

## 基本信息

实验室中文名称：植物基因组学国家重点实验室

实验室英文名称：State Key Laboratory of Plant Genomics

实验室代码：2003DA173024

依托单位：中国科学院遗传与发育生物学研究所

中国科学院微生物研究所

实验室主任：左建儒

实验室学术委员会主任：韩斌

通讯地址：北京市朝阳区北辰西路 1 号院 2 号

联系人：石佼

联系电话：010-64806711

传真：010-64806711

Email: [jiaoshi@genetics.ac.cn](mailto:jiaoshi@genetics.ac.cn)

<http://www.plantgenomics.genetics.cas.cn/>

## 学科与学位点:

	学科 1		学科 2		学科 3	
	名称	代码	名称	代码	名称	代码
学科分类	生物学	0710				
硕士点	遗传学	071007				
博士点	遗传学	071007				
博士后站	遗传学	071007				
研究性质	<input checked="" type="checkbox"/> 基础研究 <input checked="" type="checkbox"/> 应用基础研究 <input type="checkbox"/> 社会公益性研究 <input type="checkbox"/> 高技术研发					
归口领域(选 1 项)	<input type="checkbox"/> 化学 <input type="checkbox"/> 数理 <input type="checkbox"/> 地学 <input checked="" type="checkbox"/> 生命科学 <input type="checkbox"/> 医学科学 <input type="checkbox"/> 信息 <input type="checkbox"/> 材料 <input type="checkbox"/> 工程					

# 目 录

基本信息 .....	I
目 录 .....	III
一、实验室概况 .....	1
二、课题组科研工作进展与成果 .....	8
<b>植物基因组的结构与调控 .....</b>	<b>8</b>
高等植物表观遗传调控机理（曹晓风课题组） .....	9
植物比较基因组学与基因组进化（陈明生课题组） .....	17
高等植物发育与转录组学（焦雨铃课题组） .....	22
转录翻译调控与细胞异质性（钱文峰课题组） .....	25
植物功能代谢组学（王国栋课题组） .....	29
植物非编码 RNA 的系统发现与功能研究（王秀杰课题组） .....	33
<b>重要农艺性状的功能基因组学 .....</b>	<b>37</b>
植物耐逆机制与大豆种子发育调控（陈受宜课题组） .....	38
植物减数分裂的遗传调控机制（程祝宽课题组） .....	41
细胞骨架与植物发育及免疫应答（孔照胜课题组） .....	47
高等植物发育与代谢及分子设计育种（李家洋课题组） .....	54
重要农艺性状基因的功能及调控（夏桂先课题组） .....	62
植物细胞通讯与蔬菜功能基因组学（许操课题组） .....	68
植物细胞壁生物学（周奕华课题组） .....	71
植物发育与抗病分子遗传学（朱立煌课题组） .....	77
<b>植物激素作用的分子机理 .....</b>	<b>81</b>
茉莉酸作用机理（李传友课题组） .....	82
植物形态建成的遗传调控（王永红课题组） .....	86
泛素修饰与植物胁迫信号传导的分子机制（谢旗课题组） .....	92
植物乙烯信号转导及油分耐逆调控（张劲松课题组） .....	98
一氧化氮信号转导与作物氮营养（左建儒课题组） .....	103

<b>植物与环境、病虫害互作的分子机理.....</b>	<b>107</b>
植物与根系微生物组互作（白洋课题组） .....	108
病原微生物致病与植物抗病的机制（方荣祥课题组） .....	113
RNA 沉默与植物抗病机制（郭惠珊课题组） .....	118
植物与微生物分子互作（刘俊课题组） .....	124
植物抗病分子遗传学（吕东平课题组） .....	129
植物病原细菌致病机制（钱韦课题组） .....	132
植物对病原微生物的识别及信号转导（邱金龙课题组） .....	137
植物保护与植物免疫（周俭民课题组） .....	142
植物抵御虫传病毒的分子机制（叶健课题组） .....	145
植物免疫调控机理（张杰青年课题组） .....	150
介体昆虫-病原微生物互作机制（张莉莉青年课题组） .....	153
<b>植物生物技术与分子育种.....</b>	<b>157</b>
水稻功能基因组学与农业生物技术（储成才课题组） .....	158
作物染色体组设计与分子育种（林少扬课题组） .....	164
水稻分子设计育种（姚善国课题组） .....	168
植物功能基因组学与生物技术育种（朱祯课题组） .....	172
<b>三、承担课题及当年经费到位情况.....</b>	<b>176</b>
<b>四、科研成果.....</b>	<b>194</b>
<b>五、人员情况.....</b>	<b>209</b>
<b>六、学术交流.....</b>	<b>223</b>
<b>七、运行管理.....</b>	<b>234</b>
<b>八、2016 年学术年会纪要 .....</b>	<b>239</b>
<b>九、研究所对国家重点实验室年度考核意见 .....</b>	<b>241</b>

## 一、实验室概况

### （一）实验室基本情况

植物基因组学国家重点实验室的前身是1990年成立的中国科学院植物生物技术开放实验室，依托于中国科学院遗传研究所和中国科学院微生物研究所。中国科学院植物生物技术开放实验室曾三次参加国家重点实验室评估(1991年、1996年和2001年)，分列全国生命科学实验室第7、第6（部级实验室第一）和第11位。2001年，中国科学院党组决定在原遗传研究所和原发育生物学研究所的基础上合并组建遗传与发育生物学研究所(简称遗传发育所)。自2001年起，中国科学院植物生物技术开放实验室依托于遗传发育所和微生物所。

2003年12月31日，由国家科学技术部批准，中国科学院植物生物技术开放实验室升级为植物基因组学国家重点实验室（以下简称实验室），并正式进行建设。2006年1月20日，科技部组织对实验室的建设进行了现场验收并通过建设验收，实验室正式纳入国家重点实验室运行管理。在国家重点实验室评估中，植物基因组学国家重点实验室于2006、2011年被评为“优秀类实验室”，2016年被评为“良好类实验室”。

### （二）实验定位与研究方向

#### 实验室定位：

实验室面向国家现代农业发展的战略需求和植物科学发展的国际前沿，坚持顶层设计原则，从解决重大科学问题出发，开展跨学科交叉融合，以重要农作物和模式植物为研究对象，系统深入地开展植物基因组学、植物分子生物学与作物分子育种领域中的基础性、前瞻性和战略性研究，解析植物生长发育与复杂农艺性状形成的分子机理与调控网络，挖掘重要基因资源，并应用于作物分子设计育种实践，培育并推广重要农作物新品种，为我国粮食安全和农业可持续发展做出重大创新性贡献。

#### 实验室研究方向：

- (1) 植物基因组的结构与调控
- (2) 重要农艺性状的功能基因组学

- (3) 植物激素作用的分子机理
- (4) 植物与环境、病虫互作的分子机理
- (5) 植物生物技术与分子育种

### (三) 组织框架

实验室主任： 左建儒研究员

实验室副主任： 储成才研究员

钱 韦研究员

王永红研究员

学术委员会主任： 韩 斌院 士（中国科学院上海植物生理生态研究所）

学术委员会副主任： 郭惠珊研究员（中国科学院微生物研究所）

种 康院 士（中国科学院植物研究所）

学术委员会委员（按姓名拼音为序）：

曹晓风院 士（中国科学院遗传与发育生物学研究所）

陈晓亚院 士（中国科学院上海植物生理生态研究所）

黎 家教 授（兰州大学）

李家洋院 士（中国科学院遗传与发育生物学研究所）

钱 前研究员（中国水稻生物学研究所）

万建民院 士（中国农业科学院作物科学研究所/南京农业大学）

武维华院 士（中国农业大学）

周俭民研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）

朱玉贤院 士（北京大学/武汉大学）

左建儒研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）

**专家指导委员会（按姓名拼音为序）：**

- 陈受宜研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）
- 方荣祥院 士（中国科学院微生物研究所）
- 刘耀光院 士（华南农业大学）
- 许智宏院 士（北京大学/中国科学院上海植物生理生态研究所）
- 薛勇彪研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）
- 张启发院 士（华中农业大学）
- 朱立煌研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）
- 朱 祯研究员（中国科学院遗传与发育生物学研究所）

**课题组长（按姓名拼音为序）：**

- 白 洋研究员（植物与根系微生物组互作）
- 曹晓风院 士（高等植物表观遗传调控机理）
- 陈明生研究员（植物比较基因组学与基因组进化）
- 陈受宜研究员（植物耐逆机制与大豆种子发育调控）
- 程祝宽研究员（植物减数分裂的遗传调控机制）
- 储成才研究员（水稻功能基因组学与农业生物技术）
- 方荣祥院 士（病原微生物致病与植物抗病的机制）
- 郭惠珊研究员（RNA 沉默与植物抗病机制）
- 焦雨铃研究员（高等植物发育与转录组学）
- 孔照胜研究员（细胞骨架与植物发育及免疫应答）
- 李传友研究员（茉莉酸作用机理）
- 李家洋院 士（高等植物发育与代谢及分子设计育种）

- 林少扬研究员（作物染色体组设计与分子育种）
- 刘俊研究员（植物与微生物分子互作）
- 吕东平研究员（植物抗病分子遗传学）
- 钱韦研究员（植物病原细菌致病机制）
- 钱文峰研究员（转录翻译调控与细胞异质性）
- 邱金龙研究员（植物对病原微生物的识别及信号转导）
- 王国栋研究员（植物功能代谢组学）
- 王秀杰研究员（植物非编码 RNA 的系统发现与功能研究）
- 王永红研究员（植物形态建成的遗传调控）
- 夏桂先研究员（重要农艺性状基因的功能及调控）
- 谢旗研究员（泛素修饰与植物胁迫信号传导的分子机制）
- 许操研究员（植物细胞通讯与蔬菜功能基因组学）
- 姚善国研究员（水稻分子设计育种）
- 叶健研究员（植物抵御虫传病毒的分子机制）
- 张杰副研究员（植物免疫调控机理）
- 张莉莉副研究员（介体昆虫-病原微生物互作机制）
- 张劲松研究员（植物乙烯信号转导及油分耐逆调控）
- 周俭民研究员（植物保护与植物免疫）
- 周奕华研究员（植物细胞壁生物学）
- 朱立煌研究员（植物发育与抗病分子遗传学）
- 朱祯研究员（植物功能基因组学与生物技术育种）
- 左建儒研究员（一氧化氮信号转导与作物氮营养）

#### (四) 主要科研进展

植物基因组学国家重点实验室在 2017 年度发表论文 124 篇, 其中以主要作者在 *Cell Res*、*Cell Host Microbe*、*Mol Cell*、*Nat Commun*、*Genome Res*、*Trends Plant Sci*、*Nat Plants*、*Curr Biol*、*Plant Cell* 等国际主流学术刊物发表论文 80 篇, 作为主要合作者(共同第一作者或共同通讯作者)发表论文 20 篇, 其它合作论文 24 篇。在成果转移转化方面, 通过国家、省部级审定品种 6 项, 新品种保护权 2 项, 获得授权专利 16 项。李家洋院士和王永红研究员与韩斌院士(上海生命科学研究院)、钱前研究员(中国水稻研究所)、黄学辉研究员(上海生命科学研究院)等人的合作研究成果“水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”获得 2017 年度国家自然科学一等奖。

实验室科研人员在重要农艺性状的功能基因组学、植物基因组的结构与调控、植物激素作用的分子机理、植物与环境 and 病虫互作的分子机理、植物生物技术与分子育种等领域取得了重要进展。

在重要农艺性状的功能基因组学领域, 李家洋课题组在对理想株型及独脚金内酯合成及信号转导的系统深入研究的基础上, 揭示了 IPA1 (Ideal Plant Architecture 1) 即是长期寻找的 D53 (*Dwarf 53*) 下游的转录因子, 参与独脚金内酯信号途径, 并直接受到 D53 的调控, 为水稻株型形成复杂调控网络中两个核心组分建立了联系, 是该领域的一项重大科学突破(Song et al., *Cell Res*, 2017); 与合作者克隆了水稻理想株型 IPA1 基因的优异等位位点, 解析了 IPA1 对株型的精细剂量调控机理, 为水稻理想株型的分子设计育种提供了重要遗传资源和技术途径(Zhang et al., *Nat Commun*, 2017)。李家洋课题组与王永红课题组鉴定了 IPA1 互作蛋白 IPI1 (IPA1 INTERACTING PROTEIN1), 发现其精细调控不同组织中 IPA1 蛋白水平, 为进一步解析水稻株型遗传调控网络和水稻品种设计奠定了基础(Wang et al., *Plant Cell*, 2017)。周奕华课题组与储成才课题组发现细胞壁乙酰化修饰存在去乙酰化过程, 提出了细胞壁乙酰化修饰调控的新理论, 揭示了该调控对细胞壁功能维持的重要性(Zhang et al., *Nat Plants*, 2017)。孔照胜课题组解析了拟南芥 katanin 复合体对细胞中微管进行精准切割的机制, 为研究其它真核生物中相关机制提供了重要线索(Wang et al., *EMBO J*, 2017)。程祝宽课题组在水稻中发现了一个新的参与偶线期染色体形态建成的因子 ZYGOTENE 1 (ZYGO1),

为深入揭示减数分裂偶线期染色体形态建成的分子机制奠定了重要基础(Zhang et al., *Plant Cell*, 2017); 发现一个新的重组中间体蛋白 MEICA1 (Meiotic chromosome association 1)参与抑制非同源重组的发生并具有调节重组频率的功能, 为揭示同源重组保障的分子机制奠定了理论基础(Hu et al., *Plant Cell*, 2017)。

在植物基因组结构与调控研究领域, 李家洋课题组组装完成了高质量的橡胶草基因组草图(Lin et al., *Natl Sci Rev*, 2017)。储成才课题组通过对野生稻和栽培稻基因组数据的深入挖掘, 发现野生稻基因组中有着人工选择驯化的痕迹(Wang et al., *Genome Res*, 2017)。基因组分析平台梁承志与合作者组装了籼稻蜀恢 498 (R498)的基因组, 得到一个接近完成并在染色体水平上具有连续序列的高质量参考基因组(Du et al., *Nat Commun*, 2017)。张劲松课题组和陈受宜课题组与合作者利用全基因组重测序方法, 鉴定了大豆百粒重调控基因 PP2C-1, 为提高大豆产量潜力以及优势品种培育提供了重要的基因资源(Lu et al., *Mol Plant*, 2017)。王国栋课题组与多家研究团队深入解析了大豆 84 个农艺性状间的遗传调控网络, 对于提高大豆的品质和产量具有重要意义(Fang et al., *Genome Biol*, 2017)。

在植物激素作用的分子机理领域, 左建儒课题组在亚硝基化蛋白质组学研究中发现一氧化氮介导的蛋白质亚硝基化修饰与蛋白质甲基化通路互作, 从而协调植物拮抗非生物胁迫的分子机制(Hu et al., *Mol Cell*, 2017)。焦雨铃课题组阐述了叶片形成过程中近-远轴极性通过生长素信号通路介导转换为中-边轴极性, 从而促进叶片展开的分子机制(Guan et al., *Curr Biol*, 2017); 并通过学科交叉研究发现力学不对称性是器官不对称性形成的一种普遍机制(Qi et al., *Nat Plants*, 2017); 此外还发现细胞分裂素信号通路下游的转录因子能够激活 *WUSCHEL* (*WUS*)基因的表达, 进而参与侧芽的形成, 解析了侧芽中干细胞建立的分子机制(Wang et al., *Plant Cell*, 2017)。张劲松课题组和陈受宜课题组揭示了水稻种子萌发出土过程中, 乙烯通过抑制茉莉酸合成从而促进中胚轴和胚芽鞘伸长的新机制(Xiong et al., *Plant Cell*, 2017)。谢旗课题组发现了参与植物内质网相关蛋白质降解(ERAD)的两大关键复合体存在相互拮抗效应, 加深了对 ERAD 的认识(Chen et al., *Mol Plant*, 2017)。

在植物与环境和病虫互作的分子机理领域, 钱韦课题组鉴定了植物病原细菌野油菜黄单胞菌编码的一种受体 PcrK, 能够特异性的结合植物细胞分裂素, 揭

示了病原菌跨界(Inter-kingdom)感知寄主植物重要信号分子的机制(Wang et al., *Cell Rep*, 2017)。曹晓风课题组与合作者在 miRNA 调控水稻条纹叶枯病的研究中取得新进展, 揭示了 miR528 及其调控的靶基因在水稻与病毒相互作用过程中的抗病机制(Wu et al., *Nat Plants*, 2017)。

在植物生物技术与分子育种领域, 李家洋课题组与合作者利用高效便捷的 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术, 实现了水稻突变体的高通量构建和功能筛选, 为获得水稻重要突变体和快速克隆对应基因提供了高效的方法(Meng et al., *Mol Plant*, 2017), 并通过优化方法显著提高了 CRISPR-Cas9-VQR 系统在水稻中的基因组编辑效率(Hu et al., *Plant Biotechnol J*, 2017)。李家洋课题组与合作者经过多年努力, 成功将优质目标基因的优异等位聚合到高产受体, 稻米品质显著改良, 这一成果将极大推动作物传统育种向高效、精准、定向分子设计育种的转变(Zeng et al., *Nat Plants*, 2017)。李家洋团队与合作者在中科院分子模块育种先导专项支持下创制的“嘉优中科 1 号”新品种, 2017 年在江苏沭阳 1.4 万亩大规模示范种植获得成功, 实现了水稻超高产和抗性提升的完美结合, 对引领我国水稻分子设计育种理论与实践具有里程碑式的意义。此外, 李家洋与合作者培育的高产优质水稻品种“嘉优中科 6 号”、“中科 804”、“嘉禾优 7245”也于 2017 年通过国家审定。

由于在相关研究领域的突出贡献, 曹晓风、储成才、邱金龙、谢旗、周俭民研究员等分别应邀为 *Cell Host Microbe*、*Trends Plant Sci*、*Nat Plants*、*Plant Cell*、*Curr Opin Plant Biol* 等主流学术期刊撰写综述或评述性论文。

## 二、课题组科研工作进展与成果

### 植物基因组的结构与调控

## 高等植物表观遗传调控机理（曹晓风课题组）

### Epigenetic Regulation in Higher Plants

(Professor Xiaofeng Cao)

#### （一）研究进展

##### 1. *OsAK1* 基因的表观遗传变异影响水稻的光合效率

表观遗传变异可极大的丰富生物的遗传和表型多样性。尽管表观遗传的变异率远远高于遗传变异，但目前天然表观遗传位点的发现还十分有限。

本课题组与中国水稻研究所胡培松课题组合作鉴定了一个编码水稻腺苷激酶基因 *OsAK1* (*Os08g01770*) 的天然表观遗传变体 *Epi-ak1*。该突变体的嫩叶和花中呈现缺陷的叶绿体结构进而导致这两个组织白化。*Epi-ak1* 的白化表型并不是由 *OsAK1* 基因本身序列变异造成的，而是由基因启动子区发生过量的甲基化修饰进而使得该基因沉默造成的。进一步研究表明，*OsAK1* 定位于叶绿体中，且许多叶绿体合成相关基因的表达在 *Epi-ak1* 中下调。因此，该工作鉴定了一个由甲基化变异引起的水稻表观遗传变体，阐明了 DNA 甲基化在水稻生长发育中的重要调控作用。本研究结果发表于 *Journal of Integrative Plant Biology*。

##### 1. An epiallele of rice *AK1* affects photosynthetic capacity

Epigenetic gene variants, termed epialleles, can broaden genetic and phenotypic diversity in eukaryotes. Although the natural mutation rate of epigenetic is far more than that of genetic, there are very few known cases of natural epialleles.

Here, we collaborating with Peisong Hu's group at China National Rice Research Institute identify a natural epiallele of *OsAK1*, which encodes a rice adenylate kinase. The *Epi-ak1* plants show albino in young leaf and panicle with abnormal chloroplast structures. We found that no nucleotide sequence variation but hypermethylation at promoter region caused silencing of *OsAK1* (*Os08g01770*) in *Epi-ak1* plants. *OsAK1* localizes to chloroplast and many genes associated with photosynthesis processes

were downregulated in *Epi-ak1*. Thus, the work identified a novel rice epiallele caused by DNA methylation changes, shedding light on significant roles of DNA methylation on rice development. This work was published in *Journal of Integrative Plant Biology*.

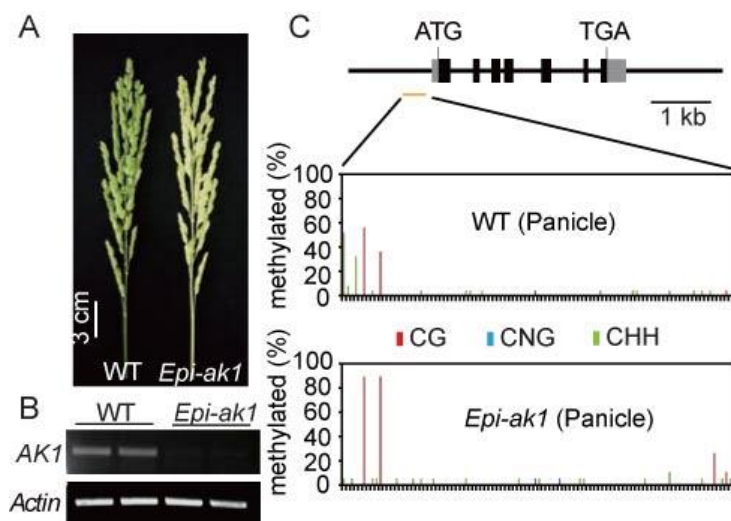


图 1. 鉴定水稻天然表观遗传变体 *Epi-ak1*。

(A) 水稻 *epi-ak1* 突变体呈现白化的表型；(B) 该突变体表达量显著下调；(C) 突变体 *AK1* 基因的启动子区发生 DNA 高甲基化变异。

Figure 1. Characterization and molecular mechanism of rice *Epi-ak1* mutant.

(A) The *Epi-ak1* plants show albino in panicle; (B) The *Epi-ak1* plants show decreased expression level in *AK1*; (C) The *Epi-ak1* plants show hypermethylation at promoter of *AK1*.

## 2. KDM5 亚家族组蛋白去甲基化酶 JMJ14 的底物识别机制

组蛋白修饰在生物体生长发育过程中发挥着至关重要的作用，它与基因沉默，基因激活，肿瘤生成，染色体形态建成以及遗传物质修复等生物学问题密切相关。对其分子机制的研究为我们探索生命本质以及开发相应的靶点药物提供了理论依据。含有 jumonji 结构域的组蛋白去甲基化酶具有多种功能，并分为几个不同的亚家族。人源的含有 jumonji 结构域的组蛋白去甲基化酶 KDM5/JARID 亚家族蛋白特异性的去处组蛋白 H3 第 4 位赖氨酸三甲基化修饰 (H3K4me3)，促进肿瘤生成及产生耐药性，因而是重要的抗癌药物靶标。拟南芥 JMJ14 从序列分析上属于 KDM5 亚家族，具有调控开花、RNA 介导的基因沉默以及 DNA 甲基化等重要

的生理过程。但是不管是植物还是动物中KDM5亚家族去甲基化酶的底物识别机制一直不清楚。

本课题组与中科院上海生科院植物逆境中心杜嘉木课题组合作,利用结构生物学、生物化学和细胞生物学等手段揭示了 KDM5 亚家族组蛋白去甲基化酶的底物识别机制。我们利用 X 射线晶体衍射的方法解析了 JMJ14 处于 apo 状态和底物复合物状态的结构。JMJ14 中 jumonji 以及 C5HC2 结构域上的 3 个酸性氨基酸与组蛋白小肽上 H3R2 和 H3Q5 发生了大量的氢键以及盐键的相互作用,形成特异性识别。将这几个酸性氨基酸突变之后,无论是 JMJ14 还是人源 KDM5B,其体内酶活均显著下降,暗示它们采用了相似的底物识别机制。该项工作不仅解析了以 JMJ14 为代表的 KDM5 亚家族 H3K4me3 去甲基化酶的去甲基化机制,还为以人源 KDM5 为靶标的抗癌药物开发提供了理论基础。本研究结果发表于国际著名杂志 *The Plants Cell*。

## **2. Structure of the Arabidopsis JMJ14-H3K4me3 complex provides insight into the substrate specificity of KDM5 subfamily histone demethylases**

Histone modifications represent a pivotal epigenetic regulatory pathway that plays essential roles in various eukaryotic biological processes, which affect gene silencing and activation, tumorigenesis, chromatin state and DNA repair. The mechanism analysis of histone modification will provide theoretical basis for exploring the nature of life and developing drug-targets. The jumonji domain-containing histone demethylases have diverse functions and can be classified into several subfamilies. In humans, the jumonji domain-containing Lysine (K)-Specific Demethylase 5/Jumonji and ARID Domain Protein (KDM5/JARID) subfamily demethylases are specific for histone 3 lysine 4 trimethylation (H3K4me3) and are important drug targets for cancer treatment. In *Arabidopsis thaliana*, the KDM5/JARID subfamily H3K4me3 demethylase JUMONJI 14 (JMJ14) plays important roles in flowering, gene silencing, and DNA methylation. However, how KDM5/JARID subfamily histone demethylases recognize their substrates remain unknown.

We and Jiamu Du's group from Shanghai Center for Plant Stress Biology (PSC)

reported the substrate recognition mechanism for KDM5 subfamily demethylase by structural biology, biochemistry and cytobiology. We analyzed the crystal structures of the JMJ14 catalytic domain in both substrate-free and bound forms by X-ray crystallography. The structures reveal that the jumonji and C5HC2 domains contribute to the specific recognition of the H3R2 and H3Q5 to facilitate H3K4me3 substrate specificity. The critical acidic residues are conserved in plants and animals with the corresponding mutations impairing the enzyme activity of both JMJ14 and human KDM5B, indicating a common substrate recognition mechanism for KDM5 subfamily demethylases shared by plants and animals and further informing efforts to design targeted inhibitors of human KDM5. This work was published on *The Plants Cell*.

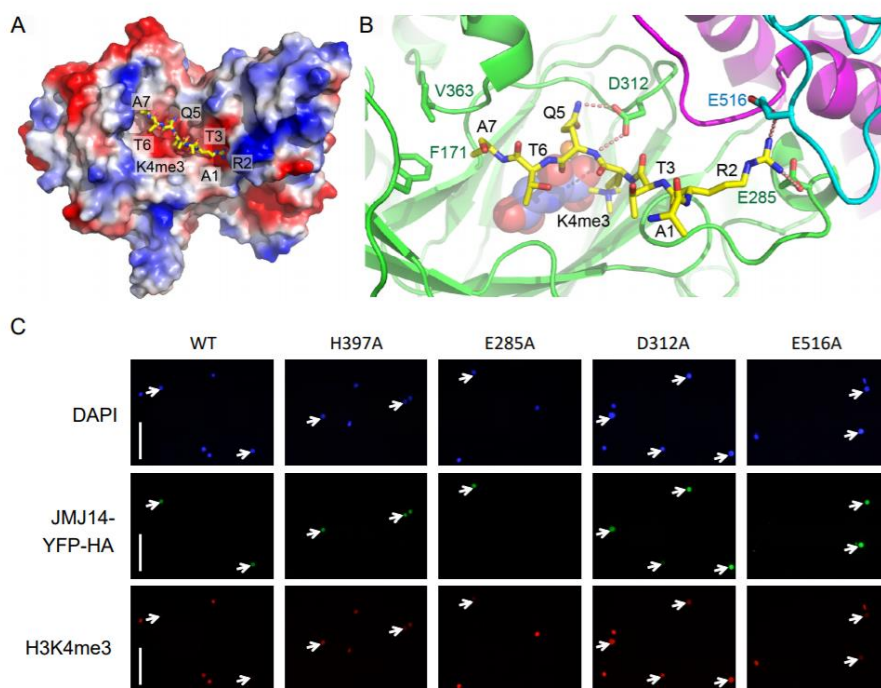


图2. JMJ14特异识别并催化组蛋白H3K4me3的分子机制。

(A) JMJ14催化结构域的表面电荷分布和组蛋白H3K4me3（棒状模型展示）的嵌入位置；

(B) JMJ14特异识别组蛋白H3第2位精氨酸，第5位谷氨酰胺和第7位丙氨酸；

(C) 参与底物识别的氨基酸残基突变导致JMJ14在植物体内去甲基化活性下降。

Figure 2. Interactions between JMJ14 and H3K4me3 peptide.

(A) An electrostatics surface view of JMJ14CD with the H3K4me3 peptide shown in stick representation.

(B) The specific recognition of H3R2, H3Q5 and H3A7 by JMJ14.

(C) Mutations of *JMJ14-pEG10I* reduced its demethylase activity of H3K4me3 *in vivo*.

### 3. miR528 参与调控水稻条纹叶枯病抗性

水稻条纹叶枯病(RSV)是严重威胁水稻产量的重要病害, RSV 抗性是水稻育种需要考虑的重要指标之一。miRNA 在植物与病原微生物之间的相互作用过程中发挥着重要的调节作用。通常成熟的 miRNA 会进入 AGO 蛋白组成的剪切复合体(RISC), 通过指导靶 mRNA 的剪切或抑制蛋白质翻译而负调控基因表达。之前的研究表明水稻 AGO18 蛋白能够特异性结合 miRNA 成员, 参与到 RSV 的抗性反应过程。但 AGO18 并不具有 mRNA 剪切功能, 因此, AGO18 如何通过结合特异 miRNA 影响下游靶 mRNA 表达, 进而调控水稻抗 RSV 的机制尚不清楚。

本课题组与北京大学生命科学院李毅教授课题组合作, 运用分子生物学、遗传学以及生物信息学等手段, 发现了一个单子叶植物所特有的、受RSV感染抑制的水稻负调控因子miR528。我们还发现水稻AGO18能够与AGO1竞争性结合miR528, 从而抑制miR528进入由AGO1组成的RISC剪切复合体, 并进而释放miR528的靶mRNA AO, 而抗坏血酸氧化酶AO能够通过调节植物体内的氧化还原稳态, 促进植物体内活性氧(ROS)的积累进而启动下游的抗病毒通路。这一研究揭示了miR528及其调控的靶基因在水稻与病毒相互作用过程中的抗病机制, 为今后在水稻育种中选育RSV抗性好的水稻品种提供理论基础。本研究结果发表于国际著名杂志*Nature Plants*。

### 3. miR528 involved in a new RSV defense mechanism in rice

Rice stripe virus (RSV) is one of the most destructive pathogens for rice production. RSV has been responsible for numerous epidemics since it was first identified in Japan in 1897. Elucidating the mechanisms of anti-RSV defense in rice will help to control viral epidemics and guarantee food security. Over the past decade, microRNAs (miRNAs) have been identified as key players in plant-microbe interactions. miRNAs are incorporated into AGO1-containing RISCs (RNA-induced silencing complexes) to promote slicing or translational repression of target transcripts. It was reported that some miRNAs are specifically sequestered by AGO18 in RSV infected rice. Therefore, understanding the roles that miRNAs and AGO18

play in anti-RSV defense and manipulating the molecular mechanisms are indispensable for engineering virus-resistant crops.

We and Yi Li's group at Peking University (PKU) illustrated the underlying mechanism of miR528 and AGO18 regulatory cascade in antiviral defense. We found that miR528, a monocot-specific miRNA, negatively regulates viral resistance in rice through association with AGO1-containing RISCs and cleaving *L-ascorbate oxidase (AO)* messenger RNA, thereby reducing AO-mediated accumulation of reactive oxygen species. We found that miR528 could be specifically recruited by AGO18 after RSV infection. Intriguingly, AGO18 is a decoy AGO protein and is incapable of slicing target transcripts. We showed that AGO18 plays roles by competing with AGO1 for miR528, and releasing miR528 target from slicing or translational repression. In summary, upon viral infection, miR528 is preferentially sequestered by cleavage-defective AGO18, leading to elevated AO activity, higher basal reactive oxygen species accumulation and enhanced antiviral defense. This study unearthed a mechanism in which antiviral defense is boosted through suppression of a miRNA that negatively regulates viral resistance. This work was published on *Nature Plants*.

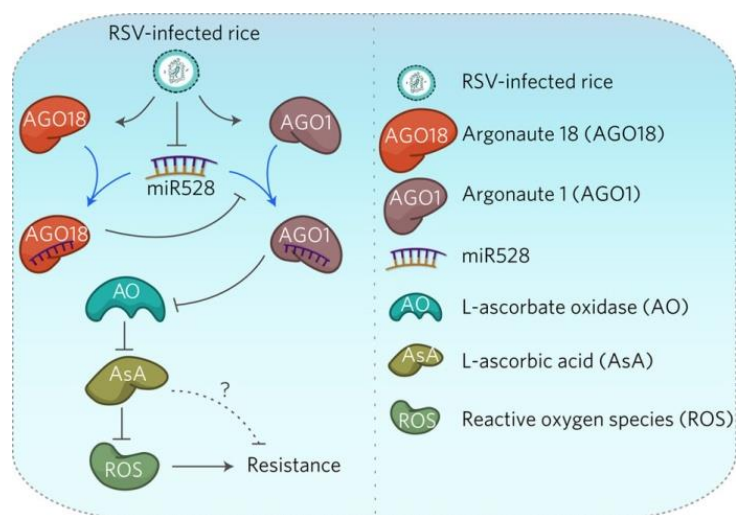


图 3. 水稻 miR528 和 AGO18 调控通路模式图。AGO18 竞争性结合 miR528，抑制释放 miR528 靶 mRNA AO，从而影响水稻体内 ROS 积累，进而调节水稻抗病反应。

Figure 3. The miR528 and AGO18 regulatory cascade. In rice infected with RSV, miR528 is suppressed by AGO18, leading to the release of AO and higher basal ROS.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Song, X., and Cao, X.\* (2017). Context and complexity: analyzing methylation in trinucleotide sequences. *Trends Plant Sci* 22: 351-353.
2. Deng, X., and Cao, X.\* (2017). Roles of pre-mRNA splicing and polyadenylation in plant development. *Curr Opin Plant Biol* 35: 45-53.
3. Song, X., and Cao, X.\* (2017). Transposon-mediated epigenetic regulation contributes to phenotypic diversity and environmental adaptation in rice. *Curr Opin Plant Biol* 36: 111-118.
4. Wu, J.#, Yang, R.#, Yang, Z.#, Yao, S., Zhao, S., Wang, Y., Li, P., Song, X., Jin, L., Zhou, T., Lan, Y., Xie, L., Zhou, X., Chu, C., Qi, Y., Cao, X.\*, and Li, Y.\* (2017). ROS accumulation and antiviral defence control by microRNA528 in rice. *Nat Plants* 3: 16203.
5. Yang, Z., Qiu, Q., Chen, W., Jia, B., Chen, X., Hu, H., He, K., Deng, X., Li, S., Tao, W., Cao, X.\*, and Du, J.\* (2017). Structure of Arabidopsis JMJ14-H3K4me3 complex provides insight into the substrate specificity of KDM5 subfamily histone demethylase. *Plant Cell*.
6. Wei, X.#, Song, X.#, Wei, L.#, Tang, S., Sun, J., Hu, P.\*, and Cao, X.\* (2017). An epiallele of rice *AK1* affects photosynthetic capacity. *J Integr Plant Biol* 59: 158-163.
7. Hu, J.#, Yang, H.#, Mu, J., Lu, T., Peng, J., Deng, X., Kong, Z., Bao, S., Cao, X., and Zuo, J.\* (2017). Nitric oxide regulates protein methylation during stress responses in plants. *Mol Cell* 67: 702-710.
8. Wang, P., Cui, X., Zhao, C., Shi, L., Zhang, G., Sun, F., Cao, X., Yuan, L., Xie, Q., and Xu, X.\* (2017). COR27 and COR28 encode nighttime repressors integrating *Arabidopsis* circadian clock and cold response. *J Integr Plant Biol* 59: 78-85.
9. Ma, X., Liu, C., Gu, L., Mo, B., Cao, X., and Chen, X.\* (2017). TarHunter, a tool for predicting conserved microRNA targets and target mimics in plants. *Bioinformatics* 1-3.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

曹晓风（课题组长）、刘春艳、宋显伟、邓 嫻、赵庆华、孙 婧

#### 在读研究生

邓洪婧、晏 斌、王 震、司福艳、杨 超、何凯璇、产金竹、李 吉

唐善杰、苑笑阳

#### 博士后

郝 强、于泳涛、侯毅枫、梅海亮、李 辉、王 东祥

## 植物比较基因组学与基因组进化（陈明生课题组）

### Plant Comparative Genomics and Genome Evolution

(Professor Mingsheng Chen)

#### （一）研究进展

##### PhasiRNA 在稻属基因组中的比较与进化研究

小分子 RNA 在植物生长发育过程中发挥着重要调控作用，是功能基因组学的重要研究对象。其中，phasiRNA 是一类需要 miRNA 诱导，并被 Dicer-like 蛋白连续切割成具有相位分布特征的小 RNA。禾本科植物生殖发育阶段的幼穗中大量表达 phasiRNA，其主要来自于基因间区，包括 21 nt 和 24 nt 两种类型，分别被 miR2118 和 miR2275 诱导，产生 phasiRNA 的位点称为 PHAS 位点。phasiRNA 合成途径一些关键基因的突变会造成禾本科植物雄性不育，水稻中一些 PHAS 位点甚至与光敏雄性不育这一重要性状相关。然而，phasiRNA 以何种方式发挥功能，是否有明确的靶位点，以及在雄性生殖发育过程中扮演何种角色依然未知。因此，我们在稻属基因组中开展了 phasiRNA 的比较和进化研究。

稻属是比较基因组学与进化基因组学研究的模式系统，其丰富的基因组学资源对于深入研究 PHAS 位点的基因组特征和进化规律提供了很好的数据基础。本项目以稻属内具有明确进化关系的 5 个种为对象，包括 AA 组的水稻(*Oryza sativa* L.)、普通野生稻(*Oryza rufipogon*)和非洲栽培稻(*Oryza glaberrima*)，BB 组的斑点野生稻(*Oryza punctata*)以及 FF 组的短花药野生稻(*Oryza brachyantha*)，分别对其生殖发育阶段的幼穗进行了高通量的小 RNA 和降解组测序。此外，结合已有的水稻多组学数据，对 trigger miRNA、PHAS 位点以及产生的 phasiRNA 展开了系统的比较分析，并对 phasiRNA 的靶位点以及可能的功能进行了探讨。

首先，针对 trigger miRNA，研究发现 miR2118 和 miR2275 在禾本科物种中发生了扩张与分化，miRNA 成熟序列多样性高。miR2118 和 miR2275 在基因和基因间区均存在大量靶位点，其中 miR2118 如双子叶植物中的报道一样，也作用于 *NB-LRR* 抗病基因。但是，trigger miRNA 偏向于诱导非编码 RNA 产生 phasiRNA，对大部分编码基因位点只发生剪切，而不产生明显的 phasiRNA。其

次,针对 PHAS 位点,本研究在稻属 5 个物种中鉴定了大量的 21-PHAS 和 24-PHAS 位点,发现两者在转座子比例、分布位置、序列 GC 组成、保守性以及 DNA 甲基化修饰均存在差异。同一 PHAS 中,phasiRNA 含量存在明显的不均等,并且与其序列 GC 组成有关。PHAS 位于基因组的高突变区,序列不保守但位置保守,遵循识别位点偏向的进化选择模式。此外,PHAS 位点的扩张主要通过局部区域的串联重复形成。再次,对于 phasiRNA 的功能研究发现,具有 5“U”的 21-phasiRNA 倾向于具有靶基因剪切功能,并且主要以顺式方式作用于 PHAS 区域,但其功能位点大多是新近形成的,保守性较弱;24-phasiRNA 可能在其自身区域介导 RdDM。另外,本研究新发现 miR2118 可以通过其反义转录本产生的 phasiRNA 对自身形成反馈调节,对 phasiRNA 的合成进行精确调控。总之,这些结果部分揭示了 phasiRNA 的功能方式,而且 PHAS 的进化特征能够反映其功能特征,因而对于理解生殖阶段 phasiRNA 的产生规律以及生物学意义具有重要启示。

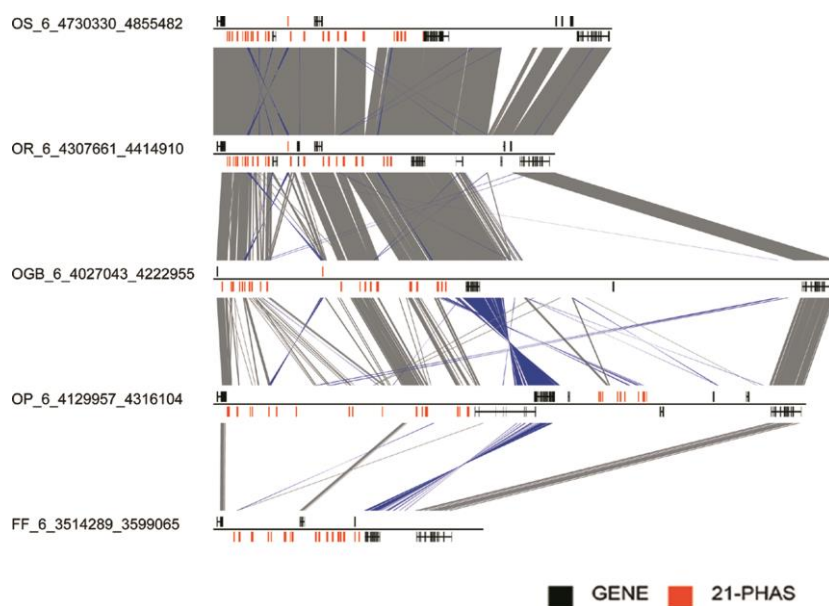


图 1. 五个稻属基因组共线区域内 21-PHAS 的分布表明 PHAS 位点的序列不保守,但位置和编码方向保守。

Figure1. An example shown the distribution of 21-PHAS clusters in the syntenic position of five *Oryza* genomes, indicating that the sequence of PHAS was not conserved, but the position and transcription direction of PHAS were consistent between different species.

### Comparative and evolutionary analysis of phasiRNAs in the *Oryza* genomes

Small RNAs (smRNAs), which play critical roles in plant development, are star

molecules in functional genomics. Among them, the production of the phased, secondary, small interfering RNAs (phasiRNAs) was initiated by miRNA targeting with successive slicing by Dicer-like proteins starting at the miRNA trigger site, which rendered them in phase. In grasses, phasiRNAs were largely expressed in developing young panicles. Most of them were derived from intergenic non-coding regions. There were two types of them, the 21 nt and 24 nt phasiRNAs, which were triggered by miR2118 and miR2275, respectively. The regions producing phasiRNAs were named as PHAS loci. It was reported that some mutants in the phasiRNA processing pathway could lead to severe failure of male fertility in grasses, and some PHAS loci were related with photoperiod-sensitive male sterility, indicating important function of phasiRNAs in the regulation of yield traits. However, many questions remained unanswered. For example, how do phasiRNAs work? Do phasiRNAs have any target? What are the functions of phasiRNAs in male reproductive development? To get an in-depth knowledge of PHAS loci and to illustrate the possible functions of phasiRNAs, a comprehensive analysis of the genomic characteristics, expression properties, and most importantly, the evolutionary patterns, is needed.

The genus *Oryza* is a model system for comparative and evolutionary genomics studies. The rich genomic resources in *Oryza* provide us an opportunity in the research of PHAS loci. Here, we selected five *Oryza* species with clear phylogenetic relationships for data analysis, including *Oryza sativa* L., *Oryza rufipogon* and *Oryza glaberrima* with the AA genome type, *Oryza punctata* with the BB genome type, and *Oryza brachyantha* with the FF genome type. With high-depth smRNA and degradome sequencing derived from young panicles, in addition to public genomic resources, we performed detailed comparative analysis of the trigger miRNAs, the PHAS loci and phasiRNAs in the five *Oryza* species. In addition, the potential targets of phasiRNAs and their possible function were also investigated.

For these triggers, both miR2118 and miR2275 have many copies in grass species, and the mature miRNAs produced are diversified. The trigger miRNAs targeted both genic and intergenic regions, including the regulation of miR2118 on *NB-LRR* genes, as previously reported in dicots. However, we noticed that trigger miRNAs preferred to

induce non-coding transcripts into phasiRNA processing rather than the mRNAs of genes. For the PHAS loci, large numbers of 21-PHAS and 24-PHAS were accurately identified in the five species. Significant differences of the two types were detected in the ratio of transposon occupancy, genomic distribution, GC contents, sequence conservation and DNA methylation levels. We noticed that the quantities of phasiRNAs produced in the same PHAS locus were uneven and related with their GC composition. PHAS loci were found to be located in the highly variable regions in the genome. However, the trigger sites of PHAS loci were conserved, emerging as a trigger-site biased selection pattern in the PHAS loci. PHAS loci were expanded mostly by tandem duplications. In addition, we found that 21-phasiRNAs with 5' "U" tend to induce stable target cleavage, mostly in *cis*; 24-phasiRNAs might mediate RdDM. Interestingly, we found a conserved feedback regulation mechanism for miR2118 in *Oryza*, which might regulate phasiRNA processing by controlling miR2118 expression. In summary, these results partially explained the potential function of phasiRNAs, and illustrated that the function properties of phasiRNAs were consistent with their evolutionary patterns. These works might be helpful for understanding the biological significance of phasiRNA processing in male reproductive stages.

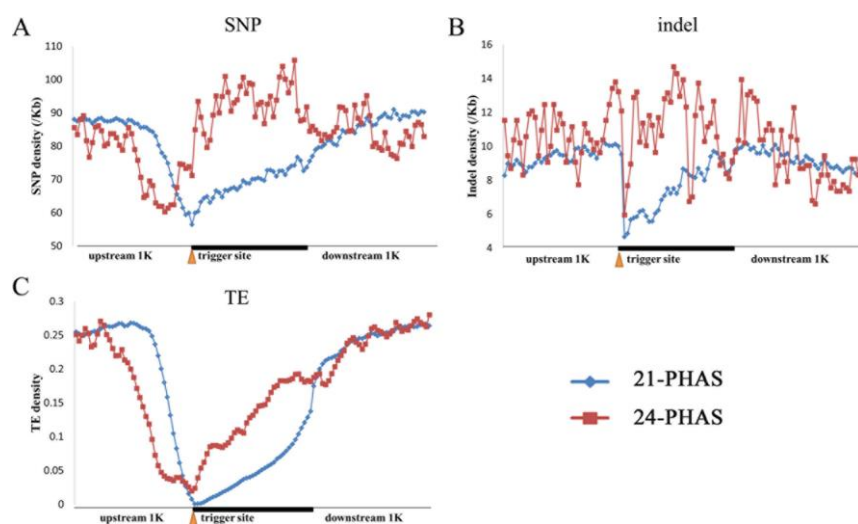


图 2. PHAS 区域识别位点偏向的保守模式。

Figure 2. Trigger site biased conservation pattern in PHAS loci.

## （二）研究队伍

### 固定人员

陈明生（课题组长）、刘铁燕、石金锋、李 博

### 在读研究生

杨 群、刘 阳、孙艳玲

### 毕业研究生

田 鹏

## 高等植物发育与转录组学（焦雨铃课题组）

### Higher Plants Development and Genomics

(Professor Yuling Jiao)

#### （一）研究进展

##### 利用转录组关联分析发现小麦穗型调控的关键因子

小麦穗型和穗粒数是决定单株产量的重要因素，也是小麦遗传育种中重点关注的农艺性状。然而，异源六倍体小麦基因组庞大复杂，且转化困难，极大增加了小麦穗型研究的难度。相比于水稻、玉米、大麦等作物，我们在分子水平对于小麦穗型调控的了解相对空白。利用我国小麦微核心种质，本课题组通过转录组关联分析和基因共表达网络分析的策略研究了幼穗发育的基因表达调控网络，并验证了其中的关键因子在穗粒数调控中的作用。转录组分析得到了多个与穗粒数相关的核心共表达模块。本课题组对其中10个基因进行了过表达分析，发现过表达基因*TaTFL1*可以延长幼穗分化时间，增加小穗数、小花数和穗粒数（如下图）；过表达基因*TaPAP2*、*TaVRS1*可以分别缩短幼穗分化时间，减少小穗数、小花数和穗粒数。以上研究结果为我们进一步解析小麦穗发育的遗传调控提供了一定的理论基础。

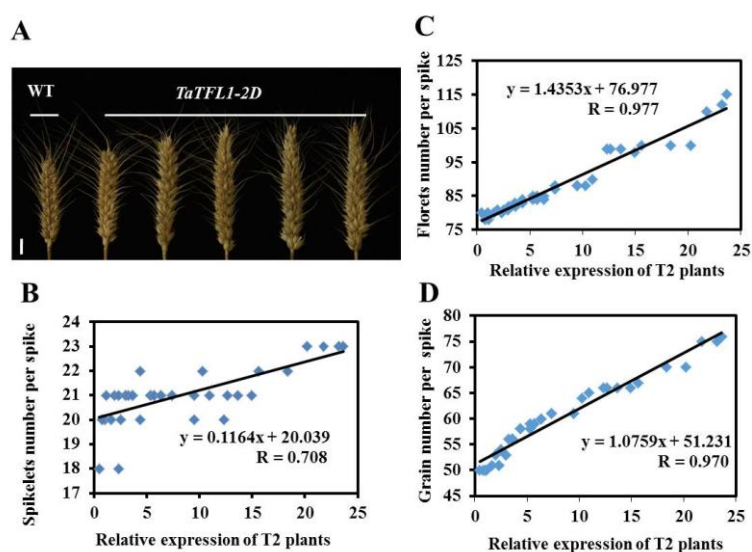


图 1. *TaTFL1-2D* 超表达系穗型变化。(A) 野生型(WT)科农 199 与超表达系穗型差异比较。(B) 超表达系 *TaTFL1-2D* 基因表达量与每穗小穗数相关性分析。(C) 超表达系 *TaTFL1-2D*

基因表达量与每穗小花数相关性分析。(D) 超表达系 *TaTFL1-2D* 基因表达量与每穗穗粒数相关性分析。

Figure. 1 Functional validation of *TaTFL1-2D* in the transgenic KN199 wheat line. (A) Comparison of the spike complexity of KN199 and T<sub>2</sub> transgenic *TaTFL1-2D* wheat plants. Scale bars, 1 cm. Positive correlation between spikelet number (B), floret number (C), and grain number (D) per main spike and *TaTFL1* expression levels in T<sub>2</sub> transgenic plants.

### Transcriptome association identifies regulators of wheat spike architecture

The architecture of wheat inflorescence (spike) and its complexity is among the most important agronomic traits that influence yield. The common wheat genome is approximately 17 gigabases in size and consists of three sets of subgenomes (A, B and D) derived from closely related species. Thus, the isolation of key genes that control spike architecture in wheat using conventional approaches is extremely challenging. Using a population associative transcriptomic approach, we analyzed the transcriptomes of developing spikes in 90 wheat lines comprising 74 landrace and 16 elite varieties, and correlated expression with variations in spike complexity traits. In combination with coexpression network analysis, we inferred the identities of genes related to spike complexity. Importantly, further experimental studies identified regulatory genes whose expression is associated with, and influences spike complexity. The results laid a solid foundation for further analysis of wheat spike complexity.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Qi, J.#, Wu, B.#, Feng, S.#, Lü, S., Guan, C., Zhang, X., Qiu, D., Hu, Y., Zhou, Y., Li, C., Long, M.\*, and Jiao, Y.\* (2017). Mechanical regulation of organ asymmetry in leaves. *Nat Plants* 3: 724-733.

2. Guan, C., Wu, B., Yu, T., Wang, Q., Krogan, T., Liu, X., and Jiao, Y.\* (2017). Spatial auxin signaling controls leaf flattening in *Arabidopsis*. *Curr Biol* 27: 2940-2950.
3. Wang, J., Tian, C., Zhang, C., Shi, B., Cao, X., Zhang, T., Zhao, Z., Wang, J., and Jiao, Y.\* (2017). Cytokinin signaling activates *WUSCHEL* expression during axillary meristem initiation. *Plant Cell* 29: 1374-7387.
4. Wang, Y.#, Yu, H.#, Tian, C., Sajjad, M., Gao, C., Tong, Y., Wang, X.\*, and Jiao, Y.\* (2017). Transcriptome association identifies regulators of wheat spike architecture. *Plant Physiol* 175: 746-757.
5. Han, Y.#, Chu, X.#, Yu, H., Ma, Y., Wang, X., Qian, W.\*, and Jiao, Y.\* (2017). Single-cell transcriptome analysis reveals widespread monoallelic gene expression in individual rice mesophyll cells. *Sci Bull* 62: 1304-1314.
6. Yu, T.#, Guan, C.#\*, Wang, J., Sajjad, M., Ma, L.\*, and Jiao, Y.\* (2017). Dynamic patterns of gene expression during leaf initiation. *J Genet Genomics* 44: 599-601.
7. Zhang, T., Lian, H., Zhou, C., Xu, L., Jiao, Y., and Wang, J.\* (2017). A two-step model for *de novo* activation of *WUSCHEL* during plant shoot regeneration. *Plant Cell* 29: 1073-1087.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

焦雨铃（课题组长）、田彩环、关春梅、王 健、王元格

#### 在读研究生

吴彬彬、王清清、熊圆圆、Muhammad Sajjad、曹秀卫、徐梦雪、杜青伟  
郜嘉颖、刘中帅、王泓力

#### 毕业研究生

叶佩仪

#### 博士后

王元格（已出站）、邢界文、张 玮、葛艳花、杜 斐

## 转录翻译调控与细胞异质性（钱文峰课题组）

### Gene Expression Regulation and Cell Heterogeneity

(Professor Wenfeng Qian)

#### （一）研究进展

##### 单细胞转录组学研究揭示植物中存在着广泛的单等位基因表达

单等位基因表达(monoallelic gene expression)是指在二倍体生物的细胞中一个基因的全部转录本均来自一个等位基因的现象。群体水平的细胞表达谱分析(bulk analysis)表明,印记效应与等位基因间的相互抑制作用是产生单等位基因表达的两种可能的机制。由于群体水平的分析可能低估了单细胞内单等位基因表达的普遍程度,单细胞水平的研究可以更加全面地揭示细胞内的单等位基因表达现象。我们与焦雨铃研究组合作,以水稻叶肉细胞为对象,揭示了植物中存在广泛的单等位基因表达。我们将单细胞转录组的测定技术(single-cell RNA-seq)应用于植物细胞,并成功获得了两个水稻亚种(93-11 和 Nipponbare)及其正反交后代(F1)的叶肉细胞的单细胞表达谱。我们利用 93-11 和 Nipponbare 亚种之间的单核苷酸多态性估计出 F1 细胞中两个等位基因的表达量。通过比较等位基因的表达量,定义出细胞中单等位基因表达的基因。结果表明,单个细胞中约三分之二的基因是单等位基因表达的。进一步研究发现,等位基因表达的独立性和随机性能够很好地解释细胞中单等位基因表达的现象。该研究在单细胞水平上揭示了单等位基因表达现象的普遍性和可能的机制,为进一步研究细胞内基因表达调控规律奠定了基础。

##### Single-cell transcriptome analysis reveals widespread monoallelic gene expression in plants

Monoallelic gene expression refers to the phenomenon that all transcripts of a gene in a cell are expressed from only one of the two alleles in a diploid organism. Based on the observations in bulk transcriptome analyses, two possible molecular mechanisms, parent-of-origin effects and allelic repression, have been proposed to

cause monoallelic gene expression. Because monoallelic gene expression in individual cells may not always be observed in bulk transcriptome analyses, single-cell transcriptome analyses can significantly promote our understanding on monoallelic gene expression. Collaborating with Jiao Lab at IGDB, we reported widespread monoallelic gene expression in plant cells. We applied a single-cell RNA-seq protocol to rice mesophyll cells in *indica* (93-11) and *japonica* (Nipponbare) inbred lines, as well as their F1 reciprocal hybrids. We estimated allelic expression levels in individual cells based on SNPs between 93-11 and Nipponbare. By comparing the expression level between two alleles, we defined genes exhibiting monoallelic expression in individual cells. Surprisingly, ~68% of expressed genes were monoallelically expressed in individual rice mesophyll cells. We further found that stochastic and independent transcription of two alleles could largely explain the observed pattern of monoallelic expression. Taken together, the development of a single-cell RNA-seq protocol in this study offers us an excellent opportunity to investigate the origins and prevalence of monoallelic gene expression in plant cells.

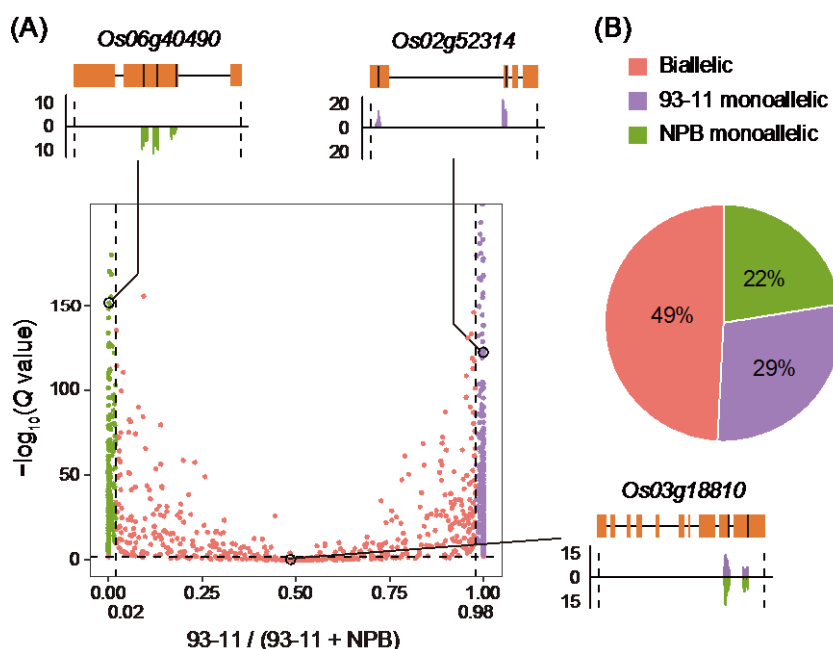


图 1. 以一个单细胞为例，展示水稻叶肉细胞广泛存在的单等位基因表达的现象。(A) 等位基因表达状态的分布。每个点代表一个基因，横坐标显示等位基因的表达比例，纵坐标显示二项检验的  $Q$  值，颜色显示等位基因的表达状态。(B) 展示这个细胞里所有基因汇总的饼

图。

Figure 1. Allelic expression patterns in single cells. (A) Volcano plot shows the allelic expression patterns in one 93-11 × NPB cell. Expressed genes were classified as monoallelic when two criteria were met: (1) at least 98% SNP-covering reads were expressed from one allele (beyond the vertical dashed lines), and (2)  $Q$  value  $< 0.001$  (above the horizontal dashed line). Three genes with 93-11 monoallelic (*Os02g52314*), NPB monoallelic (*Os06g40490*) and biallelic (*Os03g18810*) expression are shown as examples. Black vertical lines in gene models stand for the positions of SNPs. (B) A pie chart shows the proportions of 93-11 monoallelic, NPB monoallelic and biallelic genes among expressed genes in the same cell.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Yang, Y.#, Zhang, X.#, Ma, X.#, Zhao, T.#, Sun, Q., Huan, Q., Wu, S., Du, Z.\*, and Qian, W.\* (2017). *Trans*-splicing enhances translational efficiency in *C. elegans*. *Genome Res* 27: 1525-1535.
2. Chen, S., Li, K., Cao, W., Wang, J., Zhao, T., Huan, Q., Yang, Y., Wu, S., and Qian, W.\* (2017). Codon-resolution analysis reveals a direct and context-dependent impact of individual synonymous mutations on mRNA level. *Mol Biol Evol* 34: 2944-2958.
3. Yang, Y.#, Cao, W.#, Wu, S., and Qian, W.\* (2017). Genetic interaction network as an important determinant of gene order in genome evolution. *Mol Biol Evol* 34: 3254-3266.
4. Wu, S.#\*, Li, K.#, Li, Y., Zhao, T., Li, T., Yang, Y., and Qian, W.\* (2017). Independent regulation of gene expression level and noise by histone modifications. *PLoS Comput Biol* 13: e1005585.
5. Han, Y.#, Chu, X.#, Yu, H., Ma, Y., Wang, X., Qian, W.\*, and Jiao, Y.\* (2017). Single-cell transcriptome analysis reveals widespread monoallelic gene expression in individual rice mesophyll cells. *Sci Bull* 62: 1304-1314.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

钱文峰（课题组长）、郇 庆、李轲

#### 在读研究生

陈思羽、楚 霄、吴少欢、曹文清、段朝瑞、王 嘉、陈 瑛、张宇亮、陈燕鸣  
单科家

#### 毕业研究生

张晓庆

#### 博士后

李 轲（已出站）、肇涛澜

## 植物功能代谢组学（王国栋课题组）

### Plant Functional Metabolomics

(Professor Guodong Wang)

#### （一）研究进展

##### 植物 NAD 补救合成途径解析和进化研究

NAD（尼克酰胺腺嘌呤二核苷酸）作为电子传递载体（辅酶）参与众多的氧化还原反应而为广大研究人员所熟知。在植物 NAD 补救合成途径中 (Preiss-Handler 途径), 特异性存在尼克酸(Nicotinate, NA)和多种 NA 的衍生物(糖基化, 甲基化等), 但迄今为止, 关于 NA 衍生物在植物代谢中的分子机制及其生理功能尚未有报道。

本课题组前期的研究表明 NA 的 *O*-位糖基化修饰可能保护植物细胞免受种子萌发过程中 NA 过度积累所造成的毒害, 而且 NAOGT 活性是在十字花科植物进化过程中才逐渐获得, NAOGT 活性的获得为植物适应环境提供选择优势。最近, 我们近期研究发现在拟南芥中一类新型的 *N*-甲基转移酶(NAMMT, At3g53140 编码)负责尼克酸 *N*-甲基化化合物 (又名葫芦巴碱) 的生成, 同时尼克酸 *N*-甲基化修饰是植物解毒 NA 的另外一种形式。全面的进化和生化分析结果表明, 这类新型的尼克酸 *N*-甲基转移酶的功能来自参与植物木质素生物合成途径的 COMT (咖啡酸 *O*-甲基转移酶) 基因的复制和功能分化。植物原始的 COMT 还保留微弱的 NAMMT 活性, 表明在植物漫长的进化过程中, NAMMT 活性的获得促成 Preiss-Handler 途径在陆生植物基因组得以保留的一个重要原因。

##### **A novel *N*-methyltransferase in Arabidopsis appears to feed a conserved pathway for nicotinate detoxification and is associated with lignin biosynthesis**

The Preiss-Handler pathway, which salvages nicotinate (NA) for NAD synthesis, is an indispensable biochemical pathway in land plants. Various NA conjugations (mainly methylation and glycosylation) have been detected, and have long been

proposed for NA detoxification in plants. Previously, we demonstrated that NA *O*-glucosylation functions as a mobilizable storage form for NAD biosynthesis in the Brassicaceae. However, little is known about the functions of other NA conjugations in plants. In this study, we firstly found that *N*-methylnicotinate is a ubiquitous NA conjugation in land plants. Further, we functionally identified a novel methyltransferase (At3g53140, NAMMT), which is mainly responsible for *N*-methylnicotinate formation, from Arabidopsis. We also established that trigonelline (Tg) is a detoxification form of endogenous NA in plants. Combined phylogenetic analysis and enzymatic assays revealed that NA *N*-methylation activity was likely derived from duplication and subfunctionalization of an ancestral caffeic acid *O*-methyltransferase (*COMT*) gene in the course of land plant evolution. *COMT* enzymes, which function in *S*-lignin biosynthesis, also have weak NAMMT activity. Our data suggest that NA detoxification conferred by NAMMT and *COMT* might have facilitated the retention of the Preiss-Handler pathway in land plants.

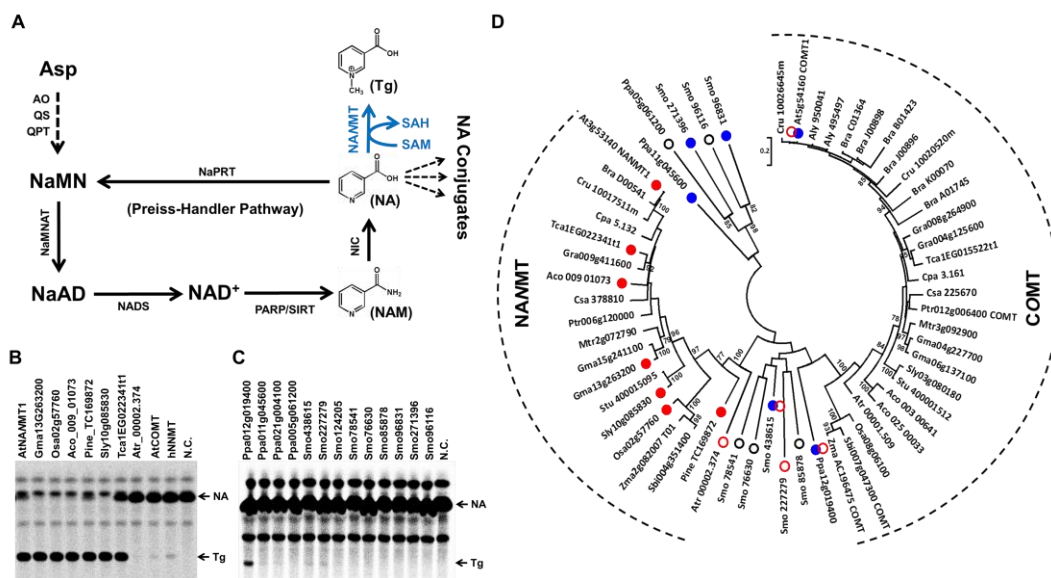


图1. 陆生植物NAMMT生化功能鉴定和进化轨迹分析。

Figure 1. Identification of plant NAMMTs and their evolutionary trajectory in plants.

## （二）研究成果

### 论文

1. Li, W., Zhang, F., Wu, R., Jia, L., Li, G., Guo, Y., Liu, C., and Wang, G.\* (2017). A novel *N*-methyltransferase in *Arabidopsis* appears to feed a conserved pathway for nicotinate detoxification among land plants and is associated with lignin biosynthesis. *Plant Physiol* 174: 1492-1504.
2. Fang, C.#, Ma, Y.#, Wu, S.#, Liu, Z., Wang, Z., Yang, R., Hu, G., Zhou, Z., Yu, H., Zhang, M., Pan, Y., Zhou, G., Ren, H., Du, W., Yan, H., Wang, Y., Han, D., Shen, Y., Liu, S., Liu, T., Zhang, J., Qin, H., Yuan, J., Yuan, X., Kong, F., Liu, B., Li, J., Zhang, Z.\*, Wang, G.\*, Zhu, B.\*, and Tian, Z.\* (2017). Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. *Genome Biol* 18: 161.
3. Shao, J.#, Chen, Q.#, Lv, H., He, J., Liu, Z., Lu, Y., Liu, H.\*, Wang, G.\*, and Wang, Y.\* (2017). (+)-Thalianatriene and (-)-retigeranin B catalyzed by sesterterpene synthases from *Arabidopsis thaliana*. *Org Lett* 19: 1816-1819.

