国科大农学通讯

2026年6月30日
总第19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

撷华灵稚越重关

学院动态

国科大现代农学院召开 2026 年度学术委员会、教学委员会会议

会议合影

6 月 2－3 日，国科大现代农学院第二届学术委员会、教学委员会第一次会议在遗传发育所顺利召开。王艳芬、牛晓莉、张佳宝、傅向东、韩兴国等多位领导和专家通过现场或视频参会。会议由张佳宝、傅向东共同主持。

会上，国科大党委常务副书记、副校长王艳芬院士感谢专家对现代农学院的支持，肯定学院学科建设成效，并要求学院紧扣学校学科布局，依托院所资源打造交叉育人新格局。现代农学院院长张佳宝院士强调，学院要充分发挥科教融合优势，推进科教人才一体化发展，紧跟农业数智化趋势，对接国家重大战略需求。本次会议同步举行学术、教学委员会聘任和聘书发放仪式。冯锋常务副院长、科教融合办公室石东乔主任分别汇报了学院全面建设和教学工作进展。与会专家围绕学院科研发展、学科建设、课程教学等深入研讨，提出了聚焦科研交叉创新、深化校企联合培养、优化教学、强化课程思政等多方面建议。学院副院长、学术委员会主任傅向东院士和教学委员会主任韩兴国研究员先后表态，将协调各位专家切实履职，赋能学院发展。张佳宝院士总结，学院将全面吸纳专家建议，锚定农业科技前沿、优化育人体系，加快建设高水平现代农学院。

学术委员会名单

主　任：傅向东

副主任：张佳宝　杨维才　种　康

委　员：（按姓氏拼音首字母排序）曹晓风　桂建芳　何中虎　郇　聘　姜　明　鲁　非　戚益军　钱　韦　瞿礼嘉　沈仁芳　汪小全　王　瑛　吴孔明　解绶启　杨淑华　印遇龙　喻景权　张福锁　张友军　朱教君

教学委员会名单

主　任：韩兴国

副主任：黄宏文　刘志勇

委　员：（按姓氏拼音首字母排序）丁维新　段学武　冯献忠　高彩霞　顾红雅　孔祥峰　刘彦随　缪　炜　倪中福　田世平　王源超　杨红生　杨子银

共探育人新途，助力强农伟业

4 月 12－14 日，现代农学院常务副院长冯锋一行赴西南大学，出席“中国综合性大学农科人才培养联盟会议暨高等农林教育教学改革论坛”。会上，冯锋作《加强科教融合，培养农业科技创新人才》专题报告，与来自教育部、农业农村部、重庆市教委和农业农村委相关负责人以及全国 30 家涉农综合性大学专家学者、涉农企业代表，共同研讨新时代新农科人才培养的使命与路径，为加快建设农业强国凝聚智慧力量。

研途探知·健行悦心

4 月 11 日，现代农学院 115 名师生走进遗传发育所学习、参观，并开展心理健康徒步活动。学院冯锋常务副院长，遗传发育所鲁非副所长、刘志勇研究员出席本次活动。

学术交流环节由冯锋主持，鲁非作专题报告，全面介绍遗传发育所学科布局、科研成果、人才培养及未来科研规划，让师生深入了解了研究所在现代农业与人体健康领域的科研实力及国家农业发展布局。刘志勇分享了小麦遗传改良、分子育种等领域的最新科研进展，寄语学子脚踏实地、潜心钻研、迎难而上。互动环节中，同学们积极提问交流，现场氛围热烈。

活动合影

随后，师生分组参观研究所所史馆、动物实验中心、影像平台等先进科研平台，近距离感受研究所深厚积淀、顶尖科研资源与严谨创新的科研氛围。最后，全体师生前往奥林匹克森林公园开展徒步活动。师生结伴健行、轻松交流，在亲近自然中舒缓科研与学习压力，涵养积极乐观的心态，充分展现了学院师生昂扬向上的精神风貌。

党团风采

中国科学院大学 2025–2026 学年“两优一先”名单

优秀基层党组织　1903 党支部

优秀党务工作者　教工党支部王少青

优秀党员　1903 党支部吕佳泽

中国科学院大学 2025–2026 学年优秀学生干部名单

1901 班　王一迪　郝若尧　李梦茹

1902 班　王　哲　孙艺航　袁圣雲　张美奇

1903 班　吕佳泽　郑渤腾　师嘉怡　朱　运

1904 班　刘晓慧　任发达　王　欣

中国科学院大学 2025–2026 学年三好学生名单

1901 班　李名杰　刘祥骏　赵佳怡　孙雅琪　李前进　付茂浙　胡倩蝶　李一凡　宋欣泽

1902 班　徐　晨　闵煜泽　李彦诒　王浩宇　邓丽欣　张琳杰　高　涵　李雨欣

1903 班　陈海宁　赵一龙　王　阳　魏依琳　房紫璇　闫吉凤　杨鑫宇　张悦悦　李　阳　高承乐

1904 班　郭婉欣　李欣益　刘亚萍　师欣宇　孙若宇　王灿灿　郑昊艺　李安琪

教育教学

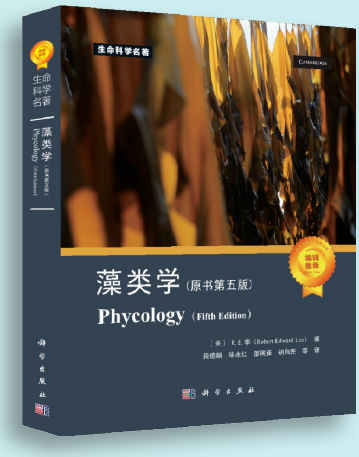
- 2026 年 3 月，现代农学院按照国科大岗位教师考核要求，完成 85 位岗位教师的 2025 年度考核工作，向教务部推荐了“教学工作”单项优秀和“科研成果署名”单项优秀岗位教师名单。
- 现代农学院顺利完成 2025-2026 学年春季学期教学工作。2025-2026 学年春季共开设 38 门课程（含新开设的园艺学研究生课程 5 门）。2025-2026 学年夏季学期开设的 3 门课程正在有序进行中。
- 植物所杨文强研究员荣获国科大 2025 年李佩优秀教师奖。
- “果品营养学”课程（屈红霞、杨宝、谢海辉）荣获国科大 2025 年校级研究生优秀课程。

