

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2期

2026.4.1-2026.6.30



微信搜一搜

Q 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/>

Epitranscriptomic RNA editing resolves Mus81 DNA repair tradeoffs in heat tolerance and meiosis

期刊: Nature Communications

研究团队: 刘慧泉教授团队

第一作者: 吴梦春 刘骏峰

通讯作者: 刘慧泉

DOI: 10.1038/s41467-026-71219-z



近日, 我室刘慧泉教授团队在《Nature Communications》上在线发表研究成果, 题为

“Epitranscriptomic RNA editing resolves Mus81 DNA repair tradeoffs in heat tolerance and meiosis”, 揭示了植物病原真菌禾谷镰孢中一种精妙的表观转录调控机制。该研究发现真菌利用“RNA编辑”精准调节DNA修复蛋白Mus81的剂量, 从而化解其在高温适应(生存)与有性生殖(繁衍)之间的功能冲突。

Article | [Open access](#) | Published: 30 March 2026

Epitranscriptomic RNA editing resolves Mus81 DNA repair tradeoffs in heat tolerance and meiosis

Mengchun Wu, Junfeng Liu, Peina Cao, Mengqiao Liu, Chanjing Feng, Qinhu Wang, Cong Jiang, Jin-Rong Xu & Huiquan Liu

[Nature Communications](#), Article number: (2026) | [Cite this article](#)

一、研究背景: 生命活动的“两难”抉择

维持基因组完整性是所有生物的基本需求, 但DNA修复活动在不同阶段需要被精确调控。禾谷镰孢是引起小麦赤霉病的主要病原菌, 其有性生殖产生的

子囊孢子是病害流行的主要源头。如何在营养生长阶段的高温胁迫与减数分裂阶段的重组需求之间协调DNA修复活动, 是领域内亟待解决的问题。

二、关键发现: Mus81的“非典型”使命

研究团队发现, DNA修复因子FgMus81具有区别于其他因子的独特地位——其缺失会同时导致减数分裂缺陷和高温敏感, 而其他同源重组因子(如FgMlh1、FgSlx1等)的缺失未表现出类似表型。

更值得关注的是, 这一功能既不依赖于其经典伴侣蛋白FgMms4, 也不依赖于其核酸酶催化活性。在经典认知中, Mus81必须与Mms4形成复合物并依靠酶切活性发挥作用; 而本研究中, 敲除FgMms4并不产生与敲除FgMus81相同的表型, 核酸酶活性位点突变体也保留野生型功能。这一发现得到审稿专家的关注, 指出该结果“太令人惊讶了”, 提示Mus81家族蛋白尚存在未被认知的功能侧面。

三、核心机制：RNA编辑充当“分子变阻器”

研究发现，在减数分裂阶段，FgMus81转录本上发生特异的A-to-I RNA编辑，将第420位氨基酸从天冬酰胺（N）变为天冬氨酸（D）。实验证实，无法编辑的突变体减数分裂严重受阻，而模拟编辑后状态的菌株则恢复正常。

机制研究表明，这一编辑不改变基因转录水平，而是通过降低蛋白稳定性来减少蛋白剂量。编辑后的蛋白（D420）降解更快，从而将FgMus81控制在减数分裂所需的适宜水平——过高剂量反而对核分裂有毒害作用。

四、协调冲突：以“量”取胜的生存智慧

研究发现FgMus81存在剂量依赖性的功能冲突：高温适应需要高剂量，减数分裂需要低剂量。如果通过基因组突变固定为编辑后状态（D420），虽然生殖正常，但高温适应能力大幅下降；反之，固定为未编辑状态（N420），虽然耐热，但无法正常繁殖。因此，有性阶段特异的RNA编辑成为灵活调控策略，让真菌根据生活史阶段动态调整蛋白剂量，实现“鱼和熊掌兼得”。

比较基因组学分析显示，N420D编

辑事件在部分粪壳菌纲真菌中保守存在，但经历了动态演化，不同物种根据生态需求进行了适应性调整。

五、研究意义

该研究拓展了对DNA修复因子作用机制的认知，首次揭示Mus81可以不依赖经典搭档和酶活性发挥功能；发现了RNA编辑通过影响蛋白稳定性实现剂量调控的新功能，为表观转录组学增添了新内涵；从应用层面看，RNA编辑过程可能成为干扰病原菌有性生殖和逆境适应的新靶点，为小麦赤霉病绿色防控提供理论依据。

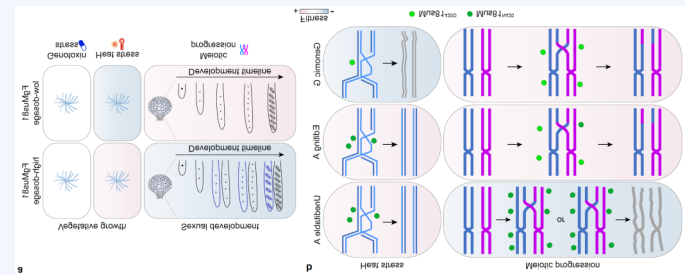


图1. RNA编辑解决Mus81在高温适应与减数分裂中的剂量需求冲突

作物抗逆与高效生产全国重点实验室刘慧泉教授为论文通讯作者，博士研究生吴梦春和刘骏峰为论文共同第一作者。团队江聪研究员、王秦虎副教授和冯婵婧青年教授以及多位研究生同学也为该研究做出了重要贡献。该研究得到了国家重点研发计划和国家自然科学基金的资助。

Beyond gene duplication: A-to-I RNA editing-mediated stop codon readthrough modulates Dbf2 dosage to resolve pleiotropic conflicts”

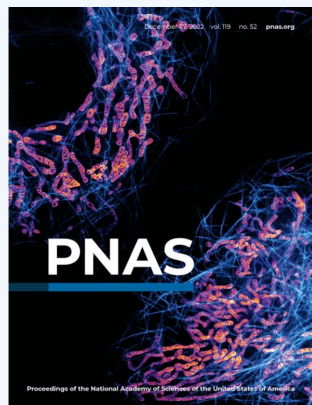
期刊： PNAS

研究团队： 刘慧泉教授团队

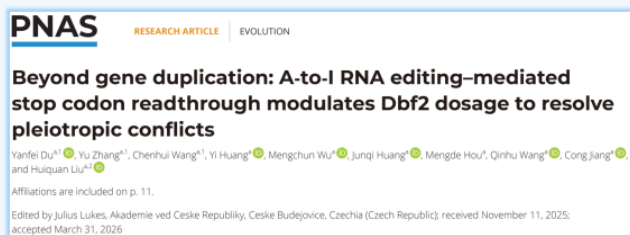
第一作者： 杜雁飞 王晨晖

通讯作者： 刘慧泉

DOI： 10.1073/pnas.2532534123



近日，我室刘慧泉教授团队在PNAS上在线发表题为“Beyond gene duplication: A-to-I RNA editing-mediated stop codon readthrough modulates Dbf2 dosage to resolve pleiotropic conflicts”的研究成果，揭示了植物病原真菌禾谷镰孢中一种精妙的表观转录调控机制。该研究发现真菌利用“RNA编辑”终止密码子通读，精准调节激酶FgDbf2的蛋白剂量，从而化解其在营养生长（生存）与有性生殖（繁衍）之间的功能冲突，实现“鱼与熊掌兼得”。刘慧泉教授为论文通讯作者，植保学院博士研究生杜雁飞、王晨晖以及硕士毕业生张羽为论文共同第一作者。



研究背景：生存与繁衍的矛盾，单一基因如何化解？

所有生命体都面临一个根本矛盾：同一个基因在营养生长和有性生殖中往往扮演相反的角色。这种“多效性冲突”是进化的主要制约因素。传统观点认为，生物通过基因复制来解决这一矛盾——一

个拷贝负责生长，另一个负责繁殖。然而，包括小麦赤霉病病原体禾谷镰孢在内的大多数丝状真菌，其关键调控基因往往只有一个拷贝。没有“备份”，如何“一心二用”？刘慧泉团队的答案指向了A-to-I RNA编辑。

核心矛盾：一种激酶，两种截然相反的剂量需求

研究团队发现，作为控制细胞分裂的MEN/SIN信号通路的核心组分，NDR激酶Dbf2在营养生长和有性生殖阶段有着截然不同的需求。经典模式生物酿酒酵母和裂殖酵母通过基因复制产生旁系同源物，来分别应对这两个阶段的任务；然而，禾谷镰孢的基因组中仅有一个 DBF2 基因，却同样需要完成两种迥异的分裂程序——营养生长阶段的多核菌丝隔膜形成，以及有性生殖阶段“一核一孢子”的精准封装。

精妙策略：RNA编辑按下剂量调控的“开关”

那么，单一基因如何满足这两种矛盾的需求呢？研究发现，在有性生殖阶段，DBF2 转录本上的终止密码子UAG会发生特异的A-to-I RNA编辑，转变为UIG（在翻译时被读作UGG，编码色氨酸）。

这一改变导致核糖体“通读”了原本的终止信号，为蛋白质C端额外添加了一段由24个氨基酸构成的“尾巴”。功能实验证实，无法进行这种终止通读的突变体，其有性生殖严重受损，约31%的子囊孢子出现畸形；而始终模拟终止通读状态的菌株，虽有性生殖正常，营养生长却大受影响，表现为菌丝生长减慢、隔膜形成减少。

作用机制：一条可转移的“降解尾巴”

深入的机制研究表明，这一编辑并非改变基因的转录水平，而是通过给蛋白质添加一段“降解尾巴”来降低其稳定性。实验显示，带有尾巴的Dbf2蛋白极不稳定，其稳态水平远低于无尾巴版本。更关键的是，将这段尾巴融合到GFP荧光蛋白上，同样会引发GFP的大幅降解，证明该尾巴本身就是一个可转移的降解信号。关键实验进一步确认，有性生殖阶段所需的并非“带尾巴蛋白”的特殊功能，而是整体Dbf2蛋白剂量的精准降低——增加无尾巴蛋白的拷贝数会加剧生殖缺陷，而过量表达任何版本的Dbf2蛋白都会导致发育异常。

结论：动态调节剂量，实现“鱼和熊掌兼得”

总之，Dbf2蛋白功能存在剂量依赖的冲突：营养生长需要高剂量以维持菌丝生长和隔膜形成，而有性生殖则需要低剂量以保证孢子的精准封装。若通过基因突变将状态固定为终止通读（持续产生不稳定蛋白），虽然有性生殖正常，但营养生长受损；反之，若固定为未编辑状态（只产生稳定蛋白），则生长正常却无法有效形成子囊孢子。因此，有性阶段特异的RNA编辑终止通读成为一种高度灵活的调控策略，使真菌得以根据生活史阶段动态调整蛋白剂量，最终实现了生存与繁衍的“兼得”。

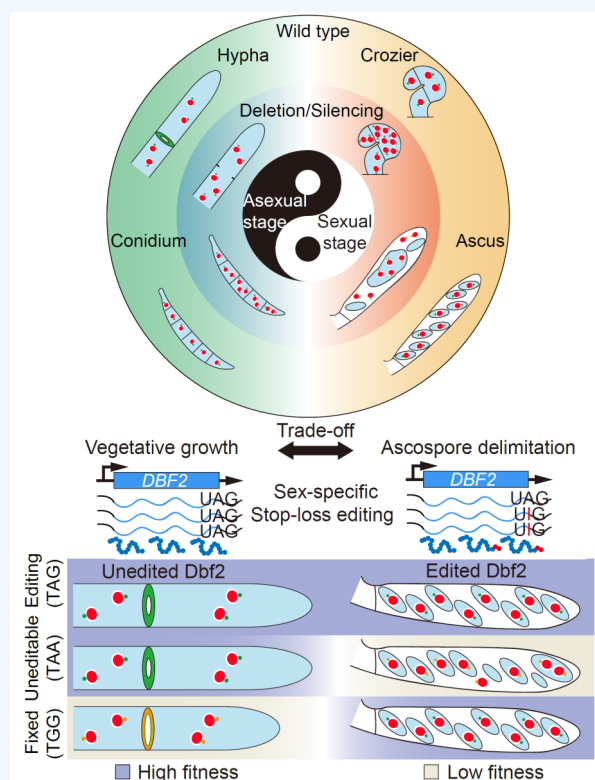
普遍意义：一种超越物种的古老调控智慧

比较基因组学分析显示，Dbf2的终止密码子通

读编辑在粪壳菌纲真菌中广泛存在，可能起源于该类群的共同祖先。全基因组范围的分析更发现，共有403个基因存在此类编辑，且其编辑水平显著高于同义编辑，表明它们受到正选择，而非随机的分子噪音。研究人员随机选取其中6个基因进行验证，发现它们C端的尾巴均能显著降低GFP的稳态水平，证明这是一种普遍存在的蛋白质剂量调控策略。

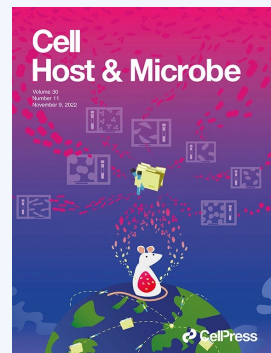
研究价值：拓展认知，为病害防控提供新思路

该研究极大地拓展了我们对真核生物调控机制演化的认知：首次揭示了RNA编辑终止通读可作为基因复制的替代策略，通过阶段性产生降解信号来调控蛋白剂量，从而化解基因的多效性冲突；同时，该研究发现了RNA编辑通过翻译后调控实现剂量缓冲的新功能，为表观转录组学领域增添了新的内涵。在应用层面，RNA编辑过程或其相关的蛋白降解通路，有望成为干扰病原菌有性生殖的新靶点，为小麦赤霉病的源头防控提供理论依据。



Diversity-triggered 2-naphthoic acid exudation recruits keystone microbial taxa to promote soybean drought tolerance

期刊: Cell Host & Microbe
研究团队: 韦革宏教授团队
第一作者: 陈实 王阳
通讯作者: 韦革宏 焦硕
DOI: 10.1016/j.chom.2026.03.002 Get rights and content



近日, 韦革宏教授团队在《Cell Host & Microbe》发表了题为“Diversity-triggered 2-naphthoic acid exudation recruits keystone microbial taxa to promote soybean drought tolerance”的研究论文。该研究发现了根际微生物多样性可增强大豆抗旱性, 并揭示了根系分泌物介导功能菌定向招募的协同增效机制。生命学院博士后陈实和博士生王阳为该论文并列第一作者, 韦革宏教授和焦硕教授为论文共同通讯作者。

根际微生物对植物生长和抗逆性至关重要, 然而根际微生物多样性如何精细调控宿主的代谢产出、进而塑造大豆在干旱胁迫下的适应能力, 其背后的生态学与分子机制尚不明确。该团队利用稀释灭绝法构建了土壤微生物多样性梯度, 通过室内盆栽实验确认高微生物多样性可明显改善大豆在干旱胁迫下的生长表现, 采用线性混合效应模型结合跨界网络分析证明了高微生物多样性条件下根际细菌和真菌类群具有更强的耦合效应, 并对作物生长具有更强的支撑作用, 为后续机制解析奠定了生态学基础。

在此基础上, 整合代谢组学与转录组学分析, 发现高微生物多样性特异性诱导根系分泌苯类化合物2-萘甲酸, 且该物质积累以干旱胁迫为先决触发条件。进一步的趋化性研究与突变体

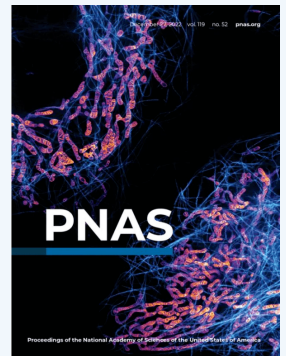
证实实验揭示, 2-萘甲酸通过激活中华根瘤菌 (Sinorhizobium CS204) 甲基受体趋化蛋白 (McpU、McpY、McpZ) 驱动其向根际定向迁移, 并经ABC转运蛋白基因簇 (upgBAE) 被菌株高效摄取吸收。分子对接结合微量热泳动实验证明2-萘甲酸可直接与菌株关键氮循环蛋白 (NirK、NapA、FixI) 结合, 从而增强干旱胁迫下菌株的固氮与反硝化能力。原位土壤盆栽实验表明2-萘甲酸与菌株联合施用可显著改善干旱条件下植物的养分利用和光合性能。

