



中国农业科学院作物科学研究所

Institute of Crop Sciences,  
Chinese Academy of Agricultural Sciences

**2018 年报**

Annual Report 2018

# 所长致辞

2018年，春华秋实，征途如虹，2019年，扬帆起航，追梦不止。

过去一年，在习近平总书记贺信精神指引下，在院党组及各级领导的关心和领导下，作科所始终牢记“三个面向”、“两个一流”和“一个整体跃升”要求，面向国家粮食安全重大需求和乡村振兴、扶贫攻坚部署，不忘初心，牢记使命，开拓创新，砥砺奋进。坚持实施农业科技创新工程，推进绩效评价改革试点，强化科技创新，深化改革与发展，完善规章制度体系，提升支撑保障能力，各项工作取得可喜成绩，迈上了新台阶。

春种一粒粟，秋收万颗子。

2018年，在作科所全体工作人员的努力下，创新能力稳步提升，科研产出不断丰硕，形成了一批高水平、有重大影响的创新成果，为农业发展、国家重大需求和农业科技进步做出了新贡献，在全院研究所评价中综合实力连续七年排名第一。

在面向作物科技前沿方面，开展了基因资源和新基因发掘的理论基础与技术创新、作物重要性状形成的分子基础及功能途径、作物品种分子设计的理论基础与技术体系等研究工作。系统解析了水稻驯化起源历史 (*Nature*)，阐明了水稻籼粳杂交不育机理，发现水稻自私基因系统控制水稻杂种不育并影响稻种基因组分化 (*Science*)，探明了DNA甲基化参与小麦抗病应答 (*New Phytologist*)；克隆了水稻穗顶退化基因 *OsALMT7* (*Plant Cell*)，水稻糊粉层厚度和营养累积调控基因 *TA2* (*PNAS*)，水稻株高调控基因 *STD1*，玉米籽粒发育基因 *Urb2* 和抗倒伏基因 *LAC3/5*；突破关键技术，开展新材料创制和新品种选育研究，创建了禾谷类作物单倍体诱导技术，提出利用BR信号转导调控水稻籽粒发育的策略，提出FT调控大豆开花时间的“跷跷板”模型。

在面向国家重大需求方面，开展了种质资源精准鉴定、基因编辑、抗赤霉病小麦、机收玉米、优质高蛋白大豆、优质绿色超级稻等研究工作。共收集农作物种质资源1.2万份，新入库保存种质资源9,301份，使我国长期保存数量突破50万份；利用CRISPR/LbCpf1进行多基因编辑和等位基因替换实现水稻单基因和多基因编辑；育种技术不断提升，品种选育能力显著增强，以第一单位通过审认定农作物新品种39个，其中国审品种12个，获得植物新品种权46项；中单系列玉米品种、中黄系列大豆品种，中麦系列小麦品种年推广面积进一步扩大，年推广面积3,126万亩；其中中黄13累计推广面积超过一亿亩，是改革开放40周年以来推广面积最大的大豆品种。

在面向现代农业主战场方面，创建小麦、玉米、大豆、杂粮等作物优质绿色高效生产技术模式。创新玉米收获技术、“籽粒低破碎机械化收获”入选2018年农业农村部十项重大引领性农业技术；创建了稻田耕作培肥技术模式，发现可通过提高作物收获指数降低稻田甲烷排放；小麦、玉米、大豆绿色增产增效技术得到广泛推广，实现亩增产10%以上、减施化肥和农药15%以上，推进农业高质量发展成效显著。

一年来，作科所获国家科技发明二等奖1项，国家科技进步二等奖1项，院杰出科技创新奖1项；以合作单位获得省部级一等奖7项，二等奖4项，三等奖4项；以第一作者发表论文408篇，其中SCI收录239篇；出



版科技著作 19 部，获授权专利 78 项，其中外国发明专利 4 项，软件著作权 17 个，行业标准 12 项。

一年来，作科所通过体制机制创新，加快创新人才高地建设，顶层设计创新人才“五个台阶”计划。遴选产生 19 名中青年骨干人才，7 名所级青年后备人才；“大豆优异基因资源发掘与创新利用团队”入选国家“万人计划”重点领域创新团队，李文学和刘斌入选第三批“万人计划”科技创新领军人才，童红宁入选科技部创新人才推进计划的中青年科技创新领军人才；林启冰获得第十五届中国青年科技奖；新增院“农科英才”5 人。

一年来，作科所通过试验基地和平台设施建设，完善了科技创新体系，提升了科技创新条件能力。其中，新国家作物种质库建设项目完成了主要审批手续和施工前期工作、农业部麦类生物学与遗传育种综合性重点实验室、农业部大豆生物学区域重点实验室建设工作取得实质性进展，河北廊坊、昌平马池口、河南新乡、海南三亚、山东山亭、山东东营、甘肃定西等试验基地平台体系建设顺利推进。

一年来，作科所围绕“红旗党支部”与创新文化建设等工作，努力构建党建工作新格局。作科所被评为“2016—2018 年度农业农村部文明单位”，连续 7 次被评为院文明单位；刘春明荣获中华全国归国华侨联合会第七届侨界贡献奖一等奖。全所各支部召开“三会一课”活动 300 多次；科研支部对接地方科研院所 12 个，为甘肃旱区和山东革命老区的脱贫攻坚提供了科技支撑；何中虎团队为陇东旱塬 23 个县区捐赠 7 万斤“中麦 175”种子，为乡村振兴提供了品种和技术支持；分子二支部和学会支部共同开展了“助力定西乡村振兴”党建特色活动，支部党员资助了定西 30 名品学兼优贫困生；郑军获农业农村部优秀党务工作者，黄长玲获院优秀共产党员。

2019 年，是新中国成立 70 周年，是决胜全面建成小康社会第一个百年奋斗目标的关键一年。作科所将聚焦“三个面向”，构建更加合理的作物学科体系，打造有国际竞争力的创新团队，扎实推进乡村振兴战略，服务国家农业产业发展，为支撑国家粮食安全做出新的贡献。

在此，谨向长期关心、支持和帮助作科所改革与发展的各级领导和社会各界朋友们表示诚挚感谢和美好祝愿！祝作科所 2019 年在科技创新、产业服务和扶贫攻坚等工作中取得更大成就。



作科所所长 刘春明 研究员

组织机构 .....	5
重要数据 .....	6
荣誉奖励 .....	8
大事记 .....	10
创新团队 .....	14
组织结构 .....	14
研究进展 .....	16
创新研究组 .....	18
作物种质资源中心 .....	18
作物种质资源保存创新研究组 .....	18
种质信息与大数据创新研究组 .....	19
种质资源品质评价创新研究组 .....	20
种质资源抗逆性评价创新研究组 .....	21
种质资源抗病虫害评价创新研究组 .....	22
小麦种质资源创新研究组 .....	23
大麦基因资源创新研究组 .....	24
小宗作物种质资源创新研究组 .....	25
玉米种质资源创新研究组 .....	26
大豆基因资源创新研究组 .....	27
野生稻保护与利用创新研究组 .....	28
水稻种质资源创新研究组 .....	29
谷子基因资源创新研究组 .....	30
荞麦基因资源创新研究组 .....	31
食用豆类种质资源创新研究组 .....	32
作物基因与分子设计中心 .....	33
水稻功能基因组学创新研究组 .....	33
水稻株型基因解析创新研究组 .....	34
小麦基因资源与种质创新研究组 .....	35
小麦株型基因解析创新研究组 .....	36

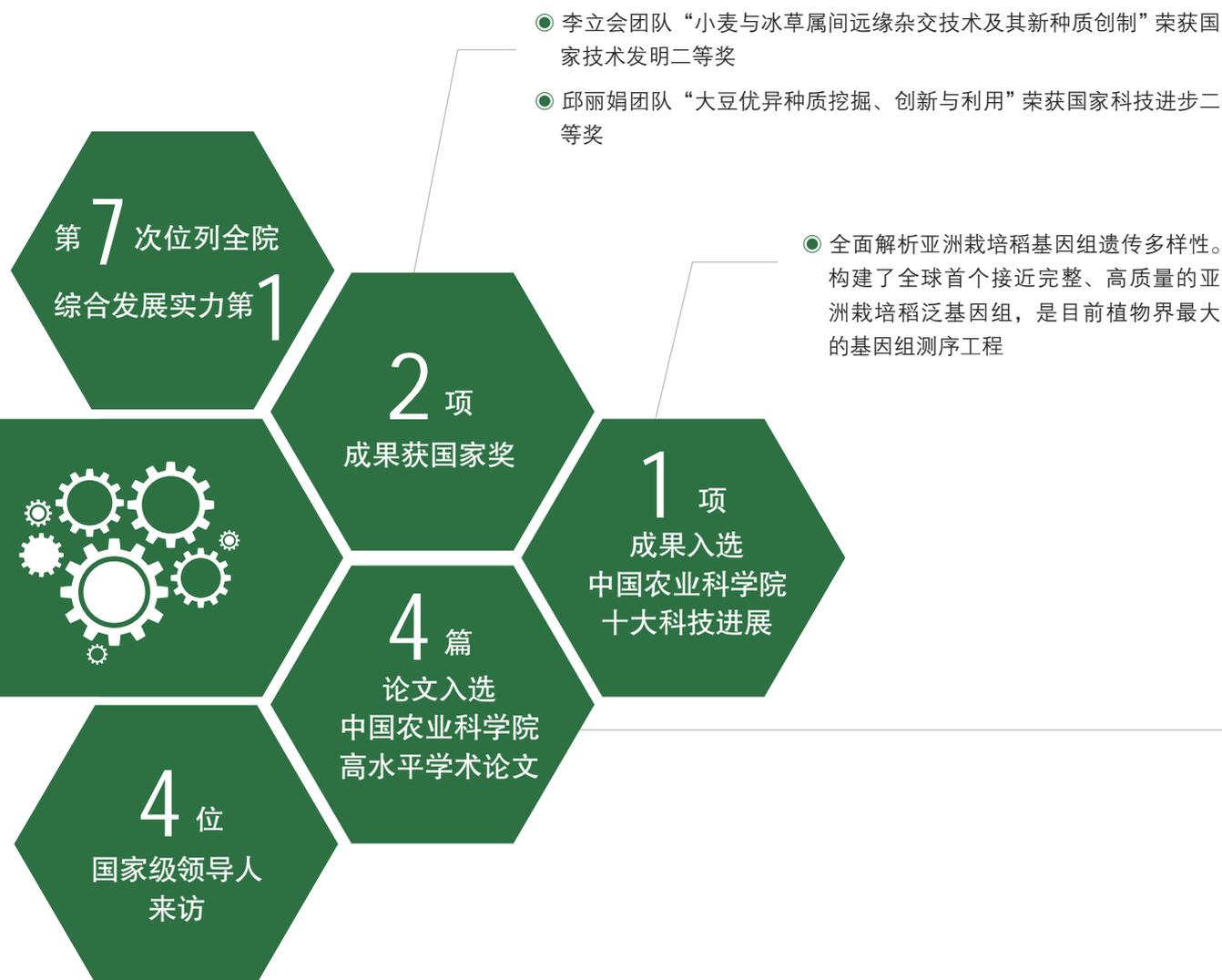
小麦抗逆分子育种创新研究组 .....	37
基因编辑与新材料创制创新研究组 .....	38
玉米分子遗传改良创新研究组 .....	39
大豆花期调控创新研究组 .....	40
小麦生物信息学创新研究组 .....	41
水稻分子育种创新研究组 .....	42
水稻籽粒发育调控创新研究组 .....	43
小麦复杂基因组解析创新研究组 .....	44
大豆光信号转导创新研究组 .....	45
水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组 .....	46
作物数量遗传创新研究组 .....	47
<b>作物遗传育种中心 .....</b>	<b>48</b>
小麦品质育种创新研究组 .....	48
小麦诱变育种创新研究组 .....	49
小麦高产广适育种创新研究组 .....	50
小麦抗逆育种创新研究组 .....	51
玉米优质抗逆育种创新研究组 .....	52
玉米高产育种创新研究组 .....	53
玉米分子育种创新研究组 .....	54
玉米基因编辑育种创新研究组 .....	55
特色作物育种创新研究组 .....	56
大豆分子育种创新研究组 .....	57
大豆高产优质育种创新研究组 .....	58
大豆栽培创新研究组 .....	59
水稻种子发育与品质改良创新研究组 .....	60
谷物质量安全与风险评估创新研究组 .....	61
<b>作物栽培与耕作中心 .....</b>	<b>62</b>
精准栽培与管理创新研究组 .....	62
小麦栽培创新研究组 .....	63
玉米栽培创新研究组 .....	64
作物耕作与生态创新研究组 .....	65
作物光合生理调控创新研究组 .....	66
作物化学调控创新研究组 .....	67
<b>附 录 .....</b>	<b>68</b>
2018 年新增重要项目 .....	68
2018 年发表重要论文 .....	69



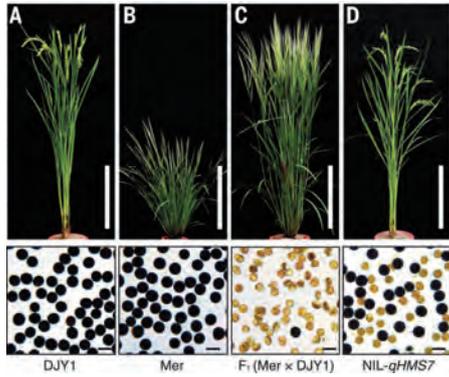
# 组织机构



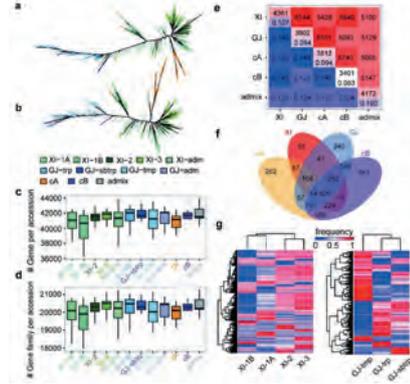
# 重要数据



- 以第一作者发表论文 408 篇，其中 SCI 收录 239 篇；出版科技著作 19 部，获授权专利 78 项，其中外国发明专利 4 项，软件著作权 17 个，行业标准 12 项
- 共收集农作物种质资源 1.2 万份，新入库保存种质资源 9,301 份，使我国长期保存数量突破 50 万份
- 以第一单位通过审认定农作物新品种 39 个，其中中国审品种 12 个，获得植物新品种权 46 项；中单系列玉米品种、中黄系列大豆品种，中麦系列小麦品种年推广面积 3,126 万亩；中黄 13 累计推广面积超过 1 亿亩

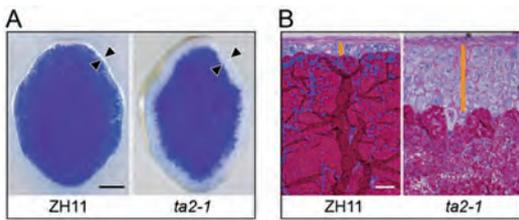


● 万建民团队发现一种自私遗传元件使水稻具有非孟德尔遗传现象 ( Yu et al., *Science*, 2018 )

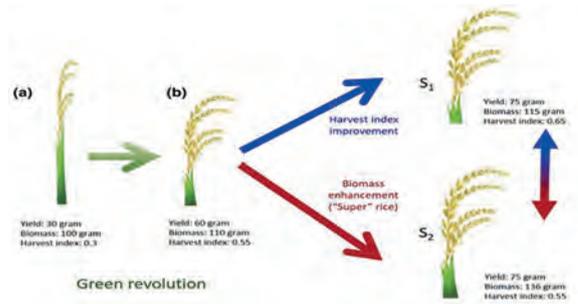


● 黎志康团队对 3010 份亚洲栽培稻基因组变异开展了系统研究 ( Wang et al., *Nature*, 2018 )

1 2  
3 4

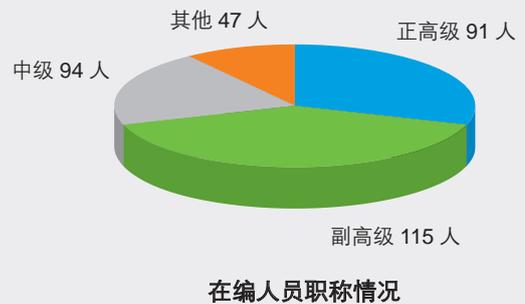
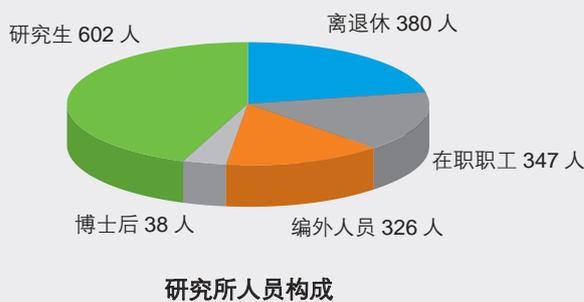


● 刘春明团队发现水稻 DNA 脱甲基酶突变导致糊粉层增厚并可提高营养价值 ( Liu et al., *PNAS*, 2018 )

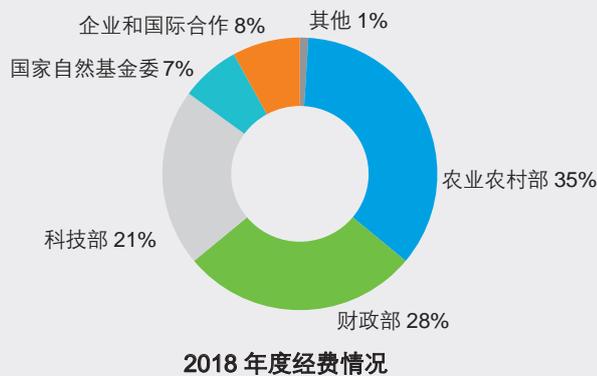


● 张卫建团队发现提高收成指数以减少稻田甲烷排放的潜力有限 ( Jiang et al., *Global Change Biology*, 2018 )

● 截至 2018 年底，作科所在编人员有 347 人，其中科研岗位 288 人，占在职职工 82%



● 2018 年，经费总量 3.16 亿元



# 荣誉奖励

## 2018 年国家技术发明二等奖

“小麦与冰草属间远缘杂交技术及其新种质创制”项目，由李立会研究员主持完成。



## 2018 年国家科技进步二等奖

“大豆优异种质挖掘、创新与利用”项目，由邱丽娟研究员主持完成。



## 中国农业科学院杰出科技创新奖

“高产优质广适玉米品种中单 808 选育与应用”项目，由黄长玲研究员主持完成。





中华全国归国华侨联合会  
第七届侨界贡献奖一等奖

刘春明 研究员



第十五届中国青年科技奖

林启冰 副研究员



“创新人才推进计划”  
中青年科技创新领军人才

童红宁 研究员



第三批国家“万人计划”科技创新领军人才

李文学 研究员



刘斌 研究员



第三批国家“万人计划”  
青年拔尖人才

贾冠清 研究员



## ● 5月15日

朝鲜劳动党中央政治局委员、中央副委员长朴泰成率领朝鲜劳动党友好参观团参观了我所，朴泰成表示，要继续巩固朝中传统友谊，加强朝中两国农业领域合作，共同促进粮食安全和农业可持续发展。中共中央外联部副部长王亚军，农业农村部党组成员、中国农科院院长唐华俊，副院长吴孔明陪同参观。所长刘春明介绍了我所相关情况。



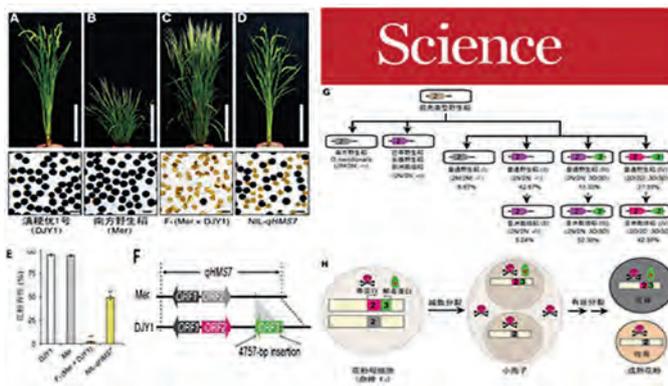
## ● 5月26日

习近平总书记致中国农业科学院建院60周年贺信发表一周年之际，中共中央政治局委员、国务院副总理胡春华到中国农科院调研农业科技工作期间，胡春华先后来到我所国家作物种质库和重大科学工程楼，了解农作物种质资源安全保存与有效利用情况、现代作物育种技术研发与应用进展。所长刘春明汇报了国家作物种质库情况。



## ● 6月8日

中国农科院副院长、我所水稻功能基因组学创新研究组万建民院士领衔的科研团队在 *Science* 上发表了题为 *A selfish genetic element confers non-Mendelian inheritance in rice* 的研究论文。研究系统解析了水稻粳稻与籼稻杂种不育问题及遗传特性，发现自私基因系统控制水稻杂种不育，并影响稻种基因组的分化。该研究有望解决水稻杂种不育难题。新华网、人民日报等11家主流媒体报道了此项研究。



## ● 6月8日

吉尔吉斯斯坦总统热恩别科夫在中国驻吉大使肖清华陪同下率团访问中国农科院。外宾详细了解了我所小麦、玉米、大豆和水稻新品种，参观了重大工程开放实验室。农业农村部副部长屈冬玉、中国农科院院长唐华俊、副院长吴孔明等领导在我所科技展厅接见了热恩别科夫总统一行。所长刘春明介绍了我所的相关情况。



## 6月15日

在人民大会堂举行的中国侨联第七届新侨创新创业成果交流大会上，农业部侨联副主席、我所所长刘春明荣获“中国侨界贡献奖”一等奖。全国人大副委员长白玛赤林，全国政协副主席、民盟中央常务副主席陈晓光，中国侨联党组书记、主席万立骏等为获奖者颁奖。这是中国农科院首次获此殊荣。



## 6月26日

科睿唯安 (Clarivate Analytics) 发布了一年一度的期刊引证报告 (Journal Citation Reports)。我所主办的学术期刊 *The Crop Journal* 迎来了第一个影响因子: 2.658。在 87 种农学期刊中排名第 14，在 222 种植物科学期刊中排名第 54，均位于 Q1 位置。



## 8月21日

马来西亚总理马哈蒂尔在驻马来西亚大使白天陪同下率团访问并参观了我所，受中国农科院院长唐华俊委托，所长刘春明代表中国农科院向马哈蒂尔总理一行系统介绍了中国农科院的科研与国际合作情况。双方表示，在新的“一带一路”倡议背景下，中国农科院将和马来西亚开拓更深层次、更宽领域的合作。



## 8月28日

我所召开科技创新工程 5 年考核与全面推进中期评估会。考核专家组听取了创新团队的工作汇报，根据绩效考核指标体系对团队的创新方向、重点任务、创新水平等情况进行评判打分，从总体上对研究所的发展水平、创新能力、成果水平等做出综合评价并提出发展建议。我所 5 年考核总分为 96.98 分，排名全院第一；中期评估总分为 94.59 分，等级为优秀，排名第一。



## ● 9月15日

我所科普基地在全国科普活动启动之日首次对公众开放。丰富多彩的内容吸引了众多小朋友、中小學生、北京市民、甚至外国友人。此次活动既是为了响应全国科普日的号召，向社会公众无偿传递作物科技知识，也是拓展基地功能的一次尝试，让公众了解和理解农业科研工作。农民日报、北京电视台等媒体对活动进行了报道。



## ● 9月21日

“中黄13一亿亩收获暨国家大豆良种攻关黄淮海现场会”在安徽省宿州市召开，我所优质大豆品种中黄13迎接累计种植面积第一亿亩收获，国家大豆良种重大科研联合攻关效果显著。农业农村部副部长余欣荣，中国农科院党组书记张合成、副院长万建民院士，中国工程院盖钧镒院士等领导和专家出席会议。新华网、人民日报等7家主流媒体报道了此次活动。



## ● 12月12日

中国农业科学院原院长、党组书记、我所大豆专家王连铮同志，因病医治无效，在北京逝世，享年88岁。他先后从事小麦、马铃薯、大豆等作物育种研究，他主持选育的广适高产优质大豆新品种“中黄13”，连续9年位居全国大豆年种植面积首位，是近20年来唯一年种植面积超千万亩的大豆品种，累计推广面积超过1亿亩，2012年获国家科技进步一等奖；2012年荣获何梁何利基金科学与技术进步奖；2006年选育高产优质中黄35大豆新品种，连续4年创造亩产超400公斤的全国大豆高产纪录；他一生笔耕不辍，主编《大豆遗传育种学》和《现代中国大豆》，创办了《大豆科学》杂志，发表论文180余篇。王连铮同志遗体告别仪式于12月26日在八宝山革命公墓东礼堂举行。



# 创新团队 组织结构

科技创新工程 21 个创新团队

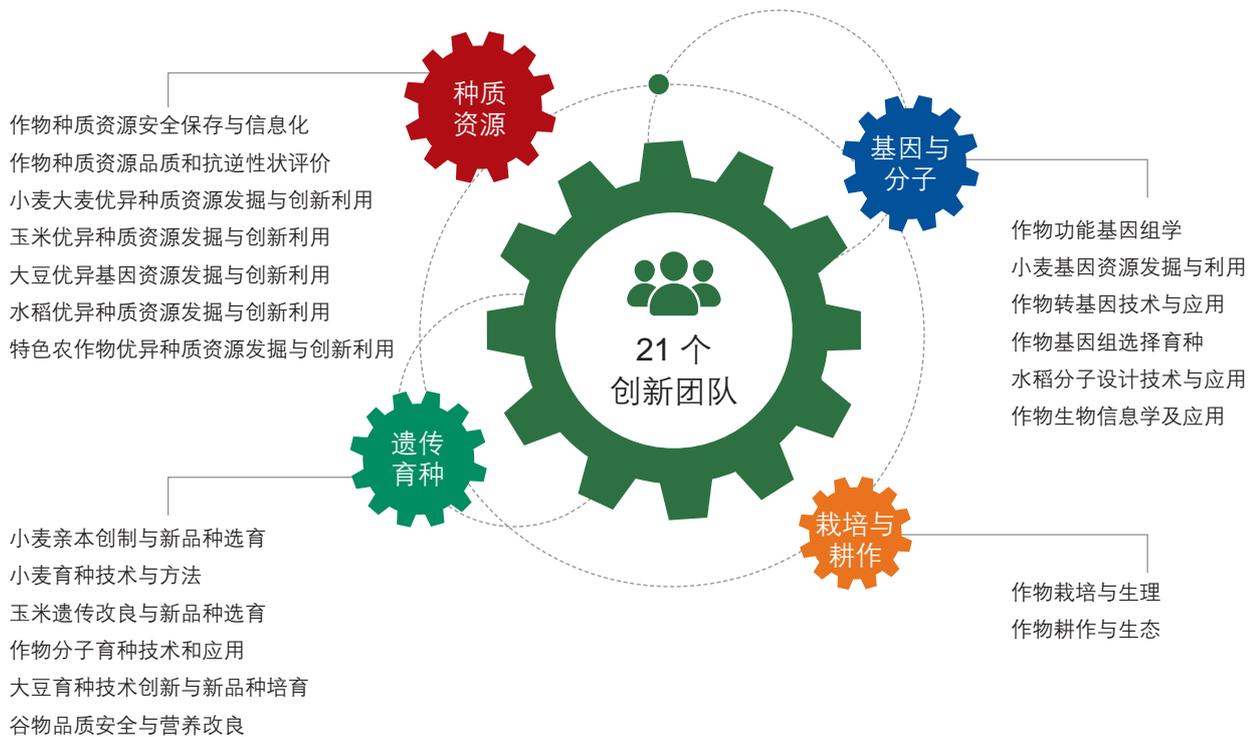
创新团队名称	首席专家	研究方向	团队组成	
			创新研究组名称	组 长
作物种质资源安全保存与信息化	卢新雄	收集国内外种质资源，研发安全保存技术，构建信息管理与共享服务平台	作物种质资源保存	卢新雄
			种质信息与大数据	曹永生
作物种质资源品质和抗逆性状评价	任贵兴	开展作物品质、耐盐碱、抗病等重要性状精准鉴定，发掘优异种质资源	种质资源品质评价	任贵兴
			种质资源抗逆性评价	张 辉
			种质资源抗病虫评价	朱振东
小麦大麦优异种质资源发掘与创新利用	李立会	开展小麦、大麦及其野生近缘植物种质资源的考查收集、精准鉴定、种质创新与分发利用研究	小麦种质资源	李立会
			大麦基因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

续表

创新团队名称	首席专家	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和设计技术, 开展绿色超级稻种质创新和新品种培育	水稻分子育种	徐建龙
			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
小麦亲本创制与新品种选育	何中虎	小麦品质育种技术与新品种培育	小麦品质育种	何中虎
小麦育种技术与方法	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
作物分子育种技术和应用	李文学	研发玉米、高粱等作物的分子育种技术并应用于重要农艺性状的遗传改良	玉米分子育种	李文学
			玉米基因编辑育种	谢传晓
			特色作物育种	李桂英
大豆育种技术创新与新品种培育	韩天富	开展光温适应性、品质和产量等重要性状遗传规律研究, 完善现代育种技术体系, 创制目标性状突出的育种新材料, 选育高产优质广适新品种	大豆分子育种	孙 石
			大豆高产优质育种	孙君明
			大豆栽培	吴存祥
谷物品质安全与营养改良	刘春明	研发谷物产品质量安全标准、检测与评价技术, 谷物产品中主要危害因子监测与累积性风险评估, 谷物营养、功能成分品质评价、营养品质改良和功能产品研发	水稻种子发育与品质改良	刘春明
			谷物质量安全与风险评估	王步军
作物栽培与生理	李少昆	研究作物产量形成生理生态机制与产量潜力突破、作物资源高效利用的生理生态机制, 作物现代高产高效绿色生产技术研究与示范	精准栽培与管理	李少昆
			小麦栽培	常旭虹
			玉米栽培	马 玮
作物耕作与生态	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

# 创新团队 研究进展

作科所以落实习近平总书记“三个面向”和“两个一流”要求为指导思想，围绕粮食安全等国家重大需求，瞄准世界作物科技高端，以种质资源研究为基础，以新基因发掘为核心，以新品种研发与应用为重点，致力于解析农作物基因资源发掘、重要性状形成、品种分子设计的理论基础等三大科学问题，突破规模化基因鉴定、高效育种和高产高效栽培等三大关键技术，以及构建种质资源评价与创新、新品种培育与耕作栽培等三大平台。围绕“作物种质资源、作物遗传育种、作物分子生物学、作物耕作与栽培”四大学科领域，依托 21 个创新团队，稳步开展科技创新工作。2018 年，圆满完成各项科技创新绩效目标与任务，成效显著。



作科所 21 个创新团队

## 一、面向世界作物科技前沿

利用遗传学和生物信息学手段，在小麦、玉米、水稻和大豆重要农艺性状基因克隆及功能解析方面取得了重要进展：作物功能基因组研究创新团队阐明了自私基因在维持植物基因组的稳定性和促进新物种的形成中的分子机制，探讨了其毒性-解毒分子机制在水稻杂种不育上的普遍性 (Yu et al., *Science*, 2018)；水稻分子设计技术与应用创新团队完成了 3000 份水稻核心种质资源的基因组变异分析，系统解析了水稻驯化起源历史 (Wang et al., *Nature*, 2018)；玉米分子育种技术和应用创新团队图位克隆籽粒发育基因 *Urb2* 并发现其影响核糖体前体加工过程 (Wang et al., *New Phytologist*, 2018)，揭示了 miR528 通过影响抗倒伏基因 *LAC3/5* 表达参与木质素合成进而影响秸秆强度 (Sun et al., *Molecular Plant*, 2018)，揭示了玉米中 miR399 对于玉米体内磷稳态平衡具有重要作用 (Du et al., *Plant Physiology*, 2018)；作物生物信息学及应用创新团队发现植物可能通过降低该基因的甲基化水平参与白粉菌防御反应，系统解析 DNA 甲基化参与植物免疫反应过程动态变化 (Geng et al., *New Phytologist*, 2018)；大豆育种技术创新与新品种选育创新团队发现光周期通过生育期主基因 *E1* 调控大豆 *FT* 开花基因家族不同成员的相对表达水平，提出了大豆 *FT* 开花基因家族调控大豆生长发育的跷跷板模型 (Liu et al., *New Phytologist*, 2018)；

作物基因资源发掘与利用创新团队证明在小麦中过表达 D1 基因会导致小麦株高的显著降低 ( Dong et al., *Plant Biotechnology Journal*, 2018 ); 作物功能基因组研究创新团队发现极度矮化突变体 *std1*, 揭示了类驱动蛋白通过影响细胞分裂调控叶片大小和株高 ( Fang et al., *Plant Journal*, 2018 )。

## 二、面向国家重大需求

**加强农作物种质资源保护、评价与创新:** 作物种质资源中心 4 个创新团队收集引进美国、中亚、中东、非洲和欧洲等重点国家小麦、大麦、燕麦、豌豆等特色种质资源, 调查收集浙江、江西、福建、陕西等重点地区种质资源, 共收集种质资源 4001 份, 新入库保存种质资源 23129 份, 其中入长期库 9301 份, 使我国长期保存数量突破 50 万份; 入国家标准样品库 13828 份。完成各类种质资源的抗病虫、抗逆、品质等相关性状鉴定评价 26815 份次; 供种分发 16067 份。完善了资源共享平台信息系统, 整理水稻、小麦、玉米、大豆等主要农作物可提供利用资源数据信息 3.2 万条记录, 完成了 250 多份联盟作物特色种质资源的收集和整理。

**完善主要农作物的分子育种方法体系:** 小麦育种技术与方法研究创新团队建立了适用于小麦种子、愈伤组织、花粉等不同样品类型、不同辐射处理要求的地面模拟辐射诱变育种技术平台; 作物基因资源发掘与利用创新团队建立的化学杂交剂 SC2011 使用技术规程已推广应用到 11 个杂交小麦研究单位; 玉米分子育种技术和应用创新团队创制了在玉米、小麦、水稻与大麦中通用的禾谷类作物单倍体诱导技术, 构建了胚特异表达绿色荧光蛋白和胚乳特异表达红色荧光蛋白的双荧光标记表达盒, 基本建成了大豆规模化转基因技术体系; 作物转基因技术与应用创新团队、玉米分子育种技术和应用创新团队、大豆育种技术创新与新品种选育创新团队基因编辑技术定向改良水稻、玉米、大豆取得成功, 获得纯和抗除草剂水稻和“无外源基因”的 GmFT2a 定点敲除大豆。

**创制育种新材料:** 作物种质资源创新与利用创新团队创制高产、抗病、抗逆小麦 - 冰草新种质 8 份; 作物基因挖掘与利用创新团队构建了 12 个抗赤霉病小麦回交群体; 作物种质资源保护与共享创新团队创制抗稻瘟病、优质、耐冷等特性的水稻远缘杂交材料 12 份, 创制具有抗稻瘟病、耐冷、活秆成熟等特性的水稻新种质 10 份; 作物种质资源鉴定与发掘利用创新团队筛选出玉米苗头组合 22 个; 杂粮等特色作物育种材料创制和新品种选育创新团队创制高葡聚糖 (>6%) 含量燕麦资源 2 份; 杂粮营养与功能创新团队创制出单株鲜重 10.97kg 的饲用藜麦新材料 1 份。

## 三、面向现代农业建设主战场

**继续强化作物新品种选育:** 小麦亲本创制与新品种选育创新团队选育的小麦新品种中麦 93, 小麦育种技术与方法研究创新团队选育的小麦新品种航麦 2566、轮选 13、轮选 16、轮选 66, 玉米遗传改良与材料创制创新团队选育的玉米新品种中单 882、中单 4374、中糯 330、敦玉 323, 大豆育种技术创新与新品种选育创新团队选育的大豆新品种中黄 78 以及作物功能基因组研究创新团队选育的水稻新品种京粳 3 号共 11 个农作物新品种通过国审, 省审新品种 26 个, 中单系列玉米品种、中黄系列大豆品种, 中麦系列小麦品种、中稻系列水稻品种推广面积进一步扩大, 年推广面积超过 3000 万亩。基于 KASP 技术检测小麦功能基因的成套引物及其应用, 一种用于诱导玉米孤雌生殖单倍体的高效标记与筛选方法, 大豆身份证的重要性状 SNP 标记组合筛选方法与应用等 59 项发明专利为作物科技创新提供了有力支撑。

**作物绿色发展技术取得新成效:** 作物栽培与生理创新团队创建的玉米籽粒机械化收获技术构建玉米品种籽粒脱水模型, 明确制约收获质量关键因素, 入选 2018 年农业农村部十项重大引领性农业技术。作物栽培与生理创新团队、作物耕作与生态创新团队和大豆育种技术创新与新品种选育创新团队牵头的绿色发展技术集成研究与示范实现亩增产 10% 以上、减施化肥和农药 15% 以上, 绿色增产增效系列技术模式得到了广泛推广。

# 创新研究组



## CROP GERMLASM PRESERVATION

### 作物种质资源保存创新研究组

卢新雄，研究员，硕士生导师。1999 年获中国农业科学院研究生院作物遗传育种硕士。现任国家作物种质库主任，中国农业科学院作物种质资源保护与共享创新团队首席。

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

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

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

#### 重要论著

Chen XL, Yin GK, Börner A, Xin X, He JJ, Nagel M, Liu X, Lu XX. 2018. Comparative physiology and proteomics of two wheat genotypes differing in seed storage tolerance, *Plant Physiology and Biochemistry*, 130: 455-463.

Huang B, Zhang JM, Chen XL, Xin X, Yin GK, He JJ, Lu XX, Zhou YC. 2018. Oxidative damage and antioxidative indicators in 48 h germinated rice embryos during the vitrification-cryopreservation procedure. *Plant Cell Reports*, 37: 1325-1342.

Fu SZ, Yin GK, Xin X, Wu SH, Wei XH, Lu XX. 2018. Levels of crotonaldehyde and 4-hydroxyl-(E)-2-nonenal and expression of genes encoding carbonyl-scavenging enzyme at the critical node during rice seed aging. *Rice Science*, 25(3): 152-160.

