国科大农学通讯

2025年12月31日
总第17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

承邪沃野耀合章

学院动态

傅向东研究员、何舜平研究员当选中国科学院院士；俞志明研究员当选中国工程院院士

11 月 21 日，中国科学院、中国工程院公布 2025 年院士增选结果，国科大现代农学院副院长、遗传发育所副所长（主持工作）傅向东研究员，和水生所何舜平研究员当选中国科学院院士；海洋所俞志明研究员当选中国工程院院士。

傅向东

傅向东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重大突破。

何舜平

何舜平专注于鱼类分类学、生物地理学和进化生物学等研究。提升了鱼类分类学研究层面，在深渊鱼类极端环境适应、脊椎动物登陆遗传创新和东亚淡水鱼类系统演化方面取得系统性的原创成果。

俞志明

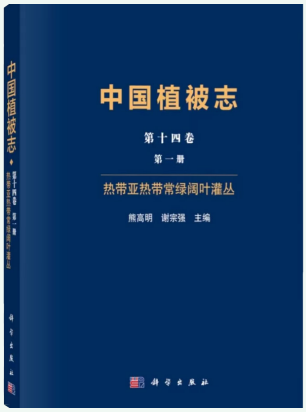
俞志明致力于海洋生态环境保护研究，在国际上首创了改性粘土治理赤潮的技术与方法，并在我国大规模推广应用，获得良好经济和社会效益，开创了环境友好型赤潮治理新范式，攻克了长期未能解决的世界难题。

荣誉奖项

- 遗传发育所曹晓风团队的“表观遗传变异驱动植物逆境适应”、高彩霞团队的“AI 驱动蛋白质工程实现染色体精准操纵技术突破”和水生所何舜平团队的“生物多样性新边界探索：解码深渊动物演化过程和适应的遗传机制”等 3 项成果入选 2025 年度“中国生命科学十大进展”。
- 遗传发育所曹晓风团队的“田菁高效建植生物改良盐碱技术”、田志喜团队的“耐盐大豆新品种科豆 35”，和水生所段明团队的“鱼类智能识别监测系统”等 3 项成果入选 2025 中国农业重大新技术新产品新场景成果名单。
- 11 月 12 日，科睿唯安发布了 2025 年度“全球高被引科学家（Highly Cited Researchers 2025）”名单，现代农学院李家洋、朱永官、傅向东、高彩霞、褚金芳、李云海、田志喜、周俭民、骆永明、白洋、陈坤玲、孟祥兵、牛书丽、刘金星、余泓、褚海燕、邱金龙、宗媛、刘彦随等 19 位科学家入选。
- 遗传发育所、水生所、南京土壤所、微生物所、植物所、城环所在科技部、财政部大型仪器开放共享评价考核中获评“优秀”，亚热带生态所获评“良好”。

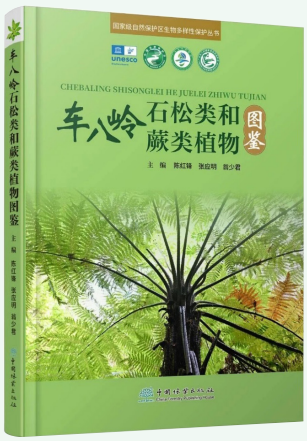
- 亚热带生态所广西环江喀斯特农田生态系统国家野外科学观测研究站在院级评估中获评“优秀”，喀斯特生物多样性项目入选联合国教科文组织（UNESCO）科学十年框架。
- 经国际天文学联合会批准，由中国科学院国家天文台施密特 CCD 小行星项目组于 1997 年发现的、国际永久编号第 29509 号小行星，被正式命名为“匡廷云星”，以表示对匡廷云院士杰出科学成就的永久纪念。
- 亚热带生态所印遇龙院士获评湖南省饲料工业协会四十周年大会“功勋人物”。
- 植物所汪小全研究员获得第五届“吴征镒植物学奖”成就奖，鲁丽敏研究员获得创新奖，华南植物园丁亚梅和植物所闫慧莉、郭仲龙、郭晓玉、何雨晴、庞肖杰等年轻学者获得新锐奖。
- 植物所杨文强研究员获得国科大 2025 年李佩优秀教师奖。
- 由华南植物园屈红霞、杨宝、谢海辉等 3 位教师主讲的“果品营养学”获评国科大 2025 年优秀课程。
- 微生物所马俊才研究员等主持制定的《微生物资源机构数据管理及发布规范》和《宏基因组数据处理和加工要求》两项标准将于近日实施，对推动微生物资源规范管理、提升组学数据质量与互操作性、支撑生物科技创新与产业高质量发展将产生深远影响。
- 海洋所徐少春副研究员、周毅研究员等完成的“黄渤海海草修复技术及工程化应用”在联合国“海洋十年”海洋生态保护修复大赛中获重大项目奖。
- 海洋所海洋科学大数据中心与合作团队申报的“全域感知 + 全景融合：数据驱动的智能管控平台助力海洋牧场效益倍增”项目获 2025 年“数据要素 ×”大赛全国总决赛二等奖、山东省分赛一等奖。
- 在 2025 年中国科学院科普讲解大赛中，海洋所王琳洁工程师以《耕海牧渔 守护蔚蓝》为主题获得一等奖。
- 水生所程超跃同学在国科大 2025 年研究生学术论坛农业生态与乡村振兴分论坛中荣获一等奖。
- 由现代农学院校部袁凯老师设计的“果壳时光挂钟”，和王阳、蒋文昕等 2 位同学设计的“钟楼夜灯投影仪”获得国科大 2025 年文创设计大赛一等奖。