综上所述, 本研究提出了一个根际微生物多样性驱动植物抗旱的层级调控框架: 即在干旱条件下, 微生物多样性作为上游的“生态驱动因子”, 负责重塑宿主植物的代谢产出; 而2-萘甲酸与中华根瘤菌的互作则作为下游的“执行机制”, 具体发挥增强养分获取与缓解环境胁迫的功能。这一发现不仅深化了我们对微生物生态学与植物生理学内在关联的认知, 也为利用根际微生物多样性与功能代谢物协同应对农业干旱挑战提供了新的理论依据与实践思路。

该研究得到教育部基础学科和交叉学科突破计划、青年教师科研创新能力支持项目、国家重点研发计划和国家自然科学基金等项目的支持。

A farnesol-sensing triad in *Pseudomonas aeruginosa* drives interkingdom predation on *Candida albicans* via signal transduction

期刊: PNAS
研究团队: 沈锡辉教授团队
第一作者: 魏志艳 李长富
通讯作者: 沈锡辉 朱玲芳
DOI: 10.1073/pnas.2529531123



近日, 沈锡辉教授团队在《PNAS》在线发表题为“A farnesol-sensing triad in *Pseudomonas aeruginosa* drives interkingdom predation on *Candida albicans* via signal transduction”的研究论文。该研究首次揭示铜绿假单胞菌利用三个不同受体感应法尼醇 (farnesol) 信号实现对白色念珠菌的跨界捕食, 为微生物跨界互作机制解析、真菌病害防治及临床混合感染防控提供了重要理论依据。

细菌-真菌相互作用 (BFI) 是微生物生态与感染生物学领域的前沿方向。细菌与真菌分别作为原核和真核生物域的代表微生物, 跨界信号交流是二者发生相互作用的前提。其中, 群体感应信号分子 (QSM) 已被证实参与细菌-真菌跨界信号对话, 但跨界识别受体鉴定、信号转导通路解析仍无实质性突破, 严重制约了对BFI分子机制的深入理解。本研究以临床高致死性混合感染常见致病菌铜绿假单胞菌、白色念珠菌为研究模型, 在前期已知铜绿假单胞

菌可抑制并杀伤白念菌丝的基础上, 进一步系统阐明了细菌识别真菌信号、启动靶向捕食的全新策略。研究证实, 白念分泌的QSM法尼醇是驱动细菌捕食的核心信号, 铜绿假单胞菌则采用一套由PctA-PilJ-PqsR组成的三元受体系统, 通过分工协作完成从“远程感知”到“近程杀伤”再到“毒力-代谢自适应”的完整捕食过程。

(1) 远程趋化受体PctA: 作为远距离“侦察”法尼醇信号的跨膜甲基趋化受体蛋白, PctA可介导铜绿假单胞菌定向趋化至白念菌丝, 完成靶向定位并在其表面形成致密生物被膜, 为后续捕食奠定物理基础;

(2) 近程攻击受体PilJ: 跨膜IV型菌毛感受器PilJ感知法尼醇信号后, 通过Pil-Chp信号通路的介导, 特异性激活分子武器III型分泌系统 (T3SS) 表达, 驱动ExoT、ExoY、ExoU毒性效应因子协同释放, 实现对白念的高效杀伤;

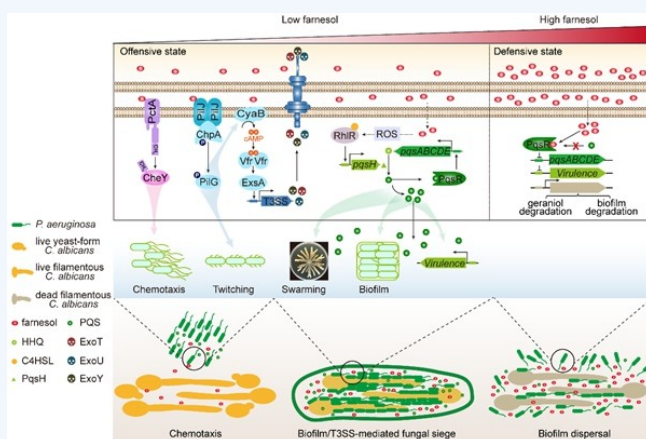
（3）代谢-毒力转换开关受体

PqsR: 胞内群体感应调控蛋白PqsR作为第三个法尼醇受体发挥调控开关的功能，在低法尼醇浓度下促进PQS合成以强化细菌群体行为，在高法尼醇浓度下则竞争性结合PqsR以抑制毒力表达并促进解毒与生物被膜分散，从而实现代谢-毒力状态的灵活切换。

综上，该研究报道了迄今最为完整的细菌捕食真菌的分子识别过程，更新了对微生物跨界互作的认知，也为临床混合感染干预、耐药菌防控、真菌病害防治、新型抗菌靶点开发等方向提供了重要的理论基础与研究思路。

此外，本研究还首次提出信号翻译（signal translation）的新概念。在传统的信号转导过程中，细胞通过受体将胞外信号传递到细胞内部并做出单个细胞水平上的应答，而在本文发现的信号翻译过程中，铜绿假单胞菌感知胞外的真菌法尼醇信号后，可以将外源的法尼醇信号“翻译”为自身内源的PQS群体感应信号，

并通过PQS这个群体感应信号分子的分泌，来协同调控细菌的群体行为如趋化运动、生物被膜形成、毒力因子表达等。该发现对现有的信号转导模式进行了重要的补充和完善。



西北农林科技大学博士后魏志

艳、李长富副教授为论文共同第一作者，沈锡辉教授、朱玲芳教授与电子科技大学赵坤教授为论文共同通讯作者。山东大学姜红祥教授与常文强教授，中国科学院微生物研究所冯婕研究员，河南科技大学孙忠科教授等也参与了本项目的研究。该研究得到国家自然科学基金、陕西省基础科学研究计划、作物抗逆与高效生产全国重点实验室开放课题等项目资助。

A beneficial endornavirus enhances the fitness of the phytopathogenic fungus *Rhizoctonia solani*

期刊: mBio

研究团队: 孙丽英教授课题组

第一作者: 庞天兴

通讯作者: 孙丽英 Ida Bagus Andika

DOI: 10.1128/mbio.00166-26



近日, 我室固定研究人员孙丽英教授课题组在《mBio》上发表了题为“A beneficial endornavirus enhances the fitness of the phytopathogenic fungus *Rhizoctonia solani*”的研究论文。该研究揭示了真菌内源病毒与寄主病原菌互利共生的分子与生态机制, 阐明了病毒通过调控宿主分泌组重塑致病力与生态适应性的关键通路。植保学院在读博士生庞天兴为论文第一作者, 孙丽英教授和Ida Bagus Andika教授为通讯作者。

立枯丝核菌 (*Rhizoctonia solani*) 是一种死体营养型土传病原真菌, 对全球农作物生产造成严重经济损失。真菌病毒是调控病原真菌生物学特性的关键因子, 但其调控立枯丝核菌生长、发育与致病机理的作用仍缺乏系统研究。真菌病毒重塑病原菌代谢通路、调控其与植物及根际微生物互作的机制, 也尚未得到系统阐明。

该研究团队从立枯丝核菌鉴定发现一株新型内源RNA病毒*Rhizoctonia solani* endornavirus IM (RsEV-IM)。该病毒能够赋予

立枯丝核菌高毒力, 感染RsEV-IM的菌株菌丝生长更快、菌核形成能力更强, 对渗透压、氧化胁迫及杀菌剂的耐受能力显著提升。

RsEV-IM还扩大了立枯丝核菌的宿主范围扩大, RsEV-IM感染株能够侵染马铃薯、番茄、烟草、黄瓜等7种寄主植物, 引发严重茎腐并导致植株死亡。此外, RsEV-IM感染显著上调真菌细胞壁降解酶的合成与分泌, 相关酶类可高效降解植物、真菌及细菌细胞壁组分。RsEV-IM感染株分泌蛋白不仅直接促进病原菌侵染, 还对多种植物病原真菌与细菌具有广谱抑制活性, 赋予菌株在土壤微生态中的竞争优势。

该研究证实了真菌病毒可作为关键致病因子, 深刻影响病原真菌致病、抗逆及生态适应性, 同时作为调节因子重塑土壤微生物群落结构, 为构建基于病毒调控病原菌致病力的精准绿色防控技术体系, 奠定了重要理论依据与科学支撑。

该研究得到国家自然科学基金项目(32170163)的资助。

Fluorinative Rearrangement of Vinyl Diazo Compounds Enabled by a New Reactivity Mode of Cyclopropanediazonium Ions

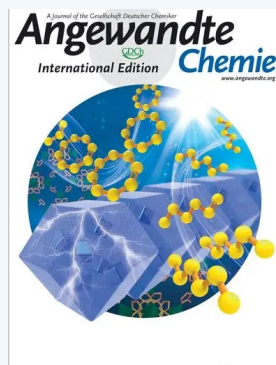
期刊: Angewandte Chemie International Edition

研究团队: 分子靶标发现与绿色农药创制团队

第一作者: 王强

通讯作者: 刘西莉 胡兆农 Kálmán J. Szabó

DOI: doi/10.1002/anie.7578090



近日, 我室分子靶标发现与绿色农药创制团队在《Angewandte Chemie International Edition》上在线发表了题为“Fluorinative Rearrangement of Vinyl Diazo Compounds Enabled by a New Reactivity Mode of Cyclopropanediazonium Ions”的研究论文。该研究的价值在于让 CF₂取代小分子合成变得简单而多样, 打破了CF₂取代农药、医药分子合成方法限制, 为含氟农药创新先导的发现奠定了方法学基础。王强教授为论文第一作者和通讯作者, 西班牙罗维拉-威尔吉利大学Maria Biosca研究员为论文共同第一作者, 刘西莉教授、胡兆农教授和瑞典斯德哥尔摩大学Kálmán J. Szabó 教授为论文共同通讯作者。

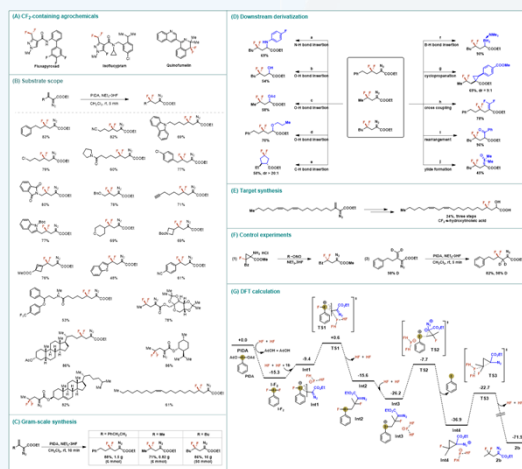
氟原子以其独特的电负性、原子半径与C-F键键能, 使含氟分子在脂溶性、代谢稳定性和生物活性方面均显著优于非氟同系物。但目前由于欧盟等多国对多种含有全氟和多氟烷基物质活性成份的农药开展审查, 我国政府也出台了相关的限制政策, 导致公众“谈氟色变”。其实, 以上提及的面临监管的PFAS农药主要指在农业土壤中会进一步分解生成三氟乙酸(TFA)的化合物, 由于TFA是一种极难降解的短链全氟化合物, 它虽未被部分国家列为PFAS, 但其环境行为与PFAS类似, 主要通过农药降解、制冷剂使用等途径释放, 会在土壤和地下水中积累。

该研究中聚焦的偕二氟烷基(CF₂), 其作为羰基、醚氧及亚甲基等基团的生物电子等排

体, 可适度调节有机分子理化性质, 在药物设计中展现出巨大应用潜力。目前已商品化的多款高效杀菌剂, 如氟唑菌酰胺、氟菌唑啉等, 均为含CF₂结构化合物, 凸显了偕二氟结构修饰在新型农用活性分子创制中的重要价值。

该反应以易得的烯基重氮为原料, 具有反应迅速、反应底物范围广、反应实用性强。此外, 控制实验与理论计算揭示了反应机理, 即反应经过环丙基重氮正离子的特殊选择性开环重排得到目标分子。

该研究为CF₂取代小分子构筑提供了简单、高效的合成新策略, 为含氟农药创新先导的发现奠定了方法学基础, 为进一步推动我国绿色农药的可持续发展提供了坚实技术支撑。另外, 该研究合成的部分含CF₂结构化合物具有很好的杀菌潜力, 相关研究正在进展中。



该研究得到了国家自然科学基金项目(22401232)资助。

MdUGT88F1 enhances plant resistance to *Fusarium proliferatum* f.sp. *malus domestica* MR5 via root exudate-mediated assembly of disease-suppressive rhizosphere microbiota

期刊: Microbiome

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

第一作者: 段亚楠 马子清

通讯作者: 马锋旺 李超

DOI: 10.1186/s40168-026-02416-7



近日, 苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授/李超教授课题组联合山东农业大学毛志泉教授课题组在《Microbiome》上在线发表了题为“MdUGT88F1 enhances plant resistance to *Fusarium proliferatum* f.sp. *malus domestica* MR5 via root exudate-mediated assembly of disease-suppressive rhizosphere microbiota”的研究论文, 该研究从基因调控根际微生态视角, 解析了MdUGT88F1调控根系分泌物组分、富集有益芽孢杆菌群落、抑制病原菌Fpmd MR5生长及毒素合成的调控路径, 揭示了通过靶向重塑根际微生物组防控苹果连作障碍的新策略。博士后段亚楠和博士毕业生马子清为论文共同第一作者, 马锋旺教授和李超教授为共同通讯作者。

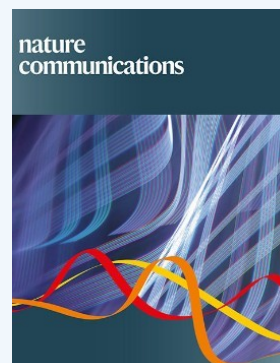
本研究以野生型和MdUGT88F1转基因苹果株系为材料, 系统探究了MdUGT88F1控根际微生物组以缓解苹果连作障碍的机制。与野生型及MdUGT88F1过表达(OE)植株相比, MdUGT88F1-RNAi植株表现出更强的连作障碍耐受性, 表现为病害严重程度降低、根际土壤中Fpmd MR5丰度下降以及根皮苷含量降低。进一步的盆栽试验表明, 植株根际细菌群落结构差异主要由群落组成变化驱动。

多组学联合分析揭示, 具有多种植物促生性状的芽孢杆菌科成员在MdUGT88F1-RNAi植株根际中被富集, 且这种富集仅发生在Fpmd MR5入侵时。通过代谢组学分析发现MdUGT88F1-RNAi植株根际D-塔格糖、D-半乳糖、蔗糖、3-O-甲基-D-葡萄糖、麦芽糖醇富集。外源添加这些代谢物能促进芽孢杆菌的增殖, 并增强植株对Fpmd MR5的抗性。体外试验表明, 被招募的芽孢杆菌能够显著抑制Fpmd MR5的菌丝生长和伏马菌素B1的产生, 并减轻植株的病害症状。通过向连作土壤接种由Bacillus velezensis, Bacillus mojavensis, Bacillus subtilis, Bacillus amyloliquefaciens和Bacillus licheniformis组成的合成菌群, 可显著降低镰刀菌病原菌丰度并促进苹果植株生长, 进一步验证了上述调控效应。这些结果表明, 靶向调控根际微生物组是一种高效的益生元防控策略, 可通过激活根际有益微生物活性间接提升植株抗病性。

该研究得到国家自然科学基金(32302476/U24A20414)、国家现代农业(苹果)产业技术体系(CARS-27)等项目的资助。

Vacuolar iron transporters mediate resistance to triadimefon in plant pathogenic fungi

期刊: Nature Communications
研究团队: 植物免疫研究团队
第一作者: 纪凡 杜友伟 刘亚宁
通讯作者: 詹刚明 康振生 郭军
DOI: 10.1038/s41467-026-72157-6



