

主任致辞

2015年是我国全面完成“十二五规划”的收官之年，也是植物细胞与染色体工程国家重点实验室（以下简称实验室）的第四个五年评估期的收官之年。实验室全体人员齐心协力，努力做好总结、调整和部署，迎接2016年的国家评估。

回顾过去的五年，实验室在研究定位、承担科研任务、研究成果产出、合作研究、自主课题设置和组织实施、人才引进与培养、研究队伍结构与团队建设、开放交流与运行管理等方面都取得了长足的进步。在第五届学术委员会的指导下，实验室全体成员不断总结，实验室的定位与研究目标越来越明确和凝练，即始终坚持以小麦等主要农作物为研究对象，面向国家需求和科学前沿，瞄准小麦等主要农作物遗传改良中的国家目标和重大科学问题持续地开展研究。实验室2009年立项“小麦A基因组测序研究计划”自主研究课题（2009-2014）。2013年完成第一部分工作，绘制出世界上第一张小麦A基因组草图；2015年完成了全基因组的BAC测序和组装，预计2016年将研究结果投稿发表。2009年，李振声院士针对我国环渤海地区作物适宜生长期短，土壤盐碱，夏粮小麦和秋粮玉米争时矛盾突出等特点，提出培育物候期稳定、晚播不晚熟的耐盐碱小麦高产品种，让时于夏播玉米，实现亩产1000公斤的“渤海粮仓”计划的最初设想。在李振声院士的倡导和推动下，中国科学院启动了“渤海粮仓”项目；2013年，科技部立项了“渤海粮仓示范工程”科技支撑计划。该项目实施3年来，连年丰收，2015年各项技术推广应用1700余万亩，实现增量30亿斤，增收20多亿元。在项目承担等方面，实验室学术带头人以首席科学家身份承担了“973”、“863”、国家科技重大专项等项目，在重要农艺性状形成的分子机制解析和植物基因组编辑等方面产出了一批具有国际重大影响和领先的科研成果。基于实验室研究特色和需求，从国内外引进了多名优秀研究人才，建成了作物基因组学研究、作物基因组编辑技术与应用、植物高产分子机理解析、植物抗病耐逆及养分高效的遗传机制研究和染色体工程及分子育种五个紧密联系的创新研究团队。培养了一批优秀人才，实验室多人获得“百人计划”终期评审优秀和国家杰出青年科学基金资助。实验室依据国家重点实验室“开放、流动、联合、竞争”的原则，与国内外多家科研机构保持密切合作与交流。此外，主办了高水平的学术会议，创办了“基因组学与新绿色革命论坛”，邀请数十位国内外学术界知名专家来实验室进行了学术交流。

虽然实验室在过去五年中取得了很大进步，沉舟侧畔千帆过，我们不应满足于已取得的成绩。实验室全体成员应秉承实验室老一辈科学家的优良传统和创新精神，承前启后、继往开来，借实验室国家评估的契机，不断完善，把实验室的各项工作推向一个新高度。

值此“植物细胞与染色体工程国家重点实验室2015年报”编辑出版之际，谨向实验室全体成员、实验室第五届学术委员会、以及给予实验室关怀和支持的各级领导、各界朋友致以诚挚的谢意和祝福！



二〇一六年一月二十五日

重要事件



2015年2月2日，植物细胞与染色体工程国家重点实验室2014年度学术年会(暨第五届学术委员会第四次会议)在中国科学院遗传与发育生物研究所召开。

2015年5月17日，作为中国科学院第十一届公众科学日开放机构之一，实验室对公众开放，开展科普宣传活动。来自人大附中、首师大附中、中关村二小、中古友谊小学、中国科技馆等200余名青少年参观了实验室。



2015年5月22-24日，国家重点基础研究发展计划(973计划)《作物养分高效利用的信号转导和分子调控网络》项目“小麦氮磷高效优异遗传材料鉴定与新品系培育”田间考察会在石家庄召开。

