国科大农学通讯

2025年9月30日
总第16期

中国科学院大学 University of Chinese Academy of Sciences
现代农业科学学院 College of Advanced Agricultural Sciences

耆启田畴绩耕图

学院动态

国科大党委对现代农学院部分班子成员进行调整

8 月 28 日，中共中国科学院大学委员会发布现代农业科学学院副院长任职通知，决定：傅向东、解绶启、闫俊华、沈仁芳、谭支良、姜明同志任现代农业科学学院副院长

傅向东 研究员

研究方向 / 领域：植物发育和环境适应的激素调控机理

现代农学院副院长、遗传发育所副所长（主持工作），获得国家杰出青年基金支持、首批“新基石”研究员、北京学者，担任基金委创新研究群体项目首席、卓越研究群体项目首席、国家重点研发计划项目首席、作物学会副理事长，担任 Journal of Genetics and Genomics、Plant Physiology 等多个重要学术期刊编委。长期从事植物生长发育与环境适应的激素调控机理研究，在赤霉素信号传导、碳氮代谢平衡调控机制、水稻高产和氮高效协同改良的分子机理及品种设计研究方面取得多项原创性成果，克隆了多个能协同提升作物产量、品质和氮肥利用效率的关键核心基因，在解决国家重大农业战略需求方面发挥了引领和示范作用。在 Nature、Science 等刊物发表学术论文百余篇，成果入选 2018 年中国科学十大进展、2020 年中国生命科学十大进展、2019 和 2021 年中国农业科学十项重大进展；获国家自然科学奖二等奖、全国创新争先奖、中国科学院杰出科技成就奖、谈家桢生命科学创新奖等奖项。

解绶启 研究员

研究方向 / 领域：鱼类营养学、鱼类能量学、无公害集约化养殖技术基础等

现代农学院副院长，水生所党委书记、副所长、研究员，兼任《水生生物学报》副主编，Aquaculture Nutrition、Aquaculture Research、Water Biology & Security 等刊物编委，中国水产动物营养与饲料研究会副主任委员，中国毒理学会饲料毒理学专业委员会副主任委员，全国饲料工业标准化技术委员会水产饲料分会委员，中国海洋湖沼学会鱼类学分会理事，中国水产学会理事。已发表研究论文 300 余篇。曾获得中国科学院自然科学奖二等奖、国家自然科学奖三等奖、湖北省科技进步奖一等奖 2 项、国家科技进步奖二等奖等奖项。2006 年入选“新世纪百千万人才”国家级人选，2007 年获中国青年科技奖。

闫俊华 研究员

研究方向 / 领域：生态系统生态学、陆表生态过程与环境变化

现代农学院副院长，华南植物园主任、党委书记，广东省植物学会理事长，获得国家杰出青年基金支持。主要从事陆表过程与环境变化，包括陆表固碳、水文、氮素过程及其对环境变化的响应研究。在 Science、PNAS、Global Change Biology 等重要学术刊物发表论文 190 余篇，出版专著 1 部，授权专利 4 项。主持国家重点研发计划、国家自然科学基金重点、中国科学院先导计划课题等项目。获得国家自然科学二等奖 2 项、广东省自然科学奖一等奖 3 项；荣获中国青年科技奖、广东省丁颖科技奖，入选国家百千万人才工程、广东特支计划杰出人才；享受国务院政府特殊津贴、被授予“全国优秀科技工作者”荣誉称号。

沈仁芳 研究员

研究方向 / 领域：土壤肥力、植物营养与植物生理

现代农学院副院长，南京土壤所所长，土壤养分管理与污染修复国家工程研究中心主任，中国土壤学会名誉理事长、会士，中国科学院盐碱地综合利用攻坚专项总指挥，国家农业关键核心技术攻关专项耕地和节水领域总师、耕地领域执行专家组组长、项目首席专家，第三次全国土壤普查外业工作组组长，国际土壤学联合会（IUSS）土壤利用与管理研究部主席，获得国家杰出青年基金支持。长期从事土壤学研究，围绕“藏粮于地、藏粮于技”国家战略，在酸性土壤改良与利用理论上获得新突破，研发了降酸培肥新产品和新技术，为我国耕地保育理论创新与酸性土壤可持续利用做出突出贡献。发表论文 300 余篇，其中 SCI 收录 200 余篇，以第一完成人荣获广东省科技进步奖一等奖、江苏省科技进步奖二等奖、中国土壤学会科技奖一等奖、植物营养与肥料科技奖一等奖等奖项。

谭支良 研究员

研究方向 / 领域：动物营养生理研究、农牧复合过程养分循环与环境效应

现代农学院副院长，亚热带所党委书记、二级研究员，科技部重点领域“畜禽消化道健康与养殖生态安全”创新团队首席科学家，中组部“WR 计划”科技创新领军人才，兼任中国动物营养学会副理事长和湖南省奶业协会会长。主要从事农牧生态系统功能调控与反刍家畜营养代谢研究，曾获国家科技进步奖二等奖 2 项，湖南省科技进步奖一等奖 4 项，中国科学院科技进步奖二等奖和三等奖各 1 项。先后主持科技部国际合作项目、中国科学院科技先导专项项目、国家自然科学基金重大国际合作项目、国家自然科学基金重点项目、湖南省重大科技专项 16 项。出版专著 3 部，在国际期刊发表研究论文 200 余篇。

姜 明 研究员

研究方向 / 领域：湿地生态、土壤地理研究

现代农学院副院长、东北地理所所长，第十四届全国政协委员，兼任国际湿地科学家学会中国分会主席、中国地理学会副理事长等职。主持科技部国家重点研发项目、国家自然基金委重大及重点项目、“黑土地保护与利用”中国科学院战略 A 类先导专项、UNDP/GEF 项目等 50 余项。在 Science、Global Change Biology、Science Bulletin 等国内外学术刊物上发表论文 200 余篇，编写专著 11 部，授权发明专利 20 余项，获中国科学院杰出科技成就奖及省部级一等奖 5 项。牵头撰写的黑土地保护，侵蚀沟治理，泥炭地保护、国家公园建设等咨询报告，得到国家及部委采纳。

现代农学院 2025 级新生开学典礼顺利举行

9 月 18 日上午，国科大现代农学院 2025 级新生开学典礼在雁栖湖校区礼堂隆重举行。国科大党委常委、副校长牛晓莉，现代农学院院长、中国工程院院士、南京土壤所研究员张佳宝，现代农学院副院长、遗传发育所副所长（主持工作）傅向东，现代农学院副院长、华南植物园主任、党委书记闫俊华，资环农学院党委书记王静，承办研究所和学院的教育管理干部等出席开学典礼。现代农学院常务副院长冯锋主持典礼。

牛晓莉代表国科大向全体新生表示热烈欢迎，勉励新生传承并弘扬“两弹一星”精神，将科技报国初心融入自身血脉，勇敢肩负起实现高水平科技自立自强的时代重任。张佳宝代表现代农学院向全体新生表示祝贺，他对青年学子提出三点期望：一、要尽早明确研究方向，在专业领域坚持不懈地深耕细作；二、要勇于挑战极限，肩负起攻克难关、抢占科技制高点的重任；三、要心怀“国之大者”，扎实筑牢专业基础，努力成为国家和社会所需的栋梁之才。傅向东鼓励同学们练就田间地头与实验室双轮驱动的扎实本领，锻造以问题为导向的