近日, 植物免疫研究团队在Nature Communications期刊在线发表了题为“Vacuolar iron transporters mediate resistance to triadimefon in plant pathogenic fungi”的研究论文, 揭示了条锈菌通过液泡铁转运蛋白介导胞内“铁解毒”来抵抗杀菌剂的非靶标抗药新机制。该研究打破了局限于“靶标基因突变”的传统认知, 阐明了病原菌通过提升“铁解毒”能力抵抗杀菌剂的新机制, 为抗药性病害防控

药剂。然而, 长期单一用药导致条锈菌抗药性日益增强。传统理论认为, 抗性主要源于靶标基因Cyp51的突变。但研究团队在田间监测中发现, 越来越多具有三唑酮抗性的条锈菌既无Cyp51突变, 其表达量也未显著改变, 从而推测可能存在一条独立于Cyp51的非靶标抗药新途径。

为挖掘这一隐藏机制, 研究团队利用低抗且无Cyp51突变的分离株与高敏感株进行人工杂交, 构建了表型分离明确的F2代群体。通过混池测序(BSA-seq)与转录组测序(RNA-seq), 将抗性位点精准锁定在第6号染色体上, 确定了三个编码液泡铁转运蛋白的同源基因—PstCCC1.1、PstCCC1.2和PstCCC1.3为抗性的核心候选基因。这些基因在药剂胁迫下显著上调, 且在共表达网络中处于枢纽位置。

Article | [Open access](#) | Published: 06 May 2026
Vacuolar iron transporters mediate resistance to triadimefon in plant pathogenic fungi
[Fan Ji](#), [Youwei Du](#), [Yaning Liu](#), [Bofan Liu](#), [Xinpei Gao](#), [Yaoxuan Feng](#), [Xinyun Liu](#), [Lili Huang](#), [Jun Guo](#) 
[Zhensheng Kang](#)  & [Gangming Zhan](#) 
[Nature Communications](#), Article number: (2026) | [Cite this article](#)
436 Accesses | [Metrics](#)

和新型杀菌剂研发提供了全新思路。

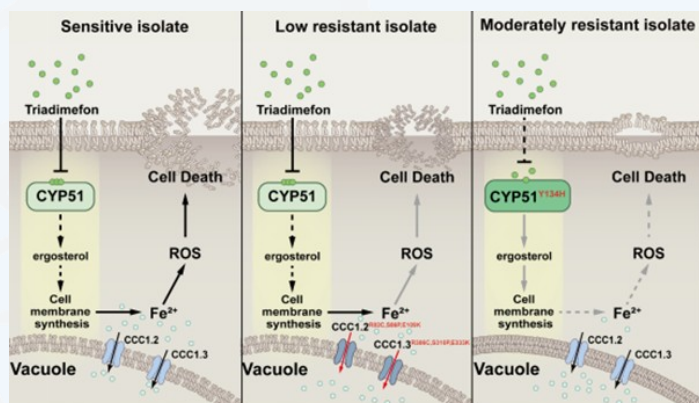
小麦条锈病是严重威胁全球粮食安全的重大气传病害。在我国以三唑酮为代表的DMI类杀菌剂是防控该病的主力

研究发现，三唑酮处理会打破条锈菌细胞内的铁稳态，导致剧毒的亚铁离子在细胞质中异常富集，诱发大量活性氧并造成细胞氧化性死亡。而抗性菌株中的PstCCC1.2和PstCCC1.3发生了关键的自然非同义突变。微量热泳动（MST）和等温滴定微量热（ITC）分析证实，这些突变显著提升了蛋白结合亚铁离子的亲和力，使其能更高效地将有毒铁离子转运至液泡隔离，从而阻断致死性氧化损伤，使病菌在杀菌剂胁迫下存活。

这种由液泡铁转运蛋白点突变介导的抗药机制并非条锈菌独有。研究团队在引发小麦赤霉病的禾谷镰刀菌中引入对应位点突变后，同样观察到细胞质铁含量显著降低及DMI杀菌剂抗性急剧提升。这表明通过调节液泡铁转运通路进行解毒，是真菌界高度保守的适应性进化策略，也为跨物种的抗药性监测和防控提供了理论依据。

该研究首次将液泡铁转运蛋白鉴定为跨真菌物种的三唑类杀菌剂抗性的关键驱动因素，揭示了一种由“铁解毒”介导且独立于传统靶标Cyp51的杀菌剂抗性机制。这一发现不仅确立了真菌抗药性研究的新范式，也为生产实践指明了破局方向：未来将DMI杀菌剂与铁制剂联合使用，或直接针对液泡铁转运蛋白开发新型抑制剂，有望成为克服真菌抗药性危机、延长经典杀菌剂寿命的前沿策略。

博士后纪凡、杜友伟及硕士研究生刘亚宁为该论文共同第一作者，詹刚明教授、康振生院士及郭军教授为论文共同通讯作者。黄丽丽教授给予了重要指导，江聪教授、苗建强研究员、曾庆东教授、张余周教授以及浙江大学马忠华教授为该研究提供了重要支持。我室黄雪玲、赵华、周晓娜等老师提供技术支持。该研究得到了国家自然科学基金和中国博士后科学基金等项目的资助。



Bacillus populations restore amino acid metabolism in Mesorhizobium under saline-alkali stress to enhance nitrogen fixation efficiency

期刊: ISME Journal

研究团队: 李哲斐教授团队

第一作者: 艾加敏

通讯作者: 李哲斐 邓振山

DOI: 10.1093/ismejo/wrag087ag087

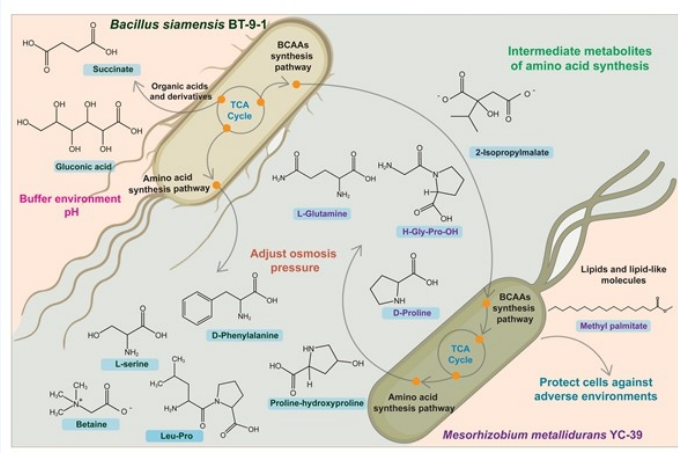


近日, 我室李哲斐教授在《ISME Journal》上发表了题为“Bacillus populations restore amino acid metabolism in Mesorhizobium under saline-alkali stress to enhance nitrogen fixation efficiency”的研究论文。该研究揭示了根瘤内生芽孢杆菌通过向根瘤菌提供关键代谢物来修复盐碱胁迫下根瘤菌受损的支链氨基酸代谢途径, 从而提高了共生固氮效率。博士生艾加敏为该论文第一作者, 李哲斐教授和延安大学邓振山教授为论文共同通讯作者。

根瘤菌和豆科植物形成的根瘤是执行固氮功能的特殊结构。然而, 在根瘤内同时存在大量的非根瘤菌内生菌 (NREs), 它们在非生物胁迫条件下对固氮的贡献尚不清楚。该研究以野生豆科白刺花为研究对象, 通过分析根瘤内细菌群落共发生网络中的关键类群, 鉴定出一株芽孢杆菌, 该菌株能有效提高中慢生根瘤菌在盐碱胁迫下的存活率。

研究表明, 在盐碱条件下, 根瘤菌 YC-39 的 *ilvA*、*ilvH* 和 *ilvD* 表达下调, (2S)-异

丙基苹果酸酯和琥珀酸含量降低, 而芽孢杆菌 BT-9-1 的这些代谢物合成量增加。这些结果均证明, 芽孢杆菌以交叉饲养方式将这些代谢物提供给根瘤菌, 从而可以恢复根瘤菌在盐碱环境中受损的支链氨基酸合成途径和 TCA 循环。

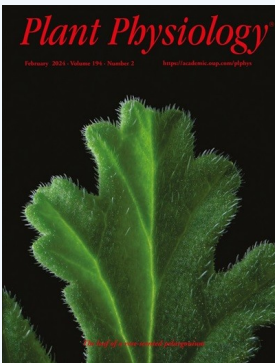


最终, 该研究通过共接种芽孢杆菌和根瘤菌剂, 并添加 (2S)-异丙基苹果酸酯和琥珀酸的方式极大地提高了根瘤的固氮效率, 为豆科作物-根瘤菌共生体系适应非生物胁迫提供了新思路。

该研究得到国家自然科学基金项目 (32160003 和 42277317) 的资助。

BnaA02.TOP1α and BnaC02.TOP1α redundantly regulate floral organ development in Brassica napus L.

期刊： Plant Physiology
研究团队： 陈明训教授团队
第一作者： 彭丹帅 郭媛
通讯作者： 陈明训
DOI： 10.1093/plphys/kiag297



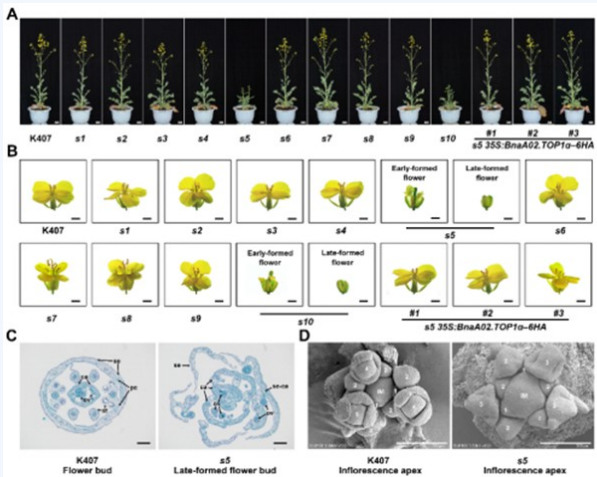
近日，我室陈明训教授团队在《Plant Physiology》期刊发表题为“BnaA02. TOP1α and BnaC02. TOP1α redundantly regulate floral organ development in Brassica napus L.”的研究论文。该研究揭示了DNA拓扑异构酶BnaA02. TOP1α和BnaC02. TOP1α在甘蓝型油菜花器官发育中的冗余调控作用，拓展了人们对花发育调控网络的认识，为定向改良花器官性状提供了新位点。



花器官的正常发育是植物完成生殖过程的关键环节，其形态建成与数量稳态直接影响授粉效率、结实能力，进而决定作物产量。本研究发现，同时突变BnaA02. TOP1α与BnaC02. TOP1α导致花器官发育异常，这主要源于BnaC03. LFY等花分生组织决定基因以及多个B类和E类花器官特征基因表达水平的改变。进一步机制研究表明，BnaA02. TOP1α蛋白能够直接结合BnaC03. LFY等基因的调控区域，改变其组蛋白修饰状态及DNA:RNA杂交体（R-loop）的积

累，从而促进RNA聚合酶II复合物向转录起始位点募集。这种募集作用为RNA聚合酶II的有效结合和转录延伸创造了有利的染色质环境，进而确保花分生组织决定基因的准确表达，维持油菜花器官的正常发育。

该研究系统阐述了DNA拓扑异构酶BnaTOP1α调控油菜花发育的分子模型，丰富了植物花发育的调控网络，也为通过分子设计改良油菜花器官结构提供了理论依据与基因资源。



我室陈明训教授为论文通讯作者，博士研究生彭丹帅和郭媛副教授为论文第一作者。本研究得到国家重点研发计划（2024YFD1200400）、陕西省重点研发计划（2025NC-YBXM-012）和陕西省科技创新团队（2024RS-CXTD-69）等项目的资助。

Deterministic assembly of rhizosphere bacterial community enables predictable and stable suppression of Verticillium wilt via microbial homeostasis

期刊: Microbiome

研究团队: 韦革宏教授团队

第一作者: 艾加敏

通讯作者: 韦革宏 李哲斐

DOI: 10.1186/s13059-026-04138-3

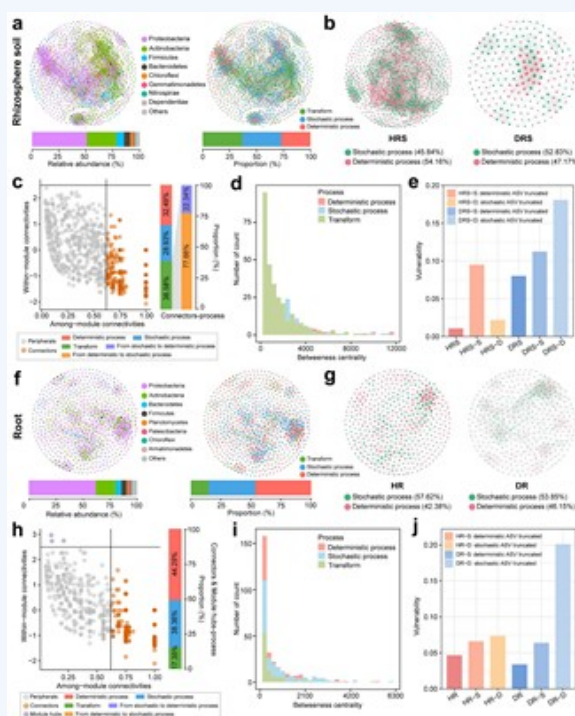


近日, 我室韦革宏教授团队在《Microbiome》上发表了题为“Deterministic assembly of rhizosphere bacterial community enables predictable and stable suppression of Verticillium wilt via microbial homeostasis”的研究论文。该研究揭示了土传病原菌通过破坏黄芪根际微生物群落平衡而提高其侵染效率的机制, 这为基于生态学过程构建抗病合成菌群提供了新思路。生命科学学院博士生艾加敏为论文第一作者, 韦革宏教授、李哲斐教授为论文共同通讯作者。

根际微生物是保护植物免受土传病原菌侵染的第一道防线, 因此了解病原菌在侵染植物过程中如何突破根际微生物群落对于作物土传病害的防治至关重要。本研究发现, 健康黄芪通过确定性过程在根际招募有益微生物维持植物健康状态。然而大丽轮枝菌入侵使黄芪根际微生物群落的构建过程由确定性为主转变成随机性为主, 从而使机会致病细菌的迅速增殖, 这些细菌会快速消耗碳源、破坏原有微生物群落的平衡并降低网络稳定性, 最终导致有益微生物类群的减少、根际菌群失调, 而真菌病原盟友则获得竞争优势, 从而加剧了黄芪黄萎病的症状。随后基于不同生态过程富集的菌株构建了合成微生物菌群, 发现根据健康植物确定性过程构建的合成菌群抑病效果受接种时间或

剂量影响较小, 其抗病功能具有较好的稳定性。相比之下, 依据随机过程构建的合成菌群抗病效果对接种时间和剂量更敏感, 使其抗病功能波动较大。

总的来说, 该研究结果表明微生物群落装配由确定性过程转变为随机性过程导致根际微生物失衡会加剧病原菌的侵染, 而按照确定性过程构建的合成菌群比随机组装的合成菌群提供了更持久的抗病性。



该研究得到国家自然科学基金(42277317)和陕西省科技创新引导计划(2025QCY-KXJ-035)资助。

Adaptive Spo11RNA editing gate optimizes meiosis I pace and mitotic proliferation while preserving ascospore formation

期刊: Science Advances

研究团队: 刘慧泉教授团队

第一作者: 吴梦春

通讯作者: 刘慧泉 王秦虎

DOI: 10.1186/s13059-026-04138-3



真核生物中高度保守的Spo11蛋白是一种DNA核酸内切酶，通过制造程序性DNA双链断裂启动减数分裂重组，为有性后代创造遗传多样性。但这把“刀”也极其危险：一旦在错误的时间或地点出鞘，它就会从遗传创新的引擎，沦为基因组的破坏者。

近日，刘慧泉教授团队在《科学进展》（Science Advances）发表研究，揭示了小麦赤霉病菌如何用一套精妙的RNA编辑机制，让这把“刀”在三个截然不同的场景中各司其职，收放自如。

