

作物抗逆与高效生产全国重点实验室(西北农林科技大学)

State Key Laboratory for Crop Stress Resistance and High-Efficiency Production, NWAUFU

工 作 简 报

2026年第1期

2026.1.1-2026.3.31



微信搜一搜

作物抗逆与高效全重室

内容来源: 实验室各团队、实验室主页

图文设计排版: 唐思琦

本刊物供内部传阅

地址: 中国 陕西 杨凌 西农路南段3号 邮编: 712100

电话/传真: 029-87080062 网址: <https://csbaa.nwafu.edu.cn/>

MdRLKT1-MdRAX2-MdMKS1 Module Positively Regulating Resistance to *Cytospora mali* in Apple

期刊: Plant Biotechnology Journal
研究团队: 果树病害致灾机理及综合防控团队
第一作者: 唐亚楠
通讯作者: 黄丽丽 冯浩
DOI: 10.1111/pbi.70621



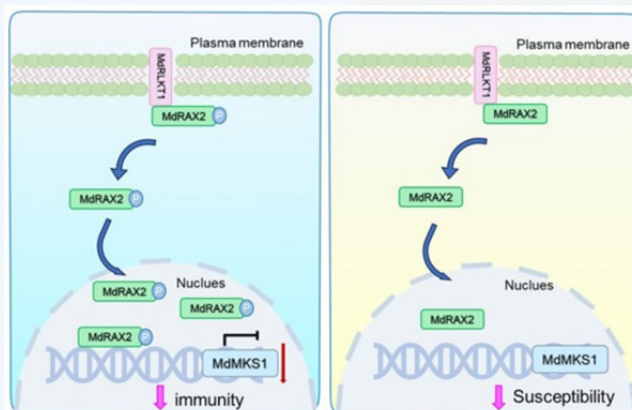
近日, 果树病害致灾机理及综合防控团队在Plant Biotechnology Journal期刊在线发表了题为“MdRLKT1 - MdRAX2 - MdMKS1 Module Positively Regulating Resistance to *Cytospora mali* in Apple”的研究论文。该研究揭示了苹果中由MdRLKT1、MdRAX2和MdMKS1组成的抗病分子模块通过协同调控免疫信号通路, 从而增强苹果对腐烂病菌的抗性, 为苹果抗病分子育种提供了靶标与理论依据。博士研究生唐亚楠为该论文第一作者, 黄丽丽教授和冯浩教授为论文的通讯作者。

苹果树腐烂病是由真菌*Cytospora mali*引起的一种严重枝干病害, 在我国苹果主产区普遍发生, 造成枝干坏死甚至整株死亡, 对苹果产业造成重大经济损失。由于苹果抗病种质资源匮乏, 解析苹果抗病的分子机制对于培育抗病新品种具有重要意义。

研究发现, 苹果类受体激酶MdRLKT1正调控苹果对腐烂病菌的抗性。进一步研究表明, MdRLKT1可以与MYB类转录因子MdRAX2相互作用, 二者共表达后促进了MdRAX2往细胞核的转运。体外磷酸化实验结果发现, MdRLKT1对MdRAX2的Ser147位点进行磷酸化修饰, 磷酸化

后显著增强了MdRAX2的转录调控能力, 且该磷酸化位点对于MdRAX2正调控苹果对腐烂病菌的抗性至关重要。在此基础上进一步解析了MdRAX2的下游调控机理。结果表明, MdRAX2可以直接结合MdMKS1基因启动子并抑制其表达, 且MdMKS1负调控苹果的免疫反应。

该研究表明, MdRLKT1磷酸化MdRAX2促进其进入细胞核并激活其转录调控功能, 从而抑制负调控因子MdMKS1的表达, 最终增强苹果对腐烂病的抗性。该研究首次揭示了MdRLKT1 - MdRAX2 - MdMKS1信号模块在苹果抗腐烂病过程中的作用机制, 为培育苹果抗病新品种提供了理论依据。



该研究得到了国家自然科学基金项目的资助。

KIN10-mediated phosphorylation attenuates cooperative repression of oil accumulation by AHL14 and AHL29 in Arabidopsis seeds

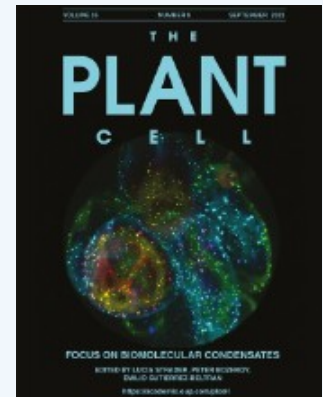
期刊: The Plant Cell

研究团队: 陈明训教授团队

第一作者: 王世祥

通讯作者: 陈明训

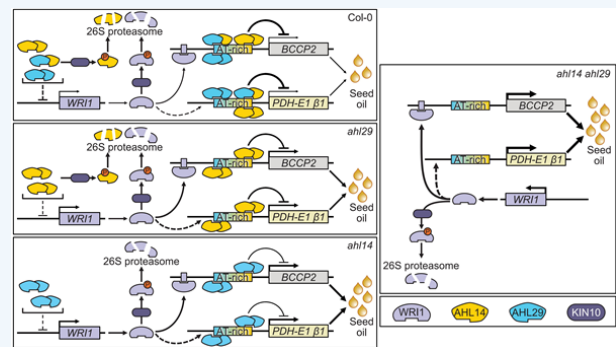
DOI: 10.1093/plcell/koag057



近日, 陈明训教授团队在《The Plant Cell》上发表题为KIN10-mediated phosphorylation attenuates cooperative repression of oil accumulation by AHL14 and AHL29 in Arabidopsis seeds的研究论文。本研究解析了AHL转录因子AHL14和AHL29负向调控种子油脂积累的分子机制, 加深了人们对种子油脂积累调控网络的认识, 并为提高油菜等油料作物种子含油量提供了新靶标。

种子油脂是植物能量储存的关键形式, 也是人类营养和工业原料的重要来源, 其积累受转录和转录后等多层级调控。WRI1、LEC1、LEC2、ABI3和FUS3等转录因子构成了该生物学过程的核心调控网络, 且它们的功能受蛋白质修饰等转录后调控的影响。研究表明蛋白激酶KIN10可通过磷酸化WRI1促进其降解进而抑制种子油脂合成。本研究发现AHL14和AHL29在种子发育过程中高表达且负向调控油脂积累。两者能够形成同源和异源复合物, 直接抑制脂肪酸合成关键基因PDH-E1 β 1和BCCP2的表达。进一步试验证实, KIN10与AHL14而非AHL29特异性结合, 通过磷

酸化AHL14促进其经蛋白酶体途径降解, 进而减弱AHL14-AHL29复合物对油脂积累的抑制作用。本研究还发现AHL14和AHL29间接抑制油脂积累核心转录因子WRI1的表达。综上, KIN10作为枢纽, 通过磷酸化并降解油脂积累负向调控因子AHL14和正向调控因子WRI1, 从而在多层级水平上实现对种子油脂积累稳态的精细调节。



陈明训教授为通讯作者, 博士研究生王世祥为第一作者, 刘子金副教授、杨赛奇副教授、博士研究生赵宇为共同第一作者。郭媛副教授和马睿泽、晋敏姍、李珂等研究生也对本研究作出了重要贡献。本研究得到国家重点研发计划、陕西省科技创新团队、陕西省重点研发计划等项目的资助。

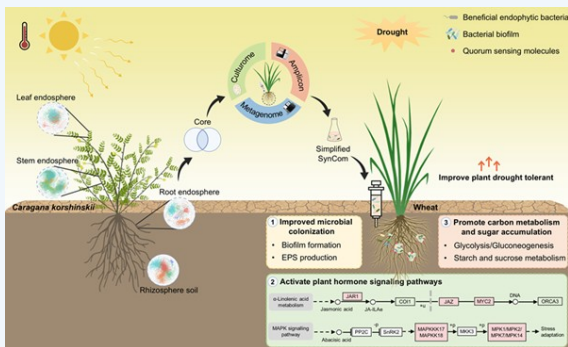
Synthetic community derived from the root core microbes of a desert shrub *Caragana korshinskii* enhances wheat drought tolerance

期刊: Microbiome
 研究团队: 沈锡辉教授团队
 第一作者: 郝新伟 王潇
 通讯作者: 沈锡辉 李长富
 DOI: 10.1186/s40168-026-02350-8



BMC

近日, 沈锡辉教授团队在国际期刊《Microbiome》上发表题为“Synthetic community derived from the root core microbes of a desert shrub *Caragana korshinskii* enhances wheat drought tolerance”的研究论文。该研究全面解析荒漠灌木柠条的根系核心微生物组特征并构建抗旱功能的合成菌群, 揭示了荒漠植物源合成菌群通过增强群落生物膜形成、激活植物多重信号与代谢通路提升小麦抗旱能力的分子机制, 为极端环境微生物资源利用和干旱区作物增产提供了新思路与新途径。



本研究以我国北方荒漠典型灌木柠条 (*Caragana korshinskii*) 为对象, 解析其根际与内生微生物组的分布规律及干旱响应特征, 筛选获得一组对干旱高度响应的核心菌株, 并构建了由15株菌株组成的合成微生物群落 (SynCom)。研究证实, 该合成菌群可显著促进小麦生长, 提升作物生物量与综合抗逆能力; 宏基因组分析表明, 菌群中生物膜形成、群体感应及碳代谢相关功能通路显著富集, 为群落稳定发挥抗旱功能提供了重要

功能基础。其中, 假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为关键功能类群, 在维持群落稳定性与抗旱功能中发挥核心作用。在此基础上, 团队结合菌株间互作模式与生物膜协同组装规律, 将原始菌群进一步优化精简为5株菌株组成的高效合成群落。该简化群落可通过群体感应信号介导群落水平的生物膜协同形成, 显著提升微生物在小麦根系的定殖效率与环境稳定性, 抗旱效果显著优于单菌接种。深入研究发现, 该合成群落能够显著上调小麦 MAPK 信号通路与 JA 信号通路, 并特异性激活淀粉、蔗糖等碳水化合物代谢途径, 通过微生物群落协同、植物信号激活与生理代谢优化的多层次调控, 系统增强小麦的干旱适应能力。本研究建立了从荒漠微生物资源挖掘、合成菌群构建与优化, 到机制解析及作物应用的完整技术体系, 既深化了荒漠植物-微生物协同适应极端环境的机制认识, 又为干旱、半干旱地区高效生物菌剂创制提供了理论依据与实践方向, 展示了极端环境微生物资源服务现代农业绿色发展的广阔前景。

已毕业博士生郝新伟、王潇为该论文的共同第一作者, 沈锡辉教授、李长富副教授为共同通讯作者, 朱玲芳教授为本研究提供了重要支持, 硕士生王翔冬、博士生王聪聪等参与了相关工作。该研究得到了国家自然科学基金、陕西省基础研究计划、杨凌示范区青年科技新星项目等多项课题的资助。

A BRI1-CNGC12 phosphorylation module links hormone signaling to manganese homeostasis in plants

