

# 主任致辞



作物基因资源与育种全国重点实验室自 2022 年 11 月获批建设以来，始终牢记“国之大者”，锚定保障国家粮食安全的重大使命，坚持“四个面向”，深入开展作物科技创新。2024 年以来，在各级领导和专家的支持及实验室同仁的共同努力下，实验室在科学研究、人才培养、平台建设、合作交流等方面均取得重要进展。

持续攻关，科研实力不断增强。聚焦种业基础理论原始创新和核心技术攻关，在科研项目、基因挖掘、关键技术、成果产出等多维度实现跨越式突破。2024 年度新增主持国家级项目 22 项，包括国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类（原杰青）项目 1 项、青年科学基金项目 B 类（原优青）项目 1 项、重点项目 3 项。鉴定出优质多抗小麦、抗逆高产玉米、高产高油大豆等优异种质资源 989 份；成功克隆 *BRD3*、*GNA*、*GLI2*、*OsPHR2* 等产量、抗逆、株型等重要性状关键基因 72 个；突破全流程智慧育种、高效水稻小麦基因编辑等育种关键共性技术 3 项；发表 SCI 论文 166 篇，其中 Nature 和 Science 各 1 篇；获授权国家发明专利 49 件，其中国际专利 3 件；审定中麦 30、中单 1130、中黄 331 等农作物新品种 51 个，其中国审品种 18 个；中麦 578、中玉 303、中黄 901 等 5 个品种入选农业农村部主导品种，育成品种和主推技术年推广面积达 7500 余万亩；2 项成果入选“中国农业科学重大进展”，1 项成果入选“国内十大科技新闻”。

引育结合，高水平人才不断聚集。紧扣国家战略需求，引育并举，聚集了一批作物基因资源与育种研究方面的优秀人才。本实验室现有 125 名核心骨干科研人员和 52 名流动人员，包括 70 人次的国家级人才集群。其中，两院院士 1 人，国家高层次人才特殊支持计划领军人才 12 人，国家高层次人才特殊支持计划青年拔尖人才 8 人，国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类获得者（原杰青）1 人，国家自然科学基金青年科学基金项目 B 类获得者 5 人（原优青），海外优青 3 人，中国青年科技奖 3 人，国家“百千万人才工程”入选者 6 人，科技部“创新人才推进计划”重点领域团队首席 2 人，科技部“创新人才推进计划”中青年领军人才 5 人，农业农村部神农领军人才 4 人，农业农村部神农青年英才 9 人，全国农业科研杰出人才及其创新团队 7 人，现代产业技术体系首席科学家 6 人，形成了具有国际竞争力的研究队伍。

加强投入，平台支撑能力不断提升。先进完备的科研设施与布局广泛的中试平台是实验室开展前沿研究、推动成果转化的重要基石。实验室现有 3.6 万平米科研空间、49 台（套）50 万元以上仪器设备，8000 余平米智能化温室及 5 个公共平台。2024 年，新购置高压冷冻仪、全光谱激光共聚焦显微镜等 10 台（套）总价值达 1138.8 万元的高端设备，显著提升了实验室在细胞生物学、基因组学和小分子检测等前沿领域的技术支撑能力。实验室构建了完善的品种创新中试体系，在东北、黄淮、华南等粮食主产区科学布局了 7 个综合试验基地和 5 个专业试验基地的中试网络体系，总面积达 6412 亩，为作物种质鉴定、品种培育等科研工作提供了全方位、多层次的坚实保障。

开放合作，社会影响力不断扩大。实验室作为国家农业科技创新核心力量，积极践行社会责任，通过开放合作、学术交流与科学传播，展现使命担当。开放合作方面，以开放课题、大型仪器共享赋能全国科研力量，连续在科技部考核中获评“优秀”；举办种质资源现场展示会，实现 5 万份次资源共享分发，搭建知识资源互通桥梁。同时，牵头推进 G2P 国际大科学计划，首届全体会议吸引 25 家国际伙伴签署合作意向书，构建以我国为主导的农作物基因资源国际合作网络。学术交流领域，承办耐盐碱作物学术研讨会、全国野生稻大会、玉米种质改良与创新利用研讨会、国际大麦适应性学术报告会、肯尼亚召开的非洲—中国 -CIMMYT 科学论坛等国内外学术会议，通过“作科大讲坛”等品牌活动，举办 32 场学术活动；接待境外来访 39 次超 300 人次，10 人在国际农业智库任职，93 人次于国际学术期刊担纲要职，为全球农业科研与政策制定提供智力支持。科学传播工作中，2024 年在中央级媒体发布新闻 209 条，9 条登上新闻联播、人民日报头版等核心平台；依托农科开放日等活动开展 63 次科普，吸引 1140 人次线下参与，有力提升全民科学素养。

展望未来，我们将继续以培育高产优质多抗高效重大新品种为目标，聚焦关键科技问题，强化基础研究与应用转化的深度融合。我们诚邀国内外同行、有志之士加入，携手攻克种业“卡脖子”难题，共同打造世界一流的基因资源与育种创新平台，为端牢中国饭碗、推动全球农业科技进步贡献更大力量！

值此作物基因资源与育种全国重点实验室年报编辑出版之际，谨向长期以来给予实验室关心和支持的各级领导、各位同行，以及实验室全体人员致以最诚挚的感谢！


万建民

2025 年 5 月

# 实验室简介

作物基因资源与育种全国重点实验室依托中国农业科学院作物科学研究所组建，于 2022 年 11 月获批建设，由万建民院士担任实验室主任，孙其信院士任学术委员会主任。

实验室围绕保障国家粮食安全等重大需求，面向生物育种科技前沿，以小麦、玉米、大豆、水稻等主要农作物为研究对象，以培育高产优质多抗高效重大新品种为目标，重点攻克作物基因资源挖掘与育种的关键科技问题，开展种质资源精准鉴定、基因资源挖掘工具与技术研发、优异基因资源高效挖掘、新基因资源设计与创制、重大品种培育与应用等五个方向的研究，重点攻克农作物表型智能鉴定、基因资源高效挖掘、生物信息交叉融合及分子设计育种体系等关键核心技术，发掘有育种价值的优异种质资源，挖掘并创制高产、优质、抗病虫、抗逆、养分高效等优异基因资源，培育满足多元化需求的突破性作物新品种，确保种源安全。集聚和培养一批作物基因资源与育种领域的战略科技力量，力争将实验室打造成世界一流的作物基因资源与育种科技创新平台、人才培养基地与国际合作交流中心，整体提升我国种业科技核心竞争力。



# 目录

## CONTENTS

一、实验室概况	01
(四) 基地平台建设与运行保障	02
(五) 实验室运行保障体系建设	02
(六) 创新人才激励与保障机制	02
二、实验室管理委员会	03
三、实验室学术委员会	04
四、重要进展	05
(一) 研究方向一：作物种质资源精准鉴定	05
(三) 研究方向三：作物优异基因资源高效挖掘	09
(四) 研究方向四：作物新基因资源设计与创制	10
五、各团队研究进展	14
(一) 小麦种质资源精准鉴定团队	15
(二) 玉米种质资源精准鉴定团队	19
(三) 大豆种质资源精准鉴定团队	23
(四) 水稻种质资源精准鉴定团队	28
(五) 杂粮种质资源精准鉴定团队	32
(六) 作物智能设计算法模型团队	39
(七) 作物基因资源挖掘大数据团队	44
(八) 作物基因资源挖掘基因操作团队	48
(九) 作物精准育种技术团队	52
(十) 水稻优异基因资源高效挖掘团队	56
(十一) 小麦优异基因资源高效挖掘团队	62
(十二) 玉米优异基因资源高效挖掘团队	68
(十三) 大豆产量性状解析与设计团队	71
(十四) 玉米新基因资源设计与创制团队	76
(十五) 水稻新基因资源设计与创制团队	81
(十六) 小麦新基因资源设计与创制团队	85
(十七) 大豆新基因资源设计与创制团队	91
(十八) 小麦高产品种创制与应用团队	96



(十九) 小麦优质品种创制与利用团队 .....	100
(二十) 玉米品种创制与利用团队 .....	106
(二十一) 大豆品种创制利用团队 .....	110
(二十二) 水稻品种创制利用团队 .....	113
(二十三) 基因组学技术公共平台 .....	119
(二十四) 基因操作技术公共平台 .....	121
(二十五) 育种大数据技术公共平台 .....	123
(二十六) 品种测试网络技术公共平台 .....	126
(二十七) 表型组学技术公共平台 .....	128
<b>六、成果概览 .....</b>	<b>131</b>
(一) 年度十大科技进展 .....	131
(二) 主要研究论文 .....	133
(三) 新增主要科研项目 .....	139
(四) 主要发明专利 .....	141
(五) 主要审定品种和软件著作权 .....	143
(六) 成果转化情况 .....	146
(七) 重要学术期刊任职情况 .....	149
(八) 重要学术组织任职情况 .....	154
(九) 大型学术会议特邀报告 .....	157
<b>七、队伍建设和人才培养 .....</b>	<b>163</b>
(一) 团队建设 .....	163
(二) 人才培养 .....	163
<b>八、开放与合作交流 .....</b>	<b>165</b>
(一) 学术交流与合作情况 .....	165
(二) 公众开放情况 .....	170
(三) 科学传播情况 .....	174
(四) 大型仪器开放共享情况 .....	176
<b>九、年度大事记 .....</b>	<b>178</b>



## 一、实验室概况

本年度实验室围绕保障国家粮食安全等重大需求，面向生物育种科技前沿，重点开展了作物种质资源精准鉴定、作物优异基因资源高效挖掘与创制、作物重大新品种培育等创新工作。2024 年度新增主持国家级项目 22 项，包括国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类（原杰青）项目 1 项、青年科学基金项目 B 类（原优青）项目 1 项、重点项目 3 项。鉴定出优质多抗小麦、抗逆高产玉米、高油高产大豆等优异种质资源 989 份；成功克隆 *BRD3*、*GNA*、*GLI2*、*OsPHR2* 等产量、抗逆、株型等重要性状关键基因 72 个；突破全流程智慧育种、高效水稻小麦基因编辑等育种关键共性技术 3 项；发表 SCI 论文 166 篇，其中 *Nature* 和 *Science* 各 1 篇；获授权国家发明专利 49 件，其中国际专利 3 件；审定中麦 30、中单 1130、中黄 331 等农作物新品种 51 个，其中国审品种 18 个；中麦 578、中玉 303、中黄 901 等 5 个品种入选农业农村部主导品种，育成品种和主推技术年推广面积达 7500 余万亩；2 项成果入选“中国农业科学重大进展”，1 项成果入选“国内十大科技新闻”。

### （一）人才队伍建设

实验室高度重视实验室人才队伍建设工作。目前作科所总编制 407 个，实验室已配备在编职工 125 人。为进一步强化实验室科研力量，

作科所实施三项保障措施：一是建立人才引进绿色通道，优先保障实验室编制指标；二是设立专项招聘计划，重点加强基因资源挖掘、分子设计育种等方向的研究骨干；三是完善配套支持政策，在科研启动经费、团队组建等方面给予倾斜。通过以上举措，有效提升了实验室团队建设水平。

### （二）科研经费保障体系

实验室运行以来，在依托单位作科所支持下，建立了多元化的科研经费保障体系。依托单位通过统筹创新工程和基本科研业务费等多元化经费渠道，2024 年投入保障性科研经费 1250 万元，为科研团队开展原创性研究提供稳定支持，持续激发实验室创新活力。在项目申报方面，依托单位积极组织协调实验室学术骨干申报国家级重大重点科研项目（含国际合作项目）及各类人才计划，同时大力拓展地方科研项目申报渠道，全方位提升实验室的经费保障。

### （三）硬件条件配置与优化升级

依托单位持续强化实验室的科研条件和平台建设，构建了完善的硬件支撑体系。实验室拥有 3.6 万平方米的现代化科研空间，包括重大工程楼、国家种质库以及先进的育种和转基因技术平台等重要设施。在仪器设备方面，整合现有 49 台（套）50 万元以上大型仪器设备，

并将新购置设备全部纳入实验室开放共享平台，实现资源高效利用。2024 年，通过专项经费新购置高压冷冻仪、全光谱激光共聚焦显微镜等 10 台(套) 高端科研设备，总价值达 1138.8 万元，显著提升了实验室在细胞生物学、基因组学和小分子检测等前沿领域的技术支撑能力，为开展高水平研究提供了坚实的硬件保障。

#### (四) 基地平台建设与运行保障

实验室构建了完善的品种创新中试体系。在东北、黄淮、华南等粮食主产区科学布局，建成了包含 7 个综合试验基地和 5 个专业试验基地的中试网络体系，总面积达 6412 亩。其中，综合基地重点开展小麦、玉米等主粮作物的种质鉴定、品种测试等全链条研发，专业基地则聚焦生物育种、耐盐碱筛选等专项研究。这一覆盖多生态区的基地网络，实现了作科所从实验室到田间的有效衔接，为加速新品种新技术的转化应用提供了重要平台支撑。通过多点协同测试，显著提升了育种材料的适应性评价水平。

#### (五) 实验室运行保障体系建设

实验室建立了完善的安全管理体系，通过

多举措并举确保科研工作安全有序开展。在硬件设施方面，定期对通风系统进行检查维护，配备烟雾探测器、灭火器等安全设备，并规范处置危险废物；在制度建设上，实行定期安全巡检和隐患排查机制，建立应急预案和安全档案；在人员管理方面，定期组织安全教育培训和应急演练，实施安全操作考核；同时配备专业安全管理人员，构建责任追究机制，通过以上举措，持续提升实验室安全管理效能，为科研创新提供坚实的安全保障。

#### (六) 创新人才激励与保障机制

实验室建立了科学完善的人才激励与保障机制，针对科研人员、实验技术人员和管理人员等不同群体，制定了差异化的聘用、考核与激励政策。通过出台《实验室绩效奖励发放方案》、设立科研成果转化奖励基金等措施，构建了与创新贡献相匹配的薪酬体系。同时，实验室积极为人才排忧解难，年内成功解决 2 名骨干人才的京外调干和两地分居问题，并提供子女入学、医疗保障等配套服务。此外，通过建立职业发展双通道、支持申报人才计划等举措，为各类人才成长创造条件。

## 二、实验室管理委员会

主 任：万建民 院 士 中国农业科学院作物科学研究所  
副主任：刘录祥 研究员 中国农业科学院作物科学研究所  
李新海 研究员 中国农业科学院作物科学研究所  
周文彬 研究员 中国农业科学院作物科学研究所  
任玉龙 研究员 中国农业科学院作物科学研究所  
成 员：李春景、孙俊立、杨鹏、陈金强、夏耀西、舒文华、范静、李新海、刘录祥、  
马有志、李立会、黄长玲、邱丽娟、黎裕

### 三、实验室学术委员会

主任：孙其信 院 士 中国农业大学

副主任：许为钢 院 士 河南省农业科学院

周文彬 研究员 中国农业科学院作物科学研究所

成 员：陈晓亚 院 士 中国科学院分子植物科学卓越创新中心

林鸿宣 院 士 中国科学院分子植物科学卓越创新中心

吴孔明 院 士 中国农业科学院

盖钧镒 院 士 南京农业大学

张洪程 院 士 扬州大学

万建民 院 士 中国农业科学院作物科学研究所

张新友 院 士 河南省农业科学院

刘耀光 院 士 华南农业大学

康振生 院 士 西北农林科技大学

邹学校 院 士 湖南农业大学

王汉中 院 士 中国农业科学院油料作物研究所

钱 前 院 士 崖州湾国家实验室

胡培松 院 士 中国水稻研究所

杨维才 院 士 崖州湾国家实验室

严建兵 教 授 华中农业大学

赖锦盛 教 授 中国农业大学

田志喜 研究员 崖州湾国家实验室

李新海 研究员 中国农业科学院作物科学研究所

刘录祥 研究员 中国农业科学院作物科学研究所

马有志 研究员 中国农业科学院作物科学研究所

李立会 研究员 崖州湾国家实验室

## 四、重要进展

### （一）研究方向一：作物种质资源精准鉴定

围绕国家作物种质库保存和第三次全国普查新收集的种质资源，优化高通量基因型鉴定技术，搭建高通量表型鉴定平台。目前已累计完成 11.2 万份种质资源的基因型鉴定和 2.3 万份种质资源的表型精准鉴定，从中筛选出 989 份具有突出目标性状的优异种质，同时构建小麦及杂粮等作物高质量参考基因组，在 *Nature* 等国际主流期刊发表高水平 SCI 论文 8 篇，为我国种业原始创新提供了坚实的数据支撑和种质基础。

#### 1. 发掘育种亟须抗病耐逆优异种质，为突破性新品种培育提供支撑

围绕我国玉米种业发展和育种创新的重大需求，针对生产上亟须的抗病、耐逆等优异种质资源开展了系统的精准鉴定，全年共完成 7005 份资源的表型精准鉴定和 1.3 万余份资源的基因型精准鉴定，挖掘出优异资源 130 份，为培育抗病、耐逆玉米新品种提供了重要的种质保障。在河南省郑州市、辽宁省丹东市、新疆维吾尔自治区乌鲁木齐市等地建立了覆盖全国主要生态区的抗病性、耐逆性等重要性状的

表型精准鉴定平台，构建并完善了表型鉴定技术体系，研制了玉米穗腐病鉴定评价、玉米耐盐碱鉴定评价、玉米耐旱性鉴定评价等技术和标准规范。通过对 7005 份玉米种质资源开展穗腐病、灰斑病和大斑病，以及耐盐碱、耐高温和耐旱性等关键性状的表型精准鉴定，筛选出优异资源 130 余份，其中抗穗腐病 27 份、抗灰斑病 19 份、抗大斑病 10 份、耐盐碱 22 份、耐高温 9 份、耐旱 37 份、早熟高产 6 份。开发了玉米 MaizeGerm50K 基因芯片，完成了 1.3 万余份玉米种质资源基因型鉴定，并构建了分子身份证。针对穗腐病在我国玉米主产区常年发病率为 5% ~ 10%，感病品种往往造成 30% ~ 40% 产量损失，严重威胁粮食和饲料安全的产业需求，通过在河南省郑州市、四川省西昌市建立玉米穗腐病鉴定平台，利用研发的“注射接种 + 高通量扫描评价”鉴定技术，在 6085 份玉米种质资源中成功鉴定出小白鹤、小白玉茭等高抗穗腐病种质 8 份，有效解决我国玉米抗穗腐病种质匮乏的难题。



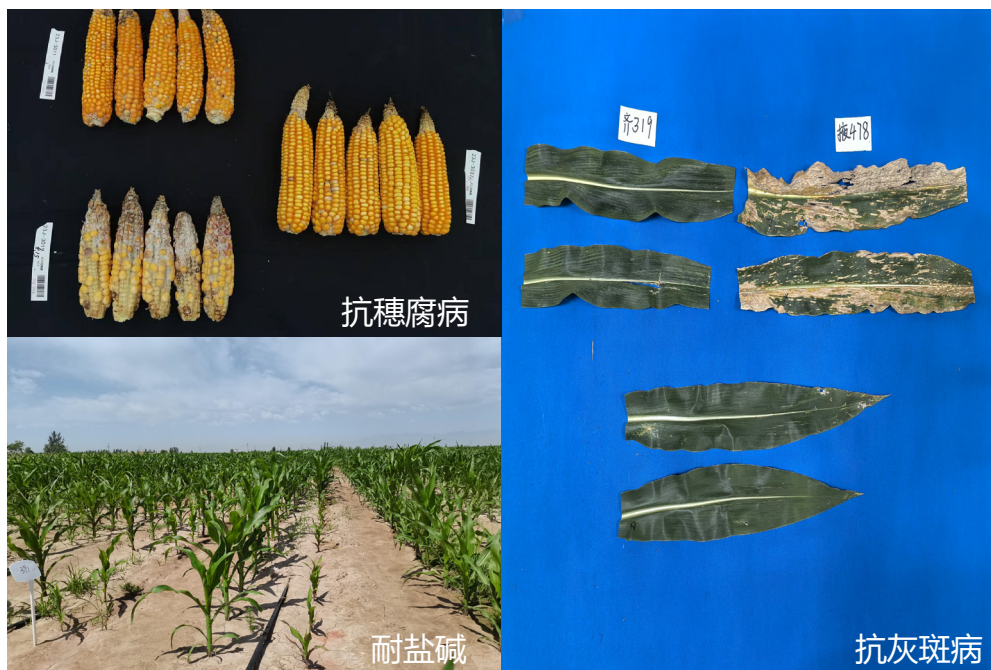


图1 玉米种质资源重要性状精准鉴定

## 2. 揭示我国小麦重大品种演替规律，为未来智能育种提供支撑和新策略

高质量参考基因组是作物基础研究和应用研究的重要数据支撑，包含丰富遗传变异信息的作物泛基因组对于未来育种工作具有重要意义。针对我国小表现代育成品种参考基因组严重缺乏的问题，在解析优异种质资源和重大品种形成和演变规律的基础上 (Molecular Plant, 2020)，筛选出我国代表性的 17 个品种，开展染色体水平的高质量基因组从头组装，并对精准鉴定出的近 25 万个结构变异进行深入分析，发现我国小表现代品种保持了较高的多样性；提出着丝粒区域既是亚基因组分化的中心，也是品种分化的核

心区域；发现外源染色体片段在快速调整和进化，使其更好地在小麦基因组大背景中保留和传递；揭示了小麦籽粒北“硬”南“软”饮食文化形成的分子基础，明确品种既是重要的生产要素，也是饮食文化的重要载体，探秘了现代小麦品种与人文和环境协同进化的基因组基础。

该研究在基因组水平全面展示了 20 世纪 50 年代以来中国小麦育种历史，揭示了不同层次的结构变异对小麦适应性和育种的影响，为全球种质资源的整合和利用、未来小麦智能设计育种提供了重要基因组支撑和新策略。相关研究成果发表在 Nature 期刊上，并入选 2024 年“中国农业科学院重大科学发现”。

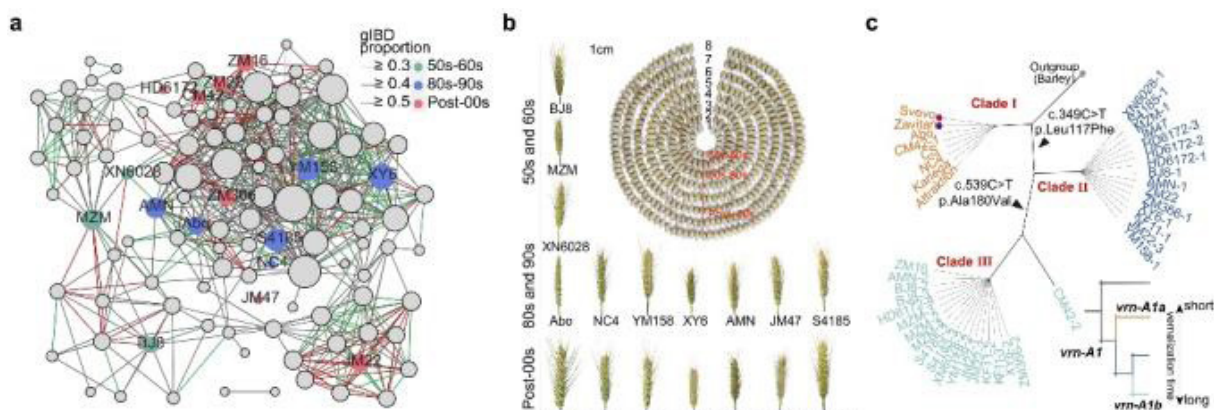


图2 小麦泛基因组揭示结构变异驱动品种适应性进化和育种改良

## （二）研究方向二：基因资源挖掘工具与技术研发

针对未来作物智能设计育种面临的基因资源高效挖掘工具短缺、数据整合困难及计算效率不高等技术瓶颈，成功构建了作物全流程智慧育种平台和谷子综合信息数据库，有效推动了作物基因资源挖掘从经验驱动向数据驱动的模式转变。相关研究成果在 *Molecular Plant* 等国际主流期刊发表高水平 SCI 论文 7 篇，授权国家发明专利 1 项、软件著作权 4 项，为作物基因资源的高效挖掘和智能育种提供了重要技术支撑。

### 1. 研发首个全流程智慧育种平台，为作物新品种精准设计提供技术支撑

随着高通量测序技术和表型组学技术的快速发展，育种流程中涉及的高通量数据分析需要庞大的计算能力、复杂的建模技术、专业的命令行操作技能以及种类繁多的工具包，这些技术门槛严重阻碍了科研人员对海量育种数据的有效利用。现有分析工具往往功能单一、操作复杂，缺乏对多组学数据整合与智能决策。针对这一难题，研发了首个全流程智慧育种平台，整合了种质资源信息管理、育种试验设计与模拟、海量组学数据存储与分析以及智能育

种决策等功能模块，实现了从数据获取到育种决策的全链条信息化支撑。平台支持大规模组学信息与表型数据整合与深度挖掘，具备高通量、大规模、多维度的数据处理能力。自主研发育种决策算法，实现作物性状的高精度预测与优异基因型的快速筛选。利用人工智能算法对育种大数据进行高效管理、调度和分析，引入多种大数据计算、人工智能模型、自动化处理模块，运算速度大幅提高。如针对基因测序数据的变异位点计算速度提升至原有的 110 倍，基因型过滤速度提高 25 倍以上，群体遗传学分析效率提升超过 1000 倍；全基因组选择模型预测准确率平均提升 15%，预测结果稳定性提高 5% 以上。在田间试验环节，平台提供 7 种试验模式，并可自动完成田间地块划分与品种布局，极大提升试验设计的自动化与标准化水平。系统具备 1PB 的数据存储能力与高并发计算能力，可支持百余名用户同时在线运行分析任务。截至目前，平台已服务用户 194 人次，完成分析任务 49277 项，广泛应用于水稻、玉米等多类作物的育种实践中，取得良好反馈与实证效果。相关成果发表在 *Molecular Plant* 期刊上，获授权国家发明专利 1 项、软著 4 项。平台获评中国科协“生物育种优秀解决方案”奖。



图3 智慧育种平台及其主要功能

## 2. 构建谷子多组学数据库，为基因高效挖掘提供重要数据支撑

谷子作为人类最早驯化的作物之一，对中华农耕文明的形成意义重大。2012 年发布的首个谷子参考基因组（Yugu1），有力推动了谷子相关基础研究。然而，受限于当时的技术，该基因组存在约 20 Mb 的未知区域，已无法充分满足当下基础研究的需求。针对这一难题，作物基因资源挖掘大数据团队采用“HiFi+ONT+HiC+NGS”多技术融合策略，成功完成 Yugu1 基因组的 T2T 组装升级，获得首个完整无缺口的谷子参考基因组 Yugu1-T2T。新基因组填补了原基因组的数千个缺口，纠正了 210 处拼接方向错误，新注释 8726 个编码基因，该研究为谷子基础研究提供了参考基因组的“金标准”（Molecular Plant, 2024）。随着研究深入，谷子多组学数据呈现爆发式增长：从 2013 年 916 份资源的单倍型图谱，到近年 398

份材料的代谢组—转录组—变异组多维数据，直至 2023 年大规模泛基因组研究，形成了系统的组学资源体系。特别是 *DPLY1*（株型 / 抗旱）、*SiPHYC*（光周期）、*SGD1*（产量）等关键基因的功能解析，标志着谷子模式植物体系的成熟。为整合这些宝贵资源，建立了国际首个谷子多组学综合数据库 Setaria-DB（[www.setariadb.com/millet](http://www.setariadb.com/millet)）。该数据库包含了 Yugu1-T2T 基因组、110 个泛基因组、1844 个变异组、312 个代谢组和转录组、野生种（A10）、农家种（Ci846）和栽培种（Yugu1）多组织表达谱及 916 份种质材料信息等（Molecular Plant, 2024）。团队开发了多组学在线分析工具，涵盖单倍型分析、序列比对、基因编辑靶点设计、引物设计、功能富集分析、通路分析及多组学关联分析等模块，为谷子功能基因基础理论研究、基因资源深度挖掘以及育种应用探索，提供了强有力的支撑。

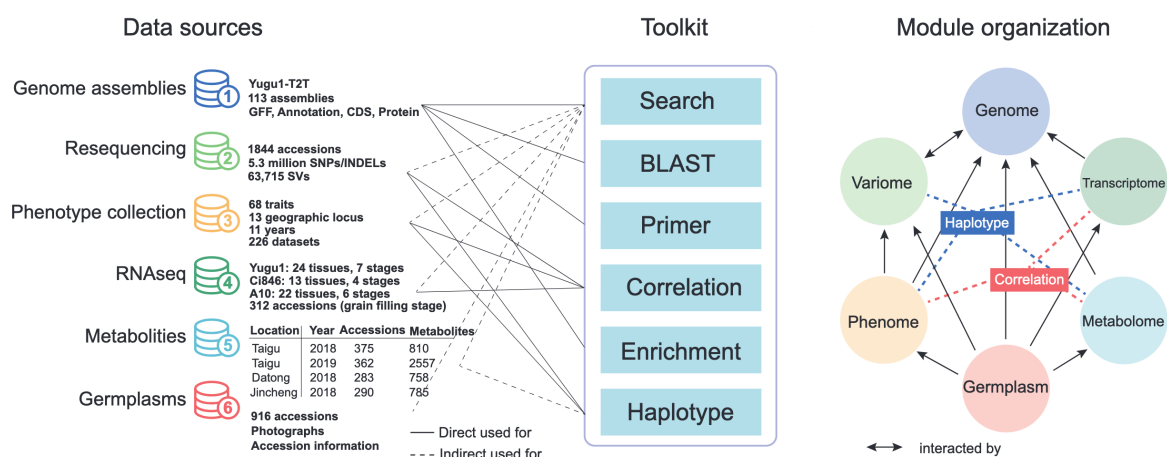


图4 谷子T2T参考基因组及多组学综合数据库



### (三) 研究方向三：作物优异基因资源高效挖掘

针对重大育种价值基因缺乏、重要性状形成的遗传基础与分子调控网络不清等关键科学问题，克隆了作物高产、耐逆、资源高效等新基因 72 个，解析了高产、优质等重要性状形成的分子机制，为高产耐逆高效绿色新品种改良提供基因资源和理论支撑。相关成果在 *Science*、*Nature Genetics*、*Nature Communications* 等国际主流期刊发表高水平论文 21 篇，授权国家发明专利 5 项。

#### 1. 挖掘产量性状关键基因，为水稻增产提供基因资源和新思路

当前，我国粮食总体自给率不足 75%，近十年来粮食单产增幅缓慢，单产提升进入瓶颈期，亟须创新育种新理念，发掘产量提升重大育种价值基因资源支撑作物大面积单产提升。实验室团队围绕作物产量构成三要素，挖掘协同调控穗粒数、粒重等性状关键基因并解析其功能。实验室在前期系统解析油菜素内酯 (BR) 调控水稻亩穗数和千粒重等相关性状的基础上 (*Molecular Plant*, 2022; *The Plant Cell*, 2022; *Trends in Plant Science*, 2024)，针对优异水稻优异种质“复粒稻”的多粒簇生特征，研究发

现染色体结构变异激活了 BR 降解基因 *BRD3*，使得 BR 含量下降，导致水稻穗二级分枝增多，形成了多粒簇生表型，证实组织特异性抑制 BR 可有效解开粒重和穗粒数间的关联；进一步研究发现 BR 控制簇生机制在其他物种中也具有保守性，为作物增产提供了新思路。克隆了控制水稻穗粒数的关键基因 *GNA*，在中花 11、日本晴和宁粳 3 号等品种中过表达该基因可以增加穗粒数，并提高水稻单株产量 10% 以上；研究发现 *GNA* 与穗型关键调控因子 *DEP1* 互作，且 *GNA* 在 *DEP1* 下游发挥作用。该研究建立了水稻穗粒数的分子调控模块 *DEP1-GNA-Os-CKX2*，该模块可通过增加穗粒数提高水稻单产，为水稻高产育种提供了重要基因资源和理论指导。克隆了协同调控水稻籽粒大小和淀粉合成的关键基因 *OsLESV*，该基因编码植物中特有的非酶蛋白，通过与淀粉合成关键调控因子 *FLO6* 形成 *OsLESV-FLO6* 复合体，介导支链淀粉合成关键酶 *ISA1* 靶向淀粉颗粒进而协同调控支链淀粉合成和胚乳发育；过量表达 *OsLESV* 的株系籽粒变大，单株增产 5% 以上。该研究为水稻产量提升提供了重要基因靶点。以上研究成果发表在 *Science*、*The Plant Cell* 等国际主流期刊上，成果入选“2024 年中国十大科技新闻”。



图5 作物高产基因的克隆与分子基础解析

## 2. 解析作物耐逆分子调控网络，促进新基因资源设计与新种质创制

近年来，全球气候变化导致各类自然灾害频发，据国家粮食和物资储备局统计，我国每年因此造成的粮食减产超一千亿斤；同时，国内农业生产长期依赖化肥和农药，土地盐渍化程度加重，进一步加剧了粮食生产的压力，亟须解析作物耐逆形成的遗传基础，支撑培育环境适应型作物新品种。作物野生种或野生近缘物种中蕴藏着大量未被挖掘利用的优异耐逆基因，实验室团队从野生稻中克隆了耐盐基因 *GL12*，该基因正向调控水稻耐盐性。在野生稻中，*GL12* 基因通过启动子区的 G/T 变异位点精细调控其在盐胁迫条件下的表达模式，进而平衡耐盐与产量。该研究为水稻耐盐新种质创制提供了新基因资源。克隆了控制玉米种子根数目的关键转录因子基因 *ZmHb77*，其通过控制种子根数目系统调节侧根密度，进而影响根

系整体的吸水能力，提高玉米苗期的耐旱性；揭示了玉米在驯化及全球适应性过程中，种子根数目形成的遗传基础及适应性轨迹，阐明了其调节根系结构及玉米苗期抗旱性的遗传基础，为培育抗逆并适应未来气候变化的玉米新种质和新品种奠定了理论基础。有效磷缺乏是限制作物增产的重要因素，团队克隆了水稻磷饥饿反应的核心转录因子基因 *OsPHR2*，*OsPHR2* 可以被水稻 BR 信号途径中的核心抑制子 GSK2 磷酸化，从而削弱其 DNA 结合活性，导致磷饥饿反应受抑制，反之解除 GSK2 对 *OsPHR2* 的抑制作用即可提高作物对不利营养条件的响应。研究揭示了水稻应对低磷胁迫时 BR 和磷之间的调控机制，对于减少磷肥施用、耐低磷新品种培育具有重要意义。以上研究成果发表在 *Nature Genetics*、*Nature Communications*、*The Plant Cell* 等国际主流期刊上，为作物耐逆新基因资源设计与新种质创制提供了重要基因靶点。

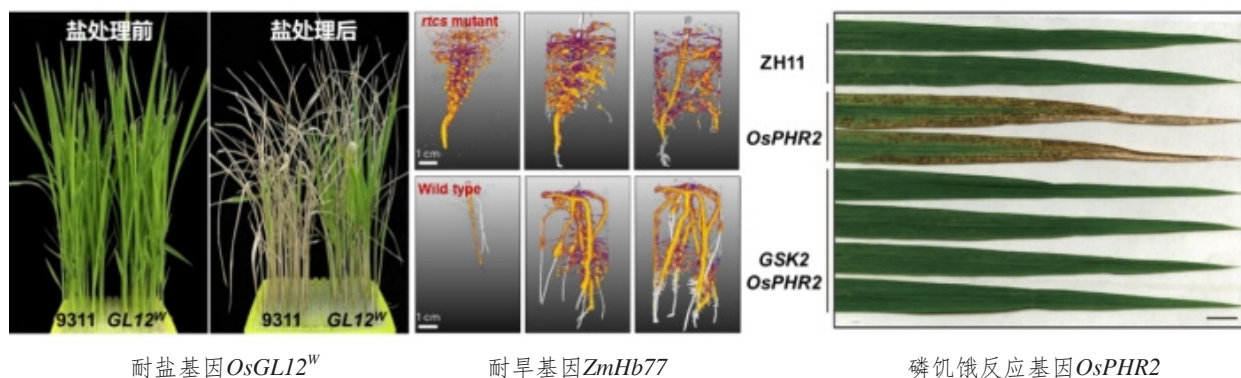


图6 作物耐逆基因的克隆与分子基础解析

### （四）研究方向四：作物新基因资源设计与创制

针对农作物产量、品质、抗逆性、资源利用等性状传统遗传改良效率低的突出问题，通过基因编辑和多基因聚合等技术，构建了作物优异基因资源设计与创制技术体系，创制高产优质抗逆作物新基因资源 92 份，申请或授权植

物新品种权 24 项，为培育突破性新品种提供了技术和材料支撑。

#### 1. 建立高效基因编辑技术体系，精准创制高效、抗除草剂水稻新种质

为提高 CRISPR/Cas12i3 系统在作物改良中的编辑效率，实验室团队建立 Opt-T5E-Cas12i3-5M 介导的小麦高效基因编辑体系，编辑

效率高达 90% (Plant Biotechnology Journal, 2024)。建立外切酶 Cas12i3 变体融合体介导的水稻高效多基因编辑体系，利用 UL12:-Cas12i3-5M 系统在水稻稳定株系中同时编辑 3 ~ 6 个基因的效率可达 51.06% ~ 82.76% (Journal of Integrative Plant Biology, 2024)，为利用我国具有自主知识产权的基因编辑工具

快速聚合水稻多个优异农艺性状提供了重要工具和技术支撑。实验室团队对水稻光合作用关键酶 RuBisCO 小亚基编码基因 *OsRbcS* 进行多基因和多位点编辑，创制系列水稻高光效新材料 (Plant Biotechnology Journal, 2024)；精准编辑水稻 *ALS* 基因，创制抗除草剂水稻新种质 10 份。

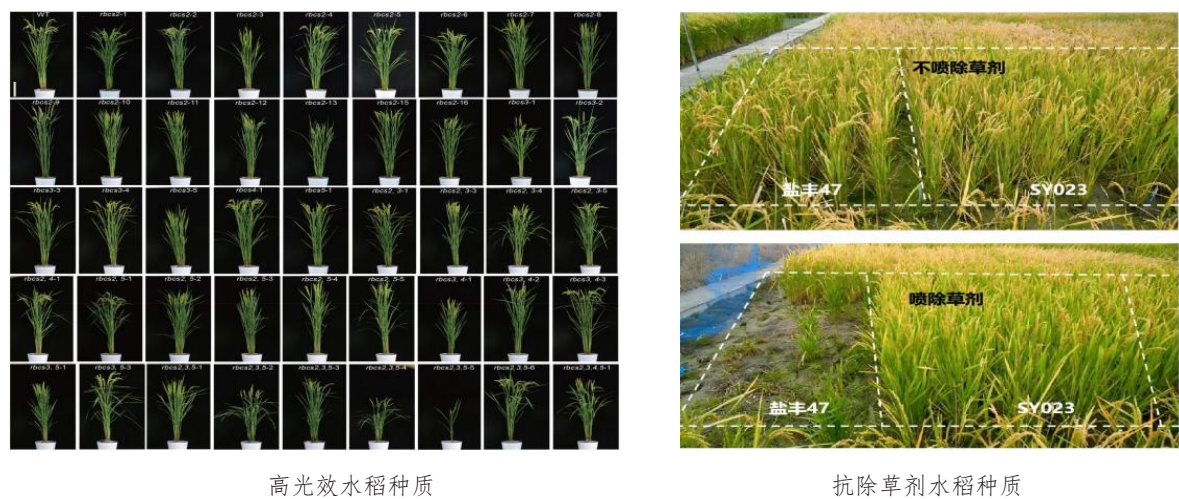


图7 利用基因编辑精准创制高效、抗除草剂水稻新种质

2. 聚合多性状优异基因，创制抗病耐逆作物新种质

通过多基因聚合结合常规育种手段，创制普冰 T5 号等高产抗病小麦、CA515 等耐旱抗病高配合力玉米、中黄 655 等早熟抗病大豆、PB468 等高抗水稻等作物新种质。其中，实验

室团队针对我国黄淮海夏玉米区粗缩病、南方锈病以及干旱、盐碱等逆境胁迫下多抗种质匮乏的难题，采用分子标记辅助选择技术，精准聚合抗锈病基因 *ZmWRKY66*、抗粗缩病耐逆基因 *ZmGLK36*、耐旱基因 *ZmNAC111* 等，创制出抗病耐逆自交系 CA422 和 CA515，并育成耐



图8 利用基因聚合创制抗病耐逆玉米新种质



逆新品种中单 1130，2024 年通过国家黄淮海夏玉米区审定，2025 年入选国家农作物优良品种推广目录苗头型品种。

### （五）研究方向五：作物重大品种培育与应用

围绕保障国家粮食安全重大需求，聚焦小麦、玉米、大豆、水稻等主粮作物，以高产、优质、抗逆为核心育种目标，开展优异材料创制和新品种培育工作，取得显著成效。审定作物新品种 51 个，其中国家级审定品种 18 个；中麦 578、中玉 303、中黄 901 等 5 个品种入选农业农村部主导品种；育成品种及配套技术年推广面积达 7500 余万亩，覆盖我国粮食主产区，有力支撑了主粮作物的稳产保供。

#### 1. 培育优质抗逆小麦品种，推动小麦产业高质量发展

瞄准我国小麦主产区高产优质抗逆协同改良的育种目标，重点攻克优质强筋、耐盐碱、抗赤霉病等难题，综合利用诱变技术、快速育种技术、精准表型鉴定技术等创制优异育种材料，审定小麦品种 17 个，其中国审 5 个。中麦 578、中麦 36 和鲁原 502 入选农业农村部主导品种，年推广面积 1595 万亩，其中中麦 578 推广 942 万亩，列全国第四大小麦品种；轮选 145 推广 222 万亩，轮选 49 等小麦品种推广面积增长势头良好。

优质强筋高产小麦新品种中麦 578 通过了黄淮南片、黄淮北片和新疆南疆审定，适宜在河南、山东、河北、安徽和江苏北部、陕西、山西、新疆等 8 个小麦主产省区种植，连续 3 年入选农业农村部主导品种，已累计推广 2340 万亩，其中 2024 年夏收 942 万亩，居全国第四位；万亩方大面积平均亩产 701.1 公斤，创一年两熟区优质强筋小麦大面积高产纪录。2024 年益海嘉里、河北金沙河等全国知名面业订单收购 100 多万吨，仅优质优价为农民增收 2 亿元。中麦 578 大面积种植与订单收购被央视新闻和新华社等主流媒体多次报道，被 2024 年全国粮油和大豆产业博览会评为十大优质强筋麦。

围绕提升我国盐碱地粮食产能的重大需求，综合利用现代育种技术育成耐盐高产小麦新品种航麦 802，通过河北省审定，正在参加国家南疆耐盐碱和黄淮旱地区试验。在山东东营 10 亩方平均盐碱度为 3.32‰ 的土壤条件和全生育期不浇水的条件下，航麦 802 表现出全生育期一级耐盐，实打验收亩产达 497.9 公斤，比对照品种增产显著；在 3.5‰~4.5‰ 的盐分条件下，航麦 802 在播种出苗率、土壤返盐期成活率及灌浆期根系活力均显著高于当地主导品种。2024 年 5 月被农业农村部全国农技推广中心认定为全国耐盐小麦，正在加速示范应用。



图9 优质抗逆小麦品种中麦578（左）和航麦802（右）



## 2. 培育高油高产大豆品种，支撑大豆产业发展

围绕高油、高产等育种目标，开展大豆优异材料创制和新品种培育工作。共审定大豆新品种 7 个，其中国审品种 3 个。中联豆 5046 是黄淮首批通过审定的转基因大豆品种；中黄 331 区试亩产 220.2 公斤，比对照增产 14.0%，生产试验亩产 226.5 公斤，比对照增产 23.6%。培育的大豆品种年推广面积 417 万亩，其中，中黄 901 入选农业农村部主导品种，中黄 301 推广 105 万亩，高油高产大豆中黄 203 创 322.7 公斤 / 亩高产纪录。

以中黄 203、中黄 301 为核心开展示范推广，带动大面积单产提升。高油高产新品种中黄 203 含油量 22.35%，适宜在黄淮海北片种植，2024 年在河北无极百亩示范方中，实打实收亩产 280 公斤，其中高产田块突破 320 公斤。中黄 203 实现了黄淮海地区大豆耐密性和抗逆性的突破，黄淮海地区高油高产大豆种植密度首次突破 2.8 万株 / 亩，并在田间表现出智慧调节能力，在黄淮海北片一年麦豆两熟、生育期短

等客观条件，以及 2024 年生长季前期干旱、后期阴雨寡照等不利因素下，中黄 203 依然实现密植，表现出良好的耐逆高产稳产特性。中黄 301 适宜黄淮海中片和南片种植，年推广面积超 100 万亩，居黄淮海第 5 位，该品种高产稳产、耐密抗倒，适宜在河南、山东、安徽和江苏北部、陕西关中、山西南部、河北南部等 7 个大豆主产省种植，连续 2 年入选河南省主导品种。2024 年利用中黄 301 结合研发配套的主推技术“黄淮海夏大豆免耕覆秸机械化生产技术”，在河南新乡县百亩示范田实收亩产达 324.6 公斤，辐射带动了该地区大豆大面积单产提升。

利用分子标记选择、快速育种和转基因等技术，育成国审耐除草剂转基因大豆新品种中联豆 5046，耐 4 倍中剂量草甘膦，抗花叶病毒病 3 号、7 号株系，两年区试平均亩产 228.7 公斤，比对照增产 9.6%。该品种是我国黄淮海地区首批审定的转基因大豆新品种，填补了该产区在转基因大豆品种方面空白，有力推动了大豆生物育种产业化进程。



图10 高油高产大豆品种中黄203（左）和中联豆5046（右）

## 五、各团队研究进展

### 研究方向一：作物种质资源精准鉴定

针对国家作物种质库种质资源，突破种质资源全基因组基因型鉴定技术，构建水稻、小麦、玉米和大豆等主要农作物核心资源变异图谱；阐释作物种质资源基因组结构多样性和功能多样性，揭示种质资源形成和演化规律；建立种质资源规模化表型精准鉴定技术体系，打造种质资源一大规模数据—自动化分析创新链，鉴定目标性状突出的优异种质资源；阐明等位变异遗传效应及其育种利用价值，挖掘有利等位变异及其分子标记；利用系统生物学策略整合分析种质资源多组学大数据，阐明优异种质资源特别是骨干亲本的形成特点及遗传基础，为优异基因资源挖掘提供材料和技术支撑。



张锦鹏 研究员  
小麦种质资源精准鉴定团  
队负责人



黎 裕 研究员  
玉米种质资源精准鉴定  
团队负责人



李英慧 研究员  
大豆种质资源精准鉴定团队  
负责人



童红宁 研究员  
大豆种质资源精准鉴定团  
队负责人

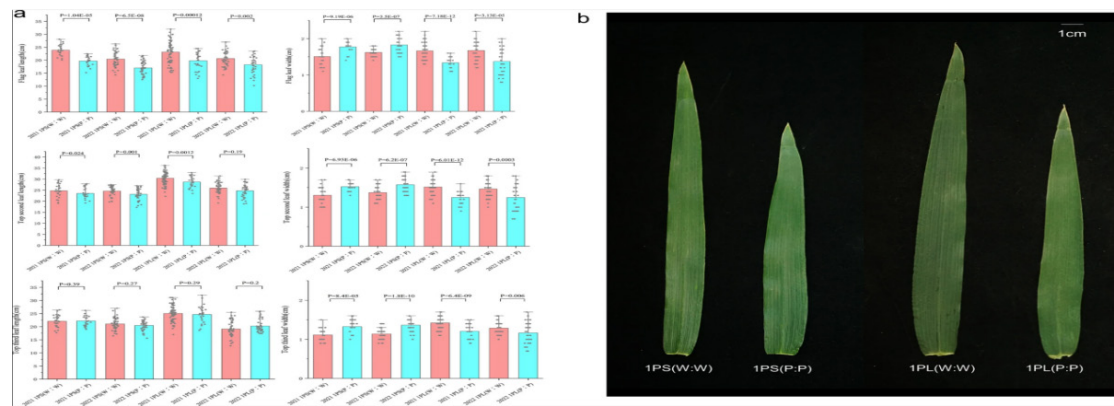


贾冠清 研究员  
杂粮种质资源精准鉴定团  
队负责人

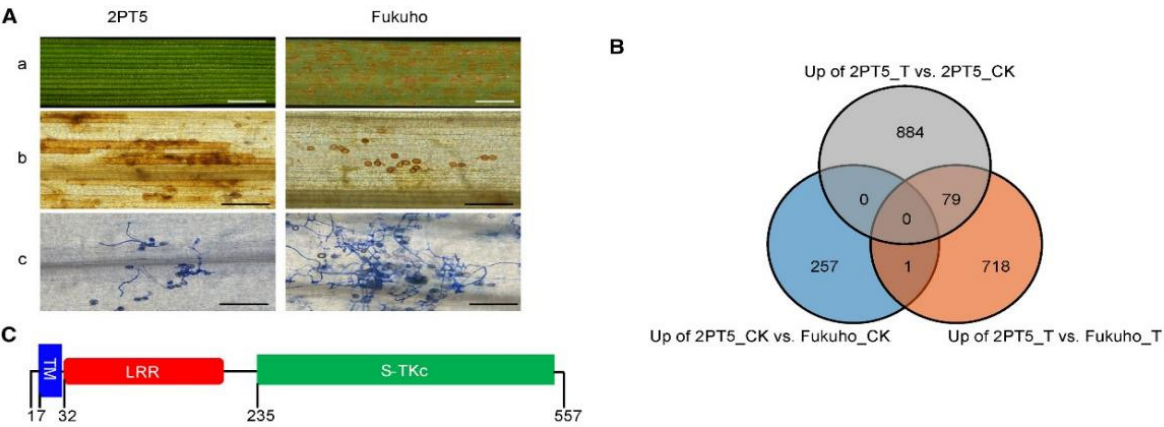
(一) 小麦种质资源精准鉴定团队

针对小麦育种和生产中亟须解决的可利用亲本资源不足和育成品种同质化严重等问题，围绕小麦种质资源收集与引进、产业急需性状的精准鉴定和突破性高产、抗病抗逆和优质新种质的创制等研究方向，主要开展收集引进国外小麦种质资源 1121 份，完成 18031 份国家库存小麦种质资源的基因型鉴定，完成 9174 份

国家库存资源表型精准鉴定，利用远缘杂交技术创制小麦高产、抗病和株型改良新种质。本年度克隆 1 个冰草野生种广谱抗叶锈病基因 *AcRLK2P-1*，在 *Plant Communications* 等期刊发表 SCI 论文 5 篇，获授权国家发明专利 2 项、植物新品种保护权 1 项、参与出版《作物种质资源学》《作物种质资源学教程》专著 2 部。国审小麦品种普冰 03 实现成果转化。



基于小麦-冰草 1P(1A) 代换系创制了 T1AL • 1PS 和 T1AS • 1PL 罗伯逊易位系



冰草基因 *AcRLK2P-1* 赋予小麦抗叶锈病的能力

团队负责人	张锦鹏
团队成员	刘伟华、周升辉、姜奇彦
在站博士后	杨雯晶、郭宝晋、聂纪鲁
在读博士研究生	6 人
在读硕士研究生	8 人

## 1. 重要研究进展

(1) 小麦—冰草 1P 易位系的鉴定与效应分析。转移冰草野生种株型改良基因到小麦中，创制出小麦—冰草 T1AL·1PS 和 T1AS·1PL 罗伯逊易位系新种质。从 Jimai22/II-3-1c 组合 F2 群体的 911 个单株中鉴定出 16 株自发罗伯逊易位，结合分子标记和细胞学分析，发现易位系着丝粒是小麦和冰草融合结构，染色体重组点位于小麦 1A 染色体 212.5 Mb 和冰草 1P 染色体 230 Mb 的位置。将染色体 1PS 易位片段导入小麦显著增加了可育分蘖数和每穗粒数。引入染色体 1PL 易位小麦片段化显著降低了叶面积和株高。

(2) 小麦—冰草 2P 易位系抗叶锈病新基因发掘。从冰草 2P 易位系挖掘出广谱免疫叶锈病基因 *AcRLK2P-1*。通过抗病基因染色体区段精细定位、突变体诱导及转录组测序分析，克隆了来自冰草 2P 染色体长臂的激酶基因 *AcRLK2P-1*，编码 LRR 结构域，通过转基因验证，该基因对多个叶锈病小种表现抗性。成功获得携带该基因的小麦—冰草易位系，为小麦抗病育种提供新基因源。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yida Lin, Shenghui Zhou, Wenjing Yang, Bing Han, Xuezhong Liang, Yinming Zhang, Jinpeng Zhang, Haiming Han, Baojin Guo, Weihua Liu, Xiuquan Li, Lihui Li. Chromosomal mapping of a major genetic locus from *Agropyron cristatum* chromosome 6P that influences grain number and spikelet number in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(4):82. doi: 10.1007/s00122-024-04584-2.

[2] Bohui Han, Xiao Wang, Yangyang Sun, Xilu Kang, Meng Zhang, Jiawen Luo, Haiming

Han, Shenghui Zhou, Yuqing Lu, Weihua Liu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Jinpeng Zhang, Lihui Li. Pre-breeding of spontaneous Robertsonian translocations for density planting architecture by transferring *Agropyron cristatum* chromosome 1P into wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(5):110. doi: 10.1007/s00122-024-04614-z.

[3] Haiming Han, Junli Yang, Kai Qi, Haoyu Zhu, Panqiang Wu, Shenghui Zhou, Jinpeng Zhang, Baojin Guo, Weihua Liu, Xiaomin Guo, Yuqing Lu, Xinming Yang, Xiuquan Li, Lihui Li. Introgression of chromosome 5P from *Agropyron cristatum* enhances grain weight in a wheat background. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(7):165. doi: 10.1007/s00122-024-04670-5.

[4] Shirui Xu, Xiajie Ji, Haiming Han, Jinpeng Zhang, Shenghui Zhou, Baojin Guo, Xinming Yang, Xiuquan Li, Xiaomin Guo, Taiguo Liu, Lihui Li, Weihua Liu. *AcRLK2P-1*, an LRR receptor protein kinase gene from *Agropyron cristatum*, confers leaf rust resistance in wheat. *Plant Communications*, 2024, 5(12):101-132. doi: 10.1016/j.xplc.2024.101132.

[5] Jianhui Ma, Yuxue Pan, Weihua Huang, Zhiyao Fan, Shujuan Liu, Yilin Huang, Shixiang Yao, Chenyang Hao, Qiyang Jiang, Tian Li. Overexpression of *tae-miR9670* enhances cadmium tolerance in wheat by targeting mTERFs without yield penalty. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 480: 136448. doi: 10.1016/j.jhazmat.2024.136448.

### (2) 专利

[1] 一种调控植物穗粒数的蛋白 AcSW13B 及其编码基因与应用，授权专利号：ZL 2022

1 0451030.9, 完成人：李立会、杨雯晶、韩海明、周升辉、张锦鹏、鲁玉清、刘伟华、杨欣明、李秀全, 公告日期：2024 年 8 月 9 日；

[2] 一种调控植物穗粒数的蛋白 AcRR1 及其编码基因与应用, 授权专利号：ZL 2022 1 0451625.4, 完成人：李立会、韩海明、杨雯晶、张锦鹏、周升辉、鲁玉清、刘伟华、杨欣明、

李秀全, 公告日期：2024 年 8 月 9 日。

(3) 植物新品种权

[1] 普 冰 T6 号, 品 种 权 号 :CNA 20221010030, 完成人:刘伟华、李立会、张锦鹏、韩海明、杨欣明、周升辉、李秀全, 授权公告日期：2024 年 9 月 18 日。



## Wheat Germplasm Precision Evaluation Group

To address critical challenges in wheat breeding and production, including limited available parental resources and severe homogenization of commercial cultivars, our research focuses on key areas such as the collection and introduction of wheat germplasm, precision identification of industry-demanding traits, and the development of breakthrough germplasms with high yield potential, disease/stress resistance, and superior processing quality. To date, we collected and introduced 1,121 foreign wheat germplasms, performed genotypic characterization of 18,031 wheat accessions from the National Crop Genebank, conducted precision phenotypic evaluation of 9,174 wheat germplasms from the National Crop Genebank, and created a series of novel wheat germplasms with improved yield, disease resistance, and plant architecture through distant hybridization. This year, we cloned a broad-spectrum leaf rust resistance gene *AcRLK2P-1* from *Agropyron cristatum*, published five research articles in journals including *Plant Communications*, obtained two national invention patents and a new plant variety right, contributed to the publication of two monographs: *Crop Germplasmics* and *Crop Germplasmics*, and achieved the commercialization of the nationally certified wheat cultivar "Pubing 03".