荣誉奖项

- 中国科学院院士、遗传发育所曹晓风研究员当选英国皇家学会外籍院士
- 95 岁的中国科学家、原南京土壤所研究员龚子同先生获颁 Guy Smith 奖章。Guy Smith 奖章由国际土壤科学联合会 2010 年设立，龚子同研究员为首位获此奖项的亚洲学者
- 南京土壤所 / 东北地理所姜明研究员当选国际湿地科学家学会（SWS）国际会士
- 遗传发育所曹晓风、南京土壤所张甘霖、亚热带生态所王克林等研究员荣获“全国创新争先奖”
- 海洋所杨红生研究员荣获全国“五一劳动奖章”
- 东北地理所毛德华研究员被授予 2026 年新时代青年先锋
- 植物所生物多样性与生态安全科技创新团队（马克平等），遗传发育所高彩霞、水生所潘鲁湲等研究员当选第七届“科苑名匠”
- 海洋所王鹏研究员获评青岛市先进工作者
- 微生物所科普图书《人类与微生物的猫鼠游戏》（高福、卢丹）和科普视频《恐怖的埃博拉病毒》（高福团队）获评 2026 年中国科学院优秀科普作品

书　讯

- 土壤修复学是研究土壤污染及其修复技术的一门交叉学科，至今已发展出富有自身特色的研究任务和学科定位，它不仅是土壤学的一个新兴分支学科，也是环境科学、生态科学、环境工程和农业科学中的重要研究内容。国科大研究生教材《土壤修复学》由南京土壤所骆永明研究员主编、滕应研究员参编，由科学出版社出版。本教材基于土壤修复学的学科框架体系和任务目标，分别从土壤污染成因、过程机制、污染监测、污染效应、调查制图、损害评估、基准标准、修复理论与技术、修复材料与装备、效果评估与监理、修复政策与管理、修复工程案例等方面，全面系统地阐述了土壤修复学的内涵和任务，结构内容清晰、逻辑层次性强，是我国首部环境修复专业领域的土壤修复学教材，具有重要的学术价值和现实意义。该教材可作为全国科研院所、大专院校土壤学、环境科学、环境工程、生态学等专业的研究生或本科生的课程教材，也可作为相关专业科研、工程、管理人员的参考书。



自 1981 年首版问世以来，Robert Edward Lee 教授所著 *Phycology*（《藻类学》）便奠定了藻类学领域的经典教材地位。40 载时光、四度修订，使这部著作不仅传承经典，更精准捕捉了藻类学研究的前沿动态。

日前，科学出版社出版了由我国藻类学领域的领军学者、中国科学院海洋所段德麟研究员领衔，中国科学院水生所毕永红、海洋所邵展茹、胡自民等国内藻类学研究一线专家参与翻译的《藻类学》第五版的中译本。该书旨在为藻类学及相关领域的高校师生和科研人员提供一部内容系统、概念规范的专业著作，成为藻类学及相关领域教学、科研和实践的重要教材和参考资料。

《藻类学（原书第五版）》系统介绍了藻类的基本特征、细胞结构、营养方式、系统演化与分类体系，并对蓝藻、红藻、绿藻、硅藻、裸藻、甲藻、隐藻、金藻、褐藻等主要类群进行了全面阐述，设置了“藻类与环境”等专题内容，突出藻类在生态系统结构维持、物质循环、环境变化响应和资源利用中的重要作用。该书纳入了藻类学领域的最新进展，如藻类生物燃料的潜力与挑战、藻毒素研究进展等，并介绍了藻类起源、系统发育和分类学等方面新的分子工具与技术，使其具有学术性、系统性和实用性。

特别报道

LXR α 基因编辑猪在亚热带生态所诞生

在中国工程院院士、亚热带生态所首席研究员印遇龙带领下，陈建文、徐奎等成功培育出 4 头基因编辑克隆猪个体（见本期封面图片）。这批猪以肝脏 X 受体基因（*Liver X Receptor alpha*，*LXR α*）为靶点开展基因编辑，是目前已知世界首例 *LXR α* 基因编辑猪模型，也是亚热带生态所首批面向重大疾病研究构建的基因编辑猪资源之一。

猪在解剖结构、心血管系统及脂代谢特征等方面与人类高度相似，是国际公认的重要心血管疾病大动物模型。LXR α 作为胆固醇代谢与炎症反应的重要调控因子，在动脉粥样硬化、心肌梗死等心血管疾病发生发展中具有重要作用。围绕该靶点构建基因编辑猪模型，有助于弥补目前小鼠模型在相关研究中的不足，为开展疾病机制解析及干预策略评价提供更加接近实际生理状态的实验材料。

该批基因编辑猪的获得，是亚热带生态所在大动物基因编辑及疾病模型创制方面取得的一项阶段性突破进展，也为后续开展医用猪模型开发和相关功能研究奠定了坚实的基础。

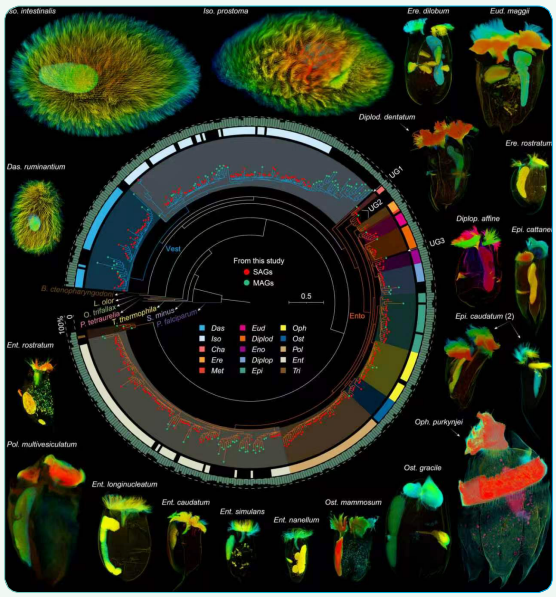
下一阶段，研究团队将围绕 *LXR α* 相关的脂代谢调控与免疫炎症机制，系统开展表型鉴定及功能研究，并进一步优化生物安全评价体系，拓展其在疾病模型与生物医药领域的应用。同时，团队将持续推进“一猪三用”的研究布局，探索通过基因编辑等手段在疾病模型构建、生物医药应用及农用猪新品种（系）培育等方向的协同发展，促进分子设计育种与应用需求的深度融合，为我国畜禽种业振兴及相关医药产业发展等应用场景提供技术支撑。