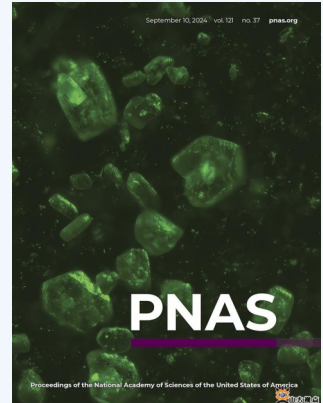
期刊： PNAS

研究团队： 王存教授团队

第一作者： 张振乾、 于正浩 谢地香

通讯作者： 王存

DOI： 10.1073/pnas.2514483123



近日，王存教授团队在《PNAS》上发表了题为“A BRI1-CNGC12 phosphorylation module links hormone signaling to manganese homeostasis in plants”的研究论文。该研究揭示了油菜素内酯受体BRI1通过磷酸化调控钙通道蛋白CNGC12，激活高锰诱导的钙信号，进而增强植物对锰毒害的耐受性。

课题组最新研究发现，钙通道蛋白CNGC11/12在拟南芥响应高锰胁迫中发挥关键作用。cngc11/12双突变体对高锰极度敏感，根系生长显著受到抑制，叶绿素含量降低，锰积累增加。此外，CNGC12介导了高锰诱导的钙离子内流，而CNGC12缺失突变后钙信号显著减弱，表明CNGC12是介导高锰胁迫下Ca²⁺内流的关键钙通道。

油菜素内酯（BR）作为第六大植物激素，在植物生长发育及逆境应答过程中起重要作用，但其是否响应高锰胁迫未有报道。本研究发现BR受体BRI1与CNGC12互作并磷酸化CNGC12的N端第22位丝氨酸。通过半体内磷酸化实验进一步发现该磷酸化修饰过程受高锰胁迫诱导，磷酸化水平在高锰处理15分钟达到峰值。外源施加BR类似物eBL显著增强高锰诱导的钙信号，而BR合成抑制剂BRZ则削弱钙响应。电生理实验证实，BRI1

介导的磷酸化直接增强CNGC12的钙通道活性。在非洲爪蟾卵母细胞中，共表达BRI1与CNGC12显著增加钙内流电流，而磷酸化失活突变体CNGC12 (S22A) 则无此效应。eBL处理进一步增强BRI1对CNGC12的激活，表明油菜素内酯通过BRI1-CNGC12模块调控钙信号。

研究还发现，BRI1-CNGC12模块通过钙信号调控下游锰转运蛋白。在bri1和cngc12突变体中，CPK5对液泡锰转运蛋白MTP8的磷酸化效率降低，同时质膜锰吸收蛋白NRAMP1的内吞过程受阻，导致锰在根细胞液泡中的区隔化减少，锰积累增加，最终表现为锰敏感表型。

综上所述，油菜素内酯信号通过BRI1-CNGC12模块调控钙信号，进而协调锰转运蛋白活性，赋予了植物高锰耐受性的全新分子机制，为培育耐酸性土壤作物提供了重要理论依据。

副教授张振乾、在读博士生于正浩、谢地香为该论文共同第一作者，王存教授为论文通讯作者。该论文得到了中央高校青年教师科研创新能力支持项目和国家自然科学基金的资助。

Durable rust resistance in wheat conferred by engineering host protein TaHRLI to evade recognition by the virulence effector PstCRT

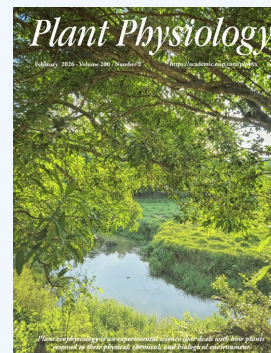
期刊: Current Biology

研究团队: 康振生院士/张新梅副教授课题组

第一作者: 郭双元 张艳琴

通讯作者: 康振生 王晓杰 张新梅

DOI: 10.1016/j.cub.2026.01.001



近日, 康振生院士/张新梅副教授课题组在Current Biology发表了题为“Durable rust resistance in wheat conferred by engineering host protein TaHRLI to evade recognition by the virulence effector PstCRT”的研究论文, 揭示了条锈菌破坏小麦ER stress-HR防御同盟的分子机制, 并基于上述机制为培育广谱抗病作物提供了全新靶点和创新技术策略。植物免疫团队博士后郭双元与博士生张艳琴为论文共同第一作者, 康振生院士、王晓杰教授及张新梅副教授为论文共同通讯作者。

研究首次发现钙网蛋白 (calreticulin, CRT) 在条锈菌 (*Puccinia striiformis* sp. *tritici*, Pst) 等病原真菌中, 同样可作为核心毒力效应蛋白 (PstCRT) 被主动分泌至小麦细胞, 成为攻破小麦免疫的“关键武器”。该研究利用HIGS技术沉默PstCRT发现条锈菌致病力显著减弱, 小麦叶片出现明显的过敏性细胞坏死, 抗性显著增强; 反之, 在小麦

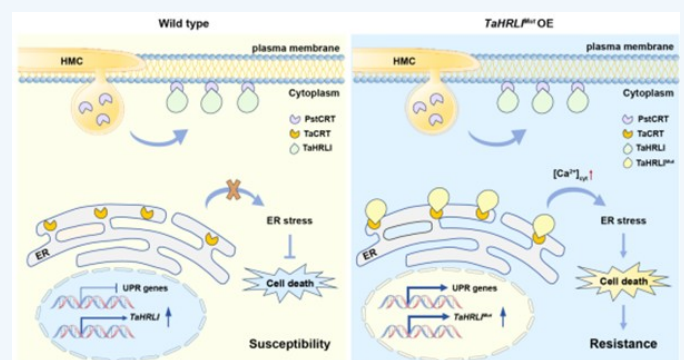
中过表达PstCRT, 则会显著抑制过敏性细胞坏死的发生, 为条锈菌的生长发育“扫清障碍”, 导致小麦抗性明显减弱。转录组分析表明, 过表达 PstCRT导致下调差异表达基因被显著富集于“植物型过敏反应”及“细胞坏死”核心通路, 表明PstCRT可能通过影响HR/细胞坏死抑制小麦免疫反应。

为阐明PstCRT功能的潜在机制, 酵母文库筛选发现PstCRT 能够靶向小麦HR诱导蛋白TaHRLI (HR-like lesion inducing protein), 并与其在细胞膜上发生相互作用。RNAi干扰及过表达转基因功能分析表明TaHRLI 在小麦与条锈菌的互作过程中扮演“免疫激活者”的正调控角色, 且其抗病功能的发挥与HR及未折叠蛋白反应 (UPR) 密切关联。深入的机制解析进一步还原了这场“攻防博弈”的完整过程: TaHRLI 在正常情况下定位于内质网, 而启动防御时, 高表达的TaHRLI会进入内质网腔 (核周内质网) 与小麦自身的钙网蛋白TaCRT结合。

这一结合会抑制TaCRT与钙离子的结合能力，进而触发内质网腔钙离子外流，并激活强烈的UPR反应，最终启动细胞坏死程序形成对条锈菌的有效防御。而长期的协同进化压力，驱动条锈菌进化出极具针对性的“伪装反击策略”，其分泌的PstCRT在蛋白结构上与小麦自身的TaCRT高度相似，且对TaHRLI具有更强的结合亲和力。凭借这一结构优势，PstCRT能够通过竞争性结合将TaHRLI截留于细胞膜上，使其无法进入核周内质网启动防御信号通路，从而彻底瓦解内质网应激介导的HR防御反应，实现成功侵染。

更关键的是，该研究发现“分泌CRT蛋白”并非条锈菌独有，而是不同锈菌属病原菌共有的保守毒力策略，这意味着该机制的破解，可能为防控多种锈病提供通用思路。基于对上述致病机制的理解，研究团队迅速推进“从理论到应用”的转化。借助AlphaFold蛋白结构预测工具，对小麦TaHRLI蛋白进行了精准改造，并获得了突变体TaHRLIMut。TaHRLIMut可成功逃逸PstCRT的识别与结合，同时保留了原本与小麦自身TaCRT结合的能力，意味着它能正常启动ER应激介导的HR防御，却不会被病原菌的“伪装术”干扰。后续的广谱抗病性鉴定证实，

TaHRLIMut可显著增强小麦对条锈菌、叶锈菌及秆锈菌的抗性；更关键的是，两年的田间试验数据显示，过表达TaHRLIMut的小麦不仅对多种条锈菌流行小种表现出稳定的广谱抗性，有效降低病害导致的产量损失，同时还保留了多个关键农艺性状，为抗病育种的实



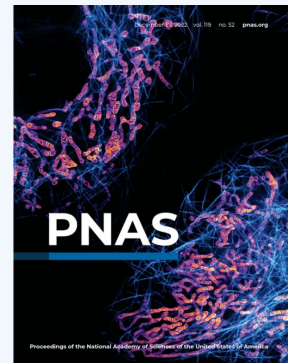
际应用奠定了坚实基础。

综上，该研究首次揭示了CRT分泌作为锈菌致病的保守策略，并通过“结构模拟-竞争性结合”方式破坏植物ER stress-HR防御同盟的分子机制，并在应用上为广谱抗锈病技术开发提供了全新靶点；同时基于人工智能蛋白结构设计的TaHRLIMut为作物抗病分子育种提供了“精准改造”方案，为保障粮食安全提供了理论与技术支撑。

该研究得到了国家自然科学基金、国家重点研发计划、中国博士后科学基金等项目的资助。

High bacterial diversity drives the suppression of a soilborne plant disease

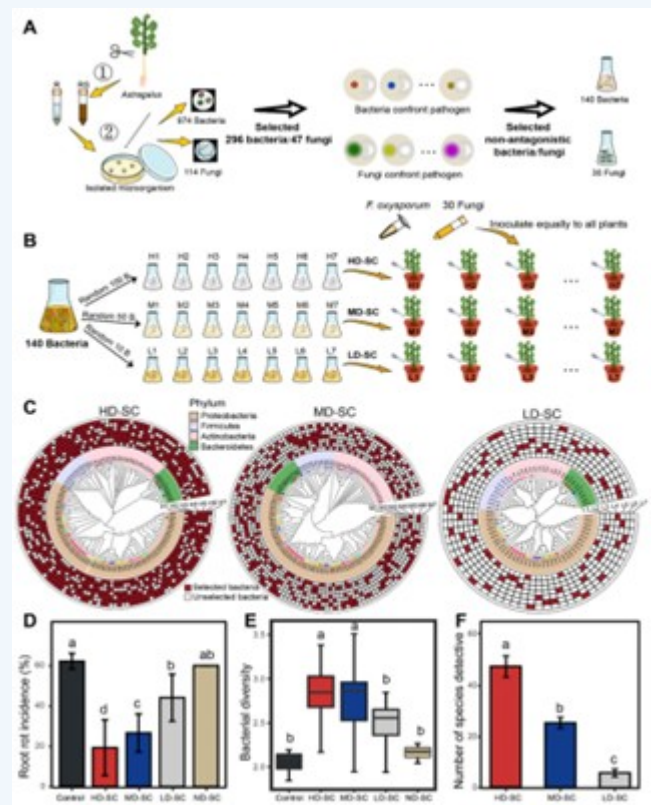
期刊: PNAS
 研究团队: 韦革宏教授团队
 第一作者: 白晓丽 陈贝贝
 通讯作者: 韦革宏 李哲斐 焦硕 James M. Tiedje
 DOI: 10.1073/pnas.2509303123