Group Leader: Jinpeng Zhang

Group Members: Weihua Liu, Shenghui Zhou, Qiyang Jiang

Postdoctoral Fellows: Wenjing Yang, Baojin Guo, Jilu Nie

### 1. Selected Publications

★ Shirui Xu, Xiajie Ji, Haiming Han et al. *AcRLK2P-1*, an LRR receptor protein kinase gene from *Agropyron cristatum*, confers leaf rust resistance in wheat. *Plant Communications*, 2024, 5(12):101-132.

★ Yida Lin, Shenghui Zhou, Wenjing Yang et al. Chromosomal mapping of a major genetic locus from *Agropyron cristatum* chromosome 6P that influences grain number and spikelet number in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(4):82.

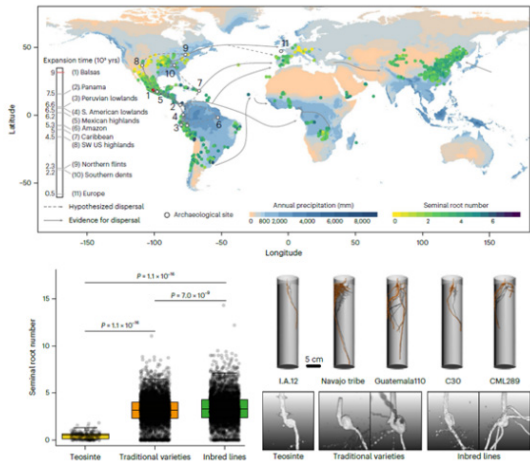
★ Bohui Han, Xiao Wang, Yangyang Sun et al. Pre-breeding of spontaneous Robertsonian translocations for density planting architecture by transferring *Agropyron cristatum* chromosome 1P into wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(5):110.

★ Jianhui Ma, Yuxue Pan, Weihua Huang et al. Overexpression of *tae-miR9670* enhances cadmium tolerance in wheat by targeting mTERFs without yield penalty. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 480: 136448.

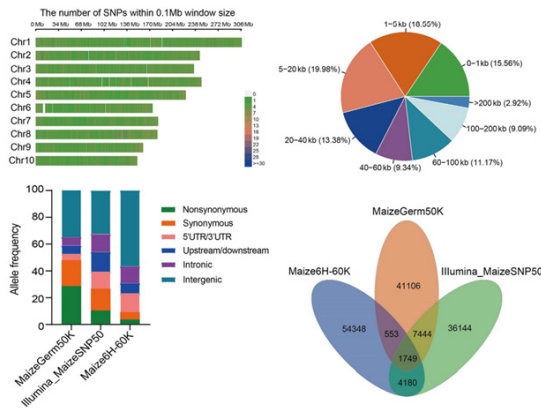
(二) 玉米种质资源精准鉴定团队

针对玉米生产中绿色高效优异种质资源短缺问题，围绕玉米种质资源精准鉴定研究方向，主要开展产量、抗病、耐逆和养分高效利用等重要性状优异种质和重要基因资源挖掘与育种利用研究。本年度完成了 7000 余份代表性种质资源的多环境精准鉴定，挖掘优异种质 130（包括 6 份早熟高产、37 份抗旱、27 份抗穗腐、10 份抗大斑、19 份抗灰斑、22 份耐盐碱、9 份耐高温种质）；完成 149 份优异自交系抗多菌种穗腐病鉴定，发掘出兼抗 6 种镰孢穗腐病玉米种

质 3 份，兼抗 5 种镰孢穗腐病种质 8 份；对优异种质资源进行了田间展示和共享分发。开发了玉米种质资源鉴定芯片 MaizeGerm50K，用其完成国家库存玉米地方品种的全基因组水平基因型鉴定，构建了部分优异种质的分子身份证。克隆玉米产量性状基因 *qkrnw4*、抗旱基因 *ZmHb77* 和抗南方锈病主效基因 *RppSLN* 等，还定位到抗大斑病新位点 *qNLB4.09*。相关研究成果在 Nature Genetics、The Crop Journal 等期刊发表 SCI 论文 4 篇，获得授权国家发明专利 2 项。



玉米种子根的在全球范围内的演化历史



玉米种质资源MaizeGerm50K芯片的特征分析

团队负责人	黎裕
团队成员	李春辉、段灿星、李永祥
在站博士后	关红辉
在读博士研究生	5 人
在读硕士研究生	16 人



## 1. 重要研究进展

阐明玉米根系驯化及环境适应性遗传机理。根系在植物水分养分吸收及抗倒伏方面发挥着至关重要的作用。本团队与德国波恩大学、美国宾夕法尼亚州立大学合作，对全球 9000 余份玉米种质资源进行了系统的根系表型鉴定，发现多数大刍草没有种子根，而地方品种和现代玉米自交系平均种子根数目在 3~4 之间，结合之前发表的考古学证据，揭示种子根的形成与作物驯化历史及适应性扩散过程有关。为进一步解析种子根形成与环境因子的关系，利用机器学习方法，发现昼夜温差变化与降雨季节性对种子根数目变化具有重要贡献；全新世中期（距今 6000 年前）古气候降水量作为重要的环境因子可以显著解释这一变异，说明玉米根系的水分适应性与进化趋势有关。进一步利用玉米起源地墨西哥的玉米材料进行环境 - 基因组学关联分析，发现了大量与环境适应性有关的基因组变异位点。本研究首次揭示了玉米在驯化及全球适应性过程中，种子根系的形成与水分的全球地理分布高度吻合，解析了种子根系形成的遗传基础及适应性轨迹。相关研究成果于 2024 年 5 月发表于 *Nature Genetics*。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Peng Yu, Chunhui Li, Meng Li, Xiaoming He, Danning Wang, Hongjie Li, Caroline Marcon, Yu Li, Sergio Perez-Limón, Xiping Chen, Manuel Delgado-Baquerizo, Robert Koller, Ralf Metzner, Dagmar van Dusschoten, Daniel Pflugfelder, Ljudmilla Borisjuk, Iaroslav Plutenko, Audrey Mahon, Marcio F R Resende Jr, Silvio Salvi, Asegidew Akale, Mohammed Abdalla, Mutez Ali Ahmed, Felix Maximilian Bauer, Andrea Schnepf,

Guillaume Lobet, Adrien Heymans, Kiran Suresh, Lukas Schreiber, Chloe M McLaughlin, Chunjian Li, Manfred Mayer, Chris-Carolin Schön, Vivian Bernau, Nicolaus von Wirén, Ruairidh J H Sawers, Tianyu Wang, Frank Hochholdinger. Seedling root system adaptation to water availability during maize domestication and global expansion. *Nature Genetics*, 2024, 56:1245-1256. doi:10.1038/s41588-024-01761-3.

[2] Honghui Guan, Yaxuan Lu, Xinchun Li, Bei Liu, Yongxiang Li, Dengfeng Zhang, Xuyang Liu, Guanhua He, Yu Li, Hongwu Wang, Tianyu Wang, Chunhui Li. Development of a MaizeGerm50K array and application to maize genetic studies and breeding. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1686-1696. doi: org/10.1016/j.cj.2024.09.014.

[3] Yufei Wang, Shuai Ma, Dengfeng Zhang, Chunhui Li, Lin Chen, Bin Tang, Yixin An, Xuyang Liu, Guanhua He, Yunsu Shi, Tianyu Wang, Deguang Yang, Yongxiang Li. Identification of RppSLN from an elite landrace: A major locus conferring resistance to southern corn rust in maize (*Zea mays* L.). *Plants*, 2024, 13(22): 3227. doi:10.3390/plants13223227.

[4] Jianjun Sun, Yanzhao Wang, Xingrui Zhang, Zeqiang Cheng, Yinghui Song, Huimin Li, Na Wang, Shen Liu, Zijia Cao, Hongxia Li, Wanying Zheng, Canxing Duan, Yanyong Cao. Transcriptomic and metabolomic analyses reveal the role of phenylalanine metabolism in the maize response to stalk rot caused by *Fusarium proliferatum*. *International Journal of Molecular Sciences*, 2024, 25(3): 25, 1492. doi:10.3390/

ijms25031492.

(2) 专利

[1] 调控玉米苗期抗旱性的蛋白及其编码基因和应用, 授权专利号: ZL 2022 1 0646755.3, 完成人: 李春辉、王东梅、郭剑、关红辉、李永祥、张登峰、刘旭洋, 公告日期: 2024 年 4 月 30 日;

[2] 一种用于鉴定待测植物样品是否来源于 SbSNAC1-382 事件或其后代的方法, 授权专

利号: ZL 2020 1 0320879.3, 完成人: 王天宇、张登峰、曾廷儒、李永祥、李春辉、宋燕春、石云素、黎裕, 公告日期: 2024 年 5 月 7 日。

(3) 审定品种

[1] 中玉 749, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20243185, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024 年 12 月 29 日。

## Maize Germplasm Precision Evaluation Group

In response to the shortage of green, efficient elite germplasm in corn production, the group focuses on the precise evaluation of maize germplasm. The main research involves the mining and utilization of elite germplasms and key gene resources related to important breeding traits such as yield, disease resistance, stress tolerance, and nutrient use efficiency. This year, the group conducted a multi-environment precision evaluation of more than 7,000 representative accessions and identified 130 elite germplasms (including six early-maturing and high-yielding, 37 drought-tolerant, 27 resistant to ear rot, 10 resistant to northern leaf blight, 19 resistant to gray leaf spot, 22 tolerant to saline-alkali stress, and 9 tolerant to high temperature). In particular, precision evaluation against multiple pathogens causing ear rot for 149 elite inbred lines was conducted, through which 3 accessions resistant to six *Fusarium* species and 8 accessions resistant to five *Fusarium* species were identified. Elite germplasms were field-displayed and shared for distribution. The MaizeGerm50K chip for maize germplasm identification was released, which was used to assay the genome-wide genotyping of maize landraces from the national genebank, and to establish molecular IDs for some elite germplasm. Key genes related

to yield (qkrnw4), drought tolerance (ZmHb77), and southern rust resistance (RppSLN), as well as a novel QTL for northern leaf blight resistance (qNLB4.09), were cloned or mapped. Related results were published in 4 SCI papers such as *Nature Genetics* and *The Crop Journal*. And two national invention patents were authorized.

Group Leader: Yu Li

Group Members: Chunhui Li, Canxing Duan, Yongxiang Li

Postdoctoral Fellows: Honghui Guan

### 1. Selected Publications

★ Peng Yu, Chunhui Li, Meng Li et al. Seedling root system adaptation to water availability during maize domestication and global expansion. *Nature Genetics*, 2024, 56:1245-1256.

★ Honghui Guan, Yaxuan Lu, Xinchun Li et al. Development of a MaizeGerm50K array and application to maize genetic studies and breeding. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1686-1696.

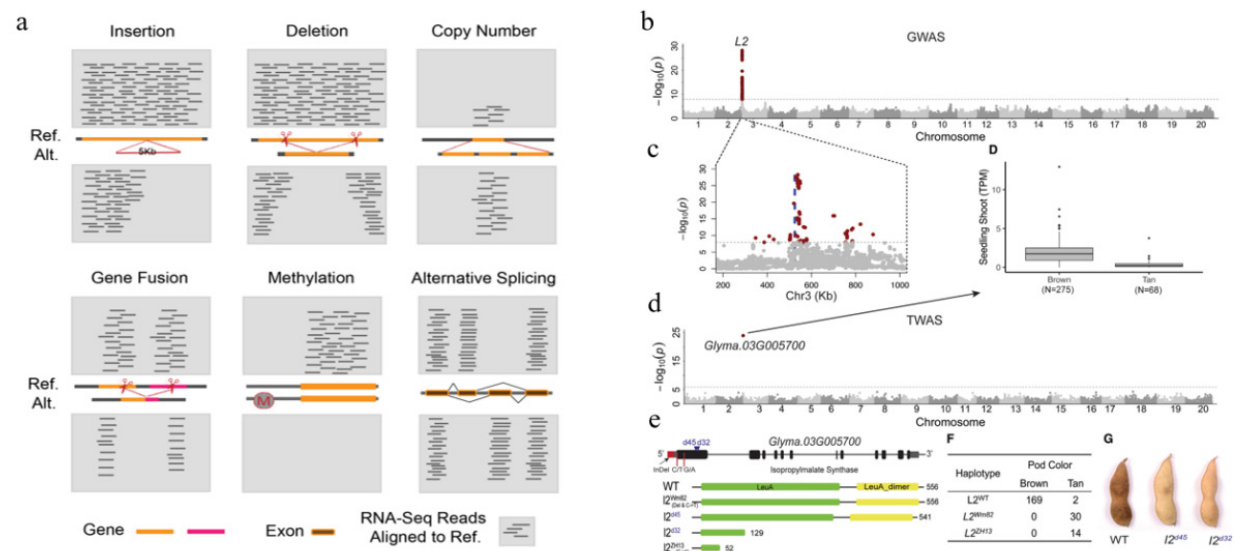
### 2. Varieties

★ Zhongyu749, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS, December 29, 2024.

(三) 大豆种质资源精准鉴定团队

针对我国大豆种业和产业需求，主要开展关键技术研发、表型和基因型鉴定、新种质创制等工作。本年度研发转录组关联分析等关键技术 3 项，完成 9000 份种质资源精准鉴定，发掘遗传背景清晰、育种可用的耐密高产蒙豆 170、多抗熊 97-8 等优异种质 78 份，克隆 *GmSW17.1*、*GmAP1d* 和 *GmL2* 等重要性状基因 3 个；创制高油高产常规新种质 11 个、耐除草剂和抗虫耐除草剂等转化体 10 个，其中 1 个扩

区获批全国生产应用安全证书；培育品种 4 个，其中中黄 633 和中黄 632 通过内蒙古审定，转基因品种中联豆 5046、中联豆 6019 通过国家审定。相关研究成果在 *Plant Communications*、*Computers and Electronics in Agriculture* 等期刊发表 SCI 论文 10 篇，其中 JCR 学科排名第一或 IF>10 高水平论文 2 篇，授权国家发明专利 3 项，包括南非专利 1 项。在国际会议上做主题报告 4 次，担任 TAG、The Crop Journal 等 4 个 SCI 一区期刊编委。



大豆种质资源转录组关联分析鉴定结构变异和控制大豆荚色基因 *L2*

团队负责人	李英慧
团队成员	邱丽娟、阎哲、关荣霞、郭勇、刘章雄、谷勇哲
在站博士后	张郑伟、于莉莉、高华伟、周春雷、张皓、车荧璞、孙大千、刘慧
在读博士研究生	35 人
在读硕士研究生	39 人

## 1. 重要研究进展

(1) 大豆种质资源转录组关联分析实现基因水平的性状遗传解析。通过对 622 份代表性大豆种质资源地上部幼苗的转录组分析，展现了大豆转录组群体多样性，还通过“外显子占比”增强了对结构变异和可变剪接引起的表达多样性的检测。在此基础上，建立基于全基因和外显子占比表达水平的转录组关联分析技术，拓展了功能基因检测能力，鉴定控制大豆开花时间、百粒重、荚色 (*GmL2*) 等性状候选基因 10 余个，同 GWAS 结果存在互补性，为进一步研究提供了更多的遗传靶标。通过基因编辑验证了荚色新基因 *L2* 的功能，结合 2023 年发表在 *Molecular Plant* 上的 *GmL1* 基因，本团队在国际上全面解析了大豆荚色变异的遗传基础。结果发表在 *Plant Communications* 期刊上，为大豆基因资源发掘提供了新技术。

(2) 培育耐除草剂转基因大豆支撑生物育种产业化扩面提速。针对我国大豆主产区草荒危害严重、轮作困难和大豆生产中杂草管理难的突出产业问题，完成高耐草甘膦除草剂转基因大豆中黄 6106 在南方生态区的生物安全评价，扩区获批全国生产应用安全证书，实现了全国大豆生态区全覆盖。利用中黄 6106 培育的中联豆 5046 和中联豆 6024 在 2024 年通过黄淮海地区首批国家审定，通过审定的转基因大豆品种达到 11 个，全国占比 64.7%。这些转基因大豆品种在内蒙古、吉林、河北等 5 省区开展产业化示范效果显著，施用草甘膦除草效果在 95% 以上，除草彻底且对大豆生长无影响，有效解决了常规除草剂的药害问题，除草成本降低 50%，平均减损增产 8%。耐除草剂转基因大豆中联豆 1505 在内蒙古万亩示范平均亩产 284.7 公斤 / 亩，远高于当地常规大豆品种的单产水平。创制的耐除草剂抗虫复合性状大豆京

豆 625 获批生产性试验，耐草甘膦和 2,4-D 等多种除草剂大豆京豆 425 和京豆 426 获批环境释放，为大豆生物育种产业化扩面提速提供支撑。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yingpu Che, Yongzhe Gu, Dong Bai, Delin Li, Jindong Li, Chaosen Zhao, Qiang Wang, Hongmei Qiu, Wen Huang, Chunyan Yang, Qingsong Zhao, Like Liu, Xing Wang, Guangnan Xing, Guoyu Hu, Zhihui Shan, Ruizhen Wang, Ying-hui Li, Xiuliang Jin, Li-juan Qiu. Accurately estimate soybean growth stages from UAV imagery by accounting for spatial heterogeneity and climate factors across multiple environments. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 225:109313. doi: 10.1016/j.compag.2024.109313.

[2] Delin Li, Qi Wang, Yu Tian, Xiangguang Lyv, Hao Zhang, Huilong Hong, Huawei Gao, Yanfei Li, Chaosen Zhao, Jiajun Wang, Ruizhen Wang, Jinliang Yang, Bin Liu, Patrick S. Schnable, James C. Schnable, Ying-hui Li, Li-juan Qiu. TWAS facilitates gene-scale trait genetic dissection through gene expression, structural variations, and alternative splicing in soybean. *Plant Communications*, 2024, 5(10):101010. doi: 10.1016/j.xplc.2024.101010.

[3] Hao Zhang, Lei Yang, Shiyu Guo, Yu Tian, Chunyan Yang, Chaosen Zhao, Zhihui Shan, Qi Wang, Zihao Zheng, Ying-hui Li, Li-juan Qiu. A natural allelic variant of *GmSW17.1* confers high 100-seed weight in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1709-1717. doi:10.1016/j.cj.2024.10.004.

[4] Shiyu Guo, Yanfei Li, Hongmei Qiu, Guoyu Hu, Chaosen Zhao, Ruizhen Wang, Hao Zhang, Yu Tian, Xiaoyu Li, Bin Liu, Ying-hui Li, Li-juan Qiu. GmAP1d regulates flowering time under long-day photoperiods in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(3):845-855. doi:10.1016/j.cj.2024.03.004.

[5] Huihui Gao, Pengcheng Wei, Yongzhe Gu, Pengbin Tang, Yifan Shen, Lei Yang, Linxin Dong, Haowei Zheng, Kuo Shu, Mayamiko Masangano, Bin Dong, Long Miao, Jiajia Li, Lijuan Qiu, Xiaobo Wang. Natural variation of GmFNSII-2 contributes to drought resistance by modulating enzyme activity in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):529-539. doi:10.1016/j.cj.2024.01.017.

[6] Rongxia Guan, Xiaoyang Guo, Yue Qu, Zhengwei Zhang, Ligao Bao, Ruiyun Ye, Ruzhen Chang, Lijuan Qiu. Salt tolerance in soybeans: focus on screening methods and genetics. *Plants*, 2024, 13(1):97. doi:10.3390/plants13010097.

## (2) 专利

[1] 转 g2-epsps 和 gat 基因耐除草剂大豆中黄 6106 生产应用的安全证书, 证书编号: 农基安证字〔2023〕340 号, 完成人: 邱丽娟、郭勇、金龙国、郭兵福, 公告日期: 2024 年 1 月 2 日;

[2] 一种缩小 GWAS 定位区间的全映射基因分型检测方法, 授权专利号: ZL 202010869073.X, 完成人: 邱丽娟、王俊、宋健、

周彦辰、刘晓雪, 公告日期: 2024 年 5 月 7 日;

[3] 一种用于大豆基因分型的分子标记组合及其应用, 授权专利号: ZL 202380012681.0, 完成人: 邱丽娟、李英慧、刘继强, 公告日期: 2024 年 11 月 15 日;

[4] Identification Method for Salt Tolerance of Soybeans at Germination Stage, 授权专利号: ZA 2024/00062, 完成人: 邱丽娟, 关荣霞, 刘欣玥, 公告日期: 2024 年 7 月 31 日。

## (3) 品种

[1] 中赣 601, 江西省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 赣审豆 20240002, 主要育成: 邱丽娟、郭兵福、赵现伟、王俊、赵朝森, 审定日期: 2024 年 8 月 6 日;

[2] 京通 606, 吉林省农作物品种审定委员会, 审定编号: 吉审豆 20240011, 主要育成: 邱丽娟、崔明元, 审定日期: 2024 年 5 月 8 日。

## (4) 获奖成果

[1] 刘鑫磊、邱丽娟、张必弦、栾晓燕、李佳、薛永国、武晓东、唐晓飞、曹旦、高北林、刘琦, “多抗高产优质大豆新品种黑农 84 的选育与推广” 获黑龙江省科技进步奖一等奖, 获奖日期: 2024 年 8 月。

[2] 王跃强、邱丽娟、魏健、邱红梅、陈亮、韩德志、张玲、刘德泉、任玉龙、魏中艳、盖玉红、王新风、马晓萍、王洋、崔正果, “大豆优异基因资源挖掘、新品种选育与推广应用” 获吉林省科学技术进步奖一等奖, 获奖日期: 2023 年 12 月。



## Soybean Germplasm Resource Precise Evaluation Group

Focusing on the demands of the soybean seed industry and production in China, we primarily engage in developing key technologies, phenotyping and genotyping germplasms, and breeding elite lines. This year, we (1) developed three key technologies, including transcriptome-based association analysis; (2) completed the precise identification of 9,000 germplasm resources, and discovered 78 excellent germplasm with clear genetic backgrounds and potential breeding value, such as Mengdou 170, which has high yield and density tolerance, and Xiong 97-8, which has multiple resistances; (3) cloned three important trait genes, including GmSW17.1, GmAP1d, and GmL2; (4) created 11 elite lines with high oil content or high yield, and ten transformants with herbicide tolerance or insect resistance plus herbicide tolerance, one of which was approved for national production application safety certificate after expansion; and (5) cultivated 4 varieties, including Zhonghuang 633 and Zhonghuang 632, approved by Inner Mongolia, and transgenic varieties Zhongliandou 5046 and Zhongliandou 6019, approved by the state. The relevant research results have been published in ten SCI papers in journals such as Plant Communications, Computers and Electronics in Agriculture, and others, including two high-level papers ranked first in JCR disciplines or with an IF >10. We have obtained three national invention patents granted, including one South African patent. We have also made four keynote presentations at international conferences and served as editorial board members of four

SCI first-tier journals such as TAG and The Crop Journal.

Group Leader: Yinghui Li

Group Members: Lijuan Qiu, Zhe Yan, Rongxia Guan, Yong Guo, Zhangxiong Liu, Yongzhe Gu, Huilong Hong

Postdoctoral Researchers: Zhengwei Zhang, Lili Yu, Huawei Gao, Chunlei Zhou, Hao Zhang, Yingpu Che, Daqian Sun, Hui Liu

### 1. Selected Publications

★ Yingpu Che, Yongzhe Gu, Dong Bai et al. Accurately estimate soybean growth stages from UAV imagery by accounting for spatial heterogeneity and climate factors across multiple environments. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 225:109313.

★ Delin Li, Qi Wang, Yu Tian et al. TWAS facilitates gene-scale trait genetic dissection through gene expression, structural variations, and alternative splicing in soybean. *Plant Communications*, 2024, 5(10):101010.

★ Hao Zhang, Lei Yang, Shiyu Guo et al. A natural allelic variant of GmSW17.1 confers high 100-seed weight in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1709-1717.

★ Shiyu Guo, Yanfei Li, Hongmei Qiu et al. GmAP1d regulates flowering time under long-day photoperiods in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(3):845-855.

★ Huihui Gao, Pengcheng Wei, Yongzhe Gu et al. Natural variation of GmFNSII-2 contrib-



utes to drought resistance by modulating enzyme activity in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):529-539.

## 2.Approved Varieties

★ Zhonggan 601, Approved by Jiangxi, Breeders: Lijuan Qiu, Bingfu Guo, Xianwei Zhao et al, August 6, 2024.

★ Jingtong 606, Approved by Jilin, Breeders: Lijuan Qiu, Mingyuan Cui, May 8, 2024.

## 3.Awards and Honors

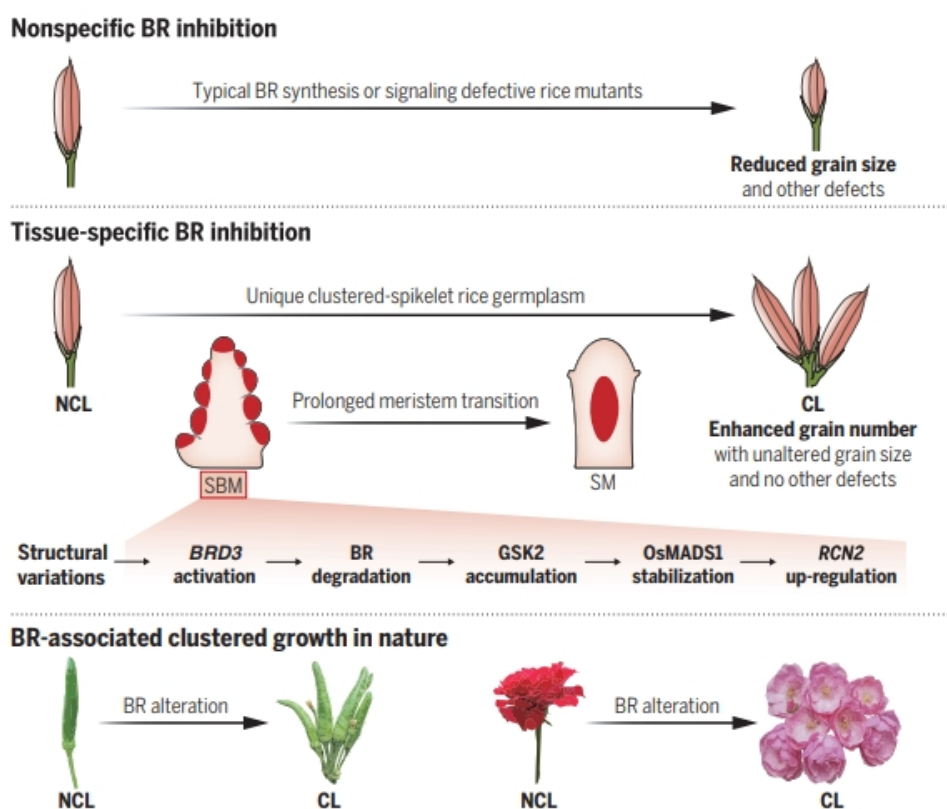
★ Breeding and Promotion of Multi-Resistant, High-Yield, and High-Quality Soybean Variety Heinong 84, the First Prize of the Heilongjiang Provincial Science and Technology Progress Award, August 2024.

★ Mining of Excellent Soybean Gene Resources Breeding and Application of New Varieties, the First Prize of the Jilin Provincial Science and Technology Progress Award, December 2023.

#### （四）水稻种质资源精准鉴定团队

本团队围绕粮食安全和种业发展等国家重大需求，以提升我国水稻种质资源利用水平为目标，主要开展国内外水稻种质资源表型和基因型精准鉴定、发掘并解析水稻育种关键目标性状的优异资源等工作。本年度完成了 4015 份水稻优异种质资源的产量和抗性性状的表型精准鉴定，从中筛选出优异种质 210 份；筛选出

具有多个优良性状的野生稻导入系 2 份；克隆水稻育种关键目标性状基因 11 个；挖掘优异等位基因 10 余个；相关研究成果在 Science、Nature Communications、Molecular Plant、Plant Biotechnology Journal, Journal of Integrative Plant Biology 等期刊发表 SCI 论文 22 篇，申请或授权国家发明专利 15 项，申请或授权植物品种权 4 项，颁布行业标准 2 项。



组织特异性BR抑制促进水稻穗分枝

团队负责人	童红宁
团队成员	杨庆文、乔卫华、郑晓明、马小定
在站博士后	黄静芬
在读博士研究生	9 人
在读硕士研究生	10 人

## 1. 重要研究进展

(1) 解析“复粒稻”多粒簇生的遗传基础，揭示 BR 调控穗粒数增加水稻产量的分子机制。“复粒稻”(clustered-spikelet rice, CL) 具有三粒种子簇生的特征，被全世界遗传学家用于构建水稻染色体连锁群，多个报道将 CL 位点定位到 6 号染色体同一区间，但始终无法克隆到基因。该研究通过抑制子筛选策略鉴定到簇生控制基因 *BRD3*，发现其编码一个 BR 代谢酶并在 CL 中存在复杂的结构变异，因此难以被克隆。进一步发现结构变异特异性地激活 *BRD3* 在水稻穗二级分枝分生组织 (secondary branch meristem, SBM) 中表达，导致 BR 含量减少，BR 信号核心抑制子 GSK2 积累，进而磷酸化转录因子 *OsMADS1* 并促使其更加稳定，后者直接结合调控小穗分生组织 (spikelet meristem, SM) 的因子 *RCN2* 并促进其表达，从而延迟 SBM 向 SM 的转变，促进二级分枝并增加穗粒数。后续通过基因编辑手段证实敲除或表达相关基因，则会导致簇生性状消失或再现。同时田间试验表明降低 BR 含量使“复粒稻”二级枝梗数增加 35.2%，穗粒数增加 28.2%，而其他产量性状如穗数和粒重等都没有显著差异，最终产量可增加 11.27% ~ 20.96%。以上研究成果于 2024 年发表在 *Science* 期刊上，该成果作为唯一一项农业领域新闻入选 2024 年国内十大科技新闻。

(2) 建立了野生稻高通量优异基因发掘与种质创新平台，挖掘野生稻协同调控产量与耐盐的新基因。野生稻为水稻育种提供了一级基因源，全面了解野生稻遗传信息需要稳定的遗传群体与高质量的参考基因组。该研究组装了首份普通野生稻的 T2T 无间隙参考基因组，历时十余年，构建了两套分别以 9311、日本晴为遗传背景的野生稻染色体片段置换系，通过大

量的田间表型鉴定与 QTL 分析，建立了“T2T 参考基因组 + CSSL 群体”野生稻优异基因高通量发掘平台。利用该平台，发掘到野生稻协同调控水稻产量与耐盐性的关键基因 *GLI2*，野生稻等位基因启动子区的变异，影响了 *WRKY80* 与 *GIF1* 的结合，通过精细调控 *GLI2* 在小穗与盐胁迫下的时空表达模式，平衡水稻产量与耐盐性。该研究还为野生稻基因组学研究提供了重要的材料基础，以上研究结果 2024 年以两篇研究长文发表于 *Nature Communications* 期刊。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Xiaoxing Zhang, Wenjing Meng, Dapu Liu, Dezhuo Pan, Yanzhao Yang, Zhuo Chen, Xiaoding Ma, Wenchao Yin, Mei Yin, Nana Don, Jihong Liu, Weifeng Shen, Yuqin Liu, Zefu Lu, Chengcai Chu, Qian Qian, Mingfu Zhao, Hongning Tong. Enhancing rice panicle branching and grain yield through tissue-specific brassinosteroid inhibition. *Science*, 2024, 383(6687):8838. doi: 10.1126/science.adk8838.

[2] Guoxia Zhang, Hongru Wang, Xiangle Ren, Yunhua Xiao, Dapu Liu, Wenjing Liu, Yalong Qiu, Bin Hu, Qingjun Xie, Chengcai Chu, Hongning Tong. Brassinosteroid-dependent phosphorylation of PHOSPHATE STARVATION RESPONSE2 reduces its DNA-binding ability in rice. *The Plant Cell*, 2024, 36(6):2253-2271. doi: 10.1093/plcell/koae063.

[3] Yanzhao Yang, Chengcai Chu, Qian Qian, Hongning Tong. Leveraging brassinosteroids towards the next Green Revolution. *Trends in Plant Science*, 2024, 29(1):86-98. doi: 10.1016/j.tplants.2023.09.005.

[4] Yanyan Wang, Wenxi Chen, Meng Xing,

Jiaqiang Sun, Shizhuang Wang, Ziyi Yang, Jingfen Huang, Yamin Nie, Mingchao Zhao, Yapeng Li, Wenlong Guo, Yinting Wang, Ziyi Chen, Qiaoling Zhang, Jiang Hu, Yunhai Li, Ke Huang, Xiaoming Zheng, Leina Zhou, Lifang Zhang, Yunlian Cheng, Qian Qian, Qingwen Yang, Weihua Qiao. Wild rice GL12 synergistically improves grain length and salt tolerance in cultivated rice. *Nature Communications*, 2024, 15:9453. doi:10.1038/s41467-024-53611-9.

[5] Jingfen Huang, Yilin Zhang, Yapeng Li, Meng Xing, Cailin Lei, Shizhuang Wang, Yamin Nie, Yanyan Wang, Mingchao Zhao, Zhenyun Han, Xianjun Sun, Han Zhou, Yan Wang, Xiaoming Zheng, Xiaorong Xiao, Weiya Fan, Ziran Liu, Wenlong Guo, Lifang Zhang, Yunlian Cheng, Hang He, Qingwen Yang, Weihua Qiao. Haplotype-resolved gapless genome assembly and chromosome segment substitution lines facilitated gene identification in wild rice. *Nature Communications*, 2024, 15:4573. doi: 10.1038/s41467-024-48845-6.

## (2) 专利

[1] 一种水稻耐盐 SS5 启动子区 CAPS 分子标记及其应用, 授权专利号: ZL 202311450203.6, 完成人: 乔卫华、邢梦、杨庆文、黄婧芬、王艳艳、张坤, 公告日期: 2024 年 10 月 22 日;

[2] OsHD3 基因及其编码蛋白与应用, 授权专利号: ZL 202410171657.8, 完成人: 崔迪、韩龙植、马小定、韩冰, 公告日期: 2024 年 5 月 14 日;

[3] 长日照抑制基因变异在培育栽培稻中的应用, ZL 202010424026.4, 完成人: 郑晓明、杨庆文、乔卫华、崔永霞、王君瑞、冯雳、刘莎、李嘉琦, 公告日期: 2024 年 9 月 24 日。

## (3) 植物新品种权

[1] 中作绿米 1 号, 品种权号: CNA20201000932, 完成人: 杨庆文、裴宗恩、程云连、张万霞, 授权公告日期: 2023 年 9 月 5 日。

## (4) 其他

[1] 《野生稻基因型 (SNP) 鉴定规范》, 团体标准 (T/CROPSSC 010—2024), 郑晓明、钱前、乔卫华、杨庆文、周雷娜、郭文龙、王银婷、李梓萱、王恺、温思钰, 2024 年 4 月 15 日。

## Rice Germplasm Resources Precise Evaluation Group

Our group focuses on major national demands such as food security and seed industry development, with the goal of improving the utilization of rice germplasm resources in China. We primarily conduct precise phenotyping and genotyping of domestic and international rice germplasm resources, and discover and analyze superior resources for key target traits in rice breeding. This year, the phenotypic traits of yield and resistance in 4,015 superior rice germplasm resources were precisely identified, from which 210 superior germplasm resources were selected; 2 wild rice introgression lines with multiple superior traits were identified; 11 key target trait genes for rice breeding were cloned; and over 10 superior alleles were identified. We published 22 SCI papers in journals such as Science, Nature Communications, Molecular Plant, Plant Biotechnology Journal, and Journal of Integrative Plant Biology, and applied for or authorized 15 national invention patents, applied for or authorized 4 plant variety rights, and promulgated 2 industry standards.

Group Leader: Hongning Tong

Group Members: Qingwen Yang, Weihua

Qiao, Xiaoming Zheng, Xiaoding Ma

Postdoctoral Fellows: Jingfen Huang

### 1. Selected Publications

★ Xiaoxing Zhang, Wenjing Meng, Dapu Liu et al. Enhancing rice panicle branching and grain yield through tissue-specific brassinosteroid inhibition. *Science*, 2024, 383(6687):8838.

★ Guoxia Zhang, Hongru Wang, Xiangle Ren et al. Brassinosteroid-dependent phosphorylation of PHOSPHATE STARVATION RESPONSE2 reduces its DNA-binding ability in rice. *The Plant Cell*, 2024, 36(6):2253-2271.

★ Yanzhao Yang, Chengcai Chu, Qian Qian et al. Leveraging brassinosteroids towards the next Green Revolution. *Trends in Plant Science*, 2024, 29(1):86-98.

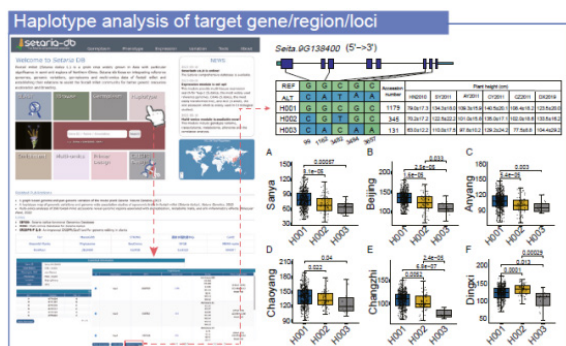
★ Yanyan Wang, Wenxi Chen, Meng Xing et al. Wild rice GL12 synergistically improves grain length and salt tolerance in cultivated rice. *Nature Communications*, 2024, 15:9453.

★ Jingfen Huang, Yilin Zhang, Yapeng Li et al. Haplotype-resolved gapless genome assembly and chromosome segment substitution lines facilitated gene identification in wild rice. *Nature Communications*, 2024, 15:4573.

## （五）杂粮种质资源精准鉴定团队

本团队针对杂粮作物高效育种技术不完善的问题，围绕杂粮种质资源精准鉴定研究方向，主要开展特殊优异资源的发掘利用、作物育种新技术和新方法研发、新材料的创制和利用和新品种培育研究工作。本年度团队引进资源 170 份，编目入库 4251 份，完成 4000 份资源的田间精准鉴定，鉴定筛选优质、抗病、耐寒新种质 35 份，选育登记杂粮新品种 11 个，转让谷子、荞

麦、豌豆新品种 5 个（累计金额 780 万元）。创制高叶酸含量、紧凑株型新种质 3 份，发掘杂粮籽粒大小 (*SiTGW6*)、穗发育 (*Sinog1*)、抗炭疽病 (*Pv-G6/7*)、易脱壳 (*FtXIP*)、芦丁合成 (*FtUFGT3*)、抗旱性 (*FtPMEI13*)、花器官建成 (*HvAGL6*) 等新基因 7 个，发表论文 21 篇，其中 Molecular Plant、Genome Biology、Advanced Science 等高水平论文 6 篇。授权专利 4 项。



谷子多组学数据库平台



苦荞起源传播途径

团队负责人	贾冠清
团队成员	刁现民、郭刚刚、武晶、杨平、周美亮、汤沙
在站博士后	孟强、张艳艳、张伟、吴红坡、赵志英、关超男、黄旭、王志荣、陈艳花、王霄汉、苏彤
在读博士研究生	8 人
在读硕士研究生	16 人



## 1. 重要研究进展

(1) 组装了谷子 T2T 高质量基因组，构建了谷子多组学网络数据库。通过 HiFi+ONT+HiC+NGS 的策略，对 Yugu1 参考基因组进行了 T2T 组装更新，获得首个完整无缺口的谷子基因组 Yugu1-T2T。新基因组填补了过去基因组的数千个缺口，纠正了 210 个拼接方向错误，并且完整组装了 9 条染色体双端端粒以及着丝粒。利用 84 个多组织 / 时期转录组数据以及全长转录组 (ISO-seq)，新注释了 8726 个编码基因。本研究同时构建了谷子第一个真正意义的综合性数据库 Setaria-db ([www.setariadb.com/millet](http://www.setariadb.com/millet))。该数据库包含了 Yugu1-T2T 基因组、110 个泛基因组、1844 个变异组、312 个代谢组和转录组、野生种 (A10)、农家种 (Ci846) 和栽培种 (Yugu1) 多组织表达谱，618 个品种 11 年 13 个地点收集的 226 组表型数据，916 份种质材料信息等。并开发相关在线工具 (Haplotype, BLAST, CRISPR design, PRIMER design, GO, KEGG, Multi-omics correlation analysis)，为谷子功能基因基础理论和育种应用研究提供了重要平台。相关论文发表在 *Molecular Plant* 期刊上。

(2) 揭示了苦荞起源驯化、传播分化及其与人文环境协同演化规律。为揭示苦荞的起源和传播历史，研究团队收集了来自 17 个国家的 567 个样本。经过系统发育和遗传结构分析，发现苦荞样本可分为 5 个主要类群，其中包括来自喜马拉雅地区的喜马拉雅野生类群 (HW)、中国西南地区的西南类群 (SL)、中国北方地区的北方类群 (NL) 等。研究结果显示，喜马拉雅地区的苦荞具有更高的遗传多样性，更可能是苦荞的起源地。进一步分析揭示了苦荞传播的时间线和路径：据推测约在 3300 年前，随着彝族的迁移，苦荞从喜马拉雅地区传播到中

国西南地区；约在 3000 年前，苦荞传播到了中国北方，并在约 1500 年前进一步分化形成了更高程度驯化的群体；随后约在 1000 年前，随着蒙古帝国向西扩张，苦荞从中国北方传播到欧洲，形成了其当前的全球分布格局。采用 PacBio HiFi 和 Hi-C 测序，对易脱壳苦荞西盟米荞进行了基因组从头组装，结合比较基因组学和重组自交系 QTL 定位，鉴定到编码细胞壁代谢的关键基因木聚糖酶抑制剂 (*FtXIP*, *Mq02.g08037*)，进一步研究发现启动子区域的 SV 导致 *FtXIP* 的表达降低，最终导致苦荞形成易脱壳的性状，研究结果为苦荞脱壳育种提供了宝贵的基因资源。以上研究发表在 *Genome Biology* 期刊上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Qiang He, Chunchao Wang, Qiang He, Jun Zhang, Hongkai Liang, Zefu Lu, Kun Xie, Sha Tang, Yuhang Zhou, Bin Liu, Hui Zhi, Guanqing Jia, Ganggang Guo, Huilong Du, Xianmin Diao. A complete reference genome assembly for foxtail millet and Setaria-db, a comprehensive database for Setaria. *Molecular Plant*, 2024, 17(2): 219-222. doi:10.1016/j.molp.2023.12.017.

[2] Hui Zhang, Hui Zhi, Di Yuan, Hongkai Liang, Wei Zhang, Guanqing Jia, Xianmin Diao. Identification and characterization of a no-grain mutant (*nog1*) in foxtail millet. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(12): 4263-4266. doi:10.1016/j.jia.2024.06.016

[3] Jianzhou Pang, Wei Zhang, Yanyan Zhang, Shihui Zhang, Yannan Wang, Hui Zhi, Chunyi Zhang, Qiuju Liang, Xianmin Diao. Nullification of GFTs fortifies bioactive folates in foxtail millet. *Journal of Integrative Plant Biology*,



2024, 8(66): 1540-1543. doi:10.1111/jipb.13665.

[4] Yuqi He, Kaixuan Zhang, Yaliang Shi, Hao Lin, Xu Huang, Xiang Lu, Zhirong Wang, Wei Li, Xibo Feng, Taoxiong Shi, Qingfu Chen, Junzhen Wang, Yu Tang, Chapman Mark A, Germ Mateja, Luthar Zlata, Kreft Ivan, Janovská Dagmar, Meglič Vladimir, Woo Sun-Hee, Quinet Muriel, Fernie Alisdair R, Xu Liu, Meiliang Zhou. Genomic insight into the origin, domestication, dispersal, diversification and human selection of Tartary buckwheat. *Genome Biology*, 2024, 25(1):61. doi: 10.1186/s13059-024-03203-z. doi: 10.1186/s13059-024-03203-z.

[5] Dili Lai, Kaixuan Zhang, Yuqi He, Yu Fan, Wei Li, Yaliang Shi, Yuanfen Gao, Xu Huang, Jiayue He, Hui Zhao, Xiang Lu, Yawen Xiao, Jianping Cheng, Jingjun Ruan, Georgiev Milen I, Fernie Alisdair R, Meiliang Zhou. Multi-omics identification of a key glycosyl hydrolase gene FtGH1 involved in rutin hydrolysis in Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum*). *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(5):1206-1223. doi: 10.1111/pbi.14259.

[6] Jha Rintu, Kaixuan Zhang, Yuqi He, Mendler-Drienyovszki Nóra, Magyar-Tábori Katalin, Quinet Muriel, Germ Mateja, Kreft Ivan, Meglič Vladimir, Ikeda Kiyokazu, Chapman Mark A., Janovská Dagmar, Podolska Grażyna, Woo Sun-Hee, Bruno Studer, Georgiev Milen I., Chrungoo Nikhil, Betekhtin Alexander, Meiliang Zhou. Global nutritional challenges and opportunities: Buckwheat, a potential bridge between nutrient deficiency and food security. *Trends in Food Science & Technology*, 2024, 145: 104365. doi: 10.1016/j.tifs.2024.104365.

[7] Guangqi Gao, Luxi Yan, Yu Cai, Yu Guo, Congcong Jiang, Qiang He, Sarah Tasnim, Zongyun Feng, Jun Liu, Jing Zhang, Komatsuda Takao, Mascher Martin, Ping Yang. Most Tibetan weed barleys originated via recombination between Btr1 and Btr2 in domesticated barley. *Plant Communications*, 2024, 5(5):100828. doi: 10.1016/j.xplc.2024.100828.

[8] Man Sun, Congcong Jiang, Guangqi Gao, Chaodan An, Wenxue Wu, Jinhong Kan, Jing Zhang, Lihui Li, Ping Yang. A novel type of malformed floral organs mutant in barley was conferred by loss-of-function mutations of the MADS-box gene HvAGL6. *The Plant Journal*, 2024, 119(6):2609-2621. doi: 10.1111/tpj.1693.

[9] Yujie Chang, Yonghui Liu, Lanfen Wang, Shumin Wang, Jing Wu. Global transcriptome analysis reveals resistance genes in the early response of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) to *Colletotrichum lindemuthianum*. *BMC Genomics*, 2024, 25:579. doi:10.1186/s12864-024-10497-7.

## (2) 专利

[1] 一种不依赖于种子分选机的谷子智能不育系繁殖方法, 授权专利号: ZL 202310095585.9, 完成人: 刁现民、张伟、智慧、任玉双、贾冠清、张林林、汤沙、高远瞩, 公告日期: 2024 年 3 月 15 日;

[2] 一种苦荞抗立枯病基因 FtEIN3 的克隆和应用, 授权专利号: ZL 202310234456.3, 完成人: 周美亮、关超男、李光胜、张凯旋、何毓琦、卢翔, 公告日期: 2024 年 1 月 30 日;

[3] 苦荞来源的大黄素糖基转移酶及其编码基因和应用, 授权专利号: ZL 202111232676.X, 完成人: 张凯旋、周美亮、赵辉、范昱、丁梦琦、

胡永平，公告日期：2024 年 2 月 2 日；

[4] 苦荞来源的 bHLH 类转录因子、其编码基因及其应用，授权专利号：ZL 202311640898.4，完成人：张凯旋、周美亮、赖弟利、何毓琦，公告日期：2024 年 3 月 1 日。

### (3) 植物新品种权

[1] 驻饲麦 11，品种权号：CNA20211008633，完成人：郜战宁、郭刚刚、冯辉、薛正刚、杨永乾，授权公告日期：2024 年 4 月 12 日。

### (4) 审定品种

[1] 中杂谷 79（非主要农作物品种登记），登记编号：GPD 谷子（2024）110016，主要育成：中国农业科学院作物科学研究所，登记日期：2024 年 4 月；

[2] 中啤麦 1 号（非主要农作物品种登记），登记编号：GPD 大麦（青稞）（2024）110017，主要育成：郭刚刚、王春超、达瓦顿珠、徐东东、张京，登记日期：2024 年 4 月 21 日；

[3] 浙皮 27 号（非主要农作物品种登记），登记编号：GPD 大麦 / 青稞（2024）330011，主要育成：汪军妹、郭刚刚、蔡康锋、岳文浩、杨建明，登记日期：2024 年 4 月 21 日；

[4] 驻饲麦 10 号（非主要农作物品种登记），登记编号：GPD 大麦（青稞）（2024）410014，主要育成：王树杰、郭刚刚、郜战宁、冯辉、

薛正刚、杨永乾，登记日期：2024 年 4 月 21 日；

[5] 中苦 3 号，云南省种子站审定，审定编号：滇鉴（荞麦）2024027 号，主要育成：周美亮、王俊珍、胡祚、张凯旋、李周、何毓琦、王韵雪、李伟、李怀龙、王光全，审定日期：2024 年 3 月 31 日；

[6] 中荞 21 号，云南省种子站审定，审定编号：滇鉴（荞麦）2024026 号，主要育成：周美亮、王韵雪、张凯旋、胡祚、王俊珍、李周、何毓琦、李伟、李怀龙、邵美红、胡敏、郑铭洁，审定日期：2024 年 3 月 31 日；

[7] 中荞 241 号，云南省种子站审定，审定编号：滇鉴（荞麦）2024029 号，主要育成：周美亮、李周、张凯旋、王俊珍、胡祚、何毓琦、王韵雪、李伟、李怀龙、王光全，审定日期：2024 年 3 月 31 日；

[8] 中荞 121 号，云南省种子站审定，审定编号：滇鉴（荞麦）2024028 号，主要育成：周美亮、张凯旋、王俊珍、王韵雪、胡祚、李周、何毓琦、李伟、李怀龙、汤睿、李基光，审定日期：2024 年 3 月 31 日；

[9] 中荞 311 号，云南省种子站审定，审定编号：滇鉴（荞麦）2024030 号，主要育成：周美亮、胡祚、王俊珍、李周、张凯旋、冯西博、廖文华、何毓琦、王韵雪、李伟、李怀龙，审定日期：2024 年 3 月 31 日。

## Coarse Grains Germplasm Precise Evaluation Group

To address the challenge of underdeveloped efficient breeding technologies for coarse cereals, the focus is on the precision identification of germplasm resources. Key research efforts include the discovery and utilization of special elite resources, the development of innovative breeding technologies and methods, the creation and application of novel breeding materials, and the breeding of new crop varieties. This year, the group introduced 170 new resources, cataloged and stored 4,251 accessions, and conducted precision field evaluations of 4,000 resources. We identified and selected 35 new elite germplasms with superior quality, disease resistance, and cold tolerance. Additionally, 11 new coarse cereal varieties were registered and released, with five new varieties of millet, buckwheat, and pea successfully transferred (cumulatively amounting to 7.8 million RMB). In addition, three novel germplasms featuring high folate content and compact plant architecture were developed. Furthermore, seven new genes were discovered, including those related to grain size (SiTGW6), panicle development (Sinog1), anthracnose resistance (Pv-G6/7), easy dehulling (FtXIP), rutin synthesis (FtUFGT3), drought resistance (FtPMEI13), and floral organ development (HvAGL6). The team published 21 research papers, six of which appeared in high-impact journals such as *Molecular Plant*, *Genome Biology*, and *Advanced Science*. Four patents were granted.

Group Leader: Guanqing Jia

Group Members: Xianmin Diao, Ganggang Guo, Jing Wu, Ping Yang, Meiliang Zhou, Sha Tang

Postdoctoral Fellows: Qiang Meng, Yanyan Zhang, Wei Zhang, Hongpo Wu, Zhiying Zhao, Chaonan Guan, Xu Huang, Zhirong Wang, Yanhua Chen, Xiaohan Wang, Tong Su

### 1. Selected Publications

★ Qiang He, Chunchao Wang, Qiang He et al. A complete reference genome assembly for foxtail millet and *Setaria*-db, a comprehensive database for *Setaria*. *Molecular Plant*, 2024, 17(2): 219-222.

★ Hui Zhang, Hui Zhi, Di Yuan et al. Identification and characterization of a no-grain mutant (*nog1*) in foxtail millet. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(12): 4263-4266.

★ Jianzhou Pang, Wei Zhang, Yanyan Zhang et al. Nullification of GFTs fortifies bioactive folates in foxtail millet. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 8(66): 1540-1543.

★ Yuqi He, Kaixuan Zhang, Yaliang Shi et al. Genomic insight into the origin, domestication, dispersal, diversification and human selection of Tartary buckwheat. *Genome Biology*, 2024, 25(1):61.

★ Dili Lai, Kaixuan Zhang, Yuqi He et al. Multi-omics identification of a key glycosyl hydrolase gene FtGH1 involved in rutin hydrolysis in Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum*).

Plant Biotechnology Journal, 2024, 22(5):1206-1223. doi: 10.1111/pbi.14259.

★ Jha Rintu, Kaixuan Zhang, Yuqi He et al. Global nutritional challenges and opportunities: Buckwheat, a potential bridge between nutrient deficiency and food security. Trends in Food Science & Technology, 2024, 145: 104365. doi: 10.1016/j.tifs.2024.104365.

★ Guangqi Gao, Luxi Yan, Yu Cai et al. Most Tibetan weed barleys originated via recombination between Btr1 and Btr2 in domesticated barley. Plant Communications, 2024, 5(5):100828.

★ Man Sun, Congcong Jiang, Guangqi Gao et al. A novel type of malformed floral organs mutant in barley was conferred by loss-of-function mutations of the MADS-box gene HvAGL6. The Plant Journal, 2024, 119(6):2609-2621.

## 2. Varieties

★ Zhongzagu 79, Non-Staple Crop Variety Registration, Breeder: ICS-CAAS, April 2024.

★ Zhongpimai 1, Non-Staple Crop Variety Registration, Breeders: Ganggang Guo, Chunchao Wang, Dawadunzhu et al, April 21, 2024.

★ Zhepi 27, Non-Staple Crop Variety Registration, Breeders: Junmei Wang, Ganggang Guo, Kangfeng Cai et al, April 21, 2024.

★ Zhusimai 10, Non-Staple Crop Variety Registration, Breeders: Shujie Wang, Ganggang Guo, Zhanning Gao et al, April 21, 2024.

★ Zhongku 3, Certified by Yunnan, Breeders: Meiliang Zhou, Junzhen Wang, Zuo Hu et al, March 31, 2024.

★ Zhongqiao 311, Certified by Yunnan, Breeders: Meiliang Zhou, Zuo Hu, Junzhen Wang et al, March 31, 2024.