重大科研进展

反刍动物甲烷排放新机制

牛、羊等反刍动物在消化过程中排放大量甲烷，甲烷增温效应显著高于二氧化碳，是农业领域重要的碳排放来源之一。长期以来，科学界已知甲烷主要由瘤胃中的产甲烷菌直接产生，但另一类数量庞大的真核微生物——原生动物纤毛虫，究竟如何参与其中，一直缺少明确答案。

水生所缪炜团队与合作者构建了较为完整的瘤胃纤毛虫（Rumen ciliates）基因组资源库，共获得 450 个基因组，其中 87% 为新测序数据。研究人员还结合 100 头奶牛的甲烷排放测定，以及 1877 份瘤胃宏基因组和宏转录组数据分析，发现纤毛虫丰度越高，相关产甲烷菌的丰度和活性也越高，动物的甲烷排放水平也越高。



瘤胃纤毛虫基因组目录

研究团队将在瘤胃纤毛虫体内发现的一种新的产氢细胞器命名为“氢小体”。作为纤毛虫内部的“微型制氢工厂”，氢小体不仅能提供氢气，还可清除局部氧气，为产甲烷菌创造更适宜的产甲烷环境。纤毛虫通过为产甲烷菌“搭台供料”的方式，间接提高了甲烷排放效率。

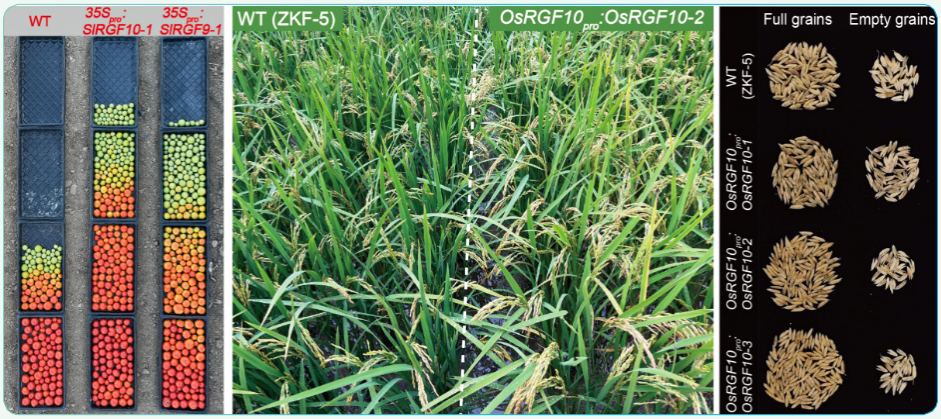
不同类群的纤毛虫“助推”甲烷生成能力各异：“多毛”的纤毛虫因表面纤毛丰富，氢小体数量居多，具有更强的产氢和清除氧的能力，表现出更显著的甲烷生成促进作用。这意味着，未来评估反刍动物甲烷排放风险，既要看“有没有纤毛虫”，还要看“是哪一类纤毛虫占优势”。

该成果不仅回答了一个长期悬而未决的基础科学问题，更为畜牧业减少甲烷排放提供了新思路：未来，可通过调控瘤胃纤毛虫群落结构，或干预其关键细胞器功能，从源头降低甲烷产生，以发展绿色低碳畜牧业、服务国家“双碳”目标。（Xie et al., 2026, Science 392, DOI:10.1126/science.adv4244）（水生生物研究所 熊杰 缪炜 供稿）

许操团队揭示作物花期“按需抗冷”杀手锏机制

全球气候变化引发的环流异常造成极端天气频发，短短数日的花期低温便可造成不可逆花粉败育，使全球主粮作物遭遇大面积受精障碍，导致作物减产 20% 至 60%，每年给全球农业生产造成的直接经济损失高达数十亿美元。遗传发育所许操团队首次揭示了作物花粉发育特定阶段存在低温韧性（cold resilience），发现了首个花粉发育低温感知与逆境韧性调控的小肽信号 RGF，阐明了作物花期“按需抗冷”的“小肽 - 受体 - 离子通道”信号轴，证实了该分子途径在冷害减损和设计育种中的重要应用潜力。

本研究综合运用传感技术、多维组学、基因编辑和人工智能等技术手段，经过长达 8 年的持续攻关，最终鉴定了在番茄（*Solanum lycopersicum*）基因组中曾长期被注释为“功能未知”的小肽基因 *RGF*。



RGF信号级联调控花粉低温韧性，保障作物产量

RGF 基因编码一个仅含有 13 个氨基酸残基的短肽，在正常生长条件下近乎不表达，一旦遭遇冷害便被迅速激活，精准调控花药绒毡层细胞程序性降解，从而维持花粉育性并保障正常结实。尤为重要的是，该小肽信号的表达具有瞬时响应特性：低温胁迫解除后，其转录水平迅速回落，不产生持续的能量消耗，实现了“按需激活、即时终止”的节能调控模式。

进一步研究揭示，低温诱导表达的 RGF 小肽分泌到细胞外，被花药细胞膜表面受体激酶 SlRGFR6 和共受体 SlSERK 识别，形成受体复合体，该复合体随即磷酸化激活细胞膜上的环核苷酸门控离子通道 SlCNGC16/18，引发细胞内钙离子浓度快速升高。这一钙信号精准调控了花药绒毡层的程序性凋亡进程——在低温条件下，该信号确保了绒毡层细胞准时降解，从而为花粉的正常发育提供必需的营养和能量，有效避免了因绒毡层降解延迟所导致的花粉败育。此“小肽 - 受体 - 离子通道”低温信号轴，使植物面临不可预测的短期冷害时，实现精准高效的“按需抗逆”局部防御。

作物改良和多年、多点、多品种测产表明，适当提高这些 RGF 小肽的表达，可挽回 33.9% ~ 52.2% 的番茄低温冷害产量损失。RGF 低温信号轴在双子叶和单子叶植物中具有保守性，上调水稻（*Oryza sativa*）中 *RGF* 同源基因的表达可增强花粉低温韧性，可为当前广泛种植的高产商业化水稻品种挽回约 18% 的低温冷害产量损失。目前，正在将该机制拓展至大豆（*Glycine max*）、玉米（*Zea mays*）等不同冷害减损作物的改良研究。该成果不仅为应对气候变化下的粮食安全和气候韧性农业提供了“中国方案”，同时也为扩展作物种植区域，开发新粮仓提供了重要理论依据和育种新途径。（Chen et al., 2026, Nature DOI: 10.1038/s41586-026-10603-7）（遗传与发育生物学研究所 许操 陈树栋 供稿）