书 讯



《中国植被志》第十四卷第一册《热带亚热带常绿阔叶灌丛》近期由科学出版社出版，是首批计划出版的 10 册《中国植被志》系列专著之一。全书共 21 章、126 万字，收载了中国热带亚热带常绿阔叶灌丛 19 个群系，71 个群丛组和 215 个群丛。按照《中国植被志》分类、命名和编写规范，《热带亚热带常绿阔叶灌丛》对中国热带亚热带常绿阔叶灌丛进行了系统的调查研究，以 1145 个样方数据为凭证，系统描述了中国热带亚热带常绿阔叶灌丛的地理分布、自然环境、物种组成、群落结构、群落类型、建群种的生物学特性、生物量与生产力，以及价值与保育等特征。该书的出版满足了植被科学研究、生物多样性保育、国土空间规划等领域科研和教学工作者的需求，体现了我国灌丛植被的最新研究成果。《热带亚热带常绿阔叶灌丛》研编工作于 2015 年启动，历时 10 年。该书由中国科学院植物所熊高明、谢宗强主编，植物所、武汉植物园、成都生物所、华南植物园、三峡大学、中南林业科技大学等单位的多位学者参与研编。

近日，中国科学院华南植物园陈红锋研究员和广东车八岭国家级自然保护区张应明高级工程师、翁少君工程师主编的《车八岭石松类和蕨类植物图鉴》图书，由中国林业出版社正式出版发行。根据《中国生物物种名录2025版》统计，中国已知的石松类植物有3科12属195种，蕨类植物有39科179属2498种（含种下等级），是全球石松类和蕨类植物多样性最为丰富的地区之一。《车八岭石松类和蕨类植物图鉴》系统整理并描述了车八岭保护区内229种石松类和蕨类植物的分类信息，包括形态特征、生态习性、分布范围、应用价值与保护等级等，为中国亚热带森林生态系统的长期监测、生物多样性保护、科学研究与科普教育提供了翔实的数据支持。



党团风采

国科大现代农学院教工党支部、机关党委教务部党支部赴国家作物种质库参观学习

12月23日，国科大现代农学院教工党支部、机关党委教务部党支部与中国农业科学院作物科学研究所（以下简称“农科院作科所”）党委开展党建共建活动。国科大现代农学院常务副院长冯锋，资环农学院党委书记王静，现代农学院科教融合办公室主任石东乔，教务部副部长刘佳，农科院作科所所长、党委副书记周文彬，党办主任刘冰、科研处处长方汐及部分科学家参会。活动由周文彬主持。

党员们参观了国家作物种质库，深入了解了种质资源在保障国家粮食安全中的核心作用，深刻领会了种业创新对粮食安全的重大意义。座谈会上，周文彬分享了作科所在科研和党建工作中所取得的进展。他指出，作科所坚持以党建引领科研创新，有效推进了农业科技成果落地，带动农民农村增产增收，脱贫致富。冯锋表示，作科所在作物种质资源保护与利用方面做出了突出贡献，是实力雄厚的国家队。他介绍了现代农学院的情况，强调学院始终坚持把党组织的核心作用贯穿于师资队伍建设与育人全过程。双方围绕党建工作、学生培养、课程教学等方面展开了深入交流。此次共建是一次成功的党建与业务融合实践，搭建了宝贵的资源共享平台。

秋日重温红色记忆——主题团日活动

11 月 16 日，学院 1901-1905 等 5 个团支部的 50余位同学前往北京市香山革命纪念馆与香山公园，开展“红色记忆与秋日同行”主题团日活动和班级团建。大家集体参观了香山革命纪念馆，从中国革命、建设和改革的艰辛历程与伟大成就中汲取前进力量。

学生预备党员转正

11-12 月，学院各学生党支部依据《中国共产党发展党员工作细则》，召开了预备党员转正大会；共计 11 位学生预备党员转为正式党员。

重大科研成果

染色质三维构象精准重塑为水稻高产和氮高效协同改良提供新路径

上世纪 60 年代，以半矮化育种为特征的“绿色革命”使全世界粮食产量翻了一番，但其产量增加高度依赖化肥的大量投入。在当今时代，资源环境约束已成为全球面临的重大挑战，如何在减少化肥用量的同时实现谷物产量持续增长，已成为绿色低碳农业发展必须攻克的核心科学难题。

遗传发育所傅向东团队首次揭示了通过精准重塑染色质三维构象来实现水稻高产和氮高效协同改良的新机制，创新性地提出“源 - 库”代谢流重编程的新理念，为培育“少投入、多产出”的新绿色革命品种提供了全新的理论依据与实现路径。

水稻 *RCN2* 基因是拟南芥 *TERMINAL FLOWER 1*（*TFL1*）的同源基因。傅向东团队首次鉴定了 *RCN2* 基因两端的绝缘子顺式元件（insulator elements，INS）及其结合蛋白 OsYY1（人类 Yin Yang 1 在水稻中的同源蛋白）。在低氮胁迫下，OsYY1 通过结合 *RCN2* 基因上下游的 INS 序列介导染色质环化，进而抑制 *RCN2* 转录。然而，*RCN2* 基因上游 8765bp 的一个 G>A 自然变异影响了染色质环化，提高了 *RCN2* 基因表达。*RCN2* 蛋白通过抑制 DELLA-OsSPL14 之间的相互作用，强化了 OsSPL14 对下游碳氮代谢及穗发育相关基因的转录激活能力，最终协同提升了作物产量、氮肥利用效率及收获指数。傅向东团队进一步利用基因编辑技术对局部染色质构象进行精细调控，实现了对 *RCN2* 基因空间表达模式及其环境适应的定向优化，协同增强了作物的“源”（碳氮代谢能力）与“库”（籽粒储存能力），为设计“绿色超级稻”提供了全新育种策略。值得强调的是，本研究聚焦于基因组非编码区进行定点编辑，有效规避了对蛋白质编码序列的改变，不仅拓展了基因编辑改良育种的靶标范围，也为克服基因“一因多效”导致的性状权衡提供了新思路，即通过精准调控染色质三维结构以优化基因时空表达，实现多个性状间的协同改良。这一策略为未来作物设计育种确立了可借鉴的新范式。（Liu *et al.*, 2025, Nat Genet 57, DOI: 10.1038/s41588-025-02376-y.）

水稻高产畅流改良研究取得重大进展

植物的维管组织是贯通植物各器官的“生命中枢”，不仅构成物质运输、信息传递的高速“物流网络”，还系统调控植物生长发育。作为维管组织的核心部分，木质部影响了植物生物量积累、耐旱性、抗倒伏性