## 研究方向二：基因资源挖掘工具与技术研发

开发表型组分析、多亲群体连锁分析、全基因组关联分析等新模型和新算法；利用机器学习和深度学习等人工智能技术，开发规模化的全基因组水平或靶向区域测序技术、生物信息学分析技术、基因价值评估技术等高效基因资源挖掘工具和技术；研发新型不依赖基因型的遗传转化技术和多基因转化技术，进一步提高作物转化效率，降低遗传转化成本；开展单碱基定点突变、大片段定点插入或替换等技术研究，开发具有自主知识产权的高效基因编辑及表观遗传编辑修饰新技术新工具；基于种质资源表型和基因型大数据以及基因资源信息，研制后代表型高效预测模型和亲本选配工具，突破智能化全基因组选择技术；构建作物基因资源与育种应用大数据，为基因资源挖掘、设计和育种利用提供信息支撑。



李慧慧 研究员  
作物基因资源挖掘模型  
软件团队负责人



贺强 研究员  
作物基因资源挖掘  
大数据团队负责人



吴传银 研究员  
作物基因资源挖掘基因  
操作团队负责人



夏兰琴 研究员  
作物基因资源挖掘基因  
编辑团队负责人



(六) 作物智能设计算法模型团队

面向我国重要农业生物育种产业发展重大需求，针对传统育种核心环节受制于经验的难题，围绕主要作物育种目标，以农业育种多组学大数据为基础，通过人工智能算法与育种大数据深度融合，主要开展智能算法和模型构建、智能设计育种等方面研究。本年度研发了基于机器学习的转录组注释大语言模型并挖掘耐盐

基因、优化基因分型与 QTL 定位技术、构建全流程智慧育种平台等，相关研究成果在 Molecular Plant、Plant Biotechnology Journal、Trends in Genetics 等国际主流期刊发表 SCI 论文 11 篇，其中影响因子大于 10 的论文 5 篇，授权国家发明专利 1 项，申请国际发明专利 1 项、国内发明专利 4 项、获得软件著作权 5 项。



全流程智慧育种平台

团队负责人	李慧慧
团队成员	王建康、张鲁燕、高尚
在站博士后	何坤辉、张治梁、Takele Weldu Gebrewahid
在读博士研究生	4 人
在读硕士研究生	5 人

## 1. 重要研究进展

(1) 全流程智慧育种平台及其育种应用。在大数据和人工智能时代，分析高通量育种数据的现有工具需要大量算力、复杂的安装过程和计算机专业的相关知识，难以快速掌握和运用。为了克服这些限制，团队开发了全流程智慧育种平台，该平台具备并发性、安全性、一站式、高效性四大特点，实现了包括育种数据管理和分析、大模型大算力优化加速、AI 预测亲本及优良品种的育种全流程整合，其数据容量、运行速度以及数据安全措施均达到世界先进水平，如针对基因测序数据的变异位点计算加速达到 110 倍，基因型过滤加速 25 倍以上，群体遗传学分析加速 1000 倍以上；全基因组选择算法准确率平均提升 15% 以上，预测稳定性提升 5%。大田试验设计提供 7 种试验模式并且可以自动在田间规划试验用地和种植品种。目前已有 23 家科研单位和企业的 194 位用户使用该平台完成分析任务 49277 项，展现了智能设计育种平台作为新质生产力工具为农业育种领域带来的研究范式转变，获中国科协“生物育种优秀解决方案”奖。基于团队在智慧育种方面取得的成绩以及国内外研究进展，受邀综述了人工智能在植物育种中的应用前景，涵盖数据收集与整合、预测模型构建、遗传多样性挖掘、高通量表型采集与分析等方面，并展望了 AI 工具在优化基因编辑系统和预测遗传变异对表型影响方面的巨大潜力。研究成果分别发表于 *Molecular Plant* 和 *Trends in Genetics* 期刊。

(2) 基于机器学习的转录组注释大语言模型并挖掘耐盐基因。针对传统基因注释方法主要依赖同源物种注释信息，导致基因功能分析不准确且解析不全面，进而限制了大规模跨物种基因注释与比对的问题，团队研发了基于机器学习转录组注释的大语言模型，利用机器学

习模型 NetGO 3.0 对大规模基因进行注释。该方法能够自动筛选并整合来自不同实验的数据，以识别盐胁迫下的差异表达基因，并对它们进行 GO 注释。相较于传统同源性比对，该方法可以更准确、更精细检测到耐盐通路信号，有效避免对同源信息的依赖，显著提高了基因注释效率和可重复性，有助于发现未知基因功能，为大规模基因注释提供了解决方案，适用于所有已测序的物种。利用该机器学习方法，鉴定和分类了盐生植物基因组水平的 *WD40* 基因家族成员，并揭示了 *SaTTG1* 在植物发育中的调控作用，该研究不仅展示了机器学习在功能基因组学研究中的巨大潜力，也为理解植物耐盐机理提供了新的思路。研究成果分别发表于 *Plant Biotechnology Journal*、*Horticulture Research* 和 *Frontiers in Plant Science* 期刊并正在申请发明专利。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Huihui Li, Xin Li, Peng Zhang, Yingwei Feng, Junri Mi, Shang Gao, Lele Sheng, Ali Mohsin, Zikun Yang, Liang Li, Wei Fang, Wensheng Wang, Qian Qian, Fei Gu, Wenbin Zhou. Smart Breeding Platform: a web-based tool for high-throughput population genetics, phenomics, and genomic selection. *Molecular Plant*, 2024, 17(5): 677-681. doi: 10.1016/j.molp.2024.03.002.

[2] Farooq Muhammad Amjad, Shang Gao, Hassan Muhammad Adeel, Zhangping Huang, Rasheed Awais, Hearne Sarah, Prasanna Bodupalli, Xinhai Li, Huihui Li. Artificial intelligence in plant breeding. *Trends in Genetics*, 2024, 40(10): 891-908. doi: 10.1016/j.tig.2024.07.001.

[3] Kaijian Fan, Ali Mohsin, Kunhui He,

Yingwei Feng, Tingxi Yu, Hao Zhang, Tai An, Weiwei Zeng, Junjie Fu, Ying Zhou, Yanfang Heng, Fei Gu, Jiankang Wang, Changling Huang, Liang Li, Huihui Li. Genomic analysis of modern maize inbred lines reveals diversity and selective breeding effects. *Science China Life Sciences*, 2024, 68(2): 578-581. doi: 10.1007/s11427-024-2725-1.

[4] Qi Liu, Shimin Zuo, Shasha Peng, Hao Zhang, Ye Peng, Wei Li, Yehui Xiong, Runmao Lin, Zhiming Feng, Huihui Li, Jun Yang, Guo-Liang Wang, Houxiang Kang. Development of machine learning methods for accurate prediction of plant disease resistance. *Engineering*, 2024, 40: 100-110. doi: 10.1016/j.eng.2024.03.014.

[5] Shang Gao, Zhouyang Su, Jun Ma, Jian Ma, Chunji Liu, Huihui Li, Zhi Zheng. Identification of a novel and plant height-independent QTL for coleoptile length in barley and validation of its effect using near-isogenic lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(3): 53. doi: 10.1007/s00122-024-04561-9.

## (2) 专利

[1] 一种基于机器学习的基因型和环境交互算法及其应用, 授权专利号: ZL 2024 1 0245774.4, 完成人: 李慧慧、余廷熙、何坤辉, 公告日期: 2024 年 5 月 28 日;

[2] Genome-wide prediction method based on deep learning, 美国专利申请号: X-73123150TBYX, 完成人: 李慧慧、冯英伟、张昊, 申请日期: 2024 年 2 月 28 日;

[3] 一种基于连锁不平衡度的基因分型错误检测和纠正方法, 专利申请号: 2024 1 0805012.5, 完成人: 张鲁燕、王建康、张恒益, 申请日期: 2024 年 6 月 21 日;

[4] 针对多个双亲衍生后代群体的联合完备区间作图方法, 专利申请号: 202411171737.X, 完成人: 张鲁燕、王建康, 申请日期: 2024 年 8 月 26 日;

[5] 一种基于机器学习和多维环境大数据的遗传分析方法, 专利申请号: 202411623395.0, 完成人: 李慧慧、何坤辉, 申请日期: 2024 年 11 月 14 日;

[6] 一种基于深度学习的功能基因预测方法, 专利申请号: 202411676468.2, 完成人: 李慧慧、陈守坤、黄章平、高尚, 申请日期: 2024 年 11 月 22 日。

## (3) 获奖成果

[1] 基于深度学习的全基因组预测方法 DN-NGP, 入选 2023 年度海南省十大杰出农业科技成果, 获奖日期: 2024 年 7 月;

[2] 全流程智慧育种平台, 获中国科协“生物育种优秀解决方案”奖, 获奖日期: 2024 年 9 月 19 日。

## (4) 软件著作权

[1] 基于深度神经网络的基因组预测软件 [简称: DNNGP] V2.0, 完成人: 李慧慧、张昊、王轲麟、余廷熙, 登记号: 2024SR0098222, 证书编号: 软著登字第 12502095 号, 登记日期: 2024 年 1 月 15 日;

[2] 自交作物杂交组合群体基因型模拟软件 [简称: SimGeno] V1.0, 完成人: 李慧慧、刘则、袁仕吉, 登记号: 2024SR0561906, 证书编号: 软著登字第 12965779 号, 登记日期: 2024 年 4 月 25 日;

[3] 小麦遗传育种群体数据库系统 [简称: GPDB] V2.0, 完成人: 张鲁燕、王建康, 登记号: 2024SR0570481, 证书编号: 软著登字第 12974354 号, 登记日期: 2024 年 4 月 26 日;

[4] 基于共进化分析的预测基因的软件

V1.0, 完成人：李慧慧、高尚、陈守坤，登记号：2024SR1330716，证书编号：软著登字第13734589号，登记日期：2024年9月9日；

[5] 基于深度学习的功能基因预测软件

V1.0, 完成人:李慧慧、陈守坤、黄章平、高尚，登记号：2024SR1484112，证书编号：软著登字第13887985号,登记日期:2024年10月10日。

## Crop Gene-Mining Methods and Software Group

To address the major needs of the development of agricultural biological breeding industry in China and tackle the issue that core links of traditional breeding are constrained by experience, this group focuses on the breeding goals of major crops. By integrating multi-omics breeding big data and artificial intelligence, the group mainly conducts research on constructing intelligent breeding algorithms and models, as well as intelligent breeding designs. This year, the group has achieved several key outcomes: it has developed a large language model for transcriptome annotation based on machine learning and mined salt-tolerant genes, optimized genotyping and QTL mapping technologies, and constructed a full-process smart breeding platform. Relevant research results have been published in 11 SCI papers in journals such as *Molecular Plant*, *Plant Biotechnology Journal*, and *Trends in Genetics*, of which 5 papers have an impact factor (IF) greater than 10. Additionally, the group has obtained 4 authorized national invention patent, applied for 1 international invention patent and 4 domestic invention patent applications, and acquired 6 software copyrights.

Group Leader: Huihui Li

Group Members: Jiankang Wang, Luyan Zhang, Shang Gao

Postdoctoral Fellows: Kunhui He, Zhiliang Zhang, Weldu Gebrewahid Takele

### 1. Selected Publications

★ Huihui Li, Xin Li, Peng Zhang et al.

Smart Breeding Platform: a web-based tool for high-throughput population genetics, phenomics, and genomic selection. *Molecular Plant*, 2024, 17(5): 677-681.

★ Farooq Muhammad Amjad, Shang Gao, Hassan Muhammad Adeel et al. Artificial intelligence in plant breeding. *Trends in Genetics*, 2024, 40(10): 891-908.

★ Kaijian Fan, Ali Mohsin, Kunhui He et al. Genomic analysis of modern maize inbred lines reveals diversity and selective breeding effects. *Science China Life Sciences*, 2024, 68(2): 578-581.

### 2. Awards and Honors

DNNGP, Top 10 Outstanding Agricultural Science and Technology Achievements of Hainan Province in 2023, July 2024.

Full-Process Smart Breeding Platform, Excellent Solution for Biological Breeding Award from the China Association for Science and Technology, September 19, 2024.

### 3. Software

★ Genome Prediction Software Based on Deep Neural Network [Abbreviation: DNNGP] V2.0, Developer: Huihui Li, Hao Zhang, Kelin Wang, Tingxi Yu, January 15, 2024.

★ Genotype Simulation Software for Hybrid Populations of Self-Pollinated Crops [Abbreviation: SimGeno] V1.0, Developer: Huihui Li, Ze Liu, Shiji Yuan, April 25, 2024.

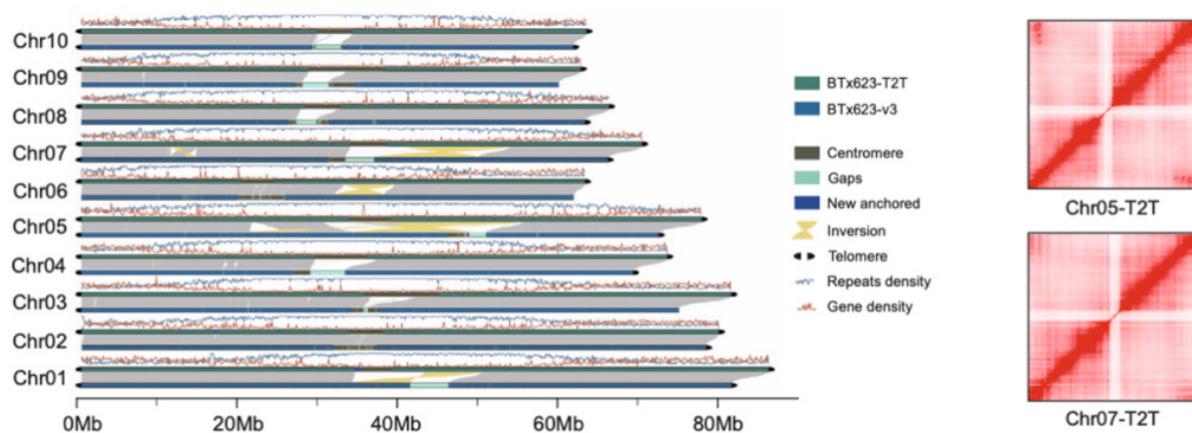
★ Wheat Genetic Breeding Population Database System [Abbreviation: GPDB] V2.0, Developer: Luyan Zhang, Jiankang Wang, April 26, 2024.



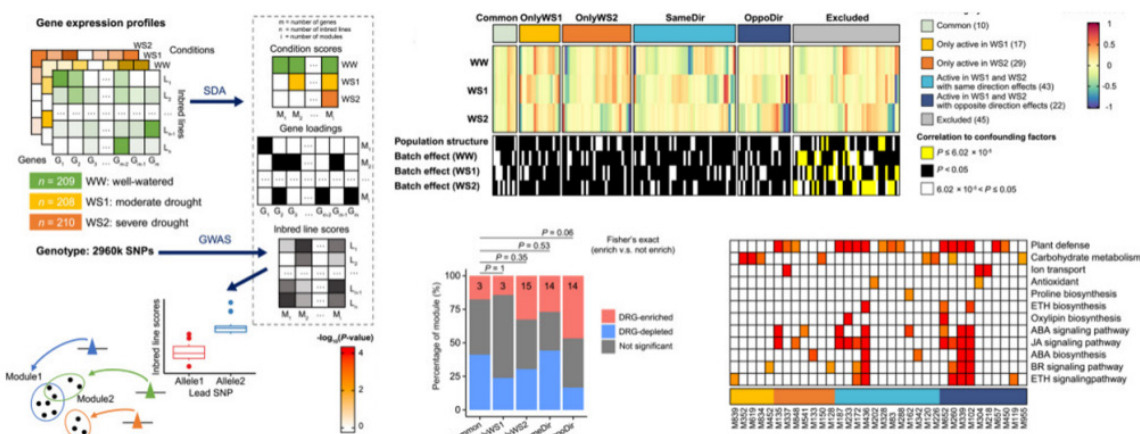
## (七) 作物基因资源挖掘大数据团队

针对作物基因资源挖掘利用中海量数据整合困难、基因—表型关联精度低、优异基因挖掘困难等科学问题，围绕多组学大数据驱动的基因挖掘研究方向，重点开展算法工具开发、基因互作图谱构建、资源平台建设等方面研究工作。本年度构建谷子 T2T 参考基因组 1 个、高粱 T2T 参考基因组 1 个、谷子综合数据库 1

个、小麦群体代谢图谱一个，利用关联分析、张量分析等方法挖掘小麦籽粒蛋白含量基因 *TaMADS1-D1*、株高调控基因 *TaPRR95*、玉米胚/籽粒比基因 *CT2*，并揭示玉米丝特异基因的调控网络和抗旱响应转录调控基因模块。相关成果在 *Molecular Plant*、*Plant Communications*、*Journal of Genetics and Genomics* (4 篇) 等国际主流期刊发表 SCI 论文 9 篇。



高粱材料BTx623的端粒到端粒 (T2T) 基因组



利用变张量降维技术解析玉米抗旱基因模块

团队负责人	贺强
团队成员	毛龙、李爱丽、付俊杰、赵光耀、周鹏
在站博士后	梁鹏飞
在读博士研究生	9 人
在读硕士研究生	11 人

## 1. 重要研究进展

(1) 构建谷子、高粱高质量 T2T 参考基因组以及综合数据库。2012 年第一个谷子参考基因组 (Yugu1) 释放, 在过去的十年间依靠该参考基因组, 谷子基础研究得到了快速发展, 但该基因组序列存在大量的未知区域, 十年前的参考基因组越来越难以满足目前的研究需求。本研究通过 HiFi+ONT+HiC+NGS 的策略, 填补了过去参考基因组的数千个缺口, 纠正了 210 个拼接方向错误, 获得首个完整无缺口的谷子基因组 Yugu1-T2T, 并新注释了 8726 个编码基因。同时, 本研究建立了目前谷子最完整的多组学综合数据库, 该数据库包含了 T2T 基因组、泛基因组、大群体变异组、转录组、代谢组、各类群体多环境表型组以及种质材料信息等谷子研究亟须的多组学数据, 并开发相关在线工具, 为谷子功能基因理论和育种研究提供了最全面的共享平台。为谷子研究提供了参考基因组的“金标准”, 也将极大促进谷子功能基因组研究和现代化育种发展, 对禾谷类作物比较基因组学具有重要意义。以上研究成果发表在 *Molecular Plant* 期刊上。同时, 利用相同的策略构建了高粱 T2T 参考基因组, 该 T2T 基因组和之前版本相比新增 43.6 Mb 的基因组序列, 填补了 3913 个 gaps, 并成功纠正了 1131 个错误组装, 新增编码基因 3565 个。新基因组可以显著提升二代短序列数据的使用率和比对准确率, 假阳性比对结果大幅降低, 杂合变异位点数量显著减少, 对候选基因的挖掘具有重要促进作用。以上研究成果发表在 *Plant Communications* 期刊上。

(2) 张量分解揭示了玉米抗旱响应中的转录调控基因模块。植物响应干旱胁迫时, 细胞会发生动态变化, 并伴随着基因表达的改变, 这一过程通常借助反式调控 (trans-regulation)

发挥作用。然而, 由于基因和标记数量众多, 检测反式作用的遗传变异以及基因网络面临着挑战。该研究采用张量分解方法, 识别与基因模块 (而非单个基因) 相关联的反式作用表达数量性状位点 (trans-eQTL), 通过 GWAS 鉴定出 286 个与抗旱响应模块相连的 trans-eQTL, 其中大多数无法基于单基因的表达检测到。进一步研究发现在玉米改良过程中选择的 trans-eQTL 区域往往受到相对较强的选择压力。数据降维可以促进动态环境响应基因表达的反式作用变异识别, 并且可以作为未来作物育种中高阶数据处理的有效技术。以上研究成果发表在 *Journal of Genetics and Genomics* 期刊上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Qiang He, Chunchao Wang, Qiang He, Jun Zhang, Hongkai Liang, Zefu Lu, Kun Xie, Sha Tang, Yuhang Zhou, Bin Liu, Hui Zhi, Guangqing Jia, Ganggang Guo, Huilong Du, Xianmin Diao. A complete reference genome assembly for foxtail millet and *Setaria*-db, a comprehensive database for *Setaria*. *Molecular Plant*, 2024, 17(2): 219-222. doi:10.1016/j.molp.2023.12.017.

[2] Yuan Deng, Peng Zhou, Fei Li, Jing Wang, Kun Xie, Hongkai Liang, Chunchao Wang, Bin Liu, Zhenxing Zhu, Wenbin Zhou, Baoqing Dun, Xiaochun Lu, Xianmin Diao, Qiang He. A Complete assembly of the sorghum BTx623 reference genome. *Plant Communications*, 2024, 5(6):100977. doi:10.1016/j.xplc.2024.100977.

[3] Jiawen Lu, Yuxin Xie, Chunhui Li, Jinliang Yang, Junjie Fu. Tensor decomposition reveals trans-regulated gene modules in maize drought response. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 52(6):786-798. doi:10.1016/

j.jgg.2024.10.011.

[4] Xiaoli Wang, Jiawen Lu, Mingfang Han, Zheyuan Wang, Hongwei Zhang, Yunjun Liu, Peng Zhou, Junjie Fu, Yuxin Xie. Genome-wide expression quantitative trait locus analysis reveals silk-preferential gene regulatory network in maize. *Physiologia Plantarum*, 2024, 176(3):e14386. doi:10.1111/ppl.14386.

[5] Yumin Zhang, Sihan Zhen, Chunxia Zhang, Jie Zhang, Xiaoqing Shangguan, Jiawen Lu, Qingyu Wu, Lynnette M.A. Dirk, Bruce A. Downie, Guoying Wang, Tianyong Zhao, Junjie Fu. Natural variation of CT2 affects the embryo/kernel weight ratio in maize. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 52(3):432-440. doi:10.1016/j.jgg.2024.09.012.

[6] Mingxue Fu, Shaoshuai Liu, Yuqing Che, Dada Cui, Zhongyin Deng, Yang Li, Xinyu Zou, Xingchen Kong, Guoliang Chen, Min Zhang, Yifan Liu, Xiang Wang, Wei Liu, Danmei Liu,

Shuaifeng Geng, Aili Li, Long Mao. Genome-editing of a circadian clock gene TaPRR95 facilitates wheat peduncle growth and heading date. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 51(10): 1101-1110. doi:10.1016/j.jgg.2024.05.011.

[7] Shaoshuai Liu, Ke Wang, Shuaifeng Geng, Moammar Hossain, Xingguo Ye, Aili Li, Long Mao, Karl-Heinz Kogel. Enemies at peace: Recent progress in *Agrobacterium*-mediated cereal transformation. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):2095-5421. doi:10.1016/j.cj.2023.12.009.

[8] Long Mao. The wild and the valuable: The goatgrass pangenome advances wheat improvement. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1503-1504. doi:10.1016/j.cj.2024.09.001.

[9] Long Mao. One bird, multiple stones: The race to find a gene of dominant negative effect in wheat. *The Crop Journal*, 2024, 12(4): 951-952. doi: 10.1016/j.cj.2024.08.001.

## Crop Omics Data Science Group

We address critical challenges in crop genetic resource utilization, including the integration of massive datasets, limited accuracy in gene-phenotype associations, and difficulties in identifying superior alleles. Leveraging multi-omics big data, the research emphasizes the development of computational algorithms, the construction of gene interaction networks, and the establishment of resource platforms to advance gene discovery. Over the past year, we have accomplished several landmark achievements. We completed the assembly of a telomere-to-telomere (T2T) reference genome for foxtail millet and one for sorghum, established the most comprehensive database for foxtail millet to date, and generated a population-level metabolomic atlas for wheat. Through advanced analytical approaches such as association mapping and tensor decomposition, we identified important functional loci, including the wheat grain protein content gene TaMADS1-D1, the plant height regulatory gene TaPPR95, and the maize embryo-to-kernel ratio gene CT2. In addition, we resolved the regulatory network of maize silk-specific genes and uncovered transcriptional modules associated with drought response. These outcomes have significantly strengthened the genomic and multi-omics foundation for crop improvement and provided new methodologies

for the high-dimensional data analysis in breeding research. The group's findings were published in nine SCI-indexed papers in leading international journals, including *Molecular Plant*, *Plant Communications*, and *Journal of Genetics and Genomics*.

Group Leader: Qiang He

Group Member: Long Mao, Aili Li, Junjie Fu, Guangyao Zhao, Peng Zhou

### 1. Selected Publications

★ Qiang He, Chunchao Wang, Qiang He et al. A complete reference genome assembly for foxtail millet and *Setaria*-db, a comprehensive database for *Setaria*. *Molecular Plant*, 2024, 17(2): 219-222. doi:10.1016/j.molp.2023.12.017.

★ Yuan Deng, Peng Zhou, Fei Li et al. A Complete assembly of the sorghum BTx623 reference genome. *Plant Communications*, 2024, 5(6):100977.

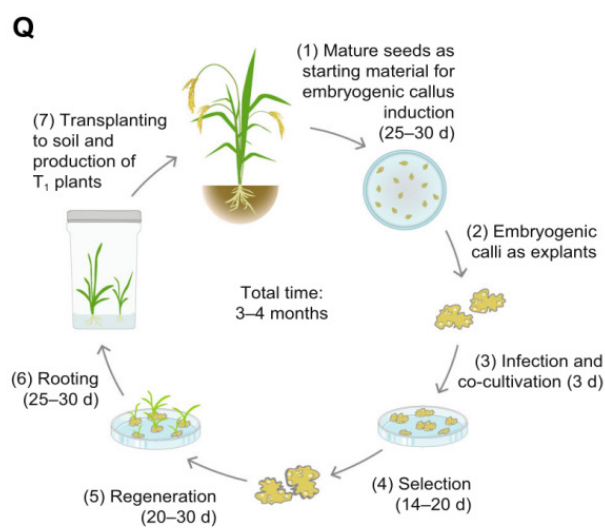
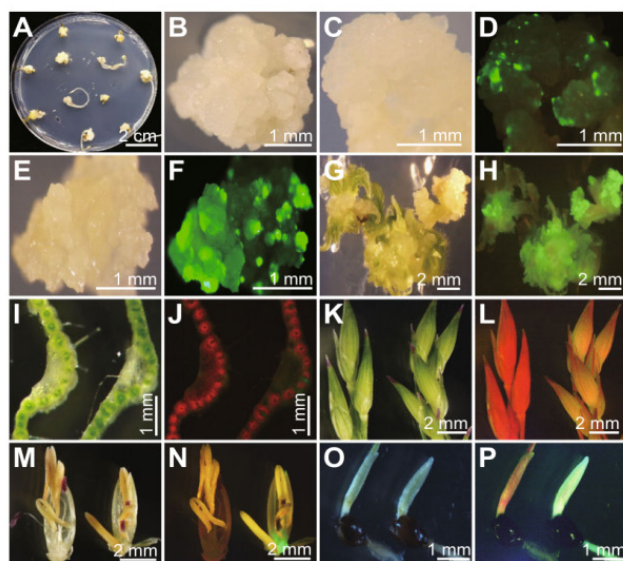
Yumin Zhang, Sihan Zhen, Chunxia Zhang et al. Natural variation of CT2 affects the embryo/kernel weight ratio in maize. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 52(3):432-440.

Long Mao. The wild and the valuable: The goatgrass pangenome advances wheat improvement. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1503-1504.

### （八）作物基因资源挖掘基因操作团队

围绕提升水稻、小麦、玉米等主要作物遗传转化效率、拓展适用基因型及创制生物育种新材料等核心目标，本年度重点推进了遗传转化效率提升、可转化基因型拓展及新材料创制工作。全年共为所内外 76 个课题组提供转化支持，其中水稻转化 1165 个载体，高粱转化 167

个载体，谷子转化 122 个载体。利用小麦的转化平台优势，对外完成近 100 个载体。在 *Plant Biotechnology Journal*、*Journal of Integrative Plant Biology*、*The Crop Journal* 等期刊上发表论文 7 篇。获授权发明专利 2 项。创制的抗虫玉米新材料进行了多点田间试验，申报了抗虫转基因玉米 VB15 生物安全应用证书。



黍稷遗传转化体系的建立

团队负责人	吴传银
团队成员	王轲、刘允军、隋毅、叶兴国、唐华丽
在站博士后	程子祥、阴涛、张晓慧
在读博士研究生	4 人
在读硕士研究生	10 人



## 1. 重要研究进展

(1) 建立首个黍稷遗传转化系统。黍稷起源于中国西北，是世界古老作物，具有 C4 高光效、抗旱、耐盐、耐高温、耐高 CO<sub>2</sub>、生育期短及水分利用效率高等突出优点，是应对气候变化、开发边际土地和救灾的重要作物。然而，缺乏遗传转化和基因组编辑技术严重阻碍了其功能基因组学与生物育种研究。然而，缺乏遗传转化和基因组编辑技术严重阻碍了其功能基因组学与生物育种研究。针对这一“卡脖子”难题，研究人员通过对 13 个黍稷品种愈伤组织诱导和芽再生能力评估，筛选出离体培养下胚性愈伤组织诱导和芽再生效率均高的品种“红糜”。基于此品种，成功构建了黍稷农杆菌介导的遗传转化体系和 CRISPR/Cas9 基因组编辑系统。利用该体系，研究进一步获得了抗除草剂的转基因黍稷新种质，并组装了一个近乎完整的黍稷参考基因组。这项研究为黍稷功能基因解析、品种遗传改良提供了从基因组资源到遗传操作平台的整套工具，也为其他主粮作物的抗性种质创新贡献了重要基因资源。以上研究成果发表在 *Journal of Integrative Plant Biology* 期刊上。

(2) 抗虫、耐除草剂转基因玉米新材料研发。目前抗虫、耐除草剂转基因玉米的商业化进入快速发展阶段，为满足生产上对高质量、新一代基因叠加玉米转化体的需求，研发了抗虫转化体 VB15，转化了 1 个耐除草剂基因 (*bar*)。VB15 表达 2 个抗虫基因 (*cry1Ab*、*vip3Aa19*)，2024 年 3 月—10 月在山东省、吉林省、河南省、四川省、海南省、新疆维吾尔自治区等 6 地开展了该转化体生产性试验阶段的安全性评价。试验结果表明 VB15 高抗玉米螟、棉铃虫、粘虫、草地贪夜蛾等鳞翅目昆虫。2024 年 11 月向农业农村部申报了 VB15 的生产应用安全证

书。将自主知识产权耐草甘膦基因 *epsps818* 转化玉米，获得大量耐受 4 倍浓度草甘膦的转基因玉米材料，筛选到 5 个耐受 4 倍田间施用浓度草甘膦的转化体，在山东省开展了环境释放安全性评价。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yang Liu, Zixiang Cheng, Weiyao Chen, Chuanyin Wu, Jinfeng Chen, Yi Sui. Establishment of genome-editing system and assembly of a near-complete genome in broomcorn millet. *Journal of Integrative Plant Biology*. 2024, 66(8):1688-1702. doi: 10.1111/jipb.13664.

[2] Zixiang Cheng, Ke Li, Hongxiu Liu, Xingen Wei, Tao Yin, Xin Xing, Lida Han, Yi Sui. Establishment of a genome-editing system to create fragrant germplasm in sweet sorghum. *aBIOTECH*. 2024, 5(4):502-506. doi: 10.1007/s42994-024-00180-6.

[3] Shaoshuai Liu, Ke Wang, Shuaifeng Geng, Hossain Moammar, Xingguo Ye, Aili Li, Long Mao, Kogel Karl-Heinz. Enemies at peace: Recent progress in *Agrobacterium*-mediated cereal transformation. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):321-329. doi: 10.1016/j.cj.2023.12.009.

[4] Yanan Chang, Junxian Liu, Chang Liu, Huiyun Liu, Huali Tang, Yuliang Qiu, Zhishan Lin, Ke Wang, Yueming Yan, Xingguo Ye. Establishment of transformation system in wheat close relatives under assistance of TaWOX5. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(6): 1839-1849. doi: 10.1016/j.jia.2023.06.021.

[5] Zhenpeng Wang, Tengpeng Wang, Jin Hu, Honghong Jiao, Yan Jin, Jiahui Sun, Tiegui Nan, Yuyang Zhao, Yunjun Liu, Luqi Huang, Yuan

Yuan. Comparisons of wild and cultivated American ginseng (*Panax quinquefolius* L.) genomes provide insights into changes in root growth and metabolism during domestication. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(7):1963-1965. doi: 10.1111/pbi.14316.

(2) 专利

[1] 一种利用农杆菌瞬时转化菰米种子进行基因表达的方法，授权专利号：ZL

202310994490.0，完成人：闫宁、隋毅、李亚丽、吴传银、李宛鸿、马晴、张洪博、张忠锋，公告日期：2024年2月2日；

[2] 一种转基因玉米VB15外源插入片段的旁侧序列及其应用，授权专利号：ZL 202311302047.9，完成人：刘允军、刘艳、王国英、任珍静、陈岩、施建琴，公告日期：2024年1月30日。

## Crop Genetic Engineering Group

Focusing on core objectives such as improving the low genetic transformation efficiency of major crops like rice, wheat, and maize, expanding transformable genotypes, and creating new materials for biological breeding, the group made significant progress in achieving these goals in 2024. Throughout the year, our group provided transformation support to 76 research groups both within and outside the institution, including 1,165 vectors for rice transformation, 167 vectors for sorghum transformation, and 122 vectors for foxtail millet transformation. By leveraging the advantages of the wheat transformation platform, nearly 100 vectors were transformed for external partners. Seven papers were published in journals such as *Plant Biotechnology Journal*, *Journal of Integrative Plant Biology* and *The Crop Journal*. Two invention patents were authorized. New insect-resistant maize materials developed through these efforts underwent multi-location field trials, and an application for a biosafety certificate for the transgenic insect-resistant maize event VB15 was submitted.

Group Leader: Chuanyin Wu

Group Members: Ke Wang, Yujun Liu, Yi

Sui, Xingguo Ye and Huali Tang

Postdoctoral Fellows: Tao Yin, Xiaohui Zhang and Zixiang Cheng

### 1. Selected Publications

★ Yang Liu, Zixiang Cheng, Weiyao Chen et al. *Journal of Integrative Plant Biology*. 2024, 66(8):1688-1702.

★ Zhenpeng Wang, Tengting Wang, Jin Hu et al. Comparisons of wild and cultivated American ginseng (*Panax quinquefolius* L.) genomes provide insights into changes in root growth and metabolism during domestication. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(7):1963-1965.

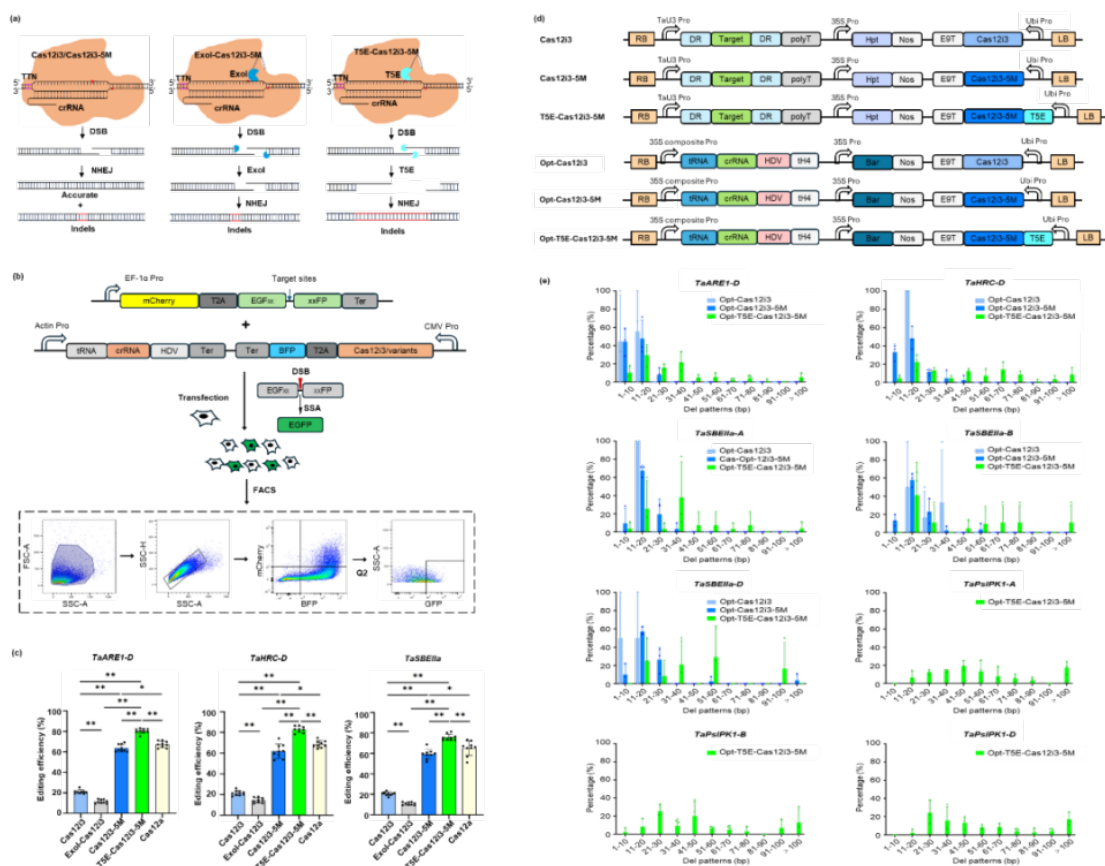
★ Zixiang Cheng, Ke Li, Hongxiu Liu et al. Establishment of a genome-editing system to create fragrant germplasm in sweet sorghum. *aBIOTECH*. 2024, 5(4):502-506.

★ Shaoshuai Liu, Ke Wang, Shuaifeng Geng et al. Enemies at peace: Recent progress in Agrobacterium-mediated cereal transformation. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):321-329. doi: 10.1016/j.cj.2023.12.009.

### (九) 作物精准育种技术团队

针对水稻小麦生产重大需求及农作物基因编辑领域的卡点和瓶颈问题，围绕农作物基因编辑与新种质创制等研究方向，主要开展：1) 新型基因组编辑工具挖掘、组装与优化，基因精准编辑技术创新与优化、定向进化等技术研发；2) 创制具有重要育种利用价值的水稻和小麦新型基因资源及新种质。本年度建立了基于自主知识产权基因编辑新工具的高效小

麦基因编辑体系；克隆鉴定具有自主知识产权的水稻烷基嘌呤 DNA 糖基化酶 (*rMPG*) 基因，研发了基于 *rMPG* 的植物新型单碱基编辑器 *rAKBEs*。在 *Plant Biotechnology Journal* 和 *aBIOTECH* 期刊发表 SCI 论文 2 篇；授权国家发明专利 2 项；创制高赖氨酸 (2)、抗稻瘟病 (1)、耐除草剂 (10) 水稻新种质共 13 份；创制高产 (3)、抗倒伏 (1)、抗纹枯病 (2) 和中感赤霉病 (2) 小麦新种质共 8 份。



Opt-T5E-Cas12i3-5M介导的高效小麦基因编辑技术体系

团队负责人	夏兰琴
团队成员	和玉兵、李少雅、李晶莹、闫磊、张臣
在站博士后	严浪、李玉才、刘金磊
在读博士研究生	11 人
在读硕士研究生	4 人

## 1. 重要研究进展

(1) 研发了基于自主知识产权基因编辑新工具的高效小麦基因编辑体系。本研究建立了利用动物细胞系评估基因编辑工具/技术编辑活性的技术体系,发现将 Cas12i3-5M 与核酸外切酶 T5E 融合能够显著提高其编辑效率;进一步对 crRNA 的表达策略进行优化,采用 35S 复合启动子 (35S-CmYLCV-U6) 启动 tRNA-crRNA-HDV 表达的策略,大大提高了 Cas12i3-5M 的编辑效率,其效率高于主流工具 Cas12a。进一步在小麦中建立了 Opt-T5E-Cas12i3-5M 介导的高效基因编辑体系,效率最高可达 90%。利用 Opt-T5E-Cas12i3-5M 系统对小麦淀粉分支酶、氮吸收、抗条锈病相关基因进行编辑,获得了高抗性淀粉、氮高效和抗条锈等系列基因编辑小麦新材料。为利用我国具有自主知识产权基因编辑的新工具进行小麦遗传改良,提供了重要技术和材料支撑。相关研究发表在 *Plant Biotechnology Journal* 期刊上。

(2) 研发植物单碱基编辑器 pAKBE 并在水稻中同时实现腺嘌呤单碱基转换和颠换。本研究将腺嘌呤碱基编辑器 ABE8e 与人源烷基腺嘌呤 DNA 糖基化酶 (hMPG)、hMPG 突变体、反式激活因子 VP64 等融合,分别建立了第一代、第二代、第三代和第四代 pAKBE 系统。水稻原生质体测试结果表明第四代 pAKBE 展现出较高的腺嘌呤到鸟嘌呤、胸腺嘧啶或胞嘧啶的碱基替换效率;水稻稳定转化结果进一步表明,VP64 的使用显著提高了 pAKBE 介导的腺嘌呤到鸟嘌呤或胸腺嘧啶的编辑效率,其中腺嘌呤

到胸腺嘧啶的最高编辑效率为 17.24%,腺嘌呤到鸟嘌呤的最高编辑效率为 82.22%。pAKBE 的开发极大地丰富了植物单碱基编辑工具箱,为水稻和其他农作物重要基因功能分析和遗传改良提供了重要技术支撑。相关研究发表在 *aBIOTECH* 期刊上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Wenxue Wang, Lei Yan, Jingying Li, Chen Zhang, Yubing He, Shaoya Li, Lanqin Xia. Engineering a robust Cas12i3 variant-mediated wheat genome editing system. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, doi.org/10.1111/pbi.14544.

[2] Yucai Li, Shaoya Li, Chenfei Li, Chen Zhang, Lei Yan, Jingying Li, Yubing He, Yan Guo, Lanqin Xia. Fusion of a rice endogenous N-methylpurine DNA glycosylase to a plant adenine base transition editor ABE8e enables A-to-K base editing in rice plants. *aBIOTECH*. 2024, 21;5(2):127-139. .

### (2) 专利

[1] 新型植物碱基编辑器 pAYBEs, 授权专利号: ZL 2023 10577566.X, 完成人: 夏兰琴、李玉才、李少雅、林勇、张阳军, 公告日期: 2024 年 6 月 14 日;

[2] 一种通过借助代理引导编辑器进行水稻多基因精准编辑的方法, 授权专利号: ZL 2022 1 0466252.8, 完成人: 夏兰琴、李慧园、朱紫薇、李少雅、闫磊, 公告日期: 2024 年 5 月 10 日。



## Crop Precision Breeding Technology Group

To address diverse adverse challenges in crop production, as well as bottlenecks in crop precision breeding technologies, our group mainly focuses on crop gene editing technologies and their applications in generation of novel germplasms which are not existing in natural gene resources or accessible through conventional breeding. Our interests include but not limited to the following aspects: (i) mining, assembly, and optimization of novel genome editing tools, development and optimization of precision gene editing toolkits including precise replacement of large DNA fragments, site-specific integration and directed evolution; (ii) development of breeding-valuable novel genetic resources and germplasms for rice and wheat improvements. Our achievements in 2024 are mainly as follows. (1) Established an efficient wheat gene editing system based on a new gene editing tool with state-owned intellectual property rights. (2) Cloned and identified the rice N-methylpurine DNA glycosylase (rMPG) gene with state-owned intellectual property and developed new plant single-base editor rAKBEs based on rMPG. (3) Published 2 SCI papers in Plant Biotechnology Journal and

aBIOTECH. (4) Authorized 2 invention patents. (5) Created 13 novel rice germplasms including rice germplasm with high lysine (2 lines), resistance to rice blast (1 line), and herbicide tolerance (10 lines), respectively. (6) Created 8 novel wheat germplasms with higher yield potential (3 lines), lodging resistance (1 line), resistance to sharp eyespots (2 lines), and moderate susceptibility to Fusarium head blight (2 lines), respectively.

Group Leader: Lanqin Xia

Group Members: Yubing He, Shaoya Li

Postdoctoral Fellows: Lang Yan, Yucai Li, Jinlei Liu, Jingyi Bai

### 1. Selected Publications

★ Wenxue Wang, Lei Yan, Jingying Li et al. Engineering a robust Cas12i3 variant-mediated wheat genome editing system. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, doi.org/10.1111/pbi.14544.

★ Yucai Li, Shaoya Li, Chenfei Li et al. Fusion of a rice endogenous N-methylpurine DNA glycosylase to a plant adenine base transition editor ABE8e enables A-to-K base editing in rice plants. *aBIOTECH*. 2024, 21;5(2):127-139.

### 研究方向三：作物优异基因资源高效挖掘

依托国家作物种质库，基于优异种质资源鉴定结果，应用表型组、基因组、大数据等技术，规模化挖掘调控高产、优质、抗病虫、抗逆、养分高效等重要性状新基因；利用遗传学、生理生化、表观遗传学、细胞生物学等手段，解析基因对目标性状的作用机制，构建重要性状基因调控网络；利用基因组学、转录组学、表型组学、环境组学等理论和方法，系统阐明基因对不同环境的应答机制和基因与环境互作规律；构建作物基因资源大数据中心，为优异新基因资源设计与创制提供信息支撑。



任玉龙 研究员  
水稻优异基因资源高效  
挖掘团队负责人



张立超 研究员  
小麦优异基因资源高效  
挖掘团队负责人



李文学 研究员  
玉米优异基因资源高效  
挖掘团队负责人

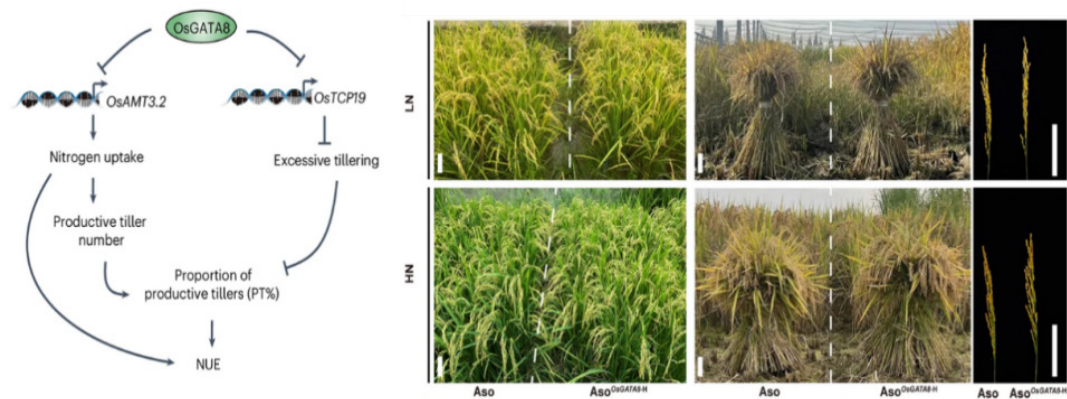


刘 斌 研究员  
大豆优异基因资源高效  
挖掘团队负责人

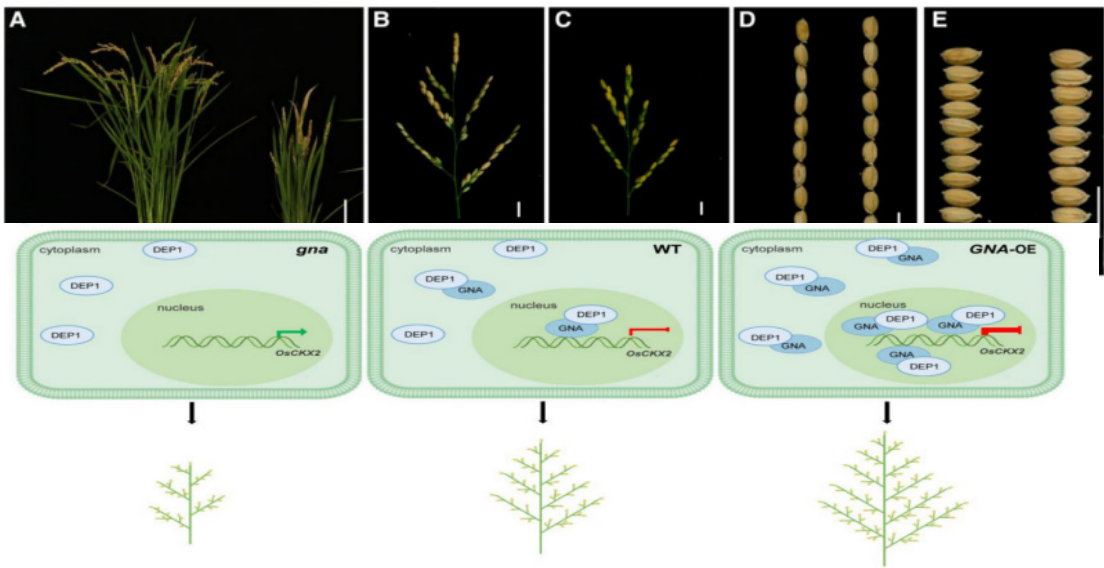
(十) 水稻优异基因资源高效挖掘团队

针对水稻产业发展面临的优异基因资源缺乏、重要性状形成的遗传调控网络不清等核心科学问题，围绕水稻粳籼杂交种优势利用等研究方向，主要开展水稻高产、优质、资源高效利用等重要性状关键基因挖掘与育种利用研究。本年度克隆高产基因 *GNA*、优质基因

*FLO9/OsLESV*、资源高效利用基因 *OsGATA8-H* 等基因 10 个，相关研究成果在 *Nature Genetics*、*The Plant Cell*（2 篇）、*Molecular Plant*（2 篇）等国际主流期刊发表 SCI 论文 16 篇，其中影响因子大于 10 的论文 9 篇，获植物新品种权 4 项，一项成果入选“2024 中国农业科学重大进展”。



OsGATA8协调水稻氮素吸收与有效分蘖形成



DEP1-GNA分子模块通过抑制*OsCKX2*表达来增加水稻产量

团队负责人	任玉龙
团队成员	程治军、雷财林、林启冰、王洁、朱杉杉、赵志超
在站博士后	郑海、王建、罗胜、邕长燕
在读博士研究生	25 人
在读硕士研究生	6 人

## 1. 重要研究进展

(1) 阐明过量氮肥导致水稻无效分蘖形成的分子机制。20 世纪 60 年代以来, 氮肥施用大幅提升了水稻单产。然而, 过量施用氮肥往往导致水稻无效分蘖过量生长, 抑制了有效分蘖形成, 从而降低了水稻产量和氮素利用效率。该研究通过观测水稻遗传群体和育种群体全生育期分蘖和氮素利用效率, 克隆了水稻氮高效核心转录因子基因 *OsGATA8*, 并从水稻自然群体中发掘了氮高效优势单倍型 *OsGATA8-H*。在低氮条件下, *OsGATA8-H* 通过促进 *OsAMT3.2* 表达促进铵吸收, 提高水稻产量和氮素利用效率; 在高氮条件下, *OsGATA8-H* 促进 *OsAMT3.2* 表达提高铵吸收, 同时通过提高 *OsTCP19* 表达促进更多分蘖发育成有效分蘖, 从而提高水稻产量和氮素利用效率。通过基因编辑等现代育种技术将优异单倍型 *OsGATA8-H* 导入现代栽培品种中, 可通过促进有效分蘖形成提高水稻产量和氮素利用效率。该研究揭示了以 *OsGATA8* 为核心的分子调控模块, 首次在分子遗传层面阐明了过量氮肥导致水稻无效分蘖形成的机理, 为水稻氮高效育种提供了新策略。以上研究成果发表在 *Nature Genetics* 期刊上, 德国莱布尼茨植物遗传和作物研究所所长 Nicolaus von Wieren 高度评价了该项工作。

(2) 揭示 *GNA* 基因调控穗粒数增加水稻产量的分子机制。穗粒数是水稻产量构成的三要素之一, 挖掘提升穗粒数的关键基因并解析其功能是突破水稻单产瓶颈的有效途径。该研究通过一个小穗突变体, 克隆了控制水稻穗粒数的关键基因 *GNA*, 在中花 11、日本晴和宁粳 3 号等水稻品种中过表达该基因可以增加穗粒数, 并提高水稻单株产量 10% 以上。进一步研究显示, *GNA* 与穗型关键调控因子 *DEP1* 互作, 且 *GNA* 在 *DEP1* 下游发挥作用; *DEP1* 可以增

强 *GNA* 对细胞分裂素氧化还原酶基因 *OsCKX2* 的转录抑制, 促进细胞分裂素在穗部的积累。777 份水稻品种的单倍型分析发现, *GNA* 优势单倍型可以显著增加水稻穗粒数。该研究鉴定了水稻穗粒数的分子调控模块 *DEP1-GNA-Os-CKX2*, 该模块可以通过增加穗粒数提高水稻单产, 为水稻高产育种提供了重要基因资源和理论指导。以上研究已被 *The Plant Cell* 期刊接受。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Wei Wu, Xiaoou Dong, Gaoming Chen, Zhixi Lin, Wenchao Chi, Weijie Tang, Jun Yu, Saisai Wang, Xingzhou Jiang, Xiaolan Liu, Yujun Wu, Chunyuan Wang, Xinran Cheng, Wei Zhang, Wei Xuan, William Terzaghi, Pamela C Ronald, Haiyang Wang, Chunming Wang, Jianmin Wan. The elite haplotype *OsGATA8-H* coordinates nitrogen uptake and productive tiller formation in rice. *Nature Genetics*, 2024, 56(7): 1516-1526. doi:10.1038/s41588-024-01795-7.

[2] Haigang Yan, Wenwei Zhang, Yihua Wang, Jie Jin, Hancong Xu, Yushuang Fu, Zhuangzhuang Shan, Xin Wang, Xuan Teng, Xin Li, Yongxiang Wang, Xiaoqing Hu, Wenxiang Zhang, Changyuan Zhu, Xiao Zhang, Yu Zhang, Rongqi Wang, Jie Zhang, Yue Cai, Xiaoman You, Jie Chen, Xinyuan Ge, Liang Wang, Jiahuan Xu, Ling Jiang, Shijia Liu, Cailin Lei, Xin Zhang, Haiyang Wang, Yulong Ren, Jianmin Wan. Rice LIKE EARLY STARVATION1 cooperates with FLOURY ENDOSPERM6 to modulate starch biosynthesis and endosperm development. *The Plant Cell*, 2024, 36(5): 1892-1912. doi:10.1093/plcell/koae006.

[3] Jinhui Zhang, Qibing Lin, Xin Wang,

Jiale Shao, Yulong Ren, Xin Liu, Miao Feng, Shuai Li, Qi Sun, Sheng Luo, Bojuan Liu, Xinxin Xing, Yanqi Chang, Zhijun Cheng, Jianmin Wan. The DENSE AND ERECT PANICLE1-GRAIN NUMBER ASSOCIATED module enhances rice yield by repressing CYTOKININ OXIDASE 2 expression. *The Plant Cell*, 2024, 37(1): koae309. doi:10.1093/plcell/koae309.

[4] Kun Dong, Fuqing Wu, Siqi Cheng, Shuai Li, Feng Zhang, Xinxin Xing, Xin Jin, Sheng Luo, Miao Feng, Rong Miao, Yanqi Chang, Shuang Zhang, Xiaoman You, Peiran Wang, Xin Zhang, Cailin Lei, Yulong Ren, Shanshan Zhu, Xiuping Guo, Chuanyin Wu, Donglei Yang, Qibing Lin, Zhijun Cheng, Jianmin Wan. OsPRMT6a-mediated arginine methylation of OsJAZ1 regulates jasmonate signaling and spikelet development in rice. *Molecular Plant*, 2024, 17(6): 900-919. doi:10.1016/j.molp.2024.04.014.

[5] Song Cui, Peizhe Song, Chaolong Wang, Saihua Chen, Benyuan Hao, Zhuang Xu, Liang Cai, Xu Chen, Shanshan Zhu, Xiangchao Gan, Hui Dong, Yuan Hu, Liang Zhou, Haigang Hou, Yunlu Tian, Xi Liu, Liangming Chen, Shijia Liu, Ling Jiang, Haiyang Wang, Guifang Jia, Shirong Zhou, Jianmin Wan. The RNA binding protein EHD6 recruits the m6A reader YTH07 and sequesters OsCOL4 mRNA into phase-separated ribonucleoprotein condensates to promote rice flowering. *Molecular Plant*, 2024, 17(6): 935-954. doi:10.1016/j.molp.2024.05.002.