#### 代表性知识产权

ZL 201410273221.6, 菊芋离体茎尖超低温保存及再生培养方法

ZL 201510849640.4, 快速无损检测小麦种子生活力的方法

ZL 201510849232.9, 快速无损检测大豆种子生活力的方法

ZL 201510847974.8, 快速无损检测种子生活力的方法

2018SR949033, 非主要农作物品种登记样品接收保管管理系统 V11.2.103

#### 研究组成员

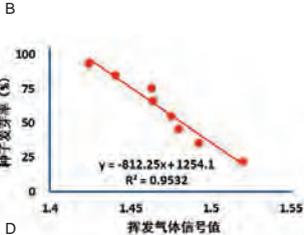
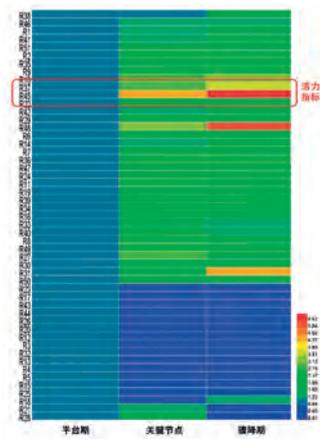
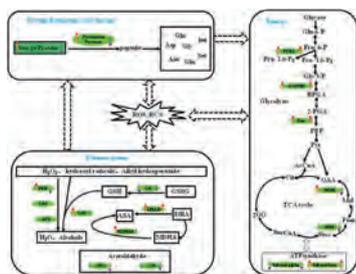
陈晓玲 研究员 辛霞 副研究员  
刘运霞 副研究员 张金梅 副研究员  
尹广鹏 助理研究员 李培 何娟娟  
王鸿凤 李鑫 王利国 严凯 任军  
陈四胜 张凯 黄雪琦

#### 研究生

黄斌 陈秀灵 徐凌翔 付深造 陈宝印  
林一欣 章泽森 李洋 李健健 李格

#### 亮点工作

2018 年共入库长期保存 32 种 (类) 作物 9301 份, 长期保存总量达 43.5 万份合计 371 种作物。库存庞大数量种质的生活力监测、关键节点预测和需更新种质判断, 是种质安全保存的难题。为了延长库存种质寿命和避免活力过度下降, 创新研究组首先明确了种子安全保存寿命是种子维持高活力的平台期。进一步研究发现, 与不耐贮藏小麦种子相比, 耐贮藏小麦种子能够调控胁迫/防御类蛋白的表达, 以抵御氧化损伤; 能够调节糖酵解、三羧酸循环及电子传递链等能量代谢途径相关蛋白的表达, 以确保种子萌发过程的能量供应; 能够调节贮藏蛋白代谢相关蛋白的表达, 以合成种子萌发所需的中间物质, 维持较长的平台期, 从而揭示了延长种质保存寿命的关键是防御氧化损伤并能维持能量和中间物质供应, 也明确了这些蛋白可作为种子生活力监测预警的候选重要指标 (*Plant Physiology and Biochemistry*, 2018)。在此基础上, 以氧化损伤为切入点, 从 600 余种脂质氧化损伤终产物中, 筛选获得 4-HNE 等醇、醛类挥发性物质等生活力关键节点预警指标, 并成功构建了基于挥发性物质的小麦、大豆、油菜 3 种作物种子生活力快速无损检测技术, 利用该技术, 种子生活力监测时间由传统的 7~14 天减少到 1~2 分钟, 且不损耗种子, 解决了库存大量、珍稀种质资源的快速、及时监测预警的难题, 为国家库种质资源长期安全保存提供了重要技术支撑。



延长种子寿命的机制和快速无损检测技术

A. 参与延长小麦种子寿命 (高活力平台期) 的主要代谢途径; B. 挥发性物质热图;  
C. 挥发性物质与种子活力相关性; D. 电子鼻技术

## INFORMATION MANAGEMENT FOR CGR

### 种质信息与大数据创新研究组

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

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

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

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



### 亮点工作

牵头国家农作物种质资源共享服务平台，按照“以用为主、重在服务”的原则，重点瞄准我国粮食安全、生态安全、人类健康、农民增收、国际竞争力提高等5个服务方向，主要面向现代种业发展、科技创新和乡村振兴等服务重点，开展了种质资源的共享服务，取得了显著成效。2018年，国家农作物种质资源共享服务平台向全国科研院所、大专院校、企业、政府部门、生产单位和社会公众提供了15.63万份次的种质资源实物共享服务和48.2万多人次的信息共享服务，服务用户单位3122个，服务用户20119人次。服务各级各类科技计划项目/课题772个，为1126家国内企业提供了资源和技术支撑。开展了以面向种子企业的定向服务、作物种质资源推广展示服务和作物种质资源针对性服务为重点的专题服务，累计开展专题服务230次，取得了显著成效和巨大的社会影响。为3项国家科技进步二等奖和1项国家技术发明二等奖，22项省部级科技奖励，33个植物新品种权，97个作物新品种审定提供了支撑。在提供分发利用的种质中，有232份种质在育种和生产中得到有效利用，直接应用于生产110个，育成新品种85个。



平台用户分布图及资源展示现场

### 重要论著

方为，曹永生 主编. 国家农作物种质资源平台发展报告(2011-2016), 北京, 中国农业科学技术出版社, 2018.1.

### 代表性知识产权

2018SRBJ0735, 作物种质资源普查与征集数据填报系统

### 研究组成员

方为 副研究员 陈彦清 助理研究员

### 研究生

井福荣 刘海洋



## NUTRITION AND QUALITY EVALUATION

### 种质资源品质评价创新研究组

任贵兴，研究员，博士生导师。1999年获香港大学食品加工与保存专业博士。现任国家杂粮加工技术研发分中心（北京）主任，中国作物学会藜麦分会会长，中国农业科学院杂粮作物功能因子开发利用创新团队首席。

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.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

YY Zhu, Y Yao, ZX Shi, Nadia Everaert, GX Ren. Synergistic effect of bioactive anticarcinogens from soybean on anti-proliferative activity in MDA-MB-231 and MCF-7 human breast cancer cells in vitro. *Molecules*, 2018, 23(7): 1557-1573.

YP Liu, QY Wang, SS Li, YF Yue, YL Ma, GX Ren. Convenient food made of extruded adzuki bean attenuates inflammation and improves glycemic control in patients with type 2 diabetes: a randomized controlled trial. *Therapeutics and Clinical Risk Management*, 2018, 14: 871-884.

YP Liu, Ju Qiu, YF Yue, Kang Li, GX Ren. Dietary black-grained wheat intake improves glycemic control and inflammatory profile in patients with type 2 diabetes: a randomized controlled trial. *Therapeutics and Clinical Risk Management*, 2018, 14: 247-256.

WW Song, RP Yang, XS Yang, S Sun, Srinivasa Rao Mentreddy, Bingjun Jiang, Tingting Wu, SY Tian, Enoch Sapey, CX Wu, WS Hou, GX Ren, TF Han. Spatial differences in soybean bioactive components across China and their influence by weather factors. *The Crop Journal*, 2018, 6(6): 659-668.

RL Shen, YL Ma, LB Jiang, JL Dong, YY Zhu, GX Ren. Chemical composition, antioxidant, and antiproliferative activities of nine Chinese proso millet varieties. *Food and Agricultural Immunology*, 2018, 29(1): 625-637.

#### 代表性知识产权

201811233354.5, 一种藜麦苏打饼干及其制备方法

201810984240.8, 一种具有降血压作用的藜麦多肽及其制备方法

#### 成果评价

中农〔评价〕字〔2018〕第13号，饲用藜麦“中藜1号”选育及应用

#### 研究组成员

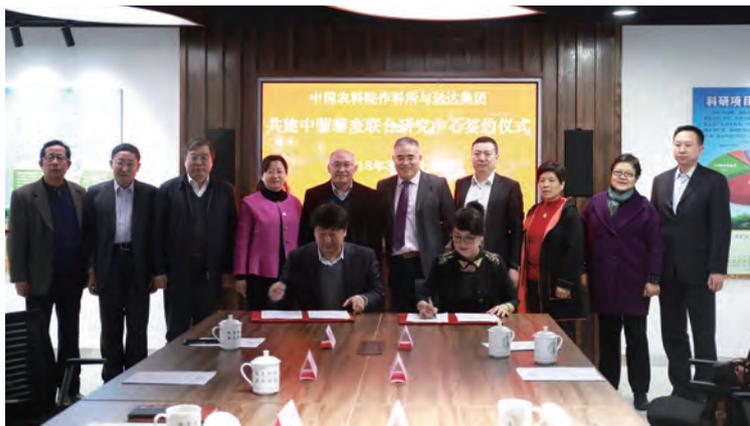
么杨 副研究员 秦培友 副研究员  
杨修仕 助理研究员

#### 研究生

朱莹莹 石振兴 郭慧敏 郝宇琼 郝玺玉  
杨博文 张善宁 陈银焕 刘梦杰 滕聪  
张威毅 张琴萍 邢宝 孙梦涵 朱凯莉

#### 亮点工作

为丰富我国藜麦资源，创新研究组引入秘鲁、玻利维亚、智利等地藜麦品种资源400余份，在天祝县打造中国最大的藜麦种质资源圃，并已筛选鉴定出适宜甘肃当地的早熟材料137份，利用辐射诱变育种技术创制出饲用藜麦新材料1份。选育我国首个饲用藜麦品种“中藜1号”（生物产量3-5吨、秸秆蛋白含量19%以上、皂苷含量低、家畜适口性好），并获中国农学会成果评价，已转让企业生产应用。研究集成《藜麦栽培技术规程》1项。开发藜麦饼干、面条、代餐粉、格瓦斯、黄酒等加工产品，申请发明专利2项，部分产品已上市销售。依托品种、产品和技术等支撑，在甘肃省精准扶贫主要地区——天祝藏族自治县种植藜麦3.38万亩（全国单体种植面积最大），推动藜麦成为当地经济效益最高的农作物，助力当地脱贫攻坚工作。



作物所刘春明所长与甘肃远达集团刘羽桐董事长签订“中藜中心”合作协议（上），中国农科院党组张合成书记在甘肃天祝县调研藜麦扶贫工作（下）

## ABIOTIC STRESS TOLERANCE EVALUATION

## 种质资源抗逆性评价创新研究组

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

研究方向：种质资源收集与抗逆性鉴定评价；抗逆基因功能解析；抗逆新品种培育。

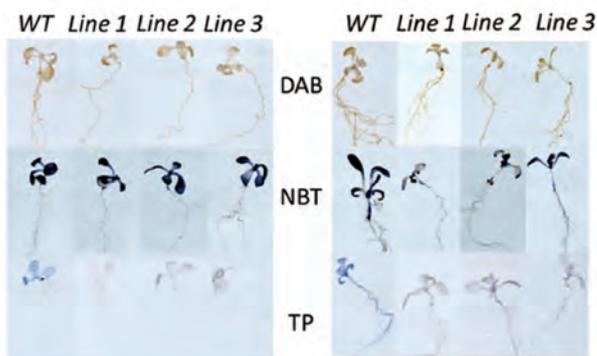
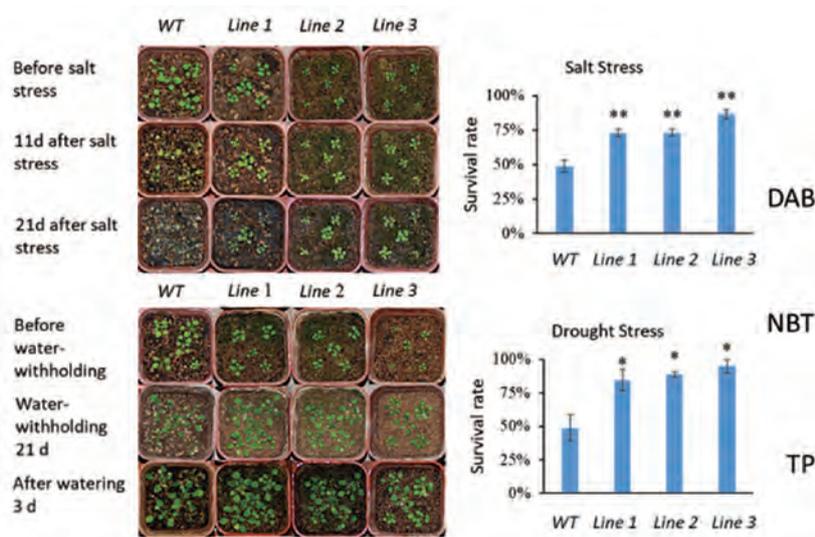
Email: zhanghui06@caas.cn 电话: 010-62186649

主页: <http://zhanghui.icascaas.com.cn>



## 亮点工作

盐、旱等非生物逆境严重制约着小麦的生产，小麦抗逆基因的挖掘和利用对小麦的稳产、增产至关重要。研究发现小麦生长素响应基因 (SAUR) 具有抗逆功能。小麦的一个 SAUR 基因 *TaSAUR75*，盐胁迫条件下在小麦根中下调表达。亚细胞定位显示 *TaSAUR75* 蛋白在细胞质和细胞核中都有表达。*TaSAUR75* 过表达提高了转基因拟南芥的耐盐和抗旱能力。和野生型对照相比，转基因株系在高盐和干旱胁迫下，根长增加，逆境胁迫处理后的幼苗存活率提高，一些逆境响应基因表达量提高。另外，*TaSAUR75* 过表达降低了转基因植物在旱胁迫下  $H_2O_2$  的积累。这些研究结果表明生长素响应基因 *TaSAUR75* 在植物应对高盐和干旱胁迫过程中可能起到正向调控作用 (*The Crop Journal*, 2018)。



*TaSAUR75* 过表达提高了转基因拟南芥的耐盐和抗旱能力

## 重要论著

Y Guo, QY Jiang, Z Hu, XJ Sun, SJ Fan, H Zhang.  
Function of the auxin-responsive gene *TaSAUR75* under salt and drought stress. *The Crop Journal*, 2018, 181-190.

## 研究组成员

姜奇彦 副研究员  
胡正 助理研究员 孙现军 助理研究员

## 研究生

李明 张慧媛 徐长兵 邸一桓



## BIOTIC STRESS RESISTANCE EVALUATION

### 种质资源抗病虫评价创新研究组

朱振东，研究员，博士生导师。中国农业科学院研究生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：作物抗病新基因发掘；种质资源抗病性评价；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>

#### 重要奖项

大豆优异种质挖掘、创新与利用，2018 年国家科技进步二等奖。邱丽娟，常汝镇，韩英鹏，郭泰，李英慧，付亚书，关荣霞，朱振东，孙宾成，刘章雄。

#### 重要论著

Zhong C, Sun S, Li Y, Duan C, Zhu Z\*. Next-generation sequencing to identify candidate genes and develop diagnostic markers for a novel Phytophthora resistance gene, *RpsHC18*, in soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(3):525-538.

Zhong C, Sun S, Yao L, Ding J, Duan C, Zhu Z\*. Fine mapping and identification of a novel Phytophthora root rot resistance locus *RpsZS18* on chromosome 2 in soybean. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:44

Zhou D, Wang X, Chen G, Sun S, Yang Y, Zhu Z, Duan C\*. The major Fusarium species causing maize ear and kernel rot and their toxigenicity in Chongqing, China. *Toxins*, 2018, 10(2):90,

Sun S, Zhu Z, Zhang J, Mei L. Outbreak of *Choanephora* Stem Rot Caused by *Choanephora cucurbitarum* on Quinoa (*Chenopodium quinoa*) in China. *Plant Disease*, 2018, 102(11):2379.

葛波, 王宝宝, 郭成, 孙素丽, 陈国康, 王晓鸣, 朱振东, 段灿星\*. 玉米根际土壤中镰孢菌的构成与定量分析. *中国农业科学*, 2018, 51(19):3683-3693.

#### 代表性知识产权

ZL 2015 1 0737729.1, 大豆抗疫病基因 *RpsQ* 的分子标记 Insert144 及其应用

#### 研究组成员

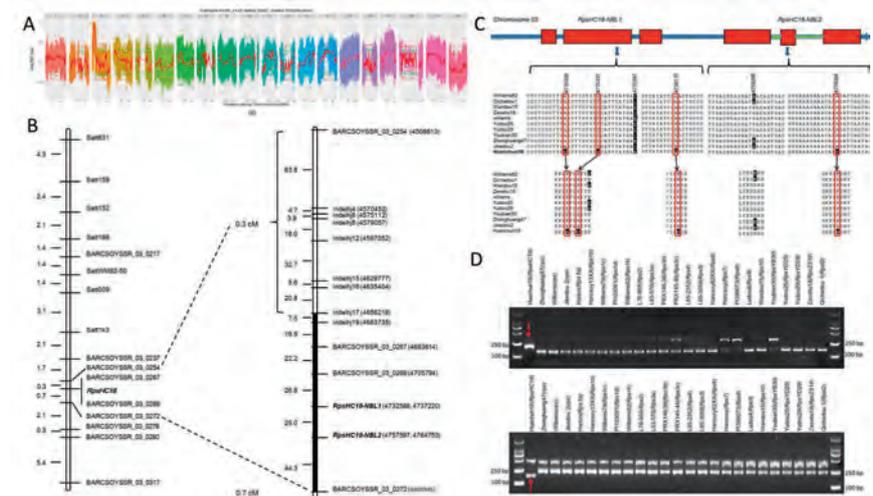
段灿星 副研究员 孙素丽 副研究员

#### 研究生

钟超 孙菲菲 葛波 陈文娟 朱琳  
杨洋 路璐 王宝宝 张雪翠 邓东

#### 亮点工作

大豆疫病是由大豆疫霉引起的一种土传性根部病害，也是世界性的毁灭性病害之一，培育及种植含有抗疫病基因 *Rps* 的大豆品种是防治大豆疫病最经济、有效和环保的方法。研究组通过大量大豆资源的抗性筛选，发现大豆品种华春 18 对大豆疫霉具有广谱的抗性，且抗谱与其他已知抗疫病基因均不相同。抗性遗传分析表明，该品种对大豆疫病的抗性由一个显性单基因控制，命名为 *RpsHC18*。基于作图群体的表型数据，选择极端抗病家系和极端感病家系分别构建抗、感池，运用全基因组混池测序分析 (BSA-seq) 方法将 *RpsHC18* 的抗病基因候选区间定位于大豆 3 号染色体上的一个 767 kb 的区域。采用传统的遗传作图方法对抗病基因候选区域进行验证并进一步精细作图，将 *RpsHC18* 定位在 BARCSOYSSR\_03\_0254 和 BARCSOYSSR\_03\_0272 之间，遗传距离分别为 0.3 cM 和 0.7 cM。基于基因组重测序开发 InDel 标记，在定位区间内筛选重组位点，将 *RpsHC18* 定位在 IndelHj19 和 BARCSOYSSR\_03\_0272 之间，物理距离为 146 kb，其中含有 3 个共分离标记，分别为 IndelHj19、BARCSOYSSR\_03\_0267、BARCSOYSSR\_03\_0269。通过对不同大豆品种的全基因组测序结果分析，发现在 146 kb 候选区域中，有 4 个 nsSNP 分别位于两个 NBS-LRR 结构的基因中，推测这两个基因为抗病候选基因，分别命名为 *RpsHC18-NBL1* 和 *RpsHC18-NBL2*。采用 tetra-primer ARMS-PCR 的方法将其中的两个 nsSNP 开发成 *RpsHC18* 的特异性 PCR 标记，并在其他大豆品种中进行检测，发现这两个标记能够有效的检测大豆抗疫病基因 *RpsHC18*。( *Theoretical and Applied Genetics*, 2018 )。



大豆抗疫病基因 *RpsHC18* 精细定位及特异性分子标记开发

## WHEAT GERMPLASM RESOURCES

## 小麦种质资源创新研究组

李立会，研究员，博士生导师。1997 年获中国农业科学院作物遗传育种学博士学位。现任作物种质资源中心主任，中国农业科学院作物种质资源创新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：小麦种质资源基础性工作；小麦种质创新的理论与应用研究；小麦种质资源遗传多样性与系统发育研究。

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

主页: http://lilihui.icscaas.com.cn



## 亮点工作

冰草属物种被认为是小麦改良的最佳外源供体之一，但一直未能成功。研究人员历经 30 年的不懈努力，突破了小麦与冰草属间的远缘杂交障碍，攻克了利用冰草属 P 基因组改良小麦的国际难题，实现了从技术研发、材料创新到新品种培育的全面突破，为引领育种发展新方向奠定了坚实的物质和技术基础。成果创建以克服授精与幼胚发育障碍、高效诱导易位、特异分子标记追踪、育种新材料创制为一体的远缘杂交技术体系，为破解小麦与冰草属间杂交的国际难题提供关键技术。项目创建在授精蛋白识别免疫系统建成初期的幼龄授粉、75ppm 赤霉素与小麦母本花粉混合液预处理、授精 12 天盾片退化前的幼胚拯救杂交技术，首次获得小麦与冰草属 3 个物种间自交可育杂种。通过染色体微切割技术、转录组 De novo 测序等途径，开发出 P 基因组着丝粒特异、均匀分布于各条染色体、分布于染色体臂端等多种类型的特异重复序列 20 个，以及来源于 P 基因组序列的 6243 对 EST-STS 和 169365 个 SNP 特异标记，标记覆盖冰草基因组 98% 以上的区域，STS 和 SNP 标记的平均标记密度分别为 1.27cM 和 528kb，解决了小麦背景下外源染色体片段或基因的高效检测与追踪问题。创制小麦-冰草异源附加系、代换系和缺失系等遗传工具材料 90 份，创制异源易位系等育种中间材料 211 份，实现了向小麦转移野生近缘种多个优异基因的突破。创制高产、抗病、抗逆等小麦-冰草新种质 392 份，向 36 个主要育种单位发放创新种质 3157 份次，育成普冰 143、晋麦 80、普冰 9946、普冰 701、新冬 49（普冰 696）、科农 2011、普冰 151 等 7 个小麦新品种和 24 个后备新品种，累计推广种植 3,196.9 万亩，经济效益 21.33 亿元。创建的远缘杂交技术体系已被国内外专家成功应用于蒙古冰草、药用野生稻、茄子、柳树等野生近缘物种的远缘杂交研究。利用创新种质培育的新品种、后备新品种在引领育种发展新方向方面发挥着重要作用。



小麦-冰草远缘杂交技术获得国家技术发明二等奖及创制的高千粒重和大穗多粒新种质

A. 国家技术发明奖励证书; B. 创制的高千粒重小麦-冰草新种质; C. 创制的大穗多粒小麦-冰草新种质

## 重要奖项

小麦与冰草属间远缘杂交技术及其新种质创制，2018 年国家技术发明二等奖，李立会，杨欣明，刘伟华，张锦鹏，李秀全，董玉琛

## 重要论著

SH Zhou, JP Zhang, YH Che, WH Liu, YQ Lu, XM Yang, XQ Li, JZ Jia, X Liu, LH Li. Construction of *Agropyron* Gaertn. genetic linkage maps using a wheat 660K SNP array reveals a homoeologous relationship with the wheat genome. *Plant Biotechnology Journal*, 2018, 16:818-827.

J Zhang, HH Ma, JP Zhang, SH Zhou, HM Han, WH Liu, XQ Li, XM Yang, LH Li. Euphytica. Molecular cytogenetic characterization of an *Agropyron cristatum* 6PL chromosome segment conferring superior kernel traits in wheat. *Euphytica*, 2018, 214: 198.

B Jiang, TG Liu, HH Li, HM Han, LH Li, JP Zhang, XM Yang, SH Zhou, XQ Li and WH Liu. Physical Mapping of a Novel Locus Conferring Leaf Rust Resistance on the Long Arm of *Agropyron cristatum* Chromosome 2P. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 817.

YH Che, NS, YP Yang, XM Yang, QQ Duan, Y Zhang, YQ Lu, XQ Li, JP Zhang, XQ Li, SH Zhou, LH Li and WH Liu. QTL Mapping of Six Spike and Stem Traits in Hybrid Population of *Agropyron Gaertn.* in Multiple Environments. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:1422.

LF Chang, HH Li, XY Wu, YQ Lu, JP Zhang, XM Yang, XQ Li, WH Liu, LH Li. Genetic characteristics of a wheat founder parent and a widely planted cultivar derived from the same cross. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17 (04): 775-785.

## 代表性品种

青麦 8 号，青海省审

## 研究组成员

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

## 研究生

马慧慧 姜博 孙洋洋 张智 吉夏杰  
徐世锐 王筱 亓凯



## BARLEY GENETIC RESOURCES

### 大麦基因资源创新研究组

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: 大麦比较基因组学; 大麦基因资源和广谱抗病性研究。

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

主页: <http://yangping.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

Kan J, An L, Wu Y, Long J, Song L, Fang R, Jia Y.

2018. A dual role for proline iminopeptidase in the regulation of bacterial motility and host immunity. *Molecular Plant Pathology*, 19(8): 2011-2024.

Wang Y, Schuck S, Wu J, Yang P, Doering AC, Zeier J, Tuda K. 2018. A MPK3/6-WKRY33-ALD1-

Pipecolic acid regulatory loop contributes to systemic acquired resistance. *Plant Cell*, 30: 2480-2494.

Li B, Förster C, Robert CAM, Züst T, Hu L, Machado

RAR, Berset JD, Handrick V, Knauer T, Hensel G, Chen W, Kumlehn J, Yang P, Keller B, Gershenzon J, Jander G, Köllner TG, Erb M. 2018. Convergent evolution of a metabolic switch between aphid and caterpillar resistance in cereal. *Science Advances*, 4(12): eaat6797.

#### 代表性知识产权

ZL 201811592341.7, 大麦黄花叶病抗性基因 eIF4E<sub>HOR3298</sub> 及其鉴定方法和应用

ZL 201811592329.6, 一种用于检测大麦黄花叶病的引物组合物、方法及应用

#### 研究组成员

阚金红 助理研究员

#### 博士后

蒋枳琨

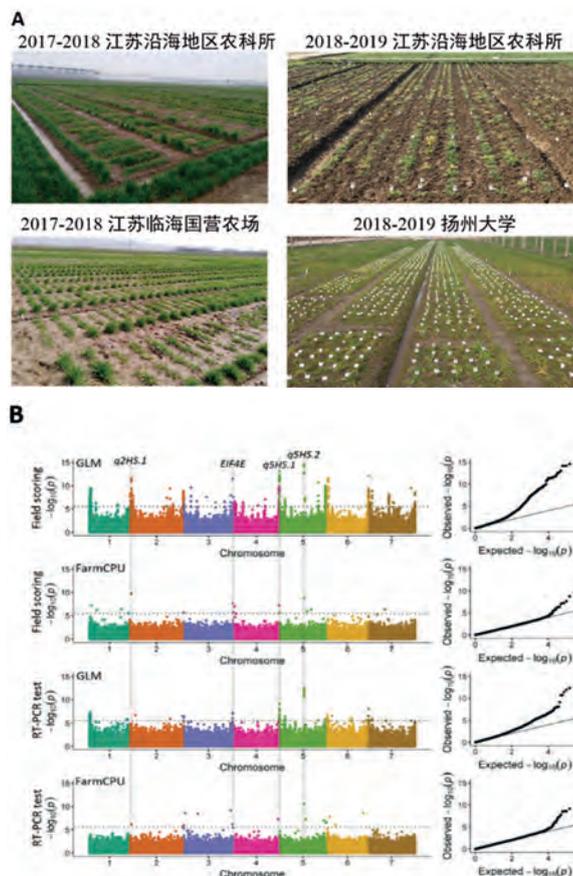
#### 研究生

高广奇 董帅 周之楠 王方梅 蔡羽

时丽洁 雷淼淼 Murad Ali

#### 亮点工作

大麦黄花叶病是禾谷多粘菌介导的土传病毒病害, 严重威胁欧亚地区冬大麦生产。为广泛发掘大麦黄花叶病抗性基因资源、利用遗传改良策略进行有效的病害防治, 创新研究组以国内外收集的 900 份大麦种质资源为材料, 通过多年多点的大田自然接种和表型鉴定、致病病毒的分子鉴定。结合大麦全基因组重测序技术、基因序列单倍型分析等, 利用关联分析和图位克隆等方法获得多个新的黄花叶病抗性遗传位点, 候选抗性基因的鉴定挖掘、功能验证和机制解析正在进行中。鉴于国内大麦研究基础薄弱, 功能基因研究缺乏高效的验证平台, 研究组以二棱、黑粒、皮大麦种质资源(哈铁系)为材料, 通过 EMS 化学诱变处理构建了 1 个饱和突变体, 构建了含 9144 株系基于扩增子测序的 TILLING 研究平台, 为后续功能基因挖掘和鉴定奠定了基础; 获得 >1000 个表型变异突变体材料, 为重要性状的遗传研究提供了资源材料。



全基因组关联分析鉴定黄花叶病抗性基因

A. 两年四点的大麦黄花叶病田间鉴定; B. GWAS 鉴定新的主效抗性遗传位点

## MINOR CROP GERMLASM RESOURCES

### 小宗作物种质资源创新研究组

郭刚刚，副研究员，硕士生导师。作物种质资源中心副主任。2009 年获中国农业大学作物遗传育种专业博士，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。

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

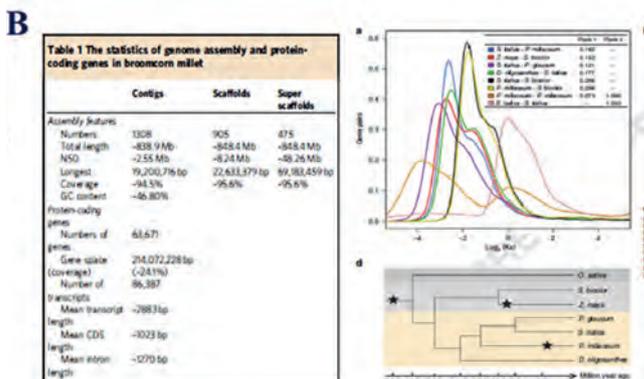
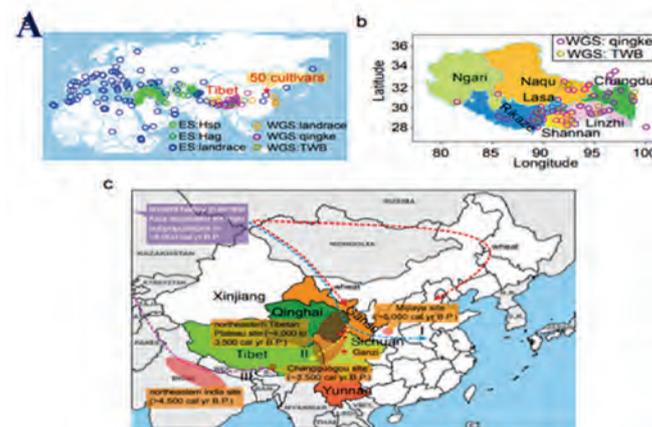
Email: guoganggang@caas.cn 电话: 010-62178203

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



### 亮点工作

重点开展国外优异特色种质资源收集，丰富我国小宗作物种质资源保存种类。共完成各类大麦、燕麦、荞麦、谷子、高粱、黍子、糜子等各类小宗作物种质资源收集引进共 392 份，截至 2018 年 12 月，我国已入长期库小宗作物种质资源共计 8.3 万份；深入开展了 818 份资源主要农艺性状的多年多点精准鉴定，813 份资源的抗逆性鉴定，完成 200 份黍稷和糯高粱种质的品质分析评价，发掘优异种质资源提供育种和生产利用；积极提供资源分发利用，向全国 61 家科研单位提供小宗作物种质资源 4173 份次，有效支撑小宗作物学科基础和应用基础研究。2018 年度，对 172 份代表性种质（包括 40 份世界各国种质、71 份青稞地方品种、51 份青藏高原青稞和内地大麦育成品种以及 10 份西藏半野生大麦），开展基于重测序的起源演化机制研究，最终明确了西藏青稞的起源和传入途径；联合完成了陇糜 4 号的基因组测序和组装，获得了高质量的基因组序列，为糜子的遗传改良提供了坚实的基础。



A. 明确西藏青稞的起源和传入途径; B. 联合推进糜子全基因组测序工作

(均发表于 Nature Communications)

### 重要论著

Wu B, Munkhtuya Y, Li J, Hu Y, Zhang Q, Zhang Z. Comparative Transcriptional Profiling and Physiological Responses of Two Contrasting Oat Genotypes under Salt Stress. *Scientific Reports.*, doi: 10.1038/s41598-018-34505-5.

Zeng X, Guo Y, Xu Q, Mascher M, Guo G, Li S, Mao L, Liu Q, Xia Z, Zhou J, Yuan H, Tai S, Wang Y, Wei Z, Song L, Zha S, Li S, Tang Y, Bai L, Zhuang Z, He W, Zhao S, Fang X, Gao Q, Yin Y, Wang J, Yang H, Zhang J, Henry R J, Stein N, ash N. Origin and evolution of qingke barley in Tibet. *Nature Communications*, 10.1038/s41467-018-07920-5.

JP Shi, XX Ma, JH Zhang, YS Zhou, MX Liu, LL Huang, SL Sun, Chromosome conformation capture resolved near complete genome assembly of broomcorn millet. *Nature Communications*, 10.1038/s41467-018-07876-6.

Wang RY, Wang HG, Liu XH, Xu Ji, Chen L, Lu P, Waxy allelic diversity in common millet (*Panicum miliaceum* L.) in China. *The Crop Journal*, doi.org/10.1016/j.cj.2018.02.004.

张京 郭刚刚等. 中国大麦品种志 (1986-2015). 中国农业科学技术出版社.

### 代表性品种

云啤 15 号, GPD 大麦 (青稞) (2018) 530035

云饲麦 7 号, GPD 大麦 (青稞) (2018) 530037

### 研究组成员

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

### 科研助理

李红梅 李珍

### 博士后

徐东东 樊超凤

### 研究生

宝力格 阿卜来提·阿力木 赵雪芳  
 赵海鹏 孙建 张仁旭 窦婷语



## MAIZE GERMPLASM RESOURCES

### 玉米种质资源创新研究组

王天宇, 研究员, 博士生导师。1996 年获法国国立布根第大学植物遗传专业理学博士学位。担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专家, 中国作物学会玉米专业委员会副主任委员, 国家玉米良种重大协作攻关专家委员会秘书长。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向: 围绕玉米绿色、高效、适宜机械化作业等关键生产问题, 收集引进国内外优异种质资源; 开展生产急需玉米种质资源鉴定挖掘, 进行玉米产量、抗旱、抗病等重要农艺性状遗传解析和重要基因克隆; 利用分子设计与常规育种相结合, 创制优良玉米新种质。

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

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

#### 重要论著

Chen L, Li YX, Li CH, Shi YS, Song YC, Zhang DF, Li Y and Wang TY. Genome-wide analysis of the pentatricopeptide repeat gene family in different maize genomes and its important role in kernel development. *BMC Plant Biology*, 2018, 8: 366.

Li YX, Chen L, Li CH, Bradbury PJ, Shi YS, Song YC, Zhang DF, Zhang ZW, Buckler ES, Li Y, Wang TY. Increased experimental conditions and marker densities identified more genetic loci associated with southern and northern leaf blight resistance in maize. *Scientific Reports*, 2018, 8: 6848.

Yang MT, Chen L, Wu X, Gao X, Li CH, Song YC, Zhang DF, Shi YS, Li Y, Li YX, Wang TY. Characterization and fine mapping of *qkc7.03*: a major locus for kernel cracking in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(2): 437-448.

Zhang DF, Zeng TR, Liu XY, Gao CX, Li YX, Li CH, Song YC, Shi YS, Wang TY, Li Y. Transcriptomic profiling of sorghum leaves and roots responsive to drought stress at the seedling stage. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018.

Ren W, Liu Y, Zhou MY, Shi Z, Wang TY, Zhao JR, Li Y. Dynamic changes of root proteome reveal diverse responsive proteins in maize subjected to cadmium stress. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018.

#### 代表性知识产权

CNA021721E, CNH3844  
CNA021722E, CN1070F  
CNA021723E, CNH392M  
CNA021724E, CN933M  
CNA021725E, CNS258

#### 研究组成员

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

#### 博士后

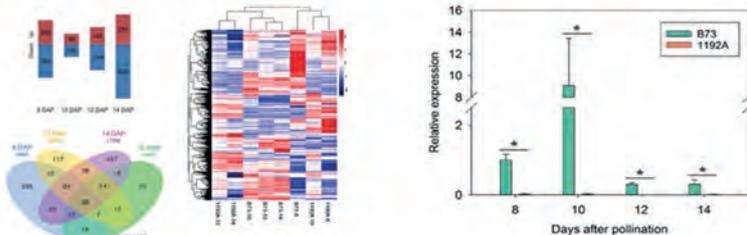
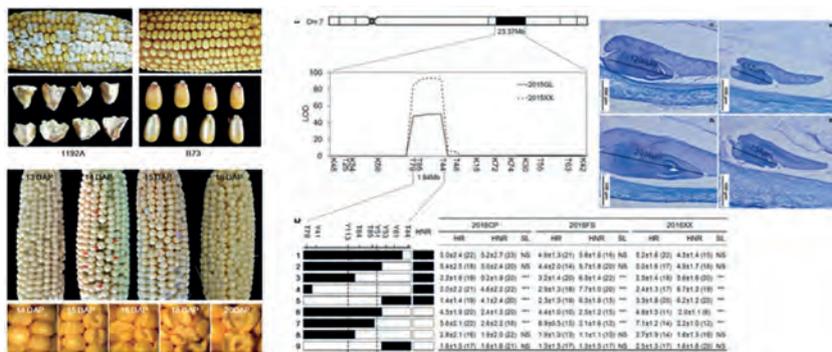
陈林

#### 研究生

任雯 汤斌 刘旭洋 曾廷儒 郭剑  
Mohamed Abdelghany 安怡昕 关红辉  
郝陆洋 穆志生 高晨曦 聂宁宁 张小琼

#### 亮点工作

玉米“爆粒病”是籽粒种皮与其内容物发育失衡导致的一种生理性病害, 表现为种皮开裂, 胚乳外露。由于失去了种皮的保护, 病害籽粒极易引起粒腐, 导致玉米产量和品质的双损失。玉米“爆粒病”的发生易受环境影响, 因此, 获得具有稳定“爆粒”表型的遗传材料成为其研究的关键和难点。在玉米种质资源鉴定中, 发现一个 B73 背景的近等导入材料在多个环境下表现出稳定的籽粒“爆裂”表型, 高密度 SNP 芯片扫描发现, 近等导入材料只在第 5 和第 7 染色体各有一个供体亲本的导入片段。为了获得初步的定位结果, 构建了导入系和轮回亲本的 F<sub>2:3</sub> 分离群体, 结果只在第 7 号染色体导入片段内检测到一个籽粒爆裂相关的主效 QTL, 该位点可解释 35.92% 的表型变异, 并命名为 *qkc7.03*。利用侧翼标记从近 6000 株 F<sub>3</sub> 群体中筛选交换单株, 利用这些交换单株进行后代测验进一步将 *qkc7.03* 缩小至约 420 kb 的区间内。该区段共包含 11 个基因, 但只有 GRMZM2G041462 和 GRMZM5G899476 在近等导入材料和轮回亲本之间存在表达差异或核苷酸序列差异。其中, GRMZM5G899476 在轮回亲本中具有较高的表达水平, 但在“爆粒”的近等导入系材料中该基因无有效表达。序列分析发现, 供体亲本的 GRMZM5G899476 在起始密码子位置发生了突变, 导致该基因在供体亲本中无法表达。序列分析发现, GRMZM5G899476 是一个“孤儿基因”。GRMZM5G899476 是玉米“爆粒病”主效位点 *qkc7.03* 的重要候选基因。*qkc7.03* 是第一个图位克隆的玉米“爆粒病”主效位点, 为深入研究玉米“爆粒病”的分子调控机制提供了重要参考信息。



玉米“爆粒病”相关主效位点 *qkc7.03* 的图位克隆与候选基因挖掘

## SOYBEAN GENETIC RESOURCES

## 大豆基因资源创新研究组

邱丽娟，研究员，博士生导师。1989年获东北农业大学农学博士学位。现任中国作物学会常务理事、大豆专业委员会主任委员，农业部大豆基因资源研究与利用创新团队牵头人，中国农业科学院作物分子标记技术及其应用创新团队首席。获国务院特殊津贴、农业部农业科研杰出人才、中国农科院跨世纪学科带头人 and 二级杰出人才、农业部有突出贡献的中青年专家、国家机关党代表，农业部巾帼建功标兵等荣誉。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：大豆种质资源的收集与鉴定；基于基因组学的大豆资源挖掘；大豆新种质创制的理论与应用。

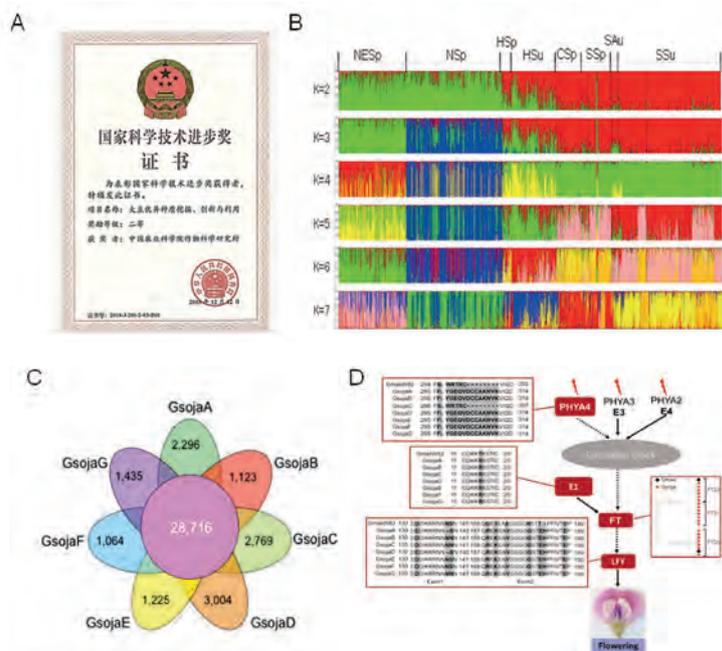
Email: qiulijuan@caas.cn 电话: 010-82105840

主页: http://qiulijuan.icscaas.com.cn



## 亮点工作

针对大豆主产区疫霉根腐病、灰斑病和干旱/盐碱等严重危害、大豆品种油分含量低，大豆优异种质资源缺乏等问题，创建表型与分子标记相结合的鉴定技术体系，在国际上率先建立大豆系列核心种质，解决了大豆资源数量庞大、深入研究和有效利用效率低的难题。鉴定出抗病、耐逆、高油等优异种质 149 份；率先构建和解析大豆泛基因组，系统揭示基因遗传变异，为基因挖掘提供了信息和工具，被认为“对未来十年植物遗传研究具有重要作用”。挖掘抗病、耐逆、高油等重要性状 QTL/基因 72 个，建立了分子标记育种技术体系，创制聚合 5 个耐疫霉根腐病 QTL 新种质 CH19 等抗病、优质新种质 8 份；创建大豆种质资源高效共享平台，利用鉴定和创制新种质培育出抗病、优质、高产新品种 17 个，新品种的含油量、抗病性显著提升，解决了高油、抗疫霉根腐病和灰斑病品种缺乏等问题。其中，中品 661 衍生 19 个品种，分别适于全国三大生态区的 14 个省市种植，成为重要育种亲本。2006-2017 年累计推广 1.25 亿亩，新增社会效益 97.82 亿元。同时，抗病品种的应用减少农药用量，降低生产成本，保护生态环境，在促进产业绿色发展方面做出了贡献。获国家发明专利授权 9 项，植物新品种权 10 项，出版专著 4 部，发表论文 166 篇，其中 56 篇发表在 *Nature Biotechnology*、*PNAS* 等 SCI 期刊，他引 1,694 次，部分成果获省级一等奖 3 项。在促进科学问题解析和基因克隆、带动大豆基因资源发掘与新品种选育方面发挥了重要作用。



“大豆优异种质挖掘、创新与利用”获 2018 年国家科学技术进步二等奖

A. 国家科学技术进步奖励证书; B. 大豆核心种质遗传结构;

C. 大豆泛基因组; D. 发掘重要性状(生育期)相关遗传变异

## 重要奖项

大豆优异种质挖掘、创新与利用，2018 年国家科技进步二等奖。邱丽娟，常汝镇，韩英鹏，郭泰，李英慧，付亚书，关荣霞，朱振东，孙寅成，刘章雄。

## 重要论著

ZF Li, Y Guo, L Ou, HL Hong, J Wang, ZX Liu, BF Guo, LJ Zhang, LJ Qiu. Identification of the dwarf gene GmDW1 in soybean (*Glycine max* L.) by combining mapping-by-sequencing and linkage analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131: 1001-1006.