深海水虱超强绝食能力的奥秘

深海水虱（deep-sea supergiant isopod）是在深海生活且体型巨大的一类甲壳动物，在缺乏稳定食物供给的情况下可存活五年之久，这一惊人的“耐饥饿”能力长期以来被认为是深海寡营养环境适应生物学研究领域的未解之谜。海洋所李富花团队、相建海团队与多家单位合作，率先揭开了深海水虱超强绝食能力的奥秘。

研究发现，为应对寡营养环境，深海水虱演化出一套“开源节流”的双重生存策略：既拥有容量巨大且可储存大量食物的胃，又能维持极低的基础代谢率。深海水虱的胃占据整个身体的 2/3 左右，但在充满食物且体积巨大的胃中，利于食物消化的厚壁菌等微生物的占比不高，反而特异性聚集了与脂质存储相关的衣原体，不仅有效降低了食物消耗速率，还推动了其独特能量存储器官——脂肪体的形成。多项生理指标的检测显示，深海水虱的基础代谢率明显低于近缘物种。深海水虱可能通过机会性暴食储存食物，再通过降低其基础代谢率，从而延长食物在胃中的驻留时间。

深海水虱超长绝食能力的获得与一个从外源共生细菌中水平转移并整合到其基因组上的基因（*ND1*）

密切相关。*ND1* 基因与能量代谢途径中关键基因——电子传递链复合体 I 基因同源，在转移至深海水虱后经历了基因加倍，其超高的表达水平受到了组蛋白乙酰化修饰的精准调控。(Yuan et al., 2026, Cell 189, DOI: 10.1016/j.cell.2026.05.012)

高彩霞团队开发“多合一”基因组编辑系统

在现代作物育种中，如何将大量优异等位基因快速、精准地聚合到同一品种中，实现多性状乃至复杂性状的同步改良，是精准育种领域的重大挑战。近日，遗传发育所高彩霞团队构建了精准基因敲除工具 TKO（TwinPE-mediated gene KnockOut）以及“多合一”的编辑系统 TRIM（TKO editor-enabled gene Rupture and development of Integrated Multitype genome modification systems），为复杂性状的“一站式”精准聚合提供了全新方案。

研究团队首先基于双 pegRNA 引导编辑（twin Prime Editor, twinPE）策略，在目标位点精准插入终止密码子簇（stop codon cluster，SCC），开发出精准高效敲除工具 TKO。TKO 通过精准写入终止密码子，避免传统 Cas9 敲除系统常见的 3n 插入缺失导致的框内突变（in-frame InDel）问题。在水稻再生 T_0 植株中，TKO 介导的单基因敲除的平均效率达 96.8%。团队还开发了 10 套正交 TKO 系统，可同时精准敲除多达 10 个基因。

在此基础上，团队构建了两个“多合一”TRIM 系统。TRIM1 利用常规 PE 蛋白作为工具酶，结合 TKO 敲除与常规 PE 策略，可同时实现基因敲除、碱基替换、小片段替换、插入、删除、复制、倒位等多种编辑。在水稻 T_0 植株中，利用 TRIM1 对 1 个基因敲除并同时对 3 个基因进行纯合精准编辑，效率高达 22.8%。TRIM2 则采用 PE 与 Cre 重组酶的融合蛋白作为工具酶，在保留 TRIM1 全部功能的基础上，进一步实现 Kb 级大片段 DNA 的插入、替换、删除、倒位和易位等基因组操纵。TRIM 首次将基因敲除、碱基编辑、小片段编辑及大片段基因组重构整合于同一平台，实现真正意义上的“多合一”基因组工程，为复杂性状设计和多个优异等位基因的快速聚合提供了强有力的新工具，有望加速单子叶作物精准育种进程。

为便于载体设计与构建，团队开发了自动化软件 TKO_PegDesigner（tko-pegdesigner.net/），并建立了两轮连接 (two-round ligation, TRL) 的多 (pe)gRNA 组装策略，可实现多达 36 个 (pe)gRNA 的高效组装。（Li et al., 2026, Nat. Biotechnol. 44, DOI: 10.1038/s41587-026-03174-5）（遗传与发育生物学研究所 高彩霞 李洪超 供稿）

科研进展

遗传与发育生物学研究所

- 李云海团队发现生长素通过 TMK1 促进 DA1 的磷酸化水平增加，导致 DA1 蛋白丰度下降，UBP15 蛋白增多，促进种子增大，形成了从生长素信号到种子大小的直接分子通路。未来可通过精准调控 TMK1-DA1 通路改良种子大小、提高作物产量。(Wang et al., 2026, Mol. Plant 19, DOI: 10.1016/j.molp.2026.05.020)
- 王国栋团队与白洋团队发现，拟南芥木质素合成缺陷突变体 *cse-2* 的根际特异性富集了具有芳香族化合物降解能力的放线菌门（Actinobacteria）和假单

胞菌门（Pseudomonadota）细菌，其关键的分泌型 β-葡萄糖苷酶能将香豆素糖苷转化为具有高效螯合铁能力的活性配基。本研究提出了“植物-微生物代谢动态重塑（Dynamic Remodeling）”的概念，阐明了微生物能够主动对植物代谢产物进行“二次加工”以反馈并反哺植物健康的生态学模型，为改良碱性土壤中作物铁吸收效率、开发功能性根际微生物菌剂提供了新思路。(Wang et al., 2026, Mol. Plant 19, DOI: 10.1016/j.molp.2026.05.019)

