

国科大农学通讯

2025年3月31日

总第14期



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

黄葵垂云簇锦声



“中科油 1 号”油菜新品种
中国科学院遗传与发育生物学研究所 胡赞民 供图

学院动态

张佳宝院士任中国科学院大学现代农业科学学院院长

1月21日，中共中国科学院大学委员会发布国科大部分学院行政领导班子人员调整通知，任命张佳宝同志为现代农学院院长

张佳宝，中国工程院院士，中国科学院南京土壤研究所研究员，中国科学院大学现代农业科学学院院长。第十四、十五届中国土壤学会理事长，第二十二届国际土壤学联合会土壤工程与技术委员会主席，第二十三届国际土壤学联合会副主席，第三次全国土壤普查专家技术指导组组长，“十四五”国家重点研发专项“黑土地保护与利用科技创新”专家组组长；曾主持国家及省部级项目20多项。



张佳宝 研究员
中国工程院 院士

张佳宝同志长期致力于土壤物质循环规律、土壤信息快速获取、土壤改良及地力提升等方面的研究。在解决我国中低产田土壤障碍多、地力水平低两大难题上取得突破，创建了土壤障碍分类消减、内稳性地力提升、富养-激发式和相似增效型快速培肥地力、易涝渍农田水土联治等理论与技术体系，创新土壤参数探测技术与设备，牵头建立了我国农田试验站联网研究平台和土壤养分管理国家工程实验室，形成了新一代土壤改良保育的理论基础-核心技术-支撑设备-研发平台体系。张佳宝同志积极倡导科技支撑国家中低产田治理、高标准农田建设和地力提升行动，在推动第三次全国土壤普查、国家黑土地保护与利用专项和国家盐碱地专项实施中作出突出贡献。

张佳宝同志曾获国家科技进步一等奖1项、国家科技进步二等奖3项，以及何梁何利科技进步奖、中国科学院杰出科技成就奖、周光召农业科学家奖等荣誉。发表包括PNAS, Nat Food, Nat Geosci, Nat Commun, NSR, Sci Bull, Microbiome, GCB, EST等SCI收录文章245篇。获国家授权专利63件、软件著作权28项。

张佳宝院长与遗传发育所领导交流
现代农学院向张佳宝院长汇报工作

2月27日，现代农学院院长张佳宝，遗传发育所党委副书记、纪委书记申倚敏，与现代农学院常务副院长杨维才、冯锋，副院长沈仁芳等，在遗传发育所进行交流。会上，申倚敏书记代表学院承办单位遗传发育所，首先表达了对学院领导的热烈欢迎和对学院工作的全力支持，冯锋常务副院长向大家汇报了学院建设成果。张佳宝院长全面了解了学院各项工作，就学院发展与各位领导进行了深入讨论。张佳宝院长感谢遗传发育所为学院提供的全方位支撑；他表示，将与国科大领导积极沟通，与同事们一道，努力建设一个前景广阔、特色鲜明的现代农学院。



现代农学院工会小组开展“三八”妇女节慰问活动

在“三八”国际劳动妇女节到来之际，为传递学院关怀、凝聚巾帼力量，3月3日上午，现代农学院举办了“三八”妇女节主题座谈会，常务副院长冯锋向全体女教职工表达节日祝福，致敬芳华。学院全体教职工共同参与活动，现场气氛轻松愉快。



座谈会合影

党团风采

中国科学院大学 2024-2025 年度“优秀共青团员”、“优秀共青团干部”、“五四红旗团支部”、“五四红旗团委”名单（现代农学院）

优秀共青团员：

20241901 陈相潭 刘金典 徐康晴
20241902 郭海燕 胡铭洋 王怡彤
20241903 李小宝 史婧斐 杨 珂
20241904 李宇恒 徐 阳 张文君

优秀共青团干部：

20241901 王兴凤
20241902 李双林
20241903 李金卓 王侯博
20241904 何占祥

五四红旗团支部：

20241904 团支部

五四红旗团委：

资环农学院团委

3月3日，现代农学院教工党支部开展2024年度组织生活会，张玉芹、朱允东同志获评“优秀”

现代农学院与中国农业科学院研究生院联合开展“传承‘两弹一星’精神 勇担科技强国使命”主题党日活动

3月21日，现代农学院与中国农业科学院研究生院以“传承‘两弹一星’精神 勇担科技强国使命”为主题联合举办主题党日活动。中国农科院研究生院副院长、纪委书记李哲敏，研究生工作处处长夏晨，现代农学院专职辅导员袁凯，教学主管朱允东，以及双方50余名师生党团员代表参加活动。师生们参观了中国科学院与“两弹一星”纪念馆、国科大校史馆，被老一辈科学家矢志不渝的爱国精神深深震撼。本次活动，双方师生通过体验沉浸式红色教育，深刻领会“爱国、创新、求实、奉献、协同、育人”的核心要义，再次共溯科技报国初心，具象化实践了党的二十大报告提出的“深入实施科教兴国战略”倡议。

荣誉奖项

- 遗传发育所研究员、现代农学院名誉院长李振声院士入选 2024 年度十大“科技新闻人物”
- 遗传发育所水稻从头驯化和抗病小体功能研究成果入选“Cell Line”
- 水生所吴振斌研究员牵头主持完成的科研成果“多功能材料强化生物生态协同水环境质量提升关键技术及应用”荣获“湖北省科学技术进步奖”一等奖
- 华南植物园科技资源科普化案例荣登全国“美丽乡村 绿色发展先锋行动”优秀案例榜单
- 昌鸣先（水生所）、李德军（亚热带生态所）、左建儒（遗传发育所）、景海春（植物所）、唐立娜（城环所）、于洪文（东北地理所）等教师荣获 2024 年“中国科学院朱李月华优秀教师奖”
- 现代农学院开设的“农业科学研究进展与展望”（冯锋）、“作物抗病虫育种”（刘志勇、李传友）课程入选“中国科学院大学 2024 年研究生优秀课程”名单
- 现代农学院在“中国科学院大学 2024 年文创设计大赛”中荣获优秀组织奖；袁凯（教师）、张雅涵荣获一等奖；袁凯、张雅涵、杨越、朱宸希荣获三等奖

