

· 主编评述 ·

2024年中国植物科学重要研究进展

摘要 2024年中国科学家在植物科学主流期刊发表的论文数量相比2023年大幅提升,在植物激素调控、病理学、合成生物学、耐逆性机制、系统发育与基因组学等领域取得了重要研究进展。其中,“紫杉醇生物合成”和“实现一年生与多年生植物的自由转换”入选2024年度中国生命科学十大进展。该文总结了2024年度我国植物科学研究取得的成果,简要介绍了50项有代表性的重要进展,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阶段研究工作和服务国家战略需求。

关键词 中国, 植物科学, 研究进展, 2024年

顾红雅, 陈凡, 林荣呈, 漆小泉, 杨淑华, 陈之端, 陈学伟, 丁兆军, 萧浪涛, 左建儒, 姜里文, 白永飞, 种康, 王雷 (2025). 2024年中国植物科学重要研究进展. 植物学报 **60**, 151–171.

据不完全统计, 2024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269篇, 与2023年(248篇)相比增长了约8.5%; 而在*Cell*、*Nature*和*Science*三种国际综合性学术期刊发表论文(研究类)数量增长了16%, 由2023年的25篇增长至2024年的29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1 024篇, 与2023年(860篇)相比增长19% (表1)。近3年的统计数据显示, 2024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约占这些期刊总载论文量的58%, 比2023年的55%略有增加(表1), 已连续6年(2019–2024年)稳居世界第一(数据来源: Web of Science核心合集) (检索时间: 2025年2月28日)。

分析我国科学家2022–2024年在*Science*、*Nature*和*Cell*三种国际综合性学术期刊(表2)和5种植物科学主流期刊(表3)发表论文所用的实验材料, 可以发现以拟南芥作为实验材料的研究目前仍占主流; 并且在水稻、玉米和小麦3种农作物中, 以水稻为实验材料的研究占比最高, 并远高于小麦和玉米(表2, 表3)。

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, 编辑部组织编委专家进行了无记名投票, 从2024年

表1 2022–2024年中国科学家与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)的发文量统计(数据来源: Web of Science核心合集)

Table 1 The numbers of articles 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 2022 to 2024 (data sources: Web of Science Core Collection)

	2022年(总载文量 1415篇)		2023年(总载文量 1553篇)		2024年(总载文量 1769篇)	
	文章数量 (篇)	占比	文章数量 (篇)	占比	文章数量 (篇)	占比
中国	712	50%	860	55%	1024	58%
美国	417	29%	400	26%	399	23%
德国	198	14%	216	14%	218	12%
英国	132	9%	137	9%	128	7%
法国	103	7%	119	8%	118	7%

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%。

Note: When a paper is assigned by more than one country, it will be counted into each country once. Hence the total percentage is more than 100%. MP: *Molecular Plant*; NP: *Nature Plants*; PC: *The Plant Cell*; PP: *Plant Physiology*; PJ: *The Plant Journal*

我国科学家在植物科学领域发表的数百篇论文中遴选出50项重要进展, 并对其进行简要评述。尽管目前拟南芥仍是植物科学研究所用的主要实验材料, 但在遴选的50项重要进展中, 多数是以水稻、小麦和玉米等作物为材料取得的成果, 一定程度上表明我国的作物基础及应用基础研究已迈入新阶段。需要说明的是这仅代表《植物学报》的观点, 如有不妥敬请谅解。

表2 2022–2024年中国植物科学家在国际综合性学术期刊(*Science*、*Nature*和*Cell*)上发表的以水稻、玉米、小麦和拟南芥为研究材料的论文统计(数据来源: Web of Science核心合集)

Table 2 The numbers of articles published by scientists from China in international multidisciplinary journals (*Science*, *Nature* and *Cell*) from 2022 to 2024 using rice, maize, wheat and *Arabidopsis* as research materials (data sources: Web of Science Core Collection)

	2022年		2023年		2024年	
	文章数量(篇)	占比	文章数量(篇)	占比	文章数量(篇)	占比
水稻	5	17%	7	24%	8	26%
玉米	2	7%	5	17%	2	6%
小麦	4	14%	1	3%	5	16%
拟南芥	18	62%	16	55%	16	52%
总计	29		29		31	

表3 2022–2024年中国植物科学家在植物科学主流期刊(MP、NP、PC、PP和PJ)上发表的以水稻、玉米、小麦和拟南芥为研究材料的论文统计(数据来源: Web of Science核心合集)

Table 3 The numbers of articles published by scientists from China in mainstream plant science journals (MP, NP, PC, PP and PJ) from 2022 to 2024 using rice, maize, wheat and *Arabidopsis* as research materials (data sources: Web of Science Core Collection)

	2022年		2023年		2024年	
	文章数量(篇)	占比	文章数量(篇)	占比	文章数量(篇)	占比
水稻	161	25%	149	21%	191	23%
玉米	68	10%	57	8%	84	10%
小麦	40	6%	41	6%	47	6%
拟南芥	381	59%	469	66%	508	61%
总计	650		716		830	

MP、NP、PC、PP和PJ同表1。

MP, NP, PC, PP and PJ are the same as shown in Table 1.

1 植物激素调控与次生代谢

1.1 植物激素调控

1.1.1 油菜素内酯(BR)跨膜运输蛋白的鉴定及其调控水稻穗分枝和增加穗粒数的机制

油菜素内酯(brassinosteroid, BR)作为植物的第六种激素在细胞内部合成, 但与细胞表面的受体结合。BR如何向外输出以执行其功能仍然未知。孙林峰团队与国外单位合作, 采用冷冻电镜技术并借助基于脂质体和放射性标记底物的转运体系等手段, 解析了拟南芥中ABCB19转运蛋白(ATP-binding cassette transporter)在BR运输中的结构与功能。ABCB19晶体结构分

析显示其能直接结合并装载BR分子, 以及水解ATP。在拟南芥BR信号感受与响应过程中, 合成于内质网的BR分子被装载到膜定位的ABCB19蛋白上, 同时由ABCB19水解ATP提供能量, 经主动运输将BR从细胞内运输到质膜外。质膜外的BR可被膜定位受体BRI1 (BRASSINOSTEROID-INSENSITIVE1)和共受体BAK1 (BRI1-ASSOCIATED KINASE1)感知, 进而启动BR信号转导(Ying et al., 2024)。

油菜素内酯作为高效的植物生长调节剂具有多种功能, 如可控制水稻的株高、叶夹角和籽粒大小等关键育种性状。童红宁和钱前团队与国内单位合作, 以复粒稻及其非簇生突变体为材料, 通过回交群体构建、重测序与关联分析等手段克隆了簇生性状基因*BRD3* (*BRASSINOSTEROID-DEFICIENT DWARF3*), 并且解析了其基于组织特异性的BR信号通路(*BRD3*-*BR*-*GSK2*-*OsMADS1*-*RCN2*)的新型调控机制。*BRD3*为BR降解酶, 复粒稻中*BRD3*基因特异性地在二级分枝分生组织中被激活, 下调该组织BR水平, 使负调控BR信号的激酶*GSK2* (*GSK3*/*SHAGGY*-*LIKE KINASE2*)积累, 由该激酶磷酸化并稳定*OsMADS1*转录因子, *OsMADS1*上调分生组织转化调控因子*RCN2* (*RICE CENTRORADIALIS2*)的表达, 从而延迟二级分枝分生组织向小穗分生组织的转变, 导致更多二级分枝, 最终产生簇生复粒表型(Zhang et al., 2024c), 为提升粮食产量提供了新的可能。

1.1.2 FERONIA介导的TIR1/AFB2氧化修饰激活生长素信号转导

作为植物生长发育的核心调节因子, 生长素信号转导机制一直是植物学研究的热点。早期研究构建了生长素在细胞核内的信号转导模型, 但近年研究发现TIR1/AFBs家族成员在植物根部细胞中的功能不仅限于细胞核内(Caumon and Vernoux, 2023), 还参与生长素介导的细胞质快速响应(Dubey et al., 2023)。这一发现促使科学界进一步探索生长素如何精细调控TIR1/AFBs在细胞核与细胞质间的穿梭及其信号转导机制。李超团队揭示了生长素通过FER/LLG1-ROP GEF-ROP2-RHD2信号级联反应诱导ROS和NO产生, 进而促使TIR1和AFB2发生氧化修饰。该氧化修饰成为调控TIR1/AFB2进入细胞核的关键开关, 从而触发生长素在细胞核内的信号转导。该研究不仅

阐明了FERONIA在生长素信号通路中的重要作用,还揭示了TIR1/AFBs的氧化还原信号在生长素信号转导中的新调控机制,建立了细胞质膜上的FERONIA受体激酶信号转导与生长素核受体TIR1/AFB2介导的转录调控之间的直接联系(Lu et al., 2024a),为操控生长素在农业生产和植物育种中的应用提供了新的理论依据与技术支持。

1.1.3 低氮调控独脚金内酯信号感知并抑制水稻分蘖发育

独脚金内酯(strigolactone, SL)是植物发育和环境反应所必需的激素。SL感知需要形成由其受体D14、F-box蛋白D3和转录抑制因子D53组成的复合物,触发D53泛素化降解,激活信号转导。然而,SL感知机制及其对植物结构和环境反应的影响目前仍不清晰。王冰团队通过遗传学、生物化学和结构生物学手段,解析了氮素营养条件影响水稻独脚金内酯信号转导进而调控分蘖的分子机制。独脚金内酯调控植物分枝、根系发育及根系与丛枝菌共生,其受体的稳定性对于SL信号途径的维持至关重要。该团队研究发现,D3作为E3泛素连接酶中识别底物的亚基,具有两种拓扑构象,一种(Engaged CTH构象)有利于诱导D53泛素化降解来启动SL信号转导,另一种(Dislodged CTH构象)则有利于诱导D14泛素化降解来终止SL信号感知,二者精确调控SL信号强弱。此外,SL受体D14的泛素化降解依赖于D14蛋白N端的无序结构域(N-terminal disordered domain, NTD)与26S蛋白酶体发生直接互作,而NTD可被磷酸化修饰且这种修饰受到氮营养条件调控。低氮条件下,D14的NTD易被磷酸化修饰进而抑制D14降解,独脚金内酯信号转导增强而抑制分蘖;反之,高氮条件下,D14的NTD不易被磷酸化修饰进而促进D14降解,使独脚金内酯信号转导减弱进而促进分蘖(姚瑞枫和谢道昕, 2024; Hu et al., 2024b)。这一研究揭示了水稻SL感知的多层调控机制,为其在植物发育中的作用提供了全新的见解。

1.2 次生代谢

1.2.1 鉴定到抑制番茄果实糖积累的“刹车”基因CDPK27

糖含量是影响番茄口感的重要因素,多数消费者更喜

食甜味番茄(Colantonio et al., 2022)。然而,由于果实含糖量与果实大小呈负相关,生产者往往更注重产量而非品质,使得现代商业化番茄品种的含糖量普遍较低(Tieman et al., 2017)。黄三文团队通过全基因组关联分析鉴定到1个抑制果实糖积累的“刹车”基因CDPK27及其同源基因CDPK26。他们发现通过基因编辑敲除这2个基因,可使番茄果实的葡萄糖和果糖含量增加30%,增强了感官甜味,且不影响单果重和单株产量(Zhang et al., 2024b),为解决番茄育种中兼顾品质和产量的难题提供了新思路。

1.2.2 柑橘油胞发育和精油合成的协同机制

分泌结构是陆生植物进化出的一种重要防御机制(Chalvin et al., 2020)。之前,分泌结构的分子机制研究多集中于表皮分泌腺毛(如番茄和青蒿),对于表皮下分泌结构(如分泌腔)的早期发育机制尚知之甚少(Tan et al., 2015; Xu et al., 2018)。张飞团队与邓秀新团队合作,利用柑橘枝刺模式系统和无油胞自然变异突变体,通过正向和反向遗传学相结合手段,发现了油胞缺失性状由单隐性基因CsLMI1控制,利用CRISPR敲除CsLMI1的柑橘植株表型与突变体的表型一致,回补实验可恢复该表型,证实CsLMI1是调控油胞发育的关键基因。进一步研究发现,CsLMI1启动子的保守元件GCC-box通过招募CsDRNL实现转录激活,敲除CsDRNL或破坏GCC-box均可导致油胞发育受阻。最后,该团队发现并证实了DRNL-LMI1级联触发CsMYC5的激活,协同调控柑橘油胞腔体形成以及精油中次生代谢物的合成积累(Wang et al., 2024c)。这一研究破解了柑橘油胞起始和发育的分子调控网络,为通过合成生物学改良柑橘精油产量和工业化应用奠定了重要基础。