科研思维，既要怀揣“禾下乘凉”的梦想，更要脚踏实地，涵养“十年磨一剑”的科研定力。闫俊华希望同学们主动对接国家重大战略需求，将个人成长融入强国伟业，积极拥抱学科交叉带来的无限机遇，坚守求真、务实、创新的科学精神，在广阔天地中绽放青春光彩。研究生新生代表张美奇表示，将积极践行“博学笃志、格物明德”的校训，把论文写在祖国大地上，为保障国家粮食安全、推进农业农村现代化贡献智慧。在“开学第一课”环节，张佳宝以《挖掘生物赋能潜力 促进农田增碳沃土和产能提升》为题，生动地向师生们讲述了土壤的奥秘。在总结发言中，冯锋叮嘱同学们要遵守校规校纪，增强维护国家安全的责任感，提高自身安全意识，保持健康的生活方式，以积极饱满的状态投入学习科研，勇毅前行，书写无愧于时代的青春华章。

9 月 16 日，现代农学院召开新生入学教育会议，学院领导和教育管理干部向同学们介绍了学院基本情况，教学管理和学生服务工作，为同学们的学习和生活提供帮助和指导。9 月 26-27 日，老师们走访了学生宿舍，与同学们进行了面对面交流，深入了解了他们的日常生活、学习和需求，为同学们送去关怀和温暖。

学术交流

邓华凤研究员受邀开展“杂交水稻创新成果与未来发展”学术报告

7 月 4 日上午，国家杂交水稻工程技术研究中心主任邓华凤研究员莅临国科大奥运村校区，在遗传发育所开展了一场题为“杂交水稻创新成果与未来发展”的学术报告。报告由张玉芹副教授主持。傅向东、冯锋、高彩霞、张保才等现代农学院的领导和老师与同学们参加了活动。

报告中，邓华凤研究员详细介绍了袁隆平创新团队在杂交水稻领域取得的卓越成就。经过 30 多年的不懈努力，该团队创新了杂交水稻理论和技术体系，创立了超级杂交稻育种技术体系，引领了国际超级杂交稻育种方向，推进了杂交稻技术集成与产业化，为中国粮食安全、农业科学发展和世界粮食供给作出了杰出贡献。在新时代，团队提出了杂交水稻发展的新理念和新目标：未来将依靠科技进步，进一步推动杂交水稻产业的可持续发展。

参会师生对邓华凤研究员的报告产生了浓厚兴趣，对杂交水稻的未来发展充满期待，大家围绕杂交水稻育种及机械化收割等问题展开了热烈讨论。

荣誉奖项

- 朱永官院士科普著作《鲜活的土壤》获“2025 年度江苏省优秀科普作品成果”一等奖

- 遗传发育所王冰研究员获评2025年度全球植物科学“新星”奖（“Rising Stars in Plant Sciences”Award）
- 8月2日，水生所何舜平研究员当选中国动物学会鱼类学分会新一届理事长
- 8月22日，海洋所王鹏研究员和张祥光正高级工程师获青岛市委、市政府颁授2025年“青岛拔尖人才”称号
- 现代农学院娄焕昌同学（遗传发育所）获2025年度中国科学院院长特别奖，另有15名同学获得2025年度中国科学院院长优秀奖
- Water Biology and Security入选中国科学引文数据库（CSCD）核心库

教学工作

作物生理与高效农业教研室2025年教学研讨会在植物研究所顺利召开

7月16日，现代农学院作物生理与高效农业教研室在植物所召开了以“课程教学与跨学科教研研讨”为主题的教学研讨会。植物所副所长、作物生理与高效农业教研室主任杨文强研究员，国科大现代农学院常务副院长冯锋研究员，中国农业大学刘庆昌教授，湘湖实验室林荣呈研究员，软件所韩腾研究员，现代农学院科教融合办公室主任石东乔等与本教研室近30位教师共聚一堂，围绕研究生教育教学工作开展广泛讨论。

杨文强介绍了本次会议的主题和参会人员，希望通过本次研讨会提高各位老师的教学水平，推动学院-教研室科教融合工作进一步发展。冯锋向与会教师全面介绍了学院近年来在科教融合方面所取得的丰硕成果。国家级教学名师刘庆昌结合自身多年的教学心得，为教师们分享了自己在课程体系构建、课程内容创新、讲课艺术等方面的经验。韩腾以人工智能与神经系统疾病研究的深度融合为例，阐述了“AI for Science”的广阔前景。石东乔从新农科拔尖创新人才培养视角出发，客观分析了国科大农科研究生教育的优势与不足，提出了新农科课程建设和人才培养建议。林荣呈、王柏臣分别从激发学生听课兴趣、健全学生知识体系出发，向各位老师分享了组织授课内容和设计教学环节的经验，为提升教学质量提供了切实可行的方法。

2025-2026学年秋季学期，现代农学院首次备案并开设园艺学课程。园艺学学科由华南植物园牵头建设。2023年9月，国科大自主审核增列的园艺学一级学科博士学位授权点获教育部备案。在2021年启动的教学改革工作中，华南植物园即组织专家开展园艺学课程体系构建。在最近组织的园艺学备案交流会中，来自华南植物园、武汉植物园、植物所园艺学领域的专家和教师，再次就园艺学课程备案准备工作进行论证。基于会议讨论结果，本学期园艺学学科成功备案2门核心课、1门专业课和1门公共选修课。

2025-2026学年秋季学期共开设51门课程，其中：作物学17门，农业资源与环境10门，水产6门，畜牧学6门，林学3门，农业（专业硕士）4门，园艺学4门，公共必修课1门。

9 月，学院根据《中国科学院大学关于启动 2024 年度岗位教师遴选工作的通知》相关要求，有序开展岗位教师遴选工作。目前，学院已组织教研室和教学委员会专家完成了对各项申报材料的审核，并将岗位教师候选人名单提交至国科大教务部。

重大科研成果

许操团队研发智能机器人育种家“吉儿”系统

杂种优势的利用对提高作物产量和保障粮食安全至关重要。长期以来，杂交育种与制种依赖人工去雄和授粉，成本高、效率低；对于花型闭合作物（如番茄、大豆）来说，规模化杂交制种更难以实现。虽然结构型雄性不育系可克服这一瓶颈，但基因编辑技术尚难以高效集成花粉败育与柱头外露性状，雄性不育系的创制仍严重依赖偶发突变或诱变筛选，受限于漫长的育种周期和材料的遗传背景。随着智能农业科技的兴起，有望通过人工智能技术与生物技术融合实现智能机器人授粉，但在此之前，需打破复杂环境中花朵识别、毫米级柱头定位和精准柔化操作等多重技术壁垒。

8 月 11 日，遗传发育所许操研究员带领的智能育种攻关团队在 Cell 杂志发表了题为“Engineering crop flower morphology facilitates robotization of cross-pollination and speed breeding”的研究论文（Xie *et al.*, 2025）。该研究将 BT（生物技术）+ AI（人工智能）深度融合，首次提出作物 - 机器人协同设计（Crop-robot co-design）的“双向奔赴”理念。团队通过基因编辑重新设计作物花型，快速精准创制“机器人友好”的结构型雄性不育系；再运用深度学习和人工智能成功研制世界首台可自动巡航并杂交授粉的智能育种机器人“吉儿”（Genome Editing with Artificial-Intelligence-based rRobots，GEAIR），打破杂交育种和制种瓶颈，大幅降低了育种成本、缩短了育种周期、提高了育种效率。该研究开辟了“BT 筑基 +AI 赋能 + 机器人（Robot）劳作”的智能育种（BAR）模式，标志着我国率先完成智能机器人育种闭环技术体系构建，在生物育种范式革新和催生新质生产力方面展现了“AI for Science”的重大应用前景。