### 专利

1. 王国栋；李好勋；覃浩；班兆男.  $\beta$ -苦味酸的制备方法及应用. 专利号 ZL 201410618186.7. 授权时间 2017.6.23.
2. 王国栋；李好勋；覃浩；班兆男. 用于制备  $\beta$ -苦味酸的基因及应用. 专利号 ZL 201410618189.0. 授权时间 2017.5.24.
3. 王国栋；李好勋；覃浩；班兆男. 用于制备  $\beta$ -苦味酸的蛋白及应用. 专利号 ZL 201410617367.8. 授权时间 2017.4.12.

## （三）研究队伍

### 固定人员

王国栋（课题组长）、张凤霞、覃浩、陈庆文

### 在读研究生

班兆男、苑佳、马丽雅、储丹妮、贺娟、刘志曦、马义花

刘玲云、王雪梅、赵培培

## 毕业研究生

陈庆文、胡重怡

## 博士后

吴世文（已出站）、吴然然、刘宝秀

## 植物非编码 RNA 的系统发现与功能研究（王秀杰课题组）

### Systematic Discovery and Functional Study on Plant Non-coding RNA

(Professor Xiujie Wang)

#### （一）研究进展

##### 长链非编码RNA调控水稻生殖发育

长链非编码RNA (long noncoding RNA, lncRNA)在动植物生长发育中发挥重要作用，其中部分lncRNA以模拟靶基因(target mimic)的形式与microRNA (miRNA)结合，使miRNA靶基因游离，从而负向调控miRNA功能。这种类型的lncRNA被称为eTM (endogenous Target Mimic)，而eTM的生物学功能研究相对较少。我们研究发现一个水稻eTM (osa-eTM160)在花发育早期高表达，并与miR160结合，抑制了miR160对靶基因ARF18的调控。过量表达eTM160导致水稻结实率显著降低，且种子明显减小。该研究阐释了osa-eTM160在水稻生殖发育中的重要作用，并提示以eTM形式发挥功能的植物lncRNA倾向于在特定的发育时期行使负向调控miRNA的功能。

植物中miRNA大都存在多个拷贝，常规的基因敲除不易实现。该研究鉴定得到的osa-eTM160能特异结合miR160，而且显著降低了miR160成熟体的表达量，造成miR160功能缺失。该类eTM可以作为miRNA或小分子RNA的负向调控元件，应用于miRNA或小分子RNA的功能研究或相关的基因工程育种。

##### **A long noncoding RNA involved in rice reproductive development by negatively regulating osa-miR160**

Long noncoding RNAs (lncRNAs) participate in the regulation of multiple biological processes via diverse manners, one of which is functioning as endogenous target mimics (eTMs) to modulate microRNAs (miRNAs) by competing for their targets. Previously, we have predicted one lncRNA (osa-eTM160) as an endogenous repressor of osa-miR160 and validated the target mimicry ability of osa-eTM160 for

ath-miR160 in *Arabidopsis thaliana*, yet the functions of *osa-eTM160* in rice remain obscure. Here, we demonstrated that *osa-eTM160* attenuated the repression of *osa-miR160* on *osa-ARF18* mRNAs during early anther developmental stages through the target mimicry manner, therefore to regulate rice seed setting and seed size. These findings revealed the roles of *osa-eTM160* in rice, and indicated that lncRNAs with eTM functions may serve as temporal regulators to modulate the effects of miRNAs at specific developmental stages.

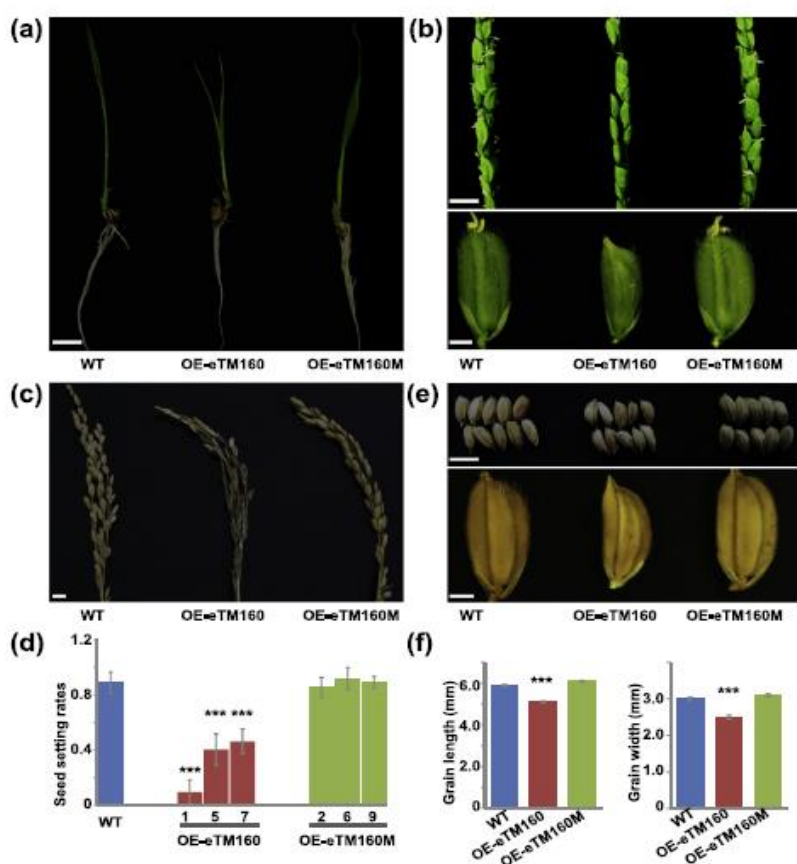


图 1. 过表达 *osa-eTM160* 和 *osa-eTM160M* 水稻表型分析。

Figure 1. (Color online) Phenotype analysis of rice overexpressing *osa-eTM160* and *osa-eTM160M*.

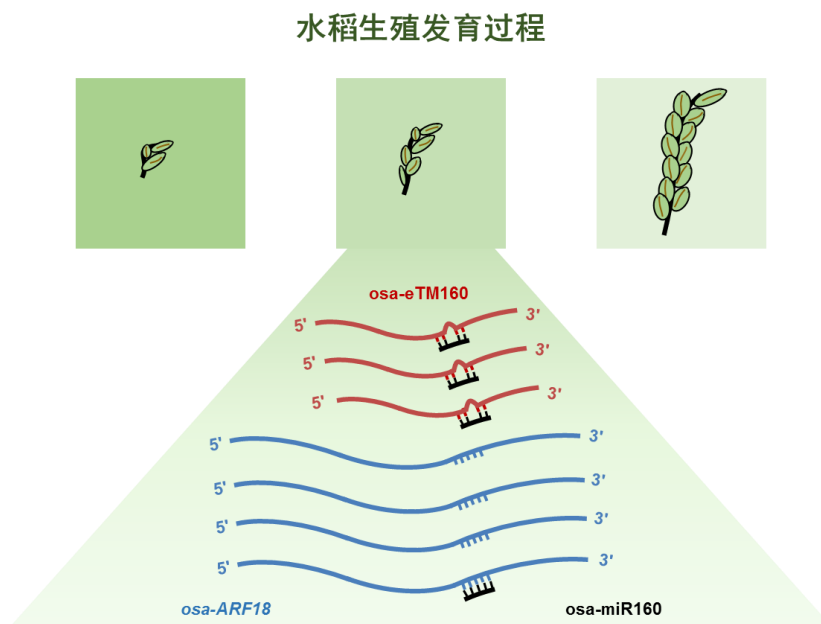


图 2. *osa-eTM160* 通过竞争性结合 *osa-miR160* 调控水稻的生殖发育。

Figure 2. *Osa-eTM160* regulates rice reproductive development via competitively binding with *osa-miR160*.

## （二）研究成果

### 论文

Wang, M.\*, Wu, H., Fang, J., Chu, C., and Wang, X.\* (2017). A long noncoding RNA involved in rice reproductive development by negatively regulating *osa-miR160*. *Sci Bull* 62: 470-475.

### 专利

周琪；王秀杰；顾奇；郝捷；韩伟方；刘鑫；王磊；王柳. 一种诱导多能干细胞的培养基及其用途. 专利号 ZL 201410394740.8. 授权时间 2017.5.31.

## （三）研究队伍

### 固定人员

王秀杰（课题组长）、王 猛、刘 鑫、佟 曼、刘修营、甄志军、刘 岩

## 在读研究生

王运浩、张泽宇、黄增辉、李长昊、李承睿、戴 敏、李少博、宾恩楠、张 豪、  
陈 斌

## 毕业研究生

陈 斌

## 博士后

冯春敬

## 重要农艺性状的功能基因组学

## 植物耐逆机制与大豆种子发育调控（陈受宜课题组）

### Mechanisms of Plant Abiotic Stress Tolerance and Regulation of Soybean Seed Development

(Professor Shouyi Chen)

#### （一）研究进展

##### 组蛋白密码的“阅读者”调控植物耐逆的分子机制

从大豆中鉴定出一个特殊的 PHD 锌指蛋白——GmPHD6。它属于 PHD 中的 Alfin 亚类，Alfin 亚类一般具有转录抑制能力，而 GmPHD6 例外。研究发现 GmPHD6 必须与 LHP1（类异染色质蛋白）相互作用，并依赖 LHP1 的转录激活能力，才能调控下游耐盐基因的表达。

PHD 锌指蛋白又被称为组蛋白密码的“阅读者”，其 PHD 结构域识别不同修饰的组蛋白 H3。与其它同类蛋白不同，GmPHD6 识别 H3K4me0/1/2，但不通过 PHD 结构域，而是通过其 N 端。此外 GmPHD6 的 N 端还能识别下游基因的启动子。而 PHD 结构域负责与 LHP1 的相互作用。

基于以上发现总结出 GmPHD6 的分子调控模型：H3K4me0/1/2 可能与植物逆境调控关联，它们招募 GmPHD6，而 GmPHD6 招募 LHP1 形成转录调控复合体。复合体通过 GmPHD6 靶定下游基因，通过 LHP1 激活下游基因表达，从而提高植物的耐逆能力。

该研究是 PHD 锌指蛋白调控机制的重要补充，为改善作物耐逆性提供了理论依据，于 2017 年 11 月发表于 *Plant Physiology*。

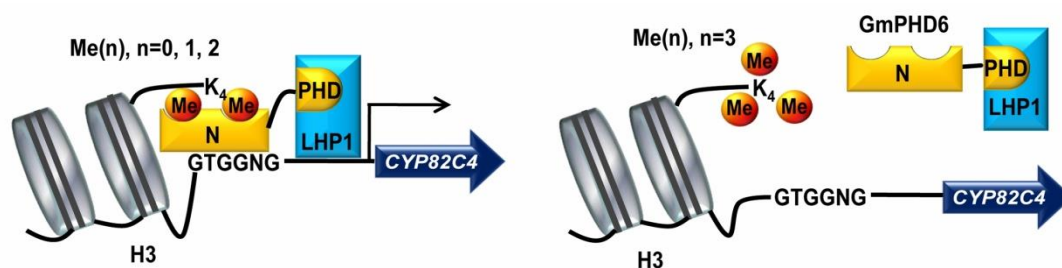


图 1. GmPHD6/LHP1 转录复合体识别组蛋白密码并激活下游基因表达的分子调控模型。

Figure 1. The model of GmPHD6/LHP1 transcriptional complex reads histone code and activates downstream genes.

### **A histone code reader and a transcriptional activator interact to regulate genes for salt tolerance**

Plant homeodomain (PHD) finger proteins are involved in various developmental processes and stress responses. They recognize and bind to epigenetically modified histone H3 ‘tail’ and function as ‘histone code readers’. Here we report that GmPHD6 reads low methylated histone H3K4me0/1/2 but not H3K4me3 with its N-terminal domain instead of the PHD finger. GmPHD6 does not possess transcriptional regulatory ability but has DNA-binding ability. Through the PHD finger, GmPHD6 interacts with its co-activator, LHP1-1/2 to form a transcriptional activation complex. Using a transgenic hairy root system, we demonstrate that over-expression of *GmPHD6* improves stress tolerance in soybean plants. Knocking down the *LHP1* expression disrupts this role of *GmPHD6*, indicating that GmPHD6 requires LHP1 functions during stress response. GmPHD6 influences expression of dozens of stress-related genes. Among these, we identified three targets of GmPHD6, including *ASR* (ABA-stress-ripening induced), *CYP75B1* and *CYP82C4*. Overexpression of each gene confers stress tolerance in soybean plants. GmPHD6 is recruited to H3K4me0/1/2 marks and recognizes the G-rich elements in target gene promoters, while LHP1 activates expression of these targets. Our study reveals a mechanism involving two partners in a complex. Manipulation of the genes in this pathway should improve stress tolerance in soybean or other legumes/crops. This work has been published in *Plant Physiology*.

## （二）研究成果

### 论文

1. Lu, X., Xiong, Q., Cheng, T., Li, Q., Liu, X., Bi, Y., Li, W., Zhang, W., Ma, B., Lai, Y., Du, W., Man, W., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). A *PP2C-1* allele underlying a quantitative trait locus enhances soybean 100-seed weight. *Mol Plant* 10: 670-684.
2. Xiong, Q.#, Ma, B.#\*, Lu, X.#, Huang, Y., He, S., Yang, C., Yin, C., Zhao, H., Zhou, Y., Zhang, W., Wang, W., Li, Z., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Ethylene-inhibited jasmonic acid biosynthesis promotes mesocotyl/coleoptile elongation of etiolated rice seedlings. *Plant Cell* 29: 1053-1072.
3. Li, Q., Lu, X., Song, Q., Chen, H., Wei, W., Tao, J., Bian, X., Shen, M., Ma, B., Zhang, W., Bi, Y., Li, W., Lai, Y., Lam, S., Shui, G., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Selection for a zinc-finger protein contributes to seed oil increase during soybean domestication. *Plant Physiol* 173: 2208-2224.
4. Wei, W., Tao, J., Chen, H., Li, Q., Zhang, W., Ma, B., Lin, Q., Zhang, J.\*, and Chen, S.\* (2017). A histone code reader and a transcriptional activator interact to regulate genes for salt tolerance. *Plant Physiol* 175: 1304-1320.
5. Yang, C., Li, W., Cao, J., Meng, F., Yu, Y., Huang, J., Jiang, L., Liu, M., Zhang, Z., Chen, X., Miyamoto, K., Yamane, H., Zhang, J., Chen, S., and Liu, J.\* (2017). Activation of ethylene signaling pathways enhances disease resistance by regulating ROS and phytoalexin production in rice. *Plant J* 89: 338-353.
6. Pan, W., Tao, J., Cheng, T., Shen, M., Ma, J., Zhang, W., Lin, Q., Ma, B., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Soybean NIMA-related kinase1 promotes plant growth and improves salt and cold tolerance. *Plant Cell Physiol* 58: 1268-1278.
7. Yin, C., Zhao, H., Ma, B., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Diverse roles of ethylene in regulating agronomic traits in rice. *Front Plant Sci* 8: 1676.

## （三）研究队伍

### 固定人员

陈受宜（课题组长）、张万科、林 晴

### 博士后

陶建军、卢 龙

## 植物减数分裂的遗传调控机制（程祝宽课题组）

### Mechanisms of Meiosis in Plants(Professor Zhukuan Cheng)

#### （一）研究进展

##### 1. Meiotic chromosome association 1 (MEICA1)保障减数分裂同源重组

减数分裂过程中，性母细胞会主动产生 DNA 双链断裂(double-strand break, DSB)，起始同源重组。同源重组正常发生在同源 DNA 之间，若在非同源 DNA 之间发生重组，则会导致后代基因组的紊乱。为此，生物体进化出了一套完善的体系，避免在序列相似的非同源 DNA 之间发生重组。但是目前对该保障体系的了解还非常初步。本课题组发现一个新的重组中间体蛋白 MEICA1 (Meiotic chromosome association 1)，该蛋白是一个非常保守的真核生物蛋白，但尚未有相关研究的报道。MEICA1 突变导致染色体间的异常黏连和染色体碎片，这些异常黏连和碎片依赖于 SPO11-2 和 DMC1，但与 KU70 介导的非同源末端连接修复途径无关。MEICA1 能够与 MSH7 相互作用，共同参与抑制非同源重组的发生。MEICA1 亦能与 TOP3  $\alpha$  相互作用，并且 MEICA1 突变能部分恢复突变体 *msh5* 和 *hei10* 的染色体交叉结数目，说明 MEICA1 具有调节重组频率的功能。相关研究为揭示同源重组保障的分子机制奠定了理论基础，同时为育种过程中提高重组频率提供了基因资源。

##### 1. Crossover guard: Meiotic chromosome association 1 (MEICA1) prevents meiotic mishaps

During meiosis, recombination between allelic sequences on pairs of homologous chromosomes forms crossovers; these crossovers help make sure that the homologs segregate accurately. Meanwhile, cells must suppress recombination between non-allelic sequences, and eukaryotes have evolved mechanisms to prevent ectopic recombination. Mismatch repair proteins function with some helicases to resolve inappropriate recombination and can stop the formation of a heteroduplex if the region contains too many mismatches. Based on a genetic screen for sterile

mutants in rice (*Oryza sativa*). Hu et al. identified MEICA1 (meiotic chromosome association 1), a novel protein that functions to regulate crossover formation. MEICA1 is a chromatin-associated protein during early meiosis. Loss of *MEICA1* leads to non-homologous chromosome connection, the formation of massive chromosome bridges, and fragments. Genetic analysis showed that MEICA1 relies on programmed DNA double-strand breaks (DSBs) mediated by SPO11, and functions downstream in the same pathway as the recombinase Disrupted Meiotic cDNA1 (DMC1). Additionally, MEICA1 has an anti-crossover activity: the crossover formation defects in *msh5 meica1* was suppressed compared with that in *msh5*. It shows similar function with its interacted protein the type IA topoisomerase (TOP3 $\alpha$ ). In conclusion, MEICA1 play a pivotal role in preventing aberrant meiotic recombination and regulating crossover formation during meiosis.

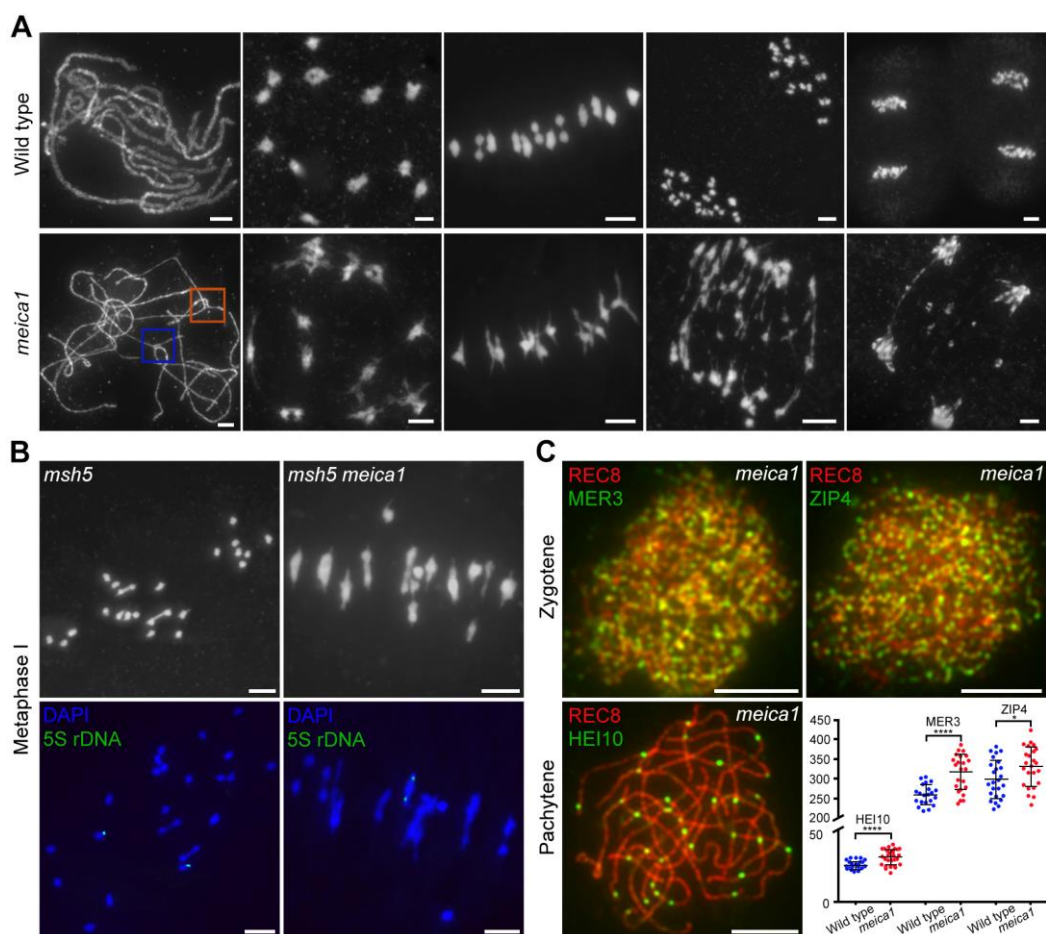


图 1. MEICA1 保障减数分裂同源重组并参与调控交换形成。(A) 野生型与 *meica1* 突变体花粉母细胞中减数分裂过程。MEICA1 突变导致粗线期至中期 I 染色体间的异常黏连, 及后期

I 染色体碎片。(B) MEICA1 突变能部分恢复交叉结形成突变体 *msh5* 的二价体。(C) 蛋白免疫荧光实验结果显示, *meical* 突变体中, MER3、ZIP4、及 HEI10 这类 ZMM 蛋白信号数目增多。标尺, 5  $\mu\text{m}$ 。

Figure 1. Loss of MEICA1 results in aberrant chromosome associations and bridges during meiosis. (A) Meiotic chromosomes in the wild type and *meical* pollen mother cells (PMCs). Aberrant associations are detected from pachytene to metaphase I. And chromosome fragments present at anaphase I. (B) Disruption of MEICA1 restores bivalent formation in *msh5* background. The bottom images show FISH analysis using 5S rDNA probes (green) in *msh5* and *msh5 meical*, respectively. (C) The numbers of ZMM foci are elevated in *meical* mutants. \*\*\*\* $P < 0.0001$ ; \* $P = 0.0257$ . Two-tailed Student's *t* tests. Bars, 5  $\mu\text{m}$ .

## 2. ZYGOTENE 1 (ZYGO1)调控减数分裂偶线期染色体形态建成

减数分裂偶线期, 染色体会蜷缩成一团, 让所有染色体端粒聚集在核膜内侧, 形成特定的端粒花束结构。这种染色体的形态建成, 作为一个高度保守的减数分裂事件, 在同源染色体配对和随后减数分裂进程中发挥着非常重要的作用。近年来, 在酵母和哺乳动物中相继分离了一些参与端粒花束形成的重要因子, 但这些因子在不同物种间很不保守。目前, 植物中偶线期染色体形态建成的分子机制尚不清楚。本课题组在水稻中发现了一个新的参与偶线期染色体形态建成的因子 ZYGOTENE 1 (ZYGO1)。在 *zygo1* 突变体中, 偶线期染色体不能聚集, 从而散布在整个细胞核中, 端粒花束也不能形成。因而在整个减数分裂期, 观察不到偶线期的出现, 从而表现为一个没有偶线期的突变体。ZYGO1 突变影响 OsSAD1 在核膜的极性定位, 并且由 ZYGO1 控制的染色体形态建成, 独立于 DSB 形成与修复等一系列重要事件。由于偶线期的染色体形态不能正确建成, 对于随后的同源染色体配对、联会和交换均产生严重影响。ZYGO1 编码一个新的 F-box 蛋白, 该蛋白通过其 F-box 结构域和 OSK1 蛋白互作, 表明 ZYGO1 作为 SCF 复合体的组分, 调控偶线期染色体的形态建成。相关研究为深入揭示减数分裂偶线期染色体形态建成的分子机制奠定了重要基础。

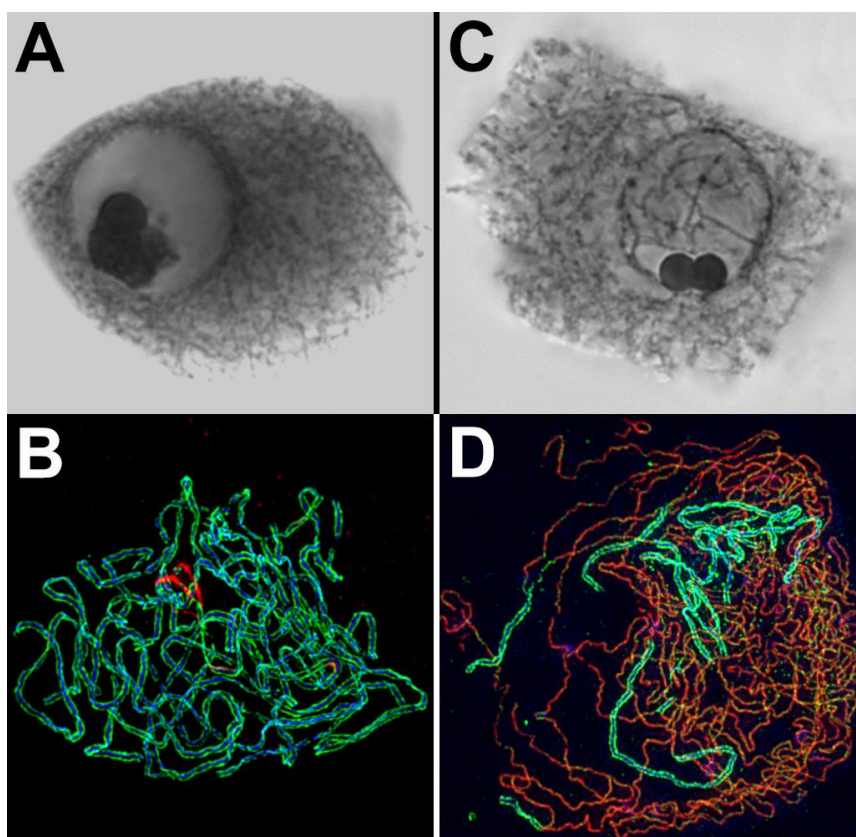


图 2. ZYGO1 调控水稻减数分裂花束期形成。(A) 野生型水稻偶线期花粉母细胞中，染色体凝集成团位于核仁一侧。(B) 蛋白免疫荧光实验结果显示，野生型水稻粗线期花粉母细胞中，染色体联会完全。(C) *zygo1* 突变体偶线期花粉母细胞中，染色体缺少凝集状态，始终散布于整个细胞核中。(D) *zygo1* 突变体细线期之后的花粉母细胞中，同源染色体发生部分联会。其中绿色信号表示轴蛋白 PAIR3 的定位模式，能指示减数分裂早期染色体行为，红色信号表示染色体轴相关蛋白 PAIR2 的定位模式，蓝色信号表示联会复合体横丝蛋白 ZEP1 的行为模式，在联会复合体形成过程中，PAIR2 的信号会随着 ZEP1 信号的出现而逐步消失。比较 B 和 D 的结果，ZYGO1 突变会导致同源染色体联会不完全。标尺，5  $\mu\text{m}$ 。

Figure 2. ZYGO1 controls “chromosomal bouquet” formation during rice meiosis. (A) In wild type, meiotic chromosomes huddled into an aggregation around nucleolus of the zygotene pollen mother cells (PMCs). (C) In *zygo1* PMCs, meiotic chromosomes always scattered in the nucleus during the post-leptotene stages before diakinesis. Immunofluorescence assay showed synapsis patterns in both wild type (B) and *zygo1* (D). PAIR3 (green) is used as a marker indicating chromosome behaviors during early prophase I. PAIR2 (red), an axis-associated protein, exhibited continuous signals along unpaired chromosomes, and faded to a trace after ZEP1 (blue) appeared. In wild type, the synaptonemal complexes (SCs) is formed along the full length chromosomes at pachytene (B). In *zygo1*, only partial synapsis could be detected in those post-leptotene PMCs (D). Bars, 5  $\mu\text{m}$ .

## 2. How meiotic chromosomes cluster into the “bouquet”

During one stage of meiosis, chromosomes huddle together and the chromosome ends (telomeres) cluster in a limited area of the inner nuclear membrane. This cluster of chromosomes looks like an attractively arranged bunch of flowers, so it is widely called the “chromosomal bouquet”. Chromosomal bouquet formation happens in nearly all plants, animals and fungi, and plays an important role in pairing of the chromosomes and therefore progression of meiosis. So far, the underlying molecular mechanism in plant species remains largely unknown. Based on a genetic screen for sterile mutants in rice (*Oryza sativa*), we identified ZYGOTENE 1 (ZYGO1), a novel protein that regulates bouquet formation during early meiosis. *zygo1* mutants fail to form proper chromosomal bouquets and, therefore, lacking typical cells at this stage. Immunolocalization assay showed that the polarized localization of OsSAD1, the protein which could promote telomere movement, is also disturbed in *zygo1* mutants. Both results indicated that ZYGO1 participates in telomere bouquet formation. Moreover, the failure chromosome clustering in *zygo1* mutants further affects some key meiotic events, including homolog pairing, synaptonemal complex assembly, and crossover formation. ZYGO1 encodes an F-box protein, containing an F-box domain with some conserved residues. Our results showed that ZYGO1 interacts with the rice SKP1-like protein 1 (OSK1) through its F-box domain, suggesting that ZYGO1 modulates bouquet formation as a component of cellular factors involved in breaking down proteins. This investigation lays an important foundation for uncovering the molecular mechanism underlying chromosome clustering during meiosis.

## （二）研究成果

### 论文

1. Hu, Q.#, Li, Y.#, Wang, H., Shen, Y., Zhang, C., Du, G., Tang, D., and Cheng, Z.\* (2017). Meiotic chromosome association 1 interacts with TOP3 $\alpha$  and regulates meiotic recombination in rice. *Plant Cell* 29: 1697-1708.

2. Zhang, F.#, Tang, D.#, Shen, Y., Xue, Z., Shi, W., Ren, L., Du, G., Li, Y., and Cheng, Z.\* (2017). The F-Box protein ZYGO1 mediates bouquet formation to promote homologous pairing, synapsis, and recombination in rice meiosis. *Plant Cell* 29: 2597-2609.
3. Lin, T.#, Xu, X.#, Ruan, J.#, Liu, S., Wu, S., Shao, X., Wang, X., Gan, L., Qin, B., Yang, Y., Cheng, Z., Yang, S., Zhang, Z., Xiong, G., Huang, S., Yu, H.\*, and Li, J.\* (2017). Genome analysis of *Taraxacum kok-saghyz* Rodin provides new insights into rubber biosynthesis. *Natl Sci Rev* 0: 1-12.
4. Pan, X.#, Fang, Y.#, Yang, X., Zheng, D., Chen, L., Wang, L., Xiao, J., Wang, X., Wang, K., Cheng, Z., Yu, H., and Zhang, W.\* (2017). Chromatin states responsible for the regulation of differentially expressed genes under  $^{60}\text{Co}\sim\gamma$  ray radiation in rice. *BMC Genomics* 18: 778.

## 专利

程祝宽. OsMSH4 蛋白及其编码基因在调控植物花粉育性中的应用. 专利号 ZL 201410397435.4. 授权时间 2017.8.11.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

程祝宽 (课题组长)、唐 丁、李亚非、沈 懿、杜桂杰

### 在读研究生

张 超、任丽军、刘长振、苗永杰、赵婷婷、谢 恩、杨 晗、穆 娜

### 毕业研究生

张凡凡

### 博士后

石文清

## 细胞骨架与植物发育及免疫应答（孔照胜课题组）

### Cytoskeletal Regulation in Plant Development and Immune Response

(Professor Zhaosheng Kong)

#### （一）研究进展

##### 1. KTN80 介导植物细胞中微管的精准切割

作为细胞骨架的主要组分，微管(Microtubules, MTs)广泛参与各种重要的细胞事件，如细胞分裂、细胞运动、细胞形态建成与维持、胞内物质运输和信号传导等。微管骨架具有高度的动态特性，其排列方式不断进行活跃的重组，以响应时刻变化的发育和外界环境（包括生物和非生物刺激）信号。微管切割(Microtubule Severing)在不同形式的微管阵列的动态转换中处于中心枢纽位置。微管切割作用由 Katanin（来源于日本武士刀 katana 一词）复合体完成，该复合体包含一个 60 kD 的具有 ATPase 活性的催化亚基 p60 和一个 80 kD 的包含 WD-40 重复基序的调节亚基 p80。体外实验证明，p60 可以在单根微管的任意位点进行切割，呈随机性。

微管切割异常会造成老年痴呆等神经退行性病变、小脑综合征以及生殖障碍等疾病。但由于神经元和纺锤体微管排布过密，无法实现活细胞显微观察微管切割事件，阻碍了活细胞中研究 Katanin 复合体对微管切割调控机制的精细解析。在植物研究领域，科学家最先鉴定了拟南芥 Katanin p60 编码基因 *KTN1*，发现该基因功能缺失后，影响细胞伸长，细胞壁机械特性以及对光信号、激素信号和机械力的响应。令人兴奋的是，研究者发现 *KTN1* 介导的微管切割总是特异地发生在微管交叉(Microtubule Crossovers)位点以及新生微管成核(Microtubule Nucleation)位点，并且在细胞周质微管受到光或者激素信号刺激而发生动态重构时发挥最关键的作用，因此近年来 *KTN1* 已经成为植物细胞生物学研究领域的一个明星蛋白。上述重要发现充分显示，活细胞中微管切割存在精确的调控。但是，微管的精准切割机制一直是个谜。另外，Katanin p60/p80 复合体的具体组成尚不清楚。

本课题组利用遗传学、细胞生物学和生物化学等手段成功解码了微管的精准

切割机制。揭示拟南芥中 Katanin p80 亚基 KTN80 和 p60 亚基 KTN1 呈异源二聚体形式存在于细胞质中，当发生微管切割作用时 KTN80 具有精确制导作用，可将 KTN1-KTN80 异源二聚体导向至微管切割位点，而 p60 亚基 KTN1 介导 KTN1-KTN80 异源二聚体的六聚体化，最终形成十二聚体的环状超复合体，并识别特异的微管构象、完成切割（见图 1）。

上述研究首次在活细胞水平揭示了微管的精准切割机制，也为精确操控微管切割提供了新的思路及药物设计新靶标。

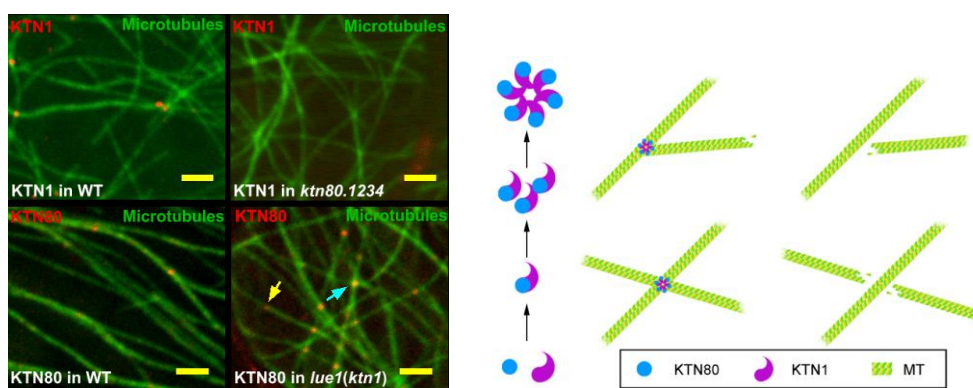


图 1. KTN80 介导植物细胞中微管的精准切割。

左图显示 *KTN80* 四突变体 *ktn80.1234* 中 KTN1 不能被招募至微管上、不发生切割，而在 *KTN1* 的突变体 *lue1* 中 KTN80 仍然能够特异定位，但不能切割微管；右模式图描绘 Katanin KTN1/KTN80 复合体的组装及作用机制。

Figure 1. KTN80 confers precision to microtubule severing by specific targeting of katanin complexes in plant cells.

Left: In the absence of KTN80, KTN1 recruitment to MTs is completely disrupted, and MT severing is abolished. In *lue1* mutant, MT severing is also abolished but distribution and dynamic behaviors of KTN80s are unaltered. Right: A schematic model depicting the formation of katanin complexes and precise MT severing in living *Arabidopsis* cells.

## 1. KTN80 confers precision to microtubule severing by specific targeting of katanin complexes in plant cells

Microtubules (MTs), one of the two cytoskeleton system in plant cells, play crucial roles during plant cell morphogenesis, such as cell elongation, cell wall biosynthesis, and hormonal signaling. Plant cortical MTs also act as sensors that

respond to developmental and environmental stimuli via their dynamic reorganization. Katanin-mediated MT severing provides a central pivot for MT remodeling. Katanin(named after the Japanese sword, katana) complex is composed of a 60-kD catalytic ATPase Associated with diverse cellular Activities (AAA) subunit and an 80-kD WD-40 repeat-containing regulatory subunit. *In vitro* studies have shown that the p60 subunit could randomly sever MTs along the length in the presence of ATP.

Defective MT severing usually results in neuronal abnormalities (e.g. Alzheimer's disease), cerebellar syndrome, and dysgenesis. However, the complexity of MT networks, which are often organized into thick bundles inside neurons and spindles, has made katanin-mediated MT severing difficult to evaluate in living animal cells. So far, the cortical MT array in *Arabidopsis* is the only system in which microtubule severing events can be directly observed. *KTN1* is the first gene, which encodes the p60 subunit, identified in *Arabidopsis*. Live-cell imaging showed that *KTN1* specifically localized either at MT crossover sites or branching nucleation sites to achieve severing, in contrast to *in vitro* observations showing that *KTN1* randomly severs single MTs along the length. So an open question arises how MT severing is precisely controlled *in vivo*. In particular, how the p80 subunit participates in precise MT severing and in forming the katanin supercomplex *in vivo* has not yet been explored. Hence, the p80 subunit is the primary candidate for uncovering the enigma of precise MT severing.

Here, we use live-cell imaging, genetic and biochemical approaches, to investigate the *in vivo* function of katanin p80 subunits in MT severing. We revealed that the katanin p60 subunit *KTN1* and the p80 subunit *KTN80* exist as a *KTN1*–*KTN80* heterodimer in the cytosol; *KTN80* determines the precise targeting of *KTN1*–*KTN80* heterodimers to MTs, primarily at crossover and branching nucleation sites. *KTN1* further triggers the oligomerization of the mixed types of *KTN1*–*KTN80* heterodimers to *de novo* form a hexamer of katanin supercomplex at MTs. *KTN1* forms the core module of the hexamer to perform MT-severing activities (Figure 1).

Our findings provide significant insights into the mechanism of precise MT

severing in living cells. The elucidation of KTN80s in precise MT severing facilitates in developing new strategies for various diseases, which are associated with defective MT severing.

## 2. 解析大丽轮枝菌的 SNARE 蛋白 SSO1 和 SSO2 的功能

大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*)是一种危害性极强的植物病原真菌,它能够侵染上百种双子叶植物,造成严重的萎蔫病害。为了成功在宿主内定殖,大丽轮枝菌需要利用它的分泌系统将大量的效应蛋白和毒素因子分泌出胞外。SNARE 蛋白(Soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein receptors) 是一类分泌系统中的保守组分,它们参与了真核细胞分泌途径中至关重要的一步——囊泡与靶细胞膜的融合过程。然而,目前对大丽轮枝菌 SNARE 蛋白功能的了解相对较少。

本课题组利用反向遗传学手段,对大丽轮枝菌中两种 SNARE 蛋白 VdSso1 和 VdSso2 展开了一系列的功能鉴定。虽然酵母中 VdSso1 和 VdSso2 的同源蛋白存在高度冗余,但本课题组研究结果显示,在大丽轮枝菌中 VdSso1 和 VdSso2 出现了功能分化。VdSso1 敲除突变体( $\Delta Vdssol$ )的分生孢子萌发严重受损,但其菌丝极性生长正常;VdSso2 敲除突变体( $\Delta Vdss2$ )的分生孢子萌发正常,并且能够产生更多的分生孢子,但其菌丝极性生长严重受损(见图 2B,C)。此外,VdSso1 和 VdSso2 均定位于营养菌丝的质膜和隔膜处,并且能与囊泡上的 SNARE 蛋白 VdSnc1 相互作用(见图 2D)。致病性检测显示, $\Delta Vdssol$  基本丧失了对宿主植物的致病能力,而  $\Delta Vdss2$  仍具有较强致病力(见图 2A)。进一步研究显示, $\Delta Vdssol$  可以穿透宿主根部表皮细胞,但不能入侵维管组织,因此丧失致病力。

上述结果揭示,SNARE 蛋白 VdSso1 和 VdSso2 具有不同的时空作用模式。VdSso1 主要在分生孢子萌发和侵染宿主过程中发挥关键作用,VdSso2 则主要在分生孢子产生和菌丝极性生长中发挥功能。本研究结果将为阐明效应蛋白和毒素因子的分泌途径提供重要参考,并为大丽轮枝菌的防治提供了一个潜在靶点。

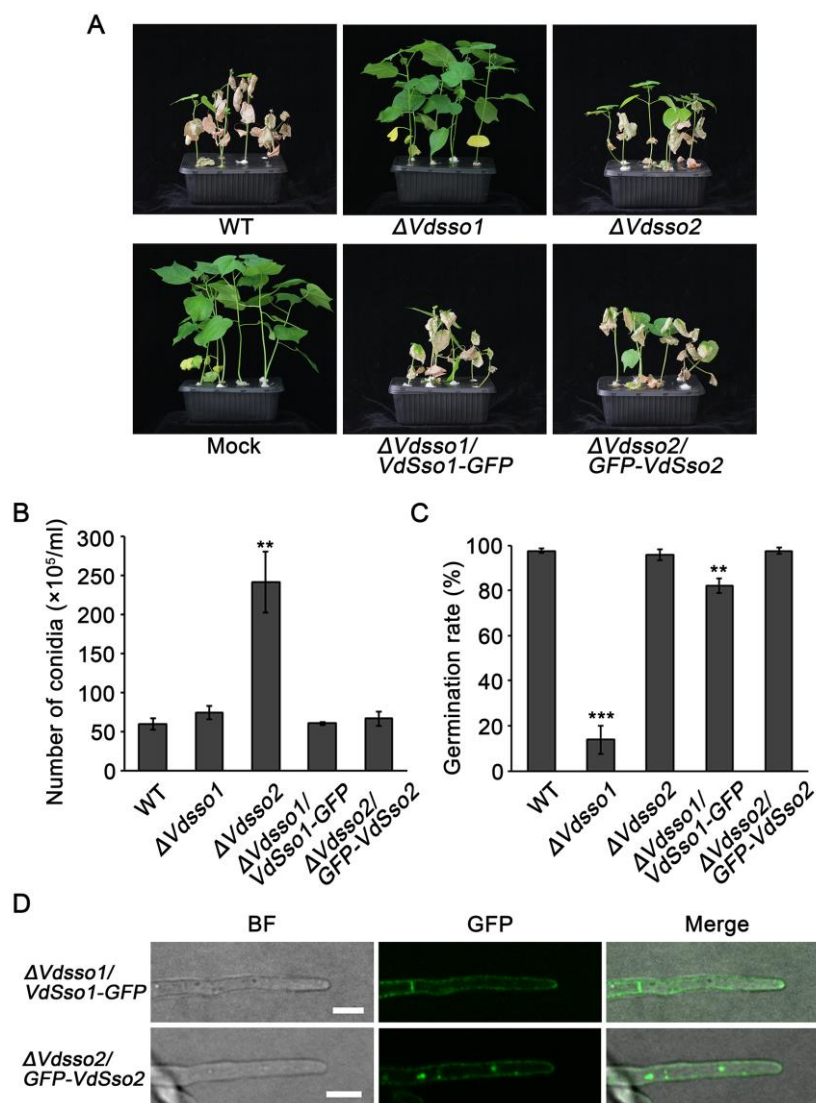


图 2. 大丽轮枝菌的 SNARE 蛋白 VdSso1 和 VdSso2 在功能上出现分化。

(A) 野生型菌株 WT，敲除突变体菌株  $\Delta Vdssol1$  和  $\Delta Vdssol2$ ，回复突变体菌株  $\Delta Vdssol1/VdSso1-GFP$ ， $\Delta Vdssol2/GFP-VdSso2$  侵染后的棉花表型，拍照时间为 30 dpi；(B) 野生型菌株，突变体菌株  $\Delta Vdssol1$  和  $\Delta Vdssol2$  及回复突变体菌株在查氏培养基中培养 12 h 后的分生孢子萌发率；(C) 不同菌株的产孢量统计；(D) VdSso1-GFP 和 GFP-VdSso2 均定位于营养菌丝的质膜上，部分 GFP-VdSso2 还定位于细胞质中。

Figure 2. SNARE protein VdSso1 and VdSso2 show functional divergence in *Verticillium dahliae*.

(A) Disease symptoms of cotton plants infected by WT,  $\Delta Vdssol1$ ,  $\Delta Vdssol2$ ,  $\Delta Vdssol1/VdSso1-GFP$  and  $\Delta Vdssol2/GFP-VdSso2$  respectively. Photos were taken at 30 dpi. (B) Conidial germination rate of each strain in Czapek-Dox medium at 12 hpi. (C) Conidiation of each strain. (D) Both VdSso1-GFP and GFP-VdSso2 localize to plasma membrane and part of GFP-VdSso2 proteins also localize to cytoplasm of vegetative hyphae.

## 2. Functional analysis of SNARE protein VdSso1 and VdSso2 in *Verticillium dahlia*

*Verticillium dahliae* is a devastating plant pathogenic fungus which causes severe vascular wilts in hundreds of dicot plants. In order to successfully colonize host plants, *V. dahliae* secretes an arsenal of effectors or virulence factors by utilizing their secretory systems. Soluble N-ethylmaleimide-sensitive factor attachment protein receptors (SNAREs) are highly conserved components and mediate cellular membrane fusion, a critical step in secretory systems of eukaryotic cells. However, little is known about their roles in *V. dahliae*.

In this study, we generated deletion mutants of genes encoding SNARE protein VdSso1 and VdSso2, whose yeast homologs Sso1 and Sso2 are shown to be functionally redundant. Intriguingly, VdSso1 and VdSso2 show functional divergence in *V. dahliae*. The *VdSso1* deletion mutant ( $\Delta Vdssol$ ) exhibits severe defects on conidial germination, yet the deletion of *VdSso1* does not affect hyphal elongation. On the contrary, the *VdSso2* deletion mutant ( $\Delta Vdssol2$ ) is normal in conidial germination, but shows significant impairment in hyphal elongation and abnormality in conidiation (Figure 2B,C). Additionally, both VdSso1 and VdSso2 localize to plasma membrane and septum of vegetative hyphae, and interact with the v-SNARE VdSnc1 which localizes to secretory vesicles (Figure 2D). During pathogenicity assays,  $\Delta Vdssol$  almost loses its pathogenicity on host plants while the deletion of *VdSso2* has no obvious effect on pathogenicity (Figure 2A). In particular, although  $\Delta Vdssol$  can penetrate into epidermal cells from host plants, it cannot colonize into vascular tissues, which explains the reason why it almost loses its pathogenicity on host plants.

Taken together, our findings uncover that VdSso1 and VdSso2 own distinct spatio-temporal functions. VdSso1 mediates conidial germination and pathogenesis while VdSso2 is involved in conidiation and polarized growth of vegetative hyphae. Our findings shed light on the mechanisms underlying the *Verticillium*-plant interaction.

## （二）研究成果

### 论文

Wang, C.#, Liu, W.#, Wang, G.#, Li, J., Dong, L., Han, L., Wang, Q., Tian, J., Yu, Y., Gao, C., and Kong, Z.\* (2017). KTN80 confers precision to microtubule severing by specific targeting of katanin complexes in plant cells. *EMBO J* 36: 3435-3447.

## （三）研究队伍

### 固定人员

孔照胜（课题组长）、董 丽、田 娟、于艳军

### 在读研究生

王朝凤、刘魏魏、张霞霞、王光达、张 臣、王 欢、刘巧媛、黄弋戈

### 毕业研究生

马银平、耿 媛

### 博士后

王 琪、杨焕杰、邹声浩

## 高等植物发育与代谢及分子设计育种（李家洋课题组）

### Higher Plants Development and Metabolism and Molecular Breeding

(Professor Jiayang Li)

#### （一）研究进展

##### 1. IPA1是水稻中独脚金内酯信号途径负调因子D53直接调控的下游转录因子

独脚金内酯是一种新型的植物激素，在植物株型建成中发挥重要的作用，能作为长距离信号分子抑制植物侧芽的伸长，抑制分枝的产生，在水稻中分枝又称为分蘖，分蘖数是水稻产量的重要决定因素，因此对独脚金内酯信号途径的研究具有重要的理论意义和应用价值。独脚金内酯信号途径的几个关键组分已被鉴定出来，如受体 D14，SCF E3 连接酶复合体中的 F-box 蛋白 D3，及负调控因子 D53，但信号在 D53 下游的传递机制还不清楚。本课题组与合作者长期对水稻株型建成、独脚金内酯合成及信号途径进行系统深入的研究，此前克隆了水稻理想株型基因 *IPA1* (*Ideal Plant Architecture 1*), *IPA1* 编码一个含 SBP-box 的转录因子，参与调控多个生长发育过程(Jiao et al., *Nat Genet*, 2010)，且在育种中增产效果显著。同时，还鉴定了独脚金内酯信号通路中的关键负调控因子 D53，解析了独脚金内酯信号转导的“去抑制化激活”机制(Jiang et al., *Nature*, 2013)。

本研究表明，*IPA1* 功能缺失突变体表现出分蘖数增多的表型，且对外源施加的独脚金内酯人工合成类似物 *rac-GR24* 不敏感；D53 蛋白可直接与 *IPA1* 蛋白相互作用，抑制其转录激活活性，从而抑制下游基因表达。此外，还发现 *IPA1* 能直接结合 *D53* 的启动子并激活 *D53* 基因的表达，从而形成负反馈调节。这些结果揭示了 *IPA1* 即是长期寻找的 *D53* 下游的转录因子，参与了独脚金内酯信号途径，并直接受到 D53 的调控。

该研究进一步揭示了水稻中独脚金内酯信号途径及分蘖调控的分子机理，也为水稻理想株型的分子设计育种提供了重要的理论基础。

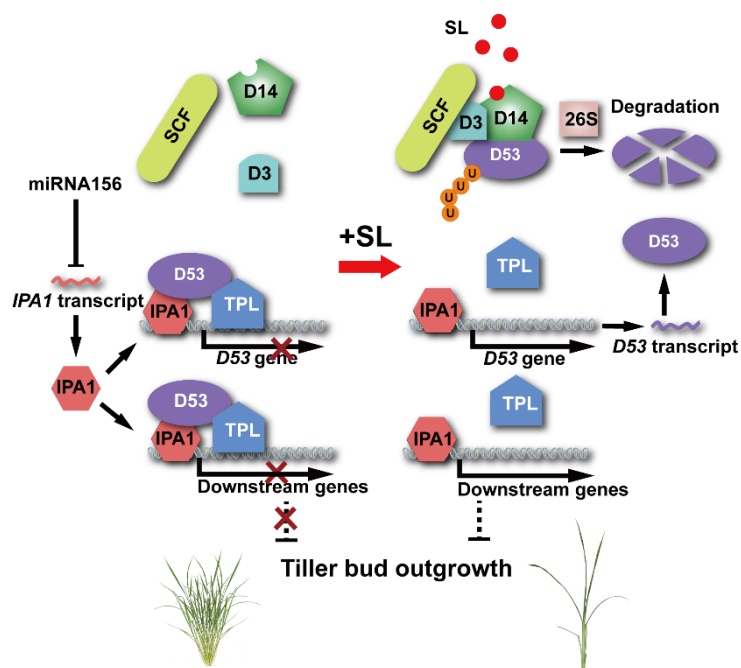


图 1. 水稻中 IPA1 在独脚金内酯信号途径中的作用。

无独脚金内酯分子时，D53 蛋白与 IPA1 结合，并通过 TPL/TPR 蛋白抑制 IPA1 的转录激活活性。而在响应独脚金内酯信号的过程中，D53 被蛋白酶体降解，解除了对 IPA1 的抑制，IPA1 调控的下游基因得到表达，产生了植物对独脚金内酯的生理反应。此外，IPA1 能直接结合到 *D53* 基因的启动子区，上调 *D53* 的表达，形成一个负反馈调节通路。

Figure 1. The role of IPA1 in strigolactone signaling pathway in rice.

In absence of SLs, D53 protein binds to IPA1, and together with TPL/TPR proteins represses the transcriptional activity of IPA1. In response to SLs, D53 is degraded by the proteasome system, which in turn releases the repression of IPA1-regulated gene expression resulting in the SL response. Moreover, we found that IPA1 can directly bind to the *D53* promoter and upregulate *D53* expression, forming a negative feedback regulation loop.

### 1. IPA1 functions as a downstream transcription factor repressed by D53 in strigolactone signaling in rice

Strigolactones (SLs), a class of carotenoid-derived plant hormones, repress shoot branching and regulate many other developmental processes. In rice, branching is known as tillering and is an important factor determining grain yield. SLs inhibit tiller bud outgrowth, thus repress tiller number and regulate rice architecture. Several components of SL signaling have been characterized: D14 is the SL receptor; D3 is an

F-box protein in SCF E3 ligase complex; and D53 is the substrate of D3 and functions as a repressor of SL signaling. However, signaling mechanism downstream of D53 remains elusive. Our lab has made great efforts in understanding the genetic basis of rice plant architecture and SL biosynthetic and signaling pathways. In previous studies, we have identified *Ideal Plant Architecture 1 (IPA1)*, which encodes a SBP-box-containing transcription factor, as a key gene regulating rice plant architecture and showing great potential in grain yield improvement (Jiao et al., *Nat Genet*, 2010). We also revealed that D53 is the substrate of D3 and functions as the key repressor of SL signaling (Jiang et al., *Nature*, 2013).

In this study, we found that loss-of-function mutants of *ipa1* exhibit high tillering phenotypes and were insensitive to exogenous treatment of *rac-GR24*, a synthetic analog of SL, indicating that IPA1 plays an important role in SL signaling. D53 could interact with IPA1 *in vivo* and *in vitro*, and suppresses the transcriptional activation activity of IPA1. In addition, IPA1 binds directly to *D53* promoter and plays a critical role in the feedback regulation of SL-induced *D53* expression. These results showed that IPA1 is one of the long-expected transcription factors targeted by D53 in SL signaling. This study is an important progress of SL signaling, and provides a powerful tool for molecular breeding in rice.

## 2. 橡胶草(*Taraxacum kok-saghyz* Rodin) 基因组序列解析天然橡胶生物合成的机制

天然橡胶是与石油、钢铁、煤炭并重的世界四大工业原料之一，2016 年全球消耗总量达 12.60 百万吨，产值约 179 亿美元。我国是天然橡胶消费大国，而巴西三叶橡胶树可种植面积极少，导致我国对外依赖度已超过 80%。橡胶草 *Taraxacum kok-saghyz* (TKS)，又名俄罗斯蒲公英，根部可合成高分子量的天然橡胶和菊糖。由于具有生长范围广，天然橡胶含量高，生长周期较短，相对简单的基因组和遗传转化与基因编辑比较容易等特点，TKS 一度被认为最有可能成为替代生产天然橡胶的经济作物和科学研究的模式植物。

本研究通过 PacBio 单分子实时(SMRT)测序技术独立组装完成了高质量的橡

胶草基因组草图，该基因组大小为 1.29Gb，scaffold N50 长度为 100.21kb，共预测了 46,731 个基因和~70%重复序列。通过全基因组重测序数据分析，发现 TKS 具有较高的杂合度，并鉴定了一些与自交衰退有直接关系的杂合区域和基因。橡胶草基因组是目前能够产生高分子量橡胶的植物中唯一完成基因组测序的草本植物。通过比较基因组学分析，共鉴定了橡胶草中 16,169 个基因家族，包含 1,907 个特异的基因家族。利用组织特异表达模式分析发现 340 个特异家族具有组织特异表达的基因，功能富集显示与胁迫反应、细胞氧化还原反应平衡有关。通过与产胶植物橡胶树基因组和非产胶植物朝鲜蓟基因组的比较研究，鉴定了橡胶草中橡胶合成途径和菊糖合成途径。同时也发现在三个物种中，橡胶合成途径的每个代谢物合成过程均有候选基因的存在，并且在 MEP 和橡胶合成起始途径中基因数目非常相近，只是在 MVA 和橡胶链延伸途径中基因数目差异比较大，由此说明在橡胶合成途径中 MVA 和橡胶链延伸途径可能更重要。此外，阐述了橡胶链延长过程中 CPT/CPTL 和 REF/SRPP 两个重要基因家族的进化历程，其中大多数 TKS 的 SRPP 基因和橡胶树 SRPP 基因分布在两个独立的分支上，预示着橡胶颗粒的稳定机制在两个物种是独立进化的。该项研究对于阐明橡胶草中天然橡胶合成的分子机制，以及指导橡胶草从野生植物向经济作物的驯化具有重要价值。

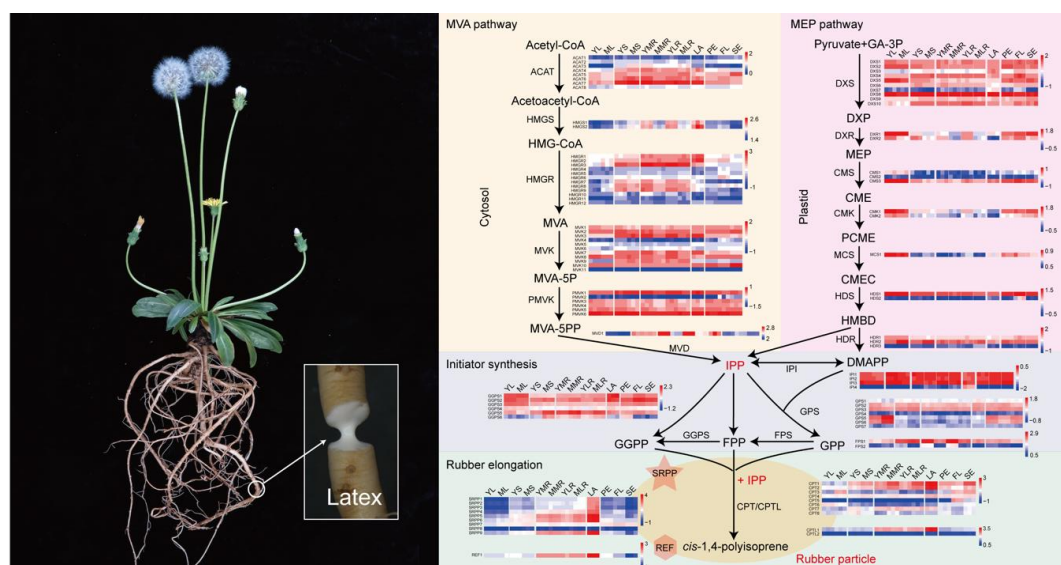


图2. 橡胶草及橡胶合成途径示意图。

橡胶草植株生态型（左）；橡胶草中天然橡胶生物合成途径（右）。12 个组织中每个基因表达水平的热图 ( $\log_{10}(\text{RPKM})$ )。YL, 幼叶；ML, 成熟叶；YS, 幼茎；MS, 成熟茎；YMR,

幼主根；MMR，成熟主根；YLR，幼侧根；MLR，成熟侧根；LA，胶乳；PE，花梗；FL，花；SE，种子。

Figure 2. Rubber biosynthetic pathway in *Taraxacum kok-saghyz*.

Morphologies of *Taraxacum kok-saghyz* (Left). Rubber biosynthetic pathway in *T. kok-saghyz* (Right). Expression levels of each gene in latex and eleven other tissues were shown by heatmap using log<sub>10</sub> (RPKM). RPKM, reads per kilobase per million mapped reads. YL, young leaf; ML, mature leaf; YS, young stem; MS, mature stem; YMR, young main root; MMR, mature main root; YLR, young lateral root; MLR, mature lateral root; LA, latex; PE, peduncle; FL, flower; SE, seed.

## 2. Genome analysis of *Taraxacum kok-saghyz* Rodin provides new insights into rubber biosynthesis

The Russian dandelion *Taraxacum kok-saghyz* Rodin (TKS), a member of the Composite family and a potential alternative source of natural rubber (NR) and inulin, is an ideal model system for studying rubber biosynthesis. Here we present the draft genome of TKS, the first assembled NR-producing weed plant. The draft TKS genome assembly has a length of 1.29 Gb, containing 46,731 predicted protein-coding genes and 68.56% repeats, in which the LTR-RT elements predominantly contribute to the genome enlargement. We analyzed the heterozygous regions/genes, suggesting its possible involvement in inbreeding depression. Through comparative studies between rubber-producing and non-rubber-producing plants, we found that enzymes of the mevalonate (MVA) pathway and rubber elongation might be critical for rubber biosynthesis, and several key isoforms have been isolated and shown to be predominantly expressed in the latex, indicating their crucial functions in rubber biosynthesis. Moreover, for two important families in rubber elongation, the CPT/CPTL and REF/SRPP families, diverse evolutionary tracks have been revealed. These results provide valuable resources and new insights into the mechanism of NR biosynthesis, and facilitate the development of alternative NR-producing crops.

## （二）研究成果

### 论文

1. Song, X.#, Lu, Z.#, Yu, H.#, Shao, G., Xiong, J., Meng, X., Jing, Y., Liu, G., Xiong, G., Duan, J., Yao, X., Liu, C., Li, H., Wang, Y., and Li, J.\* (2017). IPA1 functions as a downstream transcription factor repressed by D53 in strigolactone signaling in rice. *Cell Res* 27: 1128-1141.
2. Lin, T.#, Xu, X.#, Ruan, J.#, Liu, S., Wu, S., Shao, X., Wang, X., Gan, L., Qin, B., Yang, Y., Cheng, Z., Yang, S., Zhang, Z., Xiong, G., Huang, S., Yu, H.\*, and Li, J.\* (2017). Genome analysis of *Taraxacum kok-saghyz* Rodin provides new insights into rubber biosynthesis. *Natl Sci Rev* 0: 1-12.
3. Meng, X.#, Yu, H.#, Zhang, Y., Zhuang, F., Song, X., Gao, S., Gao, C.\*, and Li, J.\* (2017). Construction of a genome-wide mutant library in rice using CRISPR/Cas9. *Mol Plant* 10: 1238-1241.
4. Wang, J.#, Yu, H.#, Xiong, G., Lu, Z., Jiao, Y., Meng, X., Liu, G., Chen, X., Wang, Y.\*, and Li, J.\* (2017). Tissue-specific ubiquitination by IPA1 INTERACTING PROTEIN1 modulates IPA1 protein levels to regulate plant architecture in rice. *Plant Cell* 29: 697-707.
5. Hu, Q.#, He, Y.#, Wang, L., Liu, S., Meng, X., Liu, G., Jing, Y., Chen, M., Song, X., Jiang, L., Yu, H., Wang, B.\*, and Li, J.\* (2017). DWARF14, a receptor covalently linked with the active form of strigolactones, undergoes strigolactone-dependent degradation in rice. *Front Plant Sci* 8: 1935.
6. Zhang, L.#, Yu, H.#, Ma, B., Liu, G., Wang, J., Wang, J., Gao, R., Li, J., Liu, J., Xu, J., Zhang, Y., Li, Q., Huang, X., Xu, J., Li, J., Qian, Q., Han, B., He, Z.\*, and Li, J.\* (2017). A natural tandem array alleviates epigenetic repression of *IPA1* and leads to superior yielding rice. *Nat Commun* 20: 14789.
7. Fang, C.#, Ma, Y.#, Wu, S.#, Liu, Z., Wang, Z., Yang, R., Hu, G., Zhou, Z., Yu, H., Zhang, M., Pan, Y., Zhou, G., Ren, H., Du, W., Yan, H., Wang, Y., Han, D., Shen, Y., Liu, S., Liu, T., Zhang, J., Qin, H., Yuan, J., Yuan, X., Kong, F., Liu, B., Li, J., Zhang, Z.\*, Wang, G.\*, Zhu, B.\*, and Tian, Z.\* (2017). Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. *Genome Biol* 18: 161.
8. Zeng, D.#, Tian, Z.#, Rao, Y., Dong, G., Yang, Y., Huang, L., Leng, Y., Xu, J., Sun, C., Zhang, G., Hu, J., Zhu, L., Gao, Z., Hu, X., Guo, L., Xiong, G., Wang, Y., Li, J.\*, and Qian, Q.\* (2017). Rational design of high-yield and superior-quality rice. *Nat Plants* 3: 17031.

9. Hu, X.#, Meng, X.#, Liu, Q., Li, J.\*, and Wang, K.\* (2017). Increasing the efficiency of CRISPR-Cas9-VQR precise genome editing in rice. *Plant Biotechnol J* 1-6.
10. Ma, H.#, Duan, J.#, Ke, J.#., He, Y., Gu, X., Xu, T., Yu, H., Wang, Y., Joseph, S., Jiang, Y., Scott, B., Xu, E.\*, Li, J.\*, and Karsten, M.\* (2017). A D53 repression motif induces oligomerization of TOPLESS corepressors and promotes assembly of a corepressor-nucleosome complex. *Sci Adv* 3: e1601217.
11. Shumbe, L.#, Alessandro<sup>1</sup>, S.#, Shao, N., Chevalier, A., Ksas, B., Bock, R., and Havaux, M.\* (2017). METHYLENE BLUE SENSITIVITY 1 (MBS1) is required for acclimation of Arabidopsis to singlet oxygen and acts downstream of  $\beta$ -cyclocitral. *Plant Cell Environ* 40: 216-226.

## 论著

1. Li, J., Li, C., and Smith, S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017. ISBN 978-0-12-811562-6.
2. Smith, S.M., Li, C., and Li, J. Hormone function in plants. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 1-38.
3. Jiang, Z., Li, J., and Qu, L. Auxins. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 39-76.
4. Wang, B., Wang, Y., and Li, J. Strigolactones. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 327-359.

## 品种

1. 水稻品种“中科 804”。国审稻 20170080. 中华人民共和国农作物品种审定委员会. 中国科学院遗传与发育生物学研究所、中国农科院深圳农业基因组研究所、中国科学院北方粳稻分子育种联合研究中心. 刘贵富、李家洋、钱前、张国民、陈明江.
2. 水稻品种“嘉优中科 6 号”。国审稻 20170063. 中华人民共和国农作物品种审定委员会. 中国科学院遗传与发育生物学研究所、嘉兴市农业科学院. 刘贵富、李金军、李家洋、高荣村、陈明江、付习.
3. 水稻品种“嘉禾优 7245”。国审稻 20170064. 中华人民共和国农作物品种审定委员会. 中国水稻研究所、中国农业科学院深圳农业基因组研究所、浙江省嘉兴市农业科学研究院(所)、中国科学院遗传与发育生物学研究所.