YH Li, JC Reif, HL Hong, HH Li, ZX Liu, YS Ma, J Li, Y Tian, YF Li, WB Li, LJ Qiu. Genome-wide association mapping of QTL underlying seed oil and protein contents of a diverse panel of soybean accessions. *Plant Science*, 2018, 266: 95-101.

Y Guo, BH Su, JY Tang, FL Zhou, LJ Qiu. Gene-based SNP identification and validation in soybean using next-generation transcriptome sequencing. *Molecular Genetics and Genomics*, 2018.623-633.

Y Takahashi, XH Li, C Tsukamoto and KJ Wang. Phenotypic and genotypic signature of saponin chemical composition in Chinese wild soybean (*Glycine soja*):revealing genetic diversity, geographical variation and dispersal history of the species. *Crop & Pasture Science*, 2018.1126-1139.

Y Takahashi, XH Li, C Tsukamoto, KJ Wang. Allelic differentiation at the Sg-1 locus for the terminal sugar of the C-22 position of group A saponin in Chinese wild soybean (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.). *Molecular Breeding*, 2018.1-17.

## 代表性品种

中龙 606, 黑龙江省省

## 代表性知识产权

ZL201510152271.3, 大豆胞囊线虫抗性相关

Map-50375SNP 标记的检测方法及应用

ZL201510526615.2, 大豆身份证的重要性状

SNP 标记组合筛选方法与应用

ZA2016/08507, 抗草甘膦转基因大豆及其制备

方法与应用

CNA20171121.9, 中黄 605

## 研究组成员

王克晶 研究员

李英慧 研究员

关荣霞 研究员

刘章雄 副研究员

郭勇 副研究员

谷勇哲 助理研究员

## 研究生

宋健

魏中艳

高华伟

张永芳

孙如建

李艳妃

Sobhi F. L. Abdelhamid

于莉莉

苏伯鸿

Ochar Kingsley

洪慧龙

田宇

韩佳楠

刘谢香

王婉文

静文

卢一鹏

武阳春

杨静

杨蕾

周明明

吴海涛

赵兴震

张之昊

宿洋

赵婷婷

王好让

于春淼



## WILD RICE CONSERVATION

### 野生稻保护与利用创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

Li J, Xu R, Wang CC, Qi L, et al. A heading date QTL, qHD7.2, from wild rice (*Oryza rufipogon*) delays flowering and shortens panicle length under long-day conditions. *Scientific Reports*. 2018, 8:2928

L Qi, YB Ding, XM Zheng, et al. Fine mapping and identification of a novel locus qGL12.2 control grain width of wild rice (*Oryza rufipogon*). *Theoretical and Applied Genetics*. 2018, 131(7): 1497-1508.

孙妍, 苏龙, 乔卫华等. 基于染色体片段置换系的野生稻粒宽 QTLqGW8.2 的精细定位与遗传分析. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(1): 136-143.

李静, 孙妍, 齐兰等. 基于染色体置换系的野生稻抽穗期及紫色性状 QTL 的鉴定. *植物遗传资源学报* 2018, 19(3): 568-577.

#### 研究组成员

乔卫华 副研究员 郑晓明 副研究员  
张丽芳 科研助理 程云连 科研助理

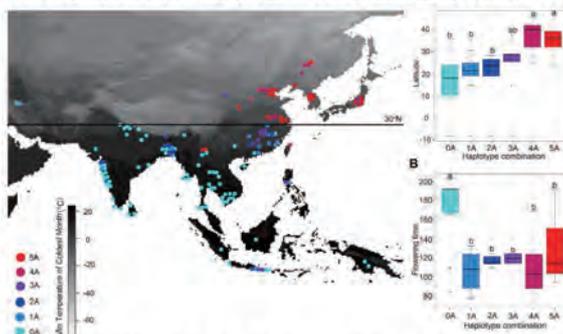
#### 研究生

齐兰 公婷婷 王君瑞 刘莎 李静  
孙妍 梁新霞 苏龙 丁膺宾 许睿  
张莉珍 王艳艳 黄婧芬 李嘉琦

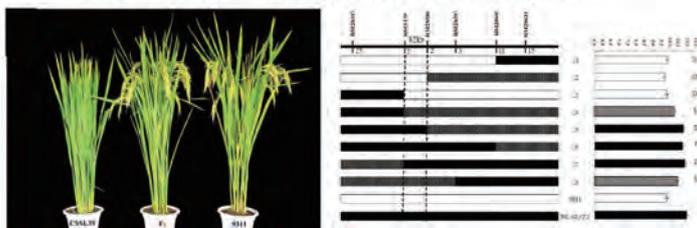
#### 亮点工作

我国种质库中保存的国外野生稻资源比例较低，而国外的野生稻种质资源是我国稻种资源重要的补充。新收集野生稻种质资源 200 余份，其中包括国外野生稻 30 份，通过亲缘关系分析确定了中国野生稻和东南亚野生稻的亲缘关系。并用 20 年前野生稻原位和异位群体比较，分析了原位保存和异位保存优缺点，提出野生稻保存补充策略。为了克服野生稻异质性强，直接利用困难等问题，把栽培稻和野生稻资源通过 63 个重要适应性基因的关联网络分析，确定了影响水稻抽穗期变异的 21 个关键位点，15 个优异等位基因调控栽培稻抽穗期多样性。发现粳稻通过长日照抑制基因编码区无功能化扩大种植面积，籼稻中通过短日照促进基因调控区的多样化适应多种种植策略。这一发现不仅展示了栽培稻抽穗期分子进化规律，同时为培育抽穗期多样性的栽培稻提供了分子育种工具。同时，构建了野生稻染色体置换系群体，定位到与水稻抽穗期相关基因 qHD7.2，发现 qHD7.2 基因的启动子和编码区在驯化过程中都受到选择，在自然长日照条件下延迟抽穗并降低穗长。精细定位到野生稻粒长相关基因 qGL12.2，确定其为水稻未报道的新基因，该基因通过影响水稻颖壳表皮细胞的长度提高粒长，启动子区域的变异导致了野生稻中该基因的转录水平明显高于栽培稻，进而调控了一系列与水稻籽粒发育相关基因的表达模式。收集的资源以及定位到的新基因为水稻育种提供了遗传材料。

#### 多基因联合解析水稻及其近缘野生种适应性遗传机制



#### 构建了野生稻染色体置换系定位水稻抽穗期基因 qHD7.2



水稻适应性遗传机制解析及水稻抽穗期基因 qHD7.2 的定位

## RICE GERMPLASM RESOURCES

## 水稻种质资源创新研究组

韩龙植，研究员，博士生导师。1999年在韩国首尔大学获作物育种学专业博士学位。

研究方向：水稻种质资源基础性工作；水稻种质资源精准鉴定与种质创新；水稻抗逆等重要性状基因发掘；水稻种质资源遗传演化与遗传多样性保护研究。

E-mail: hanlongzhi@caas.cn 电话: 010-62176784

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



## 亮点工作

为发掘水稻育种亟需的优异种质，创新研究组牵头组织全国有关科研单位，在建立水稻种质资源精准鉴定技术体系的基础上，在公主岭、唐海、合肥、荆州、杭州、南宁、惠水等7个生态鉴定点和22个专项鉴定点完成了5680份种质资源6.5万份次的物候期、植物学性状、产量性状、抗病虫性、抗逆性、氮高效、高光效、耐直播、镉积累等性状的精准鉴定。发掘了环境适应性强、抗病、抗逆等兼有3个以上优异性状的种质320份，为育种有效利用奠定了基础。在合肥举办水稻优异种质资源的现场展示与观摩会，集中展示了发掘的320份优异种质。来自21个省（直辖市、自治区）65个科研院校和企业的从事水稻资源、育种和种业的150余名代表参加了观摩会，向全国有关单位提供利用栽培稻资源3935份次，促进了资源与育种和种业的合作交流，提高了资源共享服务利用效率。



水稻优异种质资源现场展示与观摩（2018年9月，安徽合肥）

## 重要论著

Li MM, Li X, Yu LQ, Wu JW, Li H, Liu J, Ma XD, Jo SM, Park DS, Song YC, Shin DJ, LZ Han. Identification of QTLs associated with heat tolerance at the heading and flowering stage in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 2018, 214:70.

B Han, J Wang, YF Li, XD Ma, SM Jo, D Cui, YJ Wang, DS Park, YC Song, GL Cao, XS Wang, JC Sun, DJ Shin, LZ Han. Identification of Quantitative Trait Loci Associated with Drought Tolerance Traits in Rice (*Oryza sativa* L.) under PEG and Field Drought Stress. *Euphytica*, 2018, 214:74.

Wang YJ, Jiao AX, Chen HC, Ma XD, Cui D, Han B, Ruan RC, Xue DY, Han LZ. Status and factors influencing on-farm conservation of Kam Sweet Rice (*Oryza sativa* L.) genetic resources in southeast Guizhou Province, China. *Journal of ethnobiology and ethnomedicine*, 2018, 14:76.

汤翠凤, 张恩来, 董超, 阿新祥, 张斐斐, 申时全, 韩龙植. 云南新收集水稻地方品种的表型多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2018, 19(6):1106-1116.

马小定, 唐江红, 张佳妮, 崔迪, 李慧, 黎毛毛, 韩龙植. 东乡野生稻与日本晴多态性标记的开发. *作物学报*, 2018. DOI:10.3724/SP.J.1006.2019.82037.

## 代表性知识产权

ZL201410691908.1, 一种与水稻毛状体发育相关的蛋白 GL3 及其编码基因与应用

## 研究组成员

马小定 助理研究员 崔迪 助理研究员  
曹桂兰 助理研究员

## 博士后

韩冰

## 研究生

耿雷跃 唐江红 张佳妮 周健 唐如玉  
雷丽霞 王翠利



## SETARIA GENETIC RESOURCES

### 谷子基因资源创新研究组

刁现民，研究员，博士生导师。1998 年获中国科学院植物研究所植物生理学专业博士学位。现任国家谷子高粱产业技术体系首席科学家，农业农村部小宗粮豆专家指导工作组组长，中国农业科学院杂粮等特色作物育种材料创制和新品种选育创新团队首席。

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

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

主页: http://diaoxianmin.icscaas.com.cn

#### 重要论著

CJ Tang, S Tang, S Zhang, MZ Luo, GQ Jia, H Zhi, XM Diao. SiSTL1 encoding a large subunit of RNR, is crucial for plant growth, chloroplast biogenesis, and cell cycle progression in *Setaria italica*. *Journal of Experimental Botany*, 2018, doi.org/10.1093/jxb/ery429.

S Zhang, S Tang, CJ Tang, MZ Luo, GQ Jia, H Zhi and XM Diao. SiSTL2 is required for cell cycle, leaf organ development, chloroplast biogenesis, and has effects on C4 Photosynthesis in *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:1103.

S Zhang, H Zhi, W Li, JG Shan, CJ Tang, GQ Jia, S Tang and XM Diao. SiYGL2 Is Involved in the Regulation of Leaf Senescence and Photosystem II Efficiency in *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:1308.

MZ Luo, S Zhang, CJ Tang, GQ Jia, S Tang, H Zhi and XM Diao. Screening of Mutants Related to the C4 Photosynthetic Kranz Structure in Foxtail Millet. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:1650.

薛红丽, 杨军军, 汤沙, 智慧, 王蕊, 贾冠清, 乔治军, 刁现民. 谷子穗顶端发育突变体 sipaa1 的表型分析和基因定位. *中国农业科学*, 2018, 51(9):1627-1640.

#### 研究组成员

智慧 研究员 贾冠清 研究员  
汤沙 副研究员

#### 博士后

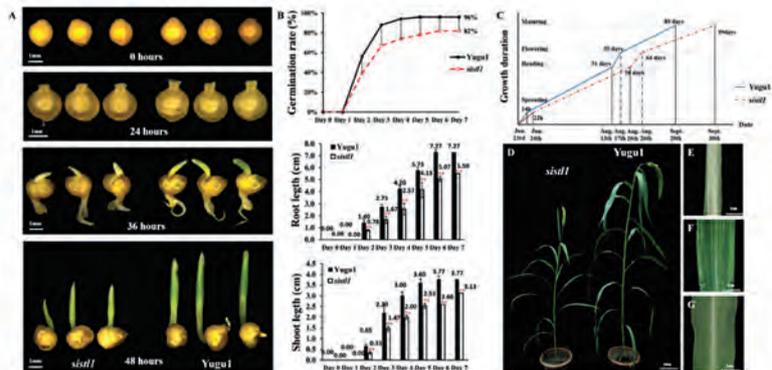
吴红坡

#### 研究生

张 硕 王海龙 唐婵娟 王春芳 孟 强  
张 伟 张仁梁 刘霁虹 左荣俊 杨军军  
任芹勇 李传宗 田 宝 高远瞩 王 琦  
张 卉 王 倩 张 慧

#### 亮点工作

提高作物的光合效率是实现高产稳产的重要途径。利用谷子作为模式研究材料，重点分析了核糖核酸还原酶 (RNR) 突变后的遗传效应。研究发现，RNR 在谷子中突变后，突变体表现为发育延迟、条纹叶、叶脉密度的无规则降低及叶绿体合成的受阻。研究结果表明，谷子 RNR 蛋白 C 端的一个氨基酸替换 (GLY737 to Glu)，导致了蛋白功能的异常，并影响了与 DNA 前期复制蛋白复合体的组装与活化相关基因的表达，并影响了 DNA 复制叉的正常延伸以及阻断了细胞由 G1 期进入 S 期的过程。这一研究揭示了核糖核酸还原酶 (RNR) 在调控植株生长、叶绿体合成和细胞周期连续性方面的作用规律，为合理利用该基因开展光合效率研究奠定了基础。创新团队构建了基于谷子测序品种豫谷 1 号的 EMS 突变体库、关联分析群体和连锁分析群体，发掘和克隆了多个光合相关功能基因；成功开发了谷子米色等重要农艺性状的分子标记，为标记辅助育种奠定了基础。



谷子 RNR 基因突变体

A. 突变体 (左) 与野生型 (右) 在 0、24、36 和 48 小时的发芽状态; B. 突变体与野生型发芽后 7 天的萌发率、根长、苗长的动态比较; C. 突变体与野生型全生育期发育进程比较; D. 成熟期的突变体 (左) 与野生型 (右); E. 海南种植环境下的突变体第 5 叶; F. 北京种植环境下的突变体第 5 叶; G. 北京种植环境下的野生型第 5 叶

谷子基因资源课题 2018 在谷子新型不育系选育、株型改良新材料创制、抗除草剂恢复系选育和春夏谷间杂交种配制等方面获得新进展。新选育的 488A 和 125A 不育系育性稳定，263A 和 220A

完成从绿苗到黄苗的转化，为高度雄性不育系的稳定繁种奠定了基础；利用 EMS 突变后代，创制了 E377 等株型紧凑新材料；新培育的抗烯禾啶除草剂恢复系创 29 等表现了高的抗倒伏性和抗病性；一批新的春夏谷间杂交种完成田间鉴定。其中春夏谷间杂交种“中杂谷 5”和“中谷 9”等在大面积示范中表现优异，展示了很好的生产应用前景。



谷子新品种“中杂谷 5”大面积示范

“中杂谷 5”具有中矮秆抗倒伏、春夏播均可、精播免间苗、化学除草、机械收割及轻简栽培等特点

## BUCKWHEAT GENETIC RESOURCES

### 荞麦基因资源创新研究组

周美亮，研究员，博士生导师。2014年在荷兰莱顿大学获得理学博士学位。担任国际荞麦协会常务理事、中国作物学会燕麦荞麦分会常务副秘书长。2017年入选中国科协青年人才托举计划。

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

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

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

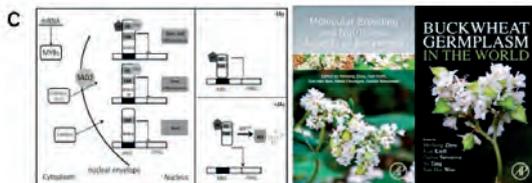


### 亮点工作

荞麦营养丰富全面，尤其富含黄酮类生物活性物质，其中芦丁占70%以上，具有降糖降脂的作用。芦丁含量的高低是评价荞麦品质的重要因素之一，为了筛选高芦丁荞麦种质，阐明荞麦芦丁代谢的遗传机制和分子调控机理，研究组从荞麦种质资源收集和评价入手，在荞麦起源地云贵川等地区开展资源调查，收集到了野生荞麦材料10余份（图A）；分别在四川凉山和山西晋中，对国内外996份苦荞种质开展表型鉴定，初步筛选出554份核心种质（图B）；通过对苦荞基因组数据和转录组数据分析，获得了一组受茉莉酸调控的R2R3类MYB转录抑制子FtMYB13、FtMYB14、FtMYB15和FtMYB16，分别在不同的苦荞组织中特异性表达，系统解析了一类MYB抑制子调控苦荞芦丁生物合成途径的分子机制（图C），为荞麦品质育种改良提供了理论基础；主编出版了世界上首套英文版荞麦专著（图C）。



B 2018年四川凉山种质资源评价基地 2018年山西晋中种质资源评价基地



荞麦资源调查、收集、评价与利用

A. 云贵川地区荞麦资源调查与收集情况；B. 荞麦多点表型鉴定情况；C. MYB抑制子调控苦荞芦丁合成模式图和首套荞麦专著首页

### 重要论著

Li J, Zhang K, Meng Y, Hu J, Ding M, Bian J, Yan N, Han J, Zhou M. Jasmonic acid/Ethylene signaling coordinates hydroxycinnamic acid amides biosynthesis through ORA59 transcription factor. *Plant Journal*, 2018, 95(3):444-457.

Zhang K, Logacheva M, Meng Y, Hu J, Wan D, Li L, Janovska D, Wang Z, Georgiev M, Yu Z, Yang F, Yan M and Zhou M. Jasmonate-responsive MYB factors spatially repress bioactive rutin biosynthesis in *Fagopyrum tataricum*. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69(8):1955-1966.

Zhou M, Kreft I, Suvorova G, Tang Y, Woo S. Buckwheat Germplasm in the World. 2018. ELSEVIER, San Diego, USA. London [etc.]: Academic Press, 2018. 382 pages., ilustr. ISBN 978-012-811006-5.

### 研究组成员

张凯旋 助理研究员

### 博士后

何 铭 Essam Elshamey

### 研究生

陈 诚 李世娟 程 成 范 昱 谈天斌  
卢晓玲 伍小芳 高国应 李金龙 左 倩  
杨 迪



## LEGUME GERMLASM RESOURCES

### 食用豆类种质资源创新研究组

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

研究方向：围绕食用豆类粮、菜、饲、食疗兼用、固氮改良土壤和环境友好等显著特性，开展种质资源收集、鉴定评价、遗传改良与创新利用研究。研发豌豆、蚕豆基因组学、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新品种，挖掘食用豆类重要农艺性状的关键基因并深入研究其基因功能，解析食用豆类重要农艺性状形成的分子基础。

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

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

#### 重要论著

LF Wang, JF Zhu, XM Li, SM Wang, J Wu. Salt and drought stress and ABA responses related to bZIP genes from *V. radiata* and *V. angularis*. *Gene*, 2018: 152-160.

LX Wang, P Bai, XX Yuan, HG Chen, SH Wang, Xin Chenc, XZ Cheng. Genetic diversity assessment of a set of introduced mung bean accessions (*Vigna radiata* L.). *The Crop Journal*, 2018: 207-213.

Redden R., Zong X., Norton R.M., Stoddard F.L., Maalouf, F., et al. (2018). Efficient and sustainable production of faba bean. In Sivasankar, S. et al. (ed.), *Achieving sustainable cultivation of grain legumes Volume 2: Improving cultivation of particular grain legumes*, Burleigh Dodds Science Publishing, Cambridge, UK, 2018. (ISBN: 978 1 78676 140 8.

王述民, 景蕊莲. 西北地区抗逆农作物种质资源调查. 科学出版社. 出版书号: ISBN 978-7-03-057389-6.

张红岩, 郭兴莲, 杨涛, 刘荣, 黄宇宁, 季一山, 王栋, 宗绪晓. 利用 SSR 标记分析蚕豆品种 (品系) 与优异种质的遗传多样性. *中国蔬菜*, 2018(2): 34-41.

#### 代表性知识产权

CNA20173306.2, 中秦 1 号

#### 研究组成员

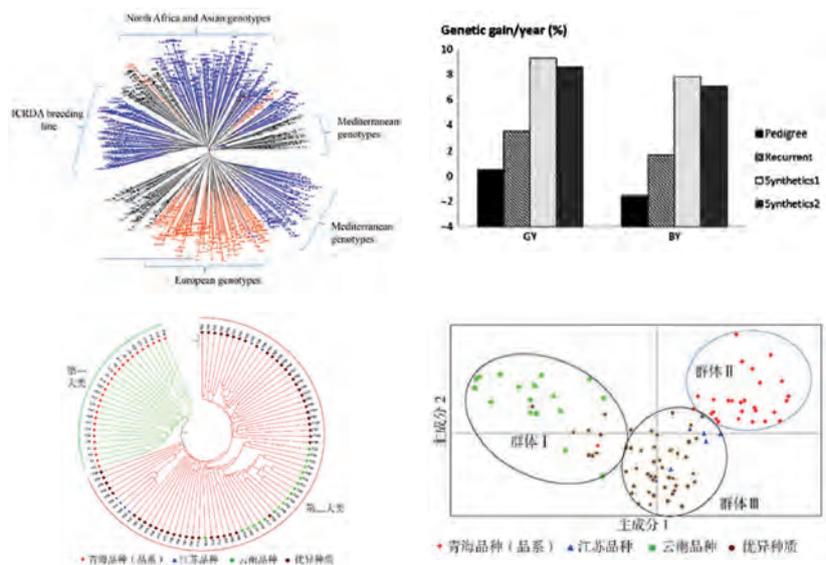
王述民 研究员 程须珍 研究员  
王兰芬 副研究员 王丽侠 副研究员  
杨涛 副研究员 武晶 副研究员  
陈红霖 助理研究员 刘荣 助理研究员  
王素华 高级实验师

#### 研究生

朱吉风 王栋 李晓明 李冠  
MD Mosiur Rahman 雷蕾 吴磊  
黄宇宁 季一山 王洁 王晨瑜 杨鹏辉  
张金涛

#### 亮点工作

蚕豆是一种重要的豆类作物，因其高产潜力和营养价值突出。统计表明，在过去的四十年蚕豆改良取得了显著的成就，使全球平均产量翻了一番。遗传多样性、育种方法、生物和非生物逆境抗性研究成果以及近年来的分子生物学研究进展，鲜食蚕豆品种间遗传多样性高，有利于提高该作物的产量潜力。杂交选育可使蚕豆产量潜力大幅提高。世界范围内推广了许多对非生物胁迫和生物胁迫具有耐受性的蚕豆品种，例如平均产量增幅从叙利亚的每年 1.65% 到埃塞俄比亚的每年 4.17% 不等。利用 99 对 SSR 荧光标记对 102 份中国蚕豆育成品种 (品系) 和优异种质资源进行遗传多样性分析，共检测出 937 个等位变异，每对标记平均检测出 4 ~ 19 个等位变异，多态性信息量 (PIC) 变化范围为 0.38 ~ 0.88，有效等位变异 ( $N_e$ ) 变化范围为 1.79 ~ 9.22。基于邻接法 (NJ) 的聚类分析将 102 份国内育成蚕豆品种 (品系) 及优异种质划分成春播和秋播两大生态类型；优异蚕豆资源的遗传多样性最高，其次为青海品种 (品系) 和云南品种，江苏品种遗传多样性相对较低。群体遗传结构和主成分分析将供试蚕豆材料分为三大类，第一大类主要以云南育成品种为主，第二大类全部为青海育成品种 (品系)，第三大类主要为大部分优异种质资源以及全部江苏育成品种；供试材料具有生态适应性狭窄和极强的地域生态特点。蚕豆分子生物技术研究的最新进展，将有助于开发更可靠的蚕豆遗传连锁图谱，以及有助于蚕豆基因组测序、分子辅助育种和优异基因挖掘。



蚕豆资源在全球和中国的分布情况

## RICE FUNCTIONAL GENOMICS

## 水稻功能基因组学创新研究组

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

研究方向: 围绕籼粳杂交种不育性低、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。

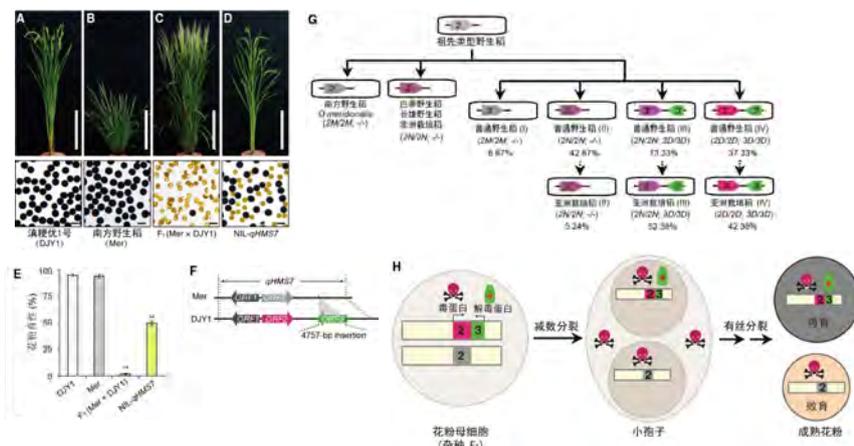
Email: wanjianmin@caas.cn 电话: 010-82105837

主页: http://wanjianmin.icscaas.com.cn



## 亮点工作

目前, 我国的水稻单产在平台期徘徊不前。研究表明, 水稻籼粳杂种优势的充分利用可增产 15%-30%, 是提高水稻单产的重要途径之一; 但籼粳亚种间杂种 F1 代的不育问题严重制约了这种优势的有效利用。已报道的杂种不育位点多达 50 余个, 但已被克隆并解析分子遗传机制的却屈指可数。本研究首次揭秘控制水稻杂种不育, 并影响稻种基因组的分化的水稻自私基因。研究发现, 水稻杂种不育性受水稻自私基因位点 qHMS7 的控制, 并发现水稻包含三个紧密连锁的基因 ORF1、ORF2 和 ORF3, 其中 ORF1 基因编码一个未知功能的蛋白; ORF2 基因编码一个杀配子的毒性蛋白, 以母体效应导致花粉死亡; 而 ORF3 基因编码一个解毒蛋白, 以配子体效应保护配子, 使携带 ORF3 基因的花粉可育。在“祖先野生稻 - 普通野生稻 - 亚洲栽培稻”的演化过程中, ORF1 一直被保留, ORF2 从没有毒性功能逐步演变成有毒性功能的类型, ORF3 是在普通野生稻中由 ORF1 基因复制产生, 并获得解毒功能, 在随后的稻种驯化过程中被选择传递到亚洲栽培稻品种。研究表明, 粳稻品种同时携带毒性的 ORF2 和解毒的 ORF3, 而南方野生稻只含有无毒性的 ORF2, 在其杂种 F1 中, 携带南方野生稻基因型的花粉因缺乏 ORF3 保护而死亡, 携带粳稻品种基因型的花粉因有 ORF3 保护而存活, 最终导致后代中没有纯合的南方野生稻基因型个体存在, 群体分离不符合经典的孟德尔遗传模式。该研究阐明了自私基因在维持植物基因组的稳定性和促进新物种的形成中的分子机制, 探讨了毒性 - 解毒分子机制在水稻杂种不育上的普遍性, 为揭示水稻籼粳亚种间杂种雌配子选择性致死的本质提供了理论借鉴 ( *Science*, 2018 )。



自私基因系统控制水稻杂种不育机制

## 重要论著

- XW Yu, ZG Zhao, XM Zheng, JW Zhou, WY Kong, PR Wang, WT Bai, H Zheng, H Zhang, J Li, JF Liu, QM Wang, L Zhang, K Liu, Y Yu, XP Guo, JL Wang, QB Lin, FQ Wu, YL Ren, SS Zhu, X Zhang, ZJ Cheng, CL Lei, SJ Liu, X Liu, YL Tian, L Jiang, S Ge, CY Wu, DY Tao, HY Wang, JM Wan. A selfish genetic element confers non-Mendelian inheritance in rice. *Science*, 08 Jun 2018; 360 (6393): pp. 1130-1132.
- YQ Heng, CY Wu, Y Long, S Luo, J Ma, J Chen, JF Liu, H Zhang, YL Ren, M Wang, JJ Tan, SS Zhu, JL Wang, CL Lei, X Zhang, XP Guo, HY Wang, ZJ Cheng, JM Wan. OsALMT7 maintains panicle size and grain yield in rice by mediating malate transport. *The Plant Cell*, 2018. 30: 889-906, April.
- H Zhang, SS Zhu, TZ Liu, CM Wang, ZJ Cheng, X Zhang, LP Chen, PK Sheng, MH Cai, CN Li, JC Wang, Z Zhang, JT Chai, L Zhou, CL Lei, XP Guo, JL Wang, J Wang, L Jiang, CY Wu, JM Wan. DELAYED HEADING DATE1 interacts with OsHAP5C/D, delays flowering time and enhances yield in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 2018., 1-9.
- WH Long, YL Wang, SS Zhu, W Jing, YH Wang, YL Ren, YL Tian, SJ Liu, X Liu, LM Chen, D Wang, MS Zhong, YY Zhang, TT Hu, JP Zhu, YY Hao, XP Zhu, WW Zhang, CM Wang, WH Zhang, JM Wan. FLOURY SHRUNKEN ENDOSPERM1 connects phospholipid metabolism and amyloplast development in rice. *Plant Physiology*, 2018, 177: 698-712.
- X Liu, J Lan, YS Huang, PH Cao, L Zhou, YK Ren, NQ He, SJ Liu, YL Tian, T Nguyen, Jiang, JM Wan. WSL5, a pentatricopeptide repeat protein, is essential for chloroplast biogenesis in rice under cold stress. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69 (16): 3949-3961.

## 代表性品种

京粳 3 号, 国审

## 代表性知识产权

ZL201410053015.4, FUWA 基因及其应用  
CNA20150669.1 京粳 1 号  
CNA20172292 京粳 2 号  
CNA20141561.9 中作稻 3 号

## 研究组成员

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

## 博士后

刘金灵 汪欲鹏

## 研究生

刘天珍	张刘李	锋鑫帅	陈韦韦	罗王冯	胜建森	孟令志
董文秀	邢欣欣	金方鑫	齐烟鑫	王冯柴	王侯达	颜梦圆
张馨月	尤小满	王沛然	方明春	章黎红	张侯达	王家昌
王潘荆	荆若天	潘雷	巫明春	蔡章王	周周	茜亮
尤世杰	潘雷	孙琦	于鸣洲	王永飞	王启明	亮亮
孙琦			伍洪铭	雷德坤	朱婷婷	



## RICE PLANT ARCHITECTURE

### 水稻株型基因解析创新研究组

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

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

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

主页: <http://lixueyong.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

JJ Fang, SJ Yuan, CC Li, Dan Jiang LL Zhao, LX Peng, JF Zhao, WH Zhang, and XY Li. Reduction of ATPase activity in the rice kinesin protein Stemless Dwarf1 inhibits cell division and organ development. *The Plant Journal*, 2018, 96(3): 620-634.

LH Liu, TT Xie, P Peng, HY Qiu, JF Zhao, JQ Fang, Suyash Bhimgonda Patil, YQ Wang, S Fang, JF Chu, SJ Yuan, WH Zhang, XY Li. Mutations in the MIT3 gene encoding a carotenoid isomerase lead to increased tiller number in rice. *Plant Science*, 2018, 267:1-10.

MX Wang, YL Qin, Yan Chun, JF Zhao, JJ Fang, Syed Adeel Zafar, Baotai Guo, Xueyong Li. Characterization of a Novel Semi-dwarf GID1 Allele Identifies an Amino Acid Required for Its Interaction with SLR1 in Rice. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2018, 37(3):840-848.

龙海馨, 邱海阳, Muhammad Uzair, 房静静, 赵金凤, 李学勇. 水稻窄叶突变体 *nal20* 的表型分析与基因定位. *作物学报*, 2018, 44(9): 1301-1310.

#### 研究组成员

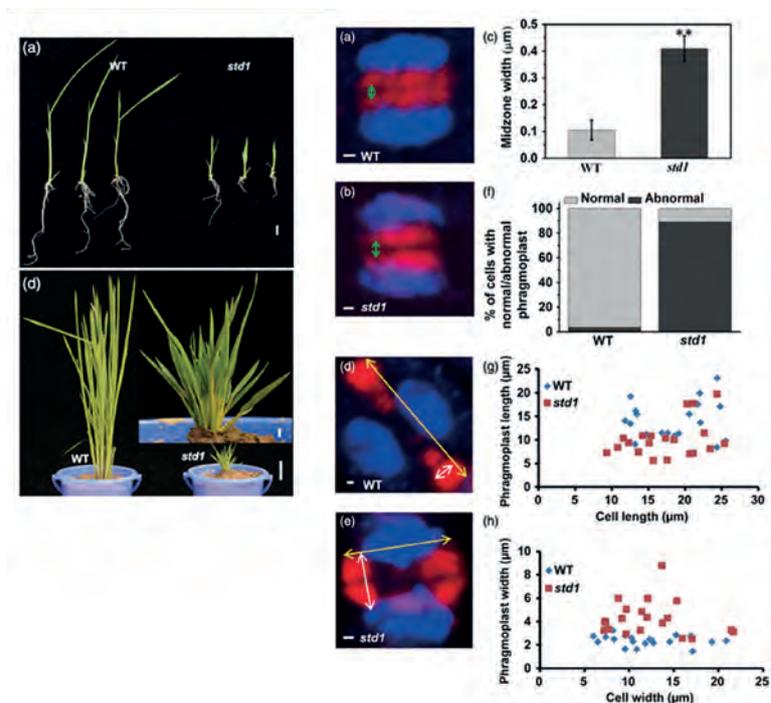
赵金凤 副研究员 房静静 助理研究员  
彭理想 聘用人员 安素涛 聘用人员

#### 研究生

Suyash Bhimgonda Patil Syed Adeel Zafar  
Muhammad Uzair 淳雁 任蒙蒙 李露  
尚江源 常颖 Ashmit Kumar  
Humphrey Mkumbwa

#### 亮点工作

利用水稻极度矮化突变体 *std1*, 揭示了类驱动蛋白通过影响细胞分裂进而调控水稻叶片大小和植株高度, 进一步深化了人们对植物矮化机理的认识。植物的生长发育是一个极其复杂的过程, 受到遗传调控以及外界环境的影响, 这些因素最终通过细胞分裂和细胞扩展控制各个器官的生长。以往研究表明, 驱动蛋白超家族对细胞分裂过程中的微管组织具有重要的调控作用, 目前水稻中已鉴定的驱动蛋白超家族成员主要作用于细胞扩展, 其对细胞有丝分裂的调控及其分子机制却知之甚少, 尤其是其 ATP 酶的生物学功能还不是很清楚。本研究通过对水稻极度矮化突变体 *std1* 的组织细胞学观察、基因克隆及蛋白功能研究, 发现类驱动蛋白的 ATP 酶活性降低后, 可导致植物体产生含有多个细胞核、体积膨大、形态异常的细胞, 同时细胞分裂速率显著降低, 植株能够产生叶片但不能形成茎从而呈现极度矮化的表型。这些结果表明类驱动蛋白的 ATP 酶活性对于水稻正常的细胞分裂和器官发育是必不可少的。该研究得到了转基因重大专项, 国家自然科学基金、科技部 973 计划和中国农科院科技创新工程的资助。相关研究发表在 *The Plant Journal* 上。



水稻极度矮化突变体 *std1* 的表型

水稻 *std1* 突变体植株能够产生叶片但不能形成茎从而呈现极度矮化的表型。*STD1* 编码一种类驱动蛋白, 在 *std1* 突变体中其微管依赖的 ATP 酶活性降低, 细胞分裂末期成膜体的侧向扩展受到抑制, 导致细胞板形成异常、多核膨大细胞的产生、细胞形态异常以及细胞分裂速率的显著降低。

## WHEAT GENETIC RESOURCES

## 小麦基因资源与种质创新研究组

张学勇，研究员，博士生导师。1992 年获中国农科院研究生院农学博士。现任农业农村部作物基因资源与种质创新学科群首席科学家，国家十三五育种专项“主要农作物优异种质资源形成与演化规律研究”项目首席，中国农业科学院作物基因资源发掘与利用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

研究方向：控制小麦重要性状的关键基因、染色体区段在进化和品种演变过程中的流动；小麦的结构和功能基因组学；小麦产量形成、株型发育、抗旱抗病等新基因的发掘和种质资源创新。

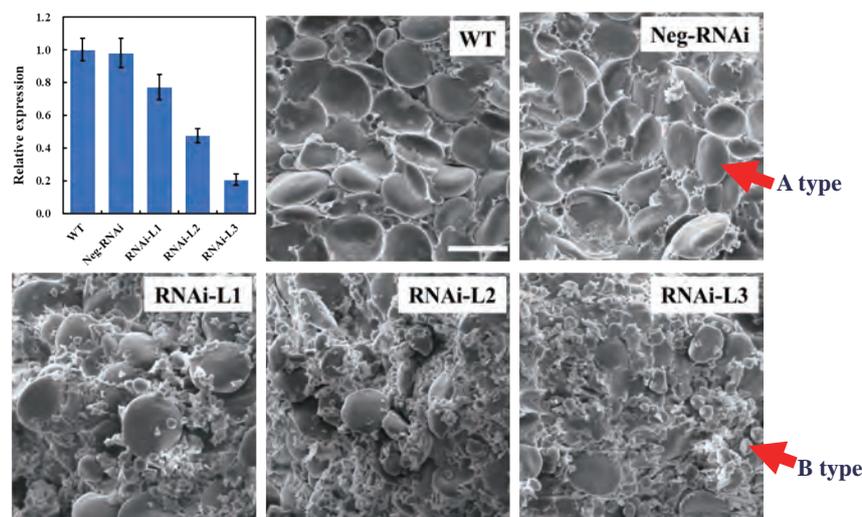
Email: zhangxueyong@caas.cn 电话: 010-82106695

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



## 亮点工作

ADP-葡萄糖转运蛋白 (BT1) 介导的底物 ADP-葡萄糖的跨膜转运是淀粉合成途径的重要限速步骤。通过干扰小麦 BT1 基因的表达及标记与表型性状的相关性分析，对其行遗传效应分析，扫描了来自全球六大小麦主产区的 1305 份育成品种。由于该基因遗传效应强烈，仅在 TaBT1-6B 编码区及调控区检测到 24 处等位变异，形成三种单倍型 TaBT1-6B-Hap1、-Hap2 和 -Hap3。Hap1 的后代个体平均 TKW 为 50.6 g，较 Hap3 个体高出 10.5%，Hap1 型启动子的活性分别是 Hap2 和 Hap3 的 1.5 倍和 3.1 倍；Hap1 和 Hap2 在全球小麦育种中受到强烈的人工正向选择。干扰该基因的表达，会显著降低 A 型淀粉的含量，造成 B 型淀粉量的增加，相关论文发表于 *Journal of Experimental Botany* (70:1407-1511, 2019)。此外，与河南农业大学、河南科技学院合作，完成了“矮抗 58”的基因组测序和序列组装任务，基因组序列已提供国内多家科研院所应用于小麦的功能基因组研究和分子育种工作，中麦 36 通过国家小麦品种审定委员会审定，并完成品种经营权转让。



ADP-葡萄糖转运蛋白编码基因的遗传效应

## 重要论著

- Wang YM, Hou J, Zhang XY. *et al.* TaBT1 affecting starch synthesis and thousand kernel weight, underwent strong selection during wheat improvement. *Journal of Experimental Botany*.
- Zhang X, Liu G, Zhang L, Xia C, Zhao T, Jia J, Liu X, Kong X. Fine mapping of a novel heading date gene, TaHdm605, in hexaploid wheat. *Frontiers in Plant Science*. 2018, 9:1059.
- SUR Rehman, JY Wang, XP Chang, XY Zhang, XG Mao, Jing RL. A wheat protein kinase gene TaSnRK2.9-5A associated with yield contributing traits. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018.
- Wang JY, Wang RT, Mao XG, Li L, Chang XP, Zhang XY, Jing RL. TaARF4 genes are linked to root growth and plant height in wheat. *Annals of Botany*, 2018.
- Zhao JJ, Wang ZW, Liu HX, Zhao J, Zhang XY, Hao CY. Global status of 47 major wheat loci controlling yield, quality, adaptation and stress resistance selected over the last century. *BMC Plant Biology*.