第一个场景是减数分裂。这是Spo11最经典的任务——制造DNA断裂，启动重组，创造遗传多样性。该研究通过全基因组测序确认，缺失Spo11后，染色体交叉事件从平均22.5次锐减至中位数3次，减少近九成。但Spo11在减数分裂中还有一个隐藏技能：此前在芽殖酵母中发现，即使失去切割活性，Spo11蛋白本身仍能帮助同源染色体配对和联会，同时还为减数分裂进程“踩刹车”。缺少它，分裂会异常加速。该研究在丝状真菌中验证了这一“刹车”功能，提示这种不依赖切割活性的负调控可能是一种跨物种的普遍机制。

第二个场景是减数分裂之后，这也是该研

究最重要的发现之一。在正常子囊中，减数分裂完成后仅进行一轮有丝分裂，精确形成8个细胞核，随后每个核被包裹进一个子囊孢子。但失去Spo11后，这一秩序彻底崩溃——超过64%的子囊出现了9个甚至更多细胞核，细胞核分裂像脱缰的野马，孢子无法正常形成。进一步实验表明，这一守护功能恰恰依赖Spo11的DNA切割活性。这是首次证明，Spo11的使命并未在减数分裂结束时终结，它还要在孢子形成阶段继续守护发育秩序。

第三个场景是无性阶段，这里是Spo11的禁区。该研究发现，即使在营养菌丝中，FgSP011仍有微量转录。如果这些转录本被翻译成全长活性蛋白，菌丝尖端细胞核数量会显著减少。当同时敲除DNA修复基因FgRAD51后，损伤无法修复，菌株出现严重生长缺陷和对基因毒性药物的超敏反应。在动物中，Spo11的异常激活甚至与染色体异常和肿瘤形成相关。这把“刀”在无性阶段必须彻底归鞘。

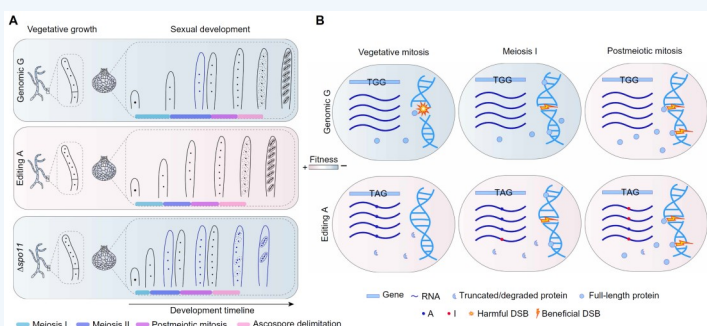
那么，一把“刀”如何在三个场景中精准切换？秘密在于A-to-I RNA编辑。研究团队在重新注释FgSP011基因时发现，它含有一个提前终止密码子（TAG）——基因组层面的“保险锁”：默认状态下，翻译在TAG处终止，只产生无功能的截短蛋白，刀不出鞘。

但在有性生殖阶段，Tad2-Tad3-Ame1复合物催化RNA编辑，将终止密码子UAG精准修改为UGG（色氨酸），保险锁打开，全长功能蛋白按需生产。

更精妙的是，编辑效率随发育阶段动态变化，恰好对应三个场景的不同需求：无性阶段归零，减数第一次分裂期约5%，孢子形成阶段升至80%以上。这种“关闭—低剂量—高剂量”的三级控制，是基因组直接编码功能型等位基因无法实现的调控弹性。

这项研究也为RNA编辑领域的核心问题提供了答案：为什么演化选择了“缺陷基因+RNA编辑修复”模式而非直接在基因组中编码完整基因？研究团队提出，真菌有性阶段广泛存在的RNA编辑活性，放松了基因组对提前终止突变的选择约束——TAG突变在有性阶段被编辑修复，在无性阶段则自动充当安全锁。系统发育分析显示，这一“缺陷基因+RNA编辑修复”的模式在粪壳菌纲多个支系中多次独立起源，提示这是一种被演化反复选中的调控策略。

更深层的哲理在于Spo11功能本身的演化逻辑。它的核心能力是制造DNA断裂——这是危险的破坏力量。但演化没有抛弃它，而是将它“招募”到正确的场景：减数分裂中创造遗传多样性，减数分裂后守护孢子发育秩序。基因组中的提前终止突变也是如此——看似是缺陷，有了RNA编辑的配合，反而成了动态调控的支点。破坏性的力量，放对了位置，就成了精密发育的工具。这一发现为理解生物学功能的多面性提供了一个生动的注脚。



西北农林科技大学植物保护学院、作物抗逆与高效生产全国重点实验室博士研究生吴梦春为论文第一作者，刘慧泉和王秦虎教授为论文共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划和国家自然科学基金的资助。

4-Hydroxy-5-methyl-3(2H)-furanone mediates widespread interkingdom communications between fungi and prokaryotes

期刊: Genome Biology
研究团队: 沈锡辉教授/张磊教授团队
第一作者: 钱欣雨 张恒 杨文广 赵燕波
通讯作者: 张磊 沈锡辉 欧阳松应
DOI: 10.1186/s13059-026-04138-3



近日, 我室沈锡辉教授/张磊教授团队在《Genome Biology》发表了题为“4-Hydroxy-5-methyl-3(2H)-furanone mediates widespread interkingdom communications between fungi and prokaryotes”的研究论文, 该研究通过生化与分子生物学实验, 蛋白-配体复合物结构解析以及大数据分析, 揭示了真菌产生的群体感应信号AI-2类似物MHF介导真菌和原核生物之间广泛的跨界通信机制。我室博士研究生钱欣雨、张恒、已毕业硕士杨文广以及福建师范大学生命学院赵燕波博士为论文共同第一作者, 张磊教授、沈锡辉教授和福建师范大学欧阳松应教授为论文的通讯作者。

真菌与原核生物的相互作用广泛存在于自然环境以及宿主相关生境中, 这些相互作用被认为对生态系统的功能和健康发挥至关重要的作用。然而, 这两种微生物之间的细胞-细胞相互作用机制仍然知之甚少。群体感应信号分子AI-2广泛存在于细菌中, 既能介导种内交流, 又能介导种间交流, 被称为“细菌的世界语”。据报道, 酿酒酵母可产生一种挥发性化合物4-羟基-5-甲基-3(2H)-呋喃酮(MHF), 该化合物是细菌QS信号AI-2的功能类似物, 可被哈维弧菌通过AI-2受体LuxP感知并驱动其生

物发光。除酿酒酵母外, 包括新型隐球菌在内的一些真菌物种也编码MHF合成酶Cff1p, 并具有产生MHF的潜力。然而, MHF能否介导真菌与弧菌以外其他细菌之间的相互作用尚不清楚。

研究中, 团队发现酿酒酵母和新型隐球菌分泌的MHF通过靶向含dCache_1结构域的趋化受体PctA和TlpQ趋化吸引铜绿假单胞菌。团队解析了与MHF结合的PctA-LBD和TlpQ-LBD的高分辨率结构。生物信息学分析表明, MHF合成酶Cff1p在真菌中广泛存在, 并且在不同的细菌和古细菌中普遍存在功能多样的含dCache_1结构域的能够感知MHF信号的跨膜受体。MHF对一些代表性受体功能的调控作用被实验验证。通讯网络分析进一步表明, MHF介导的真菌-原核相互作用在真菌的子囊菌门和担子菌门以及细菌的假单胞菌门和芽孢杆菌门之间广泛存在。

综上, 该研究确定MHF是一种广泛存在的真菌信号, 介导真菌和原核生物之间广泛的界间通信, 其在塑造微生物群落动态中的潜在作用有待深入研究。

该研究得到国家自然科学基金和陕西省杰出青年基金等项目的资助。

Calcium channel CNGC20 and calmodulin 7 regulate melatonin-induced calcium signaling and aphid resistance in watermelon

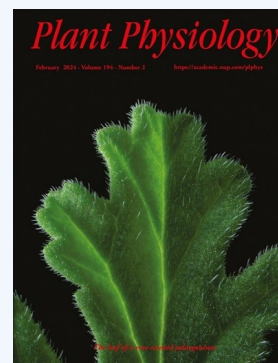
期刊: Plant Physiology

研究团队: 西甜瓜种质资源与遗传育种研究团队

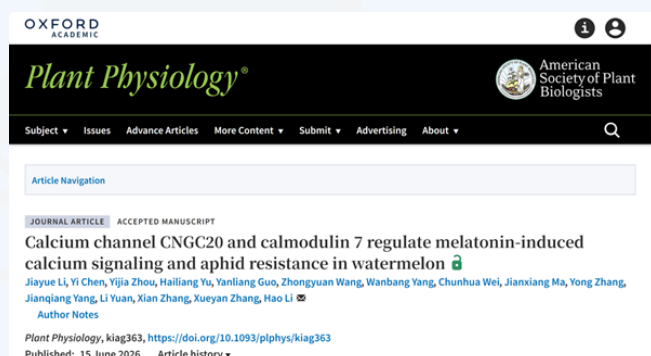
第一作者: 李佳悦 陈驿

通讯作者: 李好

DOI: 10.1093/plphys/kiag363



近日,我室西甜瓜种质资源与遗传育种研究团队张显教授/李好教授课题组在期刊Plant Physiology在线发表了题为“Calcium channel CNGC20 and calmodulin 7 regulate melatonin-induced calcium signaling and aphid resistance in watermelon”的研究论文。该研究揭示了内源褪黑素通过C1CNGC20-C1CaM7模块调控Ca²⁺信号,从而增强西瓜抗蚜性的分子机制。研究不仅揭示了褪黑素调控植物抗虫的新机制,也为作物绿色防控和抗虫分子育种提供了重要理论基础。学院博士研究生李佳悦与已毕业硕士研究生陈驿为论文共同第一作者,李好教授为论文通讯作者。



褪黑素在调控植物抵御多种环境胁迫过程中发挥关键作用,前期研究表

明,外源褪黑素能够提高西瓜抗蚜能力,但内源褪黑素是否参与抗蚜调控,以及其下游信号转导机制仍不清楚。钙离子(Ca²⁺)作为经典的第二信使,在植物响应虫害过程中发挥重要作用,但与其与褪黑素信号之间的联系尚未得到系统阐明。

研究发现,蚜虫侵染可显著上调西瓜(Citrullus lanatus)褪黑素合成基因C1COMT1的表达水平,并促进内源褪黑素积累。过表达C1COMT1能够增强西瓜的防御应答反应与蚜虫抗性,同时伴随胞质游离钙离子([Ca²⁺] cyt)积累、钙离子通透性通道基因C1CNGC20表达上调,以及钙调素 C1CaM7表达下调。与之相反,敲除C1COMT1产生的生理效应与过表达株系完全相反。

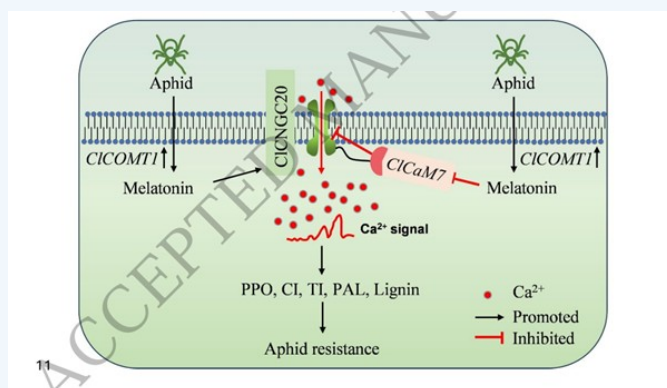
药理学实验进一步证实了Ca²⁺信号是褪黑素增强抗蚜性的关键环节。采用氯化钙通道抑制剂LaCl₃或钙离子螯合剂EGTA预处理植株,会削弱C1COMT1过表达所介导的蚜虫抗性;而外源CaCl₂或钙离子载体 A23187 处理,则可有效回补c1comt1突变体的蚜虫抗性缺陷。

此外，沉默CICNGC20会抑制CICOMT1过表达引发的胞质钙离子积累，同时降低植株蚜虫抗性。与之相对，钙调蛋白CICaM7被鉴定为CICNGC20的负调控因子，CICaM7能够与CICNGC20直接互作并抑制其通道活性；沉默CICaM7能够恢复cicomt1突变体的胞质钙离子水平与蚜虫抗性。在转基因拟南芥中异源过表达西瓜CICNGC20可提升胞质钙离子浓度、增强蚜虫抗性，而过表达西瓜CICaM7则呈现相反表型。

该研究首次系统建立了“褪黑素—CICNGC20/CICaM7—Ca²⁺信号—抗蚜防御”的完整调控链路，揭示了褪黑素与Ca²⁺信号协同调控植物抗虫的新机制。当西瓜植株遭受蚜虫取食侵害时，CICOMT1基因快速上调表达，促使内源褪黑素含量上升。一方面，褪黑素诱导CICNGC20基因表达上调，引发胞质钙离子浓度瞬时升高，激活钙离子信号通路；另一方面，褪黑素抑制CICaM7基因表达，减弱CICaM7蛋

白对CICNGC20通道活性的抑制作用。被激活的钙离子信号进一步启动下游防御反应，包括防御酶活性提升、木质素积累增多，最终增强西瓜植株对蚜虫侵染的抗性。

该研究得到国家重点研发计划



(2023YFD2300703)、国家现代农业产业技术体系专项经费(CARS25)、渭南市县域科技创新试点示范站升级项目(2024XYKJCXSYFZTSJH-11)的资助。

The TaSDIR1-4A-TaASR4-3D module regulates ABA-related drought responses in wheat seedlings

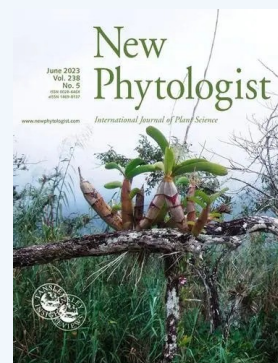
期刊: New Phytologist

研究团队: 小麦生物育种创新团队

第一作者: 雷彦泓

通讯作者: 李学军

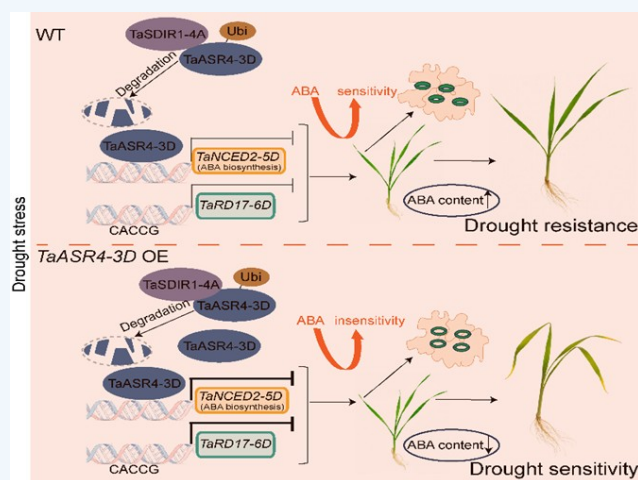
DOI: 10.1111/nph.71322



近日, 我室小麦生物育种创新团队在《New Phytologist》在线发表了题为“The TaSDIR1-4A-TaASR4-3D module regulates ABA-related drought responses in wheat seedlings”的研究论文。研究揭示了小麦E3泛素连接酶TaSDIR1-4A和ASR (Abscisic acid-Stress-Ripening) 转录因子TaASR4-3D互作在小麦干旱响应中的调控作用, 为小麦抗旱遗传改良提供了新的靶点。

ABA相关靶基因的转录抑制, 从而增强小麦幼苗的ABA响应和对干旱的适应能力。

研究揭示了TaSDIR1-4A-TaASR4-3D模块调控小麦ABA相关抗旱响应的分子机制, 丰富了小麦苗期抗旱的调控网络, 为小麦抗旱种质改良和新品种培育提供了理论依据。



