E1 (n=27)	223.67 ± 8.08 ^a	113.67 ± 6.75 ^a	8.2 ± 0.46 ^a	5.2 ± 0.48 ^a	24.87 ± 0.13 ^a	10.28 ± 0.29 ^a	8.11 ± 0.27 ^a	4.67 ± 0.43 ^a
E2 (n=19)	218.11 ± 7.05 ^a	116.79 ± 5.22 ^a	8.0 ± 0.40 ^a	5.2 ± 0.42 ^a	24.92 ± 0.15 ^a	10.45 ± 0.49 ^a	8.27 ± 0.28 ^a	4.77 ± 0.45 ^a

创制高抗玉米粗缩病种质技术

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、能源高粱、饲用高粱和饲用小黑麦、籽粒苋的新品种选育与利用研究。

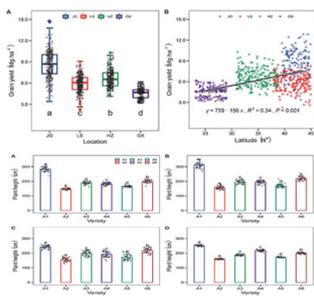
Email: liguiying@caas.cn 电话: 010-82108601

主页: http://liguiying.icscas.com.cn

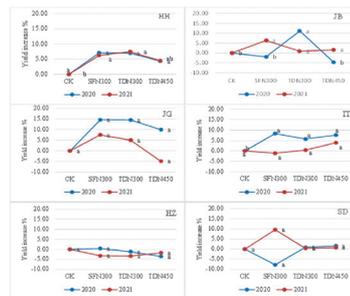


亮点工作

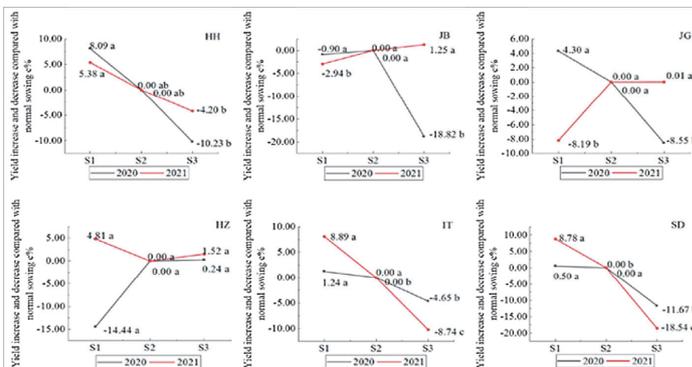
通过品种、环境和栽培措施的多点多因素试验, 明确了品种、环境和主要栽培措施的互作关系。明确了高粱生态类型、品种、种植密度/株行配置对产量、生育期和株高的影响及其互作关系: 生态类型、品种和株行距配置对高粱产量均有显著影响; 生态类型对高粱生育期的影响极显著, 占其总方差的 87.2%; 株高主要受基因型影响, 占总方差的 81.6%; 株距对产量有极显著, 等行距模式有利于挖掘最大产量潜力。明确了早熟区高粱品种、环境、播期/密度的产量效应及其互作关系: 品种效应主要受地点、年份、播期及其相互作用的影响; 播期效应主要受地点、年份、品种及其相互作用的影响; 密度效应受地点和地点-年份相互作用的显著影响; 播期显著影响高粱生长发育模式, 尤其是生长后期; 影响产量的关键气候因素在各点之间有所不同, 灌浆期的天气因素对产量的贡献远大于发育前期。明确了高粱品种、环境、氮肥对产量的贡献及其互作关系: 不同年份、不同地点、不同品种、不同施肥条件下的产量差异均极达到极显著水平。品种与环境、氮肥有互作效应; 氮肥施用效果受基因型和地点的影响; 一次性施肥(一炮轰)不是一种广泛适用的施肥方法, 仅适用于土壤湿度较好的情况。降雨是影响氮肥施用效率的关键因素。上述研究结果为高粱高效生产提供了理论依据。



高粱品种 - 生态区 - 株行距配置的互作效应



高粱早熟区品种 - 环境 - 氮肥互作效应



高粱早熟区品种 - 环境 - 播期/密度互作效应

重要论著

Wang C, Xiao D, Dun B, Yin M, Tsega AS, Xie L, Li W, Yue Q, Wang S, Gao H, Lin M, Zhang L, Molnár I, Xu Y. Chemometrics and genome mining reveal an unprecedented family of sugar acid-containing fungal nonribosomal cyclic decapeptides. *PNAS*. 2022; 119(32):e2123379119.

Miaomiao Yin, Dongliang Xiao, Chen Wang, Liwen Zhang, Baoqing Dun, Qun Yue. The regulation of BbLaeA on the production of beauvericin and bassiatin in *Beauveria bassiana*. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 2022, 38:1.

Wuyuntanmanda, Han F X, Dun B Q, et al. Cloning and functional analysis of soluble acid invertase 2 gene (SbSAI-2) in sorghum. *Planta*, 2022, 255(1).

王晓龙, 王智, 柯涛, 闫德冉, 赵子高. 榨糖收贮模式玉米秸秆蒸汽爆破预处理条件优化. *太阳能学报*, 2022 (006), 043.

代表性知识产权

ZL202010480170.X, 一种柚皮素(4-O-甲基)葡萄糖苷类化合物在制备抗炎或降脂药物中的应用

ZL202010480176.7, 一种香叶木素(4-O-甲基)葡萄糖苷类化合物在制备降脂药物中的应用

ZL201910001283.4, 多中心单鞭毛菌木糖异构酶基因及其应用

研究组成员

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

研究生

张玉洁 周建双 石灵悦

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>

重要论著

Jia H, Liang X, Zhang L, Zhang J, Sapey E, Liu X, Sun Y, Sun S, Yan H, Lu W, Han T. Improving Ultra-Low Temperature Preservation Technologies of Soybean Pollen for Off-Season and Off-Site Hybridization. *Front Plant Sci.* 2022,13:920522.

Wang P, Wang L, Zhang L, Wu T, Sun B, Zhang J, Sapey E, Yuan S, Jiang B, Chen F, Wu C, Hou W, Sun S, Bai J, Han T. Genomic Dissection and Diurnal Expression Analysis Reveal the Essential Roles of the PRR Gene Family in Geographical Adaptation of Soybean. *Int J Mol Sci.* 2022, 23(17):9970.

Sapey, E., Jiang, B., Liu, L. et al. Transcriptome Profile of a Long-Juvenile Soybean Genotype Huaxia-3 Under Short and Long Photoperiod. *Plant Mol Biol Rep.* 2022, 40: 433-445.

Yuan S, Wang Y, Wang J, Zhang C, Zhang L, Jiang B, Wu T, Chen L, Xu X, Cai Y, Sun S, Chen F, Song W, Wu C, Hou W, Yu L and Han T. GmFT3a fine-tunes flowering time and improves adaptation of soybean to higher latitudes. *Front. Plant Sci.* 2022. 13:929747.

Chen, L, Yuan S, Cai Y, Yao W, Su Q, Chen Y, Zhang J, Hou W. (2023). See the color, see the seed: GmW1 as a visual reporter for transgene and genome editing in soybean. *Crop J.* 2023, 11(1):311-315.

Awal Khan MA, Zhang S, Emon RM, Chen F, Song W, Wu T, Yuan S, Wu C, Hou W, Sun S, Fu Y, Jiang B, Han T. CONSTANS Polymorphism Modulates Flowering Time and Maturity in Soybean. *Front Plant Sci.* 2022, 13:817544.

Chen S-PJ, Li M-W, Wong H-Y, Wong F-L, Wu T, Gai J, Han T, Lam H-M. The Seed Quality Assurance Regulations and Certification System in Soybean Production-A Chinese and International Perspective. *Agriculture.* 2022, 12(5):624.