东北地理所“黑土粮仓”科技会战长春示范区青年突击队荣获“全国巾帼文明岗”称号

2 月 28 日，全国妇联在京举行纪念“三八”国际妇女节暨表彰大会，东北地理所“黑土粮仓”科技会战长春示范区青年突击队荣获“全国巾帼文明岗”称号。该团队在梁爱珍研究员的带领下长年扎根科研一线，开展黑土地力提升机制研究，为用好养好黑土地提供示范样板，为黑土地保护与利用事业贡献了巾帼智慧。



“黑土区耕地退化阻控与地力提升关键技术”荣获 2024 年度中国科学院杰出科技成就奖

完成单位：

中国科学院东北地理与农业生态研究所、南京土壤研究所、沈阳应用生态研究所

“黑土粮仓”科技会战科技成果展示

科技创新贡献:

研究团队聚焦黑土地保护与利用国家重大战略需求开展攻关。构建了黑土地天空地一体化监测与退化评价体系,明晰了黑土退化过程,揭示了黑土地肥沃耕层构建高效机制,研发了内稳性地力培育技术;完成全国首套 10 米分辨率黑土地有机质遥感制图,发布了首部东北黑土地白皮书;首创沟毁耕地修复技术,创建了坡、沟一体化侵蚀防治技术体系;构建了梨树模式 2.0、龙江模式等区域适宜性技术模式并大面积推广。模式纳入国家黑土地保护工程实施方案,支撑了黑土地保护利用工程等国家重大任务,为保障国家粮食安全做出了重要贡献。

团队成员:

张佳宝 姜 明 贾仲君 梁正伟 邹文秀 张兴义 张丽莉 梁爱珍 关义新 刘焕军

东北地理所数据社区荣获第三届“ScienceDB 科学数据奖”优秀数据社区

项目展演台 —— “农业领域‘双碳’人才培养体系探究”项目进行时

农业科技应用现状调研

2025 年寒假期间,国科大现代农学院学生依托“双碳”项目资助,围绕乡村振兴战略实施需求,在多地开展农业科技应用现状调研。在技术创新型企业层面,刘金典同学对广州市卉通农业科技有限公司的调研显示:该高新技术企业通过植物组培与智能环控实现种苗年产能 5000 万株(年增速 20%),形成跨国技术链条,但高额初期投资与技术维护复杂性制约推广,需通过行业标准制定与财政补贴优化等举措破解瓶颈。在基层农户需求层面,牛泽婷同学对新乐市农户的调研表明:农户农业科技采纳呈现“高认知度(97.9%)与低实施率(全面应用仅 2.1%)”的悖离现象。经济成本制约、技术适配性不足、推广服务断层是主要障碍。亟需构建“政府-推广机构-科研单位”协同机制:设立专项补贴基金、建立示范基地、实施技术指导员驻点制度等提升转化效率。在区域产业应用层面,李宇恒同学对粤西地区的调研揭示:该区域已形成“高标准农田+特色种业+智能养殖+食品加工”的产业矩阵。但存在科技应用梯度差异、农业品牌化和产业链需加强等问题。建议实施“三产融合”策略:建设新型职业农民培训中心、构建产学研创新联合体、健全多元投入长效机制等。

通过调研,学生们全面掌握了从“问题识别-机理分析-方案构建”的研究流程,提升了跨学科分析和解决问题的能力。同时,调研成果为“双碳”项目实施提供了重要的实证支持和实践指导,为“循环农业”和“土壤碳氮循环”等课程内容优化提供了现实依据。



姜荷花



密植型菠萝机械化种植

科研进展



遗传与发育生物学研究所

刘志勇团队在小麦串联激酶免疫机制 研究中获得重大突破

串联激酶 (Tandem kinase proteins, TKPs) 是一类近年来在小麦和大麦中发现的新型抗病蛋白, 由两个或多个激酶结构域串联而成, 对条锈病、叶锈病、秆锈病、白粉病、麦瘟病和黑粉病等多种重大病害具有抗性, 在抗病育种中具有重要应用价值。前期, 中国科学院遗传与发育生物学研究所刘志勇团队分别从中国小麦地方品种和野生二粒小麦中克隆了编码新型串联激酶 WTK3 (Wheat Tandem Kinase 3) 和 WTK7-TM 的广谱抗白粉病基因 *Pm24* 和 *Pm36*。然而, 串联激酶的结构及其在植物免疫反应中的作用等诸多科学问题亟待解决。

2025 年 3 月 28 日, 遗传发育所刘志勇团队和陈宇航团队联合南京师范大学韩管助团队、崖州湾国家实验室周俭民团队和湘湖实验室李洪杰团队在 Science 杂志发表题为 “A wheat

tandem kinase and NLR pair confers resistance to multiple fungal pathogens” 的研究论文, 揭示了小麦串联激酶抵御病原菌入侵的全新免疫机制: 一个非典型的 NLR 蛋白 WTN1 (Wheat Tandem NBD 1) 与串联激酶 WTK3 协同识别病原菌的效应蛋白, 激发免疫反应, 对多种小麦真菌病害产生抗性。

团队利用携带 *Pm24* 基因的小麦品系, 通过 EMS 诱变筛选感病突变体, 发现一个与 WTK3 共同执行免疫功能的关键因子 WTN1。WTN1 与 WTK3 相邻且紧密连锁, WTK3-WTN1 通过 “感受器 - 编码器” (sensor-executor) 的协同作用模式激活免疫反应。而且, WTK3 不仅能抗小麦白粉病, 还能识别麦瘟病菌效应因子 PWT4 并触发免疫反应, 表现出潜在的抗麦瘟病能力。

研究发现, WTK3 的假激酶片段 PKF (Pseudo Kinase Fragment) 结构域负责识别麦瘟菌的效应因子 PWT4, 而其第二个激酶 (Kinase II) 结构域则负责与 WTN1 互作。在植物细胞和蛙卵中, 识别病原菌效应因子后, 被激活的 WTK3-WTN1 复合物发生高聚化, 形成离子通道, 促进钙离子 (Ca^{2+}) 内流, 从而激活超敏反应和细胞程序化

死亡 (图 1)。进化分析表明, WTK3 和 WTN1 在早熟禾亚科进化过程中协同进化。本研究突破了对串联激酶作用机制的认知, 发现了串联激酶与传统 NLR 协同抗病新范式, 填补了植物免疫调控途径的空白, 为作物广谱多抗品种精准设计奠定了理论和应用基础。