等多种性状，是作物综合性状改良的关键途径。木质部的运输性能取决于导管细胞维度的变异和管壁亚细胞尺度的纹饰结构多样性。作为后生木质部导管的主要纹饰，纹孔的形成受到广泛关注，但其形成机理、尤其是三维结构的塑形机制至今不明，木质部导管改良潜力也未被充分利用。

遗传发育所张保才和周奕华团队克服多项技术瓶颈，首次揭示了水稻木质部导管纹孔的完整精细三维结构，发现纹孔结构受 MYB61-PS1 分子模块调控，在维持木质部稳健性、促进氮素运输与水稻高产中发挥关键作用。

该团队对水稻核心种质的导管进行扫描电镜观察，发现纹孔形貌的自然变异极为丰富，且木质部运输能力与纹孔面积存在一定的负相关性。通过全基因组关联分析确定了控制纹孔大小的主效 QTL，即编码木聚糖乙酰酯酶的 *PS1* 基因。不同的 *PS1* 单倍型在塑造纹孔结构中存在功能差异。应用聚焦离子束扫描电镜技术（FIB-SEM）重构了纳米精度纹孔完整 3D 结构，发现纹孔为曲率复杂的腔室结构，中间最细的开口（aperture）尺寸与其木质部运输性能相关，是决定导管运输性能的关键结构。*PS1* 单倍型间氨基酸差异（V163A）影响其酶活性，且 $PS1^{Hap2}$ 具有更强的去乙酰化活性，能生成更低乙酰化水平的木聚糖。而较低乙酰化水平的木聚糖结合纤维素的能力更强，有利于锚定纹孔边缘纤维素。相较于 $PS1^{Hap1}$ 单倍型，$PS1^{Hap2}$ 相关材料纹孔处纤维素纳米纤丝排列更为紧实，形成的纹孔开口较小，运输效率更高。

氮素是经木质部导管转运的重要营养元素。携带 $PS1^{Hap2}$ 的水稻氮素运输效率明显提高，在高低氮下均可提高产量，且低氮下尤为明显，表明 $PS1^{Hap2}$ 为优异单倍型。而且，*PS1* 存在籼粳分化，粳稻几乎均为 $PS1^{Hap1}$ 单倍型，而籼稻为另外三种单倍型，但均包含酶活性增强的关键变异。对近 70 年育成的水稻品种进行单倍型分析发现，优异单倍型 $PS1^{Hap2}$ 在籼型中应用比例越来越高，而在粳稻育种中却极少使用。将 $PS1^{Hap2}$ 导入粳稻武育粳 3 号和武密粳，均可明显提高其小区产量，表明 $PS1^{Hap2}$ 具有重要育种应用潜力。研究还意外发现，*PS1* 响应低氮，而且氮素通过 *PS1* 调控纹孔大小。氮利用效率 QTL 基因 *MYB61* 介导了 *PS1* 的氮响应。聚合两者优异等位基因可更加优化纹孔和蒸腾势，进一步提高稻谷产量。（Zhang *et al.*, 2025, Cell 188, DOI: 10.1016/j.cell.2025.09.018.）

植物体内快速定向进化技术的开发

定向进化技术能在短时间内赋予目的基因改进的或全新的生物学功能，可快速生成育种所需的优异等位基因，有望成为突破作物育种遗传资源瓶颈的有效途径，但许多植物特异性基因和功能无法在异源系统中有效表征，当今尚无直接在植物体内实现定向进化的系统。

遗传发育所高彩霞团队与微生物所邱金龙团队合作，对双生病毒复制子进行工程化改造，首次在植物底盘中构建了快速且通用的体内定向进化系统 GRAPE（Geminivirus Replicon-Assisted in Planta Directed Evolution）。利用该系统，实现了植物免疫受体 NRC3 和 Pikm-1 的体内定向进化，为植物基因和蛋白的工程化改造提供了性能强大的高通量技术平台。团队创新性地依托植物单链环状 DNA 病毒双生病毒（Geminivirus）的滚环复制机制和高效的 DNA 扩增能力，快速完成基因变体的筛选与富集，最终实现目的基因在植物体内的定向进化。团队首先对双生病毒复制子进行工程化改造，实现滚环复制过程与基因功能的偶联，再进一步开发了高通量植物体内定向进化系统 GRAPE：体外诱变目的基因，构建成复制子文库；根据目的基因的生物学功能设计遗传通路，使其与复制子的滚环复制正向或负向偶联；将复制子文库导入

本氏烟叶片并在叶片内完成复制和筛选；深度测序计算每一个目的基因变体在文库中的占比变化——促进复制的变体会得到富集，而抑制复制的变体则被淘汰。

团队利用 GRAPE 系统实现了多种植物免疫受体的快速定向进化，为抗病作物育种创造了宝贵的遗传资源。而且，GRAPE 系统具有通用性，双生病毒复制子的滚环复制可与多个目的基因的生物学功能形成正向或负向偶联，实现功能的定向进化，具有高度适配植物体内环境的蛋白质工程平台应用潜力，也为植物基因及蛋白的工程化改造开辟了全新技术路径。（Zhu *et al.*, 2025, Science 390, DOI: 10.1126/science.ady2167.）

