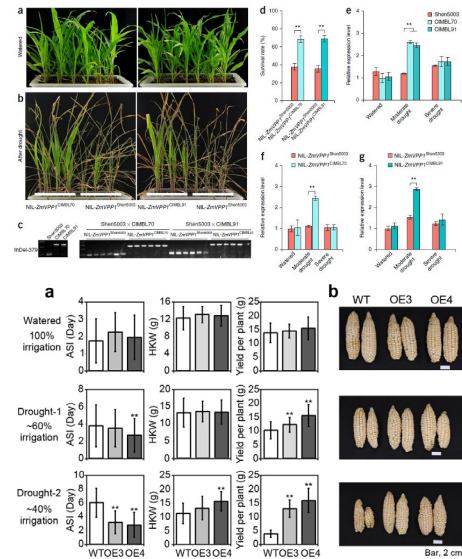


二、重要科研进展

基础研究工作

1. 揭示玉米耐旱的新分子机制

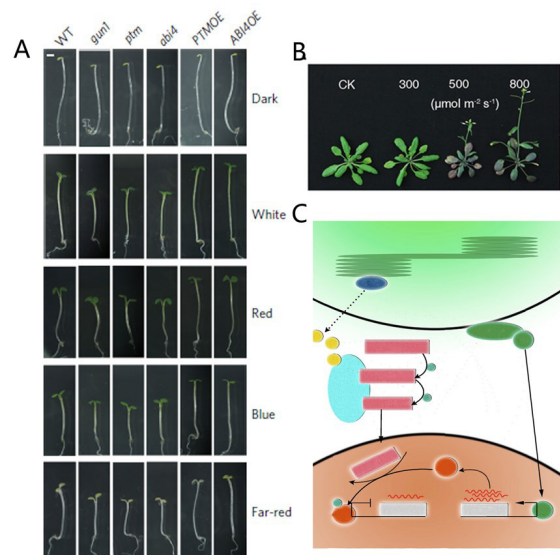
通过玉米苗期耐旱基因的全基因组关联分析，**秦峰研究组**发现玉米第9号染色体上 $ZmVPP1$ 基因的遗传变异与耐旱性状之间关联最为显著。该基因编码一个定位于液泡膜上的质子泵-焦磷酸水解酶。在耐旱玉米材料中， $ZmVPP1$ 启动子区域含有一个DNA片段插入（InDel-379），该片段带有3个干旱应答的MYB顺式作用元件，提高了在干旱胁迫下的表达量，从而可以促进根系发育、增加侧根数目、提高叶片光合和水分利用效率，最终增强玉米的抗旱能力。田间干旱条件下， $ZmVPP1$ 过表达植株的产量受干旱影响较小显著高于对照植株。进一步研究发现，将抗旱材料的 $ZmVPP1$ 基因导入干旱敏感材料中能有效提高玉米苗期的抗旱性。研究成果对玉米抗旱性的遗传改良提供了重要的基因资源和选择靶点。（*Nature Genetics*, 2016, 48: 1233-1241）



上图 $ZmVPP1$ 抗旱等位基因型能有效增强玉米苗期的抗旱性
下图 玉米 $ZmVPP1$ 过表达植株在大田环境下的产量性状调查

2. 揭示叶绿体信号转导及其调控植物生长发育的分子机制

叶绿体是植物进行光合作用的场所，同时还参与合成植物生长发育所必须的化合物、调控植物多种生长发育过程。然而叶绿体信号传递途径及如何调控植物生长发育的分子机制尚不明晰。**张立新研究组**在发现整合叶绿体多种反馈信号通路的转录因子PTM基础上，发现叶绿体调节的钙信号可以控制MAPK通路，并激活叶绿体反向信号的分子机制。同时，研究组发现叶绿体信号与光信号通过ABI4与HY5形成一对激活-抑制转录模块，精细调控相关基因表达，并根据环境改变调整自身活性，进而调控植物光形态建成和叶绿体发育。此外，研究组首次报道了叶绿体在内共生进化之后作为一个细胞器影响植物生殖生长期转变的分子机理，发现PTM蛋白可通过招募蛋白结合到开花抑制基因 FLC 上，抑制 FLC 基因的转录，从而促进植物提前开花，为叶绿体行使光合作用以外的其他相关功能提供新认识。这一系列研究成果进一步深化了叶绿体信号的机理研究，并拓展了研究叶绿体调控植物生长发育和环境响应的新思路。（*Nature Plants*, 2016, 2: 16066; *Nature Communications*, 2016, 7: 12173; *PNAS*, 2016, 113: 10708-10713）