为快速创制结构型雄性不育系，团队通过基因编辑靶向番茄花器官 ABC 模型基因中特异调控雄蕊发育的 B 类 MADS-box 基因 *GLO2*，使原本闭合的雄蕊开裂、花粉败育，柱头无需伸长便可自然外露（见左图），成功创制了柱头外露的结构型雄性不育系，为人工智能机器人进行杂交授粉操作扫除了最大障碍，使机器人广泛应用于智能自动化杂交育种和制种成为可能。

在“理想不育系”的基础上，许操团队与中国科学院自动化所的杨明浩团队合作，用 12,800 张不育系花朵图像进行花朵定位、分割掩膜标记及柱头朝向检测训练和测试，训练了 YOLACT_Orient 深度学习神经网络模型，使花朵检测准确率达 82.0%，单帧推理耗时仅 0.06 秒。运用伪双目测距策略，通过 SURF 特征匹配与 RANSAC 算法计算柱头 3D 坐标，使定位误差控制在 7.67 毫米内，

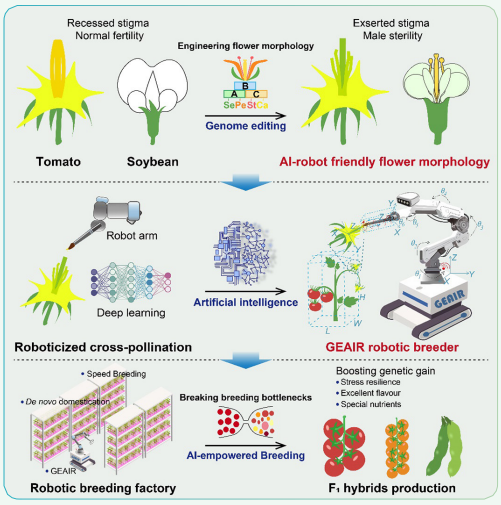
计算耗时 0.045 秒。最后，螺旋伺服授粉策略结合轻量级神经网络确保花粉被准确轻柔地递送至柱头表面，避免柱头损伤，保证授粉成功率。在商业化生产温室，稳定运行的智能授粉机器人柱头识别准确率可达 85.1%，每朵花授粉耗时仅 15 秒，单次巡航授粉成功率为 77.6% ± 9.4%，同时，机器人全天候反复巡航进行的自动杂交授粉，也为每朵花成功授粉坐果提供了保障（见上图）。而且，“吉儿”机器人的零部件国产化自主率已达 100%，整机成本极具应用前景。

团队进一步将“吉儿”机器人与本团队先前创建的“从头驯化（*de novo* domestication）”技术（Li *et al.*, 2018）和“快速育种（Speed breeding）”技术（Watson *et al.*, 2018）结合，建立了智能育种工厂（Breeding factory）（见下图），将近缘野生种的育种利用周期由原来的 5 年缩短为 1 年，释放了作物野生近缘种的育种潜力，实现了风味浓郁的口感番茄和抗逆丰产的优质番茄新种质的批量快速培育。本研究为解决中国科协提出的 2025 十大前沿科学问题之“作物野生近缘种在提升栽培种抗逆特性的育种潜力”提供了全新的智能育种科技方案。

为突破杂交授粉成本过高导致大豆杂种优势无法用于实际生产的难题，团队利用“吉儿”策略首次快速创制了结构型大豆雄性不育系，使用该不育系可节省 76.2% 人工授粉操作时间。这一策略有望为我国率先突破大豆杂交育种限制，大幅提高大豆单产，提供具有非对称优势的新一代智能育种技术和智能装备（见下图）。

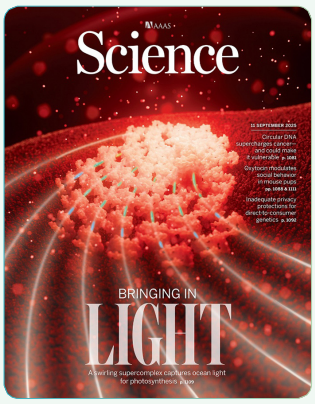
针对人工智能时代的杂交育种，结合结构型雄性不育系的快速精准创制，许操研究员提出了杂交育种从“多系配套（两系 / 三系）”到“机器人配套”转变的理念。首先，运用前沿生物技术重新设计作物花型，由此产生的柱头外露型雄性不育花型成为不育植株区别于可育植株的、能被机器人精准识别的“表型标记”，删减了此前通过“分子标记”生物学实验来鉴定不育系的耗时繁杂步骤。同时，机器人可以自动完成“恢复系”和“保持系”对“不育系”的杂交授粉，实现“机器人配套”的智能自动化杂交育种。

该研究受到国内外社会各界广泛关注和高度评价，Cell 杂志审稿人称赞其为一项令人振奋的创新性突破，是通过 BT + AI 交叉融合解决重大科技问题和产业难题的典范，具有广阔的应用前景。该研究也被 Cell 选为封面文章。Nature Plants 发表专评，认为该研究提出并实现的作物与机器人协同设计理念是底层逻辑的智慧突破，是跨学科交叉的颠覆性范式革新。上述结构型雄性不育系创制技术和智能育种机器人相关技术已申请国家专利和 PCT 国际专利，许操带领的智能育种攻关团队正在将“育种 - 生产 - 采收 - 追溯”全产业链进行 BT + AI 融合，研发机器人育种家“吉儿 2.0 版”，并将结构型雄性不育系拓展应用于更多作物。（Xie *et al.*, 2025, Cell 188, DOI: 10.1016/j.cell.2025.07.028；Li *et al.*, 2018, Nat Biotechnol 36, DOI: 10.1038/nbt.4273；Watson *et al.*, 2018, Nat Plants 4, DOI: 10.1038/s41477-017-0083-8）（遗传与发育生物学研究所 谢 跃 张廷浩 供稿）



王文达团队与田利金团队等合作解析海洋颗石藻高效利用光能的分子机制

颗石藻（Coccolithophores）是海洋中的主要浮游植物类群之一，其细胞壁主要由碳酸钙晶体材质的颗石粒构成。颗石藻在白垩纪达到鼎盛，成为海洋初级生产力的主要贡献者，其碳酸钙外壳也在地质地层中留下显著的“白垩”痕迹，因此，颗石藻在海洋碳沉积和全球碳循环中扮演着关键角色。颗石藻具有高

