



中国农业科学院作物科学研究所

Institute of Crop Sciences,  
Chinese Academy of Agricultural Sciences

**2019 年报**  
Annual Report 2019

# 所长致辞

金猪辞岁去，吉鼠踏春来。2019年已在作科人的团结进取、奋勇拼搏中凝聚定格，2020年的画卷正在作科人的共同描绘下徐徐展开。

过去一年，在党中央、国务院的坚强领导下，在农业农村部、中国农业科学院党组的正确带领下，作科所以习近平新时代中国特色社会主义思想为指导，深入贯彻落实部、院党组工作部署，持续聚焦“三个面向”“两个一流”建设，以创新工程为抓手，高质量完成了创新团队的优化调整 and 重点任务布局，实现“支部建在团队”上，推进党建与业务融合，在全院研究所评价中连续第8年综合发展实力排名第一，总排名第一。

2019年，面向国家重大需求和现代农业建设主战场，作科所布局并牵头“藏粮于技”科技计划，科技支撑乡村振兴、脱贫攻坚和保障国家粮食安全能力不断增强。种质资源收集与保存、鉴定与评价、创新与利用等公益性基础工作为基础研究、种业发展提供了资源支撑，倍受社会各界和媒体关注；牵头主持的绿色超级稻项目为18个一带一路国家培育高产、优质、多抗GSR新品种140个，促进160万农户增收；育成优质高产抗逆作物新品种27个、年推广面积超过5000万亩，面包品质达到进口优质加麦水平的小麦新品种“中麦578”既优质强筋又高产稳产；三大作物绿色发展模式广泛推广，“玉米籽粒机收全程机械化绿色生产技术”创最高亩产1517.11公斤，连续6年在新疆奇台创造全国玉米高产纪录，与“条带耕作密植高产技术”一并获批农业农村部2019年主推技术；“玉米密植高产全程机械化绿色生产技术”“节水抗寒抗旱强筋小麦新品种中麦5051”分别入选“2019中国农业农村十大新技术”和“十大新产品”。

2019年，面向世界农业科技前沿，作科所重要农艺性状基因克隆与作用机制解析取得多项进展，在Nature Biotechnology、Nature Genetics、Cell Research等重要期刊以第一作者发表SCI论文273篇。构建了食用豆类作物迄今为止规模最大、表型数据最完整、基因信息量最多的表型和基因型变异数据库(Nature Genetics)；首次成功利用RNA作为同源重组修复模板，拓展了植物基因组编辑技术(Nature Biotechnology)；克隆调控水稻先天免疫的新基因OsCNGC9，揭示了钙通道蛋白调控水稻抗稻瘟病分子机制(Cell Research)；利用基因编辑技术创制出超甜、糯与超甜糯复合型鲜食玉米和适宜低纬度地区种植的大豆育种新材料(Plant Biotechnology Journal)。

2019年，作科所深化管理机制改革，进一步释放创新活力。以桦川为主战场的覆盖全国12个县对口帮扶脱贫攻坚和乡村振兴工作成效显著，形成支部结对帮扶、助力脱贫攻坚的“桦川模式”；成立成果转化与基地处，推动成果转化能力提升；打造年轻化科研和管理团队，通过优秀博士后和年轻科研人员保底支持计划构建作物科学人才聚集方案；作科所成为国际原子能机构育种技术协作中心，国际化发展迈出新步伐；国家种质库新库建设项目稳步推进，积极谋划国家作物表型与基因型鉴定设施和“作物基因资源阐释(G2P)”国际大科学工程项目。

2019年，作科所倍受国家和部、院肯定。“耐密高产广适玉米新品种中单808和中单909培育与应用”、“优质专用小麦生产关键技术百问百答”2项重大成果荣获国家科技进步二等奖。作科所被评为农业农村部“全国农业植物新品种保护先进集体”和“明星育种科研单位”，获院脱贫攻坚与乡村振兴先进集体、科技传播先进单位、信息化发展水平综合评估优秀单位等。“创建新型CRISPR/Cas介导的农作物等位基因替换技术体系”和“密植高产机械粒收技术实现玉米高产高效”入选院2019年十大科技进展。

2020年，是全面打赢脱贫攻坚战收官之年，是全面建成小康社会、进入创新型国家行列的目标实现之年，是规划“十四五”和谋划“2035”关键之年，机遇和挑战并存。作科所将进一步深入贯彻“三个面向”重要指示精神，围绕“强创新、壮队伍、优机制、促振兴”总体要求，加强前沿交叉学科建设，提前谋划布局“十四五”；切实推动院“新30条”人才举措落地落实，打造科学合理的作物科学人才梯队；加强成果转化队伍建设，全面提升成果转化和自我发展能力；圆满完成国家作物种质库新库建设项目，推进表型鉴定重大基础设施等项目，提升平台支撑能力；加强管理机制创新研究，解放思想、深化改革，全面提升研究所治理能力；强化党的领导，加强支部标准化规范化建设，在保障国家粮食安全、“两个一流”建设、服务产业和扶贫攻坚等方面做出更大贡献！



# C 目录 Contents

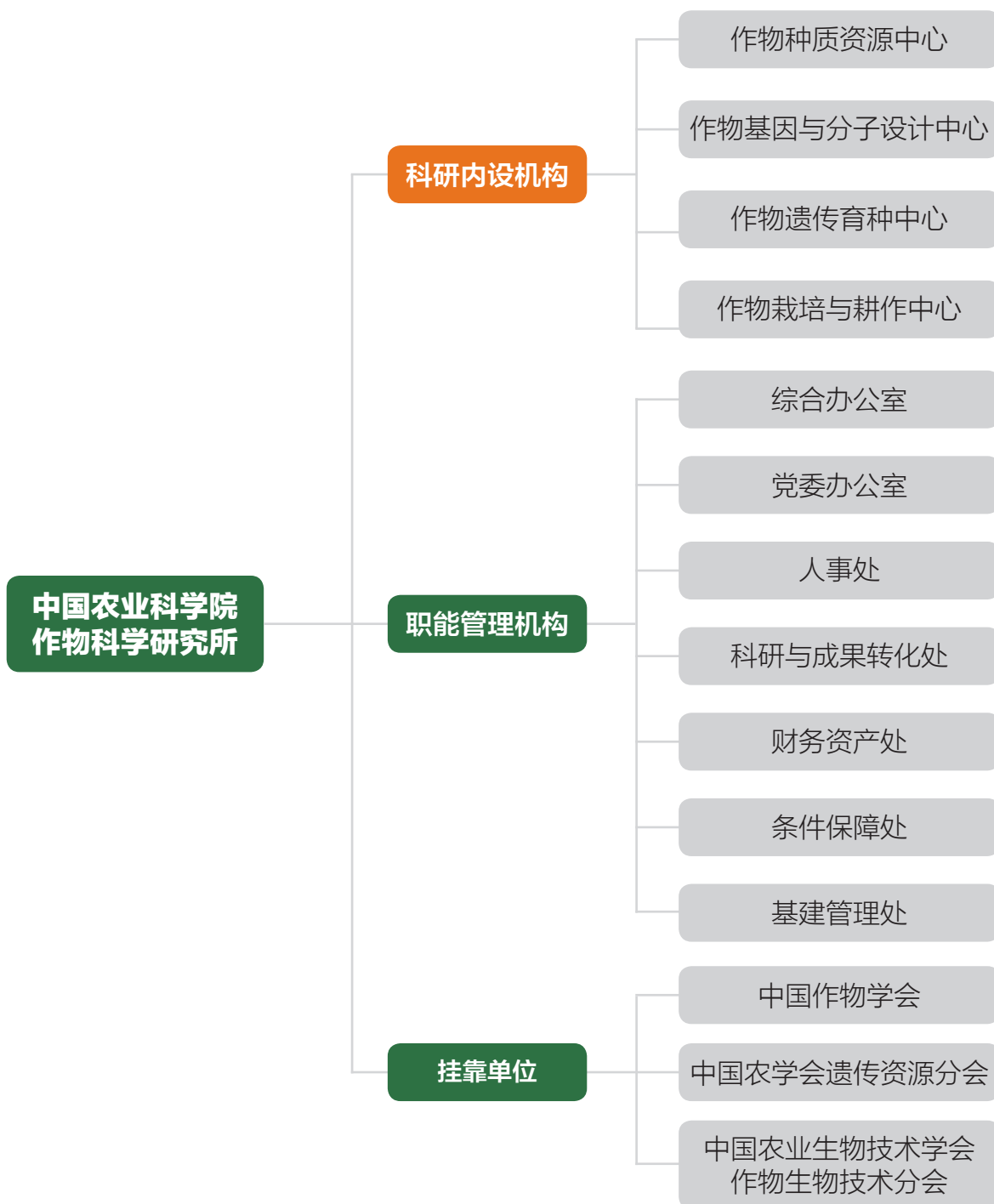
组织机构 .....	1
重要数据 .....	2
荣誉奖励 .....	4
大事记 .....	8
研究进展 .....	16
<b>团队结构</b> .....	18
<b>总体述评</b> .....	20
<b>作物种质资源中心</b> .....	20
作物种质资源保存创新研究组 .....	20
种质信息与大数据创新研究组 .....	21
种质资源品质评价创新研究组 .....	22
种质资源抗逆性评价创新研究组 .....	23
种质资源抗病虫评价创新研究组 .....	24
小麦种质资源创新研究组 .....	25
大麦基因资源创新研究组 .....	26
小宗作物种质资源创新研究组 .....	27
玉米种质资源创新研究组 .....	28
大豆基因资源创新研究组 .....	29
野生稻保护与利用创新研究组 .....	30
水稻种质资源创新研究组 .....	31
谷子基因资源创新研究组 .....	32
荞麦基因资源创新研究组 .....	33
食用豆类种质资源创新研究组 .....	34
<b>作物基因与分子设计中心</b> .....	35
水稻功能基因组学创新研究组 .....	35
水稻株型基因解析创新研究组 .....	36

小麦基因资源挖掘与利用创新研究组 .....	37
小麦株型基因解析创新研究组 .....	38
小麦抗逆分子育种创新研究组 .....	39
玉米分子遗传改良创新研究组 .....	40
大豆花期调控创新研究组 .....	41
小麦生物信息学创新研究组 .....	42
水稻分子育种创新研究组 .....	43
水稻种子发育与品质改良创新研究组 .....	44
水稻籽粒发育调控创新研究组 .....	45
小麦复杂基因组解析创新研究组 .....	46
大豆光信号转导创新研究组 .....	47
水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组 .....	48
作物数量遗传创新研究组 .....	49
<b>作物遗传育种中心 .....</b>	<b>50</b>
小麦品质育种创新研究组 .....	50
小麦诱变育种创新研究组 .....	51
小麦高产广适育种创新研究组 .....	52
小麦抗逆育种创新研究组 .....	53
基因编辑与新材料创制创新研究组 .....	54
玉米优质抗逆育种创新研究组 .....	55
玉米高产育种创新研究组 .....	56
玉米分子育种创新研究组 .....	57
玉米基因编辑育种创新研究组 .....	58
特色作物育种创新研究组 .....	59
大豆分子育种创新研究组 .....	60
大豆高产优质育种创新研究组 .....	61

<b>作物栽培与耕作中心</b>	62
大豆栽培创新研究组	62
精准栽培与管理创新研究组	63
小麦栽培创新研究组	64
玉米栽培创新研究组	65
作物表型创新研究组	66
作物耕作与生态创新研究组	67
作物光合生理调控创新研究组	68
作物化学调控创新研究组	69
<b>重要支撑平台</b>	70
农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程中心	70
国家作物种质库	71
植物转基因技术研究中心	72
农业农村部谷物品质监督检验测试中心	73
<b>附 录</b>	74
2019 年新增重要项目	74
2019 年发表重要论文	75



# 组织机构



# 重要数据

第**8**年位列全院  
综合发展实力第1

**2**项  
成果获国家奖

**9**项  
成果入选农业  
农村部部级奖项

**2**个  
团队获得  
中国农业科学院  
院级表彰

**2**篇  
论文入选中国  
农业科学院高水平  
研究论文

**2**项  
成果入选  
中国农业科学院  
十大科技进展

**1**项  
成果入选中国  
农业科学院杰出  
创新成果

**3**项  
技术入选农业  
农村部2019年农  
业主推技术

● 6项成果获神农中华农业科技奖。其中，“中国农业科学院玉米栽培与生理创新团队”获优秀创新团队奖，“耐热高产优质小麦新品种中麦895的选育与应用”、“玉米优异种质资源规模化发掘与利用”、“玉米温光资源定量优化增产增效技术与应用”3项成果获科学研究类成果一等奖

● 3项成果获全国农牧渔业丰收奖。其中，“我国三大粮食作物主产区丰产高效技术体系创建与示范推广”获农业技术推广成果奖一等奖

- 万建民团队入选院优秀创新团队
- 李少昆团队入选2019年度院扶贫攻坚先进集体

● 赵开军队“水稻广谱抗白叶枯病基因Xa23的发掘与应用”

- 夏兰琴团队创建的新改良基因编辑系统可提高基因编辑精准度和效率
- 李少昆团队创建的密植高产机械粒收技术实现玉米平均亩产1110.95公斤

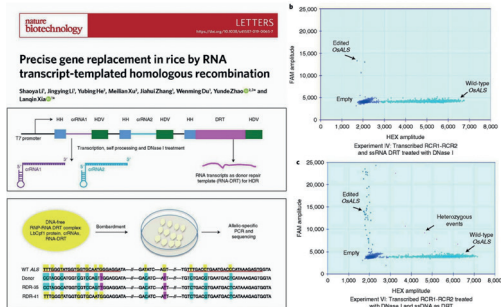
● 作物栽培生理创新团队研发的“玉米密植高产全程机械化生产技术”、“玉米免耕种植技术”和“玉米条带耕作密植高产技术”



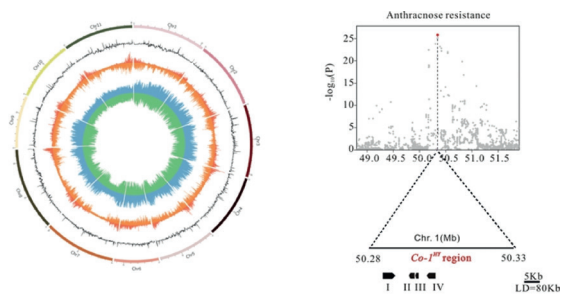
● 黄长玲团队“耐密高产广适玉米新品种中单808和中单909培育与应用”荣获国家科技进步奖二等奖



● 赵广才团队“优质专用小麦生产关键技术百问百答”荣获国家科技进步二等奖

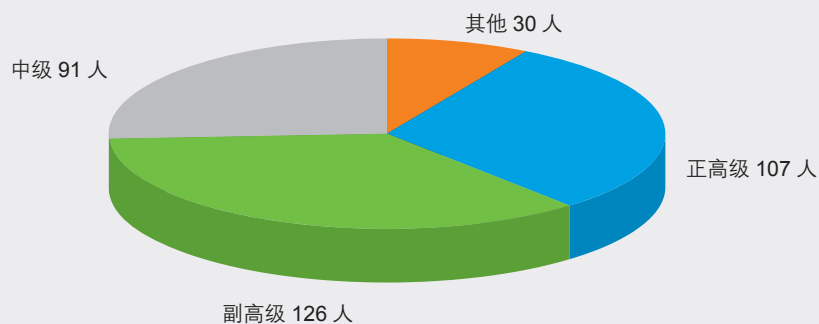
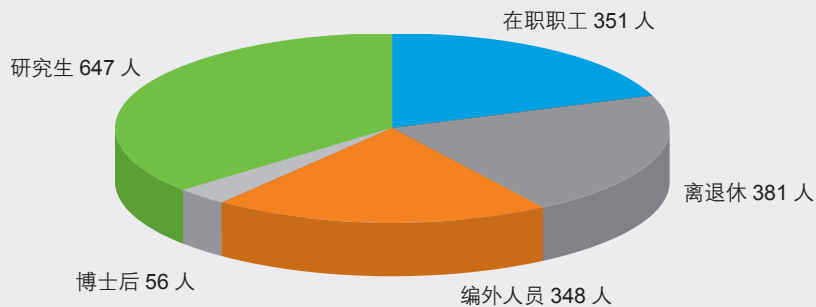


● 夏兰琴团队利用 RNA 作为同源重组修复模板首次在植物中实现同源重组修复，拓展了植物基因组编辑技术



● 王述民团队构建了食用豆类作物迄今为止规模最大、表型数据最完整、基因信息量最多的表型和基因型变异数据库，明确了普通菜豆种质资源的遗传多样性和群体结构特点

● 截至 2019 年底，作科所工作人员 1783 人，其中在编人员 351 人





# 荣誉奖励

## 2019 年度国家科技进步奖二等奖

“耐密高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909 培育与应用”项目，由黄长玲研究员主持完成。该项目创新“三高三抗”耐密抗逆选择技术，育成高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909，实现抗逆和耐密性的协同改良，创建了中单 808 和中单 909 高效种子生产和推广技术体系，至 2018 年品种累计推广 1.004 亿亩，增收粮食 53.1 亿公斤，社会经济效益显著。



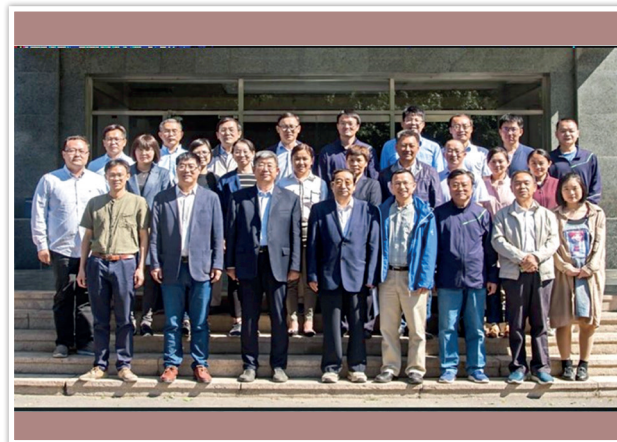
## 2019 年度国家科技进步奖二等奖

“优质专用小麦生产关键技术百问百答”项目，由赵广才研究员主持完成。该项目采用模块化设计，设问答答、图文并茂地讲述小麦生产知识及关键技术，使读者一看就懂、一学就会。作品出版印刷 17 次，被评为国家重点图书及“三农”优秀图书，在中央电视台和广播电台、培训班、生产一线及网络等平台传播 150 余次，促进了优质专用小麦生产及科普事业的发展。



### 2018—2019 年度神农中华农业科技优秀创新团队奖

“中国农业科学院玉米栽培与生理创新团队”依托作科所栽培与耕作中心，现有李少昆、赵明、谢瑞芝等在职科研人员 15 名，全部具有博士学位。



### 2018—2019 年度神农中华农业科技科学研究类成果一等奖

“耐热高产优质小麦新品种中麦 895 的选育与应用”项目，由何中虎研究员牵头完成。



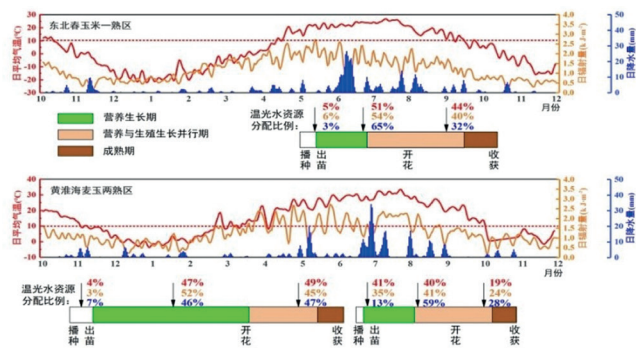
### 2018—2019 年度神农中华农业科技科学研究类成果一等奖

“玉米优异种质资源规模化发掘与利用”项目，由王天宇研究员牵头完成。



## 2018—2019 年度神农中华农业科技科学研究类成果一等奖

“玉米温光资源定量优化增产增效技术与应用”项目，由赵明研究员牵头完成。



## 2016—2018 年度全国农牧渔业丰收奖农业技术推广成果一等奖

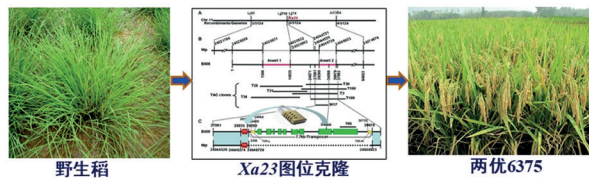
“我国三大粮食作物主产区丰产高效技术体系创建与示范推广”项目，由赵明研究员牵头完成。



## 水稻广谱抗白叶枯病基因 *Xa23* 的发掘与应用 获中国农业科学院杰出科技创新奖

## 2019 年度中国农业科学院杰出创新成果

“水稻广谱抗白叶枯病基因 *Xa23* 的发掘与应用”项目，由赵开军研究员牵头完成。



- 发掘野生稻资源创制广谱高抗白叶枯病栽培种质 CBB23
- 克隆广谱高抗白叶枯病基因 *Xa23* 并揭示抗病分子机理
- 全国 46 个单位引用，育成 36 个水稻抗病新品种

赵开军研究组

## 科技部创新人才推进计划重点领域创新团队



大豆优异基因资源发掘与创新利用团队

## 国务院政府特殊津贴获得者



张春义 研究员



杨庆文 研究员



吴宇锦 高级技师

## 国际荞麦协会杰出青年科学家金孔雀奖

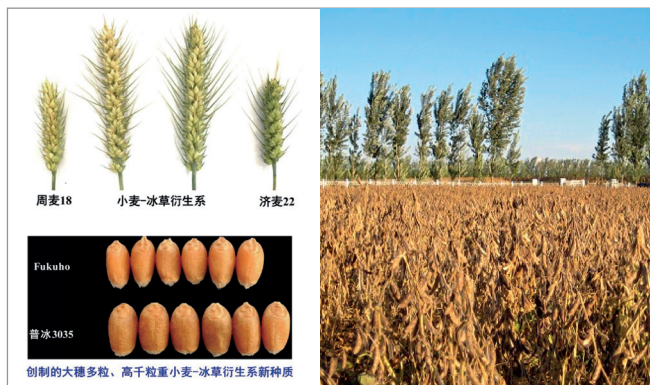


周美亮 研究员

# 大事记

## ● 1月8日

在人民大会堂举行的 2018 年度国家科学技术奖励大会上，我所李立会研究员牵头完成的“小麦与冰草属间远缘杂交技术及其新种质创制”和邱丽娟研究员牵头完成的“大豆优异种质挖掘、创新与利用”分别荣获 2018 年度国家技术发明二等奖和国家科技进步二等奖。



## ● 1月11日

由我所和山东省济宁市农业科学研究院共同筹建的“黄淮海现代农业研究中心”在济宁市揭牌。中国农科院副院长王汉中院士、成果转化局局长王述民，所长刘春明、副所长刘录祥，济宁市长石光亮、副市长任庆虎出席揭牌仪式。



## ● 1月16日

从中国农业科学院 2019 年工作会上传来喜讯，我所在全院 2018 年度研究所评价中，综合发展实力继续排名第一，自 2012 年以来我所已经连续 7 年位列全院综合发展实力第一。



## ● 2月26日

我所国家作物种质库新库正式开工建设。种质库设计容量为 150 万份，是现有种质库容量的近 4 倍。农业农村部部长韩长赋出席项目建设座谈会并赴施工现场考察了项目建设情况，他指出，种质库要立足于满足今后 50 年全国作物育种、基础研究、产业化发展等方面的科研需求，自动化、信息化、智能化管理系统都要达到世界一流水平。



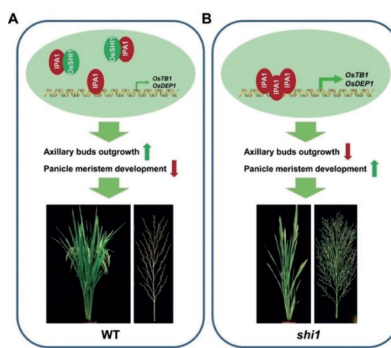
### ● 3月16日

农业农村部副部长屈冬玉与国际玉米小麦改良中心 ( CIMMYT ) 主任 Martin Kropff 博士分别代表双方在墨西哥特斯科科签署了关于建立“中国农业农村部 - CIMMYT 玉米小麦联合实验室”的协议，联合实验室的秘书处设在作科所 / CIMMYT 中国办事处。



### ● 3月25日

我所万建民院士团队在 *The Plant Cell* 上发表了题为 *OsSHI1 Regulates Plant Architecture Through Modulating the Transcriptional Activity of IPA1 in Rice* 的研究论文。研究克隆了水稻株型发育新基因 *OsSHI1*，并对其分子机制进行了深入探究。该研究从分子遗传学的角度阐明了 *OsSHI1* 对水稻分蘖及穗分枝发育的关键作用，对改良植物株型及提高作物产量具有重要指导意义。



### ● 4月2日

我所牵头的“为非洲和亚洲资源贫瘠地区培育绿色超级稻” ( GSR ) 项目在京结题。该项目是当前由我国主导的最大的国际农业科技扶贫项目。项目在中国政府与比尔·梅琳达盖茨基金会联合资助下，由中国农业科学院主导，我所黎志康研究员牵头，联合国内外 58 家水稻研究单位，历时 11 年，采用创新的绿色超级稻分子育种技术和策略，为中国和亚非国家培育了高产、优质、多抗 ( 抗旱、耐盐、耐淹、养分高效等 ) 的 GSR 新品种 140 个，累计推广面积 1033 万公顷，为一带一路国家创造了巨大社会效益。盖茨基金会高级项目官员加里·阿特林 ( Gary Atlin )，中国农科院副院长梅旭荣等出席会议，来自 16 个国家的项目代表参会。



### ● 4月10日

农业农村部副部长韩长赋一行调研作科所海南试验站，考察南繁育种工作。农业农村部党组成员、中国农业科学院院长唐华俊，院办公室主任高士军，院科技局局长任天志等领导和专家陪同调研。海南省委常委、三亚市委书记童道驰，海南省副省长刘平治出席调研活动。所长刘春明汇报了我所海南基地的建设投入和运行情况。



## ● 4月19日

我所桦川科技扶贫工作在黑龙江省佳木斯市桦川县全面启动。我所党委书记范静，桦川县委副书记、县长姜宇峰出席会议。范静指出，项目将通过扶持优质水稻、鲜食玉米和功能型大豆等三个特色产业健康发展，助力桦川县脱贫攻坚工作和县域经济发展，探索出一条符合黑龙江实际的科技扶贫新路径，为全国科技扶贫工作提供经验和模式。



## ● 5月23日 - 6月14日

河南、安徽、江苏、河北、山东等省陆续举行了中麦578实打实收活动，中麦578在各地表现良好，大面积产量接近高产品种，既优质强筋又高产稳产的特性符合产业的需求，受到企业的高度认可。5月24日，农业农村部部长韩长赋赴河北省邢台市视察了中麦578示范田并对品种表现表示了肯定。所长刘春明和何中虎研究员汇报了品种的相关情况。



## ● 6月1-2日

我所举办了“缤纷绚丽农作物 深奥奇妙高科技”作物科普基地公众开放日活动，推出精彩纷呈的作物科普大餐，完美邂逅六一儿童节。现场展出的除了我所培育的优良作物品种外，还有一些重要农作物，共计20种作物，86个品种及多种作物种子，安排了18场参观，参观人数达到900余人。这是我所科普基地第二次对公众开放。



## ● 6月14日

在全所干部大会上，中国农科院人事局副局长季勇宣读了中国农业科学院党组的任免决定，张春义同志任作物所副所长；李新海同志不再担任作物所副所长、纪委书记职务。中国农科院党组副书记、副院长吴孔明出席会议并作重要讲话。所党委书记范静主持了会议。



## 6月26日

我所召开“不忘初心、牢记使命”主题教育工作安排会议，正式启动和安排研究所主题教育各项工作。所长刘春明主持会议，所党委书记范静作工作部署讲话，中国农科院第十指导组组长肖体琼同志出席会议并讲话。



## 6月29日

在哈尔滨举行的第十五届中国青年科技奖颁奖典礼上，全国共表彰奖励100名青年科技工作者，其中，植物/农业科学领域6人获得奖励，我所青年科技工作者林启冰获此殊荣。截止目前，我所共有3人获得了中国青年科技奖。



## 7月22-25日

我所主办的第一届亚太植物诱变育种协作网研讨会在湖北荆州召开。长江大学校长冯征、荆州市副市长孙玉秋、中国农科院国际合作局国际组织处处长翟琳、我所副所长刘录祥研究员作为中国国家代表参会并做大会报告。



## 8月19-23日

由我所承办的国际原子能机构 (IAEA) 亚太区域诱变育种改进植物养分利用效率国际研讨会在北京成功召开。中国农科院国际合作局副局长郝卫平、FAO/IAEA 联合司植物遗传育种科技官员艾萨克·科菲·宾邦出席开幕式并致辞。副所长刘录祥研究员作为 IAEA 亚太区域诱变育种技术合作项目牵头国总协调员主持并做大会报告。





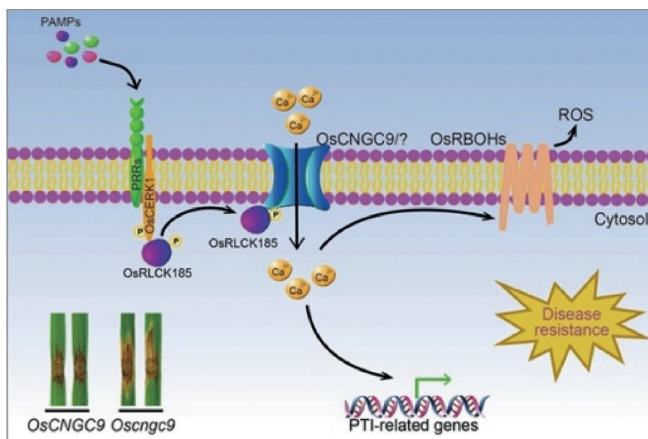
## 8月23日

我所召开全所干部大会，中国农科院党组成员、人事局局长贾广东宣布了中国农业科学院党组任命马秀勇同志担任作科所党委副书记、纪委书记的决定并作重要讲话。所长刘春明和副书记马秀勇分别作了表态发言。



## 8月23日

我所万建民院士团队在 *Cell Research* 上发表了题为 *A cyclic nucleotide-gated channel mediates cytoplasmic calcium elevation and disease resistance in rice* 的研究论文。该研究克隆了调控水稻先天免疫的新基因 *OsCNGC9*，并对其影响水稻苗期稻瘟病抗性的分子机制进行了深入研究。建立了一条从病原菌识别到钙离子通道激活的免疫信号传导途径，填补了植物模式触发的免疫反应中缺失的重要一环，也为利用 *OsCNGC9* 进行水稻抗病遗传改良提供了理论基础。



## 9月3日

在印度东北部梅加拉亚邦首府西隆市召开的第14届国际养麦大会上，国际养麦研究协会授予我所周美亮博士杰出青年科学家金孔雀奖，以表彰其在国际养麦研究领域所做的杰出工作。



## 9月9日

所长刘春明带队访问甘肃农业大学，与甘肃农业大学战略合作协议，全面深化双方合作。按照协议，我所与甘肃农大将本着“优势互补，互惠互利，共同发展”的原则，建立长期友好的战略合作伙伴关系。双方将充分发挥彼此在人才、资源、技术、成果转化等方面的优势，进一步凝练目标、打造合作团队，推动产学研融合发展。重点围绕西部特色农业产业，联合申报科研项目，选育农作物新品种，互聘导师开展研究生联合培养，开展学术交流与人员互访、挂职锻炼等，着力提升西部地区农作物研究创新能力，促进我国现代农业发展。



## ● 9月12日

在喜迎中华人民共和国成立70周年之际，我所共42名在职和离退休职工获得中共中央、国务院、中央军委颁发的“庆祝中华人民共和国成立70周年”纪念章，其中，离退休人员27人。所领导班子分别走访慰问了部分离退休老干部、老党员，感谢他们为新中国建设、为研究所发展作出的重要贡献，表达研究所对他们的关心爱护。



## ● 10月22日

在2019年农业农村部广播体操比赛上，我所代表农科院出赛并获得一等奖第一名，党委书记、副所长范静代表获奖队伍和参赛队员上台领奖。来自部机关和直属单位的50多支队伍约1200名干部职工参加了比赛。



## ● 11月8日

中共中央政治局委员、国务院副总理胡春华到海南省南繁科研育种基地调研，参观了作科所南繁基地。胡春华指出，要切实保障南繁科研用地，加快科研配套服务区建设，着力打造科研育种创新平台，提高种业创新能力，要加大种质资源保护力度，积极推进全球动植物种质资源引进中转基地建设，抓紧培育具有自主知识产权的优良新品种，更好落实藏粮于技战略，要积极培育大型种业公司发展，促进农业科技成果转化，加快形成种业创新高地和产业集聚中心。



## ● 11月10-11日

为深入贯彻我院第三次人才工作会议精神，落实院党组关于人才工作的重要部署，我所以“聚焦人才与成果转化，深化创新机制改革”为主题召开创新发展战略研讨会。中国农科院党组书记张合成在会议中做重要讲话，要求我所在“三个面向”、“两个一流”建设中“走在前，做表率”。中国农科院副院长万建民、院人事局副局长李巨光，垦丰种业副总经理刘辉出席会议并做重要报告，所领导、创新团队首席、创新研究组组长、职能部门处级以上干部等70余人参加研讨。



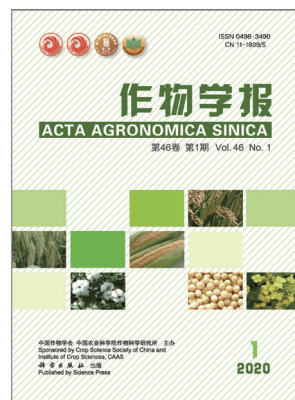
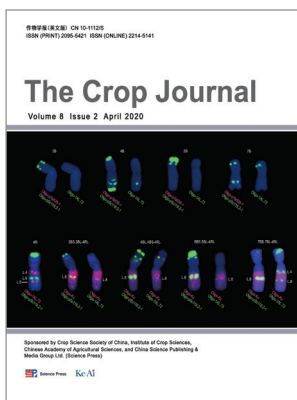
## 11月20日

在江苏南京举行的“2019 中国农业农村科技发展高峰论坛”上，公布了我所“发现挑战孟德尔遗传定律的水稻自私基因”和“3000 份水稻基因组变异研究开启后基因组时代的水稻设计育种”2 项成果入选中国农业科学重大进展，“玉米密植高产全程机械化绿色生产技术”和“节水抗寒强筋小麦新品种中麦 5051”2 项成果分别入选“2019 中国农业农村新技术”和“2019 中国农业农村新产品”。



## 11月22日

中国科技期刊卓越行动计划办公室公布了“中国科技期刊卓越行动计划”入选项目。我所主办的《The Crop Journal》、《作物学报》两种学术期刊分别获重点期刊和梯队期刊项目资助，项目周期为 5 年，重点期刊资助金额为每年 100 万元，梯队期刊为每年 40 万元。资助周期内，两刊将一共获得 700 万元资助。



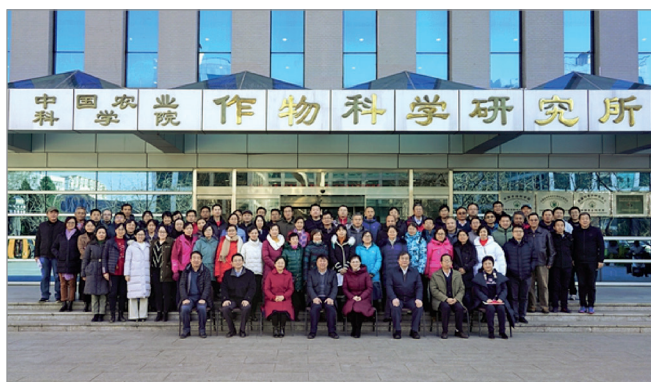
## 11月25日

我所国际原子能机构 (IAEA) 植物核辐射育种技术协作中心在北京正式启动运行。中国农业科学院党组书记张合成、副院长孙坦，IAEA 副总干事纳贾特·莫克塔，FAO/IAEA 联合司司长梁劬，国防科工局系统工程二司副处长萧黎黎等出席启动揭牌仪式并讲话。



## 12月2日

我所召开工会第三次会员代表大会暨三届一次职工代表大会、妇委会第三次代表大会。大会经无记名投票方式选举产生了作科所第三届工会委员会、经费审查委员会、妇女委员会委员。所领导班子成员、正式代表、列席代表共 80 余人参加了会议。



## 12月9日

在农业农村部召开的全国农业植物新品种保护先进集体和先进个人表彰会上，我所被授予“全国植物新品种保护先进集体”称号，农业农村部植物新品种保藏中心负责人、国家作物种质库主任卢新雄研究员获“全国植物新品种保护先进个人”称号。副所长刘录祥代表研究所上台领奖。



## 12月20日

我所与黑龙江省牡丹江市科技局签署科技合作框架协议，双方将进一步加强农业科技合作，助力牡丹江市乡村振兴和农业高质量发展。所长刘春明、副所长刘录祥和牡丹江市副市长苏凤仙参加签约仪式。



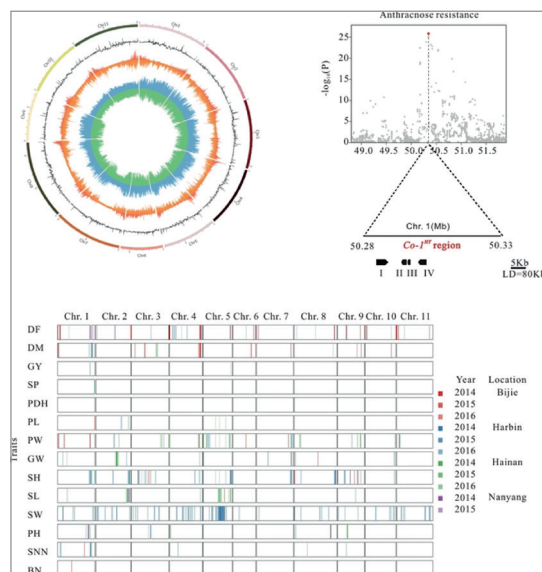
## 12月22日

农业农村部公布 2018-2019 年度“神农中华农业科技奖”和 2016—2018 年度“全国农牧渔业丰收奖”评审结果，我所以第一单位获 9 个奖项。“中国农业科学院玉米栽培与生理创新团队”获优秀创新团队奖，“耐热高产优质小麦新品种中麦 895 的选育与应用”、“玉米优异种质资源规模化发掘与利用”、“玉米温光资源定量优化增产增效技术与应用”3 项成果获科学研究类成果一等奖；“小麦抗旱节水种质创制与利用”、“玉米抗主要病虫鉴定评价技术体系创建及应用”2 项成果获科学研究类成果二等奖。



## 12月23日

我所特色农作物优异种质资源发掘与创新利用创新团队牵头在 *Nature Genetics* 上以长文形式在线发表了题为 *Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north-south cline* 的研究论文。研究对来自 19 个国家 683 份普通菜豆资源的全基因组进行重测序，并在纬度跨度、光照时间长短差异明显的黑龙江哈尔滨、河南南阳、贵州毕节和海南三亚四地开展了三年的主要农艺性状的表型鉴定，明确了普通菜豆种质资源的遗传多样性和群体结构特点，为培育高产与抗病的普通菜豆提供了宝贵的遗传资源，引领了普通菜豆种质资源学和功能基因组学的发展。



# 研究进展 团队结构

科技创新工程 20 个创新团队（党支部）

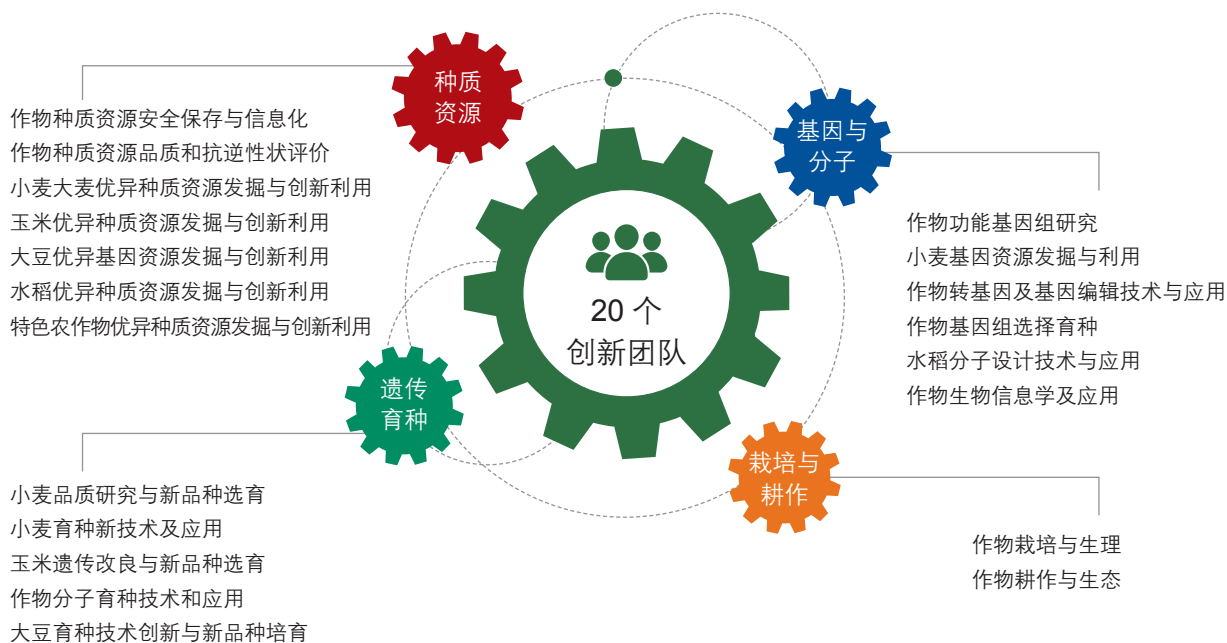
创新团队 (党支部) 名称	首席专家 (支部书记*)	研究方向	团队组成	
			创新研究组名称	组 长
作物种质资源安全 保存与信息化	卢新雄	收集国内外种质资源，研发安全保存技术，构建信息管理与共享服务平台	作物种质资源保存	卢新雄
			种质信息与大数据	曹永生
作物种质资源品质 和抗逆性状评价	任贵兴*	开展作物品质、耐盐碱、抗病等重要性状精准鉴定，发掘优异种质资源	种质资源品质评价	任贵兴
			种质资源抗逆性评价	张 辉
			种质资源抗病虫评价	朱振东
小麦大麦优异种 质资源发掘与创 新利用	李立会	开展小麦、大麦及其野生近缘植物种质资源的考查收集、精准鉴定、种质创新与分发利用研究	小麦种质资源	李立会
			大麦基因资源	杨 平
			小宗作物种质资源	郭刚刚
玉米优异种质资源 发掘与创新利用	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 研究	程治军*	解析水稻籼、粳交杂种优势利用研究的基本科学问题，克隆和研究关键调控基因，解析水稻重要农艺性状形成的分子基础	水稻功能基因组学	张 欣
			水稻株型基因解析	李学勇
小麦基因资源发 掘与利用	张学勇	发展作物基因资源研究的理论与方法体系，克隆重要基因，解析重要种质资源的形成与演变规律，开展基于基因组学的资源创新	小麦基因资源挖掘与利用	张学勇
			小麦株型基因解析	孙加强
作物转基因及基因 编辑技术与应用	马有志*	开展小麦抗逆、抗病、养分高效等重要基因克隆与功能解析，构建水稻、小麦等重要作物高效规模化转化、基因组编辑技术体系，创制突破性新材料	小麦抗逆分子育种	马有志
			基因编辑与新材料创制	夏兰琴
作物基因组选择育种	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 (党支部)名称	首席专家 (支部书记*)	研究方向	团队组成	
			创新研究组名称	组 长
水稻分子设计技术与应用	徐建龙*	解析水稻基因组结构变异,挖掘重要性状新基因并解析其功能,建立水稻分子设计育种信息平台和设计技术,开展绿色超级稻种质创新和新品种培育,水稻营养品质改良和功能产品研发	水稻分子育种	徐建龙
			水稻种子发育与品质改良	刘春明
			水稻籽粒发育调控	童红宁
作物生物信息学及应用	毛 龙*	建立经典育种和全基因组选择育种遗传分析方法和分子设计育种软件工具及分析平台,鉴定作物产量、开花、抗病等重要性状基因功能及调控网络,并应用于育种实践	小麦复杂基因组解析	毛 龙
			大豆光信号转导	刘 斌
			水稻抗病基因挖掘与利用	赵开军
			作物数量遗传	王健康
小麦品质研究与新品种选育	何中虎*	小麦品质育种技术与新品种培育	小麦品质育种	何中虎
小麦育种新技术及应用	刘录祥	小麦育种新技术研究和新材料创制与新品种选育	小麦诱变育种	刘录祥
			小麦高产广适育种	李洪杰
			小麦抗逆育种	孙果忠
玉米遗传改良与新品种选育	李新海	优质抗逆玉米性状遗传解析,优质抗逆玉米育种材料改良,优质抗逆宜机收玉米新品种选育	玉米优质抗逆育种	李新海
			玉米高产育种	黄长玲
作物分子育种技术和应用	李文学*	研发玉米、高粱等作物的分子育种技术并应用于重要农艺性状的遗传改良	玉米分子育种	李文学
			玉米基因编辑育种	谢传晓
			特色作物育种	李桂英
大豆育种技术创新与新品种培育	韩天富*	开展光温适应性、品质和产量等重要性状遗传规律研究,完善现代育种技术体系,创制目标性状突出的育种新材料,选育高产优质广适新品种	大豆分子育种	孙 石
			大豆高产优质育种	孙君明
			大豆栽培	吴存祥
作物栽培与生理	李少昆*	研究作物产量形成生理生态机制与产量潜力突破、作物资源高效利用的生理生态机制,作物现代高产高效绿色生产技术研究与示范	精准栽培与管理	李少昆
			小麦栽培	常旭虹
			玉米栽培	马 玮
			作物表型创新研究组	金秀良
作物耕作与生态	张卫建*	开展作物生态与农田生态共性理论创新、作物耕作与逆境生态调控关键技术及产品研发,创建作物绿色增产增效耕作与生态调控模式	作物耕作与生态	张卫建
			作物光合生理调控	周文彬
			作物化学调控	董志强

