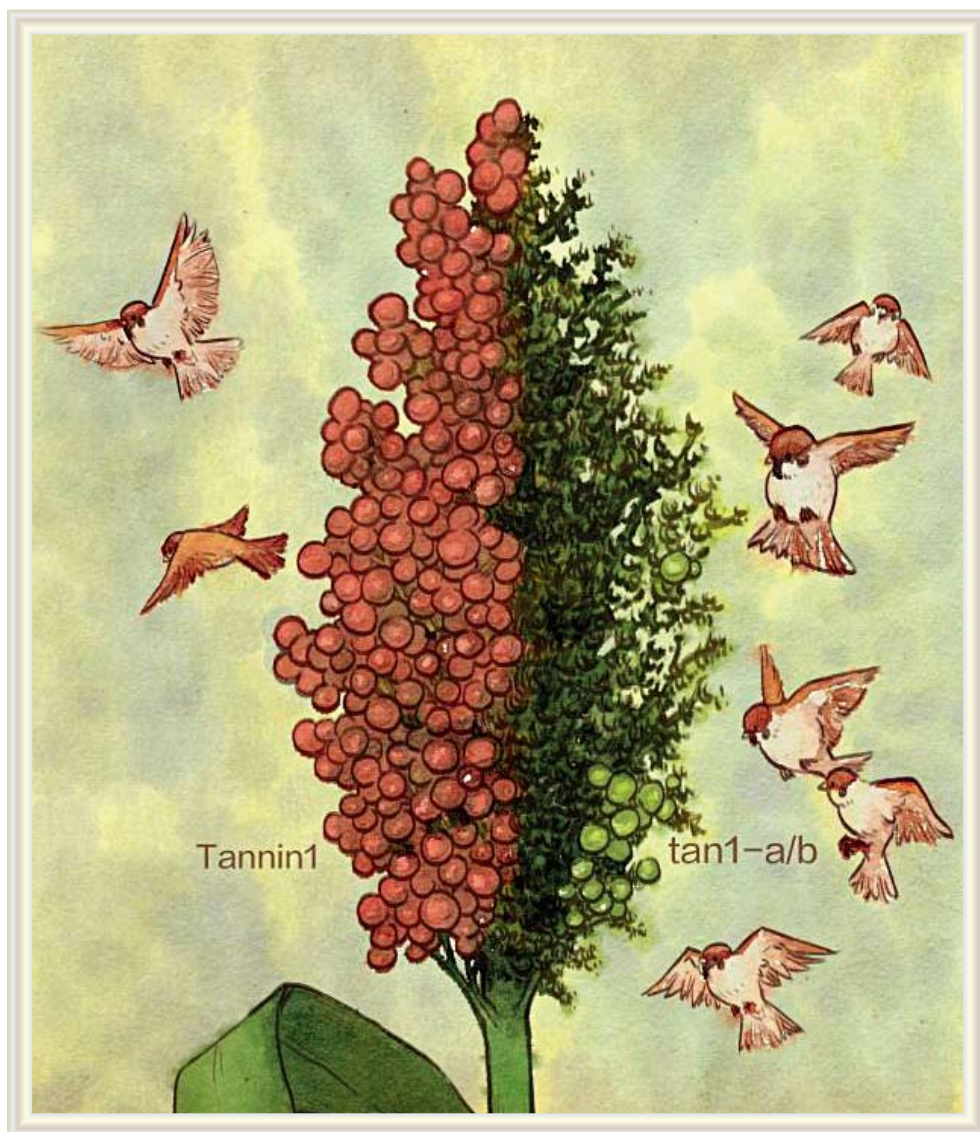




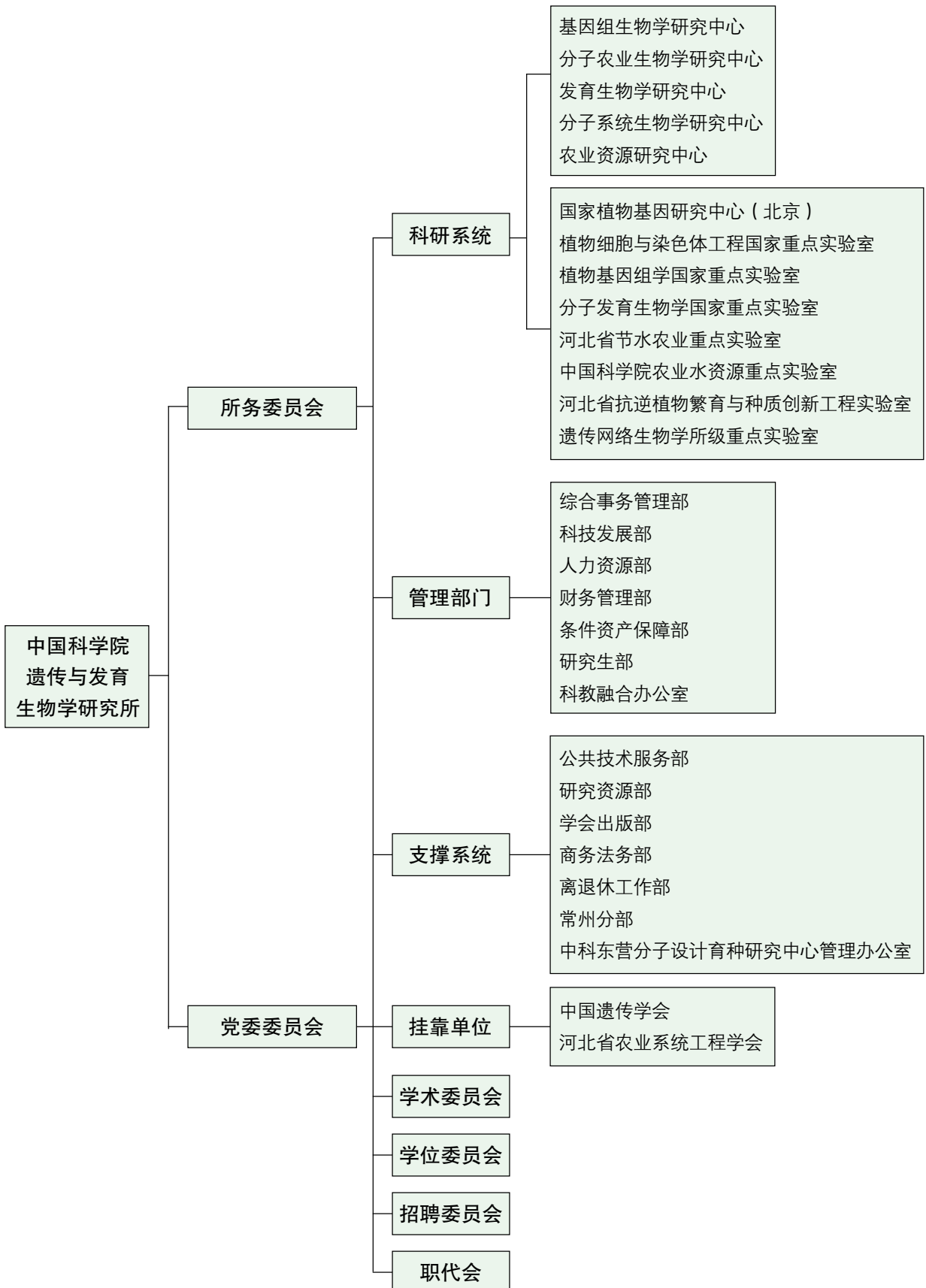
# 中国科学院 遗传与发育生物学研究所

INSTITUTE OF GENETICS AND DEVELOPMENTAL BIOLOGY  
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

## 2019年报



# 机构设置



# 所长致辞



2019年，是新中国成立70周年，也是遗传发育所建所六十周年。六十载服田力穡，一甲子硕果满园。过去的一年，我们回顾历史，展示成就，为迈向新的征途凝聚人心与力量。过去的一年，我们“用汗水浇灌收获，以实干笃定前行”，紧密围绕“一三五”规划和“率先行动计划”，科研成果丰硕，各项工作迈上了新的台阶。

2019年是中国科学院种子创新研究院筹建工作加速推进的一年。通过种子创新院布局“种子精准设计与创造”战略先导专项，联合国内外50余个战略联盟单位共同推进国家作物表型组学研究（神农）设施建设，依托海南自贸区和崖州湾科技城市建设中国科学院海南种子创新研究院，与海南省农业厅和三亚市签署共建协议，建设国际一流的新型科研机构，助力推进“南繁硅谷”建设。2019年，遗传发育所牵头承办的中国科学院大学现代农业科学学院继续优化学院课程体系，紧抓学科建设，为全国第五轮学科评估提前布局。2019级注册新生311名，学院倡导勤奋、乐观、创新、拼搏的学风，引导学生在紧张学习之余积极参加文体活动，获得了多项奖励和荣誉。

2019年，遗传发育所在争取科研任务和成果产出等方面进展喜人。2019年争取主持各类项目/课题 81项，其中国家重点研发计划项目课题6项、转基因生物新品种重大专项重大课题2项、国家自然科学基金项目62项，包括“大脑发育”和“小麦基因组互作的遗传与表观遗传学基础”2个基金委创新群体。新增中国科学院项目11项，其中先导A专项1项，重点部署项目3项、课题1项。研究所共发表SCI论文 428篇。授权专利56项，获得植物新品种权15项，审定作物新品种11项。“组蛋白甲基化和小RNA调控植物生长发育和转座子活性的机制研究”获得2019年国家自然科学二等奖。李家洋院士、周俭民研究员、储成才研究员、高彩霞研究员入选2019年“高引用科学家”。

在人才队伍建设方面，John Speakman研究员入选中国科学院外籍院士，“国家作物表型组学研究设施创新团队”入选创新人才推进计划重点领域创新团队，“植物可塑性生长的干细胞调控机理”研究团队入选中科院卢嘉锡国际合作团队，郭伟翔、马林在中科院“百人计划”终期评估中获得优秀，姜丹华、吴青峰通过中科院率先行动“百人计划”择优，钱文峰、胡斌、张保才获得国家优秀青年科学基金资助，引进优秀青年人才何康敏和任勃。

在科技合作方面，2019年遗传发育所共转化各种成果（专利/品种/技术）13项。内蒙古库伦旗的科技扶贫工作得到侯建国等院领导的高度肯定。中国湖羊产业研究院/遗传发育所盐城联

合科技创新中心、中科东营分子设计育种研究中心开始运行。与宁夏农科院签约，共建黄河西部罐区水稻新品种示范基地。与天津食品集团签约，共同推进天津小站稻振兴计划。与深圳华大生命科学研究院签署战略合作框架协议，共建细胞与多维态组学联合研究中心。

2019年，遗传发育所紧跟国家战略，不断拓宽国际合作视野，与国际同行共同应对世界科学挑战的能力得到了进一步提升。中国科学院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心（CEPAMS）持续发展，第一个5年合作顺利完成，在人才引进、双边交流合作等方面取得一系列进展，已初步建设成一个具有国际化视野、目标卓越的实体化中英联合研究中心。与巴西农业研究公司Embrapa签署合作备忘录，共同筹建中巴大豆中心，被纳入国家高访成果，并获得中科院“一带一路”合作专项支持。与西班牙植物生物技术和基因组中心签署合作协议，共建植物与环境互作研究中心。John Speakman发起“一带一路”国家经济与人口健康的研究项目。研究所积极组织各类国际会议，国际交流活动活跃。

2020年，是新中国迈入全面建成小康社会之年，也将是遗传发育所发展历程上新的起点和新的挑战。新一年是“创新2020”规划的最后一年，研究所将总体实现规划的战略目标和发展图景。种子创新研究院筹建工作即将启动验收，“种子精准设计与创造”A类先导专项将进入实施阶段，“渤海粮仓”工程升级版将全面推进。百舸争流千帆竞，乘风破浪正远航。新的一年，遗传发育所全体职工学生必将戮力同心、不惧艰险，勇做创新先锋，创造新的辉煌！

在此，谨向一直关心、支持和帮助遗传发育所工作的有关部门和朋友们，表示诚挚的谢意。



中国科学院遗传与发育生物学研究所 所长

二〇二〇年元月

# 目 录

重要研究进展	1
<b>基因组生物研究中心</b>	12
植物与根系微生物组互作	14
高等植物表观遗传学	15
植物比较基因组学	16
植物应答非生物胁迫分子机制及大豆籽粒性状调控	17
植物分子细胞遗传	18
水稻功能基因组和生物技术改良	19
环境响应的表观遗传调控	20
植物器官发生的系统生物学	21
植物免疫与番茄品质形成调控机理	22
高等植物生长发育与代谢	23
基因组大数据分析及软件开发	24
作物染色体组设计分子育种	25
植物功能代谢组学	26
植株分枝形成的遗传调控	27
泛素修饰和植物胁迫信号传导机制	28
植物细胞通讯与系统稳健性	29
水稻分子遗传育种	30
乙烯信号转导及籽粒性状调控	31
植物与微生物互作的分子机制	32
植物分子遗传学与细胞壁生物学	33
植物功能基因组学与生物技术育种	34
植物抗病的分子调控机制	35
植物分子遗传学	36

<b>分子农业生物学研究中心</b>	37
玉米遗传育种	38
植物分子遗传学	39
植物基因组编辑	40
植物染色体生物学	41
植物生物技术	42
植物种子和器官大小调控机制	43
小麦遗传育种	44
植物营养分子生物学和小麦基因组学	45
光合作用复合体结构与功能研究	46
小麦基因组与遗传育种	47
植物数量遗传学和统计基因组学研究	48
分子植物与病原菌互作	49
大豆功能基因组学	50
植物营养遗传与育种	51
重要农艺性状分子机理与小麦遗传改良	52
表观调控植物发育及对环境适应性	53
植物分子遗传学	54
植物分子遗传与分子育种	55
小麦分子育种	56
小麦抗病和加工品质分子遗传学	57
大豆分子设计育种	58
<b>发育生物学研究中心</b>	59
组蛋白表观修饰在肺发育过程中调控细胞命运的作用及其机制研究	60
植物发育的分子控制与应答	61
再生医学与组织器官构建	62

神经系统发育的分子机制	63
神经干细胞与神经发生	64
信号转导和脂分子转运转化	65
脂肪代谢调控、发育与脂代谢疾病的分子细胞机制	66
微纳光学及生物影像技术开发与应用研究	67
细胞内囊泡运输的分子机制及功能	68
表观遗传和细胞命运决定	69
人类及动物功能基因组学	70
细胞骨架网络的动态协同调控	71
脂质组学、脂代谢、代谢性紊乱	72
能量代谢的调控	73
线粒体应激反应和衰老的分子机制	74
生殖细胞发育的基因调控网络	75
干细胞谱系追踪和神经再生	76
信号转导与疾病发生	77
植物生殖发育的分子遗传学	78
重大神经发育疾病的分子机制	79
<b>分子系统生物学研究中心</b>	80
生物大分子的结构-功能研究	81
胚胎发育动态调控	82
定量功能基因组学	83
发育与再生的基因调控网络	84
功能蛋白质组学	85
生物信息学和系统生物学	86
<b>农业资源研究中心</b>	87
小麦遗传改良与种质创新	88

山地生态水文过程及调控机制	89
作物绿色高效用水调控研究	90
边际土地生态过程及资源化利用	91
农田养分循环与环境效应	92
小麦遗传与分子育种	93
微生物分子生态学	94
生态工程研究组	95
作物高效用水与节水技术	96
植物分生组织维持及作物高产机制	97
盐渍资源高效利用研究组	98
作物根系表型组学	99
植物抗病分子遗传学	100
农业生态学与养分资源管理	101
流域生态水文模拟与水环境管理	102
农业水文学与水资源	103
农田水盐运移过程及调控	104
水文循环与地下水环境	105
水资源与粮食安全协同机制	106
提高农田水分利用效率调控机制	107
小麦抗旱节水遗传育种	108
陆地生态学与植物科学	109
<b>所级公共技术服务中心</b>	<b>110</b>
<b>重点实验室</b>	<b>113</b>
<b>《遗传学报》</b>	<b>121</b>
<b>《遗传》</b>	<b>121</b>
<b>《中国生态农业学报》</b>	<b>122</b>

发表论文	123
科技成果获奖奖项	138
审定新品种	138
授权专利	139
研究生导师获奖奖项	142
研究生获奖奖项	142
中国科学院大学2019年研究生优秀课程	142
大事记	143
委员会	151
人员名单	152

# 重要研究进展

中国科学院遗传与发育生物学研究所（以下简称“研究所”）面向我国农业和人口健康的重大战略需求和生命科学前沿，长期布局，重点开展基因组结构与调控规律、动植物发育分子机理、重要农艺性状的功能基因组学、神经发育与疾病分子机制、农业生态可持续发展等领域的研究，为解决遗传与发育生物学领域重大科学和技术问题做出了重要贡献。

2019年，研究所科学家们在若干领域中取得重大突破。发现在RNA poly(A)尾中存在非腺嘌呤碱基(A)之外的其它碱基，直接参与调控RNA的稳定性和翻译效率，是分子生物学基本概念的一个重要突破。发现植物抗病小体并在解析其精细结构的基础上，阐明了植物免疫的分子机制，被誉为该领域研究工作的“里程碑”。发现根系分泌化合物调控根系微生物的群落和组成，根系微生物组参与调控水稻的氮利用，为通过植物与环境的互利互惠发展绿色农业提供了线索。作物株型形成的理论框架是研究所科学家经过长期系统的研究建立的，在深入解析激素、重力等因素的调控机制的基础上，进一步完善了株型形成的理论框架。在神经发育研究领域，发现在成体神经发生过程中，神经干细胞可以持续提供多效生长因子PTN而促进其子代新生神经元发育。在新技术开发与应用方面，开发了用于肿瘤光动力学治疗的新方法，具有重要的临床转化价值；发现胞嘧啶碱基编辑器易造成脱靶效应，而腺嘌呤编辑器更为特异。

研究所科学家在2019年共发表SCI收录论文428篇，影响因子3091，单篇影响因子7.2。其中，以主要完成单位（第一作者和通讯作者单位均为研究所）在国际主流学术期刊（影响因子为5分以上）发表95篇论文，包括在*Science*杂志发表论文3篇。相关领域的重要进展简介如下。



## 一、植物与作物遗传学

### 1. 激素与代谢生物学

植物激素对植物的生长发育起着重要的调控作用。茉莉酸是重要的防御性激素，对植物的防御反应和适应性生长起核心调控作用。MYC2是茉莉酸信号通路的核心转录因子，与转录中介体亚基MED25形成复合体在全基因组范围调控茉莉酸响应基因的表达。李传友研究组发现传统认为的转录共抑制子LUH被MED25招募到MYC2靶基因启动子上，分别与共激活子MED25和HAC1互作，作为转录共激活子参与了茉莉酸信号的激活。该研究不仅精细地阐述了MYC2转录调控的分子机制，也拓宽了人们对LUH作用机制的认识 (You et al., *Plant Cell*, 2019)。李传友研究组还发现MYC2-MED25复合体在激活茉莉酸信号的同时，也调控茉莉酸信号的终止。MYC2靶向激活一类bHLH转录因子MTB1、MTB2和MTB3的表达。MTB1-3一方面与MYC2竞争结合靶标基因的启动子，削弱MYC2的DNA结合能力，另一方面与MED25竞争性地结合

MYC2, 干扰MYC2-MED25复合体的形成, 从而抑制MYC2的转录激活活性, 实现茉莉酸信号的终止。利用基因编辑技术敲除MTB1-3可在不影响植物生长发育的前提下, 显著提高番茄植株对咀嚼式昆虫的抗性, 表明该研究在抗虫分子设计育种方面具有潜在的应用前景 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。由于在茉莉酸信号通路的系统性工作, 李传友研究员应邀在*Journal of Experimental Botany*杂志撰写综述, 系统总结了MYC2-MED25功能复合物在茉莉酸信号去抑制、激活和终止中的作用机理 (Zhai et al., *J Exp Bot*, 2019)。

植物株型受生长素、细胞分裂素和独脚金内酯等多种植物激素共同调控, 是决定作物产量的重要农艺性状之一。虽然人们对各植物激素调控株型建成的机制有了一定的了解, 但对不同激素之间相互调控关系知之甚少。李家洋研究组发现独脚金内酯可通过其响应基因OsCKX9直接调控细胞分裂素水平, 进而影响细胞分裂素下游信号通路来调控水稻株型发育。该研究证明了独脚金内酯与细胞分裂素之间存在直接的调控关系, 为通过多激素途径创制理想株型奠定了重要的理论基础 (Duan et al., *PNAS*, 2019)。

在开花植物中, 低生理活性的13-羟化赤霉素 (如GA1) 和高生理活性的13-氢化赤霉素 (如GA4) 经常是同时存在的, 而催化赤霉素13-羟化反应的酶尚未有报道。王国栋研究组在十字花科和豆科植物中鉴定了赤霉素13-羟化反应的P450酶CYP72A9, 并发现该酶通过调控低生理活性和高生理活性赤霉素的比率, 实现对种子初级休眠过程的调控。该研究不仅是植物赤霉素代谢领域一个新的突破, 而且也作为基因工程改造赤霉素代谢, 进而调控植物的生长发育过程, 提供了新的靶点 (He et al., *Nat Plants*, 2019)。

花青素调控植物的众多生理过程。大部分食用番茄果肉中基本不含花青素。李传友研究组在果皮积累花青素的番茄材料Indigo Rose中发现花青素合成的正调控因子SIAN2-like的功能正常, 负调控因子SIMYBATV的功能缺失, 因此可响应光信号积累花青素。而在普通栽培番茄中, SIAN2-like的功能缺失, SIMYBATV的功能正常, 因而不具备激活花青素合成的能力。利用果实特异启动子过表达SIAN2-like, 可创制出果肉中富含花青素的番茄材料。该研究不仅加深了我们对花青素合成机制的理解, 而且对作物花青素性状的改良提供了新的思路与技术途径 (Sun et al., *Mol Plant*, 2019)。

## 2. 营养生物学

氮和磷是促进作物产量提高的主要肥料成分。亚洲栽培稻分籼稻和粳稻两个亚种, 相比粳稻, 籼稻通常表现出更高的氮肥利用效率。储成才研究组发现水稻中硝酸盐感应器NRT1.1B的一个氨基酸的自然变异导致了籼粳亚种间氮利用效率差异。NRT1.1B与磷信号通路中关键抑制蛋白 (磷感应器) SPX4互作, 硝酸盐可增强两者互作, 从而介导SPX4蛋白降解, 同时解除对氮、磷信号核心转录因子的抑制, 促进硝酸盐应答基因和磷饥饿应答基因的协同激活, 实现氮磷营养平衡 (Hu et al., *Nat Plants*, 2019)。这一工作不仅填补了硝酸盐信号从细胞膜受体NRT1.1B到细胞核响应通路中的空白, 而且阐明了植物氮磷协同利用的分子机制, 是植物营养学研究领域的重要突破。“高产不早熟、早熟不高产”是杂交稻品种培育中的重大难题。储成才研究组与合作者经过十多年努力, 克隆了氮高效利用基因*Ef-cd*。*Ef-cd*基因通过介导开花基因OsSOC1组蛋白甲基化水平, 正调控OsSOC1表达, 促使水稻早熟 (Fang et al., *PNAS*, 2019)。对*Ef-cd*基因的挖掘和利用将有力促进绿色超级稻品种减肥增效需求, 对解决直播稻和粮经、粮菜、粮油连作稻的早熟丰产及亚种间杂交稻“超亲晚熟”问题具有重要价值。

除了氮磷等大量元素对作物产量起决定性作用外, 铁、锌、硒等微量元素对作物生长发育和功能营养方面也具有重要作用。储成才研究组通过对植物根中细胞分裂素代谢的精细调控, 同时实现了水稻籽粒锌含量的大幅度增加 (57% - 61%) 和产量的大幅度提升 (10.9% - 11.2%), 为培育高产优质富锌水稻提供了理论和技术支撑 (Gao et al., *New Phytol*, 2019)。储成才研究组与合作者发现NRT1.1B基因超表达可显著促进硒从水稻根向茎叶转运。通过在维管组织特异性表达NRT1.1B, 能大幅度提高水稻籽粒的硒含量。该研究解析了硒转运的分子机制, 为富硒水稻品种培育提供了新思路 (Zhang et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。鉴于在植物营养特别是氮磷信号研究领域的系统性工作, 储成才研究员应邀在多个杂志撰写综述和评述等, 系统总结了硝酸盐感应器NRT1.1B在植物体内的多样化功能, 诠释了不同环境条件下植物细胞整合氮磷互

作调控网络的分子机制，为水稻氮肥利用效率的分子改良提出了重要建议(Wang et al., *J Exp Bot*, 2019; Zhang and Chu, *Mol Plant*, 2019; Hu and Chu, *New Phytol*, 2019)。

种子活力决定种子迅速整齐出苗以及幼苗正常生长的潜力，种子中硝酸盐含量很大程度上影响着种子活力。童依平研究组发现，*TaNAC2-TaNRT2.5*模块可以正调控小麦籽粒硝酸盐含量和种子活力，显著增加小麦产量，为调控种子活力提高小麦产量提供了技术支撑 (Li et al., *New Phytol*, 2019)。小麦的氮肥利用效率是提高小麦产量、改善小麦品质的关键。童依平研究组发现脱落酸信号通路核心转录因子*TabZIP60/ABF2*负调控谷氨酸合酶*NADH-GOGAT*的表达，抑制*TabZIP60*表达显著增加*GOGAT*活性，提高氮利用效率和小麦产量，为通过调控ABA信号通路选育氮高效利用小麦新品种提供了理论依据和基因资源 (Yang et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。

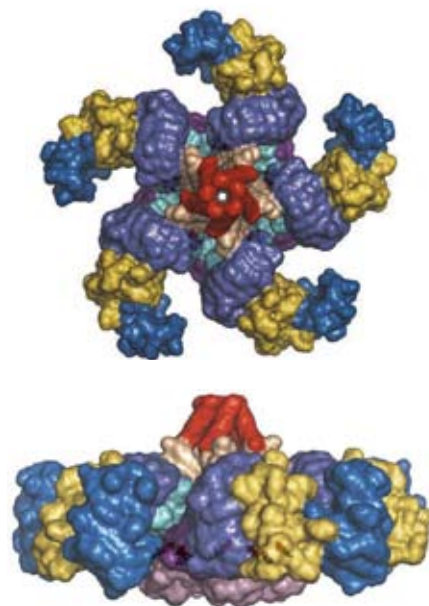
微生物组学是目前生命科学研究热点之一。植物根系在土壤中招募大量且种属特异的微生物（根系微生物组），进化出了强大的适应能力。植物调控根系微生物组的机制对植物吸收营养、响应逆境胁迫等生理过程非常重要，也是根系微生物组领域的研究热点。白洋研究组和储成才研究组通过比较田间生长的68个籼稻和27个粳稻品种根系微生物组，研究根系微生物组与氮肥利用效率的关系，发现籼稻和粳稻具有显著不同的根系微生物组成，通过宏基因组测序发现籼稻比粳稻富集了更多与氮代谢相关的根系微生物，这与籼稻具有更高的氮利用效率相一致。进一步分析发现*NRT1.1B*不同等位形式在富集氮代谢相关根系微生物中起关键作用。与粳稻根系微生物相比，来源于籼稻的根系微生物群体能够显著促进水稻在有机氮培养基上的生长。这一研究为研究根系微生物与植物互作及其功能提供了理论指导，为利用益生菌培育氮高效水稻奠定了重要理论基础 (Zhang et al., *Nat Biotechnol*, 2019)。《植物学报》发表专文点评认为该研究为通过根系微生物管理提高作物营养吸收提供了理论支撑。

固碳酶Rubisco是植物光合固碳的第一步，是植物光能利用效率改良的关键和研究热点。Rubisco蛋白复合体的形成受分子伴侣蛋白调控。刘翠敏研究组分离纯化了叶绿体内分子伴侣蛋白CPN60复合体并解析了其结构，发现同源寡聚体CPN60是对称的十四聚体，且不同构成的十四聚体中蛋白亚基的配比直接调控Rubisco的折叠与固碳效率。该研究为通过CPN60优化光合作用关键蛋白Rubisco重构，改良植物固碳效率奠定了良好的基础 (Zhao et al., *Plant J*, 2019)。

### 3. 作物与环境互作

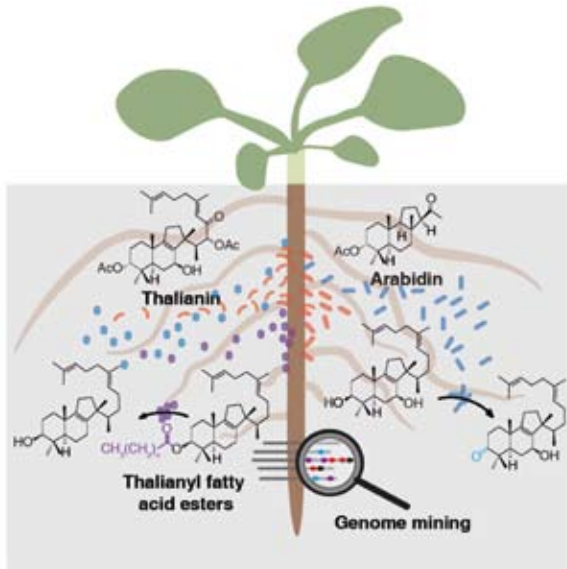
作物病虫害严重威胁农业生产。面对病虫害，植物通过其精细复杂的免疫系统来识别病原微生物，并激活防御反应。周俭民研究组与合作者在前期工作基础上，解析了植物抗病蛋白ZAR1的结构，发现ZAR1被激活后组装成一个环状五聚体蛋白复合物，证明植物中存在类似动物免疫小体的抗病小体；通过结构、生化和功能一系列研究，揭示了抗病小体的工作机制 (Wang et al., *Science*, 2019a, 2019b)。上述研究填补了科学家们25年来对抗病蛋白认知的空白，成为植物免疫学研究的里程碑事件。*Science*杂志同期发表了国际同行撰写的评述文章，高度评价了这一重大突破性成果。利用抗病蛋白设计新型抗病虫育种策略，对减少化学农药的施用具有重要意义。

稻瘟病号称水稻杀手，长期以来一直是水稻生产的重大威胁。朱立煌研究组发现小分子鸟苷三磷酸酶OsRac1和转录因子RAI1组成了水稻抗稻瘟病蛋白PID3防御信号转导的一条新路径，为研究植物抗病蛋白的工作原理，尤其是水稻抗稻瘟病，提供了新的视角 (Zhou et al., *New Phytol*, 2019)。大丽轮枝菌是导



五聚抗病小体的顶部（上）和侧面（下）视图 (Wang et al., *Science*, 2019)

致黄萎病的一种土传病菌，目前尚无有效杀菌剂。储成才研究组针对大丽轮枝菌通过根系侵染棉花并经由维管组织传播的特点，利用维管特异表达的启动子*gdcsP*驱动天麻抗真菌蛋白基因*GAFP4*表达，大大提高了其抗病效率，培育出高抗黄萎病棉花新种质 (Wang et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。



拟南芥三萜化合物特异调控根系微生物组  
(Huang et al., *Science*, 2019)

近年来植物与环境微生物群落的互作是一个热点研究领域。白洋研究组与合作者系统地解析了拟南芥中形成基因簇的三萜化合物的合成遗传网络，发现该网络的关键基因在植物根系特异表达，能够合成50多种未知的根系化合物，且纯化的三萜化合物能够直接调控特异的根系细菌的生长，同时这些根系细菌可以特异性修饰和利用拟南芥三萜化合物。该研究直接证明了根系化合物对根系微生物组的调控，为利用植物天然化合物促进根系益生菌在绿色农业中的应用提供了理论依据 (Huang et al., *Science*, 2019)。鉴于在植物根系微生物组学领域做出的突出工作，白洋研究员应邀在*Current Opinion in Microbiology*杂志撰写综述文章，系统总结了合成菌群体系在植物根系微生物组功能研究中的应用，并展望了未来需要解决的问题 (Liu et al., 2019)。

水稻起源于亚热带地区，对低温非常敏感。储成才研究组发现水稻的一个转录因子*bZIP73*<sup>Jap</sup>在低温下表达上调。在冷胁迫条件下，*bZIP73*<sup>Jap</sup>和*bZIP71*共表达转基因株系的结实率和籽粒产量显著提升。此外，*bZIP73*<sup>Jap</sup>和*bZIP71*通过上调另一个低温反应因子*qLTG3-1*<sup>Nip</sup>的表达而介导生殖期对冷胁迫的耐受性，为提高水稻幼苗和孕穗期耐低温胁迫能力提供了有价值的线索 (Liu et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。

禾谷类作物种子在收获期因高温高湿条件导致的穗发芽，不仅会造成作物减产和品质下降，且严重影响作物制种质量。储成才研究组发现一个高等植物特有的胚特异性表达的谷氧还蛋白PHS9通过与脱落酸受体互作蛋白OsGAP互作，整合了活性氧信号和脱落酸信号，进而调控水稻穗发芽。该研究表明通过生物技术手段可以成功降低水稻穗发芽 (Xu et al., *Plant J*, 2019)。

谢旗研究组通过系统地比较盐胁迫和未经盐胁迫处理的拟南芥幼苗纯化的20S蛋白酶体的亚基，发现盐胁迫增加了20S蛋白酶体中β5亚基PBE蛋白的丰度，而PBE1通过调控蛋白酶体的组装和活性，形成一种胁迫特异性蛋白酶体，参与植物非生物胁迫信号的响应，调控植物幼苗由异养生长向自养生长的转换过程 (Han et al., *New Phytol*, 2019)。

张劲松研究组、陈受宜研究组与合作者发现大豆转录因子GmWRKY54通过激活ABA途径和Ca<sup>2+</sup>信号途径促进气孔关闭，减少叶片水分流失，从而提高转基因大豆的耐旱性 (Wei et al., *Plant J*, 2019)。他们同时发现耐盐野生大豆中转录因子HSFB2b能够直接激活黄酮类化合物合成途径，并解除另一个转录因子GmNAC2的抑制作用，从而促进黄酮类化合物的合成，降低体内ROS的积累以提高转基因大豆的耐盐性，为提高大豆环境适应性和育种改良提供了重要依据 (Bian et al., *New Phytol*, 2019)。

#### 4. 作物重要农艺性状的功能基因组学

分蘖是影响水稻株型和产量的重要农艺性状，包括分蘖数和分蘖角度。李家洋研究组发现赤霉素缺陷突变体中分蘖数的增加是由于分蘖芽的伸长得到促进，而赤霉素信号通路中的关键抑制因子DELLA蛋白SLR1可以直接与MOC1蛋白发生相互作用，且赤霉素信号对株高和分蘖的调控分别影响不同的下游基因。该研究为打破株高与分蘖的连锁效应提供了可能性，为分子设计育种提供了理论基础 (Liao et al., *Nat*

Commun, 2019)。李家洋研究组鉴定了水稻中控制分蘖的MOC3及其下游直接靶基因FON1, 并发现MOC3和MOC1不仅是分蘖芽起始的关键因子, 而且能够调控分蘖芽的伸长, 二者形成复合物激活FON1的表达。该研究建立了分蘖芽形成和伸长之间的分子调控网络 (Shao et al., Mol Plant, 2019)。王永红研究组与李海洋研究组鉴定了LA1的互作蛋白OsBRXL4, 发现其直接调控LA1的核定位, 从而影响水稻的重力反应及分蘖角度。该研究深入阐明了LA1与OsBRXL4调控分蘖角度形成的新机制 (Li et al., Mol Plant, 2019)。

由于在水稻农艺性状研究领域的系统性工作和突出成绩, 李家洋研究员在*The Plant Cell*杂志创刊30周年时, 应邀对发表在该杂志的相关领域重要研究工作进行评述, 重点关注了水稻生育期、株高、分蘖数目、育性控制以及机械强度等产量相关重要农艺性状的分子机理, 探讨了这些先驱性研究工作对作物农艺性状解析以及作物设计育种改良的重要贡献 (Wang and Li, Plant Cell, 2019)。

芒是小麦等禾本科作物穗器官的重要组成部分, 直接调控籽粒大小。张爱民研究组通过全基因组关联分析检测到26个与芒长显著关联的位点, 并鉴定了其中一个位点ALI-1的控制基因。ALI-1通过抑制细胞分裂素介导的细胞增殖负调控芒的伸长。对ALI-1近等基因系农艺性状的研究发现ALI-1的表达能够显著降低粒长和千粒重 (Wang et al., Plant J, 2019)。此外, 张爱民研究组以野生一粒小麦/栽培一粒小麦的重组自交系群体为研究材料, 采用SNP标记对籽粒大小相关性状进行QTL定位, 分析了多个与籽粒发育中后期淀粉积累相关的基因, 进而增加了多个粒重QTL候选基因 (Wang et al., J Exp Bot, 2019)。

鸟害是威胁农业生产的重要因素之一。谢旗研究组发现麻雀对不同的高粱种子具有取食偏好性, 而这一现象的重要机制之一由单主效位点Tannin1基因通过差异调控花青素和原花青素合成以及脂肪酸来源的香味挥发物合成而决定。该研究从分子生物学角度解析了麻雀对高粱“挑食”的现象, 为利用植物自身基因培育抗鸟害品种奠定了坚实的基础 (Xie et al., Mol Plant, 2019)。

谢旗研究员与合作者应邀为*Molecular Plant*撰写了关于现代高效可持续农业的观点性文章。文章以中国经济快速发展和食品需求结构改变为背景, 分析了发达国家的农业结构和我国农牧业结构的现状, 并以甜高粱作为青贮饲料和反刍动物集约化养殖新农牧业模式在我国多地的推广示范为例, 提出发展中国家应通过推广种植高生物量和高光合转化效率的C4作物, 扩大养殖能够以秸秆为主食的反刍动物, 同时减少仅以谷物为饲料的、粪便难以处理的家畜, 以实现可持续发展的农业模式 (Xie and Xu, Mol Plant, 2019)。

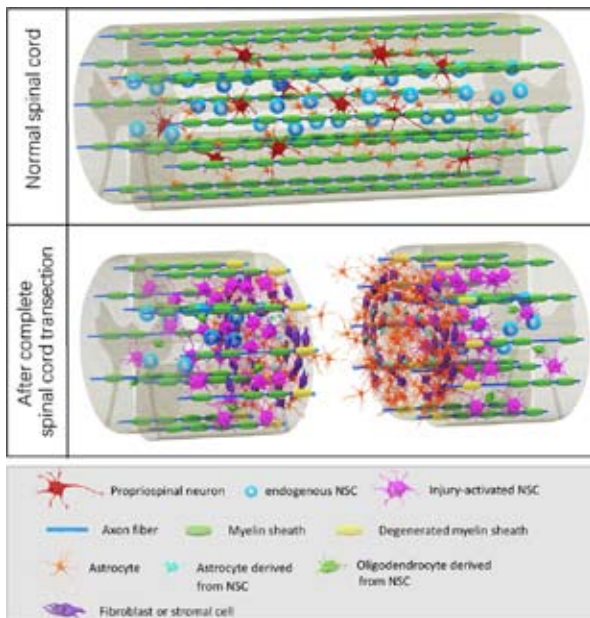
## 二、神经发育与疾病分子机制

### 1. 神经发育与再生

神经发生是神经干细胞增殖分化产生新生神经元的过程。郭伟翔研究组发现在成体神经发生过程中神经干细胞可以持续提供Pleiotrophin (PTN) 因子促进其子代新生神经元发育。通过外源PTN的供给能够改善衰老所导致的新生神经元发育的缺陷 (Tang et al., Neuron, 2019)。郭伟翔研究组还发现大脑从胚胎到成年的发育过程中, RNA结合蛋白HuR出现从细胞质到细胞核的表达易位, 并且这一异位过程对于成体神经发生起着至关重要的作用。该研究不仅有助于对于成体大脑的功能完整性和结构可塑性的理解, 而且能够为相关疾病的防治提供理论依据 (Wang et al., Cell Rep, 2019)。

脊髓全横断损伤后的神经再生及行为学功能的修复是目前再生医学领域面临的最具挑战性的难题之一。戴建武研究组利用啮齿动物及犬的完全性脊髓损伤模型, 通过大量的脊髓损伤再生修复研究, 提出经过功能性修饰后的生物支架可以引导神经干细胞分化, 形成神经桥接, 重新连接损伤的两个断端, 实现完全性横断的脊髓损伤动物的运动功能改善。该研究为阐明功能生物材料修复完全性脊髓损伤的机制及研发新型治疗策略提供了依据 (Li et al., Biomaterials, 2019)。非人灵长类由于具有许多与人类相似的生物学特征, 是研究疾病和再生修复的理想动物模型。戴建武组在犬的全横断脊髓损伤模型的基础上, 建立了猴的全横断脊髓损伤模型和术后康复体系。将功能神经再生胶原支架移植到猴急性完全性脊髓损伤模型之中,

能有效促进神经电生理恢复和运动功能改善，并促进脊髓损伤区内神经元的发生、再髓鞘化以及突触形成。该研究建立了猴的全横断脊髓损伤模型及其再生修复体系，为脊髓损伤的临床转化奠定了基础 (Han et al., *J Neurotrauma*, 2019)。



成人完全性脊髓损伤后轴突和内源性神经干细胞的病理生理 (Li et al., *Biomaterials*, 2019)

脊髓损伤后，损伤部位形成再生抑制微环境，抑制神经干细胞向神经元分化。抗癌药Cetuximab等可以拮抗损伤的抑制性微环境，促进神经干细胞向神经元分化，但其作用机制尚不清楚。戴建武研究组解析了髓鞘蛋白调控神经干细胞分化为神经元的EGFR-ERK-TRIM32信号通路，为抗癌药Cetuximab在脊髓损伤修复的临床转化提供了理论依据 (Xue et al., *Stem Cells*, 2019)。

## 2. 疾病分子机制

儿童急性淋巴细胞白血病是儿童最常见的恶性肿瘤性疾病，淋巴细胞分化受阻是白血病重要的表型。鲍时来研究组发现，在儿童B系前体细胞急性淋巴细胞白血病患者中，蛋白质精氨酸甲基转移酶家族成员PRMT5表达的异常升高及其修饰的组蛋白H4R3的异常甲基化是普遍现象，这种异常导致了PRMT5下游靶基因CLC和CTSB的沉默，进而抑制了B系前体细胞向成熟细胞的分化。该研究不仅为白血病的诊断和预后评估提供了新标记，也为开发治疗白血病药物提供了新靶点 (Mei et al., *Clin Cancer Res*, 2019)。

人乳头瘤病毒 (HPV) 是已知的唯一专性感染人体上皮细胞的致癌病毒，不仅是导致女性宫颈癌的元凶，还与乳腺癌、直肠癌、肺癌、头颈癌、口腔癌等常见致命癌症密切相关。马润林研究组发现HPV16E7通过干扰MPS1-MAP4级联信号途径来干扰宿主有丝分裂进程的分子机制，从而延长感染窗口，并可能促进HPV16的持续感染。该研究为HPV16病毒在自然感染人群中高频出现提供了科学的解释 (Guo et al., *Oncogene*, 2019)。

自闭症是由于神经系统失调导致的发育障碍。孕期服用抗癫痫药丙戊酸 (VPA) 被认为是自闭症强风险因素。张永清研究组与合作者发现暴露于VPA的食蟹猴大脑存在明显的发育缺陷，并且经过VPA处理的猴后代存在社交缺陷和刻板行为。眼动实验揭示药物处理的猴后代更加关注非社会信息 (Zhao et al., *Transl Psychiat*, 2019)。SHANK3基因是自闭症病人中出现突变频率最高的几个致病基因之一。张永清研究组发现SHANK3突变猴表现出自闭症核心症状，包括社会交流障碍和刻板重复行为，且这些自闭症核心症状可被抗抑郁药氟西汀缓解 (Tu et al., *Human Mol Genet*, 2019)。上述研究为自闭症研究和研发自闭症药物提供了重要的平台体系。

自闭症是由于神经系统失调导致的发育障碍。孕期服用抗癫痫药丙戊酸 (VPA) 被认为是自闭症强风险因素。张永清研究组与合作者发现暴露于VPA的食蟹猴大脑存在明显的发育缺陷，并且经过VPA处理的猴后代存在社交缺陷和刻板行为。眼动实验揭示药物处理的猴后代更加关注非社会信息 (Zhao et al., *Transl Psychiat*, 2019)。SHANK3基因是自闭症病人中出现突变频率最高的几个致病基因之一。张永清研究组发现SHANK3突变猴表现出自闭症核心症状，包括社会交流障碍和刻板重复行为，且这些自闭症核心症状可被抗抑郁药氟西汀缓解 (Tu et al., *Human Mol Genet*, 2019)。上述研究为自闭症研究和研发自闭症药物提供了重要的平台体系。

## 3. 脂类与能量代谢

脂肪代谢调控细胞和机体的生理稳态。磷脂酰丝氨酸是一类广泛存在于质膜和线粒体中的磷脂。黄勋研究组发现敲除磷脂酰丝氨酸合酶会导致细胞生长受限、细胞中性脂累积和线粒体缺陷等多种细胞稳态失衡；细胞内磷脂酰丝氨酸多种转运途径之间存在平衡。该研究为治疗相关非酒精性肝病提供了新的策略 (Yang et al., *PLoS Genet*, 2019)。

线粒体是细胞内氨基酸降解的重要场所，然而人们对氨基酸代谢异常对线粒体的影响却所知甚少。郭伟翔研究组与合作者发现线粒体中赖氨酸的代谢产物酵母氨酸的累积会破坏线粒体稳态，影响线虫发育。在小鼠模型中，线粒体内酵母氨酸氧化缺陷会造成肝脏内线粒体的损伤，导致小鼠生长迟缓和过早死亡。

该研究为揭示人类II型高赖氨酸血症(酵母氨酸血症)的发病机理提供了新的理论依据(Zhou et al., *J Cell Biol*, 2019)。

棕色脂肪组织是一种功能特化的产热组织,低温时动物通过刺激棕色脂肪组织和促进白色脂肪细胞棕色化的方式来加速产热,进而维持体温。肠道菌群是否影响棕色脂肪产热尚不清楚。Speakman研究组利用不同抗生素配方清除了小鼠肠道菌群,发现小鼠的体温调控机制受到破坏,棕色脂肪产热受损;在填喂外源微生物代谢物丁酸盐后,发现小鼠的产热能力可以部分恢复,说明肠道微生物代谢产物丁酸盐可能参与了调控机体体温平衡(Li et al., *Cell Rep*, 2019)。

普遍认为导致肥胖的主要原因是能量摄入和消耗的不平衡。碳水化合物-胰岛素模型认为,摄入碳水化合物的增加导致胰岛素水平上升,从而刺激能量摄入并降低能量消耗,最终导致能量过剩和体重增加。Speakman研究组通过改变小鼠饮食中碳水化合物的含量,对该模型进行了验证,发现仅部分结果(2/5项)符合模型预测,证明在小鼠中该模型不能解释饮食中宏量营养素与肥胖的关系(Hu et al., *Mol Metab*, 2019)。此外,为了鉴别糖的摄入方式是否会影响体重,Speakman研究组分别采用含糖液体和相同百分比的含糖固体饲料喂养小鼠,发现食用含糖液体会导致小鼠体重和体脂相对增加,影响葡萄糖耐受水平和胰岛素敏感性,进而增加糖尿病的患病风险。该研究表明含糖液体的摄入方式可能是导致肥胖、进而影响代谢稳态的重要因素(Togo et al., *Mol Metab*, 2019)。

### 三、发育生物学

相同基因型个体间的细胞分化过程虽大体一致,但均表现出不同程度的变异,目前对其特性和调控机制的认知仍十分有限。杜茁研究组系统量化研究了线虫胚胎细胞的3D定位表型变异,发现变异程度具有较强的确定性、空间特异性和随发育的“低-高-低”动态性。表型变异在发育各时期,尤其是细胞分裂期,受严格负调控,细胞命运决定驱使变异程度由高向低转变,细胞连接维持变异处于较低水平。该研究揭示了细胞发育表型变异的时空调控特性,为理解发育表型变异和一致性维持提供了参考(Li et al., *Cell Rep*, 2019)。

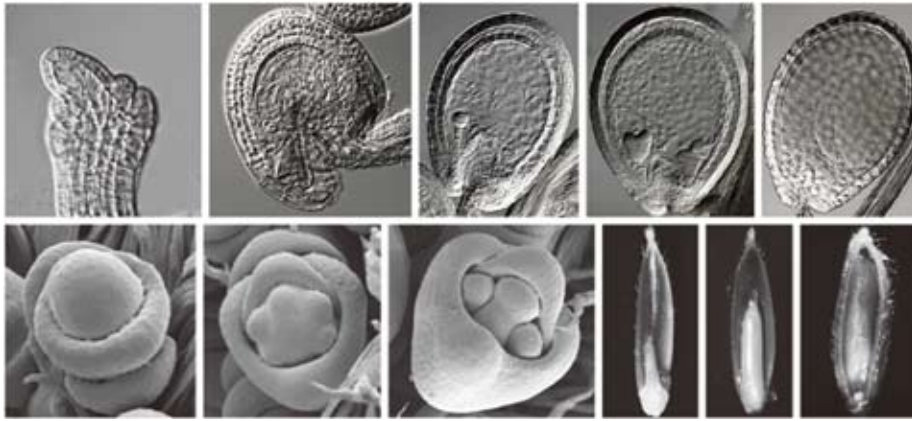
细胞分裂和分化协同调控植物器官的生长。植物细胞生长包括松弛细胞壁以进行细胞扩展,然后加固细胞壁以维持细胞一定的形态、大小与功能两个重要过程。周奕华研究组应用多学科手段揭示了水稻细胞生长协同调控因子KNAT7调控细胞扩展和细胞壁加固的分子机制。KNAT7与细胞壁合成的主控转录因子NAC31直接相互作用而抑制其下游纤维素合酶基因表达,并与生长调控因子GRF4互作,抑制其下游扩张基因Expansin等的表达。KNAT7因此成为协同改良水稻植株机械支撑力和产量的重要基因资源(Wang et al., *Plant Physiol*, 2019)。

植物正常的生理生化功能取决于细胞壁的微纳米结构。周奕华研究组在前期研究木聚糖乙酰酯酶的基础上,采用生化手段鉴定了作用于阿拉伯糖的乙酰酯酶DARX1,发现其通过介导阿拉伯糖侧链乙酰化而调控木聚糖的构象变化,进而协调导管细胞中纤维素微纤丝的排布和功能。该研究为解析细胞壁结构模型提供了重要依据,并为分子设计育种改良水稻植株机械强度提供了关键靶标(Zhang et al., *Plant Cell*, 2019)。

基因差异表达是细胞分化和不同细胞类型行使特异功能的基础。细胞特异的转录图谱对于了解不同类型细胞如何生长发育、响应环境至关重要。焦雨铃研究组利用翻译核糖体亲和纯化技术获得了茎顶端和叶片不同区域特异的基因表达图谱,构建了已知全部基因的细胞特异表达数据库,实现了可检索并可视化展示;发现了许多区域特异的未知细胞功能,并发现相似性很低的细胞类型可以利用共同的调控模块。此外,还进一步鉴定了新的侧生分生组织起始调控基因。该图谱为研究植物生长发育及环境响应提供了重要参考数据(Tian et al., *Nat Commun*, 2019)。

核内复制对细胞分化、生长和器官大小具有重要调节作用。李云海研究组发现中介复合体亚基MED16与转录抑制因子DEL1直接互作,并依赖DEL1结合于CCS52A2启动子,进而抑制其表达,通过调控细胞周期调控复合体APC/C基因的表达影响细胞核内复制和细胞大小。该研究揭示了核内复制调控细胞及器官大

小的新机制 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019), *Plant Cell*同期给予专文评述。由于在种子大小与器官调控领域进行了长期系统研究, 李云海研究员应邀在*Annual Review of Plant Biology*上撰写综述, 系统总结了来源于母体和合子的信号对于种子大小的协同调控, 分析了目前领域存在的问题和未来的研究方向, 为高产分子设计育种提供了指导思路 (Li et al., 2019)。



拟南芥与水稻的种子发育 (Li et al., *Annual Review of Plant Biology*, 2019)

植物的配子发生是有性生殖中的重要过程。在高等植物的花粉 (雄配子) 发生过程中, 单倍体小孢子经历一次不对称有丝分裂产生营养细胞和生殖细胞, 之后生殖细胞再进行一次对称的有丝分裂形成两个精细胞。花粉发育过程中的细胞分裂, 受细胞周期相关的调控因子的控制。杨维才研究组发现参与拟南芥DNA复制的**BICE1**基因突变后, 生殖细胞DNA合成期延长, 突变体中40%的花粉因不能产生正常的三细胞结构而败育。遗传学和生化证据表明, **BICE1**通过与复制起始相关蛋白**MCM4**和**MCM7**的相互作用, 参与DNA复制调控。该研究阐述了**BICE1**调控植物细胞DNA复制的分子机制, 为解析植物花粉发育和有性生殖的调控网络提供了依据, 在作物生产和制种中具有重要的应用价值 (Long et al., *New Phytol*, 2019)。

染色体是遗传物质正确传递和表达的基础, 着丝粒是细胞分裂中染色体正常分离的必要因素。韩方普研究组在玉米中利用过表达和定点突变的方法对**CENH3**在染色体着丝粒区的定位进行了系统研究, 发现**CENH3**的多个氨基酸位点和结构域对其定位起着关键作用 (Feng et al., *Plant J*, 2019)。着丝粒也是基因组中进化最剧烈、结构最复杂的区域, 在物种形成和分化过程中发挥重要作用。韩方普研究组在小麦中发现两类着丝粒特异的串联重复序列, 分别与**CENH3**核小体结合, 在其二倍体供体B和D亚基因组着丝粒富集分布。多倍化过程中小麦着丝粒结构发生重排, 基因位置和表达水平发生变化。着丝粒串联重复序列发生局部扩增, 整体拷贝数减少。但是序列的遗传多样性增加。该研究揭示小麦着丝粒在不同亚基因组之间的不对称性可能参与小麦减数分裂过程同源染色体的配对, 促使多倍体小麦的稳定传递 (Su et al., *Plant Cell*, 2019)。染色体结构维持蛋白**SMC**是一个拥有六个成员的蛋白家族, 在细胞分裂的多个步骤中, 例如染色体的凝缩、姐妹染色单体的黏连、DNA的修复与复制等, 发挥重要作用。韩方普研究组发现玉米**SMC2**和**SMC4**对于维持正常的染色体结构以及后期染色体的正确分离和取向至关重要 (Wang et al., *Plant J*, 2019)。

减数分裂过程中, 纺锤体组装对于同源染色体间的正确分离极其重要。但不同物种间纺锤体组装的机制并不保守。程祝宽研究组发现最终的两极纺锤体是由多极纺锤体转变而来的, 纺锤体的正确组装并不依赖于双链DNA断裂的形成, 而DNA双链断裂的形成因子**OsMTO1**通过改变姊妹染色单体着丝粒的黏连, 参与纺锤体的组装。该研究为由染色体介导植物减数分裂纺锤体的组装理论提供了直接证据 (Xue et al., *PNAS*, 2019)。同源重组是物种遗传多样性的基础, 其产生的交叉结将同源染色体紧密连接在一起, 保证后期同源染色体的正确分离。**HOP2**是一个保守的减数分裂蛋白, 但在交叉结形成中其作用机制尚未明确。程祝宽研究组在水稻中鉴定获得**HOP2**基因, 发现**HOP2**基因突变导致同源染色体配对和联会异常, 交叉结的形成也受到影响。超分辨图像分析显示**HOP2**蛋白定位在染色质上, 同时与联会复合体轴向元件和中

央元件有较好的共定位。该研究为深入揭示减数分裂同源重组形成的分子机制奠定了重要基础 (Shi et al., *New Phytol*, 2019)。

二硫键的形成对调控蛋白质的功能至关重要。吕东平研究组与合作者探索了拟南芥内质网中蛋白质二硫键的形成机制,发现内质网氧化还原蛋白AtERO1和AtERO2均参与调控蛋白质氧化折叠。AtERO1介导二硫键在靶蛋白的不同活性中心之间传递,并通过二硫键异构酶将二硫键提供给底物。该研究揭示了在植物蛋白质氧化折叠过程中,AtERO1可能是主要的二硫键供体 (Fan et al., *Plant Physiol*, 2019)。

细胞内钙离子内稳态由一系列重要离子通道协同完成。新型离子通道TRIC在胞内钙离子释放过程中提供反向离子电流,促进钙离子信号顺利传递。陈宇航研究组解析了一系列TRIC-A和TRIC-B高分辨率的三维结构,包括结合钙离子和未结合钙离子的状态,揭示了TRIC通道调控胞内钙离子释放的新机制。此外,还发现该类离子通道结合甘油二酯DAG分子,揭示脂类分子参与TRIC通道结构-功能的调控,为进一步脂信号和钙信号的相互调控研究提供了新思路 (Wang et al., *PNAS*, 2019)。

钙蛋白酶 (Calpains) 是钙依赖胞质蛋白酶,在特定位置切割底物,其功能缺陷导致各种病理现象,例如缺血、损伤、肌营养不良和神经变性等。张永清研究组在果蝇神经肌肉接头模型中,发现钙蛋白酶复合物特异性地调控GluRIIA水平进而调控突触功能,为进一步研究钙蛋白酶的作用机制提供了新见解 (Metwally et al., *J Neurosci*, 2019)。

#### 四、基因组学、进化生物学与表观遗传学

高质量的基因组序列是研究一个物种基因组结构、功能、进化以及基因定位与克隆的前提。梁承志研究组开发了一个利用单分子测序长片段组装高质量基因组的新方法——HERA。利用HERA重新组装已经完成的玉米、苦荞以及人类基因组,大幅度缩短了原组装过程的缝隙,显著提高了组装精度,展示了利用现有常规技术结合HERA构建几乎完整的基因组的潜力,从而突破了高质量基因组序列获取的一个重要技术瓶颈 (Du and Liang, *Nat Commun*, 2019)。车前科植物金鱼草是分子发育遗传学研究的经典模式植物。

薛勇彪研究组、梁承志研究组与合作者共同完成了栽培金鱼草的全基因组序列测定 (Li et al., *Nat Plants*, 2019), *Nature Plants*杂志同期发表专文评述,指出该工作对于研究金鱼草花不对称性、自交不亲和性等复杂性状提供了有价值的基因资源。田志喜研究组与合作者共同完成了首个野生梨基因组的图谱组装,丰富了梨属植物基因组信息,同时为梨基因组研究、功能基因挖掘、梨属植物驯化以及野生资源利用提供重要保障 (Dong et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。



野生杜梨 (Dong et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)

作物种质信息与组学大数据的整合对于功能基因组学研究和分子设计育种具有重要意义。梁承志研究组构建了一个包含大规模水稻种质信息和组学数据的整合知识库,并建议了育种相关组学数据的存储规范。该库适用于整合多物种种质信息、多参考基因组和泛基因组,尤其是海量的群体基因型数据的存储和展示,实现了基因型到表型大数据的在线可视化实时展示,以及基于基因型的种质筛选、个体比较、变异分析、基因型在线注释等复杂功能,为水稻分子设计育种提供了新思路 (Peng et al., *Nucleic Acids Res*, 2019)。

RNA poly(A)尾是成熟mRNA和lncRNA的重要组成部分,对RNA的稳定性和蛋白质的翻译具有重要调控作用。目前的poly(A)尾检测技术非常有限。研究所两项独立的工作同时揭示了poly(A)尾的组成机制。钱文峰研究组与曹晓风研究组通过对mRNA全长poly(A)尾测序,发现拟南芥poly(A)尾中存在非A核苷酸,且G的比例最高。进一步通过整合RNA相关高通量实验技术,对poly(A)结合蛋白家族核心成员的研究发现其

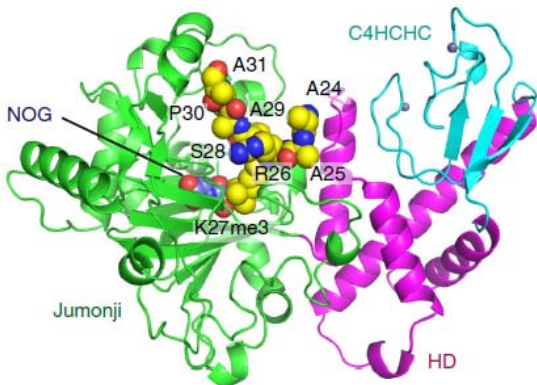
结合能力受到poly(A)尾中G含量的抑制，并下调mRNA的翻译效率。该研究充分展示了测序技术与算法的结合在解析生物大分子调控过程中的强大优势，对探究其他物种中mRNA的转录后调控机理具有重要参考价值 (Zhao et al., *Genome Biol*, 2019)。陆发隆研究组建立了一种名为PAlso-seq的新技术，实现了在单细胞水平检测包括poly(A)尾在内的全长转录组，并发现poly(A)尾内存在广泛的U、G和C碱基。该技术为解析poly(A)尾的功能与调控机制奠定了基础。上述两项研究发现poly(A)尾内非A核苷酸的存在为RNA的研究开辟了新方向 (Liu et al., *Nat Commun*, 2019)。

蛋白质通常通过形成复合体发挥功能，复合体各组分按照特定的剂量比例组成，剂量比例如果被破坏(即剂量失衡)会导致严重的表型缺陷。钱文峰研究组通过对人类HeLa细胞系的单细胞转录组进行测定与生物信息分析，复原了细胞周期的转录动态，并检测到处于S期的细胞存在广泛的剂量失衡。进一步研究发现细胞采用同时复制编码相同蛋白复合体基因的方式来维持其内部各组分之间的剂量平衡。这种同时复制的现象主要在快速增殖的细胞(胚胎干细胞和癌细胞)中发生，因此蛋白复合体的同步化复制受到了更强的自然选择。该研究揭示了细胞适应快，速增殖生活史的新机制 (Chen et al., *Genome Res*, 2019)。

非整倍体的严重表型缺陷一直以来被研究者广泛关注，以肿瘤细胞为代表的复杂非整倍体变异如何影响细胞增殖速率尚不清楚。钱文峰研究组构建了近100株 $2n+x$ 酵母非整倍体变异株系，发现一些蛋白复合体所有亚基的整体加倍是导致复杂非整倍体细胞增殖缺陷的关键原因。这些蛋白复合体所有亚基的整体加倍使其有机会逃脱蛋白质质量控制机制，从而导致过量的蛋白表达(例如细胞周期调控蛋白)，进而通过破坏其参与信号通路上下游的剂量平衡影响细胞增殖。分析TCGA等癌症数据库的结果显示肿瘤细胞的增殖速率受到相同分子机制的影响。该研究部分解释了肿瘤等复杂非整倍体细胞增殖速率的差异，为抑制癌细胞生长提供了潜在的治疗方案和药物靶点 (Chen et al., *Cell Syst*, 2019)。

全球气候变化带来的频繁高温胁迫是植物面临的主要非生物胁迫之一，对农业生产和粮食安全造成严重威胁。植物能够记忆高温信号并传递到下一代，但是具体机制并不清楚。曹晓风研究组与合作者发现高温能够促使热激转录因子HSFA2和组蛋白去甲基化酶REF6形成正向反馈回路，维持植物对高温的传代记忆。该研究揭示了一个植物高温传代记忆的表现遗传调控网络，加深了对逆境响应和记忆机制的理解 (Liu, et al., *Cell Res*, 2019)。

组蛋白翻译后共价修饰调控基因表达，是表现遗传调控的重要方式之一。拟南芥组蛋白H3K27me3去甲基化酶REF6能够通过其自身锌指结构域特异性识别拟南芥基因组中CTCTGYTY基序从而去除H3K27me3修饰，调控基因的时空表达。曹晓风研究组与合作者发现REF6倾向于结合低甲基化水平的CTCTGYTY基序，DNA甲基化在体内抑制了REF6对靶位点的识别，从而揭示了DNA甲基化是调控组蛋白去甲基化酶REF6在基因组中靶向识别的重要因素，为深入开展组蛋白修饰酶类在染色质上的作用机制开拓了思路 (Qiu et al., *Nat Commun*, 2019)。



JMJ13-NOG-H3K27me3复合物的结构 (Zheng et al., *Nat Commun*, 2019)

表现遗传修饰在调节植物的生长发育与环境响应方面发挥着重要作用。曹晓风研究组与合作者发现JMJ13是H3K27me3位点特异性的组蛋白去甲基化酶，其通过氢键和疏水相互作用特异性识别底物H3K27me3，进而通过温度和光周期途径抑制开花，在植物的光温补偿调控开花过程中发挥功能。该研究不仅加深了对光温互作响应机制的理解，而且对作物的高产多抗性状改良提供了新的思路与技术途径 (Zheng et al., *Nat Commun*, 2019)。叶片衰老时，叶绿素、核酸、脂类、蛋白质及其它高分子物质会被分解成营养物质，并重新分配到生长旺盛的器官或贮

存器官中。曹晓风研究组与合作者发现拟南芥组蛋白H3K4me3去甲基化酶JMJ16的突变会导致叶片早衰，JMJ16通过降低叶片衰老的正调节因子*WRKY53*和*SAG201*的H3K4me3水平及基因表达水平，从而实现叶片衰老的精确调控。该研究揭示了植物叶片衰老的表观遗传学分子机制，为叶片衰老的研究提供了新思路(Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。

microRNA是一类进化上保守的、具有调控功能的非编码小分子RNA，在植物生长发育及环境适应方面发挥着重要作用。miR528是单子叶植物所特有的且表达量最高的miRNA之一。曹晓风研究组发现昼夜节律和植物发育时序通过转录和转录后水平精确调控成熟miR528的积累，转录因子OsSPL9可以直接激活MIR528转录，并通过抑制*OsRFI2*的表达影响水稻开花时间。该研究揭示了miR528在水稻开花调控中的重要作用及其随年龄累积等精细调控机制(Yang et al., *Mol Plant*, 2019)。由于在植物miRNA的合成及靶向作用机制方面的系统性工作，曹晓风研究员应邀与合作者在*Annual Review of Plant Biology*撰写综述文章，系统总结了高等植物miRNAs的合成、加工及代谢的分子机制及其在植物可塑性、非生物/生物胁迫响应和共生/互生关系建立过程中的调控机制，对植物miRNAs的合成、代谢机理及调控作用进行了深入探讨，提出了未来发展方向和趋势(Song et al., 2019)。

## 五、新技术与应用

基因组编辑是当前生命科学领域最备受瞩目的颠覆性技术，也是下一代新型生物育种技术。脱靶问题是阻碍CRISPR/Cas9技术推广应用的瓶颈。高彩霞研究组利用全基因组测序技术对碱基编辑器特异性进行评估，全面分析和比较了三种碱基编辑器：胞嘧啶碱基编辑器BE3和HF1-BE3，以及腺嘌呤碱基编辑器ABE在水稻全基因组水平上的脱靶效应，发现胞嘧啶碱基编辑器BE3与HF1-BE3可在水稻基因组中造成难以预测的单核苷酸突变，这些突变多为C>T变异并呈现出在转录活跃区富集的趋势，但是腺嘌呤编辑器ABE相对特异性较好。这一发现为碱基编辑器特异性的改进提供了理论依据，对合理应用和完善碱基编辑工具具有重要的指导意义(Jin et al., *Science*, 2019)。同期*Science*杂志对该研究进行了重点评述。

高彩霞研究组、李家洋研究组与合作者通过胞嘧啶碱基编辑器定向突变，创制了一系列抗磺酰脲类、咪唑啉酮类或芳氧苯氧丙酸类除草剂小麦新种质。同时，还在小麦中建立了无外源选择标记、直接筛选碱基编辑事件的方法，提高了获得突变体的效率。该研究不仅填补了目前抗除草剂小麦种质资源匮乏的空白，同时也提供了抗除草剂作物新种质创制的高效技术路径(Zhang et al., *Nat Plants*, 2019)。

由于在植物基因组编辑技术研究和育种应用的系统工作，高彩霞研究员应邀在*Annual Review of Plant Biology*杂志撰写综述，系统总结了CRISPR技术研究及其在育种应用上的进展与突破，并深入讨论了基因组编辑在植物精准育种中面临的挑战、机遇及前景(Chen et al., 2019)。

肿瘤光动力学疗法是通过肿瘤组织对光敏剂的选择性吸收和滞留，利用特定波长的光来激发光敏剂产生活性氧自由基ROS来杀伤肿瘤细胞，从而达到治疗目的。降雨强研究组与合作者采用二氢硫辛酸为配体的金纳米簇作为光敏剂，结合组织穿透深度大的近红外脉冲光源，有效地提高了在体肿瘤的杀伤效果，在脑胶质瘤、实体瘤治疗方面具有很好的临床转化前景(Han et al., *ACS Nano*, 2019)。

(数据来源：Web of Science、研究所网站；检索日期：2019年12月17日)

本文在撰写过程中，以下老师做出了重要贡献，特此致谢：储成才、高彩霞、黄勋、焦雨玲、李传友、田志喜、谢旗、许执恒、周俭民负责相关研究领域总结；石俊、左建儒参与文稿总结修改；傅向东参与文稿组织与修改；何新参与资料收集与分析；刘忠华负责资料收集与分析、图片收集、文献整理；于昕负责组织实施、领域划分、文稿汇总与修改。

# 基因组生物学研究中心

基因组生物学研究中心以植物基因组学国家重点实验室为基础组建。研究队伍中有中国科学院院士2名、国家杰出青年基金获得者12名、国家优秀青年基金获得者3名、“万人计划”入选者4名、中科院“百人计划”入选者14名、引进杰出技术人才1名。中心面向国家战略需求与科学发展前沿，瞄准植物基因组学研究的发展趋势，以基因组的结构研究为出发点，系统深入地开展植物功能基因组学研究，着重于大规模新基因的克隆鉴定、功能分析和潜在应用价值的探索，力求阐明调控重要农艺性状的分子遗传机理与网络，推动植物生物技术的源头创新和转基因植物的产业化。中心力求建设具有国际水准的创新研究群体和技术平台，以形成具有国际影响的基因组生物学研究中心。中心以“基因组结构与调控规律”为研究主题，开展基础性和应用基础性研究。

2019年，基因组生物学研究中心科研人员在重要农艺性状的功能基因组学、植物基因组的结构与调控、植物与环境和其它生物互作的分子机理、植物激素调控生长发育的分子机理、植物生物技术与分子育种等领域的研究取得了多项进展。

**重要农艺性状的功能基因组学：**李家洋研究组解析了赤霉素信号协同调控水稻株高与分蘖的分子机理，为打破株高与分蘖的连锁效应提供了可能性，同时为分子设计育种提供理论基础 (Liao et al., *Nat Commun*, 2019)；发现了分蘖芽起始的关键因子MOC3和MOC1能够调控分蘖芽的伸长，建立了分蘖芽形成和伸长之间的分子调控网络，揭示了一条水稻中特异的WUS-CLV通路 (Shao et al., *Mol Plant*, 2019)；还发现独角金内酯可通过OsCKX9直接调控细胞分裂素水平，进而影响细胞分裂素信号通路来调控水稻发育，首次证明了独角金内酯与细胞分裂素之间存在直接的调控关系 (Duan et al., *PNAS*, 2019)。王永红研究组和李家洋研究组合作鉴定了调控水稻分蘖角度的新组分OsBRXL4，阐明了LA1与OsBRXL4调控分蘖角度形成的新机制 (Li et al., *Mol Plant*, 2019)。储成才研究组首次在植物中建立了硝酸盐信号从细胞膜受体到细胞核内的核心转录因子完整的传导通路，揭示了水稻NRT1.1B介导的硝酸盐信号向细胞内的传递机制，阐明了氮磷协同利用实现植物营养平衡的分子机制 (Hu et al., *Nat Plants*, 2019)；图位克隆了水稻开花调控基因*Ef-cd*，发现了该位点的组蛋白甲基化水平促进另一重要开花基因OsSOC1/OsMADS50的表达，促使水稻早熟，并发现*Ef-cd*显著提高了水稻硝态氮和铵态氮的吸收能力以及叶片的光合作用效率，证明该基因兼顾早熟和高产，促进资源高效利用 (Fang et al., *PNAS*, 2019)。

**植物基因组的结构与调控：**曹晓风研究组与所内合作者揭示了拟南芥poly(A)尾介导的全新转录后调控机制，对探究其它物种中mRNA的转录后调控机理具有重要参考价值 (Zhao et al., *Genome Biol*, 2019)；揭示了水稻中miR528积累的精细调控机制，以及OsSPL9-miR528-OsRFI2通路在水稻抽穗期控制中的调节作用 (Yang et al., *Mol Plant*, 2019)；揭示了DNA甲基化是调控组蛋白去甲基化酶REF6在基因组中靶向的重要因素，为深入开展组蛋白修饰酶类在染色质上的定位和作用机制开拓了思路 (Qiu et al., *Nat Commun*, 2019)；合作发现H3K27me3去甲基化酶JMJ13通过温度和光周期途径抑制开花，揭示了H3K27me3去甲基化酶JMJ13调控拟南芥开花时间的作用机制 (Zheng et al., *Nat Commun*, 2019)；与合作者共同揭示了拟南芥JMJ16通过其组蛋白H3K4me3去甲基化酶活性抑制植物叶片衰老的表观遗传调控分子机制 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。梁承志研究组开发了高质量基因组组装软件HERA，利用单分子测序长片段进行基因组复杂区域的组装，能够显著提高基因组序列的连续性并减少组装错误 (Du and Liang, *Nat Commun*, 2019)；与所内合作者完成了对栽培金鱼草 (*Antirrhinum majus* cv. J17) 的全基因组序列测定 (Li et al., *Nat Plants*, 2019)；还与所内合作者首次在体内利用全基因组测序技术分析和比较了三种单碱基编辑系统在水稻中的脱靶效应 (Jin et al., *Science*, 2019)。程祝宽研究组发现了水稻OsMTOPIV蛋白通过改变姊妹染色单体着丝粒的黏连，参与减数分裂纺锤体的组装，证实了最终的两极纺锤体是由多极纺锤体转变而来的，为由染色体介导植物减数分裂纺锤体的组装理论提供了直接证据 (Xue et al., *PNAS*, 2019)。周奕华研究组发现了水稻多糖乙酰酯酶DARX1能够控制细胞壁高级结构与功能，从而调控水稻植株的机械强度，揭示了细胞壁高级结构的调控机理 (Zhang et al., *Plant Cell*, 2019)。焦雨铃研究组构建了拟南芥茎顶端和叶片不同区域特异的基因表达图谱，鉴定了新的侧生分生组织起始调控基因，为研究植物生长发育及环境响应提供了重要参考数据 (Tian et al., *Nat Commun*, 2019)。

**植物与环境及其它生物互作：**周俭民研究组与合作者在前期工作基础上，通过对拟南芥ZAR1复合物结构和功能的解析，在国际上首次发现抗病小体，揭示了抗病蛋白管控和激活的核心分子机制，成功组装了包含激活ZAR1的复合物，阐释了其全新的作用机制，是植物免疫研究的里程碑事件，*Science*杂志同期进行了专文评述 (Wang et al., *Science*, 2019a, b)。白洋研究组与储成才研究组合作揭示了水稻亚种间根系微生物组与其氮肥利用效率的关系，证明了NRT1.1B在调控水稻根系微生物组的关键作用，建立了第一个水稻根系可培养的细菌资源库 (Zhang et al., *Nat Biotechnol*, 2019)；白洋研究组与合作者共同发现三萜化合物直接调控特异的根系细菌种类，解析了拟南芥中形成基因簇的三萜合成遗传网络，揭示了拟南芥三萜类化合物对根系微生物组的调控规律 (Huang et al., *Science*, 2019)。曹晓风研究组与合作者发现了高温能激活拟南芥热激转录因子HSFA2，揭示了一个植物高温传代记忆的复杂表观遗传调控

网络，阐释了高温促进植物提前开花同时以降低抗病性为代价来保证植物能顺利繁衍后代和适应高温逆境的分子机制 (Liu et al., *Cell Res*, 2019)。

**植物激素调控生长发育的分子机理：**王国栋研究组在十字花科和豆科植物中功能鉴定了负责赤霉素13-羟化反应的P450酶，该酶可催化多种赤霉素的13-羟基化，生成对应的13-OH赤霉素，是植物赤霉素代谢领域一个新的突破 (Het al., *Nat Plants*, 2019)。李传友研究组鉴定到一个新的MYC2-MED25功能复合体的组分LUH，发现LUH作为转录共激活因子参与了茉莉酸反应的激活，阐述了MYC2转录调控的分子机制，拓宽了对Gro/Tup1家族蛋白作用机制的认识 (You et al., *Plant Cell*, 2019)；与合作者分离了番茄材料InR中控制花青素合成的基因Aft和latv，揭示了番茄响应光信号积累花青素的分子机制，创制出果肉富含花青素的紫色番茄 (Sun et al., *Mol Plant*, 2019)；与合作者鉴定了MYC2/MED25调控茉莉酸信号途径的增强子，发现MED25在增强子和启动子之间染色质环的形成中发挥重要作用，揭示了增强子调控茉莉酸信号通路的作用机理 (Wang et al., *Nat Plants*, 2019)；此外，还与合作者揭示了茉莉酸信号途径关键转录因子MYC2调控JA信号终止的作用机制，构建了抗虫能力提高且生长发育不受影响的番茄株系 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。谢旗研究组揭示了高粱通过Tannin1基因位点差异调控花青素和原花青素合成以及脂肪酸来源的香味挥发物合成的分子机制来解析麻雀对高粱“挑食”的现象，为培育高粱抗鸟新品种提供了重要的基因资源 (Xie et al., *Mol Plant*, 2019)。许操研究组与合作者系统探索了控制植物干细胞增殖的小肽CLV3及其受体CLV1信号通路的遗传补偿效应，揭示了由信号小肽、受体蛋白、转录因子等构成的蛋白质机器，通过变构决定茎尖干细胞的命运，并最终控制番茄的开花时间和花序结构的分子机制 (Rodriguez-Leal et al., *Nat Genet*, 2019)。

**植物生物技术与分子育种：**李家洋研究组与合作者利用单碱基编辑工具创制了一系列抗除草剂小麦新种质，为麦田杂草防控提供了育种新材料及技术路径 (Zhang et al., *Nat Plants*, 2019)。李家洋团队利用分子设计育种技术，育成了适宜在河北省长城以南地区种植的常规早熟软米粳稻品种“中科发928”，于2019年8月通过河北省品种审定委员会审定；与合作者育成的“千乡优220”、“荃优220”、“嘉禾优5号”及“中龙粳100”于2019年通过国家或地方品种审定委员会审定。

由于在相关研究领域的突出影响，李家洋、曹晓风、谢旗、储成才、李传友、焦雨铃研究员等分别应邀为*Annu Rev Plant Biol*、*Trends Plant Sci*、*Mol Plant*、*New Phytol*、*Plant Cell*、*J Exp Bot*等主流学术期刊撰写综述、评述性论文12篇。

#### 获奖和荣誉

李家洋院士当选国际欧亚科学院 (中国) 副主席，并获2019年中国细胞生物学学会终身贡献奖。曹晓风院士当选为国际欧亚科学院院士，并获得2019年CSPB杰出成就奖。焦雨铃研究员和田彩环副研究员分别获得2019年CSPB杰出青年科学家奖和CSPB优秀女青年奖。李家洋、储成才、周俭民研究员入选路透社旗下Clarivate Analytics (科睿唯安) “2019年全球高引用科学家(2019 Highly-Cited Researchers)”。胡斌博士和张保才博士获得国家自然科学基金委员会“国家优秀青年科学基金”的资助。



# 植物与根系微生物组互作

白洋, 博士, 研究员。2005年获武汉大学学士学位; 2007年获武汉大学植物发育生物学硕士学位; 2010年获获克隆大学、德国马克斯普朗克国际研究生院植物发育生物学博士学位。2011-2015年在德国马克斯普朗克植物育种研究所从事根系微生物组与植物互作的研究。2016年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向: 根系微生物组在植物营养、抗病和产量中的作用, 以及相关研究方法。

实验室主页: <http://bailab.genetics.ac.cn>

## 重要成果

### 论著

Zhang, J., Liu, Y.-X., Zhang, N., Hu, B., Jin, T., Xu, H., Qin, Y., Yan, P., Zhang, X., Guo, X., Hui, J., Cao, S., Wang, X., Wang, C., Wang, H., Qu, B., Fan, G., Yuan, L., Garrido-Oter, R., Chu, C. and Bai, Y. (2019). *NRT1.1B* is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. *Nature Biotechnology* 37 (6): 676-684.

Huang, A. C., Jiang, T., Liu, Y.-X., Bai, Y.-C., Reed, J., Qu, B., Goossens, A., Nützmann, H.-W., Bai, Y. and Osbourn, A. (2019). A specialized metabolic network selectively modulates *Arabidopsis* root microbiota. *Science* 364(6440): eaau6389.

Liu, Y.-X., Qin, Y. and Bai, Y. (2019). Reductionist synthetic community approaches in root microbiome research. *Current Opinion in Microbiology* 49: 97-102.

Chen, Q., Jiang, T., Liu, Y.-X., Liu, H., Zhao, T., Liu, Z., Gan, X., Hallab, A., Wang, X., He, J., Ma, Y., Zhang, F., Jin, T., Schranz, M. E., Wang, Y., Bai, Y. and Wang, G. (2019). Recently duplicated sesquiterpene (C25) gene clusters in *Arabidopsis thaliana* modulate root microbiota. *Science China Life Sciences* 62(7): 947-958.

刘永鑫, 秦媛, 郭晓璇, 白洋 (2019). 微生物组数据分析方法与应用. *遗传* 41(9): 845-826.

## 员工简介

### 工作人员

刘永鑫 工程师  
曲宝原 助理研究员  
张婧赢 助理研究员

### 博士后

郭晓璇 2016 王超 2017  
王鑫 2017

### 硕博连读生

张娜 2015 张小宁 2015  
钱景美 2017 徐浩然 2017  
周婉茹 2017 黄小芳 2018

### 博士研究生

贺子姍 2016 秦媛 2017  
翟志文 2018 戴睿 2019  
巩志远 2019

### 客座

崔亚俊 2018 合肥工业大学  
胡雅丽 2018 合肥工业大学

## 揭示三萜类化合物调控拟南芥根系微生物组的功能和机制

植物利用20%~30%光合作用产生的有机碳合成根系特异表达的化合物。这些特异的化合物是否以及如何调控根系微生物组仍然未知。本研究系统地解析了拟南芥根系三萜类化合物对根系微生物组的特异调控规律。通过遗传和生化分析鉴定了拟南芥宁素(thalianin)、拟南芥啉素(arabidin)和三萜脂肪酸合成途径的关键基因,并解析了该途径中间产物、以及终产物的化学结构。通过比较自然土壤中生长的三萜合成基因突变体与野生型,发现三萜合成途径调控拟南芥根系微生物组的组成(图A/B)。相对于水稻和小麦(不能合成thalianin、arabidin和三萜脂肪酸),拟南芥根系富集494种拟南芥特异的细菌(图C)。这些细菌中的34%受拟南芥三萜合成基因调控,表明三萜化合物可能参与植物与根系微生物组的共进化过程(图C/D)。通过分离培养的细菌资源库与化合物的共培养实验,揭示了三萜化合物对根系细菌的特异性调控。该研究为利用植物天然化合物促进根系益生菌在绿色农业中的应用提供了理论支撑。成果以Research Article形式发表于*Science*杂志。

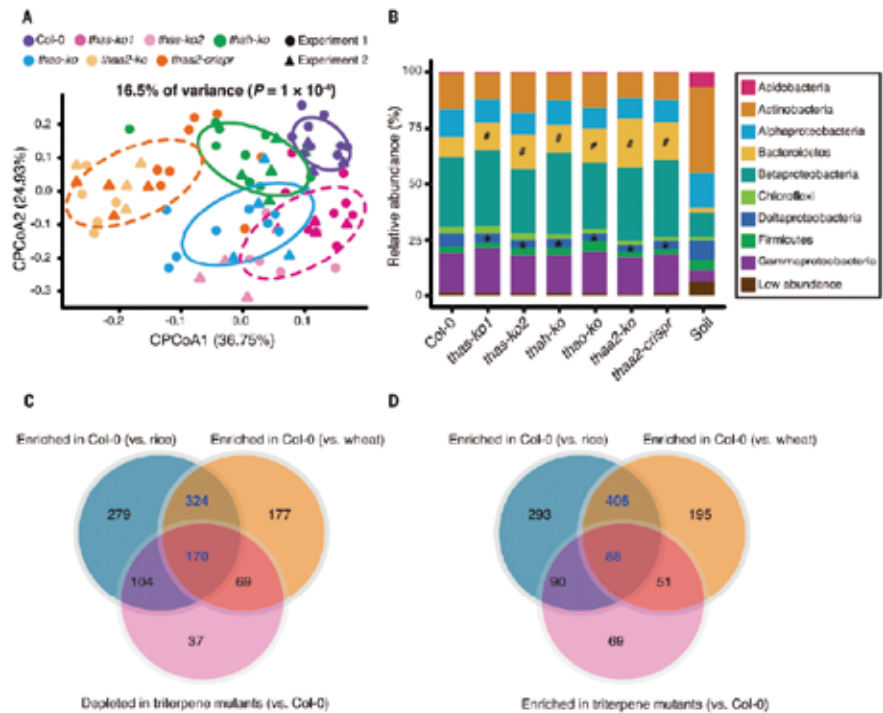


图: 三萜合成途径调控拟南芥特异的根系微生物组。(A) 拟南芥三萜合成基因影响根系菌群; (B) 不同拟南芥基因型根系微生物组的门水平组成。(C/D) 三萜途径调控拟南芥特异的根系菌群。

# 高等植物表观遗传学

曹晓风, 博士, 研究员。1997年获北京大学博士学位。2002年入选中国科学院“百人计划”。2003年获得“国家杰出青年科学基金”。2013年入选“万人计划”百千万工程领军人才, 2015年当选中国科学院院士, 2016年当选发展中国家科学院院士。

研究方向: 组蛋白甲基化修饰对植物发育和基因组稳定性的影响; 拟南芥蛋白质精氨酸甲基化的分子机制; 水稻适应环境温度变化的分子机理。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/caoxiaofeng>



## 植物组蛋白去甲基化酶的招募机制研究

核小体是真核生物染色质的基本单位, 由DNA缠绕组蛋白八聚体构成。组蛋白翻译后共价修饰是表观遗传调控的重要方式之一, 通过影响染色质的状态而调控基因表达等过程。组蛋白H3第27位赖氨酸的三甲基化修饰 (H3K27me3) 通过维持基因的沉默状态, 在动植物细胞命运决定以及生长发育中发挥重要的调控作用。基因组中特定位点的H3K27me3修饰水平由组蛋白甲基转移酶和去甲基化酶进行动态调控。我们前期研究发现, 拟南芥组蛋白H3K27me3去甲基化酶REF6/JMJ12能够通过其自身的锌指结构域特异性的识别拟南芥基因组中CTCTGYTY基序, 从而去除H3K27me3/me2甲基化修饰, 调控基因的时空表达水平 (Lu et al., *Nature Genetics*, 2011; Cui et al., *Nature Genetics*, 2016)。进一步研究发现, 并非所有的CTCTGYTY基序都能够被REF6识别, REF6更倾向于结合在开放的染色质区域, 而不结合异染色质区域, 然而这其中的分子机制尚不清楚。DNA甲基化作为一种重要的染色质修饰, 广泛分布于异染色质、常染色质的转座子和转录不活跃基因的启动子, 参与异染色质结构维持、转座子沉默和基因转录调控等生物学过程。然而, 人们对于植物体内DNA甲基化如何影响组蛋白修饰酶的基因组靶向仍知之甚少。我们利用染色质组学、结构生物学、生物化学等研究手段, 揭示了DNA甲基化抑制REF6对靶位点识别的分子机制。通过生物信息分析REF6的基因组结合位点以及染色质免疫沉淀结合DNA甲基化检测的手段, 发现REF6倾向于结合低甲基化水平的CTCTGYTY基序。进一步通过凝胶迁移实验 (EMSA)、等温滴定量热法 (ITC), 以及锌指结构域晶体结构的解析 (与复旦大学麻锦彪研究组合作), 发现甲基化的DNA基序在体外系统中降低了REF6锌指结构域与DNA结合的亲和力。为了进一步研究植物体内DNA甲基化是否影响REF6与靶基因位点结合, 我们进而通过染色质免疫沉淀结合高通量测序技术发现, 在non-CG甲基化缺失的*drm1 drm2 cmt2 cmt3*四突变体中REF6在non-CG甲基化下降的染色质区域会发生异位结合, 其大多数位点位于常染色质区中的短TE中间或与之相邻。该研究揭示了DNA甲基化是调控组蛋白去甲基化酶REF6在基因组中靶向的重要因素, 为深入开展组蛋白修饰酶类在染色质上的定位和作用机制开拓了思路。该项研究成果于2019年5月2日在*Nature Communications*在线发表 (DOI: 10.1038/s41467-019-10026-1)。

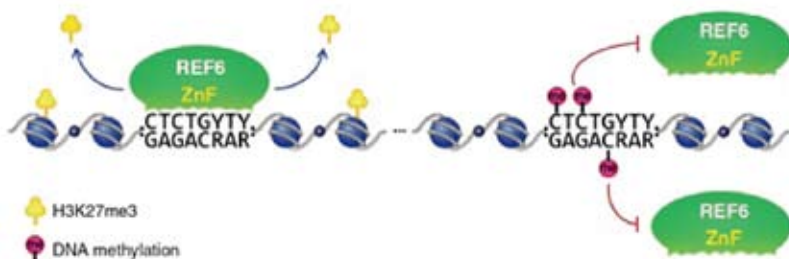


图: DNA甲基化抑制REF6结合CTCTGYTY基序模式图。

## 重要成果

### 论著

- Song, X., Li, Y., Cao, X., and Qi, Y. (2019). MicroRNAs and their regulatory roles in plant-environment interactions. *Annual Review of Plant Biology* 70: 489-525.
- Qiu, Q., Mei, H., Deng, X., He, K., Wu, B., Yao, Q., Zhang, J., Lu, F., Ma, J. and Cao, X. (2019). DNA methylation repels targeting of *Arabidopsis* REF6. *Nature Communications* 10(1): 2063.
- Yang, R., Li, P., Mei, H., Wang, D., Sun, J., Yang, C., Hao, L., Cao, S., Chu, C., Hu, S., Song, X. and Cao, X. (2019). Fine-tuning of MIR528 accumulation modulates flowering time in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1103-1113.
- Zheng, S., Hu, H., Ren, H., Yang, Z., Qiu, Q., Qi, W., Liu, X., Chen, X., Cui, X., Li, S., Zhou, B., Sun, D., Cao, X. and Du, J. (2019). The *Arabidopsis* H3K27me3 demethylase JUMONJI 13 is a temperature and photoperiod dependent flowering repressor. *Nature Communications* 10: 1303.
- Liu, J., Feng, L., Gu, X., Deng, X., Qiu, Q., Li, Q., Zhang, Y., Wang, M., Deng, Y., Wang, E., He, Y., Baurle, I., Li, J., Cao, X. and He, Z. (2019). An H3K27me3 demethylase-H5FA2 regulatory loop orchestrates transgenerational thermomemory in *Arabidopsis*. *Cell Research* 29(5): 379-390.

### 专利

201410423077.X, miR528的调控位点及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 北京大学.

## 员工简介

### 工作人员

刘春艳 副研究员 赵庆华 助理研究员  
宋显伟 副研究员 孙婧 助理研究员  
邓娴 副研究员 罗丽兰 助理研究员  
张率斌 副研究员

### 博士后

郝强 2015 侯毅枫 2017  
李辉 2017 梅海亮 2017  
祖小峰 2017 司福艳 2019  
晏斌 2019

### 硕博连读生

王震 2013 何凯璇 2014  
杨超 2014 李吉 2016  
唐善杰 2016 苑笑阳 2017  
周灿 2018 杨玉竹 2018  
张笑凡 2019

### 博士研究生

张晗 2019 邓洪婧 2012

### 返聘人员

王荣臣 2018

### 劳务派遣

郭振华 2013 张冉 2019  
宋启峰 2018 田有宝 2019

### 客座

刘伟 2018 武汉大学  
吕志尧 2018 吉林农业大学  
韩祥艳 2019 南开大学



## 植物比较基因组学

陈明生, 博士, 研究员。1998年获美国普渡博士学位。1999–2000年在美国加利福尼亚大学圣地亚哥分校做博士后。2001-2002年在Clemson University Genomics Institute任Research Assistant Professor。2002年入选中国科学院“百人计划”, 同年度获得“国家杰出青年科学基金”。2009年入选“新世纪百千万人才工程”国家级人选。

研究方向: 稻属及禾本科植物的比较基因组学和基因组进化的研究。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/chenmingsheng>

### 员工简介

#### 工作人员

石金锋 工程师  
刘铁燕 工程师  
李 博 助理研究员

#### 博士研究生

杨 群 2013 刘 阳 2015  
孙艳玲 2016 王旭东 2018  
张 华 2019

#### 劳务派遣

王美蛟 2011

## 异源四倍体黍稷亚基因组的比较进化分析

黍稷是异源四倍体, 对其亚基因组的比较进化分析将有助于理解异源多倍体植物基因组的进化。我们从头组装了一个黍稷的高质量基因组, 发现黍稷两个二倍体祖先的分歧时间大约发生在500万年前。我们将黍稷的基因组分为两套亚基因组 (A和B), 发现其大小具有明显差异 (A~350 Mb, B~454 Mb), 这种差异主要是由Gypsy类逆转座子含量的差异所导致的。分析发现, 四倍体形成以后的LTR逆转座子在A、B两个亚基因组间是随机插入的, 亚基因组间有着相似的插入/删除模式, 并以相同的速率经历着基因组收缩。对共线基因的比较分析发现, 亚基因组间的基因具有很保守的共线关系, 而基因间区则插入了不同家族和不同数量的转座子。区段分析表明, 亚基因组间很少发生基因丢失。

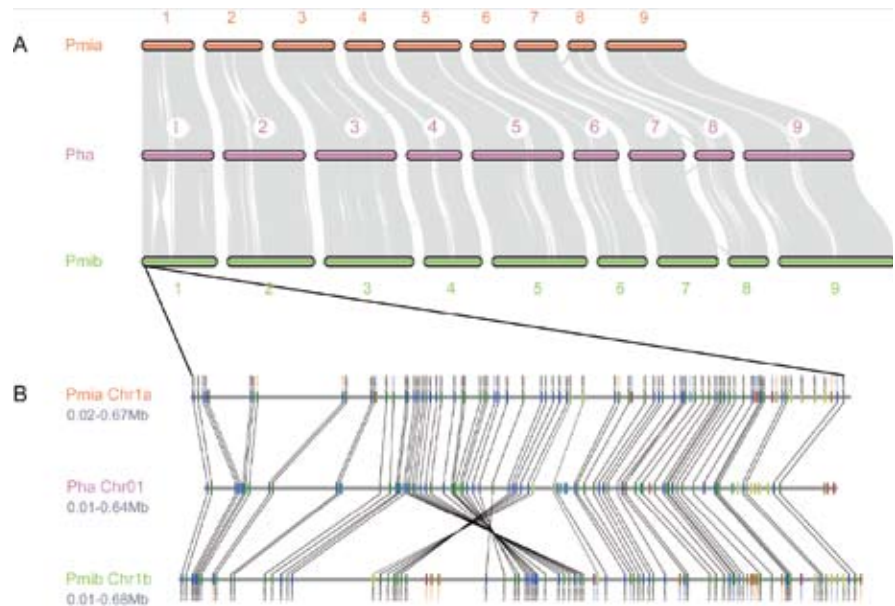


图: 黍稷亚基因组的共线分析。(A) *P. hallii*基因组和黍稷亚基因组的宏观共线性。(B) *P. hallii*基因组和黍稷亚基因组的微观共线性, 以1号染色体的部分区段为例。蓝色方块和绿色方块分别代表正链和负链基因, 连线代表基因共线。

# 植物应答非生物胁迫分子机制及大豆籽粒性状调控

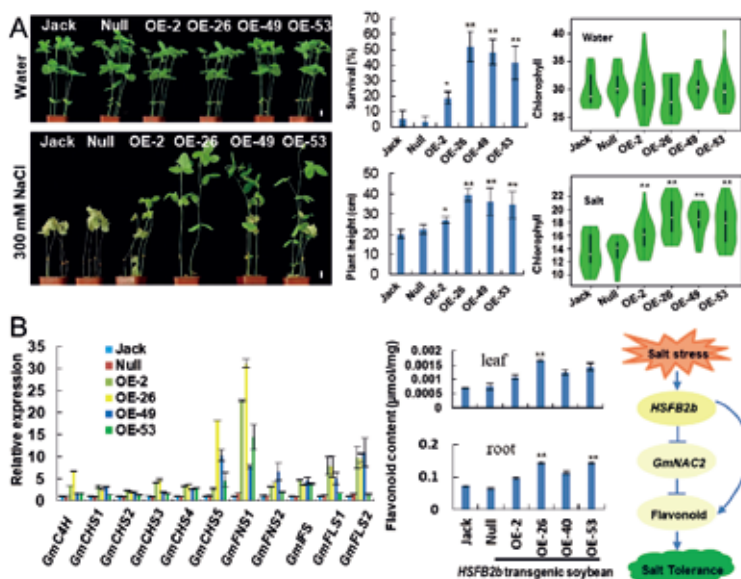
陈受宜，荣誉研究员。1963年毕业于北京大学生物系生化专业。1963-1989年在中国科学院生物物理所工作。1981-1984分别在美国哥伦比亚大学和纽约公共卫生研究所作为访问学者进修。1989-1999年，任中国科学院遗传研究所副所长、所长。2015年、2017年和2018年三次入选Elsevier发布的全球动植物学领域高被引科学家。

研究方向：1) 鉴定参与植物耐逆性调控的新基因，阐明其参与的调控途径；  
2) 通过QTL定位及遗传分析阐明大豆籽粒性状的调控机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/chenshouyi>

## 大豆驯化选择中一个热激蛋白B因子通过促进黄酮类化合物合成提高植株耐盐性

不利环境因素（盐碱、干旱等）严重影响大豆的产量，因此挖掘耐逆调控基因，对大豆的稳产具有重要意义。本研究应用分子生物学和遗传学方法，通过耐盐野生大豆的共表达网络分析，解析了热激蛋白因子B，HSFB2b应答盐胁迫的新功能。过表达HSFB2b转基因大豆植株分析表明，HSFB2b可直接提高或通过抑制起负调控作用的GmNAC2的表达提高黄酮类化合物生物合成相关基因的活性，促进黄酮类代谢产物的积累，进而提高植株对盐胁迫的耐受性。此外，野生和栽培大豆资源中HSFB2b启动子序列可分为四种单倍型。其中来自耐盐野生大豆Y20的II型启动子受到驯化选择并在盐胁迫下具有较高活性；来自野生大豆Y55的III型启动子，在盐胁迫下活性最高，而分布频率最低。上述结果解析了大豆HSFB2b参与调控植物耐盐性的分子机制，鉴定了大豆资源中HSFB2b启动子的单倍型。高活性启动子的单倍型可用于导入到含低活性启动子的品种中以获得耐盐大豆新材料。



图：过量表达HSFB2b提高大豆的耐盐性。(A) HSF2b转基因大豆的盐处理表型（左）；转基因大豆盐处理后的存活率和株高测定（中）；盐处理后大豆叶片的叶绿素含量测定（右）。(B) HSF2b的转基因大豆中黄酮类化合物合成相关基因的表达量检测（左）；转基因大豆叶片和根中黄酮类化合物含量测定（中）；HSFB2b响应盐胁迫的工作模型（右）。



### 重要成果

#### 论著

- Wei, W., Liang, D., Bian, X., Shen, M., Xiao, J., Zhang, W., Ma, B., Lin, Q., Lv, J., Chen, X., Chen, S. and Zhang, J. (2019). GmWRKY54 improves drought tolerance through activating genes in abscisic acid and Ca<sup>2+</sup> signaling pathways in transgenic soybean. *The Plant Journal* 100: 384-398.
- Bian, X., Li, W., Niu, C., Wei, W., Hu, Y., Han, J., Lu, X., Tao, J., Jin, M., Qin, H., Zhou, B., Zhang, W., Ma B., Wang, G., Lai, Y., Chen, S. and Zhang, J. (2019). A class B heat shock factor selected for during soybean domestication contributes to salt tolerance by promoting flavonoid biosynthesis. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.16104.
- Zhou, Y., Xiong, Q., Yin, C., Ma, B., Chen, S. and Zhang, J. (2019). Ethylene biosynthesis, signaling and crosstalk with other hormones in rice. *Small Methods*. Doi:10.1002/smt.201900278.