2015年6月1-2日，“渤海粮仓”2015年度工作推进及现场观摩会在河北省南皮县召开。与会代表在沧州市南皮县现场观摩了南皮试验站李振声院士培育的小偃60和小偃81品种展示。



重要事件



2015年6月2日，中央电视台播出的焦点访谈“仰望星空、脚踏实地”一期节目中，报道了李振声院士在小麦远缘杂交和“渤海粮仓”工程中的贡献。

2015年6月28日-7月1日，实验室主办的“植物染色体工程与功能基因育种国际会议”在遗传发育所召开。来自美国、德国、以色列、日本、捷克等国以及国内30余个科研院所、高校的150余位代表出席了会议。

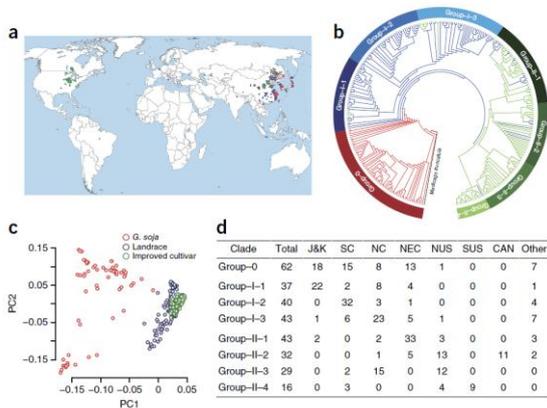


2015年7月18日，实验室召开“夏季青年学术报告会”。为加强实验室青年研究人员的交流，自2009年起，实验室每年召开“夏季青年学术报告会”和“冬季青年学术报告会”。

2015年12月14日，实验室召开“冬季青年学术报告会”。



代表成果

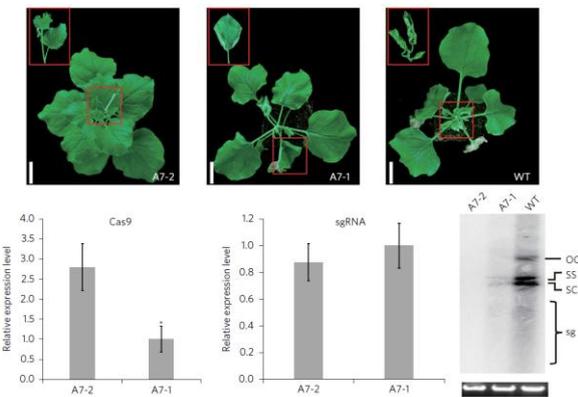
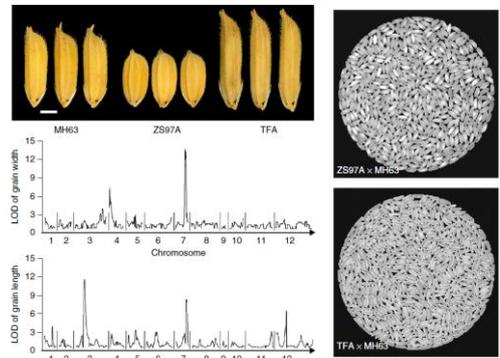


田志喜研究组与中科院昆明动物所王文研究组联合攻关，对 302 份代表性大豆种质进行了重测序，系统鉴定了大豆驯化和改良相关基因。

Nature Biotechnology 2015, 33: 408-414

傅向东研究组克隆了水稻 *OsSPL16-GW* 基因。研究发现 *OsSPL16-GW* 分子模块调控细胞极性生长从而实现水稻优质高产。

Nature Genetics 2015, 47: 949-954

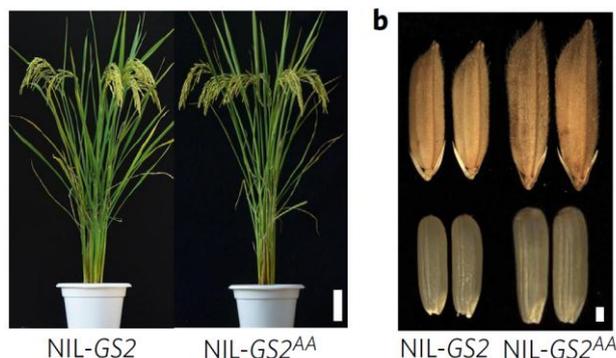


高彩霞研究组利用新近在细菌中发现的适应性免疫系统（CRISPR/Cas）特异识别病毒和外源 DNA 的特性，将该切割系统引入植物，在植物中建立了 DNA 病毒防御体系。