近日, 韦革宏教授团队李哲斐教授在《PNAS》发表了题为“High bacterial diversity drives the suppression of a soilborne plant disease”的研究论文。该研究发现提高细菌群落多样性可通过增强根际营养竞争以及在根表面形成物理屏障阻止病原菌侵染植物, 为作物土传病害防治提供了新策略。已毕业博士生白晓丽和陈贝贝为该论文并列第一作者, 韦革宏教授、李哲斐教授、焦硕教授和James M. Tiedje教授为论文共同通讯作者。

根际微生物群落在防治植物土传病害中发挥着至关重要的作用。然而, 由于土壤微生物群落的复杂性, 目前尚难以预测哪些微生物类群能有效抑制土传病原菌以及他们的抑菌机制。我们推测, 除了具有抑菌功能的特定微生物菌株, 多样性增加可能会提高微生物群落对病原菌的抑制效果。在本研究中, 将从根际分离的微生物菌株进行了随机组合, 结果表明细菌多样性相同的菌群对植物根部病害具有同等抑制效果。当土壤细菌多样性较高时, 植物根腐病的发生率显著降低。通过进一步构建合成细菌群落 (SynComs) 探究了高多样性细菌群落抑制植

物根腐病的机制。结果表明, 高多样性细菌群落通过营养竞争以及在植物根表面形成物理屏障等抑制病原菌的侵染。本研究证实, 高多样性细菌群落可有效抑制植物土传病害的发生, 为作物病害防治提供了一种环境友好型的生物防控策略。



该研究得到教育部基础学科和交叉学科突破计划、国家自然科学基金等项目的支持。

MdHB7 enhances apple basal thermotolerance by activating ROS scavenging and lignin accumulation

期刊: The Plant Journal

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

第一作者: 仇丽娜和 齐治平

通讯作者: 马锋旺 杨洁

DOI: 10.1111/tpj.70767



近日, 我室苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授课题组在The Plant Journal上发表了题为“MdHB7 enhances apple basal thermotolerance by activating ROS scavenging and lignin accumulation”的研究论文, 系统阐明了HD-Zip家族转录因子MdHB7通过清除植株体内过量ROS和促进木质素积累这两条途径增强苹果植株耐热性的分子机制。博士后仇丽娜和在读博士生齐治平为论文共同第一作者, 马锋旺教授和杨洁副教授为共同通讯作者。

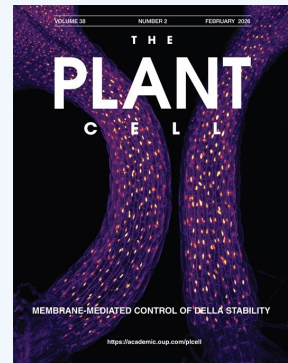
高温胁迫显著影响苹果果实品质与产量, 影响苹果产业高质量发展。挖掘苹果响应热胁迫的关键基因并深入解析其调控机制, 可为苹果的抗逆育种以及热胁迫响应调控网络的构建提供理论依据。该研究首先通过高温表达模式分析、转基因功能鉴定和胁迫相关生理指标测定等试验, 明确了MdHB7响应高温胁迫并正向调节苹果植株耐热性的生物学功能。过表达MdHB7的转基因苹果植株表现出耐高温的表型, 且高温胁迫下叶片中积累了更少的ROS, 而干扰株系则相反。

通过转录组分析, 发现高温处理后过氧化物酶编码基因MdPRX66和漆酶编码基因MdLac17的表达水平在MdHB7过表达植株中显著上调。进一步研究发现, MdHB7可以直接结合MdPRX66和MdLac17的启动子并激活他们的转录。以上说明, MdHB7一方面能通过激活MdPRX66基因表达促进POD等过氧化物酶的活性, 从而促进高温下叶片中过量ROS的清除; 另一方面, MdHB7还能通过激活MdLac17基因表达提高漆酶的活性, 从而增加木质素积累, 缓解高温胁迫损伤。综上, 该研究阐明了MdHB7通过调节MdPRX66和MdLac17表达促进过量ROS清除和木质素积累, 进而增强苹果植株耐热性的分子机制。这一发现不仅丰富了苹果高温胁迫应答网络, 也为未来植物应答环境胁迫的机制研究提供了思路。

该研究得到了新疆维吾尔自治区重点研发计划项目(2023B02018)、国家自然科学基金(32502620/32572954/U24A20414)、西北农林科技大学教育研发基金(ZJ2023020)以及国家现代农业(苹果)产业技术体系项目(CARS-27)的资助。

The rust effector PstCFEM2 manipulates TaHA2 and TaCIPK9-mediated apoplastic acidification to promote wheat susceptibility

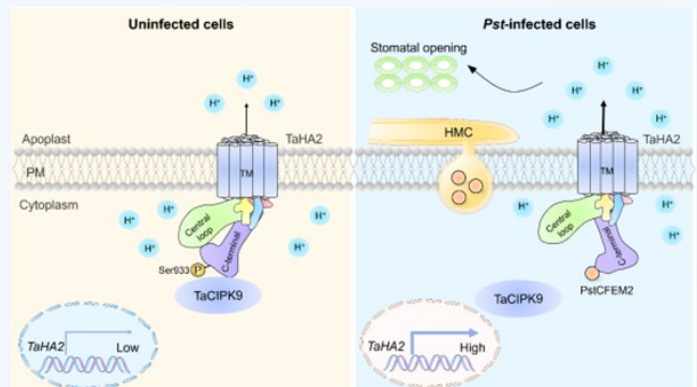
期刊: The Plant Cell
 研究团队: 康振生院士/张新梅副教授课题组
 第一作者: 张艳琴 郭双元
 通讯作者: 康振生 张新梅
 DOI: 10.1093/plcell/koag021



近日, 康振生院士/张新梅副教授课题组在 Plant Cell 发表了题为 “The rust effector PstCFEM2 manipulates TaHA2 and TaCIPK9-mediated apoplastic acidification to promote wheat susceptibility” 的研究论文, 揭示条锈菌 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, Pst) 效应蛋白 PstCFEM2 通过操控 TaHA2-TaCIPK9 模块介导小麦质外体酸化以促进感病的分子机制。西北农林科技大学博士生张艳琴和博士后郭双元为论文第一作者。康振生教授和张新梅副教授为本文的通讯作者。

质外体 pH 的动态变化会显著影响植物对病原体的抗性 or 易感性。为阐明小麦与条锈菌互作过程中的 pH 动态变化, 该研究测定了接种 Pst 无毒小种 CYR23 和毒性小种 CYR31 的小麦叶片胞内外 pH 值, 结果表明毒性小种的侵染会导致小麦细胞质外体明显酸化, 而质膜 H⁺-ATPase 是负责将 H⁺ 转运到质外体的主要蛋白。为探究小麦与 Pst 互作中观察到的 pH 动态变化是否与质膜 H⁺-ATPase 相关, 本研究从转录组数据库中鉴定到 27 个小麦质膜 H⁺-ATPase, 进一步分析表明 TaHA2 响应条锈菌诱导显著上调表达, 且在小麦中过表达 TaHA2 能够显著诱导质外体酸化, 导致气孔开度增加, 促进条锈菌的侵染。同时敲除 TaHA2 还表现出对其他锈病表现出广谱抗性, 且不影响正常生长和农艺性状。表明 TaHA2 是一个关键的感病基因, 敲除它既能赋予广谱抗病性又不影响农艺性状, 为培育持久、广谱抗病小麦新品种提供了优质靶点及种质资源。

进一步机制研究表明, 钙调磷酸酶 B 样互作蛋白激酶 TaCIPK9 作为一个正调控因子能够与 TaHA2 互作, 体外磷酸化分析验证 TaCIPK9 能够磷酸化 TaHA2 第 933 位丝氨酸, 增强其 C 端自抑制区与中央环的互作, 从而降低质子泵活性, 维持质外体酸碱平衡。而条锈菌分泌效应蛋白 PstCFEM2 能够靶向宿主质子泵并以依赖于 TaHA2 的方式促进条锈菌对小麦的侵染。更为关键的是, PstCFEM2 通过与 TaCIPK9 竞争性结合 TaHA2 在 C 端自抑制区, 阻断质子泵与 TaCIPK9 的互作及磷酸化过程, 导致 TaHA2 过度激活, 进而引起质外体酸化及气孔开度增加, 最终促进条锈菌的侵染。



综上所述, 该研究不仅揭示了病原真菌通过分泌效应蛋白靶向宿主质子泵, 操纵质外体 pH 以促进感染的完整分子机制, 同时为通过基因编辑等技术培育持久、广谱抗病小麦新品种提供了明确的理论框架和优质靶点。

该研究得到国家自然科学基金、国家现代农业产业技术体系等项目资助。

KIN10-mediated phosphorylation attenuates cooperative repression of oil accumulation by AHL14 and AHL29 in Arabidopsis seeds

期刊: The Plant Cell
研究团队: 陈明训团队
第一作者: 王世祥
通讯作者: 陈明训
DOI: 10.1093/plcell/koag057



在许多高等植物中，种子油脂的积累受到复杂多层次调控网络的严格管控，其中转录和转录后调控不可或缺。

达协同抑制种子油脂沉积，这一点已通过遗传学和酶活性分析验证。进一步研究发现，蔗糖非酵解型激酶10（KIN10）能与AHL14（而非AHL29）发物理互作并使其磷酸化。这种互作促进AHL14经蛋白酶体途径降解，从而解除其对靶基因表达的抑制，最终削弱AHL14与AHL29对种子油脂积累的协同抑制作用。此外，研究还表明AHL14和AHL29在种子油脂合成过程中会间接抑制核心转录因子WRINKLED1基因的表达（已知该蛋白稳定性受KIN10介导的磷酸化负调控）。这些发现揭示了KIN10-AHL14-AHL29模块如何与KIN10-WRI1通路协同作用，共同微调种子油脂合成过程。

JOURNAL ARTICLE ACCEPTED MANUSCRIPT

KIN10-mediated phosphorylation attenuates cooperative repression of oil accumulation by AHL14 and AHL29 in Arabidopsis seeds

Shixiang Wang, Zijin Liu, Saiqi Yang, Yu Zhao, Ruize Ma, Minshan Jin, Ke Li, Yuan Guo, Mingxun Chen

The Plant Cell | IF 11.6 | SCIE | JCR Q1 | 生物学I区 | Top | koag057, <https://doi.org/10.1093/plcell/koag057>

本研究鉴定到两个在拟南芥发育胚胎中高表达的AT钩状结构域核定位（AHL）转录因子AHL14和AHL29，它们是种子油脂积累的关键抑制因子。AHL14与AHL29既能自身互作，也能彼此互作，通过直接抑制关键脂肪酸合成基因——丙酮酸脱氢酶E1 β 亚基基因和生物素羧基载体蛋白2基因的表