#### 专利

- 201910140547.4, 蛋白GmHSFB2b在调控植物黄酮类化合物积累中应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910140546.5, 蛋白GmNAC2在调控植物耐盐性中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910276024.2, 蛋白GmULT1在调控种子重量中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910292761.1, 与油脂代谢调控相关的大豆转录因子GmMYB395及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910270834.7, 植物耐旱性相关转录因子EIL1及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910558178.0, 与植物粒重相关蛋白GmJAZ3及其编码基因的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

林 晴 高级实验师  
张万科 副研究员

#### 博士后

卢 龙 2016



## 植物分子细胞遗传

程祝宽, 博士, 研究员。1999年获中国科学院遗传研究所博士学位。1999年进入美国威斯康辛大学园艺系做博士后。2002年入选中国科学院“百人计划”。2003年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向: 植物减数分裂的遗传调控机制。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/chengzhukuan>

### 重要成果

#### 论著

- Xue, Z. H., Liu, C. Z., Shi, W. Q., Miao, Y. J., Shen, Y., Tang, D., Li, Y. F., You, A. Q., Xu, Y. Y., Chong, K. and Cheng, Z. K. (2019). OsMTOPVIB is required for meiotic bipolar spindle assembly. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(32): 15967-15972.
- Shi, W. Q., Tang, D., Shen, Y., Xue, Z. H., Zhang, F. F., Zhang, C., Ren, L. J., Liu, C. Z., Du, G. J., Li, Y. F., Yan, C. J. and Cheng, Z. K. (2019). OsHOP2 regulates the maturation of crossovers by promoting homologous pairing and synapsis in rice meiosis. *New Phytologist* 222(2): 805-819.
- Xie, E., Li, Y. F., Tang, D., Lv, Y. L., Shen, Y. and Cheng, Z. K. (2019). A strategy for generating rice apomixis by gene editing. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(8): 911-916.
- Cheng, X. J., Yu, H. X. and Cheng, Z. K. (2019). Protocols for analyzing rice meiotic chromosomes. *Chinese Bulletin of Botany* 54(4): 503-508.
- Tang, D. and Cheng, Z. K. (2018). From basic research to molecular breeding - Chinese scientists play a central role in boosting world rice production. *Genomics Proteomics Bioinformatics* 16(6): 389-392.

#### 专利

- ZL201610602185.2, 水稻OsRAD1蛋白及其编码基因在调控花粉育性中的应用. 程祝宽, 胡青, 李亚非, 唐丁, 沈懿, 杜桂杰
- ZL201710494220.8, MEICA1蛋白及其编码基因在调控花粉育性中的应用. 程祝宽, 胡青, 李亚非, 唐丁, 沈懿, 杜桂杰

### 员工简介

#### 工作人员

唐丁 高级工程师  
李亚非 副研究员  
杜桂杰 助理工程师  
沈懿 助理研究员

#### 博士后

石文清 2017 张凡凡 2018

#### 硕博连读生

谢恩 2014 穆娜 2016  
杨晗 2016 杨姝颖 2017  
刘慧欣 2018 周月 2018

#### 博士研究生

任丽军 2014 刘长振 2015  
苗永杰 2016 赵婷婷 2016  
曹艺伟 2018 游韩莉 2019

#### 硕士研究生

吕艳丽 2017

#### 客座

薛治慧 2016 中国科学院植物研究所

### 植物减数分裂纺锤体组装机理研究

减数分裂纺锤体组装对染色体正确分离至关重要。但是不同物种间纺锤体组装的机制并不保守, 在老鼠、果蝇和爪蟾等模式生物中, 由中心体或者染色体本身介导的纺锤体组装机制被较好地研究。然而关于植物纺锤体的建成过程, 特别是对植物性母细胞减数分裂纺锤体组装和极性形成的认识还十分有限。我们详细观察了单、双子叶植物减数分裂纺锤体组装过程, 证实两极纺锤体是由多极纺锤体转变而来的。我们发现在DSB形成因子OsMTOPVIB功能丧失情况下, 多极纺锤体不能转变为两极纺锤体。而在其它DSB形成突变体中, 该过程正常。说明在减数分裂过程中纺锤体的正确组装并不依赖于DSB形成。而当同源重组不能发生, 性母细胞中部分单价体的着丝粒会改变其原来的单极取向, 成为类似有丝分裂的双极取向, 这是两极纺锤体形成的重要保证。研究表明, OsMTOPVIB通过改变姊妹染色单体着丝粒的黏连, 参与减数分裂纺锤体组装。相关结果为由染色体介导植物减数分裂纺锤体的组装理论提供了直接证据。

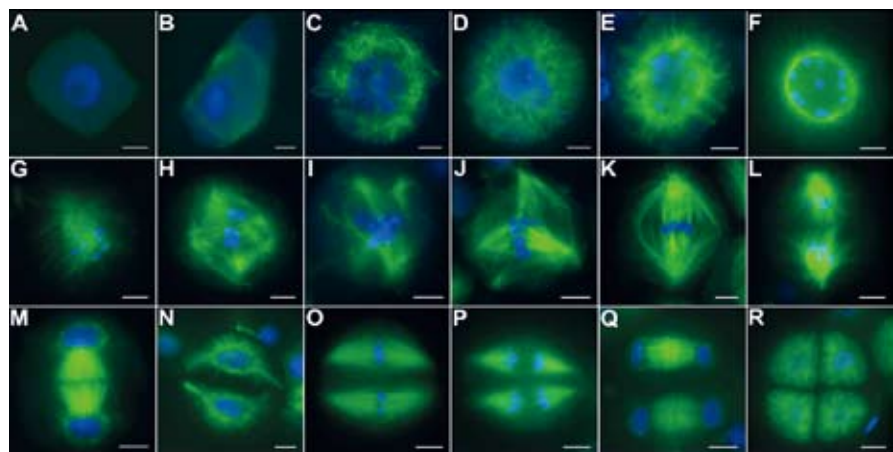


图: 水稻减数分裂纺锤体组装过程。绿色信号指示纺锤体, 蓝色信号指示染色体。(A) 细线期。(B) 偶线期早期, 微管开始在细胞的角隅处出现。(C) 偶线期晚期, 微管开始逐步填满整个细胞质。(D) 粗线期, 呈现较清晰的网状微管结构。(E-F) 终变期早期, 微管呈辐射状从核膜向外发射, 逐渐形成典型的近核微管环。(G) 终变期晚期, 核膜解体, 微管渗入细胞核内。(H-J) 中期I早期, 微管和染色体相互作用, 形成多极纺锤体。(K) 中期I, 形成两极纺锤体。(L) 后期I, 同源染色体被两极纺锤体牵引向细胞两极。(M) 末期I, 成膜体形成。(N) 二分体。(O) 中期II, 两组纺锤体平行排列。(P) 后期II。(Q) 末期II。(R) 四分体。姊妹染色单体在后期II被拉向细胞两极, 最终形成四分体。水稻减数分裂纺锤体组装过程中, 会经历一个由多极纺锤体向两极纺锤体的修正。标尺, 5  $\mu\text{m}$ 。

# 水稻功能基因组和生物技术改良

储成才，博士，研究员。1988年获安徽师范大学学士学位；1989年获中国科学院植物研究所硕士学位；1996年获德国Martin-Luther University博士学位；1997-1998年在Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research做博士后；1999年入选中国科学院“百人计划”；2004年入选首批“新世纪百万人才工程”国家级人选；2008年获得“国家杰出青年科学基金”；2017年入选“万人计划”领军人才。2019年度被评为“高被引科学家”(Clarivate Analytics, 科睿唯安)。

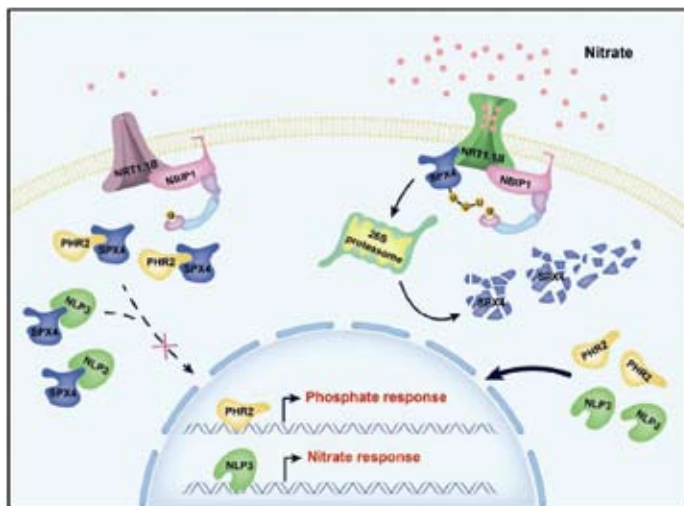
研究方向：水稻氮肥高效利用分子机制的解析；水稻源库互作和产量构成；作物品种的分子设计。

实验室主页：<http://chulab.genetics.ac.cn>



## 硝酸盐-NRT1.1B-SPX4级联整合植物氮磷信号网络

硝酸盐不仅是植物最主要的无机氮源，还作为信号分子触发硝酸盐应答反应。细胞膜定位的硝酸盐转运蛋白NRT1.1作为硝酸盐受体，可以感知外界硝酸盐信号并触发下游应答基因表达。然而，NRT1.1如何传导硝酸盐信号的分子机制仍不清楚。我们发现，水稻NRT1.1B可以与细胞质定位SPX4发生互作，且硝酸盐可增强两者互作，并促进SPX4蛋白降解。SPX4通过和硝酸盐信号核心转录因子NLP3互作阻止NLP3入核，而NRT1.1B介导的SPX4降解使NLP3得以释放，进而触发硝酸盐应答反应。因此，NRT1.1B-SPX4-NLP3调控模块打通了硝酸盐信号从细胞膜至细胞核的主信号通路。SPX4一直被认为是磷饥饿信号的感应器，通过与磷信号核心转录因子PHR2互作调控PHR2的核质穿梭。NRT1.1B介导SPX4蛋白降解也促进PHR2入核，触发磷饥饿应答反应。因此，硝酸盐信号可通过NRT1.1B-SPX4同时实现对硝酸盐应答基因和磷饥饿应答基因的协同激活，从而实现氮磷营养平衡。进一步通过酵母双杂和IP-MS对NRT1.1B互作蛋白筛选分析，鉴定到一个泛素连接酶E3，NBIP1 (NRT1.1B interacting protein 1)。NRT1.1B可以招募NBIP1及SPX4形成复合体，以促进SPX4的泛素化及蛋白降解。该发现进一步完善了硝酸盐信号传导通路，为硝酸盐受体的信号传递机制增添了重要组分。该项研究不仅揭示了硝酸盐受体传递信号的关键机制，建立了硝酸盐信号传导通路(图)，而且阐明了氮磷协同利用实现植物营养平衡的分子机制，对植物营养研究具有重要意义。



图：硝酸盐信号传导及氮磷平衡模式图在低硝酸盐条件下，SPX4与NLP3/PHR2形成复合体，阻止NLP3及PHR2进入细胞核，进而抑制氮磷应答基因的表达，使植物处于营养利用的抑制状态。在高硝酸盐条件下，硝酸盐促进NRT1.1B-SPX4-NBIP1复合体的形成，并在泛素连接酶NBIP1作用下促进SPX4发生泛素化及蛋白降解，进而释放NLP3及PHR2进入细胞核，激活氮磷应答基因的表达，实现氮磷营养平衡，促进养分高效利用。

## 重要成果

### 论著

- Hu, B., Jiang, Z., Wang, W., Qiu, Y., Zhang, Z., Liu, Y., Li, A., Gao, X., Liu, L., Qian, Y., Huang, X., Yu, F., Kang, S., Wang, Y., Xie, J., Cao, S., Zhang, L., Wang, Y., Xie, Q., Kopriva, S. and Chu, C. (2019). Nitrate-NRT1.1B-SPX4 cascade integrates nitrogen and phosphorus signalling networks in plants. *Nature Plants* 5(4): 401-413.
- Zhang, J., Liu, Y. X., Zhang, N., Hu, B., Jin, T., Xu, H., Qin, Y., Yan, P., Zhang, X., Guo, X., Hui, J., Cao, S., Wang, X., Wang, C., Wang, H., Qu, B., Fan, G., Yuan, L., Garrido-Oter, R., Chu, C. and Bai, Y. (2019). *NRT1.1B* is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. *Nature Biotechnology* 37(6): 676-684.
- Fang, J., Zhang, F., Wang, H., Wang, W., Zhao, F., Li, Z., Sun, C., Chen, F., Xu, F., Chang, S., Wu, L., Bu, Q., Wang, P., Xie, J., Chen, F., Huang, X., Zhang, Y., Zhu, X., Han, B., Deng, X. and Chu, C. (2019). *Efc-d* locus shortens rice maturity duration without yield penalty. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(37): 18717-18722.
- Gao, S., Xiao, Y., Xu, F., Gao, X., Cao, S., Zhang, F., Wang, G., Sanders, D. and Chu, C. (2019). Cytokinin-dependent regulatory module underlies the maintenance of zinc nutrition in rice. *New Phytologist* 224(1): 202-215.
- Hu, B. and Chu, C. (2019). Nitrogen-phosphorus interplay: old story with molecular tale. *New Phytologist* Doi: 10.1111/nph.16102.

## 员工简介

### 工作人员

- 曹守云 高级工程师  
唐九友 副研究员  
王义琴 副研究员  
胡斌 副研究员  
康赛 助理研究员

### 博士后

- 高少培 2013 程曦 2016  
蒋志敏 2016 徐凡 2016

### 博士研究生

- 李爱富 2014 梁燕 2014  
李倩倩 2015 刘永强 2015  
仇亚红 2016 刘修杰 2016  
张国霞 2016 谢俊鹏 2017  
王昭锋 2018 滕珍锋 2018

### 客座

- 高晓凯 2019 河南科技大学  
闫语 2017 中国科学院大学  
李钊 2018 吉林大学



## 环境响应的表观遗传调控

姜丹华，博士，研究员。2003年获山东大学学士学位，2006年获上海大学硕士学位，2012年获新加坡国立大学 (National University of Singapore) 博士学位，2013年至2018年分别在新加坡Temasek Life Sciences Laboratory 及奥地利 Gregor Mendel Institute 从事博士后研究。2018年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：植物环境响应与记忆的表观遗传机理；组蛋白变体的功能及其装配机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/jiangdanhua>

### 员工简介

#### 工作人员

赵婷 助理研究员  
张怀仁 助理研究员

#### 博士后

鲁井云 2019

#### 博士研究生

赵峰月 2017 李辉 2018  
马利军 2019 薛满德 2019

#### 硕士研究生

战珍萍 2017 潘洁 2018  
王琳 2018

#### 劳务派遣

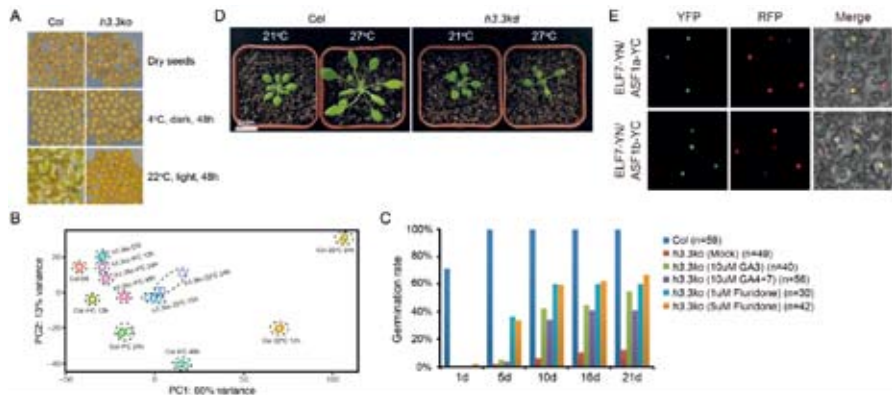
李晓一 2019

#### 客座

李洁 2019 山东大学

## 组蛋白变体H3.3调控植物发育与环境响应

表观遗传调控遗传信息的读取，控制和维持基因表达的改变。我们集中研究组蛋白变体在表观遗传调控中的功能以及植物环境响应的表观遗传调控机理。通过遗传学、生物化学、表观组学分析等手段，我们发现组蛋白变体H3.3在植物发育和环境响应中发挥重要的调控作用。H3.3突变造成种子萌发异常，转录组分析表明大量与种子萌发相关的基因在h3.3突变体中无法被正常调控，外源施加GA或ABA抑制剂Fluridone能够促进h3.3突变体的萌发，表明H3.3调控了GA合成通路和ABA降解通路基因的表达，推测H3.3参与了萌发过程中的表观遗传重编程。此外，利用h3.3 knockdown (h3.3kd) 突变体，我们发现H3.3正调控了植物对环境高温的响应。H3.3的分子伴侣ASF1a/b能够与转录延伸复合体成员ELF7相互作用，ELF7突变同样造成植物对环境高温响应的缺陷，因此H3.3的装配和转录延伸协同调控了植物对环境的响应。我们的研究为进一步解析H3.3在植物中的功能和装配机理提供了基础。



图：组蛋白变体H3.3调控植物发育与环境响应。(A) *h3.3ko*突变体萌发表型。(B) 转录组表达的PCA分析。(C) GA或ABA抑制剂Fluridone促进*h3.3ko*的萌发。(D) *h3.3kd*突变体对环境高温不敏感。(E) BiFC分析表明ASF1a/b与ELF7直接作用。

# 植物器官发生的系统生物学

焦雨铃，博士，研究员。2001年获北京大学学士学位；2003年、2006年分获耶鲁大学硕士、博士学位。2006-2010年在加州理工学院做博士后。2010年加入遗传与发育生物学研究所。先后入选中国科学院“百人计划”、中组部“万人计划”青年拔尖人才、科技部“中青年科技领军人才”、英国皇家学会“牛顿高级学者”，2013年和2019年分别获国家自然科学基金委“优秀青年基金”和“杰出青年基金”。2019年获CSPB(中国植物生理与植物分子生物学学会)杰出青年科学家奖。

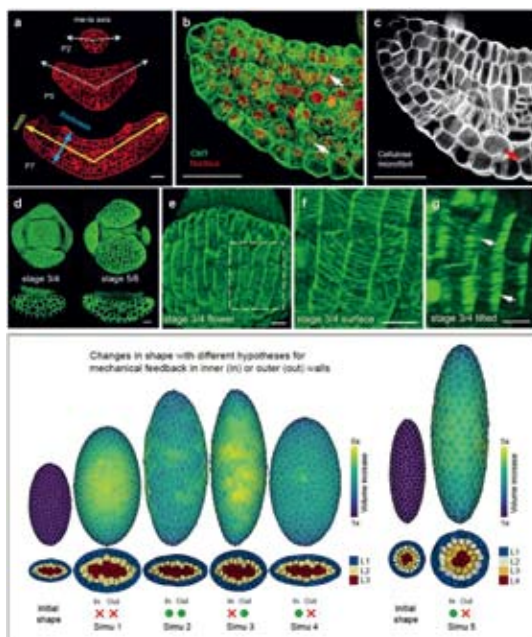
研究方向：综合转录组分析、活体成像、分子遗传学、数学建模等方法，研究植物器官塑性，并应用于小麦穗型的分子设计。

实验室主页：<http://jiaolab.genetics.ac.cn>



## 微管介导的应力反馈调控叶片扁平化生长

许多植物含有扁平化的叶性器官(如叶片、萼片等)和辐射对称的圆柱形器官(如根、茎等)。植物体如何调控不同形状器官的形态建成是一个基本的生物学问题。在本研究中，我们结合生物学实验和数学建模，揭示了一种微管介导的应力响应和反馈机制在植物器官形态建成中的重要作用。通过高分辨率显微成像技术，我们在叶片和萼片中发现周质微管在细胞壁的平周面和垂周面呈现差异性排布，微管解聚药物处理显著影响细胞的垂周分裂和器官原基的扁平化生长。数学模型表明，微管响应机械应力排布，并且进一步放大细胞在各个方向上的应力差异，形成一种正反馈机制促进器官的生长。利用突变体分析和显微切割实验，我们进一步证明植物器官的最终形状由初始形状和微管介导的反馈机制共同决定。微管介导的应力反馈既可以在叶性器官中放大初始的扁平化程度，又可以促进圆柱形器官进一步辐射对称生长，因此可以作为解释不同形状器官形成的通用机制。



图：叶性器官的各向异性生长和周质微管排布模式。(a) 拟南芥叶原基沿中-边轴的各向异性生长。(b) 免疫荧光染色显示拟南芥叶原基细胞垂周面周质微管排布模式。(c) 拟南芥叶原基细胞垂周面细胞壁纤维素微纤丝的排布模式。(d) 拟南芥萼片原基的各向异性生长。(e-g) 拟南芥萼片原基表皮细胞平周面(e-f)和垂周面(g)周质微管排布模式。a-d图标尺为20微米，e-g图标尺为10微米。图2. 器官形态建成的数学模拟。左边五幅图展示对于初始形状为扁平的器官，在外部细胞壁(out)和/或内部细胞壁(in)施加(绿色圆点)或解除(红色叉号)微管介导的应力反馈后对形状产生的影响。右边两幅图展示对于初始形状为辐射对称的器官，仅对内部细胞壁施加微管介导的应力反馈后对形状产生的影响。器官横截面不同颜色的色块代表位于不同细胞层的细胞。

## 重要成果

### 论著

- Tian, C., Wang, Y., Yu, H., He, J., Wang, J., Shi, B., Du, Q., Provart, N. J., Meyerowitz, E. M. and Jiao, Y. (2019). A gene expression map of shoot domains reveals regulatory mechanisms. *Nature Communications* 10(1): 141.
- Jiao, Y. (2019). Designing plants: modeling ideal shapes. *Molecular Plant* 12(2): 130-132.
- Jiao, Y. (2019). May the force be with you: overlooked mechanical signaling. *Molecular Plant* 12(4): 464-466.
- Xiong, Y. and Jiao, Y. (2019). The diverse roles of auxin in regulating leaf development. *Plants* 8: 243.
- Guan, C., Du, F., Xiong, Y. and Jiao, Y. (2019). The 35S promoter-driven mDII auxin control. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(11): 1114-1120.

### 专利

- ZL201710153220.1, 蛋白质TaVRS1-2B及其编码基因与应用. 焦雨铃, 王元格
- ZL201710152694.4, 蛋白质TaTFL1-2D及其编码基因与应用. 焦雨铃, 王元格

## 员工简介

### 工作人员

- 田彩环 副研究员  
关春梅 副研究员  
王健 助理工程师  
王元格 工程师

### 博士后

- 邢界文 2016 张玮 2016  
杜斐 2017 葛艳花 2017  
曹秀卫 2019

### 硕博连读生

- 王清清 2014 熊圆圆 2014  
王泓力 2015 徐梦雪 2015  
刘子轩 2016 陈卓然 2019

### 博士研究生

- 曹秀卫 2015 杜青伟 2016  
刘中帅 2017 郭亚鹤 2018

### 硕士研究生

- 孙媛媛 2017

### 客座

- 高祎 2018 中国科学院大学  
黎妍伶 2019 中国科学院大学  
彭子原 2019 中国科学院大学



## 植物免疫与番茄品质形成调控机理

李传友，博士，研究员。1999年获中国科学院遗传研究所博士学位，同年赴美国密歇根州立大学-能源部植物研究实验室做博士后。2003年入选中国科学院“百人计划”，加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。2004年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：以番茄为模式，解析系统素和茉莉酸调控植物系统性防御的机理；解析番茄果实品质形成的分子机理。

实验室主页：<http://genetics.cas.cn/lichuanyou>

### 重要成果

#### 论著

- Wang, H., Li, S., Li, Y., Xu, Y., Wang, Y., Zhang, R., Sun, W., Chen, Q., Wang, X. J., Li, C. and Zhao, J. (2019). MED25 connects enhancer-promoter looping and MYC2-dependent activation of jasmonate signalling. *Nature Plants* 5(6): 616-625.
- Sun, C., Deng, L., Du, M., Zhao, J., Chen, Q., Huang, T., Jiang, H., Li, C. B. and Li, C. (2019). A transcriptional network promotes anthocyanin biosynthesis in tomato flesh. *Molecular Plant*. Doi:10.1016/j.molp.2019.10.010.
- Liu, Y., Du, M., Deng, L., Shen, J., Fang, M., Chen, Q., Lu, Y., Wang, Q., Li, C. and Zhai, Q. (2019). MYC2 regulates the termination of jasmonate signaling via an autoregulatory negative feedback loop. *Plant Cell* 31(1): 106-127.
- You, Y., Zhai, Q., An, C. and Li, C. (2019). LEUNIG\_HOMOLOG mediates MYC2-dependent transcriptional activation in cooperation with the coactivators HAC1 and MED25. *Plant Cell* 31(9): 2187-2205.
- Zhou, W., Lozano-Torres, J. L., Bliou, I., Zhang, X., Zhai, Q., Smant, G., Li, C. and Scheres, B. (2019). A jasmonate signaling network activates root stem cells and promotes regeneration. *Cell* 177(4): 942-956 e914.

#### 专利

- 201910171502.3, 一种可视标记与单性结实性状连锁的番茄品系制备方法. 周明, 李常保, 李传友, 邓磊, 于晓婷, 李保恩.
- 201910767301.X, 一种番茄隐性核雄性不育保持系的选育方法. 李常保, 杜敏敏, 李传友, 周明, 邓磊, 周科, 刘圆圆.
- 201911085594.X, SEU55蛋白在调控植物根系生长发育中的应用. 李传友, 翟华伟, 张潇月.
- 201911033312.0, 一种通过基因编辑技术从番茄背景材料中创制多种果色材料的方法. 李传友, 张潇斐, 杨天霞, 邓磊, 蒋红玲, 周明, 李常保.
- 201910167055.4, 一种早花高产番茄材料的制备方法. 李传友, 朱强, 邓磊, 李常保.
- 201910850131.1, 控制番茄果型的基因及其编码蛋白和应用. 李传友, 朱强, 邓磊, 蒋红玲, 黄婷婷, 李平.

#### 工作人员

- 蒋红玲 副研究员  
翟庆哲 副研究员  
吴芳明 助理研究员  
邓磊 助理研究员  
刘子妍 助理研究员

#### 博士后

- 张若西 2017 安春鹏 2018  
任盼荣 2018 张潇月 2018

#### 硕博连读生

- 由艳荣 2012 周科 2015  
朱强 2015 张潇斐 2016  
房明明 2017 常泽乾 2018  
杨文韬 2018

#### 博士研究生

- 孙传龙 2015 翟华伟 2016  
韩天天 2019

#### 硕士研究生

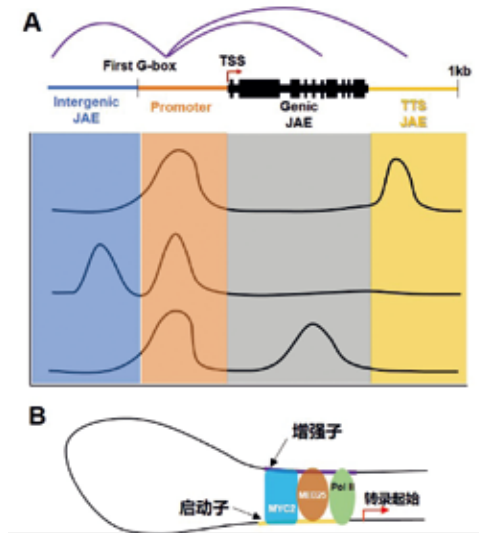
- 赵伟 2016

#### 客座

- 林立昊 2016 石河子大学

### 增强子调控茉莉酸信号途径的机理

增强子是真核细胞调控基因转录的重要元件。目前在植物中，增强子与启动子之间染色质环的形成及其作用机理并不清楚。我们通过分析MYC2和MED25在全基因组范围内的共同靶标序列，系统鉴定到了461个MYC2/MED25调控茉莉酸信号途径的增强子并发现MED25在增强子和启动子之间染色质环的形成中发挥重要作用。为了阐明特定增强子的生理功能，我们采用基因编辑技术敲除了MYC2自身的一个增强子 (ME2)。深入的研究发现ME2对于MYC2自身的表达具有精巧的双重调控作用：ME2在瞬时茉莉酸反应中正调控MYC2表达，而在持续 (长期) 茉莉酸反应中负调控MYC2表达。该研究不仅揭示了增强子调控茉莉酸信号通路的作用机理，也为鉴定特定信号通路和生理过程的增强子并解析其功能提供了范例。



图：MED25介导启动子和增强子之间染色质环的形成。(A) 三种不同类型JAE示意图。(B) 在JA信号途径中，MED25介导启动子和增强子之间染色质环的形成。

# 高等植物生长发育与代谢

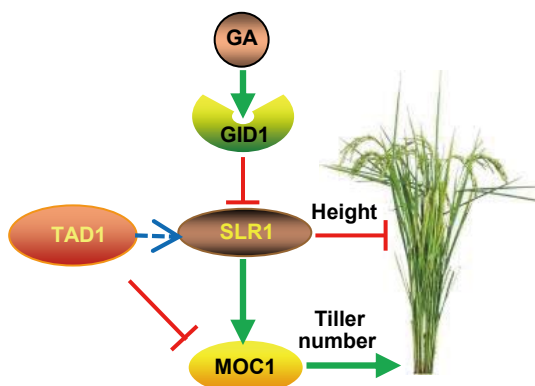
李家洋，博士，研究员。1991年获美国布兰代斯大学博士学位。1991-1994年在美国康乃尔大学汤普逊植物研究所做博士后，2001年当选中国科学院院士，2004年当选发展中国家科学院院士，2011年当选美国科学院外籍院士，2012年当选德国科学院院士，2013年当选欧洲分子生物学组织 (EMBO) 外籍成员，2014年当选国际欧亚科学院院士，2015年当选为英国皇家学会外籍会员，2019年当选为国际欧亚科学院 (中国) 副主席。2019年被评为“高被引科学家” (Clarivate Analytics, 科睿唯安)。

研究方向：以水稻、橡胶草、拟南芥等为材料，重点研究植物株型形成的分子基础和影响重要农艺性状的主要代谢途径，致力于水稻与橡胶草的分子品种设计，培育高产优质、高抗稳产、高效安全新品种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/lijiayang>

## 水稻株高与分蘖协同调控的分子机理

本课题组长期致力于对水稻株型调控机制的解析，克隆了调控水稻分蘖形成的首个关键基因MOC1 (*Monoculm 1*) 及其调控基因TAD1 (*Tillering and Dwarf 1*)。近期，在水稻株高与分蘖协同调控的分子机理研究上取得新进展，发现GA缺陷突变体分蘖数的增加是由于促进分蘖芽的伸长而非影响分蘖芽的起始导致的。进一步研究发现GA信号通路中的关键抑制因子DELLA蛋白SLR1可以直接与MOC1蛋白发生相互作用。SLR1能够通过抑制MOC1蛋白的降解从而促进分蘖的伸长。GA处理后，SLR1蛋白降解，进而无法抑制MOC1蛋白的降解，导致MOC1蛋白减少，植株表现出株高增加、分蘖数减少的表型。研究还发现SLR1对MOC1的抑制效应并不依赖于TAD1途径，且GA信号对株高和分蘖的调控分别影响不同的下游基因，为打破株高与分蘖的连锁效应提供了可能性，从而为分子设计育种提供理论基础。



图：GA信号通路与MOC1协同调控水稻的株高与分蘖。



## 重要成果

### 论著

- Shao, G., Lu, Z., Xiong, J., Wang, B., Jing, Y., Meng, X., Liu, G., Ma, H., Liang, Y., Chen, F., Wang, Y., Li, J. and Yu, H. (2019). Tiller bud formation regulators MOC1 and MOC3 cooperatively promote tiller bud outgrowth by activating FON1 expression in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1090-1102.
- Liao, Z., Yu, H., Duan, J., Yuan, K., Yu, C., Meng, X., Kou, L., Chen, M., Jing, Y., Liu, G., Smith, S. M. and Li, J. (2019). SLR1 inhibits MOC1 degradation to coordinate tiller number and plant height in rice. *Nature communications* 10(1): 2738.
- Wang, B. and Li, J. (2019). Understanding the molecular bases of agronomic trait improvement in rice. *The Plant Cell* 31(7): 1416-1417.
- Duan, J., Yu, H., Yuan, K., Liao, Z., Meng, X., Jing, Y., Liu, G., Chu, J. and Li, J. (2019). Strigolactone promotes cytokinin degradation through transcriptional activation of CYTOKININ OXIDASE/DEHYDROGENASE 9 in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(28): 14319-14324.
- Luo, L., He, Y., Zhao, Y., Xu, Q., Wu, J., Ma, H., Guo, H., Bai, L., Zuo, J., Zhou, J. M., Yu, H. and Li, J. (2019). Regulation of mitochondrial NAD pool via NAD(+) transporter 2 is essential for matrix NADH homeostasis and ROS production in *Arabidopsis*. *Science China Life Sciences* 62(8): 991-1002.

### 品种

- 黑审稻20190001, 中龙粳100. 中科院北方粳稻分子育种联合研究中心, 中国科学院遗传与发育生物学研究所发育所。
- 国审稻20190151, 嘉禾优5号. 中国水稻研究所, 浙江省嘉兴市农业科学研究院 (所), 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 浙江勿忘农农业股份有限公司。
- 国审稻20196117, 荃优220. 江苏中江种业股份有限公司, 安徽荃银高科种业股份有限公司, 中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 国审稻20196116, 千乡优220. 江苏中江种业股份有限公司, 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 四川省内江市农业科学院。
- 黑审稻20190001, 中龙粳100. 中科院北方粳稻分子育种联合研究中心, 中国科学院遗传与发育生物学研究所发育所。
- 冀审稻2019003, 中科发928. 中国科学院遗传与发育生物学研究所发育所。

## 工作人员

刘贵富 孟祥兵 王冰 余泓  
白世伟 陈明江 荆彦辉 马海艳  
邵宁 徐霞

## 博士后

罗丽兰	2013	郭红艳	2015
宋晓光	2015	李锡龙	2016
林涛	2016	刘斯淼	2016
王洪文	2017	贾美茹	2018
赵艳楠	2018	闫宗远	2018
刘会会	2019	吕文慧	2019

## 硕博连读生

何亚军	2013	徐倩	2013
胡庆亮	2014	范秀琳	2015
秦琪	2015	白淑娟	2016
汪安祺	2016	张达瀚	2017
张静昆	2017	成桥	2018
罗楠	2018		

## 博士研究生

孙凯 2018 胡莲莲 2019

## 硕士研究生

海春燕 2019

## 客座

倪嘉欣 2019 中国科学院大学



## 基因组大数据分析及软件开发

梁承志，博士，研究员，基因组分析平台首席技术专家。1995年获中科院遗传所遗传学博士学位，2001年获加拿大滑铁卢大学数学与计算机科学硕士学位。2012年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：植物的比较基因组和群体基因组分析。1) 多种植物的全基因组复制；2) 基因组组装；3) 数据库开发。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/liangchengzhi>

### 重要成果

#### 论著

- Du, H. and Liang, C. (2019). Assembly of chromosome-scale contigs by efficiently resolving repetitive sequences with long reads. *Nature Communications*. Doi: 10.1101/345983.
- Jin, S., Zong, Y., Gao, Q., Zhu, Z., Wang, Y., Qin, P., Liang, C., Wang, D., Qiu, J. L., Zhang, F. and Gao, C. (2019). Cytosine, but not adenine, base editors induce genome-wide off-target mutations in rice. *Science* 364: 292-295.
- Li, M., Zhang, D., Gao, Q., Luo, Y., Zhang, H., Ma, B., Chen, C., Whibley, A., Zhang, Y. e., Cao, Y., Li, Q., Guo, H., Li, J., Song, Y., Zhang, Y., Copsey, L., Li, Y., Li, X., Qi, M., Wang, J., Chen, Y., Wang, D., Zhao, J., Liu, G., Wu, B., Yu, L., Xu, C., Li, J., Zhao, S., Zhang, Y., Hu, S., Liang, C., Yin, Y., Coen, E. and Xue, Y. (2019). Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L. *Nature Plants* 5: 174-183.
- Peng, H., Wang, K., Chen, Z., Cao, Y., Gao, Q., Li, Y., Li, X., Lu, H., Du, H., Lu, M., Yang, X. and Liang, C. (2019). MBKbase for rice: an integrated omics knowledgebase for molecular breeding in rice. *Nucleic Acids Research*. Doi: 10.1093/nar/gkz921.
- Yu, H., Lu, L., Jiao, B. and Liang, C. (2019). Systematic discovery of novel and valuable plant gene modules by large-scale RNA-seq samples. *Bioinformatics* 35: 361-364.

### 员工简介

#### 工作人员

赵宇慧 工程师

#### 硕博连读生

陈 倬 2013 社会龙 2014

#### 博士研究生

李秀秀 2015 鲁宏伟 2015  
彭 骅 2016

#### 硕士研究生

陆 敏 2016 黄 超 2019

### 构建一个支持分子育种的作物整合组学知识库MBKbase

建立一个通用的育种组学大数据整合分析平台对作物基因功能研究人员和育种工作者都至关重要。我们构建了一个作物整合组学知识库，适用于存储和展示种质信息、多参考基因组和泛基因组，尤其是海量的群体基因组重测序数据，揭示种质材料的基因型以及跟表型信息的关联(图)。目前该知识库的水稻子库展示了三个参考基因组和基因信息及近7000余份全球水稻重测序数据，大量水稻种质资源信息，400多万条表型记录值，1.3万个已知基因的功能注释等。该知识库在基因型水平上进行多功能软件开发，实现了基于基因型的种质筛选、个体比较、变异分析、基因型在线注释等复杂功能。水稻子库的建立也为其他作物比如大豆、小麦和玉米奠定了一个良好的基础。



图：一个基因座的例子，显示了水稻基因GS5的座位OsG00067204在群体中的基因型、表型等多种类型信息。

# 作物染色体组设计分子育种

林少扬，博士，研究员。1993年获日本千叶大学博士学位。1993-2000年工作于日本农林水产先端技术研究所，并参加“国际水稻基因组计划”项目。2001-2012年工作于日本本田公司研究所。2012年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

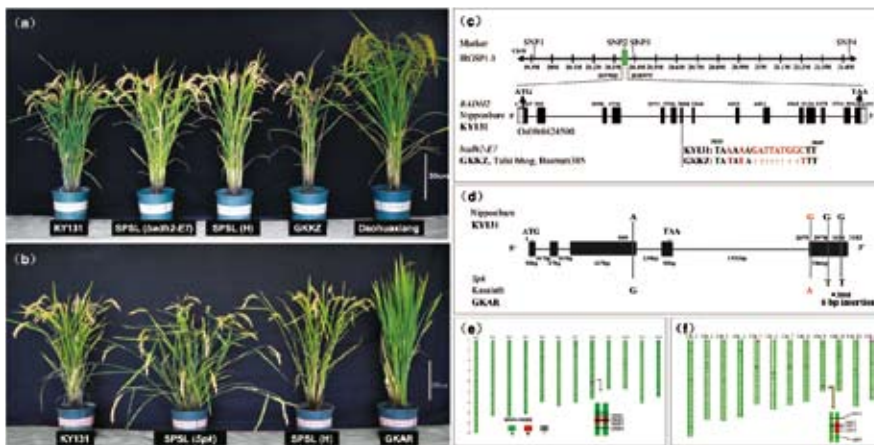
研究方向：主要致力于研究并构建一套染色体组设计育种技术新模型，从而实现水稻主栽品种的精准改良和连续升级。分子育种所涉及的农艺性状着重于水稻的抗稻瘟病、米质、高产，以及品种的区域适应性研究。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/linshaoyang>



## 黑龙江省水稻主栽品种空育131香米位点*badh2*及分蘖角位点*Spk*的改良和升级

实现精准、定向改良是水稻分子育种的重要方向。本研究组借鉴IT领域中App的升级理念，通过QTL分析来锚定底盘品种的“Bug”位点并挖掘其他优良等位模块，再利用重组交换构建底盘单个性状的单点置换系 (Single Point Substitution Line, SPSL)。空育131是一个株型紧凑、稻谷无香味的优质粳稻品种。近期，我们利用回交和自交重组选拔途径，构建了空育131香米性状的单点置换系SPSL (+*badh2-E7*)及分蘖角性状的单点置换系SPSL (+*Spk*) (图a-d)。利用目标位点上下游1 Mb范围内4-5个SNP标记的重组交换，SPSLs的供体片段被有效地缩短至800 Kb (+*badh2-E7*)和1 Mb (+*Spk*)，背景回复率达99.82% (+*badh2-E7*)和99.58% (+*Spk*) (图e-f)。表型统计显示，SPSL (+*badh2-E7*)具有GKKZ一致的浓郁香味，以及和空育131无统计差异的产量等农艺表现；SPSL (+*Spk*)分蘖角在不同种植密度下均比底盘增大约20°，单株增产2-4 g。



图：空育131的两个单点置换系SPSL (+*badh2-E7*)、SPSL(+*Spk*)以及*BADH2*、*Spk*等位基因的序列比对。(a-b)空育131与SPSLs在佳木斯的植株形态，比例尺为30cm。(c-d) *BADH2*、*Spk*的基因结构及其等位基因的序列比对。(e-f) SPSLs的图示化基因型。e为SPSL (+*badh2-E7*)，f为SPSL (+*Spk*)，绿色片段代表空育131型，红色代表供体型。

### 重要成果

#### 论著

- Feng, X., Lin, K., Zhang, W., Nan, J., Zhang, X., Wang, C., Wang, R., Jiang, G., Yuan, Q. and Lin, S. (2019). Improving the blast resistance of the elite rice variety Kongyu-131 by updating the *pi21* locus. *BMC Plant Biology* 19(1): 249.
- Wang, R., Jiang, G., Feng, X., Nan, J., Zhang, X., Yuan, Q. and Lin, S. (2019). Updating the genome of the elite rice variety Kongyu131 to expand its ecological adaptation region. *Frontiers in Plant Science* 10: 288.

### 员工简介

#### 工作人员

- 袁清波 助理研究员  
姜国强 助理研究员

#### 硕博连读生

- 南建宗 2012 张文齐 2017

#### 博士研究生

- 王 晨 2014 王荣升 2014  
林抗雪 2015 张晓慧 2016

#### 硕士研究生

- 薛 倩 2015 高 脐 2016  
王莉红 2016

#### 返聘人员

- 沈 玉 2018



## 植物功能代谢组学

王国栋, 博士, 研究员。2003年获中国科学院上海植物生理生态研究所博士学位, 2003-2006年, 在美国University of Michigan (Ann Arbor) 进行博士后研究工作; 2006-2009年, 在美国 Samuel Roberts Noble Foundation 工作。2009年入选中国科学院“百人计划”。

研究方向: 综合代谢组学: 基因组学和传统的分子和生化技术去探索植物中未知代谢途径, 克隆、功能鉴定代谢途径中的酶和酶学机理; 研究植物重要代谢途径的调控及其与植物重要农业性状的关系。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/wanguodong>

### 重要成果

#### 论著

- He, J., Chen, Q. W., Xin, P. Y., Yuan, J., Ma, Y. H., Wang, X. M., Xu, M. M., Chu, J. F., Peters, R. J. and Wang, G. D. (2019). CYP72A enzymes catalyze 13-hydroxylation of gibberellins. *Nature Plants* 5(10): 1057-1065.
- Liu, L. Y., Zhang, F. X., Li, G. S. and Wang, G. D. (2019). Qualitative and Quantitative NAD<sup>+</sup> metabolomics lead to discovery of multiple functional nicotinate N-glycosyltransferase in *Arabidopsis*. *Frontiers in Plant Science* 10: 1164.
- Chen, Q. W., Jiang, T., Liu, Y. X., Liu, H. L., Zhao, T., Liu, Z. X., Gan, X. C., Hallab, A., Wang, X. M., He, J., Ma, Y. H., Zhang, F. X., Jin, T., Schranz, M. E., Wang, Y., Bai, Y. and Wang, G. D. (2019). Recently duplicated sesterterpene (C25) gene clusters in *Arabidopsis thaliana* modulate root microbiota. *Science China-Life Sciences* 62(7): 947-958.

### 员工简介

#### 工作人员

- 张凤霞 助理研究员  
覃浩 助理研究员  
陈庆文 助理研究员

#### 博士后

- 刘宝秀 2017 苑佳 2018

#### 硕博连读生

- 贺娟 2014 马丽雅 2014  
储丹妮 2015 刘玲云 2015  
王雪梅 2017 袁炜量 2018

#### 博士研究生

- 刘志曦 2015 马义花 2016

#### 硕士研究生

- 赵培培 2017 马雪婷 2018

### 植物赤霉素代谢新成员-CYP72A9的发现

赤霉素 (gibberellins, GAs) 是一类非常重要的植物激素, 参与许多植物生长发育等多个生物学过程。最近, 我们在十字花科和豆科植物中功能鉴定了负责赤霉素13-羟化反应的P450酶 (属于CYP72A亚家族)。新鉴定的CYP72A酶, 不同于水稻中的CYP714B, 可以催化多种赤霉素 (GA<sub>12</sub>, GA<sub>9</sub> 和GA<sub>4</sub>) 的13-羟基化, 生成对应的13-OH 赤霉素 (GA<sub>53</sub>, GA<sub>20</sub> 和GA<sub>1</sub>)。进一步的研究发现, 拟南芥中的CYP72A9在种子中特异性高表达, *cyp72a9*突变体种子中内源GA<sub>1</sub> 几乎检测不到, 对应的GA<sub>4</sub>含量升高1-2倍。生理实验结果表明, *cyp72a9*突变体种子比野生型表现出萌发更快, 而且该生理功能再十字花科植物中保守。通过对各种转基因材料的内源赤霉素分析表明, 水稻和拟南芥形成GA<sub>1</sub>的代谢途径不同: 水稻中GA<sub>53</sub>通过多步氧化反应生成GA<sub>1</sub>, 而在拟南芥中GA<sub>4</sub>在CYP72A9的作用下直接生成GA<sub>1</sub>。

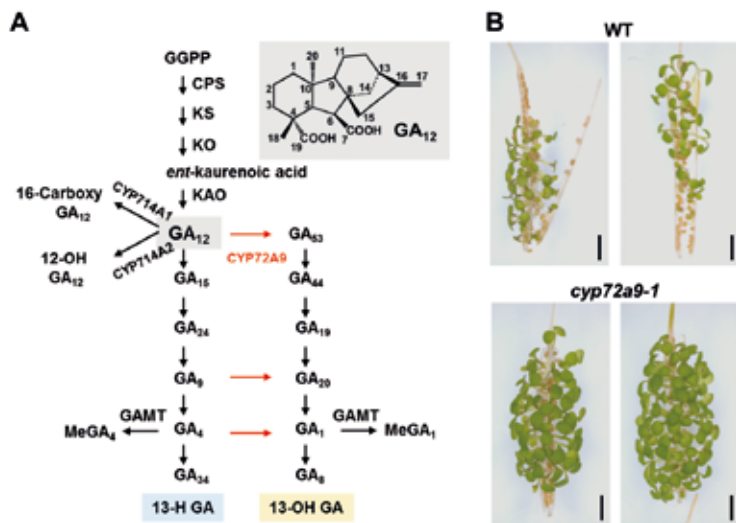


图: CYP72A9负责活性赤霉素的13-位羟化 (A), 其功能缺失影响种子的初级休眠 (B)。

## 植株分枝形成的遗传调控

王永红, 博士, 研究员。2004年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2010年获得“国家杰出青年科学基金”。2011年入选中国科学院“百人计划”。

研究方向: 主要以模式植物拟南芥和水稻为材料, 通过遗传学、生物化学、细胞生物学及组学等手段研究高等植物分枝形成的调控网络。重点解析植物侧生长点建立、休眠与激活及分枝角度控制的分子机理, 同时挖掘对产量有贡献且可利用的基因资源。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/wangyonghong>



## 水稻分蘖角度调控机理解析

分蘖角度是水稻株型的重要决定因素之一, 与水稻产量密切相关。之前的研究鉴定到一个水稻分蘖角度重要调控基因 *LAZY1* (*LA1*), 但对其调控机制的了解还十分有限。通过酵母双杂交方法筛选鉴定到了 *LA1* 的互作蛋白 *Brevis Radix Like 4* (*OsBRXL4*), *LA1* 与 *OsBRXL4* 在细胞膜上互作, 且 *LA1* 在细胞核中的定位受到 *OsBRXL4* 的抑制 (图A-E)。进一步的研究表明水稻 *LA1* 的核定位对其功能发挥是必需的, 这与已报道的拟南芥 *LA1* 的作用机制不同 (图F)。过量表达 *OsBRXL4* 导致水稻植株分蘖角度加大, 呈现半散生的表型, 而当 *OsBRXL4* 及其同源基因的表达量下调时株型变得更加紧凑 (图G), 进一步证实 *OsBRXL4* 通过影响 *LA1* 的核定位进而调控水稻的分蘖角度。该研究鉴定到了调控分蘖角度的新组分 *OsBRXL4*, 解析了 *LA1* 介导的水稻分蘖角度调控机制。该项研究成果于2019年6月12日在 *Mol Plant* 在线发表 (DOI:10.1016/j.molp.2019.05.014.)。

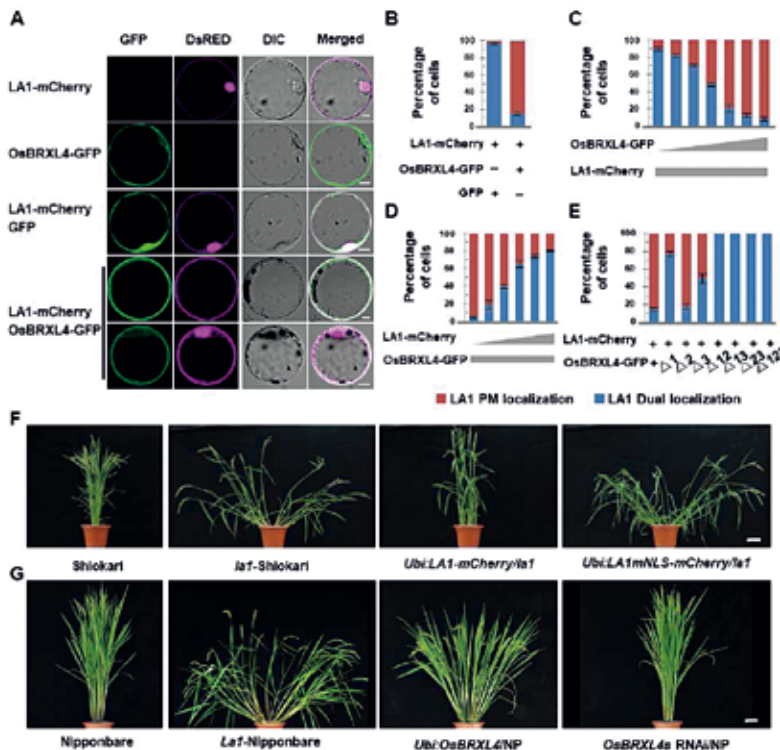


图: *OsBRXL4* 通过抑制 *LA1* 的核定位参与调控水稻的分蘖角度。(A-E) *OsBRXL4* 抑制 *LA1* 的核定位。Bars = 5  $\mu$ m。(F) 核定位序列点突变后的 *LA1* 不能互补 *la1* 的散生表型。Bar = 10 cm。(G) *OsBRXL4* 参与调控水稻分蘖角度的形成。Bar = 10 cm。

## 重要成果

### 论著

- Li, Z., Liang, Y., Yuan, Y., Wang, L., Meng, X., Xiong, G., Zhou, J., Cai, Y., Han, N., Hua, L., Liu, G., Li, J. and Wang, Y. (2019). *OsBRXL4* regulates shoot gravitropism and rice tiller angle through affecting *LAZY1* nuclear localization. *Molecular Plant* 12(8): 1143-1156.
- Gao, H., Wang, W., Wang, Y., and Liang, Y. (2019). Molecular mechanisms underlying plant architecture and its environmental plasticity in rice. *Molecular Breeding* 39:167.
- Ye, C., Tang, W., Wu, D., Jia, L., Qiu, J., Chen, M., Mao, L., Lin, F., Xu, H., Yu, X., Lu, Y., Wang, Y., Olsen, K., Timko, M., and Fan, L. (2019) Genomic evidence of human selection on Vavilovian mimicry. *Nature Ecology and Evolution* 3(10):1474-1482.

### 专利

- 201922131168.7, 拟南芥水培装置. 黄雅倩, 黎舒佳, 王永红.

## 员工简介

### 工作人员

- 袁运栋 工程师  
黎舒佳 助理研究员  
梁彦 助理研究员  
刘家范 助理研究员

### 博士研究生

- 武小伟 2012 巩孝帝 2014  
马梅 2014 王炳南 2015  
蔡月月 2016 韩宁培 2016  
王东岭 2016 黄雅倩 2017  
韩梅香 2018 王雪萍 2018  
徐硕 2019

### 劳务派遣

- 周洁 2015

### 客座

- 华乐凯 2019 福建农林大学海峡  
联合院根系生物学研究中心  
孙朔 2019 山东农业大学



## 泛素修饰和植物胁迫信号传导机制

谢旗，博士，研究员。1994年获西班牙Universidad de Madrid博士学位。1995-1998年在Universidad de Madrid及Rockefeller University做博士后。1998-2002年被聘为新加坡国立大学植物细胞研究室执行主任、Temasek Life Sciences 分子与细胞研究室执行主任。2002年任中山大学生命科学学院长江学者特聘教授。2003年获得“国家杰出青年科学基金”。2004年入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：甜高粱的耐逆和高生物量分子机制，通过分子设计培育更高生物量及抗逆性强的新品种；以模式植物拟南芥为材料研究蛋白泛素化修饰系统参与植物抵抗逆境胁迫的作用机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/xieqi>

### 重要成果

#### 论著

- Xie, P., Shi, J. Y., Tang, S. Y., Chen, C. X., Khan, A., Zhang, F. X., Xiong, Y., Li, C., He, W., Wang, G. D., Lei, F. M., Wu, Y. R. and Xie, Q. (2019). Control of bird feeding behavior by Tannin1 through modulating the biosynthesis of polyphenols and fatty acid-derived volatiles in sorghum. *Molecular Plant* 12(10): 1315-1324.
- Pan, W. B., Wu, Y. R. and Xie, Q. (2019). Regulation of ubiquitination is central to the phosphate starvation response. *Trends in Plant Science* 24(8): 755-769.
- Xie, Q. and Xu, Z. H. (2019). Sustainable agriculture: from sweet sorghum planting and ensiling to ruminant feeding. *Molecular Plant* 12(5): 603-606.
- Han, J. J., Yang, X. Y., Wang, Q., Tang, L., Yu, F., Huang, X. H., Wang, Y. C., Liu, J. X. and Xie, Q. (2019). The  $\beta$ 5 subunit is essential for intact 26S proteasome assembly to specifically promote plant autotrophic growth under salt stress. *New Phytologist* 221(3): 1359-1368.
- Yu, F. and Xie, Q. (2019). Approaches to identify protein ubiquitination sites in plants. *Methods in Molecular Biology* 2026: 85-93.

#### 专利

- 201910896535.4, *Tannin1*基因及其参与合成的次级代谢产物在抗雀科鸟类危害上的应用. 中科院遗传与发育生物学研究所.
- 201911239078.8, 玉米ZmHLH124蛋白质及其编码基因在调控植物耐旱性中的应用. 中科院遗传与发育生物学研究所.
- ZL201610973639337, 植物耐旱相关蛋白VPS23A及其编码基因与应用. 中科院遗传与发育生物学研究所.
- ZL201510954209.6, 植物双向启动子及其应用. 中科院遗传与发育生物学研究所.

#### 工作人员

- 吴耀荣 副研究员  
夏然 助理研究员  
于菲菲 助理研究员  
李超 助理工程师  
唐三元 高级工程师

#### 博士后

- 商晓玲 2014 陈倩 2016

#### 硕博连读生

- 魏绍巍 2011 李雅琼 2012  
潘文波 2013 王茜 2013  
陈诚轩 2014 刘瑞君 2014  
胡若兰 2015 刘广超 2016  
张丹 2017 杨森 2018

#### 博士研究生

- Amial khan 2016  
Baye Wodajo 2017  
谢鹏 2016 曹孝强 2017  
史佳阳 2018 葛逢勇 2019

#### 劳务派遣

- 刘建芹 2007 袁现冲 2014  
马忠斌 2018

#### 客座

- 张祥云 2017 聊城大学  
张会丽 2018 宁夏大学  
孙茜 2019 山东师范大学

### 麻雀选食不同高粱的分子机制

处于灌浆期的作物籽粒经常遭受大量麻雀啄食，籽粒破损并发霉，并传播各种病虫害，造成不同程度的减产。通过对鸟吃或不吃的表型调查进行GWAS分析，在两个群体中同时检测到一个单主效位点*Tannin1*，其控制高粱单宁的合成。同时发现只有单宁含量这个性状与高粱抗鸟呈极显著相关性，同以前推测的与鸟取食相关的包壳、穗型、芒和种皮颜色这四个性状无明显相关性。研究揭示了*Tannin1*通过差异调控单宁合成以及脂肪酸来源挥发物合成的分子机制来产生高含量的单宁和低浓度的、有香味的挥发物进而躲避和防御麻雀以达到抗鸟的目的。该研究既为培育高粱抗鸟新品种提供了重要的基因资源，同时也为利用单宁设计开发新型绿色农药来防治农业鸟害提供了全新的解决方案。



图：*Tannin1*参与高粱抗鸟的分子机制模型。

# 植物细胞通讯与系统稳健性

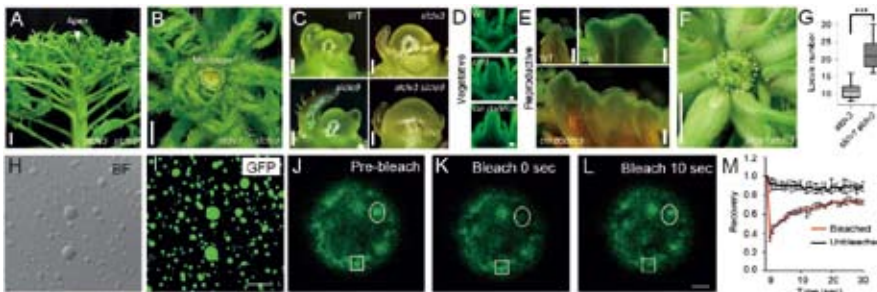
许操，博士，研究员。2005年获山东农业大学学士学位；2012年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位；2013-2017年于美国冷泉港实验室从事博士后研究。2017年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，同时任中国科学院-英国约翰英纳斯中心植物和微生物科学联合研究中心 (CEPAMS) 研究员。

研究方向：小肽信号与植物细胞通讯。植物生命系统稳健性及全新作物创造。  
实验室主页：<http://www.xulabgenetics.cn>



## 蛋白质变构与植物茎尖干细胞命运决定

茎尖干细胞的维持与分化决定植物的株型和开花时间，是作物株型和产量性状分子设计的发育学基础。由小肽分子CLAVATA3 (CLV3) 和细胞膜表面受体CLAVATA1 (CLV1) 组成的小肽-受体蛋白质机器控制番茄茎尖干细胞的维持，而由 *Arabidopsis* LSH1 and *Oryza* G1 (ALOG) 家族TERMINATING FLOWERING (TMF) 转录抑制因子组成的转录调控机器控制番茄茎尖干细胞的分化与成熟。我们的研究发现，番茄茎尖干细胞中存在主效小肽CLV3和补偿小肽CLE9。当CLV3突变时，CLE9会补偿性转录上调，并通过应激性结合受体CLV1控制茎尖干细胞增殖。在茎尖干细胞增殖过程中，细胞内氧化环境激发的TMF蛋白质相分离抑制成花基因ANANTHA (AN) 的表达，确保茎尖分生组织成熟和成花转换的精准进行。上述研究揭示了由信号小肽、受体蛋白、转录因子等构成的蛋白质机器，通过变构决定茎尖干细胞的命运，并最终控制番茄的开花时间和花序结构的分子机制。



图：(A-B) 番茄 $slclv3\ slcle9$ 双突变体茎尖分生组织过度增殖。标尺，1 cm。(C) 番茄 $slclv3$ 突变体和 $slclv3\ slclv9$ 双突变体的初生茎尖分生组织显著膨大； $slcle9$ 茎尖分生组织大小与野生型相近。标尺，100  $\mu\text{m}$ 。(D-E) 拟南芥CLE基因家族十二突变体 $dodeca-cle$ 的茎尖分生组织显著增大。标尺，(D) 50  $\mu\text{m}$ ，(E) 100  $\mu\text{m}$ 。(F) 番茄 $slclv1\ slclv3$ 双突变体茎尖分生组织过度膨大，表型较 $slclv3$ 增强。标尺，2 cm。(G) 番茄双突变体 $slclv1\ slclv3$ 心室数较 $slclv3$ 单突变体显著增加。(H-I) 重组表达纯化的TMF蛋白发生相分离。标尺，10  $\mu\text{m}$ 。(J-L) FRAP实验表明TMF相分离小体的光漂动态恢复活性。标尺，2  $\mu\text{m}$ 。(M) TMF相分离小体的光漂动态恢复活性的定量分析。红线表示从0秒开始的光漂过程，黑线表示未经光漂的对照。

## 重要成果

### 论著

- Rodriguez-Leal, D., Xu, C., Kwon, C. T., Soyars, C., Demesa-Arevalo, E., Man, J., Liu, L., Lemmon, Z. H., Jones, D. S., Van Eck, J., Jackson, D. P., Bartlett, M. E., Nimchuk, Z. L. and Lippman, Z. B. (2019). Evolution of buffering in a genetic circuit controlling plant stem cell proliferation. *Nature Genetics* 51(5): 786-792.
- Yang, X. P., Yu, Y. and Xu, C. (2019). 重新设计与快速驯化创造新型作物. *遗传* 41(9): 827-835.

## 员工简介

### 工作人员

- 杨宁 助理研究员  
王宏哲 助理研究员  
邹玉盼 工程师

### 博士后

- 黄小珍 2017 史自航 2018  
杨新萍 2018 李记开 2019

### 硕博连读生

- 陈树栋 2017 陆叶子 2018  
肖楠 2018 谢跃 2018  
仝鑫 2018 娄焕昌 2019

### 博士研究生

- 唐伶俐 2016 刘伟 2019

### 硕士研究生

- 李艺婷 2018 张廷浩 2019

### 劳务派遣

- 董文霞 2017 李辉 2017  
郭巧玲 2018 白雪 2019

### 客座

- 刘晚冬 2019 浙江农林大学  
杨荣超 2019 广东海洋大学  
章月琴 2019 广东海洋大学



## 水稻分子遗传育种

姚善国，博士，研究员。2004年获日本爱媛大学博士学位。2004-2009年期间先后在北海道大学和中央农业综合研究中心北陆分中心做博士后。2009年加入遗传与发育生物学研究所，同年入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：东北粳稻重要农艺性状的组装设计育种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/yaoshanguo>

### 重要成果

#### 专利

201910023257.1, 株型相关蛋白在调控植物株型中的应用. 姚善国, 张丽, 王汝慈, 汪月明.

#### 品种推广面积

中科902, 黑审稻2017029. 黑龙江口省第三积温带. 22.32万亩.

### 员工简介

#### 硕博连读生

Wahwah Lwin 2013

徐玉芳 2014 邢怡德 2018

#### 博士研究生

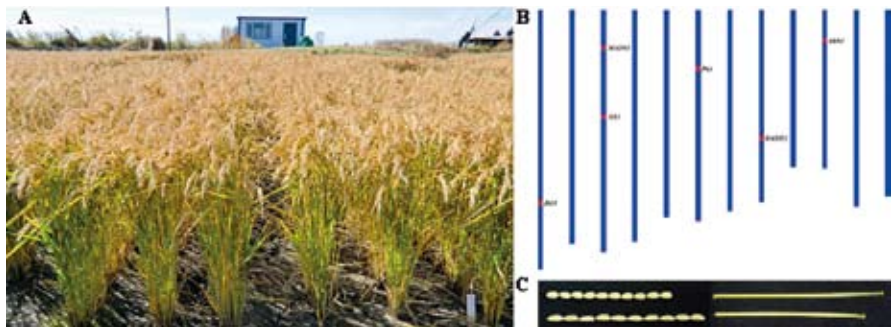
熊敦平 2019

#### 劳务派遣

王洪亮 2018

## 培育了中科902长粒与抗倒伏新版本

通过对底盘品种空育131背景下抗稻瘟与香味等位基因的组装，课题组培育了一个分子设计新品种中科902，并于2017年通过了黑龙江省新品种审定。该品种较好地解决了空育131的抗稻瘟问题，同时食味品质也得到一定程度的改善。由于中科902是一个多穗型品种，即依靠每亩有效穗数来获得高产，而现行实际栽培中的大量氮肥使用，再加上2019年的长期低温多雨，使中科902的倒伏问题显得比较突出，妨碍了该品种的进一步大面积推广。另外，国内大米市场对长粒的消费偏好，也迫切需要改善中科902的圆粒形外观品质。因此，本年度我们着重针对中科902的抗倒伏和长粒性状进行了等位基因的组装。结合产量等综合农艺性状鉴定，育成了一个中科902的长粒抗倒伏新版本中科633 (图)，计划参加2020年度黑龙江省第三积温带“长粒攻关”新品种审定试验。



图：中科902长粒与抗倒伏新版本选育。(A) 改良新版本中科633群体表型。(B) 改良新版本所包含等位变异示意图。(C) 新版本中科633与中科902粒形及最上位节间形态比较。上-中科902，下-中科633。

## 乙烯信号转导及籽粒性状调控

张劲松, 博士, 研究员。1991年获北京大学生物系博士学位。1991-1994年在中国科学院遗传与发育生物学研究所工作。1994-1997年在美国堪萨斯州立大学做博士后。2009年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向: 调控水稻乙烯信号转导的新组分与新机制; 大豆籽粒品质粒重调控的分子网络。

实验室主页: <http://www.genetics.cas.cn/zhangjinsong>



### GDSL脂酶调控水稻乙烯信号转导

对一个根部乙烯反应异常的突变体*mhz11*进行了分析。*MHZ11*编码GDSL家族脂肪水解酶, 其PLA2磷脂酶活性对于乙烯反应是必需的。过表达*MHZ11*造成组成型乙烯反应的短根表型。*MHZ11*水解磷脂产生脂肪酸, 脂肪酸再与甾醇形成甾醇酯。*MHZ11*可能作用于乙烯受体, *OsEIN2/MHZ7*和*OsEIL1/MHZ6*上游。*OsCTR2*呈现磷酸化和非磷酸化两种形式。乙烯处理后, WT中磷酸化的*OsCTR2*逐渐降低; *MHZ11*过表达材料中磷酸化的*OsCTR2*快速减少, 而*mhz11*突变体中*OsCTR2*磷酸化保持高水平。甾醇合成抑制剂FEN处理可以部分抑制*mhz11*突变体的乙烯不敏感表型。我们推测*MHZ11*作用导致甾醇形成甾醇酯, 使内质网膜上乙烯受体构象改变, 进而受体与*OsCTR2*互作减弱, *OsCTR2*激酶活性丧失, 从而激活下游信号转导及乙烯反应(图)。

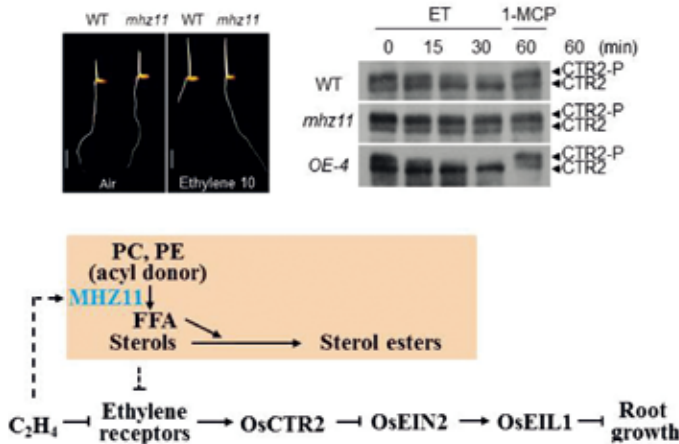


图: *MHZ11*调控水稻乙烯反应的机制研究。左上: *mhz11*突变体根对乙烯处理不敏感。右上: 乙烯处理对*mhz11*突变体及*MHZ11*过表达材料中*OsCTR2*磷酸化活性的影响。在WT对照中, 乙烯处理可逐渐抑制*OsCTR2*的磷酸化; *mhz11*突变中, 乙烯处理不抑制*OsCTR2*的磷酸化, 大多数*OsCTR2*一直处于磷酸化状态; 在*MHZ11*过表达材料OE-4中, 乙烯处理加速抑制*OsCTR2*磷酸化。下图: *MHZ11*调控乙烯途径的可能机制。*MHZ11*可通过其PLA活性水解磷脂, 产生脂肪酸; 脂肪酸与甾醇形成甾醇酯。解除了甾醇对受体构象的抑制, 促进其与*OsCTR2*分离及*OsCTR2*去磷酸化, 从而导致下游乙烯反应。

### 重要成果

#### 论著

- Zhou, Y., Xiong, Q., Yin, C. C., Ma, B., Chen, S. Y. and Zhang, J. S. (2019). Ethylene biosynthesis, signaling, and crosstalk with other hormones in rice. *Small Methods*. 1900278. <https://doi.org/10.1002/smdt.201900278>.
- Bian, X. H., Li, W., Niu, C. F., Wei, W., Hu, Y., Han, J. Q., Lu, X., Tao, J. J., Jin, M., Qin, H., Zhou, B., Zhang, W. K., Ma, B., Wang, G. D., Yu, D. Y., Lai, Y. C., Chen, S. Y. and Zhang, J. S. (2019). A class B heat shock factor selected for during soybean domestication contributes to salt tolerance by promoting flavonoid biosynthesis. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.16104.
- Wei, W., Liang, D. W., Bian, X. H., Shen, M., Xiao, J. H., Zhang, W. K., Ma, B., Lin, Q., Lv, J., Chen, X., Chen, S. Y. and Zhang, J. S. (2019). GmWRKY54 improves drought tolerance through activating genes in abscisic acid and Ca<sup>2+</sup> signaling pathways in transgenic soybean. *Plant Journal* 100(2): 384-398.
- Yin, D., Ji, C., Song, Q., Zhang, W., Zhang, X., Zhao, K., Chen, C. Y., Wang, C., He, G., Liang, Z., Ma, X., Li, Z., Tang, Y., Wang, Y., Li, K., Ning, L., Zhang, H., Zhao, K., Li, X., Yu, H., Lei, Y., Wang, M., Ma, L., Zheng, H., Zhang, Y., Zhang, J. S., Hu, W. and Chen, Z. J. (2019). Comparison of *Arachis monticola* with diploid and cultivated tetraploid genomes reveals asymmetric subgenome evolution and improvement of peanut. *Advanced Science*. Doi:10.1002/advs.201901672.
- Zheng, H., Dong, L., Han, X., Jin, H., Yin, C., Han, Y., Li, B., Qin, H., Zhang, J., Shen, Q., Zhang, K. and Wang, D. (2019). The TuMYB46L-TuACO3 module regulates ethylene biosynthesis in Einkorn wheat defense to powdery mildew. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.16305.

### 员工简介

#### 工作人员

何德洁 高级工程师  
韦伟 助理研究员  
阴翠翠 助理研究员  
陶建军 助理研究员

#### 博士后

赵赫 2019

#### 硕博连读生

姜志浩 2019

#### 博士研究生

程彤 2014 周扬 2014  
胡杨 2015 黄一华 2015  
曹务强 2016 赵瑞 2016  
金萌 2017 李昕凯 2017  
王宙雅 2017 韩佳祺 2018

#### 硕士研究生

白文婉 2016 吴春梅 2016



## 植物与微生物互作的分子机制

周俭民，博士，研究员。1994年获美国普渡大学博士学位。1994-1997年在普渡大学做博士后。1997-2005年先后任堪萨斯州立大学助理教授、副教授。2004-2012年先后任北京生命科学研究所高级、资深研究员。2012年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。2019年被评为“高被引科学家”(Clarivate Analytics, 科睿唯安)。

研究方向：植物免疫受体复合体激活及其激活下游信号的分子机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhoujianmin>

### 重要成果

#### 论著

Wang, J., Hu, M., Qi, J., Han, Z., Wang, G., Qi, Y., Wang, H. W., Zhou, J. M. and Chai, J. (2019). Ligand-triggered allosteric ADP release primes a plant NLR complex. *Science* 364(6435).

Wang, J., Hu, M., Wu, S., Qi, J., Wang, G., Han, Z., Qi, Y., Gao, N., Wang, H. W., Zhou, J. M. and Chai, J. (2019). Reconstitution and structure of a plant NLR resistosome conferring immunity. *Science* 364(6435).

Zhou, Z., Zhao, Y., Bi, G., Liang, X. and Zhou, J. M. (2019). Early signalling mechanisms underlying receptor kinase-mediated immunity in plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 374(1767):20180310.

张杰, 董莎萌, 王伟, 赵建华, 陈学伟, 郭惠珊, 何光存, 何祖华, 康振生, 李毅, 彭友良, 王国梁, 周雪平, 王源超, 周俭民 (2019). 植物免疫研究与抗病虫绿色防控: 进展、机遇与挑战. *中国科学: 生命科学* 29: 1-29.

Wang, J., Liu, X., Zhang, A., Ren, Y., Wu, F., Wang, G., Xu, Y., Lei, C., Zhu, S., Pan, T., Wang, Y., Zhang, H., Wang, F., Tan, Y. Q., Jin, X., Luo, S., Zhou, C., Zhang, X., Liu, J., Wang, S., Meng, L., Chen, X., Lin, Q., Guo, X., Cheng, Z., Tian, Y., Liu, S., Jiang, L., Wu, C., Wang, E., Zhou, J. M., Wang, Y. F., Wang, H. and Wan, J. (2019). A cyclic nucleotide-gated channel mediates cytoplasmic calcium elevation and disease resistance in rice. *Cell Research* 29(10): 820-831.

#### 专利

201910921821.1, 萝卜硫素及其衍生物作为细菌效应蛋白转录抑制剂的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

赵燕 副研究员  
张晓娟 工程师  
王伟 助理研究员

#### 博士后

毕国志 2015 赵艳 2018  
马苗苗 2019

#### 硕博连读生

张文静 2016 缪佩 2017

#### 博士研究生

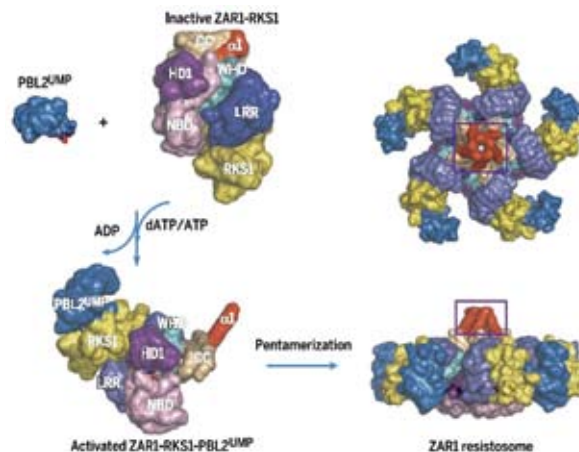
胡梅娟 2014 王伟兵 2014  
高初蕾 2015 王佳钰 2016  
胡满 2017 漆金凤 2018  
王永进 2018 费越 2019  
郑晓娟 2019

#### 劳务派遣

唐美娜 2012 单彩云 2015

## 植物抗病小体的发现和作用机制解析

同动物一样，植物也具有自己的免疫系统，主要由众多抗病基因编码的蛋白组成。它们作为免疫受体，通过感受形形色色病虫来源的蛋白质，激活植物的防卫反应，是保护农作物免于病虫侵害的利器。自从25年前人们首次分离鉴定到抗病基因以来，抗病蛋白的核心作用机制一直未能获得解答。我们实验室在前期率先提出抗病蛋白作用的“诱饵模型”的基础上，分离鉴定到了抗病蛋白ZAR1复合物的完整组分。近期与结构生物学家合作，通过对ZAR1复合物的结构和功能解析，在国际上首次发现抗病小体并阐释了其全新的作用机制。在病原菌未入侵时，ZAR1结合ADP并通过分子内互作处于自抑制状态，同时其C端LRR结构域与RKS1的N端互作形成ZAR1-RKS1静息状态复合物。当病原菌入侵时，其分泌的效应蛋白AvrAC对植物细胞质激酶PBL2进行UMP修饰，PBL2<sup>UMP</sup>作为配体与RKS1互作，从而被招募到ZAR1-RKS1复合物上，促进ZAR1发生核苷酸交换，激活ZAR1。ZAR1激活后构象发生巨大改变并寡聚形成环状五聚体蛋白机器，被命名为“抗病小体”，介导下游细胞死亡的发生和免疫激活。ZAR1抗病小体N端的漏斗状结构在介导ZAR1抗病小体定位到质膜、激活细胞死亡和植物抗性中发挥重要作用。相关成果以两篇长文(Research Article)形式发表在国际权威学术期刊*Science*上。国际植物抗病研究权威科学家Jeffery Dangl和Jonathan Jones在*Science*同期发表专文评述，对这一重大突破性成果给予高度评价：“首个抗病小体的发现，为植物如何控制细胞死亡和免疫提供了线索”(“The first plant resistosome structure provides clues to cell death control and immunity”)。《植物学报》同时发表国际著名植物抗病专家李昕等人题为“开启防御之门：植物抗病小体”的专文评述，认为该项成果“完成了植物NLR蛋白复合物的组装、结构和功能分析，揭示了NLR作用的关键分子机制，是植物免疫研究的里程碑事件”。



图：植物抗病小体激活的分子机制。黄单胞菌效应蛋白AvrAC对植物细胞质激酶PBL2进行UMP修饰，PBL2<sup>UMP</sup>被招募到ZAR1-RKS1复合体上，促进ZAR1释放ADP、结合ATP，激活ZAR1寡聚形成环状五聚体蛋白机器，即“抗病小体”，介导下游细胞死亡的发生和免疫激活。

# 植物分子遗传学与细胞壁生物学

周奕华，博士，研究员。1998年获中国科学院遗传研究所植物分子遗传学博士学位。2001年在美国密歇根州理工大学做博士后。2011年获得国家自然科学基金委“国家杰出青年科学基金”。

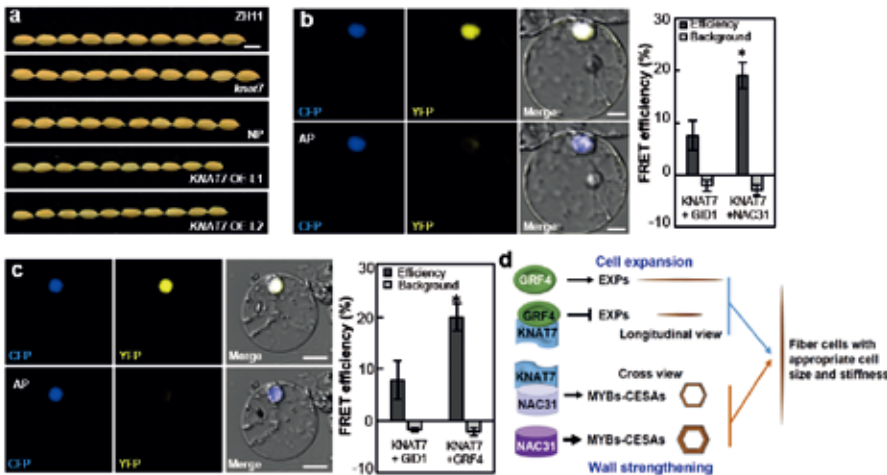
研究方向：细胞壁形成与调控的分子机制和生物学功能及其在作物抗倒伏等方面的应用。

实验室主页：[www.genetics.ac.cn/zhouyihua](http://www.genetics.ac.cn/zhouyihua)



## 水稻细胞扩展与细胞壁加厚的协同调控机制

植物在细胞形态建成中需对细胞扩展和细胞壁加固进行精准协调。但相关机制仍不清楚。我们应用基因编辑手段创制了水稻Homeobox蛋白KNAT7的功能缺失突变体，发现 $knat7$ 中纤维细胞细胞壁厚度增加，茎秆机械强度增强；同时籽粒增大、颖壳变长变宽。而过表达则呈现相反表型。深入研究发现，KNAT7与细胞壁合成的顶层转录因子NAC31互作，抑制其下游基因CESAs等的表达，调控细胞壁加厚；另一方面，KNAT7与生长调控因子GRF4互作，抑制其下游基因 $Expansin$ 等的表达，调控细胞扩展。基因表达和细胞学观察发现，KNAT7与NAC31和GRF4的表达时空与细胞生长的转换节点相吻合，并可作用于同一种细胞。该研究解析了KNAT7协调纤维细胞扩展和细胞壁加厚的机制，为协同改良水稻茎秆支撑力和产量提供了依据和基因资源。



图：水稻Homeobox蛋白KNAT7协同水稻细胞扩展与细胞壁加厚。(a)水稻 $knat7$ 突变体与过表达材料及野生型的籽粒大小变化情况。标尺为5 mm；(b)和(c)在水稻原生质体中进行FRET分析，验证KNAT7分别与NAC31和GRF4的互作。标尺为10  $\mu$ m。右侧柱型图为观察后的量化数据(n = 10)。FRET效率为漂白前后CFP荧光的差值，背景为漂白前CFP稳定的荧光值。柱形图中\*代表方差分析达到显著差异， $P < 0.01$ 。GID1为阴性对照；(d) KNAT7的工作模式图，显示KNAT7通过互作不同元件协调纤维细胞扩展和细胞壁加厚的作用机制。

## 重要成果

### 论著

- Zhang, L., Gao, C., Mentink-Vigier, F., Tang, L., Zhang, D., Wang, S., Cao, S., Xu, Z., Liu, X., Wang, T., Zhou, Y. and Zhang, B. (2019). Arabinosyl deacetylase modulates the arabinoxylan acetylation profile and secondary wall formation. *The Plant Cell* 31: 1113-1126.
- Wang, S., Yang, H., Mei, J., Liu, X., Wen, Z., Zhang, L., Xu, Z., Zhang, B. and Zhou, Y. (2019). Rice homeobox protein KNAT7 integrates the pathways regulating cell expansion and wall stiffness. *Plant Physiology* 181(2): 669-682.
- Zhang, L., Zhang, B. and Zhou, Y. (2019). Cell wall compositional analysis of rice culms. *Bio-protocol* 9(20): e3398.
- Wei, K., Zhao, Y., Zhou, H., Jiang, C., Zhang, B., Zhou, Y., Song, X. and Lu, M. (2019). PagMYB216 is involved in the regulation of cellulose synthesis in *Populus*. *Molecular Breeding* 39(5): 65.

## 员工简介

### 工作人员

- 刘香玲 工程师  
张保才 副研究员  
张兰军 工程师

### 博士后

- 汪 航 2019

### 硕博连读生

- 唐 露 2013 马佳宁 2017

### 博士研究生

- 曹少雪 2014 梅家松 2015  
杨晗蕾 2016 高成旭 2017  
高易宏 2018 文 钊 2019

### 轮转学生

- 马佳欣 2018

### 劳务派遣

- 李 莹 2015

### 客座

- 许作鹏 2017 扬州大学  
王少干 2018 中国科学院微生物学研究所



## 植物功能基因组学与生物技术育种

朱祯，博士，研究员。1985年以中美联合培养博士生身份赴美国田纳西大学植物系进行研究，1988年获中国科学院遗传研究所理学博士学位。1988-1993年在美国田纳西大学做博士后。1993年加入中国科学院遗传研究所。

研究方向：异源基因引起的转录后基因沉默研究；通过大规模比较转录组学和分子生物学分析研究超级杂交稻杂种优势机理；转基因抗虫水稻研发，包括高抗鳞翅目害虫水稻，以及新型抗稻飞虱水稻。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhuzhen>

### 重要成果

#### 论著

Liu, Z., Wang, X., Dai, Y., Wei, X., Ni, M., Zhang, L. and Zhu, Z. (2019). Expressing double-stranded RNAs of insect hormone-related genes enhances baculovirus insecticidal activity. *International Journal of Molecular Sciences* 20(2):419.

#### 专利

201910413364.5, 一种优化的获得无选择标记转基因植物的化学诱导删除表达载体及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

魏晓丽 高级工程师  
张 磊 副研究员  
戴 艳 助理研究员  
崔丽娥 研究实习员

#### 博士后

李 跃 2017 周 云 2017

#### 硕博连读生

刘哲铭 2011

#### 博士研究生

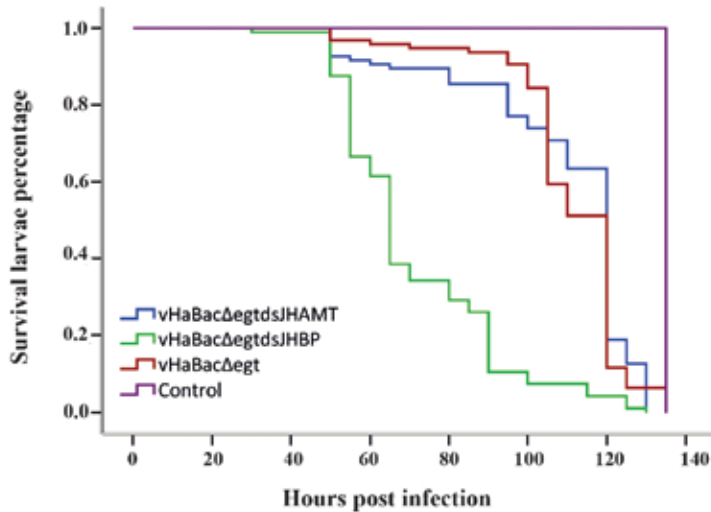
张利姣 2013

#### 劳务派遣

张家云 2003 梁平利 2008  
赵思佳 2009

### 通过表达昆虫激素相关基因的双链RNA提高杆状病毒的杀虫活性

杆状病毒是一种重要的生物杀虫剂，但缓慢的杀虫速度限制了其推广应用。本研究开发了一种新的杆状病毒改造策略，在棉铃虫核多角体病毒 (HearNPV) 中表达棉铃虫 (*Helicoverpa armigera*) 保幼激素相关基因——保幼激素甲基转移酶基因 (*HaJHAMT*) 和保幼激素结合蛋白基因 (*HaJHBP*) 的双链RNA (dsRNA)，以提高杆状病毒的杀虫活性。棉铃虫生测结果表明，表达dsJHAMT和dsJHBP的重组杆状病毒的半致死浓度 (LC<sub>50</sub>) 分别为  $1.24 \times 10^4$  PIB/mL和  $2.26 \times 10^4$  PIB/mL，均远低于对照 ( $8.12 \times 10^4$  PIB/mL)。同时，表达dsJHBP的重组杆状病毒的半数致死时间仅为对照值的54.2%，这意味着其杀虫速度大幅加快。本研究通过杆状病毒介导的RNAi干扰昆虫激素相关基因的表达，建立了一种新的害虫防治策略，获得的重组杆状病毒在棉花生产中具有极大的应用潜力。



图：杆状病毒饲喂的3龄棉铃虫生存分析。饲喂所用杆状病毒颗粒浓度为各病毒半致死浓度的100倍。幼虫活虫数的统计持续到所有虫子死亡或化蛹。每个处理采用96头幼虫，未经杆状病毒处理的幼虫作为对照。生存分析使用SPSS 22.0进行，采用Kaplan-Meier法。

# 植物抗病的分子调控机制

朱立煌，荣誉研究员。复旦大学生物系毕业。2019年获中国科学院遗传与发育生物学研究所“建所六十周年杰出贡献奖”。

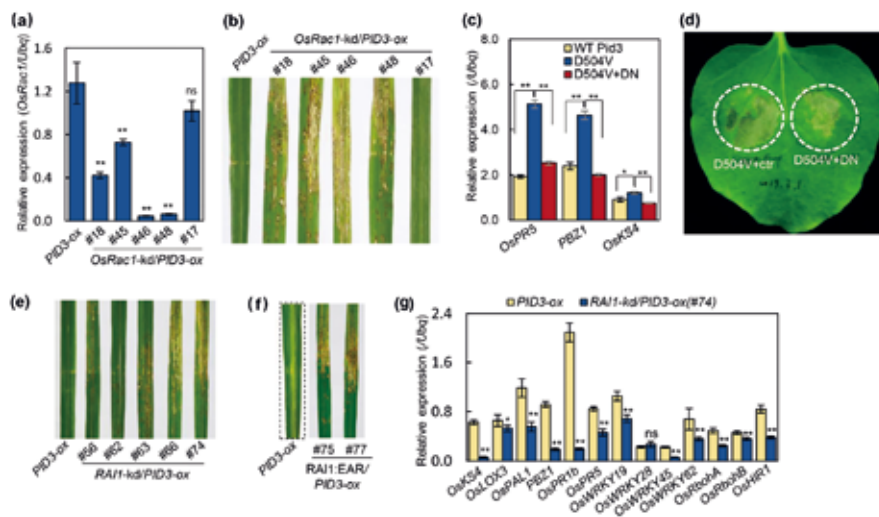
研究方向：抗病过程中关键分子元件的鉴定与分析，解析抗病蛋白介导的抗病信号通路；水稻中与稻瘟病抗性相关基因的克隆与分析。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhulihuang>



## 抗病蛋白介导的稻瘟病防御过程中的重要信号传递分子

NLR类抗病蛋白在水稻抵御稻瘟病的过程中发挥重要的作用，但从分子机理上，参与完成该过程的抗性信号传递分子知之甚少。我们以之前从水稻中克隆的一个NLR基因*PID3*作为研究对象，试图解析NLR抗病蛋白的抗性信号传导过程。首先，我们证明了*PID3*的稻瘟病抗性依赖于早前发现的一个小分子GTPase *OsRac1*；*PID3*通过其NBS结构域与*OsRac1*结合，通过后者向下游传递免疫信号。同时，我们发现*PID3*通过其CC结构域与一个转录因子*RAI1*结合，而*RAI1*也同样是*PID3*的稻瘟病抗性所必需。进一步的研究发现*OsRac1*作用于*RAI1*的上游，*OsRac1*能正调控*RAI1*的转录。通过*OsRac1*-*RAI1*这条信号传导链，*PID3*因此实现了对下游多个抗性相关基因的调控，从而实现其稻瘟病抗性。该研究结果虽然只揭示了一个NLR抗病蛋白的分子工作机制，但由于水稻中已发现的稻瘟病抗性基因绝大多数属于NLR类型，因此这个发现可为揭示NLR蛋白的工作机制提供重要参考。



图：*PID3*的抗病性依赖于*OsRac1*及*RAI1*。(a)在*PID3-ox*背景下对*OsRac1*进行RNA干扰；(b) *OsRac1*的RNA干扰使*PID3*的稻瘟病抗性丧失；(c) *OsRac1*的显性抑制态 (DN) 阻断了自激活态*PID3* (D504V) 对抗性相关基因的诱导；(d) DN-*OsRac1*与D504V共表达缓解了后者引起的细胞坏死；(e) 在*PID3-ox*背景下对*RAI1*进行RNA干扰，使*PID3*的稻瘟病抗性丧失；(f) 在*PID3-ox*背景下对*RAI1*进行嵌合抑制改造同样使*PID3*的稻瘟病抗性丧失；(g) *RAI1*对多个抗性相关基因有转录调控作用。

## 重要成果

### 论著

Zhou, Z. Z., Pang, Z. A., Zhao, S. L., Zhang, L. L., Lv, Q. M., Yin, D. D., Li, D. Y., Liu, X., Zhao, X. F., Li, X. B., Wang, W. M. and Zhu, L. H. (2019). Importance of *OsRac1* and *RAI1* in signalling of nucleotide-binding site leucine-rich repeat protein-mediated resistance to rice blast disease. *New Phytologist* 223(2): 828-838.

## 员工简介

### 工作人员

周壮志 助理研究员

### 返聘人员

李晓兵 2012

### 客座

刘雪 2015 中国科学院北京基因组研究所  
 郭相宏 2017 四川农业大学  
 余敬祥 2018 福建农林大学  
 张燕 2018 南开大学  
 仝亚楠 2018 三峡大学



## 植物分子遗传学

左建儒，博士，研究员。1984年获西南师范学院学士学位；1988年获中国科学院遗传研究所硕士学位；1994年获美国迈阿密大学博士学位。1995年进入美国洛克菲勒大学做博士后。2000年入选中国科学院“百人计划”。2001年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：植物一氧化氮信号转导与氮营养的调控机理。

实验室主页：<http://zuolab.genetics.ac.cn>

### 重要成果

#### 论著

Feng, J., Chen, L. and Zuo, J. (2019). Protein S-Nitrosylation in plants: Current progresses and challenges. *Journal Of Integrative Plant Biology* 61: 1206-1223.

陈立超, 詹妮, 李彦莎, 冯健, 左建儒 (2019). 植物蛋白质S-亚硝基化修饰的检测与分析. *植物学报*, 54: 497-502

#### 员工简介

##### 工作人员

郭红艳 助理研究员

王 弯 助理工程师

##### 博士生

詹 妮 2015 郭 猛 2017

陈立超 2019

##### 硕博连读生

严春林 2017 林慧芳 2018

##### 博士研究生

李翰文 2014 封天鹏 2015

马晓辉 2015 吴 蓉 2016

孙淑豪 2017 王石平 2017

王丹凤 2018 伊艳艳 2018

龚心如 2019 粘金蓉 2019

##### 返聘人员

张 健 2019

##### 劳务派遣

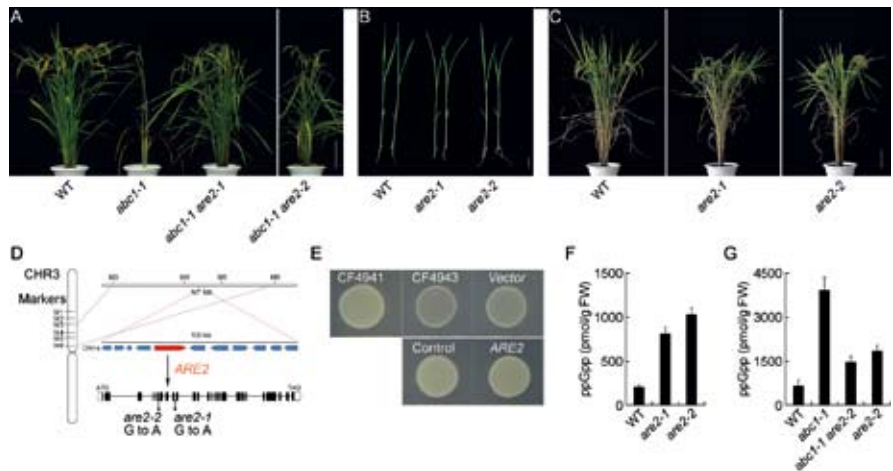
石安静 2002

##### 客座

王 青 2017 中国科学院微生物研究所

### 水稻ARE2基因调控氮代谢与氮胁迫的分子机制研究

氮是有机体生长发育所必需的营养元素之一。水稻ABC1基因编码氮素同化的关键酶-谷氨酸合酶 (Fd-GOGAT)，其突变导致严重的生长发育缺陷。*abc1 repressor 2 (are2)* 突变部分恢复*abc1*氮代谢缺陷表型 (图A)。*are2*的株高、分蘖数和叶绿素含量均有所下降 (图B-C)。*ARE2*编码一个与细菌 (p) ppGpp代谢酶的同源蛋白 (图D)。(p) ppGpp是一类重要的第二信使，调控细菌的氮饥饿和胁迫响应。细菌遗传互补实验和液相色谱-质谱分析发现ARE2是一个 (p) ppGpp水解酶 (图E-F)。*are2*突变可部分恢复*abc1*突变体中氮饥饿引起的高ppGpp水平 (图G)。上述结果表明，ppGpp介导的氮胁迫响应机制是一种高度保守的机制。



图：ARE2的分离鉴定与功能分析 (A) 野生型 (wild type, WT)、*abc1-1*、*abc1-1 are2-1*和*abc1-1 are2-2*在水稻灌浆期的表型。(B-C) *are2*突变体在水稻苗期 (B) 和灌浆期 (C) 的表型。(D) ARE2的图位克隆流程。(E) CF4943菌株 (CF4941背景的(p)ppGpp水解酶缺陷型菌株) 的遗传互补实验。(F) WT、*are2-1*和*are2-2*植株叶片ppGpp含量测定结果。(G) WT、*abc1-1*、*abc1-1 are2-2*和*are2-2*植株叶片ppGpp含量测定结果。

# 分子农业生物学研究中心

分子农业生物学研究中心现有研究组21个，研究队伍包括中国科学院院士1人，国家杰出青年科学基金获得者8人，“万人计划”入选者5人、科技部重点领域创新团队1个，中科院“百人计划”入选者14人。中心面向粮食安全和农业可持续发展的国家战略需求，瞄准植物科学国际前沿，聚焦小麦、水稻、玉米、大豆等主要农作物遗传育种的重大关键科学问题，开展基础与应用基础研究。

2019年，中心人员在*Science*, *Nat Plants*, *Plant Cell*等国际主流学术期刊上发表论文55篇，在基因组编辑新技术研发、重要农艺性状形成的遗传调控网络解析、染色体工程与新品种培育等方面取得了重要进展。

**重要农艺性状形成的遗传调控网络解析：**傅向东组获得了主效QTL：*qNGR4*，发现*NGR4*基因编码NAL1蛋白，将来自籼稻的等位基因*NAL1<sup>NJ6</sup>*与氮高效利用关键基因*dep1-1*聚合能提高水稻的氮肥利用效率和产量 (Xu et al., *J Genet Genomics*, 2019)；利用遗传筛选获得了水稻对氮素不敏感的突变体*ngr5*，并获得了控制水稻氮响应的关键基因*NGR5*，揭示了*NGR5*通过与PRC2复合体的亚基LC2蛋白互作共同调控水稻生长和氮素代谢的新机制。李云海组发现了核内复制调控器官大小的新机制 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)；应邀在*Annu Rev Plant Biol*等期刊撰写植物种子大小调控的综述，总结了种子大小领域研究进展，指出了未来种子大小研究的方向和挑战 (Li et al., *Annu Rev Plant Biol*, 2019)。张爱民组完成小麦重要矮秆基因*Rht12*的精细定位及其遗传效应解析 (Sun et al., *Plant J*, 2019)；通过构建一粒小麦高密度遗传图谱，对籽粒大小相关性状进行QTL分析，并解析了影响籽粒大小的遗传基础 (Yu et al., *J Exp Bot*, 2019)。

**基因组编辑新技术研发：**高彩霞组发现BE3和HF1-BE3两个CBE编辑工具在植物个体全基因组范围内存在不可预测的脱靶现象，但利用ABE编辑工具则没有检测到脱靶 (Jin et al., *Science*, 2019)。同时创制了无外源转基因痕迹的抗多种除草剂小麦突变体，为田间杂草防控提供了有力工具 (Zhang et al., *Nat Plants*, 2019)。建立了能够在无需外源基因整合的情况下增强植物内源目的基因的表达的方法流程，为解析基因功能及加速作物性状改良提供了有效的途径 (Si et al., *Nat Protoc*, 2019)。

**基因组研究进展：**田志喜组完成大豆优良骨干亲本“中黄13”基因组更新 (Shen et al., *Sci China Life Sci*, 2019)；完成首个野生梨高质量基因组测序和组装 (Dong et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)；在全基因组水平揭示动植物驯化过程中基因表达多样性的降低现象 (Liu et al., *BMC Evol Biol*, 2019)；参与撰写水稻种质基因组学为水稻驯化和杂种优势研究提供重要依据的综述 (Chen et al., *Annu Rev Plant Biol*, 2019)。鲁非组构建了麦属全基因组遗传变异图谱 (VMapI)；同时开发了一种高效的3'RNA基因表达谱分析方法。肖军组发现了SUMO化修饰转录因子介导拟南芥光形态建成中组蛋白修饰转变的分子机制；同时在小麦中建立了筛选重要农艺性状调控基因的新策略。

**养分高效吸收利用的机制研究：**童依平组发现TaNAC2-TaNRT2.5这一途径在调控种子活力和籽粒硝酸根含量上发挥关键作用 (Li et al., *New Phytol*, 2019)；发现TabZIP60/TaNADH - GOGAT参与了小麦的氮素利用及生长，为提高小麦产量和氮素利用效率提供了基因资源 (Yang et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。王道文组通过农杆菌转化，获得无筛选标记、插入位点清晰、耐储存和脂肪酸含量显著改良小麦新品系 (Cao et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。凌宏清课题组总结了控制植物铁吸收核心转录调控因子FIT及其互作蛋白在调控铁离子吸收中的作用 (Wu et al., *Front Plant Sci*, 2019)。

**抗病耐逆机制研究：**沈前华组研究多个大麦白粉菌效应蛋白功能，针对乌拉尔图小麦*Pm60*抗病位点变异进行分析和开发抗病分子标记 (Zhao et al., *Crop J*, 2019)。刘志勇组图位克隆了抗白粉病基因*Pm24*，其编码一个串联的激酶WTK3，并发现第一个激酶结构域上的6bp缺失为稀有的自然变异，赋予了该基因广谱的白粉病抗性功能。翟文学组获得2项授权基因专利*mm5.1*和*lmm5.4*对水稻白叶枯病和稻瘟病有广谱抗性。李振声组发现饱和脂肪酸可能通过增强光合系统和茉莉酸相关的通路来提高小麦的耐盐性 (Luo et al., *Crop J*, 2019)。

**染色体工程及品种选育：**韩方普组在小麦中发现两类着丝粒特异的串联重复序列，其分布存在不对称性 (Su et al., *Plant Cell*, 2019)；并对植物着丝粒特异组蛋白CENH3在玉米中的定位做了系统研究 (Feng et al., *Plant J*, 2019)。张相岐组创制的小麦-中间偃麦草蓝粒代换系可用于蓝粒小麦品种的培育和遗传学研究 (叶晓斌等., 麦类作物学报 2019)。陈化榜组培育的玉米品种“科玉153”(国审玉20190298)和“科育175”(国审玉20190097)通过国家审定，其中“科玉153”已被授予植物新品种权 (CNA20181994.2)。朱保葛组选育了广适高产大豆品种科豆13和优质高产大豆品种科豆10，正在参加国家区域试验。

**其他进展：**薛勇彪组领衔完成了金鱼草基因组的精细测序，揭示了花对称性、自交不亲和性等复杂性状的遗传结构，这是第一个车前科植物的参比基因组序列 (Li et al., *Nat Plants*, 2019)，同期发表了题为“Return of the snapdragon”的编者按，指出该经典模式植物基因组测序的完成为植物生物学研究开辟了新的途径。刘翠敏组解析两种构象状态下衣藻内源叶绿体分子伴侣素的三维结构，为阐明叶绿体分子伴侣素系统的工作机制奠定了基础 (Zhao et al., *Plant J*, 2019)。胡赞民组发现由转基因小球藻规模化生产的mNP-1可作为饲料添加剂替代抗生素提高食用动物健康水平及生产性能。



## 玉米遗传育种

陈化榜，博士，研究员。1999年获美国Purdue University博士学位。1993-2008年在美国学习工作，先后任Semini Vegetable Seeds高级研究员和Indiana Crop Improvement Association遗传实验室主任。2011年入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：主要从事玉米遗传育种工作，研究重点为玉米优异种质资源创新与利用；控制重要农艺性状基因的克隆与利用；育种新理论和制种新方法；高产、稳产及宜机收新品种培育。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/chenuabang>

### 重要成果

#### 授权专利

ZL201611164100.3, 一种植物雄性育性相关蛋白MS6021及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.  
ZL201610322941.6, 一种鉴定玉米雄性育性基因功能的方法. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

#### 品种

国审玉20190097, 科育175. 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 渤海粮仓南皮种业有限公司. 陈化榜, 赵丽, 王红心.  
国审玉20190298, 科玉153. 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 渤海粮仓南皮种业有限公司. 陈化榜, 赵丽, 王红心.