科研进展

遗传与发育生物学研究所

- 刘志勇团队从野生二粒小麦渗入系 WR183 中定位了新成株期抗白粉病基因 *PmWR183*，发现其由紧密连锁的 NLR 基因 *PmWR183-NLR1* 与 *NLR2* 协同控制，二者共存时才在成株期表现出高度抗性甚至免疫。NLR pair 可能起源于小麦祖先种的基因复制与重组事件，几乎未用于现代小麦抗病育种。该研究凸显了野生二粒小麦的育种价值，为培育持久抗白粉病小麦新品种奠定了基础。（Zhang *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-64049-y.）
- 梁承志团队利用 Oxford Nanopore Technologies（ONT）的最新测序技术，构建了高质量的番茄端粒到端粒参考基因组（SL-T2T），填补了此前版本的缺失序列，注释了核糖体基因和着丝粒结构、卫星重复序列和全基因组甲基化图谱，为番茄基因组学研究与育种提供了重要的基础数据资源。（Chen *et al.*, 2025, Plant Commun 6, DOI: 10.1016/j.xplc.2025.101618.）
- 胡赞民团队首次揭示了 SUMO 蛋白酶 SPF1 和 SPF2 能够通过对油脂合成核心转录因子 WRI1 的去 SUMO 化修饰，动态调控其蛋白质稳定性并精准影响种子发育和油脂积累过程。该研究为重要转录因子 SUMO 修饰调控种子发育及油脂代谢提供了新视角，也为作物含油量的遗传改良提供了潜在靶点。（Liu *et al.*, 2025, Plant Commun 6, DOI: 10.1016/j.xplc.2025.101672）
- 贺飞团队与凌宏清团队合作，利用公共泛基因组资源构建囊括麦族近缘种基因序列信息的基因参考集合，从而最大限度地定量外源片段的转录本。研究发现近缘物种基因进入小麦基因组后，其表达调控整体受到抑制，但响应胁迫的基因倾向于更加活跃的表达。利用 eQTL 预测的农艺性状候选基因不仅来自于“中国春”，也来自二倍体、四倍体等野生近缘物种。本研究为理解野生近缘种提升小麦农艺性状的遗传机制提供了新角度。（Zhang *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-66100-4.）

南京土壤研究所

- 为解决生物质向功能性石墨烯连续规模化、低碳化生产面临的问题，王玉军团队和朱向东团队形成了生物质石墨烯“宏量装备研发 - 先进材料设计 - 可持续农业应用”的全链条能力，开发了基于可编程逻辑控制器协调集成自动化系统，以能源需求导向的物料分配，实现了生物质石墨烯及其多元金属氧化物的低碳连续制备。（Jiao *et al.*, 2025, One Earth 8, DOI: 10.1016/j.oneear.2025.101486.）
- 梁玉婷团队与合作者发现，耐酸铝合成菌群可特

异性激活水稻木葡聚糖内转糖基酶（XET）的活性，进而重塑根细胞壁中的木葡聚糖结构，显著降低铝在细胞壁结合位点的积累，该微生物群落还通过甲羟戊酸途径（MVA）促进油菜素甾醇（BR）的生物合成；该菌群可向根尖供应 BR 前体，通过维持根细胞内激素稳态并直接驱动细胞壁重塑，与 XET 介导的木葡聚糖结构调整形成协同效应，从而有效缓解铝毒对水稻根系的损伤。（Zhang *et al.*, 2025, Cell Rep 44, DOI: 10.1016/j.celrep.2025.116597.）

- 李忠佩团队和颜晓元团队提出了农田土壤有机质（SOM）分子特征和热稳定性的时间演替模式图，强调了细菌多样性驱动下 SOM 分子多样性降低而稳定性增加的时间演变特征，该过程与 SOM 整体热稳定性提升和 SOM 含量增加的过程相吻合。该研究首次揭示了细菌多样性在调节 SOM 分子多样性与热力学稳定性之间长期权衡中的关键作用，为理解农田 SOM 形成与稳定机制提供了分子层面的证据，也为未来如何通过调控细菌多样性提高 SOM 稳定性进而实现农田长期碳固存提供了科学借鉴。（Wu *et al.*, Nat Food 6, DOI: 10.1038/s43016-025-01253-5.）

水生生物研究所

- 何舜平团队与合作者通过从头测序并整合分析 464 种真骨鱼类全基因组，成功完成了 110 个新鱼类物种的高质量基因组组装，首次补齐了 3 个长期缺失鱼类基因组数据的目级分类单元，并整合已有基因组，建立了覆盖真骨鱼类全部 44 个目、总计 464 个物种的全基因组比对矩阵。该研究通过 Fish10K 项目建立了目前全球最大规模的鱼类基因组资源，为深入理解脊椎动物基因组演化规律、性状起源与生态适应机制奠定了坚实的数据基础。（Song *et al.*, 2025, The Innovation 7, DOI: 10.1016/j.xinn.2025.101177.）
- 桂建芳团队发现，狮头金鱼（*Carassius auratus*）的头瘤本质上是一种皮肤纤维化结构，花生四烯酸代谢的下调激活类炎症反应，导致肿瘤坏死因子（TNF）信号通路在头瘤快速发育阶段下调，进而促进胶原蛋白沉积并诱导上皮细胞增殖，成为头瘤形态发生的重要驱动机制。该研究不仅解析了金鱼头瘤形成的细胞与分子机制，也为人类纤维化疾病研究提供了新视角。（Li *et al.*, 2025, Research 8, DOI: 10.34133/research.0786.）
- 罗大极团队发现黄鳝（*Monopterus albus*）性腺菌群主要来自于肠道和血液，芽孢杆菌有助于维持黄鳝卵巢生理功能；而过量的芽孢杆菌导致精巢的炎症反应并抑制了雄性黄鳝精子活力，导致精子数量减少等损害精巢功能。该研究揭示了卵巢优势细菌芽孢杆菌在雌雄同体黄鳝性腺中的双向调控功能，提示卵巢和精巢优势菌在性反转中的重要作用，从性腺共生菌稳态角度回答了“黄鳝性反转为什么往往发生在第一次排卵后？”的问题。（Meng *et al.*, 2025, Microbiome 13, DOI: 10.1186/s40168-025-02187-7.）

