

国科大农学 通讯

2026年3月31日

总第18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

嘉种毓秀 菽远芳



学院动态

国科大现代农学院召开 2026 年度第一次院务会暨党政联席会

2026 年 2 月 5-6 日，国科大现代农学院在遗传发育所召开 2026 年度第一次院务会暨党政联席会。国科大党委常务副书记、副校长王艳芬院士，现代农学院院长张佳宝院士，副院长傅向东院士、解绶启、闫俊华、沈仁芳、姜明、冯锋和资环农学院党委书记王静，遗传发育所副所长鲁非等领导出席会议。



会议合影

王艳芬肯定了学院成立八年来的办学成果，希望学院再接再厉，积极应对科技管理体制改革的竞争压力，对接国家“十五·五”战略需求，努力开拓“强而精”的特色发展路径；张佳宝指出，学院要聚焦重点任务，推进特色学科提质和人才队伍优化，确保各项工作落地见效；傅向东表示将进一步做好科教融合和农业科学学科建设，全面提升人才培养和教学、科研水平。冯锋作学院党建与发展工作报告，分析了学院面临的机遇和挑战。会议审议通过了新一届领导班子工作职责方案，讨论了第二届学术、教学委员会委员建议名单。与会领导围绕学科发展、资源整合、科技攻关、人才培养等核心议题进行了深入讨论，认为学院发展需从“组合式”转向“融合式”，加强资源整合，加快循环农业、智慧农业等前沿交叉领域的布局，以任务带学科，为实现国家粮食安全、资源环境可持续发展战略提供人才支撑；结合学科评估要求，对标 A+ 学科标准，重视教材建设与教学奖项申报工作；拓宽人才引进渠道，优化生源结构。最后，张佳宝总结强调，学院需立足国家战略，凝聚共建单位合力，力争在学科、育人、科研方面取得新突破。

党团风采

国科大 2025-2026 年度民主评议“优秀”党员

教工党支部：王少青 孙悦佳 李卓蓉

1901 党支部：徐良红 孙雅琪 郝若尧 刘祥骏 宋欣泽 姚力涛

1902 党支部：孙艺航 王浩宇 张美奇 杨可成 邓丽欣 张琳杰

1903 党支部：吕佳泽 高承乐 杨鑫宇 魏依琳 朱运

1904 党支部：刘晓慧 刘亚萍 张乐 郭婉欣 李安琪

国科大 2025-2026 年度优秀共青团员

1901 团支部：李一凡 李梦茹 赵佳怡

1902 团支部：闵煜泽 袁圣云 张美奇

1903 团支部：陈海宁 师嘉怡 赵一龙 王倩

1904 团支部：师欣宇 刘晓慧 王欣

国科大 2025-2026 年度“五四红旗”团支部

20251901 团支部

国科大 2025-2026 年度优秀共青团干部

王一迪 王哲 郑渤腾 王欣晨 任发达

学苑菁英

朱春梧荣获 2025 年度何梁何利基金“科学与技术创新奖”



朱春梧 研究员
南京土壤研究所

朱春梧研究员长期深耕农田应对气候变化研究，取得了一系列具有重要国际影响的科研成果。面向国家重大战略与全球可持续发展需求，他带领团队系统研究大气 CO₂ 浓度升高对全球粮食产量、品质及土壤肥力可持续性的影响。针对前两代全球 FACE 平台在模拟气候因子互作方面的局限，他创新性地提出科学构想，牵头设计并建成第三代 FACE 平台，在国际上率先实现开放式条件下 CO₂ 浓度升高与全生态系统温度升高的耦合模拟。目前，该平台已成为支撑国内外 40 余家顶尖科研团队开展前沿研究的重要设施，为我国凝聚了一支高水平的国际化队伍，有力引领了领域发展。朱春梧研究员以第一或通讯作者在 Nature Geoscience、Nature Food、The Lancet Planetary Health、Science Advances 等国际顶级期刊发表研究论文 40 余篇，其成果被 IPCC、FAO、WHO 等国际权威组织采纳 20 余次，为全球气候治理与粮食安全政策制定提供了关键科学依据，显著提升了我国在该领域的国际影响力与话语权。

中国科学院大学“小米青年学者”



王法明 研究员
华南植物园

王法明研究员长期扎根华南典型海岸带地区，围绕红树林、盐沼、潮滩等蓝碳生态系统，开展碳汇过程、生物地球化学循环及其对气候变化响应的研究。构建了从分子-个体-群落-生态系统-区域/全球尺度的多层次研究体系，在揭示海岸带蓝碳汇形成机制、评估碳汇稳定性与温室气体通量、量化蓝碳生态系统气候调节功能等方面取得了一系列具有国际影响力的原创成果，为推动我国蓝碳科学发展、完善蓝碳核算方法体系及支撑“碳达峰、碳中和”目标提供了重要科学依据。在 Nature Geoscience、Innovation、Science Bulletin 等国际权威期刊发表多篇重要论文；获批多项国家自然科学基金项目，主持国家重点研发计划课题等重大科研项目。王法明研究员荣获 2024 年度中国科学院大学“小米青年学者”。



何康敏 研究员
遗传与发育生物学研究所

何康敏研究员长期从事膜脂的时空动态与功能调控研究，聚焦于开发新型膜脂探针和单分子膜脂成像技术等，解析膜脂分子在细胞的囊泡运输、信号转导和疾病中的作用和调控机制，研究成果发表在 Nature、Cell、Nature Cell Biology、Molecular Cell 等期刊。担任中国生物物理学会膜生物物理分会常务委员、中国细胞生物学学会细胞器生物学分会和细胞代谢分会委员等。主持国家自然科学基金委“青年科学基金项目（A 类）”、科技部重点研发计划子课题等。何康敏研究员荣获 2025 年度中国科学院大学“小米青年学者”。