2 遗传学、基因组学与生物技术

2.1 遗传学

2.1.1 EMF1维持拟南芥染色质三维结构的稳定性

染色质的三维结构对真核生物基因组的稳定性及基因表达调控至关重要(Zheng and Xie, 2019)。动物中,CTCF和Cohesin等结构蛋白在染色质高级结构的形成和维持中起关键作用(Bickmore, 2013)。然而,植物中缺乏CTCF同源蛋白,其染色质三维结构的调控

机制尚不清楚。周岳团队与何航团队合作揭示了植物特异的PcG家族蛋白EMF1结合在区室结构域(CD)的边界,与多种染色质修饰酶和结构蛋白互作,共同维持拟南芥染色质三维结构的稳定性,从染色质水平调节与植物发育及逆境应答相关基因的表达。他们发现,*emf1*突变体中H3K4me3、H3K27me3和H3K9me2 CD的边界强度明显下降。此外,EMF1与Cohesin的SCC3亚基存在直接互作,并在全基因组范围内共定位。另外,EMF1和SCC3的结合位点中均显著富集G-box基序,暗示EMF1可能被Cohesin招募到特异位点共同发挥作用。该研究揭示了EMF1作为植物中特有的染色质三维结构调控因子,与Cohesin共同维持拟南芥染色质高级结构的稳定性,为理解植物染色质三维结构的调控机制提供了新视角,也为植物基因表达调控和基因组稳定性研究提供了新思路(Shu et al., 2024)。

2.1.2 PKL调节核小体密度驱动H3K27me3扩散,维持基因沉默记忆

多梳蛋白复合物(Polycomb group)在植物和动物的基因表达调控中起关键作用,该复合体催化组蛋白H3第27位赖氨酸三甲基化修饰(H3K27me3)。H3K27me3是真核生物体内重要的表观遗传修饰,对细胞分化和器官建成至关重要(Hansen et al., 2008; Højfeldt et al., 2018)。然而,H3K27me3从成核区向扩散区传播的分子机制尚不清楚。李陈龙团队发现,拟南芥CHD3家族染色质重塑蛋白PKL (PICKLE)可通过调节核小体密度促进H3K27me3扩散。PKL直接富集在扩散区,通过其ATPase活性调节核小体密度,使PRC2催化酶能接触并催化相邻未修饰的核小体。遗传和分子实验表明,PKL与PRC2复合体中的CLF (CURLY LEAF)及H3K27me3阅读蛋白LHP1在同一信号途径中协同作用,共同维持基因沉默记忆,确保其在后代细胞中遗传。该研究阐明了PKL在基因组调控中的新功能,揭示了核小体结构和H3K27me3扩散在维持基因沉默中的重要性(Liang et al., 2024c),为理解基因沉默状态的维持和细胞分裂过程中沉默记忆的传递提供了新视角。

2.2 基因组学与生物技术

2.2.1 大规模“混血杂交”群体研究揭示水稻性状的遗传架构

农艺性状的遗传基础解析是水稻等作物研究的核心

内容之一。多数农艺性状受多个数量性状基因协同调控,除单个基因的加性效应外,基因之间还存在复杂的上位互作效应。尽管新一代基因组学技术和定量遗传学方法极大促进了植物遗传作图,但遗传群体的规模、多样性和结构仍制约着基因位点的全面发掘。黄学辉团队利用涵盖水稻全类群的16份亲本材料进行杂交和多代自交,构建了包含18 421份永久株系的水稻“混血杂交”群体(18K-rice)。基于全基因组测序,研究团队不仅为16份亲本创制了高质量的参考基因组,还对18K-rice群体的所有株系进行了基因型分析。通过高分辨率作图,成功鉴定了与16个重要农艺性状密切相关的96个高置信度候选基因,并开发了名为RiceG2G的数量性状基因挖掘方法。该团队进一步揭示了数量性状位点之间的上位效应,并构建了19个枢纽基因的遗传互作网络,阐明了170对“掩蔽”型上位效应是导致不同品种间遗传背景效应差异的重要原因(王湔等, 2024b; Wei et al., 2024)。该研究不仅开发了水稻高性能遗传定位和上位分析的新系统,大幅提升了农艺性状遗传解析的效率,也为水稻品种改良和分子设计育种提供了重要基因资源。

2.2.2 PrimeRoot编辑器和碱基编辑新系统——CyDENT的开发

作为生命科学领域的颠覆性技术,基因组编辑已在基础研究、人类健康和作物遗传改良等领域受到广泛关注。然而,尽管现有的基因敲除、碱基定向突变和小片段DNA的精准操控已较为高效准确,但在许多方面仍无法满足研究和应用的需要,尤其是在植物研究领域尚未实现大片段DNA的精准控制。高彩霞团队通过系统整合、优化、引导编辑工具及位点特异性重组酶系统,成功开发了PrimeRoot编辑器,实现了将10 kb以上大片段DNA精准插入植物基因组。他们利用该系统在水稻基因的5'UTR区域精确插入了基因调控元件,实现了启动子序列在功能基因UTR区域的原位插入。此外,他们还预测出水稻基因组中可用于外源基因插入的33个安全港区域,并且使用PrimeRoot系统将稻瘟病抗性基因*PigmR*精确插入到预测的安全港区域中,从而实现快速抗病育种(Sun et al., 2024)。该研究建立了在植物中高效精准插入大片段DNA的PrimeRoot系统,为分子育种和合成生物学研究提供了强有力的技术支持。

另外, 该团队还开发了不依赖CRISPR的模块化单链偏好性碱基编辑新系统——CyDENT。该系统整合了TALE蛋白、FokI切口酶、单链特异性胞嘧啶脱氨酶、DNA外切酶及UGI等组分, 使脱氨酶特异性靶向切口酶和DNA外切酶产生的单链区域, 进而实现特异单链的碱基编辑, 提高了编辑的精准度。进一步研究, 他们发现CyDENT系统可在水稻原生质体的细胞核、叶绿体及HEK293T细胞系的线粒体中实现高效的胞嘧啶碱基编辑。通过将CyDENT系统中的脱氨酶替换为更倾向于编辑GC基序的脱氨酶, 在传统方法无法编辑的位点实现了高达20%的线粒体碱基编辑效率(Hu et al., 2024a)。该研究开发了不依赖CRISPR的新型碱基编辑工具, 集成了对细胞核和细胞器的精准碱基编辑能力, 在农作物精准分子育种和疾病治疗方面具有极大的应用潜力。

3 农业与药用植物学

3.1 高表达水稻OsPHO1;2磷转运蛋白有助于提高籽粒产量

光合叶片中的无机磷(Pi)作为ATP合成原料参与光合蛋白调控及磷酸丙糖(triose phosphate, TP)等光合产物的周转, 叶片(源)与种子(库)之间的Pi分配对作物籽粒灌浆有重要影响。王鹏团队与何祖华团队合作, 发现水稻OsPHO1;2磷转运蛋白能向叶片分配无机磷, 其表达量与叶片Pi含量、净光合速率和产量的增加呈正相关。OsPHO1;2功能缺失突变导致叶片Pi缺乏, 光合电子传递活性及CO₂同化速率降低, 光合作用Pi限制提前发生; 过表达OsPHO1;2有效延长了高光合速率的持续时间, 从而提高产量潜力。对核心水稻种质资源的分析表明, 与低表达OsPHO1;2的水稻相比, 高表达OsPHO1;2的水稻与更高的叶片Pi含量、光合作用和产量潜力相关。对水稻灌浆期叶面喷施磷肥补充Pi, 提高了剑叶光合速率, 延长了剑叶光合有效期, 对提高籽粒产量有较大贡献(Ma et al., 2024a)。该研究表明OsPHO1;2基因可用于加强作物育种策略, 以获得更高的磷利用效率及光合驱动力, 为在有效磷投入情况下提高作物产量提供了新路径。

3.2 水稻有效分蘖分子调控模块的解析

单位面积有效分蘖数是决定水稻单产的关键因素之

一。过量施用氮肥可导致无效分蘖过量生长, 抑制水稻有效分蘖的形成, 从而降低水稻产量和氮素利用效率。解析过量氮肥导致无效分蘖产生的遗传机制, 是氮高效水稻新品种培育的关键。王春明团队与万建民团队合作观测了水稻遗传群体和育种群体全生育期分蘖和氮利用效率的表型, 从水稻自然群体中发掘出氮高效优异单倍型OsGATA8-H。低氮条件下, OsGATA8-H通过促进OsAMT3.2的表达促进水稻NH₄⁺的吸收, 提高水稻产量和氮素利用效率; 高氮条件下, OsGATA8-H促进OsAMT3.2的表达, 在促进水稻NH₄⁺吸收的同时, 提高OsTCP19的表达, 使更多分蘖发育成有效分蘖, 减少无效分蘖, 从而提高水稻的产量和氮素利用效率。通过基因组编辑和基因聚合技术, 将优异单倍型基因OsGATA8-H导入现代栽培品种, 可促进有效分蘖的形成, 提高水稻产量和氮素利用效率(Wu et al., 2024b), 为水稻氮高效育种提供了新策略。

3.3 玉米“智慧株型”基因*lac1*的鉴定

种植密度不断增加是玉米单产水平持续提升的关键因素之一, 然而, 理想耐密株型并非要求植株所有叶片紧凑, 而是需上部叶紧凑、中下部叶相对舒展的“智慧冠层(smart canopy)”结构(Ort et al., 2015)。田丰团队与李继刚团队合作, 在玉米中鉴定到控制“智慧株型”建成的关键基因*lac1* (leaf angle architecture of smart canopy 1)。*lac1*编码类固醇C-22羟化酶, 主要调控玉米植株上部叶位叶夹角。研究发现, *lac1*突变产生的“上紧下松”株型结构优化了密植群体冠层内的光分布, 显著增加了群体中下部冠层透光率, 提高了密植群体的光合效率, 削弱了密植造成的避荫反应, 最终促进密植增产。研究进一步揭示了*lac1*通过光信号途径动态调控玉米株型适应密植的分子机制: 密植造成的遮阴条件促进phyA蛋白积累, phyA与叶夹角关键调控因子RAVL1互作促进RAVL1蛋白降解, 从而削弱RAVL1对*lac1*的激活作用, 减小高密度条件下玉米叶夹角, 削弱密植群体的避荫反应。他们还建立了“一步成系”的单倍体诱导编辑技术体系, 利用携带*lac1*编辑载体的单倍体诱导系对20个玉米自交系*lac1*基因定向修饰, 实现基因编辑载体直接转化单倍体诱导系和当代诱导编辑的“一步成系”目标, 为玉米商业品种快速定向修饰、多性状协同改良和野生种从头驯化提供了强大的工具(Tian et al., 2024)。

3.4 抗癌药物——紫杉醇的生物合成

作为世界著名的植物抗癌天然产物药物,紫杉醇广泛应用于乳腺癌和卵巢癌等多种癌症的临床治疗,过去人们只能依靠从珍稀濒危裸子植物红豆杉中提取(Borah et al., 2007; Khalil et al., 2022)。为解决“明星”抗癌药物——紫杉醇供应不足的问题,闫建斌团队与雷晓光团队合作开展了技术攻关,在国际上率先实现了紫杉醇的生物合成。他们综合利用基因组学、代谢组学和生物化学等技术手段,对多个紫杉醇生物合成关键候选基因进行筛选,成功发现了紫杉烷氧杂环丁烷合酶和紫杉烷碳9位氧化酶,并进一步解析了植物中氧杂环丁烷结构形成的催化机制,成功生成了紫杉醇工业化生产前体巴卡亭III(Jiang et al., 2024)。该研究不仅为更有效并低成本合成紫杉醇药物开辟了道路,也为合成多种衍生物以寻找更有效的抗癌药物提供了机遇。

4 植物病理学

4.1 2'cADPR转化为pRib-AMP激活EPA免疫复合体提高植物的抗病性

植物在其整个生命周期中,不断遭受各种病原微生物的侵袭。这些病原体采用多种策略突破植物的免疫防御,导致病害频发,对全球作物产量构成严重威胁(Deng et al., 2020; He et al., 2022)。植物的免疫系统由基础抗病性(PTI)和专化性抗性(ETI)两道防线组成。植物ETI(效应子触发的免疫)反应依赖于特定的NLR感受器蛋白识别病原菌分泌的效应蛋白。然而,由于ETI的特异性,难以克服其对病原菌的特异性限制,实现有效的多病原广谱抗病性(Ngou et al., 2022)。TIR(Toll/白细胞介素-1受体)蛋白结构域具有NAD⁺酶活性,可产生磷酸核糖基腺苷单磷酸/二磷酸(pRib-AMP/ADP)或环ADPR(cADPR)异构体(Horsefield et al., 2019)。万里团队发现,植物TIR蛋白可生成小分子2'cADPR,该分子作为前体被转化为pRib-AMP,从而激活由EDS1、PAD4和ADR1蛋白形成的免疫复合体EPA(EDS1-PAD4-ADR1),增强植物的抗病性。用2'cADPR处理植物可以诱导类似于ETI的强抗病性,即使在无特定病原菌感染时也能够激活植物的免疫反应。与pRib-AMP相比,2'cADPR性质更稳