## 代表性品种

中麦 36, 国审

## 代表性知识产权

- ZL201510278309, 一种鉴定或辅助鉴定普通小麦穗粒数性状的方法及其应用
- ZL201510671793.4, 小麦粒重基因 TaGS5-3A 单核苷酸多态性及其应用
- 201510736738.9, 一种基于单核苷酸多态性的小麦分子条形码

## 研究组成员

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

## 博士后

简超 李龙 Shoaib Ur Rehman

## 研究生

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



## WHEAT PLANT ARCHITECTURE DISSECTION

### 小麦株型基因解析创新研究组

孙加强，研究员，博士生导师。2005 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所理学博士。2005-2013 年在中国科学院遗传与发育生物学研究所工作，2008、2010-2012 年期间于德国 Freiburg 大学做访问学者和德国洪堡学者，2014 年至今在中国农业科学院作物科学研究所工作。中国农业科学院院级青年英才计划入选者。担任第五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；植物激素互作调控植物生长发育的分子机理研究。

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

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

#### 重要论著

Dong H., Yan S., Liu J., Liu P. and Sun J. (2018)  
TaCOLD1 defines a new regulator of plant height in bread wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 17: 687–699.

#### 研究组成员

刘杰 副研究员

#### 博士后

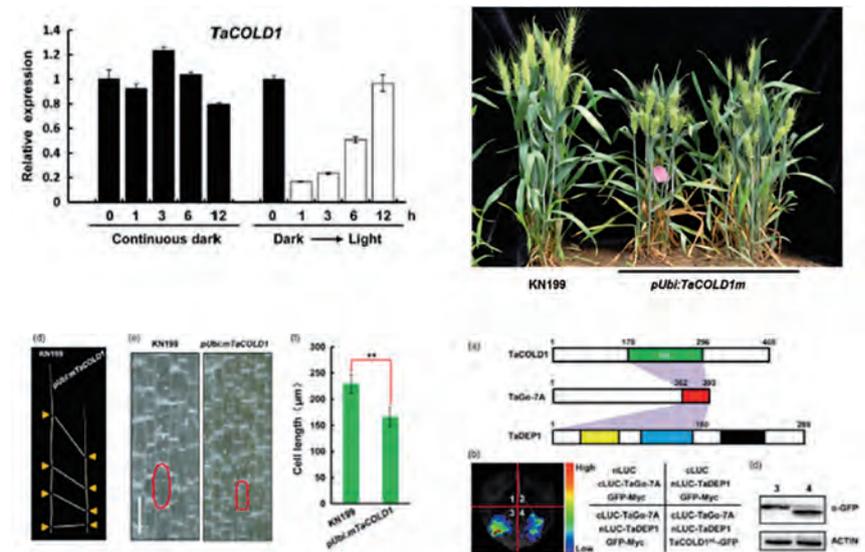
闫素丽

#### 研究生

刘盼 董慧雪 何冠华 杨宗举 闫百蕾  
巨岚 荆叶醒

#### 亮点工作

高产、优质是作物育种的重要目标。小麦株型主要包括分蘖、株高、穗型等重要农艺性状，是决定小麦产量的重要因素。因此，小麦理想株型的塑造是提高小麦产量的重要途径。以矮秆或半矮秆禾谷类作物为基础的“绿色革命”证实了作物株高性状的重要性。“绿色革命”的重要基因 - 半矮化基因，参与植物激素赤霉素的代谢和信号转导。例如，小麦绿色革命基因 *Rht1* 编码一个赤霉素信号途径抑制因子 DELLA 蛋白。本课题组鉴定了一个新的控制小麦株高的关键基因 *TaCOLD1*，进一步解析了其调控研究小麦株型形成的分子基础。我们通过构建稳定转基因材料，证明在小麦中过表达 *TaCOLD1* 基因会导致小麦株高的显著降低。进一步分析表明，*TaCOLD1* 能够与小麦异三聚体 G 蛋白  $\alpha$  亚基 *TaG $\alpha$*  相互作用，并且这种互作在物理上竞争性地抑制三聚体 G 蛋白  $\alpha$  亚基和  $\gamma$  亚基 (*TaDEP1*) 之间的物理互作，暗示 *TaCOLD1* 蛋白可能通过调节异三聚体 G 蛋白复合体形成和解离的动态平衡参与调控小麦株型形成。本研究工作鉴定了 *TaCOLD1* 为控制小麦株高的重要调控基因，为培育小麦高产新品种提供了重要基因资源和理论支撑。相关研究成果已于 2018 年在 *Plant Biotechnology Journal* 杂志在线发表。



小麦株型调控基因 *TaCOLD1* 的克隆与功能解析

## WHEAT MOLECULAR GENETICS

## 小麦抗逆分子育种创新研究组

马有志, 博士, 研究员, 博士生导师。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。中国农科院创新工程作物转基因技术与应用创新团队首席。中国作物学会常务理事、作物学报常务编委。全国农业科研杰出人才, 中国农业科学院农科英才领军人才入选者。

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

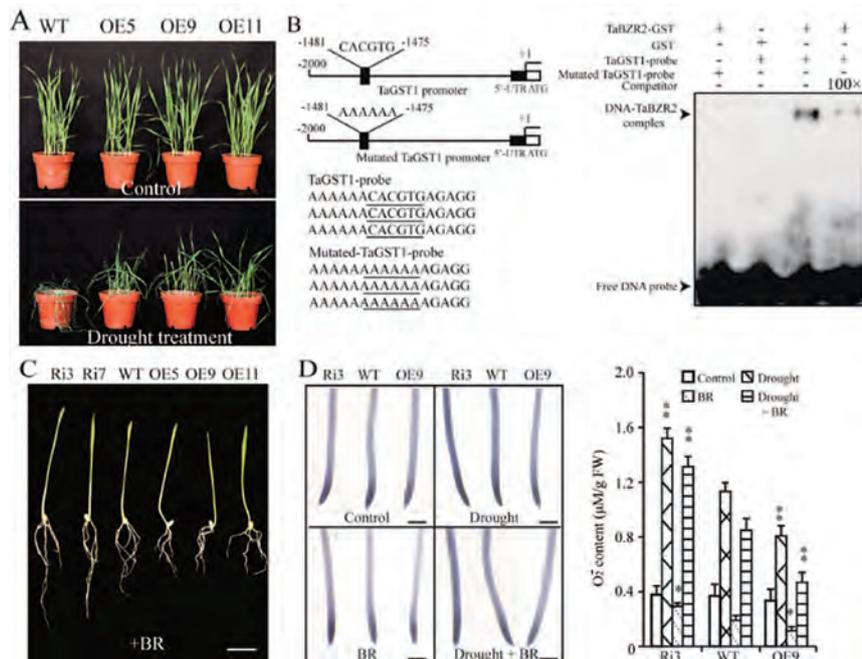
Email: mayouzhi@caas.cn 电话: 010-82109718

主页: <http://mayouzhi.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

小麦是我国主要粮食作物之一, 然而小麦主产区主要分布在干旱、半干旱地区。为了解析 BR 介导的小麦抗旱机理, 为小麦抗逆分子育种提供理论依据, 本研究首次在小麦上揭示了 BES/BZR 家族转录因子 TaBZR2 调控小麦干旱胁迫响应的分子机制。证实了 BES/BZR 转录因子 TaBZR2 通过激活 TaGST1 在小麦干旱响应中发挥重要作用, 并参与 BR 介导的干旱胁迫响应。干旱是影响小麦生长发育和产量的重要环境因素之一。研究发现, BES/BZR (BR11-EMS suppressor/ brassinazole-resistant) 家族转录因子在植物生长发育和环境胁迫应答方面发挥重要作用。本研究发现, 过表达 TaBZR2 能够提高转基因小麦的抗旱性, 而 TaBZR2-RNAi 干扰小麦抗旱性降低。进一步生化实验分析表明, TaBZR2 通过激活 TaGST1 (glutathione S-transferase 1) 的表达, 清除体内超氧阴离子 (O<sub>2</sub><sup>-</sup>)。同时发现, TaBZR2 是 BR 信号通路的正向调节因子, 外源 BR 处理增强了 TaBZR2 介导的 O<sub>2</sub><sup>-</sup> 清除和抗氧化酶活性; BR 在清除 O<sub>2</sub><sup>-</sup> 方面发挥重要作用。总之, 该研究证明了 BES/BZR 转录因子 TaBZR2 通过激活 TaGST1 在小麦干旱响应中发挥重要作用, 并参与 BR 介导的干旱胁迫响应。该研究结果为深入理解小麦干旱响应的调控网络, 创制抗旱节水小麦提供科学依据。



TaBZR2 通过激活 TaGST1 在小麦干旱响应

A. 在正常生长条件下, TaBZR2 过表达和野生型小麦植株并无差异; 但是, 在干旱处理条件下, TaBZR2 过表达小麦的存活率显著高于野生型小麦; B. 凝胶阻滞实验结果表明, TaBZR2 能够与 TaGST1 的启动子的 E-box 元件结合; C. 过表达 TaBZR2 能够增强过表达小麦的 BR 敏感性, 而抑制 TaBZR2 表达会造成小麦的 BR 敏感性降低; D. TaBZR2 参与 BR 介导的超氧阴离子 (O<sub>2</sub><sup>-</sup>) 清除

## 重要论著

XY Cui, YT Du, Jin-DF, TFi Yu, CT Wang, M Chen, J Chen, YZi Ma, ZS Xu. Wheat CBL-interacting protein kinase 23 positively regulates drought stress and ABA responses. *BMC Plant Biology*. 2018,18:93.

J Ma, J Chen, M Wang, YL Ren, S Wang, CL Lei, ZJ Cheng<sup>†</sup> and Sodmergen<sup>†</sup>. Disruption of OsSEC3A increases the content of salicylic acid and induces plant defense responses in rice. *Journal of Experimental Botany*, 20; 69(5): 1051-1064.

C Su, QQ Ding, YY Mou, R Yang, MJ Zhao, ZS Xu, YZ Ma, YC Pan, M Chen, YJ Xi. Proteomics Analyses of the Function of a Novel Cold-Regulated Multispanning Transmembrane Gene COR413-PM1 in Arabidopsis. *International Journal of Molecular Sciences*, 2018, 19, 2572.

Wei XN, Xu HJ, Rong W, Ye XG, Zhang ZY. Constitutive expression of a stabilized transcription factor ERFVII enhances waterlogging tolerance in wheat without penalizing grain yield. *Plant, Cell & Environment*, 10.1111/pce.13505,2018.

Zhu XL, Wang YU, Su ZQ, Lv LJ, Zhang ZY. Silencing of the Wheat Protein Phosphatase 2A Catalytic Subunit TaPP2Ac Enhances Host Resistance to the Necrotrophic Pathogen *Rhizoctonia cerealis*. *Frontiers in Plant Science*, doi:10.3389/fpls.2018.01437, 2018.

## 代表性知识产权

ZL201410078458.9, 植物耐逆性相关蛋白 GmNF-YA20 及其编码基因和应  
ZL201410078887.6, 植物耐逆性相关蛋白 GmNF-YC17 及其编码基因和应用  
ZL201410079072.X, 植物耐逆性相关蛋白 GmNF-YC6 及其编码基因和应用  
ZL201510422940.4, 一种与植物抗逆性相关的 SIMYB107 蛋白及其相关生物材料与应用  
CN105111295B, 抗根腐病和纹枯病的转 WMYB-R 基因小麦的培育方法及其相关生物材料

## 研究组成员

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

## 研究生

崔晓玉	于太飞	李波	卢霖	赵书平
张向展	马晓军	陈凯	赵婉	王开
赵娟莹	刘英	何章	罗明昭	杜勇涛
葛林豪	齐欣	杨雯晶	石文艳	杨瑞
高媛	徐伟亚	宫妍	苏红刚	于跃
杨燕	赵梦洁	张玥伟	王丹	琚鹤举
刘陶然				



## GENE EDITING AND CREATION OF NOVEL GERMPLASM

### 基因编辑与新材料创制创新研究组

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

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

#### 重要论著

Li S, Zhang X, Wang W, Guo X, Wu Z, Du W, Zhao Y, Xia LQ. 2018. Expanding the scope of CRISPR/Cpf1-mediated genome editing in rice. *Molecular Plant*, 11: 995-998.

Li SY, Li JY, Zhang JH, Du WM, Fu JD, Sutar S, Yunde Zhao YD and Xia LQ. 2018. Synthesis-dependent repair of Cpf1-induced double-strand DNA breaks enables targeted gene replacement in rice. *Journal of Experimental Botany*, 69(20): 4715-4721.

Li J, Zhang X, Sun Y, Zhang J, Du W, Guo X, Li S, Zhao Y, Xia LQ. 2018. Efficient allelic replacement in rice by gene editing: a case study of the NRT1.1B gene. *Journal of Integrative Plant Biology*, 60(7): 536-540.

#### 代表性知识产权

ZL201510419370.3, 一种适用于多种基因型小麦小孢子培养的方法

#### 研究组成员

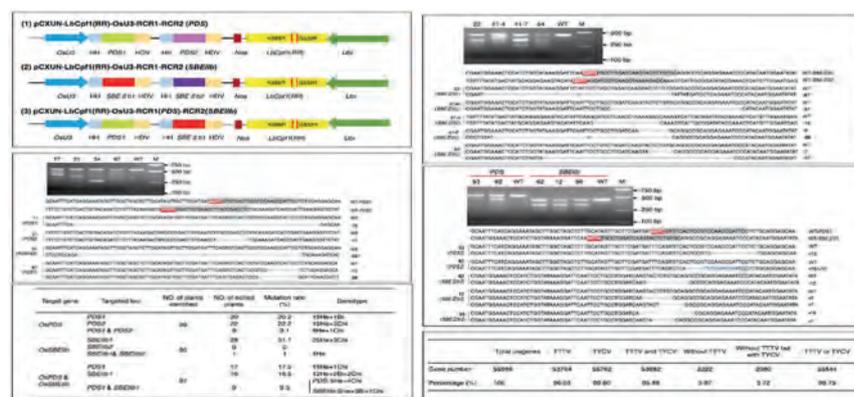
闫磊 助理研究员 穆艳霞 穆怀珍  
余宁博 梁媛媛

#### 研究生

李少雅 张佳慧 李晶莹 李慧园  
Sutar Suhas Bharat 罗金满

#### 亮点工作

Cpf1 蛋白隶属于 II 类 type V CRISPR 系统, 是比 Cas9 蛋白更小且更简单的核酸内切酶, 具有组装简单、脱靶效率低等特点。LbCpf1 蛋白识别的前导间隔序列 (PAM) 位点为“TTTV”, 从而限制了目标基因组中 crRNA 的靶向范围, 阻碍了 CRISPR/Cpf1 系统在植物基因组编辑研究中的广泛应用。本团队分别突变经过密码子优化的 LbCpf1 蛋白的 2 个和 3 个关键氨基酸, 获得突变体。利用 LbCpf1(RR) 和 LbCpf1(RVR) 突变体, 以水稻 OsPDS 和 OsSBE1b 基因为靶标基因, 整合具有核酶和两个 crRNAs, 构建了 RCRs 串联盒, 并以 OsU3 启动子驱动, 检测突变体对水稻基因组的编辑效率和多重基因编辑的效果。结果表明, LbCpf1(RR) 突变体在水稻基因组中可以成功识别“TYCV”PAM 序列, 并可同时对多基因和多位点进行有效的编辑。生物信息学分析表明水稻基因组 (以日本晴为例) 中 96% 的基因含有 TTTV 序列, 而有 99.6% 的基因含有 TYCV 序列。在 2221 个不含 TTTV 序列的基因中有 2080 个含有 TYCV 序列, LbCpf1(RR) 突变体的创制使得 CRISPR/LbCpf1 系统在水稻中可编辑范围扩展到 99.75%, 极大扩展了 CRISPR/Cpf1 基因编辑技术的应用范围。该工作对于推进 CRISPR/Cpf1 系统在植物基因组编辑研究领域的应用具有重要意义 (*Molecular Plant*, 2018)。此外, 在水稻中建立了 CRISPR/Cpf1 系统介导的同源重组体系。同时, 利用只含有左侧同源臂的修复模板, 成功实现了 ALS 基因的等位基因替换, 并初步解析了 HDR 介导的同源重组修复机制 (*J Exp Bot*, 2018)。



CRISPR/Cpf1 介导的农作物基因组编辑

## MAIZE MOLECULAR GENETICS

## 玉米分子遗传改良创新研究组

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

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

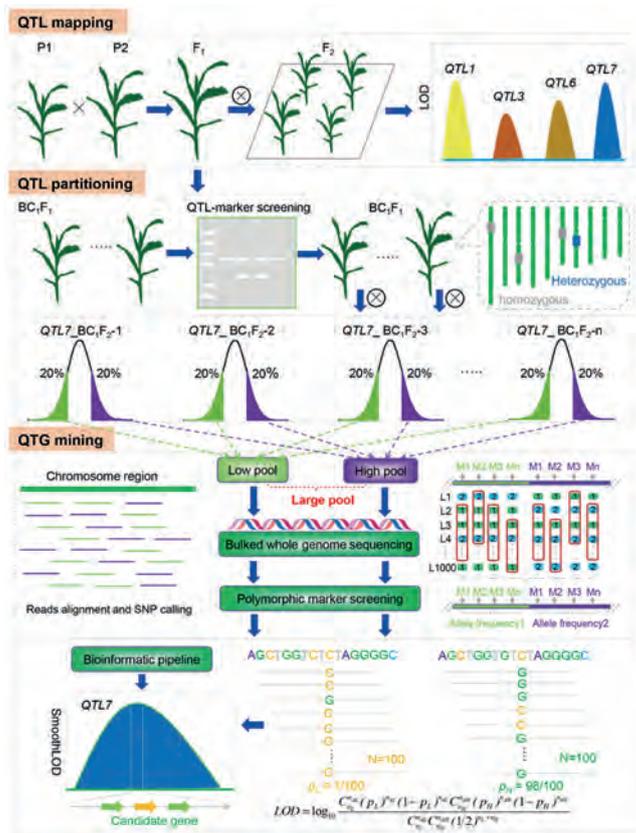
Email: wangguoying@caas.cn 电话: 010-82105862

主页: http://wangguoying.icscaas.com.cn



## 亮点工作

为了开发一种快速高效的 QTL 精细定位和克隆方法，从而加快玉米分子育种进程。本研究设计了一种 QTL 快速克隆的方法 QTG-seq。首先利用两个亲本材料构建 F<sub>1</sub> 代，F<sub>2</sub> 代，BC<sub>1</sub> 代，BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 代，在 F<sub>2</sub> 代进行初定位，在 BC<sub>1</sub> 代进行分子标记辅助选择，在 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 代放大群体进行精细定位。为了验证该方法的效果，我们利用玉米自交系 HZS 和 1462 构建以上群体，并针对位于第七条染色体上的玉米株高主效 QTL 进行精细定位，把目标位点定位到 300kb 的范围内，并选其中一个编码 NF-YC 转录因子的基因作为候选基因。我们通过多种策略验证了候选基因与玉米株高等性状的关系，并发现该基因在玉米驯化过程中受到选择。我们还通过蒙特-卡洛模拟实验证明了影响 QTG-seq 定位精度的因素，从而有利于该方法的进一步推广。QTG-seq 快速克隆关键目标基因，不仅能够加快 QTL 作用的遗传和分子机理研究，而且能更快地协助分子育种家开发功能分子标记，从而加速分子育种进程。



QTG-seq 加快玉米株高 QTL 精细定位示意图

QTG-seq 由三个主要步骤组成：QTL 作图；QTL 分子标记辅助选择；QTG 挖掘。其中用于混池的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 家系是由多个 BC<sub>1</sub> 个体的自交而来，在这些 BC<sub>1</sub> 个体的基因组上只有目标 QTL 是杂合的，其他非目标 QTL 都是纯合的。对从多个分离 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 家系的极端表型个体提 DNA 并混合成的“高”池和“低”池，对这两个池进行高通量测序，并建立快速 QTG 精细定位的生物信息流程

## 重要论著

Zhang H, Wang X, Pan Q, Li P, Liu Y, Lu X, Zhong W, Li M, Han L, Li J, Wang P, Li D, Liu Y, Li Q, Yang F, Zhang YM, Wang G, Li L. QTG-Seq Accelerates QTL Fine Mapping through QTL Partitioning and Whole-Genome Sequencing of Bulk Segregant Samples. *Molecular Plant*, 2019 12(3):426-437.

Zheng J, He C, Qin Y, Lin G, Park WD, Sun M, Li J, Lu X, Zhang C, Yeh CT, Gunasekara CJ, Zeng E, Wei H, Schnable PS, Wang G, Liu S. Co-expression analysis aids in the identification of genes in the cuticular wax pathway in maize. *Plant Journal*, 2019;97(3):530-542.

Pang J, Fu J, Zong N, Wang J, Song D, Zhang X, He C, Fang T, Zhang H, Fan Y, Wang G, Zhao J. Kernel size-related genes revealed by an integrated eQTL analysis during early maize kernel development. *Plant Journal*, 2019 Apr;98(1):19-32.

## 研究组成员

郑军 研究员 付俊杰 研究员  
刘允军 副研究员 张红伟 助理研究员  
崔钰 助理研究员 胡翠玲 工程师

## 博士后

杜雪梅

## 研究生

任珍静 陈全全 陈卫卫 王平喜 范开建  
王哲远 甄斯涵 张洁 李冬冬 任蒙蒙  
王瑞 张宁 徐佳亮 王晓丽 崔洋博  
郭映美 李丹丹 郭宇航 张凌霄 陈贞  
李健 方婷 马育庭 卢嘉雯 李梦瑶  
秦阳 何田利 黄丽瑛 臧茂森



## SOYBEAN FLOWERING CONTROL 大豆花期调控创新研究组

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

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

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

主页: <http://fuyongfu.icscaas.com.cn>

### 重要奖项

“调控大豆生育期关键基因的克隆与应用”项目，获吉林省科学技术一等奖。

### 重要论著

QS Chen, GL YU, JN Zou, ZM Qi, YF Fu, DW Xin et al. GmDRR1, a dirigent protein resistant to *Phytophthora sojae* in *Glycine max* (L.) Merr[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17(6):1289-1298.

纪丹丹, 陈福祿, 肖龙, 傅永福, 陈庆山, 张晓玫. 大豆 Nup98 蛋白结构及功能预测分析[J]. *分子植物育种*, 2018, 15(12): 4813-4824.

周航, 陈福祿, 傅永福, 宋莉, 张晓玫. 过表达 *GmAP1.2* 转基因大豆的遗传转化及植株发育特性[J]. *核农学报*, 2018, 32(5): 833-839.

谷月, 刘丽敏, 陈福祿, 傅永福, 陈庆山, 张晓玫. 大豆 *GmFTL3* 和 *GmFTL5* 启动子组织特异性表达分析[J]. *中国油料作物学报*, 2018, 40(4): 492-500.

### 研究组成员

张晓玫 副研究员 陈福祿 助理研究员

### 博士后

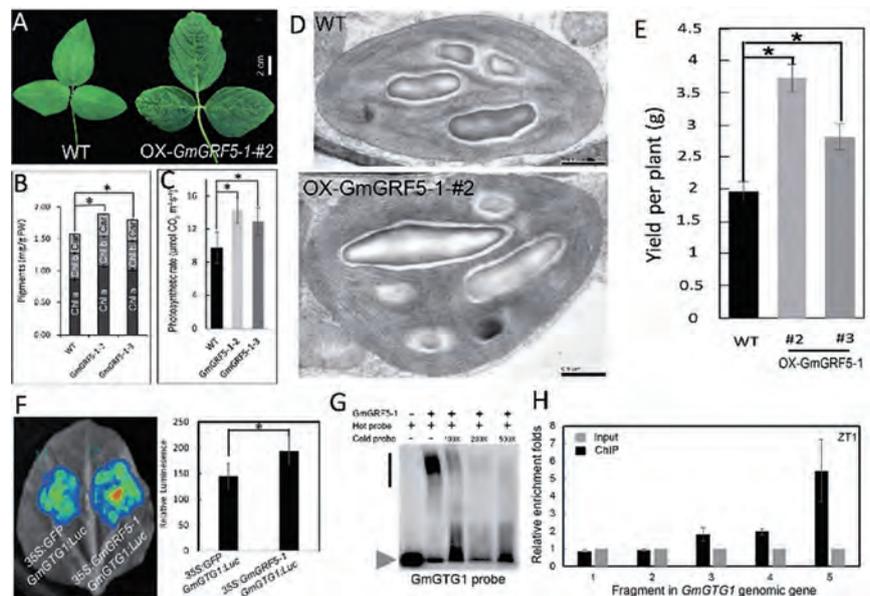
程志远

### 研究生

陆明洋 徐坤 黄鹏辉 姜姗姗

### 亮点工作

高产稳产是大豆生产上的重要问题，而光合作用是作物高产的基础。GRF 是植物特有的一类转录因子，涉及许多重要生物学过程（包括光合作用）的调节。我们克隆 GRF 是植物特有的一类转录因子。我们克隆鉴定到大豆中一个与营养生长、花期、光合作用、产量形成相关的 *GmGRF5* 基因。该基因直接调控叶绿体发育基因、光合作用的关键基因（如内囊体膜蛋白、光合作用中心元件、碳同化等关键基因）和叶片发育基因的表达，促进叶片生长、促进叶绿体发育、增强同化物积累、提高大豆产量。同时，*GmGRF5* 直接调节大豆成花素基因 *GmFTL* 的表达，延迟开花；另一方面，*GmFTL* 抑制 *GmGRF5* 的表达。因此，*GmGRF5* 与 *GmFTL* 之间可能存在相互抑制的关系。进一步详细分析二者之间的调控机制，有望解析大豆营养生长与生殖生长之间相互协调的分子调控网络，通过精细调控该网络，将创制大豆高产和广适应性新种质。



大豆 *GmGRF5* 高产的分子机制研究

A. *GmGRF5* 促进叶片发育；B. *GmGRF5* 促进光合色素积累；C. *GmGRF5* 提高光合效率；D. *GmGRF5* 促进叶绿体发育；E. *GmGRF5* 提高大豆单株产量；F. *GmGRF5* 激活光合作用基因；G. *GmGRF5* 蛋白在体外与光合作用基因直接结合；H. *GmGRF5* 蛋白在体内直接结合光合作用基因

## WHEAT BIOINFORMATICS

### 小麦生物信息学创新研究组

刘君，研究员，博士生导师。2009 年获中国科学院遗传与发育生物学研究所理学博士学位。2009-2014 年在美国洛克菲勒大学做博士后、研究助理。中国农业科学院院级青年英才计划入选者。

研究方向：生物学信息和分子聚合育种；开发多种类型的计算生物学分析工具和组学分析流程；建立和维护生物学信息技术分析平台。

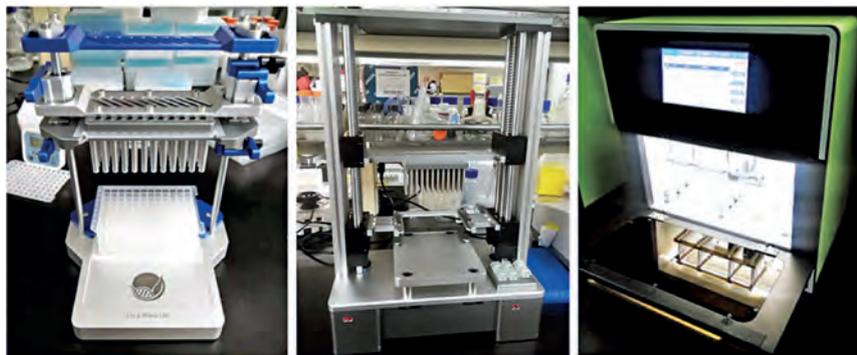
Email: liujun@caas.cn 电话: 010-82105869

主页: <http://liujun.icascaas.com.cn>



### 亮点工作

大豆籽粒蛋白质及油分含量也是衡量大豆品质的重要性状，它们是由多基因共同控制的，有着复杂的调控网络的数量性状，同时受环境因素的影响有一定的变化。研究组利用 Meta 分析的方法，对已经报道的关于大豆子粒蛋白质含量，油份含量及脂肪酸各组分含量相关的来自不同试验条件，不同定位群体，不同定位方法得到的原始 QTL 进行了整合分析，获得大豆子粒蛋白质含量相关的“Meta-QTL”51 个，与油分含量相关的“Meta-QTL”63 个，与脂肪酸各组分相关的“Meta-QTL”共 26 个。其中有 11 个“热点区域”同时在蛋白质和油分中都被定位到。同时，在课题组构建的染色体片段代换系群体中筛选出四份蛋白油分含量极端的材料和亲本绥农 14 作为试验材料，对其在子粒发育的六个重要阶段测定样品中的全氮含量及脂肪酸各个组分的组成及含量。选取 EM1，MM 和 DS 三个时期进行链特异性 RNA-seq 测序分析。将所有测序结果两两比较和 K 均值聚类分析，共得到了 7482 个差异表达基因和 45 个不同的表达模式的集群。对所有 FPKM 值大于 0.01 的差异表达基因进行加权基因共表达网络分析得到了 46 个基因表达模式，其中有两个最重要的共表达基因网络，这两个网络共包含 7 个与大豆子粒蛋白油分合成代谢通路相关的节点基因。研究结果不仅提供了导入系材料在大豆种子发育过程的转录组数据库，关键节点基因作为候选基因为进一步研究大豆子粒储藏组分的合成及代谢过程的研究奠定了基础。( *Plant Cell and Environment*, 2018 )



手动（左）、半自动（中）和全自动 DNA 提取仪（右）

### 重要论著

- Z Qi, Z Zhang, Z Wang, J Yu, H Qin, X Mao, H Jiang, D Xin, Z Yin, R Zhu, C Liu, Y Wei, X Hu, X Wu, Jjun L, Q Chen. Meta-analysis and transcriptome profiling reveal hub genes for soybean seed storage composition during seed development. *Plant, Cell & Environment*, 2018 Feb 27. doi: 10.1111/pce.13175.
- B Song, SW Di, SQ Cui, N Chen, H Wang, X Wang, Q Gao, GZ Tong, HB Wang, XK Huang, LY Distinct Patterns of PPAR $\gamma$  Promoter Usage, Lipid Degradation Activity, and Gene Expression in Subcutaneous Adipose Tissue of Lean and Obese Swine. *International Journal of Molecular Sciences*. 2018, 19(12), 3892.
- Cheng X, Zhang S, Tao W, Zhang X, Liu J, Sun J, Zhang H, Pu L, Huang R, Chen T., INDETERMINATE SPIKELET1 Recruits Histone Deacetylase and a Transcriptional Repression Complex to Regulate Rice Salt Tolerance. *Plant Physiology*. 2018 Oct;178(2):824-837. doi: 10.1104/pp.18.00324.

### 研究组成员

高英 副研究员 程溪柳 助理研究员

### 博士后

贺强 孙莹露 魏钰 徐东东

### 研究生

吕明杰 石添添 朱梦圆 高倩



## RICE MOLECULAR GENETICS

### 水稻分子育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://xujianlong.icscas.com.cn>, [http://www.mbreeding.cn/profile/Jian-Long\\_Xu.htm](http://www.mbreeding.cn/profile/Jian-Long_Xu.htm)

#### 重要奖项

优质多抗香型粳 18 的选育及配套技术集成示范·黑龙江省科技进步一等奖

#### 重要论著

W Wang, Mauleon R, Hu Z, Chebotarov D, Tai S, Wu Z, Li M, Zheng T, Fuentes RR, Zhang F, Mansueto L, Copetti D, Sanciangco M, Palis KC, Xu J, Sun C, Fu B, Zhang H, Gao Y, Zhao X, Shen F, Cui X, Yu H, Li Z, Chen M, Detras J, Zhou Y, Zhang X, Zhao Y, Kudrna D, Wang C, Li R, Jia B, Lu J, He X, Dong Z, Xu J, Li Y, Wang M, Shi J, Li J, Zhang D, Lee S, Hu W, Poliakov A, Dubchak I, Ulat VJ, Borja FN, Mendoza JR, Ali J, Li J, Gao Q, Niu Y, Yue Z, Naredo MEB, Talag J, Wang X, Li J, Fang X, Yin Y, Glaszmann JC, Zhang J, Li J, Hamilton RS, Wing RA, Ruan J, Zhang G, Wei C, Alexandrov N, McNally KL, Li Z, Leung H. *Nature*, 2018, 557:43-49.

Y Zhao, HL Zhang, JL Xu, CH Jiang, ZA Yin, HY Xiong, JY Xie, XQ Wang, XY Zhu, Y Li, WP Zhao, Muhammad Abdu Rehman Rashid, JJ Li, WS Wang, Binying Fu, Guoyou Ye, Yan Guo ZQ Hu, ZK Li, ZC Li. *PLoS Genetics*, 2018, 14(8): e1007521.

Huang L, Wang Y, Wang W, Zhao X, Qin Q, Sun F, Hu F, Zhao Y, Zichao Li Z, Fu B, Li Z. Characterization of transcription factor gene OsDRAP1 conferring drought tolerance in rice. *Frontier in Plant Sciences*, 2018, 9:94.

YR Cui, WY Zhang, XY Lin, SZ Xu, JL Xu, ZK Li. Simultaneous Improvement and Genetic Dissection of Drought Tolerance Using Selected Breeding Populations of Rice. *Frontier in Plant Sciences*, 2018, 9:320.

XQ Zhao, WS Wang, ZY Xie, YM Gao, CC Wang, Muhammad Mahbubur Rashid, Mohammad Rafiqul Islam, BY Fu, ZK Li. Comparative analysis of metabolite changes in two contrasting rice genotypes in response to low-nitrogen stress. *The Crop Journal*, 2018, 6(5):464-474.

#### 代表性品种

荃优 6 号, 湖北省审  
钱 3 优 982, 海南省审

#### 代表性知识产权

ZL201510104118.3, 一种水稻选择导入系 QTL 的定位方法

ZL201610351525.9, 基因组信息辅助育种方法——基于 SNP 聚类信息和 PAV 变异信息的育种亲本选择

#### 研究组成员

黎志康 研究员 傅彬英 研究员  
高用明 研究员 周永力 研究员  
赵秀琴 副研究员 郑天清 副研究员  
张帆 副研究员 王文生 副研究员

#### 博士后

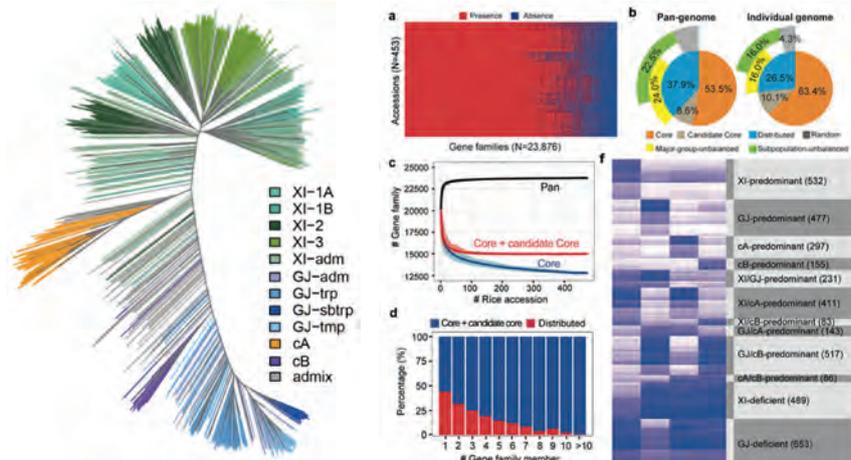
王春超

#### 研究生

王杰 王银晓 卢家玲 Faruquee  
杜丰平 刘晴 李健敏 Ganapati 李全林  
霍来圆 牛亚楠 曹丹 谢自艳 刘万金  
赵滢 张宛阳 谢俊平 汪娟 商水根  
史晓荣

#### 亮点工作

水稻是全世界最重要的粮食作物之一, 在全球气候变化的趋势下, 如何培育高产、优质、多抗的水稻新品种一直是育种家面临的巨大挑战, 水稻种质资源是水稻育种改良的遗传基础, 为了充分挖掘水稻种质资源的遗传多样性和遗传变异, 通过对来自全球 89 个国家的代表了 78 万份核心种质约 95% 遗传多样性的 3,010 份水稻进行了重测序和大数据分析, 完成了目前植物界最大的基因组测序工程, 发现了蕴藏在水稻种质资源中巨量的自然多态性变异 (2,900 万个 SNP、250 万个 InDel 和 9 万个结构变异), 对亚洲栽培稻群体进行了当今最为精细的种群分类, 揭示了水稻种内丰富的群体结构和遗传多样性, 为水稻种质创新和新品种培育提供了数据基础; 构建了全球首个近乎完整、高质量的亚洲栽培稻的泛基因组, 发现了 1.2 万个水稻新基因, 为水稻分子设计育种提供了新的基因资源; 建立了基于水稻基因组信息的数据库和应用平台, 提升了规模化优良基因发掘和水稻分子育种效率, 开启了“后基因组时代的水稻设计育种”, 实现传统“经验育种”向现代“精准育种”的跃升; 首次提出了水稻籼、粳亚种的独立多起源假说, 并且提出恢复籼 (*Oryza sativa ssp. xian*)、粳 (*Oryza sativa ssp. geng*) 亚种正确命名的建议, 使中国源远流长的稻作文化得到正确认识和传承; 通过国际合作方式, 突破了种质资源批量引进技术壁垒, 从国际水稻研究所批量引进全球 2500 份水稻核心种质资源, 保存到国家种质资源库, 将极大丰富我国水稻种质的遗传多样性。( *Nature*, 2018 )。



亚洲栽培稻 SNP 聚类和泛基因组分析

## REGULATION OF GRAIN DEVELOPMENT

## 水稻籽粒发育调控创新研究组

童红宁，研究员，博士生导师，2010年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2017年获基金委“优秀青年基金”资助，并入选中国农业科学院农科英才领军人才。2018年入选科技部中青年科技创新领军人才。

研究方向：水稻籽粒发育与油菜素内酯调控机制解析及作物分子设计利用。

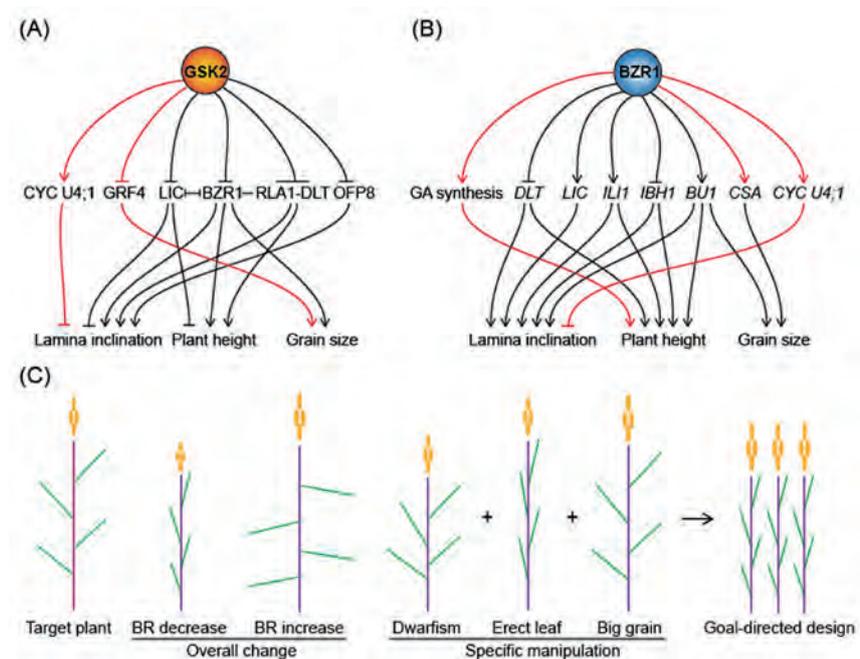
Email: tonghongning@caas.cn 电话: 010-82108748

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



## 亮点工作

油菜素内酯控制着水稻叶夹角、株高、粒型等多个重要农艺性状，并介导生物和非生物胁迫反应，在农业生物技术具有重要应用潜力。但由于不同性状之间的关联性，目前利用油菜素内酯对作物进行改良存在局限性。之前的一系列研究表明，此激素在不同环境下对不同性状的控制下游具有相对特异的信号通路。例如，我们发现油菜素内酯通过控制赤霉素代谢来调控水稻株高，而通过调控OsGRF4功能调控水稻粒长，并且不同水平的油菜素内酯对水稻不同组织的生长发育具有不同甚至相反的调控功能。在分子水平上，这种特异性通常是由激素信号负调控子的不同底物或转录因子的不同靶标来介导的，这些底物或靶标之间存在复杂的相互作用，既相对特异，又相互作用，或协同或拮抗或竞争，从而调控油菜素内酯多种多样的功能。鉴定相应通路的特异组分可用于对某一性状进行定向改造而避免其它负效应，从而提高分子设计效率，辅助分子设计育种。该工作系统总结了我和其他实验室水稻油菜素内酯相关的一系列工作，并对本领域重要的相关问题做出了展望，对最终利用油菜素内酯对作物进行分子设计改良的策略进行了阐述（*Trends in Plant Science*, 2018）。



油菜素内酯功能特异性调控机制及分子设计策略

## 重要论著

Tong H, Chu C. Functional specificities of brassinosteroid and potential utilization for crop improvement. *Trends in Plant Science*, 2018, 23 (11): 1016-1028.