刘志勇团队经过多年的回交转育和分子标记辅助选择, 曾成功将我国小麦地方品种特

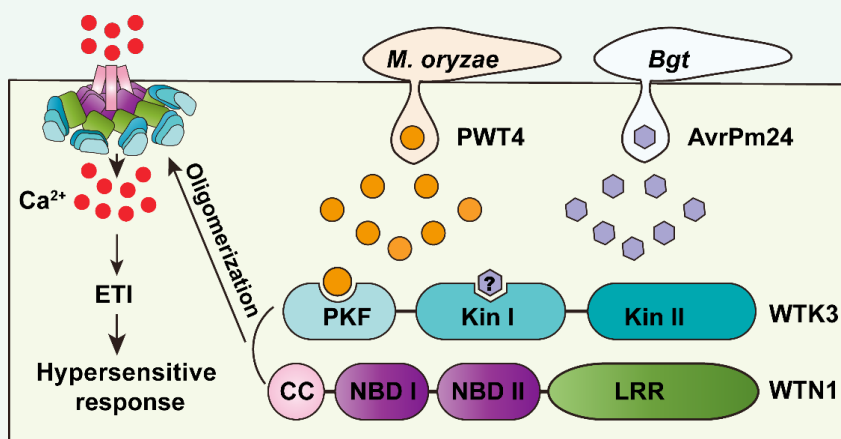


图1 广谱多抗基因WTK3的工作模型



葫芦头

Pm24抗病基因的回交转育新品系

中科Pm24-2

图2 小麦抗病基因Pm24高产抗病新种质

有的广谱抗白粉病基因资源 *Pm24* 基因导入多个高产小麦底盘品种（图2），创制出多个携带 *Pm24* 的高产抗病新种质。这些种质已无偿提供给全国300多家单位或个人，用于抗病育种。本研究结果进一步扩展了 *Pm24* 基因资源的育种潜力：*Pm24* 基因不仅对小麦白粉病具有广谱抗病性，还兼抗麦瘟病。*Pm24* 在小麦抗病育种中的应用有望解决我国小麦主产区缺少广谱高抗白粉病基因的现状，并提前构筑起抗麦瘟病防线，具有重大育种价值。

（遗传与发育生物学研究所 刘志勇 供稿）

- 谢旗团队与合作者通过探究缺磷条件下高粱（*Sorghum bicolor* L.）诱导独脚金寄生生理，发现高粱 SbSLT1/2 均具有显著的独脚金内酯（Strigolactones, SLs）转运活性。突变 SbSLT1/2 基因可实现高粱“无损抗寄生”。本研究为高粱、玉米等经济作物抗独脚金等寄生植物提供了新策略，在提升作物抗寄生能力，减少寄生对作物造成的损失方面具有显著的应用潜力。（Shi *et al.*, 2025, Cell 188, DOI.org/10.1016/j.cell.2025.01.022）
- 辅酶 Q 对维持线粒体的正常功能至关重要，可作为补充剂改善心脏健康。高彩霞团队与合作者对陆生植物进行系统分析，解析了控制植物辅酶 Q 侧链长度的分子机制；利用引导编辑技术精准创制了合成 CoQ₁₀ 的水稻、小麦新种质，为培

育辅酶 Q₁₀ 作物指明了方向。（Xu *et al.*, 2025, Cell 188, DOI.org/10.1016/j.cell.2025.01.023）

- 周俭民团队与同行合作，发现新型植物抗病化合物芥酸酰胺在多种植物中免疫激活后大量积累，通过与病原细菌的 III 型分泌系统（T3SS）关键蛋白 HrcC 结合，破坏 T3SS 装配，使细菌失去致病能力，为开发环境友好型生物农药和作物抗病育种提供了新思路。（Miao *et al.*, 2025, Science 387, DOI.org/10.1126/science.ads0377）
- 根际微生物群落定植在根的表面和内部，对宿主植物产生重要影响。白洋团队结合多种作物的根际可培养细菌基因组与宏基因组数据，构建了全球首个作物根际“细菌+病毒”基因组数据库（CRBC 与 CRVC），揭示了植物根际细菌定植相关的保守遗传通路和根际生态系统中细菌-病毒互作规律，为解析根际微生物互作网络、定向调控菌群功能及开发绿色农业技术提供了基因组级资源支撑。（Dai *et al.*, 2025, Cell 188, DOI.org/10.1016/j.cell.2025.02.013）



南京土壤研究所

- 施用生物炭安全性一直是生物炭施用领域的争论焦点。谢祖彬团队通过12年连续监测每年施

用生物炭后的水稻、小麦产量发现，连续施用生物炭对水稻不但没有增产作用，反而导致减产；但对小麦产量有提高效用，还能提高小麦对不良气候条件的影响；因此建议生物炭用于旱地作物，而非稻田。（Chen *et al.*, 2025, Field Crop Res. 322, DOI.org/10.1016/j.fcr.2025.109743）

- 刘明团队通过分析 31 年不同施肥处理的红壤水稻土，揭示了可溶性有机质（dissolved organic matter, DOM）转化潜力与微生物调控的关联。研究发现，长期施肥显著提升 DOM 分子转化潜力，高转化潜力 DOM 分子的转化可能更易受微生物影响；不同施肥处理下，关键微生物类群与 DOM 中的木质素合成功能、以及有机碳的分解功能等密切相关。该研究首次从分子转化维度解析施肥管理对土壤碳循环的影响机制，为优化农业措施提升土壤固碳能力提供了理论依据。（Xia *et al.*, 2025, Commun. Earth Environ. 6, DOI.org/10.1038/s43247-025-02032-7）
- 氮污染是水质恶化的主要原因之一，实施流域氮素最佳管理措施，已成为全球水污染防控与流域氮素管理的关键问题。颜晓元团队基于遥感技术（“天眼”）创新构建水体反硝化速率反演模型，实现了流域氮素管理与水质改善的精准关联，为全球落实 SDG6 清洁水目标提供了分级管理科学范式，尤其为农业密集区湖泊治理提供了精准决策依据。（Yan *et al.*, 2025, Nat. Commun. 16, DOI.org/10.1038/s41467-025-57442-0）