西北农林科技大学李学军教授为该论文的通讯作者, 博士研究生雷彦泓为第一作者。本研究得到中国-中亚旱区农业“一带一路”联合实验室建设项目 (2024YFE0213400)、生物育种国家科技重大专项 (2023ZD04025)、国家重点研发计划 (SQ2024YFE0202261) 和陕西旱区农业实验室项目 (2024ZY-JCYJ-02-21) 的资助。

干旱胁迫是限制小麦稳产的重要因素。研究发现, 小麦ASR转录因子 TaASR4-3D负调控干旱耐受性: 其过表达植株表现出干旱敏感、ROS稳态受损和气孔关闭能力下降, 而taasr4-3d突变体抗旱性增强。研究表明, TaASR4-3D可结合TaNCED2-5D和TaRD17-6D启动子中的CACCG顺式作用元件并抑制其表达, 从而削弱ABA相关干旱响应。进一步机制研究表明, RING型E3泛素连接酶TaSDIR1-4A与 TaASR4-3D互作, 促进其泛素化通过26S蛋白酶体途径降解, 导致TaASR4-3D蛋白丰度降低, 缓解其对

Improving Nitrogen Use Efficiency in Wheat: Integrating Agronomic, Genomics, and Remote Sensing for Sustainable Production

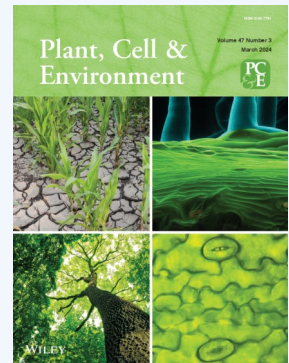
期刊: Plant Cell & Environment

研究团队: 王东教授团队

第一作者: 马丽娟

通讯作者: 王东

DOI: 10.1111/pce.70670



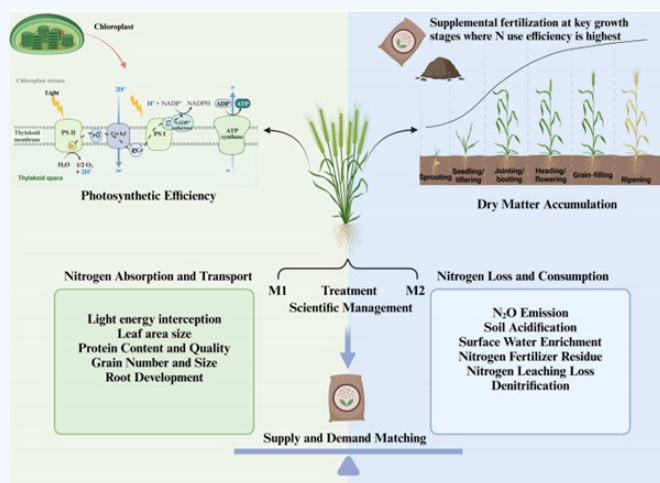
近日, 我室王东教授团队在植物学经典权威期刊Plant Cell & Environment上发表了题为“Improving Nitrogen Use Efficiency in Wheat: Integrating Agronomic, Genomics, and Remote Sensing for Sustainable Production”的重磅综述论文。该文系统构建了一个融合“传统农学实践-多基因组学-高通量遥感感知”的跨学科整合框架, 为培育“化肥少吃、产量更高”的气候智慧型氮高效小麦品种及精准施肥管理提供了全景式路线图。

提高小麦的氮素利用率(NUE)涉及复杂的生理与生态过程。论文首先指出, 光合碳同化与氮代谢的协同作用是NUE的生理基石。然而, 传统研究在挖掘核心性状时面临严重瓶颈, 例如光合NUE、花后氮重分配效率(NRE)和氮收获指数(NHI)的测定过去高度依赖破坏性取样, 仅能获取静态的“快照”, 无法捕捉动态的实时通量。

研究表明, 小麦从分蘖到灌浆期, 氮素的需求与生理功能处于动态变化中。在现代高产小麦品种中, 一个关键的生理瓶颈在于: 籽粒灌浆期“源器官(叶、茎)的氮输出”与“库器官(籽粒)的氮沉积”在时间上存在“错配”。许多品种面临着花后叶片过早衰老, 或茎秆中氮素过度滞留(NHI降低)的矛盾。破解这一“时空错配”并避免根际氮素流失, 需要依靠多学科技术的交叉融合(图1)。



现代作物生产对合成氮肥依赖严重, 但全球范围内仅有42% - 47%的化肥能真正被作物吸收, 其余大部分流失到环境中, 引发了土壤酸化、水体富营养化和温室气体排放等严重的生态危机。如何在减少氮肥投入的同时保障全球百亿人口的粮食安全?



2. 基因组学解密 (Genomics) :

多组学指纹下的控制位点与分子网络通过联动分析与全基因组关联分析

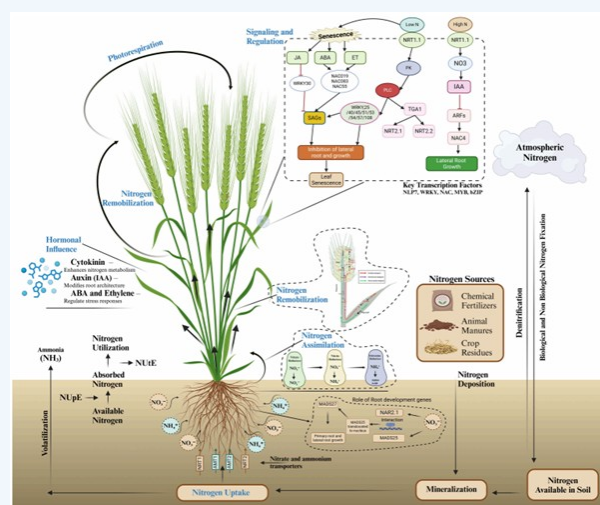
(GWAS), 研究者在小麦的多个染色体上定位到了能够稳定遗传、调控根系构型与氮吸收的主效QTL (如控制根系性状、解释13.1%表型变异的RRS. caas-4DS以及稳定增产位点QMrl-7B)。

3. 农学精准管理

(Management): 向intelligent系统跨越在选育出高效基因型 (G) 的基础上, 结合包膜缓释肥技术 (可提高20% - 30%利用率)、多阶段精准追肥管理, 利用遥感反馈的作物S型氮素诊断稀释曲线, 实时生成田块尺度的精准施肥处方图, 实现全生命周期的“配方定制”供给 (图3)。

未来突破小麦NUE “失踪遗传率”和“从表型到决策”鸿沟的关键, 在于

彻底打破学科壁垒。必须将分子设计育种与数字农业、大田物联网智能装备深度融合, 构建“基因-表型-环境-管理”的闭环实时预测系统, 才能在气候多变的未来真正实现农业的可持续集约化发展。



该综述论文的通讯作者为西北农林科技大学农学院王东教授, 第一作者为马丽娟博士。该项研究得到了陕西省干旱地区农业重点实验室开放项目

(2024ZY-JCYJ-02-30) 以及陕西省重点研发技术项目 (2023-ZDLNY-01) 的共同资助。

中国农业科学院副院长曹永生一行来室调研交流

4月23日，中国农业科学院副院长曹永生一行来室调研交流，实验室固定研究人员、农学院院长李学军教授陪同调研，实验室副主任彭科峰就实验室的整体发展概况和核心科研成果做了系统介绍。

彭科峰从实验室发展定位、平台建设、人才队伍、科研布局、运行管理及开放共享等方面，全面介绍了实验室建设成效与发展规划，重点汇报了在作物抗逆机理、高效生产技术、种质资源创新等领域取得的关键突破与标志性成果，系统展示了实验室服务国家粮食安全、支撑旱区农业绿色高效发展的核心能力。



此次调研交流，进一步深化了我室与中国农业科学院的沟通联系，为后续开展全方位、多层次合作奠定坚实基础。实验室将以此次交流为契机，持续强化开放协同，不断提升创新能力与服务水平，全力推进关键核心技术攻关，为保障国家粮食安全、加快实现农业科技自立自强贡献更大力量。



澳大利亚南昆士兰大学副校长一行来室调研

4月16日，澳大利亚南昆士兰大学科研创新副校长John Bell教授与国际事务副校长Yi Ren教授一行赴实验室调研。实验室正高级实验师黄雪玲就实验室的整体发展概况与核心科研成果进行了系统介绍。



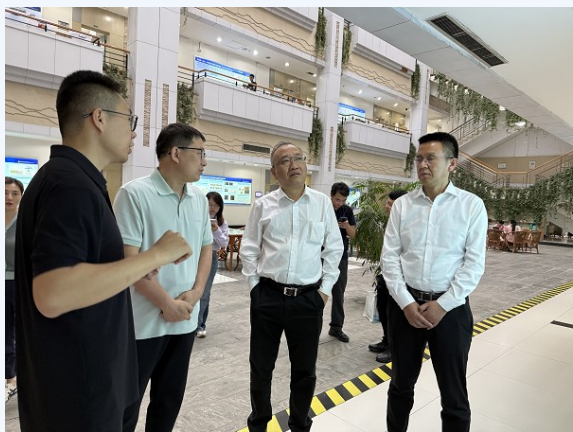
在参观过程中，黄雪玲阐述了实验室的战略定位、主要研究方向、高层次科研团队构成、平台布局以及技术人才梯队的建设情况。随后，她重点汇报了实验室近年来取得的标志性创新成果，涵盖小麦条锈病绿色防控关键技术的重大突破、苹果高效优质生产理论体系的系统构建，以及一系列新品种转化所带来的显著经济效益与广泛社会影响。

听取介绍后，John Bell教授一行就关心的科学问题等开展深入交流。

深圳市南山区委常委、副区长夏雷一行来室调研

5月12日，深圳市南山区委常委、副区长夏雷一行来室调研交流，副校长刘天军、校长助理刘学波、实验室副主任毛虎德研究员等陪同调研，实验室办公室主任侯国超就实验室的整体发展概况和核心科研成果做了系统介绍。

侯国超从实验室发展定位、平台建设、人才队伍、科研布局、运行管理及开放共享等方面，全面介绍了实验室建设成效与发展规划，重点汇报了在作物抗逆机理、高效生产技术、种质资源创新等领域取得的关键突破与标志性成果，系统展示了实验室服务国家粮食安全、支撑旱区农业绿色高效发展的核心能力。



福建农林大学调研组一行来室调研交流

4月22日，福建农林大学调研组一行 9 人赴实验室调研交流。我校党委组织部常务副部长杨耀荣陪同调研，实验室副主任彭科峰围绕党建与干部队伍建设、人事人才、科技创新、成果转化及重点实验室建设运行等方面进行了系统介绍。

此次调研交流，为两校搭建了良好的学习互鉴平台，促进了农业高校在重点实验室建设、人才培养、科技创新与管理服务等领域的经验共享与思路碰撞。未来，我室将继续坚持开放合作理念，加强与兄弟高校及科研单位的交流协作，互学互鉴、携手共进，不断提升实验室建设水平与创新能力，为保障国家粮食安全、推动农业科技高水平自立自强贡献更大力量。



陕西省政协副主席、九三学社陕西省委主委高岭一行来室调研

2026年4月10日上午，陕西省政协副主席、九三学社陕西省委主委高岭一行莅临我室调研指导。校党委副书记闫祖书陪同调研，实验室副主任彭科峰就实验室整体情况进行了系统讲解。



在参观过程中，彭科峰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，他重点汇报了实验室近年来取得的创新性研究成果，包括小麦条锈病的病害防控技术的重大突破、苹果高效生产理论体系构建以及新品种成果转化产生的经济效益和社会影

教育部党组书记、部长怀进鹏来校调研

2026年5月27日，教育部党组书记、部长怀进鹏来校调研，实验室主任王晓杰教授汇报实验室有关情况及小麦抗病研究方面的有关工作。

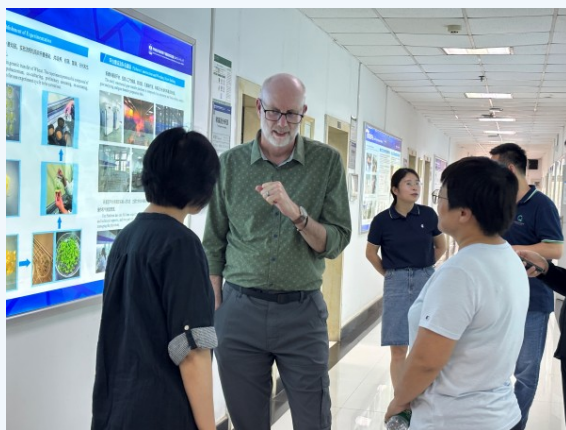


Nicholas John Bate、高彩霞一行来我室交流访问

6月3日下午，Nicholas John Bate、高彩霞一行来室调研，实验室技术支撑部负责人赵华和实验室正高级实验师黄雪玲接待并介绍相关情况。

参观期间，赵华简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局等情况，围绕平台大型仪器共享运维等内容展开细化说明，带领来访人员实地参观了我室科研平台。黄雪玲结合实验室核心成果和国际合作交流情况进行介绍，回顾了近年来实验室与多国团队联合攻关、人才互访、项目协同的既往合作历程。

此次来访，为实验室进一步深化国际化科研合作、提升学科建设水平奠定良好基础。



“国际科技人才中国行”专家团来室交流参观

6月25日上午，参加“国际科技人才中国行”活动的20余名海外顶尖专家团到访实验室交流参观，实验室技术支撑部负责人赵华介绍实验室相关建设与科研进展。

参观期间，赵华简要介绍了实验室基本定位、重点研究方向、核心科研人员队伍、大型科研平台布局、技术支撑队伍建设等整体情况，细致讲解了大型科研仪器的共享管理与日常运维机制，并带领来访人员实地参观了我室各科研平台。

本次来访专家涵盖电力、人工智能、光子学、生物工程、材料、量子信息、医学等多个前沿领域，各位海外专家与相关人员深入交流，对实验室立足西北旱区、聚焦点作物抗逆攻关的研究特色与完备科研硬件条件给予高度评价。

此次“国际科技人才中国行”参访活动，搭建起实验室与全球高层次科技人才沟通对接的桥梁，为实验室持续拓宽国际科研交流渠道、深化跨学科跨国务实合作、提升学科国际化建设水平奠定了坚实基础。



作物逆境生物学前沿交叉论坛博士后学术交流活动举办

为进一步提高博士后培养质量，激发科研人员的创新潜能与学术热情，4月16日—17日，由作物抗逆与高效生产全国重点实验室主办的“作物逆境生物学前沿交叉论坛”博士后学术交流活动在我校举办。来自清华大学、上海交通大学、中国农业大学、中国科学院等国内14所高校和科研院所的20位优秀博士后齐聚杨凌，围绕作物逆境感知、信号转导、遗传改良与微生物互作等前沿议题展开深入研讨。我校百余名师生参加论坛。

开幕式上，实验室主任王晓杰教授代表实验室对与会青年学者表示热烈欢迎。他指出，全球气候变化下，作物生产面临高温、干旱、病虫害等多重逆境挑战，本次论坛为青年科研人员搭建了交叉创新、成果共享的平台，希望与会学者通过交流碰撞思想、产生新的学术思考，促进学科交叉融合。同时，他介绍了实验室的研究任务、研究方向、学科优势、科研平台及引才政策、支持体系，诚挚邀请优秀青年人才加盟，共同开展作物抗逆基础研究与应用技术攻关。



本次论坛学术报告环节精彩纷呈，20 位青年学者依次分享最新科研成果。内容涵盖小麦抗逆分子机制、水稻耐热基因调控、玉米抗旱基因挖掘、植物水势感知、共生固氮模块解析、番茄抗病基因协同作用等前沿方向，系统展示了国内博士后在作物逆境生物学领域的创新突破，为相关研究提供了新理论与新技术。

论坛期间，参会人员还参观了未来农业研究院生物育种大楼、作物抗逆与高效生产全国重点实验室，实地了解平台建设、科研进展与成果转化情况，并就人才培养、技术攻关等内容开展定向交流。

据了解，本次活动从国内各高校61 名申请者中择优遴选 20 位青年学者参会。与会学者一致认为，本次论坛为作物逆境生物学领域的青年科技人才搭建了高水平学术交流平台，有效推动了基础研究与应用技术深度融合，为我国作物抗逆领域高质量发展注入新动能。