叶绿体信号转导及其调控植物生长发育的分子机制

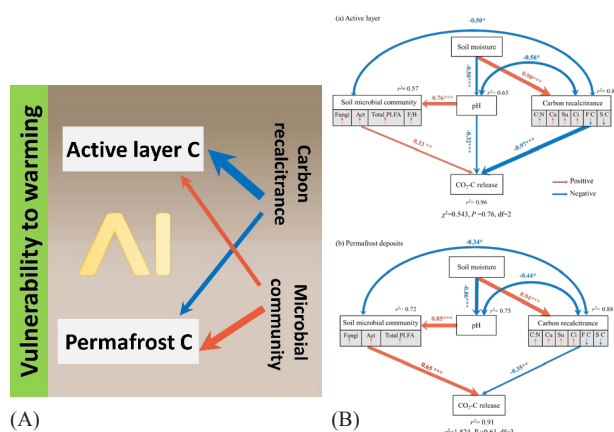
(A) 叶绿体信号调控植物光形态建成;

(B) 高光触发质体信号调控植物开花;

(C) 叶绿体调节的钙信号控制MAPK通路，激活叶绿体反向信号的机理模型。

3. 揭示青藏高原冻土碳释放的调控因素

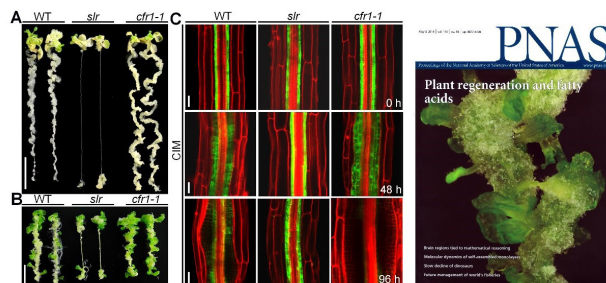
气候变暖使得冻土中储存的大量碳被分解释放,进而可能导致碳循环与气候变暖之间的正反馈。然而,目前学术界对于冻土碳释放速率及其与气候变暖反馈关系的认识还存在很大不确定性,冻土层与活动层土壤碳分解的调控因素是否相同等基本问题尚未得到解答。**杨元合研究组**基于室内培养以及碳分解模型等多种手段,揭示了青藏高原冻土碳分解的调控因素和相关机制。研究发现,冻土层土壤碳释放速率与活动层相当甚至更快。进一步分析表明,活动层土壤碳释放速率主要受底物质量控制,而冻土层土壤碳释放速率则主要取决于微生物尤其是真菌的相对丰度。研究成果揭示了冻土层与活动层土壤碳分解调控因素和相关机制的差异,为发展地球系统模型提供了重要启示,对认识冻土碳循环特征及其与气候变暖之间的反馈关系具有重要意义。(Nature Communications, 2016, 7: 13046)