代表性品种

大豆, 中黄 205, 国审
大豆, 中黄 219, 国审
大豆, 中黄 301, 国审
大豆, 中黄 318, 甘肃省审
大豆, 中黄 217, 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

ZL201911004258.8, 一种鉴定或辅助鉴定大豆是否具有雄性不育基因的方法及其应用

ZL202010021592.0, 一种植物育性相关蛋白及其应用

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 李啟萌
杨茂翔 张君权 王颖 王培国 王佳俊 孙艳辉
董红霞 姜丽伟 郭梦威 李淼 王曦昕 吴水清
姚翔宇 熊果 卢梦丹 王淼 杨帆 江慧
张红蕾 张棒棒

亮点工作

培育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产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 20 项植物新品种权，审定 5 个品种，其中，国审品种 3 个，分别为中黄 205、中黄 219、中黄 301。省审品种 2 个，分别为中黄 217、中黄 318。中黄 901 品种入选农业农村部主导品种，2021 年推广应用面积 153 万亩，全国排名 11 位。中黄 39、中黄 37、中黄 301 推广面积在全国排名前 50。

大豆育种技术开发应用。本课题组前期利用克隆大豆雄性不育基因 *GmMS1*，并通过 CRISPR/Cas9 技术创制该基因编辑突变体 *ms1* 获得雄性不育表型。通过明确该育性相关蛋白的功能，开发出在大豆中鉴定是否含有雄性不育基因的方法，授权 2 项发明专利。该方法的应用可提高大豆雄性不育 *ms1* 轮回选择群体的育种效率，为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。此外，通过对大豆花粉超低温保存关键技术进行优化，实现了大豆花粉异季和异地应用，打破大豆花粉应用时空障碍，为实现规模化、工程化育种提供了技术支撑。



早熟高产品种中黄 901 在内蒙古莫力达瓦旗的大面积生产田

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。2018 年入选中国农业科学院农科英才领军人才, 2022 年入选国家高层次人才计划。

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, 开发大豆产量与品质等重要性状的分子标记, 解析重要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, 培育高油高产多抗和广适的大豆新品种。

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

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



亮点工作

突破性大豆新品种选育与推广。高油高产大豆中黄 78 通过安徽省和江西省引种审定, 高油高产大豆中黄 35 通过河南省审定; 申请植物新品种权 8 项。2022 年高油高产大豆中黄 203 在北京平谷地区创复垦地百亩方 272.5 公斤/亩高产记录。2021 年中黄 13 推广面积 184 万亩, 位居全国大豆品种年种植面积第五位, 累计超 1.1 亿亩。另外, 中黄 17 推广面积 8 万亩, 中黄 35 推广面积 5 万亩。本课题组选育的大豆品种年推广面积 200 万亩左右, 在黄淮地区占主导地位。

首次解析中国大豆种质叶酸组分的地理分布规律。叶酸是机体细胞生长和繁殖必不可少的维生素之一, 主要参与遗传物质和蛋白质的代谢, 影响动物繁殖性能和胰腺的分泌, 促进动物的生长, 提高机体免疫力。我们首先构建了大豆叶酸的高效液相色谱串联质谱 (HPLC-MS/MS) 快速精准鉴定技术, 然后针对 1074 份大豆核心种质的叶酸含量进行精准鉴定, 发现大豆籽粒中叶酸含量范围变异达 10 倍之多, 其中以 5-甲酰基四氢叶酸 (5-CHO-H4folate) 组分含量最为丰富, 占总含量的 60% 以上。大豆种质的种皮颜色、籽粒大小、地理来源和种质类型等显著影响叶酸含量, 特别是来自中国东北部地区的大豆种质叶酸的含量显著高于南方地区种质, 并首次解析了我国大豆种质叶酸含量的地理分析规律, 为高叶酸大豆育种提供论指导。此外, 分析发现叶酸含量与蛋白质含量呈显著正相关, 而与油分含量呈显著负相关。筛选出叶酸含量超 2000 $\mu\text{g}/100\text{g}$ 的特用大豆种质, 是普通谷物叶酸含量的 20-30 倍, 为叶酸营养强化育种提供了可靠种质来源。



大豆品种中黄 203 的大田表现

重要论著

Agyenim-Boateng G K, Zhang S, Islam S, Gu Y, Li B, Azam M, Abdelghany AM, Qi J, Ghosh S, Shaibu AS, Gebregziabher B, Feng Y, Li J, Li Y, Zhang C, Qiu L, Liu Z, Liang Q, Sun J. Profiling of naturally occurring folates in a diverse soybean germplasm by HPLC-MS/MS. *Food Chemistry*, 2022, 384: 132520.

Qi J, Zhang S, Azam M, Shaibu A S, Abdelghany A M, Feng Y, Huai Y, Feng H, Liu Y, Ma C, Gebregziabher B S, Ghosh S, Li J, Li B, Qiu L, Sun J. Profiling seed soluble sugar compositions in 1164 Chinese soybean accessions from major growing ecoregions. *The Crop Journal*, 2022, 10: 1825-1831.

Shaibu S A, Zhang S, Ma J, Feng Y, Huai Y, Qi J, Li J, Abdelghany M A, Azam M, Htway T P H, Sun J, Li B. The GmSNAP11 contributes to resistance to soybean cyst nematode race 4 in *Glycine max*. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 939763.

Ghosh S, Zhang S, Azam M, Agyenim-Boateng KG, Qi J, Feng Y, Li Y, Li J, Li B, Sun J. Identification of genomic loci and candidate genes related to seed tocopherol content in soybean. *Plants*, 2022, 11(13):1703.

代表性品种

大豆, 中黄 78, 安徽省和江西省引种审定

大豆, 中黄 35, 河南省审定

代表性知识产权

ZL202110677322.X, 一种用于辅助鉴别大豆油脂含量高低的分子标记 Oil-4-3776551、试剂盒和方法

ZL202110678257.2, 一种用于辅助鉴别大豆油脂含量高低的分子标记 Oil-11-6708663、试剂盒和方法

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
郝雨水 李椰城 胡 蒙 沙 丹 张世碧
Suprio Ghosh Berhane S. Gebregziabhe
Kwadwo G. Agyenim-Boateng
Aimal Nawaz Khattak
Muhammad Ahsan

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.icascaas.com.cn>

重要奖项

2019-2021 年度全国农林牧渔业丰收奖，农业技术推广贡献奖

重要论著

Xu C, Wu, T, Yuan S, Sun S, Han T, Song W, Wu C. Can soybean cultivar with larger seed size produce more protein, lipids, and seed yield? A meta-analysis. *Foods*, 2022, 11: 4059.

Wang W, Wang Z, Hou W, Chen L, Jiang B, Ma W, Bai L, Song W, Xu C, Han T, Feng Y, Wu C. GmNMHC5 may promote nodulation via interaction with GmGAI in soybean, *The Crop Journal*, 2022, 10(1): 273-279.

Wen H, Wu T, Jia H, Song W, Xu C, Han T, Sun S, Wu C. Analysis of Relationship between Soybean relative maturity group, crop heat units and $\geq 10\text{ }^{\circ}\text{C}$ active accumulated temperature. *Agronomy*, 2022, 12: 1444.

李瑞东, 尹阳阳, 宋雯雯, 武婷婷, 孙石, 韩天富, 徐彩龙, 吴存祥, 胡水秀. 增密对不同分枝类型大豆品种同化物积累和产量的影响. *作物学报*, 2022, 48(4): 942-951.

代表性品种

大豆, 中黄 301, 国审

代表性知识产权

ZL202110195261.3, 一种作物田间出苗均匀度的评价方法及系统

代表性标准规程

NY/T 3681-2020, 大豆开花期光温敏感性鉴定技术规程

研究组成员

徐彩龙 副研究员 宋雯雯 助理研究员

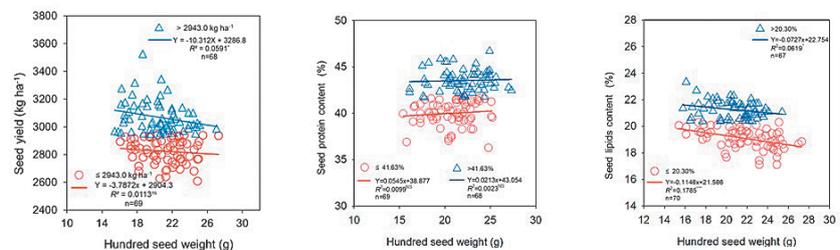
研究生

杨琳 李瑞东 吴宗声 杨昕 王书君
华建鑫 徐一帆 陈新蕾 张仲法 周晨琛
李威

亮点工作

提高大豆单产以确保获得更多的植物蛋白和油脂对保障全球粮食安全和人类健康至关重要。我国农户在生产中普遍喜欢大粒大豆品种，认为大粒种子蛋白质和油脂的含量更高。然而，这一观点缺乏数据证实。为充分分析大豆籽粒单产、蛋白质含量和油脂含量与籽粒大小的关系，基于黄淮海大豆品种区域试验，选取2017-2020年的35个试验点、64个大豆品种(系)进行了分析。结果发现，黄淮北部地区大豆单产和脂肪含量最高，分别为2996.5 kg hm⁻¹和20.7%；黄淮南部地区，籽粒蛋白质含量最高，为42.5%。相关性分析表明，在高产环境条件下，选择大粒型品种并不能提高大豆单产且单产不稳定，同时其籽粒蛋白质含量未得到有效提升。进一步分析发现，大豆籽粒油脂含量与百粒重呈极显著负相关。因此，在黄淮海地区建议农民选择粒径较小的品种种植，以保证大豆籽粒产量高而稳定、单位面积获得更多的植物蛋白和油脂。

针对黄淮海地区麦茬麦茬处理困难、大豆播种质量差，土壤肥力不断衰退，病虫害逐年加重等关键问题，研发、集成了免耕覆秸机械化生产技术体系，该技术体系以麦茬免耕覆秸精播技术为基础，将高产优质食用大豆新品种、均衡施肥、病虫害综合防治、除草剂安全施用、高效低损收获等技术有机组装，实现绿色、节本、高产、高效，在示范推广中取得良好效果。2022年在河南省获嘉县，中黄301示范田实收3.02亩，亩产303.6公斤；郑1307小面积示范田实收4.62亩，亩产339.1公斤，千亩示范田连片实收164亩，平均亩产达310.3公斤。2022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。