作物逆境生物学前沿交叉论坛博士后学术交流活动合影留念

2026.4.17 陕西 杨凌



南方科技大学王鹏程教授来室开展学术交流

为加强学术交流合作，助力科研创新与发展，4月2日，南方科技大学前沿生物研究院王鹏程教授应邀来室开展学术报告。实验室百余名师生到场参与，报告会由实验室固定研究人员王存教授主持。



报告中，王鹏程教授以“植物水份胁迫的感受和早期信号转导”为题，系统介绍了其团队在植物渗透胁迫信号转导领域的重要突破。其团队建立了植物磷酸化、亚硝基化、SUMO化等高精度蛋白组学方法，以技术创新驱动科学发现，揭示了B2和B3亚组RAF蛋白激酶通过磷酸化SnRK2，组成RAF-SnRK2激酶级联途径，系统解析了介导植物渗透胁迫感受和脱落酸应答的早期信号转导机制。进一步研究发现，RAF蛋白激酶本身可作为渗透胁迫



胁迫的感受器，通过液-液相分离发生聚集，从而招募并激活下游SnRK2，并在试管和大肠杆菌中成功重建了该渗透感应系统。团队还揭示了水稻中RAF-SnRK2途径的关键作用，并发现该机制在动物中保守，为理解水份胁迫应答及跨物种信号转导提供了全新视角。

报告结束后，现场师生围绕报告内容展开了热烈讨论。与会师生就植物水份胁迫感受机制、早期信号转导研究方法、蛋白组学技术在植物逆境研究中的应用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。

南京农业大学张海峰教授来室开展学术交流

5月12日，南京农业大学植物保护学院教授、博士生导师张海峰应邀来室开展学术交流，为百余名师生带来一场生动精彩的学术报告。报告会由实验室副主任刘慧泉教授主持。

张海峰以“稻曲病菌劫持水稻脂质信号操控小花发育和免疫的机制”为主题，深入解析了稻曲病菌侵染导致水稻秕谷率升高的分子机制及其效应蛋白的参与途径。



稻曲病是水稻生产上的重大真菌病害，每年给我国造成巨大的粮食损失，严重威胁粮食安全和食品安全。稻曲病菌专性侵染水稻花器官，影响花粉活性，导致秕谷率大幅上升，但长期以来其花器官特异侵染的分子机制始终未被阐明。围绕这一问题，其团队揭示了稻曲病菌通过分泌效应蛋白“劫持”水稻脂质信号操控小花发育和免疫的精妙机制。

报告中，张海峰教授围绕稻曲病致水稻秕谷率升高的病理现象，从效应蛋白的鉴定筛选、靶标解析到致病模型构建，层层递进地揭示了稻曲病菌操控宿主的精妙策略。研究团队发现了一个关键质外体效应蛋白UvSxp1，该蛋白在富营养环境及侵染早期被大量诱导表达并分泌至菌丝外围。在水稻中异源表达UvSxp1可显著降低花粉活力并引发小穗不育，而其敲除突变体则致病力显著下降，且无法有效抑制寄主免疫。进一步的功能解析表明，UvSxp1直接靶向水稻脂质转移蛋白LTPL113。LTPL113能够结合磷脂酸（PA）和磷脂酰丝氨酸

（PS），恰好处于花粉外壁发育所需脂质转运与脂质介导的免疫信号输出这两条关键通



路的交汇节点。UvSxp1通过与LTPL113的特异性互作，精准破坏其与脂质的结合能力，使发育与防御两条通路同时瘫痪，实现“一箭双雕”的致病策略。

该研究首次将脂质信号置于植物免疫与生殖发育交叉调控的中心位置，突破了传统研究将病原菌致病策略简单归结为“免疫抑制”的认知局限，揭示出一种被长期忽视的花器官特异侵染机制——病原菌并非简单压制寄主防御，而是通过劫持宿主生殖发育过程，在“发育—免疫”的关键交汇节点实现系统性操控。在应用层面，UvSxp1-LTPL113互作界面的解析为靶向型新农药的分子设计以及抗稻曲病水稻材料的精准创制提供了明确的分子靶点和新思路。



报告后，张海峰教授介绍了研究团队的基本情况，并就国家自然科学基金申报经验与参会师生进行了深入交流，结合自身主持7项国家自然科学基金项目的经历，从目标效应蛋白操纵水稻受精和免疫的双重机制等具体研究内容分享了宝贵经验，现场交流气氛热烈。



崔晓峰来室开展学术交流

为加强学术交流合作，助力师生科研论文写作与发表能力提升，6月18日，《分子植物》（Molecular Plant）和《植物通讯》（Plant Communications）执行主编、中国科学院分子植物科学卓越创新中心期刊出版中心主任崔晓峰应邀来室开展学术报告，学校科研院副院长谷申杰主持报告会，实验室两百余名师生到场参加报告会。

报告中，崔晓峰以“*How to get published in high-profile journals*”为题，从期刊主编视角系统讲解了高水平论文发表的关键环节。他详细介绍了《分子植物》和《植物通讯》的期刊定位、审稿流程与发表服务，包括两刊采用的专业科学编辑初审与同行评议相结合的双重审稿机制、便捷的投稿系统和稿件转投服务，以及背靠背（Back-to-back）发文模式等内容。随后，他结合两本期刊的审稿流程与已发表代表性文章实例，系统剖析了科研选题的重要性与策略，阐述了如何构建清晰的研究故事线、打磨标题与摘要、强化研究的科学逻辑等论文写作核心技巧。在投稿策略方面，他详细讲解了如何选择合适的期刊、如何回应审稿人意见等实操性问题，为在场师生提供了从选题到发表的全流程指导。报告深入浅出，兼具理论高度与实践价值，在场师生深受启发。

报告结束后，现场气氛热烈，师生围绕科研选题方向、论文写作技巧、审稿意见回应等话题与崔晓峰进行了深入交流。本次报告为师生提供了与顶尖期刊主编面对面交流的宝贵机会，对提升实验室师生高水平论文写作与发表能力具有重要指导意义。



跨单位跨学科协调：

崖州湾国家实验室与我校联合推出育种多模态表型车

为深入贯彻落实国家种业振兴战略，推动农业科技与智能装备深度融合，2026年4月16日，由作物抗逆与高效生产全国重点实验室主办的“自走式多模态表型车田间观摩会”在西北农林科技大学北校区试验田举行。来自崖州湾国家实验室、我校农学院、机电学院、植保学院、信工学院等单位的专家学者齐聚田间地头，共同见证由崖州湾国家实验室与作物抗逆与高效生产全国重点实验室共同研发的育种数智化装备重要进展。

从“眼看尺量”到“AI感知”：共筑育种“智慧之眼”

育种家的经验与眼力，曾是品种筛选最可靠的“传感器”。然而，面对海量育种材料，传统的人工表型鉴定方式效率低、信息获取不全面，已难以满足现代育种的高通量需求。此次亮相的“自走式多模态表型车”，由崖州湾国家实验室与我校作物抗逆与高效生产全国重点实验室共同牵头，联合农学院韩德俊教授、吴建辉副教授，机电学院吴婷婷副教授团队以及植保学院曾庆东副教授，历时一年半协同攻关研制而成。

该装备集成高光谱、激光雷达、高分辨率成像等多种传感器，融合自动导航与实时分析技术，旨在帮助育种家实现“看得更全、测得更快、算得更准”，为我国作物育种装上了“智慧之眼”。



源于一线真问题，成于跨学科大协同

据悉，该装备的研发思路，源自2024年崖州湾国家实验室副主任陈凡在我校试验田的一次现场指导。当时正值杨凌农高会期间，他深入田间病害鉴定圃，充分肯定了我校在抗病育种方面的长期积累，同时指出当前田间表型鉴定在通量、效率与精准度上的瓶颈，并前瞻性地提出构建“田间育种数智化场景”的战略构想。

在陈凡的指导下，我校充分发挥多学科交叉优势，将育种一线的“真问题”转化为装备研发的“真行动”，成功研制出这套具有自主知识产权的多模态表型车。这是我校在农业智能装备与育种科学深度融合方面的一次重要探索，也标志着田间育种表型鉴定迈入自动化、智能化、标准化的新阶段。

场景解读有深度，动静展示见真章

本次观摩会由作物抗逆与高效生产全国重点实验室主任王晓杰教授主持，围绕“场景解读—静态展示—动态演示”三个环节依次展开。农学院韩德俊教授首先从育种一线出发，系统阐述了田间试验设计，及对高通量表型获取的迫切需求；机电学院吴婷婷副教授随后就表型车的传感器布局、数据采集与算法模型进行了技术讲解，展示了其在复杂田间环境下稳定作业的能力。

来自不同领域的与会专家，从各自专业角度对自走式多模态表型车给予了高度评价。国际玉米小麦改良中心（CIMMYT）首席科学家、北京大学现代农业研究院徐云碧研究员及我校农学院党委书记韩新辉一致认为该装备有望显著提升育种材料的筛选效率，加速优良品种的选育进程。机电学院黄玉祥院长充分肯定了装备的田间适应性，他指出表型车在复杂田间环境下



实现了自动导航、平稳行驶与多传感器协同作业，为农业智能装备在育种场景中的工程化应用提供了可行案例。农情信息获取技术与装备研究团队负责人宋怀波教授，对表型车的数据融合与实时分析能力表示赞赏。他认为，该装备对田间多源异构数据的高效采集与在线处理，是推动农情检测智慧化转型的重要技术载体。

与会专家共同期待，该装备能够尽快从研发走向规模化应用，为我国育种数智化提供有力工具。

陈凡指出，农业现代化关键是种业现代化，而种业现代化的核心路径之一就是数智化。他鼓励我校科研团队继续聚焦育种一线的真实需求，持续优化装备性能，推动“田间育种数智化场景”从构想走向常态应用。

王晓杰表示，下一步将认真吸收专家意见，加快多模态表型车的迭代升级与示范推广，力争早日实现规模化应用，为国家种业振兴行动和粮食安全战略贡献西农智慧。

本次观摩会的成功举办，不仅展示了崖州湾国家实验室与我校在农业智能装备领域的最新合作成果，也为推动跨区域、跨学科协同创新，服务国家战略需求提供了协同创新范例。

校企携手谋共赢 智慧农业谱新篇

—浙江托普云农科技股份有限公司来室座谈交流

为深化校企协同创新，助力智慧农业与数字农业高质量发展，4月16日下午，浙江托普云农科技股份有限公司董事长陈渝阳、智慧农业研究院院长朱旭华一行来室交流。实验室主任王晓杰教授主持会议，实验室副主任沈锡辉、毛虎德，双方相关负责人、专家代表及企业技术代表齐聚，共话合作机遇，共绘发展蓝图。

会上，王晓杰首先对陈渝阳董事长一行的到来表示热烈欢迎，详细介绍了实验室在作物抗逆与高效生产领域的科研布局、研究方向、平台建设成果，以及在智慧农业、数字农业、人才培养等方面的探索与实践。他表示，实验室始终锚定国家粮食安全与农业现代化战略需求，深耕旱区农业等关键领域，期待以此次座谈为纽带，与托普云农深化产学研融合，实现优势互补、资源共享，共同破解农业生产技术难题，推动农业科技向智能化、高效化、数字化转型。



浙江托普云农科技股份有限公司董事长陈渝阳详细介绍了公司的发展历程、核心技术优势、产品体系，以及在智慧农业装备、农业物联网、数字农业解决方案、智慧农场建设等领域的实践成果与行业布局。双方围绕智慧农业、数字农业、智慧农场建设、科研人才双平台建设、人工智能+学科、订单式人才培养、行业导师制等核心议题展开深入研讨，就后续合作方向、落地路径、资源对接等内容充分交换意见，达成广泛共识。

与会专家学者结合自身研究领域，围绕实验室科研需求与企业技术优势，就联合科研攻关、平台共建、人才联合培养、成果转化等方面建言献策，为双方合作方案的细化完善提供了宝贵思路。

此次座谈交流，搭建了校企协同创新的坚实桥梁，明确了双方合作的核心方向与实施路径。下一步，实验室将以此次会议为契机，充分发挥在科研、人才、技术等方面的优势，不断培养高素质专业人才，加速科技成果应用，为保障国家粮食安全、推动农业高质量发展、助力乡村全面振兴贡献校企合力。

会前，托普云农一行参观了作物抗逆与高效生产全国重点实验室；会后，参观了生物育种大楼。

伊宁县现代农业产业链延伸培训班学员一行来室参观交流

5月21日上午，伊宁县现代农业产业链延伸培训班34名农林水利领域领导干部学员，来我室参观交流，实验室技术人员周晓娜负责接待并陪同参观。

参观过程中，技术人员周晓娜向来访学员系统介绍了实验室基本定位、核心研究方向、科研平台布局、人才队伍建设及产学研合作开展情况。重点围绕作物抗逆育种、林果栽培技术，玉米高产栽培、旱区农业节水等核心内容，讲解了实验室近年来在农业科研领域取得的创新性成果。

学员们实地观摩了各功能实验室、作物学科研平台运行情况，详细了解科研设施配置、试验技术流程与成果转化应用案例，与技术人员交流技术推广、产业提质增效的实践思路。

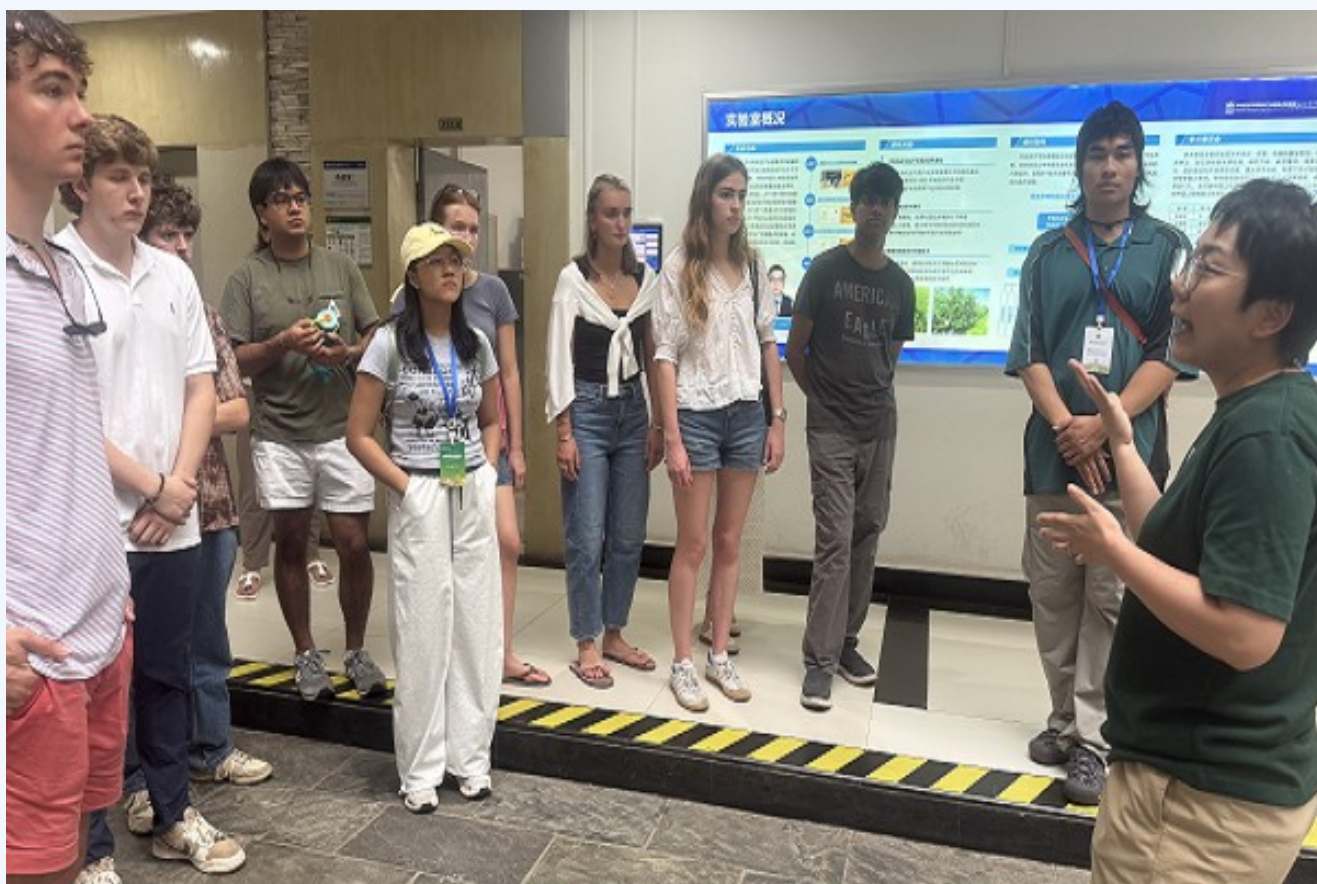
此次参观交流是培训班现场教学的重要环节，既让参训学员直观学习前沿农业科研成果，拓宽现代农业发展视野，也进一步搭建校地沟通协作桥梁。下一步，实验室将深化与地方农业部门交流对接，以科技赋能助力区域现代农业高质量发展与乡村全面振兴。