## 获奖

“水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”获得 2017 年度国家自然科学基金一等奖（李家洋院士：第一完成人）。

### （三）研究队伍

#### 固定人员

李家洋（课题组长）、刘贵富、荆彦辉、邵 宁、余 泓、孟祥兵、王 冰  
白世伟、陈明江、马海艳

#### 在读研究生

于超计、徐 倩、邵高能、何亚军、胡庆亮、袁 坤、范秀丽、汪安祺  
白 琳、张达瀚

#### 毕业研究生

赵艳楠、刘会会

#### 博士后

徐 霞（已出站）、罗丽兰、宋晓光、郭红艳、李锡龙、林 涛、刘斯淼

## 重要农艺性状基因的功能及调控（夏桂先课题组）

### Identification and Characterization of the Plant Genes Controlling Important Agronomic Traits

(Professor Guixian Xia)

#### （一）研究进展

##### 1. CRR1 在棉花应答大丽轮枝菌侵染中的功能

质外体是寄主植物抵御病原菌侵染的第一战场。在前期工作基础上，从棉花和大丽轮枝菌互作体系中分离鉴定了三个参与质外体免疫的重要蛋白，分别是来源于棉花的半胱氨酸蛋白 CRR1 和几丁质酶 Chi28 及来源于大丽轮枝菌的丝氨酸蛋白酶 VdSEPP1，并对它们的功能进行了深入分析。抑制 CRR1 或 Chi28 表达能够导致棉花的抗病性减弱，而过量表达 CRR1 或 Chi28 则增强对大丽轮枝菌的抗性；VdSEPP1 的突变能够导致致病力显著下降。作用机制研究发现，在黄萎病菌入侵时，Chi28 能够分泌到质外体中降解病菌的几丁质，VdSEPP1 能够水解 Chi28 阻止其对几丁质的降解，而 CRR1 通过稳定 Chi28 抑制其被 VdSEPP1 降解。上述研究结果表明大丽轮枝菌与棉花在根部质外体中有着多重互作。CRR1 的功能研究为深入了解几丁质触发的先天免疫机制增添了新的实验依据。

##### 1. Functional characterization of CRR1 in response to *Verticillium dahliae* invasion in cotton

The apoplast serves as the first battlefield between the plant hosts and invading microbes; therefore, work on plant-pathogen interactions has increasingly focused on apoplastic immunity. In the present study, we identified three apoplastic proteins involved in chitin recognition during the interaction of cotton (*Gossypium* spp.) with the fungal pathogen *Verticillium dahliae*. Among these apoplastic proteins, cotton host cells secrete Chitinase28 (Chi28) and the cysteine-rich protein CRR1, while the pathogen releases the proteinase VdSEPP1. Biochemical analysis demonstrated that Chi28 digests fungal chitin. VdSEPP1 hydrolyzes Chi28, but CRR1 can stabilize

Chi28 to protect it from degradation by VdSEPP1. In accordance with the *in vitro* results, CRR1 and Chi28 interacted in yeast and plant cells, and knockdown of *CRR1* or *Chi28* in cotton plants resulted in higher susceptibility to *V. dahliae* infection. By contrast, knockout of *VdSEPP1* in *V. dahliae* destroyed the pathogenicity of this fungus. Together, our results provide compelling evidence for a multilayered interplay of factors in chitin perception in the cotton root apoplast. Apoplastic accumulation of CRR1 represents a new mechanism for chitin-triggered plant innate immunity.

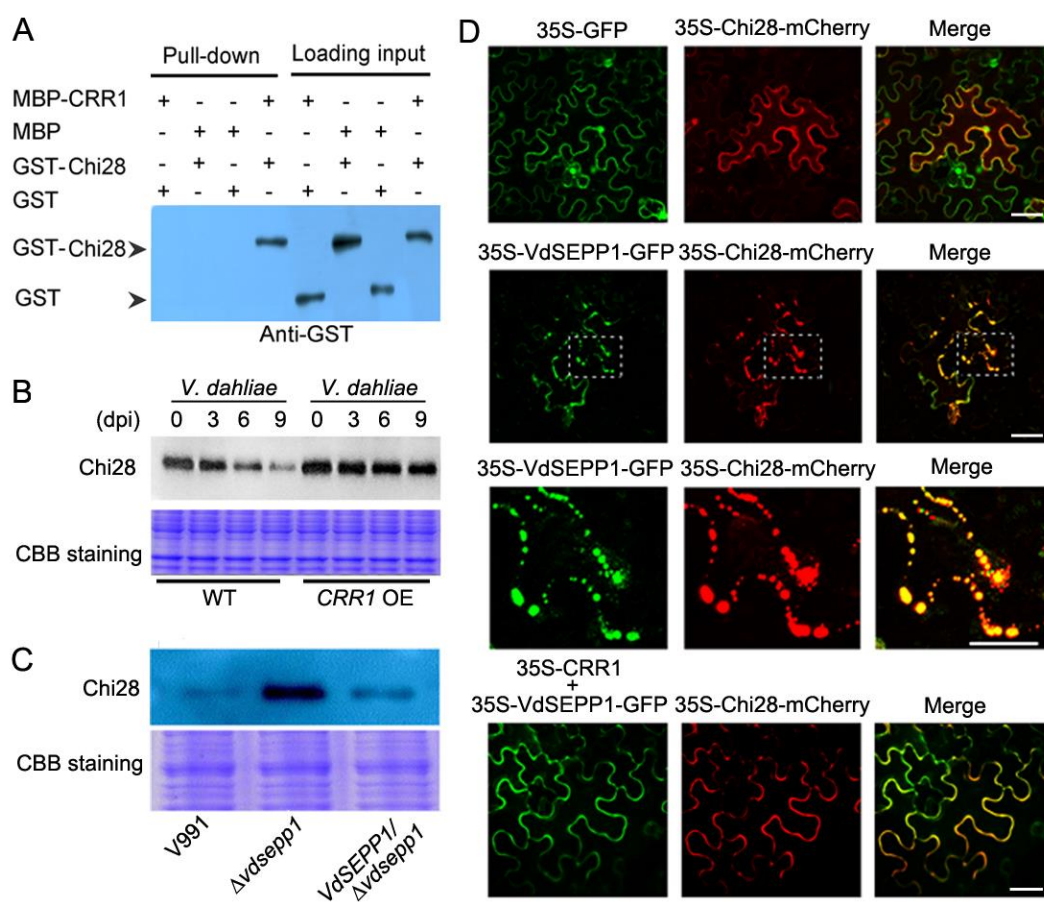


图 1. CRR1 的功能分析。

(A) CRR1 和 Chi28 相互作用；(B) CRR1 对 Chi 具有保护作用；(C) VdSEPP1 影响 Chi28 在棉花根部质外体中的积累；(D) CRR1 拮抗 VdSEPP1 对 Chi28 的降解。

Figure 1. Functional analysis of cotton CRR1.

(A) CRR1 interacts with Chi28. (B) CRR1 protects Chi28 from degradation. (C) VdSEPP1 affects the accumulation of Chi28 in root apoplast. (D) CRR1 perturbs the interaction between VdSEPP1 and Chi28.

## 2. “无转基因痕迹”*Gh14-3-3d* 编辑突变体培育和抗病性分析

陆地棉是一种异源四倍体棉花，大多数基因为双拷贝，因此难以获得自然和人工设计突变体。先前研究表明 *Gh14-3-3d* 负调控棉花抗病性，因此，利用 CRISPR/Cas9 介导的基因组编辑系统对 *Gh14-3-3d* 基因进行编辑，创造棉花抗病突变体。PCR 扩增、Sanger 测序和 T7EI 酶切分析表明棉花编辑转基因植株的靶序列位点发生了不同类型的插入和缺失(indels)突变。对后代进一步分析，确定这些插入和突变能够稳定地遗传，并且这些突变位点和 T-DNA 插入独立分离。在编辑 T1 代中，筛选出不含 T-DNA 插入（无转基因痕迹）的两个纯合编辑突变体植株，命名为 *ce1* 和 *ce2*。对 *ce1* 和 *ce2* 后代接种大丽轮枝菌，结果表明两个编辑突变体植株与野生型相比，其抗性显著提高。本研究培育的“无转基因痕迹”编辑突变体可以作为种质资源来选育棉花抗病品种，并且可免于繁琐、耗时和昂贵的转基因生物安全评价。

## 2. Simultaneous editing of two copies of *Gh14-3-3d* gene confers enhanced resistance to *Verticillium dahliae* in the transgene-clean cotton lines

*Gossypium hirsutum* is an allotetraploid species, and natural or artificial mutants are difficult to obtain due to gene redundancy. In our study, the CRISPR/Cas9 genome editing system was developed in *G. hirsutum* through editing the *Gh14-3-3d* gene. In T0 transgenic plants, large numbers of insertions and deletions (indels) in *Gh14-3-3d* at the expected target site were detected in the allotetraploid cotton At or Dt subgenomes. The PCR, T7EI digestion and sequencing analyses showed that the indels of *Gh14-3-3d* gene could be stably transmitted to the next generation. Additionally, the indels in the At and Dt subgenomes were segregated in the T1 transgenic plants following Mendelian law, independent of the T-DNA segregation. Two homozygous *Gh14-3-3d*-edited plants free of T-DNA were selected by PCR and sequencing analysis in the T1 plants, which were called transgene-clean editing plants and designated as *ce1* and *ce2*. The *ce1* and *ce2* in the T2 lines exhibited higher resistance to *Verticillium dahliae* infection compared to the wild-type plants. Thus, the two transgene-clean edited lines can be used as a germplasm to breed disease-resistant cotton cultivars, avoiding the complex and expensive safety assessments of the

transgenic plants.

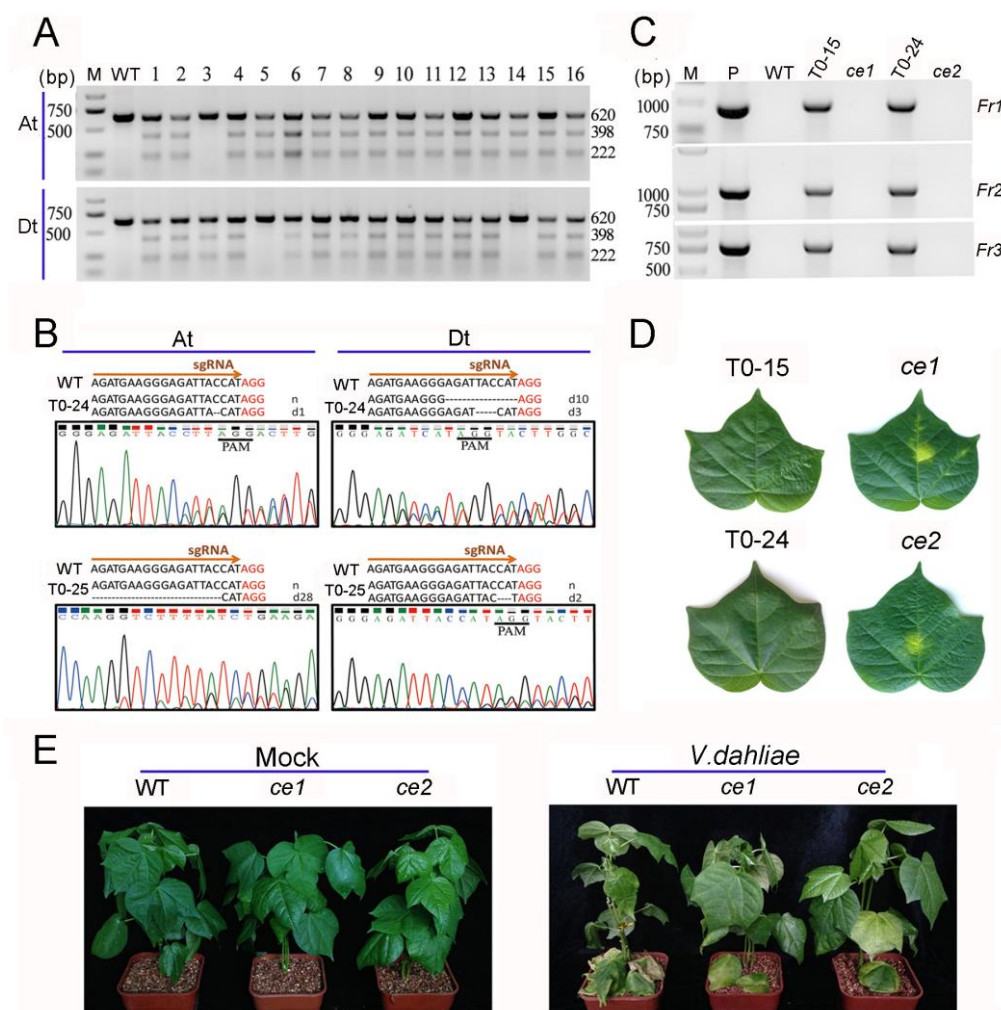


图 2. “无转基因痕迹”的 *Gh14-3-3d* 编辑突变体获得及抗病性鉴定。

(A) T0 编辑植株 T7EI 酶切分析；(B) T0 编辑植株测序色谱图分析；(C) “无转基因痕迹”的 *Gh14-3-3d* 编辑突变体 *ce1* 和 *ce2* PCR 分析，*Fr1*, *Fr2* 和 *Fr3* 代表 T-DNA 三个序列片段；(D) *ce1* 和 *ce2* 对卡那霉素抗性分析；(E) *ce1* 和 *ce2* 对大丽轮枝菌抗性鉴定。

Figure 2. Development of transgene-clean *Gh14-3-3d*-edited mutants and its resistance to *V. dahlia*.

(A) T7EI digestion assay of the mutants at the target sites. (B) The indels of *Gh14-3-3d* at target site of At or Dt subgenome in two represents, T0-24 and T0-25, by Sanger sequencing. (C) The T-DNA free detected by PCR analysis in *ce1* and *ce2*. *Fr1*, *Fr2* and *Fr3* fragments located in T-DNA. (D) Kanamycin-resistant analysis by painting leaves of *ce1* and *ce2* plants. (E) Disease symptoms analysis of the *ce1* and *ce2* lines inoculated with *V. dahlia*.

## （二）研究成果

### 论文

1. Zhou, L.#, Zhao, P.#, Chi, Y., Wang, D., Wang, P., Liu, N., Cai, D.\*, Wu, Z.\*, and Zhong, N.\* (2017). Controlling the hydrolysis and loss of nitrogen fertilizer (urea) by using a nanocomposite favors plant growth. *ChemSusChem* 10: 2068-2079.
2. Bai, C.#, Wang, P.#, Fan, Q., Fu, W., Wang, L., Zhang, Z., Song, Z., Zhang, G.\*, and Wu, J.\* (2017). Analysis of the role of the drought-induced gene *DR115* and salinity-induced gene *S11* in *Alternanthera philoxeroides* plasticity using a virus-based gene silencing tool. *Front Plant Sci* 8: 1579.
3. Zhang, M., Han, L., Wang, W., Wu, S., Jiao, G., Su, L., Xia, G.\*, and Wang, H.\* (2017). Overexpression of *GhFIM2* propels cotton fiber development by enhancing actin bundle formation. *J Integr Plant Biol* 59: 531-534.
4. Zhang, M.#, Cheng, S.#, Wang, H., Wu, J., Luo, Y., Wang, Q., Wang, F.\*, and Xia, G.\* (2017). iTRAQ-based proteomic analysis of defence responses triggered by the necrotrophic pathogen *Rhizoctonia solani* in cotton. *J Proteomics* 152: 226-235.
5. Wang, W.#, Sun, Y., Han, L., Su, L., Xia, G.\*, and Wang, H.\* (2017). Overexpression of *GhPFN2* enhances protection against *Verticillium dahliae* invasion in cotton. *Sci China Life Sci* 60: 861-867.
6. Wang, L.#, Wu, S., Zhu, Y., Fan, Q., Zhang, Z., Hu, G., Peng, Q.\*, and Wu, J.\* (2017). Functional characterization of a novel jasmonate ZIM-domain interactor (NINJA) from upland cotton (*Gossypium hirsutum*). *Plant Physiol Biochem* 112: 152-160.

### 专利

1. 仲乃琴; 赵盼; 徐晓东; 董彦旭; 蔡冬清; 陈延; 杨杰; 陈学明; 杨晓珍; 詹红; 史立林; 杨明. 一种马铃薯的栽培方法. 专利号 ZL 201510563172.4. 授权时间 2017.9.25.
2. 仲乃琴; 孙宏义; 蔡冬清; 段子渊; 徐晓东; 杨杰; 陈延; 赵盼; 董彦旭; 陈学明. 一种马铃薯捡石机. 专利号 ZL 201410720426.4. 授权时间 2017.9.15.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

夏桂先（课题组长）、仲乃琴、吴家和、王海云、刘 宁、王付欣、赵 盼

#### 在读研究生

周心童、李文博

#### 毕业研究生

张 敏、王文燕

## 植物细胞通讯与蔬菜功能基因组学（许操课题组）

### Plant cell communication and vegetable functional genomics

(Professor Cao Xu)

#### （一）研究进展

##### 植物干细胞调控回路决定生命系统稳健性的分子机制及其进化

生命体面对内在基因突变和外界环境胁迫时会呈现生命系统的稳健性(Robustness), 比如酵母中80%的单基因突变不会影响其在标准培养环境中的正常生长(Giaever et al., 2002), 58%的单基因敲除并不影响小鼠的正常发育(White et al., 2013)。植物不能像动物那样自由移动以规避风险, 在面对内在基因突变和外界环境胁迫时, 其生命系统的稳健性显得尤为重要。植物干细胞所具备的持续分生能力赋予其强大的生命力, 决定着植物的整体株型, 是研究植物生命系统稳健性的理想模型。我们的研究发现番茄茎尖干细胞生命系统的稳健性由CLV-WUS这一信号回路决定, 当小肽基因*CLV3*突变时, 其同源基因*CLE9*的转录水平应激性上调以实现补偿, 形成应激性补偿回路(Responsive backup circuit), 对该补偿机制在茄科植物中的进化研究发现, 这种*CLE*小肽基因介导的应激性补偿机制在野生番茄和栽培番茄中均存在, 但在辣椒中进化为一个假基因, 在马铃薯和矮牵牛中完全丢失。在番茄中使用CRISPR/Cas9对该应激性补偿机制进行编辑可以大幅度提高果实大小, 在番茄产量性状的分子改良中具有较高的应用潜力。该研究系统揭示了茎尖干细胞的应激性补偿回路决定植物生命系统稳健性的分子机理和进化过程, 开辟了植物生命系统稳健性分子机理及其进化这一新的研究领域。

##### Evolutionary rewiring of plant stem cell circuitry

Robustness is the ability of a system to canalize functions despite perturbations. Genetic robustness of organisms largely relies on functional compensation, often resulting from gene duplication that can provide functionally redundant paralogs. The molecular basis of biological robustness and its evolution are longstanding questions

in biology, but it is still poorly understood. Here, we show that a classical stem cell circuit in plants has evolved a paralogous compensation mechanism to canalize stem cell proliferation. In tomato, loss of the small signaling peptide gene *CLAVATA3* causes transcriptional compensation of a paralogous gene, whose role, however, is taken over by a group of paralogous genes without transcriptional change to achieve a passive paralogous compensation in Arabidopsis. Synteny analysis and CRISPR/Cas9 editing of paralogous genes in different species show that the transcriptional responsive paralogous compensation has transient lifetime during evolution in *Solanaceae*, featured by an active paralogous gene for compensation in tomato and physalis, and its pseudogenization in pepper and loss in potato and petunia. Our findings provide an evolutionary view of paralogous compensation achieved by retention and loss of paralogs in gene duplication that buffers plant stem cell hemostasis to achieve biological robustness.

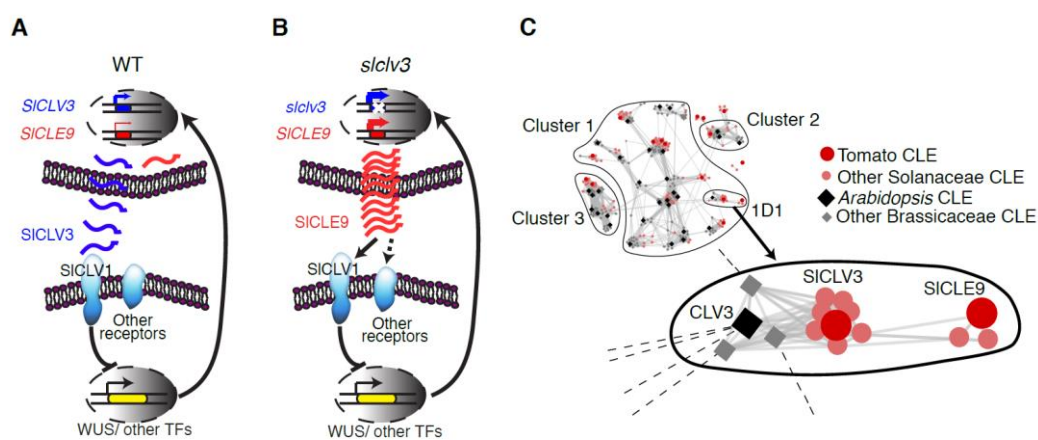


图1. 植物中重新整合的CLE信号补偿通路。

(A-B) 植物茎尖干细胞调控回路的分子模型，野生型(A)和*slclv3*突变体(B)。(C) 茄科与十字花科不同物种中CLE蛋白家族的系统进化与聚类分析。

Figure 1. Rewired CLE compensation signaling circuitry in plants.

(A, B) Model showing normal and rewired tomato stem cell feedback circuits in WT (A) and *slclv3* mutant (B). (C) Clustering diagram of CLE proteins in different species of *Solanaceae* and *Brassicaceae*.

## （二）研究队伍

### 固定人员

许 操（课题组长）、闫留华

### 在读研究生

唐伶俐

### 博士后

黄小珍

## 植物细胞壁生物学（周奕华课题组）

### Cell Wall Biology in Plant

(Professor Yihua Zhou)

#### （一）研究进展

##### 1. 水稻细胞壁主要成分木聚糖乙酰化修饰调控的分子机制

木聚糖是水稻次生壁中最主要的半纤维素。木聚糖通常与纤维素、木质素等多聚物交联形成有功能的结构，以满足所行使功能的需求。乙酰化作为细胞壁中普遍存在的一种修饰形式，在调控多糖分子交联、促进细胞壁高级结构形成中发挥了重要作用，因而木聚糖上的乙酰化修饰程度及位置是被严格调控的。近年来已有少数多糖乙酰基转移酶被发现。植物要维持细胞壁上一定的乙酰化水平和分布，势必还需有乙酰酯酶的存在，但细胞壁合成中去乙酰化酶一直未被发现。我们研究组与储成才研究组合作，利用分子遗传学、生物化学和细胞生物学等手段，发现了一个能负调控木聚糖乙酰化水平的酶BS1。水稻脆鞘突变体*bs1*具有脆鞘、矮生和叶尖枯死等表型。图位克隆发现BS1基因编码一个GDSL酯酶家族(Plant GDSL lipase/esterase-like family)成员。亚细胞定位分析表明，BS1定位于高尔基体上。对野生型和突变体的细胞壁成分与结构开展一系列的植化分析，最终发现*bs1*突变体细胞壁中总乙酰酯含量升高，且差异来自水稻中最主要的半纤维素木聚糖。核磁共振(HSQC)分析进一步明确了突变体中乙酰化修饰变异的位置。大量的生化实验证明重组BS1蛋白具有木聚糖乙酰酯酶活性，且表现出特异性强、活性高、并符合米氏酶动力学等特征。反应产物得到了液相质谱(LC-QTOF)和核磁共振分析的验证，表明BS1为木聚糖乙酰酯酶。BS1在富含次生壁的维管束和厚壁组织中高表达，影响木质部导管的结构，进而影响株高和粒重等农艺性状。相关工作已发表在*Nature Plants*上(2017, 3: 17017)，并被同期*Nature Plants*评述。本工作受自然科学基金项目(31530051)、973项目(2013CB127001)、中国科学院先导专项(XDA08010103-3)和青促会的资助。

## 1. Understanding the mechanism of xylan deacetylation and its function in rice

Xylan is a major hemicellulose of rice cell wall. It often crosslinks with cellulose, lignin and other cell-wall polymers to form proper architecture to fit with the cell functions. Acetylation is a ubiquitous modification on cell wall polymers, which mediates the interlinking between polymers, and thus promotes to assemble wall architecture. Therefore, acetylation modification on cell wall polymers is tightly controlled. To dynamically maintain a certain acetyl-ester level, the plants need to be able to both acetylate and deacetylate, so deacetylases that work antagonistically to acetyltransferases likely exist in plant cells. However, this kind of enzyme has never been reported. Here, we reported that *BS1* is a xylan deacetylase and functions in removal of acetyl-esters from xylan backbone, which is crucial for secondary wall formation and patterning. *brittle leaf sheath1 (bs1)* is a rice mutant, which show pleiotropic phenotypes, including dwarfism, brittle leaf sheath, few tillers, and withering leaves. Cell wall composition and xylan structure characterizations showed that the mutant xylans contain increased wall-bound acetyl esters. Enzyme kinetics and activity assays on acetylated sugars and xylooligosaccharides demonstrated that *BS1* is a xylan deacetylase, which specifically cleaves acetyl moieties from the xylan backbone at *O*-2 and *O*-3 position of xylopyranosyl residues. The enzymatic products were further confirmed by liquid chromatography-mass spectroscopy and nuclear magnetic resonance analyses. Moreover, *BS1* is preferentially expressed in secondary wall-enriched vascular bundles and sclerenchyma cells. Mutation in this protein led to impaired secondary wall patterning and abnormal growth phenotypes. It is the first time to reveal that the acetyl-ester profile is controlled by the process of deacetylation and outline a new mechanism in acetylation regulation. This work has been published in *Nature Plants* on March, 2017 (2017, 3: 17017), and was commented in the same issue. This research was supported by the National Natural Science Foundation of China (31530051), the Ministry of Sciences and Technology of China (2013CB127001), Chinese Academy of Sciences (XDA08010103-3), and Youth Innovation Promotion Association CAS (2016094).

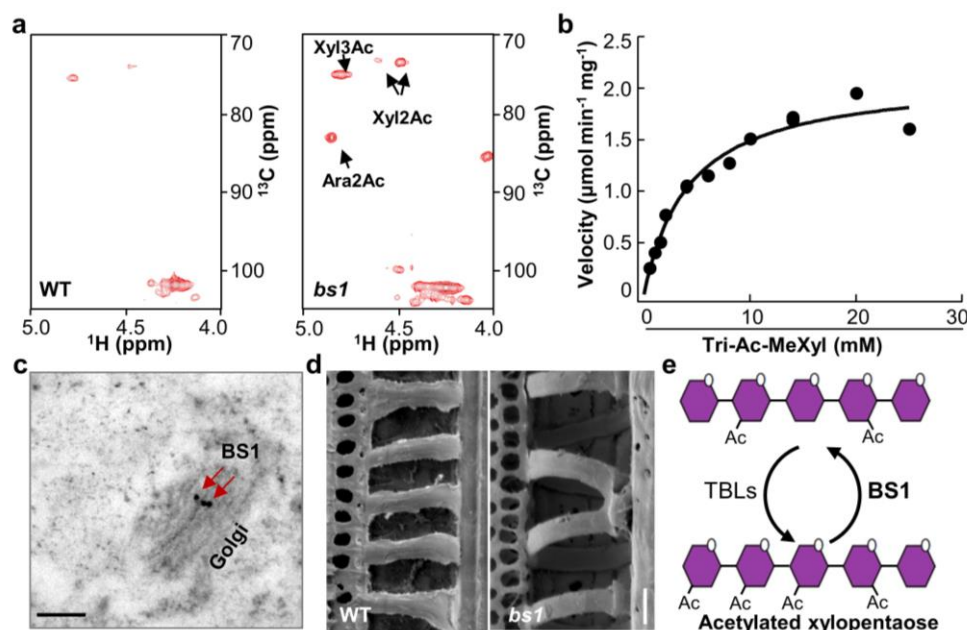


图1. 水稻木聚糖乙酰酯酶催化其主链去乙酰化及调控次生壁功能。(a) 核磁共振谱图(HSQC)分析 $bs1$ 突变体中木聚糖主链乙酰化变异; (b) BS1重组蛋白针对三乙酰甲基木糖的酶动力学分析; (c) BS1定位在高尔基体上; (d) 扫描电镜观察环纹导管次生壁排列在野生型和 $bs1$ 中的差异。Bars = 5  $\mu\text{m}$ ; (e) OsTBL1与BS1在木聚糖主链乙酰化修饰调控中的作用示意图。

Figure 1. Xylan deacetylase BS1 catalyzes deacetylation of xylan backbone and regulates secondary wall function in rice. (a) HSQC spectra to show altered acetylation pattern on  $bs1$  xylan backbone. (b) Examination of  $K_m$  value of recombinant BS1 to Tri-Ac-MeXylan. (c) BS1 is localized in the Golgi apparatus. (d) SEM graphs to show varied secondary wall pattern in xylem vessels of wild type and  $bs1$ . Bars = 5  $\mu\text{m}$ . (e) Diagram of OsTBL1 and BS1 working model for acetylation regulation of xylan backbone.

## 2. 水稻非典型 CCCH 锌指蛋白调控次生壁形成的机理研究

次生壁是地球上最丰富的可再生生物质资源,其合成受到严格的调控。众多 NAC、MYB 等类型的转录因子构成了复杂的网络,以应答植物体内外各种信号、精准调控次生壁生物合成。然而迄今为止鉴定到的负调控因子却极少。Increase leaf angle1 (ILA1)是我们研究组前期合作报道的调控次生壁形成的 Raf-like MAPKKK 蛋白,互作蛋白 ILA1 interacting protein4 (IIP4)是其磷酸化底物,且生物学功能未知。我们利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术创制了  $iip4$  突变体,发现其突变体次生壁厚度明显增加,纤维素和木质素含量略有上升,表明 IIP4 负调

控水稻次生壁的合成。大量的生化和分子生物学研究发现, IIP4 与次生壁合成的顶层关键调控因子 NAC29/NAC31 互作, 抑制其下游所调控基因、如 *MYB61*、*CESA4*、*CESA7*、*CESA9* 的表达, 从而干扰次生壁合成。而被 ILA1 磷酸化的 IIP4 亚细胞定位发生改变, 由细胞核中转移到细胞质, 导致细胞核中的互作蛋白 NAC29/NAC31 被释放, 因而促进了下游基因的表达和次生壁合成。对 IIP4 的序列分析发现, 它具有规律重复的非典型 CCCH 基序(C-X4-C-X10-C-X2-H)。IIP4 同源蛋白在植物中广泛存在且高度保守, 暗示其功能的重要性。IIP4 对次生壁合成的调控作用还可以用于改良作物抗倒伏性。该研究解析了 ILA1-IIP 的信号转导通路, 为阐明水稻次生壁形成的分子机制提供了重要依据。相关研究已在 *Molecular Plant* 上在线发表(DOI: 10.1016/j.molp.2017.11.004)。该项研究受到了自然科学基金项目(31125019, 31370310)、中国科学院先导专项(XDA08010103-3)和青促会的资助。

## **2. An uncanonical CCCH-tandem zinc finger protein represses secondary wall synthesis in rice**

Secondary cell wall (SCW) is the most abundant renewable biopolymer on earth. Due to its importance in cellular functions, SCW biosynthesis is under a tight control. A number of NAC and MYB transcriptional factors constitute a complicated regulatory network to orchestrate SCW formation in responses to various in vivo and environmental stimuli. However, among this network, very few are repressors. ILA1 Interacting Protein4 (IIP4) is a function unknown protein and a phosphorylated substrate of ILA1, a previously reported Raf-like MAPKKK regulating the formation of SCW in rice. To reveal the regulator pathway IIP4 involves, we generated *iip4* mutants using CRISPR/Cas9 approach. IIP4 interacts with NAC29/NAC31, the higher-level regulators of secondary wall synthesis, and suppresses the expression of the down-stream targeting genes, such as *MYB61*, *CESA4*, *CESA7*, and *CESA9*, leading to compromised SCW formation. ILA1 mediated phosphorylation on IIP4 protein alters its subcellular localization. Phosphomimic IIP4 proteins translocate from the nucleus to the cytoplasm, which releases interacting NACs and attenuates the repression function. SCW formation is thereby promoted. Sequence alignment

found a regular tandem repeats of unreported CCCH motifs (C-X4-C-X10-C-X2-H) in IIP4, referred it to as uncanonical CCCH-tandem zinc finger protein. IIP4 homologs are widely found in most plant species and are evolutionarily conserved, imply that their functions are fundamental. In addition, lesion in IIP4 strengthens mechanical properties. Our study reveals the ILA1-IIP4 mediated regulatory cascade for control of secondary wall synthesis and provides a targeting gene for improving lodge resistance in rice. The relevant work has been published in *Molecular Plant* online (DOI: 10.1016/j.molp.2017.11.004). This work was supported by grants from the National Natural Science Foundation of China (31125019, 31370310), Chinese Academy of Sciences (XDA08010103-3), and Youth Innovation Promotion Association CAS (2016094).

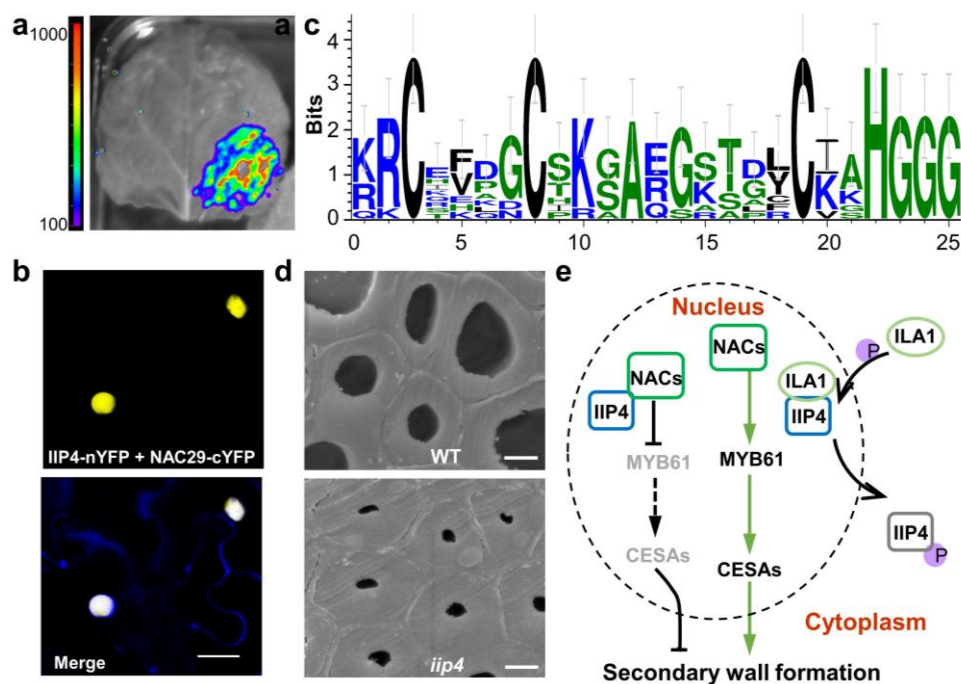


图 2. IIP4 蛋白是次生壁合成的负调控因子。(a 和 b) Split-Luc 及 BiFC 实验验证 IIP4 与 NAC29 互作；(c) IIP4 中的非典型 CCCH 基序；(d) 水稻茎秆横切面的扫描电镜图，显示 *iip4* 突变体次生壁增厚；(e) ILA1-IIP4 的调控通路和作用模型。

Figure 2. IIP4 is a repressor for secondary wall formation. (a and b) Split-luciferase complementation and BiFC assays to show IIP4 interacting with NAC29. Bars = 20  $\mu$ m in (b). (c) The CCCH motif structure in IIP4. (d) SEM images of sclerenchyma cells in the internodes of wild type and *iip4*. Bars = 2  $\mu$ m. (e) ILA1-IIP4 regulatory pathway for secondary wall formation.

## （二）研究成果

### 论文

1. Zhang, B.#, Zhang, L.#, Li, F.#, Zhang, D., Liu, X., Wang, H., Xu, Z., Chu, C.\*, and Zhou, Y.\* (2017). Control of secondary cell wall patterning involves xylan deacetylation by a GDSL esterase. *Nat Plants* 3: 17017.
2. Gao, Y.#, He, C.#, Zhang, D., Liu, X., Xu, Z., Tian, Y., Liu, X., Zang, S., Pauly, M., Zhou, Y.\*, and Zhang, B.\* (2017). Two trichome birefringence-like proteins mediate xylan acetylation, which is essential for leaf blight resistance in rice. *Plant Physiol* 173: 470-481.
3. Xu, Z.#, Li, S.#, Zhang, C., Zhang, B., Zhu, K., Zhou, Y.\*, and Liu, Q.\* (2017). Genetic connection between cell-wall composition and grain yield via parallel QTL analysis in *indica* and *japonica* subspecies. *Sci Rep* 7: 12561.
4. Schneider, R., Tang, L., Lampugnani, E., Barkwill, S., Lathe, R., Zhang, Y., McFarlane, H., Pesquet, E., Niittyta, T., Mansfield, S., Zhou, Y., and Persson, S.\* (2017). Two complementary mechanisms underpin cell wall patterning during xylem vessel development. *Plant Cell* 29: 2433-2449.
5. Zhou, T., Hua, Y., Zhang, B., Zhang, X., Zhou, Y., Shi, L., and Xu, F.\* (2017). Low-boron tolerance strategies involving pectin-mediated cell wall mechanical properties in *Brassica napus*. *Plant Cell Physiol* 58: 1991-2005.

### 论著

Zhang, B. and Zhou, Y.\* Carbohydrate composition analysis in xylem. In de Lucas, M., and Etchhells, J., eds. *Xylem: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1544: 213-222.

## （三）研究队伍

### 固定人员

周奕华（课题组长）、张保才、刘香玲、张兰军

### 在读研究生

李善策、汪航、唐露、曹少雪、梅家松、杨晗蕾、高成旭、孔德敏

### 毕业研究生

王少干

## 植物发育与抗病分子遗传学（朱立煌课题组）

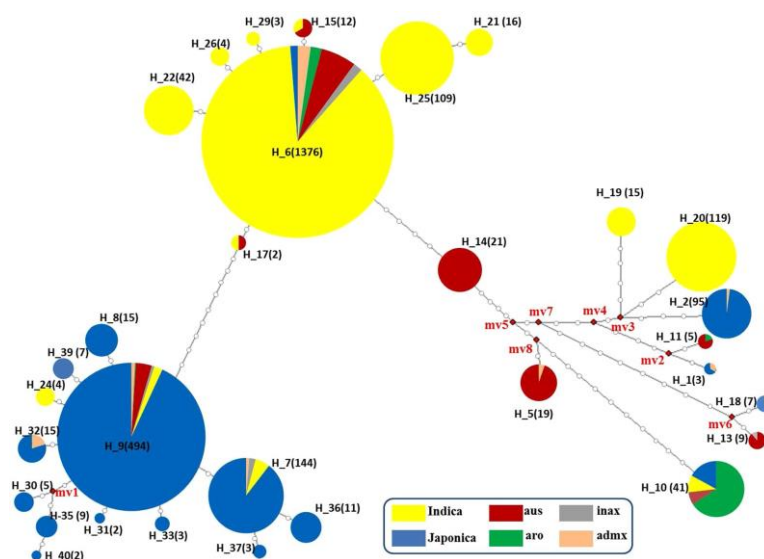
### Molecular Genetics in Plant Development and Disease Resistance

(Professor Lihuang Zhu)

#### （一）研究进展

##### 抗稻瘟病基因 *Pid3* 在栽培稻中的等位变异分析及利用研究

稻瘟病严重危害水稻生产，实践证明利用含有抗稻瘟病基因的水稻品种是控制稻瘟病的最有效途径。目前克隆的抗稻瘟病基因已超过30个，但许多都是处于同一个位点上的等位基因。由于不同的等位基因对稻瘟病菌的抗谱不同，对水稻材料中所含的已克隆的抗稻瘟病基因进行等位挖掘与利用十分必要。我们利用3k水稻重测序数据，对我们实验室前期克隆的抗稻瘟病基因*Pid3*在栽培稻中的等位变异进行了深入分析，鉴定出了3个大的单倍型类型，并验证了其中的4个主要单倍型均具有抗稻瘟病功能。然后结合各单倍型特异分子标记筛选和全基因克隆测序，发现*Pid3*位点在我国粳稻区几乎没有利用，而籼稻区绝大多数水稻材料中都含有功能型等位Hap\_6。基于以上研究结果，我们对抗稻瘟病基因*Pid3*位点在我国水稻育种中的利用提出了优选方案：将具有抗病功能的单倍型导入粳稻材料，而在籼稻中需要多利用非Hap\_6的功能型等位，以增加该位点的遗传多样性，达到持久抗病的目的。



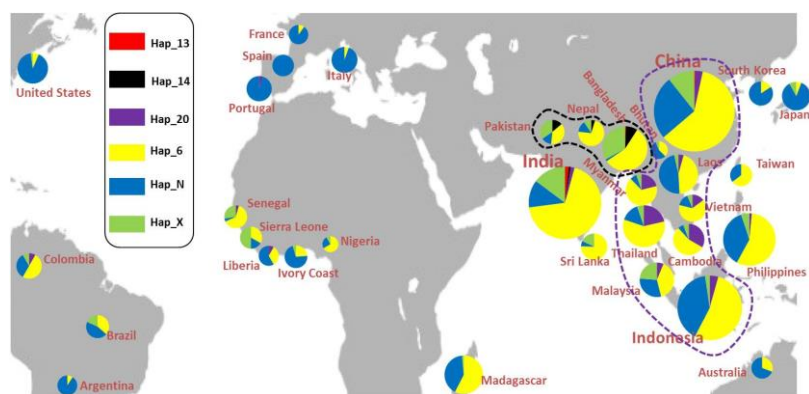


图1. 栽培稻中*Pid3*各单倍型序列变异及不同类型的功能型等位在世界范围内的分布情况。

Figure 1. The flowchart of 31 haplotypes of *Pid3*, and geographic distributions of functional haplotypes of *Pid3*.

### Allelic variation of the rice blast resistance gene *Pid3* in cultivated rice worldwide

Rice blast, caused by the filamentous ascomycete *M. oryzae*, is the most devastating rice fungus disease worldwide. It has been proven that deployment of cultivars with resistance (R) genes is the most effective and eco-friendly approach for the control of rice blast. To date, at least 69 rice blast R loci have been identified, of which 16 loci harboring more than 30 R genes/alleles have been cloned and functionally analyzed in detail. In recent years, a trend has become clear: a significant number of newly cloned rice blast R genes have finally been verified as being allelic to one of the previously cloned rice blast R genes, and fewer represent a new rice blast R locus. Considering that allelic rice blast R genes may confer distinct resistance spectra to *M. oryzae* isolates, we believe that allele mining of cloned rice blast R genes in rice germplasms would reveal more favorable R alleles for rice blast resistance breeding.

In this study, the re-sequencing data from 3,000 rice genomes project (3K RGP) was used to analyze the allelic variation at the rice blast resistance (R) *Pid3* locus. A total of 40 haplotypes were identified based on 71 nucleotide polymorphic sites among 2621 *Pid3* homozygous alleles in the 3k genomes. *Pid3* alleles in most *japonica* rice accessions were pseudogenes due to premature stop mutations, while

those in most *indica* rice accessions were identical to the functional haplotype Hap\_6, which had a similar resistance spectrum as the previously reported *Pid3* gene. By sequencing and CAPS marker analyzing the *Pid3* alleles in widespread cultivars in China, we verified that Hap\_6 had been widely deployed in *indica* rice breeding of China. Thus, we suggest that the priority for utilization of the *Pid3* locus in rice breeding should be on introducing the functional *Pid3* alleles into japonica rice cultivars and the functional alleles of non-Hap\_6 haplotypes into *indica* rice cultivars for increasing genetic diversity.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Wu, Q.#, Liu, X.#, Yin, D., Yuan, H., Xie, Q., Zhao, X., Li, X., Zhu, L., Li, S.\*, and Li, D.\* (2017). Constitutive expression of *OsDof4*, encoding a C<sub>2</sub>-C<sub>2</sub> zinc finger transcription factor, confers its distinct flowering effects under long- and short-day photoperiods in rice (*Oryza sativa* L.). *BMC Plant Biol* 17: 166.
2. Du, H.#, Yu, Y.#, Ma, Y.#, Gao, Q.#, Cao, Y.#, Chen, Z., Ma, B., Qi, M., Li, Y., Zhao, X., Wang, J., Liu, K., Qin, P., Yang, X., Zhu, L., Li, S.\*, and Liang, C.\* (2017). Sequencing and *de novo* assembly of a near complete *indica* rice genome. *Nat Commun* 8: 15324.
3. Xie, Q.#, Liu, X.#, Zhang, Y.#, Tang, J., Yin, D., Fan, B., Zhu, L., Han, L., Song, G.\*, and Li, D.\* (2017). Identification and characterization of microRNA319a and its putative target gene, *PvPCF5*, in the bioenergy grass switchgrass (*Panicum virgatum*). *Front Plant Sci* 8: 396.
4. Lv, Q., Huang, Z., Xu, X., Tang, Li., Liu, H., Wang, C., Zhou, Z., Xin, Y., Xing, J., Peng, Z., Li, X., Zheng, T.\*, and Zhu, L.\* (2017). Allelic variation of the rice blast resistance gene *Pid3* in cultivated rice worldwide. *Sci Rep* 7: 10362.
5. Li, W., Zhu, Z., Chern, M., Yin, J., Yang, C., Ran, L., Cheng, M., He, M., Wang, K., Wang, J., Zhou, X., Zhu, X., Chen, Z., Wang, J., Zhao, W., Ma, B., Qin, P., Chen, W., Wang, Y., Liu, J., Wang, W., Wu, X., Li, P., Wang, J., Zhu, L., Li, S., and Chen, X.\* (2017). A natural allele of a transcription factor in rice confers broad-spectrum blast resistance. *Cell* 170: 114-126.
6. Liu, J.#, Cheng, X.#, Liu, P., Li, D., Chen, T., Gu, X., and Sun, J.\* (2017). MicroRNA319-regulated TCPs interact with FBHs and PFT1 to coordinately activate *CO* transcription and promote photoperiodic flowering in *Arabidopsis*. *PLoS Genet* 13: e1006833.

7. Liu, Y., Wang, K., Li, D., Yan, J., and Zhang, W.\* (2017). Enhanced cold tolerance and tillering in switchgrass (*Panicum virgatum* L.) by heterologous expression of *Osa-miR393a*. *Plant Cell Physiol* 58: 2226-2240.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

朱立煌（课题组长）、周壮志、李大勇

#### 博士后

尹德东（已出站）

## 植物激素作用的分子机理

## 茉莉酸作用机理（李传友课题组）

### Molecular Mechanism of Jasmonate Action

(Professor Chuanyou Li)

#### （一）研究进展

##### 拟南芥LUH正向调控茉莉酸介导的植物防御

茉莉酸调控植物对机械损伤、咀嚼式昆虫和腐生型病原菌的防御反应。核心转录因子 MYC2 与中介体亚基 MED25 形成转录功能复合物，激活茉莉酸介导的转录重编程，从而实现植物的有效防御。在静息状态下，JAZ 蛋白通过招募保守的 Groucho 家族中的共抑制子 TPL 来抑制 MYC2 的转录活性。对应于病虫害或机械损伤，植物体内活性茉莉酸含量升高，促使 JAZ 降解而对 MYC2 “去抑制”；获得释放的 MYC2 与转录激活因子 MED25 相互作用，进而激活茉莉酸响应基因的表达。我们最近的研究发现，Groucho 家族中另一成员 LUH 在 MYC2 激活茉莉酸响应基因表达过程中发挥正向调控作用。MED25 与 LUH 直接互作，并将 LUH 招募到 MYC2 靶标启动子区；LUH 又进一步利于 MED25 在 MYC2 靶标启动子区的招募。LUH 还可以与转录激活因子组蛋白乙酰基转移酶 HAC1 直接互作，并有利于 HAC1 在 MYC2 靶标启动子区的招募。不止如此，LUH 还可以促进茉莉酸诱导的 MYC2 与 MED25 以及 MED25 与 HAC1 的互作，从而有利于 MYC2 激活茉莉酸响应基因表达。更有意义的是，当过量表达 MYC2、MED25 以及 HAC1 时，植物都不能表现出抗性提高的表型；只有当过量表达 LUH 时，植物对昆虫的抗性显著增强。因此，我们的工作发现 LUH 作为支架蛋白通过不同的结构域与 MYC2 的激活因子 MED25 及 HAC1 相互作用并协调其功能，从而实现茉莉酸响应基因的最优化表达。LUH 在植物中非常保守，表明 LUH 在植物保护方面有重要的应用前景。

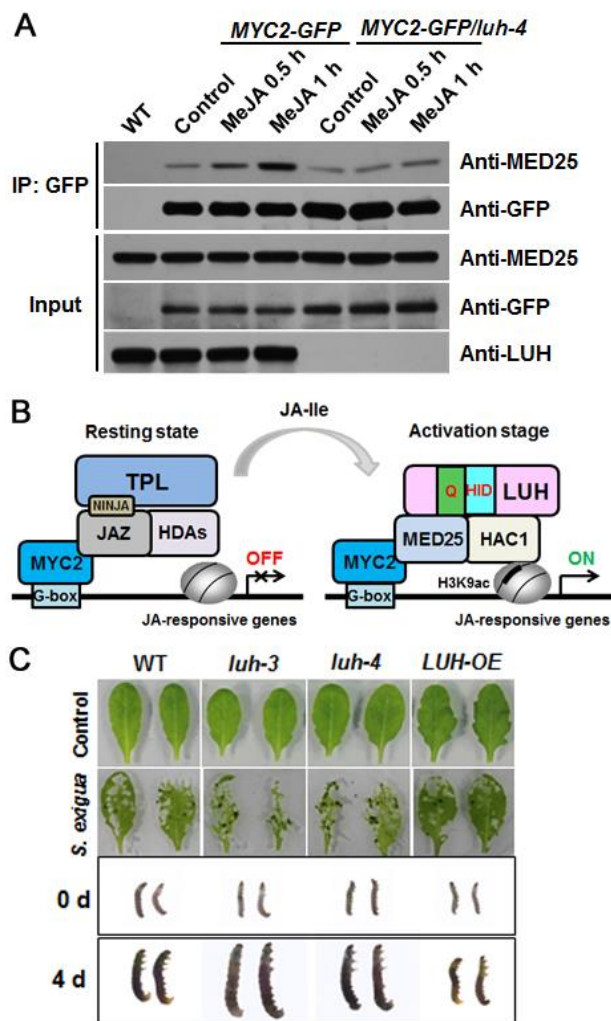


图1. LUH正向调控茉莉酸介导的免疫反应。(A) LUH促进茉莉酸诱导的MYC2-MED25互作；(B) LUH调控茉莉酸响应基因表达的作用模式图；(C) LUH过表达植物对昆虫抗性升高。

Figure 1. LUH positively regulates jasmonate-mediated plant immunity. (A) LUH promotes MeJA-induced interaction between MYC2 and MED25. (B) The mode of action of LUH in regulating jasmonate-responsive genes. (C) *LUH-OE* plants show enhanced resistance to insects attack.

### LUH positively regulates jasmonate-signaled plant defense

Jasmonate plays vital roles in regulating plant defense responses against mechanical wounding, herbivore attack and pathogen infection. In *Arabidopsis thaliana*, the master transcription factor MYC2 interacts with the Mediator subunit MED25 and forms a functional transcription complex named MMC, which

orchestrates a genome-wide transcriptional program that regulates diverse aspects of jasmonate responses. In the resting state, Jasmonate ZIM domain (JAZ) proteins repress MMC through recruiting TOPLESS (TPL), a member of the conserved Groucho (Gro)/Tup1-like transcriptional co-repressor family. Upon hormone-triggered degradation of JAZ repressors, MMC is liberated to activate jasmonate-responsive genes. Here we report the action mechanism of LEUNIG\_HOMOLOG (LUH), another Gro/Tup1 family protein, to activate MMC. MED25 recruits LUH to MYC2 target promoters through physical interaction; In turn, LUH facilitates jasmonate-induced recruitment of MED25 to MYC2 target promoters. LUH also interacts with HISTONE ACETYLTRANSFERASE OF THE CBP FAMILY1 (HAC1) and facilitates the recruitment of this co-activator to MYC2 target promoters. Moreover, we found that LUH plays a critical role in hormone-induced enhancement of protein interactions among MYC2, MED25 and HAC1 and that overexpression of *LUH* leads to enhanced plant resistance. Our results reveal that LUH, in cooperation with MED25 and HAC1 through its distinct domains, imposes a selective advantage on MMC activation. In the context that overexpression of *MYC2*, *MED25* or *HAC1* fails to enhance plant resistance, our work reveals that LUH plays a critical role in cooperating MYC2 with its multiple coactivators to optimize the transcriptional output of MMC.

## （二）研究成果

### 论文

1. Deng, L.#, Wang, H.#, Sun, C., Li, Q., Jiang, H., Du, M., Li, C.\*, and Li, C.\* (2017). Efficient generation of pink-fruited tomatoes using CRISPR/Cas9 system. *J Genet Genomics* 1-4.
2. Zhan, H., Yu, P., Zhao, J., Jiang, H., Wang, H., Zhu, Y., Botella, M., Samaj, J., Li, C., and Lin, J.\* (2017). Expression of tomato prosystemin gene in *Arabidopsis* reveals systemic translocation of its mRNA and confers necrotrophic fungal resistance. *New Phytol.* 217: 799-812.

## 论著

1. Li, J., Li, C., and Smith, S.M. eds. Hormone Metabolism and Signaling in Plants. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017. ISBN 978-0-12-811562-6.
2. Smith, S.M., Li, C., and Li, J. Hormone function in plants. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. Hormone Metabolism and Signaling in Plants. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 1-38.
3. Zhai, Q., Yan, C., Li, L., Xie, D., and Li, C.\* Jasmonates. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. Hormone Metabolism and Signaling in Plants. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 243-272.

## （三）研究队伍

### 固定人员

李传友（课题组长）、蒋红玲、翟庆哲、吴芳明、邓 磊

### 在读研究生

由艳荣、孙传龙、翟华伟、徐 萌、周 科、朱 强、张潇斐、赵 伟

### 毕业研究生

安春鹏、黄 倬、张潇月

### 博士后

李 倩、刘子妍、张若西

## 植物形态建成的遗传调控（王永红课题组）

### Genetic Control of Plant Morphogenesis

(Professor Yonghong Wang)

#### （一）研究进展

分蘖角度是构成水稻理想株型的重要农艺性状，对最终产量具有重要影响。重力反应与水稻分蘖角度密切相关，因此研究水稻茎重力反应对于发掘分蘖角度基因、解析分蘖角度和重力反应调控网络具有重要的理论价值和实践意义。本年度，本课题组在调控水稻分蘖角度和重力反应的分子机制研究中取得了重要进展。

##### 1. 利用水稻茎重力反应动态转录组解析分蘖角度调控网络

在前期工作中，本课题组通过水稻茎重力反应过程中的动态转录组数据将茎重力反应划分为早期和晚期两个阶段，并确定了4204个重力反应差异表达基因，包含958个早期反应基因和3246个晚期反应基因。我们将RiceNet、激素响应基因富集结果、KEGG pathway以及GO分析结果结合在一起，提出了水稻茎重力反应调控网络。在此分析结果基础上，我们筛选到一个早期响应转录因子 *Gravitropic Response 9 (GTR9)* 和一个晚期响应转录因子 *GTR4*。*GTR9* 功能缺失和 *GTR4* 及其同源基因 (*GTR4H*) 功能缺失时均导致水稻植株的茎重力反应减弱及分蘖角度增大（图1）。进一步的研究显示，*GTR9* 可能在生长素上游发挥功能，而 *GTR4* 及 *GTR4H* 特异地受生长素诱导，并在重力刺激的茎基部呈现不对称表达，暗示 *GTR4* 及 *GTR4H* 可能在生长素下游发挥功能进而调控水稻分蘖角度和重力反应。以上研究为构建重力反应调控分蘖角度的遗传网络提供了重要线索。

接下来，我们将通过转录组分析和遗传学的手段，挖掘在生长素上游及下游调控水稻分蘖角度和重力反应的关键因子，解析生长素介导的水稻分蘖角度调控机制，以期在水稻株型的改良、超级水稻品种的培育提供重要理论依据和有应用价值的基因资源。

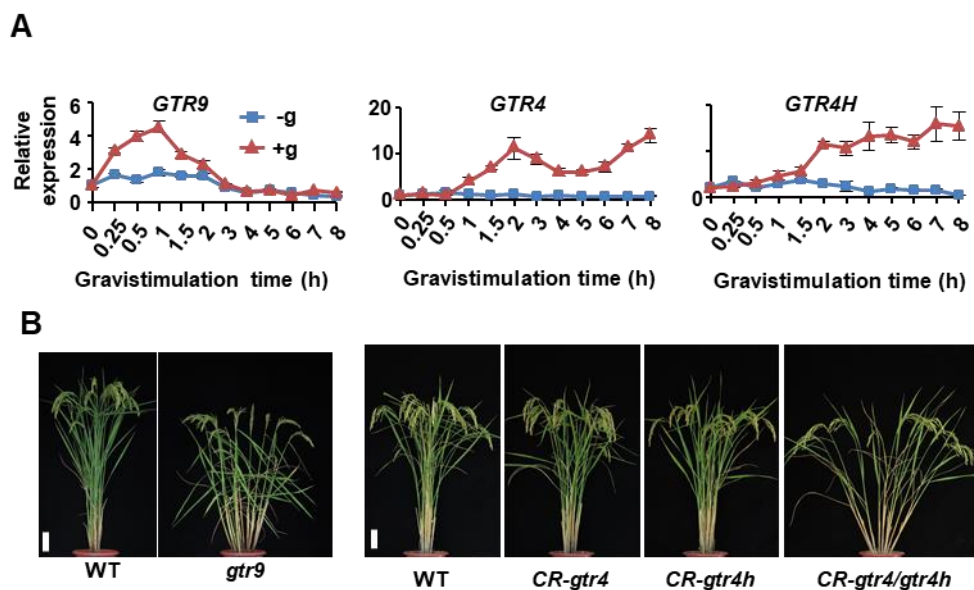


图1. *GTR9*和*GTR4*及其同源基因*GTR4H*参与调控水稻茎重力反应及分蘖角度。

(A) qRT-PCR验证*GTR9*、*GTR4*和*GTR4H*在RNA-Seq实验中的结果。数值是平均值 $\pm$ SE ( $n = 3$ );

(B) 野生型、*gtr9*、*CR-gtr4*、*CR-gtr4h*及*CR-gtr4/gtr4h*在成熟期的表型。Bars = 10 cm。

Figure 1. *GTR9*, *GTR4*, and *GTR4H* could regulate rice shoot gravitropic response and tiller angle.

(A) qRT-PCR validation of RNA-Seq results of *GTR9*, *GTR4*, and *GTR4H*. Values are means  $\pm$  SE ( $n = 3$ ).

(B) Phenotypes of the wild type and *gtr9*, *CR-gtr4*, *CR-gtr4h* and *CR-gtr4/gtr4h* at ripening stage. Bars = 10 cm.

Rice tiller angle is a key agronomic trait for achieving ideal plant architecture and increasing grain yield. Shoot gravitropism has shown to be involved in tiller angle regulation. However, the mechanisms of rice shoot gravitropism and tiller angle are largely unknown. Therefore, it is of important theoretical significance and application prospect to dissect the regulatory network of shoot gravitropism and rice tiller angle.

### 1. Exploring regulatory network of rice tiller angle through dynamic transcriptome analysis of shoot gravitropism

In our previous study, the dynamic transcriptome data revealed that rice shoot gravitropic response is divided into two stages, early and late stages. Totally 4204 differentially expressed genes (DEGs), including 958 early stage DEGs and 3246 late

stage DEGs, were identified. Based on RiceNet, KEGG pathway and GO analysis, we found that gravitropic DEGs are indeed functional related and formed a complex regulatory network. We further focused on an early stage DEG, *Gravitropic Response 9 (GTR9)* and a late stage DEG, *GTR4*. Loss of function of *GTR9*, as well as *GTR4* and its homozygous gene *GTR4H*, resulted in larger tiller angle and reduced gravitropic response (Figure 1). Further study showed that *GTR9* may function upstream of auxin in shoot gravitropic response and *GTR4* and *GTR4H* may control rice tiller angle and shoot gravitropic response downstream of auxin. These results provide important clues for exploring regulatory network of rice tiller angle mediated by shoot gravitropism.

Next, we will use transcriptome and genetics analysis to further identify the key factors that function upstream and downstream of auxin involved in the regulation of rice tiller angle and shoot gravitropism. Then, we will study the biological function of the key factors and their interaction proteins as well as their downstream target genes to explore the molecular mechanism of auxin-mediated tiller angle control. Our study will contribute to the genetic manipulation of plant architecture and the breeding of high-yield crops in the future.

## 2. 水稻分蘖角度控制基因LAZY3的克隆和功能研究

为了进一步解析分蘖角度和重力反应调控网络,我们通过正向和反向遗传学手段筛选到了10个新的水稻散生突变体,命名为*lazy3 (la3)*至*la12*。目前,我们重点对*la3*突变体进行了深入的研究。*la3*突变体的分蘖角度显著大于野生型,且地上部分的重力反应缺陷。我们采用图位克隆方法分离了LA3基因并通过遗传互补实验对LA3调控水稻地上部的重力反应和分蘖角度的功能进行了验证。进一步的研究显示,LA3编码一个叶绿体定位的未知蛋白,其蛋白的N末端存在靶向叶绿体的转运肽序列,这些序列对于LA3行使功能是必需的。*la3*突变体幼苗基部叶鞘细胞和幼茎的节间细胞中的淀粉含量及淀粉粒数目显著低于野生型,并且生长素侧向运输的能力也显著低于野生型,暗示LA3可能通过调节水稻淀粉代谢来影响水稻地上部分对重力的感应,从而调节重力刺激下的生长素分布,进而控制水

稻地上部分的重力反应和分蘖角度。

为了进一步揭示LA3调控水稻淀粉代谢和分蘖角度的机理，我们通过免疫沉淀(Immunoprecipitation, IP)并结合质谱分析(Mass spectrometry, MASS)的方法鉴定到了一个LA3的互作蛋白LA3 INTERACTING PROTEIN 1 (LIP1), Bimolecular Fluorescence Complementation (BiFC)的结果显示LIP1与LA3在叶绿体中互作(Figure 2A)。LIP1是一个与淀粉代谢相关的酶,通过CRISPR-Cas9技术创制的LIP1功能缺失突变体*lip1*呈现分蘖角度增大、植株散生生长的表型(Figure 2B)。*lip1*突变体的分蘖角度与*la3*单突变体以及*la3 lip1*双突变体的分蘖角度并无显著差异(Figure 2C和2D),暗示LA3可以通过与LIP1互作共同调控水稻分蘖角度,它们在调控水稻分蘖角度方面位于同一个途径中。在接下来的工作中,我们将进一步研究LA3通过与LIP1互作调控水稻分蘖角度的机制,为揭示LA3调控重力反应和分蘖角度的分子机理提供更多信息

## 2. Cloning and functional analysis of LAZY3 that controls rice tiller angle

To further explore regulatory network of shoot gravitropism and rice tiller angle, we screened and identified ten large tiller angle mutants, named from *lazy3* (*la3*) to *la12*, through forward and reverse genetic approaches. We focused on the *la3* for in-depth investigation, and found that the *la3* mutants displayed defective shoot gravitropism and increased tiller angle compared to the wild type plants. We isolated the LA3 gene using map-based cloning approach and verified its functions via genetic complementation test. LA3 encoded a previously unknown protein that localized in the rice chloroplast. The chloroplast-targeting transit peptide in the N-terminus of LA3 protein was essential for its involvement in the control of rice tiller angle. We also found that the starch content and the number of starch granules in the sheath of shoot bases and internode cells of the young culm were significantly decreased in the *la3* mutant. In addition, the capacity of lateral auxin transport (LAT) was significantly decreased in *la3*. These results suggested that LA3 could control rice tiller angle through regulating starch metabolism and gravity sensing of rice shoot, which could in turn modulate auxin distribution and rice shoot gravitropism.

To reveal the LA3-involved mechanism of starch metabolism and rice tiller angle,

we identified a LA3 interacting protein (LIP1) through immunoprecipitation-mass spectrometry (IP-MASS) technology. We confirmed the interaction between LA3 and LIP1 in chloroplast by biomolecular fluorescent complementation (BiFC) test (Figure 2A). We generated *lip1* mutant plants by CRISPR-Cas9 technology. The *lip1* mutant exhibited increased tiller angle with spread growth habit (Figure 2B) and the tiller angle of *lip1* was comparable to the *la3* single mutant and *la3 lip1* double mutant (Figure 2C and 2D), suggesting that LA3 and LIP1 may act in the same genetic pathway in the regulation of rice tiller angle. We will further study the function of LA3 involved in rice tillering angle through interaction with LIP1 and reveal the molecular mechanism of LA3-mediated shoot gravitropism and tiller angle.

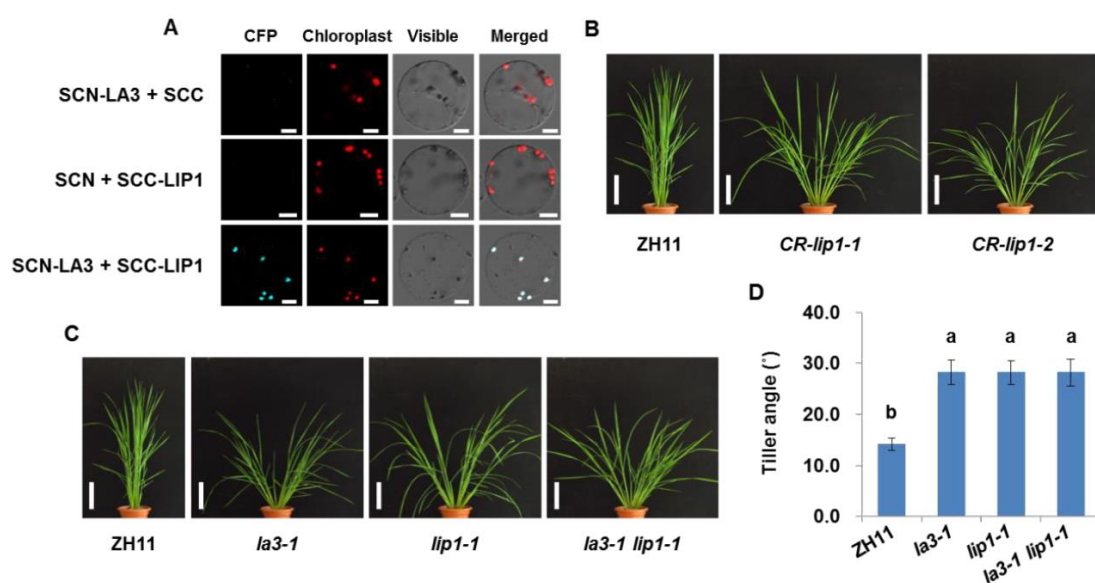


图 2. LA3 可能通过与 LIP1 互作调控水稻的分蘖角度。

(A) LA3 和 LIP1 在叶绿体中互作。Bars = 10  $\mu$ m。

(B) *CR-lip1-1* 和 *CR-lip1-2* 功能缺失转基因植株在孕穗期的表型。Bars = 20 cm。

(C) *la3-1*, *lip1-1* 和 *la3-1lip1-1* 在孕穗期的表型。Bars = 20 cm。

(D) *la3-1*, *lip1-1* 和 *la3-1lip1-1* 在孕穗期的分蘖角度数据统计。数值为平均值 $\pm$ SD ( $n = 10$ )。通过 Duncan 多重比较, 不同的字母代表统计学显著性差异( $P < 0.01$ )。

Figure 2. LA3 may regulate rice tiller angle through interacting with LIP1.