A BRI1-CNGC12 phosphorylation module links hormone signaling to manganese homeostasis in plants

期刊: PNAS
研究团队: 王存团队
第一作者: 张振乾 于正浩 谢地香
通讯作者: 王存
DOI: 10.1073/pnas.2514483123



锰(Mn)是植物生长的必需元素,但在酸性或水涝土壤中,过量的锰会像“隐形杀手”一样毒害作物,严重影响农业生产。尽管科学家很早就发现高锰胁迫会触发植物细胞内的钙信号,从而调控锰的平衡,但这一信号究竟如何产生,始终是个未解之谜。

令人惊叹的是,锰胁迫能在几分钟内迅速激活BRI1的激酶活性。电生理实验证实,正是BRI1介导的磷酸化,赋予了CNGC12通道开启钙离子流的能力。而外源施加天然油菜素内酯(油菜素内酯),不仅能增强锰诱导的钙信号,还能提升BRI1对CNGC12的磷酸化水平,最终增强植物的耐锰能力。



更精妙的是,这条信号链还向下游延伸: BRI1或CNGC12的功能缺失,会破坏CPK5激酶对MTP8转运蛋白的调控,同时阻碍NRAMP1转运蛋白的内吞回收。这项研究首次揭示了BRI1-CNGC12分子模块如何将激素信号与钙离子依赖的锰解毒机制相连接,展现了植物激素调控逆境适应的精妙战略。

近日,一项研究揭开了这个秘密:植物细胞膜上的两种“门卫蛋白”——CNGC11和CNGC12通道,是应对锰毒害的关键。当这两个通道蛋白失效时(如cngc11/12突变体),植物会变得对锰极度敏感,且cngc12突变体中的钙信号强度明显减弱。进一步研究发现,植物体内的“生长激素”油菜素内酯(BR)的受体BRI1,竟能与CNGC12通道直接“握手”,并通过磷酸化修饰其第22位丝氨酸,精准控制通道的开关。这一过程就像用钥匙转动门锁:当bri1受体突变后,锰诱导的钙信号减弱,植物也变得畏惧高锰环境。



Mutation of TaPOD8 triggers haploid induction through a reactive oxygen species burst in wheat

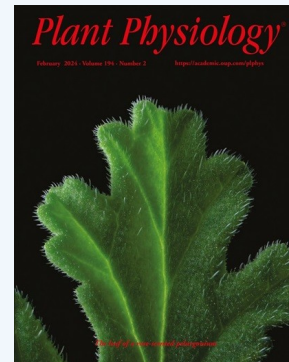
期刊: Plant Physiology

研究团队: 吉万全教授团队

第一作者: 王陆蕙

通讯作者: 吉万全 李停栋

DOI: 10.1093/plphys/kiag053



近日, 我室吉万全教授团队在Plant Physiology在线发表了题为"Mutation of TaPOD8 triggers haploid induction through a reactive oxygen species burst in wheat"的研究论文。我室小麦远缘杂交与染色体工程育种团队吉万全教授和李停栋教授为论文共同通讯作者, 博士研究生王陆蕙为论文第一作者。该研究发现小麦过氧化物酶基因TaPOD8突变后会导致配子活性氧爆发从而诱导单倍体产生, 揭示了活性氧(ROS)提前爆发导致的DNA损伤在小麦单倍体形成中的关键作用。

现了父本单倍体, 单倍体诱导率为11.8%, 表明TaPOD8敲除可诱导父本单倍体产生(图1 E-H)。进一步研究发现, 五等位基因杂合突变体自交或回交时单倍体诱导率为0.9%~5.1%, 还表现出严重的分离畸变, 并且无法获得功能完全缺失突变体, 暗示该基因可能存在隐性配子结合致死效应。

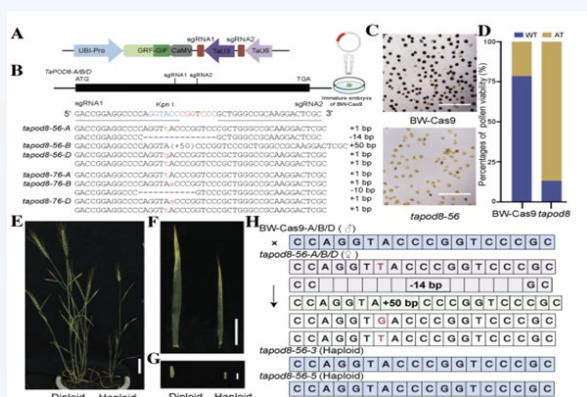


图1 TaPOD8功能缺失突变体可以诱导父本单倍体的产生

该研究以六倍体普通小麦为材料, 针对前期筛选到的一个在小麦3.5 mm花药及对应子房中特异性表达的一个过氧化物酶基因TaPOD8, 发现与玉米单倍体诱导基因ZmPOD65同源, 因此利用CRISPR-Cas9对其三个亚基因组上的拷贝进行靶向敲除(图1 A, B), 基因编辑获得的六个等位功能完全缺失突变体tapod8-aabbdd表现出花药雄性不育(图1 C, D)。当用野生型花粉为突变体授粉时, F1代中出

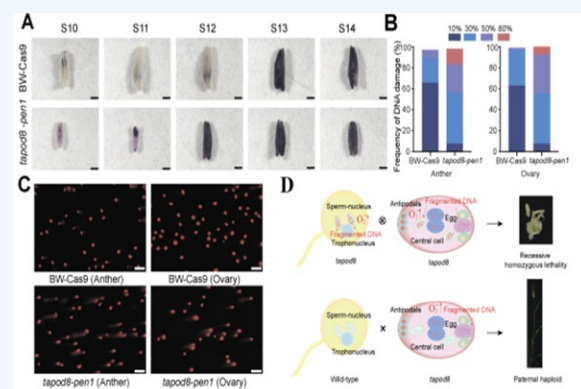


图2 TaPOD8突变体诱导单倍体产生的机制

该研究对单倍体形成机制进行了一系列探究, 揭示了活性氧(ROS)的异常爆发在TaPOD8诱导单倍体产生中的重要作用。TaPOD8的功能部分缺失导致花药和胚珠出现了活性氧(ROS)的提前爆发, 导致基因组DNA严重损伤, 染色体片段化形成单倍体(图2 A-D)。该基因为解析作物单倍体形成的分子基础提供了新见解, 也为小麦高效单倍体育种提供了具有应用潜力的新靶点。

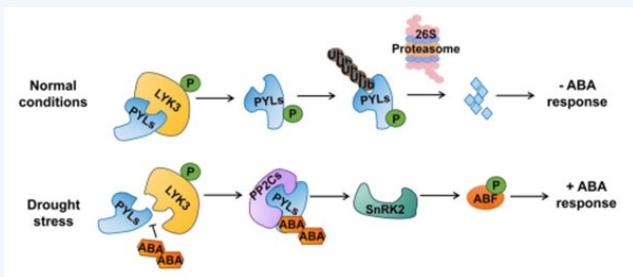
研究得到了国家农业重大科技项目(NK2022060503和NK2022060501), 陕西省秦创原高层次创新创业人才项目(QCYRCXM-2022-140)经费的资助。

LysM receptor-like kinase MdLYK3 destabilizes the ABA receptors PYR/PYLs to suppress ABA signaling in apple

期刊: New Phytologist
研究团队: 马锋旺教授/刘长海教授课题组
第一作者: 裴婷婷 战明慧 车润民
通讯作者: 马锋旺 刘长海
DOI: 10.1111/nph.70934



近日, 我室苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授/刘长海教授课题组在New Phytologist上发表了题为“LysM receptor-like kinase MdLYK3 destabilizes the ABA receptors PYR/PYLs to suppress ABA signaling in apple”的研究论文, 已毕业博士生裴婷婷、在读博士生战明慧、博士后车润民为该论文共同第一作者, 马锋旺教授和刘长海教授为通讯作者。



该研究发现苹果中的LysM受体激酶MdLYK3能够直接与植物激素脱落酸(ABA)的多种受体结合并将其磷酸化, 磷酸化后的ABA受体会经泛素-蛋白酶体途径降解, 从而负向调控苹果的抗旱能力。有趣的是, 苹果中存在一种“双重保险”机制: 当干旱来临, ABA大量积累时, 高浓度的ABA会削弱MdLYK3与ABA受体

之间的相互作用, 保护其受体不被过度降解, 从而确保抗旱信号通路得以持续、有效地运行。

该研究清晰地揭示了一个经典的免疫感知元件如何参与到ABA介导的非生物胁迫适应过程中, 将其角色从单一的“抗病卫士”扩展为协调多种环境胁迫响应的“多功能调节器”, 为理解植物复杂的环境适应网络提供了新视角。在应用层面, 敲低MdLYK3基因的苹果植株表现出更强的抗旱性和ABA敏感性, 且生长未受明显影响。通过基因编辑等技术精细调控该基因的表达或功能, 有望在不影响植株健康的前提下, 培育出节水抗旱能力更强的新品种。

该研究获得了国家重点研发计划(2024YFD1200502)、国家自然科学基金(32172529, 32402538)、国家现代农业(苹果)产业技术体系项目(CARS-27)、陕西省重大科技专项(2020zdzx03-01-01)、中国博士后科学基金(2023M742866)以及中央高校基本科研业务费专项资金(2452023067)的资助。

Bacterial entrapment of a fungal carbon repressor prevents plant colonization

期刊: Cell Host & Microbe

研究团队: 小麦赤霉病研究团队

第一作者: 徐代英 夏阿亮

通讯作者: 江聪

DOI: 10.1016/j.chom.2026.02.001



病原真菌的生长与致病高度依赖碳源供给。优势碳源存在时，碳代谢阻遏（CCR）机制维持快速生长；当优势碳源匮乏，阻遏解除，真菌启动替代碳源利用及致病相关程序，实现由营养生长向侵染生长的转换。因此，CCR状态构成病原真菌侵染程序的关键“代谢开关”。然而，通过干预CCR实现病害控制的策略尚无报道。

近日，我室小麦赤霉病研究团队在Cell Host & Microbe在线发表了题为“Bacterial entrapment of a fungal carbon repressor prevents plant colonization”的研究论文，揭示了一种新的微生物互作调控机制：有益细菌通过干预病原真菌碳代谢阻遏核心因子CreA的核质动态，将其持续“锁定”于细胞核内，从而维持碳代谢阻遏状态。该研究提出通过精准调控病原真菌碳代谢开关以进行病害控制的新策略。

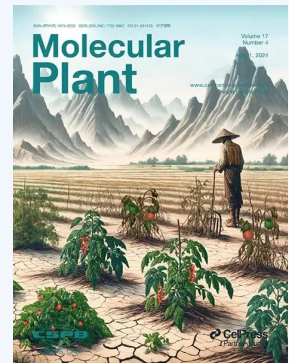
小麦赤霉病由禾谷镰孢引起，是全球范围内广泛发生的重大真菌病害，严重威胁粮食产量与食品安全。研究团队从田间健康小穗中分离获得一株有益细菌CXZ-8。对峙培养及发酵产物实验显示，该菌株对禾谷镰孢的营养生长无显著抑制作用，区别于传统“直接抑菌”的策略。显微观察发现，CXZ-8特异性富集并紧密附着于病原菌侵染结构周围，提示其通过接触依赖方式干预侵染过程。转录组分析表明，CXZ-8附着诱导病原菌碳代谢相关基因显

