

08

农学文摘

河北科技师范学院图书馆编制

2023 年第 8 期/总第 12 期

聚焦学术前沿 · 传递学科热点



聚焦学术前沿·传递学科热点

为助力优势学科建设，图书馆学科服务与信息咨询部门立足我校涉农学科科研情况编纂了二次文献类内部资料《农学文摘》，该资料包含科研进展、专题研究、热点论文三个模块的内容。科研进展模块采集了各类农业院校、研究机构的重大项目进展信息，并按照专业进行分类汇总，目前包括农学、园艺学、林学、应用生物科学、资源环境学、植物保护学六个专业学科；专题研究模块是根据我校教师研究领域选取了水稻、小麦、玉米等禾谷类作物，苹果、板栗等林果类作物以及豆类作物、薯类作物、蔬菜类作物等为专题，按月采集各研究领域发表的受国家、省部级基金资助的科研论文，揭示其主要研究内容；热点论文模块选取了 WOS 外文数据库的高被引论文，经过二次加工成科技文摘，每期推送五篇热点文章。

信息来源：图书馆所订阅报刊和网上资源。

《农学文摘》每月 20 日发布一次，每年发布 12 期。由于编辑者经验不足，能力有限，尚有很多不足之处，如果您有任何建议和特别需求可以发送到邮箱 1481280358@qq.com。我们将悉心接受您的建议，并不断改进，以期提供更好的服务，支持您的科研工作。

[往期内容请到图书馆网站查阅下载。](#)

目录



【农学文摘】
2023年第8期
总第12期

主办单位：图书馆

编辑部门：学科服务
与信息咨询部门

审核：刘朝晖

编辑：董思雨 闫明

科研进展

- 一、农学
- 二、园艺学
- 三、林学
- 四、应用生物学
- 五、资源环境学
- 六、植物保护学

专题研究

- 一、禾谷类
- 二、豆类
- 三、薯类
- 四、林果类
- 五、蔬菜类

热点论文

第一部分 科研进展

（一）农学

（01）作物所创建大容量多样化小麦全外显子突变体库//中国农业科学院作物科学研究所

中国农业科学院作物科学研究所小麦育种新技术及应用创新团队综合利用多种诱变方式，历经 10 余年创制了覆盖株型、叶型、穗型、粒型、根系等全生育期不同性状的大容量呈梯度小麦表型突变体库，并构建了以六倍体小麦骨干亲本京 411 为背景的全外显子大容量突变体库，为小麦功能基因挖掘与新品种培育提供了重要材料基础。7 月 4 日，相关研究成果发表在《植物生物技术（Plant Biotechnology Journal）》上。

全基因组或全外显子测序突变体库为作物功能基因研究提供重要材料基础。小麦基因组庞大，组装注释的中国春小麦 2.1 版参考基因组共约 14.4Gb，包含 106913 个高置信度基因和 159840 低置信度基因。尽管小麦外显子测序突变体库已有报道，构建大容量、涵盖更多基因变异的突变体库对于小麦功能基因组研究非常必要。

该研究以 EMS、高能碳离子和伽马射线等不同诱变方式创制的 2162 份小麦突变体为材料，结合突变体外显子捕获测序和野生型三代测序组装校正，鉴定到 18,025,209 个突变位点，有效突变覆盖 96.7% 的高置信度基因和 70.5% 的低置信度基因，每一千个碱基的编码区平均检测到 47.1 个突变，测序表明 EMS 类型单碱基突变位点阳性率达 94.5%。通过比较 EMS、高能碳离子以及伽马射线诱导的序列变异特征，发现高能碳离子和 γ 射线比 EMS 诱导更丰富的氨基酸变异以及较多的大片段缺失。研究还利用正向和反向遗传学案例阐明了该突变体库在小麦功能基因研究中的应用。在该研究基础上，团队搭建了小麦外显子基因突变位点检索网站：<http://jing411.molbreeding.com/>。自 2022 年 6 月运行以来，已为国内外小麦研究人员提供突变材料 400 余份次。

据悉，基于该突变体库，团队前期通过正向遗传学方法，发掘了小麦著名矮秆基因 Rht8、抽穗期基因 Vrn、穗型基因 Q 等重要性状的新基因和新等位变异 10 余个；利用反向遗传学方法，鉴定出小麦籽粒硬度、淀粉合成、麦瘟病等性

状调控基因的新等位变异 400 多个，发表研究论文 40 余篇，为小麦功能基因挖掘与新品种培育提供了重要材料基础。

论文链接：

<http://doi.org/10.1111/pbi.14111>

信息源网址：

<https://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/9c1b471f1a274245ad32797cac8a2b93.htm>

(02) 作科所发现小麦抗旱新机制//中国农业科学院作物科学研究所

近日，小麦基因资源发掘与利用创新研究组以干旱条件下叶片萎蔫程度为指标评价小麦保水力及抗旱性，通过图位克隆得到一个功能获得性基因 DIW1，解析其功能，并找到其抗旱优异单倍型。该研究为小麦抗旱性的遗传改良提供基因资源和分子标记。相关研究成果在《植物学报（JIPB: Journal of Integrative Plant Biology）》上在线发表。

小麦是我国的主要口粮作物，干旱缺水严重制约其生产，亟需发掘利用优异基因资源改良小麦抗旱性。然而，抗旱基因发掘进展缓慢，其中一个重要限制因素是抗旱性评价困难。

研究人员通过筛选小麦矮抗 58 突变体库，克隆到控制干旱条件下苗期叶片萎蔫的功能获得型基因 DIW1。分别分析该基因超表达及基因敲除小麦株系的表型，表明 DIW1 负调控小麦抗旱性。进一步实验表明，DIW1 能够使蛋白激酶 TaSnRK1.1 去磷酸化，从而调控脱落酸信号通路中下游基因的表达。通过关联分析，找到了 DIW1 提高保水力及抗旱性的优异单倍型。DIW1 的基因变异导致其蛋白磷酸酶活性不同，进而表现为不同单倍型小麦的冠层温度、幼苗存活率差异。这项工作有助于了解小麦抗旱性的分子机制，为小麦抗旱性的遗传改良提供基因资源和分子标记。

论文链接：

<https://doi.org/10.1111/jipb.13504>

信息源网址：

<https://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/89330f8d49f047df8652c8fdcf220e11.htm>

(03) 作科所揭示玉米籽粒发育新机制//中国农业科学院作物科学研究所

近日，中国农业科学院作物科学研究所作物基因组选择育种创新团队与中

国农业大学种子科学与技术中心合作，解析了玉米转录因子 Opaque2 激活 RNA 聚合酶共有亚基 ZmRPABC5b，进而影响玉米籽粒发育和淀粉、醇溶蛋白积累的分子机制。7 月 5 日，相关研究成果在线发表于《核酸研究（Nucleic Acids Research）》。

RNA 聚合酶对细胞生长和发育非常重要。玉米是重要的粮食作物，也是籽粒发育研究的模式植物，玉米籽粒大小是决定籽粒产量的重要因素，关于玉米籽粒发育调控已有诸多基因报道，但 RNA 聚合酶在这一过程中的作用尚不清楚。

该研究克隆了玉米籽粒发育缺陷突变体的功能基因 Dek701，发现其编码的 ZmRPABC5b 是 RNA 聚合酶 I、II 和 III 的共有亚基。该基因突变导致三种 RNA 聚合酶功能缺失，严重影响 RNA 生物合成、植物激素反应和淀粉积累相关基因的转录，进而影响玉米胚乳中的细胞增殖和激素水平。进一步研究发现，该基因的表达受转录因子 Opaque2 调控，后者与该基因启动子结合，在玉米驯化过程中其启动子受到强烈的人工选择。本研究工作所揭示的玉米发育调控新机制，对玉米高产优质育种具有重要借鉴意义。

论文链接：

<https://academic.oup.com/nar/advance-article/doi/10.1093/nar/gkad571/7219415>

信息源网址：

<https://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/0e18cf4240b8467295e8b0bffd990ac.htm>

（04）万建民团队阐明籼稻粳稻杂种不育分子机理 破解水稻生殖隔离之谜//中国农业科学院作物科学研究所

7 月 26 日，由万建民院士领衔的中国农业科学院作物科学研究所和南京农业大学的科研团队经过 13 年的合作研究，系统鉴定了引起籼稻和粳稻杂种不育的位点，并对其中一个最主效的位点进行了基因克隆和遗传、分子机制的深入解析，该位点由紧密连锁的两个基因组成，其遗传效应遵循天然的基因驱动模式。该研究从分子层面阐明了水稻杂种不育的机理，解开了水稻生殖隔离之谜，同时揭示了基因的演化规律以及其在不同水稻种质资源之间的分布，为利用亚种间杂种优势培育高产品种提供了理论和技术支撑。相关研究成果以研究长文的形式发表在《细胞（Cell）》期刊。

作物杂种优势利用是大幅提高粮食产量的重要途径。水稻分籼稻和粳稻两个亚种，我国北方多种植粳稻，南方多种植籼稻。上世纪七十年代以来，袁隆平先

生研发的杂交水稻主要是利用籼稻亚种内的杂种优势，实现了水稻大幅增产，带来第二次“绿色革命”，为我国乃至世界粮食安全做出了突出贡献。一般来说，品种间亲缘关系越远，杂交优势越明显。如果籼稻和粳稻亚种间能育成超级杂交稻，据预测，可以比现有杂交水稻增产 15%以上，因此如何利用亚种间的超强优势一直受到育种家的关注。然而，籼稻和粳稻之间存在严重的生殖隔离，其杂交种常表现出杂种不育现象，是阻碍杂种优势利用的最大障碍之一。本研究是继自私基因（Science, 2018）之后，该团队在杂种不育领域取得的又一突破性进展。

该研究团队首先在全基因组层面分析鉴定了引起籼稻和粳稻杂种花粉不育的主效位点，然后对位于第 12 号染色体上的一个效应最大的位点进行了后续研究。遗传分析发现该位点由紧密连锁的两个基因组成，可以分别比喻为“破坏者”和“守卫者”。“破坏者”对所有花粉产生伤害作用，引起花粉的败育；而“守卫者”阻止“破坏者”的伤害作用，因此那些遗传了该基因的花粉，因受到保护能正常发育。在世代繁衍过程中，当携带和不携带这对基因的水稻植株进行杂交时，在得到的杂交植株中，凡是不携带这对基因的花粉都不能正常发育，反之，凡是发育正常的花粉都携带这对基因，随着世代的增加，含有该对基因的后代个体会逐渐增加，最终占主导地位，这种遗传效应被称之为“基因驱动”。

进一步的生化研究发现，“破坏者”是通过与细胞中能量工厂线粒体的一个核心功能蛋白互作，干扰线粒体的产能功能，花粉因缺能而最终败育；而“守卫者”能与“破坏者”直接互作，阻止其进入产能工厂，从而解除破坏作用。“守卫者”还进一步将“破坏者”押送到一种叫做自噬体的细胞器中进行降解，从而彻底消灭“破坏者”，使花粉的发育不受任何影响。可以说，该研究首次从分子层面阐明了水稻杂种不育的机理，实现了该领域里程碑式的突破！

随后，研究人员分析了这对基因在水稻中的起源及其分布。研究表明这对基因在最开始的祖先野生稻中并不存在，随后产生无功能的类型，最后在亚洲栽培稻的祖先-普通野生稻中分别进化出“破坏者”和“守卫者”功能。在野生稻中形成之后，经过人类的驯化，这种有功能的类型仅被一部分籼稻农家种继承，而粳稻农家种可能因为地缘不同没有继承这一功能类型。由于这对基因在水稻种间或亚种间的分布不均一，因此它们相互杂交产生花粉不育是一普遍现象。利用该研究的发现，可以通过分子标记辅助选择等手段规避花粉败育问题，从而推进水稻亚种间超强优势利用和高产品种的培育。

该研究还发现，现代水稻育种无意中将这对基因从籼稻引入粳稻后，其在粳

稻种群中快速扩散，进一步说明了这对基因的“基因驱动”特性。利用这一特性，可以将优质、高抗、耐逆等优良基因与这对基因串联，“驱动”这些优良基因在后代群体中快速传播和纯合，从而大大缩短育种时间，提高育种效率。该发现为分子设计育种提供了新思路。

中国科学院院士刘耀光认为，杂交稻籼稻亚种内杂种优势的潜力挖掘已经到达一个平台期，想要进一步增产，今后的发展方向是利用籼粳亚种间的杂种优势，以及亚洲稻和非洲稻之间的杂种优势。要利用这个优势就需要我们解决杂种不育这个问题，这依赖于我们对杂种不育相关基因座位进行了解，对相关基因进行鉴定，以及搞清楚它的作用机制。万建民院士团队的这项成果阐明了相关基因的功能，为后面解决杂种不育问题打下了基础。随着相关问题的解决，籼粳杂种不育的障碍在若干年内就会得到解决，杂交稻的产量会得到更进一步的提高。

中国科学院院士种康认为，该成果不仅仅解决了从遗传上明确了控制性状的基因位点和遗传模块，同时从细胞生物学和生物化学的角度解析清楚了它中间的细节。这为未来超级杂交稻进入完全分子设计的新阶段提供了非常重要的理论基础。这也是这个成果之所以有里程碑意义的很重要的一个原因。

论文链接：

[https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(23\)00730-4](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(23)00730-4)

信息源网址：

<https://ics.caas.cn/xwdt/kyjz/6d6e061c93ed455b99f427fa97f0256e.htm>

(05) 科技创新进展：首次揭示水稻动态株型形成机理//中国农业科学院水稻研究所

近日，水稻研究所超级稻育种团队在 *Theoretical and Applied Genetics* 在线发表了题为“Photoperiod and gravistimulation-associated Tiller Angle Control 1 modulates dynamic changes in rice plant architecture”的研究论文，揭示了 TAC1 在自然长日照条件下调控水稻“分蘖期散生-抽穗期挺立-成熟期再散生”动态株型机制，首次提出了 TAC1 介导的水稻动态株型形成机理，解释了其在籼稻品种中被广泛选择的可能原因。

团队利用高世代重组自交系克隆了水稻动态株型基因 TAC1，发现其呈生物钟节律表达，且光抑制其表达而黑暗促进其表达，TAC1 表达的剂量效应正调控株型松散程度。在生长周期内，TAC1 呈动态表达，分蘖中期表达水平到达高峰，

植株散生。长日照条件下，TAC1 在抽穗期后转录水平较低，不能够达到维持分蘖角度的阈值，植株呈现挺立生长；在短日照条件下，TAC1 因其转录持续较高水平，植株在分蘖期、孕穗期及成熟期等整个生育时期均表现为散生。因其 TAC1 在节中高度表达，伴随灌浆和穗部的重力影响，植株在成熟期表现茎秆（节）弯曲的松散株型，重力实验证实 TAC1 受重力刺激诱导，进一步抑制内源生长素的不均衡分布及生长素下游基因 WOX6/11 的不均衡表达，最终负调控地上部向重力性。因此，在 TAC1 作用下，水稻在自然长日条件下呈“分蘖期散生—抽穗期挺立—成熟期散生”的动态株型，而在自然短日条件下呈现“分蘖期、抽穗期和成熟期均散生”的松散株型。

对 16 个携带功能性 TAC1 主栽籼稻品种的田间株型统计发现，所用籼稻品种在自然长日照条件下（浙江富阳 5 月-9 月）均表现为动态株型，而在自然短日条件下（海南陵水 11 月-次年 3 月）均表现出相对散生特性。证实了 TAC1 调控水稻动态株型和籼稻品种中被广泛选择的重要作用。

研究还提出，利用分子手段控制 TAC1 表达量，可创制一系列不同松散程度的水稻品系，以适应多种多样的生态条件。

论文链接：

<https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-023-04404-z>

信息源网址：

<https://cnri.caas.cn/bsdt/37afea15762842b1a95c7b5bfaadcb21.htm>

（06）研究揭示脱落酸调控水稻开花的新机制//中国农业科学院水稻研究所

近日，Journal of Advanced Research 杂志在线发表了我国水稻研究所水稻生物育种全国重点实验室张健团队题为 Exogenous abscisic acid represses rice flowering via SAPK8-ABF1-Ehd1/Ehd2 pathway 的研究论文，揭示了“SAPK8-ABF1-Ehd1/Ehd2”途径参与脱落酸非光周期依赖的方式抑制水稻开花的新机制。

水稻开花是决定水稻区域性生产和生态适应性的主要农艺性状，最终影响其产量和品质。脱落酸（Abscisic acid, ABA）在水稻开花过程中起着至关重要的作用，其效应受到外界环境、逆境胁迫程度以及 ABA 的合成部位和剂量的精细调控。通常外施 ABA 抑制植株的开花过程，但其潜在的分子机制仍未明晰。

研究团队以依赖 ABA 的 SnRK2 激酶成员 SAPK8 和 bZIP 转录因子 ABF1 的突变体和过量表达株系为主要研究材料，发现在短日照和长日照条件下，同时敲除 ABF1 及其同源基因 bZIP40 加速开花，而 SAPK8 和 ABF1 过量表达植株表现出开花延迟，并且对外施 ABA 介导的开花抑制敏感性增强。当植株感受到外界 ABA 信号后，SAPK8 可以结合并磷酸化修饰 ABF1，增强 ABF1 结合调节开花的正向主效因子 Ehd1 和 Ehd2 启动子的能力。进一步研究发现，ABF1 可通过与表观调节因子 FIE2 的相互作用招募 PRC2 复合物结合 Ehd1 和 Ehd2 的启动子，并通过 H3K27me3 组蛋白修饰抑制 Ehd1 和 Ehd2 的表达，而 SAPK8 通过磷酸化修饰 ABF1 可增强该效应，最终导致开花延迟。此外，遗传实验表明，Ehd1 作用于 ABF1 的下游从而调控水稻开花。

综上，该项研究揭示了 SAPK8 和 ABF1 在 ABA 信号传导以及调控水稻开花方面的生物学功能，并且 PRC2 介导的表观遗传修饰在 ABF1 介导的 ABA 抑制水稻开花的转录调控过程中发挥着重要的作用，为培育适宜抽穗期的水稻品种，进而提高水稻的高产稳产以及环境适应性提供了重要理论依据。

论文链接：

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2090123223001753#b0350>

信息源网址：

<https://cnrri.caas.cn/bsdt/c860a6f62c67490ea4cdc0a3175360aa.htm>

(07) 利用纳米氧化锌增强水稻对稻瘟病菌的抗性//中国农业科学院水稻研究所

近日，中国水稻研究所寇艳君团队在 *Environmental Pollution* 在线发表了题为“The application of zinc oxide nanoparticles: an effective strategy to protect rice from rice blast and abiotic stresses”的研究论文，研究发现可以利用纳米氧化锌增强水稻对稻瘟病菌的抗性。

水稻作为主要粮食作物，养活了世界一半以上的人口。然而，水稻在整个生育期通常会遭受各种非生物和生物胁迫。其中，稻瘟病是水稻最严重的病害之一，一般造成 10%-30% 的产量损失。近年来，纳米颗粒在农业等多个领域使用，受到研究人员的广泛关注。纳米颗粒在农学中的应用包括改变传统的作物生产系统、提高作物抗病性、养分利用率和作物产量等。在众多纳米颗粒中，纳米氧化锌是农业中使用较多的纳米颗粒，能够影响植物的株高、根系发育、种子发芽以及叶绿素含量等。目前，纳米氧化锌对病原真菌-稻瘟病菌的抑制作用，及其在水稻

对稻瘟病抗性影响中发挥的作用尚不清楚。

研究团队发现纳米氧化锌能够抑制稻瘟病菌孢子的产生和附着胞形成，具有抗菌活性。与此同时，纳米氧化锌处理水稻后，诱导水稻活性氧的积累和防御相关基因 OsNAC4、OsPR10、OsKSL4 和 OsPR1b 的上调表达，降低水稻 ABA 水平，增强水稻基础抗性，进而显著降低稻瘟病的发生。此外，研究还发现纳米氧化锌处理水稻提高其对高温和渗透压胁迫的耐受性。综上，该研究发现纳米氧化锌的施用不仅是防控稻瘟病的有效手段，也为提高水稻对非生物胁迫的耐受性提供了新方法。

论文链接:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749123009272?dgcid=coauthor>

信息源网址:

<https://cnri.caas.cn/bsdt/05f62ed41a60444fb8780fbef8b6b9f.htm>

(08) 中棉所朱荷琴研究员团队揭示大丽轮枝菌与棉花互作新机制//中国农业科学院棉花研究所

近日，中国农业科学院棉花研究所朱荷琴研究员团队揭示了大丽轮枝菌致病因子 VdEPG1 与棉花茉莉酸合成相关物质植物二烯酸还原酶 GhOPR9 互作调控寄主对黄萎病抗性的分子机制，为棉花黄萎病抗病育种提供重要依据。相关成果以“The glycoside hydrolase 28 member VdEPG1 is a virulence factor of *Verticillium dahliae* and interacts with the jasmonic acid pathway-related gene GhOPR9”为题发表在国际著名期刊《分子植物病理学 (Molecular Plant Pathology)》(中科院一区 Top 期刊, IF=5.520) 上。

大丽轮枝菌引起的棉花黄萎病是一种土传维管束真菌病害，由于病原菌致病机制复杂，病原菌与寄主互作机制不清楚，这成为有效防治该病的关键难题。近年来研究表明，大丽轮枝菌通过分泌大量致病相关毒性蛋白抑制寄主植物的免疫反应，使寄主发病。探究这些毒性蛋白的致病机理及其与寄主的互作机制是该病综合防治及抗病育种的重要基础工作。

本研究发现大丽轮枝菌分泌的内源多聚半乳糖醛酸酶 VdEPG1 能够通过调节大丽轮枝菌生长发育，进而正向调控病原菌的毒性。进一步研究发现，VdEPG1 作为病原菌的毒性因子能够抑制由 NLP1/INF1 引起的寄主免疫反应。当大丽轮

枝菌侵染寄主时，茉莉酸合成途径相关蛋白植物二烯酸还原酶 GhOPR9 能够与 VdEPG1 在细胞膜上发生相互作用，诱发植物免疫反应，抵御大丽轮枝菌的侵染。该研究从新的视角揭示了大丽轮枝菌致病机制，丰富了病原菌与寄主互作理论体系。

论文链接：

<https://doi.org/10.1111/mpp.13366>

信息源网址：

<https://cri.caas.cn/sylm/kyjz/1e0a20393e7843aebc5c41806f56fd3f.htm>

(09) 中棉所李付广研究员团队揭示棉花体细胞多能性获得的调控机制//中国农业科学院棉花研究所

近日，中国农业科学院棉花研究所李付广团队揭示了 GhRCD1 通过调节 GhMYC3-GhMYB44-GhLBD18 转录级联通路调控棉花体细胞多能性获得的分子机制，为研究细胞全能性和多能性的决定因素以及加速棉花基因工程研究进程提供了新思路。相关研究结果以“GhRCD1 regulates cotton somatic embryogenesis by modulating the GhMYC3-GhMYB44-GhLBD18 transcriptional cascade”为题发表在国际知名期刊《新植物学家 (New Phytologist)》(IF="10.323) 上。

由于细胞的全能性，植物具有显著的再生特性，实现由单个细胞或细胞群发育成整个植株。体细胞胚胎发生作为最重要的再生模式之一，是一个不经过配子融合的由体细胞分化发育成植株的过程，是研究细胞多能性获得的理想模型。目前体细胞胚胎发生技术广泛应用于种质保存、人工制种、单倍体育种、无性繁殖，以及作为植物生物技术研究领域的平台工具。因此，探究体细胞胚胎发生过程中体细胞多能性获得的精细调控机制至关重要。

该研究证明 GhMYC3 通过直接结合 GhMYB44 和 GhLBD18 启动子中的 G-box 元件调节其表达，继而维持体细胞胚胎发生过程中细胞多能性状态。此外，GhRCD1 与 GhMYC3 拮抗性相互作用，通过抑制 GhMYC3 的转录活性调控棉花体细胞胚胎发生的进程。有趣的是，GhRCD1、GhMYC3、GhMYB44 和 GhLBD18 在愈伤组织诱导、愈伤组织增殖和胚性细胞获得过程中呈现出时序表达模式，并且调节体细胞胚胎发生过程中 ROS 的动态积累，表明 GhRCD1-GhMYC3-GhMYB44-GhLBD18 组成的转录级联模块可时序性调节细胞内 ROS 的积累，继而影响体细胞胚胎发生过程中细胞的命运。

论文链接:

<https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.19120>

信息源网址:

<https://cri.caas.cn/sylm/kyjz/0f330df80f1b466f82029737a37aca63.htm>

(二) 园艺学

(01) 武汉植物园在亚洲莲花色差异的分子调控机制研究中获进展//武汉植物园

莲来自莲科莲属,是最古老的双子叶植物种属之一。目前现存的莲属植物仅有两个种——亚洲莲和美洲黄莲,且花色差异明显。亚洲莲野生种的花色有红色和白色,而美洲黄莲的花色仅有黄色。先前研究表明,红色亚洲莲和美洲黄莲之间的花瓣颜色变化可能与黄酮合成酶(FLS)和MYB5的活性有关。然而,亚洲莲红白色差异的分子机制尚不清楚。

近日,中国科学院武汉植物园莲种质资源与遗传育种学科组在《植物生理学》(Plant Physiology)上,在线发表了题为 Transcription factor NnMYB5 controls petal color by regulating GLUTATHIONE S-TRANSFERASE2 in *Nelumbo nucifera* 的研究论文。该研究通过 QTL 定位和 BSA-seq 挖掘到控制莲花色的 NnMYB5 及其靶基因 NnGST2,揭示了亚洲莲花瓣颜色形成的调控机制。

研究通过红色和白色亚洲莲 F2 群体的 QTL 定位,明确了控制亚洲莲花瓣颜色分化的候选基因 NnMYB5,并对 213 个莲种质资源进行基因分型发现包含 NnMYB5 基因的一个 80 kb 存在/缺失结构变异(PAV)与花瓣颜色关联。进一步,转录组分析、双荧光素酶和酵母单杂交实验表明,NnMYB5 能够直接激活花青素转运蛋白 NnGST2。在拟南芥中异源表达及莲花花瓣中超表达 NnGST2,均可诱导花青素积累。本研究建立了 NnMYB5 和 NnGST2 在花瓣花青素积累中的调控关系,并证明在亚洲莲中控制花色形成的独立调节机制。

论文链接:

<https://doi.org/10.1093/plphys/kiad363>

信息源网址:

https://www.cas.cn/syky/202307/t20230703_4919173.shtml

(02) 华南植物园在石仙桃叶绿体基因组进化和系统学研究中获进展//中国科学院华南植物园

兰科石仙桃属植物 (*Pholidota* Lindl. ex Hook.) 分布于亚洲热带、亚热带地区, 世界约有 30 种, 我国产约 15 种。该属植物具有重要的经济价值。其中, 有些类群为传统中药材, 俗称石橄榄。然而, 以往由于采样不足、缺乏足够的信息位点及有限的基因组信息, 该属和近缘属间的关系和系统地位尚不清楚以及石仙桃属的分类问题尚存在争议。

为探讨该属植物的系统发育关系及其叶绿体基因组的变异模式, 科研人员对 13 种石仙桃属植物的叶绿体全基因组进行了高通量测序、组装和注释分析。结果显示, 石仙桃属叶绿体基因组均为典型的环状四分体结构, 大小在 158,786 ~ 159,781 bp 之间。每个叶绿体基因组包含 135 个基因, 其中蛋白质编码基因 89 个, tRNA 基因 38 个, rRNA 基因 8 个。密码子使用模式分析显示石仙桃属叶绿体基因组偏向使用以 A/U 结尾的密码子。重复序列分析鉴定出 444 个串联重复序列、322 个回文重复序列和 189 个散在重复序列。变异位点共检测到 525 个 SSRs、13834 个 SNPs 和 8630 个 InDels。本研究确定了 6 个高度可变区域, 用于未来的分子标记及相关的遗传学和基因组学研究。

在综述之前工作的基础上, 该研究基于叶绿体全基因组序列进一步探究了石仙桃属及其近缘属之间的系统发育关系。结果表明, 传统意义上依据唇基囊状界定的石仙桃属为多系, 分为四个主要分支: 狭义石仙桃属 (*Pholidota* s.s) 与包含贝母兰属 (*Coelogyne* Lindl.) 部分代表物种的一个分支构成姊妹群; 另外两个分支分别与蜂腰兰属 (*Bulleyia* Schltr.) 和曲唇兰属 **【*Panisea* (Lindl.) Steud.】** 的代表物种聚在一起; *P. ventricosa* 偏离该属所有其他物种, 稳定处于系统发育树的基部。尽管唇基凹陷的性状在石仙桃属物种间表现出相似性, 但经历了多次独立进化而产生, 为非同源性状, 而石仙桃属多数分支得到子房是否被毛、花苞片形态等形态共衍征的支持。

该研究首次基于叶绿体全基因组数据比较分析了石仙桃属植物的遗传变异和进化, 探讨了石仙桃属及其近缘属之间的系统发育和亲缘关系。该研究有助于更好地理解石仙桃属及其近缘类群的系统发育关系, 并为该属植物的分类、演化和保育奠定了基础。

论文链接:

<https://doi.org/10.1186/s12870-023-04233-8>

信息源网址:

https://www.cas.cn/syky/202306/t20230630_4918892.shtml

(03) 植物所在牡丹花器官数量变异遗传调控网络方面取得进展//植物所

花器官作为有花植物的重要繁殖系统，是物种形成与多样化的关键。在人类对植物驯化栽培和育种过程中，花器官数量决定其产量、品质及育种成败。牡丹（*Paeonia suffruticosa*）属于芍药科芍药属植物，其花形态多样。出于对重瓣花的偏爱，人们在漫长的驯化栽培和选择过程中对花瓣数目进行了持续选择，导致牡丹花瓣、雄蕊和心皮数量表现出丰富的变异，但其遗传调控网络仍是未解之谜。

中国科学院植物研究所芍药科多样性与种质创新研究团队针对牡丹栽培品种群体表型丰富的变异，基于全基因组关联研究（GWAS）和表达数量性状位点（eQTL），重点解析了花器官数量多态性和遗传变异机制。科研人员以牡丹栽培品种群体为范式，在对 271 个广泛栽培的牡丹品种的 24 个表型性状进行调查基础上，筛选出花瓣数、雄蕊数和心皮数变异丰富的 119 个代表品种进行转录组测序，检测到 52,280 个基因，鉴定出 407,561 个高置信度 SNPs。研究采用关联分析（GWAS）和表达性状数量性状位点（eQTL）分析，揭示了花器官数量相关基因的等位变异。在此基础上，研究采用加权基因共表达网络分析（WGCNA），鉴定出 3,066、721 和 96 个顺式作用 eQTL 位点（cis-eQTLs）分别调控 356、122 和 15 个基因参与花瓣、雄蕊和心皮数量遗传调控网络。研究通过计算模块特征基因连通性值，鉴定出 19 个 hub 基因并构建了共表达网络（其中 11 个基因受 GWAS 相关 cis-eQTLs 调控）。进一步分析发现 AP3、AGL6 和 SEP3/AGL9 的 cis-eQTLs 会导致花瓣数目显著差异；SEP2/AGL4、SEP3/AGL9 和 PI-1 的 cis-eQTLs 会导致雄蕊数目显著差异；SEP2/AGL4 和 SEP3/AGL9 的 cis-eQTLs 会导致心皮数目显著差异。研究团队通过不同发育时期花芽的转录组对上述结果进行了验证，提出了牡丹花器官数量变异调控网络模型。该研究为解析牡丹驯化过程中花器官数量变异的遗传基础和产量调控提供了思路，并为牡丹高产优质育种奠定了理论基础。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/hr/uhad110>

信息源网址：

https://www.cas.cn/syky/202307/t20230724_4940546.shtml

(04) 马锋旺教授团队揭示转录因子 MdNAC104 通过 CBF 依赖及不依赖途径调控苹果耐寒性的分子机制//西北农林科技大学园艺学院

近日，西北农林科技大学苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授/毛柯副研究员课题组联合新疆农科院园艺研究所王继勋研究员课题组在植物学知名期刊 *Plant Biotechnology Journal* 在线发表了题为“MdNAC104 positively regulates apple cold tolerance via CBF-dependent and CBF-independent pathways”的研究论文，揭示了 MdNAC104 通过促进 CBFs 基因表达、抗氧化酶活性和花青苷积累等多个途径协同增强苹果耐寒性的分子机制。

近年来，我国苹果种植区遭遇冬季极端低温和春季倒春寒天气愈发频繁，低温成为限制苹果产业发展的主要环境因子之一。从生理和分子水平探究植物响应低温胁迫机制，能够为苹果耐寒分子设计育种提供理论依据和基因资源，对苹果产业可持续发展具有重要意义。NAC (NAM, ATAF1/2 and CUC2) 转录因子广泛参与植物的生长发育和非生物胁迫响应过程。目前，尽管一些 NAC 家族成员被鉴定参与植物的低温胁迫响应，但相关报道主要集中在模式植物中，果树中的研究很少且不清楚。

