

· 主编评述 ·

2023年中国植物科学重要研究进展

摘要 2023年中国科学家在植物科学主流期刊发表的论文数量相比2022年大幅提高，在柱头受体调控十字花科种内和种间生殖隔离，叶绿体TOC-TIC超级复合物结构，作物高产、耐逆及抗病机制，葡萄和柑橘属植物的起源和传播，现代玉米、谷子和马铃薯种质资源演化等方面取得了重要研究进展。其中，“农作物耐盐碱机制解析及应用”和“新方法实现单碱基到超大片段DNA精准操纵”入选2023年度中国科学十大进展，“植物远缘杂交过程中‘花粉蒙导效应’的分子机制”入选2023年度中国生命科学十大进展。该文总结了2023年度我国植物科学研究取得的成果，并简要介绍了30项有代表性的重要进展，梳理了植物科学研究中所使用的实验材料，以帮助读者了解我国植物科学的发展态势，进而思考如何更好地开展下一阶段研究和服务国家重大战略需求。

关键词 中国，植物科学，研究进展，2023年

陈凡，顾红雅，漆小泉，林荣呈，钱前，萧浪涛，杨淑华，左建儒，白永飞，陈之端，丁兆军，王小菁，姜里文，种康，王雷 (2024). 2023年中国植物科学重要研究进展. 植物学报 59, 171–187.

据我刊不完全统计，2023年中国植物科学家在 *Science*、*Cell*、*Nature* 及其子刊 (*Nature Plants*、*Nature Genetics*、*Nature Communications*) 和 *PNAS* 期刊上发表的论文 (研究类，如 *Article* 和 *Letter*) 总数为 248 篇，与 2022 年 (163 篇) 相比增长约 52%，而在 *Cell*、*Nature* 和 *Science* 三种国际综合性学术期刊发表论文 (研究类) 数量略有增长，为 25 篇 (2022 年为 22 篇)；在 *Molecular Plant* (MP)、*Nature Plants* (NP)、*The Plant Cell* (PC)、*Plant Physiology* (PP) 和 *The Plant Journal* (PJ) 五种植物科学主流期刊上发表论文 815 篇，与 2022 年 (709 篇) 相比增长 15%。近 3 年的统计数据显示，2022 年中国科学家在上述 5 种植物科学主流期刊上发表的论文数占这些期刊发表论文总量约 52%，2023 年增长至约 56%，已连续 5 年 (2019–2023 年) 位居世界第 1 (表 1) (数据来源：Web of Science 核心合集) (检索时间：2024 年 4 月 2 日)。

通过分析我国科学家 2021–2023 年在 *Science*、*Nature* 和 *Cell* 三种国际综合性学术期刊 (图 1A) 和 5 种植物科学主流期刊 (图 1B) 发表论文所用的实验材料，发现以拟南芥作为实验材料的研究目前仍占主流，但总占比呈下降趋势。水稻、玉米和小麦 3 种主粮农作物中，以水稻为实验材料的研究占比最高，并且远高于小麦和玉米的占比 (图 1A, B)。

为帮助读者更好地了解我国植物科学研究的前沿和热点，并展示我国植物科学家取得的杰出成就，

表1 2021–2023 年中国与 4 个欧美国家的科学家在 5 种植物科学主流期刊 (MP、NP、PC、PP 和 PJ) 的发文章量比较 (数据来源：Web of Science 核心合集)

Table 1 The numbers of papers published by scientists from China, America, Germany, UK and France in the five major journals of plant sciences (MP, NP, PC, PP and PJ) from 2021 to 2023 (data sources: Web of Science)

	2021年		2022年		2023年	
	文章数量	占比 (%)	文章数量	占比 (%)	文章数量	占比 (%)
中国	630	45	709	52	815	56
美国	437	31	399	30	359	25
德国	230	16	172	13	206	14
英国	145	10	129	10	134	9
法国	104	7	93	7	112	8

注：文章数量按篇计算，当 1 篇文章属于多个国家，每个国家各计 1 次，分别被算入占比的数值，所以占比之和大于 100%。

2021 年、2022 年和 2023 年，5 刊 (MP、NP、PC、PP 和 PJ) 的总载论文量分别为 1406、1352 和 1444 篇。

Note: When a paper is assigned by more than one country, it will be counted into each country once, so the total percentage may be more than 100%. The total number of papers published in the five journals (MP, NP, PC, PP and PJ) was 1406 in 2021, 1352 in 2022 and 1444 in 2023, respectively. MP: *Molecular Plant*; NP: *Nature Plants*; PC: *The Plant Cell*; PP: *Plant Physiology*; PJ: *The Plant Journal*

经《植物学报》编委会专家无记名投票，从 2023 年我国科学家在植物科学领域发表的数百篇论文中遴选出 30 项重要进展，并对其进行简要评述。尽管目前拟

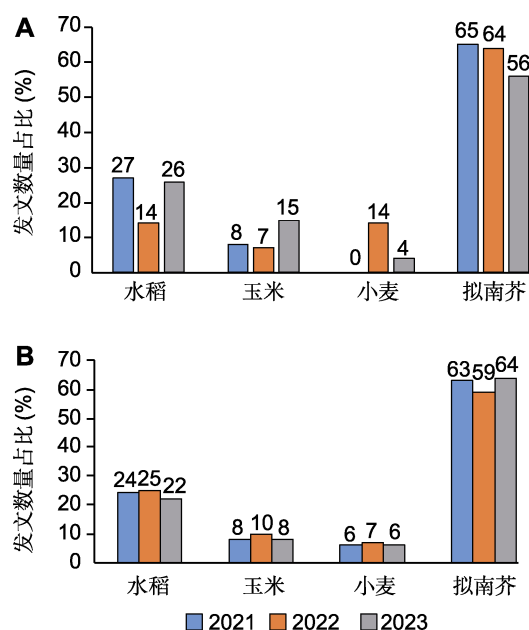


图1 2021–2023年中国植物科学家在国际综合性学术期刊 (*Science*、*Nature*和*Cell*) (A)和植物科学主流期刊(MP、NP、PC、PP和PJ) (B)上发表以水稻、玉米、小麦和拟南芥为研究材料的论文数量占比(数据来源: Web of Science核心合集)

注: 以2个或2个以上物种为材料的文章被重复计数。3种国际综合性学术期刊(*Science*、*Nature*和*Cell*)刊登的以水稻、玉米、小麦和拟南芥为实验材料的文章数量总和分别为26 (2021年)、28 (2022年)和27 (2023年)篇; 5种(MP、NP、PC、PP和PJ)植物科学主流期刊刊登的以水稻、玉米、小麦和拟南芥为实验材料的文章数量总和分别为547 (2021年)、630 (2022年)和659 (2023年)。MP、NP、PC、PP和PJ同表1。

Figure 1 The proportion of papers published by scientists from China in international multidisciplinary journals (*Science*, *Nature* and *Cell*) (A) and mainstream plant science journals (MP, NP, PC, PP and PJ) (B) from 2021 to 2023 using rice, maize, wheat and *Arabidopsis* as research materials (data sources: Web of Science)

Note: When two or more species are used as research materials in a paper, this paper is counted more than once accordingly. The total number of papers published in the three international multidisciplinary journals (*Science*, *Nature* and *Cell*) using rice, maize, wheat and *Arabidopsis* as research materials was 26 in 2021, 28 in 2022, and 27 in 2023, respectively. The total number of papers published in the five mainstream plant science journals (MP, NP, PC, PP and PJ) using rice, maize, wheat and *Arabidopsis* as research materials was 547 in 2021, 630 in 2022, and 659 in 2023, respectively. MP, NP, PC, PP and PJ are the same as shown in Table 1.

南芥仍是植物科学研究所用的主要实验材料,但在遴选的30项重要进展中,大多数是以水稻、小麦和玉米

等作物为材料取得的成果,表明我国的作物基础及应用基础研究正迈入新阶段。需要说明的是这仅代表《植物学报》的观点,如有不妥请大家谅解。

1 发育生物学

1.1 杨树年龄与季节性生长关联的调控机制

温带和寒带地区,多年生植物通过调整其年生长周期来适应季节变化。相比成年数木,天然林中的幼树为在遮蔽环境下生存,其生长季节往往更长。然而,树木根据树龄调整其年生长周期是否受遗传调控且其分子机制尚不清楚。丁寄花研究组与国内外单位合作研究发现,多年生杨树年龄依赖性季节生长停止受到miR156-SPL模块的调控,这与该模块在一年生植物中的功能不同。作为调控植物从幼年期向成年期转变的保守关键调节因子(Wang et al., 2011), miR156通过调控SPL3/5类基因,整合多种途径抑制秋季生长停止并促进春季萌芽,从而有效延长杨树的生长期。FT2是调节生长停止和出芽时间的重要因子,其在叶片中的表达受到miR156树龄依赖性调控,而SPL5c能直接与FT2的启动子结合,抑制其表达(Liao et al., 2023)。该研究揭示了介导季节性生长停止的年龄依赖性遗传调控网络,为更好地理解多年生树木如何通过这一关键物候过程来适应环境变化奠定了重要基础。

1.2 淀粉体沉降介导LAZYs蛋白重定位调控植物根的重力感受

重力是塑造植物形态的关键环境因子之一。植物重力响应包括重力感受、信号传递和不对称生长3个阶段(Morita, 2010; Vandenbrink and Kiss, 2019)。一个多世纪之前“淀粉-平衡石”假说被提出,用于解释植物中的重力感知现象(Haberlandt, 1900; Nemec, 1900; Darwin, 1903),并且被许多遗传学研究所证实。然而,淀粉体沉降过程引发重力响应的信号传递分子机制依然未知。陈浩东研究组在细胞学水平的研究结果显示,1组LAZYs蛋白集中分布在拟南芥根尖柱细胞的质膜和淀粉体上,响应重力刺激后的LAZYs蛋白重定位受淀粉体沉降调控。进一步利用生化手段分析,他们发现植物偏离重力方向产生重力刺激后,MKK5-MPK3信号级联模块通过磷酸化修饰LAZYs蛋白,增强其与淀粉体表面多个TOCs蛋白互作,从而

促进LAZYs蛋白从细胞膜向淀粉体表面移动, 淀粉体沉降引导LAZYs蛋白重新分布到柱细胞新的下侧(沿重力方向)。重定位的LAZYs蛋白通过影响生长素的不对称分布, 介导植物根的向重力生长(Chen et al., 2023)。该研究不仅揭示了LAZY蛋白与淀粉体之间的协作关系, 解析了LAZY蛋白调控植物早期重力感受及重力信号转导的核心机制, 而且极大地丰富了“淀粉-平衡石”假说的内涵。鉴于LAZY和TOC的保守性, 该成果也为其它陆生植物的向重力性研究提供了理论参考(王文广和王永红, 2023)。