#### 植物新品种权

科玉153, 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 渤海粮仓南皮种业有限公司.

### 员工简介

#### 工作人员

赵丽 副研究员  
肖森林 助理研究员  
刘娟 助理研究员

#### 硕博连读生

裴元荣 2014 李凯 2016

#### 博士研究生

霍燕青 2014 张照贵 2014  
刘洁 2015 陈智斌 2016  
蔡大润 2017 陶思福 2017  
臧杰 2018 杜溢墨 2019

#### 硕士研究生

赵倩 2017

#### 返聘人员

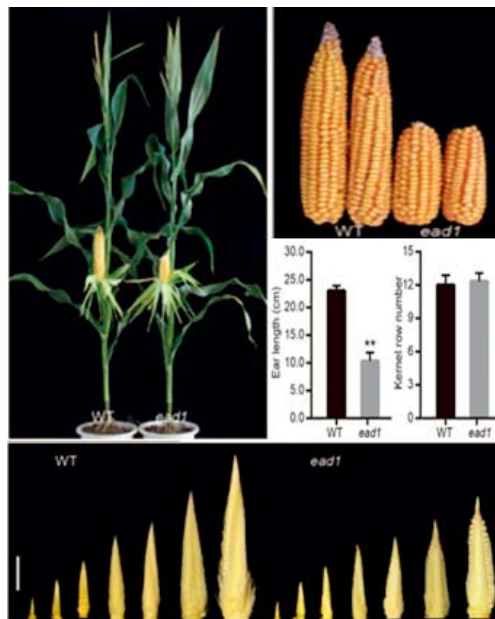
杜万枫 2018 李丽 2018  
陶桂霞 2019 于宝忠 2019

#### 劳务派遣

丁首峰 2017 李亮 2018  
田剿 2018

## 玉米雌穗顶端退化相关基因EAD1的遗传分析和功能研究

玉米产量是一个极其复杂的数量性状，单穗粒数是决定产量的重要因素之一，玉米的单穗粒数受到雌穗长度和穗行数的限制。尽管对控制穗长和穗粒数等相关产量性状的QTL位点多有报道，但已克隆的功能基因还很少。本研究以一个玉米雌穗长度变短、穗粒数减少的突变体为材料。对该突变体幼穗发育过程观察发现，其穗长变短是由于幼穗顶端退化导致的，因此将其命名为*ear apical degeneration1 (ead1)*。遗传分析表明*ead1*突变表型由隐性单基因控制，图位克隆其候选基因为*ZmG21*。CRISPR/Cas9获得*ZmG21*纯合敲除株系与突变体*ead1*表型一致，证实了*ZmG21*即目的基因*EAD1*。该基因编码一个细胞质膜定位的阴离子转运蛋白，主要在穗部维管组织表达，暗示其在幼穗发育过程中行使营养和能量供应的功能。



图：突变体*ead1*与野生型的表型差异比较。

# 植物分子遗传学

傅向东，博士，研究员。2001年获浙江大学和英国John Innes Centre联合培养博士学位。2001-2005年在John Innes Centre做博士后。2005年入选中国科学院“百人计划”，并获得“国家杰出青年科学基金”。2019年获中国科学院遗传与发育生物学研究所“建所60年杰出贡献奖”。

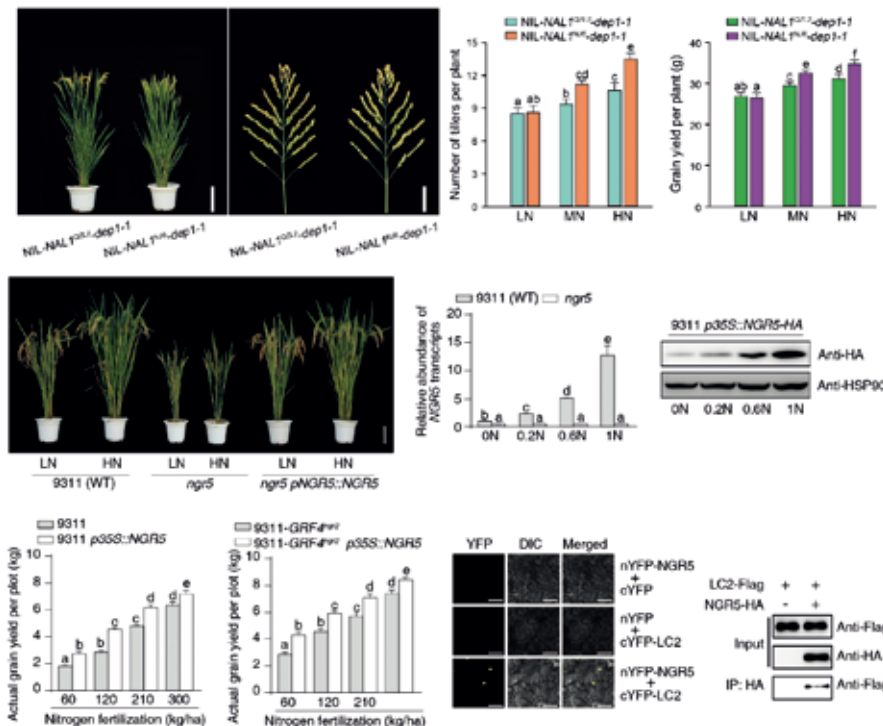
研究方向：以水稻和拟南芥为研究材料，解析植物激素与环境因子互作调控植物生长-代谢耦合的分子机制以及产量性状形成的遗传调控网络。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/fuxiangdong>



## 揭示水稻氮肥利用效率和产量协同提升的新机制

面对粮食安全和生态环境安全的双重挑战，如何进一步提高水稻的氮肥利用效率和产量已成为水稻育种中亟待解决的一大难题。本课题组在水稻氮肥利用效率和产量协同提升的研究中获得了新进展：通过QTL分析和图位克隆获得了NAL1基因，将来自籼稻的NAL1等位基因与氮高效利用关键基因dep1-1聚合能进一步提高水稻的氮肥利用效率和产量；通过EMS诱变和遗传筛选获得了一个对氮素不敏感的突变体ngr5，通过图位克隆和遗传互补验证获得了控制水稻氮响应的关键基因NGR5，其转录水平和蛋白表达均受氮素的诱导，进一步研究揭示了NGR5通过与PRC2复合体的亚基LC2蛋白互作共同调控水稻生长和氮素代谢的新机制。这些研究为“资源节约型”水稻分子设计育种提供了新思路和新基因资源。



图：提高水稻氮肥利用效率和产量的新基因。

## 重要成果

### 论著

- Xu, X., Wu, K., Xu, R., Yu, J., Wang, J., Zhao, Y., Wang, Y., Song, W., Wang, S., Gao, Z., Zhong, Y., Li, X., Liao, H. and Fu, X. (2019). Pyramiding of the *dep1-1* and *NAL1* (*NJ6*) alleles achieves sustainable improvements in nitrogen-use efficiency and grain yield in japonica rice breeding. *Journal Of Genetics and Genomics* 46 (6): 325-328.
- Zhong, Y., Yang, Y., Liu, P., Xu, R., Rensing, C., Fu, X. and Liao, H. (2019). Genotype and rhizobium inoculation modulate the assembly of soybean rhizobacterial communities. *Plant Cell and Environment* 42 (6): 2028-2044.
- Guo, X., Zhang, X., Qin, Y., Liu, Y., Zhang, J., Zhang, N., Wu, K., Qu, B., He, Z., Wang, X., Zhang, X., Hacquard, S., Fu, X. and Bai, Y. (2019). Host-Associated Quantitative Abundance Profiling Reveals the Microbial Load Variation of Root Microbiome. *Plant Communications*. Doi:10.1016/j.xplc.2019.100003.
- Chen, H., Yang, Y., Ye, Y., Tao, L., Fu, X., Liu, B. and Wu, Y. (2019). Differences in cadmium accumulation between indica and japonica rice cultivars in the reproductive stage. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 186: 109795.

### 专利

- WO 2019/158911 A1, METHODS OF INCREASING NUTRIENT USE EFFICIENCY, 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- WO 2019/038417 A1, METHODS FOR INCREASING GRAIN YIELD, 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 品种推广面积

中禾优1号.国审稻20180121.安徽.1.万亩.

## 员工简介

### 工作人员

高秀华 副研究员 刘学英 高级工程师  
王控锁 助理研究员 刘倩 副研究员

### 博士后

潘亚军 2014 吴允哲 2016 吴昆 2017  
余建平 2017 钟永嘉 2017 韩翔 2019  
徐昊 2019

### 硕博连读生

张建晴 2012 王静 2013 赵莹 2013  
宋文振 2014 王硕勋 2015 钟楠 2015  
李禹 2016 吴晓康 2016 李翔宇 2017  
吴晨晨 2018 杨林东 2018 张巧玲 2018

### 博士研究生

田丽娟 2014 王芸 2018

### 客座

刘慧 2016 新疆石河子大学  
童双 2019 南京农业大学  
周蔺毅 2019 浙江师范大学



## 植物基因组编辑

高彩霞，博士，研究员。1997年获中国农业大学博士学位。1997-1998年在丹麦DLF-Trifolium公司科研部做博士后。1998-2009年在丹麦DLF-Trifolium公司科研部任Research Scientist、课题组长。2010年入选中国科学院“技术百人计划”。2019年入选中组部第四批国家“万人计划”。2019年获中国科学院优秀导师奖。2019年被评为“高被引科学家”(Clarivate Analytics, 科睿唯安)。

研究方向：主要从事植物基因组编辑技术、生物安全新型育种技术以及基因组编辑定向设计分子育种等方面的研究，致力于推动基因组编辑在分子设计育种中的应用。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/gaocaixia>

### 重要成果

#### 论著

- Ji, X., Wang, D. and Gao, C. (2019). CRISPR-mediated antiviral immunity: a versatile source of resistance to combat plant virus infections. *Science China Life Sciences* 62(9): 1246-1249.
- Gao, C. (2019). Precision plant breeding using genome editing technologies. *Transgenic Research* 28(2): 53-55.
- Hickey, L. T., N. Hafeez, A. Robinson, H. Jackson, S. A. Leal-Bertioli, S. C. M. Tester, M. Gao, C. Godwin, I. D. Hayes, B. J. and Wulff, B. B. H. (2019). Breeding crops to feed 10 billion. *Nature Biotechnology* 37(7): 744-754.
- Zhang, R., Liu, J., Chai, Z., Chen, S., Bai, Y., Zong, Y., Chen, K., Li, J., Jiang, L. and Gao, C. (2019). Generation of herbicide tolerance traits and a new selectable marker in wheat using base editing. *Nature Plants* 5(5): 480-485.
- Jin, S., Zong, Y., Gao, Q., Zhu, Z., Wang, Y., Qin, P., Liang, C., Wang, D., Qiu, J.-L., Zhang, F. and Gao, C. (2019). Cytosine, but not adenine, base editors induce genome-wide off-target mutations in rice. *Science* 364(6437): 292.

#### 专利

- 201910915259.1, 除草剂抗性植物. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910923052.9, 除草剂抗性植物. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910862733.9, 除草剂抗性植物. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910767418.8, 一种碱基编辑系统及其使用方法. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910622652.1, 多功能基因组编辑系统及其用途. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910375061.9, 改进的基因编辑系统. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- PCT/CN2019/101697, 具有提高的糖含量的植物. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- PCT/CN2019/097398, 基于人APOBEC3脱氨酶的碱基编辑器及其用途. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

王延鹏 青年研究员  
陈坤玲 副研究员  
刘金星 高级工程师  
张瑞 助理研究员

#### 博士后

王升星 2018 邢思年 2018  
宗媛 2019

#### 硕博连读生

李停栋 2015 司小敏 2015  
靳帅 2016 薛彬销 2016  
柴壮壮 2017 林德行 2018  
祝皓诚 2018 孙超 2019  
李帛树 2019 陈沙 2017

#### 博士研究生

宋倩娜 2014 李超 2015  
林秋鹏 2016 柯芮 2019

#### 硕士研究生

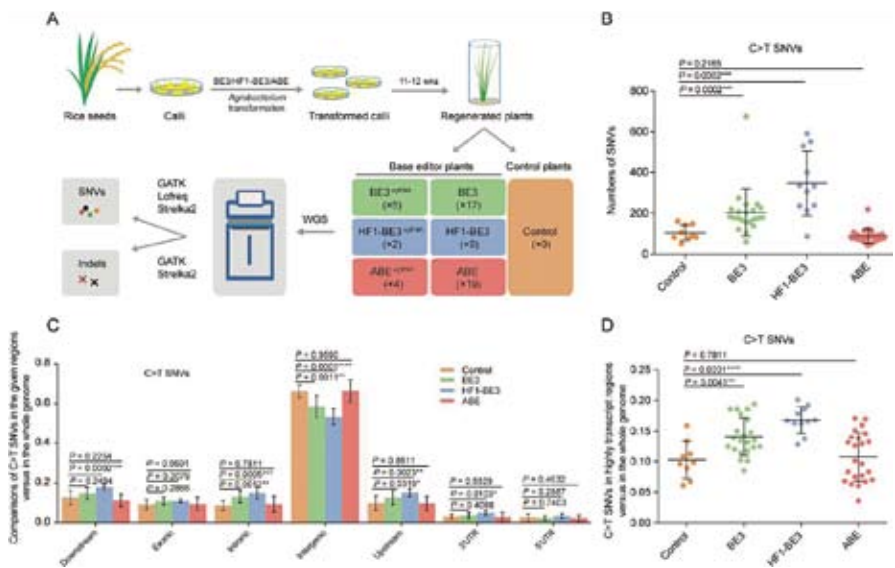
费宏源 2018 朱子旭 2018  
刘怡静 2019

#### 客座

范荣 2016 遗传所农业资源中心  
邱枫偶 2017 中科院大学生科院  
姚晓红 2018 遗传所农业资源中心

## BE3和HF1-BE3系统，而非ABE系统， 可在水稻全基因组水平引起脱靶效应

基因组编辑工具单碱基编辑系统CBE和ABE的开发，为遗传疾病治疗和植物性状改良提供了更为精准的碱基编辑工具，然而，CBE与ABE在体内全基因组范围的脱靶效应还未得到评估。本研究首次在体内利用全基因组测序技术全面分析和比较了单碱基编辑系统BE3，HF1-BE3和ABE在基因组水平上的脱靶效应。该研究表明，经过单碱基编辑系统处理后，基因组内的插入或删除突变的数量与对照组相比没有显著变化，但是BE3与HF1-BE3，无论是在有无sgRNA的情况下，均可在水稻基因组中造成大量的单核苷酸变异(SNVs)，大部分为C>T类型的碱基突变，且这些C>T变异呈现出在转录活跃区富集的趋势。此外，ABE系统表现出非常高的特异性。该研究表明指出BE3和HF1-BE3系统需要进一步优化提高其特异性。



图：全基因组水平分析单碱基编辑系统的脱靶效应。(A)实验流程与设计。(B)比较BE3、HF1-BE3和ABE系统在全基因组范围内产生的C>T SNVs的个数。(C)BE3、HF1-BE3和ABE系统在基因组内各个功能区域内C>T SNVs占总C>T SNVs的比例。(D)比较BE3、HF1-BE3和ABE系统在高转录区内C>T SNVs占总C>T SNVs的比例。

# 植物染色体生物学

韩方普，博士，研究员。1998年获东北师范大学遗传与细胞研究所博士学位。1998-2008年先后在以色列Weizmann研究所、加拿大农业部和美国University of Missouri-Columbia做博士后。2009年入选中国科学院“百人计划”。

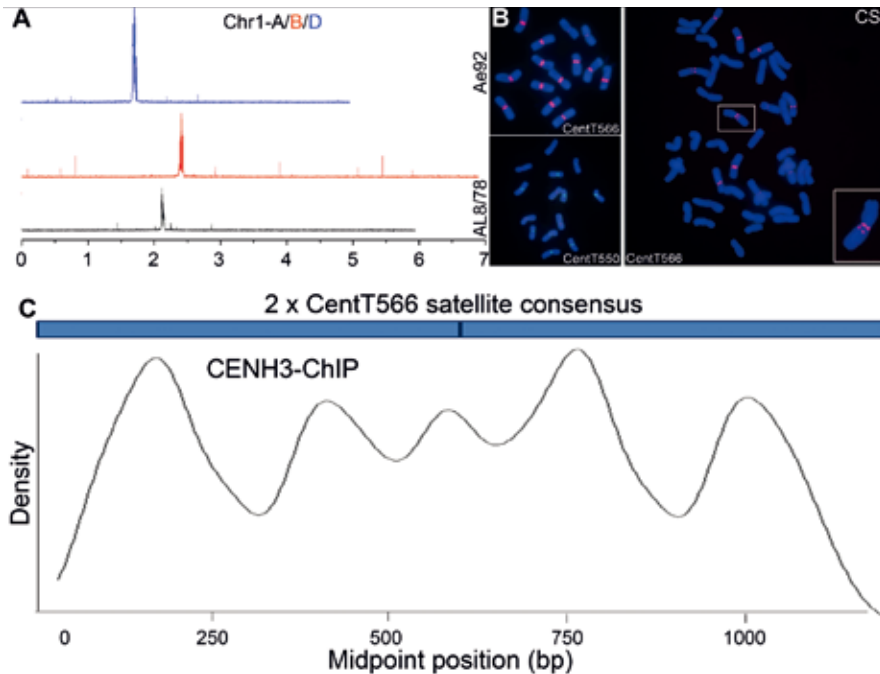
研究方向：小麦和玉米功能基因组及植物人工染色体研究。研究内容包括小麦染色体工程和多倍体基因组进化，植物着丝粒的结构和功能，植物细胞减数分裂，植物人工染色体和植物基因定点突变及定向重组。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/hanfangpu>



## 异源六倍体小麦着丝粒组成及进化研究

小麦是研究染色体着丝粒进化的模式材料。初步确定其着丝粒大小和位置(图A)。小麦中发现两类着丝粒特异的串联重复序列，和CENH3核小体结合，分别在其二倍体供体B和D亚基因组着丝粒富集(图B)。与二倍体供体着丝粒satellite序列的信号强度相比，普通小麦其FISH信号明显减弱，甚至丢失(图B)。其序列单元大小超过500-bp，包含多个特定的CENH3结合位点(图C)。进化树表明在不同亚基因组间发生分化，更同质的串联重复序列保持和CENH3核小体的结合，在小麦多倍化过程中，着丝粒satellite序列在亚基因组上遗传多样性明显增加。异源六倍体小麦着丝粒在不同亚基因组间的不对称性可能参与小麦减数分裂过程同源染色体配对，促使多倍体小麦稳定。



图：小麦着丝粒串联重复序列在不同亚基因组之间的分布。(A) 中国春小麦第一同源群染色体着丝粒CENH3核小体定位。(B) 不同小麦品系中着丝粒特异串联重复序列的验证。(C) CENH3核小体在着丝粒串联重复序列特定位点上的相位分布。

## 重要成果

### 论著

- Su, H., Liu, Y., Liu, C., Shi, Q., Huang, Y. and Han, F. (2019). Centromere satellite repeats have undergone rapid changes in polyploid wheat subgenomes. *The Plant Cell* 31(9): 2035-2051.
- Feng, C., Yuan, J., Bai, H., Liu, Y., Su, H., Liu, Y., Shi, L., Gao, Z., Birchler, J. A. and Han, F. (2019). The deposition of CENH3 in maize is stringently regulated. *Plant Journal*. Doi: 10.1111/tpj.14606.
- Wang, J., Shi, Q., Guo, X. and Han, F. (2019). Establishment and characterization of a complete set of *Triticum Durum-Thinopyrum elongatum* monosomic addition lines with resistance to wheat fusarium head blight. *Journal of Genetics and Genomics*. Doi: 10.1016/j.jgg.2019.09.006.

## 员工简介

### 工作人员

- 袁 静 副研究员  
张 晶 助理研究员

### 博士后

- 石庆华 2019 苏汉东 2019

### 硕博连读生

- 刘 阳 2014 柏 晗 2016  
黄宇虹 2016 孙翼双 2016  
王春挥 2018

### 博士研究生

- 郭宪瑞 2015 刘 畅 2017  
刘 倩 2018



## 植物生物技术

胡赞民，博士，研究员。1985年获河南师范大学生物系学士学位；1988年获哈尔滨师范大学硕士学位；1988-1992年在哈尔滨医科大学任助教和讲师；1995年获北京大学博士学位。1995-2000年先后在中国科学院遗传研究所和美国农业部牧草实验室(犹它州立大学)做博士后。

研究方向：油菜产量及品质改良；利用小球藻及枯草芽孢杆菌作为生物反应器生产多肽和脂肽等代谢产物的基础及应用研究；植物染色体重复序列及染色体工程研究。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/huzanmin>

### 重要成果

#### 论著

Fan, C., Wu, J., Xu, L., Bai, L., Yang, H., Yan, C., Wu, Q., Chen, Y. and Hu, Z. (2019). A mutated rabbit defensin NP-1 produced by *Chlorella ellipsoidea* can improve the growth performance of broiler chickens. *Scientific Reports* 9(1): 12778.

#### 专利

- 2019107336590, 提高豆科植物脂肪酸含量在促进其根瘤形成中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 2019110186654, 植物PHL2基因在调控植物种子大小, 干重和脂肪酸积累中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 2019110186349, 植物PHL3基因在调控植物种子大小, 干重和脂肪酸积累中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 博士后

柳霖坡 2016

#### 博士研究生

殷祥贞 2014 颜娜 2015  
 王瑛 2016 郭徐鹏 2017  
 李双双 2018 惠伟 2019

#### 硕士研究生

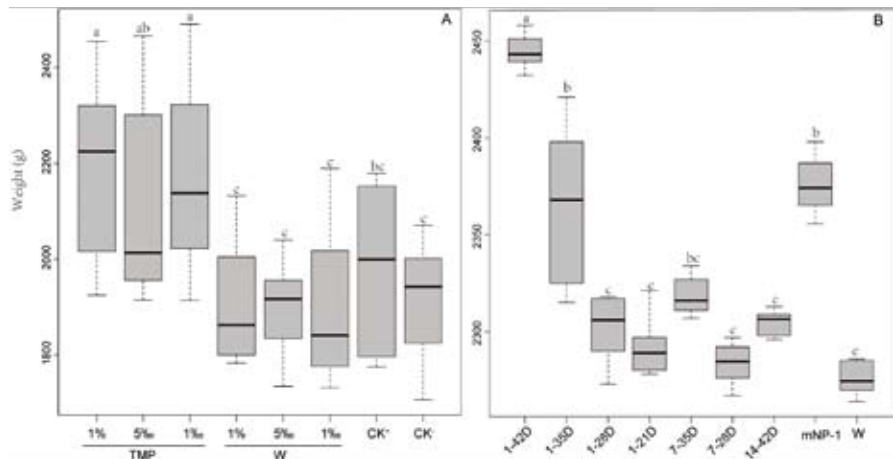
孙宝成 2016 曾明白 2018  
 朱一航 2018

#### 客座

郭希慧 2019 江西农业大学  
 韦灯会 2019 云南农业大学

## 利用椭圆小球藻规模化制备的兔防御素突变体 (mNP-1) 可促进肉鸡的生长

人们对替代抗生素在食用动物生产中的促生长作用的需求日益增长。防御素是人和动物病原菌防御体系的第一道屏障。在我们前期获得转mNP-1椭圆小球藻的基础上，本研究实现了转基因藻株的工业化制备，并将其作为抗生素的替代品用于改善肉鸡的健康及生长性能。在10,000 L发酵罐中我们可以获得100 g/L的干藻粉，且mNP-1的含量为90-105 mg/L。以0.1%的添加剂量作为最佳有效剂量，可使肉鸡增重9.27-12.95%。我们发现mNP-1可改善肉鸡十二指肠的形态，使其变细变长；同时它可以提高肠道中益生菌的丰度及多样性。该研究结果表明：由转基因小球藻规模化生产的mNP-1可作为饲料添加剂替代抗生素提高食用动物健康水平及生产性能。



图：mNP-1对肉鸡促生长效果。A，不同的添加剂量对肉鸡增重的影响；B，不同的添加方式对肉鸡生长的影响。TMP，基础饲料+转mNP-1的干藻粉；W，基础饲料+野生干藻粉；CK<sup>+</sup>，基础饲料+维吉尼霉素 (15 mg/kg)；CK<sup>-</sup>，基础饲料；mNP-1，纯化的粗蛋白；1-42D、1-35D、1-28D、1-21D，分别为添加转基因藻粉从第1天饲喂至42、35、28、21天；7-35D、7-28D，分别为添加转基因藻粉从第7天饲喂至35、28、21天；14-21D，分别为添加转基因藻粉从第14天饲喂至21天。柱形图上字母表示不同组间差异显著性。

## 植物种子和器官大小调控机制

李云海，博士，研究员。1996年获河南大学学士学位；1999年获中国农业科学院硕士学位；2003年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2003-2008年在英国John Innes Centre博士后。2008年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。2015年获得国家自然科学基金委“国家杰出青年科学基金”。

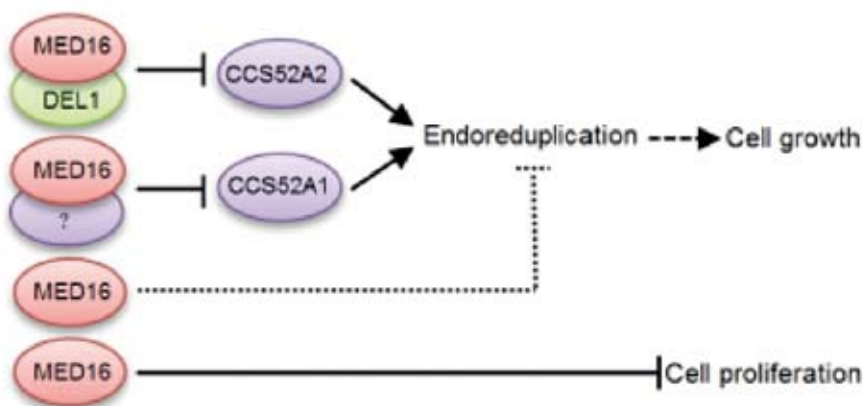
研究方向：阐明控制种子和器官最终大小的分子机制，并探讨通过遗传改良提高作物种子产量和生物量的方法。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/liyunhai>



### 核内复制调控细胞及器官大小的新机制

细胞分裂和分化协同调控了植物器官的生长。在细胞分化过程中常常伴随着细胞核内复制的发生。核内复制普遍存在于动植物中，对细胞分化、生长和器官大小具有重要调节作用，但其调节机制目前尚不是很清楚。我们团队在筛选*da1-1*增强子中发现*eod9-1*突变体。基因克隆发现，*EOD9*编码中介复合体亚基MED16蛋白。*eod9-1*与*med16-2*突变体均表现大叶、大花和大花序的表型。*med16-2*叶片与花瓣细胞显著增大，叶片与花瓣细胞的细胞核内DNA倍性显著增加，表明MED16为核内复制、细胞大小和器官大小的负调控因子。MED16与转录抑制因子DEL1直接互作，DEL1可以介导*CCS52A2*的表达，从而影响细胞核内复制。因此，我们的研究揭示了核内复制调控细胞及器官大小的新机制 (*The Plant Cell*. 2019, 31(8): 1899-1912)。



图：MED16的工作模型。

### 重要成果

#### 论著

- Liu, Z., Chen, G., Gao, F., Xu, R., Li, N., Zhang, Y. and Li, Y. (2019). Transcriptional repression of the APC/C activator genes *CCS52A1/A2* by the mediator complex subunit MED16 controls endoreduplication and cell growth in *Arabidopsis*. *The Plant Cell* 31(8): 1899-1912.
- Li, N., Xu, R. and Li, Y. (2019). Molecular networks of seed size control in plants. *Annual Review of Plant Biology* 70: 435-463.
- Xu, R., Li, N. and Li, Y. (2019). Control of grain size by G protein signaling in rice. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(5): 533-540.

#### 专利

- PC930533WO, Methods of improving seed size and quality. 中国科学院遗传与发育生物学研究所。

### 员工简介

#### 工作人员

- 张保兰 工程师  
段朋根 副研究员  
张丽敏 助理研究员

#### 博士后

- 郝建琴 2014 孔凡娜 2017  
刘亚培 2019

#### 硕博连读生

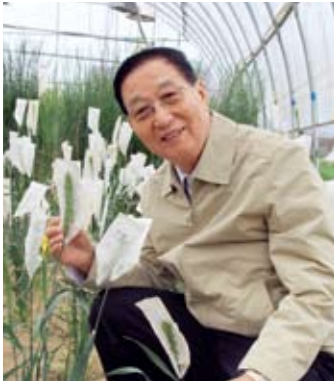
- 黄洛将 2014 黄科 2015  
江珊 2015 李英洁 2015  
张国政 2016 于海跃 2017  
焦文洁 2018 张浩 2018  
崔桂彩 2019

#### 博士研究生

- 刘祖培 2016 严莉 2018

#### 客座

- 吴伦英 2011 海南大学  
管柳容 2017 海南大学  
李静 2017 中科院大学  
邳瑞雪 2017 天津师范大学



## 小麦遗传育种

李振声，研究员。中国科学院院士，第三世界科学院院士。1951年毕业于山东农学院农学系，曾任中国科学院西北植物研究所所长、中国科学院西安分院与陕西省科学院院长、中国科学院副院长。曾获1985年国家科技发明一等奖、陈嘉庚农业科技奖、何梁何利农业科学奖、中华农业英才奖、国家最高科学技术奖，中国种业十大功勋人物、国际作物学会“杰出作物学家奖”。

研究方向：利用小麦远缘杂交、染色体工程、分子标记等技术手段创制育种材料，进行小麦耐盐与高光效育种研究。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/lizhensheng>

### 重要成果

#### 论著

- Luo, Q., Teng, W., Fang, S., Li, H., Li, B., Chu, J., Li, Z. and Zheng, Q. (2019). Transcriptome analysis of salt-stress response in three seedling tissues of common wheat. *The Crop Journal* 7(3): 378-392.
- Li, W., Liu, Y., Liu, M., Zheng, Q., Li, B., Li, Z. and Li, H. (2019). Sugar accumulation is associated with leaf senescence induced by long-term high light in wheat. *Plant Science* 287: 110169.
- Liu, Y., Xu, Q., Li, W., Yang, X., Zheng, Q., Li, B., Li, Z. and Li, H. (2019). Long-term high light stress induces leaf senescence in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Photosynthetica* 57(3): 830-840.
- Li, H., Boshoff, W. H. P., Pretorius, Z. A., Zheng, Q., Li, B. and Li, Z. (2019). Establishment of wheat-*Thinopyrum ponticum* translocation lines with resistance to *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* Ug99. *Journal of Genetics and Genomics* 46(8): 405-407.

#### 专利

- 201910643027.5, 与盐胁迫条件下小麦粒重相关的KASP标记及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910886056.4, 与低盐条件下小麦穗长相关的KASP标记及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

郑琪 副研究员  
李宏伟 副研究员

#### 博士后

胡盼 2016 罗巧玲 2019

#### 博士研究生

杨国堂 2018

#### 返聘人员

凌义清 2011 李滨 2013  
张秀梅 2013 赵松山 2019

#### 劳务派遣

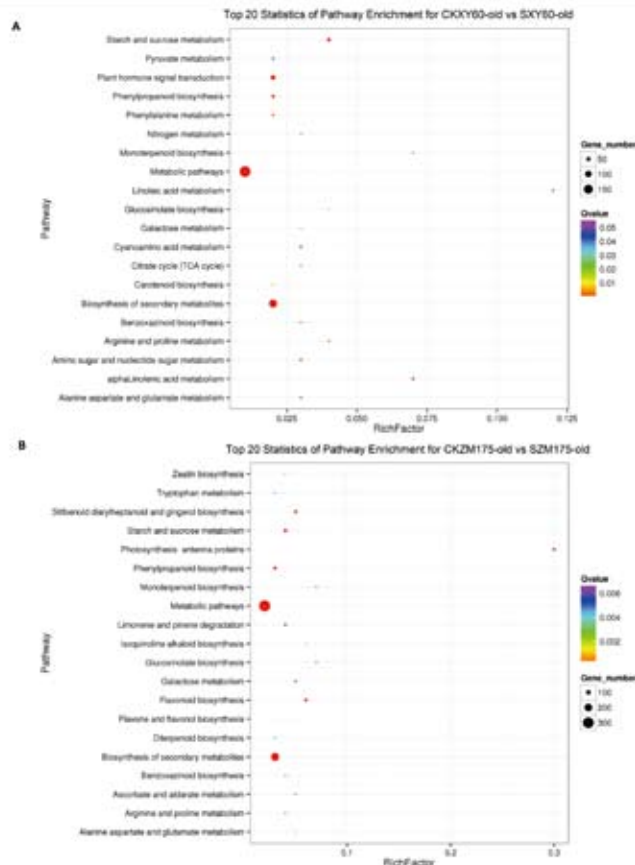
梁利群 2010 贺连丽 2011  
张艳艳 2016 刘树双 2019

#### 客座

刘方方 2017 淮北师范大学  
刘亚男 2017 河南师范大学  
刘苗苗 2018 河南师范大学  
汪文佳 2018 淮北师范大学  
应园 2018 江西农业大学  
佟春燕 2018 内蒙古师范大学  
冯航 2019 广西医科大学  
特日根 2019 内蒙古师范大学

### 普通小麦苗期3个组织对盐胁迫响应的转录组分析

本研究对耐盐品种小偃60和高产品种中麦175在对照和盐处理条件下的3个组织部位进行了转录组分析。盐处理后，小偃60的新叶、老叶和根组织中分别检测到了703、979和1197个差异表达基因；而中麦175中分别检测到613、1401和1301个差异表达基因。小偃60新叶和老叶组织中最显著富集的GO条目和KEGG代谢通路均与不饱和脂肪酸代谢相关；但是，中麦175中最显著富集的则与光合作用和能量代谢相关。此外，尽管盐胁迫后两个品种中茉莉酸的含量均显著升高，但小偃60中的含量仍高于中麦175。利用qRT-PCR分析发现，茉莉酸合成及其信号通路中的相关基因AOS、MYC2和JAZ在盐处理与对照之间的相对表达水平上调或下调的趋势与RNA-Seq的结果相一致。本结果表明不饱和脂肪酸可能通过增强光合系统和茉莉酸相关的通路来提高小麦的耐盐性。



图：抗Ug99小麦易位系的抗病反应、细胞学鉴定及田间表现。

# 植物营养分子生物学和小麦基因组学

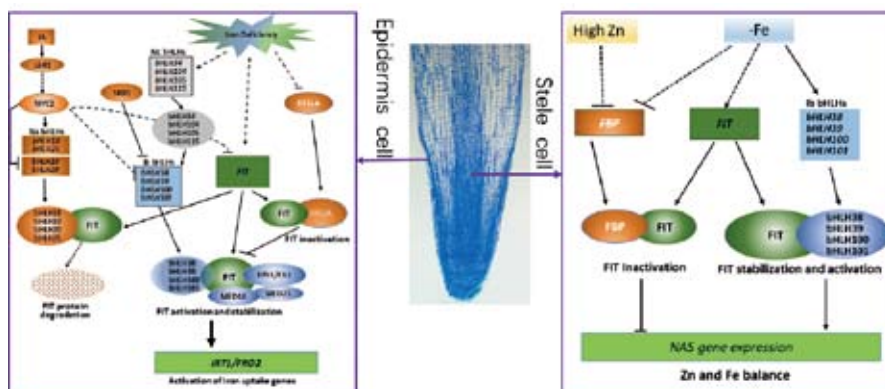
凌宏清，博士，研究员，植物细胞与染色体工程国家重点实验室主任。1982年获四川农学院（现四川农业大学）农学学士学位；1988年、1993年先后获德国Christian-Albrechts大学硕士学位和博士学位，同年进入德国植物遗传与栽培作物研究所做博士后。1998年就职于瑞士苏黎世大学植物生物学研究所。2000年入选中国科学院“百人计划”。2002年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：植物营养分子生物学和小麦基因组学。在植物营养分子生物学方面，以拟南芥和番茄为材料开展磷和铁高效吸收的分子机制研究；在小麦基因组学方面，主要开展二倍体乌拉尔图小麦和普通小麦的基因组结构解析和比较基因组学分析。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/linghongqing>

## FIT结合蛋白及其在调节铁吸收和体内平衡中的作用

铁是植物生长发育中的一种必需微量元素，过少和过多铁都会影响植物的正常生长，因此铁的吸收、分配和细胞内的动态平衡都受到了严格的调控。FIT是调控铁吸收和保持体内平衡的关键调控因子。近几年来本课题组围绕FIT蛋白，先后鉴定和克隆出了十个FIT互作蛋白基因 (*bHLH38/39/100/101*, *bHLH18/19/20/25*, *MED16*, *FBP*)，并揭示它们参与调控铁吸收、转运和细胞内离子平衡等的分子机制。结合其他实验室的研究结果，我们系统地总结了FIT及互作蛋白间的调控关系和网络。在根表皮细胞中，在低铁条件下FIT与正向调节因子FRO2和*IRT1*的表达，而DELLA、ZAT12和NAS1、*NAS2*和*NAS4*的表达，维持其体内铁锌离子的平衡。



图：铁缺乏时拟南芥根表皮细胞（左侧）和中柱细胞（右侧）中FIT结合蛋白的铁稳态调控网络。



## 重要成果

### 论著

- Rodríguez-Celma, J., Connorton, J. M., Kruse, I., Green, R. T., Franceschetti, M., Chen, Y., Cui, Y., Ling, H., Yeh, K. and Balk, J. (2019). *Arabidopsis* BRUTUS-LIKE E3 ligases negatively regulate iron uptake by targeting transcription factor FIT for recycling. *Proceedings of the National Academy of Sciences*: 201907971.
- Wu, H. and Ling, H. Q. (2019). FIT-binding proteins and their functions in the regulation of Fe homeostasis. *Frontiers in Plant Science* 10: 844.
- Zhang, L., Hu, B., Deng, K., Gao, X., Sun, G., Zhang, Z., Li, P., Wang, W., Li, H., Zhang, Z., Fu, Z., Yang, J., Gao, S., Li, L., Yu, F., Li, Y., Ling, H. and Chu, C. (2019). *NRT1.7B* improves selenium concentrations in rice grains by facilitating selenomethionine translocation. *Plant Biotechnology Journal* 17(6): 1058-1068.
- 史晓黎, 何伊琳, 凌宏清 (2019). 小麦*A*基因组测序与进化研究进展. *遗传* (09): 836-844.

## 员工简介

### 工作人员

- 周文娟 高级工程师  
吴慧兰 副研究员  
郑树松 副研究员  
史晓黎 助理研究员

### 硕博连读生

- 谷梦君 2014 崔曼 2015  
田水泉 2016

### 博士研究生

- Muhammad Kashif Naeem 2015  
牛建青 2015 司要奇 2016

### 硕士研究生

- 陈钰堂 2015 何伊琳 2017  
刘小琳 2018

### 客座

- 陆乔 2018 科学院大学  
黄耀星 2019 北京农学院  
肖媛 2019 北京农学院  
袁帅 2019 四川大学  
张桂源 2019 北京农学院



## 光合作用复合体结构与功能研究

刘翠敏，博士，研究员。2006年获德国弗莱堡大学博士学位。2006-2010年在德国马普生物化学所细胞生物化学部做博士后。2011年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：研究碳同化途径中关键蛋白Rubisco生物合成、结构与功能，解析Rubisco折叠组装机制。叶绿体分子伴侣Cpn60的组成与功能调控，解析其管家功能与调控胁迫响应的功能。碳同化循环中酶活性、功能研究，研究光合相关蛋白(酶)提升植物光合效率的协同效应和作用机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/liucuimin>

### 重要成果

#### 论著

Zhao, Q., Zhang, X., Sommer, F., Ta, N., Wang, N., Schroda, M., Cong, Y. and Liu, C. (2019). Hetero-oligomeric CPN60 resembles highly symmetric group-I chaperonin structure revealed by Cryo-EM. *The Plant Journal* 98(5): 798-812.

#### 专利

2019111084916.9, 大肠杆菌分子伴侣GroEL/ES在协助合成植物Rubisco中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

201911084755.3, 一种多基因共表达成套载体及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

高飞 助理研究员  
刘小强 副研究员  
张文娟 助理研究员

#### 硕博连读生

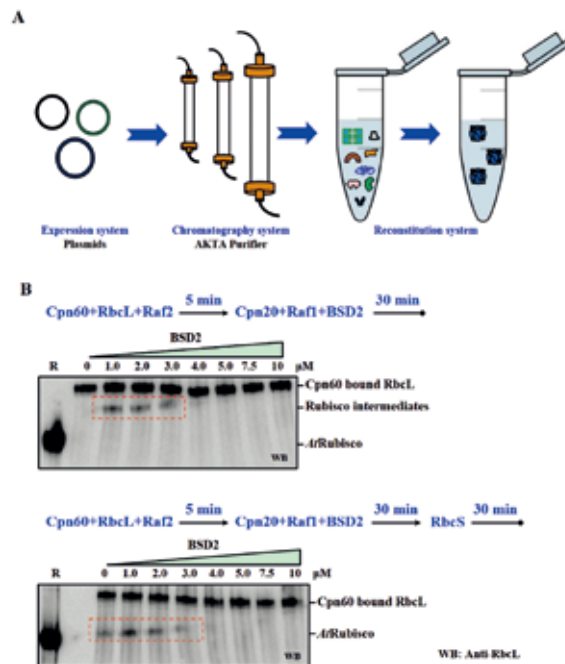
塔娜 2015 黄金兰 2016  
张慧君 2016 邵瑞琪 2017  
王冉 2018

#### 博士研究生

胡丽霞 2014 宋辉 2015  
王宁 2016 安向向 2017

## 真核Rubisco的生物合成

光合作用是地球上生物质能量和O<sub>2</sub>的主要来源，而核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(Rubisco)介导的CO<sub>2</sub>固定是该过程中最关键的限速酶。因此，长期以来Rubisco一直是改善和提高粮食作物产量最为突出的生物靶点之一。在真核生物体内(植物、藻类)，Rubisco是由八个大亚基(RbcL)和八个小亚基(RbcS)组成的复合物，其全酶的合成分为折叠和组装两个阶段。大亚基的折叠严格依赖于分子伴侣素系统，而全酶的组装严格依赖于多种组装因子的参与。这种复杂的折叠和组装机制，限制了Rubisco的重组表达和高通量的突变分析，阻碍rubisco的改良。因此，本研究的首要目标是解析真核Rubisco折叠和组装的机制。我们成功表达和纯化了拟南芥Rubisco(AtRubisco)体外重构所需的所有蛋白组分，生化实验证实了分子伴侣素Cpn60-Cpn20系统正确识别和折叠底物AtRbcL。更为重要的是，我们重构实验首次实现了AtRubisco的体外合成，这将为筛选和改良Rubisco提供理论基础。



图：(A) AtRubisco的体外重构的流程。(B) AtRubisco的体外重构的检测。红色虚线框为成功组装的阳性的AtRubisco以及组装中间体。

# 小麦基因组与遗传育种

刘志勇, 博士, 研究员。1999年获中国农业大学博士学位。1999-2004年先后在瑞士苏黎世联邦理工学院、美国夏威夷农业研究中心做博士后。2004-2016年加入中国农业大学, 获得2004年度“国家杰出青年科学基金”。2016年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向: 利用遗传学和基因组学手段解析小麦抗病性和重要农艺性状形成的遗传学基础, 发掘小麦野生种、地方品种和育成品种中的优异基因及其等位变异, 进行面向小麦主产区的种质创新和新品种培育。

实验室主页: <http://liulab.genetics.ac.cn>



## 小麦抗白粉病基因Pm24图位克隆和单倍型变异研究

白粉病是严重影响小麦产量的重要病害, 克隆和利用地方品种中的抗白粉病基因, 对小麦遗传改良具有重要意义。对来源于中国小麦地方品种葫芦头中的抗白粉病基因Pm24进行了克隆, 将抗白粉病基因锚定在532kb的区间, 通过转基因和EMS突变体分析, 证明候选区间的WTK3 (wheat tandem kinase) 基因为抗白粉病基因Pm24。单倍型分析表明, Pm24与其等位基因差异为第5个外显子上的6bp缺失, 6bp缺失赋予了WTK3基因抗白粉病功能。构建WTK3的变体过表达载体WTK3#1 (编码的蛋白缺失第400位的Lys), WTK3#2 (编码的蛋白缺失第401位的Gly), WTK3#3 (编码的蛋白缺失Lys399-Lys400-Gly401-Trp402) 进行遗传转化, 对其T1代植株进行白粉病抗病性鉴定, 结果为WTK3#1、WTK3#2和WTK3#3的T1代阳性植株均高感白粉病。该研究表明Pm24基因上的6bp缺失为稀有的自然变异, 该变异赋予了其广谱抗白粉病功能。目前, 通过筛选抗病亲本葫芦头的酵母文库, 已筛选到WTK3的互作蛋白, 目前正对其进行功能验证。

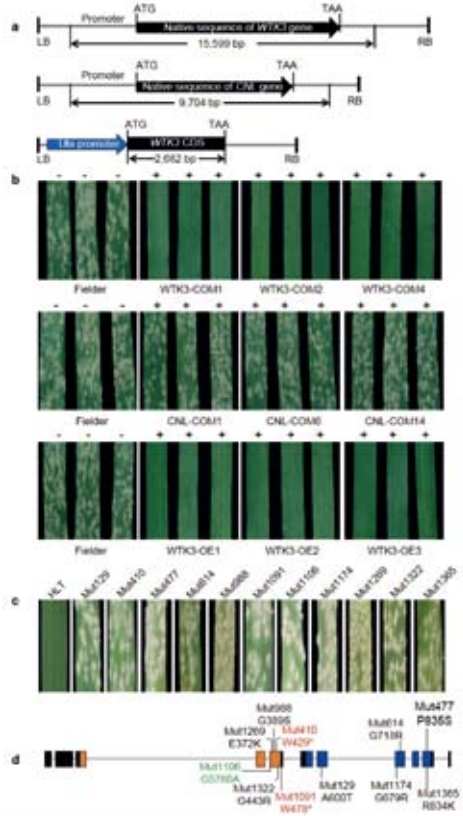


图: 转基因植株及EMS突变体验证Pm24的功能。

## 重要成果

### 论著

- Yang, J., Zhou, Y., Wu, Q., Chen, Y., Zhang, P., Zhang, Y., Hu, W., Wang, X., Zhao, H., Dong, L., Han, J., Liu, Z. and Cao, T. (2019). Molecular characterization of a novel TaGL3-5A allele and its association with grain length in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 132(6): 1799-1814.
- Zhang, D., Zhu, K., Dong, L., Liang, Y., Li, G., Fang, T., Guo, G., Wu, Q., Xie, J., Yongxing, C., Lu, P., Li, M., Zhang, H., Wang, Z., Zhang, Y., Sun, Q. and Liu, Z. (2019). Wheat powdery mildew resistance gene *Pm64* derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*) is tightly linked in repulsion with stripe rust resistance gene *Y5*. *The Crop Journal*. Doi: 10.1016/j.cj.2019.03.003.
- Hu, J., Li, J., Wu, P., Li, Y., Qiu, D., Qu, Y., Xie, J., Zhang, H., Yang, L., Fu, T. T., Yu, Y., Li, M., Liu, H., Zhu, T., Zhou, Y., Liu, Z. and Li, H. (2019). development of snp, kasp, and sssr markers by bsr-seq technology for saturation of genetic linkage map and efficient detection of wheat Powdery Mildew Resistance Gene *Markers Pm61*. *International Journal of Molecular Sciences* 20:750.
- Wu, P., Hu, J., Zou, J., Qiu, D., Qu, Y., Li, Y., Li, T., Zhang, H., Yang, L., Liu, H., Zhou, Y., Zhang, Z., Li, J., Liu, Z. and Li, H. (2019). Fine mapping of the wheat powdery mildew resistance gene *Pm52* using comparative genomics analysis and the Chinese Spring reference genomic sequence. *Theoretical and Applied Genetics* 132(5): 1451-1461.

### 专利

- 201910885906.9, 抗BSMV相关蛋白Bsr1及其编码基因和应用。刘志勇, 吴秋红, 崔钰, 王国鑫, 陈永兴, 张盼盼, 郭广昊, 张怀志, 陆平, 李淼淼, 董玲丽。
- 201910602364.X, 小麦抗白粉病相关基因Pm41的功能型分子标记及其应用。刘志勇, 李淼淼, 王振忠, 李贝贝, 董玲丽, 陆平, 吴秋红, 陈永兴。
- 201910212575.2, 抗白粉病相关蛋白Pm41及其编码基因和应用。刘志勇, 李淼淼, 王振忠, 李贝贝, 董玲丽, 陆平, 吴秋红, 陈永兴。
- 201910467997.4, 抗白粉病相关蛋白Pm24及其编码基因和应用。刘志勇, 陆平, 王振忠。
- 201910206693.2, 一种与小麦白粉病抗病基因Pm5e共分离的SNP及其应用。刘志勇, 郭广昊, 谢青忠, 王勇, 吴秋红, 陆平, 陈永兴, 董玲丽。
- 201910174567.3, 植物白粉病抗性相关蛋白Pm5e及其编码基因和应用。刘志勇, 郭广昊, 谢青忠, 王勇, 吴秋红, 陆平, 陈永兴, 董玲丽。

### 工作人员

- 卫波 助理研究员  
董玲丽 副研究员  
陈永兴 助理工程师  
陆平 助理研究员  
吴秋红 助理研究员

### 博士后

- 吴秋红 2015 谢青忠 2016 李淼淼 2018

### 硕博连读生

- 张盼盼 2015 朱科宇 2016 李贝贝 2017  
李雯玲 2018

### 博士研究生

- 郭广昊 2017 张怀志 2017 陈永兴 2019

### 硕士研究生

- 杨翼骏 2019

### 返聘人员

- 张相歧 2018 李亚军 2019



## 植物数量遗传学和统计基因组学研究

鲁非, 博士, 研究员。长期从事植物数量遗传学、基因组学研究。2010年获得中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2010年至2014年在康奈尔大学从事博士后研究, 2014年至2017年在康奈尔大学任研究助理。2017年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所, 同时兼任中国科学院英国约翰英纳斯联合研究中心研究员。

研究方向: 以小麦和玉米为研究对象, 通过数量遗传学和统计基因组方法理解植物复杂性状 (例如产量, 杂种优势和耐旱性等) 的遗传机制。同时我们致力于开发新的基因组选择方法和系统, 并结合基因组编辑技术, 以加速育种进程。

实验室主页: <http://plantgeneticslab.weebly.com>

### 重要成果

#### 论著

Zhang, C., Wang, P., Tang, D., Yang, Z., Lu, F., Qi, J., Tawari, N. R., Shang, Y., Li, C. and Huang, S. (2019). The genetic basis of inbreeding depression in potato. *Nature Genetics* 51(3): 374-378.

Chen, H., Jiao, C., Wang, Y., Wang, Y., Tian, C., Yu, H., Wang, J., Wang, X., Lu, F., Fu, X., Xue, Y., Jiang, W., Ling, H., Lu, H. and Jiao, Y. (2019). Comparative population genomics of bread wheat (*Triticum aestivum*) reveals its cultivation and breeding history in China. *BioRxiv*. Doi: 10.1101/519587.

Kremling, K. A. G., Chen, S., Su, M., Lepak, N. K., Romay, M. C., Swarts, K. L., Lu, F., Lorant, A., Bradbury, P. J. and Buckler, E. S. (2018). Dysregulation of expression correlates with rare-allele burden and fitness loss in maize. *Nature* 555(7697): 520-523.

Springer, N. M., Anderson, S. N., Andorf, C. M., Ahern, K. R., ... Xiong, W. and Brutnell, T. P. (2018). The maize W22 genome provides a foundation for functional genomics and transposon biology. *Nature Genetics* 50(9): 1282-1288.

### 员工简介

#### 工作人员

王 静 工程师

尹长斌 助理研究员

#### 博士后

周 姚 2018

#### 硕博连读生

赵学博 2016 郭雅菲 2018

康李鹏 2018 徐 俊 2018

杨晓寒 2019 张吉瑾 2019

#### 博士研究生

毕傲月 2017 许达兴 2018

张治梁 2019

#### 硕士研究生

张 铭 2018

#### 劳务派遣

赵瑞红 2017

### 基因渗入: 小麦群体测序揭示小麦的适应性过程

小麦是重要的粮食作物之一, 经历了复杂的杂交, 异源多倍化, 驯化和遗传改良过程。小麦在约10,000年内将其栖息地从新月沃土扩展到了全球。这种进化成功的遗传机制尚不清楚。通过对小麦属和粗山羊草属的25个亚种进行全基因组测序, 构建了全基因组小麦遗传变异图谱。我们得出栽培二粒小麦是单起源的而且裸粒四倍体小麦是现代六倍体小麦的直接供体; 同时, 我们发现面包小麦基因组中有13%~36%是外来基因的渗入, 这极大地增加了面包小麦的遗传多样性, 使其在世界范围内具有不同的适应性。这些结果表明了小麦作为全球作物的遗传必要性, 并有助于小麦遗传和育种研究。

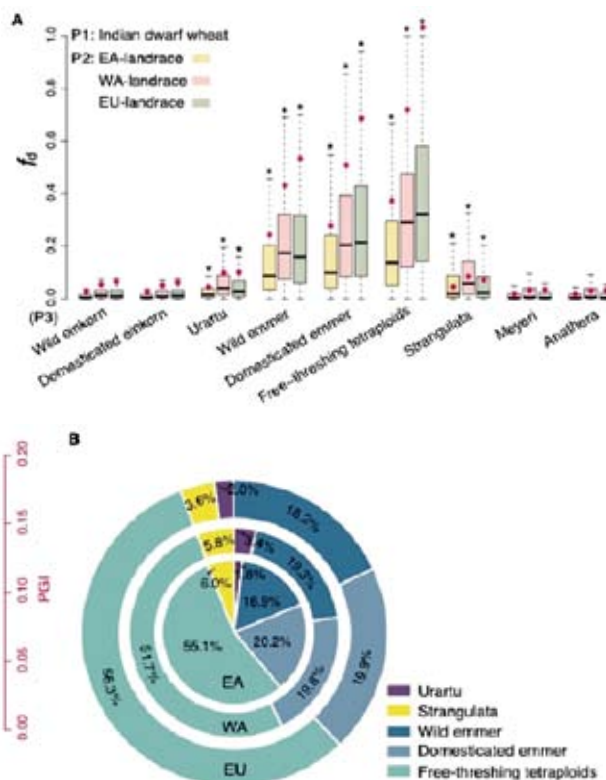


图: 小麦基因渗入分析。(A) 印度圆粒作为P1的条件下, 小麦属其他亚种向普通小麦的基因渗入情况。星号表示特定供体的基因流( $f_d$ )明显高于野生一粒向普通小麦基因渗入的基因流( $P < 0.01$ )。(B) 不同供体向普通小麦基因渗入的相对比例。内层、中层和外层是来自东亚、西亚和欧洲普通小麦。

# 分子植物与病原菌互作

沈前华，博士，研究员。2004年获德国马普植物育种研究所博士学位。2004-2008年在德国马普植物育种研究所做博士后。2008年入选中国科学院“百人计划”。

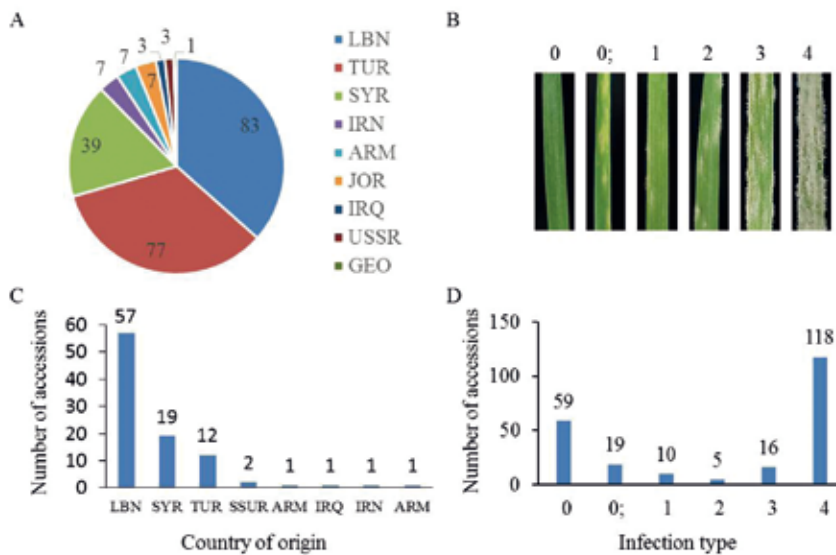
研究方向：植物NLR免疫受体抗病机制。植物与病原真菌互作的跨界信号及其调控机制。麦类作物抗病遗传及抗病基因克隆。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/shenqianhua>



## 乌拉尔图小麦白粉病抗性分析及*Pm60*抗病位点的分子标记筛选

野生二倍体乌拉尔图小麦是普通小麦A基因组的供体，是用于提高小麦白粉病抗性的重要遗传资源。通过荧光染色和显微观察，我们系统地研究了抗、感乌拉尔图小麦和白粉菌生理小种E09之间的互作，描述了白粉菌的发育过程。对收集的227份乌拉尔图小麦进行了白粉菌抗性的鉴定，筛选出93份抗性材料，发现其中一些材料具有不同于以前报道的抗性级别。*Pm60*是乌拉尔图小麦中编码CC-NB-LRR结构的抗白粉病基因位点，已报道它至少具有三种等位基因形式*Pm60*、*Pm60a*和*Pm60b*。我们通过分子标记筛选到一个新的等位基因形式*Pm60a'*。测序结果表明该基因序列与*Pm60a*相比有58个SNP差异和一个3个核苷酸的缺失，可能是导致*Pm60a'*抗病功能丧失的原因。根据序列差异，我们开发了两个特异性的分子标记，能够区分*Pm60a'*和*Pm60a*，同时也可以区分*Pm60a*、*Pm60*和*Pm60b*。本研究揭示了乌拉尔图小麦*Pm60*位点的新的等位变异和功能，筛选了新的抗病材料，两个新的分子标记可用于乌拉尔图小麦*Pm60*抗病位点的鉴定和小麦分子标记辅助育种。



图：乌拉尔图材料的来源及白粉病接菌表型。

## 重要成果

### 论著

- Xing, J., Li, X., Wang, X., Lv, X., Wang, L., Zhang, L., Zhu, Y., Shen, Q., Baluska, F., Samaj, J. and Lin, J. (2019). Secretion of phospholipase D  $\delta$  functions as a regulatory mechanism in plant innate immunity. *The Plant Cell*. Doi: 10.1105/tpc.19.00534.
- Zheng, H., Dong, L., Han, X., Jin, H., Yin, C., Han, Y., Li, B., Qin, H., Zhang, J., Shen, Q., Zhang, K. and Wang, D. (2019). The TuMYB46L-TuACO3 module regulates ethylene biosynthesis in einkorn wheat defense to powdery mildew. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/NPH.16305.
- Zhao, F., Li, Y., Yang, B., Yuan, H., Jin, C., Zhou, L., Pei, H., Zhao, L., Li, Y., Zhou, Y., Xie, J., Shen, Q. (2019). Powdery mildew disease resistance and marker-assisted screening at the *Pm60* locus in wild diploid wheat *Triticum urartu*. *Crop Journal*. Doi: 10.1016/j.cj.2019.09.007.

## 员工简介

### 工作人员

- 范仁春 助理研究员  
齐 婷 助理工程师  
赵立芳 助理研究员

### 硕博连读生

- 陈紫玉 2017 都婷婷 2018  
李思媛 2018

### 博士研究生

- 裴洪翠 2014  
Aftab Ahmad 2016  
李 雪 2019

### 硕士研究生

- 刘 芳 2016

### 劳务派遣

- 范淑霞 2009 熊剑青 2009



# 大豆功能基因组学

田志喜，博士，研究员，博士生导师。1997年获河北农业大学学士学位，2000年获河北农业大学硕士学位，2007年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位。2007-2010年在美国普渡大学做博士后，2010-2011年在普渡大学任 Research Geneticist，2012年入选中科院“百人计划”，终期评估优秀，2012年获得“中国科学青年之星金奖”，2012年获得“国家优秀青年基金”，2015年获得“国家杰出青年基金”。2016年获得“第十四届中国青年科技奖”。

研究方向：利用关联分析、图位克隆和转基因手段，并结合比较基因组、生物信息学分析方法对影响大豆产量和品质的网络调控系统进行系统分析，揭示调控大豆器官发生、种子发育、植株形态建成以及品质形成的内在机制，为大豆分子育种奠定基础。

实验室主页：<http://tianlab.genetics.ac.cn/>

## 重要成果

### 论著

Shen, Y., Du, H., Liu, Y., Ni, L., Wang, Z., Liang, C. and Tian, Z. (2019). Update soybean Zhonghuang 13 genome to a golden reference. *Science China Life Sciences* 62(9): 1257-1260.

Dong, X., Wang, Z., Tian, L., Zhang, Y., Qi, D., Huo, H., Xu, J., Li, Z., Liao, R., Shi, M., Wahocho, S. A., Liu, C., Zhang, S., Tian, Z. and Cao, Y. (2019). *De novo* assembly of a wild pear (*Pyrus betulefolia*) genome. *Plant Biotechnology Journal* 1:1-15.

Liu, W., Chen, L., Zhang, S., Hu, F., Wang, Z., Lyu, J., Wang, B., Xiang, H., Zhao, R., Tian, Z., Ge, S. and Wang, W. (2019). Decrease of gene expression diversity during domestication of animals and plants. *BMC Evolutionary Biology* 19(1): 19-29.

Chen, E., Huang, X., Tian, Z., Wing, R. A. and Han, B. (2019). The genomics of *Oryza* species provides insights into rice domestication and heterosis. *Annual Review of Plant Biology* 70: 639-665.

## 员工简介

### 工作人员

- 杨 瑞 助理研究员
- 王 正 副研究员
- 武云帅 工程师
- 张 敏 助理研究员

### 博士后

- Muhamud 2017
- 范敬伟 2019 刘文杰 2019

### 硕博连读生

- 梁 闪 2017 向帅盈 2018

### 博士研究生

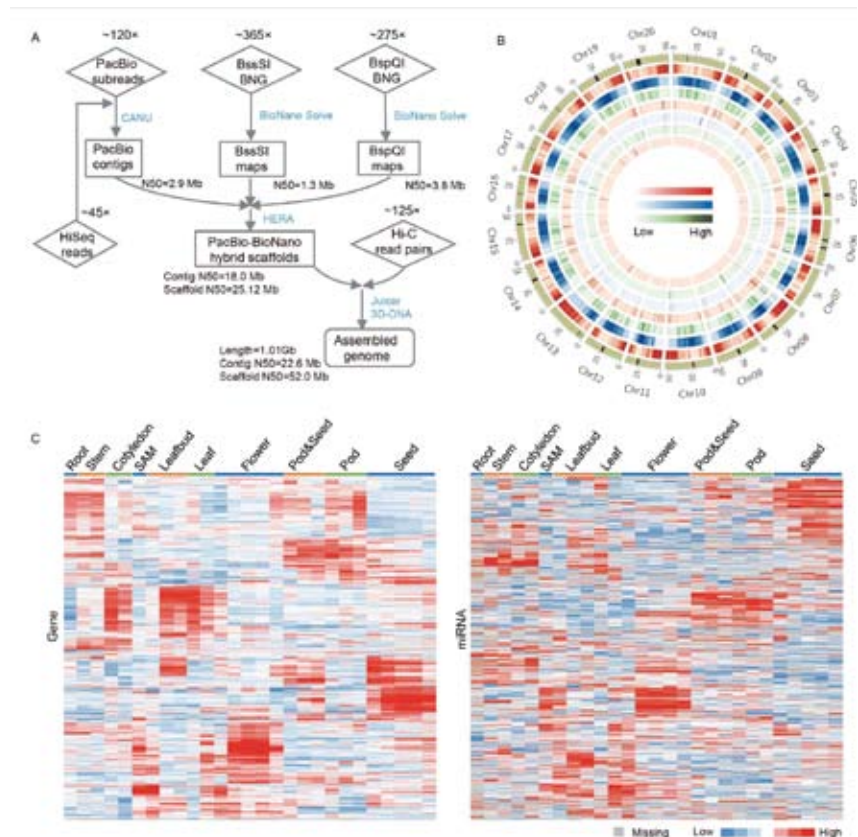
- 刘腾飞 2012 刘书林 2014
- 樊 磊 2015 刘羽诚 2016
- 张志方 2016 梁前进 2017
- 杨霞月 2019

### 硕士研究生

- 倪令斌 2016

## 黄金版国产大豆“中黄13”基因组的更新

大豆是世界范围内的重要粮食经济作物，高质量参考基因组是其深入功能研究和高效分子育种的基础。在Gmax\_ZH13的基础上，我们通过加测数据和更新组装流程，Gmax\_ZH13\_v2.0的组装质量得到了明显提升。通过加测27个来自不同组织不同发育时期大豆样品的RNA-seq和smRNA-seq数据，我们对Gmax\_ZH13\_v2.0的功能区域进行了详细注释。同时，我们对大豆全生长过程的蛋白编码基因和MIRNA的表达模式进行了解析。这些信息能够为大豆功能研究人员提供丰富的背景资料，加速大豆的基础研究和分子育种进程。



图：Gmax\_ZH13\_v2.0基因组的更新。(A) 基因组组装流程；(B) 基因组注释信息，从外往内依次为染色体以及蛋白编码基因、重复序列、snoRNA、tRNA、miRNA、snRNA和rRNA的密度；(C) 蛋白编码基因(左图)和MIRNA(右图)的表达模式。

## 植物营养遗传与育种

童依平，博士，研究员。1999年获中国科学院遗传研究所博士学位。1988年进入中国科学院生态环境研究中心工作。2004年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

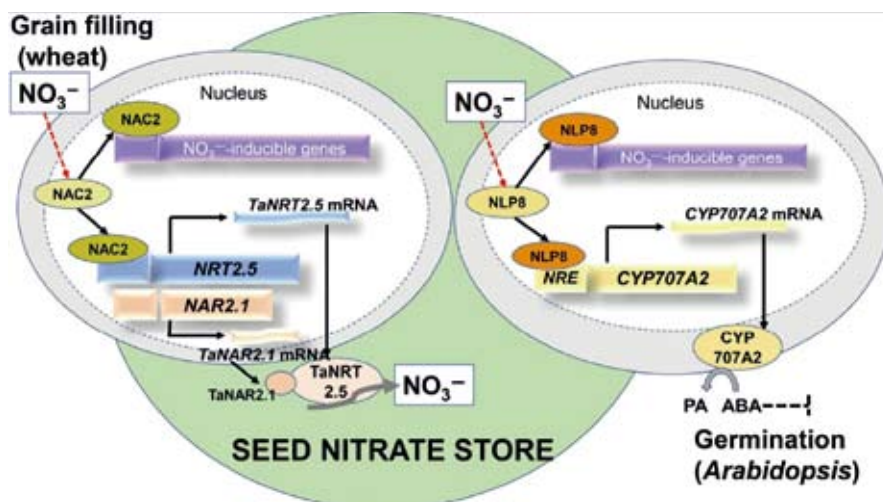
研究方向：解析小麦高效吸收、同化氮素的基因网络；研究养分调控小麦根系形态和产量性状形成的分子机制；建立养分高效利用高产小麦新品种选育的分子育种技术。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/tongyiping>



### 转录因子TaNAC2调控小麦籽粒硝酸根信号和种子活力

种子活力以及幼苗早期建成是影响农作物产量的重要因素，我们前期鉴定到一个受硝酸根诱导表达的转录因子*TaNAC2-5A*，其在提高小麦产量和氮素利用效率上发挥重要作用。我们发现超量表达*TaNAC2-5A*可以增加种子中硝酸根含量并加速种子萌发，以及小麦苗期生长。我们进行染色质免疫共沉淀（ChIP）结合二代测序寻找其调控的下游基因，我们发现了一个属于高亲和的硝酸根转运蛋白*TaNRT2.5-3B*。通过体内体外实验证明*TaNAC2*可以直接结合*TaNRT2.5-3B*的启动子，并且直接调控其表达。在非洲爪蟾卵母细胞实验中表明*TaNRT2.5*只有在*TaNAR2.1*的协助下才能转运硝酸根，在烟草叶片表皮细胞的亚细胞定位实验中发现，*TaNRT2.5*与*TaNAR2.1*共定位在液泡膜上。超量表达*TaNRT2.5-3B*能提高种子活力、籽粒硝酸根含量，加速幼苗早期建成，大田实验中发现其能增加产量和氮素利用效率，而减量表达系有相反的功能。因此，*TaNAC2-TaNRT2.5*这一途径在调控种子活力和籽粒硝酸根含量上发挥关键作用(图)，为提高小麦产量和氮素利用效率提供了基因资源。



图：NAC2/TaNRT2.5/TaNAR2.1调控籽粒硝酸根含量和种子萌发的可能机制。硝酸根诱导*TaNAC2*的表达，*TaNAC2*进而激活种子中的*TaNRT2.5*的表达增加种子中的硝酸根含量。种子中的硝酸根可能通过上调NIN-like protein 8 (NLP8)和*CYP707A*表达，降解ABA，从而促进种子萌发。

### 重要成果

#### 论著

- Li, W., He, X., Chen, Y., Jing, Y., Shen, C., Yang, J., Teng, W., Zhao, X., Hu, W., Hu, M., Li, H., Miller, A. and Tong, Y. (2019). A wheat transcription factor positively sets seed vigour by regulating the grain nitrate signal. *New Phytologist* Doi: 10.1111/nph.16234.
- Yang, J., Wang, M., Li, W., He, X., Teng, W., Ma, W., Zhao, X., Hu, M., Li, H., Zhang, Y. and Tong, Y. (2019). Reducing expression of a nitrate-responsive bZIP transcription factor increases grain yield and N use in wheat. *Plant Biotechnology Journal* 17(9): 1823-1833.
- Zhao, R., Qu, B., Tong, Y. and Zou, C. (2019). Iron and zinc accumulation in winter wheat regulated by NICOTIANAMINE SYNTHASE responded to increasing nitrogen levels. *Journal of Plant Nutrition* 42(14): 1624-1636.
- Li, Z., Wang, M., Lin, K., Xie, Y., Guo, J., Ye, L., Zhuang, Y., Teng, W., Ran, X., Tong, Y., Xue, Y., Zhang, W. and Zhang, Y. (2019). The bread wheat epigenomic map reveals distinct chromatin architectural and evolutionary features of functional genetic elements. *Genome Biology* 20: 139.
- Xu, Y., Ren, Y., Li, J., Li, L., Chen, S., Wang, Z., Xin, Z., Chen, F., Lin, T., Cui, D. and Tong, Y. (2019). Comparative proteomic analysis provides insights into the regulatory mechanisms of wheat primary root growth. *Scientific Reports* 9: 11741.

#### 员工简介

##### 工作人员

- 何雪 副研究员  
赵学强 副研究员  
滕婉 助理研究员

##### 博士后

- 郝薇薇 2016 周龙溪 2018

##### 硕博连读生

- 常国伟 2018 汤文静 2018  
彭蕾 2019

##### 博士研究生

- 沈椿才 2014 黄志熊 2015  
王辉 2016 王亚州 2017  
荆彦付 2018 李悦 2019

##### 劳务派遣

- 张杰 2013 姚庆华 2019



## 重要农艺性状分子机理与小麦遗传改良

王道文，博士，研究员。1993年获英国University of East Anglia/John Innes Center博士学位。1994-1997年在John Innes Center开展博士后研究。1997年入选中国科学院“百人计划”，获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：小麦籽粒品质、产量和抗病耐逆性状的分子机理与遗传改良、小麦与模式种重要功能基因的比较生物学研究。

实验室主页：<http://www.genetics.cas.cn/wangdaowen>

### 重要成果

#### 论著

Cao, X., Dong, Z., Tian, D., Dong, L., Qian, W., Liu, J., Liu, X., Qin, H., Zhai, W., Gao, C., Zhang, K. and Wang, D. (2019). Development and characterization of marker-free and transgene insertion site-defined transgenic wheat with improved grain storability and fatty acid content. *Plant Biotechnology Journal*. Doi: 10.1111/pbi.13178.

Jin, S., Zong, Y., Gao, Q., Zhu, Z., Wang, Y., Qin, P., Liang, C., Wang, D., Qiu, J., Zhang, F. and Gao, C. (2019). Cytosine, but not adenine, base editors induce genome-wide off-target mutations in rice. *Science* 364: 292-295.

Zhang, K., Wang, J., Qin, H., Wei, Z., Hang, L., Zhang, P., Reynolds, M. and Wang, D. (2019). Assessment of the individual and combined effects of Rht8 and Ppd-D1a on plant height, time to heading and yield traits in common wheat. *The Crop Journal*. Doi: 10.1016/j.cj.2019.06.008.

Zheng, H., Dong, L., Han, X., Jin, H., Yin, C., Han, Y., Li, B., Qin, H., Zhang, J., Shen, Q., Zhang, K. and Wang, D. (2019). The TuMYB46L-TuACO3 module regulates ethylene biosynthesis in einkorn wheat defense to powdery mildew. *New Phytology*. Doi: 10.1111/nph.16305.

#### 专利

CN105734148B, 一种对普通小麦Glu-A1基因座位不同等位变异进行分型的方法和应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

秦焕菊 工程师  
张坤普 副研究员

#### 博士后

韩新运 2015 李 峰 2018

#### 硕博连读生

曹学敏 2014

#### 博士研究生

田 东 2014 赵晓歌 2015  
郑 昊 2016 李 北 2017

#### 劳务派遣

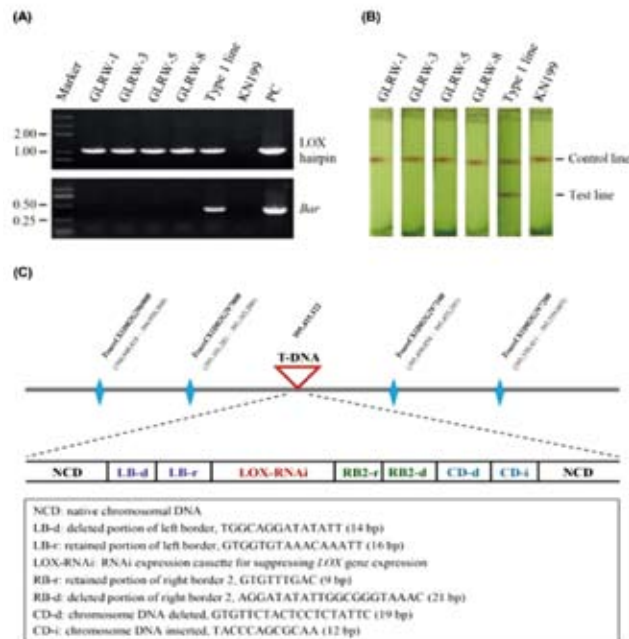
王宝凤 2017

#### 客座

郑宏远 2014 河南农业大学  
王利娜 2016 河南农业大学  
王钊辉 2017 河南农业大学  
靳怀冰 2019 河南农业大学

## 无筛选标记、插入位点清晰、耐储存和脂肪酸含量显著改良小麦新品系的创制

小麦是世界上的三大粮食作物之一，2017年中国小麦年产量达到1.27亿吨，小麦年储备量达到9000万吨。在小麦储存过程中，其籽粒含有的脂氧合酶(Lipoxygenase, LOX)可氧化多元不饱和脂肪酸生成氢过氧化物，这些过氧化物参与多种生化反应并最终生成丙二醛等小分子有害物质，使种子劣变、产生霉味、失去营养成分与活力。因此需要降低小麦籽粒中LOX酶活性，以减少储存过程的损失。针对这项需求，我们利用胚乳特异性启动子构建RNAi载体，特异地沉默小麦籽粒中脂氧合酶基因的表达，创制出了4个不含筛选标记的转基因纯合株系(GLRW-1, 3, 5, 8)，利用TAIL-PCR技术获得了GLRW-3和GLRW-8基因组中T-DNA插入位点的位置以及边界序列，其中GLRW-3的TDNA插入位点没有破坏内源基因，也不影响临近基因的表达。通过人工老化试验发现转基因系的耐储存性状显著改良，同时发现其籽粒和面粉中游离脂肪酸的含量显著提高。因此，特异性沉默籽粒中脂氧合酶基因的表达可用于同时改善小麦耐储存性与营养品质，GLRW-3具有较高的潜在市场应用价值。



图：无筛选标记的转基因纯合株系及GLRW-3的T-DNA插入位点的鉴定。(A) 利用PCR鉴定出四个不含筛选标记的转基因系，命名为GLRW-1, GLRW-3, GLRW-5和GLRW-8; (B) 使用Quickstix试剂条验证了GLRW-1, GLRW-3, GLRW-5和GLRW-8中不含Bar蛋白; (C) GLRW-3的T-DNA整合到了基因组染色体1D上，相邻的上游基因和下游基因分别是*TraesCS1D02G297000*和*TraesCS1D02G297100*。

## 表观调控植物发育及对环境适应性

肖军，博士，研究员。2012年在中科院植物研究所获得发育生物学博士学位，2013年加入美国宾夕法尼亚大学从事博士后研究。

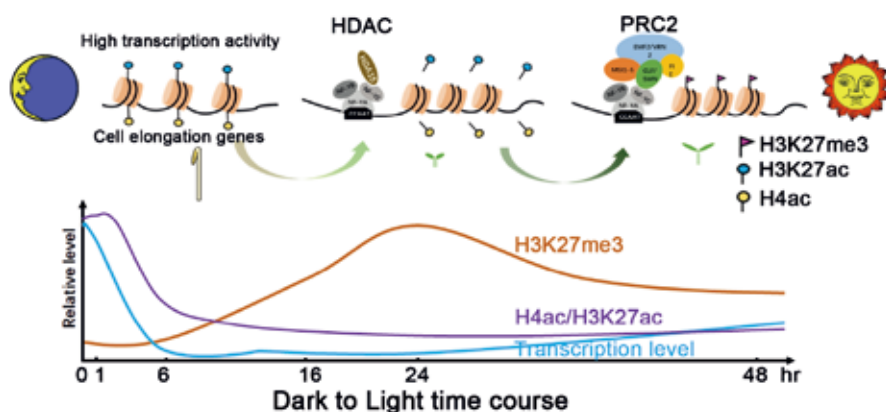
研究方向：鉴定小麦参与环境适应关键因子，构建转录调控网络，筛选优异位点，改良小麦的适应性。以染色质调控因子突变体为材料，研究拟南芥适应不同生长环境的表观遗传调控机理。

实验室主页：<http://www.genetics.cas.cn/xiaojun>



### Sumo化修饰介导的拟南芥光形态建成中组蛋白修饰的转变

染色质修饰因子被报道参与到光介导的拟南芥下胚轴生长，但具体作用机理尚不清楚。本研究发现H3K27me3甲基转移酶和去甲基化酶的缺失都引起植物由黑暗向光照转变过程中下胚轴伸长的异常。转录组和组蛋白修饰分析发现，随着暗-光的转变，很多黑暗下活跃表达的基因的转录水平随着光照的处理下降并且能在长时间光照后维持稳定的转录抑制状态，同时伴随着组蛋白乙酰化修饰和H3K27me3修饰改变，包括已知参与到下胚轴伸长调控的基因XTH17和IAA9。进一步分析发现，NF-YC类转录因子参与了顺序的招募去乙酰化酶HDAC15和甲基转移酶CLF的过程。该过程可能是由于NF-YC的sumo化修饰状态决定的，光照时间的延长能定量的增加NF-YCSUMOylation。该研究发现了蛋白sumo修饰介导的组蛋白修饰转变参与到光形态建成。



图：组蛋白修饰的动态变化介导了黑暗向光照转变过程中拟南芥下胚轴的伸长。

### 重要成果

#### 论著

Sun, B., Zhou, Y., Cai, J., Shang, E., Yamaguchi, N., Xiao, J., Looi, L. S., Wee, W. Y., Gao, X., Wagner, D. and Ito, T. (2019). Integration of transcriptional repression and polycomb-mediated silencing of WUSCHEL in floral meristems. *The Plant Cell* 31(7): 1488-1505.

Xu, S., Xiao, J., Yin, F., Guo, X., Xing, L., Xu, Y. and Chong, K. (2019). The protein modifications of O-GlcNAcylation and phosphorylation mediate vernalization response for flowering in winter wheat. *Plant Physiology* 180(3): 1436-1449.

### 员工简介

#### 工作人员

刘昕 工程师  
林学磊 助理研究员

#### 博士后

张梦夏 2018

#### 硕博连读生

路芳芳 2016 张昊 2017

#### 博士研究生

邓民 2018 徐永欣 2019

张晶 2019 赵龙 2019

#### 硕士研究生

陈进超 2018 周雨清 2018



## 植物分子遗传学

薛勇彪，博士，研究员，博士生导师。1989年获John Innes Institute和University of East Anglia博士学位；1990-1995年进入John Innes Centre和University of Oxford从事博士后研究。1998年获得百人计划和国家自然科学基金委杰出青年项目资助；2007年获国家自然科学基金二等奖2项；2016年入选国家高层次人才特殊支持计划领军人才。

研究方向：主要研究车前科金鱼草和茄科杂交矮牵牛的自交不亲和性的分子和演化机制以及水稻响应环境温度的分子遗传机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/xueyongbiao>

### 重要成果

#### 论著

Li, M., Zhang, D., Gao, Q., Luo, Y., Zhang, H., Ma, B., Chen, C., Whibley, A., Zhang, Y., Cao, Y., Li, Q., Guo, H., Li, J., Song, Y., Copsey, L., Li, Y., Li, X., Qi, M., Wang, J., Chen, Y., Wang, D., Zhao, J., Liu, G., Wu, B., Yu, L., Xu, C., Zhao, S., Hu, S., Liang, C., Yin, Y., Coen, E. and Xue, Y. (2019). Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L. *Nature Plants* 5(2): 174-183.

Pervaiz, N., Shakeel, N., Qasim, A., Zehra, R., Anwar, S., Rana, N., Xue, Y., Zhang, Z., Bao, Y. and Abbasi, A. A. (2019). Evolutionary history of the human multigene families reveals widespread gene duplications throughout the history of animals. *BMC Evolutionary Biology* 19(1): 128.

Li, Z., Wang, M., Lin, K., Xie, Y., Guo, J., Ye, L., Zhuang, Y., Teng, W., Ran, X., Tong, Y., Xue, Y., Zhang, W. and Zhang, Y. (2019). The bread wheat epigenomic map reveals distinct chromatin architectural and evolutionary features of functional genetic elements. *Genome Biology* 20(1): 139.

#### 员工简介

##### 工作人员

王京平 高级实验师  
李 群 高级实验师  
张玉娥 副研究员  
徐 婷 工程师

##### 博士后

刘 征 2016  
Rajesh Yarra 2017  
马芳芳 2018 张 越 2018

##### 硕博连读生

田华阳 2019

##### 博士研究生

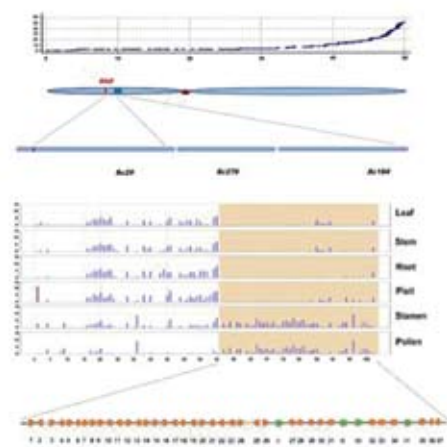
郭飞飞 2013 赵 洪 2014  
房 梓 2015 黄画秋 2015  
王鹏飞 2016 李雪婷 2017  
王亚楠 2017 魏海方 2017  
韩倩倩 2018 毛 欢 2019  
吴晓艳 2019

##### 返聘人员

宋凤荣 2018 王自顺 2018

## 解析了栽培金鱼草 (*A. majus*) 基因组及其花对称性和自交不亲和性的遗传结构

金鱼草是一个经典的模式植物，在植物遗传和分子遗传学研究历史上发挥了极其重要的作用，但是由于没有基因组序列，所以对控制这些性状的遗传结构并不了解。我们利用二代结合三代测序方法获得了高质量的金鱼草基因组序列，揭示了花对称性、自交不亲和性等复杂性状的遗传结构，是第一个车前科植物的参比基因组序列。该研究得到了金鱼草 ( $2n=2x=16$ ) 8条染色体的分子序列510Mb，覆盖度为97.12%，注释了37714个蛋白编码基因。此外，该研究发现金鱼草的假S位点 ( $\psi$ S-locus) 在大约2Mb的序列上含有102个基因，其中包含37个SLF基因但缺失S-RNase，提示该花柱因子的丢失是栽培金鱼草获得自交亲和性状的主要原因(图)。另外我们发现栽培金鱼草S-位点与野生金鱼草S-位点之间具有高度的共线性。综上，金鱼草基因组的破译将极大加速这个模式生物的基因组学和进化研究。



图：金鱼草栽培品种 (*A. majus*) 及 $\psi$ S位点的特征。

# 植物分子遗传与分子育种

翟文学，博士，研究员。1999年获中国科学院遗传研究所博士学位。

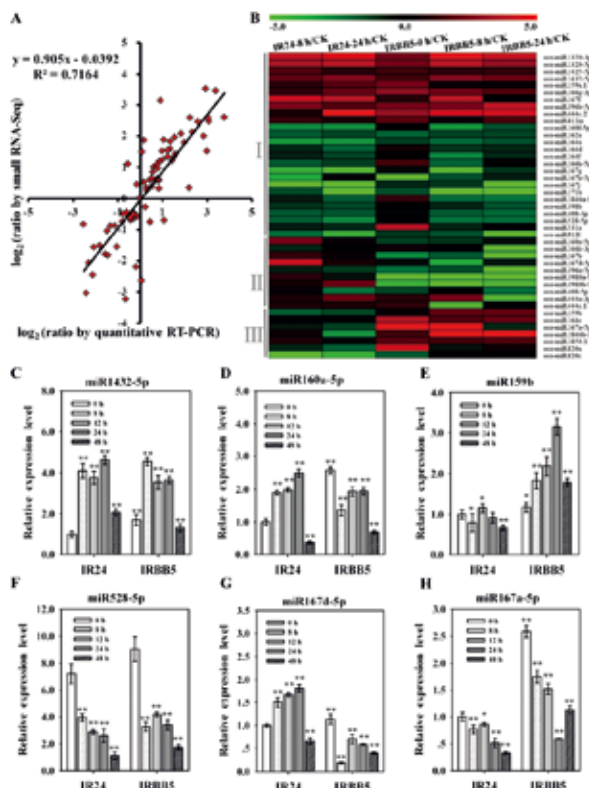
研究方向：主要从事水稻功能基因研究，特别是具有重要农艺性状基因的克隆与分子育种。目前的研究工作主要包括水稻抗白叶枯病基因的克隆、利用克隆的抗病基因培育抗白叶枯病杂交稻、以及水稻和玉米的分子设计育种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhaiwenxue>



## 水稻白叶枯病响应microRNAs的特征性解剖

MicroRNAs (miRNAs) 是植物与病原菌相互作用的关键因子。在此，我们通过小RNA测序重点监测了水稻miRNAs在0 h, 8 h, 24 h内对Xoo株PXO86侵染的水稻白叶枯病感病材料IR24及其抗病近等基因系IRBB5的响应性变化，并通过降解组测序技术检测了miRNAs的靶基因。通过茎环引物qRT-PCR实时定量验证了测序数据的可靠性。生物信息学分析表明，差异表达的miRNAs可分为3个免疫相关类别，在感染过程中出现80个调控单元，包括43个差异表达已知miRNAs和42个靶基因。此外，miR164a、miR167d和miR159b的过表达以及调控单元miR164a/OsNAC60、miR167d-5p/OsWD40-174和miR159b/OsMYBGA、OsLRR-RLK2、OsMPK20-4的破坏，证实了miRNA在水稻-Xoo互作过程中可能具有独立免疫簇的功能。



图：响应Xoo处理miRNAs的表达变化(A) small RNA 测序数据与 qRT-PCR 验证数据的相关性分析。(B) Xoo处理后|log<sub>2</sub> (fold change ratio)| ≥ 1.5的miRNAs的热图分析。红色和绿色分别代表上调和下调表达水平。CK代表IR24-0 h。(C和F) 基础免疫调节因子miR1432-5p和miR528-5p响应Xoo的表达分析。(D和G) 负向免疫调节因子160a-5p 和167d-5p响应Xoo的表达分析。(E和H) 正向免疫调节因子miR159b和miR167a-5p响应Xoo的表达分析。数据为平均值 ± 标准差；样本量n = 3；\*\*和\*分别表示t检验差异显著水平P值达0.01和0.05。

## 重要成果

### 论著

Li, T., Fang, Z., Peng, H., Zhou, J., Liu, P., Wang, Y., Zhu, W., Li, L., Zhang, Q., Chen, L., Li, L., Liu, Z., Zhang, W., Zhai, W., Lu, L. and Gao, L. (2019). Application of high-throughput amplicon sequencing-based SSR genotyping in genetic background screening. *BMC Genomics* 20(1): 444-455.

### 专利

蛋白质LMM5.1在调控植物抗病性与超敏反应性中的应用，中国科学院遗传与发育生物学研究所。

CN 105603082 B, 一种水稻微生物定性及定量的检测方法，中国科学院遗传与发育生物学研究所，江汉大学。

## 员工简介

### 工作人员

郭乐群 副研究员

江光怀 副研究员

### 博士后

李春荣 2018

### 硕博连读生

刘鹏程 2013 王燕燕 2014

于媛 2016

### 博士研究生

贾彦凤 2016 李全林 2017

李玉营 2018



## 小麦分子育种

张爱民，博士，研究员。1989年获北京农业大学博士学位。1993年在北京农业大学任教授。2000年获得“国家杰出青年科学基金”。2001年入选中国科学院“百人计划”，加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：小麦重要农艺性状的分子标记辅助选择及品种的分子设计育种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhangaimin>

### 重要成果

#### 论著

Yu, K., Liu, D., Chen, Y., Wang, D., Yang, W., Yang, W., Yin, L., Zhang, C., Zhao, S., Sun, J., Liu, C. and Zhang, A. (2019). Unraveling the genetic architecture of grain size in einkorn wheat through linkage and homology mapping and transcriptomic profiling. *Journal of Experimental Botany* 70(18): 4671-4687.

Xu, Y., Liu, X., Fu, J., Wang, H., Wang, J., Huang, C., Prasanna, B. M., Olsen, M. S., Wang, G. and Zhang, A. (2019). Enhancing genetic gain through genomic selection: from livestock to plants. *Plant Communications*: 100005.

Sun, L., Yang, W., Li, Y., Shan, Q., Ye, X., Wang, D., Yu, K., Lu, W., Xin, P., Pei, Z., Guo, X., Liu, D., Sun, J., Zhan, K., Chu, J. and Zhang, A. (2019). A wheat dominant dwarfing line with *Rht12*, which reduces stem cell length and affects gibberellic acid synthesis, is a 5AL terminal deletion line. *The Plant Journal* 97(5): 887-900.

Shoab, M., Yang, W., Shan, Q., Sajjad, M. and Zhang, A. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of new cytokinin metabolic genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *PeerJ* 7:e6300.

#### 专利

201910834148.8, 一种抑制小麦籽粒储藏蛋白合成的转录因子ODORANT1及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

201910833620.6, 一个提高小麦籽粒淀粉合成的转录因子bZIP2及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

201910834147.3, 一种降低小麦籽粒储藏蛋白含量的转录因子NAC2及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

201910834155.8, 一种提高小麦储藏蛋白基因表达的转录因子NAC1及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

#### 品种

京审麦20180002, 科选6259. 中国科学院遗传与发育生物学研究所. 2019河北省引种备案, 冀农告字【2019】4号.

### 员工简介

#### 工作人员

孙家柱 副研究员  
李欣 工程师

#### 博士后

白爱宁 2017

#### 硕博连读生

王冬至 2013  
Muhammad Shoab 2014  
申莉莎 2014 武文瑛 2015

#### 博士研究生

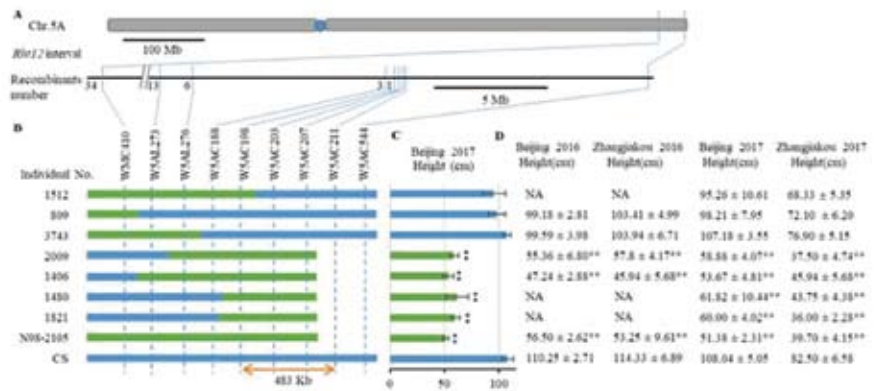
郝苗苗 2015 卢蔚雯 2015

#### 劳务派遣

王玲娥 2003 丁友俊 2008

## 小麦重要矮秆基因*Rht12*的精细定位及其遗传效应解析

矮秆和半矮秆是影响小麦产量的重要农艺性状。矮秆基因*Rht12*是辐照诱变突变体Karcagi 522M7K中发现的赤霉素敏感型显性基因，初步定位在小麦5A染色体长臂与*Xwmc410*紧密连锁。我们发现，*Rht12*使茎秆细胞长度显著降低，合成活性GA路径中各GA组分的含量也显著降低。利用BSR-Seq和Wheat 660k 芯片将*Rht12*精细定位在5AL末端11.21-Mb的区域与*Xw5ac207*紧密连锁；GA分析结果*Rht12*株系活性GA含量显著降低，合成活性GA路径中各GA组分的含量也显著降低。证明*Rht12*影响了GA的合成或者失活途径。转录组分析结果中，在483 Kb区段有一个基因TraesCS5A01G543100在*Rht12*株系中高表达，在*rht12*株系中表达量很低。该基因编码一个GA失活途径关键酶GA 2-β-dioxygenase。除此之外未发现其他GA合成或失活途径的基因表达有显著差异，说明缺失区段中可能存在该基因的抑制子；或者*Rht12*株系的483 Kb未缺失区段中存在一个功能获得性突变能够激活该基因的表达。本研究为*Rht12*未来图位克隆和功能基因组学研究提供基础。



图：*Rht12*基因精细定位区间重组体的重组示意图及其株高表型。(A) 分子标记与重组体的物理距离。(B) *Rht12*区间重组子基因型示意图。(C) 2017年北京地区重组子株高表型。(D) 2016和2017年不同环境下重组子的株高表型。

# 小麦抗病和加工品质分子遗传学

张相岐，博士，研究员。1990年获东北师范大学博士学位。1991-1993年在中国科学院遗传研究所做博士后，之后加入植物细胞与染色体工程国家重点实验室。1994-1996年在美国密苏里大学哥伦比亚分校美国农业部谷物遗传学实验室做高级访问学者。

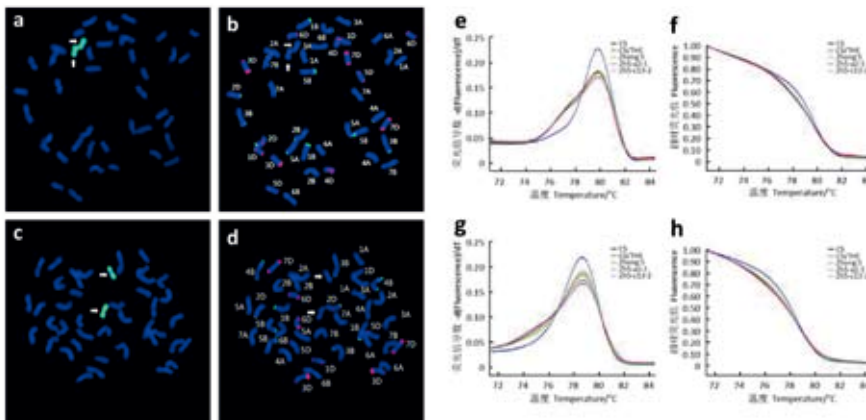
研究方向：1) 利用分子染色体工程方法创制小麦抗病等种质资源材料并应用于分子育种。2) 小麦抗病和麦谷蛋白基因的克隆、功能验证和调控机制解析。

实验室主页：[http:// www.genetics.ac.cn/zhangxiangqi](http://www.genetics.ac.cn/zhangxiangqi)



## 小麦-中间偃麦草蓝粒代换系的创制与鉴定

小麦的蓝粒性状可作为表型标记用于小麦育种和遗传学研究。来自中间偃麦草的蓝粒种质材料尚鲜见报道。本研究通过八倍体小麦中5 ( $2n = 8x = 56$ , AABBDDXX) 与中国春缺-四体系列材料杂交，在中5/N4BT4A和中5/N7BT7D杂交组合后代中获得了两份蓝粒材料，编号分别为Zh5-a2-1和Zh5-c13-2。利用细胞遗传学和分子标记方法对这两份蓝粒材料进行了染色体组成分析。以中间偃麦草基因组DNA为探针的GISH分析显示，这两份蓝粒材料的染色体数均为 $2n = 42$ ，包括40条小麦染色体和两条中间偃麦草染色体。利用重复序列探针pSc119.2 和pAs1进行的FISH分析表明，Zh5-a2-1和Zh5-c13-2均为二体代换系，被替换的一对小麦染色体分别为4B和4D。通过用St、E<sup>a</sup>和E<sup>b</sup>基因组DNA作探针进行GISH分析，证明这两份蓝粒代换系中的中间偃麦草染色体均为St组染色体，但与中5中的中间偃麦草染色体比较发现这对St组染色体的短臂端部发生了缺失。利用二倍体长穗偃麦草E<sup>a</sup>基因组的SNP标记分析证明，两份蓝粒代换系中的中间偃麦草染色体与长穗偃麦草的4E<sup>a</sup>染色体同源，即Zh5-a2-1和Zh5-c13-2分别为4St(4B)和4St(4D)代换系，命名为SubZh5-4St(4B)和SubZh5-4St(4D)。同时说明，中间偃麦草的4St染色体上带有蓝粒基因。通过对450个小麦SSR标记进行筛选，获得了4个可跟踪鉴定4St染色体的特异SSR标记。研究结果可用于蓝粒小麦品种的培育和中间偃麦草蓝粒基因的遗传学研究。关键词：小麦；中间偃麦草；蓝粒代换系；染色体组成；分子标记。



图：小麦-中间偃麦草蓝粒代换系染色体的连续GISH-FISH和SNP标记鉴定。(a) 蓝粒代换系Zh5-a2-1染色体的GISH鉴定；(b) 与图a同一细胞染色体的FISH鉴定；(c) 蓝粒代换系Zh5-c13-2染色体的GISH鉴定；(d) 与图c同一细胞染色体的FISH鉴定；(e) 位于4E<sup>S</sup>的SNP标记4E05的热溶解峰图；(f) 位于4E<sup>S</sup>的SNP标记4E05的高分辨率溶解曲线；(g) 位于4E<sup>L</sup>的SNP标记4E16的热溶解峰图；(h) 位于4E<sup>L</sup>的SNP标记4E16的高分辨率溶解曲线图。箭头示一对中间偃麦草染色体，CS和CS/THE分别代表普通小麦中国春和中国春与二倍体长穗偃麦草的双二倍体。

## 重要成果

### 论著

- 景建康, 张相岐, 黄玉萍, 胥伟华 著. (2019). 情系花粉育珠胡含传. 老科学家学术成长资料采集工程丛书, 中国科学技术出版社.
- 叶晓斌, 卫波, 范仁春, 张相岐 (2019). 小麦中间偃麦草蓝粒代换系的创制与鉴定. 麦类作物学报, 2019, 39(10): 1154-1164.
- 张相岐 (2019). 作物遗传资源研究进展. 作物育种领域行业创新动态战略研究报告-2018年, 第二篇.