Xiao Y, Liu D, Zhang G, Gao S, Liu L, Xu F, Che R, Wang Y, Tong H, Chu C. *Big Grain3*, encoding a purine permease, regulates grain size via modulating cytokinin transport in rice. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2018, DOI: 10.1111/jipb.12727.

Yin W, Dong N, Niu M, Zhang X, Li L, Liu J, Liu B, Tong H. Brassinosteroid-regulated plant growth and development and gene expression in soybean. *Crop Journal*, 2018, DOI: 10.1016/j.cj.2018.10.003.

## 研究组成员

孟文静 助理研究员

## 博士后

牛梅 殷文超

## 研究生

张晓星 栗露露 董娜娜



## WHEAT COMPLEX TRAITS DISSECTION

### 小麦复杂基因组解析创新研究组

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

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

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

主页: <http://maolong.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

Geng S, Kong X, Song G, Jia M, Guan J, Wang F, Qin Z, Wu L, Lan X, Li A, and Mao L. DNA methylation dynamics during the interactions of the wheat progenitor *Aegilops tauschii* and the obligate biotrophic fungus *Blumeria graminis* f. sp. *Tritici*. *New Phytologist*, 2019, 221:1023-1035.

Dong L, Li L, Liu C, Liu C, Geng S, Li X, Huang C, Mao L, Chen S, Xie C. Genome Editing and Double-Fluorescence Proteins Enable Robust Maternal Haploid Induction and Identification in Maize[J]. *Molecular Plant*, 2018:S1674205218302181.

Li A, Liu D, Yang W, Kishii M, Mao L. Synthetic Hexaploid Wheat: Yesterday, Today, and Tomorrow. *Engineering*, 2018, 4(4):552-558.

Zhao J, Zhai Z, Li Y, Geng S, Song G, Guan J, Jia M, Wang F, Sun G, Feng N, Kong X, Chen L, Mao L, Li A. Genome-wide identification and expression profiling of the TCP family genes in spike and grain development of wheat(*Triticum aestivum* L.). *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 1282.

Jia M, Guan J, Zhai Z, Geng S, Zhang X, Mao L, Li A. Wheat functional genomics in the era of next generation sequencing: An update[J]. *Crop Journal* 2018, 6(1):7-14.

#### 代表性知识产权

ZL201510141354.2, 小麦 TaSPL6 基因及其应用

#### 研究组成员

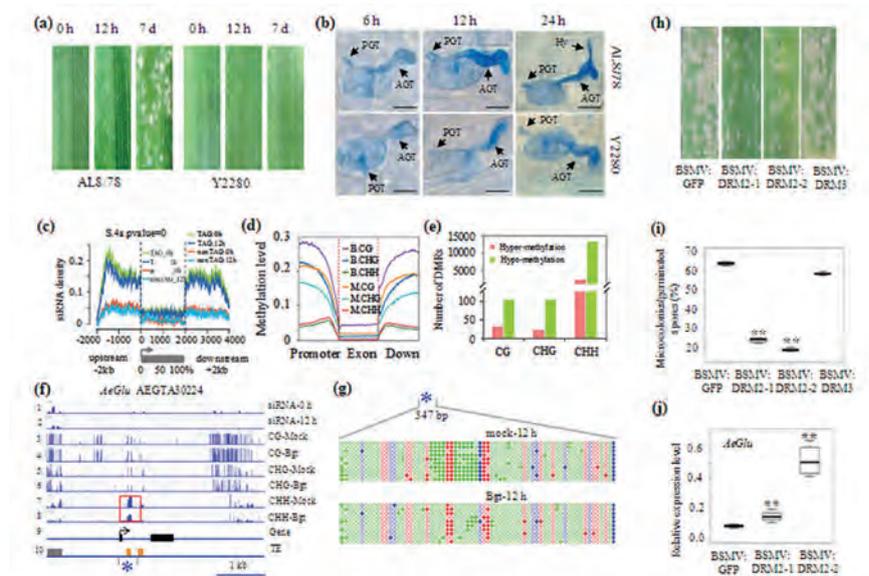
李爱丽 研究员 耿帅锋 助理研究员

#### 研究生

官健涛 孔星辰 王芳 贾美玲 孙国梁  
李亚楠 Garcia Castillo Diego Fernando  
陶妹

#### 亮点工作

小麦白粉病由活体寄生的病原真菌—白粉菌引起, 在各主要产麦国均有分布, 并严重影响小麦的产量和品质。为深入研究小麦与白粉菌互作的分子机制, 并从中有效挖掘广谱、持久的小麦抗白粉病重要基因, 创新研究组利用六倍体小麦 D 基因组供体种粗山羊草能与小麦白粉菌发生互作的特性, 通过高通量测序, 对白粉菌侵染后粗山羊草叶片的 total sRNA 和 AGO4a 捕获的 sRNA 进行分析, 发现 AGO4a 主要结合以 A 开头的长度为 24 nt 的小分子, 接菌后 AGO4a 捕获的 24 nt 小分子 RNA 显著下调, 且抗病材料中的下调强于感病材料。通过全基因组甲基化测序方法, 对白粉菌侵染后粗山羊草全基因组 DNA 甲基化程度的评估, 发现白粉菌侵染后 CHH 甲基化程度降低, 并伴随转座子附近基因上 AGO4a 结合的 24-nt siRNA 大量减少。这些基因主要富集为胁迫应答, 包括受体激酶、过氧化物酶和致病相关基因。为证明上述分析结果, 研究员通过病毒诱导基因沉默 (VIGS) 沉默主要负责 CHH 甲基化的甲基化重组酶 2 (*DRM2*), 发现 *DRM2* 下降增强了植物对白粉菌的抗病性。进一步对其中一个富集基因 *PR2* 进行分析, 发现植物可能通过降低该基因的 CHH 甲基化水平参与白粉菌防御反应。这一工作表明, DNA 甲基化的动态变化能够参与植物复杂的免疫反应过程, 对提高小麦抗病性具有指导意义。相关成果于 9 月 6 日在线发表于 *New Phytologist* 期刊。



DNA 甲基化参与调控白粉菌抗病应答的新机制

## SOYBEAN PHOTOBIOLOGY

### 大豆光信号转导创新研究组

刘斌，研究员，博士生导师。2008年获中科院遗传与发育生物学研究所遗传学博士学位。国家优青，中国农业科学院农科英才领军人才，2018年入选“万人计划”科技创新领军人才。

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

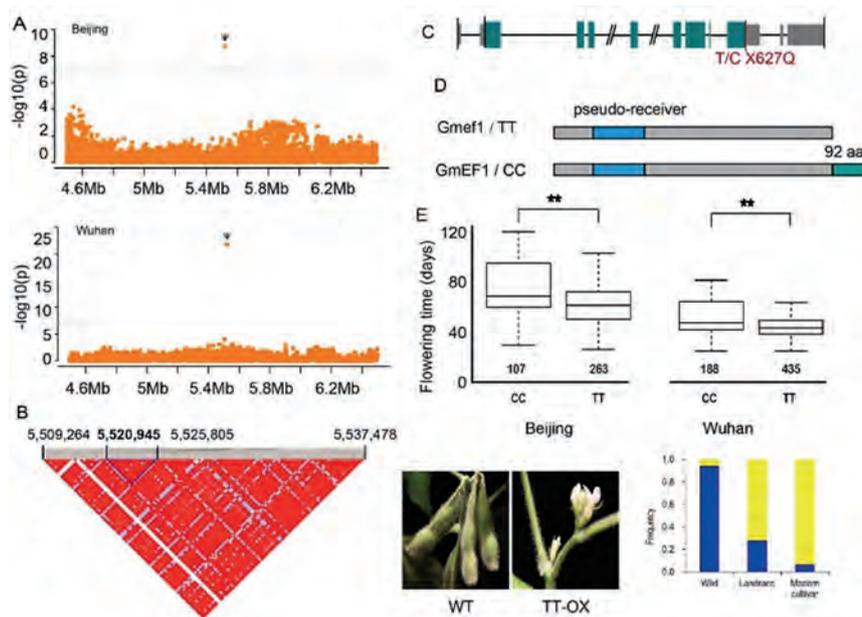
Email: liubin05@caas.cn 电话: 010-82108435

主页: <http://liubin.icascaas.com.cn>



### 亮点工作

大豆是典型的短日照植物，多数大豆品种的生育期对不同纬度地区的适应性狭窄，限制了优良品种的大面积推广应用。通过对300份大豆地方品种进行全基因组关联分析(GWAS)，鉴定了调控大豆生育期的关键驯化基因 *EF1*。研究发现该基因在野生大豆、地方品种和栽培品种中至少存在8种单倍型，其中单倍型H6在野生大豆、地方品种和栽培品种比例分别为3%、75%和91%，表明该单倍型在大豆驯化改良中受到了强烈选择。将H6单倍型在栽培品种“天隆1号”中进行过表达，后代阳性转化植株不仅表现显著的晚花表型，而且其结荚习性限由“有限”向“无限”转变，节间数、荚数、株高和产量均显著增加。该研究初步验证了 *EF1* 基因具有调控大豆开花的生物学功能，为揭示H6单倍型在驯化过程中受到强烈选择原因及其调控开花的分子遗传机制奠定了基础。



全基因组关联分析定位了控制大豆生育期的关键驯化基因 *EF1*

### 重要论著

L Xiong, C Li, HY Li, XG Lyu, T Zhao, J Liu, ZC Zuo, B Liu, B Liu. A Transient Expression System in Soybean Mesophyll Protoplasts Reveals the Formation of Cytoplasmic GmCRY1 Photobody-Like Structures. *Science China Life Science*, DOI: 10.1007/s11427-018-9496-5.

WC Yin, NN Dong, M Niu, XY Zhang, LL Li, J Liu, B Liu, HN Tong. Brassinosteroid-regulated plant growth and development and gene expression in soybean. *The Crop Journal*, DOI: 10.1016/j.cj.2018.10.003.

### 代表性知识产权

ZL 201310329880.2, 水稻转录因子 Os05g46780 基因 CDS 序列的应用

ZL 201310347254.6, 水稻转录因子 Os07g38240 基因 CDS 序列的应用

ZL 201310347536.6, 转录因子 Os04g08740 在改变水稻籽粒性状中的应用

ZL 201310490925.4, 大豆 GmCIB1 基因和 GmCRY2 基因及其调控开花及衰老的作用

ZL 201310493894.8, 一种用于农作物田间自动化数据采集管理系统

### 研究组成员

李宏宇 研究员 赵涛 副研究员

刘军 副研究员

### 研究生

姬荣桓 吕向光 李聪 秦超 穆若兰

徐昕 程启灿 王昕 李庄 屠其超

张丽雅



## RICE DISEASE RESISTANCE

### 水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

Mishra R, Joshi RK and Zhao KJ Genome Editing in Rice: Recent Advances, Challenges, and Future Implications. *Frontiers in Plant Science*. (2018) 9:1361.

Tariq R., Wang CL., Qin TF., Xu FF., Tang YC., Gao Y., Ji ZY. and Zhao KJ Comparative Transcriptome Profiling of Rice Near-Isogenic Line Carrying Xa23 under Infection of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Int. International Journal of Molecular Sciences*. (2018), 19, 717.

Ji ZY, Wang CL and Zhao KJ Rice Routes of Countering *Xanthomonas oryzae*. *International Journal of Molecular Sciences*. (2018)19(10). pii: E3008.

Mishra R and Zhao KJ, Genome editing technologies and their applications in crop improvement, *Plant Biotechnology Reports*, (2018) 12:57-68.

王福军, 赵开军, 基因组编辑技术应用于作物遗传改良的进展与挑战, *中国农业科学*, 2018, 51 (1): 1-16. (获“第三届中国科协优秀科技论文遴选计划”优秀论文一等奖).

#### 代表性品种

龙两优 237, 广西省审

#### 代表性知识产权

申请号 201811511143.3, 一种通过基因编辑技术培育抗白叶枯病水稻的方法

#### 研究组成员

王春连 研究员 纪志远 助理研究员

#### 博士后

Rukmini Mishra

#### 研究生

崔华 Rezwan Tariq 唐永超 卫正  
徐江民 郑凯丽 孙宏达 郑宇涵

#### 亮点工作

水稻白叶枯病是水稻的重要细菌性病害, 一般引起减产 20 ~ 30%, 严重时颗粒无收。我国的水稻品种多不抗该病, 其关键问题是缺乏广谱高抗白叶枯病的种质/基因。本实验室前期从野生稻中挖掘出广谱高抗白叶枯病野生稻种质 RBB16, 并将其广谱高抗特性导入栽培稻品种金刚 30, 创制出超越国际著名的 IRBB21 的广谱抗白叶枯病新种质 CBB23。通过并集创新了大片段 DNA 转化与烟草瞬时表达系统相结合的抗病基因分离技术体系, 从 CBB23 中成功克隆到目前国际上抗谱最广的白叶枯病抗性基因 Xa23。本创新小组利用具有自主知识产权的 Xa23 基因及其分子标记, 与广西大学等单位合作, 构建分子标记辅助选择技术体系, 先后培育出通过广西壮族自治区农作物品种审定委员会审定的高产抗病水稻新品种“博优 1652”和“龙两优 237”, 截止 2018 年已累计推广 350 多万亩, 增产稻谷 4891.71 万 kg, 新增利润和挽回损失 84730 多万元。其中, “龙两优 237”于 2018 年通过审定 (桂审稻 2018009 号), 当年推广 3 万多亩, 该品种株型较紧凑, 高抗白叶枯, 抗稻瘟病, 在广西两年区试中的平均亩产量为 550.5 千克, 比对照品种增产 5.45%; 正被我国海南省、云南省和孟加拉国引种。



含 Xa23 基因的杂交稻新品种“龙两优 237”

## CROP QUANTITATIVE GENETICS

## 作物数量遗传创新研究组

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

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

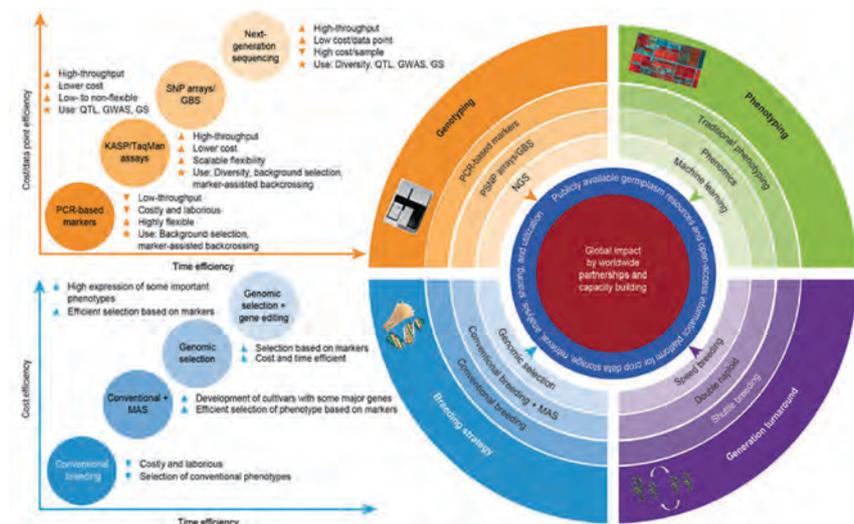
Email: wangjiangkang@caas.cn 电话: 010-82105846, 13718971708

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



## 亮点工作

将基因组、表型组等新兴组学技术与全基因组选择、快速育种等前沿育种技术相结合，建立国际育种协作网，能够有效地提高育种遗传进度。快速育种技术为提高育种遗传进度提供了绝佳机会，使植物育种家能够跟上不断变化的环境和不断增长的人口，可以促进诸如基因分型、标记辅助选择、高通量表型、基因组编辑、基因组选择和重新驯化等技术的发展。快速育种设施与自动化高通量表型平台相结合，将进一步加快基因位点和基因发现，以及特定基因对植物生长发育影响的表征。种质库里封藏着的有利遗传变异为提高育种遗传进度提供了巨大潜能；全基因组选择与基因编辑技术的有效结合为提高育种遗传进度提高了巨大潜力；建立多学科交叉的国际协作网是提高育种遗传进度的有力保障（*Trends in Plant Science*, 2018）。



育种遗传进度的整合策略

对于日益受到重视的四交和八交纯系遗传群体，我们根据纯合亲本中可区分等位基因的个数，对表现多态的遗传标记进行分类。在此基础上，推导了两个完全标记的期望基因型频率，并提出了计算标记间重组率的极大似然算法。对含有不完全信息的两个标记，提出了使用EM迭代的重组率估计算法。推导出了各种标记基因型下QTL基因型的条件概率，构建正交变量并建立各类群体中QTL作图的表型与基因型间线性回归模型，利用逐步回归选择显著标记变量，并用显著变量对表型值进行矫正，并进行有背景控制的区间作图。开发出GAPL软件，适用于多亲纯系群体的重组率估计、连锁图谱构建和QTL定位。软件可从课题组网页[www.isbreeding.net](http://www.isbreeding.net)免费下载，界面友好，输入格式灵活，操作简单，结果图形满足各种需求（*The Crop Journal*, 2019）。

## 重要论著

Zhang, L., L. Meng, J. Wang. 2019. Linkage analysis and integrated software GAPL for pure-line populations derived from four-way and eight-way crosses. *Crop Journal*. 6: 353-365.

Yao, J., D. Zhao, X. Chen, Y. Zhang, J. Wang. 2018. Use of genomic selection and breeding simulation in cross prediction for improvement of yield and quality in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Crop Journal*. 6: 353-365.

Zhang, R., Xu G., Li J., Yan J., Li H, Yang X. 2018. Patterns of genomic variation in Chinese maize inbred lines and implications for genetic improvement. *Theoretical and Applied Genetics*. 131: 1207-1221.

HH Li, A Rasheed, LT Hickey, ZH He. 2018. Fast-Forwarding genetic gain. *Trends in Plant Science*. 23(3): 184-186.

## 代表性知识产权

2018SR886619, 多亲本纯系群体遗传分析软件 V1.2

2018SR746577, 全基因组选择育种平台 V1.2

2018SR710679, 作物遗传育种群体数据库系统 V1.0

## 研究组成员

李慧慧 研究员 张鲁燕 副研究员  
钱亚红 中级实验师 孟磊 软件工程师

## 博士后

尹长斌

## 研究生

姚骥 李静 曲平平 Mohsin Ali  
史金卉 李志勇 单丹婷 李珊珊 伦珠朗杰



## WHEAT BREEDING AND QUALITY RESEARCH

### 小麦品质育种创新研究组

何中虎，研究员，博士生导师。1989年获中国农业大学遗传育种专业博士学位，曾在国际玉米小麦改良中心做博士后研究，现任国家小麦改良中心主任，中国农业科学院小麦亲本创制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

A Rasheed, FC Ogbonnaya, E Lagudah, R Appels and ZH He. The goat grass genome's role in wheat improvement. *Nature Plants*, 2018. 4: 56-58.

HH Li, A Rasheed, LT Hickey, ZH He. Fast-Forwarding genetic gain. *Trends in Plant Science*, 2018. 23(3): 184-186.

SN Zhai, JD Liu, DA Xu, W Wen, J Yan, PZ Zhang, YX Wan, SH Cao, YF Hao, XC Xia, WJ Ma, ZH He. A Genome-Wide Association Study Reveals a Rich Genetic Architecture of Flour Color-Related Traits in Bread Wheat. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9:1136.

AL Jia, Y Ren, FM Gao, GH Yin, JD Liu, L Guo, JZ Zheng, ZH He, XC Xia. Mapping and validation of a new QTL for adult-plant resistance to powdery mildew in Chinese elite bread wheat line Zhou8425B. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(5): 1063-1071.

FJ Li, WE Wen, ZH He, JD Liu, H Jin, SH Cao, HW Geng, J Yan, PZ Zhang, YX Wan, XC Xia. Genome-wide linkage mapping of yield-related traits in three Chinese bread wheat populations using high-density SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(9): 1903-1924.

#### 代表性品种

中麦 93, 国审

中麦 29, 河北省审

#### 代表性知识产权

ZL 201610347796.7, 用于鉴定小麦株高的分子标记以及特异引物

ZL 201510613432.4, 基于 KASP 技术检测小麦功能基因的成套引物及其应用

CNA20131112.4, 中麦 998

#### 研究组成员

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

#### 研究生

李吉虎 杨莉 谢礼 徐登安 付路平  
Muhammad Adeel Hassan 赵德辉  
朱展望 武竞春 田秀苓 宋杰 谢丽娜  
徐小婷 符超 武玉莹 王悦 刘萃鹤  
倪中秋

#### 亮点工作

与棉花研究所合作育成了高产强筋优质小麦新品种中麦 578，组合为中麦 255/ 济麦 22，中麦 255 来自豫麦 49/Sunstate。预计 2019 年底黄淮南片审定，正在参加黄淮北片生产试验和新疆区域试验。

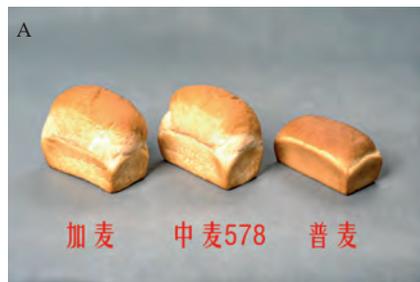
高产早熟：半冬性，抗寒性好，在黄淮冬麦区比对照品种早熟 2 天，大面积产量与主栽高产品种持平，株高 80 厘米左右，茎秆弹性好，抗倒伏能力强。2016-2017 年度河南省优质强筋组区域试验平均亩产 526.0 公斤，比对照品种周麦 18 增产 4.1%；2017-2018 年度平均亩产 426.3 公斤，比对照品种增产 9.0%；2017-2018 年度生产试验平均亩产 444.2 公斤，比对照品种增产 7.4%。区域试验平均亩穗数 42.6 万，穗粒数 31.2 粒，千粒重 48.1 克。2018 年在自然灾害十分严重的情况下，河南沁阳县百亩方实打验收亩产 643 公斤。

优质强筋：粒大、硬质、饱满、外观商品性好，面团延伸性好，面包品质优良，在不同地区和年份稳定性好，接近进口加麦水平，得到天津大成、益海嘉里等知名企业认可。60 多次次试验品质分析平均：蛋白质含量（干基）15%，湿面筋含量 31.5%，稳定时间 16.6 分钟，最大抗延阻力 676EU，拉伸面积 138cm<sup>2</sup>，面包体积 850-1025cm<sup>3</sup>，面包评分 85-93 分，达到优质强筋小麦品种标准。

抗病耐热：田间自然发病条件下，中抗条锈病、白粉病、叶锈病，赤霉病轻。灌浆速率快，抗干热风能力强，落黄好。

适宜区域：适宜黄淮冬麦区南片的河南省、江苏和安徽省北部、陕西省关中水地及黄淮北片的山东省、河北省中南部、山西省南部水地种植。

栽培要点：黄淮南片适宜播期为 10 月 8 日至 25 日，北片适宜播期为 10 月 10 日至 20 日，亩播量 8-10 公斤，适时冬灌，培育壮苗。适宜中等以上肥力地块种植，拔节初期以控制春季分蘖为主，一般不浇水施肥；追肥在拔节末期进行，亩追施尿素 10 公斤左右。返青拔节期需要防治茎基腐病和纹枯病。



高产强筋优质小麦新品种中麦 578

A. 中麦 578、加麦和普麦面包对照图；B. 中麦 578 展示田

## WHEAT MUTAGENESIS AND BREEDING

## 小麦诱变育种创新研究组

刘录祥，研究员，硕士生导师。现任中国农业科学院作物科学研究所副所长，中国农业科学院小麦育种技术与方法研究创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。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。

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

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

主页: <http://liuluxiangicscaas.com.cn>



## 亮点工作

航麦 2566：国审麦 20180069。该品种冬性，幼苗半匍匐，分蘖力中等，抗寒性中等。株高 82.5 厘米，株型紧凑，秆粗弹性好，高抗倒伏。穗纺锤型，长芒、白壳、红粒，饱满度好。亩穗数 34.6 万，穗粒数 37.3 粒，千粒重 46.9 克，为大穗大粒型品种。生产试验平均亩产 571.2 千克，比对照增产 13.4%。

航麦 501：京审麦 20180003。该品种冬性，全生育期 253 天，比对照中麦 175 成熟期晚 1-2 天。幼苗半匍匐，分蘖力中等，抗寒性中等。株高 72 厘米，株型紧凑，秆粗弹性好，高抗倒伏。长芒、白壳、红粒，饱满度好。亩穗数 30.6 万，穗粒数 40.5 粒，千粒重 51 克，为大穗大粒型品种。

航麦 287：陕审麦 2018014。该品种冬性，全生育期 251 天，与对照中麦 175 相当。幼苗半匍匐，分蘖力中等，抗寒性中等。株高 91 厘米，株型略散，高抗倒伏。长芒、白壳、红粒，饱满度好。亩穗数 32.3 万，穗粒数 35 粒，千粒重 52.2 克。



利用诱变培育的航麦系列新品种

A,B. 航麦 2566; C,D. 航麦 287

## 重要奖项

广适高产稳产小麦新品种鲁原 502 的选育与应用，山东省科学技术进步一等奖（第二完成单位）。

高产优质早熟小麦新品种陕农 138 的选育，陕西省科学技术进步二等奖（第二完成单位）。

## 重要论著

HC Xiong, HJ Guo, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, JH Li and LX Liu. Enhancement of dwarf wheat germplasm with high-yield potential derived from induced mutagenesis. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 2018. 16(1): 74-81.

赵林妹, 何子伟, 刘丽, 古佳玉, 谢永盾, 赵世荣, 李军辉, 熊宏春, 郭会君, 丁玉萍, 刘录祥. 小麦花药液体漂浮离体培养体系的建立与应用. *麦类作物学报*, 2018, 38(1): 22-27.

赵林妹, 余曼丽, 郭会君, 古佳玉, 谢永盾, 赵世荣, 熊宏春, 刘录祥. 基于小麦突变新种质的花药培养力基因初步定位. *核农学报*, 2018, 32(12): 2305-2312.

## 代表性品种

航麦 2566, 国家审定

航麦 287, 陕西省审定

## 代表性知识产权

CNA20161680.3, 航麦 501

CNA20161681.2, 航麦 3247

CNA20161682.1, 航麦 3290

## 研究组成员

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

## 研究生

Ahsan Irshad 许达兴 刘晴 张顺麟  
周春云 李於亭 曾伟伟 王良娟 方汉顺  
何子伟 翟雷 王雪晴



## WHEAT BREEDING FOR HIGH-YIELD AND WIDE ADAPTABILITY

### 小麦高产广适育种创新研究组

李洪杰, 研究员, 博士生导师。1998 年获中国科学院植物研究所博士。2000—2004 年先后在加拿大农业食品部 Lethbridge 研发中心和美国华盛顿州立大学植物病理系博士后。2004 年入选中国农业科学院二级人才。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

Sun HG, Hu JH, Song WW, Qiu D, Cui L, Wu PP, Zhang HJ, Liu HW, Yang L, Qu YF, Yang L, Li T, Cheng W, Zhou Y, Liu ZY, Li JT, Li HJ. 2018. *Pm61*: a recessive gene for resistance to powdery mildew in wheat landrace Xuxusanyuehuang identified by comparative genomics analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 131: 2085-2097.

Wu PP, Xie JZ, Hu JH, Qiu D, Liu ZY, Li JT, Li MM, Zhang HJ, Yang L, Liu HW, Zhou Y, Zhang ZJ, Li HJ. 2018. Development of molecular markers linked to powdery mildew resistance gene *Pm4b* by combining SNP discovery from transcriptome sequencing data with bulked segregant analysis (BSR-seq) in wheat. *Frontiers in Plant Science*, 9: 95.

Meng LZ, Xiang C, Liu HW, Yang L, Mai CY, Yu LQ, Wei YL, Li HJ, Zhang HJ, Zhou Y. 2018. The impact of modern plant breeding on dominant Chinese wheat cultivars revealed by SSR and functional markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65: 55-65.

Cui L, Ren YK, Murray TD, Yan WZ, Guo Q, Niu YQ, Sun Y, Li HJ. 2018. Development of perennial wheat through hybridization between wheat and wheatgrasses: A review. *Engineering*, 4: 507-513.

Qu CY, Guo Y, Kong FM, Zhao Y, Li HJ, Li SS. 2018. Molecular mapping of two quantitative trait locis for adult-plant resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Crop Protection*, 114: 137-142.

#### 代表性品种

轮选 13, 国审

轮选 16, 国审

轮选 66, 国审

轮选 266, 京津冀审

#### 代表性知识产权

CNACNA013722E, 轮选 103

#### 研究组成员

周 阳 研究员 刘宏伟 副研究员

杨 丽 高级实验师 张宏军 副研究员

#### 研究生

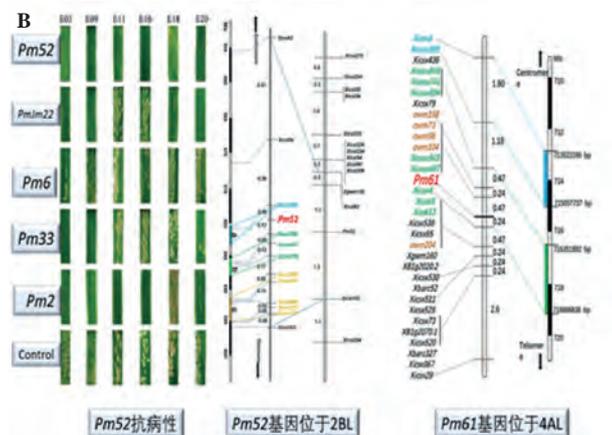
吴培培 邱 丹 Tesfay Gebrekirstos

李 腾 胡经煌 曲云峰 李亚会 黄义文

石晓涵 代旭冉

#### 亮点工作

轮选 13、轮选 16 和轮选 66 通过国家审定; 轮选 266 和轮选 310 通过京津冀审定; 轮选 146 通过湖北省审定; 轮选 117 通过北京审定。新品种适宜推广地区涵盖黄淮麦区和北部冬麦区广大小麦主产区。为了有效利用抗病新基因, 创新研究组在小麦地方品种须须三月黄 4AL 染色体上发现一个抗白粉病新基因, 正式命名为 *Pm61*, 利用基因组学和 BSR-Seq 技术开发多态性标记, 将 *Pm61* 基因定位于 0.71 cm 的遗传区间, 对应中国春参考基因组 610 kb 物理区间, 对其中的 4 个抗病相关基因进行了验证。采用基因组学和比较基因组技术, 开发 *Pm52* 基因定位区间的多态性标记, 通过 20,000 株  $F_2$  作图群体, 将 *Pm52* 基因定位于 2BL 染色体 114 kb 物理区间。对其中 2 个抗病相关基因进行了表达验证。为图位克隆这些抗病基因奠定基础。



A. 轮选 66 田间长势。B. 小麦地方品种须须三月黄抗白粉病基因 *Pm61* 和良星 99 抗白粉病基因 *Pm52* 高密度遗传连锁图谱

## WHEAT BREEDING FOR STRESS-RESISTANCE

### 小麦抗逆育种创新研究组

孙果忠，研究员。中国农业科学院植物病理学专业农学博士。现任国家小麦产业技术体系遗传育种岗位专家。

研究方向：通过揭示小麦发育进程与倒春寒、干热风等逆境耐受性的关系，探索操纵环境因子来提高遗传重组率和快速育种；通过构建多种生态条件下的品种测试网络，协调品种-环境-栽培措施间的关系，构建小麦绿色生产技术集成模式。

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

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



### 亮点工作

中麦 14 具有节水稳产、优质强筋、抗穗发芽三大优点，是符合农业供给侧结构性改革需要的新品种。中麦 14 参加北京市区试节水组试验，在全生育期只浇一次冬季防冻水的节水条件下，两年平均亩产 323.47 公斤，比对照增产 3.3%，生产试验比对照增产 7.8%。农业部谷物品质监督检验测试中心测试结果：中麦 14 粗蛋白含量（干基）17.09%，湿面筋含量（14% 湿基）40.7%，吸水率 61.7ml/100g，面团稳定时间 10.5min，拉伸面积 118cm<sup>2</sup>，最大抗延阻力 470E.U，达到国标（GB/T17892-1999）规定的一级强筋小麦标准。2013-2016 年，按国标（NY/T1739-2009）规定方法进行室内测试，其穗发芽指数和相对穗发芽率值均低于 20%，达到国标抗级水平。中麦 14 在 2017 年通过冀中北引种试验，并转让给河北科茂种业，2018 年开始在北方麦区生产上大面积推广应用。



中麦 14 的大田、穗型、籽粒

### 重要论著

王瑞霞 闫长生 张秀英 孙果忠 钱兆国 亓晓蕾 牟秋焕 肖世和. 春季低温对小麦产量和光合特性的影响, 作物学报, 2018,44(2):288-296.

闫长生等. 广适性小麦新品种鉴定与评价 (2016-2017 年度), 中国农业出版社, 2018.

### 代表性品种

中麦 3284, 北京市审

### 代表性知识产权

CNA20161672.3, 中麦 5051

CNA20161674.1, 中麦 6032

CNA20161675.0, 中麦 6079

CNA20160586.0, 中麦 4072

### 研究组成员

肖世和 研究员	闫长生 研究员
张秀英 高级实验师	陈旭 助理研究员
郑小能 科研助理	朱迎树 科研助理
王琪琪 科研助理	贾丹 科研助理

### 研究生

王娟



## MAIZE BREEDING FOR HIGH QUALITY AND STRESS RESISTANCE 玉米优质抗逆育种创新研究组

李新海, 研究员, 博士生导师。1996 年获东北农业大学博士学位。国家玉米产业技术体系首席, 中国农业科学院玉米遗传改良与材料创制创新团队首席, 转基因专项重大课题负责人。获国家“万人计划”中青年科技创新领军人才, 入选“国家百千万人才工程”, 全国农业科研杰出人才, 中国农业科学院农科英才领军人才。

Email: [lixinhai@caas.cn](mailto:lixinhai@caas.cn) 电话: 010-82106457

主页: <http://lixinhai.icscaas.com.cn>

### 重要论著

Zhou ZQ, Zhang CS, Lu XH, Wang Liwei, Hao ZF, Li MS, Zhang DG, Yong HJ, Zhu HY, Weng JF, Li XH. Dissecting the genetic basis underlying combining ability of plant height related traits in maize. *Frontiers in Plant Science*, 2018, doi:10.3389/fpls.2018.01117.

Wang JJ, Xu ZN, Yang J, Lu XH, Zhou ZQ, Zhang CS, Zheng L, Tian R, Hao ZF, Yong HJ, Li MS, Zhang DG, Li XH, Weng JF. qNCLB7.02, a novel QTL for resistance to northern corn leaf blight in maize. *Molecular Breeding*, 2018, doi.org/10.1007/s11032-017-0770-1.

Zhou Y, Zhang XM, Wang DD, Weng JF, Di H, Zhang L, Dong L, Zhang H, Zu HY, Li XH, Wang ZH. Differences in molecular characteristics of segment 8 in rice black-streaked dwarf virus and southern rice black-streaked dwarf virus. *Plant Disease*, 2018, doi.org/10.1094/PDIS-10-17-1652-RE.

Yong HJ, Zhang FY, Tang J, Yang ZY, Zhao XZ, Li MS, Zhang DG, Hao ZF, Weng JH, Li XH. Breeding potential of inbred lines derived from five maize (*Zea mays* L.) populations. *Euphytica*, 2018, doi.org/10.1007/s10681-018-2319-8.

Wang N, Li L, Gao WW, Wu YB, Yong HJ, Weng JF, Li MS, Zhang DG, Hao ZG, Li XH. Transcriptomes of early developing tassels under drought stress reveal differential expression of genes related to drought tolerance in maize. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, doi: 10.1016/S2095-3119(17)61777-5.