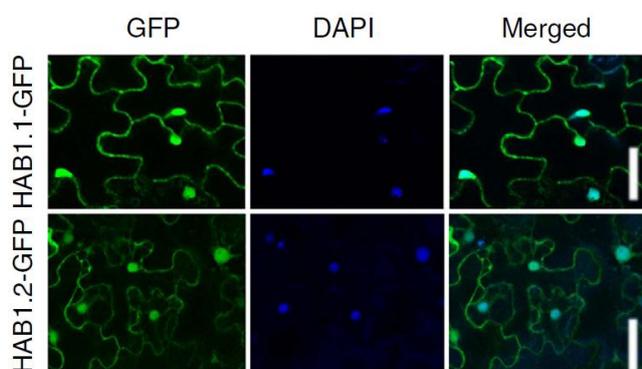
Nature Plants doi: 10.1038/NPLANTS.2015.144

李云海研究组与中国水稻研究所朱旭东研究组和浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所王俊敏研究组合作，发现了 OsmiR396-OsGRF4/GS2-GIFs 途径调控水稻籽粒大小和产量的分子遗传机制。

Nature Plants doi: 10.1038/NPLANTS.2015.203



代表成果

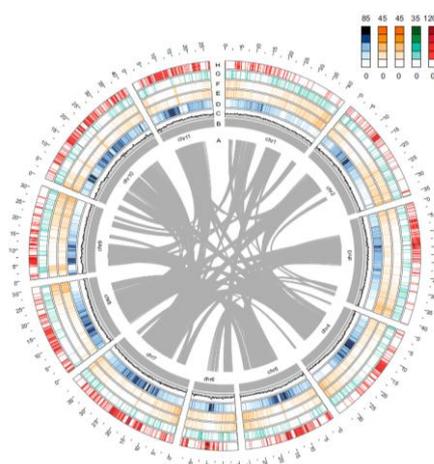


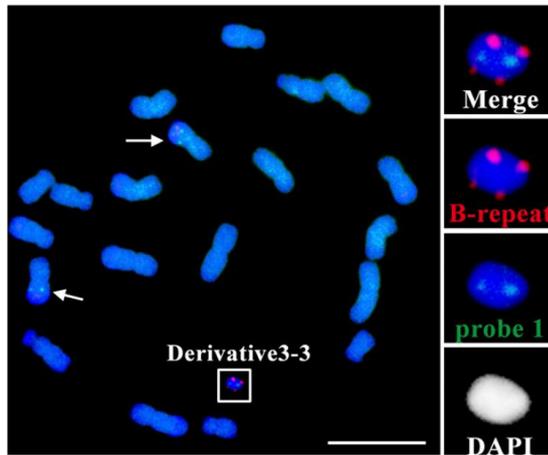
李霞研究组首次揭示了 RBM25 调控的 *HAB1* 的可变剪切在 ABA 信号中的功能，为解析 mRNA 转录后调控参与 ABA 信号通路及植物对 ABA 响应提供了重要证据。

Nature Communications 2015, 6: 8138-8149

凌宏清、田志喜两个研究组与北京农业大学和深圳华大基因研究院合作完成了红小豆全基因组测序，通过与大豆比较，从基因组角度解释了红小豆在驯化过程中形成的高淀粉和低脂肪积累的可能机制。

Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 2015,112: 13213-13218



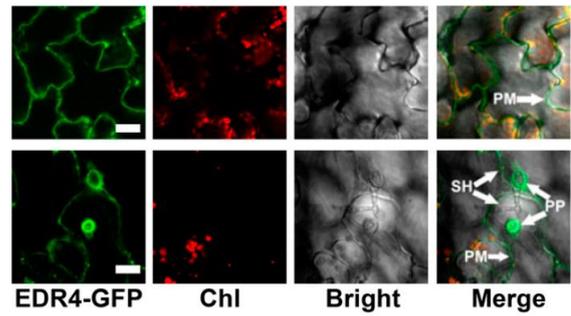


韩方普究组对玉米遗传学家早年创制的 A-B 染色体相互易位系进行研究，发现着丝粒错分裂后代中，大量染色体片段可以传递是由于基因组中非着丝粒区域的序列重新形成功能着丝粒。

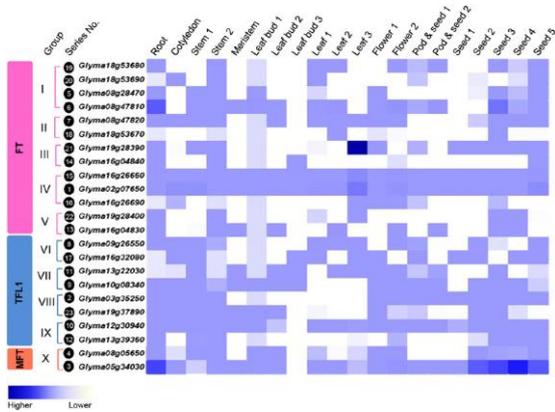
Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 2015, 112: E1263-1271

唐定中研究组发现白粉病抗性负调控因子 EDR4，揭示 EDR4 调控植物先天免疫反应的分子机理。

The Plant Cell 2015, 27: 857-873



代表成果

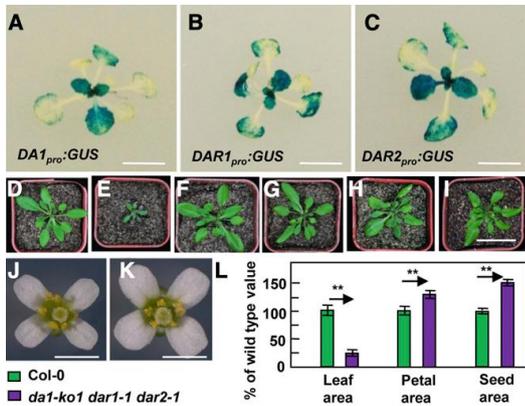
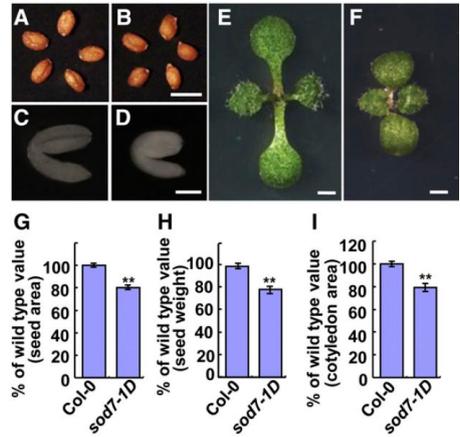


田志喜研究组通过对大豆和拟南芥中 PEBP (磷脂酰乙醇胺结合蛋白) 家族的 29 个成员进行系统性研究, 解析了重复基因在进化过程中的功能分化机制。

The Plant Cell 2015, 27: 323-336

李云海研究组在模式植物拟南芥中发现了一个新的控制种子大小的关键因子 SOD7, 该因子通过抑制 *KLU* 表达, 以母性影响的方式调控种子大小。

The Plant Cell 2015, 27: 620-632



李云海研究组发现 DA1 及其家族成员 DAR1 和 DAR2 调控转录因子 TCP14/15 的蛋白稳定性, 进而决定细胞和器官大小。

The Plant Cell 2015, 27: 649-662

童依平研究组在小麦中克隆了一个受硝诱导的 NAC 调控因子基因 *TaNAC2-5A*。研究发现 *TaNAC2-5A* 在调控小麦对硝信号的响应和氮素吸收利用方面发挥了重要作用。

Plant Physiology 2015, 169: 1991-2005