[6] Hongming Wu, Yulong Ren, Hui Dong, Chen Xie, Lei Zhao, Xin Wang, Fulin Zhang, Binglei Zhang, Xiaokang Jiang, Yunshuai Huang, Ruonan Jing, Jian Wang, Rong Miao, Xiuhao

Bao, Mingzhou Yu, Thanhliem Nguyen, Changling Mou, Yunlong Wang, Yihua Wang, Cailin Lei, Zhijun Cheng, Ling Jiang, Jianmin Wan. FLOURY ENDOSPERM24, a heat shock protein 101 (HSP101), is required for starch biosynthesis and endosperm development in rice. *New Phytologist*, 2024, 242(6): 2635-2651. doi:10.1111/nph.19761.

[7] Yuwei Ge, Gaoming Chen, Xinran Cheng, Chao Li, Yunlu Tian, Wenchao Chi, Jin Li, Zhaoayang Dai, Chunyuan Wang, Erchao Duan, Yan Liu, Zhiguang Sun, Jingfang Li, Baoxiang Wang, Dayong Xu, Xianjun Sun, Hui Zhang, Wenhua Zhang, Chunming Wang, Jianmin Wan. The superior allele LEA12OR in wild rice enhances salt tolerance and yield. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(11): 2971-2984. doi:10.1111/pbi.14419.

[8] Haigang Yan, Yulong Ren, Binglei Zhang, Jie Jin, Feilong Du, Zhuangzhuang Shan, Yushuang Fu, Yun Zhu, Xin Wang, Changyuan Zhu, Yue Cai, Jie Zhang, Fan Wang, Xiao Zhang, Rongqi Wang, Yongxiang Wang, Hancong Xu, Ling Jiang, Xi Liu, Shanshan Zhu, Qibing Lin, Cailin Lei, Zhijun Cheng, Yihua Wang, Wenwei Zhang, Jianmin Wan. SUBSTANDARD STARCH GRAIN7 regulates starch grain size and endosperm development in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(12): 3229-3243. doi:10.1111/pbi.14444.

[9] Xin Liu, Feng Zhang, Ziqi Xun, Jiale Shao, Wenfan Luo, Xiaokang Jiang, Jiachang Wang, Jian Wang, Shuai Li, Qibing Lin, Yulong Ren, Huixian Zhao, Zhijun Cheng, Jianmin Wan. The OsNL1-OsTOPLESS2-OsMOC1/3 pathway regulates high order tiller outgrowth in rice. *Plant*



Biotechnology Journal, 2024, 23(3):900-910.  
doi:10.1111/pbi.14547.

[10] Binglei Zhang, Yihua Wang, Yun Zhu, Tian Pan, Haigang Yan, Xin Wang, Ruonan Jing, Hongming Wu, Fan Wang, Yu Zhang, Xiu hao Bao, Yongfei Wang, Pengcheng Zhang, Yu Chen, Erchao Duan, Xiaohang Han, Gexing Wan, Mengyuan Yan, Xiejun Sun, Cailin Lei, Zhijun Cheng, Zhichao Zhao, Ling Jiang, Yiqun Bao, Yulong Ren, Jianmin Wan. The MON1-CCZ1 complex plays dual roles in autophagic degradation and vacuolar protein transport in rice. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 67(1):35-54. doi:10.1111/jipb.13792.

[11] Yan Sun, Jianjian Hu, Zhichao Hu, Hejie Zhou, Yuhong Gao, Yini Liu, Yuan Ji, Gencheng Xu, Yifan Guo, Yuanyan Zhang, Yunlu Tian, Xi Liu, Shirong Zhou, Yuqiang Liu, Tingdong Li, Chao Li, Jianmin Wan. Engineer and split an efficient hypercompact CRISPR-CasΦ genome editor in plants. *Plant Communications*, 2024, 5(7):100881. doi:10.1016/j.xplc.2024.100881.

[12] Yongfei Wang, Yulong Ren, Xuan Teng, Fan Wang, Yanyu Chen, Erchao Duan, Xin Wang, Tian Pan, Binglei Zhang, Gexing Wan, Yu Zhang, Pengcheng Zhang, Xiejun Sun, Wenkun Yang, Yun Zhu, Yu Chen, Wenjie Zhao, Xiaohang Han, Cailin Lei, Shanshan Zhu, Shijia Liu, Yihua Wang, Jianmin Wan. Functional diversification of Sec13 isoforms for storage protein trafficking in rice endosperm cells. *Plant Physiology*, 2024, 196(4):2405-2421. doi:10.1093/plphys/kiad513.

## (2) 专利

[1] 一种植物谷蛋白分选相关蛋白 OsGPA12 及其编码基因与应用, 申请专利号: 2024105258102, 完成人: 万建民、王永飞、王益华、任玉龙、滕烜、王昕、雷财林、程治军, 申请日期: 2024 年 4 月 29 日;

[2] 一种水稻穗型和 / 或株高相关蛋白及其编码基因和应用, 申请专利号: 202410826455.2, 完成人: 万建民、张瑾晖、程治军、李帅、邵家乐, 申请日期: 2024 年 6 月 25 日;

[3] 一种植物籽粒粒型相关蛋白 FSK259 及其编码基因与应用, 申请专利号: 2024106999569, 完成人: 万建民、孙榭君、王昕、任玉龙、雷财林、程治军、郭秀平、林启冰、朱杉杉, 申请日期: 2024 年 5 月 31 日。

## (3) 植物新品种权

[1] 京粳 22, 品种权号: CNA20221007410, 完成人: 万建民、王洁、雷财林、任玉龙、程治军、赵志超、张欣、郭秀平、林启冰、朱杉杉、王昕, 授权公告日期: 2024 年 9 月 12 日;

[2] 京粳 23, 品种权号: CNA20221007411, 完成人: 万建民、王洁、雷财林、任玉龙、程治军、赵志超、张欣、郭秀平、林启冰、朱杉杉、王昕, 授权公告日期: 2024 年 9 月 12 日;

[3] 京粳 24, 品种权号: CNA20221008736, 完成人: 万建民、王洁、雷财林、任玉龙、程治军、赵志超、张欣、郭秀平、林启冰、朱杉杉、王昕, 授权公告日期: 2024 年 9 月 12 日。

## (4) 获奖成果

[1] 万建民院士获亚太种子协会“中国种业卓越贡献奖”;

[2] “破解水稻粳亚种生殖隔离之谜”相关研究成果获“2024 中国农业科学重大进展”。

## Rice Elite Gene Resource Mining Group

To address the core scientific issues in rice industry development, particularly the lack of elite gene resources and unclear genetic regulatory networks underlying important traits, our group focuses on research directions, including the utilization of heterosis in indica-japonica rice crosses. Its main research involves the mining of key genes for important rice traits, such as high yield, good quality, and efficient resource utilization, as well as the application of these genes in breeding. The key achievements of this year are as follows. We successfully cloned 10 critical genes, including the high-yield gene GNA, quality-related gene FLO9/OsLESV, and the nitrogen utilization gene OsGATA8-H. In addition, the group has published 16 SCI papers in internationally recognized journals including Nature Genetics, The Plant Cell (2 papers), and Molecular Plant (2 papers), among which 9 have an impact factor (IF) exceeding 10. Furthermore, the group has obtained 3 plant variety rights. One research achievement has been selected as one of the "2024 Major Advances in Chinese Agricultural Science".

Group Leader: Yulong Ren

Group Members: Jianmin Wan, Zhijun Cheng, Cailin Lei, Qibing Lin, Jie Wang, Shanshan Zhu, Zhichao Zhao

Postdoctoral Fellows: Hai Zheng, Jian Wang, Sheng Luo, Changyan Qi

### 1. Selected Publications

★ Wei Wu, Xiaou Dong, Gaoming Chen et

al. The elite haplotype OsGATA8-H coordinates nitrogen uptake and productive tiller formation in rice. *Nature Genetics*, 2024, 56(7): 1516-1526.

★ Haigang Yan, Wenwei Zhang, Yihua Wang et al. Rice LIKE EARLY STARVATION1 cooperates with FLOURY ENDOSPERM6 to modulate starch biosynthesis and endosperm development. *The Plant Cell*, 2024, 36(5): 1892-1912.

★ Jinhui Zhang, Qibing Lin, Xin Wang et al. The DENSE AND ERECT PANICLE1-GRAIN NUMBER ASSOCIATED module enhances rice yield by repressing CYTOKININ OXIDASE 2 expression. *The Plant Cell*, 2024, 37(1): koae309.

★ Kun Dong, Fuqing Wu, Siqi Cheng et al. OsPRMT6a-mediated arginine methylation of OsJAZ1 regulates jasmonate signaling and spikelet development in rice. *Molecular Plant*, 2024, 17(6): 900-919.

★ Song Cui, Peizhe Song, Chaolong Wang et al. The RNA binding protein EHD6 recruits the m6A reader YTH07 and sequesters OsCOL4 mRNA into phase-separated ribonucleoprotein condensates to promote rice flowering. *Molecular Plant*, 2024, 17(6): 935-954.

★ Hongming Wu, Yulong Ren, Hui Dong et al. FLOURY ENDOSPERM24, a heat shock protein 101 (HSP101), is required for starch biosynthesis and endosperm development in rice. *New Phytologist*, 2024, 242(6): 2635-2651.

★ Yuwei Ge, Gaoming Chen, Xinran Cheng et al. The superior allele LEA12OR in wild rice enhances salt tolerance and yield. *Plant Biotech-*

nology Journal, 2024, 22(11): 2971-2984.

★ Haigang Yan, Yulong Ren, Binglei Zhang et al. SUBSTANDARD STARCH GRAIN7 regulates starch grain size and endosperm development in rice. Plant Biotechnology Journal, 2024, 22(12):3229-3243.

★ Xin Liu, Feng Zhang, Ziqi Xun et al. The OsNL1-OsTOPLESS2-OsMOC1/3 pathway regulates high order tiller outgrowth in rice. Plant Biotechnology Journal, 2024, 23(3):900-910.

★ Binglei Zhang, Yihua Wang, Yun Zhu et al. The MON1-CCZ1 complex plays dual roles in autophagic degradation and vacuolar protein transport in rice. Journal of Integrative Plant Biology, 2024, 67(1):35-54.

★ Yan Sun, Jianjian Hu, Zhichao Hu et al.

Engineer and split an efficient hypercompact CRISPR-CasΦ genome editor in plants. Plant Communications, 2024, 5(7):100881.

★ Yongfei Wang, Yulong Ren, Xuan Teng et al. Functional diversification of Sec13 isoforms for storage protein trafficking in rice endosperm cells. Plant Physiology, 2024, 196(4):2405-2421.

### 1.Awards and Honors

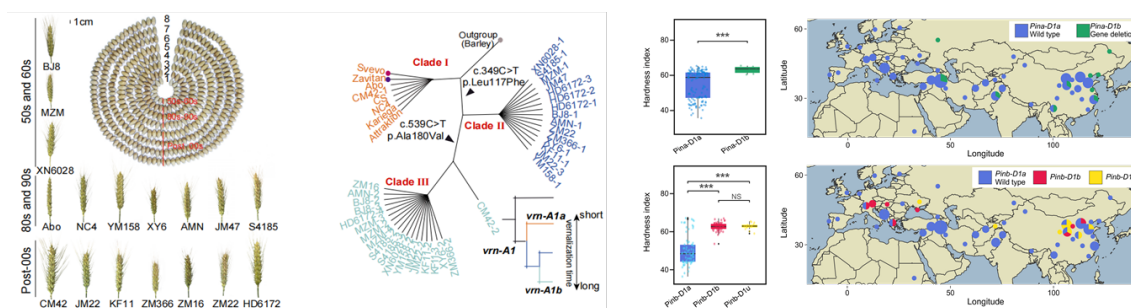
★ China Seed Industry Outstanding Contribution Award, Asia-Pacific Seed Association, Jianmin Wan.

★ Decoding the Mystery of Reproductive Isolation in Oryza Indica-Japonica Subspecies, 2024 Major Progress in Chinese Agricultural Science.

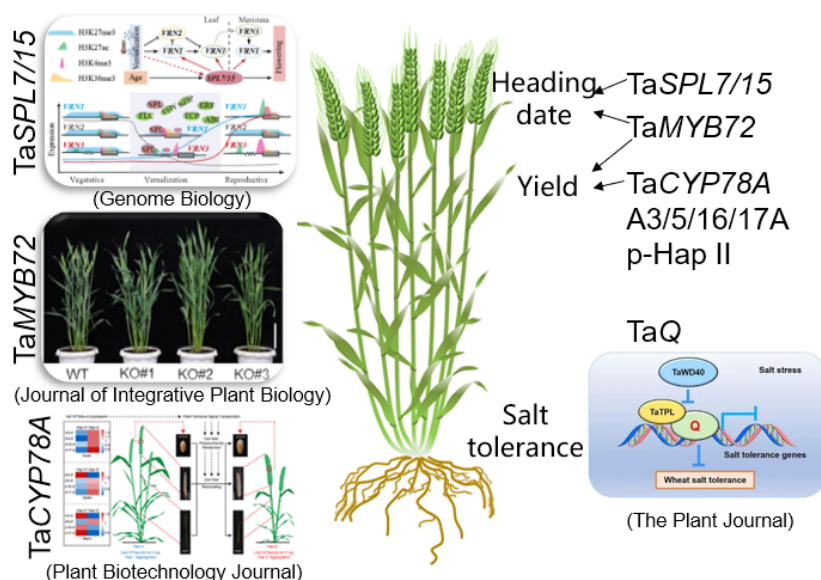
### (十一) 小麦优异基因资源高效挖掘团队

针对我国小麦遗传改良中缺乏重大育种价值基因、重要性状形成的分子机制和调控网络不清等关键科学问题，聚焦小麦优异基因挖掘与利用，系统开展小麦基因组研究和产量等性状关键农艺性状的基因发掘与育种应用研究。本年度完成了 17 个代表性小麦品种高质量基因组的从头组装，揭示了不同层次的结构变异对小麦适应性和育种的影响，为小麦智能设计提

供了重要基因组支撑以及新的视角和策略；克隆并解析 *TaMYB72*、*TaCYP78A* 和 *Q* 等高产稳产基因 10 个，为小麦遗传改良提供重要基因资源。相关研究成果在 *Nature*、*Plant Biotechnology Journal* (2 篇)、*Plant Physiology*、*Journal of Integrative Plant Biology* (3 篇)、*Journal of Hazardous Materials* 等国际主流期刊发表 SCI 论文 15 篇，其中影响因子大于 10 的论文 4 篇，审定品种 2 个，省部级奖项 2 个。



小麦泛基因组研究揭示我国重大品种演替规律



调控小麦重要农艺学性状基因的挖掘

团队负责人	张立超
团队成员	路则府、孙加强、郝晨阳、王景一、杜斐
在站博士后	刘云川、解振诚、陈耀宇、魏海方
在读博士研究生	16 人
在读硕士研究生	22 人

## 1. 重要研究进展

(1) 从头组装 17 个代表性品种的高质量基因组，揭示我国小麦重大品种演替规律。探秘现代小麦品种与人文和环境协同进化的基因组基础。小麦是我国重要的粮食作物，在过去 70 年中，我国小麦品种的产量水平提高了 6-8 倍，育成品种超过 5000 个，有力支撑了国家粮食安全和人民营养健康。近二十年来，我国小麦产量和品质的提升逐步进入瓶颈期，剖析重大品种演变规律、挖掘重要基因资源成为突破该瓶颈的关键。本研究从头组装了中国近 70 年小麦育种史上 17 个代表性品种染色体水平的高质量基因组，并精准鉴定出近 25 万个结构变异。发现基因组组装的 17 个中国小麦品种的遗传多样性远高于全球其它国家近 30 年育成品种，为育种体制的管理和调整提供了参考；提出着丝粒区域既是亚基因组分化的中心，也是品种分化的核心区域；提出小麦从“春性”演变到“冬性”，回答了进化和驯化中一个悬而未决的科学问题；发现外源染色体片段在快速调整和进化，使其更好地在小麦基因组大背景中保留和传递；阐明不同地区小麦品种籽粒硬度变化的演进规律，提出小麦品种既是生产要素，也是饮食文化的重要载体。该研究为未来小麦智能设计育种提供了重要基因组支撑以及新的视角和策略，研究成果发表于 *Nature* 期刊，孙其信院士和刘旭院士高度评价了该项工作。

(2) 挖掘协同小麦产量、抗逆及抽穗期等性状基因。小麦作为重要粮食作物，其产量与适应性受抽穗期、穗粒数、粒重及耐逆性等多样性性状协同调控。研究揭示了三个关键基因家族的分子机制与育种价值。*TaMYB72* 通过直接激活开花基因 *TaFT* 的表达调控抽穗期，其功能缺失突变体在延迟抽穗的同时显著提升穗粒数与粒重，为产量突破提供新靶点 (*Journal of Inte-*

*grative Plant Biology*)。驯化基因 *Q* 在调控穗型等发育性状的同时负向调控耐盐性，其 AP2 转录因子通过抑制 *TaSOS1-3B* 和 *ROS* 清除基因表达增加盐敏感性，而 *TaWD40* 蛋白可通过竞争性互作削弱 *Q* 的抑制作用，为发育与耐逆性状协同改良提供策略 (*The Plant Journal*)。*TaCYP78A* 家族 (*A3/5/16/17*) 的多效性单倍型通过精准调控各成员表达水平，克服产量性状间的权衡效应，其优异单倍型 *A3/5/16/17Ap-Hap II* 在现代品种中的聚合显著提升环境适应性产量 (*Plant Biotechnology Journal*)。这些研究系统解析了小麦关键性状的分子网络，为分子设计育种提供了理论依据与高效遗传工具。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Chengzhi Jiao, Xiaoming Xie, Chenyang Hao, Liyang Chen, Yuxin Xie, Vanika Garg, Li Zhao, Zihao Wang, Yuqi Zhang, Tian Li, Junjie Fu, Annapurna Chitikineni, Jian Hou, Hongxia Liu, Girish Dwivedi, Xu Liu, Jizeng Jia, Long Mao, Xiue Wang, Rudi Apples, Varshney Rajeev K., Weilong Guo, Xueyong Zhang. Wheat pangenome analyses bridge structural variations with habitat and breeding history. *Nature*, 2024, 637(8045):384-393. doi:10.1038/s41586-024-08277-0.

[2] Shujuan Liu, Hong Liu, Mengjiao Guo, Yuxue Pan, Chenyang Hao, Jian Hou, Liuling Yan, Xueyong Zhang, Xinhong Chen, Tian Li. Knockout of *GRAIN WIDTH2* has a dual effect on enhancing leaf rust resistance and increasing grain weight in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024: 22:2007-2009. doi:10.1111/pbi.14320.

[3] Jianhui Ma, Yuxue Pan, Weihua Huang, Zhiyao Fan, Shujuan Liu, Yilin Huang, Shixiang



Yao, Chenyang Hao, Qiyang Jiang, Tian Li. Overexpression of ta-miR9670 enhances cadmium tolerance in wheat by targeting mTERFs without yield penalty. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 480:136448. doi:10.1016/j.jhazmat.2024.136448.

[4] Chao Jian, Yuxue Pan, Shujuan Liu, Mengjiao Guo, Yilin Huang, Lina Cao, Weijun Zhang, Liuling Yan, Xueyong Zhang, Jian Hou, Chenyang Hao, Tian Li. The TaGW2 - TaSPL14 module regulates the trade - off between tiller number and grain weight in wheat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024: 66:1953-1965. doi:10.1111/jipb.13723.

[5] Pingan Hao, Chao Jian, Chenyang Hao, Shujuan Liu, Jian Hou, Hongxia Liu, Haixia Liu, Xueyong Zhang, Huixian Zhao, Tian Li. Co-ordination of miR319-TaPCF8 with TaSPL14 orchestrates auxin signaling and biosynthesis to regulate plant height in common wheat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66: 2362-2378. doi:10.1111/jipb.13759.

[6] Yang Ziyi, Yang Ruizhen, Bai Wanqing, Chen Wenxi, Kong Xiuying, Zhou Yun, Qiao Weihua, Zhang Yunwei, Sun Jiaqiang, Q negatively regulates wheat salt tolerance through directly repressing the expression of TaSOS1 and reactive oxygen species scavenging genes. *The Plant Journal*, 2024, 119(1):478-489. doi:10.1111/tpj.16777.

[7] Yaoyu Chen, Zhe Yang, Huanhuan Wang, Chuan Xia, Lichao Zhang, Jiaqiang Sun, Xiuying Kong, Xu Liu. Two open reading frames of Rht-B1b acting as brake and throttle contributed to wheat Green Revolution. *Plant Physiology*,

2024, 194(3):1290-1293. doi: 10.1093/plphys/kiad636.

[8] Lifan Wu, Zhencheng Xie, Danping Li, Yaoyu Chen, Chuan Xia, Xiuying Kong, Xu Liu, Lichao Zhang. TaMYB72 directly activates the expression of TaFT to promote heading and enhance grain yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66(7):1266-1269. doi: 10.1111/jipb.13716.

[9] Huanhuan Wang, Yangyang Liu, Lifan Wu, Chuan Xia, Yaoyu Chen, Xiuying Kong, Feng Shi, Huili Li, Xifang Yang, Liang Ma, Jiaqiang Sun, Lichao Zhang, Zhencheng Xie. TaNPF6.2 improves agronomic traits via enhancing nitrogen uptake efficiency in wheat. *Journal of Genetics and Genomics*, 2024, 52(1):120-123. doi: 10.1016/j.jgg.2024.11.004.

[10] Meng Ma, Linnan Wu, Mengyao Li, Long Li, Lijian Guo, Deyan Ka, Tianxing Zhang, Mengdie Zhou, Baowei Wu, Haixia Peng, Zhaoxin Hu, Xiangli Liu, Ruilian Jing, Huixian Zhao. Pleiotropic phenotypic effects of the TaCYP78A family on multiple yield-related traits in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22, 2694-2708 doi: 10.1111/pbi.14385.

[11] Yanhong Liu, Pan Liu, Lifeng Gao, Yushan Li, Xueni Ren, Jizeng Jia, Lei Wang, Xu Zheng, Yiping Tong, Hongcui Pei, Zefu Lu. Epigenomic identification of vernalization cis-regulatory elements in winter wheat. *Genome Biology*, 2024, 25(1), e200 doi:10.1186/s13059-024-03342-3.

## (2) 专利

[1] TaPIF4 基因在调控小麦株型中的应用, 授权专利号: ZL 2024 10019454.7, 完成人: 吕

宝莲、张立超、孔秀英、刘旭、夏川、解振诚，  
公告日期：2024 年 11 月 26 日。

(3) 审定品种

[1] 中麦 688，国家作物品种审定委员会审定，审定编号：国审麦 20243058，主要育成者：张学勇、郝晨阳、李甜、侯健、刘红霞，审定日期：2024 年 6 月 4 日；

[2] 中麦 99，河南省主要农作物品种审定委员会审定，审定编号：豫审麦 20241012，主要育成者：张学勇、郝晨阳、侯健、李甜、刘红霞，审定日期：2024 年 8 月 5 日。

(4) 获奖成果

[1] 张学勇、郝晨阳、侯健、董玉琛、贾继增、王兰芬、李甜、刘红霞、刘旭、曹永生、刘三才、姜奇彦、游光霞，“小麦种质资源重要基因多样性发掘与应用”获 2024 年中国农业科学院科学技术成果奖杰出科技创新奖，获奖日期：2024 年 1 月 22 日；

[2] 张学品、贺利、冯伟森、王景一、吴少辉、刘瑞芳、杨莉、牛季娟、田文仲、丁志强、赵严、焦竹青、吕维娜、李影，“国审抗旱高产小麦新品种洛旱 22 选育及应用”获 2024 年河南省农业科研系统科技成果奖一等奖，获奖日期：2024 年 8 月。

## Wheat Elite Gene Resource Mining Group

To address key scientific challenges in wheat genetic improvement in China, such as the lack of major breeding-value genes and the unclear molecular regulatory mechanisms of important traits, our research focused on the discovery and utilization of superior wheat genes, and systematically investigated wheat genomics and key agronomic traits such as yield. This year, high-quality genome assemblies of 17 representative wheat varieties were completed, revealing the effects of structural variations at multiple levels on wheat adaptability. These findings provide important genomic support and offer new perspectives and strategies for intelligent wheat breeding. Additionally, 10 high-yield and stable-yield related genes, such as TaMYB72, TaCYP78A, and Q, were cloned and functionally characterized, supplying valuable genetic resources for wheat improvement. The related results have been published in 15 SCI papers in leading international journals such as *Nature*, *Plant Biotechnology Journal* (2 papers), *Plant Physiology*, *Journal of Integrative Plant Biology* (3 papers), and *Journal of Hazardous Materials*. Among these, 4 papers have an impact factor greater than 10. The work has also contributed to the approval of 2 new varieties and the receipt of 2 provincial and ministerial-level awards.

Group Leader: Lichao Zhang

Group Members: Zefu Lu, Jiaqiang Sun, Chenyang Hao, Jingyi Wang, Fei Du

Postdoctoral Fellows: Yunchuan Liu,

Zhencheng Xie, Yaoyu Chen, Haifang Wei

### 1. Selected Publications

★ Chengzhi Jiao, Xiaoming Xie, Chenyang Hao et al. Wheat pangenome analyses bridge structural variations with habitat and breeding history. *Nature*, 2024, 637(8045):384-393.

★ Shujuan Liu, Hong Liu, Mengjiao Guo et al. Knockout of GRAIN WIDTH2 has a dual effect on enhancing leaf rust resistance and increasing grain weight in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024: 22:2007-2009.

★ Chao Jian, Yuxue Pan, Shujuan Liu et al. The TaGW2 - TaSPL14 module regulates the trade - off between tiller number and grain weight in wheat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024: 66:1953-1965.

★ Pingan Hao, Chao Jian, Chenyang Hao et al. Coordination of miR319-TaPCF8 with TaSPL14 orchestrates auxin signaling and biosynthesis to regulate plant height in common wheat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66: 2362-2378.

★ Ziyi Yang, Ruizhen Yang, Wanqing Bai et al. Q negatively regulates wheat salt tolerance through directly repressing the expression of TaSOS1 and reactive oxygen species scavenging genes. *The Plant Journal*, 2024, 119(1):478-489.

★ Yaoyu Chen, Zhe Yang, Huanhuan Wang et al. Two open reading frames of Rht-B1b acting as brake and throttle contributed to wheat Green Revolution. *Plant Physiology*, 2024, 194(3):1290-1293.

★ Lifen Wu, Zhencheng Xie, Danping Li et al. TaMYB72 directly activates the expression of TaFT to promote heading and enhance grain yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66(7):1266-1269.

★ Meng Ma, Linnan Wu, Mengyao Li et al. Pleiotropic phenotypic effects of the TaCYP78A family on multiple yield-related traits in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22, 2694-2708.

★ Yanhong Liu, Pan Liu, Lifeng Gao et al. Epigenomic identification of vernalization cis-regulatory elements in winter wheat. *Genome Biology*, 2024, 25(1), e200 doi:10.1186/s13059-024-03342-3.

## 2.Varieties

★ Zhongmai 688, Approved by National

Committee, Breeders: Xueyong Zhang, Chenyang Hao, Tian Li et al, June 4, 2024;

★ Zhongmai 99, Approved by Henan, Breeders: Xueyong Zhang, Chenyang Hao, Tian Li et al, Aug 5, 2024.

## 3.Awards and Honors

★ Discovery and Application of Important Gene Diversity in Wheat Germplasm Resources, Outstanding Scientific and Technological Innovation Award from the Chinese Academy of Agricultural Sciences in 2024, January 22, 2024.

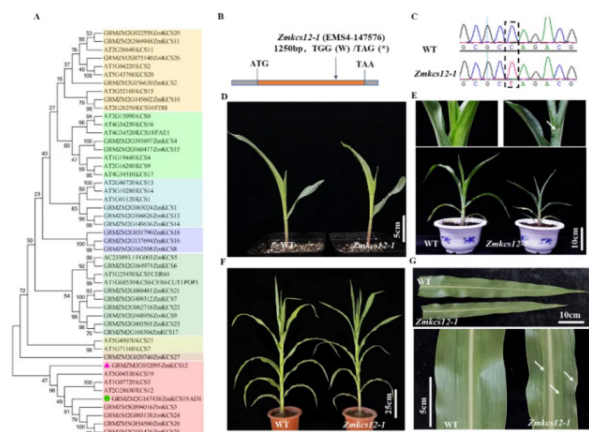
★ Breeding and Application of Luohan 22, a New Nationally Approved Drought-Resistant and High-Yield Wheat Variety, the First Prize for Scientific and Technological Achievements in the Henan Agricultural Research System in 2024, August 2024.

## (十二) 玉米优异基因资源高效挖掘团队

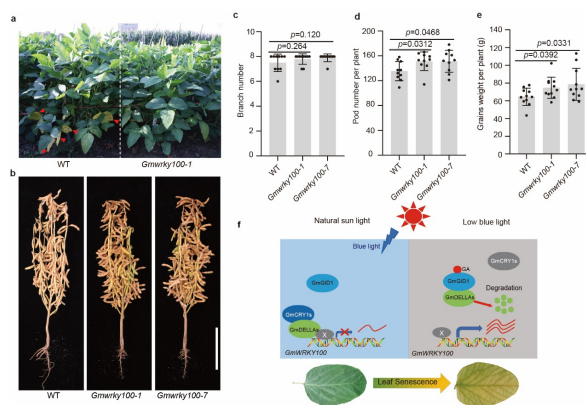
面向我国对高产、耐逆玉米新品种的重大需求，以阐明玉米高产耐逆的遗传基础与分子调控网络为目标，主要开展玉米抗逆、株型、穗型等重要性状关键基因挖掘与育种利用研究。本年度克隆抗旱基因 *ZmKCS12* 和 *ZmHDT103*、

株型基因 *ZmbZIP27*、穗发育基因 *REL2* 和 *RELK1* 等基因 5 个，相关研究成果在 *Journal of Integrative Plant Biology*、*Plant Physiology*、*The Crop Journal*、*Clinical and Translational Medicine* 等国际主流期刊发表 SCI 论文 5 篇。

### 1. 重要研究进展



*ZmKCS12*参与玉米角质层蜡质合成



*ZmbZIP27*调控氮素介导的玉米叶夹角

团队负责人	李文学
团队成员	郑军、刘学、张红伟、杜庆国、王逸茹
在读博士研究生	12 人
在读硕士研究生	10 人
在读硕士研究生	22 人



## Maize Elite Gene Resource Mining Group

Addressing China's major needs for high-yield and stress-resistant maize varieties, the group aims to elucidate the genetic basis and molecular regulatory networks underlying high yield and stress tolerance in maize. The research primarily focuses on mining key genes related to stress resistance, plant architecture, ear morphology, and other important traits for breeding applications. Key achievements of the year are as follows: 5 genes were cloned, including the drought resistance genes ZmKCS12 and ZmHDT103, the plant architecture gene ZmbZIP27, and the ear development genes REL2 and RELK1. 5 SCI papers were published in internationally renowned journals such as *Journal of Integrative Plant Biology*, *Plant Physiology*, *The Crop Journal*, and *Clinical and Translational Medicine*.

Group Leader: Wen-Xue Li

Group Members: Jun Zheng, Xue Liu, Hongwei Zhang, Qingguo Du, Yiru Wang

### 1. Selected Publications

★ Liping Xu, Jiaxin Hao, Mengfan Lv et

al. A genome-wide association study identifies genes associated with cuticular wax metabolism in maize. *Plant Physiology*, 2024, 194(4):2616-2630.

★ Huan Chen, Xiaoping Gong, Yu Guo et al. ZmbZIP27 regulates nitrogen-mediated leaf angle by modulating lignin deposition in maize. *The Crop Journal*, 2024, 12(5):1404-1413. doi: 10.1016/j.cj.2024.09.004.

★ Qingguo Du, Wen-Xue Li. Iron biofortification in maize by ZmNAC78 is a promising and sustainable way to fight iron-deficiency anaemia. *Clinical and Translational Medicine*, 2024, 14(1):e1538. doi: 10.1002/ctm2.1538.

### 2. Awards and Honors

★ Mining of Stress-Resistant Gene Resources in Maize, Germplasm Innovation, and Breeding and Promotion of New Varieties, the First Prize of the 2023 Gansu Provincial Science and Technology Progress Award, September 15, 2024.

(1) 揭示了玉米角质层蜡质代谢的遗传基础。植物表皮角质层是抵御生物和非生物胁迫的重要屏障。通过对 389 份玉米自交系的玉米离体叶片失水率和叶绿素浸提率性状开展 GWAS 分析, 共发现 57 个 QTL 位点。KCS 是超长链脂肪酸延伸的限速酶, GWAS 结果显示有 3 个显著 SNP 均位于 *ZmKCS12* 基因区内。*ZmKCS12* 与离体叶片失水率显著关联, 且不同单倍型间存在显著差异。研究进一步发现 *ZmKCS12* 功能缺失突变体表现出叶片皱缩、蜡质形态改变、C32 蜡质单体含量降低等表型, 导致失水率增加和干旱敏感性增强, 证实了 *ZmKCS12* 在玉米 C32 蜡质单体合成及抗旱性中的关键作用。该研究全面揭示了玉米角质层蜡质代谢的遗传基础, 为玉米抗逆性遗传改良提供了重要参考。以上成果发表在 *Plant Physiology* 期刊上。

(2) 阐明氮素影响玉米叶夹角发育的分子机制。叶夹角是决定玉米植株紧凑程度的关键性状。研究发现田间氮肥的施用量也影响玉米叶夹角大小, 但其分子机制尚不清楚。该研究通过分析低氮处理下玉米叶枕部位的转录组数据, 结合玉米维管束转录组公共数据库, 挖掘到低氮胁迫下调控玉米叶夹角的关键基因 *Zm-bZIP27*。*ZmbZIP27* 在玉米叶枕部位的维管束韧皮部和维管束鞘高表达, 并受低氮胁迫诱导表达。在正常氮和低氮处理下, *zmbzip27ems* 突变体的叶夹角均显著增大。田间过表达 *ZmbZIP27* 显著增加了玉米叶枕部位的木质素含量和远轴端厚壁组织的细胞壁厚度, 使叶片中脉具有更高的机械强度, 进而减小叶夹角。进一步研究显示, *ZmbZIP27* 通过负调控 *ZmmiR528* 的表达影响玉米叶夹角大小。该研究阐明了氮素供应影响玉米叶夹角发育的分子调控机制, 为培育紧凑型耐密植玉米提供了新的基因资源。以

上成果发表在 *The Crop Journal* 上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Liping Xu, Jiaxin Hao, Mengfan Lv, Peipei Liu, Qidong Ge, Sainan Zhang, Jianping Yang, Hongbin Niu, Yiru Wang, Yadong Xue, Xiaoduo Lu, Jihua Tang, Jun Zheng, Mingyue Gou. A genome-wide association study identifies genes associated with cuticular wax metabolism in maize. *Plant Physiology*, 2024, 194(4):2616-2630. doi: 10.1093/plphys/kiae007.

[2] Huan Chen, Xiaoping Gong, Yu Guo, Jingjuan Yu, Wen-Xue Li, Qingguo Du. *ZmbZIP27* regulates nitrogen-mediated leaf angle by modulating lignin deposition in maize. *The Crop Journal*, 2024, 12(5):1404-1413. doi: 10.1016/j.cj.2024.09.004.

[3] Qingguo Du, Wen-Xue Li. Iron biofortification in maize by *ZmNAC78* is a promising and sustainable way to fight iron-deficiency anaemia. *Clinical and Translational Medicine*, 2024, 14(1):e1538. doi: 10.1002/ctm2.1538.

### (2) 专利

[1] 玉米 *ZmNAC78* 基因在调控玉米籽粒铁含量中的应用, 授权专利号: ZL 2023 1 1599478.6, 完成人: 杜庆国、闫鹏帅、李文学, 公告日期: 2024 年 3 月 5 日。

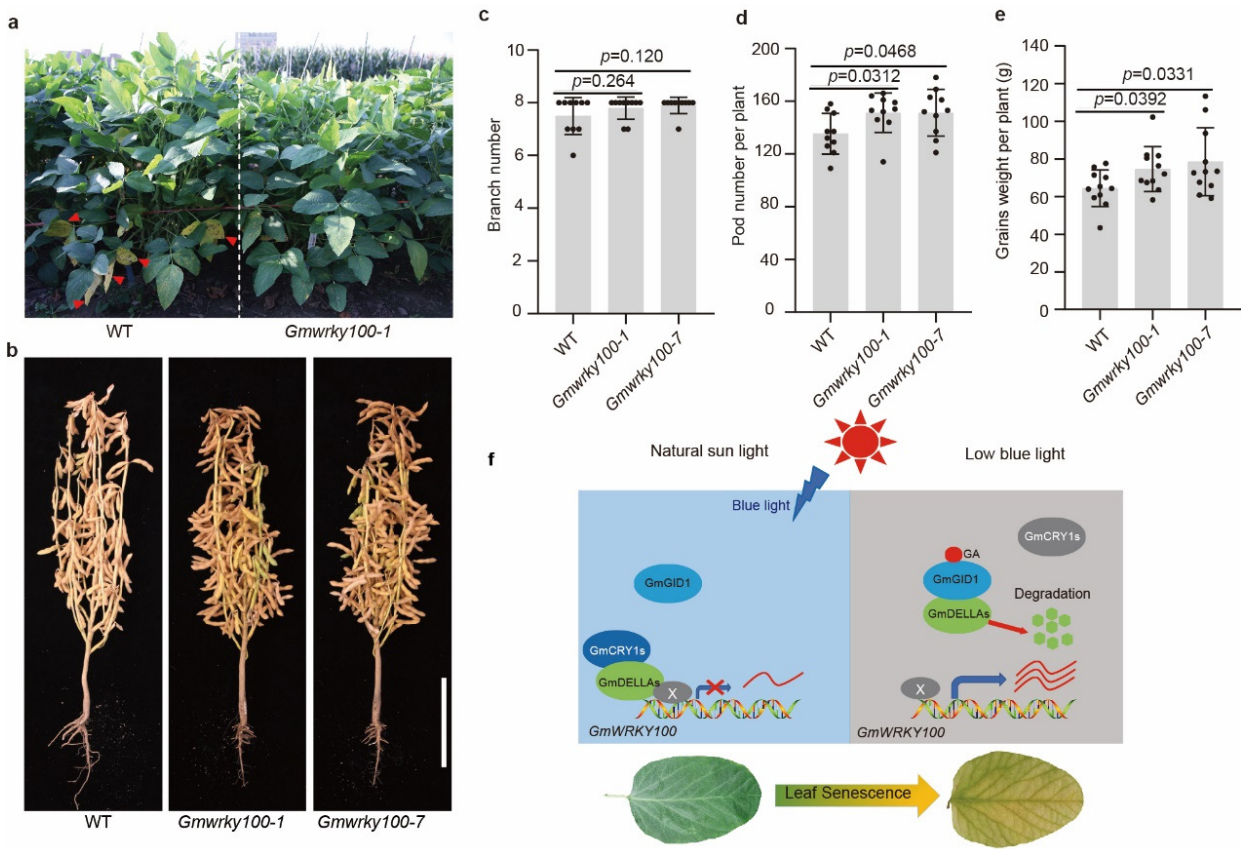
### (3) 获奖成果

[1] 彭云玲、第红君、李世晓、王芳、张红伟、王威、姬祥卓、庄泽龙、杨万平、刘悦善、刘国华、王晓武、王锋、朱家飞、张宇, “玉米抗逆基因资源挖掘与种质创新及新品种选育推广”获 2023 年甘肃省科技进步奖一等奖, 获奖日期: 2024 年 9 月 15 日。

(十三) 大豆产量性状解析与设计团队

针对大豆产能不足、优异基因资源缺乏、产量品质协同改良困难等科学问题，围绕大豆光信号和耐密植机理等研究方向，主要开展调控耐密理想株型、籽粒油分蛋白组成及耐逆性能的基因挖掘和机理解析。本年度克隆到抗衰老基因 *GmWRKY100*、抗倒伏基因 *CS1*、避荫

反应调控基因 *GmMTAs* 等基因 5 个，相关研究成果在 *Nature Communications*、*Advanced Sciences*、*Plant Biotechnology Journal*、*The Crop Journal* 等国际主流期刊，共发表 SCI 论文 5 篇，其中影响因子大于 10 的论文 3 篇，授权发明专利 1 项。



*Gmwrky100*突变体在大田条件下的表型及产量性状特征

团队负责人	刘斌
团队成员	李宏宇、赵涛、刘军、张晓玫、姬荣桓
在站博士后	张丽雅
在读博士研究生	5 人
在读硕士研究生	2 人

## 1. 重要研究进展

(1) 阐明 m6A 甲基转移酶 MTA 调控大豆避荫反应的分子机制。弱蓝光 (LBL) 是植物感知遮荫的主要光信号之一。在 LBL 条件下, 大豆会表现出典型的避荫反应综合征 (SAS), 其特征是茎秆过度伸长 (ESE), 导致密植栽培时发生倒伏和减产。近年来, N6- 甲基腺苷 (m6A) 介导的 mRNA 修饰已成为调控植物生长过程的关键表观遗传机制, 但其对避荫反应的影响尚未明确。本研究通过敲除两个 m6A 甲基转移酶 (或称 m6A 写入酶) 编码基因 *Gm-MTAa* 和 *GmMTAb*, 构建了双突变体 *gmmtas*。研究发现, *gmmtas* 突变体的 m6A 水平显著降低, 呈现矮化表型, 且对弱蓝光的敏感性减弱。进一步研究表明, *GmMTA* 通过调控 *GmCRY1s*、*GmSPAs* 和 *GmCOPIs* 的表达, 促进已知能抑制大豆避荫反应的关键转录因子 *GmSTFs* 的积累, 从而调控避荫反应。该研究揭示了大豆耐荫性调控的新分子机制, 不仅为植物适应光环境变化的表观遗传调控提供了新见解, 也为培育耐荫大豆品种开辟了新途径, 相关研究成果发表在 *Advanced Science* 上。

(2) 阐明 *GmWRKY100* 调控大豆叶片衰老的分子机理。叶片衰老是影响作物品质与产量的关键农艺性状。已有研究表明, 光照是调控衰老进程的关键环境因子, 但植物如何精确感知光信号并调控衰老的分子机制仍不清楚, 尤其在作物中更是知之甚少。本研究发现, 荫蔽条件下蓝光减弱可有效诱导大豆叶片衰老。蓝光受体 *GmCRY1s* (而非 *GmCRY2s*) 是介导蓝光信号调控叶片衰老的主要光受体。实验证明, 光照激活状态下 *GmCRY1s* 通过与 DELLA 蛋白相互作用维持其稳定性, 进而抑制衰老相关转录因子 *GmWRKY100* 的表达以延缓衰老; 而弱蓝光 (LBL) 会减弱 *GmCRY1s* 与 DELLA

蛋白的互作, 导致 DELLA 蛋白降解并引发叶片早衰。本研究揭示了 *GmCRY1s*-*GmDELLAs*-*GmWRKY100* 级联调控弱蓝光诱导大豆叶片衰老的信号通路, 为解析光环境影响植物叶片衰老的分子机理提供了新见解。此外, 本研究创制的 *GmWRKY100* 基因敲除大豆在田间自然条件下表现出明显的叶片衰老延迟和产量提升, 这为通过调控叶片衰老性状提高大豆产量提供了潜在应用策略, 相关研究发表在 *Nature Communications* 上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Zhuang Li, Xiangguang Lyu, Hongyu Li, Qichao Tu, Tao Zhao, Jun Liu, Bin Liu. The mechanism of low blue light-induced leaf senescence mediated by *GmCRY1s* in soybean. *Nature Communications*, 2024, 15(798). doi:10.1038/s41467-024-45086-5.

[2] Liya Zhang, Jun Liu, Jiaqi Chen, Yanyan Zhang, Chao Qin, Xiangguang Lyu, Zhuang Li, Ronghuan Ji, Bin Liu, Hongyu Li, Tao Zhao. Regulation of shade avoidance under low-blue-light by MTA in soybean. *Advanced science*, 2024, 12(5):e2410334. doi:10.1002/advs.202410334.

[3] Zhiyong Xu, Liya Zhang, Keke Kong, Jiejie Kong, Ronghuan Ji, Yi Liu, Jun Liu, Hongyu Li, Yulong Ren, Wenbin Zhou, Tao Zhao, Tuanjie Zhao, Liu Bin. Creeping Stem 1 regulates directional auxin transport for lodging resistance in soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(2):377-394. doi:10.1111/pbi.14503.

[4] Zhuang Li, Qichao Tu, Xiangguang Lyu, Qican Cheng, Ronghuan Ji, Chao Qin, Jun Liu, Bin Liu, Hongyu Li, Zhao Tao. *GmSTF* accumulation mediated by DELLA protein *GmRGAs*

contributes to coordinating light and gibberellin signaling to reduce plant height in soybean. The Crop Journal, 2024, 12(2):432-442. doi:10.1016/j.cj.2024.01.013.

[5] Yawei Li, Li Chu, Peiyun Lyu, Wenhuan Lyu, Ping Xie, Chunting Zhang, Haoxian Feng, Bin Liu, Tuanjie Zhao. Mutations in the WUSCHEL-related homeobox1 gene cause an increased leaflet number in soybean. The Crop Journal, 2024, 12(6):1645-1654. doi:10.1016/

j.cj.2024.08.005.

(2) 专利

[1] GmECT2 在调控植物高度方面的应用, 授权专利号: ZL 2021 1 1336838.4, 完成人: 李宏宇、屠琪超、刘斌、刘军、赵涛, 公告日期: 2024 年 3 月 1 日。

(3) 获奖成果

[1] 张丽雅博士后, 获 2024 年度“中国农业科学院优农计划特别资助”, 获奖日期: 2024 年 6 月 19 日。



## Soybean Yield Genetics and Design Group

In response to scientific challenges such as insufficient soybean production capacity, scarcity of elite genetic resources, and difficulties in the coordinated improvement of yield and quality, the group focuses on directions including soybean light signaling and the mechanism of dense-planting tolerance. Our group primarily engages in mining genes and elucidating biological mechanisms related to ideal plant architecture for density tolerance, oil-protein composition in seeds, and stress resilience. This year, five key genes have been cloned, including the senescence-resistant gene GmWRKY100, the lodging resistance gene CS1, and the shade avoidance response regulator GmMTAs. Related findings have been published in leading international journals such as Nature Communications, Advanced Science, Plant Biotechnology Journal, and The Crop Journal, three of which have an impact factor greater than 10. One invention patent has been granted.

Group Leader: Bin Liu

Group Members: Hongyu Li, Tao Zhao, Jun Liu, Xiaomei Zhang, Ronghuan Ji

Postdoctoral Fellows: Liya Zhang

### 1. Selected Publications

★ Zhuang Li, Xiangguang Lyu, Hongyu Li

et al. The mechanism of low blue light-induced leaf senescence mediated by GmCRY1s in soybean. *Nature Communications*, 2024, 15(798).

★ Liya Zhang, Jun Liu, Jiaqi Chen et al. Regulation of shade avoidance under low-blue-light by MTA in soybean. *Advanced science*, 2024, 12(5):e2410334.

★ Zhiyong Xu, Liya Zhang, Keke Kong et al. Creeping Stem 1 regulates directional auxin transport for lodging resistance in soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(2):377-394.

★ Zhuang Li, Qichao Tu, Xiangguang Lyu et al. GmSTF accumulation mediated by DELLA protein GmRGAs contributes to coordinating light and gibberellin signaling to reduce plant height in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(2):432-442.

★ Yawei Li, Li Chu, Peiyun Lyu et al. Mutations in the WUSCHEL-related homeobox1 gene cause an increased leaflet number in soybean. *The Crop Journal*, 2024, 12(6):1645-1654.

### 2. Awards and Honors

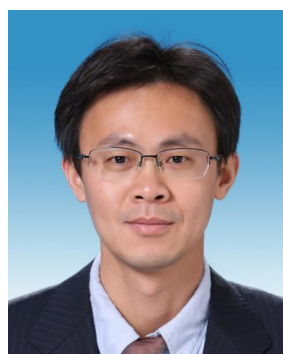
★ The 2024 "Outstanding Agroscientists Special Support Program", Chinese Academy of Agricultural Sciences, Liya Zhang.

#### 研究方向四：作物新基因资源设计与创制

应用基因编辑、转基因、分子设计等技术，结合染色体工程、人工诱变、分子标记等常规技术，建立优异新基因资源设计与创制的技术体系，设计满足育种需求的优异新基因资源，构建高效、精准、全流程的优异基因资源利用模式，创制高产、优质、抗逆、抗病虫、养分高效和宜机化等目标性状突出的新种质，为新一代品种培育提供优良的新基因新种质来源。



李新海 研究员  
玉米新基因资源设计与  
创制团队负责人



周文彬 研究员  
水稻新基因资源设计  
与创制团队负责人



徐兆师 研究员  
小麦新基因资源设计与  
创制团队负责人



孙君明 研究员  
大豆新基因资源设计与  
创制团队负责人

#### (十四) 玉米新基因资源设计与创制团队

针对我国玉米生产面临的病害、耐逆和品质等问题，围绕优异基因资源挖掘和精准设计技术创新等研究方向，开展玉米新基因资源设计与创制。本年度克隆了抗病、耐旱、氮高效基因 *ZmGLK36*，控制籽粒蛋氨酸含量基因 *ZmDeSI2*；采用多基因聚合技术定向改良玉米种质，创制出抗病耐逆自交系 CA422 和 CA515，培育出抗病耐旱新品种中单 1130，有效扩展我国杂种优势群的抗病耐逆种质基础；利用基因编辑技术，创制出新型高直链和高抗

性淀粉、*ACCase* 基因突变抗除草剂等玉米新种质；以优质高蛋白自交系 HP434 为供体，创制出 HPCA364、HPCA628、HPCA80 等高蛋白自交系 3 份；采用 CM8032、BFL4-2 等抗虫耐除草剂转化体开展回交转育，创制出 CA364R、CA193R 和 CA422R 等抗虫耐除草剂玉米自交系。相关研究成果在 *The Crop Journal* 等期刊发表 SCI 论文 4 篇，获植物新品种权 2 项，申请 PCT 国家发明专利 3 项，审定品种 6 个；获山东省科技进步奖二等奖 1 项。



中单1130亲本（CA422、CA515）和杂交种田间表现

团队负责人	李新海
团队成员	李明顺、谢传晓、郝转芳、翁建峰、张德贵、雍洪军、周志强、刘昌林
在站博士后	许振南、鲁鑫、王怡凯
在读博士研究生	7 人
在读硕士研究生	18 人

## 1. 重要研究进展

(1) 玉米重要基因资源 CA422 和 CA515 的设计与创制。针对我国黄淮海粗缩病、锈病以及干旱等逆境胁迫, 扩展 SS 与 NSS 高产强杂种优势模式, 重点利用 PB 群金黄 55 和热带种质群 Suwan1 等抗病耐逆种质, 采用回交多基因(抗病基因 *ZmGLK36*、耐旱基因 *Zm-NAC111* 等) 聚合技术分别定向改良 SS 群种质郑 58 和 NSS 群种质 PH4CV, 创制出抗病耐逆自交系 CA422 和 CA515, 有效扩展我国杂种优势群的抗病耐逆种质基础。利用 CA422 和 CA515, 设计培育高产耐逆玉米新品种中单 1130, 2024 年国家黄淮海夏玉米区审定。该品种 2021 年和 2022 年区域试验平均亩产 698.4 公斤, 比对照郑单 958 增产 8.65%; 2023 年生产试验亩产 692 公斤, 比对照郑单 958 增产 10.09%; 抗粗缩病、锈病、耐旱 / 耐盐碱, 在干旱和中度盐碱水平下分别比郑单 958 增产 12.1% 和 26.4%。

(2) 利用基因编辑创制高直链淀粉玉米。玉米高直链淀粉在食品和制药工业中有极高的应用价值。直链淀粉含量与抗性淀粉含量显著相关, 抗性淀粉是一种重要的膳食纤维, 有利于维护人体健康。利用基因编辑技术对玉米淀粉合成途径中的 *SBE1* 和 *SBE1b* 基因进行定点编辑, 获得新型高直链和高抗性淀粉玉米种质。新种质的直链淀粉含量和抗性淀粉含量为 48.21% 和 34.04%, 显著高于野生型对照。该研究为培育新型高直链和高抗性淀粉玉米新品种提供了新基因资源。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Gongjian Li, Zhennan Xu, Jianjun Wang, Chunhua Mu, Zhiqiang Zhou, Mingshun Li, Zhuanfang Hao, Degui Zhang, Hongjun Yong,

Jienan Han, Xinhai Li, Jiqiang Zhao, Jianfeng Weng. Gene pyramiding of *ZmGLK36* and *ZmGDIa-hel* for rough dwarf disease resistance in maize. *Molecular Breeding*, 2024, 44(4):25. doi:10.1007/s11032-024-01466-9

[2] Feifei Wang, Zhennan Xu, Ronggai Li, Zhiqiang Zhou, Zhuanfang Hao, Liwei Wang, Mingshun Li, Degui Zhang, Wei Song, Hongjun Yong, Jienan Han, Xinhai Li, Jianfeng Weng. Identification of coexisting virus-derived siRNA in maize and rice infected by rice black-streaked dwarf virus. *Plant Disease*, 2024, 108(9):2845-2854. doi:10.1094/PDIS-11-23-2301-RE.

[3] Mingzheng Ma, Shanqiu Sun, Jinjie Zhu, Xiantao Qi, Gaoke Li, Jianguang Hu, Chuanxiao Xie, Changlin Liu. Engineering high amylose and resistant starch in maize by CRISPR/Cas9-mediated editing of starch branching enzymes. *The Crop Journal*, 2024, 12(4):1252-1258. doi:10.1016/j.cj.2024.06.007.

[4] Bojuan Liu, Nan Wang, Ruisi Yang, Xiaonan Wang, Ping Luo, Yong Chen, Fei Wang, Mingshun Li, Jianfeng Weng, Degui Zhang, Hongjun Yong, Jienan Han, Zhiqiang Zhou, Xuecai Zhang, Zhuanfang Hao, Xinhai Li. *ZmADF5*, a maize actin-depolymerizing factor conferring enhanced drought tolerance in maize. *Plants*, 2024, 13(5):619. doi:10.3390/plants13050619.

### (2) 植物新品种权

[1] 中单 668, 品种权号: CNA20191005200, 完成人: 李明顺、张德贵、李新海、翁建峰、郝转芳、雍洪军、韩洁楠, 授权公告日期: 2024 年 4 月 12 日;

[2] 中单 103, 品种权号: CNA20201006910, 完成人: 李明顺、李新海、张德贵、雍

洪军、翁建峰、郝转芳、韩洁楠、周志强、陈小雨、张芳军,授权公告日期:2024年9月12日。

(3) 审定品种

[1] 中单 1130, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20242217, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年12月29日;

[2] 中单 1109, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20242218, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年12月29日;

[3] 中单 1112, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20243005, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年12月29日;

[4] 中单 1118, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20242131, 主要育成:

中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年12月29日;

[5] 中单 6105, 国家作物品种审定(认定)委员会审定, 审定编号: 国审玉 20243184, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年12月29日;

[6] 中单 195, 黑龙江省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 黑审玉 20240007, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024年5月9日。

(4) 获奖成果

[1] 丁昭华、李新海、刘存辉、程文、丁一、刘宁、王志武、徐相波、齐世军、翁建峰, “印尼热带玉米种质引进创新与新品种选育及推广”获 2024 年山东省科技进步奖二等奖, 获奖日期: 2024年5月10日。



## Maize Novel Gene Resource Engineering Group

To address core scientific issues in China's corn production, such as diseases, stress tolerance, and quality issues, the group focuses on research directions including the mining of elite gene resources and innovations in precision design technologies. This year, the group cloned key genes including the disease-resistant, drought-tolerant, and nitrogen-efficient gene *ZmGLK36*, as well as the methionine content-controlling gene *ZmDeSI2*. Using multi-gene stacking technology, we directed the improvement of corn germplasm, developed disease-resistant and stress-tolerant inbred lines CA422 and CA515, and bred the disease-resistant and drought-tolerant new variety Zhongdan 1130, effectively expanding the disease-resistant and stress-tolerant germplasm base of China's heterotic groups. Utilizing gene editing technology, the group created novel corn germplasm with high amylose and resistant starch content, as well as *ACCase* gene mutations conferring herbicide resistance. Using the high-quality, high-protein inbred line HP434 as a donor, we developed three high-protein inbred lines, HPCA364, HPCA628, and HPCA80. Through backcrossing with insect-resistant and herbicide-tolerant transformation events such as CM8032 and BFL4-2, we created insect-resistant and herbicide-tolerant corn inbred lines including CA364R, CA193R, and CA422R. Related research results were published in 4 SCI papers in journals such as *The Crop Journal*. The group obtained 2 plant variety rights, filed 3 PCT international patent applications, and released 6 ap-

proved varieties. Additionally, they received the Second Prize of the Shandong Provincial Science and Technology Progress Award.