# 研究进展 总体述评

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，围绕粮食安全国家重大需求，瞄准世界作物科技前沿，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 20 个创新团队，稳步开展科技创新工作。2019 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 20 个创新团队

## 一、面向世界作物科技前沿

重要农艺性状基因克隆与作用机制解析取得重大进展。构建了食用豆类作物迄今为止规模最大、表型数据最完整、基因信息量最多的表型和基因型变异数据库 (*Nature Genetics*)；首次成功利用 RNA 作为同源重组修复模板，拓展了植物基因组编辑技术 (*Nature Biotechnology*)；克隆调控水稻先天免疫的新基因 OsCNGC9，揭示了钙通道蛋白调控水稻抗稻瘟病分子机制 (*Cell Research*)；利用基因编辑技术创制出超甜、糯与超甜糯复合型鲜食玉米和适宜低纬度地区种植的大豆育种新材料 (*Plant Biotechnology Journal*)。“发现挑战孟德尔遗传定律的水稻自私基因”和“3000 份水稻基因组变异研究开启后基因组时代的水稻设计育种”两项成果双双入选 2019 年中国农业科学 10 项重大进展。

## 二、面向国家重大需求

牵头“藏粮于技”科技计划，支撑国家粮食安全。重点开展育种技术提升、重大自主品种培育、高效精准栽培、绿色丰产关键技术集成四大科技行动，支撑保障我国水稻、小麦口粮绝对安全，玉米基本自给，大豆自给率逐步提升，其中食用大豆完全自给。基础性公益性工作持续加强，农作物种质资源收集、保存、评价与创新利用能力不断提升。收集引进种质资源 11000 份，入库保存 18583 份，鉴定 11340 份，分发 11268 份次。牵头国家玉米良种重大科研联合攻关，籽粒低破碎机收

技术取得重大突破。实现玉米机收品种、高效栽培技术、农机收获装备和籽粒烘干设施深度融合。提升育种水平，强化高产优质抗逆作物新品种储备能力。以第一单位通过审（认）定农作物新品种 27 个，其中国审 10 个；授权植物新品种权 28 项，申请植物新品种保护权 33 项；作科所被评为“全国农业植物新品种保护先进集体”和“明星育种科研单位”，中黄 13 荣获百姓欢迎的大豆品种，孙果忠研究员获得年度育种之星称号；中单系列玉米品种、中黄系列大豆品种，中麦系列小麦品种、京稻系列水稻品种等年度推广面积超过 5000 万亩。推动平台建设，提升支撑能力。国家作物种质库建设项目于年初顺利开工，目前正在进行主楼 4 层结构施工，预计 2020 年 1 月中旬封顶；国家作物表型与基因型鉴定设施（海南省内）项目获海南省发改委立项批复，纳入国家发改委支持项目。拓展国际合作，加强国际交流合作。积极推动国际大科学工程培育专项农业基因资源阐释 - (G2P) 的组织申报；牵头主持的绿色超级稻项目为中国和亚非国家培育了高产、优质、多抗的 GSR 新品种 140 个，为一带一路国家创造了巨大社会效益；牵头主办的第一届亚太国际植物诱变育种协作网研讨会确认中国为首任主席国，刘录祥研究员担任第一任主席。

### 三、面向现代农业主战场

“耐密高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909 培育与应用”获得国家科技进步二等奖。解决玉米“密植与大穗”和“密植与抗倒伏”的矛盾，实现耐密育种新突破，创建了高效种子生产和精准栽培推广技术体系，累计推广超过 1 亿亩，增收粮食 53.1 亿公斤。成功培育既优质强筋又高产稳产的小麦新品种“中麦 578”。面包品质达到进口优质加麦水平，高产攻关亩产 785.2 公斤，实现成果转让超千万元。《优质专用小麦生产关键技术百问百答》获国家科技进步奖科普奖。科研科普相结合，设问设答，图文配合，技术简明，一看就懂，一听就明，一学就会，一用就灵，受众广泛，促进了优质专用小麦生产发展，提高了产量，改善了品质，增加了农民收入。玉米机收粒绿色发展技术集成模式研究与示范成效显著。连续六年在新疆奇台创造全国玉米高产纪录，最高亩产 1517.11 公斤。“玉米机械粒收关键技术研究及应用”荣获 2019 年度中国作物学会作物科技奖，“玉米籽粒机械直收生产技术规程”获辽宁省和内蒙古自治区技术标准颁布，“黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用”通过成果评价，“条带耕作密植高产技术”获批农业农村部 2019 年主推技术。“玉米密植高产全程机械化绿色生产技术”和“节水抗寒强筋小麦新品种中麦 5051”两项科技成果入选“2019 中国农业农村新技术”和“2019 中国农业农村新产品”。以桦川为主战场的覆盖全国 12 个县对口帮扶脱贫攻坚和乡村振兴工作成效显著，形成“桦川模式”列入典型示范。桦川科技扶贫围绕水稻、玉米、大豆食用豆等建设了 4 个科技示范基地，实施了 18 项关键技术，实现作物增产增效 20% 以上。作科所获院 2018 年度脱贫攻坚先进集体，作物生理生态创新团队获 2019 年度脱贫攻坚与乡村振兴先进集体。



# 研究进展



## CROP GERMLASM PRESERVATION

### 作物种质资源保存创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

卢新雄, 辛霞, 刘旭, 2019. 作物种质资源安全保存原理与技术. 科学出版社.

Chen BY, Yin GK, Whelan J, Zhang ZS, Xin X, He JJ, Chen XL, Zhang JM, Zhou YC, Lu XX. 2019. Composition of mitochondrial complex I during the critical node of seed aging in *Oryza sativa*. *Journal of plant Physiology*, 236: 7-14.

Lin YX, Xin X, Yin GK, He JJ, Zhou YC, Chen JY, Lu XX. 2019. Membrane phospholipids remodeling upon imbibition in *Brassica napus* L. seeds. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 515: 289-295.

#### 代表性知识产权

ZL 201610537107.9, 一种柚子种质花粉的超低温保存方法

ZL 201610046773.2, 用于水稻地方品种遗传完整性分析的引物组合及其应用

#### 研究组成员

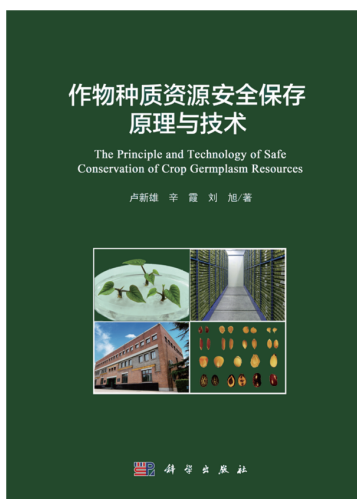
陈晓玲 研究员      辛霞 副研究员  
刘运霞 副研究员      张金梅 副研究员  
尹广鹏 副研究员      何娟娟 助理研究员  
黄雪琦 研究实习员

#### 研究生

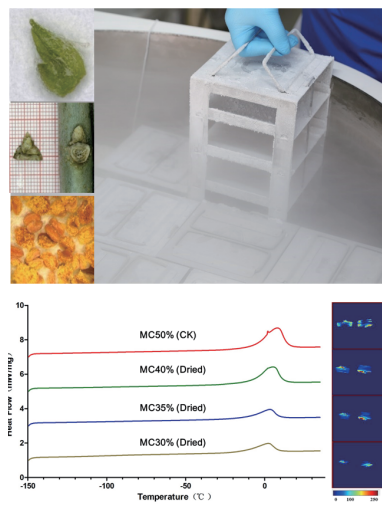
冀婧 邓明星 杨馨悦 林一欣  
李洋 李健健 李格

#### 亮点工作

针对野外资源仍遭受自然灾害和生境破坏等威胁亟待入库圃保存等突出问题，研制了超低温、限制生长等无性繁殖材料入离体库保存技术，将保存方式从单一的种子拓展到种子、试管苗、茎尖、花粉、休眠芽等多维方式。研发了高存活和遗传稳定的茎尖脱毒、组织培养入试管苗库技术，挽救了第三次普查行动等收集的葵花芋、野菊芋、淮山药、野山药等地方品种及野生资源，实现了考察收集和国外引进的40种作物57个物种438份无性繁殖作物种质资源在国家库集中保存；研发了基于休眠芽、茎尖、花粉保存载体的入超低温库技术，明确了干燥脱水、化冻复苏、存活培养等超低温保存关键技术及参数，挽救了新疆野苹果、光核桃、甘肃桃等我国特有及濒危资源，共保存18种作物30个物种595份，成活率65%~95%，开启了国家库无性繁殖作物离体长期保存实践。本团队系统总结了30余年来的研究工作，撰写出版了《作物种质资源安全保存原理与技术》专著。该专著提出了基于生活力丧失关键节点（拐点）的种质资源安全保存的理论基础，系统阐述了种质库、种质圃、离体库等保存方式的种质资源安全保存的原理与技术，以及库圃设计与建设的工艺技术要求。



专著《作物种质资源安全保存原理与技术》



超低温保存载体及关键技术参数

## INFORMATION MANAGEMENT FOR CGR

### 种质信息与大数据创新研究组

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

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

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

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



### 亮点工作

牵头开展国家农业科技基础性长期性工作国家作物种质资源数据中心建设，以“日常观测与满足重大需求相结合、主要作物与特色作物相兼顾、主产区与特色生态区相协调、现有基础和统筹布局相适应”为原则，针对我国粮食、棉油、果树、蔬菜、经济作物、热带作物、饲用作物、起源作物与乡土草种等种质资源的重大科研与产业需求，在全国布设观测鉴定实验站，开展作物种质资源的观测鉴定工作。通过对作物种质资源开展长期定位观测，收集观测鉴定数据并建立数据库，研究其环境适应性与动态变化规律，筛选优异种质资源，为推动现代种业发展、保障国家粮食安全提供基础支撑，为农业农村绿色发展和管理决策提供科学依据。在全国遴选出观测实验站 379 家，初步建立了全国作物种质资源观测鉴定实验站体系。2018 年和 2019 年，管城、渭源、武鸣、红原、江津、道外、长春、南京和澄迈共 9 个站点分别入选农业农村部确定的第一批和第二批国家农业科学观测实验站。工作开展以来，中心制定并完善了 296 种作物的描述标准、数据标准和数据质量控制规范等标准规范共计 894 个，累计汇交观测鉴定数据 62.5GB，共观测资源 36698 份，包括 61 个科、154 个属、159 种作物。



站点分布及中心重点任务布局图

### 重要论著

陈彦清, 曹永生, 井福荣, 刘海洋, 方洸. 贵州 21 个资源调查县的种质资源地理空间分布特征, 植物遗传资源学报, Doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.20190902003.

FR Jing, YS Cao, W Fang, YQ Chen. Construction and Implementation of Big Data Framework for Crop Germplasm Resources, The 3rd International Conference on Computer Science and Application Engineering, 2019, doi:10.1145/3331453.3361308.

刘海洋, 曹永生, 方洸, 陈彦清. 区块链技术在种业大数据中的应用, 中国种业, 2019, 5:22-27.

刘海洋, 方洸, 陈彦清, 曹永生. 区块链在农作物种质资源数据管理中的应用初探, 农业大数据学报, 2019, 1(2): 105-113.

王述民, 陈彦清, 景蕊莲 主编. 西北地区抗逆农作物种质资源多样性图集, 北京, 科学出版社, 2019.1.

### 代表性知识产权

2019SRBJ0941, 作物种质资源普查与征集数据填报系统 V2.0

2019SRBJ0399, 农作物种质资源调查数据填报与汇总系统 V1.0

2019SRBJ0937, 农作物种质资源普查数据统计分析系统 V1.0

### 研究组成员

方洸 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，中国作物学会藜麦专业委员会会长，中国农业科学院作物种质资源品质和抗逆性状评价创新团队首席。

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

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

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

#### 重要论著

XY Sun, XS Yang, P Xue, ZG Zhang, GX Ren. Improved antibacterial effects of alkali-transformed saponin from quinoa husks against halitosis-related bacteria. *BMC Complementary and Alternative Medicine*, 2019, 19: 46.

XS Yang, PY Qin, HM Guo, GX Ren. Quinoa industry development in China. *Ciencia e Investigacion Agraria*, 2019, 46(2): 208-219.

ZX Shi, YQ Hao, C Ten, Y Yao, GX Ren. Functional properties and adipogenesis inhibitory activity of protein hydrolysates from quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Food Science & Nutrition*, 2019, 7: 2103-2112.

P Xue, XS Yang, L Zhao, ZH Hou, RY Zhang, FX Zhang, GX Ren. Relationship between antimicrobial activity and amphipathic structure of ginsenosides. *Industrial Crops and Products*, 2019, <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.111929>.

#### 代表性知识产权

ZL201610529182.0, 一种具有增强作用的藜麦皂苷及其制备方法与应用

201910092270.2, 一种藜麦格瓦斯的制备方法

201911191103.X, 具有降血糖功能的小豆肽组合物及其制备方法和应用

#### 研究组成员

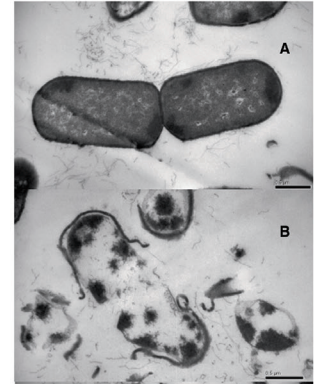
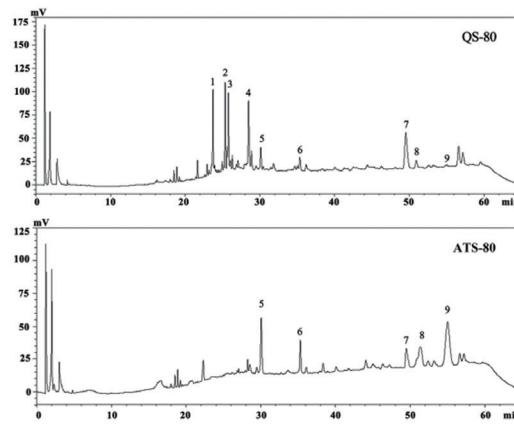
么杨 副研究员 秦培友 副研究员  
杨修仕 助理研究员

#### 研究生

石振兴 郭慧敏 郝宇琼 滕聪 范鑫  
陈银焕 刘梦杰 张威毅 张琴萍 邢宝  
孙梦涵 朱凯莉

#### 亮点工作

以藜麦全产业链利用促进脱贫攻坚为主要目标，引进智利、玻利维亚藜麦资源 80 余份，在定点帮扶县美姑县及新疆、吉林等地进行试种，筛获大粒藜麦种质 4 份。牵头承担农业农村部行业标准《藜麦栽培技术规程》的制定任务，已完成标准送审稿编制，将为我国藜麦标准化种植提供依据。以藜麦麸皮为原料，提取转化制备出具有抑制口臭致病菌作用的藜麦皂苷，该技术已获发明专利授权，有望应用于口腔护理产品，为藜麦加工副产物的高值利用提供新途径。开展藜麦皂苷等一系列无法商业获取对照品的制备工作，建立液质检测方法，开发配套代谢物数据库。组织第四届中国藜麦产业高峰论坛，在国家人事人才培训网录制讲授《中国藜麦产业格局》视频，推动藜麦政产学研合作与价值宣传普及。应邀出席智利第七届国际藜麦及其他安第斯谷物大会并做主旨报告，受聘为玻利维亚国际藜麦研究中心科学家小组委员，有力提升团队在藜麦研究领域的国际影响力。



藜麦皂苷 (QS-80) 经 NaOH 处理后得到的碱转化皂苷 (ATS-80) 含有更多的低级性皂苷组分 (5、6、8、9)，可促使聚核梭杆菌 (口臭致病菌) 的细胞膜破裂 (B)，诱导细胞凋亡，通过发挥杀菌作用来抑制口臭。

## 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。

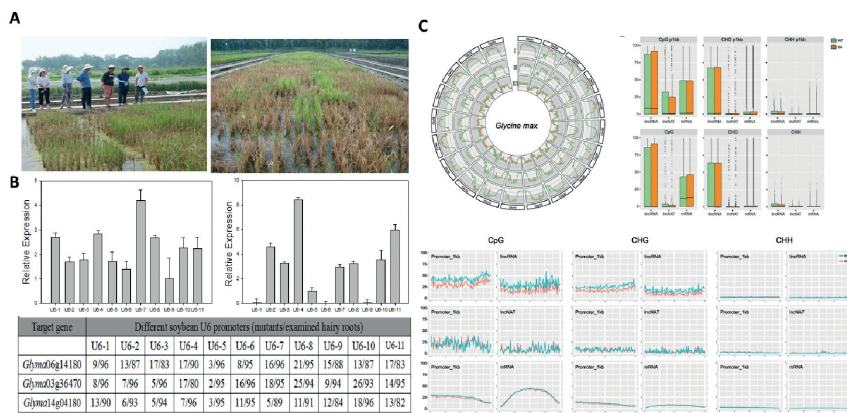
Email: zhanghui06@caas.cn 电话: 010-62186649

主页: <http://zhanghui.icascaas.com.cn>



## 亮点工作

盐、旱等非生物逆境严重制约着作物的生产, 抗逆种质资源的鉴定及抗逆基因的挖掘和利用是抗逆新种质创制的基础, 对作物的稳产、增产至关重要。为发掘抗逆种质资源, 2019 年创新研究组完成了 5516 份共计 17482 份次种质资源的全生育期耐盐性鉴定评价, 筛选出高耐盐碱的种质资源 59 份。同时对盐持续胁迫下大豆根非编码 RNAs 进行分析, 发现大豆 lncRNA 的 AT 碱基含量介于蛋白编码基因的 3'-UTR 和 5'-UTR 之间, lncRNAs 的功能可能与蛋白编码基因的 UTR 类似; 超过 75% 的 lncRNA 在盐持续胁迫下表达上调超过 2 倍, 显著高于 30.8% 的 mRNAs, lncRNAs 与持续盐胁迫更加紧密相关; lncRNA 启动子区甲基化水平比蛋白编码基因启动子区显著增加, 与蛋白编码基因相比, 大豆 lncRNAs 对持续高盐胁迫的响应更加敏感。转化大豆发状根体系及转化拟南芥, 系统比较了大豆 11 个 U6 启动子驱动 sgRNA 的表达活性, 筛选出 GmU6-8、GmU6-10 两个活性较强的启动子, 为大豆抗逆基因筛选及功能研究提供优化的 CRISPR/Cas9 技术体系。研究结果发表在作物学报, BMC Genomics, BBRC 等杂志上。



抗逆种质资源筛选及抗逆基因挖掘

A: 水稻抗逆种质资源筛选; B: 高效基因编辑的大豆 U6 启动子筛选;  
C: 盐胁迫下全基因组 DNA 甲基化和 lncRNA 表达分析

## 重要论著

R Chen, M Li, HY Zhang, L Duan, XJ Sun, QY Jiang, H Zhang, Z Hu. Continuous salt stress-induced long non-coding RNAs and DNA methylation patterns in soybean roots. *BMC Genomics*, 2019, 20:730.

YH Di, XJ Sun, Z Hu, QY Jiang, GH Song, B Zhang, SS Zhao, H Zhang. Enhancing the CRISPR/Cas9 system based on multiple *GmU6* promoters in soybean. *BBRC*, 2019, 519: 819-823.

Y Yu, Z Ni, Y W, H W, Z Hu, QY Jiang, XJ Sun, H Zhang. Overexpression of soybean *mir169c* confers increased drought stress sensitivity in transgenic *Arabidopsis thaliana*. *Plant Science*, 2019, 285:68-78.

Y Guo, CB Xu, XJ Sun, Z Hu, SJ Fan, QY Jiang, H Zhang. TaSAUR78 enhances multiple abiotic stress tolerance by regulating the interacting gene *TaVDAC1*. *JIA*, 2019, 18(12): 2682-2690.

孙现军, 姜奇彦, 胡正, 张惠媛, 徐长兵, 邸一桓, 韩龙植, 张辉. 水稻资源全生育期耐盐性鉴定筛选. 作物学报, 2019, 45(11): 1656-1663.

徐长兵, 牛风娟, 孙现军, 胡正, 张学杰, 樊守金, 姜奇彦, 张辉. 盐胁迫下大豆转录因子 *GmTFIIIC* 功能研究. 植物遗传资源学报, 2019, 20(6): 1536-1542.

## 代表性知识产权

ZL 201510917275.6, 小麦 TaPPDK1 蛋白及其编码基因与应用.

ZL 201610115651.4, 成套耐盐蛋白质及相关生物材料在调控植物耐盐性中的应用.

ZL 201610109125.7, 一种评价转 GmDREB1 抗逆小麦非预期效应的方法.

## 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

张惠媛 徐长兵 邸一桓 牛风娟



## BIOTIC STRESS RESISTANCE EVALUATION

### 种质资源抗病虫评价创新研究组

朱振东，研究员，博士生导师。2003年获中国农业科学院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：种质资源抗病性评价；作物抗病新基因发掘；植物病原菌遗传变异及分子检测；豆类病害鉴定及防治研究。

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

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

#### 重要奖项

玉米抗主要病虫害鉴定评价技术体系创建及应用，2019年中华农业科技二等奖。王晓鸣，李晓，石洁，孙世贤，徐秀德，王作英，张匀华，李红，武小菲，崔丽娜，晋齐鸣，段灿星，郭宁，何康来，郭成

#### 重要论著

Duan C, Song F, Sun S, Guo C, Zhu Z, Wang X\*. Characterization and molecular mapping of two novel genes resistance to Pythium stalk rot in maize. *Phytopathology*, 2019, 109(5): 804-809.

Duan C, Du Q, Tang Z, Li S, Wang B. First report of maize ear rot caused by *Fusarium sacchari* in China. *Plant Disease*, 2019, 103(10): 2674.

Duan C, Guo C, Yang Z, Sun S, Zhu Z, Wang X. First report of anthracnose leaf blight of maize caused by *Colletotrichum graminicola* in China. *Plant Disease*, 2019, 103 (7): 1770.

Sun S, Deng D, Duan C, Zong X, Xu D, He Y, Zhu Z\*. Two Novel er1 Alleles Conferring Powdery Mildew (*Erysiphe pisi*) Resistance Identified in a Worldwide Collection of Pea (*Pisum sativum* L.) Germplasms. *International Journal of Molecular Science*. 2019, 20: 5071.

Zhong C, Li Y, Sun S, Duan C, Zhu Z\*. Genetic Mapping and Molecular Characterization of a Broad-spectrum *Phytophthora sojae* Resistance Gene in Chinese Soybean. *International Journal of Molecular Science*. 2019, 20: 1809.

Sun S, Zhu Z\*, Duan C, Zhao P, Sun F, Deng D, He Y. First Report of Charcoal Rot Caused by *Macrophomina phaseolina* on Faba Bean in China. *Plant Disease*. 2019, 103(6):1415.

Sun F, Sun S, Zhu L, Duan C, Zhu Z\*. Confirmation of *Fusarium oxysporum* as a causal agent of mung bean wilt in China. *Crop Protection*. 2019, 117:77-85.

陈文娟，路璐，李万昌，张小杰，孙素丽，朱振东，王晓鸣，段灿星\*. 玉米抗南方锈病基因的QTL定位. *植物遗传资源学报*, 2019, 20 (3): 521-529.

#### 研究组成员

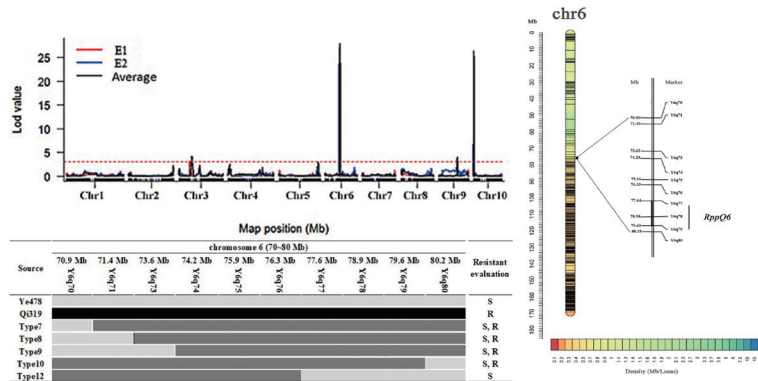
段灿星 副研究员 孙素丽 副研究员

#### 研究生

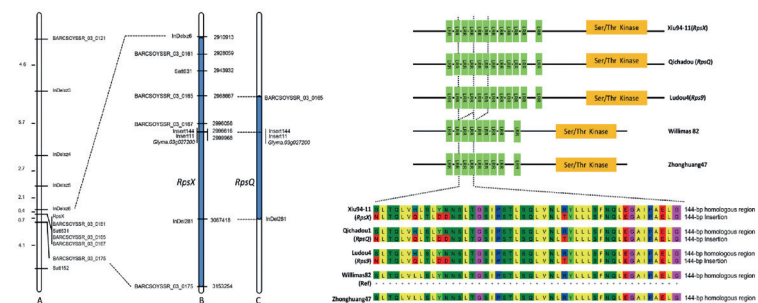
孙菲菲 路璐 王宝宝 张雪翠 邓东夏玉生

#### 亮点工作

南方锈病是我国玉米生产上的重要病害，往往具有间歇爆发性，极难防治，给玉米生产造成严重损失。培育和利用抗性品种是控制该病害最为经济有效的措施。通过多年重复鉴定，筛选出高抗玉米南方锈病种质齐319，利用掖478×齐319的重组自交系群体，结合高密度遗传连锁图谱，在第6染色体上发掘了1个抗南方锈病的新基因 *RppQ6*，利用染色体片段置换系对其进行了验证，并将其精细定位于Indel标记Y6q77与Y6q79之间，此结果将为玉米抗南方锈病育种提供重要基因资源。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，培育及种植含有抗病基因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，发现大豆品种岫94-11对大豆疫霉具有广谱的抗性，且抗谱与其他已知抗病基因均不相同。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 *RpsX*。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 *RpsX* 的抗病基因候选区间定位于大豆3号染色体上的一个242 kb的区域。结合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，预测其抗病候选基因。



玉米抗南方锈病基因 *RppQ6* 精细定位



大豆抗疫病病基因 *RpsX* 精细定位

## WHEAT GERMPLASM RESOURCES

## 小麦种质资源创新研究组

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

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

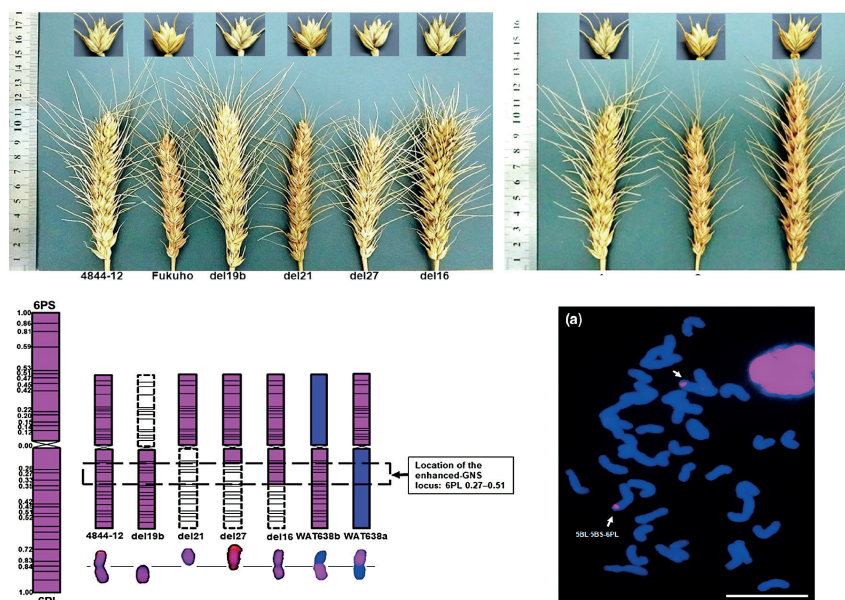
Email: lilihui@caas.cn 电话: 010-62186670

主页: <http://lilihui.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

利用小麦野生近缘植物冰草属优异基因改良小麦并创新种质取得突破。首次鉴定出冰草野生种提高穗粒数基因区段，并创制出遗传平衡的易位系新种质。前期研究证明小麦-冰草 6P 二体附加系 4844-12 表现出高穗粒数、高小穗数和一小穗粒数特性，具有提高穗粒数的遗传效应。为了精确定位多粒基因的染色体区段和有目标地利用该片段，我们利用 5 个小麦-冰草 6P 缺失系、5 个小麦-冰草 6P 易位系以及这些易位系的遗传群体，通过基因组原位杂交、荧光原位杂交或分子标记对冰草 6P 染色体的高穗粒数位点进行了定位。通过 4 个生长季 (2014-2015、2015-2016、2016-2017 和 2017-2018) 的农艺性状评价，我们发现携带冰草 6PL 染色体长臂的易位系表现出较高的穗粒数、小穗数和一小穗粒数，首次将冰草 6P 染色体上的提高穗粒数的区段定位在 6PL (0.27-0.51) 上。并在附加系 4844-12 辐照后代中鉴定出一个新的易位系 WAT650a (T5BL·5BS-6PL)，该易位系携带 6PL (0.35-0.42) 染色体片段，表现出多小穗数优异性状，该易位系的创制为提高小麦的产量性状，实现小麦高产育种提供了新的种质资源。将小麦-冰草创新种质应用于小麦育种中，选育出早熟、抗条锈病、白粉病的绿色多抗新品种普冰 2011，通过陕西省审定，显示出小麦-冰草创新种质的应用潜力。



鉴定出控制多粒性状的冰草 6P 易位片段

A. 创制的冰草 6P 染色体附加系和缺失系 (左) 和易位系 (右);  
B. 冰草 6P 染色体附加系、缺失系和易位系的染色体结构示意图，小麦-冰草 6P 染色体多粒易位系的 GISH 图

## 重要论著

- Z Zhang, HM Han, WH Liu, LQ Song, JP Zhang, SH Zhou, XM Yang, XQ Li, LH Li. Deletion mapping and verification of an enhanced-grain number per spike locus from the 6PL chromosome arm of *Agropyron cristatum* in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132:2815-2827.
- SH Zhou, JP Zhang, HM Han, J Zhang, HH Ma, Z Zhang, YQ Lu, WH Liu, XM Yang, XQ Li and LH Li. Full-length transcriptome sequences of *Agropyron cristatum* facilitate the prediction of putative genes for thousand-grain weight in a wheat-A. *cristatum* translocation line. *BMC Genomics*, 2019, 20:1025.
- HH Ma, JP Zhang, J Zhang, SH Zhou, HM Han, WH Liu, XM Yang, XQ Li, LH Li. Development of P genome-specific SNPs and their application in tracing *Agropyron cristatum* introgressions in common wheat. *The Crop Journal*, 2019, 7:151-162.
- HM Han, WH Liu, JP Zhang, SH Zhou, XM Yang, XQ Li, LH Li. Identification of P genome chromosomes in *Agropyron cristatum* and wheat-A. *cristatum* derivative lines by FISH. *Scientific Report*, 2019, 9:9712.

## 代表性品种

小麦，普冰 2011，陕审麦 2019016 号

## 新品种保护权

普冰 02，品种权号 20172120.8

普冰资 016，品种权号 20172122.6

## 研究组成员

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

## 研究生

孙洋洋 张智 吉夏杰 杨雯晶 徐世锐  
王筱 亓凯 匡紫垣 韩柏辉 王立宇



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

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

主页: <http://yangping.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

Yang P, Praz C, Li B, Singla J, Robert C, Kessel B, Scheuermann D, Luthi L, Ouzunova M, Erb M, Krattinger S, Keller B. Fungal resistance mediated by maize wall-associated kinase ZmWAK-RLK1 correlates with reduced benzoxazinoid content. *New Phytologist*, 2019 221(2): 976-987.

Shi L, Jiang C, He Q, Habekuss A, Ordon F, Luan H, Shen H, Liu J, Feng Z, Zhang J, Yang P. Bulk segregant RNA-sequencing (BSR-seq) identified a novel rare allele of eIF4E effective against multiple isolates of BaYMV/BaMMV. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(6): 1777-1788.

杨智, 贾巍, 杨平. 麦芽 (译著), ISBN 978-7-5184-2313-2, 北京, 中国轻工业出版社.

时丽洁, 蒋桐璁, 王方梅, 杨平, 冯宗云. 大麦蛋白质二硫键异构酶基因家族的鉴定与表达分析. *作物学报*, 2019, 45(9): 1365-1374.

蔡羽, 杨平, 冯宗云. 大麦表型多样性分析及优异饲草种质资源筛选. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(4): 4920-931.

#### 代表性知识产权

WO 2019038339A1, Producing a plant having increased fungal resistance involves introducing, modifying, or modulating a wall-associated kinase in(to) a plant cell, tissue, organ, or whole plant.

WO 2019038329A1, New nucleic acid molecule useful for identifying or selecting plant having increased resistance to plant disease caused by fungal pathogen, comprises nucleotide sequence of allele.

#### 研究组成员

蒯金红 助理研究员

#### 博士后

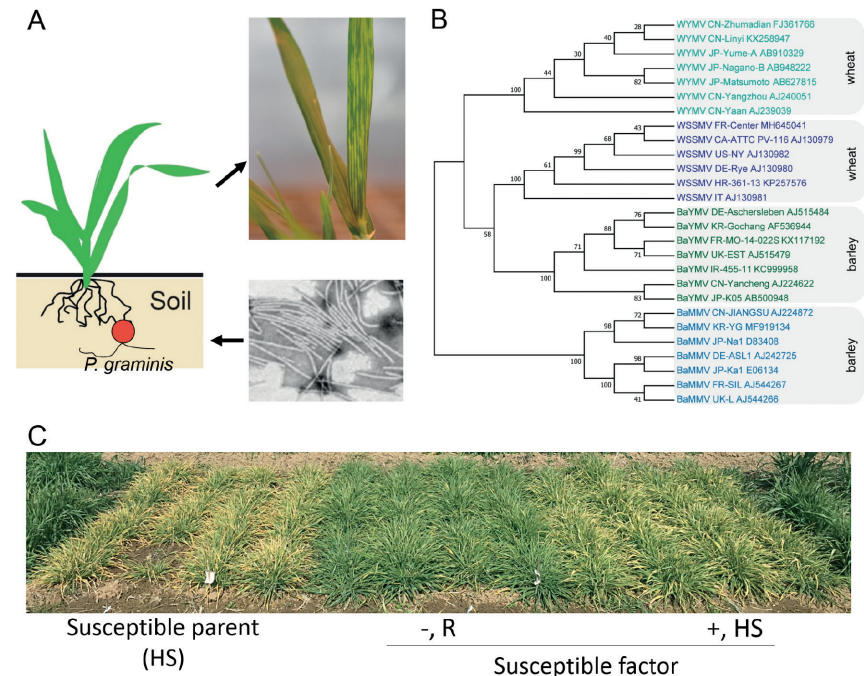
蒋桐璁

#### 研究生

高广奇 Sarah Tasnim 金彦龙 蔡羽  
雷淼淼 严露曦 李珊珊

#### 亮点工作

通过土壤真菌禾谷多黏菌介导和传播的病毒病害在全球均有报道, 由大麦黄花叶病毒属 (*Bymovirus*) 和条杆状花叶病毒属 (*Furovirus*) 的正义 RNA 病毒感染引起, 感染引起的黄花叶病是当前麦类作物发病面积最大的病毒病害, 威胁秋播麦类作物的生产。随着全球气候变暖引起宿主真菌适宜生态区的增加、大型农机的推广使用和跨区域作业引起的病土扩散, 近年来此类病害的发生呈现增加的趋势。发掘抗性种质资源, 利用遗传改良品种抗病性策略是科学防治该病害的有效手段。课题组前期系统总结了小麦和大麦中的致病病毒种类、地理分布和宿主特异性, 遗传抗病性基因的发掘、定位和克隆, 新技术方法在抗病遗传学研究中的应用, 宿主植物与病毒互作的分子机制等方面的研究进展, 并展望了该领域未来的研究热点。同时, 围绕国内外收集的 884 份大麦种质资源, 通过多年多点的大田自然接种和表型分子鉴定、致病病毒的毒性分化研究等, 利用基因组重测序技术、基因序列单倍型分析, 以及全基因组关联分析和连锁遗传分析等研究策略, 获得了多个新的黄花叶病主效抗性遗传位点。深入开展候选抗性基因的鉴定挖掘、功能验证和机制解析, 将为麦类作物土传病毒病害的科学防治提供理论基础和资源保障。



麦类作物土传病害的致病机制和抗性机制解析

A. 大麦黄花叶病的自然发病过程; B. 感染小麦/大麦的大麦黄花叶病毒属病毒的聚类分析;

C. 感病基因丢失提高植株的遗传抗病性

## MINOR CROP GERMLASM RESOURCES

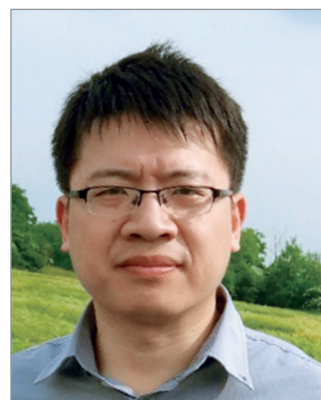
### 小宗作物种质资源创新研究组

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

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

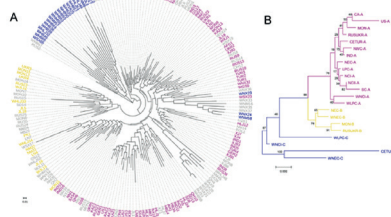
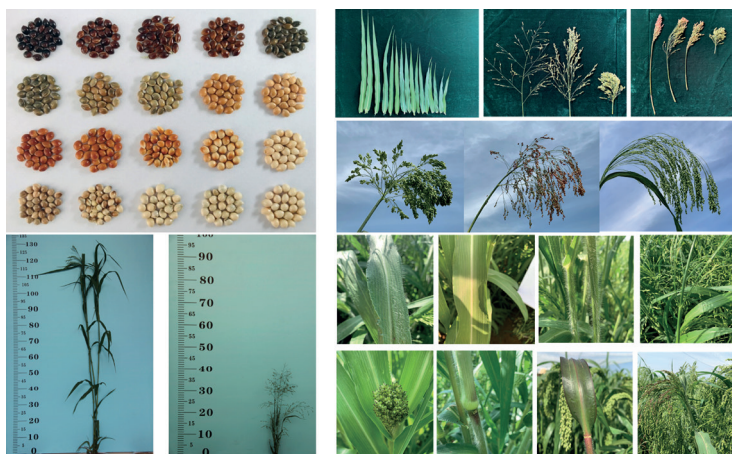
E-mail: guoganggang@caas.cn 电话: 010-62178203

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



### 亮点工作

2019年重点收集小宗作物各类野生资源、近年新育成品种和通过第三次全国普查收集到的地方品种，丰富我国小宗作物种质资源保存种类。完成大麦、燕麦、荞麦、谷子、高粱、黍子、糜子等各类小宗作物种质资源收集引进共1171份，截至2019年12月，我国已入长期库小宗作物种质资源共计8.2万份；深入开展了1012份资源主要农艺性状的多年多点精准鉴定，340份资源的抗逆性鉴定，完成220份谷子育成品种的品质分析评价，发掘优异种质资源提供育种和生产利用；积极提供资源分发利用，向全国57家科研单位提供小宗作物种质资源7576份次，有效支撑小宗作物学科基础和应用基础研究。研究组还在支撑青稞基因组演化与重要性状功能基因挖掘、啤酒酿造关键要素的控制技术研究与应用、饲用大麦新品种选育及其配套技术研制与应用等方面发挥了重要作用，作为主要完成人和完成单位，2019年度获评省部级及行业科技奖励三项。另外，本年度还对516份糜子代表性种质（包括78份世界各国种质、331份国内地方品种、43份育成品种以及64份野生糜子），开展覆盖主要生态区的七个试验点表型鉴定研究并完成了基因组重测序，为推进糜子起源演化机制研究奠定重要基础；开展野生糜子分类地位研究，证明野生糜子和栽培糜子具有共同祖先，野生糜子作为变种（*Panicum miliaceum subsp. ruderale*）更为恰当。



糜子表型鉴定和基因组重测序

### 重要奖项

青稞基因组演化与重要性状功能基因挖掘·西藏自治区科学技术一等奖  
啤酒酿造关键要素的控制技术研究与应用·中国酒业协会科学技术奖一等奖  
饲用大麦新品种选育及其配套技术研制与应用·安徽省科学技术进步三等奖

### 重要论著

Y Xu, MX Liu, CX Li, FJ Sun, P Lu, FS Meng, XiY Zhao, MY He, FZ Wang, XY Zhu, X Zhao, H Zhou. Domestication and Spread of Broomcorn Millet (*Panicum miliaceum* L.) Revealed by Phylogeography of Cultivated and Weedy populations, *Agronomy*, 2019, 9, 835; doi:10.3390/agronomy9120835.