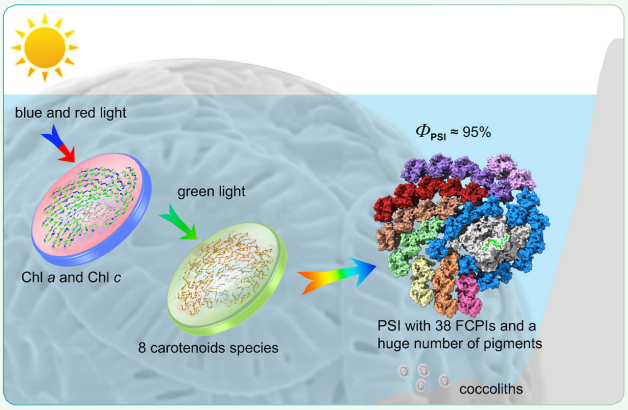


效的光合自养生长能力，能适应多变的海洋光环境，实现快速繁殖。然而，颗石藻光系统复合物如何高效捕获和利用光能的微观机理并不清楚，其结构演化机制也未见报道。

9 月 12 日，植物所王文达团队与田利金团队等合作，在 Science 杂志发表封面文章“Structure and function of a huge photosystem I-fucoxanthin chlorophyll supercomplex from a coccolithophore”，首次在原子层面揭示了颗石藻通过扩展和优化其光系统结构来适应海洋光环境的独特策略。颗石藻光系统 I（PSI）拓展了 3-4 倍捕光截面，但依然保持了 95% 的光能转化效率。该发现是光合生物适应进化研究的一个重大突破，为理解光合生物高效的能量转化机理提供了新的结构模型，对设计新型光合作用蛋白、指导人工模拟和开发高碳汇生物资源具有重要意义。

该研究报道了赫胥黎艾氏藻（*Emiliania huxleyi*）（简称赫氏颗石藻）的光系统 I- 岩藻黄素叶绿素 a/c 结合蛋白（PSI-FCPI）超级复合物三维结构与色素蛋白特征：颗石藻 PSI-FCPI 超级复合物是一个由 51 个蛋白亚基和 819 个色素分子组成的分子量高达 1.66 MDa（兆道尔顿）的巨大光合膜蛋白机器（见下图）；其分子量远超已报道的真核生物 PSI 复合物，捕光截面达到典型陆地植物（豌豆）PSI-LHC 复合物的 4~5 倍。飞秒瞬态吸收光谱结果表明，颗石藻 PSI-FCPI 捕获不同波段光能后的超快传能在 96–120 皮秒，实现电荷分离的量子转化效率超过 95%，与陆地植物 PSI-LHC 复合物的效率相当，说明该复合物具备特殊的蛋白组装特征，以实现能量的长距离传递和高效转换。

分析发现，颗石藻的 PSI 核心周围环绕着 38 个 FCPI 捕光天线，如 Lhcr, Lhcf, Lhcq, RedCAP, 以及新发现的 Lhcq-like 亚基，这些组分以模块化的方式排列成 8 个放射状排布的捕光天线条带。这种“旋涡围绕”PSI 核心的“巨型捕光天线”依赖大量 Lhcq 和 Lhcq-like 天线的模块化组装，极大地扩展了捕光面积。在 Lhcq 和 Lhcq-like 类型天线中发现了非常丰富的叶绿素 c 和岩藻黄素类型的类胡萝卜素，助其有效吸收深水区的蓝绿光（460~490 nm）和绿光（490~540 nm）。大量叶绿素 c 与叶绿素 a 形成了紧密的能量偶联，消除了能量陷阱，构成了顺畅的能量传递网络，这可能是其保持超高量子转化效率的关键。



该研究首次在原子层面揭示了颗石藻通过扩展和优化光系统结构来适应海洋光环境的独特策略，其巨大的 PSI-FCPI 代表了红系藻类内共生演化背景下对光捕获结构的极致拓展，是光合生物光适应进化研究中的一个重大发现。（Shen *et al.*, 2025, Science 389, DOI: 10.1126/science.adv2132）（植物研究所 王文达 供稿）

科研进展

遗传与发育生物学研究所

◉ 高彩霞团队开发了一种新型人工智能蛋白质工程计算模拟方法 AiCE（AI-informed Constraints for protein Engineering）。该方法利用现有的通用逆折叠模型而无需训练专属人工智能模型，即可实现

蛋白质高效进化模拟和功能设计，极大降低了计算成本，在效率、可扩展性和通用性方面显著优于传统蛋白质工程方案，将基于人工智能的蛋白质进化提升到了一个全新的水平。在 AiCE 辅助下，高彩霞团队对重组酶 Cre-Lox 系统实现精准优化，成功创制新型 Lox 变体和工程化 Cre 蛋白变体；再利用无痕编辑策略 Re-pegRNA，通过设计特异性 pegRNA 对重组后残留的 Lox 位点进行“重引导编辑”（re-prime editing），将其精准替换为原有基因组序列。由此建立了一种新型可编程的染色体水平大片段 DNA 精准操纵技术 PCE（Programmable Chromosome Engineering），在动植物中实现了跨越 kb 到 Mb 级别的多类型染色体精准操纵。（Fei *et al.*, 2025, Cell 188, DOI: 10.1016/j.cell.2025.06.014; Sun *et al.*, 2025, Cell 188, DOI: 10.1016/j.cell.2025.07.011）

- 谢旗团队解析了甜高粱（*Sorghum bicolor* var. saccharatum）木聚糖水解酶基因 *SbXyl* 在次生壁沉积和维管组织发育中的功能，利用维管组织特异互补（Vascular tissue-specific complementation, VSC）策略，成功对木聚糖水解酶突变体进行了改造利用：*VSC* 转基因株系不仅使突变体的水分运输能力和生物量恢复至野生型水平，而且，无论在未青贮还是青贮后，*VSC* 株系的消化率均明显优于野生型植株。本研究成功破解了甜高粱木聚糖水解酶突变体饲料消化率与生物量负相关的育种难题，为能源作物木质纤维素的高效利用提供了新思路。（Ge *et al.*, 2025, Mol Plant 18, DOI:10.1016/j.molp.2025.06.017）
- 冯健团队与韩方普团队合作完成了两个代表性苜蓿材料（*Medicago truncatula* Jemalong A17 和 *M. littoralis* R108）的端粒到端粒（telomere-to-telomere，T2T）无缺口基因组组装，构建了苜蓿属植物最完整的参考基因组资源。A17 基因组为 494.47 Mb，R108 基因组为 415.27 Mb，二者的着丝粒结构具有显著差异。研究揭示了不同种苜蓿植物的着丝粒快速分化过程及卫星重复序列的动态变化规律，提出了新的着丝粒结构稳定机制：活性着丝粒区域由 CENH3 富集的主要卫星序列 CentM168 构成，而非活性区域则由其他卫星重复序列环绕保护，从而有助于避免染色体重排或断裂；另外，着丝粒区域的 LTR 反转录子等元件在苜蓿着丝粒的形成与维持过程中可能发挥关键作用。（Shen *et al.*, 2025, Mol Plant 18, DOI: 10.1016/j.molp.2025.07.016）

南京土壤研究所

- 褚海燕团队检测了东北典型黑土区土壤中 8 种典型除草剂的残留水平，构建了一个由 4 个菌株组成的合成菌群（SynCom），能降解多种复合除草剂、稳定定殖于土壤、增加土壤细菌多样性并显著增强土壤酶活水平。该研究提出了 SynCom 在土壤中的除草剂降解与生态系统调节模型，阐明了 SynCom 在修复 8 种复合除草剂、提升土壤生物多样性与碳代谢功能、以及增加土壤有机质含量方面的多重功效，为除草剂污染土壤的微生物修复提供了新途径，为农业可持续发展提供了切实可行的解决方案。（Zhang *et al.*, 2025, iMeta e70058, DOI: 10.1002/imt2.70058）
- 丁维新团队基于全球原位观测数据，绘制了湿地水位时空分布图，结合环境因子数据库和机器学习方法评估了全球湿地碳汇的时空变异特征。研究发现，2000–2020 年全球湿地的平均固碳速率达到 1004 Tg C $year^{-1}$，其中 70% 来自热带湿地。2005 年以前，全球湿地碳汇呈下降趋势，此后则逐步回升。过去 20 年，北半球中高纬度湿地碳汇持续增加，相反热带和南半球中高纬度湿地则呈下降趋势，总体上全球湿地生态系统碳汇能力维持相对稳定。不同区域湿地碳汇的差异主要受水文要素驱动，在全球气候变化背景下，日益加剧的水文极端事件将削弱湿地碳汇的韧性及其所支撑的生态系统服务功能。（Li *et al.*, 2025, Nat Ecol Evol 9, DOI: 10.1038/s41559-025-02809-1）
- 王慎强团队、朱永官团队与合作者在长江流域典