Group Leader: Xinhai Li

Group Members: Mingshun Li, Chuanxiao Xie, Zhuanfang Hao, Jianfeng Weng, Degui Zhang, Hongjun Yong, Zhiqiang Zhou, Changlin Liu

Postdoctoral Fellows: Zhennan Xu, Xin Lu, Yikai Wang

### 1. Selected Publications

★ Feifei Wang, Zhennan Xu, Ronggai Li et al. Identification of coexisting virus-derived siRNA in maize and rice infected by rice black-streaked dwarf virus. *Plant Disease*, 2024, 108(9):2845-2854. doi:10.1094/PDIS-11-23-2301-RE.

★ Gongjian Li, Zhennan Xu, Jianjun Wang et al. Gene pyramiding of *ZmGLK36* and *ZmGD1a-hel* for rough dwarf disease resistance in maize. *Molecular Breeding*, 2024, 44(4):25

★ Mingzheng Ma, Shanqiu Sun, Jinjie Zhu et al. Engineering high amylose and resistant starch in maize by CRISPR/Cas9-mediated editing of starch branching enzymes. *The Crop Journal*, 2024, 12(4):1252-1258. doi:10.1016/j.cj.2024.06.007.

### 2. Varieties

★ Zhongdan 1130, Approved by National Committee, Breeder: ICS-CAAS, December 29,

2024.

★ Zhongdan 1109, Approved by National Committee, Breeder: ICS-CAAS, December 29, 2024.

★ Zhongdan 1112, Approved by National Committee, Breeder: ICS-CAAS, December 29, 2024.

★ Zhongdan 1118, Approved by National Committee, Breeder: ICS-CAAS, December 29, 2024.

★ Zhongdan 6105, Approved by National

Committee, Breeder: ICS-CAAS, December 29, 2024.

★ Zhongdan 195, Approved by Heilongjiang, Breeder: ICS-CAAS, May 9, 2024.

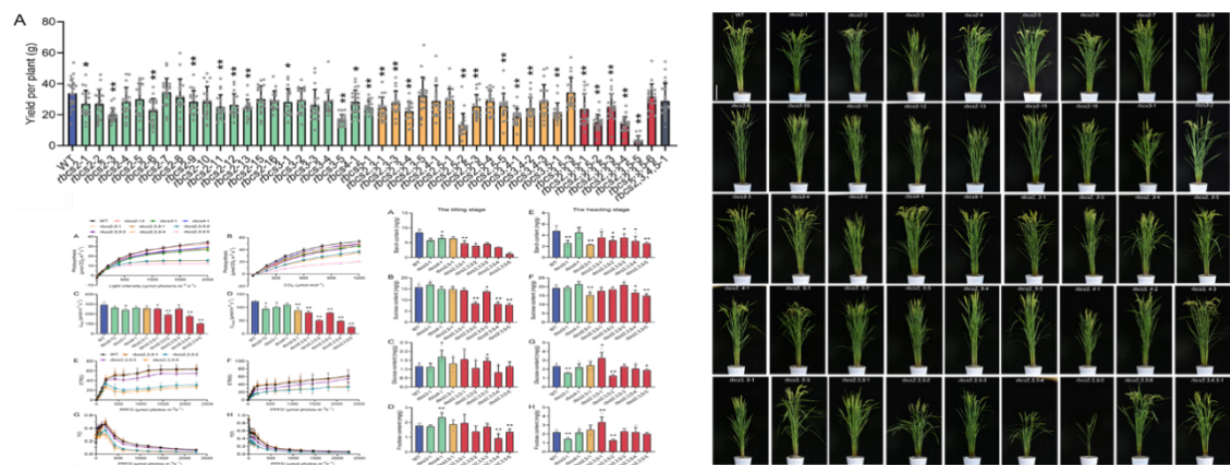
### 3.Awards and Honors

Introduction and Innovation of Indonesian Tropical Maize Germplasm, Breeding and Promotion of New Varieties, the Second Prize of Shandong Provincial Science and Technology Progress Award, May 10, 2024.

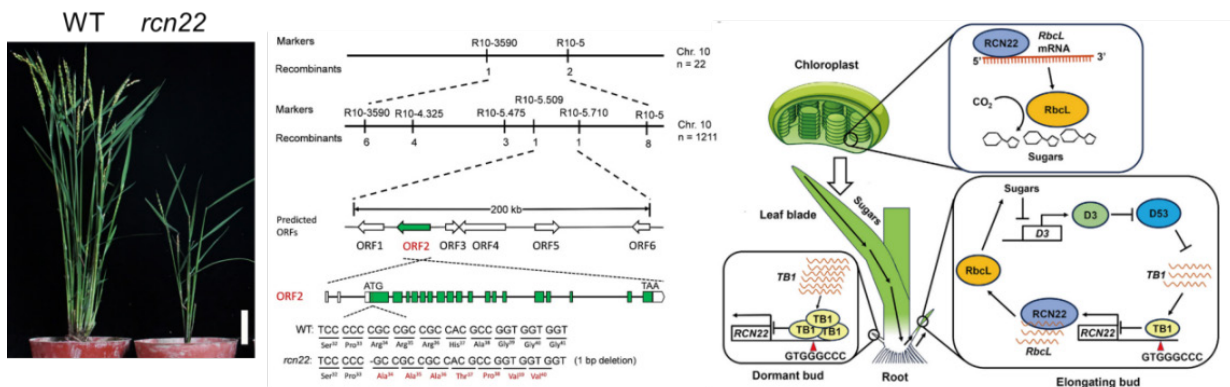
(十五) 水稻新基因资源设计与创制团队

针对水稻产量提升面临的优异基因资源匮乏这一关键瓶颈问题，本研究聚焦点作物新基因资源的设计与创新创制，重点围绕光合效率、株型调控和抗逆性等产量相关核心性状，系统开展基因资源挖掘与分子机制解析研究。通过转基因和基因编辑技术，创制具有高产、高光效和抗逆性强等优良特性的水稻基因资源和育种材料。本年度克隆调控水稻分蘖关键基因

*RCN22*，并解析其调控分子网络。创制了过表达 *GLK* 的抗旱型水稻和 *OsRbcS* 改造后影响水稻光合作用、分蘖以及产量的一系列材料。相关研究成果在 *Plant Biotechnology Journal*、*Plant Communications*、*Plant Physiology* 等国际主流期刊发表 SCI 论文 4 篇，其中影响因子大于 9 的论文 2 篇。授权国际发明专利 1 项，申请国家发明专利 6 项。培养中国农业科学院优秀博士后 1 名，获“优农计划”特别资助。



基于RuBisCO小亚基基因位点精准设计的水稻光合效率与产量调控机制解析



基于RCN22-RbcL基因模块的水稻分蘖数调控机制解析

团队负责人	周文彬
团队成员	李学勇、赵金凤、房静静、李霞、段凤莹、魏少博
在站博士后	淳雁、刘雯倩
在读博士研究生	18 人
在读硕士研究生	13 人

## 1. 重要研究进展

(1) 基于 RuBisCO 小亚基基因位点精准设计的水稻光合效率与产量调控机制解析。基于 RuBisCO 小亚基 (*OsRbcS*) 基因编辑库的构建与功能解析, 该研究在中花 11 背景下采用 CRISPR-Cas9 精准编辑策略, 构建了 116 种基因型的 *OsrbcS* 突变体库, 为光合效率遗传改良提供了重要基因资源和材料创制。田间试验结果表明, *OsrbcS* 突变使 RuBisCO 的含量、活性及光合作用效率显著降低, 叶片中碳水化合物含量减少, 导致水稻生长发育迟缓、抽穗延迟、产量下降。部分突变体茎基部的糖含量降低, 调控水稻分蘖的关键蛋白含量减少, 且细胞分裂素相关途径基因显著上调, 导致这些水稻突变体分蘖数减少。结构分析表明 *OsrbcS* 突变未影响 RuBisCO 全酶组装和结构。该研究为通过 RuBisCO 遗传改造提高作物光合效率和产量提供了参考。以上研究成果于 2024 年在 *Plant Biotechnology Journal* 期刊发表。

(2) 基于 *RCN22-RbcL* 基因模块的水稻分蘖数调控机制解析。基于基因资源设计与分子模块耦合的创新视角, 本研究系统解析了独脚金内酯和糖互相拮抗调控水稻分蘖发育的分子网络。通过图位克隆获得一个新的水稻分蘖数调控基因 *RCN22*, 该基因编码叶绿体定位的 PPR 蛋白, 可特异性识别并调控光合关键酶 RbcL 的 mRNA 稳定性。*rcn22* 突变体的碳同化效率下降, 从而引起分蘖芽中糖含量降低, 进而激活独脚金内酯信号途径基因 *D3* 和 *TBI* 的表达, 以及独脚金内酯信号途径的阻遏蛋白 *D53* 的降解, 导致分蘖芽进入休眠状态。该研究揭示了一个关于碳同化模块 *RCN22-RbcL* 与独脚金内酯信号传导模块 *D3-D53-TBI* 形成的负反馈调控环, 共同影响水稻分蘖芽伸长的新机制。以上研究成果于 2024 年在 *Plant Com-*

*munications* 期刊发表。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Xia Li, Jing Li, Shaobo Wei, Yuan Gao, Hongcui Pei, Rudan Geng, Zefu Lu, Peng Wang, Wenbin Zhou. Maize GOLDEN2-LIKE proteins enhance drought tolerance in rice by promoting stomatal closure. *Plant Physiology*, 2024, 194(2): 774-786. doi: 10.1093/plphys/kiad561.

[2] Yanyan Yan, Fengying Duan, Xia Li, Rulang Zhao, Peng Hou, Ming Zhao, Shaokun Li, Yonghong Wang, Tingbo Dai, Wenbin Zhou. Photosynthetic capacity and assimilate transport of the lower canopy influence maize yield under high planting density. *Plant Physiology*, 2024, 195(4):2652-2667. doi: 10.1093/plphys/kiae204.

[3] Tianyu Mo, Tianhao Wang, Yinglu Sun, Ashmit Kumar, Humphrey Mkumbwa, Jingjing Fang, Jinfeng Zhao, Shoujiang Yuan, Zichao Li, Xueyong Li. The chloroplast pentatricopeptide repeat protein RCN22 regulates tiller number in rice by affecting sugar levels via the TB1-RCN22-RbcL module. *Plant Communications*, 2024, 5(12):101073. doi:10.1016/j.xplc.2024.101073.

[4] Yujie Zhou, Lifang Shi, Xia Li, Shaobo Wei, Xiangyuan Ye, Yuan Gao, Yupeng Zhou, Lin Cheng, Long Cheng, Fengying Duan, Mei Li, Hui Zhang, Qian Qian, Wenbin Zhou. Genetic engineering of RuBisCO by multiplex CRISPR editing small subunits in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 2025, 23(3):731-749. doi:10.1111/pbi.14535. (accepted at 16 November 2024).

### (2) 专利

[1] Proteins and biological materials related to rice (*Oryza sativa* L.) yield, and use thereof in

rice yield increase, Patent number: 2021431987.  
Zhou Wenbin; Li Xia; Wei Shaobo, accepted  
2024.12.01.

### (3) 获奖成果

[1] 淳雁博士后，获 2024 年度“中国农业  
科学院优秀博士后优农计划特别资助”，获奖日  
期：2024 年 9 月 1 日。



## Rice Novel Gene Resources Engineering Group

To address the critical bottleneck in rice yield improvement, the limited availability of superior genetic resources, our group focuses on the systematic design and engineering of novel crop genetic resources. The primary research areas include the discovery and characterization of genetic resources, as well as the elucidation of molecular mechanisms underlying key yield-related traits such as photosynthetic efficiency, plant architecture regulation, and stress resistance. Using transgenic and gene-editing technologies, the group has developed rice genetic resources and breeding materials with desirable characteristics such as high yield, enhanced photosynthetic efficiency, and improved stress tolerance. The major achievements during this year include the cloning of RCN22, a key gene regulating rice tillering and the deciphering of its molecular regulatory network; the generation of drought-tolerant rice lines by overexpressing ZmGLK; the development of a series of OsRbcS-modified materials which significantly affect photosynthesis, tillering, and yield. In addition, the group published four SCI-indexed papers in leading international journals, including *Plant Biotechnology Journal*, *Plant Communications*, and *Plant Physiology* (two papers), of which two papers were published in journals with an impact factor (IF) greater than 9. One international invention patent was granted, and six national invention patent applications were submitted. Furthermore, the group provided mentorship to an outstanding postdoctoral researcher at the Chinese Academy of Agricultural Sciences,

who received special support under the “Excellent Agricultural Program” .

Group Leader: Wenbin Zhou

Group Members: Xueyong Li, Jinfeng Zhao, Jingjing Fang, Xia Li, Fengying Duan, Shaobo Wei

Postdoctoral Fellows: Yan Chun, Wenqian Liu

### 1. Selected Publications

★ Xia Li, Jing Li, Shaobo Wei et al. Maize GOLDEN2-LIKE proteins enhance drought tolerance in rice by promoting stomatal closure. *Plant Physiology*, 2024, 194(2): 774-786.

★ Yanyan Yan, Fengying Duan, Xia Li et al. Photosynthetic capacity and assimilate transport of the lower canopy influence maize yield under high planting density. *Plant Physiology*, 2024, 195(4):2652-2667.

★ Tianyu Mo, Tianhao Wang, Yinglu Sun et al. The chloroplast pentatricopeptide repeat protein RCN22 regulates tiller number in rice by affecting sugar levels via the TB1-RCN22-RbcL module. *Plant Communications*, 2024, 5(12):101073.

★ Yujie Zhou, Lifang Shi, Xia Li et al.. Genetic engineering of RuBisCO by multiplex CRISPR editing small subunits in rice. *Plant Biotechnology Journal*, 2025, 23(3):731-749.

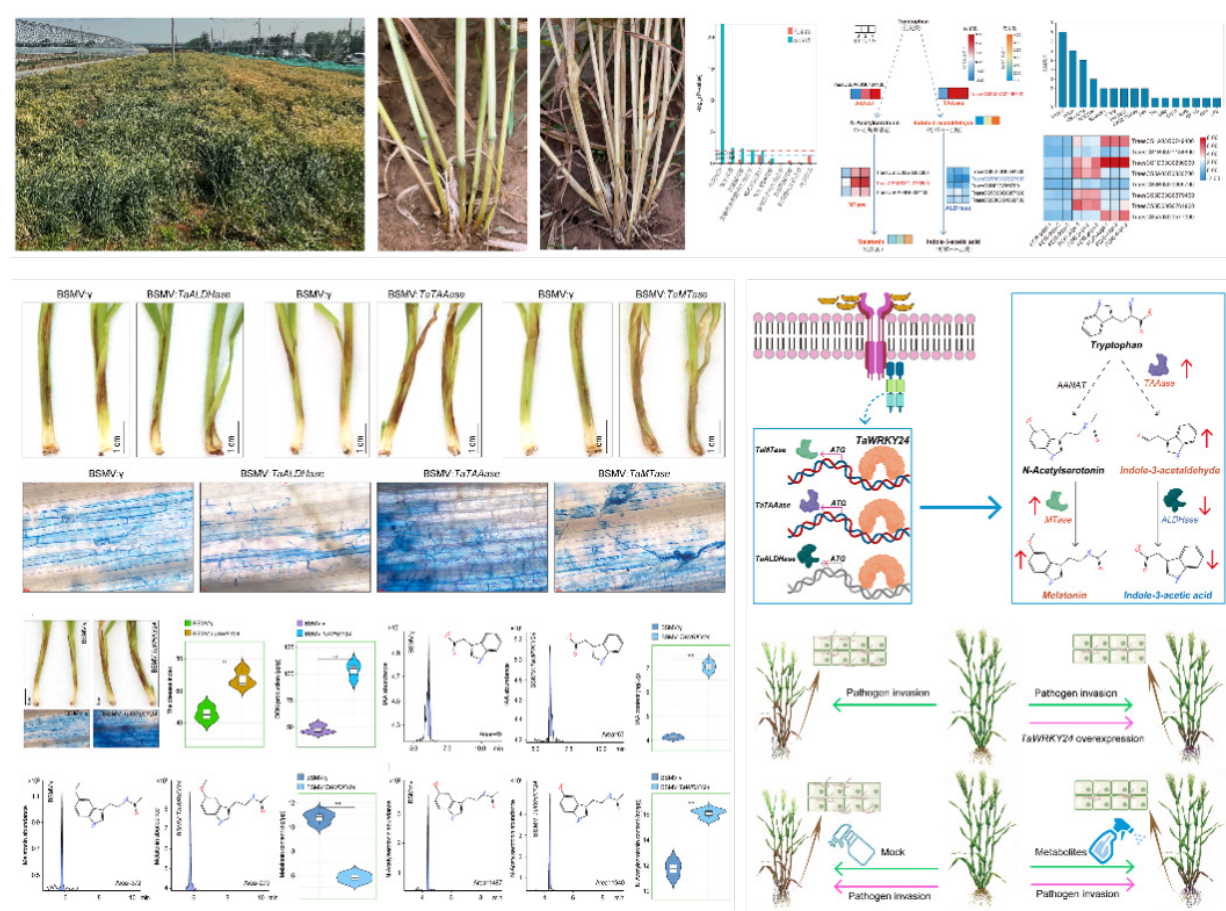
### 2. Awards and Honors

★ Excellent Agricultural Program, Outstanding postdoctoral researcher in the Chinese Academy of Agricultural Sciences, Chun Yan.

(十六) 小麦新基因资源设计与创制团队

针对作物抗旱、氮高效和抗病等性状易受环境影响等问题，围绕作物新基因资源设计与创制等研究方向，主要开展了作物抗逆基因挖掘和遗传解析，以及聚合多种优异基因，创制优质、高产、多抗、营养高效小麦新材料和新品种培育研究。本年度克隆抗茎基腐病基因

*TaWRKY24*、抗旱和耐盐基因 *GmNF-YC9*、耐热基因 *GmBSK1* 等基因 6 个，并解析其调控分子网络。相关研究成果在 *Plant Biotechnology Journal*、*Journal of Advanced Research*、*The Plant Journal* 等国际主流期刊发表 SCI 论文 6 篇，其中影响因子大于 10 的论文 2 篇，获批国家发明专利 7 项，审定小麦新品种 4 个。



小麦茎基腐病抗性资源与抗性基因筛选及育种应用

团队负责人	徐兆师
团队成员	马有志、陈明、陈隽、魏学宁、祝秀亮、周永斌
在站博士后	唐文思、郑雷、陈凯
在读博士研究生	16 人
在读硕士研究生	21 人

## 1. 重要研究进展

(1) 揭示 *TaWRKY24* 转录因子调控小麦抗茎基腐病的分子机制。小麦茎基腐病是我国小麦生产上的新发、突发植物疫情，严重影响我国小麦产业稳健发展，气候变化的影响加剧了这种升级，导致小麦产量大幅下降。然而，色氨酸代谢通路中的褪黑素和吲哚乙醛是调控小麦抗茎基腐病的重要植物激素。该研究发现小麦转录因子 *TaWRKY24* 在小麦感染茎基腐病过程中的动态变化与吲哚乙醛和褪黑素的合成以及该合成途径中关键酶的动态变化呈显著正相关，转录因子能够激活褪黑素合成途径限速关键酶基因的表达并维持其在茎基腐病原菌胁迫条件下的酶活性，从而使基因沉默小麦植株在胁迫条件下拥有高水平的吲哚类化合物，进而提升小麦的抗病能力。进一步研究发现，该转录因子同时能够抑制生长素合成途径中的关键酶基因的表达，使得小麦中的吲哚乙醛含量升高，从而赋予小麦较强的抗病性。该研究拓展了对植物 *TaWRKY24* 转录因子功能的认知，还从分子水平上深入解析了小麦色氨酸代谢通路的免疫调控网络，为小麦抗茎基腐病分子机制和小麦抗病品种的改良提供了理论基础。以上研究成果发表在 *The Plant Journal* 期刊上。

(2) 大豆 *GmNF-YC9* 基因改良作物的抗旱耐盐性作用机理。干旱、盐、热、冷等非生物胁迫对植物生长的影响日益严重，其中干旱和盐胁迫严重影响大豆的发育，导致产量损失重大。甾醇类化合物普遍存在于高等植物中，其合成途径在植物生长发育过程中发挥着重要作用，在胚胎形成、光合作用、根的生长、开花时间调控、逆境胁迫响应等诸多方面起重要作用。该研究通过多组学分析发现，大豆 NF-Y 转录因子，能够激活 *SQE1* 的表达并维持其在干旱和盐胁迫条件下的酶活性，从而使转基因

大豆植株在胁迫条件下拥有高水平的甾醇类化合物，进而提升转基因植株的抗氧化能力使其含有较高的抗逆属性。此外，田间试验表明，在大豆中过表达 *SQE1* 可以增强大豆的抗旱能力，且转基因大豆在干旱条件下表现出单株产量提高以及籽粒饱满度和茎基部周长增加。该研究不仅扩大了对植物 NF-Y 转录因子功能的认知，并提出了有关植物中甾醇合成通路整合的重要问题，还为提高大豆植株耐逆性方面提供了理论基础。以上研究成果发表在 *Plant Biotechnology Journal* 期刊上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Taifei Yu, Zehao Hou, Hailong Wang, Shiyang Chang, Xinyuan Song, Weijun Zheng, Lei Zheng, Jitong Wei, Zhiwei Lu, Jun Chen, Yongbin Zhou, Ming Chen, Suli Sun, Qiyan Jiang, Longguo Jin, Youzhi Ma, Zhaoshi Xu. Soybean steroids improve crop abiotic stress tolerance and increase yield. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(8):2333-2347. doi:10.1111/pbi.14349.

[2] Xing Xu, Taifei Yu, Jitong Wei, Xiaofei Ma, Yongwei Liu, Jinpeng Zhang, Lei Zheng, Zehao Hou, Jun Chen, Yongbin Zhou, Ming Chen, Jian Ma, Yunfeng Jiang, Hutai Ji, Lihui Li, Youzhi Ma, Zhian Zhang, Zhaoshi Xu. *TaWRKY24* integrates the tryptophan metabolism pathways to participate in defense against *Fusarium crown rot* in wheat. *The Plant Journal*, 2024, 120(5):1764-1785. doi:10.1111/tpj.17079.

[3] Zehao Hou, Yuan Gao, Jiacheng Zheng, Mengjie Zhao, Ying Liu, Xiaoyu Cui, Zhiyong Li, Jitong Wei, Taifei Yu, Lei Zheng, Yuanchen Jiao, Shuhui Yang, Jiamin Hao, Jun Chen, Yongbin Zhou, Ming Chen, Lijuan Qiu, Youzhi Ma, Zha-

oshi Xu. GmBSK1-GmGSK1-GmBES1.5 regulatory module controls heat tolerance in soybean. *Journal of Advanced Research*, 2024, 24:387-398. doi:10.1016/j.jare.2024.09.004.

[4] Lei Zheng, Yanan Kong, Xuechun Yan, Yuanxia Liu, Xinrui Wang, Jinpeng Zhang, Xueli Qi, Xinyou Cao, Shuangxi Zhang, Yongwei Liu, Jiacheng Zheng, Chao Wang, Zehao Hou, Jun Chen, Yongbin Zhou, Ming Chen, Youzhi Ma, Zhaoshi Xu, Jinhao Lan. TaMYB-CC5 gene specifically expressed in root improve tolerance of phosphorus deficiency and drought stress in wheat. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 215:109011. doi:10.1016/j.plaphy.2024.109011.

[5] Kai Chen, Dongdong Guo, Jiji Yan, Huijuan Zhang, Zhang He, Chunxiao Wang, Wensi Tang, Jun Chen, Zhaoshi Xu, Youzhi Ma, Ming Chen. Transcription factor GmAlfin09 regulates endoplasmicreticulum stress in soybean via peroxidase GmPRDX6. *Plant Physiology*, 2024, 196(1):592-607. doi:10.1093/plphys/kiac317.

[6] Haijun Qi, Xiuliang Zhu, Wenbiao Shen, Xia Yang, Chaozhong Zhang, Genying Li, Feng Chen, Xuening Wei, Zengyan Zhang. TaRLK-6A promotes Fusarium crown rot resistance in wheat. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66(1):12-16. doi:10.1111/jipb.13596.

## (2) 专利

[1] 大豆耐热蛋白 GmBSK1 及其编码基因在调控植物抗逆性中的应用, 授权专利号: ZL 2024 1 0247971.X, 完成人: 徐兆师、侯泽豪、魏霁桐、于太飞、郑雷、陈隽、陈明、周永斌、王春霄、马有志, 公告日期: 2024 年 6 月 7 日;

[2] 小麦抗病相关蛋白 TaMTase 在调控小麦茎基腐病害抗性中的应用, 授权专利号: ZL

2024 1 0214476.9, 完成人: 马有志、徐兆师、徐幸、于太飞、郑雷、陈明、陈隽、周永斌、王春霄, 公告日期: 2024 年 5 月 31 日;

[3] 调控 TaWRKY24 蛋白编码基因表达的生物材料及其应用, 授权专利号: ZL 2024 1 0247938.7, 完成人: 徐兆师、徐幸、于太飞、魏霁桐、郑雷、郝佳敏、陈隽、陈明、周永斌、王春霄、马有志, 公告日期: 2024 年 6 月 11 日;

[4] 小麦 TaALDHase 基因在调控小麦茎基腐病抗性中的应用, 授权专利号: ZL 2024 1 0199205.0, 完成人: 徐兆师、马有志、徐幸、于太飞、侯泽豪、陈明、陈隽、周永斌、王春霄, 公告日期: 2024 年 6 月 11 日;

[5] 去甲氧基姜黄素的用途, 授权专利号: ZL 2024 1 0365953.1, 完成人: 徐兆师、马有志、李颖、黄五州、于太飞、郑雷、陈隽、陈明、周永斌、王春霄, 公告日期: 2024 年 6 月 25 日;

[6] 一种喷施处理提高小麦抗假禾谷镰刀菌引起的茎基腐病害的杀菌剂及应用, 授权专利号: ZL 2024 1 0393419.1, 完成人: 徐兆师、徐幸、于太飞、焦元辰、陈明、陈隽、周永斌、王春霄、马有志, 公告日期: 2024 年 6 月 25 日;

[7] 抗病与抗倒伏的转 TaDKR1 基因小麦的培育方法及其相关生物材料, 授权专利号: ZL 2022 1 0862338.2, 完成人: 张增艳、齐海军、祝秀亮, 公告日期: 2024 年 1 月 23 日。

## (3) 审定品种

[1] 中麦 801, 陕西省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 陕审麦 20241016 号, 主要育成者: 马有志、周永斌、徐兆师、王春霄、陈明、陈隽、王小田, 审定日期: 2024 年 10 月 28 日;

[2] 中麦 8729, 河北省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 冀审麦 20240019, 主要育成者: 周永斌、马有志、徐兆师、王春霄、陈明、陈隽、王小田, 审定日期: 2024 年 1 月 11 日;

[3] 中麦 967, 河北省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 冀审麦 20240004, 主要育成: 周永斌、马有志、徐兆师、陈明、陈隼、王春霄、王小田, 审定日期: 2024 年 1 月 11 日;

[4] 中麦 886, 河北省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 冀审麦 20240025, 主要育成: 张增艳、魏学宁、祝秀亮、严以苹, 审定日期: 2024 年 1 月 11 日。



## Wheat Novel Gene Resource Engineering Group

To overcome environmental stresses, including drought, low nitrogen use efficiency, and disease, our group focuses on the design and creation of novel gene resources in wheat. Its main research involves isolating and analyzing stress-resistant genes, and combining multiple superior genes to develop new wheat germplasm and varieties with high quality, high yield, multi-resistance, and high nitrogen use efficiency. Key achievements of this year are as follows: Isolation and elucidation of gene regulatory molecular networks, including the Fusarium crown rot resistant gene TaWRKY24, drought- and salt-tolerance gene GmNF-YC9, and heat-tolerance gene GmBSK1. We published 6 SCI papers in international mainstream journals, such as Plant Biotechnology Journal, Journal of Advanced Research, The Plant Journal, among which 2 have an impact factor (IF) exceeding 10. Additionally, 7 national invention patents and 4 new wheat varieties were approved.

Group Leader: Zhaoshi Xu

Group Members: Youzhi Ma, Ming Chen, Jun Chen, Xuening Wei, Xiuliang Zhu, Yongbin Zhou

Postdoctoral Fellows: Wensi Tang, Lei Zhen, Kai Chen

### 1. Selected Publications

★ Taifei Yu, Zehao Hou, Hailong Wang et al. Soybean steroids improve crop abiotic stress tolerance and increase yield. Plant Biotechnology Journal, 2024, 22(8):2333-2347.

★ Xing Xu, Taifei Yu, Jitong Wei et al. TaWRKY24 integrates the tryptophan metabolism pathways to participate in defense against Fusarium crown rot in wheat. The Plant Journal, 2024, 120(5):1764-1785.

★ Zehao Hou, Yuan Gao, Jiacheng Zheng et al. GmBSK1-GmGSK1-GmBES1.5 regulatory module controls heat tolerance in soybean. Journal of Advanced Research, 2024, 24:387-398.

★ Lei Zheng, Yanan Kong, Xuechun Yan et al. TaMYB-CC5 gene specifically expressed in root improve tolerance of phosphorus deficiency and drought stress in wheat. Plant Physiology and Biochemistry, 2024, 215:109011.

★ Kai Chen, Dongdong Guo, Jiji Yan et al. Transcription factor GmAlfin09 regulates endoplasmicreticulum stress in soybean via peroxidase GmPRDX6. Plant Physiology, 2024, 196(1):592-607.

★ Haijun Qi, Xiuliang Zhu, Wenbiao Shen et al. TaRLK-6A promotes Fusarium crown rot resistance in wheat. Journal of Integrative Plant Biology, 2024, 66(1):12-16.

### 2. Varieties

★ Zhongmai801, Approved by Shaanxi, Breeders: Youzhi Ma, Yongbin Zhou, Zhaoshi Xu et al, October 28, 2024.

★ Zhongmai 8729, Approved by Hebei, Breeders: Yongbin Zhou, Youzhi Ma, Zhaoshi Xu et al, January 11, 2024.

★ Zhongmai 967, Approved by Hebei, Breeders: Yongbin Zhou, Youzhi Ma, Zhaoshi

Xu, et al, January 11, 2024.

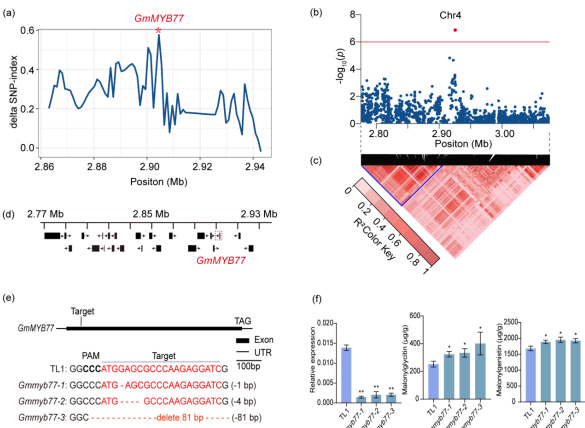
★ Zhongmai 886, Approved by Hebei,

Breeders: Zengyan Zhang, Xuening Wei, Xi-  
uliang Zhu et al, January 11, 2024.

(十七) 大豆新基因资源设计与创制团队

针对大豆产业发展面临的优异基因资源缺乏、高产优质品种不足等核心科学问题，围绕大豆高产优质新基因资源设计与创制研究方向，主要开展大豆高产、优质等重要性状关键基因挖掘与遗传解析，优异多基因聚合，新种质创制与新品种培育等工作。本年度克隆调控异黄酮积累的 *GmMYB77* 等基因 3 个，并解析其遗传机制，相关研究成果在 *Plant Biotechnology Journal* 等国际主流期刊上发表 SCI 论文 4 篇，其中影响因子大于 10 的论文 1 篇。采用 HPLC-

MS/MS 结合分子标记辅助育种技术，从 3000 余份大豆种质中鉴定出叶酸含量超 3000 $\mu$ g/100g 的高叶酸种质 1 份。采用大豆抗病分子设计育种技术，鉴定出高抗疫霉根腐病种质 5 份，抗炭腐病种质 2 份，抗拟茎点种腐病种质 4 份。审定大豆新品种 1 个，授权植物新品种权 1 项，申请植物新品种权 10 项，获 PCT 专利 1 项。2024 年高油高产大豆品种中黄 203 在河北省无极县万亩方实打实收亩产 322.7 公斤，实现了黄淮海地区高油高产大豆密植（2.8 万株 / 亩）高产突破。



*GmMYB77*负向调控大豆异黄酮积累



高油大豆中黄203高产示范田

团队负责人	孙君明
团队成员	李斌、张晟瑞、李静
在站博士后	刘艺田、Ahmed Abdelghany
在读博士研究生	10 人
在读硕士研究生	6 人

## 1. 重要研究进展

(1) 阐明 *GmMYB77* 转录因子调控大豆异黄酮积累的分子机制。大豆是重要的粮饲兼用和油料作物，富含异黄酮、叶酸、维生素 E、皂苷等多种生物活性物质。其中，异黄酮作为重要的生物活性物质，在人体中具有抗氧化、抗肿瘤等作用。目前，异黄酮合成代谢途径中的关键合成酶相对清楚，但合成代谢调控网络尚不明确。该研究利用 1551 份来自我国不同生态区的大豆种质的两年三点精准鉴定的异黄酮表型数据结合重测序基因型数据，鉴定到一个与异黄酮积累相关的基因 *GmMYB77*。该基因编码的转录因子通过与 4 个异黄酮关键合成酶基因启动子结合并下调其表达水平，负向调控叶片和籽粒中异黄酮积累。单倍型分析发现，*GmMYB77* 的 Hap-P2 单倍型显著抑制该基因表达水平，并最终导致异黄酮含量升高，为高异黄酮的优异单倍型。进一步研究表明，敲除该基因可以将大豆籽粒中的总异黄酮含量提高 15%，特别是异黄酮重要组分丙二酰基黄豆甙含量可提高 58% 以上，该研究为未来大豆异黄酮分子育种改良提供了可选择的基因资源和理论基础。以上研究结果发表在 *Plant Biotechnology Journal* 期刊上。

(2) 高油高产大豆中黄 203 实现百亩方亩产 322.7 公斤。2024 年 10 月 15 日，中国农业科学院作物科学研究所河北省石家庄市无极县七汲镇小吕村组织专家组，依据《高油高产大豆测产验收办法》，对 100 亩“中黄 203”大豆高产示范田进行实收测产，该示范田亩株数 2.8 万株，实测亩产达到 322.7 公斤，创造黄淮海地区高油高产大豆密植高产纪录。该品种 2023 年通过国家审定。含油量达到 22.25%，为高油品种。该品种实现黄淮海地区大豆种植的多项突破：一是耐密性突破，黄淮海地区高油

高产大豆种植密度首次超过 2.8 万株 / 亩，而且直立不倒，百粒重达 24g，在田间表现出智慧调节能力，根据亩密度的不同，植株的分枝数和株型结构会自动调整，以适应不同的种植密度，实现了高油高产大豆智慧理想株型的新突破。二是高产性突破，百亩方中，3.83 亩实打实收产量突破 320 公斤，20.4 亩实打实收产量达到 280 公斤，实现了黄淮海地区高油高产大豆大面积密植高产突破。三是抗逆性突破，即使在黄淮海地区前期干旱、后期阴雨寡照、一年两熟、麦茬播种、生育期短等不利情况下，中黄 203 依然实现密植高产稳产，表现出很好的耐逆高产稳产特性。四是大豆高产优质分子聚合育种突破，该品种聚合高产、高油、高异黄酮、低豆腥味 (*lox2*) 等 10 余个高产优质基因，实现了高产优质的协同提高。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yitian Liu, Shengrui Zhang, Jing Li, Azam Muhammad, Yue Feng, Jie Qi, Dan Sha, Yushui Hao, Bin Li, Junming Sun. An R2R3-type MYB transcription factor, *GmMYB77*, negatively regulates isoflavone accumulation in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(3):824-838. doi:10.1111/pbi.14541.

[2] Jing Li, Yecheng Li, Kwodwo Agyenim-Boateng, Abdulwahab Saliu Shaibu, Yitain Liu, Yue Feng, Jie Qi, Bin Li, Shengrui Zhang, Junming Sun. Natural variation of domestication-related genes contributed to latitudinal expansion and adaptation in soybean. *BMC Plant Biology*, 2024, 24(1):651. doi:10.1186/s12870-024-05382-0.

### (2) 专利

[1] 大豆 C2H2 型锌指蛋白类转录因子

GmZFP7 和 / 或其基因在调控异黄酮方面的应用, PCT 号 : PCT/CN2023/094563, 完成人 : 孙君明、李斌、张晟瑞、冯岳、李静、裴睿丽、田玲。公开号 : WO2024/037075, 公告日期 : 2024 年 2 月 22 日。

### (3) 审定品种

[1] 中黄 110, 北京市作物品种审定委员会审定, 审定编号 : 京审豆 20240001, 主要育成  
人 : 孙君明、李斌、张晟瑞、李静, 审定日期 :  
2024 年 5 月 7 日。



## Soybean Novel Gene Resource Engineering Group

In response to core scientific issues facing the soybean industry, such as a lack of excellent genetic resources and insufficient high-yield, high-quality varieties, the group has focused on designing and creating novel gene resources for high-yield and high-quality soybeans, which includes the identification and genetic analysis of key genes for important traits like high yield and quality, the integration of superior multi-genes, the creation of novel germplasm, and the breeding of novel varieties. This year, the group has cloned three genes regulating isoflavone accumulation, including GmMYB77, and analyzed their genetic mechanisms. Four SCI papers were published in international mainstream journals such as *Plant Biotechnology Journal*, one of which had an impact factor greater than 10. Based on HPLC-MS/MS combined with molecular marker-assisted breeding technology, one high-folate germplasm with folate content exceeding 3000 $\mu$ g/100g was identified from over 3000 soybean germplasms. Utilizing soybean disease-resistant molecular design breeding technology, five germplasms resistant to *Phytophthora* root rot, two resistant to charcoal rot, and four resistant to *Phoma* stem blight were identified. One new soybean variety was approved, one plant variety right was authorized, ten plant variety rights were applied for, and one PCT patent was obtained. In 2024, the

high-oil, high-yield soybean variety Zhonghuang 203 achieved an actual yield of 322.7 kg per mu in a 100-mu plot in Wuji County, Hebei Province, breaking the high-yield record for high-oil, high-yield soybeans in the Huang-Huai-Hai region under high-density planting (28,000 plants per mu).

Group Leader: Junming Sun

Group Members: Bin Li, Shengrui Zhang, Jing Li

Postdoctoral Fellows: Yitian Liu, Ahmed Abdelghany

### 1.2 Selected Publications

★ Yitian Liu, Shengrui Zhang, Jing Li et al. An R2R3-type MYB transcription factor, Gm-MYB77, negatively regulates isoflavone accumulation in soybean *Glycine max* (L.). *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(3):824-838.

★ Jing Li, Yecheng Li, Kwodwo Agyenim-Boateng et al. Natural variation of domestication-related genes contributed to latitudinal expansion and adaptation in soybean. *BMC Plant Biology*, 2024, 24(1):651.

### 2. Varieties

Zhonghuang110, Approved Beijing, Breeders: Junming Sun, Bin Li, Shengrui Zhang et al., May 7, 2024.

### 研究方向五：作物重大品种培育与应用

基于优异基因资源的创新成果，集成基因编辑、转基因、全基因组选择、智能设计等前沿技术，与大数据、人工智能技术交叉融合（BT+IT），结合基因组加速育种、单倍体育种、分子标记选择等技术，构建农作物高效智能育种技术体系；综合利用优异基因转移、多基因聚合等手段，创制了创制遗传背景清晰、目标性状突出、综合性状优良的育种新材料；突破规模化测试技术，通过多环境网络测试和区域试验，培育水稻、小麦、玉米和大豆等作物突破性新品种，并研发相应的制种、加工与田间栽培管理等产业化技术，为新一轮品种更新换代提供种源和技术支撑。



刘录祥 研究员  
小麦高产品种创制  
团队负责人



何中虎 研究员  
小麦优质品种创制利用  
团队负责人



黎亮 研究员  
玉米品种创制利用团队  
负责人



孙 石 研究员  
大豆品种创制利用团队  
负责人

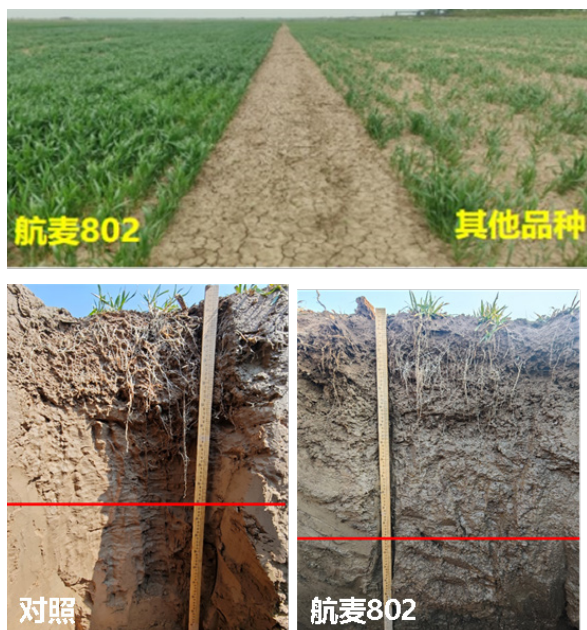


王文生 研究员  
水稻品种创制利用团队  
负责人

### (十八) 小麦高产品种创制与应用团队

围绕我国小麦产业高质量发展对高产绿色耐逆重大新品种的需求，综合利用高效诱变、分子设计、快速育种等技术，重点开展诱变机理解析、功能基因克隆、新材料创制、新品种培育、高产高效栽培技术研发等研究。本年度育成了国审高产小麦新品种航麦 819；克隆了抽穗期调控基因 *FT1*，并解析了分子作用机理；克隆了调控小麦粒型的新基因 *RGI*，明确了该基因的优异单倍型，相关研究成果发表在 *Plant Biotechnology Journal*、*The Crop Journal* 等期刊上。

耐盐高产优质小麦新品种航麦 802 示范种植效果显著。在山东东营 10 亩方平均盐碱度为 3.32‰ 的土壤条件和全生育期不浇水的条件下，航麦 802 表现出全生育期一级耐盐，实打验收亩产达 497.87 公斤，比对照品种增产显著，被农业农村部全国农技推广中心认定为全国耐盐小麦，加速示范应用；小麦外显子突变体库累计为国内外小麦研究人员提供分享利用 700 余次，为小麦基因组研究和育种应用提供重要材料基础。



耐盐小麦航麦802盐碱地生长状况



高产广适小麦新品种航麦819

团队负责人	刘录祥
团队成员	郭会君、谢永盾、熊宏春、常旭虹
在站博士后	周春云、林靖辰
在读博士研究生	5 人
在读硕士研究生	22 人

## 1. 重要研究进展

(1) 耐盐高产优质小麦新品种航麦 802 示范种植效果显著。在山东东营 10 亩方平均盐碱度为 3.32‰ 的土壤条件和全生育期不浇水的条件下, 航麦 802 表现出全生育期一级耐盐, 实打验收亩产达 497.87 公斤, 比对照品种增产显著。在 3.5‰~4.5‰ 的盐分条件下, 航麦 802 的播种出苗率、土壤返盐期成活率及灌浆期根系活力均显著高于当地主导品种; 在拔节和开花期, 航麦 802 分蘖成穗率较对照品种分别提高 8.3% 和 10.2%, 地上部干物质积累量分别提高 12.9% 和 16.4%, 净光合速率分别提高 13.2% 和 17.8%, 总根长、次生根、根表面积等根系指标显著高于对照品种。2024 年 5 月被农业农村部全国农技推广中心认定为全国耐盐小麦, 加速示范应用。

(2) 小麦新品种培育与推广应用及突变体库创制取得重要进展。育成高产小麦新品种航麦 819, 该品种株型紧凑, 抗倒伏性好, 成穗率高, 在区域和生产试验中比对照品种增产 4.35%~5.49%, 2024 年通过国家北部冬麦区审定。育成的高产广适小麦新品种航麦 106 是目前膳食纤维含量最高的品种之一, 且综合抗病性、抗倒伏、抗寒性突出, 连续三年在新疆实收测产亩产超过 800 公斤, 正在新疆加速推广应用。鲁原 502、航麦 802 和航麦 247 等本年度推广应用面积 200 多万亩, 助力农民增产增收。构建的小麦外显子突变体基因库继续扩大应用, 持续服务于小麦功能基因和育种研究, 累计为国内外小麦研究人员提供分享利用 700 余次, 为小麦功能基因组和育种应用研究提供新基因资源。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yuting Li, Hongchun Xiong, Huijun Guo,

Yongdun Xie, Linshu Zhao, Jiayu Gu, Huiyuan Li, Shirong Zhao, Yuping Ding, Chunyun Zhou, Zhengwu Fang, Luxiang Liu. A gain-of-function mutation at the C-terminus of FT-D1 promotes heading by interacting with 14-3-3A and FDL6 in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(1):20-35. doi:10.1111/pbi.14474.

[2] Chunyun Zhou, Hongchun Xiong, Yong Jia, Huijun Guo, Meiyu Fu, Yongdun Xie, Linshu Zhao, Jiayu Gu, Huiyuan Li, Yuting Li, Peiyong Xin, Jinfang Chu, Chengdao Li, Luxiang Liu. Identification of a von Willebrand factor type A protein affecting both grain and flag leaf morphologies in wheat. *Science China Life Sciences*, 2024, 67(10):2283-2286. doi: 10.1007/s11427-024-2629-1.

[3] Tingting Dong, Hongchun Xiong, Huijun Guo, Yongdun Xie, Linshu Zhao, Jiayu Gu, Huiyuan Li, Shirong Zhao, Yuping Ding, Xiyun Song, Luxiang Liu. The gene encoding flavonol synthase contributes to lesion mimic in wheat. *The Crop Journal*, 2024, 12(3):814-825. doi: 10.1016/j.cj.2024.03.006.

[4] Xin Chen, Hongchun Xiong, Huijun Guo, Shihua Chen, Linshu Zhao, Yongdun Xie, Jiayu Gu, Shirong Zhao, Yuping Ding, Huiyuan Li, Qingguo Wang, Luxiang Liu. Mapping and identification of a reverse mutation of Rht2 that enhances plant height and thousand grain weight in an elite wheat mutant induced by space-flight. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 207:108425. doi:10.1016/j.plaphy.2024.108425

[5] Qiushi Wang, Jiaxing Bai, Hongchun Xiong, Yongdun Xie, Chaojie Wang, Jiayu Gu, Linshu Zhao, Huiyuan Li, Jinfeng Zhang, Shi-



rong Zhao, Yuping Ding, Zhengwu Fang, Huijun Guo, Luxiang Liu. Fine mapping of two recessive genes TaFLA1 and TaSPL8 controlling flag leaf angle in bread wheat. *The Crop Journal*, 2024, 12:1159-1167. doi: 10.1016/j.cj.2024.06.001.

[6] Jiaying Bai, Huijun Guo, Hongchun Xiong, Yongdun Xie, Jiayu Gu, Linshu Zhao, Shirong Zhao, Yuping Ding, Luxiang Liu. Strigolactone and abscisic acid synthesis and signaling pathways are enhanced in the wheat oligo-tillering mutant ot1. *Molecular Breeding*, 2024, 44(2):12. doi:10.1007/s11032-024-01450-3.

#### (2) 专利

SEQ ID NO.1 所示序列在作为小麦矮秆基因 Rht8 调控小麦株高方面的用途及其分子标记与应用, 授权专利号: ZL 2022 1 0067702.6, 完成人: 刘录祥、熊宏春、周春云等, 公告日期: 2024 年 3 月。

#### (3) 植物新品种权

[1] 航麦 106, 品种权号: CNA20221007285, 完成人: 刘录祥、赵林姝、谢永盾等, 授权公告日期: 2024 年 4 月。

#### (4) 审定品种

[1] 航麦 819, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审麦 20241061, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024 年 6 月 4 日;

[2] 中麦 98, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审麦 20243064, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024 年 6 月 4 日;

[3] 中麦 100, 天津市农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审麦 20240006, 主要育成: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024 年 4 月 26 日。



## Wheat Yield Improvement and Application Group

To meet the demand for new wheat varieties that are high-yielding, high-quality and stress-resistant to support food security, the group mainly focuses on elucidating mutagenesis mechanisms, cloning functional genes, creating novel wheat lines, developing new wheat varieties, and the high-yield and high-efficiency cultivation techniques. This year, the research group established a high efficient carbon-ion-beam-induced wheat mutagenesis technique, cloned 2 key genes controlling yield-related traits (FT1 and RG1), published 6 SCI papers in elite journals such as *Plant Biotechnology Journal*, and *The Crop Journal*, identified more than 20 elite wheat mutant lines with enhanced salt tolerance or drought resistance, obtained 1 plant variety rights, nationally released a high-yielding wheat variety; and the developed wheat variety has been promoted and applied to over 2 million mu.

Group Leader: Luxiang Liu

Group Members: Huijun Guo, Yongdun Xie, Hongchun Xiong, Xuhong Chang

Postdoctoral Fellows: Chunyun Zhou, Jingchen Lin

### 1. Selected Publications

★ Yuting Li, Hongchun Xiong, Huijun Guo et al. A gain-of-function mutation at the C-terminus of FT-D1 promotes heading by interacting with 14-3-3A and FDL6 in wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 23(1):20-35.

★ Chunyun Zhou, Hongchun Xiong, Yong

Jia et al. Identification of a von Willebrand factor type A protein affecting both grain and flag leaf morphologies in wheat. *Science China Life Sciences*, 2024, 67(10):2283-2286.

★ Tingting Dong, Hongchun Xiong, Huijun Guo et al. The gene encoding flavonol synthase contributes to lesion mimic in wheat. *The Crop Journal*, 2024, 12(3):814-825.

★ Xin Chen, Hongchun Xiong, Huijun Guo et al. Mapping and identification of a reverse mutation of Rht2 that enhances plant height and thousand grain weight in an elite wheat mutant induced by spaceflight. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2024, 207:108425.

★ Qiushi Wang, Jiaying Bai, Hongchun Xiong et al. Fine mapping of two recessive genes TaFLA1 and TaSPL8 controlling flag leaf angle in bread wheat. *The Crop Journal*, 2024, 12:1159-1167.

★ Jiaying Bai, Huijun Guo, Hongchun Xiong et al. Strigolactone and abscisic acid synthesis and signaling pathways are enhanced in the wheat oligo-tillering mutant ot1. *Molecular Breeding*, 2024, 44(2):12.

### 2. Varieties

Hangmai819, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS, June 4, 2024.

★ Zhongmai98, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS, June 4, 2024.

★ Zhongmai100, Approved by Tianjin, Breeders: ICS-CAAS, April 26, 2024.

**（十九）小麦优质品种创制与利用团队**

针对缺乏高效营养品质性状评价方法与分子标记等问题，开展了小麦品质评价方法与育种可用分子标记发掘验证、新品种培育与推广工作。建立了小麦加工品质吸水率等关键性状的 NIR 高通量鉴定平台，改进了戊聚糖含量等 3 个营养品质性状的表型鉴定方法，发掘育种可用标记 9 个，选育功能性小麦新品系 3 个。在 Journal of Integrative Plant Biology 和 LWT-

Food Science and Technology 等国际期刊发表 SCI 论文 12 篇，获植物新品种保护权 2 项，审定品种 8 个，其中国审品种 3 个。2024 年小麦新品种累计推广 1642 万亩，其中中麦 578 推广面积 942 万亩，居全国第 4 位，订单收购量 110 万吨、居全国首位。引进国际小麦种质 800 份，在国外召开中巴小麦分子育种研讨会、非洲—中国 -CIMMYT 作物科学高层论坛。



优质强筋高产小麦新品种中麦578

团队负责人	何中虎
团队成员	张勇、郝元峰、刘金栋、张宏军
在站博士后	谢丽娜、许小宛
在读博士研究生	17 人
在读硕士研究生	5 人

## 1. 重要研究进展

(1) 阐明协同调控谷类作物种子贮藏蛋白与淀粉积累、突破产量-品质矛盾的分子机制。谷物种子中贮藏蛋白与淀粉共同决定其产量和品质，两者在合成过程中存在物质与能量竞争，形成产量-品质的权衡关系。已解析了玉米、水稻和小麦中种子贮藏蛋白与淀粉合成的转录调控网络，鉴定出一批核心转录因子（如 O2/PBF、NAC、ABI、bZIP 等）在三种作物中的功能保守性与特异性，揭示了其通过调控 *PPDK*、*AGPase*、*GBSS* 等关键酶基因实现碳氮代谢的协同调控机制。研究进一步提出以顺式元件筛选结合转录因子、结合组学数据整合分析等策略，挖掘新的协调调控因子，为破解产量与品质提升的“跷跷板”关系提供理论依据和基因资源。该研究已发表在 *Journal of Integrative Plant Biology*。

(2) 解析籽粒锌铁含量形成的遗传基础，开发可用于小麦生物强化的分子标记。以 Zhou 8425B/Chinese Spring 为亲本构建的重组自交系群体为材料，定位到 3 个稳定控制籽粒锌含量 (GZnC) 的 QTL，分别位于染色体 3BL、5AL 和 5BL，全部优异等位基因来源于 Chinese Spring。这些 QTL 分别解释了 8.7%、5.8% 和 7.1% 的表型变异，且在 125 份小麦品种中利用 KASP 标记得到验证。进一步分析表明，这些优异等位基因在传统地方品种中频率较高，但在现代品种中频率显著下降。还在 4BS 和 4DS 定位到两个稳定的籽粒铁含量 (GFeC) QTL，分别与株高主效基因 *Rht-B1a* 和 *Rht-D1a* 位置相同。该研究为小麦锌铁营养强化提供了重要的 QTL 资源和可应用的分子标记工具，推动了中国地方品种向营养强化育种材料的转化。

(3) 优质强筋高产小麦新品种中麦 578 推广面积持续加大。中麦 578 通过了黄淮南片和

黄淮北片两个区域的国家审定和新疆南疆审定，适宜在河南、山东、河北、安徽和江苏北部、陕西、山西、新疆等 8 个小麦主产省区种植，连续 3 年入选农业农村部主导品种，已累计推广 2340 万亩，其中本年度推广面积 942 万亩，居全国第四位；万亩方实收 518 亩，平均亩产 701.1 公斤，创一年两熟区优质强筋小麦大面积高产纪录。2021—2024 年，益海嘉里、河北金沙河等全国知名面业累计订单收购中麦 578 超 230 万吨，其中 2024 年订单收购 110 多万吨，优质优价为农民增收 2 亿元。中麦 578 的大面积高产种植与推广情况被央视新闻和新华社分别两次报道。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Shuanghe Cao, Bingyan Liu, Desen Wang, Awais Rasheed, Lina Xie, Xianchun Xia, Zhonghu He. Orchestrating seed storage protein and starch accumulation toward overcoming yield-quality trade-off in cereal crops. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66: 468-483. doi: 10.1111/jipb.13633.