薛延桃, 陆平, 史梦莎, 孙昊月, 刘敏轩, 王瑞云. 新疆、甘肃黍稷资源的遗传多样性与群体遗传结构研究. *作物学报*, 2019, 45(10): 1511-1521.

寇淑君, 霍阿红, 付国庆, 纪军建, 王瑶, 左振兴, 刘敏轩, 陆平. 利用荧光SSR分析中国糜子的遗传多样性和群体遗传结构. *中国农业科学*, 2019, 52(9):1475-1487.

吴斌, 郑殿升, 严威凯, 申状状, 晏林, 张宗文. 燕麦分子育种研究进展. *植物遗传资源学报*. 2019, 20(3):485-495.

### 研究组成员

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

### 科研助理

李红梅 李珍 刘志敏 史梦莎 王璐琳

### 博士后

徐东东 樊超凤

### 研究生

宝力格 邵欢欢 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。现任中国农业科学院玉米优异种质资源发掘与创新利用创新团队首席, 中国作物学会玉米专业委员会副主任委员。

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

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

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

#### 重要奖项

玉米优异种质资源规模化发掘与利用, 2019 年农业农村部中华农业科技一等奖, 王天宇, 黎裕, 石云素, 扈光辉, 刘成, 王振华, 杨华, 杨俊品, 程伟东, 李永祥, 孙宝成, 邱正高, 李国良, 张新, 谭君, 祁志云, 覃兰秋, 李春霞, 李春辉, 宋燕春

#### 重要论著

Chen L, Li YX, Li C, Shi Y, Song Y, Zhang D, Wang H, Li Y and Wang T. The retromer protein ZmVPS29 regulates maize kernel morphology likely through an auxin-dependent process (es). *Plant Biotechnology Journal*, 2019, doi: 10.1111/pbi.13267.

An Y, Chen L, Li YX, Li C, Shi Y, Song Y. Candidate loci for the kernel row number in maize revealed by a combination of transcriptome analysis and regional association mapping. *BMC Plant Biology*, 2019, 19(1):201.

Li C, Wu X, Li Y1, Shi Y, Song Y, Zhang D, Li Y, Wang T. Genetic architecture of phenotypic means and plasticities of kernel size and weight in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(12):3309-3320.

Nie N, Ding X, Chen L, Wu X, An Y, Li C, Song Y, Zhang D, Liu Z, Wang T, Li Y, Li YX, Shi Y. Characterization and fine mapping of qkrnw4, a major QTL controlling kernel row number in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(12):3321-3331.

#### 代表性知识产权

ZL2016 11179971.2, CN106337041B, CN1070F, CN5Z58, CN818F, CN933M, CNH392M, CNH3754, CNH3844, CNH4528

#### 研究组成员

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

#### 博士后

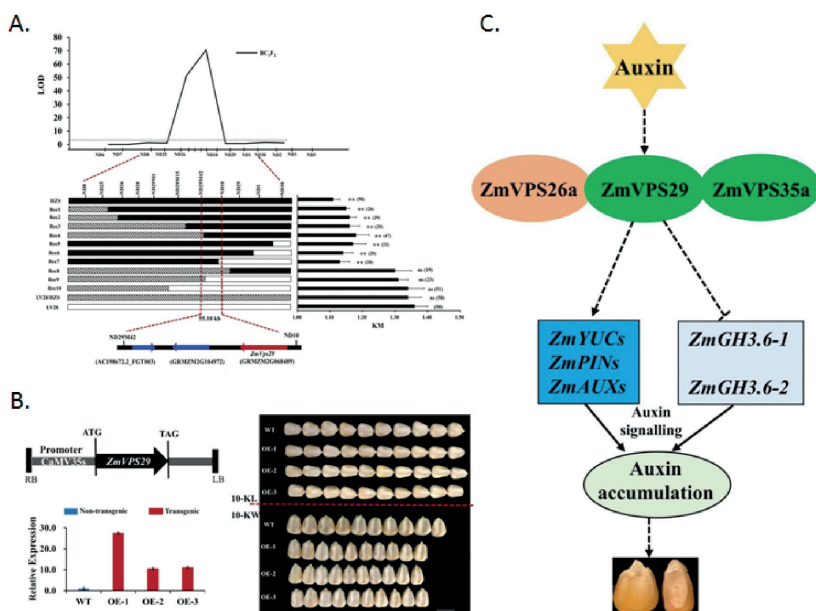
陈林

#### 研究生

汤斌 曾廷儒 郭剑  
Mohamed Abdelghany 安怡昕 关红辉  
高晨曦 聂宁宁 张小琼 王东梅

#### 亮点工作

粒形相关性状直接决定了籽粒的库容大小, 是形成粒重的直接决定因子。加强玉米粒形相关基因生物学功能研究, 发掘优异等位变异, 对玉米高产育种具有重要的理论与实践意义。在在黄早四 × 旅 28 组合的第 4 染色体定位到粒宽和籽粒形状相关主效位点 *qKM4.08*。通过大规模精细定位群体, 实现了 *qKM4.08* 的精细定位。经序列分析和 Real-PCR 分析, 发现生长素调控基因 *ZmVPS29* 为 *qKM4.08* 的候选基因。序列比对发现, *ZmVPS29* 基因编码区在双亲间没有差异。对基因上游的调控区进行了扩增和比对, 在双亲间发现了 17 个 SNPs 和 3 个 Indel 的位点突变。利用关联分析群体, 对 *ZmVPS29* 基因的上游调控区的功能性位点进行了分析, 发现在上游 1897bp 位置和 1572bp 位置可检测到强烈的关联信号。*ZmVPS29*-promoter 区单倍型分析发现, 短粒亲本类型的粒长 / 粒宽最短, 显著低于其他全部 6 种单倍型。通过构建植物过表达载体 (35S-*ZmVPS29*) 转化农杆菌, 获得了该候选基因的过表达玉米转化事件。对比转基因和非转基因植株籽粒相关性状, 发现过表达 *ZmVPS29*, 可以显著地减少粒宽, 从而使籽粒变得更加细长。亚细胞定位结果显示, *ZmVPS29* 在细胞核以及细胞质中均表达, 酵母双杂结果显示 *ZmVPS29* 与 *ZmVPS26a*, *ZmVPS35a* 存在互作关系, 形成复合体共同参与生长素网络调控。过表达 *ZmVPS29* 可以引起生长素相关基因表达发生变化, 从而影响生长素在籽粒中分布。以上结果表明, *ZmVPS29* 基因可能通过参与生长素调控, 影响籽粒发育相关基因, 进而影响了籽粒表型的变化。



玉米粒形相关主效位点 *qKM4.08* 的图位克隆与调控机理研究

## SOYBEAN GENETIC RESOURCES

## 大豆基因资源创新研究组

邱丽娟，研究员，博士生导师。1989年获东北农业大学农学博士学位。现任中国作物学会常务理事、大豆专业委员会会长，农业部大豆基因资源研究与利用创新团队牵头人，中国农业科学院大豆优异基因资源发掘与创新利用创新团队首席。获国务院特殊津贴、农业部农业科研杰出人才、中国农科院跨世纪学科带头人和二级杰出人才、农业部有突出贡献的中青年专家、国家机关党代表，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：大豆种质资源遗传多样性及与演化机制；基于基因组学的大豆资源挖掘；大豆新种质创制的理论与应用。

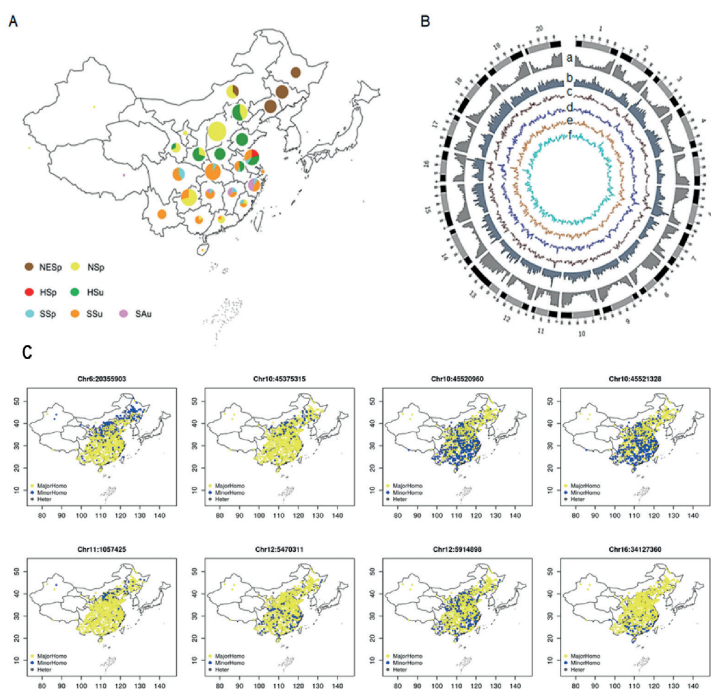
Email: qjulijuan@caas.cn 电话：010-82105840

主页：http://qjulijuan.icscaas.com.cn



## 亮点工作

大豆是典型的短日照植物，与其它作物相比，其生长发育对光照条件尤其敏感，导致绝大多数品种对光环境的适应性窄，而且我国耕作栽培制度复杂，即使在同一地区，还可分不同播期类型，需要品种适合不同的光温条件，极大程度限制了优良品种的引进和大范围推广。大豆起源于中国，我国的地方品种极为丰富，遍布全国，携带着适应当地环境的优异等位基因。利用 tGBS 技术鉴定了 2035 份大豆种质资源，包括 1938 份来自我国的地方品种和 97 份来自我国、韩国、俄罗斯和日本等野生大豆原产地的野生大豆。基于鉴定到的 99,085 个 SNP，STRUCTURE、PCA 和 NJ-tree 的群体结构分析将 2035 份供试材料为 4 个组，包括野生组和 3 个地方品种组。地方品种的群体分化与地理来源密切相关，分为北方、黄淮和南方 3 个组。利用全基因组关联分析 (GWAS) 方法分析了 1938 份地方品种与开花期 (北京和武汉两地) 和日照长度、温度和降雨量等物候性状之间的关联性，鉴定到开花期相关位点 17 个，以及 3 个物候性状相关位点 27 个，其中 38 个携带选择驯化信号，揭示了中国地方品种对于环境适应性的遗传基础。同时鉴定到 51 份适合不同地理区域种植的早花早熟大豆优异资源，为有效应对全球环境气候变化培育新品种奠定遗传和材料基础。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。



大豆地方品种环境适应性的遗传基础解析

A 我国代表性大豆地方品种的分布；B. 大豆遗传变异全基因组分布特点；

C. 适应不同地理区域的开花期相关遗传变异的分布

## 重要论著

YH Li, DL Li, YQ Jiao, JC Schnable, YF Li, HH Li, HZ Chen, HL Hong, T Zhang, B Liu, ZX Liu, QB You, Tian Y, Y Guo, RX Guan, LJ Zhang, RZ Chang, ZW Zhang, J Reif, XA Zhou, PS Schnable, LJ Qiu. Identification of loci controlling adaptation in Chinese soybean landraces via a combination of conventional and bioclimatic GWAS. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 18(2):389-401.

ZY Wei, T Pan, YY Zhao, BH Su, YL Ren, LJ Qiu. The small GTPase Rab5a and its guanine nucleotide exchange factors are involved in post-Golgi trafficking of storage proteins in developing soybean cotyledon. *Journal of Experimental Botany*. 2019, doi:10.1093/jxb/erz454,1-15.

JN Han, BF Guo, Y Guo, B Zhang, XB Wang and LJ Qiu. Creation of early flowering germplasm of soybean by CRISPR/Cas9 technology. *Frontiers in Plant Science*. 2019, 10,1446.

JN Han, DZ Han, Y Guo, HR Yan, ZY Wei, Y Tian, LJ Qiu. QTL mapping pod dehiscence resistance in soybean (*Glycine max* L.Merr.) using specific-locus amplified fragment sequencing. *Theoretical and Applied Genetics*. 2019, 132:2253-2272.

Y Tian, B Liu, JC Reif, RX Guan, YH Li, LJ Qiu. Deep genotyping of the gene *GmSNAP* facilitates pyramiding resistance to cyst nematode in soybean. *Crop Journal*. 2019, 7: 677-684.

## 代表性知识产权

ZL201510151920.8, 大豆胞囊线虫抗性相关 Map-5149SNP 标记及检测方法与鉴定利用 ZL201510968755.5, 辅助鉴定大豆株型的专用引物、方法及其应用

ZL201511025828.3, 大豆花粉育性的分子标记检测方法及其应用

ZL201510712799.1, 谷蛋白相关蛋白 GmVPS9a1 在调控植物谷蛋白含量中的应用 ZL201610131546.X, 384 个 SNP 位点及其在大豆品种资源鉴定中的应用

ZL201610584807.3, 一种用于农杆菌介导大豆子叶节转化的外植体选择方法及应用

## 研究组成员

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

## 研究生

宋健	魏中艳	任洪雷	高华伟	孙如建
张永芳	李艳妃	Sobhi F. L. Abdelhamid		
苏伯鸿	于莉莉	Ochar Kingsley	洪慧龙	
田宇	赵宇杨	孙彦波	王婉	张茜
刘谢香	韩佳楠	卢一鹏	杨静	杨蕾
赵兴震	文静	吴海涛	武阳春	张之昊
周明明	王好让	于春淼	赵婷婷	宿阳
刘晨	陈玲玲	吴宇光	徐江源	郭潇阳
葛天丽				



## WILD RICE CONSERVATION

### 野生稻保护与利用创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

XM Zheng, J Chen, HB Pang, et al.. Genome-wide analyses reveal the role of noncoding variation in complex traits during rice domestication. *Science Advances*. 2019, 5:eaax3619.

郑晓明, 陈宝雄, 宋玥, 等. 作物野生近缘种的原生境保护. *植物遗传资源学报*. 2019, 20 (5): 1103-1109.

#### 代表性知识产权

ZL201610719097.0 一种野生稻染色体片段置换系的构建方法

#### 研究组成员

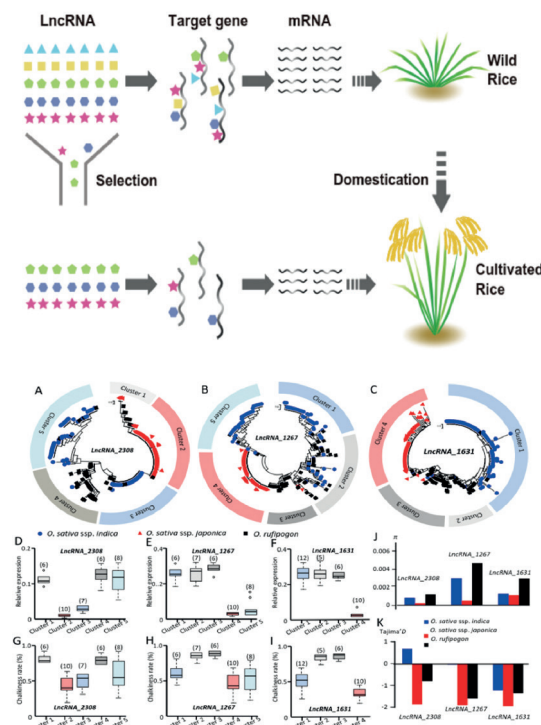
乔卫华 副研究员 郑晓明 副研究员  
张丽芳 科研助理 程云连 科研助理  
崔永霞 博士后

#### 研究生

王君瑞 李飞 许睿 王艳艳 黄婧芬  
李嘉琦 杨子怡 宋玥 邢梦 格金月  
娄单静

#### 亮点工作

前人研究表明，真核生物中 90 以上的基因组能够发生转录，但仅 2% 的转录本能够编码蛋白，进而推测阐明非编码区变异对农艺性状多样性形成的作用机理具有重要意义，是揭示作物遗传变异的基础。本创新研究组完成了亚洲栽培稻与普通野生稻非编码区 lncRNA 的注释，结合多重组学方法研究了水稻 lncRNA 的进化历史，从全基因组水平揭示了 lncRNAs 调控水稻重要农艺性状变异的分子机制。结果表明，栽培稻中 95% 的 lncRNA 表达量下调，且下调的 lncRNA 在进化过程中具有与定向选择一致的显著分子特征，差异表达的 lncRNAs 靶基因富集于与碳固定能力和碳水化合物代谢相关的位点。部分 lncRNAs 表达量降低直接导致淀粉含量和粒重的增加，从而通过 lncRNAs 的全基因组注释重塑了水稻转录组的表达模式，揭示了水稻产量和品质的多层次调控机制。本研究首次从全基因组水平对水稻及其祖先种的 lncRNA 结构、表达模式、分子机制和进化历史进行深入研究，揭示了 lncRNAs 调控水稻重要农艺性状变异的分子机制，极大地促进非编码区调控作物农艺性状变异的研究，可为水稻全基因组设计育种提供路线图，对于水稻遗传改良具有重要的指导意义 (*Science Advance*, 2019)。本年度研究组还重点开展全国野生稻种质资源的联合鉴定评价，通过多年多点的田间鉴定，鉴定出强耐盐种质 3 份，高抗稻瘟病种质 5 份。



ncRNA 对水稻籽粒形态性状多样性微调的分子遗传机制

## RICE GERMPLASM RESOURCES

## 水稻种质资源创新研究组

韩龙植, 研究员, 博士生导师。1999年获韩国首尔大学作物育种学专业博士学位。

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

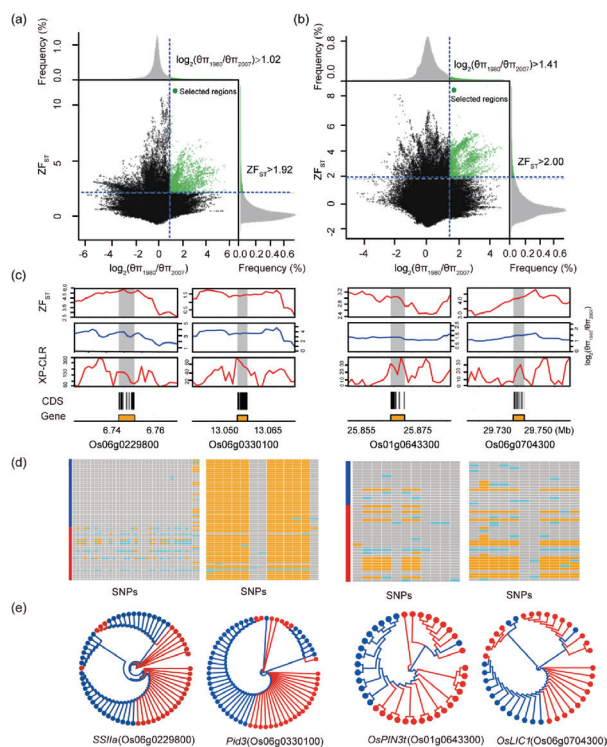
E-mail: hanlongzhi@caas.cn 电话: 010-62176784

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



## 亮点工作

随着选育品种的大面积推广, 我国大部分地区早已不再种植水稻地方品种, 而目前云贵少数民族地区以农家保护方式仍然种植着水稻地方品种, 这些品种具有抗病虫性、抗逆性等许多优良性状, 是水稻种质资源的重要组成部分。为有效保护和利用农家保护地方稻种, 系统开展了农家保护下水稻地方品种在短期驯化期间其全基因组水平的遗传变异与选择特征研究。研究发现在 27 年的驯化过程中, 农家保护方式使水稻地方品种很好地维持了原有大部分遗传多样性, 但部分基因组区域内等位基因的频率发生了较大改变, 且在基因区内显著富集, 说明与非基因区相比, 基因区的改变在短期驯化过程中起到更重要的作用。在籼稻和粳稻基因组中, 分别有 186 和 183 个基因组区域受到了选择, 揭示了在短期驯化过程中, 农家保护下水稻地方品种以基因组上多个位点的改变来响应环境胁迫和人为选择, 尤其与主要农艺性状、生物和非生物胁迫相关的基因位点常常是被选择的目标位点。研究鉴定到在驯化选择区域中与重要农艺性状关联的位点 13 个, 为新基因发掘奠定了基础。此外, 还研究发现有许多基因位点与环境因子有着显著相关, 认为这些基因位点在水稻地方品种对当地环境适应性方面发挥重要作用。该研究揭示了农家保护下水稻地方品种在短期驯化过程中的遗传机制, 为水稻地方品种的农家保护与利用提供了科学依据。



在短期驯化中农家保护下水稻地方品种基因组的选择特征

## 重要论著

D Cui, HF Lu, CF Tang, JM Li, XX A, TQ Yu, XD Ma, EL Zhang, YJ Wang, GL Cao, FR Xu, YL Qiao, LY Dai, RQ Li, SL Tian, HJ Koh, LZ Han. Genomic analyses reveal selection footprints in rice landraces grown under on-farm conservation conditions during a short-term period of domestication. *Evolutionary Applications*, 2019, DOI: 10.1111/eva.12866.

B Han, XD Ma, D Cui, YJ Wang, LY Geng, GL Cao, H Zhang, HJ Koh, LZ Han. Analysis of evolutionary relationships provides new clues to the origins of weedy rice. *Ecology and evolution*, 2019, DOI: 10.1002/ece3.5948.

XD Ma, B Han, JH Tang, JN Zhang, D Cui, LY Geng, HY Zhou, MM Li, LZ Han. Construction of chromosome segment substitution lines of Dongxiang common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) in the background of the japonica rice cultivar Nipponbare (*Oryza sativa* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, 2019(144): 274–282.

XD Ma, JN Zhang, B Han, JH Tang, D Cui, LZ Han. FLA, which encodes a homolog of UBP, is required for chlorophyll accumulation and development of lemma and palea in rice. *Plant Cell Reports*, 2019 (38):321–331.

耿雷跃, 马小定, 崔迪, 张启星, 韩冰, 韩龙植. 水稻全生育期耐盐性鉴定评价方法研究. *植物遗传资源学报* 2019, 20 (2): 267–275.

周健, 崔迪, 赵洙敏, 孙建昌, 黎毛毛, 马小定, 王先俱, 李相奎, 赵焱贤, 朴东洙, 郭晓红, 韩龙植. 不同年代水稻品种主要农艺性状的表型评价. *植物遗传资源学报*, 2019, 20 (6): 1567–1579.

## 研究组成员

马小定 助理研究员 崔迪 助理研究员  
曹桂兰 实验师

## 博士后

韩冰 刘进

## 研究生

耿雷跃 张立娜 唐江红 张佳妮 周健  
唐如玉 雷丽霞 王翠利 沈航 罗兰



## SETARIA GENETIC RESOURCES

### 谷子基因资源创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

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*, 2019, 70(4):1167-1182.

MC Zhao, H Zhi, X Zhang, GQ Jia, XM Diao. Retrotransposon-mediated DELLA transcriptional reprogramming underlies semi-dominant dwarfism in foxtail millet. *The Crop Journal*, 2019, 7(4):458-468.

刁现民. 禾谷类杂粮作物耐逆和栽培技术研究新进展. *中国农业科学*, 2019, 52(22):3943-3949.

贾冠清, 孟强, 汤沙, 张仁梁. 主要农作物驯化研究进展与展望. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(6):1355-1371.

#### 代表性知识产权

20151944.6, 中谷 1

20151945.5, 中谷 2

20151946.4, 中谷 5

CNA20170076.6, 中谷 7

CNA20170077.5, 中谷 8

#### 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 贺强

#### 研究生

张硕 王海龙 唐婵娟 王恩博 孟强

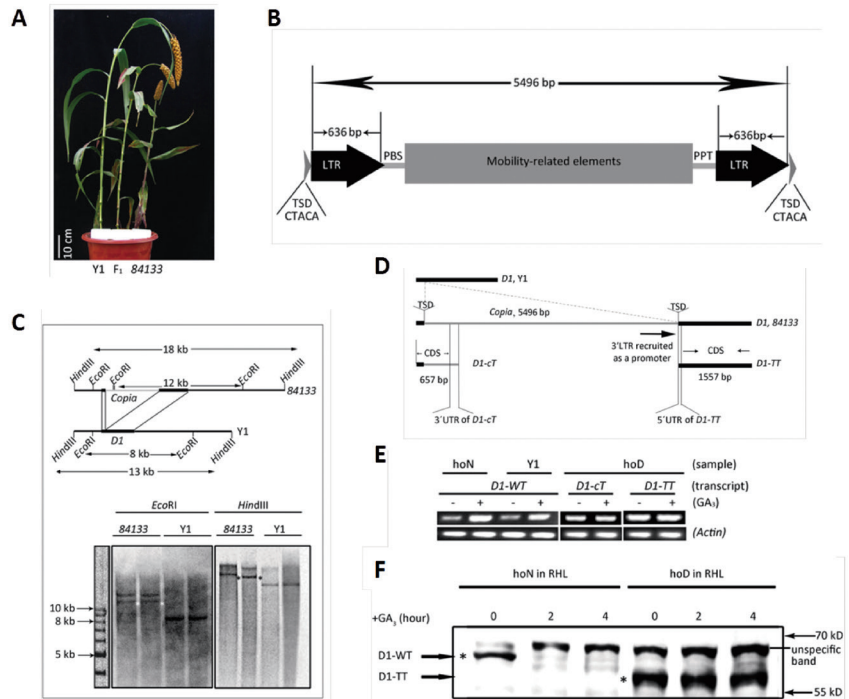
张伟 张仁梁 刘霁虹 左荣俊 杨军军

任芹勇 李传宗 田宝 高远瞩 王琦

张卉 王倩 张慧 满欣雨

#### 亮点工作

株高是影响作物产量的重要性状，也是制约谷子产业化发展的关键限制因素。培育矮化，抗倒伏适宜机械化收获的谷子新品种是解决这一问题的主要途径。通过种质资源筛选鉴定，获得了一个赤霉素不敏感的谷子显性矮秆突变体 **84133**，并开展了相关遗传解析：利用图位克隆的方法分离了致矮基因 *D1*，该基因编码了 GRAS 家族的 DELLA 蛋白，通过序列分析表明，在 **84133** 矮秆突变体中，*D1* 的编码区被一个约 5.5kb 的 copia 反转座子插入从而造成转录本被截断，形成了两个转录本 *D1-cT* 和 *D1-TT*，从而破坏了基于 DELLA 蛋白降解途径的赤霉素信号的正常转导，进而导致了植株的矮化。这一研究也为转座子介导新基因的产生理论增加了新的植物学证据。



谷子显性矮秆基因的克隆解析

A. 矮秆突变体 84133 与正常株高谷子 Y1; B. Copia 反转座子的结构; C. 反转座子插入事件的验证; D. 基因序列结构的影响; E. 不同转录本的赤霉素响应; F. 蛋白降解对赤霉素响应

## BUCKWHEAT GENETIC RESOURCES

### 荞麦基因资源创新研究组

周美亮，研究员，博士生导师。2014 年获荷兰莱顿大学理学博士学位。现任国际荞麦协会常务理事、中国作物学会常务理事。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

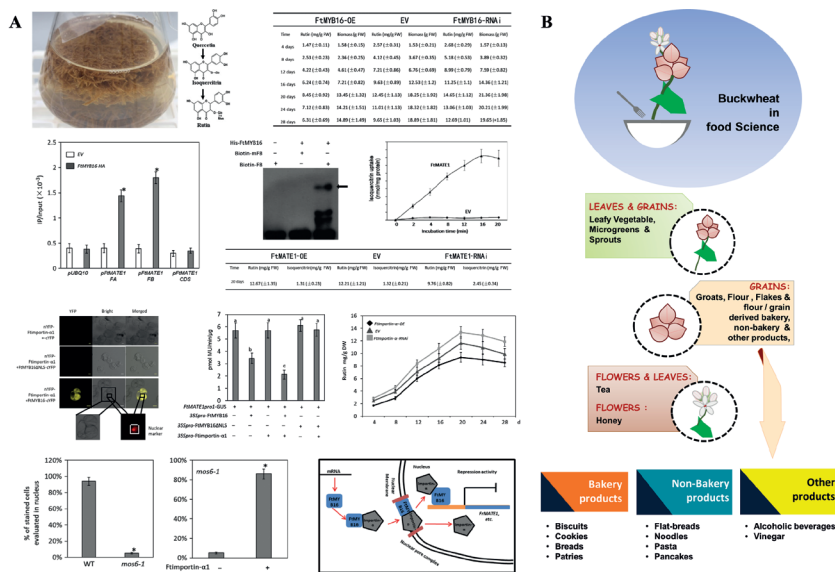
主页: http://zhoumeiliang.icascaas.com.cn



### 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。为了研究芦丁合成调控的相关机制，对苦荞基因组数据和转录组数据进行分析，筛选与芦丁、槲皮素密切相关的基因，发现受茉莉酸调控的 R2R3 类 MYB 转录抑制子 FtMYB16 在苦荞毛状根体系中显著抑制芦丁的生物合成，其在根中高度表达，与多药和有毒化合物排出家族 (MATE) 转运基因 FtMATE1 紧密共表达，转运异槲皮苷，促进芦丁积累。FtMYB16 直接抑制 FtMATE1 基因表达和芦丁生物合成。 $\alpha$  输入蛋白 Ftimportin- $\alpha$  直接介导 FtMYB16 在细胞核产生抑制作用。研究揭示了转运基因 MATE 在芦丁生物合成中的功能，并建立了一个 MYBTFs / importin- $\alpha$  核质转运模式 (图 A)。

创新组受邀发表世界荞麦学科研究进展综述性论文。该论文首先以荞麦种质资源为中心，对荞麦属植物的形态特征、栽培历史、种类及亲缘关系进行了详尽的论述，突出了我国西南地区作为全世界荞麦多样性中心和栽培荞麦起源驯化中心的独特地位；围绕荞麦的营养价值与品质性状进行逐一论述，对荞麦富含的生物类黄酮、酚类物质、糖醇和手性肌醇等生物活性成分进行了综述，突出了荞麦具有极高的保健养生价值；基于近年来医学、生物学、天然药物化学等方面的研究成果，对荞麦在医药研究领域的潜力进行了概述，论证了荞麦在医药研究领域同样具有极大的开发价值；以基因组学、代谢组学技术为主要切入点，详细论述了生命组学技术在荞麦科研领域取得的研究进展；并对荞麦营养品质提升与分子育种提出了几点建议和发展策略 (图 B)。



荞麦分子机制研究和应用

A. FtMYB16 通过调控 FtMATE1 控制芦丁合成机制; B. 荞麦在食品科学中的广泛应用

### 重要论著

Li J, Zhang K, Meng Y, Li Q, Ding M, Zhou M. FtMYB16 interacts with Ftimportin- $\alpha$  1 to regulate rutin biosynthesis in tartary buckwheat. *Plant Biotechnology Journal*. 2019, 17:1479-1481.

Joshi DC, Zhang K, Wang C, Chandora R, Khurshid M, Li J, He M, Georgiev MI, Zhou M. Strategic enhancement of genetic gain for nutraceutical development in buckwheat: A genomics-driven perspective. *Biotechnology Advances*. 2019, <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2019.107479>.

Chen C, Zhang K, Khurshid M, Li J, He M, Georgiev MI, Zhang X, Zhou M. MYB transcription repressors regulate plant secondary metabolism. *Critical Review in Plant Sciences*. 2019, 38:159-170.

范昱, 丁梦琦, 张凯旋, 杨克理, 唐宇, 方涛, 严俊, 周美亮. 荞麦种质资源概况 [J]. 植物遗传资源学报. 2019, 20(4): 813-828.

唐宇, 邵继荣, 周美亮. 中国荞麦属植物分类学的修订 [J]. 植物遗传资源学报. 2019, 20(3): 646-653.

### 研究组成员

张凯旋 助理研究员

### 博士后

何 铭 何毓琦 Essam Elshamey  
Muhammad Khurshid Muhammad Asaf Khan

### 研究生

赵 辉 陈 诚 李世娟 范昱 卢晓玲  
伍小芳 高国应 左倩 杨迪 郝彦蓉  
翁文凤 李金龙



## 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。2008年获中国农业大学作物遗传育种专业农学博士学位。现任农业农村部小宗粮豆专家指导组副组长。

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

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

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

#### 重要论著

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

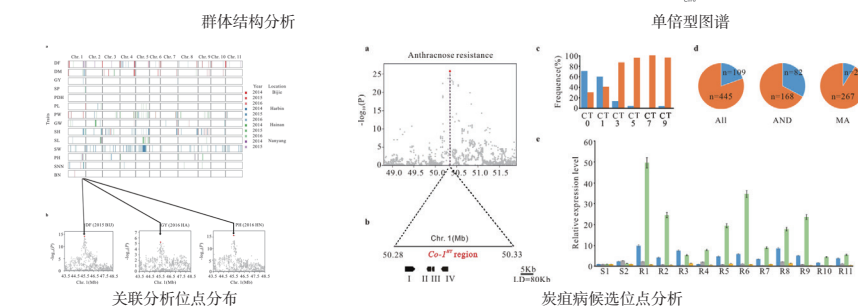
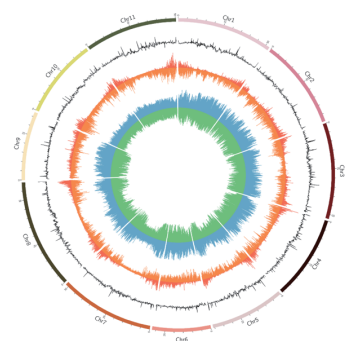
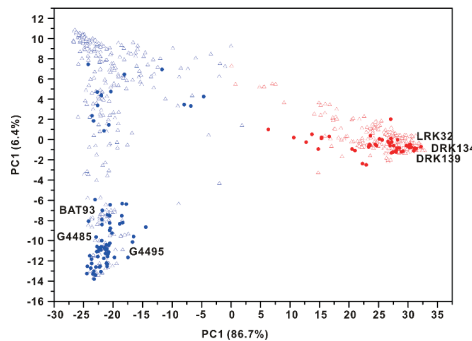
#### 研究生

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

683 份普通菜豆核心种质精准鉴定。2014-2016 年连续三年，在纬度跨度较大、光周期差异明显的哈尔滨、南阳、毕节、三亚，对国内外广泛来源的 683 份普通菜豆核心种质的基本农艺性状、产量性状、籽粒特性、病虫害等 20 个表型进行了精准鉴定，为阐明菜豆资源的遗传构成和新基因挖掘奠定了基础。研究揭示，上述种质来源于中美和安第斯两个基因库，中美基因库资源的遗传多样性低于安第斯基因库，Mesoamerica 和 Nueva Granada 是中国资源的优势类型，揭示普通菜豆遗传多样性和群体结构。产量性状全基因组关联分析挖掘出 505 个产量性状关联位点，1 号染色体末端是基因富集区，为开展高产、抗病育种提供了大量的基因位点信息。( *Nature Genetics*, 2020 )。

豌豆、绿豆、小豆种质资源创新利用。豌豆资源 G0000866 通过 EMS 诱变创新，培育成“中秦 1 号”，早熟性、单产水平、纯度、商品品质、口感均优于“中豌 6 号”，可全面替代严重退化的“中豌 6 号”，提供生产利用；该品种 2018 年 11 月获得国家植物新品种保护权，2019 年 10 月完成品种施权权转让 120 万元。通过人工杂交、系选等，选育出不同籽粒色、耐荫性强的绿豆、小豆新品种 8 个，既促进了北京林下经济的发展，也满足了市场需求的多样化。



Wu Jing, et al., *Nature Genetics*, 2019

普通菜豆产量性状全基因组关联分析

## RICE FUNCTIONAL GENOMICS

## 水稻功能基因组学创新研究组

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

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

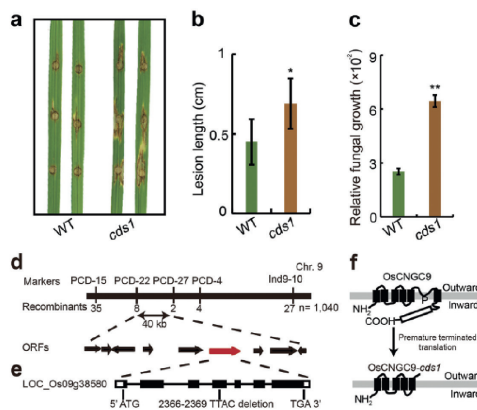
Email: wanjianmin@caas.cn 电话: 010-82105837

主页: http://wanjianmin.icscaas.com.cn

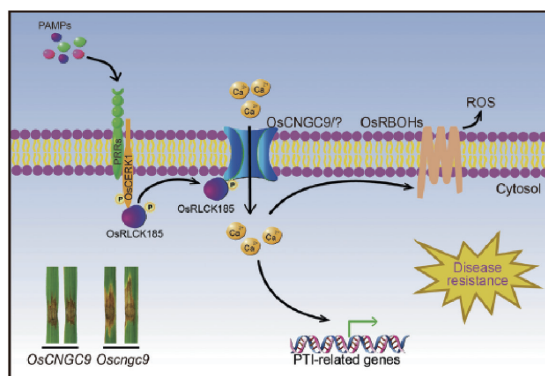


## 亮点工作

稻瘟病严重危害水稻产量和品质, 是世界范围内最具破坏性的水稻病害之一。在模式触发的免疫 (pattern-triggered immunity, PTI) 反应过程中, 细胞质中钙离子浓度的瞬时上升一直被认为是植物 PTI 反应的早期核心事件之一。但水稻中负责介导这一过程的钙离子通道仍然未知。我们以一个苗期稻瘟病抗性减弱的水稻突变体为材料, 通过图位克隆的方法鉴定了一个编码环核苷酸离子通道蛋白的基因 *OsCNGC9*, 其正调水稻苗期稻瘟病抗性。*OsCNGC9* 被进一步鉴定为一个钙离子通道蛋白。进一步的研究还发现, 一个水稻 PTI 相关的类受体激酶 *OsRLCK185* 可以与 *OsCNGC9* 互作并磷酸化 *OsCNGC9*。通道活性分析表明: *OsRLCK185* 能够激活 *OsCNGC9* 的钙通道活性, 并且这种激活依赖于 *OsRLCK185* 的激酶活性。利用转基因手段过表达 *OsCNGC9* 基因显著提高了水稻的 PTI 反应和苗期稻瘟病抗性, 这初步展现了 *OsCNGC9* 在水稻抗病遗传改良中的潜在应用价值。该研究建立了一条从病原菌识别到钙离子通道激活的免疫信号传导途径, 填补了植物 PTI 反应中缺失的重要一环, 也为利用 *OsCNGC9* 进行水稻抗病遗传改良提供了理论基础 ( *Cell Research*, 2019 )。



*cds1* 的苗期稻瘟病抗性和图位克隆



*OsCNGC9* 调控水稻苗期稻瘟病抗性的模式图

## 重要论著

JC Wang, X Liu, A Zhang, YL Ren, FQ Wu, G Wang, Y Xu, CL Lei, SS Zhu, T Pan, YF Wang, H Zhang, F Wang, YQ Tan, YP Wang, X Jin, S Luo, CL Zhou, X Zhang, JL Liu, S Wang, LZ Meng, YH Wang, X Chen, QB Lin, X Zhang, XP Guo, ZJ Cheng, JL Wang, YL Tian, SJ Liu, L Jiang, CY Wu, ET Wang, JM Zhou, YF Wang, HY Wang, JM Wan. A cyclic nucleotide-gated channel mediates cytoplasmic calcium elevation and disease resistance in rice. *Cell Research*, 2019, 29: 831-848.

WJ Tang, J Ye, XM Yao, PZ Zhao, W Xuan, YL Tian, YY Zhang, S Xu, HZ An, GM Chen, J Yu, W Wu, YW Ge, XL Liu, J Li, HZ Zhang, YQ Zhao, B Yang, XZ Jiang, C Peng, C Zhou, W Terzaghi, CM Wang, JM Wan. Genome-wide associated study identifies NAC42-activated nitrate transporter conferring high nitrogen use efficiency in rice. *Nature Communications*, 2019, 10: 5279.

EC Duan, YH Wang, XH Li, QB Lin, T Zhang, YP Wang, CL Zhou, H Zhang, L Jiang, JL Wang, CL Lei, X Zhang, XP Guo, HY Wang, JM Wan. OsSH1 Regulates Plant Architecture Through Modulating the Transcriptional Activity of IPA1 in Rice. *The Plant Cell*, 2019, 31:1026-1042.

MM Wu, YL Ren, MH Cai, YL Wang, SS Zhu, JP Zhu, YY Hao, X Teng, XP Zhu, RN Jing, H Zhang, MS Zhong, YF Wang, CL Lei, X Zhang, XP Guo, ZJ Cheng, QB Lin, J Wang, L Jiang, YQ Bao, YH Wang, JM Wan. Rice FLOURY ENDOSPERM10 encodes a pentatricopeptide repeat protein that is essential for the trans-splicing of mitochondrial nad1 intron 1 and endosperm development. *New Phytologist*, 2019, 223(2): 736-750.

## 代表性品种

水稻, 宁香粳 11, 国审

## 代表性知识产权

ZL201510295597.1, 一种水稻穗顶部生长发育相关蛋白及其编码基因与应用

## 研究组成员

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

## 博士生

刘金灵 汪欲鹏

## 研究生

刘天珍	张锋	陈韦韦	罗胜	孟立志
董坤	刘鑫	齐烟舟	王建	颜梦圆
张冰雷	张瑾晖	邕长燕	冯淼	金鑫
李帅	闫文秀	张侯达	张馨月	邢欣欣
万戈兴	杨文琨	寻子琦	常艳琦	陈煜
孙树君	柴骏韬	王家昌	王潘	尤小满
巫明明	蔡茂红	王茜	荆若男	周春雷
章潇	周亮	尤世民	潘天	于鸣洲
王永飞	王启明	兰杰	雷斌	伍洪铭
雷德坤	包秀浩	张鹏程	张玉	季逸
缪荣	简安琪	孙琦		





## RICE PLANT ARCHITECTURE

### 水稻株型基因解析创新研究组

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.icascaas.com.cn>

#### 重要论著

SA Zafar, SB Patil, M Uzair, JJ Fang, JF Zhao, TT Guo, SJ Yuan, M Uzair, Q Luo, JX Shi, L Schreiber, XY Li. *DEGENERATED PANICLE AND PARTIAL STERILITY 1 (DPS1)* encodes a CBS domain containing protein required for anther cuticle and panicle development in rice. *New Phytologist*. 2019, doi.org/10.1111/nph.16133.

SA Zafar, SS Zaidi, SL Singla-Pareek, OP Dhankher, XY Li, S Mansoor, A Pareek. Engineering abiotic stress tolerance via CRISPR-Cas mediated genome editing. *Journal of Experimental Botany*. 2019, doi: 10.1093/jxb/erz476.

TT Guo, DF Wang, JJ Fang, JF Zhao, SJ Yuan, LT Xiao, XY Li. Mutations in the rice *OsCHR4* gene, encoding a CHD3 family chromatin remodeler, induce narrow and rolled leaves with increased cuticular wax. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019, 20(10): 2567.

SB Patil, S A Zafar, M Uzair, JF Zhao, JJ Fang, XY Li. An improved mesocotyl elongation assay for the rapid identification and characterization of strigolactone-related rice mutants. *Agronomy*. 2019, 9(4):208.