1.3 EC复合体促进玉米开花和温带适应机制

生物钟是调控作物光周期敏感性的关键内在计时机制, 近期我国植物科学家在生物钟组分调控玉米的纬度适应性方面取得重要进展。作为短日照植物的玉米起源于墨西哥热带地区的大刍草, 在驯化完成后发生了向温带地区的剧烈扩张, 目前世界范围内约80%的玉米种植于温带地区。在从热带向温带扩张过程中, 玉米对光周期的敏感性减弱, 但其纬度适应性的进化机制及相关重要基因还不清楚。王海洋研究组与王宝宝研究组合作, 利用正向遗传学方法鉴定到1个控制玉米开花的主效QTL——*qFT3_218*, 并推测拟南芥*ELF3*的同源基因*ZmELF3.1*可能为候选基因。分子生物学证据表明, 玉米*ZmELF3.1*和*ZmELF3.2*可与拟南芥*ELF4*在玉米中的同源蛋白*ZmELF4.1*和*ZmELF4*, 及拟南芥*LUX*在玉米中的同源蛋白*ZmLUX1*和*ZmLUX2*互作形成生物钟的EC复合体。表型分析发现, *ZmELF3.1/ZmELF3.2*功能冗余地调控开花时间, 其中*ZmELF3.1*起主要作用, *ZmLUX1/ZmLUX2*也参与玉米的开花调控。机制研究发现, 玉米EC复合体可直接结合在*ZmCCT9*、*ZmCCT10*、*ZmCOL3*、*ZmPRR37a*和*ZmPRR73*基因的启动子上抑制其表达, 进而解除对成花素基因*ZCN8*、*ZCN7*和*ZCN12*的抑制, 促进玉米开花。对45个玉米自交系高质量基因组进行分析, 发现*ZmELF3.1*上游启动子区存在2个紧密连锁的逆转录转座子NonLTR/L1以及LTR/Gypsy。这2个转座子可共同促进*ZmELF3.1*的表达, 包含这2个转座子的玉米品种主要在高纬度地区种植, 而不含这2个转座子的玉米品种主要在低纬度地区种植, 部分解释了玉米对温带高纬度地区的适应性, 并为玉米纬度以及海拔高度的适应性提供了可用

的遗传改良靶点(Zhao et al., 2023b)。

2 作物生物学

2.1 籼稻粳稻杂种不育分子机制

杂种优势利用是大幅提高粮食产量的重要途径。袁隆平先生研发的杂交水稻正是利用籼稻亚种间的杂种优势实现了水稻大幅增产。品种间亲缘关系越远, 杂种优势越明显, 因此, 如何利用籼稻和粳稻亚种间的超强优势一直备受育种家关注(Baack et al., 2015)。然而, 籼稻和粳稻的杂交种常表现出杂种不育现象, 阻碍了杂种优势利用(Fishman and Sweigart, 2018)。万建民研究组与国内单位合作, 鉴定了1个控制籼粳杂交稻雄性配子不育的主要基因座*RHS12*, 进一步研究发现*RHS12*由2个基因(*iORF3/DUYAO*以及*iORF4/JIEYAO*)组成, 这2个基因使*RHS12-i*型雄性配子优先传递到子代, 从而形成天然的基因驱动系统。*DUYAO*编码一种毒素, 与*OsCOX11* (Luo et al., 2013)相互作用触发线粒体功能障碍和细胞毒性, 而*JIEYAO*编码一种解毒剂, 通过直接物理互作将*DUYAO*定向至自噬体降解并解毒。进化分析表明, 该系统可能是在野生稻AA基因组分支中从头驯化的, 并对水稻不同谱系之间的生殖隔离起重要作用(Wang et al., 2023a)。这一研究成果不仅解析了生殖隔离的遗传基础, 也为利用亚种间杂种优势培育高产品的战略设计提供了新见解。

2.2 新水稻产量基因GY3的发现

穗粒数是决定水稻产量的关键因素之一。邢永忠研究组基于籼稻特青和粳稻02428构建的遗传群体克隆了具有增产效应的等位基因GY3。该基因编码1个LOG (LONGLY GUY)类蛋白(Kusaba et al., 1998; Kuroha et al., 2009), 具有5'-核糖核苷酸磷酸水解酶活性, 可以将细胞分裂素前体异戊烯基腺嘌呤核苷单磷酸(iPRMP)水解为异戊烯基腺嘌呤核苷(iPR), 参与调控活性玉米素的合成。敲除或抑制GY3表达, 可减少iPRMP的无效消耗, 使细胞分裂素合成通路中更多的iPRMP转化为tZ前体玉米素核苷单磷酸(tZRMP)。进一步分析发现, 该基因启动子区的1个反转座子插入增强GY3启动子区的甲基化修饰(H3K9me2)、降低GY3的表达量、提高体内活性细胞分裂素含量; 同时

增强细胞周期蛋白基因*CYCD3;1*和同源异型盒基因*OSH1* (*Oryza sativa homebox 1*) (Kusaba et al., 1998)的表达,促进细胞分裂并维持高水平的分生组织活性。农艺性状分析表明,导入GY3优良等位基因可增加稻穗的次生分枝数、穗粒数和产量,从而为水稻高产育种提供了新的基因资源(Wu et al., 2023a)。

2.3 抑制BR信号提高半矮化小麦产量的分子机制

自20世纪60年代以来,半矮秆和抗倒伏作物品种的广泛种植显著提高了农作物产量,引发了农业领域的第1次“绿色革命”(Peng et al., 1999; Sasaki et al., 2002)。然而,*Rht-B1b*和*Rht-D1b*等矮秆等位变异同时存在减轻粒重和降低氮素利用效率的副作用。因此,挖掘新的矮秆基因资源,培育不依赖传统“绿色革命”基因的半矮秆小麦品种成为小麦遗传育种领域的热点问题。倪中福研究组采用正向遗传学方法,在现代小麦品种中鉴定到1个稀有的半矮秆位点,此位点可协同调控株型、氮素利用效率和产量。该位点为一段长约500 kb的大片段缺失,导致3个紧密连锁的基因*Rht-B1*、*EamA-B*和*ZnF-B*丢失,命名为*r-e-z*单倍型。其中,*ZnF*编码一种含有RING结构域的细胞膜定位的E3泛素连接酶,其通过特异性介导BR信号转导中的负调控因子TaBKI1在质膜上的降解,正向调控BR信号,而*Rht-B1*是GA信号的负调控因子。利用*r-e-z*单倍型介导BR和GA激素再平衡,可培育出矮秆抗倒伏、高产和氮素高效利用的小麦品种,为突破现有“绿色革命”品种的产量瓶颈提供了重要遗传资源,具有潜在重大育种利用价值(Song et al., 2023)。该研究不仅为农业可持续发展改良“绿色革命”作物品种提供了新策略,而且揭示了一种有效激活BR信号通路的关键机制(白明义等, 2023)。

2.4 调控铁进入玉米籽粒的关键基因ZmNAC78

在发展中国家的人群中,仍普遍存在铁缺乏症(Makarova et al., 2020)。育种家们一直尝试开发产量高且籽粒铁含量高的玉米品种。汤继华研究组与李文学研究组合作,鉴定到调控铁进入玉米籽粒的关键基因*ZmNAC78*,解析了该基因与金属转运蛋白共同组成1个分子开关,控制铁元素进入玉米籽粒的分子机制。利用该基因可使玉米籽粒中的铁含量显著提高至

70.5 mg·kg⁻¹,超出现有生产用玉米籽粒铁含量的2倍以上。同时,他们还利用开发的分子标记,培育出籽粒富铁的玉米新品系(Yan et al., 2023)。该研究为解决“隐性饥饿”——铁等微量元素缺乏问题提供了新材料,为培育高产与营养协同的作物品种提供了理论和技术支撑。

2.5 高效脱氨酶和碱基编辑系统开发

精准的碱基编辑系统是基因功能研究的重要手段,也是生物育种和疾病治疗的创新型技术。鉴于目前脱氨酶(碱基编辑系统的核心元件之一)来源单一,且其编辑效率低以及脱靶等问题(Levy et al., 2020),寻找适应不同场景的高效脱氨酶变得十分迫切。高彩霞研究组打破传统的通过氨基酸序列挖掘新功能蛋白的观念(Makarova et al., 2020; Sharifi and Ye, 2022),运用AI辅助的大规模蛋白结构预测,建立了基于三级结构的高通量蛋白聚类方法,挖掘到5个全新的胞嘧啶脱氨酶分支,其中包括多个功能未知的单链胞嘧啶脱氨酶(Sdds)和双链胞嘧啶脱氨酶(Ddds),并进一步开发了碱基编辑系统。结果显示,相比现有的碱基编辑工具,基于Ddd1/9的双链编辑系统表现出5'-GC序列编辑效率高,基于Sdd7/3和Sdd6的单链编辑系统则分别展示出很高的编辑活性和精准性。为克服疾病治疗中传统脱氨酶尺寸过大,无法实现单个腺相关病毒包装递送的问题(Levy et al., 2020),他们开发了小尺寸的Sdd6碱基编辑系统,并且高效的编辑效率在哺乳动物中得到验证。此外,基于小尺寸的Sdd7高效碱基编辑系统,也在大豆中验证成功(Huang et al., 2023c)。该研究创造性地利用AI技术和结构聚类方法筛选关键的候选脱氨酶,并开发出适应不同场景的高效碱基编辑系统,为生物育种和疾病治疗开拓了广阔的应用前景。

3 光合作用与光信号转导

3.1 红藻捕光复合物超大复合体的原位结构

光合作用首先需要吸收光能。在植物以及藻类光合系统中,光能被类囊体膜上的光系统II (photosystem II, PSII)和光系统I (photosystem I, PSI)的天线系统捕获,并传输至反应中心,驱动光合作用电子传递

(Nelson and Yocum, 2006)。红藻捕光天线系统包含藻胆体(phycobilisomes, PBS)和跨膜捕光复合物(light-harvesting complexes, LHC), 其互作方式和能量传递途径一直是科学家们致力解决的问题。隋森芳研究组与国内多家单位合作, 利用冷冻电子断层扫描技术(cryoelectron tomography)与原位单颗粒技术(*in situ* single particle analysis, isSPA), 解析了红藻细胞天然状态下PBS-PSII-PSI-LHC超大复合物的原位结构, 并提供了PBS、PSII和PSI之间互作的详细信息。PBS-PSII-PSI-LHC复合体的原位结构显示, 红藻PBS仅与PSII直接互作, 因此捕获的光能先传递给PSII, 通过PSII向PSI传递, 这与能量溢出模型一致。另外, PSII和PSI中存在特殊排列的叶绿素簇, 它们紧密排列促使共轭环上的 π 电子发生激发态耦合效应, 使能级降低, 以保证能量高效传递(You et al., 2023)。该研究揭示了红藻细胞PBS-PSII-PSI-LHC超大复合物的组装和能量传递机制, 为促进光保护机制等研究奠定了基础, 也为开发人工光合元件提供了理论依据, 是光合研究领域的一项里程碑事件。