(A) 活动层与冻土层土壤碳脆弱性及其调控因素的差异
(B) 活动层与冻土层土壤碳释放的调控因素

4. 发现调控植物细胞命运及再生能力的新分子机制

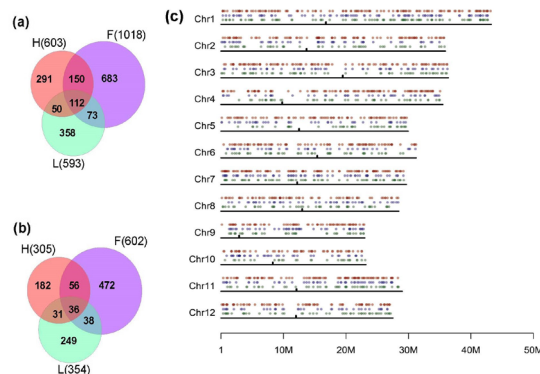
植物器官再生能力不仅是发育可塑性的根本,也是现代植物生物技术的基础。但迄今为止,对于植物细胞再生能力的分子调控机制等问题仍所知甚少。**胡玉欣研究组**发现,超长链脂肪酸是限制植物中柱鞘类细胞获得全能性和再生能力的重要信号分子。研究表明,在超长链脂肪酸合成缺陷时,拟南芥中柱鞘细胞形成愈伤组织的能力明显增强,而施加超长链脂肪酸则能够抑制其细胞脱分化形成愈伤组织。研究成果首次揭示了超长链脂肪酸或其衍生物能够作为信号分子参与细胞命运及再生过程的调控,对了解正常发育条件下动、植物体细胞命运的调控有重要启示,同时也对提升种质扩繁、转基因等技术有指导意义。该成果在PNAS期刊以封面文章发表。(PNAS, 2016, 113: 5101-5106)



超长链脂肪酸抑制拟南芥器官再生能力

5. 揭示基因表达调控在生态物种形成中的新机制

生态物种形成是新种产生的重要方式之一。尽管已经有大量研究探索其遗传机理,但目前对于表达调控在生态物种形成中的作用仍知之甚少。**葛颂研究组**利用栽培稻近缘野生种Oryza rufipogon和O. nivara这一对近期分化的姊妹种,通过对2个野生种3个组织的转录组进行测序,发现约8%的基因在种间发生了显著的表达分化。其中,约62%差异表达基因的表达模式受方向性选择的影响;相对于编码区,差异表达基因上游区域比非差异表达基因进化速度更快。通过进一步的功能注释分析发现,差异表达基因显著集中在与生殖和逆境响应相关的基因上,这与2个野生种在表型和生态上的分化相一致。研究成果首次在全基因组水平上探讨了基因调控在植物物种形成中的作用,说明生态物种形成伴随着广泛且具有适应性的表达分化,为进一步理解植物物种形成提供了重要证据。(Molecular Biology and Evolution, 2016, 33: 62-78)



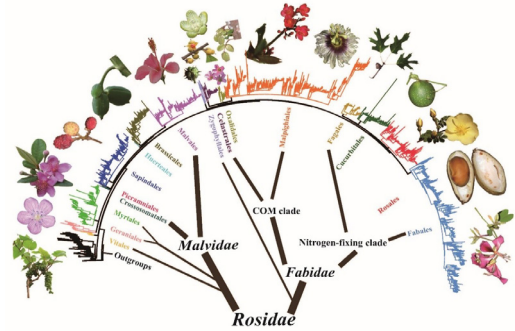
2 种野生稻基因组表达分化的分布模式

(a-b) 为差异表达和方向性选择基因的韦恩图;