#### 代表性知识产权

ZL201610060955.5, 水稻 *STD1* 基因、其编码蛋白及应用

ZL201610377622.5, 水稻 *MIS1* 蛋白、及其编码基因与应用

ZL201610421531.7, *OsMADS47* 基因在调控水稻粒型中的应用

ZL201610575636.8, 水稻 *RPS3a* 基因及其编码蛋白的应用

ZL201610899861.7, 一种水稻 *MIT1* 基因、其编码蛋白及应用

ZL201710827971.7, 水稻 *RCN20* 基因及其编码蛋白及应用

#### 研究组成员

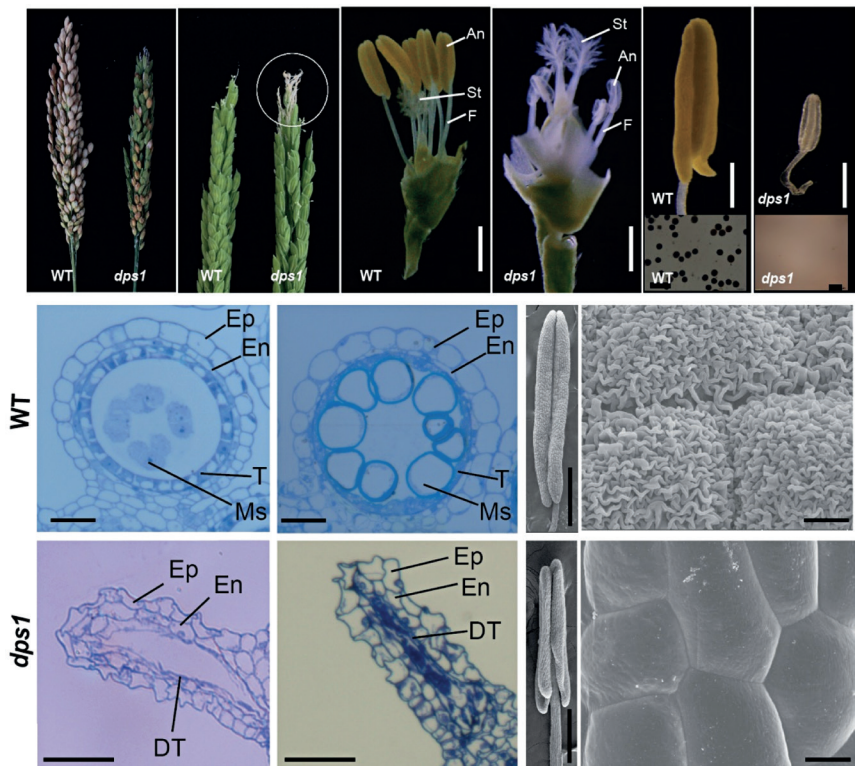
赵金凤 副研究员 房静静 助理研究员  
彭理想 聘用人员 安素涛 聘用人员

#### 研究生

Muhammad Uzair 淳 雁 任蒙蒙 李 露  
尚江源 常 颖 Ashmit Kumar  
Humphrey Mkumbwa 任凡凡 刘 婷

#### 亮点工作

顶端小穗退化和小穗育性降低是水稻结实率低的常见原因。然而，人们对其潜在的分子机制知之甚少。本研究组发现了一个新的水稻突变体 *dps1*，该突变体顶端小穗退化并且中部小穗的育性下降。*dps1* 植株具有小的白色花药、无花粉粒、花药表皮角质层形态改变、腊质和角质含量明显减少等特征。*dps1* 植株的穗部表现出活性氧 (ROS) 积累、抗氧化活性降低、程序性细胞死亡增加。图位克隆结果发现 *DPS1* 编码一种线粒体定位蛋白，该蛋白含有胱硫醚  $\beta$ - 合酶 (CBS) 结构域，在花序和花药中表达最高。研究发现，*DPS1* 与线粒体硫氧还蛋白 Trx1 和 Trx20 互作，并参与活性氧的清除。对 *dps1* 突变体的全基因组表达分析显示，与脂肪酸代谢和活性氧稳态相关的生物学过程均受到显著影响，并且参与蜡质和角质合成的关键基因表达下调。以上结果表明，*DPS1* 在调控水稻体内 ROS 的稳态、花药角质层的形成和穗的发育中起着重要的作用。该研究得到了国家重点研发计划、转基因重大专项和中国农科院科技创新工程的资助 (*New Phytologist*, 2019)。



水稻顶端小穗退化突变体 *std1* 的表型

(水稻 *std1* 突变体顶端小穗退化、没有花粉粒、花药室空瘪、花药角质层结构缺陷)

## WHEAT GENE RESOURCES

### 小麦基因资源挖掘与利用创新研究组

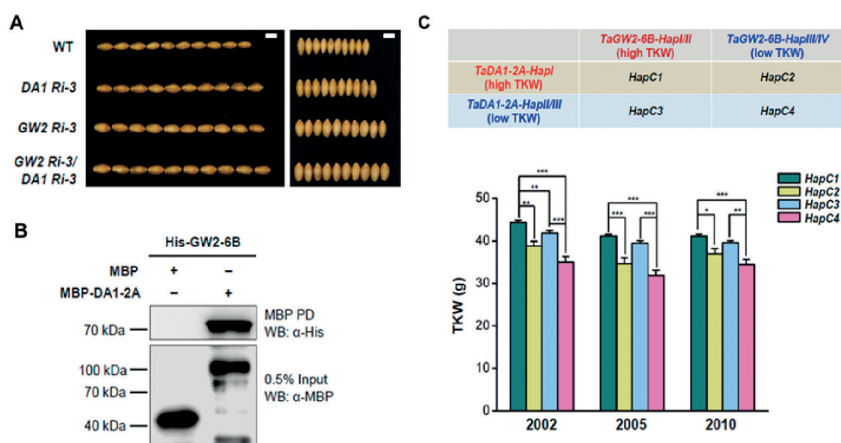
张学勇，研究员，博士生导师。1992 年获中国农科院研究生院农学博士。现任农业农村部作物基因资源与种质创新学科群首席科学家，国家十三五育种专项“主要农作物优异种质资源形成与演化规律研究”项目首席，中国农业科学院小麦基因资源发掘与利用创新团队首席。中国农业科学院农科英才领军人才入选者。研究方向：控制小麦重要性状的关键基因、染色体区段在进化和品种演变过程中的流动；小麦的结构和功能基因组学；小麦产量形成、株型发育、抗旱抗病等新基因的发掘和种质资源创新。

Email: zhangxueyong@caas.cn 电话: 010-82106695  
 主页: http://zhangxueyong.icascaas.com.cn



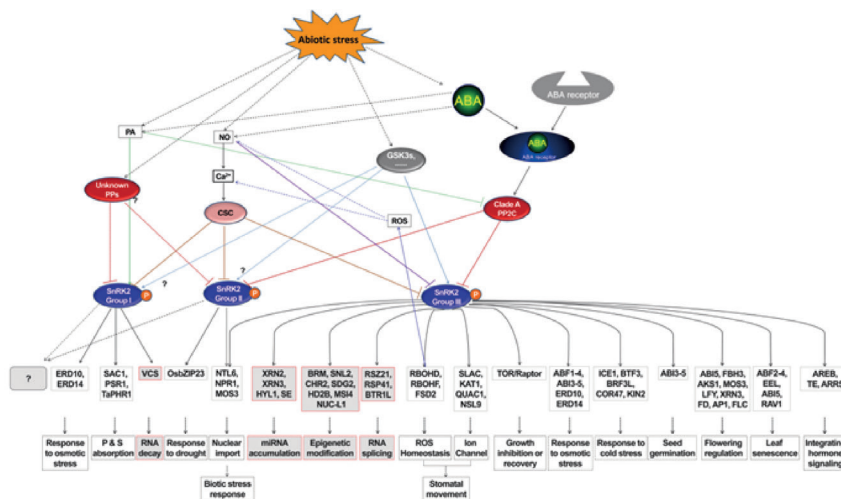
### 亮点工作

解析调控小麦粒重的关键基因及其互作。发现泛素途径上的两个基因 TaDA1 和 TaGW2 均为小麦粒重的负调控因子，干扰其表达均能提高千粒重。基因间存在遗传加性效应。证明 TaDA1 和 TaGW2 发生蛋白-蛋白相互作用，位于同一个生化途径 (*Plant Biotechnology Journal*, 2019)。



TaDA1 和 TaGW2 的遗传类型、生化互作

总结了 SnRK2s 在植物的生长发育和逆境中的调控作用。全面系统地总结了植物 SnRK2 家族在调控性别分化、生长发育、激素信号传导、逆境胁迫应答、氮磷吸收、生长与抑制转换等方面的重要作用 (*Plant and Cell Physiology*, 2019)。



SnRK2s 通过多条代谢途径参与植物生长调节和逆境响应

### 重要奖项

小麦抗旱节水种质控制与利用. 神农中华农业科技二等奖

### 重要论著

- liu H, Li T, Zhang XY et al. *TaDA1*, a conserved negative regulator of kernel size, has an additive effect with *TaGW2* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Biotechnology Journal*, 2019,10.1111/pbi.13298.
- Zhao J, Zhang XY et al. Plasticity in Triticeae centromere DNA sequences: a wheat × tall wheatgrass (decaploid) model. *The Plant Journal*, 2019,100:314-327.
- Li L, Mao XG, Jing RL et al. Genetic dissection of drought and heat-responsive agronomic traits in wheat. *Plant Cell and Environment*, 2019, 42: 2540–2553.
- Wang JY, Jing RL et al. Identification of wheat stress-responding genes and TaPR-1.1 function by screening a cDNA yeast library prepared following abiotic stress. *Scientific Reports*. 2019, 9: 141.
- Mao XG, Jing RL et al. The Sucrose Non-fermenting 1-Related Protein Kinase 2 (SnRK2) genes are multifaceted players in plant growth, development and response to environmental stimulation. *Plant and Cell Physiology*, 2019,doi:10.1093/pcp/pcz230.

### 代表性知识产权

- 201611195844.1, 一种植物籽粒性状相关蛋白及其编码基因和应用
- 201610015709.8, 植物育性相关蛋白及其应用
- 201510736738.9, 植物耐盐相关蛋白 TaPUB15-D 及其编码基因与应用

### 研究组成员

- |                     |           |
|---------------------|-----------|
| 景蕊莲 研究员             | 孔秀英 研究员   |
| 赵光耀 研究员             | 高丽锋 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            |           |
| 董姗姗 顾艳春 柳玉平 赵小雷 章晓曦 |           |
| 刘玉红 石瑞凤 史红丽 张 洁 李嘉璐 |           |
| 荣 洁 刘琳珊             |           |

### 博士后

简超 李龙 刘盼

### 研究生

- |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|------|
| 李 府 | 张雪莹 | 李 玲 | 董纯豪 | 张有富  |
| 李天豹 | 毕晨曦 | 解振诚 | 刘云川 | 赵 静  |
| 张艳菲 | 孔垂正 | 李慧芳 | 武丽芬 | 张 蕾  |
| 李丹萍 | 白彦明 | 苗凌峰 | 张 浩 | 于春美  |
| 张佳玲 | 刘艳娜 | 严 冬 | 陈 欣 | 李玉莹  |
| 庄梦佳 | 王小璐 | 李 畅 | 葱 玮 | Uzma |



## 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。

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

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

#### 重要论著

Ju L, Jing Y, Shi P, Liu J., Chen J, Yan J, Chu J, Chen KM, and Sun J. JAZ proteins modulate seed germination through interacting with ABI5 in bread wheat and Arabidopsis. *New Phytologist*, 2019, 223: 246-260.

He G, Liu J, Dong H, and Sun J. The blue light receptor CRY1 interacts with BZR1 and BIN2 to modulate the phosphorylation and nuclear function of BZR1 in repressing BR signaling in Arabidopsis. *Molecular Plant*, 2019, 12(5):689-703.

Jing Y, Liu J, Liu P, Ming D, and Sun J. Overexpression of TaJAZ1 increases powdery mildew resistance through promoting reactive oxygen species accumulation in bread wheat. *Scientific Reports*, 2019, 9(1):5691.

Dong H, Liu J, He G, Liu P., and Sun J. Photoexcited phytochrome B interacts with BZR1 to repress brassinosteroid signaling in Arabidopsis. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2019, doi:10.1111/jipb.12822.

#### 研究组成员

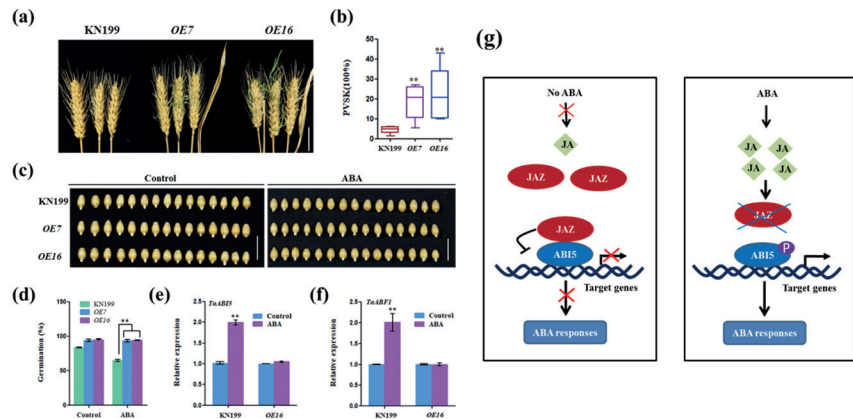
张韞玮 助理研究员

#### 研究生

何冠华 杨宗举 闫百蕾 巨 岚 董慧雪 荆叶醒

#### 亮点工作

谷物种子的休眠缺陷会导致种子在收获前的高温潮湿天气下提前发芽 (PHS), 严重影响产量和品质; 促进作物种子萌发对于播种后生长至关重要。因此, 种子休眠和萌发的适当时机对作物适应各种环境至关重要, 调节作物种子萌发对农业生产具有重要意义。脱落酸 (ABA) 被认为是控制种子休眠和萌发的主要植物激素。已知 ABA 信号传导中的主要转录因子 ABI5 与靶基因启动子的 ABRE (ABA 响应元件) 结合, 调节靶基因表达并最终抑制种子萌发。除 ABA 之外, 茉莉素 (JA) 在调节植物发育和环境反应的各个方面也起着重要作用。但是目前尚不明确 JA 信号是否参与种子萌发。我们在小麦中揭示了 JA 和 ABA 协同调节种子萌发的分子机制。为探究 JA 是否参与小麦种子萌发, 该研究首先在小麦种鉴定了一种与拟南芥 JAZ3 同源性最高的蛋白并命名为 TaJAZ1。研究发现, 过表达 TaJAZ1 的转基因植株穗中的发芽籽粒显著高于对照 KN199。该研究进一步分析了转基因株系对 ABA 的反应, 发现 ABA 处理显著抑制了野生型的种子萌发, 但是对转基因株系无显著影响。ABA 诱导的基因表达模式分析表明, ABA 处理明显诱导了野生型种子中 *TaABI5* 和 *TaABF1* 的表达, 但是这种反应在转基因株系中被破坏。TaJAZ1 是 PHS 以及小麦种子萌发的正调节因子并且 TaJAZ1 负调控 ABA 响应基因的表达。JAZ 蛋白通常与特定的转录因子相互作用以抑制它们的活性, 并且 ABI5 转录因子是 ABA 介导的种子萌发过程中的主要调节因子。通过生化实验, 该研究发现 TaJAZ1 可以直接与小麦 TaABI5 相互作用。该研究阐明了茉莉酸与 ABA 协同调控小麦穗发芽的分子机理, 为小麦穗发芽抗性改良育种提供了新思路。



茉莉酸与脱落酸协同调控小麦穗发芽的分子机理

## WHEAT MOLECULAR GENETICS

## 小麦抗逆分子育种创新研究组

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

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

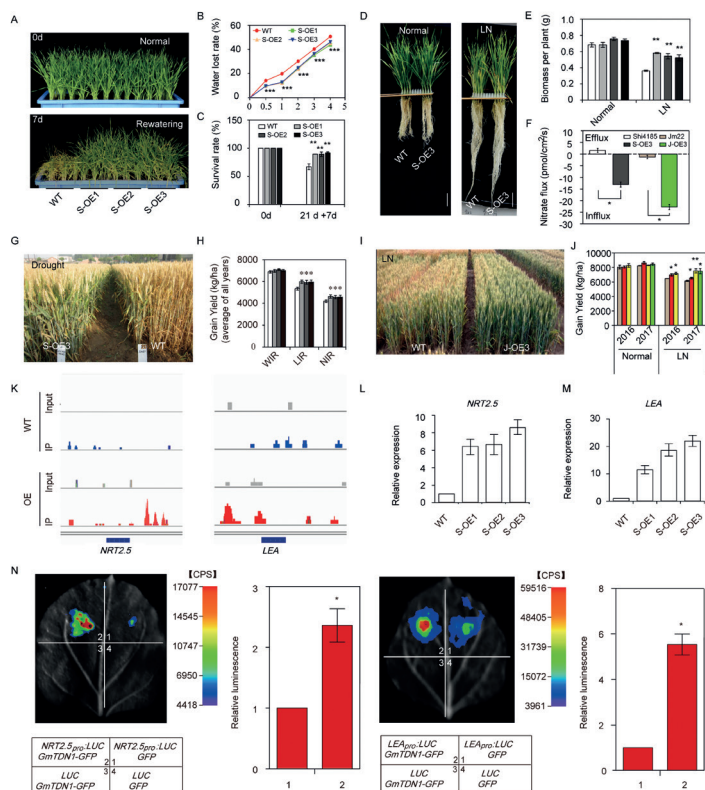
Email: mayouzhi@caas.cn 电话: 010-82109718

主页: <http://mayouzhi.icscaas.com.cn>



## 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, 干旱造成了小麦严重减产; 干旱往往伴随土壤中可利用的氮素降低, 因此干旱通常和低氮同时影响小麦的产量。我们来自大豆的一个 DREB 类转录因子 *GmTDN1* 转入我国当前的两个大面积主栽品种石 4185 和济麦 22, 通过连续多年多点的田间试验证明, 转基因小麦在干旱/节水条件下比受体对照最高增产 13%, 水分利用效率提高 10-20%, 抗旱节水效果明显; 同时我们又进行了多年的田间耐低氮试验, 结果表明转基因植株在低氮条件下仍能保持高产和较强的氮素吸收能力。进一步生化和生理实验分析表明, *GmTDN1* 直接激活大量干旱胁迫相关基因和硝酸盐转运蛋白 *NRT2.5* 的表达, 延长了叶功能期, 增强了转基因小麦光合作用和抗氧化胁迫能力, 转基因小麦比非转基因小麦吸收更多氮。我们的研究证实 *GmTDN1* 同时具有对干旱和低氮胁迫的抗性, 初步解析小麦干旱和低氮响应的调控网络, 创制了同时具有抗旱节水和耐低氮的小麦品系, 证实了利用一个基因在干旱和低氮胁迫下保持小麦高产的有效策略。



过表达 *GmTDN1* 提高了转基因小麦抗旱性和耐低氮性

A. 室内干旱表型; B. 失水率; C. 存活率; D. 低氮水培表型; E. 生物量; F. 硝酸盐流速; G. 田间干旱表型; H. 产量表现; I. 田间低氮表型; J. 产量表现; K. *GmTDN1* 与启动子 binding; L-M. 下游基因表达量; N. 转录激活活性

## 重要论著

XY Cui, Y Gao, J Guo, TF Yu, WJ Zheng, YW Liu, J Chen, ZS Xu, YZ Ma. BES/BZR Transcription Factor TaBZR2 Positively Regulates Drought Responses by Activation of TaGST1. *PLANT PHYSIOLOGY*. 2019, 180(1): 605-620.

YB Zhou, M Chen, JK Guo, YX Wang, YZ Ma. Overexpression of the Soybean (Glycine Max) DRE-binding Transcription Factor GmDREB1 Enhanced Drought Stress Tolerance of Transgenic Wheat in the Field. *Journal of Experimental Botany*. 2019, doi: 10.1093/jxb/erz569.

XN Wei, HJ Xu, W Rong, XG Ye, ZY Zhang. Constitutive expression of a stabilized transcription factor group VII ethylene response factor enhances waterlogging tolerance in wheat without penalizing grain yield. *Plant Cell and Environment*. 2019, 42:1471-1485.

X Liu, XL Zhu, XN Wei, CG Lu, FD Shen, XW Zhang, ZY Zhang. The wheat LLM-domain-containing transcription factor TaGATA1 positively modulates host immune response to *Rhizoctonia cerealis*. *Journal of Experimental Botany*. 2019, doi:10.1093/jxb/erz409.

## 代表性知识产权

ZL201410743789.X, 抗逆相关蛋白在调控植物抗逆性中的应用

ZL201410743816.3, 抗逆相关蛋白及其编码基因在调控植物抗逆性中的应用

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

ZL201610213546.4, 小麦抗病相关蛋白 TaCAD12 及其相关生物材料与应用

ZL201610152596.6, 小麦抗病蛋白与编码基因及其在调控植物抗病性中的应用

ZL201610133713.4, 抗病转 TaMYB-KW 基小麦的培育方法及其相关生物材料与应用

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

## 研究组成员

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

## 研究生

张向展 李波 赵书平 王开 刘英  
陈璐 马晓军 陈凯 罗明昭 赵娟莹

## 博士后

于太飞 唐文思



## MAIZE MOLECULAR GENETICS 玉米分子遗传改良创新研究组

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

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

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

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

### 重要论著

Li L, Du Y, He C, Dietrich C R, Li J, Ma X, Wang R, Liu Q, Liu S, Wang G, Schnable P S, and Zheng J, Maize glossy6 is involved in cuticular wax deposition and drought tolerance, *J Exp Bot*, 2019, 70(12):3089-3099.

Ren Z, Fan K, Fang T, Zhang J, Yang L, Wang J, Wang G, and Liu Y, Maize Empty Pericarp602 Encodes a P-Type PPR Protein That Is Essential for Seed Development, *Plant Cell Physiol*, 2019, 60(8):1734-1746.

Hao Y, Wang H, Yang X, Zhang H, He C, Li D, Li H, Wang G, Wang J, and Fu J, Genomic Prediction using Existing Historical Data Contributing to Selection in Biparental Populations: A Study of Kernel Oil in Maize, *The Plant Genome*, 2019, 12(1).

Du X, Fang T, Liu Y, Huang L, Zang M, Wang G, Liu Y, Fu J. Transcriptome Profiling Predicts New Genes to Promote Maize Callus Formation and Transformation. *Frontiers in Plant Science*, 2019, doi:10.3389/fpls.2019.01633.

### 研究组成员

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

### 博士后

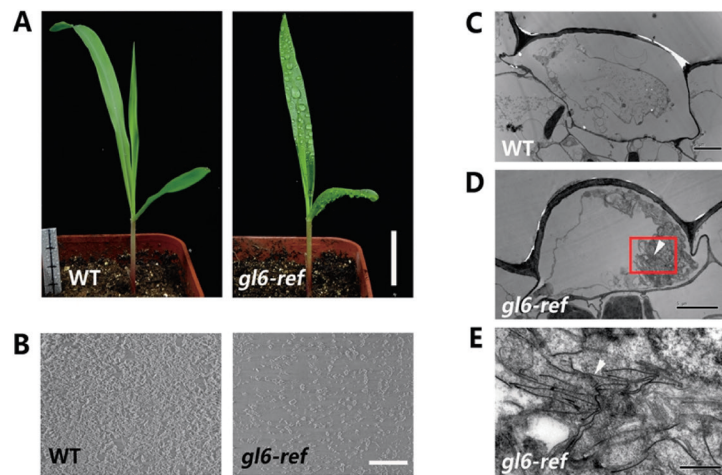
杜雪梅 王逸茹 任珍静

### 研究生

陈全全 陈卫卫 王平喜 范开建 孙明昊  
张凌霄 方婷 杨丽 郭宇航 陈贞  
马育庭 臧茂森 黄俪瑛 李健 张洁  
王哲远 甄斯涵 王晓丽 卢嘉雯 秦阳  
李梦瑶 张肖逢 杨悦 何田利 齐春来  
乌日尼勒 张松 杨媛

### 亮点工作

在大多数陆生植物的表面都覆盖着一层表皮蜡质。它是一类由超长链脂肪酸衍生而来的脂质化合物，对防止植物体内水分散失和其它环境胁迫具有重要作用。在植物中，已经克隆了一些表皮蜡质相关基因，其表达产物调控表皮蜡质的生物合成和转运等。但到目前为止，人们对植物表皮蜡质在细胞内的转运机制还知之甚少。本研究发现，玉米 *glossy6* (简称为 *gl6*) 突变体表现出典型的表皮蜡质累积减少，且该表型缺陷导致玉米苗期对干旱敏感。我们采用分子生物学技术定位并克隆了 *gl6* 基因，发现该基因编码一个未知蛋白。进一步研究结果显示，该蛋白可能参与了玉米表皮蜡质的细胞内转运。该研究为解析玉米及其它植物表皮蜡质的细胞内转运机制提供了新的思路。



*gl6* 突变体的形态特征

## SOYBEAN FLOWERING CONTROL

## 大豆花期调控创新研究组

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

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

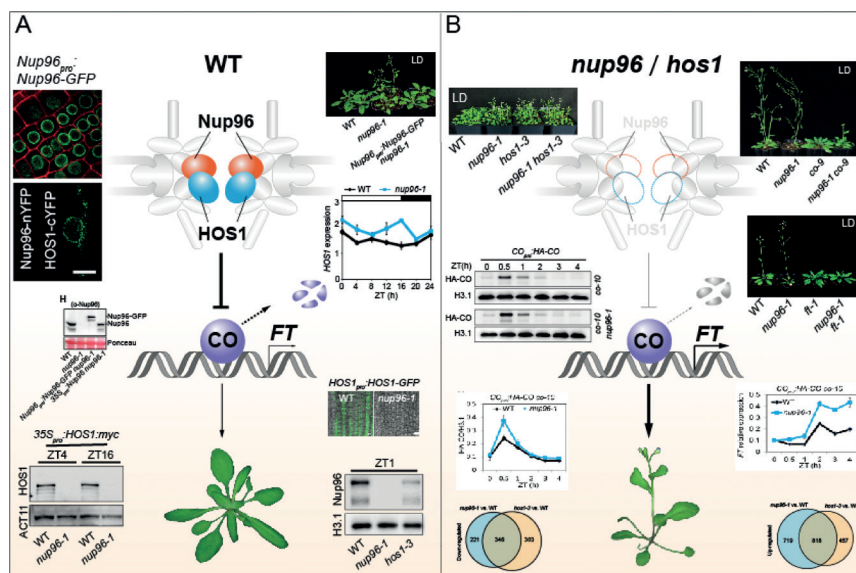
Email: fuyongfu@caas.cn 电话: 010-82105864

主页: <http://fuyongfu.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

Nup96 等核孔蛋白除了参与大分子的核质运输外，还具有广泛的、尚未发现的功能；HOS1 是一种调节植物发育的重要 E3 泛素连接酶；CONSTANS (CO) 蛋白是植物测定日照长度和调控开花的重要元件。我们发现核膜孔蛋白 Nup96 与 E3 泛素连接酶 HOS1 特异在核膜上互作，而且这种互作是 Nup96 与 HOS1 两个蛋白自身稳定所必须的，并且这种稳定性是进一步调节日光感受蛋白 CONSTANS (CO) 代谢的关键。因此，Nup96 与 HOS1 的其中一个基因突变，将导致另一个蛋白降解，进而导致 CO 蛋白积累量增加，从而促进开花。本研究结果不仅阐明植物对光周期感受的一条新调控通路，而且发现核孔蛋白具有调控蛋白稳定性的新功能。进一步对 Nup96/HOS1-CO 通路在时间和发育上的调控机制，有助于更加完整解析植物对光周期感受的分子机制以及探索调控大豆光周期广适应性的新方法。



核孔蛋白与泛素连接酶互作并通过日光感受蛋白调控植物开花  
A. Nup96 与 HOS1 蛋白在核膜上互作，并抑制 CO 的功能，导致植物花期延长；  
B. Nup96 或 HOS1 突变，导致 CO 蛋白积累，从而促进开花

## 重要论著

Cheng Z, Zhang X, Huang P, Huang G, Zhu J, Chen F, Miao Y, Liu L, Fu YF, Wang X. Nup96 and HOS1 Are Mutually Stabilized and Gate CONSTANS Protein Level, Conferring Long-Day Photoperiodic Flowering Regulation in Arabidopsis. *The Plant cell*, 2019, 32, 374-391.

Jiang S, Xiao L, Huang P, Cheng Z, Chen F, Miao Y, Fu YF, Chen Q, and Zhang XM. Nucleoporin Nup98 participates in flowering regulation in a CONSTANS-independent mode. *Plant cell reports*, 2019, 38, 1263-1271.

Paik I, Chen F, Ngoc Pham V, Zhu L, Kim JI, Huq E. A phyB-PIF1-SPA1 kinase regulatory complex promotes photomorphogenesis in Arabidopsis. *Nat Commun.*, 2019, 10 (1):4216.

Wang Y, Yuan L, Su T, Wang Q, Gao Y, Zhang S, Jia Q, Yu G, Fu Y, Cheng Q, Liu B, Kong F, Zhan X, Song CP, Xu X, Xie Q. Light- and temperature-entrainable circadian clock in soybean development. *Plant, cell & environment*, 2019, 43, 637-648.

## 代表性知识产权

ZL201610829848.4, 大豆根的维管束特异表达启动子及其应用

ZL201610946828.5, 大豆根和根瘤特异表达的启动子及其应用

ZL201710284170.0, 转基因大豆事件 GC1-1 外源插入片段旁侧序列及其应用

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

## 研究组成员

张晓玫 副研究员 陈福祿 助理研究员

## 博士生

程志远

## 研究生

陆明洋 黄鹏辉 姜姗姗 吴靓 张明霞



## WHEAT BIOINFORMATICS 小麦生物信息学创新研究组

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

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

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

主页: <http://liujun.icascaas.com.cn>

### 重要论著

XM Zheng, J Chen, HB Pang, S Liu, Q Gao, JR Wang, WH Qiao, H Wang, J Liu, KM Olsen, QW Yang. Genome-wide analyses reveal the role of non-coding variation in complex traits during rice domestication, *Science Advances*, 2019, Vol. 5, no. 12. DOI: 10.1126/sciadv.aax3619.

Zheng Y, Zhan QD, Shi TT, Liu J, Zhao KJ, Gao Y. The nuclear transporter SAD2 plays a role in calcium- and H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-mediated cell death in Arabidopsis, *Plant Journal*, 2019, online.

XH Yang, Y Yang, J Ling, JT Guan, X Guo, DF Dong, LP Jin, SW Huang, J Liu, GC Li. A high-throughput BAC-end analysis protocol (BAC-anchor) for profiling genome assembly and physical mapping, *Plant Biotechnology Journal*. 2019, DOI: 10.1111/pbi.13203.

YL Sun, X Liu, LS Fu, P Qin, T Li, XF Ma, XN Wang. Overexpression of TaBADH increases the salt tolerance in Arabidopsis, *Canadian Journal of Plant Science*, 2019, 99(4): 546-555.

Q He, F Xu, M Min, S Chu, K Kim, Y Park. Genome-wide association study of vitamin E using genotyping by sequencing in sesame (*Sesamum indicum*), *Genes & Genomics*, 2019, (41): 1085-1093.

### 代表性品种

小麦, 东农 127, 国审

### 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 王竞馨

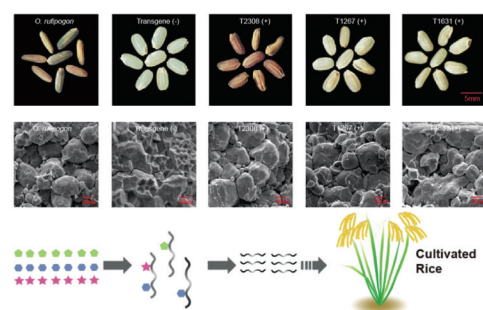
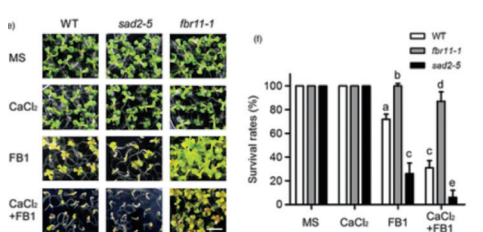
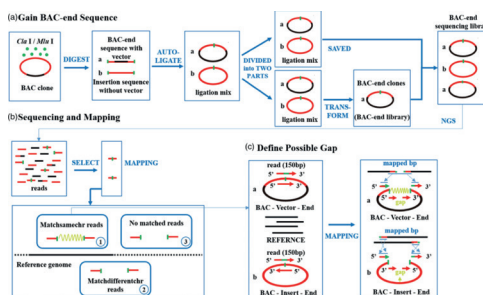
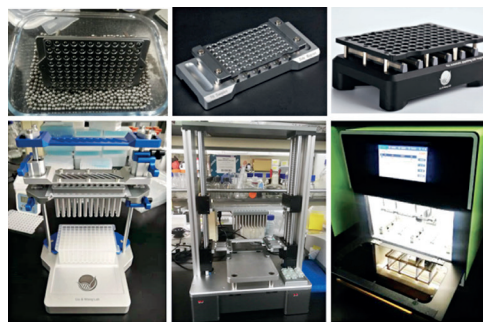
### 亮点工作

自主设计制造了多类型的国产 DNA 提取和标记检测设备, 具有通量高、低成本、质量高、易用耐用、体积小等特点。开发了无 PCR 混池的高通量基因组标记检测系统, 具有混样均一性高、信/噪比高、位点重现性高、建库方案灵活、文库保存时间长等特点。

开发了超长 DNA 片段建库测序和生物信息学工具, 建库长度高达 60-100 KBP。使用二代测序并结合生物信息学分析极大降低了测序分析的成本。能够大幅提升复杂基因组的组装效率。

发现核孔蛋白 SAD2 能够通过钙信号和活性氧途径调控植物细胞凋亡。遗传学实验证明 SAD2 调控植物对 FB1 的敏感性。该作用发生于 FBR11 的下游, 在植物抗病反应过程中其关键作用。

在栽培稻和野生稻中开展基因组和转录组分析, 深入鉴定非编码 RNA, 发现其贡献了大量与驯化相关的基因组变异。三个关键非编码 RNA 在籽粒中调控淀粉合成和色素沉着。提出驯化过程中的多数适应性基因组变异由非编码 RNA 决定的农艺性状演化新模式。



## RICE MOLECULAR GENETICS

## 水稻分子育种创新研究组

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

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

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

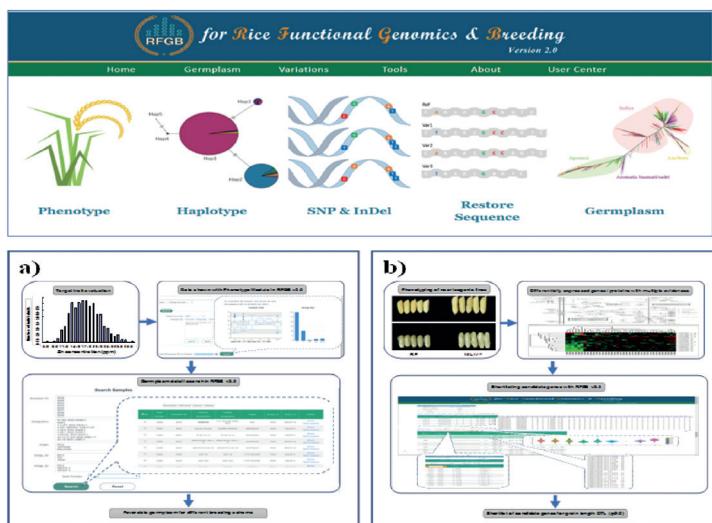
主页: <http://xujianlong.icscaas.com.cn>, [http://www.rmbreeding.cn/profile/Jian-Long\\_Xu.htm](http://www.rmbreeding.cn/profile/Jian-Long_Xu.htm)



## 亮点工作

助力非国家脱贫和农业生产可持续发展。“为非洲和亚洲资源贫瘠地区培育绿色超级稻”是中国科技部与比尔·梅琳达盖茨基金会资助的建国以来我国最大的国际农业科技扶贫项目。项目于 2008 年启动, 由中国农业科学院作物科学研究所牵头, 联合国内外 58 家水稻研究单位, 利用先进的育种技术, 培育出一大批高产、优质、多抗的绿色超级稻 (Green Super Rice, GSR) 新品种, 在 18 个非洲和亚洲目标国家和地区试种、审定和推广。截止 2019 年, GSR 项目共在亚非 18 个目标国家审定品种 78 个, 其中常规稻品种 52 个, 杂交稻品种 26 个, 比当地主栽品种平均每公顷增产 0.89-1.83 吨, 累计种植面积达 612 万公顷, 平均每公顷增收 230.9 美元, 累计增收达 14 亿美元, 160 万的小农户从中受益。该项目为我国西南五省 (宁夏、贵州、四川、云南和广西) 培育 GSR 品种 62 个, 累计推广面积超过 421 万公顷。GSR 品种的迅速推广已对亚非目标国家的粮食安全和扶贫产生了重大影响, 为我国农业走出国门奠定了良好基础。

水稻 FGB 数据库 2.0 版发布。面对重测序种质所产生的海量基因型和表型数据, 如何从中挖掘对于育种有用变异信息已成为分子设计育种的技术瓶颈。水稻分子育种创新研究组于 2015 年在全球 3000 份水稻测序种质基础上, 发布基于 SNP 展示的水稻功能基因组育种 (FGB) 数据库 1.0 版。依据金标参考基因组, 对注释基因编码区、调控区以及其它任意区段进行单倍型归纳整合, 收集整理表型数据, 利用方差分析保护下的成对比较统计方法, 架构了水稻测序资源单倍型分析模块, 将水稻 FGB 数据库升级到 2.0 版 (<http://www.rmbreeding.cn/Index>)。该工作于 2019 年取得突破, 研究结果被 *Plant Biotechnology Journal* 接受发表, 同时获得发明专利授权 1 项, 软著授权 3 项。该工作为育种有利单倍型深入挖掘提供了大数据平台, 为基于重测序种质的作物分子设计育种提供了共享范例。



水稻 FGB2.0 的主页面及应用实例

## 重要论著

- C Liu, Chen K, Zhao X, Wang X, Shen C, Zhu Y, Dai M, Qiu X, Yang R, Xing D, Pang Y, Xu J. Identification of genes for salt tolerance and yield-related traits in rice plants grown hydroponically and under saline field conditions by genome-wide association study. *Rice*, 2019, 12:88.
- F Zhang, Zeng D, Huang L, Shi Y, Chen T, Zhang F, Zhou Y. Stress-Activated Protein Kinase OsSAPK9 Regulates Tolerance to Salt Stress and Resistance to Bacterial Blight in Rice. *Rice*, 2019, 12:80.
- K Chen, Zhang Q, Wang C, Liu Z, Jiang Y, Zhai L, Zheng T, Xu J, Li Z. Genetic dissection of seedling vigor in a diverse panel from the 3,000 Rice (*Oryza sativa* L.) Genome project. *Scientific Reports*, 2019, 9:4804.
- Z Jewel, Ali J, Pang Y, Mahender A, Acero B, Hernandez J, Xu J, Li Z. Developing green super rice varieties with high nutrient use efficiency by phenotypic selection under varied nutrient conditions. *The Crop Journal*, 2019, 7:368-377.

## 代表性品种

水稻, 春两优华占, 国审  
水稻, 春两优 534, 国审  
水稻, 荃优 6 号, 河南省审

## 代表性知识产权

- ZL201610957926.9, 水稻耐盐基因及其紧密连锁分子标记的育种应用  
ZL201510030752.7, 水稻冷胁迫响应基因 SAMDC 的分子标记及应用  
ZL201610890177.2, OsSAPK9 蛋白及其编码基因在提高水稻白叶枯病抗性中的应用  
ZL2017101483633, OsSGT1 蛋白及其编码基因在调控植物耐盐抗性中的应用  
ZL201610808958.2, OsSAPK7 蛋白及其编码基因在提高水稻白叶枯病抗性中的应用  
CNA20173223.2, 春 1995

## 研究组成员

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 王文生 副研究员  
张帆 副研究员 黎志康 研究员  
Shahzad Amir Naveed  
亚非国家杰出青年科学家

## 博士后

王银晓

## 研究生

王杰 卢家玲 Faruquee 杜丰平  
刘晴 李健敏 Ganapati 李全林 翟来圆  
谢自艳 汪娟 商水根 史晓荣 吴越华  
冯远航 王艳茹 王登级 梅松 徐林云





## 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

Ren SC, Song XF, Chen WQ, Lu R, Lucas William J, Liu CM. CLE25 peptide regulates phloem initiation in Arabidopsis through a CLERK-CLV2 receptor complex. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2019, 61(10): 1043-1061.

Gao YL, Yao XF, Li WZ, Song ZB, Wang BW, Wu YP, Shi JL, Liu GS, Li YP, Liu CM. An efficient TILLING platform for cultivated tobacco. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2019, doi: 10.1111/jipb.12784.