(A) LA3 could interact with LIP1 in the rice chloroplasts. Bars = 10  $\mu$ m.

(B) Phenotypes of *CR-lip1-1* and *CR-lip1-2* mutant plants at the booting stage. Bars = 20 cm.

(C) Gross morphologies of the *la3-1*, *lip1-1* and *la3-1lip1-1* plants at booting stage. Bars = 20 cm.

(D) Statistical analysis of tiller angle of the *la3-1*, *lip1-1* and *la3-1lip1-1* plants at booting stage. Data are given as means  $\pm$ SD. ( $n = 10$ ). Different letters above the column indicate statistically significant difference ( $P < 0.01$ ) determined by Duncan's new multiple range method.

## （二）研究成果

### 论文

1. Wang, J.#, Yu, H.#, Xiong, G., Lu, Z., Jiao, Y., Meng, X., Liu, G., Chen, X., Wang, Y.\*, and Li, J.\* (2017). Tissue-specific ubiquitination by IPA1 INTERACTING PROTEIN1 modulates IPA1 protein levels to regulate plant architecture in rice. *Plant Cell* 29: 697-707.
2. Zeng, D.#, Tian, Z.#, Rao, Y., Dong, G., Yang, Y., Huang, L., Leng, Y., Xu, J., Sun, C., Zhang, G., Hu, J., Zhu, L., Gao, Z., Hu, X., Guo, L., Xiong, G., Wang, Y., Li, J.\*, and Qian, Q.\* (2017). Rational design of high-yield and superior-quality rice. *Nat Plants* 3: 17031.
3. Ma, H.#, Duan, J.#, Ke, J.#, He, Y., Gu, X., Xu, T., Yu, H., Wang, Y., Joseph, S., Jiang, Y., Scott, B., Xu, E.\*, Li, J.\*, and Karsten, M.\* (2017). A D53 repression motif induces oligomerization of TOPLESS corepressors and promotes assembly of a corepressor-nucleosome complex. *Sci Adv* 3: e1601217.
4. Xin, W., Wang, Z., Liang, Y., Wang, Y., and Hu, Y.\* (2017). Dynamic expression reveals a two-step patterning of *WUS* and *CLV3* during axillary shoot meristem formation in *Arabidopsis*. *J Plant Physiol* 214: 1-6.

### 获奖

“水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”获得 2017 年度国家自然科学基金一等奖（王永红研究员：第四完成人）。

## （三）研究队伍

### 固定人员

王永红（课题组长）、黎舒佳、梁彦、袁运栋、刘家范

### 在读研究生

王继尧、武小伟、马梅、巩孝帝、王炳南、蔡月月、王东岭、黄雅倩、韩宁培

### 毕业研究生

黄林周

### 博士后

余皓

## 泛素修饰与植物胁迫信号传导的分子机制（谢旗课题组）

### Molecular Mechanism of Ubiquitination and Plant Abiotic Stress Signaling

(Professor Qi Xie)

#### （一）研究进展

##### 1. 植物ERAD平衡调控的研究进展

内质网相关的蛋白质降解(ERAD)是一种位于内质网的特殊的泛素蛋白酶体降解途径，在清除生物体内非正确折叠或修饰的蛋白质过程中发挥重要功能。鉴于 ERAD 功能的重要性，ERAD 活性受到体内错误折叠蛋白水平的严格调控。生物体在正常生长状态下，体内的错误折叠蛋白含量较低，ERAD 活性过高会导致正常蛋白的非特异性降解，因此需要通过 ERAD 平衡(ERAD tuning)下调部分关键组分的蛋白含量。但是目前植物体内 ERAD 研究还处于鉴定功能组分的阶段，对于 ERAD 平衡的研究少之又少。

本研究组的前期工作证明，生物体在正常生长情况下，体内错误折叠蛋白含量较低，HRD1通过直接泛素化并降解UBC32 (DOA10复合体成员) 保证ERAD活性处于较低水平。这是植物体内ERAD平衡的首例报道，同时还证明了该调控过程在动物中保守存在。在此基础上的研究工作发现UBC32作为泛素结合酶可以反向调控HRD1复合体的组分AtOS9。UBC32直接负调控AtOS9的蛋白稳定性(Chen et al., *Mol Plant*, 2017)。这个发现与近期哺乳动物中的研究相互印证了高等生物中HRD1与DOA10两个复合体之间存在相互拮抗的效应，进一步加深了我们对高等生物体内ERAD及ERAD平衡的认识。

##### 1. ERAD tuning of the HRD1 complex component AtOS9 is modulated by an ER-bound E2, UBC32

ERAD (Endoplasmic Reticulum-Associated Degradation) is a special ubiquitin proteasome system located on endoplasmic reticulum (ER) and is responsible for removing mis-folded or unfolded proteins retained in ER and cytosol. Based on its

importance in cell life, the ERAD activity was strictly controlled by internal level of mis-folded proteins. Under steady state, when there were fewer mis-folded proteins in cells, too-high level of ERAD activity led to the mis-regulation of proteins in cells. Therefore, some key components were down-regulated by ERAD tuning process to keep a low level of ERAD activity. However little is known in plant field.

Our lab focuses on the plant ERAD function. HRD1 and DOA10 complexes are two major complexes involved in ERAD in eukaryote. A previous work showed HRD1 targets UBC32 (DOA10 component) for degradation under steady state and that was the first report on ERAD tuning in plant science. Based on these findings, we recently found a reversed ERAD tuning, in which AtOS9, a component in HRD1 complex, is targeted by UBC32. UBC32 can interact with AtOS9 and negatively regulated the stability of AtOS9.

A recent work in mouse also showed there was a similar regulation mechanism. Thus, both works revealed there is an antagonistic effect between HRD1 and DOA10 complexes in higher eukaryote and these findings deepened our understanding of ERAD tuning.

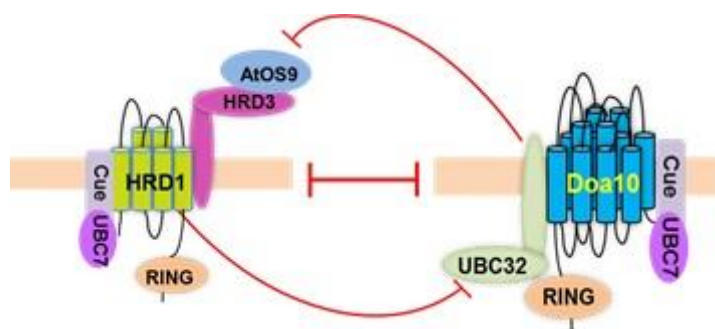


图1. 真核生物中HRD1复合体和DOA10复合体相互拮抗的分子模型。

Figure.1. HRD1 and DOA10 complexes antagonize each other in higher eukaryote.

## 2. 细胞分裂参与干旱响应的调控机制研究进展

干旱胁迫是影响植物生长发育的主要因素，也是制约农业生产的重要原因之一。因此，了解植物在干旱条件下如何权衡生长发育和胁迫抗性或耐受性、以及提高植物的耐逆性是全世界关注的焦点。

本课题组应用正向遗传学的方法筛选到 *dtm1* (*drought tolerance mutant1*) 突变体, 该突变体具有明显的耐旱性, 且 *dtm1* 的耐旱并不是通常已知的 ABA 依赖机制, 其耐旱表型是由 *CDKC;2* 突变引起气孔密度下降造成的。同时, 突变体由于细胞分裂增强而表现为叶片、花瓣和茎等器官明显变大和种子收获量增加, 暗示该基因突变提高了植物生长和耐逆能力。进一步的研究表明 *CDKC;2* 调控了细胞周期和气孔发育相关基因的表达(Zhao et al., *Plant J*, 2017)。因此, 本研究揭示了植物如何权衡生长发育和干旱耐受性的机制, 同时为生物技术提高植物耐旱和生长提供理论指导。

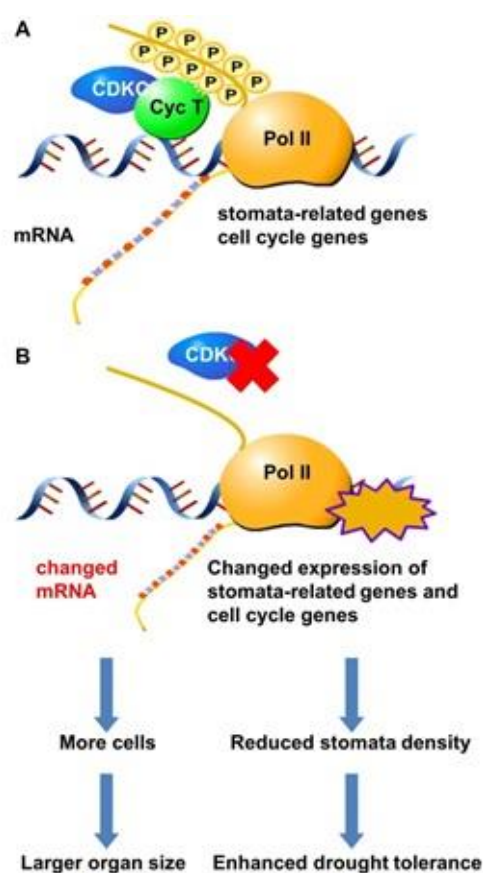


图2. *CDKC;2*调控细胞分裂和干旱响应的分子模型。

Figure 2. A proposed model for *CDKC;2* function in cell division and the effect on drought tolerance.

## 2. Loss of *CDKC;2* increases both cell division and drought tolerance in *Arabidopsis thaliana*

Cyclin-dependent kinases (CDKs) play key regulatory roles in cell cycle

progression and transcription. But previous studies have demonstrated that there is no direct evidence that *CDKC;2* is involved in cell cycle regulation.

Recently, our lab isolated and characterized drought tolerance mutant1 (*dtm1*) in *Arabidopsis* using forward genetic screening method. Furthermore, the loss of *AtDTM1* increases cell division during leaf development. The phenotype is caused by the loss of *CYCLIN-DEPENDENT KINASE C;2* (*CDKC;2*). Our work revealed how *CDKC;2* works in plant growth and drought response. We provides knowledge to understand the mechanisms between plant development and drought response, in which *CDKC;2* is a key player. Under standard growth condition loss function of *CDKC;2* promotes plant growth and under drought condition it reduces water evaporation from plant leaves resulting in the drought tolerance. This gene might be used in agronomic trait improvement and crop breeding.

## （二）研究成果

### 论文

1. Yu, F., and Xie, Q.\* (2017). Non-26S proteasome endomembrane trafficking pathways in ABA signaling. *Trends Plant Sci* 22: 976-985.
2. Chen, Q., Liu, R., Wang, Q., and Xie, Q.\* (2017). ERAD tuning of the HRD1 complex component AtOS9 is modulated by an ER-bound E2, UBC32. *Mol Plant* 39: 692-706.
3. Zhao, L.#, Li, Y.#, Xie, Q.\*, and Wu, Y.\* (2017). Loss of *CDKC;2* increases both cell division and drought tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J* 91: 816-828.
4. Li, Q.#, Wei, H.#, Liu, L., Yang, X., Zhang, X., and Xie, Q.\* (2017). Unfolded protein response activation compensates endoplasmic reticulum-associated degradation deficiency in *Arabidopsis*. *J Integr Plant Biol* 59: 506-521.
5. Yu, F., and Xie, Q.\* (2017). Ubiquitination modification precisely modulates the ABA signaling pathway in plants. *Hereditas* 39: 692-706.
6. Yang, M., Li, C., Cai, Z., Hu, Y., Nolan, T., Yu, F., Yin, Y., Xie, Q., Tang, G., and Wang, X.\* (2017). SINAT E3 ligases control the light-mediated stability of the brassinosteroid-activated transcription factor BES1 in *Arabidopsis*. *Dev Cell* 41: 47-58.

7. Qi, H., Xia, F., Xie, L., Yu, L., Chen, Q., Zhuang, X., Wang, Q., Li, F., Jiang, L., Xie, Q., and Xiao, S.\* (2017). TRAF family proteins regulate autophagy dynamics by modulating AUTOPHAGY PROTEIN6 stability in Arabidopsis. *Plant Cell* 29: 890-911.
8. Zhang, J., Lai, J., Wang, F., Yang, S., He, Z., Jiang, J., Li, Q., Wu, Q., Liu, Y., Yu, M., Du, J., Xie, Q., Wu, K., Yang, C.\* (2017). A SUMO ligase AtMMS21 regulates the stability of the chromatin remodeler BRAHMA in root development. *Plant Physiol* 173: 1574-1582.

## 论著

Li, J., Wu, Y., Xie, Q., Gong, Z. Abscisic acid. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 161-202.

## 专利

1. 谢旗；李刚；夏然. Compositions and methods for enhancing abiotic stress-tolerance. 专利号 PCT/GB2017/053253. 授权时间 2017.10.30. 英国.
2. 谢旗；赵莉娜；王鹏飞；夏然. CDKC2 蛋白及其编码基因在影响植物耐旱性中的新用途. 专利号 ZL 201310432037.7. 授权时间 2017.11.

## 品种

1. 高粱品种“中科甜 1 号”. GPD 高粱(2017) 650026. 中华人民共和国农业部. 中国科学院遗传与发育生物学研究所、石河子大学. 谢旗、唐三元、高峰.
2. 高粱品种“中科甜 2 号”. GPD 高粱(2017) 650027. 中华人民共和国农业部. 中国科学院遗传与发育生物学研究所、石河子大学. 谢旗、唐三元、高峰.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

谢旗 (课题组长)、吴耀荣、杨小元、夏然、唐三元、于菲菲、赵小强在读

### 研究生

魏绍巍、李雅琼、潘文波、王茜、陈诚轩、刘瑞君、胡若兰、李晓、谢鹏、Amial khan、曹孝强、张丹、刘广超

## 毕业研究生

王楠、彭浩

## 博士后

闫留华（已出站）、商晓玲、陈倩

## 植物乙烯信号转导及油分耐逆调控（张劲松课题组）

### Plant Ethylene Signaling and Control of Oil and Abiotic Stress Tolerance

(Professor Jinsong Zhang)

#### （一）研究进展

##### 乙烯通过抑制茉莉酸合成促进中胚轴和胚芽鞘伸长

水稻是重要的粮食作物，其幼苗主要由根、中胚轴、胚芽鞘以及真叶组成。其中，中胚轴和胚芽鞘的伸长促进了水稻幼苗出土。因此，解析中胚轴和胚芽鞘伸长的机制，对于培育早种直播水稻品种具有重要意义。

本课题组与陈受宜课题组、中国农科院作物所黎志康研究团队合作，通过对一个高腰儿突变体 *gaoyao1* (*gy1*) 的遗传分析，鉴定了调控中胚轴和胚芽鞘伸长的基因。进一步在自然群体中鉴定了该基因的优异等位变异 *GYI*<sup>376T</sup>。研究表明，*GY1* 是一个定位于叶绿体的磷脂酶 A1 蛋白，作用于茉莉酸生物合成的第一步。它通过促进茉莉酸的合成从而抑制中胚轴和胚芽鞘的伸长。功能研究和遗传分析表明，*OsEIN2* 和 *OsEIL2* 介导的乙烯信号通路通过抑制 *GYI* 及其它茉莉酸合成途径基因的表达来下调茉莉酸的含量，促进了细胞的伸长，进而调控了水稻中胚轴和胚芽鞘的长度。深入分析了 *GYI* 基因在 3000 份水稻基因组中的变异情况，发现了不同于 *gy1* 突变位点的优异等位变异 *GYI*<sup>376T</sup>。*GYI*<sup>376T</sup> 的存在与长中胚轴密切相关（图 1）。生化分析表明，*GYI*<sup>376T</sup> 具有低于对照 *GY1* 但高于突变体 *gy1* 蛋白的磷脂酶 A 活性。将对照品种日本晴的 *GYI*<sup>376G</sup> 转化到具有长中胚轴和长胚芽鞘的 *Kasalath* 品种（含有等位变异 *GYI*<sup>376T</sup>）中，可促进茉莉酸合成，抑制中胚轴和胚芽鞘伸长。这项研究揭示了水稻种子萌发出土过程中，乙烯通过抑制茉莉酸合成从而促进中胚轴和胚芽鞘伸长的新颖机制。鉴于等位变异 *GYI*<sup>376T</sup> 在我国水稻品种中存在频率较低，因此，将优异等位变异 *GYI*<sup>376T</sup> 导入到不同主栽品种中，将可能培育新型早种直播水稻品种，对于农业生产具有重要意义。

该研究于 2017 年 5 月 2 日在 *Plant Cell* 杂志在线发表。



图 1. *GYI* 基因的等位变异  $GYI^{376T}$  与长中胚轴相关。左侧：对照日本晴品种，含有对照  $GYI^{376G}$ ，具有短中胚轴和胚芽鞘，蓝色荧光显示细胞较短。右侧：Kasalath 品种，含有优异等位变异  $GYI^{376T}$ ，具有长中胚轴和胚芽鞘，蓝色荧光显示细胞较长。

Figure 1. *GYI* natural variant  $GYI^{376T}$  associates with long mesocotyl in rice cultivars.

The mesocotyl and coleoptile of wild type rice seedling (*Oryza sativa* var. Nip, left) is shorter than that of *O. sativa* var. Kasalath (right). This is because wild type has a 376G SNP in *GYI* gene which resulted in short cells in mesocotyl and coleoptile (left, dark blue cells). In contrast, Kasalath has a 376T SNP in *GYI* gene which resulted in long cells in mesocotyl and coleoptile (right, dark blue cells).

### **Ethylene-inhibited jasmonic acid biosynthesis promotes mesocotyl/coleoptile elongation of etiolated rice seedlings**

Rice is an important crop worldwide and direct sowing on dry upland is a trend to save labor and water. Elongation of the mesocotyl and coleoptile facilitates the emergence of rice seedlings from soil, and this process is affected by various genetic and environment factors. The regulatory mechanism underlying this process remains largely unclear.

Professors Jin-Song Zhang's group and Shou-Yi Chen's group, from Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, in collaboration

with Professor Zhi-Kang Li's team, from Chinese Academy of Agricultural Sciences, discovered the mechanism for mesocotyl/coleoptile elongation in etiolated rice seedlings. They found this novel regulatory mechanism of mesocotyl and coleoptile growth by characterizing a *gaoyao1* (*gy1*) mutant that exhibits a longer mesocotyl and longer coleoptile than its original variety of rice (*Oryza sativa*). GY1 was identified through map-based cloning and encodes a PLA1-type phospholipase that localizes in chloroplasts. GY1 functions at the initial step of jasmonic acid (JA) biosynthesis to repress mesocotyl and coleoptile elongation in etiolated rice seedlings. Ethylene inhibits the expression of *GY1* and other genes in the JA biosynthesis pathway to reduce JA levels and enhance mesocotyl and coleoptile growth by promoting cell elongation. Genetically, GY1 acts downstream of the OsEIN2-mediated ethylene signaling pathway to regulate mesocotyl/coleoptile growth. Through analysis of the re-sequencing data from 3,000 rice accessions, a single natural variation of the *GY1* gene, *GY1*<sup>376T</sup>, was identified, which contributes to mesocotyl elongation in rice varieties (Figure 1). Since the rice cultivars in China have a very low frequency of this elite allele, introduction of this allele into the various cultivars should broaden its use in breeding. This study reveals novel insights into the regulatory mechanism of mesocotyl/coleoptile elongation, and should have practical applications in rice breeding programs. This work has been published online in *Plant Cell* on May 2, 2017.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Lu, X., Xiong, Q., Cheng, T., Li, Q., Liu, X., Bi, Y., Li, W., Zhang, W., Ma, B., Lai, Y., Du, W., Man, W., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). A *PP2C-1* allele underlying a quantitative trait locus enhances soybean 100-seed weight. *Mol Plant* 10: 670-684.
2. Xiong, Q.#, Ma, B.##, Lu, X.#, Huang, Y., He, S., Yang, C., Yin, C., Zhao, H., Zhou, Y., Zhang, W., Wang, W., Li, Z., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017).

- Ethylene-inhibited jasmonic acid biosynthesis promotes mesocotyl/coleoptile elongation of etiolated rice seedlings. *Plant Cell* 29: 1053-1072.
3. Li, Q., Lu, X., Song, Q., Chen, H., Wei, W., Tao, J., Bian, X., Shen, M., Ma, B., Zhang, W., Bi, Y., Li, W., Lai, Y., Lam, S., Shui, G., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Selection for a zinc-finger protein contributes to seed oil increase during soybean domestication. *Plant Physiol* 173: 2208-2224.
  4. Wei, W., Tao, J., Chen, H., Li, Q., Zhang, W., Ma, B., Lin, Q., Zhang, J.\*, and Chen, S.\* (2017). A histone code reader and a transcriptional activator interact to regulate genes for salt tolerance. *Plant Physiol* 175: 1304-1320.
  5. Yang, C., Li, W., Cao, J., Meng, F., Yu, Y., Huang, J., Jiang, L., Liu, M., Zhang, Z., Chen, X., Miyamoto, K., Yamane, H., Zhang, J., Chen, S., and Liu, J.\* (2017). Activation of ethylene signaling pathways enhances disease resistance by regulating ROS and phytoalexin production in rice. *Plant J* 89: 338-353.
  6. Pan, W., Tao, J., Cheng, T., Shen, M., Ma, J., Zhang, W., Lin, Q., Ma, B., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Soybean NIMA-related kinase1 promotes plant growth and improves salt and cold tolerance. *Plant Cell Physiol* 58: 1268-1278.
  7. Yin, C., Zhao, H., Ma, B., Chen, S.\*, and Zhang, J.\* (2017). Diverse roles of ethylene in regulating agronomic traits in rice. *Front Plant Sci* 8: 1676.
  8. Zhao, S., Hong, W., Wu, J., Wang, Y., Ji, S., Zhu, S., Wei, C., Zhang, J., and Li, Y.\* (2017). A viral protein promotes host SAMS1 activity and ethylene production for the benefit of virus infection. *eLife* 6: e27529.

## 论著

1. Hao, D., Sun, X., Ma, B., Zhang, J.\*, and Guo, H.\* Ethylene. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 203-241.
2. Ma, B., and Zhang, J.\* Analysis of growth and molecular responses to ethylene in etiolated rice seedlings. In Binder, B., and Eric, G., eds. *Ethylene Signaling: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1573: 237-243.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

张劲松 (课题组长)、马 彪、何锶洁、韦 伟、阴翠翠

## 在读研究生

卞萧华、赵 赫、周 扬、黄一华、程 彤、胡 杨、曹务强、赵 瑞、白文婉  
王宙雅、金 萌

## 博士后

陈昊伟（已出站）

## 一氧化氮信号转导与作物氮营养（左建儒课题组）

### Nitric Oxide Signal Transduction and Nitrogen Nutrition in Crop

(Professor Jianru Zuo)

#### （一）研究进展

##### 一氧化氮通过调控蛋白质甲基化修饰响应植物胁迫

一氧化氮(nitric oxide, NO)是一个重要的信号分子, 参与调控几乎所有的信号通路。NO调控信号转导的主要机制之一是蛋白质S-亚硝基化修饰, 通过将靶蛋白特异半胱氨酸残基的巯基基团的氢离子被NO取代而形成亚硝基硫醇(S-NO)的过程。S-亚硝基化是一种高度保守的依赖于氧化还原的蛋白质翻译后修饰。甲基化是另一类重要的蛋白质翻译后修饰。蛋白质精氨酸甲基转移酶5 (protein arginine methyltransferase5, PRMT5)是一个在高等真核生物中高度保守的酶, 催化精氨酸对称性双甲基化修饰, 其底物包括pre-mRNA剪接体的核心组分。拟南芥PRMT5基因突变导致严重发育缺陷与胁迫反应异常等表型。目前对PRMT5活性的调控机制知之甚少。

本课题组前期通过亚硝基化蛋白质组学研究发现PRMT5蛋白存在亚硝基化修饰。进一步的分析发现PRMT5第125位半胱氨酸被亚硝基化修饰。生化实验表明该位点的修饰增强了PRMT5重组蛋白的酶活。在响应胁迫时, NO通过PRMT5第125位Cys的S-亚硝基化修饰正调控其酶活, 进而提高了植物体内蛋白质精氨酸对称性双甲基化水平。在*prmt5-1*突变体背景下, *PRMT5<sup>C125S</sup>* 转基因(Cys-125突变为不能发生亚硝基化修饰的Ser)恢复了突变体生长发育缺陷的表型, 但是没有恢复突变体对胁迫的超敏感表型。盐胁迫诱导精氨酸对称性双甲基化水平升高, 但是, *PRMT5<sup>C125S</sup>/prmt5-1*中的精氨酸双甲基化水平却不受盐诱导, 该现象与盐胁迫相关基因pre-mRNA的异常剪切一致。我们的研究发现了植物将胁迫诱导的NO信号通过对PRMT5的S-亚硝基化修饰而调控其活性, 从而揭示了两种不同类型的蛋白质翻译后修饰协同调控植物胁迫反应的分子机理。

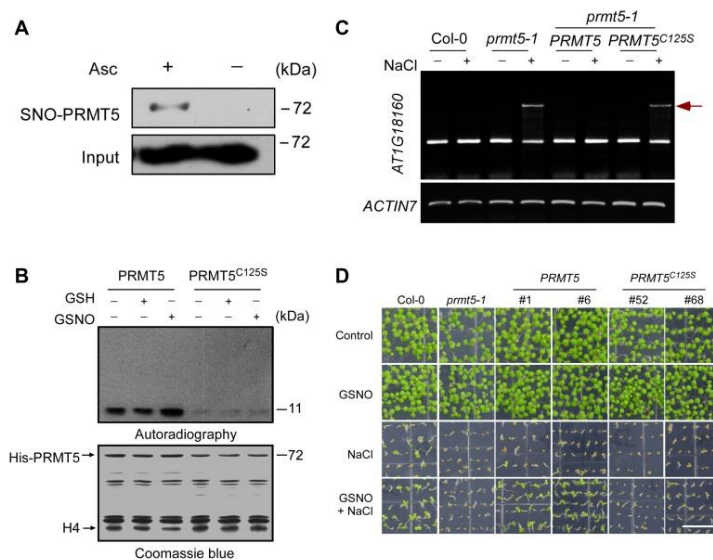


图 1. 一氧化氮通过亚硝基化修饰调控 PRMT5 的酶活与植物的耐盐性。(A) 植物内源 PRMT5 亚硝基化修饰分析。(B) His-PRMT5 和 His-PRMT5<sup>C125S</sup> 蛋白催化组蛋白 4 甲基化水平分析。(C) RT-PCR 分析 *AT1G18160* pre-mRNA 的剪切。(D) 在含有 150mM NaCl 或/和 50 M GSNO 的 1/2 MS 培养基上萌发并生长五天的幼苗。

Figure 1. NO regulates the PRMT5 activity by *S*-nitrosylation during stress responses in plants. (A) Analysis of *S*-nitrosylation of PRMT5 *in vivo*. (B) Analysis of the methylation of histone H4 catalyzed by His-PRMT5 and His-PRMT5<sup>C125S</sup>. (C) Analysis of pre-mRNA splicing of *AT1G18160* by RT-PCR. (D) Five-day-old seedlings germinated and grown on 1/2 MS medium containing 150 mM NaCl or / and 50 M DSNO.

### Nitric oxide regulates protein methylation during stress response in plants

Nitric oxide (NO) is an important cellular signaling molecule and involved in the regulation of various processes. The major bioactivity of NO is executed by regulating the activity of proteins through *S*-nitrosylation, a highly conserved posttranslational modification that covalently links an NO group to the reactive Cys thiol of a protein to form an SNO and regulates diverse biological processes. However, little is known about the biochemical and genetic regulation mechanism of *S*-nitrosylation. Methylation is also an important posttranslational modification. PRMT5 (protein arginine methyltransferase5), a highly conserved protein in higher eukaryotes, catalyzes Arg symmetric dimethylation, including key components of the

spliceosome. The *Arabidopsis prmt5* mutant shows severe developmental defects and impaired stress responses. However, little is known about the mechanisms regulating the PRMT5 activity.

We found that PRMT5 is an *S*-nitrosylated protein in a nitrosoproteomic study. Further studies showed that Cys-125 of PRMT5 is *S*-nitrosylated and *S*-nitrosylation enhances the methyltransferase activity of PRMT5. In response to stresses, NO positively regulates the PRMT5 activity through *S*-nitrosylation at Cys-125 and enhances the level of protein Arg symmetric dimethylation. In *prmt5-1* plants, a *PRMT5<sup>C125S</sup>* transgene, carrying a non-nitrosylatable mutation at Cys-125, fully rescues the developmental defects, but not the stress hypersensitive phenotype and the responsiveness to NO during stress responses. Moreover, the salt-induced Arg symmetric dimethylation is abolished in *PRMT5<sup>C125S</sup>/prmt5-1* plants, correlated to aberrant splicing of pre-mRNA derived from a stress-related gene. These findings define a mechanism by which plants transduce stress-triggered NO signal to protein methylation machinery through *S*-nitrosylation of PRMT5 in response to environmental alterations.

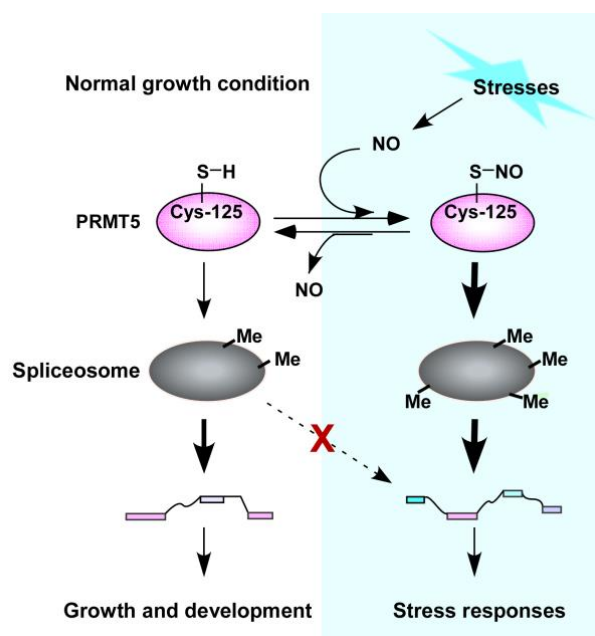


图2. 蛋白质亚硝基化与甲基化通路互动调控植物胁迫反应的工作模型。

Figure 2. A working model of *S*-nitrosylation and methylation coordinately regulate stress responses in plants.

## （二）研究成果

### 论文

Hu, J.#, Yang, H.#, Mu, J., Lu, T., Peng, J., Deng, X., Kong, Z., Bao, S., Cao, X., and Zuo, J.\* (2017). Nitric oxide regulates protein methylation during stress responses in plants. *Mol Cell* 67: 702-710.

### 论著

Feng, J., Shi, Y., Yang, S., and Zuo, J. Cytokinins. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 77-106.

## （三）研究队伍

### 固定人员

左建儒（课题组长）、张 健、张燕香、粘金岩、彭居俐

### 在读研究生

杜 虎、马晓辉、李翰文、师春青、孙淑豪、封天鹏、王丹凤、吴 蓉、路芳芳

### 博士后

詹 妮、郭 猛

## 植物与环境、病虫互作的分子机理

## 植物与根系微生物组互作（白洋课题组）

### Interactions between Plant and Root Microbiome

(Professor Yang Bai)

#### （一）研究进展

##### 1. 植物微生物培养组学方法建立

高通量16S扩增子测序技术可以鉴定植物微生物组中的细菌种类和丰度。研究发现植物根系富集了与邻近土壤相比特异的微生物群体。然而，由于微生物分离培养的技术困难，植物根系微生物如何作为一个群体来行使生物学功能仍然未知。传统的观点普遍认为自然界中只有不到1%的微生物能在实验室条件下稳定培养，这使植物微生物组的功能研究充满了挑战。我们通过改良微生物培养条件和分类鉴定技术，系统的建立了植物微生物培养组学方法，鉴定包括了在自然土壤中生长的拟南芥根系64%的细菌种。目前正在拟南芥和多种农作物中开展微生物培养组学研究，获得了6万个植物根系细菌和900个真菌的单克隆，分离到的菌种正进行分类学鉴定。

##### 1. Method of culturomics for plant microbiota

The development of 16S amplicon sequencing allows efficient identification of bacterial diversity and relative abundance in plant microbiota. Plant roots enrich taxonomically defined microbial communities comparing with unplanted soil. However, due to the limitation of microbial cultivation, plant microbiota's functions are still unclear. The main difficulty is that less than 1% of environmental microbes can be cultured in the laboratory condition. We have established the culturomics method for plant microbiota, capturing 64% *Arabidopsis* root bacteria (Figure 1). We are culturing root microbes in *Arabidopsis thaliana* and crops. We have cultured and sequenced over 60,000 bacterial isolates, and 900 fungal isolates from plants grown in natural soils.

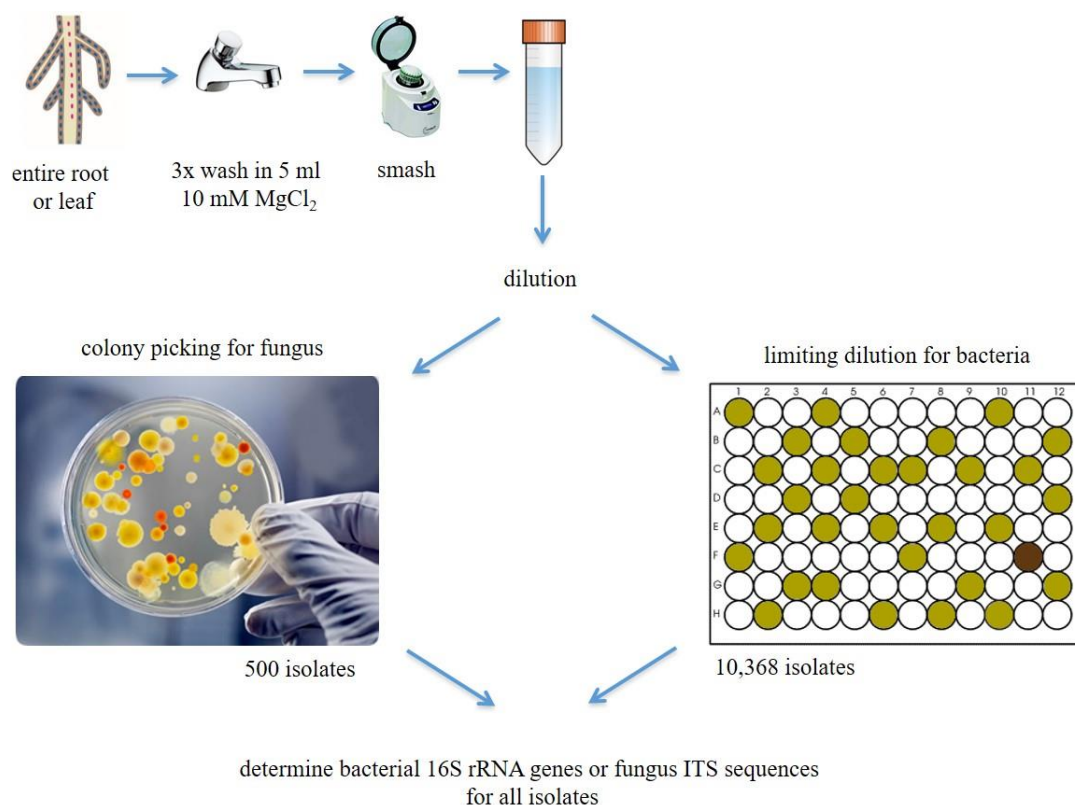


图1. 植物微生物培养组学方法建立。

Figure 1. Pipeline of culturomics for plant microbiota.

## 2. 微生物组在植物产量中作用

根系微生物组在植物产量、营养吸收和抗病中有重要作用。在作物和模式植物中，采用扩增子或宏基因组技术，已经对根系微生物的群落结构进行了广泛的研究。然而，根系微生物与宿主植物生长的功能是否相关仍然未知。本研究针对谷子根系微生物群体与产量性状进行关联分析。我们采用16S扩增子技术，对张家口和杨凌的2882份谷子样品的根表、根际土和土壤进行分析。鉴定了16109个OTUs，其中187个为根表的核心OTUs。Beta多样性分析显示，微生境(microhabitat)在微生物群落影响最大，其次是地理位置。大规模关联分析鉴定了与高产相关的潜在有益菌。本研究描述了谷子根系细菌群落结构，并发现了根表核心细菌组分。结果表明宿主植物在根表富集特异的细菌和功能。这些潜在的有益菌将可能作为生物肥料应用于农业发展。文章于2017年9月5日在线发表于*GigaScience*杂志。

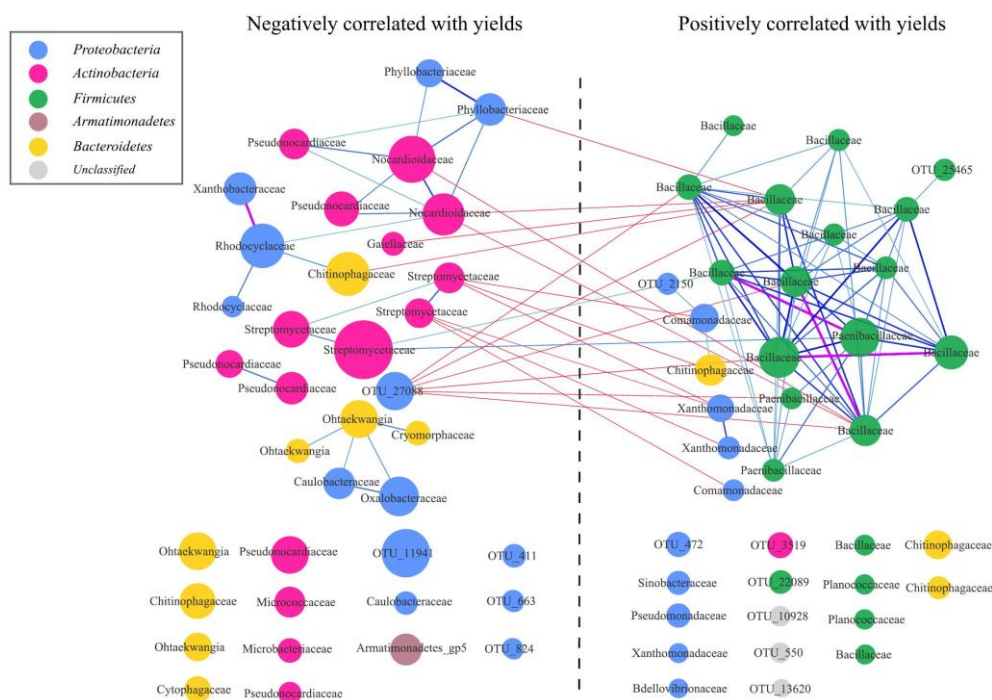


图2. 网络图展示谷子产量与根系微生物组相关性。

Figure 2. Co-occurrence network of marker OTUs in foxtail millet rhizoplane microbiota

## 2. Plant microbiome in plant yield

The root microbes play pivotal roles in plant productivity, nutrient uptakes, and disease resistance. The root microbial community structure has been extensively investigated by 16S/18S/ITS amplicons and metagenomic sequencing in crops and model plants. However, the functional associations between root microbes and host plant growth are poorly understood. This work investigates the root bacterial community of foxtail millet (*Setaria italica*) and its potential effects on host plant productivity. We determined the bacterial composition of 2882 samples from foxtail millet rhizoplane, rhizosphere and corresponding bulk soils from 2 well-separated geographic locations by 16S rRNA gene amplicon sequencing. We identified 16 109 operational taxonomic units (OTUs), and defined 187 OTUs as shared rhizoplane core OTUs. The  $\beta$ -diversity analysis revealed that microhabitat was the major factor shaping foxtail millet root bacterial community, followed by geographic locations. Large-scale association analysis identified the potential beneficial bacteria correlated with plant high productivity. Besides, the functional prediction revealed specific

pathways enriched in foxtail millet rhizoplane bacterial community. We systematically described the root bacterial community structure of foxtail millet and found its core rhizoplane bacterial members. Our results demonstrated that host plants enrich specific bacteria and functions in the rhizoplane. The potentially beneficial bacteria may serve as a valuable knowledge foundation for bio-fertilizer development in agriculture.

## （二）研究成果

### 论文

1. Jin, T.#, Wang, Y.#, Huang, Y.#, Xu, J.#, Zhang, P., Wang, N., Liu, X., Chu, H., Liu, G., Jiang, H., Li, Y., Xu, J., Kristiansen, K., Xiao, L., Zhang, Y., Zhang, G., Du, G., Zhang, H., Zou, H., Zhang, H., Jie, Z., Liang, S., Jia, H., Wan, J., Lin, D., Li, J., Fan, G., Yang, H., Wang, J., Bai, Y.\*, and Xu, X.\* (2017). Taxonomic structure and functional association of foxtail millet root microbiome. *GigaScience* 6: 1-12.
2. Sczyrba, A.\*, Hofmann, P., Belmann, P., Koslicki, D., Janssen, S., Droge, J., Gregor, I., Majda, S., Fiedler, J., Dahms, E., Bremges, A., Fritz, A., Garrido-Oter, R., Jorgensen, T., Shapiro, N., Blood, P., Gurevich, A., Bai, Y., Turaev, D., DeMaere, M.Z., Chikhi, R., Nagarajan, N., Quince, C., Meyer, F., Balvociute, M., Hansen, L., Sorensen, S., Chia, B., Denis, B., Froula, J., Wang, Z., Egan, R., Don Kang, D., Cook, J., Deltel, C., Beckstette, M., Lemaitre, C., Peterlongo, P., Rizk, G., Lavenier, D., Wu, Y., Singer, S., Jain, C., Strous, M., Klingenberg, H., Meinicke, P., Barton, M., Lingner, T., Lin, H., Liao, Y., Silva, G., Cuevas, D., Edwards, R., Saha, S., Piro, V., Renard, B., Pop, M., Klenk, H., Goker, M., Kyrpides, N., Woyke, T., Vorholt, J., Schulze-Lefert, P., Rubin, E., Darling, A., Rattei, T., and McHardy, A.\* (2017). Critical assessment of metagenome interpretation-a benchmark of metagenomics software. *Nat Methods* 14: 1063-1071.

## （三）研究队伍

### 固定人员

白 洋（课题组长）、曲宝原、刘永鑫

## 在读研究生

姜 婷、贺子姗、秦 媛、张小宁、张 娜、汪 辉、钱景美、徐浩然

## 博士后

张婧赢、郭晓璇、王 鑫、王 超

## 病原微生物致病与植物抗病的机制（方荣祥课题组）

### Mechanisms of Pathogen Infection and Defense in Plant

(Professor Rongxiang Fang)

#### （一）研究进展

##### 1. 脯氨酸亚氨基肽酶具有双重调控功能：抑制细菌运动性及植物免疫反应

病原菌在侵染植物过程中进化出多种抵抗宿主植物免疫的策略。脯氨酸亚氨基肽酶 (Proline iminopeptidase, PIP) 对于野油菜黄单胞菌 (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, *Xcc*) 的致病性是必需的, 并在多种植物相关细菌中具有保守性。但PIP的致病机理尚不清楚。本课题组研究发现, PIP作为细菌运动性的负调控因子, 抑制鞭毛相关基因的表达, *pip*的缺失导致*Xcc*细菌胞内第二信使c-di-GMP的降低, 使细菌鞭毛介导的运动性增强。过量表达*pip*后, 细菌胞内c-di-GMP含量增加, 随之细菌的运动性减弱。我们还发现PIP是一个新型的III型分泌系统依赖的效应子, 将PIP在宿主植物拟南芥中表达, 与野生型相比, 转*pip*基因植物对*Xcc*的侵染更敏感, PIP通过干扰水杨酸(Salicylic acid, SA)合成和信号转导途径实现对植物免疫系统的抑制。PIP的功能依赖其酶活性。在植物与病原菌互作过程中, PIP同时调控了两个不同的信号网络, 对内调节细菌的运动性, 对外调控植物的免疫途径, 这反映了细菌在侵染宿主植物过程中的复杂调控策略 (见图1)。

##### 1. A dual role for proline iminopeptidase in regulating bacterial motility and host immunity

During plant-pathogen interactions, pathogenic bacteria have evolved multiple strategies to cope with the sophisticated defense systems of host plants. Proline iminopeptidase (PIP) is essential to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (*Xcc*) virulence, and conserved in many plant-associated bacteria, but its pathogenic mechanism remains unclear. In this study, we found that disrupting *pip* in *Xcc*

enhanced its flagella-mediated bacterial motility by decreasing intracellular c-di-GMP levels, and overexpression of *pip* restricted bacterial motility by elevating c-di-GMP levels. Higher bacterial titers were observed in the *pip*-overexpressed plants compared to the wild-type plants after *Xcc* inoculation. The repressive function of PIP on plant immunity acted through interfering with the salicylic acid (SA)-biosynthetic and regulatory genes. PIP exerts its functions depending on its enzymatic activity. Thus, PIP simultaneously regulates two distinct regulatory networks during plant-microbe interactions, i.e. coordinating bacterial behavior, such as motility, and functioning as a type III effector translocated into plant cells to suppress plant immunity. Both processes provide bacteria with the regulatory potential to rapidly adapt to complex environments, and improve the chances of bacterial survival by helping pathogens to inhabit the internal tissues of host plants (Figure 1).

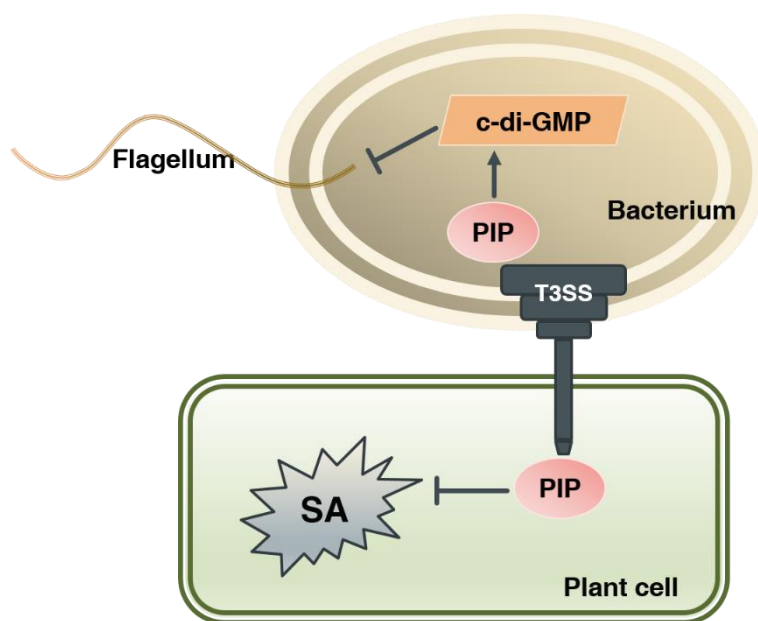


图 1. PIP 在细菌 *Xcc* 及宿主植物中的调控模型。

Figure 1. Working model for PIP's function in both *Xcc* and host plant.

## 2. OsPIL15 负调控水稻分蘖角度

分蘖角度是构成水稻株型的重要农艺性状，研究水稻分蘖角度的调控机理，有助于培育理想水稻株型，进而提高水稻产量。拟南芥光敏色素互作因子参与调

控植物种子萌发、光形态建成、避荫以及开花等生长发育过程。本课题组的研究发现，水稻PIL15作为一个水稻光敏色素互作因子能够负调控植株分蘖角度。显性抑制PIL15转基因植株的茎重力减弱，分蘖角度增大，植株分散。光敏色素B (phyB)是主要感受低比例红光/远红光的光受体，*phyB*突变体和PIL15过表达转基因植株均具有茎重力性增强以及分蘖角度减小的表型，同时*phyB*突变体中积累更多的PIL15蛋白。进一步研究发现PIL15蛋白在黑暗条件下积累，而受光诱导降解。根据以上结果，我们推测PIL15作为一个负调控因子整合光和重力信号调控水稻分蘖角度（见图2）。

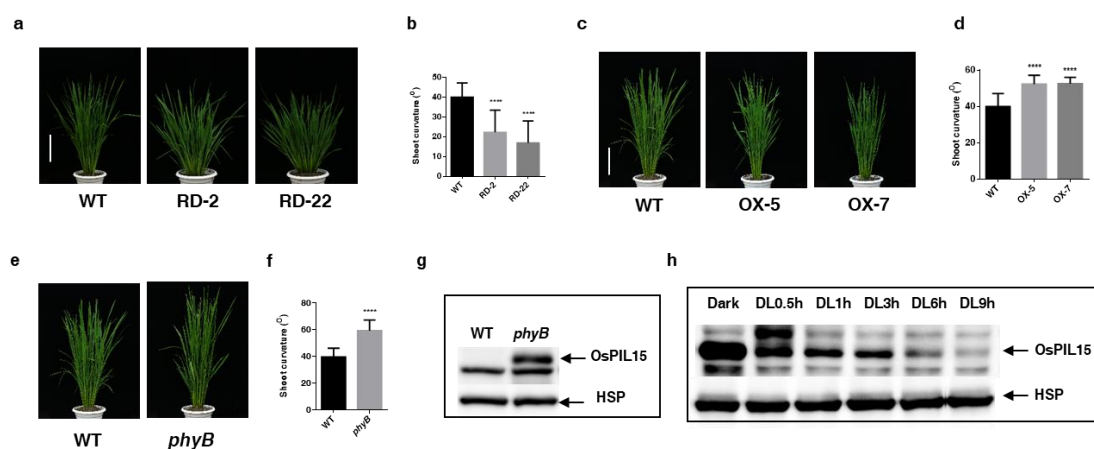


图 2. OsPIL15 负调控水稻分蘖角度。

- (a) 显性抑制 PIL15 转基因植物株型分散；  
 (b) 显性抑制 PIL15 幼苗茎重力性减弱；  
 (c)和(e) PIL15 过表达转基因和 *phyB* 突变体具有较小的分蘖角度表型；  
 (d)和(f) PIL15 过表达转基因和 *phyB* 突变体幼苗的茎重力性增强；  
 (g) *phyB* 突变体比野生型积累更多的 PIL15 蛋白；  
 (h) PIL15 蛋白光诱导降解。

Figure 2. OsPIL15 negatively regulates rice tiller angle.

- (a) Dominant negative OsPIL15 (RD) plants exhibit a tiller-spreading phenotype.  
 (b) RD seedlings reduce shoot gravitropism.  
 (c) and (e) OsPIL15-overexpressing (OX) and *phyB* mutant plants display a smaller tiller angle.  
 (d) and (f) OX and *phyB* mutant seedlings enhance shoot gravitropism.  
 (g) More OsPIL15 protein accumulated in *phyB* plants than wild type.  
 (h) OsPIL15 protein is degraded under light.

## 2. OsPIL15 negatively regulates rice tiller angle

Tiller angle of cereal crops is a key agronomic trait that contributes to grain production. Understanding of how tiller angle is controlled is helpful for achieving ideal plant architecture to improve grain yield. The molecular mechanism underlying the regulation of tiller angle remains unknown. Phytochrome-interacting factors (PIFs) are known to regulate seed germination, seedling skotomorphogenesis, shade avoidance and flowering in *Arabidopsis thaliana*. Here, we report that OsPIL15, a rice PIF, that negatively regulates tiller angle. Dominant-negative OsPIL15 plants displayed a larger tiller angle, which was associated with reduced shoot gravitropism. Phytochrome B (phyB) is the main photoreceptor perceiving the low red:far-red ratio of shade light. Compared with wild-type rice plants, both loss-of-function *phyB* plants and *OsPIL15*-overexpressing plants showed smaller tiller angles and enhanced shoot gravitropism. In addition, more OsPIL15 protein accumulated in *phyB* plants than in wild-type plants, and OsPIL15 was degraded under light. OsPIL15 is proposed to be a negative regulator that integrates light and gravity signals to control tiller angle in rice (Figure 2).

## (二) 研究成果

### 论文

1. Xie, C.#, Zhang, G.#, Zhang, Y.#, Song, X., Guo, H., Chen, X.\*, and Fang, R.\* (2017). *SRWD1*, a novel target gene of DELLA and WRKY proteins, participates in the development and immune response of rice (*Oryza sativa* L.). *Sci Bull* 62: 1639-1648.
2. Kan, J., Fang, R.\*, and Jia, Y.\* (2017). Interkingdom signaling in plant-microbe interactions. *Sci China Life Sci* 60: 1-12.
3. Song, X.#, Guo, H.#, Zhang, G., Wu, Y., Wang, G., Chen, X.\*, and Fang, R.\* (2017). OsPRA2 fine-tunes rice brassinosteroid receptor. *Plant Signal Behav* 12: e1257455.
4. 宋丽阳, 方荣祥\*, 贾燕涛\* (2017). 生物被膜在病原细菌与植物识别中的作用. *农业生物技术* 33: 1640-1653.

5. Yang, C.#, Cui, C.#, Ye, Q., Kan, J., Fu, S., Song, S., Huang, Y., He, F., Zhang, L., Jia, Y., Gao, Y., Harwood, C.\*, and Deng, Y.\* (2017). *Burkholderia cenocepacia* integrates *cis*-2-dodecenoic acid and cyclic dimeric guanosine monophosphate signals to control virulence. *Proc Natl Acad Sci USA* 114: 13006-13011.

## 专利

1. 方荣祥; 陈晓英; 张玉满. 种子盾片及叶细脉特异启动子 PC2 及其应用. 专利号 ZL 201310712090.2. 授权时间 2017.7.7.
2. 方荣祥; 陈晓英; 张玉满. 淀粉胚乳特异非表达启动子 NSE 及其应用. 专利号 ZL 201310712099.3. 授权时间 2017.6.20.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

方荣祥 (课题组长)、陈晓英、贾燕涛、颜永胜、张玉满

### 在读研究生

谢传淼、王华彩、安琳、孔晓雨、于原玲、宋丽阳、赵璟、刘雅雯  
王海婷、刘青、李云娜

### 毕业研究生

张歌

### 博士后

焦晓明

## RNA 沉默与植物抗病机制（郭惠珊课题组）

### RNA Silencing and Dissection of Disease Resistance in Plants

(Professor Hui-Shan Guo)

#### （一）研究进展

大丽轮枝菌是一种土传病原真菌，通过形成附着枝感染植物根部，在世界范围内引起严重的黄萎病害。和其他病原微生物一样，大丽轮枝菌的重要致病策略之一是分泌效应蛋白到植物细胞，干扰植物免疫反应；但其分泌结构和分泌转运机制以及分泌蛋白都亟待探究。

##### 1. 大丽轮枝菌分泌蛋白传递途径研究

本课题组在前期发现大丽轮枝菌侵染结构附着枝的基础上，继续开展了大丽轮枝菌侵染过程中分泌蛋白传递途径的研究。发现大丽轮枝菌通过反复形成附着枝和穿透钉以刺穿植物根细胞壁，当形成入侵菌丝后，穿透钉衍化成菌丝颈环(图 1A)，并与寄主形成紧密互作的穿透界面。通过细胞生物学研究发现大丽轮枝菌细胞骨架组分 Septin5 和 F-actin 以成环的形式(Septin 环)定位于菌丝颈环，分泌蛋白在此处大量分泌至 Septin 环之外(图 1B)；分泌蛋白在穿透界面的有效分泌依赖于 Septin5 在菌丝颈环的有序组织。进一步实验表明囊泡转运因子 VdSec22、VdSyn8 和胞吐体亚基 VdExo70 参与分泌蛋白的传递和转运，其缺失均导致分泌蛋白滞留在附着枝及菌丝颈环之内；VdSep5, VdSec22, VdSyn8 及 VdExo70 基因的敲除突变体会显著地降低大丽轮枝菌在棉花上的致病性。

该项研究首次阐明了大丽轮枝菌依赖 Septin5 的分泌蛋白转运机制，即 Septin5 骨架蛋白在菌丝颈环组装并形成了真菌-寄主的穿透界面，可以高效分泌效应蛋白；本研究揭示了大丽轮枝菌的附着枝既是侵染结构又是独特的分泌结构，是大丽轮枝菌成功侵染植物的关键信号中枢(Zhou et al., *PLoS Pathog*, 2017)。

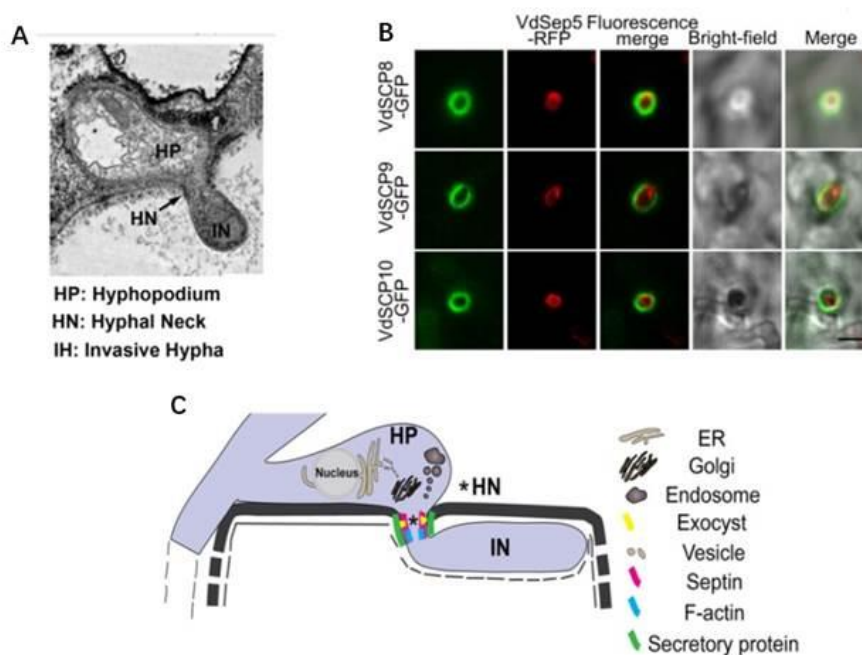


图 1. (A) 大丽轮枝菌附着枝(HP)、菌丝颈部(HN)和入侵菌丝(IH)电镜图。(B) 分泌蛋白 VdSCPs-GFP (绿色荧光) 定位于 Septin5 骨架蛋白 (红色荧光) 组成的菌丝颈环外围。(C) 多种蛋白参与分泌蛋白转运到穿透界面的示意图。

Figure 1. (A) Transmission electron microscopy analysis of *V. dahliae* HP, hyphopodium; HN, hyphal neck; IH, invasive hypha. (B) VdSCP8-GFP, VdSCP9-GFP and VdSCP10-GFP rings localized outside of the VdSep5-RFP ring. (C) Simple schematic of secretory protein preferential delivery to the hyphal neck in *V. dahliae*.

## 1. Secretory proteins are delivered to the septin-organized penetration interface during root infection by *Verticillium dahliae*

Successful infection of the host requires secretion of effector proteins to evade or suppress plant immunity. Secretion of effectors in root-infecting fungal pathogens, however, remains unexplored. We previously reported that *Verticillium dahliae*, a root-infecting phytopathogenic fungus, develops a penetration peg from a hyphopodium to infect cotton roots. In this study, we report that a septin ring, requiring VdSep5, partitions the hyphopodium and the invasive hypha and form the specialized fungus-host interface. The mutant strain, *VdAnoxb*, in which NADPH oxidase B (VdNoxB) is deleted, impaired formation of the septin ring at the hyphal

neck, indicating that NADPH oxidases regulate septin ring organization. Using GFP tagging and live cell imaging, we observed that several signal peptide containing secreted proteins showed ring signal accumulation/secretion at the penetration interface surrounding the hyphal neck. Targeted mutation for *VdSep5* reduced the delivery rate of secretory proteins to the penetration interface. Blocking the secretory pathway by disrupting the vesicular trafficking factors, *VdSec22* and *VdSyn8*, or the exocyst subunit, *VdExo70*, also arrested delivery of the secreted proteins inside the hyphopodium. Reduced virulence was observed when cotton roots were infected with *VdΔsep5*, *VdΔsec22*, *VdΔsyn8* and *VdΔexo70* mutants compared to infection with the isogenic wild-type V592. Taken together, our data demonstrate that the hyphal neck is an important site for protein secretion during plant root infection, and that the multiple secretory routes are involved in the secretion (Zhou et al., *PLoS Pathog*, 2017).

## 2. 大丽轮枝菌核定位效应分子研究

目前大丽轮枝菌中已发现能够被植物识别、引起 ETI 的效应分子极少，并且尚未发现能够直接进入植物细胞核调控免疫反应的效应因子。我们在对大丽轮枝菌小分子外泌蛋白的研究中，发现一种作用机制比较特殊的效应分子 *VdSCP7*，它编码核定位信号，能够从病原菌分泌出来跨界进入植物细胞并定位到细胞核（图 2A）；*VdSCP7* 的植物核定位决定了免疫反应的产生；这种植物免疫使得植物获得对病原真菌（如葡萄灰霉菌）的抗性，然而却使病原卵菌（如辣椒疫霉）对植物的侵染加快；*VdSCP7* 的基因敲除突变体在棉花寄主上的致病力显著增强（图 2B），说明棉花寄主中可能具有潜在的抗性基因识别 *VdSCP7*、激活植物免疫（图 2C）。*VdSCP7* 是首个在轮枝菌中被发现的核定位效应分子 (Zhang et al., *New Phytol*, 2017)。

## 2. The *Verticillium*-specific protein *VdSCP7* localizes to the plant nucleus and modulates immunity to fungal infections

Fungal pathogens secrete effector proteins to suppress plant basal defense for successful colonization. Resistant plants, however, can recognize effectors by cognate R proteins to induce effector-triggered immunity (ETI). By analyzing secretomes of

the vascular fungal pathogen *Verticillium dahliae*, we identified a novel secreted protein VdSCP7 that targets the plant nucleus. The green fluorescent protein (GFP)-tagged VdSCP7 gene with either a mutated nuclear localization signal motif or with additional nuclear export signal was transiently expressed in *Nicotiana benthamiana*, and investigated for induction of plant immunity. The role of VdSCP7 in *V. dahliae* pathogenicity was characterized by gene knockout and complementation, and GFP labeling. Expression of the VdSCP7 gene in *N. benthamiana* activated both salicylic acid and jasmonate signaling, and altered the plant's susceptibility to the pathogens *Botrytis cinerea* and *Phytophthora capsici*. The immune response activated by VdSCP7 was highly dependent on its initial extracellular secretion and subsequent nuclear localization in plants. Knockout of the VdSCP7 gene significantly enhanced *V. dahliae* aggressiveness on cotton. GFP-labeled VdSCP7 is secreted by *V. dahliae* and accumulates in the plant nucleus. We conclude that VdSCP7 is a novel effector protein that targets the host nucleus to modulate plant immunity, and suggest that plants can recognize VdSCP7 to activate ETI during fungal infection (Zhang et al., *New Phytol*, 2017).

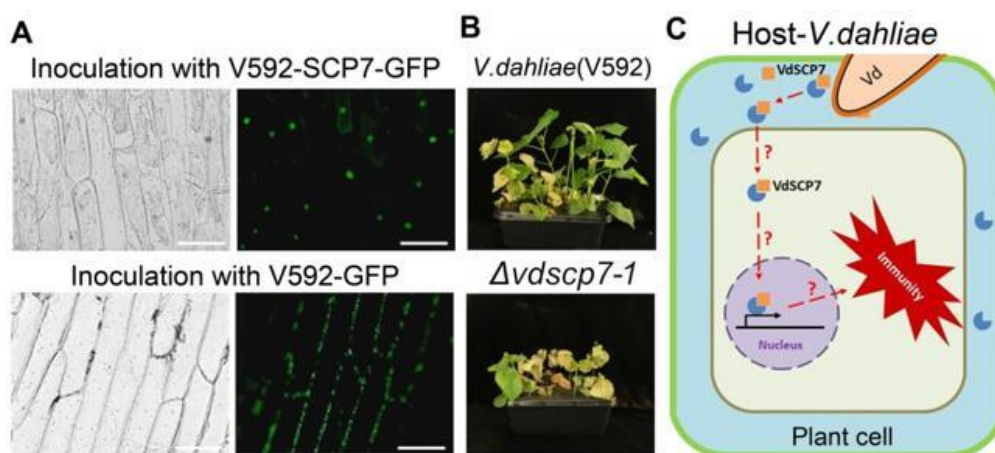


图 2. (A) VdSCP7-GFP 从病原菌分泌出来跨界进入植物细胞并定位到细胞核；(B) VdSCP7 基因敲除突变体 ( $\Delta vdscp7-1$ ) 增强了对棉花寄主的致病性；(C) VdSCP7 调控植物免疫假说示意图。

Figure 2. (A) VdSCP7 is secreted and able to accumulate in the nucleus of onion epidermal cells. (B) Knockout of VdSCP7 gene enhances aggressiveness of *V. dahliae* virulence on host cotton

plants. (C) Hypothesis of VdSCP7 function in *Nicotiana benthamiana* and during *Verticillium dahliae*-host interaction.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Zhang, L.#, Ni, H.#, Du, X., Wang, S., Ma, X., Numberger, T., Guo, H.\*, and Hua, C.\* (2017). The *Verticillium*-specific protein VdSCP7 localizes to the plant nucleus and modulates immunity to fungal infections. *New Phytol* 215: 368-381.
2. Zhou, T., Zhao, Y., and Guo, H.\* (2017). Secretory proteins are delivered to the septin-organized penetration interface during root infection by *Verticillium dahliae*. *PLoS Pathog* 13: e1006275.
3. Du, X., Wang, S., Gao, F., Zhang, L., Zhao, J., Guo, H.\*, and Hua, C.\* (2017). Expression of pathogenesis-related genes in cotton roots in response to *Verticillium dahliae* PAMP molecules. *Sci China Life Sci* 60: 852-860.
4. Zhao, Y.\*, Zhang, T., and Guo, H. (2017). Penetration assays, fungal recovery and pathogenicity assays for *Verticillium dahliae*. *Bio-protocol* 7: 1-7.
5. Zhang, T.#, Zhang, B.#, Hua, C., Meng, P., Wang, S., Chen, Z., Du, Y., Gao, F.\*, and Huang, J.\* (2017). *VdPKSI* is required for melanin formation and virulence in a cotton wilt pathogen *Verticillium dahliae*. *Sci China Life Sci* 60: 868-879.
6. 金芸, 张涛, 郭惠珊\* (2017). 基因沉默技术在抗真菌病害中的应用和展望. *生物工程学报* 33: 161-169.