3.2 叶绿体TOC-TIC超级复合物结构

叶绿体是植物和藻类中进行光合作用的细胞器。叶绿体蛋白有一部分是自身编码, 另一部分由核基因编码, 在细胞质中翻译成前体蛋白, 并通过叶绿体膜上的蛋白转运复合体转运至叶绿体中。位于叶绿体外膜上的蛋白转运体称为TOC (Translocon on the Outer Chloroplast membrane), 位于叶绿体内膜上的转运体称为TIC (Translocon on the Inner Chloroplast membrane) (Rochaix, 2022)。柳振峰研究组以莱茵衣藻为材料, 通过低温电镜发现TOC-TIC超级复合物中有13个不同的蛋白亚基, 这些亚基构成了外膜TOC、膜空间及内膜TIC复合物。膜蛋白Tic24像桥梁一样横跨内膜、膜空间和外膜, 将其它亚基连接起来。研究人员对复合物的孔道特征也进行了细致分析, 并通过分子动力学模拟, 对转运肽与TIC复合物的互作进行了预测。该研究揭示了TOC-TIC超级复合物的分子成分和三维结构, 并提出前体蛋白可通过TOC-TIC超复合体中的多个不同转运途径进行分选和进入叶绿体内部的不同微区, 为叶绿体蛋白转运途径提供了新见解(Liu et al., 2023)。需要指出的是, 闫润研究组也解析了莱茵衣藻的TOC-TIC超级复合物结构(Jin

et al., 2022)。上述研究表明, 我国在该领域的研究处于国际领先地位。

3.3 叶绿素c的合成机制及功能

叶绿素是光合作用中光能捕获与化学能转化的重要分子。陆生植物主要依赖叶绿素a和叶绿素b来捕获光能, 海洋真核藻类(如硅藻)则多依赖叶绿素a和叶绿素c的组合; 后者对蓝绿光具有极强的捕获能力(Wang et al., 2019)。叶绿素c于19世纪中叶被发现(Stokes, 1864), 但其合成酶和合成机制长期未得到揭示。李小波研究组通过反向遗传学实验, 在模式硅藻——三角褐指藻中鉴定出1个完全缺失叶绿素c的突变体。被敲除的基因命名为CHLC。基于体外酶活实验, 研究者证实了CHLC蛋白是1个依赖 α -酮戊二酸的双加氧酶, 能将叶绿素c与叶绿素a的共同前体原叶绿素酸酯转化为叶绿素c。通过测量chlc突变体的生长速率及77K叶绿素荧光激发光谱, 他们发现叶绿素c对于弱光条件下的植物生长和蓝光波段能量的利用至关重要(Jiang et al., 2023)。该研究为在农作物等物种中异源合成叶绿素c以提高其对蓝绿光能量的利用效率奠定了理论基础。

3.4 光钙环路调控光敏色素入核新机制

植物幼苗出土前处于黑暗环境, 在此环境下红光受体phyB以非活化形式Pr在细胞质中大量积累; 出土见光后, phyB转变为活化形式Pfr并快速入核行使功能。从细胞质进入细胞核是phyB信号通路的关键限速步骤, 不能入核的phyB由于质核空间隔离, 完全无生理功能(Huq et al., 2003)。然而, 光信号如何引起phyB入核是长期悬而未决的关键科学问题。钟上威研究组通过优化植物钙浓度活体成像, 成功捕捉到黄化苗见红光后, 出现一个由phyB特异介导激活的胞质钙离子浓度快速上升信号。进一步通过蛋白互作, 他们筛选鉴定到phyB信号转导通路的钙感受器, 并揭示出红光引起的胞质钙浓度升高激活了2个钙依赖性蛋白激酶CPK6/12, 通过钙激活的CPK6/12特异识别光激活的phyB, 在Ser80和Ser106两个位点进行磷酸化修饰, 引起phyB从细胞质进入细胞核, 调控核内光响应基因的表达, 促进幼苗出土后的光形态建成(Zhao et al., 2023a)。该研究揭示了phyB入核调控机制, 提出“环境信号受体-钙信号-环境信号受体”

调控环路,为深入认识钙信号特异性解码提供了新见解。

4 表观遗传调控

4.1 核定位 α -酮戊二酸脱氢酶复合体调控组蛋白去甲基化及基因表达的分子机制

动、植物等真核生物中,染色质组蛋白的甲基化修饰在调控染色质结构和基因转录表达等过程中具有重要作用。含Jumonji C结构域的组蛋白去甲基化酶家族(Jumonji C-containing histone demethylases, JMJs)是真核生物中主要的去甲基化酶。JMJs利用氧分子和 α -酮戊二酸(α -ketoglutarate)等辅助底物,通过氧化反应去除组蛋白赖氨酸残基上的甲基化修饰(Black et al., 2012; Kooistra and Helin, 2012)。何跃辉研究组以拟南芥为研究材料,发现植物体内原本定位于线粒体三羧酸循环的限速酶—— α -酮戊二酸脱氢酶复合体,响应光信号进入细胞核,并与核内的多种JMJs去甲基化酶互作。 α -酮戊二酸脱氢酶通过竞争性代谢细胞核内的 α -酮戊二酸,抑制与其互作的JMJs的组蛋白去甲基化活性,进而调控组蛋白的甲基化水平及植物环境响应基因的表达(Huang et al., 2023a)。该研究揭示了一种全新的基因表达调控机制,即基础代谢过程中的代谢酶入核调控组蛋白去甲基化,进而调控基因的表达,深化了我们对真核生物基因表达调控的理解。

5 逆境生物学

5.1 生物胁迫

5.1.1 植物抗虫-发育平衡的精细调控途径

虫害是威胁粮食安全的重要因素之一,每年造成约18%的粮食产量损失(Oerke, 2006)。宿主植物通过监控害虫取食过程中唾液分泌的效应蛋白诱发植物的防御反应(Kaloshian and Walling, 2016)。例如, NLR蛋白通过识别效应因子(effector)触发寄主植物的抗性反应(HRP) (Cui et al., 2015)。何光存研究组近期鉴定到水稻褐飞虱唾液中的效应因子BISP,发现其通过与水稻受体激酶RLCK185互作抑制植物的基础免疫反应,而水稻细胞进化出NLR蛋白BPH14,并进一步通过与BISP结合激活HRP途径,触发植物效应

物特异性免疫过程;且通过进一步实验,他们验证了褐飞虱在停止取食后, BISP与BPH14复合体选择性结合自噬受体OsNBR1, 将BISP进一步转运至OsATG8降解,实现了害虫停止侵害后HRP的快速关闭(Guo et al., 2023)。该研究阐明了BISP-BPH14-OSNBR1三蛋白互作调控网络,解析了植物抗虫-发育平衡的精细调控机制,为植物抗虫育种提供了新思路(刘裕强和万建民, 2023)。

5.1.2 植物气传性抗虫分子机制

植物在受到环境刺激后会释放出挥发性化合物(volatile organic compounds, VOCs) (Pickett and Khan, 2016),作为一种免疫信号诱发其它植物发生气传性免疫反应(airborne defense, AD) (Karban, 2021; Loreto and D'Auria, 2022)。然而,目前VOC介导的AD反应途径尚未被揭示,并且除乙烯受体外,植物VOC反应的其它受体也未被鉴定。刘玉乐研究组以蚜虫-烟草互作体系,利用质谱技术成功鉴定到新的VOC MeSA,进一步结合IPMS和比较转录组分析结果,发现植株被蚜虫取食后,通过释放MeSA促进临近植物的MeSA-SABP2途径激活,导致临近植物中超量合成水杨酸,激活下游转录因子NAC2,上调水杨酸羧甲基转移酶1 (SAMT1)基因的表达,从而释放出更多的MeSA,增强临近植物的抗虫能力。此外,他们还发现蚜虫与蚜传病毒间存在协作关系,蚜传病毒通过促进NAC2转录因子降解抑制NAC2-SAMT1抗病通路,阻断植物间的预警通讯,促进蚜虫对临近植物的进一步侵害(Gong et al., 2023)。该研究揭示了植物MeSA介导的AD途径以及蚜虫-病毒互惠侵染方式,为防治病虫害提供了突破点和研究方向(袁民航和辛秀芳, 2023)。

5.1.3 “卫青”构筑抵御十字花科根肿病长城

植物根部是与病原微生物互作的直接部位,许多根部病害(如根肿病)造成十字花科作物减产严重(Strehlow et al., 2015; Neik et al., 2017)。陈宇航研究组、周俭民研究组与国内多家单位合作,利用传统遗传学手段克隆到根肿病抗病基因卫青(WTS),该基因特异性在拟南芥根中柱鞘表达,阻止病原菌由表皮层进一步入侵植物根部细胞。WTS编码1个定位于内质网的小分子蛋白。通过冷冻电镜(cryo-EM)技术观察,他们

发现该蛋白可形成五聚体结构的复合体, 作为钙离子及其它阳离子转运通道, 发挥传递胞内免疫信号的作用, 进一步触发植物的抗病反应(Wang et al., 2023b)。该研究克隆了十字花科根肿病抗病基因 *WTS*, 并鉴定出植物细胞新的钙离子释放通道, 丰富了植物的抗病网络。此外, *WTS* 在根部特异细胞层的表达和作用方式, 对其它土传病害抗性机制研究也具有重要的借鉴意义(王钢和王二涛, 2023)。

5.1.4 基因编辑实现水稻“产-抗”平衡

基因编辑技术是作物精准育种的高效工具, 推动植物育种进入新时代(Li et al., 2022)。水稻稻瘟病是水稻生产最常见的病害, 每年都会造成巨大的产量损失(Sakulkoo et al., 2018), 因此培育广谱且持久的抗稻瘟病水稻品种迫在眉睫。李国田研究组与国外单位合作, 通过筛选水稻叶片类病斑突变体(LMM), 成功克隆了编码胞嘧啶二磷酸二酰基甘油合酶的广谱抗病基因 *RBL1*, 该基因突变造成磷脂酰肌醇及其衍生物磷脂酰肌醇4,5-双磷酸盐水平下降, 后者作为感病因子促进病原菌的侵染。此外, 为解决LMM突变体的产量下降表型, 他们通过基因编辑技术获得 *RBL* 等位突变体 *RBL1^{Δ12}*, 该突变体在广谱抗病性和产量方面均表现优异(Sha et al., 2023)。该研究不仅揭示了新的广谱抗病机制, 而且创制了一种广谱抗病且不影响产量的水稻材料。