大豆百粒重与产量、蛋白质含量和脂肪含量的关系

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

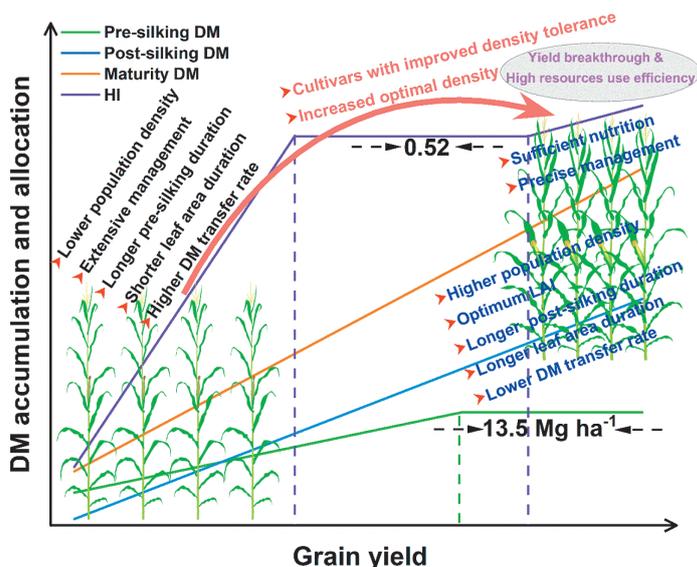
主页: http://lishaokun.icscaas.com.cn



亮点工作

玉米生产技术的研发和应用。针对我国玉米种植密度与产量偏低、管理粗放、水肥利用效率不高等问题, 团队融合密植高产农艺技术与滴灌水肥一体化工程措施, 创新玉米密植群体抗倒伏衰高整齐度关键技术, 构建密植滴灌技术模式, 实现节水省肥与高产协同。2022 年该技术在通辽推广应用面积已近 300 万亩, 其中千亩片示范田平均亩产达 1227.58 公斤, 万亩片示范田平均亩产达 1087.93 公斤, 分别刷新了东北春玉米区千亩和万亩大面积亩产纪录。在黄淮海夏玉米区遭受不同时期的高温、干旱和阴雨涝渍等各种自然灾害的条件下, 河南商丘、鹤壁、漯河、安阳、安徽阜阳等地示范的增产幅度 32.1%-114%。在西北灌溉区的新疆奇台单产已连续第 6 年亩产超过 1500 公斤。该技术被遴选为 2022 年度全国玉米主推技术。

玉米生产技术的理论研究。通过整合近 50 年全球 119 篇文献数据及连续 5 年在新疆奇台开展的高产纪录重演试验数据, 分析了玉米单产从 1.0 突破到 25.0 吨/公顷过程中的物质生产及分配特征。发现我国玉米高产的突破主要是由于选用了耐密型品种及密植高产精准调控技术, 使花后相对生育期延长, 叶片持绿性增强, 提高了群体物质生产能力, 尤其是花后生物量显著提高, 降低了营养器官中的物质转移, 提高了收获指数。该研究结果对于未来高产玉米品种选育以及产量潜力突破及资源高效利用的栽培技术创新具有重要指导意义。



整合文献数据及高产纪录数据, 分析了玉米单产从 1.0 突破到 25.0 吨/公顷过程中的物质生产及分配特征

重要奖项

玉米密植高产水肥精准调控技术研发与推广应用, 全国农牧渔业丰收奖一等奖

重要论著

Liu G., Yang Y., Guo X., Liu W., Xie R., Ming B., Xue J., Wang K., Li S., Hou P.A global analysis of dry matter accumulation and allocation for maize yield breakthrough from 1.0 to 25.0 Mg ha⁻¹. *Resources, Conservation and Recycling*, 2022, 188:1-9.

Wanmao Liu, Yuee Liu, Guangzhou Liu, Ruizhi Xie, Bo Ming, Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Keru Wang, Jun Xue, Yonghong Wang, Rulang Zhao, Wenjie Zhang, Yongjun Wang, Shaofeng Bian, Hong Ren, Xiaoyan Zhao, Peng Liu, Jianzhi Chang, Guohe Zhang, Jiayou Liu, Liuzheng Yuan, Haiyan Zhao, Lei Shi, Lili Zhang, Lin Yu, Julin Gao, Xiaofang Yu, Zhigang Wang, Liguo Shen, Ping Ji, Shuzong Yang, Zhongdong Zhang, Jiquan Xue, Xiangfeng Ma, Xiuquan Wang, Tingqi Lu, Benchun Dong, Gang Li, Baoxin Ma, Jinqin Li, Xiufeng Deng, Yonghong Liu, Qin Yang, Chunlian Jia, Xianping Chen, Hua Fu, Shaokun Li, Peng Hou, Estimation of maize straw production and appropriate straw return rate in China. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2022, 328:1-10.

Guangzhou Liu, Yunshan Yang, Xiaoxia Guo, Wanmao Liu, Ruizhi Xie, Bo Ming, Jun Xue, Keru Wang, Shaokun Li, Peng Hou, Coordinating maize source and sink relationship to achieve yield potential of 22.5 Mg ha⁻¹. *Field Crops Research*, 2022, 283:108544.

Yaoyao Li, Bo Ming, Panpan Fan, Yue Liu, Keru Wang, Peng Hou, Jun Xue, Shaokun Li, Ruizhi Xie, Quantifying contributions of leaf area and longevity to leaf area duration under increased planting density and nitrogen input regimens during maize yield improvement. *Field Crops Research*, 2022, 283:108551.

Liu, Guangzhou, Yang, Yunshan, Liu, Wanmao, Guo, Xiaoxia, Xie, Ruizhi, Ming, Bo, Xue, Jun, Zhang, Guoqiang, Li, Rongfa, Wang, Keru, Hou, Peng, Li, Shaokun, Optimized canopy structure improves maize grain yield and resource use efficiency. *FOOD AND ENERGY SECURITY*, 2022, e375.

代表性知识产权

ZL202011386850.1, 谷物籽粒含水率检测的校正方法、装置和可读存储介质
ZL 2021 2 0450941.0, 一种玉米根系采样装置

代表性标准规程

2022 年中国农业农村重大新技术, 玉米密植高产滴灌水肥精准调控技术
2022 年全国农业主推技术, 玉米水肥一体化密植高产粒收技术
2022 年全国农业主推技术, 玉米密植高产低水分籽粒直收技术
2022 年全国农业主推技术, 玉米地膜替代绿色生产技术

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 张国强 助理研究员

研究生

李姚姚 许红根 杨云山 黄兆福 高尚
闫振华 杨宏业 王震 薛贝贝 项伟洋
王玉港 吴琦 张川 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 王振腾

WHEAT CULTIVATION

小麦栽培

常旭虹, 研究员, 硕士生导师。国家小麦产业技术体系首席科学家、岗位科学家, 农业农村部小麦专家指导组成员。

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: 13681398615

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



重要论著

WANG Yujiao, TAO Zhiqiang, WANG Demei, WANG Yanjie, YANG Yushuang, ZHAO Guangcai, SHI Shubing, CHANG Xuhong. An economic and viable approach to improve wheat quality in Qinghai-Tibetan Plateau, China. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022, 21(8):2227-2240.

Zhiqiang Tao, Peng Yan, Xuepeng Zhang, Demei Wang, Yanjie Wang, Xinglin Ma, Yushuang Yang, Xiwei Liu, Xuhong Chang, Peng Sui, Yuanquan Chen. Physiological Mechanism of Abscisic Acid-Induced Heat-Tolerance Responses to Cultivation Techniques in Wheat and Maize-Review. *Agronomy*, 2022,12,1579.

刘阿康, 马瑞琦, 王德梅, 王艳杰, 杨玉双, 赵广才, 常旭虹. 覆膜和补施氮肥对晚播冬小麦冬前植株生长及群体质量的影响. *作物学报*. 2022,48(7):1771-1786.

马瑞琦, 王德梅, 陶志强, 王艳杰, 杨玉双, 赵广才, 王振林, 常旭虹. 不同筋型小麦干物质和氮素积累对追施氮量的响应. *植物营养与肥料学报*, 2022,28(4):622-631.