著重排，差异基因启动子区域普遍富集碳代谢阻遏核心因子CreA结合位点。机制研究显示，CreA在不同营养条件下发生核质穿梭，其出核是解除致病基因抑制、启动侵染程序的关键步骤。然而在CXZ-8附着条件下，CreA被持续稳定地滞留于细胞核内，维持CCR状态，使病原菌陷入功能性“碳饥饿”，无法完成向侵染生长的转换。研究还鉴定了CreA直接调控的关键靶基因FCO1，编码酶参与寄主屏障破坏与营养获取，其持续受抑是侵染受阻的重要原因。大规模田间细菌资源筛选显示，约20%的菌株在不同程度上具备稳定CreA核定位的能力，影响和操纵CCR状态可能是自然界中普遍存在的细菌-真菌互作模式。基于该机制构建的复合菌群RMC1-1在温室和田间条件下均显著降低小麦赤霉病发生，并对水稻稻瘟病、苹果树腐烂病及小麦茎基腐病等多种真菌病害表现出良好防控效果。

在读博士研究生徐代英和夏阿亮为论文并列第一作者，江聪教授为通讯作者。刘慧泉教授、王秦虎副教授、王光辉副教授等在该研究中作出了重要贡献，普度大学J-R XU教授和我院黄丽丽教授亦给予了全面细致的指导与建议。作物抗逆与高效生产全国重点实验室实验平台为研究提供了技术支撑，该研究得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金等项目的资助。

TIR domain-containing proteins employ dual regulatory mechanisms to confer TaEDS1-dependent immunity in wheat

期刊: Molecular Plant
研究团队: 植物免疫研究团队
第一作者: 陆靖伟 孙可欣
通讯作者: 郭军 郭嘉
DOI: 10.1016/j.molp.2026.02.006



近日，我室植物免疫研究团队在Molecular Plant期刊在线发表了题为“TIR domain-containing proteins employ dual regulatory mechanisms to confer TaEDS1-dependent immunity in wheat”的最新研究成果。该研究系统分析了小麦含TIR结构域蛋白的免疫功能，并首次揭示小麦TNP蛋白的抗病机制。我室博士研究生陆靖伟与孙可欣为论文共同第一作者，郭军教授和郭嘉青年教授为论文共同通讯作者。

TIR (Toll/Interleukin-1 Receptor) 结构域蛋白在原核生物和真核生物中普遍存在。植物TIR-only和TNL (TIR-NBS-LRR) 免疫受体可水解NAD⁺，产生信号分子激活下游EDS1核心组分。然而，单子叶植物在演化中丧失了TNL，仅存在少量C末端特化为四肽重复序列的TNP (TIR-NBS-TPR) 蛋白，其功能尚不清楚。

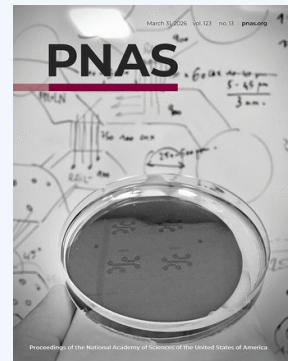
该研究从小麦编码TIR蛋白的候选基因中鉴定到参与小麦对条锈菌抗性的具有TIR-NBS-TPR结构域的基因TaTNP1。为明确TaTNP1的生物学功能，创制了TaTNP1的稳定过表达与基因编辑材料，从遗传水平证明了其在小麦对条锈

菌免疫反应中的正调控功能。研究发现，小麦TIR-only蛋白TaTIR通过常规的催化活性激活TaEDS1依赖的细胞死亡过程；与之不同的是，TaTNP1的TIR结构域因BB-loop基序的变异与催化半胱氨酸的缺失，不具备引起细胞死亡、核酸酶活性、相分离等TIR蛋白典型生物学功能。进一步研究表明，TaTNP1的TIR结构域仅具有微弱的NADase活性，无法直接激活EDS1-PAD4-ADR1复合体。值得关注的是，TaTNP1可通过寡聚化的方式与TaEDS1直接互作，并通过抑制TaEDS1的泛素化降解过程维持其稳态。基于上述发现，团队提出了单子叶植物TIR通过“催化信号传递”与“直接蛋白互作”两种方式共同作用于EDS1的理论模型。该研究不仅拓展了对TIR功能多样性的认知，也为解析植物TNL抗病基因的演化提供了重要参考。

我室康振生院士和陈金利教授为该研究工作提供了重要支持与指导，作物抗逆与高效生产全国重点实验室实验平台为研究提供了技术支撑，该研究得到了国家重点研发计划、陕西省创新能力支撑计划、国家自然科学基金等项目的资助。

Stripe rust fungus subverts wheat phase separation-mediated immunity to promote infection

期刊： PNAS
研究团队： 植物免疫研究团队
第一作者： 闫通 赵晋仁 陈璨
通讯作者： 王晓杰 汤春蕾
DOI： 10.1073/pnas.2522267123



近日，我室植物免疫研究团队在PNAS期刊在线发表了题为“Stripe rust fungus subverts wheat phase separation-mediated immunity to promote infection”的研究论文。该研究首次揭示了小麦条锈菌通过破坏寄主蛋白的液-液相分离过程实现免疫逃逸的全新分子机制，为小麦抗锈病育种提供了重要理论依据和精准分子靶点。

小麦是我国的主要粮食作物之一，年均种植面积约2400万公顷。由条形柄锈菌小麦专化型 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, Pst) 侵染引起的小麦条锈病，是威胁我国小麦生产的一类重大真菌病害。在植物与病原菌的长期“军备竞赛”过程中，病原菌如何通过分泌效应蛋白操控寄主抗病过程并实现免疫逃逸，一直是植物病理学领域的核心科学问题。团队前期筛选到一个条锈菌效应蛋白Hasp170，发现其能够进入小麦细胞核并抑制植物的免疫反应。通过创制RNAi转基因小麦材料证明，Hasp170是条锈菌的一个关键致病因子，且其核定位功能对其发挥毒性作用至关重要。

为探究条锈菌效应蛋白Hasp170在寄主细胞核内发挥毒性功能的具体作用机制，研究团队鉴定到一个与其互作的小麦核蛋白TaPSTE。功能分析显示，TaPSTE是小麦抗条锈病的正调控因子，敲除该基因导致小麦抗病性显著减弱，而过表达该基因则显著增强抗病性。进一步研究发现，TaPSTE能通过其内在无序区IDR1发生液-液相分离，在细胞核内

形成动态凝聚体结构，而这种相分离能力是其发挥抗病功能所必需的。

研究表明，TaPSTE的核内凝聚体能够招募包括转录因子TaNF-YC在内的多种转录相关组分，进而激活下游Ca²⁺-CDPK-RBOH-ROS等免疫信号通路，实现免疫相关基因的重编程表达。然而，条锈菌分泌的效应蛋白Hasp170能够直接结合TaPSTE的IDR1结构域，干扰其自相互作用及TaPSTE-TaNF-YC相分离复合体的形成，从而抑制该模块的转录调控功能，最终削弱小麦由ROS和Ca²⁺介导的免疫反应，实现病原菌的成功侵染与定殖。

该研究系植物-真菌互作领域中关于病原菌效应蛋白干扰寄主液-液相分离过程的首次报道，揭示了病原菌与植物“军备竞赛”的新维度，为解析条锈菌致病机制、培育新型抗病小麦品种提供了重要理论依据与精准分子靶点。

我室已毕业博士闫通、在读博士生赵晋仁与陈璨为论文的共同第一作者，王晓杰教授与汤春蕾研究员为共同通讯作者。我室康振生院士、江聪教授、王宁教授、清华大学方晓峰教授、湖北省农业科学院杨立军研究员也为该研究提供了重要支持。该研究得到了国家自然科学基金、国家小麦产业技术体系、陕西省中央引导地方科技发展专项资金、陕西省杰出青年科学基金和山东省重点研发计划等项目的资助。

Core microbiota recruited by healthy grapevines enhance resistance against root rot disease

期刊: Genome Biology
研究团队: 植物病毒与病毒基因工程技术研究团队
第一作者: 王若彤 张文钰
通讯作者: 赵磊 吴云锋 舒敦涛 顾沛雯
DOI: 10.1186/s13059-025-03905-y



近日,我室植物病毒与病毒基因工程技术研究团队在《Genome Biology》上在线发表题为“Core microbiota recruited by healthy grapevines enhance resistance against root rot disease”的研究论文,揭示了葡萄根腐病抗性中根际有益微生物的招募机制与功能途径。

根系微生物组是植物抵御土传病害的关键防线,然而有益微生物如何影响植物抗病性尚不明确。本研究针对“健康与感病葡萄的根系微生物组有何差异”、“植物是否及如何招募有益微生物”以及“有益微生物通过何种功能途径发挥抗病作用”三大科学问题,对宁夏贺兰山东麓健康与感病酿酒葡萄的根际及根内微生物组进行了系统研究,取得了以下创新性发现:

(1)明确了健康葡萄特异性富集关键有益细菌类群。通过扩增子测序分析发现,健康状态是塑造葡萄根系微生物群落结构的最强驱动因素。在健康葡萄根际土壤中,具有潜在拮抗活性的细菌属如假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和链霉菌属(*Streptomyces*)的相对丰度显著高于患病植株。微生物共发生网络分析进一步表明,这些类群是健康植株微生物网络中的核心节点,其稳定性在感病状态下被破坏。

(2)揭示了有益细菌发挥抗病功能的潜在代谢与调控途径。宏基因组功能分析表明,感病导致根际微生物组功能多样性降低。通过宏基因组拼接和参考基因组注释,发现健康植株富集的有

益细菌关联着一系列与病害抵抗相关的功能途径。这些途径包括生物膜形成、群体感应、细菌趋化性、鞭毛组装以及多种抗生素(如烯二炔类、四环素类)、生物碱、类固醇等次级代谢产物的生物合成。这些功能基因的富集,为有益微生物通过竞争、拮抗、诱导系统抗性等多重机制协同抑制病原菌提供了分子基础。

(3)鉴定了宁夏产区葡萄根腐病的主要病原并验证了有益菌的抗病功能。通过培养组学从病根中分离鉴定出茄病镰刀菌(*Fusarium solani*)为当地葡萄根腐病的主要病原菌。同时,从健康根际土壤中分离出的假单胞菌、芽孢杆菌和链霉菌菌株在平板和盆栽试验中均显示出对*F. solani*的显著拮抗作用,能有效降低葡萄幼苗的病害发生,其中芽孢杆菌HB13的抑菌效果最佳。