5.2 非生物胁迫

5.2.1 玉米抗旱性与产量平衡的调控机制

近百年来, 玉米产量大幅提高, 但相伴而生的是抗旱性显著降低, 表明产量性状和抗逆性状相互拮抗, 且控制二者的遗传位点在基因组上紧密连锁。打破这种连锁, 使产量与抗性达到最佳平衡的关键是找到控制产量性状的干旱胁迫应答负调控位点并揭示其遗传与分子机制。基于此, 代明球研究组与国内单位合作, 对数百份玉米自然群体的sRNA表达组和基因转录组数据进行分析, 克隆了8号染色体上调控sRNA表达的热点eQTL *DRESH8*, 其为1个转座子组成的反向重复序列(TE-IR)。缺失 *DRESH8* 的转基因玉米比野生型对照更抗旱, 且其产生的sRNA比野生型显著减少。进一步研究发现, *DRESH8* 能介导耐旱性和产量

性状之间的选择平衡。降雨充沛的环境中, 农民可能选择种植含有 *DRESH8* 的玉米以提高产量; 干旱环境下, 农民选择种植缺失 *DRESH8* 的玉米, 这样可去除 *DRESH8* 产生的sRNA对抗旱基因的抑制作用, 提高玉米的抗旱性。此外, 全基因组范围内的TE通过形成IR序列控制约42%的干旱应答sRNA的表达, 另有数10个IR热点eQTL产生的sRNA所调控的潜在靶基因富集到与产量和抗逆性相关的基因集中, 表明TE-IR可能在调节玉米环境适应性与产量性状平衡上具有普遍作用(Sun et al., 2023)。这一研究成果不仅揭示了玉米产量和抗性平衡的遗传与分子机制, 也有望为玉米高抗高产精准分子设计育种奠定理论基础(王雷和种康, 2023)。

5.2.2 *AT1*调控作物耐盐碱机制解析及应用

盐碱地的综合开发利用对我国粮食安全具有重要意义。据统计, 我国约有 $3.3 \times 10^7 \text{ hm}^2$ 中低度盐碱地具有开发利用潜能。盐渍化土地分为中性pH的盐地和高pH的苏打盐碱地(约占60%)。目前, 人们对植物耐盐性有比较深入的认识, 但对植物耐碱性认识不足, 严重阻碍了耐盐碱作物的培育。谢旗研究组与国内多家单位合作, 利用起源于非洲萨赫勒高盐碱地的高粱自然群体材料, 定位克隆到1个与耐碱性显著相关的主效基因 *AT1* (*Alkaline Tolerance 1*), 揭示了在碱胁迫下, *AT1* 调控水通道蛋白磷酸化水平, 促进植物细胞中 H_2O_2 外排, 从而赋予植物高耐盐碱性的机制(Sun et al., 2023)。进一步在盐碱地进行大田实验, 他们发现基于耐盐碱等位基因 *AT1* 改良的作物耐盐碱能力显著提高, 其中水稻、高粱和谷子等粮食作物均有效增产20%–30%, 表明该基因在耐盐碱作物改良以及分子设计育种中具有很大的应用价值(Zhang et al., 2023), 为我国乃至世界盐碱地综合利用和粮食安全保障提供了新的基因资源和新思路。

6 激素生物学

6.1 质外体定位的生长素结合蛋白ABL1和ABL2

生长素已发现近百年, 但对于植物细胞膜上是否存在能结合与感知胞外生长素分子并启动生长素生理响应的胞外生长素受体, 长期以来备受关注。徐通达研

究组和杨贞标研究组合作发现新的生长素结合蛋白 ABL1 (ABP1-like protein 1) 和 ABL2。其与生长素结合蛋白 ABP1 (auxin binding protein 1) 同属 GLPs (germin-like proteins) (Bernier and Berna, 2001) 家族, 但氨基酸序列相似度低(约26%)。ABL1、ABL2 和 ABP1 均能与 TMKs (transmembrane kinases) 形成共受体 (ABP1/ABLs-TMKs co-receptor), 相互之间存在一定的功能冗余, 但 ABL1 可独立于 ABP1 与 ABL2 互作。与 *abp1* 敲除突变体无明显的生长发育表型不同, *abl1/2* 具有严重的生长发育缺陷表型。ABL1 和 ABL2 定位于质外体, 可与跨膜激酶 TMKs (Lin et al., 2021) 的胞外结构域结合形成胞外生长素共受体, 感知细胞外生长素信号并将其传递到细胞内, 被激活的 TMKs 通过磷酸化方式启动下胚轴伸长、叶片发育、根的向重力性和育性等一系列下游过程, 进而调控植株的形态建成, 该研究为深入解析生长素作用机制提供了新的依据 (Yu et al., 2023; 孔祥培等, 2023)。

7 生殖生物学

7.1 被子植物受精机制研究的新发现

被子植物受精调控机制一直是植物有性生殖领域的研究热点。被子植物花粉管携带2个精细胞进入1个助细胞, 助细胞凋亡和花粉管爆破实现2个精细胞的释放, 进而启动双受精过程。助细胞分泌花粉管吸引信号, 在植物受精中发挥重要作用。李红菊研究组发现, 拟南芥胚囊中有一个不依赖于协同作用的吸引系统, 该系统负责受精恢复。其中2种肽引诱剂——SAL1 (SALVAGER1) 和 SAL2, 当双受精失败和协同介导的吸引终止时, 由中央细胞分泌以吸引花粉管, 该系统缺失会显著降低胚囊的受精恢复能力 (Meng et al., 2023)。该研究揭示了一条全新的不依赖于助细胞的受精恢复途径 (彭雄波和孙蒙祥, 2023)。

7.2 植物远缘杂交过程中“花粉蒙导效应”的分子机制

花粉-雌蕊互作在植物中建立种间(或属间)合子前杂交屏障。在柱头处拒绝不需要的花粉对避免异交至关重要, 但可通过蒙导花粉(mentor pollen)的支持来克服。瞿礼嘉研究组与钟声研究组合作, 发现受体样激酶 FERONIA/CURVY1/ANJEA/HERCULES 和细胞

壁蛋白 LRX3/4/5 与自分泌的柱头化 RALF1/22/23/33 肽配体 (sRALFs) 在乳头细胞 (papilla cell) 表面相互作用, 以构建成“锁”, 阻止不需要的花粉管穿入柱头。自己的花粉以及近缘植物种的花粉携带的小肽 RALF10/11/12/13/25/26/30 (pRALFs) 作为“钥匙”, 与 sRALFs 竞争并使花粉管穿透柱头。他们用合成的 pRALFs 处理拟南芥柱头, 打开这一“锁”, 促进了远亲芸苔科物种的花粉管穿入柱头, 并导致种间(或属间)杂交胚胎形成 (Lan et al., 2023)。该研究发现了一个控制芸苔科种间(或属间)杂交宽度的“锁与钥匙”系统。操纵这一系统有望促进作物的广泛杂交。

7.3 柱头受体调控十字花科种内和种间生殖隔离

大白菜等十字花科植物的远缘杂交生殖隔离与种内自交不亲和相似, 不亲和花粉均不能在柱头上萌发和生长。远缘杂交生殖隔离还表现出“单向不亲和”特点, 即远缘花粉受到自交不亲和植物雌蕊的抑制, 却可在自交亲和植物雌蕊中生长。自交不亲和反应是柱头乳突细胞通过 SRK (S-locus receptor kinase) 受体识别自花花粉携带的 SCR (S-locus cysteine rich protein) 信号, 进而抑制自花花粉。段巧红研究组前期研究发现, 大白菜种内自花花粉激活柱头, 产生活性氧来抑制自花花粉。该研究组与国外单位合作, 进一步研究发现甘蓝和欧洲山芥等远缘花粉也能被柱头 SRK 受体识别, 激活下游 FERONIA 受体激酶信号通路, 升高柱头活性氧进而抑制远缘花粉。自交亲和植物的柱头缺乏有功能的 SRK 受体, 远缘花粉可进入柱头, 但种内花粉携带的 PCP-Bs (Pollen coat proteins B-class) 小肽与 FERONIA 受体激酶结合, 可有效解除柱头活性氧对花粉的抑制作用, 在与其它物种花粉的竞争中“胜出”, 表现出“同种花粉优先”现象, 从而维持生殖隔离 (Huang et al., 2023b)。该研究系统解析了远缘杂交生殖隔离的调控机理, 并提出打破自交不亲和及打破远缘杂交生殖隔离的育种技术, 为种质创新和新品种培育奠定了坚实基础。

8 植物系统进化

8.1 葡萄的起源和传播历史

葡萄 (*Vitis vinifera*) 作为水果和酿酒原料, 是栽培最为广泛的经济作物之一。葡萄的起源时间及地点备受

科学家关注,同时也是争议的焦点。Jaillon等(2007)对葡萄基因组进行了研究。15年后,陈玮研究组与国内多家单位合作发起葡萄全球遗传资源分析计划(Grape 4K Genome Project),解析了全球4 000多份栽培和野生葡萄遗传资源的基因组信息。研究发现约在1.1万年前,一支野生葡萄(*V. sylvestris*)在西亚被驯化,演化成现代的鲜食葡萄;几乎与此同时,另一支野生葡萄在高加索地区被驯化,演化成现代的酿酒葡萄。这一时间与人类农业文明出现的时间吻合。西亚的鲜食葡萄在向欧洲扩散过程中,又与一支野生葡萄杂交,逐渐演化成现代欧洲的酿酒葡萄(Dong et al., 2023)。该研究不仅解决了争议多年的葡萄起源和扩散路径问题,还鉴定了一些与葡萄品质和酿酒特性相关的基因,为葡萄精准育种提供了重要科学依据。

8.2 柑橘属的起源和柑橘类水果酸度变化的遗传基础

柑橘属(*Citrus*)隶属芸香科(Rutaceae)的柑橘亚科(Aurantioideae)。该属的许多物种是广为栽培的水果植物,如甜橙、柠檬、酸橙、柑橘以及香橙。这些物种多为杂交起源,遗传背景极其复杂,基因组分析是解析这些物种身世的强有力工具(Wang et al., 2018; Wu et al., 2018)。目前,柑橘属的起源仍存在争议,柑橘类水果风味改变的遗传基础也有待进一步探究。徐强研究组对柑橘亚科300多份材料的基因组数据进行了分析,构建了该亚科的泛基因组。研究结果表明,古印度板块是柑橘属的起源区,中国中南部是柑橘属的主要起源中心。对果味代谢组进行分析,发现柑橘属物种富含柠檬酸,柑橘属的近缘属中则几乎检测不到该物质。进一步研究发现,1个转录因子基因*PH4*的启动子区域变异可能是这些物种柠檬酸含量变化的原因(Huang et al., 2023d)。该研究揭示了柑橘亚科物种的起源和演化,鉴定了调控柑橘类果实柠檬酸积累的关键基因,为果实酸味风味研究和改良奠定了重要分子基础。