型稻麦轮作区开展了长期定位田间试验，系统评估了在水稻季减少甚至停施磷肥的可行性和生态效益。研究发现，稻田淹水还原条件下，土壤中铁铝氧化物结合态磷被激活，作物可充分利用“遗留磷”维持产量稳定；这一策略使周年磷流失量减少约 23%。模型分析表明，若在长江流域土壤全磷含量超过 0.4 g kg^{-1} 水旱轮作农田推广此策略，每年可减少化学磷肥施用 7.1 万吨、节约成本约 1.89 亿元。该研究在长期定位田间试验中验证了水旱轮作体系高效利用土壤遗留磷稳产减排的可行性，为农业绿色转型和资源高效循环提供了可推广的技术路径。（Wang *et al.*, 2025, One Earth 8, DOI: 10.1016/j.oneear.2025.101449）

- 王兴祥团队通过对花生（*Arachis hypogaea*）根系和荚果进行同位素标记实验，首次明确了镉（Cd）从花生根系到籽粒有两条转运路径：“根系 - 茎秆 - 叶片 - 茎秆 - 荚果”和更高效的“根系 - 茎秆 - 荚果”的直接转运路径（贡献率 55.4%），证实了茎秆储存的 Cd 是花生籽粒 Cd 积累更重要的来源。研究系统阐明了木质部中离子态 Cd 和韧皮部中氨基酸结合态 Cd 对籽粒 Cd 积累的关键作用，明确了 Cd 可能主要通过与氨基酸类物质结合而赋存于籽粒蛋白质中。（Tang *et al.*, 2025, J Agric Food Chem 73, DOI: 10.1021/acs.jafc.5c03959）

水生生物研究所

- 桂建芳团队以具有天然抗鲫疱疹病毒（*CaHV*）能力的双二倍体白鲫（*Carassius gibelio*，AABB）作为母本，与双四倍体雄鱼进行繁殖，培育出基因组重构的双三倍体（Genome-reconstructed amphitriploid；AAABBB）。经群体遗传分析，团队将疱疹病毒抗性性状关联到白鲫染色体 12B 的基因组热点区间。因此，通过倍性变化和生殖方式转换驱动的多基因组重构，银鲫的天然单性雌核生殖能力和白鲫的天然抗疱疹病毒能力能够同时引入基因组重构的双三倍体，筛选出兼具抗疱疹病毒能力和生长优势异育银鲫“中科 6 号”的候选新品种。本研究不仅首次证明利用单性 - 有性生殖转换可实现动物多倍体基因组的精准设计育种，同时也为培育高抗高产的突破性银鲫新品种奠定重要理论基础。（Lu *et al.*, 2025, Adv Sci 12, DOI: 10.1002/advs.202506024）
- 孙永华团队揭示了一个存在于卵子发生和早期胚胎胚外组织中的“Nanog – *cyp11a1* – 孕烯醇酮（Pregnenolone, P5）轴”。团队从胆固醇代谢、微管组装、细胞骨架、物质运输等层面，阐释了 *Nanog* 在调控胚胎细胞命运决定和胚外组织卵黄合胞体层（yolk syncytial layer，YSL）及早期受精胚卵黄胞质层（yolk cytoplasmic layer，YCL）结构与功能的协调统一性，发现了胚外组织 YSL 中存在独立于胚胎组织的合子基因激活（zygotic genome activation，ZGA）程序，为胆固醇代谢影响鱼类卵子质量的作用机制提供了全新的认识。（Zhang *et al.*, 2025, Sci Bull 70,DOI: 10.1016/j.scib.2025.09.011.）
- 缪炜团队与合作者精确估算了纤毛虫四膜虫（*Tetrahymena thermophila*）体细胞系基因组的突变率，发现其为相应生殖系突变率的 17.3 倍。核小体在基因区的富集可能通过充当物理屏障，降低了 DNA 复制与修复机器的可及性与效率，从而使基因区的突变率显著高于基因间区。在四膜虫及多种哺乳动物中，突变频谱的整体模式高度相似，生殖系与体细胞系的突变率之间呈现出极强的线性相关性，提示驱动生殖系与体细胞系突变率差异的关键因素并非细胞分裂速率或诱变剂暴露，而可能存在更为保守的内在生物学机制。（Wang *et al.*, 2025, Curr Biol 35, DOI: 10.1016/j.cub.2025.07.045）

华南植物园

- 刘占锋团队和王俊团队对热带森林根系与外延菌丝在土壤碳输入中相对贡献进行精确区分与量化，发现根系对土壤有机碳的年均净贡献是外延菌丝（0.32 mg C g^{-1} 土壤）的近 4 倍。根系不仅显著促进新碳的固定，还可抑制原有有机碳的分解，从

而实现土壤碳的净积累。不同演替阶段的热带森林碳输入策略存在明显差异：演替早期以丛枝菌根植物为主，依靠快速周转的根系大量输入碳；中期转为以外生菌根真菌为主，菌丝寿命更长、碳输入更稳定；至演替晚期，则形成功能互补的稳定碳汇机制。该研究系统阐明了根系与菌丝在热带森林土壤碳汇中的相对作用，凸显了根系性状在碳固存中的核心地位。（Chen *et al.*, 2025, Glob Change Biol 31, DOI: 10.1111/gcb.70499）

- 侯兴亮团队在大豆（*Glycine max*）14 号染色体上鉴定出一个与百粒重显著相关的稳定信号区间，确定了一个调控大豆百粒重及品质的关键基因 *SW14*。SW14 与大豆种子发育核心调控因子 GmLEC1a/b（Leafy Cotyledon a/b）发生互作，抑制了 GmLEC1 在种子发育过程中介导的转录激活功能。优良等位基因 $SW14^{H3}$ 在大豆驯化过程中经历了人工选择，并展现出提高大豆产量的应用潜力。（Zhang *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-63582-0）
- 刘勋成团队发现拟南芥（*Arabidopsis thaliana*）远红光受体——光敏色素 phyA 的稳定性受乙酰化修饰动态调控，赖氨酸去乙酰化酶 HDT2 通过介导 phyA 去乙酰化，促进其泛素化与蛋白降解，从而精确调控远红光信号转导与幼苗光形态建成。该成果不仅深化了对光受体稳定性调控机制的理解，同时揭示了非组蛋白乙酰化修饰在光形态建成中的关键作用。该团队还发现，拟南芥 KNOX 家族转录因子 BP/KNAT1 在光诱导种子萌发过程中起正调控作用。红光 / 远红光受体——光敏色素 phyB 能够直接与 BP 蛋白互作，通过降低其泛素化修饰水平，促进其在吸胀种子中的蛋白积累。进一步研究发现，BP 直接抑制 ABA 生物合成关键基因 *NCED6* 与 *NCED9* 的表达，从而降低内源 ABA 含量，促进种子萌发。系列工作表明，乙酰化通过协同泛素化、磷酸化等翻译后修饰，构成植物光信号转导的多维调控网络。（Zheng *et al.*, 2025, Mol Plant 18, DOI: 10.1016/j.molp.2025.08.002; Gu *et al.*, 2025, Plant Commun 6, DOI: 10.1016/j.xplc.2025.101517）