定,更适合开发为植物免疫激活剂。此外,某些细菌的TIR蛋白也能产生2'cADPR并激活植物的ETI免疫反应(Yu et al., 2024a)。该发现为开发农作物广谱抗病性的新型“生物农药”提供了重要理论依据,对促进农业绿色发展和保障粮食安全具有重要意义。

4.2 植物免疫制动和触发机制的调控因子ROD1及激活免疫反应的泛素制动器OsCIE1

钙离子传感器水稻抗病性1(RESISTANCE OF RICE TO DISEASES1, ROD1)是水稻免疫的关键调节因子(Gao et al., 2021)。何祖华团队与国内多家单位合作,通过筛选rod1突变体抑制子,揭示了ROD1在维持免疫稳态中的核心作用。当病原菌入侵时,OsTIR产生信号分子pRib-AMP和pRib-ADP,这些分子进而促进EPA免疫复合体的形成,激活植物的免疫反应。ROD1可与OsTIR直接互作,抑制其NADase酶活性,从而在未感染时防止免疫反应的误激活。ROD1的突变则导致EPA复合体被持续激活。ROD1作为1个关键调控因子,能在病原体存在时迅速启动免疫反应,无病原菌时保持免疫抑制状态,以促进植物生长。这种精细的调控对于维持作物的健康以及提高产量至关重要(Wu et al., 2024e)。

何祖华团队还与国内其它单位合作揭示了植物的U-box泛素E3连接酶OsCIE1扮演着“分子刹车”角色,抑制水稻中的OsCERK1。在稳态条件下,OsCIE1通过泛素化OsCERK1抑制其激酶活性。当微生物相关分子模式(MAPMs)几丁质存在时,活性的OsCERK1磷酸化OsCIE1,阻断其E3连接酶活性,从而释放“刹车”促进免疫反应。OsCIE1 U-box中的1个丝氨酸磷酸化不仅阻止了其E3泛素连接酶互作,而且充当了1个关键的磷酸化开关。该磷酸化位点从植物到动物的E3连接酶中高度保守(周俭民, 2024; Wang et al., 2024a)。该研究阐明了一个动态化的免疫调节过程,为深入解析植物免疫调节机制奠定了重要理论基础。

4.3 SINRC2和TIR寡聚化对免疫的作用及PvPGIP2-FpPG复合物结构的解析

NLR抗病蛋白通过识别病原菌效应子发挥抗病作用(Contreras et al., 2023)。SINRC2作为茄科作物中一

类特殊的NLR抗病蛋白, 在无病原菌侵染时也能保持高水平的蛋白量, 且不会引发植物的自发免疫(von Dahlen et al., 2023)。它能与多种NLR抗病蛋白协同作用, 帮助植物抵抗各类病原菌, 但具体机制尚不清楚。柴继杰团队与国内外单位合作, 通过冷冻电镜单颗粒重构技术解析了SINRC2的三维结构, 发现SINRC2具有“自我控制”机制, 可通过形成高阶寡聚体结构保持静息状态, 避免自激活引发免疫反应。当病原菌来袭时, SINRC2会迅速从高阶寡聚体结构中解脱, 快速启动抗病反应。六磷酸肌醇(IP6)或五磷酸肌醇(IP5)与SINRC2的C端LRR域结合, 帮助其更好地识别并抵抗病原菌, 该发现为番茄抗病蛋白研究提供了新视角(Ma et al., 2024b)。

此外, 该团队与国外单位合作还发现TIR蛋白在自身表达上调或受到病原菌诱导表达上调后, 会在细胞内源的NAD⁺/ATP分子诱导下形成凝聚体。这种凝聚体的形成激活了TIR结构域蛋白的NAD⁺水解酶活性, 产生免疫信号分子, 从而激发植物的免疫反应并引发细胞死亡。破坏TIR凝聚体的形成会导致免疫功能丧失且细胞无死亡表型, 重新建立TIR蛋白的相分离后, 免疫功能和细胞死亡表型则可恢复(Song et al., 2024)。

另外, 柴继杰团队与王源超团队合作解析了分辨率为1.93Å的PvPGIP2-FpPG复合物结构, 发现PvPGIP2并未结合在FpPG的酶活中心, 而是形成1个全新的多聚半乳糖醛酸水解酶, 具有与PG完全不同的酶活性。PvPGIP2-FpPG水解的低聚半乳糖醛酸产物中含有大量的长链OG10-15, 其作为分子模式被植物识别并触发免疫反应。而FpPG单独水解的OG产物中含有大量的短链OG2-7, 后者作为免疫抑制子抑制免疫反应。研究表明, 植物PGIP并不直接抑制PG酶活性, 而是通过改变与底物的结合方式, 促进激活免疫的高聚OG产生, 同时减少抑制免疫的低聚OG生成(Xiao et al., 2024)。该发现对于认识植物的免疫系统、合理利用和精准改造植物的免疫元件及提高作物的抗病性具有重要指导意义。

4.4 ZmCPK39-ZmDi19-ZmPR10 和 ZmWAKL-ZmWIK-ZmBLK1-ZmRBOH4模块赋予玉米抗病性

自然环境中, 玉米常同时遭受多种病害的侵袭, 但其应对多种病害的遗传基础和分子机制尚不明确。徐明良团队研究发现, 编码钙依赖蛋白激酶的基因Zm-

CPK39负调控玉米的抗病性。ZmCPK39能够磷酸化转录因子ZmDi19, 促进其通过26S蛋白酶体途径降解。通过组学分析, 该团队鉴定到ZmDi19调控的靶标基因ZmPR10。ZmDi19可结合ZmPR10基因的启动子并促进其表达, 从而抑制病原菌的侵入和生长, 赋予玉米对多种病害的广谱抗性(Zhu et al., 2024)。

此外, 该团队在高抗玉米自交系Y32中还鉴定到1个主效数量抗病位点qRgls1。该抗病等位基因编码的ZmWAKLY能形成二聚体, 并在质膜上与其共受体ZmWIK (一种富含亮氨酸重复的类受体激酶)结合, 形成ZmWAKLY/ZmWIK免疫复合体。该复合体进一步与细胞质类受体激酶ZmBLK1互作, 将免疫信号传递至质膜上的NADPH氧化酶ZmRBOH4。当ZmWAKLY感知到病原菌入侵时, 其磷酸化活性迅速增强, 进而触发从ZmWAKLY到ZmWIK和ZmBLK1, 最终到ZmRBOH4的免疫信号链, 引发活性氧产生, 增强免疫反应, 提高抗病性(Zhong et al., 2024a)。该研究系统阐明了植物细胞壁相关激酶(WAKs/WAKLs)的复杂抗病信号通路, 丰富了人们对植物数量抗性机制的认识, 为玉米抗病分子育种提供了重要分子模块和实践方案。

5 植物生理与信号转导

5.1 叶绿体基因转录机器的结构

叶绿体是真核藻类和植物细胞中负责光合作用的绿色质体。质体编码的RNA聚合酶(plastid-encoded RNA polymerase, PEP)是成熟叶绿体中主要的RNA聚合酶, 在叶绿体生物发生过程中起重要作用。以PEP为中心的转录装置包括1个细菌来源的PEP核心和在细胞核中编码的十多个真核来源的PEP相关蛋白(PEP-associated proteins, PAPs) (Timmis et al., 2004; Bock, 2017)。张余团队与周菲团队合作解析了叶绿体RNA聚合酶PEP复合物及其转录延伸复合物的高分辨率冷冻电镜结构; 揭示了PEP核心采用细菌RNAP的典型折叠, 15个PAPs结合在PEP核心外围, 促进PEP-PAPs超复合物组装, 保护复合物免受氧化损伤, 并可能将基因转录与RNA加工偶联(Wu et al., 2024c)。该研究提供了细菌源PEP核心和真核源PAP组装的结构细节, 为研究叶绿体转录机制如何进化以利于陆地植物在恶劣的陆地环境中生存和适

应新生命周期奠定了结构基础。

5.2 确证Ycf2-FtsHi复合物为叶绿体蛋白转运马达并揭示其机制及多样性

细胞核基因编码的叶绿体蛋白约有3 000种,它们在细胞质合成后以前体蛋白的形式借助叶绿体内外膜转运蛋白(TOC-TIC)进入叶绿体(Jin et al., 2022)。叶绿体蛋白转运过程需要消耗能量,这一能量由一套专门的动力系统通过ATP水解提供。该动力源,即“马达”,对于叶绿体的发育和生物发生至关重要,然而其分子组成和作用机制经过数十年的研究仍未阐明。叶绿体的马达非常独特,其它细胞器中无可参考的同源复合物。此外,马达与TIC复合物的相互作用非常动态且不稳定,这为鉴定马达的分子身份带来极大的困难。马达的分子身份在该领域引起了激烈的争议,两种主要模型Hsp93-cpHsp70-Hsp90C (Inoue et al., 2013)和Ycf2-FtsHi (Kikuchi et al., 2018)被提出,每种模型分别包含截然不同的组分。闫浣团队建立了一套体外叶绿体蛋白质转运实验系统,成功捕获了转运中间态超级复合物,确认了Ycf2-FtsHi复合物为领域长期寻找的叶绿体转运马达,揭示了陆生植物叶绿体蛋白转运系统-马达系统协同工作的全过程(Liang et al., 2024a)。同时,闫浣团队还分离了衣藻内源马达复合物,鉴定了多达19个组分,确证了绿藻中存在保守的Ycf2-FtsHi复合体,并阐明了其物种特异性元素。通过系统解析其ATP酶活性特征,从生化层面验证了Ycf2-FtsHi复合物的马达功能本质,并基于跨物种比较分析,揭示了该复合物在光合生物中的进化保守性及特异性分化规律(Liang et al., 2024b)。

5.3 光诱导的phyB结构重塑触发红光信号转导

光敏色素B (phyB)是介导红光响应的红光受体,能在红光吸收态(基态, Pr)和远红光吸收态(激活态, Pfr)之间进行可逆转变。光激活的phyB与光敏色素互作因子(phytochrome-interacting factor, PIF)相互作用,构成植物响应周围光环境的关键信号模块。前人已揭示了phyB-Pr的结构,但phyB-Pfr及其识别PIF的结构生物学基础仍不清楚(Li et al., 2022)。王继纵团队与邓兴旺团队合作揭示了长期以来备受关注的phyB光信号转导最初反应机制,发现红光照射导致phyB中的色素分子发生构象变化,进而引发phyB N端感光

模块(PSM)内PHY舌状结构转变(从 β -折叠转变为 α -螺旋)。这一转变破坏了phyB在Pr状态下的头尾二聚体结构,使其转变为更加灵活的构象,为PIF6的结合提供了可能。phyB与PIF6的结合不仅稳定了phyB的Pfr状态,而且促进了phyB的二聚化,触发光信号转导(Wang et al., 2024g)。该研究解析了“头对头”激活态phyB二聚体识别结合PIF6-APB的复合体结构,为作物感光性状的改造及phyB光控基因表达的“光遗传学”工具开发提供了分子水平的精细图纸。

5.4 根顶端分生组织具有独立的光信号感知能力

光不仅能影响植物地上部分的生长,也影响其地下组织的发育。例如,地下生长的根,其发育便受到光信号的严格控制。长期以来人们认为根对光信号的响应取决于由茎到根的信号转导(Lee et al., 2017; Yang and Liu, 2020)。然而,根是否能独立感知光信号并不清楚。赵忠团队发现根顶端分生组织(root apical meristem, RAM)能独立于地上器官感知光,通过光调节转录因子HY5 (ELONGATED HYPOCOTYL5)指导根的早期发育。他们发现,在黑暗中由于H₂O₂在根顶端分生组织中的积累,导致根中H₂O₂与超氧阴离子之间的ROS平衡被破坏,抑制了根的生长。而在光下,土壤中RAM能独立感知光信号,一方面通过HY5直接激活过氧化物酶基因PER6的表达以消除H₂O₂;另一方面, HY5直接抑制转录因子UPBEAT1,解除其对PERs表达的抑制。其这一作用有助于维持根中由光信号控制的ROS平衡。该研究不仅发现植物根顶端分生组织具独立光感知能力,还揭示了HY5介导的光与ROS信号在早期根发育中的互作机理,对深入理解植物生长发育调控机制有重要意义(Li et al., 2024a)。