### 专利

郭惠珊; 赵云龙. 一种大丽轮枝菌的致病相关蛋白 VdSENP1 及其编码基因. 专利号 ZL 201310424509.4. 授权时间 2017.7.7.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

郭惠珊 (课题组长)、华辰雷、金芸、房媛媛、赵建华

## 在读研究生

陈中祺、刘晓兰、王 胜、李 洁、张燕玲、武雪明、崔 辰、马晓薇、吴华伟、  
尚静芸

## 毕业研究生

杜 旋

## 博士后

梁祥修、高 峰、王 青

## 植物与微生物分子互作（刘俊课题组）

### Molecular Interactions between Plant and Microbe

(Professor Jun Liu)

#### （一）研究进展

##### 1. 植物凝集素受体激酶在抗病中的作用

植物凝集素受体激酶在介导植物抗病过程中具有重要的作用。已有的报道显示这类激酶在卵菌入侵时可以和其效应蛋白等发生作用，从而影响其致病性。然而，这类激酶在植物对抗细菌侵染中的作用却很少有报道。我们的研究发现在细菌 *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (*Pst*) 侵染时部分该家族的基因表达被显著上调。其中一个基因 *LecRK-IX.2* 的表达受 *Pst* 三型系统缺失型菌株（不能分泌效应蛋白）的诱导，但被 *Pst* 部分抑制，推测可能是由于效应蛋白的作用。在植物先天免疫研究中，我们知道病菌表面的模式分子可以被植物的病菌识别受体识别，从而产生如活性氧迸发 (ROS)、callose 的积累以及 MAPK 级联途径的激活等，统称为 PTI。我们的研究发现，*lecrk-ix.2* 突变体对 PTI 的响应明显降低，暗示该基因参与了 PTI 的过程。

进一步分析显示，该基因过表达增强了植物对 *Pst* 的抗性，而突变体对该菌侵染显示敏感表型。免疫沉淀结合质谱鉴定发现该基因编码的蛋白和活性氧产生的重要蛋白 RbohD 存在分子互作。通过生化和遗传学研究，我们发现 *LecRK-IX.2* “招募”钙依赖性蛋白激酶 CPKs 去磷酸化 RbohD；磷酸化的 RbohD 可以促进 ROS 的产生并推动水杨酸的生成，形成系统获得性抗性。我们的研究意义在于首次将模式识别受体产生的信号与水杨酸的信号通路激活联系起来，并发现了新的免疫通路。

##### 1. The Arabidopsis *LecRK-IX.2* mediates pattern-triggered salicylic acid signaling

Plant surface-localized pathogen recognition receptors (PRRs) perceive conserved microbial features, termed pathogen-associated molecular patterns (PAMPs), resulting

in disease resistance. PAMP perception leads to calcium influx, mitogen-activated protein kinase (MAPK) activation, a burst of reactive oxygen species (ROS) mediated by RbohD, accumulation of the defense hormone salicylic acid (SA) and callose deposition. Lectin receptor-like kinases (LecRKs) belong to a specific PRR family and are important players in plant innate immunity. We discover that LecRK-IX.2 is a positive regulator of PRR-triggered immunity. Pathogen infection activated the transcription of Arabidopsis LecRK-IX.2, and the LecRK-IX.2 knockout lines exhibited enhanced susceptibility to virulent *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 (*Pst*). In addition, LecRK-IX.2 is capable of inducing RbohD phosphorylation, likely by recruiting calcium dependent protein kinases (CPKs) to trigger ROS production in Arabidopsis. Overexpression of LecRK-IX.2 resulted in elevated ROS, SA, and enhanced systemic acquired resistance (SAR) to *Pst*. Our study highlights the importance of LecRKs in plant immune signaling and SA accumulation.

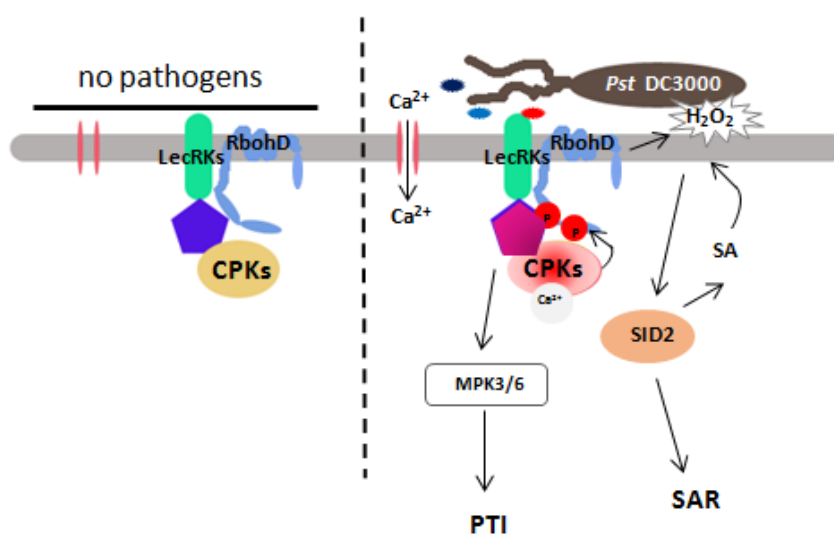


图1. LecRK-IX.2介导的免疫模型：当植物感受到病菌侵染时，其膜表面的凝集素受体LecRK-IX.2“招募”CPKs去磷酸化RbohD，促进ROS的产生及水杨酸(SA)合成，并最终导致PTI和SAR。

Figure 1. LecRK-IX.2-mediated immune response: When plants perceive pathogen infection, some L-type lectin receptor kinases (LecRKs) are activated. The activated LecRKs recruit CPKs to phosphorylate RbohD, leading to PTI activation, ROS production, and the subsequent

ROS-triggered SA accumulation. As a result, plant disease resistance is enhanced.

## 2. 首次报道大豆灰斑病基因组信息

大豆灰斑病是大豆生产上的一个重要病害，主要在东北三省等地发生较重，南方江淮等地也偶有发生。灰斑病造成的年经济损失在10~30%，严重田块可达60%。灰斑病不仅侵染大豆叶片，还可以感染大豆种子等，造成种子品质变差。灰斑病目前没有很好的防治措施，产区基本上依赖于农药防治。80年代我们国家曾育成一些对灰斑病有抗性的大豆品种，但随着时间推移，这些品种慢慢丧失了抗病性。目前，对于大豆灰斑病的致病机制和原因不是十分清楚。为了解析该病的发生机制，我们和黑龙江大学的马淑梅教授合作，在田间采集了最强致病小种“灰斑1号”，并分析了近几年该小种引起的大豆发病趋势。

为了深入了解该病的致病机制，我们利用三代测序技术对大豆灰斑病菌 *Cercospora sojina* Hara 的基因组进行了深度测序。结果显示该菌的基因组大小为40.8Mb，编码了11,655个基因，其中的8474个基因可以用RNAseq验证。同时，对该菌的基因组分析显示，该菌基因组含有多个编码次生代谢物，包括真菌毒素和色素的基因簇。此外，对该菌含有的效应蛋白的预测显示其基因组可能编码了752个分泌蛋白，其中的233个是效应蛋白。有意思的是，在侵染过程中次生代谢和效应蛋白编码的基因表达显著上调，暗示他们在侵染过程中可能具有重要的作用。我们的研究初步揭示了大豆灰斑病发生的机制，对大豆生产具有一定的指导意义。

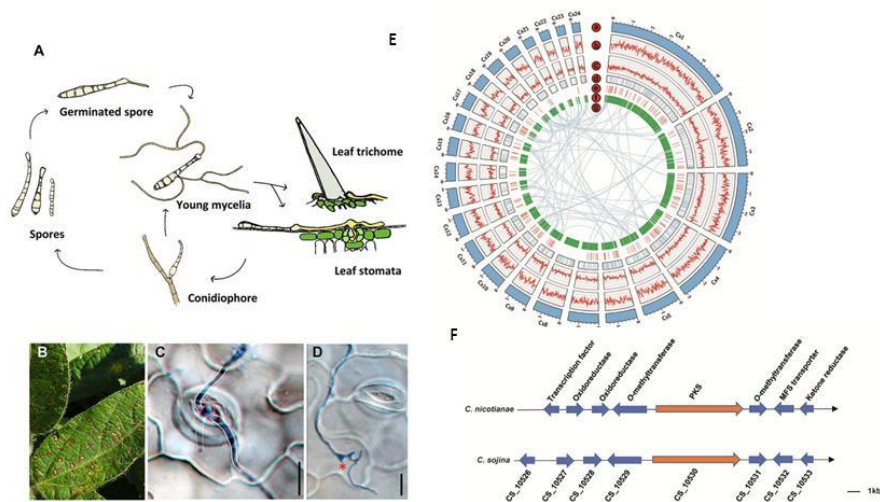


图2. (A) 大豆灰斑菌的侵染循环; (B-D) 大豆灰斑病病症及菌丝侵染特点; (E) 灰斑菌基因

组的Circos-plot分析; (F) 致病基因簇。

Figure 2. (A) Disease circle of *C. soja* on soybean leaf. (B-D) Disease symptom and infection hyphae. (E) Circos-plot of *C. soja*. (F) Gene clusters of secondary metabolites.

## 2. Genome sequencing and comparative genomics of *Cercospora soja* Hara

Frogeye leaf spot (FLS), caused by *Cercospora soja* Hara, is a common disease of soybean in most soybean-growing countries of the world. In China, this pathogen causes severe yield loss in the main soybean growing region. In order to study the pathogenicity of this pathogen on soybean, we report a high quality genome sequence of *C. soja* by Single Molecule Real-Time (SMRT) sequencing method. The 40.8 Mb genome encodes 11,655 predicated genes, and 8,474 genes are revealed by RNA sequencing. *C. soja* genome contains large numbers of gene clusters that are involved in synthesis of secondary metabolites, including mycotoxins and pigments. However, much less carbohydrate-binding module (CBM) protein encoding genes are identified in *C. soja* genome, when compared to other phytopathogenic fungi. Bioinformatics analysis reveals that *C. soja* harbors about 752 secreted proteins, and 233 of them are effectors. During early infection, the genes for metabolite biosynthesis and effectors are significantly enriched, suggesting that they may play essential roles in pathogenicity. We further identify 13 effectors that can inhibit BAX-induced cell death. Taken together, our results provide insights into the infection mechanisms of *C. soja* on soybean.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Luo, X.#, Xu, N.#, Huang, J., Gao, F., Zou, H., Boudsocq, M., Coaker, G., and Liu, J.\* (2017). A lectin receptor-like kinase mediates pattern-triggered salicylic acid signaling. *Plant Physiol* 174: 2501-2514.
2. Yang, C., Li, W., Cao, J., Meng, F., Yu, Y., Huang, J., Jiang, L., Liu, M., Zhang, Z., Chen, X., Miyamoto, K., Yamane, H., Zhang, J., Chen, S., and Liu, J.\* (2017).

- Activation of ethylene signaling pathways enhances disease resistance by regulating ROS and phytoalexin production in rice. *Plant J* 89: 338-353.
3. Luo, X.#, Cao, J.#, Huang, J.#, Wang, Z., Guo, Z., Chen, Y., Ma, S.\*, and Liu, J.\* (2017). Genome sequencing and comparative genomics reveal the potential pathogenic mechanism of *Cercospora sojina* Hara on soybean. *DNA Res* 0: 1-13.
  4. Xu, N., Luo, X., Li, W., Wang, Z., and Liu, J.\* (2017). The bacterial effector AvrB-induced RIN4 hyperphosphorylation is mediated by receptor-like cytoplasmic kinase complex in *Arabidopsis*. *Mol Plant Microbe Interact* 30: 502-512.
  5. Cao, J.#, Yu, Y.#, Huang, J., Liu, R., Chen, Y., Li, S.\*, and Liu, J.\* (2017). Genome re-sequencing analysis uncovers pathogenicity-related genes undergoing positive selection in *Magnaporthe oryzae*. *Sci China Life Sci* 60: 880-890.

### (三) 研究队伍

#### 固定人员

刘俊 (课题组长)、徐宁、庞金环、杨超

#### 在读研究生

邢莹莹、罗旭明、孟凡伟、Aziz Islam、刘芮、刘言志、黄军凯、李雅雯  
张竞月

#### 毕业研究生

李凌娟

## 植物抗病分子遗传学（吕东平课题组）

### The Molecular Genetics of Plant Defense

(Professor Dongping Lu)

#### （一）研究进展

##### 植物泛素化途径在细菌中的重建

泛素化是一种重要的真核生物蛋白质翻译后修饰方式，它决定了被修饰蛋白的命运。泛素化的过程分为三步系列的酶促反应，分别由 E1、E2、和 E3 来催化，并最终使泛素共价地结合到了底物蛋白上。通常来讲，整个泛素化途径至少需要五个蛋白的参与：泛素单体、E1、E2、E3 和底物蛋白。

本课题组利用合成生物学的手段，将编码以上 5 个植物蛋白的基因同时同一大肠杆菌细胞中表达，实现了植物泛素化途径在细菌中的重建（图 1）。研究发现，该系统具有以下优点：1) 植物泛素化组分在细菌中表达后，直接参与了泛素化反应，因此免去了预先表达纯化这些蛋白质的步骤，这对于那些水溶性差的蛋白尤为重要；2) 在该系统中，所有植物蛋白均在活细胞内进行泛素化反应；3) 利用该系统可以产生大量的泛素修饰蛋白，这有利于下一步的泛素化位点鉴定和生化研究。因此，该系统提供了一种研究植物蛋白质泛素化的新方法。

##### Reconstitution of the plant ubiquitination cascade in bacteria using a synthetic biology approach

Ubiquitination modulates nearly all aspects of plant life. Here, we reconstituted the *Arabidopsis thaliana* ubiquitination cascade in *Escherichia coli* using a synthetic biology approach. In this system, plant proteins are expressed and then immediately participate in ubiquitination reactions within *E. coli* cells. Additionally, the purification of the individual ubiquitination components prior to setting up the ubiquitination reactions is skipped. To establish the reconstituted system, we co-expressed *Arabidopsis* ubiquitin (Ub) and ubiquitination substrates with E1, E2 and E3 enzymes in *E. coli* using the Duet expression vectors. The functionality of the

system was evaluated by examining the auto-ubiquitination of a RING (Really Interesting New Gene)-type E3 ligase AIP2 and the ubiquitination of its substrate ABI3. Our results demonstrated the fidelity and specificity of this system. In addition, we applied this system to assess a subset of *Arabidopsis* E2s in Ub chain formation using E2 conjugation assays. Affinity-tagged Ub allowed efficient purification of Ub conjugates in milligram quantity. Consistent with previous reports, distinct roles of various E2s in Ub chain assembly were also observed in this bacterial system. Therefore, this reconstituted system has multiple advantages, and it can be used to screen for targets of E3 ligases or to study plant ubiquitination in detail.

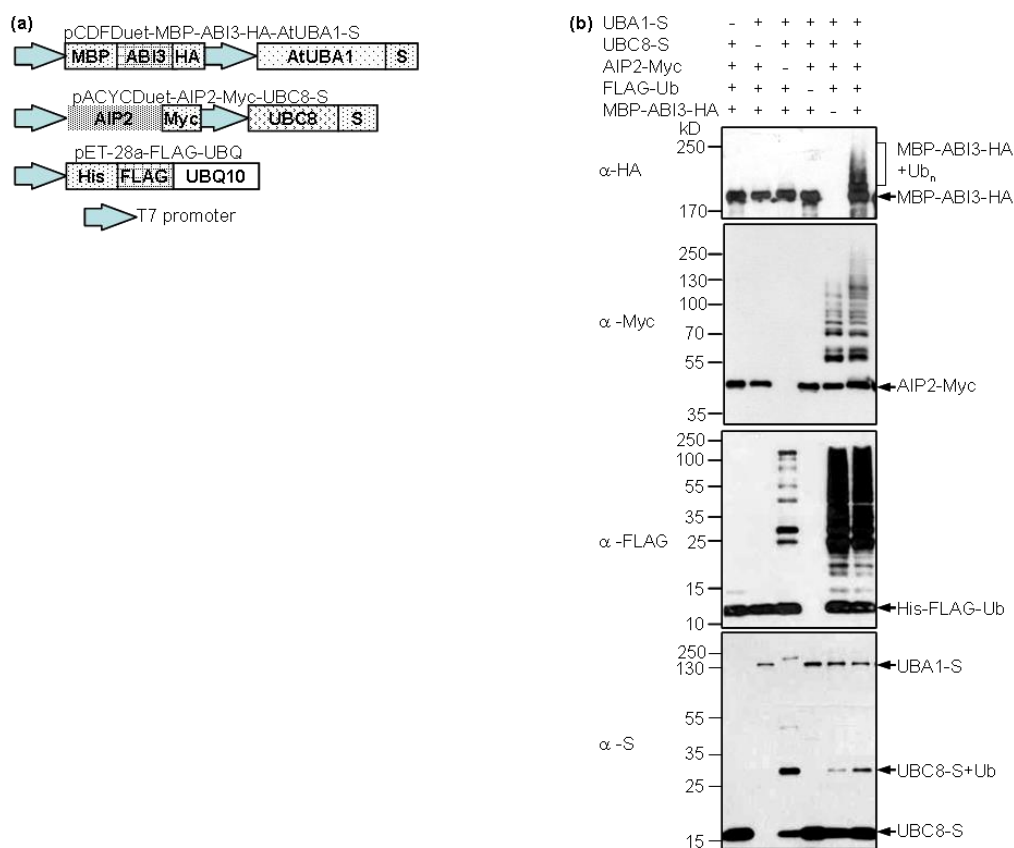


图 1. 植物泛素化在细菌中的重建，以 ABI3 及其对应的 E3 泛素连接酶 AIP2 为例。(a) 将编码 ABI3 (底物)，E1，AIP2 (E3)，E2 和 Ub (泛素单体) 的基因构建到三个带有不同选择性标记的且相容的原核表达载体中；(b) 利用不同的相应标签抗体对这五个蛋白在泛素化中的状态进行检测。

Figure 1. Ubiquitination of ABI3 by AIP2 in the reconstituted bacterial system. (a) Schematic representation of the plasmids used for the reconstitution of ABI3 ubiquitination by AIP2 in *E.*

*coli*. ABI3 was MBP-tagged at its N-terminus and HA-tagged at its C-terminus. MBP stands for maltose binding protein. (b) Ubiquitination of ABI3 by AIP2. The bacterial lysates from *E. coli* strain expressing AtUBA1-S, MBP-ABI3-HA, AtUBC8-S, His-FLAG-UBQ10 and AIP2-Myc, or strains missing one of these components, were analyzed by Western blotting with an anti-HA antibody to detect ABI3 ubiquitination. As controls, AIP2 activities were analyzed by Western blotting with an anti-Myc antibody. An anti-FLAG antibody was used to detect Ub conjugates. E1 and E2 were analyzed by Western blotting with an anti-S antibody.

## （二）研究成果

### 论文

Han, Y.#, Sun, J.#, Yang, J., Tan, Z., Luo, J., and Lu, D.\* (2017). Reconstitution of the plant ubiquitination cascade in bacteria using a synthetic biology approach. *Plant J* 91: 766-776.

## （三）研究队伍

### 固定人员

吕东平（课题组长）、邹艳敏、韩永峰、刘晓彤

### 在读研究生

王双凤、黄国中、白姣姣、韩玉芳、周圆圆、刘泽阳

### 毕业研究生

范锋贵、杨 俊

## 植物病原细菌致病机制（钱韦课题组）

### Infectious Mechanisms of Plant Pathogens

(Professor Wei Qian)

#### （一）研究进展

##### 1. 发现细菌编码植物激素—细胞分裂素受体

识别宿主植物是病原细菌成功侵染的前提条件。然而细菌如何识别植物信号，尤其是参与调控植物发育的信号分子是未知的。研究发现十字花科植物黑腐病的病原细菌-野油菜黄单胞菌的组氨酸激酶 PcrK 能特异性识别植物细胞分裂素—异戊烯基腺嘌呤 2iP (2-isopentenyladenine)。2iP 直接结合 PcrK 的胞外信号感应结构域(CHASE)，抑制 PcrK 的激酶活性。PcrK 通过 4 步磷酸化过程，控制反应调节蛋白 PcrR 的磷酸化水平。2iP 感应所介导的信号传递过程激活了 PcrR 的磷酸二酯酶活性，控制细菌降解胞内第二信使分子 c-di-GMP，并上调下游 *ctrA* 基因的表达，增强细菌抗氧胁迫的能力。该研究首次发现细菌细胞编码植物激素受体。研究揭示了一个进化上保守的跨界信号转导调控通路，在这条通路上，病原细菌通过截获植物激素信号增强自身的抗氧胁迫能力。

##### 1. A bacterial receptor PcrK senses the plant hormone cytokinin to promote adaptation to oxidative stress

Recognition of the host-plant is a prerequisite for infection by pathogenic bacteria. However, how bacterial cells sense plant-derived stimuli, especially chemicals function in regulating plant development, remains completely unknown. Histidine kinase (HK) is the most prevalent receptor used by bacterial cells to sense and respond to extracellular stimuli. HK and its cognate response regulator (RR) constitute the two component signal transduction system (TCS) which is the most predominant signaling system employed by bacteria to modulate the cellular biological reactions and bacteria behavior. Here we identified a membrane-bound

histidine kinase of the phytopathogenic bacterium *Xanthomonas campestris*, PcrK, to be a bacterial receptor that specifically detects the plant cytokinin, 2-isopentenyladenine (2iP). 2iP binds the extracytoplasmic region of PcrK to decrease its autokinase activity. Through a four-step phosphorelay, 2iP stimulation decreased the phosphorylation level of PcrR, cognate response regulator of PcrK, to activate the phosphodiesterase activity of PcrR in degrading the second messenger 3',5'-cyclic diguanylic acid. 2iP perception by the PcrK-PcrR remarkably improves bacterial tolerance to oxidative stress by regulating the transcription of 56 genes, including the virulence-associated TonB-dependent receptor gene *ctrA*. Our results reveal an evolutionarily conserved, inter-kingdom signaling by which phytopathogenic bacteria intercept a plant hormone signal to promote adaptation to oxidative stress.

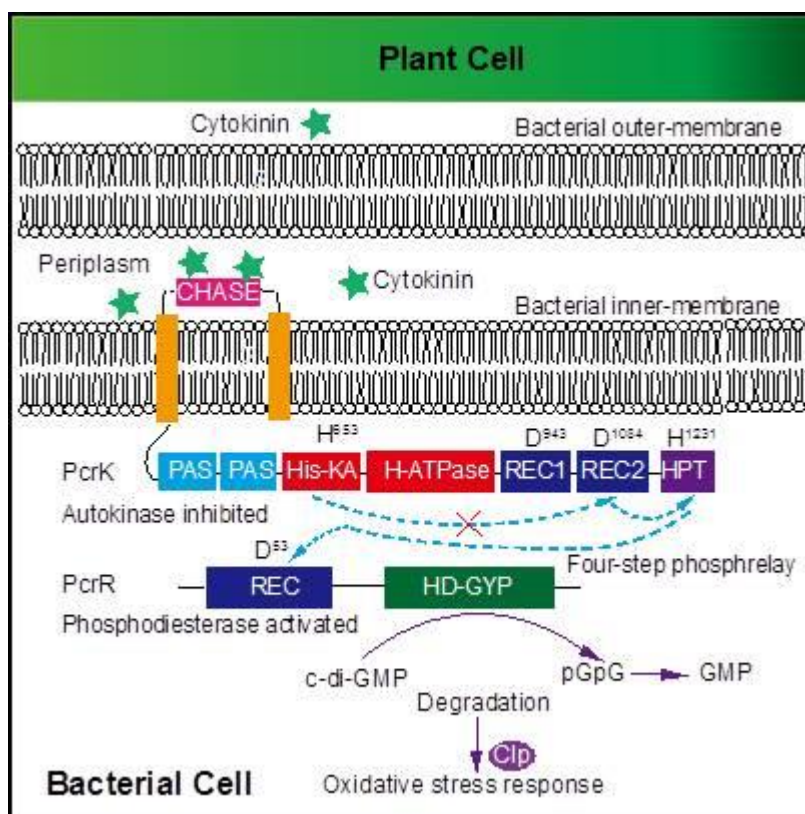


图 1. 细菌受体 PcrK 感应植物细胞分裂素的分子过程

Figure 1. A model of perception of cytokinin by PcrK.

## 2. 证明细菌组氨酸激酶 RpfC 是群体感应信号 DSF 的受体

群体感应(quorum-sensing)是细菌种群密度达到一定程度时,细菌能够识别个体密度相关的信号,从而激发适应反应的生态现象。群体感应是细菌的通讯机制,在病原细菌致病过程中发挥重要作用。在已经鉴定的细菌群体感应信号中,植物病原黄单胞菌的 DSF 是一类非常特殊的脂肪酸类信号分子,它由细菌合成并分泌到细胞外,其浓度高低成为指示细菌密度的分子。然而,对于细菌细胞表面受体通过何种分子机制对 DSF 类信号进行识别仍然是未知的。在本研究中,我们利用遗传学,酶学,生物物理学研究证明了受体组氨酸蛋白激酶 RpfC 可以通过其位于周质空间的 22 个氨基酸小肽 sensor 直接结合小分子脂肪酸 DSF。在这一过程中, sensor 区 C 端六个亲水性氨基酸发挥了关键作用,关键氨基酸的点突变使 RpfC 丧失结合 DSF 的能力,并导致细菌致病力与群体感应能力的严重下降。RpfC 蛋白结合 DSF 后激活 RpfC 的自激酶活性。有趣的是, RpfC 胞内近膜区的两个氨基酸 Leu<sup>172</sup> 与 Ala<sup>178</sup> 抑制 RpfC 的自激酶活性, DSF 与 RpfC 的结合均解除该抑制功能,导致 RpfC 被激活。研究揭示了脂肪酸类小分子通过变构作用激活组氨酸蛋白激酶的分子机制。

## 2. Fatty Acid DSF binds and Activates Receptor Histidine Kinase RpfC of *Xanthomonas campestris* by Releasing the Autoinhibition from Juxtamembrane Domain

As well as their importance to nutrition, fatty acids (FA) represent a unique group of quorum sensing chemicals that modulate the behavior of bacterial population in virulence. However, the way in which full-length, membrane-bound receptors biochemically detect FA remains unclear. Here, we provide genetic, enzymological and biophysical evidences to demonstrate that in the phytopathogenic bacterium *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*, a medium-chain FA diffusible signal factor (DSF) binds directly to the N-terminal, 22 amino acid-length sensor region of a receptor histidine kinase (HK), RpfC. The binding event remarkably activates RpfC autokinase activity by causing an allosteric change associated with the dimerization and histidine phosphotransfer (DHp) and catalytic ATP-binding (CA) domains. Six residues were found essential for sensing DSF, especially those located in the region

adjoining to the inner membrane of cells. Disrupting direct DSF-RpfC interaction caused deficiency in bacterial virulence and biofilm development. In addition, two amino acids within the juxtamembrane domain of RpfC, Leu<sup>172</sup> and Ala<sup>178</sup>, are involved in the autoinhibition of the RpfC kinase activity. Replacements of them caused constitutive activation of RpfC-mediated signaling regardless of DSF stimulation. Therefore, our results revealed a biochemical mechanism whereby FA activates bacterial HK in an allosteric manner, which will assist in future studies on the specificity of FA-HK recognition during bacterial virulence regulation and cell-cell communication.

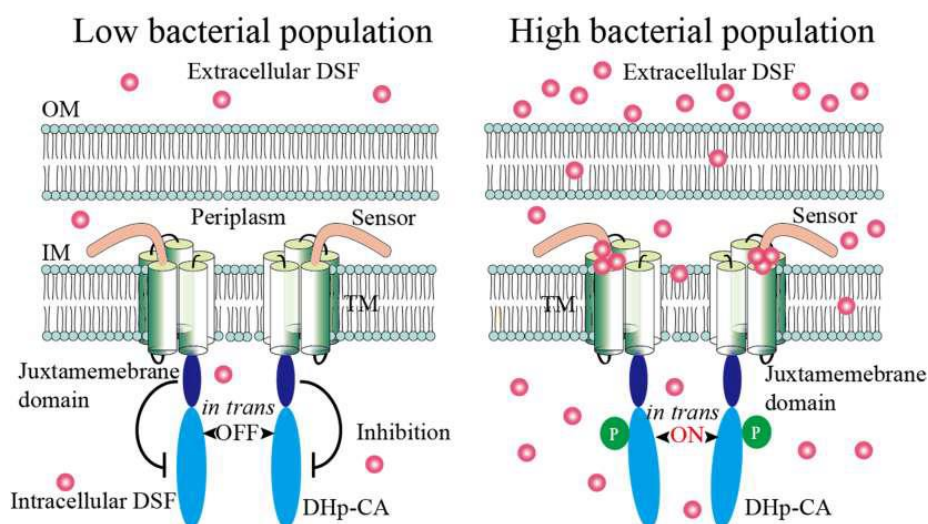


图 2. 群体感应信号 DSF 结合受体 RpfC 并通过解除近膜区的抑制作用，激活其自激酶活性  
Figure 2. DSF binds RpfC to activate its autokinase activity by releasing the autoinhibition through the juxtamembrane region.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Wang, F., Cheng, S., Wu, Y., Ren, B., and Qian, W.\* (2017). A bacterial receptor PcrK senses the plant hormone cytokinin to promote adaptation to oxidative stress. *Cell Rep* 21: 2940-2951.
2. Cai, Z.#, Yuan, Z.#, Zhang, H., Pan, Y., Wu, Y., Tian, X., Wang, F., and Qian, W.\* (2017). Fatty acid DSF binds and allosterically activates histidine kinase

- RpfC of phytopathogenic bacterium *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* to regulate quorum-sensing and virulence. *PLoS Pathog* 13, e1006304.
3. Peng, B.#, Pan, Y.#, Li, R.#, Wei, J., Liang, F., Wang, L., Wang, F., and Qian, W.\* (2017). An essential regulatory system originating from polygenic transcriptional rewiring of PhoP-PhoQ of *Xanthomonas campestris*. *Genetics* 206: 2207-2223.
  4. Qian, W., Chen, X., Fang, R., and Kang, L.\* (2017). Manipulation of biotic signaling: a new theory for smarter pest control. *Sci China Life Sci* 60: 781-784.
  5. Liu, W., Tian, X., Wei, J., Ding, L., Qian, W., Liu, Z.\*, and Wang, F.\* (2017). BsmR degrades c-di-GMP to modulate biofilm formation of nosocomial pathogen *Stenotrophomonas maltophilia*. *Sci Rep* 7: 4665.
  6. 钱韦\*, 马旅雁, 谷立川, 张炼辉 (2017). Biofilm 与 c-di-GMP 专刊序言——微生物的社会性、c-di-GMP 调控及研究新技术. *生物工程学报* 33: 1351-1356.
  7. 程寿廷, 王芳芳, 钱韦\* (2017). 鉴定 cyclic di-GMP 效应蛋白: 高通量筛选策略与实验验证方法. *生物工程学报* 33: 1376-1389.

### (三) 研究队伍

#### 固定人员

钱 韦 (课题组长)、王 莉、王芳芳、邓超颖

#### 在读研究生

张 焕、田绣琦、任宝珍、袁智惠、魏金伟、张宏宇、孟繁凡

#### 毕业研究生

蔡 珍、潘 越

## 植物对病原微生物的识别及信号转导（邱金龙课题组）

### Pathogen Perception and Signal Transduction in Plants

(Professor Jin-Long Qiu)

#### （一）研究进展

##### 1. 利用小分子化合物直接调控水稻和小麦中转基因蛋白时空特异性累积的技术体系

直接控制蛋白水平可以快速有效地分析作物的基因功能。本课题组前期在模式植物拟南芥(*Arabidopsis thaliana*)中建立了利用小分子化合物直接调控转基因蛋白累积水平的 RDDK-Shld1 (Shld1)系统,但是这个系统是否适用于重要的经济作物还不清楚。在本研究中,我们的结果表明 RDDK-Shld1 系统可以快速、可逆地操控水稻和小麦中转基因蛋白的累积水平,且 Shld1 对目标蛋白累积水平的控制具有剂量依赖性和时空特异性,使用 Shld1 操控 RDDK-Bar 和 RDDK-PID3 融合蛋白能够分别使相应的转基因植物具备相应的除草剂抗性和稻瘟菌抗性。我们的工作证明 RDDK-Shld1 系统可以成为作物蛋白功能研究和转基因表达时空调控的一个重要工具。

##### 1. Direct and tunable modulation of protein levels in rice and wheat with a synthetic small molecule

Direct control of protein level enables rapid and efficient analyses of gene functions in crops. Previously, we developed the RDDK-Shield1 (Shld1) system in the model plant *Arabidopsis thaliana* for direct modulation of protein stabilization using a synthetic small molecule. However, it was unclear whether this system is applicable to economically important crops. In this study, we show that the RDDK-Shld1 system enables rapid and tunable control of protein levels in rice and wheat. Accumulation of RDDK fusion proteins can be reversibly and spatio-temporally controlled by the synthetic small-molecule Shld1. Moreover,

RDDK-Bar and RDDK-Pid3 fusions confer herbicide and rice blast resistance, respectively, in a Shld1-dependent manner. Therefore, the RDDK-Shld1 system provides a reversible and tunable technique for controlling protein functions and conditional expression of transgenes in crops.

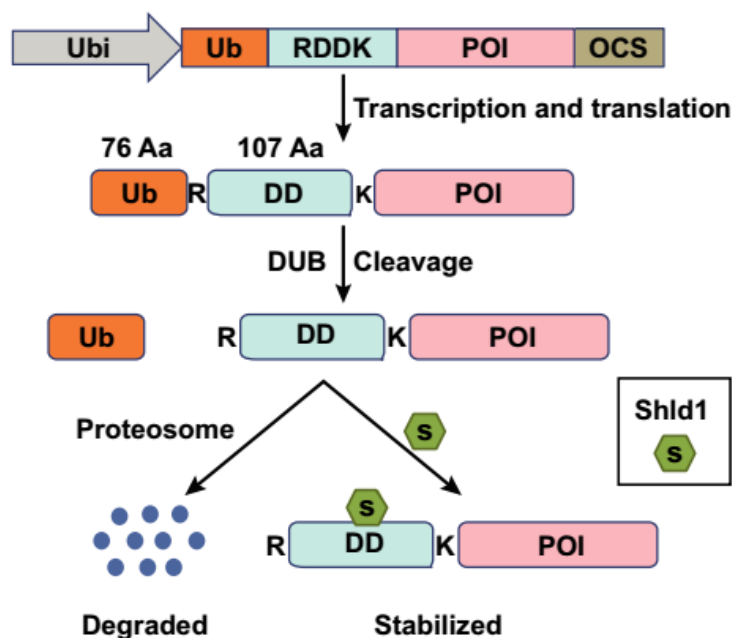


图1. 水稻、小麦中转基因表达蛋白水平的时空高效调控系统RDDK-Shld1。

Ub-RDDK融合基因由玉米泛素基因启动子驱动。在翻译过程中，融合蛋白氨基(N)端的泛素(Ub)迅速被内源去泛素化酶(DUB)切割，暴露N端不稳定氨基酸精氨酸(R)。赖氨酸(K)作为不稳定结构域(DD)之后的泛素化潜在接受位点。RDDK-POI融合蛋白将被26S蛋白酶体降解。Shld1特异性结合DD结构域，使RDDK-POI稳定。Ubi，玉米泛素启动子；POI，感兴趣的蛋白质；OCS，章鱼碱合成酶终止子；R，精氨酸；K，赖氨酸。

Figure 1. Schematic of the RDDK-Shld1 system.

Ub-RDDK fusion gene is driven by maize ubiquitin promoter. During translation, ubiquitin fusion (Ub) is rapidly cleaved by endogenous deubiquitinating enzymes (DUBs) exposing the N-terminal arginine (R). A lysine (K) is included as a potential recipient for ubiquitination of the fusion protein just after the destabilizing domain (DD). RDDK-POI fusion proteins will thus be degraded by the 26S proteasome. Shld1 binds specifically to the DD domain such that the RDDK-POI is stabilized. Ubi, maize ubiquitin promoter; POI, protein of interest; OCS, octopine synthase terminator; R, arginine; K, lysine.

## 2. 脱落酸负调控拟南芥对白粉菌的穿透后抗性

脱落酸(abscisic acid, ABA)在植物抗病反应中发挥重要的作用, 而其如何调控植物与活体营养型病原真菌的相互作用还不清楚。拟南芥 ABA 合成缺陷型突变体 *aba2-1* 和 *aba3-1* 对活体营养型病原真菌白粉菌 (*Golovinomyces cichoracearum*) 的抗性增强, 而外源 ABA 处理能够增加拟南芥对白粉菌的感病性。ABA 受体组分的突变体 *abi1-1* 和 *abi2-1* 对白粉菌的抗性表型与 ABA 合成缺陷型突变体相似, 而 ABA 信号转导下游组分的突变体 *abi3-1*、*abi4-1* 和 *abi5-1* 对白粉菌的抗性表型却与野生型相似。显微观察发现, 在 ABA 合成缺陷型突变体中白粉菌侵染的穿透前和穿透过程都没有受到影响, 但其穿透后菌丝的生长及分生孢子的产量都受到抑制。此外, 我们还发现水杨酸和 MPK3 参与了 ABA 对白粉病抗性的调控。综上所述, 本研究结果显示 ABA 可能部分通过拮抗水杨酸抗病信号通路来负调控拟南芥对白粉菌的穿透后抗性。

## 2. Abscisic acid negatively regulates post-penetration resistance of *Arabidopsis* to the biotrophic powdery mildew fungus

Pytohormone abscisicacid (ABA) plays important roles in defense responses. Nonetheless, how ABA regulates plant resistance to biotrophic fungi remains largely unknown. *Arabidopsis* ABA-deficient mutants, *aba2-1* and *aba3-1*, displayed enhanced resistance to the biotrophic powdery mildew fungus *Golovinomyces cichoracearum*. Moreover, exogenously administered ABA increased the susceptibility of *Arabidopsis* to *G. cichoracearum*. *Arabidopsis* ABA perception components mutants, *abi1-1* and *abi2-1*, also displayed similar phenotypes to ABA-deficient mutants in resistance to *G. cichoracearum*. However, the resistance to *G. cichoracearum* is not changed in downstream ABA signaling transduction mutants, *abi3-1*, *abi4-1*, and *abi5-1*. Microscopic examination revealed that hyphal growth and conidiophores production of *G. cichoracearum* were compromised in the ABA deficient mutants, even though pre-penetration and penetration growth of the fungus were not affected. In addition, salicylic acid (SA) and MPK3 are found to be involved in ABA-regulated resistance to *G. cichoracearum*. Our work demonstrates that ABA negatively regulates post-penetration resistance of *Arabidopsis* to powdery mildew

fungus *G. cichoracearum*, probably through antagonizing the function of SA.

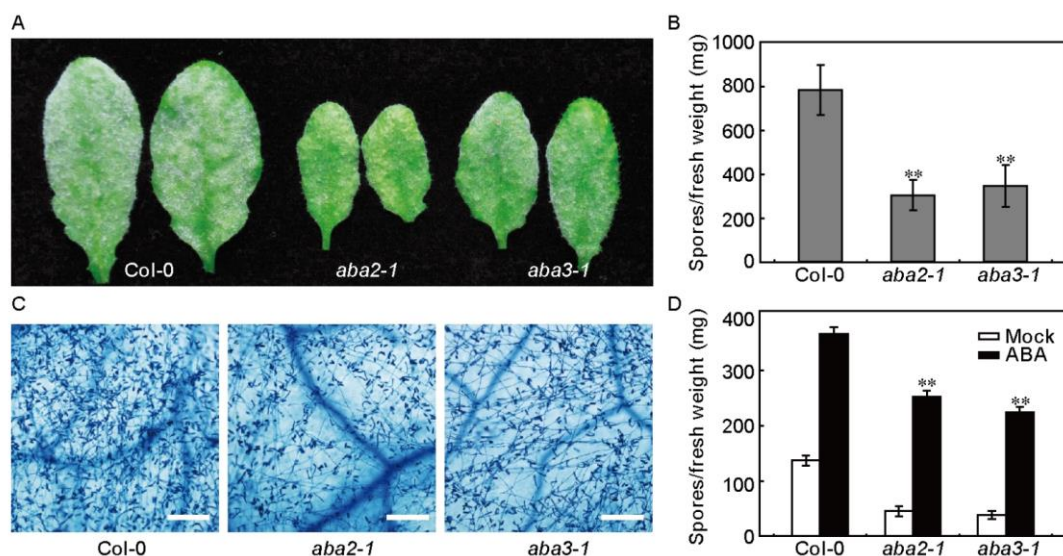


图2. ABA负调控拟南芥对白粉菌的抗性。

(A) 6周大小的拟南芥植物(*Col-0*, *aba2-1*和*aba3-1*)接种白粉菌,8天后对植物进行拍照观察;

(B) 植物接种6天后的孢子数量统计来量化白粉菌在叶片上的生长情况。误差线为SD (n=4). 星号表示在统计学上具有显著性差异(\*\*: P<0.01; t-test);

(C) 接种6天后的植物叶片进行台盼蓝染色来观察白粉菌的侵染情况; Bars=200 μm;

(D) ABA处理对白粉菌侵染植物的影响。植物在接种前24 h用水 (对照) 或 80 μmol/L的ABA溶液进行喷施。接种6天后的孢子数量统计来量化白粉菌在叶片上的生长情况。误差线表示SD (n=4). 星号表示与 ABA 处理后野生型植物上的孢子数量相比在统计学上具有显著性差异(\*\*: P<0.01; t-test)。

Figure 2. ABA negatively regulates the resistance of *Arabidopsis* to *G. cichoracearum*.

(A) Six-week-old plants (*Col-0*, *aba2-1*, and *aba3-1*) were inoculated with *G. cichoracearum* and photographed at 8dpi.

(B) Quantification of fungal growth by counting the number of spores at 6dpi. Error bars represent SD (n=4). The asterisk indicates statistically significant difference (\*\*, P<0.01;t-test).

(C) Trypan blue staining showing cell death and fungal growth in plants inoculated with *G. cichoracearum* at 6dpi. Bars=200μm.

(D) Effect of pretreatment with ABA on subsequent infection with *G. cichoracearum*. The indicated *Arabidopsis* plants were foliar sprayed with 80μmol L<sup>-1</sup> ABA or water (mock) 24h prior to inoculation with *G. cichoracearum*. Fungal growth was quantified by counting the number of

spores at 6dpi. Error bars represent SD (n=4). The asterisk indicates statistically significant difference from ABA treated wildtype (\*\*, P<0.01; t-test).

## （二）研究成果

### 论文

1. Yin, K., Gao, C.\*, and Qiu, J.\* (2017). Progress and prospects in plant genome editing. *Nat Plants* 3: 17107.
2. Xiao, X.#, Cheng, X.#, Yin, K., Li, H., and Qiu, J.\* (2017). Abscisic acid negatively regulates post-penetration resistance of *Arabidopsis* to the biotrophic powdery mildew fungus. *Sci China Life Sci* 60: 891-901.
3. Zong, Y., Wang, Y., Li, C., Zhang, R., Chen, K., Ran, Y., Qiu, J., Wang, D., and Gao, C.\* (2017). Precise base editing in rice, wheat and maize with a Cas9-cytidine deaminase fusion. *Nat Biotechnol* 35: 438-440.
4. Zhang, D.#, Zhang, H.#, Li, T., Chen, K., Qiu, J., and Gao, C.\* (2017). Perfectly matched 20-nucleotide guide RNA sequences enable robust genome editing using high-fidelity SpCas9 nucleases. *Genome Biol* 18: 191.

## （三）研究队伍

### 固定人员

邱金龙（课题组长）、李华丽、高晋兰、尹康权

### 在读研究生

王文义、张丹丹、刘关稳、陈巍、王曾茜、张倩伟、姜丹丹

### 博士后

张韞玮、崔旋

## 植物保护与植物免疫（周俭民课题组）

### Plant Protection and Immunity

(Professor Jianmin Zhou)

#### （一）研究进展

##### E3泛素连接酶PUB25/26调控BIK1蛋白稳定性作用机制的研究

植物通过位于细胞膜表面的模式识别受体(pattern recognition receptors, PRRs) 识别病原分子模式(Patterns), 激活自身免疫反应。BIK1 作为 PRRs 下游的一个重要胞质受体类激酶, 其稳定性受到严密的监控。已有研究表明: 异源 G 蛋白三聚体和钙依赖激酶 CPK28 分别正负调控植物体内 BIK1 蛋白的积累, 然而其调控 BIK1 蛋白稳定性的作用机制并不清楚。

本研究发现, E3 泛素连接酶 PUB25/26 可以使 BIK1 蛋白泛素化, 促进其通过蛋白酶体途径进行降解。静息状态下, 异源 G 蛋白三聚体与 PUB25/26 直接相互作用, 抑制其泛素连接酶的活性, 从而增强 BIK1 的稳定性, 正向调控植物免疫反应。而在激活状态下, CPK28 直接磷酸化 PUB25/26, 增强其泛素连接酶的活性, 促进 BIK1 的降解, 实现对植物免疫的负调控。有意思的是 PUB25/26 特异地靶向非激活形式的 BIK1, 而对已经激活的 BIK1 没有作用, 说明植物一方面通过降解尚未激活的 BIK1, 避免过多积累激活状态的 BIK1, 另一方面维持已经激活的 BIK1, 形成免疫平衡, 确保免疫反应的进行。本研究阐明了植物体如何通过严格控制 BIK1 的蛋白水平, 实现对免疫反应的精细调控。

##### **A regulatory module controlling homeostasis of a plant immune kinase**

Plant pattern recognition receptors (PRRs) perceive microbial and endogenous molecular patterns to activate immune signalling. The cytoplasmic kinase BIK1 acts downstream of multiple PRRs as a rate-limiting component, whose phosphorylation is central to immune signal propagation. Previous work identified the calcium-dependent protein kinase CPK28 and heterotrimeric G proteins as negative

and positive regulators of BIK1 accumulation, respectively. However, mechanisms underlying this regulation remain unknown. Here we show that the plant U-box proteins PUB25 and PUB26 are E3 ligases that mark BIK1 for degradation to negatively regulate immunity. We demonstrate that the heterotrimeric G proteins inhibit PUB25/26 activity to stabilize BIK1, whereas CPK28 specifically phosphorylates conserved residues in PUB25/26 that enhances their E3 ligase activity to promote BIK1 degradation. Interestingly, PUB25/26 specifically target non-phosphorylated BIK1, suggesting that activated BIK1 is maintained for immune signalling. Our findings reveal a multi-protein regulatory module that enables robust yet tightly regulated immune responses.

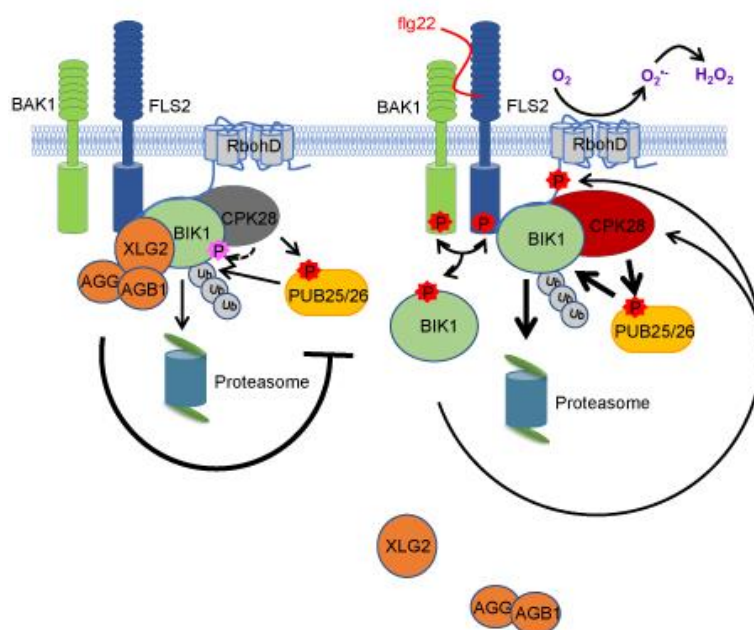


图 1. E3 泛素连接酶 PUB25/26 调控 BIK1 蛋白稳定性的作用机制。

Figure 1. Model for the PUB-mediated control of BIK1 homeostasis.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Bi, G., and Zhou J.M.\* (2017). MAP kinase signaling pathways: a hub of plant-microbe interactions. *Cell Host Microbe* 21: 270-273.

2. Tang, D.\*, Wang, G., and Zhou, J.M.\* (2017). Receptor kinases in plant-pathogen interactions: more than pattern recognition. *Plant Cell* 29: 618–637.

## 论著

Jin, J., Cai, B., and Zhou, J.M. Salicylic acid. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 273-289.

## （三）研究队伍

### 固定人员

周俭民（课题组长）、赵 燕、周朝阳、王 伟、张晓娟

### 在读研究生

李秀明、马苗苗、胡梅娟、王伟兵、高初蕾、王佳钰、胡 满、张文静

### 博士后

毕国志

## 植物抵御虫传病毒的分子机制（叶健课题组）

### Plant Immunity against Insect-Borne Viral Diseases

(Professor Jian Ye)

#### （一）研究进展

##### 1. 光调控植物—双生病毒—烟粉虱三者互作的机制研究

烟粉虱传双生病毒(Geminivirus)可以通过抑制作物的抗虫反应，从而促进烟粉虱种群增长；烟粉虱种群增长反过来促进了双生病毒在全球范围内扩张，但其互惠共生的分子机制却不清楚。本课题组前期研究发现双生病毒通过与植物激素茉莉酸调控的 MYC2 蛋白互作，改变寄主植物与烟粉虱化学通讯，从而吸引烟粉虱取食。但是对于环境因素如何调控病毒-植物-昆虫三者互作的发生进而影响虫传病害等问题，由于其研究涉及到多个学科而一直得不到深入解析。

本课题组集中了多个学科的研究力量，最近研究发现，作为重要的环境因素—光在调控三者互作中发挥了重要作用。绝大多数烟粉虱偏好植物顶端幼嫩的叶片，顶端叶光合作用活跃、抗虫性强，对烟粉虱繁殖并不利，下部叶则更有利于烟粉虱种群扩增。双生病毒（中国番茄黄化曲叶病毒）感染植物后改变介体昆虫烟粉虱的叶龄选择行为，更多烟粉虱选择下部老叶，对叶龄选择更加均一，有利于介体昆虫种群增长。我们发现双生病毒编码的蛋白  $\beta C1$  是该病-虫间接互惠关系的关键决定遗传因子，而且这种因为病毒感染引起间接的介体昆虫行为学的改变依赖于光照条件（图 1）。进一步的昆虫行为学分析结合分子生物学和遗传学工作发现，病毒蛋白  $\beta C1$  通过与植物光信号途径的光敏色素互作因子(PIFs)互作，抑制了萜烯合酶、植保素等抗虫物质的合成，同时也抑制了与生长发育相关基因的转录，形成了依赖于红光的间接互惠共生关系（图 1）

##### 1. Light-dependent indirect mutualism between begomovirus and whitefly

To success invade plant and cause epidemic disease, insect-borne pathogens may build an indirect mutualism with their vector by suppressing plant host resistance to

attract and promote the performance of their vector, which in turn accelerates the transmission of the pathogen. For example, terpene biosynthesis is suppressed in begomovirus-infected plants, leading to reduced plant resistance and enhanced performance of the whiteflies (*Bemisia tabaci*) that transmit these viruses. Plant has evolved defense signaling to integrate environmental and internal signals to response multiple biotic stresses. Although begomovirus-whitefly mutualism has been known, the underlying mechanism of how begomovirus manipulates plant defenses to benefit whitefly is still elusive. Here we reported that the begomovirus-whitefly mutualism is red light dependent. We identified a virulence factor- $\beta$ C1 of *Tomato yellow leaf curl China virus*, a monopartite begomovirus, manipulating red-light regulated plant whitefly resistance.  $\beta$ C1 directly interacts with the phytochrome-interacting factors (PIFs) to compromise activation of PIFs-regulated gene expression thereby reducing whitefly resistance (Fig.1).  $\beta$ C1 impaired the actions of PIFs in a phytohormone Jasmonate-dependent manner. Our findings present a novel scenario of how a pathogen regulates host plant light signaling to establish mutualism with its insect vector.

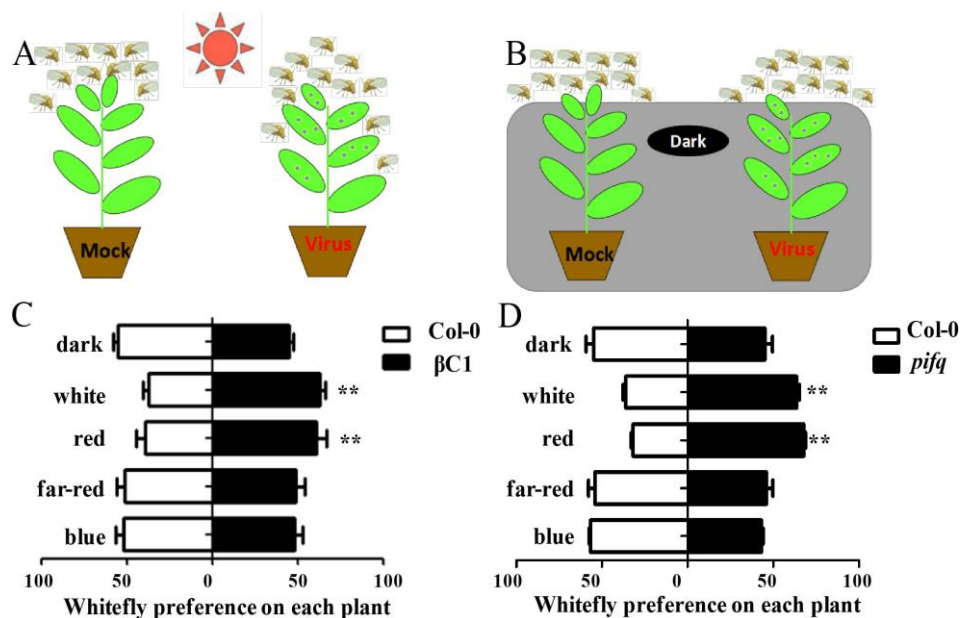


图 1. 双生病毒蛋白改变烟粉虱对寄主植物叶龄选择行为依赖于光照条件。

(A-B) 双生病毒感染烟草以后改变烟粉虱对叶位的选择行为, A 为光照条件, B 为黑暗条件。

(C-D) 双生病毒编码的蛋白  $\beta$ C1 表达的植物和 *pifq* 突变体植物, 在白光和红光下具有吸引烟粉虱取食行为的作用。

Figure 1. Changing the whitefly preference behaviors by protein of Geminivirus is

light-dependent.

(A-B) The schematic diagram of whitefly preference on plant leaves after infected by geminivirus.

(C-D)  $\beta$ C1 plant phenocopies *pifq* mutant in whitefly preference and performance.

## 2. 激素调控植物-双生病毒-烟粉虱三者互作的机制研究

多种虫传病原均可以通过改变寄主抗生物胁迫的能力从而同介体昆虫形成间接互惠关系,但是对于病原物感染对危害同一寄主的其他昆虫或者病原适应性的作用研究较少,分子机制尚少研究。利用双生病毒-植物-烟粉虱三者互作系统,我们发现双生病毒感染的寄主植物,有利于介体昆虫—烟粉虱的同时,但不利于非介体昆虫—棉铃虫,表现为棉铃虫取食量少,昆虫日增重减少。进一步鉴定了植物的寄主因子 WRKY20 转录因子,具有双向调控抗虫功能(图 2)。具体功能还在进一步研究中。

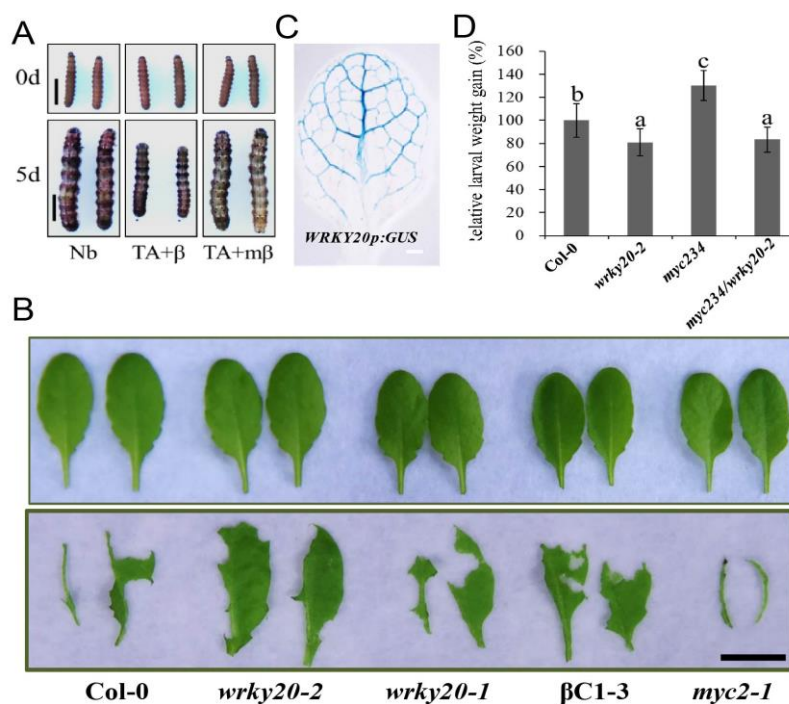


图 2. 双生病毒感染增强植物对非介体昆虫抗性依赖于寄主因子 WRKY20。

(A) 双生病毒感染增强植物对棉铃虫的抗性;

(B) 双生病毒  $\beta$ C1 蛋白以及 *wrky20* 突变体对棉铃虫的抗性;

(C) WRKY20 启动子融合了 GUS 报告基因的表达情况;

(D) 突变体杂交实验表明, WRKY20 上位于 MYC2, 调控对棉铃虫的抗性。

Figure 2. *Begomovirus*-infection induced resistance to the non-vector insect cotton bollworm is

dependent on a plant transcription factor (WRKY20).

(A) Photographs of CBM larval before feeding (0 d) and after 5 days feeding (5 d) with leaves of mock *N.benthamiana* (Nb) plants infected by *Tomato Yellow Leaf Curl China Virus* (TYLCCNV) plus associated betasatellite DNA encoding only the protein  $\beta$ C1 (TA+ $\beta$ ) or a  $\beta$ C1 mutant TYLCCNV (TA+m $\beta$ ).

(B) Increase resistance to *Helicoverpa armigera* (CBM) in transgenic expressing  $\beta$ C1 and *wrky20* mutants.

(C) GUS staining in *AtWRKY20 promoter* driven *GUS* expression line

(D) WRKY20 acts upstream of MYC2 transcription factors against CBM in *Arabidopsis*

## **2. Mechanisms of plant-begomovirus-whitefly triple interaction regulated by plant hormone**

Vector-borne pathogens significantly alter host diverse traits that mediate multipartite interactions with other organisms. However, the impacts of vector-borne pathogens on broader host community dynamics involving pathogens, their vectors, and competing non-vectors remain little studied. Here, we explore the effects of begomoviruses, whitefly *Bemisia tabaci*-transmitted plant viruses, on plant community interactions with its vector and competing non-vector herbivores, and virus-induced changes in plant traits that mediate these interactions. Begomovirus has previously been shown to promote the performance of whitefly vector on host plant, however we observed that begomoviral infection reduces the fitness of a competing non-vector insect, a generalist lepidopteran *Helicoverpa armigera*, on plants. Further studies identified that the viral genetic factor  $\beta$ C1 encoded by the betasatellite of begomovirus, interacts with a plant transcription factor-WRKY20 to alter the accumulation of jasmonate (JA)-mediated defensive chemicals in a tissue-specific pattern and differently regulate two-branches of JA pathway through interfering with the interactions between WRKY20 and ORA59 in *Arabidopsis*, thereby reducing whitefly resistance and enhancing non-vectors defense (Fig. 2). Our results show that vector-borne pathogens could significantly influence plant community interactions with vectors and competing non-vectors, with potential implications for both disease spread and insect community structure.

## （二）研究成果

### 论文

1. Sun, Y.#, Wang, C.#, Wang, N.#, Jiang, X., Mao, H., Zhu, C., Wen, F., Wang, X., Lu, Z., Yue, G., Xu, Z., and Ye, J.\* (2017). Manipulation of *Auxin Response Factor 19* affects seed size in the woody perennial *Jatropha curcas*. *Sci Rep* 7: 40844.
2. Jin, J.#, Sun, Y.#, Qu, J., Syah, R., Lim, C., Alfiko, Y., Rahman, N., Suwanto, A., Yue, G., Wong, L., Chua, N., and Ye, J.\* (2017). Transcriptome and functional analysis reveals hybrid vigor for oil biosynthesis in oil palm. *Sci Rep* 7: 439.
3. Li, R.#, Reddy, V.#, Jin, J., Rajan, C., Wang, Q., Yue, G., Lim, C., Chua, N., Ye, J.\*, and Sarojam, R.\* (2017). Comparative transcriptome analysis of oil palm flowers reveals an EAR-motif-containing R2R3 MYB that modulates phenylpropene biosynthesis. *BMC Plant Biol* 17: 219.

## （三）研究队伍

### 固定人员

叶 健（课题组长）、姚香梅、孙艳伟

### 在读研究生

龚雨晴、徐 爽、王 端、吴秀娟

### 毕业研究生

马永焕

### 博士后

赵平芝

## 植物免疫调控机理（张杰青年课题组）

### Molecular Mechanism of Plant Immunity

(Associate Professor Jie Zhang)

#### （一）研究进展

##### 大丽轮枝菌分泌蛋白致病机理的研究

大丽轮枝菌(*Verticillium dahlia*)是一种能够侵染许多双子叶植物导致萎蔫和坏死的真菌，但对其致病分子机理的理解相对匮乏。本课题组与郭惠珊课题组合作，分离了大丽轮枝菌的 2 个关键致病因子 SCP46 和 SCP48。我们发现基因敲除分泌蛋白编码基因 *SCP46* 和 *SCP48* 都显著降低了大丽轮枝菌在棉花和拟南芥上的致病性。SCP46 通过进入植物细胞，并靶向植物的泛素-蛋白酶体途径，进而操控植物免疫反应。 $\Delta scp48$  突变菌株的附着枝形成、细胞内钙离子积累和在植物维管束的定殖能力均比野生型菌株显著下降。外源施加 IBMX (cAMP 的降解抑制剂)能回复 $\Delta scp48$  突变菌株的附着枝形成缺陷。这些结果表明，SCP48 通过 cAMP 介导的信号途径调控侵染过程中的附着枝形成，从而促进致病性。以上致病因子通过不同方式调控大丽轮枝菌的致病性，同时也是植物黄萎病抗性改良的潜在分子靶标。

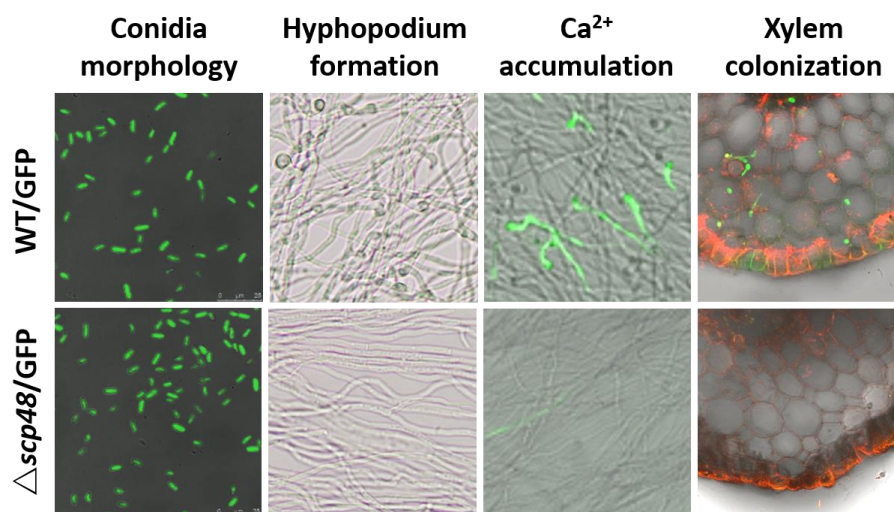


图 1. 基因敲除 *SCP48* 降低大丽轮枝菌的附着枝形成、细胞内钙离子积累和维管束定殖能力。

Figure 1. Deletion of *SCP48* in *V. dahliae* compromised hyphopodium formation, cytoplasmic accumulation of  $\text{Ca}^{2+}$ , and xylem colonization in plants.

### **Investigation on the virulence mechanisms of *Verticillium* secretory proteins**

The vascular pathogen *Verticillium dahliae* infects a broad range of plants and causes devastating diseases, however, the virulence mechanisms of *V. dahliae* are rarely known. By collaboration with Dr. Hui-Shan Guo's group, we identified two regulatory components (SCP46 and SCP48) that are crucial for *V. dahliae* virulence. We found that deletion of *SCP46* or *SCP48* in *V. dahliae* led to significantly compromised virulence in cotton and *Arabidopsis* plants. SCP46 is able to enter into plant cells and target components of the plant ubiquitin-proteasome system to manipulate plant immunity.  $\Delta scp48$  mutant is compromised in hyphopodium formation, cytoplasmic accumulation of  $\text{Ca}^{2+}$ , and xylem colonization in plants. Exogenous application of IBMX, a chemical that inhibits the degradation of cAMP, restored the formation of hyphopodium in  $\Delta scp48$  mutant. The results indicated that SCP48 activates cAMP-mediated signaling to regulate the formation of hyphopodium during infection, thus contributing to virulence. The two factors modulate *V. dahliae* virulence via different mechanisms, and also serve as potential targets for the improvement of plant resistance against *V. dahliae*.

## **(二) 研究成果**

### **论文**

Sun, L., Qin, J., Wang, K., and Zhang, J.\* (2017). Expansion of pathogen recognition specificity in plants using pattern recognition receptors and artificially designed decoys. *Sci China Life Sci* 60: 797-805.