代表性知识产权

ZL202011238021.9, 一种新型的小麦种子用药物浸泡搅拌装置

CNA20201006757, 中麦 86 新品种权

2022SR0085207, 气象因子与小麦产量和品质关联性测定分析软件 V1.0

2022RS0085257, 缺氮条件下小麦籽粒指标特征分析软件 V1.0

2022 年促弱转壮保夏粮小麦丰收技术挂图 (16109•5784、16109•5785、16109•5786)

农业农村部主推技术-小麦匀播节水减氮高产高效技术

研究组成员

王德梅 副研究员 王艳杰 副研究员

刘希伟 助理研究员 赵广才 研究员

研究生

马瑞琦 阚茗溪 于慧玲 郭丹丹 刘哲文

张亚凤 叶杨春 陈志豪 张丽君 李 乔

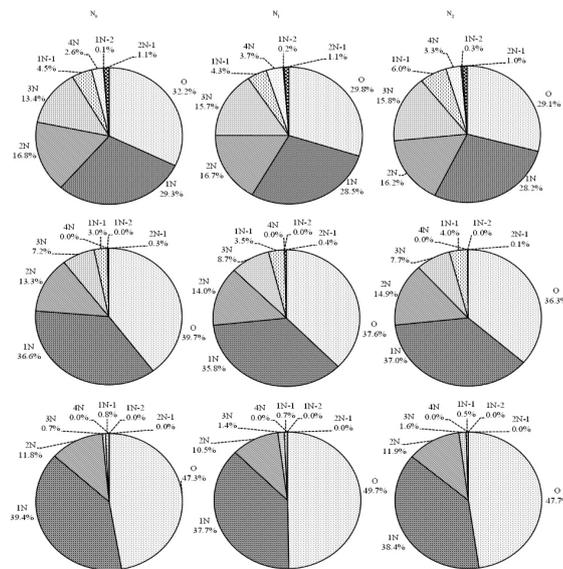
亮点工作

解析匀播节水生理生态机理。与常规条播相比, 匀播改变小麦茎蘖叶的水平空间分布, 提高 LAI 2%-3%、Pn1%-2%、Tr3%-5% 以及花后物质积累, 减小田间蒸腾、群体漏光 1%-2%, 减缓叶片衰老速度, 利于合成更多光合产物, 提高产量。各主要指标变化趋势与增加灌水效应相似, 表明匀播技术具有一定的节水效应。

明确强筋小麦不同茎粒位对产量品质的贡献。初步量化单穗产量与总产量关系: $Y=D \times \sum (Ti \times Gi)$, [Y: 总产量, D: 密度, Ti、Gi: 各茎粒位成穗概率、产量, i: 成穗茎粒位]; 界定分蘖成穗条件、粒重与蛋白质含量关系: 拔节期分蘖与主茎干重比 >0.5 或叶片含氮量 >3.3%, 则成穗概率 >60%; 强势粒千粒重 >35g、弱势粒 <35g, 蛋白质含量基本 >14%。

完善高产潜力突破及匀播稳氮控水绿色高效技术。集成高产突破共性技术模式, 示范田平均亩产 911kg; 百亩示范方超过 750kg。晚播小麦春季分次稳氮控水技术示范田, 每亩减少灌水 40m³、氮肥 3kg, 亩产稳定超过 600kg。

春季增氮补磷利于晚播弱苗增产。早春弱苗田分次增氮补磷, “一根针”或“土里捂”亩增施 3kgN+2kgP 平均增产 49kg; 三类苗增施 5kgN+2kgP 平均增产 58kg。参加科技壮苗、夺夏粮丰收行动。牵头“科技壮苗”行动河南小组及院“夺夏粮丰收”行动陕西小分队, 服务 2 省 10 个地市 18 个区县, 辐射小麦面积近 5000 万亩。提交工作简报 19 期 (其中第 12 期受到吴院长肯定及表扬), 团队 2 人被评为“夺夏粮丰收”行动先进个人。



各成穗茎蘖产量对总产量的贡献率

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：玉米高产高效精简化栽培理论与关键技术创新；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。

E-mail: mawei02@caas.cn 电话: 13699256482

主页: http://mawei.icscaas.com.cn



亮点工作

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。



玉米条带耕作密植增产增效技术

重要论著

Pengfei Dang, Congfeng Li, Chen Lu, Miaomiao Zhang, Tiantian Huang, Chenxi Wan, Hongyu Wang, Yinglong Chen, Xiaoliang Qin, Yuncheng Liao, Kadambot H.M. Siddique. Effect of fertilizer management on the soil bacterial community in agroecosystems across the globe. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 326(2022): 107795.

Pengfei Dang, Congfeng Li, Tiantian Huang, Chen Lu, Yajun Li, Xiaoliang Qin, and Kadambot H. M. Siddique. Effects of different continuous fertilizer managements on soil total nitrogen stocks in China: A meta-analysis. *Pedosphere*, 32(1): 39-48, 2022.

Xiangling Li, Rui Wang, Baoyuan Zhou, Xinbing Wang, Jian Wang, Ming Zhao and Congfeng Li. Characterization of Root Morphology and Anatomical Structure of Spring Maize under Varying N Application Rates and Their Effects on Yield. *Agronomy*, 2022, 12, 2671.

Hong Ren, Hua Qi, Ming Zhao, Wenbin Zhou, Xinbing Wang, XiangweiGong, Ying Jiang, and Congfeng Li. Characterization of Source-Sink Traits and Carbon Translocation in Maize Hybrids under High Plant Density. *Agronomy* 2022, 12(4), 961.

Yuling Han, Dong Guo, Fei Xia, [马玮], Akram Salah, Ming Zhan, Cougui Cao, Ming Zhao, Chuanyong Chen, and Baoyuan Zhou. The Accumulation of Biomass Pre- and Post-Silking Associated with Gains in Yield for Both Seasons under Maize-Rice Double Cropping System. *Agronomy*, 2022, 12(6), 1296.

Junzhu Ge, Ying Xu, Ming Zhao, Ming Zhan, Cougui Cao, Chuanyong Chen, and Baoyuan Zhou. Effect of Climatic Conditions Caused by Seasons on Maize Yield, Kernel Filling and Weight in Central China. *Agronomy* 2022, 12(8), 1816.

周宝元, 陈传永, 孙雪芳, 葛均筑, 丁在松, [马玮], 王新兵, 赵明. 冬小麦-夏玉米双机收籽粒模式周年资源利用效率及经济效益 [J]. 中国生态农业学报(中英文), 2022, 30(12): 1959-1972.

代表性知识产权

- ZL202011300959.9, 一种全自动洗根设备
- ZL202010072641.3, 极晚播小麦抗逆稳产种植方法
- ZL202022752890.5, 多级连滚动轮式玉米免扒皮籽粒脱粒机

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 赵 耀



CROP PHENOTYPING

作物表型

金秀良, 研究员, 博士生导师。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: 作物表型组学技术与方法

Email: jinxiuliang@caas.cn 电话: 15611669703

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

重要奖项

空天地多源遥感作物生长监测诊断关键技术及应用, 河南省科学技术进步一等奖, 排名第3位

重要论著

Minghan Cheng, Xiyun Jiao, Lei Shi, Josep Penuelas, Lalit Kumar, Chenwei Nie, Tianao Wu, Kaihua Liu, Wenbin Wu, Xiuliang Jin, High-resolution crop yield and water productivity dataset generated using random forest and remote sensing, *Scientific Data*, 2022, 9:641.

Minghan Cheng, Josep Penuelas, Matthew F McCabe, Clement Atzberger, Xiyun Jiao, Wenbin Wu, Xiuliang Jin, Combining multi-indicators with machine-learning algorithms for maize yield early prediction at the county-level in China, *Agricultural and Forest Meteorology*, 2022, 323: 109057.

Chenwei Nie, Lei Shi, Zhenhai Li, Xiaobin Xu, Dameng Yin, Shaokun Li, Xiuliang Jin, A comparison of methods to estimate leaf area index using either crop-specific or generic proximal hyperspectral datasets, *European Journal of Agronomy*, 2023, 142: 126664.

Minghan Cheng, Xiyun Jiao, Yadong Liu, Mingchao Shao, Xun Yu, Yi Bai, Zixu Wang, Siyu Wang, Nuremanguli Tuohuti, Shuaibing Liu, Lei Shi, Dameng Yin, Xiao Huang, Chenwei Nie, Xiuliang Jin, Estimation of soil moisture content under high maize canopy coverage from UAV multimodal data and machine learning, *Agricultural Water Management*, 2022, 264: 107530.