水生生物研究所

- 肖武汉团队揭示了甲基转移酶 SMYD3 通过甲基化修饰调控鱼类抗病毒天然免疫的新机制。SMYD3 直接结合转录因子 IRF3/7 并对其特定赖氨酸位点进行二甲基化修饰，抑制磷酸化及

二聚化过程，从而阻断干扰素等抗病毒基因表达。该研究阐明了甲基化修饰在脊椎动物抗病毒免疫中的精细调控作用，为鱼类病毒病防控及遗传育种策略创新奠定了理论基础。（Wang *et al.*, 2025, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 122, DOI.org/10.1073/pnas.2320644122）

- 徐军团队与合作者通过 48 个大型中宇宙模拟系统，模拟亚热带浅水湖泊生态系统，构建了包含 14 个功能类群的食物网模型。该研究揭示了多重胁迫通过正 / 负反馈环路影响食物网稳定性的机制，发现气候变暖显著降低鱼类等高营养级生物的种群规模，营养盐输入促进浮游植物（蓝藻）爆发，杀虫剂导致螺类、昆虫幼虫等底栖动物死亡，多重环境压力共同作用导致食物网简化。因此，单一治理措施可能因胁迫交互作用失效，需采取系统性修复策略维持食物网稳定。（Zhang *et al.*, 2025, Glob. Chang. Biol. 31, DOI.org/10.1111/gcb.70114）
- 何舜平团队与合作者通过构建环太平洋深渊鱼类基因组库，揭示了脊椎动物适应深海极端高压的分子重塑路径。现存深海鱼类主要在白垩纪大灭绝后扩散至深海，基因突变速率显著低于浅海物种，DNA 修复与细胞膜功能相关基因受强烈自然选择，高压适应依赖多机制协同作用，而人类污染物已侵入超深渊生态系统。（Xu *et al.*, 2025, Cell 188, DOI.org/10.1016/j.cell.2025.01.002）



华南植物园

- 邓书林团队研究证实，在干旱及氧化胁迫下，拟南芥 E3 泛素连接酶 CIRP1 通过降解过氧化氢酶 CAT 导致 H_2O_2 积累，加剧活性氧（ROS）失衡，而敲除 *CIRP1* 可显著提升植株抗旱性。该机制解析了植物逆境中 ROS 动态平衡的分子开关，

提示靶向调控 CAT 酶活性或抑制 CIRP1 功能可增强作物耐旱性。(Yang *et al.*, 2025, J. Integr. Plant Biol. 67, DOI.org/10.1111/jipb.13845)

- 屈红霞团队对香蕉冷害机制研究发现, 香蕉基因组中大多数 MaSPL 受冷胁迫抑制, miR156c 通过靶向抑制 MaSPL4 转录因子, 调控下游 miR528-MaPPO 通路, 导致活性氧积累和果皮褐变。作为冷响应网络核心调控因子, MaSPL4 除调控 miR528-MaPPO 模块外, 还直接调控脂质代谢和抗氧化相关基因表达。本研究阐明了 miR156c-MaSPL4 模块通过多途径调控香蕉冷胁迫响应的分子机制, 为果实抗寒分子育种提供了新靶点。(Kong *et al.*, 2025, Mol. Hortic. 5, DOI.org/10.1186/s43897-024-00115-1)

- 郑棉海团队依托鼎湖山和鹤山国家野外研究站建立的长期模拟氮沉降平台, 选取 5 个亚热带森林进行丛枝菌根真菌 (AMF) 丰度和多样性研究, 揭示了早前基于高氮添加处理的研究结论可能会高估 AMF 的真实响应及其对土壤碳固存的影响, 即实际大气氮沉降对热带和亚热带森林 AMF 群落丰度和多样性可能没有促进或抑制作用。该项研究强调了重新评估实际大气氮沉降水平对热带和亚热带森林中植物-真菌共生关系以及菌根真菌对土壤碳库影响的必要性。(Li *et al.*, 2025, Soil Boil. Biochem. 204, DOI.org/10.1016/j.soilbio.2025.109746)

- 蒿属绢蒿亚属 (*Artemisia* subgenus *Seriphidium*) 是菊科春黄菊族 (Asteraceae—Anthemideae) 中最具多样性的类群之一。该亚属主要分布于中亚及我国西北的干旱、寒冷的高山和荒漠地区, 具有良好的耐旱、耐寒及抗盐碱特性, 能以其独特的适应性、药用价值、生态功能和遗传多样性为科学研究和植物资源利用提供丰富的材料。葛学军团队发表英文版专著《中国绢蒿亚属 (菊科) 的分类修订》, 详细介绍了绢蒿亚属的分类历史、形态学及分子系统学等方面的研究进展。在分类处理方面, 主要包括描述了一个新种 *Artemisia*

neolehmanniana, 提出了两个新组合, 并将九个绢蒿亚属物种从中国植物区系中剔除, 最终确认我国有绢蒿亚属 29 种。此外, 专著为每个物种提供了详细的异名引证、形态描述、物候、生境、地理分布和海拔信息, 及分类学评述等方面的信息。为了增强该专著的科学性与实用性, 该书还为每个物种提供了模式照片和地理分布图, 并为大多数物种配备了精美的野外形态照片及解剖图。(Jin *et al.*, 2025, Phytotaxa 686, DOI.org/10.11646/phytotaxa.686.1.1)



亚热带农业生态研究所

- 王克林团队在桂西北地区开展研究发现, 农业干扰强度的增加提高了物种之间的竞争, 增加了土壤生物网络的复杂性, 但降低了其稳定性。土壤生物网络稳定性能预测土壤多功能性的动态, 稳定的土壤生物群 (尤其土壤微动物群) 对土壤多功能性有重要贡献。随着全球农业集约化程度日益加深, 为提高农业可持续发展和作物产量, 土壤生物网络稳定性应被视作关键因素。(Long *et al.*, 2025, Glob. Chang. Biol. 3, DOI.org/10.1111/gcb.70041)
- 谭支良团队揭示反刍动物盲肠低甲烷排放的氢代谢机制。研究发现: 盲肠富集粘蛋白降解菌 (*Akkermansia*, *Alistipes* 和 *Faecousia*) 及新型甲酸依赖型同型产乙酸菌 (如 HGM1287), 其通过消耗氢气合成乙酸, 显著抑制甲烷生成; 与瘤胃相比, 盲肠溶解氢浓度更高, 但氢代谢路径转向同型产乙酸而非产甲烷—瘤胃中氢营养型产甲烷菌主导氢消耗, 而盲肠同型产乙酸菌基因组携带独特甲酸裂解酶系统; 跨物种验证证实同型产乙酸是反刍动物后肠道核心代谢过程, 其菌群系统发育与功能均区别于瘤胃菌群。该研究阐明了盲肠通过“氢分流” (产乙酸替代产甲烷) 实现低碳排放的微生物学基础,