- 鲁非团队与合作者构建了强筋小麦品种“济麦44”高质量参考基因组，系统揭示了强筋小麦品质性状改良的演化规律，认为小麦品质提升并非仅是少数“好基因”的简单累积，而是由高变异面筋蛋白基因与基因间上位性互作网络共同塑造的结果。本研究将小麦品质育种的关注点从“寻找单个优良等位基因”进一步推进到“解析和设计优良基因组合”。(Zhang et al., 2026, Nat. Plants 12, DOI: 10.1038/s41477-026-02288-7)
- 肖军团队合作鉴定了调控小麦种子休眠与穗发芽抗性的关键枢纽 TaMYB7-A1。*TaMYB7-A1* 不同单倍型与其它抗性基因特定单倍型协同出现，在特定气候区形成特征性的“多基因单倍型频率组合”，形成作物广适性、实现环境精准匹配的群体遗传基础。本研究系统解析了“一个基因，多套方案”的实现路径，从分子功能、单倍型分化、地理分布及适应性组合等多维度，为“多基因单倍型工具箱”驱动气候适应性提供了关键证据。(Wang et al., 2026, Adv. Sci. 13, DOI: 10.1002/advs.202524067)

南京土壤研究所

- 张佳宝团队和梁玉婷团队在四大盐碱区开展了大尺度调查，发现在农田土壤中，生物多样性与生态系统多功能性关系转变的交换性钠百分比（exchangeable sodium percentage, ESP）阈值为 13%；而在盐碱土中，相应的 ESP 阈值为 44%。真菌多样性对维持高盐碱胁迫下土壤生态系统功能具有关键作用，微生物群落沿 ESP 梯度表现出三种功能维度的适应性策略。由此对盐碱地改良提出建议：一是采取改良措施将 ESP 降低至 13% 以下，以恢复微生物代谢活性；二是需重视真菌群落的保护与调控，如通过施用真菌菌剂和有机改良剂等方式提升真菌群落丰度，从而增强土壤生态系统功能。(Zhou et al., 2026, Glob. Change Biol. 32, DOI: 10.1111/gcb.70843)
- 颜晓元团队将 ^{15}N 同位素示踪与膜进样质谱技术相结合，构建了稻田气态氮损失原位观测方法体系，发现稻田 N_2 排放中有 72%-75% 来源于土壤有机氮，而非当季化肥氮。团队据此提出“微生物氮泵”的新机制：施入土壤的尿素水解产生的铵态氮被微生物迅速同化，打破其体内碳氮平衡；为获取碳源，微生物加速分解本底土壤有机质，释放出大量土壤源的铵态氮，这些“老氮”随后通过硝化-反硝化作用转化为 N_2 排放到大气中。研究成果对于完善农田氮收支模型、推动农业绿色可持续发展，具有重要科学意义。(Lei et al., 2026, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 123, DOI: 0.1073/pnas.2603983123)

水生生物研究所

- 胡炜团队与国外合作者揭示，保守神经肽 Secretoneurin（SN）是一种调节促性腺激素释放激素（gonadotropin-releasing hormone, GnRH）神经元发育的新因子，通过外泌体介导的细胞间通讯，SN 可激活 GnRH3 神经元中 PI3K/Akt 通路，调控 GnRH 神经元的增殖与兴奋性。(Chen et al., 2026, Sci. Bull. 71, DOI: 10.1016/j.scib.2026.04.007)
- 环二鸟苷酸（c-di-GMP）是细菌体内普遍存在的一种第二信使，参与调控多种细胞活动。曾晓丽团队发现，鱼腥藻（*Anabaena*）体内存在两个关键的 c-di-GMP 生理阈值，即维持细胞大小所需的最小 c-di-GMP 浓度（80%），和

细胞存活所必需的更低浓度阈值（50%）。*Anabaena* 中参与 c-di-GMP 代谢的 16 种酶共同构成了类似双继电器系统的双重调控机制，从而维持 c-di-GMP 浓度的稳定。这种由 c-di-GMP 浓度决定的双重阈值机制，既有助于细胞实现动态适应，又能避免细胞因 c-di-GMP 浓度过低而死亡。(Sun et al., 2026, PLoS Biol. 24, DOI: 10.1371/journal.pbio.3003750）

- 陈宇顺团队和段明团队以全球 2622 个流域的淡水鱼类为对象，评估了土著鱼类群落结构对全球整体外来入侵鱼类发生与丰富度的影响，并进一步比较了全球不同生物地理区系中对外来物种入侵的生物抵抗力模式，认为土著鱼类因更充分的资源占据和更强的种间竞争而增强其对外来鱼类入侵的生物抵抗力。人类活动显著促进了外来鱼类的入侵，且入侵在纬度上呈现先增加后降低的非线性格局，中纬度地区是入侵热点。外来鱼类入侵是生物相互作用、环境过滤和人类活动共同作用的结果，但生态位结构在调节外来鱼类入侵的生物抵抗力中具有核心作用。(Tian et al., 2026, Glob. Change Biol. 32, DOI: 10.1111/gcb.70905)

华南植物园

- 颜海飞团队构建了中华绣线菊（*Spiraea chinensis*）染色体水平高质量参考基因组，解析了蔷薇科水杨酸（salicylic acid, SA）生物合成通路的演化机制。苯丙氨酸解氨酶介导的途径是蔷薇科 SA 生物合成的主导路径，在李亚科（Amygdaloideae）物种中，该通路主要通过全基因组复制扩张；而在蔷薇亚科（Rosoideae）中，则由全基因组复制与小尺度复制共同驱动。基因组进化动态与转录及代谢调控的协同作用共同驱动了 SA 生物合成通路的演化与功能分化，形成“核心稳定、外围灵活”的调控体系。(Liu et al., 2026, Hortic. Res. 13, DOI: 10.1093/hr/uhag108)
- 层出镰刀菌（*Fusarium proliferatum*）是引发香蕉冠腐病的病原真菌之一，该菌产生的伏马毒素可污染全球多种作物，对人类和牲畜健康均构成威胁。层出镰刀菌中的 *Activator Protein-1* 同源基因（*FpAP1*）促进层出镰刀菌对香蕉果实的侵染。李涛涛团队在前期研究基础上，进一步鉴定出 393 个受 FpAP1 直接调控的靶基因，发现 FpAP1 可通过新的调控网络，调节与层出镰刀菌生长、氧化应激反应及毒力相关的基因表达，为有效防控镰刀菌病害及真菌毒素污染提供了潜在的关键靶点。(Wang et al., 2026, Plant Cell Environ. 49, DOI: 10.1111/pce.70591)
- 武东海团队与合作者在量化热带森林生物量碳周转及其对气候变化响应研究方面取得重要进展，认为亚马逊森林碳周转时间在空间上存在明显差异。除极端干旱外，风暴等极端天气事件同样会通过增加树木死亡和森林扰动，加快森林碳周转过程。随着未来大气干旱加剧和对流风暴活动增强，亚马逊森林中碳在植被中的停留时间可能进一步缩短，长期碳储存能力面临下降风险。(Wu et al., 2026, Nat. Clim. Chang. 16, DOI: 10.1038/s41558-026-02639-4)