研究组成员

石磊 农艺师 殷大萌 助理研究员
樊帆 助理研究员

博士后

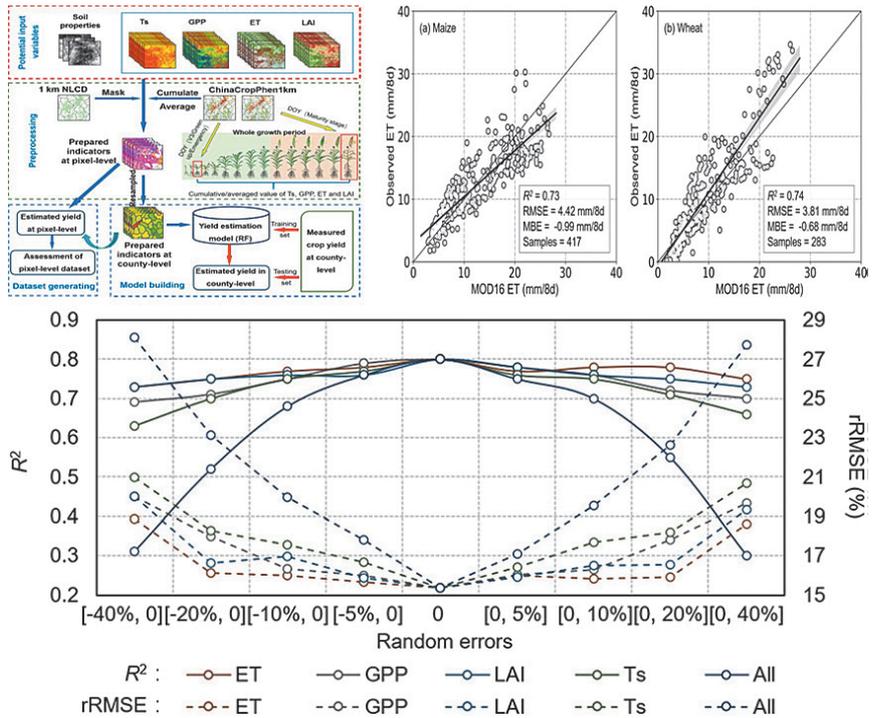
聂臣巍 宋扬

研究生

刘帅兵 要世谨 余汛 刘亚东 刘媛
周丽丽 贾箫 孟麟 白亚利 邹东晓
南斐 李黎明 谭映山 江甜甜 朱燕琴
苏悦 董吉华 陈佳慧 颜超

亮点工作

准确和高分辨率的作物产量和作物水分生产力 (CWP) 数据集可用于了解和预测农业生产能力的时空变化; 然而, 目前缺乏玉米和小麦这两种主要旱地作物的数据集。在这项研究中, 我们基于多种遥感指标和随机森林算法, 生成并评估了一个长时间系列, 1公里分辨率的中国玉米和小麦的作物产量和 CWP。结果表明, MOD16 产品可以准确替代涡流协方差通量塔数据来描述作物蒸散量 (玉米和小麦 RMSE: 分别为 4.42 和 3.81 mm/8d), 并且所提出的产量估计模型在点尺度 (玉米和小麦 rRMSE: 分别为 26.81 和 21.80%) 和区域尺度 (玉米和小麦 rRMSE 分别为 15.36 和 17.17%) 的验证均具有一定的精度。我们的分析显示了中国玉米和小麦产量和 CWP 的时空格局, 可用于在维护粮食安全的背景下优化农业生产战略。



使用随机森林和遥感生成高分辨率作物产量和水分生产力数据集

AGRO-ECOLOGY AND FARMING SYSTEM

作物耕作与生态

张卫建, 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、秸秆综合利用、生态农场建设等专家组成员, 以及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, 中国农学会耕作制度分会副理事长、中国生态学会农业生态专业委员会副主任委员, 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; 作物生产应对气候变化; 绿色低碳农业发展。

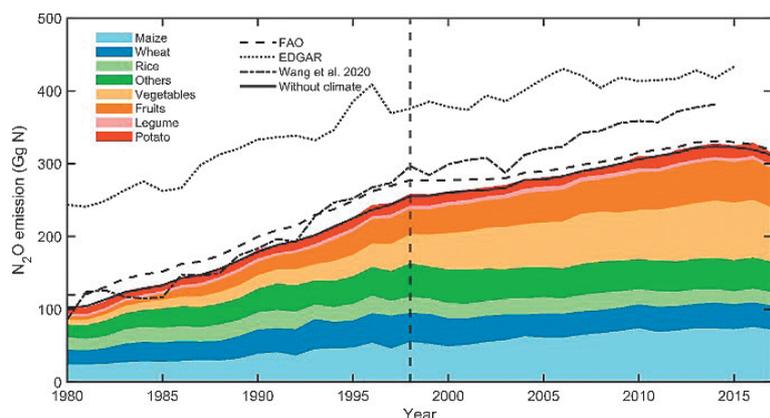
Email: zhangweijian@caas.cn 电话: 010-62156856

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

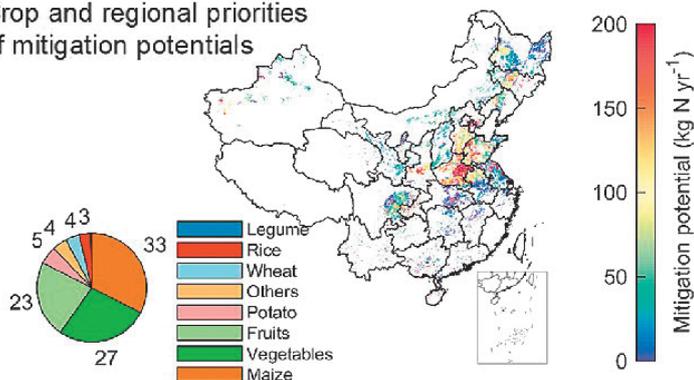


亮点工作

作物生产系统土壤氧化亚氮 (N₂O) 排放是最大的人为 N₂O 排放源。为提高作物产量同时减少环境中的氮损失, 我国已经实施了大量农业政策。然而, 由于缺乏长期、高分辨率的作物生产活动数据和过于简化的模型, 很难有效量化政策驱动下特定作物和区域 N₂O 减排的技术优先序。本研究利用线性混合效应模型和基于调查的农业管理措施数据集, 量化分析了 1980-2017 年间我国作物特定农田 N₂O 排放的时空变化及其关键驱动因素, 以及未来的减排潜力。研究结果发现我国农田 N₂O 排放量自 1998 年以来有所下降, 主要原因是全国范围内氮肥用量下降和作物种植结构调整。到 2050 年, 与 2020 年相比农田 N₂O 排放可以下降约 63%, 氮肥减量增效对农田 N₂O 减排最有效。主要农作物中玉米的减排潜力最大, 而减排潜力最大的区域是华北平原。本研究表明政策干预以及农田管理措施调整 (优化氮肥用量和作物种植优化) 是我国和其他类似发展中国家进一步实现农业 N₂O 减排的潜在途径, 可以为未来丰产减排协同的区域作物种植技术选择提供重要科学依据。



Crop and regional priorities of mitigation potentials



中国作物系统土壤氧化亚氮排放变化趋势及未来减排潜力

重要奖项

麦作系统作物丰产和温室气体减排的协调机制与途径, 河南省自然科学三等奖

重要论著

Cui X Q, Shang Z Y, Xia L L., Xu R T, Adalibieke W, Zhan X Y, Smith P, Zhou, F. Deceleration of Cropland-N₂O Emissions in China and Future Mitigation Potentials. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(7): 4665-4675.

Qian H Y, Jin Y G, Chen J, Huang S, Liu Y L, Zhang J, Deng A X, Zou J W, Pan G X, Ding Y F, Jiang Y, Van Groenigen K J, Zhang W J. Acclimation of CH₄ Emissions from Paddy Soil to Atmospheric CO₂ Enrichment in a Growth Chamber Experiment. *The Crop Journal*, 2022, 10 (1): 140-146.

Zhang X, Qian H Y, Hua K K, Chen H, Deng A X, Song Z W, Zhang J, Raheem A, Danso F, Wang D, Zheng C Y, Zhang W J. Organic Amendments Increase Crop Yield While Mitigating Greenhouse Gas Emissions from the Perspective of Carbon Fees in a Soybean-wheat System. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, 325: 107736.

Sun T, Tong W J, Chang N J, Deng A X, Lin Z L, Feng X B, Li J Y, Song Z W. Estimation of Soil Organic Carbon Stock and Its Controlling Factors in Cropland of Yunnan Province, China. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022, 21 (5): 1475-1487.

代表性标准规程

DB41/T 2383—2022, 冬绿肥-水稻节肥栽培技术规程

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 张鑫 助理研究员

研究生

严圣吉 唐志伟 吴柳格 刘云龙 周博
李佳锐 陈坚 窦淑贤 韩梦瑶 李璇
李歌星 陈娜娜 王志平 同家呈 王硕
Frederick Danso
Oluwaseyi Oyewale Bankole
Karrym Forsyth
Muhammad AKhtar

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，中国农业科学院农科英才领军人才、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：作物产量和资源高效利用协同提升的光合生理与栽培调控机制研究。

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

主页: http://zhouwenbin.icscaas.com.cn

重要论著

Wei S, Li X, Lu Z, Zhang H, Ye X, Zhou Y, Li J, Yan Y, Pei H, Duan F, Wang D, Chen S, Wang P, Zhang C, Shang L, Zhou Y, Yan P, Zhao M, Huang J, Bock R, Qian Q, Zhou W. A transcriptional regulator that boosts grain yields and shortens the growth duration of rice. *Science*. 2022, 377(6604): eabi8455.

Soualiou S, Duan F, Li X, Zhou W. CROP PRODUCTION UNDER COLD STRESS: An understanding of plant responses, acclimation processes, and management strategies. *Plant Physiology and Biochemistry*. 2022, 190: 47-61.