该研究发现 MdNAC104 过表达显著增强转基因苹果植株的耐寒性。通过转录调控分析、启动子结合鉴定等试验证明 MdNAC104 能直接结合 MdCBF1、MdCBF3 启动子并促进它们的表达，从而增强苹果植株的耐寒性。另一方面，通过转录组及代谢组联合分析，发现低温下 MdNAC104 过表达植株花青苷合成通路中的多个关键基因的表达显著上调，相关代谢物积累水平也显著提高。另外，MdNAC104 过表达植株中的多个抗氧化酶 (SOD, POD) 编码基因的表达也显著上调。通过启动子结合、转录调控分析等试验，发现 MdNAC104 能结合花青苷合成关键基因 MdCHS-b、MdCHI-a、MdF3H-a 和 MdANS-b 的启动子，以及抗氧化酶编码基因 MdFSD2 和 MdPRXR1.1 的启动子，从而直接激活它们的表达，促进低温下花青苷的积累和抗氧化酶活性的提高，增强转基因植株耐寒性。

综上，该研究明确了 MdNAC104 正调控苹果植株耐寒性的生物学功能，并解析了 MdNAC104 响应低温过程中促进 CBFs 基因、花青苷合成基因及抗氧化酶编码基因的表达，从而通过 CBF 依赖及不依赖的多个途径协同增强苹果植株耐寒性的分子机理。

论文链接：

<http://doi.org/10.1111/pbi.14112>

信息源网址：

<https://yyxy.nwsuaf.edu.cn/xyxw/bfe0492ec0d946858d52a10bc67ddfc1.htm>

(05) 草业学院刘金隆课题组发现液泡磷转运体调控豆科植物根瘤共生和磷适应的新机制//西北农林科技大学草业学院

近日，草业学院刘金隆副教授课题组在《The Plant Journal》上在线发表题为“VPT-like genes modulate Rhizobium-legume symbiosis and phosphorus adaptation”的研究论文。草业学院硕士毕业生杨容尘、严俊和李淳为共同第一作者，刘金隆副教授为通讯作者。

液泡磷酸盐转运体(VPT)对植物的磷适应性至关重要，但它们在根瘤菌-豆科植物共生中的作用尚不清楚。研究人员对蒺藜苜蓿中的 VPT1 同源基因(MtVPTs)在根瘤菌-豆科植物共生和磷适应中的功能进行了系统研究。结果表明，MtVPT2 和 MtVPT3 分别主要对低磷和高磷有积极响应。然而，*mtvpt2* 和 *mtvpt3* 突变体均表现出高磷酸盐敏感性和低磷酸盐耐受性的茎型。*mtvpt3* 显著提高了根到地上部的磷酸盐转移效率，而 *mtvpt2* 显著降低了根到地上部的磷酸盐转移效率，并分别降低和提高了根系细胞质中的磷浓度。低磷胁迫能够诱导根瘤中 MtVPT2 和 MtVPT3 的表达。MtVPT2 和 MtVPT3 的突变显著降低了不同磷条件下的根瘤数量和固氮酶活性。*mtvpt2* 和 *mtvpt3* 突变体的根瘤细胞质磷浓度明显低于野生型，尤其是在根瘤基部附近的组织中，这可能是由于磷的长距离运输和胞质磷供应不足所致。在低磷胁迫下，*mtvpt2* 和 *mtvpt3* 不能像野生型一样在根瘤固氮区维持稳定的胞浆磷水平。这些结果表明，MtVPT2 和 MtVPT3 可能通过调节长距离磷转运来调节磷适应性和根瘤菌与豆科植物的共生过程，可为紫花苜蓿等豆科植物的磷素高效吸收利用遗传改良提供新的思路。

论文链接：

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.16363>

信息源网址：

<https://news.nwsuaf.edu.cn/xscg/e666aa3ce81e4b7fb088040b83d7c48a.htm>

(06) 惠竹梅教授团队在紫外和红外辐射对转色期酿酒葡萄挥发性香气组分的影响研究方面取得进展//西北农林科技大学葡萄酒学院

近期，西北农林科技大学葡萄酒学院惠竹梅教授团队在紫外和红外辐射对转色期酿酒葡萄挥发性香气组分的影响研究方面取得进展。研究以“Effects of

ultraviolet and infrared radiation absence or presence on the aroma volatile compounds in winegrape during veraison”为题在《Food Research International》发表。论文第一作者为博士研究生尹海宁，通讯作者为王雪飞副教授和惠竹梅教授。

香气是葡萄酒重要的品质因子。光环境因素显著影响酿酒葡萄的香气积累和组成，而其中非可见光对葡萄生长发育过程中香气物质形成的影响研究较少。本研究通过葡萄果穗套袋分别阻隔紫外(UV)和红外(IR)辐射，并在体外用紫外或红外辐射照射葡萄果穗，采用 HS-SPME-GC-MS 和 HS-GC-IMS 研究了紫外和红外辐射对赤霞珠葡萄香气组分的影响。阻隔紫外辐射(UV-)或红外辐射(IR-)下，葡萄果实中鉴定出 16 种香气化合物，包括脂肪醇类、脂肪酸类、苯环类、醛类和单萜类。紫外辐射照射(UV+)或红外辐射照射(IR+)下，葡萄果实中鉴定出 23 种香气化合物，分为脂肪醇类、脂肪酮类、脂肪酯类、脂肪酸类、单萜类、醛类、挥发性酚类和其他挥发物。根据 OPLS-DA 分析，紫外辐射显著影响芳樟醇和己醛含量。己醛含量在 UV-处理下升高，在 UV+处理下降低，表明紫外辐射抑制己醛物质的合成代谢。根据 VIP 值，与对照相比，苯甲醛和 2-癸酮分别是 IR-和 IR+处理下的主要差异香气物质。HS-GC-IMS 分析了三种紫外和红外辐射强度下的香气物质差异，结果表明，乙酸、2-甲基丁醛和戊醛的含量随辐射强度的增加而降低，2-3-丁二酮、乙酸丁酯和 1-己醇的含量随辐射强度的增加而增加，且紫外辐射的作用更显著。该研究提高了我们对非可见光在挥发性香气物质积累中的作用的认知，并进一步拓展了酿酒葡萄产业促进生长发育可利用的有效波长范围，为非可见光在田间和温室栽培技术应用提供了理论依据。

论文链接：

<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2023.112662>

信息源网址：

<https://news.nwsuaf.edu.cn/xscg/eb48f7a8900d42ba9a48650cfb464fa7.htm>

(07) 揭示组蛋白去乙酰化酶 MdHDA6 调控苹果响应低温胁迫的分子机制//西北农林科技大学园艺学院

近日，西北农林科技大学园艺学院旱区作物逆境生物学国家重点实验室管清美/徐记迪课题组在 *Plant Biotechnology Journal* 上发表了题为“Histone deacetylase MdHDA6 is an antagonist in regulation of transcription factor MdTCP15 to promote cold tolerance in apple”的研究论文，揭示了组蛋白去乙酰化酶 MdHDA6 在调控

MdTCP15 诱导的转录激活或抑制中起拮抗作用，以正向调控苹果耐寒性，揭示了 MdHDA6-MdTCP15 模块调控苹果响应低温胁迫的分子机制。

低温对苹果树生长易造成严重威胁，特别在开花期间影响其坐果率，果实生产力造成巨大损失。因此，揭示苹果植物响应低温胁迫的分子机制使我们能够利用调节机制进行作物改良。

为探究 MdHDA6 在苹果低温胁迫下的调控作用，本研究获得了 MdHDA6 过表达 (MdHDA6 -OE) 和 RNA 干扰 (MdHDA6 -RNAi) 苹果转基因系，并进行低温处理。结果显示 MdHDA6 -OE 植株表现出更强的抗寒性，而沉默株系则更敏感。众所周知，组蛋白去乙酰化可以收紧染色质结构并最终抑制基因表达。因此作者选择了四个低温负调控因子 (PRR5 ， NAC029 ， ABI1 和 PIF3)，并通过 ChIP-qPCR 以验证其 H3ac 水平，发现 MdHDA6 促进低温相关基因的组蛋白去乙酰化，并抑制其表达，正向调控苹果的抗寒性。

MdHDA6 是一种催化酶，不具有结合下游基因的能力。有研究报道 HDAs 可以直接与转录因子 (TFs) 相互作用，并依靠转录因子的结合能力靶向下游基因。随后，研究发现 MdHDA6 与转录因子 MdTCP15 相互作用，并促进 MdTCP15 上的组蛋白去乙酰化并抑制其表达。因此，探索 MdTCP15 在苹果对冷胁迫反应中的调节作用，过表达 MdTCP15 降低了苹果的耐寒性。相比之下，MdTCP15 -RNAi 株系在低温处理下与 GL-3 植物相比显示出更强的耐寒性。进一步研究发现，MdTCP15 可以激活低温负调控因子表达，并抑制低温正调控因子，从而负向调节苹果的耐寒性。由于 MdTCP15 是一种转录因子，因此可以直接与下游靶基因结合，对其靶基因进行转录调控。通过 ChIP-qPCR 和 EMSA 验证发现 MdTCP15 与 MdABI1 和 MdCOR47 启动子结合，Dual-luc 实验进一步说明 MdTCP15 可以激活 MdABI1 的表达，抑制 MdCOR47 的表达，然而共同表达 MdHDA6 和 MdTCP15 后发现，MdHDA6 通过直接与 MdTCP15 相互作用来抑制 MdTCP15 对靶基因的转录调控。

综上，MdHDA6-MdTCP15 模块对苹果低温相关基因的新调节机制：(1) MdTCP15 依靠其 DNA 结合能力，MdTCP15 招募 MdHDA6 至靶基因 MdABI1，使 MdHDA6 对 MdABI1 基因组区域进行组蛋白去乙酰化，抑制其表达，增强耐寒性；(2) MdHDA6 的参与抑制了 MdTCP15 对冷低温负调控因子 MdABI1 的激活，从而增强了耐寒性；(3) MdHDA6 的参与抑制了 MdTCP15 对 MdCOR4 表达的抑制，这对苹果耐寒性有积极调控作用。

论文链接:

<https://doi.org/10.1111/pbi.14128>

信息源网址:

<https://news.nwsuaf.edu.cn/xscg/3886701fe7774e8f831ac2a591a61380.htm>

(08) 陈学森教授团队明确了‘山农酥’梨肉细渣（石细胞）少的分子调控机制// 山东农业大学园艺科学与工程学院

近期, The Plant Journal 在线发表了题为 Transcriptome analysis reveals that PbMYB61 and PbMYB308 are involved in the regulation of lignin biosynthesis in pear fruit stone cells 的研究论文, 报道了两个 MYB 家族的转录因子 PbMYB61 与 PbMYB308 互作, 协同调控梨石细胞中木质素生物合成的分子机制。园艺科学与工程学院陈学森教授和张宗营讲师为该文的通讯作者, 课题组博士研究生朱岩松、王意程为共同第一作者, 王楠教授、博士研究生刘文军、张淑辉、侯绪凯等也参与了该项工作。

石细胞 (stone cell) 是一种厚壁组织细胞, 在细胞停止发育后, 木质素在薄壁细胞的细胞壁上不断积累, 次生细胞壁 (SCW) 不断沉积, 最终发育成成熟的石细胞。它的含量与大小严重影响梨果实的食用品质。梨果肉组织中石细胞的形成与木质素的生物合成、转移和沉积密切相关。因此, 阐明调控梨果实中木质素生物合成的分子机制可能为果实品质的遗传改良提供新思路。

加权基因相关网络分析(WGCNA)是是用来描述不同样品之间基因关联模式的系统生物学方法, 可以用来鉴定高度协同变化的基因集, 并根据基因集的内连性和基因集与表型之间的关联鉴定在生物过程中起重要作用的相关途径和基因, 并通过网络中的已知基因预测未知的基因调控关系。

该研究分析了山农酥梨在五个发育时期 (盛花期后 25、35、45、65、95 天) 采集的果肉样本产生的 RNA-seq 数据, 基于加权基因共表达网络分析(WGCNA) 构建了梨木质素合成的结构基因与 MYB,NAC,WRKY 家族转录因子的共表达网络, 通过整合基因共表达网络和蛋白相互作用 (PPI) 网络等信息确定了 9 个木质素生物合成网络中的 hub 候选结构基因。

基于参与调节 SCW 合成和木质素生物合成的 AtMYB TF, 分析了石细胞相关模块中 MYB 基因的系统发育关系、保守基序和结构域。研究发现参与 SCW 合成和木质素生物合成调节的 MYB TF 是高度保守的。结合种间共线性分析确定

了两个候选 MYB TF 编码基因。

通过瞬时过表达和基因沉默（VIGS）以及稳定转化苹果愈伤组织发现，PbMYB61 可以促进木质素的生物合成，PbMYB308 具有相反的作用。进一步的分子生物学实验结果表明 PbMYB61 通过与 PbLAC1 启动子中的 AC 元件结合上调表达来调节石细胞木质素的形成。然而，PbMYB308 通过与 PbMYB61 结合形成不能激活 PbLAC1 表达的二聚体来负调节石细胞木质素合成。

论文链接：

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/tpj.16372>

信息源网址：

<http://www.sdau.edu.cn/2023/0703/c13309a221687/page.htm>

（09）植物所科研人员在牡丹花器官数量变异遗传调控网络方面取得新进展//植物研究所

花器官作为有花植物的重要繁殖系统，是物种形成与多样化的关键，在人类对植物驯化栽培和育种过程中，花器官数量决定了其产量、品质及育种成败。牡丹（*Paeonia suffruticosa*）属于芍药科芍药属植物，其花形态多样。出于对重瓣花的偏爱，人们在漫长的驯化栽培和选择过程中对花瓣数目进行了持续的选择，导致牡丹花瓣、雄蕊和心皮数量表现出丰富的变异，但其遗传调控网络仍是未解之谜。

中国科学院植物研究所芍药科多样性与种质创新研究团队针对牡丹栽培品种群体表型丰富的变异，基于全基因组关联研究（GWAS）和表达数量性状位点（eQTL），重点解析了花器官数量多态性和遗传变异机制。科研人员以牡丹栽培品种群体为范式，在对 271 个广泛栽培的牡丹品种的 24 个表型性状进行调查基础上，筛选出花瓣数、雄蕊数和心皮数变异丰富的 119 个代表品种进行转录组测序，共检测到 52,280 个基因，鉴定出 407,561 个高置信度 SNPs。采用关联分析（GWAS）和表达性状数量性状位点（eQTL）分析，揭示了花器官数量相关基因的等位变异。在此基础上，采用加权基因共表达网络分析（WGCNA），鉴定出 3,066、721 和 96 个顺式作用 eQTL 位点（cis-eQTLs）分别调控 356、122 和 15 个基因参与花瓣、雄蕊和心皮数量遗传调控网络。通过计算模块特征基因连通性值，共鉴定出 19 个 hub 基因并构建了共表达网络，其中有 11 个基因受 GWAS 相关 cis-eQTLs 调控。进一步分析发现 AP3、AGL6 和 SEP3/AGL9 的

cis-eQTLs 会导致花瓣数目显著差异；SEP2/AGL4、SEP3/AGL9 和 PI-1 的 cis-eQTLs 会导致雄蕊数目显著差异；SEP2/AGL4 和 SEP3/AGL9 的 cis-eQTLs 会导致心皮数目显著差异。研究团队通过不同发育时期花芽的转录组对上述结果进行了验证，并提出了牡丹花器官数量变异调控网络模型。该研究为解析牡丹驯化过程中花器官数量变异的遗传基础和产量调控提供思路，并为牡丹高产优质育种奠定理论基础。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/hr/uhad110>

信息源网址：

http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202307/t20230719_6812463.html

(10) 植物所科研人员在西北牡丹色斑形成机制研究中取得重要进展//植物研究所

植物花瓣上呈现的色斑或条纹图案被称为呈色模式，不同科属物种的呈色模式具有丰富的多样性。花瓣特异的呈色模式在植物有性生殖、物种形成和进化过程中发挥重要作用，也赋予园艺作物极高的观赏价值。西北牡丹品种群的品种(以下简称“西北牡丹”)起源于紫斑牡丹 (*Paeonia rockii*)，其花瓣基部呈现一个具有一定形态且边缘清晰的彩色色斑，是西北牡丹特异的呈色模式。长期以来，因缺乏参考基因组和基因功能验证体系，各品种的遗传背景复杂，其色斑形成的分子机制尚不清楚。

中国科学院植物研究所芍药科多样性与种质创新研究团队以西北牡丹‘书生捧墨’为研究材料，通过色素分析、比较转录组、转录调控和表观遗传调控等研究，全面探究了西北牡丹色斑形成的分子机制。研究发现，花青素苷仅在‘书生捧墨’花瓣的斑内积累，而黄酮苷主要在斑外积累，是造成花瓣斑内外差异呈色的原因；类黄酮代谢途径上的酶基因 PrF3H、PrDFR、PrANS 在斑内特异高表达而在斑外沉默，是决定色素差异合成的关键酶基因；PrF3H 作为花青素苷合成的早期酶基因受两个 R2R3-MYB 协同调控，而晚期酶基因 PrDFR 和 PrANS 均受一个关键的 SG6 成员 PrMYBa3 激活，PrMYBa3 与两个 PrbHLH 协同作用，激活斑内花青素苷合成途径。R2R3-MYB 对牡丹花瓣中类黄酮合成途径的调控有明确的功能分化，也有很高的保守性。有趣的是，这些正调控因子基因并未与酶基因 PrF3H、PrDFR、PrANS 建立共表达模式，可能无法直接调控酶基因在斑内

外差异表达。研究人员通过对 PrF3H、PrANS 启动子的 DNA 甲基化分析，发现在斑内、斑外 PrF3H、PrANS 启动子关键区域的甲基化水平具有显著差异，高丰度的甲基化修饰可能介导关键酶基因 PrF3H、PrANS 斑外沉默。该研究不仅全面地解析了西北牡丹花瓣花青素苷合成的分子调控机制，而且提出了转录调控与表观调控共同作用于西北牡丹特异呈色模式形成的新思路，为全面理解被子植物色斑呈色模式提供了重要参考。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/hr/uhad100>

信息源网址：

http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202307/t20230725_6824341.html

（三）林学

（01）林学院人工林培育团队在树木水分生理及其抗旱机制研究上取得新进展//北京林业大学林学院

近日，北京林业大学林学院席本野教授研究团队在 *Plant Physiology* 发表（一区 TOP，IF=8.005）上发表了题为“Evaporation-driven internal hydraulic redistribution alleviates root drought stress: mechanisms and modeling”的研究论文，为木本植物水分生理及其抗旱机制提供了新见解。

毛白杨（*Populus tomentosa*）是中国北方重要的用材与防护树种。在前期研究中，林学院人工林培育团队发现了一项全新且从未被报道过的根系水力再分配模式，并将其命名为了“蒸发驱动的水力再分配（EDHR）”。本研究进一步探究了该现象的发生机制、影响因子与生理生态学意义。

研究发现，EDHR 现象在雨养条件下的毛白杨人工林中广泛存在，且随着林龄的增加，其发生程度呈现出逐渐减小的趋势。根系多位点液流监测与染色进一步为 EDHR 的发生提供了证据，并且揭示了该现象的逆向液流可以在侧根内进行长距离运输。

此外，利用 micro-CT 技术对侧根木质部结构进行重建，发现毛白杨侧根木质部由向上连接和向下连接的两种类型导管组成。在侧根发育早期，两种类型导管呈现为上下对称分布；随着侧根逐渐发育成熟，新形成的导管均为向上连接。

基于观测到的导管结构，构建了不同水力构架的根系吸水模型，模型模拟结果揭示了 EDHR 现象的本质是由植物木质部网络内部的水势梯度引起的内部水

力再分配。该现象更易发生在土壤阻力较高的粗质地土壤，与传统水力再分配相互补偿。在极端干燥的条件下，EDHR 可以使木质部水势提高 38.9%–41.6%，极大程度缓解了浅层根系所面临的干旱胁迫。此外，不同水力构架的侧根存在着水力“安全–效率”权衡策略。新提出的模型为根系复杂木质部结构及其对水分运动的影响提供了新的见解，有助于增强对木质部结构与植物水力学之间关系的理解。

论文链接：

<https://academic.oup.com/plphys/advance-article-abstract/doi/10.1093/plphys/kia0364/7205635>

信息源网址：

<http://news.bjfu.edu.cn/jxky/6fbaff17a1dc4c7fad9d1d17ea359de6.html>

(02) 林学院科研团队在小样本深度学习树种分类方向取得新进展//北京林业大学林学院

近日，林学院张晓丽教授团队在工程技术领域一区 TOP 期刊《Remote Sensing of Environment》（IF=13.5）在线发表研究论文“Discriminative feature constraints via supervised contrastive learning for few-shot forest tree species classification using airborne hyperspectral images”。

高精度的多树种组成与分类制图是森林资源调查监测、生物多样性评估、外来入侵物种监测的重要内容，也是实现“双碳”战略目标的基础信息。随着高光谱成像技术在林业中的广泛应用，高空间-光谱分辨率的遥感图像为精细的树种分类研究提供了数据支撑。然而，高空间-光谱分辨率意味着大数据量、特征冗余和光谱可变性，为精细树种分类任务带来了挑战。此外，在复杂的森林环境中获得的样本数量有限，极大阻碍了高精度树种分类模型的训练。因此，如何过滤冗余信息，充分提取有效特征，并利用少量样本进行高精度模型训练，是实现机载高光谱图像精细树种自动分类的关键问题。

该研究以机载高光谱影像为数据源，通过引入流行的数据增强方法、卷积块注意力模块、监督对比学习改进经典原型网络，构建了一个简单高效的分类框架。监督对比学习能够有效解决数据增强方法与特征增强算法之间的边界问题，结合原型聚类算法极大提升了模型的分类性能，从而实现了复杂地形下林分尺度的多树种、高精度分类与制图。在广西壮族自治区南宁市高峰林场的实证研究和 4 个机载高光谱数据集的规避实验表明，提出的新模型多树种总体分类精度优于 98%，有很大的实际应用潜力。

该研究是继2022年发表于工程技术领域一区TOP期刊《IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing》(IF=8.2)的论文“Data augmentation in prototypical networks for forest tree species classification using airborne hyperspectral images”后,在小样本深度学习树种分类方向取得的最新进展,两篇论文的第一作者为林学院博士研究生陈龙,张晓丽教授为通讯作者。

论文链接:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0034425723002614>

<https://ieeexplore.ieee.org/document/9758824>

信息源网址:

<http://lxy.bjfu.edu.cn/lxydt/index.html>

(03) 曹福亮院士团队解析重要裸子植物水杉和红豆杉基因组//南京林业大学林学院

水杉和红豆杉是裸子植物 Conifer II 分支的重要代表树种。近年来,曹福亮院士领导的团队先后对这两个重要物种的基因组进行了解析并开展了相关研究。

水杉 (*Metasequoia glyptostroboides* Hu et Cheng) 为柏科水杉属唯一现存种,是我国特有的珍贵孑遗树种,由南京林业大学首任校长郑万钧院士和我国植物分类学奠基人胡先骕先生共同为其定名。自二十世纪四十年代被发现以来,水杉作为和平和友谊的象征被送到世界各地种植。在科研领域,水杉对于植物学、古植物学、演化生物学和古地理学等研究也具有重要意义。近日,以我院付芳芳教授为第一共一作者,曹福亮院士、尹佟明教授、薛良交教授为共同通讯作者在植物学著名期刊 *Plant Communications* (IF:10.5) 在线发表了题为 "The *Metasequoia* genome and evolutionary relationship among redwoods" 的研究论文,全面解析水杉基因组,揭示水杉环境适应机制及红杉亚科演化过程。

研究应用三代测序和 Hi-C 技术对水杉基因组进行测序组装,得到 8.07 Gb 染色体级别的高质量基因组。分析表明进化过程中,水杉丢失和收缩的基因家族远多于获得和扩张的基因家族。转录组比较发现,水杉和几种被子植物在水淹胁迫响应中的基因表达调控上具有较高的保守性。研究揭示了红杉亚科三个单种属树种遗传和形态的多样性可能是由不完全普系分选 (ILS), 即从祖先种群中随机保留了不同的等位基因,而非种间杂交造成。同时明确了红杉亚科中的多倍体

北美红杉为同源六倍体，且多倍化后染色体的剧烈重排可能是造成裸子植物多倍体现象较少的原因。

红豆杉是 Conifer II 红豆杉科植物，因富含抗癌成分紫杉醇而备受关注。团队此前对云南红豆杉 (*Taxus yunnanensis*) 进行了基因组解析，组装获得高质量染色体级别的云南红豆杉基因组 (10.7Gb)，探讨了红豆杉与其他裸子植物的遗传进化关系及其基因组增大的原因，同时通过紫杉醇合成通路的构建，发现紫杉醇合成基因多以基因簇的形式分布在 12 号染色体上，编码紫杉醇合成羟化酶的 CYP725A 基因家族表现出明显的扩张，同样在 12 号染色体上形成串联重复的分布。研究成果 "Taxus yunnanensis genome offers insights into gymnosperm phylogeny and taxol production" 以付芳芳教授为共同第一作者，汪贵斌教授为共同通讯作者发表于国际知名期刊 *Communications Biology* 上。

论文链接：

<http://doi.org/10.1016/j.xplc.2023.100643>

信息源网址：

<https://linxue.njfu.edu.cn/jxky/20230710/i276204.html>

(04) 国家重点实验室林木木材品质研究团队在《*Plant Physiology*》期刊发表学术论文//浙江农林大学

近日，国家重点实验室林木木材品质研究团队张进教授在植物学领域著名期刊《*Plant Physiology*》在线发表了题为 *Overexpression of REDUCED WALL ACETYLATION C increases xylan acetylation and biomass recalcitrance in Populus* 的研究论文。该研究揭示了细胞壁木聚糖乙酰化影响杨树生物质能源转化效率的新机制。

张进教授为该论文的第一作者和通讯作者，美国橡树岭国家实验室生物能源创新中心 Wellington Muchero、Jin-Gui Chen 研究员为该论文的共同通讯作者。浙江农林大学木材品质研究团队负责人卢孟柱教授、课题组在读博士生王夏琴、美国橡树岭国家实验室 Gerald A. Tuskan 研究员等也参与了相关工作。国家重点实验室为第一单位和第一通讯单位。

植物木质纤维素生物质（即植物的次生细胞壁），是生物能源的重要替代来源。然而，林木次生细胞壁中木聚糖的乙酰化阻碍了生物质向生物燃料的转化。之前研究表明，REDUCED WALL ACETYLATION (RWA) 蛋白直接参与了植物

细胞壁木聚糖的乙酰化，但是 RWA 的调控机制尚不清楚。

本研究证明了杨树 (*Populus trichocarpa*) 中过表达 PtRWA-C 基因会提高次生细胞壁中木聚糖的乙酰化水平，并导致木质素含量增加和木质素单体 S/G 比例升高，使得杨树茎干生物质向生物能源转化过程中的糖释放效率降低 (图 1)。

此外，通过基因共表达网络和基于杨树群体的基因表达数量性状定位 (expression quantitative trait loci, eQTL) 分析，发现 PtRWA-C 受到强烈的 cis-eQTL 和 trans-eQTL 调控，表明其不仅受到次生细胞壁层级调控网络的调控，还受到 AP2 家族转录因子 HARDY (HRD) 的调控。具体而言，HRD 通过直接结合 PtRWA-C 启动子来激活 PtRWA-C 的表达，该启动子区域也是调控 PtRWA-C 表达 cis-eQTL 的核心区域，PtRWA-C 启动子 cis-eQTL 核心区域单核苷酸多态性 (SNP) 直接影响 HRD 转录因子的结合效率 (图 2)。

综上，研究结果揭示了 PtRWA-C 在木聚糖乙酰化和生物质能源转化过程中的功能及其调控模块，为利用合成生物学方法来操纵这一基因调控模块来改变细胞壁特性，并将其应用于可持续生物能源转化方面提供了新的见解。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/plphys/kiad377>

信息源网址：

<https://www.zafu.edu.cn/info/1384/108521.htm>

(四) 应用生物科学

(01) 油菜团和小麦团队在油菜代谢组研究方面取得进展//华中农业大学南湖新闻网

近日，华中农业大学油菜团队联合小麦团队在 *Genome Biology* 发表了题为“Characterization of novel loci controlling seed oil content in *Brassica napus* by marker metabolite-based multi-omics analysis”的研究成果。该研究以基因组、转录组和代谢组数据为基础，通过多组学联合分析，从代谢的角度挖掘了一批油菜种子含油量的新位点，并克隆了两个影响油菜种子含油量的关键基因。

该研究选择油菜成熟种子作为研究材料，采用广泛靶向代谢物分析的方法检测了 2173 种代谢物。通过分析鉴定了 131 个与含油量显著相关的代谢物，并将它们作为含油量的代谢标志物 (marker metabolite)。对 131 个含油量代谢标志物开展了代谢物全基因组关联分析 (mGWAS)，定位到 446 个代谢物数量性状

位点 (mQTL)。同时, 结合发育 40 天种子群体转录组数据, 进行代谢物全转录组关联分析 (mTWAS), 鉴定到与含油量代谢标志物显著关联的 7316 个基因。结合这些基因的 eQTL 分析结果, 构建了包括代谢物、QTL 和基因之间的三元关系网络。

论文链接:

<https://doi.org/10.1186/s13059-023-02984-z>

信息源网址:

<http://news.hzau.edu.cn/2023/0709/67164.shtml>

(02) 寿惠霞课题组研究揭示水稻细胞内磷酸盐浓度感知和稳态调控的分子机制//浙江大学生命科学学院

磷是生物体内 ATP、磷脂和核酸等重要生物大分子的组分, 参与多种重要生物途径, 是植物生长发育必须的大量营养元素。液泡储存了植物细胞中 95% 以上的磷, 对于控制细胞磷稳态具有重要作用。SPX-MFS 家族是植物细胞中磷酸盐 (Pi) 输入液泡的转运蛋白, 在磷充足条件下通过向液泡内转运 Pi, 进而在液泡中贮藏 Pi, 维持胞质中 Pi 浓度的稳定。在低 Pi 条件下, 植物下调 SPX-MFS 的功能以减少 Pi 向液泡内的转运, 从而更好地适应缺磷环境。水稻中 SPX-MFS 的表达在转录水平受环境磷浓度影响不大, 推测其表达调控以翻译后调控为主。作为液泡膜定位蛋白, SPX-MFS 蛋白如何实现其向液泡膜分选转运是翻译后调控的重要环节, 目前尚不清楚其调控机制。

2023 年 7 月, 浙江大学生命科学学院寿惠霞课题组在 *Molecular Plant* 发表了题为“Phosphate-dependent regulation of vacuolar trafficking of OsSPX-MFSs is critical for maintaining intracellular phosphate homeostasis in rice”的研究论文。揭示了水稻中液泡 Pi 转运体 OsSPX-MFSs 的蛋白分选与转运受到胞质内 Pi 浓度调控的分子机制。

前期研究表明, SPX-MFS 定位于液泡膜上。本研究发现当环境磷不足时, 水稻中三个液泡 Pi 转运体 OsSPX-MFS1、2、3 的蛋白定位均出现了点状分布 (图 1), 表明该蛋白向液泡膜的分选过程受阻。运用多种细胞器分子标记以及蛋白分选化学抑制剂处理, 课题组明确了 OsSPX-MFS 在低磷条件下主要定位于液泡前体。

为了深入研究 OsSPX-MFS 蛋白的转运与调控机制, 课题组通过酵母分裂泛素文库筛选 OsSPX-MFS 的互作蛋白, 发现并验证了 SYP2 亚家族的 OsSYP22

是 OsSPX-MFS 的互作蛋白。OsSYP22 属于 Qa-SNARE，主要介导膜泡、液泡前体与液泡之间的融合以及液泡蛋白的转运定位。研究发现，OsSPX-MFS 的液泡膜定位依赖于其与 OsSYP22 之间的蛋白相互作用。在 OsSYP22-ND 显性抑制突变体的中，OsSPX-MFS 的液泡膜定位受到抑制，蛋白大量滞留于液泡前体。进一步研究表明，OsSYP22 可以正向调节水稻液泡 Pi 的储存。在低 Pi 条件下 OsSPX-MFS 与 OsSYP22 的相互作用被抑制，造成了 OsSPX-MFS3 滞留在液泡前体中，不再向液泡内转运磷。

进一步研究发现，OsSPX-MFS 是通过其 SPX 结构域感受细胞磷浓度进而改变其液泡膜定位。通过结构模拟与蛋白互作分析发现，在环境磷充足的条件下，SPX 结构域通过与细胞中的 InsPs 互作，释放 MFS 结构域，进而 MFS 结构域与 OsSYP22 蛋白互作，使 SPX-MFS 蛋白向液泡膜转运，从而实现磷酸盐在液泡中的贮藏。在缺磷条件下，由于缺乏 InsPs，SPX 结构域与 MFS 结构域紧密结合，抑制了 SPX-MFS 与 OsSYP22 蛋白之间的互作，造成 SPX-MFS 蛋白在液泡前体中的滞留。

综上，本研究表明 OsSPX-MFS 中的 SPX 结构域具有感知细胞内 Pi 水平并调控了自身蛋白定位的功能；揭示了水稻中 SPX-MFS 蛋白的分选途径以及 Pi 依赖的调控机制，研究成果有助于我们进一步理解植物磷酸盐稳态的调控机制，为磷高效作物遗传改良提供理论依据。

论文链接：

<https://doi.org/10.1016/j.molp.2023.07.004>

信息源网址：

<http://www.cls.zju.edu.cn/clscn/2023/0720/c26344a2785073/page.htm>

(03) 李攀副教授团队在 MER 发文解析被子植物超蔷薇类的系统发育框架//浙江大学生命科学学院

2023 年 7 月 16 日，浙江大学生命科学学院生态所李攀团队在 *Molecular Ecology Resources* 发表题为“Phylogenomic and syntenic data demonstrate complex evolutionary processes in early radiation of the rosids”的研究成果。