6 非生物耐逆性

6.1 COLD6-OSM1模块耦合2',3'-cAMP信号感知低温调控水稻耐寒性

全球气候变化带来的极端低温事件对农业生产构成了严峻挑战。通过挖掘信号途径核心基因模块,利用分子设计培育寒害耐性品种是重要的解决方案之一。第二信使是介导信号途径的核心上游组分,直接响应低温感受器信号。已有研究表明,低温感受器大多触发Ca²⁺作为第二信使的信号途径,其它分子作为第二

信使的信号途径少有报道。种康团队鉴定到负调控水稻耐寒性的QTL主效基因*COLD6* (*CHILLING TOLERANCE DIVERGENCE 6*), 该基因编码区的亮氨酸密码子CTC数量不同, 导致低温条件下来自粳稻的*COLD6*^{jp}蛋白在细胞膜上的积累较少, 从而表现出更强的耐寒性。编辑*COLD6*能提高“三系”杂交稻及其亲本的耐寒性, 展现出其潜在的育种价值。低温下*COLD6*与冷诱导的*OSM1*形成膜蛋白复合体, 感知胞外低温信号, 触发新的第二信使2',3'-cAMP积累, 启动水稻的寒害防御反应(Luo et al., 2024)。该研究报道了植物细胞中耦合低温感受器启动寒害耐受的新第二信使, 拓展了人们对植物低温感知和应答的认识, 为水稻耐寒育种提供了新的分子靶点。

6.2 蛋白酶体促进应激颗粒解聚以提高植物高温耐受性的分子机制

应激颗粒(stress granule, SG)是由RNA和蛋白组成的调控真核生物环境适应性的生物大分子凝聚物。SG组装与解聚是一个高度动态变化的过程, 其稳态异常与神经退行性疾病密切相关(Wang et al., 2020)。植物中至今尚未发现不可逆SG的形成, 这表明植物可能具备更有效的策略来维持SG的可逆调控。但植物中SG的动态和稳态调控分子机制, 及其与植物胁迫适应性的关系尚不清楚。王伟团队利用RNA原位杂交和SG标志蛋白动态追踪, 发现高温胁迫下形成的SG具有较强的流动性, 其组装和解聚可快速相互转换。进一步通过蛋白质组学、体内外共定位和遗传学实验证实, 蛋白酶体的组分在SG形成早期即被招募进入SG, 组装成具有更高蛋白酶催化活性的蛋白酶体复合体。该复合体并不影响SG标志蛋白的分子流动性, 主要功能是通过降解SG中的蛋白加速其解聚, 促进高温胁迫后的细胞功能恢复, 进而增强植物的耐高温胁迫能力(Xie et al., 2024)。该研究阐明了蛋白酶体调控SG稳态的新功能, 为动、植物SG稳态调控和细胞逆境胁迫响应机制研究提供了全新的探索方向。

6.3 小麦耐盐关键基因的挖掘与应用

“以种适地”是盐碱地综合开发利用的重要策略。然而, 由于小麦基因组庞大且复杂, 其耐盐基因的挖掘和分子育种工作一直相对滞后。王萌团队利用群体遗传

学手段, 鉴定到1个小麦耐盐主效等位基因*TaSPL6-D*ⁿ, 其主要存在于小麦农家种中, 由于47 bp序列的插入而无法编码成熟的蛋白, 丧失了对钠离子转运蛋白编码基因*TaHKT1;5-D*的转录抑制能力, 从而提高了盐胁迫下小麦的钠离子外排能力。进一步研究发现, *SPL6-HKT1;5*模块在水稻等作物中保守存在, 但*SPL6*是1个“一因多效”基因, 其水稻敲除系会导致穗部发育障碍; 然而在小麦这种六倍体作物中, 由于A、B和D三个拷贝之间的功能冗余和分化, 将*TaSPL6-D*ⁿ导入现代主栽品种, 不仅不会影响穗的发育, 在山东东营等多年多点的盐碱地大田试验中还表现出5%–9%的增产效果(Wang et al., 2024d)。该研究“找回”了农家种中蕴藏的小麦耐盐关键基因, 解析了作物*SPL6-HKT1;5*耐盐调控模块, 同时证明六倍体小麦在挖掘和利用“一因多效”基因方面具有独特的优势, 为作物-盐碱地“以种适地”改良提供了重要方案。

6.4 植物低渗感受器OSCA2.1和OSCA2.2的鉴定

随着全球气候变暖, 缺水对植被和农作物的影响日趋严重。高等植物通过阻止细胞活动(脱水)和复苏过程(水合作用)在陆地缺水 and 水分变化环境中生存。然而, 植物在补水过程中如何监测水分的有效性尚不清楚。远方团队与国内外单位合作鉴定了拟南芥中细胞表面的低渗透传感器, 并发现花粉Ca²⁺峰值是由水通过这些低渗透传感器直接控制, 由此说明Ca²⁺ spike是水状态的第二个信使。OSCA2.1和OSCA2.2将细胞外的水分状态转化为花粉中的Ca²⁺ spike, 并作为跟踪植物再水化的必要低渗透传感器。所有生物(特别是无根陆地植物)必须监测其环境中的水, 以规划其生长和发育。补水可能通过低渗透传感过程发生(类似于其它生物体中的细胞表面低渗透传感器), 并涉及第二信使系统。该研究揭示了环境水分信号转化为细胞内的钙信号, 进而调控下游的生理生化反应(Pei et al., 2024)。植物低渗感受器的鉴定为研究农作物如何有效利用水分, 增强水胁迫抗性(抗旱和耐涝)提供了重要基因资源。

6.5 DCP5介导的植物渗透胁迫感知新途径

作为固着生物, 植物经常面对因干旱、洪涝、极端温度及土地盐渍化所导致的渗透胁迫。渗透胁迫严重影响植物的生长发育, 对农作物生产和粮食安全构成了

重大威胁。植物如何感知环境渗透压变化一直是植物科学的研究热点。尽管已有研究揭示了细胞膜上的机械力门控离子通道可通过细胞膜张力变化感知渗透胁迫,但细胞内部是否存在其它渗透感知机制仍不清楚。郭红卫团队在拟南芥中发现了一条由细胞质蛋白DCP5 (Decapping 5)介导的渗透胁迫感知新途径。研究表明,DCP5蛋白能通过其固有无序区(intrinsically disordered region, IDR)内的感受器元件(intramolecular crowding sensor, ICS)感知高渗透胁迫时因细胞皱缩而加剧的胞内分子拥挤,进而通过相分离迅速组装形成生物大分子凝聚体,以此实现对渗透胁迫的感知。进一步研究发现,DCP5在凝聚过程中招募多种RNA结合蛋白以及翻译起始因子,并且富集大量mRNA,形成被称为DOSG的植物应激颗粒。在DOSG装配过程中,其对植物细胞的翻译组和转录组进行了双重调控,从而促进植物快速适应渗透胁迫环境(Wang et al., 2024f)。该发现为深入理解植物感知环境渗透压变化机制提供了全新视角,也为开发和选育耐旱及耐盐碱作物品种提供了潜在的分子靶点。

6.6 促进植物再生的局部创伤信号多肽REF1

在复杂的自然环境中,生物和非生物因子引发的机械损伤常导致生命体器官和组织部分或完全缺失。为应对这一挑战,植物演化出卓越的再生能力,以有效愈合伤口(Sugimoto et al., 2019; Mathew and Prasad, 2021)。李传友团队与邓磊团队合作通过研究1个创伤诱导防御和再生缺陷的番茄突变体,发现番茄中小肽Pep的同源物REF1 (SI_{Pep})在调节局部损伤和促进植物再生方面发挥关键作用,是植物再生的局部损伤信号。此外,该团队还明确了PEPR1/2的同源物PORK1为感知REF1信号的受体,REF1-PORK1介导的信号通路能激活植物创伤诱导的细胞重编程主要调控子WIND1,并与WIND1形成一个正反馈回路,从而放大和稳定损伤信号,协调愈伤组织的器官再生。REF1-PORK1信号转导机制代表了一个保守的植物细胞因子途径,能够启动、放大和稳定信号转导级联,实现对创伤诱导器官再生的精细调控(廖人玉和王佳伟, 2024; Yang et al., 2024)。该发现不仅为理解植物损伤响应和再生的分子机制打开了全新视角,而且为提高作物的再生能力和遗传转化效率提供了潜在应用策略。

7 生殖生物学

7.1 番茄通过调控HD-Zip蛋白的表达促进闭花授粉结构的形成

现代栽培番茄无须昆虫或人工介入便能实现“自我授粉”,这一现象不仅显著提高了结实率,还增强了其抗逆性。吴双团队研究发现现代栽培番茄的花药边缘具有一类特殊的表皮毛,它们相互铰链,形成一个类似拉链的结构,锁住相邻花药,形成密闭的花药桶结构。该团队在番茄花柱中发现一类HD-Zip IV转录因子调控花柱长度决定因子Style 2.1的空间表达,推测在番茄进化早期,HD-Zip IV转录因子时空表达的改变促进了番茄花药形成闭合结构,同时促进花柱伸长外露。在这个阶段,由于野生番茄中的自交不亲和尚未解除,自花授粉难以发生,这样的花结构使野生番茄仍然能通过昆虫传粉完成受精和繁殖。但当自交不亲和性状突变缺失后,人为驯化倾向于筛选具有Style 2.1突变的后代,形成花柱内缩及花药桶紧闭的完全闭花授粉结构(Wu et al., 2024a)。该研究解析了植物通过调控表皮毛发育改变花器官结构,进而改变授粉方式的分子机制,为改良转基因作物和防止花粉污染提供了新的靶标。

7.2 精细胞中特异表达的转录抑制因子调控胚根干细胞发育的分子机制

受精作用通过精卵细胞融合汇集并整合父母亲本遗传物质从而启动胚胎发生,产生新一代植物体。父母亲本基因如何调控受精及受精后的胚胎发育和器官建成是发育生物学的基本科学问题,对解析植物发育调控机制和理解作物杂交育种的分子机理至关重要。孙蒙祥团队鉴定到2个在精细胞中特异表达的转录抑制因子TREE1和DAZ3,研究证实TREE1及其同源基因DAZ3均为父本起源基因。TREE1和DAZ3突变后,胚根原细胞发育命运发生改变,根干细胞分化异常,继而根的发育异常,根重建能力降低。受精后TREE1和DAZ3结合到卵细胞特异表达的母本起源基因RKD2的启动子上,抑制其在早期胚胎中表达,以确保胚根原细胞正常分裂,及根干细胞系的发育命运正常确立。当TREE1和DAZ3突变后,RKD2在早期胚胎中的抑制被解除,胚根原细胞和根干细胞系的命运随之发生改变(Cheng et al., 2024b)。该研究揭示了一条受精过程

中雌雄配子在分子层面上的具体互作途径,并解析了该途径靶向调控胚胎具体器官形成的分子机制。

8 囊泡运输

8.1 FREE1生物大分子凝聚体介导膜重塑

细胞内部结构复杂而精妙,其中各物质的有序组织是确保细胞正常运作的基础。细胞区室化是一种主要的维持胞内各反应有序进行的机制。在真核细胞中,细胞区室化的主要方式是形成有膜细胞器(Honigsmann and Pralle, 2016)。由生物大分子通过相分离聚集形成生物大分子凝聚体则是另一种普遍存在的维持并调控细胞生命活动的机制,这类结构被称作无膜细胞器(Banani et al., 2017)。近年来,液-液相分离机制多次被报道参与了生物大分子凝聚体的形成(Alberti et al., 2019)。方晓峰团队与国外多家单位合作,基于前期发现提出植物FREE1蛋白可能参与胞内体的膜重塑。随后,他们利用一系列体内、体外实验及计算机模拟证实,由液-液相分离形成的FREE1生物大分子凝聚体可在不依赖传统ESCRT机制与能量消耗的情况下,通过与多囊泡体膜发生润湿作用介导膜切割与内陷,进而形成腔内囊泡(Wang et al., 2024e)。人们曾经普遍认为膜重塑主要依赖于ESCRT机制且需要能量消耗,而该研究揭示了FREE1生物凝聚体亦可通过非能耗方式单独介导胞内体的膜重塑并参与多囊泡体形成。该研究提出的有膜细胞器-无膜细胞器互作模型,为后续研究相分离形成的生物凝聚体参与其它细胞内膜运输过程奠定了坚实的理论基础。