代表性知识产权

ZL201910756918.1, ZmGLK1 在提高植物强光胁迫抗性和产量中的应用

ZL201910756917.7, ZmG2 在提高植物强光胁迫抗性和产量中的应用

ZL202110359893.9, 利用三种单倍型检测水稻抽穗期性状的方法

研究组成员

段凤莹 副研究员 李霞 副研究员

博士后

刘雯倩 卫泽 魏少博

研究生

耿入丹 闫艳艳 戎亮秉 周昱婕 叶香媛

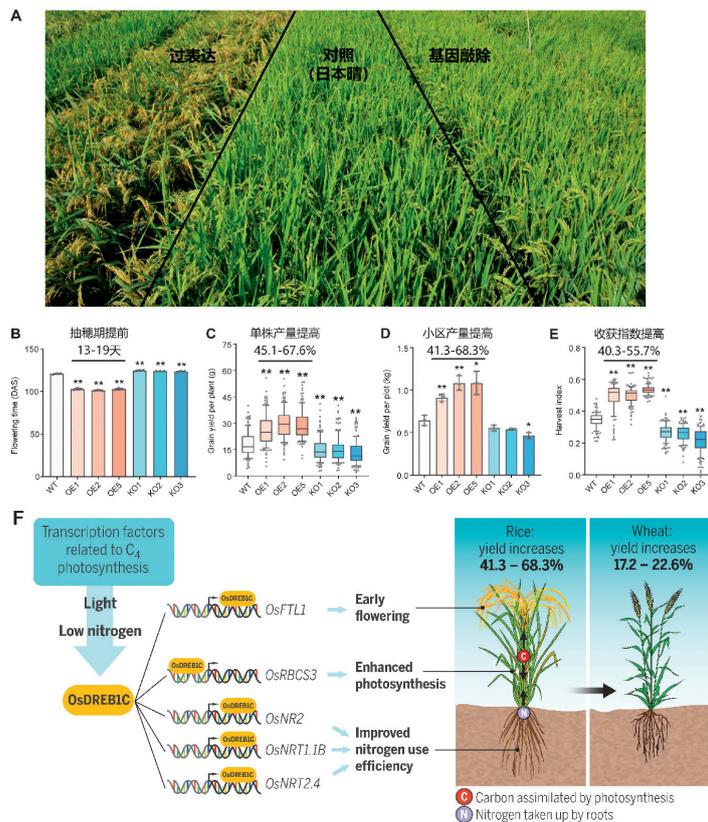
周雨凡 闫红茹 高园 袁洁 侯颖

程琳 程龙 杨旭 邵明凯

SOUALIOU SOUALIOU

亮点工作

在人口持续增加和耕地面积减少条件下，高产是农业生产不懈追求的目标，然而近年来作物单产增长缓慢，进一步提高粮食单产亟需新的途径和策略。本研究以光合碳同化和氮素吸收利用协同调控产量出发，从潜在参与 C_4 光合作用的基因中鉴定到一个同时受低氮和光诱导表达的转录因子 OsDREB1C。研究发现，在水稻中增强表达 OsDREB1C 基因可显著提高光合作用效率和氮素利用效率，实现作物产量的大幅提高，同时还可以促进水稻提前抽穗，缩短整个生长周期。进一步深入解析其分子作用机制发现，该转录因子通过分别与作用于光合作用 (OsRBCS3)、氮素吸收转运 (OsNRT1.1B、OsNRT2.4 和 OsNR2) 以及开花途径 (OsFTL1) 的多个靶基因结合，激活这些基因的表达，进而协同调控水稻的光合作用效率、氮素利用效率以及抽穗期。此外，OsDREB1C 在栽培水稻、小麦等不同物种中均有高产早熟的保守性功能，具有广泛的应用潜力。该研究通过单一基因对多个重要生理途径的聚合调控实现产量的突破，为实现作物大幅度增产以及资源高效利用提供了重要的基因资源，创新了作物高产理论，对于保障国家粮食安全和生态安全具有重要意义。



OsDREB1C 协同调控产量和生育期

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://dongzhiqiang.icscaas.com.cn



亮点工作

建立了玉米促根抗逆化控技术。针对黄淮海夏玉米区花期高温热害导致授粉率低、授粉质量差、产量下降的问题, 基于田间试验, 研究了高温胁迫对不同耐热型玉米品种雌穗发育动态、抽雄-吐丝动态、雌穗授粉质量及籽粒败育的影响, 初步明确了高温胁迫下雌穗抽雄-吐丝间隔期以及雌穗吐丝持续时间延长是影响雌穗授粉质量和导致籽粒败育率升高的最主要因素, 也是耐热型玉米品种和热敏感型品种的主要差异。2022 年, 自主研发了 3 种化控剂配方, 通过叶片喷施的方式, 能够有效促进玉米根系发育并缓解高温热害对雌穗发育的影响程度, 降低籽粒败育率, 相比常温对照玉米单产增加 6.0% 以上, 为进一步研发玉米抗高温化控技术奠定了基础。

建立了作物减氮增效化控技术。针对目前我国粮食主产区玉米、小麦、高粱等作物施肥量大、肥料利用率低的问题, 基于长期肥料定位试验 (2015 至今), 研发了玉米、小麦和高粱专用肥料增效剂 (主要成分为聚天门冬氨酸-PASP)。明确了 PASP 螯合氮肥的减氮增效机制, 即通过增强氮代谢活性、延缓氮肥释放, 促进作物对氮的吸收, 提高了作物氮吸收量和农学效率, 相比常规尿素可最高减氮 30%, 实现作物稳定增产 10.0% 以上。部分研究结果发表在《Frontiers in Plant Science》、《Plants》、《作物学报》和《植物学报》等期刊上。

建立了杂粮作物抗旱耐盐化控技术。针对主产区杂粮作物生产普遍存在的干旱、盐渍胁迫导致杂粮产量低、品质差、效益低等问题, 研发增强杂粮作物抗旱、耐盐的化控技术产品。2022 年结合课题组研究基础, 通过温室盆栽和大田试验相结合的方法, 研发了用于提高谷子、荞麦、食用豆和青稞耐旱性的化控制剂和高粱耐盐种衣剂。其中谷子、荞麦、食用豆和青稞抗旱化控技术分别在山西沁县、宁夏盐池、吉林通榆和西藏白朗开展试验示范和技术培训, 示范区增产 12.0% 以上; 高粱耐盐种衣剂在山东东营进行试验示范, 2022 年示范区平均增产 15.0%。



“三宁”金钛能系列复合肥

重要论著

- 房孟颖, 卢霖, 王庆燕, 董学瑞, 闫鹏, 董志强. 乙矮合剂对不同施氮量夏玉米根系形态构建和产量的影响. *中国农业科学*, 2022, 24, 4808-4822
- 王琦, 许艳丽, 闫鹏, 董好胜, 张微, 卢霖, 董志强. PAC 对谷子花后土壤氮素供应和叶片抗氧化特性的影响. *植物学报*, 1, 90-107
- Peng Yan, Xuerui Dong, Lin Lu, Mengying Fang, Zhengbo Ma, Jialin Du, Zhiqiang Dong. Wheat yield and nitrogen use efficiency enhancement through poly(aspartic acid)-coated urea in clay loam soil based on a 5-year field trial. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 953728
- Peng Yan, Mengying Fang, Lin Lu, Liang Ren, Xuerui Dong, Zhiqiang Dong. Effect of Urea Coated with Polyaspartic Acid on the Yield and Nitrogen Use Efficiency of Sorghum (*Sorghum bicolor*, (L.) Moench.). *Plants-Basel*, 2022,11(13):1724

代表性知识产权

- CN202310166108.7, 一种荞麦抗逆抗倒伏增产调节剂及其制备方法和应用
- CN202211557026.7, 一种用于青稞的调节剂及其制备方法和应用
- CN202210121980.5, 一种谷子抗逆抗倒伏调节剂的制备及其应用
- CN202210095120.9, 一种高粱抗逆抗倒伏调节剂的制备及其应用

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
- 胡娅晴 郭丽娜 张微 罗艺 王亚菲
- 陈迪芬 杨璐瑶 孟凡琦

重要支撑平台

NATIONAL CROP GENE BANK

国家作物种质库

国家作物种质库集低温种子库、试管苗库、超低温库和 DNA 库于一体，是世界上最大的国家级作物种质库。长期保存共计 343 种作物、46.4 万份种质资源，保存总量位居世界第二，为我国农业科技原始创新提供不竭源泉。承担全国农作物种质资源收集、保存、鉴定、利用。2022 年主要进展如下：