8.3 现代玉米起源于小颖大刍草和墨西哥高原大刍草

玉米是世界上重要的农作物,但其起源近一个世纪以来颇受争论。至今,普遍认为大约在9 000年前玉米由

墨西哥西南部低海拔的巴尔萨斯河流域的小颖大刍草驯化而来。然而,愈发丰富的考古证据和生长在墨西哥中部高海拔地区的玉米农家种均无法用单一起源模型解释,该简单模型的合理性受到挑战。严建兵研究组与国外单位合作提出一个全新的玉米起源模型,发现两份完全不同的大刍草——小颖大刍草亚种(*Zea mays* ssp. *parviglumis*)和墨西哥高原大刍草亚种(*Z. mays* ssp. *mexicana*)为现代玉米的祖先,初始驯化玉米最初于9 000年前由小颖大刍草亚种驯化而来,在人类的影响下于南美洲经历了第1波地理扩散,随后于6 000年前,初始驯化玉米在墨西哥中部高原地区与墨西哥高原大刍草亚种发生基因渗透,而这些杂交种与小颖大刍草亚种又发生1次杂交后,成为现代玉米的祖先。同时发现无论是在个体位点还是在决定农艺性状的加性遗传变异水平上,基因渗透均是玉米多样性的关键组分(Hufford et al., 2013),也是作物进化的主要源泉(Janzen et al., 2019)。通过对具有丰富表型数据的现代玉米关联群体基因组进行深入分析,鉴定到11个可能受到人类正向选择而在现代玉米中已经固定的墨西哥高原大刍草亚种基因片段。其中包括1个光周期基因*ZmPRR37a*,通过基因编辑验证发现其可促进玉米在长日照条件下开花,该基因渗透可能帮助玉米在地理扩散过程中适应高纬度地区。同时,他们以基因渗透剂量为新型标记,发现墨西哥高原大刍草亚种基因渗透对玉米农艺、品质及抗性性状的遗传变异均有贡献,尤其是对抗病性等适应性性状贡献近50%的加性遗传变异;并且通过全基因组分析鉴定到25个受墨西哥高原大刍草亚种渗透影响的关键位点。上述结果表明,墨西哥高原大刍草亚种基因渗透对玉米多样性的形成具有重要贡献(Yang et al., 2023)。该研究不仅为理解人为机制对作物驯化起源的影响提供了范例,也为利用野生资源进行作物遗传改良奠定了理论基础(于熙婷和黄学辉, 2023)。

8.4 泛基因组助力谷子快速高效育种

谷子(*Setaria italica*)俗称小米,是世界上最古老的驯化作物之一,也是中华农耕文明形成的主体作物。随着近年来对气候环境变化、农业可持续性和粮食安全的深入思考,谷子耐旱、耐瘠薄和C₄高光效等显著特征,再次引起科学工作者的高度关注(Bennetzen et al., 2012; Zhang et al., 2012)。虽然我国保存有全世

界最多的谷子资源,但缺乏系统深入的研究,限制了其遗传育种水平的提升。刁现民研究组与国外单位合作,选择110份具有代表性的微核心种质,重新组装注释了110个高质量基因组,并结合已发表的3个高质量基因组,构建了狗尾草属(*Setaria*)目前最为完整的泛基因组图谱。分析发现,狗尾草(*S. viridis*)驯化成春、夏谷亚群之前,形成了1个更为古老的亚群,该亚群具有更广的地理分布和更强的环境适应性(He et al., 2023)。该研究从遗传学水平证实了谷子单起源的理论,为中国起源中心提供了理论依据。研究人员还建立了最优预测模型和谷子育种的全基因组选择育种方法,据此可精准预测复杂表型,对未来谷子分子育种选择具有重要的指导意义。

8.5 使用“演化透镜”技术绘制马铃薯有害突变二维图谱

马铃薯是最重要的块茎类粮食作物,具有产量高、用水少和可种植地域广等优点,也是中国的主粮作物之一。栽培马铃薯是同源四倍体,自交不亲和且基因组复杂,杂交育种非常困难。黄三文研究组在解析马铃薯及其近缘物种基因组、揭示其演化规律等方面开展了大量研究(The Potato Genome Sequencing Consortium, 2011; Tang et al., 2022)。尽管如此,马铃薯基因组中还有大量杂合有害突变,这些突变仅通过马铃薯基因组信息难以确定。因此,他们另辟蹊径,从演化角度入手,到茄科其它近缘物种基因组中寻找答案。他们完成了100份茄科材料的基因组组装和基因组系统发生分析,通过追踪这些谱系在其演化历史的突变积累及选择结果,从全基因组层面鉴定演化约束位点及其演化保守值。保守值越高的位点越可能具有重要功能,突变后更可能降低马铃薯的繁殖力、生活力及产量,即形成有害突变。随后,他们绘制了包含基因型维度及有害程度维度的马铃薯有害突变二维图谱,为鉴定马铃薯功能位点及剔除有害突变,精准、高效育种提供了新依据(Wu et al., 2023b)。

8.6 藻苔适应青藏高原极端环境的演化机制

藻苔属(*Takakia*)是现存最原始的藓类植物,因拥有藻类特征对人们理解早期陆地植物的演化历史具有极其重要的意义。该属包含藻苔(*T. lepidozoides*)和角叶藻苔(*T. ceratophylla*)两个种,且这两个种仅在

青藏高原共存,故青藏高原被认为是藻苔属的现代分布中心(Schuster, 1997)。何奕昆研究组与国外单位合作完成了藻苔的全基因组重测序,通过基因组和生理生化分析揭示了藻苔具有极高数量的正选择快速进化基因和独特的应对非生物胁迫的遗传和生理机制,并结合化石证据提出1.65亿年前藻苔出现特殊的形态结构,但是参与应激保护的基因扩张主要发生在5 000万年前至今的喜马拉雅山脉抬升期间。此外,该研究组从2005年起在西藏嘎瓦龙地区建立了68个藻苔居群样方,对植株生长和居群动态进行了长期监测,发现这些居群每年有长达8个月的时间被雪覆盖,而全球变暖使得监测点气温逐年上升,导致藻苔居群的覆盖度以每年1.6%的速度减小(Hu et al., 2023)。该研究综合探讨了藻苔属植物应对高原环境的适应性演化特征,揭示了全球气候变化下面临的物种灭绝风险。

9 植物生态与环境生物学

9.1 大气水汽压差增加导致全球陆地生态系统水分利用效率饱和

近几十年来,CO₂施肥效应显著增强了全球陆地生态系统的碳汇潜力。然而,气候持续变暖、空气干燥度增加,可能成为陆地生态系统增汇潜力的主要限制因子,进而对未来全球碳中和与碳达峰产生不利影响。生态系统水分利用效率(WUE_{Eco})是衡量生态系统固碳潜力与活性的重要指标。大量研究表明,随着大气CO₂浓度的上升,叶片内部CO₂分子会处于过饱和状态,使叶片气孔导度降低,从而减少水分消耗,增强生态系统的水分利用效率(Keenan et al., 2013; Guerrieri et al., 2019)。然而,目前对全球陆地生态系统WUE的准确估算及其影响因素仍不明确(López-Calcano et al., 2020)。李飞研究组与国外单位合作,利用多种机器学习模型对全球WUE进行了估算,并综合分析了CO₂施肥、气候变化和生态系统化学计量变化对植物光合速率与水分消耗的影响。研究发现,自2001年开始,全球陆地生态系统WUE增长出现明显停滞,大气水汽压差的增加是导致WUE增长停滞的主要原因(Li et al., 2023)。该研究对CO₂施肥效应导致植物叶片气孔导度降低,从而减少水分消耗的观点提出了质疑,为正确认识陆地碳库与碳中和提供了

新视角, 对指导我国乃至全球生态系统安全建设具有重要意义。

致谢 本刊编辑部在资料收集、统计分析和文字编辑中有重要贡献, 特此致谢!

陈 凡 (中国科学院遗传与发育生物学研究所)

顾红雅 (北京大学)

漆小泉 (中国科学院植物研究所)

林荣呈 (中国科学院植物研究所)

钱 前 (中国农业科学院作物科学研究所)

萧浪涛 (湖南农业大学)

杨淑华 (中国农业大学)

左建儒 (中国科学院遗传与发育生物学研究所)

白永飞 (中国科学院植物研究所)

陈之端 (中国科学院植物研究所)

丁兆军 (山东大学)

王小菁 (华南师范大学)

姜里文 (香港中文大学)

种 康 (中国科学院植物研究所)

王 雷 (中国科学院植物研究所)