(c) 为差异表达基因在基因组上的分布情况。不同颜色代表不同组织。

6. 重建中国维管植物属水平的生命之树

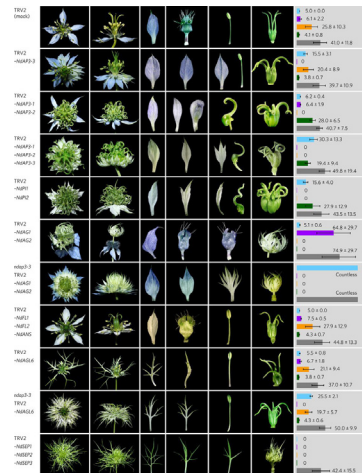
重建生物类群之间的系统发育关系是所有生物学科的基础。中国拥有312科3,328属31,362种维管植物，是世界上植物多样性最丰富的国家之一，重建中国维管植物生命之树对理解中国植物类群的起源和分化以及推动相关学科发展具有重要意义。**陈之端研究组**选取能够代表中国维管植物93%的属的6,098个种，通过5个分子片段重建了中国维管植物属水平的生命之树，并开发了可通过输入物种名单自动生成所需要系统树的软件“*SoTree*”，以方便这一研究成果在相关学科中的应用。在此基础上，研究组在*Journal of Systematics and Evolution*期刊牵头组织了以“The Tree of Life: China project”为主题的专辑。该专辑除中国维管植物属水平的超大树成果外，还包括了蔷薇类、固氮分支、蕨类、水生植物、龙胆目、菊科、兰科、十字花科、五加科等重要类群在中国或世界范围取样的研究，较全面地展示了中国学者近年来在生命之树重建领域取得的成果。（*Journal of Systematics and Evolution*, 2016, 54: special issue）



JSE专辑封面：蔷薇类系统发育树

7. 揭示花基本结构的可塑性及其分子机制

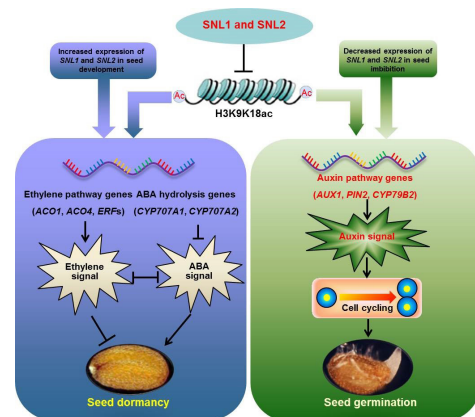
在螺旋状花中，花器官的数目往往不固定，其原因和机制尚不清楚。**孔宏智研究组**以毛茛科大马士革黑种草（*Nigella damascena*）为研究材料，对这一问题进行了探讨。研究发现，花器官的总数主要由花原基的初始大小决定，而各类花器官的数目由相应花器官身份决定程序的功能范围决定。进一步对各类花器官身份基因表达模式和功能的研究表明，各类花器官的身份决定程序及其功能范围不固定的原因在于：各个花器官在花原基上由外向内依次发生，外部器官长得很大时内部器官尚未发生；大多数花器官身份基因的表达是高度动态的，表达范围和剂量在不同发育阶段有所不同；不同类型花器官对同一基因表达量的需求不同，表达量的少许改变就足以改变器官身份；各类花器官身份基因之间存在复杂的调控关系，一个基因的表达变化往往能够引起连锁反应；部分花器官身份基因还能够影响不同类型花器官之间的界限。研究结果对于理解花基本结构的可塑性和花部性状进化的分子机制具有重要意义。（*Nature Plants*, 2016, 2: 15188）



大马士革黑种草花发育MADS-box基因沉默之后的表型及各类花器官的数目

8. 揭示种子休眠与萌发的表观遗传调控新机制

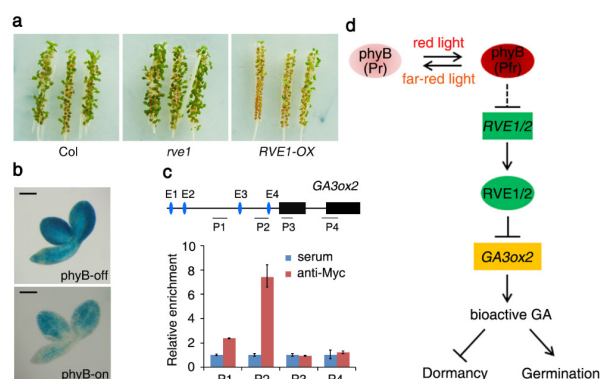
种子休眠与萌发是植物由生殖生长过渡到营养生长的重要发育转变进程，涉及大量基因的激活或者沉默。组蛋白修饰介导的表观遗传基因转录调控可能在其中发挥关键作用。**刘永秀研究组**利用遗传和生理生化等手段，揭示了拟南芥SNL1和SNL2通过表观遗传基因转录调控种子休眠和萌发的分子机制。前期工作发现，SNL1能够结合组蛋白去乙酰化酶HDA19，调控组蛋白H3K9K18的乙酰化水平，影响基因转录；SNL1/SNL2功能缺失影响脱落酸和乙烯相关基因的表达，增强了乙烯对脱落酸的拮抗作用，降低了种子休眠。进一步研究表明，SNL1/SNL2功能缺失导致生长素相关基因特别是AUX1的表达升高，增强了生长素在胚根的水平分布，进而激活下游CYCDs介导的细胞分裂，提高了突变体种子萌发速率。研究成果为分子辅助育种解决农业生产中存在的种子萌发不齐和穗萌发现象提供了理论基础。（*Nature Communications*, 2016, 7: 13412）