华南植物园

- 侯兴亮团队鉴定了一个在野生大豆驯化过程中遗失的高蛋白等位基因 *PC08*（Protein Contributor 08），*PC08* 是脱落酸（ABA）生物合成的限速酶 *NCED5* 基因的同源基因。*PC08* 启动子上的短序列插入导致基因表达水平升高，进而通过调节 ABA 含量促进种子贮藏蛋白积累。高蛋白含量单倍型 $PC08^{Ins}$ 仅存在于野生大豆中，是栽培大豆驯化过程中遗失的关键等位基因。高蛋白位点 $PC08^{Ins}$ 导入可使栽培大豆种子蛋白含量显著提高，展现出巨大的育种应用前景。（Liu *et al.*, 2025, Proc Natl Acad Sci USA 122, DOI: 10.1073/pnas.2508709122.）
- 王法明团队基于全球尺度的红树林树干甲烷排放监测与模型推算，构建了目前最完整的红树林树干甲烷排放数据库，评估认为红树林树干是此前

被低估的重要的甲烷排放通道，其排放量与土壤排放呈强相关性，树干甲烷主要源自土壤中微生物的产甲烷过程，通过树体通气组织向上输送。树干在垂直方向上存在显著递减的排放模式，树干基部排放最为强烈。因此，仅以沉积碳埋藏量评估红树林的蓝碳潜力可能显著高估其气候减排效益。（Qin *et al.*, 2025, Nat Geosci 18, DOI: 10.1038/s41561-025-01848-4.）

- 涂铁要团队揭示，橙花破布木（*Cordia subcordata*）的二型花柱受超基因调控，其中 *CsSBP*（Squamosa promoter-binding protein）基因在短柱花花丝 - 花冠筒部位特异性表达，调控花丝伸长的关键基因；在短柱花花柱中特异性高表达的 *CsGA2ox6* 基因同时参与调控花柱长度与自交不亲和性。本研究不仅再次证实了异型花柱演化过程中存在遗传趋同机制，还首次论证了赤霉素代谢基因在花柱长度调控中的关键作用，提示花柱长度基因可能兼具调控自交不亲和性的功能。（Shi *et al.*, 2025, Mol Biol Evol 42, DOI: 10.1093/molbev/msaf322.）

亚热带农业生态研究所

- 陈洪松团队发现喀斯特富钙镁基岩所形成的高钙、浅薄土壤环境，能够显著抵消气候对物种多样性的正向作用，导致森林物种多样性呈现“低纬度低、高纬度高”的逆纬度梯度格局。该研究从地质 - 土壤 - 植物耦合视角，阐明了基岩性质通过调控土壤养分与水分条件进而重塑生物多样性大尺度格局的关键机制，为将地质多样性纳入生态保护与恢复规划提供了科学依据。（Huang *et al.*, 2025, Divers Distrib 31, DOI: 10.1111/ddi.70098.）
- 朱宝利团队通过解析长期连作条件下食用百合内生微生物群落结构，发现根系中存在“拮抗—平衡”的复杂微生态网络。研究进一步筛选核心拮抗菌株，构建了包含细菌与真菌组分的定向合成微生物群落，该复合菌剂在促生与抑制尖孢镰刀菌方面均显著优于单一菌株，为通过人工合成菌群缓解连作障碍、减少化学农药依赖提供了新的生态解决方案。（Qin *et al.*, 2025, Hortic Res 12, DOI: 10.1093/hr/uhaf286.）
- 王克林团队发现，森林恢复通过增强“解磷细菌 - 菌根植物 - 线虫”的多营养级级联关系，显著提升土壤磷的生物活化与植物吸收，其中喀斯特森林的改善效果尤为突出；农田长期施肥会导致土壤磷组分固化，而温度升高可进一步强化多营养级生物对磷活化能力的正向调控。该成果阐明了生物互作在缓解生态系统磷限制中的关键作用，为喀斯特区植被恢复与农田磷管理提供了“促活化、增吸收”的绿色调控路径。（Liao *et al.*, 2025, J Adv Res 16, DOI: 10.1016/j.jare.2025.11.002.）

植物研究所

- 郭自峰团队与遗传发育所鲁非团队等合作，通过整合小麦穗器官代谢组学与转录组学数据，发现与植物激素相关的代谢物在穗部不同组织间分布极不均衡，植物激素在穗形态建成过程中发挥重要调控作用。通过构建小麦子房发育的调控网络，鉴定出一批在籽粒大小调控中发挥重要作用的关键基因，这些基因的单倍型存在明显的地理分化，并在育种过程中受到选择性保留。（Liu *et al.*, 2025, Plant Cell 37, DOI: 10.1093/plcell/koaf250.）
- 刘永秀团队与遗传发育所鲁非团队合作，发掘了一个与小麦籽粒千粒重显著关联的基因 *TaODORANT1*。*TaODORANT1* 基因编码一个 R2R3 型 MYB 转录因子，其功能缺失导致小麦的千粒重增加和籽粒中淀粉含量明显提升，籽粒中的淀粉颗粒数量增多，糊化特性优化，不仅提升了产量潜力，也改善了籽粒品质。*TaODORANT1* 的优异单倍型在小麦驯化和育种过程中受到了强烈的选择。该研究为小麦高产优质分子育种提供了理论依据与潜在靶点。（Guo *et al.*, 2025,

Plant J 124, DOI: 10.1111/tpj.70532.）

- 潘庆民团队与韩兴国团队基于内蒙古呼伦贝尔草原长期氮添加控制实验，揭示了草原多营养级生物多样性和生态系统功能对氮富集的响应轨迹、阈值和机制：养分富集导致的地上光竞争加剧是植物多样性降低的主要原因，而土壤酸化是导致土壤生物多样性降低的主要因素，不同营养级生物类群之间存在明显的级联效应。（Yang *et al.*, 2025, Commun Biol 8, DOI: 10.1038/s42003-025-09332-w.）