该研究构建了“微生态网络结构-核心功能菌群-基因通路调控”这一葡萄根际调控网络,不仅深化了对植物-微生物互作与病害抗性关系的理解,更为利用有益微生物资源(如假单胞菌、芽孢杆菌和链霉菌)开发生物防治菌剂、实现葡萄根腐病的绿色防控提供了直接的理论依据和宝贵的菌种资源,对保障葡萄产业健康可持续发展具有重要意义。

该研究得到了宁夏回族自治区重点研发计划和陕西省重点研发计划等项目的资助。

MdWRKY75 regulates MdCAR4-mediated ABA receptor turnover to enhance drought resistance in apple

期刊: The Plant Journal

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

第一作者: 张志军 杨超

通讯作者: 马锋旺 李超

DOI: 10.1111/tpj.70662



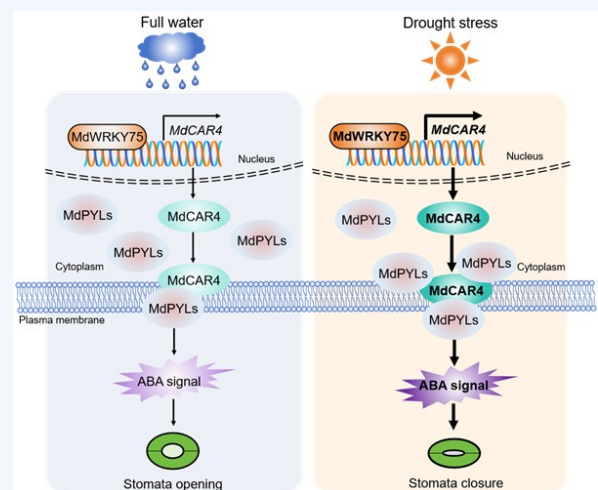
近日, 苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授/李超教授课题组在《The Plant Journal》在线发表了题为“MdWRKY75 regulates MdCAR4-mediated ABA receptor turnover to enhance drought resistance in apple”的研究论文, 该研究揭示了苹果中MdWRKY75转录因子通过激活质膜ABA信号增强植物抗旱性的分子机制。博士后张志军和在读博士生杨超为论文共同第一作者, 马锋旺教授/李超教授为共同通讯作者。

该研究首先通过转录组分析发现, MdWRKY75在干旱胁迫下表达显著上调, 其过表达苹果植株表现出更强的抗旱性; 反之, 沉默MdWRKY75后, 植株抗旱性显著减弱。进一步研究表明, MdWRKY75通过直接结合ABA信号通路基因MdCAR4的启动子W-box元件, 正向调控其转录表达。MdCAR4作为C2结构域ABA相关蛋白, 其沉默会导致苹果植株气孔孔径增大、ABA含量降低, 抗旱能力下降, 而过表达MdCAR4不仅能增强自身抗旱性, 还能恢复MdWRKY75沉默植株的干旱敏感表型。

分子互作实验证实, MdCAR4可与ABA受体家族成员MdPYL3/4. 2/5/6发生体内外相互作用, 并促进这些受体蛋白靶向质膜定位。MdPYL3/4. 2/5/6作为ABA信号通路的核心组件, 其过表达能显著促进ABA介导的气孔关闭, 增强植株抗旱性, 且过表达MdPYLs可有效恢复MdCAR4沉默植株的干旱敏感表型。此外, MdWRKY75还能调控MdNCED3、MdABI3、

MdABI5等多个ABA合成及信号通路基因的表达, 进一步放大ABA介导的抗旱反应。

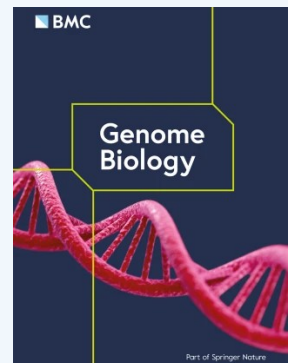
综上, 该研究阐明了MdWRKY75-MdCAR4-MdPYLs分子模块调控苹果抗旱性的完整通路: 干旱胁迫下, MdWRKY75表达上调并激活MdCAR4转录, MdCAR4通过与MdPYLs互作促进其质膜定位, 进而增强ABA信号传导, 加速气孔关闭, 减少水分散失, 最终提升苹果的抗旱能力。这一发现不仅丰富了苹果干旱胁迫调控网络的理论认知, 也为通过基因工程改良苹果抗旱性提供了关键候选基因和分子靶点。



该研究得到了国家自然科学基金(3247181196和U24A20414)、中国博士后科学基金(2024M62642)、陕西省自然科学基金(2025JC-YBQN-227)以及中央引导地方科技发展资金项目(2024ZY-JCYJ-02-36)资助。

Genome-wide DNA methylation landscape and its association with the transcriptome reprogramming in potato in response to *Phytophthora infestans* infection

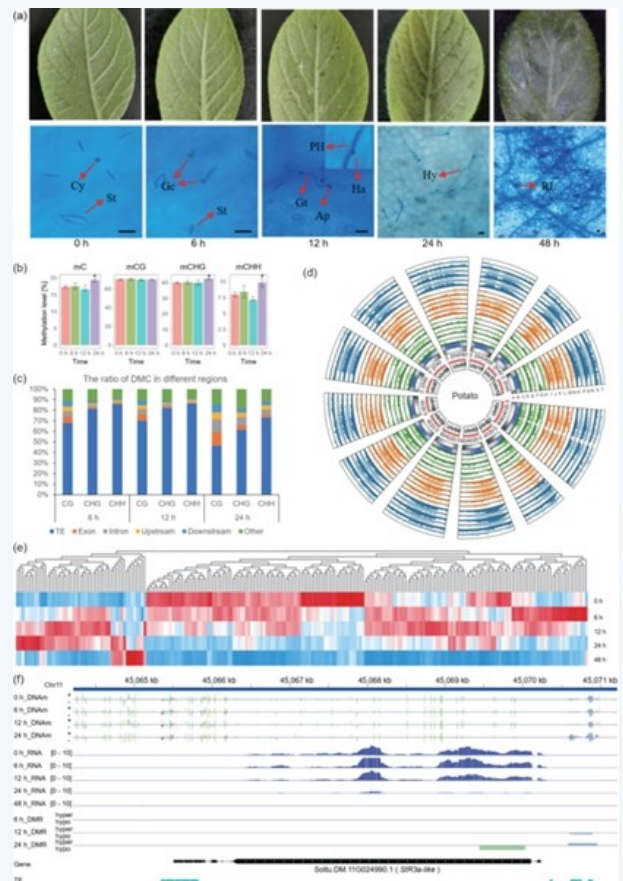
期刊: Horticulture Research
 研究团队: 单卫星教授团队
 第一作者: 田鹏
 通讯作者: 单卫星
 DOI: 10.1093/hr/uhaf297



近日, 单卫星教授团队在Horticulture Research 在线发表了题为“Genome-wide DNA methylation landscape and its association with the transcriptome reprogramming in potato in response to *Phytophthora infestans* infection”的研究论文。该研究揭示了马铃薯在致病疫霉侵染早期的全基因组DNA甲基化动态变化模式, 以及甲基化变化与该过程转录重编程之间的相关性。

该研究以中国国内种植面积领先的马铃薯品种“青薯9号”为对象, 采集田间分离的致病疫霉侵染马铃薯叶片(图1a), 利用全基因组Bisulfite-seq和RNA-seq, 分析了植物在致病疫霉侵染早期的基因组DNA甲基化动态变化及基因表达变化, 并探究了两者间的关联性。研究首先揭示了转录重编程相关差异基因(DEG)变化规律及其影响的生物学通路。结果表明部分参与水杨酸、乙烯信号传导、病程相关(PR)基因, 以及DNA甲基化调控基因在早期感染阶段表现出激活, 但在植物坏死开始后则快速下调。DNA甲基化表现为早期的下调, 以及随后出现的上调, CHH甲基化是影响DNA甲基化模式的主要因素(图1b)。侵染后期差异甲基化位点在基因区域显著富集(图1c, d)。特别是, DNA甲基化变异可能与随后的转录变化相关, 以及甲基化与基因表达间的关联受序列类型(CG、CHG、CHH)、甲基化差异位点区域(exon、intron、promoter、downstream)等因素影响。此外, 发现NB-LRR基因的外显子中低甲基化变化显著富集, 这与它们在侵染后期的下调相关(图1f)。同时, 该研究发现青薯9号在未侵染时即表现出较高的抗病基因表达, 这与其抗性特点可能相关(图1e, f)。该工作阐明了马铃薯在致病疫霉侵染后的DNA甲基

化变化模式, 并明确了表观遗传机制参与转录组重编程调控, 这些变化与免疫的下调以及晚疫病的发展相关。



农学院马铃薯抗病与生物育种团队田鹏副教授为论文第一作者兼共同通讯作者, 单卫星教授为论文最终通讯作者。研究得到了国家重点研发计划(2023YFD2302100), 西北农林科技大学博士科研启动经费(Z1090122063), 广东省植物表观遗传重点实验室开放课题(GPKLPE202414), 以及国家马铃薯产业技术体系(CARS-09)等经费资助。

实验室赴四省调研引才

为进一步增强学术交流，学习借鉴全国重点实验室建设与特色做法，推动我室科研水平与“十五五”高质量发展规划，引进优秀人才来校工作、增强校企合作，近日，实验室主任王晓杰、副主任沈锡辉、管清美、刘慧泉、毛虎德，专家焦硕等一行，先后赴杭州、南京、武汉、深圳等地深入调研及引才。



调研组一行先后走入水稻生物育种全国重点实验室、浙江大学农业与生物技术学院、浙江托普云农科技股份有限公司、南京农业大学作物遗传与种质创新利用全国重点实验室、农林生物安全全国重点实验室、华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室、果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室、农业微生物资源发掘与利用全国重点实验室、中国农业科学院深圳农业基因组研究所、深圳大学生命与海洋科学学院等10家单位调研。

调研组通过座谈交流、宣讲介绍、实地走访参观，深入考察了各重点实验室的科研布局、平台建设与人才引进机制、运行管理与创新团队建设等，围绕青年人才培养、研究生联合培养、科研绩效考核及产学研融合等方面深入交流，对各团队在基因编辑、合成生物学及农业大数据分析等前沿领域的研究进展进行探讨交流；同时在各单位宣讲我校基本情况、科研平台、引才政策、未来规划等，引进优秀人才来校工作。

下一步，实验室将系统梳理调研成果，借鉴各单位项目管理、成果转化、开放共享平台、跨单位协作机制和协同创新方面的成功经验，加快推进人才引进与科研实质合作。结合“十五五”发展规划重点任务布局，强化顶层设计，统筹资源配置，推动跨学科协同攻关，深入推进有组织科研，提升创新链整体效能，进一步完善实验室运行机制与平台建设方案；同时，将深化与高校、科研院所、企业的战略联动，持续优化人才发展生态，激发创新活力，为打造具有全国影响力的现代农业科技创新高地提供坚实支撑。

实验室赴新疆开展调研

为深入推进西北干旱区作物抗逆与高效生产技术研究，精准对接新疆特色农业产业发展需求，近日，实验室主任王晓杰，副主任沈锡辉、彭科峰及固定研究人员冯浩、陈亮、谢银鹏等一行赴新疆伊犁哈萨克自治州，围绕小麦病害防控、苹果产业提质增效等方面开展专项调研。