为靶向调控瘤胃氢代谢、开发甲烷减排策略提供了新方向。(Li *et al.*, 2025, Microbiome 13, DOI.org/10.1186/s40168-024-02018-1)

- 吴金水团队采用同位素示踪技术构建了不同铁矿物类型及碳负载量梯度的多形态碳铁复合物体系,探讨了铁矿物结晶度和碳负载量对富铁水稻土碳固存的影响。发现结晶度增加显著降低铁结合有机碳的生物有效性,显示铁矿物对土壤有机碳的保护作用,揭示了铁碳相互作用的阈值效应。研究为理解铁碳复合物在厌氧环境中的碳固存机制提供了新视角,对提升稻田碳汇功能具有重要意义。(Duan *et al.*, 2025, Soil. Biol. Biochem. 203, DOI.org/10.1016/j.soilbio.2025.109718)
- 印遇龙团队利用单核-空间转录组联合分析技术,揭示了猪背最长肌中脂肪源性细胞与肌源性细胞之间的关系,证实了脂肪源性成纤维成脂祖细胞(FAPs)是骨骼肌中分泌蛋白的重要来源,解析了该分泌蛋白所构建的骨骼肌微环境调控肌纤维类型组成和肌肉代谢模式的分子机制。研究成果不仅为猪肉品质的营养调控和遗传育种提供了理论基础与潜在靶点,也为以猪为动物模型研究人类肥胖等代谢性疾病开拓了崭新的思路和方法。(Guo *et al.*, 2025, J. Cachexia Sarcopenia Muscle 16, DOI.org/10.1002/jcsm.13752)



植物研究所

- 秦国政团队发现 H_2O_2 诱导 m^6A RNA 去甲基化酶 SIALKBH2 发生氧化修饰形成同源二聚体,促进 SIALKBH2 蛋白稳定,保障其在果实成熟过程中发挥功能,揭示了 H_2O_2 信号协同 m^6A 修饰调控果实成熟的新机制。本研究建立了活性氧信号与 RNA 表观修饰(m^6A)的内在联系,增进了对植物发育和果实成熟分子机制的理解。(Zhou *et al.*, 2025, Nat. Plants 11, DOI.org/10.1038/

s41477-024-01893-8)

- 韩兴国团队首次将“元素化学计量假说”与“生态位维度假说”耦合,提出多养分添加使土壤养分有效性增幅远超植物吸收量,促使不同物种元素化学计量组成趋同,生态位维度缩减。因此,养分同质化是驱动生物多样性丧失的关键因子,维持土壤养分空间异质性对物种共存至关重要。该研究为草地管理提供了新视角,即避免单一化施肥,通过调控养分分布格局维系生态位差异,从而实现生物多样性保护与可持续利用。(Yu *et al.*, 2025, Nature 639, DOI.org/10.1038/s41586-024-08478-7)



微生物研究所

- 贾燕涛团队揭示了猕猴桃溃疡病菌(*Pseudomonas syringae* pv. *actinidia*, Psa)通过感应外源群体感应信号分子 N-酰基高丝氨酸内酯(AHL)抵抗噬菌体侵染的机制:Psa 虽无法自主合成 AHL,但其转录因子 PsaR1 和 PsaR3 可结合环境中的 AHL 信号,抑制噬菌体表面受体 OmpV 的表达,显著降低噬菌体吸附效率。该研究为病原菌防控提供了新思路。(Ou *et al.*, 2025, Microbiol. Res. 293, DOI.org/10.1016/j.micres.2025.128074)
- 孔照胜团队运用 AutoCUTS-SEM 对蒺藜苜蓿(*Medicago truncatula*)根瘤的侵染细胞进行三维重构,发现内质网(endoplasmic reticulum, ER)扩张与未折叠蛋白质反应(Unfolded protein response, UPR)特异激活相耦合,协同调控根瘤菌内共生与高效固氮的机制。UPR 功能缺陷影响了 ER 扩张,进而影响了 ER 与共生体之间的互作关系及后续共生体的固氮发育和根瘤发育。研究结果为优化根瘤菌内共生以促进共生固氮提供了新思路,对豆科植物分子设计育种具有理论指导意义。(Ren *et al.*, 2025, Adv. Sci.

e2414519, DOI.org/10.1002/advs.202414519)

- 仲乃琴团队分离出可防控马铃薯疮痂病的萎缩芽孢杆菌菌株 DX-9 (*Bacillus atrophaeus* DX-9)。DX-9 能广谱抑制致病链霉菌，显著增加土壤中 *Pseudomonadota* 等有益菌门丰度，同时提升土壤有效氮磷含量。该研究揭示了 DX-9 通过重塑土壤微生态、增强肥力及激活抗病相关代谢物的多重作用机制，为开发高效微生物制剂防控土传病害提供了新策略。(Cao *et al.*, 2025, aBIOTECH 6, DOI.org/10.1007/s42994-025-00199-3)



海洋研究所

- 王广策团队基于物种界定算法和多基因串联系统发育分析，揭示了附生性无节珊瑚藻高度的物种多样性及其在中国海藻区系中的分布特征。研究重点关注了一个与偏好附生性的皮石藻属亲缘关系密切的未知类群，建立了一个珊瑚藻新属——拟皮藻属 *Pseudoderma* S.-H.Yan,X.-L.Wang & G.-C.Wang，并提出了皮石藻型、拟皮藻型和石叶藻型三种模式藻体营养生长方式，认为拟皮藻属兼具皮石藻属和石叶藻属的部分特征，在进化上代表了介于石叶藻属和皮石藻属的过渡类型，是石叶藻亚科内部系群分化“缺失的一环”。该研究进一步支持了石叶藻属和皮石藻属的分离，解决了二者长达 35 年的分类学地位争议，体现了“形态特征反映进化历史”的系统生物学核心理念。(Yan *et al.*, 2025, Mol. Phylogenet. Evol. 206, DOI.org/10.1016/j.ympev.2025.108313)
- 唐赢中团队与合作者利用甲藻 (*Scrippsiella acuminata*, 尖刺拟菱形藻) 特有的剪接先导序列作为甲藻核编码基因转录本的“钓钩”，对野外采集甲藻孢囊集合进行宏基因组测序分析，发现广泛的代谢通路（光合作用除外）活跃表