荣誉奖项

- 遗传发育所高彩霞团队开发的新型人工智能 (AI) 蛋白质工程计算模拟方法 AiCE (AI-informed Constraints for protein Engineering) 入选 2025 年度“中国生物信息学十大进展”
- 东北地理所“大豆智能设计育种技术”入选 2025 年度“十大智慧农业主推技术”
- 东北地理所“黑土粮仓”科技会战重大任务团队荣获 2025 年度“中国科学院先进集体”称号
- 水生所牵头主持完成的科研成果“主要淡水鱼精准投喂理论及关键技术研究与应用”荣获湖北省科学技术进步奖一等奖
- 水生所牵头申报的云南滇池生态质量综合监测站成功入选“第三批生态质量综合监测站名单”
- 遗传发育所曹晓风院士、水生所何舜平院士分别荣获 2025 年度“中国科学院先进个人”称号
- 东北地理所梁爱珍研究员荣获“中国科学院三八红旗手”荣誉称号
- 遗传发育所刘志勇研究员荣获“庄巧生小麦研究贡献奖”
- 城环所朱永官院士荣获 2025 年度何梁何利基金“科学与技术进步奖”

特别报道

大豆智能设计育种技术取得突破性进展

大豆是我国重要粮油作物，破解传统育种周期长、效率低、突破性品种稀缺难题，是保障区域粮食安全、推动大豆产业高质量发展的关键。针对大豆扩种增质核心需求，东北地理所冯献忠团队等联合攻关，深耕科研，突破大豆智能设计育种关键技术，构建了由全基因组遗传调控网络支撑的智能育种体系，实现大豆育种从“经验驱动”向“智能设计”的跨越式转变。研究成果曾荣获 2024 年度吉林省科学技术奖一等奖，相关技术先后入选农业农村部 2025 年“十大智慧农业主推技术”和“吉林省 2026 年主推实用技术”。



著作《计算育种》



大豆育种示范田



田间实测“东生118”大豆在盐碱地产量表现

大豆智能设计育种技术通过全基因组智能选配技术精准筛选杂交组合，依据团队开发的多款 AI 全基因组选择算法，使基因型到表型预测精度较传统算法提升 28.6%–73.7%，精准淘汰 80%–90% 的低概率杂交组合；依托自主研发的“中科豆芯”液相育种芯片，构建了分级筛选体系，可精准锁定耐盐碱、高油、高产等关键性状基因，高效筛除低价值育种个体；借助建成的“息壤”育种加速器，实现大豆每年 5 代快速繁育，配套绿色防控技术保障，加代成活率与结实率超 90%。整套技术可将育种周期缩短 3–5 年，效率提升 4 倍，育种成本降低 80%–90%。

依托该技术，团队成功培育出耐盐碱、高油、高产大豆新品种“东生 118”，以精准适配盐碱地种植需求。2023 年，“东生 118”在吉林省农安县 530 亩重度盐碱地示范种植，实收单产达 224.78 公斤/亩，为对照品种的 2.4 倍；2025 年在公主岭市 1300 亩扩繁制种田种植，亩产高达 334.07 公斤，丰产表现突出。该技术推广应用对破解大豆产业发展瓶颈、降低育种成本、提升生态效益具有重要意义，为落实“藏粮于技”战略，推动农业现代化提供了有力技术支撑。（东北地理与农业生态研究所 冯献忠于慧 供稿）

科研进展

遗传与发育生物学研究所

刘志勇团队揭示 NLR 免疫受体激活新机制

在植物与病原微生物的长期博弈中，NLR (Nucleotide-binding, leucine-rich repeat) 胞内免疫受体扮演着类似“分子哨兵”的关键角色，负责对病原菌分泌的效应蛋白进行识别。随后，被激活的 NLR 免疫受体迅速寡聚，组装成“抗病小体” (resistosome)，从而启动强烈的免疫反应。近年来，科学家们已相继解析了植物中 NLR 抗病小体的多种结构，如四聚体 (RPP1 和 ROQ1)、五聚体 (ZAR1 和 Sr35) 和六聚体 (NRC4 和 NRC2) 结构。然而，对于进化上古老且广泛存在的 CC_{G10} -NLR 免疫受体，其功能与作用机制仍知之甚少。

3 月 20 日，遗传发育所刘志勇团队联合英国塞恩斯伯里实验室 (The Sainsbury Laboratory) 的 Jonathan Jones 教授等，合作在 Cell 杂志发表了题为“An activated wheat CC_{G10} -NLR immune receptor forms an octameric resistosome”的研究论文。该研究在主粮作物小麦 (*Triticum aestivum* L.) 中首次揭示了 CC_{G10} -NLR 免疫受体的作用新机制，拓宽和加深了对 NLR 介导的植物先天免疫机制的

理解，为人工设计广谱、持久的新型抗病蛋白，发展绿色农业提供了新的理论依据。

小麦“中科 331”的 EMS 突变体 M3045 表现为细胞死亡、活性氧爆发等自发免疫表型。团队利用图位克隆 (map-based cloning) 的方法，鉴定了诱发自发免疫表型的关键基因 *WAI3* (*Wheat Autoimmunity 3*)，该基因编码 CC_{G10} -NLR 免疫受体。 CC_{G10} -NLR 蛋白 LRR 结构域的 gain-of-function (GOF) 单氨基酸突变 ($WAI3^{GOF}$) 导致其处于持续激活状态，即在无病原菌侵染的情况下，仍可启动植物免疫反应，这为研究 CC_{G10} -NLR 的激活机制提供了良好的机会。

研究人员在烟草 (*Nicotiana benthamiana*) 中表达了激活状态下的 *WAI3* 蛋白并结合冷冻电镜 (Cryo-electron microscopy) 技术，解析了 *WAI3* 激活后寡聚复合物的分辨率三维结构。结果显示，激活态 *WAI3* 组装形成八聚体抗病小体 (见下页图)，整体呈环状“漏斗”结构，直径约 200 Å、高约 135 Å。在烟草瞬时表达体系中，与经典的 $NRC4^{DV}$ 抗病小体相比， $WAI3^{GOF}$ 诱导的钙离子内流呈现出强度更大、持续时间更长的多相动态变化。然而，在动物细胞中，与 $NRC4^{DV}$ 抗病小体相似，表达 $WAI3^{GOF}$ 并不能诱导细胞死