[2] Rabi Sani Shawai, Weifei Tian, Siyang Liu, Xue Gong, Jindong Liu, Shuanghe Cao, Yong Zhang, Zhonghu He. QTL mapping for wheat ferulic acid concentration using 50K SNP chip in a recombinant inbred line population of Zhongmai 578/Jimai 22. *Cereal Chemistry*, 2024, 101(6): 1345-1353. doi: 10.1002/cche.10835.

[3] Kaijie Xu, Zhaoxing Zhang, Wenfei Tian, Lei Zhi, Junliang Yan, Jun Yan, Chengyan Zheng, Yan Zhang, Yong Zhang, Zhonghu He. Comparative analysis of yield and quality traits in two elite Chinese wheat varieties under varied nitrogen fertilizations and environmental conditions. *Ce-*

real Chemistry, 2024, 101(5): 1-11. doi: 10.1002/cche.10816.

[4] Wenfei Tian, Lei Zhi, Tiantian Chen, Xue Gong, Yan Zhang, Zhonghu He. Effects of pearling on proximate composition, dough rheology, bread-making quality and health-promoting components of elite wheat cultivars. *LWT-Food Science and Technology*, 2024, 198(15): 115962. doi: 10.1016/j.lwt.2024.115962.

[5] Tiantian Chen, Xue Gong, Lei Zhi, Hongyu Zhang, Shuanghe Cao, Dan Liu, Cong Zhao, Yan Zhang, Jindong Liu, Zhonghu He, Yongjing Ni, Yong Zhang, Wenfei Tian. Arabinoxylan profiles in Chinese winter wheat: Novel QTL and molecular marker. *Journal of Cereal Science*, 2024, 120: 104021. doi: 10.1016/j.jcs.2024.104021.

[6] Lei Zhi, Xue Gong, Hongyu Zhang, Jindong Liu, Shuanghe Cao, Yong Zhang, Jun Yan, Wenfei Tian, Zhonghu He. Identification of QTL for alkylresorcinols in wheat and development of KASP markers for marker-assisted selection of health-promoting varieties. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2024, 72(31): 17675-17683. doi: 10.1021/acs.jafc.4c04674.

[7] Humaira Qayyum, Wenfei Tian, Xue Gong, Lei Zhi, Ali Raza, Xianchun Xia, Jingying Gou, Zhonghu He, Awais Rasheed. Modern wheat varieties demonstrated higher grain yield and health-promoting ferulic acid than old varieties in Pakistan. *ACS Food Science & Technology*, 2024, 4(11): 2699-2706. doi: 10.1021/acsfoodscitech.4c00617.

[8] Wenfei Tian, Xue Gong, Maria Itria Ibba, Govindan Velu, Shuanghe Cao, Jindong Liu,

Zhonghu He. Variation of the ferulic acid concentration and kernel weight in CIMMYT bread wheat germplasm and selection of lines for functional food production. *LWT-Food Science and Technology*, 2024, 195(1): 115829. doi: 10.1016/j.lwt.2024.115829.

[9] Mengjing Sun, Jingyang Tong, Yan Dong, Zongjun Pu, Jianmin Zheng, Yelun Zhang, Xueyong Zhang, Chenyang Hao, Xiaowan Xu, Qiang Cao, Awais Rasheed, Mohamed Badry Ali, Shuanghe Cao, Xianchun Xia, Zhonghu He, Zhongfu Ni, Yuanfeng Hao. Molecular characterization of QTL for grain zinc and iron concentrations in wheat landrace Chinese Spring. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024: 137(7). doi: 10.1007/s00122-024-04661-6.

[10] Qiang Cao, Zhanwang Zhu, Dengnan Xu, Jianhui Wu, Xiaowan Xu, Yan Dong, Yingjie Bian, Fugong Ding, Dehui Zhao, Yang Tu, Ling Wu, Dejun Han, Caixia Lan, Xianchun Xia, Zhonghu He, Yuanfeng Hao. Characterization of a 4.1 Mb inversion harboring the stripe rust resistance gene YR86 on wheat chromosome 2AL. *The Crop Journal*, 2024, 12(4): 1168-75. doi: 10.1016/j.cj.2024.05.011.

[11] Samar Naseer, Mengjing Sun, Bushra Bibi, Humaira Qayyum, Muhammad Ramzan Khan, Chenyang Hao, Xueyong Zhang, Yuanfeng Hao, Awais Rasheed, Zhonghu He. Transcriptomics of developing grains reveals putative candidate genes for grain zinc and iron in bread wheat cultivar Zincol-2016. *Journal of Cereal Science*, 2024, 118. doi: 10.1016/j.jcs.2024.103966.

## (2) 植物新品种权

[1] 轮选 1212, 品种权号: CNA2020100

1689, 完成人:中国农业科学院作物科学研究所,唐山市农作物种子站, 授权公告日期:2024 年 10 月 10 日;

[2] 轮选 1216, 品种权号:CNA20201001688, 完成人:中国农业科学院作物科学研究所,唐山市农作物种子站, 授权公告日期:2024 年 10 月 10 日。

### (3) 审定品种

[1] 中麦 30, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号:国审麦 20241064, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期:2024 年 6 月 4 日;

[2] 中麦 37, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号:国审麦 20243057, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所、河北金城种业有限责任公司, 审定日期:2024 年 6 月 4 日;

[3] 中麦 38, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号:国审麦 20241050, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所、河北金城种业有限责任公司, 审定日期:2024 年 6 月 4 日;

[4] 中麦 39, 河北省农作物品种审定委员会,

审定编号:冀审麦 20240026, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所、河北金城种业有限责任公司, 审定日期:2024 年 1 月 11 日;

[5] 中麦 30, 湖北省农作物品种审定委员会, 审定编号:鄂审麦 20241014, 主要育成:郝元峰、何中虎、王德森、阎俊、袁成国、张勇、张艳、李思敏、肖永贵、曹双河、陈新民、夏先春, 审定日期:2024 年 1 月 18 日;

[6] 轮选 928, 陕西省农作物品种审定委员会, 审定编号:陕审麦 20241011, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期:2024 年 10 月 28 日;

[7] 轮选 20, 河南省农作物品种审定委员会, 审定编号:豫审麦 20241033, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期:2024 年 8 月 5 日;

[8] 轮选 1218, 北京市农作物品种审定委员会, 审定编号:京审麦 20240004, 主要育成:中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期:2024 年 3 月 11 日。



## Wheat Quality Enhancement Breeding Group

Addressing the long-standing challenges of limited efficiency in nutritional quality evaluation and the lack of reliable molecular markers, our group has made substantial progress in developing and validating advanced methodologies for wheat quality assessment and breeding applications. We successfully established a NIR-based high-throughput identification platform capable of accurately evaluating key processing quality traits such as water absorption. Phenotypic evaluation methods for three major nutritional quality traits, including pentosan content (a major type of dietary fiber in wheat), have been optimized, significantly improving analytical precision and applicability. On the molecular side, nine breeding-applicable markers have been identified, and three novel functional wheat lines have been successfully developed. These advances have been complemented by strong research output: 12 SCI-indexed papers have been published in leading international journals including *Journal of Integrative Plant Biology* and *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. Our breeding pipeline has also delivered practical outcomes, with two new plant variety rights granted and eight varieties officially approved, three of them at the national level. In 2024, the cumulative promotion area of new wheat cultivars reached 109.0 million hm<sup>2</sup>, of which Zhongmai 578 accounted for 62.8 million hm<sup>2</sup>—ranking fourth nationwide. The order-based procurement volume reached 1.1 million tons, securing the top national position. In parallel, we introduced over 800 international

wheat germplasms to further enrich breeding resources. International collaboration and visibility have also been significantly enhanced. We co-organized high-profile events such as the China–Pakistan Molecular Wheat Breeding Seminar and the Africa–China–CIMMYT High-Level Forum on Crop Science, strengthening global partnerships and establishing our group as a leader in the field of functional wheat research and innovation.

Group Leader: Zhonghu He

Group Members: Yong Zhang, Yuanfeng Hao, Jindong Liu, Hongjun Zhang

Postdoctoral Fellows: Lina Xie, Xiaowan Xu

### 1. Selected Publications

★ Shuanghe Cao, Bingyan Liu, Desen Wang et al. Orchestrating seed storage protein and starch accumulation toward overcoming yield–quality trade-off in cereal crops. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66: 468–483.

★ Rabi Sani Shawai, Weifei Tian, Siyang Liu et al. QTL mapping for wheat ferulic acid concentration using 50 K SNP chip in a recombinant inbred line population of Zhongmai 578/Jimai 22. *Cereal Chemistry*, 2024, 101(6): 1345–1353.

★ Wenfei Tian, Lei Zhi, Tiantian Chen et al. Effects of pearling on proximate composition, dough rheology, bread-making quality and health-promoting components of elite wheat cultivars. *LWT-Food Science and Technology*, 2024, 198(15): 115962.

★ Tiantian Chen, Xue Gong, Lei Zhi et al. Arabinoxylan profiles in Chinese winter wheat: Novel QTL and molecular marker. *Journal of Cereal Science*, 2024, 120: 104021.

★ Lei Zhi, Xue Gong, Hongyu Zhang et al. Identification of QTL for alkylresorcinols in wheat and development of KASP markers for marker-assisted selection of health-promoting varieties. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2024, 72(31): 17675-17683.

★ Humaira Qayyum, Wenfei Tian, Xue Gong et al. Modern wheat varieties demonstrated higher grain yield and health-promoting ferulic acid than old varieties in Pakistan. *ACS Food Science & Technology*, 2024, 4(11): 2699-2706.

★ Mengjing Sun, Jingyang Tong, Yan Dong et al. Molecular characterization of QTL for grain zinc and iron concentrations in wheat landrace Chinese Spring. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024: 137(7).

★ Qiang Cao, Zhanwang Zhu, Dengan Xu

et ★ al. Characterization of a 4.1 Mb inversion harboring the stripe rust resistance gene YR86 on wheat chromosome 2AL. *The Crop Journal*, 2024, 12(4): 1168-75.

## 2. Varieties

★ Zhongmai30, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS, June 4, 2024.

★ Zhongmai37, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS and Hebei Jincheng Seed Industry Co., Ltd., June 4, 2024.

★ Zhongmai38, Approved by National Committee, Breeders: ICS-CAAS and Hebei Jincheng Seed Industry Co., Ltd., June 4, 2024.

★ Zhongmai39, Approved by Hebei, Breeders: ICS-CAAS and Hebei Jincheng Seed Industry Co., Ltd., January 11, 2024.

★ Zhongmai30, Approved by Hubei, Breeders: Yuanfeng Hao, Zhonghu He, Desen Wang et al, January 18, 2024.

## （二十）玉米品种创制与利用团队

针对我国玉米主产区耐密宜机收品种匮乏、育种效率低、育种与栽培脱节等问题，围绕早熟耐密抗倒宜机收品种培育和高效栽培措施研究方向，主要开展玉米育种技术研究、育种新材料创制、优良新品种培育和良种良法配套等工作。本年度多环境测试地点 35 个，小区总数超 10 万个，持续开展材料创制和品种培育；克隆玉米雄性不育、矮秆等基因 4 个，开发高密

度育种芯片 1 个，创制不同类型优良材料 36 份，建立了条耕秸秆还田等增产增效技术，大面积示范推广玉米密植精准调控技术，支撑国家玉米单产提升工程。相关研究成果在 *Science China Life Sciences*, *European Journal of Agronomy* 等期刊发表论文 7 篇，授权国家发明专利 2 项，植物新品种保护权 1 项，审定品种 4 个，入选 2024 年农业农村部农业主推技术 2 项。



中单 3217



中单 8921

团队负责人	黎亮
团队成员	王红武、胡小娇、李坤、李从峰、明博
在站博士后	高尚、张鹏鹏
在读博士研究生	9 人
在读硕士研究生	36 人

## 1. 重要研究进展

(1) 耐密宜机收材料创制和品种培育取得进展。持续开展耐密宜机收玉米新材料创制和品种选育工作。基于单核苷酸多态性 (SNP) 的基因分型阵列, 开发了一个能够全面反映玉米种质遗传多样性并适用于分子育种计划的 MaizeGerm50K 液相芯片。结合单倍体育种技术和分子标记辅助选择技术, 选育 CSSL02、CA2501 等矮秆玉米新材料 15 份, 授权植物新品种权 1 项。审定中单 3217、中单 3256、中单 866 和中单 8921 共 4 个品种, 完成生产试验品种 6 个, 晋级品种 (明年进入区二或生产试验) 16 个。其中国审品种中单 3217 适宜于北方极早熟区, 其早熟性和脱水能力突出, 是作科所在北方极早熟区审定的第一个玉米新品种, 对提升该地区良种自主率具有重要意义; 国审玉米新品种中单 8921, 株型半紧凑, 耐密抗倒, 收获期籽粒脱水快, 参加东华北中晚熟春玉米组区试, 两年区域试验平均比对照增产 6.0%。

(2) 建立条耕秸秆还技术和玉米密植高产精准调控技术模式。针对我国玉米生产普遍存在的秸秆还田难度大、播种质量差、群体结构不合理等问题, 建立条耕秸秆还田增产增效技术, 轻简、高效、绿色, 增产增收效果显著。2024 年在东北和黄淮海区的 16 地进行较大范围的示范应用, 与当地传统种植方式相比, 显著提高了玉米出苗率和群体质量, 平均增产 7.5% ~ 16%, 节本增收 100-150 元 / 亩。建立了玉米密植高产精准调控技术模式, 通过大幅度增密结合滴灌水肥精准调控管理, 破解密植群体内个体竞争加剧导致发育失衡的关键问题。针对各产区生产问题创新管理模式促进密植精准调控技术落地, 2024 年在全国主产区推广 4500 万亩, 刷新多项规模化种植玉米产量纪录, 新疆伊犁百万亩连片产区单产突破 1165 公斤。

## 2. 科研产出清单

### SCI 论文

[1] Honghui Guan, Yaxuan Lu, Xinchun Li, Bei Liu, Yongxiang Yi, Dengfeng Zhang, Xuyang Liu, Guanhua He, Yu Li, Hongwu Wang, Tianyu Wang, Chunhui Li. Development of a MaizeGerm50K array and application to maize genetic studies and breeding. *The Crop Journal*, 2024, 12(6): 1686-1696. doi:10.1016/j.cj.2024.09.014.

[2] Xin Zhang, Jidong Zhang, Yunling Peng, Xun Yu, Lirong Lu, Yadong Liu, Yang Song, Dameng Yin, Shaogeng Zhao, Hongwu Wang, Xiuliang Jin, Jun Zheng. QTL mapping of maize plant height based on a population of doubled haploid lines using UAV LiDAR high-throughput phenotyping data. *Journal of Integrative Agriculture*. 2024. doi:10.1016/j.jia.2024.09.004.

[3] Zhijie Jia, Xinlong Zhang, Hongye Yang, Yuan Lu, Jiale Liu, Xun Yu, Dayun Feng, Kexin Gao, Jianfu Xue, Bo Ming, Nie Chenwei, Li Shaokun. Comparison and Optimal Method of Detecting the Number of Maize Seedlings Based on Deep Learning. *Drones*. 2024, 8(5):175. doi: 10.3390/drones8050175.

[4] Liqian Wu, Guoqiang Zhang, Zhenhua Yan, Shang Gao, Honggen Xu, Jiaqiang Zhou, Dianjun Li, Yi Liu, Ruizhi Xie, Bo Ming. Optimizing maize yield and resource efficiency using surface drip fertilization in huang-huai-hai: impact of increased planting density and reduced nitrogen application rate. *Agronomy*. 2024;14(5):944. doi: 10.3390/agronomy14050944.

[5] 李园, 范开建, 安泰, 李聪, 蒋俊霞, 牛皓, 曾伟伟, 衡燕芳, 李虎, 付俊杰等, 李

慧慧, 黎亮. 玉米自然群体自交系农艺性状的多环境全基因组预测初探. 植物学报. 2024;59(6): 1-13. doi:10.11983/CBB24087.

#### (2) 专利

[1] 一种玉米播种质量的评价方法及装置, 授权专利号: ZL 202210379981.X, 完成人: 张新龙、明博、李少昆、王克如、薛军、张国强、谢瑞芝、侯鹏, 公告日期: 2024 年 12 月 1 日;

[2] ZmD13 蛋白在调控玉米株高中的应用, 授权专利号: ZL 2022 1 0248548.2, 完成人: 胡小娇、张伟、蒋成功、王红武、李坤、刘小刚、黄长玲, 公告日期: 2024 年 3 月 1 日。

#### (3) 植物新品种权

[1] CSSL02, 品种权号: CNA20201005944, 完成人: 胡小娇、王红武、李坤、黄长玲、刘小刚、刘志芳、吴宇锦, 授权公告日期: 2024 年 12 月 26 日。

#### (4) 审定品种

[1] 中单 3256, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20243088, 审定日期:

2024 年 12 月 29 日;

[2] 中单 3217, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20243012, 审定日期: 2024 年 12 月 29 日;

[3] 中单 8921, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审玉 20242132, 审定日期: 2024 年 12 月 29 日;

[4] 中单 866, 内蒙古品种审定委员会审定, 审定编号: 蒙审玉 2024055 号, 主要育成者: 黎亮、衡燕芳、胡小娇、范开建、路亚明、何东伟、张智彬, 审定日期: 2024 年 6 月 28 日;

[5] 中糯 337, 云南省品种审定委员会审定, 审定编号: 滇审玉米 2024187 号, 主要育成者: 中国农业科学院作物科学研究所, 审定日期: 2024 年 11 月 14 日。

#### (5) 获奖成果

[1] 陈绍江、李建生、金危危、黎亮、宋同明、李浩川, “玉米单倍体育种高效技术体系创建及规模化应用” 获 2023 年度国家技术发明奖二等奖, 获奖日期: 2024 年 6 月。



## Maize Variety Innovation and Utilization Group

Addressing the challenges of insufficient mechanization harvestable maize varieties, low breeding efficiency, and the gap between breeding and cultivation in China's major maize production regions, our research group focuses on the development of mechanization harvestable variety with early-maturing, high-density-tolerance and lodging-resistance, and the corresponding cultivation management. Our work primarily involves breeding technology, germplasm innovation, variety development, and optimized agronomic practices. This year, we conducted yield trials in 35 multi-environmental testing sites involving over 100,000 experimental plots, cloned four maize genes including male sterility and dwarfing genes, developed one high-density genotyping chip, created 36 elite germplasm lines, established strip tillage with straw incorporation technology for yield enhancement, and demonstrated large-scale precision dense planting technology. These efforts resulted in seven publications in journals including Science China Life Sciences and European Journal of Agronomy, two granted national invention patents, one plant variety protection right, four certified varieties, and two technologies selected as 2024 Ministry of Agriculture and Rural Affairs recommended agricultural practices.

Group Leader: Liang Li

Group Members: Hongwu Wang, Xiaojiao Hu, Kun Li, Congfeng Li, Bo Ming

Postdoctoral Fellows: Shang Gao, Pengpeng Zhang

### 1. Selected Publications

★ Honghui Guan, Yaxuan Lu, Xinchun Li et al. Development of a MaizeGerm50K array and application to maize genetic studies and breeding. The Crop Journal, 2024, 12(6): 1686-1696.

★ Xin Zhang, Jidong Zhang, Yunling Peng et al. QTL mapping of maize plant height based on a population of doubled haploid lines using UAV LiDAR high-throughput phenotyping data. Journal of Integrative Agriculture. 2024.

### 2. Varieties

★ Zhongdan3256, Approved by National Committee, December 29, 2024.

★ Zhongdan3217, Approved by National Committee, December 29, 2024.

★ Zhongdan8921, Approved by National Committee, December 29, 2024.

★ Zhongdan866, Approved by Inner Mongolia, Breeders: Liang Li, Yanfang Heng, Xiaojiao Hu, et al, June 28, 2024.

★ Zhongnuo337, Approved by Yunnan, Breeders: ICS-CAAS, November 14, 2024.

### 2. Awards and Honors

Creation and Large-Scale Application of an Efficient Maize Haploid Breeding Technology System, the 2023 National Technology Invention Award (Second Class), June 2024.

### （二十一）大豆品种创制利用团队

针对我国大豆产业存在问题和种业发展需求，在对大豆光温、产量等重要育种性状遗传解析的基础上，创制优异大豆新材料，培育大豆新品种，开展良种良法配套，支撑大豆大面积单产提升。本年度育成大豆新品种 2 个，其中，中联豆 5046 是黄淮海产区审定的第 1 个转基因大豆新品种，高产品种中黄 331 通过国审，

区试平均亩产比对照增产 14%。中黄 301、中黄 319 良种良法配套在百亩、千亩示范方上创造亩产 300 公斤以上高产典型，中黄 301 年推广面积超 106 万亩。发表 SCI 论文 2 篇，利用 RUBY 标记系统实现大豆基因编辑的可视化与高效化，解析了 *GmYC4* 基因在调控生育期和提升磷氮吸收方面的作用机制，创制了改良株型的基因编辑新种质。



转基因大豆新品种—中联豆5046



高产新品种中黄331通过国审

团队负责人	孙石
团队成员	韩天富、吴存祥、侯文胜、韩粉霞、蒋炳军、徐彩龙、武婷婷、袁珊、陈莉、蔡宇鹏、秦超、朱玉鹏
在站博士后	许志永
在读博士研究生	13 人
在读硕士研究生	16 人

## 1. 重要研究进展

(1) 培育耐除草剂转基因大豆新品种中联豆 5046, 为转基因大豆产业化提供支撑。针对黄淮海地区没有耐除草剂转基因大豆品种, 通过回交转育、分子标记选择结合快速加代等技术, 育成耐草甘膦大豆新品种中联豆 5046, 为黄淮海生态区审定的首个转基因大豆新品种。耐 4 倍中剂量草甘膦, 抗花叶病毒病 3 号、7 号株系, 蛋白 42.00%, 脂肪 19.41%。两年区试平均亩产 228.7 公斤, 比对照增产 9.6%; 生试平均亩产 209.6 公斤, 比对照增产 7.4%。该品种的审定为黄淮海大豆产区耐除草剂转基因大豆产业化提供品种支撑。

(2) 育成高产多抗大豆新中黄 331, 助力大豆单产提升。针对产量、品质和抗性协同提升困难等问题, 通过早代测产、快速加代和网络化联合测试等, 育成高产多抗大豆新品种中黄 331, 两年国家区试平均亩产 220.2 公斤, 比对照增产 14.0%, 生试亩产 226.5 公斤, 比对照增产 23.6%, 位居第 1 位。蛋白 42.76%, 脂肪 20.37%, 蛋白质和脂肪 63.13%。抗大豆花叶病毒 SC3 和 SC7 株系, 株型收敛, 抗倒耐密, 不裂荚, 适宜机械化作业, 为黄淮海大豆大面积单产提升提供品种支撑。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Xiaoqian Liu, Yupeng Cai, Weiwei Yao,

Chen Li, Wensheng Hou. The soybean NUCLEAR FACTOR-Y C4 and  $\alpha$ -EXPANSIN 7 module influences phosphorus uptake by regulating root morphology. *Plant physiology*, 2024, 197(1):478. doi:10.1093/plphys/kiae478.

[2] Chen Li, Yupeng Cai, Xiaoqian Liu, Wenwen Yao, Shuiqing Wu, Wensheng Hou. The RUBY reporter for visual selection in soybean genome editing. *aBIOTECH*, 2024, 5(2):209-213. doi:10.1007/s42994-024-00148-6.

### (2) 审定品种

中联豆 5046, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审豆 (转) 20241001, 审定时间: 2024 年 9 月 30 日;

中黄 331, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审豆 20241016, 主要育人: 孙石、蒋炳军、王书平、孙学刚、韩宗礼、袁珊、马先进、韩天富、李春燕、武婷婷、岳鹏、吴存祥、曹基秋、张小燕、崔鲁宁、侯文胜、沈效红, 审定日期: 2024 年。

### (3) 获奖成果

[1] 神农英才: 吴存祥研究员; 等级: 省部级; 时间: 2024 年 9 月;

[2] 青年创新专项: 秦超助理研究员; 等级: 院级; 时间: 2024 年 11 月 27 日。

## Soybean Variety Innovation and Utilization Group

To address key challenges in China's soybean industry and the needs of seed industry development, the group focused on the genetic analysis of major agronomic traits such as photothermal response and yield. Key achievements of the year are as follows: Two new soybean varieties were developed, including Zhongliandou 5046—the first genetically modified soybean approved in the Huang-Huai-Hai region—and Zhonghuang 331, which showed a 14% yield increase in regional trials. High-yield cultivation models using Zhonghuang 301 and Zhonghuang 319 achieved over 300 Kg/mu in 100-mu and 1000-mu pilot plots, and the annual planting area of Zhonghuang 301 has exceeded 1.06 million mu. Additionally, the RUBY marker system enabled efficient and visualized gene editing, and functional analysis of the GmYC4 gene revealed its role in flowering time and nutrient uptake. A novel gene-edited germplasm with improved plant architecture was also created. These advances contribute to improved soybean productivity and provide valuable tools for future breeding efforts.

Group Leader: Shi Sun

Group Members: Cunxiang Wu, Wensheng Hou, Shan Yuan, Li Chen, Chao Qin

Postdoctoral Fellows: Zhiyong Xu

### 1. Selected Publications

★ Xiaoqian Liu, Yupeng Cai, Weiwei Yao et al. The soybean NUCLEAR FACTOR-Y C4 and  $\alpha$ -EXPANSIN 7 module influences phosphorus uptake by regulating root morphology. *Plant Physiology*, 2024, 197(1):478.

★ Chen Li, Yupeng Cai, Xiaoqian Liu et al. The RUBY reporter for visual selection in soybean genome editing. *aBIOTECH*; 2024, 5(2):209-213.

### 2. Varieties

★ Zhongliandou5046, Approved by National Committee, September 30, 2024.

★ Zhonghuang331, Approved by National Committee, Breeders: Shi Sun, Bingjun Jiang, Shuping Wang et al, 2024.

Awards and Honors

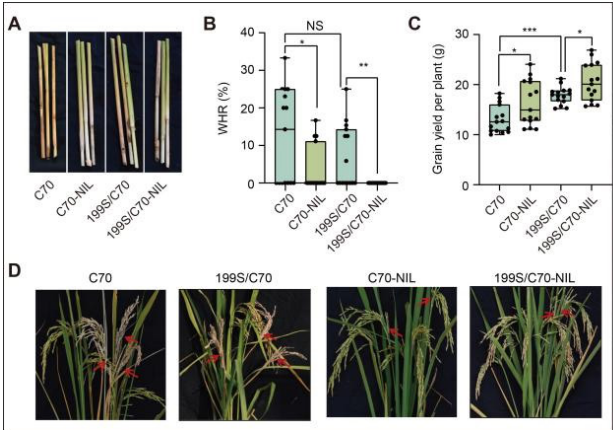
★ Shennong Talent Award, Cunxiang Wu, September 2024.



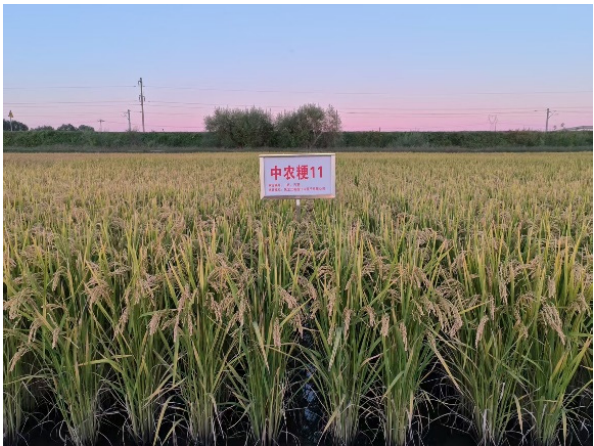
(二十二) 水稻品种创制利用团队

聚焦水稻种业发展的前沿科学问题，围绕优异基因挖掘、育种平台构建和新品种选育等研究方向，主要开展水稻抗逆抗病虫优异基因挖掘与分子功能解析、分子设计育种平台构建和高产优质多抗绿色超级稻新品种培育等工作。本年度克隆水稻抗白叶枯病、抗二化螟、抗稻纵卷叶螟、抗条纹叶枯病、抗旱、耐盐、耐热、

穗粒数等基因 9 个，相关研究成果在 *Science Bulletin*、*Plant Biotechnology Journal* 等期刊发表 SCI 论文 15 篇，授权国家发明专利 1 项、申请国家发明专利 7 项、植物新品种保护权 3 项、审定品种 6 个(其中国审 2 个)、登记不育系 1 个、创制耐逆抗病抗虫基因新种质 45 份，成果转化收入 330 万元。



首个水稻内源抗二化螟基因实现成果转化



高产抗倒粳稻新品种中农粳11的选育与推广应用

团队负责人	王文生
团队成员	徐建龙、傅彬英、周永力、赵秀琴、张帆、纪志远、刘大普
在站博士后	孙玥、刘晴、霍明月、Muhammad Sohaib Shafique
在读博士研究生	15 人
在读硕士研究生	20 人



## 1. 重要研究进展

(1) 高产抗倒粳稻新品种中农粳 11 的选育与推广应用。通过扩大亲本遗传背景，引入江苏中粳、云南高原粳稻和吉林粳稻与黑龙江早粳复合杂交育成的中农粳 11，2024 年通过黑龙江省审定，并获得品种权保护证书。该品种两年区试比对照平均增产 6.9%，生产试验增产 8.4%，表现高产、大穗，抗倒性强，百亩以上多点示范平均亩产 700 公斤以上，高产潜力突出。该品种以入门费 100 万元并按销售量每公斤 0.70 元的提成方式，独家转让给北大荒垦丰种业股份有限公司开发利用。

(2) 水稻抗虫基因的挖掘和育种利用。在二化螟重发区，评价了具有自主知识产权的抗二化螟基因 *SBR11* 的育种价值。育成优良恢复系 C70 背景近等基因系 (C70-SBR11) 的白穗率比对照 C70 减少 60% 以上，其与两系不育系杂交种的白穗率比对照杂交种减少 30% 以上，而且抗虫基因导入不改变 C70 原有的其他农艺性状，表明 *SBR11* 在水稻抗二化螟育种中具有重要利用价值。抗虫基因 *SBR11* 及抗虫新种质以 1100 万元和育成抗虫品种销售额 0.5% 的提成方式，独家转让给袁隆平农业高科技股份有限公司开发利用。

(3) 解析水稻平衡生长发育与抗旱性的新机制。针对水稻研究发现 *OsHHLH59* 通过 AS 可以产生分别编码 236 和 167 个氨基酸残基的 *OsHHLH59.1* 和 *OsHHLH59.2* 转录本，提出 *OsHHLH59* 在不同环境条件下通过 AS 产生不同的亚型，提出平衡植株生长和抗旱性的分子调控模型。群体遗传分析发现 *OsHHLH59* 在水稻驯化和育种过程中经历了亚种特异性选择。本研究结果体现了转录后调控在驱动新功能化中的重要作用，为水稻分子育种工作提供了有价值的基因资源。以上研究成果发表在 *Science*

*Bulletin* 期刊上。

(4) 克隆水稻抗细菌性条斑病新基因 *xa5*。针对华南稻区水稻细菌性条斑病频发的重要生产问题，建立了种质资源的病害抗性精准鉴定体系。综合利用 3KRG 基因型数据，从东南亚水稻种质定向克隆了广谱抗细菌性条斑病基因 *xa5*，揭示了病原菌—水稻协同进化的新机制。基于抗（感）病基因的变异特征，开发了 Indel、KASP 等多个类型的功能标记，显著提升了条斑病抗病育种效率，构建靶向 *xa5* 感病等位基因的基因编辑技术体系，研发了精准、高效创制高抗条斑水稻的新方法。以上研究发表在 *Plant Biotechnology Journal* 杂志上。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Min Ning, Qinyan Li, Ya Wang, Qing-mao Li, Yonghong Tao, Fan Zhang, Fengyi Hu & Liyu Huang. Alternative splicing drives the functional diversification of a bHLH transcription factor in the control of growth and drought tolerance in rice. *Science Bulletin*, 2025,70(2), 153-156.

[2] Ding Ren, Hui Liu, Xuejun Sun, Fan Zhang, Ling Jiang, Ying Wang, Ning Jiang, Peiwen Yan, Jinhao Cui, Jinshui Yang, Zhikang Li, Pingli Lu, Xiaojin Luo. Post-transcriptional regulation of grain weight and shape by the RBP-A-J-K complex in rice. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2024, 66:66-85.

[3] Muhammad Sohaib Shafique, Yapei Liu, Man Li, Hongjie Wang, Ruyi Su, Chunlian Wang, Zhiyuan Ji, Coevolution unveiled: Sulfate transporters mediate rice resistance and susceptibility to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(9):2632-2634.

[4] Ming Yin, Zhenzhen Zheng, Yue Zhang,

Shanweng Wang, Liyin Zuo, Yuxin Lei, Yaqiong Zhao, Xiuqin Zhao, Binying Fu, Shi Yingyao, Jianlong Xu, Wensheng Wang. Identification of key genes and pathways for anaerobic germination tolerance in rice using weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) in association with quantitative trait locus (QTL) mapping. *Rice*, 2024, 17:37.

[5] Yun Wang, Xiaoqian Wang, Laiyuan Zhai, Sundu Zafar, Congcong Shen, Shuangbing Zhu, Kai Chen, Wang Yun, Jianlong Xu. A novel Effective Panicle Number per Plant 4 haplotype enhances grain yield by coordinating panicle number and grain number in rice. *The Crop Journal*, 2024, 1:202-212.

[6] Yuanbao Lei, Yunjiang Zhang, Linyun Xu, Wendong Ma, Ziqi Zhou, Jie Li, Penyu Quan, Muhiuddin Faruquee, Dechen Yang, Fan Zhang, Yongli Zhou, Guangjun Quan, Xiuqin Zhao, Wensheng Wang, Bailong Liu, Zhikang Li, Jianlong Xu, Tianqing Zheng. Pedigree genome data of an early-matured Geng/japonica glutinous rice mega variety Longgeng 57. *Scientific Data*, 2024, 11(1): 230.

## (2) 植物新品种权

[1] 中农粳 11, 品种权号: CNA20191002411, 完成人: 徐建龙、郑天清、江祺祥、王龙平、黎志康、张帆、周永力、赵秀琴, 授权公告日期: 2024 年 4 月 12 日;

## (3) 审定品种

[1] 荃优 93, 国家作物品种审定委员会审定,

审定编号: 国审稻 20244009, 主要育成: 徐建龙、陈凯、王文生、朱双兵、申聪聪、曹国亮, 审定日期: 2024 年 9 月 14 日;

[2] 春 9 两优 16, 国家作物品种审定委员会审定, 审定编号: 国审稻 20243001, 主要育成: 徐建龙、陈凯、王文生、朱双兵、申聪聪、曹国亮, 审定日期: 2024 年 9 月 14 日;

[3] 中农粳 8 号, 黑龙江省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 黑审稻 2024L0027, 主要育成: 郑天清、徐建龙、王文生、张帆、周永力、赵秀琴, 审定日期: 2024 年 5 月 9 日;

[4] 中农粳 9 号, 黑龙江省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 黑审稻 2024L0104, 主要育成: 徐建龙、郑天清、王文生、张帆、周永力、赵秀琴, 审定日期: 2024 年 5 月 9 日;

[5] 中农粳 11, 黑龙江省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 黑审稻 2024L0028, 主要育成: 徐建龙、郑天清、王文生、张帆、周永力、赵秀琴, 审定日期: 2024 年 5 月 9 日;

[6] 中农粳 166, 黑龙江省农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 黑审稻 20240041, 主要育成: 周永力、张科、胡金友、段右强、王文生、戴立国、张校晗、李艳欣、张帆、郑天清、徐建龙, 审定日期: 2024 年 5 月 9 日;

[7] 饭晶 A, 广西壮族自治区农作物品种审定委员会审定, 审定编号: 桂农品审鉴(稻) 2024013 号, 主要育成: 纪志远、赵开军、王春连, 审定日期: 2024 年 2 月 6 日。

## Rice Variety Innovation and Utilization Group

Focusing on the cutting-edge scientific issues in rice seed industry development, the group research directions primarily revolve around excellent gene mining, breeding platform construction, and new variety development. Key efforts include the clone and molecular functional analysis of stress-resistant and pest-resistant genes in rice, the establishment of molecular design breeding platforms, and the development of GSR varieties. Key achievements of the year are as follows: Cloned nine genes for tolerance to abiotic or biotic stresses (e.g., bacterial blight, rice stem borer, rice leaf roller, rice stripe virus, drought, salt, heat, and panicle grain number). Published 15 SCI papers in international mainstream journals such as Science Bulletin, Plant Biotechnology Journal, among which 2 have an impact factor (IF) greater than 10. Obtained 1 plant variety rights and approved 7 rice varieties.

Group Leader: Wensheng Wang

Group Members: Jianlong Xu, Binying Fu, Yongli Zhou, Xiuqin Zhao, Fan Zhang, Zhiyuan Ji, Dapu Liu

Postdoctoral Fellows: Yue Sun, Qing Liu, Mingyue Huo, Muhammad Sohaib Shafique

### 1. Selected Publications

★ Min Ning, Qinyan Li, Ya Wang et al. Alternative splicing drives the functional diversification of a bHLH transcription factor in the control of growth and drought tolerance in rice. Science Bulletin, 2025, 70(2), 153-156.

★ Ding Ren, Hui Liu, Xuejun Sun et al. Post-transcriptional regulation of grain weight and shape by the RBP-A-J-K complex in rice. Journal of Integrative Plant Biology, 2024, 66:66-85.

★ Muhammad Sohaib Shafique, Yapei Liu, Man Li et al, Coevolution unveiled: Sulfate transporters mediate rice resistance and susceptibility to Xanthomonas oryzae pv. oryzicola. Plant Biotechnology Journal, 2024, 22(9):2632-2634.

★ Ming Yin, Zhenzhen Zheng, Yue Zhang et al. Identification of key genes and pathways for anaerobic germination tolerance in rice using weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) in association with quantitative trait locus (QTL) mapping. Rice, 2024, 17:37.

★ Yun Wang, Xiaoqian Wang, Laiyuan Zhai et al. A novel Effective Panicle Number per Plant 4 haplotype enhances grain yield by coordinating panicle number and grain number in rice. The Crop Journal, 2024, 1:202-212.

### 2. Varieties

★ Quanyou93, Approved by National Committee, Breeders: Jianlong Xu, Kai Chen, Wensheng Wang et al, September 14, 2024.

★ Zhongnonggeng8, Approved by Heilongjiang, Breeders: Tianqing Zheng, Jianlong Xu, Wensheng Wang et al, May 9, 2024.

★ Zhongnonggeng9, Approved by Heilongjiang, Breeders: Jianlong Xu, Tianqing Zheng, Wensheng Wang et al, May 9, 2024.

★ Zhongnonggeng166, Approved by Hei-

longjiang, Breeders: Yongli Zhou, Ke Zhang, Jin-you Hu et al, May 9, 2024.

★ FanjingA, Approved by Guangxi, Breed-

ers: Zhiyuan Ji, Kaijun Zhao, Chunlian Wang, February 6, 2024.

### 五大公共平台：

为助力实验室基因挖掘与品种培育，成立五大公共平台为作物遗传解析、育种优化与产业升级等提供重要保障。其中，基因组学技术公共平台以高通量测序为核心，构建多元技术服务体系，满足多样化研究需求；基因操作技术公共平台依托 CRISPR/Cas9 等基因编辑技术，针对种质短板培育新型种质；育种大数据技术公共平台聚焦传统育种数据与工具痛点，搭建智能平台并研发相关技术；品种测试网络技术公共平台打造全链条、广覆盖的测试网络，推动品种评价检测，进入审定或试验阶段；表型组学技术公共平台专注表型算法与设备研发，创建多个作物模型。



刘 君 研究员  
基因组学技术公共平台  
负责人



谢传晓 研究员  
基因操作技术公共平台  
负责人



李慧慧 研究员  
育种大数据技术公共平台  
负责人



肖永贵 研究员  
品种测试网络技术公共平台  
负责人



金秀良 研究员  
表型组学技术公共平台  
负责人



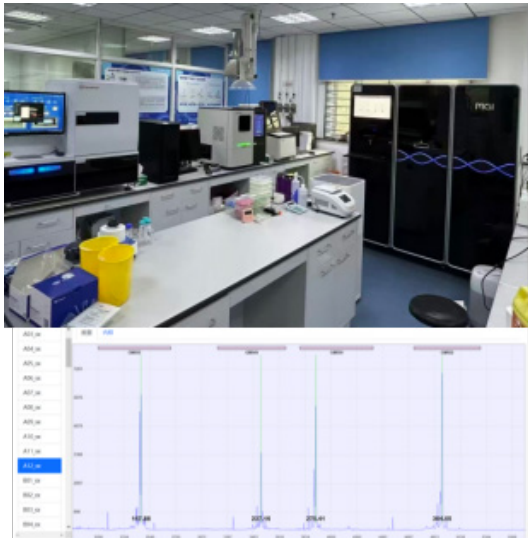
(二十三) 基因组学技术公共平台

基因组公共技术平台紧密围绕作物基因资源挖掘与精准育种需求，持续完善高通量测序技术服务体系。平台核心聚焦二代测序技术，已开发包括全基因组重测序、转录组测序、性状定位测序、全基因组转基因插入位点精准鉴定、基因编辑脱靶效应分析以及靶向测序在内的技术服务体系。全年二代测序检测超过 15000

份材料，产出超过 147TB 数据，为作物遗传变异解析、重要性状基因克隆、转基因生物安全评价及基因编辑技术应用提供了关键支撑。同时，平台稳定运行一代测序和 SSR 指纹图谱分析等技术体系，全年反应数超过 22 万个，满足克隆验证、小片段分析、品种鉴定及遗传多样性评估等多元化需求。



全基因组基因编辑靶点/脱靶效应分析技术体系



高通量测序及SSR指纹图谱分析技术体系

团队负责人	刘君
团队成员	张丽娜、巫祥云、孙莹璐、杨佳莹
在站博士后	王藩

## 1. 重要研究进展

(1) 聚焦二代测序技术开发，为作物遗传改良提供有力支撑。本年度基因组学平台开发了全基因组重测序、转录组测序、BSA-Seq、全基因组转基因插入位点检测、基因编辑脱靶分析、靶向测序等技术服务体系检测超过 15000 份材料，数据产出超过 147TB。依托上述技术体系，基因编辑脱靶分析支撑张春义团队在 *Molecular Plant* 上发表论文 1 篇；全基因组重测序技术支撑获取中国大麦种质资源微核心种质基因型变异，对群体结构、亲缘关系、基因流以及进化选择等问题展开研究；BSA-Seq 技术支撑克隆调控水稻穗发育基因；转录组测序技术分析支撑小麦株高近等基因系拔节期和灌浆期的茎秆目标区间内的差异表达基因。

(2) 稳定运行一代测序和 SSR 指纹图谱分

析等技术体系。一代测序完成约 22.4 万个反应，包括 PCR 产物、质粒等样品的检测。支撑小麦优异基因资源高效挖掘团队在 *Nature* 上发表论文 1 篇；SSR 指纹图谱完成 6000 余个样品检测，支撑了大豆品系特异性、相似性鉴定工作。

## 2. 科研产出清单

### (1) 软件著作权

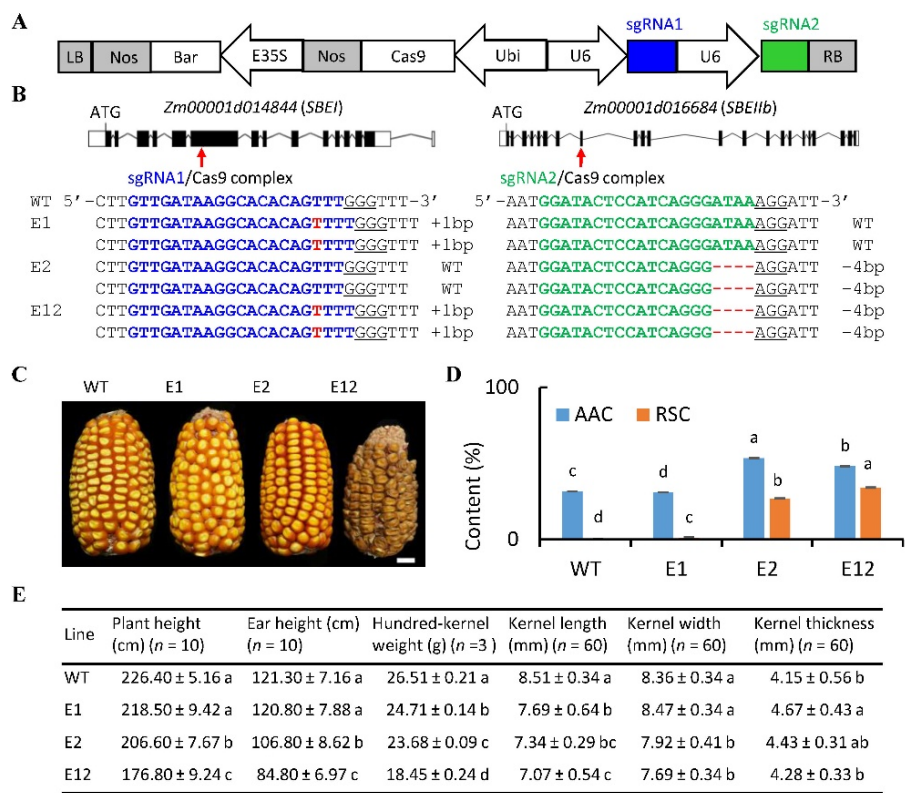
[1] 仪器开放共享平台 V2.0，完成人：巫祥云、张丽娜、孙莹璐、杨佳莹，登记号：2024SR1563570，证书编号：软著登字第 13967443 号，登记日期：2024 年 10 月 18 日；

[2] SSR 在线分析系统 V1.0，完成人：巫祥云、张丽娜、孙莹璐、杨佳莹，登记号：2024SR1591766，证书编号：软著登字第 13995639 号，登记日期：2024 年 10 月 23 日。

(二十四) 基因操作技术公共平台

针对玉米高直链、高抗性淀粉、抗除草剂种质缺乏等关键问题，本团队利用 CRISPR/Cas9 等基因编辑系统对玉米淀粉合成途径中的 *SBEI* 和 *SBEIIb* 两个基因进行定点编辑，获得

了新型高直链和高抗性淀粉玉米种质；对玉米 *ACCase* 基因进行编辑，获得了抗除草剂种质。相关研究结果 2024 年发表在 *The Crop Journal* 期刊发表论文 1 篇，授权专利 4 项，其中 PCT 专利 1 项，获植物新品种权 4 项。



CRISPR/Cas9介导的基因编辑技术创制*SBEI*和*SBEIIb*突变体

团队负责人	谢传晓
团队成员	刘昌林、朱金洁、祁显涛
在站博士后	李楚曦、李丽娜、乔德鑫
在读博士研究生	6 人
在读硕士研究生	15 人

## 1. 重要研究进展

玉米淀粉是人体和动物的能量和营养来源。淀粉品质受直链淀粉含量影响，玉米高直链淀粉在食品和制药工业中有极高的应用价值。本团队利用 CRISPR/Cas9 系统对玉米淀粉合成途径中的 *SBEI* 和 *SBEIIb* 两个基因进行定点编辑，获得新型高直链和高抗性淀粉玉米种质，直链淀粉含量增加 20% 以上，抗性淀粉含量增加 30% 以上，相关研究结果 2024 年发表在 *The Crop Journal* 期刊。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Mingzheng Ma, Shanqiu Sun, Jinjie Zhu, Xiantao Qi, Gaoke Li, Jianguang Hu, Chuanxiao Xie, Changlin Liu. Engineering high amylose and resistant starch in maize by CRISPR/Cas9-mediated editing of starch branching enzymes. *The Crop Journal*, 2024,12(4): 1252-1258. doi: 10.1016/j.cj.2024.06.007.

### (2) 专利

[1] 一种植物程序化花粉自清除 CRISPR/Cas 基因编辑方法，授权专利号：ZL 202310424412.7，完成人：谢传晓、王虹麟、祁显涛、刘昌林、朱金洁、杨琴、徐孝洁、黄晶，公告日期：2024 年 5 月 14 日；

[2] 利用 CRISPR/Cas9 系统编辑玉米 ZmCENH3 基因的 sgRNA 及其应用，授权专利号：ZL 202310602777.4，完成人：刘昌林、谢传晓、闫元元、朱金洁、祁显涛，公告日期：2024 年 5 月 14 日；

[3] 一种具有除草剂抗性的玉米 AC-Case 突变型基因及其应用；授权专利号：ZL

2024106259687，完成人：朱金洁、谢传晓、符晓、王南、刘昌林、祁显涛、徐孝洁、黄晶，公告日期：2024 年 10 月 30 日；

[4] A Maternal Cell Autonomous Parthenogenetic Haploid Reproduction Method And A Breeding Application Thereof, PCT 专利号：2035552，完成人：谢传晓、祁显涛、高慧敏、刘昌林、朱金洁、黄晶，公告日期：2024 年 7 月 31 日。

### (3) 植物新品种权

[1] CAF5927，品种权号：CNA20221003620，完成人：谢传晓、徐孝洁、刘昌林、朱金洁、祁显涛、黄晶，授权公告日期：2024 年 12 月 26 日；

[2] CAF5931，品种权号：CNA20221004961，完成人：谢传晓、徐孝洁、刘昌林、朱金洁、祁显涛、黄晶，授权公告日期：2024 年 9 月 18 日；

[3] CAF5937，品种权号：CNA20221004963，完成人：谢传晓、徐孝洁、刘昌林、朱金洁、祁显涛、黄晶，授权公告日期：2024 年 9 月 18 日；

[4] CAF5938，品种权号：CNA20221004965，完成人：谢传晓、徐孝洁、刘昌林、朱金洁、祁显涛、黄晶，授权公告日期：2024 年 9 月 18 日。

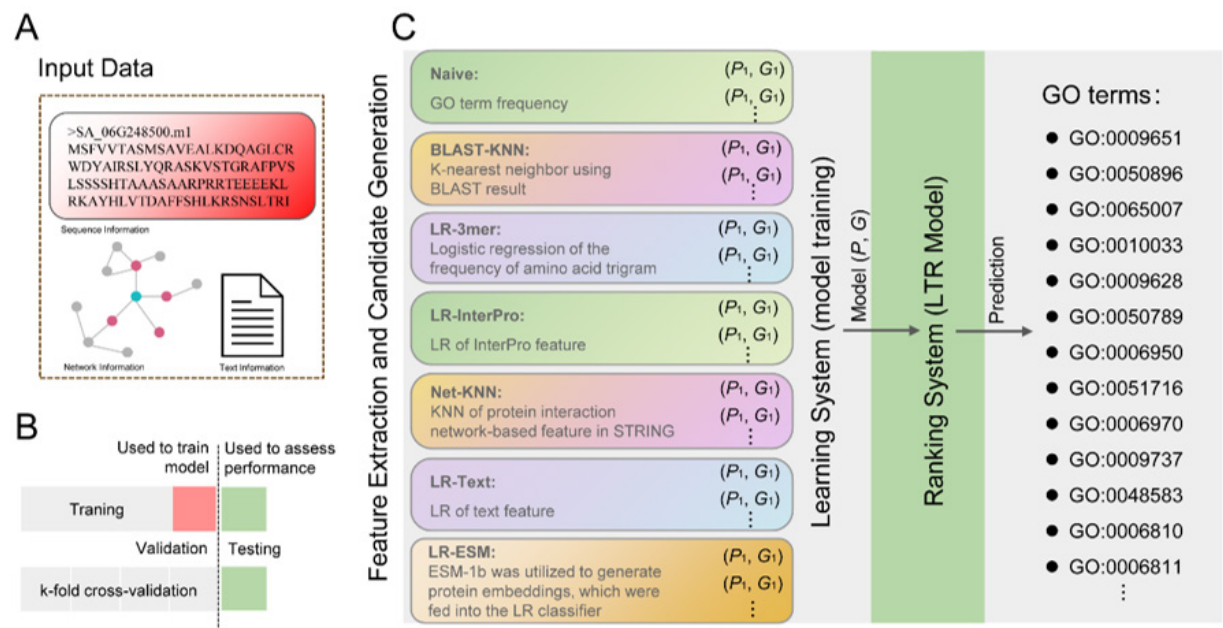
### (4) 获奖成果

[1] 万向元、陈化榜、王建华、金危危、谢传晓、吴锁伟、安学丽、龙艳、魏珣、董振营，“玉米新型繁育技术创新及应用”获 2024 年大北农科技奖一等奖，获奖日期：2024 年 12 月。

(二十五) 育种大数据技术公共平台

面向我国现代种业对大数据驱动育种的战略需求，聚焦解决传统育种数据孤岛化、分析工具碎片化难题，旨在构建集数据集成、智能分析、决策支持于一体的育种大数据技术公共平台，强化平台对作物多性状协同改良的全流

程支撑能力。本年度基于育种大数据平台研发了基于机器学习的转录组注释大语言模型并挖掘耐盐基因、优化基因分型与 QTL 定位技术等，相关研究成果发表 SCI 论文 2 篇，申请国内发明专利 2 项、获得软件著作权 2 项。



基于机器学习转录组注释的大语言模型工作流程

团队负责人	李慧慧
团队成员	张鲁燕、高尚
在读博士研究生	2 人
在读硕士研究生	3 人



## 1. 重要研究进展

(1) 利用群体遗传和深度学习算法揭示了玉米育种选择效应。玉米育种面临遗传材料来源广、结构复杂、预测准确性不足等挑战。团队收集 2430 份商业杂交种自交系和 503 份自然群体自交系，构建遗传多样性丰富的玉米自交系群体。通过高通量重测序技术筛选出 437081 个高质量 SNP 标记，全面分析基因组变异等情况。在此基础上，利用群体遗传和深度学习算法，揭示人工选择对玉米基因组的塑造效应，发现 2 个新的杂种优势类群，挖掘与多个性状相关的重要基因，构建 8 个基因组预测模型，实现目标性状精准预测，还探讨了验证群体大小与育种效率的关系。成果发表于 *Science China Life Sciences*。

(2) 建立了一种基于连锁不平衡度的基因分型错误检测和纠正方法。为确保育种大数据平台中基因型数据的准确性和可靠性，团队建立基于连锁不平衡度的基因分型错误检测和纠正方法。该方法先获取全基因组标记基因型数据并转换为 ABH 格式，然后按物理位置进行染色体划分和排序，依次进行错误基因型检测，利用连锁不平衡度计算条件概率，判定并校正基因分型错误。该方法能准确判定和纠正自然群体和有控制杂交群体中不同类型高通量标记基因分型错误。将其整合到育种大数据平台中，可有效提高平台处理基因型数据的准确性和可靠性，算法已申请发明专利，申请号 202410805012.5。

(3) 建立了针对多个双亲衍生后代群体的联合完备区间作图方法。团队针对多个双亲衍生后代群体，建立联合完备区间作图方法，以提升育种大数据平台在基因定位和 QTL 分析方面的准确性和效率。该方法先构建整合连锁图谱，然后构建标记基因型的正交指示变量，建

立线性关系模型，利用逐步回归选择显著标记，对表型值进行校正，再通过区间扫描计算联合检验统计量，定位 QTL 并估计其位置和遗传效应。该方法能有效解决目前缺少针对多个作图群体开展联合 QTL 定位方法的问题，显著提高基因定位结果的准确性。将其整合到育种大数据平台中，可提升平台处理和分析基因型与表型数据的科学性和可靠性，算法已申请发明专利，申请号 202411171737X。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Huang Zhangping, Chen Shoukun, He Kunhui, Yu Tingxi, Gao Shang, Fu Junjie, Li Huihui. Exploring salt tolerance mechanisms using machine learning for transcriptomic insights: case study in *Spartina alterniflora*. *Horticulture Research*, 2024, 11(5):uhae082. doi: 10.1093/hr/uhae082.