### 研究组成员

郭林 助理研究员 马燕玲 助理研究员

### 博士后

杨小雨

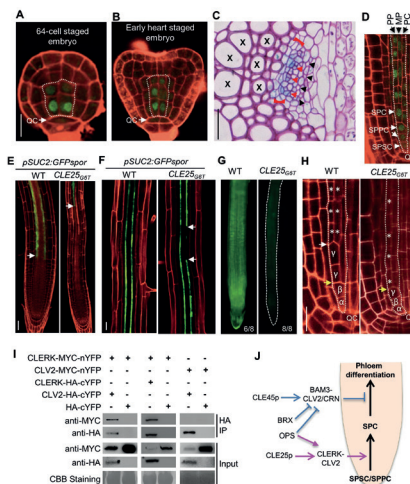
### 研究生

刘丽凤 李蓉 杨谨

### 亮点工作

植物的输送组织是维管束, 由木质部、韧皮部和形成层组成。木质部内有导管分子, 负责将根从土壤中吸收的水分和无机盐输送到地上器官。韧皮部内有高度特化的筛管分子和与之相邻的伴胞细胞。与人的血管相似, 筛管是植物最主要的营养运输通道, 将光合作用所产生的有机物输送到新生器官, 如根尖、茎尖、果实和种子。本研究以拟南芥为材料, 利用遗传学、生理学、细胞生物学和生物化学等手段开展研究, 发现小分子多肽激素 CLE25 通过与一个包括 CLERK 受体激酶和 CLV2 类受体蛋白的复合体作用启动信号转导, 控制植物筛管的发生。

CLE25 多肽由 12 个氨基酸组成。在最新的研究中, 他们发现 CLE25 基因在 64-细胞期胚胎的维管束起始干细胞中开始表达 (图 A), 在早心形期胚胎的维管束起始细胞表达 (图 B), 种子萌发后在根和茎的韧皮部和形成层细胞特异表达 (图 C 和 D)。利用 CRISPR-Cas9 编辑技术对 CLE25 多肽激素编码基因进行敲除, 发现 CLE25 功能缺失的植物筛管分化明显滞后。携带 CLE25 显性负突变多肽的转基因植物呈现短根、莲座叶和腋芽生长比野生型植物更加旺盛的表型。这些植物结实率很低、叶片累积大量淀粉。进一步分析发现其筛管分化滞后和不连续 (图 E 和 F), 筛管运输功能受损 (图 G)。细胞生物学观察发现, 在这些植物根尖中筛管干细胞在分化过程关键的一次平周分裂缺失 (图 H)。启动子替换实验结果表明 CLE25 是以一种非细胞自主性方式发挥作用, 且 CLE25 在根尖分生区的表达对其功能必需。为了进一步阐述 CLE25 多肽激素的信号转导机理, 他们通过对携带 CLE25 显性负突变多肽的转基因植株进行诱变和筛选、对 174 个 LRR-RK 受体激酶的 T-DNA 插入突变体进行体外 CLE25 多肽处理, 发现感受 CLE25 多肽激素信号的是 CLERK 受体激酶和 CLV2 类受体蛋白。这两个蛋白可以直接相互作用, 形成复合体 (图 I)。CLERK 的表达模式与 CLE25 部分重叠, 在胚胎发育过程中均是从球形胚时期开始表达。这一研究结果阐明, CLE25 编码的小分子多肽激素通过 CLERK-CLV2 受体复合体发挥作用控制植物的筛管分化 (图 J)。



CLE25 通过 CLERK-CLV2 受体复合体调控植物筛管分化

## REGULATION OF GRAIN DEVELOPMENT

## 水稻籽粒发育调控创新研究组

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

研究方向：水稻籽粒发育与油菜素内酯调控机制解析及作物分子设计利用。

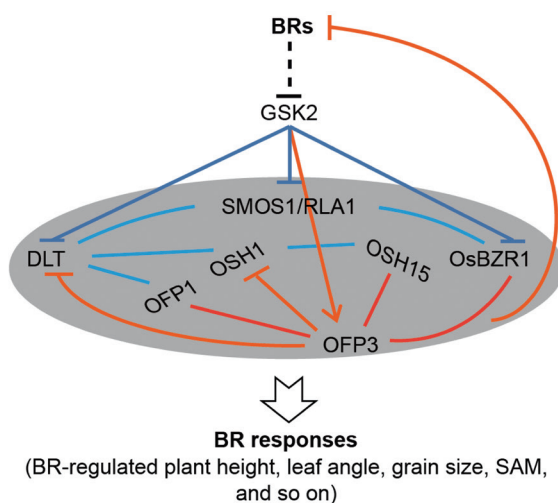
Email: tonghongning@caas.cn 电话: 010-82108748

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



## 亮点工作

油菜素内酯 (BR) 是一类重要的植物激素，调控着水稻株高、叶夹角、籽粒大小等诸多重要农艺性状。近年来，BR 信号传导研究进展迅速，但其精细调控机制还不清楚。我们在前期工作中相继克隆鉴定了水稻中 BR 信号传导途径中多个重要组分 DLT、GSK2、GRF4 等 (Tong et al., 2009; Tong et al., 2012; Che et al., 2015)，并提出了以 GSK2 负调控因子为核心在蛋白水平调控下游转录因子功能来介导 BR 应答反应的模型 (Tong and Chu, 2012; 2018)。一系列研究表明，BR 在不同条件下对水稻生长发育存在精细调控，如生理浓度下 BR 促进细胞伸长，而高浓度 BR 则抑制伸长 (Tong et al., 2014, Tong et al., 2016)。通过筛选先后鉴定了两个 Ovale 家族蛋白 OFP1 和 OFP3，它们与 DLT 和 GSK2 均能互作。研究发现，OFP1 是 BR 信号传导途径中的正调控因子，特异性受高浓度 BR 诱导，可能参与高水平 BR 对 GA 含量和株高的抑制作用 (Xiao et al., 2017)。有趣的是，尽管 OFP3 与 OFP1 亲源关系非常近，功能却相反。OFP3 能与 BR 信号传导途径下游的多个组分互作，不仅抑制 BR 信号，还抑制 BR 合成。BR 抑制 OFP3 蛋白稳定性，而 GSK2 则能磷酸化 OFP3 使其更加稳定，而高浓度 BR 会诱导 OFP3 降解。该研究成果揭示了 OFP3 作为 BR 信号传导途径中的负调控因子参与下游转录因子之间的相互作用，暗示 OFP3 可能作为一个激素信号的稳定子发挥作用，进而调控 BR 应答反应，丰富了人们对水稻中 BR 信号调控机制的认识 (Xiao et al., 2020)。



OFP3 与其它 BR 信号传导途径组分互作调控 BR 应答反应模型

## 重要论著

Li Q, Lu J, Zhou Y, Wu F, Tong H, Wang J, Yu J, Zhang C, Fan X, and Liu Q. Abscisic Acid Represses Rice Lamina Joint Inclination by Antagonizing Brassinosteroid Biosynthesis and Signaling. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(19), 4908.

## 研究组成员

孟文静 助理研究员 牛梅 助理研究员

## 博士后

殷文超 刘大普

## 研究生

张晓星 刘霁虹 董娜娜



## 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

Dong L, Qi X, Zhu J, Liu C, Zhang X, Cheng B, Mao L, and Xie C. Super-sweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, doi.org/10.1111/pbi.13144.

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.

Gua J, Diego C, Yun Z, Rudi A, Li A, and Mao L. (2019). The Battle to Sequence the Bread Wheat Genome: A Tale of the Three Kingdoms. *GPB* (in press).

Zhang R, Geng S, Qin Z, Tang Z, Liu C, Liu D, Song G, Li Y, Zhang S, Li W, Gao J, Han X, Li G. The genome-wide transcriptional consequences of the nullisomic-tetrasomic stocks for homoeologous group 7 in bread wheat[J]. *BMC Genomics*, 2019, 20(1).

Zhang Z, Li A, Song G, Geng S, Gill B, Faris J, Mao L. Comprehensive analysis of Q gene near isogenic lines reveals key molecular pathways for wheat domestication and improvement. *Plant Journal*. 2019, doi: 10.1111/TPI.14624.

陈凯, 孙国梁, 宋高原, 李爱丽, 谢传晓, 毛龙, 耿帅锋. (2019). 一个 CRISPR/Cas9-VQR 基因编辑系统的构建. *作物学报* 45, 848-855.

#### 代表性知识产权

ZL2015107443344, 小麦 TaAGO4a 基因 CRISPR/Cas9 载体及其应用

#### 研究组成员

李爱丽 研究员 耿帅锋 副研究员

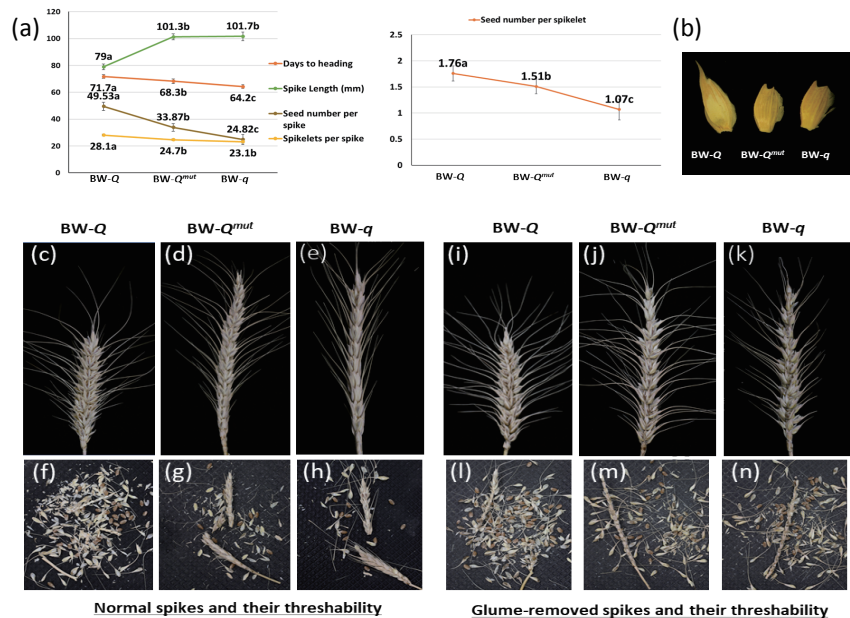
#### 研究生

官健涛 孔星辰 王芳 贾美玲 孙国梁 王振玉 李亚楠

Garcia Castillo Diego Fernando 陶妹 邓中印

#### 亮点工作

小麦 AP2 类转录因子 Q 基因在小麦驯化中发挥重要作用。然而, Q 基因调控驯化性状, 特别是决定自由脱粒性的分子机制, 尚未见报道。我们通过对三个以栽培种 Bobwhite 为背景的 Q 基因近等基因系的穗发育关键时期的转录组分析, 发现了涉及多个通路的约 3000 个差异表达基因。进一步通过表型鉴定、显微观察、转录组和组织特异性基因表达分析, 我们鉴定到了细胞壁合成的次级代谢和颖壳化学组分调节参与了这一重要驯化性状的形成, 同时证明 Q 通过改变小麦颖壳的结构、细胞壁厚度和化学组分来调控脱粒性。我们还发现, Q 基因突变导致减数分裂相关基因的下调表达, 进而影响花粉育性, 并最终影响每穗粒数。对 Q 调控的分子路径的转录组分析有助于我们进一步了解小麦的驯化和改良。



Bobwhite NIL 及其表型差异

## SOYBEAN PHOTOBIOLOGY

## 大豆光信号转导创新研究组

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

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

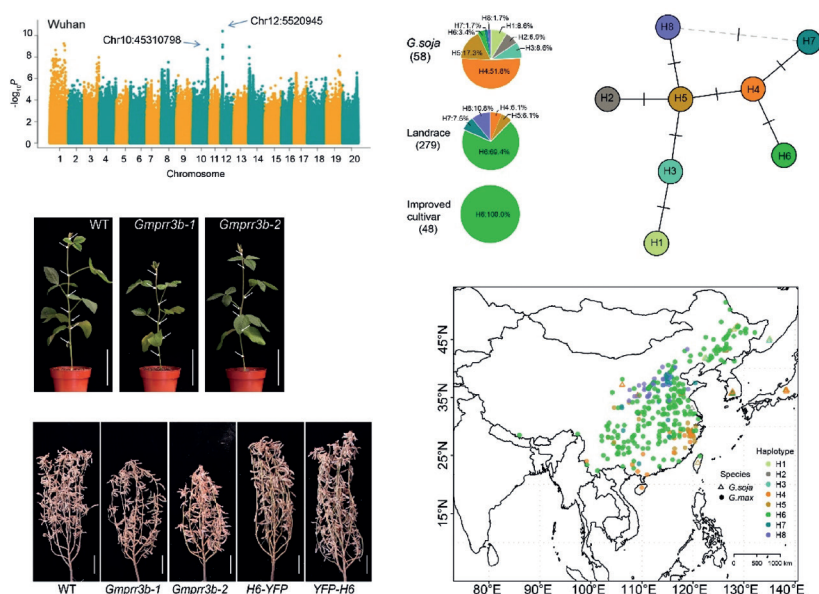
Email: liubin05@caas.cn 电话: 010-82108435

主页: <http://liubin.icscas.com.cn>



## 亮点工作

大豆作为典型的短日照作物，开花期和成熟期对光周期反应极为敏感，限制了优良大豆品种的大范围推广和种植。通过对 279 个大豆品种进行全基因组关联分析 (GWAS)，发现 *GmPRR3b* 基因 (*Glyma.12G073900*) 与大豆开花和成熟时间密切相关。单倍型分析结果表明，*GmPRR3b* 在自然群体中存在至少 8 种单倍型，其中单倍型 H6 在野生大豆、地方品种和主栽品种中所占的比例分别为 3.4%、69.4% 和 100%，表明该单倍型在驯化和品种改良中受到了强烈选择。该单倍型第 8 个外显子上获得了一个终止突变 (Chr12:5520945, C/T)，导致其编码蛋白缺失了 C 末端的 CCT 结构域，从而改变了该蛋白的亚细胞定位和生物学活性，使 H6 相对于其起源单倍型 H4 表现出显著的早花效应。单倍型 H6 转录水平受长日照诱导，并呈现明显的昼夜节律。进一步分子研究结果表明 *GmPRR3b* 可直接抑制生物钟核心基因 *GmCCA1a* 的转录，而 *GmCCA1* 则直接激活 *J/GmELF3a* 基因的表达，从而参与调控生物钟和开花时间。以大豆天隆一号品种为受体，过表达 H6 显著增加主茎节数和产量，而 CRISPR-Cas9 敲除 H6 则导致主茎节数减少，及长日照依赖的晚花表型。综上所述，*GmPRR3b* 基因单倍型 H6 可能同时具有早花和促进生长的效应，从而在大豆适应性遗传改良中受到强烈选择和广泛利用。该工作对改良大豆品种的纬度适应性具有重要的应用价值。



揭示生物钟基因 *GmPRR3b* 在大豆驯化中的功能机制

## 重要论著

Xiong L, Li C, Li H, Lyu XG, Zhao T, Liu J, Zuo Z, and Liu B. A transient expression system in soybean mesophyll protoplasts reveals the formation of cytoplasmic GmCRY1 photobody-like structures. *Sci China Life Sci* 2019, 62, 1070-1077.

## 代表性知识产权

ZL201610121271.1, 水稻开花调节基因 OsWRKY104 在调节植物光周期和开花时间中的应用

## 获奖情况

国家科技进步奖，组蛋白甲基化和小 RNA 调控植物生长发育和转座子活性的机制研究，二等，2019，5/5

## 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 张艳艳 焦辰辰



## RICE DISEASE RESISTANCE

### 水稻抗病基因挖掘与利用创新研究组

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

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

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

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

#### 获奖成果

赵开军 王春连 章琦 刘丕庆 倪大虎 樊颖伦 张晓平 李道远 杨培忠 戚华雄 高英 秦腾飞 郑崇珂 纪志远 江祺祥, 水稻广谱抗白叶枯病基因 Xa23 的发掘与应用。中国农业科学院杰出科技创新奖 (2019)

#### 重要论著

Wang C, Tariq R, Ji Z, Wei Z, Zheng K, Mishra R, Zhao K. Transcriptome analysis of a rice cultivar reveals the differentially expressed genes in response to wild and mutant strains of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*. *Sci Rep.* 2019, 9(1): 3757.

Tariq R., Ji Z., Wang C., Tang Y., Zou L., Sun H., Chen G., Zhao K. RNA-Seq analysis of gene expression changes triggered by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in a susceptible rice genotype. *Rice.* 2019, 12(1):44.

Mishra R., Joshi R.K. and Zhao K., Base editing in crops: current advances, limitations and future implications. *Plant Biotechnol. J.* 2019, doi: 10.1111/pbi.13225. Epub 2019 Aug 15.

徐飞飞, 纪志远, 徐江民, 王福军, 唐永超, 郑凯丽, 王春连, 赵开军, 水稻叶片早衰突变体 wss1 的性状鉴定及分子定位, 植物遗传资源学报 2019, 20 (5): 1239-1246.

#### 代表性品种

水稻, 恒丰优 1770, 广西省南

#### 代表性知识产权

ZL 201510178057.5, 植物抗病蛋白 BjMYB9 及其编码基因和应用

#### 研究组成员

王春连 研究员 纪志远 助理研究员

#### 博士后

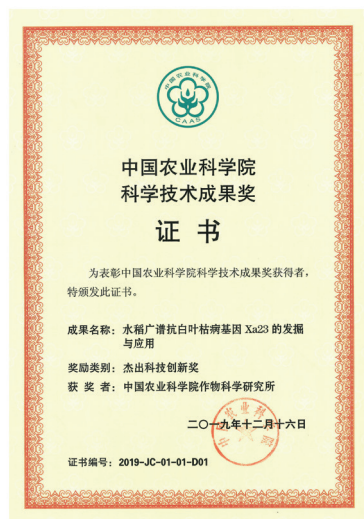
Mohamed Abdelrahman

#### 研究生

Rezwan Tariq 唐永超 卫正 徐江民  
孙宏达 郑宇涵 Sohaib Shafique 李曼  
韦叶娜

#### 亮点工作

水稻白叶枯病是水稻的重要病害之一, 水稻感病后一般减产 20 ~ 30%, 严重时颗粒无收。栽培稻品种因缺乏广谱抗性基因, 多感该病。野生稻蕴藏有栽培稻缺乏的优异基因, 但要从野生稻资源中挖掘出优异抗病基因并在生产上成功利用, 却是一项难度高、耗时长的科技挑战。本实验室与广西农业科学院等单位合作, 自 1987 年开始鉴定广谱高抗白叶枯病野生稻资源, 发掘出了迄今世界上抗谱最广的白叶枯病抗性基因 Xa23, 目前已在水稻生产上大面积应用, 2019 年获中国农业科学院杰出科技创新奖。主要创新点: 1、挖掘出广谱抗白叶枯病野生稻种质 RBB16。从 2000 多份野生稻资源中挖掘出编号为野生稻资源 RBB16, 不仅广谱高抗白叶枯病, 而且其抗病性不受亚种遗传背景的影响, 突破了以往大多抗病资源抗谱偏窄、抗病程度受品种遗传背景影响的困局; 2、创制出超越 IRBB21 广谱抗性的栽培稻新种质 CBB23。将 RBB16 的抗病性导入栽培稻品种, 创制出可供育种利用的广谱抗病新种质 CBB23, 不仅对白叶枯病的抗谱最广, 而且突破了国际标杆性广谱抗白叶枯病资源 IRBB21 (Xa21) 仅在成株期抗病的局限; 3、克隆了目前世界上抗谱最广的白叶枯病抗性基因 Xa23。CBB23 对白叶枯病的广谱高抗特性由一对显性基因 (Xa23) 控制, 通过克服 Xa23 解锁表达导致水稻细胞死亡等四大技术障碍, 成功克隆 Xa23, 其核酸序列与所有已知抗病基因的均不同, 属于十分稀有的 executor 类抗病基因; 4、克隆了病原菌中与 Xa23 基因互作的 avrXa23 基因。构建白叶枯病菌强致病菌 PXO99 的转座子突变体库, 通过鉴定 24192 个突变体, 成功克隆与 Xa23 对应的互作基因 avrXa23; 5、揭示了 Xa23 广谱高抗白叶枯病的分子机理。解析 Xa23-AvrXa23 的互作模式, 揭示出 Xa23 的广谱抗病机理, 为其科学利用奠定了理论基础; 6、育成一批水稻不育系、恢复系、新品种, 驱动我国抗白叶枯病水稻品种升级换代。创建 Xa23 基因分子标记辅助育种技术体系, 被全国 39 个单位利用, 已育成一批含 Xa23 基因的抗病水稻不育系、恢复系和新品种, 覆盖我国整个籼稻区, 为解决白叶枯病危害问题发挥了关键作用。



中国农业科学院杰出科技创新奖证书



杂交稻新品种“恒丰优 1770”在广西大面积种植

## CROP QUANTITATIVE GENETICS

## 作物数量遗传创新研究组

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

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

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

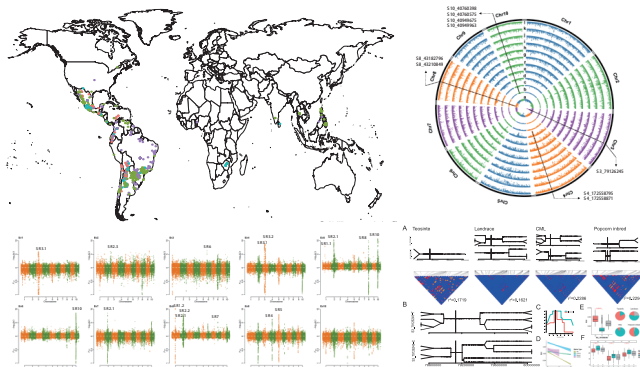
主页: <http://wangjiangkang.icscaas.com.cn>, <http://www.isbreeding.net>



## 亮点工作

玉米爆裂相关性状的遗传结构解析及现代玉米的环境适应性和选择位点分析。爆裂性与玉米重要的驯化过程密切相关, 对爆裂相关性状的研究有助于为玉米的起源和驯化历程提供有用信息。我们与墨西哥国际玉米小麦改良中心 ( CIMMYT ) 合作, 采用简化基因组测序技术 ( tGBS ) 对来自 22 个国家的 1143 个不同玉米品种 / 材料进行基因型分析, 利用 EigenGWAS 研究与 7 个爆裂性状相关联的显著位点, 利用环境全基因组关联分析 ( EnvGWAS ) 研究受选择的位点; 对 570 份 CIMMYT 审定自交系 ( CMLs ) 进行 7 个爆裂相关性状进行了的表型鉴定, 采用 3 套基因型鉴定数据进行全基因组关联分析和选择位点分析; 利用 1143 份材料中 764 份热带玉米地方品种和 355,442 个 SNPs, 对 5 个爆裂相关性状进行全基因组关联分析, 分析了这些显著位点与热带玉米自交系得到检测结果的异同。结合 7 个气象环境因子, EnvGWAS 结果表明其中 2 个区间与环境参数相关, 提出了玉米的多基因适应模型。这些研究不仅提供了很多具有育种价值的位点, 同时也加深了对玉米进化和适应机制的理解, 加深了对爆裂性状及其遗传结构的认识, 有助于了解作物快速应对气候和环境变化的遗传学机制, 为爆裂性状相关基因的克隆和遗传机制解析提供了基础。

多亲后代群体的遗传分析方法和集成计算机分析软件。近十多年来, 人们逐渐开始利用多亲本杂交产生的后代群体开展遗传研究, 但适用于这类群体的遗传分析方法尚不完善。对于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。www.isbreeding.net 提供软件免费下载 ( The Crop Journal, 2019 )。



来自 20 个国家的 1143 份玉米基因组大数据分析结果

## 重要论著

Zhang L, L Meng, J Wang. Linkage analysis and integrated software GAPL for pure-line populations derived from four-way and eight-way crosses. *Crop J.* 2019, 7: 283-293. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2018.10.006>.

Shi, J., J. Wang, L. Zhang. Genetic mapping with background control for quantitative trait locus (QTL) in eight-parental pure-line populations. *J. Hered.* 2019, 880-891, DOI: 10.1093/jhered/esz050.

Li J, GB Chen, A Rasheed, D Li, K Sonder, CZ Espinosa, J Wang, DE Costich, PS Schnable, SJ Hearne, H Li. Identifying loci with breeding potential across temperate and tropical adaptation via EigenGWAS and EnvGWAS. *Mol. Ecology*, 2019, 28: 3544-3560.

## 代表性知识产权

2019SR1138798, 无性系物种和双交群体遗传分析软件 [简称 GACD]V1.2

2019SR1138787, 连锁图谱构建和 QTL 作图集成软件 [简称 QTL IciMapping]V4.2

## 研究组成员

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

## 研究生

李静 曲平平 Mohsin Ali 史金卉  
李志勇 单丹婷 李珊珊 伦珠朗杰 王轲麟  
霍雪雪



## WHEAT BREEDING AND QUALITY RESEARCH

### 小麦品质育种创新研究组

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

研究方向：开发验证育种可用分子标记，培育高产优质广适新品种。

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

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

#### 重要论著

Hao Y, Rasheed A, Zhu Z, Wulff BBH, He Z (2019) Harnessing wheat Fhb1 for Fusarium resistance. *Trends in Plant Science* 101016/jtplants201910006.

Muhammad Adeel Hassan, Mengjiao Yang, Awais Rasheed, Guijun Yang, Matthew Reynolds, Xianchun Xia, Yonggui Xiao, Zhonghu He. A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform. *Plant Science*, 2019,282:95-103.

Awais Rasheed, Xianchun Xia. From markers to genome-based breeding in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132:767-784.

Dengan Xu, Weie Wen, Luping Fu, Faji Li, Jihu Li, Li Xie, Xianchun Xia, Zhongfu Ni, Zhonghu He, Shuanghe Cao. Genetic dissection of a major QTL for kernel weight spanning the Rht-B1 locus in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132:3191-3200.

#### 代表性品种

小麦，中麦 578，国审；河南 安徽省审

小麦，中麦 23，国审

小麦，中麦 1312，北京市审

#### 代表性知识产权

ZL 201610248988.2, 用于鉴定小麦籽粒发芽状态的分子标记和特异引物对以及它们的应用

ZL201801663547.X, 基于条码的株高测量系统

CNA20151282.6, 中麦 816

CNA20151283.5, 中麦 996

#### 研究组成员

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

#### 博士后

徐登安 Muhammad Adeel Hassan

#### 研究生

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

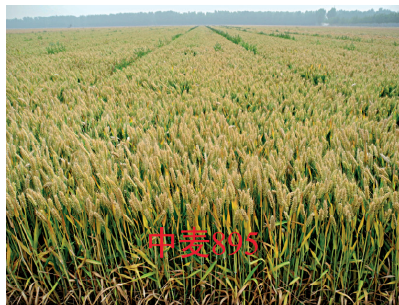
#### 亮点工作

强筋高产品种中麦 578。与棉花研究所合作育成，组合为中麦 255/ 济麦 22。面包烘焙品质好，达到进口优质加拿大小麦的水平，大面积产量与主栽高产品种持平，早熟、抗病耐热，适应性广，已通过黄淮冬麦区南片国家和河南、安徽 2 省审定，秋播约 100 万亩，正在参加黄淮冬麦区北片、湖北和新疆生产试验。品种使用权已转让隆平高科、山东黎明等种业公司，与企业合作研制优质面包和饺子粉等，发展势头好。6 月 12 日，农业农村部韩长赋部长莅临河北金沙河集团实地考察中麦 578，详细了解品种特性，对其选育推广工作给予充分肯定。2019 年河南沁阳县百亩方实打验收平均亩产 730.1 公斤，高产创建平均亩产 785.2 公斤，河北金沙河 860 亩实打验收平均亩产 600.2 公斤。适宜黄淮南片的河南、江苏和安徽北部、陕西关中及黄淮北片的山东、河北中南部、山西南部中等以上肥力水地种植。



中麦 578

耐热高产品种中麦 895。与棉花研究所合作育成，2012 年通过黄淮冬麦区南片国家审定，较对照平均增产 4.5%，灌浆速率快，耐高温能力强，综合抗病性好，面条品质优良，已成为河南、安徽、陕西省主栽品种，2019 年夏收面积 1062 万亩，居全国第 4 位，累计推广约 4000 万亩，“耐热高产优质小麦新品种中麦 895 的选育与应用”获神农中华农业科技奖一等奖。



中麦 895



## WHEAT MUTAGENESIS AND BREEDING

## 小麦诱变育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://liuluxiangicscaas.com.cn>



## 亮点工作

小麦突变新品种推广应用成效突出。鲁原 502、航麦 247、航麦 287 等小麦新品种进一步在生产上推广应用。鲁原 502 将空间诱变与常规育种技术相结合，实现了重穗型品种易倒伏的生产难题，连续多年实打亩产超过 800 公斤，通过国家和 4 省区审定，累计 7700 万亩，其中 2018 年达到 1961 万亩，是目前全国第二大小麦推广品种。2019 年 4 月，国际原子能机构以“*How Nuclear Techniques Help Feed China*”为题报道了中国在突变品种应用和诱变育种新技术开发等方面所取得的突出进展。

诱变技术国际合作进展显著。正式启动运行国际原子能机构植物核辐射育种技术协作中心，协作开发诱发突变新技术；开展专家服务和人才培养等，以进一步推动我院乃至全国以及亚太区域核技术在农业中的应用。牵头成立亚太植物诱变育种协作网并组织召开了第一届协作网研讨会；组织召开了亚太区域诱发突变改进植物养分利用效率国际研讨会。

## 重要奖项

广适高产稳产小麦新品种鲁原 502 的选育与应用，国家科技进步二等奖（第二完成单位）

## 重要论著

HJ Guo, HC Xiong, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, YP Ding and LX Liu. Functional mutation allele mining of plant architecture and yield-related agronomic traits and characterization of their effects in wheat. *BMC Genetics*, 2019, 20: 102.

A Irshad, HJ Guo, SL Zhang, JY Gu, LS Zhao, YD Xie, HC Xiong, SR Zhao, YP Ding, YZ Ma and LX Liu. EcoTILLING Reveals Natural Allelic Variations in Starch Synthesis Key Gene TaSSIV and Its Haplotypes Associated with Higher Thousand Grain Weight. *Genes*, 2019, 10(4): 307.

HC Xiong, HJ Guo, YD Xie, JY Gu, LS Zhao, SR Zhao, YP Ding, FQ Kong, L Sui and LX Liu. Comparative transcriptome analysis of two common wheat varieties induced by 7Li-ion beam irradiation reveals mutation hotspot regions and associated pathways. *Radiation Physics and Chemistry*, 2019, <https://doi.org/10.1016/j.radphyschem.2019.108650>.

HC Xiong, CY Zhou, HJ Guo, YD Xie, LS Zhao, JY Gu, SR Zhao, YP Ding and LX Liu. Transcriptome sequencing reveals hotspot mutation regions and dwarfing mechanisms in wheat mutants induced by gamma-ray irradiation and EMS. *Journal of Radiation Research*, 2019, 1–14.

SL Zhang, HJ Guo, A Irshad, YD Xie, LS Zhao, HC Xiong, JY Gu, SR Zhao, YP Ding and LX Liu. The synergistic effects of TaAGP.L-B1 and TaSSIVb-D mutations in wheat lead to alterations of gene expression patterns and starch content in grain development. *PLoS ONE*, 2019, 14(10): e0223783.

## 代表性知识产权

CNA20151689.5, 航麦 2566

2019SR0425046, 田间调查系统 V1.0

201910228038.7, 与小麦矮秆基因紧密连锁的 KASP 标记及其应用

## 研究组成员

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

## 研究生

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 张家梓  
仇琳 杜启迪 付美玉

a



b



c



d



小麦诱变育种新技术与推广应用

A. 国家科技进步二等奖; B. 国际原子能机构植物核辐射育种技术协作中心;

C. 第一届亚太植物诱变育种协作网研讨会; D. 亚太区域诱发突变改进植物养分利用效率国际研讨会





## WHEATBREEDING FOR HIGH-YIELD ANDWIDE ADAPTABILITY

### 小麦高产广适育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://lihongjie.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

Wu PP, Hu JH, Zou JW, Qiu D, Qu YF, Li YH, Li T, Zhang HJ, Yang L, Liu HW, Zhang ZJ, Li JT, Liu ZY, Li HJ. Fine mapping of the wheat powdery mildew resistance gene Pm52 using comparative genomics analysis and the Chinese Spring reference genomic sequence. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132: 1451-1461.

Hu JH, Li JT, Wu PP, Li YH, Qiu D, Qu YF, Xie JZ, Zhang HJ, Yang L, Fu TT, Yu YW, Li MJ, Liu HW, Zhu TQ, Zhou Y, Liu ZY, Li HJ. Development of SNP, KASP, and SSR markers by BSR-Seq technology for saturation of genetic linkage map and efficient detection of wheat powdery mildew resistance gene Pm61. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20: 705.

Li YH, Shi XH, Hu JH, Wu PP, Qiu D, Qu YF, Xie JZ, Wu QH, Zhang HJ, Yang L, Liu HW, Zhou Y, Liu ZY, Li HJ. Identification of a Recessive Gene PmQ Conferring Resistance to Powdery Mildew in Wheat Landrace Qingxinmai Using BSR-Seq Analysis. *Plant Disease*, 2019, doi.org/10.1094/PDIS-08-19-1745-RE.

Li T, Zhang HJ, Huang YW, Su ZQ, Deng Y, Liu HW, Mai CY, Yu GJ, Li HL, YU LQ, Zhu TQ, Yang L, Li HJ, Zhou Y. Effects of the Fhb1 gene on Fusarium head blight resistance and agronomic traits of winter wheat. *Crop Journal*, 2019, 7: 799-808.

Li HJ, Zhou Y, Xin WL, Wei YQ, Zhang JL, Guo LL. Wheat breeding in northern China: Achievements and technical advances. *Crop Journal*, 2019, 7: 718-729.

#### 代表性品种

小麦，轮选 166，国审

小麦，轮选 145，河北省审定

小麦，轮选 45，河北省审定

#### 代表性知识产权

CNA20160432.6，轮选 13

CNA20170572.5，轮选 66

#### 研究组成员

周阳 研究员 刘宏伟 副研究员  
杨丽 高级实验师 张宏军 副研究员

#### 博士后

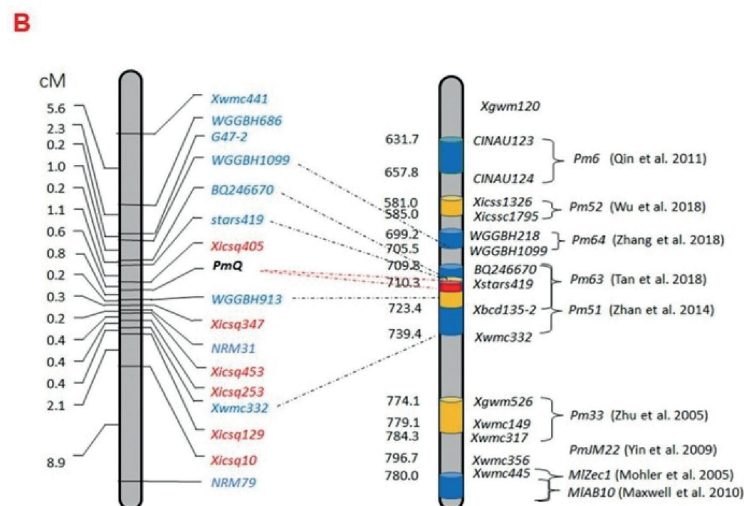
吴培培

#### 研究生

邱丹 Tesfay Gebrekirstos 胡经煌  
李亚会 黄义文 石晓涵 代旭冉  
Habteab Goitom

#### 亮点工作

轮选 166 通过国家审定，轮选 145 和轮选 45 通过河北省省审定，轮选 13 和轮选 66 获得植物新品种权证书。其中，小麦新品种轮选 145 在保持亲本济麦 22 优点的基础上，产量有所提高、抗倒伏性明显改善，且早熟，有望成为黄淮北片的主推品种。另外，采用 BSR-Seq 方法定位了小麦地方品种青心麦抗白粉病新基因 PmQ。为了有效利用抗病新基因，目前已完成对 Pm52 基因的精细定位，真正开展抗病相关基因转基因验证和功能研究。



小麦新品种研究进展

A. 轮选 145 和济麦 22 田间长势；B. 小麦地方品种青心麦抗白粉病新基因遗传连锁图谱

## WHEAT BREEDING FOR STRESS-RESISTANCE

### 小麦抗逆育种创新研究组

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

研究方向：通过揭示小麦发育进程与倒春寒、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；利用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 5051 通过 2019 年国家黄淮北片审定，入选 2019 年中国农业农村十大新产品。该品种较好地解决了华北麦区节水品种品质不好、强筋品种易受冻害的小麦生产技术瓶颈；具有高产、抗寒、节水、强筋和中抗赤霉病等诸多优异特性。2017-2018 年度生产试验，平均亩产 497.4 公斤，较济麦 22 增产 3.65%，增产点率 92.9%。田间抗寒性一级，越冬死茎率 11.5% (济麦 22 为 53.6%)；田间接种鉴定，中抗赤霉病；抗旱节水鉴定，节水指数 1.057；品质检测，粗蛋白质 (干基) 15.9%，湿面筋 34.3%，吸水率 61.3%，稳定时间 16.7 分钟，最大抗延阻力 526 EU，拉伸面积 104 平方厘米，达到国家优质强筋小麦标准。

中麦 4072 通过 2019 年国家黄淮北片审定。该品种利用双列杂交、多点鉴定和分子标记辅助选择等综合技术育成，具有抗逆高产、综合性状优良的特性。冬季耐寒性、抗倒伏性、耐热性和穗发芽抗性好，中感赤霉和纹枯、高抗白粉病。产量三要素协调，亩穗数 45 万，穗粒数 33 粒，千粒重 43g；2017-2018 年度生产试验，平均亩产 511.5 公斤，较济麦 22 增产 6.6%，增产点率 100%。

上述两个品种已转让给了四家种业公司，品种权使用许可费 160 万元。



中麦 5051 和中麦 4072

### 重要论著

邹景伟, 贾万利, 李立鑫, 陈旭, 贾丹, 闫长生, 张秀英, 肖世和, 孙果忠. 120 份小麦品种 (系) 重要性状功能基因的 KASP 检测, 分子植物育种, 2019, 17(12):3945-3959.  
闫长生等. 广适性小麦麦新品种鉴定与评价 (2017-2018 年度), 中国农业出版社, 2019.

### 代表性品种

小麦, 中麦 5051, 国审  
小麦, 中麦 4072, 国审

### 代表性知识产权

国审麦 20190057, 中麦 4072  
国审麦 20190058, 中麦 5051

### 研究组成员

肖世和 研究员	闫长生 研究员
陈旭 助理研究员	郑小能 科研助理
王琪琪 科研助理	贾丹 科研助理
朱迎树 科研助理	蒋云锋 外聘工人
张勤枝 外聘工人	

### 研究生

王娟 Waqas Ijaz



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

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

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

主页: <http://xialanqin.icscaas.com.cn>

### 重要论著

Li SY, Li JY, He YB, Xu ML, Zhang JH, Du WM, Zhao YD and Xia LQ\*. Precise gene replacement in rice by RNA transcript-templated homologous recombination. *Nature Biotechnology*, 2019, 37 (4): 445-450.

Sun YW, Sparks C, Jones H, Riley M, Francis F, Du WM and Xia LQ\*. Silencing an essential gene involved in infestation and digestion in grain aphid through plant-mediated RNA interference generates aphid-resistant wheat plants. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 17: 852-854.

Li JY, Luo JM, Xu ML, Li SY, Zhang JH, Li HY, Yan L, Zhao YD and Xia LQ\*. Plant genome editing using xCas9 with expanded PAM compatibility. *J Genetics and Genomics*, 2019, 46: 277-280.

### 代表性知识产权

ZL 201510854747.8, 利用 CRISPR/Cas9 系统定点修饰 ALS 基因获得抗除草剂水稻的系统及其应用

ZL 201610705816.3, 一种通过基因组编辑提高水稻抗性淀粉含量的方法及其专用

### 研究组成员

闫磊 助理研究员 张秀英 副研究员  
穆怀珍 余宁博

### 博士后

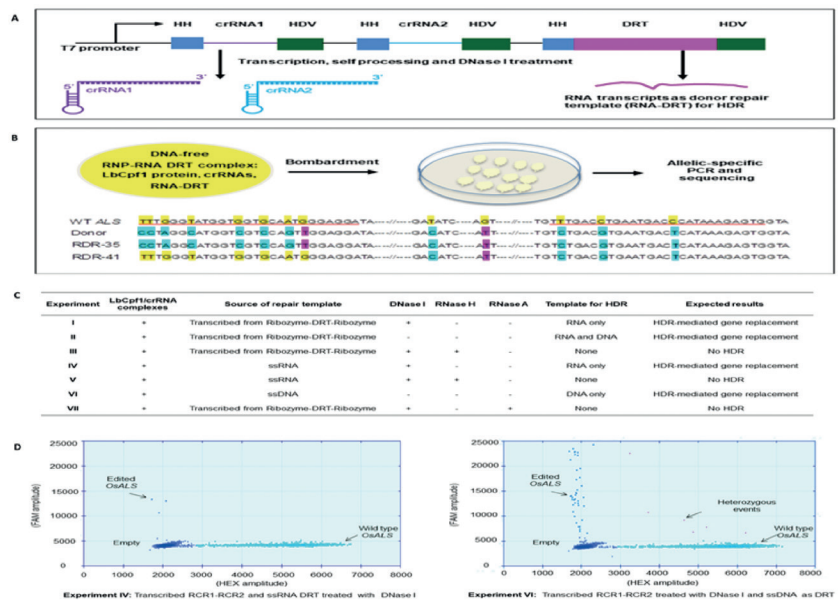
陈继林

### 研究生

李少雅 张佳慧 李晶莹 李慧园 田金福  
Sutar Suhas Bharat 罗金满 曹明新 徐哲

### 亮点工作

以 CRISPR/Cas 系统为代表的基因编辑技术可对靶标基因进行定点敲除、插入、替换等，将改变传统农作物育种模式，实现快速、精准化品种改良，目前已成为农作物改良的重要工具和全球生物种业竞争的战略制高点。通过基因编辑介导的同源重组技术，可快速实现优异等位基因精准替换，大大缩短育种周期。但由于同源重组发生概率极低，特别是植物细胞含有细胞壁，无法将足量的修复模板递送到细胞中，CRISPR/Cas 介导的等位基因替换效率偏低，成功报道较少，已成为利用基因编辑进行农作物等位基因替换的技术瓶颈和该领域的研究热点及竞争焦点。本团队首次发现在植物细胞中，RNA 转录本可作为修复模板介导 DNA 同源重组修复；进一步利用 CRISPR/Cas 介导、以 RNA 转录本作为修复模板，实现了水稻 OsALS 等位基因替换，获得无转基因抗除草剂水稻。在国际上首次建立了 CRISPR/Cas 介导、分别以 DNA 和 RNA 转录本作为修复模板的等位基因替换体系，突破了基因片段替换的技术瓶颈，为利用基因编辑技术实现重要农艺性状等位基因替换，快速进行农作物精准遗传改良提供了新思路、新方法和重要的技术支撑 (*Nature Biotechnology*, 2019)。



CRISPR/Cpf1 介导的农作物基因组编辑

## MAIZE BREEDING FOR HIGH QUALITY AND STRESS RESISTANCE

### 玉米优质抗逆育种创新研究组

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

研究方向：玉米遗传改良与种质创新。

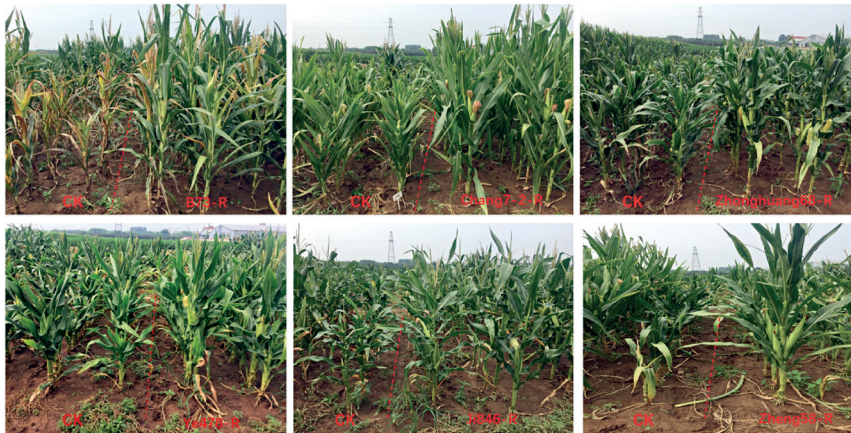
Email: lixinhai@caas.cn 电话: 010-82106457

主页: <http://lixinhai.icscaas.com.cn>



### 亮点工作

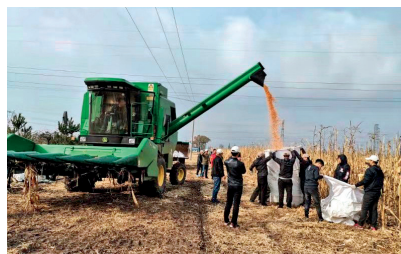
玉米抗粗缩病分子育种。玉米粗缩病在我国黄淮海玉米产区发生危害，采用遗传抗性是防治玉米粗缩病的经济有效途径。研究组精细定位抗粗缩病主效 QTL *qMrdd8*，开发出实用标记 IDP25K 和 IDP27K。采用回交与分子标记选择，将来自玉米自交系 X178 的抗病基因 *qMrdd8* 导入黄早 4、昌 7-2、掖 478、郑 58、中黄 68、B73 和吉 846。采用 107 个 SSR 标记进行背景回复率检测，创制 7 个抗病改良自交系。田间鉴定发现，改良系及其组配的杂交种显著提高了对玉米粗缩病的抗性，同时农艺性状如株型、生育期等未发生显著改变。



回交改良玉米自交系的抗病性

(图示从左到右分别是以抗病自交系 X178 为供体，感病自交系 B73、昌 7-2、中黄 68 (上)、掖 478、吉 846 和郑 58 (下) 为受体，采用分子标记选择与回交方法，将抗病基因 *qMrdd8* 导入受体自交系，创制抗病玉米自交系)

育成高产耐密抗倒玉米新品种中单 111。根据杂种优势群，构建含欧美 (FG102、WY10) 和本土化种质 (郑 58) 基础群体，采用高密度抗逆、配合力测配、穿梭鉴定等技术，创制早熟耐密抗倒优良自交系 CA193 和 LX80。通过规模化测试，选育出优良新品种中单 111，2017~2018 年黑龙江省区试平均产量为 11082.3 公斤/公顷，比对照先玉 335 增产 8.8%，2019 年生产试验平均产量为 9842.1 公斤/公顷，比对照增产 8.0%，适宜东北区积温大于 2650℃ 左右地区种植。2019 年 11 月在内蒙古包头市经玉米专家组田间鉴定，中单 111 实现了高质量籽粒直接收获。



中单 111 植株表现和田间籽粒机收现场

### 重要论著

- Zhang XC, Xie SD, Han JN, Zhou Y, Liu C, Zhou ZQ, Wang FF, Cheng ZX, Zhang JJ, Hu YF, Hao ZF, Li MS, Zhang DG, Yong HJ, Huang YB, Weng JF, Li XH. Integrated transcriptome, small RNA, and degradome analysis reveals the complex network regulating starch biosynthesis in maize. *BMC Genomics*, 2019, doi.org/10.1186/s12864-019-5945-1.
- Wang N, Liu BJ, Liang XL, Zhou YH, Song J, Yang J, Yong HJ, Weng JF, Zhang DG, Li MS, Nair S, Vicente FS, Hao ZF, Zhang XC, Li XH. Genome-wide association study and genomic prediction analysis of drought stress tolerance in China in a collection of off-PVP maize inbred lines. *Molecular Breeding*, 2019, doi.org/10.1007/s11032-019-1013-4.
- Liu C, Zhou Y, Zhang XC, Zhang JY, Zhou ZQ, Weng JF, Li XH, Wang ZH. Natural variation in the THICK TASSEL DWARF1 (TD1) gene in the regulation of maize (*Zea mays* L.) ear-related traits. *Breeding Science*, 2019, doi:10.1270/jsbbs.18170.
- 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*, 2019, doi.org/10.1007/s10681-018-2319-8.