超蔷薇类约占所有被子植物的四分之一以上，包含虎耳草目、葡萄目和核心蔷薇类（16 个目）。超蔷薇类植物具有显著的形态和生态多样性，包括许多重要的农作物、水果以及林木，具有重要的经济价值与观赏价值。尽管超蔷薇类长

期以来一直是系统发育研究的焦点，但一些问题仍未得到解决，主要集中在：1) 超蔷薇类的基部类群问题；2) COM 支系是否为单系以及其归属问题；3) 牻牛儿苗目、缨子木目、蒺藜目、桃金娘目和腺椒树目之间的系统发育关系。

该研究首先基于 Nanopore 和 Hi-C 测序技术对超蔷薇类虎耳草科代表物种黄水枝进行了高质量组装，获得了该科的第一个参考基因组。通过全基因组加倍事件 (WGD) 分析，确定黄水枝与葡萄一样，在进化过程中只经历过一次全基因组加倍事件，即核心真双子叶植物共同祖先经历的 γ 古六倍化事件。超蔷薇类植物共线性模块结果表明，在虎耳草目、葡萄目与核心蔷薇类中分别检测到 14,675, 15,833 和 21,326 个共线性模块，虎耳草目与核心蔷薇类独享 1,433 个共线性模块，而葡萄目与核心蔷薇类独享 990 个共线性模块，表明虎耳草目与核心蔷薇类具有更近的亲缘关系。最后，基于被子植物 Mega353 数据集，从超蔷薇类代表类群中筛选到了 122 个共享的单拷贝核基因，基于溯祖法和串联法重建了超蔷薇类系统发育树。结果表明，1) 葡萄目应为超蔷薇类植物的基部类群，2) 卫矛目、酢浆草目、金虎尾目 (COM 分支) 并不是单系类群且应归入锦葵类 (malvids)，3) 豆类分支 (fabids) 只包括固氮支系 (含豆目、葫芦目、蔷薇目和壳斗目)，4) 缨子木目、牻牛儿苗目、桃金娘目和蒺藜目既不属于豆类，也不属于锦葵类。该研究结果与基于细胞质分子标记的被子植物系统发育组 (APG IV) 的结果出现多处不一致现象，进一步分析表明谱系不完全分选与辐射进化共同造成了这些不一致。

论文链接：

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1755-0998.13833>

信息源网址：

<http://www.cls.zju.edu.cn/clscn/26344/list.htm>

(04) 彭新湘/朱国辉/张智胜团队在光呼吸研究方面取得系列进展//华南农业大学生命科学学院

近日，华南农业大学光合作用与植物逆境生物学研究中心先后在 The Plant Journal 发表题为“High CO₂ facilitates fatty acid biosynthesis and mitigates cellular oxidative stress caused by CAC2 dysfunction in Arabidopsis”的研究论文 (<https://doi.org/10.1111/tpj.16321>)，该研究揭示了质体脂肪酸合成与植物光呼吸代谢的关系，表明提高 CO₂ 浓度可促进叶绿体脂肪酸合成和胞间氧化还原平

衡；在 *Plant Physiology* 发表题为“Mitogen-activated protein kinase 2 specifically regulates photorespiration in rice”的研究报道，该研究发现水稻 MAPK2 可从蛋白磷酸化修饰以及基因表达水平对光呼吸关键酶进行调控继而调节光呼吸代谢。

近年的研究表明，光呼吸不是一个孤立的循环代谢过程，而是整合到了植株的整体代谢，与植物基础代谢和细胞内氧化还原状态相互影响，是植物在有氧条件下生长所必需的代谢过程。光呼吸与叶绿体脂肪酸代谢之间的关系尚未见报道。

通过正向遗传学方法，研究筛选一个光呼吸表型突变体，即突变体在大气条件下生长矮小、叶片黄化，而在高浓度 CO₂ 条件（抑制 Rubisco 加氧反应）下恢复正常生长。通过图位克隆、全基因组重测序和遗传互补实验证明突变表型是由于 CAC2 基因突变造成的，该基因编码生物素羧化酶，是乙酰 CoA 羧化酶的亚基之一，参与叶绿体脂肪酸合成过程。研究发现，CAC2 功能的完全缺失是胚致死表型；而点突变 *cac2* 突变体脂肪酸（尤其是 C18:3 脂肪酸）含量下降、叶绿体发育异常、光合作用效率下降，在高浓度 CO₂ 条件下这些形态缺陷和生理指标基本得到恢复。

研究进一步探讨了高浓度 CO₂ 恢复 *cac2* 表型的机理，一方面，高浓度 CO₂ 促进碳的同化反应，后者为叶绿体脂肪酸合成提供了底物；另一方面，高浓度 CO₂ 通过抑制光呼吸和调节叶绿体还原力的转运，减少了活性氧的产生。研究揭示了光呼吸代谢与叶绿体脂肪酸合成之间的关联，也为不断增加的大气 CO₂ 浓度与植物抗逆性之间的关系提供新的见解。

光呼吸代谢在调节植物光合作用、氮素代谢及逆境响应等过程中均具有重要作用，但目前有关光呼吸调控的分子机制方面的研究仍远不够深入。近几年来一些研究发现植物 MAPK 信号途径参与了植物光合作用与产量形成调控过程，但 MAPK 途径是否直接参与光呼吸代谢调控目前还未见报道。本研究通过对光呼吸关键酶乙醇酸氧化酶 GLO1 基因的过表达水稻材料（NHisGLO1 水稻）进行 Pull-down 分析发现 GLO1 与 MAPK2 存在互作，进一步的体内和体外互作实验也证实 MAPK2 与 GLO1 和 HPR1 等光呼吸关键酶存在互作。对水稻 *mapk2* 敲除突变体的光呼吸与光合速率测定以及代谢物分析表明在正常大田生长条件下 *mapk2* 突变体的光呼吸代谢显著下降但其光合代谢并无明显变化。后续的体外脱磷酸化实验证实磷酸化修饰可正向调控 GLO1 和 HPR1 等关键酶的酶活水平，同时体外磷酸化实验还表明 MAPK2 可能参与了 GLO1 的磷酸化修饰过程。此外，RNA-Seq 以及 Real-Time PCR 分析也表明 *mapk2* 突变体中一些光呼吸关键基因

的表达水平显著下调。综上，该工作发现水稻 MAPK2 可特异性调控植株光呼吸代谢，并且 MAPK2 可能对光呼吸代谢进行双线调控，即 MAPK2 即可调控光呼吸关键酶的磷酸化水平也可调控相关基因的表达水平从而调节光呼吸代谢速率，该研究为深入了解植物光呼吸代谢的调控机制提供了新认知。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/plphys/kiad413>

信息源网址：

<https://life.scau.edu.cn/2023/0714/c10070a352291/page.htm>

(05) 植物所科研人员揭示无氧发酵代谢物抑制光合作用和有氧呼吸的新机制//植物研究所

在模式生物莱茵衣藻中，光合作用和有氧呼吸分别发生在叶绿体和线粒体中，无氧发酵则可以独立发生在细胞质、线粒体和叶绿体中。这三种基本的能量代谢过程如何和谐有序的发生在同一个细胞内是一个值得深度思考的科学问题。目前，围绕三者间相互作用的研究匮乏，功能耦合机制尚不清晰。

此前研究表明，光合生物在黑暗处理下会逐渐积累质子，导致叶绿体类囊体腔酸化，进而抑制光合作用，这可能与叶绿体呼吸或 ATP 水解有关。中国科学院植物研究所田利金研究组基于前期对于类囊体腔酸化的研究，推测可能是在发酵过程中产生的弱酸抑制了光合作用。为了验证这一猜想，研究人员综合运用生物、物理和化学方法，首先通过使用叶绿体呼吸突变体 *ptox2*、*nda2* 和 ATP 水解突变体 *FUD50*，黑暗条件下添加弱酸发现可以致其类囊体腔酸化，分别排除了黑暗中类囊体腔的酸化是由叶绿体呼吸和 ATP 水解导致的论断。同时研究人员发现类囊体腔内的酸化程度与无氧代谢弱酸的总积累量成正相关，而在同等处理条件下，利用发酵代谢过程中不产弱酸的绿藻 NIES-2499 开展实验，没有发现酸化的现象。这表明，发酵产生的弱酸代谢物是使类囊体腔发生酸化的诱因，科研人员还证明这种代谢产物的反馈调节机制存在于不同种类的光合生物中。同时根据膜对小分子的半透性特性，研究人员提出了“离子陷阱”模型，即外源添加或无氧发酵产生的弱酸分子能够跨越脂质双分子层，最终进入类囊体腔，但电离出的离子不能自由跨膜，类囊体腔内的 pH 缓冲能力较低，腔内质子不断积累，从而发生酸化。

该研究阐释了光合生物中无氧发酵影响光合作用和呼吸作用的新机制，对于

探索光合作用、有氧呼吸和无氧呼吸之间的化学偶联，理解光合生物基本生理过程及优化植物生长和固碳能力具有重要意义。

论文链接：

<https://doi.org/10.1038/s41467-023-39898-0>

信息源网址：

http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202307/t20230715_6810563.html

(06) 植物所科研人员揭示薰衣草近缘物种分化及精油品质差异的分子机制//植物研究所

享有“香草皇后”美誉的薰衣草为唇形科薰衣草属多年生亚灌木，花朵芬芳，从中提炼的精油富含多种单萜、倍半萜等挥发性活性成分，具有杀菌、抗炎、抗氧化等多种功效，经济价值较高。多倍化和转座子插入与植物基因组变异和次生代谢产物多样密切相关，但其对于唇形科植物化学多样性的具体贡献，仍缺乏深入研究。

中国科学院植物研究所石雷研究组通过绘制杂薰衣草 (*Lavandula × intermedia*) 染色体级别精细基因组图谱，综合解读了杂薰衣草的两套亚基因组 (LX-LA 和 LX-LL) 特征，从全基因组层面证明了其为狭叶薰衣草 (*L. angustifolia*) 和宽叶薰衣草 (*L. latifolia*) 的杂交种。通过分析杂薰衣草两套亚基因组及亲本基因组，发现全基因组复制和转座子插入促使狭叶薰衣草和宽叶薰衣草从共同祖先分化，且对萜类合成基因的结构和表达产生了显著影响，是薰衣草属挥发性萜类多样化的主要驱动力。

高乙酸芳樟酯和乙酸薰衣草酯、低樟脑含量的薰衣草精油品质上乘。近年来，杂薰衣草育种以提高精油品质为目标，因此解析薰衣草萜类差异形成机理至关重要。科研人员运用比较基因组、等位基因特异表达、共线性推演、进化分析及假基因序列恢复等分析手段充分挖掘了催化乙酸芳樟酯和乙酸薰衣草酯合成的 AAT 基因和催化樟脑合成的 BDH 基因，重构了杂薰衣草两套亚基因组及亲本基因组中的 AAT 和 BDH 的演化历史，并利用原核基因表达进行了功能验证。结果表明，宽叶薰衣草和 LX-LL 亚基因组中能催化乙酸芳樟酯和乙酸薰衣草酯生成的 AAT 基因由于转座子插入及移码发生了假基因化或丢失，导致宽叶薰衣草中不能合成这两种单萜；串联复制和 DNA 型转座子插入保留的多个 BDH 拷贝导致宽叶薰衣草中更高的樟脑积累。本研究阐明了薰衣草乙酸芳樟酯、乙酸薰衣草

酯和樟脑合成及近缘种精油品质差异的分子机制，为杂薰衣草品种优化、筛选以及分子育种奠定了基础。

论文链接：

<http://doi.org/10.1111/pbi.14115>

信息源网址：

http://www.ib.cas.cn/2019gb/kyjz2019/202307/t20230717_6811150.html

(07)赵美丞研究组在植物干旱信号转导领域取得重要进展//遗传与发育研究所

干旱及盐碱等引起的渗透胁迫是限制农作物生长速度与产量的关键因素之一。目前，植物细胞如何感知外界环境的渗透变化并做出适应性响应的早期机制还尚不清楚。

谷子 (*Setaria italica*) 起源于我国黄河流域，是最早被驯化和栽培的作物之一。谷子及其野生种青狗尾草由于基因组小、易于转化、生育期短且繁殖系数高，正在快速成为禾本科 C4 作物遗传研究的模式植物。中国科学院遗传发育所农业资源研究中心赵美丞研究组以谷子为模式研究体系，揭示了 DPY1 在感知渗透势变化及信号转导中发挥着关键作用，为该领域研究提供了重要信息。

研究人员前期在谷子中克隆了一个膜蛋白受体激酶 DPY1 (Zhao et al., 2020; PNAS)。在利用 LC-MS/MS 筛选 DPY1 的互作蛋白时发现 SnRK2 激酶家族成员 SAPK6 及其上游特异的 B4 家族 RAF20 激酶是 DPY1 的互作蛋白 (但 DPY1 在体外不能直接磷酸化二者)，暗示了 DPY1 参与了渗透胁迫信号；激酶实验表明渗透胁迫/干旱可以显著增加 DPY1 的磷酸化并持续激活其激酶活性；基于 TMT 标记的蛋白磷酸化组分析发现 DPY1 的缺失会导致超 50% 的渗透胁迫响应磷酸化位点失去响应，其中包含了 SnRK2 家族的 SAPK6，此外，SAPK6 的干旱/高渗激活依赖于 DPY1；遗传学及转录组分析证实 SAPK6 位于 DPY1 下游参与谷子渗透胁迫信号转导及抗旱响应，且该过程很大程度不依赖 DPY1 介导的 BR 信号。该研究鉴定了一个对渗透胁迫信号转导起关键作用的膜蛋白受体激酶，并将核心响应激酶 SnRK2 的激活关联到细胞膜。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/plcell/koad200>

信息源网址：

http://www.genetics.cas.cn/dtxw/kyjz/202307/t20230720_6813381.html

(五) 资源环境学

(01) 周建斌教授团队在黄土高原苹果种植对区域地下水硝酸盐含量影响研究方面取得进展//西北农林科技大学资源环境学院

近日，资环学院周建斌教授团队在黄土高原苹果种植对区域地下水硝酸盐含量影响研究方面取得进展。研究以“Spatio-temporal variations of nitrate pollution of groundwater in the intensive agricultural region: Hotspots and driving forces”为题在《Journal of Hydrology》在线发表。论文第一作者为博士生朱学强，通讯作者为周建斌教授和陈竹君副教授；除团队成员外，英国地质调查局王磊研究员参与了该项目研究工作。

该团队以黄土高原苹果主产区为研究对象，选取了北部旱地、中部井灌区（地下水灌溉）和南部渠灌区（地表水灌溉）175口水井，进行了为期一年的水质监测，基于水化学分析、土壤深剖面采集和贝叶斯同位素混合模型（SIAR）相结合方法，探究了该区域地下水硝酸盐空间和季节变化。结果表明：测定的地下水样中有44%硝酸盐含量超过了世界卫生组织地下水水饮用标准（50 mg NO₃ L⁻¹），其中南部渠灌区由于包气带浅，长期大量施肥及灌水导致地下水硝酸盐污染严重，硝酸盐平均含量为94 mg NO₃ L⁻¹，属硝酸盐淋溶敏感区（nitrate vulnerable zone），果园土壤深剖面结果也证实了深层土壤硝酸盐已和地下水相连。降雨和灌溉加剧了果园土壤剖面硝酸盐深层迁移，为硝酸盐淋溶的主要驱动力。由于硝酸盐迁移滞后性，湿润季至干燥季是地下水硝酸盐含量持续升高时期。氮氧同位素源解析表明，有机肥氮和化肥氮是南部渠灌区地下水硝酸盐污染的主要来源。

该研究的意义在于从区域尺度揭示了黄土高原苹果种植对区域地下水硝酸盐含量时空变化影响，为区域优化水/氮管理、硝酸盐敏感区划分和地下水资源保护提供了科学依据。

论文链接：

<https://doi.org/10.1016/j.jhydrol.2023.129864>

信息源网址：

<https://news.nwsuaf.edu.cn/xscg/6c8c5ee67dec4b0f80443c55f6978fe7.htm>

(02) 油菜氮素再利用研究中取得新进展//华中农业大学南湖新闻网

近日，华中农业大学资源与环境学院植物营养生物学团队研究成果“The

transcription factor BnaA9.WRKY47 coordinates leaf senescence and nitrogen remobilization in Brassica napus”在植物学杂志 Journal of Experimental Botany 上发表。

甘蓝型油菜根系吸收的总氮中，大约 48%从营养组织回收到成熟的种子中，另外大约 15%的氮因落叶而损失。因此，改善衰老叶片中的氮素回收，提高氮素再利用效率十分重要。研究发现，BnaA9.WRKY47 超表达植株表现出叶片提前衰老，叶绿体降解的表型。BnaA9.WRKY47 超表达株系的籽粒产量较野生型显著提高；相反，BnaA9.WRKY47 功能缺失突变体的产量降低。

通过生化实验分析，研究团队发现 BnaA9.WRKY47 直接激活持绿基因 BnaC7.SGR1 以加速老叶黄化衰老。研究表明伴随着缺氮诱导的叶片衰老，超表达株系老叶中氨基酸浓度升高，氮素再分配能力提高。同时 BnaA9.WRKY47 能够协同激活氨基酸渗透酶 BnaA9.AAP1 和硝酸盐转运蛋白 BnaA2.NTR1.7。因此，研究团队提出缺氮胁迫下油菜提高氮素再利用理论模型：缺氮上调老叶 BnaA9.WRKY47 基因的表达，增加老叶中 BnaA9.WRKY47 蛋白丰度，BnaA9.WRKY47 上调了 BnaC7.SGR1、BnaA2.NTR1.7 和 BnaA9.AAP1 的表达，从而促进了甘蓝型油菜老叶的衰老以及氮素向新生组织或种子的再转运，有利于缺氮胁迫下油菜达到养分资源配置最大化。

论文链接：

<https://academic.oup.com/jxb/advance-article/doi/10.1093/jxb/erad282/7227263>

信息源网址：

<http://news.hzau.edu.cn/2023/0731/67397.shtml>

(03) 张瑞福教授课题组综述了根际微生物调控植物根系构型的信号及其分子机制//南京农业大学资源与环境科学学院

近日，张瑞福教授受邀在国际知名学术期刊 Journal of Experimental Botany 撰写综述“Signal communication during microbial modulation of root system architecture”，系统梳理了根际微生物调控植物根系发育的信号分子，以及这些信号分子的调控途径，包括依赖于植物激素途径和不依赖于激素途径的调控分子机制。文章提出了进一步寻找既促进侧根又促进主根发育的微生物信号分子（目前的信号分子主要是促进侧根但是抑制主根伸长）、鉴定信号的根表受体等研究方向。

根系构型 (Root System Architecture, RSA) 是植物的重要性状, 决定着植物对水分和养分的吸收。根际微生物作为植物的“第二基因组”, 能够调控植物的根系构型, 是促进化肥减施增效和农业绿色发展的重要因素。根际微生物通过分泌植物激素和信号分子参与或调控植物的根系发育, 近年来, 根际微生物调控植物根系发育的信号越来越多被鉴定, 调控的分子机制和途径也逐渐被揭示。

利用根际微生物及其信号调控作物理想根系构型促进水分和养分吸收是一种有效的农业措施, 其研发周期短、应用效果明显, 是对作物根系育种手段的一种重要补充, 预计会在农业绿色发展中发挥重要的作用。

论文链接:

<https://doi.org/10.1093/jxb/erad263>

信息源网址:

<https://re.njau.edu.cn/info/1261/11725.htm>

(04) 研究团队合作综述了土壤线虫调控植物健康的根际微生态机制//南京农业大学资源与环境科学学院

近日, 南京农业大学资环学院研究团队以“Nematodes: an overlooked tiny engineer of plant health”为题, 在 *Trends in Plant Science* 期刊发表根际线虫微生态与作物健康的观点性综述论文。

线虫是数量和多样性最高的土壤动物, 是根际生物的重要组成部分。先前研究多关注线虫驱动地球化学循环和环境指示方面的作用, 但是忽略了它们参与调控根际微生态和驱动土壤微生物从而影响植物健康的生态功能。本文系统总结了土壤线虫-根际微生物-植物三者之间的关系, 提出根际土壤线虫对植物健康的影响不仅仅包含直接作用的植物寄生线虫, 以微生物为食物来源的自由生活线虫同样能通过影响根际微生物进而影响植物健康。

目前, 团队在土壤自由生活线虫调控植物病原菌、有益菌和根际微生物群落等方面进行了探索研究, 提出了微型土壤动物线虫驱动土壤微生物影响植物健康的潜在机制。该研究表明植物病原细菌不仅对植物有致病性同时对非宿主动物也具有很高的毒性, 这可能成为植物病原菌一种逃避捕食的手段。因此, 线虫通过直接捕食植物病原细菌从而抑制其种群数量的可能性较低。然而, 线虫能够通过间接调控微生物群落来抵御植物病原菌, 例如, 线虫的取食作用能够刺激拮抗菌分泌更多拮抗物质, 从而间接抵御植物病原细菌。该观点性综述呼吁更多学者

关注土壤动物调控根际微生态与植物健康这个研究领域，为土壤动物-微生物跨界互作调控植物健康这个方提供了新的认识，为土壤动物开启了新的研究方向。

论文链接：

[https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385\(23\)00226-1](https://www.cell.com/trends/plant-science/fulltext/S1360-1385(23)00226-1)

信息源网址：

<https://re.njau.edu.cn/info/1261/11727.htm>

(05) 沈其荣院士团队明确了益生元驱动根际微生物维持植物健康的微生态机制//南京农业大学资源与环境科学学院

近日，Nature Communications 在线发表了沈其荣院士团队的研究成果：*Tapping the rhizosphere metabolites for the prebiotic control of soil-borne bacterial wilt disease*。该研究通过解析番茄发病和健康植株的根际代谢组，挖掘潜在的益生元，并结合多组学手段明确了益生元驱动根际微生物维持植物健康的微生态机制。研究成果标志着我国土传病害防控进入益生元精准调控阶段。

基于 GLM 和随机森林模型的结果，该研究选择了 19 种根际代谢物（11 种在健康样本中富集，8 种在发病样本中富集）进行实验。通过检测病原菌，土壤可培养细菌组对代谢物的利用情况进一步将 11 种在健康样品中富集的代谢物简化为 7 种，并将其定义为益生元。在益生元处理中，青枯病的发病率显著降低，荧光定量结果表明细菌总量显著提升，并且细菌数量与发病率呈显著负相关。进一步使用体外和原位试验验证了益生元具有激发土壤中中性微生物的能力。并定义中性微生物为与青枯菌负相关或无显著相关的土壤微生物群体。宏基因组分析结果显示，益生元添加后，中性微生物通过激发土壤碳代谢、自毒物质降解和抗生素合成等相关途径降低番茄青枯病。研究探索了从根际土壤中挖掘活性代谢物作为益生元的新途径，并通过利用益生元定向培育“中性微生物”来防控土传青枯病的爆发。

论文链接：

<https://www.nature.com/articles/s41467-023-40184-2>

信息源网址：

<https://re.njau.edu.cn/info/1261/11728.htm>

(六) 植物保护学

(01) 植保所揭示蛾类昆虫性信息素受体的功能分化机制//中国农业科学院植物保护研究所

近日,中国农业科学院植物保护研究所抗虫功能基因研究与利用团队联合农业基因组研究所、浙江大学等单位在国际细胞分子生物学领域知名期刊《Cellular and Molecular Life Sciences》在线发表题为“Evolutionary shifts in pheromone receptors contribute to speciation in four *Helicoverpa* species”的研究论文。该研究揭示了棉铃虫与其近缘物种性信息素受体的功能差异并阐明其功能分化的分子机制。

在蛾类昆虫中,雄蛾利用其灵敏的信息素通信系统来区分同种雌蛾和同域分布的其他物种,这有助于维持种间的生殖隔离并促进新物种的形成。在蛾类昆虫性信息素通讯研究中的一个突出而又一直未解决的问题是,雄虫种间特异的性信息素识别系统与雌虫性信息素组分的改变是如何相互相适应的?一些亲缘关系较近的蛾类性信息素识别系统表现出高度特异性,成为研究信息素通信系统进化分子机制的理想模型。

本研究对同属铃夜蛾属 *Helicoverpa* 的四种蛾类棉铃虫 *H. armigera*、烟青虫 *H. assulta*、美洲棉铃虫 *H. zea*、阿根廷棉铃虫 *H. gelotopoeon* 的性信息素受体进行了鉴定和功能研究。通过比较发现,四个近缘物种的两个直系同源的性信息素受体 OR14b 和 OR16 发生了功能分化。为探究这两个受体功能分化的机制,该团队首先采用人工智能结构预测算法 AlphaFold2 对这两个性信息素受体的进行了三级结构预测,随后通过分子对接预测了性信息素和受体复合物的结构,最终通过全原子分子动力学模拟的手段,确定了受体识别性信息素的关键氨基酸位点。通过计算生物学方法预测的关键差异性位点随后得到了定点突变和体外电生理试验的验证。整合计算和试验结果共同表明:在 OR14b 中,氨基酸位点 164 和 232 直接参与配体结合,这两个位点的突变导致了棉铃虫和美洲棉铃虫 OR14b 的功能转变;而在 OR16 中,氨基酸位点 66 虽然不直接参与配体相互作用,却在结合口袋附近,其突变可能通过位阻效应调控底物识别,可能是导致四个近缘物种 OR16 功能转变的主要原因。

该研究通过整合人工智能结构预测、分子对接、分子模拟等一系列计算生物学手段和生化、电生理试验开发了一套高效的方法,用于鉴定昆虫气味受体与配体结合的关键位点,加深了我们对昆虫气味受体分子机制理解,同时也为蛾类近缘物种信息素受体的功能分化与物种形成提供了新的见解。

论文链接:

<https://link.springer.com/article/10.1007/s00018-023-04837-1>

信息源网址:

<https://ipp.caas.cn/kyjz/19696f22da3341c4b81a16e51fa0ef94.htm>

(02) 植保所综述呼肠孤病毒操控介体昆虫自噬过程达到持久传播的新机制//中国农业科学院植物保护学院

近日,中国农业科学院植物保护研究所作物病毒病害监测与防控创新团队在国际知名期刊《微生物学进展(Trends in Microbiology)》在线发表了题为“Plant reoviruses hijack autophagy in insect vectors”的论文,系统阐述了多种水稻呼肠孤病毒如何逃避和操控自噬过程与介体昆虫共存并持久传播的机制,提出了为阻断介体昆虫持久传播植物病毒的新策略。

植物病毒的传播需要通过外部生物或非生物实体,有效的传播媒介能迅速导致植物病毒病害的暴发流行。自然界中,近75%的植物病毒通过特定的介体昆虫传播,这些植物病毒不仅对介体昆虫没有明显致病性,甚至在昆虫的整个生活史中持续存在和复制。自噬是细胞降解废物和入侵病原体的重要过程,不仅能维持机体稳态,且在植物寄主防御病毒感染中发挥重要作用。近年来在植物呼肠孤病毒与介体昆虫的自噬研究上取得了重要进展。目前研究的几种水稻呼肠孤病毒可以通过不同路径激活介体昆虫的自噬,这些病毒都进化出不同的机制通过抑制自噬体和溶酶体之间的融合来阻断完整的自噬路径,从而避免被自噬降解。有趣的是,这些病毒还可以利用未融合的自噬体在介体昆虫中增殖和扩散。此外,呼肠孤病毒还能诱导介体昆虫线粒体自噬,降解受损的线粒体,防止细胞凋亡,使病毒在昆虫体内持续存在。这些研究表明植物呼肠孤病毒可以劫持和利用介体昆虫细胞自噬,使其在昆虫体内持续存在并进一步传播到植物寄主。

论文链接:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0966842X23001956?dgcid=author#bb0115>

信息源网址:

<https://ipp.caas.cn/kyjz/7f47388bb41a47688573d664a5f23daf.htm>

(03) 植保所合作揭示几丁质脱乙酰基酶作为靶标在防治植物真菌病害方面的重要功能//中国农业科学院植物保护研究所

近日,中国农业科学院植物保护研究所农药分子靶标与绿色农药创制创新团队及合作者在国际知名学术期刊《自然通讯(Nature Communications)》上在线发表了题为“**Inhibition of chitin deacetylases to attenuate plant fungal diseases**”的研究论文。该研究揭示了植物病原真菌几丁质去乙酰化酶(CDA)的保守结构特征,并获得了有望控制植物病害的 CDA 抑制剂,该研究不仅为设计靶向 CDA 的抗菌剂提供了结构基础,更为作物病害防治提供了新的策略。

由病原真菌所导致的植物病害造成农作物严重减产甚至绝产,引发经济损失和粮食危机。一些危害严重的作物病害如小麦条锈病、小麦赤霉病、稻瘟病等目前缺少安全有效的防控方法。病原真菌入侵植物时,其细胞壁中的几丁质会被植物几丁质酶水解成几丁质寡糖,这些寡糖被植物细胞膜受体识别,进而引发植物自身免疫响应,进攻病原真菌。近几年,人们发现病原真菌能分泌几丁质脱乙酰基酶(CDA)修饰自身细胞壁上的几丁质,从而逃避植物免疫响应,实现侵染。在这项研究中,作者发现 CDA 的几丁质脱乙酰基活性对真菌的完全毒力至关重要,因而抑制 CDA 的小分子可能在植物抗病激活中发挥作用。

研究解析了两种具有代表性且在系统发育上距离较远的植物病原真菌 CDA (来自土传致病真菌大丽轮枝菌的 VdPDA1 和来自气传致病真菌小麦条锈病菌的 Pst_13661) 的无配体及酶-抑制剂复合物等不同状态的三维结构。这些结构与生物化学数据共同揭示了植物病原真菌 CDA 的结构保守性。基于结构筛选获得的 CDA 抑制剂苯甲羟肟酸(BHA)及其衍生物,可以增强小麦、大豆和棉花对五种危害极为严重的病原真菌的抗性。该研究为设计靶向 CDA 的绿色农药开发提供了结构基础,为作物病害防治提供了新的策略。

论文链接:

<https://www.nature.com/articles/s41467-023-39562-7>

信息源网址:

<https://ipp.caas.cn/kyjz/8909d20506744529913c22ffdafef260.htm>

(04) 植物源农用抗菌剂创制领域取得新进展//山西农业大学植物保护学院

天然产物因其通常具备独特的结构骨架及多样化的生物活性,近几十年来在新型医药及农药创制领域一直扮演者重要的角色。其中,以源自植物中的天然产物(植物次级代谢物质)为模板通过结构优化来发现具有新颖结构和全新作用机制的农用活性分子,已成为现阶段创制新型绿色农药的一条有效途径。这主要是

因为：绝大多数植物次生代谢物质是植物在其生命过程中产生的抵御外界有害生物入侵的化学防御物质，自身生物活性优异，环境兼容性好，对靶标生物选择性强，且往往分子量较小、结构简单并易于多样化衍生，以其为先导化合物开发新农药具有较高的成功率。

近日，山西农业大学植保学院杨春副教授、郅晓燕副教授、郝晓娟副教授以及曹挥教授等人合作，以两种天然活性倍半萜类物质为模版，对其进行了多样化的结构改造，最终发现了部分极具应用潜力的候选抗菌药物分子。相关研究成果分别以“Discovery of Natural Sesquiterpene Lactone 1- O- Acetylbritannilactone Analogues Bearing Oxadiazole, Triazole, or Imidazole Scaffolds for the Development of New Fungicidal Candidates” (<https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c02497>) 和“Natural Sesquiterpene Lactone as Source of Discovery of Novel Fungicidal Candidates: Structural Modification and Antifungal Activity Evaluation of Xanthatin Derived from *Xanthium strumarium* L” (<https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c02435>) 为题，以 Research article 形式发表于农林科学类 I 区 TOP 期刊 *Journal of Agricultural and Food Chemistry* (IF5 year=6.3) 上。

此项工作分别以提取自欧亚旋覆花 (*Inula britannica* L.) 和苍耳 (*Xanthium strumarium* L.) 中的天然倍半萜类抗菌活性物质乙酰旋覆花内酯和苍耳亭为先导物质，应用多样性导向合成策略构建了大量的“类天然产物”小分子化合物库，并对其进行了系统的抗菌活性筛选。结果发现，所制备的部分衍生物表现出高效且广谱的抗菌作用，尤其对番茄灰霉病菌显示出强烈的抑制活性，甚至远优于商品化的阳性对照药剂。上述研究结果不仅为创制具有完全自主知识产权的新型植物源农用抗菌剂奠定了基础，而且也将为深入开发利用我国丰富的野生旋覆花和苍耳资源提供了全新的思路。

论文链接：

<https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c02435>

信息源网址：

<https://zbxxy.sxau.edu.cn/info/1090/2661.htm>

(05) 作物疫霉功能基因研究与利用团队在疫霉菌效应蛋白调控植物免疫方面取得重要进展//西北农林科技大学植物保护学院

7月11日，西北农林科技大学植物保护学院作物疫霉功能基因研究与利用

团队在《Plant Physiology》上在线发表了题为“Phytophthora RxLR effector PcSnel4B promotes degradation of resistance protein AtRPS2”的研究论文，已毕业博士研究生高虎虎为论文的第一作者，刘西莉教授为论文的通讯作者。