### 代表性品种

中单 126, 黑龙江省审

中单 603, 重庆市审

中单 668, 四川省审

### 代表性知识产权

ZL201510917631.4, 与玉米抗粗缩病主效 QTL 紧密连锁的分子标记

CNA20131256.0, 中单 121

### 研究组成员

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

### 博士生

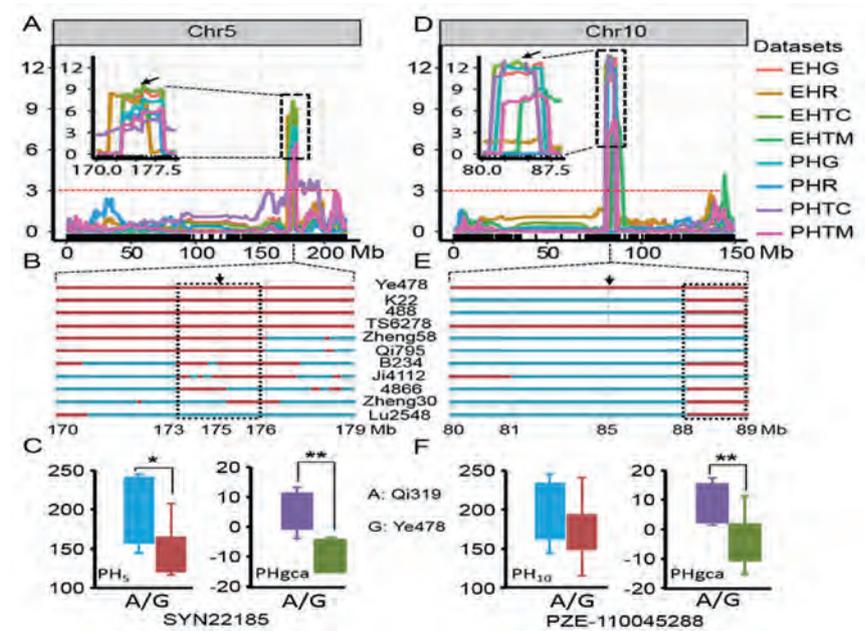
张晓聪 周志强 吴建忠

### 研究生

许振南 王楠 鲁鑫 程子祥 柳波娟  
周昱婕 卢晓环 杨静 王晓楠 王岳飞  
王美娟 程名 李一

### 亮点工作

玉米自交系的利用价值主要由其配合力决定的。掖 478 是紧凑型株型的代表自交系, 解析掖 478 株型特别是调控株型一般配合力效应相关的基因组区段及其在掖 478 衍生系中的传递规律对于理解掖 478 的遗传改良具有重要意义。采用掖 478 × 齐 319 的重组自交系群体及其测交群体, 开展多环境下玉米产量相关性状的表型数据分析。利用 QTL 定位策略获得了控制产量相关性状及其配合力的主效位点。同时利用掖 478 导入系将第 5 号染色体上控制株高的主效 QTL 精细定位到 500kb 内。重点揭示玉米产量配合力形成的遗传基础, 明确高密度抗逆性和测验种对种质改良的选择响应, 为提升玉米种质创新效率提供了基础。



玉米产量配合力效应

A 和 D. 通过 QTL 定位鉴定到两个能够调控株高和穗位高一般配合力效应的重要 QTL, 即位于第 5 号染色体上的 tPH5 (置信区间为 172.1 Mb ~ 178.6 Mb) 和第 10 号染色体上的 tPH10. 其中 tPH10 是调控株高和穗位高 GCA 效应的主效 QTL; B 和 E. 在 tPH5 位点 10 个衍生系中有 9 个保留了掖 478 的 SGR, 在 tPH10 位点只有 TS6278 完全保留了掖 478 的 SGR. 研究结果表明 tPH5 是掖 478 的关键基因组区段, tPH10 则是掖 478 改良的热点区域; C. 通过 t 检验发现在 tPH5 位点内的 SYN22185 在掖 478 衍生系和齐 319 姐妹系中的等位基因 (A/G) 在株高性状自身和性状一般配合力效应上都存在着显著差异 ( $P < 0.05$ ); F. 在 tPH10 位点只在株高一般配合力效应中检测到具有显著差异的 SNP PZE-110045288 ( $P < 0.01$ ), 该 SNP 在性状自身并不存在差异。

## HIGH-YIELD MAIZE BREEDING

## 玉米高产育种创新研究组

黄长玲，研究员，硕士生导师。1988 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。2012-2017 年中国种业十大杰出人物。

研究方向：耐密高产广适玉米品种选育；重要农艺性状的遗传基础研究。

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

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



## 亮点工作

面向我国东北和黄淮海玉米生产发展需求，开展耐密、早熟、脱水快、适宜机械化收获的玉米材料创制和新品种选育。2018 年育成优良自交系 6 个，玉米新品种中单 882、中单 4374 和中糯 330 通过国家审定。成果“高产优质广适玉米品种中单 808 选育与应用”获 2018 年度《中国农业科学院杰出科技创新奖》。中单 808 至今累计推广 3240 万亩，是我国西南平坝区推广持续时间最长，推广面积最大的优良品种，为国家增收粮食 33.6 亿公斤，社会经济效益显著。

开展玉米主要农艺性状的遗传基础研究，包括玉米杂种优势机理解析，重要性状关键位点挖掘及玉米全基因组选择技术育种应用等。在杂种优势机理解析方面，采用“组学”策略，从全基因组水平挖掘控制玉米产量性状杂种优势的位点，揭示杂种优势相关的基因、蛋白表达调控网络以及表观遗传修饰水平。在重要性状关键基因挖掘方面，对籽粒发育缺陷、矮化、病害和雄性不育等突变体开展定位研究，目前 8 个相关突变体分别被定位在玉米 1、2、3、4、8、10 号染色体上，其中 3 个突变体已获得候选基因，正在开展转基因验证和基因功能分析。在玉米全基因组选择 (GS) 育种方面，利用自然群体、DH、RIL 等多个群体对株高、穗位、穗长、穗粗、单株产量和百粒重等性状进行预测，并对影响 GS 预测准确性的因素进行了系统分析，该研究为提高新品种选育效率奠定基础。



中单 882 审定证书、中单 864 新品种权证书、中国农科院杰出科技创新奖

## 重要奖项

Wang Q, Li K, Hu X, Shi H, Liu Z, Wu Y, Wang H, Huang, C. 2019. Genetic analysis and QTL mapping of stalk cell wall components and digestibility in maize recombinant inbred lines from B73 × By804. *The Crop Journal*.

Liu X, Wang H, Hu X, Li K, Liu Z, Wu Y Huang C. 2019. Enhancing genomic selection with quantitative trait loci and nonadditive effects revealed by empirical evidence in maize. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1129.

Liu X, Wang H, Wang H, Guo Z, Xu X, Liu J, Wang S, Li WX, Zou C, Prasanna BM, Olsen MS, Xu Y, and Huang C. 2018. Factors affecting genomic selection revealed by empirical evidence in maize. *The Crop Journal*, 6: 341-352.

## 代表性品种

中单 882，国审

## 代表性知识产权

CNA20150902.8，中单 864

## 研究组成员

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

## 博士后

刘小刚

## 研究生

石慧敏 蒋成功 韩璐璐



## MAIZE MOLECULAR BREEDING

### 玉米分子育种创新研究组

李文学, 研究员, 博士生导师。2001 年获中国农业大学植物营养专业农学博士。入选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, 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。

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

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

主页: <http://liwenxue.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

Q Sun, XG Liu, J Yang, WW Li, QG Du, HQ Wang, CX Fu, WX Li. MicroRNA528 affects lodging resistance of maize by regulating lignin biosynthesis under nitrogen-Luxury conditions. *Molecular Plant*, 2018, 11:806-814.

HQ Wang, K Wang, QG Du, YF Wang, ZY Fu, ZY Guo, DM Kang, WX Li, JH Tan. Maize Urb2 protein is required for kernel development and vegetative growth by affecting pre-ribosomal RNA processing. *New Phytologist*, 2018, 218:1233-1246.

QG Du1, K Wang1, C Zou1, C Xu, WX Li. The PILNCR1-miR399 regulatory module is important for low phosphate tolerance in maize. *Plant Physiology*, 2018 177:1743-1753.

R Bukowski, XS Guo, YL Lu, C Zou, B He, ZQ Rong, B Wang, DW Xu, BC Yang, CX Xie, LJ Fan, SB Gao, X Xu, GY Zhang, YR Li, YP Jiao, J Doebley, J Ross-Ibarra, A Lorant, V Buffalo, CRE Buckler, D Ware, JS Lai, Q Sun, YB Xu. Construction of the third-generation Zea mays haplotype map. *GigaScience*, 2018, 7:1-12.

C Xu, HW Zhang, JH Sun, ZF Guo, C Zou, WX Li, CX Xie, CL Huang, RN Xu, H Liao, JX Wang, XJ Xu, SH Wang, YB Xu. Genome-wide association study dissects yield components associated with low-phosphorus stress tolerance in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131:1699-1714.

#### 研究组成员

徐云碧 研究员 邹 彬 副研究员  
王山荭 副研究员 郭子峰 助理研究员

#### 博士后

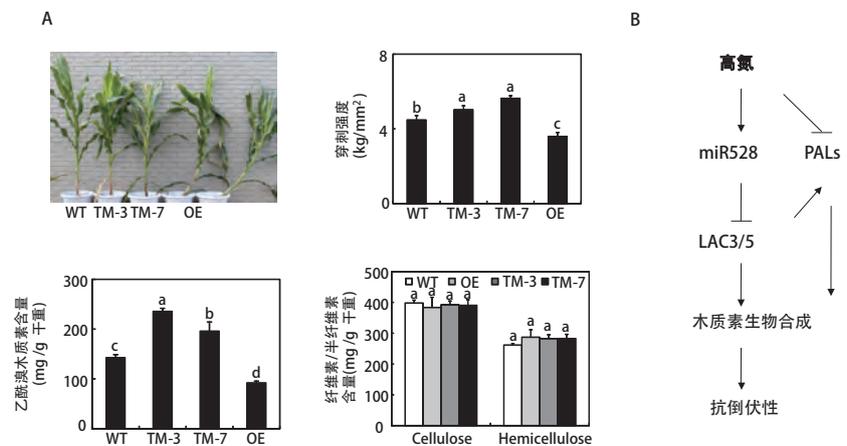
敖 曼 王洪秋 王雅菲

#### 研究生

许 诚 刘小刚 孙 青 于侃超  
Sadiq Shah 杜庆国 杨 娟 崔凤超  
李致伟 杨宇昕 代文双 胡玉梅

#### 亮点工作

玉米氮肥施用过量的问题在我国非常普遍。氮肥施用量过高不仅引起一系列环境问题, 也易使玉米在生育后期发生倒伏, 造成严重减产。虽然大家公认氮肥与玉米倒伏密切相关, 但是其中的机制一直有待破解。miR528 是特定单子叶植物所特有的 miRNA。研究人员通过实验表明玉米中 miR528 能够响应氮胁迫, 在高氮条件下上调表达, 而在低氮条件下下调表达。通过硫代酸解法和乙酰溴法测定木质素含量发现高氮能够抑制玉米体内木质素单体 H、G 和 S 的产生, 导致玉米体内总木质素含量下降。通过瞬时表达系统及其改良的 5'-RACE 技术证实 ZmLAC3 和 ZmLAC5 为 ZmmiR528 的真实靶基因。原位杂交结果显示 ZmmiR528 主要在玉米维管束组织中表达。与野生型相比, 利用 miRNA target mimicry 技术获得的 ZmmiR528 敲减转基因玉米的茎秆穿刺力和木质素含量均显著增加, 与之相反, ZmmiR528 过表达转基因玉米茎秆穿刺力和木质素含量均明显下降, 在高氮条件下更易倒伏。ZmLAC3 过表达转基因玉米茎秆木质素含量和穿刺力增加, 表现出与 ZmmiR528 敲减转基因玉米一致的表型。转录组数据显示, 木质素合成路径关键酶 ZmPAL 在 ZmmiR528 敲减转基因玉米中上调表达。高氮条件下, ZmmiR528 敲减转基因玉米中 ZmPAL 的表达量远高于野生型及 ZmmiR528 过表达转基因玉米。以上研究表明, miRNA528 会通过直接调控 ZmLAC3 和 ZmLAC5 的丰度影响木质素合成路径关键酶 ZmPAL 的表达, 从而决定了高氮条件下玉米的抗倒伏性。本研究不仅首次解析了植物高氮胁迫反应与木质素合成这两个生物学过程之间存在的具体的基因调控通路, 还报道了单子叶植物特异性 miR528 在玉米中调控木质素合成的生物学功能 ( *Molecular Plant*, 2018 )。



miR528 在玉米倒伏研究中的分子调控机制

A. ZmmiR528 影响高氮条件下玉米的倒伏性; B. 调控模式图

## MAIZE GENOME EDITING AND BREEDING-BY-DESIGN

## 玉米基因编辑育种创新研究组

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

研究方向：高等植物基因编辑技术；玉米分子设计育种；玉米育种新技术；杂交作物品种及其亲本 DNA 指纹鉴定技术标准研制。

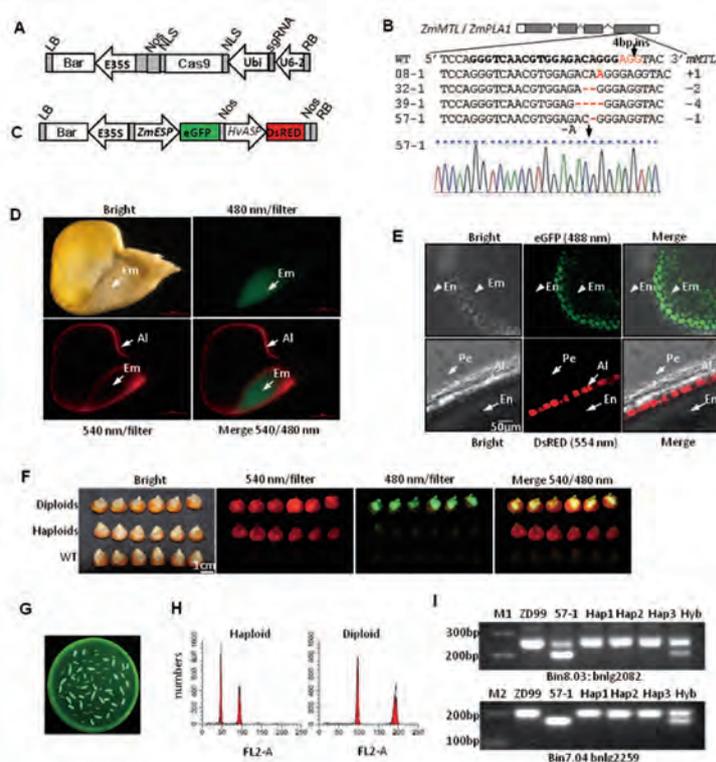
Email: xiechuanxiao@caas.cn 电话: 010-82107464

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



## 亮点工作

利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术定点突变 MATRILINEAL(MTL)/ZmPLA1 基因，创制了高效作物孤雌生殖单倍体诱导系。同时，构建了胚特异表达绿色荧光蛋白和胚乳特异表达红色荧光蛋白的双荧光标记表达盒 (DFP)，并通过农杆菌介导稳定遗传转化获得了单拷贝的双荧光标记转基因株系。进一步将 DFP 标记和创制的单倍体诱导系杂交聚合，选育出了多个可以基于双荧光标记筛选受体单倍体的高频单倍体诱导系。本研究为创制的高频诱导系配套了稳定表达的 DFP 单倍体筛选与鉴定标记，该标记可以应于幼胚、成熟种子水平筛选与分离单倍体籽粒，采用该标记也可以在田间开放授粉条件下，实施 DH 育种的单倍体诱导与筛选工作，大大地提高了工作的弹性，降低了工作量，提高了工作效率。同时也通过体外试验证明，该 DFP 标记也扩展应用于水稻、小麦与大麦等禾本科作物，为这些禾本科作物高效双单倍体育种技术奠定了重要技术基础。( *Molecular Plant*, 2018 )。



基因编辑创制高频孤雌生殖单倍体诱导系及其双单倍体

A. 创制高频单倍体诱导系基因编辑载体; B. 基因编辑创制的目标突变; C. 单倍体双荧光鉴定技术基础载体; D. 籽粒纵剖面荧光特征; E. 细胞水平荧光特征; F. 双荧光标记单倍体鉴定; G. 单倍体幼胚水平荧光鉴定; H. 单倍体流式细胞术基因组倍性鉴定; I. 单倍体遗传背景鉴定

## 重要论著

L Dong, LN Li, CL Liu, CX Liu, SF Geng, XH Li, CL Huang, L Mao, SJ Chen, CX Xie, (2018). Genome Editing and Double-Fluorescence Proteins Enable Robust Maternal Haploid Induction and Identification in Maize. *Molecular Plant*, 11(9), 1214-1217.

C Li, C Liu, X Qi, Y Wu, XH Fei, L Mao, BJ Cheng, XH Li, and CX Xie. (2017) RNA-guided Cas9 as an in vivo desired-target mutator in maize. *Plant Biotechnology Journal*, 15(12):1566-1576.

L Dong, X Qi, JJ Zhu, CL Liu, X Zhang, BJ Cheng, L Mao, Xie, C. (2019), Super-sweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing. *Plant Biotechnol Journal*.

WW Liu, HH Tai, S Li, W Gao, M Zhao, CX Xie, WX Li. (2014) bHLH122 is important for drought and osmotic stress resistance in Arabidopsis and in the repression of ABA catabolism. *New Phytologist*, 201(4):1192-1204.

## 代表性知识产权

ZL201510778495.5, 一种玉米 RNA 聚合酶 III 识别的启动子及其应用

ZL201510922653.X, 一种定点突变创制玉米紧凑株型种质的方法及其应用

ZL201610060095.5, 一种定点突变创制糯性玉米种质的方法及其应用

ZL201710223233.1, 人工创制玉米雄性不育系与高效的转育方法

## 研究组成员

刘昌林 副研究员

朱金洁 助理研究员

## 研究生

祁显涛 韩楠 董乐 李燕敏 王虹麟

闫元元 曹晓芹 李丽娜 吴昊 曾建琪

张兰迎



## SPECIALITY CROP BREEDING

### 特色作物育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://liguiying.icscaas.com.cn>

#### 重要奖项

耐盐碱甜高粱新品种培育及简化高效栽培技术，2017年山东省科学技术三等奖，管延安、王宝山、李桂英等

#### 重要论著

A Badigannavar, N Teme, AC Oliveira, GY Li, M Vaksman, VE Viana, TR Ganapathi, F Sarsu. Physiological, genetic and molecular basis of drought resilience in sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. *Indian Journal of Plant Physiology*, 2018, 23(4): 670-688.

艾莉、李桂英等，新能源科技译丛-生物能源（译著，上、下册），中国三峡出版社，2018年。

#### 代表性品种

陇中5号（小麦），甘肃省审

#### 代表性知识产权

CN201910001283.4，多中心单鞭毛菌木糖异构酶基因及其应用

#### 研究组成员

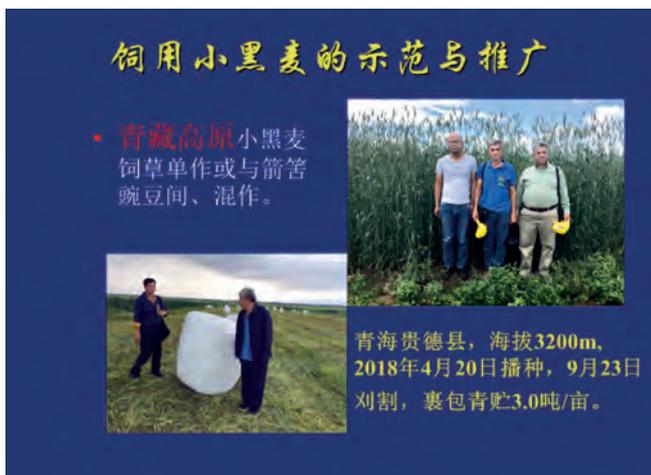
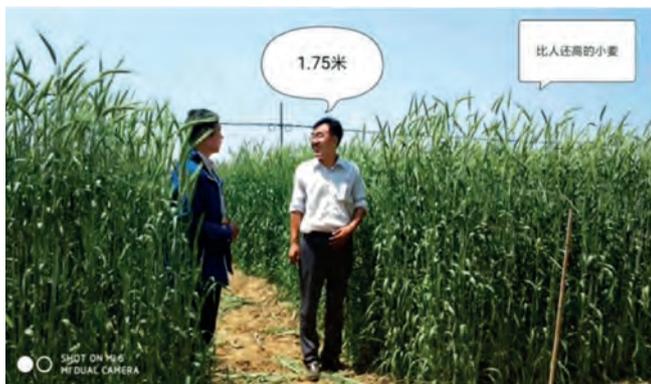
孟凡华 副研究员 顿宝庆 副研究员  
潘照明 副研究员 游光霞 助理研究员  
王智 助理研究员

#### 研究生

窦方敏 乌云坦满达

#### 亮点工作

小黑麦是一种很有潜力的人工合成的饲用作物。近年来我们小黑麦育种工作成绩显著，发展了以太谷核不育基因为基础的小黑麦轮回选择育种群体，建立了青饲专用型、青贮专用型和粮饲兼用型小黑麦育种技术体系，苗条品系辈出。在2017-2018年度北京市 / 河北省小黑麦品种鉴定品比试验中，中饲3241、中饲3297、中饲1257、中饲1640表现突出，青饲平均亩产均达到3.5吨，居参试材料的前4位。小黑麦品种的示范推广工作成效显著。在青海省小黑麦品种（系）多点试验中，中饲3241、中饲1257等表现突出，生物量大、抗三锈、抗白粉，株高在210厘米以上。在北京、天津、河南、内蒙古和甘肃、青海、贵州、西藏等省市区组织小黑麦品种的试验示范工作，2019年累计示范面积达到4,000亩。



饲用小黑麦新品种

## SOYBEAN MOLECULAR BREEDING

## 大豆分子育种创新研究组

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

研究方向: 大豆新品种培育; 大豆育种技术与方法研究。

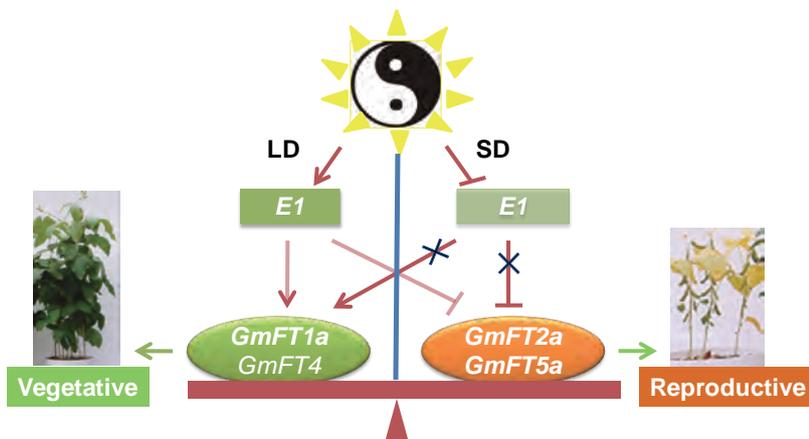
Email: sunshi@caas.cn 电话: 010-82108589

主页: <http://sunshi.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

大豆是光周期敏感的短日植物, 对其开花途径重要基因的解析对大豆品种扩展生态适应区域具有重要意义。本团队前期研究发现, 一些晚熟品种 (如自贡冬豆) 在长日条件下不开花, 经短日处理后转长日条件时会发生开花逆转现象, 推测长日条件下有开花抑制物质的存在, 但对开花抑制物质的分子性质一直缺乏了解。本研究发现大豆 *Flowering Locus T (FT)* 家族基因 *GmFT1a* 能够延迟大豆开花和成熟, 与开花促进基因 *GmFT2a/GmFT5a* 相互平衡, 共同调节大豆的发育方向。该基因的发现有助于促进大豆向低纬短日地区的扩展。基于此项研究及前人结果, 该团队提出了 FT 家族基因调控大豆生长发育的跷跷板模型 (Teeter board model) (见下图): 光周期是生育期主基因 *E1* 的调控开关; 在短日条件下, *E1* 的表达受到抑制, 导致其对 *GmFT2a* 和 *GmFT5a* 的抑制作用及对 *GmFT1a* 和 *GmFT4* 的促进作用减弱或丧失, 此时, 开花促进基因 *GmFT2a/GmFT5a* 的表达量占主导地位, 促进了植株向生殖生长的转变; 而在长日条件下, *E1* 基因的表达被激活, 提高了其对 *GmFT2a/GmFT5a* 的抑制作用及对 *GmFT1a/GmFT4* 的促进作用, 从而使植株保持更长的营养生长期。 *GmFT1a/GmFT4* 和 *GmFT2a/5a* 表达量的相对强弱决定大豆的发育方向 ( *New Phytologist*, 2018 )。



FT 家族基因调控大豆生长发育的跷跷板模型 ( Teeter board model )

## 重要论著

- Liu W, Jiang BJ, Ma LM, Zhang SW, Zhai H, Xu X, Hou WS, Xia ZJ, Wu CX, Sun S, Wu TT, Chen L, Han TF. 2018. Functional diversification of flowering locus T homologs in soybean: *GmFT1a* and *GmFT2a/5a* have opposite roles in controlling flowering and maturation. *New Phytologist*, 2018, 217, 1335-1345.
- Gao L, Sun S, Li K, Wang L, Hou WS, Wu CX, Zhi HJ, Han TF. 2018. Spatio-temporal characterisation of changes in the resistance of widely grown soybean cultivars to Soybean mosaic virus across a century of breeding in China. *Crop & Pasture Science*, 2018, 69, 395-405.
- Song WW, Yang RP, Yang XS, Sun S, Mentreddy SR, Jiang BJ, Wu TT, Tian SY, Enoch S, Wu CX, Hou WS, Ren GX, Han TF. Spatial differences in soybean bioactive components across China and their influence by weather factors. *The Crop Journal*, 2018 6, 659-668.
- DM Khojelyab, SE Ibrahimba, E Sapeyac, TF Han. Histroy, current status, and prospects of soybean production and research in sub-Saharan Africa. *The Crop Journal*, 2018 6, 226-235.
- Cai YP, Chen L, Liu XJ, Chen G, Sun S, Wu CX, Jiang BJ, Han TF, Hou WS. 2018. CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of *GmFT2a* delays flowering time in soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2018 16, 176-185.

## 代表性品种

- 中黄 39, 四川省审  
中黄 76, 贵州省审  
中黄 301, 江苏 安徽省审  
中黄 211, 北京市审

## 代表性知识产权

- ZL 201721647718.5, 一种输送带排种匀度器

## 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 助理研究员      袁 珊 助理研究员

## 研究生

- 刘路平 许 鑫 苏豫梅 SAPEY ENOCH  
张春蕾 Neveen IBRAHIM ELHAMOULY  
MESFIN TSEGAW TASSEW 张腾飞  
张 岩 成奇峰 任丙新 金 鑫 甄彩鑫



## SOYBEAN GENETICS AND BREEDING

### 大豆高产优质育种创新研究组

孙君明，研究员，博士生导师。现任作物遗传育种中心副主任。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。北京国家大豆改良中心主任，中国农村专业技术协会常务理事和大豆专业委员会主任委员。2018年入选中国农业科学院农科英才领军人才。

研究方向：围绕大豆产量和品质性状开展分子标记辅助育种工作，开发大豆品质等重要性状的分子标记，解析品质性状形成的分子基础。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、多抗和广适性的大豆新品种。

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

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

#### 重要论著

Pei R, Zhang J, Tian L, Zhang S, Han F, Yan S, Wang L, Li B, Sun J. Identification of novel QTL associated with soybean isoflavone content. *The Crop Journal*, 2018, 6: 244-252.

#### 代表性品种

中黄 78, 国家审定  
中黄 73, 天津市审定  
中黄 203, 北京市审定

#### 代表性知识产权

ZL201510368770.6, 与大豆不饱和脂肪酸相对含量性状连锁的 Indel 标记及应用

CNA20171120.0, 中黄 78  
CNA20171119.3, 中黄 73  
CNA20171118.4, 中黄 203

#### 研究组成员

李 斌 副研究员 张晟瑞 助理研究员  
孙自旺 技术工人 袁玫瑰 技术工人  
Honey Thet Paing Htway 国外杰出青年科学家

#### 研究生

冯岳齐 杰 Ahmed M. Abdelghany  
Muhammad Azam Abdulwahab S. Shaibu  
Berhane S. Gebregziabhe  
Suprio Ghosh 陈影 怀园园

#### 亮点工作

2018年在安徽省濉溪县柳丰农场现代农业示范园2000亩试验田，以优质高产大豆品种中黄13为载体，开展麦茬免耕覆秸精播播种技展示与示范，实现了大豆品种中黄13产量的显著提升。采用“麦茬夏大豆免耕覆秸精量播种技术”对高产方测产地块面积10亩，专家组采用相同的方法测产，平均行距36.0cm，株距13.4cm，每亩株数1.38万株，单株粒数91.3粒，百粒重为21.5g，理论产量为270.9 kg/亩，按理论产量90折，折合亩产为243.8 kg。2018年9月21日，由中国农业科学院作物科学研究所和宿州市人民政府共同主办的“中黄13一亿亩收获现场会”在安徽省宿州市淮河粮食产业联合体基地召开。我国大豆产业发展进入里程碑阶段，优质大豆品种中黄13喜迎累计种植面积第一亿亩。农业农村部副部长余欣荣，中国农科院党组书记张合成、副院长万建民院士，中国工程院盖钧镒院士等领导和专家出席会议。项目有关单位、种子企业、示范户代表约300余人参加了会议。会议在人民日报、科技日报和农民日报等各种主流媒体进行了广泛报道和普遍关注。据全国农业技术推广中心统计，2017年广适高产优质大豆品种中黄13的推广面积为471万亩，累计推广面积超1亿亩。超高产大豆品种中黄35推广27万亩，已连续4年创亩产超400公斤的全国大豆高产纪录，展示出良好的发展势头。本研究组的大豆品种年累计推广面积500万亩左右，在黄淮海地区占主导地位。



中黄13大豆麦茬免耕覆秸播种高产示范田

## SOYBEAN CULTIVATION

## 大豆栽培创新研究组

吴存祥，研究员，博士生导师。2009年获华南农业大学作物遗传育种专业博士学位。国家大豆产业技术体系岗位科学家。

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。

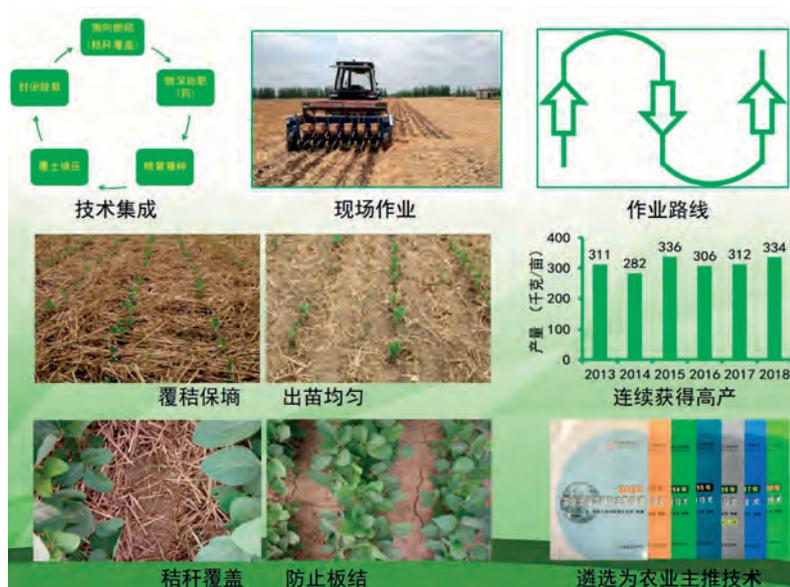
Email: wucunxiang@caas.cn 电话: 010-82105865

主页: <http://wucunxiang.icscas.com.cn>



## 亮点工作

黄淮海地区大豆为麦茬大豆，针对该区麦收后田间麦秸量大且处理困难，大豆播种不均匀；土质较差，雨后易板结，影响大豆出苗；大豆施肥施药不科学，药效肥效较低；大豆收获田间损失量大等生产问题，协同国家大豆产业体系相关岗位，优化了麦茬夏大豆免耕覆秸机械化生产技术。播种环节，免耕覆秸精量播种显著提高大豆播种均匀度，与秸秆清理后播种和灭茬后播种相比，播种均匀度分别提高了 20.1% 和 19.4%；保墒效果显著，土壤湿度平均提高 12.7%；覆盖秸秆，缓解降雨对表层土壤拍击，避免雨后播种带土壤结皮，大豆出苗率提高 13.2%，出苗速度快，较常规机械播种提前 1.5 天以上；实现药肥一体化侧深施用，药肥施于种侧 3-5 cm、种下 5-8 cm，提高肥效和药效；播种完成后直接将封闭除草药剂喷施于清洁的土壤表面，提高药剂利用率和除草效果。管理环节，针对因症青造成减产、绝产的现状，通过系统监测害虫发生动态，以防控点蜂缘蝽为核心，在大豆开花期，喷施吡虫啉、氟戊菊酯、氟虫腈、氯虫·噻虫嗪等杀虫剂，隔 7-10 天喷 1 次，连喷 2-3 次，实施大面积统防统治，有效防止田间症青现象发生。收获环节，针对黄淮海因缺乏专用收割机造成的田间损失量大的现状，提出降低拨禾轮转速、调整脱粒滚筒与板筛间隙的机械化低损收获技术。2018 年对采用该技术的郑 1307 生产田测产，实收面积 4.1 hm<sup>2</sup>，单产达到 4,338.6 kg hm<sup>-2</sup>。该技术可简化大豆生产环节、减少农耗，降低生产投入，节约大豆生产成本，提高大豆种植效益，实现大豆生产绿色高产高效生产。



麦茬夏大豆免耕覆秸精量播种技术

## 重要论著

Song W, Yang R, Yang X, Sun S, Mentreddy S, Jiang B, Wu T, Tian S, Sapay E, Wu C, Hou W, Ren G, Han T. Spatial differences in soybean bioactive components across China and their influence by weather factors. *The Crop Journal*, 2018, 6(6): 659-668.

Xu C, Zhao H, Zhang P, Wang Y, Huang S, Meng Q, Wang P. Delaying wheat seeding time and maize harvest improved water use efficiency in a warm temperature continental monsoon climate. *Agronomy Journal*, 2018, 110: 1420-1429.

江红, 孙石, 宋雯雯, 吴存祥, 武婷婷, 胡水秀, 韩天富. 不同地理来源 MG III 组大豆品种生育期结构分析及 E 基因型鉴定. *作物学报*, 2018, 44(10): 1458-1468.

赵云, 徐彩龙, 杨旭, 李素真, 周静, 李继存, 韩天富, 吴存祥. 不同播种方式对麦茬夏大豆保苗和生产效益的影响. *作物杂志*, 2018, (4): 114-120.

徐彩龙, 韩天富, 吴存祥. 黄淮海麦茬大豆免耕覆秸精量播种栽培技术研究. *大豆科学*, 2018, 37(2): 197-201.

## 主推技术

大豆机械化生产技术, 陈海涛, 金诚谦, 吴存祥

## 代表性知识产权

CN208333922U, 一种适用于大田作物的旋压式取根装置

## 研究组成员

宋雯雯 助理研究员 徐彩龙 助理研究员

## 研究生

王文婷 杨文英 白丽娟 张馨月 尹阳阳 祁延萍 温惠文 李瑞东



## RICE GRAIN DEVELOPMENT AND QUALITY IMPROVEMENT 水稻种子发育与品质改良创新研究组

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

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

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

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

### 重要论著

Liu JX Wu XB, Yao XF, Yu R, Larkin P, Liu CM. (2018). Mutations in the DNA demethylase *OsROS1* result in a thickened aleurone and improved nutritional value in rice grains. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 115: 11327-11332.

### 研究组成员

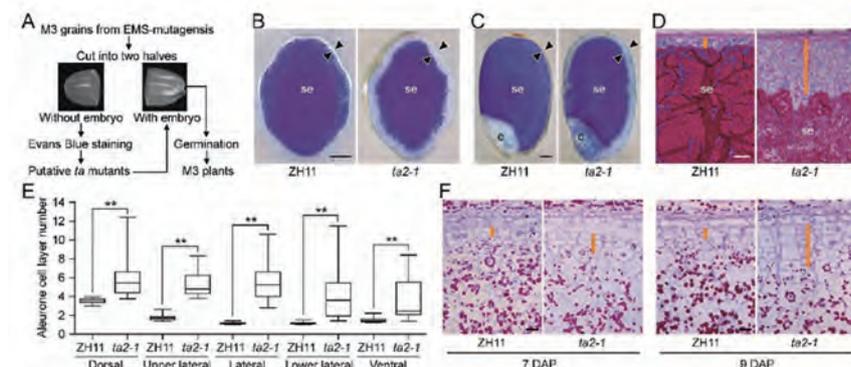
郭林 助理研究员 马燕玲 助理研究员

### 研究生

刘丽凤 陈娟 杨谨

### 亮点工作

人类的 70% 的粮食来自禾本科作物的胚乳。这些作物的胚乳由糊粉层和淀粉胚乳两部分组成。白米来自淀粉胚乳, 主要成分为淀粉类碳水化合物, 而外部的糊粉层则富含蛋白质、维生素、膳食纤维和微量元素。尽管二者发育起源相同, 但分化命运和营养物质积累迥异, 这方面的研究既可以回答植物发育学领域的前沿问题, 又可为禾本科作物营养改良和品质提高提供理论和技术支持。研究人员创建了一种半粒种子筛选体系, 并利用这一体系筛选了近 3 万粒种子获得了这样特殊水稻品系。基因克隆发现这一表型是由于一个 DNA 去甲基化酶基因 *OsROS1* 显性负突变体产生, 其糊粉层从一般水稻的一层细胞增加到 4-10 层。小麦、玉米、大麦等禾本科作物中均存在与 *OsROS1* 蛋白序列相似性很高的去甲基化酶, 并在胚乳发育过程中表达。本研究与中国科学院植物研究所合作, 通过半粒种子筛选方法获得了一个糊粉层增厚的水稻品系 *ta2*, 使水稻的维生素、微量元素和膳食纤维等营养品质因子得到了普遍提升。这是国际上首次发现的一种可用于培育高营养水稻的新型育种材料。目前, 本研究组正在尝试利用基因编辑技术调控小麦、玉米等作物中去甲基化酶 *ROS1* 基因的表达活性, 有望开拓禾本科作物营养品质育种的新路径。



糊粉层加厚突变体 *thick aleurone 2-1*

A. 通过正向遗传学手段筛选到糊粉层加厚突变体 *thick aleurone 2-1* (*ta2-1*); B,C.Evans Blue 染色, 箭头指示为糊粉层; D. 种子侧部糊粉层的半薄切片 PAS 染色, 黄色线显示糊粉层厚度; E. 种子背部, 上侧部, 侧部, 下侧部, 腹部位置糊粉层的厚度统计, 相当于 ZH11 1-2 层的糊粉层厚度, *ta2-1* 糊粉层 2-12 层的变异; F. 为授粉 7 天和 9 天以后种子侧部糊粉层, 黄色线显示糊粉层厚度

## CEREAL GRAIN QUALITY AND SAFETY

### 谷物质量安全与风险评估创新研究组

王步军，研究员，博士生导师。1995 年获国际水稻研究所和菲律宾大学土壤系农学博士。现任农业农村部谷物品质监督检验测试中心常务副主任兼技术负责人、农业农村部谷物产品质量安全风险评估实验室（北京）主任兼技术负责人，中国农业科学院谷物质量安全与风险评估创新团队首席。

研究方向：优质专用小麦质量鉴评、谷物中生物毒素等风险因子定量分析及风险评估研究、谷物标准制修订研究。

Email: wangbujun@caas.cn 电话: 010-82105798

主页: http://wangbujun.icscaas.com.cn

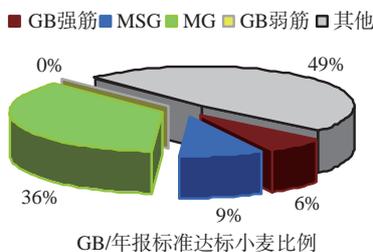
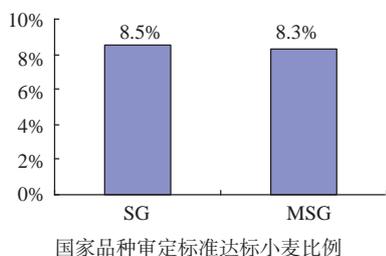


### 亮点工作

本年度研究组承担了国家粮油作物产品质量安全风险评估和粮食产品质量安全专项监测任务。在我国小麦、玉米、水稻、马铃薯主产区抽取样品 700 余份，对农药残留、生物毒素和重金属 42 项安全性指标和干物质、淀粉、还原糖、蛋白质等 4 项品质指标进行了评估和监测，获得 20696 个数据，上报了 6 项作物产品风险评估和专项监测总结和预警报告。对我国玉米标准进行梳理和整合，修订完成了《专用籽粒玉米和鲜食玉米》农业标准报批稿。国家粮油作物产品质量安全风险评估、粮食产品质量安全专项监测和标准制修订工作的完成为保障我国谷物产品质量安全提供重要的数据支撑。

小麦品种的优质化是小麦产业绿色发展的重要内容。2018 年发布了《2018 年度中国小麦质量状况报告》，对小麦主栽品种的品质进行全面总结，发布优质小麦品种的品质状况。受气候影响，2018 年小麦容重偏低，蛋白质含量和湿面筋含量偏高，面筋强度略有下降，食品品质比往年稍差。按照国家小麦产品标准《GB/T 17892》、国家小麦品种审定标准、郑州商品交易所交割标准进行分类，发现 2018 年小麦强筋品种占品种总数的 6%、8.5%、13%。没有发现弱筋小麦品种，与我国弱筋小麦食品加工业快速发展不适应。通过专家现场面包鉴别筛选出 2018 年适用于面包加工的优质强筋小麦品种 8 个，分别是山农 26、济麦 229、新麦 26、冀优 5218、龙麦 60、中优 578、西农 511、伟隆 169，面包评分均达到了 85 分以上，即相当或优于美国小麦对照样品。建议统一我国优质强筋小麦鉴评标准、大力发展弱筋小麦品种，以适应我国小麦收购、流通和食品加工业的发展。

1. 强筋达标比例 6%，13%，8.5%
2. 标准尺度不同，达标率不同  
建议：统一标准尺度



2018 年中国优质强筋小麦达标状况

### 重要论著

XL Dong, XX Hu, LJ Sun, HJ Zhang, L Wu and BJ Wang. Volatile compounds of wheat flour and steamed bread as affected by wheat storage time. *SM Anal Bioanal Technique*, 2018; 3(1):1015-1023.