亡和钙离子内流，说明 WAI3^{GOF} 功能的正常发挥离不开植物特异的“未知因子”。

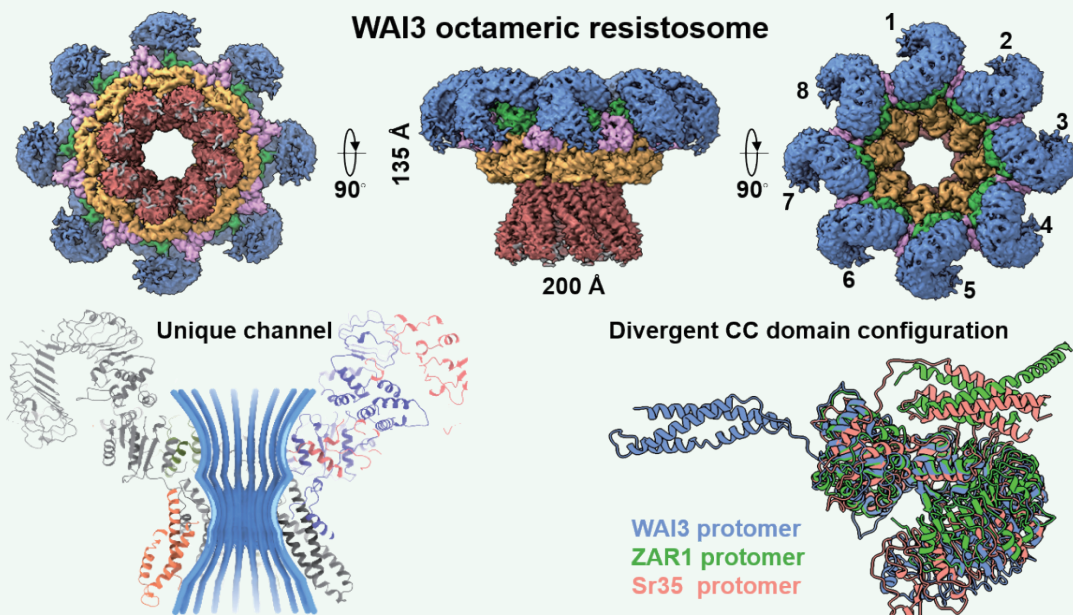
以往，因小麦为异源多倍体且基因组复杂，其基础研究落后于模式植物。但近年来，在快速发展的植物基因组技术推动下，小麦研究中的许多新发现为植物学研究提供了新的“模式”。在本研究中，小麦 WAI3 抗病小体结构的解析，也为拟南芥 (*Arabidopsis*) 中的同源蛋白 RPS2 抗病小体结构解析提供了参考。研究人员证明，激活后的 RPS2 也形成八聚体抗病小体且在植物中可以引发 Ca²⁺ 内流，表明 CC_{G10}-NLR 免疫受体的作用机制在单子叶和双子叶植物中高度保守。

CC_{G10}-NLR 八聚体抗病小体的发现，是继 TIR-NLR RPP1 和 ROQ1 形成四聚体抗病小体、CC-NLR ZAR1 和 Sr35 形成五聚体抗病小体、NRC2 和 NRC4 形成六聚体抗病小体之后的又一项重要突破。本研究揭示了植物 CC_{G10}-NLR 免疫受体的抗病小体组装及免疫信号传导的新机制，将八聚体抗病小体确立为 NLR 生物学中的新范式，充实了当前已知且数量有限的 NLR 抗病小体结构库，拓展了人们对植物免疫受体多样性与可塑性的认知。研究结果对作物抗病育种具有重要启示，为深入理解抗病基因的功能多样性提供了新视角，

是迈向设计持久广谱且机制多元抗病策略的关键一步。(Guo et al., 2026, Cell 189, DOI: 10.1016/j.cell.2026.02.024) (遗传与发育生物学研究所 郭广昊 刘志勇 供稿)

汪迎春团队和植物所杨文强团队合作，构建了一个以蓝藻(*Synechocystis* sp. PCC 6803) PirN (Ssl2814) 蛋白为核心节点、协同调控硝酸还原酶 NarB 与新型 PSII 放氧复合体亚基 PsbO 的硝酸盐特异性调控网络，提出 PirN 可能通过感应细胞内氧化还原状态变化、动态调控 PsbO 活性，从而实现光合电子传递与硝酸盐同化过程的精准偶联。本研究阐明了光合作用与氮素代谢协同调控的关键机制，为深入理解光合生物碳氮代谢偶联及农作物氮素高效利用提供了新的理论依据。(Huang et al., 2026, Adv Sci 13, DOI:10.1002/adv.202518047)

韩方普团队与合作者从黑麦 (*Secale cereale* L.) 6RL 染色体上克隆了 Yr83 基因，该基因编码一个非典型的 NLR 免疫受体蛋白，并在其 C 端融合了一个来源于 Harbinger 转座酶的核酸酶结构域 (HTDND)。HTDND 结构域是抗病反应的重要元件，使 Yr83 表现出广谱抗条锈病特性及突出的育种应用价值。这一发现突破了传统植物免疫学



CC_{G10}-NLR WAI3抗病小体的作用机制

的认知框架，为人工设计抗病基因提供了可借鉴的思路。(Wang et al., 2026, Nat Plants 12, DOI: 10.1038/s41477-026-02248-1)

- ◎ 王园团队发现，大豆 (*Glycine max*) 的免疫阈值由 LTR 型逆转录转座子和 RdDM 通路共同设定：这些 LTR 转座子往往富集于抗病网络的核心枢纽——TNL 类受体基因及 EDS1/SAG101 信号通路元件的邻近区域，形成特有的“转座子-免疫基因连锁调控单元”，维持免疫系统的基础稳态，将大量防卫基因锁定在一个极低但随时可激活的待命状态。当大豆面临疫霉菌侵染时，植株主动下调 RdDM 核心组件，使整个免疫网络从“待机”切换到“输出”模式。(Zhang et al., 2026, Plant Cell 38, DOI: 10.1093/plcell/koag033)

南京土壤研究所

- ◎ 张佳宝团队和朱春梧团队发现，CO₂ 浓度升高伴随增温情景下，稻田供磷受作物磷需求、土壤氧化还原环境及铁-有机质界面作用协同影响；土壤有机碳与铁活性组分提升，促进铁-有机碳复合物 (Fe-OC) 形成，推动磷向稳定形态转化；而增温叠加干湿交替强化氧化还原界面波动，驱动 Fe(III)/Fe(II) 循环及有机-矿物复合物转化，改变磷吸附-释放平衡。研究提出了“微生物过程-矿物吸附-界面固化”协同驱动的稻田供磷非稳态调控机制，阐明了气候变化下稻田供磷能力转变的关键过程。(Wang et al., 2026, Nat Geosci 19, DOI: 10.1038/s41561-026-01917-2)
- ◎ 沈仁芳团队和合作者研究发现，水稻短通道蛋白 OsKAT1 与传统外向钾通道 SKOR 共定位于同一细胞中，二者通过膜电位的动态调节实现精密协同，使钾离子能够在低能耗状态下持续向地上部转运，转运效率显著高于仅依赖单一通道的系统，由此形成了禾本科作物特有的以营养效率最大化为目标的生理适应机制。该研究将植物钾营养研究从“单一元件”视角推向“系统协作”的新层次，