亚热带农业生态研究所

- 李德军团队揭示了合成菌群（SynCom）在堆肥高温期对木质纤维素降解的重要机制：SynCom 接种有效降低了木质素、纤维素和半纤维素含量，明显提高了关键降解酶（如漆酶、锰过氧化物酶、纤维素酶和木聚糖酶）的活性，还显著增强了与碳水化合物代谢、氨基酸代谢、维生素代谢及能量代谢相关的微生物代谢途径，从基因水平优化了堆肥过程中微生物群落的结构与功能。（Chen *et al.*, 2025, Chem Eng J 520, DOI: 10.1016/j.cej.2025.165847）

植物研究所

- 郭自峰团队与合作者开发了一个基于图像的高通量表型分析平台，通过解析 306 份世界范围内农家种小麦材料和在中国 1900-2020 年释放的 1053 份小麦（*Triticum aestivum*）育种材料，发现穗部形态分别表现出显著的地理分布及育种选择的差异，这些差异由不同的单倍型组合决定。小麦育种打破了农家种中穗长与穗宽 / 穗厚度之间的负相关性，不同类型的穗型对产量无明显偏好性。利用不同空间位置穗体积优异位点可以有效的改良穗型增加穗体积进而提高穗重，为穗型精细调控提供了关键资源，有助于加速小麦育种的精准改良。（Shen *et al.*, 2025 Cell Rep 44, DOI: 10.1016/j.celrep.2025.116120）

海洋研究所

- 李超伦团队深入研究了栖息于槽热液区阿尔文科贺氏拟阿尔文虫（*Paralvinella hessleri*）。贺氏拟阿尔文虫在硫化氢浓度极高的区域内成群栖息，其体内富集了大量无机砷，在表皮细胞中分布着主要由砷和硫构成黄色颗粒，与标准的三硫化二砷（雌黄矿，As_2S_3）完全一致。这些颗粒中富集

了多种耐药转运蛋白（MRP）与血红蛋白，负责砷的转运与解毒，以及硫化氢的结合和运输。团队首次提出贺氏拟阿尔文虫演化出一种独特的“以毒攻毒”的砷-硫化氢偶联解毒机制：即蠕虫通过摄食含高浓度砷的生物膜获取砷化物，这些砷在 MRP 蛋白的作用下被转运并富集到上皮细胞内。同时，硫化氢通过血红蛋白被输送至这些解毒细胞。最终，两种剧毒物质在细胞器内结合，形成不溶性的三硫化二砷矿物，从而被“锁定”并实现解毒。本研究不仅为理解动物的适应性演化提供了新视角，也为生物矿化研究和环境毒理学开辟了新方向。（Wang *et al.*, 2025, PLoS Biol 23, DOI: 10.1371/journal.pbio.3003291）

- 刘进贤团队与国外同行合作，揭示了两类地理分布截然不同、生态环境极端差异的鱼类——银鱼（Osmeriformes: Salangidae）和南极冰鱼（Notothenioidei: Channichthyidae）——如何在各自演化历程中独立丢失血氧运输系统关键基因，成为脊椎动物中罕见的“无红血”物种代表。基因组学分析表明，银鱼科内部物种分化之前便完全丢失了肌红蛋白基因，此后，血红蛋白基因在不同银鱼物种中经历了不同程度的独立退化，银鱼血氧运输系统中其他相关基因也发生了不同程度的独立退化。银鱼血氧运输相关基因的丢失与退化，与其历史偶然性及幼态持续特征密切相关。幼态持续使银鱼在缺乏传统血氧运输系统关键蛋白的情况下仍然可以生存并繁衍。银鱼与南极冰鱼在自然选择的作用下各自演化出一些可以增强心血管功能的遗传变化，以部分补偿氧气运输与储存效率的降低，两者在相关基因上的重叠较少，显示出演化的独立性；但二者均共享转座子介导的突变作为血氧运输系统关键基因退化的主要驱动力。（Li *et al.*, 2025, Curr Biol 35, DOI: 10.1016/j.cub.2025.05.050）
- 王广策团队解析了条斑紫菜（*Pyropia yezoensis*）组蛋白去乙酰化与外源基因表达之间的负调控关系，为大型经济海藻遗传改良提供了重要靶点。团队设计了双核酶切割的基因敲降系统，将组蛋白去乙酰化复合体的关键蛋白 PySAP30 作为靶点，将筛选标记与反义片段进行富集表达，显著提高了筛选突变株的阳性率。使用紫菜强启动子证明了组蛋白去乙酰化对外源基因表达的负调控作用，并提出了 SAP30 蛋白参与调控紫菜外源基因表达的理论模型。（Wang *et al.*, 2025,Plant Physiol 199, DOI: 10.1093/plphys/kiaf393）

地理科学与资源研究所

- 镉（Cd）污染严重干扰水稻土氮（N）有效性并降低水稻氮利用效率（NUE）。方华军团队通过田间原位 Cd 添加梯度控制实验，发现土壤化学性质、微生物群落及水稻 NUE 对 Cd 污染的响应呈现剂量依赖性，且根际土壤对 Cd 污染更为敏感。尽管高剂量 Cd 添加促进了水稻地上部生物量和氮素吸收，却降低了植株氮浓度和 NUE，微生物介导的土壤氮循环过程变化是导致 NUE 降低的主要原因。此研究深化了对重金属污染下水稻 NUE 驱动机制的理解，并为优化农田氮素管理策略提供了理论基础。（Shi *et al.*, 2025, J Hazard. Mater 496, DOI: 10.1016/j.jhazmat.2025.139298）
- 史文娇团队系统评估黄淮海区高标准农田氮肥利用效率与环境影响，通过覆盖小麦 404 个县、玉米 328 个县、水稻 115 个县的调研，结合统计数据构建评估体系。结果显示，高标准农田小麦、玉米和水稻三大粮食作物的施氮强度均显著低于县尺度平均水平，氮肥利用率达 50.2%-55.2%，氨挥发、氮淋溶、氧化亚氮排放均下降；如果将黄淮海地区三种作物的氮肥施用量均能降至高标准农田管理下的施氮水平，区域尺度上三大作物 NUE 可提升 12.9%-19.5%，氮淋溶、NH_3 挥发以及 N_2O 排放可减少 37.4%-66.5%，该研究为高标准农田建设提供量化依据与政策参考。（Wang *et al.*, 2025, J. Integr. Agric 24, DOI: 10.1016/j.jia.2025.02.006）

城市环境研究所

- 朱永官团队在大陆尺度上开展了一项覆盖我国 13

个城市、涵盖四种土地利用方式的土壤生物多样性与同质化效应及其驱动机制的研究，发现城市化增加了局地土壤生物多样性，但由于其导致的同质化效应，在区域、大陆乃至全球尺度上可能降低跨类群的生物多样性。表明在快速城市化进程中，亟需建立多尺度下土地利用、环境条件和土壤生物互作的综合认知框架，深入理解这些互作机制并制定针对性措施，对维持城市土壤的生态功能和服务及实现环境效益与人类福祉的双赢具有重要意义。（Sun *et al.*, 2025, Nat Cities 2, DOI: 10.1038/s44284-025-00294-y）