WY Shi, YT Du, J Ma, DH Min, LG Jin, J Chen, M Chen, YB Zhou, YZ Ma, ZS Xu, XH Zhang. The WRKY Transcription Factor GmWRKY12 Confers Drought and Salt Tolerance in Soybean. *International Journal of Molecular Sciences*, 2018, 19:4087-4107.

孙丽娟, 胡学旭, 陆伟, 王步军. 基于 GIS 的小麦籽粒品质空间分布特征和影响因子分析. *中国农业科学*, 2018, 51(5):999-1011.

于利莉, 王步军. 有机磷和拟除虫菊酯类农药在小麦及其制品中降解与代谢规律研究进展. *麦类作物学报*, 2018, 7:871-877.

陆美斌, 李静梅, 王步军. 中国主要品种面粉中硼元素本底值含量调查. *粮食与油脂*, 2018, 1:79-81.

### 研究组成员

李为喜 副研究员	李静梅 高级工程师
金龙国 副研究员	胡学旭 高级实验师
吴丽 助理研究员	张慧杰 助理研究员
杜文明 助理研究员	张妍 助理研究员
孙丽娟 助理研究员	陆伟 实验师

### 研究生

于利莉 王丽娜 赵阳 刘宏超 牛欣宁



## PRECISION CULTIVATION AND CROP MANAGEMENT

### 精准栽培与管理创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

Zhai LC, Xie RZ, Ming B, Li SK, Ma DL. Evaluation and analysis of intraspecific competition in maize: a case study on plant density experiment. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17: 2095-3120.

J Li, RZ Xie, KR Wang, P Hou, B Ming, GQ Zhang, GZ Liu, M Wu, ZS Yang, SK Li. Response of canopy structure, light interception and grain yield to plant density in maize *The Journal of Agricultural Science*, 2018 ( 156 ): 785-794.

李少昆, 王克如, 谢瑞芝, 明博. 机械粒收推动玉米生产方式转型. *中国农业科学*. 2018, 51 ( 10 ): 1842-1844.

李璐璐, 明博, 高尚, 谢瑞芝, 侯鹏, 王克如, 李少昆. 夏玉米籽粒脱水特性及与灌浆特性的关系. *中国农业科学*, 2018, 51 ( 10 ): 1878-1889.

李少昆, 谢瑞芝, 王克如, 明博, 侯鹏. 加强籽粒脱水与植株倒伏特性研究、推动玉米机械粒收技术应用. *作物学报*, 2018, 44 ( 12 ): 1743-1746.

#### 主推技术

玉米免耕种植技术, 谢瑞芝, 李少昆

玉米籽粒低破碎机械化收获技术, 农业农村部十项重大引领性农业技术

#### 代表性标准规程

DB23/T 2154—2018, 玉米机械化籽粒收获栽培技术规程, 黑龙江省地方标准

#### 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 助理研究员  
高世菊 高级技师

#### 博士后

薛军

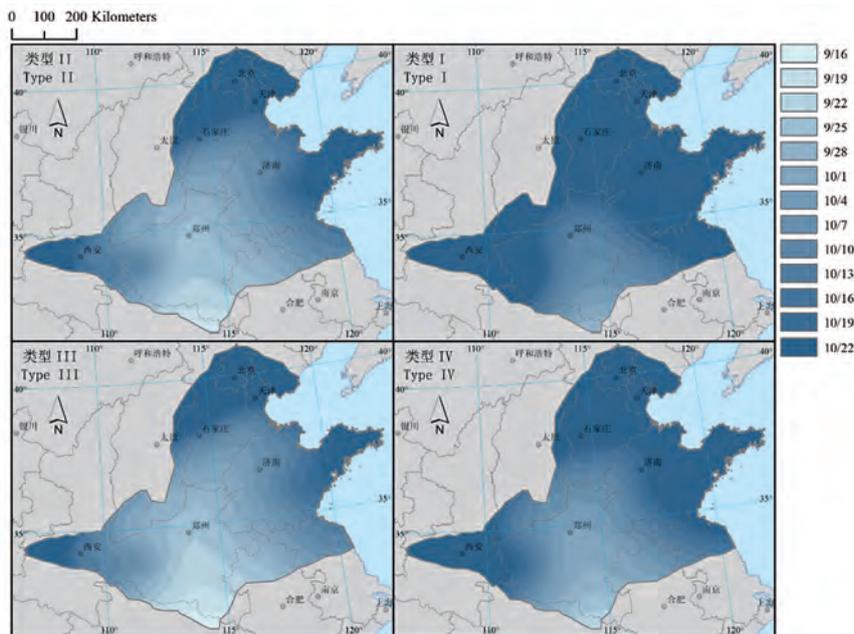
#### 研究生

刘广周 张国强 李瑞平 李璐璐 范盼盼  
刘万茂 王凤 董鹏飞 黄达 侯梁宇  
李姚姚 杨云山 黄兆福 王温州 杨进  
杨飞 郭亚楠 万晓菊 高尚 白士杰  
王群 银学波

#### 亮点工作

我国不同区域玉米增密技术效应评价: 我国玉米主产区种植密度从 4,000 株 / 亩提高到 5000 株 / 亩, 增密 25%, 产量可以平均提高 6.11%。四大玉米主产区中, 西南玉米区与西北玉米区增密后产量增加幅度最大, 达到 10% 左右, 黄淮海夏玉米区与北方春玉米区增密增产幅度较小, 分别为 2.5% 与 5.9%。两种密度条件下, 区域之间生物量趋势均表现为西北玉米区 > 北方春玉米区 > 黄淮海夏玉米区 > 西南玉米区, 差异显著, 增密之后, 西南、黄淮海、北方与西北四大玉米主产区, 总生物量分别增加 18.2%、19.2%、13.4% 与 11.1%。HI 的变化幅度只有 1% 左右, 产量增加的主要原因是生物量的增加。

黄淮海区域夏玉米机械籽粒收获预测模型: 玉米籽粒含水率是影响收获时间、收获质量、烘干储运以及商用品质的因素。黄淮海平原是中国重要的粮食产区, 区域内普遍采用冬小麦 - 夏玉米一年两熟模式, 受冬小麦收获和播种时间的双重限制, 夏玉米生长、成熟和脱水的热量资源相对紧张, 收获时籽粒含水率通常在 30% ~ 40% 甚至更高, 难以满足机械粒收建议的籽粒含水率低于 28% 或 25% 的要求。基于黄淮海地区生产试验, 以授粉后积温与籽粒含水率, 建立了黄淮海地区夏玉米主栽品种的籽粒含水率预测的模型, 用于估算黄淮海地区玉米籽粒含水率情况, 为玉米收获期决策提供重要依据。



黄淮海夏玉米不同类型品种籽粒降水至 25% 机收时间分布图

## WHEAT CULTIVATION

### 小麦栽培创新研究组

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

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

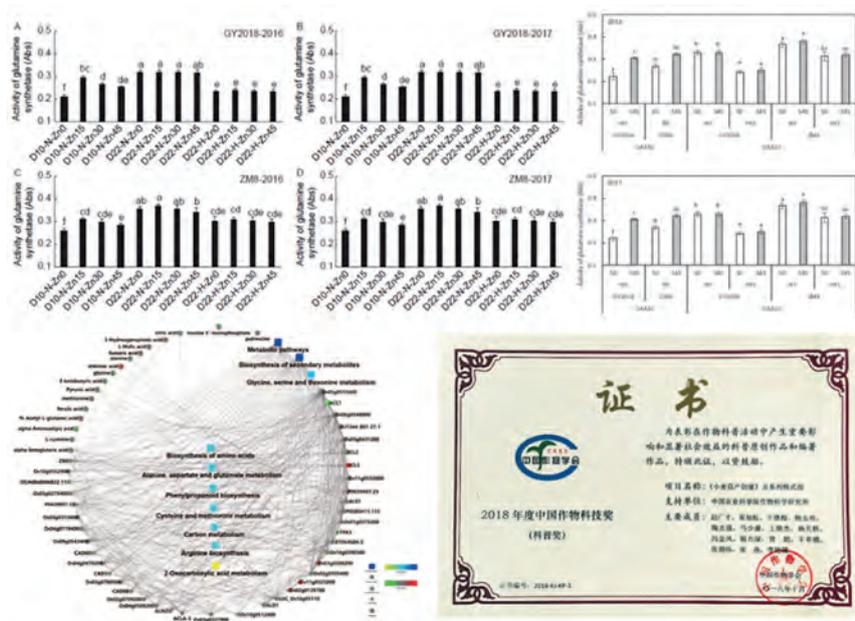
Email: changxuhong@caas.cn 电话: 010-82108576

主页: http://changxuhong.icscaas.com.cn



### 亮点工作

通过改良播种方式，采用立体匀播技术，使小麦个体发育更加均衡，群体结构更为合理，配合增施微肥、化学调控、水氮运筹等措施进行高产高效研究。结果表明，立体匀播技术提高群体光辐射截获量及光能利用率7%-12%。氮锌协同、氮硫协同可提高氮代谢酶活性，调控蛋白质及其组分含量变化，协调籽粒中淀粉和蛋白质比例，提高小麦灌浆期耐热能力及抗干热风能力，缓解花后高温负面影响。生育前期喷施吨田宝等化控剂，提高植株抗倒伏能力，生育后期喷施，有利于减轻干热风危害。合理的水肥运筹可以改善旗叶光合性能、籽粒淀粉酶及蛋白酶活性，水分对淀粉酶、氮肥对蛋白酶活性影响较大。对基础代谢、次生代谢、氨基酸代谢和碳代谢等方面的综合关联分析表明，水、氮、光对小麦产量和品质形成过程显著调控的通路不完全相同，即调控机理存在一定的差异。本技术每亩可以节省灌水30m<sup>3</sup>、氮肥2-3kg，在春麦区（银川）和黄淮冬麦区（新乡）示范，分别较对照田增产5.1%和8.7%。融合小麦绿色高产高效技术，促进了小麦高产创建技术体系的推广，《小麦高产创建》及系列模式图获2018年度中国作物学会科普奖。



小麦资源高效及抗逆高产技术

A. 氮锌硫协同应对高温影响的生理机制; B. 水肥光调控的代谢组学分析; C. 成果证书

### 重要奖项

《小麦高产创建》及系列模式图，获2018年度中国作物科技奖（科普类）。

### 重要论著

ZQ Tao, DM Wang, XH Chang, YJ Wang, YS Yang, GC Zhao. Effects of zinc fertilizer and short-term high temperature stress on wheat grain production and wheat flour proteins. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 4(6):1979-1990.

ZQ Tao, DM Wang, SK Ma, YS Yang, GC Zhao, XH Chang. Light interception and radiation use efficiency response to tridimensional uniform sowing in winter wheat. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17(3):566-578.

ZQ Tao, XH Chang, DMI Wang, SK Ma, YS Yang, GC Zhao. Effects of sulfur fertilization and short-term high temperature on wheat grain production and wheat flour proteins. *The Crop Journal*. 2018, 17(9):413-425.

高振贤, 李亚青, 田国英, 单子龙, 张朋伟, 李辉利, 常旭虹. 小麦高分子量麦谷蛋白亚基组成和检测研究进展. *中国农学通报*, 2018, 34(16):35-41.

赵广才. 小麦优质高产栽培理论与技术. 中国农业科学技术出版社, 2018.

### 代表性知识产权

2018101278, Experimental wheat uniform seeder

2018101284, Seeder seed box cleaning device

2018101285, Wheat tridimensional uniform sowing seeder

2014SR575687, 小麦烘焙品质试验计时器数据记录系统 V1.0

### 代表性标准规程

NY/T 3246-2018, 北部冬麦区小麦栽培技术规程

### 研究组成员

王德梅 副研究员 陶志强 副研究员

王艳杰 助理研究员 赵广才 研究员

### 研究生

马瑞琦 赵凯男 孙通 李俊志 刘阿康 王玉娟



## MAIZE CULTIVATION

### 玉米栽培创新研究组

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

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

主页: <http://mawei.icascaas.com.cn>

#### 重要论著

Tang LY, Ma W, Ali MN, LL lu, Hou HP, Zhang XY, Zhao M. Density resistance evaluation of maize varieties through new "Density-Yield Model" and quantification of varietal response to gradual planting density pressure. *Scientific Report*, 2018.

Wang XB, Yang, Ali MN, Hou HP, Zhou BY, Ma W, Zhao M. Tillage time affects soil hydro-thermal properties, seedling growth and yield of maize (*Zea mays* L.). *Applied Ecology and Environmental Research*, 2018, 16(5): 6007-6023.

安俊朋, 李从锋, 齐华, 隋鹏祥, 张文可, 田平, 有德宝, 梅楠, 邢静. 秸秆条带还田对东北春玉米产量、土壤水氮及根系分布的影响. *作物学报*, 2018, 44(5): 774-782.

赵明, 李春喜等. 粮食丰产科技工程. 978-7-109-23823.

李春俭, 于鹏, 彭云峰, 牛君仿, 马玮等. 玉米高产与养分高效的理论基础. 978-7-565-20464.

#### 代表性知识产权

ZL 201410326942.9, 玉米推茬清垄旋耕播种方法

ZL 201510937960.5, 一种抗低温抗旱种子处理剂及其制备方法

ZL201720728367.4, 一种侧切刀式条耕播种机

#### 研究组成员

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

#### 博士后

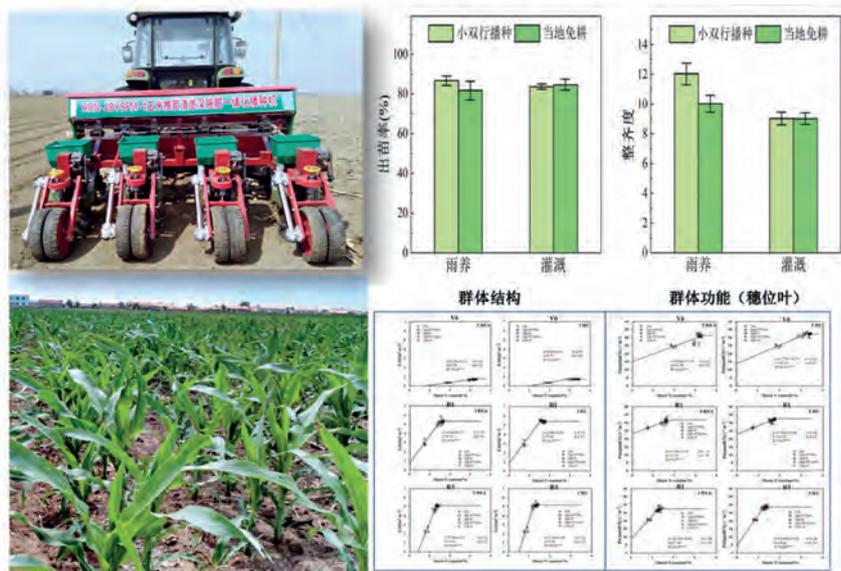
侯帅

#### 研究生

Noor M. Ali 王丹 韩玉玲 任红  
孙明月 夏飞 郭栋 袁慧敏 郭聪聪

#### 亮点工作

我国北方旱作农田普遍存在着土壤耕层障碍、秸秆还田难的问题, 限制了播种质量和密植高产潜力的充分挖掘。本技术在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, 可有效解决秸秆还田中最为关键的问题。通过建立的作物密度 - 产量模型创新双行密植栽培技术 (*Scientific Reporter*, 2018)。技术要点为秸秆条带还田, 即在前茬作物机收后进行秸秆灭茬, 采用秸秆条带还田机将秸秆集中于非播种带, 通过条带深旋刀进行条带混拌, 深旋还田、条带镇压一次性完成, 播种带处于自然无茬状态。改全层作业土壤耕作为平作条带耕作, 并使秸秆残茬条带状均匀混拌于 0-30cm 土层, 翌年于播种行免耕播种。缩行密植栽培改等行距种植方式为宽窄行种植, 播种行采用单行直线或小双行错株方式, 构建合理群体结构、优化冠层环境。2012-2018 年在东北区域的辽宁铁岭、沈阳, 吉林公主岭、梅河口, 内蒙古通辽和黄淮海区的河南新乡、河北邢台、廊坊等 15 地进行较大范围的示范应用。有效解决了不同生态区秸秆全量还田的问题, 与当地传统种植方式相比, 显著提高了玉米出苗率和群体质量, 平均增产 5.4-13.5%, 亩节本增收 90 元以上。该技术列为 2018 年主推技术, 为我国玉米绿色高效生产提供了重要技术支撑。



玉米条带耕作密植双行高产技术

A. 玉米推茬清垄小双行播种机; B. 不同种植方式田间出苗率; C. 不同种植方式田间出苗情况; D. 不同种植方式群体结构与功能

## AGRO-ECOLOGY AND FARMING SYSTEM

## 作物耕作与生态创新研究组

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。国家绿肥产业技术体系岗位科学家, 中国农业科学院作物耕作与生态创新团队首席。

研究方向: 作物高产与资源高效栽培; 保护性耕作理论与技术; 作物生产应对气候变化; 农业可持续发展。

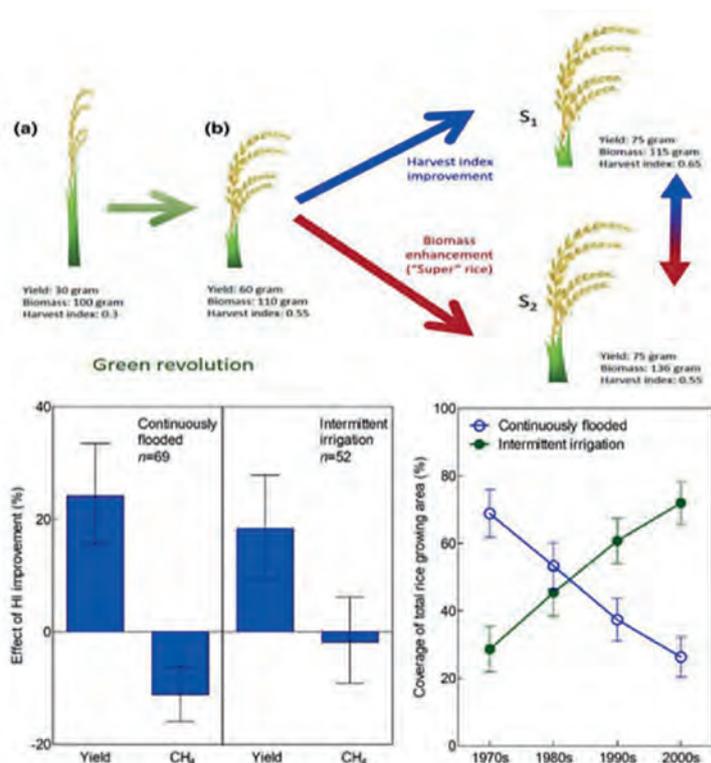
Email: zhangweijian@caas.cn 电话: 010-62156856

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



## 亮点工作

甲烷 ( $\text{CH}_4$ ) 是重要的温室气体之一, 其增温潜势是二氧化碳 ( $\text{CO}_2$ ) 的 25 倍, 而稻田是  $\text{CH}_4$  最主要的人为排放源, 水稻增产与稻田减排同等重要。通过提高收获指数 (HI), 减少光合产物向地下部输入, 不仅有利于提高产量, 而且可降低  $\text{CH}_4$  排放, 是高产低碳排放的品种选育之路。本研究采用 Meta 分析、大田试验以及室内试验相结合的方法, 探明了水稻收获指数提高的水稻增产与稻田甲烷减排的综合潜力与技术方向。研究表明, 提高水稻收获指数, 可以减少水稻当季光合产物向地下分配, 显著降低稻田  $\text{CH}_4$  排放。在此基础上, 通过改变水稻收获指数, 进一步开展了秸秆还田下水稻光合产物分配对稻田甲烷排放的影响, 发现秸秆还田下水稻甲烷排放主要发生在水稻花前, 占全生育期排放总量的 80% 以上。而水稻收获指数提高对稻田甲烷的减排效应主要出现在水稻后, 其减排潜力只有 4% 左右。考虑到现代水稻高产品种的收获指数已经达 0.55 左右, 中长期内很难进一步大幅度提高, 通过优化光合产物来协调丰产与低碳排放的潜力非常有限。本研究进一步明确了水稻丰产与稻田减排协同的品种选用和选育及耕作栽培创新方向, 主要研究结果发表在 *Global Change Biology*。



水稻品种改良的甲烷减排潜力

A. 高产水稻品种改良途径; B. 提高水稻收获指数对甲烷减排的贡献

## 重要论著

Y Jiang, HY Qian, L Wang, JF Feng, S Huang, BA Hungate, CV Kessel, WR Horwath, XY Zhang, XB Qin, Y Li, XM Feng, J Zhang, AX Deng, CY Zheng, ZW Song, SJ Hu, KJV Groenigen, WJ Zhang. Limited potential of harvest index improvement to reduce methane emissions from rice paddies. *Global Change Biology*, 2018.

D Afreh, J Zhang, DH Guan, KL Liu, ZW Song, CY Zheng, AX Deng, XM Feng, X Zhang, Y Wu, QR Huang, WJ Zhang. Long-term fertilization on nitrogen use efficiency and greenhouse gas emissions in a double maize cropping system in subtropical China. *Soil and Tillage Research*, 2018, 180: 259-267.

H Latifmanesh, AX Deng, NM Mohsin, L Li, ZJ Chen, YT Zheng, P Wang, ZW Song, J Zhang, CY Zheng, WJ Zhang. Integrative impacts of rotational tillage on wheat yield and dry matter accumulation under corn-wheat cropping system. *Soil and Tillage Research*, 2018, 184: 100-108.

XM Feng, YB Hao, H Latifmanesh, R Lal, JR Guo, TH Cao, AX Deng, ZW Song, WJ Zhang. Effects of Subsoiling Tillage on Soil Properties, Maize Root Distribution, and Grain Yield on Mollisols of Northeastern China. *Agronomy Journal*, 2018, 110: 1607-1615.

张卫建, 宋振伟, 陈长青 著. 春玉米密植高产高效耕作栽培理论与技术. 2018. 科学出版社.

## 代表性知识产权

ZL 201721161687.2, 一种用于植物的碳同位素标记装置

ZL 201821063217.7, 植物培养及根系分泌物收集装置

## 研究组成员

宋振伟 副研究员 郑成岩 副研究员  
张俊 助理研究员 邓艾兴 助理研究员

## 博士后

冯晓敏 张宇

## 研究生

周博 李凤博 张鑫 张楠 钱浩宇  
Mohammad Abubakar Siddik  
Raheem Abdulkarem  
Oluwaseyi Oyewale Bankole  
Frederick Danso 刘云龙 阮俊梅



## REGULATION OF CROP PHOTOSYNTHESIS

### 作物光合生理调控创新研究组

周文彬，研究员，博士生导师。2008年获中国科学院上海植物生理生态研究所植物学专业博士。现任作物栽培与耕作中心副主任。中国农业科学院院级青年英才计划入选者。

研究方向：作物产量潜力提升、资源高效利用的光合生理与分子机制以及栽培技术调控途径研究。

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

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

#### 研究组成员

段凤莹 助理研究员

#### 博士后

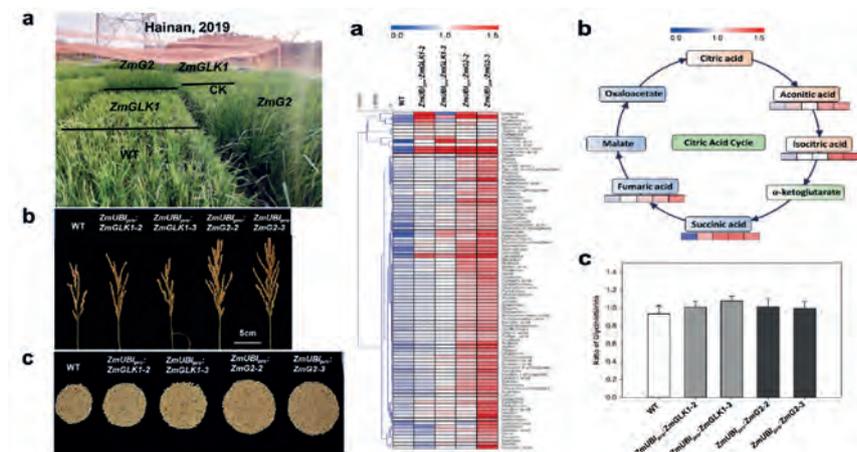
李霞 郭倩倩

#### 研究生

魏少博 耿入丹 闫艳艳 李静

#### 亮点工作

首次发现了在水稻中表达玉米 *GLK* 基因 (*ZmGLK1* 和 *ZmG2*) 可显著提高水稻耐受光抑制的能力，大幅提高大田水稻产量。*GLK* 基因具有调控植物叶绿体发育及组织分化过程。本研究发现在水稻中表达玉米 *GLK* 基因后，水稻叶片叶绿素和类胡萝卜素等色素含量显著提高，叶绿体类囊体膜的天线复合体、光系统复合体积均明显增加。在高光和波动光条件下，水稻中表达玉米 *GLK* 基因，光系统 II 光化学效率以及热耗散能力均有显著增加，提高了其在高光或波动光条件下抵御光抑制的能力。大田光合日变化实验表明，转基因水稻在上午光合同化能力高于野生型；在中午转基因水稻仍能维持较高的光合同化能力，而野生型植株则在中午具有高光导致的光合下调的光合午休现象。进一步的代谢组学实验表明，转基因水稻植株积累了更多的碳水化合物如淀粉和糖等。北京和海南两地两年的大田实验表明，转入玉米 *GLK* 基因的水稻植株叶面积、株高及生物量较野生型均有显著提高，其地上部生物量以及籽粒产量均较野生型增加 30-40%，其中 *ZmG2* 转基因水稻的增产幅度高于 *ZmGLK1* 转基因植株。本研究表明通过提高作物的耐受光抑制能力，能显著提高作物大田光合效率和辐射利用效率，为提升作物产量潜力提供了新的途径。



转基因水稻植株表型以及代谢组学分析

A. 转基因水稻的表型; B. 转基因水稻的代谢组学分析

## CROP GROWTH REGULATION

## 作物化学调控创新研究组

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

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

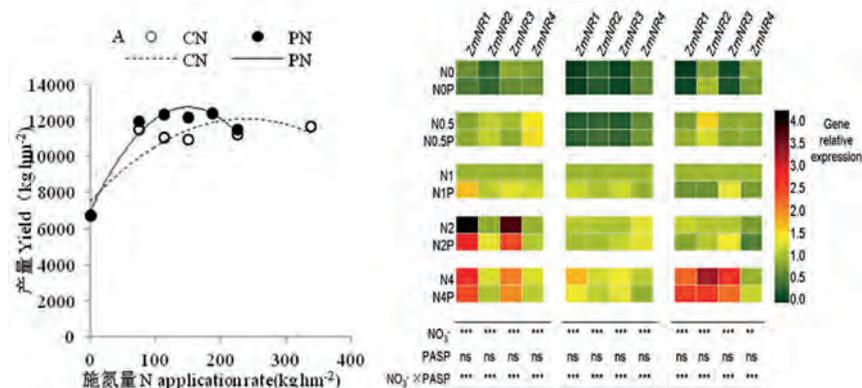
Email: dongzhiqiang@caas.cn 电话: 010-82106043

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



## 亮点工作

为了追求高产, 我国农田施肥量大, 化肥利用率低, 流失的氮素、磷素给环境带来了严重的面源污染。针对大田作物氮素化肥利用率低的问题, 从改善土壤中铵离子和硝酸根离子运移特性和代谢过程的角度, 采用亲核加成聚合接枝技术, 以氨基酸、有机酸为改性剂, 在碱性条件下, 于聚琥珀酰胺 (PSI) 开环阶段, 合成了改性聚天门冬氨酸衍生物 (R-PASP), 并进一步络合锌、锰等离子, 合成了氮肥增效剂; 明确了 PASP-NH<sub>4</sub><sup>+</sup> 和 PASP-NO<sub>3</sub><sup>-</sup> 的土壤运移特点; 在代谢水平和分子水平, 明确了 R-PASP 促进硝酸根的转运和还原、促进氨基酸和蛋白质合成, 从而提高了氮素利用效率的内在机理。该增效剂与氮肥 (尿素) 以千分之三的重量比混用, 提高氮肥利用率 15% 以上。2018 年, 河北省三河县 150 亩核心示范区, 施氮量降低 21.9%, 玉米单产平均增加 8.3%; 在河南新乡和吉林公主岭长期定位试验田, 研究结果表明: 在减氮 1/3 条件下, 东北春玉米增产 3.0%-8.4%, 华北夏玉米增产幅度 2.7%-3.2%, 华北冬小麦增产 1.7%-5.2%。针对小麦、玉米高密度群体冠层郁蔽、光合效率低, 从促进叶绿素合成的角度, 研制了小麦、玉米高光效调节剂; 从 C 素代谢的角度, 明确了其提高光合效率的机理, 并配套了应用技术。在前期工作基础上, 示范推广本课题组自主创新研制的专利产品 - 抗逆增产调节剂 (“金得乐”、“吨田宝”和“玉米伴侣”) 及其应用技术 (“缩株增密”、“扩穗防衰”和“双重化控”技术) 2000 万亩。



氮素增效剂处理玉米减氮增产效果及其分子机理

A. 玉米减氮增产效果; B. 分子机制

## 重要论著

QY Wang, HH Tang, GY Li, H Dong, XR Dong, YL Xu, ZQ Dong. Polyaspartic acid improves maize (*Zea mays* L.) seedling nitrogen assimilation mainly by enhancing nitrate reductase activity. *Agronomy*, 2018, doi:10.3390/agronomy8090188.

唐会会、许艳丽、王庆燕、马正波、李光彦、董会、董志强. 聚天门冬氨酸螯合氮肥减量一次性基肥对东北春玉米的增效机理研究. *作物学报*.

李赞堂、王士银、姜雯宇、张帅、张少斌、徐江. 穗分化期外施 24-表油菜素内酯 (EBR) 促进水稻源、库及籽粒灌浆的生理机制. *作物学报*, 2018, 44 (4), 581-590.

张莉、李赞堂、王士银、麻艳超、东方阳、李学勇、徐江. 水稻氮素吸收低效型突变体 *osnad1* 的生理和遗传分析. *作物杂志*, 2018, 3, 68-76.

## 代表性知识产权

ZL201510679682.8, 一种小麦高光效抗逆境增产调节剂及其制备方法和应用

ZL201510656794.1, 玉米抗倒伏衰高光效调节剂、其制备方法及其应用

## 研究组成员

徐江 研究员 闫鹏 助理研究员

## 博士后

王庆燕

## 研究生

唐会会 马正波 房孟颖 李春情

# 附 录

## 2018 年新增重要项目

课题名称	课题来源	起止年限	总经费	到位经费	主持人
物种品种资源保护费	农业部财政专项	2018	2480.50	2480.50	
玉米定向基因编辑技术平台构建与种质创新	地方财政项目	2018-2020	2000.00	2000.00	谢传晓
现代农业产业技术体系	农业部财政专项	2018	1930.00	1930.00	
杂粮作物抗非生物逆境遗传机制与调控网络	国家重点研发计划	2018-2022	830.00	376.58	武 晶
杂粮作物产量性状形成分子机理及调控途径	国家重点研发计划	2018-2022	780.00	353.89	贾冠清
中藜藜麦联合研究中心	企业或其他横向来源项目	2018-2020	500.00	150.00	任贵兴
玉米粒形关键基因遗传调控及互作网络解析	国家自然科学基金重大研究计划	2018-2019	400.00	400.00	王天宇
杂粮作物功能基因高效发掘利用平台构建	国家重点研发计划	2018-2022	610.00	276.76	高 英
转 Cry1Ab-ma 基因抗虫玉米 CM8101 新品种培育	转基因重大专项	2018-2019	378.84	113.65	顿宝庆
小麦抗逆相关 NF-Y 转录因子基因的克隆及在育种上的利用	转基因重大专项	2018-2019	298.62	89.59	徐兆师
大豆成花素基因的克隆及其高产机制研究	转基因重大专项	2018-2019	295.44	88.63	傅永福
利用 OsSUB1C 基因提高水稻产量	转基因重大专项	2018-2019	287.00	86.1	刘 军
作物突变种质快速利用及新品种高效培育	国际合作项目	2018-2019	285.00	71.00	刘录祥 郭会君
小麦水稻 CRISPR/Cpf1 介导的同源重组体系构建及应用	转基因重大专项	2018-2019	270.00	81.00	吴传银
中美农作物基因库安全保存与采集技术合作研究	国家重点研发计划	2018-2020	257.00	128.00	王述民
小麦 D 基因组在驯化过程中的演变规律及多基因作用机制研究	国家自然科学基金重大研究计划	2018-2019	150.00	150.00	毛 龙
油菜素内酯调控水稻重要农艺性状的分子机制解析	国家自然科学基金优青项目	2018-2020	130.00	78.00	童红宁
黄淮冬麦区中作小麦联合体	企业或其它横向来源项目	2018	116.01	116.01	赵广才

## 2018 年发表重要论文

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
1	A selfish genetic element confers non-Mendelian inheritance in rice	Xiaoming Zheng, Jiafan Liu, Xiuping Guo, Jiulin Wang, Qibing Lin, Fuqing Wu, Yulong Ren, Shanshan Zhu, Xin Zhang, Zhijun Cheng, Cailin Lei, Chuanyin Wu, Jianmin Wan	Science	360:1130-1132
2	Genomic variation in 3010 diverse accessions of Asian cultivated rice	Wensheng Wang, Zhiqiang Hu, Zhichao Wu, Tianqing Zheng, Fan Zhang, Jianlong Xu, Binying Fu, Yongming Gao, Xiuqin Zhao, Yongli Zhou, Chunchao Wang, Zhikang Li	Nature	557:43-49
3	The goat grass genome's role in wheat improvement	Awais Rasheed, Zhonghu He	Nature Plants	56-58
4	Functional Specificities of Brassinosteroid and Potential Utilization for Crop Improvement	Hongning Tong	Trends in Plant Science	23:1016-1028
5	Fast-Forwarding Genetic Gain	Huihui Li, Zhonghu He	Trends in Plant Science	23:184-186
6	Genome Editing and Double-Fluorescence Proteins Enable Robust Maternal Haploid Induction and Identification in Maize	Dong L, Li L, Liu C, Geng S, Li X, Huang C, Mao L, Xie C	Molecular Plant	3:314-320
7	Expanding the scope of CRISPR/Cpf1-mediated genome editing in rice	Li S, Zhang X, Wang W, Guo X, Wu Z, Du W and Xia LQ	Molecular Plant	11:995-998
8	microRNA528 affects lodging resistance of maize by regulating lignin biosynthesis under nitrogen-luxury conditions	Qing Sun, Xiaogang Liu, Qingguo Du, Hongqiu Wang, Wen-Xue Li	Molecular Plant	11:806-814
9	QTG-seq accelerates QTL fine mapping through QTL partitioning and whole-genome sequencing on bulked segregant samples	Zhang HW, Liu YJ, Wang GY	Molecular Plant	12:426-437
10	Mutations in the DNA demethylase OsROS1 result in a thickened aleurone and improved nutritional value in rice grains	Chun-Ming Liu	PNAS(Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America)	115:11327-11332
11	OsALMT7 maintains panicle size and grain yield in rice by mediating malate transport.	Yueqin Heng, ChuanyinWu, Sheng Luo, Jin Ma, Jun Chen, Jiafan Liu, Yulong Ren, Min Wang, Junjie Tan, Shanshan Zhu, Jiulin Wang, Cailin Lei, Xin Zhang, Xiuping Guo, Haiyang Wang, Zhijun Cheng, Jianmin Wan	The Plant Cell	30:889-906

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
12	Limited potential of harvest index improvement to reduce methane emissions from rice paddies	Jiang Y, Qian H, Wang L, Feng J, Huang S, Hungate BA, van Kessel C, Horwath WR, Zhang X, Qin X, Li Y, Feng X, Zhang J, Deng A, Zheng C, Song Z, Hu S, van Groenigen KJ, Zhang W.	Global Change Biology	25:686-698
13	Mapping and validation of a new QTL for adult?plant resistance to powdery mildew in Chinese elite bread wheat line Zhou8425B	Aolin Jia, Zhonghu He, Xianchun Xia	Theoretical and Applied Genetics	131:1063-1071
14	Genome-wide linkage mapping of yieldrelated traits in three Chinese bread wheat populations using high-density SNP markers	Faji Li, Weie Wen, Zhonghu He, Jindong Liu, Shuanghe Cao, Xianchun Xia	Theoretical and Applied Genetics	131:1903-1924
15	Development of a set of PCR markers specific to <i>Aegilops longissima</i> chromosome arms and application in breeding a translocation line.	Wang KY, Lin ZS, Wang K, Du LP, Ye XG	Theoretical and Applied Genetics	131:13-25
16	Patterns of genomic variation in Chinese maize inbred lines and implications for genetic improvement	Huihui Li	Theoretical and Applied Genetics	131:1207-1221
17	A wheat protein kinase gene TaSnRK2.9-5A associated with yield contributing traits	Jingyi Wang, Xiaoping Chang, Xueyong Zhang, Xinguo Mao, Ruilian Jing	Theoretical and Applied Genetics	132:907-919
18	Pm61: a recessive gene for resistance to powdery mildew in wheat landrace Xuxusanyuehuang identified by comparative genomics analysis	Hu Jinghuang, Qiu Dan , Wu Peipei, Zhang Hongjun, Liu Hongwei, Yang Li, Qu Yunfeng, Yang Li, Li Teng, Zhou Yang, Li Hongjie	Theoretical and Applied Genetics	131:2085-2097
19	Characterization and fine mapping of qkc7.03: a major locus for kernel cracking in maize	Yang Mingtao , Lin Chen, Xun Wu, Xing Gao, Chunhui Li, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Yunsu Shi, Yu Li, Yong-xiang Li, Tianyu Wang	Theoretical and Applied Genetics	131:437-448
20	Fine mapping and identification of a novel locus qGL12.2 controls grain length in wild rice ( <i>Oryza rufipogon</i> Griff.)	Lan Qi, Yingbin Ding, Xiaoming Zheng, Rui Xu, Lizhen Zhang, Yanyan Wang, Xiaoning Wang, Lifang Zhang, Yunlian Cheng, Weihua Qiao, Qingwen Yang	Theoretical and Applied Genetics	131:1497-1508
21	Identification of the dwarf gene GmDW1 in soybean ( <i>Glycine max</i> L.) by combining mapping-by-sequencing and linkage analysis	Yong Guo, Zhang-xiong Liu, Lijuan Zhang, Lijuan Qiu	Theoretical and Applied Genetics	131:1001-1016
22	Next generation sequencing to identify candidate genes and develop diagnostic markers for a novel <i>Phytophthora</i> resistance gene, RpsHC18, in soybean	Chao Zhong, Suli Sun, Yinping Li, Canxing Duan, Zhendong Zhu	Theoretical and Applied Genetics	131:525-538
23	Genome wide association study dissects yield components associated with low phosphorus stress tolerance in maize	Cheng Xu, Hongwei Zhang, Zifeng Guo, Cheng Zou, WenXue Li, Chuanxiao Xie, Changling Huang, Xiaojie Xu, Shanhong Wang, Yunbi Xu	Theoretical and Applied Genetics	131:1699-1714