为未来通过遗传改良同步提升作物钾利用效率与产量潜力，提供了全新的分子靶点与理论依据。(Yang et al., 2026, Proc Natl Acad Sci USA 123, DOI: 10.1073/pnas.2527650123)

- ◎ 朱春梧团队发现，水稻地上部生物量和产量所呈现的“CO₂ 肥料效应”取决于母本种子在高 CO₂ 浓度下处理的代际数。子代植株的氮素积累量驱动了其产量对 CO₂ 浓度升高的响应，而 CO₂ 浓度的升高改变了子代的 DNA 甲基化和基因表达，进而调控植株氮代谢和光合作用过程。目前已有的全球作物 FACE 试验结果，均基于单季的骤增式 CO₂ 效应，无法准确评估作物产量对未来长期 CO₂ 浓度升高的真实响应。因此，在未来全球气候变化背景下，大气 CO₂ 浓度升高对作物产量的“肥料效应”真实性，或许需要重新评估。(Jiang et al., 2026, Adv Sci 13, DOI: 10.1002/adv.202503190)

- ◎ 褚海燕团队在东北典型黑土区开展了玉米农田的大尺度调查，采用 PacBio 长读长测序技术，实现了对土壤真菌、原生生物、藻类及后生动物等真核生物群落的全面解析。经多种统计模型 (多元回归、随机森林和结构方程模型) 验证，一致表明：在复杂的环境、空间和地形约束下，真菌多样性始终保持强劲而稳定的预测能力，是“黑土生物健康的核心引擎”。(Yang et al., 2026, Sci Bull 71, DOI: 10.1016/j.scib.2026.01.005)

水生生物研究所

- ◎ 肖武汉团队发现，IRF3 (Interferon regulatory factor 3) 能与 Hypoxia-inducible factor (HIF)-1 α /2 α 直接结合，阻碍其进入细胞核，从而抑制低氧信号转导及代谢重编程，使低氧胁迫下 IRF3 敲除的斑马鱼表现出显著增强的耐低氧能力。本研究为阐明鱼类低氧应答与抗病毒免疫的交互作用机制提供了新视角，也为如何培育兼具耐低氧与抗病特性的“双优”鱼类新品种提供了有益的启

示。(Deng et al., 2026, Cell Rep 45, DOI: 10.1016/j.celrep.2025.116815)

- 陈宇顺团队基于 2018–2023 年连续 6 年的系统性长期野外生态数据, 从鱼类物种丰富度、生物量、丰度、均匀度及 β 多样性等多个角度, 全面解析了禁渔实施前后长江干流鱼类群落的动态变化, 量化了多重压力因子对鱼类多样性影响的生态学机制。研究表明, 长江鱼类资源长达七十年的持续衰退趋势在全面禁渔后得到有效遏制, 已呈现初期恢复态势。当前长江水生态恢复呈积极向好趋势, 但其生态系统的长期多样性、完整性、稳定性与可持续性仍需持续监测与科学验证。未来需在进一步巩固禁渔成效的基础上, 系统推进栖息地修复、水文连通性恢复、消减其他环境压力等综合治理措施。(Xiong et al., 2026, Science 391, DOI: 10.1126/science.adu5160)
- 何舜平团队与合作者构建了鳄雀鳝属的鳄雀鳝 (*Atractosteus spatula*) 与雀鳝属的长吻雀鳝 (*Lepisosteus osseus*) 的染色体级基因组, 探究了其形态变化缓慢的基因组学机制。研究显示, 两属鱼类在分化超 1 亿年后, 仍有 83.35% 基因组序列完全一致, 基因组大小差异源于单碱基插入 / 缺失; 其微染色体结构更稳定且富集 DNA 修复及细胞凋亡相关基因, 演化速率极低 (染色体重排率约 0.5 次 / 百万年), 与四足动物基因组的相似度显著高于近缘真骨鱼类; 转座元件活性处于脊椎动物最低水平, 推测这一特征对维持基因组稳定性起到关键作用。此外, 两属现生个体可实现跨属杂交并产生可存活后代; 群体分析表明, 尽管二者存在谱系分化, 但在演化历史上仍存在有限的基因流, 其持续杂交能力源于长期基因组保守性与较低的分子不相容性。(Wang et al., 2026, Genome Res 36, DOI: 10.1101/gr.280800.125)
- 梅洁团队在黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*) 中揭示了 miR-200a/200b-stat5b 信号轴耦合调控生长与饲料转化率的分子机制, 发现 miR-200a/200b 主要通过作用于能量代谢相关的靶基

因和信号通路来调控营养利用效率, 二者在速生、高饲料转化率个体中显著下调, 在平均摄食量无显著变化的情况下, 其功能丧失可显著提高生长和饲料转化率。(Wang et al., 2026, Sci China Life Sci 69, DOI: 10.1007/s11427-025-3249-5)

华南植物园

- 翡翠葛 (*Strongylodon macrobotrys*) 具有独特的翡翠般蓝绿色的总状花序, 被誉为“植物界的翡翠珠宝”。宁祖林团队、曾少华团队和颜海飞团队合作构建了翡翠葛高质量 T2T 基因组, 发现花青素 Malvin (malvidin-3,5-O-diglucoside) 赋予花朵蓝至蓝紫色, 而本身淡黄色或近乎无色的类黄酮共色素 Saponarin (Isovitexin-7-O-glucoside), 则通过分子间互作来增强并稳定 Malvin 的显色效果。在花发育衰老过程中, Malvin 呈下降趋势, Saponarin 持续积累, 这种代谢组分“此消彼长”的精确调控变化, 共同塑造并维持了翡翠葛标志性的蓝绿表型。另外, 与环境变化相关的群体扩张事件, 以及 LTR 类转座子爆发事件, 可能参与了花色相关调控网络的重塑, 提升了翡翠葛对环境变化的适应能力。(Liu et al., 2026, J Integr Plant Biol 68, DOI: 10.1111/jipb.70136)
- 葛学军团团队整合了全球约 3.5 万种被子植物的种子扩散方式、系统发育关系与地理分布坐标数据, 系统探讨了被子植物种子扩散方式的历史演化动态、全球分布格局及其环境驱动因素, 评估了种子扩散方式对被子植物多样化速率的影响。研究发现, 被子植物的祖先扩散方式主要为动物扩散或自体扩散, 而不同扩散方式之间的转变速率存在显著差异, 其中以水力扩散向其他扩散方式的转变速率最高; 另外, 温度变化在塑造种子扩散方式时空格局中也具有关键作用。(Jin et al., 2026, New Phytol 250, DOI: 10.1111/nph.70967)