国际三所高校师生一行来室参观

5月26日下午，来自波士顿大学、密歇根州立大学及西沃恩南方大学的师生来我室参观交流，实验室技术支撑部负责人赵华负责接待并陪同参观。

参观期间，赵华简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设等情况。重点对小麦条锈病防控与作物育种进行介绍，实地参观了我室科研平台，查看了硬件设备，了解平台运行机制。



科普筑梦 共育未来

——泾川县第三中学师生来我室参观交流

为深入贯彻国家科普教育相关部署，充分发挥全国重点实验室的科技资源优势与科普育人职能，搭建高校与中学协同育人桥梁，强化青少年科学素养培育，激发青少年投身农业科研事业的责任感与使命感，4月9日上午，甘肃省泾川县第三中学120余名高中生来我室开展科普研学交流活动。实验室技术人员张琼全程提供专业讲解与互动指导。

活动伊始，张琼详细介绍了实验室的建设历程、核心研究方向及发展使命。实验室聚焦作物抗逆与高产优质遗传基础、作物逆境应答与调控和作物绿色高效生产技术体系三个研究方向，深耕旱区农业科技创新，致力于破解作物生长关键技术难题，为保障国家粮食安全、推动旱区农业绿色高效发展提供坚实的理论支撑与技术保障。

在实验室技术人员的有序引导下，来访师生分组前往实验室基因组学、蛋白组学、显微可视、作物转基因、表型组学等高端技术平台开展实地参观，并结合设备的工作原理、技术优势及实际应用场景，系统讲解了其在作物微观世界探索、抗逆机理解析中的核心作用，让课本中的生物、农学理论知识与科研实践实现有效衔接。

参观期间，师生与讲解人员开展深度互动交流，同学们围绕作物抗干旱、抗病虫害机制，抗逆作物品种培育流程，现代农业科技发展趋势等相关问题主动提问、积极探讨。讲解人员对同学们的疑问进行耐心细致的解答，深入阐释农业科技的应用价值与发展前景，同时鼓励同学们坚守求知初心、夯实知识基础、勇于探索创新，树立科技报国、科技兴农的理想信念。参与活动的同学们纷纷表示，此次参观活动有效破除了对科研实验室的陌生感，深刻体会到农业科研的严谨性与科学性，对生物科学、现代农业领域形成了全新的、系统的认知。

此次科普研学交流活动，不仅为泾川县第三中学高中生搭建了接触前沿农业科技、感受科研创新氛围的重要平台，拓宽了青少年的科学视野，更进一步完善了高校与中学科普协同育人机制，搭建起双方开放协作、优势互补的沟通桥梁。

实验室将持续深化科普教育体系建设，不断丰富开放交流形式、提升科普工作质量，持续推动科研成果向科普资源转化，引导更多青少年走进科研、了解科研、热爱科研，在青少年心中播撒“科技兴农”的种子，为培育具备科学素养与创新精神的时代新人、推动农业科技事业薪火相传、助力乡村振兴与国家粮食安全建设贡献科研力量。

科普赋能成长 研学探秘农科——杨凌高新第四小学师生开展科普研学

为深入推进科技强国建设，积极响应2026年全国科技活动周号召，助力中小学生学习创新思维培育与实践能力提升，依托实验室常态化开放交流职能，发挥国家级科研平台科普育人资源优势，6月5日下午，杨凌高新第四小学50余名师生来我室开展科普研学交流活动。实验室全体技术人员进行现场科普讲解与互动指导。

研学过程以实地参观、现场讲解的形式开展，师生分批次走进基因组学、显微可视、转基因等高端实验平台。参观过程中，技术人员同步为同学们科普讲解，用通俗易懂的语言拆解各类精密仪器的工作原理与技术优势，结合生活实例与科研场景，详细介绍实验室发展沿革、科研方向与旱区作物抗逆育种、绿色生产等核心科研工作，细致讲解各类设备在作物基因挖掘、微观性状观测、优良抗逆品种创制等领域的实际应用，实现课本基础知识与前沿科研实景的有效衔接，让同学们在沉浸式参观中读懂现代农业科研知识。



参观途中，同学们围绕植物生长规律、良种培育技术、微观生物观测、转基因作物应用等趣味问题踊跃发问。技术人员结合现代农业发展现状细致答疑，普及农业科技前沿成果，潜移默化激发青少年探索科学、钻研农学的浓厚兴趣。研学师生表示，本次研学活动打破了科研平台与校园课堂的壁垒，破除了农业科研的神秘感，彻底改变了对传统农业的固有印象，切实感受到了现代农业科技的独特魅力。

后续，实验室将持续做实对外开放交流工作，常态化面向周边中小学生学习优质科研资源，丰富科普研学形式、深挖科研科普价值，推动科研成果科普落地，在青少年心中厚植爱科学、爱农业、爱科研的真挚情怀，持续发挥国家级平台科普育人效能，为科技兴农、乡村振兴培育新时代后备人才。

开放交流促科普 研学实践育新人

——杨凌职教中心师生走进重点实验室开展研学交流

为深入贯彻国家科普教育工作部署，依托实验室开放交流职能，深化高校与中职院校协同育人，6月3日下午，杨凌职教中心60余名师生走进我校重点实验室，开启农业科研科普研学活动，实验室技术人员张琼全程开展专业讲解与互动指导。



活动中，张琼系统介绍实验室建设沿革、三大主攻科研方向与科研使命。实验室深耕旱区作物抗逆育种、高效栽培、绿色生产技术研究，立足科研攻关保障区域粮食安全、赋能旱区农业高质量发展，帮助师生快速建立对平台科研定位的整体认知。

在科研平台参观环节，师生分批次走进基因组学、显微观测、转基因等高端实验平台。张琼围绕师生感兴趣的人类及作物基因组计划，深入浅出进行讲解。对照仪器原理、技术优势与产业落地场景，详解设备在作物微观研究、抗逆品种研发中的应用，实现课堂专业知识和科研实景有效衔接。

参观途中，同学们紧扣良种繁育、现代农业生产、植保技术等专业问题踊跃发问，张琼结合农业产业现状细致答疑，科普现代农业前沿发展，引导学子坚定学农报国、技能兴农的理想。参训师生表示，本次开放交流活动打破实验室与中职课堂的壁垒，破除科研神秘感，切实拓宽专业眼界。

后续，实验室将持续做实开放交流工作，常态化面向中小學生开放科研资源，丰富科普研学形式，促进科研成果科普落地，在青年学子心中厚植爱农科研情怀，为现代农业与乡村振兴培育优质技能人才。

一个“三把手”的40年苹果情结 ——记陕西“最美科技工作者”马锋旺教授

一个苹果落下来，砸出了科学巨人牛顿的灵感。

一枚苹果的偷吃，打开了人类繁衍智慧的魔盒。

一个小小的苹果，我们与其相逢不到百年。

就是这枚小苹果，支撑起陕西千亿级大产业，牵连着马锋旺教授扎根苹果领域深耕40年的人生。

马锋旺，西北农林科技大学二级教授，原国家苹果产业技术体系首席科学家，陕西科协洛川苹果试验站科技小院首席科学家。

他是科技界的“首席”，却是群众界的“三把手”。因为他“把”科学研究扎进田野里，“把”科研成果送到果农手里，“把”科技论文写在大地上，只为产业的兴旺和果农的幸福。



把科学研究扎进果园里 让人才在生产中破土而出

果树学的研究，根在田间地头。

“科技想沾土就灵，解决产业所需的难题，农民所盼的问题，那就必须扎根在产业一线。”马锋旺教授的脸上总是沾满泥土，对自己如此要求，对学生更是如此要求。

2012年，延安市洛川苹果试验示范站在凤栖镇芦白村成立，马锋旺就把实验室搬进果园里，“实验室里的数据，最终要服务于果园里的苹果树。”

他以科技小院为平台，建立起本科生教学实践基地和多层次研究生培养体系，把学校、课堂和实验室建在“田间地头”，让学生在实践中学到真知识，在果园里培养出与老百姓的真感情，从而破土而出。

试验站年均在站实践教学本科生近200人次，学生的创新实验、综合实践、毕业实习都在此开展。充满“泥土味”和“果香味”的创意，在中国互联网+大学生科技创新等国家级赛事荣获金奖3项。

对于研究生，马锋旺更是精心培养。他建立研究生特别是专业硕士研究生的实践活动和学位论文数据收集机制，每年有30名左右的研究生常驻试验站开展科学研究、实践锻炼，增强了科学思维和科研选题的精准性。2021年以来，科技小院培养研究生85人。

这里也是青年教师成长的平台，有的教师在试验站一呆就是8年、10年，完全把青春和汗水洒在了这片热土上，从而深深地爱上了苹果产业。他们接过接力棒接续奋斗，有4人成长为国家级人才，15人成长为副高级以上专业人才。

小院还让广大果农近水楼台先得月，他们到这里就像串亲戚一样，在各类培训和手把手的传授中，800多人成长为土专家、田秀才，为苹果产业的发展奠定了人才基石。

把科研成果送到果农手里 让百姓在科技中品出甜蜜

果农是出题人，专家是答卷人。

小院成立之初，老果园效益差，很多果农都想砍树。马锋旺便开展矮化密植大苗建园模式试验示范，实现富士品种“当年栽树、当年开花结果、第3年亩产4000斤”的目标，开启了洛川苹果矮化密植建园先河。

“农民需要产量高、质量好的品种，我们就选育。”马锋旺带领团队坚持科技攻关，建成世界苹果“基因库”，培育栽植国内外最新品种和优系870多个，拥有杂交后代15000余个，保存苹果种质资源4000余份，数量为国内之最。

从0到1、从1到N。

在他的带领下，团队研发建立了优质抗逆苹果高效育种技术体系，选育出秦脆、秦蜜、秦霞、秦露、秦帅、秦玉、秦秀、秦丹、秦绯、秦夏、秦彤、秦香玉、秦富苹果新品种13个，授权农业农村部植物新品种权10项，贡献了中国苹果产业的“陕西芯”。

其中“秦脆”苹果以其优质、抗逆、早果、丰产等特性，深受果农和消费者的喜爱，在洛川迅速推广近3万亩。农业农村部连续两次将其列为主推苹果品种，被公认为是目前国内外最好吃的苹果。

2021年，“秦脆”苗木生产经营权转让费创下了1200万元的新高。“吴起楸子+秦脆”砧穗组合，“陕西根”配上“中国芯”，苗木性状优良，从“根”上握牢了我国苹果产业高质量发展的主动权。

“好品种，才能种出好苹果。”洛川县安善村60岁的李育宏，2024年春季栽植了6亩“秦脆”，次年挂果6000斤，以7元每斤的价格在地头被收走。尝到甜头的他对未来充满信心，“‘秦脆’酥脆多汁，产量比富士要高出1/3左右，来年两万斤不成问题，保守收入十多万。”

目前，洛川种植苹果53万亩。科技小院已真正成为洛川苹果产业高质量发展的技术源，果农幸福生活的甜蜜源。

把科技论文写在大地上 让产业在迭代中振兴乡村

服务国家战略，全面振兴乡村。

马锋旺长期坚守科技小院，坚持试验示范，强化产地引领，建立了新品种、新技术、新模式示范基地2万亩，使科研成果迅速转化为现实生产力，支撑陕西苹果产业高质量发展。

他带领团队，积极响应习近平总书记关于“大粮食”观、“大食物”观的号召，对苹果产前、产中、产后开展全链条、全周期科技研发，《延安·洛川苹果标准综合体》等16项技术规范的研制出台，加速了延安苹果产业的快速发展。

2018年以来，在洛川县的支持下，马锋旺依托科技小院，带领学校和地方30余人组成科研推广团队，示范引领优质高效栽培、肥水高效利用、大苗繁育、重茬建园、减灾避灾等国内外先进技术，为苹果产业转型升级和高质量发展提供了强力支撑。

在他们的努力下，矮化密植果园发展到20.6万亩。目前，树龄5年以上的矮化园平均亩产高达10000斤，亩均纯收入在2.5万元以上。“洛川苹果”品牌价值达到883亿元，成为中国水果之最。

科技小院探索形成的“校—地共建”农业产业科技“产—学—研—用”一体化发展新路，推动陕西苹果北扩200公里，辐射推广苹果新品种、新技术、新模式果园150余万亩，经济效益年均增加15亿元，为脱贫攻坚、乡村振兴发挥了样板作用。

洛川科技小院的成功模式和经验，已扩展至陕西省各主产区 and 新疆、甘肃、山西、云南、四川、贵州等省。马锋旺教授在当地相继建立20多个苹果示范基地，让新品种、新模式、新技术落地生根，涌现出一大批“当年栽树当年结果、第二年收回投入成本并有盈余、第三年亩收入达到3万元以上、盛果期亩效益超过5万元以上”的典范。

榆林横山区韩岔镇永昌村泽瑞家庭农场便是其中的爱益者。该农场位于黄土高原北部横山海拔1800米的山地上，农场主曹17亩“秦脆”果园收入过百万。

“把课堂学习和乡村实践紧密结合起来，厚植爱农情怀，练就兴农本领，在乡村振兴的大舞台上建功立业。”皮肤黝黑、年过六十的马锋旺教授表示，苹果之路还很长，还要在立德树人、科技兴农的道路上继续前行、深耕奋斗。

康振生院士团队获评中国研究生导师发展共同体首届优秀导师团队

近日，中国研究生导师发展共同体首届优秀导师与团队评选结果公示。我室首席科学家康振生院士领衔的“植物免疫研究导师团队”荣获“优秀研究生导师团队”荣誉称号。

康振生院士领衔的“植物免疫研究导师团队”坚持党建引领，构建“思政引领、科研驱动、实践锻炼、文化浸润”四位一体育人体系，创新“入学后—科研实践中—毕业前”三阶段实践育人模式，引导研究生深度参与小麦条锈病等国家重大病害防控攻关，推行“名师引领、五联驱动”培养机制，培养出一大批知农爱农创新型人才，获全国百篇优博及陕西省优博多名。依托作物抗逆与高效生产国家重点实验室，面向国家粮食安全战略需求，团队20余年聚焦小麦条锈病、赤霉病等重大真菌病害的可持续防控，取得重要理论突破与应用成果，近年在《Cell》等顶刊发表高水平论文，为我国植保事业发展和粮食安全作出了突出贡献。

中国研究生导师发展共同体成立于2025年6月，是由哈尔滨工业大学倡议，来自全国19所高校共同发起成立的合作组织，接受教育部的指导和监督管理。我校自共同体成立之初便积极参与相关事务，并成功申请成为中国研究生导师发展共同体首批理事单位之一。首届优秀研究生导师、优秀研究生导师团队、优秀研究生行业导师评选工作由中国研究生导师发展共同体组织，旨在深入贯彻全国研究生教育会议精神，落实导师立德树人根本任务，发挥先进典型示范引领作用。