亚热带农业生态研究所

- 孔祥峰团队系统整合 2014-2024 年国内外猪肉品质研究证据， 针对 15 类猪肉品质指标开展了多层次荟萃分析。结果表明，猪肉品质是由遗传背景、养殖环境、饲养管理和饲粮营养等因素共同决定：生猪品种主要影响肌内脂肪、油酸和肉色等化学组成及感官性状，地理分布主要影响猪肉的保水能力和肉色相关指标，提示气候条件、饲养模式和宰前管理在肉品质形成中具有重要作用。(Hu et al., 2026, Food Res. Int. 235, DOI: 10.1016/j.foodres.2026.119761)
- 李德军团队在亚热带喀斯特森林中首次证实，树种多样性升高可显著抑制土壤有机碳（soil

organic carbon, SOC）激发效应，使碳分解由正激发转为弱激发甚至负激发。研究阐明了“缓解微生物能量限制 - 功能类群转型 - 基因表达重构”的协同调控机制，表明提升树种多样性不仅能增加碳输入，还能“锁住”土壤老碳、减少碳损失。该成果为生物多样性保护与森林碳汇协同提升提供了关键理论支撑。(Duan et al., 2026, Ecol. Lett. 29, DOI: 10.1111/ele.70400)

- 王克林团队揭示了高钙环境促进土壤碳氮积累的微生物机制。研究发现，石灰岩土壤较高的 pH 和交换性钙显著提高固氮菌、解磷菌丰度，增强其协作关系及网络稳定性，从而提升土壤固氮速率。在植被恢复过程中，高钙环境通过促进微生物生长与代谢，提高微生物残体碳氮积累，并强化跨营养级生物协同互作，使人工林在气候变暖背景下实现碳氮协同增加。该研究提出了“钙 - 微生物 - 微食物网”调控模式，为喀斯特生态恢复与碳汇提升提供了新理论框架。(Xiao et al., 2026, Commun. Earth Environ. 7, DOI: 10.1038/s43247-026-03456-5)

植物研究所

- 杨文强团队研究了莱茵衣藻（*Chlamydomonas reinhardtii*）内被膜转运子（TIC）组分 Orf2971 缺失后的脂质代谢，发现三酰基甘油（triacylglycerol, TAG）含量显著升高并凝聚成脂滴，以平衡细胞内稳态。Orf2971 缺失后细胞内的心磷脂（cardiolipin, CL）含量亦明显富集，增多的心磷脂会通过增强线粒体功能来补偿叶绿体功能的下调，进而维持细胞稳态。本研究为脂质和自噬参与维持叶绿体蛋白稳态调控途径提供了新见解。(Yang et al., 2026, New Phytol. 259, DOI: 10.1111/nph.71139)

微生物研究所

- 孔照胜团队和合作者利用原子力显微镜对棉纤维细胞壁进行力学测量，发现棉纤维细胞壁中纤维素沿轴向的梯度分布是驱动棉纤维偏向顶端生长的关键因素，为理解植物单细胞极性生长及细胞壁力学调控机制提供了新的证据。(Wang et al., 2026, Nat. Commun. 17, DOI: 10.1038/s41467-026-71314-1)
- 孔照胜团队构建了黑土大豆根际微生物组数据库，发现根际与根瘤微生物群落组成高度相似，Proteobacteria 为优势菌门；根中富集了 *Streptomyces* 和 *Variovorax* 等促生菌，宏基因组分析鉴定出 380 种根瘤菌。研究为东北地区大豆种植中微生物菌剂的开发利用奠定了基础。(Wu et al., 2026, Plant Cell Environ. 49, DOI: 10.1111/pce.70505)

海洋研究所

- 沙忠利团队发现海胆（Echinoidea）浅海与深海群落均呈现传统的“双峰型”纬度分布格局，物种丰富度峰值集中于南北半球亚热带海区。驱动该格局的环境机制随深度发生显著转变：浅水群落以温度为主导环境因子，多样性在 24℃附近达到峰值，超过阈值后急剧衰减，呈现典型的温度限制型模式；而深水群落则由温度、盐度和溶氧等多因子共同调控。深海多样性与水深呈显著的线性负相关，限制了多样性热点在气候变暖背景下向更深海域迁移的可能性。(He et al., 2026, Commun. Earth Environ. 7, DOI: 10.1038/s43247-026-03579-9)
- 王广策团队和高山团队合作创制了高效合成对虾白斑综合征病毒（white spot syndrome virus, WSSV）包膜蛋白 VP28“疫苗”的硅藻（*Phaeodactylum tricornutum*）工程藻株，作为口服“疫苗”可显著提高凡纳滨对虾（*Litopenaeus vannamei*）抗 WSSV 能力及存活率，为凡纳滨对虾健康养殖提供了绿色、高效和便捷的 WSSV 防控策略。(Yang et al., 2026, Aquaculture 623, DOI: 10.1016/j.aquaculture.2026.744128)

地理科学与资源研究所

- 伏正团队在全球尺度揭示了蒸腾与光合作用最适温度的差异规律及其调控因子，提出了生态系统碳水过程温度响应的“双最适温框架”。研究发现植物在高温条件下优先维持蒸腾以保护植物免受高温伤害，从而导致碳吸收与水分散失在温度响应上的解耦；但在更高温度下最终仍会通过降低蒸腾来保守用水。生态系统碳吸收较水分散失更易受到高温限制，生长季最高气温是主导两者空间变异的关键因子，而其差异主要受植被含水量调控。(Xia et al., 2026, Nat. Plants 12, DOI: 10.1038/s41477-026-02263-2)