参考文献

- Baack E, Melo MC, Rieseberg LH, Ortiz-Barrientos D (2015). The origins of reproductive isolation in plants. *New Phytol* **207**, 968–984.
- Bai MY, Peng JR, Fu XD (2023). Coordinated regulation of gibberellin and brassinosteroid signalings drives toward a sustainable “green revolution” by breeding the new generation of high-yield wheat. *Chin Bull Bot* **58**, 194–198. (in Chinese)
- 白明义, 彭金荣, 傅向东 (2023). 赤霉素和油菜素内酯信号通路双重调控助力小麦新一轮“绿色革命”. *植物学报* **58**, 194–198.
- Bennetzen JL, Schmutz J, Wang H, Percifield R, Hawkins J, Pontaroli AC, Estep M, Feng L, Vaughn JN, Grimwood J, Jenkins J, Barry K, Lindquist E, Hellsten U, Deshpande S, Wang XW, Wu XM, Mitros T, Triplett J, Yang XH, Ye CY, Mauro-Herrera M, Wang L, Li PH, Sharma M, Sharma R, Ronald PC, Panaud O, Kellogg EA, Brutnell TP, Doust AN, Tuskan GA, Rokhsar D, Devos KM (2012). Reference genome sequence of the model plant setaria. *Nat Biotechnol* **30**, 555–561.
- Bernier F, Berna A (2001). Germins and germin-like proteins: plant do-all proteins. But what do they do exactly? *Plant Physiol Biochem* **39**, 545–554.
- Black JC, Van Rechem C, Whetstone JR (2012). Histone lysine methylation dynamics: establishment, regulation, and biological impact. *Mol Cell* **48**, 491–507.
- Chen JY, Yu RB, Li N, Deng ZG, Zhang XX, Zhao YR, Qu CF, Yuan YF, Pan ZX, Zhou YY, Li KL, Wang JJ, Chen ZR, Wang XY, Wang XL, He SN, Dong J, Deng XW, Chen HD (2023). Amyloplast sedimentation repolarizes LAZYs to achieve gravity sensing in plants. *Cell* **186**, 4788–4802.
- Cui HT, Tsuda K, Parker JE (2015). Effector-triggered immunity: from pathogen perception to robust defense. *Annu Rev Plant Biol* **66**, 487–511.
- Darwin F (1903). The statolith theory of geotropism. *Nature* **67**, 571–572.
- Dong Y, Duan SC, Xia QJ, Liang ZC, Dong X, Margaryan K, Musayev M, Goryslavets S, Zdunić G, Bert PF, Lacombe T, Maul E, Nick P, Bitskinashvili K, Bisztray GD, Drori E, De Lorenzis G, Cunha J, Popescu CF, Arroyo-Garcia R, Arnold C, Ergül A, Zhu YF, Ma C, Wang SF, Liu SQ, Tang L, Wang CP, Li DW, Pan YB, Li JX, Yang L, Li XZ, Xiang GS, Yang ZJ, Chen BZ, Dai ZW, Wang Y, Arakelyan A, Kuliyeve V, Spotar G, Girollet N, Delrot S, Ollat N, This P, Marchal C, Sarah G, Laucou V, Bacilieri R, Röckel F, Guan PY, Jung A, Riemann M, Ujmajuridze L, Zakalashvili T, Maghradze D, Höhn M, Jahnke G, Kiss E, Deák T, Rahimi O, Hübner S, Grassi F, Mercati F, Sunseri F, Eiras-Dias J, Dumitru AM, Carrasco D, Rodriguez-Izquierdo A, Muñoz G, Uysal T, Özer C, Kazan K, Xu ML, Wang YY, Zhu SS, Lu J, Zhao MX, Wang L, Jiu ST, Zhang Y, Sun L, Yang HM, Weiss E, Wang SP, Zhu YY, Li SH, Sheng J, Chen W (2023). Dual domestications and origin of traits in grapevine evolution. *Science* **379**, 892–901.
- Fishman L, Sweigart AL (2018). When two rights make a wrong: the evolutionary genetics of plant hybrid incompatibilities. *Annu Rev Plant Biol* **69**, 707–731.
- Gong Q, Wang YJ, He LF, Huang F, Zhang DF, Wang Y, Wei X, Han M, Deng HT, Luo L, Cui F, Hong YG, Liu YC (2023). Molecular basis of methyl-salicylate-me-

- diated plant airborne defence. *Nature* **622**, 139–148.
- Guerrieri R, Belmecheri S, Ollinger SV, Asbjornsen H, Jennings K, Xiao JF, Stocker BD, Martin M, Hollinger DY, Bracho-Garrillo R, Clark K, Dore S, Kolb T, Munger JW, Novick K, Richardson AD (2019). Disentangling the role of photosynthesis and stomatal conductance on rising forest water-use efficiency. *Proc Natl Acad Sci USA* **116**, 16909–16914.
- Guo JP, Wang HY, Guan W, Guo Q, Wang J, Yang J, Peng YX, Shan JH, Gao MY, Shi SJ, Shangguan XX, Liu BF, Jing SL, Zhang J, Xu CX, Huang J, Rao WW, Zheng XH, Wu D, Zhou C, Du B, Chen RZ, Zhu LL, Zhu YX, Walling LL, Zhang QF, He GC (2023). A tripartite rheostat controls self-regulated host plant resistance to insects. *Nature* **618**, 799–807.
- Haberlandt G (1900). Ueber die perception des geotropischen reizes. *Ber Deut Bot Ges* **18**, 261–272.
- He Q, Tang S, Zhi H, Chen J, Zhang J, Liang H, Alam O, Li H, Zhang H, Xing L, Li X, Zhang W, Wang H, Shi J, Du H, Wu H, Wang L, Yang P, Xing L, Yan H, Song Z, Liu J, Wang H, Tian X, Qiao Z, Feng G, Guo R, Zhu W, Ren Y, Hao H, Li M, Zhang A, Guo E, Yan F, Li Q, Liu Y, Tian B, Zhao X, Jia R, Feng B, Zhang J, Wei J, Lai J, Jia G, Purugganan M, Diao XM (2023). A graph-based genome and pan-genome variation of the model plant setaria. *Nat Genet* **55**, 1232–1242.
- Hu RY, Li XD, Hu Y, Zhang RJ, Lv Q, Zhang M, Sheng XY, Zhao F, Chen ZJ, Ding YH, Yuan H, Wu XF, Xing S, Yan XY, Bao F, Wan P, Xiao LH, Wang XQ, Xiao W, Decker EL, van Gessel N, Renault H, Wiedemann G, Horst NA, Haas FB, Wilhelmsson PKI, Ullrich KK, Neumann E, Lv B, Liang CZ, Du HL, Lu HW, Gao Q, Cheng ZK, You HL, Xin PY, Chu JF, Huang CH, Liu Y, Dong SS, Zhang LS, Chen F, Deng L, Duan FZ, Zhao WJ, Li K, Li ZF, Li XR, Cui HJ, Zhang YE, Ma C, Zhu RL, Jia Y, Wang MZ, Hasebe M, Fu JZ, Goffinet B, Ma H, Rensing SA, Reski R, He YK (2023). Adaptive evolution of the enigmatic *Takakia* now facing climate change in Tibet. *Cell* **186**, 3558–3576.
- Huang F, Luo X, Ou Y, Gao ZX, Tang QM, Chu ZZ, Zhu XG, He YH (2023a). Control of histone demethylation by nuclear-localized α -ketoglutarate dehydrogenase. *Science* **381**, eadf8822.
- Huang JB, Yang L, Yang L, Wu XY, Cui XS, Zhang LL, Hui JY, Zhao YM, Yang HM, Liu SJ, Xu QL, Pang MX, Guo XP, Cao YY, Chen Y, Ren XR, Lv JZ, Yu JQ, Ding JY, Xu G, Wang N, Wei XC, Lin QH, Yuan YX, Zhang XW, Ma CZ, Dai C, Wang PW, Wang YC, Cheng F, Zeng WQ, Palanivelu R, Wu HM, Zhang XS, Cheung AY, Duan QH (2023b). Stigma receptors control intraspecies and interspecies barriers in Brassicaceae. *Nature* **614**, 303–308.
- Huang JY, Lin QP, Fei HY, He ZX, Xu H, Li YJ, Qu KL, Han P, Gao Q, Li BS, Liu GW, Zhang LX, Hu JC, Zhang R, Zuo EW, Luo YL, Ran YD, Qiu JL, Zhao KT, Gao CX (2023c). Discovery of deaminase functions by structure-based protein clustering. *Cell* **186**, 3182–3195.
- Huang Y, He JX, Xu YT, Zheng WK, Wang SH, Chen P, Zeng B, Yang SZ, Jiang XL, Liu ZS, Wang L, Wang X, Liu SJ, Lu ZH, Liu ZA, Yu HW, Yue JQ, Gao JY, Zhou XY, Long CR, Zeng XL, Guo YJ, Zhang WF, Xie ZZ, Li CL, Ma ZC, Jiao WB, Zhang F, Larkin RM, Krueger RR, Smith MW, Ming R, Deng XX, Xu Q (2023d). Pangenome analysis provides insight into the evolution of the orange subfamily and a key gene for citric acid accumulation in citrus fruits. *Nat Genet* **55**, 1964–1975.
- Hufford MB, Lubinsky P, Pyhäjärvi T, Devengenzo MT, Ellstrand NC, Ross-Ibarra J (2013). The genomic signature of crop-wild introgression in maize. *PLoS Genet* **9**, e1003477.
- Huq E, Al-Sady B, Quail PH (2003). Nuclear translocation of the photoreceptor phytochrome B is necessary for its biological function in seedling photomorphogenesis. *Plant J* **35**, 660–664.
- Jaillon O, Aury JM, Noel B, Policriti A, Clepet C, Casagrande A, Choisne N, Aubourg S, Vitulo N, Jubin C, Vezzi A, Legeai F, Hugueney P, Dasilva C, Horner D, Mica E, Jublot D, Poulain J, Bruyère C, Billault A, Segurens B, Gouyvenoux M, Ugarte E, Cattonaro F, Anthouard V, Vico V, Del Fabbro C, Alaux M, Di Gaspero G, Dumas V, Felice N, Paillard S, Juman I, Moroldo M, Scalabrin S, Canaguier A, Le Clainche I, Malacrida G, Durand E, Pesole G, Laucou V, Chatelet P, Merdinoglu D, Delledonne M, Pezzotti M, Lecharny A, Scarpelli C, Artiguenave F, Pè ME, Valle G, Morgante M, Caboche M, Adam-Blondon AF, Weissenbach J, Quétier F, Wincker P,