### 专利

- ZL 2017 1 0379510. 8, 小麦抗白粉病相关蛋白TaEDS1-D1及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910514331.X, 小麦抗白粉病相关BFR蛋白及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201910514241.0, 小麦抗条锈病相关的TXR蛋白及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201911292816.5, 一种调控小麦面粉筋质量的1Dx2Rp113蛋白及其编码基因与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201911288571.9, 一种提高小麦加工品质的方法. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201911273308.2, 1Dx2m1/2/3蛋白及其编码基因在培育加工品质提高的小麦品种中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201911273934.1, 1Dx2m1/2蛋白及其相关材料在改善小麦加工品质中的应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.
- 201911292331.6, 一种提高小麦加工品质的高分子量麦谷蛋白亚基突变基因1Dx2m1的创制与应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

## 员工简介

### 工作人员

- 范仁春 助理研究员
- 卫波 助理研究员

### 博士研究生

- 普明宇 2014 席海秀 2015
- 张琦 2015

### 返聘人员

- 王献平 2011

### 劳务派遣

- 柯小容 2003



## 大豆分子设计育种

朱保葛，博士，研究员，创新研究组长。2005年获中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位，1986年起在中国科学院遗传研究所从事大豆遗传育种研究。

研究方向：大豆重要农艺性状基因定位与优异等位基因挖掘；营养专用型大豆研发；高产优质多抗大豆新品种的设计、培育与应用。

实验室主页：<http://genetics.ac.cn/zhubaoge>

### 重要成果

#### 品种推广

科豆2号、豫审豆2015003. 河南和安徽. 46.

科豆1号、国审豆2011008. 安徽、江苏和河南. 284万亩.

### 员工简介

#### 工作人员

潘毅 高级实验师  
周国安 副研究员

#### 博士研究生

刘智 2015 段宗彪 2016  
杨霞 2017 袁亚钦 2019

#### 劳务派遣

陈修文 2010 刘翠梅 2017

## 广适高产夏大豆品种科豆13培育

我国大豆生产中缺乏适应性广的高产大豆品种，导致很难出现推广面积大的大品种，选育广适应性的品种也是我们的主要育种目标之一。2012年选育广适应性的品种配制杂交组合宿2156×诱变30，母本宿2156选自杂交组合黄13×郑交8739-47，中黄13是广适应性的 高产大豆品种；父本诱变30也是中国科学院遗传研究所培育的高产广适应大豆品种，经过连续南繁加代和多代系谱法选育，2015年得到一个优良稳定的F<sub>6</sub>代高产新品系科豆13号。在北京、河南和安徽等地进行产量比较试验，亩产均达到200Kg以上，比对照增产8.00%以上，具有适应性广、熟期适中、主茎结荚多、高产和抗倒伏等特性，可以在全部黄淮海生态区内推广种植，跨8个纬度。2016和2017年参加黄淮海北片多点鉴定试验，2平均亩产量分别为208.07kg和222.63kg，比对照冀豆12分别增产5.6%和17.84%，增产极显著；2018年参加国家黄淮海北片区域试验，平均亩产188.8Kg，比对照冀豆12增产5.70%，2019年续试。该品种适应性广，产量潜力高，具有很好的应用推广前景。



图：科豆13结荚期和成熟期照片。

# 发育生物学研究中心

发育生物学研究中心围绕人口健康和动植物遗传改良的国家需求，面向“分子发育生物学”学科前沿和国家重大需求，通过分子发育生物学领域的原始创新和集成创新，提出和建立具有重大影响的基础理论和技术方法，建设我国发育生物学领域知识创新和人才培养的高地，成为我国发育生物学研究的核心力量和国际上具有重要影响的分子发育生物学研究中心。中心以“分子发育生物学国家重点实验室”为基础组建，现有研究组21个，研究队伍中包括英国皇家学会会员 (FRS) 1人、“国家杰出青年科学基金”获得者8名、中科院“百人计划”入选者16名。John Speakman 研究员今年当选中国科学院外籍院士。2019年发育中心在 *Cell Stem Cell*, *Diabetes Care*, *ACS Nano*, *Nat Commun*, *Biomaterials* 等学术期刊发表论文109篇，在细胞分化与器官形成、神经发育、损伤与再生、组织代谢与衰老等方向取得实质性研究进展。

**细胞分化与器官形成：**RNA poly (A) 是成熟的mRNA和lncRNA的重要组成部分，对RNA稳定性和翻译起着重要的调控作用。陆发隆课题组建立了一种称为PAIso-seq的高灵敏度高准确度的RNA poly (A) 检测技术。通过该技术发现转录组中存在数kb长的poly (A)，在小鼠GV期卵中有超过17%的mRNA poly (A) 的主体区域存在广泛的U、G和C碱基的掺入，其生物学意义有待研究。该成果为研究转录后调控提供了一种重要方法 (Liu et al., *Nat Commun*, 2019)。淋巴细胞分化受阻是白血病重要的表型。但是，导致儿童白血病淋巴细胞分化障碍的发病机理不清楚。鲍时来课题组发现，在儿童白血病中，蛋白质精氨酸甲基转移酶家族成员PRMT5的表达异常升高，其修饰的组蛋白H4R3异常甲基化；这两个指标作为白血病的敏感的表现遗传生物标志物，不仅可用于白血病的诊断和预后评估，还将成为开发新的治疗白血病药物的靶点，对实现诱导白血病细胞向正常细胞分化有重要意义 (Mei et al., *Clin Cancer Res*, 2019)。光动力学疗法是通过肿瘤组织对光敏剂的选择性吸收和滞留，利用特定波长的光来激发光敏剂产生活性氧自由基来杀伤肿瘤细胞，从而达到治疗目的。降雨强课题组与北京大学沙印林团队合作，采用二氢硫辛酸为配体的金纳米簇 (AuNC@DHIA) 作为光敏剂，结合组织穿透深度大的近红外脉冲光源，有效地提高了在体肿瘤的杀伤效果。该疗法具有生物安全性高、光动力学疗效好、组织穿透深度大等优点，有重要的临床应用价值 (Han et al., *ACS Nano*, 2019)。杨维才课题组研究发现拟南芥 *BICELLULAR POLLEN 1 (BICE1)* 基因突变使生殖细胞的DNA合成延缓，导致约40%的突变花粉粒停滞在二细胞阶段，但生殖细胞S期的延长不影响其细胞命运的分化。进一步研究发现BICE1通过与MCM4和MCM7的相互作用在DNA复制调控中起作用 (Long et al., *New Phytol*, 2019)。

**神经发育、损伤与再生：**神经发生是神经干细胞增殖分化产生新生神经元的过程，胚胎神经干细胞 (eNSCs) 和成体神经干细胞 (aNSCs) 均可增殖分化出神经细胞，但其在增殖速率、分化速度及细胞微环境变化等方面仍然存在较大差异，这种差异的分子机制尚不清楚。郭伟翔课题组发现在神经干细胞中特异性敲除RNA结合蛋白HuR，导致成年神经发生缺陷，而对胚胎期神经发生没有影响。在eNSCs中，HuR主要定位于细胞质中，随着发育的进行，aNSCs中HuR主要定位于细胞核中。深入研究发现HuR在eNSCs和aNSCs的细胞质和细胞核中易位表达，可能是胚胎神经发生和成年神经发生差异调节的分子机制之一 (Wang et al., *Cell Rep*, 2019)。郭伟翔课题组联合军事医学研究院生命组学研究所杨晓团队和华大基因杨焕明团队的研究发现，哺乳动物脑中的乳酸水平影响成体神经发生，揭示了脑血管通过维持乳酸稳态调节成体神经发生的新机制。该研究成果首次揭示了脑血管维持大脑乳酸稳态、调控成体神经发生和认知功能的重要生理功能和全新机制，提供了脑血管内皮细胞PTEN/Akt信号通路上调单羧酸转运蛋白MCT1，调节脑中过量乳酸转运进入外周血的新模型 (Wang et al., *Cell Stem Cell*, 2019)。心肌梗死是由冠状动脉闭塞缺血、缺氧所导致的不可逆的心肌损伤。针对心肌损伤微环境的特点，戴建武课题组设计了一种微环境控释型功能化胶原水凝胶，它由一种全新的生物大分子 (GST-TIMP-bFGF) 及谷胱甘肽修饰的胶原蛋白 (Collagen-GSH) 构成，不仅可以抑制基质金属蛋白酶活性减轻心肌细胞外基质降解，而且可以响应心肌梗死微环境释放碱性成纤维细胞生长因子 (bFGF) 促进血管新生 (Fan et al., *Adv Mater*, 2019)。

**组织代谢与衰老：**糖尿病是一种无法治愈但是可以控制病情发展的慢性病，近几十年来，中国糖尿病的患病率上升两倍多。因此，糖尿病的早期临床诊断技术已成为研究热点。税光厚课题组与上海交通大学附属瑞金医院合作，采用嵌套病例对照设计及高覆盖率 (>800种脂质) 的靶向精确定量脂质组学方法，广泛研究了两组中国前瞻性人群血清脂质变化。发现队列和验证队列中，38种脂质均与2型糖尿病风险显著相关。这些发现揭示了糖尿病发病前存在的脂质协同调节的新变化，并扩大了目前中国正常血糖人群中2型糖尿病血脂预测因子的研究范围 (Lu et al., *Diabetes Care*, 2019)。肠道微生物组已被证实对人类和动物的生理健康存在多种影响，而低温时动物通过激活棕色脂肪组织和促进白色脂肪棕色化的方式增加产热。为探讨肠道菌群在棕色脂肪激活过程中的作用机制，John Speakman课题组利用不同的抗生素配方处理小鼠以清除小鼠的肠道菌群，发现缺失肠道菌群的小鼠体温调控机制受到破坏，肠道菌群的缺失减弱了棕色脂肪组织中UCP-1蛋白表达量的增加，降低了白色脂肪组织的棕色化水平。本研究加强了对肠道微生物的生理学和健康意义的了解 (Li et al., *Cell Rep*, 2019)。



## 组蛋白表观修饰在肺发育过程中调控细胞命运的作用及其机制研究

鲍时来，博士，研究员。1988年获安徽农学院学士学位；1993年获中国科学技术大学硕士学位；1999年获中国科学技术大学博士学位。1999-2003年先后在美国普渡大学作访问学者和德克萨斯大学安德森癌症研究中心做博士后。2003年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：聚焦肺器官发育及肺再生过程，研究表观遗传在细胞命运决定中的作用。高尔基体与其它细胞器的相互作用及其在神经疾病中的作用。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/baoshilai>

### 重要成果

#### 论著

Mei, M., Zhang, R., Zhou, Z. W., Ying, Z., Wang, J., Zhang, H., Zheng, H. and Bao, S. (2019). PRMT5-mediated H4R3sme2 confers cell differentiation in pediatric B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia. *Clinical Cancer Research* 25(8): 2633-2643.

Dong, C., Li, F., Yang, T., Feng, L., Zhang, S., Li, F., Li, W., Xu, G., Bao, S., Wan, X., Lucas, W. J. and Zhang, Z. (2019). Theanine transporters identified in tea plants (*Camellia sinensis* L.). *Plant Journal*. Doi: 10.1111/tpj.14517.

Ding, X., Jiang, X., Tian, R., Zhao, P., Li, L., Wang, X., Chen, S., Zhu, Y., Mei, M., Bao, S., Liu, W., Tang, Z. and Sun, Q. (2019). RAB2 regulates the formation of autophagosome and autolysosome in mammalian cells. *Autophagy* 15(10): 1774-1786.

### 员工简介

#### 工作人员

梅 玫 助理研究员  
王进城 助理研究员  
李秋伶 助理研究员

#### 博士后

陈继林 2017

#### 博士研究生

焦 杰 2014 郑 宇 2015  
彭树林 2016 龙晓慧 2017  
刘 行 2018 孙天一 2019  
张欣韦 2019

#### 硕士研究生

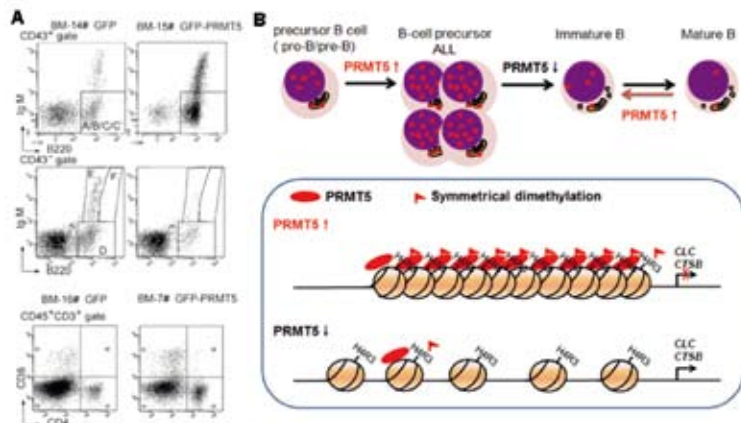
郑亚东 2019

#### 客座

董荣荣 2019 安徽农业大学  
李 静 2019 北京儿童医院

## PRMT5依赖的组蛋白精氨酸甲基化修饰通过影响细胞分化促进儿童急性B细胞淋巴白血病

儿童急性淋巴细胞白血病 (ALL) 是儿童最常见的恶性肿瘤性疾病，淋巴细胞分化受阻是白血病重要的表型。但是，导致儿童白血病淋巴细胞分化障碍的发病机理目前还不清楚。我们通过检测上百例儿童B系前体细胞急性淋巴细胞白血病 (BCP-ALL) 患者的骨髓样品，发现蛋白质精氨酸甲基转移酶家族成员PRMT5的表达量及其修饰的组蛋白H4R3的对称性双甲基化 (H4R3sme2) 水平显著升高。疾病缓解后PRMT5及H4R3sme2水平显著下降。在B系前体淋巴细胞白血病的细胞中降低PRMT5的表达不仅能够促进白血病细胞的凋亡，而且促进白血病细胞向B淋巴细胞谱系的下游分化；而在成熟的B淋巴细胞中高表达PRMT5能够使其去分化到未成熟阶段。为了进一步研究PRMT5的体内功能以及其异常表达是否能导致ALL，我们通过制作小鼠骨髓移植模型，发现移植了高表达PRMT5的骨髓细胞后，受体小鼠骨髓细胞中pro-B细胞占B系细胞的比例显著升高，而其下游各个分化阶段的B系细胞的比例均显著下降，表明PRMT5的升高促使B系细胞分化阻滞在pro-B细胞阶段，这与临床中BCP-ALL的表型相一致。该研究首次报道PRMT5表达的异常升高及其H4R3的异常甲基化是儿童ALL中的普遍现象。这种异常造成疾病是由于PRMT5及组蛋白异常的高甲基化导致PRMT5下游靶基因 *CLC* 和 *CTSB* 的沉默，进而抑制B系前体细胞向成熟细胞的分化。这些研究表明，H4R3sme2和PRMT5作为白血病的敏感的表现遗传生物标志物，不仅可用于白血病的诊断和预后评估，还将成为开发新的治疗白血病药物的靶点，对实现诱导白血病细胞向正常细胞分化有重要意义。



图：(A) PRMT5增加促进CD43<sup>+</sup>/B220<sup>+</sup>/sIgM<sup>+</sup>细胞的产生。(B) PRMT5及H4R3sme2水平异常升高导致BCP-ALL的机制模式图。

## 植物发育的分子控制与应答

陈凡，博士，研究员。1991年获武汉大学学士学位；1994年获中国科学院武汉植物所硕士学位；1997年获日本爱媛大学联合研究生院植物生物化学及分子生物学专业博士学位。1998年进入中国科学院发育生物学研究所工作。2013年获得“国家杰出青年科学基金”。

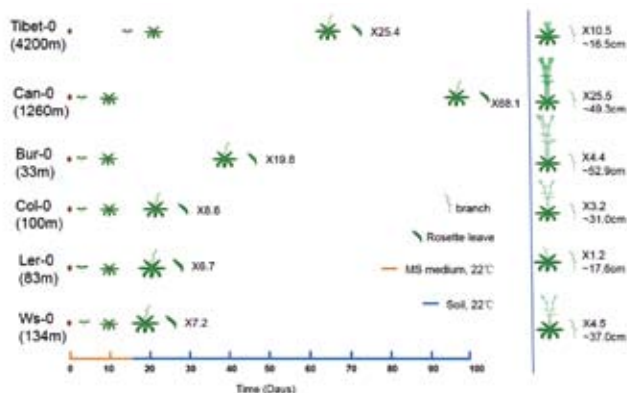
研究方向：以植物发育的分子控制与应答为研究方向，研究植物在环境胁迫条件下的激素信号转导和相关基因表达调控网络，以及以水稻为模式材料研究其侧分生组织分化及形态建成的分子调控。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/chenfan>



### 西藏生态型拟南芥生长发育的分子遗传基础

拟南芥是一种在世界范围内广泛分布的模式植物，不同生态型的拟南芥表型存在很大差异。近年，研究人员首次在高海拔的青藏高原发现并鉴定了自然存在的西藏生态型拟南芥，命名为“Tibet-0”。我们调查了拉萨周边海拔3770-4340米的5个Tibet-0自然居群，发现野生Tibet-0生长在向阳山坡岩石或灌木下的潮湿泥土中，植株矮小。我们在实验室条件下对Tibet-0进行表型分析，发现其种子休眠期长、萌发率低，外源施加赤霉素及长时间的低温可以解除休眠。Tibet-0植株生长缓慢，花期晚，生长周期长，其主茎丧失顶端优势，植株矮化，莲座叶侧枝多于野生型。经过多代自交，这些表型均可以稳定遗传给后代。为了探讨参与调控特定表型的基因及其网络，我们利用正向遗传学的方法进行研究。通过Col-0与Tibet-0杂交，得到的F<sub>1</sub>代植株，其表型与Col-0相似，因此，我们认为Tibet-0植株矮化，晚花多分枝等表型可能是由隐性基因调控的。将F<sub>1</sub>代植株自交得到F<sub>2</sub>代群体，利用MBS (mapping-by-sequencing)方法对调控晚花和多侧枝的基因进行了粗定位，进一步对F<sub>1</sub>代杂合植株与轮回亲本 (Col-0) 进行连续回交构建近等基因系，再利用近等基因系对调控晚花和多侧枝性状的基因进行精细定位，以期获得调控Tibet-0晚花和多分枝的遗传因子。通过对Tibet-0的基因组学研究，以期认识高等植物在极端环境条件下适应和演化的分子基础。



图：Tibet-0和其他六种生态型拟南芥在温室生长表型差异。棕色椭圆形表示种子，四种图片类型显示了植物生长的不同阶段，每个生态型生长的海拔高度都在名称下列出。

### 重要成果

#### 论著

- Shao, G., Lu, Z., Xiong, J., Wang, B., Jing, Y., Meng, X., Liu, G., Ma, H., Liang, Y., Chen, F., Wang, Y., Li, J. and Yu, H. (2019). Tiller bud formation regulators MOC1 and MOC3 cooperatively promote tiller bud outgrowth by activating *FON1* expression in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1090-1102.
- Fang, J., Zhang, F., Wang, H., Wang, W., Zhao, F., Li, Z., Sun, C., Chen, F., Xu, F., Chang, S., Wu, L., Bu, Q., Wang, P., Xie, J., Chen, F., Huang, X., Zhang, Y., Zhu, X., Han, B., Deng, X. and Chu, C. (2019). *Ef-cd* locus shortens rice maturity duration without yield penalty. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(37): 18717-18722.

### 员工简介

#### 工作人员

- 任海波 助理研究员  
方晓华 副研究员  
张方 副研究员

#### 博士后

- Fatemeh Etedali 2015  
刘书英 2017

#### 硕博连读生

- 刘苗 2013 苏青梅 2014  
赵梦月 2017 程婷婷 2018  
高远 2018

#### 博士研究生

- 陈琼 2015 朱观林 2016  
胡宁宁 2017 张宝帅 2019

#### 硕士研究生

- 孙磊 2016

#### 劳务派遣

- 蒋君娥 2007 陈红兵 2008



## 再生医学与组织器官构建

戴建武，博士，研究员。1998年获美国Duke University 细胞生物学博士。在Harvard University Medical School做博士后。2003年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”，获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：1) 组织器官再生修复产品的研发；2) 组织器官再生机理的研究；3) 组织器官制造。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/daijianwu>

### 重要成果

#### 论著

- Fan, C., Shi, J., Zhuang, Y., Zhang, L., Huang, L., Yang, W., Chen, B., Chen, Y., Xiao, Z., Shen, H., Zhao, Y., Dai, J. (2019). Myocardial-infarction-responsive smart hydrogels targeting matrix metalloproteinase for on-demand growth factor delivery. *Advanced Materials* 31(40):e1902900
- Li, X., Liu, D., Xiao, Z., Zhao, Y., Han, S., Chen, B., Dai, J. (2019). Scaffold-facilitated locomotor improvement post complete spinal cord injury: Motor axon regeneration versus endogenous neuronal relay formation. *Biomaterials* 197:20-31
- Liu, D., Li, X., Xiao, Z., Yin, W., Zhao, Y., Tan, J., Chen, B., Jiang, X., Dai, J. (2019). Different functional bio-scaffolds share similar neurological mechanism to promote locomotor recovery of canines with complete spinal cord injury. *Biomaterials* 214:119230.
- Xue, W., Zhao, Y., Xiao, Z., Wu, X., Han, J., Li, X., Xue, X., Yang, Y., Fang, Y., Fan, C., Liu, S., Xu, B., Han, S., Chen, B., Zhang, H., Fan, Y., Liu, W., Dong, Q., Dai, J. (2019). Epidermal growth factor receptor-extracellular-regulated kinase blockade upregulates TRIM32 signaling cascade and promotes neurogenesis after spinal cord injury. *Stem Cells Doi: 10.1002/stem.3097*
- Han, S., Yin, W., Li, X., Wu, S., Cao, Y., Tan, J., Zhao, Y., Hou, X., Wang, L., Ren, C., Li, J., Hu, X., Mao, Y., Li, G., Li, B., Zhang, H., Han, J., Chen, B., Xiao, Z., Jiang, X., Dai, J. (2019). Pre-clinical evaluation of CBD-NT3 modified collagen scaffolds in completely spinal cord transected non-human primates. *Journal of Neurotrauma* 36 (15): 2316-2324.

#### 专利

- 201910721879.1, 一种用于减缓脊髓损伤后小胶质细胞/巨噬细胞介导的炎症反应的联合治疗方法。中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 201910541990.2, 诱导成纤维细胞直接向神经转分化的组合物及其应用。中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 201910684043.9, 长链胆固醇在调控神经元突起生长中的应用。中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 201910335965.9, 信号通路在促进脊髓损伤后脊髓神经干细胞分化中的应用。中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 201910086380.8, 治疗脊髓损伤的产品及其应用。中国科学院遗传与发育生物学研究所。
- 201910135909.0, 一种促进不孕妇女瘢痕子宫内膜重建的重组的靶向生长因子及其应用。中国科学院遗传与发育生物学研究所。

### 员工简介

#### 工作人员

- 戴建武 研究员 陈冰 副研究员  
肖志峰 副研究员 赵燕南 副研究员  
李佳音 工程师 尹艳云 工程师  
侯祥林 工程师 施雅 工程师  
韩素芳 助理研究员 杨斌 助理工程师  
张娇娇 助理工程师 吴宪明 副研究员

#### 博士后

- 徐白 2017 张琪 2017  
薛伟伟 2019

#### 硕博连读生

- 杨颖 2015 张海鹏 2016 范永恒 2017  
刘为远 2018

#### 博士研究生

- 薛晓钰 2015 杨亚明 2016 马德尊 2017  
舒慕凝 2017 金辰 2018

#### 硕士研究生

- 孙政 2018

#### 劳务派遣

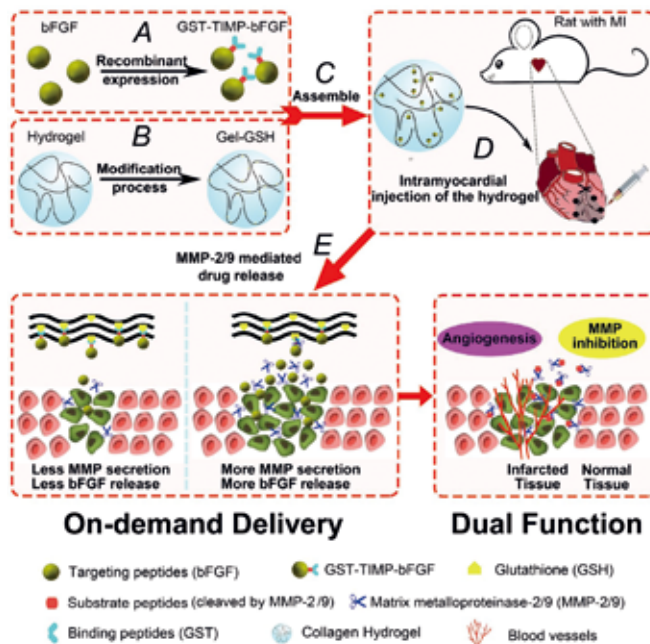
- 刘文斌 2018 张权 2018 欧艳梅 2019  
孙明瀚 2019 杨光 2019 褚淑妙 2019

#### 客座

- 崔熠 2013 国家卫生计生委科学技术研究所  
沈贺 2018 中国科学院苏州纳米技术与纳米仿生研究所  
邹云龙 2018 吉林大学中日联谊医院  
田天 2019 三峡大学

## 用于心肌再生的以基质金属蛋白酶为靶点的心肌梗死响应性智能水凝胶材料的研发

心脏缺血导致心肌细胞大量死亡，同时局部上调的基质金属蛋白酶 (MMPs) 降解心脏细胞外基质 (ECM)，导致梗死区域心室壁逐渐变薄，整体扩张，加速心功能恶化。原位恢复梗死区域的血供，减轻ECM降解成为治疗心肌梗死的潜在手段。我们制备了一种微环境控释型功能化胶原水凝胶，它由一种全新的生物大分子GST-TIMP-bFGF及谷胱甘肽修饰的胶原蛋白 (Collagen-GSH) 构成，不仅可以抑制MMP活性减轻心肌ECM降解，而且可以响应心肌梗死微环境释放碱性成纤维细胞生长因子 (bFGF) 促进血管新生。将GST-TIMP-bFGF/胶原-GSH的智能水凝胶注射到大鼠心肌梗死部位，发现智能水凝胶可抑制MMP活性并实现bFGF按需释放，可以增加损伤组织血管化，减轻心脏重构，改善心功能。该研究发表于Advanced Materials杂志 (Fan et al., 2019)



图：MMP响应性水凝胶制备及药物在大鼠MI模型损伤部位释放过程的示意图。(A) 重组蛋白表达法制备GST-TIMP-bFGF; (B) 采用化学交联法将GSH修饰到胶原凝胶上，得到Gel-GSH; (C) 将GST-TIMP-bFGF与Gel-GSH混合，通过GST和GSH实现材料和因子的特异结合; (D) 心肌梗死大鼠心肌内注射混合水凝胶; (E) 在损伤微环境中，MMP-2/9降解底物肽TIMP，释放bFGF，实现血管生成和抑制MMP的双重功能。

# 神经系统发育的分子机制

丁梅，博士，研究员。1995年获厦门大学学士学位；2004年获美国加州大学圣克鲁斯分校博士学位。2004-2008年在美国斯坦福大学做博士后。2008年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。

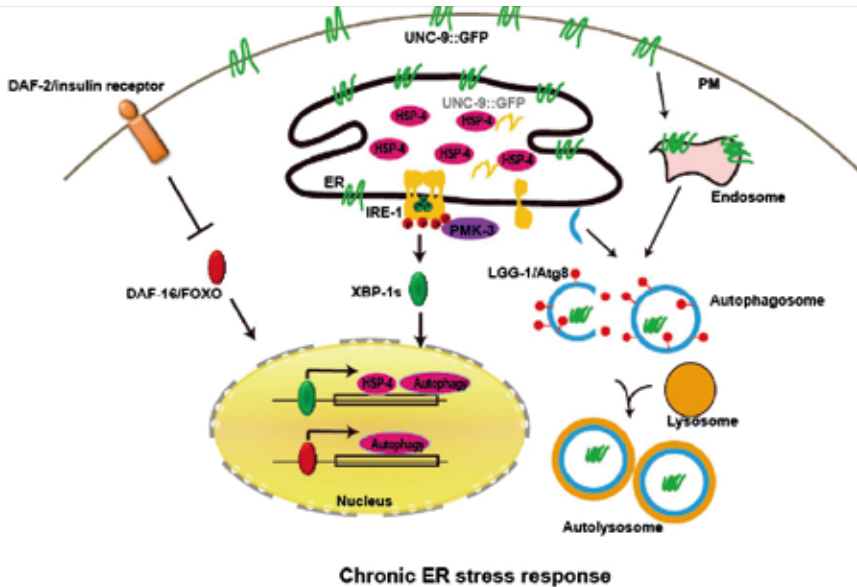
研究方向：人类感知、学习、记忆、思维、情绪均依赖于神经系统正确的信号传导。然而，神经系统信号传导究竟如何发生，是什么机制确保信息传导的连贯性和精确性并不清楚。本实验室综合利用分子生物学，遗传学，活体成像，生物化学等多种研究手段，系统探索神经系统发育的分子机制。主要研究内容包括：轴突定向生长，神经细胞特异性识别，突触形成与稳态调控。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/dingmei>



## 诱导自噬的激活延缓了在体缓慢的内质网应激

非折叠蛋白在内质网的积累会触发内质网应激响应，从而使细胞对抗生理和病理条件下蛋白质表达的波动。药物处理可引起严重的急性内质网应激反应。然而，这种强烈的内质网应激在体内很少发生。本研究中通过特异地在秀丽隐杆线虫 GABAergic 神经元中过度表达间隙连接蛋白 UNC-9，建立了一个无需药物或其它外在刺激的在体的细胞特异的内质网应激体系。该过表达能够特异地激活 *ire-1-xbp-1* 介导的内质网应激反应，且这种应激反应具有年龄依赖性和细胞自主性。在 *ire-1*, *xbp-1* 突变体中。过表达的 UNC-9 累积在内质网中而内源的 UNC-9 蛋白不受影响。进一步利用该体系，我们找到了一些调控内质网应激响应的分子并揭示了其调控机制。P38 MAPK 家族成员 PMK-3 通过磷酸化 IRE-1 调控了 XBP-1 介导的内质网应激响应。而胰岛素信号类似受体 DAF-2 则通过调控自吞噬活性从而拮抗了 *p38-Ire1-Xbp1* 介导的应激响应。因此通过本研究我们建立了一个在体的细胞特异的缓慢的内质网应激体系，并发现通过诱导自吞噬激活延缓了过表达引起的内质网应激。



图：自噬和 *pmk-3-ire-1-xbp-1* 介导的 UPR 延缓了过量 UNC-9::GFP 蛋白诱导的慢性内质网应激。

## 重要成果

### 论著

Ji, J., Yuan, J., Guo, X., Ji, R., Quan, Q., Ding, M., Li, X. and Liu, Y. (2019). Harmine suppresses hyper-activated Ras-MAPK pathway by selectively targeting oncogenic mutated Ras/Raf in *Caenorhabditis elegans*. *Cancer Cell International* 19: 159.

## 员工简介

### 工作人员

关丽英 助理研究员  
李 夏 助理研究员  
梁晶晶 助理研究员

### 硕博连读生

曹聪聪 2014 丛德滋 2015  
缪 悦 2016 陈佳强 2017  
尚昂扬 2018

### 博士研究生

吴 赞 2017

### 硕士研究生

孟 玥 2016



## 神经干细胞与神经发生

郭伟翔，博士，研究员。2008年获中国科学院动物研究所博士学位。2008-2014年先后在美国新墨西哥大学、美国威斯康辛大学麦迪逊分校做博士后。2014年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：衰老以及中枢神经系统疾病（如神经退行性疾病和神经发育疾病）都会引起神经发生的异常。我们实验室着重研究神经干细胞和神经发生的细胞和分子机制，以及它们在神经退行性疾病和神经发育疾病的发生机制，从而为这些疾病的预防和治疗提供理论依据。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/guoweixiang>

### 重要成果

#### 论著

Wang, J., Cui, Y., Yu, Z., Wang, W., Cheng, X., Ji, W., Guo, S., Zhou, Q., Wu, N., Chen, Y., Chen, Y., Song, X., Jiang, H., Wang, Y., Lan, Y., Zhou, B., Mao, L., Li, J., Yang, H., Guo, W. and Yang, X. (2019). Brain endothelial cells maintain lactate homeostasis and control adult hippocampal neurogenesis. *Cell Stem Cell* 25(6): 754-767 e759.

Wang, Y., Guo, Y., Tang, C., Han, X., Xu, M., Sun, J., Zhao, Y., Zhang, Y., Wang, M., Cao, X., Zhu, X. and Guo, W. (2019). Developmental cytoplasmic-to-nuclear translocation of RNA-binding protein HuR is required for adult neurogenesis. *Cell Reports* 29(10): 3101-3117 e3107.

### 员工简介

#### 工作人员

王 敏 工程师

#### 博士后

郭 野 2017

#### 硕博连读生

邢如晓 2013 韩 秀 2014

刘英浩 2015 罗 行 2016

王 磊 2016 申旭宁 2017

徐铭悦 2017 梁子琦 2018

#### 博士研究生

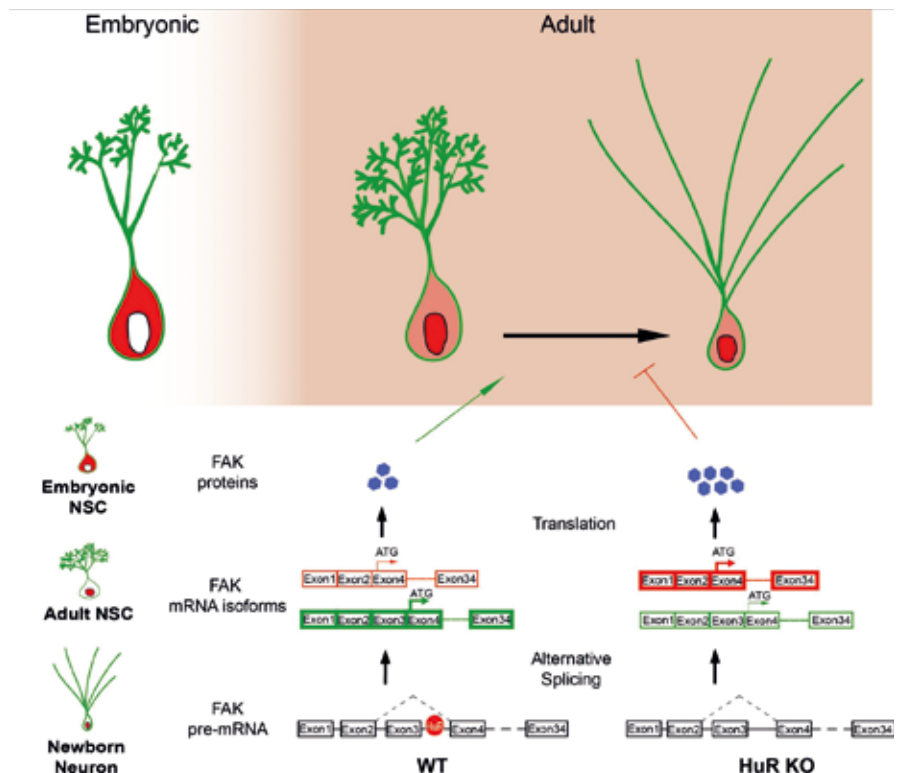
王玉晗 2014 李志敏 2019

#### 硕士研究生

席颖颖 2018

## RNA结合蛋白HuR的发育性细胞质-核易位表达调控成年神经发生

神经发生是神经干细胞增殖分化产生新生神经元的过程，对哺乳动物大脑的正确发育及功能连接建成起到至关重要的作用。成体神经发生与胚胎期神经的过程发生相类似，但其在增殖速率、分化速度及细胞微环境变化等方面仍然存在较大差异。这两个阶段神经发生的差异调节的内在机制仍然不清楚。在神经干细胞中特异性敲除RNA结合蛋白HuR，导致成年神经发生缺陷，而对胚胎期神经发生没有影响。在eNSCs中，HuR主要表达于细胞质，随着发育的进行，aNSCs中HuR主要易位表达于细胞核。针对HuR敲除aNSCs进行的转录组分析、RNA免疫沉淀及RT-PCR等实验结果表明，HuR调控黏着斑激酶 (FAK) 的选择性剪切。在HuR敲除的aNSCs中会形成5'-UTR变短的FAKmRNA，导致其翻译增加，FAK信号过度激活。药物抑制FAK的活性能改善HuR条件性敲除小鼠中的成年神经发生缺陷及海马依赖性的学习记忆障碍。这一工作提出，在发育过程中HuR在eNSCs和aNSCs的细胞质和细胞核中易位表达，可能是胚胎神经发生和成年神经发生差异调节的分子机制之一。



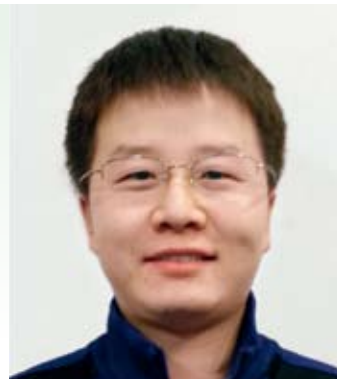
图：HuR的发育性细胞质-核易位表达调控成年神经发生。

## 信号转导和脂分子转运转化

何康敏，博士，研究员。2008年在北京大学医学部获得预防医学学士学位，期间在北京大学中国经济研究中心获得经济学学士双学位；2013年在北京大学获得生物力学与医学工程博士学位；2013年至2019年在哈佛医学院/波士顿儿童医院先后从事博士后、Instructor/Research Associate研究；2019年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所任研究员。

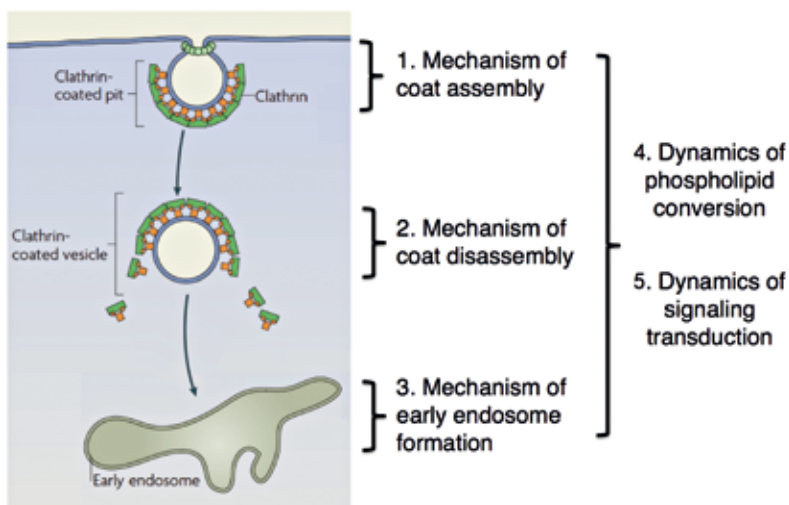
研究方向：利用活细胞单分子定量荧光成像、基因编辑和探针设计等技术，定量研究细胞内吞和胞内运输的分子机制以及这些过程中受体信号转导的动态调控以及磷脂类分子的动态转运转化。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/hekangmin>



### 活细胞单分子荧光成像研究膜运输过程中信号转导和脂分子转运转化

在本实验室成立的多半年时间里，通过利用活细胞单分子荧光成像和基因编辑等多种研究手段，在细胞内吞转运以及该过程中细胞信号转导和磷脂类分子转运转化研究方面有了初步进展：通过基因编辑，我们系统构建了大量内吞和胞内转运相关蛋白的荧光蛋白敲入的细胞研究体系，初步成像研究提示了不同于经典认识的内吞囊泡形成早期内体的机制；通过基因编辑我们实现了对表皮生长因子受体及其下游若干重要信号分子插入不同荧光蛋白的细胞研究体系的构建，初步实现了活细胞三色单分子荧光成像追踪对细胞信号转导过程的动态分析；通过构建网格蛋白内吞囊泡特异的磷脂类分子的探针，初步揭示了几种磷脂类分子在内吞囊泡形成过程中的动态分布。



图：课题组主要研究方向：通过利用活细胞单分子定量荧光成像、基因编辑和探针设计等技术，研究细胞内吞和胞内囊泡运输的分子机制，以及内吞转运过程中脂类分子的动态转运转化和受体信号转导的动态过程和调控。

#### 员工简介

##### 工作人员

李楠 助理研究员  
党颂 工程师  
杨雅冉 工程师

##### 博士后

徐家超 2019

##### 硕博连读生

庄尚尚 2017 汪星昊 2018  
王静 2018 梁昱 2019  
孙鹏宇 2019

##### 博士研究生

杜勇涛 2019

##### 客座

高誉 2019 四川农业大学  
许红威 2019 北京大学



## 脂肪代谢调控、发育与脂代谢疾病的分子细胞机制

黄勋，博士，研究员，副所长。1994年获厦门大学学士学位；1997年获中国科学院微生物研究所硕士学位；2003年获美国加州大学圣克鲁斯分校博士学位，同年进入斯坦福大学做博士后。2006年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院百人计划，终期评估“优秀”。2014年获国家自然科学基金委“国家杰出青年科学基金”。2016年入选科技部“中青年科技创新领军人才”；2017年入选万人计划“科技创新领军人才”。

研究方向：1) 脂代谢调控与生理；2) 脂代谢调控与发育进化。主要关注脂代谢稳态的核心机制、脂代谢过程的微观途径与机体宏观表型的联系、脂代谢重塑和环境适应等。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/huangxun>

### 重要成果

#### 论著

Chen, L. G., Chen, X. W., Huang, X., Song, B. L., Wang, Y. and Wang, Y. G. (2019). Regulation of glucose and lipid metabolism in health and disease. *Science China-Life Sciences* 62(11):1420-1458.

Liu, Y., Ji, Y., Li, X., Shui, G. H. and Huang, X. (2019). Lipid storage regulator *CdsA* is essential for *Drosophila* metamorphosis. *Journal of Genetics and Genomics* 46(4): 231-234.

Wang, W., Xin, J. X., Yang, X., Lam, S. M., Shui, G. H., Wang, Y. and Huang, X. (2019). Lipid-gene regulatory network reveals coregulations of triacylglycerol with phosphatidylinositol/lysophosphatidylinositol and with hexosyl-ceramide. *Biochimica Et Biophysica Acta-Molecular and Cell Biology of Lipids* 1864(2): 168-180.

Yang, X., Liang, J. J., Ding L., Li X., Lam, S. M., Shui, G. H., Ding, M., Huang, X. (2019). Phosphatidylserine synthase regulates cellular homeostasis through distinct metabolic mechanisms. *PLoS Genetics* Doi: 10.1371/journal.pgen.1008548.

#### 专利

ZL201510463293.1, 蛋白酶体抑制剂在制备降低动物脂含量或脂堆积能力产品中的应用. 黄勋, 刘正隆.

### 员工简介

#### 工作人员

李霞 助理研究员  
王威 工程师  
许捷思 助理研究员

#### 硕博连读生

杨雷雷 2013 赵雪璠 2013  
许梦瑶 2014 潘慧敏 2015  
朱景林 2016 陈思宇 2017  
纪媛 2017 周一凡 2018  
刁梦 2019

#### 博士研究生

杨晓 2014

#### 硕士研究生

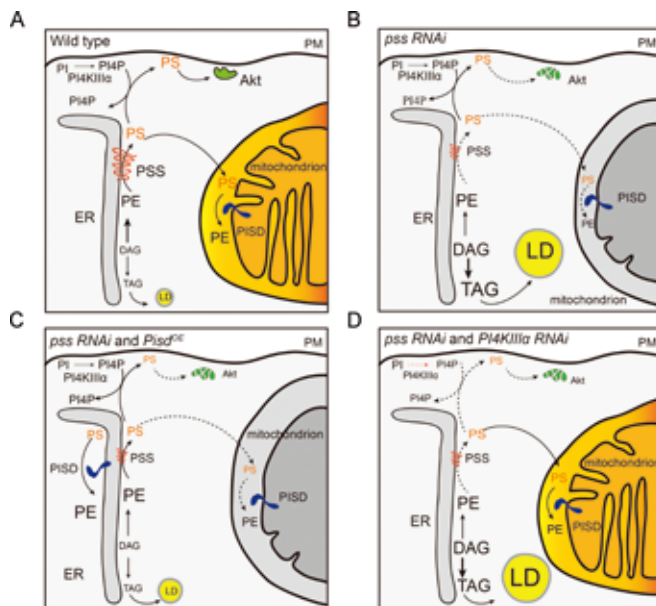
苏醒 2015

#### 劳务派遣

张琼淑 2017

### 磷脂酰丝氨酸合酶调控细胞稳态的机制研究

磷脂酰丝氨酸是由位于内质网上的磷脂酰丝氨酸合酶在内质网上合成的，合成的磷脂酰丝氨酸通过不同的转运途径转运到细胞膜或线粒体中。磷脂酰丝氨酸在不同的亚细胞定位中的体内功能及其在不同亚细胞定位之间的协调转运机制仍未完全诠释。我们发现果蝇磷脂酰丝氨酸合酶在调控细胞生长、脂类储积和线粒体的功能。在敲降磷脂酰丝氨酸合酶表达的细胞中，磷脂酰丝氨酸合成的减少导致细胞膜Akt蛋白减少，导致细胞生长缺陷；同时磷脂酰丝氨酸合成的减少导致细胞内的磷脂代谢合成向中性脂合成代谢转换，并导致脂类的异位累积；线粒体内磷脂酰丝氨酸的减少导致线粒体蛋白转运与线粒体的完整性受到损伤。最重要的是，敲降*PI4KIII*的表达可以减少从内质网向细胞膜磷脂酰丝氨酸的转运，可以部分拯救磷脂酰丝氨酸合酶表达降低导致的线粒体缺陷。我们的结果发现了不同的磷脂酰丝氨酸转运途径之间磷脂转运平衡机制，并揭示了磷脂酰丝氨酸合酶通过不同的细胞代谢途径调控细胞内稳态的机制。



图：关于*pss RNAi*与不同基因互作表现出的不同表型而提出的机制解释模型。(A-B) 基因*pss*功能缺失导致Akt蛋白水平下降、甘油二酯和甘油三酯累积及线粒体结构与功能损伤。(C) 在*pss RNAi*遗传背景下过表达*Pisd*可能导致磷脂在PS-PE-PS局部合成循环增加，这一过程可能发生在内质网或者线粒体。因此，与单独敲降*pss*表达相比(B)，*Pisd*过表达通过降低细胞膜上磷脂酰丝氨酸的水平和降低可用于TAG合成的DAG水平分别导致更小的细胞大小并降低脂类的储积。(D) 敲降*PI4KIIIa*的表达通过增加向线粒体PS转运拯救了线粒体mitoEYFP荧光蛋白转运缺陷。

## 微纳光学及生物影像技术开发与应用研究

降雨强，博士，研究员，生物影像技术平台主任。1989年于北京师范大学物理系获学士学位；2004年于山西大学量子光学与光量子器件国家重点实验室获博士学位。2004-2010在大阪大学及国立自然科学研究机构分子科学研究所做博士后。

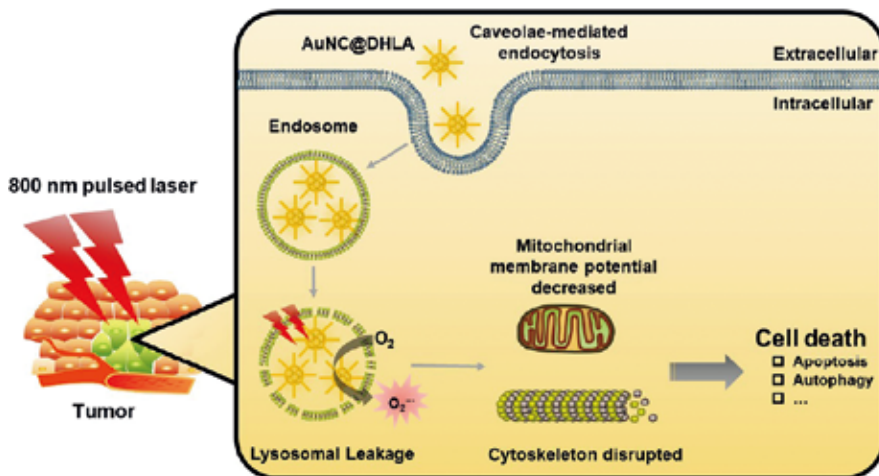
研究方向：1) 激光光镊及其生物学应用。2) 纳米功能材料及其生物学应用。3) 飞秒捕获中的非线性效应研究。4) 作物表型组学研究。

实验室主页：<http://jianglab.genetics.ac.cn>



## 双光子光动力治疗在肿瘤治疗方面取得新进展

采用二氢硫辛酸为配体的金纳米簇 (AuNC@DHLA) 作为光敏剂，结合组织穿透深度大的近红外脉冲光源，有效地提高了在体肿瘤的杀伤效果。在激光照射下，AuNC@DHLA可产生大量的超氧阴离子 $O_2^{\cdot-}$ ，实现了基于I型机制的光动力治疗 (传统的光动力学治疗产生活性氧自由基多以单线态氧 $^1O_2$ 为主，为II型机制)。荷瘤小鼠模型实验结果表明，AuNC@DHLA可高效抑制肿瘤的生长，其治疗效果明显优于临床在用的艾拉 (5-Aminolevulinic acid, 5-ALA) 光敏剂。我们发展的AuNC@DHLA双光子光动力疗法具有生物安全性高、光动力学疗效好、组织穿透深度大等优点，具有重要的临床应用价值。



图：基于AuNC@DHLA的双光子光动力疗法及其作用机理示意图。金纳米簇通过受体介导的细胞内吞途径进入细胞，并且富集在溶酶体部位。在光照条件下，金纳米簇诱发超氧阴离子自由基，引起溶酶体膜通透性改变，进而导致线粒体功能受损（膜电势下降、线粒体形态改变等）和细胞骨架断裂，最终诱发细胞死亡。

### 重要成果

#### 论著

Han, R., Zhao, M., Wang, Z., Liu, H., Zhu, S., Huang, L., Wang, Y., Wang, L., Hong, Y., Sha, Y. and Jiang, Y. (2019). Super-efficient *in vivo* two-photon photodynamic therapy with a gold nanocluster as a type I photosensitizer. *ACS Nano*. Doi: 10.1021/acsnano.9b05169.

Yan, Y., Yu, J., Gao, Y., Kumar, G., Guo, M., Zhao, Y., Fang, Q., Zhang, H., Yu, J., Jiang, Y., Zhang, H.-T. and Ma, C.-G. (2019). Therapeutic potentials of the Rho kinase inhibitor Fasudil in experimental autoimmune encephalomyelitis and the related mechanisms. *Metabolic Brain Disease* 34(2): 377-384.

#### 员工简介

##### 工作人员

韩荣成 助理研究员  
黄璐 助理研究员  
王瑜 助理研究员

##### 博士后

李炳熠 2019

##### 硕博连读生

薛英喜 2015 尉杰忠 2016  
朱胜藏 2016 孙宇娇 2018

##### 博士研究生

于文文 2017

##### 客座

石莎莉 2018 北京理工大学



## 细胞内囊泡运输的分子机制及功能

刘佳佳，博士，研究员。2000年获美国芝加哥大学博士学位。2000-2005年在美国斯坦福大学医学院做博士后。2006年加入遗传与发育生物学研究所。2013年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：细胞内dynein-dynactin驱动的囊泡运输分子机制，及囊泡运输和细胞骨架重塑在神经突触发育及可塑性中的生物学功能。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/liujiajia>

### 员工简介

#### 工作人员

朱少侠 实验师  
杨艳蕊 副研究员  
佟春芳 助理研究员

#### 博士后

王 豆 2019

#### 硕博连读生

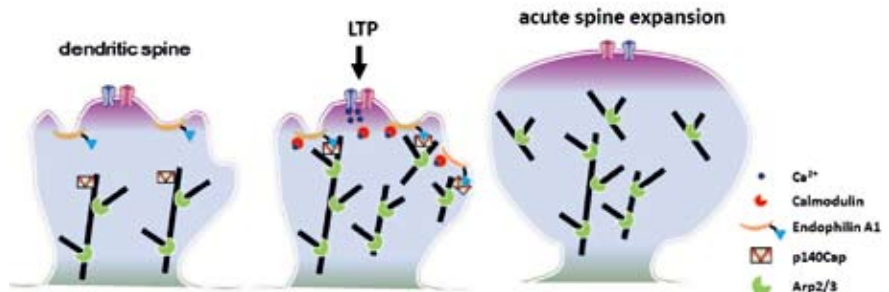
陈 雪 2017 李 瑞 2017

#### 博士研究生

郭真真 2015 陈 微 2018

## Endophilin A1通过促进微丝聚合调控树突棘的结构可塑性

中枢神经元的树突棘是兴奋性神经递质的主要接收位点。兴奋性神经突触发生长时程增强 (LTP) 时，树突棘发生膨大及其突触后膜上的神经递质受体AMPA数目增加是突触可塑性的标志。树突棘的结构和功能可塑性被认为是大脑学习和记忆功能的细胞基础。Endophilin A1是一个膜运输和膜动态的蛋白调节因子。我们的研究发现，当神经元细胞发生长时程突触增强时，endophilin A1响应钙信号，定位到树突棘质膜并募集细胞骨架调控因子p140Cap，从而促进微丝聚合，使树突棘迅速膨大而产生结构可塑性。该项研究发现了树突棘结构可塑性起始期的调控因子，并揭示了endophilin A1不同于endophilin A家族其它成员的突触后功能。



图：endophilin A1通过促进微丝聚合起始树突棘的结构可塑性。

## 表观遗传和细胞命运决定

陆发隆，博士，研究员，博士生导师。2004年获得北京大学学士学位；2011年获得中国科学院遗传与发育生物学研究所博士学位；之后在北卡罗来纳大学教堂山分校/霍华德休斯医学研究所和波士顿儿童医院/哈佛医学院/霍华德休斯医学研究所从事博士后研究。2017年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

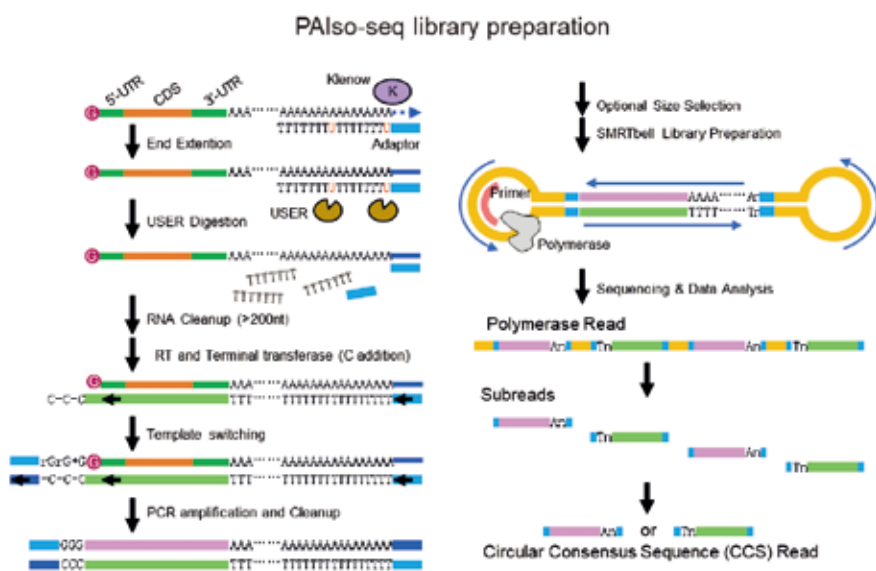
研究方向：表观遗传调控的生物化学机理，例如DNA甲基化谱建立的生物化学基础；哺乳动物合子基因组激活机理；细胞命运决定过程中染色质上发生的可遗传变化及其机制。

实验室主页：<http://www.genetics.cas.cn/lufalong>



## 开发PALso-seq方法并揭示RNA poly(A)尾巴内部广泛存在其他碱基修饰

Poly(A)尾巴对于mRNA的生物学功能及调控至关重要。然而，包含poly(A)尾巴的mRNA的全长序列仍然不知道。本研究中，我们开发了一种单细胞水平的，高度灵敏的方法，不仅能够精确读取poly(A)尾巴中的非A碱基，而且也可以对poly(A)尾巴和全长cDNA进行定量，我们将其命名为包含poly(A)尾巴的RNA异构体测序(PALso-seq)。利用这种方法，我们可以测量RNA异构体特异性的poly(A)尾长度。更有趣的是，我们发现在小鼠GV期卵母细胞中有17% mRNA的poly(A)尾巴含有非A残基(U, C和G)。另外，PALso-seq也适用于单个GV期卵母细胞的mRNA poly(A)尾巴的检测。这些发现不仅为poly(A)尾的研究提供了一个准确、灵敏的工具，而且为poly(A)尾巴内部的非A碱基修饰的功能和调控研究打开了一扇门。



图：PALso-seq方法设计的原理图。

### 重要成果

#### 论著

- Liu, Y., Nie, H., Liu, H. and Lu, F. (2019). Poly(A) inclusive RNA isoform sequencing (PALso-seq) reveals widespread non-adenosine residues within RNA poly(A) tails. *Nature Communications* 10(1): 5292.
- Tuesta, L. M., Djekidel, M. N., Chen, R., Lu, F., Wang, W., Sabatini, B. L. and Zhang, Y. (2019). In vivo nuclear capture and molecular profiling identifies *Gmeb1* as a transcriptional regulator essential for dopamine neuron function. *Nature Communications* 10(1): 2508.
- Qiu, Q., Mei, H., Deng, X., He, K., Wu, B., Yao, Q., Zhang, J., Lu, F., Ma, J. and Cao, X. (2019). DNA methylation repels targeting of *Arabidopsis* REF6. *Nature Communications* 10(1): 2063.

#### 专利

201910837492.2, 一种待测样品中具有poly(A)尾巴的RNA的测序文库的构建方法。

### 员工简介

#### 工作人员

张红莲 副研究员  
张 玉 工程师

#### 博士后

樊春燕 2018 刘玉胜 2019  
王美蛟 2019

#### 博士研究生

聂 虎 2017 孙蓉蓉 2017  
张吉祥 2017 李雅梅 2018  
李月娇 2018 谢亚莉 2018  
杜 毅 2019 傅良政 2019  
王 逵 2019

#### 硕士研究生

刘 媛 2016 朱运济 2017  
刘 莹 2018



## 人类及动物功能基因组学

马润林, 博士, 研究员。1987年获美国明尼苏达大学硕士学位; 1991年获堪萨斯州立大学博士学位。1992-1996在美国伊利诺依大学做博士后。1997年起任伊利诺依大学研究助理教授。1998年入选中国科学院“百人计划”。2001年获得“国家杰出青年科学基金”。2004年入选“新世纪百千万人才工程”国家级人选。2009年入选享受国务院颁发政府特殊津贴专家。

研究方向: 旋角羚MHC基因组结构与进化分析。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/marunlin>

### 重要成果

#### 论著

Guo, Y., Zhang, X., Xu, Q., Gong, F., Shi, X., Li, C., Huang, R., Nie, F., Zhu, W., Li, J., Tang, J., Li, R., Zhang, L., Chen, L. and Ma, R. Z. (2019). Human Papillomavirus 16 oncoprotein E7 retards mitotic progression by blocking Mps1-MAP4 signaling cascade. *Oncogene* 38(31): 5959-5970.

Li, C., Chen, L., Liu, X., Shi, X., Guo, Y., Huang, R., Nie, F., Zheng, C., Zhang, C. and Ma, R. Z. (2019). A high-density BAC physical map covering the entire MHC region of addax antelope genome. *BMC Genomics* 20(1): 479.

Nie, F. Y., Tian, J. H., Lin, X. D., Yu, B., Xing, J. G., Cao, J. H., Holmes, E. C., Ma, R. Z. and Zhang, Y. Z. (2019). Discovery of a highly divergent hepadnavirus in shrews from China. *Virology* 531: 162-170.

#### 员工简介

##### 硕博连读生

李超昆 2013

##### 博士研究生

黄锐 2015 聂方园 2015

##### 返聘人员

谭萍萍 2014

##### 客座

张倩玉 2017 首都医科大学附属

北京朝阳医院

李玖杰 2018 中国科学院大学

马振儒 2018 首都医科大学附属

北京朝阳医院

杨柳 2018 首都医科大学附属

北京朝阳医院

朱雯 2018 中国科学院大学

Faadi 2019 中国科学院大学

陈燕 2019 中国科学院大学

王世玉 2019 中国科学院大学

### 旋角羚MHC区域高密度物理图谱的构建

哺乳动物主要组织相容性复合体 (MHC) 含有一系列与动物免疫防御相关的基因。目前尚未有野生反刍动物MHC物理图谱的报道。我们在构建旋角羚体细胞细菌人工染色体 (BAC) 文库的基础上, 通过三维PCR筛选的方法得到覆盖旋角羚MHC区域的阳性克隆, 并通过指纹图谱和序列特异性PCR的手段对阳性克隆之间的重叠关系进行交叉验证。最终获得了由47个重叠的BAC克隆组成的高密度物理图谱。该物理图谱由两个重叠群构成, 第一个重叠群包括40个克隆, 它覆盖了旋角羚MHC Class I-III-IIa区域; 第二个重叠群包括7个克隆, 它覆盖了旋角羚MHC Class IIb区域。两个重叠群间有一个由MHC Class II区域的倒位导致的约18 Mb的间隙。旋角羚MHC Class II区域的倒位为反刍动物MHC基因组结构的保守性提供了证据。

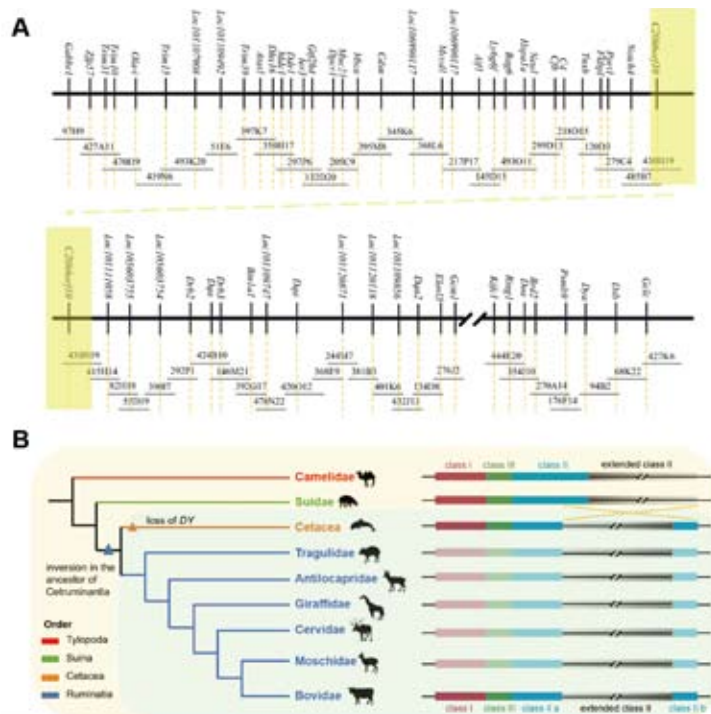


图: (A) 旋角羚MHC区域的物理图谱。通过BAC末端测序鉴定的基因用垂直线标出, 上方列出了基因座名称。旋角羚MHC区域物理图谱由两条横线展示, 重叠区域在末端用相同颜色的阴影标出。(B) 鲸反刍亚目祖先染色体倒位的假说。左侧列出偶蹄目动物的系统发生关系, 右侧是相应的MHC区域的基因组结构。由于缺乏基因组信息或组装效果不佳, 反刍亚目其余5个科中MHC区域的倒位仍有待确定。

# 细胞骨架网络的动态协同调控

孟文翔，博士，研究员。2002年获日本大阪大学医学博士学位。2002-2004年在日本三重大学做博士后。2004-2010年任日本理化学研究所发生再生综合研究中心研究员。2010年入选中国科学院“百人计划”。2011年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

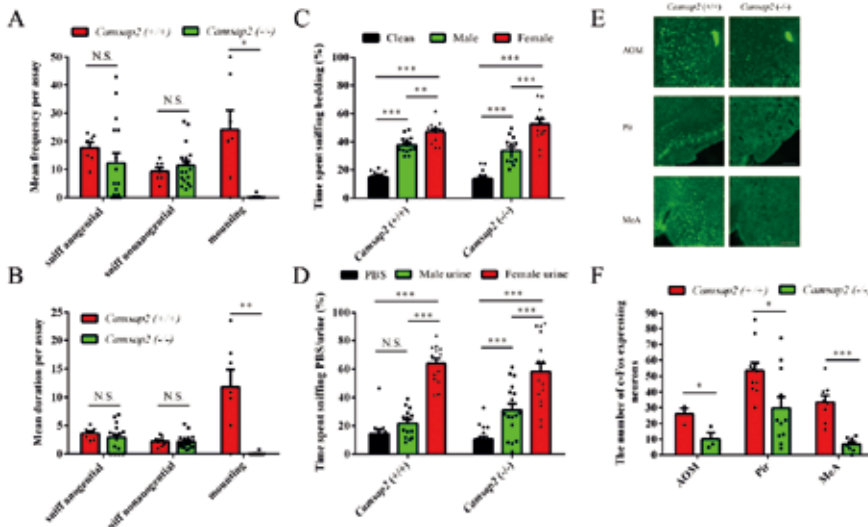
研究方向：微管、微丝骨架网络的协同在细胞、个体以及疾病中的功能。

实验室主页：<http://menglab.genetics.ac.cn>



## Camsap2对小鼠交配行为的影响

CAMSAP2作为一种非中心体微管负端结合蛋白，在微管的组织，稳定以及定向的细胞运动中起着很重要的作用。但是Camsap2在体内的功能还不太清楚。为了研究Camsap2的功能，我们利用基因敲除方法得到Camsap2敲除小鼠，我们观察到Camsap2敲除雄鼠的交配行为存在缺陷。小鼠的交配行为依赖于信息素的检测。通过埋食物实验，垫料偏好性检测以及挥发性气味检测，Camsap2敲除雄鼠表现出完整的嗅觉功能。然而，利用c-FOS激活追踪功能环路的方法，我们发现Camsap2敲除雄鼠在暴露于发情期雌鼠的气味后，嗅球的下游脑区内侧前嗅核，梨皮层以及内侧杏仁核不能被激活。这一结果表明Camsap2敲除小鼠的嗅球到内侧杏仁核的环路存在异常。



图：(A-B)与对照组小鼠相比，Camsap2敲除小鼠骑跨雌鼠的频率(A)和持续时间(B)显著降低，但是相比于对照组小鼠，Camsap2敲除小鼠对于雌鼠的生殖道以及非生殖道嗅探的频率和持续时间没有差异。(C-D) Camsap2敲除小鼠的嗅觉功能没有异常。Camsap2敲除小鼠可以检测到雌性垫料中的信息素(C)，Camsap2敲除小鼠可以检测到雌性尿液中的挥发性成分。(E-F)将小鼠暴露于雌鼠垫料后，与对照组小鼠相比，Camsap2敲除小鼠的内侧前嗅核，梨皮层和内侧杏仁核的c-FOS激活显著降低。

## 员工简介

### 工作人员

徐鸿林 实验师

### 博士后

张蕊 2019 周峥嵘 2019

### 硕博连读生

杨梦歌 2017 李月佳 2018  
徐培培 2018

### 博士研究生

周峥嵘 2013 杨晓娟 2015  
胡伟长 2017

### 硕士研究生

张林山 2015

### 客座

林睿凡 2019 中国中医科学院  
中医临床基础医学研究所  
王树鑫 2019 中国中医科学院  
广安门医院  
张妮楠 2019 中国中医科学院  
中医临床基础医学研究所



## 脂质组学、脂代谢、代谢性紊乱

税光厚，博士，研究员。2004年获新加坡国立大学博士学位。2004-2008年在新加坡国立大学生物化学系做博士后。2008-2012年任新加坡国立大学生命科学院高级研究员。2013年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：开发高通量、高敏度的系统脂组学方法，结合分子生物学技术研究脂组分变化与遗传、发育及相关的疾病的内在联系。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/shuiguanghou>

### 重要成果

#### 论著

Lu, J., Lam, S. M., Wan, Q., Shi, L., Huo, Y., Chen, L., Tang, X., Li, B., Wu, X., Peng, K., Li, M., Wang, S., Xu, Y., Xu, M., Bi, Y., Ning, G. and Wang, W. (2019). High-coverage targeted lipidomics reveals novel serum lipid predictors and lipid pathway dysregulation antecedent to type 2 diabetes onset in normoglycemic Chinese adults. *Diabetes Care* 42(11): 2117-2126.

Quan, L. H., Zhang, C., Dong, M., Jiang, J., Xu, H., Yan, C., Liu, X., Zhou, H., Zhang, H., Chen, L., Zhong, F. L., Luo, Z. B., Lam, S. M., Shui, G., Li, D. and Jin, W. (2019). Myristoleic acid produced by enterococci reduces obesity through brown adipose tissue activation. *Gut*. Doi: 10.1136/gutjnl-2019-319114.

Cao, Z., Hao, Y., Fung, C. W., Lee, Y. Y., Wang, P., Li, X., Xie, K., Lam, W. J., Qiu, Y., Tang, B. Z., Shui, G., Liu, P., Qu, J., Kang, B. H. and Mak, H. Y. (2019). Dietary fatty acids promote lipid droplet diversity through seipin enrichment in an ER subdomain. *Nature Communications* 10(1): 2902.

Pan, S., Lin, Y., Liu, Q., Duan, J., Lin, Z., Wang, Y., Wang, X., Lam, S. M. and Zou, Z. (2019). Convergent genomic signatures of flight loss in birds suggest a switch of main fuel. *Nature Communications* 10(1): 2756.

Li, B., Li, L., Li, M., Lam, S. M., Wang, G., Wu, Y., Zhang, H., Niu, C., Zhang, X., Liu, X., Hambly, C., Jin, W., Shui, G. and Speakman, J. R. (2019). Microbiota depletion impairs thermogenesis of brown adipose tissue and browning of white adipose tissue. *Cell Reports* 26(10): 2720-2737.

### 员工简介

#### 工作人员

张少华 助理工程师  
田鹤 工程师

#### 硕博连读生

王饶旭 2012 张昌 2013  
陈秀鹏 2014 王泽华 2014  
李婕 2015 苗唤 2015  
曹玥迪 2016 倪震 2016  
孙欢 2017 田艳琳 2018

#### 博士研究生

曹明君 2016

#### 硕士研究生

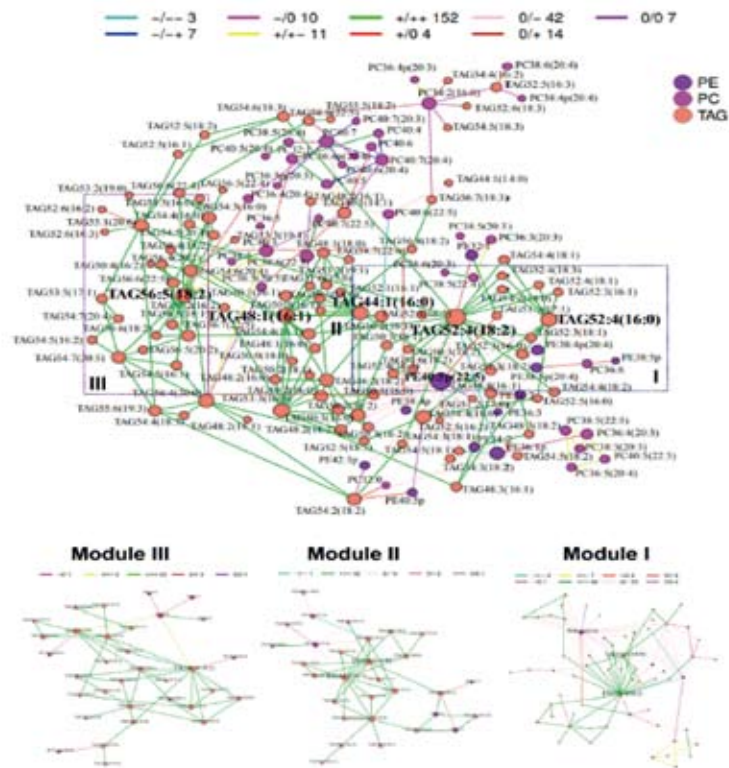
李潘 2017 吕海燕 2018

#### 客座

Lam Sin Man 2019

### 高覆盖率靶向脂质组学揭示2型糖尿病新的血脂预测因子

利用高覆盖率的靶向LC-MRM脂质组学方法，研究者在一个发现队列中提出了T2DM的血清脂质预测因子，并将这些发现复制到正常血糖中国成年人的前瞻性队列中；发现这些脂质大大改善了T2DM预测的常规临床危险因素。此外，研究者揭示了在前驱糖尿病葡萄糖紊乱开始之前，不同碳原子数和不饱和度的TAG之间的类内共调节，以及PUFA-PEps和TAG之间的相关性便发生了变化。



图：多尺度嵌入式相关网络分析说明了在控制糖尿病和突发性糖尿病中各种PC, PE和TAG之间的差异相关性。仅包括具有显著差异相关性 ( $P < 0.05$ ) 的脂质对。符号/符号指示对照/偶发性糖尿病中相关性的方向和强度，随后的数字指示表现出这种变化模式的全局网络中脂质对的数量。例如，全局网络上部图例中的亮绿色线+/- 152指示在糖尿病发病率中两个相连的脂质对之间的相关性在对照组中为正 (+)，而相关性更强为正 (++)。全局网络中共有152个由亮绿色线连接的脂质对显示了这种变化模式 (+ / ++)。从多尺度聚类分析中识别出的三个模块分别在下面显示：(I) PUFA-PEps和TAGs；(II) PUFA-PEps和非PUFA-TAGs；(III) PUFA-PEps和PUFA-TAGsd。

## 能量代谢的调控

John Speakman, 博士, 研究员。1984年获英国斯特灵大学博士学位。2004年入选爱丁堡皇家学会会士。2008年入选英国皇家医学科学学会会士。2012年入选欧洲科学院院士。2018年入选英国皇家学会会士。2019年入选中国科学院外籍院士。

研究方向: 调控摄食、能量平衡以及身体成分的分子基础, 尤其是导致肥胖现象产生的原因及肥胖引起的结果, 研究对象包括人类、模式动物和野生动物。

实验室主页: <http://johnspeakmanlab.weebly.com/>



### 肠道微生物的缺失会损伤棕色脂肪组织的产热和白色脂肪棕色化的过程

肠道微生物被认为可以影响宿主能量代谢。众所周知, 棕色脂肪组织是一种功能特化的产热组织, 在低温时动物通过棕色脂肪组织和促进白色脂肪细胞棕色化的方式来参加产热, 进而维持体温。然而, 目前肠道菌群对棕色脂肪产热的影响存在一些矛盾点。因此, 本课题的目的就是重新评估在肠道菌群缺失情况下对棕色脂肪和白色脂肪棕色化的影响。利用不同抗生素配方处理小鼠以清除肠道菌群, 进而发现小鼠体温调控机制受到破坏, 产热受阻。该结果也在无菌小鼠中得到了证实。用灌胃的方式为肠道菌群缺失的小鼠补充外源丁酸盐后, 可以部分恢复小鼠的产热能力, 说明肠道微生物代谢产物丁酸可能参与了调控机体体温平衡。

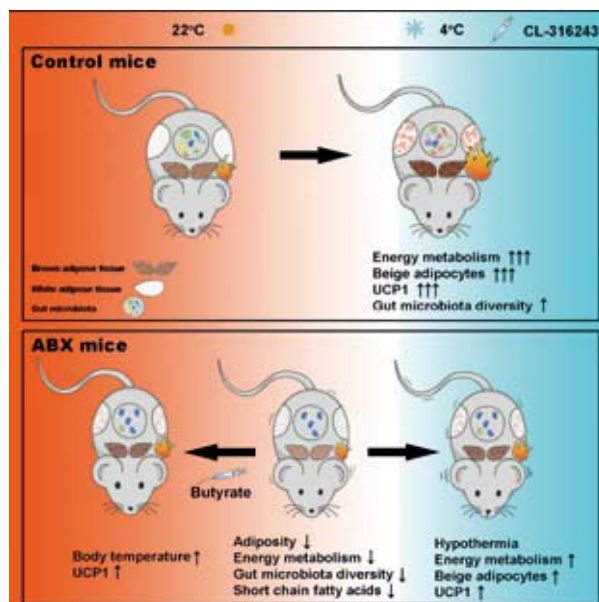


图: 正常情况下, 小鼠遇到冷环境时米色脂肪细胞会激活棕色脂肪组织 (Brown adipose tissue) 和皮下的米色脂肪细胞 (Beige adipocytes), 提高解耦连蛋白1 (UCP1) 的表达, 进而提高机体代谢水平来对应寒冷。在缺失肠道菌群的情况下, 小鼠在常温下已表现出低代谢水平, 脂肪含量减少。肠道菌群的缺失也会影响小鼠对冷环境的反应, 最明显的表征是低体温症, 代谢水平以及UCP1表达的降低。这一系列表现与肠道菌群代谢产物丁酸盐的缺失有一定关系, 为肠道菌群缺失的小鼠补充外源丁酸盐后可以解除低体温症, 以及恢复UCP1的表达。

### 重要成果

#### 论著

- Hu, S., Wang, L., Togo, J., Yang, D., Xu, Y., Wu, Y., Douglas, A. and Speakman, J. R. (2019). The carbohydrate-insulin model does not explain the impact of varying dietary macronutrients on body weight and adiposity of mice. *Molecular Metabolism*. Doi: 10.1016/j.molmet.2019.11.010.
- Li, B., Li, L., Li, M., Lam, S. M., Wang, G., Wu, Y., Zhang, H., Niu, C., Zhang, X., Liu, X., Hambly, C., Jin, W., Shui, G. and Speakman, J. R. (2019). Microbiota depletion impairs thermogenesis of brown adipose tissue and browning of white adipose tissue. *Cell Reports* 26(10): 2720-2737.
- Speakman, J. R. (2019). Fifty shades of brown: The functions, diverse regulation and evolution of brown adipose tissue. *Molecular Aspects of Medicine* 68: 1-5.
- Thurber, C., Dugas, L. R., Ocobock, C., Carlson, B., Speakman, J. R. and Pontzer, H. (2019). Extreme events reveal an alimentary limit on sustained maximal human energy expenditure. *Science Advances* 5(6).
- Togo, J., Hu, S., Li, M., Niu, C. Q. and Speakman, J. R. (2019). Impact of dietary sucrose on adiposity and glucose homeostasis in C57BL/6J mice depends on mode of ingestion: liquid or solid. *Molecular Metabolism* 27: 22-32.

#### 员工简介

##### 工作人员

牛超群 工程师

##### 博士后

胡素梅 2016

Agata Rudolf 2017

黄弋 2017

Libia Alejandra Garcia Flores 2019

##### 硕博连读生

乌英嘎 2013 李敏 2014

王安永琪 2017

##### 博士研究生

Jacques Togo 2014

张雪映 2015

##### 硕士研究生

高琳 2018

##### 轮转学生

汪星昊 2019 张显慧 2019



## 线粒体应激反应和衰老的分子机制

田焜，博士，研究员。2010年获北京生命科学研究所博士学位。2010-2016年先后在美国Salk研究所、美国加州大学伯克利分校做博士后。2016年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：线粒体应激反应；通过表观遗传调控衰老的信号通路，以及不同组织器官之间协调线粒体应激反应的调控机制。

实验室主页：<http://tianlab.wixsite.com/website>

### 员工简介

#### 工作人员

邬雪影 助理研究员  
刘亚婷 助理工程师

#### 博士后

刘莉萌 2017 刘阳丽 2018

#### 硕博连读生

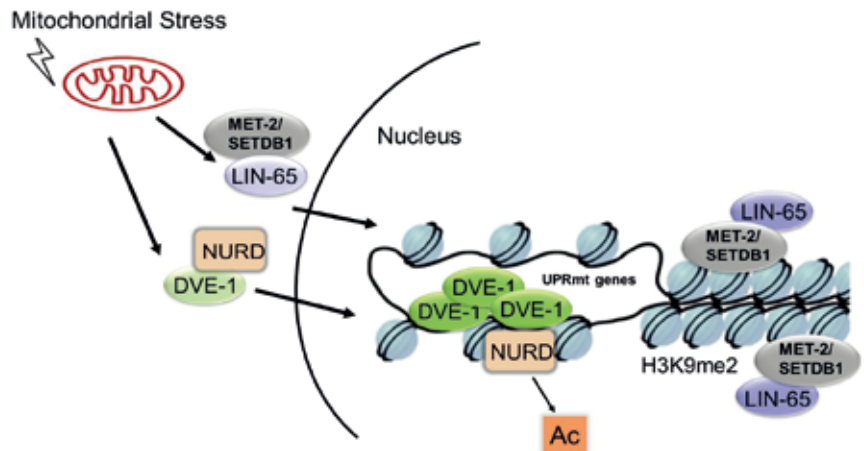
张宁 2017 周俊 2018

#### 博士研究生

陈鹏 2015 张茜 2015  
李心宇 2017 朱嶝 2017  
李佳晟 2018 文庆博 2018  
张文峰 2019 郝旭昇 2019

## NURD复合体参与线粒体未折叠蛋白反应及调控线虫寿命的机制研究

生命发育早期经历的压力胁迫可能会在生命后期诱发疾病并参与衰老进程的调控。在线虫的研究中发现，发育时期经历的线粒体损伤会诱导一种特异且长久的表观遗传学的变化，导致染色质重塑，从而激活线粒体未折叠蛋白反应 (UPR<sup>mt</sup>)，并延长线虫的寿命。为了阐明线粒体应激反应过程的表观调控机制，利用蛋白纯化结合质谱分析，我们发现染色质重塑及组蛋白去乙酰化复合体 (NURD complex) 中的组分与UPR<sup>mt</sup> 通路中重要的转录因子DVE-1互作。在线粒体应激状态下，NURD复合体在细胞核内累积，通过组蛋白去乙酰化功能诱导染色质凝聚，并促进转录因子DVE-1在细胞核内形成聚集体，共同调控UPR<sup>mt</sup>以及线虫寿命的延长。



图：线粒体应激反应过程中的表观调控机制。在线粒体应激状态下，NURD复合体在细胞核内累积，通过组蛋白去乙酰化功能诱导染色质凝聚，促进转录因子DVE-1在细胞核内形成聚集体，与组蛋白H3K9me2甲基转移酶MET-2共同调控UPR<sup>mt</sup>以及线虫寿命的延长。

## 生殖细胞发育的基因调控网络

王朝晖，博士，研究员。1998年获美国芝加哥大学发育生物学博士学位。1998-2004年在美国哥伦比亚大学做博士后。2004年入选中国科学院“百人计划”。

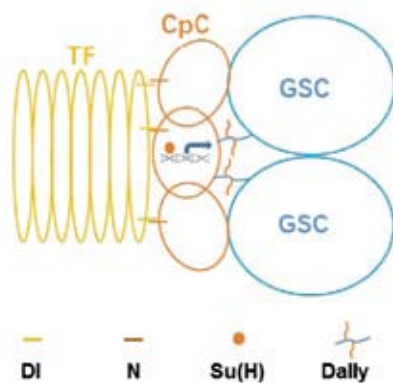
研究方向：以果蝇、小鼠为实验体系，围绕生殖细胞研究干细胞微环境的建立、减数分裂启动。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/wangzhaohui>



### Notch通路调控糖蛋白DALLY表达以界定生殖干细胞的范围

细胞表面蛋白多糖在器官发生、干细胞维持和癌症发生过程中起着关键作用。然而在发育或肿瘤发生过程中，不同水平的蛋白多糖与其生长表型的关系经常不一致。这就需要在不同的细胞环境中，明确蛋白多糖的空间分布与信号分子的分布有何关系，以及明确蛋白多糖的表达是如何被调控的。我们之前工作发现Dally (果蝇中蛋白多糖成员) 在卵巢中帮助BMP实现短距离信号来维持生殖系干细胞的微环境。然而，蛋白多糖在卵巢干细胞微环境中的表达调控尚不明确。我们目前的数据表明：Notch通路在Dally的遗传学上游，其依赖于Dally的表达从而维持GSC的功能。结合酵母和果蝇遗传学手段，我们证明了Dally通过转录因子Su(H)受Notch信号的转录调控。此外，我们还在果蝇卵巢中分析了蛋白多糖与疾病相关的突变，这可以作为一个评估人类同源蛋白的结构与功能之间关系的有效系统。



图：卵巢干细胞微环境中，Notch通路在特定体细胞调控糖蛋白Dally表达从而界定生殖干细胞范围。TF、CpC：微环境中的体细胞；GSC：生殖干细胞。

### 员工简介

#### 工作人员

李欣 助理研究员  
高之扬 副研究员

#### 硕博连读生

刘贤 2015 常桢睿 2017

#### 博士研究生

曾钢 2013 赵松华 2013  
武建博 2015

#### 劳务派遣

张琼淑 2007



## 干细胞谱系追踪和神经再生

吴青峰, 博士, 研究员, 博士生导师。2005年获复旦大学获临床医学学士学位, 2012年获中国科学院神经科学研究所博士学位。2012-2016年在美国约翰霍普金斯大学做博士后。

研究方向: 1) 大脑核团的发育, 利用单细胞谱系追踪技术、单细胞测序、单细胞基因敲除等探索丘脑和下丘脑核团的干细胞起源, 神经元多样性的起源, 子代神经元的迁移方式和路线, 神经元投射的方式, 核团内细胞微环路的形成和核团形成的基本原则, 以及先天性神经相关疾病的分子细胞机理。2) 神经调控代谢的机制, 一方面关注下丘脑神经元群调控代谢的新机制; 另一方面也探索下丘脑神经干细胞在各种环境下的稳态维持及其失调对机体代谢的影响, 同时关注下丘脑新生神经元的环路整合。3) 神经干细胞的稳态调控, 我们利用谱系追踪技术、基因编辑技术等研究调控神经干细胞稳态的分子机制, 来研究中心体复合物对大脑发育的调控、分泌性因子对神经组织稳态的调节以及胶质瘤发生的机制、神经损伤状态下室管膜细胞重编程的方式和机制等。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/wuqingfeng>

### 重要成果

#### 论著

Berg, D. A., Su, Y., Jimenez-Cyrus, D., Patel, A., Huang, N., Morizet, D., Lee, S., Shah, R., Ringeling, F. R., Jain, R., Epstein, J. A., Wu, Q. F., Canzar, S., Ming, G. L., Song, H. and Bond, A. M. (2019). A Common Embryonic Origin of Stem Cells Drives Developmental and Adult Neurogenesis. *Cell* 177(3): 654-668. e615.

Tang, C., Wang, M., Wang, P., Wang, L., Wu, Q. and Guo, W. (2019). Neural stem cells behave as a functional niche for the maturation of newborn neurons through the secretion of PTN. *Neuron* 101(1): 32-44.e36.

### 员工简介

#### 工作人员

邝 霞 助理研究员  
王静静 工程师

#### 博士后

穆文辉 2017

#### 硕博连读生

李 斯 2018 王 婷 2018

#### 博士研究生

王景丽 2016 Rakia 2017  
郭曦泽 2017 许鸣锐 2018  
吴豪达 2019 石 翔 2019  
白雪莲 2019

#### 硕士研究生

李 彤 2017 张宇虹 2018

#### 客座

许静凯 2017 安徽医科大学

## Tbx3在多种下丘脑肽能神经元命运决定中的作用研究

下丘脑在食物摄入、应激反应和交配等多种自然行为中起着重要作用。在下丘脑中, 多样的肽能神经元群体的通过分泌不同神经肽来调节这些行为。然而, 特定肽能神经元的命运与功能是如何通过细胞内机制所决定的, 目前还不清楚。在此, 我们发现转录因子Tbx3表达在下腹后侧下丘脑, 并产生了一系列与生长、代谢和内分泌相关的肽能神经元。对Tbx3<sup>+</sup>祖细胞进行谱系追踪发现其所产生的神经元分布在下丘脑多个功能性核团中。不同发育时间窗的诱导表明Tbx3<sup>+</sup>细胞衍生细胞随着发育主要集中于下丘脑弓状核。我们通过单细胞RNA测序鉴定了10个不同的Tbx3<sup>+</sup>细胞衍生细胞群, 产生多种肽能神经元。总之, Tbx3<sup>+</sup>祖细胞可以产生多种下丘脑肽能神经元, 并可能对下丘脑神经内分泌系统的发育起重要作用。

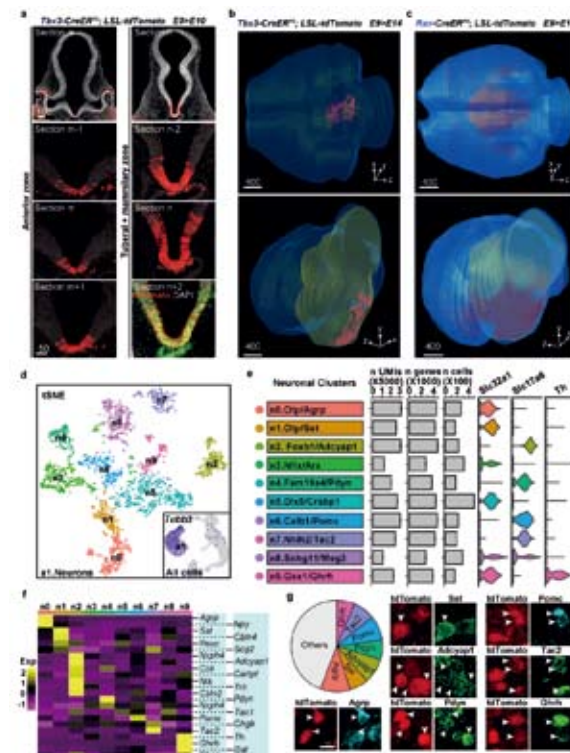


图: 下丘脑Tbx3<sup>+</sup>祖细胞谱系追踪。a) Tbx3-CreERT2; Ai14小鼠下丘脑冠状切片免疫荧光染色。b, c) Tbx3-CreERT2; Ai14小鼠大脑3D重建。d) Tbx3<sup>+</sup>祖细胞所衍生神经元的单细胞测序t-SNE图。e) 每群神经元所检测的细胞数、UMIs和基因数。f) 神经肽在不同神经元群的分布热图。g) Tbx3-CreERT2; Ai14小鼠中多种肽能神经元的载体荧光原位杂交验证。

# 信号转导与疾病发生

许执恒，博士，研究员。1989年上海第二军医大学医学学士学位，1999年获美国新州RUTGERS大学博士学位并进入美国哥伦比亚大学从事博士后研究。2003年转为Research Associate Scientist。2005年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，2006年入选中国科学院“百人计划”。2007年获得“国家杰出青年科学基金”。2019年获中国科学院优秀导师奖。

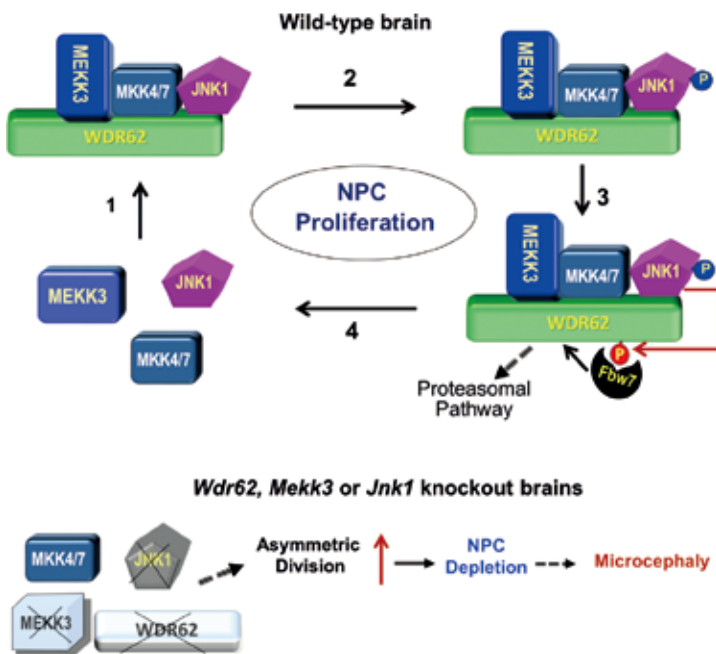
研究方向：信号传导通路在神经发育及多种神经精神疾病、脂肪肝和糖尿病病理发生过程中的功能与机制。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/xuzhiheng>



## MEKK3和FBW7协调调控WDR62蛋白稳定性及神经干细胞的稳态平衡

WDR62基因突变是导致小头症的第二大主因，我们前期研究结果发现Wdr62缺失会导致神经前体细胞增殖减少，分化提前，并进一步导致神经元数量减少 (Xu et al., *Cell Reports*, 2014)。然而，WDR62调控神经发生及大脑尺寸的分子机制依然不太清楚。利用多种基因敲除小鼠表型分析发现，Mekk3, Jnk1和Wdr62基因敲除小鼠都会导致类似Wdr62缺失的表型，即神经前体细胞增殖减少分化提前。生化分析表明蛋白激酶MEKK3可以与WDR62蛋白形成一个蛋白复合体，稳定WDR62蛋白并协同调控JNK信号通路的活性。进一步的研究还发现，JNK可以磷酸化WDR62 (1053位点)，并招募泛素化连接酶FBW7泛素化降解WDR62，从而负向调控WDR62蛋白的稳定性。这些结果表明MEKK3和FBW7双向调控小头症相关蛋白WDR62的稳定性，进而调控大脑皮层神经前体细胞的稳态平衡与分化。该研究阐明了一个调控神经发生的新型蛋白复合体及信号通路，为小头症的发病机制提供新的见解，并为该疾病的预防和治疗提供理论基础。



图：MEKK3和FBW7协调调控WDR62蛋白稳定性及神经干细胞的稳态平衡。

### 员工简介

#### 工作人员

石磊 工程师  
王雅清 副研究员  
姚明慧 助理研究员

#### 硕博连读生

姜义圣 2016 马甜甜 2016  
孙晓梅 2018 袁玉婷 2018  
赵子其 2018

#### 博士研究生

Shabbir Khan 2016  
钟杰 2017

#### 硕士研究生

冯迎航 2017 郑昱 2017  
Mohammad Mudassar Butt 2018  
薛纯 2019 杨富强 2019

#### 客座

STINE HASSELHOLT  
ANDERSEN (2018) / AARHUS  
UNIVERSIT



## 植物生殖发育的分子遗传学

杨维才，博士，研究员，所长，分子发育生物学国家重点实验室主任。1994年获荷兰瓦赫宁根大学博士学位。1994-2000年先后在瓦赫宁根大学、美国纽约冷泉港实验室和新加坡分子农业生物研究所做博士后。2000年任新加坡淡马锡生命科学研究植物生殖和棉花生物技术实验室主任。2003年加入遗传与发育生物学研究所。2004年获得“国家杰出青年科学基金”；2013年获得“国家自然科学基金二等奖”；2016年获得“中国生命科学领域十大进展”、“全国优秀科技工作者荣誉奖章”和“科学中国人(2015)年度人物”。

研究方向：1) 生殖细胞分化的分子机理。通过对配子体突变体的遗传分析和基因克隆，研究植物雌雄配子体发育的遗传调控机制，了解植物有性生殖过程中的基因调控及分子机理。2) 雌雄生殖细胞识别与受精的分子机理。通过分子遗传学和细胞生物学等多学科手段，研究花粉管定向生长和雌雄生殖细胞识别和相互作用的分子机理。3) 固氮根瘤中共生体发生与功能调控机制。通过多种生物学手段，研究豆科固氮植物和非豆科固氮植物中，固氮根瘤中共生体发生与功能调控机制。

实验室主页：<http://weicailab.genetics.ac.cn/>

### 重要成果

#### 论著

Long, Y. P., Xie, D. J., Zhao, Y. Y., Shi, D. Q. and Yang, W. C. (2019). BICELLULAR POLLEN 1 is a modulator of DNA replication and pollen development in *Arabidopsis*. *New Phytologist* 222(1): 588-603.

Jia, P. F. X., Y.; Li, H. J.; Yang, W. C. (2019). LOT regulates TGN biogenesis and golgi structure in plants. *Plant Signaling & Behavior*. Doi:10.1080/15592324.2019.1573100

Li, Y., Li, H. J., Morgan, C., Bomblies, K., Yang, W. and Qi, B. (2019). Both male and female gametogenesis require a fully functional protein S-acyl transferase 21 in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* 100(4): 754-767.

Meng, J. G., Zhang, M. X., Yang, W. C. and Li, H. J. (2019). TICKET attracts pollen tubes and mediates reproductive isolation between relative species in Brassicaceae. *Science China Life Sciences* 62(11): 1413-1419.