## **(三) 研究队伍**

### **固定人员**

张 杰 (青年课题组长)、秦 君、孙丽璠

## 在读研究生

王凯伦、赵培辰、韩婷婷

## 毕业研究生

邢海影

## 介体昆虫-病原微生物互作机制（张莉莉青年课题组）

### Pathogen-Insect Vector Interaction

(Associate Professor Lili Zhang)

#### （一）研究进展

##### 建立水稻内生细菌的二代测序方法，明确*Delftia*为水稻种传优势菌

共生菌与其宿主互作共同调控病害的形成与发展，然而对于重要的农作物水稻，其内生细菌的组成和结构目前尚未得到很好的解析，主要原因为水稻线粒体18S rRNA和叶绿体16S rRNA与细菌16S rRNA基因的同源性很高，且该类植物DNA在数量上远超过内生细菌的DNA。课题组建立了两种有效的水稻内生细菌测序方法，其一为嵌套PCR，两轮PCR分别用于规避水稻线粒体和叶绿体DNA污染，测定区域为细菌的V5-V7区，产生与之前植物测序结果可比较的内生菌数据；其二为一步PCR扩增细菌的V3-V4区，该测序方法在数据量上优于植物常用的V5-V7区方法，而且适用于所有动植物，使得植物和动物内生菌数据能更有效地进行比较。通过新建立的二代测序方法解析水稻的种传内生菌，发现*Delftia*在种子、植株叶际和根际以及愈伤组织中均丰富存在，定位于水稻的细胞内，为首次明确定位的水稻细胞内生菌。

##### **Decipher rice endophytic bacterial communities by host DNA-free PCR amplification and Illumina next generation sequencing platform**

The endophytic bacterial community of rice plant remains not to be well defined. Extremely high sequence identities among bacterial 16S, rice mitochondrial 18S and chloroplast 16S rRNA genes makes it difficult to access the endophytic bacteria by using cultivation-independent methods. Previous studies enrich bacterial cells from plant materials, resulting in incomplete coverage of bacterial community. Here, we established two efficient techniques for specific amplification of prokaryotic genes without interference of host organelles. The novel sequencing platforms applied to the

analysis of rice seed in which the host organelles largely outnumber bacterial cells, identified an uncultured *Delftia* species, named *Delftia Oryzae* in this work, as a dominant seed-borne bacterium. In surface-sterilized rice seed, *Delftia Oryzae* accounts for > 95% of the total bacterial community. By analysis of the rice endophytic bacterial communities in different plant developmental stages, *Delftia Oryzae* was found to spread from seed to the leaf and root, and is then vertically transmitted to the next generation seed. The newly established one-step PCR amplifies the bacterial V3-V4 region, is suitable for all the sequenced plants and produces bacterial sequences that are directly compared to those from animal hosts.

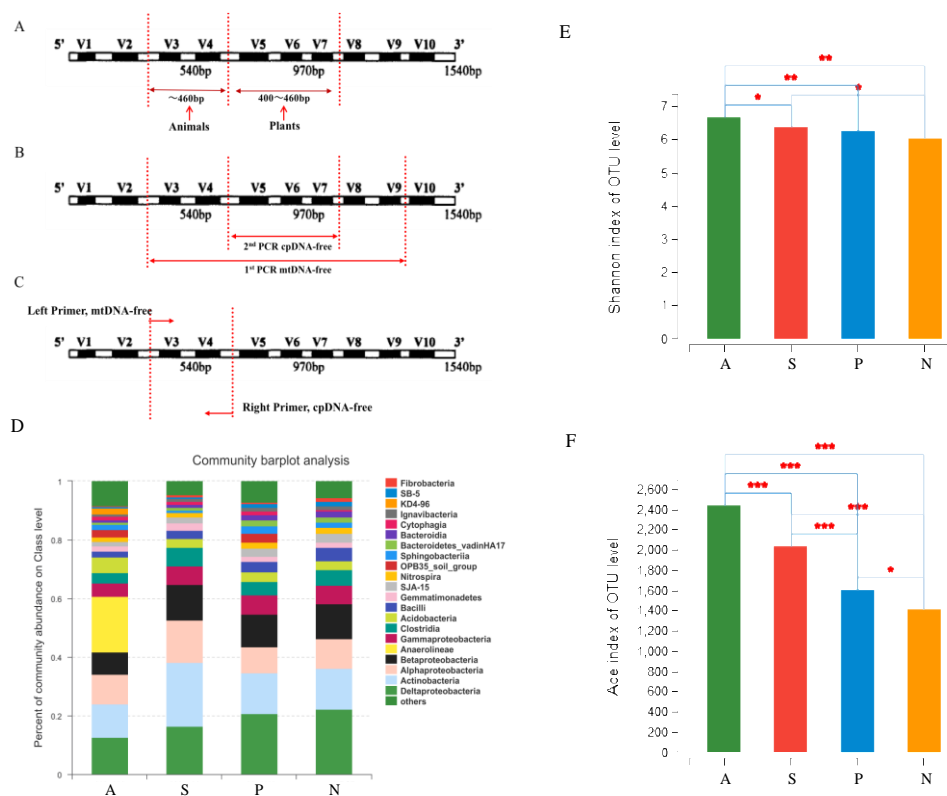


图1. 水稻菌群测序方法的建立及评价。(A) 目前常用的动植物二代测序所扩增的16S rRNA基因可变区及扩增长度。其中V1-V10所示黑色区域为大肠杆菌16S rRNA基因的十个可变区,白色区域表示保守区。(B) 课题组新建立的用于水稻内生菌测序的嵌套PCR方法示意图。其中第一轮PCR避开线粒体的污染(mtDNA-free),第二轮PCR避开叶绿体的污染(cpDNA-free)。(C) 课题组新建立的用于水稻内生菌测序的一步法PCR方法示意图。其中经突变改造的正向引物避开线粒体的污染(mtDNA-free),反向引物避开叶绿体的污染(cpDNA-free)。(D) 四种测序方法扩增效率的比较结果。测序样品为土壤中的总DNA, A、S、P、N分别表示动物、

一步PCR法、植物和嵌套PCR法。(E) & (F) 不同方法扩增所得物种数目及多样性比较。  
\* $p < 0.05$ ; \*\* $p < 0.01$ ; \*\*\* $p < 0.001$ 。

Figure 1. Newly established sequencing techniques for deciphering of the rice endophytic bacterial community. (A) The commonly used strategies for PCR amplification of bacterial 16S rDNAs from animal or plant hosts. V1-V10, the ten hypervariable regions of bacterial 16S rRNA gene. (B) Nested PCR strategy. mtDNA, rice mitochondrial 18S rDNA; cpDNA, rice chloroplast 16S rDNA. (C) One-step PCR strategy. (D) Bacterial communities measured by using different primers. Total genomic DNAs for all the four kinds of PCR amplifications were isolated from same soil sample. Sequencing results are shown as the Class level. A, P, S or N represent primer pairs used in the field of animal (A) or plant (P), or rice by one-step (S) or nested (N) PCR. (E) & (F) Comparison of richness and diversity of the bacterial communities sequenced by using different primers. \* $p < 0.05$ ; \*\* $p < 0.01$ ; \*\*\* $p < 0.001$ .

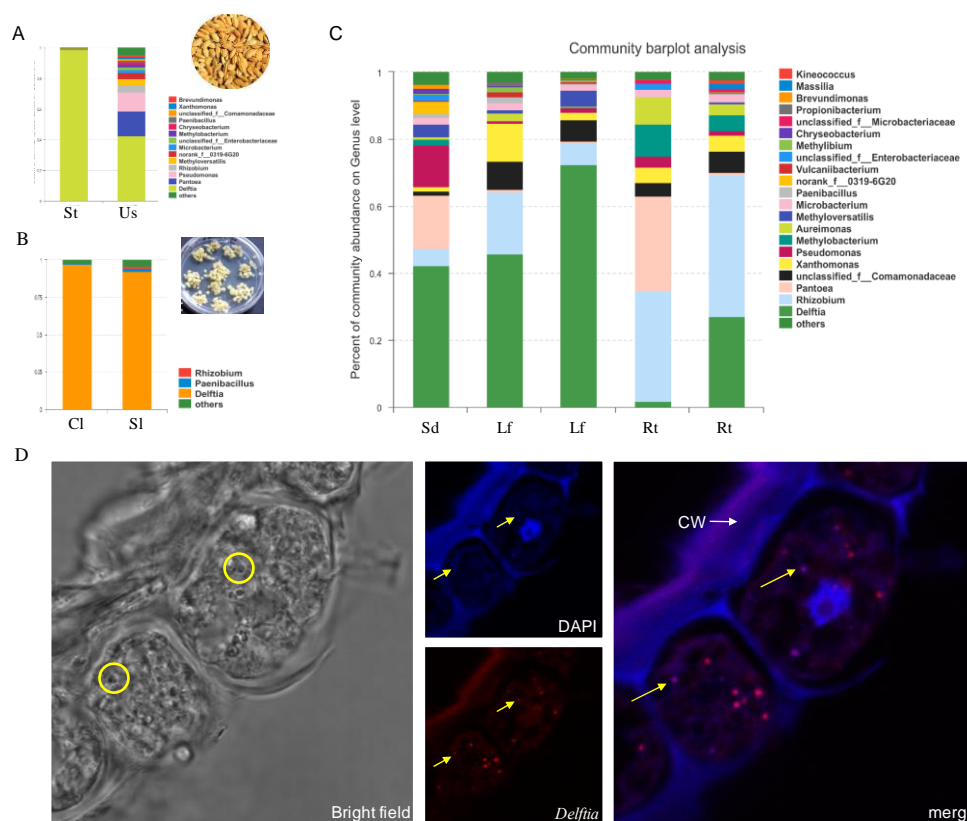


图2. *Delftia*为水稻种传优势细胞内生菌。(A) 水稻种子内生菌测序结果。St, 表面消毒的种子; Us, 表面未消毒的种子。(B) 愈伤组织内生菌测序结果。Cl, 愈伤组织; SI, 愈伤组织无菌培养产生的水稻苗。(C) 稻田水稻内生菌测序结果。Sd, 种子; Lf, 叶际; Rt, 根际。

(D) 荧光原位杂交探测 *Delftia* 在水稻种子中的分布。其中红色为 *Delftia* 16S rRNA 基因特异性探针探测到的荧光信号，黄色圆圈和箭头表示探测到的细菌。

Figure 2. *Delftia* is the dominant seed-borne bacterium. (A) Composition and structure of the endophytic bacterial communities in rice seed. St, surface sterilized rice seed; Us, unsterilized rice seed. (B) Composition and structure of the bacterial communities in rice callus. Cl, callus; Sl, seedlings. (C) Composition and structure of the endophytic bacterial communities harbored by rice grown in rice field. Sd, seed; Lf, leaf; Rt, root. (D) Fluorescence *in situ* hybridization to show the distribution of *Delftia* in rice seed. Red, *Delftia* 16S rDNA recognized by *Delftia* genus-specific DNA probe; yellow circles, bacteria in bright field; yellow arrows, bacteria corresponding to the yellow circles.

## （二）研究队伍

### 固定人员

张莉莉（青年课题组长）、霍 岩、宋直钰

### 在读研究生

陈丽莹、刘 达、张梦婷

## 植物生物技术与分子育种

## 水稻功能基因组学与农业生物技术（储成才课题组）

### Rice Functional Genomics and Agrobiotechnology

(Professor Chengcai Chu)

#### （一）研究进展

##### 1. 野生稻并不“野”

普通野生稻(*Oryza rufipogon*)一直被认为是亚洲栽培稻的野生祖先，也是水稻改良过程中的重要种质资源。普通野生稻经过近万年的驯化到农家品种，进一步经过近百年的现代育种得到现代栽培稻品种，这一过程伴随着遗传多样性的减少和很多优异基因的丢失。育种家在现代育种实践中也逐渐意识到这一点，水稻重大改良过程中的很多重要基因，如袁隆平院士创制“三系法”杂交水稻过程中关键的“野败”基因，就是来自于普通野生稻。野生稻也被证实含有大量的抗虫、抗病基因资源，因此，野生稻资源在应对未来水稻稳产高产的挑战中具有重大价值。然而，随着现代农业耕地面积的逐渐扩大，普通野生稻的野生栖息地被不断破坏，加上来自栽培稻的遗传侵蚀，野生稻资源也不断萎缩。

如何更加有效地保护野生稻资源，并从野生稻资源中挖掘出一些重要基因资源一直是人们面对的重要科学问题。我们通过对野生稻和栽培稻基因组数据的深入挖掘，发现野生稻基因组中有着人工选择驯化的痕迹，证实有大量栽培稻基因流入野生稻群体。全基因组分析发现，现存野生稻群体中有着大量的来自栽培稻的遗传成分，甚至部分“野生稻”就是近期野化的栽培稻。而且亚洲不同地区野生稻群体，其遗传成分和本地种植的栽培稻成分有着很大的相关性。这些数据证明当前的野生稻应被视为一个“杂种群”，而非一个独立物种，它通过广泛的基因流和栽培稻联系在一起，随着栽培稻共同演化（图 1）。这一发现也告诫人们，实施更加科学的野生稻资源保护已刻不容缓。

野生稻群体遗传多样性及其地理分布，一直被用来帮助研究者理解水稻驯化的起源。基于野生稻的证据，研究者提出过不同的水稻驯化模型。而这一新的发现也改变了之前人们对于野生稻的认识，因此，促使人们对之前基于野生稻的水稻驯化起源模型进行重新分析与思考。

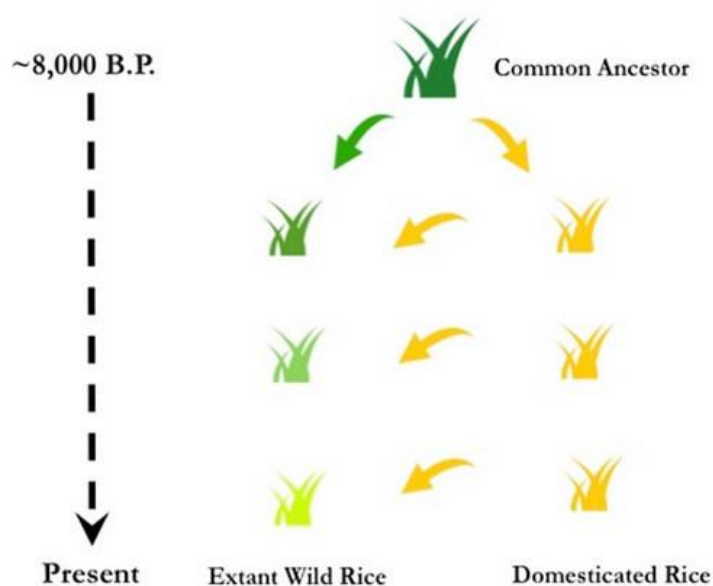


图1. 野生稻受到栽培稻（黄色）的不断遗传侵蚀。

Figure 1. Asian wild rice is connected to domesticated rice (yellow) by continuous and extensive gene flow.

### 1. Asian wild rice is a hybrid swarm with extensive gene flow and feralization from domesticated rice

The domestication history of rice remains controversial, with multiple studies reaching different conclusions regarding its origin(s). These studies have generally assumed that populations of living wild rice, *O. rufipogon*, are descendants of the ancestral population that gave rise to domesticated rice, but relatively little attention has been paid to the origins and history of wild rice itself. Here, we investigate the genetic ancestry of wild rice by analyzing a diverse panel of rice genomes consisting of 203 domesticated and 435 wild rice accessions. We show that most modern wild rice is heavily admixed with domesticated rice through both pollen- and seed-mediated gene flow. In fact, much presumed wild rice may simply represent different stages of feralized domesticated rice. In line with this hypothesis, many presumed wild rice varieties show remnants of the effects of selective sweeps in previously identified domestication genes, as well as evidence of recent selection in flowering genes possibly associated with the feralization process. Furthermore, there is a distinct geographical pattern of gene flow from *aus*, *indica*, and *japonica* varieties

into co-located wild rice. We also show that admixture from *aus* and *indica* is more recent than gene flow from *japonica*, possibly consistent with an earlier spread of *japonica* varieties. We argue that wild rice populations should be considered a hybrid swarm, connected to domesticated rice by continuous and extensive gene flow (Wang et al., *Genome Res*, 2017).

## 2. miRNA——农作物重要农艺性状改良的调谐器

miRNA 是一类长约 22 个核苷酸的内源单链非编码小分子 RNA，通过与靶基因 mRNA 上的互补位点结合来介导 mRNA 的降解或翻译抑制。作为一类重要的转录后基因调控因子，近年来的大量研究揭示了 miRNA 在调控植物生长发育以及环境适应性方面广泛且关键的作用。但对 miRNA 调控主要农作物重要农艺性状的作用模式以及育种应用策略等缺少系统的分析与总结。

迄今在水稻、玉米、小麦、大麦、大豆、土豆、烟草、西红柿以及棉花等九大作物已鉴定多达 2000 多的 miRNA，但生物学功能得到验证的仅有 65 个，我们全面梳理了上述九大作物中 miRNA 调控重要农艺性状的研究现状，基于 9 大作物中 36 个家族 65 个生物学功能被确认的 miRNA 的相关研究成果，分析了作物中 miRNA 调控特定靶基因的类型，概括了 miRNA 调控作物复杂农艺性状的普遍模式以及不同作物中相应 miRNA 的功能保守性和功能分化现象，总结出 miRNA 在常规育种、杂交育种以及转基因育种上的应用策略和现状。以水稻为例，勾画出重要农艺性状的 miRNA 调控网络，为相关研究人员及育种工作者快速全面了解作物 miRNA 的靶基因、调控途径及已知生物学功能，评估 miRNA 潜在的育种应用潜力提供了一个有价值的参考。

## 2. MicroRNAs in crop improvement: fine-tuners for complex traits

One of the most common challenges for both conventional and modern crop improvement is that the appearance of one desirable trait in a new crop variety is always balanced by the impairment of one or more other beneficial characteristics. The best way to overcome this problem is the flexible utilization of regulatory genes, especially genes that provide more efficient and precise regulation in a targeted manner. MicroRNAs (miRNAs), a type of short non-coding RNA, are promising

candidates in this area due to their role as master modulators of gene expression at the post-transcriptional level, targeting messenger RNAs for cleavage or directing translational inhibition in eukaryotes. We herein highlight the current understanding of the biological role of miRNAs in orchestrating distinct agriculturally important traits by summarizing recent functional analyses of 65 miRNAs in 9 major crops worldwide. The integration of current miRNA knowledge with conventional and modern crop improvement strategies is also discussed (Tang et al., *Nat Plants*, 2017).

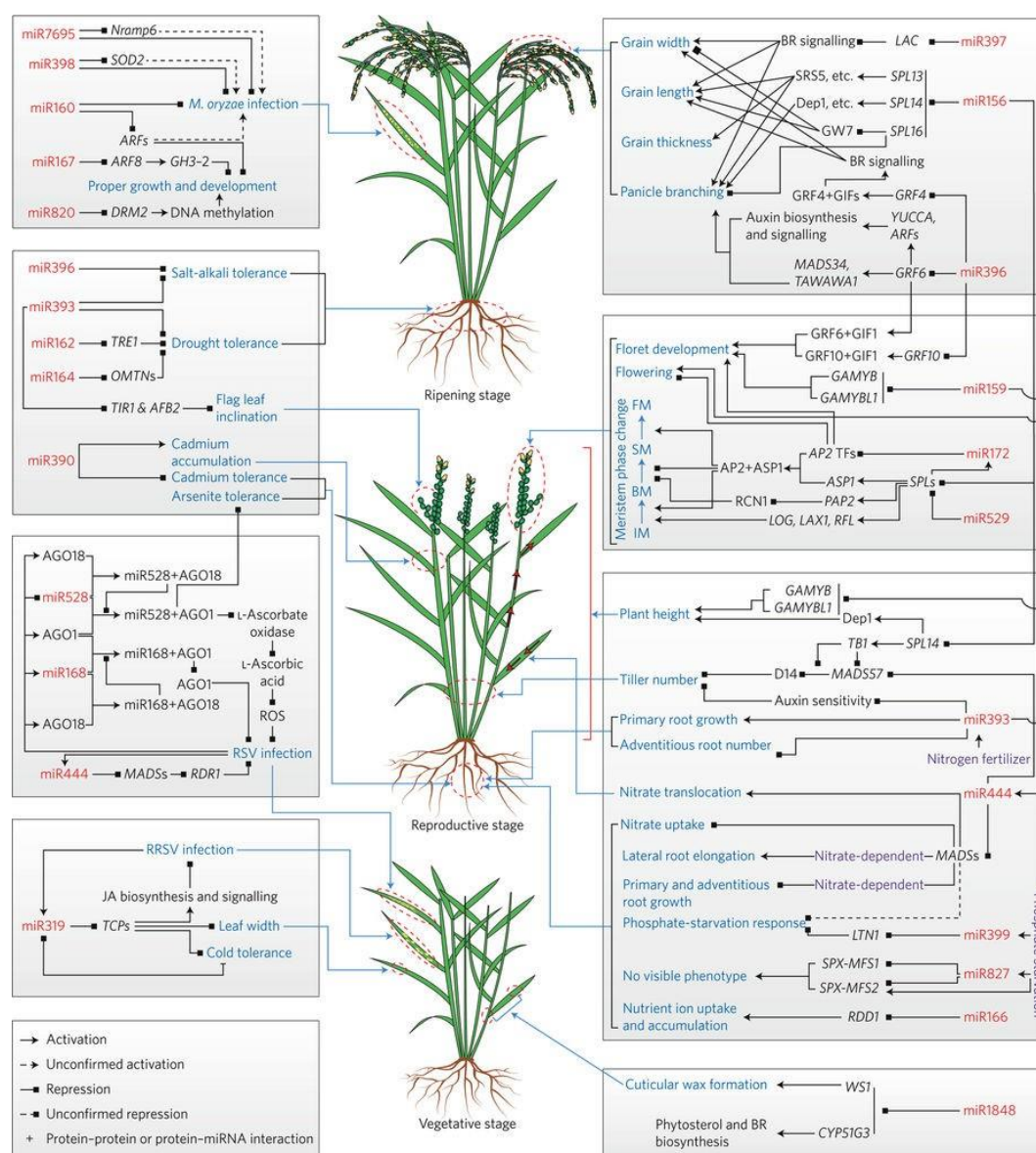


图 2. 水稻重要农艺性状的 miRNA 调控网络图。

Figure 2. MicroRNA regulatory network in agriculturally important traits in rice.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Wang, H., Vieira, F., Crawford, J., Chu, C.\*, and Nielsen, R.\* (2017). Asian wild rice is a hybrid swarm with extensive gene flow and feralization from domesticated rice. *Genome Res* 27: 1029-1038.
2. Hu, B.\*, and Chu, C.\* (2017). Node-based transporter: switching phosphorus distribution. *Nat Plants* 3: 17002.
3. Zhang, B.#, Zhang, L.#, Li, F.#, Zhang, D., Liu, X., Wang, H., Xu, Z., Chu, C.\*, and Zhou, Y.\* (2017). Control of secondary cell wall patterning involves xylan deacetylation by a GDSL esterase. *Nat Plants* 3: 17017.
4. Tang, J.\*, and Chu, C.\* (2017). MicroRNAs in crop improvement: fine-tuners for complex traits. *Nat Plants* 3: 17077.
5. Li, H., Hu, B., and Chu, C.\* (2017). Nitrogen use efficiency in crops: lessons from *Arabidopsis* and rice. *J Exp Bot* 68: 2477-2488.
6. Xiao, Y., Liu, D., Zhang, G., Tong, H.\*, and Chu, C.\* (2017). Brassinosteroids regulate OFP1, a DLT interacting protein, to modulate plant architecture and grain morphology in rice. *Front Plant Sci* 1: 5125.
7. Liang, C.#, Li, A.#, Yu, H., Li, W., Liang, C., Guo, S., Zhang, R., and Chu, C.\* (2017). Melatonin regulates root architecture by modulating auxin response in rice. *Front Plant Sci* 8: 134.
8. Wu, J.#, Yang, R.#, Yang, Z.#, Yao, S., Zhao, S., Wang, Y., Li, P., Song, X., Jin, L., Zhou, T., Lan, Y., Xie, L., Zhou, X., Chu, C., Qi, Y., Cao, X.\*, and Li, Y.\* (2017). ROS accumulation and antiviral defence control by microRNA528 in rice. *Nat Plants* 3: 16203.
9. Lu, Y., Ye, X., Guo, R., Huang, J., Li, G., Tang, J., Tan, L., Zhu, J., Chu, C., and Qian, Y.\* (2017). Genome-wide targeted mutagenesis in rice using CRISPR/Cas9 system. *Mol Plant* 10: 1242-1245.
10. Chen, J., Nolan, T., Ye, H., Zhang, M., Tong, H., Xin, P., Chu, J., Chu, C., Li, Z., and Yin, Y.\* (2017). *Arabidopsis* WRKY46, WRKY54 and WRKY70 transcription factors are involved in brassinosteroid-regulated plant growth and drought response. *Plant Cell* 29: 1425-1439.
11. Schläppli, M.\*, Jackson, A., Wang, A., Chu, C., Eizenga, G., Shi, Y., Shimoyama, N., and Boykin, D. (2017). Assessment of five chilling tolerance traits and GWAS mapping in rice using the USDA mini-core collection. *Front Plant Sci* 8: 957.

12. Li, X., Zhou, W., Ren, Y., Tian, X., Lv, T., Wang, Z., Fang, J., Chu, C., Yang, J.\*, and Bu, Q.\* (2017). High-efficiency breeding of early-maturing rice cultivars via CRISPR/Cas9-mediated genome editing. *J Genet Genomics* 44: 175-178.
13. Wang, M.\*, Wu, H., Fang, J., Chu, C., and Wang, X.\* (2017). A long noncoding RNA involved in rice reproductive development by negatively regulating osa-miR160. *Sci Bull* 62: 470-475.
14. 汪鸿儒, 储成才\* (2017). 野生稻并不“野”. *遗传* 39: 438-439.
15. 汪鸿儒, 储成才\* (2017). 组学技术揭示水稻杂种优势遗传机制. *植物学报* 52: 4-9.

## 论著

Tong, H. and Chu, C.\* Physiological analysis of brassinosteroid responses and sensitivity in rice. In Russinova, E., and Cañó-Delgado, A., eds. *Brassinosteroids: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1564: 23-29.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

储成才 (课题组长)、曹守云、王义琴、唐久友、胡 斌、康 赛

### 在读研究生

肖云华、张志华、刘大普、李文振、梁 燕、李爱富、张国霞、刘永强  
李倩倩、仇亚红、刘修杰

### 毕业研究生

杜 琳、李 华

### 博士后

高少培、张征丽、程 曦、蒋志敏、徐 凡、王 威

## 作物染色体组设计与分子育种（林少扬课题组）

### Crop Molecular Breeding

(Professor Shaoyang Lin)

#### （一）研究进展

##### 黑龙江省主栽品种空育131的改良和升级——穗粒数位点*Gn1a*、抗稻瘟病位点*Pb1*的升级及品种权进展

空育131粳稻(*Oryza sativa* ssp. *japonica*)品种是我国黑龙江省的第一大水稻主栽品种，具有早熟质优、丰产稳产及耐低温冷害等优点，但在不同需求下，其抗病性、产量、米质等性状仍存在升级和改良的空间。为了能保留原有品种的优良特性，又达到精准改良不理想性状的目的，我们先选拔出单个性状的单点置换系(Single Point Substitution Line)，再通过多点聚合的方式完成多性状及复杂性状的连续升级。单点置换系的培育以空育131的*Gn1a*基因位点及抗稻瘟病位点*Pb1*的升级改良为例(Feng et al. 2017; Zhang et al. 2017)。其一，根据BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>群体的QTL分析结果，我们确定了通过导入大穗供体GKBR的*Gn1a*基因，可以显著增加轮回亲本空育131的枝梗数、穗粒数等产量构成因子。因此，我们利用多次回交将来自供体GKBR的*Gn1a*等位基因片段导入空育131的基因组中；并在基因的上下游设计5个SNP标记，利用自交重组交换来有效缩短导入片段，减少目标位点两端的连锁累赘；同时通过自交分离原理排除非目标导入片段，最终得到高产的空育131 *Gn1a*单点置换系。染色体组基因型(220个SNP分子标记)鉴定结果显示，该置换系的背景回复率为99.89%，目标导入片段长约430Kb。产量鉴定结果显示，该置换系的单株产量在长春和佳木斯分别比空育131增产8.3%和11.9%（图1A）。其二，针对空育131在生产应用中感染稻瘟病的性状缺陷，我们利用基因组重测序及一代测序分析，确定了空育131基因组中遗缺多个已克隆的抗稻瘟病*Pi*基因(分别为*Pi2*、*Pi9*、*Pi36*、*Pi5-1*、*Pb1*、*Pi-d3*、*Pi25*、*Pikh*、*Pi1*、*Pik-m*、*Pik-p*和*Pi56t*)。利用上述相同的回交自交策略，我们将抗瘟水稻供体GKMP中的*Pb1*广谱抗瘟基因导入至空育131的染色体组中，并最终得到了空育131 *Pb1*单点置换系。该置换

系背景回复率为99.38%，目标导入片段长约700Kb，表型鉴定结果显示其可能和亲本GKMP发挥同等的抗瘟能力（图1B）。

为了配合当前的品种审定制度，并积极将改良品种投入市场应用中，我们先后申请了“金黄稻1号”、“金黄稻2号”、“金黄稻3号”的植物新品种品种权（图1C）。它们均是以空育131为底盘的改良品种，其中，“金黄稻1号”通过导入抗倒和穗粒数基因而改良了空育131的倒伏和产量性状；“金黄稻2号”通过导入穗大和晚熟基因而改良了空育131的产量和生育期性状；“金黄稻3号”通过导入粒长和晚熟基因而改良了空育131的产量和生育期性状。

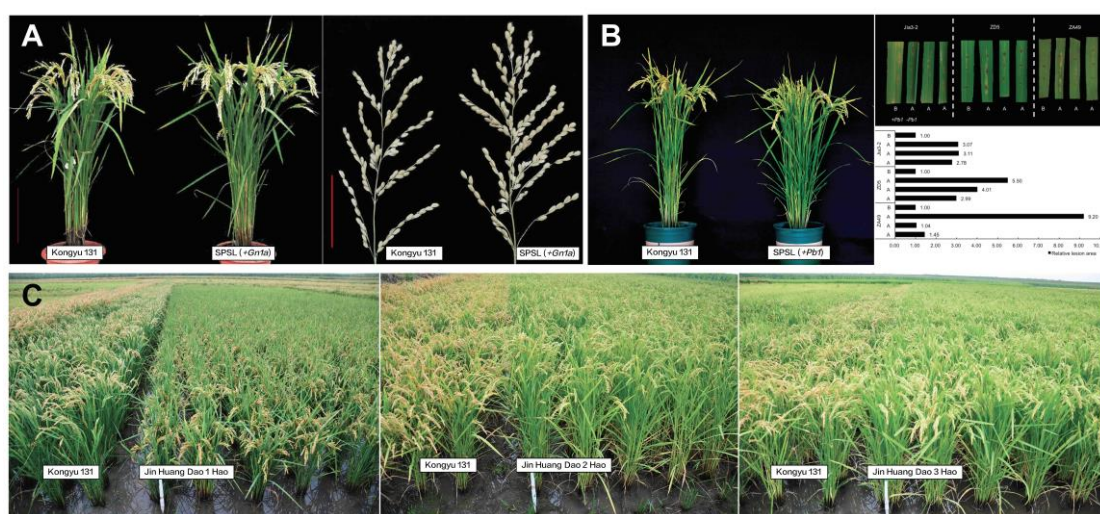


图 1. 空育 131 穗粒數位点 *Gn1a*、抗稻瘟病位点 *Pb1* 的单点置换系及三个升级改良品种。(A) 空育 131 和穗粒數位点 *Gn1a* 单点置换系的株型(长春)及主穗形态。(B) 空育 131 和抗稻瘟病位点 *Pb1* 单点置换系的株型(佳木斯)及离体接菌表型。(C) 水稻新品种金黄稻 1 号、金黄稻 2 号、金黄稻 3 号田间长势图。

Figure 1. Two SPSLs, replacing two respective locus of Kongyu 131, the high-yielding *Gn1a* and the blast-resistant *Pb1*, and three new rice varieties. (A) Plant type and the main panicle of Kongyu 131 and its SPSL(+*Gn1a*) at Changchun. (B) Plant type at Jiamusi and the inoculating results of Kongyu 131 and its SPSL(+*Pb1*). (C) Plant type of new rice varieties, Jin Huang Dao 1 Hao, Jin Huang Dao 2 Hao and Jin Huang Dao 3 Hao in the fields.

**Improving and updating the elite rice variety Kongyu 131. Two SPSLs (Single Point Substitution Line), replacing two respective locus of Kongyu 131, the high-yielding *Gn1a* and the blast-resistant *Pb1*, and three new rice varieties**

Kongyu 131 is an elite and main cultivated japonica rice variety in Heilongjiang Province, China. It has the characteristics of early maturity, superior quality, high yield, cold tolerance and wide adaptability. However, there is potential to improve its yield, disease-resistance, grain quality and other agronomic traits under different demands. Hence, for improving its specific undesirable traits while other ideal characteristics remained, we first breed the SPSL (Single Point Substitution Line) of Kongyu 131, which is replaced only a small chromosome segment carrying a favorable allele, and then pyramid these SPSLs to get further, continuous and multi-traits updating. Take two SPSLs, the related researches were published in the journal *Rice* and *Chinese Bulletin of Botany*, for example, to illustrate the breeding strategy of SPSL. One SPSL is improved at the high-yielding *Gn1a* locus of Kongyu 131. According to the QTL (Quantitative trait locus) analysis of the BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> population, the data showed that the introgressed segment carrying the *Gn1a* allele of GKBR, a big panicle indica rice variety donor, can significantly increase the branch number and grain number per panicle. Therefore, we transfer this favorable allele from GKBR into recurrent parent Kongyu 131 by consecutive backcrosses. Using 5 SNP markers designed against the sequence within and around *Gn1a*, the introgressed chromosome segment was shortened to approximately 430 Kb to minimize the linkage drag by screening recombinants in the target region among the self-crossed progenies. Meanwhile the progenies introgressed other non-target segments were excluded in segregating population. Finally, genomic components of the high-yielding SPSL were detected using 220 SNP markers evenly distributed across 12 chromosomes, suggesting that the recovery ratio of the recurrent parent genome (RRPG) was 99.89%. Compared with Kongyu 131, the yield per plant of this SPSL increased by 8.3% and 11.9% at Changchun and Jiamusi, respectively (Fig.1A). Another SPSL is improved at the blast-resistant *Pb1* locus of Kongyu131. By re-sequencing and scanning the whole genome of Kongyu 131, we found that it lacks more than 12 cloned blast resistance genes, including *Pi2*, *Pi9*, *Pi36*, *Pi5-1*, *Pb1*, *Pid3*, *Pi25*, *Pikh*, *Pi1*, *Pik-m*, *Pik-p* and *Pi56t*. With the same backcross and self-cross method as above, we successfully introgressed *Pb1* allele from variety GKMP into Kongyu131. Inoculating

test results indicated that the final blast-resistant SPSL, containing a 700 Kb target fragment and sharing 99.38% genetic background from Kongyu 131, showed the same blast resistance as GKMP (Fig.1B).

Concerning the policies of NCVAC (National Crop Variety Approval Committee) and trying actively making our improved lines to agricultural market soon, we applied for the protection of new varieties to the Ministry of Agriculture (MOA), P. R. China. Three new rice varieties IDs are granted, namely, Jin Huang Dao 1 Hao, Jin Huang Dao 2 Hao and Jin Huang Dao 3 Hao (Fig.1C). All the three are new improved Kongyu 131 varieties, respectively updating its lodging and grain number, large panicle and late maturity, grain length and late heading.

## (二) 研究成果

### 论文

Feng, X., Wang, C., Nan, J., Zhang, X., Wang, R., Jiang, G., Yuan, Q., and Lin, S.\* (2017). Updating the elite rice variety Kongyu 131 by improving the *Gn1a* locus. *Rice* 10: 35-46.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

林少扬 (课题组长)、袁清波、姜国强、沈 玉

### 在读研究生

冯晓敏、王荣升、南建宗、林抗雪、王 晨、张晓慧、杨晓文、薛 倩、高 脐、  
张文齐

## 水稻分子设计育种（姚善国课题组）

### Molecular Breeding in Rice

(Professor Shanguo Yao)

#### （一）研究进展

##### 1. 培育了中科 902 高抗稻瘟病新版本

通过对底盘品种空育 131 背景下的稻瘟病与香味等位基因的组装, 课题组培育了一个分子设计新品系中科 902 (图 1A), 并于 2017 年通过了黑龙江省农作物品种审定委员会审定。但是, 对于一个粳稻新品种来说, 随着其种植面积的不间断扩大, 稻瘟病优势生理小种也会此消彼长, 导致该品种的稻瘟病抗性逐渐丧失。因此, 通过不断聚合新的抗稻瘟优良等位变异, 对推广品种进行定期更新, 是预防稻瘟病大面积发生的重要途径。在前期研究中, 课题组发掘了一个可显著提高空育 131 稻瘟病抗性优良等位变异组合, 我们在本年度对相同遗传背景下的稻瘟病及香味基因进一步进行了杂交组装, 获得了中科 902 高抗稻瘟病新版本 (图 1B), 为中科 902 新品种在生产上长期大面积推广奠定了良好基础。

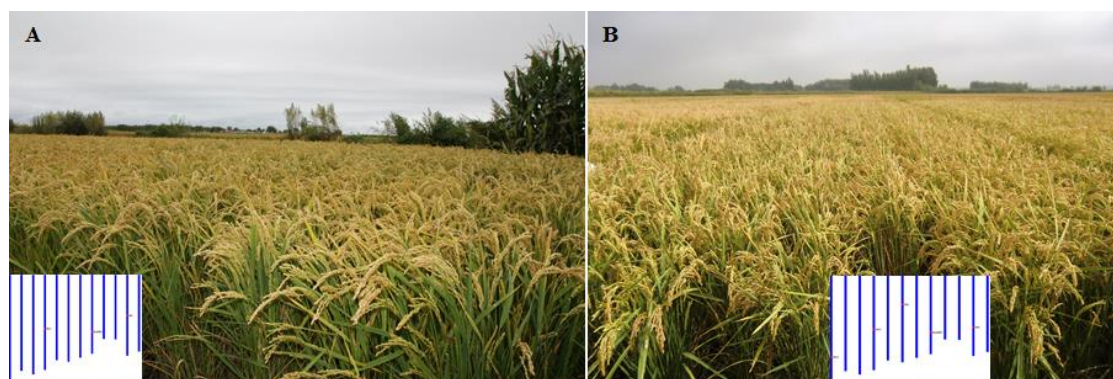


图 1. 中科 902 高抗稻瘟病新版本选育。(A) 中科 902。该品种携带了两个抗稻瘟等位变异 *Pb1*、*pi21*, 以及香味等位变异 *badh2*; (B) 高抗稻瘟病新版本。该版本在中科 902 的基础上增加了 2 个抗稻瘟优良等位变异 *Pi35* 与 *Pizt*。

Figure 1. Developing new version for Zhongke902 with high blast resistance. (A) The new rice variety Zhongke902. Zhongke902 contains two blast resistance alleles of *Pb1* and *pi21*, and fragrance allele *badh2*. (B) The new version for Zhongke902. The version contains two more blast

resistance alleles of *Pi35* and *Pizt* other than the three alleles in Zhongke902.

### 1. Developed a new version for Zhongke902 with high blast resistance

We have pyramided two blast resistance alleles and the fragrance allele under the background of the mega variety Kongyu131 (Figure 1A), and the pyramided line was certified for release to commercial production by the Heilongjiang Provincial Crop Variety Appraisal Committee in May, 2017. Because blast resistance is the most important factor that affects the extension of a *japonica* rice variety, we tried to introduce different blast resistance alleles into the background of Zhongke902, and created a new version with four blast resistance alleles of *Pb1*, *pi21*, *Pi35* and *Pizt* (Figure 1B). The newly developed version of Zhongke902 would lay a good foundation for the long term extension of the new variety in large areas.

### 2. 培育了分子设计新品系中科 634

黑龙江省是我国最重要的优质商品粮生产基地,其水稻面积的 50% 以上分布在第三积温带。新审定品种中科 902 作为第三积温带区域品种,主要是针对空育 131 稻瘟病抗性差而定向设计改良的。虽然该品种及其升级版具有良好的推广潜力,但从东北稻区对栽培品种优质性状要求的长期趋势来看,其食味和外观品质还有待进一步提升。因此,除了开展空育 131 背景下抗稻瘟优良等位变异的杂交组装外,课题组还重点进行了食味品质和外观品质优良等位变异的发掘和单基因导入系构建。通过对不同等位变异导入系的组装,培育了一个外观和食味品质显著改善的新品系中科 634 (图 2),有望在东北稻区优质稻生产中发挥重要作用。

### 2. Developed a new rice variety Zhongke634

Heilongjiang is the most important *japonica* rice production base in China, and more than 50% of the rice planting area is distributed in the third accumulative temperature zone. As a newly certified variety suitable for the third accumulative zone, Zhongke902 as well as the improved version is mainly designed to solve the problem of blast resistance. However, from the long-term trend of demand for quality traits, the eating quality and the appearance quality of the new variety need to be further

improved. Therefore, we screened for novel alleles related to grain quality and constructed NILs for those of potential value in practical use. Pyramiding of the alleles identified a new strain named Zhongke634, which shows coordinate improvement of plant height, appearance quality and eating quality (Figure 2).



图2. 分子设计新品系中科634选育。(A) 中科634群体表型。内部图片显示中科634（下）糙米较底盘品种空育31（上）显著变长；(B) 单株表型比较。显示中科634（右）株高较空育131（左）明显降低；(C) 籽粒形态比较。显示中科634（右）籽粒显著变长。

Figure 2. Breeding for the new rice variety Zhongke634. (A) Population morphology of Zhongke634. The inner panel indicates greatly improved length of brown rice for Zhongke634 (lower). (B) Plant morphology. Indicating that the plant height of Zhongke634 (right) is obviously decreased compared to that of the receptor variety Kongyu131 (left), and the panicle size remains the same as Kongyu131. (C) Grain morphology. Grain length of Zhongke634 (right) is significantly longer than that of Kongyu131 (left), while grain width remains the same as Kongyu131.

## （二）研究成果

### 论文

Wang, J., Wang, R., Wang, Y., Zhang, L., Zhang, L., Xu, Y., and Yao, S.\* (2017). *Short and Solid Culm/RFL/APO2* for culm development in rice. *Plant J* 91: 85-96.

## 专利

1. 姚善国; 王汝慈; 郭明欣; 刘小强; 汪月明. ALT1 蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410487619.x. 授权时间 2017.9.26.
2. 姚善国; 王汝慈; 郭明欣; 刘小强; 汪月明. 与植物抗氧化能力相关的 ALT1 蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410487617.0. 授权时间 2017.10.19.

## 品种

水稻品种“中科 902”. 黑审稻 2017029. 黑龙江省农作物品种审定委员会. 中国科学院遗传与发育生物学研究所、中国科学院北方粳稻分子育种联合研究中心. 姚善国、张科、王汝慈、李锐、汪月明、李艳欣、王彤彤、戴立国、张李、魏海锋、段佑强.

## 新品种保护权

1. 水稻品种“中科 613”. 受理号 20170445. 姚善国、王汝慈、项文秀、张李、汪月明. 受理时间 2017.3.31.
2. 水稻品种“中科 902”. 受理号 20172711.3. 姚善国、王汝慈、张李、汪月明. 受理时间 2017.11.13.

## (三) 研究队伍

### 固定人员

姚善国 (课题组长)、汪月明、王汝慈、张 李

### 在读研究生

张 丽、徐玉芳、Wah Wah Lwin、Thu Ya Shwe、王 遼

## 植物功能基因组学与生物技术育种（朱祯课题组）

### Plant Functional Genomics and Breeding by Biotechnologies

(Professor Zhen Zhu)

#### （一）研究进展

##### 聚合 RNAi 技术和 Bt 基因的新一代抗虫棉的研制

表达 Bt 蛋白的转基因抗虫作物已在世界范围内广泛种植，成为害虫综合治理的重要手段。为应对害虫对单个 Bt 蛋白抗性的不断增强，两个或更多的 Bt 蛋白被聚合到同一个转基因作物中。然而，交互抗性和拮抗作用限制了这一策略的继续发展。本研究利用植物寄主介导的 RNAi 技术，通过大量 RNAi 靶标的筛选，最终确定控制昆虫保幼激素代谢的关键基因为靶标，培育了可表达阻断棉铃虫保幼激素合成的 dsRNA 转基因棉花。抗虫性测定表明，取食该转基因棉花后，无论是对 Bt 敏感还是对 Bt 耐受的棉铃虫系的死亡率均较对照显著提高。分子检测结果表明，转基因棉花成功表达了高量 dsRNA，受试昆虫体内靶基因表达明显下调，保幼激素本身合成被显著抑制。聚合上述 RNAi 和 Bt 蛋白的转基因棉花能有效防治对 Bt 耐受的棉铃虫系。并且，聚合棉中 RNAi 和 Bt 蛋白对棉铃虫的抗性彼此独立。计算机模拟评估分析显示，在中国北方的现实条件下，相比单一使用 Bt 棉花，RNAi + Bt 的聚合棉够显著推迟棉铃虫抗性的产生时间长达 14 年以上（图 1）。本研究为棉铃虫的防治提供了一种新的策略，能有效解决棉铃虫对单一策略转基因棉易产生耐受性的难题，为下一代抗虫作物的研发奠定了基础。相关成果发表在 *Plant Biotechnology Journal*。

##### Next-generation transgenic cotton: pyramiding RNAi and Bt counters insect resistance

Transgenic crops expressing *Bacillus thuringiensis* (Bt) toxins are extensively cultivated worldwide, and become a cornerstone in integrated pest management. To counter rapidly increasing pest resistance to crops that produce single Bt toxins,

transgenic plant ‘pyramids’ producing two or more Bt toxins have been widely adopted. However, cross-resistance and antagonism between Bt toxins limit the sustainability of this approach. Here we demonstrated a novel insect-resistant cottons that pyramid RNAi and Bt. Based on a large number of RNAi target screening, the key genes control of insect JH metabolism were selected as targets. Bioassays showed significantly higher cotton bollworm (CBW) mortality to both Bt-sensitive and Bt-tolerant strains feeding these transgenic cottons. The study further showed that the dsRNA cassettes were effectively expressed in transgenic cotton, and the mRNA levels of the target gene in the tested insects was significantly decreased, as well as the JH titers. We further pyramided these dsRNA-producing lines with Bt cotton to enhance their resistance. The pyramided cotton exhibited high efficacy against the Bt-tolerant CBW. In addition, Bt cotton and RNAi acted independently against the susceptible strain. In computer simulations of conditions in northern China, pyramided cotton combining a Bt toxin and RNAi substantially delayed pest resistance up to 14 years relative to using Bt cotton alone (Figure 1). Our work provides a new option for the CBW management by interfering JH-related gene expression, and suggests that pyramiding RNAi-based and Bt insecticidal traits may be used as the next generation insect-resistant crop to increase control efficacy and help to delay evolution of resistance in target pests. This work is published in *Plant Biotechnology Journal*.

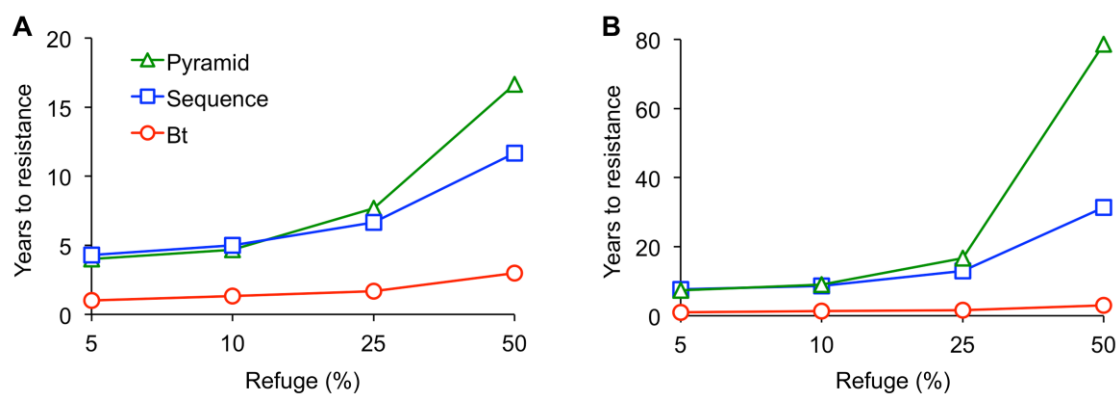


图 1. 计算机模拟棉铃虫对不同类型转基因棉花产生抗性的评估。Pyramid 代表 RNAi+Bt 聚合棉，Sequence 代表 RNAi 棉花，Bt 代表 Bt 棉。图 A 是现实条件下的预测结果，图 B 是乐

观条件下的预测结果。分析基于确定性双位点群体遗传模型(deterministic two-locus population genetic model)。

Figure 1. Computer simulations of the evolution of resistance by *H. armigera* to Bt cotton alone, a sequence of Bt cotton followed by RNAi cotton and a pyramid of Bt + RNAi cotton. The time to resistance is the number of years until the population fitness on transgenic cotton exceeded 0.50. Pyramid: RNAi+Bt cotton, Sequence: RNAi cotton, Bt: Bt cotton. (A) Realistic scenario: dominance of resistance ( $h$ ) = 0.5 for Bt cotton and RNAi cotton and no fitness cost. (B) Optimistic scenario: dominance of resistance ( $h$ ) = 0.5 for Bt cotton and 0.2 for RNAi cotton and minor, additive fitness cost. Analysis is based on the deterministic two-locus population genetic model.

## (二) 研究成果

### 论文

1. Ni, M.#, Ma, W.#, Wang, X.#, Gao, M.#, Dai, Y., Wei, X., Zhang, L., Peng, Y., Chen, S., Ding, L., Tian, Y., Li, J., Wang, H., Wang, X., Xu, G., Guo, W., Yang, Y., Wu, Y., Heuberger, S., Tabashnik, B.\*, Zhang, T.\*, and Zhu, Z.\* (2017). Next-generation transgenic cotton: pyramiding RNAi and Bt counters insect resistance. *Plant Biotechnol J* 15: 1204-1213.
2. Ding, L., Chen, Y., Wei, X., Ni, M., Zhang, J., Wang, H., Zhu, Z.\* and Wei, J.\* (2017). Laboratory evaluation of transgenic *Populus davidiana* × *Populus bolleana* expressing *Cry1Ac + SCK*, *Cry1Ah3*, and *Cry9Aa3* genes against gypsy moth and fall webworm. *PLoS One* 12: e0178754.

### 专利

1. 朱祯; 陈书元. 一种抗水稻褐飞虱的杀虫蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410653541.4. 授权时间 2017.10.20.
2. 朱祯; 王晓芳; 魏晓丽; 戴艳. 昆虫促前胸腺激素基因及其在植物抗虫方面的应用. 专利号 ZL 201310651573.6. 授权时间 2017.12.15.

### （三）研究队伍

#### 固定人员

朱 楨（课题组长）、魏晓丽、张 磊、戴 艳、彭永刚

#### 在读研究生

刘哲铭、潘阳阳、张利姣

#### 毕业研究生

周 云

#### 博士后

李 跃、周 云

### 三、承担课题及当年经费到位情况

2017 年实验室累计主持各类研究项目（课题/子课题）252 项，共获得到位研究经费（实际承担研究经费）11759 万元，研究组平均科研经费 346 万元，人均科研经费 70 万元，具备了争取和承担国家重大科研项目的能力。国家自然科学基金资助项目 77 项，科技部资助项目 73 项（含子课题），转基因专项 26 项（含子课题），中科院资助项目 56 项，国际合作 6 项，横向课题 7 项，其它项目 7 项。其中：

创新研究群体科学基金 1 项，基金委重大研究计划 5 项，基金委重点项目 8 项，基金委面上、青年科学基金等项目 63 项，973 课题（含子课题）32 项，863 课题（含子课题）6 项，重点研发计划 35 项，各类人才项目 4 项等。

## 承担科研项目一览表

课题编号	项目类别	课题名称	起止时间	负责人
31521001	创新研究群体科学基金	植物活性氧与氧化还原信号	2016-2021	周俭民
91435106	国家自然科学基金重大研究计划	BG1 控制水稻产量的分子机制	2015-2017	童红宁
91535204	国家自然科学基金重大研究计划	水稻分蘖角度的遗传调控网络研究	2016-2017	王永红
91535105	国家自然科学基金重大研究计划	水稻株高与茎秆强度协同调控的遗传网络解析	2016-2017	周奕华
91540203	国家自然科学基金重大研究计划	核糖体 RNA 的加工和修饰调控植物生长发育的分子机理研究	2016-2019	曹晓风
91635301	国家自然科学基金重大研究计划	水稻株型遗传调控网络解析	2017-2018	李家洋
91635301	国家自然科学基金重大研究计划	水稻株型遗传调控网络解析	2017-2018	王永红
31230038	国家自然科学基金重点课题	DNA 双链断裂融合介导的同源染色体重组分子机理研究	2012-2017	程祝宽
31230007	国家自然科学基金重点课题	利用病原细菌效应蛋白研究植物胞内免疫信号转导机理	2012-2017	周俭民
31330020	国家自然科学基金重点项目	拟南芥蛋白质精氨酸甲基化修饰的功能解析	2014-2018	曹晓风
31390423	国家自然科学基金重点项目	双生病毒—媒介昆虫—作物（寄主植物）互作机制	2014-2018	谢旗
31430063	国家自然科学基金重点项目	水稻衰老分子调控机理解析及遗传网络的构建	2015-2019	储成才
31401156	国家自然科学基金重点项目	系统解析侧生分生组织形成的调控网络	2015-2019	焦雨铃

91540204	国家自然科学基金重点项目	MicroRNA 介导 mRNA 中 m6A 甲基化形成的机制研究	2016-2019	王秀杰
31530004	国家自然科学基金重点项目	乙烯调控水稻非生物胁迫反应的机制研究	2016-2020	张劲松
31530051	国家自然科学基金重点项目	水稻高产抗倒伏主效 QTL 克隆及分子机理解析	2016-2020	周奕华
31371284	国家自然科学基金面上项目	利用进化印迹鉴定水稻基因组的功能元件	2014-2017	陈明生
31370293	国家自然科学基金面上项目	RLCK 第七亚家族蛋白在植物天然免疫中的功能研究	2014-2017	冯 锋
31370161	国家自然科学基金面上项目	一个新的双组分系统 RhpRS 调控 III 型分泌系统的信号转导途径研究	2014-2017	贾燕涛
31370311	国家自然科学基金面上项目	拟南芥 MED25 互作蛋白 MIP1 调控茉莉酸信号途径的分子机理	2014-2017	蒋红玲
31371589	国家自然科学基金面上项目	大穗基因 LP 调控水稻穗型发育的深度解析及应用研究	2014-2017	李 明
31370770	国家自然科学基金面上项目	拟南芥蛋白精氨酸甲基转移酶 AtPRMT3 调控植物生长发育的分子机理研究	2014-2017	刘春艳
31370127	国家自然科学基金面上项目	必需调控系统 PhoPQ 快速起源及与细菌有丝分裂的调控关系	2014-2017	钱 韦
31371929	国家自然科学基金面上项目	水稻 OsMKK1-OsMPK2 级连调控抗病反应的方式与机制	2014-2017	邱金龙
31371318	国家自然科学基金面上项目	小分子 RNA 对水稻钙离子转运系统靶向调控的功能研究	2014-2017	王 猛
31371223	国家自然科学基金面上项目	MYC2 互作蛋白 MFC1 调控茉莉酸响应基因转录表达的分子机理	2014-2017	翟庆哲
31370310	国家自然科学基金面上项目	解析水稻 IIP 蛋白调控机械组织形成及叶倾角的新途径	2014-2017	张保才
31470387	国家自然科学基金面上项目	啤酒花聚酮化合物代谢途径系统解析及其合成生物学应用	2015-2018	王国栋
31471198	国家自然科学基金面上项目	真核生物编码蛋白中未知重复序列的发现与功能研究	2015-2018	王秀杰

31471544	国家基金面上项目	棉花 GhBOP1 调控蕾铃离层形成发育的分子机制研究	2015-2018	吴家和
31471741	国家基金面上项目	BIK1 在水稻 XA21 信号通路中的作用机理	2015-2018	赵 燕
31571309	国家基金面上项目	短花药野生稻着丝粒的精细测序及稻属着丝粒区域的进化研究	2016-2019	陈明生
31571378	国家基金面上项目	Katanin 复合体在植物周质微管动态及细胞形态建成中的调控机制研究	2016-2019	孔照胜
31570252	国家基金面上项目	受体似激酶家族 VII 在植物先天免疫中的作用	2016-2019	刘 俊
31571308	国家基金面上项目	基于 Ribo-Seq 的生物进化中翻译缓冲机制的研究	2016-2019	钱文峰
31571248	国家基金面上项目	NB-LRR 类 R 基因 Wed 调控水稻抗病及叶片衰老分子机制分析	2016-2019	唐九友
31571441	国家基金面上项目	VPS23 蛋白参与植物盐胁迫过程的机理研究	2016-2019	吴耀荣
31571968	国家基金面上项目	水稻黄单胞菌非转录激活子样效应蛋白 XOO499A 操控植物免疫的机理研究	2016-2019	张 杰
31571741	国家基金面上项目	昼夜节律调控水稻杂种优势的比较转录组和表观基因组学研究	2016-2019	张 磊
31571247	国家基金面上项目	水稻细胞壁多糖去乙酰化因子 WAC 蛋白的功能研究	2016-2019	张保才
31670274	国家基金面上项目	MHZ3 调控水稻乙烯信号	2017-2020	马 彪
31671989	国家基金面上项目	周质蛋白酶 Prc 底物的亲合蛋白质组学鉴定及其调控黄单胞菌致病过程的分子机制	2017-2020	钱 韦
31672015	国家基金面上项目	小麦抗白粉病新型 mlo 突变体的研究及应用	2017-2020	邱金龙
31671278	国家基金面上项目	GhADF6 表达调控介导的微丝骨架动态变化在棉花应答黄萎病菌侵染中的功能及作用机制	2017-2020	王海云
31671337	国家基金面上项目	组蛋白去乙酰化在水稻抗病毒免疫反应中的调控机制的研究	2017-2020	颜永胜

31672001	国家自然科学基金面上项目	番茄双生病毒利用寄主细胞质 mRNA 降解系统增强致病性的分子机制	2017-2020	叶 健
31672000	国家自然科学基金面上项目	植物病毒在介体昆虫血淋巴中的生存及传输机制	2017-2020	张莉莉
31671258	国家自然科学基金面上项目	大豆转录因子 GmZF 调控油脂积累的机制研究	2017-2020	张万科
31401028	国家自然科学基金青年项目	水稻 <i>SLA1</i> 基因调控分蘖角度的分子机理研究	2015-2017	陈东钦
31401232	国家自然科学基金青年项目	WOX1 和 WOX3 调控拟南芥叶片中-边极性建立的分子机理研究	2015-2017	关春梅
31401816	国家自然科学基金青年项目	水稻对白叶枯的感病基因多态性以及功能分析	2015-2017	胡 扬
31400258	国家自然科学基金青年项目	拟南芥 MKK7-MPK6 级联信号调控植株株型的分子机理研究	2015-2017	黎舒佳
31401074	国家自然科学基金青年项目	1500 万年内水稻新基因的起源与进化	2015-2017	李 博
31401357	国家自然科学基金青年项目	水稻 <i>spr1</i> 突变体提高重组频率的分子机制研究	2015-2017	李亚非
31400174	国家自然科学基金青年项目	TBL 在植物细胞壁多糖乙酰化修饰中的功能研究	2015-2017	刘香玲
31401387	国家自然科学基金青年项目	高粱糖分相关基因共表达网络分析及甜高粱蔗糖代谢关键基因验证	2015-2017	孙美玉
31401043	国家自然科学基金青年项目	水稻减数分裂 DSB 形成相关基因 <i>DFA1</i> 的克隆与功能研究	2015-2017	唐 丁
31401252	国家自然科学基金青年项目	新的长链非编码 RNA 作为竞争性内源 RNA 参与小鼠胚胎干细胞多能性维持调控的机制研究	2015-2017	佟 曼
31400071	国家自然科学基金青年项目	病原细菌受体激酶 PcrK 特异识别寄主植物激素分子信号的机制	2015-2017	王芳芳
31401033	国家自然科学基金青年项目	细胞自噬参与植物对大丽轮枝菌免疫应答的分子机制研究	2015-2017	王付欣
31401156	国家自然科学基金青年项目	REVOLUTA 调控拟南芥侧芽起始的机制研究	2015-2017	张 翠

31500975	国家自然科学基金青年项目	籼粳稻间硝态氮吸收利用差异的分子机制研究	2016-2018	胡 斌
31500119	国家自然科学基金青年项目	大丽轮枝菌外泌致病因子 VdCRP1 与寄主靶标的作用机制及种间变异分析	2016-2018	华辰雷
31500255	国家自然科学基金青年项目	水稻减数分裂粗线期停滞基因 MEP1 的克隆与功能研究	2016-2018	沈 懿
31501088	国家自然科学基金青年项目	植物特异驱动蛋白 KCBP 介导微管与微丝相互作用机制的研究	2016-2018	田 娟
31500220	国家自然科学基金青年项目	细菌效应蛋白 AvrB 在拟南芥中分子靶标的功能分析	2016-2018	徐 宁
31522046	国家自然科学基金青年项目	植物病毒病害	2016-2018	叶 健
31500210	国家自然科学基金青年项目	AHA1 调节气孔免疫的分子机制	2016-2018	周朝阳
31601759	国家自然科学基金青年项目	番茄 S1JAZ7 蛋白差异化调控茉莉酸和水杨酸介导的防御反应的分子机理	2017-2019	邓 磊
31600062	国家自然科学基金青年项目	XsfP 催化的膜内受控蛋白水解在黄单胞菌致病过程中的调控功能	2017-2019	邓超颖
31600979	国家自然科学基金青年项目	组蛋白去甲基化酶 OsJMJ706 对温度介导的水稻穗发育的调控	2017-2019	郝 强
31601605	国家自然科学基金青年项目	灰飞虱肠蛋白在水稻条纹病毒穿越肠屏障传播中的作用机理	2017-2019	霍 岩
31601276	国家自然科学基金青年项目	水稻 <i>LTI1</i> 基因调控分蘖芽伸长生长的分子机理研究	2017-2019	梁 彦
31600221	国家自然科学基金青年项目	独脚金内酯信号通路 D53-like SMXLs 下游转录因子的鉴定与功能分析	2017-2019	王 冰
31601629	国家自然科学基金青年项目	乙烯信号途径参与水稻抗病过程机制的研究	2017-2019	杨 超
31601061	国家自然科学基金青年项目	基于高通量策略的反式剪接功能的研究	2017-2019	杨宇飞
31600980	国家自然科学基金青年项目	乙烯调控水稻干旱胁迫反应的分子机制研究	2017-2019	阴翠翠

31600222	国家自然科学基金青年项目	一氧化氮与细胞分裂素信号通路互作调节植物适应性生长的分子机制	2017-2019	张燕香
31601622	国家自然科学基金青年项目	色氨酸诱导马铃薯疮痂病抗性的作用机制研究	2017-2019	赵盼
31600124	国家自然科学基金青年项目	反向长链非编码 RNA 调控 NIA 基因响应 CMV 侵染的机制研究	2017-2019	赵建华
2013AA102603	863 计划	番茄抗病虫基因挖掘和生物学功能研究	2013-2017	孙加强
2013AA102701	863 计划	杨树抗虫关键基因的鉴定及分子育种技术研究	2013-2017	魏晓丽
2014AA10A602	863 计划	粳稻资源鉴定和产量相关位点分析	2014-2018	储成才
2014AA10A604	863 计划	水稻分子组装设计育种	2014-2018	刘贵富
2014AA10A601	863 计划	种质资源重测序信息库建立与绿色性状关键基因鉴定挖掘	2014-2018	余泓
2015AA020306	863 计划	胚胎干细胞和成体干细胞表面特异性标识与应用	2015-2017	王猛
2013CBA01401	973 计划	高产性状的分子机制与设计	2013-2017	白世伟
2013CB835200	973 计划	我国重要家养动植物在人工选择下进化的遗传和基因组机制	2013-2017	曹晓风 宋显伟
2013CBA01403	973 计划	水稻抗病毒的分子机制	2013-2017	陈晓英
2013CBA01402	973 计划	优质性状的分子机制与设计	2013-2017	程祝宽
2013CBA01405	973 计划	分子设计和多基因组组装育种	2013-2017	荆彦辉
2013CBA01402	973 计划	优质性状的分子机制与设计	2013-2017	刘贵富
2013CB835205	973 计划	表观遗传变异在家养动植物中进化中的作用	2013-2017	马彪

2013CB967301	973 计划	微环境调控生长点干细胞维持与分化的信号网络	2013-2017	孙加强
2013CB127001	973 计划	水稻功能辅酶代谢组学研究	2013-2017	王国栋
2013CB967302	973 计划	侧生生长点干细胞微环境重建的分子基础	2013-2017	王永红
2013CBA01401	973 计划	高产性状的分子机制与设计	2013-2017	王永红
2013CBA01405	973 计划	分子设计和多基因组育种	2013-2017	姚善国
2013CB127001	973 计划	水稻非淀粉多糖酰基化修饰研究	2013-2017	周奕华
2014CB138804	973 计划	草原植物矮小化的分子调控与表观遗传基础	2014-2018	陈受宜
2014CB138401	973 计划	介体昆虫识别及传播病毒的分子机制	2014-2018	陈晓英
2014CB138402	973 计划	虫传病毒对寄主植物的致病机制	2014-2018	郭惠珊
2014CB943501	973 计划	叶片发育极性建成的调控网络研究	2014-2018	焦雨铃
2014CB964801	973 计划	单倍体干细胞建系体系的优化	2014-2018	刘 鑫
2014CB943404	973 计划	种子发育的信号调控网络	2014-2018	刘春艳
2014CB943402	973 计划	子叶发育与营养累积的机制	2014-2018	左建儒
2013CB967301	973 计划	离体生长点重建的遗传基础	2015-2017	邓 娴
2015CB150106	973 计划	作物高光效品种选育	2015-2019	储成才
2015CB755702	973 计划	非生物逆境抗性与智能响应模块设计	2015-2019	胡 斌

2015CB150600	973 计划	微生物群体感应通讯系统与病害防控基础研究	2015-2019	贾燕涛
2015CB942902	973 计划	根干细胞的维持与分化	2015-2019	李传友
2015CB942903	973 计划	根干细胞的可塑性调控	2015-2019	谢 旗
2015CB755702	973 计划	非生物逆境抗性与智能响应模块设计	2015-2019	张劲松
2015CB910200	973 计划	植物细胞表面受体的功能和作用机理	2015-2019	周俭民
2014CB964901	重大科学研究计划项目	胚胎干细胞和细胞转分化与重编程过程中表观遗传修饰的谱系鉴定与关系分析	2014-2018	王秀杰
2016YFD0100603-2	重点研发计划	水稻驱避型抗虫分子机制研究	2016-2020	白世伟
2016YFD0100904-5	重点研发计划	水稻低温响应及幼穗发育研究	2016-2020	曹晓凤
2016YFD0100901	重点研发计划	水稻产量性状功能基因组研究	2016-2020	程祝宽
2016YFD0100306	重点研发计划	细胞骨架与纤维素合酶基因的正向选择与棉花纤维优异性状形成	2016-2020	董 丽
2016YFD0100706	重点研发计划	小麦、水稻养分高效利用性状优异等位基因的发掘及育种利用	2016-2020	胡 斌
2016YFD0100601	重点研发计划	水稻抗性负调控因子的发掘和在水稻抗病育种中的应用	2016-2020	贾燕涛
2016YFD0100500	重点研发计划	油菜油分以及重要蔬菜营养功能品质形成与改良的分子基础	2016-2020	蒋红玲
2016YFD0101804-3	重点研发计划	水稻信息平台的建立与应用	2016-2020	荆彦辉
2016YFD0100505	重点研发计划	细胞骨架调控棉花纤维品质形成机制及遗传改良研究	2016-2020	孔照胜
2016YFD0101800	重点研发计划	水稻分子设计育种	2016-2020	黎舒佳