2026作物表型与设计育种大会暨植物表型组学青年科学家研讨会召开

为推进作物高效生产研究领域学术合作交流，促进多学科交叉融合，4月14日至16日，由我校作物抗逆与高效生产全国重点实验室和南京农业大学作物遗传与种质创新利用全国重点实验室共同主办的2026作物表型与设计育种大会暨植物表型组学青年科学家研讨会召开。校长吴普特出席会议开幕式并致辞。



全国126所高校、科研院所、行业企业的800余名专家和师生代表齐聚一堂，围绕为多组学与人工智能交融—重构作物丰产潜力主题开展学术交流探讨。中国工程院院士张洪程、赵春江、康振生、何中虎出席会议，南京农业大学副校长丁艳锋、我校作物抗逆与高效生产全国重点实验室主任王晓杰分别代表主办方讲话，副校长张宏鸣主持开幕式。

吴普特代表学校对大会的胜利召开表示热烈祝贺，向莅临参会的各位代表致以诚挚欢迎，向长期以来关心支持学校建设发展的专家学者表示衷心感谢。他结合学习贯彻国家“十五五”规划关于科技创新的战略部署，阐述了当前农业科技创新的使命任务：一是坚持原始创新引领，勇闯科学“无人区”，聚力攻克关键核心技术难题，实现更多“从0到1”的原创性突



破。二是坚持产学研深度融合，促进科技创新与产业创新同向同行、同频共振，切实打通从基础研究到产业应用的全链条。三是坚持服务国家重大战略，加快科研成果转化落地，真正把论文写在祖国大地上。希望与会专家学者以此次大会为契机，进一步碰撞思想火花、凝聚学术共识、深化务实合作，共同为打造旱区农业新质生产力策源地贡献智慧，为服务引领未来农业发展、筑牢国家粮食安全战略屏障作出新的更大贡献。

本次会议设置了14个特邀报告，扬州大学张洪程院士、北京市农林科学院赵春江院士、西北农林科技大学康振生院士、中国农科院作科所何中虎院士等应邀作了最新研究进展报告。会议设置了“作物生境-结构-功能多维协同”“作物抗逆韧性与高效精准管理”“多组学大数据整合与复杂性状解析”“农业人工智能大模型与生物计算”“作物复杂性状分子设计与定向改良”“全基因组设计育种与未来作物创制”6个专题分论坛，来自42个单位的86位报告人带来了精彩的学术分享，我校近500名师生全程参加会议并踊跃提问交流，学术氛围浓郁。

会议期间还组织了田间表型设施观摩会，与会人员在学校北校西区小麦试验地现场考察了田间表型鉴定试验平台，实地观摩了崖州湾国家实验室和我校联合研发的多模态表型车等智能装备，作物抗逆与高效生产全国重点实验室相关专家进行了现场作业演示。



“十四五”国家重点研发计划项目启动会暨实施方案论证会顺利召开

近日，“十四五”国家重点研发计划“农业生物重要性状形成与环境适应性基础研究”重点专项项目“小麦、玉米兼抗多病害的分子基础”启动会在我校顺利召开。



项目启动会邀请中国科学院院士陈晓亚研究员，中国工程院院士康振生教授为项目跟踪专家，中国科学院院士何祖华研究员，中国农业大学彭友良教授，中国科学院遗传与发育生物学研究所刘志勇研究员，崖州湾国家实验室王海洋研究员，四川农业大学陈学伟教授为项目实施咨询组专家，陕西省植物保护工作站站长冯小军，河南省植物保护检疫站站长张国彦作为用户代表出席会议。

副校长房玉林教授代表学校致辞，对与会领导、专家及项目组成员表示热烈欢迎和衷心感谢，系统介绍了我校“十四五”期间承担国家重点研发项目的总体情况，并表示学校将切实履行项目牵头单位主体责任，全力做好项目管理和服务保障工作，确保项目高质量按期完成。中国农村技术开发中心专项管理团队的郑筱光专员与景茂峰专员对项目管理和相关政策做了详细解读。

实验室固定研究人员、项目负责人汤春蕾研究员围绕项目总体目标、研究内容与任务分解、预期绩效、工作计划、组织管理及推进情况等对项目整体情况进行了介绍，课题负责人河南农业大学贾奥琳教授和中国农业大学王献兵教授就所承担课题的背景、研究目标及内容、进度安排、预期成果、考核指标、课题进展情况等作了详细汇报。

项目咨询专家组对项目的战略价值给予高度评价，并围绕研究内容和目标进行深度点评，提出了明确、具体且富有建设性的意见和建议。项目成员围绕实现小麦、玉米兼抗多病害的总体目标，就研究成果展示与推广、标志性成果凝练与设计、小麦与玉米种质多病害鉴定一体化实施具体方案等进行了进一步细化与讨论，以保障项目有序推进，确保高质量完成，共同把项目做实、做好、做出成效。

该项目由西北农林科技大学牵头，联合中国农业大学、河南农业大学、南京农业大学、中国科学院遗传发育生物学研究所及中国科学院分子植物科学卓越创新中心等5家优势科研单位协同攻关。项目紧扣国家粮食安全战略，聚焦小麦、玉米兼抗多病害共性机制，旨在系统挖掘协同抗性基因模块，构建高效种质创新技术体系，创制兼具广谱抗性与良好环境适应性的突破性新种质，为有效应对复合病害挑战、筑牢国家粮食生产安全屏障提供坚实理论与技术支撑。

项目启动会由我校科研院院长赵西宁研究员及项目咨询专家组组长何祖华院士主持。来自项目管理团队代表、项目专家组、我校科研院、植保学院、作物抗逆与高效生产全国重点实验室以及各合作单位的相关领导、项目负责人、课题骨干等50余人参加会议。



学悟政绩观 实干启新程

为进一步强化思想引领，6月10日下午，作物抗逆与高效生产全国重点实验室党支部组织全体党员开展树立和践行正确政绩观专题党课学习，本次党课由实验室副主任、党支部副书记彭科峰主讲，授课围绕政绩为谁而树、树什么样的政绩、靠什么树政绩三大核心问题展开全面解读。



党课指出，深入学习践行正确政绩观，是服务“十五五”良好开局、推进中国式现代化建设的重要举措，更是广大农业科研工作者坚守初心、履职尽责的根本遵循，全体党员必须将正确政绩观内化于心、外化于行。党课强调，全体党员要始终恪守人民至上理念，深刻理解为民造福是最大政绩，立足农业科研本职，把保障国家粮食安全、助力农业提质增效、服务乡村发展和民生改善作为奋斗目标。

彭科峰指出，支部党员要深耕作物抗逆与高效生产研究方向，牢牢把握高质量发展主线，坚决摒弃急功近利的浮躁心态。正确处理当下实效与长远发展的关系，潜心开展基础性、前瞻性科研攻关，脚踏实地做好利长远、增后劲的各项工作，努力创造经得起实践、人民和历史检验的科研实绩。同时，全体党员要持续传承优良工作作风，主动深入科研一线、田间地头开展调研实践，摸清产业需求、破解技术难题。面对科研路上的重重挑战，要勇于迎难而上、主动担当，大力发扬钉钉子精神，以持之以恒的劲头真抓实干、履职尽责。

此次专题党课进一步统一了思想、凝聚了共识，让全体党员对正确政绩观有了更为深刻的认识。大家纷纷表示，将把此次学习成效转化为干事创业的强大动力，把学习成果落实到教学、科研各项工作当中，立足岗位担当作为、笃行实干，不断提升科研创新与服务“三农”能力，全力推动实验室各项工作迈上新台阶。

“迎篮而上，研途闪亮”研究生篮球赛成功举办

为践行健康中国理念，增强研究生身心素质，6月4日至6月9日，作物抗逆与高效生产全国重点实验室举办的“迎篮而上，研途闪亮”2026年研究生篮球赛在南校区篮球场顺利举行。本次活动吸引了来自农学院、植物保护学院、园艺学院、生命科学学院等单位的百余名师生参加比赛。



本次比赛设男子对抗赛与女子趣味赛两大环节。男子对抗赛执行单场淘汰制；女子趣味赛要求女生从中场运球至罚球线投篮。赛前，团工委细致完成了抽签分组、裁判培训及场地布置等准备工作。

在四强争夺战中，3队、6队、8队、9队分别力克各自对手，成功晋级。女子趣味赛方面，参赛选手需从中场持球至罚球线后出手投篮，经过三轮比拼，第2队凭借稳定命中率夺得冠军，第8队、第5队分获亚、季军。

男子半决赛及决赛在6月9日举行。半决赛中，四强队伍比分交替上升，争夺激烈；在最终决赛中，双方队员毫无保留，三分远投、突破上篮、关键封盖接连上演。最终第8队以58:41战胜第6队，捧起冠军奖杯，第6队获得亚军。季军争夺战中，第9队击败第3队，收获季军。

比赛结束后，现场举行了颁奖仪式。实验室为获奖队伍颁发奖状与奖品，对全体运动员的拼搏意志和团队精神给予充分肯定。

本次篮球赛的成功举办，为师生提供了展示体育风采的舞台，也促进了不同课题组、学院之间的交流。赛场上选手们尊重裁判、尊重对手，赛场外工作人员与观众热情服务，共同营造了积极向上的赛事氛围。实验室期待广大研究生继续将赛场上的奋斗热情延续到科研工作中，以更强健的体魄和更坚韧的意志迎接未来的挑战。

“研途逐梦，羽动青春”研究生羽毛球赛成功举办

为积极响应全民健身国家战略，丰富研究生课余文化生活，营造积极健康、团结奋进的实验室文化氛围，同时，促进导学友谊互动，6月1日至2日，由作物抗逆与高效生产全国重点实验室举办的“研途逐梦，羽动青春”2026年研究生羽毛球赛在南校区体育馆羽毛球馆成功举办。活动吸引了来自我校农学院、植物保护学院、园艺学院、生命科学学院及资源环境学院的360余名师生积极参与。



本次羽毛球赛得到了各课题组和广大研究生同学的热烈响应。比赛设置男单、女单、混双、男双、女双五个项目，共有36支队伍参赛，分为6个小组。赛事分为小组赛、八强淘汰赛、四强总决赛三个阶段进行，各参赛队伍依次展开团体对抗，五项比赛中率先赢得三项的队伍获得团体胜利。为保障比赛顺利开展，实验室团工委赛前对赛程安排、场地分配、裁判记分、替补规则及比赛注意事项等进行了细致部署，裁判员、记分员和工作人员各司其职，为赛事有序进行提供了有力保障。

赛场上，参赛选手们精神饱满、斗志昂扬。单打比赛中，选手们步伐灵活、攻防有序，时而网前轻吊，时而后场扣杀，在快速移动与精准回球中展现出良好的竞技状态；双打比赛中，队员之间配合默契、相互补位，进攻与防守转换流畅，充分体现了团队协作的力量。随着比赛不断推进，现场气氛持续升温，精彩的扣杀、顽强的救球和关键分的争夺不时赢得场边观众的掌声与喝彩。

比赛过程中，各参赛队伍秉持“友谊第一，比赛第二”的原则，在激烈比拼中相互尊重、彼此鼓励。裁判员认真执裁，记分员细致记录，工作人员及时协调场地与赛程，确保每场比赛公平、公正、有序开展。赛场内外，选手、观众与工作人员共同营造了热烈而和谐的比赛氛围，充分展现了实验室研究生积极向上、敢于拼搏、团结协作的精神风貌。经过为期两天的激烈角逐，最终，第7队（队长张文昌）凭借稳定发挥和默契配合获得冠军，第25队（队长陈丙杰）获得亚军，第14队（队长李骏骁）获得季军。

此次“研途逐梦，羽动青春”研究生羽毛球赛的成功举办，丰富了研究生课余文化生活，增强了同学们的集体凝聚力，展现了实验室研究生积极进取、团结协作的精神风貌，鼓励大家将赛场上的拼搏精神转化为科研学习中的奋进动力，以更加饱满的热情投身科研工作。

实验室开展 2026 年春季学期安全专项检查

为切实筑牢实验室安全防线，保障科研楼实验教学与科研工作平稳有序开展，坚决防范和遏制各类安全事故发生，4月1日，我室组织安全检查督导组对科研楼所有实验室及公共区域开展全覆盖、无死角的春季学期实验室安全专项检查工作。

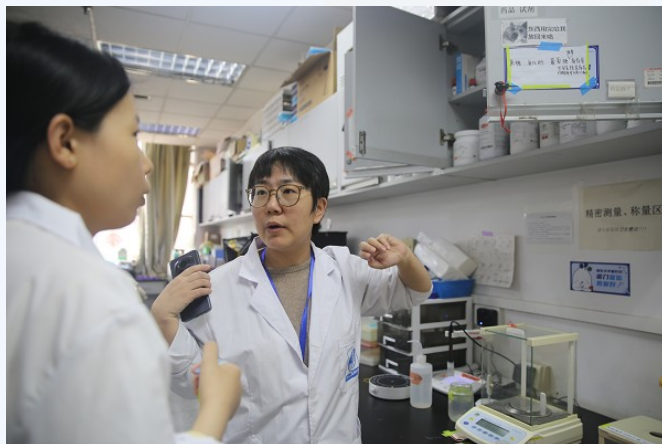
本次检查围绕六大核心内容开展：重点检查安全责任落实、环境与基础保障、危险源规范管理、水电管线规范使用、仪器设备与废弃物管理、台账与闭环管理，全面排查设施隐患、规范危险源管控、强化危废处置、落实隐患整改闭环

前期，我室已印发《关于开展2026年春季学期科研楼实验室安全专项检查的通知》，各研究团队完成自查整改工作。检查前，督导组开展会议进一步明确检查要求及安全规范，为本次专项检查奠定了坚实基础。

检查过程中，督导组坚持问题导向，逐室排查、逐项核对，对发现的问题现场反馈、现场交办，明确整改要求、整改时限及责任人，确保问题不遗留、整改不拖延。

实验室安全是科研工作的底线与红线，此次专项检查既是对科研楼安全工作的全面“体检”，也是对安全管理责任的再压实、再强化。后续，实验室将督促各团队、各平台在检查结束后3个工作日内，针对现场检查问题制定详细整改方案，完成线上整改并按时提交，同时组织逐一复核，对整改不到位、拒不落实的严肃追责。

下一步，实验室将以此次专项检查为契机，持续强化实验室安全日常管控，常态化开展安全教育与隐患排查，不断补齐安全管理短板，健全实验室安全长效防控机制，以高水平安全保障实验室科研创新与高质量发展，为学校科研工作稳步推进保驾护航。



实验室开展 2026年安全风险隐患专项排查

为深入贯彻落实教育部《关于做好 2026 年度高等学校实验室安全工作的通知》精神及学校实验室安全有关通知，深刻吸取实验室安全事故教训，全面压实安全责任，5月14日-15日，实验室开展了2026年安全风险专项排查工作，全面推进自查整改与隐患治理。

本次检查以“安全第一、预防为主、综合治理”为方针，旨在通过系统性的风险辨识、隐患治理与闭环管理，坚决筑牢实验室安全防线，全力保障师生人身安全与教学科研秩序稳定。

检查组对照《高等学校实验室安全检查项目表》（2026年）逐一开展检查，围绕危险化学品管理、生物安全、特种设备运行、消防设施配备、用电规范及废弃物处置等重点领域，对实验室各楼层、各功能分区进行了全覆盖、无死角的拉网式排查。在检查过程中发现的问题，检查组坚持“现场反馈、现场交办”的原则，第一时间向相关课题组负责人指出问题所在，明确整改要求、整改时限及直接责任人，确保问题不遗留、整改不拖延。此外，检查组逐一向各课题组负责人进行强调了实验室安全工作的重要性，进一步强化了安全意识，确保所有隐患实现动态清零和闭环管理。

实验室安全是校园安全的基石，关乎每一位师生的切身利益。此次安全检查，既是一次全面的“体检”，也是一次责任的再压实、意识的再提升。下一步，实验室将持续完善安全管理长效机制，通过定期检查、应急演练和随机抽查等方式，不断提升师生安全素养与应急处置能力，为保障科研工作平稳有序运行、建设平安校园提供坚实支撑。