9 植物-微生物互作

9.1 遗传优化大豆结瘤提高产量和蛋白质含量

豆科植物根瘤中的共生固氮需要消耗大量的能量,超级结瘤大豆由于过度消耗碳源导致植株发育受阻和产量下降。孔凡江和王二涛团队与合作者通过基因编辑创制了根瘤数量不同程度改变的大豆突变体(*nin-4m*、*ic1b/2b*、*ric1a/2a*、*ric-6m*和*nark*),发现超级结瘤大豆突变体*ric-6m*和*nark*生物量减少,而根瘤数量增加1倍的*ric1a/2a*突变体生物量显著增加。同位素示踪等实验表明,*ric1a/2a*根瘤数量适当提高不仅增加生物固氮作用,还通过氮素促进了叶绿素含量,提高

了大豆光合效率,最终达到碳氮协同促进。*ric1a/2a*中适当增加的根瘤并未像超结瘤突变体一样消耗过多碳源,因此维持了碳氮平衡。多年多点田间试验表明,*ric1a/2a*的小区产量显著提升10%–20%,蛋白质含量稳定提高1%–2%,且含油量未显著降低。这归因于*ric1a/2a*中转运到种子的碳源与氮源协同提升,因此实现了协同增加产量和蛋白质的生物育种(Zhong et al., 2024b)。该研究通过基因编辑等手段优化大豆结瘤固氮,有望成为提升大豆单产和品质,促进绿色种植的重要途径,对打好大豆种业翻身仗有重要意义。

10 植物系统进化

10.1 系统发育与基因组学

10.1.1 小立碗藓染色体的人工合成与替换

合成基因组学通过设计与合成重塑基因组,既可探索基因组的组织规律,也是改造基因组、创造人工生命的底盘技术,现已成为科学探索新前沿。小立碗藓(*Physcomitrium patens*)是苔藓类植物,其生活史中单倍体世代占主导,具有结构简单和同源重组能力强等特点,是重要的模式植物。戴俊彪团队与闫建斌团队合作首先绘制了端粒到端粒的小立碗藓高精参考基因组(Bi et al., 2024)。在此基础上,戴俊彪团队与国内多家单位合作对小立碗藓18号染色体短臂上155 kb的基因组片段进行了改造及合成,最终获得完全替换成功的合成株系semi-syn 18L。经检测,合成株系与野生型在各个发育阶段表型类似,对高盐和干旱耐受性也无明显差异(Yu et al., 2024b)。该研究为完成苔藓基因组合成计划(SynMoss)提供了重要技术支撑,并为合成更复杂的植物基因组奠定了技术基础。

10.1.2 马达加斯加猴面包树基因组信息揭示其演化历史

猴面包树属(*Adansonia*)为锦葵科木棉亚科落叶乔木,全球仅存8种,其中6种只分布于马达加斯加,其余2种分别分布于非洲大陆和澳大利亚(Baum, 1995)。猴面包树不仅树形奇特,果实可食,树干还能储水;在干旱条件下,可为不同动物提供水、食物和庇护所。但该属物种受气候变化和栖息地被破坏的影响较大,属内3个物种已被列为濒危或极度濒危物种。王青锋团队与万涛团队合作对分布于全球的8个猴面包树物

种基因组进行了测序分析,重建了其系统发生关系,结合大陆板块运动、全球气候和海平面变化历史等因素,追溯了其演化、扩散和种群大小变化历史,推测马达加斯加是猴面包树属的起源和分化中心(Wan et al., 2024)。该研究不仅对制定物种保护政策非常重要,还为有效保护马达加斯加岛整体生物多样性提供了新的科学视角和参考依据。

10.1.3 栽培三倍体香蕉基因组的解析

栽培香蕉(*Musa* spp.)是热带和亚热带地区的主要经济作物,其大部分起源于小果野蕉(*M. acuminata*)和野蕉(*M. balbisiana*)的自然杂交。目前,鲜食栽培三倍体香蕉主要为巴西蕉(Cavendish)以及大麦克蕉(Gros Michel),它们的起源和演化吸引了众多科学家的关注,而它们的抵抗病毒病能力则涉及到这些栽培香蕉的命运。小果野蕉和野蕉的基因组均已被测序(D'Hont et al., 2012; Wang et al., 2019),但一直缺少高质量的三倍体香蕉基因组图谱来完成它们的演化“拼图”。近期,张亮生团队与国内外多家单位合作完成了巴西蕉和大麦克蕉的高质量染色体水平基因组图谱,明确了三倍体栽培香蕉A基因组的祖先来源,并挖掘了调控抗病与果实成熟的关键基因(Li et al., 2024b)。该研究不仅揭示了占栽培香蕉90%市场的这2个三倍体亚群的起源,还为培育抗病、耐贮藏和口感好的香蕉品种提供了重要指导。

10.1.4 棉族独特折叠胚形成的分子与演化机制

锦葵科棉属(*Gossypium*)物种的种子表面密布长或者短的棉毛,种子内子叶高度折叠,形成了被子植物最复杂的胚结构。棉属的几个物种被驯化培育成著名的纤维作物,这些物种的起源以及基因组演化吸引了众多科学家的关注。朱玉贤团队在棉花基因组学研究方面取得了一系列重要进展(Wang et al., 2012; Huang et al., 2020)。近期,该团队又与合作者通过解析端粒到端粒的四倍体棉祖先种雷蒙德氏棉(*G. raimondii*)基因组完整序列图谱,揭示了其独特的着丝粒结构类型及表观图谱,并通过深入挖掘功能性转座子,发现由3个新分子(miR2947-DNA转座子MuTC01-加倍基因LEC2b)组成的三级小RNA调控机制,从而阐明了棉属及其近缘物种复杂折叠子叶形成的分子调控与演化机制(Huang et al., 2024)。该研究首次在植物界发现具有功能的三级小RNA调控机制,并从发育的

角度阐释了棉族复杂的胚折叠过程及其分子与演化机制。

10.1.5 基因组相关研究揭示豇豆驯化过程中的遗传分化特征

豇豆(*Vigna unguiculata*)起源于非洲,经过人类驯化和培育,现有2个主要栽培亚种:非洲的粮用豇豆(*V. unguiculata* subsp. *unguiculata*)和亚洲的菜用豇豆(*V. unguiculata* subsp. *sesquipedalis*)。这2个亚种在荚长、单荚粒数和营养品质等重要农艺性状上差异很大。它们是如何分化的?造成这些农艺性状差异的遗传基础和分子机制又是什么?只有1个亚种的基因组(Lonardi et al., 2019)无法回答上述问题。李国景团队与张明方团队合作成功构建了1个粮用豇豆和1个菜用豇豆的高质量基因组,并对全世界收集的344份核心种质进行了重测序,结合GWAS和选择性清除等分析方法,挖掘到与驯化和改良相关的基因组印迹信号和重要基因/遗传位点,发现粮用豇豆的驯化主要涉及籽粒大小和品质等性状,菜用豇豆的驯化则主要涉及荚长和嫩荚品质等性状(Wu et al., 2024d)。该研究全面解析了豇豆驯化与改良中重要性状相关基因组的选择特征,为豇豆品质、产量和抗逆(病)性状的协同改良提供了重要基因组信息。

10.1.6 小麦百年种质遗传多样性的解析

小麦是全球最主要的粮食作物之一,普通小麦为异源六倍体,基因组约为15 Gb,其遗传育种研究极其复杂。而现代小麦育种过程中单一品种的选育和推广可能会导致小麦现代品种多样性的丢失(Walkowiak et al., 2020)。因此,扩大小麦的遗传多样性资源范围,从众多地方品种中挖掘决定优异农艺性状的基因资源,是突破目前小麦育种障碍的重要途径。程时锋团队与国外单位合作,利用英国约翰·英纳斯中心保存的百年来收集的来自世界30多个国家的全套小麦种质资源,特别是绿色革命之前的品种,开展了表型鉴定、遗传作图群体构建及群体基因组变异图谱构建,完成了控制137个性状的候选基因、单倍型和相关变异鉴定等系列工作。他们追溯了现代小麦育种过程中丢失的遗传多样性,挖掘了当前小麦育种中未被利用的大量新优异变异,如与小麦高产且抗倒伏、氮高效利用和抗病基因等相关的数千个有利遗传变异位点,开发了一整套小麦科研和育种上有用的数据资源和

技术工具, 为全球农业科技发展贡献了中国智慧和力量(Cheng et al., 2024a)。

10.1.7 黍稷农艺性状的遗传基础

黍稷(*Panicum miliaceum*)是一种古老的作物, 因具有抗旱、耐盐碱和生育期短等特性, 成为半干旱地区部分旱地的主粮作物或夏季轮作作物(Rajput et al., 2016)。但黍稷的产量较低, 且因系统性的基因组研究工作不足及驯化机制不明长期制约了其分子育种进展。宋伟彬团队系统收集了中国北方10个省份的野生黍稷种质资源, 结合栽培品种, 对1 904份黍稷进行了全基因组深度测序, 构建了全面的基因组变异图谱。通过全基因组关联分析(GWAS), 他们鉴定出与12个农艺性状相关的186个位点, 包括调控籽粒大小(*PmGW8*)和穗型(*PmLG1*)等的关键基因。野生黍稷中保留了许多与籽粒性状相关的有益变异, 这些变异在栽培品种中大多丢失。此外, 野生和栽培黍稷采用不同的基因位点调控开花时间, 以适应区域环境差异。该团队同时解析了黍稷的群体结构, 为现代栽培黍稷起源于黄土高原地区的单一起源理论提供了支持(Lu et al., 2024b)。该研究全面系统地揭示了黍稷的遗传多样性及种群基因组特征, 为黍稷的遗传改良提供了重要的基因资源。

10.1.8 西瓜属超级泛基因组图谱的构建

西瓜(*Citrullus lanatus*)是全球重要的经济作物, 但其栽培品种遗传多样性较低, 可用于进一步改良的遗传资源有限。为充分研究和利用作物野生近缘种中的遗传变异, Bohra等(2022)提出了“超级泛基因组”, 即从物种水平的泛基因组扩展到包含一个属内所有物种的基因组信息, 是遗传改良和种质创新的宝库。张兴平团队与国内单位合作绘制了西瓜属全部7个种的28份代表性材料的端粒到端粒(T2T)高质量基因组图谱, 成功构建T2T水平的西瓜属超级泛基因组, 极大丰富了西瓜遗传改良基因资源库。通过比较分析, 他们鉴定出丰富的基因和结构变异, 揭示了西瓜在驯化过程中伴随着糖分积累相关基因的扩张和大量抗病基因的丢失; 并从野生西瓜基因组中系统挖掘了抗病基因, 且成功整合进栽培西瓜基因组。此外, 该团队还核实了西瓜起源于非洲的理论依据, 发现栽培西瓜除之前报道的*cordophanus*亚种外可能还存在其它祖先(Zhang et al., 2024d)。该研究加深了人们对西瓜

基因组多样性和驯化历史的理解, 为西瓜育种提供了最完整的基因组资源。

10.2 分子进化与古植物学

10.2.1 十字花科植物一年生与多年生生活习性转换的遗传基础

植物具有从一年生、二年生至多年生的不同生活史策略, 且在进化历史中发生过多次多年生和一年生之间的转变, 这对于其适应多变的生长环境具有重要意义(Friedman, 2020)。另外, 多年生作物具有1次播种多次收获的特点, 因此在可持续农业和粮食安全上具有极大价值。王佳伟团队以包含多种重要蔬菜和油料作物的十字花科植物为研究对象, 选取多次结实的多年生模式植物喜马拉雅须弥芥(*Crucihimalaya himalaica*)和内华达糖芥(*Erysimum nevadense*), 通过构建跨物种遗传群体, 利用正向遗传学手段定位到3个密切相关的MADS-box基因(*FLC*、*FLM*和*MAF*), 这些基因对决定植物生活史策略具有关键作用。其剂量效应实现了多年生/二年生/一年生之间转变的连续过程, 且通过表达模式、功能强度和组合方式的多样化赋予了植物转换不同生活史策略的潜力, 其中单个基因的过表达足以将一年生或冬性一年生植物转化为多年生开花植物(廉小平等, 2024; Zhai et al., 2024)。该研究为揭示植物生活史策略的进化奠定了遗传基础, 也为开发培育具有更长寿命的多年生十字花科作物提供了理论依据。