### 代表性知识产权

- ZL201610274763.4, 抗旱相关蛋白在调控植物抗旱性中的应用

### 研究组成员

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

### 博士后

- 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 | 陈勇 | 杨静 | 王晓楠 | 王飞飞 |
| 王美娟 | 程名 | 李一 | 卢晓环 | 刘晓丽 |



## HIGH-YIELD MAIZE BREEDING

### 玉米高产育种创新研究组

黄长玲，研究员。1988年获北京农业大学（现为中国农业大学）农学硕士学位。现任作物遗传育种中心主任。国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项项目首席，中国农业科学院农科英才领军人才入选者，2012-2017年中国种业十大杰出人物，第十一届中国作物学会理事，中国作物学会玉米专业委员会副秘书长。研究方向：耐密高产广适玉米品种选育；重要农艺性状的遗传基础研究。

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

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

#### 重要奖项

耐密高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909 的培育与应用，国家科学技术进步二等奖

#### 代表文章

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

Wang Q, Li K, Hu X, Shi H, Liu Z, Wu Y, Wang H, Huang, C. Genetic analysis and QTL mapping of stalk cell wall components and digestibility in maize recombinant inbred lines from B73 × Bx804. *The Crop Journal*. 2019.

#### 代表性品种

玉米，中单 4378，国审

#### 代表性知识产权

CNA20160054.3，中单 856

#### 研究组成员

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

#### 博士后

刘小刚

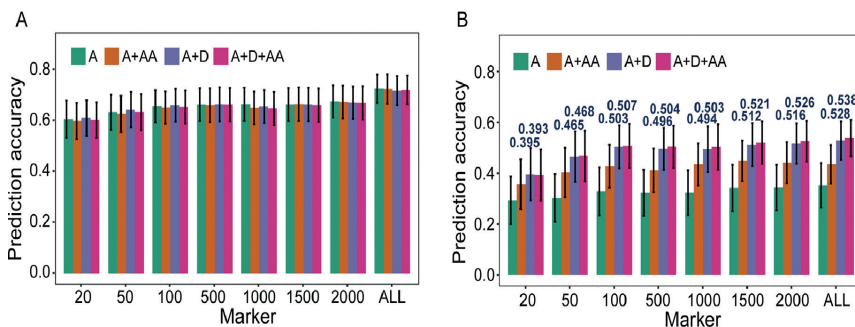
#### 研究生

石慧敏 蒋成功 韩璐璐 张伟 杨雪 韩小云

#### 亮点工作

面向我国东华北、西北春玉米区以及黄淮海夏玉米区生产发展需求，开展耐密、早熟、脱水快、适宜机械化收获的玉米材料创制和新品种选育。2019年育成 13DW12-1、15DWP30-1、12DW-35 等优良自交系 8 个，玉米新品种中单 8803 完成国家审定试验程序待审，中单 4378 通过国家审定。玉米品种中单 856 获得植物新品种权授权。“耐密高产广适玉米新品种中单 808 和中单 909 培育与应用”项目成果获 2019 年度国家科学技术进步二等奖，两品种累积推广面积超过 1 亿亩，为我国粮食增产农民增收做出巨大贡献。

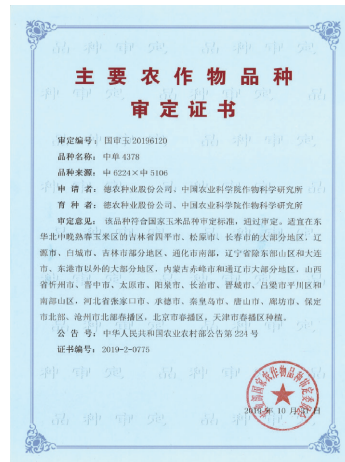
开展基于 QTL 位点玉米复杂性状全基因组选择研究。总共 500-1000 个性状相关位点用于复杂性状的全基因组选择选择效率达到最大值；在预测模型中加入非加性效应、群体结构信息和 QTL 相关位点，可以显著提高预测效率。筛选玉米自交系郑 58 EMS 诱变突变体库，获得多个矮秆、旱敏感和籽粒缺陷表型的突变体，已利用图位克隆策略完成了 5 个突变体的基因定位。



模型加入显性效应可提高全基因组预测效率



国家科技进步二等奖证书



中单 4378 审定证书

## MAIZE MOLECULAR BREEDING

### 玉米分子育种创新研究组

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

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

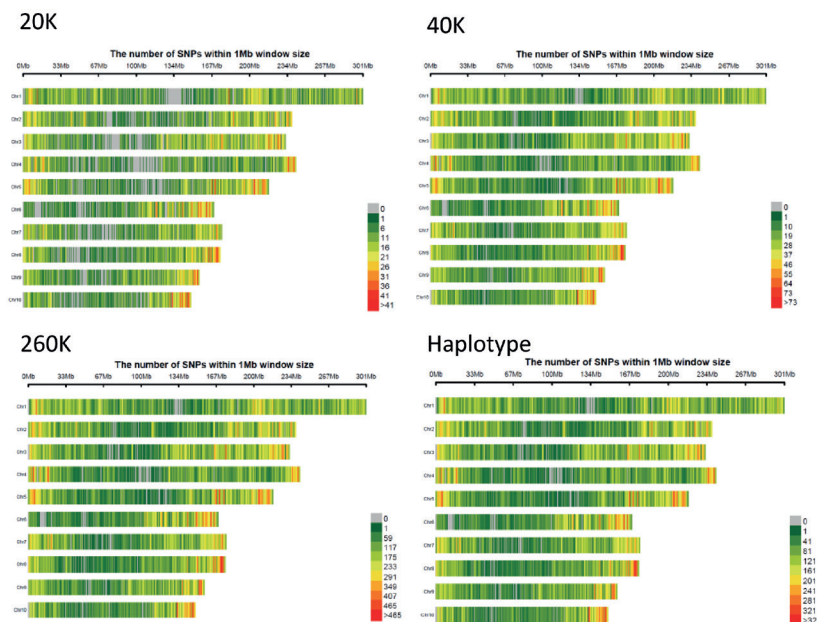
Email: liwenxue@caas.cn 电话: 010-82105799

主页: <http://liwenxue.icascaas.com.cn>



### 亮点工作

限制分子标记技术在育种上广泛应用的关键制约因素是成本和支撑平台。研究组开发了基于靶向测序基因型检测 ( Genotyping by Targeted Sequencing, GBTS ) 的新一代分子标记技术，该技术具有高效、低成本、检测平台通用的优势。首先，我们从本实验室开发的玉米 55K 芯片和 HapMap3，分别开发了 20K SNP 和 40K mSNP ( multiple SNP ) 基于 GBTS 的新型液相芯片标记。后者通过 GBTS 分析后可以获得 262K SNP 和 912K 最小等位基因频率 ( MAF ) >0.05 的单倍型，实现了单个 SNP、mSNP 和单倍型的完美整合。通过调整测序深度，可以从同一套 GBTS 标记获得不同标记数量的系列标记，以满足不同用途的需求。目前该技术已应用于包括主要农作物在内的 30 多个物种的 GBTS 标记的开发 ( *Molecular Breeding*, 2019 )。



基于 GBTS 技术的 40K mSNP 在玉米染色体上分布  
( 从中可以衍生出 20K SNP、260K SNP 和 912K 单倍型的标记 )

### 重要论著

- Y Wang, W Liu, H Wang, Q Du, Z Fu, WX Li, J Tang. ZmEHD1 is required for kernel development and vegetative growth through regulating auxin homeostasis. *Plant Physiology*, 2019, doi: 10.1104/pp.19.01336.
- Z Guo, H Wang, J Tao, Y Ren, C Xu, K Wu, C Zou, J Zhang, Y Xu. Development of multiple SNP marker panels affordable to breeders through genotyping by target sequencing (GBTS) in maize. *Molecular Breeding*, 2019, 39:37.
- Y Xu, X Liu, J Fu, H Wang, J Wang, C Huang, BM Prasanna, MS Olsen, G Wang, A Zhang. Enhancing genetic gain through genomic selection: from livestock to plants. *Plant Breeding*, 2019, doi.org/10.1016/j.plpc.2019.100005.

### 代表性知识产权

ZL 201610946296.5, 一种 DNA 芯片及其在玉米品种鉴定和育种中的应用

### 研究组成员

王山苙 副研究员 郭子锋 助理研究员  
杨荣新 助理研究员

### 博士后

敖曼 王洪秋 王雅菲

### 研究生

Sadiq Shah 杜庆国 陈欢 代文双  
胡玉梅



## 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.icascaas.com.cn>

### 重要论著

L Dong, X Qi, JJ Zhu, CL Liu, X Zhang, BJ Cheng, L Mao, C Xie. Super-sweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing. *Plant Biotechnology Journal*. 2019, 17, 1853-1855.

Y Li, J Zhu, H Wu, C Liu, C Huang, J Lan, Y Zhao, and C Xie. (2019). Precise base editing of non-allelic acetolactate synthase genes confers sulfonylurea herbicide resistance in maize. *Crop J.*, 2019.

### 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

201810263393.3 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

201910709006.9 一种高效创制磺酰胺类除草剂抗性玉米的方法及其应用

### 主要审定品种

玉米, 中单 89, 安徽省审

### 研究组成员

刘昌林 副研究员 朱金洁 助理研究员

### 博士后

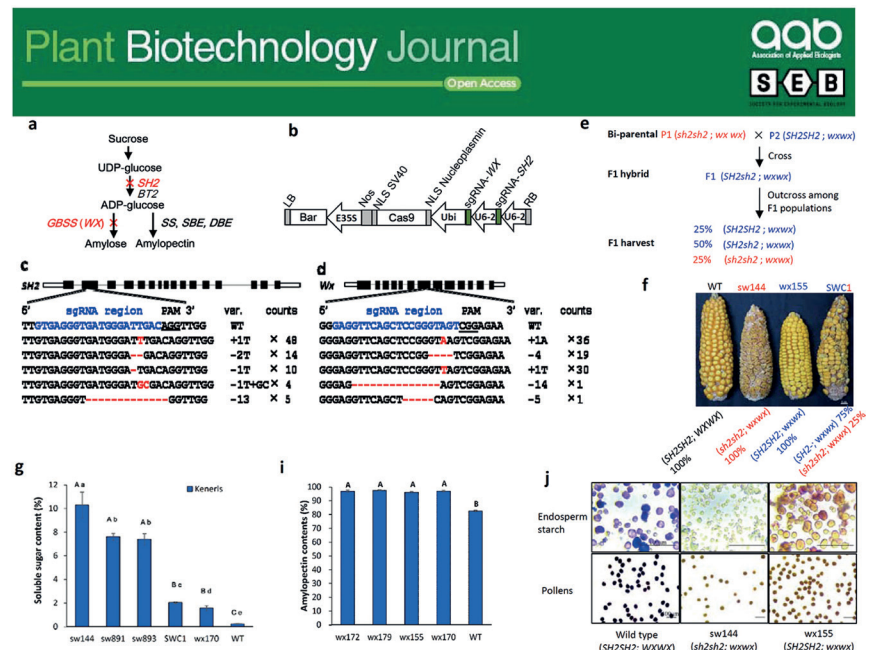
祁显涛 博士

### 研究生

李丽娜 王虹麟 曾建琪 韩楠 李燕敏  
闫元元 曹晓芹 吴昊 张兰迎

### 亮点工作

利用基因编辑技术创制超甜、糯与超甜糯复合型鲜食玉米育种技术, 该研究克服了传统超甜与糯性玉米育种中仅通过回交导入少数已发现的自然突变的局限, 并同时解决了同一代谢途径中上游基因对下游基因上位性效应对育种选择的困扰, 为高效培育超甜玉米、糯玉米、以及甜糯复合型玉米品种提供了新的技术策略。构建了同时靶向玉米 WX 与 SH2 基因的 CRISPR/Cas9 基因编辑系统 (图 B), 在后代中高效分离 SH2 与 WX 单基因与双基因突变的突变系 (图 C,D), 从而实现超甜玉米与糯玉米材料的高效创制, 同时, 利用玉米单交种特性将双隐性突变 (sh2sh2wxwx) 系与单隐性突变 (SH2SH2wxwx) 杂交, 验证了超甜与糯性复合型玉米的玉米育种途径 (图 E,F)。( *Plant Biotechnology Journal*, 2019 )。



### 基因编辑创制超甜、糯、甜糯玉米及其育种应用

a. 玉米胚乳淀粉代谢途径; b. 基因编辑载体表达盒; c. 创制 SH2 靶向突变体; d. 创制的 Wx 靶向突变体; e. 超甜糯复合型玉米遗传机制; f. 创制的突变体籽粒表型; g. sh2 突变体 鲜穗籽粒可溶性糖含量; h. wx 突变体籽粒胚乳淀粉支链淀粉含量; j. 突变体花粉碘染图

## SPECIALITY CROP BREEDING

## 特色作物育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://liguiying.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

饲用小黑麦牧草业种植模式研究与示范取得显著进展。引进了国内外不同生态区的小黑麦、黑麦、燕麦、食用豆、牧草种质资源 300 余份，新选育出 146 个优异品系进入产量鉴定试验，48 个品系升入品种比较试验；筛选出适宜高不同海拔地区种植的小黑麦品种 6 个，燕麦品种 4 个，蚕豆 2 个、豌豆品种 3 个；明确了小黑麦饲草在不同海拔地区的种植模式与轮作方式。在 3500 米以下地区小黑麦饲草以秋种夏收入、草豆轮作为主；在 3500 米至 4000 米地区以春播揪收、草豆间(混)作为主。制定并推广蚕豆/豌豆与禾本科牧草小黑麦/燕麦轮作栽培技术规程，减轻豆象危害，改善土壤肥力，提高豆科作物产量与品质，达到粮草均衡稳定增产。2019 年在定西市、青海西宁市推广食用豆—牧草轮作栽培模式 1 万亩，亩产鲜草 3-3.5 吨，亩收入 1200-1400 元，户均种草收入 3600 元以上。在青海海北藏族自治州祁连县（海拔 3900 米），在退化冬季草场春种小黑麦牧草成功，株高 1.5m 以上；西藏日喀则地区拉孜、南木林、大伽县春播小黑麦牧草，株高 1.7m 以上，亩产干草 1.2 吨。



祁连山山麓（海拔 3900m）退化草场生态修复试验



蚕豆与小黑麦轮作示范田

“玉米秸秆榨糖收贮模式研发及应用”通过中国农学会成果评价。针对玉米主产区秸秆产量大、处理难、综合利用率低等问题，提出秸秆榨糖、榨渣打包收贮完全利用模式，研制出与田间玉米茎穗同步收获相结合的秸秆榨糖、榨渣分贮技术与设备，并在内蒙古准格尔旗建成了覆盖 4.5 万亩玉米种植面积、可年处理 5 万吨玉米秸秆的榨糖收贮利用模式及示范工程，工程成本利润率约为 6.70%，销售利润率约为 6.30%，产业实用性强、前景广阔。高质量、大规模秸秆收贮是秸秆有效综合利用的前提和基础。



玉米秸秆榨糖收贮模式

## 重要论著

Dou Fangmin, Wang Zhi, Li Guiying, Dun, Baoqing.

Microbial Transformation of Flavonoids by *Isaria fumosorosea* ACCC 37814. *Molecules*, 2019, 24(6), 1028.

张笑笑, 潘映红, 任富莉, 蒲伟军, 王道平, 李玉斌, 陆平, 李桂英, 朱莉. 基于多重表型分析的准确评价高粱抗旱性方法的建立. *作物学报*, 2019, 45(11):1735-1745.

邢副武, 李桂英等. 中国非粮生物柴油植物. 中国林业出版社. 2019.

## 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 郝燕鹏





## SOYBEAN MOLECULAR BREEDING

### 大豆分子育种创新研究组

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

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

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

主页: <http://sunshi.icascaas.com.cn>

#### 重要奖项

东北北部食用大豆优质高效技术集成与推广，  
全国农牧渔业丰收奖合作奖

#### 重要论著

B Jiang, S Zhang, W Song, M A A Khan, S Sun, C Zhang, T Wu, C Wu, T Han. Natural variations of FT family genes in soybean varieties covering a wide range of maturity groups. BMC Genomics, 2019, 20:230.

Y Cai, L Wang, L Chen, T Wu, L Liu, S Sun, C Wu, W Yao, B Jiang, Yuan S, Han T, Hou W. Mutagenesis of GmFT2a and GmFT5a mediated by CRISPR/Cas9 contribute for expanding the regional adaptability of soybean. Plant Biotechnology Journal, 2019, DOI:10.1111/pbi.13199.

T Zhang, T Wu, L Wang, B Jiang, C Zhen, S Yuan, W Hou, C Wu, T Han, S Sun. A Combined Linkage and GWAS Analysis Identifies QTLs Linked to Soybean Seed Protein and Oil Content International Journal of Molecular Sciences, 2019, Int. J. Mol. Sci. 2019, 20, 5915.

K Li, X Zhang, J Guo, Hannah Penn, T Wub, Lin Li, H Jiang, L Changc, C Wu, T Han. Feeding of Riptortus pedestris on soybean plants, the primary cause of soybean staygreen syndrome in the Huang-Huai-Hai river basin. The Crop Journal, 2019, 7:360-367.

W Song, S Sun, S E Ibrahim, Z Xu, H Wu, X Hu, H Jia, Y Cheng, Z Yang, S Jiang, T Wu, M Sinegovskii, E Sapey, A Nepomuceno, B Jiang, W Hou, V Sinegovskaya, C Wu, J Gai, T Han. Standard cultivar selection and digital quantification for precise classification of maturity groups in soybean. Crop Science, 2019, 59:1997-2006.

#### 代表性品种（大豆）

中黄 902, 国审 中黄 301, 国审  
中黄 70, 国审 中黄 74, 国审  
中黄 909, 内蒙古自治区审 中黄 209, 北京市审

#### 代表性知识产权

ZL 201510050281.6, 生长相关蛋白 GRP1 在调控植物生长中的应用

#### 研究组成员

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

#### 研究生

王立伟 刘路平 许 鑫 苏豫梅  
SAPEY ENOCH 张春蕾  
MESFIN TSEGAW TASSEW 孙佰全  
张利新 张腾飞 张 岩 成奇峰 任丙新  
金 鑫 甄彩鑫 王筠雅 张君权 龙池雨  
李 敏 王 培

#### 亮点工作

针对我国大豆产业发展需求和生产中存在的主要问题，面向我国东北北部和黄淮海大豆主产区开展高产、优质、多抗、广适、适宜机械化作业的大豆新材料创制和新品种选育。2019 年中黄 902、中黄 301、中黄 70 和中黄 74 通过国家审定。审定品种适宜种植区域覆盖东北北部和黄淮海南部两大大豆核心主产区。

中黄 902 是适宜东北北部大豆主产区种植的北方春大豆早熟品种，高产、抗倒、宜机收，抗灰斑病，蛋白含量 39.85%，粗脂肪含量 20.34%。适宜在黑龙江第三积温带下限和第四积温带、呼伦贝尔大兴安岭以东嫩江流域的中南部地区、新疆伊犁地区的布尔津和特克斯地区春播种植。

中黄 301 是针对新形势下大豆规模种植所需全程机械化作业而培育的高产、优质、抗病、抗倒、广适大豆新品种，先后通过河南、安徽、江苏和国家审定，主要特点有：1. 高产稳产：2014-2018 年先后参加河南、江苏、安徽省和国家区试及生产试验，均较对照品种增产达极显著水平。2016-2019 年连续 4 年专家实收测产，亩产分别为 314.7Kg、311.5Kg、333.9Kg、312.7Kg。2. 适宜机收：抗倒性好，耐密植，成熟一致，落叶性好，底荚高度适宜，适宜全程机械化作业。3. 品质优：经农业农村部谷物品质监督检验测试中心测定，粗蛋白质含量为 43.02%，粗脂肪含量为 20.40%。蛋脂总量 63.42%，属于蛋脂双高优质品种。4. 抗性好：连续 3 年经国家大豆改良中心接种鉴定，对黄淮海地区大豆花叶病毒流行株系 SC3 和强致病株系 SC7 均表现抗病。5. 适宜种植区域广：适宜安徽、江苏、河南、山东等省大豆夏播地区种植。



中黄 301 大田

## SOYBEAN GENETICS AND BREEDING

## 大豆高产优质育种创新研究组

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

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



## 亮点工作

利用 1025 份中国大豆种质资源为材料, 采用气相色谱 (GC) 技术, 对 2017-2018 年两年三点 (北京、安徽和海南) 种植的大豆种质进行脂肪酸组成分析, 发现大豆种子中主要由 5 种脂肪酸组成, 分别为棕榈酸、硬脂酸、油酸、亚油酸和亚麻酸, 其含量分别为 12.2%、3.8%、21.5%、54.2% 和 8.3%。不同大豆种质间的脂肪酸组成显著不同 ( $P < 0.001$ ), 且不同地理来源大豆种质显著影响脂肪酸含量, 来自北方主产区的种质油酸含量显著高于其他地区, 而亚油酸和亚麻酸正好相反。大豆种质类型也影响显著脂肪酸组成, 农家种中油酸含量显著低于栽培种, 而亚麻酸和亚油酸含量正好相反, 说明脂肪酸组成明显受人工驯化选择的影响。相关分析显示, 大豆脂肪酸组成在两年三点间显著正相关, 表明大豆种子中的脂肪酸组成高度的遗传稳定性。油酸与亚油酸和亚麻酸之间存在显著负相关 ( $r = -0.90^{***}$  和  $-0.59^{***}$ ), 表明我们可以通过降低亚油酸和亚麻酸含量来提高油酸含量。在此基础上, 绘制了不同地理来源大豆种质的脂肪酸组成地理分布图 (图 1), 以期为大豆脂肪酸育种和加工企业提供参考 (*Crop Journal*, 2019)。2019 年低豆腥味高产大豆品种中黄 78 在山东省济宁地区, 实打实收 7 亩, 创亩产 307.14 公斤的高产典型 (图 3)。据全国农业技术推广中心统计, 2018 年中黄 13 推广面积为 461 万亩, 累计超 1 亿亩; 中黄 35 推广 12 万亩; 中黄 17 推广 7 万亩; 中黄 19 推广 8 万亩。本研究组选育的大豆品种年推广面积 500 万亩左右, 占黄淮海地区主导地位。

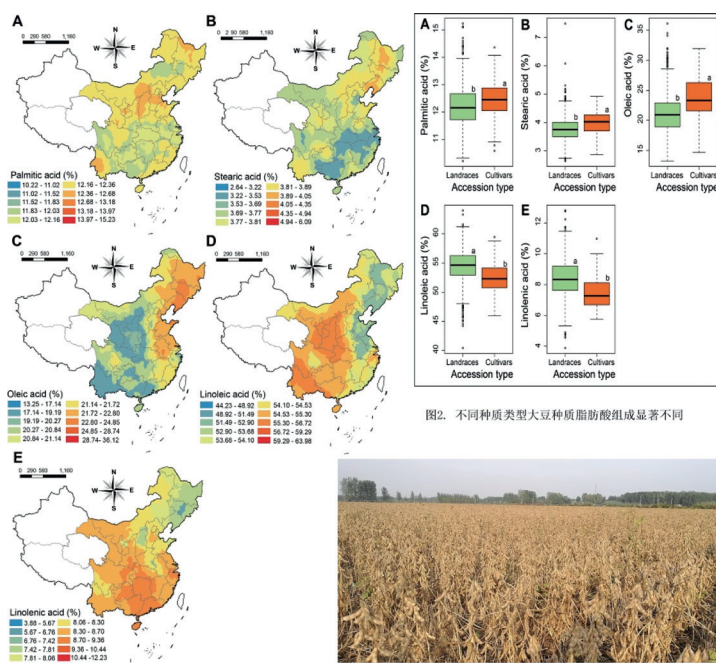


图1. 不同来源大豆种质脂肪酸组成的地理分布图



图3. 低豆腥味大豆品种中黄78高产示范田

## 重要奖项

中黄 13 百姓欢迎大豆授权品种, 植物新品种保护工作委员会, 2019

## 重要论著

Abdelghany M A, Zhang S, Azam M, Shaibu S A, Feng, Y, Li Y, Tian Y, Hong H, Li B, Sun J. Profiling of seed fatty acid composition in 1025 Chinese soybean accessions from different ecoregions. *The Crop Journal*, 2019, doi:10.1016/j.cj.2019.11.002.

Li J, Chen G.B, Rasheed A, Li D, Sonder K, Zavala Espinosa C, Wang J, Costich D.E, Schnable P.S, Hearne S.J, Li H. Identifying loci with breeding potential across temperate and tropical adaptation via EigenGWAS and EnvGWAS. *Molecular Ecology*, 2019, 28, 3455-3560.

陈影, 张晟瑞, 王岚, 王连铮, 李斌, 孙君明. 野生和栽培大豆种质油脂组成特点及其与演化的关系. *作物学报*, 2019, 45(7):1038-1049.

王连铮, 孙君明, 王岚, 李斌, 赵荣娟. 广适高产高蛋白大豆品种中黄 13 的选育与应用. *大豆科学*, 2019, 38(1): 001-006.

王连铮, 孙君明主编. 王连铮文选, 中国农业科学技术出版社, 2019.

## 代表性知识产权

CNA20191002241, 中黄 103

CNA20191002240, 中黄 106

## 研究组成员

李斌 副研究员 张晟瑞 助理研究员

李静 助理研究员 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 Kwadwo G. Agyenim-Boateng

怀园 冯活仪



## 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.icscaas.com.cn>

#### 重要论著

W Ma, W Liu, W Hou, S Sun, B Jiang, T Han, Y Feng, C Wu. GmNMH7, a MADS-box transcription factor, inhibits root development and nodulation of soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) *Journal of Integrative Agriculture*, 2019, 18(3): 553-562.

W Yang, T Wu, X Zhang, W Song, C Xu, S Sun, W Hou, B Jiang, T Han, C Wu. Critical photoperiod measurement of soybean genotypes in different maturity groups. *Crop Science*, 2019, 59(5): 2055-2061.

W Song, S Sun, T Wu, B Jiang, W Hou, C Wu, T Han. Standard cultivar selection and digital quantification for precise classification of maturity groups in soybean. *Crop Science*, 2019, 59(5): 1997-2006.

白丽娟, 刘薇, 王志莉, 王文婷, 吴存祥, 冯永君. 大豆 GmbZIP33 基因启动子的克隆及瞬时表达分析. *大豆科学*, 2019, 38(4): 511-516.

尹阳阳, 徐彩龙, 宋雯雯, 胡水秀, 吴存祥. 密植是挖掘大豆产量潜力的重要栽培途径. *土壤与作物*, 2019, (04): 361-367.

徐彩龙, 韩天富, 吴存祥. 黄淮海夏大豆症青发生原因探讨与防治技术. *大豆科技*, 2019, (03): 22-28.

#### 主推技术

黄淮海夏大豆免耕覆秸机械化生产技术, 吴存祥

#### 代表性知识产权

ZL 201610561640.9, 与植物开花时间相关的蛋白及其编码基因与应用

ZL 201820755898.7, 一种适用于大田作物的旋压式取根装置

#### 研究组成员

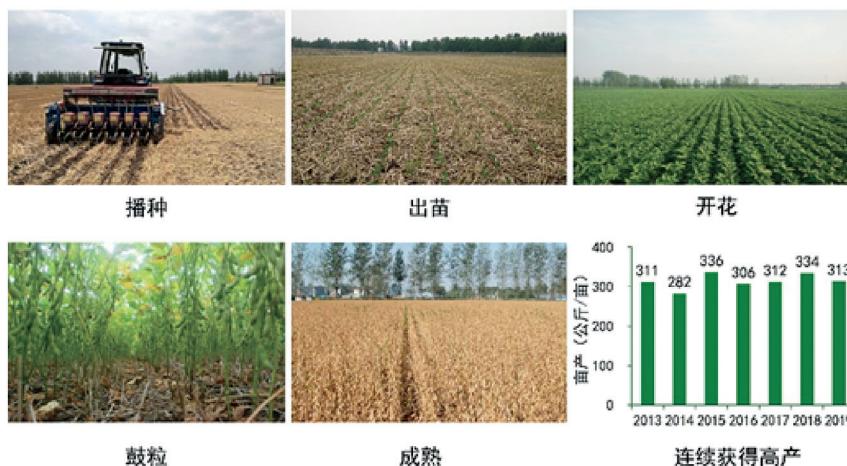
徐彩龙 助理研究员 宋雯雯 助理研究员

#### 研究生

王文婷 杨琳 祁延萍 温惠文 李瑞东 王丽莹

#### 亮点工作

黄淮海是我国高蛋白优质食用大豆集中产区。该区域大豆因麦后免耕播种质量差、雨后板结影响出苗、苗期病害造成死苗等因素造成群体匀度差；大豆药肥施用不科学，药效肥效较低，病虫害发生严重；大豆收获质量差、田间损失量大。针对生产中存在的技术瓶颈，协同国家大豆产业技术体系相关岗位，优化黄淮海夏大豆麦茬免耕覆秸精量播种技术。研究表明，采用原茬免耕覆秸精量播种，较灭茬、秸秆离田后精量播种，收获密度分别增加 4.93%、27.71%，整齐度分别提高 23.7%、139.3%；单株粒数分别增加 12.96%、22.65%，百粒重分别增加 5.37%、6.40%，亩产分别增加 8.26%、19.18%；结合免耕覆秸精量播种，采用甲霜灵 37.5 克/升 + 咯菌腈 25 克/升悬浮种衣剂拌种，根腐病发病率降低 80% 以上。集成麦茬夏大豆免耕覆秸精量播种、病虫害绿色防控、精准施肥、机械化低损收获等核心关键技术，建立、完善黄淮海麦茬夏大豆免耕覆秸栽培技术体系。采用该技术体系，在中国农业科学院新乡万亩试验基地，2013-2019 年 7 年大豆平均亩产达到 313.4 公斤，其中 6 年亩产超过 300.0 公斤；在新乡县 1000 亩连片生产条件下，实收面积 100.4 亩，亩产达到 303.1 公斤，创造了中国第一例实收面积超过 100 亩、亩产超 300 公斤的大豆高产典型；在安徽省宿州市大面积生产条件下，平均亩产 195.5 千克，较常规生产田（亩产 130.0 千克）增产 65.5 千克，增幅为 50.4%，节约成本 94.60 元/亩，节本增效 356.60 元/亩。目前该技术体系正在黄淮海地区大面积推广应用。



麦茬夏大豆免耕覆秸精量播种技术

## PRECISION CULTIVATION AND CROP MANAGEMENT

## 精准栽培与管理创新研究组

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

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

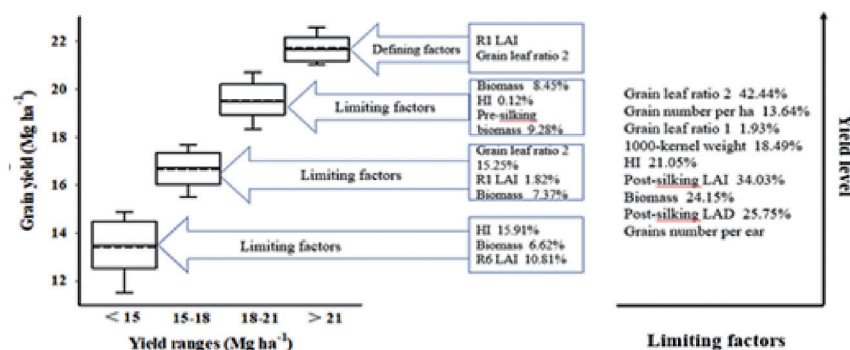
Email: liishaokun@caas.cn 电话: 010-82108891

主页: http://lishaokun.icscaas.com.cn



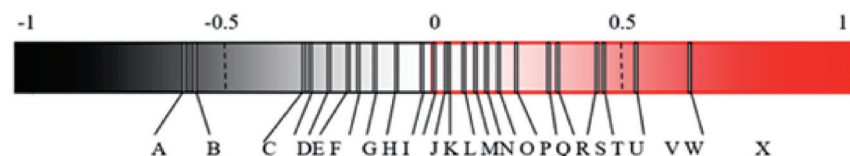
## 亮点工作

玉米产量提升过程中的生理指标变化。在我国新疆奇台进行高产品种潜力试验, 无水肥限制的统一管理模式下, 将玉米籽粒产量 ( $n = 247$ ) 分为 4 个产量段, 分析比较不同产量水平的玉米生理指标差异。研究发现, 籽粒产量从  $<15 \text{ Mg ha}^{-1}$  增至  $15-18 \text{ Mg ha}^{-1}$  缩差  $3.2 \text{ Mg ha}^{-1}$  主要生理指标变化为 HI、生物量和 R6 LAI 分别提高了 15.91%, 6.62% 和 10.81%。从  $15-18 \text{ Mg ha}^{-1}$  到  $18-21 \text{ Mg ha}^{-1}$  缩差  $2.9 \text{ Mg ha}^{-1}$  主要生理指标变化为是粒叶比 (粒重), R1 LAI 和生物量 (分别为 15.25%、1.82 和 7.37%)。通过逐步回归分析, 筛选出十个对产量提升影响大的生理指标。



玉米产量提升过程中各生理指标变化

基于 CT 扫描技术的玉米子粒形态和结构特征与耐破碎性的关系。利用 CT 扫描成像技术, 在不改变子粒形态和内部结构的情况下, 研究子粒内部成分和结构, 分割出子粒的胚、胚乳和空腔, 获得内部结构数据, 并对子粒内部结构与子粒破碎率的相关度进行分析, 本试验为研究子粒粒型和内部结构提供一种新的思路。研究发现子粒粒型 (球形度、长宽比), 以及子粒密度、整个子粒和胚乳的比表面积与破碎率具有显著相关性, 这些参数为选育适宜机械收获的玉米品种提供参考。



子粒外部形态和结构参数与破碎率相关性分析

与破碎率相关子粒外部形态和内部结构参数的相关性分析, 从黑色 (负相关) 到无色再到红色 (正相关), 相关度从 -1 到 0 再到 1, 颜色越深相关性越大。从左到右依次: A: 球形度 (-0.558\*); B: 密度 (-0.548\*); C: 胚乳体积占比 (-0.291); D: 空腔比表面积 (-0.28); E: 胚乳体积 (-0.244); F: 整体体积 (-0.189); G: 胚乳灰度 (-0.169); H: 整体灰度 (-0.127); I: 胚体积 (-0.091); J: 厚 (-0.019); K: 宽 (0.006); L: 胚体积占比 (0.034); M: 长宽比 (0.037); N: 长 (0.135); O: 胚表面积 (0.162); P: 整体表面积 (0.188); Q: 胚灰度 (0.212); R: 空腔表面积 (0.252); S: 空腔体积 (0.328); T: 胚乳表面积 (0.353); U: 胚比表面积 (0.458); V: 空腔体积占比 (0.467); W: 子粒比表面积 (0.541\*); X: 胚乳比表面积 (0.667\*\*\*)。

## 重要奖项

玉米密植高产全程机械化绿色生产技术研究与应用, 2016-2018 年度全国农牧渔业丰收奖合作奖

中国农业科学院玉米栽培与生理创新团队, 2018-2019 年神农中华农业科技奖创新团队奖 西北灌区玉米密植机械粒收关键技术研究与应

用, 新疆自治区科技进步一等奖 黄淮海夏玉米机械粒收关键技术研究与应用, 2016-2018 年度全国农牧渔业丰收奖推广成果二等奖

玉米机械粒收关键技术及应用, 2019 年度中国作物学会作物科技奖

玉米密植高产全程机械化绿色生产技术研究, 2019 中国农业农村十项重大新技术之一; 并入选中国农业科学院十大科技进展

## 重要论著

YunshanYang, Wenjuan Xu, peng Hou, Guangzhou Liu, Wanmao Liu, Yonghong Wang, Rulang Zhao, Bo Ming, Ruizhi Xie, Keru Wang & shaokun Li. Improving maize yield by matching maize growth and solar radiation. Scientific Reports, 2019, 10.1038/ s41598-019-40081-z.

Guoqiang Zhang, Dongping Shen, Bo Ming, Ruizhi Xie, Keru Wang, Shaokun Li. Using irrigation intervals to optimize water-use efficiency and maize yield in Xinjiang, northwest China. The Crop Journal, 2019, 7 ( 3 ):322-334.

李姚姚, 范盼盼, 明博, 王春霞, 王克如, 侯鹏, 谢瑞芝, 李少昆. 基于高斯函数的春玉米叶片功能期模型构建与应用. 作物学报, 2019, 45(08):1221-1229.

## 主推技术

玉米密植高产全程机械化绿色生产技术研究与应用. 李少昆, 王克如. 2019 年全国主推技术

玉米免耕种植技术. 谢瑞芝, 李少昆. 2019 年全国主推技术

代表性标准规程

玉米密植高产子粒收获生产技术标准, 内蒙古地方标准

玉米子粒机械直收生产标准, 辽宁省地方标准

夏播玉米机械收获技术规程, 河北省地方标准

旱作区玉米合理密植机械粒收栽培技术规程, 甘肃省地方标准

灌区玉米轻简高效栽培技术规程, 宁夏回族自治区地方标准

## 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 刘广周 张国强

## 研究生

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 王涓州 杨进 杨飞 郭亚楠  
万晓菊 高尚 白士杰 王群 银学波  
杨宏业 刘月 王震 初振东



## WHEAT CULTIVATION

### 小麦栽培创新研究组

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

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

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

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

#### 重要奖项

优质专用小麦生产关键技术百问百答, 2019 年度国家科学技术进步奖二等奖

#### 重要论著

Q LI, XH CHANG, XH MENG, D LI, MH ZHAO, SL SUN, HM LI, WC QIAO. Heat stability of winter wheat depends on cultivars, timing, and protective methods. *Journal of Integrative Agriculture*, 10.1016/S2095-3119(19)62760-7.

ZQ Tao, SK Ma, XH Chang, DM Wang, YJ Wang, YS Yang, GC Zhao, JC Yang. Effects of tridimensional uniform sowing on water consumption, nitrogen use, and yield in winter wheat. *The Crop Journal*, 2019, 7(4):480-493.

赵凯男, 王德梅, 陶志强, 王艳杰, 杨玉双, 常旭虹, 赵广才. 提高立体匀播冬小麦光合效能和产量的最佳追氮时期. *植物营养与肥料学报*, 2019, 25(8):1354-1361.

马瑞琦, 陶志强, 王德梅, 王艳杰, 杨玉双, 朱英杰, 赵凯男, 李俊志, 王玉娇, 常旭虹, 赵广才. 追氮量对强筋和中筋小麦产量与品质的影响. *植物营养与肥料学报*, 2019, 25(10):1799-1807.