东北地理与农业生态研究所

- 欧洋团队自主构建了一种植被过滤带削减与净化农业面源污染物模拟系统，首次明确了关键水文过程的临界阈值及其对污染物拦截效率的影响机制。结合田间监测与 VFSMOD - W 模拟，量化集中流(Concentrated Flow, CF)和浅层水位(Shallow water table, SWT) 对植被过滤带（Vegetative Filter Strips, VFS）农药去除性能的影响。VFS 对农药和泥沙的平均去除率分别为 66% 和 90%，但其性能受水文条件显著制约。集中流、浅层水位、VFS 长度及土壤导水率是净化功能的主导因子，可解释 86.8% 的净化效能变异。因此通过可变宽度设计、精准定位集中流通道，并配合深翻打破犁底层，可将 VFS 防控效率提升至 60% 以上。该成果可为黑土区水土保持与面源污染防控协同增效提供关键技术支撑。（Yan *et al.*, 2025, Soil Tillage Res 251, DOI: 10.1016/j.still.2025.106557）
- 吴燕锋团队提出了一个综合性的农业水安全风险评估框架，系统整合了包括旱涝灾害时空特征（持续时间和强度）、区域气候生产潜力、土地利用 / 覆被变化动态以及主要粮食作物（水稻、玉米和大豆）对气候变化的脆弱性响应等多维度关键因子，构建了适用于东北黑土区的农业水安全风险评估框架。该研究提出的“灾害性 - 暴露度 - 脆弱性→农业水安全风险”综合预测与评估框架，通过多源数据融合与跨尺度分析，实现了风险评估的精细化与动态化，不仅为黑土粮仓的水安全保障提供了科学依据和决策支持，也为全球类似农业区（如美国大平原、乌克兰黑土区）的农业水安全风险评估提供了可迁移、可复制的方法论。（Li *et al.*, 2025, Agr Water Manage 319, DOI: 10.1016/j.agwat.2025.109780）
- 冯献忠团队与合作者发现大豆（*Glycine max*）糖基磷脂酰肌醇锚定蛋白 GmLLG1/2 与免疫自激活蛋白 GmLMM1 协同调控大豆免疫和抗病性：GmLLG1/2 调控 GmLMM1 的细胞膜定位，小肽 GmRALF1 和 GmRALF18 可负调控免疫，并能与 GmLLG1/2 相互作用。*Gmllg1 Gmllg2* 抗性增强的同时产量相关农艺性状不受影响。本研究不仅深化了对大豆免疫机制的理解，也为培育抗病高产大豆新品种提供了新的基因资源。（Wang *et al.*, 2025, Plant Biotechnol J 23, DOI: 10.1111/pbi.70240）

书　讯

研究生教材《园艺产品采后分子生物学及调控》由科学出版社出版

园艺产品采后分子生物学是一门交叉学科，与园艺学、食品科学、生物化学、分子生物学、植物病理学和微生物学等密切相关。近日，植物所田世平研究员和华南植物园蒋跃明研究员主编的研究生教材《园艺产品采后分子生物学及调控》由科学出版社出版。本教材重点阐述园艺产品采后分子生物学的基础理论、研究热点和最新进展，向读者介绍园艺产品采后生理、病理、营养、安全的分子基础及调控机制，以及园艺产品采后品质维持与安全防控技术。本书既可作为园艺学和食品科学等领域研究生的专业基础教材，也可为相关研究领域的科研人员和教师提供参考。

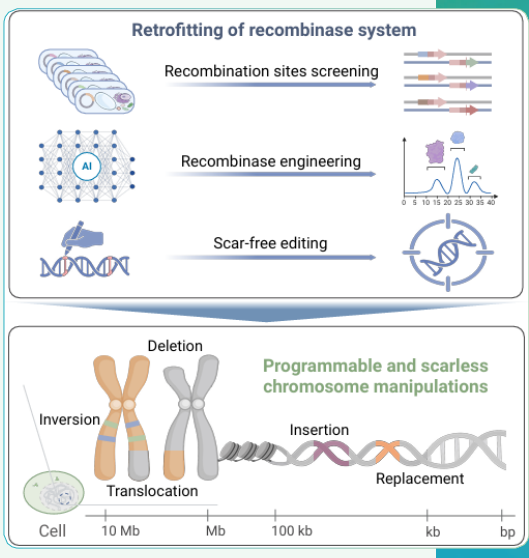
媒体扫描

【人民之友】“我深感使命在肩”——人大代表印遇龙院士现场参观“九三阅兵”

9 月 3 日，纪念中国人民抗日战争暨世界反法西斯战争胜利 80 周年大会在北京天安门广场隆重举行，全国人大代表、中国工程院院士、中国科学院亚热带农业生态研究所首席研究员印遇龙受邀观礼（见左图）。

“第四排的视野太好了！”印遇龙院士难掩激动，这是他继 2015 年“九三胜利日大阅兵”后第二次受邀观礼。“相比十年前，我最大的感受就是我国的武器更加先进，更加令人震撼。部队兵种列阵非常威武，我感受到了祖国越来越强大。”印遇龙提到，现场官兵齐声高呼的场景让他热泪盈眶，“作为科技工作者，我深感使命在肩，必须用创新成果守护国家安全。”

【新华社】基因组编辑新利器：PCE 技术实现染色体“精准编辑”



8 月 4 日，遗传发育所高彩霞团队在国际学术期刊 Cell 在线发表论文，系统报道了一种新型可编程的染色体水平大片段 DNA 精准操纵技术 PCE（Programmable Chromosome Engineering），实现了真核生物基因组千碱基到兆碱基级别 DNA 的“精准编辑”（见右图）。

高彩霞团队构建了 PCE 与 RePCE 两个可编程染色体编辑系统，成功破解了基因组编辑的“尺度困境”。团队创新突破三项技术瓶颈：开发了高通量重组位点快速改造平台，成功打造新型 Lox 变体，将“双向门”改为“单通道”，只允许 DNA 片段按预定方向移动，更有利于目的编辑的发生；借助人工智能对 Cre 重组酶进行“团队优化”，获得重组效率提升至 3.5 倍的工程化 Cre 蛋白变体，有效提高其活性，提升“工作效率”；打造“无痕编辑策略”Re-pegRNA，以精准识别并消除重组后特异位点残留，提高基因组编辑精准性。目前，研究团队已经利用该技术成功创制了含 315 千碱基精准倒位的抗除草剂水稻种质。

大片段 DNA 精准无痕编辑的技术突破，有望推动新型育种策略的发展，如通过操纵遗传连锁、调控重组频率实现育性控制、消除连锁累赘，充分释放野生种质资源中优异等位基因的育种潜力。在遗传疾病治疗领域，这项技术有望为因染色体异常导致的疾病提供新的治疗思路。此外，精准染色体编辑技术的突破将加速人工染色体构建，在合成生物学等新兴领域有重要的应用前景。

【新华社】黑龙江：让“沟碎地”变回“整块田”