### 员工简介

#### 工作人员

李红菊 青年研究员  
唐祚舜 助理研究员  
罗昱 副研究员  
贾鹏飞 工程师  
昌姝 工程师

#### 博士后

周慧 2017 Iftikhar Ali 2019  
吴华茂 2019

#### 硕博连读生

骆挺 2014 孟姜果 2015  
王玮琦 2016 孙娟 2017

#### 博士研究生

谢东江 2012 陈伟 2014  
唐俊 2015 姚瑶 2015  
陈丹 2016 刘慧茹 2016  
徐银娇 2016 陈澍燕 2017  
李丹丹 2017 田宇芳 2017  
王静 2018 曹梦醒 2019  
杨菲 2019

#### 硕士研究生

张嵘嵘 2018 赵海磊 2019

#### 劳务派遣

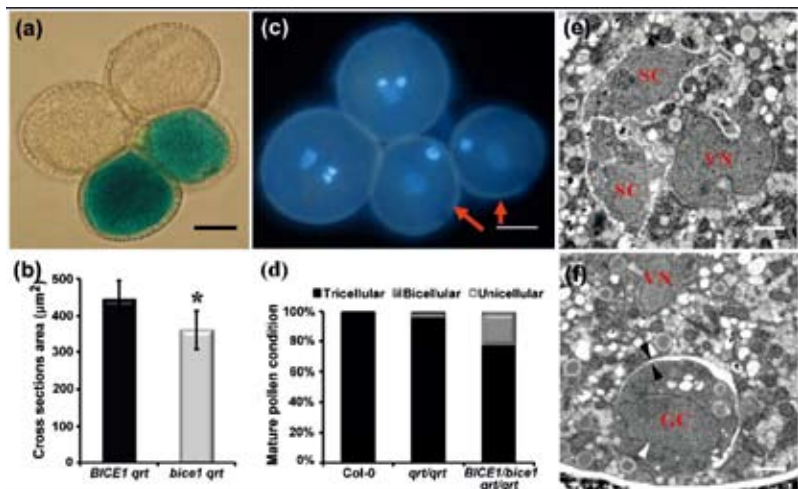
曹梦醒 (2018)

#### 客座

赵鹏 2016 中科院植物所  
刘静雯 2018 山东农业大学

## 拟南芥BICE1 (Bicellular Pollen 1) 蛋白调控DNA复制以及花粉发育

被子植物雄配子发生过程中，单倍体小孢子经历一次不对称有丝分裂 (PMI) 产生营养细胞和生殖细胞，之后生殖细胞再进行一次对称的有丝分裂 (PMII) 形成两个精细胞。配子发育过程中，细胞周期相关的调控因子起着非常重要的作用，而解析花粉细胞周期调控分子机制有很多未解之谜。我们的研究发现，拟南芥 *BICELLULAR POLLEN1 (BICE1)* 基因突变使生殖细胞的DNA合成延缓，导致约40%的突变花粉粒停滞在二细胞阶段，但生殖细胞S期的延长不影响其细胞命运的分化。遗传学和生化证据表明BICE1与MCM4和MCM7之间存在相互作用，BICE1与MCM4或者MCM7的双突变体中亦可见异常的两细胞花粉及非正常浓缩的染色体。该研究表明，BICE1通过与MCM4和MCM7的相互作用在DNA复制调控中起作用。



图：突变体 *bice1* 花粉表型。(a) 突变体 *BICE1/bice1 qrt/qrt* 花粉中GUS信号。(b) s数据分析显示 *bice1 qrt* 花粉比 *BICE1 qrt* 花粉小。(c) *bice1* 杂合体植物的四分体 DAPI染色显示。部分花粉 (红箭头) 只有两个核 (一个大的营养核一个小的生殖核)。(d) 野生型, *qrt/qrt* 和 *BICE1/bice1 qrt/qrt* 植物中单核、二核、三核花粉的比例。(e) 野生型花粉的电镜超微结构。(f) *bice1* 二核花粉的电镜超微结构。

# 重大神经发育疾病的分子机制

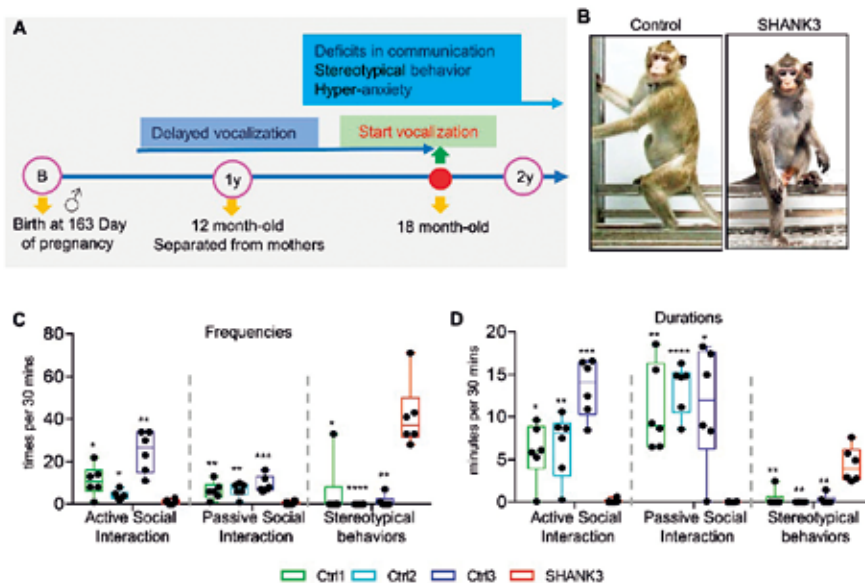
张永清，博士，研究员。1991年获中国农业大学博士学位。1992-1993年在中国科学院微生物研究所做博士后。1994年在荷兰Wageningen大学做访问学者。1995-1997年在英国剑桥大学做博士后。1998-2003年先后在美国Utah大学和Vanderbilt大学做博士后和访问学者。2004年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。2005年获得“国家杰出青年科学基金”。

研究方向：1) 以非人灵长类、比格犬和果蝇为模式动物研究人类重要神经疾病包括智力低下和自闭症的分子遗传机制，从而为这类疾病的预防和治疗提供理论依据。2) 以果蝇为材料，用分子、细胞、遗传、发育和神经生物学为主要实验检测手段研究神经系统的结构和功能。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhangyongqing>

## CRISPR/Cas9介导的食蟹猴SHANK3敲除造成自闭症样表型并被药物治疗

SHANK3基因突变是人自闭症谱系障碍中高频出现的遗传学变化。尽管Shank3突变小鼠为解析自闭症发病机制提供重要模型，但考虑到人与鼠在行为学和脑解剖学方面的种间差异，使用小动物来模拟自闭症和推动临床转化应用面临巨大挑战。与暨南大学李晓江教授和杜克大学姜永辉教授合作，张永清实验室利用最新的基因编辑技术CRISPR/Cas9针对SHANK3成功构建了食蟹猴突变体。我们对SHANK3突变猴行为学进行了系统分析，发现突变猴表现典型的自闭症核心症状，包括社会交流障碍和刻板重复行为。最重要的是抗抑郁药氟西汀可以有效缓解突变猴的异常行为。SHANK3突变猴不仅能够表现出自闭症的核心症状，并且通过短期药物服用可缓解自闭症症状。本研究为下一步研发自闭症药物提供了重要的平台体系。



图：SHANK3突变猴表现社交障碍和更多刻板重复行为。(A) SHANK3突变猴发育过程中表现行为学表型的模式图。(B) SHANK3突变猴和同龄同性别对照猴在20个月大的代表性照片。(C) 在SHANK3突变猴和野生型对照猴一对一社交测试中主动发起社交行为、被动接受社交行为和刻板重复行为的频率(C)和持续时间(D)。



### 重要成果

#### 论著

- Jia, M., Meng, D., Chen, M., Li, T., Zhang, Y. Q. and Yao, A. (2019). *Drosophila* homolog of the intellectual disability-related long-chain acyl-CoA synthetase 4 is required for neuroblast proliferation. *Journal of Genetics and Genomics* 46(1): 5-17.
- Metwally, E., Zhao, G., Li, W., Wang, Q. and Zhang, Y. Q. (2019). Calcium-activated calpain specifically cleaves glutamate receptor IIA but not IIB at the *Drosophila* neuromuscular junction. *Journal of Neuroscience* 39(15): 2776-2791.
- Zhao, H., Wang, Q., Yan, T., Zhang, Y., Xu, H. J., Yu, H. P., Tu, Z., Guo, X., Jiang, Y. H., Li, X. J., Zhou, H. and Zhang, Y. Q. (2019). Maternal valproic acid exposure leads to neurogenesis defects and autism-like behaviors in non-human primates. *Translational Psychiatry* 9(1): 267.

### 员工简介

#### 工作人员

- 姚爱玉 副研究员  
田 瑞 副研究员  
石文文 助理研究员  
徐惠娟 助理研究员

#### 博士后

Elsayed alalfey 2017

#### 硕博连读生

- 贾铭玥 2012 洪慧琳 2013  
李婷婷 2014 王崎崎 2015  
吴 梁 2016 史 奇 2018  
周延河 2019

#### 博士研究生

Hossain 2014 王玉杰 2017

#### 硕士研究生

- 张 靖 2016 吕 雯 2017  
任 炜 2018

#### 返聘人员

汪奇霞 2018

#### 劳务派遣

李伟茹 2007

#### 客座

- 赵 恺 2017 中国科学院微生物研究所  
赵 晖 2018 中国科学院广州生物医药与健康研究院

# 分子系统生物学研究中心

分子系统生物学研究中心成立于2006年，主要研究方向为依托计算生物学、生物信息学、系统生物学、结构生物学、进化基因组学及各种组学的多学科交叉技术体系，面向人口健康与现代农业两大国家战略需求，着重开展基因表达调控隐藏信息挖掘，生物大分子组装、修饰及动态变化规律，以及生物系统的噪音与稳定性调控规律解析等生命科学领域前沿科学研究。目前，中心包括6名研究员，其中1人获得国家杰出青年科学基金，3人获得国家优秀青年科学基金，1人入选中组部“万人计划领军人才”，3人入选中科院“百人计划”。2019年，分子系统生物学研究中心承担了来自国家科技部、基金委、中科院的多项重要科研任务，共发表SCI论文18篇，获得3项国家专利授权。2019年，中心在多个研究方向均取得了实质性进展。

在进化基因组学研究方面，钱文峰研究组围绕蛋白质剂量失衡的产生原因与生理后果开展了系统的研究。通过构建具有复杂核型的非整倍体酵母株系，发现蛋白复合体所有亚基的整体加倍会导致这类非整倍体细胞的增殖缺陷。通过转录组和蛋白组分析发现这些蛋白复合体的整体加倍使它们有机会逃脱蛋白质质量监控机制从而导致过量的蛋白表达。这些过量表达的复合体则通过破坏其参与信号通路上下游的剂量平衡而影响细胞增殖。通过单细胞转录组测序技术分析显示处于DNA复制时期的细胞由于基因复制时间的差异在S期存在广泛的剂量失衡的现象，发现细胞采用同时复制编码相同蛋白复合体的基因来维持各组分之间的剂量平衡。进一步发现由于快速增殖的细胞受到更强的自然选择，这种同步复制的现象主要在胚胎干细胞和癌细胞中发生。这些发现加深了对细胞内蛋白质剂量平衡维持机制的理解。

在非编码RNA功能研究方面，王秀杰研究组发现长链非编码RNA *Inc-NAP*通过竞争性结合miR-139-5p在小鼠胚胎干细胞和胚胎中调节*Nanog*功能。胚胎干细胞多能性的维持受到多层次的网络调控，其中主要的调控因子包括核心多能性因子(OCT4、SOX2和NANOG)以及多个microRNAs(miRNAs)。研究发现，长链非编码RNA(lncRNAs)也是胚胎干细胞多能性的重要调控因子，其中某些lncRNAs以竞争性结合miRNA的方式调控miRNA靶基因。我们的研究发现，miR-139-5p在小鼠胚胎干细胞及胚胎中靶向调控*Nanog*，抑制*Nanog*表达，而胚胎干细胞特异表达的长链非编码RNA *Inc-NAP*可以解除这种抑制作用。同时，*Inc-NAP*的表达受到OCT4、SOX2和*Nanog*的正向调控。当敲低*Inc-NAP*时，胚胎干细胞多能性水平显著下降，敲低*Inc-NAP*会导致小鼠胚胎致死。综上所述，在小鼠胚胎干细胞中，*Inc-NAP*是*Nanog*的一类新的调控因子，并阐释了*Inc-NAP*和*Nanog*之间的正反馈调控途径。

在蛋白质组学研究方面，汪迎春研究组利用非标记定量蛋白质组学的方法描绘蓝藻蛋白质组的亚细胞定位地图集。蓝藻是一类放氧光合细菌，是光合作用研究的模式生物，具有广泛的生物技术应用潜力。蓝藻中大多数蛋白质的亚细胞定位尚不明确，这对于蓝藻的基础研究和工业应用研究来说都是一个重大挑战。实验室利用无标记定量蛋白质组学的方法，对模式生物集胞藻PCC6803的全蛋白质组进行亚细胞定位，总共得到2027个蛋白质的亚细胞定位信息，并用这些信息生成蛋白质组地图集。通过该地图集，我们得到了许多出乎意料但又非常重要的发现。比如，结果显示组氨酸激酶Hik33和Hik27主要定位于类囊体膜，而不是定位于质膜上，导致关于这两种酶激活机制的推测也将被完全颠覆。综上，该地图集为蓝藻近60%的蛋白质组提供亚细胞定位信息，同时也为蓝藻这种模式生物的研究提供重要资源。

在结构生物学研究方面，陈宇航研究组开展了除草剂分子与HPPD结合的三维结构和功能研究。作物性状是由基因来控制，它往往通过相关的蛋白质机器来发挥作用。深入理解相关蛋白质机器调控作物性状的分子机制，发现关键位点，并运用基因组编辑技术进行改造，是种子精准设计的创新性尝试。羧基丙酮酸双氧化酶(HPPD)是目前广泛运用的除草剂作用靶酶。HPPD抑制剂具有广谱的除草活性，具有活性高、残留低、使用安全的特点。陈宇航研究组解析了水稻HPPD与除草剂复合物的三维结构，发现HPPD以同源二聚体形式存在，除草剂分子结合在一个敞开的绞合桶形的 $\beta$ 折叠区内。该复合物结构揭示除草剂分子与HPPD结合的关键位点，拟进一步通过基因组编辑技术对除草剂与HPPD蛋白结合的关键位点进行精准驯化，以获得具有除草剂抗性的新型作物。

在发育系统生物学研究方面，杜茁研究组通过单细胞分析揭示了线虫胚胎细胞谱系分化的染色质调控模式。染色质通过调控基因表达影响发育，然而在活体发育过程中其意义仍有待阐明。本研究利用同一报告基因插入多个基因组位置后转录水平的差异指示染色质活性，实现了在0.88 Mb的分辨率绘制了谱系身份明确的线虫胚胎细胞的染色质活性图谱。研究发现染色质活性呈现极强的位点及细胞的动态性与复杂性，随谱系展开，该图谱整体呈现渐变模式，但在特定发育节点发生骤变并能有效预测细胞分化潜能转变。染色质图谱与细胞的谱系来源及发育命运均存在内在关联，该图谱在命运相同的细胞间高度相似，但依据细胞的谱系来源不同存在差异，表明其随细胞分裂存在记忆效应。但在上述细胞中，呈左-右对称性排布的细胞其高度相似的染色质图谱却不受谱系影响，提示在胚胎对称性建立过程中，源于不同谱系的祖细胞其染色质图谱被预先设定。上述发现揭示了染色质活性的动态变化在谱系身份建立、命运决定和左-右对称性建立过程中的潜在功能。

青鳉(*Oryzias latipes*)是一种重要的脊椎动物模型，目前已经广泛应用于遗传学、发育生物学等多个研究领域。青鳉高质量基因组序列已发表，多种遗传操作技术也已实现。然而，现有的基因组注释是基于生物信息学预测和短读长转录组，存在较多问题。屠强研究组获得了青鳉胚胎发育时期的多组学数据，包括了长读长转录组，短读长转录组，和染色质可及性。他们整合这些数据，得到约17,000个新转录本，1600个转录因子，1100个长链非编码RNA，以及50,000个潜在的顺式调控元件。利用这些多组学动态数据，他们还研究了转录本异构体转换、基因与调控元件的逻辑关系等问题。该研究首次提供了青鳉胚胎发育时期较为完整的组学数据，并为其他物种提供了一套基础的组学研究技术组合。

## 生物大分子的结构-功能研究

陈宇航，博士，研究员。1998年获北京医科大学（现北京大学医学部）药理学专业理学学士学位；2002年获清华大学生物物理理学博士学位。2002-2012年在美国哥伦比亚大学做博士后。2012年加入中国科学院遗传与发育所。2013年获得自然科学基金委“优秀青年基金”。

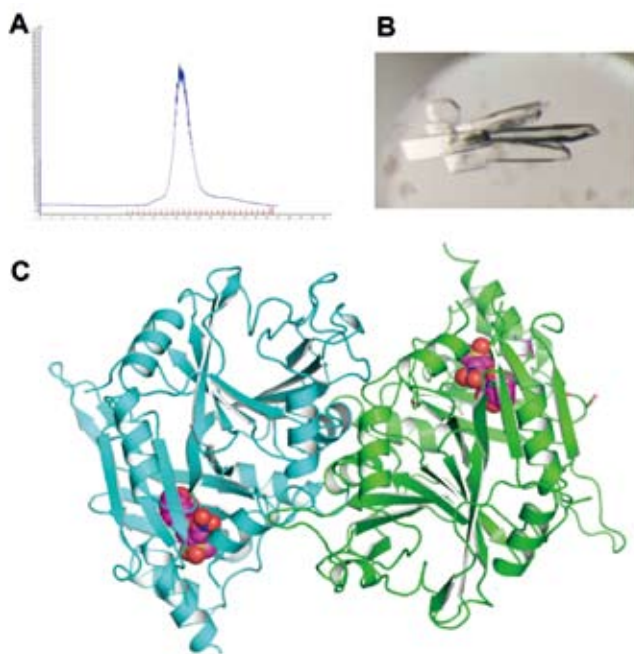
研究方向：跨膜转运蛋白及其复合体的结构-功能研究。表观遗传调控因子及其复合体的结构-功能研究。基于除草剂靶点结构研究的种子精准设计。

实验室主页：<http://chenlab.genetics.ac.cn/>



### HPPD三维结构研究及新型抗除草剂作物设计

作物性状是由基因来控制，往往通过相关的蛋白质机器来发挥作用。深入理解相关蛋白质机器调控作物性状的分子机制，发现关键位点，并运用基因组编辑技术进行改造，是种子精准设计的创新性尝试。羟基苯丙酮酸双氧化酶（HPPD）是目前广泛运用的除草剂作用靶酶。HPPD抑制剂具有广谱的除草活性，具有活性高、残留低、使用安全的特点。我们解析了水稻HPPD与除草剂复合物的三维结构，发现HPPD以同源二聚体形式存在，除草剂分子结合在一个敞开的绞合桶形的 $\beta$ 折叠区内。该复合物结构揭示除草剂分子与HPPD结合的关键位点，拟进一步通过基因组编辑技术对除草剂与HPPD蛋白结合的关键位点进行精准驯化，以获得具有除草剂抗性的新型作物。



图：HPPD与除草剂复合物的晶体结构。(A) HPPD蛋白的纯化结果图；(B) HPPD与除草剂复合物晶体图；(C) HPPD与除草剂复合物三维结构。

### 重要成果

#### 论著

- Wang, X., Su, M., Gao, F., Xie, W., Zeng, Y., Li, D. L., Liu, X., Zhao, H., Qin, L., Li, F., Liu, Q., Clarke, O., Lam, S., Shui, G., Hendrickson, W. A. and Chen, Y. (2019). Structural basis for activity of TRIC counter-ion channels in calcium release. *Proceedings of The National Academy of Sciences of The United States Of America* 116(10): 4238-4243.
- Zhang, Y., Huang, X., Wang, J., Wang, X., Liu, X., Chen, Y., Xu, W. and Wang, Y. (2019). Nitration-induced ubiquitination and degradation control quality of ERK1. *Biochemical Journal* 476(13): 1911-1926.
- Gao, D., Zhou, T., Da, L., Bruhn, T., Guo, L., Chen, Y., Xu, J. and Xu, M. (2019). Characterization and nonenzymatic transformation of three types of alkaloids from *Streptomyces albogriseolus* MGR072 and discovery of inhibitors of indoleamine 2,3-dioxygenase. *Organic Letters* 21(21): 8577-8581.

#### 员工简介

##### 工作人员

苏敏 高级工程师  
王晓萃 研究实习员

##### 博士后

Hamdy Mohammed 2017

##### 硕博连读生

李德林 2012 王梅花 2015  
唐凌汇 2017

##### 博士研究生

李阳 2012 王小慧 2014  
邓亚楠 2015 刘雪磊 2016  
秦力 2016 甄广晓 2017  
张纯瑞 2018 李其玉 2019  
张祥云 2019

##### 硕士研究生

张显慧 2018

##### 返聘人员

王会先 2018



## 胚胎发育动态调控

杜茁，博士，研究员。2008年获中国农业大学博士学位。2008-2014年先后在美国Albert Einstein College of Medicine和Memorial Sloan Kettering Cancer Center做博士后，2015年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，2018年获得“优秀青年科学基金”。

研究方向：1) 基因时空动态表达与发育调控；2) 胚胎细胞命运决定与谱系分化的调控机制；3) 胚胎发育稳固性与可塑性建立的分子和细胞基础。

实验室主页：<http://dulab.genetics.ac.cn>

### 重要成果

#### 论著

Li, X., Zhao, Z., Xu, W., Fan, R., Xiao, L., Ma, X. and Du, Z. (2019). Systems properties and spatiotemporal regulation of cell position variability during embryogenesis. *Cell Reports* 26(2): 313-321 e317.

Brandt, J. P., Rossillo, M., Du, Z., Ichikawa, D., Barnes, K., Chen, A., Noyes, M., Bao, Z. and Ringstad, N. (2019). Lineage context switches the function of a *C. elegans* Pax6 homolog in determining a neuronal fate. *Development* 146(8).

Xiao, L., Zhao, Z., He, F. and Du, Z. (2019). Multivariable regulation of gene expression plasticity in metazoans. *Open Biology* 9(12): 190150.

### 员工简介

#### 工作人员

马雪华 助理研究员

王洋洋 助理工程师

#### 硕博连读生

刘碧璇 2015 赵志广 2015

寇雅慧 2016

#### 博士研究生

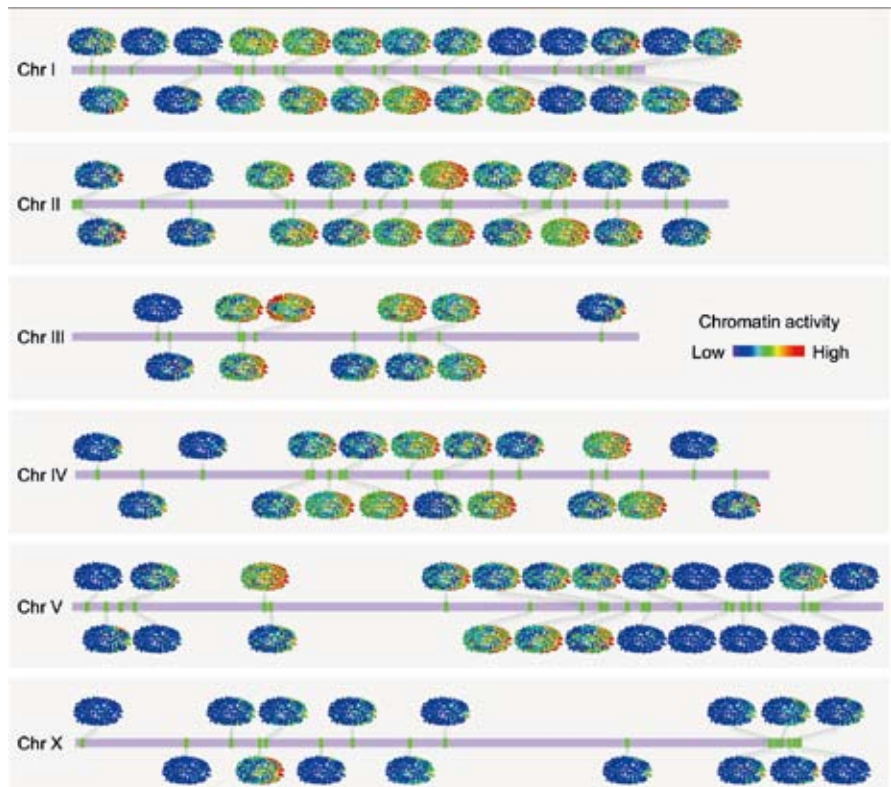
樊蓉 2015 肖龙 2016

徐伟娜 2016 范渡长江 2017

孟凡雷 2019

### 单细胞分析揭示线虫胚胎细胞谱系分化的染色质调控模式

染色质通过调控基因表达影响发育，然而在活体发育过程中其意义仍有待阐明。本研究利用同一报告基因插入多个基因组位置后转录水平的差异指示染色质活性，实现了在 ~0.88 Mb 的分辨率绘制了谱系身份明确的线虫胚胎细胞的染色质活性图谱。研究发现染色质活性呈现极强的位点及细胞的动态性与复杂性，随谱系展开，该图谱整体呈现渐变模式，但在特定发育节点发生骤变并能有效预测细胞分化潜能转变。染色质图谱与细胞的谱系来源及发育命运均存在内在关联，该图谱在命运相同的细胞间高度相似，但依据细胞的谱系来源不同存在差异，表明其随细胞分裂存在记忆效应。但在上述细胞中，呈左-右对称性排布的细胞其高度相似的染色质图谱却不受谱系影响，提示在胚胎对称性建立过程中，源于不同谱系的祖细胞其染色质图谱被预先设定。上述结果揭示了染色质活性的动态变化在谱系身份建立、命运决定和左-右对称性建立过程中的潜在功能。



图：利用基因表达位置效应绘制单细胞染色质活性图谱。图片展示报告基因插入至基因组113个不同位置后364个胚胎单细胞的表达高低，以指示染色质活性。图中椭圆展示胚胎的3D构造，其中每个小点表示一个细胞及其所在位置，不同颜色表征染色质活性高低。

## 定量功能基因组学

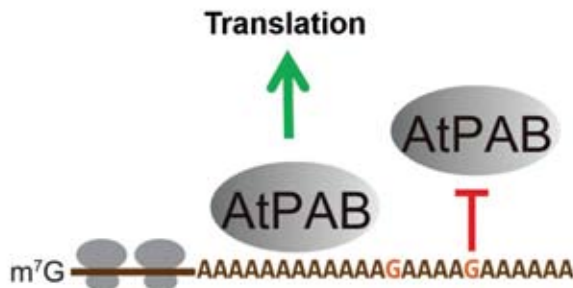
钱文峰，博士，研究员。2012年获美国University of Michigan博士学位，同年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。2011年获得国家优秀自费留学生奖学金“特别优秀奖”。2019年获国家自然科学基金委“优秀青年科学基金”。

研究方向：生物学大数据的产生及其解读。通过高通量实验方法与相应的计算生物学手段认识遗传与进化的基本过程，包括：1) 通过高通量实验手段研究蛋白质翻译调控机制以及其对蛋白质稳态与环境适应的贡献；2) 通过高通量实验构建基因型与表型的对应关系，试图理解生命在这种对应关系指导下的进化过程；3) 通过定向进化实验实现蛋白质的快速“驯化”，并在此过程中研究蛋白质功能优化的基本规律；4) 通过体细胞谱系追踪理解多细胞生物的发育过程，特别是理解组织/器官发生与再生的发育来源。

实验室主页：<http://qianlab.genetics.ac.cn/>

### poly(A)尾中鸟嘌呤含量调控翻译的新机制

poly(A)尾对真核生物mRNA具有关键的调控功能，是其稳定性的重要决定元件。尽管其功能如此重要，在被发现后的几十年里，其序列却极少被精确解读过。主要原因在于，扩增简单串联的单核苷酸序列会导致聚合酶滑动，从而造成测序结果的移码和乱码。我们开展合作研究，通过对mRNA全长poly(A)尾进行测序并发展下游生物信息学算法提取高质量测序信息，发现在模式植物拟南芥的poly(A)尾中存在非A核苷酸，且G的比例最高：10%的poly(A)尾内含有至少一个鸟苷酸G，其G含量分布范围为0.8-28%。研究人员随后以拟南芥poly(A)结合蛋白家族核心成员AtPAB2、AtPAB4和AtPAB8为研究对象，构建了一系列重要的突变体。并通过进一步整合CLIP-seq、ribo-seq和mRNA稳定性检测等高通量实验技术发现：在poly(A)尾中G含量的差别可导致AtPAB对不同mRNA的差异结合，且G可通过对AtPAB的结合抑制效应下调mRNA的翻译效率。其研究结果是对分子生物学中心法则的拓展与创新，对探究其他物种中mRNA的转录后调控机理具有重要参考价值。



图：poly(A)尾中的鸟苷酸(G)可通过抑制与AtPAB的结合下调翻译效率。



### 重要成果

#### 论著

- Chen, Y., Chen, S., Li, K., Zhang, Y., Huang, X., Li, T., Wu, S., Wang, Y., Carey, L. B. and Qian, W. (2019). Overdosage of balanced protein complexes reduces proliferation rate in aneuploid cells. *Cell Systems* 9(2): 129-142 E125.
- Chen, Y., Li, K., Chu, X., Carey, L. B. and Qian, W. (2019). Synchronized replication of genes encoding the same protein complex in fast-proliferating cells. *Genome Research* 29(12): 1929-1938.
- Zhao, T., Huan, Q., Sun, J., Liu, C., Hou, X., Yu, X., Silverman, I. M., Zhang, Y., Gregory, B. D., Liu, C. M., Qian, W. and Cao, X. (2019). Impact of poly(A)-tail G-content on *Arabidopsis* PAB binding and their role in enhancing translational efficiency. *Genome Biology* 20(1): 189.

### 员工简介

#### 工作人员

- 郇庆 助理研究员  
李轲 工程师  
肇涛澜 助理研究员

#### 博士后

肇涛澜 2016

#### 硕博连读生

- 陈思羽 2012 楚雷 2012  
曹文清 2013 陈瑛 2014  
王嘉 2014 陈燕鸣 2016  
张宇亮 2016 单科家 2017  
孔金辉 2017 王瑜 2018  
魏昌硕 2018

#### 客座

- 张硕 2018 山东大学  
郭昊天 2019 华中科技大学  
王炜光 2019 山东大学



## 发育与再生的基因调控网络

屠强，博士，研究员。2003年获中国科学院上海生命科学研究院生化细胞所博士学位。2004-2010年在美国加州理工学院做博士后。2010-2014年在美国加州理工学院先后任Senior Research Fellow和Member of the Professional Staff。2014年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。

研究方向：利用青鳉鱼模型解析性别决定的基因调控网络；利用斑马鱼模型解析心脏再生的基因调控网络。

实验室主页：<http://tulab.genetics.ac.cn>

### 员工简介

#### 工作人员

张 停 助理工程师  
商汉桥 工程师

#### 硕博连读生

赵鹤荣 2017

#### 博士研究生

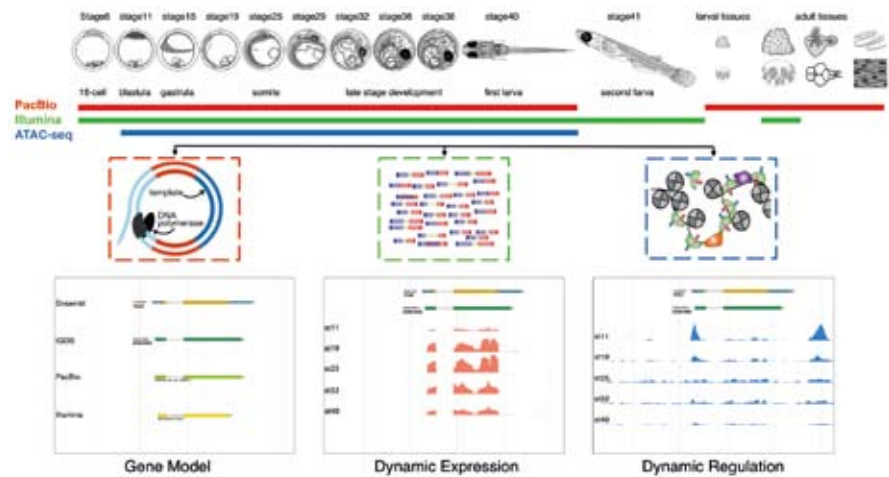
李莹姝 2013 高雪梅 2014  
刘勇杰 2015 郭晓雪 2016  
杨 航 2016 张虎军 2018  
蒋璞玄 2019

#### 客座

冯冬萍 2017 中日友好医院  
单昭君 2019 中国海洋大学

### 青鳉胚胎发育的转录组和染色质可及性动态图谱

青鳉 (*Oryzias latipes*) 是一种重要的脊椎动物模型，目前已经广泛应用于遗传学、发育生物学等多个研究领域。青鳉高质量基因组序列已发表，多种遗传操作技术也已实现。然而，现有的基因组注释是基于生物信息学预测和短读长转录组，存在较多问题。本研究获得了青鳉胚胎发育时期的多组学数据，包括了长读长转录组，短读长转录组，和染色质可及性 (图)。我们整合这些数据，得到约17,000个新转录本，1600个转录因子，1100个长链非编码RNA，以及50,000个潜在的顺式调控元件。利用这些多组学动态数据，我们还研究了转录本异构体转换、基因与调控元件的逻辑关系等问题。本研究首次提供了青鳉胚胎发育时期较为完整的组学数据，并为其他物种提供了一套基础的组学研究技术组合。



图：研究概览。多个样品 (胚胎发育时间点和成体器官) 被用于多种组学方法，包括PacBio长读长转录组 (红色)、Illumina短读长转录组 (绿色) 和染色质可及性 (蓝色)。这些数据集被用于基因模型构建、基因表达水平定量和调控元件鉴定。

# 功能蛋白质组学

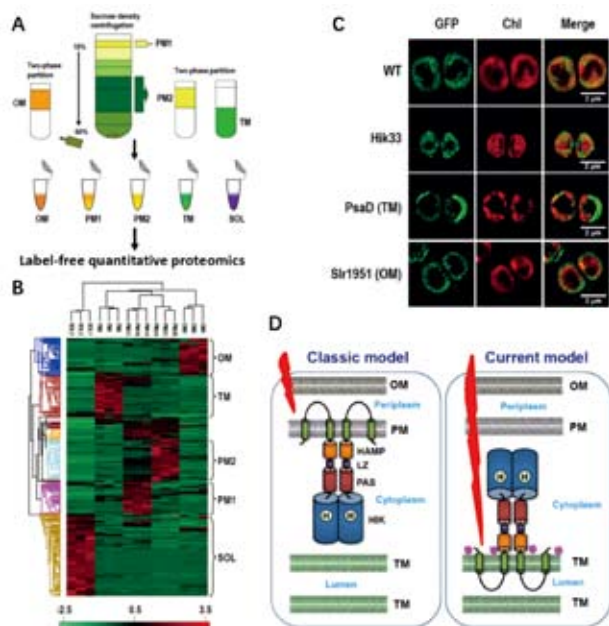
汪迎春，博士，研究员。2003年获美国Iowa State University遗传学、生物信息及计算生物学双专业博士学位。2003-2006年在The Scripps Research Institute做博士后；2006-2008年，在University of California, San Diego做博士后。2008-2009年，任University of California, San Diego病理系Assistant Project Scientist。2009年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所，入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：利用功能蛋白质组学研究运动细胞（包括癌细胞和神经细胞）在运动过程中的形态控制和信号转导机制，找出控制细胞运动的关键性蛋白和关键性翻译后修饰，为与细胞运动相关的疾病的诊断和治疗提供靶标。利用光合蓝藻的thylakoid membrane作为材料，高通量地研究膜蛋白的表达、定位和功能。

实验室主页：<http://proteomics.genetics.ac.cn/>

## 蓝藻定量蛋白质组数据集的构建

蓝藻是一类放氧光合细菌，是光合作用研究的模式生物，具有广泛的生物技术应用潜力。蓝藻中大多数蛋白质的亚细胞定位尚不明确，这对于蓝藻的基础研究和工业应用研究来说都是一个重大挑战。本文利用无标记定量蛋白质组学的方法，对模式生物集胞藻PCC6803的全蛋白质组进行亚细胞定位，总共得到2027个蛋白质的亚细胞定位信息，并用这些信息生成蛋白质组地图集。通过该地图集，我们得到了许多出乎意料但又非常重要的发现。比如，结果显示组氨酸激酶Hik33和Hik27主要定位于类囊体膜，而不是定位于质膜上，导致关于这两种激酶激活机制的推测也将被完全颠覆。综上，该地图集为蓝藻近60%的蛋白质组提供亚细胞定位信息，同时也为蓝藻这种模式生物的研究提供重要资源。



图：蓝藻的定量蛋白质组数据集的构建。(A) 蓝藻不同亚细胞组分的非标记定量蛋白质组研究的实验流程。(B) 对2027个具有定量信息的蛋白进行聚类分析。LFQ数值经过Z-score进行标准化。(C) GFP融合蛋白的免疫荧光定位。PsaD是已知的内囊体蛋白，Sir1951是已知的细胞表层蛋白。红色荧光通道是叶绿素自发荧光。(D) 根据Hik33的亚细胞定位推测其感知外界环境刺激的工作模型。



## 重要成果

### 论著

- Zhang, Y., Huang, X., Wang, J., Wang, X., Liu, X., Chen, Y., Xu, W. and Wang, Y. (2019). Nitration-induced ubiquitination and degradation control quality of ERK1. *Biochemical Journal* 476(13): 1911-1926.
- Xu, W. and Wang, Y. (2019). Sequences, domain architectures, and biological functions of the Serine/Threonine and histidine kinases in *Synechocystis* sp. PCC 6803. *Applied Biochemistry and Biotechnology* 88(4): 1022-1065.
- Hu, B., Jiang, Z., Wang, W., Qiu, Y., Zhang, Z., Liu, Y., Li, A., Gao, X., Liu, L., Qian, Y., Huang, X., Yu, F., Kang, S., Wang, Y., Xie, J., Cao, S., Zhang, L., Wang, Y., Xie, Q., Kopriva, S. and Chu, C. (2019). Nitrate-NRT1.1B-SPX4 cascade integrates nitrogen and phosphorus signalling networks in plants. *Nature Plants* 5(4): 401-413.
- Ding, S., Zhang, Y., Hu, Z., Huang, X., Zhang, B., Lu, Q., Wen, X., Wang, Y. and Lu, C. (2019). mTERF5 acts as a transcriptional pausing factor to positively regulate transcription of chloroplast *psbEFLJ*. *Molecular Plant* 12(9): 1259-1277.
- Chen, Y., Chen, S., Li, K., Zhang, Y., Huang, X., Li, T., Wu, S., Wang, Y., Carey, L. B. and Qian, W. (2019). Overdosage of balanced protein complexes reduces proliferation rate in aneuploid cells. *Cell System* 9(2): 129-142 e125.

### 员工简介

#### 工作人员

黄夏禾 工程师  
张媛雅 工程师 葛海涛 工程师

#### 硕博连读生

郑利敏 2016 董京徽 2017

#### 博士研究生

王金龙 2013 方龙发 2014  
王晓荣 2015 陈伟阳 2016  
黄成成 2016 王高洁 2017  
王琰 2017 段晓晓 2018  
肖珍 2018 杨珍珍 2019

#### 硕士研究生

安红玉 2018

#### 返聘人员

张利明 2009

#### 劳务派遣

陈麦欠 2017



## 生物信息学和系统生物学

王秀杰，博士，研究员。2004年获美国洛克菲勒大学博士学位，同年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所。2007年获得“国家杰出青年科学基金”。入选中组部“万人计划领军人才”，先后获得“中国青年五四奖章”、“全国五一巾帼标兵”、国家自然科学基金二等奖等奖励荣誉。

研究方向：1) 非编码RNA与表观遗传修饰在哺乳动物胚胎干细胞多能性调控中的功能与机制研究；2) 细胞分化与组织器官形成的调控机制研究；3) 生物信息学算法和软件的开发。

实验室主页：<http://omicslab.genetics.ac.cn>

### 重要成果

#### 论著

Xu, H. Y.; Zhang, Y. Q.; Liu, Z. M.; Chen, T.; Lv, C. Y.; Tang, S. H.; Zhang, X. B.; Zhang, W.; Li, Z. Y.; Zhou, R. R.; Yang, H. J.; Wang, X. J. and Huang, L. Q. (2019). ETCM: an encyclopaedia of traditional Chinese medicine. *Nucleic Acids Research* 47(D1): D976-D982.

Pan, X. X., Ruan, C. C., Liu, X. Y., Kong, L. R., Ma, Y., Wu, Q. H., Li, H. Q., Sun, Y. J., Chen, A. Q., Zhao, Q., Wu, F., Wang, X. J., Wang, J. G., Zhu, D. L. and Gao, P. J. (2019). Perivascular adipose tissue-derived stromal cells contribute to vascular remodeling during aging. *Aging Cell* 18(4): e12969.

Weng, Y.; Ceng, R.; Wu, C. M.; Wang, M.; Wang, X. J. and Liu, Y. J. (2019). A survey on deep-learning-based plant phenotype research in agriculture. *Scientia Sinica Vitae* 49(6): 698-716.

#### 专利

2019203965739, 一种生物3D打印温控系统. 清华大学, 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

2018221996247, 一种生物3D打印培养一体化装置. 清华大学, 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

2019208300958, 植物表型采集系统. 清华大学, 中国科学院遗传与发育生物学研究所.

### 员工简介

#### 工作人员

王 猛 副研究员  
刘 鑫 副研究员  
甄志军 工程师

#### 博士后

史庆庆 2018 张兴中 2018

#### 硕博连读生

黄增辉 2014 张泽宇 2014  
李承睿 2015 戴 敏 2016  
张 豪 2016 王彦亮 2017  
赵相杰 2017 周金迪 2017

#### 博士研究生

陈 斌 2017

#### 硕士研究生

何彬彬 2017 徐泽千 2017  
石 磊 2018 张永波 2018  
张 钰 2018

#### 劳务派遣

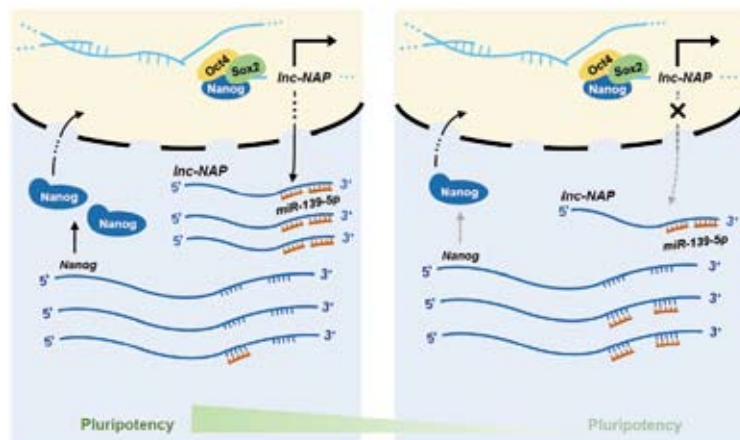
谢冬芳 2011 袁 君 2019

#### 客座

陈俊杰 2019 沈阳药科大学  
魏曾凡 2019 曲阜师范大学

## 长链非编码RNA *lnc-NAP*通过吸附miR-139-5p 在小鼠胚胎干细胞和胚胎中调节*Nanog*功能

胚胎干细胞多能性的维持受到多层次的网络调控，其中主要的调控因子包括核心多能性因子 (OCT4、SOX2和NANOG) 以及多个microRNAs (miRNAs)。最近研究发现，长链非编码RNA (lncRNAs) 也是胚胎干细胞多能性调控的重要因子，其中某些lncRNAs以竞争性结合miRNA的方式调控miRNA靶基因。我们的研究发现，miR-139-5p在小鼠胚胎干细胞及胚胎中靶向调控*Nanog*，抑制*Nanog*表达，而胚胎干细胞特异表达的长链非编码RNA *lnc-NAP*可以解除这种抑制作用。同时，*lnc-NAP*的表达受到OCT4、SOX2和NANOG的正向调控。当敲低*lnc-NAP*时，胚胎干细胞多能性水平显著下降，而且，敲低*lnc-NAP*的胚胎是致死的。综上所述，在小鼠胚胎干细胞中，*lnc-NAP*是*Nanog*的一类新的调控因子，并阐释了*lnc-NAP*和*Nanog*之间的正反馈调控途径。



图：*lnc-NAP*调控模式图。

# 农业资源研究中心

农业资源研究中心的战略定位是以保障国家粮食安全、水安全与生态安全的战略需求为目标；以农业水资源高效利用为核心，创新资源生态学理论与资源节约型现代农业技术体系，强化技术成果转化与社会化服务，逐步将农业资源研究中心建设成为国内外有影响力的创新单元。

农业资源研究中心现有中国科学院农业水资源重点实验室、河北省节水农业重点实验室、河北省土壤生态学重点实验室(筹)和河北省抗逆植物繁育及种质资源创新工程实验室4个重点实验室；中国科学院栾城农业生态系统试验站、中国科学院南皮生态农业试验站、中国科学院太行山山地生态试验站和南大港滨海湿地生态试验站4个野外台站；水资源与节水农业、生态与环境、植物遗传与育种3个研究领域；水资源与节水农业研究室、生态与环境研究室、植物遗传与育种研究室和区域农业与政策研究室4个研究室，现有国家“万人计划”入选者2名，中国科学院“百人计划”入选者9名。

**3个研究领域都取得了较大的进展，水资源与节水农业领域：**研究了华北平原地下水深埋区不同类型农田厚深层包气带水分运动速率、盐分累积与淋洗特征，从地下水补给过程角度揭示了农业土地利用类型对地下水水量和水质的影响机理；研究了种植结构调整对山前平原地下水可持续性和粮食生产的影响，结果表明不超过187mm的灌溉水量或者一年休耕34%的农田才能保证地下水不持续下降；利用水化学和稳定同位素示踪技术，明确了平水年华北平原农田氮淋失速率低于地下水下降速率，4m内氮的累积和反硝化限制了氮向深层土壤和地下水中淋失；基于2000-2017年京津风沙源区NDVI和SPEI，分析了植被变化对气象干旱的响应规律，为该生态脆弱区生态恢复和旱灾防御提供科学参考；弱光胁迫导致粒数显著降低，通过对不同耐荫品种生殖生长早期不同遮荫强度和遮荫时间的研究，揭示了小麦生殖生长早期弱光胁迫降低穗粒数的光合基础；研究了起垄覆膜栽培模式对旱作小麦生长及水分利用的影响以及土壤水热盐动态变化，得出宽幅、窄幅垄作覆膜小麦比平作小麦增产6.04%-12.44%，小麦水分利用效率提升3-9%的结论；通过研究得出，在未来气候变化背景下，筛选叶片直立、上部叶片夹角较小、抽雄日期较早的夏玉米品种，有利于维持产量稳定，降低产量的年际变化；通过分析过去60年的冬小麦旗叶和籽粒的正烷烃浓度和碳同位素变化，得出冬小麦品种培育过程间接提高了叶片正烷烃浓度从而有利于产量的提高。

**植物遗传与育种领域：**分析了TaGS3不同剪接形式的转基因株系籽粒性状，筛选出了对小麦籽粒大小起正向调控作用的剪接形式；利用GISH及特异标记鉴定出了一套涉及黑麦4R不同染色体臂的新易位系，将抗白粉病新基因定位于4RL上，并鉴定出了农家品种大红头的抗白粉病新基因*pmDHT*，这些种质基因资源及其诊断标记可用于小麦抗病性的遗传改良；通过研究得出黄淮旱肥地和旱薄地冬小麦育种分别以适当增加株高、提高花前高效利用降水的能力、增加穗部发育为主和以稳定株高、提高花后转运干物质的效率和收获指数为主的结论；油菜素内酯(BR)对于植物的生长发育至关重要，在谷子中我们发现DROOPY LEAF1(DPY1)与BR的共受体SiBAK1介导了一个负反馈环来防止BR受体SiBRI1的过度激活，从而调控谷子株型；利用油菜素内酯受体BR11在原生质体制备过程中的表达严重受损这一现象，发现两个已知参与植物天然免疫的胞质类受体激酶PCRK1/2，通过与BR11相互作用负调控BR信号转导。

**生态与环境领域：**通过研究发现了生物炭可以抑制土壤中 $N_2O$ 的产生，同时也促进 $N_2O$ 还原为 $N_2$ ，未来研究中需进一步阐明生物炭在土壤中起调节作用的微生物机理；研究了小麦-玉米轮作系统中有机碳含量，结果表明NP肥混施增加了小麦源有机碳含量，但对玉米源的没影响，故在养分限制条件下应先将养分供给小麦，以增加土壤碳库；利用盐生植物进行滨海重盐碱地植被建设显著改善了植被景观，增加了生态系统碳储量，提高了咸水资源利用效率，起到了降盐培肥作用，盐生植被生态效应显著；利用HWSD土壤类型数据和统计分析方法，研究了太行山区濒危和稀有土壤空间格局特征，并探讨了其主要影响因素，研究为太行山区土壤多样性的保护提供了科学依据；分析了“南猪北养”政策的综合影响，提出了我国未来生猪以及畜牧业的空间优化布局的理论思路和政策建议，为我国畜牧业全产业链的可持续发展 and 环境政策评价提供了科学依据；利用长期定位实验和高通量测序技术，发现小麦根系微生物组随其发育期而变化，同时受氮肥影响，而小麦可通过分泌有机酸招募有益微生物来应对高氮输入；通过研究发现昆虫的微生物群落依赖于土壤，而植物对土壤微生物群落的影响可以通过食草昆虫对植物的取食从而传递到地上昆虫体内；通过研究微地形变化对降雨在SPAC系统中的转化和反馈作用，量化了微地形改良措施在区域降水再分配过程中的调节作用，为区域水资源调控提供了理论依据；通过对柳枝稷不同氮肥用量和NPK养分亏缺试验研究，揭示了其养分利用及平衡机制，为其高品质、低投入和生态可持续种植提供了理论支撑。

此外，中心发表论文136篇，其中80篇被SCI收录；授权专利23项。



## 小麦遗传改良与种质创新

安调过，博士，研究员。2006年获中国科学院生态环境中心博士学位。

研究方向：小麦染色体工程材料的创制、抗病和重要农艺性状基因/QTL的发掘、精细定位与克隆及分子设计育种。

实验室主页：[http://www.sjziam.cas.cn/sourcedb\\_sjziam\\_cas/zw/zjrck/yjy/201001/t20100122\\_2733116.html](http://www.sjziam.cas.cn/sourcedb_sjziam_cas/zw/zjrck/yjy/201001/t20100122_2733116.html)

### 重要成果

#### 论著

Ma, P., Han, G., Zheng, Q., Liu, S., Han, F., Wang, J., Luo, Q. and An, D. (2019). Development of novel wheat-rye chromosome 4R translocations and assignment of their powdery mildew resistance. *Plant Disease*: Doi:10.1094/PDIS-01-19-0160-RE

Qie, Y., Sheng, Y., Xu, H., Jin, Y., Ma, F., Li, L., Li, X. and An, D. (2019). Identification of a new powdery mildew resistance gene *pmDHT* at or closely linked to the *Pm5* locus in the Chinese wheat landrace Dahongtou. *Plant Disease* 103(10): 2645-2651.

Liu, H., Li, H., Hao, C., Wang, K., Wang, Y., Qin, L., An, D., Li, T. and Zhang, X. (2019). TaDA1, a conserved negative regulator of kernel size, has an additive effect with *TaGW2* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Biotechnology Journal*. Doi:10.1111/PBI.13298.

#### 专利

201910006373.2, 一种小麦抗白粉病基因 *Pm2b* 高通量检测标记及其应用. 中科院遗传发育所农业资源中心.

### 员工简介

#### 工作人员

王 婧 助理研究员

柳 洪 助理研究员

#### 硕博连读生

韩桐豪 2015 靳玉丽 2016

#### 硕士研究生

生 媛 2016 刘士毓 2017

张小涛 2017 石丰玉 2018

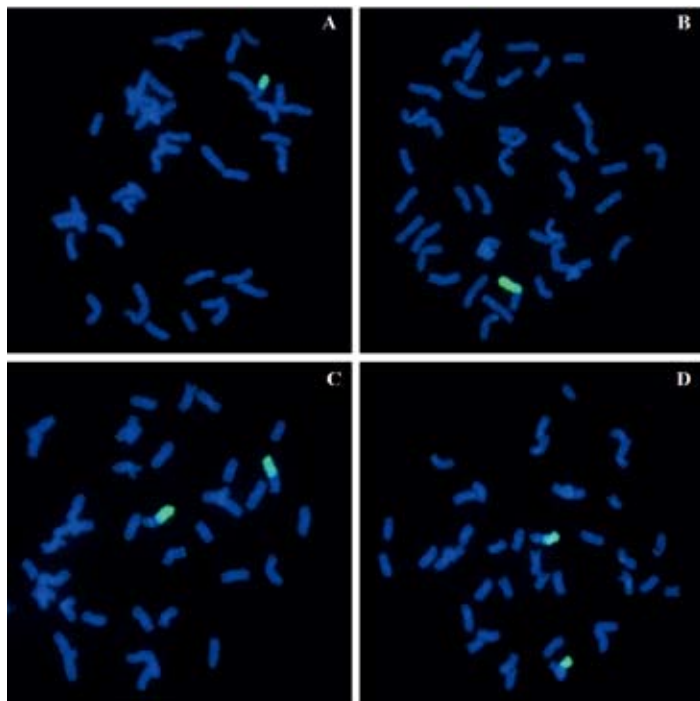
严汉文 2019

#### 客座

贾梦淑 2019 烟台大学生命学院

### 小麦-黑麦4R新易位系的选育与白粉病抗性的定位

黑麦 (*Secale cereale* L.) 是小麦的近缘种，具有遗传改良小麦产量、抗病和广适性等性状的优异基因。将小麦骨干亲本小偃6号与德国白黑麦品种通过远缘杂交、染色体工程的方法，创制了一批后代材料。通过分子细胞遗传学分析、抗性鉴定和农艺性状评价，获得了高抗白粉病的4R交互易位系WR41。为了更好的利用4R的抗病性，我们将4R易位系WR41与感病的小麦主栽品种杂交、自交，利用基因组原位杂交GISH及4RS与4RL染色体臂特异的EST-SSR标记鉴定出了一套涉及4R不同染色体臂的新易位系，苗期对白粉病流行菌株E09以及不同生长发育阶段对白粉病混合菌株的抗性鉴定表明，WR41的抗性位于4RL染色体上。开发的两个KASP标记可用于小麦背景中黑麦4RL的高通量追踪检测。4RL新易位系及其诊断标记可用于小麦白粉病抗性的遗传改良。



图：WR41后代新型易位系的基因组原位杂交GISH鉴定。(A) 4RS单臂易位系；(B) 4RL单臂易位系；(C) 4RL双臂易位系；(D) 4RS单臂+4RL单臂易位系。

# 山地生态水文过程及调控机制

曹建生，博士，青年研究员。1998年获河北农业大学学士学位；2005年获中国科学院研究生院硕士学位；2012年获中国科学院研究生院博士学位。2013年获第十一届河北省青年科技奖，2015年任中国科学院太行山山地生态试验站副站长，2016年获河北省科普事业贡献奖。

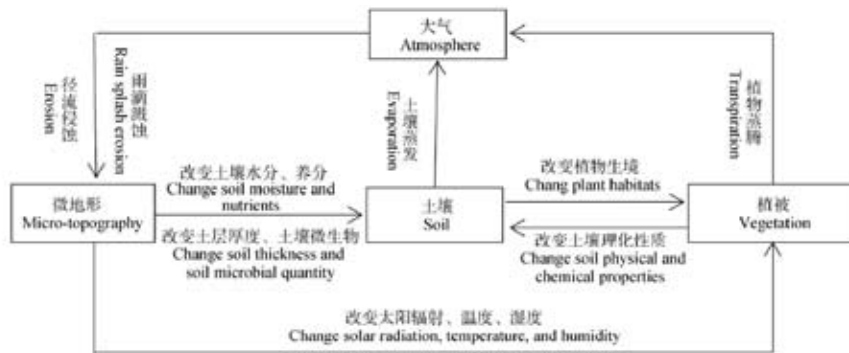
研究方向：1) 北方土石山区坡地生态水文过程；2) 北方土石山区水旱灾害形成机制；3) 水源涵养功能提升与降水资源调控技术；4) 退化山地生态修复与产业发展。

实验室主页：<http://www.sjziam.cas.cn/caojiansheng>



## 微地形变化对地表水文过程影响的研究进展

地表水文过程是土壤-植物-大气连续体 (SPAC) 系统的关键环节，微地形在降雨再分配过程中发挥着重要作用。本文论述了微地形变化对地表径流、降雨-入渗、蒸散发及土壤水分、溶质运移的影响效应以及在SPAC系统中的反馈作用，旨在通过总结前人在微地形变化影响地表水文过程中的研究成果，明晰微地形变化对降雨、径流、入渗以及蒸散发等过程的影响效应。针对现有研究中存在对微地形种类划分不系统化、尺度界定不清楚以及对微地形变化与地表水文过程间的耦合机制缺乏深入剖析等问题，本文指出应针对不同生态类型区和微地形营造方式对微地形种类进行统一划分，结合微地形测量工具及遥感技术对微地形尺度进行准确界定；在此基础上将长期野外定位观测和短期室内模拟试验相结合，揭示微地形变化与地表水文过程的耦合机制，建立两者之间的模型关系，量化微地形改良措施在区域降水再分配过程中的调节作用，为区域水资源调控提供一定的理论依据。



图：微地形与土壤-植物-大气连续体 (SPAC) 系统间的反馈关系。

## 重要成果

### 论著

- Han, S., Yang, Y., Li, H., Yang, Y., Wang, J. and Cao, J. (2019). Determination of crop water use and coefficient in drip-irrigated cotton fields in arid regions. *Field Crops Research* 236: 85-95.
- Xiao, D., Zhao, Y., Bai, H., Hu, Y. and Cao, J. (2019). Impacts of climate warming and crop management on maize phenology in northern China. *Journal of Arid Land* 11(6): 892-903.
- Yang, H., Cao, J., Hou, X. (2019). Characteristics of aeolian dune, wind regime and sand transport in Hobq Desert, China. *Applied Sciences*, 9: 5543.
- 阳辉, 曹建生, 张万军 (2019). 山地生态水文过程与降水资源调控研究进展. *生态科学* 38(6):173-177.
- 王志印, 曹建生 (2019). 中国北方土石山区植被恢复及其生态效应研究进展. *中国生态农业学报* 27(9): 1319-1331.

## 员工简介

### 工作人员

- 郝小华 副研究员  
王贺辉 工程师  
刘秀萍 副研究员  
阳 辉 助理研究员  
朱春雨 特别研究助理

### 硕士研究生

- 司梦可 2017 王志印 2018  
赵宇寒 2019

### 返聘人员

- 张万军 2016



## 作物绿色高效用水调控研究

董宝娣，博士，青年研究员。1997年毕业于河北农业大学，2008年获中国科学院大学博士学位。曾在澳大利亚CSIRO植物所进修。

研究方向：作物应对逆境胁迫（水、光、盐）的生理生态响应机制；作物绿色高效节水优质栽培技术研发；雨养旱作农田杂粮作物适生栽培技术。

### 重要成果

#### 论著

Dong, B., Yang, H., Liu, H., Qiao, Y., Zhang, M., Wang, Y., Xie, Z. and Liu, M. (2019). Effects of shading stress on grain number, yield, and photosynthesis during early reproductive growth in wheat. *Crop Science* 59: 363-378.

王亚凯, 董宝娣, 乔匀周, 杨红, 靳乐乐, 刘金悦, 刘孟雨 (2019). 开花灌浆期小麦叶片奢侈蒸腾发生的土壤水分阈值试验研究. *中国生态农业学报(中英文)* 27(07): 1024-1032.

#### 专利

ZL2019201048307, 一种能够实现精确分层控水的简易盆栽装置. 王亚凯, 刘孟雨, 董宝娣, 乔匀周, 杨红, 靳乐乐.

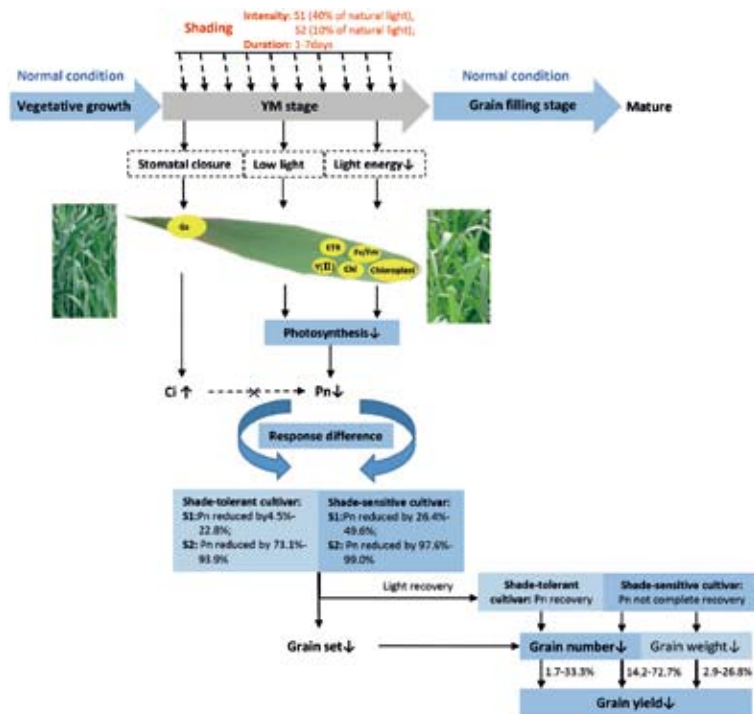
### 员工简介

#### 工作人员

刘雯雯 2019

### 小麦生殖生长早期弱光胁迫降低穗粒数的光合基础

小麦不同生育期对弱光胁迫的敏感性不同，小孢子发育时期是最为敏感的时期。为了了解不同品种小孢子发育期弱光胁迫降低穗粒数的光合基础。实验选用了不同耐弱光品种进行三种弱光强度和四种弱光胁迫持续时间探究小孢子期弱光胁迫对小麦穗粒数和光合的影响。研究发现，随着遮荫强度和遮荫时间的增加，籽粒产量大幅度下降，产量的降低主要与粒数相关。光敏感品种持续1-7天遮去60%的自然光强后可导致粒数减少14.2%-72.7%。弱光导致气孔关闭，叶绿素含量降低，叶器官结构劣变，细胞器破坏，叶绿素含量下降，最大光化学效率光系统II，实际光化学量子效率，饱和辐照度和最大的电子传递，从而减少了光合速率，减少光合同化物向籽粒的运输，进而导致粒数减少。然而，耐弱光品种胁迫期间光合迅速恢复正常，产生较高的光同化产物，增加分蘖粒数，从而减少了胁迫对产量造成的影响。

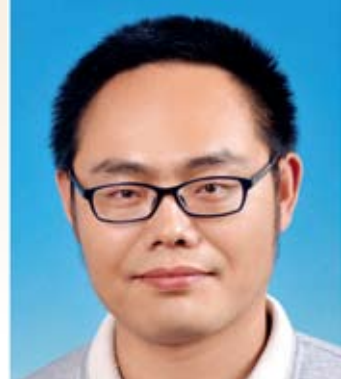


图：小孢子时期弱光胁迫影响小麦穗粒数的规律及光合基础。

# 边际土地生态过程及资源化利用

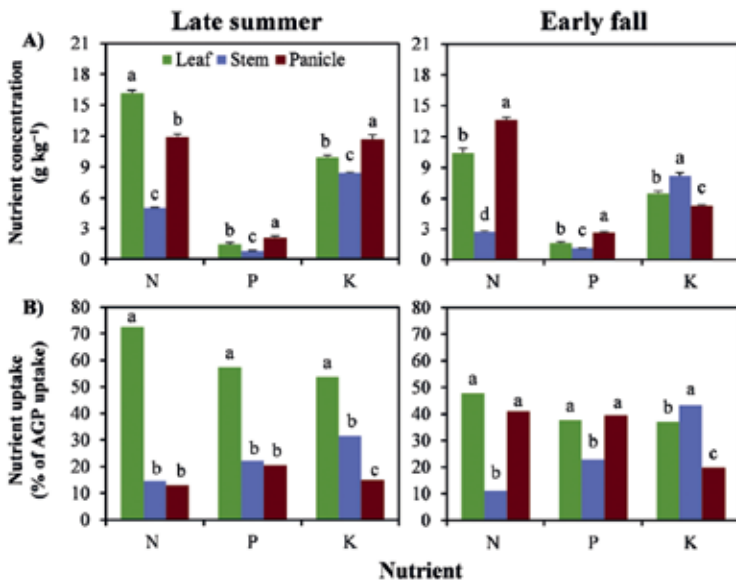
韩立朴，博士，2011年毕业于中国农业大学，2018年当选中国科学院青年创新促进会会员，2019年农业资源研究中心青年研究员。

研究方向：盐碱地-耐盐植物互作生态改良机制，饲草-能源植物抗逆种植过程关键调控技术研究；沙荒地-能源植物、饲草种植逆境生态响应机制及可持续性研究；湿地-盐碱地-农田生态系统植(作)物废弃物资源高效利用及能源品质研究。



## 沙荒地-能源植物逆境生态响应机制及可持续性研究进展

通过对柳枝稷不同氮肥用量和NPK养分亏缺试验研究，系统地揭示了柳枝稷的养分利用及其作物-土壤养分平衡机制，为柳枝稷高品质、低投入和生态可持续提供了数据支撑了理论支持。研究发现施用少量氮肥可显著提高柳枝稷粗蛋白 (CP) 含量，蛋白质产量和理论乙醇产量，收获时间影响了粗蛋白理论乙醇产量、酸性洗涤纤维 (ADF) 和中性洗涤纤维 (NDF) 含量。在 > 60 kg N ha<sup>-1</sup> 的氮肥施用量的情况下生物量并未显著提高。较低的施氮量足以产生优质草料和生物质，而不会对原料质量产生负面影响，同时避免了NO<sub>3</sub>淋失的风险。低氮投入不仅维持了柳枝稷的生物量产量，还能有效保持内蒙古半干旱沙荒地的土壤氮平衡。相关研究成果已发表在 *Field Crops Research* 和 *Industrial Crops & Products*。



图：柳枝稷地上部分养分含量和养分分配。

## 重要成果

### 论著

- Ameen, A., Liu, J., Han, L. and Xie, G. H. (2019). Effects of nitrogen rate and harvest time on biomass yield and nutrient cycling of switchgrass and soil nitrogen balance in a semiarid sandy wasteland. *Industrial Crops and Products* 136: 1-10.
- Ameen, A., Tang, C., Liu, J., Han, L. and Xie, G. H. (2019). Switchgrass as forage and biofuel feedstock: Effect of nitrogen fertilization rate on the quality of biomass harvested in late summer and early fall. *Field Crops Research* 235: 154-162.
- Ameen, A., Han, L. and Xie, G. H. (2019). Dynamics of soil moisture, pH, organic carbon, and nitrogen under switchgrass cropping in a semiarid sandy wasteland. *Communications in Soil Science and Plant Analysis* 50(7): 922-933.
- ### 专利
- 201921207711.0, 一种野外固定根管理角度的辅助设备. 王士超 卢昌艾 韩立朴 冯云格 槐圣昌 方栋.
- 2019.21207811.3, 一种野外测定土壤呼吸的高精度便携式装置. 王士超 韩立朴 卢昌艾 冯云格 闫志浩 张睿.
- 201910692137.0, 一种草炭代替型茄果类蔬菜无土育苗基质及其制备方法. 王士超 韩立朴 冯云格 卢昌艾 张睿 方栋.

## 员工简介

### 工作人员

王士超 助理研究员

### 硕士研究生

方 栋 2019 张 睿 2019

### 客座

张 艺 2019 河北科技大学



## 农田养分循环与环境效应

胡春胜，博士，研究员，副所长。1988年参加工作，1996年获中国科学院沈阳应用生态所生态学博士学位。先后在美国、澳大利亚、荷兰、日本等研究机构进行合作研究。2019年被河北省委组织部评为“河北省优秀省管专家”。

研究方向：农田生态系统水、氮淋失过程机理研究，利用同位素示踪和模型模拟技术评估通量损失途径。氮素营养诊断和中低产田改造研究，通过长期肥料试验探索土地可持续利用的施肥方案。农田温室气体排放及同位素方法学机理研究，利用碳氮稳定同位素技术追踪其来源及比例。农田包气带土壤 $N_2O$ 硝化与反硝化过程的机理研究，解决地下水硝酸盐污染难题。农业氨气排放过程与减排机理，解决大气氨污染与消减雾霾环境问题。

实验室主页：<http://www.sjziam.ac.cn/huchunsheng>

### 重要成果

#### 论著

- Bai, Z., Winiwar ter, W., Klimont, Z., Velthof, G., Misselbrook, T., Zhao, Z., Jin, X., Oenema, O., Hu, C. and Ma, L. (2019). Further improvement of air quality in China needs clear ammonia mitigation target. *Environ Sci Technol* 53(18): 10542-10544.
- Chen, S., Waghmode, T. R., Sun, R., Kuramae, E. E., Hu, C. and Liu, B. (2019). Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization. *Microbiome* 7(1): 136.
- Chen, T., Oenema, O., Li, J., Misselbrook, T., Dong, W., Qin, S., Yuan, H., Li, X. and Hu, C. (2019). Seasonal variations in  $N_2$  and  $N_2O$  emissions from a wheat-maize cropping system. *Biology and Fertility of Soils*: 1-13.
- He, C., Manevski, K., Andersen, M. N., Hu, C., Dong, W. and Li, J. (2019). Abiotic mechanisms for biochar effects on soil  $N_2O$  emission. *International Agrophysics* 33(4): 537-546.
- Li, J., Dong, W., Oenema, O., Chen, T., Hu, C., Yuan, H. and Zhao, L. (2019). Irrigation reduces the negative effect of global warming on winter wheat yield and greenhouse gas intensity. *Science of the Total Environment* 646: 290-299.

#### 专利

- 2019215426467, 一种精确分配施肥的联合整地机. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201910640678.9, 一种土壤排放气体同位素的检测装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

### 员工简介

#### 工作人员

- 张玉铭 副研究员  
董文旭 副研究员  
王玉英 副研究员  
李晓欣 助理研究员

#### 硕博连读生

- 李佳珍 2013 陈拓 2014  
PETER SEMBA MOSONGO 2015  
STEPHEN OKOTH ALUOCH 2015

#### 博士研究生

- MEENA BOHARA 2015  
ARBINDRA TIMILSINA 2016  
JEAN YVES UWAMUNGU 2016  
MD RASEDUZZAMAN 2017  
张闯 2017  
GOKUL GAUDEL 2018  
李文彦 2018

#### 硕士研究生

- 贺超升 2016 张新媛 2016  
FISTON BIZIMANA 2017  
胡晨曦 2017 陈肖如 2018  
胡文沛 2018 倪锐 2019  
张庆 2019

#### 客座学生

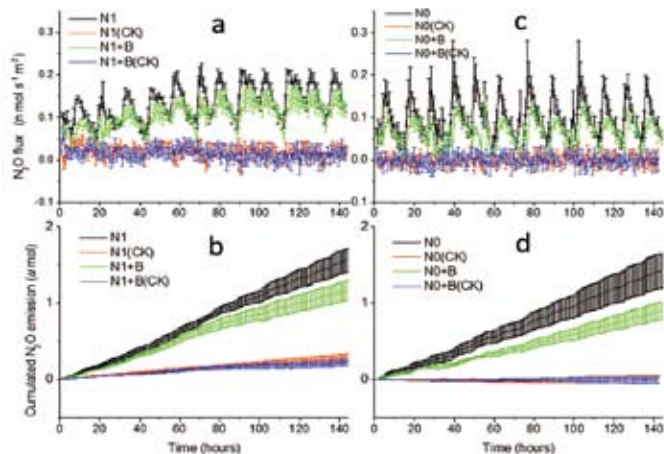
- 李俊娣 2016 邢力 2018

#### 劳务派遣

- 杨军旗 2000 张喜翠 2003  
苏薇薇 2014 王文岩 2015  
郭卫文 2019

## 生物炭抑制石灰性土壤的 $N_2O$ 产生并促进其还原为 $N_2$ 气

已有研究表明添加生物炭可以减少土壤中 $N_2O$ 的排放，但其相关减排的机制并不明确。本研选用高低两种肥力石灰性土壤，通过向培养土柱底部注入 $N_2O$ 气体，并添加葡萄糖（以刺激反硝化）等方法，开展一系列培养试验，动态研究了生物炭添加对培养土柱中 $N_2O$ 气体生成和还原的影响。研究结果表明，在培养期内水分保持70%土壤空隙含水率（WFPS）条件下，向石灰性土壤中添加1%（w/w）的生物炭，可使土壤产生的 $N_2O$ 排放量减少了37%~47%；在土壤自身 $N_2O$ 排放结束以后，从土柱底部注入 $N_2O$ 气体，生物炭则可使注入的 $N_2O$ 排放量减少了23%~44%。在继续加入葡萄糖溶液的情况下，显著增加了土壤 $N_2O$ 的排放量，添加生物炭可使 $N_2O$ 的排放总量减少了64-81%，其中单独注入 $N_2O$ 的排放量减少了29-51%。低肥力土壤与高肥力土壤在生物炭减缓 $N_2O$ 排放方面的差异较小。以上结果分析表明，生物炭的加入可以抑制土壤中 $N_2O$ 的产生过程，同时也能够促进 $N_2O$ 还原为 $N_2$ 。未来研究需要进一步阐明生物炭在土壤中调节 $N_2O$ 排放的微生物机理。



图：添加生物炭 (+B) 与不含生物炭的未施肥 (N0) 和施肥土壤 (N1) 中的 $N_2O$ 排放通量 (a, c) 和累积 $N_2O$ 排放量 (b, d)。试验过程中，每12小时从土壤底部通过扩散硅胶管注入 $N_2O$ ，浓度为998 ppmv。误差棒表示平均值的标准误差 (n = 3)。CK表示的对照未注射 $N_2O$  (注射 $N_2$ 替代)。

## 小麦遗传与分子育种

李俊明，研究员。1986年获河北农业大学硕士学位。1986-1992年在河北省生理遗传所工作。1992-1999年在中国科学院石家庄农业现代化所任副研究员。1995年在美国普渡大学合作研究。1999-2001年在日本国立北海道农业研究中心任特别研究员。2001年加入中国科学院遗传与发育所农业资源研究中心。

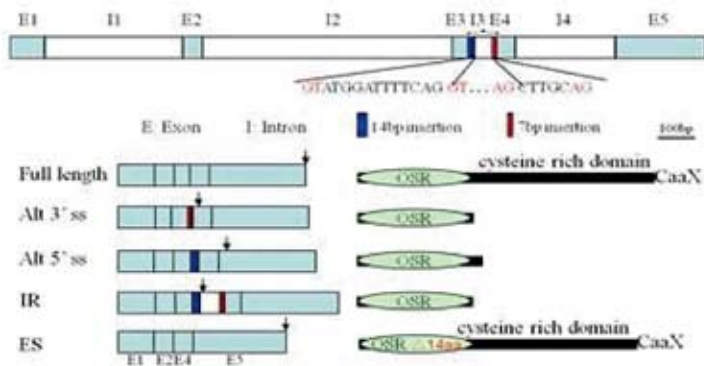
研究方向：利用远缘杂交和分子染色体工程的方法，创制小麦新种质；挖掘小麦产量性状相关基因/QTL，解析其作用机制；通过分子设计培育小麦新品种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/lijunming>



### TaGS3 调控小麦籽粒性状的功能研究

G蛋白异源三聚体在细胞信号转导中起着非常重要的作用，水稻中G $\gamma$ 亚基GS3负向调控籽粒大小。我们发现六倍体小麦中TaGS3存在5种不同的选择性剪接形式 (Alternative splicing, AS)，主要定位于细胞膜。这种转录后加工是TaGS3独特的调控方式，也是拟南芥和水稻等二倍体植物所不存在的。qRT-PCR结果表明，TaGS3.1/3.2/3.3在发育的种子中表达量高，而TaGS3.4在拔节期叶片表达量高，TaGS3.5的在各中组织的表达量都很低；BiFC、Pull down和酵母双杂交 (Y2H) 结果表明，TaGS3.1/3.2/3.3/3.4与WGB1互作；酵母三杂交 (Y3H) 结果表明，与WGB1结合的TaGS3.1/3.2/3.3/3.4与WGA1互作。分析TaGS3不同剪接形式的转基因株系籽粒性状，筛选出对小麦籽粒大小起正向调控作用的剪接形式。我们的实验表明，TaGS3的选择性剪接可能是小麦籽粒性状形成过程中一种重要的调控方式。



图：TaGS3的五种不同选择性剪接形式。

### 重要成果

#### 论著

- Fan, X., Cui, F., Ji, J., Zhang, W., Zhao, X., Liu, J., Meng, D., Tong, Y., Wang, T. and Li, J. (2019). Dissection of pleiotropic QTL regions controlling wheat spike characteristics under different nitrogen treatments using traditional and conditional QTL mapping. *Frontiers in Plant Science* 10:187.
- Zhao, C., Zhang, N., Wu, Y., Sun, H., Liu, C., Fan, X., Yan, X., Xu, H., Ji, J. and Cui, F. (2019). QTL for spike-layer uniformity and their influence on yield-related traits in wheat. *Bmc Genetics* 20(1):23.
- 赵慧, 宋利强, 张娜, 张玮, 李俊明, 纪军 (2019). 欧山羊草6U<sup>3</sup>染色体附加对小麦萌发期抗旱性的改良作用. (6): 639-644.

### 员工简介

#### 工作人员

- 纪 军 副研究员  
宋利强 助理研究员  
张 娜 助理研究员

#### 硕博连读生

苏倩男 2014

#### 博士研究生

刘佳佳 2017 任晓利 2018

#### 硕士研究生

张希兰 2016 张 帅 2017  
孟得媛 2018

#### 劳务派遣

刘进朋 2004 支丽雅 2016



## 微生物分子生态学

刘彬彬, 博士, 研究员。2006年获上海交通大学博士学位。2007-2011年在挪威生命科学大学做博士后。2011-2015年任挪威生命科学大学Research Scientist。2015年加入中国科学院遗传与发育所农业资源研究中心。

研究方向: 应用高通量测序技术研究微生物过程, 尤其是农田生态系统土壤微生物多样性, 功能基因的动态变化及转录调控, 以及与相对应的生态学功能的相关性。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/liubinbin>

### 重要成果

#### 论著

- Chen, S., Waghmode, T. R., Sun, R., Kuramae, E. E., Hu, C. and Liu, B. (2019). Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization. *Microbiome* 7(1): 136.
- Liu, M., Chen, S., Wang, S., Hu, C. and Liu, B. (2019). High-quality draft genome sequence of *Pseudomonas songnenensis* L103, a denitrifier isolated from a 100-Meter-deep aquifer in a heavily nitrogen-fertilized agricultural area. *Microbiology Resource Announcements* 8(36): e00373-00319.
- Li, W., Xiao, Q., Hu, C., Liu, B. and Sun, R. (2019). A comparison of the efficiency of different urease inhibitors and their effects on soil prokaryotic community in a short-term incubation experiment. *Geoderma* 354: 113877.
- Sun, R., D. D. Myrold, D. Wang, X. Guo and H. Chu (2019). AOA and AOB communities respond differently to changes of soil pH under long-term fertilization. *Soil Ecology Letters* 1(3-4): 126-135.
- Sun, R., Li, W., Hu, C. and Liu, B. (2019). Long-term urea fertilization alters the composition and increases the abundance of soil ureolytic bacterial communities in an upland soil. *FEMS Microbiol Ecol* 95(5).

#### 专利

- CN201910294664.6, 一株具备完全反硝化能力和快速脱氮能力的反硝化细菌及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- CN201811554750.8, 一种促生衣藻藻株m9v及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

### 员工简介

#### 工作人员

- 王凤花 助理研究员  
孙瑞波 助理研究员  
王新珍 助理研究员  
Tatoba Ramchandra Waghmode 副教授

#### 硕博连读生

赵会成 2017

#### 博士研究生

- Mekiso 2016 陈帅民 2016  
Abraham 2017 王晓改 2017  
张琳琦 2018

#### 硕士研究生

- 刘梦帅 2016 韩婉雪 2017  
苑霖 2018

#### 劳务派遣

田银萍 2016

#### 客座

王文明 2018 重庆市彭水县农委

### 作物生长和氮素输入对小麦根区微生物组的影响

根际是指靠近植物根系、受植物根系活动影响的微区域, 是植物与土壤生态系统之间的交互界面。大量微生物定殖于此并与植物根系以及周边土壤存在密切的相互作用, 对植物养分获取, 生长发育等方面起到重要作用。根际微生物基因组被视作植物第二基因组。我国是世界上氮肥施用量最大的国家, 过量的氮肥投入已造成严重的环境污染问题。研究在氮肥影响下的根际微生物群落结构有助于深入探究植物与微生物互作关系以及根区的养分运移和肥料转化规律, 为以微生物手段加强植物养分利用, 在农业生产上做到减肥增效提供重要的理论基础。利用滨城农业生态系统试验站的长期定位氮肥梯度实验, 通过对施加不同水平氮肥和小麦生长发育时期的根际微生物群落结构研究发现, 植物发育时期对细菌群落结构组成的影响要大于对真菌的群落组成的影响。部分根际植物促生菌 (PGPR) 响应氮肥施用, 同时其丰度与多种植物根系分泌有机酸显著相关性, 表明植物分泌有机酸, 招募PGPR在根区定殖可能是植物应对高氮输入的一个重要策略。以上结果为研究在集约化农业生态系统中由氮输入增加、碳有效性改变所引起的根际微生物群落结构及功能的变化提供了新见解。

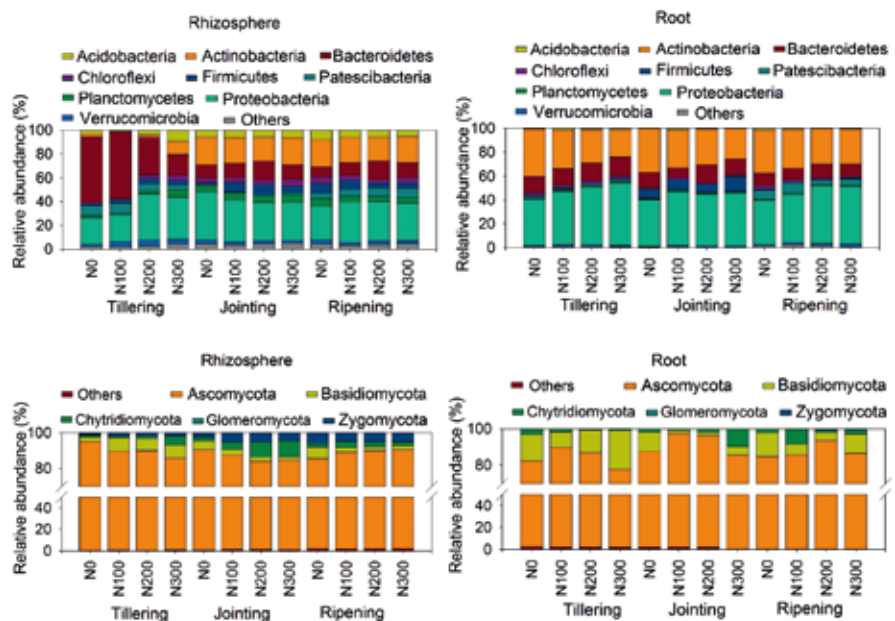


图: 作物生长以及氮肥施量对细菌以及真菌门水平区系组成的影响。

## 生态工程研究组

刘金铜，博士、研究员、博士生导师、中国科学院大学教授，区域农业与政策研究室主任、南大港滨海湿地生态试验站站长。中国科学技术协会九届全委会委员、河北省科协九届常委，中国生态学会理事、生态工程专业委员会主任委员，中国生态经济学会理事，中国自然资源学会理事。1999-2000年在丹麦作为高级访问学者进修，2002-2004年在日本中央农业综合研究中心任特别研究员。

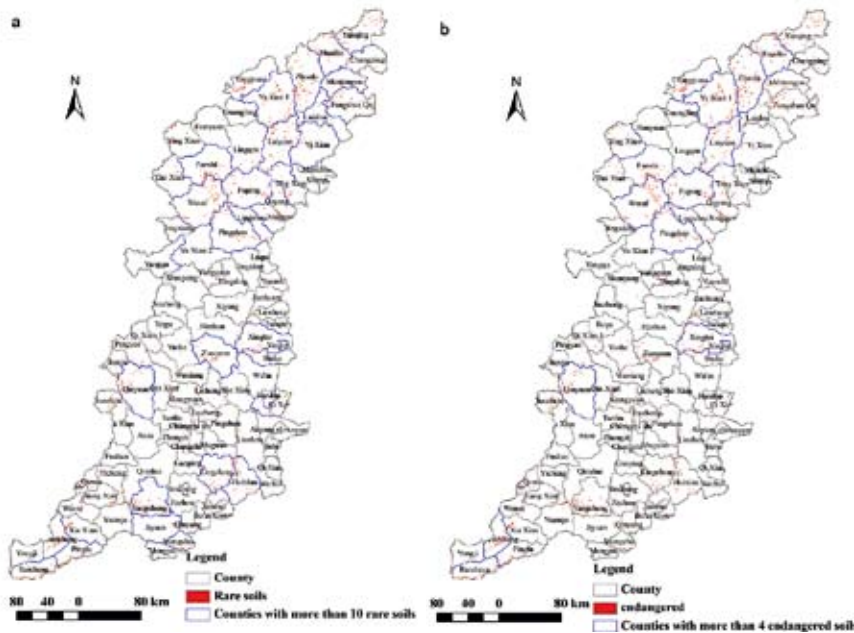
研究方向：生态工程与生态系统可持续管理。重点在北方易旱山地生态工程、滨海盐碱地与湿地生态工程、土壤重金属污染修复生态工程、资源与生态系统信息管理等方向。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/liujintong>



### 太行山区濒危土壤和稀有土壤空间格局及其影响因素

土壤多样性的消失已经是世界性的问题。深入了解稀有土壤和濒危土壤的相关知识对土壤多样性的保护意义重大。然而，在太行山区该方面的研究还相对匮乏。本文利用HWSD土壤类型数据，结合统计分析方法，深入研究了太行山区濒危土壤和稀有土壤空间格局特征，并探讨了其主要影响因素。结果显示，根据HWSD的二级分类系统，太行山区共有94类土壤，其中36种为稀有土壤、7种为濒危土壤。说明太行山区土壤资源急需保护。稀有土壤和濒危土壤主要分布在太行山区的北部，说明北部区域是土壤资源保护的重点区。人为因素对稀有土壤和濒危土壤的影响大于自然因素，人类活动会导致稀有土壤和濒危土壤的出现。以上结果可为土壤多样性的保护提供科学依据。



图：太行山区稀有土壤和濒危土壤空间分布图。

### 重要成果

#### 论著

Fu, T., Han, L., Gao, H., Liang, H. and Liu, J. (2019). Rare and endangered soils in the Taihang Mountain region, North China. *Land Degradation & Development* 30(14): 1739-1750.

Ameen, A., Tang, C., Liu, J., Han, L. and Xie, G. H. (2019). Switchgrass as forage and biofuel feedstock: Effect of nitrogen fertilization rate on the quality of biomass harvested in late summer and early fall. *Field Crops Research* 235: 154-162.

Ameen, A., Liu, J., Han, L. and Xie, G. H. (2019). Effects of nitrogen rate and harvest time on biomass yield and nutrient cycling of switchgrass and soil nitrogen balance in a semiarid sandy wasteland. *Industrial Crops and Products* 136: 1-10.

魏静, 郑小刚, 张延夕, 王彩玲, 刘金铜 (2019). 河北省张宣葡萄产区土壤地球化学特征. *中国农业资源与区划*. 40:65-69.

魏静, 郑小刚, 张彩铃, 张国维, 刘金铜 (2019). 官厅水库, 密云水库上游流域土壤神含量特征与环境质量评价. *环境化学*. 38(1):75-81.

#### 专利

201910912309.0, 一种快速采取土壤剖面原状土的取土装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

### 员工简介

#### 工作人员

付同刚 副研究员

高会 助理研究员

#### 博士研究生

梁红柱 2016 魏静 2016

齐菲 2018

#### 硕士研究生

高惠君 2017 蒋莞艳 2018

高玥 2019



## 作物高效用水与节水技术

刘孟雨，博士，研究员。1985年毕业于河北师范大学，2000年获北海道大学博士学位。先后在澳大利亚和日本等研究机构进行合作研究。

研究方向：重点研究内容有作物高效用水生理生态基础、作物节水技术与调控、蔬菜高效安全生产技术、全球气候变化与农田生态系统水分利用等。

实验室主页：<http://www.sjziam.ac.cn/liumengyu>

### 重要成果

#### 论著

Dong, B., Yang, H., Liu, H., Qiao, Y., Zhang, M., Wang, Y., Xie, Z. and Liu, M. (2019). Effects of shading stress on grain number, yield, and photosynthesis during early reproductive growth in wheat. *Crop Science* 59(1): 363-378.

靳乐乐, 乔匀周, 董宝娣, 杨红, 王亚凯 and 刘孟雨 (2019). 起垄覆膜栽培技术的增产增效作用与发展. *中国生态农业学报(中英文)* 27(09): 1364-1374.

王亚凯, 刘孟雨, 董宝娣, 乔匀周, 张明明, 杨红 and 靳乐乐 (2019). 干旱对太行山山前平原雨养农田产量影响的模拟研究. *干旱地区农业研究* 37(02): 185-194.

#### 专利

ZL201920249931.3, 小麦覆膜穴播机. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

### 员工简介

#### 工作人员

乔匀周 副研究员

#### 硕博连读生

杨红 2015

#### 硕士研究生

王亚凯 2016 靳乐乐 2017

### 起垄覆膜栽培模式对旱作小麦生长及水分利用的影响 以及土壤水热盐动态变化研究

缺水是制约华北地区小麦生产最重要的因素，薄膜覆盖是世界许多干旱地区用以保墒增产的重要途径，2015-2018年我们引进的土下覆膜技术极好的表现出保墒、抑盐、增产效果，但是膜对土壤生态环境可能造成污染，所以我们今年引入了起垄覆膜栽培技术，使用的膜是三层抗老化黑膜，可以使用3-5年，回收简便。滨海地区地下水位浅，常年承受着盐碱危害，因而小麦产量极低。在南皮试验站一年的试验研究中，垄作覆膜小麦比传统平作小麦平均增产12.44%（矿化度1.1‰-1.3‰）、6.04%矿化度（1.7‰-1.9‰）。从产量构成分析，增产是由于穗数分别增加了38.46%、28.37%。从干物质分配角度分析，是由于增加了总生物量。垄作覆膜小麦水分利用效率提升了3-9%。滨海旱作区冬小麦起垄覆膜技术，可有效提高冬小麦产量，提高冬小麦水分利用效率。



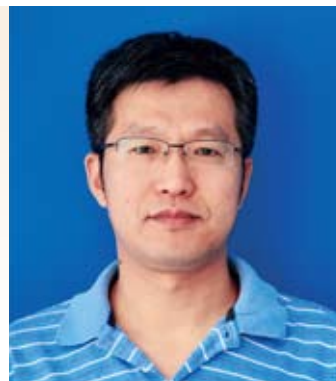
图：垄作覆膜田间试验图。

## 植物分生组织维持及作物高产机制

刘西岗，博士，研究员。2004年获河北师范大学博士学位，2007-2012年在美国加州大学河滨分校做博士后。2012年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心。2014年入选中国科学院“百人计划”。

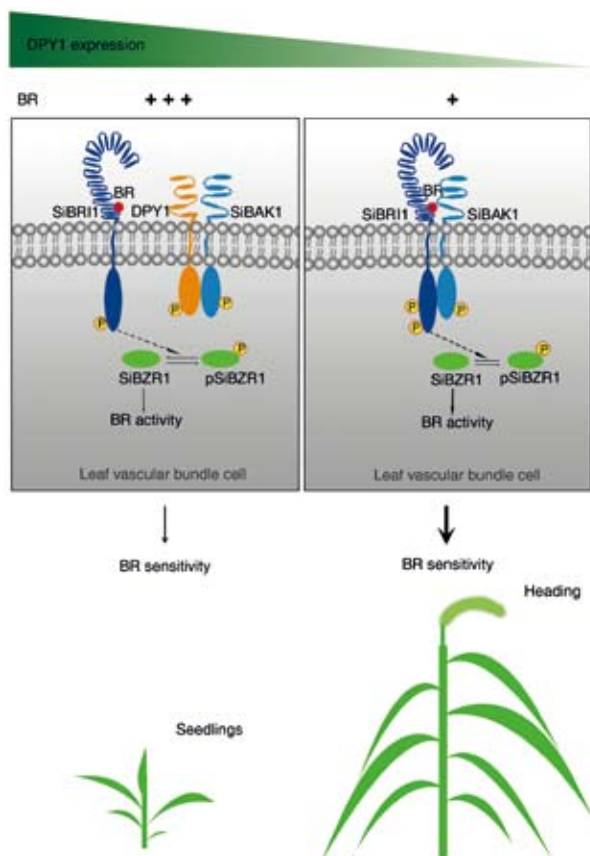
研究方向：高等植物的发育生物学和小麦高产及抗逆生理。主要包括植物器官形成中干细胞的维持和分化的分子机制；小麦穗发育过程中调控每穗粒数的功能基因及互作网络；C3及C4植物抗逆的分子机理。目的为揭示植物发育中干细胞调控及分化的分子机制，解析调控小麦每穗粒数的功能基因互作网络以及C3，C4植物抗逆反应的分子机理，最终为培育高产抗逆的作物新品种提供理论基础。

实验室主页：<http://people.ucas.ac.cn/xigangliu>



### DROOPY LEAF1通过调控早期油菜素内酯信号决定谷子叶型

植物激素油菜素内酯(BR)对于植物的生长发育至关重要。虽然BR的信号转导机制研究的非常清楚了，但是组织和时期特异的早期BR信号负反馈机制还不清楚。利用谷子为材料，我们发现DROOPY LEAF1 (DPY1)可以通过负反馈调控BR信号决定谷子叶型。DPY1特异的表达在维管束细胞中，在幼苗期有高水平表达。分子机制研究表明DPY1可以和BR的共受体SiBAK1互作，从而减弱SiBAK1和BR受体SiBRI1的互作，减弱BR的信号强度。同时BR可以提高DPY1的蛋白水平的积累及磷酸化程度。这样我们发现了一个BR早期信号转导中的刹车机制来调控谷子的叶型。



图：对于C4植物来说，营养期高浓度的BR水平是保证快速生长所必需的。高浓度BR可以增加DPY1的富集及其磷酸化，进而增加其与SiBAK1的互作从而减弱SiBAK1与SiBRI1的互作，降低BR信号的强度，导致叶片直立生长；在成熟期，随着BR浓度的下降，DPY1表达及磷酸化程度降低，SiBAK1与SiBRI1的作用加强，增强了BR信号活性导致叶片下垂。

### 重要成果

#### 论著

Chen, L. G., Gao, Z., Zhao, Z., Liu, X., Li, Y., Zhang, Y., Liu, X., Sun, Y. and Tang, W (2019). BZR1 family transcription factors function redundantly and indispensably in BR signaling but exhibit BRI1-independent function in regulating anther development in *Arabidopsis*. *Molecular Plant* 12(10): 1408-1415.

Zheng, Y. and Liu, X. (2019). Review: Chromatin organization in plant and animal stem cell maintenance. *Plant Science* 281: 173-179.

#### 专利

20191055932.5, 一种与小麦每穗小穗数相关的SNP位点及其应用. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

### 员工简介

#### 工作人员

郭琳 副研究员  
赵美丞 助理研究员  
李永鹏 助理研究员

#### 博士研究生

郭迎会 2016 张琦 2019

#### 硕士研究生

常文文 2018

#### 客座

张昊 2016 河北农业大学  
郑艺超 2018 河北师范大学  
齐静 2019 河北师范大学  
赵丹 2019 河北师范大学



## 盐渍资源高效利用研究组

刘小京，博士，研究员，站长。1988年获河北农业技术师范学院农学学士学位；1991年获中国农业大学硕士学位；2006年获日本东京农业大学博士学位。2019年，获中国科学院遗传与发育生物学研究所“建所六十年杰出贡献奖”。

研究方向：盐碱地改良，咸水利用，盐生植物资源利用。

实验室主页：<http://www.sjziam.ac.cn/liuxiaojing>

### 重要成果

#### 论著

- Chen, H., Yang, C., Ren, A., Guo, K., Feng, X., Li, J., Liu, X., Sun, H. and Wang, J. (2019). The Evapotranspiration of tamarix and its response to environmental factors in coastal saline land of China. *Water* 11(11):2273.
- Feng, X., Guo, K., Yang, C., Li, J., Chen, H. and Liu, X. (2019). Growth and fruit production of tomato grafted onto wolfberry (*Lycium chinense*) rootstock in saline soil. *Scientia Horticulturae* 255: 298-305.
- Guo, K. and Liu, X. (2019). Effect of initial soil water content and bulk density on the infiltration and desalination of melting saline ice water in coastal saline soil. *European Journal of Soil Science* 70(6):1249-1266.
- Li, J., Hussain, T., Feng, X., Guo, K., Chen, H., Yang, C. and Liu, X. (2019). Comparative study on the resistance of *Suaeda glauca* and *Suaeda salsa* to drought, salt, and alkali stresses. *Ecological Engineering* 140:105593.
- 杨策, 陈环宇, 李劲松, 田宇, 封晓辉, 刘小京, 郭凯 (2019). 盐地碱蓬生长对滨海重盐碱地的改良效应. *中国生态农业学报(中英文)* 27(10): 1578-1586.