伊犁州副州长刘建林接见调研团并感谢专家组为伊犁农业发展作出的贡献。调研团队先后走访伊犁州农业科学研究所、伊犁师范大学东校区实验室，与科研人员就作物抗逆机理、病害预警机制等基础研究展开深入交流，重点了解伊犁地区小麦、苹果等主栽作物的生长特性与生产痛点。随后，团队前往新源县则克台镇、阿热勒托别镇、喀拉布拉镇及巩留县牛场、提克阿热克镇等田间一线，实地调研小麦锈病、白粉病、赤霉病等病害发生情况，细致观察作物长势与田间管理现状，为针对性研发抗病抗逆栽培技术提供科学支撑。



在新源县野果林改良场与巩留县千亩苹果矮砧密植示范园，专家团队重点考察苹果病害防控与现代化栽培模式，详细了解矮砧密植技术在节水、提质、增效方面的应用成效，探讨适宜伊犁生态区的苹果品种、高效生产技术路径。调研期间，团队还走进伊宁县冠通生物科技企业，对接产业端需求，探索科研成果转化与产业化应用的合作契机。

调研最后，调研团赴乌鲁木齐与新疆维吾尔自治区科技厅党组书记王成、厅长阿布力米提·伊力、副厅长邱旭生、党组成员任之光、伊犁州党委副书记郝磊、伊犁州科技局党组书记宋海军、伊犁师范大学副校长曹军会等座谈交流，围绕新疆地区小麦、苹果等产业深入合作开展详细讨论，并全面梳理本次调研发现的问题与技术需求，就加强校地合作、共建科研示范基地、推动作物抗逆与高效生产技术落地等方面达成初步共识。



此次调研不仅为实验室后续科研攻关明确了方向，也为助力新疆伊犁农业高质量发展、保障区域粮食安全与特色产业振兴奠定了坚实基础。

两位外籍专家来室开展学术交流

为加强学术交流合作，助力科研创新与发展，10月31日，Diane Gail Owen Saunders教授、Joe Win高级研究员应邀来室开展学术报告。实验室50余名师生到场参与，报告会由实验室固定研究人员曾庆东主持。



英国约翰·英纳斯中心团队首席研究员Diane Gail Owen Saunders教授以“Safeguarding wheat yields from cereal fungal invaders”为题，系统介绍了在小麦锈菌研究领域的重要突破。其团队开创的“田间病原基因组学”和“MARPLE诊断技术”，首次实现了对田间样本的直接高通量测序与病原菌种群动态的实时监测，为全球小麦锈病的防控提供了强有力的技术支撑。



塞恩斯伯里实验室（TSL）Joe Win高级研究员围绕“Genomics of Magnaporthe Oryzae identifies adaptive features of a successful plant pathogen”主题，分享了稻瘟病菌基因组学的最新研究成果。作为国际小麦玉米改良中心小麦病害早期预警系统的核心成员，其牵头创建的“OpenWheatBlast”开放科学门户平台，为全球麦瘟病的诊断与防控提供了重要技术支持。

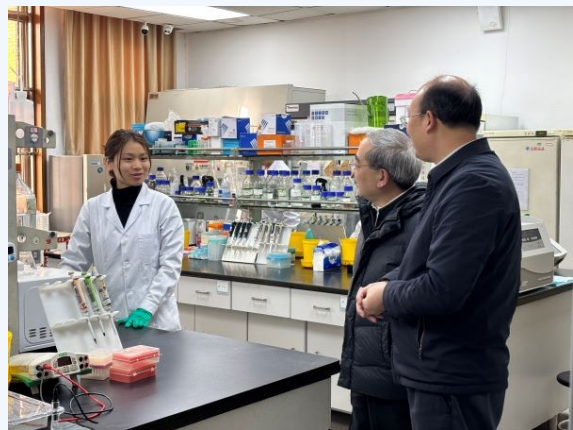
报告结束后，现场师生围绕两位专家的研究内容展开了热烈讨论。与会师生就小麦真菌病害的防控策略、病原菌基因组学的研究方法、作物抗病育种的创新思路等前沿问题与报告人进行了深入交流，表示本次报告内容丰富详实，对今后的研究工作具有很好的启发和借鉴意义。

教育部高校学生司副司长苟人民一行来室考察

1月16日上午，教育部高校学生司副司长苟人民一行来室考察，实验室副主任彭科峰接待并介绍相关情况。

参观过程中，彭科峰简要介绍了实验室的基本定位、研究方向、人才队伍、科研平台布局、党支部建设情况，重点介绍了小麦重大病害成灾机制与防控技术重大突破、苹果高效生产理论和新品种重大突破等创新性研究成果。

最后，参观团走进实验室，关切询问实验室博士科研情况，鼓励其继续耕耘。参观团还了解了平台设备配置与运行状况，对平台科研支撑力予以高度肯定。



固原市委书记滑志敏一行来室调研

1月24日上午，固原市委书记滑志敏一行来室调研，副校长刘天军陪同调研。实验室固定研究人员单卫星教授、实验室副主任彭科峰分别讲解有关情况。

调研中，单卫星教授讲解了实验室在马铃薯研究方面的科研进展，人才队伍，取得成效等，详细介绍了学校与固原合作承担马铃薯重点研发项目的相关情况；滑志敏对我校在马铃薯研究方面取得进展高度肯定，期待充分发挥学校科技创新、科研平台、人才队伍等优势以及固原市资源禀赋，在生态环境保护与乡村全面振兴等方面精准对接，加强校地深入合作。



彭科峰副主任介绍了实验室的发展历程，国家定位与使命、研究方向、研究任务、管理架构、人才梯队建设、科研平台、国际合作交流、新品种培育、成果转化等情况，围绕实验室支

青海大学农学院院长吴昆仑教授一行来室调研

3月10日下午，青海大学农学院院长吴昆仑教授率队莅临我室调研指导。实验室技术人员张琼负责接待，并就实验室整体情况进行了系统讲解。

在参观过程中，张琼首先介绍了实验室的基本定位、主要研究方向、核心科研人员构成、科研平台布局以及技术人才队伍建设概况。随后，她重点汇报了实验室近年来取得的创新性研究成果，包括小麦基因克隆关键技术、苹果高效生产理论体系构建以及新品种选育方面的重大突破。

听取介绍后，吴昆仑教授对我校在小麦等作物研究领域取得的显著进展给予了高度评价。他期待未来能充分发挥双方在科技创新、平台资源及人才队伍等方面的优势，进一步找准合作切入点，推动两校在相关领域开展更为深入、务实的合作。



作物抗逆与高效生产全国重点实验室第一届学术委员会第三次会议召开

1月18日，作物抗逆与高效生产全国重点实验室第一届学术委员会第三次会议在我校召开。

宁波大学陈剑平院士，云南农业大学朱有勇院士，贵州大学校长宋宝安院士，沈阳农业大学李天来院士，扬州大学张洪程院士，中国科学院植物研究所种康院士，中国农业大学张福锁院士，我校康振生院士，浙江大学喻景权院士，河南农业大学校长周卫院士，河南农



业大学许为钢院士，中国科学院分子植物科学卓越创新中心何祖华院士，中国农业科学院蔬菜花卉研究所张友军院士，福建农林大学李毅教授，中国农业大学巩志忠教授，中国科学院遗传与发育生物学研究所高彩霞研究员，华中农业大学熊立仲教授等17位委员线上线下相结合参加会议。校长吴普特出席会议并致辞，副校长房玉林主持开幕式，学校科研院负责人、实验室领导班子及部分固定研究人员、技术人员、管理人员等参加会议。

吴普特代表学校对各位委员长期以来对学校建设发展的指导与建议表示感谢，对各位委员的到来表示热烈欢迎，对实验室一年来取得的成绩高度肯定。他表示，学校将全力支持实验室建设发展，在体制机制上进一步完善，在人才队伍建设上给予支持，在平台建设上优化升级。同时，希望实验室充分吸收各位委员的意见建议，进一步聚焦国家战略需求，强化创新驱动，产出更多重大原创性成果，努力建设成为特色鲜明、国际一流的农业科技创新高地。

实验室主任王晓杰教授作了2025年度工作报告，从研究进展、科研成果、人才培养、平台建设、实体化运行、开放交流等方面全面汇报了工作进展，提出了2026年工作规划。固定研究人员毛虎德研究员、刘慧泉教授、焦硕教授、管清美教授、王东教授逐一汇报了实验室5个代表性成果。在听取年度工作报告和代表性成果汇报后，与会委员充分讨论、逐一发言；大家一致表示，实验室2025年工作成效显著、亮点突出，深化落实有组织科研；同时建议实验室充分明确定位使命，进一步凝练重大成果，回答好有关科学问题，围绕“作物”“抗逆”“高效生产”等关键词充分彰显优势与特色；注重加强全链条设计与关联性研究范式，强化顶层设计，展示典型示范案例，在原创性基础理论突破与服务产业发展上贡献实验室力量。

首席科学家康振生院士对各位委员多年来对实验室发展的关心支持表示感谢，对学校的关心支持表示感谢，对实验室发展充满信心。他指出，各位委员提出的建设性意见符合实验室发展方向，对实验室下一步发展具有重要意义；实验室将认真吸收委员们的建议，继续开展有组织科学研究，将长远目标与近期任务有机结合，持续产出重大原创性科研成果，助力产业、学科高质量发展，为实现农业强国作出更大贡献。



校企携手聚合力 智能育种启新程

—成都瀚辰光翼科技来室座谈交流

为推动旱区作物生物育种技术创新，促进智能自动化装备与农业科研深度融合，深化校企合作、建设高水平科研平台，1月19日下午，成都瀚辰光翼科技有限责任公司董事长张晗博士一行来室开展座谈交流。实验室主任王晓杰教授主持会议，双方相关负责人、专家代表及企业技术代表齐聚，共商合作事宜，共谋发展新篇。

会上，王晓杰首先代表实验室对张晗董事长一行的到访表示热烈欢迎，并介绍了实验室的科研团队、研究方向、平台建设及在作物抗逆与高效生产领域取得的系列成果。他表示，实验室始终聚焦国家粮食安全战略需求，深耕旱区作物育种研究，期待通过与企业的深度合作，实现优势互补、资源共享，推动育种技术向智能化、高效化转型。

成都瀚辰光翼科技创始人、董事长 & CEO 张晗详细介绍了公司发展概况、核心技术优势及生物育种智能自动化应用探索案例。公司在智能装备研发、表型组学技术应用等方面的创新实践，为双方后续合作奠定了坚实基础。

在交流讨论环节，双方围绕旱区作物生物育种、智慧育种、表型组学及智能自动化装备联合开发等核心议题展开深入探讨。与会专家学者结合自身研究领域，各抒己见、建言献策，为合作方案的落地完善提供了宝贵思路。