微生物研究所

- 植物 metacaspases（MCs）在结构和功能上与动物免疫相关的 caspase 蛋白酶（半胱天冬酶）类似，但其作用机制有待研究。叶健团队发现，高等植物的 MC4 蛋白酶在感知双生病毒侵染后表达水平显著升高，MC4 自激活能够特异识别并精确切割 Bcl-2-associated athanogene 3（BAG3），切割过程诱导植物细胞程序性死亡，进而启动植物抗病毒免疫反应。该发现既深化了对动植物趋同免疫进化机制的理解，也为培育具有抗病毒能力的作物提供了新的分子靶点。（Liang *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-64021-w.）
- 柑橘黄龙病的病原菌依靠亚洲柑橘木虱进行传播，而感染黄龙病的柑橘对木虱的吸引力也显著增强。叶健团队发现小肽 APP3-14 不仅具备抗病菌活性，还具有抗虫媒昆虫 - 柑橘木虱的作用，揭示了 APP3-14 可有效阻断“病原 - 媒介昆虫”互惠关系，为高效破解病原与媒介昆虫互惠机制、阻断虫媒病传播提供了新的解决方案。（Zhao *et al.*, 2025, Plant Commun 6, DOI: 10.1016/j.xplc.2025.101544.）
- 郭惠珊团队与合作者揭示了大丽轮枝菌（*Verticillium dahliae*）保守效应蛋白 VdSCP8 主要依赖于植物磺肽素（Phytosulfokine，PSK）信号，特异性抑制由 LRR 受体激活的植物免疫，从而调控植物发育和免疫之间的动态平衡，实现寄主定殖的分子机制。该研究为理解病原菌侵染过程中的植物激素信号平衡、以及微生物效应蛋白精准靶向特异寄主受体提供了重要参考。（Hua *et al.*, 2025, Nature Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-65934-2.）

海洋研究所

- 抑食金球藻（*Aureococcus anophagefferens*）引发褐潮，强烈抑制贝类摄食，破坏底栖生态系统。张清春团队利用分子标记，将抑食金球藻分为 3 个基因型，发现我国褐潮优势基因型为 I 型，而美国褐潮株系为 II 型。该成果为我国近海抑食金球藻褐潮发生机制提供了科学基础，同时提高了对黄海绿潮生态危害效应的认识。（Liu *et al.*, 2025, Harmful Algae 150, DOI: 10.1016/j.hal.2025.102985; Sun *et al.*, 2025, Harmful Algae 150, 10.1016/j.hal.2025.102987.）
- 单体锋团队通过雌雄同体配子体自交获得裙带菜（*Undaria pinnatifida*）双单倍体（DH）孢子体，再通过无孢子繁殖获得性别单一（雄性）的二倍配子体。将雄性二倍配子体与 3 个雌性单倍配子体克隆系杂交，成功获得 3 个三倍体杂交系，克服了海带目褐藻三倍体育种的主要技术瓶颈。海上栽培测试表明，三倍体杂交系具有生长快速、藻体长、抗高温与抗老化能力强、不育的显著特性。（Shan and Li, 2025, J Phycol 61, DOI: 10.1111/jpy.70107）
- 线薇薇团队与张辉团队合作，以三疣梭子蟹（*Portunus trituberculatus*）种群为研究对象，量化了多重压力下渔业重建种群的适应机制与敏感阈值，认为种群恢复需要精准匹配环境承载力与人类活动强度的协同过程。团队构建了“环境调控 - 陆源管控 - 人类活动平衡 - 交互效应适配”的四维评估框架，制定了针对性资源管理策略，为区

域海洋生态保护与渔业可持续发展提供科学依据。（Sun *et al.*, 2025, J Environ Manage 396, DOI: 10.1016/j.jenvman.2025.128118）

地理科学与资源研究所

- 寇亮团队利用亚热带树种吸收根构建了 585 个微宇宙，涵盖 57 个单树种和 138 个双树种的根系底物组合，发现在地下根系统中树种多样性效应对分解的正向促进作用更强，且该效应受菌根类型与根系化学性状的共同调控。这一证据挑战了基于单一底物或单树种情景所形成的“吸收根分解缓慢，进而限速养分循环”的传统认识，未来需强化多样性背景下自然生态系统地下分解过程研究。（Jiang *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-65163-7.）
- 田大栓团队和牛书丽团队充分结合长期观测、多因子控制实验与全球数据的优势，发现草原地上生产力的氮限制随降水增加而持续增强，草原地下生产力在中等降水条件下呈现最大氮限制格局。地下氮限制对空间与时间维度的水分变异均具有强烈的非线性依赖。鉴于草原植物根系的首要功能是获取水分，这一“氮限制模式”可能反映了在中等水分条件下草原植物面临最大程度的氮水资源共同限制。（Li *et al.*, 2025, Nat Commun 16, DOI: 10.1038/s41467-025-67040-9.）

东北地理与农业生态研究所

- 刘俊杰团队从“分类组成 - 功能特征 - 生态策略”多维尺度研究发现，农业活动不仅降低了土壤微生物在分类和功能基因层面的空间异质性，还促使细菌群落的生态策略向快速生长和胁迫耐受型转变，导致其在局域和区域尺度上出现系统性趋同，削弱了土壤生态系统的适应性与恢复力，可能影响养分循环效率和系统稳定性。因此，在农业景观中保留自然生境、推行多样化种植、减少化肥农药投入等措施，有助于维持土壤生物的空间异质性与功能多样性，从而增强农业生态系统应对未来环境变化的缓冲能力。（Gu *et al.*, 2025, ISME J wraf264, DOI: 10.1093/ismejo/wraf264.）
- 祝惠团队自滨海湿地分离获得了一种耐盐碱固碳菌（*Glutamicibacter halophytocola* DA1）。将其接种于强碱性（pH10.28）盐碱土培养可使土壤有机碳含量显著提升，矿物结合态有机碳同步增加。固碳菌的引入富集了酸杆菌门等自养型微生物类群，显著增强了关键固碳代谢通路的功能基因表达。同时，土壤微生物网络的连通性和复杂度增强，群落结构发生重塑。该研究为利用微生物修复盐碱退化生态系统、提升土壤碳汇功能提供了新途径。（Liang *et al.*, 2026, CATENA 262, DOI: 10.1016/j.catena.2025.109643.）
- 羊肉的独特风味（膻味）核心在于瘤胃微生物对饲料中脂质的生物氢化作用，生成特定的饱和脂肪酸（如硬脂酸），进而影响肉质风味。钟荣珍团队研究表明，通过调控日粮、益生菌及育种等方式，可针对性调整风味特征。而部分风味前体物（如 3- 甲基吲哚）在高浓度下可能影响食品安全。风味优化需兼顾代谢产物的安全监测，以推动羊肉产业向优质、安全方向发展。（Chang *et al.*, 2025, Compr Rev Food Sci F 25, DOI: 10.1111/1541-4337.70307.）