SNL1和SNL2参与调控种子休眠和萌发的分子机制

9. 揭示光在种子休眠和萌发中作用的分子机制

种子休眠与萌发是2个紧密关联的生理过程，既受内在因素的控制，也受外界环境的调节。光就是影响种子萌发的主要环境因子之一。林荣呈研究组发现位于phyB的下流的RVE1和RVE2转录因子能够促进种子休眠，同时抑制红光/远红光介导的萌发。研究表明，RVE1直接结合到赤霉素合成基因*GA3ox2*的启动子元件上，并抑制该基因的表达，从而专一性抑制活性GA的合成，进而促进种子休眠和抑制萌发。DOG1是控制种子休眠的关键因子，进一步研究发现RVE1可以回复*dog1*的缺失表型，并且DOG1在遗传上也位于phyB的下游。在种子发育过程中，*RVE1*、*RVE2*及*DOG1*的表达量逐渐升高；而种子浸泡后，三者的表达量迅速下降，同时phyB抑制三者的表达。研究成果揭示了phyB抑制种子休眠的机理，解析了光信号通过phyB-RVE1/RVE2-GA3ox2通路整合内源激素代谢来调节植物早期生长发育的作用机制，为研究防止穗发芽或提高种子发芽率奠定理论基础。（*Nature Communications*, 2016, 7: 12377）