[2] Fan Kaijian, Ali Mohsin, He Kunhui, Feng Yingwei, Yu Tingxi, Zhang Hao, An Tai, Zeng Weiwei, Fu Junjie, Zhou Ying, Heng Yanfang, Gu Fei, Wang Jiankang, Huang Changling, Li Liang, Li Huihui. Genomic analysis of modern maize inbred lines reveals diversity and selective breeding effects. *Science China Life Sciences*, 2024, 68(2):578-581. doi: 10.1007/s11427-024-2725-1.

### (2) 专利

[1] 一种基于机器学习和多维环境大数据的遗传分析方法，专利申请号：202411623395.0，完成人：李慧慧、何坤辉，申请日期：2024 年 11 月 14 日；

[2] 一种基于连锁不平衡度的基因分型错误检测和纠正方法，专利申请号：202410805012.5，完成人：张鲁燕、王建康、

张恒益，申请日期：2024 年 6 月 21 日；

[3] 针对多个双亲衍生后代群体的联合完备区间作图方法，专利申请号：202411171737.X，完成人：张鲁燕、王建康，申请日期：2024 年 8 月 26 日。

(3) 软件著作权

[1] 基于深度神经网络的基因组预测软件 [简称：DNNGP] V2.0，完成人：李慧慧、张昊、

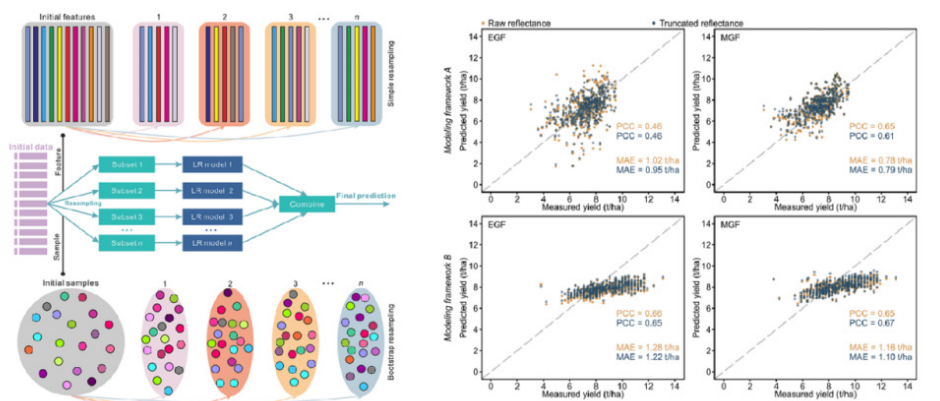
王轲麟、余廷熙，登记号：2024SR0098222，证书编号：软著登字第 12502095 号，登记日期：2024 年 1 月 15 日；

[2] 自交作物杂交组合群体基因型模拟软件 [简称：SimGeno] V1.0，完成人：李慧慧、刘则、袁仕吉，登记号：2024SR0561906，证书编号：软著登字第 12965779 号，登记日期：2024 年 4 月 25 日。

## （二十六）品种测试网络技术公共平台

针对作物新品种区域适应性验证不足、育种技术体系集成度不高等关键问题，聚焦现代农业高质量发展需求下的多生态区品种选育方向，重点推进主要农作物新品种测试评价体系构建及育种技术集成创新。本年度在顺义、昌平、新乡等核心试验区开展多作物联合测试，完成小麦、玉米、大豆等 360 份新品种（系）的农艺性状综合评价，筛选出 62 份综合性状突出的优良品系晋级区域预备试验。依托国家级谷物

品质检测测试中心，全年完成小麦、玉米等 6 大作物 8690 份样品的精准检测，服务覆盖全国 31 个省市 712 家育种单位，累计制备样品 2.3 万份并出具权威检测报告 3801 份。通过中玉科企联合育种平台创新机制，在黄淮海、东北等 10 个玉米主产区构建 251 个生态适应性测试点，系统评价 269 个玉米新组合的田间表现，实现 28 个品种进入审定程序、70 个品种晋级省级区域试验、54 个品种进入生产试验的阶段性成果，形成覆盖品种选育全链条的测试验证网络。



构建了DSLRE算法实现对不同品种小麦籽粒产量的精准预测



田间表型精准鉴定培训会

团队负责人	肖永贵
团队成员	付金东、王红武、陶志强、郭林、刘丽、胡学旭、吴丽
在读博士研究生	3 人
在读硕士研究生	4 人

## 1. 重要研究进展

(1) 加强试验基地高代品系鉴定与测试体系建设。依托试验基地,在河南新乡、河北赵县、山东德州、北京昌平、顺义组配杂交组合约 43000 个,并对 2600 个高代稳定品系进行多点品系比较试验测试,在河南新乡、驻马店、漯河、安阳、周口,河北石家庄、邯郸、衡水、山东德州、淄博、济南、东营等 300 多个测试网点进行同步实施测试,北京顺义、通州、平谷,河北沧县、韩城、清县、藁城、晋州,天津蓟县、武清等 20 个点同步实施测试,完成 360 份新品种(系)的农艺性状综合评价,入选品系晋级参加国家、省级预备试验和区试试验。

(2) 玉米新品种鉴定测试网络体系提升显著。2024 年中玉科企“1+8”绿色通道一共有 10 个生态区的试验,分别为北方极早熟、北方早熟、东华北中早熟、东华北中熟、东华北中晚熟春玉米组,西南春(中低、中高海拔)、西北春玉米组、京津冀早熟夏玉米组、黄淮海夏玉米组。共有 269 个品种参加试验,其中区试 241 个(区试 1 年的品种 186 个,区试 2 年的品种 55 个),生产试验 28 个,试验点次 251 个。28 个品种完成试验程序报审,70 个品种晋级 2 年区试,54 个品种晋级生产试验。整体测试网络更加密集,试验数据与生产实际的匹配度提高,测试体系更加完善。

(3) 谷物品质检测测试质量和服务水平逐步提升。2024 年办公室共接收委托样品 8690 份(委托、转基因、课题科研、验证、比对);小麦样品共接收 3116 份(比较试验、区试、联合体、小麦普查、优质小麦);高粱 67 份;大豆样品共接收 1891 份(区试、联合体、优质大

豆);玉米 686 份(自行开展、联合体、转基因、鲜食玉米);区试样品及部分委托样品混样 1074 份。例行监测、水果及豇豆专项共接收 935 份(水果、蔬菜);生态环境样品共接收 5485 份(土壤、农产品、地膜)。接收全国 31 个省市 712 个单位 76 个作物种类样品,共制备了 2 万余份样品;与检测单位签署各种协议 457 余份;制作报告共计 3801 份。承接的委托任务及政府购买服务较去年有较大幅度地增加,服务能力显著提升。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Shurong Yang, Lei Li, Shuaipeng Fei, Mengjiao Yang, Zhiqiang Tao, Yaxiong Meng, Yonggui Xiao. Wheat yield prediction using machine learning method based on UAV remote sensing data. *Drones*, 2024, 8:284. <https://doi.org/10.3390/drones8070284>.

[2] Shuaipeng Fei, Shunfu Xiao, Demin Xu, Meiyang Shu, Hong Sun, Puyu Feng, Yonggui Xiao, Yuntao Ma. Improved random patches and model transfer for deriving leaf mass per area across multispecies from spectral reflectance. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 218:108745. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2024.108745>.

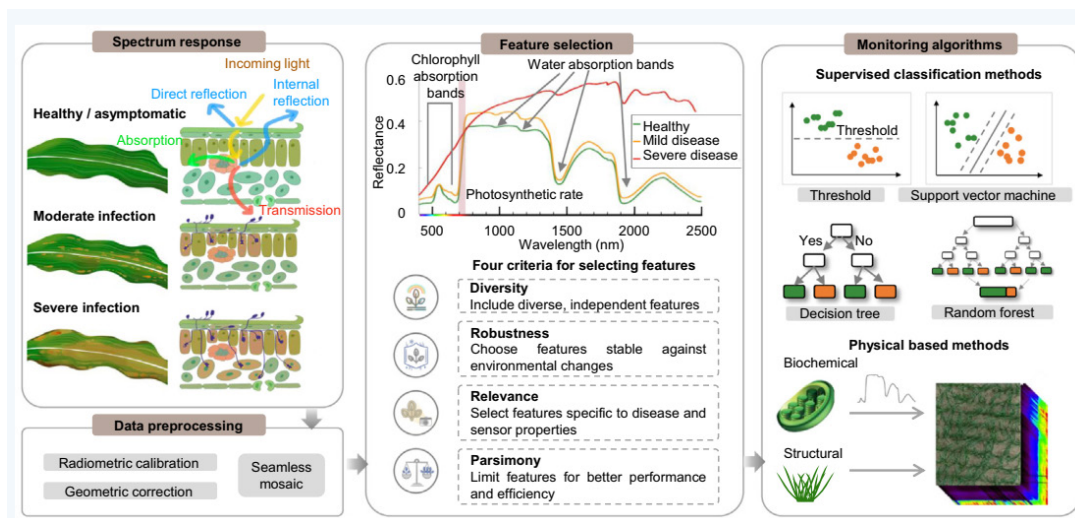
[3] Shuaipeng Fei, Shunfu Xiao, Jinyu Zhu, Yonggui Xiao, Yuntao Ma. Dual sampling linear regression ensemble to predict wheat yield across growing seasons with hyperspectral sensing. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 216: 108514. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2023.108514>.



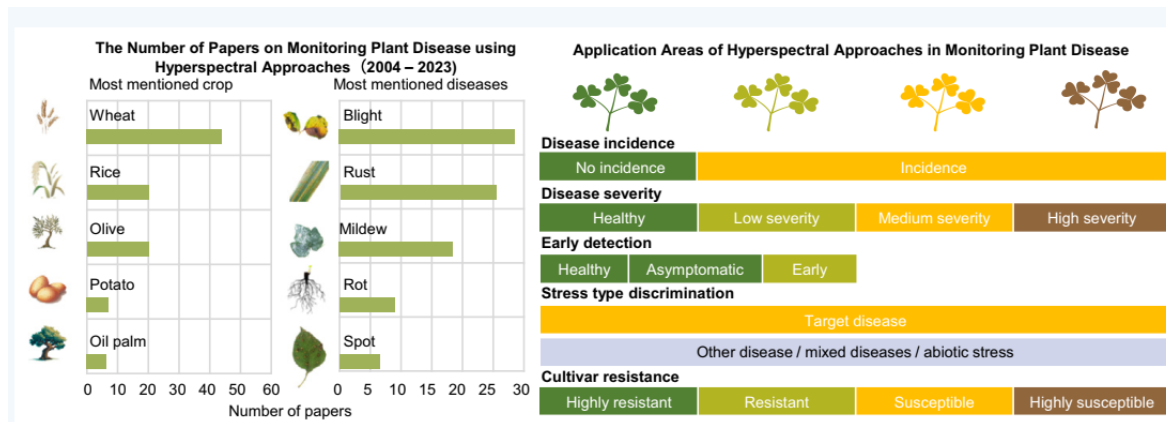
## （二十七）表型组学技术公共平台

主要针对作物表型组学技术研发、作物表型平台建设与运维等需求，开展作物表型组学共性关键算法研发、光学传感器的集成与研制、智能采集终端和平台研制和管理。本年度创建

了大豆物候期预测模型、玉米叶斑病监测模型、玉米雄穗动态监测模型等 3 个，相关研究成果在 Trends in Plant Science、Computers and Electronics in Agriculture 等国际主流期刊发表 SCI 论文 6 篇，其中影响因子大于 10 的论文 1 篇。



高光谱遥感（HRS）可以通过光谱特征和空间特征来捕获植物病害信息



利用HRS进行植物病害监测

团队负责人	金秀良
团队成员	殷大萌、樊帆
在站博士后	宋扬、刘帅兵
在读博士研究生	9 人
在读硕士研究生	21 人



## 1. 重要研究进展

阐释了高光谱数据对植物病害的响应机制。植物病害对全球粮食安全和可持续发展构成了重大而广泛的挑战。传统的植物病害监测方法依赖于专家的实地目测和实验室分析, 这些方法耗时、耗力, 而且难以大面积推广。高光谱遥感技术的日益发展已经成为对病害快速且空间连续的监测的重要工具。本文综述概括了选择病害监测的光谱特征的四个标准, 包括多样性、鲁棒性、相关性和简约性; 总结了用于病害监测的方法, 包括经验方法、监督分类方法和基于物理模型的方法; 归纳了病害监测的四个应用场景, 包括评估病害的发生率或严重程度、区分不同的胁迫、监测早期病害症状以及在评估植物抗性。最后本文提出了高光谱技术在病害监测中的优势和挑战。

## 2. 科研产出清单

### (1) SCI 论文

[1] Yali Bai, Xiuliang Jin\*. Hyperspectral approaches for rapid and spatial plant disease monitoring. *Trends in Plant Science*, 2024, 29(6):711-712. doi: 10.1016/j.tplants.2024.03.011.

[2] Yingpu Che, Yongzhe Gu, Dong Bai, Delin Li, Jindong Li, Chaosen Zhao, Qiang Wang, Hongmei Qiu, Wen Huang, Chunyan Yang, Qingsong Zhao, Like Liu, Xing Wang, Guangnan Xing, Guoyu Hu, Zhihui Shan, Ruizhen Wang, Yinghui Li\*, Xiuliang Jin\*, Lijuan Qiu\*. Accurately estimate soybean growth stages from UAV imagery by accounting for spatial heterogeneity and climate factors across multiple environments. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 225: 109313. doi: 10.1016/j.compag.2024.109313.

[3] Yali Bai, Chenwei Nie, Xun Yu, Mingyue

Gou, Shuaibing Liu, Yanqin Zhu, Tiantian Jiang, Xiao Jia, Yadong Liu, Fei Nan, Liming Li, Bedir Tekinerdogan, Yang Song, Qingzhi Liu, Xiuliang Jin\*. Comprehensive analysis of hyperspectral features for monitoring canopy maize leaf spot disease. *Computers and Electronics in Agriculture*, 2024, 225:109350. doi: 10.1016/j.compag.2024.109350.

[4] Yang Song, Josep Penuelas, Philippe Ciais, Songhan Wang, Yao Zhang, Pierre Gentile, Matthew F. McCab, Lixin Wang, Xing Li, Fei Li, Xiaoping Wang, Zhenong Jin, Chaoyang Wu, Xiuliang Jin\*. Recent water constraints mediate the dominance of climate and atmospheric CO<sub>2</sub> on vegetation growth across China. *Earth's Future*, 2024, 12(6): e2023EF004395. doi: 10.1029/2023EF004395.

[5] Yang Song, Yahui Guo, Shijie Li, Wangyipu Li, Xiuliang Jin\*. Elevated CO<sub>2</sub> concentrations contribute to a closer relationship between vegetation growth and water availability in the Northern Hemisphere mid-latitudes. *Environmental Research Letter*, 2024, 19(8): 084013. doi: 10.1088/1748-9326/ad5f43.

[6] Xin Zhang, Jidong Zhang, Yunling Peng, Xun Yu, Lirong Lu, Yadong Liu, Yang Song, Dameng Yin, Shaogeng Zhao, Hongwu Wang\*, Xiuliang Jin\*, Jun Zheng\*. QTL mapping of maize plant height based on a population of doubled haploid lines using UAV LiDAR high-throughput phenotyping data. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, doi: 10.1016/j.jia.2024.09.004.

### (2) 专利

[1] 一种基于 RGB 影像的作物苗期植株密

度估算的方法及系统，授权专利号：ZL 2020  
11550232.6，完成人：金秀良、白怡、聂臣巍、  
石磊，公告日期：2024 年 2 月 4 日。

(3) 软件著作权

[1] 遥感影像小区批量裁剪软件 V1.0，完  
成人：殷大萌、金秀良，登记号：2024SR  
1249433，证书编号：软著登字第 13653306 号，  
登记日期：2024 年 8 月 27 日。

## 六、成果概览

### (一) 年度十大科技进展

#### 1. 破解水稻籼粳亚种生殖隔离之谜

杂交水稻被誉为“第二次绿色革命”，为我国乃至世界粮食安全作出了突出贡献。水稻分籼稻和粳稻两个亚种，我国杂交水稻多为籼粳亚种内杂交品种，产量已经趋于极限。研究表明，籼粳亚种间杂交种具有比亚种内杂交种更强大的杂种优势，预期产量可进一步提升 20% 以上。然而，籼粳亚种间存在的杂种不育现象严重阻碍了该优势的直接利用。

作物基因资源与育种全国重点实验室万建

民院士团队针对籼粳杂种优势利用中的杂种不育问题，鉴定和克隆了控制籼粳亚种间杂种花粉不育的关键位点 **RHS12**，发现该位点是由具有“基因驱动”效应的 **DUYAO** 和 **JIEYAO** 双基因系统组成，通过“线粒体 - 自噬体”互作来控制杂种花粉的育性。该研究首次揭示了水稻杂种不育的分子机理，为利用亚种间杂种优势培育超高产水稻新品种提供了重要理论指导和技术支撑。

该成果发表在 *Cell* [186(17):3577-3592] 杂志上，入选 2024 年度“中国农业科学重大进展”。

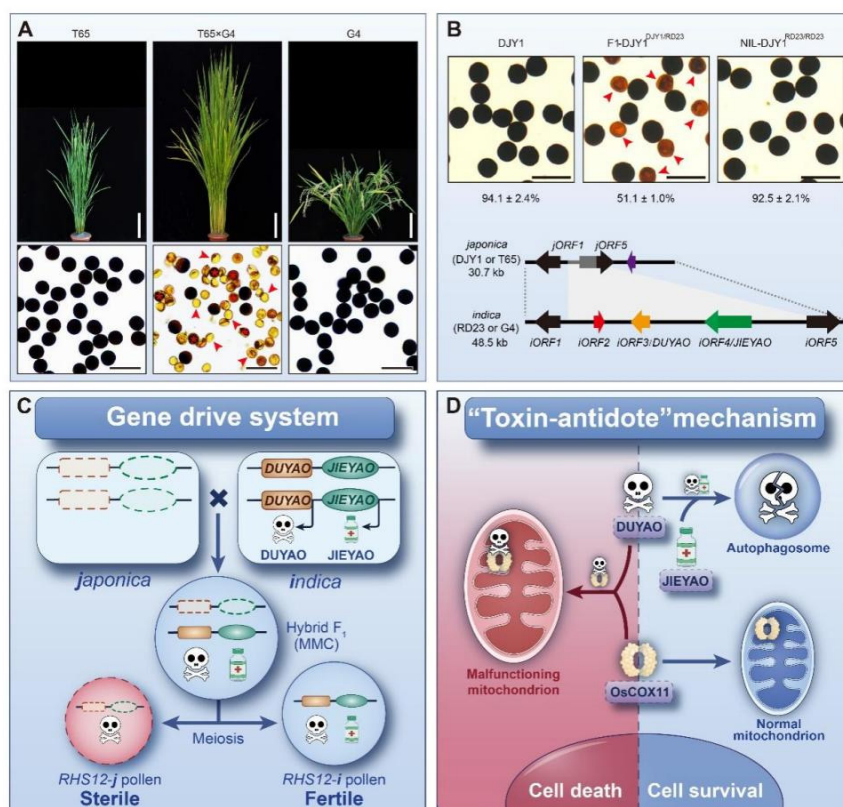


图11 DUYAO-JIEYAO分子模块调控杂种花粉不育的机制

注：(A) 籼粳交F1杂种优势强，但花粉严重不育；(B) RHS12位点引起花粉半不育，由DUYAO-JIEYAO基因元件组成；(C) DUYAO-JIEYAO基因元件在遗传上形成“基因驱动”系统，引起花粉半不育；(D) DUYAO与OsCOX11互作，产生线粒体“毒性”，引起花粉败育；而JIEYAO将DUYAO运到自噬体降解，进行“解毒”，使花粉正常发育。

## 2. 解析铁元素进入玉米籽粒的分子机制

粮食作物籽粒中微量元素含量直接关系到国家粮食安全和国民营养健康。目前，全球约有三分之一的人口受到缺铁性贫血的困扰。如果能够提高日常食用作物籽粒中的铁含量，将有助于从根本上低成本地改善大范围人群的铁营养状况。然而，铁等营养物质进入作物籽粒的生物学路径一直是植物营养领域的未解之谜；并且籽粒微量元素含量与作物产量呈负相关，限制了高产富铁作物新品种的培育。

作物基因资源与育种全国重点实验室李文学团队针对玉米籽粒铁元素含量与产量不协同的问题，通过全基因组关联分析，鉴定到调控铁元素进入玉米籽粒的关键转录因子基因

*ZmNAC78*。在籽粒基底胚乳传递细胞中，*ZmNAC78* 和金属转运蛋白共同组成一个分子开关控制铁元素进入玉米籽粒。该基因可以使玉米籽粒中的铁含量提高到 70.5 mg/kg，显著高于“生物强化挑战项目”中玉米籽粒铁含量 60 mg/kg 的目标。此外，利用 *ZmNAC78* 的优异等位变异选育了 3 个高产且籽粒富铁的玉米新材料。该研究为解决铁等微量元素缺乏问题提供了新基因，为培育高产与优质协同的作物品种提供了理论依据和基因资源。

该成果发表在 *Science* [382(6675):1159-1165] 杂志上，入选了 2024 年度“中国农业科学重大进展”。

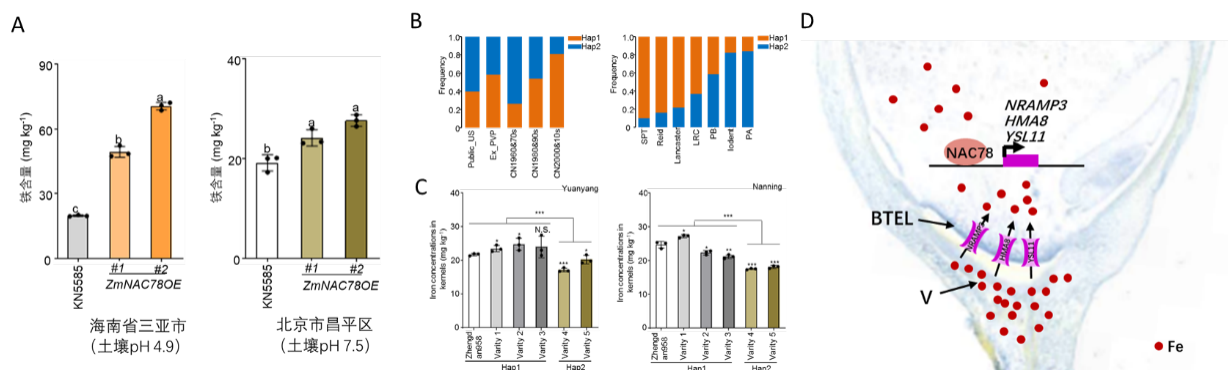


图12. *ZmNAC78*调控铁元素进入玉米籽粒的分子机制

注：(A) *ZmNAC78*过表达转基因玉米籽粒的铁含量；(B) *ZmNAC78*优异单倍型在玉米育种进程中的选择情况；(C) 利用 *ZmNAC78*优异分子标记选育的玉米新材料产量和籽粒铁含量；(D) *ZmNAC78*基因的作用机理模式图。

## (二) 主要研究论文

序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
1	Pan-genome bridges wheat structural variations with habitat and breeding	Nature	2024,637(8045):384-393	50.50
2	Enhancing rice panicle branching and grain yield through tissue-specific brassinosteroid inhibition	Science	2024,383(6687):1060-1074	44.70
3	Seedling root system adaptation to water availability during maize domestication and global expansion	Nature Genetics	2024,56(6):1245-1256	31.70
4	The elite haplotype OsGATA8-H coordinates nitrogen uptake and productive tiller formation in rice	Nature Genetics	2024,56(7):1516-1526	31.70
5	Alternative splicing drives the functional diversification of a bHLH transcription factor in the control of growth and drought tolerance in rice	Science Bulletin	2024,12(1):202-212	18.80
6	Leveraging brassinosteroids towards the next green revolution	Trends in Plant Science	2024,29(1):86-98	17.30
7	A complete reference genome assembly for foxtail millet and Setaria-db, a comprehensive database for Setaria	Molecular Plant	2024,17(2):219-222	17.10
8	Global wild rice germplasm resources conservation alliance: world wild-rice wiring	Molecular Plant	2024,17(4):516-518	17.10
9	Smart breeding platform: a web-based tool for high-throughput population genetics, phenomics, and genomic selection	Molecular Plant	2024,17(5):677-681	17.10
10	OsPRMT6a-mediated arginine methylation of OsJAZ1 regulates jasmonate signaling and spikelet development in rice	Molecular Plant	2024,17(6):900-919	17.10



序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
11	The RNA binding protein EHD6 recruits the m6A reader YTH07 and sequesters OsCOL4 mRNA into phase-separated ribonucleoprotein condensates to promote rice flowering	Molecular Plant	2024,17(6):935-954	17.10
12	A new gene for restoring wild abortive-type cytoplasmic male sterility in rice	Molecular Plant	2024,17(12):1800-1802	17.10
13	Global nutritional challenges and opportunities: buckwheat, a potential bridge between nutrient deficiency and food security	Trends in Food Science and Technology	2024,145:104365	15.10
14	The mechanism of low blue light-induced leaf senescence mediated by GmCRY1s in soybean	Nature Communications	2024,15(1):1746	14.70
15	Haplotype-resolved gapless genome and chromosome segment substitution lines facilitate gene identification in wild rice	Nature Communications	2024,15(1):4573	14.70
16	Wild rice GL12 synergistically improves grain length and salt tolerance in cultivated rice	Nature Communications	2024,15(1):9453	14.70
17	Regulation of shade avoidance under low-blue-light by MTA in soybean	Advanced Science	2024,12(5):e2410334	14.30
18	Artificial intelligence in plant breeding	Trends in Genetics	2024,40(10):891-908	13.60
19	Overexpression of tae-miR9670 enhances cadmium tolerance in wheat by targeting mTERFs without yield penalty	Journal of Hazardous Materials	2024,480:136448	12.20
20	Genomic insight into the origin, domestication, dispersal, diversification and human selection of Tartary buckwheat	Genome Biology	2024,25(1):61	10.10
21	Epigenomic identification of vernalization cis-regulatory elements in winter wheat	Genome Biology	2024,25(1):200	10.10

序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
22	Soybean steroids improve crop abiotic stress tolerance and increase yield	Plant Bio-technology Journal	2024,22(8):2333-2347	10.10
23	Coevolution unveiled: sulfate transporters mediate rice resistance and susceptibility to <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzicola</i>	Plant Bio-technology Journal	2024,22(9):2632-2634	10.10
24	The superior allele LEA12OR in wild rice enhances salt tolerance and yield	Plant Bio-technology Journal	2024,22(11):2971-2984	10.10
25	SUBSTANDARD STARCH GRAIN 7 regulates starch grain size and endosperm development in rice	Plant Bio-technology Journal	2024,22(12):3229-3243	10.10
26	A gain-of-function mutation at the C-terminus of FT-D1 promotes heading by interacting with 14-3-3A and FDL6 in wheat	Plant Bio-technology Journal	2024,23(1):20-35	10.10
27	Creeping Stem 1 regulates directional auxin transport for lodging resistance in soybean	Plant Bio-technology Journal	2024,23(2):377-394	10.10
28	Genetic engineering of RuBisCO by multiplex CRISPR editing small subunits in rice	Plant Bio-technology Journal	2024,23(3):731-749	10.10
29	An R2R3-type MYB transcription factor, GmMYB77, negatively regulates isoflavone accumulation in soybean [ <i>Glycine max</i> (L.) Merr.]	Plant Bio-technology Journal	2024,23(3):824-838	10.10
30	Engineering a robust Cas12i3 variant-mediated wheat genome editing system	Plant Bio-technology Journal	2024,23(3):860-873	10.10
31	The OsNL1-OsTOPLESS2-OsMOC1/3 pathway regulates high order tiller outgrowth in rice	Plant Bio-technology Journal	2024,23(3):900-910	10.10

序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
32	The <i>Spartina alterniflora</i> genome sequence provides insights into the salt tolerance mechanisms of exo-recretohalophytes	Plant Bio-technology Journal	2024,22(9):2558-2574	10.10
33	Comparisons of wild and cultivated american ginseng ( <i>Panax quinquefolius</i> L.) genomes provide insights into changes in root growth and metabolism during domestication	Plant Bio-technology Journal	2024,22(7):1963-1695	10.10
34	Rice LIKE EARLY STARVATION1 cooperates with FLOURY ENDOSPERM6 to modulate starch biosynthesis and endosperm development	The Plant Cell	2024,36(5):1892-1912	10.00
35	Brassinosteroid-dependent phosphorylation of PHOSPHATE STARVATION RESPONSE2 reduces its DNA-binding ability in rice	The Plant Cell	2024,36(6):2253-2271	10.00
36	The dense and erect panicle1-grain number associated module enhances rice yield by repressing CYTOKININ OXIDASE 2 expression	The Plant Cell	2024,37(1):koae309	10.00
37	Most Tibetan weed barleys originated via recombination between Btr1 and Btr2 in domesticated barley	Plant Communications	2024,5(5):100828	9.40
38	A complete assembly of the sorghum BTx623 reference genome	Plant Communications	2024,5(6):100977	9.40
39	Engineer and split an efficient hypercompact CRISPR-CasF genome editor in plants	Plant Communications	2024,5(7):100881	9.40
40	TWAS facilitates gene-scale trait genetic dissection through gene expression, structural variations, and alternative splicing in soybean	Plant Communications	2024,5(10):101010	9.40

序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
41	The chloroplast pentatricopeptide repeat protein RCN22 regulates tiller number in rice by affecting sugar levels via the TB1-RCN22-RbcL module	Plant Communications	2024,5(12):101073	9.40
42	Post-transcriptional regulation of grain weight and shape by the RBP-A-J-K complex in rice	Journal of Integrative Plant Biology	2024,66(1):66-85	9.30
43	TaMYB72 directly activates the expression of TaFT to promote heading and enhance grain yield traits in wheat (Triticum aestivum L.)	Journal of Integrative Plant Biology	2024,66(7):1266-1269	9.30
44	Nullification of GFTs fortifies bioactive folates in foxtail millet	Journal of Integrative Plant Biology	2024,66(8):1540-1543	9.30
45	Establishment of genome-editing system and assembly of a near-complete genome in broomcorn millet	Journal of Integrative Plant Biology	2024,66(8):1688-1702	9.30
46	The TaGW2-TaSPL14 module regulates the trade-off between tiller number and grain weight in wheat	Journal of Integrative Plant Biology	2024,66(9):1953-1965	9.30
47	The MON1-CCZ1 complex plays dual roles in autophagic degradation and vacuolar protein transport in rice	Journal of Integrative Plant Biology	2024,67(1):35-54	9.30
48	FLOURY ENDOSPERM24, a heat shock protein 101 (HSP101), is required for starch biosynthesis and endosperm development in rice	New Phytologist	2024,242(6):2635-2651	8.30

序号	论文名称	期刊名称	年 - 卷 - 期 - 页	影响因子
49	GSK3s promote the phyB-ELF3-HMR complex formation to regulate plant thermomorphogenesis	New Phytologist	2024,245(4):1577-1588	8.30
50	Two open reading frames of Rht-B1b acting as brake and throttle contributed to wheat green revolution	Plant Physiology	2024,194(3):1290-1293	6.50



(三) 新增主要科研项目

序号	项目类别	项目名称	负责人	起止时间
1	国家重点研发计划－农业生物种质资源挖掘与创新利用	作物种质资源活力等智能检测技术研究	郭刚刚	2024.12-2027.11
2	科技重大专项－农业生物育种重大专项	转基因新技术与应用	周文彬	2024.12-2025.12
3	国家自然科学基金－政府间国际科技创新合作项目	普通小麦驯化关键基因调控产量性状分子机制及应用研究	毛 龙	2024.08-2029.12
4	国家自然科学基金－国际（地区）合作研究项目	小麦阿魏酸和烷基间苯二酚含量基因定位克隆与优质种质创制	何中虎	2024.01-2028.12
5	国际原子能机构项目	Screening and creation of foxtail millet and proso millet mutations to promote breeding of dryland crops in China	贾冠清	2024.03-2029.04
6	国家自然科学基金－青年科学基金项目 A 类获得者（原杰青）	水稻高产性状的激素调控	童红宁	2024.08-2029.12
7	国家自然科学基金－重点项目	水稻多性状聚合协同改良的分子调控网络解析	周文彬	2024.01-2028.12
8	国家自然科学基金－重点项目	大豆耐密理想株型形成的分子基础	刘 斌	2024.08-2029.12
9	国家自然科学基金－重点项目	玉米籽粒装载铁元素的分子机制研究	李文学	2024.08-2029.12
10	国家自然科学基金－青年科学基金项目 B 类获得者（原优青）	谷子穗部性状遗传调控及分子机制研究	汤 沙	2024.08-2027.12
11	国家自然科学基金－面上项目	基于基因编辑的水稻高效 RuBisCO 改良	李 霞	2024.08-2028.12
12	国家自然科学基金－面上项目	ZmLS-ZmROP4 信号通路调控玉米响应干旱的分子机制研究	郑 军	2024.08-2028.12
13	国家自然科学基金－面上项目	病毒胁迫下 ZmGLK36-ZmSCL6 分子模块调控玉米株高的机制解析	翁建峰	2024.08-2028.12
14	国家自然科学基金－面上项目	QIP3 调控小麦穗型的分子机制解析及其优异单倍型挖掘	孙加强	2024.08-2028.12
15	国家自然科学基金－面上项目	冰草抗小麦条锈病新基因 YrAc1 的分子机制解析	周升辉	2024.08-2028.12
16	国家自然科学基金－面上项目	大麦耐寒基因 QWH-6-1 的克隆与遗传效应分析	郭刚刚	2024.08-2028.12

序号	项目类别	项目名称	负责人	起止时间
17	国家自然科学基金－面上项目	无 PAM 区和基因型限制的小麦单碱基编辑体系建立及在种质创新中的应用	王 轲	2024.08-2028.12
18	国家自然科学基金－面上项目	GmMYB77 调控大豆异黄酮积累及共生结瘤的机制解析	李 斌	2024.08-2028.12
19	国家自然科学基金－面上项目	长链非编码 RNA	徐兆师	2024.08-2028.12
20	国家自然科学基金－面上项目	蛋白激酶 OsSTK 调控水稻白叶枯病和条斑病抗性的机理研究	纪志远	2024.08-2028.12
21	国家自然科学基金－面上项目	融合多源数据和半机理模型的玉米产量预测与迁移方法研究	金秀良	2024.08-2028.12
22	国家自然科学基金－青年科学基金项目	光周期通过 PHL1 调控大豆节间伸长的分子机制研究	秦 超	2024.08-2027.12
23	新疆维吾尔自治区揭榜挂帅项目	新疆维吾尔自治区 2024 年耐密和无膜玉米品种筛选展示项目	明 博	2024.01-2024.12
24	新疆维吾尔自治区重点研发计划	高温干旱区玉米密植精准调控关键技术研究集成示范	明 博	2023.12-2026.12
25	新疆维吾尔自治区重点研发计划	玉米高产抗逆关键性状优异基因挖掘应用与育种新材料创制	郝转芳	2024.11-2027.11
26	山东省重点研发计划	耐盐碱种质资源精准鉴定评价	姜奇彦	2023.10-2026.09

(四) 主要发明专利

序号	专利名称	专利号	第一发明人	授权时间
1	Rice PAL1 Gene.and Encoding Protein and Thereof	US11840698B2	李学勇	2023-12
2	Identification Method for Salt Tolerance of Soybeans at Germination Stage	ZA2024/00062	邱丽娟	2024-07
3	A Maternal Cell Autonomous Partheno-genetic Haploid Reproduction Method and A Breeding Application Thereof	2035552	谢传晓	2024-06
4	一种用于育种筛选的数据处理方法	ZL202311041546.7	李慧慧	2023-11
5	基于深度学习的全基因组预测方法	ZL202311218507.X	李慧慧	2023-12
6	一种苦荞抗立枯病基因 FtEIN3 的克隆和应用	ZL202310234456.3	周美亮	2024-01
7	一种转基因玉米 VB15 外源插入片段的旁侧序列及其应用	ZL202311302047.9	刘允军	2024-01
8	苦荞来源的大黄素糖基转移酶及其编码基因和应用	ZL202111232676.X	周美亮	2024-02
9	GmECT2 在调控植物高度方面的应用	ZL202111336838.4	李宏宇	2024-03
10	ZmD13 蛋白在调控玉米株高中的应用	ZL202210248548.2	胡小娇	2024-03
11	玉米 ZmNAC78 基因在调控玉米籽粒铁含量中的应用	ZL202311599478.6	杜庆国	2024-03
12	与水稻中胚轴伸长基因 qML3 相连锁的分子标记及其应用	ZL202310346930.1	任玉龙	2024-03
13	一种不依赖于种子分选机的谷子智能不育系繁殖方法	ZL201610081583.X	刁现民	2024-03
14	SEQ ID NO.1 所示序列在作为小麦矮秆基因 Rht8 调控小麦株高方面的用途及其分子标记与应用	ZL202210067702.6	刘录祥	2024-03
15	一种基于 RGB 影像的作物苗期植株密度估算的方法及系统	ZL202011550232.6	金秀良	2024-03
16	一种培育高产、抗赤霉病小麦品系的方法	ZL202410399566.X	张宏军	2024-04

序号	专利名称	专利号	第一发明人	授权时间
17	调控玉米苗期抗旱性的蛋白及其编码基因和应用	ZL202210646755.3	李春辉	2024-04
18	一种缩小 GWAS 定位区间的全映射基因分型检测方法	ZL202010869073.X	邱丽娟	2024-05
19	一种基于机器学习的基因型和环境互作算法及其应用	ZL202410245774.4	李慧慧	2024-05
20	一种通过借助代理引导编辑器进行水稻多基因精准编辑的方法	ZL202210466252.8	夏兰琴	2024-05
21	一种植物程序化花粉自清除 CRISPRCas 基因编辑方法	ZL202310424412.7	谢传晓	2024-05
22	利用 CRISPR/Cas9 系统编辑玉米 ZmCENH3 基因的 sgRNA 及其应用	ZL202310602777.4	刘昌林	2024-05
23	小麦抗病相关蛋白 TaMTase 在调控小麦茎基腐病害抗性中的应用	ZL202410214476.9	马有志	2024-05
24	大豆耐热蛋白 GmBSK1 及其编码基因在调控植物抗逆性中的应用	ZL202410247971.X	徐兆师	2024-06
25	调控 TaWRKY24 蛋白编码基因表达的生物材料及其应用	ZL202410247938.7	徐兆师	2024-06
26	小麦 TaALDHase 基因在调控小麦茎基腐病抗性中的应用	ZL202410199205.0	徐兆师	2024-06
27	新型植物碱基编辑器 pAYBEs	ZL202310577566.X	夏兰琴	2024-06
28	去甲氧基姜黄素的用途	ZL202410365953.1	徐兆师	2024-06
29	一种喷施处理提高小麦抗假禾谷镰刀菌引起的茎基腐病害的杀菌剂及应用	ZL202410393419.1	徐兆师	2024-06
30	长日照抑制基因变异在培育栽培稻中的应用	ZL202010424026.4	郑晓明	2024-09
31	一种用于大豆基因分型的分子标记组合及其应用	ZL202380012681.0	邱丽娟	2024-11
32	一种具有除草剂抗性的玉米 ACCase 突变型基因及其应用	ZL202410625968.7	刘昌林	2024-12

(五) 主要审定品种和软件著作权

序号	成果名称	成果编号	完成人	登记时间
1	转 g2-epsps 和 gat 基因耐除草剂大豆中黄 6106 生产应用的安全证书	农基安证字〔2023〕340 号	邱丽娟	2024-09
2	中麦 688	2024-1-0125	郝晨阳	2024-09
3	中麦 99	2024-1-0012	郝晨阳	2024-09
4	航麦 819	2024-1-0061	刘录祥	2024-09
5	轮选 20	2024-1-0033	张宏军	2024-11
6	中麦 886	2024-1-005	魏学宁	2024-11
7	中麦 98	2024-1-0131	常旭虹	2024-11
8	中麦 30-3	2024-1-0064	郝元峰	2024-11
9	中麦 30-4	2024-1-0082	郝元峰	2024-11
10	中麦 37	202410124	郝元峰	2024-11
11	中麦 38	202410050	郝元峰	2024-11
12	中麦 39	2024-1-0026	郝元峰	2024-11
13	航麦 106	第 2024032606 号	刘录祥	2024-11
14	中麦 100	2024-1-0006	常旭虹	2024-12
15	中麦 967	2024-1-0004	马有志	2024-12
16	中麦 8729	2024-1-0019	马有志	2024-12
17	中麦 801	2024-59-0102	马有志	2024-12
18	普冰 T6 号	2024034283	周升辉	2024-12
19	中单 195	黑审玉 20240007	李新海	2024-09
20	中单 668	第 2024032334	李新海	2024-12
21	中糯 337	2024-1-0187	王红武	2024-12
22	中单 866	2024-1-0538	黎 亮	2024-12
23	中单 103	20201006910	李新海	2024-12
24	中单 1112	国审玉 20232179	李新海	2024-12
25	中单 6105	国审玉 20243184	李新海	2024-12
26	中玉 749	国审玉 20243185	李永祥	2024-12
27	中黄 110	京审豆 20240001	孙君明	2024-07



序号	成果名称	成果编号	完成人	登记时间
28	中黄 633	2024-1-0478	谷勇哲	2024-11
29	中黄 331	第 2024000X 号	孙 石	2024-12
30	中单 3256	国审玉 20243088	黎 亮	2024-12
31	中单 3217	国审玉 20243012	黎 亮	2024-12
32	中单 1130	国审玉 20242217	李新海	2024-12
33	中赣 601	赣审豆 20240002	邱丽娟	2024-12
34	中联豆 5046	国审豆 ( 转 ) 20241001	孙 石	2024-12
35	中农粳 166	2024-1-0179	周永力	2024-11
36	饭晶 A	桂 2024013 号	纪志远	2024-12
37	中农粳 11	黑审稻 2024L0028	周永力	2024-12
38	中农粳 8 号	黑审稻 2024L0027	周永力	2024-12
39	中农粳 9 号	黑审稻 2024L0104	周永力	2024-12
40	京通 606	2024-1-0237	邱丽娟	2024-12
41	中苦 3 号	滇鉴 ( 荞麦 ) 2024027 号	周美亮	2024-09
42	中荞 121 号	滇鉴 ( 荞麦 ) 2024028 号	周美亮	2024-09
43	中荞 21 号	滇鉴 ( 荞麦 ) 2024026 号	周美亮	2024-09
44	中荞 241 号	滇鉴 ( 荞麦 ) 2024029 号	周美亮	2024-09
45	中荞 311 号	滇鉴 ( 荞麦 ) 2024030 号	周美亮	2024-09
46	中黄 632	2024-1-0474	邱丽娟	2024-11
47	中杂谷 79	GPD 谷子 (2024)110016	刁现民	2024-11
48	浙皮 27 号	2024-05-0146	郭刚刚	2024-11
49	中啤麦 1 号	GPD 大麦 ( 青稞 ) (2024)110017	郭刚刚	2024-12
50	驻饲麦 10 号	GPD 大麦 ( 青稞 ) (2024)410014	郭刚刚	2024-12
51	驻饲麦 11	第 2024032743	郭刚刚	2024-12
52	中联豆 6024	国审豆 ( 转 ) 20241002	邱丽娟	2024-12
53	基于深度神经网络的基因组预测软件 [ 简称 : DNNGP ] V2.0	2024SR0098222	李慧慧	2024-01
54	自交作物杂交组合群体基因型模拟软件 [ 简称 : SimGeno ] V1.0	2024SR0561906	李慧慧	2024-04

序号	成果名称	成果编号	完成人	登记时间
55	小麦遗传育种群体数据库系统 [ 简称: GPDB] V2.0	2024SR0570481	张鲁燕	2024-04
56	基于共进化分析的预测基因的软件	2024SR1330716	李慧慧	2024-09
57	基于深度学习的功能基因预测软件	2024SR1484112	李慧慧	2024-10

## （六）成果转化情况

### 1. 水稻抗螟虫基因成果转化开启作科所与隆平高科战略合作

螟虫作为水稻种植危害最为严重的常发性害虫之一，每年危害面积达到 4 亿亩次，严重时可造成产量损失 50% 以上。目前国际上还没有非转基因抗螟虫水稻培育成功的报道。作物基因资源与育种全国重点实验室王文生团队通过挖掘并利用水稻抗螟虫基因及其新种质实现了培育国际上还没有非转基因抗螟虫水稻种质和品种的突破。

2024 年 7 月 4 日，袁隆平农业高科技股份有限公司（简称隆平高科）与王文生团队签约，将其拥有的抗二化螟基因 *SBR11* 和抗卷叶螟兼抗二化螟基因 *RLF6*，以及相关种质资源、分子标记、抗性鉴定体系等独占许可授权给隆平高科，用于抗螟虫水稻品种研发与商业化。许可费总额 1100 万元，另外加销售提成，新品种商业化后，甲方按销售额的 0.35% 以上向王文生团队支付提成。通过科企合作，能够将抗螟虫水稻技术快速转化为商业化品种，提升全国水稻抗虫能力。



图13. 水稻抗螟虫基因成果转化协议签约仪式

### 2. 玉米密植精准调控技术实现百万亩玉米单产达吨粮

玉米是我国种植面积最大、总产量最高的作物，但长期存在产量不高、水肥等资料利用率低、灾害频发、生产成本高等问题。

作物基因资源与育种全国重点实验室明博团队研发的“玉米密植精准调控技术”作为全国玉米单产提升工程核心技术，2024 年在全国

12 个省 121 个县实施超 1500 万亩，通过该成果的技术服务，实现伊犁河谷 120 万亩平均亩产达到 1164.7 公斤，通辽市百万亩核心区平均亩产 945.3 公斤；助力山东、河南及河北多地克服干旱、高温、涝渍等复合逆境胁迫，实现夏播玉米“超吨粮”，支撑当地实现冬小麦 - 夏玉米周年“吨半粮”目标。





图14. 玉米密植精准调控技术示范田成熟期的玉米长势

### 3. 苦荞易脱壳新品种“中荞 121”实现成果转化

荞麦我国的常年栽培面积稳定在 1500 万亩，年均总产量超过 120 万吨，占全世界的 40%。荞麦种质资源非常丰富，具有较高营养价值。当前我国荞麦规模化产业集群已形成，产值规模达千亿。荞麦易脱壳性状是在漫长的农耕历史中经历人工驯化的结果，易脱壳品种的选育能加速荞麦人工驯化的进程。

作物基因资源与育种全国重点实验室周美亮团队利用了国家作物种质库中唯一一份具有易脱壳性状的种质资源，选育出面向荞麦产业急需的突破性易脱壳品种“中荞 121”，是我国

荞麦产业发展的又一个里程碑。“中荞 121”具有亩产 150 公斤以上、生育期 75 天、易脱壳等特点，无需高温蒸煮脱壳，最大程度保留苦荞的营养价值，有利于推动苦荞全谷物加工利用。该品种是由作物基因资源与育种全国重点实验室周美亮牵头主持选育，联合湖南省农业科学院作物研究所李基光团队、四川凉山彝族自治州农业科学研究院王俊珍团队共同选育而成。

2024 年 8 月 6 日，与湘西盛世御品农业股份有限公司签订转让协议，企业获得全国范围内对“中荞 121”的独占使用权（含再转让权）。转让总费用 600 万元，周美亮团队获得 70%，即 420 万元的转让收入。



图15. 中荞121田间长势

#### 4. “轮选 145” 助力小麦大面积单产提升

小麦新品种轮选 145 具有高产稳产、广适、抗寒、抗倒、综合抗病性强和籽粒灌浆快等突出特点。该品种是作物基因资源与育种国家重点实验室张宏军团队与石家庄市农科院赵县实验基地合作培育的品种，先后通过冀中南、黄淮冬麦区北片、黄淮冬麦区南片和北部冬麦区

的冀中北地区品种审定。近年来得到市场广泛认可，2024 年夏收面积 200 余万亩。2023 年以 975 万元的价格，把黄淮冬麦区北片的生产经营权转让给嘉祥县俊豪种业有限公司，张宏军团队占 60% 的转化收入比例，2024 年收到转化收入 200 万元。2024 年该品种在河北省新乐市中同村 1200 亩生产田，平均亩产达 752.2 公斤。

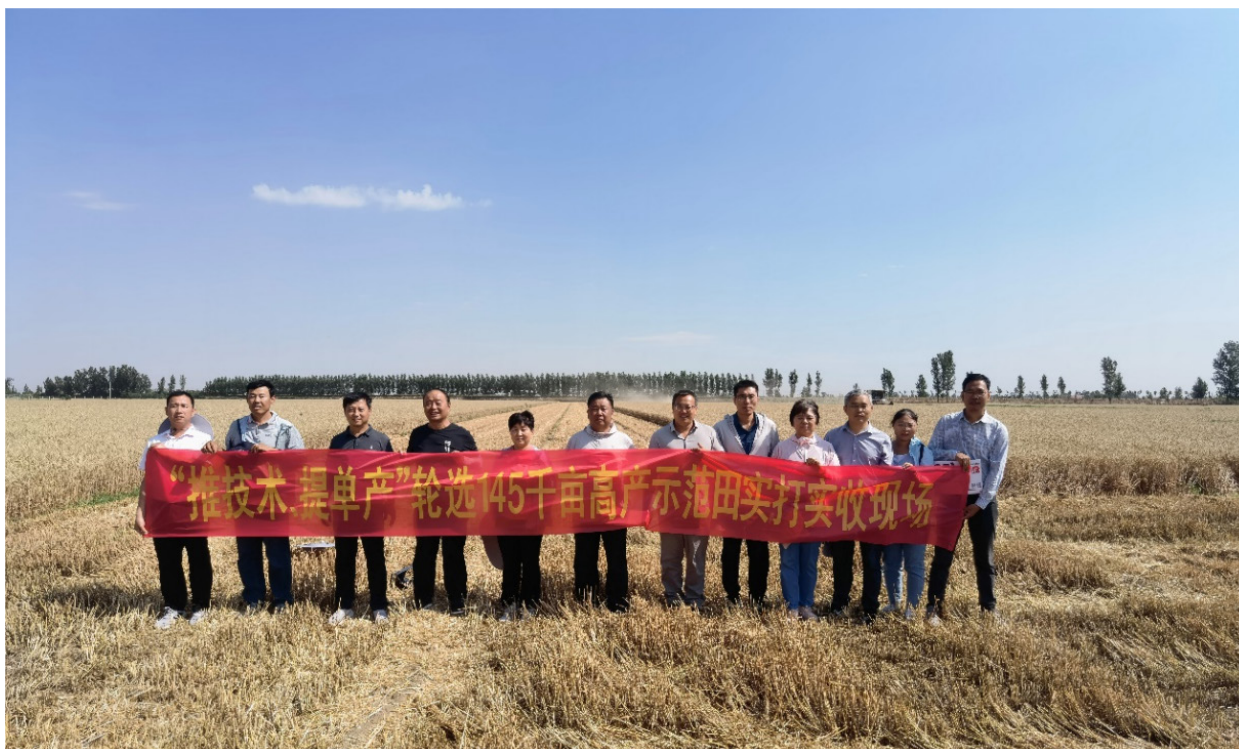


图16. 轮选145在河北省新乐市的测产现场



(七) 重要学术期刊任职情况

序号	姓名	任职学术期刊名称	职务	任职时间
1	万建民	The Crop Journal	主编	2017-01
2	万建民	Journal of Integrative Agriculture	顾问	2016-01
3	万建民	Rice Science	名誉主编	2012-01
4	万建民	作物学报	主编	2011-01
5	刘录祥	核农学报	主编	2024-04
6	李新海	作物学报	编委	2019-11
7	周文彬	Journal of Integrative Plant Biology	编委	2023-09
8	周文彬	The Crop Journal	编委	2017-06
9	周文彬	aBIOTECH	编委	2024-12
10	周文彬	Technology in Agronomy	编委	2023-10
11	周文彬	作物学报	编委	2017-06
12	马有志	作物学报	编委	2019-11
13	任玉龙	Agronomy	编委	2022-12
14	任玉龙	Seed Biology	青年编委	2024-08
15	王文生	Frontiers in Plant Science	副主编	2022-05
16	王文生	Agriculture	编委	2022-04
17	毛 龙	The Crop Journal	副主编	2024-01
18	何中虎	The Crop Journal	副主编	2024-01
19	何中虎	Molecular Breeding	编委	2024-01
20	何中虎	The Plant Genome	编委	2024-01
21	邱丽娟	The Crop Journal	编委	2020-01
22	邱丽娟	Journal of Integrative Agriculture	编委	2017-01
23	邱丽娟	The Plant Genome	编委	2019-01
24	徐建龙	The Crop Journal	副主编	2013-06
25	徐建龙	Frontiers in Plant Science	副主编	2022-05
26	徐建龙	Biology	编委	2022-05
27	徐建龙	Crop Breeding, Genetics and Genomics	编委	2024-01
28	徐建龙	作物学报	编委	2013-01

序号	姓名	任职学术期刊名称	职务	任职时间
29	徐建龙	核农学报	编委	2017-01
30	徐建龙	杂交水稻	编委	2024-01
31	王建康	The Crop Journal	副主编	2014-01
32	王建康	Theoretical and Applied Genetics	编委	2015-01
33	王建康	Euphytica	编委	2015-01
34	王建康	作物学报	副主编	2015-01
35	夏兰琴	Journal of Integrative Plant Biology	编委	2022-09
36	夏兰琴	aBIOTECH	副主编	2018-10
37	夏兰琴	Frontiers in Genome Editing	副主编	2022-01
38	夏兰琴	Journal of Integrative Agriculture	编委	2022-01
39	李慧慧	Frontiers in Plant Science	分刊主编	2022-01
40	李慧慧	Journal of Integrative Plant Biology	编委	2022-01
41	李慧慧	The Crop Journal	编委	2022-01
42	李慧慧	Theoretical and Applied Genetics	编委	2022-01
43	李慧慧	Journal of Integrative Agriculture	编委	2022-01
44	李慧慧	New Crops	编委	2022-01
45	李慧慧	aBIOTECH	编委	2023-01
46	李慧慧	Scientific Data	编委	2024-01
47	金秀良	Precision Agriculture	副主编	2023-04
48	金秀良	The Journal of Agricultural Science	副主编	2017-10
49	金秀良	Agronomy Journal	副主编	2018-06
50	金秀良	European Journal of Agronomy	副主编	2024-10
51	金秀良	New Phytologist	编委	2023-03
52	金秀良	The Crop Journal	编委	2020-01
53	金秀良	Frontiers in Plant Science	编委	2022-07
54	金秀良	Agriculture-Basel	编委	2023-01
55	金秀良	Scientific Reports	编委	2018-10
56	金秀良	作物杂志	编委	2020-01
57	周美亮	Journal of Genetics and Genomics	编委	2023-01