#### 代表性知识产权

2019100054, Tridimensional uniform seeder for wheat

ZL201821270263.4, 一种气吸式立体匀播播种器

2019SR1143179, 强筋小麦稳产提质水肥一体化自动调控系统 V1.0

2019SR1143182, 测定面粉沉降值的循环计时系统 V1.0

2019SR0284944, 基于数码图像的小麦立体匀播群体氮素营养状态分析系统 V1.0

#### 代表性品种

小麦, 中麦 82, 天津市审

小麦, 中麦 89, 天津市审

#### 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 刘安康

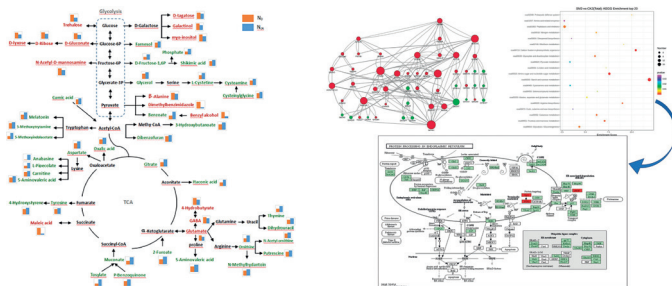
王玉娇 陈天鑫 阙茗溪

#### 亮点工作

初步解析环境及栽培措施调控小麦品质形成的分子机理。锌锰肥可缓解高温生理损伤, 调控糖代谢主要位点, 维持淀粉粒正常结构, 协调淀粉和蛋白质比例; 灌水时期调控灌浆期籽粒是否启动抗干旱机制及天冬氨酸、酪氨酸、谷氨酸等合成降解; 施氮促进因不施氮而过量积累的谷氨酸和丙氨酸转化利用, 减少灌浆期差异蛋白数量, 缩小品质差异; 水氮措施调控植株形态和生理结构, 对差异代谢物相同通路的影响程度差异较大, 氮肥影响大于灌水。建立强筋小麦亩产 500kg 的稳氮控水抗逆增效技术模式, 较常规优质麦生产田减少灌水 40m<sup>3</sup>、纯氮 3kg, 降低成本约 50 元, 增产 3.2%, 主要品质指标达到国家标准。

完善小麦立体匀播技术及配套机械。较常规条播提高水分利用率 4%-10%、氮素利用率 3%-8%、产量 5%-10%, 亩节本 50-70 元, 集成不同区域匀播栽培技术体系, 成果评价总体达到国际领先水平。

《优质专用小麦生产关键技术百问百答》。以团队研究成果为基础, 融合国内外最新技术, 科研科普相结合, 采用模块化结构设计, 以设问设答、图文并茂的形式, 使科学知识和技术简明化, 让读者一看就懂, 一学就会, 实现产量提高, 品质改善, 农民受益。作品获国家科技进步奖二等奖。



水肥调控强筋小麦品质形成分子机理



立体匀播机及田间苗情对比



优质专用小麦生产关键技术及生产田

## MAIZE CULTIVATION

## 玉米栽培创新研究组

马玮, 副研究员, 硕士生导师。2010 年获中国农业大学植物营养专业博士。2007 年 10 月至 2008 年 11 月在德国蒂宾根大学遗传系从事访问学者研究。

研究方向: 玉米高产高效简化栽培理论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。

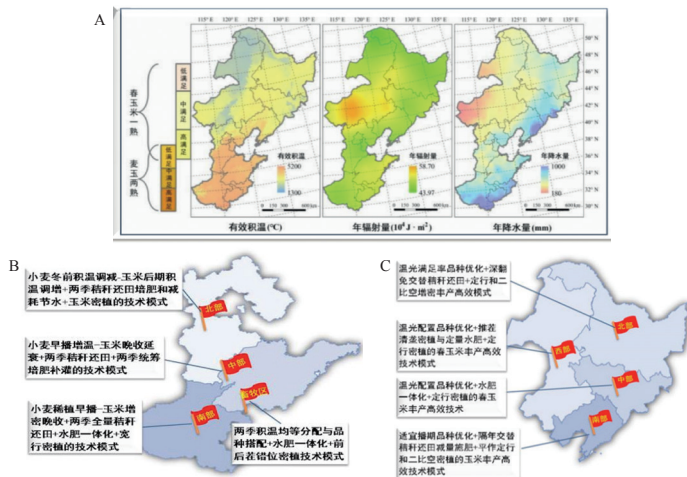
Email: mawei02@caas.cn 电话: 010-82106042

主页: <http://mawei.icscaas.com.cn>



## 亮点工作

玉米生产中长期以来面临着资源分布不合理导致资源利用效率低, 经验性播收期及品种布局导致生产问题频发, 如黄淮海夏玉米因早收导致产量低品质差, 东北春玉米越区种植导致“水玉米”和冻害绝收, 如何建立精准科学的资源定量优化配置与利用技术体系是实现玉米产量与资源利用效率协同提高的根本出路。研究组立足黄淮海和东北两大玉米主产区, 探明黄淮海和东北 3 大气候因子的时空变化规律, 首创了“总量判别、配置调节和当量分析”资源定量优化指标体系, 确立温光资源优化的增产增效协同途径。明确了黄淮海区强化玉米温光资源配置的技术途径, 创新了温光资源定量优化配置的核心技术, 配合综合资源高效利用技术, 构建了不同区域周年轻简高产高效技术模式。基于“总量判别、配置调节和当量分析”资源定量优化指标体系, 创新了温光资源定量优化配置的核心关键技术: 中北部、东部麦晚播壮苗玉晚收延衰技术; 南部麦早播玉晚收技术; 麦玉米极晚播玉米机收粒技术。创新了玉米密植高光效群体调控、周年秸秆还田培肥和滴灌精准肥水周年一体化等综合资源高效配合技术; 基于核心技术与配合技术集成了黄淮海不同区域的资源综合优化增产增效模式。周年产量平均提高 10.6%-14.8%, 光温生产当量与肥水利用效率显著提高, 实现黄淮海周年大面积均衡增产增效。明确了东北春玉米积温满足度匹配的安全生产资源高效技术途径, 创新了跨积温带的品种布局和季节内高效利用核心技术, 配合综合资源高效利用技术构建了不同区域的轻简高产高效技术模式。基于积温总量分布品种与播期合理布局的核心技术, 确立了不同区域的品种与播期合理布局。创新了定行增密群体构建和深耕免交替秸秆还田地力增肥的肥水高效技术; 基于核心与配合技术综合增效, 构建了不同区域春玉米绿色增产增效技术模式。大面积推广示范应用, 实现了百亩突破 1250kg 亩, 土壤有机质、资源利用效率提高, 产量增加 9.6%-15.3%, 引领了东北春玉米大面积高产稳产。



构建玉米分区同年轻减增产增效技术模式

A. 东北与黄淮海地区近 30 年积温、辐射和降雨资源满足度; B. 黄淮海区周年轻减增产增效技术模式; C. 东北区绿色增产增效模式

## 重要奖项

玉米温光资源定量优化增产增效技术与应用. 2019 年神农中华农业科技一等奖  
我国三大粮食作物主产区丰产高效技术体系构建与示范推广. 2019 年全国农牧渔业丰收一等奖  
辽宁春玉米光热肥水协同定量优化技术体系构建与应用. 2019 年辽宁省科技进步一等奖  
长江中游稻作气候-土壤-作物协同优化体系及应用. 2019 年教育部高等学校科学研究优秀成果一等奖

## 重要论著

Piao L, Li M, Xiao JL, Gu WR, Zhan M, Cao CG, Zhao M, Li CF. Effects of Soil Tillage and Canopy Optimization on Grain Yield, Root Growth, and Water Use Efficiency of Rainfed Maize in Northeast China. *Agronomy*, 2019.

Zhou BY, Ma D, Sun XF, Ding ZS, Li CF, Ma W, Zhao M. Straw mulching under a drip irrigation system improves maize grain yield and water use efficiency. *Crop Science*, 2019, 59.

赵明, 周宝元, 马玮, 李从锋, 丁在松, 孙雪芳. 粮食作物生产系统定量调控理论与技术模式. *作物学报*, 2019, 45(4): 485-498.

周宝元, 马玮, 孙雪芳, 丁在松, 李从锋, 赵明. 冬小麦-夏玉米高产模式周年气候资源分配与利用特征研究. *作物学报*, 2019, 45(4): 589-600.

李从锋, 贾春兰, 陶志强, 杨今胜, 柳京国, 赵明. 拔节期淹水对不同株高夏玉米产量、形态特征及物质生产的影响. *玉米科学*, 2019, 136.

## 代表性知识产权

ZL 201510937917.9, 一种抗低温抗旱种子的处理方法  
ZL 201821082338.6, 条带推拌秸秆还田机构及包含其的装置  
2019SR1132184, 土壤-作物定量协同优化管理 V1.0

## 研究组成员

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

## 博士后

侯帅

## 研究生

王丹 韩玉玲 任红 孙明月 赵红  
郭栋 袁慧敏 郭聪聪 袁晓峰



## CROP PHENOTYPING

### 作物表型创新研究组

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

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

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

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

#### 重要论著

Jin XL, Li ZH, Feng HK, Ren ZB, Li SK. Estimation of maize yield by assimilating biomass and canopy cover derived from hyperspectral data into the AquaCrop model. *Agricultural Water Management*, 2019, 227, 105846.

Jin XL, Li ZH, Feng HK, Ren ZB, Li SK. Deep neural network algorithm for estimating maize biomass based on simulated Sentinel 2A vegetation indices and leaf area index. *The Crop Journal*, 2019.

Jin XL, Madec, S, Dutartre D, de Solan B, Comar A, Baret F. High-Throughput Measurements of Stem Characteristics to Estimate Ear Density and Above-Ground Biomass. *Plant Phenomics*, 2019, 4820305.

#### 博士后

聂臣巍

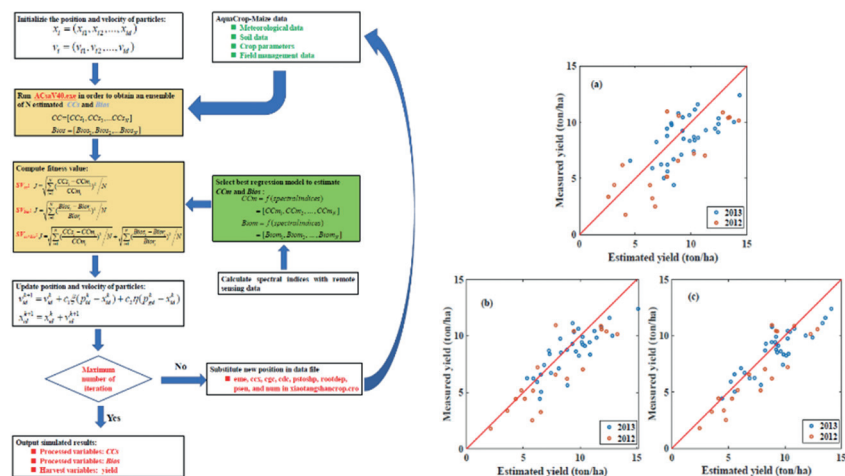
#### 研究生

白怡 程明瀚 邵明超 王思宇 王梓旭  
余汛 王凤 许晓斌 努热曼古丽

#### 亮点工作

收获前准确及时地估算作物生长和产量的时空变化对确保全球粮食安全至关重要。遥感数据和作物模型整合是估算关键农作物生长参数和产量的一种潜在方法。因此，本研究使用粒子群优化 (PSO) 算法将来自植被指数反演的生物量和冠层覆盖 (CC) 同化到 AquaCrop 模型中。研究表明，当数据同化过程中将一个变量 (即，生物量或 CC) 用作唯一状态变量时，另一个变量 (即，CC 或生物量) 的实测值与估算值之间存在较大的差异。将 CC 和生物量都用作状态变量 (方案  $SV_{CC+Bio}$ ) 的数据同化方法产生更可靠的估算结果，其估算精度与使用单变量 ( $SV_{CC}$  或  $SV_{Bio}$ ) 数据同化方法获得的估算精度相接近。与使用单变量数据同化方法相比，使用双变量数据同化方法 ( $R^2 = 0.78$  和  $RMSE = 1.44$  ton/ha) 时玉米产量的估算准确性略高。总而言之，本研究提出了区域尺度将遥感数据同化到 AquaCrop 模型中方法，提高玉米 CC，生物量和产量的估算准确性，为优化田间管理策略提供一种有效的技术支持，扩展了 AquaCrop 模型区域尺度的应用价值。

准确估算生物量对于估算作物生长和预测作物产量至关重要。生物量也是作物育种研究中提高谷物产量的关键特征。本研究主要确定估算玉米生物量的最佳植被指数；研究不同生长阶段生物量与叶面积指数 (LAI) 之间的关系；基于模拟 Sentinel 2A 植被指数和叶面积指数，使用深度学习算法 (DNN) 对玉米生物量进行估算。研究表明，基于 15 种高光谱植被指数的 DNN 算法估算的生物量与实测的生物量高度吻合 ( $R^2 = 0.83$ ,  $RMSE = 1.96$  t ha<sup>-1</sup>,  $RRMSE = 26.43$  %)。当利用 DNN 算法将 LAI 与 15 个植被指数整合时，生物量估算精度进一步提高。高光谱植被指数估算的生物量比模拟 Sentinel 2A 植被指数估算的生物量更准确 ( $R^2 = 0.87$ ,  $RMSE = 1.84$  t ha<sup>-1</sup>,  $RRMSE = 24.76$  %)。研究表明，DNN 算法有效地提高了生物量的估算精度。本研究为在区域尺度上利用遥感技术和 DNN 算法估算玉米生物量提供了一个有效的指导。



作物生长表型数据

A. 遥感数据同化流程图; B. 使用数据同化方法估算的产量与实测的产量之间的关系

## 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学位。现任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: 作物耕作与农田生态系统; 水稻丰产优质与资源高效栽培; 作物生产应对气候变化; 区域农业可持续发展。

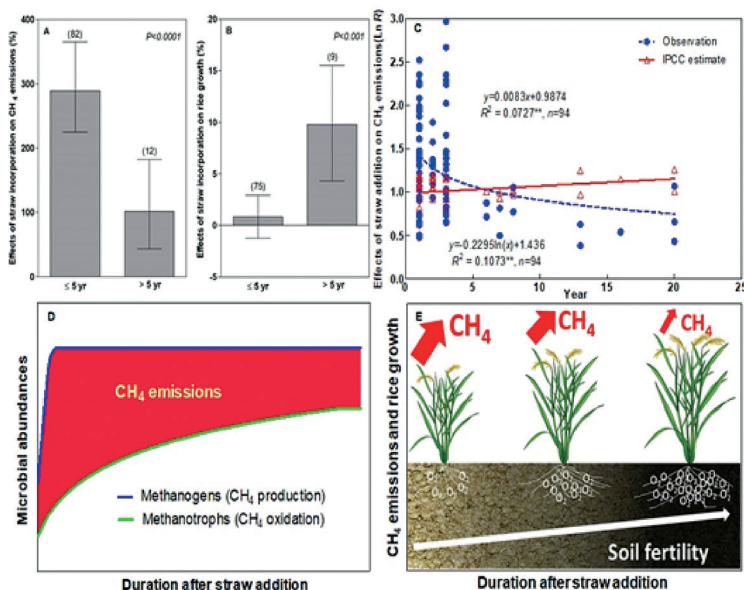
Email: zhangweijian@caas.cn 电话: 010-62156856

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



## 亮点工作

作物秸秆是宝贵的农田生物质资源, 既是土壤生物的食物, 也是高效的有机肥源。我国每年生产 8 亿多吨作物秸秆, 其养分含量相当于 500 多万吨尿素, 1000 多万吨过磷酸钙, 1000 多万吨硫酸钾, 秸秆还田可以显著减少农田化肥施用量。因此, 秸秆还田既是保障土壤健康和“化肥负增长”的重要措施, 也是避免秸秆焚烧污染空气的有效途径。但是就稻田而言, 秸秆也是土壤甲烷 ( $\text{CH}_4$ ) 产生的主要原料之一, 学界和公众非常担心稻田秸秆还田会显著增加  $\text{CH}_4$  排放。联合国政府间气候变化专门委员会 (IPCC) 认为稻田秸秆还田对  $\text{CH}_4$  排放的促进效应仅与还田量有关, 与还田年限无关。但是, 本团队通过 15 年长期定位试验, 揭示了秸秆对  $\text{CH}_4$  排放的影响随还田年份延长而呈显著降低趋势, 综合国内外已有成果, 发现 IPCC 对秸秆还田的  $\text{CH}_4$  排放量高估了近 50%。稻田  $\text{CH}_4$  排放由土壤中  $\text{CH}_4$  产生菌和氧化菌控制, 前者喜好秸秆等有机物料及厌氧环境, 后者喜欢  $\text{CH}_4$  和氧气。稻田淹水下, 土壤中的氧气主要通过水稻植株和根系输入。在还田的起始年份, 秸秆和淹水迅速激发产生菌生长,  $\text{CH}_4$  大量产生。此时, 水稻植株和根系生长受秸秆还田抑制, 影响了氧气输送, 氧化菌生长受影响, 稻田  $\text{CH}_4$  不能被氧化, 排放高。但是, 还田约 3 年后, 稻田土壤肥力显著提高, 水稻植株和根系生长旺盛, 促进了氧气输送, 土壤含氧量迅速提高, 氧化菌快速增长, 将  $\text{CH}_4$  氧化为二氧化碳,  $\text{CH}_4$  排放量显著下降。本研究不仅可为全球稻田温室气体排放估算提供重要参数, 而且可以矫正社会对稻田秸秆还田的认识 (*Science Advances*, 2019)。



稻田秸秆长期还田对甲烷排放的影响及其机制

A. 秸秆还田对甲烷排放的影响; B. 秸秆还田对水稻产量的影响; C. 实际观察的秸秆还田对甲烷排放的影响与 IPCC 计算值比较; D. 甲烷产生菌和氧化菌对秸秆还田的响应; E. 水稻植株和土壤肥力对秸秆还田的响应

## 重要论著

Y Jiang, HY Qian, S Huang, XY Zhang, L Wang, L Zhang, MX Shen, XP Xiao, F Chen, HL Zhang, CY Lu, C Li, J Zhang, AX Deng, KJV Groenigen, WJ Zhang. Acclimation of methane emissions from rice paddy fields to straw addition. *Science Advances*, 2019, 5: eaau9038.

Y Zhang, Y Jiang, APK Tai, JF Feng, ZJ Li, XC Zhu, J Chen, J Zhang, ZW Song, AX Deng, R Lal, WJ Zhang. Contribution of rice variety renewal and agronomic innovations to yield improvement and greenhouse gas mitigation in China. *Environmental Research Letters*, 2019, 14: 114020.

A Raheem, J Zhang, J Huang, Yu Jiang, MA Siddik, AX Deng, JS Gao, WJ Zhang. Greenhouse gas emissions from a rice-rice-green manure cropping system in South China. *Geoderma*, 2019, 353: 331-339.

ZW Song, XM Feng, R Lal, MM Fan, J Ren, H Qi, CR Qian, JR Guo, HG Cai, TH Cao, Y Yu, YB Hao, XM Huang, AX Deng, CY Zheng, J Zhang, WJ Zhang. Optimized agronomic management as a double-win option for higher maize productivity and less global warming intensity: a case study of Northeastern China. *Advances in Agronomy*, 2019, 157: 253-292.

AX Deng, X Zhang, XY Zhang, HY Qian, Y Zhang, CQ Chen, Y Jiang, CY Zheng, WJ Zhang. Impacts of wheat photosynthate allocation on soil  $\text{N}_2\text{O}$  emission during post-anthesis period. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, 55: 643-648.

张卫建, 郑成岩, 陈长青等. 三大主粮作物可持续高产栽培理论与技术. 2019. 科学出版社.

## 代表性知识产权

ZL 201821495008.X, 一种用于晚播小麦种子的浸种装置

## 研究组成员

宋振伟 副研究员 郑成岩 副研究员  
张俊 副研究员 邓艾兴 助理研究员

## 博士后

冯晓敏 张宇 孙涛

## 研究生

周博 黄晓敏 张楠 钱浩宇 刘云龙 阮俊梅

Raheem Abdulkarem Frederick Danso

Oluwaseyi Oyewale Bankole

Karrym Forsyth





## REGULATION OF CROP PHOTOSYNTHESIS

### 作物光合生理调控创新研究组

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

研究方向：作物光合生理、玉米栽培生理等。

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

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

#### 重要论著

Q Guo, P Q Ng, S Shi, D Fan, J Li, J Zhao, et al. *Arabidopsis* TRM5 encodes a nuclearlocalised bifunctional tRNA guanine and inosine-N1-methyltransferase that is important for growth. *PLoS ONE*. 2019, 14(11): e0225064.  
郭倩倩, 周文彬. 植物响应联合胁迫机制的研究进展. *植物学报*, 2019, 54 (5): 662–672.

#### 研究组成员

段凤莹 助理研究员 燕金香 科研助理

#### 博士后

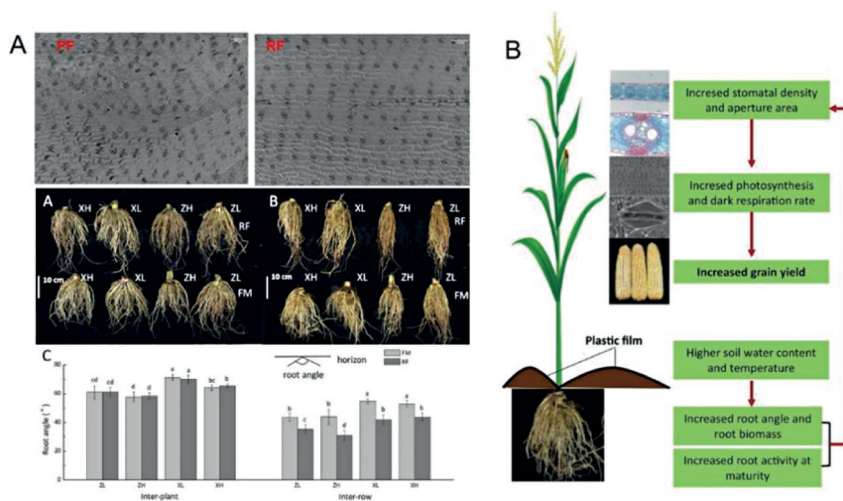
李霞

#### 研究生

魏少博 耿入丹 牛丽 卫泽 闫艳艳  
戎亮秉 李静 叶香媛 弓开元  
SOUALIOU SOUALIHOU

#### 亮点工作

在中国西北雨养农业区，玉米产量主要受到前期低温和整个生育期水分限制的制约。覆膜大大提高了表土温度、水分含量以及水分利用效率，是提高该地区玉米产量的一项重要农业技术。但是，覆膜提高玉米产量的生理和解剖学基础还不清楚。本试验于2017年和2018年在中国黄土高原地区进行，研究了覆膜和种植密度对玉米产量、光合作用、呼吸作用、叶片解剖结构及根系生长的影响。试验采用裂区试验设计，处理为两种覆膜方式（塑料薄膜覆盖和无覆盖）、两个种植密度（ $7.5 \times 104$  和  $10.5 \times 104$  株/公顷）以及两个玉米栽培品种（郑单958和先玉335）。结果表明，与无覆膜相比，覆膜使玉米籽粒产量在2017年和2018年分别增加了31.1%–46.4%和3.6%–34.7%。与低密度相比，高密度下两个玉米品种的籽粒产量在干旱年份2017年显著增加，在多雨年份2018年略有下降。叶片光合和解剖结构的研究表明，覆膜提高了叶片的光合作用和呼吸作用、气孔密度以及气孔开度面积。与高密度相比，低密度下玉米的光合速率、暗呼吸速率、气孔导度和气孔开度面积更大。相关性分析表明，玉米籽粒产量与光合速率、暗呼吸速率以及气孔开度面积显著正相关。根系生长的研究表明，覆膜提高了0–20 cm土层的根干重和根长度，以及成熟期的根系活力。综上所述，覆膜首先改变了根系生长和叶片解剖结构，从而提高了光合作用和呼吸作用，而增强的光合作用又促进了籽粒产量和生物产量的增加。研究结果进一步揭示了覆膜提高玉米产量的生理机制。



覆膜通过影响玉米叶片解剖结构和根系构型提高了光合和产量

A. 玉米叶片气孔和根系构型变化; B. 覆膜提高玉米光合和产量模式图

## 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，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。

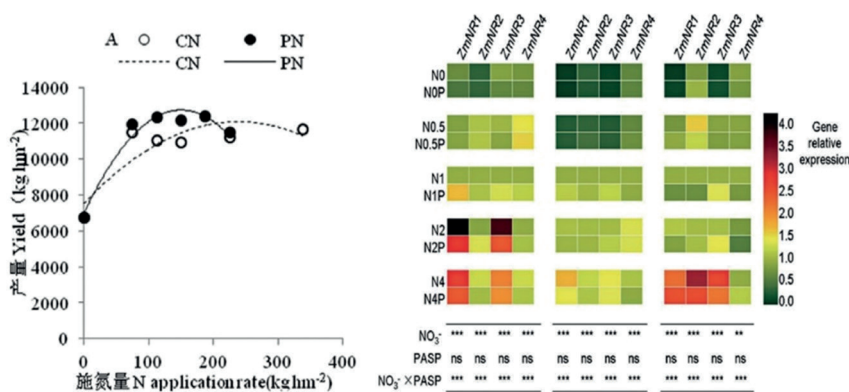
Email: dongzhiqiang@caas.cn 电话: 010-82106043

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



## 亮点工作

当前，我国农田施肥量大，化肥利用率低，流失的氮素、磷素给环境带来了严重的面源污染。针对大田作物氮素化肥利用率低的问题，从改善土壤中铵离子和硝酸根离子运移特性和代谢过程的角度，采用亲核加成聚合接枝技术，以氨基酸、有机酸为改性剂，在碱性条件下，于琥珀酰胺（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。2018-2019 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、玉米生产中遇到的低温冷害、高温热害、风灾倒伏和旱薄盐碱等逆境胁迫，从促根、壮秆、抗倒伏和促进光合产物形成的角度，研制了小麦、玉米高光效调节剂和抗逆高产调节剂；从调控光合效率、干物质积累分配和逆境代谢的角度，明确了其提高抗逆性和提高产量品质的机理，并配套了应用技术。在前期工作基础上，示范推广本课题组自主创新研制的专利产品 - 抗逆增产调节剂（“金得乐”、“吨田宝”和“玉米伴侣”）及其应用技术（“缩株增密”、“扩穗防衰”和“双重化控”技术）2000 万亩；示范含有肥料增效剂的高效复合肥“金肽能”200 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. 分子机理

## 重要论著

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, 2019, 45(3): 431-442.

唐会会, 许艳丽, 王庆燕, 马正波, 李光彦, 董会, 董志强. 叶面喷施 5-氨基乙酰丙酸对不同密度春玉米生长特性和产量的影响. 作物杂志, 2019(2): 136-141.

马正波, 唐会会, 王庆燕, 李瑞杰, 董雪瑞, 张瑞栋, 董志强. 矮壮素配合氮肥基肥对夏玉米氮代谢及氮素利用特征的影响. 玉米科学.

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

## 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, 玉米抗倒防衰高光效调节剂、其制备方法及其应用

ZL201611184292.4, 一种甘薯抗逆控旺膨大增产调节剂、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

卢霖 助理研究员

## 博士后

王庆燕

## 研究生

唐会会 马正波 李瑞杰 房孟颖 李春情

王琦

# 重要支撑平台

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

2019年，重大科学工程中心致力于完善应用基因组学、蛋白质组学、代谢组学、细胞影像学技术平台的建设。全年累计为全国33家科研院所和大专院校提供测试分析服务11万余份次，技术咨询服务1万余份次；仪器年均使用机时1740小时，对外服务530小时；相继举办技术培训12次，支撑培养研究生588人，支撑发表论文40余篇；与中国中医科学院西苑医院、中国农科院生物技术研究所、植物保护研究所等10余家单位开展合作交流，实现了仪器技术和信息资源的开放共享。

在应用基因组学方面，共完成测序服务11万份次，完成DNA荧光片段分析6万条，DNA合成10万碱基。

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

在代谢组学方面，完成了异黄酮、水杨酸、ABA、降钙素、生物素、阿维菌素、丁三醇等植物激素、糖类5400余份样品的分析测试。

在细胞影像学方面，激光共聚焦显微镜LSM700全年使用3337小时，主要应用于观察亚细胞定位、分子相互作用、质壁分离等；透射电子显微镜HT7700使用1200小时，主要应用于观察亚细胞结构、纳米微粒、蛋白结构等；完成制样600余份，超薄切片1100余份。



参观接待

### 平台主要成员

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

### 研究生

牟永莹 王智博

## NATIONAL CROP GENE BANK

### 国家作物种质库

国家作物种质库承担全国作物种质资源、品种标准样品的安全保存。2019 年主要进展如下：

种质资源保存和利用成效显著。本年度新增入库种质 9042 份，长期保存共计 374 种作物、44.6 万份种质资源，保存总量位居世界第二。对外提供种质资源 1.7 万份次，支撑育成新品种 26 个、项目 / 课题 123 个、产业体系 12 个、省部级奖 9 项、发明专利 / 软件著作权 37 项、SCI 论文 78 篇和专著 26 部。

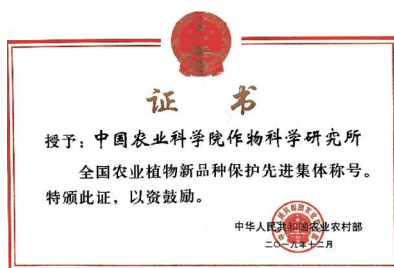
作为新品种保藏中心、国家品种标准样品库为我国种业健康发展做出突出贡献。已保存保护品种、审定品种和登记品种共 7.2 万份，提供样品用于 DUS 测试 33.5 万份次，用于市场监管和执法鉴定等 1.7 万份，2019 年获全国农业植物新品种保护先进集体和先进个人表彰。

向公众提供技术培训和科普教育等。本年度通过集中授课、现场操作、技术咨询等方式，为全国从事种质保存等人员提供保存及建库技术培训咨询 37 批 566 人次。接待国内外政府部门、国际组织、科研机构、高校、企业等参观、科普宣传 161 批 2063 人。

多次被中央媒体专题采访报道。国家作物种质库作为种业创新的基础平台，其支撑作用显著，本年度为《中国粮的奇迹》(中央 1 套)、《我们的征程》(中央 2 套)、《大国农业》(中央 7 套)、《影响世界的中国植物》(中央 9 套)、CGTN《Why China can feed its 1.4 billion people》(中国国际电视台)、《守护好我们的种质资源》(光明日报)、《从满足吃饱到追求吃好》(中国妇女报)等栏目专题报道。



国家作物种质库



全国农业植物新品种保护先进集体表彰



技术培训



科普宣传



媒体报道



媒体报道

#### 平台主要成员

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

### 重要论著

Cai YP, Wang LW, Chen L, Wu TT, Liu LP, Sun S, Wu CX, Yao WW, Jiang BJ, Yuan Shan, Han TF, Hou WS. Mutagenesis of *GmFT2a* and *GmFT5a* mediated by CRISPR/Cas9 contributes for expanding the regional adaptability of soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, doi: 10.1111/pbi.13199.

Chen L, Cai YP, Qu MN, Wang LW, Sun HB, Jiang BJ, Wu TT, Liu LP, Sun S, Wu CX, Yao WW, Yuan S, Han TF, Hou WS. Soybean adaption to high-latitude regions is associated with natural variations of *GmFT2b*, an ortholog of *FLOWERING LOCUS T*. *Plant, Cell & Environment*, 2019, doi: 10.1111/pce.13695.

Liu HY, Wang K, Jia ZM, Gong Q, Lin ZS, Du LP, Pei XW, Ye XG. Editing *TaMTL* gene induces haploid plants efficiently by optimized Agrobacterium-mediated CRISPR system in wheat. *Journal of Experimental Botany*, 2019, doi.org/10.1093/jxb/erz529.

Liang QJ, Wang K, Liu XL, Bisma R, Jiang L, Wan X, Ye XG, Zhang CY. Improved folate accumulation in genetically modified maize and wheat. *Journal of Experimental Botany*, 2019, 70: 1539-1551.

Bisma R, Liang QJ, Wan X, Wang K, Zhang CY, Ye XG. Folate content analysis of wheat cultivars developed in the North China Plain. *Food Chemistry*, 2019, 289: 377-383.

Wang K, Gong Q, and Ye XG. Recent developments and applications of genetic transformation and genome editing technologies in wheat. *Theor Appl Genet*, 2019, doi.org/10.1007/s00122-019-03464-4.

Ren Z, Fan K, Fang T, Zhang J, Yang L, Wang J, Wang G, Liu YJ. Maize Empty Pericarp602 Encodes a P-Type PPR Protein That Is Essential for Seed Development. *Plant & cell physiology*, 2019, 60: 1734-1746.

Du X, Fang T, Liu Y, Huang L, Zang M, Wang G, Liu Y, Fu J. Transcriptome Profiling Predicts New Genes to Promote Maize Callus Formation and Transformation. *Frontiers in plant science*, 2019, 10:1633.

### 代表性知识产权

ZL201610187045.3, 一种由系列培养基组成的试剂盒及其在大豆遗传转化中的应用

ZL201710090814.2, 一种通过弱光培养基体系快速获得转基因植物的方法

### 平台主要成员

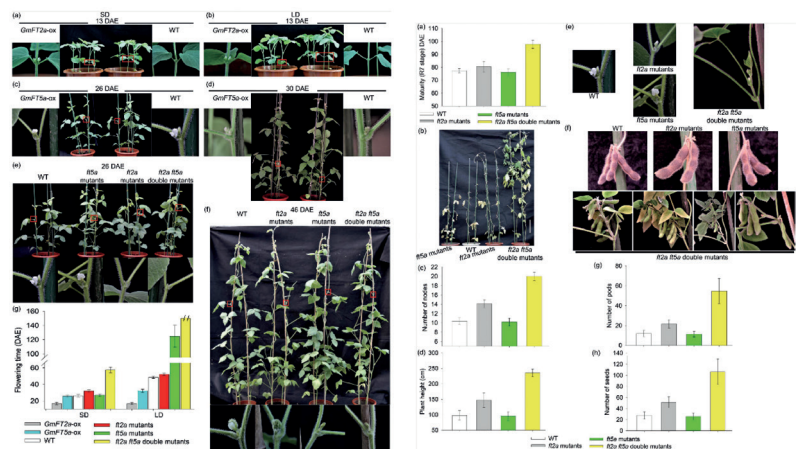
叶兴国 研究员 侯文胜 研究员  
刘允军 副研究员 王珂 副研究员  
杜丽璞 高级实验师 陈莉 助理研究员  
隋毅 助理研究员 张皓珊 助理研究员

### 研究生

蔡宇鹏 苏强 付明雪 陈莹莹 孙尧  
阴涛 马晓娇 李仕金 石磊 刘会云  
唐华丽 邱玉亮 王静 陈海强 贾子苗  
龚强 胡金鑫 杨丽 张肖逢 齐春来  
乌日尼勒 Alia Anwar Bisma Riaz

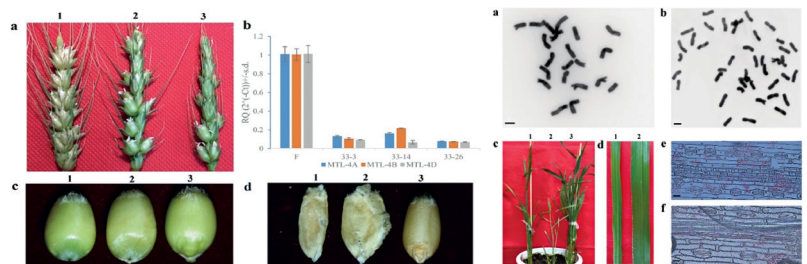
2019年，平台围绕转基因作物研发的重大需求，依托转基因生物新品种培育重大专项、重点研发计划、国家自然科学基金等项目，针对重要农作物开展转基因和基因组编辑技术体系的研发应用，完善和提升了水稻、小麦、玉米、大豆、谷子、高粱的遗传转化技术体系，实现了基因组编辑技术应用，系统评价了多个重要农艺性状相关基因（调控元件）的遗传效应，创制出一批具有育种应用价值的转基因、基因组编辑特异新材料。在SCI发表通讯作者论文16篇，获国家发明专利授权8项，完成900多个载体的遗传转化技术服务，在体系研发、平台提质、材料创制、基因解析、技术服务等方面均取得了重要进展。

其中，利用CRISPR基因组编辑技术定点敲除大豆开花调控关键基因 *GmFT2a* 和 *GmFT5a*，创制出更适合低纬度地区种植的突变体材料，系统解析了 *GmFT2a* 和 *GmFT5a* 基因在大豆花期调控中的遗传效应。研究表明，*GmFT2a* 和 *GmFT5a* 虽在大豆花期调控中存在功能互补，但在长、短日照条件下的开花促进效应差异较大。短日照条件下，*GmFT2a* 的开花促进效应比 *GmFT5a* 强，而长日照条件下 *GmFT5a* 的开花促进效应更强，*GmFT5a* 是使大豆适应长日照环境的关键基因。*ft2a/ft5a* 双突变体在短日照条件下平均57.4天开花，比野生型晚花约31.3天；株高和节数较野生型显著提高，单株荚数和粒数也显著增加，为适合低纬度地区种植的大豆品种改良提供了新的基础材料（*Plant Biotechnology Journal*, 2019）。



*ft2a ft5a* 双突变体晚花晚熟、多花多荚

通过设计双靶点、优选启动子和CRISPR蛋白，建立了一套小麦基因组编辑新策略。对小麦 *TaMTL* 基因的编辑效率达57.5%、大片段删除效率达40.2%，基因敲除突变体单倍体籽粒诱导率可达18.9%，为利用CRISPR编辑技术对小麦重要基因进行高效遗传修饰奠定了基础。获得的突变体材料可作为诱导系诱导小麦杂交后代产生单倍体，加速优良基因型纯合，对小麦单倍体育种具有较好应用价值（*Journal of Experimental Botany*, 2019）。



*TaMTL* 突变体高效率诱导小麦单倍体植株

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

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

2019年承担了9项科研计划和项目任务，分别是：全国小麦品种品质分析与年报编制。从河北、山西、内蒙古、江苏、安徽、山东、河南、陕西等8个省（区）征集样品619份、品种231个，对18项质量指标进行了分析，发布了2019年度中国小麦质量信息。国家粮油作物产品质量安全风险评估。对我国部分地区266个小麦样品真菌毒素污染情况、160个玉米产品的真菌毒素的摸底排查验证工作。全国粮食产品质量安全专项监测。对广东和山西2个省份的5种粮食产品质量安全专项监测工作。共抽取378个样品，完成了质量、安全等50项指标的检测工作，编写相关报告5份。种植业产品质量安全例行监测。对河北省生产基地、运输车和批发市场（农贸市场）三个环节的蔬菜、食用菌和水果质量安全例行监测任务。农业生态环境保护-农产品产地土壤环境监测。承担了6个省份（西藏、宁夏、甘肃、青海、新疆、陕西）共2295对土壤-农产品样品的检测工作。国家小麦、玉米和大豆品种试验品种品质分析及判定。对我国小麦、玉米和大豆的新品种选育提供重要的技术支撑。谷物产品标准制修订项目。编撰了《玉米糊化特性快速检测法》和《米粉专用稻》行业标准的初稿。《专用籽粒玉米和鲜食玉米》完成了报批。国家重点研发计划-优势粮油产品评价及分级标准及标准样品研究。在前期工作的基础上重新进行了小麦、玉米不完善粒样品的收集、实验室制备、初筛和细筛，编制标准样品研制报告2份，标准样品证书2份。国家自然科学基金项目--小麦水溶性蛋白对脱氧雪腐镰刀菌烯醇乙酰基衍生物去乙酰化机理。在以前的研究基础之上继续进行脱氧雪腐镰刀菌烯醇乙酰基衍生物在小麦加工过程尤其是面团的制作过程其去乙酰化机理研究，进行了不同基质成分、小麦粉不同热处理、小麦蛋白不同提取物对脱氧雪腐镰刀菌烯醇乙酰基衍生物去乙酰化的影响。

对农药在小麦中的代谢机理研究取得新的进展。针对我国小麦及其制品中的农药残留量超标，严重影响谷物产量与品质，以及目前缺乏对农药代谢物的系统评估研究两大关键问题，开展农药在小麦中的农药残留风险评估和农药代谢机理研究，为农药在小麦中的安全使用提供科学依据。我们的研究结合HPLC-QTOF/MS分析技术，使用UNIFI软件建立了农药代谢物筛查库，用于非靶向代谢物的鉴定与诊断。该研究揭示了小麦生长和贮藏过程中毒死蜱和氧乐果的降解规律与代谢机制，施药后毒死蜱和氧乐果在小麦生长和贮藏过程中的残留量随着时间变化逐步降解，且浓度越大，残留量越大，降解半衰期越长。此外，我们发现毒死蜱和氧乐果在水解酯酶的作用下会发生水解反应，代谢形成两种毒性产物3,5,6-TCP和DMP，且这两种代谢物的持久性与暴露风险大于母体农药。因此，动物和人体中3,5,6-TCP和DMP的存在可能是由于吸收了食源性植物中有机磷农药水解后形成的代谢产物3,5,6-TCP和DMP。该研究对农药及其代谢物在饮食暴露中的风险评估和在谷物中的风险评估监管具有重要意义。相关文章发表在Journal of Agricultural and Food Chemistry杂志上。



农药从田间到餐桌的代谢过程

### 重要论著

- W Li, HJ Zhang, XX Hu, Y Zhang, BJ Wang. Deacetylation of 3-acetyl-deoxynivalenol in wheat flour is mediated by water-soluble proteins during the making of Chinese steamed bread. Food Chemistry. 2019, doi:10.1016/j.foodchem.2019.125341.
- LL Yu, LN Wang, Y Zhao, BJ Wang. Identification and dissipation of omethoate and its main metabolite DMP in wheat determined by UPLC-QTOF/MS. Journal of agricultural and food chemistry. 2019, 67: 5891-5898.
- 王丽娜, 王步军. 基于UPLC-QTOF/MS的小麦发芽代谢组学分析方法. 作物学报, 2019, 45(12): 1899-1904.
- 孙丽娟, 赵志宏, 贺娟, 王步军. 我国鲜食玉米相关标准问题分析及对策. 作物杂志, 2019, 2: 46-50.
- 董晓丽, 王步军. 江西省稻米中总砷和无机砷含量的测定. 食品科学技术学报. 2019, 37(6): 82-87.
- 王步军, 《2019年中国小麦质量报告》

### 代表性品种

中作豆1号, 河南省审

### 代表性知识产权

CNA20181413.5, 中作豆1号

### 研究组主要成员

- |           |           |
|-----------|-----------|
| 王步军 研究员   | 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 副研究员   |
| 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 高级实验师  |           |

### 研究生

于利莉 王丽娜 赵阳 刘宏超 牛欣宁

# 附 录

## 2019 年新增重要项目

课题名称	研究计划类别	起止年限	主持人
杂粮作物核心种质构建及基因组变异本底评价	国家重点研发计划课题	2019-2022	陈金锋
禾谷类杂粮品种、环境、栽培措施的互作关系及其机理	国家重点研发计划课题	2019-2022	李桂英
双子叶杂粮抗性种质创制	国家重点研发计划课题	2019-2022	王丽侠
双子叶杂粮高产优质种质创制	国家重点研发计划课题	2019-2022	杨克理
优质高产大豆新品种培育与示范	国家重点研发计划课题	2019-2022	孙 石
杂粮作物优异种质及基因资源共享平台构建	国家重点研发计划课题	2019-2022	汤 沙
抗除草剂转基因大豆新品种培育（调增）	国家科技重大专项	2019-2020	邱丽娟
异源多倍体小麦驯化的基因组学基础	国家自然科学基金	2020-2024	孔秀英
小麦抗病基因定位克隆及种质创新	国家自然科学基金	2019-2022	夏先春
2019 年物种品种资源保护费	农业部财政专项	2019	
现代农业产业技术体系	农业部财政专项	2019	
2019 年农业技术试验示范与服务支持	农业部财政专项	2019	
2019 年农产品质量安全监管专项经费	农业部财政专项	2019	
2019 年现代农业人才支撑计划	农业部财政专项	2019	
Modeling and Simulation in HarvestPlus Breeding Programs	国际合作项目	2019	王建康
荃 9311A 杂种优势机理研究	企业委托横向课题	2019-2021	徐建龙
新型氮肥增效剂的研制、应用与推广	地方政府项目	2019-2022	董志强

## 2019 年发表重要论文

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
1	Precise gene replacement in rice by RNA transcript-templated homologous recombination	Shaoya Li, Jingying Li, Jiahui, Zhang, Wenming Du, Lanqin Xia	Nature Biotechnology	37:445-450
2	A cyclic nucleotide-gated channel mediates cytoplasmic calcium elevation and disease resistance in rice	Jiachang Wang, Yulong Ren, Fuqing Wu, Cailin Lei, Shanshan Zhu, Yupeng Wang, Xin Jin, Sheng Luo, Xiao Zhang, Jinling Liu, Shuai Wang, Lingzhi Meng, Qibing Lin, Xin Zhang, Xiuping Guo, Zhijun Cheng, Jiulin Wang, Chuanyin Wu, Haiyang Wang, Jianmin Wan	Cell Research	29:820-831
3	Acclimation of methane emissions from rice paddy fields to straw addition	Yu Jiang, Haoyu Qian, Jun Zhang, Aixing Deng, Weijian Zhang	Science Advances	5:17-25
4	Genome-wide analyses reveal the role of non-coding variation in complex traits during rice domestication	Xiaoming Zheng, Jun Chen, Sha Liu, Qian Gao, Junrui Wang, Weihua Qiao, Jun Liu, Qingwen Yang	Science Advances	5:69-77
5	Genome-wide associated study identifies NAC42-activated nitrate transporter conferring high nitrogen use efficiency in rice	Jianmin Wan	Nature Communications	10:5279-5301
6	The blue light receptor CRY1 interacts with BZR1 and BIN2 to modulate the phosphorylation and nuclear function of BZR1 in repressing BR signaling in Arabidopsis	Guanhua He, Huixue Dong, Jiaqiang Sun	Molecular Plant	12:689-703
7	QTG-Seq Accelerates QTL Fine Mapping through QTL Partitioning and Whole-Genome Sequencing of Bulk Segregant Samples	Hongwei Zhang, Yunjun Liu, Pingxi Wang, Dongdong Li, Yan Liu, Guoying Wang	Molecular Plant	12:426-437
8	OsSHI1 Regulates Plant Architecture Through Modulating the Transcriptional Activity of IPA1 in Rice	Qibing Lin, Yupeng, Jiulin Wang, Cailin Lei, Xin Zhang, Xiuping Guo, Haiyang Wang, Jianmin Wan	The Plant Cell	31:1026-1042
9	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, Mao L	New Phytologist	221:1023-1035
10	Fungal resistance mediated by maize wall-associated kinase ZmWAK-RLK1 correlates with reduced benzoxazinoid content	Ping Yang	New Phytologist	221:976-987
11	JAZ proteins modulate seed germination through interacting with ABI5 in bread wheat and Arabidopsis	Yexing Jin, Jiaqiang Sun	New Phytologist	223:246-260
12	OsPEX5 regulates rice spikelet development through modulating jasmonic acid biosynthesis	Shanshan Zhu, Weiwei Chen, Yulong Ren, Qibing Lin, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Cailin Lei, Haiyang Wang, Jianmin Wan	New Phytologist	224:712-724