光在种子休眠和萌发中作用的分子机制

(A) RVE1突变体及转基因种子萌发表型；

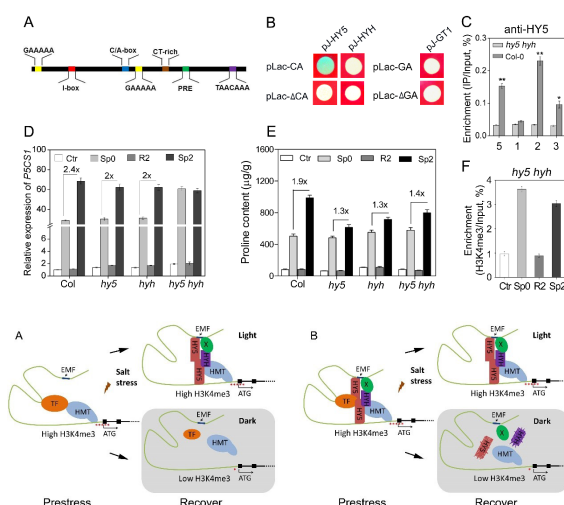
(B) *RVE1p::GUS*染色；

(C) 染色质免疫共沉淀分析表明RVE1转录因子结合*GA3ox2*启动子；

(D) phyB-RVE1/2-GA3ox2信号通路调控种子休眠与萌发的工作模型。

10. 揭示光信号调控植物胁迫记忆的分子机制

植物对环境胁迫的“记忆”有助于它们更好地应对再次出现的胁迫，但对光信号是否调控植物胁迫记忆及其可能的分子机制尚无报道。脯氨酸积累是植物对环境胁迫的重要应答反应。华学军研究组和金京波研究组发现，拟南芥对盐诱导的脯氨酸积累及脯氨酸合成的关键酶基因*P5CS1*转录表达具有记忆能力，并且这种记忆依赖于胁迫恢复阶段的光照和HY5介导的光信号通路。研究表明，HY5/HYH通过结合到*P5CS1*启动子特定片段上，以帮助维持胁迫恢复阶段*P5CS1*转录起始点附近的组蛋白H3K4me3修饰；HY5结合的启动子元件的改变，或HY5和HYH的双突变，均可导致*P5CS1*组蛋白H3K4me3的减少，同时引起*P5CS1*转录记忆消失。研究结果揭示了转录因子结合启动子上游片段维持H3K4me3水平，从而调节植物胁迫记忆的新机制。（*PNAS*, 2016, 113: E8335-E8343）



上图 HY5通过结合到*P5CS1*启动子EMF片段上的C/A-box来维持胁迫恢复期*P5CS1*基因的组蛋白3赖氨酸4的三甲基化修饰，从而调节*P5CS1*转录和脯氨酸积累对盐胁迫的记忆

下图 两个可能的模型展示光如何调控盐胁迫诱导的*P5CS1*的转录记忆

科技基础性工作

《中国高等植物彩色图鉴》出版

《中国高等植物彩色图鉴》由植物所王文采院士出任编委会主任，中国大陆、香港特别行政区和台湾地区近200位植物学工作者和近400位摄影作者通力合作完成。该套彩色图鉴共9卷册，内容以野生植物为主，同时收载重要的栽培植物。该套图鉴精选图片近2万张，共收载中国高等植物380科2,680属10,355种，包括了全部国产蕨类植物、裸子植物和被子植物的科以及苔藓植物的大部分科，其中一些植物如香港鹅耳枥、球柱楼梯草和西藏小囊兰是在*Flora of China*出版后发表的新类群。该套图鉴是目前世界上收载植物彩色照片量最大、涵盖物种数最多的彩色植物图鉴，已于2016年初由科学出版社正式出版。



《中国高等植物彩色图鉴》出版

应用基础与研发工作

‘科甜2号’甜高粱获内蒙古饲草新品种审定

甜高粱具抗性强、营养丰富、生物产量高等特点，其含糖量比青贮玉米高2倍以上，经济效益显著优于玉米、大麦等传统饲料作物，是具发展潜力的饲料作物。景海春研究组利用自主培育的高产、高抗、高含糖量的优良恢复系进行杂交选育，选育出抗性强、产量高、品质优的‘科甜2号’甜高粱。该品种平均株高400厘米以上，平均茎粗2.1厘米以上，茎秆多汁，含糖锺度18.0%以上，抗叶病、抗倒伏能力较强，在内蒙古每亩生物产量可达7,000至8,000 kg。经过北京、内蒙古、黑龙江、河北、甘肃、新疆等地多年区试和生产试验，‘科甜2号’甜高粱近年来累计推广种植近万亩，并于2016年3月21日获得了内蒙古自治区草品种审定委员会颁发的草品种登记合格证。



上图‘科甜2号’甜高粱在内蒙古自治区田间长势
下图‘科甜2号’新品种证书

“花伴侣”植物影像鉴定系统上线

在系统与进化植物学国家重点实验室和植物所“一三五”规划布局的“数字植物”重大项目支持下，“数字植物”课题组以中国植物图像库积累的280万幅2.4万种植物分类图片为材料，开展数字植物系统和图像自动识别应用研发工作。经与百度、鲁朗软件等合作，基于卷积神经网络和深度学习模型，实现了蕨类、裸子和被子植物272科2,005属5,300多种植物的图像自动识别鉴定，通过中国观花指南微信公众号（cn-flora）、中国植物鉴定中心网站（www.plant-id.cn）等提供图像在线自动鉴定服务，并与鲁朗软件合作开发了“花伴侣”手机APP植物识别应用，只需要轻触快门即可实现常见植物的即时鉴定。



“花伴侣”植物影像鉴定系统上线