达对维持孢囊存活和萌发能力起重要作用，细胞自噬在孢囊维持休眠状态过程中发挥重要功能，赤霉素与脱落酸共同参与调控休眠孢囊的形成和萌发。研究结果深入揭示了甲藻孢囊休眠相关分子机制。(Deng *et al.*, 2025, Sci. Adv. 11, DOI.org/10.1126/sciadv.ads7789)

- 近日，由海洋研究所周毅研究员牵头起草并主导制定的国家标准《海草床生态修复监测与效果评估技术指南》(GB/T 45031-2024) 正式发布。该标准由国家市场监督管理总局（国家标准化管理委员会）批准，将于 2025 年 7 月 1 日正式实施，这是我国发布的第二个海草床国家标准，明确了海草床生态修复监测与效果评估的工作流程、监测与评估指标、方法及报告编制等内容，从生态修复的前期基线调查到后期效果评估提供了系统化、规范化的指导。该标准的实施将有效提升修复监测的科学性和精确性，为海草床修复效果提供客观依据，助力我国海草床生态系统的全面恢复。



地理科学与资源研究所

- 赵罡团队利用多源遥感数据，构建了 1985 年至 2020 年全球干旱区 105400 个湖泊和水库的月度水储量变化时间序列，认为全球干旱区地表水储量增长源于新水库的建设，自然湖泊和旧水库主导了干旱区 91% 流域的地表水储量变化，而这些水体储量的长期变化主要与人类活动因素相关，而非之前认为的降水变化导致。因此，水资源规划需要整合气候、流域和人类活动信息，以更准确地评估水资源的可用性。(Zhao *et al.*, 2025, Nat. Water 3, DOI.org/10.1038/s44221-024-00367-7)
- 吴朝阳团队通过分析长时间序列的卫星遥感数据并结合地面通量观测数据，发现降水频率减少可能导致了北半球 1982-2022 年间植被秋季

叶片衰老期的提前。降水频率的降低使植被物候面临的干旱胁迫加剧，提升了植被对干旱的响应速度，导致秋季物候提前。研究提示，为更好地模拟秋季物候变化，生态系统模型不仅需考虑降水量，更应关注降水频率。(Zhang *et al.*, 2025, Nat. Commun. 16, DOI.org/10.1038/s41467-025-56159-4)



东北地理与农业生态研究所

- 李晓峰团队和郑兴明团队合作构建了耦合作物生长模型与水文模型同化多源遥感估算厘米级根区土壤水分的框架，为精准农业、水资源管理以及农业政策规划提供数据支撑。研究深入挖掘了 WOFOST 与 HYDRUS-1D 运行机理，从作物生长过程理论模拟与水分运移原理出发，量化作物根系提水对根区土壤水分的吸收程度，实现作物生长模型与水文模型的耦合，估算玉米根区 (0-100 cm) 逐厘米土壤水分，模拟土壤水分纵向变化过程。(Li *et al.*, 2025, J. Hydrol. 651, DOI.org/10.1016/j.jhydrol.2024.132618)
- 李向楠团队发现，相对于充分灌溉，分根区干旱灌溉的大麦植株在低温条件下表现出更强的净光合速率、气孔导度和 Fv/Fm 以及较低的相对电导率。分根区干旱灌溉增强了大麦根系的抗氧化系统，在低温下促进根中谷胱甘肽和 9-十八烯酰胺的积累，可能是通过灌溉管理提高作物抗逆性的可行策略。研究结果为灌溉介导的植物耐低温机制提供了新的见解，对作物的可持续管理具有重要的实际意义。(Mu *et al.*, 2025, Plant J. 121, Doi.org/10.1111/tpj.70026)
- 田春杰团队发现，野生稻根际微生物组固氮基因丰度显著高于栽培稻，其根际微生物能够高效利用空气中氮气的潜力，减少对化肥的依赖；栽培稻土壤中的 N₂O 排放量显著高于野生稻。

野生稻根系分泌物与微生物固氮基因丰度呈正相关，向黑土中添加野生稻根系代谢物，可以显著增加土壤微生物固氮基因丰度和固氮酶活性。本研究揭示作物驯化过程中存在的环境代价，提出了“微生物调控黑土自肥”的理论体系，为高效挖掘野生稻微生物资源，实现化肥替代并降低温室气体排放提供了有效解决方案。(Chang *et al.*, 2025, Nat. Commun. 16, DOI.org/10.1038/s41467-025-57213-x)

- 祝惠团队聚焦松嫩平原苏打盐碱地，发现盐碱化农业区各类水体中活性中间体 (RIs) 的光化学生成与水体中单线态氧 (¹O₂)、三重激发态 DOM (³DOM*)、羟基自由基 (·OH)、磷等常规理化指标之间存在复杂作用关系，为理解盐碱地区农业水环境中的光化学过程提供了新的视角，对平衡盐碱化地区农业生产与生态可持续性、优化区域水资源管理具有重要意义。(Wang *et al.*, 2025, Water Res. 280, DOI.org/10.1016/j.watres.2025.123540)



现代农业科学学院校部

- 张玉芹团队揭示了植物激素脱落酸 (ABA) 通过 ABA 转运蛋白 ABCG17 和 ABCG18 调控拟南芥种子大小的分子机制。研究发现，ABCG17 和 ABCG18 通过调节 ABA 从母体组织向胚胎的运输来控制种子大小。在双基因敲低突变体中，ABA 在胚胎中的积累减少，导致种子变大。此外，ABCG17 和 ABCG18 主要在角果中、而不是在发育的种子中表达，表明它们对种子大小的调控具有母体效应。该研究还验证了 ABA 从韧皮部向种子的运输对种子大小的调控作用，为理解 ABA 在植物发育中的功能提供了新的视角。(Zhang *et al.*, 2025, Plant J. 121, DOI.org/10.1111/tpj.70096)