- Public FI** (2007). The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature* **449**, 463–467.
- Janzen GM, Wang L, Hufford MB** (2019). The extent of adaptive wild introgression in crops. *New Phytol* **221**, 1279–1288.
- Jiang YY, Cao TJ, Yang YQ, Zhang H, Zhang JY, Li XB** (2023). A chlorophyll synthase widely co-opted by phytoplankton. *Science* **382**, 92–98.
- Jin ZY, Wan L, Zhang YQ, Li XC, Cao Y, Liu HB, Fan SY, Cao D, Wang ZM, Li XB, Pan JM, Dong MQ, Wu JP, Yan Z** (2022). Structure of a TOC-TIC supercomplex spanning two chloroplast envelope membranes. *Cell* **185**, 4788–4800.
- Kaloshian I, Walling LL** (2016). Hemipteran and dipteran pests: effectors and plant host immune regulators. *J Integr Plant Biol* **58**, 350–361.
- Karban R** (2021). Plant communication. *Annu Rev Ecol Evol Syst* **52**, 1–24.
- Keenan TF, Hollinger DY, Bohrer G, Dragoni D, Munger JW, Schmid HP, Richardson AD** (2013). Increase in forest water-use efficiency as atmospheric carbon dioxide concentrations rise. *Nature* **499**, 324–327.
- Kong XP, Zhang MY, Ding ZJ** (2023). There is a way out-new breakthroughs in extracellular auxin sensing. *Chin Bull Bot* **58**, 861–865. (in Chinese)
- 孔祥培, 张蒙悦, 丁兆军 (2023). 柳暗花明: 胞外生长素信号感受的新突破. *植物学报* **58**, 861–865.
- Kooistra SM, Helin K** (2012). Molecular mechanisms and potential functions of histone demethylases. *Nat Rev Mol Cell Biol* **13**, 297–311.
- Kopczewski T, Kuźniak E** (2013). Redox signals as a language of interorganellar communication in plant cells. *Open Life Sci* **8**, 1153–1163.
- Kuroha T, Tokunaga H, Kojima M, Ueda N, Ishida T, Nagawa S, Fukuda H, Sugimoto K, Sakakibara H** (2009). Functional analyses of LONELY GUY cytokinin-activating enzymes reveal the importance of the direct activation pathway in *Arabidopsis*. *Plant Cell* **21**, 3152–3169.
- Kusaba S, Fukumoto M, Honda C, Yamaguchi I, Sakamoto T, Kano-Murakami Y** (1998). Decreased GA₁ content caused by the overexpression of *OSH1* is accompanied by suppression of GA 20-oxidase gene expression. *Plant Physiol* **117**, 1179–1184.
- Lan ZJ, Song ZH, Wang ZJ, Li L, Liu YQ, Zhi SH, Wang RH, Wang JZ, Li QY, Bleckmann A, Zhang L, Dresselhaus T, Dong J, Gu HY, Zhong S, Qu LJ** (2023). Antagonistic RALF peptides control an intergeneric hybridization barrier on Brassicaceae stigmas. *Cell* **186**, 4773–4787.
- Levy JM, Yeh WH, Pendse N, Davis JR, Hennessey E, Butcher R, Koblan LW, Comander J, Liu Q, Liu DR** (2020). Cytosine and adenine base editing of the brain, liver, retina, heart and skeletal muscle of mice via adeno-associated viruses. *Nat Biomed Eng* **4**, 97–110.
- Li F, Xiao JF, Chen JQ, Ballantyne A, Jin K, Li B, Ab-
raha M, John R** (2023). Global water use efficiency saturation due to increased vapor pressure deficit. *Science* **381**, 672–677.
- Li SN, Lin DX, Zhang YW, Deng M, Chen YX, Lv B, Li BS, Lei Y, Wang YP, Zhao L, Liang YT, Liu JX, Chen KL, Liu ZY, Xiao J, Qiu JL, Gao CX** (2022). Genome-edited powdery mildew resistance in wheat without growth penalties. *Nature* **602**, 455–460.
- Liao XL, Su YJ, Klintonäs M, Li Y, Sane S, Wu ZH, Chen QH, Zhang B, Nilsson O, Ding JH** (2023). Age-dependent seasonal growth cessation in *Populus*. *Proc Natl Acad Sci USA* **120**, e2311226120.
- Lin WW, Zhou X, Tang WX, Takahashi K, Pan X, Dai JW, Ren H, Zhu XY, Pan SQ, Zheng HY, Gray WM, Xu TD, Kinoshita T, Yang ZB** (2021). TMK-based cell-surface auxin signaling activates cell-wall acidification. *Nature* **599**, 278–282.
- Liu H, Li AJ, Rochaix JD, Liu ZF** (2023). Architecture of chloroplast TOC-TIC translocon supercomplex. *Nature* **615**, 349–357.
- Liu YQ, Wan JM** (2023). The host controls the protein level of insect effectors to balance immunity and growth. *Chin Bull Bot* **58**, 353–355. (in Chinese)
- 刘裕强, 万建民 (2023). 寄主监控昆虫唾液蛋白平衡植物抗性与生长发育. *植物学报* **58**, 353–355.
- Lopez-Calcano PE, Brown KL, Simkin AJ, Fisk SJ, Violet-Chabrand S, Lawson T, Raines CA** (2020). Stimulating photosynthetic processes increases productivity and water-use efficiency in the field. *Nat Plants* **6**, 1054–1063.
- Loreto F, D'Auria S** (2022). How do plants sense volatiles sent by other plants? *Trends Plant Sci* **27**, 29–38.
- Luo DP, Xu H, Liu ZL, Guo JX, Li HY, Chen LT, Fang**

- C, Zhang QY, Bai M, Yao N, Wu H, Wu H, Ji CH, Zheng HQ, Chen YL, Ye S, Li XY, Zhao XC, Li RQ, Liu YG (2013). A detrimental mitochondrial-nuclear interaction causes cytoplasmic male sterility in rice. *Nat Genet* **45**, 573–577.
- Makarova KS, Wolf YI, Iranzo J, Shmakov SA, Alkhnbashi OS, Brouns SJJ, Charpentier E, Cheng D, Haft DH, Horvath P, Moineau S, Mojica FJM, Scott D, Shah SA, Siksnyš V, Terns MP, Venclovas Č, White MF, Yakunin AF, Yan W, Zhang F, Garrett RA, Backofen R, van der Oost J, Barrangou R, Koonin EV (2020). Evolutionary classification of CRISPR-Cas systems: a burst of class 2 and derived variants. *Nat Rev Microbiol* **18**, 67–83.
- Meng JG, Xu YJ, Wang WQ, Yang F, Chen SY, Jia PF, Yang WC, Li HJ (2023). Central-cell-produced attractants control fertilization recovery. *Cell* **186**, 3593–3605.
- Morita MT (2010). Directional gravity sensing in gravitropism. *Annu Rev Plant Biol* **61**, 705–720.
- Neik TX, Barbetti MJ, Batley J (2017). Current status and challenges in identifying disease resistance genes in *Brassica napus*. *Front Plant Sci* **8**, 1788.
- Nelson N, Yocum CF (2006). Structure and function of photosystems I and II. *Annu Rev Plant Biol* **57**, 521–565.
- Nemec B (1900). Über die Art der Wahrnehmung des Schwerkraftreizes bei den Pflanzen. *Ber Deut Bot Ges* **18**, 241–245.
- Oerke EC (2006). Crop losses to pests. *J Agric Sci* **144**, 31–43.
- Peng JR, Richards DE, Hartley NM, Murphy GP, Devos KM, Flintham JE, Beales J, Fish LJ, Worland AJ, Pelica F, Sudhakar D, Christou P, Snape JW, Gale MD, Harberd NP (1999). ‘Green revolution’ genes encode mutant gibberellin response modulators. *Nature* **400**, 256–261.
- Peng XB, Sun MX (2023). Out of the road: novel finding in regulatory mechanism of angiosperm fertilization. *Chin Bull Bot* **58**, 515–518. (in Chinese)
- 彭雄波, 孙蒙祥 (2023). 别开生面: 被子植物受精机制研究的新发现. *植物学报* **58**, 515–518.
- Pickett JA, Khan ZR (2016). Plant volatile-mediated signaling and its application in agriculture: successes and challenges. *New Phytol* **212**, 856–870.
- Rochaix JD (2022). Chloroplast protein import machinery and quality control. *FEBS J* **289**, 6908–6918.
- Sakulkoo W, Osés-Ruiz M, Garcia EO, Soanes DM, Littlejohn GR, Hacker C, Correia A, Valent B, Talbot NJ (2018). A single fungal MAP kinase controls plant cell-to-cell invasion by the rice blast fungus. *Science* **359**, 1399–1403.
- Sasaki A, Ashikari M, Ueguchi-Tanaka M, Itoh H, Nishimura A, Swapan D, Ishiyama K, Saito T, Kobayashi M, Khush GS, Kitano H, Matsuoka M (2002). A mutant gibberellin-synthesis gene in rice. *Nature* **416**, 701–702.
- Schuster RM (1997). On *Takakia* and the phylogenetic relationships of the Takakiales. *Nova Hedwigia* **64**, 281–310.
- Sha G, Sun P, Kong XJ, Han XY, Sun QP, Fouillen L, Zhao J, Li Y, Yang L, Wang Y, Gong QW, Zhou YR, Zhou WQ, Jain R, Gao J, Huang RL, Chen XY, Zheng L, Zhang WY, Qin ZT, Zhou Q, Zeng QD, Xie KB, Xu JD, Chiu TY, Guo L, Mortimer JC, Boutté Y, Li Q, Kang ZS, Ronald PC, Li GT (2023). Genome editing of a rice CDP-DAG synthase confers multipathogen resistance. *Nature* **618**, 1017–1023.
- Sharifi F, Ye YZ (2022). Identification and classification of reverse transcriptases in bacterial genomes and metagenomes. *Nucleic Acids Res* **50**, e29.
- Song L, Liu J, Cao BL, Liu B, Zhang XP, Chen ZY, Dong CQ, Liu XQ, Zhang ZH, Wang WX, Chai LL, Liu J, Zhu J, Cui SB, He F, Peng HR, Hu ZR, Su ZQ, Guo WL, Xin MM, Yao YY, Yan Y, Song YM, Bai GH, Sun QX, Ni ZF (2023). Reducing brassinosteroid signaling enhances grain yield in semi-dwarf wheat. *Nature* **617**, 118–124.
- Stokes II GG (1864). On the supposed identity of biliverdin with chlorophyll, with remarks on the constitution of chlorophyll. *Proc R Soc* **13**, 144–145.
- Strehlow B, de Mol F, Struck C (2015). Risk potential of clubroot disease on winter oilseed rape. *Plant Dis* **99**, 667–675.
- Sun XP, Xiang YL, Dou NN, Zhang H, Pei SR, Franco AV, Menon M, Monier B, Ferebee T, Liu T, Liu SY, Gao YC, Wang JB, Terzaghi W, Yan JB, Hearne S, Li L, Li F, Dai MQ (2023). The role of transposon inverted repeats in balancing drought tolerance and yield-related traits in maize. *Nat Biotechnol* **41**, 120–

127.