刘占锋团队与国外同行合作，以广东和海南三条典型热带森林海拔梯度为研究对象，系统揭示了热带森林土壤微生物代谢对磷元素的限制特征及其随海拔变化的规律，发现在不同区域和植被类型下，土壤微生物代谢均呈现显著的磷限制特征，且海拔的升高和温度的降低进一步加剧了微生物对磷的供需失衡程度。（Kuang et al., 2026, Soil Ecol Lett 8, DOI: 10.1007/s42832-026-0403-x）

亚热带农业生态研究所

- 谭支良团队和王敏团队等合作，整合 7 种反刍动物、10 个胃肠道区域的 373 个宏基因组样本，构建了首个反刍动物胃肠道病毒组目录，涵盖近 4.4 万个病毒分类单元，其中 90% 为此前未被发现的新病毒。团队系统分析了病毒群落组成和分布、生活方式、与宿主关系等数据。该研究为通过干预特定区段病毒活动以提升饲料转化效率、定向减少甲烷排放，提供了新的科学路径与潜在调控靶点。（Zhang et al., 2026, J Adv Sci, DOI: 10.1016/j.jare.2026.01.013）
- 印遇龙团队通过构建小鼠慢性暴露模型，系统阐明了纳米塑料通过扰乱“微生物-胆汁酸轴”诱发全身性代谢紊乱的作用路径。研究发现，纳米塑料可穿透肠道屏障并在肝脏、肾脏中蓄积，诱发氧化应激与炎症反应；同时显著改变肠道菌群结构，抑制胆汁酸转化关键菌群，阻断初级胆汁酸向次级胆汁酸的转化，进而干扰 FXR 信号通路，使肝脏脂质代谢紊乱与肾脏功能受损。该研究为制定微塑料环境健康相关标准提供了重要科学依据。（Lin et al., 2026, iMeta 5, DOI: 10.1002/imt2.70103）
- 沈健林团队系统揭示了氮肥深施与脲酶抑制剂联合施用对稻田氨挥发的影响机制：二者联用较常规施氮可减少氨挥发总量 68.0%–73.8%，减排效果优于单一措施，且在减氮 30% 条件下，仍可实现水稻稳产、氮肥利用效率显著提升（54%–

63%）。该联合施用方法通过抑制尿素水解速率与土壤脲酶活性，限制铵态氮积累；同时下调半乳糖代谢、戊糖磷酸途径等关键微生物代谢通路，形成不利于铵离子快速生成的微生态环境。据估算，该技术可使中国稻田氨排放每年减少 528 Gg N, 其中中南部地区减排贡献最为突出(38%)。（Fang et al., 2026, Agric Ecosyst Environ 401, DOI: 10.1016/j.agee.2026.110297）

植物研究所

- 王柏臣团队研究证实，磷酸烯醇式丙酮酸羧激酶（PEPCK2）与玉米（*Zea mays*）产量、穗轴长度、氨基酸含量等多个重要农艺性状密切相关。PEPCK2 通过催化磷酸烯醇式丙酮酸（PEP）生成草酰乙酸（OAA），实现三羧酸循环与糖异生途径的有效衔接。该酶如同一个“代谢泵”，可将经长途运输抵达籽粒的氨基酸“拉入”三羧酸循环，进而通过糖异生途径促进淀粉合成，同时强化了氨基酸向籽粒的转运，最终协同提升玉米产量与籽粒氮含量。（Yang et al., 2026, Plant Commun 7, DOI: 10.1016/j.xplc.2026.101734）
- 王柏臣团队揭示玉米（*Zea mays*）光保护与叶绿体正常发育的调控机制：在强光环境下，植物会迅速启动 ZmELIP2 等光保护机制；而当胁迫解除或保护任务完成后，需借助 Clp 蛋白酶系统及时清除相关蛋白，否则会导致光合效率下降、最终使叶片黄化。该研究系统解析了 ZmClpP6 在强光胁迫下调控叶绿体发育的核心功能，阐明了玉米应对高光胁迫的新策略，也为通过遗传改良提升玉米等作物的光合效率与环境适应性，提供了潜在的关键分子靶标。（Yang et al., 2026, Plant J 125, DOI: 10.1111/tpj.70692）
- 杨文强团队解析了莱茵衣藻（*Chlamydomonas reinhardtii*）GreenCut 蛋白家族成员 TEF6 在光系统 II（PSII）修复中的关键作用。TEF6 定位于类囊体膜，可通过同时结合受损 D1 蛋白与 FtsH

蛋白酶复合物，发挥“支架蛋白”功能，稳定 FtsH 的积累与定位，进而精准调控 D1 蛋白的降解与替换。TEF6 缺失导致 PSII 修复循环崩溃，使植株对高光胁迫极为敏感。(Yi et al., 2026, Plant Commun 7, DOI: 10.1016/j.xplc.2026.101709)