#### 专利

- ZL201920910389.1, 一种控水位估算植物蒸散发的装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- ZL201920384591.5, 一种海水稻蒸散发获取装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201920902018.9, 一种模拟不同台田高度的装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201920942024.7, 一种土壤气体定量取样测量装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201920942578.7, 一种新型环刀取土器. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201920103600.9, 用于植物盐胁迫处理的萌发生长一体化水培装置. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.
- 201910908725.3, 重盐碱地利用咸水移栽出芽后柽柳大苗的方法. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

#### 工作人员

张广录 张文胜 巨兆强 郭凯 封晓辉

#### 博士后

Tabassum Hussain 2017

#### 博士研究生

陈环宇 2017 李劲松 2018  
李伟柳 2019

#### 硕士研究生

杨策 2016 田宇 2017  
李静 2018 吴玉洁 2019

#### 返聘人员

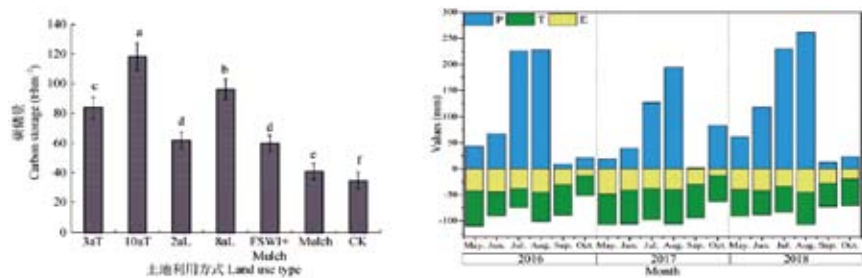
袁纪平 2008 张秀梅 2013

#### 劳务派遣

郭金雨 1986 孙景迎 1987  
王立忠 2010 郝燕顺 2012  
李伟 2015

### 滨海重盐碱地盐生植被的生态效应

盐生植被建设不仅显著改变滨海盐碱地景观，也具有较明显的生态效应。对海兴试验基地盐生植被多年的研究表明，10年生柽柳林和8年生枸杞林的碳储量分别达118.24 t·hm<sup>-2</sup>和96.27 t·hm<sup>-2</sup>，比裸地增加了83.39 t·hm<sup>-2</sup>和61.42 t·hm<sup>-2</sup>。2016~2018年柽柳林的蒸散发为514.2~573.8 mm，蒸腾作用占蒸散发的60.2%，耗水量较裸地增加了377.6 mm，2017年降水量较少，柽柳林水分亏缺107.2 mm，而平水年(2016)和丰水年(2018)的降水量剩余分别为77.8 mm和187.5 mm，表明滨海盐碱地的降水量能够基本满足柽柳林的消耗。盐地碱蓬虽然耐盐能力较高，但是耐碱能力较碱蓬差。栽植盐地碱蓬可以增加土壤的孔隙度，提高水分入渗速率，促进土壤盐分的淋洗，且植株也带走部分盐分；淋洗脱盐和植株吸收带走的盐分分别占总脱盐量的94.40%和5.60%。



图：海兴实验基地航拍(上)，不同植被类型的碳储量(左下)，柽柳林的水分平衡特征(右下)。

## 作物根系表型组学

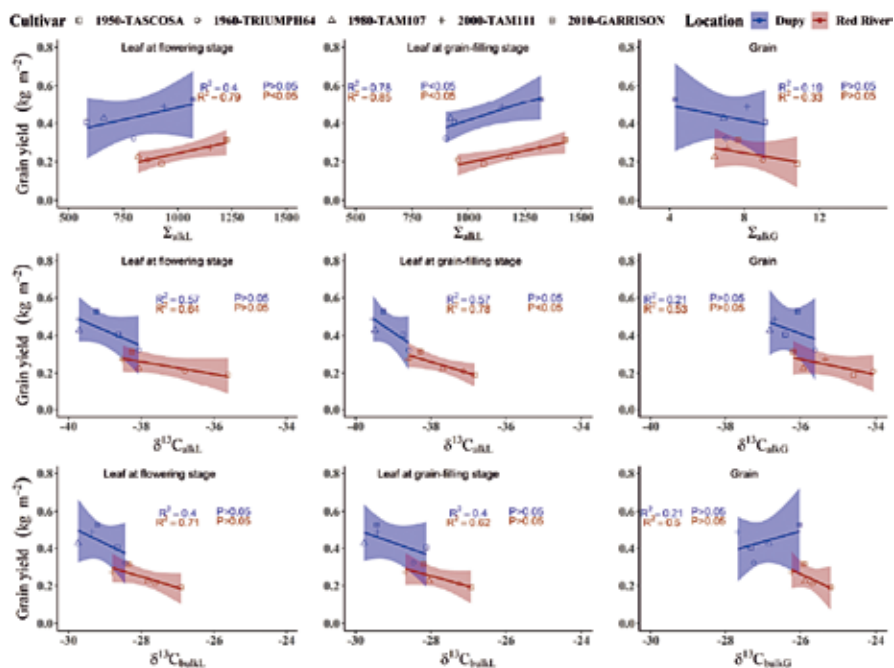
刘秀位，博士，研究员，2015年毕业于中科院遗传所农业资源研究中心，2015-2019在美国Texas A&M University和Noble Research Institute做博士后研究，2019年入选中科院百人计划青年俊才候选人。

研究方向：评价单体化合物同位素指示作物产量的准确性，研究根系表型基本组分对作物根系分布的影响，研究作物根系原位测量技术，目前集中在探索电容法探测木质化根系的适用性方面。



### 过去60年的冬小麦品种选育过程中增加了叶片蜡质中正烷烃的含量和作物产量

本试验拟探明历史性冬小麦品种中正烷烃浓度和碳同位素是否存在差异以及是否会影响作物的产量。通过分析过去60年的冬小麦旗叶和籽粒的正烷烃浓度和碳同位素变化，发现新品种旗叶中正烷烃浓度和作物产量都高于旧品种；而旗叶碳同位素和烷烃碳同位素随着年代变化有降低的趋势。在干旱条件下，灌浆期旗叶中正烷烃浓度和产量之间关系显著；正烷烃碳同位素和产量之间存在显著的负相关。在湿润条件下或开花期叶片旗叶碳同位素、烷烃浓度和碳同位素与产量之间关系不明显。本试验结果表明冬小麦品种培育过程中间接提高了叶片正烷烃浓度从而有利于产量的提高。



图：正烷烃碳同位素和产量之间的关系。

### 重要成果

#### 论著

- Peng, B., Liu, X., Dong, X., Xue, Q., Neely, C. B., Marek, T., Ibrahim, A. M. H., Zhang, G., Leskovar, D. I. and Rudd, J. C. (2019). Root morphological traits of winter wheat under contrasting environments. *Journal of Agronomy and Crop Science* 205(6): 571-585.
- Liu, X., Feakins, S. J., Dong, X., Xue, Q., Han, J., Marek, T., Leskovar, D. I., Neely, C. B. and Ibrahim, A. M. H. (2019). Evaluating leaf wax and bulk leaf carbon isotope surrogates for water use efficiency and grain yield in winter wheat. *Crop Science* 59(2): 718-732.
- Liu, X., Feakins, S. J., Ma, X.-F., Anderson, J. D., Vidal, E. and Blancaflor, E. B. (2019). Crop breeding has increased the productivity and leaf wax n-alkane concentration in a series of five winter wheat cultivars developed over the last 60 years. *Journal of Plant Physiology* 243: 153056.
- Sun, H., Zhang, X., Liu, X., Liu, X., Shao, L., Chen, S., Wang, J. and Dong, X. (2019). Impact of different cropping systems and irrigation schedules on evapotranspiration, grain yield and groundwater level in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 211: 202-209.

#### 员工简介

博士研究生

姜寒冰 2019

硕士研究生

谷慧杰 2018 段世名 2019



## 植物抗病分子遗传学

吕东平, 博士, 研究员。2007年获美国University of Hawaii at Manoa博士学位, 之后在美国Texas A&M University做博士后和助理研究科学家。2012年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心。

研究方向: 以模式植物拟南芥和水稻为材料, 研究植物对病原微生物的抗性机理。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/rcjy/lvdongping>

### 重要成果

#### 论著

Huang, G., Sun, J., Bai, J., Han, Y., Fan, F., Wang, S., Zhang, Y., Zou, Y., Han, Z. and Lu, D. (2019). Identification of critical cysteine sites in brassinosteroid-insensitive 1 and novel signaling regulators using a transient expression system. *New Phytologist* 222(3): 1405-1419.

Fan, F., Zhang, Y., Huang, G., Zhang, Q., Wang, C. C., Wang, L. and Lu, D. (2019). AtERO1 and AtERO2 exhibit differences in catalyzing oxidative protein folding in the endoplasmic reticulum. *Plant Physiology* 180(4): 2022-2033.

Mao, D., Xin, Y., Tan, Y., Hu, X., Bai, J., Liu, Z. Y., Yu, Y., Li, L., Peng, C., Fan, T., Zhu, Y., Guo, Y. L., Wang, S., Lu, D., Xing, Y., Yuan, L. and Chen, C. (2019). Natural variation in the *HAN1* gene confers chilling tolerance in rice and allowed adaptation to a temperate climate. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(9): 3494-3501.

### 员工简介

#### 工作人员

邹艳敏 副研究员  
刘晓彤 助理研究员

#### 硕博连读生

周圆圆 2016

#### 博士研究生

黄国中 2014 白姣姣 2016  
杜铭硕 2018

#### 硕士研究生

刘泽阳 2017 陈可欣 2018  
王冉冉 2019

#### 客座

张巧 2018 河北师范大学  
梁雪莲 2019 河北师范大学

## 胞质类受体激酶PCRK1/2在调节天然免疫与油菜素内酯信号转导中发挥相反的功能

油菜素内酯是一种控制植物生长和发育的植物激素。植物在天然免疫与生长发育之间存在着平衡机制 (tradeoff)。已报道有多个胞质类受体激酶参与天然免疫信号转导的调控。为了探究他们是否也参与油菜素内酯信号的传递, 我们首先建立了一个研究油菜素内酯信号转导的新体系。我们发现, 油菜素内酯的受体BR11蛋白在原生质体制备过程中的表达严重受损 (图A&B), 而表达外源BR11可以恢复原生植体对于油菜素内酯的识别 (图C)。利用这一现象, 我们在拟南芥原生质体中重建了油菜素内酯信号转导途径。利用这一体系, 我们发现两个已知参与植物天然免疫的胞质类受体激酶PCRK1 和PCRK2, 能够通过BR11相互作用来负调控油菜素内酯信号转导 (图D)。

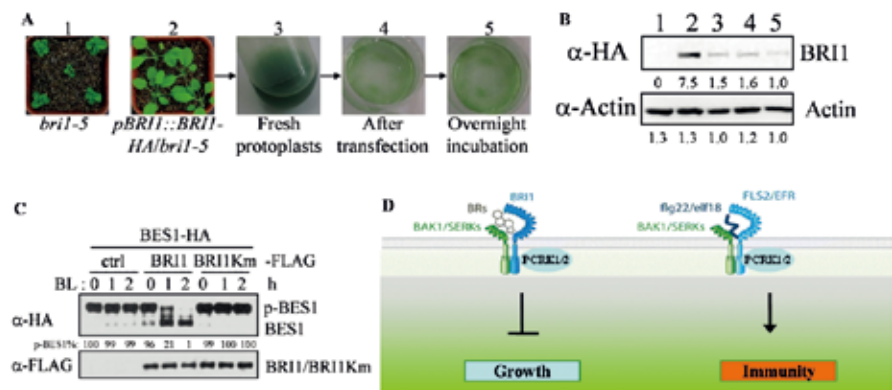


图: (A) 转基因拟南芥植物 *pBR11::BR11-HA/bri1-5* 的原生质体制备过程; (B) BR11蛋白在原生质体制备过程中表达受损; (C) 在原生植体中瞬时表达BR11可以恢复其对于油菜素内酯的识别; (D) 胞质类受体激酶PCRK1/2在调节天然免疫与油菜素内酯信号转导中发挥相反的功能。

## 农业生态学与养分资源管理

马林, 博士, 研究员。2010年获河北农业大学博士学位。2010-2014年在荷兰瓦赫宁根大学与研究中心做博士后。2014年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心, 获中国科学院“百人计划”支持。2018年获得科技部“中青年科技创新领军人才(万人计划)”资助。2019年获得中国科学院“百人计划”终期评估优秀。

研究方向: 可持续食物链系统养分资源管理研究; 农牧系统面源污染机理与防控途径研究; 农牧生产系统废弃物循环关键过程机理和技术研究。

实验室主页: <http://www.gentics.ac.cn/malin>



## 中国畜牧业污染空间优化布局

为了推进水污染控制行动计划(简称“水十条”),截至2018年底,全国累计关闭或搬迁畜禽养殖场26万多个,与2014年相比,2017年我国生猪出栏量减少超过4600万头。这种短时间内如此高强度的畜禽养殖污染控制在全世界范围都很罕见,充分体现了我国政府在环境污染特别是水污染控制方面的决心。为了进一步控制南方高密度水网区的畜禽养殖污染,原农业部出台了《关于促进南方水网地区生猪养殖布局调整优化的指导意见》,提出了南猪北养、西进的畜牧业空间布局指导意见。在政策引导下,南方高密度水网地区生猪养殖量迅速下降,而在东北三省、内蒙及云贵等耕地面积较大且经济相对落后的地区生猪养殖场数量和养殖量在短时间内快速增加。但是,缺乏对政策的环境影响系统分析,也没有充分考虑南猪北养可能带来的污染转移。该研究系统利用“畜牧业-土地利用-水-养分-温室气体”系统耦合分析的思路,分析了“南猪北养”政策的综合影响。研究表明:畜牧业的空间布局调整效果明显,可快速且大幅度降低南方水网地区的水污染,但是可能会增加北方地区畜牧业污染风险,并造成转移:一是水污染的空间转移,从南方水网地区转移到北方有关地区;二是由水体污染向大气污染转移,如氨挥发排放的增加。畜牧业是我国大气氨排放的主要来源,并且相对于水体污染而言,氨的挥发排放更难以控制。此外,氨排放的大量增加还会造成局部地区的生物多样性降低。“南猪北养”后氨挥发大量增加可能会造成东北三省、内蒙及云贵等地区的大面积天然原始森林和草原生物多样性的降低。此外,由于东北三省、内蒙及云贵地区缺乏足够的畜禽养殖废弃物资源化和氨挥发减排技术和经济投入,如果综合考虑生猪养殖氨排放对人体健康以及生物多样性负面影响的成本,东北三省、内蒙及云贵地区生猪养殖所创造的效益将很大程度上被抵消。研究还利用系统分析的方法,提出了我国未来生猪以及畜牧业的空间优化布局的理论思路和政策建议:(1)需要系统考虑区域间生态环境多界面(水-土-气-人)的脆弱性和安全性;(2)权衡区域间畜禽养殖与社会、经济和环境等综合限制因素;(3)严格立法和促进科学规划区域畜牧业发展,对新建养殖场实施全链条、多介质污染物阻控技术。该研究为我国畜牧业全产业链的可持续绿色农业发展提供系统分析思路,也为畜牧业相关环境政策评价提供科学依据和政策建议。

## 重要成果

### 论著

- Bai, Z., Jin, S., Wu, Y., Ermgassen, E. z., Oenema, O., Chadwick, D., Lassaletta, L., Velthof, G., Zhao, J. and Ma, L. (2019). China's pig relocation in balance. *Nature Sustainability* 2(10): 888-888.
- Ma, L., Bai, Z., Ma, W., Guo, M., Jiang, R., Liu, J., Oenema, O., Velthof, G. L., Whitmore, A. P., Crawford, J., Dobermann, A., Schwoob, M. and Zhang, F. (2019). Exploring future food provision scenarios for China. *Environ Sci Technol* 53(3): 1385-1393.
- Bai, Z., Winiwarter, W., Klimont, Z., Velthof, G., Misselbrook, T., Zhao, Z., Jin, X., Oenema, O., Hu, C. and Ma, L. (2019). Further improvement of air quality in China needs clear ammonia mitigation target. *Environ Sci Technol* 53(18): 10542-10544.
- Zhang, N., Bai, Z., Winiwarter, W., Ledgard, S., Luo, J., Liu, J., Guo, Y. and Ma, L. (2019). Reducing ammonia emissions from dairy cattle production via cost-effective manure management techniques in China. *Environ Sci Technol* 53(20): 11840-11848.
- Cao, Y., Wang, X., Bai, Z., Chadwick, D., Misselbrook, T., G. Sommer, S., Qin, W. and Ma, L. (2019). Mitigation of ammonia, nitrous oxide and methane emissions during solid waste composting with different additives: A meta-analysis. *Journal of Cleaner Production* 235: 626-635.

### 专利

- 201821861866.1, 一种粪尿表面低气覆盖氨减排的装置, 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心
- 201920940740.1, 分层曝气系统堆肥反应器冷凝水回收系统, 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心
- 201920940666.3, 分层曝气系统堆肥反应气泵热利用系统, 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心

### 工作人员

柏兆海 副研究员  
王选 副研究员

### 硕博连读生

曹玉博 2016

### 博士研究生

刘玲 2015 赵浩 2017 王昊丹 2019

### 硕士研究生

Dorris Chebeth 2017  
刘娟 2017 刘泽龙 2017  
Erick Mutai 2018 高巍 2018  
金欣鹏 2019 张陆 2019

### 劳务派遣

聂立江 2016 武晓 2016  
丁可人 2019 郭素娟 2019

### 客座

王梦茹 2014 荷兰瓦赫宁根大学  
杨培培 2014 荷兰瓦赫宁根大学  
Prof. Carolien Kroeze 2015  
荷兰瓦赫宁根大学  
Prof. Oene Oenema 2015  
荷兰瓦赫宁根大学  
Prof. Gerard L. Velthof 2016  
荷兰瓦赫宁根大学  
李昂 2016 荷兰瓦赫宁根大学  
Prof. David R. Chadwick 2017  
英国班戈大学  
陈希 2017 荷兰瓦赫宁根大学  
杨晶 2017 荷兰瓦赫宁根大学  
马明芳 2018 中国农业大学  
田芳芳 2018 中国农业大学  
Prof. Winiwarter Wilfried 2019  
奥地利国际应用系统研究所  
崔石磊 2019 河北农业大学  
李雨濛 2019 河北农业大学  
孟凡磊 2019 中国农业大学  
宋晨阳 2019 海南大学  
张建杰 2019 河北农业大学  
张琦 2019 荷兰瓦赫宁根大学



## 流域生态水文模拟与水环境管理

沈彦军，博士，研究员，中科院率先行动“百人计划”。博士毕业于德国耶拿大学 (Friedrich-Schiller-University of Jena) 化学与地球科学系地理信息与流域水文专业。主要从事气候变化及流域生态水文模拟研究。当前课题组致力于水文水资源数据时空分析、地表水-地下水相互作用及流域水量水质的耦合模拟研究，以为区域水资源的可持续利用和发展做出贡献。2019年入选河北省“三三三人才工程”第三层次人选，河北省“三三三人才工程”领导小组。

研究方向：气候变化对流域水文的影响；流域水量水质耦合模拟；地表水-地下水水分传输与溶质运移；空间数据分析及水资源管理。

研究组主页：[http://www.sjziam.cas.cn/sourcedb\\_sjziam\\_cas/zw/zjrck/brjh/201806/t20180612\\_5025415.html](http://www.sjziam.cas.cn/sourcedb_sjziam_cas/zw/zjrck/brjh/201806/t20180612_5025415.html)

### 重要成果

#### 论著

Li, C., Li, H., Li, J., Lei, Y., Li, C., Manevski, K. and Shen, Y.-j. (2019). Using NDVI percentiles to monitor real-time crop growth. *Computers Electronics in Agriculture* 162: 357-363.

Shen, Y.-j., Shen, Y., Guo, Y., Zhang, Y., Pei, H. and Brenning, A. (2020). Review of historical and projected future climatic and hydrological changes in mountainous semiarid Xinjiang (northwestern China), central Asia CATENA. Doi: 10.1016/j.catena.2019.104343.

裴宏伟, 杨佳, 张红娟, 郝桂珍, 刘昌明, 沈彦军 (2020). 变化环境下清水河流域径流演变特征及驱动力研究. 南水北调与水利科技(2).

### 员工简介

#### 工作人员

孔晓乐 特别研究助理

张晓龙 特别研究助理

#### 博士研究生

曹博 2019

#### 硕士研究生

刘行 2018 王艺璇 2018

INGABIRE Romaine 2019

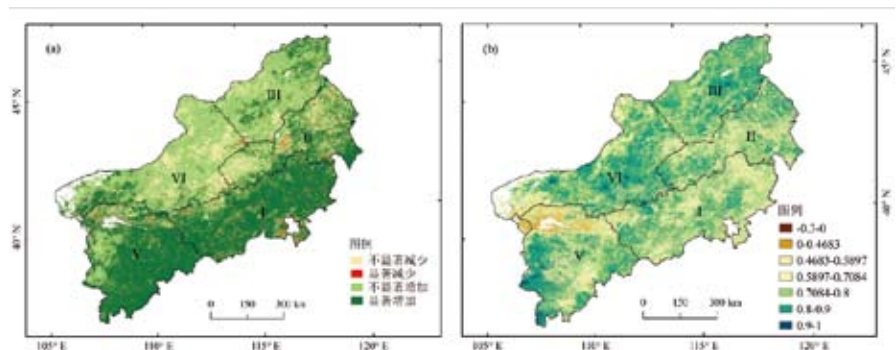
石嘉丽 2019

#### 客座

刘夏 2016 南开大学

## 京津风沙源区植被覆盖变化对多时间尺度气象干旱的响应

京津风沙源地处于干旱半干旱区，是典型的生态脆弱区，干旱灾害频发，植被在该区生态安全等方面有重要作用，但目前尚不明确该区植被对气象干旱的响应规律。本研究基于NDVI和SPEI，发现2000-2017年京津风沙源区植被覆盖度以增加趋势为主，植被区47.66%的像元NDVI呈显著增加 ( $P < 0.05$ ) 且在区域南部分布较集中。97.84%的区域生长季植被显著受干旱负影响。在干旱负影响下，植被从4月到7月脆弱性逐渐增加，7月达到最高，7月到10月逐渐降低。因此，应注意防御夏季干旱，尤其是7月份干旱对植被的负影响。相对于南部的两个治理区 (I和V)，京津风沙源北部三个治理区 (II、III、VI) 的植被在干旱负影响下脆弱性较强。草地受干旱负影响最大、其次为灌丛、耕地和森林。



图：2000-2017年京津风沙源区生长季NDVI变化趋势 (a) 及其与SPEI的最大相关性 (b)。

# 农业水文学与水资源

沈彦俊，博士，研究员。2004年获得日本千叶大学博士学位。2016年入选中组部“万人计划”科技创新领军人才。

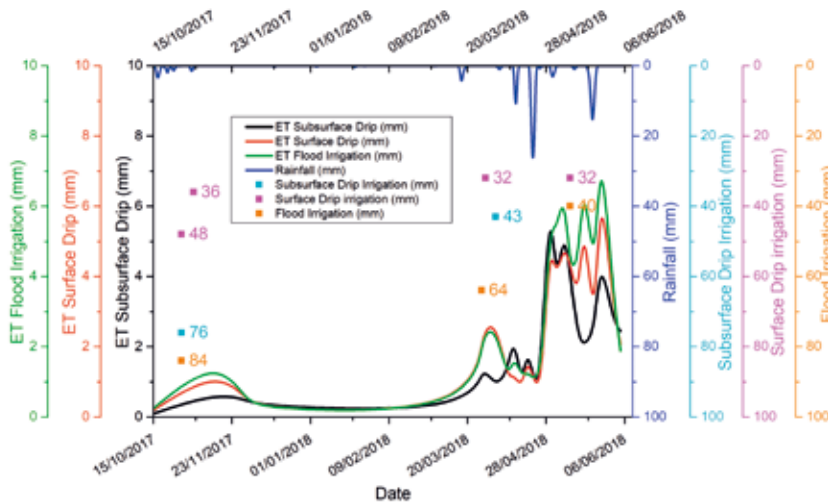
研究方向：从事生态水文学、农业水文过程和水资源可持续利用方面的研究。研究组主要针对我国缺水地区的水文循环过程和农业水资源可持续性及其与气候变化和人类活动的关系开展工作，方法包括野外观测实验、环境示踪技术、遥感和GIS技术应用以及流域水文水资源模拟，为水资源和粮食安全服务。

研究组主页：<http://hydro.sjziam.ac.cn>



## 华北平原灌溉农田深层土壤水分运动与地下水补给

在灌溉农业影响下，华北平原地下水位持续下降，大量盐分累积于根系层以下的深层包气带，导致局部地区地下水严重污染。研究农田深层包气带水盐运移过程，是认识灌溉农业对地下水影响机理的重要前提。以华北平原地下水深埋区不同类型农田厚包气带为研究对象，估算了深层包气带水分运动速率、盐分累积与淋洗特征，分析了不同农业土地利用类型对浅层地下水水质的潜在影响，评估了地下水位下降条件下地下水垂向补给（水量和水质）滞后时间，从地下水补给过程角度初步揭示了农业土地利用类型对地下水水量和水质的影响机理。研究结果可深化对区域水文循环的认识，并为地下水资源可持续管理提供理论依据。



图：冬小麦水生长季地下滴灌与地面滴灌和漫灌的蒸散耗水过程对比。

## 重要成果

### 论著

Umair, M., Hussain, T., Jiang, H., Ahmad, A., Yao, J., Qi, Y., Zhang, Y., Min, L. and Shen, Y. (2019). Water-saving potential of subsurface drip irrigation for winter wheat. *Sustainability* 11(10) : 2978.

Li, C., Li, H., Li, J., Lei, Y., Li, C., Manevski, K. and Shen, Y. (2019). Using NDVI percentiles to monitor real-time crop growth. *Computers and Electronics in Agriculture* 162: 357-363.

Zhang, J. and Shen, Y. (2019). Spatio-temporal variations in extreme drought in China during 1961-2015. *Journal of Geographical Sciences* 29(1): 67-83.

Min, L., Qi, Y., Shen, Y., Wang, P., Wang, S. and Liu, M. (2019). Groundwater recharge under irrigated agro-ecosystems in the North China Plain: From a critical zone perspective. *Journal of Geographical Sciences* 29(6): 877-890.

Zhang, Y., Qi, Y., Shen, Y., Wang, H. and Pan, X. (2019). Mapping the agricultural land use of the North China Plain in 2002 and 2012. *Journal of Geographical Sciences* 29(6): 909-921.

### 获奖

沈彦俊, 郭英, 张玉翠, 沈彦军, 中国科学院杰出科技成就奖

### 员工简介

#### 工作人员

- 齐永青 助理研究员
- 郭英 副研究员
- 张玉翠 副研究员
- 闵雷雷 副研究员
- Muhammad Umair 特别研究助理

#### 博士研究生

- 邓利强 2017 刘美英 2018
- 吴林 2019

#### 硕士研究生

- 李聪聪 2017 张传伟 2017
- 张雅芳 2017 陈晓露 2018
- 崔灿 2018 韩春雷 2018
- 要家威 2018 成艺 2019
- 马婉君 2019 杨天一 2019

#### 劳务派遣

- 景冰丹 2016



## 农田水盐运移过程及调控

孙宏勇, 博士, 青年研究员, 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心南皮站副站长。1998年获得河北农业大学学士学位; 2003年获得中国科学院石家庄农业现代化研究所硕士学位; 2007年获得中国科学院地理科学与资源研究所博士学位。2009-2010年在澳大利亚CSIRO水土研究所进修。

研究方向: 1) GSPAC系统水盐运移过程; 2) 作物适应水盐机制; 3) 缺水盐渍区农田水盐调控技术。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/sunhongyong>

### 重要成果

#### 论著

Dong, X., Li, M., Lin, Q., Li, G. and Zhao, X. (2019). Soil Na<sup>+</sup> concentration controls salt-affected soil organic matter components in Hetao region China. *Journal of Soils and Sediments* 19(3): 1120-1129.

Dong, X., Singh, B. P., Li, G., Lin, Q. and Zhao, X. (2019). Biochar has little effect on soil dissolved organic carbon pool 5 years after biochar application under field condition. *Soil Use and Management* 35(3): 466-477.

Dong, X., Singh, B. P., Li, G., Lin, Q. and Zhao, X. (2019). Biochar increased field soil inorganic carbon content five years after application. *Soil and Tillage Research* 186: 36-41.

Sun, H., Zhang, X., Liu, X., Liu, X., Shao, L., Chen, S., Wang, J. and Dong, X. (2019). Impact of different cropping systems and irrigation schedules on evapotranspiration, grain yield and groundwater level in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 211: 202-209.

Wang, J., Kang, S., Du, T., Tong, L., Ding, R. and Li, S. (2019). Estimating the upper and lower limits of kernel weight under different water regimes in hybrid maize seed production. *Agricultural Water Management* 213: 128-134.

#### 专利

201910793519.2, 小区育种试验田玉米防倒伏系统. 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心.

#### 科技奖励

2019年, 农业节水科技奖(二等奖) “地下水压采政策实施下河北省农业节水技术研发与应用”。

### 员工简介

#### 工作人员

董心亮 助理研究员  
王金涛 助理研究员

#### 硕士研究生

孙蕊 2017 赵长龙 2017  
苏寒 2018 陈佩 2019

## 小麦-玉米轮作系统中小麦源有机碳积累量 大于玉米源有机碳积累量

通过中国科学院南皮生态农业试验站的长期定位试验研究发现, 施用化肥21年后, 单施N肥或P肥不能显著增加土壤有机质含量, N肥和P肥混施可以增加土壤有机质含量22.1%-29.6%。通过测定稳定性同位素<sup>13</sup>C丰度发现, 在小麦玉米轮作体系中, NP肥混施增加了小麦贡献形成土壤有机质含量的37.5%-49.8%, 然而对玉米贡献形成的土壤有机质含量没有显著影响。此外, 小麦贡献形成的土壤有机质含量与小麦产量呈显著正相关, 玉米无显著相关性。该研究表明NP肥混施是提高土壤有机质的重要措施, 尤其增加了小麦贡献形成的土壤有机质。因此, 在养分限制条件下, 应首先将养分供给于小麦, 以增加土壤碳库。

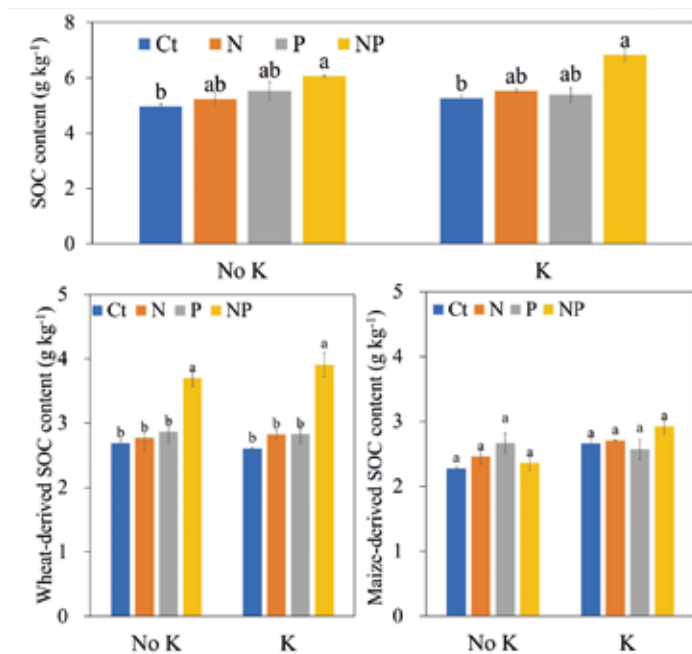


图: 施肥对土壤总有机碳(上)和不同来源土壤有机碳(下)的影响。

## 水文循环与地下水环境

王仕琴，博士，研究员。2009年获中国科学院地理科学与资源研究所博士学位。2008-2009年在日本千叶大学博士联合培养学习。2009-2014年在日本千叶大学园艺学部做博士后，2010-2013年先后在日本国立环境研究所和筑波大学做助理研究员和兼职研究员。2014年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心。

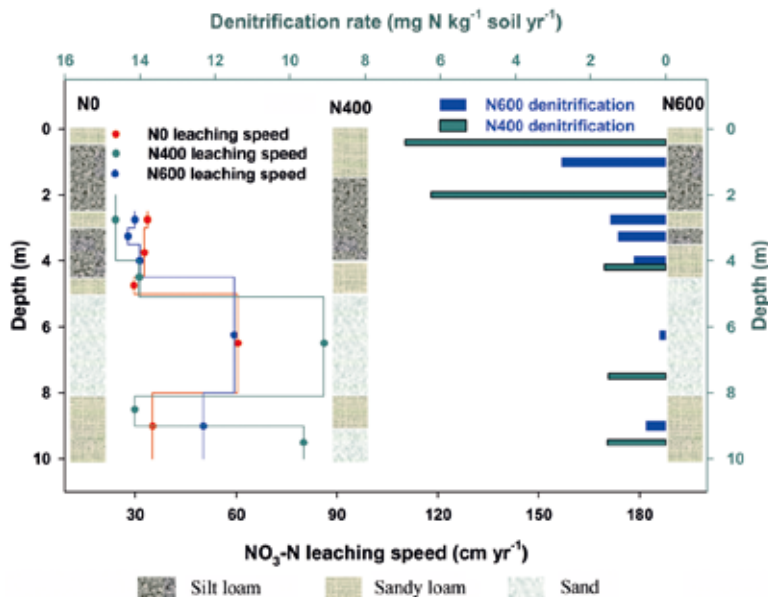
研究方向：地球关键带水文地球化学过程研究；非饱和带-饱和带水氮迁移转化过程与调控机制；地表水-地下水转化关系；基于水量水质模拟模型的地下水资源可持续利用。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/wangshiqin>



### 华北平原厚包气带-地下水硝酸盐迁移转化机制

氮肥过量利用引起进入地下水的氮淋失量增加，全球范围农区地下水硝酸盐具有增长趋势。通过对华北补给源区以及山前平原长期施肥农田及地下水野外监测，利用水化学和稳定同位素示踪技术在明确地下水补给机制基础上揭示了小麦玉米农田不同施氮处理下硝酸盐在包气带的淋失速率、反硝化速率和迁移路径。研究表明平水年硝酸盐在包气带的迁移速率与施肥水平无显著相关，氮淋失速率且远低于地下水位下降的速率；此外，反硝化作用主要发生在4 m以上土壤，也限制了进入深层土壤和地下水的氮淋失通量，结合地下水硝酸盐氮氧同位素源解析表明地下水深埋区化肥还未大幅进入地下水；丰水年极端降水条件下地下水补给机制发生变化，增加了污染物进入地下水的风险。研究结果对农区地下水水氮管理具有重要意义。



图：小麦玉米轮作农田不同施氮水平氮淋失速率与迁移转化过程。

### 重要成果

#### 论著

- Wang, S., Hu, Y., Yuan, R., Feng, W., Pan, Y. and Yang, Y. (2019). Ensuring water security, food security, and clean water in the North China Plain—conflicting strategies. *Current Opinion in Environmental Sustainability* 40: 63-71.
- Wang, S., Wei, S., Liang, H., Zheng, W., Li, X., Hu, C., Currell, M. J., Zhou, F. and Min, L. (2019). Nitrogen stock and leaching rates in a thick vadose zone below areas of long-term nitrogen fertilizer application in the North China Plain: A future groundwater quality threat. *Journal of Hydrology* 576: 28-40.
- Zheng, W., Wang, S., Sprenger, M., Liu, B. and Cao, J. (2019). Response of soil water movement and groundwater recharge to extreme precipitation in a headwater catchment in the North China Plain. *Journal of Hydrology* 576:466-477.
- Liu, B., Wang, S., Kong, X. and Liu, X. (2019). Soil matric potential and salt transport in response to different irrigated lands and soil heterogeneity in the North China Plain. *Journal of Soils and Sediments*: 1-12.
- Liu, B., Wang, S., Kong, X., Liu, X. and Sun, H. (2019). Modeling and assessing feasibility of long-term brackish water irrigation in vertically homogeneous and heterogeneous cultivated lowland in the North China Plain. *Agricultural water management* 211: 98-110.

### 员工简介

#### 工作人员

刘丙霞 助理研究员  
郑文波 助理研究员

#### 博士研究生

冯文钊 2017 侯翔龙 2018  
倪盼盼 2019

#### 硕士研究生

田路遥 2017 张志雄 2018  
吕嘉丽 2019 檀康达 2019

#### 劳务派遣

郭星 2019

#### 客座

石立明 2019 河北工程大学



## 水资源与粮食安全协同机制

杨永辉，博士，研究员。农业资源研究中心副主任。2002年获日本千叶大学理学博士学位。1993-1994年和2000-2005年分别在英国生态水文研究中心和日本国立环境研究所从事客座研究。2005年4月入选中国科学院“百人计划”。

研究方向：水循环各关键要素的精准反演；人类活动及气候变化对水循环影响；农业耗水方法创新与时空评估；土地-粮食-水资源协同机制与国家粮食安全。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/yangyonghui>

### 重要成果

#### 论著

- Zhou, X., Yang, Y., Sheng, Z. and Zhang, Y. (2019). Reconstructed natural runoff helps to quantify the relationship between upstream water use and downstream water scarcity in China's river basins. *Hydrology and Earth System Sciences* 23: 1-15.
- Wang, S., Hu, Y., Yuan, R., Feng, W., Pan, Y. and Yang, Y. (2019). Ensuring water security, food security, and clean water in the North China Plain – conflicting strategies. *Current Opinion in Environmental Sustainability* 40: 9.
- Hu, Q., Yang, Y., Han, S. and Wang, J. (2019). Degradation of agricultural drainage water quantity and quality due to farmland expansion and water-saving operations in arid basins. *Agricultural Water Management* 213: 8.
- Han, S., Yang, Y., Li, H., Yang, Y., Wang, J. and Cao, J. (2019). Determination of crop water use and coefficient in drip-irrigated cotton fields in arid regions. *Field Crops Research* 236: 85-95.
- Han, S., Hu, Q., Yang, Y., Yang, Y., Zhou, X. and Li, H. (2019). Response of surface water quantity and quality to agricultural water use intensity in upstream Hutuo River Basin, China. *Agricultural Water Management* 212: 10.

### 员工简介

#### 工作人员

- 李会龙 助理研究员  
韩淑敏 副研究员  
杨艳敏 副研究员  
周新尧 助理研究员

#### 硕博连读生

任丹丹 2013

#### 博士研究生

马庆涛 2019

#### 硕士研究生

- 白志杰 2016 辛萍 2017  
俞琳飞 2017  
Auguste Cesar ITANGISHAKA 2018  
马乐新 2018 王璐 2018  
Christine Mushimiyimana 2019  
王林娜 2019

#### 劳务派遣

吕占尧 2011 王光伟 2018

### 基于华北山前平原地下水保护和粮食生产的种植业调整潜力评价

由于华北平原高耗水作物种植比例较大、种植结构不合理导致的地下水位持续下降，而且常规的农业节水技术节水不减水，即总的农业用水持续增加。因此种植结构调整成为保证水资源可持续性发展的必然措施。本研究利用多年大田试验结果和DSSAT模型情景模拟的方法，预测了种植结构调整对山前平原地下水可持续性和粮食生产的影响。结果表明：一年两作小麦-玉米、两年三作休玉米、两年三作休小麦、一年一作小麦、一年一作玉米、全休的平均年耗水量和灌溉需水量分别为835 mm和330 mm、756 mm和253 mm、685 mm和180 mm、679 mm和174 mm、577 mm和72 mm、419 mm和-85 mm；根据地下水位和灌溉需水量之间的回归关系得出：要阻止地下水继续下降，灌溉需水量不能超过每年187 mm的水平。高于这个水平，每100 mm的灌溉抽水使得地下水位下降0.49 m；在不同的供水目标下，即现有供水条件、调水2亿m<sup>3</sup>和调水5亿m<sup>3</sup>的条件下，达到地下水位不下降的目标需要调整现有的种植结构的比例如下表。结果显示：在现有供水条件下，一年休耕34%的农田或每3年全部休耕一次似乎是最佳选择；如果考虑利用南水北调工程提供的2亿或5亿m<sup>3</sup>的水，休耕农田的比例可以下降到25%或11%。本研究提出的关于水与粮食之间的互相关系，为该地区地下水的持续利用和粮食安全政策提供了一个参考框架。

表：三种情景下以地下水可持续发展为目标的种植制度调整方案。

	灌溉需水量 Irrigation water requirement (mm)	节水量 Water saving compared with cropping pattern S <sub>base</sub> (mm)	现状水资源 Target1: IWR is less than or equal to 187 mm	调水 2m <sup>3</sup> Target 2: IWR is less than or equal to 226 mm.	调水 5m <sup>3</sup> Target 3: IWR is less than or equal to 284 mm.
S <sub>base</sub>	330				
SW	174	156	92%	67%	31%
SM	72	258	55%	41%	18%
SMWMF	180	150	95%	70%	31%
SMWFW	253	77	-	-	61%
S <sub>F</sub>	-85	415	34%	25%	11%

注：S<sub>base</sub>为一年两作小麦-玉米，SMWFW为两年三作休玉米，SMWMF为两年三作休小麦，SW为一年一作小麦，SM：一年一作玉米，S<sub>F</sub>：完全休耕。

# 提高农田水分利用效率调控机制

张喜英, 博士, 研究员。1985年毕业于北京(中国)农业大学农业气象系, 加入农业资源研究中心。2006年获日本东京大学农学博士学位。1989-1990年在英国洛桑试验站、1996年和2002年分别在澳大利亚CSIRO水土资源研究所和美国加州大学戴维斯作为访问学者进修。

研究方向: 土壤-植物-大气系统水分传输与界面调控机制、调亏灌溉原理和技术、生物-农艺耦合节水技术、多水源高效利用等。

实验室主页: <http://www.genetics.ac.cn/zhangxiying>



## 降低华北平原夏玉米产量年际变异的品种特征研究

华北平原冬小麦和夏玉米一年两熟种植制度中, 夏玉米的生育期较短, 产量极易受到天气因素的影响。2008至2016年栾城站的研究结果显示, 夏玉米产量年际变异高达47%图1, 充分灌溉条件下粒重是影响夏玉米产量年际变异的最主要的产量构成因素。在产量形成时期日最高温度、日较差和日参考蒸散量对提高粒重具有正效应, 相对湿度为负效应。夏玉米品种间产量的变异最大能达到62%, 平均为35%, 通过筛选优良品种产量的年际变异能降低到32%。因此, 在未来气候变化背景下, 日较差的降低和相对湿度的增加会导致粒重降低, 筛选叶片直立、上部叶片夹角较小、抽雄日期较早的夏玉米品种, 有利于提高生物量、收获指数, 维持产量稳定, 降低产量的年际变化。

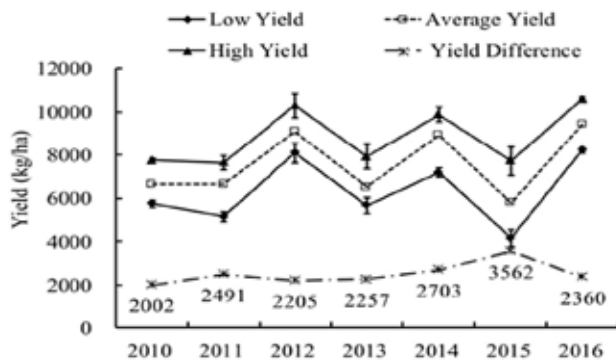


图: 2010-2016年不同品种间的最高、最低和平均产量的变异。

## 重要成果

### 论著

- Rashid, M. A., Jabloun, M., Andersen, M. N., Zhang, X. and Olesen, J. E. (2019). Climate change is expected to increase yield and water use efficiency of wheat in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 222: 193-203.
- Rashid, M. A., Zhang, X., Andersen, M. N. and Olesen, J. E. (2019). Can mulching of maize straw complement deficit irrigation to improve water use efficiency and productivity of winter wheat in North China Plain? *Agricultural Water Management* 213: 1-11.
- Fang, Q., Zhang, X. Y., Chen, S. Y., Shao, L. W., Sun, H. Y. and Yan, Z. Z. (2019). selecting traits to reduce seasonal yield variation of summer maize in the North China Plain. *Agronomy Journal* 111: 343-353.
- Sun, H., Zhang, X., Liu, X., Liu, X., Shao, L., Chen, S., Wang, J. and Dong, X. (2019). Impact of different cropping systems and irrigation schedules on evapotranspiration, grain yield and groundwater level in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 211: 202-209.
- Ledgard, S. F., Wei, S., Wang, X., Falconer, S., Zhang, N., Zhang, X. and Ma, L. (2019). Nitrogen and carbon footprints of dairy farm systems in China and New Zealand, as influenced by productivity, feed sources and mitigations. *Agricultural Water Management* 213: 155-163.

### 专利

- 20190714950.3, 一种田间作物根系取样装置和方法. 陈素英, 张喜英, 邵立威, 路杨, 刘秀位.
- 201910190890.X, 一种玉米避盐播种机及玉米避盐的播种方法. 陈素英, 张喜英, 邵立威, 闫宗正, 孙宏勇.
- 201910098863.X, 一种小麦玉米减蒸灌溉的种植方法与设备. 陈素英, 张喜英, 张西群, 邵立威, 牛君仿.

### 科技奖励

- 2019年, 农业节水科技奖(二等奖) “地下水压采政策实施下河北省农艺节水技术研发与应用”, 张喜英, 陈素英, 张力, 邵立威, 孙宏勇, 刘秀位, 李小娟, 郝秀钊, 李建波, 牛君仿.

## 员工简介

### 工作人员

- 陈素英 副研究员  
牛君仿 副研究员  
邵立威 副研究员

### 博士研究生

- 路 杨 2016 闫宗正 2017  
Vita Antoniuk 2018

### 硕士研究生

- 梁硕硕 2016 关劼兮 2017  
李 璐 2017  
Fasilate Umimpaye 2018  
高聪帅 2018 李昊天 2019



## 小麦抗旱节水遗传育种

张正斌，博士，研究员。1998年获西北农林科技大学博士学位。1999-2001年在中国农业科学院作物科学研究所做博士后。

研究方向：小麦抗旱和水分高效相关基因的克隆和功能分析；小麦抗旱节水优质育种。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhangzhengbin>

### 重要成果

#### 论著

Elamin Hafiz Baillo, Roy Njoroge Kimotho, Zhengbin Zhang and Ping Xu (2019). Transcription Factors Associated with Abiotic and Biotic Stress Tolerance and Their Potential for Crops Improvement. *Genes* 10.771

Roy Njoroge Kimotho, Elamin Hafiz Baillo and Zhengbin Zhang(2019). Transcription factors involved in abiotic stress responses in Maize (*Zea mays* L.) and their roles in enhanced productivity in the post genomics era. *Peer J* 9.8

Lichao Zhai, Ping Xu, Zhengbin Zhang, Xiuling Jia, Lihua, Zhang, Ruizhi Xie, Shaokun, Li, Benhui Wei(2019). Improvements in grain yield and nitrogen use efficiency of summer maize by optimizing tillage practice and nitrogen application rate. *Agronomy Journal* 111(2).

满强, 赵慧, 徐萍, 王亚飞, 李世景, 孙聚涛, 林永岭, 张正斌(2019). 小麦旱地品种回交二代农艺性状改良效应分析. *中国生态农业学报* 27(4)

李世景, 徐萍, 张正斌, 卫云宗(2019). 黄淮旱地冬小麦农艺性状与生育期降水时空分布特征与互作关系研究. *中国农业科学*, 52(10)

张正斌(2019). 应加快北方优质小麦产业化发展. *中国科学报*, 7. 23

### 员工简介

#### 工作人员

徐萍 高级工程师

#### 博士研究生

范荣 2016

Elamin Hafiz 2017

姚晓红 2018

#### 硕士研究生

Lemessa Negasa 2016

Roy Kimotho 2016

李世景 2016

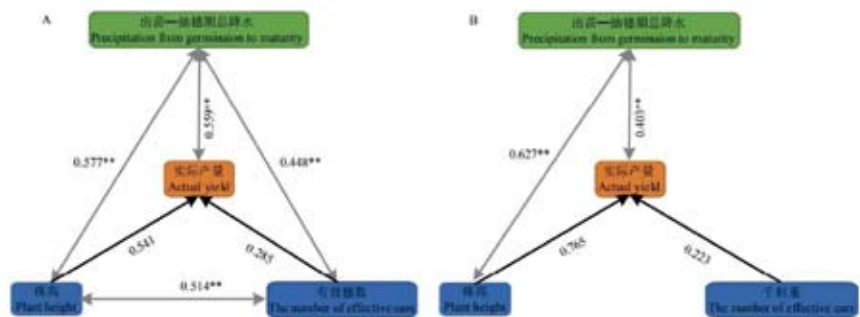
王亚飞 2016 吴芬 2017

Gizie Abeje Belay 2018

刘瑞芳 2018

## 黄淮旱地冬小麦农艺性状与生育期气象因子的时空分布特征及互作关系

研究黄淮旱地冬小麦农艺性状与生育期降水的时空分布特征与互作关系，为气候变化下黄淮旱地小麦品种改良提供理论依据。利用2010—2017年黄淮冬小麦区域试验对照品种在不同区域试验点的农艺性状与降水资料，结合地理时空分布与数理统计方法，分析黄淮旱地冬小麦农艺性状和出苗-成熟期总降水的关系。空间分布上，黄淮旱地小麦实际单位面积产量、千粒重呈现由西部旱薄地向东部旱肥地增加的趋势。西部旱薄地的株高相对较高，中东部旱肥地的株高相对较低。中东部以北的黄淮旱地不同生育阶段的总降水普遍较低，中东部以南的黄淮旱地不同生育阶段的总降水相对较高。时间变化上，河南、山西和陕西的中西部旱地的出苗-成熟期总降水表现出显著的增加趋势。出苗-抽穗期总降水与实际单位面积产量、株高、有效穗数呈显著正相关。路径分析表明，黄淮旱肥地的株高和有效穗数决定了产量变异的53.2%，黄淮旱薄地的株高和千粒重决定了产量变异的67%。建议黄淮旱肥地冬小麦育种以适当增加株高，提高花前高效利用有限降水的能力和增加穗部发育为主。黄淮旱薄地育种以稳定株高，提高花后转运干物质的效率和收获指数为主。



→表示因果关系，其上数字为路径系数；↔表示相关性，其上数字为相关系数，\*和\*\*分别表示在0.05、0.01水平上显著相关。A为黄淮旱肥地，B为黄淮旱薄地。  
→ indicates the causal relationship, the number on it is the path coefficient; ↔ indicates the correlation, the number on it is the correlation coefficient, \* and \*\* indicate significant correlation at 0.05 and 0.01 levels, respectively. A is the Huang-Huai fertile dry land, and B is the Huang-Huai barren dry land

图：黄淮旱地农艺性状与出苗-抽穗期降水关系图。

# 陆地生态学与植物科学

朱峰，博士，研究员。2015年获瓦格宁根大学博士学位，2016-2018年在荷兰皇家科学院生态研究所做博士后。2018年加入中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心。

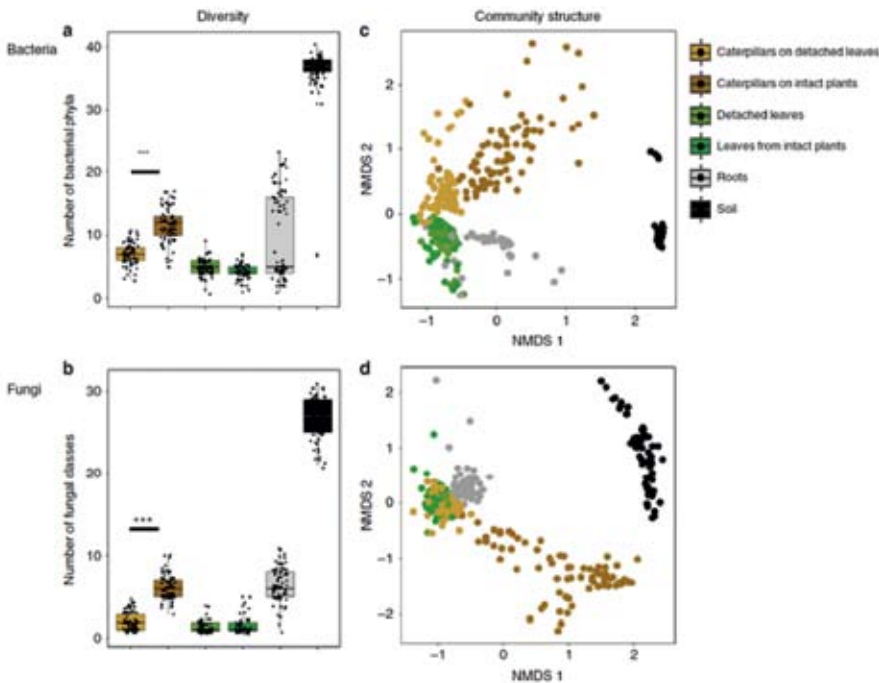
研究方向：植物介导地上地下互作机制研究；植物-土壤(微)生物互作反馈机制，及其对地上植物-昆虫互作关系的影响；地上植被多样性与区域性边际土壤生物多样性的关系；植物逆境生态，及植物对生物和非生物胁迫应答机制研究。

实验室主页：<http://www.genetics.ac.cn/zhufeng>



## 食叶昆虫从土壤而非寄主植物中获取微生物

土壤和植物的微生物群落是相互联系的，但我们尚不清楚这对地上食草昆虫的微生物群落有何影响。首先，我们在田间种植植被用以产生植被调节的土壤，然后在这些土壤上种植蒲公英并饲养毛虫，最终测定毛虫体内的微生物群落是否来自于土壤还是植物本身。饲养在常规种植的蒲公英叶片上的毛虫与被饲养在采集的蒲公英叶片上的毛虫相比较微生物群落组成不同。饲养在离体叶片上的毛虫，其微生物群落组成相对简单，与叶片的微生物群落组成相似；而在完整植株上生长的毛虫，其微生物群落组成更为多样，与土壤微生物群落组成相似。因此，植物介导的土壤微生物群落的变化在植物微生物群落中并没有响应，而是在生存于完整植株上的昆虫微生物群落中得到响应。我们的研究表明，昆虫的微生物群落依赖于土壤，而植物对土壤微生物群落的影响可以通过食草昆虫对植物的取食从而传递到地上昆虫体内。



图：毛虫、叶片、根和土壤中细菌和真菌的多样性和群落结构。(a) 毛虫、叶片、根和土壤样品中细菌门水平数量；(b) 毛虫、叶片、根和土壤样品中真菌纲水平数量；(c), (d) 细菌和真菌群落的非度量多维尺度分析 (NMDS)。

## 重要成果

### 论著

- Hannula, S. E., Zhu, F., Heinen, R. and Bezemer, T. M. (2019). Foliar-feeding insects acquire microbiomes from the soil rather than the host plant. *Nature Communications* 10: 1254.
- Long, J. R. D., Heinen, R., Steinauer, K., Hannula, S. E., Huberty, M., Jongen, R., Vandenbrande, S., Wang, M., Zhu, F. and Bezemer, T. M. (2019). Taking plant-soil feedbacks to the field in a temperate grassland. *Basic and Applied Ecology* 40: 30-42.

### 员工简介

#### 博士研究生

马悦 2017 杨策 2019

#### 硕士研究生

毛梦雪 2018 张玉雪 2018  
崔文秀 2019 耿文从 2019

#### 劳务派遣

刘聪 2019 明若阳 2019

# 所级公共技术服务中心

所级公共技术服务中心(简称所级中心)是按照“与国家和科学院的重大项目密切结合,为完成重大任务服务;与学科发展和新的布局发展密切结合,为新学科发展服务;与科研能力的建设密切结合,为形成研究所基本科研能力服务”原则,组建的具有研究所特色、按学科发展分类的强有力技术服务体系。所级中心由六大专业技术平台(生物影像分析、蛋白质组分析、脂质组分析、代谢组学分析、植物激素分析、生物大数据分析)、动物实验中心和同位素实验室组成,涵盖了从基因组学、蛋白组学、代谢组学和细胞生物学等生命研究所需的全方位技术支撑与服务;现有正高级6人,副高级4人,中级及以下技术支撑25人。

2019年,所级中心在技术创新和开发、技术服务与支撑和技术培训与交流方面均取得长足的发展。

生物影像平台拥有植物CT成像系统、结构光照明超分辨显微成像系统(Structured Illumination Microscope)、双光子荧光显微成像系统(Two-photon Laser Scanning Fluorescence Microscope)、转盘式共聚焦显微镜(Spinning Disk Confocal Microscope)以及全内反射荧光显微镜(Total Internal Reflection Fluorescence Microscope)、Light sheet、激光光镊等一系列高端生物影像仪器,总价值2500余万元。2019年平台共享的三台仪器总服务机时3769.5小时,共享率66%。生物影像平台共举行较大规模技术培训6次,总培训人数120人次,收到了一致好评。

表1 生物影像平台2019年度服务数据

仪器名称	年服务机时(小时)	总使用率%	共享率%
超高分辨率显微镜SIM	394	22.1	67.0
双光子荧光显微镜LSM780	1378	77.7	86.9
转盘共聚焦显微镜SD-confocal	1997.5	112.0	44.1

此外,平台还根据所内使用需求,个性化定制仪器和使用方案,自主研发了一系列新型成像设备及方法。

1) 植物CT成像系统。在国家作物表型组学重大研究设施(神农装置)预研项目支持下,平台自主研发的植物CT成像系统(CropCT 1.0)完成整机安装调试,进入试运行阶段,并已开展植物表型组学相关研究。2) 时间延时采集系统。植物样本自发荧光强,严重限制了植物样本高质量显微图像的获取;应所内外多个课题组的科研实际需求,生物影像平台开发了基于寿命新型纳米荧光探针的延时成像技术。激光激发样品后延迟一定时间,待短寿命的自发荧光信号衰减掉以后再通过门控ICCD进行目标荧光的成像,可以排除自发荧光的干扰。该技术将为植物样品成像带来很大的帮助。

2019年度脂质组分析平台共服务于所内外20余个课题组。2019年,液相色谱四极杆线性离子阱串联质谱仪的总机时为5188.56小时,使用效率为249.45%,总共享机时为3700.28小时,共享效率为177.90%。离子色谱系统的年总机时为1178.49小时,使用效率为56.66%,年共享机时为501.96小时,共享效率为24.13%。质谱分析前处理系统(珠式研磨仪/真空离心机/冻干机/超速离心机)总机时为1441.73小时,使用效率为69.31%,总共享机时为287.5小时,共享效率为13.82%。宏观变倍显微镜的总机时为333.14小时,使用效率为16.02%,总共享机时为76.04小时,共享效率为3.66%。细胞能量代谢分析系统的总机时为331.4小时,使用效率为15.93%。TripleTOF 5600+的总机时为681.33小时,使用效率为32.76%。2019年平台共发表文章15篇。

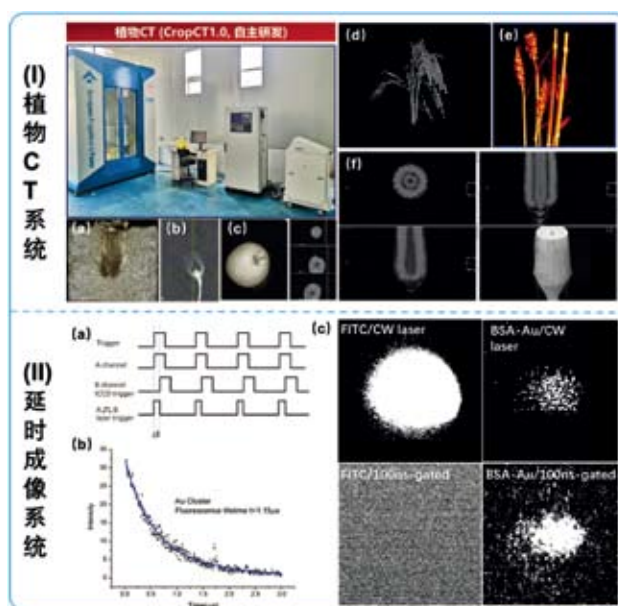


图1. (I) 植物CT成像系统及其典型应用。a) 泥土中水稻的根; b) 月季花; c) 梨; d) 水稻; e) 小麦; f) 玉米。(II) 基于长寿命纳米荧光探针的延迟成像。a) 延迟成像触发信号设置; b) 利用延迟成像系统测量的gold nanocluster的寿命,其寿命约为1.15  $\mu$ s; c) 利用延迟成像系统结合长寿命gold nanocluster可以去除自发荧光等。触发信号触发激光激发样品,100 ns后再触发ICCD进行信号采集,此间荧光寿命较短的FITC信号已经衰减,只留下长寿命的探针信号。

生物大数据分析平台服务于研究所生物数据分析需求，通过提供培训服务和项目合作来提高研究所的生物信息技术水平，并对重要科研项目提供关键技术支撑。平台举办了多个技术讲座和学术会议以方便用户追踪最新技术动态，结合自己的研究领域，学以致用，提高数据分析能力，包括第二届前沿生物技术学术会议，GWAS原理和应用技术培训等。另外，平台利用自己开发的HERA软件与多个课题组合作完成了水稻、小麦、高粱、番茄、大豆、莴苣等植物基因组的组装项目。平台构建了一个整合的作物组学知识库MBKbase，该知识库的水稻子库包括近7000余份全球水稻重测序数据、大量水稻种质资源、基因的等位变异及其与表型信息的关联、功能基因的表达信息等；利用该数据库进行基于基因型的种质筛选、个体比较、变异分析、基因型在线注释等复杂分析，这将为农作物功能基因组及分子设计育种的研究提供有力的技术支撑。为了增加大家对MBKbase的了解，平台组织讲座与大家交流了MBKbase的使用。

生物大数据分析平台的高性能计算机集群在北京生命科学大型仪器区域中心提供共享服务。2019年度共运行机时3,921,868核时，完成任务数2,301,996个，为所内32个课题组以及微生物所、植物所、中国农业大学、四川农业大学、广西中医药及动物所等多家科研单位提供技术服务。



图2. (a) HERA组装基因组跟玉米参考基因组B73 RefGen\_v4的比较。全基因组中序列缺口由2523个减少到了76个, (b) 玉米参考基因组中缺失或多余的序列(上图)经HERA改进后(下图)被正确地填补或移除。

代谢组分析平台2014年进入所级中心。建设伊始，平台定位为研究性平台，力争达到国内领先、国际知名。本平台集多种分析技术为一体，在获得生物体中的小分子代谢物定性和定量信息基础上，结合生物信息学手段，可以获得相应的生物标志物群，发现未知代谢途径，或更深入了解目前已知的代谢途径，揭示生物体的代谢网络状态。代谢组分析平台现拥有技术人员4人(含“百人计划”研究员一人)，已经为所内外100多家用户提供了涵盖多种化合物的分析测试服务。合作发表文章30余篇，其中包括*Nature Plants*、*Genome Biology*、*PNAS*等高水平杂志。除了提供日常测试服务外，平台自身也积极承担了多个科研项目，如自然科学基金委项目，中科院先导专项A、科技部973项目等。目前，平台拥有种类较为齐全、配置一流的质谱设备，能够提供多层次的代谢组学测试服务，包括：全组分代谢组学分析和靶标代谢组分析。2019年，代谢组分析平台完成总测试样本数为8191个，独立发表高水平科研论文4篇，合作发表论文4篇。

蛋白质组分析平台已配备了蛋白质组学实验必需的硬件设施，包括一台超高分辨率组合式液质联用质谱系统Orbitrap Fusion Lumos，一台液相高分辨率质谱系统LTQ-Orbitrap Elite和一台组合型高分辨率质谱仪TripleTOF 5600；同时还拥有用于样本处理的配套设备，包括高效液相色谱仪，冷冻浓缩仪等；以及用于质谱结果搜索分析的图

形工作站等。2019年，平台不断改进蛋白质组的分析技术。通过利用柱温箱，以及增加分析柱及预柱的内径，在不减少蛋白鉴定数和液相色谱分辨率的情况下延长分析柱的使用寿命，达到减少平台运行成本的目的。平台利用TMT标记定量蛋白质组技术，对狗的不同发育阶段的不同脑区进行定量蛋白质组分析，共得到7000多个蛋白的定量信息，为狗的发育研究及精神疾病机理研究提供了重要的数据库。平台的仪器在这一年中已为所内多个课题组，以及中国农业大学、浙江大学、农科院所等多家所外单位提供蛋白质组学鉴定和生物信息分析服务。2019年以来，超高分辨率组合式液质联用质谱系统的总运行机时为3191小时，使用效率为217%，总共享机时为2259小时，共享率达到154%。液相色谱高分辨质谱系统的总运行机时为4846小时，使用效率高达330%，总共享机时为4092小时，共享效率达到279%。组合性高分辨率质谱仪的总运行机时为3428小时，使用效率为233%，年共享机时为2845小时，共享效率为194%。平台年服务样品量超过1000个，实现收入约100万元。2019年平台和多个实验室合作在*Nature Plant*, *Molecular Plant*等杂志发表8篇文章。

植物激素平台是国家植物基因研究中心(北京)建立的国内首个专业性植物激素分析研究平台，致力于发展高效、全面的植物激素分析方法，运用化学手段为植物激素作用的分子机理和育种领域的研究提供可靠的技术支撑；技术水平得到了国内外植物学家的高度认可。针对植物激素特性和不同科研需求，平台逐步建立了不同类植物激素的准确定量分析方法，并创新性开发了现有已知所有种类植物激素同时准确定量的分析技术，可以同时检测包括生长素、细胞分裂素、乙烯、脱落酸、茉莉酸、水杨酸、赤霉素、油菜素内酯、独脚金内酯以及部分植物小肽激素在内的十大类植物激素及重要合成代谢产物。

植物激素平台现有多套质谱仪在中科院仪器设备共享平台提供共享。2019年度仪器使用时长9470 h，共计为35家科研单位提供技术服务，植物激素分析样品数量逾2000例，为国内外植物学家提供了高水平的技术服务，在*PNAS*、*Nature Plants*、*New Phytologist*等高水平杂志合作发表论文13篇。平台积极开展与生物学家的交流与合作，针对重要植物内源活性化合物和特定组织材料，开发了新的分析和筛选技术体系，期待为广大植物科学研究人员提供更全面的技术支持。2019年度植物激素平台初步构建了植物内源小肽筛选和鉴定体系，希望为植物学家探寻新的植物小肽激素和植物抗逆标志物提供了便利和技术支撑。

动物实验中心可提供高质量、多数量的模式动物及提供标准化模式的饲养环境，中心在小鼠、大鼠、兔子、豚鼠饲养寄养标准实验设施基础上，还具有斑马鱼、非洲爪蛙的标准化饲养实验设施；在管理上摸索出了高效的运行机制和管理体系，配备动物实验技术专项人才，可根据科研需求提供动物实验、胚胎冷冻、胚胎移植、转基因、抗体制备等技术服务。今后，中心将根据院和研究所科技创新发展需求，继续构建非营利性服务体系，完善基础设施建设和配套动物实验设备，提高动物实验专项技术，为科研提供多种先进、共享程度高的实验操作技术，形成特色鲜明、运转高效、资源共享的科研支撑体系，为社会发展提供持续有效的科研基础条件支撑。

中心现有近810平米的SPF级屏障设施及1676平米的普通设施，可提供合格的实验动物饲养寄养设施和标准化实验设施。859平米的SPF级屏障设施及3006平米的普通设施将于2020年装修完成后投入使用。我们已为中科院遗传发育所、生物物理所、动物所、中国农业大学等十几个单位提供实验动物与动物寄养服务；为中国科学院、中国农科院、北京大学、清华大学等30余家科研院所提供抗体制备、胚胎冷冻、胚胎移植等专项技术服务。良好的饲养基础设施和有效的共享服务机制，不仅解决了本所科研中动物实验的需求，同时与京区院内外各研究所密切配合，相互支持，优势互补，成为我院北京生命科学园区的公共资源和技术支撑体系。

2019年，所级中心为所内外用户提供超过98,000小时的机时服务，比上年提高50%以上；为53篇文章的发表提供了技术支持和服务；总共组织17场次的技术讲座与培训，参训的人员1100多人；8月所级中心成功举办第二届IGDB前沿生物技术学术会议。另外，所级中心在“中央级高校和科研院所等单位重大科研基础设施和大型科研仪器开放共享评价考核”中被评为良好，排位较上一年有很大提升。

# 植物基因组学国家重点实验室

植物基因组学国家重点实验室于2003年经国家科技部批准建设，其前身是1990年成立的中国科学院植物生物技术开放实验室。2006年1月，实验室通过了科技部组织的国家重点实验室建设验收，进入国家重点实验室序列正式运行。

在国家重点实验室评估中，植物基因组学国家重点实验室于2006、2011年被评为“优秀类实验室”，2016年被评为“良好类实验室”。

植物基因组学国家重点实验室面向我国农业发展的重大需求和重大科学问题，以主要农作物和重要模式植物为材料，系统地开展植物基因组的结构与调控、重要农艺性状的功能基因组学、植物信号转导的分子机理、植物与环境 and 病虫害互作的分子机理以及植物生物技术与分子育种的理论与应用基础等方面的研究，着重解析基因表达调控网络和复杂农艺性状的分子机理，探索具有潜在应用价值成果的转移和转化，推动我国生物技术战略性新兴产业的发展，使实验室成为国内植物基因组学原始创新性研究的重要基地，不断提高我国植物基因组学研究在国际上的竞争力和影响力。

主任：左建儒

副主任：储成才 钱 韦 王永红

研究组长：白 洋 曹晓风 陈明生 陈受宜 程祝宽 储成才 方荣祥 郭惠珊 贾燕涛 姜丹华 焦雨铃 孔照胜  
李传友 李家洋 梁承志 林少扬 刘 俊 吕东平 钱 韦 钱文峰 邱金龙 王国栋 王永红 夏桂先  
谢 旗 许 操 颜永胜 姚善国 叶 健 张 杰 张劲松 张莉莉 周俭民 周奕华 朱立煌 朱 祯  
左建儒

秘 书：石 佼 任 静

学术委员会

主任：韩 斌

副主任：郭惠珊 种 康

委员：曹晓风 陈晓亚 黎 家 李家洋 钱 前 万建民 武维华 周俭民 朱玉贤 左建儒

专家指导委员会：陈受宜 方荣祥 刘耀光 许智宏 薛勇彪 张启发 朱立煌 朱 祯

实验室主页：<http://plantgenomics.genetics.cas.cn/>

## 主要研究进展：

植物基因组学国家重点实验室科研人员在植物基因组的结构与调控、重要农艺性状的功能基因组学、植物信号转导的分子机理、植物与环境 and 病虫害互作的分子机理、植物生物技术与分子育种等领域取得了重要进展。实验室在2019年度发表论文125篇，其中以主要作者在*Science*、*Nat Biotechnol*、*Annu Rev Plant Biol*、*Trends Plant Sci*、*Genome Biol*、*Nat Commun*、*Nat Plants*、*Sci Adv*、*Genome Res*、*Mol Plant*、*Proc Natl Acad Sci USA*、*Plant Cell*等国际主流学术刊物发表论文84篇，作为主要合作者（共同第一作者或共同通讯作者）发表论文25篇，其它合作论文16篇。在成果转移转化方面，通过国家、省部级审定品种7个，获得授权专利21项。

**在植物基因组的结构与调控领域：**钱文峰研究组解析了编码相同蛋白复合物的基因在快速增殖细胞中的同步复制机制，为DNA序列进化的机制解析提供了新思路 (Chen et al., *Genome Res*, 2019)；与合作者发现了过量的平衡蛋白复合物可降低非整倍体细胞的增殖率 (Chen et al., *Cell Syst*, 2019)。曹晓风研究组和钱文峰研究组合作阐明了poly (A)尾中鸟嘌呤含量调控翻译的新机制，对探究mRNA的转录后调控机理具有重要意义 (Zhao et al., *Genome Biol*, 2019)。曹晓风研究组与合作者阐明了DNA甲基化是调控组蛋白去甲基化酶REF6靶向定位的重要因素 (Qiu et al., *Nat Commun*, 2019)；揭示了水稻中miR528积累的精细调控机制 (Yang et al., *Mol Plant*, 2019)；与合作者阐明了拟南芥高温记忆的表现遗传调控机制 (Liu et al., *Cell Res*, 2019)；与合作者发现了H3K27me3去甲基化酶JMJ13是温度和光周期依赖的开花抑制因子 (Zheng et al., *Nat Commun*, 2019)；与合作者发现了拟南芥JMJ16是特异的H3K4去甲基化酶并能够负调控叶片衰老 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。梁承志研究组开发了利用单分子测序进行高质量基因组组装的软件HERA，能够显著提高基因组序列的连续性并减少组装错误 (Du and Liang, *Nat Commun*, 2019)；构建了水稻整合组学知识库 (Peng et al., *Nucleic Acids Res*, 2019)。

**在重要农艺性状功能基因组学领域：**李家洋研究组阐述了GAs、SLR1和MOC1协同调控水稻株高和分蘖数的分子机制 (Liao et al., *Nat Commun*, 2019)；建立了水稻分蘖芽形成和伸长之间的分子调控网络 (Shao et al., *Mol Plant*, 2019)，对水稻株型改良及品种设计具有重要的应用价值。王永红研究组与李家洋研究组阐明了LA1与OsBRXL4调控

水稻分蘖角度形成的新机制 (Li et al., *Mol Plant*, 2019)。储成才研究组与合作者揭示了硝酸盐受体传递信号的关键机制 (Hu et al., *Nat Plants*, 2019)。程祝宽研究组证实了减数分裂过程中两极纺锤体是由多极纺锤体转变而来 (Xue et al., *Proc Natl Acad Sci USA*, 2019)。周奕华研究组鉴定了具有新活性的多糖乙酰酯酶DARX1, 对揭示细胞壁高级结构及改良作物抗倒伏性具有重要意义 (Zhang et al., *Plant Cell*, 2019)。孔照胜研究组与合作者通过活细胞显微成像发现棉花纤维生长呈现向顶的扩散性生长模式 (Yu et al., *Nat Plants*, 2019)。谢旗研究组与合作者揭示了 *Tannin1* 差异调控单宁合成以及脂肪酸来源挥发物合成的分子机制, 为培育高粱抗鸟新品种提供了重要的基因资源 (Xie et al., *Mol Plant*, 2019)。

**在植物信号转导的分子机理领域:** 王国栋研究组鉴定了催化赤霉素13-羟化反应的P450酶 (He et al., *Nat Plants*, 2019)。李家洋研究组阐明了水稻独脚金内酯与细胞分裂素的直接调控关系, 对植物激素之间相互作用的解析具有重要意义 (Duan et al., *Proc Natl Acad Sci USA*, 2019)。李传友研究组揭示了茉莉酸信号通路的核心元件MYC2转录调控的分子机制 (You et al., *Plant Cell*, 2019); 与合作者阐述了MYC2-MED25调控茉莉酸信号终止的负反馈途径 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019); 与合作者发现了参与茉莉酸信号途径的增强子 (Wang et al., *Nat Plants*, 2019), 揭示了番茄响应光信号积累花青素的分子机制并创制出果肉富含花青素的紫色番茄 (Sun et al., *Mol Plant*, 2019)。焦雨铃研究组解析了茎顶端区域特异的基因表达图谱, 为研究植物对内外源环境响应提供了新资源 (Tian et al., *Nat Commun*, 2019)。

**在植物与环境 and 病虫互作的分子机理领域:** 白洋研究组与储成才研究组揭示了微生物组在水稻氮肥利用效率中的作用, 为应用有益微生物、减少氮肥的施用提供了理论依据 (Zhang et al., *Nat Biotechnol*, 2019)。白洋研究组与合作者解析了三萜类化合物调控拟南芥根系微生物组的功能和机制 (Huang et al., *Science*, 2019)。周俭民研究组与合作者发现并解析了植物抗病小体及其作用机制, 为研究植物如何控制细胞死亡和免疫提供了线索, 是植物免疫研究的里程碑事件 (Wang et al., *Science*, 2019a; 2019b)。郭惠珊研究组解析了土传维管束病原真菌逃避几丁质寡糖诱发免疫的分子机制 (Gao et al., *Nat Plants*, 2019)。叶健研究组揭示了棉花曲叶双生病毒可通过感染植物进而影响植物与介体昆虫以及与非介体昆虫等生态因子的互作关系 (Zhao et al., *Sci Adv*, 2019)。刘俊研究组发现了稻瘟菌分泌蛋白激活水稻免疫响应的新机制 (Yang et al., *Plant Cell*, 2019)。夏桂先研究组揭示了棉花CRR1蛋白通过稳定几丁质酶28来促进植物对黄萎病原菌的抗性机制 (Han et al., *Plant Cell*, 2019)。

**在植物生物技术与分子育种领域:** 邱金龙研究组阐明了提高染色质的开放性可增强Cas9的编辑效率 (Liu et al., *Genome Biol*, 2019)。储成才研究组与合作者鉴定了显性早熟基因 *Ef-cd*, 揭示了其在水稻早熟高产中的作用机制 (Fang et al., *Proc Natl Acad Sci USA*, 2019)。李家洋研究组培育的水稻品种“中科发928”, 与合作者培育的水稻品种“中龙粳100”、“千乡优220”、“荃优220”、“嘉禾优5号”, 谢旗研究组培育的甜高粱品种“中科甜048”、“中科甜060”等, 通过了国家或省部级审定并推广。

由于在相关研究领域的突出贡献, 曹晓风、李家洋、白洋、郭惠珊、焦雨铃、谢旗、李传友、孔照胜、周俭民、左建儒研究员等分别应邀为 *Annul Rev Plant Biol*、*Plant Cell*、*Curr Opin Microbiol*、*Curr Opin Genet Dev*、*Mol Plant*、*Trends Plant Sci*、*J Exp Bot*、*Philos T R Soc B*、*J Integr Plant Biol* 等学术期刊撰写了16篇综述、评述、亮点等论文。

#### 获奖和荣誉:

孔照胜获得国家自然科学基金委员会杰出青年科学基金资助。胡斌、钱文峰、张保才、张杰获得国家自然科学基金委员会优秀青年基金项目资助。王冰入选中国科学院青年创新促进会。李家洋院士当选国际欧亚科学院 (中国) 副主席、荣获2019中国细胞生物学学会终身贡献奖。曹晓风院士当选国际欧亚科学院院士、荣获中国植物生理与植物分子生物学学会2019杰出成就奖。焦雨铃荣获中国植物生理与植物分子生物学学会2019杰出青年科学家奖。李家洋、周俭民、储成才入选Clarivate Analytics (科睿唯安) 2019年度“高被引科学家” (2019 Highly-Cited Researchers)。仲乃琴等荣获中国科学院科技促进发展奖。



# 植物细胞与染色体工程国家重点实验室

植物细胞与染色体工程国家重点实验室于1989年批准建设，1992年建成对外开放，1995年通过验收。实验室的总体定位：面向国家粮食安全和农业可持续发展的重大战略需求，瞄准植物科学国际前沿，聚焦小麦等主要农作物遗传育种的重大关键科学问题，开展基础与应用基础研究。研究方向为：1) 解析主要农作物重要农艺性状形成的遗传基础与调控网络，为作物分子设计育种提供理论基础与基因资源；2) 综合利用植物细胞与染色体工程、分子标记辅助选择以及基因工程等技术，研发基因组编辑等新技术，建立多基因组、高效、精准的育种新体系；3) 利用染色体工程等育种技术，创制具有育种价值的新种质资源，培育符合农业可持续发展需求、具有高产、优质、稳产、高效等优良性状的农作物新品种。

主任：傅向东

副主任：韩方普 高彩霞 田志喜

研究组长：陈化榜 傅向东 高彩霞 韩方普 胡赞民 李俊明 李云海 李振声 凌宏清 刘翠敏 刘西岗 刘志勇

鲁非 沈前华 田志喜 童依平 王道文 肖军 薛勇彪 张爱民 张相岐 朱保葛

秘书：霍月青

学术委员会

主任：武维华

副主任：种康

委员：傅向东 韩斌 刘宝钱 前孙其信 王道文 薛勇彪 张福锁 张学勇 周俭民 朱玉贤

专家指导委员会：方荣祥 匡廷云 李振声

实验室主页：<http://pcce.genetics.cas.cn>

## 主要研究进展：

2019年，实验室人员以主要作者在*Science*, *Nat Protoc*, *Nat Plants*, *Plant Cell*等国际主流学术期刊上发表论文39篇，获得国内授权发明专利16项，国际授权发明专利2项，获得玉米新品种权4项，水稻新品种权1项。培育的玉米新品种“科玉153”、“科育175”通过国家审定，小麦新品种“科选6259”通过地方审定。实验室以小麦、水稻、玉米、大豆等主要农作物为研究对象，围绕研究方向取得如下进展：

**重要农艺性状形成的遗传基础与调控网络解析：**傅向东组在水稻氮肥利用效率和产量协同提升的研究中获得新进展：通过QTL分析和图位克隆获得了主效QTL——*qNGR4*，进一步研究表明*NGR4*基因编码NAL1蛋白，将来自籼稻的等位基因*NAL1<sup>NJ6</sup>*与氮高效利用关键基因*dep1-1*聚合能进一步提高水稻的氮肥利用效率和产量 (Xu et al., *J Genet Genomics*, 2019)；利用遗传筛选获得了水稻对氮素不敏感的突变体*ngr5*，并通过图位克隆获得了控制水稻氮响应的关键基因*NGR5*，揭示了*NGR5*通过与PRC2复合体的亚基LC2蛋白互作共同调控水稻生长和氮素代谢的新机制。童依平组初步构建了小麦硝酸根信号途径重要转录因子TaNAC2-5A的下游基因调控网络，发现TaNAC2-TaNRT2.5这一途径在调控种子活力和籽粒硝酸根含量上发挥关键作用 (Li et al., *New Phytol*, 2019)；发现TabZIP60/TaNADH-GOGAT参与了小麦的氮素利用及生长，为提高小麦产量和氮素利用效率提供了基因资源 (Yang et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。凌宏清组系统地总结了控制植物铁吸收核心转录调控因子FIT及其互作蛋白在调控铁离子吸收中的作用 (Wu et al., *Front Plant Sci*, 2019)。张爱民组完成小麦重要矮秆基因Rht12的精确定位及其遗传效应解析 (Sun et al., *Plant J*, 2019)；通过构建一粒小麦高密度遗传图谱，对籽粒大小相关性状进行QTL分析，并基于比较基因组学和转录组测序解析了影响籽粒大小的遗传基础 (Yu et al., *J Exp Bot*, 2019)。李云海组应邀对植物种子大小调控的机理研究进行了系统综述，对泛素-蛋白酶体途径、MAPK信号途径、G蛋白信号 (Xu et al., *J Integr Plant Biol*, 2019)、激素和IKU途径等参与种子大小调控的因子以及它们之间的互作关系进行了全面的梳理 (Li et al., *Annu Rev Plant Biol*, 2019)；同时，克隆到一个编码中介复合体亚基的MED16蛋白，其依赖于CCS52A1/A2调控核内复制与细胞大小，发现了核内复制调控细胞及器官大小的新机制 (Liu et al., *Plant Cell*, 2019)。沈前华组研究多个大麦白粉菌效应蛋白功能，针对乌拉尔图小麦Pm60抗病位点变异进行分析和开发抗病分子标记 (Zhao et al., *Crop J*, 2019)。刘志勇组图位克隆了抗白粉病基因Pm24，该基因编码一个串联的激酶WTK3，单倍型分析及转基因植株表明，第一个激酶结构域上的6-bp缺失为稀有的自然变异，并赋予了该基因广谱的白粉病抗性功能。李振声组通过不同品种在对照和盐处理条件下的转录组分析发现，不饱和脂肪酸可能通过增强光合系统和茉莉酸相关的通路来提高小麦的耐盐性 (Luo et al., *Crop J*, 2019)。田志喜组完成大豆优良骨干亲本

“中黄13”基因组更新 (Shen et al., *Sci China Life Sci*, 2019); 参与完成首个野生梨高质量基因组测序和组装 (Dong et al., *Plant Biotechnol J*, 2019); 在全基因组水平揭示动植物驯化过程中基因表达多样性的降低现象 (Liu et al., *BMC Evol Biol*, 2019); 参与撰写水稻种质基因组学为水稻驯化和杂种优势研究提供重要依据的综述 (Chen et al., *Annu Rev Plant Biol*, 2019)。薛勇彪组领衔完成了金鱼草基因组的精细测序, 揭示了花对称性、自交不亲和性等复杂性状的遗传结构, 这是第一个车前科植物的参比基因组序列 (Li et al., *Nat Plants*, 2019)。

**基因组编辑等新技术研发:** 高彩霞组通过全基因组测序对单碱基编辑技术CBE和ABE特异性进行深入研究, 发现BE3和HF1-BE3两个CBE编辑工具在植物个体全基因组范围内存在不可预测的脱靶现象, 但利用ABE编辑工具则没有检测到脱靶 (Jin et al., *Science*, 2019); 利用碱基编辑技术对小麦乙酰乳酸合酶基因ALS和乙酰辅酶A羧化酶基因ACC进行精准碱基的替换, 创制了无外源转基因痕迹的抗多种除草剂小麦突变体, 为田间杂草防控提供了有力工具 (Zhang et al., *Nat Plants* 2019); 建立了利用基因组编辑技术调控植物内源基因翻译效率的方法流程, 该方法能够在无需外源基因整合的情况下增强植物内源目的基因的表达, 为解析基因功能及加速作物性状改良提供了有效的途径 (Si et al., *Nat Plants*, 2019)。

**染色体工程及品种选育:** 创制具有育种价值的新种质资源, 培育优良新品种研究方面, 韩方普组在小麦中发现两类着丝粒特异的串联重复序列, 在异源六倍体小麦不同亚基因组间的分布存在不对称性, 可能参与小麦减数分裂过程同源染色体的配对, 促使多倍体小麦的稳定传递 (Su et al., *Plant Cell*, 2019); 通过过表达和定点突变的方法对植物着丝粒特异组蛋白CENH3在玉米中的定位做了系统研究 (Feng et al., *Plant J*, 2019)。王道文组通过农杆菌转化, 获得无筛选标记、插入位点清晰、耐储存和脂肪酸含量显著改良小麦新品系 (Cao et al., *Plant Biotechnol J*, 2019)。陈化榜组培育的玉米品种“科玉153” (国审玉20190298) 和“科育175” (国审玉20190097) 通过国家审定, 其中“科玉153”已被授予植物新品种权 (CNA20181994.2)。张爱民组培育的小麦品种“科遗6259”通过河北省品种审定。朱保葛组选育了广适高产大豆品种科豆13和优质高产大豆品种科豆10, 正在参加国家区域试验。

## 植物细胞与染色体工程国家重点实验室2019年度学术委员会年会



# 分子发育生物学国家重点实验室

分子发育生物学国家重点实验室前身是中国科学院分子发育生物学重点实验室。实验室于1994年成立，是我国在发育生物学领域建立最早的部门重点实验室。2011年10月，经由国家科学技术部批准，分子发育生物学国家重点实验室正式进行建设。2013年8月，重点实验室建设通过验收，正式纳入国家重点实验室管理行列。2016年通过科技部组织的国家重点实验室评估，被评为良好类实验室。

实验室总体定位：以模式生物为研究对象，以分子生物学、细胞生物学、分子遗传学和分子系统生物学等为研究手段，研究生物个体发育和发育相关人类疾病的分子机理等前沿生物学问题的研究机构。拥有拟南芥、水稻、线虫、果蝇、斑马鱼、爪蛙、小鼠和猴等模式生物研究体系，是我国动植物模式系统较为完善的重点实验室，是发育生物学知识创新和高级研究人才培养基地。

主任：杨维才

副主任：黄勋 陈凡 许执恒

研究组长：鲍时来 陈宇航 戴建武 杜茁 丁梅 郭伟翔 何康敏 降雨强 刘佳佳 陆发隆 马润林 孟文翔  
税光厚 田焯 屠强 汪迎春 王朝晖 吴青峰 张永清 John R. Speakman

秘书：刘蕊

学术委员会

主任：孟安明

副主任：薛勇彪 戴建武

委员：段树民 高翔 李家洋 李蓬 李巍 罗凌飞 武维华 杨维才 张旭 朱作言

专家指导委员会：郭爱克 刘以训 景乃禾 许智宏

实验室主页：<http://mdb.genetics.ac.cn>

## 主要研究进展：

2019年分子发育生物学国家重点实验室在*Cell Stem Cell*, *Diabetes Care*, *ACS Nano*, *Nat Commun*, *Biomaterials* 等学术期刊发表论文93篇。“发育-遗传-疾病”高峰论坛邀请了Aaron Gitler、Tomas Kirchhausen、Yishi Jin、Maia Kokoeva、Laura Johnston、Barbara Cannon、Michael Platt、Yasunori Hayashi、Koji Okamoto、赵世民、鲁友明等11位国内外著名学者做报告。

**细胞分化与器官形成：**RNA poly(A)是成熟的mRNA和lncRNA的重要组成部分，对RNA稳定性和翻译起着重要的调控作用。陆发隆课题组建立了一种称为PAIso-seq的高灵敏度、高准确度的RNA poly(A)检测技术。通过该技术发现转录组中存在数kb长的poly(A)，在小鼠GV期卵中有超过17%的mRNA poly(A)的主体区域存在广泛的U、G和C碱基的掺入，其生物学意义有待研究。该成果为研究转录后调控提供了一种重要方法(Liu et al., *Nat Commun*, 2019)。淋巴细胞分化受阻是白血病重要的表型。但是，导致儿童白血病淋巴细胞分化障碍的发病机理不清楚。鲍时来课题组发现，在儿童白血病中，蛋白质精氨酸甲基转移酶家族成员PRMT5的表达异常升高、其修饰的组蛋白H4R3异常甲基化。这两个指标作为白血病的敏感的表现遗传生物标志物，不仅可用于白血病的诊断和预后评估，还将成为开发新的治疗白血病药物的靶点，对实现诱导白血病细胞向正常细胞分化有重要意义(Mei et al., *Clin Cancer Res*, 2019)。光动力学疗法是通过肿瘤组织对光敏剂的选择性吸收和滞留，利用特定波长的光来激发光敏剂产生活性氧自由基来杀伤肿瘤细胞，从而达到治疗目的。降雨强课题组与北京大学沙印林团队合作，采用二氢硫辛酸为配体的金纳米簇(AuNC@DHLLA)作为光敏剂，结合组织穿透深度大的近红外脉冲光源，有效地提高了在体肿瘤的杀伤效果。该疗法具有生物安全性高、光动力学疗效好、组织穿透深度大等优点，有重要的临床应用价值(Han et al., *ACS Nano*, 2019)。杨维才课题组研究发现拟南芥*BICELLULAR POLLEN 1 (BICE1)*基因突变使生殖细胞的DNA合成延缓，导致约40%的突变花粉粒停滞在二细胞阶段，但生殖细胞S期的延长不影响其细胞命运的分化。进一步研究发现BICE1通过与MCM4和MCM7的相互作用在DNA复制调控中起作用(Long et al., *New Phytol*, 2019)。钙离子作为第二信使，在细胞生命活动中发挥重要作用。陈宇航课题组通过生物信息学分析发现新型离子通道TRIC家族存在于高等生物和低等生物中，帮助钙离子顺利转运。进一步解析TRIC蛋白三维结构，发现TRIC是对称的三聚体离子通道，并且脂类分子可能调控TRIC通道的结构-功能(Wang et al., *PNAS*, 2019)。

**神经发育、损伤与再生：**神经发生是神经干细胞增殖分化产生新生神经元的过程，胚胎神经干细胞(eNSCs)和成

体神经干细胞 (aNSCs) 均可增殖分化出神经细胞, 但其在增殖速率、分化速度及细胞微环境变化等方面仍然存在较大差异, 这种差异的分子机制尚不清楚。郭伟翔课题组发现在神经干细胞中特异性敲除RNA结合蛋白HuR, 导致成年神经发生缺陷, 而对胚胎期神经发生没有影响。在eNSCs中, HuR主要定位于细胞质中, 随着发育的进行, aNSCs中HuR主要定位于细胞核中。深入研究发现HuR在eNSCs和aNSCs的细胞质和细胞核中易位表达, 可能是胚胎神经发生和成年神经发生差异调节的分子机制之一 (Wang et al., *Cell Rep* 2019)。郭伟翔课题组联合军事医学研究院生命组学研究所杨晓团队和北大基因杨焕明团队的研究发现, 哺乳动物脑中的乳酸水平影响成体神经发生, 揭示了脑血管通过维持乳酸稳态调节成体神经发生的新机制。该研究成果首次揭示了脑血管维持大脑乳酸稳态、调控成体神经发生和认知功能的重要生理功能和全新机制, 提供了脑血管内皮细胞PTEN/Akt信号通路上调单羧酸转运蛋白MCT1, 调节脑中过量乳酸转运进入外周血的新模型 (Wang et al., *Cell Stem Cell*, 2019)。杜茁课题组聚焦细胞在胚胎内的空间定位表型, 采用长时程活体成像和实时细胞追踪方法, 系统量化了胚胎发育从4细胞期至350细胞时期, 每个细胞的3D定位及其在正常个体间的变异程度。结果显示活体正常发育过程中细胞表型变异具有时空特性, 为在细胞水平理解发育表型变异和一致性维持提供了参考 (Li et al., *Cell Rep*, 2019)。心肌梗死是由冠状动脉闭塞缺血、缺氧所导致的不可逆的心肌损伤。针对心肌损伤微环境的特点, 戴建武课题组设计了一种微环境控释型功能化胶原水凝胶, 它包含一种全新的生物大分子 (GST-TIMP-bFGF), 不仅可以抑制基质金属蛋白酶活性减轻心肌细胞外基质降解, 而且可以响应心肌梗死微环境释放碱性成纤维细胞生长因子 (bFGF) 促进血管新生 (Fan et al., *Adv Mater*, 2019)。

**组织代谢与衰老:** 糖尿病是一种无法治愈但是可以控制病情发展的慢性病, 近几十年来, 中国糖尿病的患病率上升两倍多。因此, 糖尿病的早期临床诊断技术已成为研究热点。税光厚课题组与上海交通大学附属瑞金医院合作, 采用嵌套病例对照设计及高覆盖率 (>800种脂质) 的靶向精确定量脂质组学方法, 广泛研究了两组中国前瞻性人群血清脂质变化。发现队列和验证队列中, 38种脂质均与2型糖尿病风险显著相关。这些发现揭示了糖尿病发病前存在的脂质协同调节的新变化, 并扩大了目前中国正常血糖人群中2型糖尿病血脂预测因子的研究范围 (Lu et al., *Diabetes Care*, 2019)。肠道微生物组已被证实对人类和动物的生理健康存在多种影响, 而低温时动物通过激活棕色脂肪组织和促进白色脂肪棕色化的方式增加产热。为探讨肠道菌群在棕色脂肪激活过程中的作用机制, John Speakman课题组利用不同的抗生素配方处理小鼠以清除小鼠的肠道菌群, 发现缺失肠道菌群的小鼠体温调控机制受到破坏, 肠道菌群的缺失减弱了棕色脂肪组织中UCP-1蛋白表达量的增加, 降低了白色脂肪组织的棕色化水平。本研究加强了对肠道微生物的生理学和健康意义的了解 (Li et al., *Cell Rep*, 2019)。



# 河北栾城农田生态系统国家野外科学观测研究站

栾城试验站建于1981年，1988年加入中国生态系统研究网络 (CERN)，1999年成为全球陆地生态系统观测网络 (GTOS) 成员，2005年成为国家生态系统观测研究站网络 (CNERN) 台站，2016年加入国际长期生态学研究网络 (ILTER)。

研究方向：围绕华北平原地下水超采区生态环境问题和农业可持续发展目标，开展长期生态学定位监测，研究农业生态系统能量、水分、养分传输过程及其调控机理，集成农业节水、清洁施肥、分子育种和精准农业管理等技术体系，发展区域农业生态系统管理理论和现代农业优化模式。

站 长：沈彦俊

副 站 长：程一松

创新研究员：胡春胜 张喜英 沈彦俊 刘孟雨 李俊明 安调过 张正斌 马 林 刘西岗 王仕琴 刘彬彬 李小方  
朱 峰 刘秀位 孙宏勇 董宝娣

秘 书：程一松

学术委员会

主 任：邵明安

委 员：张福锁 王克林 张甘霖 刘春明 胡春胜 张喜英 罗 毅 沈彦俊

试验站主页：<http://lc.sjziam.ac.cn/>:8081

数据共享云平台：<http://lca.cern.ac.cn>

## 主要研究进展：

(1) 按照CERN和CNERN的监测规范，2019年农田生态要素的监测工作进展顺利，圆满完成各项监测指标。

(2) 栾城站在研课题数量为78个，其中2019年新增项目28个。在研项目中，国家项目(课题) 45项。

(3) 2019年，共发表论文86篇，其中SCI收录64篇。2019年获授权专利10项，其中发明专利2项；申请专利13项，其中发明专利4项。

(4) 农田土壤中生物炭的加入可以抑制土壤中 $N_2O$ 的产生过程，同时也能够促进 $N_2O$ 还原为 $N_2$ 。未来研究需要进一步阐明生物炭在土壤中调节作用微生物机理。

(5) 系统利用“畜牧业-土地利用-水-养分-温室气体”系统耦合分析的思路，分析了“南猪北养”政策可能会增加北方地区畜牧业污染风险。同时利用系统分析方法，提出了我国未来生猪以及畜牧业的空间优化布局的理论思路和政策建议。

(6) 通过对施加不同水平氮肥和小麦生长发育时期的根际微生物群落结构研究发现，植物发育时期对细菌群落结构组成的影响要大于对真菌的群落组成的影响。

(7) 昆虫的微生物群落依赖于土壤，而植物对土壤微生物群落的影响可以通过食草昆虫对植物的取食从而传递到地上昆虫体内。

(8) 以华北平原地下水深埋区不同类型农田厚包气带为研究对象，估算了深层包气带水分运动速率、盐分累积与淋洗特征，分析了不同农业土地利用类型对浅层地下水水质的潜在影响，评估了地下水位下降条件下地下水垂向补给(水量和水质)滞后时间，从地下水补给过程角度初步揭示了农业土地利用类型对地下水水量和水质的影响机理。

(9) 华北平原冬小麦和夏玉米一年两熟种植制度中，夏玉米的生育期较短，产量极易受到天气因素的影响。2008至2016年栾城站的研究结果显示，夏玉米产量年际变异高达47%，充分灌溉条件下粒重是影响夏玉米产量年际变异的最主要的产量构成因素。

(10) 通过分析过去60年的冬小麦旗叶和籽粒的正烷烃浓度和碳同位素变化，发现新品种旗叶中正烷烃浓度和作物产量都高于旧品种；而旗叶碳同位素和烷烃碳同位素随着年代变化有降低的趋势。结果表明冬小麦品种培育过程中间接提高了叶片正烷烃浓度烷烃从而有利于产量的提高。

(11) 利用2010-2017年国家黄淮冬小麦区域试验对照品种在不同区域试验点的农艺性状与降水资料，结合地理时空分布与数理统计方法，分析黄淮旱地冬小麦农艺性状和出苗-成熟期总降水的关系。

# 中国科学院农业水资源重点实验室

## 河北省节水农业重点实验室

河北省节水农业重点实验室于2005年7月由河北省科技厅批准建设和运行。在此基础上，2008年底经中国科学院批准建设成立了中国科学院农业水资源重点实验室。依托单位为中科院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心。

实验室以提高农业水资源利用效率为核心，瞄准华北粮食安全、农业水资源可持续利用和农业可持续发展，开展农业水资源高效利用理论和技术创新，从个体、田间和区域水平，研究高效利用农业水资源的机理、调控技术和方法，为解决区域农业水资源短缺提供理论和技术支撑。

主任：沈彦俊

副主任：张喜英 王仕琴

课题组长：安调过 曹建生 胡春胜 李小方 刘彬彬 刘金铜 刘孟雨 刘小京 马林 沈彦俊 沈彦军 王仕琴  
杨永辉 张喜英 张正斌 朱峰 刘秀位

战略委员会：刘昌明 王贵海 李振声 山仑 田均良

秘书：胡玉昆

学术委员会

主任：秦大河

副主任：傅伯杰 胡春胜

委员：康绍忠 夏军 丁文军 李小雁 梅旭荣 王慧军 王建华 王艳芬 吴丰昌 谢正辉 杨永辉 张兆吉

实验室主页：<http://lawr.sjiam.ac.cn:8085/>

2019年重点实验室在多个方面取得了实质性进展。河北省节水农业重点实验室召开了2019年度学术委员会会议；栾城站建设的厚包气带水文生物地球化学循环试验平台推进顺利；完成了农田地下滴管系统工程建设；ICP-MS、水汽同位素仪等大型仪器通过验收；2019年实验室人员共发表第一标注SCI论文50篇；获中国科学院杰出成就奖1项，农业节水科技二等奖1项。人才方面，通过“百人计划”引进了刘秀位博士，并已经到位工作，2名副研究员晋升青年研究员，补充具有博士学位研究人员7名。

### 主要研究进展：

**在作物高效用水生理及遗传学基础方面：**董宝娣组研究表明，随着遮荫强度和遮荫时间的增加，籽粒产量大幅度下降，该研究为冬小麦生长期遮荫强度和遮荫持续时间研究提供了补充，为冬小麦的资源高效利用提供了理论支持；刘秀卫组通过分析过去60年的冬小麦旗叶和籽粒的正烷烃浓度和碳同位素变化，发现过去60年冬小麦品种选育过程中增加了叶片腊质中正烷烃的含量，从而获得了更高的粮食产量；张喜英组通过研究得出，在未来气候变化背景下，筛选叶片直立、上部叶片夹角较小、抽雄日期较早的夏玉米品种，有利于维持产量稳定，降低产量的年际变化；张正斌组通过研究得出黄淮旱肥地和旱薄地冬小麦育种分别以适当增加株高、提高花前高效利用降水的能力、增加穗部发育为主和以稳定株高、提高花后转运干物质的效率和收获指数，从而为气候变化下黄淮旱地小麦品种改良提供理论依据。

**在农田水分循环过程与调控机制方面：**刘孟雨组研究了起垄覆膜栽培模式对旱作小麦生长及水分利用的影响以及土壤水热盐动态变化，研究认为、窄幅垄作覆膜小麦比平作小麦增产6.04%-12.44%，小麦水分利用效率提升3%-9%，该技术模式可有效提高冬小麦产量，提高冬小麦水分利用效率；沈彦俊组以华北平原地下水深埋区不同类型农田厚包气带为研究对象，估算了深层包气带水分运动速率、盐分累积与淋洗特征，分析了不同农业土地利用类型对浅层地下水水质的潜在影响，评估了地下水下降条件下地下水垂向补给（水量和水质）滞后时间，从地下水补给过程角度初步揭示了农业土地利用类型对地下水水量和水质的影响机理；王仕琴组利用水化学和稳定同位素示踪技术，明确了平水年华北平原农田氮淋失速率低于地下水水位下降速率，4 m内氮的累积和反硝化限制了氮向深层土壤和地下水中淋失。

**在区域农业水资源优化配置方面：**杨永辉组利用DSSAT模型和回归方法，预测了种植结构调整对山前平原地下水可持续性和粮食生产的影响，结果表明不超过187 mm的灌溉水量或者一年休耕34%的农田才能保证地下水不持续下降，该研究提出的关于水与粮食之间的互相关系，为区域地下水的持续利用和粮食安全政策提供了一个参考框架；沈彦军团队基于2000-2017年京津风沙源区NDVI和SPEI，分析了植被变化对气象干旱的响应规律，为该生态脆弱区生态恢复和旱灾防御提供科学参考；曹建生组论述了微地形变化对地表径流、降雨-入渗、蒸散发及土壤水分、溶质运移的影响效应以及在SPAC系统中的反馈作用，量化了微地形改良措施在区域降水再分配过程中的调节作用，为区域水资源调控提供了理论依据。

# 《遗传学报》



《遗传学报》(Journal of Genetics and Genomics, JGG) 创刊于1974年,是由中国科学院遗传与发育生物学研究所和中国遗传学会主办的学术期刊,现任主编为薛勇彪研究员。目前,JGG已被SCI-E、PubMed、Scopus等国际知名检索系统收录。2018年度JCR影响因子达到4.650,在国际遗传学SCI期刊中位于Q1区。2019年,入选“庆祝中华人民共和国成立70周年精品期刊展”。

JGG刊登内容主要涉及分子遗传学、发育遗传学、细胞遗传学、表观遗传学、医学遗传学、群体与进化遗传学、基因组学、功能基因组学、生物信息学及计算生物学等领域的创新性发现和重要研究进展。JGG紧跟国际前沿组稿约稿、组织策划专刊,注重首创新性科研成果的快速报道。2019年,先后组织出版了*Drosophila and Human Diseases*专刊和On-Target vs Off-Target专栏,得到相关领域专家的高度评价。

JGG作为我国遗传学与基因组学领域重要的代表性专业期刊,始终把“促进学术交流,推动学科进步”作为办刊宗旨,及时发表国内外遗传学与基因组学最新研究成果与进展。JGG始终以学术质量建设为核心,不断提升其学科服务能力;加强人才队伍建设,努力打造高水平的服务团队;加强品牌建设,提高JGG的国际影响力,努力将JGG打造成遗传学与基因组学领域国际主流专业期刊。

# 《遗传》



《遗传》创刊于1979年,是中国科学院遗传与发育生物学研究所和中国遗传学会主办、科学出版社出版的国家级学术期刊,中文核心期刊,中国精品科技期刊。月刊,现任主编为张永清研究员。

目前,《遗传》已被PubMed/MEDLINE、《生物学数据库》、《医学索引》、《俄罗斯文摘杂志》、《化学文摘》、《中国学术期刊文摘》、《中国生物学文摘》、《中国生物医学文献数据库》等国内外20余种重要检索系统与数据库收录,并在《中国学术期刊网络出版总库》、《万方数据》、《重庆维普数据库》、超星期刊域出版平台、《中国遗传网》及《生物通》等数据库/网站长期全文发布。刊登内容主要包括遗传学、基因组学、发育生物学、生物进化及生物技术等领域有创新性的研究论文;新技术与新方法;学科热点问题的专论与综述;遗传学教学的经验体会;国内外著名遗传学家介绍;国内遗传资源与平台介绍、国内外学术会议信息及科学新闻等。

为提升《遗传》的学术质量,2019年《遗传》编辑部加大组稿、约稿力度,积极拓展优秀稿源,组织出版了2期专刊:“广东省遗传学研究”和“中国科学院遗传与发育生物学研究所成立60周年纪念专刊”;加强“特邀综述”、“前沿聚焦”、“资源与平台”等栏目的组稿工作。11月,中国科学技术信息研究所发布的《2019年版中国科技期刊引证报告》(核心版)数据显示,在28种生物学基础学科期刊中,《遗传》核心总被引频次1780,排名第6;核心影响因子1.043,排名第3;综合评价指标65.0,排名第3。

# 《中国生态农业学报》



《中国生态农业学报(中英文)》创刊于1993年,2001年刊名由《生态农业研究》改为《中国生态农业学报》,2019年起更名为《中国生态农业学报(中英文)》。由中国科学院遗传与发育生物学研究所和中国生态经济学会主办,中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心(石家庄)承办,中国科技出版传媒股份有限公司出版。月刊,出版文种为中英文。现任主编刘昌明院士,执行主编胡春胜研究员。

《中国生态农业学报(中英文)》报道农业生态学、农业生态经济学、生态农业和农业生态工程等领域的创新性研究成果。主要刊登农业生态系统及其调控、作物栽培与生理生态、农业资源与环境、农业生态经济与生态农业等方面的研究报告及综述等。系中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国精品科技期刊。被中国知网、万方、CSCD、维普、超星、SCOPUS、CABI、CA、JST等国内外数据库及检索单位收录。

为提高期刊的学术水平,2019年组织出版了“乡村振兴与生态农业”专题。根据2019年《中国科技期刊引证报告(核心版)》,影响因子为1.800,在37种农业综合学科期刊中排名第2;总被引频次4359,排名第4;综合评价总分排名第2。

# 发表论文

- Abdel-Fatah, T.M.A., Broom, R.J., Lu, J., Moseley, P.M., Huang, B.Q., Li, L.L., Liu, S.L., Chen, L.X., Ma, R.Z.L., Cao, W.M., Wang, X.J., Li, Y., Perry, J.K., Aleskandarany, M., Nolan, C.C., Rakha, E.A., Lobie, P.E., Chan, S.Y.T., Ellis, I.O., Hwang, L.A., Lane, D.P., Green, A.R. and Liu, D.X. (2019). SHON expression predicts response and relapse risk of breast cancer patients after anthracycline-based combination chemotherapy or tamoxifen treatment. *British Journal of Cancer* 120(7): 728-745.
- Adebowale, T., Surapaneni, A., Faulkner, D., McCance, W., Wang, S.Q. and Currell, M. (2019). Delineation of contaminant sources and denitrification using isotopes of nitrate near a wastewater treatment plant in peri-urban settings. *Science of the Total Environment* 651: 2701-2711.
- Ahmad, W., Ahmad, A., Iqbal, A., Hamayun, M., Hussain, A., Rehman, G., Khan, S., Khan, U.U., Khan, D. and Huang, L. (2019). Intelligent hepatitis diagnosis using adaptive neuro-fuzzy inference system and information gain method. *Soft Computing* 23(21): 10931-10938.
- Ameen, A., Liu, J.T., Han, L.P. and Xie, G.H. (2019). Effects of nitrogen rate and harvest time on biomass yield and nutrient cycling of switchgrass and soil nitrogen balance in a semiarid sandy wasteland. *Industrial Crops and Products* 136: 1-10.
- Ameen, A., Tang, C.C., Liu, J.T., Han, L.P. and Xie, G.H. (2019). Switchgrass as forage and biofuel feedstock: Effect of nitrogen fertilization rate on the quality of biomass harvested in late summer and early fall. *Field Crops Research* 235: 154-162.
- An, D.G., Ma, P.T., Zheng, Q., Fu, S.L., Li, L.H., Han, F.P., Han, G.H., Wang, J., Xu, Y.F., Jin, Y.L., Luo, Q.L. and Zhang, X.T. (2019). Development and molecular cytogenetic identification of a new wheat-rye 4R chromosome disomic addition line with resistances to powdery mildew, stripe rust and sharp eyespot. *Theoretical and Applied Genetics* 132(1): 257-272.
- Bai, H.Z., Xiao, D.P., Zhang, H., Tao, F.L. and Hu, Y.H. (2019). Impact of warming climate, sowing date, and cultivar shift on rice phenology across China during 1981-2010. *International Journal of Biometeorology* 63(8): 1077-1089.
- Bai, Z.H., Winiwarter, W., Klimont, Z., Velthof, G., Misselbrook, T., Zhao, Z.Q., Jin, X.P., Oenema, O., Hu, C.S. and Ma, L. (2019). Further improvement of air quality in China needs clear ammonia mitigation target. *Environmental Science & Technology* 53(18): 10542-10544.
- Bai, Z.H., Zhao, J., Wei, Z.B., Jin, X.P. and Ma, L. (2019). Socio-economic drivers of pig production and their effects on achieving sustainable development goals in China. *Journal of Integrative Environmental Sciences* 16(1): 141-155.
- Baillo, E.H., Kimotho, R.N., Zhang, Z.B. and Xu, P. (2019). Transcription factors associated with abiotic and biotic stress tolerance and their potential for crops improvement. *Genes* 10(10).
- Barbour, K., McClune, D.W., Delahay, R.J., Speakman, J.R., McGowan, N.E., Kostka, B., Montgomery, W.I., Marks, N.J. and Scantlebury, D.M. No energetic cost of tuberculosis infection in European badgers (*Meles meles*). *Journal of Animal Ecology* 88(12): 1973-1985.
- Berg, D.A., Su, Y.J., Jimenez-Cyrus, D., Patel, A., Huang, N., Morizet, D., Lee, S., Shah, R., Ringeling, F.R., Jain, R., Epstein, J.A., Wu, Q.F., Canzar, S., Ming, G.L., Song, H.J. and Bond, A.M. (2019). A common embryonic origin of stem cells drives developmental and adult neurogenesis. *Cell* 177(3): 654.
- Bian, X.H., Li, W., Niu, C.F., Wei, W., Hu, Y., Han, J.Q., Lu, X., Tao, J.J., Jin, M., Qin, H., Zhou, B., Zhang, W.K., Ma, B., Wang, G.D., Yu, D.Y., Lai, Y.C., Chen, S.Y. and Zhang, J.S. A class B heat shock factor selected for during soybean domestication contributes to salt tolerance by promoting flavonoid biosynthesis. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.16104.
- Bohara, M., Yadav, R.K.P., Dong, W.X., Cao, J.S. and Hu, C.S. (2019). Nutrient and isotopic dynamics of litter decomposition from different land uses in naturally restoring Taihang Mountain, North China. *Sustainability* 11(6).
- Bolyen, E., Rideout, J.R., Dillon, M.R., Bokulich, N., Abnet, C.C., Al-Ghalith, G.A., Alexander, H., Alm, E.J., Arumugam, M., Asnicar, F., Bai, Y., ..... Zaneveld, J.R., Zhang, Y.L., Zhu, Q.Y., Knight, R. and Caporaso, J.G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature Biotechnology* 37(8): 852-857.
- Boscaini, S., Cabrera-Rubio, R., Speakman, J.R., Cotter, P.D., Cryan, J.F. and Nilaweera, K.N. (2019). Dietary alpha-lactalbumin alters energy balance, gut microbiota composition and intestinal nutrient transporter expression in high-fat diet-fed mice. *British Journal of Nutrition* 121(10): 1097-1107.
- Brandt, J.P., Rossillo, M., Du, Z., Ichikawa, D., Barnes, K., Chen, A., Noyes, M., Bao, Z.R. and Ringstad, N. (2019). Lineage context switches the function of a *C. elegans Pax6* homolog in determining a neuronal fate. *Development* 146(8).
- Cai, T.L., Cibois, A., Alstrom, P., Moyle, R.G., Kennedy, J.D., Shao, S.M., Zhang, R.Y., Irestedt, M., Ericson, P.G.P., Gelang, M., Qu, Y.H., Lei, F.M. and Fjeldsa, J. (2019). Near-complete phylogeny and taxonomic revision of the world's babblers (Aves: Passeriformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 130: 346-356.
- Cai, Z.M., Zeng, D.E., Liao, J.J., Cheng, C.H., Sahito, Z.A., Xiang, M.Q., Fu, M., Chen, Y.Q. and Wang, D.D. (2019). Genome-Wide analysis of auxin receptor family genes in *Brassica juncea* var. *tumida*. *Genes* 10(2).
- Cao, X.M., Dong, Z.Y., Tian, D., Dong, L.L., Qian, W.Q., Liu, J.X., Liu, X., Qin, H.J., Zhai, W.X., Gao, C.X., Zhang, K.P. and Wang, D.W. Development and characterization of marker-free and transgene insertion site-defined transgenic wheat with improved grain storability and fatty acid content. *Plant Biotechnology Journal*. Doi: 10.1111/pbi.13178.
- Cao, X.W. and Jiao, Y.L. Control of cell fate during axillary meristem initiation. *Cellular and Molecular Life Sciences*. Doi: 10.1007/s00018-019-03407-8.
- Cao, Y.B., Wang, X., Bai, Z.H., Chadwick, D., Misselbrook, T., Sommer, S.G., Qin, W. and Ma, L. (2019). Mitigation of ammonia, nitrous oxide and methane emissions during solid waste composting with different additives: A meta-analysis. *Journal of Cleaner Production* 235: 626-635.
- Cao, Z., Hao, Y., Fung, C.W., Lee, Y.Y., Wang, P.F., Li, X.S., Xie, K., Lam, W.J., Qiu, Y.F., Tang, B.Z., Shui, G.H., Liu, P.S., Qu, J.A., Kang, B.H. and Mak, H.Y. (2019). Dietary fatty acids promote lipid droplet diversity through seipin enrichment in an ER subdomain. *Nature Communications* 10.
- Chang, R.X., Yao, Y., Cao, W.C., Wang, J., Wang, X. and Chen, Q. (2019). Effects of composting and carbon based materials on carbon and nitrogen loss in the arable land utilization of cow manure and corn stalks. *Journal of Environmental Management* 233: 283-290.
- Chen, E.W., Huang, X.H., Tian, Z.X., Wing, R.A. and Han, B. (2019). The genomics of *Oryza* species provides insights into rice domestication and heterosis. *Annual Review of Plant Biology*, Vol 70. S. S. Merchant. 70: 639-665.
- Chen, H.R., Yang, Y., Ye, Y.F., Tao, L.Z., Fu, X.D., Liu, B.M. and Wu, Y.J. (2019). Differences in cadmium accumulation between indica and japonica rice cultivars in the reproductive stage. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 186.