2016YFD0100904	重点研发计划	水稻低温响应及幼穗发育研究	2016-2020	李大勇
2016YFD0101800	重点研发计划	主要粮食作物分子设计育种/水稻分子设计育种	2016-2020	李家洋
2016YFD0100403	重点研发计划	作物高产株型的遗传调控网络	2016-2020	梁彦
2016YFD0101801	重点研发计划	“全基因组导航”育种及基因聚合研究	2016-2020	林少扬
2016YFD0101005	重点研发计划	耐盐基因 GsHSFa 的功能解析及调控网络	2016-2020	马彪
2016YFD0101804-2	重点研发计划	水稻共性技术的建立与应用	2016-2020	孟祥兵
2016YFD0100801	重点研发计划	两系杂交水稻组合的组学特征和调控网络	2016-2020	彭永刚
2016YFD0100602	重点研发计划	玉米茎腐病病原相关分子模式 (PAMP) c-di-GMP 的寄主识别机制及关键基因育种应用	2016-2020	钱韦
2016YFD0100602	重点研发计划	基因组编辑技术在小麦抗病育种中的应用及小麦抗病种质及材料的创制	2016-2020	邱金龙
2016YFD0100401	重点研发计划	增加籽粒数的分子调控机制	2016-2020	沈懿
2016YFD0102003-8	重点研发计划	新型水稻单倍体诱导技术研制	2016-2020	宋显伟
2016YFD0101801	重点研发计划	水稻分子设计育种	2016-2020	唐丁
2016YFD0101800	重点研发计划	水稻分子设计育种	2016-2020	唐九友
2016YFD0100901	重点研发计划	水稻产量性状功能基因组研究	2016-2020	王冰
2016YFD0100505-09	重点研发计划	微丝骨架在棉纤维发育和品质形成中的功能	2016-2020	王海云
2016YFD0100605	重点研发计划	玉米耐旱性状形成的分子基础	2016-2020	吴耀荣

2016YFA0500500	重点研发计划	植物响应非生物逆境和共生固氮蛋白质机器的研究/植物响应非生物逆境的蛋白质机器	2016-2020	谢 旗
2016YFD0101800	重点研发计划	水稻分子设计育种	2016-2020	姚善国
2016YFD0100901	重点研发计划	水稻产量性状功能基因组研究	2016-2020	袁运栋
2016YFD0101007	重点研发计划	番茄抗病虫的功能基因组研究	2016-2020	翟庆哲
2016YFD0100706	重点研发计划	小麦、水稻养分高效利用性状优异等位基因的发掘及育种利用	2016-2020	粘金蓉
2016YFD0100504	重点研发计划	大豆油脂代谢和积累调控网络解析	2016-2020	张劲松
2016YFD0100601	重点研发计划	水稻耐逆性状形成的分子基础	2016-2020	周俭民
2017YFD0200605	重点研发计划	耕地地力影响农业有害生物发生的机制与调控—子课题	2017-2020	田 娟
2017YFD0200900	重点研发计划	作物免疫调控与物理防控技术及产品研发	2017-2020	杨 超
2017YFD0200400	重点研发计划	活体生物农药增效及有害生物生态调控机制	2017-2021	翟庆哲
NULL	万人计划	“万人计划”第一批科技创新领军人才	2015-2017	曹晓风
NULL	万人计划	“万人计划”青年拔尖人才	2015-2017	焦雨铃
NULL	青年千人计划	青年千人计划	2014-2018	钱文峰
2016ZX08010002	重大科技专项	基因表达调控技术研究	2016-2018	张玉满
2016ZX08010-002	重大科技专项	基因表达调控技术研究	2016-2020	曹晓风
2016ZX08009-003	重大科技专项	抗逆耐除草剂关键基因克隆及功能验证	2016-2020	陈受宜

2016ZX08004-002	重大科技专项	抗逆转基因大豆新品种培育	2016-2020	陈受宜
2016YFD0100304	重大科技专项	大豆优异种质资源形成与演变规律研究	2016-2020	陈受宜
2016ZX08010-002	重大科技专项	基因表达调控技术研究	2016-2020	戴 艳
2016ZX08010-002	重大科技专项	转基因新技术新方法	2016-2020	戴 艳
2016ZX08001-004	重大科技专项	高产转基因水稻新品种培育	2016-2020	荆彦辉
2016ZX08009-003	重大科技专项	抗病虫关键基因克隆及功能验证	2016-2020	李传友
2016ZX08009-001	重大科技专项	基因克隆新技术新方法	2016-2020	李晓兵
2016ZX08009-003	重大科技专项	高产关键基因克隆及功能验证	2016-2020	李亚非
2016ZX08009-003	重大科技专项	高产关键基因克隆及功能验证	2016-2020	梁 彦
2016ZX08011-001	重大科技专项	转基因水稻环境安全评价技术	2016-2020	刘贵富
2016ZX08009-001	重大科技专项	基因克隆新技术新方法	2016-2020	宋显伟
2016ZX08009-003	重大科技专项	抗逆耐除草剂关键基因克隆及功能验证	2016-2020	唐三元
2016ZX08010-002	重大科技专项	基因表达调控技术研究	2016-2020	田彩环
2016ZX08001-004	重大科技专项	高产转基因水稻新品种培育	2016-2020	童红宁
2016ZX08001004-002	重大科技专项	理想株型相关基因挖掘与利用	2016-2020	颜永胜
2016ZX08009-003	重大科技专项	抗病虫关键基因克隆及功能验证	2016-2020	杨小元

2016ZX08009-003	重大科技专项	抗逆耐除草剂关键基因克隆及功能验证	2016-2020	粘金蓉
2016ZX08009-003	重大科技专项	控制水稻茎秆性状及产量的基因克隆和功能研究	2016-2020	张保才
2016ZX08009-003	重大科技专项	品质改良关键基因克隆及功能验证	2016-2020	张劲松
2016ZX08004-003	重大科技专项	营养功能型转基因大豆新品种培育	2016-2020	张万科
2016ZX08009-003	重大科技专项	品质改良关键基因克隆及功能验证	2016-2020	张燕香
2016ZX08001-001	重大科技专项	抗虫转基因水稻新品种培育	2016-2020	朱 祯
2016ZX08009-003	重大科技专项	抗病虫关键基因克隆及功能验证	2016-2020	朱立煌
2016ZX08009-003	重大科技专项	养分高效关键基因克隆及功能验证	2016-2020	左建儒
NULL	重大科技专项	抗旱关键基因的克隆和功能分析	2017-2019	夏 然
NULL	农业部人才项目	水稻体系专家	2017-2017	李家洋
XDA08030104	战略性先导科技专项 A 类	长江中下游优质高产粳稻分子设计育种	2013-2017	程祝宽
XDA08010401	战略性先导科技专项 A 类	水稻氮磷钾高效吸收利用的分子模块解析	2013-2017	储成才
XDA08020105	战略性先导科技专项 A 类	小麦高效性状分子模块系统解析	2013-2017	焦雨铃
XDA08030101	战略性先导科技专项 A 类	水稻高产优质抗逆品种的分子设计育种	2013-2017	李家洋
XDA08030102	战略性先导科技专项 A 类	东北粳稻抗稻瘟病品种设计与培育	2013-2017	林少扬
XDA08020109	战略性先导科技专项 A 类	水稻与大豆高通量表型组合代谢组学分析	2013-2017	王国栋

XDA08010103	战略性先导科技专项 A 类	水稻株型与抗倒伏的分子模块解析	2013-2017	王永红
XDA08010206	战略性先导科技专项 A 类	玉米耐旱的基因组和转录组的关联分析和模块解析	2013-2017	谢 旗
XDA08030103	战略性先导科技专项 A 类	东北粳稻重要农艺性状的组装设计育种	2013-2017	姚善国
XDA08020106	战略性先导科技专项 A 类	大豆品质分子模块系统解析	2013-2017	张劲松
XDA08010103	战略性先导科技专项 A 类	水稻株型与抗倒伏的分子模块解析	2013-2017	周奕华
XDA08010402	战略性先导科技专项 A 类	水稻高光效的分子模块解析	2013-2017	朱 祯
XDA08010401	战略性先导科技专项 A 类	水稻氮磷钾高效吸收利用的分子模块解析	2013-2017	左建儒
XDA08010202	战略性先导科技专项 A 类	水稻耐逆境胁迫的分子模块解析	2013-2018	曹晓凤
XDA08020303	战略性先导科技专项 A 类	分子模块设计育种创新体系	2013-2018	钱文峰
XDA08020202	战略性先导科技专项 A 类	大豆高产固氮分子模块系统解析及耦合	2017-2017	孔照胜
XDA16020801	战略性先导科技专项 A 类	基于 3D 打印技术的肾脏与肾脏体外制造	2017-2021	王秀杰
XDB11020300	战略性先导科技专项 B 类	病原真菌效应蛋白信息流与作物免疫网络的互作	2014-2018	刘 俊
XDB11040700	战略性先导科技专项 B 类	靶向病原细菌受体组氨酸激酶的作物抗病新策略	2014-2018	钱 韦
XDB11040100	战略性先导科技专项 B 类	灰飞虱中肠蛋白在水稻条纹病种间信息流的作用机制	2014-2019	方荣祥
XDB11040000	战略性先导科技专项 B 类	基于靶标分子的病虫特异性干预	2014-2019	郭惠珊
XDB11030200	战略性先导科技专项 B 类	植物对昆虫免疫反应的信号转导机理	2014-2019	李传友

XDB11040600	战略性先导科技专项 B 类	棉花对大丽轮枝菌侵染的防御应答及其调控网络研究	2014-2019	夏桂先
XDB11040300	战略性先导科技专项 B 类	双生病毒-植物-烟粉虱三者之间信息交流和互作的分子机制研究	2014-2019	叶 健
XDB11020600	战略性先导科技专项 B 类	细菌效应蛋白信息流与作物免疫网络的互作	2014-2019	张 杰
XDB11020200	战略性先导科技专项 B 类	种间信息的识别解码与互作	2014-2019	周俭民
XDB11040800	战略性先导科技专项 B 类	共生菌在病毒-媒介昆虫-植物互作中的功能研究	2015-2019	张莉莉
XDPB0401	战略性先导科技专项 B 类	植物特化性状形成的物资与能量代谢基础	2017-2017	李家洋
XDPB0401	战略性先导科技专项 B 类	植物特化性状形成的物资与能量代谢基础	2017-2017	王永红
XDPB0403	战略性先导科技专项 B 类	植物可塑性发育的分子调控机制	2017-2018	曹晓风
XDB11020200	战略性先导科技专项 B 类	根系微生物组在农作物抗病、营养高效中的功能	2017-2019	白洋
NULL	中国科学院	中国科学院人才支撑专项-百人计划	2012-2017	林少扬
NULL	中国科学院	中国科学院人才支撑专项-百人计划 D 类	2015-2017	王永红
NULL	中国科学院	中国科学院人才支撑专项-百人计划 D 类	2015-2017	张劲松
QYZDJ-SSW-SMC014	中国科学院前沿科学重点研究项目	水稻穗发芽关键基因的鉴定及调控网络构建	2016-2020	储成才
QYZDJ-SSW-SMC015	中国科学院前沿科学重点研究项目	人类神经系统疾病相关重复序列的系统发现与调控机制研究	2016-2020	王秀杰
QYZDB-SSW-SMC021	中国科学院前沿科学重点研究项目	农作物根际微生物群体结构及功能研究	2017-2020	白洋
QYZDY-SSW-SMC022	中国科学院前沿科学重点研究项目	水稻抗低温冷害的遗传及表观遗传调控网络研究	2017-2022	曹晓风

KFZD-SW-107	中国科学院重点部署项目	利用新型基因组编辑技术创制抗白粉病小麦新种质	2016-2017	邱金龙
ZDRW-ZS-2016-2-5	中国科学院重点部署项目	组织器官再生与损伤修复	2016-2018	王 猛
NULL	中国科学院重点部署项目	西部典型县域特色高值农业技术集成与示范	2016-2020	唐三元
NULL	中国科学院重点部署项目	耐盐耐旱青贮作物的耐逆机制研究	2017-2022	唐三元
KFJ-SW-STS-188	中国科学院 STS 项目	高药用价值濒危植物繁殖技术与药用物质合成诱导研究	2016-2017	王国栋
KFJ-FP-23	中国科学院 STS 项目	贫困地区特色经济作物的示范种植	2016-2018	刘 宁
NULL	中国科学院科教融合项目	虎杖白藜芦醇生物合成的转录调控研究	2016-2017	周奕华
NULL	中国科学院仪器设备研制专项	全自动高分辨率植物三维影像分析系统	2015-2017	储成才
科发人函字[2014]112号	中国科学院院其他项目	青年创新促进会	2015-2019	陈东钦
科发人函字[2014]112号	中国科学院院其他项目	青年创新促进会	2015-2019	童红宁
科发人函字[2014]112号	中国科学院院其他项目	青年创新促进会	2015-2019	颜永胜
科发人函字[2015]	中国科学院院其他项目	青年创新促进会	2016-2020	张保才
科发人函字[2016]	中国科学院院其他项目	青年创新促进会	2017-2020	田彩环
0001792015CB5004	三峡后续工作科研项目	三峡库区农业面源污染控制纳米碳添加肥与生物组合技术应用研究	2015-2017	方荣祥
Z171100001517001	北京市科委项目	基于花粉管导入的玉米骨干自交系基因组编辑技术研究与应用	2017-2019	邱金龙
2016LH0011	中国博士后科学基金	S-亚硝基化修饰调控 AtPRMT5 响应盐胁迫的机理研究	2016-2018	杨焕杰

2016M600142	中国博士后科学基金	植物 U-box 蛋白和 ER body 调控虫传病毒病害的分子机制	2016-2018	赵平芝
-------------	-----------	------------------------------------	-----------	-----

### 国际合作项目一览表

合作国别或地区	课题名称	合作单位	起止时间	经费来源	负责人
美国	拟南芥 AGO 蛋白与 miRNA 和 mRNA 互作网络的解析及 miRNA 调控蛋白翻译抑制的分子机理研究	美国加州大学河边分校	2013-2017	国家自然科学基金国际合作	曹晓凤
德国	植物根尖干细胞维持的转录调控机理	德国弗莱堡大学	2014-2018	国家自然科学基金国际合作	李传友
加拿大	植物 NLR 免疫受体的遗传与生化功能研究	加拿大不列颠哥伦比亚大学	2014-2018	国家自然科学基金国际合作	周俭民
以色列	非依赖于色氨酸生长素合成途径以及色氨酸合成对产量性状影响的解析	以色列魏茨曼科学研究所	2017-2019	国家自然科学基金国际合作	李家洋
南非	小麦秆锈菌 Ug99 高抗材料创制及抗病机制研究	南非自由大学	2014-2017	科技部国际合作	周俭民
美国	水稻穗大小的遗传调控	美国先锋海外公司	2015-2020	美国先锋海外公司	王永红

### 横向合作项目一览表

项目名称	合同编号	委托单位	起止时间	负责人
牧草种质资源创新与新品种选育	NYYZ-2014-X	宁夏科技厅	2014-2024	谢旗

宁夏回族自治区育种专项-高粱	NYYZ-2014-Z21	宁夏科技厅	2014-2018	谢 旗
设施土壤生物熏蒸技术的建立及试验示范	PXM2016-036203-000056-002 33227-FCG-02	北京市农业局植保总站	2016-2017	叶 健
优质甜高粱新品种引进与规模化种植示范	NTKJ-2017-02-04	宁夏农业综合开发办公室	2017-2017	唐三元
优质甜高粱新品种引进与规模化种植示范	NTKJ-2017-110005000786	青铜峡市农业综合开发办公室	2017-2017	唐三元
优质甜高粱新品种引进与规模化种植示范	NTKJ-2017-110005000785	贺兰县农业综合开发办公室	2017-2017	唐三元
人参皂苷对拟南芥根尖细胞影响	NULL	中国中医科学院	2017-2017	李传友

## 四、科研成果

### 发表论文一览表

A. 主要完成单位发表论文；B. 共同第一作者或共同通讯作者论文；C. 合作完成论文

序号	作者	文章题目	杂志	年卷页	影响因子	类型
1	Song, X.#, Lu, Z.#, Yu, H.#, Shao, G., Xiong, J., Meng, X., Jing, Y., Liu, G., Xiong, G., Duan, J., Yao, X., Liu, C., Li, H., Wang, Y., and Li, J.*	IPA1 functions as a downstream transcription factor repressed by D53 in strigolactone signaling in rice	<i>Cell Res</i>	2017, 27: 1128-1141	15.606	A
2	Bi, G., and Zhou J.M.*	MAP kinase signaling pathways: a hub of plant-microbe interactions	<i>Cell Host Microbe</i>	2017, 21: 270-273	14.946	A
3	Hu, J.#, Yang, H.#, Mu, J., Lu, T., Peng, J., Deng, X., Kong, Z., Bao, S., Cao, X., and Zuo, J.*	Nitric oxide regulates protein methylation during stress responses in plants	<i>Mol Cell</i>	2017, 67: 702-710	14.714	A
4	Du, H.#, Yu, Y.#, Ma, Y.#., Gao, Q.#, Cao, Y.#, Chen, Z., Ma, B., Qi, M., Li, Y., Zhao, X., Wang, J., Liu, K., Qin, P., Yang, X., Zhu, L., Li, S.*, and Liang, C.*	Sequencing and <i>de novo</i> assembly of a near complete <i>indica</i> rice genome	<i>Nat Commun</i>	2017, 8: 15324	12.124	A
5	Wang, H., Vieira, F., Crawford, J., Chu, C.*, and Nielsen, R.*	Asian wild rice is a hybrid swarm with extensive gene flow and feralization from domesticated rice	<i>Genome Res</i>	2017, 27: 1029-1038	11.922	A
6	Yang, Y.#, Zhang, X.#, Ma, X.#, Zhao, T.#, Sun, Q., Huan, Q., Wu, S., Du, Z.*, and Qian, W.*	<i>Trans</i> -splicing enhances translational efficiency in <i>C. elegans</i>	<i>Genome Res</i>	2017, 27: 1525-1535	11.922	A
7	Song, X., and Cao, X.*	Context and complexity: analyzing methylation in trinucleotide sequences	<i>Trends Plant Sci</i>	2017, 22: 351-353	11.911	A
8	Yu, F., and Xie, Q.*	Non-26S proteasome endomembrane trafficking pathways in ABA signaling	<i>Trends Plant Sci</i>	2017, 22: 976-985	11.911	A
9	Hu, B.*, and Chu, C.*	Node-based transporter: switching phosphorus distribution	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 17002	10.300	A

10	Zhang, B.#, Zhang, L.#, Li, F.#, Zhang, D., Liu, X., Wang, H., Xu, Z., Chu, C.*, and Zhou, Y.*	Control of secondary cell wall patterning involves xylan deacetylation by a GDSE esterase	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 17017	10.300	A
11	Tang, J.*, and Chu, C.*	MicroRNAs in crop improvement: fine-tuners for complex traits	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 17077	10.300	A
12	Yin, K., Gao, C.*, and Qiu, J.*	Progress and prospects in plant genome editing	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 17107	10.300	A
13	Qi, J.#, Wu, B.#, Feng, S.#, Lü, S., Guan, C., Zhang, X., Qiu, D., Hu, Y., Zhou, Y., Li, C., Long, M.*, and Jiao, Y.*	Mechanical regulation of organ asymmetry in leaves	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 724-733	10.300	A
14	Wang, C.#, Liu, W.#, Wang, G.#, Li, J., Dong, L., Han, L., Wang, Q., Tian, J., Yu, Y., Gao, C., and Kong, Z.*	KTN80 confers precision to microtubule severing by specific targeting of katanin complexes in plant cells	<i>EMBO J</i>	2017, 36: 3435-3447	9.792	A
15	Guan, C., Wu, B., Yu, T., Wang, Q., Krogan, T., Liu, X., and Jiao, Y.*	Spatial auxin signaling controls leaf flattening in <i>Arabidopsis</i>	<i>Curr Biol</i>	2017, 27: 2940-2950	8.851	A
16	Lin, T.#, Xu, X.#, Ruan, J.#, Liu, S., Wu, S., Shao, X., Wang, X., Gan, L., Qin, B., Yang, Y., Cheng, Z., Yang, S., Zhang, Z., Xiong, G., Huang, S., Yu, H.*, and Li, J.*	Genome analysis of <i>Taraxacum kok-saghyz</i> Rodin provides new insights into rubber biosynthesis	<i>Natl Sci Rev</i>	2017, 0: 1-12	8.843	A
17	Meng, X.#, Yu, H.#, Zhang, Y., Zhuang, F., Song, X., Gao, S., Gao, C.*, and Li, J.*	Construction of a genome-wide mutant library in rice using CRISPR/Cas9	<i>Mol Plant</i>	2017, 10: 1238-1241	8.827	A
18	Lu, X., Xiong, Q., Cheng, T., Li, Q., Liu, X., Bi, Y., Li, W., Zhang, W., Ma, B., Lai, Y., Du, W., Man, W., Chen, S.*, and Zhang, J.*	A <i>PP2C-1</i> allele underlying a quantitative trait locus enhances soybean 100-seed weight	<i>Mol Plant</i>	2017, 10: 670-684	8.827	A
19	Chen, Q., Liu, R., Wang, Q., and Xie, Q.*	ERAD tuning of the HRD1 complex component AtOS9 is modulated by an ER-bound E2, UBC32	<i>Mol Plant</i>	2017, 39: 692-706	8.827	A
20	Xiong, Q.#, Ma, B.#*, Lu, X.#, Huang, Y., He, S., Yang, C., Yin, C., Zhao, H., Zhou, Y., Zhang, W., Wang, W., Li, Z., Chen, S.*, and Zhang, J.*	Ethylene-inhibited jasmonic acid biosynthesis promotes mesocotyl/coleoptile elongation of etiolated rice seedlings	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 1053-1072	8.726	A
21	Wang, J., Tian, C., Zhang, C., Shi, B., Cao, X., Zhang, T., Zhao, Z., Wang, J., and Jiao, Y.*	Cytokinin signaling activates <i>WUSCHEL</i> expression during axillary meristem initiation	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 1374-7387	8.726	A

22	Hu, Q.#, Li, Y.#, Wang, H., Shen, Y., Zhang, C., Du, G., Tang, D., and Cheng, Z.*	Meiotic chromosome association 1 interacts with TOP3 $\alpha$ and regulates meiotic recombination in rice	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 1697-1708	8.726	A
23	Zhang, F.#, Tang, D.#, Shen, Y., Xue, Z., Shi, W., Ren, L., Du, G., Li, Y., and Cheng, Z.*	The F-Box protein ZYGO1 mediates bouquet formation to promote homologous pairing, synapsis, and recombination in rice meiosis	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 2597-2609	8.726	A
24	Wang, J.#, Yu, H.#, Xiong, G., Lu, Z., Jiao, Y., Meng, X., Liu, G., Chen, X., Wang, Y.*, and Li, J.*	Tissue-specific ubiquitination by IPA1 INTERACTING PROTEIN1 modulates IPA1 protein levels to regulate plant architecture in rice	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 697-707	8.726	A
25	Wang, F., Cheng, S., Wu, Y., Ren, B., and Qian, W.*	A bacterial receptor PcrK senses the plant hormone cytokinin to promote adaptation to oxidative stress	<i>Cell Rep</i>	2017, 21: 2940-2951	8.282	A
26	Ni, M.#, Ma, W.#, Wang, X.#, Gao, M.#, Dai, Y., Wei, X., Zhang, L., Peng, Y., Chen, S., Ding, L., Tian, Y., Li, J., Wang, H., Wang, X., Xu, G., Guo, W., Yang, Y., Wu, Y., Heuberger, S., Tabashnik, B.*, Zhang, T.*, and Zhu, Z.*	Next-generation transgenic cotton: pyramiding RNAi and Bt counters insect resistance	<i>Plant Biotechnol J</i>	2017, 15: 1204-1213	7.443	A
27	Deng, X., and Cao, X.*	Roles of pre-mRNA splicing and polyadenylation in plant development	<i>Curr Opin Plant Biol</i>	2017, 35: 45-53	7.357	A
28	Song, X., and Cao, X.*	Transposon-mediated epigenetic regulation contributes to phenotypic diversity and environmental adaptation in rice	<i>Curr Opin Plant Biol</i>	2017, 36: 111-118	7.357	A
29	Zhang, L.#, Ni, H.#, Du, X., Wang, S., Ma, X., Nummerger, T., Guo, H.*, and Hua, C.*	The <i>Verticillium</i> -specific protein VdSCP7 localizes to the plant nucleus and modulates immunity to fungal infections	<i>New Phytol</i>	2017, 215: 368-381	7.330	A
30	Zhou, L.#, Zhao, P.#, Chi, Y., Wang, D., Wang, P., Liu, N., Cai, D.*, Wu, Z.*, and Zhong, N.*	Controlling the hydrolysis and loss of nitrogen fertilizer (urea) by using a nanocomposite favors plant growth	<i>ChemSusChem</i>	2017, 10: 2068-2079	7.226	A
31	Cai, Z.#, Yuan, Z.#, Zhang, H., Pan, Y., Wu, Y., Tian, X., Wang, F., and Qian, W.*	Fatty acid DSF binds and allosterically activates histidine kinase RpfC of phytopathogenic bacterium <i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i> to regulate quorum-sensing and virulence	<i>PLoS Pathog</i>	2017, 13, e1006304	6.608	A

32	Zhou, T., Zhao, Y., and Guo, H.*	Secretory proteins are delivered to the septin-organized penetration interface during root infection by <i>Verticillium dahliae</i>	<i>PLoS Pathog</i>	2017, 13: e1006275	6.608	A
33	Li, Q., Lu, X., Song, Q., Chen, H., Wei, W., Tao, J., Bian, X., Shen, M., Ma, B., Zhang, W., Bi, Y., Li, W., Lai, Y., Lam, S., Shui, G., Chen, S.*, and Zhang, J.*	Selection for a zinc-finger protein contributes to seed oil increase during soybean domestication	<i>Plant Physiol</i>	2017, 173: 2208-2224	6.456	A
34	Gao, Y.#, He, C.#, Zhang, D., Liu, X., Xu, Z., Tian, Y., Liu, X., Zang, S., Pauly, M., Zhou, Y.*, and Zhang, B.*	Two trichome birefringence-like proteins mediate xylan acetylation, which is essential for leaf blight resistance in rice	<i>Plant Physiol</i>	2017, 173: 470-481	6.456	A
35	Li, W., Zhang, F., Wu, R., Jia, L., Li, G., Guo, Y., Liu, C., and Wang, G.*	A novel <i>N</i> -methyltransferase in Arabidopsis appears to feed a conserved pathway for nicotinate detoxification among land plants and is associated with lignin biosynthesis	<i>Plant Physiol</i>	2017, 174: 1492-1504	6.456	A
36	Luo, X.#, Xu, N.#, Huang, J., Gao, F., Zou, H., Boudsocq, M., Coaker, G., and Liu, J.*	A lectin receptor-like kinase mediates pattern-triggered salicylic acid signaling	<i>Plant Physiol</i>	2017, 174: 2501-2514	6.456	A
37	Wei, W., Tao, J., Chen, H., Li, Q., Zhang, W., Ma, B., Lin, Q., Zhang, J.*, and Chen, S.*	A histone code reader and a transcriptional activator interact to regulate genes for salt tolerance	<i>Plant Physiol</i>	2017, 175: 1304-1320	6.456	A
38	Wang, Y.#, Yu, H.#, Tian, C., Sajjad, M., Gao, C., Tong, Y., Wang, X.*, and Jiao, Y.*	Transcriptome association identifies regulators of wheat spike architecture	<i>Plant Physiol</i>	2017, 175: 746-757	6.456	A
39	Chen, S., Li, K., Cao, W., Wang, J., Zhao, T., Huan, Q., Yang, Y., Wu, S., and Qian, W.*	Codon-resolution analysis reveals a direct and context-dependent impact of individual synonymous mutations on mRNA level	<i>Mol Biol Evol</i>	2017, 34: 2944-2958	6.202	A
40	Yang, Y.#, Cao, W.#, Wu, S., and Qian, W.*	Genetic interaction network as an important determinant of gene order in genome evolution	<i>Mol Biol Evol</i>	2017, 34: 3254-3266	6.202	A
41	Yang, C., Li, W., Cao, J., Meng, F., Yu, Y., Huang, J., Jiang, L., Liu, M., Zhang, Z., Chen, X., Miyamoto, K., Yamane, H., Zhang, J., Chen, S., and Liu, J.*	Activation of ethylene signaling pathways enhances disease resistance by regulating ROS and phytoalexin production in rice	<i>Plant J</i>	2017, 89: 338-353	5.901	A
42	Han, Y.#, Sun, J.#, Yang, J., Tan, Z., Luo, J., and Lu, D.*	Reconstitution of the plant ubiquitination cascade in bacteria using a synthetic biology approach	<i>Plant J</i>	2017, 91: 766-776	5.901	A

43	Zhao, L.#, Li, Y.#, Xie, Q.*, and Wu, Y.*	Loss of <i>CDKC;2</i> increases both cell division and drought tolerance in <i>Arabidopsis thaliana</i>	<i>Plant J</i>	2017, 91: 816-828	5.901	A
44	Wang, J., Wang, R., Wang, Y., Zhang, L., Zhang, L., Xu, Y., and Yao, S.*	<i>Short and Solid Culm/RFL/APO2</i> for culm development in rice	<i>Plant J</i>	2017, 91: 85-96	5.901	A
45	Li, H., Hu, B., and Chu, C.*	Nitrogen use efficiency in crops: lessons from <i>Arabidopsis</i> and rice	<i>J Exp Bot</i>	2017, 68: 2477-2488	5.830	A
46	Luo, X.#, Cao, J.#, Huang, J.#, Wang, Z., Guo, Z., Chen, Y., Ma, S.*, and Liu, J.*	Genome sequencing and comparative genomics reveal the potential pathogenic mechanism of <i>Cercospora sojae</i> Hara on soybean	<i>DNA Res</i>	2017, 0: 1-13	5.404	A
47	Pan, W., Tao, J., Cheng, T., Shen, M., Ma, J., Zhang, W., Lin, Q., Ma, B., Chen, S.*, and Zhang, J.*	Soybean_NIMA-related kinase1 promotes plant growth and improves salt and cold tolerance	<i>Plant Cell Physiol</i>	2017, 58: 1268-1278	4.760	A
48	Peng, B.#, Pan, Y.#, Li, R.#, Wei, J., Liang, F., Wang, L., Wang, F., and Qian, W.*	An essential regulatory system originating from polygenic transcriptional rewiring of PhoP-PhoQ of <i>Xanthomonas campestris</i>	<i>Genetics</i>	2017, 206: 2207-2223	4.556	A
49	Wu, S.#*, Li, K.#, Li, Y., Zhao, T., Li, T., Yang, Y., and Qian, W.*	Independent regulation of gene expression level and noise by histone modifications	<i>PLoS Comput Biol</i>	2017, 13: e1005585	4.542	A
50	Xu, N., Luo, X., Li, W., Wang, Z., and Liu, J.*	The bacterial effector AvrB-induced RIN4 hyperphosphorylation is mediated by receptor-like cytoplasmic kinase complex in <i>Arabidopsis</i>	<i>Mol Plant Microbe Interact</i>	2017, 30: 502-512	4.332	A
51	Xiao, Y., Liu, D., Zhang, G., Tong, H.*, and Chu, C.*	Brassinosteroids regulate OFP1, a DLT interacting protein, to modulate plant architecture and grain morphology in rice	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 1: 5125	4.291	A
52	Bai, C.#, Wang, P.#, Fan, Q., Fu, W., Wang, L., Zhang, Z., Song, Z., Zhang, G.*, and Wu, J.*	Analysis of the role of the drought-induced gene <i>DRI15</i> and salinity-induced gene <i>SII</i> in <i>Alternanthera philoxeroides</i> plasticity using a virus-based gene silencing tool	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 1579	4.291	A
53	Yin, C., Zhao, H., Ma, B., Chen, S.*, and Zhang, J.*	Diverse roles of ethylene in regulating agronomic traits in rice	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 1676	4.291	A

54	Hu, Q.#, He, Y.#, Wang, L., Liu, S., Meng, X., Liu, G., Jing, Y., Chen, M., Song, X., Jiang, L., Yu, H., Wang, B.*, and Li, J.*	DWARF14, a receptor covalently linked with the active form of strigolactones, undergoes strigolactone-dependent degradation in rice	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 1935	4.291	A
55	Sun, Y.#, Wang, C.#, Wang, N.#, Jiang, X., Mao, H., Zhu, C., Wen, F., Wang, X., Lu, Z., Yue, G., Xu, Z., and Ye, J.*	Manipulation of <i>Auxin Response Factor 19</i> affects seed size in the woody perennial <i>Jatropha curcas</i>	<i>Sci Rep</i>	2017, 7: 40844	4.259	A
56	Wang, M.*, Wu, H., Fang, J., Chu, C., and Wang, X.*	A long noncoding RNA involved in rice reproductive development by negatively regulating osa-miR160	<i>Sci Bull</i>	2017, 62: 470-475	4.092	A
57	Han, Y.#, Chu, X.#, Yu, H., Ma, Y., Wang, X., Qian, W.*, and Jiao, Y.*	Single-cell transcriptome analysis reveals widespread monoallelic gene expression in individual rice mesophyll cells	<i>Sci Bull</i>	2017, 62: 1304-1314	4.092	A
58	Xie, C.#, Zhang, G.#, Zhang, Y.#, Song, X., Guo, H., Chen, X.*, and Fang, R.*	<i>SRWD1</i> , a novel target gene of DELLA and WRKY proteins, participates in the development and immune response of rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	<i>Sci Bull</i>	2017, 62:1639-1648	4.092	A
59	Deng, L.#, Wang, H.#, Sun, C., Li, Q., Jiang, H., Du, M., Li, C.*, and Li, C.*	Efficient generation of pink-fruited tomatoes using CRISPR/Cas9 system	<i>J Genet Genomics</i>	2017, 1-4	4.051	A
60	Wu, Q.#, Liu, X.#, Yin, D., Yuan, H., Xie, Q., Zhao, X., Li, X., Zhu, L., Li, S.*, and Li, D.*	Constitutive expression of <i>OsDof4</i> , encoding a C <sub>2</sub> -C <sub>2</sub> zinc finger transcription factor, confers its distinct flowering effects under long- and short-day photoperiods in rice ( <i>Oryza sativa</i> L.)	<i>BMC Plant Biol</i>	2017, 17: 166	3.964	A
61	Li, Q.#, Wei, H.#, Liu, L., Yang, X., Zhang, X., and Xie, Q.*	Unfolded protein response activation compensates endoplasmic reticulum-associated degradation deficiency in <i>Arabidopsis</i>	<i>J Integr Plant Biol</i>	2017, 59: 506-521	3.962	A
62	Zhang, M., Han, L., Wang, W., Wu, S., Jiao, G., Su, L., Xia, G.*, and Wang, H.*	Overexpression of <i>GhFIM2</i> propels cotton fiber development by enhancing actin bundle formation	<i>J Integr Plant Biol</i>	2017, 59: 531-534	3.962	A
63	Zhang, M.#, Cheng, S.#, Wang, H., Wu, J., Luo, Y., Wang, Q., Wang, F.*, and Xia, G.*	iTRAQ-based proteomic analysis of defence responses triggered by the necrotrophic pathogen <i>Rhizoctonia solani</i> in cotton	<i>J Proteomics</i>	2017, 152: 226-235	3.914	A
64	Feng, X., Wang, C., Nan, J., Zhang, X., Wang, R., Jiang, G., Yuan, Q., and Lin, S.*	Updating the elite rice variety Kongyu 131 by improving the <i>Gn1a</i> locus	<i>Rice</i>	2017, 10: 35-46	3.739	A
65	Kan, J., Fang, R.*, and Jia, Y.*	Interkingdom signaling in plant-microbe interactions	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 1-12	2.781	A

66	Qian, W., Chen, X., Fang, R., and Kang, L.*	Manipulation of biotic signaling: a new theory for smarter pest control	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 781-784	2.781	A
67	Sun, L., Qin, J., Wang, K., and Zhang, J.*	Expansion of pathogen recognition specificity in plants using pattern recognition receptors and artificially designed decoys	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 797-805	2.781	A
68	Du, X., Wang, S., Gao, F., Zhang, L., Zhao, J., Guo, H.*, and Hua, C.*	Expression of pathogenesis-related genes in cotton roots in response to <i>Verticillium dahliae</i> PAMP molecules	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 852-860	2.781	A
69	Wang, W.#, Sun, Y., Han, L., Su, L., Xia, G.*, and Wang, H.*	Overexpression of <i>GhPFN2</i> enhances protection against <i>Verticillium dahliae</i> invasion in cotton	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 861-867	2.781	A
70	Cao, J.#, Yu, Y.#, Huang, J., Liu, R., Chen, Y., Li, S.*, and Liu, J.*	Genome re-sequencing analysis uncovers pathogenecity-related genes undergoing positive selection in <i>Magnaporthe oryzae</i>	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 880-890	2.781	A
71	Xiao, X.#, Cheng, X.#, Yin, K., Li, H., and Qiu, J.*	Abscisic acid negatively regulates post-penetration resistance of <i>Arabidopsis</i> to the biotrophic powdery mildew fungus	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 891-901	2.781	A
72	Yu, F., and Xie, Q.*	Ubiquitination modification precisely modulates the ABA signaling pathway in plants	<i>Hereditas</i>	2017, 39: 692-706	1.345	A
73	Song, X.#, Guo, H.#, Zhang, G., Wu, Y., Wang, G., Chen, X.*, and Fang, R.*	OsPRA2 fine-tunes rice brassinosteroid receptor	<i>Plant Signal Behav</i>	2017, 12: e1257455		A
74	钱韦*, 马旅雁, 谷立川, 张炼辉	Biofilm 与 c-di-GMP 专刊序言——微生物的社会性、c-di-GMP 调控及研究新技术	<i>生物工程学报</i>	2017, 33: 1351-1356		A
75	程寿廷, 王芳芳, 钱韦*	鉴定 cyclic di-GMP 效应蛋白: 高通量筛选策略与实验验证方法	<i>生物工程学报</i>	2017, 33: 1376-1389		A
76	金芸, 张涛, 郭惠珊	基因沉默技术在抗真菌病害中的应用和展望	<i>生物工程学报</i>	2017, 33: 161-169		A
77	宋丽阳, 方荣祥*, 贾燕涛*	生物被膜在病原细菌与植物识别中的作用	<i>农业生物技术</i>	2017, 33: 1640-1653		A
78	汪鸿儒, 储成才*	野生稻并不“野”	<i>遗传</i>	2017, 39: 438-439		A

79	汪鸿儒, 储成才*	组学技术揭示水稻杂种优势遗传机制	<i>植物学报</i>	2017, 52: 4-9		A
80	Zhao, Y.*, Zhang, T., and Guo, H.	Penetration assays, fungal recovery and pathogenicity assays for <i>Verticillium dahliae</i>	<i>Bio-protocols</i>	2017, 7: 1-7		A
81	Zhang, L.#, Yu, H.#, Ma, B., Liu, G., Wang, J., Wang, J., Gao, R., Li, J., Liu, J., Xu, J., Zhang, Y., Li, Q., Huang, X., Xu, J., Li, J., Qian, Q., Han, B., He, Z.*, and Li, J.*	A natural tandem array alleviates epigenetic repression of <i>IPA1</i> and leads to superior yielding rice	<i>Nat Commun</i>	2017, 20: 14789	12.124	B
82	Fang, C.#, Ma, Y.#, Wu, S.#, Liu, Z., Wang, Z., Yang, R., Hu, G., Zhou, Z., Yu, H., Zhang, M., Pan, Y., Zhou, G., Ren, H., Du, W., Yan, H., Wang, Y., Han, D., Shen, Y., Liu, S., Liu, T., Zhang, J., Qin, H., Yuan, J., Yuan, X., Kong, F., Liu, B., Li, J., Zhang, Z.*, Wang, G.*, Zhu, B.*, and Tian, Z.*	Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean	<i>Genome Biol</i>	2017, 18: 161	11.908	B
83	Wu, J.#, Yang, R.#, Yang, Z.#, Yao, S., Zhao, S., Wang, Y., Li, P., Song, X., Jin, L., Zhou, T., Lan, Y., Xie, L., Zhou, X., Chu, C., Qi, Y., Cao, X.*, and Li, Y.*	ROS accumulation and antiviral defence control by microRNA528 in rice	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 16203	10.300	B
84	Zeng, D.#, Tian, Z.#, Rao, Y., Dong, G., Yang, Y., Huang, L., Leng, Y., Xu, J., Sun, C., Zhang, G., Hu, J., Zhu, L., Gao, Z., Hu, X., Guo, L., Xiong, G., Wang, Y., Li, J.*, and Qian, Q.*	Rational design of high-yield and superior-quality rice	<i>Nat Plants</i>	2017, 3: 17031	10.300	B
85	Tang, D.*, Wang, G., and Zhou, J.M.*	Receptor kinases in plant-pathogen interactions: more than pattern recognition	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 618-637	8.726	B
86	Hu, X.#, Meng, X.#, Liu, Q., Li, J.*, and Wang, K.*	Increasing the efficiency of CRISPR-Cas9-VQR precise genome editing in rice	<i>Plant Biotechnol J</i>	2017, 1-6	7.443	B
87	Jin, T.#, Wang, Y.#, Huang, Y.#, Xu, J.#, Zhang, P., Wang, N., Liu, X., Chu, H., Liu, G., Jiang, H., Li, Y., Xu, J., Kristiansen, K., Xiao, L., Zhang, Y., Zhang, G., Du, G., Zhang, H., Zou, H., Zhang, H., Jie, Z., Liang, S., Jia, H., Wan, J., Lin, D., Li, J., Fan, G., Yang, H., Wang, J., Bai, Y.*, and Xu, X.*	Taxonomic structure and functional association of foxtail millet root microbiome	<i>GigaScience</i>	2017, 6: 1-12	6.871	B

88	Shao, J.#, Chen, Q.#, Lv, H., He, J., Liu, Z., Lu, Y., Liu, H.*, Wang, G.*, and Wang, Y.*	(+)-Thalianatriene and (-)-retigeranin B catalyzed by sesterterpene synthases from <i>Arabidopsis thaliana</i>	<i>Org Lett</i>	2017, 19: 1816-1819	6.579	B
89	Liang, C.#, Li, A.#, Yu, H., Li, W., Liang, C., Guo, S., Zhang, R., and Chu, C.*	Melatonin regulates root architecture by modulating auxin response in rice	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 134	4.291	B
90	Xie, Q.#, Liu, X.#, Zhang, Y.#, Tang, J., Yin, D., Fan, B., Zhu, L., Han, L., Song, G.*, and Li, D.*	Identification and characterization of microRNA319a and its putative target gene, <i>PvPCF5</i> , in the bioenergy grass switchgrass ( <i>Panicum virgatum</i> )	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 396	4.291	B
91	Lv, Q., Huang, Z., Xu, X., Tang, Li., Liu, H., Wang, C., Zhou, Z., Xin, Y., Xing, J., Peng, Z., Li, X., Zheng, T.*, and Zhu, L.*	Allelic variation of the rice blast resistance gene <i>Pid3</i> in cultivated rice worldwide	<i>Sci Rep</i>	2017, 7: 10362	4.259	B
92	Xu, Z.#, Li, S.#, Zhang, C., Zhang, B., Zhu, K., Zhou, Y.*, and Liu, Q.*	Genetic connection between cell-wall composition and grain yield via parallel QTL analysis in <i>indica</i> and <i>japonica</i> subspecies	<i>Sci Rep</i>	2017, 7: 12561	4.259	B
93	Jin, J.#, Sun, Y.#, Qu, J., Syah, R., Lim, C., Alfiko, Y., Rahman, N., Suwanto, A., Yue, G., Wong, L., Chua, N., and Ye, J.*	Transcriptome and functional analysis reveals hybrid vigor for oil biosynthesis in oil palm	<i>Sci Rep</i>	2017, 7: 439	4.259	B
94	Liu, W., Tian, X., Wei, J., Ding, L., Qian, W., Liu, Z.*, and Wang, F.*	BsmR degrades c-di-GMP to modulate biofilm formation of nosocomial pathogen <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	<i>Sci Rep</i>	2017, 7: 4665	4.259	B
95	Yu, T.#, Guan, C.#*, Wang, J., Sajjad, M., Ma, L.*, and Jiao, Y.*	Dynamic patterns of gene expression during leaf initiation	<i>J Genet Genomics</i>	2017, 44: 599-601	4.051	B
96	Li, R.#, Reddy, V.#, Jin, J., Rajan, C., Wang, Q., Yue, G., Lim, C., Chua, N., Ye, J.*, and Sarojam, R.*	Comparative transcriptome analysis of oil palm flowers reveals an EAR-motif-containing R2R3 MYB that modulates phenylpropene biosynthesis	<i>BMC Plant Biol</i>	2017, 17: 219	3.964	B
97	Wei, X.#, Song, X.#, Wei, L.#, Tang, S., Sun, J., Hu, P.*, and Cao, X.*	An epiallele of rice <i>AK1</i> affects photosynthetic capacity	<i>J Integr Plant Biol</i>	2017, 59: 158-163	3.962	B
98	Ding, L., Chen, Y., Wei, X., Ni, M., Zhang, J., Wang, H., Zhu, Z.* and Wei, J.*	Laboratory evaluation of transgenic <i>Populus davidiana</i> × <i>Populus bolleana</i> expressing <i>Cry1Ac</i> + <i>SCK</i> , <i>Cry1Ah3</i> , and <i>Cry9Aa3</i> genes against gypsy moth and fall webworm	<i>PLoS One</i>	2017, 12: e0178754	2.806	B

99	Wang, L.#, Wu, S., Zhu, Y., Fan, Q., Zhang, Z., Hu, G., Peng, Q.*, and Wu, J.*	Functional characterization of a novel jasmonate ZIM-domain interactor (NINJA) from upland cotton ( <i>Gossypium hirsutum</i> )	<i>Plant Physiol Bioch</i>	2017, 112: 152-160	2.724	B
100	Ma, H.#, Duan, J.#, Ke, J.#., He, Y., Gu, X., Xu, T., Yu, H., Wang, Y., Joseph, S., Jiang, Y., Scott, B., Xu, E.*, Li, J.*, and Karsten, M.*	A D53 repression motif induces oligomerization of TOPLESS corepressors and promotes assembly of a corepressor-nucleosome complex	<i>Sci Adv</i>	2017, 3: e1601217		B
101	Zong, Y., Wang, Y., Li, C., Zhang, R., Chen, K., Ran, Y., Qiu, J., Wang, D., and Gao, C.*	Precise base editing in rice, wheat and maize with a Cas9-cytidine deaminase fusion	<i>Nat Biotechnol</i>	2017, 35: 438-440	41.667	C
102	Li, W., Zhu, Z., Chern, M., Yin, J., Yang, C., Ran, L., Cheng, M., He, M., Wang, K., Wang, J., Zhou, X., Zhu, X., Chen, Z., Wang, J., Zhao, W., Ma, B., Qin, P., Chen, W., Wang, Y., Liu, J., Wang, W., Wu, X., Li, P., Wang, J., Zhu, L., Li, S., and Chen, X.*	A natural allele of a transcription factor in rice confers broad-spectrum blast resistance	<i>Cell</i>	2017, 170: 114-126	30.409	C
103	Sczyrba, A.*, Hofmann, P., Belmann, P., Koslicki, D., Janssen, S., Droge, J., Gregor, I., Majda, S., Fiedler, J., Dahms, E., Bremges, A., Fritz, A., Garrido-Oter, R., Jorgensen, T., Shapiro, N., Blood, P., Gurevich, A., Bai, Y., ..., Darling, A., Rattei, T., and McHardy, A.*	Critical assessment of metagenome interpretation-a benchmark of metagenomics software	<i>Nat Methods</i>	2017, 14: 1063-1071	25.062	C
104	Zhang, D.#, Zhang, H.#, Li, T., Chen, K., Qiu, J., and Gao, C.*	Perfectly matched 20-nucleotide guide RNA sequences enable robust genome editing using high-fidelity SpCas9 nucleases	<i>Genome Biol</i>	2017, 18: 191	11.908	C
105	Yang, C.#, Cui, C.#, Ye, Q., Kan, J., Fu, S., Song, S., Huang, Y., He, F., Zhang, L., Jia, Y., Gao, Y., Harwood, C. *, and Deng, Y.*	<i>Burkholderia cenocepacia</i> integrates cis-2-dodecenoic acid and cyclic dimeric guanosine monophosphate signals to control virulence	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i>	2017, 114: 13006-13011	9.661	C
106	Yang, M., Li, C., Cai, Z., Hu, Y., Nolan, T., Yu, F., Yin, Y., Xie, Q., Tang, G., and Wang, X.*	SINAT E3 ligases control the light-mediated stability of the brassinosteroid-activated transcription factor BES1 in <i>Arabidopsis</i>	<i>Dev Cell</i>	2017, 41: 47-58	9.174	C
107	Lu, Y., Ye, X., Guo, R., Huang, J., Li, G., Tang, J., Tan, L., Zhu, J., Chu, C., and Qian, Y.*	Genome-wide targeted mutagenesis in rice using CRISPR/Cas9 system	<i>Mol Plant</i>	2017, 10: 1242-1245	8.827	C
108	Zhang, T., Lian, H., Zhou, C., Xu, L., Jiao, Y., and Wang, J.*	A two-step model for <i>de novo</i> activation of <i>WUSCHEL</i> during plant shoot regeneration	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 1073-1087	8.726	C

109	Chen, J., Nolan, T., Ye, H., Zhang, M., Tong, H., Xin, P., Chu, J., Chu, C., Li, Z., and Yin, Y.*	Arabidopsis WRKY46, WRKY54 and WRKY70 transcription factors are involved in brassinosteroid-regulated plant growth and drought response	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 1425-1439	8.726	C
110	Schneider, R., Tang, L., Lampugnani, E., Barkwill, S., Lathe, R., Zhang, Y., McFarlane, H., Pesquet, E., Niittyla, T., Mansfield, S., Zhou, Y., and Persson, S.*	Two complementary mechanisms underpin cell wall patterning during xylem vessel development	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 2433-2449	8.726	C
111	Qi, H., Xia, F., Xie, L., Yu, L., Chen, Q., Zhuang, X., Wang, Q., Li, F., Jiang, L., Xie, Q., and Xiao, S.*	TRAF family proteins regulate autophagy dynamics by modulating AUTOPHAGY PROTEIN6 stability in Arabidopsis	<i>Plant Cell</i>	2017, 29: 890-911	8.726	C
112	Zhao, S., Hong, W., Wu, J., Wang, Y., Ji, S., Zhu, S., Wei, C., Zhang, J., and Li, Y.*	A viral protein promotes host SAMS1 activity and ethylene production for the benefit of virus infection	<i>eLife</i>	2017, 6: e27529	7.725	C
113	Ma, X., Liu, C., Gu, L., Mo, B., Cao, X., and Chen, X.*	TarHunter, a tool for predicting conserved microRNA targets and target mimics in plants	<i>Bioinformatics</i>	2017, 1-3	7.307	C
114	Zhang, J., Lai, J., Wang, F., Yang, S., He, Z., Jiang, J., Li, Q., Wu, Q., Liu, Y., Yu, M., Du, J., Xie, Q., Wu, K., Yang, C.*	A SUMO ligase AtMMS21 regulates the stability of the chromatin remodeler BRAHMA in root development	<i>Plant Physiol</i>	2017, 173: 1574-1582	6.456	C
115	Shumbe, L.#, Alessandrol, S.#, Shao, N., Chevalier, A., Ksas, B., Bock, R., and Havaux, M.*	METHYLENE BLUE SENSITIVITY 1 (MBS1) is required for acclimation of Arabidopsis to singlet oxygen and acts downstream of $\beta$ -cyclocitral	<i>Plant Cell Environ</i>	2017, 40: 216-226	6.173	C
116	Liu, J.#, Cheng, X.#, Liu, P., Li, D., Chen, T., Gu, X., and Sun, J.*	MicroRNA319-regulated TCPs interact with FBHs and PFT1 to coordinately activate <i>CO</i> transcription and promote photoperiodic flowering in <i>Arabidopsis</i> .	<i>PLoS Genet</i>	2017, 13: e1006833	6.100	C
117	Zhou, T., Hua, Y., Zhang, B., Zhang, X., Zhou, Y., Shi, L., and Xu, F.*	Low-boron tolerance strategies involving pectin-mediated cell wall mechanical properties in <i>Brassica napus</i>	<i>Plant Cell Physiol</i>	2017, 58: 1991-2005	4.760	C
118	Liu, Y., Wang, K., Li, D., Yan, J., and Zhang, W.*	Enhanced cold tolerance and tillering in switchgrass ( <i>Panicum virgatum</i> L.) by heterologous expression of <i>Osa-miR393a</i>	<i>Plant Cell Physiol</i>	2017, 58: 2226-2240	4.760	C

119	Schl äppi, M.*, Jackson, A., Wang, A., Chu, C., Eizenga, G., Shi, Y., Shimoyama, N., and Boykin, D.	Assessment of five chilling tolerance traits and GWAS mapping in rice using the USDA mini-core collection	<i>Front Plant Sci</i>	2017, 8: 957	4.291	C
120	Li, X., Zhou, W., Ren, Y., Tian, X., Lv, T., Wang, Z., Fang, J., Chu, C., Yang, J.*, and Bu, Q.*	High-efficiency breeding of early-maturing rice cultivars via CRISPR/Cas9-mediated genome editing	<i>J Genet Genomics</i>	2017, 44: 175-178	4.051	C
121	Wang, P., Cui, X., Zhao, C., Shi, L., Zhang, G., Sun, F., Cao, X., Yuan, L., Xie, Q., and Xu, X.*	COR27 and COR28 encode nighttime repressors integrating <i>Arabidopsis</i> circadian clock and cold response	<i>J Integr Plant Biol</i>	2017, 59: 78-85	3.962	C
122	Pan, X.#, Fang, Y.#, Yang, X., Zheng, D., Chen, L., Wang, L., Xiao, J., Wang, X., Wang, K., Cheng, Z., Yu, H., and Zhang, W.*	Chromatin states responsible for the regulation of differentially expressed genes under <sup>60</sup> Co-γ ray radiation in rice	<i>BMC Genomics</i>	2017, 18: 778	3.729	C
123	Xin, W., Wang, Z., Liang, Y., Wang, Y., and Hu, Y.*	Dynamic expression reveals a two-step patterning of <i>WUS</i> and <i>CLV3</i> during axillary shoot meristem formation in <i>Arabidopsis</i>	<i>J Plant Physiol</i>	2017, 214: 1-6	3.121	C
124	Zhang, T.#, Zhang, B.#, Hua, C., Meng, P., Wang, S., Chen, Z., Du, Y., Gao, F.*, and Huang, J.*	<i>VdPKS1</i> is required for melanin formation and virulence in a cotton wilt pathogen <i>Verticillium dahliae</i>	<i>Sci China Life Sci</i>	2017, 60: 868-879	2.781	C

## 论著

1. Li, J., Li, C., and Smith, S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017. ISBN 978-0-12-811562-6.
2. Smith, S.M., Li, C., and Li, J. Hormone function in plants.. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 1-38.
3. Jiang, Z., Li, J., and Qu, L. Auxins. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 39-76.
4. Feng, J., Shi, Y., Yang, S., and Zuo, J. Cytokinins. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 77-106.
5. Li, J., Wu, Y., Xie, Q., Gong, Z. Abscisic acid. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 161-202.
6. Hao, D., Sun, X., Ma, B., Zhang, J.\*, and Guo, H.\* Ethylene. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 203-241.
7. Zhai, Q., Yan, C., Li, L., Xie, D., and Li, C.\* Jasmonates. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 242-272.
8. Jin, J., Cai, B., and Zhou, J.M. Salicylic acid. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 273-289.
9. Wang, B., Wang, Y., and Li, J. Strigolactones. In Li, J., Li, C., and Smith S.M. eds. *Hormone Metabolism and Signaling in Plants*. London, United Kingdom: ELSEVIER Academic Press. 2017, 327-359.
10. Tong, H. and Chu, C.\* Physiological analysis of brassinosteroid responses and sensitivity in rice. In Russinova, E., and Cañó-Delgado, A., eds. *Brassinosteroids: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1564: 23-29.
11. Ma, B., and Zhang, J.\* Analysis of growth and molecular responses to ethylene in etiolated rice seedlings. In Binder, B., and Eric, G., eds. *Ethylene Signaling: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1573: 237-243.
12. Zhang, B. and Zhou, Y.\* Carbohydrate composition analysis in xylem. In de Lucas, M., and Etchells, J., eds. *Xylem: Methods in Molecular Biology*. Humana Press, New York. 2017, 1544: 213-222.

## 品种

序号	审定编号	作物名称	品种名	审定机构	完成单位	完成人
1	国审稻 20170080	水稻	中科 804	中华人民共和国农作物品种审定委员会	中国科学院遗传与发育生物学研究所、中国农科院深圳农业基因组研究所、中国科学院北方粳稻分子育种联合研究中心	刘贵富、李家洋、钱前、张国民、陈明江
2	国审稻 20170063	水稻	嘉优中 科6号	中华人民共和国农作物品种审定委员会	中国科学院遗传与发育生物学研究所、嘉兴市农业科学院	刘贵富、李金军、李家洋、高荣村、陈明江、付习
3	国审稻 20170064	水稻	嘉禾优 7245	中华人民共和国农作物品种审定委员会	中国水稻研究所、中国农业科学院深圳农业基因组研究所、浙江省嘉兴市农业科学研究院(所)、中国科学院遗传与发育生物学研究所	
4	黑审稻 2017029	水稻	中科 902	黑龙江省农作物品种审定委员会	中国科学院遗传与发育生物学研究所、中国科学院北方粳稻分子育种联合研究中心	姚善国、张科、王汝滋、李锐、汪月明、李艳欣、王彤彤、戴立国、张李、魏海锋、段佑强
5	GPD 高粱 (2017) 650026	高粱	中科甜 1号	中华人民共和国农业部	中国科学院遗传与发育生物学研究所、石河子大学	谢旗、唐三元、高峰
6	GPD 高粱 (2017) 650027	高粱	中科甜 2号	中华人民共和国农业部	中国科学院遗传与发育生物学研究所、石河子大学	谢旗、唐三元、高峰

## 新品种保护权

序号	受理号	作物名称	品种名	受理机构	完成单位	完成人
1	20170445	水稻	中科 613	中华人民共和国农业部植物新品种保护办公室	中国科学院遗传与发育生物学研究所、黑龙江乔府大院种业科技有限责任公司	姚善国、王汝慈、项文秀、张李、汪月明
2	20172711. 3	水稻	中科 902	中华人民共和国农业部植物新品种保护办公室	中国科学院遗传与发育生物学研究所	姚善国、王汝慈、张李、汪月明

## 专利

1. 谢旗; 李刚; 夏然. Compositions and methods for enhancing abiotic stress-tolerance. 专利号 PCT/GB2017/053253. 授权时间 2017.10.30. 英国.
2. 王国栋; 李好勋; 覃浩; 班兆男. 用于制备  $\beta$ -苦味酸的蛋白及应用. 专利号 ZL 201410617367.8. 授权时间 2017.4.12.
3. 王国栋; 李好勋; 覃浩; 班兆男. 用于制备  $\beta$ -苦味酸的基因及应用. 专利号 ZL 201410618189.0. 授权时间 2017.5.24.
4. 周琪; 王秀杰; 顾奇; 郝捷; 韩伟方; 刘鑫; 王磊; 王柳. 一种诱导多能干细胞的培养基及其用途. 专利号 ZL 201410394740.8. 授权时间 2017.5.31.
5. 方荣祥; 陈晓英; 张玉满. 淀粉胚乳特异非表达启动子 NSE 及其应用. 专利号 ZL 201310712099.3. 授权时间 2017.6.20.
6. 王国栋; 李好勋; 覃浩; 班兆男.  $\beta$ -苦味酸的制备方法及应用. 专利号 ZL 201410618186.7. 授权时间 2017.6.23.
7. 方荣祥; 陈晓英; 张玉满. 种子盾片及叶细脉特异启动子 PC2 及其应用. 专利号 ZL 201310712090.2. 授权时间 2017.7.7.
8. 郭惠珊; 赵云龙. 一种大丽轮枝菌的致病相关蛋白 VdSENP1 及其编码基因. 专利号 ZL 201310424509.4. 授权时间 2017.7.7.
9. 程祝宽. OsMSH4 蛋白及其编码基因在调控植物花粉育性中的应用. 专利号 ZL 201410397435.4. 授权时间 2017.8.11.
10. 仲乃琴; 孙宏义; 蔡冬清; 段子渊; 徐晓东; 杨杰; 陈延; 赵盼; 董彦旭; 陈学明. 一种马铃薯捡石机. 专利号 ZL 201410720426.4. 授权时间 2017.9.15.
11. 仲乃琴; 赵盼; 徐晓东; 董彦旭; 蔡冬清; 陈延; 杨杰; 陈学明; 杨晓珍; 詹红; 史立林; 杨明. 一种马铃薯的栽培方法. 专利号 ZL 201510563172.4. 授权时间 2017.9.25.
12. 姚善国; 王汝慈; 郭明欣; 刘小强; 汪月明. ALT1 蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410487619.x. 授权时间 2017.9.26.
13. 姚善国; 王汝慈; 郭明欣; 刘小强; 汪月明. 与植物抗氧化能力相关的 ALT1 蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410487617.0. 授权时间 2017.10.19.
14. 朱祯; 陈书元. 一种抗水稻褐飞虱的杀虫蛋白及其编码基因与应用. 专利号 ZL 201410653541.4. 授权时间 2017.10.20.
15. 朱祯; 王晓芳; 魏晓丽; 戴艳. 昆虫促前胸腺激素基因及其在植物抗虫方面的应用. 专利号 ZL 201310651573.6. 授权时间 2017.12.15.
16. 谢旗; 赵莉娜; 王朋飞; 夏然. CDKC2 蛋白及其编码基因在影响植物耐旱性中的新用途. 专利号 ZL 201310432037.7. 授权时间 2017.12.19.