1. 完成国家农作物种质资源库新库建设并投入试运行。繁殖更新 10 种作物 4954 份资源，为供种分发提供了物质保障，做到有种可供。
2. 收集引进：收集引进 10 种作物 2861 份资源（国内收集 2197 份、国外引进 664 份），丰富了库存资源多样性。
3. 入库保存：长期库新增资源 6913 份，保存总量 343 种作物 46.4 万份；中期库新增资源 1369 份，保存总量 110 种作物 27.1 万份；标准样品库新增样品 1.1 万份，累计安全保存 10.8 万份。
4. 共享分发：中期库向 165 个单位提供资源 8.2 万份次，用于支撑新品种培育、科学研究、科普教学等；标准样品库提供 1.7 万份次样品，用于品种测试、司法鉴定、市场执法等。
5. 鉴定评价：完成 3408 份资源基本农艺性状鉴定，精准鉴定 1578 份，从中筛选、挖掘出目标性状突出的优异种质 154 份。
6. 有效利用：共享分发的种质资源被生产利用 1089 份次、支持观光农业 159 份次、环境治理 400 份次、科普展示 445 份次，服务于产业体系 8 个、课题 130 个，支撑品种培育 11 个，形成专利 3 项，发表论文 33 篇。
7. 种质库建设和资源保存技术规范推广应用，引领行业发展。制定农业行业标准《农作物种质资源库建设规范 低温种质库》（NY/T 4152-2022），技术咨询、现场指导北京林业大学、江西省农科院等种质库圃建设 10 余个。
8. 成果产出：发表论文 184 篇，其中 SCI 论文 113 篇，包括 Nature Genetics、Molecular Plant、Science Bulletin、Nature Communications、Nature Plants、Plant Biotechnology Journal、Plant Cell 等高影响力论文 13 篇；取得植物新品种权 8 项，审定品种 2 个，获国家发明专利授权 15 项，出版行业标准 2 项，专著 2 部。
9. 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 83 批 1042 人次。被 CCTV-2《种子 种子》纪录片、CCTV-17 [中国三农报道]《种业振兴 农安天下 国家农作物种质库》和《三农绿厅 走进国家农作物种质资源库》纪录片、光明网《种子方舟：国家农作物种质资源库》等媒体平台报道 68 次。1 人荣获第八届中国农业科学院“十佳青年”称号。



低温种子库内景



试管苗库内景



超低温库内景



DNA 库内景



参观接待

Center of the National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程中心

重大平台中心立足于学科发展和科技创新需求，发挥重大科学技术及设施优势，坚持开放共享，努力打造服务全国、国际一流的开放共享的大型设施平台 2022 年，平台累计为 35 家科企院校提供技术服务 42 万份次，培训 700 余人次。支撑在 The Plant Cell、Molecular Plant、PNAS 等刊物发表论文多篇。

1. 加强技术创新，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。

2. 建成了动物细胞培养间，开发蛋白质表达纯化技术，实现基因编辑系统体外组装和编辑效率检测。

3. 开发了植物激素检测、生物碱检测、类胡萝卜素检测、花青素检测、挥发性代谢物检测、糖类检测、萜类物质检测等方法。

4. 开展了 DNA/RNA 提取、文库构建、基因组测序、转录组测序、基因编辑位点检测、基因芯片、SNP 检测、基因编辑脱靶效应分析等基因组学技术开发与服务。

创新合作机制，建立所-企联合实验室。与擎科生物开展深度合作，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。

5. 加强信息化建设。升级了科技资源开放共享平台，注册用户达 1700 余人，为大型仪器开放共享提供保障并入选 2022 年度中国农业科学院科研信息化典型案例，被编入《中国农业科学院科研信息化发展报告 2022》(白皮书)；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。

6. 开展技术培训。举办技术培训 20 次，培训 700 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。



电镜技术交流

平台主要成员

刘君 研究员 张丽娜 副研究员
孙莹璐 助理研究员 杨佳莹
王藩 助理研究员

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

农业农村部谷物品质监督检验测试中心/农业农村部谷物产品质量安全风险评估实验室(北京)/农业农村部农产品品质评价与营养健康重点实验室

中心主要承担全国小麦、玉米、大豆、谷子等粮油产品新品种审定、普查、监测与评估工作。具有经国家认监委及农业农村部批准的“检验检测机构资质认定证书”、“农产品质量安全检测机构考核合格证书”、“审查认可证书”，已连续7次顺利通过国家计量认证(CMA)和农业农村部机构考核(CATL)复评审。检测范围涵盖农产品营养品质、加工品质、食品添加剂、农药残留、真菌毒素、矿质元素、种子检验、转基因检验、土壤环境检验等。

2022 工作进展

1. 获批“两个平台”，顺利通过能力验证考核，圆满完成年度检测工作。获批了“农业农村部农产品品质评价与营养健康重点实验室”、“第三次全国土壤普查第三批检测实验室”。中心参加农业农村部相关部门组织的农产品中重金属、土壤中重金属、蔬菜中农药残留等3次能力验证并顺利通过了考核。2022年累计收到全国31个省市562个单位的小麦、玉米、水稻、大豆、高粱、荞麦、谷子等27个作物种类，样品总数11239份，检验结果准确率100%，客户满意率99%。
2. 承担并高质量完成国家小麦、玉米、大豆等作物新品种审定品质分析鉴评，筛选了优质品种，对我国小麦、玉米和大豆的新品种选育提供了重要依据。分析了河北、江苏、安徽、山东、河南等10省(区)208个品种共433份小麦样品品质，完成了年度质量总结报告和优质专用品质推荐。
3. 承担并完成了全国种植业产品质量安全专项监测、农产品产地环境监测等项目，为国家农产品质量安全监管提供了重要支撑。完成了江苏省256个蔬菜、水果、食用菌和茶叶的抽样，以及68项农药残留检测任务，形成专项监测报告4份；完成了山东、湖南、湖北、重庆、西藏等3021个农产品和土壤样品中理化指标和重金属检测，提交数据20000多条。

重要论著

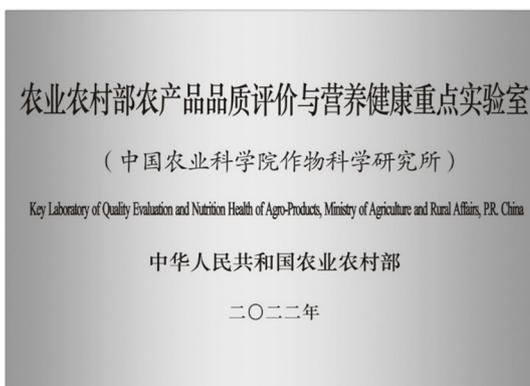
- Zhao H, Wu L, Zhu S, Sun H, Xu C, Fu J, Ning T. Sensitivities of Physical and Chemical Attributes of Soil Quality to Different Tillage Management. *Agronomy*. 2022; 12(5):1153.
- Zhu, Y., Dun, B., Shi, Z., Wang, Y., Wu, L., Yao, Y. (2022). Structural characterization and bioactivity evaluation of water-extractable polysaccharides from chickpeas (*Cicer arietinum* L.) seeds. *Frontiers in nutrition*, 9, 946736.
- Liu, Y. L., Zheng, L., Jin, L. G., Liu, Y. X., Kong, Y. N., Wang, Y. X., Yu, T. F., Chen, J., Zhou, Y. B., Chen, M., Wang, F. Z., Ma, Y. Z., Xu, Z. S., Lan, J. H. (2022). Genome-Wide Analysis of the Soybean TIFY Family and Identification of *GmTIFY10e* and *GmTIFY10g* Response to Salt Stress. *Frontiers in plant science*, 13, 845314.
- Guo, P., Jin, L., Cui, W., Yang, Y., Cheng, Y., Wang, D., Pan, Y., Jin, J. (2022) Proteomics analysis of pyrene biodegradation using strain *Mycobacterium* sp. 16F, 34:1, 236-245.
- Zhang H, Li J, Wu L, Li W, Sun L, et al. (2022) Development of Certified Reference Materials for the visual inspection of unsound wheat kernels. *SM Anal Bioanal Technique* 5: 6.
- Zhang H, Li J, Wu L, Li W, Sun L, et al. (2022) Development of a Certified Reference Material for visual inspection of unsound maize kernels. *CHINA STANDARDIZATION*. 62-68.
- 孙丽娟, 胡学旭, 张妍, 等. 不同粒径分布对全籽粒玉米粉糊化特性的影响 [J]. 中国粮油学报, 2022, 37(5):32-38. DOI:10.3969/j.issn.1003-0174.2022.05.006.
- 《农产品加工适宜性评价技术与风险监控》. 北京: 科学出版社, 2022.