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
24	DNA methylation dynamics during the interactions of the wheat progenitor <i>Aegilops tauschii</i> and the obligate biotrophic fungus <i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>Tritici</i>	Geng S, Song G, Jia M, Guan J, Wang F, Li A, and Mao L	New Phytologist	221:1023-1035
25	Maize Urb2 protein is required for kernel development and vegetative growth by affecting pre-ribosomal RNA processing	Hongqiu Wang, Kai Wang, Qingguo Du, Yafei Wang, Wen-Xue Li	New Phytologist	218:1233-1246
26	Fungal resistance mediated by maize wall-associated kinase ZmWAK-RLK1 correlates with reduced benzoxazinoid content	Yang P, Praz C, Li B, Singla J, Robert CAM, Kessel B, Scheuermann D, Lüthi L, Ouzunova M, Erb M, Krattinger SG, Keller B	New phytologist	221:976-987
27	Functional diversification of flowering locus T homologs in soybean: GmFT1a and GmFT2a/5a have opposite roles in controlling flowering and maturation	Liu Wei, Jiang Bingjun, Ma Liming, Zhang Shouwei, Xu Xin, Hou Wensheng, Wu Cunxiang, Sun Shi, Wu Tingting, Chen Li, Han Tianfu	New Phytologist	217:1335-1345
28	TaCOLD1 defines a new regulator of plant height in bread wheat	Dong H, Yan S, Liu J, Liu P, Sun J	Plant Biotechnology Journal	17:687-699
29	CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of GmFT2a delays flowering time in soya bean.	Cai YP, Chen L, Liu XJ, Guo C, Sun S, Wu CX, Jiang BJ, Han TF, Hou WS	Plant Biotechnology Journal	16:176-185
30	DELAYED HEADING DATE1 interacts with OsHAP5C/D, delays flowering time and enhances yield in rice.	Huan Zhang, Shanshan Zhu, Tianzhen Liu?, Chunming Wang, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Liping Chen, Peike Sheng, Maohong Cai, Chaonan Li, Jiachang Wang, Zhe Zhang, Juntao Chai, Liang Zhou, Cailin Lei, Xiuping Guo, Jiulin Wang, Jie Wang, Ling Jiang, Chuanyin Wu, Jianmin Wan	Plant Biotechnology Journal	17:531-539
31	Construction of Agropyron Gaertn. genetic linkage maps using a wheat 660K SNP array reveals a homoeologous relationship with the wheat genome	Shenghui Zhou, Jinpeng Zhang, Weihua Liu, Yuqing Lu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Jizeng Jia, and Lihui Li	Plant Biotechnology Journal	16:818-827
32	FLOURY SHRUNKEN ENDOSPERM1 connects phospholipid metabolism and amyloplast development in rice.	Yulong Ren, Jianmin Wan.	Plant Physiology	177:698-712
33	The PILNCR1-miR399 regulatory module is important for low-phosphate tolerance in maize	Qingguo Du, Kai Wang, Cheng Zou, Cheng Xu, Wen-Xue Li	Plant Physiology	177:1743-1753
34	Genome editing technologies and their applications in crop improvement	Rukmini Mishra and Kaijun Zhao,	Plant Biotechnology Reports	12:57-68
35	A dual role for proline iminopeptidase in the regulation of bacterial motility and host immunity	Kan J, An L, Wu Y, Long J, Song L, Fang R, Jia Y	Molecular Plant Pathology	19:2011-2024

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
36	Construction of the third-generation <i>Zea mays</i> haplotype map	Cheng Zou, Chuanxiao Xie, Yunbi Xu	GigaScience	7:1-12
37	Disruption of OsSEC3A increases the content of salicylic acid and induces plant defense responses in rice.	Jun Chen, Min Wang, Yulong Ren, Shuai Wang, Cailin Lei, Zhijun Cheng	Journal of Experimental Botany	69:1051-1064
38	Allelic differentiation at the Sg-1 locus for the terminal sugar of the C-22 position of group A saponin in Chinese wild soybean ( <i>Glycine soja</i> Sieb. & Zucc.)	Xianghua Li, Kejing Wang	Molecular Breeding	38:93:1-17
39	Identification and fine mapping of qWBP11 conferring resistance to whitebacked planthopper ( <i>Sogatella furcifera</i> Horvath) in rice ( <i>Oryza sativa</i> L.).	Fan Dejie, Yuqiang Liu, Hongliang Zhang, Jun He, Fengkuan Huang, Suosheng Huang, Biqu Wu, Daoming Liu, Peizheng Wen, Linglong Liu, Ling Jiang, Xianian Cheng, Jianmin Wan	Molecular Breeding	38:1-9
40	qNCLB7.02, a novel QTL for resistance to northern corn leaf blight in maize	Hao Zhuanfang, Yong Hongjun, Li Mingshun, Zhang Degui, Li Xinhai, Weng Jianfeng	Molecular Breeding	38:1-12
41	Population genetic dynamics of Himalayan-Hengduan tree peonies, <i>Paeonia</i> subsect. <i>Delavayanae</i>	Zhang JM	Molecular Phylogenetics and Evolution	125:62-77
42	OsNDUFA9 encoding a mitochondrial complex I subunit is essential for embryo development and starch synthesis in rice.	Jianmin Wan	Plant Cell Reports	37:1667-1679
43	Purine nucleotide biosynthetic gene GARS controls early chloroplast development in rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Jianmin Wan	Plant Cell Reports	38:183-194
44	OPEN GLUME1: a key enzyme reducing the precursor of JA, participates in carbohydrate transport of lodicules during anthesis in rice.	Zhijun Cheng, Cailin Lei, Xin Zhang, Xiuping Guo, Jiulin Wang, Chuanyin Wu, Jianmin Wan	Plant Cell Reports	37:329-346
45	Oxidative damage and antioxidative indicators in 48 h germinated rice embryos during the vitrification-cryopreservation procedure	Zhang JM, Chen XL, Xin X, Yin GK, He JJ, Lu XX	Plant Cell Reports	37:1325-1342
46	Differences in molecular characteristics of segment 8 in rice black-streaked dwarf virus and southern rice black-streaked dwarf virus	Weng Jianfeng, Li Xinhai	Plant Disease	102:1115-1123
47	Outbreak of Choanephora Stem Rot Caused by <i>Choanephora cucurbitarum</i> on Quinoa ( <i>Chenopodium quinoa</i> ) in China	Suli Sun, Zhendong Zhu	Plant Disease	102:2379-2379
48	Reduction of ATPase activity in the rice kinesin protein Stemless Dwarf1 inhibits cell division and organ development	Jingjing Fang, Shoujiang Yuan, Chenchen Li, Dan Jiang, Linlin Zhao, Lixiang Peng, Jinfeng Zhao, Wenhui Zhang, Xueyong Li	Plant Journal	96:620-634

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
49	Co-expression Analysis Aids in the Identification of Genes in the Cuticular Wax Pathway in Maize.	Zheng J., Qin Y., Sun M., Li J., Wang G	Plant Journal	97:530-542
50	Kernel size - related genes revealed by an integrated eQTL analysis during early maize kernel development	Pang J, Fu J, Zong N, Wang J, Song D, Zhang X, He C, Fang T, Zhang H, Fan Y, Wang G, Zhao J	Plant Journal	98:19-32
51	Mutations in the MIT3 gene encoding a carotenoid isomerase lead to increased tiller number in rice	Liu L, Xie T, Peng P, Qiu H, Zhao J, Fang J, Patil SB, Wang Y, Fang S, Chu J, Yuan S, Zhang W, Li X	Plant Science	267:1-10
52	FLOURY ENDOSPERM11 encoding a plastid heat shock protein 70 is essential for amyloplast development in rice.	Jianmin Wan	Plant Science	277:89-99
53	Constitutive expression of a stabilized transcription factor ERFVII enhances waterlogging tolerance in wheat without penalizing grain yield	Wei, Xuening; Xu, Huijun; Rong, Wei; Ye, Xingguo; Zhang, zengyan	Plant, Cell & Environment	42:1471-1485
54	Meta-analysis and transcriptome profiling reveal hub genes for soybean seed storage composition during seed development	Qi Z, Zhang Z, Wang Z, Yu J, Qin H, Mao X, Jiang H, Xin D, Yin Z, Zhu R, Liu C, Yu W, Hu Z, Wu X, Liu J, Chen Q	Plant, Cell & Environment	41:2109-2127
55	Loci and natural alleles underlying robust roots and adaptive domestication of upland ecotype rice in aerobic conditions	Jianlong Xu, Wensheng Wang, Binying Fu, Zhikang Li	PLoS Genetics	14:e1007521
56	RSM1, an Arabidopsis MYB protein, interacts with HY5/HYH to modulate seed germination and seedling development in response to abscisic acid and salinity	Chaonan Li	PLoS Genetics	14:e1007839
57	Proteomic analysis of rat serum revealed the effects of chronic sleep deprivation on metabolic, cardiovascular and nervous system.	Yongying Mu, Yinghong Pan	PLoS One	13:e0199237
58	QTL and QTL networks for cold tolerance at the reproductive stage detected using selective introgression in rice.	Liang Y, Meng L, Lin X, Cui Y, Pang Y, Xu J, Li Z.	PLoS One	13:e0200846
59	Genome-wide association mapping of aluminum toxicity tolerance and fine mapping of a candidate gene for Nr1 in rice	Yonghong Tao, Yanan Niu, Yun Wang, Tianxiao Chen, Shahzad Amir Naveed, Jianlong Xu, Zhikang Li	PLoS One	13:e0198589
60	RNA-Seq analysis reveals insight into enhanced rice Xa7-mediated bacterial blight resistance at high temperature	Stephen P. Cohen, Hongxia Liu, Cristiana T. Argueso, Andy Pereira, Casiana Vera Cruz, Valerie Verdier, Jan E. Leach	PLoS One	12:e0187625
61	QTL mapping and candidate gene analysis of peduncle vascular bundle related traits in rice by genome-wide association study	Tianqing Zheng, Jianlong Xu and Zhikang Li	Rice	11:13

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
62	Overexpression of OsbHLH107, a member of the basic helix-loop-helix transcription factor family, enhances grain size in rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Yulong Ren, Xin Zhang, Fuqing Wu, Xiuping Guo, and Jianmin Wan	Rice	11:41
63	DS1/OsEMF1 interacts with OsARF11 to control rice architecture by regulation of brassinosteroid signaling	J.M.Wan	Rice	11:46
64	Novel sequences, structural variations and gene presence variation of Asian cultivated rice	Wensheng Wang, Zhichao Wu, Binying Fu, Jianlong Xu, Zhikang Li Binying Fu, Jianxin Shi, Jianlong Xu, Jue Ruan, Chaochun Wei, Zhikang Li	Scientific Data	5:180079
65	Assembly of an early-matured japonica (Geng) rice genome, Sujing18, based on PacBio and Illumina sequencing	Chun-Chao Wang, Tian-Tian Xu, Tian-Qing Zheng, Jian-Long Xu, Zhi-Kang Li	Scientific Data	4:170195
66	Comparative Transcriptional Profiling and Physiological Responses of Two Contrasting Oat Genotypes under Salt Stress	Wu B, Zhang Z	Scientific Reports	8:16248
67	Density resistance evaluation of maize varieties through new “Density-Yield Model” and quantification of varietal response to gradual planting density pressure	Tang L1., Ma W, Noor MA, Li L, Hou H, Zhang X, Zhao M	Scientific Reports	8:17281
68	GmGRP-like gene confers Al tolerance in Arabidopsis.	Chen L, Cai YP, Liu XJ, Guo C, Yao WW, Sun S, Wu CX, Jiang BJ, Han TF, Hou WS	Scientific Reports	8:13601
69	A wheat caffeic acid 3-O-methyltransferase TaCOMT-3D positively contributes to both resistance to sharp eyespot disease and stem mechanical strength	Wangm Minxia, Zhu Xiuliang, Wang Ke, Luo Meiyong, Shan Tianlei, Zhang Zengyan	Scientific Reports	8:6543
70	Identification of wheat stress-responding genes and TaPR-1-1 function by screening a cDNA yeast library prepared following abiotic stress	Jingyi Wang, Xinguo Mao, Ruitong Wang, Ang Li, Guangyao Zhao, Jinfeng Zhao, Ruilian Jing	Scientific Reports	9:141
71	Identification of QTN and candidate genes for salinity tolerance at the germination and seedling stages in rice by genome-wide association analyses	Shahzad Amir Naveed, Fan Zhang, Tian-Qing Zheng, Jian-Long Xu, Zhi-Kang Li	Scientific Reports	8:6505
72	Increased experimental conditions and marker densities identified more genetic loci associated with southern and northern leaf blight resistance in maize	Yong-xiang Li, Lin Chen, Chunhui Li, Yun-su Shi1, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Yu Li Tianyu Wang	Scientific Reports	8:6848
73	A heading date QTL, qHD7.2, from wild rice ( <i>Oryza rufipogon</i> ) delays flowering and shortens panicle length under long-day conditions	Li Jing, Xu Rui, Wang Chunchao, Qi Lan, Zheng Xiaoming, Wang wensheng, Ding Yingbin, Zhang Lizhen, Wang Yanyan, Cheng Yunlian, Zhang Lifang, Qiao Weihua, Yang Qingwen	Scientific Reports	8:2928

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
74	Long-term fertilization on nitrogen use efficiency and greenhouse gas emissions in a double maize cropping system in subtropical China	Afreh, D, Jun Zhang, ZhenWei Song, ChengYan Zheng, AiXing Deng, XiaoMin Feng, WeiJian Zhang	Soil and Tillage Research	180:259-267
75	Integrative impacts of rotational tillage on wheat yield and dry matter accumulation under corn-wheat cropping system	Latifmanesh, Nawaz, AiXing Deng, Zhe Song, ChengYan Zheng, WeiJian Zhang	Soil and Tillage Research,	184:100-108
76	Rice TCM1 Encoding a Component of the TAC Complex is Required for Chloroplast Development under Cold Stress	Zhikang Li, Jianlong Xu	The Plant Genome	11:160065
77	Jasmonic acid/Ethylene signaling coordinates hydroxycinnamic acid amides biosynthesis through ORA59 transcription factor	Zhang K, Zhou M	The Plant Journal	95:444-457
78	Wheat CBL-interacting protein kinase 23 positively regulates drought stress and ABA responses	Xiao-Yu Cui?, Yong-Tao Du, Jin-Dong Fu, Ming Chen, Jun Chen, You-Zhi Ma, Zhao-Shi Xu	BMC Plant Biology	18:93
79	Wheat Bax Inhibitor-1 interacts with TaFKBP62 and mediates response to heat stress	Ming Chen, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ya-Jun Xi and Zhao-Shi Xu	BMC Plant Biology	18:259
80	Identification and characterization of GmMYB118 responses to drought and salt Stress	Yong-Tao Du, Meng-Jie Zhao, Chang-Tao Wang, Yuan Gao, Ming Chen, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Zhao-Shi Xu and You-Zhi Ma	BMC Plant Biology	18:320
81	Association of yield-related traits in founder genotypes and derivatives of common wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Jie Guo, Weiping Shi, Zheng Zhang, Jingye Cheng, Daizhen Sun, Jin Yu, Xinlei Li, Pingyi Guo, Chenyang Hao	BMC Plant Biology	18:38
82	Genome-wide analysis of the pentatricopeptide repeat gene family in different maize genomes and its important role in kernel development	Lin Chen, Yong-xiang Li, Chunhui Li, Yunsu Shi, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Yu Li and Tianyu Wang	BMC Plant Biology	18:366
83	Integrated omics data of two annual ryegrass ( <i>Lolium multiflorum</i> L.) genotypes reveals core metabolic processes under drought stress.	Zhou M	BMC Plant Biology	18:26
84	Penalties in yield and yield associated traits caused by stem lodging at different developmental stages in summer and spring foxtail millet cultivars	Li Hongjie	Field Crops Research	217:104-112
85	Genome-wide analysis of CDPK family in foxtail millet and determination of SiCDPK24 functions in drought stress	Ming Chen, Yon-Bin Zhou, You-Zhi Ma, Zhao-Shi Xu, and Ya-Jun Xi	Frontiers in Plant Science	9:651

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
86	Silencing of the Wheat Protein Phosphatase 2A Catalytic Subunit TaPP2Ac Enhances Host Resistance to the Necrotrophic Pathogen <i>Rhizoctonia cerealis</i>	Zhu Xiuliang, Zhang Zengyan	Frontiers in Plant Science	9:1437
87	Fine Mapping of a Novel Heading Date Gene, TaHdm605, in Hexaploid Wheat	Zhang X, Liu G, Zhang L, Xia C, Zhao T, Jia J, Liu X, Kong X	Frontiers in Plant Science	9:1059
88	Generation of Transgene-Free Maize Male Sterile Lines Using the CRISPR/Cas9 System	Chen Rongrong, Xu Qilong, Liu Yan, Zhang Jiaojiao, Wang Guoying, Liu Yunjun	Frontiers in Plant Science	9:1180
89	Genome-wide identification and expression profiling of the TCP family genes in spike and grain development of wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Zhao J, Zhai Z, Li Y, Geng S, Song G, Guan J, Jia M, Wang F, Sun G, Feng N, Kong X, Mao L, Li A.	Frontiers in Plant Science	9:1282
90	Characterization of transcription factor gene OsDRAP1 conferring drought tolerance in rice	Huang L, Wang Y, Wang W, Zhao X, Qin Q, Sun F, Fu B, Li Z	Frontiers in Plant Science	9:94
91	The Application of Multi-Locus GWAS for the Detection of Salt-Tolerance Loci in Rice	Zhang Fan, Zhou Yongli	Frontiers in Plant Science	9:1464
92	Identification and phenotypic characterization of ZEBRA LEAF16 encoding a b-Hydroxyacyl-ACP dehydratase in rice.	Jianmin Wan.	Frontiers in Plant Science	9:782
93	Rice Premature Leaf Senescence Encoding a Glycosyltransferase (GT) Is Involved in Leaf Senescence	Min Wang, Sheng Luo, Juejie Tan, Yueqin Heng, Xin Zhang, Xiuping Guo, and Zhijun Cheng	Frontiers in Plant Science	9:560
94	Genetic dissection and simultaneous improvement of drought and low nitrogen tolerances by designed QTL pyramiding in rice	Feng B, Cui Y, Wu Z, Zheng T, Xu J, Li Z	Frontiers in Plant Science	9:306
95	Simultaneous Improvement and Genetic Dissection of Drought Tolerance Using Selected Breeding Populations of Rice	Yanru Cui, Jianlong Xu, Zhikang Li	Frontiers in Plant Science	9:320
96	Joint exploration of favorable haplotypes for mineral concentrations in milled grains of rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Tian-Qing Zheng, Chun-Chao Wang, Tian-Tian Xu, Jian-Long Xu, Zhi-Kang Li	Frontiers in Plant Science	9:447
97	Genome Editing in Rice: Recent Advances, Challenges, and Future Implications.	Mishra R, Joshi RK and Zhao KJ	Frontiers in Plant Science	9:1361
98	Development of molecular markers linked to powdery mildew resistance gene Pm4b by combining SNP discovery from transcriptome sequencing data with bulked segregant analysis (BSR-seq) in wheat	Wu Peipei, Hu Jinghuang, Qiu Dan, Zhang Hongjun, Yang Li, Liu Hongwei, Zhou Yang, Li Hongjie	Frontiers in Plant Science	9:95

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
99	Physical Mapping of a Novel Locus Conferring Leaf Rust Resistance on the Long Arm of Agropyron cristatum Chromosome 2P	Bo Jiang, Haiming Han, Lihui Li, Jinpeng Zhang, Xinming Yang, Shenghui Zhou, Xiuquan Li and Weihua Liu	Frontiers in Plant Science	9:817
100	SiSTL2 Is Required for Cell Cycle, Leaf Organ Development, Chloroplast Biogenesis, and Has Effects on C4 Photosynthesis in <i>Setaria italica</i> (L.) P. Beauv	Shuo Zhang, Sha Tang, Chanjuan Tang, Mingzhao Luo, Guanqing Jia, Hui Zhi and Xianmin Diao	Frontiers in Plant Science	9:1103:1-16
101	SiYGL2 Is Involved in the Regulation of Leaf Senescence and Photosystem II Efficiency in <i>Setaria italica</i> (L.) P. Beauv	Shuo Zhang, Hui Zhi, Wen Li, Jianguo Shan, Chanjuan Tang, Guanqing Jia, Sha Tang and Xianmin Diao	Frontiers in Plant Science	9:1308:1-15
102	Screening of Mutants Related to the C4 Photosynthetic Kranz Structure in Foxtail Millet	Mingzhao Luo, Shuo Zhang, Chanjuan Tang, Guanqing Jia, Sha Tang, Hui Zhi and Xianmin Diao	Frontiers in Plant Science	9:1650:1-10
103	Fine mapping and identification of a novel Phytophthora root rot resistance locus RpsZS18 on chromosome 2 in soybean	Chao Zhong, Suli Sun, Canxing Duan, Zhendong Zhu	Frontiers in Plant Science	9:44
104	Genome-Wide Association Studies of Free Amino Acid Levels by Six Multi-Locus Models in Bread Wheat	Zhonghu He, Yuanfeng Hao	Frontiers in Plant Science	9:1196
105	A Genome-Wide Association Study Reveals a Rich Genetic Architecture of Flour Color-Related Traits in Bread Wheat	Jindong Liu, Dangan Xu, Weie Wen, Shuanghe Cao, Yuanfeng Hao, Xianchun Xia and Zhonghu He	Frontiers in Plant Science	9:1136
106	QTL Mapping of Six Spike and Stem Traits in Hybrid Population of <i>Agropyron Gaertn.</i> in Multiple Environments	Xinming Yang, Yuqing Lu, Jinpeng Zhang, Xiuquan Li, Shenghui Zhou, Lihui Li and Weihua Liu	Frontiers in Plant Science	9:1422
107	The Wheat Bax Inhibitor-1 Protein Interacts with an Aquaporin TaPIP1 and Enhances Disease Resistance in Arabidopsis	Ming Chen, Yong-Bin Zhou, Jun Chen, You-Zhi Ma, and Zhao-Shi Xu	Frontiers in Plant Science	9:20
108	Dissecting the genetic basis underlying combining ability of plant height related traits in maize	Hao Zhuanfang, Li Mingshun, Zhang Degui, Yong Hongjun, Weng Jianfeng, Li Xinhai	Frontiers in Plant Science	9:1117
109	Lime application lowers the global warming potential of a double rice cropping system	Jiang Yu, Zhang Weijian	Geoderma	325:1-8
110	Synthesis-dependent repair of Cpf1-induced double-strand DNA breaks enables targeted gene replacement in rice	Li SY, Li JY, Zhang JH, Du WM, Fu JD, Sutar S and Xia LQ	Journal of Experiment Botany	69:4715-4721
111	Jasmonate-Responsive MYB Factors Spatially Repress Rutin Biosynthesis in <i>Fagopyrum Tataricum</i> .	Zhang K, Zhou M	Journal of Experiment Botany	69:1955-1966

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
112	WSL5, a pentatricopeptide repeat protein, is essential for chloroplast biogenesis in rice under cold stress	Xi Liu, Jie Lan, Yunshuai Huang, Penghui Cao, Chunlei Zhou, Yaken Ren, Niqing He, Shijia Liu, Yunlu Tian, Thanhliem Nguyen, Ling Jiang, Jianmin Wan	Journal of Experimental Botany	69:3949-3961
113	Brassinosteroids mediate susceptibility to brown planthopper by integrating with the salicylic acid and jasmonic acid pathways in rice.	Jianmin Wan	Journal of Experimental Botany	69:4433-4442
114	SiSTL1 encoding a large subunit of RNR, is crucial for plant growth, chloroplast biogenesis, and cell cycle progression in <i>Setaria italica</i>	Chanjuan Tang, Sha Tang, Shuo Zhang, Mingzhao Luo, Guanqing Jia, Hui Zhi, Xianmin Diao	Journal of Experimental Botany	70:1167-1182
115	Big Grain3, encoding a purine permease, regulates grain size via modulating cytokinin transport in rice	Hongning Tong	Journal of Integrative Plant Biology	61:581-597
116	OsPKp $\alpha$ 1 encodes a plastidic pyruvate kinase that affects starch synthesis in rice endosperm.	Jianmin Wan.	Journal of Integrative Plant Biology	60:1097-1118
117	Efficient allelic replacement in rice by gene editing: a case study of the NRT1.1B gene	Li J, Zhang X, Sun Y, Zhang J, Du W, Guo X, Li S and Xia LQ	Journal of Integrative Plant Biology	60:536-540
118	OsPKp $\alpha$ 1 encodes a plastidic pyruvate kinase that affects starch biosynthesis in the rice endosperm	Jianmin Wan	Journal of Integrative Plant Biology	60:1097-1118
119	Soybean hairy roots produced in vitro by <i>Agrobacterium</i> rhizogenes-mediated transformation.	Chen L, Cai YP, Liu XJ, Guo C, Sun S, Wu CX, Jiang BJ, Han TF, Hou WS	The Crop Journal	6:162-171
120	Use of genomic selection and breeding simulation in cross prediction for improvement of yield and quality in wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Ji Yao, Dehui Zhao, Xinmin Chen, Yong Zhang, Jiankang Wang	The Crop Journal	6:353-365
121	Linkage analysis and integrated software GAPL for pure-line populations derived from four-way and eight-way crosses	Luyan Zhang, Lei Meng, Jiankang Wang	The Crop Journal	7:283-293
122	Comparative analysis of metabolite changes in two contrasting rice genotypes in response to low-nitrogen stress	Xiuqin Zhao, Wensheng Wang, Ziyang Xie, Yongming Gao, Chunchao Wang, Muhammed Mahbubur Rashid, Mohammad Rafiqul Islam, Binying Fu, Zhikang Li	The Crop Journal	6:464-474
123	Investigation of the mechanism of adult-stage resistance to barley yellow dwarf virus associated with a wheat– <i>Thinopyrum</i> intermedium translocation	Wang Xindong, Rong Wei, Zhang Zengyan	The Crop Journal	6:394-405
124	Effects of sulfur fertilization and short-term high temperature on wheat grain production and wheat flour proteins	Tao Zhi-qiang, Chang Xu-hong, Wang De-mei, Ma Shao-kang, Yang Yu-shuang, Zhao Guang-cai	The Crop Journal	17:413-425

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
125	Using irrigation intervals to optimize water-use efficiency and yield of maize in Xinjiang, Northwest China	Guoqiang Zhang, Dongping Shen, Bo Ming, Ruizhi Xie, Xiuliang Jin, Chaowei Liu, Peng Hou, Jun Xue, Jianglu Chen, Wanxu Zhang, Wanmao Liu, Keru Wang, Shaokun Li	The Crop Journal	7:322-33
126	Identification of novel QTL associated with soybean isoflavone content.	1. Pei R, Zhang J, Tian L, Zhang S, Han F, Yan S, Wang L, Li B, Sun J	The Crop Journal	6:244-252
127	Factors affecting genomic selection revealed by empirical evidence in maize	Xiaogang Liu, Hongwu Wang, Hui Wang, Zifeng Guo, Xiaojie Xu, Jiacheng Liu, Shanhong Wang, Wen-Xue Li, Cheng Zou, Changling Huang, Yunbi Xu	The Crop Journal	6:341-352
128	Systematic identification of endogenous RNA polymerase III promoters for efficient RNA guide-based genome editing technologies in maize	Qi Xiantao, Dong Le, Liu Changlin, Mao Long, Liu Fang, Xie Chuanxiao	The Crop Journal	6:314-320
129	Variation in allele frequencies of the loci associated with kernel weight and their effects on kernel weight-related traits of winter wheat	Li Teng, Liu Hongwei, Meng Lingzhi, Yang Li, Zhou Yang, Zhang Hongjun, Li Hongjie	The Crop Journal	7:30-37
130	Histroy, current status, and prospects of soybean production and research in sub-Saharan Africa	Dalia Mohamedkheir Khojelyab, Seifeldin Elrayah Ibrahimba, Enoch Sapeyac, T Han.	The Crop Journal	6:226-235
131	Development of P genome-specific SNPs and their application in tracing <i>Agropyron cristatum</i> introgressions in common wheat	Huihui Ma, Jinpeng Zhang, Jing Zhang, Shenghui Zhou, Haiming Han, Weihua Liu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li	The Crop Journal	7:151-162
132	Fast mapping of a chlorophyll b synthesis-deficiency gene in barley ( <i>Hordeum vulgare</i> L.) via bulked-segregant analysis with reduced-representation sequencing	Xu D, Liu M, Gao J, Wu B, Yuan X, Lu P, Zhang Z, Zhang J, Guo G	The Crop Journal	7: 58-64
133	Function of the auxin-responsive gene TaSAUR75 under salt and drought stress	Yuan Guo, Qiyan Jiang, Zheng Hu, Xianjun Sun, Hui Zhang	The Crop Journal	6:181-190
134	Genome-wide association mapping of vitamins B1 and B2 in common wheat	Jieyun Li Jindong Liu Wei'e Wen Xianchun Xia Yan Zhang Zhonghu He	The Crop Journal	6:263-270
135	Dissecting conserved cis-regulatory modules of Glu-1 promoters which confer the highly active endosperm-specific expression via stable wheat transformation	Jihu Li, Ke Wang, Yong Zhang, Xingguo Ye, Xianchun Xia, Zhonghu He, Shuanghe Cao	The Crop Journal	7:8-18
136	Spatial differences in soybean bioactive components across China and their influence by weather factors	Wenwen Song, Ruping Yang, Xiushi Yang, Shi Sun, Srinivasa Rao Mentreddy, Bingjun Jiang, Tingting Wu, Shiyan Tian, Enoch Sapey, Cunxiang Wu, Wensheng Hou, Guixing Ren, Tianfu Han	The Crop Journal	6:659-668

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
137	Genetic diversity assessment of a set of introduced mung bean accessions ( <i>Vigna radiata</i> L.)	Lixia Wang, Honglin Chen, Suhua Wang, Xuzhen Cheng	The Crop Journal,	6:207-213
138	Brassinosteroid-regulated plant growth and development and gene expression in soybean	Hongning Tong	The Crop Journal	7:411-418
139	Wheat genome editing expedited by efficient transformation techniques: progress and perspectives	Wang K, Riaz B, Ye XG	The Crop Journal	6:22-31
140	Development and genetic analysis of wheat double substitution lines carrying <i>Hordeum vulgare</i> 2H and <i>Thinopyrum intermedium</i> 2Ai#2 chromosomes	Wang J, Wang K, Du LP, Lin ZS, Ye XG	The Crop Journal	7:163-175
141	The soft glumes of common wheat are sterile-lemmas as determined by the domestication gene Q	Gaoyuan Song, Guoliang Sun, Meiling Jia, Ke Wang, Xingguo Ye, Yun Zhou, Shuaifeng Geng, Long Mao, Aili Li	The Crop Journal	7:113-117
142	Wheat functional genomics research in china: a decade of development	Mao L, Wan J	The Crop Journal	6:1-6
143	Wheat functional genomics in the era of next generation sequencing: An update	Jia M, Guan J, Zhai Z, Geng S, Zhang X, Mao L, Li A	The Crop Journal	6:7-14
144	Comparative physiology and proteomics of two wheat genotypes differing in seed storage tolerance	Chen XL, Yin GK, Xin X, He JJ, Liu X, Lu XX	Plant Physiology and Biochemistry	130:455-463
145	Genome-wide association mapping of QTL underlying seed oil and protein contents of a diverse panel of soybean accessions	Ying-hui Li, Hui-hui Li, Zhang-xiong Liu, Li-juan Qiu	Plant Science	266:95-101
146	A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform	Muhammad Adeel Hassana, Mengjiao Yang, Awais Rasheed, Xianchun Xia, Yonggui Xiao, Zhonghu He	Plant Science	282:95-103
147	Physiological and proteomic analysis of maize seedling response to water deficiency stress	Zongju Yang, Lei Sun, Jianping Yang, Lin Guo	Journal of Plant Physiology	228:29-38
148	Molecular mapping of two quantitative trait loci for adult-plant resistance to powdery mildew in common wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Li Hongjie	Crop Protection	114:137-142
149	Synthetic Hexaploid Wheat: Yesterday, Today, and Tomorrow	Li A, Mao L	Engineering	4:552-558
150	Development of perennial wheat through hybridization between wheat and wheatgrasses: A review	Cui Lei, Li Hongjie	Engineering	4:507-513

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
151	Time-Series multispectral indices from unmanned aerial vehicle imagery reveal senescence rate in bread wheat	Muhammad Adeel Hassan, Mengjiao Yang, Awais Rasheed, Xianchun Xia, Yonggui Xiao, and Zhonghu He	Remote Sensing	10, 809
152	Improvement of soybean Agrobacterium-mediated transformation efficiency by adding glutamine and asparagine into the culture media	Chen L, Cai YP, Liu XJ, Yao WW, Guo C, Sun S, Wu CX, Jiang BJ, Han TF, Hou WS	International Journal of Molecular Sciences	19:3039-405
153	Distinct Patterns of PPAR $\gamma$ Promoter Usage, Lipid Degradation Activity, and Gene Expression in Subcutaneous Adipose Tissue of Lean and Obese Swine	Song Bin, Liu Jun	International Journal of Molecular Sciences	19, 3892
154	CRISPR/Cas9-mediated deletion of large genomic fragments in soybean	Cai YP, Chen L, Sun S, Wu CX, Liu XJ, Yao WW, Jiang BJ, Han TF, Hou WS	International Journal of Molecular Sciences	19:3835-405
155	Biological roles of ornithine aminotransferase (OAT) in plant stress tolerance: present progress and future perspectives	Anwar A, Wang K, Riaz B, Ye XG	International Journal of Molecular Sciences	289:377-383
156	Gene-based SNP identification and validation in soybean using next-generation transcriptome sequencing	Yong Guo, Li-Juan Qiu	Molecular Genetics and Genomics	293:623-633
157	Antiproliferative Activity of Combined Biochanin A and Ginsenoside Rh2 on MDA-MB-231 and MCF-7 Human Breast Cancer Cell	Ren G, Shi Z, Teng C, Yao Y	Molecules	23:2908-2922
158	Synergistic Effect of Bioactive Anticarcinogens from Soybean on Anti-proliferative Activity in MDA-MB-231 and MCF-7 Human Breast Cancer Cells in Vitro	Zhu Y, Yao Y, Shi Z, Everaert N, Ren G.	Molecules	23:1557-1573
159	Expression of Bioactive Lunasin Peptide in Transgenic Rice Grains for the Application in Functional Food	Ren G, Hao Y, Zhu Y, Shi Z, Zhao G.	Molecules	23:2373-2385
160	Identification of genes alternatively spliced in developing maize endosperm	Li X, Weng J	Plant Biology	20:59-66
161	Convenient food made of extruded adzuki bean attenuates inflammation and improves glycemic control in patients with type 2 diabetes: a randomized controlled trial	Liu Y, Wang Q, Li S, Yue Y, Ma Y, Ren G	Therapeutics and Clinical Risk Management	14:871-884
162	Dietary black-grained wheat intake improves glycemic control and inflammatory profile in patients with type 2 diabetes: a randomized controlled trial	Ren G	Therapeutics and Clinical Risk Management	14:247-256
163	Characterization of a Novel Semi-dwarf GID1 Allele Identifies an Amino Acid Required for Its Interaction with SLR1 in Rice	Zhao Jinfeng, Fang Jingjing, Li Xueyong	Journal of Plant Growth Regulation	37:840-848

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
164	Polyaspartic acid improves maize ( <i>Zea mays</i> L.) seedling nitrogen assimilation mainly by enhancing nitrate reductase activity	Wang Qingyan, Tang Huihui, Dong Xuerui, Xu Yanli, Dong Zhiqiang	Agronomy	188:1-16
165	Delaying Wheat Seeding Time and Maize Harvest Improved Water Use Efficiency in a Warm Temperature Continental Monsoon Climate	Xu Cailong	Agronomy Journal	110:1420-1429
166	Effects of Subsoiling Tillage on Soil Properties, Maize Root Distribution, and Grain Yield on Mollisols of Northeastern China	Feng Xiaomin, Latifmanesh, Deng Aixing, Song Zhenwei, Zhang Weijian	Agronomy Journal	110:1607-1615
167	Determination of the volatile and polyphenol constituents and the antimicrobial, antioxidant, and tyrosinase inhibitory activities of the bioactive compounds from the by-product of <i>Rosa rugosa</i> Thunb. var. plena Regal tea	Ren G	BMC Complementary and Alternative Medicine	18:307
168	Genome-Wide Identification and Expression Analysis of Cutinase Gene Family in <i>Rhizoctonia cerealis</i> and Functional Study of an Active Cutinase RcCUT1 in the Fungal-Wheat Interaction	Lu Lin, Rong Wei, Zhang Zengyan	Frontiers in Microbiology	9:1813
169	Identification of the AQP members involved in abiotic stress responses from <i>Arabidopsis</i>	Xu ZS	Gene	646:64-73
170	Effect of water-deficit on tassel development in maize	Hao Zhuanfang, Li Xinhai	Gene	681:86-92
171	Salt and drought stress and ABA responses related to bZIP genes from <i>V. radiata</i> and <i>V. angularis</i>	Wang L, Zhu J, Li X, Wang S, Wu J	Gene	651:152-160
172	Proteomic Analysis of the Function of a Novel Cold-Regulated Multispanning Transmembrane Protein COR413-PM1 in <i>Arabidopsis</i>	Yongying Mou, Yinghong Pan, Ming Chen	International Journal of Molecular Sciences	19:2470
173	Comparative Transcriptome Profiling of Rice Near-Isogenic Line Carrying Xa23 under Infection of <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i>	Tariq R., Wang CL., Qin TF., Xu FF., Tang YC., Gao Y., Ji ZY. and Zhao KJ	International Journal of Molecular Sciences	19:29498672
174	Rice Routes of Countering <i>Xanthomonas oryzae</i>	Ji Z, Wang C and Zhao KJ	International Journal of Molecular Sciences	19: 30279356
175	Transcriptome Analysis of a Premature Leaf Senescence Mutant of Common Wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Zhang Q, Xia C, Zhang L, Dong C, Liu X, Kong X	International Journal of Molecular Sciences	19:29534430

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期号
176	Proteomics Analyses of the Function of a Novel Cold-Regulated Multispanning Transmembrane Gene COR413-PM1 in Arabidopsis	Qingqian Ding, Mengjie Zhao, Zhaoshi Xu, Youzhi Ma, Yinghong Pan, Ming Chen	International Journal of Molecular Sciences	19:2572
177	The WRKY transcription factor GmWRKY12 confers drought and salt tolerance in soybean	Yong-Tao Du, Jun Chen, Ming Chen, Yong-Bin Zhou, You-Zhi Ma, Zhao-Shi Xu	International Journal of Molecular Sciences	19:30562982
178	Molecular and Ultrastructural Mechanisms Underlying Yellow Dwarf Symptom Formation in Wheat after Infection of Barley Yellow Dwarf Virus	Rong Wei, Wang Xindong, Zhang Zengyan	International Journal of Molecular Sciences	19:1187
179	Tandem repeated expression of lunasin gene in Pichia pastoris and its anti-inflammatory activity in vitro	Zhu Y, Nadia E, Yao Y, Shi Z, Ren G.	Journal of Bioscience and Bioengineering	126:1-8
180	Status and factors influencing on-farm conservation of Kam Sweet Rice (Oryza sativa L.) genetic resources in southeast Guizhou Province, China	Wang Yanjie , Ma Xiaoding , Cui Di , Han Bing , Han Longzhi	Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine	14:76
181	Synergistic effect of combined protopanaxatol and ginsenoside Rh2 on antiproliferative activity in MDA-MB-231 human breast cancer cells in vitro	Ren Guixing, Teng Cong, Me Yang	Food and Agricultural Immunology	29:953-963
182	Chemical composition, antioxidant, and antiproliferative activities of nine Chinese proso millet varieties	Ma Yuling, Zhu Yingying, Ren Guixing	Food and Agricultural Immunology	29:625-637
183	The Maize WRKY Transcription Factor ZmWRKY40 Confers Drought Resistance in Transgenic Arabidopsis.	Chang-Tao Wang, Jing-Na Ru, Yong-Wei Liu, Jun-Feng Yang, Meng Li, Zhao-Shi Xu, Jin-Dong Fu	International Journal of Molecular Sciences	19:2580-2583
184	Maize WRKY Transcription Factor ZmWRKY106 Confers Drought and Heat Tolerance in Transgenic Plants	Chang-Tao Wang, Jing-Na Ru, Yong-Wei Liu, Meng Li, Dan Zhao, Jun-Feng Yang, Jin-Dong Fu, Zhao-Shi Xu	International Journal of Molecular Sciences	19:3046-3047
185	The major Fusarium species causing maize ear and kernel rot and their toxigenicity in Chongqing, China	Danni Zhou, Xiaoming Wang, Suli Sun, Yang Yang, Zhendong Zhu, Canxing Duan	Toxins	10:90
186	Determination of Multi-Class Mycotoxins in Tartary Buckwheat by Ultra-Fast Liquid Chromatography Coupled with Triple Quadrupole Mass Spectrometry	Ren G	Toxins	10:28-28
187	The levels of crotonaldehyde and 4-hydroxy-(E)-2-nonenal and carbonyl-scavenging enzyme gene expression at the critical node during rice seed aging	Fu SZ, Yin GK, Xin X, Wu SH, Lu XX	Rice Science	25:152-160



(国家作物种质库新库效果图)

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

[www.ics.caas.cn](http://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, P.R.China 100081

Tel: +86-10-82105813

Fax: +86-10-82105819

Email: zuokesuo@caas.cn