序号	姓名	任职学术期刊名称	职务	任职时间
58	周美亮	Journal of Integrative Agriculture	编委	2023-06
59	周美亮	BMC Genomics	编委	2022-01
60	周美亮	BMC Plant Biology	编委	2022-01
61	周美亮	BMC Biology	编委	2021-01
62	周美亮	The Innovation	编委	2024-05
63	童红宁	Journal of Integrative Plant Biology	编委	2024-03
64	童红宁	Journal of Genetics and Genomics	青年编委	2023-03
65	童红宁	Scientific Reports	编委	2022-10
66	童红宁	New Crops	编委	2023-07
67	童红宁	植物学报	编委	2024-11
68	徐兆师	Plants	编委	2021-05
69	徐兆师	International Journal of Mechanical Sciences	编委	2024-05
70	徐兆师	Genes	编委	2023-10
71	徐兆师	生物工程学报	编委	2022-10
72	徐兆师	吉林农业大学学报	编委	2023-10
73	李英慧	Agriculture	编委	2021-09
74	李英慧	Plants	编委	2023-05
75	李英慧	AIMS Agriculture and Food	编委	2022-12
76	李 甜	The Crop Journal	青年编委	2023-07
77	李 甜	Journal of Integrative Agriculture	青年编委	2023-06
78	李 甜	中国农业科学	青年编委	2023-07
79	杜 斐	Frontiers in plant science	编委	2022-09
80	杜 斐	Molecular Plant	青年编委	2020-08
81	杜 斐	Seed Biology	青年编委	2024-08
82	傅彬英	Frontiers in Plant Science	副主编	2023-06
83	傅彬英	BMC Plant Biology	编委	2021-01
84	刘 斌	Biology	编委	2023-10
85	刘 斌	植物学报	编委	2024-10
86	张 勇	Frontiers in Plant Science	编委	2018-01

序号	姓名	任职学术期刊名称	职务	任职时间
87	张 勇	Frontiers in Plant Science	编辑	2020-01
88	张红伟	Frontiers in Plant Science	编委	2022-09
89	张红伟	Agronomy	编委	2023-05
90	陈 明	Journal of Integrative Agriculture	编委	2022-01
91	陈 明	Agriculture	编委	2022-03
92	付俊杰	Frontiers in Plant Science	编委	2023-03
93	付俊杰	Agriculture	编委	2024-02
94	刘昌林	Agriculture	编委	2024-12
95	刘昌林	Frontiers in Plant Science	副主编	2022-09
96	刘金栋	Plants-basel	编委	2024-01
97	刘金栋	农业生物技术学报	青年编委	2024-01
98	夏 川	Frontiers in plant science	编委	2022-10
99	夏 川	BMC plant biology	编委	2024-05
100	孔秀英	Frontiers in plant science	副主编	2022-08
101	吴传银	The Crop Journal	编委	2014-09
102	张锦鹏	Biology	编委	2024-07
103	张 帆	International Journal of Molecular Sciences	编委	2023-04
104	程治军	International Journal of Molecular Sciences	编委	2016-01
105	郝转芳	Agronomy	编委	2023-10
106	侯文胜	Agronomy	编委	2023-09
107	贾冠清	Agronomy	编委	2024-01
108	李文学	The Crop Journal	编委	2022-01
109	路则府	The Plant Journal	编委	2022-04
110	李学勇	Frontiers in Plant Science	主编	2024-01
111	王 轲	Frontiers in Plant Science	编委	2019-05
112	张立超	Frontiers in Plant Science	副主编	2024-05
113	张晓玫	Frontiers in Plant Science	编委	2021-06
114	纪志远	Frontiers in Plant Science	编委	2024-01

序号	姓名	任职学术期刊名称	职务	任职时间
115	翁建峰	New Crops	青年编委	2023-08
116	魏学宁	New Crops	青年编委	2024-01
117	明 博	Journal of Integrative Agriculture	青年编委	2023-01
118	祝秀亮	Agriculture Communications	青年编委	2024-05
119	郭会君	核农学报	副主编	2024-04
120	周升辉	应用与环境生物学报	编委	2024-05
121	肖永贵	农业生物技术学报	编委	2022-01
122	黎 裕	植物遗传资源学报	编委	2024-01
123	李超男	Phenomics	青年编委	2024-12
124	李 龙	WheatOmics	编委	2025-05
125	雍洪军	Agronomy	编委	2024-07



### (八) 重要学术组织任职情况

序号	姓名	学术组织名称	职务	任职时间
1	万建民	国际作物学会	理事长	2012-01
2	万建民	中国作物学会	理事长	2019-01
3	万建民	中国农业生物技术学会	理事长	2017-11
4	万建民	国际农业智库	副主席	2021-04
5	万建民	中国农学会	副会长	2017-12
6	万建民	中国种子协会	副会长	2017-06
7	刘录祥	亚太植物诱变育种协作网	主席	2019-07
8	刘录祥	国际农业研究磋商组织	专家成员	2021-02
9	刘录祥	中国作物学会	秘书长	2023-11
10	刘录祥	中国原子能农学会	理事长	2023-08
11	李新海	中国作物学会	副会长	2024-09
12	周文彬	中国植物生理与植物分子生物学学会	理事	2024-10
13	周文彬	中国作物学会	副理事长	2019-10
14	周文彬	中国农学会遗传资源分会委员会	副主任委员	2023-09
15	马有志	中国作物学会	常务理事	2002-01
16	马有志	中国作物学会分子育种专业委员会	会长	2019-11
17	王文生	海南省农学会	副理事长	2023-05
18	王文生	中国作物学会	理事	2024-09
19	何中虎	国际小麦大会国际组委会	委员	2016-08
20	何中虎	国际小麦协作委员会	理事	2020-08
21	何中虎	中国作物学会	主任委员	2015-09
22	何中虎	国际玉米小麦改良中心（CIMMYT）	首席代表	2015-06
23	邱丽娟	中国作物学会大豆专业委员会	会长	2018-01
24	邱丽娟	中国作物学会	常务理事	2014-01
25	邱丽娟	大豆产业协会食品大豆分会	常务理事	2009-01
26	邱丽娟	世界大豆研究大会	常务理事	1999-01
27	夏兰琴	中国植物生理学与植物分子生物学学会	副理事长	2024-01
28	夏兰琴	中国植物生理学与植物分子生物学学会 植物生物技术与产业化分会	副会长	2024-01

序号	姓名	学术组织名称	职务	任职时间
29	夏兰琴	中国植物生理学与植物分子生物学学会女科学家分会	委员	2019-07
30	夏兰琴	中国遗传学会基因组编辑分会	委员	2019-10
31	谢传晓	中国农学会	理事	2024-01
32	谢传晓	中国作物学会	常务理事	2024-09
33	金秀良	农业农村部农业信息化技术标准委员会	委员	2024-11
34	金秀良	中国仿真学会农业建模与仿真专业委员会	委员	2020-01
35	金秀良	中国遗传学会作物表型组学专业委员会	委员	2024-07
36	金秀良	中国计算机学会数字农业分会	执行委员	2021-01
37	金秀良	中国作物学会智慧农业专业委员会	委员	2020-10
38	金秀良	中国农业机械学会青年工作委员会	常务委员	2020-12
39	周美亮	International Buckwheat Research Association	主席	2023-07
40	周美亮	国际荞麦协会	委员	2016-01
41	周美亮	中国作物学会燕麦荞麦专业委员会	会长	2023-08
42	周美亮	中国农学会杂粮分会	副主任委员	2022-06
43	黎 裕	中国农学会遗传资源分会	常务委员	2023-05
44	黎 裕	中国作物学会	理事	2024-09
45	贾冠清	中国农学会	理事	2023-11
46	贾冠清	中国作物学会粟类作物专业委员会	副会长	2019-11
47	付俊杰	北京生物化学与分子生物学会	理事	2024-11
48	付俊杰	中国生物信息学会（筹）农林专委会	委员	2023-10
49	童红宁	农业生物化学与分子生物学学会	常务委员	2023-07
50	童红宁	中国农学会遗传资源分会	委员	2023-05
51	孙君明	中国农村专业技术协会大豆专业委员会	主任	2023-12
52	孙君明	中国农村专业技术协会	理事	2023-12
53	王建康	中国作物学会分子育种专业委员会	秘书长	2019-11
54	武 晶	中国作物学会食用豆专业委员会	会长	2024-08
55	谢永盾	中国原子能农学会	常务理事	2023-08
56	郭会君	中国原子能农学会	常务理事	2023-08

序号	姓名	学术组织名称	职务	任职时间
57	熊宏春	中国原子能农学会	理事	2023-08
58	关荣霞	中国作物学会大豆专业委员会	副会长	2023-08
59	李英慧	安徽农业大学农学院	学术院长	2023-11
60	李慧慧	中国作物学会智慧农业专业委员会	秘书长	2022-01
61	阎 哲	中国作物学会大豆专业委员会	秘书长	2023-08
62	郝元峰	国际小麦协调委员会	委员	2020-08
63	路则府	中国农学会遗传资源分会	委员	2023-05
64	李文学	中国植物营养与肥料学会植物营养分子生理专业委员会	委员	2023-08
65	姜奇彦	山东省农业标准化技术委员会盐碱地综合利用分技术委员会	委员	2024-02
66	张锦鹏	中国农学会遗传资源分会	委员	2023-05
67	李春辉	中国作物学会玉米专业委员会	副会长	2024-09
68	孙君明	中国原子能农学会	理事	2023-08
69	李 斌	中国农村专业技术协会大豆专业委员会	秘书长	2023-12

(九) 大型学术会议特邀报告

序号	报告人	报告名称	会议名称	会议时间
1	万建民	生物育种发展现状与建议	第三届三亚国际种业科学家大会	2024-01-05
2	万建民	构建新型创新体系 提升种业竞争力	2024 中国种子（南繁硅谷）大会	2024-03-17
3	万建民	强化种业攻关，确保粮食安全	第四届全国农业科技发展战略智库联盟大会	2024-05-19
4	万建民	加快培育新质生产力 促进种业创新	第二届种业知识产权保护与运用推进行动大会	2024-09-29
5	万建民	加强种业科技创新，引领农业高质量发展	第三十一届中国北京种业大会	2024-10-18
6	万建民	对加快培育种业发展新质生产力的思考	中国农学会 2024 学术年会	2024-10-19
7	万建民	我国种业发展现状与挑战	杨凌农业高科技博览会种业创新论坛	2024-10-27
8	万建民	我国生物种业发展现状	第二十一届全国种子信息交流与产品交易会	2024-10-29
9	万建民	我国粮油作物科技攻关进展	全国粮油和大豆产业博览会	2024-11-07
10	万建民	水稻抗稻飞虱基因发掘与育种利用研究	2024 全国植物生物学大会	2024-11-17
11	万建民	生物育种发展现状与建议	2024 中国农业农村科技发展论坛	2024-12-12
12	刘录祥	Wheat Production, Research and Development in China	第三届国际小麦大会	2024-09-22
13	刘录祥	中国利用诱变育种技术应对气候变化的成就与展望	联合国粮农组织 / 国际原子能机构粮食和农业核技术联合中心成立 60 周年会议	2024-11-27
17	李新海	我国玉米生产形势与发展对策分析	2024 中国种子（南繁硅谷）大会	2024-03-18
16	李新海	玉米遗传改良与种质创新	第一届全国作物杂种优势与生物育种学术大会	2024-07-03
18	李新海	我国玉米种业发展形势与种质创新需求	第一届玉米种质改良与创新利用研讨会	2024-08-10
14	李新海	Maize Germplasm Improvement and Innovation	非洲－中国－CIMMYT 作物科学高层论坛	2024-08-12
15	李新海	玉米生物育种链式创新与对策建议	第四届中国玉米种子及产业链专业论坛	2024-10-18

序号	报告人	报告名称	会议名称	会议时间
19	周文彬	The Basis of High Light Use Efficiency for Greater Grain Yield	NSFC-BMGF 首届农业研讨会	2024-05-08
20	周文彬	Progress and Prospects of Agricultural Science and Technology Cooperation between China and Africa	Africa-China-CIMMYT Science Forum	2024-08-13
21	周文彬	Physiological and Molecular Responses to High Light Stress in Maize and Rice	Schedule for Sino-Israeli Symposium on "Plant Environment Interactions"	2024-11-05
22	周文彬	作物高光效进展	生物技术与现代农业创新论坛	2024-12-09
23	王文生	Progress of Crop Science and Technology Innovation	“一国一品”议实施示范国家第一次技术研讨会	2024-07-15
24	何中虎	中国小麦育种进展与展望	第二届中国-巴基斯坦小麦分子育种国际大会	2024-03-06
25	何中虎	Application of molecular markers in wheat breeding	NSFC-BMGF 首届农业研讨会	2024-05-29
26	何中虎	中国小麦品质育种进展与展望	非洲-中国-CIMMYT 作物科学高层论坛	2024-08-13
27	何中虎	CAAS-CIMMYT 小麦育种	第三届国际小麦大会	2024-09-22
28	谢传晓	Overview of Technological Innovation and Development of Agricultural Genome Editing in China	G20 Secretariat	2024-05-06
29	谢传晓	作物育性育种技术历史与展望	全国第一届作物杂种优势与生物育种学术大会	2024-07-03
30	谢传晓	玉米基因编辑技术与种质创新	第一届玉米种质改良与创新利用研讨会	2024-08-09
31	谢传晓	作物基因编辑生产性应用展望	2024 国际农业生物技术发展与应用交流会	2024-09-19
32	李文学	玉米磷养分高效机制解析	第七届全国玉米生物学学术研讨会	2024-04-27
33	李文学	Mining and utilization of genetic resources that could enhance Fe concentrations in maize kernels	2024 aBIOTECH Conference	2024-06-29



序号	报告人	报告名称	会议名称	会议时间
34	李文学	玉米籽粒富铁基因的挖掘与利用	中国植物营养与肥科学会 2024 年学术年会	2024-08-10
35	李文学	玉米抗倒伏基因的挖掘与利用	第二十一届中国作物学会学术年会	2024-09-13
36	李文学	Mining and utilization of genetic resources that could enhance Fe concentrations in maize kernels	The 5th International Conference on Plant Metabolism ICPM 2024	2024-11-25
37	阎 哲	Integrated single-nucleus and spatial transcriptomics captures transitional states in soybean nodule maturation	国际植物分子生物学大会	2024-06-24
38	阎 哲	大豆种质资源精准鉴定进展	第 30 届全国大豆科研生产研讨会	2024-08-22
39	阎 哲	Integrated single-nucleus and spatial transcriptomics captures transitional states in soybean nodule symbiosis establishment	第 19 届澳洲生物固氮大会	2024-10-03
40	阎 哲	Single-cell sequencing on soybean nodules identifies genes facilitating rhizobium infection	第七届植物 – 生物互作国际会议	2024-10-13
41	童红宁	复粒稻遗传基础与增产机制	中国作物学会第 12 次会员代表大会	2024-09-01
42	童红宁	Enhancing Rice Panicle Branching and Grain Yield through Tissue-Specific Brassinosteroid Inhibition	2024 年植物科学与现代农业国际研讨会	2024-10-16
43	童红宁	Unlocking the Future of Rice Seed Innovation: Harnessing Plant Hormones for Resilience and Yield	亚洲种子大会	2024-12-02
44	贾冠清	作物驯化与育种选择的群体遗传研究进展	中国作物学会粟类作物专业委员会第九届全国会员代表大会暨学术年会	2024-07-19
45	贾冠清	谷子产业技术创新现状及未来趋势	第六届小米产业交流对接会暨阳城红苗谷高质量发展研讨会	2024-08-15
46	贾冠清	我国谷子种业发展特征与趋势	第二届内蒙古种业高质量发展论坛	2024-09-28

序号	报告人	报告名称	会议名称	会议时间
47	李英慧	多组学联合发掘大豆耐密植相关基因	2024 中俄作物分子育种研讨会	2024-07-02
48	李英慧	Evaluation and harnessing of diversity in soybean using the omics-based high-throughput strategies	第十一届国际豆类遗传和基因组学大会	2024-09-24
49	刁现民	谷子基因组和泛基因组	2024 全国植物生物学大会	2024-11-19
50	张锦鹏	小麦冰草远缘杂交新种质创制与最近进展	第十二届全国小麦基因组与分子育种大会	2024-08-15
51	武 晶	食用豆种质资源鉴定评价	第二十一届中国作物学会学术年会	2024-09-13
52	周美亮	Research and utilization of buckwheat germplasm resources	“生态育种”项目结题会和有机育种会议	2024-01-15
53	姜奇彦	耐盐碱作物种质资源收集与鉴定评价	耐盐碱作物学术研讨会	2024-10-31
54	汤 沙	谷子穗部性状的遗传调控研究	2024 全国植物生物学大会	2024-11-19
55	夏兰琴	作物基因组编辑促进可持续农业发展和公众健康	2024 年 NSFC-BMGF 首届农业研讨会	2024-05-28
56	徐建龙	Whole genomic prediction for hybrid rice breeding	动植物基因组大会 亚洲分会	2024-06-05
57	李慧慧	Smart Breeding By Integrating Artificial intelligence and Big Data	2024 年亚洲动植物基因组学大会	2024-06-05

序号	报告人	报告名称	会议名称	会议时间
58	纪志远	Coevolution unveiled: Sulfate transporters mediate rice resistance and susceptibility to <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzicola</i>	第八届黄单胞基因组国际会议	2024-08-04
59	王景一	TaWAK5 通过结合寡聚半乳糖醛酸激活小麦抗旱反应	第十二届全国小麦基因组与分子育种大会	2024-08-15
60	黎 亮	利用 DH 和 GS 技术加速北方极早熟种质创新	2024 年全国玉米遗传育种学术研讨会	2024-09-06
61	张 勇	Wheat Breeding, Variety Release and Seed Industry in China	第二届中国－巴基斯坦小麦分子育种国际大会	2024-03-06
62	郝元峰	Gene discovery and breeding for high grain zinc and iron	第二届中国－巴基斯坦小麦分子育种国际大会	2024-03-06
63	肖永贵	小麦产量与耐胁迫性状表型智能鉴定与遗传应用	黄淮海小麦产业高质量发展推进会议暨第四届 WheatOmics 青年学术会议	2024-11-15
64	郭会君	Wheat mutant resources enhance discovery of novel genes and functional genomics	第三届国际小麦大会	2024-09-20
65	武婷婷	大豆光温适应性分子改良育种实践	2024 中俄作物分子育种研讨会	2024-07-02
66	路则府	多组学和机器学习鉴定非编码区调控元件	第十二届全国小麦基因组与分子育种大会	2024-08-15
67	李超男	Exploration of genes and favorable alleles for RSA improvement in wheat	2024 年丝绸之路小麦创新联盟国际学术研讨会	2024-12-15

### (十) 开放课题

为促进实验室的对外开放与交流,吸引和凝聚国内外优秀学者开展高水平研究,促进重大成果产出,实验室设立开放研究基金项目,鼓励国内外高等院校、科研机构研究人员尤其是中青年学者,与实验室研究团队紧密合作,充分利用实验室技术平台资源,开展与实验室主要研究方向相关的基础和应用基础研究。

本年度,围绕学科发展趋势和实验室团队特点,新设立开放课题 10 项,项目总经费 100 万元。实验室通过网站发布开发课题申报通知,在网上发布了开放研究基金项目申请指南,要求选题为作物种质资源精准鉴定、作物基因资源挖掘工具与技术研发、作物优异基因资源高效挖掘、作物基因资源设计与创制、作物重大品种培育与应用 5 个研究方向。实验室共收到来自河南农业大学、南京农业大学、山西农业大学、海南大学南繁院、长江大学、浙江师范大学、江西农科院、山东农科院、福建农科院、新疆农科院等 13 家单位的 15 份项目申请书。经实验室专家初评和学术委员会评审,决定立项“尾状山羊草广谱抗小麦白粉病基因 *Pm7C* 的图位克隆和种质创新”“小麦氮素高效利用基因资源的挖掘”“*OsGCS7* 调控水稻抽穗—灌浆期耐热性的分子机制研究”等 10 项课题。其中,“尾状山羊草广谱抗小麦白粉病基因 *Pm7C* 的图位克隆和种质创新”课题,前期鉴定出尾状山羊草 7C 染色体携带广谱抗白粉病基因 *Pm7C*,

项目围绕 *Pm7C* 基因克隆与利用,构建了具有诱导部分同源染色体高频重组基因 *ph1b* 纯合背景的 *Pm7C* 大规模分离群体,筛选到 126 个 7C 重组体;基于 *Alcd*-尾状山羊草 7C 二体附加系 TA3562 转录组以及尾状山羊草 Ae15 全长转录组开发了 50 个 7C 染色体特异分子标记,已将 *Pm7C* 定位于尾状山羊草 7C 染色体长臂中部分子标记 Ac77516 和 Ac95072 之间,对应中国春小麦 7D 染色体 26.34 Mb 物理区段;从 TA3562 的 EMS 诱变处理后代鉴定出 20 个来自不同 M2 株系的真实抗性丧失突变纯合体,完成了 6 个真实抗性丧失突变体及抗病亲本的 MutRNA-Seq 测序, *Pm7C* 基因克隆进展顺利。“小麦氮素高效利用基因资源的挖掘”课题,针对小麦高产育种的氮高效基因遗传材料和基因资源不足,尤其是适应土壤环境、施肥水平、栽培方式的小麦主栽品种改良的氮高效基因仍然十分缺乏等问题,利用具有极高遗传多样性的小麦种质资源群体、遗传群体及诱变材料,分别在实验室和长期定位实验站不同氮肥供给田块中进行不同氮素形态和浓度的处理,鉴定小麦不同材料的氮素利用相关指标(包括根系铵态氮/硝态氮响应值、铵态氮/硝态氮/氨基酸吸收效率、株高/分蘖/花期/产量氮素响应值、植株氮浓度、氮素利用效率等),从中筛选出氮素吸收利用效率存在显著差异的小麦材料,筛选获得小麦氮高效的优异种质资源 2 个,优异基因资源正在挖掘当中。

## 七、队伍建设和人才培养

### （一）团队建设

2024 年，紧扣国家战略需求，瞄准重点实验室定位与使命，引育并举，聚集了一批作物基因资源与育种研究方面的优秀人才。目前本实验室包括 125 名核心骨干科研人员和 52 名流动人员。其中，45 岁以下青年骨干占 66%。实验室拥有 22 个研究团队和近 70 人次的国家级人才集群。其中，两院院士 1 人，国家高层次人才特殊支持计划领军人才 12 人，国家高层次人才特殊支持计划青年拔尖人才 8 人，国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类获得者（原杰青）1 人，国家自然科学基金青年科学基金项目 B 类获得者 5 人（原优青），海外优青 3 人，中国青年科技奖 3 人，国家“百千万人才工程”入选者 6 人，科技部“创新人才推进计划”重点领域团队首席 2 人，科技部“创新人才推进计划”中青年领军人才 5 人，农业农村部神农领军人才 4 人，农业农村部神农青年英才 9 人，全国农业科研杰出人才及其创新团队 7 人，现代产业技术体系首席科学家 6 人，形成了具有国际竞争力的研究队伍。

### （二）人才培养

实验室始终坚定秉持人才引领发展的核心理念，将打造高水平科研队伍视为推动实验室持续进步的关键驱动力。通过完善制度体系、强化引育并举、注重青年培养等举措，着力打造一支结构合理、具有创新活力的高水平科研队伍。

#### 1. 持续深化人才发展体制机制

一是持续完善人才发展机制，人才工作制

度逐步健全。坚持目标导向和问题导向，通过制度创新和精准服务激发科研活力。制定和修订《优秀博士后奖励管理办法》《稳定性专项奖励经费管理办法》等 10 项制度措施，逐步形成了层次分明、奖惩并举、保障有力的人才制度体系，为实验室高质量发展提供制度保障。二是创新设立引才伯乐奖，充分挖掘内部专家人脉资源。对积极为实验室引进青年人才的专家予以奖励，逐步形成“以才引才”的良好局面。三是聚焦科研人员需求，消除后顾之忧。通过青年启航计划，每年为优秀年轻人才提供 5 万元科研经费，连续支持 3 年，帮助他们在创造力黄金时期开展原创性研究；坚持实施青年薪酬保障计划，对新入编 5 年内的科研人员每月额外发放扶持性补助，大力加强青年人才培养，使其潜心科研。

#### 2. 高层次人才引育成效显著

一是依托农业关键核心技术攻关、院科技创新工程和农科英才工程等引进青年人才。针对实验室作物优异基因资源挖掘与分子设计研究方向，重点引进在玉米和小麦株型和穗型调控研究的优秀青年人才 2 人（杜斐、陈颖）。二是高度重视人才自主培育，积极助力专家申报各类人才项目，成效显著。新增国家、院级人才 15 人次，其中，童红宁获得国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类（原杰青）项目资助，汤沙获得国家自然科学基金青年科学基金项目 B 类（原优青）项目资助，贾冠清入选国家高层次人才特殊支持计划创新型领军人才，杨平、



李春辉、熊宏春入选国家高层次人才特殊支持计划青年拔尖人才，李新海、吴存祥入选神农领军人才，周美亮、李慧慧入选神农青年人才；吴存祥等 2 人入选中国农业科学院农科英才创新型领军人才，汤沙等 3 人入选中国农业科学院农科英才杰出青年人才，高层次人才队伍逐步扩大，为实验室科研工作的高质量发展奠定了坚实基础。

### 3. 强化实验室青年骨干人才培养

一是持续推进实施学术导师领航计划，对国家人才培养对象和青年职工分别实行“多对一”“导师小组”培养模式，精准助力成长。二是先后派出 2 名青年科研人员赴英国、德国开展中长期访学交流，组织 39 人次出国参加学术会议，拓宽学术视野。三是实施职称评审青年通道和所聘研究员计划，5 人晋升正高级职称，2 人晋升副高级职称。四是支持青年人才挑大梁，目前有 11 名 45 岁以下青年人才担任研究团队负责人，让青年人才在关键岗位上担当重任，不断提高能力。其中，童红宁研究员于 2024 年获得国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类（原杰青）项目资助，汤沙研究员获得国家自然科学基金青年科学基金项目 B 类（原优青）项目资助。

童红宁研究员，担任实验室“水稻种质资源精准鉴定”方向组长，带领团队围绕水稻产量三要素，在系统解析 BR 调控水稻亩穗数和千粒重等相关性状的基础上，进一步破解了优异水稻种质“复粒稻”的遗传基础。发现 BR 精准控制分生组织转化调控穗粒数的重要作用，证实在组织细胞水平精确调节 BR 可以有效打破不同性状关联造成的增产瓶颈，成果发表在 Science 期刊上。童红宁研究员先后获得国家自

然科学基金青年科学基金项目 B 类（原优青）项目资助、科技部中青年科技创新领军人才、农业农村部神农青年英才等荣誉，并于 2024 年获得国家自然科学基金青年科学基金项目 A 类（原杰青）项目资助。

汤沙研究员，通过赋予关键岗位重任、提供科研资源支持以及搭建高水平学术平台，使得汤沙能够潜心坚持从事谷子基因资源基础研究工作，个人科研能力与学术水平得到稳步提升。克隆了 *SGD1*、*DPY1* 等重要性状关键基因，以第一或通讯作者在 Nature Genetics、Nature Communications 等高水平期刊发表论文 20 篇，推动了谷子功能基因研究的国际化进程。汤沙研究员于 2024 年获得国家自然科学基金青年科学基金项目 B 类（原优青）项目资助。

### 4. 博士后队伍量质双提升

完善优秀博士后奖励制度，实现站前、站中、站后资助“全覆盖”，博士后规模逐步扩大，2024 年新进站 36 人，同比增长 29%，77% 来自双一流高校或知名科研院所，显著提升了博士后队伍的整体质量。博士后以第一作者（含共同）发表高水平论文 11 篇，授权国家发明 4 项（前 2），获得品种审定 1 项（第 1）；获国家自然科学基金项目资助人数达 7 人，入选国家资助 1 人，中国农业科学院优秀博士后 10 人、院优农计划 2 人，在站期间晋升高级职称 6 人，博士后队伍建设取得明显成效。为促进博士后之间的学术交流与合作，建立博士后学术交流常态化机制，去年组织博士后学术沙龙 9 期，营造了浓厚的学术氛围，有力推动了实验室科研工作的协同发展。

## 八、开放与合作交流

### （一）学术交流与合作情况

#### 1. 强化国内学术交流，促进种业科技创新

举办耐盐碱作物学术会，促进耐盐作物品种研发。为深入贯彻落实习近平总书记关于转变育种观念，由治理盐碱地适应作物向选育耐盐碱植物适应盐碱地转变的重要指示精神，10月31日—11月1日组织国内首届“耐盐碱作物学术研讨会”。会议围绕“改种适地，向盐而生”主题，来自国内75所科研单位的350余名专家学者齐聚一堂，共策耐盐碱作物新品种开发及盐碱地综合利用，共商盐碱地资源高效利用和盐碱地农业可持续发展大计。实验室主任万建民院士，中国科学院院士钱前，国家发展改革

委农经司司长陈学斌等领导专家出席会议。会议由实验室副主任刘录祥主持。钱前院士、梅旭荣研究员等36位专家围绕耐盐碱作物种质资源收集评价、新基因挖掘与功能解析、新品种培育与栽培技术、基因编辑与人工智能等领域的最新成果进行交流与讨论。与会专家一致认为，耐盐碱作物种质资源的筛选鉴定与创新利用，是激活盐碱地综合开发的新质生产力。建议整合全国科研优势力量，构建精准鉴定评价体系，解析耐盐碱遗传机制，加速创制突破性新种质，加强耐盐碱新种质的创制和新品种培育，加快研究成果的转化与应用。



图17. 实验室主任万建民院士出席会议

召开全国野生稻大会，加快野生资源利用。2024年5月9日—11日，组织第五届全国野生稻大会。此次大会旨在为全国野生稻科技工作者把握研究方向、展示最新成果、探讨关键问题提供交流平台。中国农科院副院长曹永生，实验室主任万建民院士，刘旭院士、刘耀光院士、谢华安院士，农业农村部农业生态与资源保护总站处长黄宏坤、中国农科院科技局局长李新海、广东省农科院党委副书记吴亚玲、广东省

科学技术厅二级巡视员安建光、广东省农业农村厅二级巡视员何国威等领导专家出席开幕式。开幕式由实验室副主任周文彬主持。

会议期间，万建民院士、谢华安院士、刘耀光院士分别就水稻杂种不育的遗传学研究、种业创新与粮食安全、野败型恢复基因等做主旨演讲。45位专家围绕野生稻种质资源的分类与保护、稻种资源鉴定评价、创新利用，以及基因组学与分子生物学最新进展等进行学术交



图18. 第五届全国野生稻大会

流和研讨。会后，与会人员参观了广州国家野生稻种质资源圃。来自全国野生稻研究、保护和利用的70多家单位380余人参加会议。

组织召开玉米种质改良与创新利用研讨会，加速重大种质创新利用。2024年8月9日—12日，组织第一届玉米种质改良与创新利用研讨会。此次大会旨在促进我国玉米种质改良与创新领域科技工作者的交流与合作，展示最新科研成果，推进我国玉米种业高质量发展。农业农村部科学技术司副司长蒋丹平、种业管理司副司长杨海生、中国作物学会玉米专业委员会主任李建生、实验室副主任周文彬等领导专家

出席开幕式。国家玉米产业技术体系首席科学家、实验室副主任李新海主持会议开幕式。

会议期间，28位专家围绕玉米种质研究与基因发掘、玉米种质改良与创新技术、玉米基础种质创新与应用、玉米商业化种源创新与利用四个层面进行学术交流和研讨。来自国内外十余所高校与研究机构的四百余名学者开展了研讨交流。与会专家一致认为，种质改良是一项系统工程，建议启动“全国玉米种质遗传改良计划”，开展全国范围内的大协作，形成全国“一盘棋”统筹布局的新局面，稳步推进我国的玉米种质改良与创新利用工作。





图19. 第一届玉米种质改良与创新利用研讨会

举办第一届全国“基于多组学的作物基因资源研究培训班”，促进交流共享。2024年3月27日—29日，组织承办由中国农学会遗传资源分会主办的第一届全国基于多组学的作物基因资源研究培训班。此次培训班旨在结合新时期作物资源研究发展要求，指导学员利用最新的多组学理论、技术与方法，进行种质资源研究，助推我国种质资源多组学研究高速发展。中国工程院院士刘旭，实验室副主任周文彬，中国农科院重任局种子创新处处长、中国农学会遗传

资源分会秘书长郭刚刚等领导专家出席开班典礼并致辞。

培训期间，相关专家围绕基因组、表观组、转录组、代谢组、蛋白组和表型组等多组学的基因资源研究做专题报告。从基础理论、实验设计和结果分析等方面，结合实际案例进行详细讲解。期间，参训人员还参观了国家作物种质资源库，听取种质库建设历程、农作物种质资源收集与保护利用情况。来自全国53个单位从事种质资源研究的131位学员参加了此次培训。



图20. 基于多组学的作物基因资源研究培训班

## 2. 强化国际学术交流和项目合作，扩大国际影响力

G2P 国际大科学计划培育项目通过验收。由实验室主任万建民院士主持的国家重点研发计划战略性科技创新合作专项“G2P：农作物基因资源阐释”国际大科学培育项目顺利通过科技部组织的综合绩效评价验收。G2P 培育项目围绕全球粮食安全等重大问题，以水稻、小麦、玉米、大豆等主要农作物为研究对象，整合国内优势单位与国际顶尖作物研究机构，开展作物基因资源深度阐释与利用研究，显著提升了我国农作物基因资源研究的国际影响力。在此基础上，组织召开了 G2P 国际大科学计划首届全体会议，获得 25 家国际伙伴签署意向书，在科学研究、组织管理架构、多渠道投入、国际网络构建等方面形成了一整套完善的方案和体系，推进了以我国为主的农作物基因资源国际合作网络构建。

国际合作项目取得显著成效。实验室高度重视与国外科研机构联合申报国际合作项目，2024 年新增主持国合项目 3 项，在研主持项目 15 项，经费主要来源于国家自然科学基金委、国家重点研发计划、盖茨基金等。在国家自然科学基金项目的资助下，联合国际玉米小麦改良中心等国际机构，围绕小麦、玉米和大豆的抗旱耐热、耐旱及油脂积累等性状，克隆相关重要基因并解析了分子机制。在国家重点研发计划项目的资助下，阐明了中欧甜荞核心种质的群体结构。此外，还通过其他项目资助，与“一带一路”国家构建了联合育种平台，提升了西非国家小农户的水稻良种普及率和种植水平；在巴基斯坦审定首个优质长粒型水稻品种 Guard203，在哈萨克斯坦筛选出适于当地种植的小麦新品种 5 份；建立了作物快速诱变育种新技术 3 项，创制了一批小麦、水稻等主要农

作物抗旱、耐盐、抗病等优异突变新种质。

国际合作交流和人员互访深入推进。实验室不断深入推进国际学术交流，共承办 9 场国际会议、双边会议和培训班，吸引了来自多国及国际组织的外宾参与，其中包括与德国联合主办的大麦适应性学术会议、在肯尼亚召开的非洲—中国-CIMMYT 科学论坛等，促进了国际间的科研合作与交流。接待境外来访团组 39 次 300 余人，其中，副国级及以上 3 次、部级 15 次、司局级及以下 21 次。共有 10 人次在国际农业智库等国际组织兼职，93 人次在 The Crop Journal 等学术期刊担任主编、副主编等，为全球农业政策制定和科技创新提供智力支持。实验室推荐的 CIMMYT 科学家雷诺兹博士荣获了 2024 年度“中国政府友谊奖”。实验室编制了四期国际合作工作进展季刊，系统展示了国际合作进展及成效。实验室鼓励科研人员赴外开展学术交流和考察访问，2024 年共派出 84 人次因公出访 29 个国家和地区。

国际大麦适应性学术报告会成功举办。2024 年 4 月 22 日—26 日，与德国莱布尼茨植物遗传与作物育种研究所（IPK）共同主办“大麦对气候多样性的适应机制学术研讨会—暨国际大麦适应性学术报告会”。本次会议汇聚了国内外基因组学与大麦研究领域的顶尖专家学者，旨在深入交流大麦基因组学与环境适应性研究的前沿进展，推动科研成果共享与国际合作。会议特邀德国国家科学院院士 Maria von Korff 教授、澳大利亚工程院院士李承道教授、德国 IPK 种质资源系主任 Nils Stein 教授、Thorsten Schnurbusch 教授等国际知名专家，以及崖州湾种子国家实验室首席科学家钱前院士、高级科学家凌宏清研究员、实验室常务副主任刘录祥研究员等国内权威学者作专题报告。25 位专家围绕大麦基因组与泛基因组研究、种质库保存



资源的深入挖掘与育种利用、突变体库构建与新基因发掘等前沿课题做学术报告和深入研讨。来自中、德、澳、日的近五十名专家学者线下以及海内外二十余所高校与研究机构的 150 余名学者线上参与了本次学术会议，与会人员就报告内容进行了热烈讨论和深入交流。会议期间，代表们还实地考察了河南新乡和江苏盐城的大麦试验示范基地，深入了解了我国大麦产业发展现状、沿海地区密植栽培技术创新，以及实验室在大麦种质创新和抗病品种培育方面的重要进展。本次会议的成功召开，不仅加强了中德两国在大麦研究领域的学术交流，也为全球大麦科研工作者搭建了高水平的国际合作平台，将有力推动大麦科研和产业应用的协同发展。

### 3. 其他学术交流

实验室着力打造高水平学术交流平台，通过“作科大讲坛”和“作物科学前沿进展”系

列讲座，全年共举办 32 场学术活动。活动邀请到包括王学路、李传友、巩志忠等国内顶尖专家，以及 Ralph Bock、Cristobal Uauy、Motoyuki Kshikari 等国际知名学者在内的 45 位专家作学术报告。这些活动不仅为科研人员带来了植物科学、作物遗传育种等领域的最新研究进展和前沿动态，有效激发了实验室的创新活力，还搭建了国际合作桥梁，促成了多项国内外科研项目的深度合作，显著提升了实验室的学术影响力和国际交流水平。此外，通过与崖州湾国家实验室签订战略合作协议，加强双方在科技、材料、成果等方面的交流与共享，共同推进创新成果的产业应用，促进我国作物育种科技的原始创新。实验室副主任任玉龙参加了在湖南长沙举办的第一届水稻科技国家平台交流会，汇报了实验室科技进展，与参会专家交流了学术思想，进一步提升了实验室的学术影响力。



图21. 举办国际大麦适应性学术报告会



## （二）公众开放情况

实验室通过线上线下多元化方式，大力开展科普活动，提高全民科学素养。利用农科开放日、全国科普日、中国农民丰收节等组织开展科普活动 63 次，线下 1140 人次参与。向公众普及作物种质资源、基因资源、生物育种等科学知识，在提高全民科学素养方面取得显著成绩。

第六届农科开放日：“童心种下科学梦”活动。4 月 13 日，在中国农业科学院第六届农科

开放日召开之际，实验室相关专家带领参加活动的家长 and 小朋友在种质库实地参观了解种质资源的保存方法和丰富多样的种质资源，生动讲述了新中国历史上规模最大的农业种质资源普查取得的系列成果及其背后的故事，普及如何由种质资源转变为基因资源、生物技术如何加快育种进程等知识，让年轻一代切身感受到我国在种质资源战略储备、种业科技创新体系构建等方面取得的突破性进展，深刻理解“把种子牢牢攥在自己手里”的国家战略意义。



图22. 第六届农科开放日活动

全国科普日：播“种”未来。9 月 19 日，实验室积极参与中国科协等部门举办的全国科普日“千万 IP 创科普”重点活动，依托“科普中国”等官方媒体平台面向公众开展《全国科普日 | 播“种”未来》《全国科普日农业火种》

等主题科普活动，相关内容被新华网首页推送报道，点击量已达 152.7 万次。本次活动，旨在普及作物种质资源收集、保护与创新利用的科学知识，弘扬科学精神，培育创新文化，助力全民科学素质提升，筑牢科技创新的群众基础。



图23. 全国科普日：播“种”未来

中国农民丰收节：“探秘种子方舟 感受生命力量”。9月23日中国农民丰收节期间，实验室以“探秘种子方舟 感受生命力量”为主题举办特色科普活动。为北京交通大学附属中学50名师生开展“四个一”创新形式开展科普教育：一场种质库实地探访，让学生零距离接触“种子方舟”；一堂科学家故事会，讲述老一辈农业

科研工作者艰苦奋斗的事迹；一组趣味科学实验，直观展示种子生命奥秘；一次科研现场观摩，感受现代农业科技魅力。活动将农业科学与科学家精神教育有机融合，既展现了国家种质资源保护成就，又在青少年心中播撒了科学梦想的种子，为培育未来农业科技人才厚植沃土。





图24. 中国农民丰收节：“探秘种子方舟 感受生命力量”

科普话强国：《农业强国》系列科普活动。11月13日—25日，实验室联合中国科协推出“科普话强国”专题活动。通过《诺亚方舟》《种子之旅》等系列科普节目，生动展示了种质资源保护的“三大法宝”——低温种子库、超低温库和试管苗库，系统揭秘了从种子采集到入库保

存的全流程技术体系，并介绍了国际前沿的种质保存新技术。该系列科普内容以通俗易懂的方式被新华网等中央级媒体多次转载，有效提升了公众对种质资源这一“农业芯片”战略价值的认知。



图25. 科普话强国：《农业强国》

科技训练营活动。5月20日，7月8日，7月23日，12月23日，实验室分四批次组织中国人民大学附属小学、首都师范大学实验学校等40余所院校近200名学生参与。活动创新采用“理论+实践”模式，通过科普讲座解析生

命科学原理，借助DNA提取、凝胶电泳等互动实验让参与者化身“小小科学家”，指导学生近距离观摩电子显微镜等大型科研设备。这种沉浸式体验不仅生动展示了分子育种等前沿技术，更让青少年在操作中培养科学思维，获得师生广泛好评。



图26. 举办中小科技训练营活动

田间主题系列科普活动。5月26日，9月21日，10月8日，向社会公众开展春、秋季主题科普参观活动。为社会公众、在校师生实地讲解七十多个农作物品种的知识，穿插讲述了鲍文奎、庄巧生等老一辈科学家的感人故事并设置了趣味问答环节，受到一致好评。本系列

活动全面普及我国优秀农耕文明与现代农业科技发展成果，让社会公众和青少年在参与中真切感受到农业科技工作者“把论文写在大地上”的奉献精神，有效激发了青少年对农业科学的兴趣。



图27. 公众参观科普基地内种植的农作物品种

“小小科学家”割麦子科普实践活动。6月16日，组织开展“小小科学家”割麦子科普实践活动，共计50多名青少年参加了活动。向公众介绍了科普基地内种植的小麦、水稻、油菜、大麦、甘薯、马铃薯、花生、向日葵、甘蔗、

蓖麻等作物的发展历程、品种特性等，讲解了低筋面粉、中筋面粉和高筋面粉的区别和用途，演示了镰刀的使用方法和割麦的正确姿势及使用注意事项。此次活动以青少年群体为着力点，通过实地讲解和沉浸式科普体验，生动诠释了



“藏粮于技”的深刻内涵，搭建了公众及青少年 认知现代农业的桥梁。



图28. 青少年参与割麦子科普实践活动

### （三）科学传播情况

实验室作为国家农业科技创新体系的核心力量，始终将科学传播视为履行社会责任、提升全民科学素养的重要途径。实验室以中央级媒体舆论引导作用为抓手，创建了一条以央视、新华社、人民日报、农民日报等主流媒体为主的 18 家专业媒体参与的合作队伍，通过开放实验室资源、政策解读、举办现场观摩、开展学术交流等形式，围绕第三次全国普查、种业创新成效、重大科研成果与重要科学技术、科技支撑稳产保供等领域重点进展向公众普及前沿科技知识，弘扬科学精神，推动科技成果惠及社会，以实际宣传成效打造全国重点实验室品牌亮点。2024 年在中央级媒体发布新闻 209 条，

其中在新闻联播、焦点访谈，人民日报头版、新华网首页等发布 9 条。

宣传亮点 1：紧盯国事节点，解读政策科普。实验室主任万建民院士，副主任周文彬研究员、刘录祥研究员和实验室骨干吴存祥研究员等专家紧盯全国性重要会议、重大活动开展政策解读及科普宣传。围绕全国两会、国家安全日、中央一号文件发布等国家重要事件、节点，主动对接主流媒体平台，策划专题报道及科普专栏，通过图文解读、专家访谈等形式精准传递政策内涵与科技价值。相关内容在中央广播电视总台 1 套、2 套、9 套、10 套、13 套、17 套、广播频道、人民日报、新华社等有关栏目相继播出，显著提升政策传播效能与社会认知度。





图29. 万建民院士、周文彬研究员解读政策科普

宣传亮点 2: 聚焦种质普查, 夯实种业根基。作为我国农作物种质资源研究的主要科研力量, 实验室相关专家统筹全国 31 省(区、市) 科研力量, 历时九年完成第三次全国农作物种质资源普查工作, 累计收集各类种质资源 13.9 万份,

其中抢救性收集濒危资源 746 余份, 为种业创新储备了战略性资源, 为端牢“中国饭碗”注入核心动能。相关内容被中央电视台新闻联播、朝闻天下、正点财经、东方时空, 人民日报、新华社等 20 余家媒体争相报道。



图30. 完成第三次全国农作物种质资源普查工作

宣传亮点 3: 破解“复粒稻”遗传奥秘。实验室童红宁研究团队在 *Science* 期刊发表高水平研究成果, 该成果破译了国际关注近百年的水稻种质资源“复粒稻”形成的遗传基础, 揭示了植物激素油菜素甾醇 (BR) 调控水稻穗粒数的机制, 为培育高产水稻新品种提供了理论基

础和新路径。相关报道被中央电视台正点财经、人民日报、科技日报、农民日报、中国科协新媒体账号等 13 家媒体通过视频 + 文字的形式报道, 相关新闻入选“2024 年中国十大科技新闻”。

宣传亮点 4: 小麦泛基因组研究揭示我国重



图31. 破解“复粒稻”形成的遗传基础

大品种演替规律。实验室郝晨阳团队联合国内外科研院校在 *Nature* 期刊发表高水平研究成果，该成果在基因组水平全面展示了 20 世纪 50 年代以来中国小麦育种历史，揭示了不同层次的结构变异对小麦适应性和育种的影响，为全球

种质资源的整合和利用，未来小麦智能设计育种提供了重要基因组支撑以及新的视角和策略。相关报道被人民日报、新华社、新华社国际、农民日报、中国科学报、光明日报等媒体报道。

宣传亮点 5：航天育种攻坚，科研科普并



图32. 小麦泛基因组研究揭示我国重大品种演替规律

载荷交付、国际原子能机构调研等重要节点，系统策划“科技赋能+科普赋智”双向联动活动，聚焦航麦 802 等航天育种标志性成果，打造“科学家+媒体+公众”科普链条。实验室常务副主任刘录祥研究员牵头构建多维度科普矩阵，通过面向小学生的“太空种子课堂”、国内外科研机构专题交流、中央电视台环球资讯、CGTN、正点财经栏目专访、人民日报新媒体

科普等形式，全年开展航天育种专题解读 30 余场次，实现科学技术普及、科技成果转化与科学精神传播的多向突破。

#### (四) 大型仪器开放共享情况

实验室公共平台服务部设立了表型组学平台、基因组学平台、基因操作平台、品种测试网络和大数据平台等 5 个公共平台。现有 50

万元及以上大型仪器设备 55 台（套），均纳入研究所大型仪器开放共享平台管理；大型仪器有效机时为 1660.35 小时，对外服务机时为 421.05 小时，为中国农业大学、山东恒晟种业有限公司等 40 余家高校院所及企业提供技术服务 22 万份次，支撑发表高水平论文 50 余篇，审定新品种 40 余个，第四年连续在“科技部大型仪器开放共享”考核中获评优秀。持续完善服务与管理制度。制修订《大型仪器设备共享服务平台管理办法》《横向经费管理办法》等制度 4 项，持续推动仪器全生命周期管理、开放共享、人员保障激励与评价考核等管理与服务制度的完善，全方位保障大型仪器开放共享和使用效率。提升开放共享服务品质。优化自主研发的大型仪器在线服务平台、预约小程序和物联网智能设备等，与大型仪器国家网络管理平台完成对接，进一步提高仪器预约管理效率、提升服务品质，平台开放共享服务工作得到了

科技日报报道。拓展开放共享服务项目。新推出基因编辑靶点鉴定、转基因插入位点检测、SSR 分析等一体化服务项目，本年度实验室完成一代测序检测 20 余万份、二代测序检测 1.5 万份，促进基因组学平台测试效率提升 61% 以上。建设业务技术水平。建有一支涵盖仪器管理、技术开发、分析服务等方面的 45 人专业队伍，采用“请进来、送出去”的方式，定期为技术和管理人员开展交流、培训活动，代谢组学等业务能力得到了显著提升，累计完成有机小分子类产物检测、无机元素检测等 4751 批次。融合服务宣讲与开发共享。采用线下技术与服务宣讲、平台操作视频发布、微信公众号文章推送等多种渠道，开展技术培训 30 次，培训 800 余人次，新编写《重大平台中心技术服务宣传册》等材料，通过服务项目、技术培训等宣讲活动，不断扩大仪器开放共享效率和实验室影响力。

## 九、年度大事记

序号	事件名称	具体内容
1	马尔代夫总统穆罕默德·穆伊兹率团参观访问实验室	2024年1月12日，马尔代夫总统穆罕默德·穆伊兹率团，在农业农村部党组成员、中国农科院院长吴孔明、实验室副主任周文彬陪同下，参观访问实验室和国家农作物种质资源库。
2	安提瓜和巴布达总理贾斯顿·布朗参观访问实验室	2024年1月22日，安提瓜和巴布达总理贾斯顿·布朗率团，在农业农村部党组成员、中国农科院院长吴孔明陪同下，参观访问实验室和国家农作物种质资源库。
3	俄罗斯西涅果夫斯卡娅院士到实验室开展学术交流	2024年1月31日-2月5日，俄罗斯联邦全俄大豆科学研究所瓦连京娜·西涅果夫斯卡娅院士率团，在中国农科院副院长曹永生、实验室副主任周文彬等陪同下，参观种质库并为重点实验室师生做学术报告。
4	中共中央政治局常委、国务院副总理丁薛祥考察实验室	2024年3月19日，中共中央政治局常委、国务院副总理丁薛祥到实验室、平台中心及国家农作物种质资源库进行考察，并听取了全球生物育种前沿技术和实验室先进科技成果汇报。实验室主任万建民院士和副主任周文彬陪同参观。
5	实验室主任万建民率团访问法国、瑞士和意大利	2024年3月20日-29日，应联合国粮农组织（FAO）、国际农业研究磋商组织（CGIAR）、世界贸易组织（WTO）、世界气象组织（WMO）、法国国家农业食品与环境研究院（INRAE）和国际生物多样性中心（Bioversity）邀请，实验室主任万建民率团访问了上述国际组织和科研单位，就“G2P：农作物基因资源阐释”国际大科学计划的推进工作进行交流磋商。
6	“中澳小麦改良联合研究中心”签约仪式在实验室举行	2024年4月12日，实验室副主任周文彬和莫道克大学哈里·巴瑞特研究院执行院长 Treena Burgess 分别代表中方与澳方签署了“中澳小麦改良联合研究中心”合作协议。实验室成员何中虎出席签约仪式。
7	国务院副总理刘国中到实验室海南基地调研	2024年4月16日，国务院副总理刘国中一行到实验室海南基地调研，实地考察了基地内水稻、大豆、玉米等作物种业科技创新进展。实验室副主任周文彬陪同调研。
8	牵头组织谋划“农作物基因资源阐释（G2P）”国际大科学计划	G2P计划已有全球25个国家和地区共208位国际顶尖科学家正式签约加盟。2024年5月，组织召开了首次全体会议，通过了G2P计划的组织管理架构，遴选出了理事会主席、副主席，委员会主席等管理部门团队人选，这是确保我国在全球种业占据主动权的重要科技创新举措。
9	第五届全国野生稻大会在广州召开	2024年5月9日-11日，实验室联合承办的第五届全国野生稻大会在广州召开。实验室主任万建民院士，实验室副主任周文彬、李新海等出席会议。



序号	事件名称	具体内容
10	法国利马格兰集团代表团到访实验室开展学术交流	2024年5月24日，法国利马格兰集团大田作物研发种子部门代表团一行到实验室访问，孙君明、何中虎、黎亮等专家出席活动，双方就作物科技创新以及未来合作方向进行了深入交流。
11	多国驻国际原子能机构大使考察实验室关于作物核辐射育种领域的进展	2024年7月3日，出席“2024核合之旅—维也纳多边大使中国行”12个发展中国家驻维也纳联合国及其他国际组织大使专题考察实验室关于作物核辐射育种情况。实验室副主任刘录祥陪同考察。
12	农业农村部党组书记韩俊到实验室进行调研	2024年7月6日，农业农村部党组书记韩俊到实验室进行调研，实验室主任万建民院士，副主任周文彬、李新海围绕作物育种科技创新进行交流汇报。
13	联合国粮农组织总干事屈冬玉参观实验室	2024年7月8日，联合国粮农组织总干事屈冬玉一行参观访问实验室和国家农作物种质资源库，实验室副主任周文彬等参加活动。
14	实验室参加第一届水稻科技国家平台交流会	2024年9月6日-8日，实验室任玉龙副主任应杂交水稻国家重点实验室邀请，参加在湖南省长沙市举办的首届全国水稻科技平台交流会。
15	塞尔维亚共和国农业科学应用研究所斯坦科维奇处长一行到访实验室	2024年10月9日-12日，塞尔维亚共和国农业科学应用研究所国际合作处处长斯拉丹·斯坦科维奇一行参观实验室公共服务平台、试验基地、科普基地等，双方就推进农业科技合作交换了意见。
16	全国政协副主席杨震到实验室调研种业科技创新进展情况	2024年10月31日，全国政协副主席杨震一行到实验室调研种业科技创新进展情况，实验室主任万建民院士、副主任周文彬与来访专家进行互动交流。
17	埃及驻华使馆第一秘书到访实验室	2024年10月31日，埃及驻华使馆第一秘书阿穆鲁·穆哈耶丁听取了实验室在大豆育种技术、新品种选育等方面取得的研究进展介绍。孙君明研究员等专家参加会议。
18	斯洛文尼亚农业、林业和食品部部长参观实验室	2024年11月15日，斯洛文尼亚农业、林业和食品部部长马特娅·卡卢希奇一行，与农业农村部党组成员、中国农业科学院院长吴孔明一同参观访问国家农作物种质资源库。实验室副主任周文彬等参加活动。
19	马达加斯加共和国驻华大使让·路易·罗班松到访实验室	2024年11月16日，马达加斯加共和国驻华大使让·路易·罗班松一行到实验室访问，双方就推进中马农业技术创新进行交流研讨。实验室副主任周文彬出席会议。



序号	事件名称	具体内容
20	全国政协副主席周强到实验室调研种业科技创新进展情况	2024 年 11 月 29 日，全国政协副主席周强一行到实验室调研种业科技创新进展情况，实验室主任万建民院士、副主任周文彬与来访专家进行互动交流。
21	实验室与崖州湾国家实验室学术联席会议在三亚举行	2024 年 12 月 2 日，实验室与崖州湾国家实验室学术联席会议暨战略合作签约仪式在海南三亚举行，实验室副主任任玉龙出席签约仪式。
22	实验室召开 2024 年度总结会和学术委员会会议	2024 年 12 月 16 日 -18 日，实验室召开 2024 年度工作进展总结交流会和第一届学术委员会第二次会议，全面梳理实验室本年度取得成绩，研究部署下一步工作任务。实验室学术委员会主任孙其信院士、实验室主任万建民院士、学术委员会委员刘旭院士、许为钢院士、康振生院士、刘耀光院士、张洪程院士、钱前院士，实验室副主任、中国农业科学院科技管理局局长李新海，副局长刘蓉蓉，赖锦盛教授、田志喜研究员以及重点实验室团队成员等 50 余人参加会议。