现代农业科学学院

- 张玉芹团队与合作者针对植物基因功能冗余难题，采用 " 细胞类型特异性 + 多基因同时靶向 " 策略，开发了靶向拟南芥转运蛋白基因多成员的人工微 RNA（amiRNAs）" 智能工具箱 "。该策略筛选效果受基因家族演化关系和细胞表达特异性的双重调控，为未来深入探索自然生态系统中信号分子的细胞精准转运机制开辟了新路径。（Anfang *et al.*, 2025, Plant Physiol 199, https://doi.org/10.1093/plphys/kiaf682.）

图片速递

遗传发育所农业资源中心刘小京研究员长期从事盐碱区水土资源高效利用理论与技术研究，包括盐碱地改良利用、咸水安全灌溉、植物耐盐生理生态及盐碱区生态过程等。作为国家重大科技项目“渤海粮仓科技示范工程”的首席科学家，刘小京研究员创造性地提出了咸水结冰灌溉、秸秆隔盐等关键技术，成功将滨海重盐碱地土壤盐分从 10‰降至 3‰，实现了缺淡水区重盐碱地的快速改良。自 2003 年起，刘小京研究员在距离海岸线 20 公里的河北沧州海兴县进行盐碱地高效利用研究，在试验地（图 1）种植了柽柳、枸杞、罗布麻、二色补血草、盐地碱蓬、旱碱麦（图 2）、棉花（图 3）、有机蔬菜等特色植物和作物，获得良好效益。选育的柽柳新品种“海柽 1 号”（图 4）高耐盐，景观效果好，适合于重度盐碱地原土绿化，成为滨海重盐碱地的主要植被建设物种，累计推广超百万株。采用咸水结冰灌溉重度盐碱地技术，第一年棉花籽棉产量可达 220kg/ 亩，高粱 430kg/ 亩，油葵产量 196kg/ 亩，达到了轻度盐碱地的产量水平。20 年来，刘小京团队选育耐盐植物新品种 6 个，累计推动增粮超 200 亿斤，节水 43 亿方，增效 180 多亿元。

沧溟拾珍

水生生物博物馆上新：亿万年化石见证青藏高原“从沧海到第三极”

青藏高原被誉为“世界屋脊”、“亚洲水塔”和“地球第三极”，她不仅是我国重要的生态安全屏障、战略资源储备基地，更是中华民族特色文化重要保护地。近日，水生所水生生物博物馆举办以“亿万年化石见证青藏高原从沧海到第三极”为主题的古生物化石展，既展现了从古鱼类到现代鱼类的跨时空演化，也呈现了水生所科学家七十年来的青藏高原科考历程与精彩瞬间，展出的亿万年化石既是地球演化的物证，也是科学家守护“亚洲水塔”的精神丰碑。

印度与亚洲板块在 6500-6000 万年前开始碰撞，西藏南部和中部已分别在 5500 万年前和 4500 万年前形成海拔超过 4 千米的东西向山脉。印度板块的持续俯冲、亚洲岩石圈拆沉和断裂作用，使青藏高原中

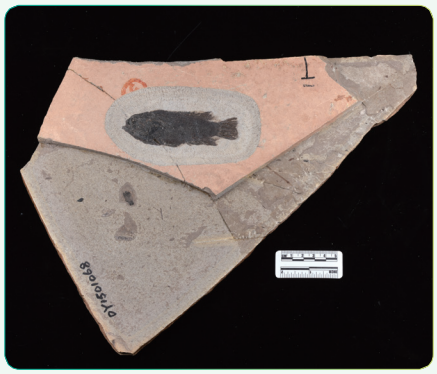
部盆地在晚渐新世至早中新世（2600-2000 万年前）迎来了快速变形隆升，整体上抬升至 4 千米以上。

在距今约 400 多万年前的柴达木盆地，昔日广阔的淡水水域随着环境变化而缩减，水体中的钙含量不断升高。在这种高钙水体中，一种全身长满异常粗壮骨骼的鱼——伍氏献文鱼（*Hsianwenia wui*）应运而生。伍氏献文鱼全身的骨骼、特别是内骨骼，如脊椎骨、肋骨、肌间骨、部分鳃骨等异常粗大，使肌肉生长空间极度压缩。伍氏献文鱼由张弥曼院士领衔的中美团队于 2008 年命名，以纪念鱼类学奠基人、水生所伍献文先生。该物种是柴达木盆地干旱化过程的见证者。古湖持续盐化直至成盐湖、干盐湖，不再适宜生存，导致伍氏献文鱼灭绝并封存于蒸发岩地层，成为地质时代柴达木盆地最后的鱼类家族遗存。

此次化石展使公众得以近距离感受古生物学的独特魅力，展期将持续至 2026 年 6 月底。

伍氏献文鱼（*Hsianwenia wui*）

大头近裂腹鱼（*Plesioschizothorax macrocephalus*）



西藏始攀鲈（*Eoanabas thibetana*）

伦坡拉大黾蝽（*Aquarius lunpolaensis*）

西藏硬齿鱼（*Tibetodus gyrodoides*）

布氏豹
（*Panthera blytheae*）背面

珠峰中华旋齿鲨
（*Sinohelicoprion qomolangma*）

未知鲤科鱼类 尼玛县

媒体扫描

【人民日报、新华社、中央电视台】中国科学院种子专项取得全链条突破

12 月 22 日，中国科学院在遗传发育所举行 A 类先导专项“种子精准设计与创造”（简称“种子专项”）系列科研成果新闻发布会，系统展示该专项通过创建精准设计育种新范式，在水稻、小麦等主要农作物和鱼等动物育种领域取得的系列突破。