- Tang D, Jia YX, Zhang JZ, Li HB, Cheng L, Wang P, Bao ZG, Liu ZH, Feng SS, Zhu XJ, Li DW, Zhu GT, Wang HR, Zhou Y, Zhou YF, Bryan GJ, Buell CR, Zhang CZ, Huang SW (2022). Genome evolution and diversity of wild and cultivated potatoes. *Nature* **606**, 535–541.
- The Potato Genome Sequencing Consortium (2011). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature* **475**, 189–195.
- Vandenbrink JP, Kiss JZ (2019). Plant responses to gravity. *Semin Cell Dev Biol* **92**, 122–125.
- Wang CL, Wang J, Lu JY, Xiong YH, Zhao ZG, Yu XW, Zheng XM, Li J, Lin QB, Ren YL, Hu Y, He XD, Li C, Zeng YL, Miao R, Guo ML, Zhang BS, Zhu Y, Zhang YH, Tang WJ, Wang YL, Hao BY, Wang QM, Cheng SQ, He XJ, Yao BW, Gao JW, Zhu XF, Yu H, Wang Y, Sun Y, Zhou CL, Dong H, Ma XD, Guo XP, Liu X, Tian YL, Liu SJ, Wang CM, Cheng ZJ, Jiang L, Zhou JW, Guo HS, Jiang LW, Tao DY, Chai JJ, Zhang W, Wang HY, Wu CY, Wan JM (2023a). A natural gene drive system confers reproductive isolation in rice. *Cell* **186**, 3577–3592.
- Wang G, Wang ET (2023). The broad-spectrum innate resistance against clubroot disease conferred by *WeiTsing* is mechanistically revealed. *Chin Bull Bot* **58**, 356–358. (in Chinese)
- 王钢, 王二涛 (2023). “卫青不败由天幸”——*WeiTsing* 的广谱抗根肿病机理被揭示. 植物学报 **58**, 356–358.
- Wang JW, Park MY, Wang LJ, Koo Y, Chen XY, Weigel D, Poethig RS (2011). MiRNA control of vegetative phase change in trees. *PLoS Genet* **7**, e1002012.
- Wang L, Chong K (2022). Choice of both ways: variations of reverted repeats balance environmental adaptation and yield in maize. *Chin Bull Bot* **57**, 555–558. (in Chinese)
- 王雷, 种康 (2022). 鱼和熊掌的选择: 反向重复序列变异介导的玉米环境适应与产量平衡. 植物学报 **57**, 555–558. (in Chinese)
- Wang L, He F, Huang Y, He JX, Yang SZ, Zeng JW, Deng CL, Jiang XL, Fang YW, Wen SH, Xu RW, Yu HW, Yang XM, Zhong GY, Chen CW, Yan X, Zhou CF, Zhang HY, Xie ZZ, Larkin RM, Deng XX, Xu Q (2018). Genome of wild mandarin and domestication history of mandarin. *Mol Plant* **11**, 1024–1037.
- Wang W, Qin L, Zhang W, Tang L, Zhang C, Dong X, Miao P, Shen M, Du H, Cheng H, Wang K, Zhang X, Su M, Lu H, Li C, Gao Q, Zhang X, Huang Y, Liang C, Zhou JM, Chen YH (2023b). *WeiTsing*, a pericycle-expressed ion channel, safeguards the stele to confer clubroot resistance. *Cell* **186**, 2656–2671.
- Wang WD, Yu LJ, Xu CZ, Tomizaki T, Zhao SH, Umena Y, Chen XB, Qin XC, Xin YY, Suga M, Han GY, Kuang TY, Shen JR (2019). Structural basis for blue-green light harvesting and energy dissipation in diatoms. *Science* **363**, eaav0365.
- Wang WG, Wang YH (2023). Century-old hypothesis finally revealed: the shuttling LAZY proteins “awaken” gravity sensing in planta. *Chin Bull Bot* **58**, 677–681. (in Chinese)
- 王文广, 王永红 (2023). 百年假说终获解析: 穿梭的 LAZY 蛋白“唤醒”植物对重力的感应. 植物学报 **58**, 677–681.
- Wu B, Meng JH, Liu HB, Mao DH, Yin HR, Zhang ZY, Zhou XC, Zhang B, Sherif A, Liu HY, Li XH, Xiao JH, Yan WH, Wang L, Li XW, Chen W, Xie WB, Yin P, Zhang QF, Xing YZ (2023a). Suppressing a phosphohydrolase of cytokinin nucleotide enhances grain yield in rice. *Nat Genet* **55**, 1381–1389.
- Wu GA, Terol J, Ibanez V, López-García A, Pérez-Román E, Borredá C, Domingo C, Tadeo FR, Carbonell-Caballero J, Alonso R, Curk F, Du DL, Ollitrault P, Roose ML, Dopazo J, Gmitter FG, Rokhsar DS, Talon M (2018). Genomics of the origin and evolution of *Citrus*. *Nature* **554**, 311–316.
- Wu Y, Li D, Hu Y, Li H, Ramstein GP, Zhou S, Zhang X, Bao Z, Zhang Y, Song B, Zhou Y, Zhou Y, Gagnon E, Särkinen T, Knapp S, Zhang C, Städler T, Buckler ES, Huang SW (2023b). Phylogenomic discovery of deleterious mutations facilitates hybrid potato breeding. *Cell* **186**, 2313–2328.
- Yan PS, Du QG, Chen H, Guo ZF, Wang ZH, Tang JH, Li WX (2023). Biofortification of iron content by regulating a NAC transcription factor in maize. *Science* **382**, 1159–1165.
- Yang N, Wang YB, Liu XG, Jin ML, Vallebuena-estrada M, Calfee E, Chen L, Dilkes BP, Gui ST, Fan XM, Harper TK, Kennett DJ, Li WQ, Lu YL, Ding JQ, Chen ZQ, Luo JY, Mambakkam S, Menon M, Snodgrass S, Veller C, Wu SS, Wu SY, Zhuo L, Xiao YJ,

- Yang XH, Stitzer MC, Runcie D, Yan JB, Rossi-barra J (2023). Two teosintes made modern maize. *Science* **382**, eadg8940.
- You X, Zhang X, Cheng J, Xiao YN, Ma JF, Sun S, Zhang XZ, Wang HW, Sui SF (2023). *In situ* structure of the red algal phycobilisome-PSII-PSI-LHC megacomplex. *Nature* **616**, 199–206.
- Yu XT, Huang XH (2023). New insights into the origin of modern maize-hybridization of two teosintes. *Chin Bull Bot* **58**, 857–860. (in Chinese)
- 于熙婷, 黄学辉 (2023). 现代玉米起源新见解——两类大刍草的混血. 植物学报 **58**, 857–860.
- Yu YQ, Tang WX, Lin WW, Li W, Zhou X, Li Y, Chen R, Zheng R, Qin GC, Cao WH, Pérez-Henríquez P, Huang RF, Ma J, Qiu QQ, Xu ZW, Zou AL, Lin JC, Jiang LW, Xu TD, Yang ZB (2023). ABLs and TMKs are co-receptors for extracellular auxin. *Cell* **186**, 5457–5471.
- Yuan MH, Xin XF (2023). Study uncovers a new signaling circuit mediating airborne defense of plants against aphids and viruses. *Chin Bull Bot* **58**, 682–686. (in Chinese)
- 袁民航, 辛秀芳 (2023). 烽火狼烟: 水杨酸甲酯介导的植物间通讯和气传性免疫的机制解析. 植物学报 **58**, 682–686.
- Zhang G, Liu X, Quan Z, Cheng S, Xu X, Pan S, Xie M, Zeng P, Yue Z, Wang W, Tao Y, Bian C, Han C, Xia Q, Peng X, Cao R, Yang X, Zhan D, Hu J, Zhang Y, Li H, Li H, Li N, Wang J, Wang C, Wang R, Guo T, Cai Y, Liu C, Xiang H, Shi Q, Huang P, Chen Q, Li Y, Wang J, Zhao Z, Wang J (2012). Genome sequence of foxtail millet (*Setaria italica*) provides insights into grass evolution and biofuel potential. *Nat Biotechnol* **30**, 549–554.
- Zhang HL, Yu FF, Xie P, Sun SY, Qiao XH, Tang SY, Chen CX, Yang S, Mei C, Yang DK, Wu YR, Xia R, Li X, Lu J, Liu YX, Xie XW, Ma DM, Xu X, Liang ZW, Feng ZH, Huang XH, Yu H, Liu GF, Wang YC, Li JY, Zhang QF, Chen C, Ouyang YD, Xie Q (2023). A Gy protein regulates alkaline sensitivity in crops. *Science* **379**, eade8416.
- Zhao Y, Shi H, Pan Y, Lyu MH, Yang ZX, Kou XX, Deng XW, Zhong SW (2023a). Sensory circuitry controls cytosolic calcium-mediated phytochrome B phototransduction. *Cell* **186**, 1230–1243.
- Zhao YP, Zhao BB, Xie YR, Jia H, Li YX, Xu MY, Wu GX, Ma XJ, Li QQ, Hou M, Li CY, Xia ZC, He G, Xu H, Bai ZJ, Kong DX, Zheng ZG, Liu Q, Liu YT, Zhong JS, Tian F, Wang BB, Wang HY (2023b). The evening complex promotes maize flowering and adaptation to temperate regions. *Plant Cell* **35**, 369–389.

Achievements and Advances of Plant Sciences Research in China in 2023

Fan Chen¹, Hongya Gu², Xiaoquan Qi³, Rongcheng Lin³, Qian Qian⁴, Langtao Xiao⁵
Shuhua Yang⁶, Jianru Zuo¹, Yongfei Bai³, Zhiduan Chen³, Zhaojun Ding⁷, Xiaojing Wang⁸
Liwen Jiang⁹, Kang Chong^{3*}, Lei Wang^{3*}

¹Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; ²School of Life Sciences, Peking University, Beijing 100871, China; ³Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China; ⁴Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; ⁵College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; ⁶College of Biological Sciences, China Agricultural University, Beijing 100094, China; ⁷Shandong University, Jinan 250100, China; ⁸College of Life Sciences, South China Normal University, Guangzhou 510631, China; ⁹The Chinese University of Hong Kong, Shatian, China

Abstract In 2023, the numbers of original research articles published by Chinese plant scientists in mainstream plant science journals increased significantly improved compared with that in 2022, and important advances have been made in the fields of regulation of intraspecific and interspecific reproductive isolation in Brassicaceae by stigma receptors, supercomplex structure of chloroplast TOC-TIC, mechanisms of crop yield, disease resistance, stress tolerance, the origin and spread of grapes and citrus plants, and the evolution of modern maize, millet and potato germplasm resources. Among them, “Crop Salt and Alkali Tolerance Mechanisms and Applications”, and “A New Method for Precise Manipulation of Single Base to Large Fragment DNA” in 2023 were selected as two of the “Top Ten Advances in Plant Sciences in China”; “The Molecular Mechanism of Mentor Pollen Effect in Plant Distant Hybridization” was selected as one of the “Top Ten Advances in Life Sciences in China” in 2023. Here we summarize the achievements of plant science research in China in 2023, by briefly introducing 30 representative important research advances and sorting out the experimental materials used in plant science research, so as to help readers understand the trend of plant science development in China, and evaluate future research direction to meet major national strategic needs.

Key words China, plant sciences, research advance, 2023

Chen F, Gu HY, Qi XQ, Lin RC, Qian Q, Xiao LT, Yang SH, Zuo JR, Bai YF, Chen ZD, Ding ZJ, Wang XJ, Jiang LW, Chong K, Wang L (2024). Achievements and advances of plant sciences research in China in 2023. *Chin Bull Bot* **59**, 171–187.

* Authors for correspondence. E-mail: chongk@ibcas.ac.cn; wanglei@ibcas.ac.cn