10.2.2 花生的进化历史与表型多样化

作为全球重要的油料作物, 花生(*Arachis hypogaea*)的进化历史和表型多样化的遗传机制一直备受关注。之前的研究推测花生可能起源于野生四倍体祖先山地花生(*A. monticola*), 但亚种分化的遗传基础和驯化路径仍不明确, 尤其缺乏对全基因组水平变异的系统性解析(Seijo et al., 2007; Yin et al., 2018)。张新友团队与郑峥团队合作通过对全球范围内花生种质资源的叶绿体和全基因组测序分析, 揭示了花生的遗传进化规律。他们发现花生的2个主要亚种(*hypogaea*和*fastigata*)可能分别起源于独立的二倍体野生种多倍化事件, 并经历差异化的传播路径与人工选择驯化而来。该团队结合全基因组关联分析(GWAS)和连锁作图, 鉴定出多个与重要农艺性状(如开花模式、内种皮颜色、荚果和籽粒重量与含油量)相关的基因和基

因组区域,并开发了高效分子标记,为分子育种提供了靶点(Zheng et al., 2024)。该研究不仅加深了人们对花生进化历史的理解,还揭示了花生表型多样化的遗传基础,有望显著提高其育种效率。

10.2.3 上山文化遗址揭示水稻从野生到驯化的十万年演化史

水稻是世界上三大主粮作物之一,但其从野生到驯化的过程仍不明晰。遗传学研究推断野生稻可能早在2.4万–1.3万年前就已被采集利用(Choi et al., 2017),然而考古证据表明野生稻直到约1.2万年前后才开始被人类采集和利用(Qiu et al., 2019)。吕厚远团队与国内多家单位合作,利用植硅体微体化石分析等方法开展了水稻起源研究。该团队基于多年的系统研究,建立了以水稻泡状细胞中扇形植硅体鱼鳞纹数量作为判别野生-驯化水稻的鉴定指标,结合光释光(optically stimulated luminescence, OSL)和碳14测年技术,通过对2个上山文化典型遗址的考古地层采样分析,系统重建了上山文化遗址地层序列中水稻从野生到驯化的连续时间框架。研究表明,野生水稻至少在10万年前就已在长江下游地区分布,在约2.4万年前开始水稻利用的初步阶段,在约1.3万年前进入预驯化栽培阶段,最终在约1.1万年前完成驯化(Zhang et al., 2024a)。该发现揭示了水稻驯化的漫长过程,对理解东亚农业起源和植物驯化机制具有重要意义。

11 全球变化生态学

11.1 优化肥料管理可显著减少全球氨排放

大气中的氨气(NH_3)主要来源于农业活动,对空气质量、人类健康和生态系统构成严重威胁。然而,由于数据限制,全球农田 NH_3 排放的估算存在不确定性,影响了减排选项及效果准确评估。随着全球人口的增长,粮食需求增加,如何在减少氮肥总用量的情况下降低 NH_3 排放,成为亟待解决的问题。近期,郑一团队与国外合作者开发了一种基于机器学习的人工智能模型,可用于估算全球 NH_3 排放。研究发现,2018年全球水稻、小麦和玉米田的 NH_3 排放量为 $(4.3 \pm 1.0) \text{ Tg N} \cdot \text{a}^{-1}$,低于以往未充分考虑肥料管理实践的估算。通过空间优化肥料管理, NH_3 排放可减少约38% ($(1.6 \pm 0.4) \text{ Tg N} \cdot \text{a}^{-1}$),其中水稻的减排潜力最

大,可达47%。此外,研究还预测了不同气候变化情景下 NH_3 排放的变化趋势,指出针对性肥料管理措施可缓解潜在的 NH_3 排放增加,为各国制定符合自身条件的减排策略提供了科学依据,具有重要的应用价值(Xu et al., 2024)。

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!

顾红雅 (北京大学)

陈 凡 (崖州湾国家实验室)

林荣呈 (湘湖实验室)

漆小泉 (中国科学院植物研究所)

杨淑华 (中国农业大学)

陈之端 (中国科学院植物研究所)

陈学伟 (四川农业大学)

丁兆军 (山东大学)

萧浪涛 (湖南农业大学)

左建儒 (中国科学院遗传与发育生物学研究所)

姜里文 (香港中文大学)

白永飞 (中国科学院植物研究所)

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

- Alberti S, Gladfelter A, Mittag T (2019). Considerations and challenges in studying liquid-liquid phase separation and biomolecular condensates. *Cell* **176**, 419–434.
- Banani SF, Lee HO, Hyman AA, Rosen MK (2017). Biomolecular condensates: organizers of cellular biochemistry. *Nat Rev Mol Cell Biol* **18**, 285–298.
- Baum DA (1995). A systematic revision of Adansonia (Bombacaceae). *Ann Mo Bot Gard* **82**, 440–471.
- Bi G, Zhao S, Yao J, Wang H, Zhao M, Sun Y, Hou X, Haas FB, Varshney D, Prigge M, Rensing SA, Jiao Y, Ma Y, Yan J, Dai J (2024). Near telomere-to-telomere genome of the model plant *Physcomitrium patens*. *Nat Plants* **10**, 327–343.
- Bickmore WA (2013). The spatial organization of the human genome. *Annu Rev Genomics Hum Genet* **14**, 67–84.
- Bock R (2017). Witnessing genome evolution: experimental reconstruction of endosymbiotic and horizontal gene transfer. *Annu Rev Genet* **51**, 1–22.

- Bohra A, Kilian B, Sivasankar S, Caccamo M, Mba C, McCouch SR, Varshney RK (2022). Reap the crop wild relatives for breeding future crops. *Trends Biotechnol* **40**, 412–431.
- Borah JC, Boruwa J, Barua NC (2007). Synthesis of the c-13 side-chain of taxol. *Curr Org Synth* **4**, 175–199.
- Caumon H, Vernoux T (2023). A matter of time: auxin signaling dynamics and the regulation of auxin responses during plant development. *J Exp Bot* **74**, 3887–3902.
- Chalvin C, Drevensek S, Dron M, Bendahmane A, Boualem A (2020). Genetic control of glandular trichome development. *Trends Plant Sci* **25**, 477–487.
- Cheng SF, Feng C, Wingen LU, Cheng H, Riche AB, Jiang M, Leverington-Waite M, Huang ZJ, Collier S, Orford S, Wang XM, Awal R, Barker G, O'Hara T, Lister C, Siluveru A, Quiroz-Chávez J, Ramírez-González RH, Bryant R, Berry S, Bansal U, Bariana HS, Bennett MJ, Bicego B, Bilham L, Brown JKM, Burrridge A, Burt C, Buurman M, Castle M, Chartrain L, Chen BZ, Denbel W, Elkot AF, Fenwick P, Feuerhelm D, Foulkes J, Gaju O, Gauley A, Gaurav K, Hafeez AN, Han RR, Horler R, Hou JL, Iqbal MS, Kerton M, Kondic-Spica A, Kowalski A, Lage J, Li XL, Liu HB, Liu SY, Lovegrove A, Ma LL, Mumford C, Parmar S, Philp C, Playford D, Przewieslik-Allen AM, Sarfraz Z, Schafer D, Shewry PR, Shi Y, Slafer GA, Song BX, Song B, Steele D, Steuernagel B, Tailby P, Tyrrell S, Waheed A, Wamalwa MN, Wang XW, Wei YP, Winfield M, Wu SS, Wu YB, Wulff BBH, Xian WF, Xu YW, Xu YF, Yuan Q, Zhang X, Edwards KJ, Dixon L, Nicholson P, Chayut N, Hawkesford MJ, Uauy C, Sanders D, Huang SW, Griffiths S (2024a). Harnessing landrace diversity empowers wheat breeding. *Nature* **632**, 823–831.
- Cheng T, Liu Z, Li H, Huang X, Wang W, Shi C, Zhang X, Chen H, Yao Z, Zhao P, Peng X, Sun MX (2024b). Sperm-origin paternal effects on root stem cell niche differentiation. *Nature* **634**, 220–227.
- Choi JY, Platts AE, Fuller DQ, Hsing YL, Wing RA, Purugganan MD (2017). The rice paradox: multiple origins but single domestication in Asian rice. *Mol Biol Evol* **34**, 969–979.
- Colantonio V, Ferrão LFV, Tieman DM, Bliznyuk N, Sims C, Klee HJ, Munoz P, Resende Jr MFR (2022). Metabonomic selection for enhanced fruit flavor. *Proc Natl Acad Sci USA* **119**, e2115865119.
- Contreras MP, Lüdke D, Pai H, Toghiani A, Kamoun S (2023). Nlr receptors in plant immunity: making sense of the alphabet soup. *EMBO Rep* **24**, e57495.
- Deng YW, Ning YS, Yang DL, Zhai KR, Wang GL, He ZH (2020). Molecular basis of disease resistance and perspectives on breeding strategies for resistance improvement in crops. *Mol Plant* **13**, 1402–1419.
- D'Hont A, Denoeud F, Aury JM, Baurens FC, Carreel F, Garsmeur O, Noel B, Bocs S, Droc G, Rouard M, Da Silva C, Jabbari K, Cardi C, Poulain J, Souquet M, Labadie K, Jourda C, Lengellé J, Rodier-Goud M, Alberti A, Bernard M, Correa M, Ayyampalayam S, McKain MR, Leebens-Mack J, Burgess D, Freeling M, Mbéguié-A-Mbéguié D, Chabannes M, Wicker T, Panaud O, Barbosa J, Hribova E, Heslop-Harrison P, Habas R, Rivallan R, Francois P, Poirion C, Kilian A, Burthia D, Jenny C, Bakry F, Brown S, Guignon V, Kema G, Dita M, Waalwijk C, Joseph S, Dievart A, Jaillon O, Leclercq J, Argout X, Lyons E, Almeida A, Jeridi M, Dolezel J, Roux N, Risterucci AM, Weissenbach J, Ruiz M, Glaszmann JC, Quétier F, Yahiaoui N, Wincker P (2012). The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature* **488**, 213–217.
- Dubey SM, Han S, Stutzman N, Prigge MJ, Medvecká E, Platre MP, Busch W, Fendrych M, Estelle M (2023). The afb1 auxin receptor controls the cytoplasmic auxin response pathway in *Arabidopsis thaliana*. *Mol Plant* **16**, 1120–1130.
- Friedman J (2020). The evolution of annual and perennial plant life histories: ecological correlates and genetic mechanisms. *Annu Rev Ecol, Evol, Syst* **51**, 461–481.
- Gao MJ, He Y, Yin X, Zhong XB, Yan BX, Wu Y, Chen J, Li XY, Zhai KR, Huang YF, Gong XY, Chang HZ, Xie SH, Liu JY, Yue JX, Xu JL, Zhang GQ, Deng YW, Wang ET, Tharreau D, Wang GL, Yang WB, He ZH (2021). Ca²⁺ sensor-mediated ROS scavenging suppresses rice immunity and is exploited by a fungal effector. *Cell* **184**, 5391–5404.
- Hansen KH, Bracken AP, Pasini D, Dietrich N, Gehani SS, Monrad A, Rappsilber J, Lerdrup M, Helin K (2008). A model for transmission of the H3K27me3 epigenetic mark. *Nat Cell Biol* **10**, 1291–1300.
- He ZH, Webster S, He SY (2022). Growth-defense trade-offs in plants. *Curr Biol* **32**, R634–R639.
- Højfeldt JW, Laugesen A, Willumsen BM, Damhofer H, Hedehus L, Tvardovskiy A, Mohammad F, Jensen ON, Helin K (2018). Accurate H3K27 methylation can be established *de novo* by SUZ12-directed PRC2. *Nat Struct*