图片速递

胡赞民团队成果转化成绩显著

遗传发育所胡赞民团队长期从事农业生物技术研究，在油菜分子育种、益生微生物农业应用领域获得重要成果。该团队注重科研与实际应用紧密结合，在农业生产中积极推广研究成果，取得了显著的经济和社会效益。在油菜分子育种方面，胡赞民团队创制了油菜理想株型新种质，培育出半矮化、耐密植、适于机械化收获、高产的“中科油”油菜新品种（品系）。与对照相比，“中科油”增产 30% 左右。2024 年，该团队将油菜培育成果授权给国内相关企业，授权费达 2000 万元。在益生微生物应用方面，胡赞民团队分离了高效新菌株，并应用于畜牧业养殖，使养殖动物（鸡，牛等）增重显著提高，获得了喜人的转化收益。

（遗传与发育生物学研究所 胡赞民、范成明 供稿）



“中科油1号”油菜新品种

王瑛团队枸杞良种获得国家植物新品种保护权

华南植物园王瑛团队申请的三个枸杞良种“中科皇杞 1 号”、“中科鼎杞 1 号”和“百瑞源 1 号”近日均获得国家植物新品种保护权。其中，“中科鼎杞 1 号”是以果实成熟期集中，适宜机械采收为育种目标；“百瑞源 1 号”以培育市场流行的时尚枸杞产品锁鲜枸杞为育种目标；“中科皇杞 1 号”是以培育鲜食枸杞为育种目标。三个枸杞良种均是以团队前期获批的首个国审枸杞新品种“中科绿川 1 号”（国 S-SC-AV-022-2011）为基础的创新研发成果，标志着以“中科绿川 1 号”为基础的枸杞新品种选育进入 2.0 时代。



“中科鼎杞1号”自封顶性状
使果实的成熟期相对更加集中



“中科皇杞1号”与传统制干品种“宁杞1号”



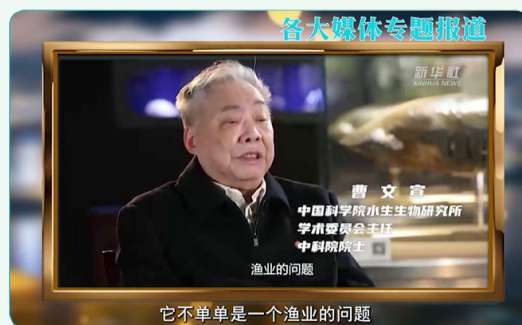
枸杞良种“百瑞源1号”

（华南植物园 王 瑛、邹 浩 供稿）

媒体扫描

【中科院之声】曹文宣 | 2024 年中国科学院年度感动人物

曹文宣，中国科学院院士，中国科学院水生生物研究所研究员，长期致力于长江鱼类资源和珍稀、特有鱼类物种保护研究，在淡水鱼类生物学方面形成了一整套系统的学术思想。他详细描述了武昌鱼的生物学特点和人工养殖潜力。如今，武昌鱼已成为我国淡水水产养殖的重要经济物种。曹文宣院士九次踏入青藏高原，通过对高原特有的裂腹鱼类生物学特点及其与高原环境变化适应性关系的研究，创新性地从裂腹鱼类的起源、演化和分布的角度，论证了青藏高原的地质发展历史；在葛洲坝水利枢纽工程救鱼措施的研究中，确认主要救鱼对象为中华鲟，为国家节约大量的基建投资；在长江中、下游浅水湖泊生态环境综合治理的研究中，开辟了我国鱼类资源小型化现象研究的新领域。他首次提出并实施了将稀有鮡鲫培育为我国本土鱼类实验动物的主张，使我国拥有了自己的鱼类“小白鼠”。他为将赤水河建成“长江上游珍稀特有鱼类国家级自然保护区”重要组成部分提出宝贵建议。曹文宣院士提出的“长江十年禁渔”建议被党中央采纳，有关“加强赤水河生态环境保护”的建议被纳入国家“十四五”规划。近年来，他不顾高龄，仍然在国家重大水利工程中的生态环保问题奔走呼吁。



【人民日报】东北黑土区耕地质量与粮食产能协同提升



坡耕地水蚀精准防控技术

近日，中国科学院地理科学与资源研究所牵头编制的《东北黑土地保护与利用报告（2023 年）》在黑龙江省齐齐哈尔市发布。报告显示，通过持续实施黑土地保护工程和科技创新，我国东北黑土区耕地质量与粮食产能实现协同提升，为保障国家粮食安全筑牢“压舱石”。

自 2021 年 3 月启动“黑土粮仓”科技会战以来，中国科学院联合黑龙江、吉林、辽宁和内蒙古 4 省份，针对黑土地保护关键技术难题展开联合攻关，取得系列突破性进展。科研团队创新研发黑土保育技术 20 余项，研制专用农机装备 20 台套，建成 7 个万亩级示范区，累计推广面积 3.26 亿亩。创建的“龙江模式”“梨树模式 2.0”等保护样板，系统破解了黑土退化机理，构建起全域监测与智能管控体系。项目成果显示，示范区内耕地地力综合指数平均提升 0.5 个等级，侵蚀沟治理成效显著。

报告显示，在气候变化和自然灾害频发的背景下，东北粮食产能仍保持稳定增长态势。在种植结构调整方面，大豆种植面积从 2015 年低谷快速恢复，形成“稳粮增豆”新格局；在粮食安全保障能力方面，东北商品粮调出量实现跨越式增长，优质粮食工程成效显著，黑龙江省优良品种对粮食增产贡献超 45%，吉林省优质作物覆盖率突破 80%， “黑龙江好粮油”等品牌体系初步形成。

科研团队通过系统评估发现，东北黑土区仍具有显著增产潜力。中低产田改造可释放巨大产能，现有后备耕地资源 565.4 万亩，三江平原等地生产潜力达 9697.44 公斤 / 公顷。