此次座谈交流，搭建了实验室与企业协同创新的沟通桥梁，明确了双方合作的重点方向和实施路径。下一步，实验室将以此次会议为契机，充分发挥各自在科研、人才、技术、市场等方面的优势，共同攻克旱区作物育种领域的技术难题，培养高素质专业人才，促进科技成果转化应用，为保障国家粮食安全、推动农业高质量发展作出积极贡献。



召开2026年寒假实验室安全工作会议

为切实做好寒假及春节期间实验室安全与运行管理工作，筑牢安全防线，2026年1月23日下午，我室召开2026年寒假实验室安全工作会议。实验室副主任彭科峰主持会议，各科研团队安全负责人、综合办、技术部等负责人参加会议。

会上，办公室主任侯国超领学了《关于开展2026年寒假实验室安全及消防安全教育培训的通知》《关于做好2026年寒假春节期间校园安全稳定工作的通知》《关于2026年寒假安排的通知》和《关于切实做好寒假期间实验室安全与运行管理工作的通知》四个文件。技术支撑部负责人赵华开展寒假期间实验室安全运行专题培训，结合多起典型安全事故案例，聚焦假期实验室用电、用气规范、消防安全管控及危化品全流程管理等关键环节，深入剖析风险隐患点，有效强化了参会人员的安全防范意识和应急处置能力。

此外，为表彰2025年在实验室安全管理工作中作出贡献的先进，经综合评选，王宁、牛春东、张倩倩、高山、王洪涛、王翔、潘文秋等7位师生获得2025年度“作物抗逆与高效生产全国重点实验室安全卫士”荣誉称号，实验室副主任彭科峰颁发证书，并激励全体人员向榜样学习，主动参与实验室安全建设，共同营造安全稳定的科研环境。

最后，彭科峰作总结讲话。他对2025年度实验室安全工作做出四点总结：一是全面完成实验室安全责任书签署与落实工作；二是顺利推进并完成实验室通风系统改造升级；三是常态化开展安全检查与专项培训；四是积极开展“安全隐患随手拍”活动，形成全员参与的隐患排查格局。针对2026年度实验室安全工作，他提出了三项推进任务：一是统筹各团队老旧冰箱报检及老旧设备处置；二是严格落实特殊设备使用登记；三是推进公共区域仪器设备入室存放。

同时对各实验室提出安全工作三点希望：一是提高政治站位，高度重视，落实主体责任，确保谁使用、谁负责；二是抓牢抓细，强化整改，做到闭环管理；三是强化协同联动，及时报告，科学整改。他强调，全体师生要严格遵守各项安全管理规定，扎实做好节前安全排查整改与假期值守工作，确保实验室度过一个祥和、平安的寒假及春节。



三个全国重点实验室联合举办的“重大农林疫情预警与应急防控策略研讨会”在福建农林大学召开

2月1日上午，由农林生物安全全国重点实验室、作物抗逆与高效生产全国重点实验室、农产品质量安全全国重点实验室联合主办的“重大农林疫情预警与应急防控策略研讨会”在福建农林大学召开。福建农林大学党委书记赖海榕，中国科学院院士、农林生物安全全国重点实验室首席顾问谢联辉，中国科学院院士、农林生物安全全国重点实验室首席顾问谢华安，中国工程院院士、农产品质量安全全国重点实验室主任陈剑平，中国工程院院士、作物抗逆与高效生产全国重点实验室首席科学家康振生出席会议。会议由农林生物安全全国重点实验室主任李毅教授主持。作物抗逆与高效生产全国重点实验室主任王晓杰教授，农产品质量安全全国重点实验室副主任王新全研究员，三个实验室的领导班子、学术骨干，以及福建农林大学植保学院师生代表200余人参加研讨会。



会议现场

赖海榕代表学校对与会专家的到来表示欢迎。他指出，农林生物安全全国重点实验室是我校面向国家战略需求打造的重大科研平台。实验室由我校牵头，联合中国农业大学、南京农业大学共同建设，聚焦外来生物入侵的风险预警，瞄准重大病虫害的蔓延防控，着力构建从智能监测、机理解析到绿色防治的全链条防线。今天，与作物抗逆与高效生产全国重点实验室、农产品质量安全全国重点实验室联合举办这次研讨会，汇聚三大国家级平台的智慧，共同探讨新形势下重大农林疫情的预警机制与应急防控策略，具有重要的学术价值和实践意义。他表示，期待三大国家级平台以此为契机，共同深化科研协同，围绕重大农林生物安全风险，开展联合攻关，突破关键核心技术，共建共享学术资源与数据平台。共同推动成果转化，促进预警技术、防控产品和标准规范的落地应用，把论文写在大地上，把成果送到田间地头。共同培育创新人才，通过项目合作、师生互访、平台共享等方式，培养更多知农爱农、强农兴农的一流专业人才，为我国农林生物安全风险防控和治理体系建设注入强劲动能、提供坚实支撑。

陈剑平院士在致辞中指出，三大国家级平台各具特色与优势，应进一步凝聚合力、协同创新，共同为国家农林生物安全与农产品质量安全事业作出更大贡献。他强调，要弘扬科学家精神，加强同行协作，注重对青年人才的培养与支持，切实提升服务国家重大需求的能力。

康振生院士在致辞中强调，全国重点实验室的建设与发展必须形成强大凝聚力，科研人员应自觉将国家富强、学校发展与个人成长紧密结合。实验室需明确发展定位与战略需求，积极争取各方支持，努力打造特色研究方向与标志性成果，更好地对接与服务国家战略。

校长兰思仁会见院士专家，并在交流中向大家对农林生物安全全国重点实验室组建与运行的大力支持表示感谢。他指出，涉农重点实验室间加强交流合作意义深远，既能整合优势资源，更能协同发力保障国家粮食安全、生态安全与农产品质量安全，这是重点实验室服务国家战略和区域发展的应有担当。他提议，应推动实验室间合作机制化，通过定期研讨、资源共享等常态化形式深化协同；依托福建对台区位优势与“一带一路”合作契机，拓展对台及国际交流维度，充分发挥各单位区域特色优势，在服务国家战略、赋能区域发展、培育专业人才等方面贡献更大合力。

本次研讨会聚焦植物生物安全领域前沿热点，设有11场高水平学术报告。来自作物抗逆与高效生产全国重点实验室、农产品质量安全全国重点实验室及我校农林生物安全全国重点实验室的专家学者分享了最新研究成果。会议还设置了实验室运行与管理交流环节，作物抗逆与高效生产全国重点实验室主任王晓杰教授和农产品质量安全全国重点实验室副主任王新全研究员分别分享了实验室管理经验，促进了全国重点实验室之间的交流互鉴。

聚焦细胞观测技术革新 植物高分辨成像前沿技术及应用研讨会成功召开

3月24日，由作物抗逆与高效生产全国重点实验室联合陕西省电镜学会生命专委会、蔡司公司显微事业部主办的“植物高分辨成像前沿技术及应用”研讨会，在学校正式召开。会议以推动细胞学前沿技术落地植物学研究为核心目标，探索先进成像技术对学科发展的支撑路径，实验室副主任彭科峰、陕西省电镜学会生命专委会主任、西安交通大学医学部电镜室原主任陈明霞出席致辞，专委会副主任、西安交通大学分析测试中心郝英等领域专家到场参会。

会议设置主题报告与实操演示两大板块，覆盖前沿基础研究与技术落地实践全链条。主题报告环节，华南农业大学王浩教授分享了团队依托冷冻聚焦离子束扫描电子显微镜，解析植物细胞壁-质膜协同调控细胞生长机制的最新成果，为植物发育细胞学研究提供了全新研究范式。我校顾彪副研究员介绍了运用活体高分辨成像技术，解析疫霉菌与植物互作分子机理的研究进展，相关成果可为作物抗病育种、病害防控提供重要技术参考。蔡司公司技术专家则围绕体电子显微技术农林应用、共聚焦成像分子动力学前沿展开分享，为师生提供了多维度可落地的技术解决方案。

此次研讨会还聚焦实操体验，蔡司技术团队先后开展FRAP技术、Arivis Pro分析软件的上机演示，帮助参会人员直观掌握先进成像技术的操作逻辑与应用场景。研讨会吸引了校内外相关领域师生参与，围绕植物成像技术的新机遇、新方向展开充分交流，为植物学科高质量发展注入了新动能。



专家报告现场

园艺作物前沿研究青年学术研讨会举办

12月29日至30日，由我校作物抗逆与高效生产全国重点实验室、园艺学院、旱区农业陕西实验室联合主办的2025年园艺作物前沿研究青年学术研讨会举办。来自全国18所高校和科研院所的28位国家级青年人才与我校师生齐聚杨凌，围绕园艺作物理论研究与品种转化等前沿议题，共话园艺学科发展新路径，共探产业升级新方向。

副校长房玉林在致辞中回顾了学校的发展历程与办学使命，详细介绍了我校园艺学科实力发展，对园艺学科发展寄语期望。他表示本次研讨会既是对学术探索的阶段总结，更是谋划“十五五”新篇的起点，期待以会议为纽带，深化校际合作，共同推动我国园艺事业高质量发展，助力教育、科技、人才一体化发展。

作物抗逆与高效生产全国重点实验室主任王晓杰教授介绍了作物抗逆与高效生产全国重点实验室的研究定位与研究方向，号召广大青年人才加强学术交流。华中农业大学园艺林学学院院长、果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室主任徐强教授围绕“柑橘物种演化、驯化与再驯化”作大会主旨报告。与会园艺领域青年专家围绕园艺作物抗逆生物学、基因组设计育种、绿色智能生产、采后品质保障等前沿方向展开深入探讨，为园艺学科发展凝聚共识与力量。



管清美教授荣获第二十届中国青年女科学家奖

近日，实验室副主任管清美教授获得第二十届中国青年女科学家奖。此次全国共有19名个人获第二十届中国青年女科学家奖、5个团队获中国女科学家奖团队，10名个人获第九届未来女科学家计划支持对象。

管清美，女，汉族，1979年生，中共党员，现为我校园艺学院教授，博士生导师。2002、2005年取得我校农学学士、硕士学位后，2013年在美国马里兰大学博士学位。2013-2014年作为博士后在马里兰大学开展植物抗逆机制研究，2014年回校从事苹



果抗逆分子机制及分子育种等研究。曾获中国农学会青年科技奖、全国五一巾帼建功标兵等称号。兼任第八届教育部科技委委员、作物抗逆与高效生产全国重点实验室副主任、

《Journal of Integrative Plant Biology》《Journal of Integrative Agriculture》

《Horticulture Research》《Stress Biology》等期刊编委。先后主持国家自然科学基金杰出青年基金、优秀青年基金、中组部青年人才计划项目、科技部重点研发计划等项目，以第一/通讯作者身份在Nature Genetics、Developmental Cell、Plant Cell等期刊发表SCI论文70余篇，获省部级科技奖励2项。

中国青年女科学家奖设立于2004年，每年评选一次，旨在表彰奖励在科学领域取得重大科技成果的女性青年科学家，激励更多的女性投身科学事业，在科学技术领域取得更加丰硕的研究成果。至今，全国共有204位女科技工作者获得中国青年女科学家奖，其中13人当选两院院士，3人获得世界杰出女科学家成就奖。