## 五、人员情况

### 1. 固定人员名单

序号	姓名	性别	出生日期	职称	专业	工作性质
1	白世伟	男	1984.12	助研	遗传学	科研
2	白洋	男	1980.12	研究员	植物发育生物学	科研
3	曹守云	女	1965.01	高工	分子生物学	科研
4	曹晓风	女	1965.05	研究员	植物生理学	科研
5	陈浩峰	男	1968.03	正高工	遗传学/基因组学	科研
6	陈明江	男	1987.06	助研	遗传学	科研
7	陈明生	男	1966.06	研究员	遗传学	科研
8	陈庆文	男	1988.11	助研	遗传学	科研
9	陈受宜	女	1940.02	研究员	生物化学	科研
10	陈晓英	女	1956.09	研究员	遗传学	科研
11	程祝宽	男	1966.05	研究员	理学	科研
12	储成才	男	1966.01	研究员	分子生物学	科研
13	戴艳	女	1976.02	助研	作物遗传育种	科研
14	邓超颖	女	1986.08	助研	遗传学	科研
15	邓磊	男	1984.11	助研	植物学	科研
16	邓娴	女	1983.01	副研	植物表观遗传学	科研
17	董丽	女	1974.09	副研	发育生物学	科研
18	杜桂杰	男	1991.06	助工	管理学	科研
19	方荣祥	男	1946.01	研究员	化学	科研
20	房媛媛	女	1979.11	高工	遗传学	科研
21	高晋兰	女	1983.08	助研	分子生物学	科研
22	高强	男	1986.03	工程师	生物信息学	科研
23	关春梅	女	1982.03	助研	遗传学	科研
24	郭惠珊	女	1962.01	研究员	分子病毒学	科研
25	韩永峰	男	1982.10	副研	细胞生物学	科研
26	何锶洁	男	1962.05	高工	细胞生物学	科研
27	胡斌	男	1983.12	副研	分子生物学	科研
28	华辰雷	男	1980.04	副研	植物病理学	科研
29	霍岩	女	1985.11	助研	遗传学	科研
30	贾燕涛	女	1970.02	研究员	遗传学	科研
31	姜国强	男	1978.06	助研	发育生物学	科研
32	蒋红玲	女	1969.03	副研	分子生物学	科研及管理
33	焦雨铃	男	1979.09	研究员	分子、细胞与发育生物学	科研
34	金芸	女	1983.01	助研	遗传学	科研
35	荆彦辉	男	1971.01	副研	作物学	科研
36	康赛	男	1987.09	助研	农学	科研及管理
37	孔照胜	男	1975.11	研究员	发育生物学	科研

38	黎舒佳	女	1982.07	助研	植物学	科研
39	李 博	男	1981.04	助研	林木遗传育种	科研
40	李传友	男	1969.03	研究员	植物遗传学	科研
41	李大勇	男	1974.04	助研	遗传学	科研
42	李华丽	女	1977.06	工程师	农学	科研
43	李家洋	男	1956.07	研究员	遗传学	科研
44	李 轲	女	1983.12	助研	细胞生物学	科研
45	李亚非	男	1981.09	助研	农学	科研及管理
46	李 妍	女	1984.04	助工	生物信息学	科研
47	梁承志	男	1968.07	研究员	遗传学	科研
48	梁 彦	男	1982.09	助研	植物学	科研
49	林 晴	女	1963.12	高实	食品营养	科研及管理
50	林少扬	男	1962.05	研究员	分子育种	科研
51	刘春艳	女	1975.03	副研	细胞生物学	科研
52	刘贵富	男	1962.11	研究员	遗传育种	科研
53	刘家范	男	1979.10	助研	生物化学与分子生物学	科研
54	刘 俊	男	1977.12	研究员	植物学	科研
55	刘坤凡	女	1961.11	高实	生物学	科研
56	刘 宁	男	1977.07	高工	遗传学	科研
57	刘铁燕	女	1976.04	工程师	遗传学	科研
58	刘香玲	女	1979.10	工程师	遗传学	科研及管理
59	刘晓彤	男	1986.06	助研	作物种质资源学	科研
60	刘 鑫	男	1972.12	副研	生物物理	科研
61	刘修营	男	1979.12	助研	生物信息学	科研
62	刘 岩	女	1985.11	工程师	病理学	科研
63	刘永鑫	男	1987.03	工程师	生物信息学	科研
64	吕东平	男	1977.11	研究员	分子生物学	科研
65	马 彪	男	1968.09	副研	植物遗传育种	科研
66	马 滨	男	1984.11	工程师	软件工程	科研
67	马海艳	女	1989.10	助工	作物学	科研及管理
68	孟 菲	女	1983.06	工程师	生物学	管理
69	孟祥兵	男	1975.09	高工	遗传学	科研
70	粘金砦	男	1987.03	工程师	分子生物学	科研
71	庞金环	女	1967.03	实验师	生物学	科研
72	彭居俐	女	1981.11	工程师	动物学	科研及管理
73	彭永刚	男	1978.03	助研	遗传学	科研
74	齐 滔	女	1988.02	助工	细胞生物学	科研
75	钱 韦	男	1973.10	研究员	遗传学	科研
76	钱文峰	男	1984.02	研究员	进化遗传学	科研
77	秦 君	女	1982.1	助研	植物学	科研
78	覃 浩	男	1985.05	助研	环境化学	科研
79	邱金龙	男	1969.08	研究员	遗传学	科研

80	曲宝原	男	1980.09	助研	遗传学	科研及管理
81	邵宁	女	1973.09	副研	分子遗传学	科研
82	沈懿	女	1983.11	助研	理学	科研及管理
83	沈玉	女	1963.01	高实	发育生物学	科研及管理
84	石佼	女	1987.1	工程师	生物技术	管理
85	石金锋	男	1972.09	工程师	林木遗传育种	科研
86	宋显伟	男	1979.12	副研	植物遗传学	科研
87	宋直钰	女	1985.11	研实员	生物化学与分子生物学	科研
88	苏鹞	男	1977.01	助研	遗传学	科研
89	孙婧	女	1986.05	助研	遗传学	科研
90	孙丽璠	女	1989.12	研实员	食品工程	科研及管理
91	孙艳伟	女	1983.12	助研	植物病理学	科研
92	唐丁	男	1980.07	高工	农学	科研
93	唐久友	男	1979.03	副研	分子生物学	科研
94	唐三元	男	1982.11	高工	农学	科研及管理
95	田彩环	女	1981.11	助研	生物化学与分子生物学	科研
96	田娟	女	1982.04	副研	遗传学	科研
97	田彦宝	男	1979.07	高工	材料学	支撑
98	佟曼	女	1982.04	助研	发育生物学	科研
99	汪月明	女	1969.09	工程师	食品化学	科研及管理
100	王冰	女	1983.12	副研	遗传学	科研
101	王芳芳	女	1985.03	助研	遗传学	科研
102	王付欣	女	1974.05	助研	遗传学	科研
103	王国栋	男	1973.11	研究员	遗传学	科研
104	王海云	女	1973.11	副研	生物化学与分子生物学	科研
105	王健	男	1991.01	助工	发育生物学	科研
106	王莉	女	1975.08	副研究员	植物学	科研
107	王猛	男	1979.10	副研	分子生物学	科研
108	王汝慈	男	1984.12	助研	作物遗传育种	科研
109	王伟	女	1984.11	助研	生物化学与分子生物学	科研
110	王秀杰	女	1977.07	研究员	生物信息学	科研
111	王义琴	女	1973.02	副研	分子生物学	科研及管理
112	王永红	女	1968.08	研究员	遗传学	科研
113	王元格	男	1980.02	工程师	遗传学	科研
114	王忠勤	女	1980.02	实验师	管理学	管理
115	韦伟	男	1982.06	助研	分子遗传学	科研
116	魏晓丽	女	1962.07	高工	技术教育	科研
117	吴芳明	男	1981.07	助研	植物遗传学	科研
118	吴家和	男	1968.07	副研	作物遗传育种	科研
119	吴耀荣	女	1975.05	副研	遗传学	科研

120	武 瑶	女	1986.04	工程师	分析化学	支撑
121	夏桂先	女	1954.09	研究员	分子生物学	科研
122	夏 然	女	1976.04	助研	植物分子生物学	科研及管理
123	谢 旗	男	1963.07	研究员	分子生物学	科研
124	徐 宁	女	1983.03	助研	遗传学	科研
125	许 操	男	1981.10	研究员	遗传学	科研
126	郇 庆	女	1983.09	助研	植物分子生物学	科研及管理
127	闫留华	女	1981.11	助研	遗传学	科研
128	颜永胜	男	1979.11	副研	遗传学	科研
129	杨 超	男	1985.04	助研	遗传学	科研
130	杨小元	女	1977.01	副研	植物学	科研
131	姚善国	男	1969.10	研究员	作物遗传育种	科研
132	姚香梅	女	1983.08	助研	农业昆虫与害虫 防治	科研
133	叶 健	男	1977.06	研究员	遗传学	科研
134	阴翠翠	女	1983.05	助研	分子遗传学	科研
135	尹康权	男	1982.11	助研	生物技术	科研
136	于菲菲	女	1988.04	工程师	遗传学	科研
137	于艳军	女	1974.06	工程师	果树学	支撑
138	余 泓	男	1983.12	副研	生物信息学	科研
139	袁清波	男	1977.05	助研	农学	科研
140	袁运栋	男	1981.03	工程师	遗传学	科研
141	翟庆哲	女	1980.05	副研	植物遗传学	科研
142	张保才	男	1981.11	副研	遗传学	科研
143	张凤霞	女	1973.09	助研	药物分析化学	科研
144	张 健	女	1964.06	高实	生物技术	科研
145	张 杰	男	1981.09	副研	植物学	科研
146	张劲松	男	1965.10	研究员	生物学	科研
147	张兰军	女	1984.10	工程师	遗传学	科研
148	张 磊	男	1981.04	副研	细胞生物学	科研
149	张 李	男	1985.09	助研	植物遗传育种	科研
150	张莉莉	女	1975.01	副研	遗传学	科研
151	张万科	男	1976.01	副研	植物分子生物学	科研
152	张晓娟	女	1981.07	工程师	发育生物学	科研及管理
153	张燕香	女	1980.12	助研	遗传学	科研
154	张玉满	女	1970.07	副研	林木遗传育种	科研
155	赵建华	男	1982.11	助研	遗传学	科研
156	赵 盼	男	1982.08	高工	遗传学	科研
157	赵庆华	女	1977.08	助研	生态学	科研
158	赵小强	男	1985.05	工程师	生物学	科研
159	赵 燕	女	1970.10	副研	生物化学与分子 生物学	科研
160	甄志军	女	1978.11	工程师	计算机科学	科研及管理

161	仲乃琴	女	1965.05	正高工	植物保护	科研
162	周朝阳	男	1982.02	助研	细胞生物学	科研
163	周俭民	男	1964.02	研究员	园艺学	科研
164	周奕华	女	1967.10	研究员	遗传学	科研
165	周壮志	男	1972.07	助研	遗传学	科研
166	朱立煌	男	1943.03	研究员	遗传学	科研
167	朱 楨	男	1951.11	研究员	分子生物学	科研
168	邹艳敏	女	1979.01	副研究员	遗传学	科研
169	左建儒	男	1962.06	研究员	分子生物学	科研

## 2. 人才队伍建设

### 中国科学院院士(3名):

李家洋(2001年) 方荣祥(2003年) 曹晓风(2015年)

### 国家杰出青年科学基金获得者(13名):

李家洋(1995年) 左建儒(2001年) 陈明生(2002年) 曹晓风(2003年)  
程祝宽(2003年) 谢 旗(2003年) 李传友(2004年) 郭惠珊(2005年)  
王秀杰(2007年) 储成才(2008年) 张劲松(2009年) 王永红(2010年)  
周奕华(2011年)

### 国家优秀青年科学基金获得者(3名):

焦雨铃(2012年) 吕东平(2013年) 叶 健(2015年)

### 基金委创新研究群体(1个; 2016-2021年):

周俭民(学术带头人)、李家洋、左建儒

### 中组部“千人计划”入选者(1名):

周俭民(2012年)

### 中组部“青年千人计划”入选者(4名):

吕东平(2012年) 钱文峰(2014年) 白 洋(2017年) 许 操(2017年)

### 中组部“百千万工程领军人才”入选者(1名):

曹晓风(2013年)

### 中组部“科技创新领军人才”入选者(2名):

李传友(2016年) 王秀杰(2016年)

**中组部“万人计划青年拔尖人才”入选者(1名):**

焦雨铃(2015年)

**中国科学院“百人计划”入选者(15名):**

李家洋(1997年) 储成才(1999年) 左建儒(2000年) 陈明生(2002年)  
 曹晓风(2002年) 程祝宽(2002年) 李传友(2003年) 谢旗(2004年)  
 郭惠珊(2004年) 姚善国(2009年) 王国栋(2009年) 邱金龙(2009年)  
 焦雨铃(2011年) 孔照胜(2011年) 刘俊(2012年)

**中国科学院“引进杰出技术人才”(2名):**

梁承志(2012年) 陈浩峰(2013年)

**中国科学院青年创新促进会(11名):**

钱韦(2012年) 刘春艳(2012年) 张杰(2013年) 王猛(2013年)  
 翟庆哲(2014年) 颜永胜(2015年) 张保才(2016年) 邓娴(2017年)  
 胡斌(2017年) 田彩环(2017年) 唐三元(2017年)

**3. 国内外学术组织任职情况**

序号	姓名	学术组织	职务	起始时间
1	曹晓风	International Steering Committee of Epigenomics of Plants International Consortium (EPIC)	委员	2009-
2	曹晓风	第五届国家农业转基因生物安全委员会	委员	2016-
3	曹晓风	国家自然科学基金委重大研究计划“细胞编程与重编程的表观遗传机制”指导专家组	副组长	2009-
4	曹晓风	中国植物生理与植物分子生物学学会遗传与分子生物学专业委员会	副主任	2015-
5	曹晓风	中国植物生理与植物分子生物学学会细胞与发育生物学专业委员会	副主任	2015-
6	曹晓风	中国植物生理与植物分子生物学学会 植物生物学女科学家分会	副会长	2015-
7	曹晓风	中国生物化学与分子生物学会基因专业委员会	委员	2015-
8	曹晓风	中国植物学会	理事	2014-
9	曹晓风	中国植物生理与植物分子生物学学会	理事	2014-
10	曹晓风	中国遗传学会表观遗传专业委员会	副主任	2008-
11	曹晓风	中国科学院留学人员联谊会(中国科学院欧美同学会)第一届理事会	副会长	2017-
12	曹晓风	中国科学院留学人员联谊会(中国科学院欧美同学会)生命与健康专业委员会	主任	2017-
13	陈明生	The International Plant and Animal Genome XXII, XXIII, XXIV and XXV	Organizer	2014-
14	储成才	国际组织培养协会	会员	2002-
15	储成才	美国植物生理学会	会员	2006-

16	方荣祥	植物基因组学国家重点实验室学术委员会	主任	2011-
17	方荣祥	植物病虫害生物学国家重点实验室学术委员会	主任	2017-
18	方荣祥	中国科学院华南农业植物分子分析与遗传改良重点实验室第一届学术委员会	主任	2015-
19	方荣祥	第五届全国重点基础研究发展计划(973 计划)专家顾问组	成员	2011-
20	方荣祥	转基因生物新品种培育重大专项第二届咨询委员会	委员	2013-
21	郭惠珊	植物基因组学国家重点实验室学术委员会	副主任	2017-
22	郭惠珊	中国植物病理学会第十届理事会	理事	2014-
23	郭惠珊	中国科学院微生物研究所第 9 届学术委员会	委员	2013-
24	郭惠珊	中国科学院微生物研究所第八届学位评定委员会	委员	2013-
25	郭惠珊	中国科学院微生物研究所第一届研究组长委员会	委员	2014-
26	郭惠珊	中国科学院微生物研究所学术道德与权益委员会	委员	2014-
27	焦雨铃	中国遗传学会发育遗传专业委员会	委员	2013-
28	焦雨铃	中国植物学会结构与生殖生物学专业委员会	委员	2013-
29	焦雨铃	中国植物生理与分子生物学学会青年工作委员会	委员	2013-
30	焦雨铃	中国细胞生物学学会植物器官发生分会	副会长	2016-
31	焦雨铃	Multinational Arabidopsis Steering Committee	中国代表	2016-
32	孔照胜	中国细胞生物学会,“细胞结构与细胞行为”分会	委员	2013-
33	孔照胜	中国植物学会,“植物结构与生殖生物学”专业委员会	委员	2014-
34	孔照胜	中国植物生理与分子生物学学会“青年工作委员会”	委员	2015-
35	李传友	中国植物生理与植物分子生物学会第十一届理事会植物激素生物学专业委员会	副主任	2015-
36	李传友	蔬菜种质改良北京市重点实验室学术委员会	委员	2012-
37	李传友	农业虫鼠害综合治理国家重点实验室学术委员会	委员	2005-
38	李传友	中国农业科学院植物保护研究所第七届学术委员会	委员	2014-
39	李传友	农业基因资源与生物技术北京市重点实验室学术委员会	委员	2012-
40	李家洋	国际水稻研究所	理事会成员	2016-
41	李家洋	中国作物学会	常务理事	2014-
42	钱 韦	中国植物病理学会	理事	2013-
43	钱 韦	中国植物生理学与分子生物学会—植物微生物互作专业委员会	副主任	2011-
44	钱 韦	中国昆虫学会—比较免疫与互作专业委员会	委员	2017-
45	钱文峰	分子系统生物学专业委员会	委员	2017-
46	邱金龙	全国农业生化与分子生物学会	理事	2014-
47	邱金龙	中国植物生理与分子生物学会—植物微生物互作专业委员会	委员	2015-
48	王秀杰	第十二届中华青年全国联合会科学技术界别工作委员会	副主任委员	2015-
49	王秀杰	中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学分会	副会长	2016-
50	王秀杰	国家自然科学基金“基因信息传递过程中非编码 RNA 的调控作用机制”重大研究计划	指导专家组成员	2017-

51	王秀杰	第五届中国青年科技工作者协会	常务理事	2015-
52	王秀杰	国家自然科学基金“血管稳态与重构的调控机制”重大研究计划	指导专家组成员	2014-
53	王秀杰	中国遗传学会青年委员会	副主任	2013-
54	王永红	FACULTY OF 1000	Faculty Member	2013-
55	谢旗	广东省热带亚热带植物资源重点实验室	学术委员	2010-
56	谢旗	广东省植物发育生物工程重点实验室学术委员会	副主任	2009-
57	谢旗	广州市植物抗逆基因功能研究重点实验室学术委员会	副主任	2008-
58	张劲松	中国作物学会大豆专业委员会第九届理事会	理事	2016-
59	周俭民	International Society of Molecular Plant-Microbe Interactions	Board Member	2016-
60	朱立煌	973 计划农业科学领域专家咨询组	专家咨询组成员	2014-
61	朱祯	863 计划现代农业技术领域“植物分子设计与品种创制技术”主题专家组	专家、召集人	2012-
62	朱祯	国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项总体专家组	专家	2017-
63	朱祯	全国生物计量技术委员会	副主任委员	2016-
64	朱祯	全国生物技术职业教育教学指导委员会	主任委员	2015-
65	朱祯	中国生物工程学会第六届理事会	常务理事	2015-
66	朱祯	中国农学会第十届理事会	常务理事	2012-
67	朱祯	林木遗传育种国家重点实验室第二届学术委员会委员	学术委员会委员	2017-
68	左建儒	中国遗传学会	理事	2013-
69	左建儒	中国植物生理与分子生物学学会细胞与发育专业委员会	委员	2009-
70	左建儒	中国植物生理与分子生物学学会植物衰老专业委员会	副主任	2009-
71	左建儒	中国植物生理与分子生物学学会植物激素生物学专业委员会	委员	2014-
72	左建儒	中国植物生理与分子生物学学会遗传与分子生物学专业委员会	委员	2014-

#### 4. 国内外学术期刊任职情况

序号	姓名	学术期刊	职务	起始时间
1	曹晓风	The Plant Cell	Editor	2010-
2	曹晓风	Current Opinion in Plant Biology	Editor	2010-
3	曹晓风	Journal of Genetics and Genomics	Associate Editor	2017-
4	曹晓风	National Science Review	Editor	2017-
5	曹晓风	中国科学：生命科学	副主编	2013-
6	陈明生	Frontiers in Plant Genetics and Genomics	Editor	2010-

7	陈明生	Rice	Assistant Editor	2016-
8	陈受宜	生物工程学报	副主编	2011-
9	程祝宽	PLoS One	Editor	2015-
10	程祝宽	Frontiers in Plant Science	Editor	2014-
11	储成才	遗传	副主编	2014-
12	储成才	植物学报	编委	2002-
13	储成才	植物生理学报	编委	2012-
14	储成才	农业生物技术学报	编委	2013-
15	方荣祥	病毒学报	副总编辑	2002-
16	方荣祥	生物工程学报	副主编	2001-
17	方荣祥	中国植物保护百科全书	副总主编, 综合卷主编	2015-
18	郭惠珊	PLoS Pathogens	Associate Editor	2014-
19	郭惠珊	BMC genomics	Associate Editor	2014-
20	郭惠珊	Molecular Plant Pathology	Editorial Board	2015-
21	郭惠珊	生物工程学报	副主编	2017-
22	焦雨铃	Journal of Plant Research	Editor	2017-
23	李传友	Molecular Plant	Associate Editor	2012-
24	李传友	Annals of Botany	Editor	2015-
25	李传友	Plant Molecular Biology	Editor	2012-
26	李传友	Frontiers in Plant Physiology	Editor	2010-
27	李传友	Journal of Plant Science and Molecular Breeding	Editor	2011-
28	李传友	遗传	编委	2009-
29	李传友	植物学报	编委	2011-
30	李家洋	National Science Review	Editor	2013-
31	李家洋	Trends in Biotechnology	Advisory Editorial Board	2009-
32	李家洋	Cell Research	Editorial Board	2003-
33	李家洋	Molecular Plant	Editorial Board	2011-
34	钱 韦	Frontiers in Plant Science: Plant-Microbe Interactions	Review Editor	2014-
35	钱 韦	植物病理学报	编委	2013-
36	钱 韦	生物工程学报	编委	2017-
37	邱金龙	Frontiers in Plant Science: Cell Biology	Editor	2010-
38	邱金龙	Frontiers in Plant Science: Plant-Microbe Interactions	Editor	2015-
39	邱金龙	生物技术通报	编委	2015-
40	王秀杰	BMC Genomics	Associate Editor	2014-
41	王秀杰	Journal of Genetics and Genomics	Editor	2014-
42	王秀杰	RNA Biology	Editor	2009-
43	王秀杰	Genomics, Proteomics and Bioinformatics	Editor	2016-
44	王秀杰	中国科学数据	委员	2016-
45	王永红	Frontiers in Plant Physiology	Review Editor	2011-
46	王永红	植物学报	编委	2015-
47	夏桂先	棉花学报	编委	2008-
48	谢 旗	Frontiers in Plant Physiology	Associate Editor	2010-
49	谢 旗	Journal of Integrative Plant Biology	Editor	2008-
50	谢 旗	Scientific Reports	Editor	2011-
51	谢 旗	Journal of Plant Biology	Editor	2012-

52	张劲松	PLoS One	Academic Editor	2013-
53	周俭民	eLife	Review Editor	2016-
54	周俭民	PLoS Pathogens	Section Editor	2014-
55	朱 祯	中国生物工程杂志	编委会副主任委员	2002-
56	朱 祯	农业生物技术学报	编委	2009-
57	朱 祯	中国农业科技导报	编委	2012-
58	朱 祯	生物产业技术	编委	2013-
59	左建儒	Journal of Genetics and Genomics	Associate Editor	2014-
60	左建儒	Science Bulletin	Associate Editor	2014-
61	左建儒	Molecular Plant	Editor	2008-
62	左建儒	Physiologia Plantarum	Editor	2004-
63	左建儒	Plant Signaling & Behavior	Editor	2005-
64	左建儒	植物学报	副主编	2013-
65	左建儒	国际遗传学杂志	编委	2005-

## 5. 获奖情况

- “水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”项目荣获 2017 年度国家自然科学基金一等奖，实验室主要完成人：李家洋院士、王永红研究员
- 李家洋院士领衔的团队获得“求是科技成就集体奖”
- 陈受宜、谢旗、周俭民研究员入选路透社旗下 Clarivate Analytics (科睿唯安) “2017 年全球高引用科学家”
- 陈受宜、周俭民研究员入选 Elsevier (爱思唯尔) “2017 年中国高被引学者”
- 储成才研究员入选“科技创新领军人才”，其带领的资源高效利用水稻的分子设计创新团队公布入选“重点领域创新团队”
- 曹晓风院士当选中国科学院第五届“十大杰出妇女”
- 张劲松研究员及其团队获得华农中华农业科技奖一等奖（第二完成单位；第三完成人）
- 夏桂先研究员及其团队获得陕西省科学技术三等奖（第二完成单位）
- 王秀杰研究员获得中国科学院“朱李月华优秀教师”奖
- 郭惠珊研究员获得中国科学院微生物研究所“2017 年所长奖教金优秀奖”
- 张杰副研究员入选中国科学院青年创新促进会“优秀会员”

## 6. 博士后、研究生获奖情况

序号	获奖名称	获奖人员	指导教师
1	中国科学院院长奖优秀奖	蔡 珍	钱 韦
2	研究生国家奖学金	安春鹏	李传友
3	研究生国家奖学金	班兆男	王国栋
4	研究生国家奖学金	刘会会	李家洋
5	研究生国家奖学金	罗旭明	刘 俊
6	研究生国家奖学金	王朝凤	孔照胜
7	研究生国家奖学金	肖云华	储成才
8	博士后科学基金	杭润来	曹晓风
9	博士后科学基金	李 辉	曹晓风
10	中国科学院三好学生标兵	王继尧	王永红
11	中国科学院三好学生标兵	王 胜	郭惠珊
12	中国科学院三好学生	龚雨晴	叶 健
13	中国科学院三好学生	胡若兰	谢 旗
14	中国科学院三好学生	黄林周	王永红
15	中国科学院三好学生	李 洁	郭惠珊
16	中国科学院三好学生	李长昊	王秀杰
17	中国科学院三好学生	刘关稳	邱金龙
18	中国科学院三好学生	刘广超	谢 旗
19	中国科学院三好学生	刘会会	李家洋
20	中国科学院三好学生	刘瑞君	谢 旗
21	中国科学院三好学生	任丽军	程祝宽
22	中国科学院三好学生	邵高能	李家洋
23	中国科学院三好学生	司福艳	曹晓风
24	中国科学院三好学生	汪安祺	李家洋
25	中国科学院三好学生	王 晨	林少扬
26	中国科学院三好学生	王 震	曹晓风
27	中国科学院三好学生	谢 恩	程祝宽
28	中国科学院三好学生	徐 倩	李家洋
29	中国科学院三好学生	张晓慧	林少扬
30	中国科学院优秀学生干部	王 晨	林少扬
31	地奥奖学金	张 敏	夏桂先

32	诺维信奖学金	刘魏魏	孔照胜
33	诺维信奖学金	潘 越	钱 韦
34	诺维信奖学金	王文义	邱金龙
35	先正达齐尔顿研究生奖学金	王文义	邱金龙
36	伊品奖学金	罗旭明	刘 俊
37	伊品奖学金	袁智慧	钱 韦
38	振声奖学金	吴少欢	钱文峰
39	第十二次全国基因功能与表观遗传调控学术研讨会墙报展二等奖	邱 琦	曹晓风
40	第十二次全国基因功能与表观遗传调控学术研讨会墙报展三等奖	杭润来	曹晓风
41	第十二次全国基因功能与表观遗传调控学术研讨会墙报展优秀奖	王 震	曹晓风
42	中国科学院微生物研究所所长奖学金	蔡 珍	钱 韦
43	中国科学院微生物研究所所长奖学金	王文燕	夏桂先
44	中国科学院微生物研究所优秀毕业生	周婷婷	郭惠珊
45	中国科学院微生物研究所优秀学生	孔晓雨	方荣祥
46	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	陈 巍	邱金龙
47	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	刘关稳	邱金龙
48	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	宋丽阳	方荣祥
49	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	王曾茜	邱金龙
50	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	于原玲	方荣祥
51	中国科学院微生物研究所研究生奖学金	赵 璟	方荣祥

## 7. 在读硕士生一览表(67 名)

Thu Ya Shwe	白文婉	宾恩楠	产金竹	陈丽莹	陈燕鸣	封天鹏
高 脐	龚雨晴	韩宁培	韩婷婷	韩玉芳	何凯璇	黄军凯
黄弋戈	姜丹丹	孔德敏	李 吉	李少博	李文博	李雅雯
李云娜	刘 达	刘广超	刘巧媛	刘 青	刘雅雯	刘泽阳
路芳芳	马晓薇	孟繁凡	穆 娜	钱景美	尚静芸	唐善杰
汪 辉	王丹凤	王 端	王海婷	王泓力	王凯伦	王 逵
魏金伟	吴华伟	吴 蓉	徐浩然	徐 爽	薛 倩	杨 晗
杨晓文	苑笑阳	张 豪	张宏宇	张竞月	张梦婷	张 娜
张倩伟	张文静	张文齐	张潇斐	张小宁	赵培辰	赵培培

赵 伟      周 科      周 圆 圆      朱 强

## 8. 在读博士生一览表(178 名)

Amial khan	Aziz Islam	Muhamm ad Sajjad	Wah Wah Lwin	安 琳	白 姣 姣	白 琳
班兆男	卞潇华	蔡月月	曹少雪	曹文清	曹务强	曹孝强
曹秀卫	陈 斌	陈诚轩	陈思羽	陈 巍	陈 瑛	陈中祺
程 彤	仇亚红	储丹妮	楚 霄	崔 辰	戴 敏	单科家
邓洪婧	杜 虎	杜青伟	段朝瑞	范秀丽	冯晓敏	高成旭
高初蕾	郜嘉颖	巩孝帝	何亚军	贺 娟	贺子姍	胡 满
胡梅娟	胡庆亮	胡若兰	胡 杨	黄国中	黄雅倩	黄一华
黄增辉	姜 婷	金 萌	孔晓雨	李爱富	李承睿	李翰文
李 洁	李倩倩	李善策	李文振	李 晓	李秀明	李雅琼
李长昊	梁 燕	林抗雪	刘大普	刘关稳	刘玲云	刘 芮
刘瑞君	刘魏魏	刘晓兰	刘修杰	刘言志	刘 阳	刘永强
刘长振	刘哲铭	刘志曦	刘中帅	罗旭明	马丽雅	马 梅
马苗苗	马晓辉	马义花	梅家松	孟凡伟	苗永杰	南建宗
潘文波	潘阳阳	秦 媛	任宝珍	任丽军	邵高能	师春青
司福艳	宋丽阳	孙传龙	孙淑豪	孙艳玲	唐伶俐	唐 露
田绣琦	汪安祺	汪 航	王炳南	王曾茜	王朝凤	王 晨
王东岭	王光达	王华彩	王 欢	王继尧	王佳钰	王 嘉
王 茜	王清清	王荣升	王 胜	王双凤	王伟兵	王文义
王雪梅	王运浩	王 震	王宙雅	魏绍巍	吴彬彬	吴少欢
吴秀娟	武小伟	武雪明	肖云华	谢传淼	谢 恩	谢 鹏
邢莹莹	熊圆圆	徐 萌	徐梦雪	徐 倩	徐玉芳	晏 斌
杨 超	杨晗蕾	杨 群	由艳荣	于超计	于原玲	袁 坤
袁智惠	苑 佳	翟华伟	张 超	张 臣	张达瀚	张 丹
张丹丹	张国霞	张 焕	张 丽	张利姣	张霞霞	张晓慧
张燕玲	张宇亮	张泽宇	张志华	赵 赫	赵 璟	赵 瑞
赵婷婷	周心童	周 扬				

## 9. 在站博士后一览表(54 名)

毕国志	陈 倩	程 曦	崔 旋	杜 斐	高 峰	高少培
葛艳花	郭红艳	郭 猛	郭晓璇	郝 强	侯毅枫	黄小珍
蒋志敏	焦晓明	李 辉	李 倩	李锡龙	李 跃	梁祥修
林 涛	刘宝秀	刘斯淼	刘子妍	卢 龙	罗丽兰	梅海亮

商晓玲	石文清	宋晓光	陶建军	王 超	王 东	王 琪
王 青	王 威	王 鑫	吴然然	邢界文	徐 凡	杨焕杰
于泳涛	余 皓	詹 妮	张婧赢	张若西	张 玮	张韞玮
张征丽	赵平芝	肇涛澜	周 云	邹声浩		

### 10. 2017 年毕业硕士研究生一览表(11 名)

陈 斌	杜 璇	耿 媛	李凌娟	马永焕	彭 浩	王 楠
王文燕	邢海影	杨 俊	叶佩仪			

### 11. 2017 年毕业博士研究生一览表(21 名)

安春鹏	蔡 珍	陈庆文	杜 琳	范锋贵	胡重怡	黄林周
黄 倬	李 华	刘会会	马银平	潘 越	田 鹏	王少干
张凡凡	张 歌	张 敏	张潇月	张晓庆	赵艳楠	周 云

### 12. 2017 年出站博士后一览表(8 名)

陈昊伟	冯春敬	李 轲	王元格	吴世文	徐 霞	闫留华
尹德东						

### 13. 2017 年客座人员一览表(54 名)

曹艺伟	陈近超	陈立超	方艺田	房明明	高 庆	高晓凯
郭 锐	杭润来	胡 广	雷 煜	李 森	李尚泽	李雅君
梁可元	林立昊	刘 玲	刘 伟	刘 伟	刘 雪	刘圆圆
陆叶子	马利军	莫抒达	宋双伟	孙 凯	王 飞	王 萌
王 宁	王 睿	王石平	王同同	王 瑜	邬相宏	吴志刚
谢 跃	徐 梦	许作鹏	薛治慧	闫秋鹏	杨若兰	于 媛
余 婷	余永旗	张博森	张 超	张冬梅	张 涛	张祥云
张振楠	赵胜利	郑雪莹	朱新慧	祖小峰		

## 六、学术交流

实验室坚持开展高水平、高层次和实质性的国内外学术交流与合作，强调优势互补和强强联合的实质性合作研究。积极组织和开展国内外的学术交流，进一步加强了实验室与国际学术界的联系，显著推动了研究进展，提升了实验室在国际学术界的学术地位和影响力。

为促进学科发展，进一步提高实验室的学术地位和加大对外开放的力度，实验室与国内外各科研院所、高等院校等开展了多种形式的合作，包括联合承担科研项目、相互担任客座或兼职教授以及客座研究生的培养等。

实验室举办基因组生物学及其未来发展论坛和植物分子遗传学讲座共 8 次，其它学术讲座 28 次。邀请活跃在相关研究领域的国内外专家交流讨论其研究成果。论坛和讲座的举办对加强学术交流、扩大研究视野、开拓科研思路、促进国内外合作等方面发挥了积极的作用。

实验室围绕主要研究方向设置开放课题申请指南，外单位科研人员通过承担实验室开放课题的形式与实验室人员合作，实验室对来室开展研究工作的课题给予经费资助。对接收的开放课题申请，经学术委员会评议后，择优支持。研究成果归实验室和研究人员所在单位共有。

实验室成员与国内外同行开展了广泛的合作性研究，在 *Cell*、*Nat Biotechnol*、*Nat Methods*、*Genome Biol*、*PNAS*、*Dev Cell*、*Plant Cell* 等国际主流学术刊物发表合作论文 24 篇。

## 参加国际学术会议一览表

序号	会议名称	起止时间	地点	报告人	报告题目	是否大会报告
1	International Plant & Animal Genome XXV Conference	2017.1.14-18	美国 圣地亚哥	陈明生	Comparative analysis of heterochromatic and centromeric regions in the <i>Oryza</i> genomes	
2	ZOMES IX	2017.2.14-17	罗马	谢 旗	ERAD tuning is conserved between plant and mammal	
3	CAS-JIC Centre of Excellence for Plant and Microbial Science Symposium	2017.3.26-29	英国 诺维奇	王永红	Towards molecular mechanism underlying rice tiller angle	
4	CAS-JIC Centre of Excellence for Plant and Microbial Science Symposium	2017.3.26-29	英国 诺维奇	白 洋	Root microbiota from sequencing to functional study	
5	The 1 <sup>st</sup> International Forum on Rice	2017.4.11-14	中国海南	李家洋	Molecular basis and practice of rice varieties design	是
6	2017 Cold Spring Harbor Asia Meeting	2017.5.22-26	中国苏州	孔照胜	Determination of trichome cell shaping: from <i>Arabidopsis</i> trichomes to cotton fibers	
7	The 10 <sup>th</sup> International Conference for Plant Mitochondrial Biology	2017.5.22-27	中国苏州	李家洋	Communication between organelles regulates programmed cell death in <i>Arabidopsis thaliana</i>	
8	NSFC-IRRI 双边会议	2017.6.4-5	中国深圳	储成才	NRT1.1B: A gene in nitrogen use efficiency	是
9	The 28 <sup>th</sup> International Conference on Arabidopsis Research	2017.6.19-23	美国 圣路易斯	曹晓凤	Insight of histone demethylases targeting in Arabidopsis	是
10	VISCEA Plant Cell In Vitro: Fundamentals & Applications II	2017.6.26-27	奥地利 维也纳	焦雨铃	Regulation of a meristematic cell population acting in shoot branching	

11	The 16 <sup>th</sup> SCBA International Symposium	2017.6.29-7.3	中国苏州	李家洋	Insights into ROS sensing systems in plants	是
12	Society of Chinese Bioscientists in America (SCBA), The 16th International symposium (2017 SCBA)	2017.6.29-7.3	中国杭州	曹晓风	Dynamic histone methylation involved in regulation of plant development and genome stability	是
13	The 5 <sup>th</sup> International Congress on Analytical Proteomics	2017.7.2-6	葡萄牙	王秀杰	Alternative transcription start site usages alter proteome complexity and confer ubiquitously expressed genes cell-type specific functions	
14	SNU Bio-Symposium: Developmental Plasticity of Plants	2017.7.8	韩国首尔	焦雨铃	Spatial auxin signaling controls leaf flattening	
15	Gordon Research Conferences (The 2017 Plant Metabolic Engineering Conference)	2017.7.8-14	美国 沃特维尔	王国栋	From hop glandular trichomes to chemical factory in yeast	是
16	The 6 <sup>th</sup> International Conference on Plant Cell Wall Biology	2017.7.16-20	中国大连	焦雨铃	Mechanical regulation of organ asymmetry in leaves	
17	The 6 <sup>th</sup> International Conference on Plant Cell Wall Biology	2017.7.16-20	中国大连	孔照胜	Determination of trichome cell shape: From <i>Arabidopsis</i> leaf trichomes to cotton fibers	
18	The 6 <sup>th</sup> International Conference on Plant Cell Wall Biology	2017.7.16-20	中国大连	王国栋	Xylan deacetylation by GDSL esterases in rice	是
19	The 13 <sup>th</sup> International Meeting on Isoprenoids	2017.7.17-20	中国大连	周奕华	Genome mining for sesterterpenoid discovery in brassicaceae plants	
20	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	白 洋	The relationship between root microbiota and plant nutrient uptake	
21	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	曹晓风	Molecular mechanisms of histone demethylases in genome-wide targeting in <i>Arabidopsis</i>	是
22	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	储成才	Improvement of nitrogen use efficiency in rice: Theory and practice	是

23	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	焦雨铃	Stem cell specification during shoot branching: Feedback from leaves controls shoot apical meristem growth by modulating auxin transport	
24	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	李家洋	Understanding the molecular basis of rice plant architecture	是
25	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	王国栋	Genome mining for sesterterpenoid discovery in brassicaceae plants	
26	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	王永红	Molecular mechanism underlying rice shoot gravitropism and tiller angle	
27	XIX International Botanical Congress	2017.7.23-29	中国深圳	谢旗	Genome, transcriptome and gene function of <i>Thellungiella salsuginea</i>	
28	International Bioinformatics Workshop	2017.8.4-7	中国 哈尔滨	钱文峰	Genetic interaction network as a major determinant of gene order in the genome	
29	The 2017 Post-translational modifications Networks Gordon Conference	2017.8.13-18	中国香港	周俭民	Two distinct mechanisms underly the G protein-mediated regulation of the FLS2 signaling	
30	Beijing Symposium of Molecular Plant Pathology	2017.8.14-16	中国北京	钱韦	Histidine kinases of <i>Xanthomonas campestris</i> : How a phytopathogenic bacterium see its world?	是
31	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	郭惠珊	Learning from the interaction between cotton and <i>Verticillium dahliae</i>	是
32	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	李传友	Mediator links the jasmonate receptor to transcriptionally active chromatin	
33	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	钱韦	Histidine kinases of <i>Xanthomonas campestris</i> : Sensors to detect host plant and environment	
34	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	邱金龙	Stomatal opening confers immunity to bacterial leaf blight in rice	

35	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	叶 健	Geminivirus hijacks tissue-specific jasmonate signaling to favor vector but inhibit non-vector	
36	The 5 <sup>th</sup> International Conference on Biotic Plant Interactions	2017.8.17-21	中国厦门	张莉莉	Microbiota in plant-insect vector-virus interactions	
37	The 11 <sup>st</sup> International Conference on Systems Biology	2017.8.18-21	中国深圳	钱文峰	Single-cell transcriptome analysis reveals widespread monoallelic geneexpression in individual rice mesophyll cells	
38	The 14 <sup>th</sup> Solanaceae Conference	2017.9.2-8	西班牙 瓦伦西亚	李传友	MYC2 orchestrates a hierarchical transcriptional cascade that regulates jasmonate-mediated plant immunity in tomato	
39	The 4 <sup>th</sup> International Symposium on Genomics of Plant Genetic Resources	2017.9.3-7	德国吉森	李家洋	Genome analysis of Taraxacum kok-saghyz Rodin, a natural rubber-producing weed	是
40	The Korean Society for Molecular and Cellular Biology	2017.9.11-15	韩国	周俭民	Plant immune receptor complex and bacterial effectors	
41	NLRs “Sans Frontieres”	2017.9.17-20	美国	周俭民	The function analysis of an NB-LRR receptor protein	是
42	InCoB 2017	2017.9.20-22	中国深圳	王秀杰	Using bioinformatics to identify new regulatory mechanisms	是
43	The 15 <sup>th</sup> International Symposium of Rice Functional Genomics	2017.9.25-28	韩国水原	李家洋	Ideal plant architecture 1: its regulatory network and application in breeding	是
44	The 15 <sup>th</sup> International Symposium on Rice Functional Genomics	2017.9.25-28	韩国水原	刘 俊	The rice transcription factor OsbHLH19 is a central regulator of salicylic acid and jasmonic acid signaling	
45	China-UK Life Science and Medicine Summit	2017.9.26-29	中国北京	曹晓凤	Insight of targeting mechanism for histone demethylation in Arabidopsis	是
46	第七届组织工程与再生医学国际会议	2017.10.2-4	西班牙	王秀杰	Identification of new markers for mouse liver progenitor cells	

47	The 2 <sup>nd</sup> Big Data Forum for Life and Health Sciences	2017.10.10-13	中国北京	王秀杰	Diversified RNA-level regulation in controlling the pluripotency of embryonic stem cells	是
48	Agricultural Genomics 2017 - Functional Genomics toward Green Crops for Sustainable Agriculture	2017.10.25-27	中国武汉	储成才	Improvement of nitrogen use efficiency in rice: Transporter solutions	是
49	The 12 <sup>th</sup> International Conference on Genomics	2017.10.26-29	中国深圳	王秀杰	Using bioinformatics to identify new regulatory mechanisms	
50	第二届中美肿瘤精准医学高峰论坛	2017.11.1-3	中国天津	王秀杰	大数据分析的最新进展	
51	Plant Cell and Developmental Biology: Approaches to Multiscale Biosystems	2017.11.14	日本熊本	焦雨铃	Axillary meristem initiation — a way to branch out	
52	2017 mBiome International Conference	2017.11.27-29	韩国首尔	白洋	The relationship between root microbiota and plant nutrient uptake	是
53	Biotechnology Habana 2017	2017.12.3-6	古巴 巴拉德罗	朱祯	A strategy for developing new generation insect-resistant cotton by interfering insect hormone synthesis	

### 参加国内学术会议一览表

序号	会议名称	起止时间	地点	报告人	报告题目	是否大会报告
1	生命及相关物理问题学术研讨会	2017.3.3-5	中国天津	王秀杰	Finding the epigenetic hidden treasures using bioinformatics	

2	第二届植物开花、衰老与采后生物学学术研讨会	2017.4.7-9	中国上海	张劲松	Ethylene-inhibited JA biosynthesis promotes mesocotyl/coleoptile elongation in rice seedlings	
3	植物与黄萎病互作与防控研讨会	2017.4.21-23	中国武汉	郭惠珊	棉花黄萎病致病机理和植物-真菌跨界抗病 RNAi	是
4	第四届全国计算生物学与生物信息学学术会议	2017.4.22-23	中国长沙	王秀杰	Finding new regulatory mechanisms using bioinformatics	是
5	2017 年遗传学和基因组学前沿国际会议	2017.5.18-20	中国广州	曹晓凤	Insight of histone demethylases targeting in Arabidopsis	是
6	2017 年遗传学和基因组学前沿国际会议	2017.5.18-20	中国广州	王秀杰	Finding new regulatory mechanisms using bioinformatics	
7	第二届进化遗传青年科学家论坛	2017.5.25-28	中国温江	曹文清	Guanine content in 3' UTR is a major determinant of alternative polyadenylation in yeast	
8	第二届进化遗传青年科学家论坛	2017.5.25-28	中国温江	陈 瑛	<i>N</i> <sup>6</sup> -methyladenosine RNA modification in the vicinity of stop codon is under purifying selection and is linked to expression consistency	
9	第二届进化遗传青年科学家论坛	2017.5.25-28	中国温江	段朝瑞	Mutation rate is influenced by DNA shape in yeast	
10	第二届进化遗传青年科学家论坛	2017.5.25-28	中国温江	吴少欢	Pervasive amplification in the abundance difference between species from mRNA to protein	
11	2017 年泰山学术论坛-逆境植物学前瞻与农业可持续性发展专题	2017.6.2-4	中国济南	陈受宜	Molecular mechanisms of abiotic stress responses in high plant	
12	2017 年泰山学术论坛-逆境植物学前瞻与农业可持续性发展专题	2017.6.2-4	中国济南	谢 旗	Crosstalk between ERAD and UPR in plant stress response	
13	植物病理学报 2017 年年会	2017.7.25-29	中国泰安	钱 韦	黄单胞菌细胞感知寄主植物和环境的分子机制	是

14	第六届长白山论坛-生命科学高峰论坛	2017.7.29-30	中国延吉	曹晓风	Molecular mechanisms of histone demethylases in genome-wide targeting in <i>Arabidopsis</i>	是
15	第五届植物-生物互作国际会议	2017.8.17-21	中国厦门	白洋	植物与微生物组互作在绿色农业中的潜力和应用	
16	第五届植物-生物互作国际会议	2017.8.17-21	中国厦门	周俭民	How does a plant receptor activate heterotrimeric G proteins?	是
17	第十八届全国植物基因组学大会	2017.8.19-22	中国兰州	储成才	Improvement of nitrogen use efficiency in rice: Transporter solutions	
18	2017 年水稻现代育种技术高级研修班暨现代种业高峰论坛	2017.8.21-26	中国长沙	邱金龙	植物基因组编辑与种质创新	是
19	六盘水扶贫	2017.9.20	中国六盘水	方荣祥	植物病毒与植物病毒学研究前沿	
20	中国生物工程学会第十一届学术年会暨 2017 年全国生物技术大会	2017.9.23-25	中国宜昌	李传友	番茄与病虫互作的遗传调控--从模式植物到作物	
21	中国细胞生物学学会 2017 年全国学术大会	2017.9.26-29	中国厦门	焦雨铃	生长素调控叶片发育	
22	中国细胞生物学学会 2017 年全国学术大会	2017.9.26-29	中国厦门	孔照胜	Toward understanding trichome morphogenesis: similarities and differences between <i>Arabidopsis</i> leaf trichomes to cotton fibers	
23	中英生命科学与医学高峰论坛大会	2017.9.29	中国北京	李家洋	Molecular basis and breeding design of super rice varieties with high yield and quality	是
24	中国植物病理学会病毒专业委员会与生物技术专业委员会 2017 年学术年会	2017.9.29-30	中国长沙	方荣祥	中国植物病毒研究现状	
25	中国植物病理学会病毒专业委员会与生物技术专业委员会 2017 年学术年会	2017.9.29-30	中国长沙	邱金龙	New technologies for functional genomics in plants	是

26	中国植物病理学会病毒专业委员会与生物技术专业委员会 2017 年学术年会	2017.9.29-30	中国长沙	叶 健	Geminivirus manipulates plant optimal defense to form indirect mutualism with whitefly	是
27	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	白 洋	植物与微生物组互作在绿色农业中的潜力和应用	
28	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	程祝宽	减数分裂偶线期的初步认识	
29	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	储成才	Improvement of nitrogen use efficiency in rice: Transporter solutions	
30	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	刘 俊	A bacterial type III effector targets L-type lectin receptor-like kinases to promote virulence in Arabidopsis	
31	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	王国栋	Genome mining for sesterterpenoid discovery in brassicaceae plants	
32	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	谢 旗	26S and non-26S proteasome ubiquitination in ABA perception	
33	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	许 操	Control of stem cells in tomato: from meristems to fruits	
34	2017 全国植物生物学大会	2017.10.9-12	中国重庆	左建儒	Nitric Oxide-regulated stress responses in Arabidopsis	
35	第四届全国功能基因组学高峰论坛	2017.10.23-24	中国北京	储成才	水稻分子模块设计育种	是
36	第四届全国功能基因组学高峰论坛	2017.10.23-24	中国北京	谢 旗	RNA seq reveals that CDKC;2 plays important roles in both cell division and drought tolerance in plant	
37	2017 智能计算与生物信息学研讨会	2017.11.3-5	中国上海	王秀杰	Application of bioinformatics on stem cell research	是

38	西南大学柑桔研究所第三届青年学术论坛暨国家柑桔工程技术研究中心 2017 年学术研讨会	2017.11.3-5	中国重庆	叶 健	Fighting a vector-borne pathogen who runs a red light	是
39	2017 年全国植物细胞生物学大会	2017.11.9-11	中国武汉	程祝宽	The F-box protein ZYGO1 mediates telomere bouquet formation in rice meiosis	
40	2017 年全国植物细胞生物学大会	2017.11.9-11	中国武汉	焦雨铃	侧生器官对茎尖干细胞的反馈调控	
41	2017 年全国植物细胞生物学大会	2017.11.9-11	中国武汉	孔照胜	Molecular commanders at the crossroads of cellular highways: katanin and precise microtubule severing	
42	2017 年全国植物细胞生物学大会	2017.11.9-11	中国武汉	李传友	"Mediator-ing" jasmonate signaling	
43	作物科学高端讲坛	2017.11.10	中国武汉	林少扬	结合杂交育种和分子育种开拓农作物育种技术的新途径	是
44	2017 植物基因组与基因编辑学术研讨会	2017.11.10-11	中国上海	谢 旗	Arabidopsis Yao-Cas9 system works well in both mono- and cotyledon plants	
45	2017 年第七届江苏省生物信息学学术会议	2017.11.18	中国南京	王秀杰	Finding new regulatory mechanisms using bioinformatics	是
46	植物青年科学家论坛	2017.11.24-27	中国 西双版纳	白 洋	植物与微生物组互作在绿色农业中的潜力和应用	
47	植物青年科学家论坛	2017.11.24-27	中国 西双版纳	许 操	Evolutionary rewiring of plant stem cell circuitry	

## 举办基因组生物学及其未来发展论坛与植物分子遗传学讲座一览表

序号	报告题目	报告人	报告人单位	报告时间
1	Shoot branching: regulation by sugars and hormones	Christine Beveridge	University of Queensland	2017/4/17
2	Regulation of flowering time in rice	Gynheung An	Kyung Hee University	2017/5/4
3	Genes gone wild: Experimental evolution meets synthetic biology	Ralph Bock	Max Planck Institute of Molecular Plant Physiology	2017/7/21
4	The biological significance of strigolactone structural diversity	Harro Bouwmeest	University of Amsterdam	2017/8/1
5	产业驱动的柑橘研究	邓秀新	华中农业大学	2017/8/31
6	Mitochondrial Retrograde signalling in plants	James Whelan	La Trobe University	2017/12/4
7	植物激素与 GPCR 结构生物学研究	徐华强	中国科学院上海药物研究所	2017/12/14
8	作物养分高效根系遗传改良与可持续农业发展	廖红	福建农林大学	2017/12/26

## 七、运行管理

实验室的运行始终保持良性发展，特别是在 2003 年由国家科技部批准升级为国家重点实验室后，坚持“开放、流动、联合、竞争”的开放运行管理方针，在原实验室管理制度和管理方式的基础上，制定了《植物基因组学国家重点实验室运行管理办法》，其中包括实验室运行、事务、专项经费、人员管理等办法。2017 年实验室对该运行管理办法进行了修订，并已颁布实施。《危险化学品安全管理办法》参照遗传发育所（科遗发字【2002】82 号）有关规定执行，《消防安全管理规定》参照遗传发育所（科遗发字【2002】39 号）有关规定执行。最大限度地合理利用实验室的仪器设备资源，努力实现多出成果，出大成果，多出人才和出高层次人才的目标。在实验室管理和运行方面，坚持以下原则：

- 1、整合优势人力和物力资源，加强优势科研团队建设和技术开发队伍；
- 2、加强各课题组之间的沟通、合作和管理，定期举办课题组长及学生报告，促进各课题组的发展；
- 3、进一步完善人员聘用、流动、考评和激励制度，聘用专业人员对科研设备进行的管理，建立大型仪器设备开放、共享机制，通过仪器预约平台，提高仪器的使用效率；
- 4、加强与科研院所、高校的交流，建立和完善实验室网站，定期发布有关实验室的重要进展、综合新闻和学术预告等，树立良好的形象，争取有效的合作机会和项目；

2017 年共为 54 名客座人员提供学习和研究条件。以设立开放课题的形式对本室开展研究工作的课题给予经费资助，共设立开放课题 33 项（见下表）。

实验室的运行管理已制度化、规范化，实行学术委员会指导下的主任负责制。实验室学术委员会由国内外高水平的同行科学家组成。学术委员会负责指导实验室的学术方向、研究领域的布局，对实验室重大发展问题提出建议和意见。学术委员会每年组织学术年会一次，由课题组长对年度工作进行汇报、总结。学术委

员会围绕实验室的学科建设与布局、人才队伍建设、运行管理、平台建设、重点实验室专项经管理使用等方面提出具体、建设性的意见，并对各课题组的工作进行评价，为下一年度工作提出建议。实验室成立了由实验室主任、副主任、课题组长代表等组成的管理工作小组，负责实验室的日常管理工作。管理工作小组不定期召开工作会议，对实验室学科布局、人才引进、学术交流、平台建设、专项经费使用、运行管理等问题进行讨论，重大问题提交每月一次的课题组长例会讨论决定。

实验室每年编撰年报一册，系统地记录实验室当年的建设和发展。每个课题组坚持每周召开一次组会，课题组长每月举行一次例会，共同讨论实验室的重要决策。同时，鼓励青年骨干申请青年人才课题、出国进修、参加国际交流等。实验室的科研人员拥有活跃的学术思想和勇于创新的精神，营造了和谐的科研氛围和学术风气。

实验室购置的仪器设备都是在反复征求各课题组意见后，通过依托单位“大型仪器管理委员会”审议后确定，并对大型仪器的购置、专职人员的配备、仪器的使用、开放、维护和经费保障进行了规范，提高仪器设备的运行效率。同时，坚持系统配套以及高利用率原则，建立了严格的管理制度和开放化、网络化的运行机制，目前，仪器使用的网络预约平台已经投入使用，方便仪器的日常运行。近年来先后已有中国科学院植物研究所、动物研究所、生物物理研究所、北京大学、中国农业大学和协和医院等几十个单位的研究技术人员共享使用仪器设备或分析化验实验样品。

实验室的大型仪器设备除满足内部需求外，同时也对实验室外的其它课题组开放，充分、有效的利用了资源。仪器运行的维修维护费由实验室的运行补助费支出。实验室的扫描电子显微镜、激光共聚焦扫描成像系统、多功能分子影像系统、全自动荧光显微镜、超速离心机、气相色谱-质谱联用仪等仪器，研究机时分别达 600 小时、600 小时、700 小时、1100 小时、1700、2400 小时以上。

## 开放课题列表

序号	课题名称	负责人	单位	合作者
1	水稻温敏雄性不育基因 <i>TMS5</i> 育性调控机理研究	杨远柱	湖南亚华种业科学研究院	曹晓风
2	利用 Hi-C 技术组装黍子基因组	刁现民	中国农业科学院作物科学研究所	陈明生
3	耐逆野生大豆耐逆基因克隆	李 炜	黑龙江农科院耕作栽培研究所	陈受宜
4	水稻减数分裂纺锤体形成相关基因 <i>MSP2</i> 的克隆与功能研究	张 韬	扬州大学	程祝宽
5	水稻中油菜素内酯调控磷利用效率的分子机制	童红宁	中国农业科学院作物科学研究所	储成才
6	WOX 调控叶片中-边极性建立的分子机理研究	徐 麟	中国科学院上海上海植物生理生态研究所	焦雨铃
7	MMFC2 调控茉莉酸响应基因表达的分子机理	陈 谦	山东农业大学	李传友
8	水稻抗褐飞虱主效基因 <i>qBph31(t)</i> 的克隆与抗性机理研究	邱永福	广西大学	李家洋
9	水稻重要农艺形状基因的挖掘与分子育种	江弈君	广东省农业科学院水稻研究所	林少扬
10	植物不同 UBC 基因介导泛素链形成的功能研究	张胜伟	河北师范大学	吕东平
11	十字花科植物二萜生物合成途径研究	王 勇	中国科学院上海植物生理生态研究所	王国栋
12	OsARF 调控水稻产量性状的分子机制研究	齐艳华	浙江大学	王永红
13	百脉根 ITD3 调控根瘤菌侵染线形成的分子机制	谢 芳	中国科学院上海上海植物生理生态研究所	谢 旗
14	稻花香 2 号抗倒伏与抗稻瘟性状的组装设计	项文秀	黑龙江乔府大院种业科技有限责任公司	姚善国
15	大豆等作物农艺性状调控机制研究	满为群	黑龙江省农科院大豆研究所	张劲松
16	miR160 调控水稻产量性状	李 燕	四川农业大学水稻所	周俭民
17	控制水稻细胞壁成分主效 QTL 的克隆与功能研究	张昌泉	扬州大学	周奕华
18	水稻-稻瘟病互作相关 lncRNA 的鉴定及调控研究	郝丽丽	中国科学院北京基因组研究所	朱立煌
19	寒地高光效粳稻品种的选育	孟 英	黑龙江省农业科学院耕作栽培研究所	朱 祯
20	<i>are1 (abc1 repressor1)</i> 在氮高效利用水稻育种中的应用研究	谢先芝	山东省水稻研究所	左建儒

21	水稻 DNA 甲基化修饰细胞异质性的进化机制研究	张 勇	中国科学院动物研究所	钱文峰
22	东北黑壤微生物群落结构及其功能研究	田春杰	中国科学院东北地理与农业生态所	白 洋
23	月季连续开花相关基因的表达分析	刘青林	中国农业大学	方荣祥
24	大丽轮枝菌中假定几丁质脱乙酰酶的酶活和底物鉴定	黄家风	石河子大学	郭惠珊
25	马铃薯疮痂病原菌分离鉴定	张红骥	云南农业大学	夏桂先
26	欧美杨溃疡病病菌双组份信号转导系统的功能研究	李爱宁	北京林业大学	钱 韦
27	胡杨根特异表达启动子 RSP31 的调控研究	杜 芳	北京林业大学	邱金龙
28	蒺藜苜蓿硝酸盐转运蛋白 NPF 在根瘤数量调控中的分子信号机制研究	胡 鑫	西北农林科技大学	孔照胜
29	华东地区主栽水稻品种抗稻瘟病鉴定及品种选育	吴传万	淮安市农业科学研究院	刘 俊
30	真菌致病蛋白 CEP37 的结构和功能研究	程 伟	四川大学	张 杰
31	微生物组耦合的水稻氮素利用效率关键寄主因子的 GWAS 分析	王春明	南京农业大学	叶 健
32	灰飞虱免疫系统对水稻条纹病毒侵染的响应机制	崔 峰	中国科学院动物研究所	张莉莉
33	辣椒组培转化和基因编辑体系的建立	张志明	四川农业大学	许 操

## 固定资产情况

建筑面积 (平方米)	设备总台 (件) 数	设备总值 (万元)
9482.19	3711	12139

## 30 万以上仪器设备使用情况

序号	设备名称	设备型号	购买时间	价格 / 万元	使用总时间 / 时	非本室使用总时间 / 时
1	扫描电子显微镜	S-3000N & PP3000T	2005.06	167	661	312
2	超薄切片机	UC6	2006.05	31	12	8
3	多功能激光扫描成像检测仪	TRIO	2007.04	65	31	13.5
4	激光共聚焦扫描成像系统	Leica TCS SP5	2007.12	196	599	255

5	多功能分子影像系统	NightOWL II LB983 NC100	2009.07	95	782	249
6	超速冷冻离心机	Optima-100XP	2009.11	48	1760	117
7	荧光定量 PCR 检测仪	CFX96	2010.01	39	137	114
8	气相色谱-质谱联用仪	7890A GC/5975C MS	2010.08	85	2406.3	552.5
9	超高效液相-三重四极杆质谱联用仪	1290 HPLC/ G6490A QQQ MS	2011.11	310	1161.9	61.43
10	超高效液相-四极杆飞行时间质谱联用仪	1290 HPLC/ G6550A QTOF MS	2013.11	400	1145.45	38.2
11	多功能酶标仪	MD Paradigm	2013.10	47	201	0
12	光合作用测定仪	LI-6400XTR	2013.10	44	432	48
13	半制备型高效液相色谱仪	Waters 2545	2013.11	121	102	0
14	全自动荧光显微镜	Axio imager Z2	2014.01	70	1156	213
15	多功能生物分子成像仪	Typhoon FLA 9500	2014.04	103	183	41
16	透射电子显微镜	HT7700	2014.04	350	125	103
17	植物活体分子影像系统	LB985	2014.06	121	326	50.5
18	步入式培养箱	PR-1218L	2013.08	240	1368	0
<b>合计</b>	---	---	---	<b>2532</b>	<b>12588.7</b>	<b>2176.13</b>

## 八、2016 年学术年会纪要

植物基因组学国家重点实验室 2016 年度学术年会于 2017 年 4 月 24 日召开。学术委员会主任方荣祥院士、实验室副主任储成才研究员和钱韦研究员主持了会议。学术委员会委员曹晓风院士、种康研究员、郭惠珊研究员、李家洋院士、刘耀光教授、钱前研究员、薛勇彪研究员、周俭民研究员、朱玉贤院士、左建儒研究员，专家指导委员会委员陈受宜研究员、张启发院士、朱祯研究员等专家，以及实验室课题组长出席了年会。依托单位领导中国科学院遗传与发育生物学研究所黄勋副所长、中国科学院微生物研究所东秀珠副所长、遗传发育所科技发展部邓向东常务副部长、微生物所科技处杨怀义处长等应邀出席了年会。

黄勋副所长和东秀珠副所长分别代表依托单位致词，指出实验室在多个研究领域处于国际领跑水平，在植物与微生物互作研究领域起到了示范作用，并在 2016 年生命科学领域国家重点实验室评估中得到肯定；依托单位将一如既往地支持重点实验室发展。黄勋副所长和东秀珠副所长感谢专家们在百忙之中莅临指导，为实验室发展提供指导和宝贵建议。

实验室主任左建儒研究员就承担国家任务情况、科研成果、人才队伍建设与开放交流等方面汇报了实验室 2016 年工作进展，并对目前实验室存在的主要问题进行了分析。曹晓风院士、程祝宽研究员、郭惠珊研究员、邱金龙研究员、王永红研究员、周俭民研究员分别作了科研进展报告。

报告结束后，专家们就实验室总体成果与未来发展进行了深入的讨论。专家们对实验室上一个评估期(2011-2015)和 2016 年的工作和成果表示了充分肯定，指出在相关研究领域处于国际领先地位，并在分子育种等应用研究方面取得了重要进展。专家们就实验室未来发展与建设方面提出了如下主要建议：

1. 审视研究方向：实验室过去在基础研究领域取得了瞩目的成就，但是下一步如何发展是亟待考虑的问题，应把握好基础与应用的平衡；
2. 做好学科布局：学科布局须长远考虑，在结合实验室特色与新兴方向的基础上，寻求新的学科生长点，尝试学科交叉与整合，突破常规，建立新的研究体系；
3. 注重人才培养与引进：加强人才队伍建设，加强对现有青年学术骨干的

培养和支持，给予青年研究人员成长空间，同时注重引进优秀人才，特别是新兴学科的青年学术骨干；

4. 建议依托单位进一步加强对实验室、特别是青年学术骨干的支持，在温室、种植基地等基础设施等方面给予大力支持；

方荣祥院士和李家洋院士进行了总结性发言，强调要面向国家重大需求，进一步加强应用性研究，特别是基础性研究与应用性研究的衔接；指出在我国植物生物学的国际影响力和地位不断提升的大环境下，实验室应当坚持有特色的原创性基础研究，保持国际竞争力，同时布局分子育种等应用性研究；建议实验室与依托单位加强对青年学术骨干的支持力度，从政策、实验条件与设施等多方面保障青年人员开展研究工作，促进青年人才尽快成长。左建儒研究员代表实验室对专家们提出的宝贵建议表示衷心感谢，并提出实验室面临下一步规划以及平衡基础与应用研究等重要问题。

## 九、研究所对国家重点实验室年度考核意见

植物基因组学国家重点实验室依托单位(中国科学院遗传与发育生物学研究所与中国科学院微生物研究所)通过审核实验室年度工作报告及组织相关领域专家咨询,对植物基因组学国家重点实验室 2017 年度工作进行了考核,形成如下意见:

经审核,实验室 2017 年在科研进展、承担科研项目和人才队伍建设等方面的工作取得了显著进步。在对理想株型及独脚金内酯合成及信号转导的系统深入研究的基础上,揭示了 IPA1 (Ideal Plant Architecture 1)即长期寻找的 *D53* (*Dwarf 53*)下游的转录因子,为水稻株型形成复杂调控网络中两个核心组分建立了联系,是该领域的一项重大科学突破。发现了野生稻基因组中有着人工选择驯化的痕迹;组装了籼稻蜀恢 498 (R498)的基因组,得到一个高质量参考基因组;组装了高质量的橡胶草基因组草图。发现了一氧化氮介导的蛋白质亚硝基化修饰与蛋白质甲基化通路互作,从而协调植物拮抗非生物胁迫的分子机制。鉴定了植物病原细菌野油菜黄单胞菌编码的一种受体 PcrK,能够特异性的结合植物细胞分裂素,揭示了病原菌跨界(Inter-kingdom)感知寄主植物重要信号分子的机制。与合作者在中科院分子模块育种先导专项支持下创制的“嘉优中科 1 号”水稻新品种,2017 年在江苏沭阳 1.4 万亩大规模示范种植获得成功,实现了水稻超高产和抗性提升的完美结合,对引领我国水稻分子设计育种理论与实践具有里程碑式的意义。

“水稻高产优质性状形成的分子机理及品种设计”项目荣获 2017 年度国家自然科学一等奖,主要完成人为李家洋院士、王永红研究员。

2017 年实验室累计主持各类研究项目(课题/子课题) 252 项,共获得到位研究经费(实际承担研究经费) 11759 万元,具备了争取和承担国家重大科研项目的能力。其中,科技部资助项目 73 项,国家自然科学基金资助项目 77 项,农业部资助项目 26 项,中科院资助项目 56 项等。发表论文 124 篇,其中以主要作者在 *Cell Res*、*Cell Host Microbe*、*Mol Cell*、*Nat Commun*、*Genome Res*、*Trends Plant Sci*、*Nat Plants*、*Curr Biol*、*Plant Cell* 等国际主流学术刊物发表论文 80 篇,作为主要合作者(共同第一作者或共同通讯作者)发表论文 20 篇,其它合作论文 24 篇;通过国家、省部级审定品种 6 项,新品种保护权 2 项,获得授权专利 16 项。实验室共 34 个课题组,课题组长中包括中科院院士 3 人,国家杰出青年基

金获得者 13 人，国家优秀青年科学基金获得者 3 名，千人计划入选者 1 名，“百千万工程领军人才”1 名，“中青年科技创新领军人才”2 名，青年千人计划入选者 4 名，“万人计划青年拔尖人才”入选者 1 名，中科院“百人计划”入选者 15 名。实验室现有固定人员 169 人，其中具有博士学位的 126 人(74.6%)、具有硕士学位的 29 人(17.2%)、具有学士学位的 13 人(7.7%)。

2017 年实验室举办了基因组生物学及其未来发展论坛和植物分子遗传学讲座共 8 次，其它学术讲座 28 次。实验室成员与国内外同行开展了广泛的合作性研究，在 *Cell*、*Nat Biotechnol*、*Nat Methods*、*Genome Biol*、*PNAS*、*Dev Cell*、*Plant Cell* 等国际主流学术刊物发表合作论文 24 篇。2017 年实验室接待了第十三届公众科学日、大学生暑期科研实践夏令营等多项开放交流活动，向前来参观的青少年讲解并展示了水稻分子设计育种理论与实践、代谢组学分析平台、大型公用仪器设备平台等，介绍了实验室的历史、发展、研究布局与最新科研进展。吸引了大中小学生和社会公众的积极参与，共接待来访人员 700 余名。

实验室建立并完善了分子生物学、代谢组学分析、基因组学分析、细胞生物学等研究平台，基本满足了目前的主要科研工作需求；同时也对外开放，充分、有效的利用了资源。实验室主要大型仪器扫描电子显微镜、激光共聚焦显微镜、全自动荧光显微镜、荧光定量 PCR 检测仪等，累计研究机时达 12000 小时以上。

咨询专家经讨论一致认为，实验室在 2017 年各项工作开展顺利，在项目争取、科技产出、引进人才和队伍建设、实验室建设和管理等各个方面都取得了显著的进步。国家自然科学一等奖是对实验室长期开展的水稻分子设计育种理论与实践工作的认可与肯定，彰显了该项工作的重要性与实验室在水稻育种工作中的重要地位。同时，植物基因组学国家重点实验室在 2017 年顺利完成国家重点实验室评估，被评为“良好类实验室”。此后完成了实验室领导班子换届工作，并根据实验室发展情况对《植物基因组学国家重点实验室运行管理办法》进行了认真修订。

依照综合数据评估和咨询专家组意见，依托单位认为植物基因组学国家重点实验室 2017 年度运行良好，通过考评。