- Chen, H.Y., Yang, C., Ren, A.Y., Guo, K., Feng, X.H., Li, J.S., Liu, X.J., Sun, H.Y. and Wang, J.L. (2019). The evapotranspiration of tamarix and its response to environmental factors in coastal saline land of China. *Water* 11(11).
- Chen, J.W., Chen, L.J., Liu, Y., Li, X.M., Yuan, Y.D. and Wang, Y.G. (2019). An index of Chinese surname distribution and its implications for population dynamics. *American Journal of Physical Anthropology* 169(4): 608-618.
- Chen, K.L., Wang, Y.P., Zhang, R., Zhang, H.W. and Gao, C.X. (2019). CRISPR/Cas genome editing and precision plant breeding in agriculture. *Annual Review of Plant Biology*, Vol 70. S. S. Merchant. 70: 667-697.
- Chen, L., Ma, M.Y., Sun, M., Jiang, L.Y., Zhao, X.T., Fang, X.X., Lam, S.M., Shui, G.H., Luo, J., Shi, X.J. and Song, B.L. (2019). Endogenous sterol intermediates of the mevalonate pathway regulate HMGCR degradation and SREBP-2 processing. *Journal of Lipid Research* 60(10): 1765-1775.
- Chen, L.G., Chen, X.W., Huang, X., Song, B.L., Wang, Y. and Wang, Y.G. (2019). Regulation of glucose and lipid metabolism in health and disease. *Science China-Life Sciences* 62(11): 1420-1458.
- Chen, L.G., Gao, Z.H., Zhao, Z.Y., Liu, X.Y., Li, Y.P., Zhang, Y.X., Liu, X.G., Sun, Y. and Tang, W.Q. (2019). BZR1 family transcription factors function redundantly and indispensably in BR signaling but exhibit BRI1-independent function in regulating anther development in *Arabidopsis*. *Molecular Plant* 12(10): 1408-1415.
- Chen, M., Wu, Z.J., Wang, X.W., Hu, H.Y., Cao, J., Chai, T.Y. and Wang, H. (2019). Isolation and characterization of a novel 2-Pyrone-Producing Type III polyketide synthase from *Polygonum cuspidatum*. *Progress in Biochemistry and Biophysics* 46(7): 699-710.
- Chen, Q.W., Jiang, T., Liu, Y.X., Liu, H.L., Zhao, T., Liu, Z.X., Gan, X.C., Hallab, A., Wang, X.M., He, J., Ma, Y.H., Zhang, F.X., Jin, T., Schranz, M.E., Wang, Y., Bai, Y. and Wang, G.D. (2019). Recently duplicated sesterterpene (C25) gene clusters in *Arabidopsis thaliana* modulate root microbiota. *Science China-Life Sciences* 62(7): 947-958.
- Chen, S.M., Waghmode, T.R., Sun, R.B., Kuramae, E.E., Hu, C.S. and Liu, B.B. (2019). Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization. *Microbiome* 7(1).
- Chen, T., Oenema, O., Li, J.Z., Misselbrook, T., Dong, W.X., Qin, S.P., Yuan, H.J., Li, X.X. and Hu, C.S. (2019). Seasonal variations in N<sub>2</sub> and N<sub>2</sub>O emissions from a wheat-maize cropping system. *Biology and Fertility of Soils* 55(6): 539-551.
- Chen, X., Stokral, M., Van Vliet, M.T.H., Stuiver, J., Wang, M.R., Bai, Z.H., Ma, L. and Kroeze, C. (2019). Multi-scale modeling of nutrient pollution in the rivers of China. *Environmental Science & Technology* 53(16): 9614-9625.
- Chen, X.J., Mo, X.G., Zhang, Y.C., Sun, Z.G., Liu, Y., Hu, S. and Liu, S.X. (2019). Drought detection and assessment with solar-induced chlorophyll fluorescence in summer maize growth period over North China Plain. *Ecological Indicators* 104: 347-356.
- Chen, X.J., Stokral, M., Kroeze, C., Ma, L., Shen, Z.Y., Wu, J.C., Chen, X.P. and Shi, X.J. (2019). Seasonality in river export of nitrogen: A modelling approach for the Yangtze River. *Science of the Total Environment* 671: 1282-1292.
- Chen, Y., Chen, S.Y., Li, K., Zhang, Y.L., Huang, X.H., Li, T., Wu, S.H., Wang, Y.C., Carey, L.B. and Qian, W.F. (2019). Overdosage of balanced protein complexes reduces proliferation rate in Aneuploid cells. *Cell Systems* 9(2): 129.
- Chen, Y., Li, K., Chu, X., Carey, L.B. and Qian, W.F. (2019). Synchronized replication of genes encoding the same protein complex in fast-proliferating cells. *Genome Research* 29(12): 1929-1938.
- Chengid, S.T., Wang, F.F. and Qian, W. (2019). Cyclic-di-GMP binds to histidine kinase RavS to control RavS-RavR phosphotransfer and regulates the bacterial lifestyle transition between virulence and swimming. *PLoS Pathogens* 15(8).
- Cui, Y., Xu, B., Yin, Y.Y., Chen, B., Zhao, Y.N., Xiao, Z.F., Yang, B., Meng, Q.Y., Fang, Y.X., Liang, Q.H., Zhou, L., Ma, X. and Dai, J.W. (2019). Repair of lumbar vertebral bone defects by bone particles combined with hUC-MSCs in weaned rabbit. *Regenerative Medicine* 14(10): 915-923.
- De Long, J.R., Heinen, R., Steinauer, K., Hannula, S.E., Huberty, M., Jongen, R., Vandenbrande, S., Wang, M.G., Zhu, F. and Bezemer, T.M. (2019). Taking plant-soil feedbacks to the field in a temperate grassland. *Basic and Applied Ecology* 40: 30-42.
- Deng, X.J., Yuan, S., Cao, H.S., Lam, S.M., Shui, G.H., Hong, Y.Y. and Wang, X.M. (2019). Phosphatidylinositol-hydrolyzing phospholipase C4 modulates rice response to salt and drought. *Plant Cell and Environment* 42(2): 536-548.
- Ding, S.H., Zhang, Y., Hu, Z., Huang, X.H., Zhang, B.H., Lu, Q.T., Wen, X.G., Wang, Y.C. and Lu, C.M. (2019). mTERF5 acts as a transcriptional pausing factor to positively regulate transcription of chloroplast *psbEFLJ*. *Molecular Plant* 12(9): 1259-1277.
- Ding, X.M., Jiang, X., Tian, R., Zhao, P.W., Li, L., Wang, X.Y., Chen, S., Zhu, Y.S., Mei, M., Bao, S.L., Liu, W., Tang, Z.M. and Sun, Q.M. (2019). RAB2 regulates the formation of autophagosome and autolysosome in mammalian cells. *Autophagy* 15(10): 1774-1786.
- Dong, B.D., Yang, H., Liu, H.P., Qiao, Y.Z., Zhang, M.M., Wang, Y.K., Xie, Z.X. and Liu, M.Y. (2019). Effects of shading stress on grain number yield, and photosynthesis during early reproductive growth in wheat. *Crop Science* 59(1): 363-378.
- Dong, X.G., Wang, Z., Tian, L.M., Zhang, Y., Qi, D., Huo, H.L., Xu, J.Y., Li, Z., Liao, R., Shi, M., Wahocho, S.A., Liu, C., Zhang, S.M., Tian, Z.X. and Cao, Y.F. *De novo* assembly of a wild pear (*Pyrus betuleafolia*) genome. *Plant Biotechnology Journal*. Doi: 10.1111/pbi.13226.
- Dong, X.L., Li, M.Z., Lin, Q.M., Li, G.T. and Zhao, X.R. (2019). Soil Na<sup>+</sup> concentration controls salt-affected soil organic matter components in Hetao region China. *Journal of Soils and Sediments* 19(3): 1120-1129.
- Dong, X.L., Singh, B.P., Li, G.T., Lin, Q.M. and Zhao, X.R. (2019). Biochar has little effect on soil dissolved organic carbon pool 5 years after biochar application under field condition. *Soil Use and Management* 35(3): 466-477.
- Dong, X.L., Singh, B.P., Li, G.T., Lin, Q.M. and Zhao, X.R. (2019). Biochar increased field soil inorganic carbon content five years after application. *Soil & Tillage Research* 186: 36-41.
- Duan, J.B., Yu, H., Yuan, K., Liao, Z.G., Meng, X.B., Jing, Y.H., Liu, G.F., Chu, J.F. and Li, J.Y. (2019). Strigolactone promotes cytokinin degradation through transcriptional activation of CYTOKININ OXIDASE/DEHYDROGENASE 9 in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(28): 14319-14324.
- Duan, Y.L., Chen, Y.G., Li, W.Q., Pan, M.Z., Qu, X.J., Shi, X.Q., Cai, Z.Z., Liu, H.Q., Zhao, F., Kong, L., Ye, Y.F., Wang, F., Xue, Y.B. and Wu, W.R. (2019). *RETINOBLASTOMA-RELATED* genes specifically control inner floral organ morphogenesis and pollen development in rice(1). *Plant Physiology* 181(4): 1600-1614.
- Duan, Z., Xu, C., Liu, X. and Zhang, Q. (2019). Host cell interactome with oncoprotein LMP1 encoded by *EBV* reveals new targets for the treatment of diseases. *European Journal of Immunology* 49: 1096-1097.
- Fan, C.M., Wu, J.H., Xu, L., Bai, L.L., Yang, H.M., Yan, C.J., Wu, Q., Chen, Y.H. and Hu, Z.M. (2019). A mutated rabbit defensin NP-1 produced by *Chlorella ellipsoidea* can improve the growth performance of broiler chickens. *Scientific Reports* 9.

- Fan, C.X., Shi, J.J., Zhuang, Y., Zhang, L.L., Huang, L., Yang, W., Chen, B., Chen, Y.Y., Xiao, Z.F., Shen, H., Zhao, Y.N. and Dai, J.W. (2019). Myocardial-infarction-responsive smart hydrogels targeting matrix metalloproteinase for on-demand growth factor delivery. *Advanced Materials* 31(40).
- Fan, C.Y., Su, D., Tian, H., Hu, R.T., Ran, L., Yang, Y., Su, Y.J. and Cheng, J.B. (2019). Milk production and composition and metabolic alterations in the mammary gland of heat-stressed lactating dairy cows. *Journal of Integrative Agriculture* 18(12): 2844-2853.
- Fan, F.G., Zhang, Y.N., Huang, G.Z., Zhang, Q., Wang, C.C., Wang, L. and Lu, D.P. (2019). AtERO1 and AtERO2 exhibit differences in catalyzing oxidative protein folding in the endoplasmic reticulum. *Plant Physiology* 180(4): 2022-2033.
- Fan, X.L., Cui, F., Ji, J., Zhang, W., Zhao, X.Q., Liu, J.J., Meng, D.Y., Tong, Y.P., Wang, T. and Li, J.M. (2019). Dissection of pleiotropic QTL regions controlling wheat spike characteristics under different nitrogen treatments using traditional and conditional QTL mapping. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Fang, J., Zhang, F.T., Wang, H.R., Wang, W., Zhao, F., Li, Z.J., Sun, C.H., Chen, F.M., Xu, F., Chang, S.Q., Wu, L., Bu, Q.Y., Wang, P.R., Xie, J.K., Chen, F., Huang, X.H., Zhang, Y.J., Zhu, X.G., Han, B., Deng, X.J. and Chu, C.C. (2019). Ef-cd locus shortens rice maturity duration without yield penalty. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(37): 18717-18722.
- Fang, Q., Zhang, X.Y., Chen, S.Y., Shao, L.W., Sun, H.Y. and Yan, Z.Z. (2019). Selecting traits to reduce seasonal yield variation of summer maize in the North China Plain. *Agronomy Journal* 111(1): 343-353.
- Feng, C., Yuan, J., Bai, H., Liu, Y.L., Su, H.D., Liu, Y., Shi, L.D., Gao, Z., Birchler, J.A. and Han, F.P. The deposition of CENH3 in maize is stringently regulated. *Plant Journal*. Doi: 10.1111/tpj.14606.
- Feng, X.H., Guo, K., Yang, C., Li, J.S., Chen, H.Y. and Liu, X.J. (2019). Growth and fruit production of tomato grafted onto wolfberry (*Lycium chinense*) rootstock in saline soil. *Scientia Horticulturae* 255: 298-305.
- Feng, X.M., Lin, K.X., Zhang, W.Q., Nan, J.Z., Zhang, X.H., Wang, C., Wang, R.S., Jiang, G.Q., Yuan, Q.B. and Lin, S.Y. (2019). Improving the blast resistance of the elite rice variety Kongyu-131 by updating the pi21 locus. *BMC Plant Biology* 19.
- Fernandez-Verdejo, R., Ravussin, E., Speakman, J.R. and Galgani, J.E. (2019). Progress and challenges in analyzing rodent energy expenditure. *Nature Methods* 16(9): 797-799.
- Fu, J., Wu, Y.L., Wang, Q.H., Hu, K.L., Wang, S.Q., Zhou, M.H., Hayashi, K., Wang, H.Y., Zhan, X.Y., Jian, Y.W., Cai, C., Song, M.F., Liu, K.W., Wang, Y.H., Zhou, F. and Zhu, J.Q. (2019). Importance of subsurface fluxes of water, nitrogen and phosphorus from rice paddy fields relative to surface runoff. *Agricultural Water Management* 213: 627-635.
- Fu, T.G., Han, L.P., Gao, H., Liang, H.Z. and Liu, J.T. (2019). Rare and endangered soils in the Taihang Mountain region, North China. *Land Degradation & Development* 30(14): 1739-1750.
- Gan, Q.W., Wang, X., Zhang, Q., Yin, Q.Y., Jiang, Y.L., Liu, Y.B., Xuan, N., Li, J.L., Zhou, J.X., Liu, K., Jing, Y.D., Wang, X.C. and Yang, C. (2019). The amino acid transporter SLC-36.1 cooperates with PtdIns3P 5-kinase to control phagocytic lysosome reformation. *Journal of Cell Biology* 218(8): 2619-2637.
- Gao, C.X. (2019). Precision plant breeding using genome editing technologies. *Transgenic Research* 28: 53-55.
- Gao, D., Zhou, T., Da, L.T., Bruhn, T., Guo, L.L., Chen, Y.H., Xu, J. and Xu, M.J. (2019). Characterization and nonenzymatic transformation of three types of Alkaloids from *Streptomyces albogriseolus* MGR072 and discovery of inhibitors of Indoleamine 2,3-Dioxygenase. *Organic Letters* 21(21): 8577-8581.
- Gao, H.B., Wang, W.G., Wang, Y.H. and Liang, Y. (2019). Molecular mechanisms underlying plant architecture and its environmental plasticity in rice. *Molecular Breeding* 39(12).
- Gao, M.M., Huang, X., Song, B.L. and Yang, H.Y. (2019). The biogenesis of lipid droplets: Lipids take center stage. *Progress in Lipid Research* 75.
- Gao, S.P., Xiao, Y.H., Xu, F., Gao, X.K., Cao, S.Y., Zhang, F.X., Wang, G.D., Sanders, D. and Chu, C.C. (2019). Cytokinin-dependent regulatory module underlies the maintenance of zinc nutrition in rice. *New Phytologist* 224(1): 202-215.
- Gao, Y., Yan, Y.Q., Fang, Q.L., Zhang, N.P., Kumar, G., Zhang, J.H., Song, L.J., Yu, J.Z., Zhao, L.H., Zhang, H.T. and Ma, C.G. (2019). The Rho kinase inhibitor fasudil attenuates A $\beta$  1-42-induced apoptosis via the ASK1/JNK signal pathway in primary cultures of hippocampal neurons. *Metabolic Brain Disease* 34(6): 1787-1801.
- Glew, K.S., Wanless, S., Harris, M.P., Daunt, F., Erikstad, K.E., Strom, H., Speakman, J.R., Kurten, B. and Trueman, C.N. (2019). Sympatric Atlantic puffins and razorbills show contrasting responses to adverse marine conditions during winter foraging within the North Sea. *Movement Ecology* 7(1).
- Green, C.L., Soltow, Q.A., Mitchell, S.E., Deros, D., Wang, Y.C., Chen, L.N., Han, J.D.J., Promislow, D.E.L., Lusseau, D., Douglas, A., Jones, D.P. and Speakman, J.R. (2019). The effects of graded levels of calorie restriction: XIII. Global metabolomics screen reveals graded changes in circulating amino acids, vitamins, and bile acids in the plasma of C57BL/6 mice. *Journals of Gerontology Series a-Biological Sciences and Medical Sciences* 74(1): 16-26.
- Guan, C.M., Du, F., Xiong, Y.Y. and Jiao, Y.L. (2019). The 35S promoter-driven mDII auxin control sensor is uniformly distributed in leaf primordia. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(11): 1114-1120.
- Guo, K. and Liu, X.J. (2019). Effect of initial soil water content and bulk density on the infiltration and desalination of melting saline ice water in coastal saline soil. *European Journal of Soil Science* 70(6): 1249-1266.
- Guo, Q., Lu, N., Sun, Y.H., Lv, W., Luo, Z.J., Zhang, H.X., Ji, Q.J., Yang, Q.S., Chen, S.Y., Zhang, W.K. and Li, Y. (2019). Heterologous expression of the DREB transcription factor *AhDREB* in *Populus tomentosa* Carriere confers tolerance to salt without growth reduction under greenhouse conditions. *Forests* 10(3).
- Guo, Y., Zhang, X.J., Xu, Q.B., Gong, F.X., Shi, X.Q., Li, C.K., Huang, R., Nie, F.Y., Zhu, W., Li, J.J., Tang, J.B., Li, R.T., Zhang, L.M., Chen, L.X. and Ma, R.L.Z. (2019). Human Papillomavirus 16 oncoprotein E7 retards mitotic progression by blocking Mps1-MAP4 signaling cascade. *Oncogene* 38(31): 5959-5970.
- Guo, Y.Q., Tong, B.X., Wu, Z.G., Ma, W.Q. and Ma, L. (2019). Dietary manipulation to reduce nitrogen and phosphorus excretion by dairy cows. *Livestock Science* 228: 61-66.
- Hall, K.D., Guo, J. and Speakman, J.R. (2019). Do low-carbohydrate diets increase energy expenditure? *International Journal of Obesity* 43(12): 2350-2354.
- Hamdani, S., Wang, H.R., Zheng, G.Y., Perveen, S., Qu, M.N., Khan, N., Khan, W., Jiang, J.J., Li, M., Liu, X.Y., Zhu, X.C., Govindjee, C.C. and Zhu, X.G. (2019). Genome-wide association study identifies variation of glucosidase being linked to natural variation of the maximal quantum yield of photosystem II. *Physiologia Plantarum* 166(1): 105-119.
- Han, J.J., Yang, X.Y., Wang, Q., Tang, L., Yu, F.F., Huang, X.H., Wang, Y.C., Liu, J.X. and Xie, Q. (2019). The  $\beta$ 5 subunit is essential for intact 26S proteasome assembly to specifically promote plant autotrophic growth under salt stress. *New Phytologist* 221(3): 1359-1368.
- Han, S.F., Yin, W., Li, X., Wu, S.Y., Cao, Y.D., Tan, J., Zhao, Y.N., Hou, X.L., Wang, L., Ren, C.P., Li, J., Hu, X., Mao, Y., Li, G., Li, B., Zhang, H.P., Han, J., Chen, B., Xiao, Z.F., Jiang, X.J. and Dai, J.W. (2019).

- Pre-clinical evaluation of CBD-NT3 modified collagen scaffolds in completely spinal cord transected non-human primates. *Journal of Neurotrauma* 36(15): 2316-2324.
- Han, S.M., Hu, Q.L., Yang, Y.H., Yang, Y.M., Zhou, X.Y. and Li, H.L. (2019). Response of surface water quantity and quality to agricultural water use intensity in upstream Hutuo River Basin, China. *Agricultural Water Management* 212: 378-387.
- Han, S.M., Yang, Y.H., Li, H.L., Yang, Y.M., Wang, J.S. and Cao, J.S. (2019). Determination of crop water use and coefficient in drip-irrigated cotton fields in arid regions. *Field Crops Research* 236: 85-95.
- Hannula, S.E., Zhu, F., Heinen, R. and Bezemer, T.M. (2019). Foliar-feeding insects acquire microbiomes from the soil rather than the host plant. *Nature Communications* 10.
- Hao, X.Y., Tang, H., Wang, B., Wang, L., Cao, H.L., Wang, Y.C., Zeng, J.M., Fang, S., Chu, J.F., Yang, Y.J. and Wang, X.C. (2019). Gene characterization and expression analysis reveal the importance of auxin signaling in bud dormancy regulation in tea plant. *Journal of Plant Growth Regulation* 38(1): 225-240.
- He, C.H., Manevski, K., Andersen, M.N., Hu, C.S., Dong, W.X. and Li, J.Z. (2019). Abiotic mechanisms for biochar effects on soil N<sub>2</sub>O emission. *International Agrophysics* 33(4): 537-546.
- He, J., Chen, Q.W., Xin, P.Y., Yuan, J., Ma, Y.H., Wang, X.M., Xu, M.M., Chu, J.F., Peters, R.J. and Wang, G.D. (2019). CYP72A enzymes catalyze 13-hydroxylation of gibberellins. *Nature Plants* 5(10): 1057-1065.
- He, P., Hou, B.Y., Li, Y.L., Xu, C.Y., Ma, P., Lam, S.M., Gil, V., Yang, X.Y., Yang, X.Y., Zhang, L., Shui, G.H., Song, J.K., Qiang, G.F., Liew, C.E.E. and Du, G.H. (2019). Lipid profiling reveals browning heterogeneity of white adipose tissue by  $\beta$ -3-adrenergic stimulation. *Biomolecules* 9(9).
- He, X.B., Wang, Y.F., Yang, F.Y., Wang, B., Xie, H.H., Gu, L.K., Zhao, T.Y., Liu, X.X., Zhang, D.B., Ren, Q.W., Liu, X.Y., Liu, Y., Gao, C.X. and Gu, F. (2019). Boosting activity of high-fidelity CRISPR/Cas9 variants using a tRNA(Gln)-processing system in human cells. *Journal of Biological Chemistry* 294(23): 9308-9315.
- He, Z.X., Song, H.F., Liu, T.Y., Ma, J., Xing, Z.K., Yin, Y.Y., Liu, L., Zhang, Y.N., Zhao, Y.F., Yu, H.L., He, X.X., Guo, W.X. and Zhu, X.J. (2019). HuR in the medial prefrontal cortex is critical for stress-induced synaptic dysfunction and depressive-like symptoms in mice. *Cerebral Cortex* 29(6): 2737-2747.
- Hickey, L.T., Hafeez, A.N., Robinson, H., Jackson, S.A., Leal-Bertioli, S.C.M., Tester, M., Gao, C.X., Godwin, I.D., Hayes, B.J. and Wulff, B.B.H. (2019). Breeding crops to feed 10 billion. *Nature Biotechnology* 37(7): 744-754.
- Howell, T., Moriconi, J.I., Zhao, X.Q., Hegarty, J., Fahima, T., Santa-Maria, G.E. and Dubcovsky, J. (2019). A wheat/rye polymorphism affects seminal root length and yield across different irrigation regimes. *Journal of Experimental Botany* 70(15): 4027-4037.
- Hu, B., Jiang, Z.M., Wang, W., Qiu, Y.H., Zhang, Z.H., Liu, Y.Q., Li, A.F., Gao, X.K., Liu, L.C., Qian, Y.W., Huang, X.H., Yu, F.F., Kang, S., Wang, Y.Q., Xie, J.P., Cao, S.Y., Zhang, L.H., Wang, Y.C., Xie, Q., Kopriva, S. and Chu, C.C. (2019). Nitrate-NRT1.1B-SPX4 cascade integrates nitrogen and phosphorus signalling networks in plants. *Nature Plants* 5(4): 401-413.
- Hu, J.H., Li, J.T., Wu, P.P., Li, Y.H., Qiu, D., Qu, Y.F., Xie, J.Z., Zhang, H.J., Yang, L., Fu, T.T., Yu, Y.W., Li, M.J., Liu, H.W., Zhu, T.Q., Zhou, Y., Liu, Z.Y. and Li, H.J. (2019). Development of SNP, KASP, and SSR markers by BSR-Seq technology for saturation of genetic linkage map and efficient detection of wheat powdery mildew resistance gene *Pm61*. *International Journal of Molecular Sciences* 20(3).
- Hu, M., Qi, J., Wang, J., Wang, J., Wang, G., Wang, H.W., Chai, J. and Zhou, J.M. (2019). Molecular basis for ligand recognition specificity and activation of a plant NLR. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 93-94.
- Hu, Q.L., Yang, Y.H., Han, S.M. and Wang, J.S. (2019). Degradation of agricultural drainage water quantity and quality due to farmland expansion and water-saving operations in arid basins. *Agricultural Water Management* 213: 185-192.
- Hu, Y.J., Zhao, L., Zhou, J., Zhong, X.L., Gu, F.X., Liu, Q., Li, H.R. and Guo, R. (2019). iTRAQ protein profile analysis of young and old leaves of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) differing in response to alkali stress. *Plant Physiology and Biochemistry* 141: 370-379.
- Hua, W., Tan, C., Xie, J.Z., Zhu, J.H., Shang, Y., Yang, J.M., Zhang, X.Q., Wu, X.J., Wang, J.M. and Li, C.D. (2019). Alternative splicing of a barley gene results in an excess-tillering and semi-dwarf mutant. *Theoretical and Applied Genetics*. Doi: 10.1007/s00122-019-03448-4.
- Huang, A.C.C., Jiang, T., Liu, Y.X., Bai, Y.C., Reed, J., Qu, B.Y., Goossens, A., Nutzmann, H.W., Bai, Y. and Osbourn, A. (2019). A specialized metabolic network selectively modulates *Arabidopsis* root microbiota. *Science* 364(6440): 546.
- Huang, D.Q., Sun, Y.B., Ma, Z.M., Ke, M.Y., Cui, Y., Chen, Z.C., Chen, C.F., Ji, C.Y., Tran, T.M., Yang, L., Lam, S.M., Han, Y.H., Shu, G.H., Friml, J., Miao, Y.S., Jiang, L.W. and Chen, X. (2019). Salicylic acid-mediated plasmodesmal closure via Remorin-dependent lipid organization. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(42): 21274-21284.
- Huang, G.Z., Sun, J.H., Bai, J.J., Han, Y.F., Fan, F.G., Wang, S.F., Zhang, Y.Y., Zou, Y.M., Han, Z.F. and Lu, D.P. (2019). Identification of critical cysteine sites in *brassinosteroid-insensitive 1* and novel signaling regulators using a transient expression system. *New Phytologist* 222(3): 1405-1419.
- Ilahi, S., Wu, Y.C., Raza, M.A.A., Wei, W.S., Imran, M. and Bayasgalankhuu, L. (2019). Optimization approach for improving energy efficiency and evaluation of greenhouse gas emission of wheat crop using data envelopment analysis. *Sustainability* 11(12).
- Imran, M., Shafiq, S., Farooq, M.A., Naeem, M.K., Widemann, E., Bakhsh, A., Jensen, K.B. and Wang, R.R.C. (2019). Comparative genome-wide analysis and expression profiling of histone acetyltransferase (HAT) gene family in response to hormonal applications, metal and abiotic stresses in cotton. *International Journal of Molecular Sciences* 20(21).
- James, W.P.T., Johnson, R.J., Speakman, J.R., Wallace, D.C., Fruhbeck, G., Iversen, P.O. and Stover, P.J. (2019). Nutrition and its role in human evolution. *Journal of Internal Medicine* 285(5): 533-549.
- Ji, H.T., Wang, S.F., Cheng, C.H., Li, R., Wang, Z.J., Jenkins, G.I., Kong, F.J. and Li, X. (2019). The RCC1 family protein SAB1 negatively regulates ABI5 through multidimensional mechanisms during postgermination in *Arabidopsis*. *New Phytologist* 222(2): 907-922.
- Ji, J.J., Yuan, J., Guo, X.Y., Ji, R.F., Quan, Q.H., Ding, M., Li, X. and Liu, Y.G. (2019). Harmine suppresses hyper-activated Ras-MAPK pathway by selectively targeting oncogenic mutated Ras/Raf in *Caenorhabditis elegans*. *Cancer Cell International* 19.
- Ji, W., Niu, L., Peng, W.Y., Zhang, Y.L., Cheng, H., Gao, F., Shi, Y., Qi, J.X., Gao, G.F. and Liu, W.J. (2019). Salt bridge-forming residues positioned over viral peptides presented by MHC class I impacts T-cell recognition in a binding-dependent manner. *Molecular Immunology* 112: 274-282.
- Ji, X., Wang, D.W. and Gao, C.X. (2019). CRISPR editing-mediated antiviral immunity: a versatile source of resistance to combat plant virus infections. *Science China-Life Sciences* 62(9): 1246-1249.
- Jia, M.Y., Meng, D.Q., Chen, M., Li, T.T., Zhang, Y.Q. and Yao, A.Y. (2019). *Drosophila* homolog of the intellectual disability-related long-chain acyl-CoA synthetase 4 is required for neuroblast proliferation.

- Journal of Genetics and Genomics 46(1): 5-17.
- Jia, P.F., Xue, Y., Li, H.J. and Yang, W.C. (2019). LOT regulates TGN biogenesis and Golgi structure in plants. *Plant Signaling & Behavior* 14(3).
- Jia, Y.H., Li, T.C., Shao, M.A., Hao, J.H., Wang, Y.Q., Jia, X.X., Zeng, C., Fu, X.L., Liu, B.X., Gan, M., Zhao, M.Y. and Ju, X.N. (2019). Disentangling the formation and evolvement mechanism of plants-induced dried soil layers on China's Loess Plateau. *Agricultural and Forest Meteorology* 269: 57-70.
- Jiao, Y.L. (2019). Designing plants: modeling ideal shapes. *Molecular Plant* 12(2): 130-132.
- Jiao, Y.L. (2019). May the force be with you: overlooked mechanical signaling. *Molecular Plant* 12(4): 464-466.
- Jin, S., Zong, Y., Gao, Q., Zhu, Z.X., Wang, Y.P., Qin, P., Liang, C.Z., Wang, D.W., Qiu, J.L., Zhang, F. and Gao, C.X. (2019). Cytosine, but not adenine, base editors induce genome-wide off-target mutations in rice. *Science* 364(6437): 292.
- Ju, L., Jing, Y.X., Shi, P.T., Liu, J., Chen, J.S., Yan, J.J., Chu, J.F., Chen, K.M. and Sun, J.Q. (2019). JAZ proteins modulate seed germination through interaction with ABI5 in bread wheat and *Arabidopsis*. *New Phytologist* 223(1): 246-260.
- Ju, Z.Q., Du, Z.L., Guo, K. and Liu, X.J. (2019). Irrigation with freezing saline water for 6 years alters salt ion distribution within soil aggregates. *Journal of Soils and Sediments* 19(1): 97-105.
- Keijer, J., Li, M. and Speakman, J.R. (2019). To best mimic human thermal conditions, mice should be housed slightly below thermoneutrality. *Molecular Metabolism* 26: 4-4.
- Keijer, J., Li, M. and Speakman, J.R. (2019). What is the best housing temperature to translate mouse experiments to humans? *Molecular Metabolism* 25: 168-176.
- Khan, T., Ullah, S., Shuaib, M., Alsamadany, H., Alzahrani, Y., Alharbi, N., Shah, M., Khan, A., Khan, I. and Hussain, F. (2019). Effect of naphthyl acetic acid foliar spray on amelioration of salt stress tolerance in maize (*Zea mays* L.). *Applied Ecology and Environmental Research* 17(2): 1817-1834.
- Kimotho, R.N., Baillo, E.H. and Zhang, Z.B. (2019). Transcription factors involved in abiotic stress responses in Maize (*Zea mays* L.) and their roles in enhanced productivity in the post genomics era. *PeerJ* 7.
- Kota, S., Lakkam, R., Kasula, K., Narra, M., Qiang, H., Allini, V.R., Hu, Z.M. and Abbagani, S. (2019). Construction of a species-specific vector for improved plastid transformation efficiency in *Capsicum annum* L. *3 Biotech* 9(6).
- Krol, E. and Speakman, J.R. (2019). Switching off the furnace: brown adipose tissue and lactation. *Molecular Aspects of Medicine* 68: 18-41.
- Kumar, B., Togo, J. and Singh, R. (2019). The South Indian hedgehog *Paraechinus nudiventris* (Horsfield, 1851): review of distribution data, additional localities and comments on habitat and conservation. *Mammalia* 83(4): 399-409.
- Kurade, M.B., Waghmode, T.R., Xiong, J.Q., Govindwar, S.P. and Jeon, B.H. (2019). Decolorization of textile industry effluent using immobilized consortium cells in upflow fixed bed reactor. *Journal of Cleaner Production* 213: 884-891.
- Ledgard, S.F., Wei, S., Wang, X.Q., Falconer, S., Zhang, N.N., Zhang, X.Y. and Ma, L. (2019). Nitrogen and carbon footprints of dairy farm systems in China and New Zealand, as influenced by productivity, feed sources and mitigations. *Agricultural Water Management* 213: 155-163.
- Li, A., Kroeze, C., Kahil, T., Ma, L. and Stokral, M. (2019). Water pollution from food production: lessons for optimistic and optimal solutions. *Current Opinion in Environmental Sustainability* 40: 88-94.
- Li, A., Stokral, M., Bai, Z.H., Kroeze, C. and Ma, L. (2019). How to avoid coastal eutrophication - a back-casting study for the North China Plain. *Science of the Total Environment* 692: 676-690.
- Li, B.G., Li, L., Li, M., Lam, S.M., Wang, G.L., Wu, Y.G., Zhang, H.L., Niu, C.Q., Zhang, X.Y., Liu, X., Hambly, C., Jin, W.Z., Shui, G.H. and Speakman, J.R. (2019). Microbiota depletion impairs thermogenesis of brown adipose tissue and browning of white adipose tissue. *Cell Reports* 26(10): 2720.
- Li, C.C., Li, H.J., Li, J.Z., Lei, Y.P., Li, C.Q., Manevski, K. and Shen, Y.J. (2019). Using NDVI percentiles to monitor real-time crop growth. *Computers and Electronics in Agriculture* 162: 357-363.
- Li, C.K., Chen, L.X., Liu, X.F., Shi, X.Q., Guo, Y., Huang, R., Nie, F.Y., Zheng, C.M., Zhang, C.L. and Ma, R.L.Z. (2019). A high-density BAC physical map covering the entire MHC region of addax antelope genome. *BMC Genomics* 20.
- Li, H.D., Saucedo-Cuevas, L., Yuan, L., Ross, D., Johansen, A., Sands, D., Stanley, V., Gumez-Gamboa, A., Gregor, A., Evans, T., Chen, S.B., Tan, L., Molina, H., Sheets, N., Shiryayev, S.A., Tersikh, A.V., Gladfelter, A.S., Shresta, S., Xu, Z.H. and Gleeson, J.G. (2019). Zika Virus protease cleavage of host protein Septin-2 mediates mitotic defects in neural progenitors. *Neuron* 101(6): 1089.
- Li, H.W., Boshoff, W.H.P., Pretorius, Z.A., Zheng, Q., Li, B. and Li, Z.S. (2019). Establishment of wheat-*Thinopyrum ponticum* translocation lines with resistance to *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* Ug99. *Journal of Genetics and Genomics* 46(8): 405-407.
- Li, J.L., Zhang, F., Li, Y.H., Yang, W.C. and Lin, R.C. (2019). Chloroplast-localized protoporphyrinogen IX oxidase1 is involved in the mitotic cell cycle in *Arabidopsis*. *Plant and Cell Physiology* 60(11): 2436-2448.
- Li, J.S. and Gao, C.X. (2019). Preface to the special topic on genome editing research in China. *National Science Review* 6(3): 389-390.
- Li, J.S., Hussain, T., Feng, X.H., Guo, K., Chen, H.Y., Yang, C. and Liu, X.J. (2019). Comparative study on the resistance of *Suaeda glauca* and *Suaeda salsa* to drought, salt, and alkali stresses. *Ecological Engineering* 140.
- Li, J.Z., Dong, W.X., Oenema, O., Chen, T., Hu, C.S., Yuan, H.J. and Zhao, L.Y. (2019). Irrigation reduces the negative effect of global warming on winter wheat yield and greenhouse gas intensity. *Science of the Total Environment* 646: 290-299.
- Li, L., Li, B., Li, M. and Speakman, J.R. (2019). Switching on the furnace: Regulation of heat production in brown adipose tissue. *Molecular Aspects of Medicine* 68: 60-73.
- Li, M.M., Zhang, D.F., Gao, Q., Luo, Y.F., Zhang, H., Ma, B., Chen, C.H., Whibley, A., Zhang, Y., Cao, Y.H., Li, Q., Guo, H., Li, J.H., Song, Y.Z., Zhang, Y., Copesey, L., Li, Y., Li, X.X., Qi, M., Wang, J.W., Chen, Y., Wang, D., Zhao, J.Y., Liu, G.C., Wu, B., Yu, L.L., Xu, C.Y., Li, J., Zhao, S.C., Zhang, Y.J., Hu, S.N., Liang, C.Z., Yin, Y., Coen, E. and Xue, Y.B. (2019). Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L. *Nature Plants* 5(2): 174.
- Li, N., Xu, R. and Li, Y.H. (2019). Molecular networks of seed size control in plants. *Annual Review of Plant Biology*, Vol 70. S. S. Merchant. 70: 435-463.
- Li, Q., Shen, Y.T., Guo, L.Q., Wang, H., Zhang, Y., Fan, C.M. and Zheng, Y.H. (2019). The EIL transcription factor family in soybean: Genome-wide identification, expression profiling and genetic diversity analysis. *Febs Open Bio* 9(4): 629-642.
- Li, S., Lavagnino, Z., Lemacon, D., Kong, L.Z., Ustione, A., Ng, X.W., Zhang, Y.Y., Wang, Y.C., Zheng, B., Piwnica-Worms, H., Vindigni, A., Piston, D.W. and You, Z.S. (2019). Ca<sup>2+</sup>-stimulated AMPK-dependent phosphorylation of Exo1 protects stressed replication forks from aberrant resection. *Molecular Cell* 74(6): 1123.
- Li, S., Li, X.S., Zhu, W.L., Chen, J., Tian, X.H. and Shi, J.L. (2019). Does straw return strategy influence soil carbon sequestration and labile fractions? *Agronomy Journal* 111(2): 897-906.
- Li, S.F., Zhang, Y.X., Ding, C.J., Gao, X., Wang, R., Mo, W.J., Lv, F.L.,

- Wang, S.L., Liu, L., Tang, Z.M., Tian, H., Zhan, J.H., Zhang, B.Y., Huang, Q.J., Lu, M.Z., Wuyun, T.N., Hu, Z.M., Xia, Y.X. and Su, X.H. (2019). Proline-rich protein gene *PdPRP* regulates secondary wall formation in poplar. *Journal of Plant Physiology* 233: 58-72.
- Li, T.T., Fang, Z.W., Peng, H., Zhou, J.F., Liu, P.C., Wang, Y.Y., Zhu, W.H., Li, L., Zhang, Q.F., Chen, L.H., Li, L.L., Liu, Z.H., Zhang, W.X., Zhai, W.X., Lu, L. and Gao, L.F. (2019). Application of high-throughput amplicon sequencing-based SSR genotyping in genetic background screening. *BMC Genomics* 20.
- Li, W.C., Liu, Y.N., Liu, M.M., Zheng, Q., Li, B., Li, Z.S. and Li, H.W. (2019). Sugar accumulation is associated with leaf senescence induced by long-term high light in wheat. *Plant Science* 287.
- Li, W.J., He, X., Chen, Y., Jing, Y.F., Shen, C.C., Yang, J.B., Teng, W., Zhao, X.Q., Hu, W.J., Hu, M.Y., Li, H., Miller, A.J. and Tong, Y.P. A wheat transcription factor positively sets seed vigour by regulating the grain nitrate signal. *New Phytologist*. Doi: 10.1111/nph.16234.
- Li, W.Y., Xiao, Q., Hu, C.S., Liu, B.B. and Sun, R.B. (2019). A comparison of the efficiency of different urease inhibitors and their effects on soil prokaryotic community in a short-term incubation experiment. *Geoderma* 354.
- Li, X., Liu, D.Y., Xiao, Z.F., Zhao, Y.N., Han, S.F., Chen, B. and Dai, J.W. (2019). Scaffold-facilitated locomotor improvement post complete spinal cord injury: Motor axon regeneration versus endogenous neuronal relay formation. *Biomaterials* 197: 20-31.
- Li, X.F. (2019). Metagenomic screening of microbiomes identifies pathogen-enriched environments. *Environmental Sciences Europe* 31.
- Li, X.F. and Zhou, D.M. (2019). A meta-analysis on phenotypic variation in cadmium accumulation of rice and wheat: Implications for food cadmium risk control. *Pedosphere* 29(5): 545-553.
- Li, X.J., Wang, H.M., Ding, J., Nie, S.Z., Wang, L., Zhang, L.L. and Ren, S.D. (2019). Celastrol strongly inhibits proliferation, migration and cancer stem cell properties through suppression of Pin1 in ovarian cancer cells. *European Journal of Pharmacology* 842: 146-156.
- Li, X.L., Janssen, A.B.G., de Klein, J.J.M., Kroeze, C., Stokal, M., Ma, L. and Zheng, Y. (2019). Modeling nutrients in Lake Dianchi (China) and its watershed. *Agricultural Water Management* 212: 48-59.
- Li, X.R., Chen, Z.N., Zhang, H.M., Zhuang, Y., Shen, H., Chen, Y.Y., Zhao, Y.N., Chen, B., Xiao, Z.F. and Dai, J.W. (2019). Aligned scaffolds with biomolecular gradients for regenerative medicine. *Polymers* 11(2).
- Li, X.Y., Zhao, Z.G., Xu, W.N., Fan, R., Xiao, L., Ma, X.H. and Du, Z. (2019). Systems properties and spatiotemporal regulation of cell position variability during embryogenesis. *Cell Reports* 26(2): 313.
- Li, Y., Li, C., Mu, L.W., Zhao, Z.Q. and Zhao, L. (2019). Aerobic exercise regulates gamma oscillation in hippocampal CA1 of APP/PS1/Tau mice. *Medicine and Science in Sports and Exercise* 51(6): 99-99.
- Li, Y.X., Li, H.J., Morgan, C., Bomblies, K., Yang, W.C. and Qi, B.X. (2019). Both male and female gametogenesis require a fully functional protein S-acyl transferase 21 in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Journal* 100(4): 754-767.
- Li, Z., Liang, Y., Yuan, Y.D., Wang, L., Meng, X.B., Xiong, G.S., Zhou, J., Cai, Y.Y., Han, N.P., Hua, L.K., Liu, G.F., Li, J.Y. and Wang, Y.H. (2019). OsBRXL4 regulates shoot gravitropism and rice tiller angle through affecting LAZY1 nuclear localization. *Molecular Plant* 12(8): 1143-1156.
- Li, Z.J., Wang, M.Y., Lin, K.D., Xie, Y.L., Guo, J.Y., Ye, L.H., Zhuang, Y.L., Teng, W., Ran, X.J., Tong, Y.P., Xue, Y.B., Zhang, W.L. and Zhang, Y.J. (2019). The bread wheat epigenomic map reveals distinct chromatin architectural and evolutionary features of functional genetic elements. *Genome Biology* 20.
- Lian, Q., Tang, D., Bai, Z.Y., Qi, J.J., Lu, F., Huang, S.W. and Zhang, C.Z. (2019). Acquisition of deleterious mutations during potato polyploidization. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(1): 7-11.
- Liang, S.S., Xiong, W., Yin, C.C., Xie, X.D., Jin, Y.J., Zhang, S.J., Yang, B., Ye, G.Y., Chen, S.Y. and Luan, W.J. (2019). Overexpression of OsARD1 improves submergence, drought, and salt tolerances of seedling through the enhancement of ethylene synthesis in rice. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Liao, J., Guan, Y.X., Chen, W., Shi, C., Yao, D.D., Wang, F.S., Lam, S.M., Shui, G.H. and Cao, X.W. (2019). ACBD3 is required for FAPP2 transferring glucosylceramide through maintaining the Golgi integrity. *Journal of Molecular Cell Biology* 11(2): 107-117.
- Liao, Z.G., Yu, H., Duan, J.B., Yuan, K., Yu, C.J., Meng, X.B., Kou, L.Q., Chen, M.J., Jing, Y.H., Liu, G.F., Smith, S.M. and Li, J.Y. (2019). SLR1 inhibits MOC1 degradation to coordinate tiller number and plant height in rice. *Nature Communications* 10.
- Lipina, C., Walsh, S.K., Mitchell, S.E., Speakman, J.R., Wainwright, C.L. and Hundal, H.S. (2019). GPR55 deficiency is associated with increased adiposity and impaired insulin signaling in peripheral metabolic tissues. *Faseb Journal* 33(1): 1299-1312.
- Liu, B.B., Zhang, X.J., Bakken, L.R., Snipen, L. and Frostegard, A. (2019). Rapid succession of actively transcribing denitrifier populations in agricultural soil during an anoxic spell. *Frontiers in Microbiology* 9.
- Liu, B.J., Zhang, L., Lu, F., Deng, L., Zhao, H., Luo, Y.J., Liu, X.P., Zhang, K.R., Wang, X.K., Liu, W.W., Wang, X.Y. and Yuan, Y.F. (2019). Greenhouse gas emissions and net carbon sequestration of the Beijing-Tianjin Sand Source Control Project in China. *Journal of Cleaner Production* 225: 163-172.
- Liu, B.X., Wang, S.Q., Kong, X.L., Liu, X.J. and Sun, H.Y. (2019). Modeling and assessing feasibility of long-term brackish water irrigation in vertically homogeneous and heterogeneous cultivated lowland in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 211: 98-110.
- Liu, C.T., Schlappi, M.R., Mao, B.G., Wang, W., Wang, A.J. and Chu, C.C. (2019). The bZIP73 transcription factor controls rice cold tolerance at the reproductive stage. *Plant Biotechnology Journal* 17(9): 1834-1849.
- Liu, D.Y., Li, X., Xiao, Z.F., Yin, W., Zhao, Y.N., Tan, J., Chen, B., Jiang, X.J. and Dai, J.W. (2019). Different functional bio-scaffolds share similar neurological mechanism to promote locomotor recovery of canines with complete spinal cord injury. *Biomaterials* 214.
- Liu, G.W., Yin, K.Q., Zhang, Q.W., Gao, C.X. and Qiu, J.L. (2019). Modulating chromatin accessibility by transactivation and targeting proximal dsRNAs enhances Cas9 editing efficiency *in vivo*. *Genome Biology* 20.
- Liu, H., Li, H.F., Hao, C.Y., Wang, K., Wang, Y.M., Qin, L., An, D.G., Li, T. and Zhang, X.Y. *TaDA1*, a conserved negative regulator of kernel size, has an additive effect with *TaGW2* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Biotechnology Journal*.
- Liu, J.Z., Feng, L.L., Gu, X.T., Deng, X., Qiu, Q., Li, Q., Zhang, Y.Y., Wang, M.Y., Deng, Y.W., Wang, E.T., He, Y.K., Baurle, I., Li, J.M., Cao, X.F. and He, Z.H. (2019). An H3K27me3 demethylase-HSFA2 regulatory loop orchestrates transgenerational thermomemory in *Arabidopsis*. *Cell Research* 29(5): 379-390.
- Liu, L., Guo, Y.Q., Bai, Z.H., Cao, Y.B., Tu, Y., Wang, Z.Y., Li, Y.J., Wu, Z.G. and Ma, L. (2019). Reducing phosphorus excretion and loss potential by using a soluble supplement source for swine and poultry. *Journal of Cleaner Production* 237.
- Liu, L., Liu, F.X., Chu, J.F., Yi, X., Fan, W.Q., Tang, T., Chen, G.M., Guo, Q.H. and Zhao, X.X. (2019). A transcriptome analysis reveals a role for the indole GLS-linked auxin biosynthesis in secondary dormancy in rapeseed (*Brassica napus* L.). *BMC Plant Biology* 19.
- Liu, L.Y., Zhang, F.X., Li, G.S. and Wang, G.D. (2019). Qualitative and quantitative NAD<sup>+</sup> metabolomics lead to discovery of multiple

- functional nicotinate *N*-Glycosyltransferase in *Arabidopsis*. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Liu, M., Shen, Y.J., Qi, Y.Q., Wang, Y.F. and Geng, X.X. (2019). Changes in precipitation and drought extremes over the past half century in China. *Atmosphere* 10(4).
- Liu, P., Zhang, S.B., Zhou, B., Luo, X., Zhou, X.F., Cai, B., Jin, Y.H., Niu, D., Lin, J.X., Cao, X.F. and Jin, J.B. (2019). The histone H3K4 demethylase JM16 represses leaf senescence in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 31(2): 430-443.
- Liu, Q., Wang, C., Jiao, X.Z., Zhang, H.W., Song, L.L., Li, Y.X., Gao, C.X. and Wang, K.J. (2019). Hi-TOM: a platform for high-throughput tracking of mutations induced by CRISPR/Cas systems. *Science China-Life Sciences* 62(1): 1-7.
- Liu, S.M., Xiao, Z.F., Li, X., Zhao, Y.N., Wu, X.M., Han, J., Chen, B., Li, J.Y., Fan, C.X., Xu, B., Xue, X.Y., Xue, W.W., Yang, Y. and Dai, J.W. (2019). Vascular endothelial growth factor activates neural stem cells through epidermal growth factor receptor signal after spinal cord injury. *CNS Neuroscience & Therapeutics* 25(3): 375-385.
- Liu, W., Chen, L., Zhang, S.L., Hu, F.Y., Wang, Z., Lyu, J., Wang, B., Xiang, H., Zhao, R.P., Tian, Z.X., Ge, S. and Wang, W. (2019). Decrease of gene expression diversity during domestication of animals and plants. *BMC Evolutionary Biology* 19.
- Liu, X.W., Feakins, S.J., Dong, X.J., Xue, Q.W., Han, J., Marek, T., Leskovar, D.I., Neely, C.B. and Ibrahim, A.M.H. (2019). Evaluating leaf wax and bulk leaf carbon isotope surrogates for water use efficiency and grain yield in winter wheat. *Crop Science* 59(2): 718-732.
- Liu, X.W., Feakins, S.J., Ma, X.F., Anderson, J.D., Vidal, E. and Blancaflor, E.B. (2019). Crop breeding has increased the productivity and leaf wax *n*-alkane concentration in a series of five winter wheat cultivars developed over the last 60 years. *Journal of Plant Physiology* 243.
- Liu, Y., Ji, Y., Li, X., Shui, G.H. and Huang, X. (2019). Lipid storage regulator *CdsA* is essential for *Drosophila* metamorphosis. *Journal of Genetics and Genomics* 46(4): 231-234.
- Liu, Y.N., Xu, Q.Z., Li, W.C., Yang, X.H., Zheng, Q., Li, B., Li, Z.S. and Li, H.W. (2019). Long-term high light stress induces leaf senescence in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Photosynthetica* 57(3): 830-840.
- Liu, Y.S., Nie, H., Liu, H.X. and Lu, F.L. (2019). Poly(A) inclusive RNA isoform sequencing (PAIso-seq) reveals wide-spread non-adenosine residues within RNA poly(A) tails. *Nature Communications* 10.
- Liu, Y.Y., Du, M.M., Deng, L., Shen, J.F., Fang, M.M., Chen, Q., Lu, Y.H., Wang, Q.M., Li, C.Y. and Zhai, Q.Z. (2019). MYC2 regulates the termination of jasmonate signaling via an autoregulatory negative feedback loop. *Plant Cell* 31(1): 106-127.
- Liu, Z.M., Wang, X.F., Dai, Y., Wei, X.L., Ni, M., Zhang, L. and Zhu, Z. (2019). Expressing double-stranded RNAs of insect hormone-related genes enhances baculovirus insecticidal activity. *International Journal of Molecular Sciences* 20(2).
- Liu, Z.P., Chen, G., Gao, F., Xu, R., Li, N., Zhang, Y.Y. and Li, Y.H. (2019). Transcriptional repression of the APC/C activator genes *CCS52A1/A2* by the mediator complex subunit MED16 controls endoreduplication and cell growth in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 31(8): 1899-1912.
- Long, Y.P., Xie, D.J., Zhao, Y.Y., Shi, D.Q. and Yang, W.C. (2019). BICELLULAR POLLEN 1 is a modulator of DNA replication and pollen development in *Arabidopsis*. *New Phytologist* 222(1): 588-603.
- Lu, J., Bai, Z.H., Chadwick, D., Velthof, G.L., Zhao, H., Li, X.X., Hu, C.S. and Ma, L. (2019). Mitigation options to reduce nitrogen losses to water from crop and livestock production in China. *Current Opinion in Environmental Sustainability* 40: 95-107.
- Lu, J., Bai, Z.H., Velthof, G.L., Wu, Z.G., Chadwick, D. and Ma, L. (2019). Accumulation and leaching of nitrate in soils in wheat-maize production in China. *Agricultural Water Management* 212: 407-415.
- Lu, J.L., Lam, S.M., Wan, Q., Shi, L.X., Huo, Y.N., Chen, L.L., Tang, X.L., Li, B.W., Wu, X.Y., Peng, K., Li, M., Wang, S.Y., Xu, Y., Xu, M., Bi, Y.F., Ning, G., Shui, G.H. and Wang, W.Q. (2019). High-coverage targeted lipidomics reveals novel serum lipid predictors and lipid pathway dysregulation antecedent to type 2 diabetes onset in normoglycemic Chinese adults. *Diabetes Care* 42(11): 2117-2126.
- Lu, S., Lu, Y.L., Peng, W., Ju, Z.Q. and Ren, T.S. (2019). A generalized relationship between thermal conductivity and matric suction of soils. *Geoderma* 337: 491-497.
- Luo, L.L., He, Y.J., Zhao, Y.N., Xu, Q., Wu, J., Ma, H.Y., Guo, H.Y., Bai, L., Zuo, J.R., Zhou, J.M., Yu, H. and Li, J.Y. (2019). Regulation of mitochondrial NAD pool via NAD<sup>+</sup> transporter 2 is essential for matrix NADH homeostasis and ROS production in *Arabidopsis*. *Science China-Life Sciences* 62(8): 991-1002.
- Luo, Q.L., Teng, W., Fang, S., Li, H.W., Li, B., Chu, J.F., Li, Z.S. and Zheng, Q. (2019). Transcriptome analysis of salt-stress response in three seedling tissues of common wheat. *Crop Journal* 7(3): 378-392.
- Luo, Z., Kong, X.Q., Zhang, Y.J., Li, W.J., Zhang, D.M., Dai, J.L., Fang, S., Chu, J.F. and Dong, H.Z. (2019). Leaf-derived jasmonate mediates water uptake from hydrated cotton roots under partial root-zone irrigation. *Plant Physiology* 180(3): 1660-1676.
- Ma, J., Wang, R.X., Lam, S.M., Zhang, C., Shui, G.H. and Li, W. (2019). Plasma lipidomic profiling in murine mutants of Hermansky-Pudlak syndrome reveals differential changes in pro- and anti-atherosclerotic lipids. *Bioscience Reports* 39.
- Ma, L., Bai, Z.H., Ma, W.Q., Guo, M.C., Jiang, R.F., Liu, J.G., Oenema, O., Velthof, G.L., Whitmore, A.P., Crawford, J., Dobermann, A., Schwoob, M. and Zhang, F.S. (2019). Exploring future food provision scenarios for China. *Environmental Science & Technology* 53(3): 1385-1393.
- Ma, M., Liang, X. and Zhou, J.M. (2019). Activation of heterotrimeric G proteins in *Arabidopsis* Immune signaling. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 79-79.
- Manevski, K., Borgesen, C.D., Li, X.X., Andersen, M.N., Zhang, X.Y., Shen, Y.J. and Hu, C.S. (2019). Modelling agro-environmental variables under data availability limitations and scenario managements in an alluvial region of the North China Plain. *Environmental Modelling & Software* 111: 94-107.
- Mao, D.H., Xin, Y.Y., Tan, Y.J., Hu, X.J., Bai, J.J., Liu, Z.Y., Yu, Y.L., Li, L.Y., Peng, C., Fan, T., Zhu, Y.X., Guo, Y.L., Wang, S.H., Lu, D.P., Xing, Y.Z., Yuan, L.P. and Chen, C.Y. (2019). Natural variation in the *HAN1* gene confers chilling tolerance in rice and allowed adaptation to a temperate climate. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(9): 3494-3501.
- Mei, M., Zhang, R.D., Zhou, Z.W., Ying, Z.Z., Wang, J.C., Zhang, H., Zheng, H.Y. and Bao, S.L. (2019). PRMT5-mediated H4R3me2 confers cell differentiation in pediatric B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia. *Clinical Cancer Research* 25(8): 2633-2643.
- Meng, J.G., Zhang, M.X., Yang, W.C. and Li, H.J. (2019). TICKET attracts pollen tubes and mediates reproductive isolation between relative species in Brassicaceae. *Science China-Life Sciences* 62(11): 1413-1419.
- Metwally, E., Farouk, S.M., Hossain, M.S. and Raihan, O. (2019). Expression of glial cells molecules in the optic nerve of adult dromedary camel (*Camelus dromedarius*): A histological and immunohistochemical analysis. *Anatomia Histologia Embryologia* 48(1): 74-86.
- Metwally, E., Farouk, S.M. and Osman, A.H.K. (2019). Molecular cloning and cellular expression of the cholesterol synthesizing enzymes during the prenatal development of the optic nerve in the dromedary camel (*Camelus Dromedarius*). *Acta Histochemica* 121(5): 584-594.

- Metwally, E., Zhao, G.L., Li, W.H., Wang, Q.F. and Zhang, Y.Q. (2019). Calcium-activated calpain specifically cleaves glutamate receptor IIA but not IIB at the *Drosophila* neuromuscular junction. *Journal of Neuroscience* 39(15): 2776-2791.
- Milajerdi, A., Djafarian, K., Shab-Bidar, S. and Speakman, J.R. (2019). Pre- and post-diagnosis body mass index and heart failure mortality: a dose-response meta-analysis of observational studies reveals greater risk of being underweight than being overweight. *Obesity Reviews* 20(2): 252-261.
- Min, L.L., Qi, Y.Q., Shen, Y.J., Wang, P., Wang, S.Q. and Liu, M.Y. (2019). Groundwater recharge under irrigated agro-ecosystems in the North China Plain: From a critical zone perspective. *Journal of Geographical Sciences* 29(6): 877-890.
- Mohammadi, H., Shab-Bidar, S., Kazemi, F., Sadeghi, A., Speakman, J.R. and Djafarian, K. (2019). Association of single nucleotide polymorphisms in the first intron of the Fat mass and obesity associated (FTO) gene with obesity risk in Asians: a meta-analysis. *Progress in Nutrition* 21: 25-34.
- Monarca, R.I., Speakman, J.R. and Mathias, M.D. (2019). Energetics and thermal adaptation in semifossorial pine-voles *Microtus lusitanicus* and *Microtus duodecimcostatus*. *Journal of Comparative Physiology B-Biochemical Systems and Environmental Physiology* 189(2): 309-318.
- Nachvak, S.M., Pasdar, Y., Pirsaeheb, S., Darbandi, M., Niazi, P., Mostafai, R. and Speakman, J.R. (2019). Effects of Ramadan on food intake, glucose homeostasis, lipid profiles and body composition. *European Journal of Clinical Nutrition* 73(4): 594-600.
- Nie, F.Y., Tian, J.H., Lin, X.D., Yu, B., Xing, J.G., Cao, J.H., Holmes, E.C., Ma, R.L.Z. and Zhang, Y.Z. (2019). Discovery of a highly divergent hepadnavirus in shrews from China. *Virology* 531: 162-170.
- Nielsen-Saines, K., Brasil, P., Kerin, T., Vasconcelos, Z., Gabaglia, C.R., Damasceno, L., Pone, M., de Carvalho, L.M.A., Pone, S.M., Zin, A.A., Tsui, I., Salles, T.R.S., da Cunha, D.C., Costa, R.P., Malacarne, J., Reis, A.B., Hasue, R.H., Aizawa, C.Y.P., Genovesi, F.F., Einspieler, C., Marschik, P.B., Pereira, J.P., Gaw, S.L., Adachi, K., Cherry, J.D., Xu, Z.H., Cheng, G.H. and Moreira, M.E. (2019). Delayed childhood neurodevelopment and neurosensory alterations in the second year of life in a prospective cohort of ZIKV-exposed children. *Nature Medicine* 25(8): 1213.
- Pa, S.K., Li, Y., Liu, Q., Duan, J.Z., Lin, Z.Z., Wang, Y.S., Wang, X.L., Lam, S.M., Zou, Z., Shui, G.H., Zhang, Y., Zhang, Z.W. and Zhan, X.J. (2019). Convergent genomic signatures of flight loss in birds suggest a switch of main fuel. *Nature Communications* 10.
- Pan, J.F., Tao, C., Cao, C.W., Zheng, Q.T., Lam, S.M., Shui, G.H., Liu, X.X., Li, K., Zhao, J.G. and Wang, Y.F. (2019). Adipose lipidomics and RNA-Seq analysis revealed the enhanced mitochondrial function in *UCP1* knock-in pigs. *Biochimica Et Biophysica Acta-Molecular and Cell Biology of Lipids*(10): 1375-1383.
- Pan, W.B., Wu, Y.R. and Xie, Q. (2019). Regulation of ubiquitination is central to the phosphate starvation response. *Trends in Plant Science* 24(8): 755-769.
- Pan, X.X., Ruan, C.C., Liu, X.Y., Kong, L.R., Ma, Y., Wu, Q.H., Li, H.Q., Sun, Y.J., Chen, A.Q., Zhao, Q., Wu, F., Wang, X.J., Wang, J.G., Zhu, D.L. and Gao, P.J. (2019). Perivascular adipose tissue-derived stromal cells contribute to vascular remodeling during aging. *Aging Cell* 18(4).
- Pei, H., Ahmad, A., Liu, D., Liu, X., Liu, Y., Zhao, L. and Shen, Q.H. (2019). Small RNAs regulate barley and powdery mildew interaction. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 211-212.
- Peng, B., Liu, X.W., Dong, X.J., Xue, Q.W., Neely, C.B., Marek, T., Ibrahim, A.M.H., Zhang, G.R., Leskovar, D.I. and Rudd, J.C. (2019). Root morphological traits of winter wheat under contrasting environments. *Journal of Agronomy and Crop Science* 205(6): 571-585.
- Qi, L.L., Zhang, X.Y., Zhai, H.W., Liu, J., Wu, F.M., Li, C.Y. and Chen, Q. (2019). Elongator is required for root stem cell maintenance by regulating SHORTROOT transcription. *Plant Physiology* 179(1): 220-232.
- Qi, Y.H., Yi, Q.Y., Liu, Y.M., Hu, Y.X., Ni, D.S., Liu, J.N., Zhou, Q. and Xie, Y.J. (2019). Long-term and high dose dexamethasone injection decreases the expression of Immunoglobulin Heavy (Light) Chain Variable Region Genes (IGH(L)Vs) in the mouse spleen. *Gene* 695: 42-50.
- Qiao, K., Liang, S., Wang, F.H., Wang, H., Hu, Z.L. and Chai, T.Y. (2019). Effects of cadmium toxicity on diploid wheat (*Triticum urartu*) and the molecular mechanism of the cadmium response. *Journal of Hazardous Materials* 374: 1-10.
- Qiao, K., Tian, Y.B., Hu, Z.L. and Chai, T.Y. (2019). Wheat cell number regulator CNR10 enhances the tolerance, translocation, and accumulation of heavy metals in plants. *Environmental Science & Technology* 53(2): 860-867.
- Qiao, K., Wang, F.H., Liang, S., Hu, Z.L. and Chai, T.Y. (2019). Heterologous expression of *TuCAX1a* and *TuCAX1b* enhances  $Ca^{2+}$  and  $Zn^{2+}$  translocation in *Arabidopsis*. *Plant Cell Reports* 38(5): 597-607.
- Qiao, K., Wang, F.H., Liang, S., Wang, H., Hu, Z.L. and Chai, T.Y. (2019). New biofortification tool: Wheat TaCNR5 enhances zinc and manganese tolerance and increases zinc and manganese accumulation in rice grains. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 67(35): 9877-9884.
- Qie, Y.M., Liu, Y., Wang, M.N., Li, X., See, D.R., An, D.G. and Chen, X.M. (2019). Development, validation, and re-selection of wheat lines with pyramided genes *Yr64* and *Yr15* linked on the short arm of chromosome 1B for resistance to stripe rust. *Plant Disease* 103(1): 51-58.
- Qie, Y.M., Sheng, Y., Xu, H.X., Jin, Y.L., Ma, F.F., Li, L.H., Li, X.Q. and An, D.G. (2019). Identification of a new powdery mildew resistance gene *pmDHT* at or closely linked to the *Pm5* Locus in the Chinese wheat landrace Dahongtuo. *Plant Disease* 103(10): 2645-2651.
- Qin, J., Li, J., Gao, Q., Wilson, O.A.M. and Zhang, A.B. (2019). Mitochondrial phylogeny and comparative mitogenomics of closely related pine moth pests (Lepidoptera: *Dendrolimus*). *PeerJ* 7.
- Qin, S.P., Yu, L.P., Yang, Z.J., Li, M.Y., Clough, T., Wraage-Monnig, N., Hu, C.S., Liu, B.B., Chen, S.M. and Zhou, S.G. (2019). Electrodes donate electrons for nitrate reduction in a soil matrix via DNRA and denitrification. *Environmental Science & Technology* 53(4): 2002-2012.
- Qin, Y., Zhou, Y., Shen, Z.M., Xu, B.Y., Chen, M., Li, Y.Q., Chen, M., Behrens, A., Zhou, J.J., Qi, X., Meng, W.X., Wang, Y.Q. and Gao, F. (2019). WDR62 is involved in spindle assembly by interacting with CEP170 in spermatogenesis. *Development* 146(20).
- Qiu, Q., Mei, H.L., Deng, X., He, K.X., Wu, B.X., Yao, Q.Q., Zhang, J.X., Lu, F.L., Ma, J.B. and Cao, X.F. (2019). DNA methylation repels targeting of *Arabidopsis* REF6. *Nature Communications* 10.
- Rashid, M.A., Jabloun, M., Andersen, M.N., Zhang, X.Y. and Olesen, J.E. (2019). Climate change is expected to increase yield and water use efficiency of wheat in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 222: 193-203.
- Rashid, M.A., Zhang, X.Y., Andersen, M.N. and Olesen, J.E. (2019). Can mulching of maize straw complement deficit irrigation to improve water use efficiency and productivity of winter wheat in North China Plain? *Agricultural Water Management* 213: 1-11.
- Ren, A., Ahmed, R.I., Chen, H.Y., Han, L.H., Sun, J.H., Ding, A.M., Guo, Y.F. and Kong, Y.Z. (2019). Genome-wide identification, characterization and expression patterns of the pectin methyltransferase inhibitor genes in *Sorghum bicolor*. *Genes* 10(10).

- Riek, A., Stolzl, A., Bernedo, R.M., Ruf, T., Arnold, W., Hambly, C., Speakman, J.R. and Gerken, M. (2019). Energy expenditure and body temperature variations in llamas living in the High Andes of Peru. *Scientific Reports* 9.
- Rodriguez-Celma, J., Connorton, J.M., Kruse, I., Green, R.T., Franceschetti, M., Chen, Y.T., Cui, Y., Ling, H.Q., Yeh, K.C. and Balk, J. (2019). *Arabidopsis* BRUTUS-LIKE E3 ligases negatively regulate iron uptake by targeting transcription factor FIT for recycling. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(35): 17584-17591.
- Rodriguez-Leal, D., Xu, C., Kwon, C.T., Soyars, C., Demesa-Arevalo, E., Man, J., Liu, L., Lemmon, Z.H., Jones, D.S., Van Eck, J., Jackson, D.P., Bartlett, M.E., Nimchuk, Z.L. and Lippman, Z.B. (2019). Evolution of buffering in a genetic circuit controlling plant stem cell proliferation. *Nature Genetics* 51(5): 786.
- Rufian, J.S., Liu, X., Wang, Y., Xue, H., Sang, Y., Zhou, J.M. and Macho, A.P. (2019). An effector protein from *Ralstonia solanacearum* targets plant E3 ligases to alter secondary metabolism in plant cells and promote disease development. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 169-170.
- Sang, N., Cai, D.R., Li, C., Sun, Y.Q. and Huang, X.Z. (2019). Characterization and activity analyses of the *FLOWERING LOCUS T* promoter in *Gossypium Hirsutum*. *International Journal of Molecular Sciences* 20(19).
- Shao, G.N., Lu, Z.F., Xiong, J.S., Wang, B., Jing, Y.H., Meng, X.B., Liu, G.F., Ma, H.Y., Liang, Y., Chen, F., Wang, Y.H., Li, J.Y. and Yu, H. (2019). Tiller bud formation regulators MOC1 and MOC3 cooperatively promote tiller bud outgrowth by activating *FON1* expression in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1090-1102.
- Shao, X.H., Wu, S.P., Dou, T.X., Zhu, H.C., Hu, C.H., Huo, H.Q., He, W.D., Deng, G.M., Sheng, O., Bi, F.C., Gao, H.J., Dong, T., Li, C.Y., Yang, Q.S. and Yi, G.J. Using CRISPR/Cas9 genome editing system to create *MaGA20ox2* (2019) gene-modified semi-dwarf banana. *Plant Biotechnology Journal*.
- Shen, C.C., Ma, D.W., Sun, R.B., Zhang, B.Y., Li, D.L. and Ge, Y. (2019). Long-term stacking coal promoted soil bacterial richness associated with increased soil organic matter in coal yards of power plants. *Journal of Soils and Sediments* 19(10): 3442-3452.
- Shen, H., Chen, X., Li, X., Jia, K., Xiao, Z.F. and Dai, J.W. (2019). Transplantation of adult spinal cord grafts into spinal cord transected rats improves their locomotor function. *Science China-Life Sciences* 62(6): 725-733.
- Shen, Y.T., Du, H.L., Liu, Y.C., Ni, L.B., Wang, Z., Liang, C.Z. and Tian, Z.X. (2019). Update soybean Zhonghuang 13 genome to a golden reference. *Science China-Life Sciences* 62(9): 1257-1260.
- Shi, C., Luo, P., Du, Y.T., Chen, H., Huang, X.R., Cheng, T.H., Luo, A., Li, H.J., Yang, W.C., Zhao, P. and Sun, M.X. (2019). Maternal control of suspensor programmed cell death via gibberellin signaling. *Nature Communications* 10.
- Shi, W.Q., Tang, D., Shen, Y., Xue, Z.H., Zhang, F.F., Zhang, C., Ren, L.J., Liu, C.Z., Du, G.J., Li, Y.F., Yan, C.J. and Cheng, Z.K. (2019). OsHOP2 regulates the maturation of crossovers by promoting homologous pairing and synapsis in rice meiosis. *New Phytologist* 222(2): 805-819.
- Shi, Y.B., Li, L., Wang, Y.G., Chen, J.W., Yuan, Y.D. and Stanley, H.E. (2019). Regional surname affinity: A spatial network approach. *American Journal of Physical Anthropology* 168(3): 428-437.
- Shoib, M., Yang, W.L., Shan, Q.Q., Sajjad, M. and Zhang, A.M. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of new cytokinin metabolic genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *PeerJ* 7.
- Si, X., Li, Y.B., Jiang, Y.G., Shang, W.T., Shui, G.H., Lam, S.M., Blanchard, C., Strappe, P. and Zhou, Z. (2019).  $\gamma$ -Aminobutyric acid attenuates high-fat diet-induced cerebral oxidative impairment via enhanced synthesis of hippocampal sulfatides. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 67(4): 1081-1091.
- Sido, M.Y. (2019). Exploring an integrated manure-seawater system for sustainable cyanobacterial biomass production. *Applied Sciences-Basel* 9(18).
- Smith, S.M. and Weller, J.L. (2019). Seasonal control of seed germination. *New Phytologist*.
- Song, H., Zhao, Z.N., Chai, Y., Jin, X.Y., Li, C.Y., Yuan, F., Liu, S., Gao, Z.R., Wang, H.Y., Song, J., Vazquez, L., Zhang, Y.F., Tan, S.G., Morel, C.M., Yan, J.H., Shi, Y., Qi, J.X., Gao, F. and Gao, G.F. (2019). Molecular basis of arthritogenic alphavirus receptor MXRA8 binding to Chikungunya virus envelope protein. *Cell* 177(7): 1714.
- Song, X.W., Li, Y., Cao, X.F. and Qi, Y.J. (2019). MicroRNAs and their regulatory roles in plant-environment interactions. *Annual Review of Plant Biology*, Vol 70. S. S. Merchant. 70: 489-525.
- Speakman, J.R. (2019). An evolutionary perspective on sedentary behavior. *bioessays*. Doi: 10.1002/bies.201900156.
- Speakman, J.R. (2019). Fifty shades of brown: The functions, diverse regulation and evolution of brown adipose tissue. *Molecular Aspects of Medicine* 68: 1-5.
- Speakman, J.R. (2019). Use of high-fat diets to study rodent obesity as a model of human obesity. *International Journal of Obesity* 43(8): 1491-1492.
- Su, H.D., Liu, Y.L., Liu, C., Shi, Q.H., Huang, Y.H. and Han, F.P. (2019). Centromere satellite repeats have undergone rapid changes in polyploid wheat subgenomes. *Plant Cell* 31(9): 2035-2051.
- Su, Y.L., Liu, J.X., Liang, W.Q., Dou, Y.H., Fu, R.F., Li, W.Q., Feng, C.Z., Gao, C.X., Zhang, D.B., Kang, Z.S. and Li, H.F. (2019). Wheat AGAMOUS LIKE 6 transcription factors function in stamen development by regulating the expression of *Ta APETALA3*. *Development* 146(20).
- Sun, B., Zhou, Y.Y., Cai, J., Shang, E.L., Yamaguchi, N., Xiao, J., Looi, L.S., Wee, W.Y., Gao, X.Y., Wagner, D. and Ito, T. (2019). Integration of transcriptional repression and polycomb-mediated silencing of *WUSCHEL* in floral meristems. *Plant Cell* 31(7): 1488-1505.
- Sun, H.Y., Zhang, X.Y., Liu, X.J., Liu, X.W., Shao, L.W., Chen, S.Y., Wang, J.T. and Dong, X.L. (2019). Impact of different cropping systems and irrigation schedules on evapotranspiration, grain yield and groundwater level in the North China Plain. *Agricultural Water Management* 211: 202-209.
- Sun, L.H., Yang, W.L., Li, Y.F., Shan, Q.Q., Ye, X.B., Wang, D.Z., Yu, K., Lu, W.W., Xin, P.Y., Pei, Z., Guo, X.L., Liu, D.C., Sun, J.Z., Zhan, K.H., Chu, J.F. and Zhang, A.M. (2019). A wheat dominant dwarfing line with *Rht12*, which reduces stem cell length and affects gibberellic acid synthesis, is a 5AL terminal deletion line. *Plant Journal* 97(5): 887-900.
- Sun, R.B., Li, W.Y., Hu, C.S. and Liu, B.B. (2019). Long-term urea fertilization alters the composition and increases the abundance of soil ureolytic bacterial communities in an upland soil. *Fems Microbiology Ecology* 95(5).
- Sun, Z.X., Su, C., Yun, J.X., Jiang, Q., Wang, L.X., Wang, Y.N., Cao, D., Zhao, F., Zhao, Q.S., Zhang, M.C., Zhou, B., Zhang, L., Kong, F.J., Liu, B.H., Tong, Y.P. and Li, X. (2019). Genetic improvement of the shoot architecture and yield in soya bean plants via the manipulation of *GmmiR156b*. *Plant Biotechnology Journal* 17(1): 50-62.
- Tan, H.J., Man, C., Xie, Y., Yan, J.J., Chu, J.F. and Huang, J.R. (2019). A crucial role of GA-regulated flavonol biosynthesis in root growth of *Arabidopsis*. *Molecular Plant* 12(4): 521-537.
- Tang, C.Y., Wang, M., Wang, P.J., Wang, L., Wu, Q.F. and Guo, W.X. (2019). Neural stem cells behave as a functional niche for the maturation of newborn neurons through the secretion of PTN. *Neuron* 101(1): 32.
- Tang, J.H., Ma, X.D., Cui, D., Han, B., Geng, L.Y., Zhao, Z.W., Li, Y.F.

- and Han, L.Z. (2019). QTL analysis of main agronomic traits in rice under low temperature stress. *Euphytica* 215(12).
- Thurber, C., Dugas, L.R., Ocobock, C., Carlson, B., Speakman, J.R. and Pontzer, H. (2019). Extreme events reveal an alimentary limit on sustained maximal human energy expenditure. *Science Advances* 5(6).
- Tian, C.H., Wang, Y., Yu, H.P., He, J., Wang, J., Shi, B.H., Du, Q.W., Provart, N.J., Meyerowitz, E.M. and Jiao, Y.L. (2019). A gene expression map of shoot domains reveals regulatory mechanisms. *Nature Communications* 10.
- Togo, J., Hu, S., Li, M., Niu, C.Q. and Speakman, J.R. (2019). Impact of dietary sucrose on adiposity and glucose homeostasis in C57BL/6J mice depends on mode of ingestion: liquid or solid. *Molecular Metabolism* 27: 22-32.
- Tong, B.X., Wang, X., Wang, S.Q., Ma, L. and Ma, W.Q. (2019). Transformation of nitrogen and carbon during composting of manure litter with different methods. *Bioresource Technology* 293.
- Tu, Z.C., Zhao, H., Li, B., Yan, S., Wang, L., Tang, Y.J., Li, Z.J., Bai, D.Z., Li, C.J., Lin, Y.Q., Li, Y.F., Liu, J.R., Xu, H., Guo, X.Y., Jiang, Y.H., Zhang, Y.Q. and Li, X.J. (2019). CRISPR/Cas9-mediated disruption of *SHANK3* in monkey leads to drug-treatable autism-like symptoms. *Human Molecular Genetics* 28(4): 561-571.
- Ukhnaa, M., Huo, X.X., Gaudel, G. and Iop (2019). Modification of urban built-up area extraction method based on the thematic index-derived bands. *Third International Conference on Energy Engineering and Environmental Protection*. 227.
- Ullah, I., Magdy, M., Wang, L.X., Liu, M.Y. and Li, X. (2019). Genome-wide identification and evolutionary analysis of TGA transcription factors in soybean. *Scientific Reports* 9.
- Umair, M., Hussain, T., Jiang, H.B., Ahmad, A., Yao, J.W., Qi, Y.Q., Zhang, Y.C., Min, L.L. and Shen, Y.J. (2019). Water-saving potential of subsurface drip irrigation for winter wheat. *Sustainability* 11(10).
- Voges, M., Bai, Y., Schulze-Lefert, P. and Sattely, E.S. (2019). Plant-derived coumarins shape the composition of an *Arabidopsis* synthetic root microbiome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(25): 12558-12565.
- Waghmode, T.R., Kurade, M.B., Sapkal, R.T., Bhosale, C.H., Jeon, B.H. and Govindwar, S.P. (2019). Sequential photocatalysis and biological treatment for the enhanced degradation of the persistent azo dye methyl red. *Journal of Hazardous Materials* 371: 115-122.
- Wang, B. and Li, J.Y. (2019). Understanding the molecular bases of agronomic trait improvement in rice. *Plant Cell* 31(7): 1416-1417.
- Wang, C., Liu, Q., Shen, Y., Hua, Y.F., Wang, J.J., Lin, J.R., Wu, M.G., Sun, T.T., Cheng, Z.K., Mercier, R. and Wang, K.J. (2019). Clonal seeds from hybrid rice by simultaneous genome engineering of meiosis and fertilization genes. *Nature Biotechnology* 37(3): 283.
- Wang, C. and Ning, P. (2019). Post-silking phosphorus recycling and carbon partitioning in maize under low to high phosphorus inputs and their effects on grain yield. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Wang, D.Z., Yu, K., Jin, D., Sun, L.H., Chu, J.F., Wu, W.Y., Xin, P.Y., Gregova, E., Li, X., Sun, J.Z., Yang, W.L., Zhan, K.H., Zhang, A.M. and Liu, D.C. (2019). Natural variations in the promoter of *Awn Length Inhibitor 1 (ALI-1)* are associated with awn elongation and grain length in common wheat. *Plant Journal*. Doi: 10.1111/tpj.14575.
- Wang, F., Jia, W., Li, Z., Ma, Y., Tu, Q. and Wang, Y.L. (2019). A single-cell decipher of human uterine leukocytes at early pregnancy. *European Journal of Immunology* 49: 1383-1383.
- Wang, H., Li, S.Y., Li, Y.A., Xu, Y.R., Wang, Y.H., Zhang, R.X., Sun, W.J., Chen, Q., Wang, X.J., Li, C.Y. and Zhao, J.H. (2019). MED25 connects enhancer-promoter looping and MYC2-dependent activation of jasmonate signalling. *Nature Plants* 5(6): 616-625.
- Wang, J., Cui, Y.X., Yu, Z.Y., Wang, W.J., Cheng, X., Ji, W.L., Guo, S.Y., Zhou, Q., Wu, N., Chen, Y., Chen, Y., Song, X.P., Jiang, H., Wang, Y.X., Lan, Y., Zhou, B., Mao, L.Q., Li, J., Yang, H.M., Guo, W.X. and Yang, X. (2019). Brain endothelial cells maintain lactate homeostasis and control adult hippocampal neurogenesis. *Cell Stem Cell* 25(6): 754.
- Wang, J., Liu, C., Guo, X.R., Wang, K., Du, L.P., Lin, Z.S. and Ye, X.G. (2019). Development and genetic analysis of wheat double substitution lines carrying *Hordeum vulgare* 2H and *Thinopyrum intermedium* 2Ai#2 chromosomes. *Crop Journal* 7(2): 163-175.
- Wang, J.C., Liu, X., Zhang, A., Ren, Y.L., Wu, F.Q., Wang, G., Xu, Y., Lei, C.L., Zhu, S.S., Pan, T., Wang, Y.F., Zhang, H., Wang, F., Tan, Y.Q., Wang, Y.P., Jin, X., Luo, S., Zhou, C.L., Zhang, X., Liu, J.L., Wang, S., Meng, L.Z., Wang, Y.H., Chen, X., Lin, Q.B., Zhang, X., Guo, X.P., Cheng, Z.J., Wang, J.L., Tian, Y.L., Liu, S.J., Jiang, L., Wu, C.Y., Wang, E.T., Zhou, J.M., Wang, Y.F., Wang, H.Y. and Wan, J.M. (2019). A cyclic nucleotide-gated channel mediates cytoplasmic calcium elevation and disease resistance in rice. *Cell Research* 29(10): 820-831.
- Wang, J.J., Meng, X.B., Hu, X.X., Sun, T.T., Li, J.Y., Wang, K.J. and Yu, H. (2019). xCas9 expands the scope of genome editing with reduced efficiency in rice. *Plant Biotechnology Journal* 17(4): 709-711.
- Wang, J.T., Kang, S.Z., Du, T.S., Tong, L., Ding, R.S. and Li, S. (2019). Estimating the upper and lower limits of kernel weight under different water regimes in hybrid maize seed production. *Agricultural Water Management* 213: 128-134.
- Wang, J.Z., Hu, M.J., Wang, J., Qi, J.F., Han, Z.F., Wang, G.X., Qi, Y.J., Wang, H.W., Zhou, J.M. and Chai, J.J. (2019). Reconstitution and structure of a plant NLR resistosome conferring immunity. *Science* 364(6435): 44.
- Wang, J.Z., Wang, J., Hu, M.J., Wu, S., Qi, J.F., Wang, G.X., Han, Z.F., Qi, Y.J., Gao, N., Wang, H.W., Zhou, J.M. and Chai, J.J. (2019). Ligand-triggered allosteric ADP release primes a plant NLR complex. *Science* 364(6435): 43.
- Wang, L., Jiang, Y.Y., Shi, Q.H., Wang, Y., Sha, L.N., Fan, X., Kang, H.Y., Zhang, H.Q., Sun, G.L., Zhang, L. and Zhou, Y.H. (2019). Genome constitution and evolution of *Elytrigia loliooides* inferred from *Acc1*, *EF-G*, *ITS*, *TrnL-F* sequences and GISH. *BMC Plant Biology* 19.
- Wang, L.K. and Li, X.F. (2019). Steering soil microbiome to enhance soil system resilience. *Critical Reviews in Microbiology*. Doi: 10.1080/1040841x.2019.1700906.
- Wang, M., Qiao, J., Yu, C., Chen, H., Sun, C.D., Huang, L.Z., Li, C.Y., Geisler, M., Qian, Q., Jiang, D.A. and Qi, Y.H. (2019). The auxin influx carrier, OsAUX3, regulates rice root development and responses to aluminium stress. *Plant Cell and Environment* 42(4): 1125-1138.
- Wang, M.R., Stokal, M., Burek, P., Kroeze, C., Ma, L. and Janssen, A.B.G. (2019). Excess nutrient loads to Lake Taihu: Opportunities for nutrient reduction. *Science of the Total Environment* 664: 865-873.
- Wang, Q.H., Ma, T., Wu, Y., Chen, Z.H., Zeng, H., Tong, Z., Gao, F., Qi, J.X., Zhao, Z.N., Chai, Y., Yang, H.B., Wong, G., Bi, Y.H., Wu, L.L., Shi, R., Yang, M., Song, J., Jiang, H.H., An, Z.Q., Wang, J.Z., Yilma, T.D., Shi, Y., Liu, W.J., Liang, M.F., Qin, C., Gao, G.F. and Yan, J.H. (2019). Neutralization mechanism of human monoclonal antibodies against Rift Valley fever virus. *Nature Microbiology* 4(7): 1231-1241.
- Wang, R., Yao, Z.J. and Lei, Y.P. (2019). Modeling of soil available phosphorus surplus in an intensive wheat-maize rotation production area of the North China Plain. *Agriculture Ecosystems & Environment* 269: 22-29.
- Wang, R.S., Jiang, G.Q., Feng, X.M., Nan, J.Z., Zhang, X.H., Yuan, Q.B. and Lin, S.Y. (2019). Updating the genome of the elite rice variety Kongyu131 to expand its ecological adaptation region. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Wang, S.G., Yang, H.L., Mei, J.S., Liu, X.L., Wen, Z., Zhang, L.J., Xu, Z.P., Zhang, B.C. and Zhou, Y.H. (2019). Rice homeobox protein KNAT7 integrates the pathways regulating cell expansion and wall stiffness. *Plant Physiology* 181(2): 669-682.