乡村振兴

科技帮扶，助力乡村振兴——30 年，他们给脆弱石头穿上绿衣裳

峰丛洼地，俗称“深洼地”，四周山峰“手拉手”，平地不见一分土，这是桂西北喀斯特地区的典型地貌，也曾是石漠化现象最严重的地区之一。然而，自中国科学院承担环江县的脱贫攻坚和乡村振兴任务以来，30 年，这里石头缝儿里钻出了草、长出了树，更铺出了一条“致富路”，石漠化景象难得一见了。

1994 年，中国科学院亚热带农业生态研究所（原“中国科学院长沙农业现代化研究所”）王克林研究员和曾馥平研究员来到环江毛南族自治县，发现当地自然资源禀赋差，生态脆弱，可耕地少，水资源利用难，此处的毛南族人只能长期靠玉米种植为生。而种植玉米、红薯等农作物需要定期翻耕，会扰动土壤，导致土壤垂直向地下流失，加剧石漠化问题。此外，每年 5 月到 8 月的雨季，水位快速上涨，最高接近两米，玉米地一旦被淹两三天就减产，淹一周甚至会绝收，农民根本承担不起这种损失。

调研走访后，科研人员发现当地的养牛传统或许能成为突破口。牧草是多年生植物，种植时翻耕一次，20 年便不用重新栽种，大大减少了土地扰动。种植牧草还能形成生物结皮，固持碳氮、涵养水分，增加土壤二氧化碳浓度，提高退化土地的肥力水平。基于此，团队在当地开展“种草养牛”的保护性发展模式，通过种植牧草，既能减少水土流失，又能养牛，为农民增产创收。一亩牧草一年刈割 4-5 次，鲜草亩产量一年可达 18 吨，能养活一两头牛，牛粪还能用作有机肥和生产沼气，比种玉米的收入提高了很多。环江县下南乡波川村环江毛南绿峯种养基地负责人说，“以前种一亩玉米的收入最高也就 500 元左右，现在一头牛一年就能赚 3000 至 3500 元。”

同时，团队通过运用地球物理探测、关键带水文监测、模拟降雨、同位素示踪等技术，研发了 6 种适合喀斯特山区的径流高效集蓄技术，包括裸岩面径流汇聚、冲沟雨洪拦蓄、土岩界面壤中流蓄集、道路边坡表层岩溶带侧向流归并等，在全坡面尺度上，于雨水进入深层地下之前进行有效截留，显著提高了雨水集蓄效率。

在 30 年的探索中，中国科学院亚热带生态所以峰丛洼地地区生态系统长期定位观测研究，依托环江喀斯特生态系统观测研究站的国家野外站平台，先后培育了替代型草食畜牧业、特色经济林果、中草药和优质饮用水等四大可持续性生态衍生产业，建成 8 个生态高值示范基地。未来他们还将根据环江香牛营养需求搭配牧草种植结构，打造肉牛区域公用品牌，构建环江香牛绿色循环农业发展技术模式。



2001年桂西北石漠化景观



环江站喀斯特山区浅表层多界面产流水联合集蓄技术示范

中国科学院封丘农业生态实验站 / 河南封丘农田生态系统国家野外科学观测研究站（以下简称封丘站）位于黄淮海平原腹地的河南省新乡市封丘县潘店镇，隶属于中国科学院南京土壤研究所。其前身为南京土壤研究所于 1963 年建立的土壤改良试验点。该实验站于 1983 年正式建站，为中国科学院中国生态系统研究网络（CERN）重点站，科技部首批国家野外科学观测研究站，农业部国家农业环境观测实验站，生态环境部国家生态质量综合监测站。封丘站主要针对黄淮海平原、特别是黄淮地区一年两熟高集约化种植农田生态系统，实地观测农业资源、生态、环境的演化趋势，研究不同农业生态系统结构、功能与生产力，物质与能量循环规律、生物服务功能及其与环境条件之间的关系，构建区域现代农业优化模式。目前主要研究领域包括（1）土壤地力提升与耕地保育，（2）土壤物质循环及其生态环境效应，（3）农田养分水分高效利用等。2001 年以来，封丘站连续三次获中国生态系统研究网络五年综合评估优秀生态站，2019 年被评为优秀国家野外站，是国家和中国科学院部署在黄淮海平原，特别是沿黄河及黄河泛滥地区，致力于农业、资源、生态和环境研究的一个重要的野外观测研究平台和高水平人才培养基地。

封丘站自建站以来一直面向国家重大战略需求、国家重点领域能力建设、区域存在的科学和技



封丘农业生态实验站

术问题及学科发展的前沿问题，立足黄淮海农田生态系统，形成了以土壤地力提升与耕地保育、土壤物质循环及其生态环境效应、农田养分水分高效利用等三大主要研究领域，开展了大量的监测、研究、示范与服务工作。封丘站已建立了 41 个长期观测与试验研究样地，以开展长期定位研究，其中水、土、气、生各要素长期定位观测样地 16 个，长期定位试验研究样地 25 个，最早的长期施肥定位试验研究样地建于 1989 年。长期观测试验区建立了大气气候与环境观测系统、土壤温湿盐自动观测系统、土壤-地下水水文监测系统、土壤温室气体排放观测系统、大型蒸渗仪群（Lysimeters）、土壤肥力与水分养分高效利用综合研究平台等大型野外科研观测设施。

封丘站现有科研人员 45 人，含中国工程院院士 1 人，研究员 12 人、副研究员 18 人。近五年来共培养研究生 60 余人，目前在读硕 / 博士研究生 47 人。近 5 年来，封丘站承担各级科研项目 / 课题 238 项，新争取科研项目 / 课题共计 98 项，发表论文 490 余篇，其中 SCI、EI 收录论文 333 篇，获授权发明专利 33 项、实用新型专利 8 项、授权软件著作权 20 项。2019 年至今，光明日报、科技日报、央视 CCTV 等国家及地方媒体先后对封丘站开展相关报道 14 次。



供 稿：蔡 君 褚 宁 范成明 傅 伟 付智勇 官丽莉 胡冬雪 胡赞民
李瑞红 李宇恒 刘金典 牛泽婷 刘志勇 石东乔 孙悦佳 王克林
王少青 王 瑛 王忠勤 杨 倩 叶冬煦 苑春宇 袁 凯 张玉芹
张文君 朱允东 邹 浩

审 校：石东乔 王少青 孙悦佳

投稿邮箱：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