疫霉菌引起的作物疫病，是农业生产中危害严重的重要病害。通常，疫霉菌在致病过程中可分泌多种类型效应蛋白以干扰植物的防卫反应，其中以 RxLR 效应蛋白为主，但目前其功能尚未被完全解析。Sne (suppressor of necrosis) 蛋白是疫霉菌中一类保守的 RxLR 效应蛋白。刘西莉教授团队前期研究发现，辣椒疫霉中 Sne 同源蛋白 (Sne-like) 编码基因 PcSnel4 在辣椒疫霉侵染本氏烟早期上调表达，但其在辣椒疫霉侵染致病中的作用及其调控机制仍不清楚。

本研究发现，分别过表达 PcSnel4 的两个等位基因 PcSnel4A 和 PcSnel4B 后均能够明显促进辣椒疫霉的侵染。通过 CRISPR/Cas9 介导的基因敲除技术敲除 PcSnel4A&4B，发现其对辣椒疫霉的菌丝生长及产孢等生长发育过程无明显影响，但 PcSnel4A&4B 是辣椒疫霉完全毒力所必需的效应蛋白。PcSnel4B 能够抑制 AtRPS2、Avr3a/R3a、NIP、Bax 和 PsAvh241 诱导的细胞死亡，但不抑制 INF1 和 CRN4 诱导的细胞死亡。互作蛋白筛选与验证结果显示，烟草 NbCSN5 是 PcSnel4A&4B 的靶标蛋白。NbCSN5 在 ETI 发生过程中上调表达，但在辣椒疫霉侵染过程中下调表达。沉默 NbCSN5 严重影响 AtRPS2 和 Avr3a/R3a 诱导的细胞死亡。进一步研究发现，PcSnel4B 和 NbCSN5 均与 SCF 复合物的核心亚基 NbCUL1 互作，且 PcSnel4B 可减弱 NbCSN5 与 NbCUL1 在植物中的共定位及互作。NbCSN5 负调控 NbCUL1 对 AtRPS2 蛋白的降解作用进而促进细胞死亡；PcSnel4B 则抑制了 NbCSN5 对 NbCUL1 在 AtRPS2 积累和细胞死亡过程中的调控作用，进而抑制 AtRPS2 诱导的细胞死亡。该项研究丰富了学界对疫霉菌 RxLR 效应蛋白调控寄主植物免疫机制的认识，为进一步构建抗病材料提供了理论支持。

论文链接：

<https://doi.org/10.1093/plphys/kiad404>

信息源网址：

<https://news.nwsuaf.edu.cn/xscg/4e486e8fdd3243fea41409e98851abd2.htm>

(06) 陶小荣教授团队在植物 NLR 抗病基因激活免疫信号机制方面取得新进展
//南京农业大学植物保护学院

近日，南京农业大学植物保护学院陶小荣教授团队在国际权威学术期刊

PNAS 在线发表了题为《NLRs derepress MED10b and MED7 mediated repression of jasmonate-dependent transcription to activate immunity》的研究论文，该研究以番茄 NLR 免疫受体 Sw-5b 和其它多种茄科 NLR 免疫受体为研究模型，发现 Sw-5b NLR 免疫受体调控转录中介体激活茉莉酸信号通路介导抗病毒免疫，研究揭示转录中介体复合物的亚基 MED10b 和 MED7 蛋白作为全新发现的茉莉酸响应基因的转录共阻遏物发挥作用，研究还揭示其它多种茄科 CC 类型 NLRs 免疫受体通过调节 MED10b/MED7 激活茉莉酸途径从而启动下游免疫响应的共性作用机制。

NLR (Nucleotide-binding leucine-rich repeat) 免疫受体是植物天然免疫系统监测病原微生物侵染的关键蛋白，可直接或间接识别病原物效应因子进而激活强烈的免疫反应。NLR 免疫受体也是植物中最大的一类抗病基因，被广泛应用于抗病育种。NLR 免疫受体识别病原物后如何启动下游抗性信号通路，是当前植物病理学领域最重要的科学问题之一。虽然近年来科学家们已解析了 NLR 受体形成抗病小体的结构，但目前我们对 NLR 如何诱导抗病免疫仍然知之甚少。

Sw-5b 是对番茄斑萎病毒 (TSWV) 具有免疫作用的 NLR 受体，其 CC 结构域可激活下游免疫。该课题组首先通过酵母双杂交文库筛选 Sw-5b CC 结构域的互作蛋白，发现转录中介体复合物亚基 MED10b (Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 10b) 与 CC 结构域互作。转录中介体复合物是连接转录因子和 RNA 聚合酶 pol II 的分子桥梁，直接调控基因的转录激活，在真核生物调控基因转录/激活的过程中发挥着核心功能。课题组敲除/沉默 MED10b 和其他介体复合物中间模块的亚基，包括转录介体中间模块的 MED7，直接激活植物对番茄斑萎病毒的防御反应。进一步研究发现，MED10b 直接与 MED7 相互作用，而 MED7 直接与 JAZ 蛋白相互作用，JAZ 蛋白作为 JA 信号通路的转录阻遏因子发挥功能。MED10b-MED7-JAZ 共同作用可以强烈抑制 JA 响应基因的表达，并且这种共抑制依赖于 JAZ 蛋白。MED10b 或 MED7 的敲除可以激活 JA 通路，并介导植物对 TSWV 的防御反应，而沉默中介体复合物头部和尾部模块中的亚基则不会导致 JA 应答基因的激活。因此，转录介体复合体中间模块中的 MED10b、MED7 与 JAZs 的相互作用形成 JA 防御信号的共辅阻遏物，抑制 JA 防御基因的表达，从而使植物的免疫响应处于抑制状态。

课题组研究进一步发现，Sw-5b NLR 免疫受体在识别病毒效应蛋白 NSm 之后，通过 CC 结构域干扰 MED10b 和 MED7 之间的相互作用，进而解除

MED10b-MED7-JAZ 蛋白对 JA 信号通路的抑制活性。Sw-5b 激活后，JA 信号途径的响应基因的表达水平明显上调，并且外源喷施 JA 后，植物对番茄斑萎病毒的抗性显著提高。因此，NLR 免疫受体 Sw-5b 通过解除 MED7/MED10b 对茉莉酸激素响应途径的抑制进而激活免疫。此外，课题组还发现包括茄科 helper NLR-NRCs 在内的其他多种 NLRs 的 CC 结构域都可以与 MED10b 互动，同时可以干扰 MED10b 和 MED7 之间的相互作用，并激活 JA 防御信号的响应。因此，茄科 NLR 免疫受体通过调节 MED10b /MED7 之间的互作激活茉莉酸信号免疫通路的机制具有普遍性意义。

NINJA 和 TPL (TOPLESS) 是在 JA 途径中 JAZ 的辅助阻遏物。该研究揭示，除了 NINJA 和 TPL，转录中介体 MED10b /MED7 本身就作为与 JAZ 直接互作的转录共阻遏物，这是先前未被鉴定的转录阻遏物，这一发现增进了对茉莉酸信号通路调控的认知。研究还揭示了茄科植物中多种 NLR 免疫受体蛋白通过调节中介体复合物的亚基激活茉莉酸通路从而诱导抗性的分子机制，为 NLR 激活下游激素免疫信号通路的机制提供了新的认识。

论文链接：

<https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2302226120>

信息源网址：

<http://news.njau.edu.cn/2023/0704/c18a124466/page.htm>

第二部分 专题研究

(一) 禾谷类

1、水稻

【01】不同浓度砷胁迫下 6 个水稻品种的苗期耐性与砷累积特性差异研究/杨秀丽等

我国农田土壤砷 (As) 污染问题日益突出，水稻因其特殊的栽培模式，其植株内 As 含量是其他谷物作物的 10 倍。为筛选并评价耐 As 性较高的水稻品种，本研究以粤禾丝苗、美香占 2 号 2 个常规籼稻品种、五优 308 和广 8 优金占 2 个杂交籼稻品种以及日本晴、武运粳 7 号 2 个常规粳稻品种为试验材料，采用水培试验进行了 0、40、80、120 $\mu\text{mol/L}$ 4 个浓度的 As 胁迫处理，比较了不同

水稻品种对 As 的耐受性和累积性。结果显示, 粤禾丝苗和美香占 2 号株高和生物量、武运粳 7 号根部生物量在 40 $\mu\text{mol/L}$ As 胁迫下受到促进, 但随着 As 胁迫浓度的进一步升高, 生长逐渐受到抑制, 而其他水稻品种在 As 胁迫下株高和生物量均受到抑制。在 As 胁迫下, 美香占 2 号根长没有显著变化, 其他 5 个品种的根长生长均受到抑制, 但不同品种对 As 胁迫浓度的敏感性存在差异。美香占 2 号在 40、80 $\mu\text{mol/L}$ As 胁迫下的耐 As 性指数分别为 0.80 和 0.83, 属强耐 As 型; 粤禾丝苗在 40 $\mu\text{mol/L}$ As 胁迫下的耐 As 性指数为 0.74, 属较强耐 As 型; 其他品种耐 As 性指数均相对较小。不同浓度 As 处理下, 不同水稻品种根部和地上部 As 含量存在差异, 根部 As 含量远高于地上部。粤禾丝苗、美香占 2 号、广 8 优金占、日本晴和武运粳 7 号这 5 个品种的 As 转运系数随 As 胁迫浓度的增加呈先降低后升高趋势, 在 As 胁迫浓度为 80 $\mu\text{mol/L}$ 时最小; 五优 308 的 As 转运系数则随 As 胁迫浓度的增加呈下降趋势; 与其他 5 个水稻品种相比, 武运粳 7 号的 As 转运系数在所有 As 胁迫浓度下均为最大。综合上述结果表明, 不同浓度 As 胁迫下 6 个水稻品种的生长呈“低促高抑”和抑制两种现象; 常规籼稻品种的耐 As 性强于常规粳稻品种和杂交籼稻品种, 以美香占 2 号耐 As 性最强; 不同水稻品种在不同浓度 As 胁迫下 As 累积特性存在差异, 其中武运粳 7 号对 As 的累积和运输能力最强。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_IOp9NeLMWXWn13AFM5cEuJbq5kvdDal5CnbMDqEOsV-ret2tPfk52gffg68XoXD8enL7TXAdDSOIVjcYtxsOG1c3mm4meDsA0nNKNhrzvlg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】土地系统演变与气候变化耦合的中国未来水稻潜在产量模拟研究/李满春等

土地系统和气候作为农业生产的核心要素,关系到耕地质量优劣,是农作物产量变化的关键驱动因子.然而,宏观尺度耕地演变与气候变化对粮食潜在产量的影响机制尚缺乏科学的量化模型.本文采用土地系统演变与气候变化耦合的建模思路,构建了 GM-FLUS 模型模拟中国未来 40 年土地系统变化,并据此改进全球农业区划模型(GAEZ),估算了国际耦合模式比较计划第六阶段(CMIP6)在 SSP1-2.6、SSP2-4.5、SSP3-7.0 和 SSP5-8.5 等四种情景下未来 40 年的中国水稻潜在产量及

其空间分布,分析了水稻潜在产量的时空变化格局及其驱动因素,并据此提出了相应的增产策略.研究结果显示:(1)总体上,2020~2060年,中国水稻的潜在产量在 SSP1-2.6 和 SSP3-7.0 情景下呈现出增加的趋势,在 SSP2-4.5 和 SSP5-8.5 情景下呈现出减少的趋势;按照中国“力争 2030 年前实现碳达峰、2060 年前实现碳中和”的发展战略,与 SSP1-2.6 情景较为相近,水稻产量相对稳定.(2)在中国耕地保护政策下,2020~2060 年水田面积的变化幅度较小,水稻潜在产量变化主要受气候影响.根据四种气候变化情景,气温均呈现上升的趋势,且在长江中下游、四川盆地及周边地区等水稻主产区对水稻潜在产量起负向作用;降水量在 SSP1-2.6、SSP3-7.0 情景和 SSP2-4.5、SSP5-8.5 情景,分别呈稳定增加、波动降低趋势,且降水量与水稻潜在产量的关系以正相关为主.(3)未来在注重水田保护的基础上,应注重培育耐高温的水稻品种,采取防高温措施来应对未来气温升高对水稻产量的影响.同时,仍需健全灌溉与排涝设施,确保“早能灌、涝能排”。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9k6Ek7No-f7hWeP1xZTLERDRoF8aKkuQhLi2cqgrT2PGuzENNCfEW2K-7n0igVnV-KYwDXVdQpEx6RHLoccUSk8_TcsUT_qaUUB_OABpMzBQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】长期施用餐厨堆肥对水稻生育期杂草群落的影响/宋鹏等

为探究长期施用餐厨堆肥后稻田杂草群落的变化规律,评估杂草群落结构对水稻产量的影响.连续 4 年设置餐厨堆肥(KF)、鸡粪有机肥(CM)、化肥(CF)及对照(CK)4 个处理,在 2021 年对水稻在不同生育期的杂草群落进行监测和取样,对杂草的种类、密度、生物量、多样性以及杂草群落与水稻产量间的关系进行分析.结果表明,长期施用餐厨堆肥、鸡粪有机肥、化肥均减少了水稻莎草科和阔叶类杂草的密度和生物量,施肥处理的灌浆期杂草总生物量从高到低依次为 CM(24.45 g/m²)、KF(21.98 g/m²)和 CF(21.79 g/m²),水稻产量从高到低为 KF(8 626.50 kg/hm²)、CF(8 071.50 kg/hm²)、CM(7 083.00 kg/hm²);改变了杂草群落多样性,CF 处理杂草群落的 Shannon-Wiener 指数和 Pielou 均匀度指数较 KF 和 CM 处理显著降低, Simpson 优势度显著提高;杂草群落结构的 NMDS 分析结果表明, KF 和 CM 处理的杂草群落与 CK 有更好的相似性,与化肥相比,施用有机肥对杂草群落结构的改变具有一定的缓冲作用.综合来看,长期施用餐厨堆肥有

利于减少稻田杂草总量并维持较高的杂草群落多样性和均匀度,减少杂草造成的水稻产量损失,有利于杂草群落的长期稳定。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9k6Ek7No-f7hWeP1xZTLERDRoF8aKkuQgMFlcjrLkGnFOqk5cqEek0x_K3p2P5pppgm-meSZtkosmBjrhHJ_WHUqe2Q1dNsjrpyIbFeZqOhA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】1%谷维菌素可溶液剂对水稻生长和产量的影响/王龙等

谷维菌素是一种新型植物生长调节剂,可以有效调控作物的生长发育过程。为了明确1%谷维菌素可溶液剂对水稻生长及产量的影响,并且为谷维菌素的开发及其在水稻上的应用提供数据支持,以籼型三系杂交晚稻泰优631为试验材料,采用浸种处理的方法,在江西农业大学科技园进行1%谷维菌素可溶液剂在不同有效成分含量下对水稻不同时期生长性状及产量影响的试验。结果显示,相对清水浸种处理,经过1%谷维菌素可溶液剂处理的水稻根长、鲜质量和地上部干质量在直播40 d后,分别增加22.84%、27.62%、16.15%;根系干质量的影响最显著,在直播后26、33、40 d,平均增加81.25%、89.47%、49.10%;直播33、59 d后,水稻株高平均增加10.31%、10.67%;水稻分蘖数于直播后59 d、成熟期平均增加76.39%、55.32%;在最终测产时,谷维菌素对水稻穗长、有效穗数和千粒质量的影响较为明显,相比清水处理平均增加10.23%、6.39%、6.64%,理论产量增加7.66%~45.80%。由此可见,水稻经过1%谷维菌素可溶液剂浸种处理,会提高苗期的根长、鲜质量、地上部干质量和根系干质量,增加水稻株高和分蘖数,并且能够提高成熟期穗长、有效穗数和千粒质量,从而增加水稻产量,因此1%谷维菌素可溶液剂能够提高水稻不同时期的部分生长性状,具有显著的促生长作用,尤其以50~100 mg/kg浸种处理的效果最优。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9k6Ek7No-f7hWeP1xZTLERDRoF8aKkuQgMFlcjrLkGnFOqk5cqEek0s5YRV2YI7hkcZbEWINBIU-_ergqCZ5cRU100ij-IJ2SPrg29WgTyrw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】双抗型两系杂交水稻品种晶两优华宝的选育及栽培技术/孙振彪等

晶两优华宝是湖南亚华种业科学研究院用自育光温敏两用核不育系晶4155S，与海南大学育成的恢复系华宝配组育成的两系杂交稻新组合。该组合具有株型适中、分蘖力强、高抗稻瘟病和抗白叶枯病的特点，是一个双抗型杂交水稻新品种，2021年通过广东省审定。

论文链接：

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9QF9DC2kxJ2QaLIAPWUapCDzSGK-tUhNsY-eHjiARIr6R15DUSKEVKyeMNJMTjWqZP84CDUC2Ee1-2sDEZKq5Q3fj3kX3D9oPoEE1H4O8vDw==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【06】硅肥对土壤理化性质及水稻产量与养分含量的影响/蒋亚等

探明硅肥对土壤理化性质及水稻产量与养分含量的影响，为化肥减量增效技术及水稻生产提供理论依据。以水稻品种宜优1611为供试材料，采用田间小区试验方法，在常规配方肥(尿素 328.95 kg/hm²、磷酸二铵 326.1 kg/hm²、氯化钾 400.05 kg/hm²)基础上，设置配施不同用量硅肥处理(CK,不施任何肥料；T1,单施配方肥；T2,配方肥+硅钙肥 480 kg/hm²；T3,配方肥+硅钙肥 960 kg/hm²)，分析不同处理土壤理化性质、水稻产量及构成因素和植株养分含量的变化。除土壤 pH 外，不同施肥处理的土壤有机质、速效钾、有效磷、全氮和阳离子交换量较 CK 有不同程度增加；配方施肥基础上增施硅肥对土壤全氮含量和阳离子交换量有显著影响，对土壤速效钾和有效磷影响较小。与 T1 相比，T2 和 T3 处理阳离子交换量分别增加 16.56%和 29.45%；土壤全氮含量表现为 T2、T3 高于 T1，且 T2 显著高于其他处理。不同施肥处理对水稻穗数和千粒重无显著影响，对结实率和产量有显著影响。与 T1 相比，T2 和 T3 处理穗粒数分别增加 18.00%和 14.55%，结实率分别提高 4.79 个百分点和 3.54 个百分点，产量分别增加 9.64%和 6.92%；水稻茎叶和籽粒中全氮、全磷、全钾含量以 CK 最低，T3 最高，其中，茎叶全钾含量、籽粒全磷含量和籽粒全钾含量均表现为 T2、T3 处理高于 T1 处理。在配方施肥基础上，增施硅肥能增加土壤全氮含量和阳离子交换量，一定程度上提高水稻养分含量，增加水稻穗数、穗粒数和结实率，促进水稻产量提高，其中，配施硅肥 480.00 kg/hm² 增产效果最佳。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_jJAUCkMtrNgBzQEnn3waZRgDmVkJA9eD4TpPz29R5CdfmipibWW_rlAkNnPzwsJmix7U1OCBUOt2BWlyRh0swwlc6492lNUe5zCn9wTNxiA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】缓控释氮肥施用技术在水稻上应用研究进展与展望/王云翔等

缓控释氮肥作为一种新型肥料，兼顾增产和环境友好两大特点，在提高水稻产量与氮素利用率以及缓解环境污染方面展现出了显著优势。在前人研究基础上，总结了缓控释氮肥的概念、分类、不同缓控释氮肥作用机理，及缓控释氮肥在水稻生产上形成的不同施肥技术的特征及其效果，如缓控释氮肥一次性施肥、与速效尿素混合一次性基施、不同的缓控释氮肥相互混合一次施用，以及与速效尿素分次施用的施肥技术。介绍了缓控释氮肥不同施用技术对水稻产量形成的影响，以及施用缓控释氮肥对土壤和大气环境的影响。明确缓释氮肥在水稻生产应用中的优势，进一步指出缓控释氮肥在水稻生产应用中存在的问题并且提出相关建议，为推动缓控释氮肥在水稻生产上的广泛应用提供一定的参考依据。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_jJAUCkMtrNgBzQEnn3waZRgDmVkJA9eBxRJ3eS5wVq3k4vYqx7rcAK_3aDH7SL7_N_Z0haHWkGiLgH7UgrEoctWEa6r51uK7E197jBhF87w==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】不同施氮处理下转 Cry2A*基因水稻根系特性/李雪雪等

为探究转 Cry2A*基因水稻品系根系特性，为抗虫转基因水稻的栽培调控提供技术支撑，通过盆栽试验，以常规粳稻与其转 Cry2A*基因水稻品系、常规籼稻与其转 Cry2A*基因水稻品系为试验材料，探究施氮、不施氮处理下转 Cry2A*基因水稻品系的根系特性。结果表明：转 Cry2A*基因水稻品系的根长、根表面积、根体积在成熟期不施氮处理下显著低于亲本对照，在施氮处理下与亲本对照无显著差异；KY(Cry2A*)的根系活跃吸收面积在花期显著高于亲本对照，而MH86(Cry2A*)的根系活跃吸收面积与其亲本对照无显著差异；与不施氮处理相比，施氮能显著提高KY(Cry2A*)的根直径，对MH86(Cry2A*)的根直径无显著影响。本研究结果表明，转 Cry2A*基因水稻根系特性与其亲本之间存在一定差

异，且这种差异在不施氮处理条件下更为明显。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_jJAUCkMtrNgBzQEEn3waZRgDmVkJA9eBzcSr7Q0DONW6tcIXdKmu701r8QtRAzHd-liPim1Sy5GKgtoBV9Fzrxz0xO0i0K5Lbb6BfHnVHlw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】水稻挥发物在调控害虫中的作用及其应用前景/林娜等

植物挥发物作为生态系统中各生物间信息传递的载体在影响生物进化及生物群落组成中发挥着重要作用。剖析植物挥发物的主要化学组分及其生态学功能，不仅能从一个侧面揭示生物间的协同进化，而且可为害虫的可持续治理提供有效的绿色防控技术。为此，本文围绕水稻挥发物主要组分与合成途径、虫害诱导水稻挥发物合成的调控机理、水稻挥发物的生态学功能及应用前景等方面，对国内外的最新研究成果进行综述，提出了今后的研究方向，并推动水稻挥发物在害虫防控中的应用。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_P-r91-2GdEACkK51sfcovz-3dNGMaHiGMWK_gKAC6rkWd21Ly8ix6nKMryiHvSYegenwLvAXmw6FZrck5skOmohk_bWVhO-NPHH_IwodEA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【10】褐飞虱和二化螟取食对水稻植株挥发物的影响/刘旭等

为了探究害虫取食对水稻植物挥发性化合物(Volatile organic compounds, VOCs)的影响。利用动态顶空吸附法及GC-MS技术,对褐飞虱 *Nilaparvata lugens*、二化螟 *Chilo suppressalis* 取食水稻植株不同时间的VOCs进行了分离鉴定。在本试验条件下,共分离鉴定出水稻VOCs共43种;虫害为害后均未对水稻植株VOCs的种类产生影响,但对水稻植株VOCs的相对含量产生了显著影响,褐飞虱和二化螟取食分别导致3种VOCs(β -水芹烯、癸醛和(E)-5-十四烯)和6种VOCs(2-壬酮、(E)-3-十二烯、十二烷、2,6-二甲基-十一烷、1-癸醇和十八烷)产生显著变化;两种害虫取食的时间对水稻VOCs的相对含量也产生了显著影响。害虫取食可对水稻植株VOCs产生显著影响,但VOCs的诱导变化规律与害虫种

类及害虫取食时间相关。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_P-r91-2GdECACk51sfcovz-3dNGMaHiGMWK_gKAC6rkwD21Ly8ix6sKScCSb11uY7ZD3vuWWxiH-5KTDkRLD2PXXaLHrWiRwruTWH3s_RCg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

2、小麦

【01】基于 YOLO v7-ST 模型的小麦籽粒计数方法研究/王玲等

针对小麦考种过程中籽粒堆积、粘连和遮挡现象导致计数准确率低等问题，本文基于电磁振动原理设计了高通量小麦籽粒振动分离装置，通过分析受力探讨了籽粒离散分离程度的主要影响因素，并引入二阶离散系数建立了籽粒离散度等级评价方法。在此基础上，引入 Swin Transformer 模块构建了 YOLO v7-ST 模型，对不同离散度等级下小麦籽粒进行计数性能测试。试验结果表明，YOLO v7-ST 模型在 3 种离散度等级下平均计数准确率、F1 值和平均计数时间的总平均值分别为 99.16%、0.93 和 1.19s，相较于 YOLO v7、YOLO v5 和 Faster-RCNN 模型，平均计数准确率分别提高 1.03、2.34 和 15.44 个百分点，模型综合评价指标 F1 值分别提高 0.02、0.03 和 0.16，平均计数时间较 YOLO v5 和 Faster-RCNN 分别减少 0.41s 和 0.36s，仅比 YOLO v7 模型慢 0.09s。因此，YOLO v7-ST 模型可实现多种离散度等级下不同程度籽粒遮挡和粘连问题的准确快速检测，大幅提高小麦考种效率。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-s7uzsihH1THVcc5sM0_1XhSTrdlzhE69orE9-qLcpPz3gabTFTTGJEUDZC6mEWu2VSd6iwA7c93Hm0zD7rpa6CkGbG1ZJ0g98YRIQ_wc_w==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】气力离心组合式小麦精量排种器设计与试验/侯加林等

针对传统小麦播种以无序种流、不定量排出的方式存在脉动性高、均匀性差

的问题,设计了一种气力离心组合式小麦精量排种器,采用气力充种和离心清种的方式,种子有序均匀排出。本文对排种器的关键参数进行设计,建立充种和排种过程的动力学模型,确定充种角和落种角的初始范围。利用气固耦合仿真分析方法 DEM-CFD 进行排种器单因素试验,仿真结果表明,充种角范围进一步缩小为 $36^{\circ}\sim 56^{\circ}$ 时,其携种性能较好;落种角范围进一步缩小为 $43^{\circ}\sim 63^{\circ}$ 时,其排种性能较好。在此基础上,以充种角、落种角、排种盘转速为试验因素,以漏播率、重播率、直线落种率为响应指标,进行正交旋转组合试验。试验结果表明,当充种角为 47.75° 、落种角为 52.48° 、转速为 $635.5\text{r}/\text{min}$ 时,排种器工作性能最优,此时,漏播率为 2.78% 、重播率为 3.73% 、直线落种率为 93.46% ,验证试验结果与优化结果基本一致。田间试验结果表明,当设置排种盘型孔内侧面充种角为 47.8° 、下侧面落种角为 52.5° ,排种盘转速在 $552\sim 800\text{r}/\text{min}$ 范围内,漏播率低于 8.9% 、重播率低于 4.3% 、排种合格率高于 88.6% ,符合小麦精量播种要求。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-tJC3BcgJvQ1w4ze-f4H6bFUyn7zBfjHogupFIPGgUIMxmKUNhWifBXsHV3kZiM5WTT7jPH42C7wir2-hZtti1Ped7JLbQ1wXmZLKAbLkpWg==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【03】复合菌剂对小站稻秸秆降解和小麦生长的影响/白狄纯等

为了寻找一种能够科学高效地将小站稻秸秆用于秸秆还田的方法,并将其作为一种储备技术。本研究通过盆栽秸秆降解试验和小麦盆栽试验,研究 2 种复合菌剂对 3 种小站稻的秸秆降解率、小麦生长指标和土壤 pH 与电导率的影响。研究表明:当小站稻品种 R1、R2、R3 秸秆还田时,施用复合菌剂 F 可有效提高秸秆降解率,复合菌剂 B 效果不显著,施用复合菌剂 B 和 F 均能有效提高小麦株高、小麦叶片 SPAD 值。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-tJC3BcgJvQ1w4ze-f4H6bpGCZC6aER0XiDq6mGY_GckDJohWX6RDHYHC954fwPxxA7V8hpXGLo-AI1EnGGA58ypxmfnKQz022TBsbrKohWg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】陇东旱塬区小麦主要农艺性状与产量的相关性分析/刘众等

为研究甘肃省陇东旱塬区小麦产量构成及主要农艺性状对产量的影响,明确后续育种目标,选育出适合本地种植的优良高产品种。利用平凉市农业科学院旱地小麦育种示范园 2010—2022 年小麦参试品种的产量与主要农艺性状数据,采用统计分析、相关性分析和通径分析等方法分析其产量构成及主要农艺性状对产量的影响。结果表明,各性状变异系数从大到小依次为产量、有效穗数、春分蘖、千粒重、株高、穗粒数、全生育期;相关性分析结果表明,产量与有效穗数和株高达到显著正相关,与其他农艺性状相关性不显著,有效穗数与株高呈极显著正相关,与春分蘖到达显著正相关,其他性状间相关性不显著;偏相关分析结果表明,产量与各农艺性状之间和农艺性状之间的相关性均未达到显著相关水平;通径分析结果表明,产量三要素对产量的贡献大小依次为有效穗数(0.820)、穗粒数(0.521)、千粒重(0.406)。表明在甘肃陇东旱塬区,小麦的产量、有效穗数和春分蘖具有较大的变异系数,产量与有效穗数和株高具有显著的相关性,有效穗数与株高和春分蘖具有显著的相关性,有效穗数对产量的影响最大,其次为穗粒数和千粒重。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-tJC3BcgJvQ1w4ze-f4H6bpGCZC6aER0VOththLThrflf3y8EhP_0_h6nqdd9NT81RZaZO25YjFqLhnV_eH-51J1hMxKDWK9aCFIVz48azaw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】30%丙硫菌唑悬浮剂对小麦赤霉病的田间防效/袁小平等

小麦赤霉病是陇南徽成盆地小麦生产上最主要的病害之一,2016 年以来该病害的发生面积和流行程度亦呈逐年加重趋势,该区域主要致病菌为禾谷镰孢菌。为了给陇南徽成盆地小麦赤霉病的高效控制和实现小麦绿色化生产提供科学依据,以冬小麦品种兰天 42 号为指示品种,设在小麦抽穗期、扬花期、灌浆期分别喷施 30%丙硫菌唑悬浮剂 675 g/hm² 兑水 675 kg/hm² 及抽穗期喷等量清水 4 个处理,以明确该药剂对小麦赤霉病的田间防效。结果表明,在冬小麦抽穗期、扬花期、灌浆期喷施 30%丙硫菌唑悬浮剂的各处理对小麦赤霉病的田间防效为 68.9%~99.0%,较喷清水对照增产 1.1%~11.5%。其中 2021 年田间防效为 86.8%~98.7%,千粒重较喷清水对照提升 2.2%~12.1%,折合产量为 8 730.0~9

525.0 kg/hm²，较喷清水对照增产 1.1%~10.3%。2022 年田间防效为 68.9%~99.0%，千粒重较喷清水对照提升 2.4%~11.9%，折合产量为 8 435.0~9 230.0 kg/hm²，较喷清水对照增产 1.9%~11.5%。抽穗期、扬花期喷施 30%丙硫菌唑悬浮剂对小麦赤霉病的田间防效均与灌浆期喷施间差异达极显著水平(P<0.01)。表明在冬小麦抽穗期至扬花期采用 30%丙硫菌唑悬浮剂 675 g/hm² 兑水 675 kg 田间喷施，能较好地控制小麦赤霉病且具有一定的增产效果，对赤霉病的田间防效均在 93%以上，增产幅度超过 8.7%，可在陇南徽成盆地及其他赤霉病发生区域冬小麦生产上应用。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-tJC3BcgJvQ1w4ze-f4H6bpGCZC6aER0VOththLThrff3y8EhP_0_UsYmRjJGz8SdDsv0pNOtA1R5nmqQm99YeumNhmXMYUQzJqfbxigfFQ=&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】控释尿素与普通尿素配施对小麦产量、氮素吸收及经济效益的影响/王义凡等

为探究控释尿素和普通尿素配比基施的高效利用方式，研究不同配比对小麦产量、氮素利用效率、氮素累积及经济效益等的影响，于 2018-2020 年在禹州进行试验，共 7 个处理：不施氮肥（CK）、只施尿素（U）、控释尿素（CRU）1（CRU：U=1:9）、控释尿素 2（CRU：U=2:8）、控释尿素 3（CRU：U=3:7）、控释尿素 4（CRU：U=4:6）、控释尿素 5（CRU：U=5:5）。较 U 处理相比，控释尿素与普通尿素配比基施处理小麦产量提高 4.02%~9.58%，不同施肥处理与 CK 处理相比产量提高 31.69%~49.45%，其中 CRU5 处理产量最高，增产幅度最大。较 CK 处理相比，控释尿素的投入使小麦氮素累积提高 10.53%~34.21%；较 U 处理相比，控释尿素的投入使氮素累积提高 1.69%~21.43%。与 CK 处理比较，不同配施处理小麦产值升高 32.00%~49.02%，小麦收益提高 37.97%~67.86%；与 U 处理相比，不同配施处理小麦产值升高 4.24%~9.70%，小麦收益提高 5.50%~13.25%，两年数据显示 CRU5 处理下的小麦收益最高。综合表明，控释尿素和尿素配比施用，可与作物养分需求相匹配，且以控释尿素:尿素=5:5 时效果最好，可提高氮素利用效率，保证并提高作物产量，增加经济效益。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9E_KANGia5Lu9j8_vtDbYYDHNLZfMRSvAnZx5NrSgH7KvISDdJZYKcUVn2Vc3E4fza4OrCVCw11Udb3eaEk_U5L9WqgvoPw2xpZmoL_oaEZg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】基于水、碳足迹的绿洲小麦生产环境影响特征及其脱钩关系——以新疆叶尔羌河流域莎车灌区为例/刘鑫钰等