序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
13	Post-transcriptional regulation of Ghd7 protein stability by phytochrome and OsGI in photoperiodic control of flowering in rice	Shanshan Zhu, Mingming Wu, Yihua Wang, Ling Jiang, Huqu Zhai, Haiyang Wang, Jianmin Wan	New Phytologist	224:306-320
14	Rice FLOURY ENDOSPERM10 encodes a pentatricopeptide repeat protein that is essential for the trans-splicing of mitochondrial nad1 intron 1 and endosperm development	Yulong Ren, Shanshan Zhu, Cailin Lei, Xin Zhang, Xiuping Guo, Zhijun Cheng, Qibing Lin, Jie Wang, Jianmin Wan	New Phytologist	223:736-750
15	DELAYED HEADING DATE1 interacts with OsHAP5C/D, delays flowering time and enhances yield in rice	Shanshan Zhu, Tianzhen Liu, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Peike Sheng, Chaonan Li, Zhe Zhang, Cailin Lei, Xiuping Guo, Jiulin Wang, Jie Wang, Chuanyin Wu, Jianmin Wan	Plant Biotechnology Journal	17:531-539
16	Disruption of gene SPL35, encoding a novel CUE domain-containing protein, leads to cell death and enhanced disease response in rice	Jian Ma, Xiaoding Ma, Lingzhi Meng, Shuai Wang, Zhijun Cheng, Xin Zhang, Jiulin Wang, Jie Wang, Zhichao Zhao, Xiuping Guo, Qibing Lin, Fuqing Wu, Shanshan Zhu, Chuanyin Wu, Yulong Ren, Cailin Lei, Huqu Zhai, Jianmin Wan	Plant Biotechnology Journal	17:1679-1693
17	FLOURY ENDOSPERM16 encoding a NAD-dependent cytosolic malate dehydrogenase plays an important role in starch synthesis and seed development in rice	Yulong Ren, Xiuping Guo, Jianmin Wan	Plant Biotechnology Journal	17:1914-1927
18	FtMYB16 interacts with Ftimportin-a1 to regulate rutin biosynthesis in tartary buckwheat	Meiliang Zhou, Kaixuan Zhang	Plant Biotechnology Journal	17:1479-1481
19	Silencing an essential gene involved in infestation and digestion in grain aphid through plant-mediated RNA interference generates aphid-resistant wheat plants	Yongwei Sun, Wenming Du, Lanqin Xia	Plant Biotechnology Journal	17:852-854
20	TaDA1, a conserved negative regulator of kernel size, has an additive effect with TaGW2 in common wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Tian Li, Xueyong Zhang	Plant Biotechnology Journal	18:1330-1342
21	Supersweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing	Le Dong, Xiantao Qi, Jinjie Zhu, Changlin Liu, Long Mao, Chuanxiao Xie	Plant Biotechnology Journal	17:1853-1855
22	Integrated meta-omics approaches to understand the microbiome of spontaneous fermentation of traditional Chinese pu-erh tea	Dao Wang, Ying Pan	mSystems	4:15-28
23	BES/BZR Transcription Factor TaBZR2 Positively Regulates Drought Responses by Activation of TaGST1	Xiao-Yu Cui, Yuan Gao, Tai-Fei Yu, Jun Chen, Zhao-Shi Xu, You-Zhi Ma	Plant Physiology	180:605-620
24	Earlier Degraded Tapetum1 (EDT1) Encodes an ATP-Citrate Lyase Required for Tapetum Programmed Cell Death	Chuanyin Wu, Jianmin Wan	Plant Physiology	181:1223-1238
25	Ubiquitin Specific Protease 15 has an important role in regulating grain width and size in rice	Cuilan Shi, Yulong Ren, Peng Tian, Tian Pan, Tianzhen Liu, Fuqing Wu, Qibing Liu, Cailin Lei, Xin Zhang, Shanshan Zhu, Xiuping Guo, Jiulin Wang, Zhichao Zhao, Jie Wang, Huqu Zhai, Zhijun Cheng, Jianmin Wan	Plant Physiology	180:381-391

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
26	Contribution of rice variety renewal and agronomic innovations to yield improvement and greenhouse gas mitigation in China	Jun Zhang, Aixing Deng, Zhenwei Song, Weijian Zhang	Environmental Research Letters	14:114020
27	Identifying loci with breeding potential across temperate and tropical adaptation via EigenGWAS and EnvGWAS	Li J, Wang J, Li H	Molecular Ecology	28:3544-3560
28	Plasticity in Triticeae centromere DNA sequences: a wheat × tall wheatgrass (decaploid) model	Xueyong Zhang	The Plant Journal	100:314-327
29	Constitutive expression of a stabilized transcription factor group VII ethylene response factor enhances waterlogging tolerance in wheat without penalizing grain yield	Xuening Wei, Huijun Xu, Wei Rong, Xingguo Ye, Zengyan Zhang	Plant Cell and Environment	42:1471-1485
30	Genetic dissection of drought and heat-responsive agronomic traits in wheat	Long Li, Xinguo Mao, Jingyi Wang, Xiaoping Chang, Ruilian Jing	Plant Cell and Environment	42:2540-2553
31	Folate content analysis of wheat cultivars developed in the North China Plain	Bisma R, Wang K, Bisma R, Zhang CY, Ye XG	Food Chemistry	289:377-383
32	A nucleus-localized PPR protein OsNPPR1 is important for mitochondrial function and endosperm development in rice	Jianmin Wan	Journal of Experimental Botany	70:4705-4719
33	Improved folate accumulation in genetically modified maize and wheat	Wang K, Bisma R, Ye XG, Zhang CY	Journal of Experimental Botany	70:1539-1551
34	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
35	TaBT1, affecting starch synthesis and thousand kernel weight, underwent strong selection during wheat improvement	Xueyong Zhang	Journal of Experimental Botany	70:1497-1511
36	The maize glossy6 gene is involved in cuticular wax deposition and drought tolerance	Li L, Du Y, He C, Li J, Wang R, Wang G, Zheng J	Journal of Experimental Botany	70:3089-3099
37	Impacts of wheat photosynthate allocation on soil N <sub>2</sub> O emission during post-anthesis period	Aixing Deng, Xin Zhang, Weijian Zhang	Biology and Fertility of Soils	55:643-648
38	Plant genome editing using xCas9 with expanded PAM compatibility	Li JY, Luo JM, Xu ML, Li SY, Zhang JH, Li HY, Yan L, Xia LQ	Journal of Genetics and Genomics	46:277-280
39	Greenhouse gas emissions from a rice-rice-green manure cropping system in South China	Raheem, A, Zhang, J, Siddik, MA, Deng, AX, Zhang, WJ	Geoderma	353:331-339
40	MYB Transcription Repressors Regulate Plant Secondary Metabolism	Meiliang Zhou, Kaixuan Zhang	Critical Reviews in Plant Sciences	38:159-170
41	Research Progress and Perspective on Drought Stress in Legumes: A Review	Lijuan Qiu	Molecular Sciences	20:2541
42	Development of SNP, KASP, and SSR markers by BSR-RNA-Seq technology for saturation of genetic linkage map and efficient detection of wheat powdery mildew resistance gene Pm61	Hu Jinghuang, Wu Peipei, Li Yahui, Qiu Dan, Qu Yunfeng, Zhang Hongjun, Yang Li, Liu Hongwei, Zhou Yang Hongjie Li	International Journal of Molecular Sciences	20:750-759

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
43	Genetic Mapping and Molecular Characterization of a Broad-spectrum Phytophthora sojae Resistance Gene in Chinese Soybean	Chao Zhong, Suli Sun, Canxing Duan , Zhendong Zhu	International Journal of Molecular Sciences	20:1809-1812
44	Mutations in the rice OsCHR4 gene, encoding a CHD3 family chromatin remodeler, induce narrow and rolled leaves with increased cuticular wax	Daofeng Wang, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Xueyong Li	International Journal of Molecular Sciences	20:2567
45	Resistance to cereal cyst nematodes in wheat and barley: An emphasis on classical and modern approaches	Hongjie Li	International Journal of Molecular Sciences	20:432-450
46	Two Novel er1 Alleles Conferring Powdery Mildew (Erysiphe pisi) Resistance Identified in a Worldwide Collection of Pea (Pisum sativum L.) Germplasms	Suli Sun, Dong Deng, Canxing Duan, Xuxiao Zong, Zhendong Zhu	International Journal of Molecular Sciences	20:5071-5083
47	Overexpression of maize ZmC1 and ZmR transcription Factors in wheat regulates anthocyanin biosynthesis in a tissue-specific manner	Riaz B, Chen HQ, Wang J, Du LP, Wang K, Ye XG	International Journal of Molecular Sciences	20:69-78
48	Functional Analysis of the Soybean GmCDPK3 Gene Responding to Drought and Salt Stresses	Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, You-Zhi Ma, Zhao-Shi Xu	International Journal of Molecular Sciences	20:651-663
49	Genome-Wide Analysis of LIM Family Genes in Foxtail Millet (Setaria italica L.) and Characterization of the Role of SiWLIM2b in Drought Tolerance	Ming Chen, Jun Chen, Zhao-Shi Xu , Yong-Bin Zhou, You-Zhi Ma	International Journal of Molecular Sciences	20:14-21
50	Genome-Wide Analysis of the DYW Subgroup PPR Gene Family and Identification of GmPPR4 Responses to Drought Stress	Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, Zhao-Shi Xu , You-Zhi Ma	International Journal of Molecular Sciences	20:1302-1310
51	Jasmonic Acid Signaling Pathway in Plants	Meiliang Zhou, Kaixuan Zhang	International Journal of Molecular Sciences	20:1-17
52	Overexpression of TaCOMT Improves Melatonin Production and Enhances Drought Tolerance in Transgenic Arabidopsis	Yong-Tao Du, Yong-Bin Zhou, Jun Chen, Zhao-Shi Xu , You-Zhi Ma, Ming Chen	International Journal of Molecular Sciences	20:116-122
53	SiMYB3 in Foxtail Millet (Setaria italica) Confers Tolerance to Low-Nitrogen Stress by Regulating Root Growth in Transgenic Plants	Linhao Ge, Yining Dou, Zhang He , Y Liu, Zhaoshi Xu, Jun Chen, Ming Chen, Youzhi Ma	International Journal of Molecular Sciences	20:93-101
54	The Elongation Factor GmEF4 Is Involved in the Response to Drought and Salt Tolerance in Soybean	Yuan Gao, Jun Chen, Ming Chen, Yong-Bin Zhou, Jin-Dong Fu, Zhao-Shi Xu , You-Zhi Ma	International Journal of Molecular Sciences	20:86-91
55	Creation of Early Flowering Germplasm of Soybean by CRISPR/Cas9 Technology	Jianan Han , Yong Guo, Li-Juan Qiu	Frontiers in Plant Science	10:1446-1446
56	Genome-Wide Characterization and Expression Analysis of Soybean TGATranscription Factors Identified a Novel TGA Gene Involved in Droughtand Salt Tolerance	Ying Liu, Jin-Dong Fu, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, You-Zhi Ma, Zhao-Shi Xu	Frontiers in Plant Science	10:549:1320-1336
57	Genomic Analysis of Stress Associated Proteins (SAPs) in Soybean and the Role of GmSAP16 in Abiotic Stress Responses in Arabidopsis and Soybean	Tai-Fei Yu, Jun Chen, Yong-Bin Zhou, Ming Chen, Shou-Cheng Chai, Zhao-Shi Xu, You-Zhi Ma	Frontiers in Plant Science	10:1453

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
58	Improving Genomic Selection With Quantitative Trait Loci and Nonadditive Effects Revealed by Empirical Evidence in Maize	Xiaogang Liu, Hongwu Wang, Xiaojiao Hu, Kun Li, Zhifang Liu, Yujin Wu, Changling Huang	Frontiers in Plant Science	10:1129
59	The Roles of GmERF135 in Improving Salt Tolerance and Decreasing ABA Sensitivity in Soybean	Meng-Jie Zhao, Jin-Dong Fu, Ming Chen, Zhao-Shi Xu, You-Zhi Ma	Frontiers in Plant Science	10:940
60	Transcriptome Profiling Predicts New Genes to Promote Maize Callus Formation and Transformation	Xuemei Du, Ting Fang, Yan Liu, Guoying Wang, Yunjun Liu, Junjie Fu	Frontiers in Plant Science	10:1633
61	Genomic Prediction using Existing Historical Data Contributing to Selection in Biparental Populations: A Study of Kernel Oil in Maize	Wang Hongwu, Zhang Hongwei, Li Dongdong, Li Huihui, Wang Guoying, Fu Junjie	Plant Genome	12:1-9
62	Genetic dissection of seedling vigour in a diverse panel from the 3, 000 Rice ( <i>Oryza sativa</i> L.) Genome project	Tian-Qing Zheng, Jian-Long Xu, Zhi-Kang Li	Scientific Reports	9:4804-4811
63	Construction of a high density linkage map and genome dissection of bruchid resistance in zombi pea ( <i>Vigna vexillata</i> (L.) A. Rich).	Lixia Wang, Suhua Wang & Xuzhen Cheng	Scientific Reports	9:11719
64	Identification of P genome chromosomes in <i>Agropyron cristatum</i> and wheat-A. <i>cristatum</i> derivative lines by FISH	Haiming Han, Weihua Liu, Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li	Scientific Reports	9:9712
65	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, Ang li, Guangyao Zhao, Jinfeng Zhao	Scientific Reports	9:141
66	Improving maize grain yield by matching maize growth and solar radiation. Scientific Reports	Shaokun Li, Ruizhi Xie, Keru Wang, Peng Hou, Bo Ming, Jun Xue, Guangzhou Liu	Scientific Reports	9:3635
67	Overexpression of TaJAZ1 increases powdery mildew resistance through promoting reactive oxygen species accumulation in bread wheat	Yexing Jin, Jiaqiang Sun	Scientific Reports	9:5691-5700
68	Transcriptome analysis of a rice cultivar reveals the differentially expressed genes in response to wild and mutant strains of <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i>	Wang CL, Tariq R, Ji ZY, Wei Z, Zheng KL, Mishra R, Zhao KJ	Scientific Reports	9:3757
69	Maize Empty Pericarp602 Encodes a P-Type PPR Protein That Is Essential for Seed Development	Zhenjing Ren, Kaijian Fan, Ting Fang, Jiaojiao Zhang, Li Yang, Guoying Wang, Yunjun Liu	Plant Cell Physiology	60:1734-1746
70	A GARP transcription factor anther dehiscence defected 1 ( <i>OsADD1</i> ) regulates rice anther dehiscence	Jianmin Wan	Plant Molecular Biology	101:403-414
71	WSL6 encoding an Era type GTP binding protein is essential for chloroplast development in rice	Jianmin Wan	Plant Molecular Biology	100:635-645
72	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

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
73	Bulked segregant RNA sequencing (BSR seq) identified a novel rare allele of eIF4E effective against multiple isolates of BaYMV/BaMMV	Lijie Shi, Congcong Jiang, Ping Yang	Theoretical and Applied Genetics	132:1777-1788
74	Characterization and fine mapping of qkrnw4, a major QTL controlling kernel row number in maize	Ningning Nie, Xiaoyu Ding, Lin Chen, Xun Wu, Yixin An, Chunhui Li, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Tianyu Wang, Yu Li, Yong xiang Li, Yunsu Shi	Theoretical and Applied Genetics	132:3321-3331
75	Fine mapping of the wheat powdery mildew resistance gene Pm52 using comparative genomics analysis and the Chinese Spring reference genomic sequence	Wu Peipei, Hu Jinghuang, Zou Jingwei, Qiu Dan, Qu Yunfeng, Li Yahui, Li Teng, Zhang Hongjun, Yang Li, Liu Hongwei, Zhou Yang, Li Hongjie	Theoretical and Applied Genetics	132:1451-1461
76	From markers to genome-based breeding in wheat	Awais Rasheed, Xianchun Xia	Theoretical and Applied Genetics	132:767-784
77	Genetic architecture of phenotypic means and plasticities of kernel size and weight in maize	Chunhui Li, Xun Wu, Yongxiang Li, Yunsu Shi, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Yu Li, Tianyu Wang	Theoretical and Applied Genetics	132:3309-3320
78	Genetic dissection of a major QTL for kernel weight spanning the Rht-B1 locus in bread wheat	Dengan Xu, Weie Wen, Luping Fu, Faji Li, Jihu Li, Li Xie, Xianchun Xia, Zhonghu He, Shuanghe Cao	Theoretical and Applied Genetics	132:3191-3200
79	Genome-wide variation patterns between landraces and cultivars uncover divergent selection during modern wheat breeding	Jindong Liu, Awais Rasheed, Zhonghu He, Weie Wen, Xianchun Xia	Theoretical and Applied Genetics	132:2509-2523
80	QTL mapping pod dehiscence resistance in soybean ( <i>Glycine max</i> L.Merr.) using specific locus amplified fragment sequencing	Jianan Han, Yong Guo, Zhongyan Wei, Yu Tian, Lijuan Qiu	Theoretical and Applied Genetics	132:2253-2272
81	Deletion mapping and verification of an enhanced-grain number per spike locus from the 6PL chromosome arm of <i>Agropyron cristatum</i> in common wheat	Haiming Han, Weihua Liu, Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li	Theoretical and Applied Genetics	132:2815-2827
82	Water management to mitigate the global warming potential of rice systems: A global meta-analysis	Yu Jiang	Field Crops Research	234:47-54
83	CLE25 peptide regulates phloem initiation in <i>Arabidopsis</i> through a CLERK - CLV2 receptor complex	Chun-Ming Liu	Journal of Integrative Plant Biology	61:1043-1061
84	GW5-Like, a homolog of GW5, negatively regulates grain width, weight and salt resistance in rice	Peng Tian, Jiafan Liu, Cuilan Shi, Huan Zhang, Zhichao Zhao, Qibing Lin, Jie Wang, Jiulin Wang, Xin Zhang, Xiuping Guo, Zhijun Cheng, Shanshan Zhu, Yulong Ren, Cailin Lei, Haiyang Wang, Jianmin Wan	Journal of Integrative Plant Biology	61:1171-1185
85	TaZIM-A1 negatively regulates flowering time in common wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.)	Xueyong Zhang	Journal of Integrative Plant Biology	61:359-376
86	A rapid monitoring of NDVI across the wheat growth cycle for grain yield prediction using a multi-spectral UAV platform	Muhammad Adeel Hassan, Mengjiao Yang, Awais Rasheed, Xianchun Xia, Yonggui Xiao, Zhonghu He	Plant Science	282:95-103
87	OsLUGL is involved in the regulating auxin level and OsARFs expression in rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Jianmin Wan	Plant Science	288:110239-110249

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
88	Overexpression of soybean miR169c confers increased drought stress sensitivity in transgenic <i>Arabidopsis thaliana</i>	Zheng Hu, Qiyang Jiang, Xianjun Sun, Hui Zhang	Plant Science	285:68-78
89	Small Grain and Dwarf 2, encoding an HD-Zip II family transcription factor, regulates plant development by modulating gibberellin biosynthesis in rice	Weiwei Chen, Zhijun Cheng, Min Wang, Jian Wang, Feng Zhang, Zhe Zhang, Yupeng Wang, Sheng Luo, Jinhui Zhang, Jiulin Wang, Jie Wang, Zhichao Zhao, Xiuping Guo, Cailin Lei, Xin Zhang, Qibing Lin, Yulong Ren, Shanshan Zhua, Jianmin Wan	Plant Science	288:110208-110218
90	Candidate loci for the kernel row number in maize revealed by a combination of transcriptome analysis and regional association mapping	Yixin An, Lin Chen, Yong-Xiang Li, Chunhui Li, Yunsu Shi, Yanchun Song, Dengfeng Zhang, Yu Li, Tianyu Wang	BMC Plant Biology	19:201
91	Genetic architecture of grain yield in bread wheat based on genome-wide association studies	Faji Li, Weie Wen, Jindong Liu, Yong Zhang, Shuanghe Cao, Zhonghu He, Awais Rasheed, Hui Jin, Xianchun Xia	BMC Plant Biology	19:1-19
92	Global status of 47 major wheat loci controlling yield, quality, adaptation and stress resistance selected over the last century	Xueyong Zhang, Chenyang Hao	BMC Plant Biology	19:41-53
93	Identification of TaPPH-7A haplotypes and development of a molecular marker associated with important agronomic traits in common wheat	Xiaoping Chang, Ruilian Jing	BMC Plant Biology	19:66-80
94	OsNHX5-mediated pH homeostasis is required for post-Golgi trafficking of seed storage proteins in rice endosperm cells	Yulong Ren, Jianmin Wan	BMC Plant Biology	19:103-115
95	Rapid identification and characterization of genetic loci for defective kernel in bread wheat	Chao Fu, Xiuling Tian, Zhonghu He, Luping Fu, Yue Wang, Dangan Xu, Xiaoting Xu, Xianchun Xia, Yan Zhang, Shuanghe Cao	BMC Plant Biology	19:1-11
96	The ABA-induced soybean ERF transcription factor gene GmERF75 plays a role in enhancing osmotic stress tolerance in <i>Arabidopsis</i> and soybean	Meng-Jie Zhao, Ying Liu, Jin-Dong Fu, Ming Chen, Zhao-Shi Xu, You-Zhi Ma	BMC Plant Biology	19:82-90
97	Optimized agronomic management as a double-win option for higher maize productivity and less global warming intensity: a case study of Northeastern China	Weijian Zhang	Advances in Agronomy	157:253-292
98	First report of anthracnose leaf blight of maize caused by <i>Colletotrichum graminicola</i> in China	CX Duan, ZH Yang, SL Sun, ZD Zhu, XM Wang	Plant Disease	103:1770-1770
99	First Report of Charcoal Rot Caused by <i>Macrophomina phaseolina</i> on Faba Bean in China	Suli Sun, Zhendong Zhu, Canxing Duan, Pan Zhao, Feifei Sun, Dong Deng	Plant Disease	103:1415-1415
100	First report of maize ear rot caused by <i>Fusarium sacchari</i> in China	CX Duan, BB Wang	Plant Disease	103:2674-2674
101	A transient expression system in soybean mesophyll protoplasts reveals the formation of cytoplasmic GmCRY1 photobody-like structures	Hongyu Li, Tao Zhao, Jun Liu, Bin Liu	SCIENCE CHINA Life Sciences	62:1070-1077

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
102	Identification and dissipation of omethoate and its main metabolite DMP in wheat determined by UPLC-QTOF/MS	Lili Yu, Lina Wang, Yang Zhao, Bujun Wang	Journal of agricultural and food chemistry	67:5891-5898
103	Continuous salt stress-induced long non-coding RNAs and DNA methylation patterns in soybean roots	Xianjun Sun, Qiyan Jiang, Hui Zhang, Zheng Hu	BMC Genomics	20:730
104	Development of PCR markers specific to <i>Dasypyrum villosum</i> genome based on transcriptome data and their application in breeding <i>Triticum aestivum</i> -D. villosum#4 alien chromosome lines	Ke Wang, Lipu Du, Zhishan Lin, Xingguo Ye	BMC Genomics	20:63-69
105	Genome-wide analysis and identification of the low potassium stress responsive gene SiMYB3 in foxtail millet ( <i>Setaria italica</i> L.)	Zhaoshi Xu, Liancheng Li, Yongbin Zhou, Ming Chen, Youzhi Ma	BMC Genomics	20:96-101
106	Integrated transcriptome, small RNA, and degradome analysis reveals the complex network regulating starch biosynthesis in maize	Han Jienan, Hao Zhuanfang, Li Mingshun, Zhang Degui, Yong Hongjun, Weng Jianfeng, Li Xinhai	BMC Genomics	20:1-16
107	Natural variations of FT family genes in soybean varieties covering a wide range of maturity groups	Jiang B, S Zhang, W Song, MAA Khan, S Sun, C Zhang, T Wu, C Wu, T Han	BMC Genomics	20:230
108	Full-length transcriptome sequences of <i>Agropyron cristatum</i> facilitate the prediction of putative genes for thousand-grain weight in a wheat-A. cristatum translocation line	Shenghui Zhou, Jinpeng Zhang, Haiming Han, Jing Zhang, Huihui Ma, Zhi Zhang, Yuqing Lu, Weihua Liu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li	BMC Genomics	20:1-15
109	Genome-wide association study reveals genomic regions controlling root and shoot traits at late growth stages in wheat	Long Li, Xinguo Mao, Jingyi Wang, Xiaoping Chang, Ruilian Jing	Annals of Botany.	124:993-1006
110	TaARF4 genes are linked to root growth and plant height in wheat	Jingyi Wang, Xinguo Mao, Long Li, Xiaoping Chang, Xueyong Zhang, Ruilian Jing	Annals of Botany.	124:903-915
111	Construction of chromosome segment substitution lines of Dongxiang common wild rice ( <i>Oryza rufipogon</i> Griff.) in the background of the japonica rice cultivar Nipponbare ( <i>Oryza sativa</i> L.)	Xiaoding Ma, Bing Han, Di Cui, Longzhi Han	Plant Physiology and Biochemistry	144:274-282
112	Phenotypic and Proteomic Characteristics of Sorghum ( <i>Sorghum bicolor</i> ) Albino Lethal Mutant sbe6-a1	Daoping Wang, Yongying Mu, Guiying Li, Yinghong Pan	Plant Physiology and Biochemistry	139:400-410
113	Physiological and iTRAQ-based proteomic analyses reveal that melatonin alleviates oxidative damage in maize leaves exposed to drought stress	Lin Guo	Plant Physiology and Biochemistry	142:263-274
114	Rice albino 1, encoding a glycyl-tRNA synthetase, is involved in chloroplast development and establishment of the plastidic ribosome system in rice	Jianmin Wan	Plant Physiology and Biochemistry	139:495-503
115	Responses of indica rice yield and quality to extreme high and low temperatures during the reproductive period	Siddik M A, Zhang J, Qian H, Jiang Y, kareem Raheem A, Deng A, Song Z, Zheng C, Zhang W	European Journal of Agronomy	106:30-38

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
116	EcoTILLING Reveals Natural Allelic Variations in Starch Synthesis Key Gene TaSSIV and Its Haplotypes Associated with Higher Thousand Grain Weight	Irshad A, Guo H, Zhang S, Gu J, Zhao L, Xie Y, Xiong H, Zhao S, Ding Y, Ma Y, Liu L	Genes	10:307-319
117	Breeding new cultivars for sustainable wheat production	Hongjie Li, Y Zhou	The Crop Journal	7:715-717
118	Breeding wheat for resistance to Fusarium head blight in the Global North: China, USA and Canada	Zhanwang Zhu, Yuanfeng Hao, Xianchun Xia, Zhonghu He	The Crop Journal	7:730-738
119	Deep genotyping of the gene GmSNAP facilitates pyramiding resistance to cyst nematode in soybean	Tian Y, Liu B, Guan RX, Li YH, Qiu LJ	The Crop Journal	7:677-684
120	Deep neural network algorithm for estimating maize biomass based on simulated Sentinel 2A vegetation indices and leaf area index	Shaokun, Xiuliang Jin	The Crop Journal	8:87-97
121	Developing green super rice varieties with high nutrient use efficiency by phenotypic selection under varied nutrient conditions	Jianlong Xu, Zhikang Li	The Crop Journal	7:368-377
122	Development and genetic analysis of wheat double substitution lines carrying Hordeum vulgare 2H and Thinopyrum intermedium 2Ai#2 chromosomes	Jing Wang, Ke Wang, Lipu Du, Zhishan Lin, Xingguo Ye	The Crop Journal	7:163-175
123	Development of P genome-specific SNPs and their application in tracing Agropyron cristatum introgressions in common wheat	Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Haiming Han, Weihua Liu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li	The Crop Journal	7:151-162
124	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
125	Effects of Fhb1 gene on Fusarium head blight resistance and agronomic performances in winter wheat	Li Teng, Zhang Hongjun, Huang Yiwen, Liu Hongwei, Yang Li, Li Hongjie, Zhou Yang	The Crop Journal	7:799-808
126	Effects of tridimensional uniform sowing on water consumption, nitrogen use, and yield in winter wheat	Zhiqiang Tao, Shaokang Ma, Xuhong Chang, Demei Wang, Yanjie Wang, Yushuang Yang, Guangcai Zhao, Jiancang Yang	The Crop Journal	7:480-493
127	Feeding of Riptortus pedestris on soybean plants, the primary cause of soybean staygreen syndrome in the Huang-Huai-Hai river basin	C Wu, T Han	The Crop Journal	7:360-367
128	Identification of a novel seed size associated locus SW9-1 in soybean	Yinghui Li, Lijuan Qiu	The Crop Journal	7:548-559
129	Integrated agronomic practice increases maize grain yield and nitrogen use efficiency under various soil fertility conditions	Baoyuan Zhou, Zaisong Ding, Congfeng Li, Wei Ma, Ming Zhao	The Crop Journal	7:527-538
130	Involvement of sulfur assimilation in the low $\beta$ subunit content of soybean seed storage protein revealed by comparative transcriptome analysis	Yongzhe Gu, Yong Guo, Lijuan Qiu	The Crop Journal	7:504-515



序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
131	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
132	Retrotransposon-mediated DELLA transcriptional reprogramming underlies semi-dominant dwarfism in foxtail millet	Meichang Zhao, Hui Zhi, Xue Zhang, Guanqing Jia, Xianmin Diao	The Crop Journal	7:458-468
133	TaCML36, a wheat calmodulin-like protein, positively participates in an immune response to <i>Rhizoctonia cerealis</i>	Lin Lu, Wei Rong, Zengyan Zhang	The Crop Journal	7:608-618
134	The soft glumes of common wheat are sterile-lemmas as determined by the domestication gene Q.	Song G, Sun G, Kong X, Jia M, Geng S, Mao L, Li A	The Crop Journal	7:113-117
135	Using irrigation intervals to optimize water-use efficiency and maize yield in Xinjiang, northwest China	Shaokun Li, Ruizhi Xie, Keru Wang, Peng Hou, Bo Ming, Jun Xue, Guoqiang Zhang, Xiuliang Jin	The Crop Journal	7:322-334
136	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
137	Wheat breeding in northern China: Achievements and technical advances	Hongjie Li, Yang Zhou,	The Crop Journal	7:718-729
138	Accuracy assessment of plant height using an unmanned aerial vehicle for quantitative genomic analysis in bread wheat	Muhammad Adeel Hassan, Mengjiao Yang, Luping Fu, Awais Rasheed, Xianchun Xia, Yonggui Xiao, Zhonghu He	Plant Methods	15:1-12
139	Structure Parameters of X-ray Micro-computed Tomography ( $\mu$ CT) and Their Relations with Breakage Rate of Maize Varieties	Shaokun Li	Plant Methods	15:1-11
140	Microbial Transformation of Flavonoids by <i>Isaria fumosorosea</i> ACCC 37814	Fangmin Dou, Zhi Wang, Guiying Li, Baoqing Dun	Molecules	24:1028
141	Composition of mitochondrial complex I during the critical node of seed aging in <i>Oryza sativa</i>	Guangkun, Xin Xia, He Juanjuan, Chen Xiaoling, Zhang Jinmei, Lu Xinxiong	Journal of plant Physiology	236:7-14
142	A combined association mapping and t-test analysis of SNP loci and candidate genes involving in resistance to low nitrogen traits by a wheat mutant population	Xiong H, Guo H, Zhou C, Xie Y, Zhao L, Gu J, Zhao S, Ding Y, Liu L	PLoS ONE	14:1492-1499
143	<i>Arabidopsis</i> TRM5 encodes a nuclear-localised bifunctional tRNA guanine and inosine-N1-methyltransferase that is important for growth	Qianqian Guo, Shanshan Shi, Diwen Fan, Ming Zhao, Wwnbin Zhou	PLoS ONE	14:e0225064
144	Enhancing genomic selection by fitting largeeffect SNPs as fixed effects and a genotypeby-environment effect using a maize BC1F3:4 population	Li Dongdong, Xu Jialiang, Zhang Hongwei, Wang Guoying	PLoS ONE	14:e0223898
145	Genome-wide identification and comparative analysis of drought-related microRNAs in two maize inbred lines with contrasting drought tolerance by deep sequencing	Xuyang Liu, Xiaojing Zhang, Luyang Hao, Dengfeng Zhang, Chunhui Li, Yongxiang Li, Yunsu Shi, Yanchun Song, Tianyu Wang, Yu Li	PLoS ONE	14:e0219176

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
146	The synergistic effects of TaAGPL-B1 and TaSSIVb-D mutations in wheat lead to alterations of gene expression patterns and starch content in grain development	Zhang S, Guo H, Irshad A, Xie Y, Zhao L, Xiong H, Gu J, Zhao S, Ding Y, Liu L	PLoS ONE	14:77-80
147	Enhancing the CRISPR/Cas9 system based on multiple GmU6 promoters in soybean	Xiaojun Sun, Zheng Hu, Qiyan Jiang, Hui Zhang	Biochemical and Biophysical Research Communications	519:819-823
148	Membrane phospholipids remodeling upon imbibition in Brassica napus L. seeds	Xia Xin, Guangkun Yin, Juanjuan He, Xinxiong Lu	Biochemical and Biophysical Research Communications	515:289-295
149	Genome-Wide Analyses Reveal Footprints of Divergent Selection and Drought Adaptive Traits in Synthetic-Derived Wheats	Huihui Li, Xianchun Xia, Zhonghu He, Awais Rasheed	G3 Genes Genomes Genetics	9:1957-1973
150	Genetic mapping with background control for quantitative trait locus (QTL) in 8-parental pure-line populations	Jinhui Shi, Jiankang Wang, Luyan Zhang	Journal of Heredity	110:880-891
151	Improved antibacterial effects of alkali-transformed saponin from quinoa husks against halitosis-related bacteria	Xiaoyan Sun, Xiushi Yang, Peng Xue, Guixing Ren	BMC Complementary and Alternative Medicine	19:151-163
152	TaPP2AbB - $\gamma$ , a wheat regulatory subunit of PP2A enhanced abiotic stress tolerance	Xinguo Mao, Ang Li, Xiaoping Chang, Ruilian Jing	Plant Growth Regulation	89:345-355
153	Allelic effects and variations for key bread-making quality genes in bread wheat using high-throughput molecular markers	Awais Rasheed, Hui Jin, Yonggui Xiao, Yan Zhang, Yuanfeng Haoa, Yong Zhang, Xianchun Xia, Zhonghu He	Journal of cereal science	85:305-309
154	Revealing the regional distribution of soybean lunasin content in China and the effects of climate factors by sampling extensively	Yingying Zhu, Wenwen Song, Zhenxing Shi, Tianfu Han, Guixing Ren	Journal of the Science of Food and Agriculture	99:2802-2807
155	Analysis of evolutionary relationships provides new clues to the origins of weedy rice Journal	Han Bing, Ma Xiaoding, Cui Di, Wang Yanjie, Geng Leiyue, Cao Guilian, Zhang Hui, Koh Heejong, Han Longzhi	Ecology and Evolution	10:891-900
156	An improved mesocotyl elongation assay for the rapid identification and characterization of strigolactone-related rice mutants	Jinfeng Zhao, Jingjing Fang, Xueyong Li	Agronomy	9:208
157	Effects of Soil Tillage and Canopy Optimization on Grain Yield, Root Growth, and Water Use Efficiency of Rainfed Maize in Northeast China	Ming Zhao, Congfeng Li	Agronomy	9:336
158	Confirmation of Fusarium oxysporum as a causal agent of mung bean wilt in China	Feifei Sun, Suli Sun, Lin Zhu, Canxing Duan, Zhendong Zhu	Crop Protection	117:77-85
159	Improvement of three commercial spring wheat varieties for powdery mildew resistance by marker-assisted selection	Ye XG, Li SJ, Wang J, Chen HQ, Wang K, Lin ZS, Du LP	Crop Protection	125:105-112

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
160	禾谷类杂粮作物耐逆和栽培技术研究新进展	刁现民	中国农业科学	52:3943-3949
161	基于簇小麦No.1026转录组的SSR序列分析及其PCR标记开发	陈竟男, 马晓兰, 王振, 李仕金, 谢皓, 叶兴国, 林志珊	中国农业科学	52:6-15
162	基于温带和热带玉米群体全基因组FST和XP-EHH的选择信号检测	杨宇昕, 邹彬	中国农业科学	52:6-17
163	利用荧光SSR分析中国糜子的遗传多样性和群体遗传结构	寇淑君, 霍阿红, 付国庆, 纪军建, 王瑶, 左振兴, 刘敏轩, 陆平	中国农业科学	52:1475-1487
164	播/收期对冬小麦-夏玉米一年两熟模式周年气候资源分配与利用特征的影响	周宝元, 马玮, 孙雪芳, 高卓哈, 丁在松, 李从锋, 赵明	中国农业科学	52:1501-1517
165	广西玉米穗腐病致病镰孢种群构成与毒素化学型分析	杜青, 唐照磊, 李石初, 上官玲玲, 李华娇, 段灿星	中国农业科学	52:1895-1907
166	利用BSA法发掘野生大豆种子硬实性相关QTL	陈静静, 刘谢香, 于莉莉, 卢一鹏, 张嗣天, 张昊辰, 关荣霞, 邱丽娟	中国农业科学	52:2208-2219
167	玉米花期根系结构的表型变异与全基因组关联分析	张小琼, 郭剑, 代书桃, 任元, 李凤艳, 刘京宝, 李永祥, 张登峰, 石云素, 宋燕春, 黎裕, 王天宇, 邹华文, 李春辉	中国农业科学	52:2391-2405
168	东乡野生稻与日本晴多态性标记的开发	马小定, 唐江红, 张佳妮, 崔迪, 李慧, 黎毛毛, 韩龙植	作物学报	45:160-165
169	聚天门冬氨酸螯合氮肥减量基施对东北春玉米的增效机制	唐会会, 许艳丽, 王庆燕, 马正波, 李光彦, 董会, 董志强	作物学报	45:113-124
170	光温处理对小豆苗期生理性状及叶绿素合成前体的影响	何宁, 王雪扬, 曹良子, 曹大为, 洛育, 姜连子, 孟英, 冷春旭, 唐晓东, 李一丹, 万书明, 卢环, 程须珍	作物学报	45:142-150
171	通过分子标记辅助选择将耐储藏主效QTL qSS-9 (Kas)转入宁粳4号提高其种子贮藏能力	张平, 姜一梅, 曹鹏辉, 张福麟, 伍洪铭, 蔡梦颖, 刘世家, 田云录, 江玲, 万建民	作物学报	45:17-25
172	粮食作物生产系统定量调控理论与技术模式	赵明, 周宝元, 马玮, 李从锋, 丁在松, 孙雪芳	作物学报	45:5-18
173	冬小麦-夏玉米高产模式周年气候资源分配与利用特征研究	周宝元, 马玮, 孙雪芳, 丁在松, 李从锋, 赵明	作物学报	45:589-600
174	玉米穗发芽突变体vp-like8的遗传分析及突变基因鉴定	王瑞, 陈阳松, 孙明昊, 张秀艳, 杜依聪, 郑军	作物学报	45:14-19
175	大豆7S球蛋白 $\alpha'$ 亚基缺失新种质中黄608的分子鉴定	李俊英, 孙如建, 李忠峰, 魏中艳, 任玉龙, 王俊, 邱丽娟	作物学报	45:22-29
176	田间密植诱导抽穗期玉米叶片衰老时的光合作用机制	吴含玉, 张雅君, 张旺锋, 王克如, 李少昆, 姜闯道	作物学报	45:248-255
177	利用WGCNA进行玉米花期基因共表达模块鉴定	杨宇昕, 桑志勤, 许诚, 代文双, 邹彬	作物学报	45:161-174
178	一个CRISPR/Cas9-VQR基因编辑系统的构建	陈凯, 孙国梁, 宋高原, 李爱丽, 谢传晓, 毛龙, 耿帅锋	作物学报	45:848-855
179	辽河流域玉米籽粒脱水特点及适宜收获期分析	黄兆福, 明博, 王克如, 谢瑞芝, 杨飞, 王志刚, 肖春华, 李少昆	作物学报	45:922-931
180	野生和栽培大豆种质油脂组成特点及其与演化的关系	陈影, 张晟瑞, 王岚, 王连铮, 李斌, 孙君明	作物学报	45:1038-1049

续表

序号	论文题目	本单位作者	期刊名称	卷期页码
181	基于高斯函数的春玉米叶片功能期模型构建与应用	李姚姚, 范盼盼, 明博, 王春霞, 王克如, 侯鹏, 谢瑞芝, 李少昆	作物学报	45:1221-1229
182	小麦类受体蛋白激酶基因TaPK3A的克隆与抗纹枯病功能初步分析	苏强, 荣玮, 张增艳	作物学报	45:1158-1165
183	大麦蛋白质二硫键异构酶基因家族的鉴定与表达分析	时丽洁, 蒋枫隽, 王方梅, 杨平, 冯宗云	作物学报	45:1365-1374
184	小麦抗逆相关基因TaSAP1的5' 非翻译区内含子功能分析	常建忠, 董春林, 张正, 乔麟轶, 杨睿, 蒋丹, 张彦琴, 杨丽莉, 吴佳洁, 景蕊莲	作物学报	45:1311-1318
185	新疆、甘肃黍稷资源的遗传多样性与群体遗传结构研究	薛延桃, 陆平, 史梦莎, 孙昊月, 刘敏轩, 王瑞云	作物学报	45:1511-1521
186	蚂蚱麦和小白麦衍生系的遗传多样性分析	白彦明, 李龙, 王绘艳, 柳玉平, 王景一, 毛新国, 昌小平, 孙黛珍, 景蕊莲	作物学报	45:1468-1477
187	70份国外小麦品种(系)的苗期和成株期抗叶锈病鉴定	郑慧敏, 温晓蕾, 郝晨阳, 张培培, GEBREWAHID Takele Weldu, 闫晓翠, 刘大群, 张学勇, 李在峰	作物学报	45:1455-1467
188	基于多重表型分析的准确评价高粱抗旱性方法的建立	陆平、李桂英	作物学报	45:1735-1745
189	利用 EST-SSR 标记评价羽扇豆属(Lupinus L.)遗传多样性	张红岩, 杨涛, 刘荣, 王栋, 宗绪晓	作物学报	46:330-340
190	水稻资源全生育期耐盐性鉴定筛选	孙现军, 姜奇彦, 胡正, 张惠媛, 徐长兵, 邸一桓, 韩龙植, 张辉	作物学报	45:1656-1663
191	普通小麦 'Holdfast' 条锈病成株抗性 QTL 定位	杨芳萍, 刘金栋, 贾奥琳, 闻伟鄂, 董亚超, 夏先春	作物学报	45:1832-1840
192	小麦转录因子基因TaNAC67参与调控穗长和每穗小穗数	王景一, 李超男, 毛新国, 景蕊莲	作物学报	45:1615-1627



(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, 100081, P.R. China

Tel: +86-10-82105813

Fax: +86-10-82105819

Email: zuokesuo@caas.cn