代表性知识产权

- ZL 2019 1 1390429.5, 玉米不完善粒标准样品及其制备方法
- ZL 2019 1 1390397.9, 小麦不完善粒标准样品及其制备方法

平台主要成员

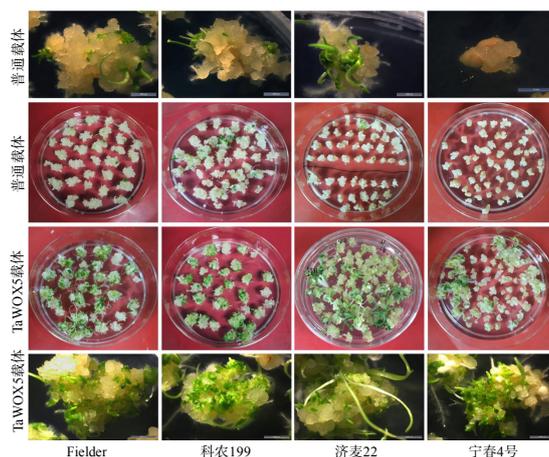
付金东 研究员 李为喜 副研究员 金龙国 副研究员
吴丽 副研究员 刘丽 副研究员 李静梅 高级工程师
胡学旭 高级实验师 孙丽娟 高级农艺师 陆伟 高级技师
张妍 助理研究员 杜文明 助理研究员 张慧杰 助理研究员
博士后: 赵红香
研究生: 李颖 白金萍
电话: 010-82108625
Email: guwuzhongxin@caas.cn
网页: <https://ics.caas.cn/kypt/gjbmzjzx/95987.htm>



2022年，植物转基因技术研究中心依据研究所对中心的功能定位，继续发挥转基因支撑平台的作用，在水稻、小麦、玉米、大豆主粮作物，谷子、高粱、稷子等杂粮作物，以及羊草等牧草作物的遗传转化上，进一步优化现有或开发新的转化方法，提高了转化效率，降低了转化成本。在此基础上，为所内、所外研究团队提供了大量的转化服务，累计转化载体一千个以上。另外，在基因功能解析、材料创制等方面也取得了一系列进展，共发表论文10篇，获国家发明专利1项。

2022年转基因中心最重要的进展，是发现小麦TaWOX5基因与目标基因共转化，能显著促进小麦胚性愈伤组织发生和植株再生，从而大幅提高了几乎所有小麦品种的转化效率。在利用TaWOX5基因的转化体系中，Fielder等易转化小麦品种的转化效率达75-96%，济麦22等难转化小麦品种的转化效率达17-82%，基本解决了小麦遗传转化中基因型限制问题。同时，利用TaWOX5基因还提高了大麦和玉米的转化效率，并依托该基因建立了栽培一粒小麦、黑麦和六倍体小黑麦的遗传转化体系。另外，TaWOX5基因不影响愈伤组织分化和再生植株根系生长，不需要从愈伤组织基因组中剔除，为利用再生相关基因提高植物转化效率提供了极大便利，具有广泛应用前景。该技术获得了国家发明专利(ZL201710422896.6)，以及美国(US11447784B2)和澳大利亚的发明专利(2018280528)，相关结果2022年在Nature Plant上发表。

利用花色调控基因，实现了大豆转基因、基因编辑材料的轻筒可视化识别和快速筛选；通过SaCas9蛋白的密码子优化和重构，实现了大豆基因编辑靶点识别范围拓展。相关研究成果在《The Crop Journal》等期刊发表。



利用花色调控基因，实现了大豆转基因、基因编辑材料的轻筒可视化识别和快速筛选；通过SaCas9蛋白的密码子优化和重构，实现了大豆基因编辑靶点识别范围拓展。相关研究成果在《The Crop Journal》等期刊发表。

重要论著

- Wang K, Shi L, Liang X, Zhao P, Wang W, Liu J, Chang Y, Hiei Y, Yanagihara C, Du L, Ishida Y, Ye XG. The gene TaWOX5 overcomes genotype dependency in wheat genetic transformation. *Nat Plant*, 2022, 8: 110-117.
- Hu JX, Yu Mei, Chang YN, Tang HL, Wang WX, Du LP, Wang K, Yan YM, Ye XG. Functional analysis of TaPDI genes on storage protein accumulation by CRISPR/Cas9 edited wheat mutants. *Int J Biol Macromol*, 2022, 196: 131-143.
- Qiu YL, Chen HQ, Zhang SX, Wang J, Du LP, Wang K, Ye XG. Development of a wheat material with improved bread-making quality by overexpressing HMW-GS 1Sx2.3 from *Aegilops longissima*. *Crop J*, 2022, 10(6): 1717-1726.
- Tang HL, Zhang SX, Yu M, Wang K, Yu Y, Qiu YL, Chang YN, Lin ZS, Du LP, Fu DL, Li ZC, Ye XG. Effects of TaMTL-edited mutations on grain phenotype and storage component composition in wheat. *Agriculture*. 2022, 12: 587.
- Ma XL, Chang YN, Cheng JN, Yu M, Wang BC, Ye XG, Lin ZS. Development of wheat-Dasypyrum villosum T6V4S•6AL translocation lines with enhanced inheritance for powdery mildew resistance. *Theor Appl Genet*, 2022, 135: 2423-2435
- Zhang Y, Cai YP, Sun Shi, Han TF, Chen L, Hou WS. Using *Staphylococcus aureus* Cas9 to expand the scope of potential gene targets for genome editing in soybean. *International Journal of Molecular Science*; 2022, 23:12789.
- Chen L, Yuan S, Cai YP, Yao WW, Su Q, Chen YY, Zhang JL, Hou WS. See the color, see the seed: GmW1 as a visual reporter for transgene and genome editing in soybean. *The Crop Journal*; 2022, online.
- Su Q, Chen L, Cai YP, Chen YY, Yuan S, Li M, Zhang JL, Sun S, Han TF, Hou WS. Functional redundancy of FLOWERING LOCUS T 3b in soybean flowering time regulation. *International Journal of Molecular Science*; 2022, 23:2497.
- Liu LF, Gao L, Zhang LX, Cai YP, Song WW, Chen L, Yuan S, Wu TT, Jiang BJ, Sun S, Wu CX, Hou WS, Han TF. Co-silencing E1 and its homologs in an extremely late-maturing soybean cultivar confers super-early maturity and adaptation to high-latitude short-season regions. *Journal of Integrative Agriculture*; 2022, 21: 326-335.
- Fan KJ, Fu QH, Wei QH, Jia SN, Zhao AQ, Wang TT, Cao J, Liu Y, Ren ZI, Liu YI. ZmnMAT1, a nuclear-encoded type I maturase, is required for the splicing of mitochondrial Nad1 intron 1 and Nad4 intron 2. *Front Plant Sci*, 2022, 13: 1033869.

代表性知识产权

ZL202110401503.X 一种抗虫转基因玉米 AM63 插入位点的外源插入片段的旁侧序列及其应用

实验室主要成员

吴传银 研究员 侯文胜 研究员 叶兴国 研究员 刘允军 副研究员 王轲 副研究员 杜丽璞 高级实验师
陈莉 副研究员 隋毅 副研究员 张皓珊 助理研究员 蔡宇鹏 助理研究员

博士后人员

阴涛 张晓慧

研究生

唐华丽 邱玉亮 常亚南 臧一鸣 于美 王婉馨 黄佩佩 张佳慧 韩志阳 李溪 王素容 张佳玲 刘小倩 陈莹莹 付庆慧 魏倩涵 赵安琪
苗蓉 李亚丽 李可

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

平台或项目名称	平台类别	认证或批复时间（年）
国家国际科技合作基地	基地	2008
中国——乌拉圭大豆研究与创新“一带一路”联合实验室	“一带一路”联合实验室	2021
中法小麦基因组学与育种联合国际实验室	联合实验室	2019
农业农村部-国际玉米小麦改良中心玉米小麦（CIMMYT）联合实验室	联合实验室	2019
中泰食用豆类联合研究实验室	联合实验室	2018
国际原子能机构育种技术协作中心	联合研究中心	2019
农业生物多样性研究中心	联合研究中心	2005
中澳小麦改良联合中心	联合研究中心	2013
中美小麦品质与病害联合研究中心	联合研究中心	2005
中俄大豆联合研究中心	联合研究中心	2022
国家原子能机构核技术(辐射育种)研发中心	联合研究中心	2020
植物突变育种协作网	协作网	2019
亚太植物突变研究协作网	协作网	2015

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
沽源基地	河北省张家口市沽源县平定堡镇
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	海南省三亚市亚洲区南滨农场

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

平台或项目名称	平台类别	认证或批复时间（年）
国家国际科技合作基地	基地	2008
中国——乌拉圭大豆研究与创新“一带一路”联合实验室	“一带一路”联合实验室	2021
中法小麦基因组学与育种联合国际实验室	联合实验室	2019
农业农村部-国际玉米小麦改良中心玉米小麦（CIMMYT）联合实验室	联合实验室	2019
中泰食用豆类联合研究实验室	联合实验室	2018
国际原子能机构育种技术协作中心	联合研究中心	2019
农业生物多样性研究中心	联合研究中心	2005
中澳小麦改良联合中心	联合研究中心	2013
中美小麦品质与病害联合研究中心	联合研究中心	2005
中俄大豆联合研究中心	联合研究中心	2022
国家原子能机构核技术(辐射育种)研发中心	联合研究中心	2020
植物突变育种协作网	协作网	2019
亚太植物突变研究协作网	协作网	2015

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
沽源基地	河北省张家口市沽源县平定堡镇
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	海南省三亚市亚洲区南滨农场



(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