农业是水资源消耗和温室气体排放的重要贡献部门,农作物的不合理种植会对生态环境造成影响,并威胁粮食安全。以新疆叶尔羌河流域莎车灌区为研究区,考察了1990~2020年典型粮食作物小麦的生产情况;基于水、碳足迹理论,综合评价了小麦生产过程中的水资源消耗和温室气体排放特征,并对二者的主要影响因素进行了相关性分析;同时,通过构建弹性脱钩模型,探讨了小麦生产与环境影响变化之间的动态关系,揭示了小麦生产中存在的环境问题。结果表明:1990~2020年,莎车灌区小麦生产中水、碳足迹均整体表现为波动上升状态,在2008年前后转入显著上升态势($P<0.05$);蓝水足迹在水足迹中的多年平均占比最大(65%),农资投入造成的碳足迹和农田NO₂排放引起的碳足迹多年平均占比相当,但前者占比逐年增大;政策和粮食需求驱动下的农业生产投入是影响小麦生产水、碳足迹变化的主要因素,其中水、碳足迹增长与氮肥施用增多、种植面积扩大显著相关;灌溉用电量虽然有控制水足迹增长的作用,但导致碳足迹增长;小麦产量与水、碳足迹的脱钩结果说明小麦生产存在造成高资源消耗和高环境成本的风险,绿色发展面临挑战。因此,为了实现区域小麦生产的可持续发展,应提高资源利用效率以及优化生产管理方式,以缓解小麦生产造成的环境胁迫。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9E_KANGia5Lu9j8_vtDbYY2aULvRy1_ZiapXX3OxCs0mjFZvA4_31CSWZJQeRv89mPJzM-RE1t8ZLdcrH4h_UulWUBoj0rRYQbBw-O5geZMQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】哈茨木霉 T-aloec 防治小麦赤霉病潜能及发酵条件优化/庞丽等

本研究对哈茨木霉 T-aloec 促进小麦生长和防治小麦赤霉病的潜能进行分析,并对其液体发酵条件进行优化。本文通过平板对峙试验发现, T-aloec 能够抑制小

麦赤霉病原菌 PH-1 生长，抑菌率为 72.38%。通过温室试验发现，T-aloe 可以促进小麦幼苗生长，提高小麦的抗病性。并且在无小麦赤霉病菌胁迫下，T-aloe 提高小麦幼苗的株高、根长和叶片含水量，其中叶部含水量提高了 1.01 倍，株高和根长分别提高了 16.7%和 16.2%。在小麦赤霉病菌胁迫下，T-aloe 提高了小麦体内抗氧化酶 POD 和 CAT 活性，分别提高 28.17%和 39.33%，同时降低了 MDA 和游离脯氨酸含量，分别降低 34.26%和 25.71%。通过田间试验发现，T-aloe 对小麦赤霉病的防治效果达到了 68.42%，且高于阳性对照恶霉灵。通过正交试验发现，糖蜜-酵母膏培养基为 T-aloe 液体发酵产孢的最优培养基，最佳培养基条件为培养温度 32℃、接种量 5%、转速 180r/min，产孢量可达 1.82×10^8 CFU/mL，比优化前提高了 64.91%。综上所述，哈茨木霉 T-aloe 是一株既能促进小麦生长又能防治小麦赤霉病的优势菌株。为了哈茨木霉 T-aloe 进一步商业化应用，对发酵条件进行优化，提高哈茨木霉 T-aloe 的产孢量，为哈茨木霉 T-aloe 的应用提供理论依据和奠定基础。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9E_KANGia5Lu9j8_vtDbYYDHNLZfMRSvCaKTIUSbR_AFRWQLZ77vKQNcKLPE2h3O1qduTy0X1v1sYwRDcYbqc8ge5W33wlikQGOi8VpVf6reA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】天然增效剂与化学抑制剂复配对小麦/玉米轮作体系产量、氮素利用及氮平衡的影响/李长青等

脲酶抑制剂和硝化抑制剂可以通过调控尿素氮转化的全过程延长氮肥肥效，提高氮肥利用效率，但目前所用脲酶抑制剂和硝化抑制剂多为化学合成材料，成本高，且其抑制效果受土壤性质、气候条件和作物体系等多方面因素的影响。本研究采用田间小区试验，以冬小麦-夏玉米轮作种植体系为研究对象，设置不施氮肥(CK)、单施尿素(N)、尿素+双氰胺(ND)、尿素+腐植酸(NH)、尿素+沸石(NP)、尿素+N-丁基硫代磷酰三胺+双氰胺(NUD)、尿素+腐植酸+双氰胺(NHD)、尿素+沸石+双氰胺(NPD)8 个处理，探讨在等施氮量条件下腐植酸或沸石两种天然增效剂及其与化学硝化抑制剂双氰胺(DCD)复配对小麦和玉米轮作体系周年产量、氮素利用效率、土壤硝态氮累积及土壤-植物系统氮平衡的影响。结果表明：与 NH 或 NP 处理相比，腐植酸和沸石分别与 DCD 复配(NHD 和 NPD)后，玉米季产量

(11268 和 11397 kg·hm⁻²)及周年总产量(20494 和 20582 kg·hm⁻²)均显著提高,且达到了与化学脲酶抑制剂和硝化抑制剂复配处理(NUD)基本相当的产量水平;与 N 处理相比, NHD 和 NPD 处理小麦季、玉米季和周年的氮素利用效率均明显提高,两季的 80~100 cm 土层土壤硝态氮累积量显著降低,且与 NUD 处理差异不显著,而土壤氮素盈余量分别较 NH 和 NP 处理下降了 10.7%和 13.9%。表明腐植酸或沸石与化学硝化抑制剂复配是提高作物产量和氮素利用效率,同时符合现代农业绿色环保要求的有效途径。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9E_KANGia5Lu9j8_vtDbYYDHNLZfMRSvB-kTSuCTTXvnB3riscVUC2U58uWBqMUJvALjVqCm7XxJKi8YW6zdEJFu1tdBAF3ASnAC3Ft-Ph8Q==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【10】小麦骨干亲本周 8425B 抗条锈病优异基因在其衍生品种中的遗传解析/李 侯佳等

周 8425B 是黄淮海麦区应用较广泛的矮秆大穗、抗病抗逆小麦骨干亲本,解析周 8425B 衍生品种的条锈病抗性遗传表现及其携带的抗条锈病基因遗传传递信息对新品种选用具有重要价值。本研究以条锈病强毒力生理小种条中 34 (CYR34)单一菌种对收集的 222 份周 8425B 衍生品种进行苗期条锈病抗性鉴定,以 CYR34 为主的混合菌种对衍生品种进行成株期条锈病抗性鉴定,利用周 8425B 携带的抗条锈病基因 YrZH84、YrZH84.2、Yr30、YrZH22 和 Yr9 紧密连锁的分子标记对衍生品种进行基因型检测。研究表明,周 8425B 苗期和成株期对目前强毒力优势菌种 CYR34 均表现高抗条锈病。在 222 份周 8425B 的衍生品种中,2 年表现稳定成株期抗病的衍生品种有昌麦 9 号、济研麦 10、百农 4199、赛德麦 7 号和郑麦 103 等 14 份,占比 6.3%;表现稳定全生育期抗病的衍生品种有周麦 11、周麦 22、周麦 26、周麦 36、兰天 36、存麦 16 和郑品麦 8 号等 52 份,占比 23.4%。周 8425B 衍生品种主要通过周麦 11、周麦 12、周麦 13、周麦 15、周麦 16 和周麦 17 等 6 个子一代再次衍生到子二代。子一代中周麦 16 和周麦 13 由于具有较好的农艺性状直接衍生出较多品种,周麦 12 与周麦 13 培育出子二代周麦 22 衍生出 45 个子三代,周麦 11 培育出矮抗 58 衍生出 54 个子三代。周 8425B 携带的 YrZH84、YrZH84.2、YrZH22、Yr30 和 Yr9 在衍生后代中的频

率分别为 34.7%、14.9%、41.9%、66.2%和 67.1%。仅携带其中 1 个抗病基因的衍生品种以携带 YrZH84 的平均严重度最低，为 15.4%；聚合 2 个抗病基因的衍生品种中，以携带 YrZH84+YrZH22 的平均严重度最低，为 20.0%；聚合 3 个抗病基因的衍生品种中，以携带 YrZH84+YrZH22+Yr9 的平均严重度最低，为 17.2%；聚合 4 个抗病基因的衍生品种中，携带 YrZH84+YrZH22+Yr30+Yr9 的平均严重度为 16.9%，携带 YrZH84.2+YrZH22+Yr30+Yr9 的平均严重度为 38.4%。苗期以携带全生育期抗性基因 YrZH84 或含有 YrZH84 的基因组合的衍生品种的抗病性较好。研究结果为中国小麦骨干种质周 8425B 的持续改良利用提供了条锈病基因信息，鉴定出对强毒力生理小种 CYR34 表现抗病的衍生新种质，为我国小麦抗条锈病遗传育种提供了参考。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9E_KANGia5Lu9j8_vtDbYYDHNLZfMRSvDKtccpSfgHYGVZ826qysPJ6r-ACGIaQkvQx90gbkEqPH2NJouv5lrc_eIOx-Db82nJxuY3fl7i5Q==&uniplatform=NZKPT&language=gb

3、玉米

【01】夏玉米光合特性、根系生长和产量对砂姜黑土深松增密的响应/郭海斌等

为了探明黄淮海南部砂姜黑土深松增密后夏玉米光合特性、根系生长和籽粒产量的变化特征。采用大田试验，设置 2 种耕作方式(常规旋耕和深松耕作)，5 个种植密度(4.5×10^4 株 $\sim 10.5 \times 10^4$ 株/hm²)，研究了 2 种耕作方式不同种植密度下，冠层透光率、净光合速率、蒸腾速率、气孔导度、根系(干重、长度和表面积)及产量的变化特征。结果显示，深松耕作后，穗位层透光率、底层透光率、净光合速率、蒸腾速率和气孔导度分别提高了 14.8%、10.9%、9.0%、3.7%和 12.7%；根系干重、长度和表面积分别增加了 19.6%、15.8%和 15.0%；穗数、穗粒数和千粒重分别增加了 1.39%、4.3%和 5.4%。深松耕作在 9.09×10^4 株/hm² 下获得最大产量，与常规旋耕相比，最适种植密度提升了 9.7%，平均增产 8.4%。因此黄淮海南部砂姜黑土上可以通过深松耕作提高夏玉米的耐密性，进一步提高产量，充分挖掘夏玉米的增密增产潜力。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_8kY_ftXTzRMGc_i7sHzMFanu_t3KWqN-mrE3YvLZcQ810mdMiUYPYeayRKKBLKv2Z_BDvZRnieIOY0wyhO0Vmpq8dLFmrikiI_FZFdyKJyQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】玉米秸秆及其生物质炭输入对毛竹林土壤有机碳化学组分与碳降解功能基因的影响/张雯怡等

研究玉米秸秆及其生物质炭输入对毛竹林土壤有机碳化学组分和碳降解功能基因(*cbhI*)丰度与群落结构组成的影响,可为亚热带毛竹林土壤增汇减排技术的开发提供理论依据。本研究以亚热带毛竹林为对象,设置对照(0 t C·hm⁻²)、玉米秸秆(5 t C·hm⁻²)和玉米秸秆生物质炭(5 t C·hm⁻²)3个处理,开展为期1年的野外控制试验,在试验处理后的第3和12个月分别采集土壤样品,利用¹³C-固态核磁共振、实时荧光定量PCR和高通量测序技术测定土壤有机碳化学组分和*cbhI*功能微生物的数量及群落结构。结果表明:与对照相比,玉米秸秆处理显著增加了土壤有机碳中烷氧碳含量,降低了芳香碳含量,而玉米秸秆生物质炭处理则产生了相反的效果;玉米秸秆处理增加了*cbhI*功能基因丰度和青霉属、顶囊壳属、小皮伞属等优势菌种的相对丰度,而玉米秸秆生物质炭处理则降低了这些基因的丰度。相关性分析显示,土壤*cbhI*优势菌种的相对丰度与烷氧碳含量呈显著正相关,与芳香碳含量呈显著负相关。冗余分析表明,玉米秸秆处理通过改变土壤烷氧碳含量,而玉米秸秆生物质炭处理通过改变土壤pH、有机碳和芳香碳含量对*cbhI*功能基因微生物群落结构产生显著影响。与玉米秸秆处理相比,玉米秸秆生物质炭处理可以增加亚热带毛竹林生态系统土壤有机碳稳定性,降低碳降解微生物活性,因此,生物质炭施用对维持亚热带森林生态系统土壤碳储量具有积极意义。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV8Y6nC-WB0gl4nfLTCNOn1fQdmXFqVvX751owdL_4IG9lQ5mjOftvOZKPwJ017L2fL6_t1VJKOjzY60DM2-EEHkLbHI2QfPzrrx106wclC3Aw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】保水剂代替地膜在旱塬地玉米生产上的试验效果初报/魏慧珍等

本试验通过探究保水剂替代地膜在环县旱塬地玉米种植生产上的效果,为减少地膜“白色污染”、提高耕地质量、保护生态环境提供了新的思路及参考。试验结果表明:在应用海瑞达和应物所 2 种保水剂的玉米种植模式下,耕地保墒、蓄墒效果明显,且能降低土壤容重,提高玉米株高、穗粒数、百粒重,有效增加玉米产量。其中,使用海瑞达保水剂种植模式较露地(CK)种植模式增产 14.25%,增产效果明显;使用应物所保水剂种植模式较露地(CK)增产 10.75%,增产效果与海瑞达保水剂种植模式相比略差。虽然使用 2 种保水剂种植模式在玉米农艺性状、增产效果上不如全膜覆盖种植模式,但从经济效益、生态效益等因素综合考虑,保水剂种植模式下地膜污染明显降低、耕地墒情良好、玉米生产性能较好,因此建议在环县旱塬地推广应用保水剂产品,尽量减少地膜使用量。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9hIz_TKkKOWfHVQHkh3D1cH4eB71WfaR-LExOE9rljiqbIZZBOKXErLNxCxK6tXBsfPX2OEXIHya77WM9LnBg_brsSlXRe4fBt6nj5mZbsng==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】不同玉米品种萌发期抗旱性综合评价/洪越等

综合评价不同玉米品种在萌发期的抗旱能力,为筛选玉米抗旱品种提供理论依据。以北京市推广种植的 25 个玉米品种作为试验材料,在干旱条件下进行发芽试验。测定种子发芽率、胚芽鲜质量、胚芽长和胚根干质量等 11 个萌发期相关指标,计算各指标耐旱系数,通过聚类分析、相关性分析和主成分分析,综合评定不同玉米品种在萌发期的抗旱能力。相关性分析结果:表明发芽率与胚芽鲜质量、胚芽干质量、胚芽长度显著正相关,相关系数分别为 0.58、0.60 和 0.61。主成分分析结果表明:第一、第二主成分对总方差的贡献率分别为 44.3%和 23.1%。发芽率、胚芽鲜质量和胚芽长度是玉米在萌发期阶段耐旱鉴定的关键指标。通过 3 项指标的 Z 值将 25 个玉米品种划分为萌发期抗旱型、干旱敏感型和中间型。筛选出萌发期耐旱型玉米品种 4 个。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9hIz_TKkKOWfHVQHkh3D1cH4eB71WfaR9emkjry5j5H5mrqV6P17Ao5iZfo1FWm0CKU3PzqNqILXdJvKllhxnCrz0DUZ0cy2unW69mQ7-j

【05】不同浓度 Cd 胁迫对玉米幼苗生理特性及镉累积的影响/杨昌浪等

为了探明土壤中镉含量与低累积玉米品种(会单4号)富集镉间的关系。以玉米为试验材料,设置不同浓度Cd处理的土壤盆栽试验,幼苗生长一个月后采集玉米地上部和地下部,测定玉米生物量、根系形态、叶片渗透率、脯氨酸积累量及镉富集特征。研究镉胁迫对玉米生理特性及其镉累积的影响。结果表明:当土壤中镉浓度为2 mg/kg时,玉米的地上部生物量显著增加了8.79%,浓度增加到12 mg/kg时,玉米地上部与地下部的生物量分别显著下降了55.65%、58.92%;对玉米幼根生长的抑制作用逐渐增大;叶片渗透率和脯氨酸含量与镉浓度呈正相关;玉米体内的镉含量明显增加,并且地下部含量明显高于地上部含量;随着镉浓度增加,富集系数和转运系数都小于1,这说明玉米累积镉含量不随土壤镉含量增加,但对玉米植株的毒害越来越严重。2 mg/kg的镉促进玉米生物量的增加,大与4 mg/kg时抑制玉米生物量的增加,会单4号是低富集品种,富集系数与转运系数不会随镉浓度的增加而增加,但会使玉米受到的毒害越来越严重。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9hIz_TKkKOWfHVQHkh3D1cH4eB7lWfaR9emkjry5j5H5mrqV6P17AoBtKYfyXdkh-pyal1EXOLt1sUXme0VuEdMUfrAfSTLXrpKQpmAJ49Sg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】尿素硝酸铵溶液对玉米产量、养分吸收及潮土氮素积累的影响/马荣辉等

采用大田试验,设置对照(CK,不施氮肥)、尿素处理(U,纯N 240 kg/hm²)、尿素硝酸铵溶液处理(UAN,纯N 240 kg/hm²)、80%UAN处理(80%UAN,纯N 192 kg/hm²)和80%UAN配施双氰胺处理(80%UAN+DCD,DCD用量为12 kg/hm²)共5个处理,研究不同用量UAN对玉米产量、养分吸收及潮土氮素积累的影响。结果表明:U处理和UAN各处理间玉米穗长、行粒数、千粒重和产量无显著差异,但UAN各处理株高均显著高于U处理。U及UAN各处理间玉米总吸氮量无显著差异,但U、UAN处理氮素农学效率、氮素利用率和氮素偏生产力显著低于80%UAN和80%UAN+DCD处理。各处理土壤硝态氮含量表现为U>UAN>80%UAN+DCD>80%UAN。UAN处理土壤铵态氮含量明显高于其他施

氮处理，80%UAN+DCD 处理土壤铵态氮含量高于 80%UAN 处理。各施氮处理土壤铵态氮积累量为 0.10~0.73 kg/hm²，UAN 处理积累量最高，80%UAN+DCD 处理最低；各施氮处理土壤硝态氮积累量为 5.70~9.19 kg/hm²，U 处理积累量最高，80%UAN 处理最低。等氮量投入条件下，氮肥形态对玉米产量及构成因素、氮素农学效率、氮素利用率和氮素偏生产力无显著影响；80%UAN 及添加 DCD 可显著提高氮素农学效率、氮素利用率和氮素偏生产力。UAN 减量及配施 DCD 可降低土壤中硝态氮和铵态氮的迁移积累。综合农学和环境效应来看，在本试验条件下，UAN 减量 20%配施 DCD 是一种较为科学合理的施肥管理方式。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-CxiVFWGwqGA-dgAPOOIV2ZDFHNglMIO1oR-s_O3ik7zsgEvwLmz7vSjHRaxEzYw7UYk_GCnxBYoowjOHsT9b7mSapS87H6xE8lsepqwfVng==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】有机肥部分替代化肥对玉米产量和氮素利用率的影响/谢小聪等

为明确浙南地区黄红壤土玉米有机肥替代化肥方案，进行有机肥替代化肥对玉米产量及氮素利用率的影响试验。田间试验分别设置不施肥处理（CK）、氮磷钾肥处理（NPK）、磷钾肥处理（PK）、15%基施有机肥等氮替代化肥处理（T15）、30%基施有机肥等氮替代化肥（T30）处理。结果表明：与 NPK 处理相比，T30 处理的秸秆产量降低 17.11%，T15 和 T30 处理的籽粒氮含量分别降低 16.73%和 17.83%，T15 和 T30 处理的籽粒吸氮量分别降低 15.00%和 20.30%，T30 处理的秸秆吸氮量降低 31.75%，T15 和 T30 处理的氮素内部利用率分别提高 23.10%和 28.61%，T30 处理的土壤铵态氮含量降低 24.61%。本研究表明，有机肥氮替代 15%~30%化肥氮可保持玉米不减产，提高土壤肥力和氮素利用率，减少化肥施用量，适宜在浙南玉米生产中推广应用。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_q9P2bzwkQFRULgMmes4GbdkRfaQDv49zfhnHoZBJz4k5oL_7xy21qKJmdM74Wg3GHNmfBDXIlprU2JQzMvjKWhl3BhsHTx0IYwWmDr yHA2Q==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】基于 CWT-HHT 的玉米叶片铜离子污染信息探测/郭辉等

为了准确探测农作物在不同浓度重金属污染下叶片光谱间微弱的畸变信息，通过设置不同浓度铜离子(Cu^{2+})胁迫下的玉米盆栽实验，在采集了不同梯度下玉米叶片光谱并测定同期叶片 Cu^{2+} 含量的基础上，采用连续小波变换(CWT)结合希尔伯特-黄变换(HHT)的方法，构建 CWT-HHT 算法以探测玉米叶片光谱重金属污染信息。同时与红边位置(REP)、红边归一化指数(NDVI705)和红边植被胁迫指数(RVSI)等常规的植被指数监测方法进行对比分析。研究表明：基于 CWT-HHT 探测方法提取的瞬时能量峰值呈现先升高、后降低的趋势，与玉米叶片 Cu^{2+} 含量变化趋势一致。而且通过与植被指数监测农作物重金属污染的方法对比，证明 CWT-HHT 探测结果最优，表明 CWT-HHT 方法在玉米叶片重金属 Cu^{2+} 污染信息探测方面具有可行性。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_q9P2bzwkQFRULgMmes4GbdkRfaQDv49yK4JxkM3qjwyd0pnlUtlU9N6ZGmdBRV4Wk1TkuThNMQN1kvsntg9y0kW1e4f8or99XhfYJ9dCfkg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】转录组测序分析干旱胁迫下复合微生物菌肥对玉米幼苗抗旱性的影响/卿晨等

为探讨干旱胁迫下复合微生物菌肥 AP 对玉米幼苗抗旱性的影响。以玉米“鄂玉 16”为材料，分别设置空白对照组 (CK)、解磷菌添加组 (P)、丛枝菌根真菌添加组 (A) 和复合微生物菌肥 (解磷菌+丛枝菌根真菌) (AP) 组，控水土培作干旱胁迫处理，取玉米叶片作生理生化指标检测及转录组测序分析。结果显示，至干旱胁迫 5d 后 (即第 5、10 和 15d)，MDA 水平最高为 CK 组，最低 AP 组 ($P<0.05$)；AP 组 SOD 和 POD 酶活性均显著高于 CK 组 ($P<0.05$)。整个胁迫期间，AP 组 CAT 酶活性均高于 CK 组。与 CK 组相比，转录组测序分析检测到 AP 组玉米苗叶片中有 320 个差异表达基因，其中上调表达 204 个、下调表达 116 个；GO 分析显示，差异表达基因富集到生物过程、细胞组分和分子功能的占比分别为 34.33%、43.12%和 22.55%；KEGG 分析显示，差异表达基因显著富集的通路包括植物—病原互作、淀粉和蔗糖代谢、其他类型 O-聚糖生物合成、玉米素生物合成、半乳糖代谢和氨基酸生物合成等。本研究结果或可为进

一步探索玉米抗旱的分子机制研究提供参考。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV98qKPE0k71H5v2TwDSUB8SIFcI3QJsaPk17NIAGkUwb17kOtYpG2Zgxgm50OcySAB01N3MR1ij8d9gOFYpL-1sGTywa94NPoqheVuM8IBgpA==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【10】不同 pH 玉米田土壤团聚体稳定性及有机碳含量的变化/姚俊红等

为探究酸化玉米田土壤团聚体组成、稳定性及有机碳含量的变化特征,在同种植模式玉米田中通过土壤调查选择不同土壤 pH 值的土壤进行试验,以土壤 pH 值设置 5 种处理, T1(4.95)、T2(5.41)、T3(5.82)、T4(6.07)、T5(6.09),测定土壤团聚体组成及稳定性、有机碳及团聚体有机碳分布,计算团聚体有机碳贡献率,分析团聚体稳定与土壤有机碳分布关系,探究酸化玉米田土壤团聚体稳定与有机碳间的作用关系。酸化玉米田土壤机械稳定团聚体中 52 mm 粒径团聚体含量较高;水稳定团聚体中 1-0.5 mm 粒径团聚体含量较高;(粒径>0.25 mm 团聚体含量)R_{0.25}随着土壤 pH 值升高而降低;酸化玉米田土壤团聚体 0.5-1 mm 和 0.25-0.5 mm 粒径中有机碳含量较高;土壤原土有机碳及不同粒径团聚体有机碳含量均与土壤 C/N 呈显著相关(P<0.05),其中与原土有机碳相关系数最高为 0.905;土壤 pH 值与有机碳及团聚体各粒径有机碳含量呈显著负相关(P<0.05),土壤 pH 值与<0.25 mm 粒径有机碳含量相关性最高,相关系数为-0.794。结果表明:土壤酸化可以通过增加大团聚体有机碳贡献率及 C/N,促进有机碳的积累。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_GEE8ogoR-04gpH9G3iTnv7ETTJWtPzqBk2XkovKQd_6KELZkTLIWj88PEJmrJfQjUyoswUOCFDiSx5iSbLlflg6bZzDy9jQN_jeciwny1uQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

(二) 豆类

【01】基于三维点云的大豆植株器官分割及表型分析/肖奕同等

为了解决大豆等多分枝作物叶片成簇、叶片相互遮挡带来的高通量表型测量

困难问题,提出了基于植株三维点云的器官分割及表型参数测量方法。以分枝期大豆植株为研究对象,采集植株多视角图像,利用三维重建技术得到植株稠密点云、过滤点云噪声并还原实际尺度;以法线微分差异算法、改进的区域生长算法以及点云曲率特征实现植株各器官的分割;最后采用有向包围盒、改进的三角剖分法以及最邻近算法提取植株叶面积、叶宽、叶长、叶倾角和茎粗等表型参数。试验结果表明,器官分割后冠层叶片点云平均分割率为 84.24%,单叶点云分割率均高于 95.29%,表型参数测量值与人工实测值具有较强相关性,叶面积、叶宽、叶长、叶倾角和茎粗测量值与人工实测值的决定系数分别为 0.987 9、0.961 3、0.962 6、0.931 1 和 0.963 4,均方根误差分别为 0.541 7 cm²、0.141 2 cm、0.175 5 cm、3.279 6°和 0.047 5 cm。本研究提出的方法对叶片相互粘连的植株具有较好的分割效果,为多分枝作物的器官分割及表型参数测量提供了有效的解决方案。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_iSrCTD7CZTM6aegUYgvgelMY7oAOTFnhww1OW-SgV-AOglk0Q35tSFU3tAxXxG0qAgRsW9S5pzbWEpeeYscQDE_RsGKZ3UNGQR215AlbYkg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】利用 CRISPR-CAS9 技术编辑 GmBADH1 基因改变大豆耐盐性/石宇欣等

耐盐基因功能鉴定对于大豆品种改良以及盐碱地的开发利用至关重要。盐胁迫下作物通过合成和积累甜菜碱作为渗透保护剂,减小盐害对作物产量的影响。BADH 基因已在多种植物中被证实调节植物对逆境胁迫的响应,但在大豆中的调控机理尚不清晰。本研究克隆了 GmBADH1 基因,qRT-PCR 显示该基因在根、茎、叶中均有表达,尤其在根中的表达丰度最高。通过农杆菌介导的大豆遗传转化技术将 CRISPR/CAS9 系统构建的表达载体转入到大豆品种 JACK 中,产生了 3 种可以调控大豆耐盐性状的靶向突变,均发生在编码区,分别为缺失 19 bp、插入 1 bp、插入 9 bp 替换 2 bp。前两者,过早出现的终止密码子,使其均产生截断的 BADH1 蛋白,后者发生移码突变。在出苗期和苗期分别对突变纯合植株进行盐处理,结果表明,出苗期耐盐性与野生型相比显著下降,苗期与野生型相比无明显差异。这说明 GmBADH1 基因可能主要调控出苗期的耐盐性状。本研究为深入挖掘大豆耐盐基因和培育大豆耐盐品种提供了依据。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-vWDbdFR20L5UDceRM6gLz3b5k6C3ZFCs8gQyo8qMwER-MZ5vwEhEsSfseOz3miQrh5kLTqlxqWzO2EhXKeg9kqknGX6vdybsh3f7jhscoYg==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【03】风沙土大豆膜下滴灌水肥一体化适宜灌水量的研究/刘富强等

风沙区作物存在不同的生理生长特点, 现有的灌溉制度缺乏通用性, 为确定风沙土地区大豆膜下滴灌水肥一体化适宜灌水量, 进行大田试验, 以灌水量为试验因素, 基于作物冠层蒸发皿蒸发量设置 0.4(W1)、0.6(W2)、0.8(W3)、1.0(W4) 和 1.2 Epan(W5) 5 个灌溉水平, 研究风沙土滴灌水量对大豆生长、干物质积累和产量的影响。结果表明: 大豆的株高、茎粗、叶绿素、叶面积指数、干物质积累量和产量均随着灌水量的增高, 先增大后减小, 灌水量在 1.0 Epan 时最有利于大豆的生长, 同时获得最高产量和水分利用效率, 大豆产量达到了 3.61 t/hm², 水分利用效率达到 0.59 kg/m³, 较传统雨养大豆分别增长 97.3%和 96.7%。综上, 风沙土地区大豆膜下滴灌水肥一体化推荐灌水量为 1.0 Epan。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-vWDbdFR20L5UDceRM6gLz3b5k6C3ZFCuZ0ZaGJ87sF5UY26hUGMB2yYKLOpEKzy9Kkpin3oFFMMvta7RSN_0OcUo92AD-jxMZVFW7RU6ysQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】大豆和花生表型及光合特性对荫蔽的响应/鲁兆宏等

荫蔽直接影响作物的生长和发育, 而荫蔽包括光强的降低和光质的改变。本研究采用室内盆栽试验, 以大豆和花生为研究对象, 设置正常光(N)处理[光强为 433.83 μ mol/(m²·s), 红光/远红光(red/far-red, R/Fr)比值为 4.26]、弱光(L)处理[光强 154.73 μ mol/(m²·s), R/Fr 比值为 4.25]、荫蔽(S)处理[光强 159.43 μ mol/(m²·s), R/Fr 比值为 0.45] 3 种光环境, 研究大豆和花生植株形态、生物量、光合荧光特性等对荫蔽的响应。结果表明: 与 L 处理相比, S 处理下大豆的茎粗、光合色素含量和光合性能显著增加, 而花生的光合性能也显著增加, 且 2 种作物的株高均显著降低。与 N 处理相比, L 处理下大豆的株高显著增加, 茎粗、生物量、光合色素含量和光合性能显著降低; 而花生的叶面积和光合性能显著降低, 且生物量和光合

色素含量也呈下降的趋势。光强直接影响大豆和花生的形态及光合荧光特性，荫蔽下高丰度的远红光使大豆和花生叶片的净光合速率分别提高 60.70%和 19.72%($P<0.05$)。2 种作物在形态和光合荧光特性方面对光强和光质的适应性不同。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-h_7fUdXJZ0Q1htJC_848Rd_3yZevFC9P9J6gT98l0HBqR9NtzZSJpSimrwwjzYuPsnMkjZkOnMfa3A0rsY1PG7eLIzz1SRsRHLB8nBANPIQ=&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】带宽和株距对带状间作大豆物质积累分配及产量形成的影响/袁晓婷等

间套作系统中合理的田间配置能改善作物生长环境，增加系统产量。为进一步完善西南地区大豆-玉米带状间作系统高产高效的田间配置技术，本研究以大豆-玉米带状间作为研究对象，采用二因素裂区试验设计，综合分析 2.0 m (B1) 和 2.4 m (B2) 2 个带宽与 9 cm (P1)、11 cm (P2)、14 cm (P3)、18 cm (P4) 4 个株距对大豆物质积累分配、籽粒灌浆和产量的影响。结果表明，B2 带宽下各株距处理的净光合速率均高于 B1，其 2 年平均值在 B2 下较 B1 增加 14.26%；相同带宽下净光合速率在 B1P4 和 B2P4 达到最大，开花期较 B1P1 和 B2P1 增加 13.57% 和 25.21%。2 个带宽下大豆群体物质积累均随株距增加呈先增后减的趋势且分别在 B1P3 和 B2P2 下达到最大，完熟期 B2 较 B1 增加 9.82%~22.08%。同时，带宽与株距的增加促进了大豆花后物质的积累与向籽粒的转移，与 B1 相比，B2 处理使大豆花后干物质积累量与干物质转移量分别增加 13.82%~28.01% 和 13.38%~37.76%，籽粒物质积累占比增加到 41.80%~44.26%。物质积累的增加改善籽粒灌浆过程，B2 带宽下籽粒灌浆活跃期(D)较 B1 延长 2~3 d；2 种带宽下平均灌浆速率均在 P4 达到最大且分别较 P1 增加 5.80% 和 6.58%。产量结果表明，大豆-玉米带状间作模式中，带宽和株距的增加降低了群体有效株数，增加了单株粒数和百粒重；B2 带宽下的大豆产量较 B1 增加 22.32%~36.87%，2 个带宽下分别在 B1P3 和 B2P2 达到最大值，2 年间较 B1P1 和 B2P1 增加 17.83%~26.44% 和 10.71%~10.76%。综上所述，2.4 m 带宽下大豆株距为 11 cm 时能有效改善大豆花后干物质积累和分配，促进籽粒灌浆，增加单株粒数和百粒重，提高大豆群体产量，实现大豆-玉米带状间作系统的高产高效。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-h_7fUdXJZ0Q1htJC_848Rd_3yZevFC9NVfWmKV8kHDyUVj6H-7Hze8C4JEUROnv40bArR3cPifXUnxh2u5kXqhxWcvV1509hrQEzT4mcn5A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】不同频次氮素添加对大豆农田生态系统土壤线虫的影响/张慧营等