东北地理与农业生态研究所

- 陈学文团队发现，非根际土与根际土壤对秸秆还田方式表现出相似的响应模式。秸秆覆盖还田浅旋条耕处理显著促进了非根际土及根际土中颗粒态有机碳的积累。随着秸秆还田深度的增加与耕作强度的加大，半纤维素和纤维素降解相关基因的丰度及其相关酶活性均呈下降趋势。微生物生活史策略不仅正向调控碳水化合物降解功能基因的丰度，促进颗粒态有机碳的积累；还通过影响可溶性有机碳的化学稳定性，间接调控矿物结合态有机碳的形成。(Zhang et al., 2026, Agric. Ecosyst. Environ. 408, DOI: 10.1016/j.agee.2026.110478)
- 刘焕军团队揭示，1990－2020 年全球黑土区耕地表层土壤有机碳（SOC）总体下降了 5.59%，但下降速率呈减缓趋势。当温度变化速率超过 0.0309°C/yr 时，SOC 变化由净损失逐渐转向净增加，故将其定义为“SOC 损益交叉阈值”。该研究为理解全球黑土区土壤碳循环过程、评估气候变化下耕地土壤固碳潜力以及制定黑土资源保护与农业可持续管理策略提供了重要科学依据。(Meng et al., 2026, Nat. Commun. 17, DOI: 10.1038/s41467-026-73759-w)
- 李禄军团队基于 100 年激发效应的研究数据（1926-2026），在全球尺度上系统阐明了不同外源碳基质类型及其组分对土壤激发效应的差异化影响，发现植物残体、根系分泌物、生物炭和可降解微塑料四种外源碳均诱导正激发效应，即促进了土壤有机质的矿化，但其强度差异显著：植物残体诱导的激发效应最高（319%），其次为根系分泌物（193%）、生物炭（130%）和可降解微塑料（107%）。本研究强调了碳源类型和质量在土壤有机质矿化过程中的核心作用，为精准预测土壤碳动态、优化农业废弃物还田管理以减缓土壤碳库损失提供了重要科学依据。(Dong et al., 2026, Glob. Change Biol. 32, DOI: 10.1111/gcb.70861)

媒体扫描

【央视网、新华社】李家洋团队成功破解作物“午休”奥秘

农作物“午休”是指中午约 12 点到 14 点之间，高温强光造成光合作用及有机物积累下降的现象。农作物频繁遭遇强光，高温等，可造成约 30% 的产量损失。遗传发育所李家洋团队联合多家机构，依托核磁共振结构解析、超分辨显微观测、光学模拟等前沿技术，连续 4 年在海南、北京、黑龙江开展水稻田间试验，首次发现植物可通过蛋白凝聚体为叶绿体搭建动态“天然防晒屏障”，解锁了全新主动光保护机制。

传统观点认为，强光诱发叶绿体内产生的单线态氧，造成光系统 II 及叶绿体结构损伤并触发防御反应，即先受损再启动保护，是典型的事后补救，反应慢、耗能大。

团队发现，当水稻遭遇强光胁迫时，MBS1（METHYLENE BLUE SENSITIVITY1）蛋白可精准捕捉单线态氧信号，在叶绿体外膜动态组装形成特殊蛋白凝聚体。与传统“受损后修复”的生化防护模式不同，这些蛋白凝聚体如同一层自适应、可开合的“智能防晒膜”，紧密包裹在叶绿体表面，通过光学散射、遮蔽作用弱化强光透射，从源头减少单线态氧的过量生成，避免光合系统损伤。上调 MBS1 蛋白表达后，水稻抵御田间强光逆境的能力显著增强，在不影响植株正常生长发育的前提下，实现了稳产增产。

在全球气候变化、极端天气频发的当下，本成果为高光效抗逆高产作物育种开辟了全新赛道，提供了精准可靠的分子靶点与育种思路，对提升农作物气候适应能力、稳定粮食产能具有重要的科学价值与现实意义。

【科学网、中国科学报】世界纪录！“巨无霸”长心卡帕藻，单株重量 71.6 斤

单株巨无霸的长心卡帕藻

长心卡帕藻（*Kappaphycus alvarezii*），是生产卡拉胶的基础原料，支撑着我国数万亿元的食品、化工和医药相关产业，但我国 95% 的卡帕藻原料依赖进口。在国家海洋公益项目、国家自然科学基金和广东省现代化海洋牧场产业创新技术项目支持下，海洋所联合南海海洋研究所以及相关企业等共同完成的长心卡帕藻苗种扩繁栽培技术取得了突破性进展。该成果培育出超大型藻株：单株藻体重平均达 55.2 斤；最重的藻株达 71.6 斤，是迄今为止已知世界上该藻的最大个体，远超国内外传统养殖通常 3 至 4 斤的水平。

为此，我国三代科研人员历经四十余年的持续探索，在世界范围内开展野生苗种采集与引进、四分孢子单倍体苗培育、低温锻炼与驯化筛选、南 - 北海域互动交替接力栽培、尝试发展不同养殖模式技术等，最终破解长期制约我国长心卡帕藻苗种供应的难题。长心卡帕藻成功培养方案将为高温海区规模化栽培大型藻类、提高蓝色海洋碳汇水平提供有力支撑，并为我国食品、化工及医药产业健康发展奠定坚实基础。

科普之光

4 月 18 日，在国科大举办的花间读书节活动中，现代农学院科普志愿者与大家分享了兰科植物的相关知识，组织了手工实践活动，希望将书本上的园艺知识，化作春日里一次轻松生动的科普互动，让科学的严谨融于人文雅趣。活动现场，科普志愿者首先为大家科普兰科植物的分类、形态特征以及兰花唇瓣的结

构特点。随后，大家加入“寻兰辨真”趣味小挑战，在众多图片中分辨出真正的兰花，在互动中进一步明晰了兰花的特征。在手工制作环节，大家在志愿者的帮助下，利用超轻粘土与模具，经过巧妙的捏塑与黏合，制作成一朵朵精美的蝴蝶兰。本次活动将知识分享与手工实践融为一体，使参与者近距离感受了兰花的自然之美。

5月16日，怀柔科学城“雁栖科学季”公众科学嘉年华正式开启，国科大现代农学院依托国科大基金会“创益家·科教融合助推乡村振兴”项目，精心策划并设立了两大特色科普展位——“果间秘语：遇见DNA”与“作物奇遇记：一粒米的神奇旅程”，同步亮相，吸引上千名公众参与。通过本次有趣的科普活动，志愿者们既普及了生命科学与现代农业技术知识，也展现了传承农耕文化、厚植爱粮惜粮的意识。未来，现代农学院将持续推出更多接地气、有内涵的科普活动，助力农业科技知识普及，推动乡村振兴！