微生物研究所

- 叶健团队揭示了昆虫与植物宿主在共进化过程中形成的保守力学免疫机制：多种昆虫分泌的效应子可靶向不同植物的机械力受体 PIEZO1 (PIEZO-type mechanosensitive ion channel component 1)，进而拮抗宿主的抗性免疫。该研究建立了植物机械感知与免疫信号之间的直接关联，不仅为理解跨物种免疫博弈的力学原理提供了新视角，也为开发针对性的广谱防控策略提供了新的潜在靶点。(Huang et al., 2026, Cell Rep 45, DOI: 10.1016/j.celrep.2025.116856)
- 孔照胜团队借助活细胞成像技术，重点解析了收缩环 (Contractile Actomyosin Ring, CAR) 与隔膜蛋白 (Septin) 在分生孢子形成 (Conidiation) 过程中的时空动态特征，揭示了植物病原丝状真菌分生孢子形成的关键细胞机制，为理解丝状真菌的繁殖规律与致病扩散机制提供了新的细胞生物学视角。(Tian et al., 2026, mLife 5, DOI: 10.1002/mlf2.70062)
- 张莉莉团队揭示了灰飞虱唾液碳酸酐酶 (LssaCA) 在水稻条纹病毒 (rice stripe virus, RSV) 传播中的作用机制：LssaCA 在灰飞虱唾液腺中可直接结合 RSV 核衣壳蛋白 (NP)，并随灰飞虱取食行为分泌至水稻体内；进入水稻后，LssaCA-NP 复合物与水稻类甜蛋白 (OsTLP) 发生互作，形成的 LssaCA-NP-OsTLP 三元复合物通过促进胍质降解而增强 RSV 对水稻的侵染能力。(Zhao et al., 2026, eLife 15, DOI: 10.7554/eLife.88132)

海洋研究所

- 逢少军团队在福建亚热带海区完成裙带菜 (*Undaria pinnatifida*) 克隆苗南移试验养殖并取得关键突破。裙带菜克隆苗在福建冬季海区适应良好，可长至商品规格；在养殖操作上，集约化方式表现出更高的生产效率；品质检测评估显示，亚热带冬季养成的裙带菜在营养组成与风味相关指标上均达到商品化养殖要求。(Li et al., 2026, Aquac Rep 46, DOI: 10.1016/j.aqrep.2025.103333)
- 刘进贤团队以在长江流域不同淡水湖泊中均存在同域分布的、春季和秋季繁殖两种生态型的短吻新银鱼 (*Neosalanx brevirostris*) 为研究对象，系统解析了繁殖季节同域分化的适应性遗传结构及其驱动力。从基因组层面证实，繁殖时间作为一种“魔法性状”，同时介导生态适应与生殖隔离，凸显了祖先种群中固有遗传变异在促进生物快速适应与分化中的关键作用，相关结果为理解同域生态分化及物种形成早期的演化轨迹与遗传基础提供了新的参考。(Yang et al., 2026, Mol Ecol 35, DOI: 10.1111/mec.70224.)

地理科学与资源研究所

- 史文娇团队基于哨兵二号遥感影像、气象数据及统计数据等，依托光能利用率模型原理，创新融合动态观测指数与综合转换系数，研发出无需依赖田间实测产量数据训练模型的估产新方法，大幅提升了产量估算的效率与精度，成功绘制 2016-2019 年间我国东北玉米、水稻、大豆主产区 10 米分辨率高精度作物产量数据集，填补了区域高分辨率长时序产量数据的空白。(Teng et al., 2026, Sci Data 13, DOI: 10.1038/s41597-026-06719-0)
- 寇亮团队综合考虑生态系统主导菌根类型与养分限制类型，构建了涵盖 8 种情境的 RES (Root Economics Space) 多元理论框架，并为每种情

境推荐了更具解释力的根系性状组合，同时明确了未来 RES 研究更适合的空间尺度和组织水平。本研究推动“根经济空间”从传统理论框架迈向预测性理论框架，为全面理解植物地下资源获取策略、深化物种共存机制以及预测生态系统对全球变化的响应提供了新的理论视角。（Kou et al., 2026, Trends Ecol Evol 41, DOI: 10.1016/j.tree.2026.02.003）

- 史文娇团队系统构建了盐碱地改良后小麦潜在产量提升的空间评估框架。该研究以我国黄淮海区为例，将评估作物潜在产量的全球农业生态区划（GAEZ）模型与改良后土壤盐碱指标变化的实验数据进行耦合，实现了区域尺度盐碱地改良产能提升潜力的空间精细尺度量化评估，为盐碱地资源高效利用提供了科学支撑。（Mao et al., 2026, Agric Syst 235, DOI: 10.1016/j.agry.2026.104714）

东北地理与农业生态研究所

- 冯献忠团队利用 340 份大豆（*Glycine max*）种质资源，分别鉴定出 105 个油脂相关和 59 个蛋白相关的 SNPs，发现 15 个调控单倍型块和 17 个稳定 QTL 位点，其中 5 个 QTL 为新位点。团队筛选出 80 个候选基因，其中 12 个关键基因通过

调控甾醇合成等代谢过程，塑造了东北大豆高油低蛋白特性。本研究为打破油脂和蛋白含量负相关性、培育优质大豆品种提供了重要基因资源与技术参考。（Bu et al., 2026, Front Plant Sci 17, DOI: 10.3389/fpls.2026.1767299）

- 冯献忠团队利用单细胞核转录组测序技术，系统分析了大豆（*Glycine max*）花药多个关键发育阶段的样本，捕获超 13 万个细胞核，精准鉴定出 9 种涵盖体细胞与生殖细胞谱系的花药细胞类型，完整还原了生殖细胞从分化到成熟的全发育轨迹。该团队绘制的首个大豆花药发育高分辨率单细胞核转录组图谱，为大豆杂交育种中理想雄性不育系的创制提供了精准靶点。（Zhou et al., 2026, J Genet Genomics 53, DOI: 10.1016/j.jgg.2026.03.006）
- 卜庆云团队通过研究水稻（*Oryza sativa*）分蘖调控网络，发现 D53 通过与不同蛋白相互作用，实现对 *OsTB1* 表达的多层次精细调控。其中，OsIPA1 与 OsBZR1 作为主要互作蛋白，共同介导 D53 对 *OsTB1* 的转录抑制作用；而 OsWRKY53 作为次要互作蛋白，能够对该抑制过程进行动态调节与缓冲，从而维持生长协调性，并促进产量优化。（Tang et al., 2026, Plant Biotechnol J 24, DOI:10.1111/pbi.70578）

九州坤舆

中国土壤标本馆乔迁新址

中国土壤标本馆最早于 1953 年依托中国科学院南京土壤研究所建设，历经三次搬迁扩建，新馆于 2025 年 12 月 5 日（世界土壤日）在南京市江宁区创优路正式开放。展馆面积近 2000 平方米，展陈标本 1000 余件，藏品时间跨度近百年，堪称我国土壤科学发展的实物缩影。