土壤线虫在维持陆地生态系统的稳定性、促进物质循环和能量流动方面起着重要作用。而氮肥的添加是影响农田土壤线虫的重要因素,农田施肥是增加农作物产量,提高经济效益的有效措施。然而以往的研究大多关注氮肥添加量对土壤线虫的影响,对于氮添加频次对农田生态系统土壤线虫群落影响仍存在知识缺失。本研究以农田生态系统大豆作物为研究对象,设置3种处理,对照(C)、低频施氮(NL)、高频施氮(NH),研究土壤线虫群落对不同频次氮添加的响应,分析不同频次氮添加对农田土壤线虫群落结构的影响及其机制,从而为农田生态系统管理提供基础数据和科学依据。结果表明:(1)施氮处理后,土壤线虫的物种丰富度和密度无显著变化。在0-10 cm土层中,低频施氮使食真菌线虫的密度显著提升了197.33%,植食性线虫密度显著降低了64.51%;高频施氮使食细菌线虫的密度显著升高,提升了26.49%,植食性线虫密度显著降低了47.13% ($P < 0.05$)。 (2)在0-10 cm土层中,低频施氮显著提高了cp-1类群的比例,并显著降低了cp-3类群的比例;高频施氮使cp-1类群的比例显著升高($P < 0.05$) (cp-1表示cp值为1的线虫类群)。 (3)低频施氮使0-10 cm的线虫通道比值显著降低,10-20 cm土层的土壤线虫群落的基础指数显著升高,结构指数显著降低($P < 0.05$)。在0-10 cm土层中,低频和高频施氮使线虫群落的富集指数显著上升($P < 0.05$)。 (4)冗余分析表明,铵态氮,含水率和硝态氮是驱动土壤线虫群落变化的主要环境因子。总的来说,施氮会改变土壤环境和线虫营养类群结构。施氮使偏r对策者cp-1类群的数量显著增加,加快了土壤线虫类群的世代交替和能量流动,降低了土壤生态群落的稳定性。低频施氮显著降低了线虫通道比值,这表明土壤分解路径中的真菌分解路径增强。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-h_7fUdXJZ0Q1htJC_848Rd_3yZevFC9Ojn0W0iDJCVTe

耐储藏遗传本质和大豆耐储藏品种的培育提供理论依据和技术支持。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-h_7fUdXJZ0Q1htJC_848Rc38ped1xUxHjxWyl9Ju-JD1ys4g_8X1Z8jaNHKld144P6Pt-4BIebKJ8TZRKmPBDpfbus2qulXD4AifVGG7clQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】大豆花色基因研究进展/肖红艳等

花色是大豆最基本和重要的生物学指标之一,也是遗传育种中使用率较高的表型性状,其对保持大豆的遗传多样性具有重要的生物学意义。目前,在大豆中已发现 W1、W2、W3、W4、Wm 和 Wp 等多个调控花色的基因位点,但相关调控机制的研究还不够完善。本文对大豆花色基因研究现状进行了综述,并探讨了其应用前景,以期为大豆花色基因分子机理的深入解析及品种遗传改良提供参考。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9kzLTLL7KqTxnALuXe-se54NesMbPeT6PDuT8mF3SXqs-3l5eGLyle4tIefFnw010LrumKXNUxQ9EP05Fv6D0ueK9o9AfPrEotHJkLOeSEoA==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【10】不同肥水供给模式对高蛋白大豆干物质累积、氮素代谢、产量及品质的影响/赵景云等

为探索高蛋白大豆高产优质生产适宜肥水协同供给模式,以高蛋白驻豆 19 为试验材料,采用不同施氮量与灌水量进行田间裂区试验,设置 3 个施氮量水平, N0(不施氮肥)、N1(60 kg·hm⁻²)、N2(120 kg·hm⁻²);3 个灌水水平, W0(不灌水,自然降雨)、W1 灌水量(1 500 m³·hm⁻²)、W2 灌水量(3 000 m³·hm⁻²),研究了高蛋白大豆干物质和氮素累积与分配、氮素利用及品质对肥水协同供给的响应。结果表明:同一灌水量条件下,干物质积累分配量呈现豆荚>茎>叶,2020 年豆荚分配占比 53.65%~69.00%,2021 年豆荚分配占比 36.25%~52.15%;同一施氮条件下,随着灌水量的增加,鼓粒期干物质累积量呈逐渐升高趋势,在施氮 N1 条件下,灌水量为 W2 时,干物质累积量较自然降水 W0、灌水量处理 W1 分别提高了 56.55%和 11.67%;不同灌水量条件下,提高施氮量反而降低了氮素吸收效率、氮

素利用效率、氮肥农学效率、氮肥偏生产力，不同施氮量条件下，随灌水量的增加，氮素吸收效率、氮素利用效率、氮肥农学效率、氮肥偏生产力多呈增加趋势；同一灌水条件下，蛋白质含量不施氮最低，脂肪含量在施氮 120 kg·hm⁻² 最低，不同灌水处理中 W2N1 产量最高达 2 319.86 kg·hm⁻²，显著高于其他两个灌水处理产量，处理间差异达显著水平。本研究为大豆高效节水节肥生产提供理论依据和技术支撑。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9ZGKI3Z3VpUDRY3RWJT7UGM6eRWghuOzvoSgVPkA6pUE4fzb5eFeLjeTDBG538liDOnkPM8qkGNVxBslaAS_uCLb1WoLI3c8GxubZXIJ7yIw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

（三）薯类

【01】组学技术在甘薯领域的应用/张倍源等

近年来，随着高通量测序技术的发展，组学技术在甘薯研究领域得到越来越多的应用。本文围绕组学技术在甘薯研究方面的应用，就基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学 4 个方面进行了总结。在基因组学方面，多个研究团队已经完成了不同甘薯种质或种系的基因组测序和注释工作，重点关注甘薯的遗传起源以及特定功能的基因家族。在转录组学方面，研究者揭示了甘薯抗旱、盐胁迫以及重金属等非生物胁迫和生物胁迫下转录组的差异表达谱，鉴定了一系列与抗性相关的差异表达基因。在代谢组学方面，通常需要与转录组学的分析相结合，通过研究基因表达调控，代谢产物对基因表达的影响，信号通路和酶活性的调节等机制，分析从基因表达到代谢产物的整个流程，以揭示代谢和基因表达之间的相互作用。在蛋白质组学方面，研究者利用 iTRAQ 等定量技术分析不同组织、不同生长条件下的差异表达蛋白，鉴定关键酶和蛋白，预测新的编码基因，完善基因注释，有效补充了基因组和转录组的研究，帮助全面理解甘薯的生长发育和适应机制，并为遗传育种提供重要信息。

论文链接：

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9NhMdmkXeXsH9t2rLc1L4iA9OOyLAqZI86rcTeN4gLD4>

[_nOgEpJ3qbWiZb_Ek5KTs5D2Y2wqACjRXp82_cgPzXyFBuP_o5MZ_FjQAh4ChRfA==&uniplatform=NZKPT&language=gb](http://nOgEpJ3qbWiZb_Ek5KTs5D2Y2wqACjRXp82_cgPzXyFBuP_o5MZ_FjQAh4ChRfA==&uniplatform=NZKPT&language=gb)

【02】 漯系列甘薯品种苗期耐盐性评价/王清等

本试验以 16 个漯系列甘薯品种为材料, 设置 3 个 NaCl 浓度(100、150、200 mmol/L)处理, 采用盆栽方式研究盐胁迫下幼苗 14 个农艺性状的差异, 并运用相关性分析、主成分分析、隶属函数和聚类分析方法分析各农艺性状的相关性, 评价其耐盐性并进行聚类。结果表明: 随着盐浓度增加, 不同甘薯品种幼苗的盐害程度呈现不同变化, 其中 150 mmol/L 盐胁迫下甘薯幼苗各指标与对照相比均已达到显著差异, 可作为耐盐性评价的适宜盐浓度; 相关性分析显示, 除生长量、顶 3—顶 8 节间总长外的 12 个性状指标均存在不同程度的相关性; 通过主成分分析, 将 12 个单项指标的胁迫系数降维转换成 4 个独立的综合指标, 其能反映原始信息的 82.660%; 在隶属函数基础上, 运用聚类分析将 16 个甘薯品种分成 4 类: I 类为极耐盐品种(5 个)、II 类为耐盐品种(3 个)、III 类为弱耐盐品种(2 个)、IV 类为盐敏感品种(6 个); 根据 D 值大小筛选出 3 个耐盐性强的品种(漯薯 11、漯苏薯 17 号和漯薯 13 号)。该研究结果丰富了耐盐甘薯种质资源, 也可为甘薯苗期耐盐性评价鉴定提供理论参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9NhMdmkXeXsH9t2rLc1L4iA9OOyLAqZI_2OWiqVXmKaXV6ahf4_nIXYvysJPrGm-42_vtR9F_FPKVpPyzVJOM6guXE_IBHlf-ufUwvPgHvXA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】 甘薯 PEBP 基因家族鉴定以及影响甘薯块根发育候选 PEBP 基因的鉴定/黄哲瑞等

磷脂酰乙醇胺结合蛋白 (PEBP) 在植物中广泛存在, 在调控开花、种子休眠以及地下储藏器官 (如马铃薯块茎和洋葱鳞茎) 形成中发挥着重要作用。但目前有关甘薯 (*Ipomoea batatas*) PEBP 基因家族成员的研究较少, 且尚未有研究系统揭示调控甘薯块根发育的关键 PEBP 家族成员。本研究首先通过生物信息学分析对甘薯基因组中 PEBP 基因家族成员的数量和种类进行鉴定, 然后通过 PEBP 基因表达的组织特异性分析、PEBP 基因在不同发育时期块根中表达水平

的动态变化及其与糖转运蛋白 SWEET 基因表达水平之间的相关性分析,来系统筛选出调控甘薯块根发育的候选 PEBP 基因家族成员并初步揭示其可能的调控机制。结果如下: (1) 从甘薯基因组中共鉴定出 15 个 PEBP 基因,聚类分析将其分为 4 个亚家族:5 个 FT-like 成员(IbFT1-5)、6 个 TFL1-like 成员(IbTFL1-6)、2 个 MFT-like 成员(IbMFT1-2)和 2 个 PEBP-like 成员(IbPEBP1-2)。(2) 通过将 6 个已报道会对地下部储藏器官发育产生影响的 PEBP 基因(3 个马铃薯、2 个洋葱和 1 个水稻 PEBP 基因)和甘薯 15 个 PEBP 基因进行聚类分析,结果表明 IbFT5 可能会促进甘薯块根发育,而 IbTFL3 可能会抑制其块根发育。(3) 甘薯 PEBP 基因表达的组织特异性测定表明,在根系高表达的 PEBP 基因中,只有 IbFT5、IbTFL4 和 IbTFL6 不仅在根系的表达水平高于在其他组织中的表达水平,而且和根系中其他 PEBP 家族成员的表达水平相比,这 3 个基因的表达水平也是最高的,因此推测这 3 个 PEBP 基因可能会促进块根膨大。(4) 对上述两种方法得到的 4 个候选 PEBP 基因(IbFT5、IbTFL3、IbTFL4 和 IbTFL6)在不同发育时期块根(定植后 30、60、90 和 120 d)中的表达水平的测定表明,随着块根的发育 IbFT5、IbTFL4、IbTFL6 的表达水平显著上升,特别是在块根快速膨大期(60-90 d),而 IbTFL3 的表达水平在块根快速膨大期(60-90 d)则快速下降。因此,上述所有测定结果表明,IbFT5、IbTFL4、IbTFL6 可能促进块根发育,而 IbTFL3 则可能抑制块根发育。(5) 伴随着 IbFT5、IbTFL4、IbTFL6 的表达水平的升高,块根中高表达的 5 个 SWEET 基因中有 4 个(IbSWEET4、IbSWEET11、IbSWEET16 和 IbSWEET19)的表达水平均呈现不断下降的趋势,这和马铃薯上的研究结果相似,表明甘薯 PEBP 基因可能也是通过抑制 SWEET 蛋白活性,从而促进糖分通过更效率的共质体转运途径向块根进行运输来最终促进块根发育。总之,本研究不仅确定了甘薯基因组中 PEBP 基因家族成员的数量和种类,而且还系统筛选出 4 个可能影响甘薯块根发育的候选 PEBP 基因,这可为进一步提高我国甘薯的产量提供理论依据。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9NhMdmkXeXsH9t2rLc1L4i2YupU9c55nUNfZGiesDhTuMo3ObwskBaRGY33OMVJBC_v-v1y4GEdk6v5GVIPXCbmuWVF7BQ6y_IqiBQa3PALg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】生物菌剂防治甘薯茎线虫病田间试验/张宝海等

甘薯茎线虫病是甘薯生产中的一种常发性较为严重的病害,目前大多以化学农药进行防治,但防治效果不太理想,而且存在农药毒性残留等问题。鉴于此,本试验采用生物菌剂对甘薯茎线虫病进行了防治试验,利用枯草菌、胶冻样、木霉、硫铵、青霉、苏云金杆菌等混配成生物菌剂颗粒型有机肥,在甘薯定植时施入;以颗粒基质为对照;以噻唑膦处理为药剂对照。结果表明,处理5(枯草菌2g、胶冻样5g、木霉1号粉1g、硫铵2g、青霉2号2g、苏云金杆菌2g)在防治甘薯茎线虫病方面具有较好的效果,病情指数为0,没有发病,防治效果达到了100%,而且有较好的增产效果。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9NhMdmkXeXsH9t2rLc1L4iA9OOyLAqZI8CsHIV_F4sv9WsuSzHqEiYJ7z9uPPt9P6v0y7M05vzOf86CPcQgMGMwI2EgsHr6Pp1hXonpPy4ow==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】甘薯 IbGR2 基因克隆及表达分析/李鹏等

为克隆甘薯(*Ipomoea batatas*)谷胱甘肽还原酶基因 IbGR2,研究其响应胁迫表达的特性,本实验以‘徐薯 18 号’为研究材料,通过基因克隆并对该基因进行生物信息学、表达模式分析,发现该基因编码区全长 1674bp,共编码 557 个氨基酸,理论等电点为 7.61,分子质量 59.59kDa。生物信息学分析显示甘薯 IbGR2 蛋白具有亲水性,其与牵牛(*I. nil*)中同源蛋白的亲缘关系最近,亚细胞定位预测位于叶绿体。qRT-PCR 分析表明,IbGR2 基因在甘薯根、茎、叶、花中均有表达,在叶中表达水平最高,其中最高的在第 7 位叶片中;干旱、盐、PbCl₂ 和 CuSO₄ 胁迫均诱导甘薯 IbGR2 基因表达,其表达量在干旱、盐胁迫处理的 24h 达到最高,在 PbCl₂ 和 CuSO₄ 胁迫处理的 48h 达到最高。抗坏血酸(ascorbic acid,AsA)和脱氢抗坏血酸(dehydroascorbic acid,DHA)含量测定显示 IbGR2 基因表达量与 AsA 含量和 AsA/DHA 有着一定的相关性,即当甘薯在经过盐、干旱、CuSO₄、PbCl₂、CdSO₄ 和 ABA 处理后,IbGR2 基因在 48h 的表达量显著高于处理之前,对应 48h 的 AsA 含量和 AsA/DHA 均显著高于对照。本文旨在探讨甘薯 IbGR2 基因的克隆与表达特性,为深入了解其作用机理和调控机制提供基础,并为全面认识甘薯 IbGR2 基因的结构与功能,以及植物抵御非生物胁迫和遗传育种研究提供参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-g7bmXu54SCuhOGK6Bd8Hbf82VvxaIzR_5bseAbyCOd3O5SpejZP5AkieP5OuHibJEnPqFZr7RL6NQMWmDhevbF902qRZZexI65oPpVdjzhQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】三种转基因甘薯响应 PEG-6000 模拟干旱胁迫的生理性差异/牟舒敏等

干旱是农作物生长的重要影响因子。通过综合比较 3 种转基因甘薯对干旱胁迫响应的差异,阐明它们应对干旱胁迫的生理响应机制,为后续培育抗旱性强的甘薯品种奠定基础。在 15%PEG-6000 模拟的干旱胁迫条件下,分别以氧化诱导型启动子 SWPA2 驱动的转 Cu/Zn SOD&APX 基因株系、组织特异型启动子 SPO 驱动的转 IbMYB1 基因株系和组成型启动子 CaMV 35S 驱动下的转 IbOr 基因株系及其各自的野生型对照为供试材料,研究了干旱胁迫条件下 3 种转基因甘薯的光合指标和抗氧化酶的变化特征,明确 3 种基因型的抗旱机理。结果表明:随着胁迫时间的延长,3 种甘薯品种的净光合速率(Pn)、叶绿素含量和类胡萝卜素含量都持续降低,但 3 种转基因株系比非转基因对照降幅小,其中转 Cu/Zn SOD&APX 基因甘薯降幅最小。3 种甘薯品种的花青素含量、H₂O₂ 和 MDA 含量都随胁迫时间的延长呈上升趋势,但转基因株系比非转基因对照的 H₂O₂ 和 MDA 含量升幅小,其中转 Ib MYB1 基因甘薯花青素累积约为胁迫前的 2.5 倍左右。干旱胁迫后,甘薯叶片中类胡萝卜素含量随胁迫时间的延长而降低,转 IbOr 基因株系类胡萝卜素含量显著高于对照。甘薯的抗氧化酶(SOD、POD、APX、CAT)活性随胁迫时间的延长呈先升后降的趋势,其中,转 Cu/Zn SOD&APX 基因株系的抗氧化酶活性升高幅度最大,抗氧化能力最强。干旱胁迫后转 IbMYB1 甘薯 DPPH 清除能力一直维持在较高水平,表明非酶促抗氧化能力较强。综合分析表明转 Cu/Zn SOD&APX 株系抗旱性最强,转 IbMYB1 基因株系次之,转 IbOr 基因株系抗旱性较弱。转 Cu/Zn SOD&APX 基因甘薯通过较强的抗氧化酶活性以减轻氧化伤害作用,从而保持较高的叶绿素含量和类胡萝卜素含量,进而维持较高的净光合速率,提高抗旱性。转 IbMYB1 基因株系主要通过非酶促的抗氧化剂花青素含量的提高和较强的 DPPH 清除能力以保护叶绿体,从而增强光合能力,提高抗旱性。而转 IbOr 基因株系主要通过类胡萝卜素含量的累积来清除活性氧,保护叶绿体结构,减少膜脂氧化损伤,从而提高对干旱胁迫的抗性。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-g7bmXu54SCuhOGK6Bd8Hbf82VvxaIzR_5bseAbyCOd3O5SpejZP5AIfUcc440fyHEArQ-MzIK3dquj9xQbBatZjTDyscPPLG8ZokhtaPxQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】8种杀菌剂对甘薯匍枝根霉的室内毒力及贮藏期药效评价/潘家荃等

甘薯软腐病是贮藏期的一种重要真菌病害,发生普遍,为害严重,匍枝根霉为软腐病的主要致病菌。为测定不同药剂对匍枝根霉的毒力水平,明确药剂对甘薯软腐病的防治效果,对实际生产提供有效指导,采用平皿分析法测定8种杀菌剂对匍枝根霉的毒力并进行了贮藏期药效试验。毒力测定结果表明,8种杀菌剂EC₅₀由低到高分别为:50%咯菌腈、10%苯醚甲环唑、50%异菌脲、32.5%苯甲嘧菌酯、12.5%腈菌唑、80%烯酰吗啉、50%咪鲜胺锰盐、25%溴菌·多菌灵,EC₅₀分别为0.142 2、7.513 3、8.478 6、11.310 4、16.359 5、62.633 1、78.668 4、91.160 5 μg/mL。其中50%咯菌腈EC₅₀值显著低于其他7种药剂,毒力最强,抑制效果最好。贮藏期药效试验结果表明,贮藏45 d时,50%咯菌腈处理薯块发病率最低,为3.33%,防效最高,为90.63%,显著高于其他各处理,10%苯醚甲环唑、50%异菌脲、32.5%苯甲·嘧菌酯和12.5%腈菌唑处理防效均在60%~80%间;贮藏90 d时,50%咯菌腈处理薯块发病率仍最低,为5.56%,防效仍最高,为86.49%,显著高于其他各处理。10%苯醚甲环唑、50%异菌脲、32.5%苯甲·嘧菌酯和12.5%腈菌唑处理防效均在60%~75%间。在甘薯软腐病的防治中,生产上可推广使用50%咯菌腈可湿性粉剂对贮藏期甘薯软腐病进行防治。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-g7bmXu54SCuhOGK6Bd8Hbf82VvxaIzR9rY0BHMUqZqyOREyXlJMUJ-fyN2e1YjQnZgE0zz18cB18T89VR6uLsYy7YBQyHVHpB_dNUm86IbQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】甘薯IbHQT1启动子的克隆及上游调控因子的鉴定/徐靖等

羟基肉桂酰辅酶A奎尼酸羟基肉桂酰转移酶(hydroxycinnamoyl CoA quinate hydroxycinnamoyl transferase, HQT)是绿原酸生物合成的最后一步限速酶。

IbHQT1 是甘薯绿原酸生物合成的关键 HQT 基因, 为进一步揭示 IbHQT1 在甘薯绿原酸生物合成中的作用和转录调控机制, 克隆其启动子, 构建甘薯叶酵母单杂交 cDNA 文库, 通过酵母单杂交方法筛选与 IbHQT1 启动子结合的上游调控因子。结果表明, 1 500 bp 的 IbHQT1 启动子序列中含有多种激素调节与防御相关的顺式元件及转录因子结合元件。构建的 cDNA 文库库容为 1.15×10^7 CFU, 插入片段长度平均约 1 200 bp。通过酵母单杂交筛选获得 2 个转录因子 IbMYB11 和 IbTGA2.2, 可以与 IbHQT1 启动子结合。IbMYB11、IbTGA2.2 和 IbHQT1 在甘薯(QS80-12-11)不同组织和发育阶段表达类似, 与绿原酸的积累存在明显的相关性。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-g7bmXu54SCuhOGK6Bd8HbbZlsbHhgIqG0r9wRvzQwnCpY739UCWyythBDwCG6_nD8Jffe0EpgpvGybBYX84WIpSgCXT4blORodW_46tCSca==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】紫心甘薯 IbMYB1 上游 7 个调控蛋白的互作与表达分析/付丹文等

对前期筛选到的紫心甘薯 IbMYB1 上游 7 个调控蛋白 (IbERF1、IbPDC、IbPGP19、IbSCF、IbWRKY1、IbJOX4 和 IbEIN3-2) 的互作与表达进行分析, 进一步阐明花色素苷在特定时空合成与积累的调控网络。采用酵母双杂交和双分子荧光互补试验, 对 7 个调控因子之间的相互作用进行检测, 使用荧光定量 PCR 对紫心甘薯和白心甘薯根不同发育时期花色素苷合成调控和筛选的上游调控因子进行基因表达特征分析。IbERF1 与 IbSCF、IbWRKY1 存在相互作用。双分子荧光互补试验证实了酵母双杂交的试验结果。IbERF1 基因在紫心甘薯根不同时期的表达量均低于白心甘薯, 且随着根中花色素苷的积累其表达量逐渐降低, IbWRKY1 和 IbSCF 基因在紫心甘薯和白心甘薯根不同发育时期中的表达量, 与花色素苷的积累无明显的相关关系。IbMYB1 上游调控蛋白 IbERF1、IbSCF 和 IbWRKY1 两者形成复合物, 以转录复合体的形式共同调控 IbMYB1 表达。推测 IbERF1 可能负调控花色素苷的合成, IbSCF 和 IbWRKY1 参与紫心甘薯花色素苷的合成与调控, 可能还存在更为复杂的机制。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/a>

有效途径。本研究前期以抗茎线虫病甘薯品种‘美国红’为父本，感病品种‘徐紫薯8号’为父本，通过控制授粉有性杂交方式构建了包含274个F1个子代的分离群体。以该F1群体为材料，利用室内人工接种法对F1子代的茎线虫病抗扩展性进行鉴定，结果表明，甘薯茎线虫病抗扩展性呈连续性偏峰态分布，甘薯茎线虫病发病体积比与扩展直径和扩展长度呈极显著正相关，与薯块直径、薯块长度和长宽比无相关性，说明薯块的大小和薯形对抗扩展性鉴定结果无影响。甘薯茎线虫病抗扩展性遗传力为75.7%，表明抗扩展性主要受遗传因素控制。基于前期构建的甘薯SNP遗传图谱对抗扩展性进展QTL定位，获得与抗扩展性紧密连锁的QTL 10个，解释6.6%~10.7%的表型变异。候选基因功能注释表明，苯丙素生物合成、植物激素信号转导、植物病原互作代谢等通路参与抗病胁迫。筛选关键候选基因进行荧光定量表达分析，在接种茎线虫候选基因itf13g19570表达量显著增高。研究结果为甘薯茎线虫病抗病基因挖掘和抗病机理解析提供了重要参考。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9buJ25LWpLtfGWd69fsTlCkTroJ3rdkRfRYFLJMBt6ZiBoj5E87VYcCyNt2tb_c-UCZA8aGsqIB0W6qG2VHwSp0BYRSSE30GNUBckVKpMnxw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【12】不同基因型甘薯块根自然富集元素能力的差异性/陈涵等

分析了16个不同用途甘薯基因型块根中的铁、锌、硒、镁、镉、铬、铅、汞和砷元素含量，并利用模糊隶属函数法、熵权优劣解距离法和模糊综合评判法对不同基因型甘薯块根的自然富集元素能力进行综合评价，从而阐明不同基因型甘薯块根自然富集元素能力的差异，明确高富集有益元素和低富集有害元素的甘薯基因型，为高产优质营养安全甘薯品种的遗传改良和生产种植提供理论依据及实践指导。结果表明，不同基因型甘薯的块根产量存在巨大差异，鲜食型和淀粉型甘薯基因型间均存在显著或极显著差异，且淀粉型甘薯基因型间的产量差异大于鲜食型甘薯。无论是相同基因型甘薯块根中的不同有益和有害元素含量及累积量间还是不同基因型甘薯块根中的相同有益和有害元素含量及累积量间均存在显著或极显著差异。有益元素中，以镁含量及累积量最高，其次为铁，锌和硒较低；基因型间硒含量及累积量的差异最大，铁次之，锌和镁较小。有害元素中，以铬含量及累积量最高且基因型间差异最大，镉和砷次之。甘薯用途类型与元素

含量及积累量存在一定的关系,鲜食型甘薯中的镁和镉含量及积累量普遍比淀粉型高,铁、硒和砷含量及积累量普遍比淀粉型低,而锌和铬含量及积累量基本无差异。不同基因型甘薯块根自然富集元素能力(含量及积累量)存在明显差异,与评价指标及其权重有关。综合分析显示,不同甘薯块根富集元素能力可分为高、中和低3类,高富集能力的2个基因型依次是赣薯203和赣K06,中富集能力的4个基因型依次是普薯32、赣薯3号、济薯25、湛薯16,其他10个基因型为低富集能力基因型。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9buJ25LWpLtfGWd69fsTlcqFfEBUunRUerlDw5QvSIyyDEpkJQxrrdG26Uqw8nQcTVArM0d3QlqJnu_Vg7fCVf6kE0RXQL5M0eYCK-59h3AA=&uniplatform=NZKPT&language=gb

【13】栽插密度和 EBR 浓度对甘薯鲜薯产量和品质的影响/罗元凯等

为了进一步探究提升甘薯产量和品质的方法,以及为北方地区甘薯的丰产栽培配套技术提供理论参数,通过设计栽插密度和 24-表油菜素甾醇(EBR)喷施浓度双因子耦合,研究其对甘薯产量和品质的影响。结果表明,相同的栽插密度下,低浓度和高浓度的 EBR 都不利于甘薯产量、SPAD 值、Fv/Fm 的提升,而较高栽插密度和适当的 EBR 浓度有利于甘薯产量和光合特性的提升,栽插密度为 67 500 株/hm²,每公顷喷施 150L 浓度为 0.1mg/L 的 EBR 时鲜薯产量最大。适当的 EBR 浓度有利于甘薯整体品质的提升,合适的提高栽插密度有利于增加甘薯的还原糖、蛋白质和淀粉含量,但是会降低可溶性糖含量。合适的栽插密度和 EBR 喷施浓度耦合有利于提升甘薯的商品率和薯块的干物质含量,而对甘薯表型性状影响不显著,且对单株结薯数无明显影响。光合特性对甘薯的部分品质影响显著,制约甘薯产量的主导因子是淀粉含量(0.694),其次是还原糖含量(0.672)和最长蔓长(0.667),而分枝数这一因素对产量影响最小,其关联度仅为 0.511,且在较高的栽插密度和 EBR 浓度时,甘薯的产质量指标的变化更均匀稳定。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9buJ25LWpLtfGWd69fsTlCKTroJ3rdkRfRYFLJMBt6Zi3i8r5mKb7A9nUiSlbNngmzQJ8gnqf3QmFbWPgvC98CV2tr-aV37sRVhQSu49xppQ==>

(四) 林果类

1、苹果

【01】不同肥料配施对矮砧密植苹果幼树生长发育的影响/豆鑫等

以当年栽植矮砧密植苹果幼树为供试材料,分别在5月21日、6月1日、6月11日施入不同配比的硝酸铵钙、磷酸一铵以及硝酸钾,探究其对苹果幼树生长发育的影响。结果表明,不同肥料配施可增加‘福布瑞斯’‘红思尼克’‘秦脆’等不同品种矮砧密植幼树的主干直径、树体高度、有效侧枝数量以及中央领导干延长枝生长量,且均在3种肥料配施时达到最大值;且同一品种7月份幼树上述指标的生长量显著高于6月份。综合分析,整个生长期每次施入硝酸铵钙30 g/株、磷酸一铵3 g/株、硝酸钾3.5 g/株,共施3次,效果最佳。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ZqhP2tu6FECXVD5ukL0z35Nxa6pp3K8VzG8diVGPcLcD0TIBvaDwTvNQ5Ig8JMV1OccN1ENIR8DyZ-4C6GKIOOGZ0mrvmlwPF-T_mN-IzQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】苹果砧木‘SH6’叶绿体基因组序列特征和比较分析/邓玉林等

为了解析苹果矮化中间砧‘SH6’叶绿体基因组特征及其进化关系。以苹果矮化中间砧‘SH6’为试材,通过HIFI测序,利用Organelle__PBA软件进行叶绿体基因组从头组装,分析其叶绿体基因组特征。结果表明,‘SH6’叶绿体基因组大小为160 069 bp,具有典型的四分结构,包括大单拷贝区域、小单拷贝区域和两个反向重复区域,长度分别为88 184 bp、19 181 bp、26 352 bp和26 352 bp。在‘SH6’叶绿体基因组中,分别注释了蛋白质编码基因、tRNA和rRNA,其数量分别为86、36和8。此外,整合已发表的‘国光’、河南海棠、2个野生苹果和桃(*Prunus persica*)的叶绿体基因组数据来构建系统发育树,发现苹果中间砧‘SH6’与欧洲森林苹果聚在一枝上。推测苹果矮化中间砧品种‘SH6’与欧洲森林苹果关系较为密切。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ZqhP2tu6FECXVD5ukL0z35Nxa6pp3K8XPRKBM-SDrTR3EbmkgwGTsmIryQ3huR1udstSQN6uJfUZUwjM9Cg6pnBFwm2XZf3rq-68b8F-HbXw==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【03】4种苹果属植物线粒体基因组的组装与比较分析/翟旭阳等

深入了解苹果属不同品种线粒体基因组之间的差异，并阐明其物种特异性。通过3代测序技术对4种苹果属植物进行测序，得到基因组原始数据，进而提取出线粒体基因组数据。通过生物信息技术手段进行组装和注释，分别从基因组组成和结构特征进行多方面比较分析。组装出了‘富士’、‘SH6’、‘火焰’、‘王族’4个品种的线粒体基因组，并且注释了其基因结构。另外对线粒体基因组的特征、重复序列、ORFs以及系统发育方面进行对比分析。苹果属线粒体基因组组装结果均在400 kb左右，并且在已经组装出的线粒体基因组中‘SH6’线粒体基因组最大。通过线粒体基因组特征比较发现，‘富士’的蛋白质编码基因区域最大并且注释到的基因最多。另外在‘火焰’中预测到的分散重复序列和简单重复序列数量最多，但是其中预测到的ORFs数量最少。4个供试品种与已发表的4个种或品种相比，其线粒体基因组大小、蛋白质编码基因区域具有特异性，且进化关系不同，为苹果属植物进化及新种质创制提供了理论依据。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ZqhP2tu6FECXVD5ukL0z35Nxa6pp3K8XPRKBM-SDrTR3EbmkgwGTsmh_The5x-LpW72lzw1HMKZ7nKVRiTh9_FRd7qFkmrWLBzN6QoF5PaFQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】苹果采摘机器人目标识别与定位方法研究/黄明辉等