- Mol Biol* **25**, 225–232.
- Honigsmann A, Pralle A (2016). Compartmentalization of the cell membrane. *J Mol Biol* **428**, 4739–4748.
- Horsefield S, Burdett H, Zhang XX, Manik MK, Shi Y, Chen J, Qi TC, Gilley J, Lai JS, Rank MX, Casey LW, Gu WX, Ericsson DJ, Foley G, Hughes RO, Bosanac T, von Itzstein M, Rathjen JP, Nanson JD, Boden M, Dry IB, Williams SJ, Staskawicz BJ, Coleman MP, Ve T, Dodds PN, Kobe B (2019). NAD⁺ cleavage activity by animal and plant TIR domains in cell death pathways. *Science* **365**, 793–799.
- Hu JC, Sun Y, Li BS, Liu Z, Wang ZW, Gao Q, Guo MY, Liu GW, Zhao KT, Gao CX (2024a). Strand-preferred base editing of organellar and nuclear genomes using CyDENT. *Nat Biotechnol* **42**, 936–945.
- Hu Q, Liu H, He Y, Hao Y, Yan J, Liu S, Huang X, Yan Z, Zhang D, Ban X, Zhang H, Li Q, Zhang J, Xin P, Jing Y, Kou L, Sang D, Wang Y, Wang Y, Meng X, Fu X, Chu J, Wang B, Li J (2024b). Regulatory mechanisms of strigolactone perception in rice. *Cell* **187**, 7551–7567.
- Huang G, Bao ZG, Feng L, Zhai JX, Wendel JF, Cao XF, Zhu YX (2024). A telomere-to-telomere cotton genome assembly reveals centromere evolution and a mutator transposon-linked module regulating embryo development. *Nat Genet* **56**, 1953–1963.
- Huang G, Wu Z, Percy RG, Bai M, Li Y, Frelichowski JE, Hu J, Wang K, Yu JZ, Zhu Y (2020). Genome sequence of *Gossypium herbaceum*, and genome updates of *Gossypium arboreum* and *Gossypium hirsutum* provide insights into cotton A-genome evolution. *Nat Genet* **52**, 516–524.
- Inoue H, Li M, Schnell DJ (2013). An essential role for chloroplast heat shock protein 90 (Hsp90C) in protein import into chloroplasts. *Proc Natl Acad Sci USA* **110**, 3173–3178.
- Jiang B, Gao L, Wang HJ, Sun YP, Zhang XL, Ke H, Liu SC, Ma PC, Liao QG, Wang Y, Wang H, Liu YG, Du R, Rogge T, Li W, Shang Y, Houk KN, Xiong XY, Xie DX, Huang SW, Lei XG, Yan JB (2024). Characterization and heterologous reconstitution of biosynthetic enzymes leading to baccatin III. *Science* **383**, 622–629.
- 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.
- Khalil AA, Rauf A, Alhumaydhi FA, Aljohani ASM, Javed MS, Khan MA, Khan IA, El-Esawi MA, Bawazeer S, Bouyahya A, Rebezov M, Shariati MA, Thiruvengadam M (2022). Recent developments and anticancer therapeutics of paclitaxel: an update. *Curr Pharm Des* **28**, 3363–3373.
- Kikuchi S, Asakura Y, Imai M, Nakahira Y, Kotani Y, Higuchi Y, Nakai Y, Takafuji K, Bédard J, Hirabayashi-Ishioka Y, Mori H, Shiina T, Nakai M (2018). A Ycf2-FtsHi heteromeric AAA-ATPase complex is required for chloroplast protein import. *Plant Cell* **30**, 2677–2703.
- Lee HJ, Park YJ, Ha JH, Baldwin IT, Park CM (2017). Multiple routes of light signaling during root photomorphogenesis. *Trends Plant Sci* **22**, 803–812.
- Li H, Burgie ES, Gannam ZTK, Li HL, Vierstra RD (2022). Plant phytochrome B is an asymmetric dimer with unique signaling potential. *Nature* **604**, 127–133.
- Li JJ, Zeng J, Tian ZX, Zhao Z (2024a). Root-specific photoreception directs early root development by HY5-regulated ROS balance. *Proc Natl Acad Sci USA* **121**, e2313092121.
- Li X, Yu S, Cheng Z, Chang X, Yun Y, Jiang M, Chen X, Wen X, Li H, Zhu W, Xu S, Xu Y, Wang X, Zhang C, Wu Q, Hu J, Lin Z, Aury JM, Van de Peer Y, Wang Z, Zhou X, Wang J, Lü P, Zhang L (2024b). Origin and evolution of the triploid cultivated banana genome. *Nat Genet* **56**, 136–142.
- Lian XP, Melaku G, Zhang SL, Hu FY (2024). MADS-box genes driven life history strategy diversity in Brassicaceae. *Chin Bull Bot* **59**, 351–354. (in Chinese)
- 廉小平, Melaku G, 张石来, 胡凤益 (2024). 长寿与短命: 十字花科植物中MADS-box基因的长袖善舞. *植物学报* **59**, 351–354.
- Liang K, Jin ZY, Zhan XC, Li YX, Xu QK, Xie YQ, Yang Y, Wang SJ, Wu JP, Yan Z (2024a). Structural insights into the chloroplast protein import in land plants. *Cell* **187**, 5651–5664.
- Liang K, Zhan XC, Li YX, Yang Y, Xie YQ, Jin ZY, Xu XY, Zhang WW, Lu Y, Zhang S, Zou YL, Feng S, Wu JP, Yan Z (2024b). Conservation and specialization of the Ycf2-FtsHi chloroplast protein import motor in green algae. *Cell* **187**, 5638–5650.
- Liang ZW, Zhu T, Yu YG, Wu CH, Huang YS, Hao YH, Song X, Fu W, Yuan LB, Cui YH, Huang SZ, Li CL (2024c). Pickle-mediated nucleosome condensing drives H3K27me3 spreading for the inheritance of polycomb memory during differentiation. *Mol Cell* **84**, 3438–3454.
- Liao RY, Wang JW (2024). From wound to rebirth: how does REF1 peptide activate intrinsic regenerative potential of plants? *Chin Bull Bot* **59**, 347–350. (in Chinese)

- 廖人玉, 王佳伟 (2024). 从损伤到重生——REF1小肽如何激发植物的内在再生潜能. *植物学报* **59**, 347–350.
- Lonardi S, Muñoz-Amatriain M, Liang QH, Shu SQ, Wanmaker SI, Lo S, Tanskanen J, Schulman AH, Zhu TT, Luo MC, Alhakami H, Ounit R, Hasan AM, Verdier J, Roberts PA, Santos JRP, Ndeve A, Doležel J, Vrána J, Hokin SA, Farmer AD, Cannon SB, Close TJ (2019). The genome of cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.). *Plant J* **98**, 767–782.
- Lu B, Wang S, Feng H, Wang J, Zhang K, Li Y, Wu P, Zhang M, Xia Y, Peng C, Li C (2024a). FERONIA-mediated TIR1/AFB2 oxidation stimulates auxin signaling in *Arabidopsis*. *Mol Plant* **17**, 772–787.
- Lu Q, Zhao HN, Zhang ZQ, Bai YH, Zhao HM, Liu GQ, Liu MX, Zheng YX, Zhao HY, Gong HH, Chen LW, Deng XZ, Hong XD, Liu TX, Li BC, Lu P, Wen F, Wang L, Li ZJ, Li H, Li HQ, Zhang LK, Ma WH, Liu CQ, Bai Y, Xin BB, Chen J, E LZ, Lai JS, Song WB (2024b). Genomic variation in weedy and cultivated broomcorn millet accessions uncovers the genetic architecture of agronomic traits. *Nat Genet* **56**, 1006–1017.
- Luo W, Xu YY, Cao J, Guo XY, Han JD, Zhang YY, Niu YD, Zhang ML, Wang Y, Liang GH, Qian Q, Ge S, Chong K (2024). COLD6-OSM1 module senses chilling for cold tolerance via 2',3'-cAMP signaling in rice. *Mol Cell* **84**, 4224–4238.
- Ma B, Zhang Y, Fan YF, Zhang L, Li XY, Zhang QQ, Shu QY, Huang JR, Chen GY, Li Q, Gao QF, Zhu XG, He ZH, Wang P (2024a). Genetic improvement of phosphate-limited photosynthesis for high yield in rice. *Proc Natl Acad Sci USA* **121**, e2404199121.
- Ma SC, An CP, Lawson AW, Cao Y, Sun Y, Tan EYJ, Pan JH, Jirschitzka J, Kümmel F, Mukhi N, Han ZF, Feng S, Wu B, Schulze-Lefert P, Chai JJ (2024b). Oligomerization-mediated autoinhibition and cofactor binding of a plant NLR. *Nature* **632**, 869–876.
- Mathew MM, Prasad K (2021). Model systems for regeneration: *Arabidopsis*. *Development* **148**, dev195347.
- Ngou BPM, Ding PT, Jones JDG (2022). Thirty years of resistance: Zig-zag through the plant immune system. *Plant Cell* **34**, 1447–1478.
- Ort DR, Merchant SS, Alric J, Barkan A, Blankenship RE, Bock R, Croce R, Hanson MR, Hibberd JM, Long SP, Moore TA, Moroney J, Niyogi KK, Parry MAJ, Peralta-Yahya PP, Prince RC, Redding KE, Spalding MH, van Wijk KJ, Vermaas WFJ, von Caemmerer S, Weber APM, Yeates TO, Yuan JS, Zhu XG (2015). Redesigning photosynthesis to sustainably meet global food and bioenergy demand. *Proc Natl Acad Sci USA* **112**, 8529–8536.
- Pei S, Tao Q, Li W, Qi G, Wang B, Wang Y, Dai S, Shen Q, Wang X, Wu X, Xu S, Theprungsirikul L, Zhang J, Liang L, Liu Y, Chen K, Shen Y, Crawford BM, Cheng M, Zhang Q, Wang Y, Liu H, Yang B, Krichilsky B, Pei J, Song K, Johnson DM, Jiang Z, Wu F, Swift GB, Yang H, Liu Z, Zou X, Vo-Dinh T, Liu F, Pei ZM, Yuan F (2024). Osmosensor-mediated control of Ca^{2+} spiking in pollen germination. *Nature* **629**, 1118–1125.
- Qiu ZW, Jiang LP, Wang CS, Hill DV, Wu Y (2019). New evidence for rice cultivation from the Early Neolithic Hehuashan site. *Archaeol Anthropol Sci* **11**, 1259–1272.
- Rajput SG, Santra DK, Schnable J (2016). Mapping QTLs for morpho-agronomic traits in proso millet (*Panicum miliaceum* L.). *Mol Breed* **36**, 37.
- Seijo G, Lavia GI, Fernández A, Krapovickas A, Ducasse DA, Bertoli DJ, Moscone EA (2007). Genomic relationships between the cultivated peanut (*Arachis hypogaea*, Leguminosae) and its close relatives revealed by double GISH. *Am J Bot* **94**, 1963–1971.
- Shu JY, Sun LH, Wang DY, Yin XC, Yang MQ, Yang ZJ, Gao Z, He YH, Calonje M, Lai JS, Deng XW, He H, Zhou Y (2024). EMF1 functions as a 3D chromatin modulator in *Arabidopsis*. *Mol Cell* **84**, 4729–4739.
- Song W, Liu L, Yu DL, Bernardy H, Jirschitzka J, Huang SJ, Jia AL, Jemielniak W, Acker J, Laessle H, Wang JL, Shen QC, Chen WJ, Li PL, Parker JE, Han ZF, Schulze-Lefert P, Chai JJ (2024). Substrate-induced condensation activates plant TIR domain proteins. *Nature* **627**, 847–853.
- Sugimoto K, Temman H, Kadokura S, Matsunaga S (2019). To regenerate or not to regenerate: factors that drive plant regeneration. *Curr Opin Plant Biol* **47**, 138–150.
- Sun C, Lei Y, Li BS, Gao Q, Li YJ, Cao W, Yang C, Li HC, Wang ZW, Li Y, Wang YP, Liu J, Zhao KT, Gao CX (2024). Precise integration of large DNA sequences in plant genomes using primeroor editors. *Nat Biotechnol* **42**, 316–327.
- Tan HX, Xiao L, Gao SH, Li Q, Chen JF, Xiao Y, Ji Q, Chen RB, Chen WS, Zhang L (2015). *TRICHOME AND ARTEMISININ REGULATOR 1* is required for trichome development and artemisinin biosynthesis in *Artemisia annua*. *Mol Plant* **8**, 1396–1411.
- Tian JG, Wang CL, Chen FY, Qin WC, Yang H, Zhao SH, Xia JL, Du X, Zhu YF, Wu LS, Cao Y, Li H, Zhuang JH, Chen SJ, Zhang HY, Chen QY, Zhang MC, Deng XW,