新馆设序厅、标本厅、科普厅、成果厅四大展区。序厅以影片《土生万物》开篇，结合



土壤标本馆正门大厅



中国生态系统研究网络 (CERN)
野外台站的土壤标本

大型土壤沙盘、飞屏互动系统与地带性土壤标本，直观呈现我国土壤分布规律。标本厅为核心展区，中国标本区集中展陈不同土壤带的典型标本及形态标本；全球土壤、古水稻土、中国生态系统研究网络 (CERN) 土壤、月壤等专题区，借助视频、互动及场景模拟，阐释全球土壤资源特性，激发星际土壤探索兴趣。科普厅以“土壤探索之旅”为主线，通过启程、沃土行、净土行、活土行、厚土行等五大趣味板块，生动解读土壤与农业、生态、环境及文化的紧密关联。成果厅聚焦土壤学领域重大科研成果与杰出科学家风采，重点介绍 2026 年首次在华举办的第 23 届世界土壤学大会，彰显我国土壤科学的深厚积淀与国际影响力。

新馆特色鲜明，依托丰富展品与多元展陈形式，系统呈现全球土壤资源的发生发育、空间分布及核心价值。展品主要源于第三次全国土壤普查、历次国家重大科研项目采集及国际合作互采互赠，兼具历史性与全球性。新馆以“土壤探索之旅”为主线的科普理念，通过多媒体、AI 互动等多种展陈形式，将专业性和通

俗性融合起来，创新了土壤科普的形式，取得了显著的科普成效。新馆在科普服务上多措并举，配备专职讲解员，常态化开放之余，还组织师生研学、专题临展，并结合世界土壤日、科学节等节点开展科普活动。

目前，中国土壤标本馆已接待数以万计的青少年、各界人士及中外学者，先后获评全国科普教育基地、全国青少年走进科学世界科技活动示范基地，多次荣获优秀科普教育基地称号，在国内外享有盛誉。



序厅土壤标本

媒体扫描

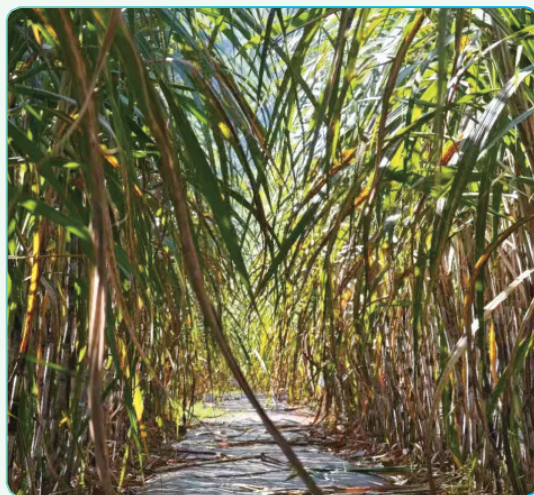
【中国科学报】守护中国“糖罐子”

冬春交替时节，微生物所张杰团队深入广西南宁市武鸣区甘蔗试验田，开展甘蔗育种科研攻关。依托中国科学院前瞻战略科技先导专项 (A 类) “优质甘蔗新品种培育”，团队聚焦提升甘蔗育种水平核心目标，以“智能育种 + 基因编辑”双轮驱动，推动甘蔗育种从传统杂交育种的 2.0 时代跨越式迈向智能化育种的 4.0 时代，着力培育优异甘蔗新种质，破解我国食糖供给“卡脖子”问题。



甘蔗种植基地现场监理合影

立项两年来，专项已成功建立甘蔗组培体系和基因编辑体系，利用智能育种无人机、无人车在田间真实场景采集表型，在华南植物园、西双版纳植物园等建成了甘蔗种质资源圃，在武鸣区建立了“甘蔗科技小院”……张杰研究员带领团队青年科研人员扎根田间一线，顶酷暑、忙采样、做组培，在田间劳作与实验室研究中锤炼本领，以实干担当守护国家“糖罐子”安全，真正把科研论文写在祖国大地上。



甘蔗试验田

【中国网】推动草牧业发展 科技在呼伦贝尔“落地”

当前，我国正加快推进农业现代化，呼伦贝尔作为我国代表性的草原生态系统之一，既是“生态屏障”，又是“肉库粮仓”，其草牧业发展对农牧民增收意义重大。植物所种康院士、潘庆民研究员，微生物所钟瑾研究员、亚热带农业生态所贺志雄研究员等，与呼伦贝尔农垦集团携手，让科技成果“落地”，以科技赋能乡村振兴，推动草牧业向健康化、现代化发展。在“以小保大”理念指导下，小面积优质高产人工草地的发展大幅提高了饲草供应能力，同时，大面积天然草地的生态功能也得到了恢复和提升。

近五年来，通过天然草场改良，仅施肥一项便使牧草产量从每亩 156 公斤提升至 300 多公斤，生态与经济效益十分显著。为支撑精准管理，研发团队构建了星空地一体化动态监测体系，实现对草畜平衡的动态客观评估。针对呼伦贝尔草原普遍存在的植被盖度低、牧草产量低、优质牧草比例低以及生产与生态功能失调等问题，科研人员解析出繁殖体、养分、微生物和水分四重限制因子，集成促进蘖芽增殖、养分补充和微生物调控等技术，成功实现了退化羊草草原的快速恢复。

在产业层面，青贮饲料加工技术不仅解决了呼伦贝尔地区冬春季草料短缺的问题，还改变了传统的牧草生产方式，例如在燕麦栽培中实现两种两收，每亩增收 300 元以上。同时，在奶牛日粮中以青贮苜蓿部分替代苜蓿干草，使每头牛年增收 3600 元。该技术还拓展了秸秆、甜菜渣等农副资源的饲料化利用。在畜禽种业方面，针对纯种呼伦贝尔羊群体因杂交和养殖模式改变而日益缩减的现状，科研团队利用远缘红头巴尔虎羊进行导血复壮，通过基因组测序构建基因身份证，开展抗逆与生长性状协同选育，并研发生态适应性养殖技术，有效保护了这一优良地方品种的遗传资源，实现了生态保护与产业发展的双赢。