- Wang, S.P., Zhang, Y.X., Fang, Z.W., Zhang, Y.M., Song, Q.L., Hou, Z.H., Sun, K.K., Song, Y.L., Li, Y., Ma, D.F., Liu, Y.K., Zhu, Z.W., Niu, N., Wang, J.W., Ma, S.C. and Zhang, G.S. (2019). Cytological and proteomic analysis of wheat pollen abortion induced by chemical hybridization agent. *International Journal of Molecular Sciences* 20(7).
- Wang, S.Q., Hu, Y.K., Yuan, R.Q., Feng, W.Z., Pan, Y. and Yang, Y.H. (2019). Ensuring water security, food security, and clean water in the North China Plain - conflicting strategies. *Current Opinion in Environmental Sustainability* 40: 63-71.
- Wang, S.Q., Wei, S.C., Liang, H.Y., Zheng, W.B., Li, X.X., Hu, C.S., Currell, M.J., Zhou, F. and Min, L.L. (2019). Nitrogen stock and leaching rates in a thick vadose zone below areas of long-term nitrogen fertilizer application in the North China Plain: A future groundwater quality threat. *Journal of Hydrology* 576: 28-40.
- Wang, T.Y., Yu, J.J., Wang, P., Min, L.L., Pozdniakov, S.P. and Yuan, G.F. (2019). Estimating groundwater evapotranspiration by phreatophytes using combined water level and soil moisture observations. *Ecohydrology* 12(5).
- Wang, W., Liu, N., Gao, C.Y., Rui, L. and Tang, D.Z. (2019). The *pseudomonas syringae* effector AvrPtoB associates with and ubiquitinates *Arabidopsis* exocyst subunit EXO70B1. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Wang, W., Xin, J.X., Yang, X., Lam, S.M., Shui, G.H., Wang, Y. and Huang, X. (2019). Lipid-gene regulatory network reveals coregulations of triacylglycerol with phosphatidylinositol/lysophosphatidylinositol and with hexosyl-ceramide. *Biochimica Et Biophysica Acta-Molecular and Cell Biology of Lipids* 1864(2): 168-180.
- Wang, X., Ding, Y.L., Li, Z.Y., Shi, Y.T., Wang, J.L., Hua, J., Gong, Z.Z., Zhou, J.M. and Yang, S.H. (2019). PUB25 and PUB26 promote plant freezing tolerance by degrading the cold signaling negative regulator MYB15. *Developmental Cell* 51(2): 222.
- Wang, X.H., Su, M., Gao, F., Xie, W.J., Zeng, Y., Li, D.L., Liu, X.L., Zhao, H., Qin, L., Li, F., Liu, Q., Clarke, O.B., Lam, S.M., Shui, G.H., Hendrickson, W.A. and Chen, Y.H. (2019). Structural basis for activity of TRIC counter-ion channels in calcium release. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(10): 4238-4243.
- Wang, X.T., Cai, X.Y., Xu, F.X., Zhou, L., Zheng, R., Ma, K.Y., Xu, Z.H. and Shen, Y. (2019). MEA6 deficiency impairs cerebellar development and motor performance by tethering protein trafficking. *Frontiers in Cellular Neuroscience* 13.
- Wang, X.W., Wu, Z.J., Bao, W.Q., Hu, H.Y., Chen, M., Chai, T.Y. and Wang, H. (2019). Identification and evaluation of reference genes for quantitative real-time PCR analysis in *Polygonum cuspidatum* based on transcriptome data. *BMC Plant Biology* 19(1).
- Wang, Y.H., Guo, Y., Tang, C.Y., Han, X., Xu, M.Y., Sun, J., Zhao, Y.F., Zhang, Y.W., Wang, M., Cao, X.F., Zhu, X.J. and Guo, W.X. (2019). Developmental cytoplasmic-to-nuclear translocation of RNA-binding protein HuR is required for adult neurogenesis. *Cell Reports* 29(10): 3101.
- Wang, Y.J., Sun, X.P., Ding, Y.L., Fei, Z.J., Jiao, C., Fan, M.Y., Yao, B.F., Xin, P.Y., Chu, J.F. and Wei, Q. (2019). Cellular and molecular characterization of a thick-walled variant reveal a pivotal role of shoot apical meristem in transverse development of bamboo culm. *Journal of Experimental Botany* 70(15): 3911-3926.
- Wang, Y.N., Liang, C.Z., Meng, Z.G., Li, Y.Y., Abid, M.A., Askari, M., Wang, P.L., Wang, Y., Sun, G.Q., Cai, Y.P., Chen, S.Y., Lina, Y., Zhang, R. and Guo, S.D. (2019). Leveraging *Atriplex hortensis* choline monoxygenase to improve chilling tolerance in cotton. *Environmental and Experimental Botany* 162: 364-373.
- Wang, Y.N., Yang, W., Zuo, Y.Y., Zhu, L., Hastwell, A.H., Chen, L., Tian, Y.P., Su, C., Ferguson, B.J. and Li, X. (2019). *GmYUC2a* mediates auxin biosynthesis during root development and nodulation in soybean. *Journal of Experimental Botany* 70(12): 3165-3176.
- Wei, A.H., Yuan, Y.F., Qi, Z., Liu, T., Bai, D.Y., Zhang, Y.Z., Yu, J.Y., Yang, L., Yang, X.M. and Li, W. (2019). Instability of BLOC-2 and BLOC-3 in Chinese patients with Hermansky-Pudlak syndrome. *Pigment Cell & Melanoma Research* 32(3): 373-380.
- Wei, K.L., Zhao, Y.Q., Zhou, H.J., Jiang, C., Zhang, B.C., Zhou, Y.H., Song, X.Q. and Lu, M.Z. (2019). PagMYB216 is involved in the regulation of cellulose synthesis in *Populus*. *Molecular Breeding* 39(5).
- Wei, W., Liang, D.W., Bian, X.H., Shen, M., Xiao, J.H., Zhang, W.K., Ma, B., Lin, Q., Lv, J., Chen, X., Chen, S.Y. and Zhang, J.S. (2019). GmWRKY54 improves drought tolerance through activating genes in abscisic acid and Ca<sup>2+</sup> signaling pathways in transgenic soybean. *Plant Journal* 100(2): 384-398.
- Wu, D.M., Horn, M.A., Behrendt, T., Muller, S., Li, J.S., Cole, J.A., Xie, B.H., Ju, X.T., Li, G., Ermel, M., Oswald, R., Frohlich-Nowoisky, J., Hoor, P., Hu, C.S., Liu, M., Andreae, M.O., Poschl, U., Cheng, Y.F., Su, H., Trebs, I., Weber, B. and Sorgel, M. (2019). Soil HONO emissions at high moisture content are driven by microbial nitrate reduction to nitrite: tackling the HONO puzzle. *Isme Journal* 13(7): 1688-1699.
- Wu, H.L. and Ling, H.Q. (2019). FIT-Binding proteins and their functions in the regulation of Fe homeostasis. *Frontiers in Plant Science* 10.
- Wu, P.P., Hu, J.H., Zou, J.W., Qiu, D., Qu, Y.F., Li, Y.H., Li, T., Zhang, H.J., Yang, L., Liu, H.W., Zhou, Y., Zhang, Z.J., Li, J.T., Liu, Z.Y. and Li, H.J. (2019). Fine mapping of the wheat powdery mildew resistance gene *Pm52* using comparative genomics analysis and the Chinese Spring reference genomic sequence. *Theoretical and Applied Genetics* 132(5): 1451-1461.
- Wu, X.F., Qi, Y.Q., Shen, Y.J., Yang, W., Zhang, Y.C. and Kondoh, A. (2019). Change of winter wheat planting area and its impacts on groundwater depletion in the North China Plain. *Journal of Geographical Sciences* 29(6): 891-908.
- Wu, Z.J., Wang, X.W., Chen, M., Hu, H.Y., Cao, J., Chai, T.Y. and Wang, H. (2019). A Study on tissue-specific metabolite variations in *Polygonum cuspidatum* by high-resolution mass spectrometry-based metabolic profiling. *Molecules* 24(6).
- Xiao, D.P., Zhao, Y.X., Bai, H.Z., Hu, Y.K. and Cao, J.S. (2019). Impacts of climate warming and crop management on maize phenology in northern China. *Journal of Arid Land* 11(6): 892-903.
- Xiao, L., Zhao, Z.G., He, F. and Du, Z. (2019). Multivariable regulation of gene expression plasticity in metazoans. *Open Biology* 9(12).
- Xiao, Y.H., Liu, D.P., Zhang, G.X., Gao, S.P., Liu, L.C., Xu, F., Che, R.H., Wang, Y.Q., Tong, H.N. and Chu, C.C. (2019). *Big Grain3*, encoding a purine permease, regulates grain size via modulating cytokinin transport in rice. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(5): 581-597.
- Xie, E., Li, Y.F., Tang, D., Lv, Y.L., Shen, Y. and Cheng, Z.K. (2019). A strategy for generating rice apomixis by gene editing. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(8): 911-916.
- Xie, K.B., Guo, L., Bai, Y., Liu, W.D., Yan, J.B. and Bucher, M. (2019). Microbiomics and plant health: An interdisciplinary and international workshop on the plant microbiome. *Molecular Plant* 12(1): 1-3.
- Xie, P., Shi, J.Y., Tang, S.Y., Chen, C.X., Khan, A., Zhang, F.X., Xiong, Y., Li, C., He, W., Wang, G.D., Lei, F.M., Wu, Y.R. and Xie, Q. (2019). Control of bird feeding behavior by *Tannin1* through modulating the biosynthesis of polyphenols and fatty acid-derived volatiles in sorghum. *Molecular Plant* 12(10): 1315-1324.
- Xie, Q. and Xu, Z.H. (2019). Sustainable agriculture: from sweet sorghum planting and ensiling to ruminant feeding. *Molecular Plant* 12(5): 603-606.
- Xiong, Y.Y. and Jiao, Y.L. (2019). The diverse roles of auxin in regulating leaf development. *Plants-Basel* 8(7).

- Xu, D., Li, C., Qin, C.F. and Xu, Z.H. (2019). Update on the animal models and underlying mechanisms for ZIKV-induced microcephaly. *Annual Review of Virology*, Vol 6: 459-479.
- Xu, F., Tang, J.Y., Gao, S.P., Chang, X., Du, L. and Chu, C.C. (2019). The coordinated action of PPR4 and EMB2654 on each intron half mediates *trans*-splicing of *rps12* transcripts in plant chloroplasts. *Plant Journal*. Doi:10.1111/tpj.14509.
- Xu, F., Tang, J.Y., Gao, S.P., Chang, X., Du, L. and Chu, C.C. (2019). Control of rice pre-harvest sprouting by glutaredoxin-mediated abscisic acid signaling. *Plant Journal* 100(5): 1036-1051.
- Xu, G., Jiang, Z.M., Wang, H.Y. and Lin, R.C. (2019). The central circadian clock proteins CCA1 and LHY regulate iron homeostasis in *Arabidopsis*. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(2): 168-181.
- Xu, H.Y., Zhang, Y.Q., Liu, Z.M., Chen, T., Lv, C.Y., Tang, S.H., Zhang, X.B., Zhang, W., Li, Z.Y., Zhou, R.R., Yang, H.J., Wang, X.J. and Huang, L.Q. (2019). ETCM: an encyclopaedia of traditional Chinese medicine. *Nucleic Acids Research* 47(D1): D976-D982.
- Xu, M., Tang, D., Cheng, X.J., Zhang, J.X., Tang, Y.J., Tao, Q.D., Shi, W.Q., You, A.Q., Gu, M.H., Cheng, Z.K. and Yu, H.X. (2019). OsPINOID regulates stigma and ovule initiation through maintenance of the floral meristem by auxin signaling. *Plant Physiology* 180(2): 952-965.
- Xu, R., Li, N. and Li, Y.H. (2019). Control of grain size by G protein signaling in rice. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(5): 533-540.
- Xu, S.J., Xiao, J., Yin, F., Guo, X.Y., Xing, L.J., Xu, Y.Y. and Chong, K. (2019). The protein modifications of O-GlcNAcylation and phosphorylation mediate vernalization response for flowering in winter wheat. *Plant Physiology* 180(3): 1436-1449.
- Xu, W. and Wang, Y.C. (2019). Sequences, domain architectures, and biological functions of the serine/threonine and histidine kinases in *Synechocystis* sp. PCC 6803. *Applied Biochemistry and Biotechnology* 188(4): 1022-1065.
- Xu, W., Zhang, Y.Y., Achi, O.Y., Knierim, K.D., Hanks, J.G. and Wang, Y.C. (2019). Tyrosine nitration of human ERK1 introduces an intra-hydrogen bond by molecular dynamics simulations. *Structural Chemistry* 30(4): 1459-1470.
- Xu, X.P., Wu, K., Xu, R.N., Yu, J.P., Wang, J., Zhao, Y., Wang, Y., Song, W.Z., Wang, S.X., Gao, Z., Zhong, Y.J., Li, X.X., Liao, H. and Fu, X.D. (2019). Pyramiding of the *dep1-1* and *NA1LNJ6* alleles achieves sustainable improvements in nitrogen-use efficiency and grain yield in *japonica* rice breeding. *Journal of Genetics and Genomics* 46(6): 325-328.
- Xu, Y.P., Qiu, Y., Zhang, B.Y., Chen, G.L., Chen, Q., Wang, M., Mo, F., Xu, J.Y., Wu, J., Zhang, R.R., Cheng, M.L., Zhang, N.N., Lyu, B., Zhu, W.L., Wu, M.H., Ye, Q., Zhang, D., Man, J.H., Li, X.F., Cui, J., Xu, Z.H., Hu, B.Y., Zhou, X. and Qin, C.F. (2019). Zika virus infection induces RNAi-mediated antiviral immunity in human neural progenitors and brain organoids. *Cell Research* 29(4): 265-273.
- Xu, Y.Q., Mak, H.Y., Lukmantara, I., Li, Y.E., Hoehn, K.L., Huang, X., Du, X.M. and Yang, H.Y. (2019). CDP-DAG synthase 1 and 2 regulate lipid droplet growth through distinct mechanisms. *Journal of Biological Chemistry* 294(45): 16740-16755.
- Xu, Z.P., Miao, Y.X., Chen, Z.A., Gao, H.L., Wang, R.X., Zhao, D.S., Zhang, B.C., Zhou, Y.H., Tang, S.Z., Zhang, H.G. and Liu, Q.Q. (2019). Identification and fine mapping of *qGN1c*, a QTL for grain number per panicle, in rice (*Oryza sativa*). *Molecular Breeding* 39(9).
- Xue, B., Liu, D., Song, M.M., Zhao, G.F., Cao, Y., Yan, G.J., Dai, J.W. and Hu, Y.L. (2019). Leukemia inhibitory factor promotes the regeneration of rat uterine horns with full-thickness injury. *Wound Repair and Regeneration* 27(5): 477-487.
- Xue, W.W., Zhao, Y.N., Xiao, Z.F., Wu, X.M., Ma, D.Z., Han, J., Li, X., Xue, X.Y., Yang, Y., Fang, Y.X., Fan, C.X., Liu, S.M., Xu, B., Han, S.F., Chen, B., Zhang, H.P., Fan, Y.H., Liu, W.Y., Dong, Q. and Dai, J.W. (2019). Epidermal growth factor receptor-extracellular-regulated kinase blockade upregulates TRIM32 signaling cascade and promotes neurogenesis after spinal cord injury. *Stem Cells*.
- Xue, Z.H., Liu, C.Z., Shi, W.Q., Miao, Y.J., Shen, Y., Tang, D., Li, Y.F., You, A.Q., Xu, Y.Y., Chong, K. and Cheng, Z.K. (2019). OsMTOPVIB is required for meiotic bipolar spindle assembly. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(32): 15967-15972.
- Ya, L., Zhang, X., Miao, X.Z., Yuan, Y.Y., Gao, J., Li, X., Liu, Y.G. and Tan, P. (2019). Coptisine suppresses proliferation and inhibits metastasis in human pancreatic cancer PANC-1 cells. *Journal of Asian Natural Products Research*. Doi:10.1080/10286020.2019.1585820.
- Yan, J., Liu, Y.Q., Huang, X.H., Li, L., Hu, Z.H., Zhang, J., Qin, Q.Q., Yan, L.F., He, K., Wang, Y.C. and Hou, S.W. (2019). An unreported NB-LRR protein SUT1 is required for the autoimmune response mediated by type one protein phosphatase 4 mutation (topp4-1) in *Arabidopsis*. *Plant Journal* 100(2): 357-373.
- Yan, Y.Q., Yu, J.Z., Gao, Y., Kumar, G., Guo, M.F., Zhao, Y.J., Fang, Q.L., Zhang, H.Y., Yu, J.W., Jiang, Y.Q., Zhang, H.T. and Ma, C.G. (2019). Therapeutic potentials of the Rho kinase inhibitor Fasudil in experimental autoimmune encephalomyelitis and the related mechanisms. *Metabolic Brain Disease* 34(2): 377-384.
- Yang, H. and Shi, C.X. (2019). Sediment grain-size characteristics and its sources of ten wind-water coupled erosion tributaries (the Ten Kongduis) in the Upper Yellow River. *Water* 11(1).
- Yang, J., Strokal, M., Kroeze, C., Wang, M.R., Wang, J.F., Wu, Y.H., Bai, Z.H. and Ma, L. (2019). Nutrient losses to surface waters in Hai He basin: A case study of Guanting reservoir and Baiyangdian lake. *Agricultural Water Management* 213: 62-75.
- Yang, J., Zhou, Y.J., Wu, Q.H., Chen, Y.X., Zhang, P.P., Zhang, Y.E., Hu, W.G., Wang, X.C., Zhao, H., Dong, L.L., Han, J., Liu, Z.Y. and Cao, T.J. (2019). Molecular characterization of a novel *TaGL3-5A* allele and its association with grain length in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 132(6): 1799-1814.
- Yang, J.B., Wang, M.Y., Li, W.J., He, X., Teng, W., Ma, W.Y., Zhao, X.Q., Hu, M.Y., Li, H., Zhang, Y.J. and Tong, Y.P. (2019). Reducing expression of a nitrate-responsive bZIP transcription factor increases grain yield and N use in wheat. *Plant Biotechnology Journal* 17(9): 1823-1833.
- Yang, R.X., Li, P.C., Mei, H.L., Wang, D., Sun, J., Yang, C., Hao, L.L., Cao, S.Y., Chu, C.C., Hu, S.N., Song, X.W. and Cao, X.F. (2019). Fine-tuning of MiR528 accumulation modulates flowering time in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1103-1113.
- Yang, Y., Zhang, X.Y., Wang, H.M., Fu, X.L., Wen, X.F., Zhang, C., Chen, F.S. and Wan, S.Z. (2019). How understory vegetation affects the catalytic properties of soil extracellular hydrolases in a Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) forest. *European Journal of Soil Biology* 90: 15-21.
- Yang, Y.M., Chen, R.G., Wu, X.M., Zhao, Y.N., Fan, Y.H., Xiao, Z.F., Han, J., Sun, L., Wang, X.Q. and Dai, J.W. (2019). Rapid and efficient conversion of human fibroblasts into functional neurons by small molecules. *Stem Cell Reports* 13(5): 862-876.
- Yao, S.Z., Yang, Z.R., Yang, R.X., Huang, Y., Guo, G., Kong, X.Y., Lan, Y., Zhou, T., Wang, H., Wang, W.M., Cao, X.F., Wu, J.G. and Li, Y. (2019). Transcriptional regulation of miR528 by OsSPL9 orchestrates antiviral response in rice. *Molecular Plant* 12(8): 1114-1122.
- Yao, Y., Ding, L. and Huang, X. (2019). Diverse functions of lipids and lipid metabolism in development. *Small Methods*. Doi: 10.1002/smt.201900564.
- Yarra, R., Jin, L.F., Zhao, Z.H. and Cao, H.X. (2019). Progress in tissue culture and genetic transformation of oil palm: An overview. *International Journal of Molecular Sciences* 20(21).

- Ye, C.Y., Tang, W., Wu, D.Y., La, L., Qiu, J., Chen, M.H., Mao, L.F., Lin, F., Xu, H.M., Yu, X.Y., Lug, Y.L., Wang, Y.H., Olsen, K.M., Timko, M.P. and Fan, L.J. (2019). Genomic evidence of human selection on Vavilovian mimicry. *Nature Ecology & Evolution* 3(10): 1474-1482.
- Yi, J., Zhao, D.M., Chu, J.F., Yan, J.J., Liu, J.S., Wu, M.J., Cheng, J.F., Jiang, H.Y., Zeng, Y.J. and Liu, D. (2019). AtDPG1 is involved in the salt stress response of *Arabidopsis* seedling through ABI4. *Plant Science* 287.
- Yin, D.M., Ji, C.M., Song, Q.X., Zhang, W.K., Zhang, X.G., Zhao, K.K., Chen, C.Y., Wang, C.T., He, G.H., Liang, Z., Ma, X.L., Li, Z.F., Tang, Y.Y., Wang, Y.J., Li, K., Ning, L.L., Zhang, H., Zhao, K., Li, X.M., Yu, H.Y., Lei, Y., Wang, M.C., Ma, L.M., Zheng, H.K., Zhang, Y.J., Zhang, J.S., Hu, W. and Chen, Z.J. (2019). Comparison of *Arachis monticola* with diploid and cultivated tetraploid genomes reveals asymmetric subgenome evolution and improvement of peanut. *Advanced Science*.
- Yin, P., Guo, X.Y., Yang, W.L., Yan, S., Yang, S., Zhao, T., Sun, Q., Liu, Y.B., Li, S.H. and Li, X.J. (2019). Caspase-4 mediates cytoplasmic accumulation of TDP-43 in the primate brains. *Acta Neuropathologica* 137(6): 919-937.
- Yosaei, S., Khodadost, M., Esteghamati, A., Speakman, J.R., Djafarian, K., Bitarafan, V. and Shidfar, F. (2019). Adiponectin: An indicator for metabolic syndrome. *Iranian Journal of Public Health* 48(6): 1106-1115.
- You, C.J., He, W.R., Hang, R.L., Zhang, C.J., Cao, X.F., Guo, H.W., Chen, X.M., Cui, J. and Mo, B.X. (2019). FIERY1 promotes microRNA accumulation by suppressing rRNA-derived small interfering RNAs in *Arabidopsis*. *Nature Communications* 10.
- You, Y.R., Zhai, Q.Z., An, C.P. and Li, C.Y. (2019). LEUNIG\_HOMOLOG mediates MYC2-dependent transcriptional activation in cooperation with the coactivators HAC1 and MED25. *Plant Cell* 31(9): 2187-2205.
- Yu, H., Lu, L., Jiao, B.K. and Liang, C.Z. (2019). Systematic discovery of novel and valuable plant gene modules by large-scale RNA-seq samples. *Bioinformatics* 35(3): 361-364.
- Yu, K., Liu, D.C., Chen, Y., Wang, D.Z., Yang, W.L., Yang, W., Yin, L.X., Zhang, C., Zhao, S.C., Sun, J.Z., Liu, C.M. and Zhang, A.M. (2019). Unraveling the genetic architecture of grain size in einkorn wheat through linkage and homology mapping and transcriptomic profiling. *Journal of Experimental Botany* 70(18): 4671-4687.
- Yuan, H., Qin, P., Hu, L., Zhan, S.J., Wang, S.F., Gao, P., Li, J., Jin, M.Y., Xu, Z.Y., Gao, Q., Du, A.P., Tu, B., Chen, W.L., Ma, B.T., Wang, Y.P. and Li, S.G. (2019). OsSPL18 controls grain weight and grain number in rice. *Journal of Genetics and Genomics* 46(1): 41-51.
- Yuan, H.J., Qin, S.P., Dong, W.X., Hu, C.S., Manevski, R. and Li, X.X. (2019). Denitrification rate and controlling factors for accumulated nitrate in the deep subsoil of intensive farmlands: A case study in the North China Plain. *Pedosphere* 29(4): 516-526.
- Yuan, H.J., Zhang, Z.J., Qin, S.P., Zhou, S.G., Hu, C.S., Clough, T., Wrage-Monnig, N., Luo, J.F. and Conrad, R. (2019). Effects of nitrate and water content on acetylene inhibition technique bias when analysing soil denitrification rates under an aerobic atmosphere. *Geoderma* 334: 33-36.
- Zaid, I.U., Tang, W.J., He, J.B., Khan, S.U. and Hong, D.L. (2019). Association analysis uncovers the genetic basis of general combining ability of 11 yield-related traits in parents of hybrid rice. *Aob Plants* 11(1).
- Zeng, W., Dai, X.H., Sun, J., Hou, Y.F., Ma, X., Cao, X.F., Zhao, Y.D. and Cheng, Y.F. (2019). Modulation of auxin signaling and development by polyadenylation machinery. *Plant Physiology* 179(2): 686-699.
- Zhai, L.C., Xu, P., Zhang, Z.B., Wei, B.H., Jia, X.L. and Zhang, L.H. (2019). Improvements in grain yield and nitrogen use efficiency of summer maize by optimizing tillage practice and nitrogen application rate. *Agronomy Journal* 111(2): 666-676.
- Zhai, Q.Z. and Li, C.Y. (2019). The plant Mediator complex and its role in jasmonate signaling. *Journal of Experimental Botany* 70(13): 3415-3424.
- Zhang, C., Chen, Z., Zhao, L. and Shen, Q.H. (2019). EXORIBONUCLEASE 4 regulates MLA10 expression at post-transcriptional level to ensure proper immune responses in plants. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 210-210.
- Zhang, C.L., Zhang, Y.M., Ding, Z.J. and Bai, Y. (2019). Contribution of microbial inter-kingdom balance to plant health. *Molecular Plant* 12(2): 148-149.
- Zhang, C.Z., Wang, P., Tang, D., Yang, Z.M., Lu, F., Qi, J.J., Tawari, N.R., Shang, Y., Li, C.H. and Huang, S.W. (2019). The genetic basis of inbreeding depression in potato. *Nature Genetics* 51(3): 374.
- Zhang, D.Y., Zhu, K.Y., Dong, L.L., Liang, Y., Li, G.Q., Fang, T.L., Guo, G.H., Wu, Q.H., Xie, J.Z., Chen, Y.X., Lu, P., Li, M.M., Zhang, H.Z., Wang, Z.Z., Zhang, Y., Sun, Q.X. and Liu, Z.Y. (2019). Wheat powdery mildew resistance gene Pm64 derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*) is tightly linked in repulsion with stripe rust resistance gene Yr5. *Crop Journal* 7(6): 761-770.
- Zhang, H.J., Chang, Y.F., Zhang, L.B., Kim, S.N., Otaegi, G., Zhang, Z., Nie, Y.Z., Mubarak, T., Li, C., Qin, C.F., Xu, Z.H. and Sun, T. (2019). Upregulation of MicroRNA miR-9 is associated with microcephaly and Zika Virus infection in mice. *Molecular Neurobiology* 56(6): 4072-4085.
- Zhang, J. and Shen, Y.J. (2019). Spatio-temporal variations in extreme drought in China during 1961-2015. *Journal of Geographical Sciences* 29(1): 67-83.
- Zhang, J.J., Wang, L.P., Li, R.C., Wang, M., Huang, Z.H., Zhu, M., Wang, J.X., Wang, X.J., Wang, S.Q. and Xu, M. (2019). Abnormal expression of miR-331 leads to impaired heart function. *Science Bulletin* 64(14): 1011-1017.
- Zhang, J.Y., Liu, Y.X., Zhang, N., Hu, B., Jin, T., Xu, H.R., Qin, Y., Yan, P.X., Zhang, X.N., Guo, X.X., Hui, J., Cao, S.Y., Wang, X., Wang, C., Wang, H., Qu, B.Y., Fan, G.Y., Yuan, L.X., Garrido-Oter, R., Chu, C.C. and Bai, Y. (2019). *NRT1.1B* is associated with root microbiota composition and nitrogen use in field-grown rice. *Nature Biotechnology* 37(6): 676.
- Zhang, K.P., Wang, J.J., Qin, H.J., Wei, Z.Y., Hang, L.B., Zhang, P.W., Reynolds, M. and Wang, D.W. (2019). Assessment of the individual and combined effects of *Rht8* and *Ppd-D1a* on plant height, time to heading and yield traits in common wheat. *Crop Journal* 7(6): 845-856.
- Zhang, L.H., Hu, B., Deng, K., Gao, X.K., Sun, G.X., Zhang, Z.L., Li, P., Wang, W., Li, H., Zhang, Z.H., Fu, Z.H., Yang, J.Y., Gao, S.P., Li, L.G., Yu, F.Y., Li, Y.J., Ling, H.Q. and Chu, C.C. (2019). *NRT1.1B* improves selenium concentrations in rice grains by facilitating selenomethionine translocation. *Plant Biotechnology Journal* 17(6): 1058-1068.
- Zhang, L.J., Gao, C.X., Mentink-Vigier, F., Tang, L., Zhang, D.M., Wang, S.G., Cao, S.X., Xu, Z.P., Liu, X.L., Wang, T., Zhou, Y.H. and Zhang, B.C. (2019). Arabinosyl deacetylase modulates the arabinoxylan acetylation profile and secondary wall formation. *Plant Cell* 31(5): 1113-1126.
- Zhang, M.Z., Cao, X.M., Xu, F.Q., Liang, X.W., Fug, L.L., Li, B., Liu, W.G., Li, S.G., Sun, F.Z., Huang, X.Y. and Huang, W.H. (2019). In the human sperm nucleus, nucleosomes form spatially restricted domains consistent with programmed nucleosome positioning. *Biology Open* 8(7).
- Zhang, N.N., Bai, Z.H., Winiwarter, W., Ledgard, S., Luo, J.F., Liu, J., Guo, Y.Q. and Ma, L. (2019). Reducing ammonia emissions from dairy cattle production via cost-effective manure management techniques in China. *Environmental Science & Technology* 53(20): 11840-11848.
- Zhang, P.J., Wei, J.N., Zhao, C., Zhang, Y.F., Li, C.Y., Liu, S.S., Dicke, M.,

- Yu, X.P. and Turlings, T.C.J. (2019). Airborne host-plant manipulation by whiteflies via an inducible blend of plant volatiles. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(15): 7387-7396.
- Zhang, Q.X., Zhang, Z.C., Ai, S.T., Wang, X.Q., Zhang, R.Y. and Duan, Z.Y. (2019). *Cryptosporidium* spp., *Enterocytozoon bieneusi*, and *Giardia duodenalis* from animal sources in the Qinghai-Tibetan Plateau Area (QTPA) in China. *Comparative Immunology Microbiology and Infectious Diseases* 67.
- Zhang, R., Liu, J.X., Chai, Z.Z., Chen, S., Bai, Y., Zong, Y., Chen, K.L., Li, J.Y., Jiang, L.J. and Gao, C.X. (2019). Generation of herbicide tolerance traits and a new selectable marker in wheat using base editing. *Nature Plants* 5(5): 480-485.
- Zhang, R.X., Ge, S.C., He, J.J., Li, S.C., Hao, Y.H., Du, H., Liu, Z.M., Cheng, R., Feng, Y.Q., Xiong, L.Z., Li, C.Y., Hetherington, A.M. and Liang, Y.K. (2019). BIG regulates stomatal immunity and jasmonate production in *Arabidopsis*. *New Phytologist* 222(1): 335-348.
- Zhang, R.Z., Zhang, S.J., Hao, W.W., Song, G.Q., Li, Y.L., Li, W., Gao, J., Zheng, Y.S. and Li, G.Y. (2019). Lineage-specific evolved microRNAs regulating *NB-LRR* defense genes in *Triticeae*. *International Journal of Molecular Sciences* 20(13).
- Zhang, W.H., Sun, R.B., Xu, L., Liang, J.N., Wu, T.Y. and Zhou, J. (2019). Effects of micro-/nano-hydroxyapatite and phytoremediation on fungal community structure in copper contaminated soil. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 174: 100-109.
- Zhang, W.H., Sun, R.B., Xu, L., Liang, J.N. and Zhou, J. (2019). Assessment of bacterial communities in Cu-contaminated soil immobilized by a one-time application of micro-/nano-hydroxyapatite and phytoremediation for 3 years. *Chemosphere* 223: 240-249.
- Zhang, X.Y. and Speakman, J.R. (2019). Genetic factors associated with human physical activity: Are your genes too tight to prevent you exercising? *Endocrinology* 160(4): 840-852.
- Zhang, Y., Zhang, J., Guo, J.L., Zhou, F.L., Singh, S., Xu, X., Xie, Q., Yang, Z.B. and Huang, C.F. (2019). F-box protein RAE1 regulates the stability of the aluminum-resistance transcription factor STOP1 in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 116(1): 319-327.
- Zhang, Y.C., Qi, Y.Q., Shen, Y.J., Wang, H.Y. and Pan, X.P. (2019). Mapping the agricultural land use of the North China Plain in 2002 and 2012. *Journal of Geographical Sciences* 29(6): 909-921.
- Zhang, Y.C. and Shen, Y.J. (2019). Wastewater irrigation: past, present, and future. *Wiley Interdisciplinary Reviews-Water* 6(3).
- Zhang, Y.Q., Wang, Z., Fan, Z.R., Li, J.F., Gao, X., Zhang, H.Z., Zhao, Q., Wang, Z.Y. and Liu, Z.Y. (2019). Phenotyping and evaluation of CIMMYT WPHYSGP nursery lines and local wheat varieties under two irrigation regimes. *Breeding Science* 69(1): 55-67.
- Zhang, Y.Y., Huang, X.H., Wang, J.L., Wang, X.R., Liu, X.F., Chen, Y.H., Xu, W. and Wang, Y.C. (2019). Nitration-induced ubiquitination and degradation control quality of ERK1. *Biochemical Journal* 476: 1911-1926.
- Zhang, Z., Gong, J.J., Sviderskaya, E.V., Wei, A.H. and Li, W. (2019). Mitochondrial NCKX5 regulates melanosomal biogenesis and pigment production. *Journal of Cell Science* 132(14).
- Zhao, C.H., Zhang, N., Wu, Y.Z., Sun, H., Liu, C., Fan, X.L., Yan, X.M., Xu, H.X., Ji, J. and Cui, F. (2019). QTL for spike-layer uniformity and their influence on yield-related traits in wheat. *BMC Genetics* 20.
- Zhao, H., Wang, Q.Q., Yan, T., Zhang, Y., Xu, H.J., Yu, H.P., Tu, Z.C., Guo, X.Y., Jiang, Y.H., Li, X.J., Zhou, H.H. and Zhang, Y.Q. (2019). Maternal valproic acid exposure leads to neurogenesis defects and autism-like behaviors in non-human primates. *Translational Psychiatry* 9.
- Zhao, J., Bai, Z.H. and Ma, L. (2019). China needs long-term solutions for African Swine Fever. *Science Bulletin* 64(20): 1469-1471.
- Zhao, J., Hao, W.W., Tang, C.G., Yao, H., Li, B.C., Zheng, Q., Li, Z.S. and Zhang, X.Y. (2019). Plasticity in Triticeae centromere DNA sequences: a wheat x tall wheatgrass (decaploid) model. *Plant Journal* 100(2): 314-327.
- Zhao, L.J., Wang, X.G., Zhang, Y.C., Xie, C., Liu, Q.Y. and Meng, F. (2019). Plant water use strategies in the Shapotou artificial sand-fixed vegetation of the southeastern margin of the Tengger Desert, northwestern China. *Journal of Mountain Science* 16(4): 898-908.
- Zhao, L.J., Wang, X.G., Zhang, Y.C., Xie, C., Liu, Q.Y. and Meng, F. (2019). Plant water use strategies in the Shapotou artificial sand-fixed vegetation of the southeastern margin of the Tengger Desert, northwestern China (vol 16, pg 898, 2019). *Journal of Mountain Science* 16(6): 1483-1484.
- Zhao, M.C., Zhi, H., Zhang, X., Jia, G.Q. and Diao, X.M. (2019). Retrotransposon-mediated DELLA transcriptional reprogramming underlies semi-dominant dwarfism in foxtail millet. *Crop Journal* 7(4): 458-468.
- Zhao, Q., Zhang, X., Sommer, F., Ta, N., Wang, N., Schroda, M., Cong, Y. and Liu, C.M. (2019). Hetero-oligomeric CPN60 resembles highly symmetric group-I chaperonin structure revealed by Cryo-EM. *Plant Journal* 98(5): 798-812.
- Zhao, R.R., Qu, B.Y., Tong, Y.P. and Zou, C.Q. (2019). Iron and zinc accumulation in winter wheat regulated by *NICOTIANAMINE SYNTHASE* responded to increasing nitrogen levels. *Journal of Plant Nutrition* 42(14): 1624-1636.
- Zhao, T.L., Huan, Q., Sun, J.Y., Liu, C.Y., Hou, X.L., Yu, X., Silverman, I.M., Zhang, Y., Gregory, B.D., Liu, C.M., Qian, W.F. and Cao, X.F. (2019). Impact of poly(A)-tail G-content on *Arabidopsis* PAB binding and their role in enhancing translational efficiency. *Genome Biology* 20(1).
- Zhao, Y.F., Wu, G.H., Shi, H. and Tang, D.Z. (2019). RECEPTOR-LIKE KINASE 902 associates with and phosphorylates BRASSINOSTEROID-SIGNALING KINASE1 to regulate plant immunity. *Molecular Plant* 12(1): 59-70.
- Zhao, Z.Q., Qin, W., Bai, Z.H. and Ma, L. (2019). Agricultural nitrogen and phosphorus emissions to water and their mitigation options in the Haihe Basin, China. *Agricultural Water Management* 212: 262-272.
- Zheng, H.Y., Dong, L.L., Han, X.Y., Jin, H.B., Yin, C.C., Han, Y.L., Li, B., Qin, H.J., Zhang, J.S., Shen, Q.H., Zhang, K.P. and Wang, D.W. (2019) The *TuMYB46L-TuACO3* module regulates ethylene biosynthesis in einkorn wheat defense to powdery mildew. *New Phytologist*. Doi:10.1111/nph.16305.
- Zheng, M.S., Zhou, N., Liu, S.F., Dang, C.Y., Liu, Y.X., He, S.S., Zhao, Y.J., Liu, W. and Wang, X.K. (2019). N<sub>2</sub>O and NO emission from a biological aerated filter treating coking wastewater: Main source and microbial community. *Journal of Cleaner Production* 213: 365-374.
- Zheng, S.Z., Hu, H.M., Ren, H.M., Yang, Z.L., Qiu, Q., Qi, W.W., Liu, X.Y., Chen, X.M., Cui, X.K., Li, S.S., Zhou, B., Sun, D.Y., Cao, X.F. and Du, J.M. (2019). The *Arabidopsis* H3K27me3 demethylase JUMONJI 13 is a temperature and photoperiod dependent flowering repressor. *Nature Communications* 10.
- Zheng, W.B., Wang, S.Q., Sprenger, M., Liu, B.X. and Cao, J.S. (2019). Response of soil water movement and groundwater recharge to extreme precipitation in a headwater catchment in the North China Plain. *Journal of Hydrology* 576: 466-477.
- Zheng, X., Chen, L., Chen, M.M., Chen, J.H. and Li, X.F. (2019). Functional metagenomics to mine soil microbiome for novel cadmium resistance genetic determinants. *Pedosphere* 29(3): 298-310.
- Zheng, Y. and Liu, X.G. (2019). Review: Chromatin organization in plant and animal stem cell maintenance. *Plant Science* 281: 173-179.
- Zhong, Y.J., Yang, Y.Q., Liu, P., Xu, R.N., Rensing, C., Fu, X.D. and Liao, H. (2019). Genotype and rhizobium inoculation modulate the

- assembly of soybean rhizobacterial communities. *Plant Cell and Environment* 42(6): 2028-2044.
- Zhou, J.X., Wang, X., Wang, M., Chang, Y.W., Zhang, F.X., Ban, Z.N., Tang, R.F., Gan, Q.W., Wu, S.H., Guo, Y., Zhang, Q., Wang, F.Y., Zhao, L.Y., Jing, Y.D., Qian, W.F., Wang, G.D., Guo, W.X. and Yang, C.L. (2019). The lysine catabolite saccharopine impairs development by disrupting mitochondrial homeostasis. *Journal of Cell Biology* 218(2): 580-597.
- Zhou, W., Torres, J.L.L., Blilou, I., Zhang, X., Zhai, Q., Smant, G., Li, C. and Scheres, B. (2019). A Jasmonate signaling network activates root stem cells and promotes regeneration. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 32(10): 135-136.
- Zhou, W.K., Lozano-Torres, J.L., Blilou, I., Zhang, X.Y., Zhai, Q.Z., Smant, G., Li, C.Y. and Scheres, B. (2019). A jasmonate signaling network activates root stem cells and promotes regeneration. *Cell* 177(4): 942.
- Zhou, X.Y., Yang, Y.H., Sheng, Z.P. and Zhang, Y.Q. (2019). Reconstructed natural runoff helps to quantify the relationship between upstream water use and downstream water scarcity in China's river basins. *Hydrology and Earth System Sciences* 23(5): 2491-2505.
- Zhou, Y., Xiong, Q., Yin, C.C., Ma, B., Chen, S.Y. and Zhang, J.S. (2019). Ethylene biosynthesis, signaling, and crosstalk with other hormones in rice. *Small Methods*. Doi:10.1002/smt.201900278.
- Zhou, Z.Y., Zhao, Y., Bi, G.Z., Liang, X.X. and Zhou, J.M. (2019). Early signalling mechanisms underlying receptor kinase-mediated immunity in plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences* 374(1767).
- Zhou, Z.Z., Pang, Z.A., Zhao, S.L., Zhang, L.L., Lv, Q.M., Yin, D.D., Li, D.Y., Liu, X., Zhao, X.F., Li, X.B., Wang, W.M. and Zhu, L.H. (2019). Importance of OsRac1 and RAI1 in signalling of nucleotide-binding site leucine-rich repeat protein-mediated resistance to rice blast disease. *New Phytologist* 223(2): 828-838.
- Zhu, B.T., Li, H., Hou, Y.F., Zhang, P.C., Xia, X.Z., Wang, N., Wang, H., Mysore, K.S., Wen, J.Q., Pei, Y.X., Niu, L.F. and Lin, H. (2019). AGAMOUS AND TERMINAL FLOWER controls floral organ identity and inflorescence development in *Medicago truncatula*. *Journal of Integrative Plant Biology* 61(8): 917-923.
- Zhu, M.J., Wang, S.Q., Kong, X.L., Zheng, W.B., Feng, W.Z., Zhang, X.F., Yuan, R.Q., Song, X.F. and Sprenger, M. (2019). Interaction of surface water and groundwater influenced by groundwater over-extraction, waste water discharge and water transfer in Xiong'an New Area, China. *Water* 11(3).

(数据来源, Web of Science, 2019年12月31日)

# 科技成果获奖奖项

项目名称：组蛋白甲基化和小RNA调控植物生长发育和转座子活性的机制研究  
奖励名称：国家自然科学基金二等奖  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所  
完成人：曹晓风、刘春艳、宋显伟、陆发隆、刘斌

项目名称：地下水压采政策实施下河北省农艺节水技术研发与应用  
奖励名称：农业节水科技二等奖  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心  
完成人：张喜英、陈素英、张力、邵立威、孙宏勇、刘秀位、李小娟、郝秀钗、李建波、牛君仿

## 审定新品种

品种名称：中龙粳100  
审定编号：黑审稻20190001  
审定机构：黑龙江省品种审定委员会  
完成单位：中科院北方粳稻分子育种联合研究中心、中国科学院遗传与发育生物学研究所发育所

品种名称：嘉禾优5号  
审定编号：国审稻20190151  
审定机构：国家农作物品种审定委员会  
完成单位：中国水稻研究所、浙江省嘉兴市农业科学研究院(所)、中国科学院遗传与发育生物学研究所、浙江勿忘农业股份有限公司

品种名称：荃优220  
审定编号：国审稻20196117  
审定机构：国家农作物品种审定委员会  
完成单位：江苏中江种业股份有限公司、安徽荃银高科种业股份有限公司、中国科学院遗传与发育生物学研究所

品种名称：千乡优220  
审定编号：国审稻20196116  
审定机构：国家农作物品种审定委员会  
完成单位：江苏中江种业股份有限公司、中国科学院遗传与发育生物学研究所、四川省内江市农业科学院

品种名称：中科发928  
审定编号：冀审稻2019003  
审定机构：河北省品种审定委员会  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所发育所

品种名称：科遗6259  
审定编号：京审麦20180002  
审定机构：北京农作物品种审定委员会  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所

品种名称：中科甜060  
审定编号：GPD高粱(2018)110089  
审定机构：农业部  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所  
完成人：唐三元、谢旗

品种名称：中科甜048  
审定编号：GPD高粱(2018)110088  
审定机构：农业部  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所  
完成人：唐三元、谢旗

品种名称：科玉153  
审定编号：国审玉20190298  
审定机构：国家农作物品种审定委员会  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所、渤海粮仓南皮种业有限公司  
完成人：陈化榜、赵丽、王红心

品种名称：科育175  
审定编号：国审玉20190097  
审定机构：国家农作物品种审定委员会  
完成单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所、渤海粮仓南皮种业有限公司  
完成人：陈化榜、赵丽、王红心

品种名称：新粮201  
审定编号：新审麦2018年12号  
审定机构：新疆维吾尔自治区品种审定委员会  
完成单位：新疆农业科学院粮食作物研究所、中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心、新疆九立禾种业有限公司  
完成人：吴新元、张新忠、周安定、曹俊梅、刘联正、张正斌、哈力旦、徐萍、刘娜、蔺怀龙

# 授权专利

## 蛋白质LMM5.4在调控植物抗病性与超敏反应性中的应用有效

申请号: CN201610459682.1  
主要发明人: 翟文学  
授权日: 2019年11月1日

## 一种大豆转录因子GmDISS1及其编码基因与应用有效

申请号: CN201610070022.4  
主要发明人: 陈受宜、张劲松  
授权日: 2019年11月1日

## 巨大戟醇及其衍生物在增强溶酶体生成中的应用有效

申请号: CN201610183289.4  
主要发明人: 杨崇林  
授权日: 2019年10月18日

## 一种能够实现精确分层控水的简易盆栽装置有效

申请号: CN201920104830.7  
主要发明人: 王亚凯、刘孟雨  
授权日: 2019年10月18日

## 与大麦抗白粉病相关的HvMIR1及其应用有效

申请号: CN201610286959.5  
主要发明人: 沈前华  
授权日: 2019年10月15日

## 一种荧光纳米颗粒及其合成方法、应用有效

申请号: CN201510587902.4  
主要发明人: 降雨强  
授权日: 2019年9月27日

## 油脂代谢相关蛋白GmNF307在植物油脂代谢调控中的应用有效

申请号: CN201510115633.1  
主要发明人: 张劲松、陈受宜  
授权日: 2019年9月24日

## OsMPK11蛋白及其编码基因在调控植物抗旱性中的应用有效

申请号: CN201610286087.2  
主要发明人: 高彩霞  
授权日: 2019年9月13日

## 一种提高小麦产量的方法有效

申请号: CN201610034819.9  
主要发明人: 高彩霞  
授权日: 2019年9月6日

## 一种高效镉吸附真菌菌剂及其制备方法和应用有效

申请号: CN201710669924.4  
主要发明人: 李小方  
授权日: 2019年9月3日

## 一种用于播种量或施肥量的电动测定机构有效

申请号: CN201920224106.8  
主要发明人: 张子琦、张西群、董文旭、李晓欣、张俊杰、彭发智  
授权日: 2019年9月3日

## 一种检测与千粒重相关的TaAGPS基因等位变异的方法有效

申请号: CN201610294927.X  
主要发明人: 刘冬成、张爱民、马晓玲、阳文龙、孙家柱、余慷  
授权日: 2019年8月30日

## 来源于水稻的蛋白质OsGRF4-M及其相关生物材料在调控植物器官大小中的应用有效

申请号: CN201510649879.7  
主要发明人: 李云海、段朋根  
授权日: 2019年8月30日

## 蛋白质TaVRS1-2B及其编码基因与应用有效

申请号: CN201710153220.1  
主要发明人: 焦雨铃、王元格  
授权日: 2019年8月30日

## 一种水稻微生物定性与定量的检测方法有效

申请号: CN201610063949.5  
主要发明人: 翟文学、李甜甜、彭海、周俊飞、陈利红、李论、胡长峰、高利芬、章伟雄、张静、卢龙、陈斌、李丽丽  
授权日: 2019年8月23日

## 具有地下水位恒压控制装置的土壤蒸渗仪有效

申请号: CN201821879907.X  
主要发明人: 王金涛、董心亮、孙宏勇  
授权日: 2019年8月23日

## 与大麦抗白粉病相关的蛋白激酶HvMPK4a及其编码基因与应用有效

申请号: CN201610286953.8  
主要发明人: 薛朋娅、沈前华、张玲、韩新运  
授权日: 2019年8月20日

## 25-羟基胆固醇在制备抑制黄病毒的药物中的用途有效

申请号: CN201710044968.8  
主要发明人: 程根宏、秦成峰、许执恒、李春峰、邓永强、王硕、黄星耀  
授权日: 2019年8月16日

## 一种温室大棚集雨节灌自动控制系统及方法有效

申请号: CN201610442103.2  
主要发明人: 曹建生、沈彦俊、齐永青、王贺辉  
授权日: 2019年8月13日

## 蛋白质TaTFL1-2D及其编码基因与应用有效

申请号: CN201710152694.4  
主要发明人: 焦雨铃、王元格  
授权日: 2019年8月9日

## 去铁胺在制备用于治疗非酒精性脂肪肝的药物中的应用有效

申请号: CN201710407603.7  
主要发明人: 税光厚、王饶旭  
授权日: 2019年8月2日

**一种鉴定玉米雄性育性基因功能的方法有效**

申请号: CN201610322941.6  
主要发明人: 赵丽、陈化榜、张华  
授权日: 2019年7月26日

**植物耐旱相关蛋白VPS23A及其编码基因与应用有效**

申请号: CN201610973639.7  
主要发明人: 谢旗、于菲菲  
授权日: 2019年7月26日

**小麦抗白粉病相关蛋白TaEDS1-D1及其编码基因与应用有效**

申请号: CN201710379510.8  
主要发明人: 张相岐、陈桂平、范仁春、卫波  
授权日: 2019年7月26日

**一种大气颗粒物采样系统有效**

申请号: CN201610638008.X  
主要发明人: 王光伟、万撒特、王仕琴  
授权日: 2019年7月23日

**水稻OsRAD1蛋白及其编码基因在调控花粉育性中的应用有效**

申请号: CN201610602185.2  
主要发明人: 程祝宽、胡青、李亚非、唐丁、沈懿、杜桂杰  
授权日: 2019年7月19日

**土壤蒸发水获取装置有效**

申请号: CN201821809203.5  
主要发明人: 陈环宇、刘小京、孙宏勇、任昂彦、郭凯、封晓辉、李劲松、杨策、田宇  
授权日: 2019年7月19日

**水稻HOX12基因的应用有效**

申请号: CN201610157388.5  
主要发明人: 储成才、高少培、方军、徐凡、王威  
授权日: 2019年7月16日

**蛋白酶体抑制剂在制备降低动物脂含量或脂储积能力产品中的应用有效**

申请号: CN201510463293.1  
主要发明人: 黄勋、刘正隆  
授权日: 2019年7月12日

**TaGPI1mS543A蛋白及其编码基因和应用有效**

申请号: CN201611033436.6  
主要发明人: 高飞、刘翠敏  
授权日: 2019年7月2日

**植物种子粒重相关蛋白GmGA20ox2及其编码基因与应用有效**

申请号: CN201510146489.8  
主要发明人: 张劲松、陈受宜、陆翔、满为群、杜维广、马彪、张万科、林晴、何锶洁  
授权日: 2019年6月25日

**大豆转录因子GmbZIP336及其编码基因在调控种子粒重中的应用有效**

申请号: CN201510224937.1  
主要发明人: 张劲松、陈受宜、陆翔、马彪、张万科、林晴、何锶洁  
授权日: 2019年6月25日

**一种对普通小麦Glu-A1基因座位不同等位变异进行分型的方法和应用有效**

申请号: CN201610203614.9  
主要发明人: 董振营、杨玉双、王召军、张坤普、李义文、刘昕、秦焕菊、王道文  
授权日: 2019年6月21日

**基于蓝牙通讯的土壤墒情速测系统及其检测方法有效**

申请号: CN201610364623.6  
主要发明人: 李红军、雷玉平、刘小京  
授权日: 2019年6月11日

**一种测定土壤可溶性有机碳同位素的方法有效**

申请号: CN201611021872.1  
主要发明人: 胡玉昆、胡佳宏、王仕琴、孟俊星  
授权日: 2019年6月11日

**防御素mNP-1在促进鸡体重增加中的应用有效**

申请号: CN201510202002.3  
主要发明人: 胡赞民、陈宇红、白丽莉、范成明、武庆、崔晓磊、吴  
授权日: 2019年5月28日

**一种功能胶原微丝及其制备方法与应用有效**

申请号: CN201510309540.2  
主要发明人: 戴建武、杜明春、孟庆圆、陈冰、刘素梅  
授权日: 2019年5月7日

**用于修复尿道损伤的生物修复材料及其制备方法与应用有效**

申请号: CN201510450489.7  
主要发明人: 戴建武、侯祥林、叶钢、贾维盛、陈冰  
授权日: 2019年5月7日

**一种潜水蒸发自动测定系统及方法有效**

申请号: CN201610867030.1  
主要发明人: 曹建生、刘小京、孙宏勇、巨兆强、刘毅  
授权日: 2019年5月7日

**基于光伏发电和降雨-蒸发测定的坡地植被集雨补灌装置有效**

申请号: CN201821447639.4  
主要发明人: 曹建生、沈彦俊、范学军、郭亚星、阳辉、王贺辉  
授权日: 2019年5月3日

**一种石质坡地智能自动微灌装置有效**

申请号: CN201821447974.4  
主要发明人: 曹建生、沈彦俊、范学军、郭亚星、阳辉、王贺辉  
授权日: 2019年5月3日

**一种亏缺灌溉自动控制系统及方法有效**

申请号: CN201610443908.9  
主要发明人: 曹建生、刘小京、孙宏勇、巨兆强、邵立威  
授权日: 2019年4月30日

**一种冷冻扫描电镜用样品冻存装置有效**

申请号: CN201710419870.6  
主要发明人: 田彦宝、季刚  
授权日: 2019年4月19日

**一种降雨与水面蒸发一体化自动测定装置有效**

申请号: CN201821447640.7

主要发明人: 曹建生、沈会涛、闵雷雷、阳辉、刘毅、王贺辉  
授权日: 2019年4月19日

**一种针对细小植株的排气检测装置有效**

申请号: CN201821315011.9

主要发明人: 董文旭、阿宾德拉·蒂米西纳、王玉英、胡春胜  
授权日: 2019年4月9日

**一种用于植物排气精确测定的检测装置有效**

申请号: CN201821315809.3

主要发明人: 阿宾德拉·蒂米西纳、王玉英、董文旭、胡春胜  
授权日: 2019年4月9日

**来源于大豆的粒重相关蛋白及其相关生物材料与应用有效**

申请号: CN201410502619.2

主要发明人: 张劲松、陈受宜、李擎天、张万科、马彪、林晴、何懿洁  
授权日: 2019年3月26日

**一种植物非生物胁迫诱导表达启动子pTaPIP1A及其应用有效**

申请号: CN201610143307.6

主要发明人: 张玮、韩洁、李俊明、纪军、崔法、苏倩男、刘磊  
授权日: 2019年3月22日

**一种培育植物根系发育增强并延缓叶片衰老的转基因植物的方法有效**

申请号: CN201510787261.7

主要发明人: 胡梦芸、赵学强、刘茜、门福圆、张颖君、孙丽静、童依平、李辉  
授权日: 2019年3月8日

**miR528的调控位点及其应用有效**

申请号: CN201410423077.X

主要发明人: 曹晓风、杨荣新、吴建国、李毅  
授权日: 2019年2月19日

**LRR-RLK受体激酶AtMDIS1及其在打破物种间生殖隔离中的应用有效**

申请号: CN201610052724.X

主要发明人: 杨维才、李红菊、王童、陈伟  
授权日: 2019年2月15日

**一种液体肥制作装置有效**

申请号: CN201820987378.9

主要发明人: 张喜英、陈素英、张西群、邵立威、郝秀钗、李建波  
授权日: 2019年1月25日

**农用集雨镇压辊有效**

申请号: CN201821004397.1

主要发明人: 齐永青、刘毅、张玉翠、李辉、曹建生、沈彦俊  
授权日: 2019年1月22日

**一种消除降水影响的水面蒸发自动测定装置有效**

申请号: CN201610867472.6

主要发明人: 曹建生、齐永青、沈会涛、刘毅  
授权日: 2019年1月1日

**MEICA1蛋白及其编码基因在调控花粉育性中的应用**

申请号: CN201710494220.8

主要发明人: 程祝宽、胡青、李亚非、唐丁、沈懿、杜桂杰  
授权日: 2019年11月12日

**水稻条纹叶枯病抗性基因Stv-bi及其应用**

申请号: CN201610647862.2

主要发明人: 唐九友、左示敏、吴旭江、殷文超、潘学彪、储成才  
授权日: 2019年11月12日

# 研究生导师获奖奖项

项目名称：中科院优秀导师奖  
获奖人：许执恒、高彩霞、田焯

项目名称：中科院-BHPB奖学金导师科研奖  
获奖人：高彩霞

项目名称：遗传与发育生物学研究所益海嘉里优秀导师奖  
获奖人：白洋、许操、李云海、郭伟翔、刘西岗

## 研究生获奖奖项

项目名称：中科院优秀博士学位论文  
获奖人：袁玲  
指导教师：许执恒  
论文题目：小颅畸形致病机制研究

项目名称：中科院院长奖  
类别：特别奖  
获奖人：靳帅、张茜  
指导教师：高彩霞、田焯  
类别：优秀奖  
获奖人：胡梅娟、汤常永、李停栋、姜婷、罗建美  
指导教师：周俭民、郭伟翔、高彩霞、白洋、沈彦俊

项目名称：国家奖学金  
类别：博士生  
获奖人：王小慧、司小敏、刘长振、刘阳、刘祖培、李停栋、张照贵、陈瑛、赵婷婷、胡梅娟、贺娟、彭骅、焦杰、谢鹏、黄国中  
指导教师：陈宇航、高彩霞、程祝宽、韩方普、李云海、高彩霞、陈化榜、钱文峰、程祝宽、周俭民、王国栋、梁承志、鲍时来、谢旗、吕东平  
类别：硕士生  
获奖人：孙宝成、陈树栋、高成旭、司梦可  
指导教师：胡赞民、许操、周奕华、曹建生

项目名称：中科院-BHPB奖学金  
获奖人：靳帅  
指导教师：高彩霞  
项目名称：昌明奖学金  
类别：硕士特别奖  
获奖人：朱梅佳  
指导教师：王仕琴  
类别：硕士优秀奖  
获奖人：刘娟  
指导教师：马林  
类别：博士特别奖  
获奖人：曹玉博、李文彦  
指导教师：马林、胡春胜

项目名称：振声奖学金  
类别：特别奖  
获奖人：王冬至、贺娟  
指导教师：张爱民、王国栋  
类别：优秀奖  
获奖人：靳帅、张楠楠、张茜、谢鹏  
指导教师：高彩霞、马林、田焯、谢旗

项目名称：遗传与发育生物学研究所益海嘉里优秀博士生奖  
获奖人：曹秀卫、赵婷婷、由艳荣、李停栋、刘祖培、杨亚明、陈瑛、王小慧、路杨  
指导教师：焦雨铃、程祝宽、李传友、高彩霞、李云海、戴建武、钱文峰、陈宇航、张喜英

## 中国科学院大学2019年研究生优秀课程

校级优秀课程：  
表观遗传学，曹晓风等主讲  
神经生物学，许执恒等主讲  
信号转导，谢旗、郭伟翔、许执恒、陈宇航等主讲  
功能基因组学，程祝宽、储成才、王永红等主讲

院级优秀课程：  
群体遗传与分子进化，钱文峰等主讲  
表观遗传学，曹晓风等主讲  
神经生物学，许执恒等主讲  
信号转导，谢旗、郭伟翔、许执恒、陈宇航等主讲  
功能基因组学，程祝宽、储成才、王永红等主讲

# 大事记

1月2日

“我国水稻分子设计育种取得新进展”入选2018年中国十大科技进展新闻



1月2日

农业资源研究中心主持的“变化环境下干旱区水循环演变过程及植被动态响应机理研究”项目荣获2018年度河北省自然科学一等奖



1月3日

农业资源研究中心举办2018年度学术年会



1月6日

分子发育生物学国家重点实验室召开2018年度学术委员会年会



1月9日

植物细胞与染色体工程国家重点实验室召开2018年度学术委员会会议



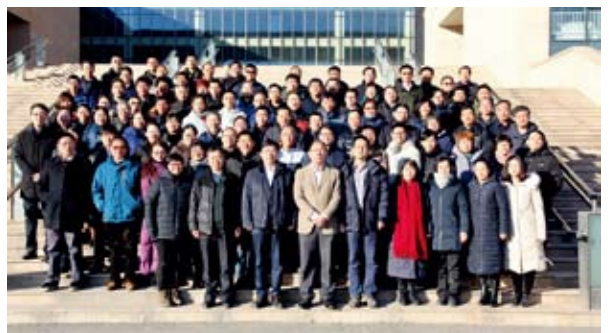
1月15日

遗传发育所召开2018年度工作总结暨表彰大会



1月15-18日

遗传发育所2019年科研工作交流会成功召开



1月25日

植物基因组学国家重点实验室召开2018年度学术年会



1月25日

白春礼同志参加中科院遗传发育所党员领导干部民主生活会



3月4日

重大科技任务局于英杰局长专题调研种子创新研究院



3月5日

英国杜伦大学理学院副院长Patrick Hussey教授访问遗传发育所



3月8日

遗传发育所庆“三八”交流分享活动成功举行



3月14日

中科院种子创新研究院第一届理事会第一次会议成功举行



3月22日

“生命科学前沿与种子创新高峰论坛”在海南陵水成功举办



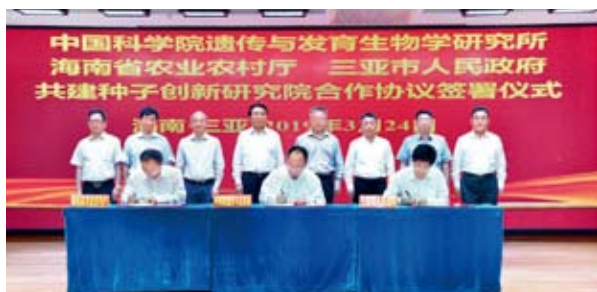
3月22日

第一届中拉青年科学家合作交流专题会议顺利召开



3月24日

遗传发育所、海南省农业农村厅、三亚市人民政府三方签署《共建种子创新研究院合作协议》



3月29日

遗传发育所2017年度修购专项项目通过验收



4月8日

中科院战略性先导科技专项 (A类)“分子模块设计育种创新体系”通过档案分项验收



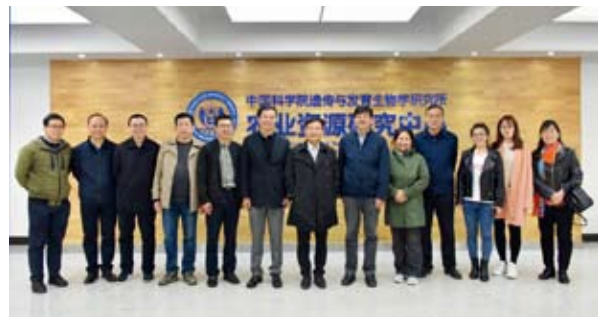
4月11日

遗传发育所纪委研究部署2019年纪监审工作



4月11日

中国科学院北京分院常务副院长吴建国一行到农业资源研究中心调研



4月15日

遗传发育所党委召开2019年度第一次中心组学习会



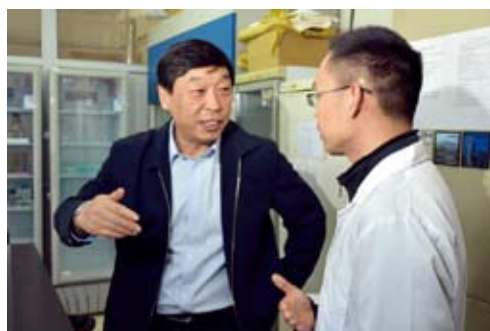
4月17日

乌拉圭国家农牧研究院访问遗传发育所



5月6日

河北省副省长时清霜一行到农业资源研究中心调研



5月18日

遗传发育所成功举办第十五届公众科学日



5月31日

遗传发育所举办第五届“六一儿童节”亲子活动



5月18-19日

第七届数学、计算机与生命科学交叉研究青年学者论坛成功举行



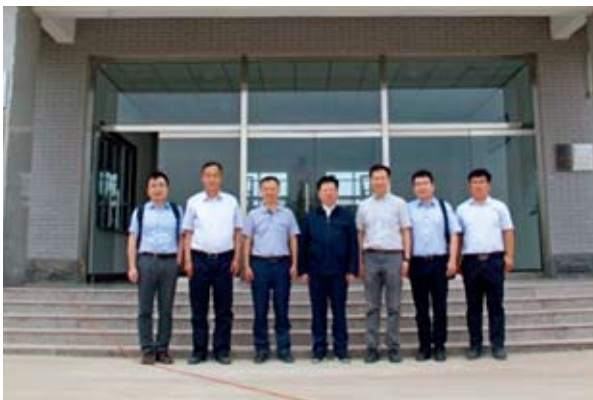
6月3-5日

第二届植物染色体工程与功能基因育种国际会议成功召开



5月24日

李树深副院长调研农业资源研究中心南皮试验站



6月10日

中科院党校第23期科技管理骨干班学员到遗传发育所参观学习



5月24-27日

2019年第四届疾病模式动物国际研讨会圆满召开



6月10日

遗传发育所2019届毕业生典礼暨学位授予仪式顺利举办



6月14日

遗传发育所2019年度青年创新学术论坛成功举办



6月15日

遗传发育所成功举办北京分院“科学传播月”专场科普活动



7月4日

白春礼院长就开展“不忘初心、牢记使命”主题教育至遗传发育所进行专题调研



7月12日

遗传发育所2019年大学生暑假科研实践夏令营开幕式顺利举行



7月19日

遗传发育所党委开展“不忘初心、牢记使命”主题教育学习座谈系列会



7月27日

作物表型组学联合研究中心在武汉揭牌成立



8月15日

中国农科院作科所就开展“不忘初心、牢记使命”主题教育至遗传发育所专题调研



8月15-18日

2019年表观遗传与染色质生物学大会成功召开



8月25日

农业资源研究中心举办“一带一路”暨发展中国家现代农业高效耕作与管理技术培训班



9月2日

遗传发育所与云南大学签署战略合作协议



9月4日

东营基地揭牌仪式成功举办9月6日



9月6日

遗传发育所2019级新生开学典礼暨入学教育顺利举行



9月11日

高产优质抗逆水稻新品种“中科发5号”示范现场会在吉林市成功召开



9月19日

遗传发育所“甲子征程，笃志前行”主题健步走活动成功举办



9月25日

遗传发育所建所60周年联合学术论坛成功召开



9月25日

遗传发育所纪念建所60周年专题学术论坛成功召开



9月26日

遗传发育所召开第四届工会职代会第五次会议



10月11-14日

第五届LIPIDALL国际脂质代谢会议成功召开



10月15日

分子植物科学卓越创新中心调研遗传发育所



10月24-11月11日

遗传发育所组织开展通识技能系列培训



10月28-29日

遗传发育所举办2019年度新员工入所培训



10月29日

遗传发育所与西班牙植物生物技术和基因组中心签署合作备忘录



11月2日

遗传发育所举办“第二届中国科学院科学节”活动



11月5日

遗传发育所成功举办“不忘初心、牢记使命”专题党课



11月5-7日

北京分院第一协作片2019年度党员发展对象培训班在遗传发育所成功召开



11月6-7日

分子发育生物学国家重点实验室2019年度青年学者论坛成功举办



11月10-17日

2019年中日美国际学生研讨会成功举办



11月16日

李家洋、曹晓风分别当选国际欧亚科学院（中国）副主席和国际欧亚科学院院士



11月18日

遗传发育所召开新一届行政领导班子宣布会议



11月19日

遗传发育所4位研究员入选2019年“高被引科学家”



11月22日

John Speakman研究员当选中国科学院外籍院士



12月3日

农业资源研究中心与甘肃农业大学签署战略合作协议



12月11日

前沿科学与教育局徐涛局长一行就“党建促科技创新”联合主题党日活动至遗传发育所进行专题调研



# 委员会

## 所务会

所长：杨维才

成员：胥伟华 胡春胜 黄勋 申倚敏 赵军

## 党委会

书记：胥伟华

委员：杨维才 曹晓风 王秀杰 左建儒 刘春光

## 纪委会

书记：申倚敏

副书记：刘春光

委员：左建儒 田志喜 仇光星

## 工会委员会/职代会常设主席团

主席：申倚敏

副主席：刘春光

委员：(按姓氏笔画排序)

王秀杰 王静 仇光星 左建儒 陈凡 曹晓风 储成才

## 学术委员会

组长：李家洋

副组长：薛勇彪 周俭民

成员：(按姓氏笔画排序)

王秀杰 王道文 左建儒 田志喜 刘西岗 许执恒 胡春胜 黄勋 曹晓风 韩方普  
傅向东 储成才 谢旗 戴建武

## 学位评定委员会

主任：黄勋

副主任：左建儒 傅向东

委员：(按姓氏笔画为序)

王秀杰 王道文 刘佳佳 许执恒 张爱民 李云海 李家洋 杨维才 汪迎春 周俭民  
凌宏清 曹晓风 储成才 薛勇彪

## 妇委会

主任：曹晓风

副主任：王静 孟菲

成员：王永红 张蕾颖

## 团委

书记：王珏

副书记：杨鑫 苑笑阳

成员：张蕾颖 张琴琴 杨瑞 杜凯

# 人员名单

## 基因组生物学研究中心

中心主任：曹晓风

副主任：周俭民 焦雨铃

### 研究组长

白洋	曹晓风	陈明生	陈受宜	程祝宽	储成才
姜丹华	焦雨铃	李传友	李家洋	梁承志	林少扬
王国栋	王永红	谢旗	许操	姚善国	张劲松
周俭民	周奕华	朱立煌	朱祯	左建儒	

### 工作人员

白世伟	陈明江	陈庆文	陈永芳	崔丽娥	戴艳
邓磊	邓娴	杜桂杰	关春梅	郭红艳	何锶洁
胡斌	姜国强	蒋红玲	荆彦辉	康赛	黎舒佳
李超	李亚非	梁彦	林晴	刘春艳	刘贵富
刘家范	刘香玲	刘永鑫	刘子妍	罗丽兰	马海艳
孟祥兵	彭居俐	曲宝原	任静	邵宁	沈懿
石佼	石金锋	宋显伟	孙婧	覃浩	唐丁
唐九友	唐三元	陶建军	田彩环	田彦宝	汪月明
王冰	王宏哲	王健	王汝慈	王弯	王伟
王义琴	王元格	韦伟	魏晓丽	吴芳明	吴耀荣
夏然	徐霞	杨宁	阴翠翠	于菲菲	余泓
袁清波	袁运栋	翟庆哲	张保才	张凤霞	张怀仁
张婧赢	张兰军	张磊	张率斌	张坦	张万科
张晓娟	赵庆华	赵婷	赵显峰	赵燕	赵宇慧
周壮志	邹玉盼	曹守云			

### 博士后

安春鹏	毕国志	曹秀卫	陈立超	杜斐	葛艳花
郭猛	郭晓璇	郝强	侯毅枫	黄小珍	贾美茹
蒋志敏	李记开	李锡龙	李先彩	李跃	刘宝秀
刘会会	刘斯淼	卢龙	鲁井云	吕文慧	马苗苗
梅海亮	任盼荣	商晓玲	石文清	史自航	司福艳
宋晓光	汪航	王超	王洪文	王萌	王霄汉
王鑫	闫宗运	晏斌	杨新萍	苑佳	詹妮
张凡凡	张若西	张潇月	赵艳	赵艳楠	周云
祖小峰					

### 博士研究生

白琳	卞潇华	蔡月月	曹少雪	曹务强	曹孝强
曹秀卫	曹艺伟	陈诚轩	陈倬	陈卓然	成桥
程彤	仇亚红	储丹妮	戴睿	邓洪婧	社会龙
杜青伟	范秀丽	房明明	费越	封天鹏	高成旭

高初蕾	高易宏	葛逢勇	龚心如	巩孝帝	巩志远
郭亚鹤	韩佳祺	韩梅香	韩宁培	韩天天	何凯璇
何亚军	贺娟	贺子姗	胡莲莲	胡满	胡梅娟
胡庆亮	胡若兰	胡杨	黄小芳	黄雅倩	黄一华
姜婷	姜志浩	金萌	李爱富	李翰文	李辉
李吉	李倩倩	李善策	李秀明	李秀秀	李雅琼
梁燕	林抗雪	刘大普	刘广超	刘玲云	刘瑞君
刘修杰	刘阳	刘永强	刘长振	刘哲铭	刘志曦
刘中帅	刘子轩	鲁宏伟	马丽雅	马利军	马梅
马苗苗	马晓辉	马义花	梅家松	苗永杰	牟爽
穆娜	南建宗	潘文波	彭骅	漆金凤	钱景美
秦媛	任丽军	师春青	史佳阳	司福艳	孙传龙
孙凯	孙淑豪	孙艳玲	唐露	唐善杰	汪安祺
汪航	王炳南	王晨	王丹凤	王东岭	王泓力
王继尧	王佳钰	王禄阳	王茜	王清清	王荣升
王石平	王伟兵	王旭东	王学梅	王雪萍	王永进
王昭峰	王震	王宙雅	魏绍巍	文钊	吴蓉
武小伟	谢恩	谢俊鹏	谢鹏	辛旭	邢怡德
熊敦品	熊圆圆	徐浩然	徐梦雪	徐倩	徐硕
徐玉芳	薛满德	晏斌	杨超	杨晗	杨晗蕾
杨麒麟	杨群	杨姝颖	杨文韬	伊艳艳	由艳荣
游韩莉	于超计	袁坤	袁炜量	苑笑阳	翟华伟
翟志文	粘金蓉	张超	张达瀚	张丹	张国霞
张晗	张华	张丽	张利姣	张娜	张文静
张文齐	张潇斐	张小宁	张晓慧	张笑凡	张志华
赵峰月	赵赫	赵瑞	赵婷婷	郑小娟	周灿
周科	周扬	周月	朱强	AIMAL KHAN	
BAYE WODAJO ABEY		MUHAMMAD SAJJAD		WAH WAH LWIN	

### 硕士研究生

白文婉	产金竹	常泽乾	高脐	海春燕	黄超
孔德敏	李昕凯	林慧芳	刘慧欣	陆敏	罗楠
吕艳丽	马佳宁	马佳欣	马雪婷	缪佩	潘洁
孙媛媛	滕珍锋	汪辉	王逵	王莉红	王琳
王瑶瑶	吴春梅	薛倩	严春林	杨森	杨玉竹
战珍萍	张静昆	赵培培	赵伟	周婉茹	THU YA SHWE

### 分子农业生物学研究中心

中心主任：傅向东

副主任：韩方普 田志喜

### 研究组长

陈化榜	傅向东	高彩霞	韩方普	胡赞民	李云海
李振声	凌宏清	刘翠敏	刘志勇	鲁非	沈前华
唐定中	童依平	田志喜	王道文	薛勇彪	翟文学
张爱民	张相岐（返聘）	朱保葛			

## 工作人员

陈坤玲	陈宇红	董玲丽	段朋根	范成明	范仁春
高 飞	高秀华	何 雪	胡伟娟	霍月青	江光怀
李宏伟	李 欣	李义文	梁 辉	林学磊	刘金星
刘 娟	刘 倩	刘小强	刘 昕	刘学英	陆 平
潘 毅	齐 婷	史晓黎	孙家柱	滕 婉	王京平
王 静	王拴锁	王延鹏	卫 波	吴慧兰	吴秋红
武云帅	肖森林	徐 婷	杨 瑞	尹长斌	袁 静
张保兰	张华伟	张 晶	张坤普	张丽敏	张 敏
张 瑞	张文娟	张玉娥	赵立芳	赵 丽	赵学强
郑 琪	郑树松	周国安	周文娟		

## 博士后

白爱宁	范敬伟	韩 翔	郝建琴	郝薇薇	胡 盼
孔凡娜	李春荣	李 峰	李淼淼	李映辉	刘文杰
刘亚培	柳霖坡	罗巧玲	马芳芳	潘亚军	石庆华
苏汉东	王升星	吴 昆	吴允哲	谢菁忠	邢思年
徐 昊	杨宝菊	余建平	张梦夏	张 越	周龙溪
周 姚	宗 媛	Muhammad Imran			

## 博士研究生

安向向	毕傲月	蔡大润	曹学敏	柴壮壮	常国伟
陈思诚	陈永兴	陈智斌	陈紫玉	崔桂彩	崔 曼
邓 民	杜溢墨	段宗彪	樊 磊	房 梓	冯志文
高辰阳	谷梦君	郭飞飞	郭广昊	郭宪瑞	郭徐鹏
郝苗苗	胡丽霞	黄画秋	黄金兰	黄 科	黄洛将
黄宇虹	黄志熊	霍燕青	姬 祥	贾彦凤	江 珊
焦文洁	靳怀冰	靳 帅	荆彦付	康李鹏	柯 芮
李 北	李帛树	李 超	李 凯	李全林	李 姗
李双双	李思媛	李停栋	李雯玲	李翔宇	李 雪
李雪婷	李英洁	李 禹	李 玉	李玉营	李 悦
梁前进	林德行	林秋鹏	刘 畅	刘 洁	刘鹏程
刘 倩	刘书林	刘腾飞	刘 伟	刘亚男	刘亚培
刘 阳	刘羽诚	刘 智	刘祖培	娄焕昌	卢蔚雯
陆叶子	路芳芳	倪令斌	牛建青	裴洪翠	裴元荣
彭 蕾	普明宇	邵瑞琪	申莉莎	沈椿才	沈小璐
石庆华	司小敏	司要奇	宋 辉	宋倩娜	宋文振
苏汉东	孙 超	孙翼双	孙政玺	塔 娜	唐华山
唐伶俐	田 东	田丽娟	田水泉	王冬至	王鹤飞
王 辉	王 静	王 敏	王 宁	王鹏飞	王 冉
王硕勋	王 伟	王亚楠	王亚州	王燕燕	王 瑛
王 芸	魏海方	吴晨晨	吴晓康	吴晓艳	武文瑛
席海秀	向帅盈	谢 跃	徐 俊	徐永欣	许达兴
薛郴销	严 莉	颜 娜	杨国堂	杨林东	杨 霞
杨霄月	杨晓寒	殷祥贞	于海跃	于 媛	袁洪波

袁亚钦	臧 杰	张国政	张怀志	张慧君	张吉瑾
张建晴	张 晶	张盼盼	张 琦	张 越	张照贵
张志方	张治梁	赵丹琳	赵 洪	赵 龙	赵晓歌
赵学博	赵耀飞	赵 莹	郑 昊	钟 楠	朱科宇
祝皓诚	宗 媛		AFTAB AHMAD		
KOUASSI DOMINIQUE MAGNONDE			MUHAMMAD KASHIF NAEEM		
MUHAMMAD SHOAB			MUHAMMAD TAUSEEF TAJ KIANI		

### 硕士研究生

柏 晗	曾明白	陈进超	陈 沙	陈树栋	陈钰堂
董 毅	都婷婷	费宏源	高 越	郭雅菲	韩倩倩
何伊琳	惠 伟	李贝贝	李倩如	李艺婷	梁 闪
刘 芳	刘小琳	刘怡静	刘真真	陆春菊	毛 欢
孙宝成	汤文静	田华阳	仝 鑫	王春挥	王 钊
肖 楠	杨翼骏	张 昊	张 浩	张 铭	张巧玲
张廷浩	赵 倩	周雨清	朱一杭	朱子旭	

### 发育生物学研究中心

主 任：黄 勋

副主任：陈 凡 戴建武

### 研究组长

鲍时来	陈 凡	戴建武	丁 梅	郭伟翔	何康敏
黄 勋	降雨强	刘佳佳	陆发隆	马润林	孟文翔
税广厚	孙方臻	John Speakman	田 烨	王朝晖	吴青峰
许执恒	杨维才	张永清			

### 工作人员

昌 姝	陈 冰	党 颂	方晓华	高之扬	关丽英
韩荣成	韩素芳	侯祥林	黄 璐	黄卫红	贾鹏飞
姜 韬	荆玉栋	邝 霞	李红菊	李佳音	李 楠
李秋伶	李 婷	李 霞	李 夏	李 欣	梁晶晶
刘秋月	刘 蕊	刘亚婷	罗 昱	梅 玫	牛超群
任海波	施 雅	石 磊	石文文	唐祚舜	田 鹤
田 瑞	佟春芳	王进城	王静静	王 敏	王 威
王雅清	王 瑜	邬雪影	吴宪明	肖志峰	徐鸿林
徐惠娟	许捷思	杨 斌	杨 琳	杨雅冉	杨艳蕊
姚爱玉	姚明慧	尹艳云	张 方	张红莲	张娇娇
张少华	张 玉	赵燕南			

### 博士后

陈继林	樊春燕	郭 野	胡素梅	黄 弋	李炳熠
刘莉萌	刘 巍	刘阳丽	刘玉胜	穆文辉	乔连勇
王 豆	王美蛟	吴华茂	徐 白	徐家超	薛伟伟
杨 涛	张 琪	张 蕊	张雪映	周 慧	周嵘嵘

Agata Rudolf  
Iftikhar Ali

ELSAYED METWALLY

GARCIA FLORES LIBIA ALEJANDRA

博士研究生

曹梦醒	曹明君	曾 钢	陈 丹	陈 鹏	陈 琼
陈澍燕	陈思宇	陈 微	陈 伟	陈秀鹏	程婷婷
丛德滋	刁 梦	董 月	杜 毅	杜勇涛	范永恒
傅良政	郭曦泽	郭 羽	郭真真	韩 秀	郝旭昇
洪慧琳	胡宁宁	胡伟长	黄 锐	黄增益	贾铭玥
姜义圣	焦 杰	金 辰	李炳熠	李超昆	李 翠
李丹丹	李慧君	李佳晟	李 婕	李 敏	李 瑞
李 斯	李婷婷	李心宇	李雅梅	李月佳	李月娇
李志敏	梁 昱	梁子琦	刘 行	刘慧茹	刘 苗
刘为远	刘 贤	刘英浩	龙晓慧	罗 行	罗 郁
骆 挺	马德尊	马甜甜	孟姜果	苗 唤	缪 悦
倪 震	聂方园	聂 虎	潘慧敏	彭树林	秦亚强
尚昂扬	施成瑞	石 翔	石小倩	史 奇	舒慕娅
苏青梅	孙 欢	孙鹏宇	孙蓉蓉	孙天一	孙晓梅
孙宇蛟	汤常永	汤若风	唐 俊	田艳琳	田宇芳
王宝磊	王凤阳	王景丽	王 静	王 逵	王 磊
王崎崎	王饶旭	王 婷	王玮琦	王玉晗	王玉杰
王泽华	尉杰忠	文庆博	乌英嘎	吴豪达	吴华茂
吴 梁	吴 赞	武建博	夏 凡	谢东江	谢亚莉
邢如晓	徐铭悦	徐银娇	许梦瑶	许鸣锐	薛 纯
薛伟伟	薛晓钰	薛英喜	杨 菲	杨雷雷	杨 晓
杨晓娟	杨亚明	杨 颖	姚 瑶	于佳婴	袁玉婷
张宝帅	张 昌	张海鹏	张吉祥	张 茜	张文峰
张欣韦	张雪映	赵丽媛	赵梦月	赵松华	赵雪璠
郑 宇	钟 杰	周延河	周一凡	周峥嵘	朱 頔
朱观林	朱景林	朱胜藏	祝星亮		

AMIRHOSSEIN SHEIKSHAHROKHDEHKORDI

JACQUES TOGO

RAKIA MANZOOR

VRUSHALI KOLTE

IFTIKHAR ALI

MD. SHAFAYAT HOSSAIN

SHABBIR KHAN

硕士研究生

曹聪聪	曹玥迪	常桢睿	陈佳强	陈 霞	陈 雪
邓诗坤	高 琳	高 远	纪 媛	李 潘	李 彤
刘 莹	刘 媛	栾梁琪	吕海燕	吕 雯	孟 玥
任 炜	申旭宁	苏 醒	孙 娟	孙 磊	孙雪莲
孙 政	汪星昊	王安永琪	王 静	王培鉴	席颖颖
徐培培	徐 松	薛如仙	严 锋	杨梦歌	于文文
袁思琦	张 靖	张 良	张林山	张 宁	张宇虹
张峥嵘	赵海磊	赵子其	郑亚东	郑 昱	周 俊
朱运济	庄尚尚				

QURRAT-UL-AIN

## 分子系统生物学研究中心

中心主任：王秀杰

副主任：汪迎春

### 研究组长

陈宇航                      杜 茁                      钱文峰                      屠 强                      王秀杰                      汪迎春

### 工作人员

葛海涛                      黄夏禾                      李 轲                      刘 鑫                      马雪华                      商汉桥  
苏 敏                      王 猛                      王晓萃                      王洋洋                      郇 庆                      张 停  
张媛雅                      肇涛澜                      甄志军

### 博士后

史庆庆                      张兴中                      Hamdy A.G Mohammed

### 博士研究生

曹文清                      陈 斌                      陈思羽                      陈伟阳                      陈燕鸣                      陈瑛  
楚 霄                      戴 敏                      单科家                      邓亚楠                      段朝瑞                      段晓晓  
樊 蓉                      方龙发                      高雪梅                      郭晓雪                      黄成成                      黄增辉  
蒋璞玄                      李承睿                      李德林                      李其玉                      李 阳                      李莹姝  
李长昊                      刘碧璇                      刘雪磊                      刘勇杰                      孟凡雷                      秦 力  
王高洁                      王 嘉                      王金龙                      王梅花                      王小慧                      王晓荣  
王 琰                      王彦亮                      王 瑜                      吴 浩                      肖 龙                      肖 珍  
徐伟娜                      闫秋鹏                      杨 航                      杨珍珍                      张纯瑞                      张 豪  
张虎军                      张祥云                      张宇亮                      张泽宇                      赵志广                      甄广晓  
郑利敏                      周金迪                      OLUSANYA OLASEHINDE

### 硕士研究生

安红玉                      宾恩楠                      董京徽                      范渡长江                      何彬彬                      孔金辉  
寇雅慧                      李少博                      马 泉                      石 磊                      唐凌汇                      魏昌硕  
徐泽千                      张显慧                      张永波                      张 钰                      赵鹤荣                      赵相杰

### 新生

班新伟                      曹 雷                      陈振华                      高欣艳                      韩 雪                      侯学仁  
焦 阳                      鞠静芳                      李 丹                      刘瑾仪                      刘静雯                      刘利杰  
刘雪美                      刘卓林                      马 群                      聂佳伟                      庞 琳                      任慧萍  
宋贝贝                      宋瑞甜                      王 冕                      王子豪                      危慧敏                      吴俊杰  
吴雅瑜                      奚博悝                      肖 爽                      许舒迪                      许 嵩                      闫健菲  
杨腊梅                      余健源                      张 硕                      张 迅                      周 瑶                      朱家平

### 与兰州大学联合培养

仇奕之                      王秋玲                      张晨燕

## 农业资源研究中心

中心主任：胡春胜

党委书记：赵 军

副主任：杨永辉 刘小京

主任助理：沈彦俊

### 研究组长

安调过	曹建生	董宝娣	韩立朴	胡春胜	李俊明
李小方	刘彬彬	刘金铜	刘孟雨	刘西岗	刘小京
刘秀位	吕东平	马 林	沈彦军	沈彦俊	孙宏勇
王仕琴	杨永辉	张喜英	张正斌	朱 峰	

### 工作人员

柏兆海	陈东晓	陈素英	程一松	董庚武	董文旭
董心亮	樊华杰	冯学赞	付同刚	高 会	高 强
耿国敏	耿清国	谷 恒	郭 凯	郭 琳	郭 英
韩淑敏	郝小华	胡佳宏	胡玉昆	纪 军	贾立新
焦向东	巨兆强	雷玉平	李存桢	李芙蓉	李红军
李会龙	李荣娥	李晓欣	李永鹏	刘丙霞	刘慧涛
刘维舜	刘晓彤	刘秀萍	柳 洪	马宝珍	毛学森
闵雷雷	牛君仿	齐永青	乔匀周	邱志强	邵立威
宋利强	孙朋建	孙瑞波	谭莉梅	田爱玲	王 超
王凤花	王贺辉	王洪梅	王建江	王金涛	王 婧
王丽琨	王士超	王文惠	王新珍	王 选	王 彦
王彦梅	王玉英	王志国	谢志霞	徐 萍	许 亚
阳 辉	杨艳敏	叶 勇	袁 毅	张广录	张 娜
张文胜	张晓天	张玉翠	张玉铭	张中华	赵 恒
赵 军	赵美丞	赵 硕	郑文波	郑 鑫	周新尧
朱会杰	邹艳敏	封晓辉	孔晓乐	吴 萍	朱春雨
张晓龙	MUHAMMAD UMAIR		TATOBA RAMCHANDRA WAGHMODE		

### 博士后

IMDAD ULLAH ZAID

### 博士研究生

白姣姣	陈环宇	邓利强	范 荣	冯文钊	郭迎会
韩帼豪	黄国中	梁红柱	刘佳佳	刘 玲	路 杨
马 悦	任丹丹	王晓改	魏 静	杨 红	杨树深
张 闯	赵 浩	AAMANA BATOOL		ABRAHAM MULU OIJIRA	
ARBINDRA TIMILSINA		ELAMIN HAFIZ BAILLO OSMAN		GOKUL GAUDEL	
HANIF MUHAMMAD SAJID		IHTERAM ULLAH		JEAN YVES UWAMUNGU	
KIMOTHOR ROY NJOROGI		MD MOMINUL ISLAM		MD RASEDUZZAMAN	
MEENA BOHARA		MEKISO YOHANNES SIDO		MUHAMMAD OWAIS KHAN	
PETER SEMBA MOSONGO		STEPHEN OKOTH ALUOCH			

## 硕士研究生

曹 博	曹玉博	常文文	陈镜好	陈可欣	陈苗苗
陈 佩	陈肖如	崔文秀	杜铭硕	段世名	方 栋
高聪帅	高惠君	高 巍	高 玥	耿文丛	谷慧杰
关劫兮	韩婉雪	侯翔龙	胡瞞瞞	胡文沛	姜寒冰
蒋莞艳	金欣鹏	靳乐乐	靳玉丽	李富玉	李昊天
李劲松	李 静	李 璐	李伟柳	李文君	李文彦
刘 行	刘 娟	刘美英	刘瑞芳	刘士毓	刘雯雯
刘泽龙	刘泽阳	吕嘉丽	马乐新	马庆涛	毛梦雪
孟得媛	倪盼盼	倪 锐	齐 菲	任晓利	石丰玉
石嘉丽	司梦可	苏 寒	孙 蕊	檀康达	田路遥
田 宇	王昊丹	王林娜	王冉冉	王艺璇	王泽宇
王志印	吴 芬	吴 林	吴玉洁	辛 萍	星 超
闫宗正	严汉文	杨 策	杨天一	姚晓红	要家威
俞琳飞	苑 霖	张传伟	张琳琦	张 陆	张 琦
张 庆	张 睿	张 帅	张小涛	张玉雪	张志雄
赵会成	赵宇寒	赵长龙	周园园		

AUGUSTE CESAR ITANGISHAKA

DORRIS CHEBETH

FASILATE UWIMPAYE

FLORENCE NYAMBURA GIKONYO

HENRIETTE PEACE UWAHAMAHORO

ROMAINE INGABIRE

CHRISTINE MUSHIMIYIMANA

ERICK KIPSIGEI MUTAI

FISTON BIZIMANA

GIZIE ABEJE BELAY

LEMESSA NEGASA TOLOSA

## 国家植物基因研究中心（北京）

中心主任：李家洋

执行主任：褚金芳

工作人员：辛培勇 闫吉军 刘翠梅

研 究 生：程淑静 王爽爽 袁薪茹（联合培养）

## 综合事务管理部

副 部 长：张颖娇（主持工作）

成 员：陈玉华 杜 丽 亓 磊 宋建军 杨 慧 杨晓辉 张 杨

党群办公室：杨 鑫 孟 菲

信息网络办公室主任：张明宏

成 员：刘 鹏

## 科技发展部

部 长：陈 凡（兼）

常务副部长：邓向东

成 员：方红曼 李 明 梁翰文 吕慧颖 王 珏 张蕾颖 张 玲

## 人力资源部

部 长：王 静

副 部 长：张银红

成 员：崔和平 钟小诗

### 财务管理部

部 长：顾佩芝

成 员：康馨文 李 莹 庞 晨 吴海涛 袁 健 赵永强

### 条件资产保障部

部 长：曹殿文

成 员：白乐刚 管秀源 郝善婷 商 晓 王朝福 王吉彬 尹维波 张 芳 周志勇 朱铁岗

基本建设办公室主任：季 红

成 员：褚玉明 丁 宁 张 玮 张 馨

### 研究生部

部 长：官 活

副部长：孙永红

成 员：张琴琴 郑家强

### 科教融合办公室

成 员：石东乔

### 公共技术服务部

部 长：税光厚(兼)

成 员：刘新仿 田明华

动物实验中心首席科学家：吴青峰(兼)

副主任：吴德国

成 员：陈春雨 杜 凯 罗玲娟 宋焕杰 王 丹 赵世颖 高 娜 胡 敏 李文光 施 鑫

博士后：王竞晗

### 研究资源部

部 长：仇光星

成 员：何鉴星 胡 盼 贾 宁 李杭序 李树祥 李素坤 林凡云 刘学军 刘 瑶 马江生  
牟金叶 欧阳曙光 唐于富 王 彤 王卫京 赵庆华

### 商务法务部

部 长：刘春光

副部长：张可心

成 员：李丽琴

### 学会出版部

部 长：于 昕

成 员：陈晓芳 韩玉波 肖明杰 徐 驰 张 艳 张 颖

### 离退休工作部

部 长：黄玉萍

成 员：孙庆庆

### 常州分部

部 长：胥伟华(兼)

副部长：许 博

医疗事业部部长：徐志明

### 中科东营分子设计育种研究中心管理办公室

主 任：刘小京(兼)

副主任：赵茂林

成 员：姚庆筱

### 办公室(石家庄)

主 任：王建江

成 员：李存桢 王 超 王文惠

### 科研处(石家庄)

处 长：王志国

成 员：王洪梅 谭莉梅

### 人事教育处(石家庄)

处 长：毛学森

成 员：王彦梅 樊华杰

### 财务处(石家庄)

处 长：谷 恒

成 员：赵 恒 袁 毅

### 支撑系统(石家庄)

资产与平台处处长：孙朋建

南皮站副站长：张广录 孙宏勇(兼)

栾城站副站长：程一松

太行山站副站长：曹建生(兼)

学报编辑部主任：冯学赞

成 员：高 强 胡佳宏 胡玉昆 李荣娥 刘慧涛 刘维舜 马宝珍 田爱玲 王 彦 王贺辉  
谢志霞 许亚宾 赵 硕

### 科技副职及外派

池建义 张京伟

### 其他

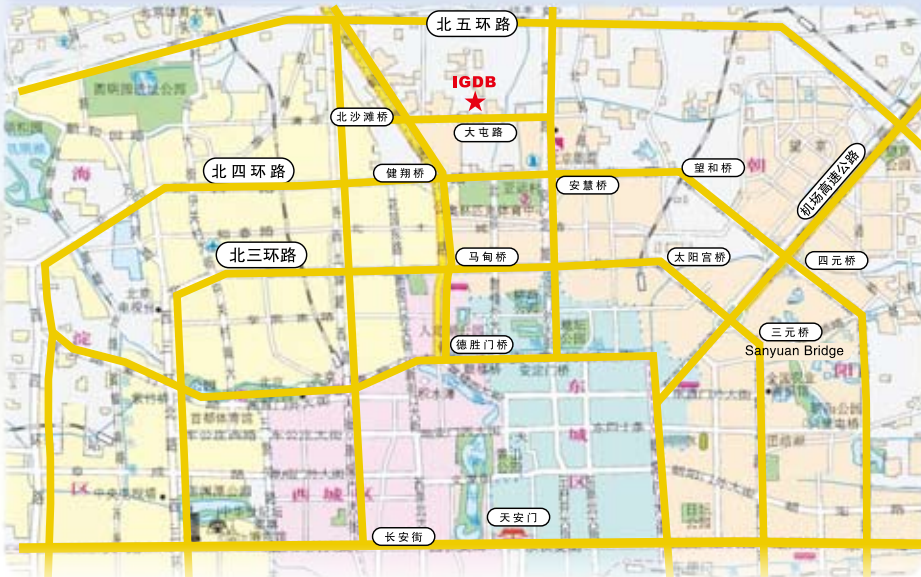
何 新 刘坤凡 刘忠华



研究所位置  
北京市朝阳区北辰西路1号院2号

中国科学院遗传与发育生物学研究所位于北京市北四环与北五环之间的奥运村，距市中心5公里

农业资源研究中心  
位于河北省石家庄市槐中路286号



## 年报编辑委员会

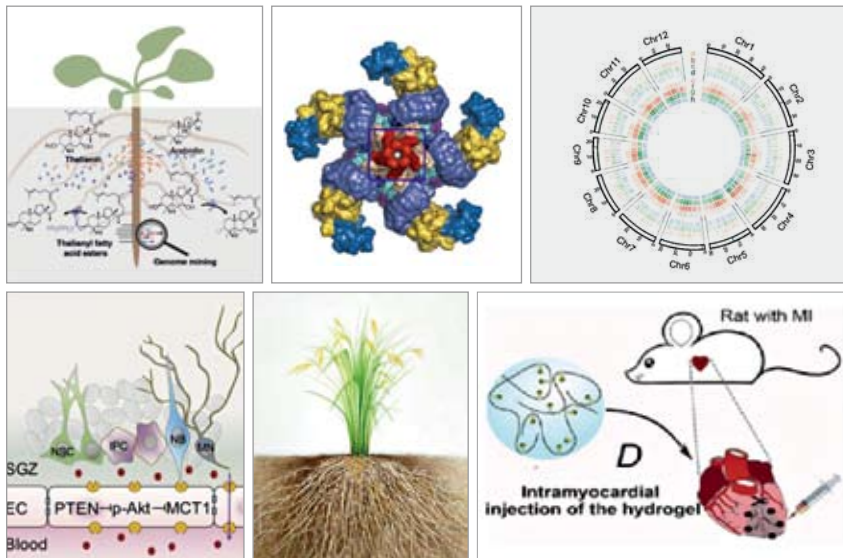
组 长：黄 勋

副 组 长：于 昕

成 员：陈 凡 仇光星 邓向东 傅向东 官 滢 季 红 凌宏清 刘春光 刘小京 仝 磊  
税光厚 谭莉梅 王 静 王秀杰 张颖娇 周俭民 左建儒  
胡伟娟 刘 蕊 彭居俐 王洋洋

责任编辑：刘忠华

封面图片：麻雀“挑食”的机制（谢旗研究员提供）



上图分别摘自白洋研究组 (Huang et al., *Science*, 2019)、周俭民研究组 (Wang et al., *Science*, 2019a, 2019b)、高彩霞研究组 (Jin et al., *Science*, 2019)、郭伟翔研究组 (Wang et al., *Cell Stem Cell*, 2019)、白洋研究组和储成才研究组 (Zhang et al., *Nature Biotechnology*, 2019)、戴建武研究组 (Fan et al., *Advanced Materials*, 2019)发表的文章

## 2019年报

中国科学院遗传与发育生物学研究所

地 址：北京市朝阳区北辰西路1号院2号

邮政编码：100101

联系电话：010-64803652

电子邮件：igdb.news@genetics.ac.cn

网 址：<http://www.genetics.ac.cn>