“种子专项”于 2019 年 11 月由中国科学院联合院内外 30 家单位共同启动，实施以来始终面向我国新时期粮食安全、生态安全及农业供给侧改革等重大战略需求，聚焦水稻、小麦等主要农作物和鱼等动物，在精准设计育种领域实现了覆盖理论、技术、产品的全链条体系化突破，成功培育出增产 10% 至 20%、减投 15% 至 20%、减损 15% 至 20% 的“一增二减”型动植物品种。

专项实施过程中，科研团队协同攻关，挖掘了一批高产优质、氮高效利用、抗逆抗病等关键基因与调控网络，累计创制 37 个“一增二减”先导型品种，其中作物新品种已推广 1448 万亩，取得显著社会经济效益，切实发挥了战略先导专项的引领作用。

【新华国际头条】张甘霖获得联合国粮食及农业组织颁发的 2025 年格林卡世界土壤奖

12 月 5 日，在联合国粮食及农业组织于罗马举行的世界土壤日官方庆典活动上，南京土壤所的张甘霖研究员获颁 2025 年格林卡世界土壤奖。评奖委员会高度评价张甘霖在土壤分类、调查制图、资源评价等领域的开创性成果，以及在推动全球土壤数据共享和促进可持续土壤管理方面作出的重要贡献。格林卡世界土壤奖是为纪念俄罗斯著名土壤科学先驱康斯坦丁·格林卡而设置的，专门表彰在土壤科研、教育、技术推广等方面取得突出成就并具有广泛国际影响力的个人或者机构，是国际土壤学界的最高奖项之一。在第 11 届土壤信息机构国际网络（INSII）会议上，张甘霖研究员当选为新一届主席，将在未来三年领导 INSII 工作组。

美育课堂

12 月 3 日，现代农学院举办“枯木生花，落叶传情——以插花践行绿色低碳”校园文化活动。活动依托学院“农业领域‘双碳’人才培养体系探究”项目及“中国插花花艺”课程，巧妙融合传统艺术与现代环保理念，通过插花这一生动形式，深化学生对绿色低碳发展理念的理解与实践。美育课堂由植物所刘政安研究员指导，吸引了来自现代农学院、资环学院、未来技术学院及本科部共 40 名学生积极参与。

学生风采

法理争锋夺佳绩

12 月 4 日是第十二个国家宪法日，国科大与怀柔区人民法院在雁栖湖校区联合主办了宪法宣传周“法律知识竞赛”。在 12 支同台竞技的代表队中，现代农学院代表队凭借扎实的法律知识、敏捷的思维与出色的团队协作脱颖而出，斩获二等奖。

渔海竞逐显锋芒

“渔菁英”挑战赛是由全国农业专业学位研究生教育指导委员会发起和主办的全国海洋水产类高校院所研究生的创新实践能力竞赛。水生所派出 2 支研究生团队参加第四届“渔菁英”挑战赛。凭借扎实的专业素养和出色的现场发挥，马晓辰、付德政、杨冉同学组成的“渔舟唱晚竞千帆”队获得团体一等奖，倪小玲、李超越、文玉琴同学组成的“清波逐渔”队获得二等奖，指导老师王忠卫研究员荣获“优秀指导教师”。

“国槐计划”育英才

“国槐计划”由北京市怀柔区与国科大联合打造，旨在依托国科大优质科教资源，赋能怀柔区中小学科学教育。在 12 月 19 日公布的“国槐计划”怀柔区首批中小学校科技班主任名单中，现代农学院赵佳怡、郑渤腾、王一迪等 3 位同学入选。

走进野外台站 ——植物研究所钱江源站

浙江钱江源森林生物多样性国家野外科学观测研究站（简称钱江源站）依托中国科学院植物研究所建设，站区位于浙江省钱江源 - 百山祖国家公园候选区。台站前身为古田山站，始建于2009 年。2021 年正式成为国家站，是我国生物多样性类型现有的 4 个国家站之一，2023 年入选生态环境部国家生态质量综合监测站。

钱江源站所在地区分布着具有全球保护价值的低海拔中亚热带常绿阔叶林生态系统，是浙江母亲河钱塘江的源头，也是国家 I 级保护野生动物黑麂和白颈长尾雉的集中分布区。台站以钱江源 - 百山祖国家公园候选区为研究平台，聚焦“森林生物多样性与生态系统功能的形成和维持机制”这一重大科学问题，从个体、种群、群落和景观水平对国家公园区域内亚热带常绿阔叶林生物多样性进行长期动态观测，致力于构建国家公园“天空地”一体化生物多样性综合观测研究平台，支撑群落生态学和生物多样性研究，服务国家公园为主体的自然保护地体系建设。钱江源站有森林大样地平台、植物多样性监测平台、动物多样性监测平台、森林冠层生物多样性监测平台、近地面遥感监测平台以及中国亚热带森林生物多样性与生态系统功能控制实验平台（BEF-China）。

钱江源站现有科研人员 14 人，其中，中国科学院院士 1 人，研究员 4 人，副研究员 8 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 2 人。与国内外多个著名大学或研究机构建立了合作关系，自 2009 年建站以来，依托台站获批各类项目 127 项。钱江源站在群落生物多样性维持机制以及生物多样性与生态系统功能研究等方面取得了重要突破，在 Science、Nature Ecology & Evolution 等国内外主流期刊发表论文 500 余篇，4 项成果被 F1000 推荐，1 项被 Nature 专题评述，生物多样性监测示范成果获得梁希科技进步二等奖。

供　　稿：蔡　君　曹朕娇　褚　宁　封晓辉　官丽莉　胡冬雪　李瑞红　刘小京　石东乔　宋效东　孙悦佳　贾子薇　王环珊　王少青　王忠勤　杨　倩　叶冬煦　苑春宇　袁　野　张甘霖　朱允东

编审校对：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：海兴试验基地旱碱麦　中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心　刘小京　封晓辉

封面主题：承邠沃野稷含章

承邠（bīn）：承周朝先祖公刘拓垦邠地、化荒为田之初心；含章：取《易经》内蕴美质之意，喻治碱成沃野、稷麦当风，功藏于实而内秀自彰。