在算力资源有限的嵌入式设备上对目标苹果进行快速、准确的识别与定位。研究小组对采摘机器人的目标识别与定位方法进行研究，以YOLOv4网络模型为基础，对YOLOv4进行轻量化改进，使用MobileNet V3作为特征提取的主干网络，减少模型的计算量，并结合ZED双目相机与定位算法在嵌入式平台上进行实验。实验表明：1) 在目标识别方面，改进后模型的平均检测精度为87.32%，模型的大小为53.76 MB，较改进前降低了79%。2) 采用ZED相机结合测距算

法进行了苹果目标定位实验，ZED 双目相机的测距误差可控制在 0.02 m 以内，同时改进的 YOLOv4 算法的平均检测速度在 15FPS 左右。改进后的 YOLOv4 网络模型更适合部署在算力有限的嵌入式设备中进行苹果采摘任务，且能够满足苹果采摘任务的实时性要求。因此，该方法可以为苹果采摘机器人的识别与定位提供技术参考。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ZqhP2tu6FECXVD5ukL0z35Nxa6pp3K8XuxZ-E2cEm8wxPc1_2PfgDFVQXQAILBZxnMgoUYw6wwbLSxxrryZmJ1Y2BNDfSjN4tKPMZk4z2DQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】基于轻量化卷积神经网络的苹果表皮损伤分级研究/付夏晖等

苹果在销售过程中，其表皮的损伤情况会直接影响果实的经济价值。运用相机采集苹果表皮的损伤图像，对获取到的图像进行分类和数据预处理，基于迁移学习的方法对苹果表皮损伤进行直接分级研究，为提高苹果表皮损伤分级效率进而更好地指导苹果采收后的分类售卖提供理论依据。首先对采集到的富士和丹霞两类苹果图像进行对比度调整、旋转、翻转、添加噪声等 11 种批量操作，将数据集扩充到 9360 张，同时对扩充后的样本集统一调整为 224×224 像素大小。针对预处理好的数据集，选取 5 种 20MB 以下的轻量化卷积神经网络在相同超参数设置条件下进行初始化训练、引入迁移学习训练以及在迁移学习基础上增加冻结网络层权重 3 种方法进行训练对比。结果表明，5 种网络初始化训练后的测试精度仅为 56.32%~71.98%；基于迁移学习的 MobileNet-v2 模型最终训练精度达 99.04%，在轻量级卷积神经网络中，比表现性能最差的 EfficientNet-b0 模型最终训练精度高 18.79%；在基于迁移学习的 MobileNet-v2 模型基础上冻结不同模块参数，得出模型选择冻结至第 1 个卷积模块到 Bottleneck 3-1 模块时均可在缩短模型训练时间的基础上提高模型验证精度，其中在冻结到 Bottleneck 3-1 模块时比基于迁移学习的 MobileNet-v2 模型训练时间缩短了 29.32%，同时验证精度提高了 0.93%，测试精度提升了 1.12 个百分点达 91.58%，检测单张图片所用平均时间为 0.14s，网络大小为 8.15MB，可以满足快速识别需求。基于迁移学习加冻结训练的 MobileNet-v2 模型具有较好的鲁棒性和分级性能，可为移动终端和嵌入式设备在苹果损伤直接分级方面提供技术参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ZqhP2tu6FECXVD5ukL0z3Z-0AJIo4ByOt_DHdAMuxH89cCBaqDUfZbB0lfRiSABRRdPw7gCZwb7912GEg4t32eb4D36V1BNR-epLUVuHl8g==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】基于主成分分析评价间伐改形对苹果叶片生理指标的影响/牛军强等

为客观准确的评价间伐改形对成龄乔化密闭富士苹果树体叶片质量的影响,筛选出间伐改形最佳处理水平,为密闭果园树体的科学改造提供理论依据。以17年生密闭红富士苹果园为研究对象,对间伐改形和对照(不间伐改形)树体不同部位叶片的光合特性、荧光特性、组织结构和生理参数等22个指标进行系统比较分析,并应用主成分分析法对不同处理水平的叶片质量进行综合评价。结果表明,间伐改形可显著改善叶片的光合参数、荧光参数、组织结构和生理指标;对其中19个差异显著的指标进行主成分分析,其第1主成分的方差贡献率为90.80%,第2主成分的方差贡献率为5.35%,前2个主成分的累计方差贡献率达96.15%,即这2个主成分涵盖了原始数据信息总量的96.15%,分别为光合特性、荧光特性、组织结构和生理指标等,这与苹果生产中对优质叶片的指标要求完全相符。以前2个主成分的线性回归方程和贡献率构建了不同处理水平叶片质量综合评价模型,得到6个处理水平叶片质量综合得分排名:间伐改形中上部(T-I)>对照不间伐改形中上部(CK-I)>间伐改形下部外围(T-II)>间伐改形下部内膛(T-III)>对照不间伐改形下部外围(CK-II)>对照不间伐改形下部内膛(CK-III)。表明间伐改形是提高成龄乔化密闭果园树体叶片质量的有效措施。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9R-uXU-yZTwPGI9E-f2NOd5c5DiDZXklaaOUJr-BcsqswkVXD6KKZFv1CchybY-xlYXR4GYJ0J0BvWxyLdVGjAQeYbV52fcVPNaehy5RPQw==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【07】苹果树腐烂病菌异柠檬酸裂解酶基因 VmICL 的功能分析/刁雨菲等

由黑腐皮壳菌(*Valsa mali* Miyabe et Yamada)引起的苹果树腐烂病严重影响了苹果树的健康生长。异柠檬酸裂解酶是真菌乙醛酸循环中的关键酶,异柠檬酸

裂解酶基因 (ICL) 在真菌生长发育及致病过程中发挥重要作用。本研究在苹果树腐烂病菌基因 VmICL 生物信息学分析的基础上, 进而应用 PEG 介导原生质体转化法获得了基因 VmICL 的敲除突变体及回补菌株, 解析了 VmICL 对病菌生长发育、细胞壁完整性、渗透胁迫、碳氮源利用及致病力的影响。研究表明, 基因 VmICL 位于 9 号染色体, VmICL 蛋白在第 23-545 位氨基酸区域具 TIM super family 结构域, 系统发育分析显示与水稻稻瘟病菌 (*Magnaporthe grisea*) 亲缘关系最近。基因 VmICL 缺失突变体生长速率减慢, 分生孢子器产生数量减少, 分生孢子萌发延迟; 基因 VmICL 参与维持细胞壁的完整性, 但不参与渗透胁迫; 基因 VmICL 正调控碳源吸收, 负调控氮源吸收, 正调控致病力。总之, 基因 VmICL 参与调控苹果树腐烂病菌的生长发育、细胞壁完整性的维持、碳氮源利用及致病力的发挥。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9R-uXU-yZTWPGI9E-f2NOd3DeGk3V5Jps77hrfM_TrH4ECZh01aqpRs7PQBQo9Dh3ZChcf6zlgHZSjihjoP-0ZigtGRywzpASMdm57Jj_l0A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】苹果叶释放挥发性有机物成分及变化规律/李绣宏等

探究生长季苹果叶片释放植物源挥发性有机物 (BVOCs) 成分组成和相对含量的动态变化特征。采用动态顶空采集法收集叶片释放的 BVOCs, 结合自动热脱附-气相色谱 / 质谱联用技术进行 BVOCs 的成分测定。在整个生长季 (4—10 月), 苹果叶共检测出 12 类 295 种 BVOCs, 其中烷烃类 (56)、烯烃类 (40) 和芳香烃类 (34) 种类数量较多, 组分总数量 9 月 (113) > 5 月 (100) > 6 月 (70) = 7 月 (70) > 8 月 (67) > 4 月 (45) > 10 月 (20), 以释放烷烃类、烯烃类、芳香烃类、酯类、醛类和醇类为主; 不同月份一天中, 烯烃类 BVOCs 相对含量均表现为上午 > 下午, 其他类别 BVOCs 相对含量峰值会出现在任意时间点; 苹果叶共检测出 8 类 40 种有益 BVOCs 成分, 主要释放烯烃类、酯类、醛类和醇类 BVOCs, 有益组分总相对含量为夏季 (47.59%) > 春季 (35.96%) > 秋季 (23.13%), 在一天中, 各时间点有益成分相对含量和数量随月份增加呈波动下降趋势。春季 (5 月) 12:00 和 16:00 释放有益 BVOCs 相对含量为全年同时间点最高, 均超过 70%, 主要释放有益 BVOCs 成分包括 α -蒎烯、对薄荷-1 (7), 3-二烯、3-萜烯、

罗汉柏烯、乙酸乙酯等。苹果释放 BVOCs 组分存在较明显的季节和日动态变化性，释放有益 BVOCs 能力较强。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_iwqNw5V5xAgNWqXKh1U_VumHAUnu0-xSeSvdBfQ63kk6eM7eU4V5qzR-4scjIzk0xWosIjj3iZ5zWN-0KmaGa0mVZcRnFSPES6JghRDMYZQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】苹果树腐烂病菌 Vm-milRNA9 通过调控 VmPEAMT 的表达促进病菌侵染/李光耀等

植物病原真菌 micro RNA-likeRNA(mil RNA)通过调控靶标基因的表达广泛参与生长发育、逆境胁迫响应以及侵染致病等生命活动。前期在系统鉴定苹果树腐烂病菌 (Valsa mali) mil RNA 的过程中，发现 Vm-mil R9 在菌丝营养生长阶段高度表达，但在侵染过程中显著下调表达，降解组分析发现磷酸乙醇胺甲基转移酶基因 Vm PEAMT 可能是其一个重要靶标基因。然而，Vm-mil R9 能否通过调控 VmPEAMT 的表达参与病菌致病仍不明确。为此，本研究首先创制了 Vm-mil R9 的过表达菌株，发现其菌落生长速率和致病力均显著降低。进而分析了过表达菌株中候选靶标基因 Vm PEAMT 的表达水平，发现 Vm-mil R9 的过表达显著抑制了 VmPEAMT 的表达水平。同时利用烟草共转化技术证实了 Vm-mil R9 在烟草细胞中能够特异性地抑制 VmPEAMT 的表达。在此基础上，创制了 Vm PEAMT 的敲除突变体，发现突变体的菌落生长速率有一定程度降低，但致病力下降比例更为明显。上述结果表明 Vm-mil R9 可以通过特异靶向抑制 VmPEAMT 的表达调控 V.mali 的营养生长和致病力。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_iwqNw5V5xAgNWqXKh1U_VumHAUnu0-xTArNC7oK7ojLg8r_aRhinnGnHDU842p_1Yw13qADH83H1yGrTIkCqfUWTMEkg5beDBg6DV-I1e-g==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【10】不同药剂对苹果斑点落叶病的防效研究/李潇等

为探究适宜防治苹果斑点落叶病的有效药剂,采用茎叶均匀喷雾的方法开展

了 80%代森锰锌可湿性粉剂及其他几种药剂对苹果斑点落叶病的田间药效试验。结果表明,于苹果斑点落叶病发病初期采用茎叶均匀喷雾法施药 3 次(间隔 12 d),80%代森锰锌可湿性粉剂推荐制剂使用量为 500~800 倍液,有效成分用药量为 1 000~1 600 mg/kg,可有效防治该病害。80%代森锰锌可湿性粉剂 500~800 倍液对苹果树及其他非靶标生物均安全。末次药后 12 d,430 g/L 戊唑醇悬浮剂 5 000 倍液对苹果斑点落叶病的防治效果最好,校正防效为 88.68%;其次是 25%吡唑醚菌酯乳油 1 000 倍液,校正防效为 86.30%;再次是 80%代森锰锌可湿性粉剂 500 倍液,校正防效为 84.75%;1%申嗪霉素悬浮剂 500 倍液的校正防效最低,为 74.07%。此外,80%代森锰锌可湿性粉剂 500 倍液对苹果斑点落叶病的校正防效与 1%申嗪霉素悬浮剂 500 倍液差异极显著,与 430 g/L 戊唑醇悬浮剂 5 000 倍液差异显著,与 25%吡唑醚菌酯乳油 1 000 倍液差异不显著。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_iwqNw5V5xAgNWqXKh1U_Vr9CRCEaKyaS-8iWrQ0-2h9CacQG58Rspm7IAkjuQYIZNF4Ar329TiqiDF3H4s5Sa09Qdz3iPFMRx8HJry4-A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【11】苹果 Nramp 基因组鉴定及其对不同重金属离子的反应/石宇佳等

天然抗性相关巨噬蛋白(natural resistance-associated macrophage protein)是一类能够转运 Fe^{2+} 和 Cd^{2+} 等二价金属离子的蛋白。本文从苹果(*Malus pumila*)基因组内分离鉴定出 8 个 Nramp 同源基因,根据其进化关系、编码蛋白的氨基酸数及理化性质的相似性分为 3 组; WoLF PSORT 预测它们所编码的蛋白全部定位于质膜; PlantCARE 显示 8 个 MpNramps 的启动子序列中含有多个激素响应及非生物胁迫响应元件;表达谱分析表明它们在叶片中的表达量因苹果品种不同而有较大差异。在 Fe^{2+} 、 Mn^{2+} 、 Zn^{2+} 、 Cu^{2+} 和 Cd^{2+} 五种重金属离子处理下, 8 个 MpNramps 在‘嘎啦’苹果组培苗叶片的表达水平差异显著,其中, MpNramp4 对 Fe^{2+} 和 Mn^{2+} 反应较敏感, MpNramp1 和 MpNramp6 对 Mn^{2+} 和 Zn^{2+} 较敏感, MpNramp2 和 MpNramp3 对 Fe^{2+} 、 Mn^{2+} 和 Zn^{2+} 处理都比较敏感。8 个 MpNramps 在 Cu^{2+} 和 Cd^{2+} 处理下都明显上调表达,对毒性重金属均呈现出较高的敏感性。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/a>

【02】临朐县山区有机板栗标准化生产技术/魏守鹏

我县地处半干旱砂石山区，气候宜人，四季分明，日照充足，昼夜温差大。独特的气候和土壤结构，适合有机板栗的生产。目前，我县板栗面积已发展到 0.29 万 hm²(4.3 万亩)，板栗产业真正成为我县山区果农增收致富的支柱产业。

1.1 园地选择 园地选择向阳南坡和地下水位较低、排水良好、微酸性的沙性土壤。园址应选择生态条件良好、不受污染源影响的地区。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ocvSuSA-rzjstlJYLESd0Pfn1TAEnlg8qzCse4NEKsBLiyySnGx_swdzHSCZrBMGYym_b6yKCdtWm9gqrxQ3nScGQDXTEFGs7oZ7jxWhbw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】引起板栗内腐病的层出镰孢菌生物学特性研究/张娜娜等

本试验主要对引起板栗内腐病的层出镰孢菌（同培养基、碳源、氮源、pH、温度及光照条件对层出镰孢菌菌丝生长的影响，了解其生物学特性，为进一步研究板栗内腐病防控技术奠定基础。结果表明：培养病原菌至第 6 d 时，板栗栗仁培养基最适宜其菌丝的生长；最适合菌丝生长的碳源是木糖醇，氮源以硝酸钾为最佳；pH 为 8 时最利于菌丝生长；最适宜菌丝生长的温度为 25℃；在全光照的条件下可以促进菌丝生长。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-ocvSuSA-rzjstlJYLESd0Pfn1TAEnlg8qzCse4NEKsBLiyySnGx_6qy70BvaoDIIx4D1NICl2TzlADUcUDE2HzD9pmWxgOHwI8BN0anFJg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】广西天峨八腊乡板栗低产原因及改造技术初探/金翔勤

天峨县八腊乡土地总面积 32608.86 公顷，辖 9 个行政村，林业用地面积 27335.33 公顷，现有林园面积 27334.68 公顷，其中经济林板栗 830.67 公顷，受传统栽培习惯的影响，板栗仍沿用传统的实生繁殖，对栗树不修剪、不施肥、不灌水、不防病治虫、管理粗放，导致单位面积产量低，平均株产 1.5 千克，平均

亩产仅 18.8 千克。长期以来，板栗给山区人们的印象是树体高大、不需管理的半林半果树种，是低产、晚实、迟效果树，以致被误认为板栗是无需修剪、施肥、改造，管理粗放的树种，造成现有板栗低产现象，严重影响了板栗产量和产品的市场竞争力。

论文链接：

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-oecvSuSA-rzjstlJYLESd0Pfn1TAEnlhv0kNcc70nRSfluOr4BEpeQJNnO7C8UDc0pcfMI-cnyhfl2JsHiBcf6PbGAzqU4q7RKCev7EaHJA==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【05】宁国山区板栗低产林改造增效技术/程守国

宁国山区居多，自然资源丰富、生态环境优良，适合种植板栗等。本文结合宁国市梅林镇板栗生产实际，从优良品种改造、郁闭林分管理、树体调整、土肥水管理、科学防治病虫害、适时分批收获等方面对板栗低产林改造增效技术进行了总结，提出了优选适宜的主栽品种进行栽植以发挥其规模效应，或者选择优良品种作接穗进行改接，同时注意合理确定操作时机，针对不同林分采取不同的改造方式，在后期管理中同样注重土、肥、水及病虫害等方面的管控，为实现山区板栗丰产、农民增收提供参考。

论文链接：

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-oecvSuSA-rzjstlJYLESd0Pfn1TAEnlhPf0s3U3d0pKsa9Ayh2njaaWvTRWQURW0NyAZzuTEUsbeQhGHHs-BIJZTXgXAbLPvYv-agNHdDIQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

3、桃

【01】中桃紫玉在天水的引种表现及高效栽培技术/尹娟等

为了丰富和优化天水市栽培桃的品种结构，天水市果树研究所 2018 年从中国农科院郑州果树研究所引进了“中桃紫玉”等桃新优品种进行试栽，经多年观察，“中桃紫玉”表现为栽培适应性和抗逆性强，早果丰产，果实品质优。可在天水市及周边相似地区适度发展。本文对该品种的综合引种表现进行了全面阐述，并结

合当地桃的生产实际,从苗木繁育、建园、整形修剪、花果管理、土肥水管理以及病虫害综合防控等方面进行了全面的技术总结,以期为广大桃种植户和生产者提供借鉴和参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-5y_p70E7QuV6mQDNGCbkcVrBHbSFIZ1ZzD2kXsdSBbPQCSDe_TGI-4dUa8ciC8kRKOoX6SFi2gGPc79azFmy1qGCeddc2zNQ5tbi4TGW30Q==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】观赏桃新品种鄢红的选育/史喜兵等

鄢红是以嫣红早花桃为母本、早甜桃为父本进行杂交,从其杂交后代中选育出的观赏桃新品种。树势中等,树姿半开张,枝条长直,向阳面红色、背光面绿色;节间中等,平均长 2.7cm;以长枝着花为主,单枝着花数平均 48 朵;成花容易,花芽数中等;花蔷薇型,重瓣,平均花径 4.2cm,平均花瓣数 29 片,中层花瓣长 1.46 cm,宽 1.22 cm,卵形;花红色;有香味;雌蕊 1~2 枚,几等长于雄蕊;花药橘红色或浅褐色;萼片 2 轮,10 片。在河南省许昌地区,3 月 1 日左右现蕾,始花期 3 月 5 日左右,盛花期 3 月 10-30 日,末花期 4 月初,开花持续天数 28d 左右。果面有长茸毛,底色绿白色,盖色为浅红色,椭圆形,果个大,平均 70g 左右,最大可达 120g。耐旱,耐寒,在郑州地区露地栽植可安全越冬,适应性广,抗逆性强。需冷量较低,在满足需冷量 300~600 小时的地区均可栽植。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_Vo6_4YyVDVyQM-h5gyijJySsY4E4YcJxYlSjF4YQUnzBsK8aYRWg3qtFCthzw8eYyvdfJXXM3C8CnwZohX9nPphlzDwRCCn8apcGEILA JYQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】木醋液对两种药剂防治桃蚜的增效作用/李振宇等

通过探讨木醋液对吡虫啉、螺虫乙酯两种内吸性药剂防治桃蚜是否有增效作用,为桃蚜的绿色防控提供一定的研究基础。测定了木醋液对两种药剂的增效作用和木醋液对桃蚜体内解毒酶活性的影响,并进行了木醋液与两种药剂复配后对

桃蚜种群和盆栽药效试验。结果显示：1) 5 mL/L 木醋液对呋虫胺防治桃蚜的增效比达到了 25.9, 20 mL/L 的木醋液对螺虫乙酯防治桃蚜的增效比达到了 20.3。2) 木醋液通过抑制桃蚜体内解毒酶 (AChE、CarE) 活性, 桃蚜对药剂的降解能力减弱, 从而利于两种药剂发挥药效。3) 通过盆栽试验发现, 稀释 200 倍的木醋液, 对三种浓度呋虫胺桃蚜防效均有显著的增强, 起到了增效作用。稀释 100、200 倍的木醋液均对螺虫乙酯桃蚜防效有显著提升作用。4) 木醋液浓度过高会抑制小白菜植株生长, 且木醋液抑制小白菜叶片合成叶绿素。对桃蚜种群的主要影响是, 降低了种群增殖力。综上, 木醋液可作为一种绿色增效剂来延缓桃蚜对螺虫乙酯和呋虫胺的抗药性并增强防治效果。

论文链接:

<http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV95af-kE1aq0hJDDKU5sh6NbacKuprklasLtHGQE72PEhhlqRoSJIoWkg7vyIoKGmp5HY7-gsFqw1c8DYgyEGoErQRqwKUGuwQexy2fqgFSI A==&uniplatform=NZKPT&language=gb>

【04】江苏凤凰镇桃主要病虫害及绿色综合防控技术/潘斌

水蜜桃是张家港市凤凰镇的特色农业产业, 近年来, 随着天气条件的变化及病虫抗药性的增强, 病虫害发生越来越严重。本研究总结了凤凰镇水蜜桃的主要病虫害, 并遵循绿色防控理念, 采用农业防治、物理防治、生物防治的绿色综合防控技术, 以保证桃果质量安全。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV95af-kE1aq0hJDDKU5sh6NOOtUzzgeg4JGomn0luI2wSxGR3shCTSV4HspRWVvt6_2lO8QzVCiEfxwBoprPLI1JFTN9e4QhFWA134rR7u6w==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】新疆生产建设兵团第十三师新星市设施大棚桃二年丰产栽培技术/董芳园等

近几年, 为全面推进乡村振兴, 促进职工增收致富, 新疆生产建设兵团第十三师新星市林果产业规模逐年增加, 尤其是鲜食桃的栽植规模因市场需求量的不断增加而逐步扩大。为了避免水资源和气候等自然因素对桃树生长造成影响, 延长

鲜果的供应期,十三师新星市辖区内设施大棚桃的栽植规模逐年增加。本文以设施大棚桃新品种早熟 1 号和四季之星为例,从建棚、幼苗定植、整形修剪、休眠后的升温管理、水肥管理、花果管理及病虫害防治等方面总结了设施大棚桃二年丰产栽培技术,以期为设施大棚桃种植者提供参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_IQqcCZhJtYeJUi3SteCq1o1wcTLdNbhCPAVK-sxgpEy1d1PyyOuP9n9IPRZCPbkhFupOuQnZK154q8HIpsjklqZz6nZSL2q4r_jc_edRWZg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】桃潜隐花叶类病毒花叶分离物的分子和生物学特性分析/张子萌等

桃潜隐花叶类病毒 (peach latent mosaic viroid, PLMVd) 是桃树上的重要类病毒。PLMVd 侵染桃树后会引引起花叶、黄化和白化等不同的叶片症状。目前, PLMVd 侵染引发花叶的机制不明。本文克隆了来自我国田间油桃样品的花叶(M) 分离物和无症状(N) 分离物的 86 条 PLMVd 全长序列, 大小为 336~338 nt。用 DnaSP 5.0 对克隆的序列进行分析, 获得 31 条单体型(变体) 序列, 来自 M 分离物的单体型多样性(Haplotype diversity) 较低为 0.79,N 分离物较高为 0.90。与无症状的 N 分离物序列相比, M 分离物序列变异主要发生在全序列的五个核苷酸区, 来自 M 分离物的 MY1 单体型序列为优势序列, 与少数其他序列变体聚在系统发育树的 Group I, 并与已报道的典型白化 P1.148 分离物序列相似性为 89.4%。通过 PLMVd 侵染性克隆和基因合成的构建、接种方法的比较, 构建了有侵染性的 PLMVd 二倍体和有效接种技术。构建的 PLMVd MY1 二倍体 cDNA 质粒, 通过强化茎切接种法接种, 能系统侵染山毛桃并表现典型的花叶症状。研究结果为进一步研究 PLMVd 引发花叶的分子机制奠定了基础。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_IQqcCZhJtYeJUi3SteCq1WMZPOzTWOceqTGZPZMSupIDItGsXRrchWHuFyneyZWwQWnBWwFJU0EwMWXnv7p--93vi9Nkc8L330PJQC DILsw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】低温贮藏对沂蒙山小冬桃果实采后品质的影响/孙赏等

探索低温贮藏对“沂蒙山小冬桃”果实品质的影响。分别研究了其在室温（25℃）和低温（1℃）贮藏条件下果实质地、色泽、部分营养物质和抗氧化物质含量的变化情况。与对照组（室温贮藏）相比，低温贮藏果实的失水率、出汁率、可溶性固形物含量、过氧化物酶活性及可溶性蛋白含量显著降低；果实硬度、叶绿素、维生素 C、可滴定酸的含量显著提高；果实细胞排列更加紧密、饱满，果肉结构完整性更好。“沂蒙山小冬桃”低温贮藏能显著推迟果实的后熟，延长贮藏期。研究明确了“沂蒙山小冬桃”果实在室温和低温贮藏过程中果实采后生理变化规律，为指导冬桃果实贮藏保鲜以及品质调控研究提供参考依据。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV8gSqS07172Rq-uuBs_1Ngm2nVKvZX-elus3VaNsIk3Y-bqexLvAhj-hofEd77OP2iEWQ1_LVJS6K5d_BBUy53wt_MNPjOESAnH4FzCdp5Q8g=&uniplatform=NZKPT&language=gb

（五）蔬菜类

1、黄瓜

【01】湿垃圾来源的蚯蚓粪肥对连作障碍土壤质量和黄瓜产量的影响/杨晓磊等

随着城市化的发展，湿垃圾产量与日俱增，湿垃圾资源化利用迫在眉睫。利用蚯蚓处理湿垃圾制作蚯蚓粪肥用于农田土壤改良，是一项有效的湿垃圾资源化利用途径以及有利于缓解蔬菜连作障碍方面问题。该文以常规有机肥为参照，选取以湿垃圾及其厌氧沼渣为原料制作的蚯蚓粪肥为研究对象，研究连续 3 年施加蚯蚓粪肥对黄瓜(*Cucumis sativus*)土壤综合质量和作物产量的影响。结果表明，经过 3 年的改良后，施加 60.0 t/hm² 蚯蚓粪肥的黄瓜产量提高了 5.60%，土壤有机质含量提高了 50.0%，且蚯蚓粪肥的效果要高于常规有机肥；土壤全氮含量达到最高，高于背景值 33.0%；土壤的养分含量(硝态氮、速效磷、速效钾)也得到了提高，其中速效钾含量升高了 94.0%。经过 3 年的改良，土壤中的细菌数量在施加了有机肥后明显增加，其中以添加 30.0 t/hm² 蚯蚓粪肥的细菌数量最多；土壤细菌/真菌的比值有所提高，土壤生物性状得到改善。土壤的呼吸强度随着有机肥的施入而升高，以施加 60.0 t/hm² 蚯蚓粪肥的最大；土壤 pH 略有降低，盐

度无明显变化。因此，湿垃圾来源的蚯蚓粪肥能改善土壤的理化和生物学性质，可在一定程度上缓解连作障碍的发生，可以作为化肥的替代品或与化肥相配合在农业生产中进行推广。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_yCxj0l4Eako8TtrutjGsoFiK-5VNfvuuGvbCHVNu-EvlHXmDtjM09Qgc5694neZvrad1UWP0qF0L8SVuePwqiR26_is5gSeSMY-gamCoDiw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】基于 RGB-D 相机的黄瓜苗 3D 表型高通量测量系统研究/徐胜勇等

传统的人工种苗表型测量方式存在效率低、主观性强、误差大、破坏种苗等问题，提出了一种使用 RGB-D 相机的黄瓜苗表型无损测量方法。研制了自动化多视角图像采集平台，布署两台 Azure Kinect 相机同时拍摄俯视和侧视两个视角的彩色、深度、红外和 RGB-D 对齐图像。使用 Mask R-CNN 网络分割近红外图像中的叶片和茎秆，再与对齐图进行掩膜，消除了对齐图中的背景噪声与重影并得到叶片和茎秆器官的对齐图像。网络实例分割结果的类别和数量即为子叶和真叶的数量。使用 CycleGAN 网络处理单个叶片的对齐图，对缺失部分进行修补并转换为 3D 点云，再对点云进行滤波实现保边去噪，最后对点云进行三角化测量叶面积。在 Mask R-CNN 分割得到的茎秆对齐图像中，利用茎秆的近似矩形特征，分别计算茎秆的长和宽，再结合深度信息转换为下胚轴长和茎粗。使用 YOLO v5s 检测对齐图中的黄瓜苗生长点，利用生长点与基质的高度差计算株高。实验结果表明，该系统具有很好的通量和精度，对子叶时期、1 叶 1 心时期和 2 叶 1 心时期的黄瓜苗关键表型测量平均绝对误差均不高于 8.59%、R2 不低于 0.83,可以很好地替代人工测量方式，为品种选育、栽培管理、生长建模等研究提供关键基础数据。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV_yCxj0l4Eako8TtrutjGsoOo9OzHRc499oDxVPH9L5dC0G0SxsGhLab6DsMsIBZuNGtmuJ-ForSVryFID1d6dJX8a1wF19R-B7tOn7Q9PTcA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】UV-A 对黄瓜嫁接苗质量及生理特性的影响/许亚良等

以‘津优 35 号’黄瓜为接穗,‘日本青藤台木’南瓜为砧木,选用光质及光强可调节的 LED 智能调光台,以光强为 $150\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ 的白红蓝混合光(UV0, W:R:B=50:70:30)为对照,依次以光照强度为 10 (UV10)、20 (UV20)、 $30\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ (UV30)的 UV-A 取代相等强度的白光照射黄瓜嫁接苗,探究其对黄瓜嫁接苗生长、光合生理及抗氧化能力的影响。结果表明:与对照相比,UV20 处理下黄瓜嫁接苗接穗茎粗、全株干重、鲜重、根系指标、壮苗指数、G 值、气孔导度(Gs)及叶绿素含量均显著增加。UV10 和 UV20 处理下的叶片净光合速率(Pn)、蒸腾速率(Tr)、实际光化学量子效率(ΦPSII)、光化学淬灭系数(qP)和电子传递速率(ETR)均显著高于对照,胞间 CO_2 浓度(C_i)和非光化学淬灭系数(NPQ)均显著低于对照。UV10、UV20 和 UV30 处理均促进黄瓜嫁接苗活性氧积累,诱导超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)和过氧化氢酶(CAT)活性提高,并增加了总酚和类黄酮的含量,提高植株总抗氧化能力。综上所述,添加适量的 UV-A 能够促进黄瓜嫁接苗的生长,提高光合能力,促进抗氧化物质的积累,有利于嫁接苗壮苗的形成。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkNuNKY_IY95e75Nw4Qi5FE8cFM5OdkCMMEGnW8Psi2a5VLolCdpkfulhAxoaxh3s7oZHz0qdmR5sumJBsAMJK4A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】高温、加富 CO_2 条件对黄瓜幼苗碳水化合物分配规律的影响机制/段俊宇等

为探究温室黄瓜幼苗碳水化合物在高温条件下对 CO_2 加富响应的分配规律和机制,为培育优质种苗奠定理论基础,以津春 4 号黄瓜品种为试验材料,在高温(温度 $35\sim 45^\circ\text{C}$,大气 CO_2 浓度)、高温加富 CO_2 (温度 $35\sim 45^\circ\text{C}$, CO_2 浓度 $700\sim 900\mu\text{L/L}$)、常温加富 CO_2 (温度 $15\sim 25^\circ\text{C}$, CO_2 浓度 $700\sim 900\mu\text{L/L}$)以及常温(温度 $15\sim 25^\circ\text{C}$,大气 CO_2 浓度)条件下,研究高温、加富 CO_2 对黄瓜幼苗叶片和根系光合作用、碳水化合物分配以及其他代谢酶活性的影响。结果表明,高温条件下,增施 CO_2 可以缓解高温胁迫,提升幼苗的净光合速率(Pn),使幼苗的生物量、叶片和根系中的可溶性总糖、蔗糖、葡萄糖、果糖以及淀粉含量显著提升,蔗糖合

成酶(SS)、蔗糖磷酸合成酶(SPS)、酸性转化酶(AI)以及淀粉酶活性显著提高。表明高温加富 CO₂ 有利于幼苗碳水化合物由源组织叶片向库组织根系的转运。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkNuNKY_IY95eBwhjuiDDBuWWZkEWSkMHT3HceINmOYwr2RcVaRdNi1X3a403xV0Rse0rYJ_8um34m8Yhvv0CzJg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】不同小麦伴生对黄瓜生长·保护酶活性及枯萎病的影响/吕爽等