收割、青贮饲草

国苑芳华

国家植物园植物迁地保护工作成果丰硕

2022年4月,国家植物园挂牌成立。国家植物园由中国科学院植物研究所(南园)和原北京市植物园(北园)扩容整合而成,定位为“国家生态文明建设成果展示平台、国家生物多样性保护基地、国家植物科学研究和交流中心、国家植物战略资源储备中心、国家植物科学传播中心”。国家植物园集迁地保护、科学研究、科学传播等多元功能于一体,是践行植物保护使命、彰显中国特色的重要载体。

国家植物园(南园)持续开展珍稀濒危植物的迁地保护工作,目前已收集保存植物245科1533属9070个类群,其中原种4610种,构建起丰富的植物资源储备体系;共保育179种《国家重点保护野生植物名录》(2021版)物种;同时保育201种《中国生物多样性红色名录—高等植物卷》中的受威胁物种,包括极危25种、濒危71种、易危105种;近五年共引种收集野生本土植物以及温室植物等各类植物材料7000多号。

在京津冀的植物本底植物保育方面,国家植物园已完成两期“华北地区本土植物清查与保护”项目,系统评估了京津冀地区本土植物受威胁状况,完善了相关信息数据库。在中国植物迁地保育基础信息数据管理工作中,国家植物园做出了杰出贡献,林秦文等科学家相继出版了《中国栽培植物名录》《中国外来植物名录》等专著,系统梳理了我国栽培、外来、盐生等植物的基础信息,为植物迁地保育、科学研究与资源管理提供了重要参考,为我国生物多样性保护事业注入了持久动力。(植物研究所 林秦文 供稿)

1. 峨眉槽舌兰(*Holcoglossum omeiense*), 濒危
2. 崖柏(*Thuja sutchuenensis*) (金江群 摄), 濒危
3. 墨脱开口箭(*Rohdea medogensis*), 濒危
4. 百花山葡萄(*Vitis baihua shanensis*), 濒危



5. 假钓樟(*Pottingeria acuminata*), 濒危
6. 麻栗坡兜兰(*Paphiopedilum malipoense*), 极危
7. 丁香叶忍冬(*Lonicera oblata*), 濒危
8. 云南穗花杉(*Amentotaxus yunnanensis*)



学生风采

“国槐计划”育新苗

“国槐计划”由国科大与北京市怀柔区联合打造，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。至今，现代农学院已有 10 名学子入选“国槐计划”，以怀柔区中小学科技班主任的角色开展科普工作。

学院学生赵佳恰当选北京第二实验小学怀柔分校五年级二班的科技班主任。课堂上，她结合自身专业所学，将抽象的生物学知识转化为有趣的互动体验。她用生动的语言引领同学们探秘人体免疫系统，把免疫细胞比作守护“人体城堡”的“卫士”，直观解读攻防机制。她带领大家进入脑科学的神秘世界，探究“人体指挥部”对生活与学习的日常调度，让深奥的科学知识在趣味横生的游戏中变得鲜活可感。

赵佳怡表示，“我很荣幸，能通过‘国槐计划’将我在学习和科研中的收获分享给孩子们，希望以此为契机，点亮孩子们心中的科学之光，为他们开启一扇通往广阔世界与科学理想的大门。”



赵佳怡为小学生们上课

春启“心”程，播撒希望

3 月 14 日，国科大现代农学院和本科部的 30 名师生在博士农场（北房基地）举办了一场“春启‘心’程，播撒希望”的主题活动。在烘焙师傅的指导下，大家实践了窑烤面包制作过程，于麦香烟火间，体味生活本真。随后，大家走进田间，在农技师的帮助下，播种豌豆，体验农事劳动。本次活动引导师生厚植劳动情怀、涵养积极心态，以昂扬姿态奔赴成长新程。



师生参与面包制作

中国科学院微生物研究所西北干旱区微生物资源与创新利用野外观测综合研究站（以下简称“喀什微生物站”），由微生物所与巴楚县人民政府共同筹建，是微生物所设立的首个野外观测站，也是国家层面首个微生物学专业观测站，隶属微生物所异地内设科技平台管理范畴。喀什微生物站深度践行科技兴疆、生态保护与乡村振兴国家战略，助力新疆区域经济社会高质量发展。喀什微生物站于2025年11月4日在新疆巴楚县兴盛路正式落成揭牌，园区规划用地面积13976平方米，由上海援疆指挥部投入资金1670万元建设，总建筑面积2678平方米，其中科研业务用房1432平方米，科研成果展示中心394平方米，附属用房844平方米，为喀什微生物站驻站科研及相关工作人员提供科研及生活保障。

喀什微生物站依托微生物所相关研究团队，面向国际学科前沿和国家及地方需求，利用喀什自身的区位优势 and 多年的观测数据，聚焦区域干旱区微生物资源，开展耐盐生物资源时空演化的长期生态学观测；推进区域耐盐生物资源的潜力开发，研究耐盐生物资源的生态演化以及耐盐微生物与作物的互作及调控机制，集成创新基于耐盐生物资源的盐碱耕地改良与利用新模式；同时开展基于该资源的盐碱地改良与利用区域示范；建立野外台站—地方企业和政府主



喀什微生物站

体相结合的服务体系，发挥台站的技术、资源信息优势，创新多种服务方式，为区域提供数据资源、技术支撑及示范模式服务。

作为干旱区微生物研究领域的重要科创载体，喀什微生物站将始终坚持“微生物、高科技、大产业”的战略导向，未来将进一步完善基础设施建设，优化科研技术体系和管理服务体系，立足区域、服务国家，聚焦极端环境微生物资源保育与创新利用的核心痛点，突破关键技术瓶颈，加强人才队伍建设与国内外学术交流，力争建设成为国内领先、国际知名的干旱区微生物野外观测与研究基地，为西北干旱区生态屏障建设、农业现代化发展、特色产业升级注入持久科技动能，助力实现科技创新与社会效益、生态效益、经济效益的协同提升。

供稿：蔡君 曹朕娇 褚宁 冯献忠 高峰 官丽莉 官鹏 郭广昊
胡冬雪 贾子薇 李瑞红 林秦文 刘志勇 石东乔 孙悦佳 王少青
王忠勤 杨倩 叶冬煦 于慧 苑春宇 张杰 赵佳怡 朱允东

编审校对：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

封面供图：吉林省安农县试验基地大豆育种示范田 中国科学院东北地理与农业生态研究所
冯献忠 于慧

封面标题：嘉种毓秀菽远芳，喻大豆良种孕育繁茂生机，豆香悠远，遍润田野，
尽显粮安盛景。