学生风采

中外学子携手开展“稻梦空间”联合助农活动

5月19日，在国科大基金会“创益家·益心助农”项目支持下，现代农学院联合国际学院，赴怀柔区桥梓镇口头村开展助农实践活动。现代农学院常务副院长冯锋、国际学院副院长陈锋带领50余名中外学子走进田间，参与农事劳作，助力乡村生产。

活动合影

活动伊始，学院领导致辞，热情欢迎国际学子与中国同学一道，走出课堂，实地感受中国乡村新貌，探寻华夏农耕魅力。在活动现场，师生有序开展水稻育种科普、知识竞答、传统面食制作等趣味活动，中外学子分组协作、积极互动，增进彼此友谊与对中华农耕文化的了解。在插秧竞赛环节，学子们躬身实践、勤学技巧，氛围热烈，切身体会农耕劳作的艰辛与乐趣。

本次活动融合农业科普、农事实践与中外交流，为乡村农耕生产注入了青春活力，搭建起中外青年互鉴桥梁，向国际学子展示了中国乡村振兴新图景。

山湖送我扶摇志，星辰万里踏长风

青春逐梦，不负韶华。定格学子离校美好瞬间，祝愿全体同学笃行不怠、砥砺前行，立足所学、深耕所长，在广阔天地间绽放青春光彩，奔赴新征程！

王一迪（1901 班）在雁栖湖的一年，是沉淀与成长的一年。开学典礼上的嘱托仍在耳畔，在这里，我系统学习了专业知识，参与了丰富的实践活动，也在与师长、同学的交流中拓宽了视野、结识了挚友。无论是前沿讲座的启发，还是集体活动的温暖，都化作我成长路上的宝贵财富。满怀收获与感动，我将始终秉持国科大人的初心底色，向着科研的星辰大海勇毅前行。

王　哲（1902 班）雁栖湖的波光水色，如清晖般浸润了我的成长。这一年，知识丰盈头脑，友谊温暖旅程。在服务同学、组织评优、策划活动中，我触摸到责任的分量与温度；在丰收节合唱、奥森徒步、摘山楂做糖葫芦、包饺子等无数学院活动里，集体的暖意与个人的成长交织成歌，让我收获了与朋友同行的喜悦。课堂上，老师的谆谆教诲将我引向无垠的知识海洋，同学们的热烈讨论拓展了我的思维边界。感谢这一年的所有遇见。再见，雁栖湖！

郑渤腾（1903 班）绿意初长，流光熠熠。这一年不长，刚好够种一粒种子，认识泥土、阳光和雨水，也刚好够我们，从陌生走到并肩。在雁栖湖畔，农苑生活的朝夕里，从名师课堂到田间实践，从参与活动到组织活动，从求学者到站上科普讲台，还记得我们一起挖红薯、插水稻、摘山楂，一起做策划、磨方案、组活动，一起备课、讲课、做科普……一年来，很荣幸，我们于课堂、于活动、于工作，见证彼此的成长与蜕变。祝学院，祝同学，祝自己，在未来的路上，岁岁无忧，步步生花。

任发达（1904 班）载着一整年的收获与沉淀，雁栖湖的集中学习画上句号。在这里，“国有疑难可问谁，强国一代有我在”是激励我们的宣言，“两弹一星”精神是我们奋斗的底色，丰富的实践与学习活动不仅助我学业精进，更让我体会到师长教诲与同窗相伴的温暖。学术成长与烟火暖意交织，让这段时光充实又安心。一年短暂，回味悠长，在雁栖湖的收获将浸润我人生的每一天，未来，希望我与雁栖湖以更精彩的面貌重逢！

走进野外台站 ——海洋研究所胶州湾站

山东胶州湾海洋生态系统国家野外科学观测研究站（简称胶州湾站）于1981年建于青岛市，依托单位为中国科学院海洋研究所。1991年，胶州湾站成为中国生态系统研究网络（CERN）的29个野外观测基本站之一。2005年，胶州湾站获评CERN优秀生态站，入选国家生态系统野外科学观测研究站；2019年，被科技部评为优秀国家野外站。2023年，胶州湾站入选首批生态环境部国家生态质量综合监测站。

作为我国温带海域集观测、研究、示范于一体的综合性生态站，胶州湾站面向“健康海洋与可持续发展”国家重大战略需求，构建了完善的近海生态系统观测与研究平台，对胶州湾及邻近海域生态系统进行了长期观测和系统研究，为我国近海生态系统的健康、可持续发展提供了重要的理论与技术支撑。

胶州湾站建成了完善的观测和科研平台：胶州湾海域观测面积374平方千米，设立海上长期综合观测站位14个，气象观测场2个；拥有专用的“创新号”科学考察船，助力开展多学科综合考察。

在实验生态学方面，胶州湾站建有800平实验分析专用实验室，可以开展水文、化学、生物等各项要素分析鉴定，能够满足海洋生态系统与环境动态变化的长期监测和海洋生态系统与环境演变等研究工作。

为开展野外受控试验，胶州湾站建有海上试验区和野外受控围隔装置，可以开展生态模拟、环境修复模拟实验研究。通过构建海湾生态系统图像自动观测与分析平台、海洋生物多样性研究平台、近海生态灾害研究平台、低氧受控试验平台等，胶州湾站架构起多种方式并存的完整生态监测研究平台，满足野外受控实验和海洋生态调查的需求。

胶州湾站长期在站工作人员40余人。其中，具有高级职称者24位，具有中级职称者10位。长期以来，胶州湾站充分利用海洋生态学、海洋环境科学、海洋生物分类学等科研人员的综合优势，建立了涵盖水文学、化学、生物学（包括浮游动物、植物和底栖生物）、养殖学等多学科的观测、研究与示范团队，形成了一支能够开展长期监测、多学科交叉研究以及组织实施运行服务的高水平研究和管理队伍，为我国近海生态系统健康、生态环境保护、生物资源可持续发展作出了重大贡献。

胶州湾航拍图（海洋所 王少青 供图）

供　　稿：蔡　君　曹朕娇　陈树栋　褚　宁　高彩霞　官丽莉　胡冬雪　贾子薇
李瑞红　缪　炜　庞　通　任发达　石东乔　孙悦佳　姜传奇　王少青
王一迪　王　哲　王忠勤　谢　斐　许　操　杨　倩　叶冬煦　于　慧
吴秋菊　郑渤腾　朱允东　王少青（海洋所）
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：LXRα 基因编辑猪　中国科学院亚热带农业生态研究所 陈建文 供图