利用化感作用原理,探索设施黄瓜连作障碍调控技术,以黄瓜为试材,采用盆栽方式,研究不同品种小麦伴生对接种尖孢镰刀菌黄瓜生长、保护酶活性及枯萎病的影响。结果表明,不同小麦伴生均降低了黄瓜枯萎病发病率、病情指数,其中 X04、X09 处理的病情指数均与对照差异显著,防治效果均高于其他处理;不同小麦伴生均促进了黄瓜株高、茎粗的增加,X04 处理的茎粗、地上部鲜重、地上部干重均较高,均与对照差异显著,X09、X04 处理的地下部干重显著高于其他处理和对照。在 2 个取样时期,各处理黄瓜叶片丙二醛含量均低于对照, β -1,3-葡聚糖酶活性均高于对照,接菌后第 7 天,X04 处理的丙二醛含量最低, β -1,3-葡聚糖酶活性最高,均与对照差异显著;接菌后第 14 天,X04 处理的多酚氧化酶、超氧化物歧化酶、苯丙氨酸解氨酶、过氧化物酶活性均高于其他处理和对照。整体上,小麦伴生黄瓜栽培,能够减缓黄瓜枯萎病的发生,促进黄瓜生长及干物质积累,提高黄瓜叶片保护酶活性,降低丙二醛含量,不同小麦品种间存在差异,其中,X04 处理表现相对较好。该研究为采用小麦伴生缓解黄瓜连作障碍技术的应用提供理论参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkNuNKY_IY95cq9iDAAV_1Gt9GiujQbtrcteURtjpvEpC63lJ66Q4hrriCAkQx-dG5PB2fEjjoPqTRBH4HGQxu2A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】不同浓度营养液对黄瓜壮苗效果的影响/李舜伟等

为探究以黄瓜为代表的短苗龄类蔬菜在浇灌不同浓度营养液后的壮苗效果,

采用穴盘育苗的方法,研究了不同浓度营养液对黄瓜穴盘苗生长的影响,以期明确应用不同浓度营养液在黄瓜壮苗上的效果。结果表明,相较清水浇灌,施用霍格兰营养液可提高黄瓜幼苗的壮苗指数、根系活力、叶片净光合速率和叶绿素含量等指标,促进幼苗壮苗的形成。其中,浇灌 1/2 倍霍格兰营养液后,黄瓜幼苗在壮苗指数、根系活力、叶片净光合速率和叶绿素 a+b 含量等方面显著优于清水对照,较清水对照分别提高了 66.7%、162.1%、97.62%和 108.37%,同时,也较好地协调了培育壮苗和营养液使用成本之间的关系。因此,浇灌适宜浓度的营养液有利于以黄瓜为代表的短苗龄类蔬菜幼苗的生长,且使用 1/2 倍营养液进行浇灌,不仅可以促进黄瓜穴盘苗的生长,实现壮苗,还可以降低育苗成本,实现穴盘工厂化育苗的高效优质生产。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkSoEZCRM7p2npWE1PTl_SS eS6eC8-NCZW4yroGuGr9SceCECFm2MbwjRTdk5pvokBgC5tPV9yV7RDP AHDV EwZtg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】覆施稻壳对大棚黄瓜生长及抗霜霉病的影响/赵琳等

探明覆施稻壳对保护地黄瓜长势及抗病性的影响,为高湿低温型病害黄瓜霜霉病的防控提供参考依据。采用随机区组方法研究大棚黄瓜行间覆施稻壳(1 390 kg/667m²、1 853 kg/667m²和 2 316 kg/667m²)对黄瓜生长期(团棵期、盛花期、初果期、盛果期和末果期)大棚室内温度和相对湿度、黄瓜生长指标和光合参数及防控黄瓜霜霉病危害的效果。覆施稻壳的试验棚环境明显优于对照棚,试验棚温度较对照棚(26.98℃)平均提高 1.14~3.54℃,相对湿度较对照棚(68.83%)平均降低 9.03%~29.01%;各处理黄瓜植株的株高、茎粗、叶面积及光合效率分别较对照[157.98 cm、2.07 cm、339.60 cm²和 25.06μmol/(m²·s)]平均提高 11.48~21.21 cm、0.08~0.45 cm、34.80~68.00 cm²和 4.23~8.70μmol/(m²·s),各处理黄瓜霜霉病发病程度较对照(24.00)降低 16.83%~60.00%,其中,行间覆施稻壳 2 316 kg/667m²处理对黄瓜不同生长期生长的促进作用更显著,且对降低黄瓜霜霉病的发病程度最显著。行间覆施稻壳栽培技术不仅可促进大棚黄瓜的生长,还可有效防控黄瓜霜霉病,提高黄瓜对霜霉病的抗性,以行间覆施稻壳 2 316 kg/667m²对防控黄瓜霜霉病的效果最突出。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkNuNKY_IY95f8iW2v6Mw3t_DtNKj7upJZrGFY8pjFZAI-yjbHaxMALITCkLG-qIG0UL-cPYMiEWFgnmcoTROfoQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】茄果类蔬菜残体混合基质对黄瓜育苗的影响/傅鸿妃等

为更好地解决茄果类蔬菜残体处置问题,以茄果类蔬菜残体为原料,以鸡粪、发酵菌剂为添加物,设置4个残体堆置发酵处理,将发酵完成残体与商品育苗基质复配成混合基质,研究混合基质对黄瓜种子出苗率、幼苗形态和叶绿素含量、幼苗生物量、幼苗根系生长指标的影响,并对幼苗生物量、根系指标等进行相关性分析。结果表明,没有添加物的茄果类蔬菜残体发酵后,与商品育苗基质1:3复配的混合基质,使黄瓜幼苗根系体积和根系表面积分别增加0.30 cm³和8.66 cm²。黄瓜幼苗干物质积累速率(G值)与单株鲜重、单株干重、地上部分干重和地下部分干重等呈极显著(P<0.01)正相关;壮苗指数与单株鲜重、单株干重、地上部分干重和地下部分干重等呈极显著(P<0.01)正相关;干物质含量与单株鲜重呈极显著(P<0.01)负相关。此外,黄瓜幼苗根尖数与根系长度、根系体积和根系表面积呈极显著(P<0.01)正相关;根系长度与根系体积和根系表面积呈极显著(P<0.01)正相关;根系直径与根尖数和根系长度呈显著(P<0.05)负相关。因此,没有添加物的茄果类蔬菜残体发酵后,与商品育苗基质1:3配制成的混合基质适合黄瓜育苗。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9xk3jFNXq-EWLFY0lbJLwkSoEZCRM7p2npWE1PTl_SSdLe5zfcgwuOT_dLEi8Ddv3NVCrrKHFge8jkLluU7mePbGQ80rLYVfa-VoWce8NT6A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】辣椒抗黄瓜病毒的主基因-多基因混合遗传分析/杨辉等

采用2个抗黄瓜花叶病毒显著不同的辣椒品系,通过P1、P2、F1、F2、B1和B2 6世代联合分析法,分析研究辣椒抗黄瓜花叶病毒的遗传规律。结果表明:辣椒抗黄瓜花叶病毒的遗传由1对加性基因+加性-显性多基因模型构成,主基因

遗传率在 B1、B2 和 F2 代分别为 46.08%、30.59%和 61.65%，多基因遗传率在 B1、B2 和 F2 代分别为 0、0.66%和 17.82%，同时环境因素对辣椒抗 CMV 的遗传也有很大影响。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV81aDGXrN68nB-kXo_ZBdUCJu4Ot_4LZcCxcgDzC-clPgvT-grFntSV4lxCu12shc3MSfXlvDbifL6zfSfMGLACKsxKCBBGXC5AUNCSn5c1paw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【10】不同形态氮肥对设施黄瓜生长及氮素吸收的影响/班甜甜等

为了揭示同等氮水平下不同形态氮肥对设施黄瓜生长和氮素吸收利用的影响，通过无土盆栽研究 6 种不同形态氮肥 (100%NH₄-N、50%NO₃-N+50%NH₄-N、100%NO₃-N、50%NO₃-N+50%CO(NH₂)₂、100%CO(NH₂)₂、50%NH₄-N+50%CO(NH₂)₂)对黄瓜干质量、氮素吸收效率、吸收速率、15N 转运量及总 N 的积累量的影响。结果表明：叶干质量、果干质量、植株干质量、氮素吸收效率、氮素吸收速率以及根、叶、果、植株 15N 转运量和总 N 的积累量均在 50%NO₃-N+50%CO(NH₂)₂ 时最大。茎部 15N 的转运量、总 N 的积累量在 50%NH₄-N+50%CO(NH₂)₂ 处理时达到最大。氮素的生理效率和根干质量具有相同的变化规律，均在 100%NH₄-N 处理时达到最大值，100%NO₃-N 处理时最小；叶片和果部 15N 转运量和总 N 的积累量明显高于根和茎。相关性和隶属函数分析表明 50%NO₃-N+50%CO(NH₂)₂ 为黄瓜最优氮肥配方，单一氮肥中 100%NO₃-N 最有利于黄瓜生长和对 N 的吸收，100%NH₄-N 最不适合黄瓜，这一结论为设施黄瓜生产中氮肥的选择和使用提供了科学依据。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV81aDGXrN68nB-kXo_ZBdUCJu4Ot_4LZcAH3uM6GuTADCR6QN_AjwJEzXzXhi0daBIQK2WoDDD_FgiqCHWpmpfZ8C9M6ARxe4Q6Z55yysas37A==&uniplatform=NZKPT&language=gb

2、番茄

【01】施用污泥基营养激励素对微型汤姆番茄品质及土壤性质的影响/谭嘉怡等

为探究污泥基营养激励素的施用对作物品质和土壤性质的影响,本研究设置4种施肥类型:不施肥组(CK)、施加化肥组(HF)、叶面喷施污泥基营养激励素组(F_CJS)、土壤表面施加污泥基营养激励素组(S_CJS),对比分析污泥基营养激励素对微型汤姆番茄口感风味与营养品质、土壤基本理化性质以及土壤微生物群落结构的影响。结果表明,与HF相比,F_CJS可以增加微型汤姆番茄果实中可溶性糖和可溶性蛋白含量,S_CJS可提高维生素C含量,降低可滴定酸和硝酸盐含量,从而提高糖酸比值,改善番茄果实的口感风味与营养品质。S_CJS处理后的土壤有机质(SOM)含量显著高于HF组,硝态氮含量远低于HF组。与CK相比,S_CJS提高了土壤中参与氮循环的微生物丰度,同时其中参与碳循环的微生物丰度也约为HF组的2倍,污泥基营养激励素的施加提高了土壤微生物群落活性。此外,对比CK和HF,叶施和土施污泥基营养激励素中 *Arthrobacter*、*Sphingomonas*、*Streptomyces*、*Skermanella* 和 *Massilia* 等土壤有益菌属的相对丰度均显著增加,MND1等致病菌丰度降低。土施污泥基营养激励素还可减少 *Terrimonas* 和 *Bradyrhizobium* 等反硝化细菌的相对丰度,污泥基营养激励素显著影响了微型汤姆番茄土壤微生物群落结构组成,对土壤质量的调节发挥正向作用,还具有降低土壤 N₂O 排放的潜力。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-_C-9ORAwz3FK1kQTM2UBGVBBhJyxtk0zX1joJfSnqOdK8Dq1tfYpgBigDLwRdsNjS91HXmwWifM9D-sk96MOOvvGFt0WBEkUy4FbvR6yH2w==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【02】番茄死秧的病菌鉴定及综合防控措施/孙永生等

随着设施番茄生产面积的不断增加,棚室生产中土传病害及细菌病害等导致的番茄死秧问题,越来越严重,影响了设施番茄产业的发展。为解决番茄死秧问题,本试验以辽宁主要番茄产区的番茄病样为试材,采用病样的表型鉴定、显微镜观察及分子生物学相结合的方法,鉴定出病样主要包括番茄溃疡病、枯萎病及腐霉根腐病菌和根结线虫,从而得出番茄死秧主要与溃疡病、枯萎病、腐霉根腐病、根结线虫等有关。针对辽宁各地区的番茄死秧问题,提出了选用抗病或耐病品种、种子消毒、药剂防治等综合防治的方法,为番茄死秧的准确鉴定及综合

防治提供参考。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-_C-9ORAwz3FK1kQTM2UBGGLlgoG-xrWOACquX3RW0VtZHZfMGizfifOGW8zkRxD0nAq6eIn7TY4H0ln9rOgCXSkF2MvCPeCbHZUfwySnMg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【03】丙硫唑颗粒剂对番茄安全性初探/于晓翠等

丙硫唑是一种潜在的杀线虫剂,为明确丙硫唑对番茄的安全性,本文采用室内盆栽法研究 0.1%丙硫唑颗粒剂对 3 个番茄品种植株生长发育的影响。结果表明,0.1%丙硫唑颗粒剂对 3 个番茄品种植株生长发育均无药害;与空白对照相比,0.1%丙硫唑颗粒剂对番茄植株生长发育表现出一定的促进作用,但是 3 个番茄品种间略有差异。综上,0.1%丙硫唑颗粒剂对番茄生长发育安全,可用于防治番茄病害。本研究为丙硫唑田间试验及科学使用提供理论依据和数据支撑。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV-_C-9ORAwz3FK1kQTM2UBGGLlgoG-xrWPIC2zy5i_c2JI5NuHbPKH4LUXHSRoCwKlO5gjcPJAF7mv00CZOrc9ms0rdjLEYXlD49t6ZmUgMkA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【04】喷施不同钙硼肥对口感型番茄裂果和品质的影响/马吉林等

筛选合适的外源钙硼肥,提高番茄果实的商品率。以京彩 6 号番茄为材料,在番茄坐果期叶面喷施氯化钙(5 g/L)、硼砂(1 g/L)、氯化钙(5 g/L)+硼砂(1 g/L)、安米达寡糖钙镁硼(1 000 倍)、澳袋尔液体硼(1 000 倍)、国光四高(1 000 倍)、鱼力钙硼(500 倍)、施保康海藻钙镁硼(1 000 倍)、立美农,统计番茄裂果率,测定营养品质和矿质元素含量。结果表明喷施外源钙硼肥可降低番茄的裂果率,但对果实硬度影响不大,其中喷施施保康海藻钙镁硼(1 000 倍)和澳袋尔液体硼(1 000 倍)效果最好。外源喷施钙硼肥可以提高番茄果实中钙的含量,从在一定程度上提高番茄果实的品质,氯化钙(5 g/L)对番茄品质提升最明显,可显著提高番茄果实含糖量、糖酸比及维生素 C 含量,降低可滴定酸含量,提高番茄口感。喷施钙硼肥后,果实中 Ca、B 元素含量与对照相比有所增加,这可能是降低裂果率

的主要原因。外源喷施过磷酸钙(立美农)可以提高番茄果实中 Na、Fe、Zn、Mn 含量，但对番茄品质并无显著性的提高。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9MJU9Dqr_ewcFLgoM8ZCx1oXLR54BZTn_DCWE4Oevb_ydHGc3ZLUQWykebrXJaM6hFy4wAGLDi9e23cguRStKHlt0BxuVj-p-iLvFfqdzsQJA==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【05】不同番茄种质的耐涝能力评价/周露华等

为了筛选出耐涝能力良好的番茄种质，以 50 份番茄 (*Solanum*) 种质作为研究对象，比较其在半淹及全淹处理后的成活率和各项生理指标，筛选出 12 个在 7 d 全淹处理后存活率为 100%的耐涝型番茄种质，发现耐涝型番茄种质在普通番茄 (*S. lycopersicum*)、樱桃番茄 (*S. lycopersicum* var. *cerasiforme*) 和醋栗番茄 (*S. pimpinellifolium*) 中均有分布；进一步对耐涝型番茄 TK017 和淹水敏感型番茄 TK039 的分析表明耐涝型番茄 TK017 在全淹胁迫下能够更有效的控制体内活性氧含量，从而提高番茄的耐涝能力。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9MJU9Dqr_ewcFLgoM8ZCx1I-AjDHed86RHG7QQR60_VkwlA_W6i3xgmg7sjLZ1pd1GsNn2n2mV-ET-aGcV-Bn_oTf0LxxWNM9kYCqAMxYADqQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【06】基于改进 ResNet 模型的番茄叶片病虫害识别/王圆等

识别早期番茄叶片的病虫害是预防番茄病虫害、提升产量的关键步骤之一。本文基于改进 ResNet50 识别番茄叶片病虫害。根据不同病虫害类别创建 5 种不同番茄病虫害数据集，并采用数据增强方式对数据进行预处理。在原始模型 ResNet50 的基础上，通过在网络模型结构中添加 SE 注意力机制模块让模型能够更准确的识别待检测目标。此外为了减少模型的参数量，实现更加轻量化的模型，利用深度可分离卷积替换传统卷积。为了说明改进模型的有效性，分析改进后的模型在番茄叶片病虫害数据集上的性能，将其与传统卷积神经网络 ResNet50、AlexNet、VGG16、GoogLeNet 进行对比。实验结果表明，改进后的模型相较于

原模型参数量降低了 37.5%，准确率达到 97.4%，与原模型相比，其准确率提升了 4.4%。综上所述，本模型实现了性能与参数量之间良好平衡，为后续在实际环境中番茄叶片病虫害识别系统部署提供可能。

论文链接：

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9MJU9Dqr_ewcFLgoM8ZCx1I-AjDHed86SihmKs7e3rG5bDO9o0Z6GonNDH29-Qs_Kds7MpjePNs26gvQvdXLx9nPvkmTSNEQnOJkBPHOmQJw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【07】外源 CO 供体高铁血红素对盐胁迫下加工番茄苗期根系形态及生理特性的影响/滕元旭等

研究盐胁迫下喷施不同浓度 CO 供体对加工番茄幼苗的影响，为探究 CO 供体高铁血红素在提高番茄耐盐性等领域提供理论基础。以加工番茄品系 KT-32 为试验材料，采用水培法，设置霍格兰营养液培养(CK)和盐胁迫(100 mmol/L NaCl)+喷施 4 种浓度的外源 CO 供体(0、0.05、0.10、0.15、0.25 $\mu\text{mol/L}$)处理，测定各处理幼苗根系形态、渗透调节物质含量、活性氧含量、保护酶活性、膜脂过氧化程度及细胞膜透性，结合方差分析与主成分分析，分析在 100 mmol/L NaCl 胁迫下最适的外源 CO 供体浓度。盐胁迫会使加工番茄幼苗的根系生长受到抑制，使总根长、根体积、根系平均直径下降，叶片中活性氧含量增多，叶绿素和蛋白质降解，细胞膜结构受到伤害，激活保护酶系统。当外源施加 CO 供体时盐胁迫对加工番茄的伤害会得到缓解，在 15 $\mu\text{mol/L}$ (H3)时效果最佳，在盐处理 9 d 时，与 NaCl 处理相比，总根长、根投影面积、根表面积、根系平均直径、根体积分别提高 24.22%、38.16%、38.16%、24.51%、53.97%，叶绿素 a、叶绿素 b、总叶绿素含量分别提高 29.04%、34.73%、30.75%，渗透性调节物质脯氨酸(Pro)含量、可溶性糖含量和叶片相对含水分别提高 40.68%、55.20%和 117.34%，叶片中活性氧(ROS)超氧阴离子($\text{O}_2^{\cdot-}$)产生速率和过氧化氢(H_2O_2)含量分别降低 47.34%和 20.91%，保护酶超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)和抗坏血酸过氧化物酶(APX)活性分别提高 36.19%、97.23%和 135.35%，丙二醛(MDA)含量、相对电导率分别降低 57.82%、19.35%；对加工番茄幼苗根系形态及生理等 21 个指标经归一化处理后进行主成分分析显示 H3 处理的综合得分高于其他受到盐胁迫的处理，在所有处理中排第 2，为 2.25。外源 CO 供体高铁血红素通过提高盐

胁迫下加工番茄幼苗的抗氧化酶活性和渗透调节物质,降低膜脂过氧化程度提高植株光合色素含量,维持抗氧化酶系统与膜内外环境活性氧的相对稳定,进而清除过量的活性氧,抑制盐胁迫对植株的伤害,并具有浓度效应,以 15 $\mu\text{mol/L}$ 缓解效果最佳。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV9MJU9Dqr_ewcFLgoM8ZCx1I-AjDHed86Rry1pSIKoS710F8R2Ga9O0GEMEqMQ2BKGFB0438dMw6VrIovue7SXH75kfzMPCsAqCyV0Qfsd_Bw==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【08】基于微气候适宜度指数构建番茄生长速率模拟模型/郭申伯等

设施微气候是番茄生长的重要影响因素,具有参数复杂、变化快的特点。为了科学掌握微气候特征,探明微气候适宜度指数与番茄生长速率的关系,本研究于 2021 年以番茄为试材,开展春、秋茬实验,对设施内微气候包括气温、相对湿度、太阳辐射、CO₂ 浓度和饱和蒸汽压差(Vapor pressure deficit,VPD)进行监测,每 7d 进行一次番茄形态指标和生长速率测定。运用因子分析法提出设施微气候适宜度指数计算方法,利用多元线性回归方法构建基于微气候适宜度指数的番茄生长速率模拟模型,对秋茬番茄生长速率进行模拟验证。结果表明:基于计算方法辨别微气候适宜度与基于人工经验判断相符率为 75%,微气候适宜度与番茄鲜重($r=0.690$)、干重($r=0.623$)、株高($r=0.748$)的增长量相关性均达到显著水平($P<0.05$)。秋茬番茄生长速率模拟结果中,生长速率模拟的拟合度和精度较好,苗期相对生长速率模拟值与实测值 $R^2=0.875$, $RMSE=0.048\text{d}^{-1}$,开花坐果期绝对生长速率模拟值与实测值 $R^2=0.785$, $RMSE=0.877\text{g}\cdot\text{d}^{-1}$ 。综上所述,本研究为设施微气候定量分析提供了一种新的方法,比温度判断更为全面,同时也为番茄生长速率模型构建提供了新思路。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV942VPjz30xdj94beejI_6Ub5MJqJ5B1y2vWgmpF7MriZHJtsFTj8j3F9N-KBI8qDjBWVFYj_vwn4PhVho0N5TfWKbBpekU9swib_DIER0dQ==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【09】蓝光对盐胁迫下番茄幼苗生长的影响/刘增喜等

为了探明蓝光对盐胁迫下番茄幼苗生长的影响,在不同 NaCl 盐浓度梯度(0、50、100 mmol·L⁻¹)下,以红、蓝光比 4:1(RB)为对照,研究蓝光(B)对番茄幼苗形态和生理指标、根系生长特征的影响。结果表明,与 RB 处理相比,在无盐胁迫下,B 处理的株高生长速率、茎鲜/干质量、叶片 POD 和 APX 酶活性分别显著降低 22.2%、14.8%、26.6%、44.2%和 79.1%;在低盐(50 mmol·L⁻¹)胁迫下,B 处理的叶鲜质量和 POD 酶活性分别显著降低 13.2%和 20.4%,而 APX 酶活性显著升高 73.6%;在高盐(100 mmol·L⁻¹)胁迫下,B 处理的总根长、叶片 SOD 和 POD 酶活性分别显著降低 23.7%、12.5%和 23.0%,但 APX 酶活性显著升高 691.6%。在盐胁迫下,番茄幼苗的叶绿素 b 含量及 POD、APX 酶活性对光质敏感,而株高生长速率、根冠比、叶绿素 a 含量和类胡萝卜素含量等对光质不敏感,盐胁迫下蓝光可以大幅度提高番茄叶片中 APX 酶活性。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV942VPjz30xdj94beejqI_6Ub5MJqJ5B1y2vWgmpF7Mrj4buUijSYChFLu4TnQxOjMgKLW865izSPRKWLBbM4I7EEXmDeKOxFJvEMb2hzVYMg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【10】活性水对设施番茄苗期根系生长的影响初报/王永欢

为探明活性水对设施番茄苗期根系生长的影响效果,在日光温室内进行活性水灌溉试验,以常规灌溉为对照,对比分析处理 21、36、41 d 后的番茄单株根系生长指标(根系总长、根表面积、根系体积、平均直径、根系鲜质量与根系干质量)。结果表明:活性水灌溉处理 21 d 后,单株番茄根系总长、根系表面积、根系体积、平均直径、根系鲜质量和根系干质量分别较对照增长 56.65%、70.73%、93.33%、11.41%、52.17%和 53.49%,各指标(除平均直径外)处理间差异均达显著水平;处理 36d 后,单株番茄根系总长、根系表面积、根系体积、平均直径、根系鲜质量和根系干质量分别较对照增长 76.08%、82.01%、80.00%、7.39%、53.64%和 75.98%,各指标(除平均直径外)处理间差异均达显著水平,各项生长指标在处理 21 d 的基础上持续优化;处理 41 d(番茄定植 5 d)后,单株番茄根系总长、根系表面积、根系体积、平均直径、根系鲜质量和根系干质量分别较对照增长 75.19%、85.71%、77.27%、5.92%、63.05%和 76.02%,各指标

(除平均直径外)处理间差异均达显著水平,同时植株长势较好,叶片长、茎粗和单株叶片数分别显著增加 17.15%、17.43%、26.38%。说明活性水有利于番茄苗期根系的生长。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV942VPjz30xdj94beejI_6Ub5MJqJ5B1zolDYAJkoQhQQFTllkjVxcCsz9FJStclpkDnYLG_v7r1TFRacaQsLTdlX62Pm5dxqX2KbuK8N_Xg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

【11】应对抗番茄黄化曲叶病毒番茄品种抗性退化的策略/潘嵩等

由黄化曲叶病毒引起的番茄黄化曲叶病是番茄生产中最为严重的病害之一,选育抗病品种是防治该病的重要措施。结合多年研究结果及生产实践经验,提出了应对抗番茄黄化曲叶病毒番茄品种抗性退化的三条策略——切断病毒传播途径,加强田间种植管理,采用不同抗性品种轮换种植。

论文链接:

http://kns--cnki--net--https.cnki.hevttc.utuweb.utuedu.com:8089/kcms2/article/abstract?v=XMRxuh29YV__s3jc9YKytyukUBKj32f9f7uLk-yD6qetsv-ea97Hpbil eHGXMw5O5-iK83b0XlpuUclQzr92J8p2V40sLyM-CQB4L5K2jldVTasKAmn_Lg==&uniplatform=NZKPT&language=gb

第三部分 热点论文

01 叶层微生物群:群落动态及其与寄主的相互作用

(Phyllosphere microbiota: Community dynamics and its interaction with plant hosts)

植物在自然环境中被各种微生物定植。虽然许多研究已经证明了根际微生物群在调节营养获取和抵抗非生物和生物挑战等生物过程中的关键作用,但对根际微生物群的作用以及它是如何建立和维持的知之甚少。本文综述了目前对植物叶根圈群落组成的最新认识,以及植物和微生物建立叶根圈微生物群对植物健康的作用机制。

编译自：Tianyu Gong and Xiu - Fang Xin. Phyllosphere microbiota: Community dynamics and its interaction with plant hosts[J]. J Integr Plant Biol., 2021, 63(2): 297-304.

论文链接：<https://www.jipb.net/EN/10.1111/jipb.13060>

02 植物质膜受体:对感染的监视和生长发育的协调

(Plant plasma membrane - resident receptors: Surveillance for infections and coordination for growth and development8)

作为一种无根生物，植物容易受到病原体入侵和环境波动的影响。为了克服周围环境的挑战，植物获得了感知内源和外源信号的潜力，从而产生了它们的适应性。因此，植物进化出了大量的质膜驻留受体，包括受体样激酶(RLKs)和受体样蛋白(rlp)来感知这些信号并调节植物的生长、发育和免疫。RLKs 和 rlp 识别不同配体的能力依赖于不同种类的细胞外结构域的进化。通常需要 Co -调节受体与 RLKs 和 rlp 结合以促进细胞信号转导。受体样细胞质激酶(RLCKs)也与该复合体相关，将信号分岔到关键的信号枢纽，如丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)级联，以调节多种生物过程。在这里，我们讨论了在了解 RLKs 和 rlp 在植物生长、发育和免疫中的作用方面的最新知识进展，以及它们与协同调节受体的联系，导致多种细胞内信号通路的激活。

编译自： Ana Marcia Escocard de Azevedo Manhães, Fausto Andres Ortiz - Morea, Ping He and Libo Shan. Plant plasma membrane - resident receptors: Surveillance for infections and coordination for growth and development[J]. J Integr Plant Biol., 2021, 63(1): 79-101

论文链接：<https://www.jipb.net/EN/Y2021/V63/I1/79>

03 铝对茶树(Camellia sinensis)根系生长发育至关重要

(Aluminium is essential for root growth and development of tea plants (Camellia sinensis))

在酸性土壤中，三价铝离子(Al^{3+})占主导地位，对大多数植物物种具有很强的根

毒性。对于一些适应酸性土壤的本地植物，包括茶(*Camellia sinensis*)，Al³⁺被认为是一种有益的矿物元素。在这项研究中，我们发现Al³⁺实际上是茶根生长发育所必需的。铝离子对5个有代表性的茶叶品种的新根生长具有剂量依赖性。在缺乏Al³⁺的情况下，茶树不能长出新根，并且在Al剥夺1 d内根尖受损。根尖的结构分析表明，Al是根分生组织发育和活性所必需的。根内Al³⁺原位morin染色显示，Al³⁺在根分生组织细胞中主要定位于细胞核，随后Al³⁺被抽离后逐渐向胞质转移。Al³⁺从细胞核到胞质的移动伴随着DNA损伤的加剧，这表明核靶Al主要是维持DNA的完整性。综上所述，这些结果提供了新的证据，表明Al³⁺通过维持分生组织细胞的DNA完整性对茶树根系生长至关重要。

编译自：Lili Sun, Mengshi Zhang, Xiaomei Liu, Qianzhuo Mao, Chen Shi, Leon V. Kochian and Hong Liao. Aluminium is essential for root growth and development of tea plants (*Camellia sinensis*) [J]. J Integr Plant Biol., 2020, 62(7): 984-997.

论文链接：<https://www.jipb.net/EN/10.1111/jipb.12942>

04bHLH 转录激活因子通过水稻核胞浆运输调节防御信号

(A bHLH transcription activator regulates defense signaling by nucleo - cytosolic trafficking in rice)

植物激素信号通路之间的串扰对控制病原体入侵时的免疫应答至关重要。水杨酸(SA)和茉莉酸(JA)在高等植物的免疫应答中起着重要的拮抗作用。在这里，我们发现了一个基本的螺旋-环-螺旋转录激活子 OsbHLH6，它通过水稻(*Oryza sativa*)的核-胞浆运输调节 SA 和 JA 信号，从而赋予水稻抗病能力。感染稻瘟病菌后，OsbHLH6 表达上调。过表达 OsbHLH6 的转基因水稻显示 JA 响应基因表达增加，对病原菌的易感性增强。核定位的 OsbHLH6 激活 JA 信号并抑制 SA 信号；然而，SA 调节因子 OsNPR1 (PR 基因 1 的非表达者)将 OsbHLH6 隔离在胞质中以减轻其影响。我们的数据表明 OsbHLH6 通过动态调节 SA 和 JA 信号来控制抗病。

编译自：Fanwei Meng, Chao Yang, Jidong Cao, Huan Chen, Jinhuan Pang, Qiqi

Zhao, Zongyi Wang, Zheng Qing Fu and Jun Liu. A bHLH transcription activator regulates defense signaling by nucleo - cytosolic trafficking in rice[J]. J Integr Plant Biol., 2020, 62(10): 1552-1573.

论文链接: <https://www.jipb.net/EN/10.1111/jipb.12922>

05 水稻 PLATZ 蛋白 SHORT GRAIN6 通过调控小穗壳细胞分裂来决定籽粒大小

(The rice PLATZ protein SHORT GRAIN6 determines grain size by regulating spikelet hull cell division)

晶粒大小是谷物产量的主要决定因素;然而,控制这一性状的相关调控机制尚未完全阐明。水稻(*Oryza sativa*)突变体短粒 6 (short grain6, sg6)的粒长和粒重均有所减少。在这里,我们从功能上表征了 SG6 通过调控小穗壳细胞分裂来决定籽粒大小的作用。SG6 编码一个以前未被发现的植物富含 AT 序列和锌结合 (PLATZ)蛋白,该蛋白在整个细胞中无处不在,并且优先表达于早期发育的穗,而不是在胚乳中。过表达 SG6 后,籽粒显著增大、籽粒重,植株高度显著增高,这与 SG6 的高穗壳细胞分裂率一致。酵母双杂交分析显示,SG6 与核心细胞周期机制 DP 蛋白和其他几种假定的细胞分裂调节因子相互作用,这与我们的转录组学分析一致,表明 SG6 激活了许多 DNA 复制和细胞周期相关基因的表达。这些结果证实了 SG6 通过调控小穗壳细胞分裂来决定籽粒大小的关键作用,并为理解 PLATZ 家族蛋白的功能和调控谷物籽粒大小的网络提供了线索。

编译自: Shi-Rong Zhou and Hong-Wei Xue. The rice PLATZ protein SHORT GRAIN6 determines grain size by regulating spikelet hull cell division[J]. J Integr Plant Biol., 2020, 62(6): 847-864.

论文链接: <https://www.jipb.net/EN/10.1111/jipb.12851>