黑土地水土流失引发的侵蚀沟不仅侵蚀耕地，还严重阻碍大型农机作业，进而影响农业现代化进程。东北地理所的郭明明团队在黑龙江省海伦市前进镇光荣村成功开展了侵蚀沟治理工作，使得曾被深达 1.5 米沟壑割裂的农田得以恢复，重新形成集中连片的整块田地（见右图）。

侵蚀沟治理以“理水”为核心，科研人员创新性地采用玉米秸秆捆填沟底、铺设地下暗管等方法，将 93% 的地表径流引导至地下排放，大幅减少土壤冲刷。东北黑土区侵

蚀沟治理遵循“三个优先”原则，优先治理耕地中的侵蚀沟，优先采用填埋复垦技术恢复耕地完整，优先推广植被为主的柔性治理技术，针对不同沟壑特点“量身定制”治理方案，构建了“水畅其流、土不离田、绿意盎然”的生态廊道，实现生态与农业生产能力的同步提升。

学生风采

现代农学院第二届农民丰收节盛大举行

9 月 27 日上午，北京市怀柔区第 8 届中国农民丰收节暨第 36 届北京农民艺术节在桥梓镇小毛驴农场拉开帷幕，国科大现代农学院也借此契机，迎来了学院的第二届农民丰收节。区委书记张强，区委副书记、区长梁爽，区人大常委会主任彭丽霞，区政协主席刘久刚，国科大现代农学院常务副院长冯锋等参加开幕式并参观特色农产品展销区。本次活动以中国农民丰收节“庆农业丰收·享美好生活”、北京市农民艺术节“品四季乡韵·绘百千丰景”两大主题为牵引，吸引了近 400 名嘉宾与观众参与。国科大现代农学院 40 余名研究生新生与学管中心小朋友组成的合唱团，登上主舞台共同演唱《在希望的田野上》。

从军营到校园——使命的延续

胡同语：我曾服役于中国人民解放军信息支援部队。那段热血沸腾的军旅生涯铸就了我坚韧不拔的意志与忠诚担当的品格。退伍后，我选择继续深造，将部队的优良作风带入学术殿堂，力求用更丰富的知识武装头脑、提升自我。在“九三阅兵”的盛大场面中，我在方队中发现了我的老班长，不禁激动万分，感到无比自豪。受阅部队铿锵有力的步伐、英姿飒爽的风貌，以及展示出的现代化尖端装备，无不彰显着我国国防力量的日益强大与威武文明之师的时代风采。这深刻激励着我，无论身处何种岗位，都应保持那份报效祖国的初心。

刘　烨：2018 年高中毕业，我怀揣热忱入伍，服役于中国人民解放军军事科学院下属的军事医学研究院。彼时，我的职责是守护科研人员安全、保障后勤需求，那是我人生中首次与科研的近距离相遇，在点滴保障里，悄然埋下对科研的好奇种子。今年的阅兵式让我心潮澎湃——2019 年，我曾亲历新中国成立 70 周年阅兵。如今看着屏幕上的新式装备，我清晰感受到强军目标落地生根，尤其是东风 -5C 导弹的全球覆盖能力，更让我热血沸腾，为国防实力自豪。退伍后我重返校园，多次担任军训教官，将军营担当传递下去。大三时，结合就业规划与兴趣，我选择跨考中国科学院大学。如今坐在国科大教室，与优秀师生交流倍感亲切。从保卫科研人员到努力成为科研人员，这是我身份的重要转变，我将不负使命，勇毅前行。

岑　勇：从校园到军营，再回到课堂，这段旅程让我理解奋斗的意义。在部队的岁月里，纪律与责任融入血液，战友情深、艰苦训练成为青春最坚实的底色。退役后，我选择专升本，继而考研，将军旅中的坚韧与专注带入学术追求。一路走来，是部队教会我坚持，是校园赋予我新的方向。观看今年的九三阅兵，看到整齐划一的步伐，听到铿锵有力的誓言，感受到祖国日益强大，这让我热血沸腾——那不仅是国家的荣光，也是每一位曾身穿戎装者的自豪与骄傲。

走进野外台站

——亚热带农业生态研究所桃源站

中国科学院桃源农业生态试验站（简称桃源站）位于湖南省桃源县漳江镇（东经 111°27′，北纬 28°55′），代表典型的亚热带红壤丘陵复合农业生态区。试验站成立于 1979 年，隶属于中国科学院亚热带农业生态研究所，是国家野外科学观测研究站（CNERN）和中国生态系统研究网络（CERN）的重要组成部分，同时也是全球陆地观测系统（GTOS）和国际长期生态研究网（ILTER）的成员单位。作为集科学研究、长期观测、技术示范和科普教育于一体的国家级开放研究平台，桃源站承担了科技部、国家自然科学基金委、湖南省科技厅及中国科学院等部署的重大科研任务，并被认定为国家、湖南省、常德市和桃源县四级青少年科普基地及多所高校的本科生教学实习基地。

桃源农业生态试验站

近年来，桃源站紧密围绕国家粮食安全、农业生态可持续发展和乡村振兴等重大战略需求，致力于探索适应南方丘陵区未来农业与农村生态协调发展的新模式与新技术，重点开展农田生态系统过程与调控、畜禽健康养殖与农牧复合生态以及农业微生物种质资源挖掘与利用等关键领域的科学研究。针对科研和示范需求，桃源站构建了农田生态系统生产力维持与生态服务、农林牧复合循环模式、坡地养分流失梯级消纳系统和生态景观建设四大核心科研功能模块，并建立了十余个长期定位试验（其中 3 个运行已超过 20 年），涵盖坡地利用模式与生态效应、农田水肥高效利用、耕作制度优化和基础生态过程等研究方向。同时，试验站还配备标准气象观测场 1 处、长期生态系统观测采样地 / 点 35 个、生态观测设施 14 处、短期试验样地 15 个及种养基地 1 个，并在站区辐射范围内设立了调查点和试验示范区。

桃源站现有科研人员 39 人，其中，中国工程院院士 1 人，研究员 13 人、副研究员 23 人，包括国家杰出青年基金获得者 1 人，国家优秀青年基金获得者 1 人，中国科学院百人计划 4 人，湖南省科技创新领军人才 2 人，湖南省“杰青”4 人。近五年来共培养研究生 100 余人。近 5 年来，桃源站承担各级科研项目 / 课题 256 项，公开发表论文 264 篇，其中 SCI 论文 187 篇，出版专著 6 部；申请发明专利 26 项，授权 16 项，获得中华环保联合会科学技术奖特等奖 1 项。

历经 40 余年发展，桃源站已成为我国南方丘陵区农业生态研究的重要枢纽，其科研成果为区域农业绿色转型、农业生态治理及可持续发展提供了有力的科技支撑。未来，桃源站将继续深化科技创新，以农业生态研究助力乡村振兴，推动我国现代化农业发展和农业生态文明建设。

供　　稿：蔡　君　岑　勇　褚　宁　官丽莉　胡冬雪　胡同语　李瑞红　李一凡
刘　烨　石东乔　孙悦佳　王少青　王文达　王忠勤　谢　跃　许　操
杨　倩　叶冬煦　苑春宇　张廷浩　张美奇　张玉芹　朱允东
编　　审：石东乔　王少青　孙悦佳
投稿地址：wangshaoqing@ucas.ac.cn
通讯地址：北京市怀柔区中国科学院大学雁栖湖校区学园四 409
电　　话：010-69671839
封面供图：中国科学院遗传与发育生物学研究所 谢　跃　张廷浩