- Deng DZ, Li JG, Tian F (2024). Maize smart-canopy architecture enhances yield at high densities. *Nature* **632**, 576–584.
- Tieman D, Zhu GT, Resende MFR, Lin T, Nguyen C, Bies D, Rambla JL, Beltran KSO, Taylor M, Zhang B, Ikeda H, Liu ZY, Fisher J, Zemach I, Monforte A, Zamir D, Granell A, Kirst M, Huang SW, Klee H (2017). A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor. *Science* **355**, 391–394.
- Timmis JN, Ayliffe MA, Huang CY, Martin W (2004). Endosymbiotic gene transfer: organelle genomes forge eukaryotic chromosomes. *Nat Rev Genet* **5**, 123–135.
- von Dahlen JK, Schulz K, Nicolai J, Rose LE (2023). Global expression patterns of R-genes in tomato and potato. *Front Plant Sci* **14**, 1216795.
- Walkowiak S, Gao L, Monat C, Haberer G, Kassa MT, Brinton J, Ramirez-Gonzalez RH, Kolodziej MC, Delorean E, Thambugala D, Klymiuk V, Byrns B, Gundlach H, Bandi V, Siri JN, Nilsen K, Aquino C, Himmelbach A, Copetti D, Ban T, Venturini L, Bevan M, Clavijo B, Koo DH, Ens J, Wiebe K, N'Diaye A, Fritz AK, Gutwin C, Fiebig A, Fosker C, Fu BX, Accinelli GG, Gardner KA, Fradgley N, Gutierrez-Gonzalez J, Halstead-Nussloch G, Hatakeyama M, Koh CS, Deek J, Costamagna AC, Fobert P, Heavens D, Kanamori H, Kawaura K, Kobayashi F, Krasileva K, Kuo T, McKenzie N, Murata K, Nabeka Y, Paape T, Padmarasu S, Percival-Alwyn L, Kagale S, Scholz U, Sese J, Juliana P, Singh R, Shimizu-Inatsugi R, Swarbreck D, Cockram J, Budak H, Tameshige T, Tanaka T, Tsuji H, Wright J, Wu J, Steuernagel B, Small I, Cloutier S, Keeble-Gagnere G, Muehlbauer G, Tibbets J, Nasuda S, Melonek J, Hucl PJ, Sharpe AG, Clark M, Legg E, Bharti A, Langridge P, Hall A, Uauy C, Mascher M, Krattinger SG, Handa H, Shimizu KK, Distelfeld A, Chalmers K, Keller B, Mayer KFX, Poland J, Stein N, McCartney CA, Spannagl M, Wicker T, Pozniak CJ (2020). Multiple wheat genomes reveal global variation in modern breeding. *Nature* **588**, 277–283.
- Wan JN, Wang SW, Leitch AR, Leitch IJ, Jian JB, Wu ZY, Xin HP, Rakotoarinivo M, Onjalalaina GE, Gituru RW, Dai C, Mwachala G, Bai MZ, Zhao CX, Wang HQ, Du SL, Wei N, Hu GW, Chen SC, Chen XY, Wan T, Wang QF (2024). The rise of baobab trees in Madagascar. *Nature* **629**, 1091–1099.
- Wang F, Li J, Fan S, Jin Z, Huang C (2020). Targeting stress granules: a novel therapeutic strategy for human diseases. *Pharmacol Res* **161**, 105143.
- Wang G, Chen X, Yu CZ, Shi XB, Lan WX, Gao CF, Yang J, Dai HL, Zhang XW, Zhang HL, Zhao BY, Xie Q, Yu N, He ZH, Zhang Y, Wang ET (2024a). Release of a ubiquitin brake activates OsCERK1-triggered immunity in rice. *Nature* **629**, 1158–1164.
- Wang H, Qin P, Li SG (2024b). The rice "hybrid" population reveals the mysteries of genetic interaction. *Chin Bull Bot* **59**, 529–532. (in Chinese)
- 王洪, 钦鹏, 李仕贵 (2024b). 水稻“混血杂交”群体揭示遗传互作奥秘. *植物学报* **59**, 529–532.
- Wang H, Ren J, Zhou S, Duan Y, Zhu C, Chen C, Liu Z, Zheng Q, Xiang S, Xie Z, Wang X, Chai L, Ye J, Xu Q, Guo W, Deng X, Zhang F (2024c). Molecular regulation of oil gland development and biosynthesis of essential oils in *Citrus* spp. *Science* **383**, 659–666.
- Wang K, Wang Z, Li F, Ye W, Wang J, Song G, Yue Z, Cong L, Shang H, Zhu S, Zou C, Li Q, Yuan Y, Lu C, Wei H, Gou C, Zheng Z, Yin Y, Zhang X, Liu K, Wang B, Song C, Shi N, Kohel RJ, Percy RG, Yu JZ, Zhu YX, Wang J, Yu S (2012). The draft genome of a diploid cotton *Gossypium raimondii*. *Nat Genet* **44**, 1098–1103.
- Wang M, Cheng J, Wu J, Chen J, Liu D, Wang C, Ma S, Guo W, Li G, Di D, Zhang Y, Han D, Kronzucker HJ, Xia G, Shi W (2024d). Variation in TaSPL6-D confers salinity tolerance in bread wheat by activating TaHKT1;5-D while preserving yield-related traits. *Nat Genet* **56**, 1257–1269.
- Wang YN, Li SL, Mokbel M, May AI, Liang ZZ, Zeng YL, Wang WQ, Zhang HH, Yu FF, Sporbeck K, Jiang LW, Aland S, Agudo-Canalejo J, Knorr RL, Fang XF (2024e). Biomolecular condensates mediate bending and scission of endosome membranes. *Nature* **634**, 1204–1210.
- Wang Z, Miao HX, Liu JH, Xu BY, Yao XM, Xu CY, Zhao SC, Fang XD, Jia CH, Wang JY, Zhang JB, Li JY, Xu Y, Wang JS, Ma WH, Wu ZY, Yu LL, Yang YL, Liu C, Guo Y, Sun SL, Baurens FC, Martin G, Salmon F, Garsmeur O, Yahiaoui N, Hervouet C, Rouard M, Laboureau N, Habas R, Ricci S, Peng M, Guo AP, Xie JH, Li Y, Ding ZH, Yan Y, Tie WW, D'Hont A, Hu W, Jin ZQ (2019). *Musa balbisiana* genome reveals subgenome evolution and functional divergence. *Nat Plants* **5**, 810–821.
- Wang Z, Yang Q, Zhang D, Lu Y, Wang Y, Pan Y, Qiu Y, Men Y, Yan W, Xiao Z, Sun R, Li W, Huang H, Guo H (2024f). A cytoplasmic osmosensing mechanism mediated by molecular crowding-sensitive DCP5. *Science* **386**, eadk9067.
- Wang ZD, Wang WF, Zhao DD, Song YP, Lin XL, Shen M,

- Chi C, Xu B, Zhao J, Deng XW, Wang JZ (2024g). Light-induced remodeling of phytochrome B enables signal transduction by phytochrome-interacting factor. *Cell* **187**, 6235–6250.
- Wei X, Chen MJ, Zhang Q, Gong JY, Liu J, Yong KC, Wang Q, Fan JJ, Chen SH, Hua H, Luo ZW, Zhao XY, Wang X, Li W, Cong J, Yu XT, Wang ZH, Huang RP, Chen JX, Zhou XY, Qiu J, Xu P, Murray J, Wang H, Xu Y, Xu CW, Xu G, Yang JL, Han B, Huang XH (2024). Genomic investigation of 18421 lines reveals the genetic architecture of rice. *Science* **385**, eadm8762.
- Wu M, Bian X, Huang B, Du Y, Hu S, Wang Y, Shen J, Wu S (2024a). HD-Zip proteins modify floral structures for self-pollination in tomato. *Science* **384**, 124–130.
- Wu W, Dong XO, Chen GM, Lin ZX, Chi WC, Tang WJ, Yu J, Wang SS, Jiang XZ, Liu XL, Wu YJ, Wang CY, Cheng XR, Zhang W, Xuan W, Terzaghi W, Ronald PC, Wang HY, Wang CM, Wan JM (2024b). The elite haplotype *OsGATA8-H* coordinates nitrogen uptake and productive tiller formation in rice. *Nat Genet* **56**, 1516–1526.
- Wu XX, Mu WH, Li F, Sun SY, Cui CJ, Kim C, Zhou F, Zhang Y (2024c). Cryo-EM structures of the plant plastid-encoded RNA polymerase. *Cell* **187**, 1127–1144.
- Wu XY, Hu ZY, Zhang Y, Li M, Liao NQ, Dong JY, Wang BG, Wu J, Wu XH, Wang Y, Wang J, Lu ZF, Yang Y, Sun YY, Dong WQ, Zhang MF, Li GJ (2024d). Differential selection of yield and quality traits has shaped genomic signatures of cowpea domestication and improvement. *Nat Genet* **56**, 992–1005.
- Wu Y, Xu WY, Zhao GY, Lei ZY, Li K, Liu JY, Huang SJ, Wang JL, Zhong XB, Yin X, Wang YD, Zhang HC, He Y, Ye Z, Meng YG, Chang XY, Lin H, Wang X, Gao YY, Chai JJ, Parker JE, Deng YW, Zhang Y, Gao MJ, He ZH (2024e). A canonical protein complex controls immune homeostasis and multipathogen resistance. *Science* **386**, 1405–1412.
- Xiao Y, Sun GZ, Yu QS, Gao T, Zhu QS, Wang R, Huang SJ, Han ZF, Cervone F, Yin H, Qi TC, Wang YC, Chai JJ (2024). A plant mechanism of hijacking pathogen virulence factors to trigger innate immunity. *Science* **383**, 732–739.
- Xie Z, Zhao S, Tu Y, Liu E, Li Y, Wang X, Chen C, Zhai S, Qi J, Wu C, Wu H, Zhou M, Wang W (2024). Proteasome resides in and dismantles plant heat stress granules constitutively. *Mol Cell* **84**, 3320–3335.
- Xu JS, van Herwijnen ZO, Dräger DB, Sui C, Haring MA, Schuurink RC (2018). SLMYC1 regulates type VI glandular trichome formation and terpene biosynthesis in tomato glandular cells. *Plant Cell* **30**, 2988–3005.
- Xu P, Li G, Zheng Y, Fung JCH, Chen AP, Zeng ZZ, Shen HZ, Hu M, Mao JF, Zheng Y, Cui XQ, Guo ZL, Chen YL, Feng L, He SK, Zhang XG, Lau AKH, Tao S, Houlton BZ (2024). Fertilizer management for global ammonia emission reduction. *Nature* **626**, 792–798.
- Yang WT, Zhai HW, Wu FM, Deng L, Chao Y, Meng XW, Chen Q, Liu CH, Bie XM, Sun CL, Yu Y, Zhang XF, Zhang XY, Chang ZQ, Xue M, Zhao YJ, Meng XB, Li BS, Zhang XS, Zhang DJ, Zhao XY, Gao CX, Li JY, Li CY (2024). Peptide REF1 is a local wound signal promoting plant regeneration. *Cell* **187**, 3024–3038.
- Yang Y, Liu HT (2020). Coordinated shoot and root responses to light signaling in *Arabidopsis*. *Plant Commun* **1**, 100026.
- Yao RF, Xie DX (2024). Activation and termination of strigolactone signal perception in rice. *Chin Bull Bot* **59**, 873–877. (in Chinese)
- 姚瑞枫, 谢道昕 (2024). 水稻独脚金内酯信号感知的激活和终止. *植物学报* **59**, 873–877.
- Yin DM, Ji CM, Ma XL, Li H, Zhang WK, Li S, Liu FY, Zhao KK, Li FP, Li K, Ning LL, He JL, Wang YJ, Zhao F, Xie YL, Zheng HK, Zhang XG, Zhang YJ, Zhang JS (2018). Genome of an allotetraploid wild peanut *Arachis monticola*: a *de novo* assembly. *GigaScience* **7**, giy066.
- Ying W, Wang Y, Wei H, Luo Y, Ma Q, Zhu H, Janssens H, Vukašinović N, Kvasnica M, Winne JM, Gao Y, Tan S, Friml J, Liu X, Russinova E, Sun L (2024). Structure and function of the *Arabidopsis* ABC transporter ABCB19 in brassinosteroid export. *Science* **383**, eadj4591.
- Yu H, Xu WY, Chen SS, Wu XX, Rao WW, Liu XX, Xu XY, Chen JQ, Nishimura MT, Zhang Y, Wan L (2024a). Activation of a helper NLR by plant and bacterial TIR immune signaling. *Science* **386**, 1413–1420.
- Yu W, Zhang S, Zhao S, Chen LG, Cao J, Ye H, Yan J, Zhao Q, Mo B, Wang Y, Jiao Y, Ma Y, Huang X, Qian W, Dai J (2024b). Designing a synthetic moss genome using GenoDesigner. *Nat Plants* **10**, 848–856.
- Zhai D, Zhang LY, Li LZ, Xu ZG, Liu XL, Shang GD, Zhao B, Gao J, Wang FX, Wang JW (2024). Reciprocal conversion between annual and polycarpic perennial flowering behavior in the Brassicaceae. *Cell* **187**, 3319–3337.
- Zhang JP, Jiang LP, Yu LP, Huan XJ, Zhou LP, Wang CS, Jin JH, Zuo XX, Wu NQ, Zhao ZJ, Sun HL, Yu ZY, Zhang GP, Zhu JP, Wu ZL, Dong YJ, Fan BS, Shen CM, Lu HY (2024a). Rice's trajectory from wild to domes-

- licated in East Asia. *Science* **384**, 901–906.
- Zhang JZ, Lyu H, Chen J, Cao X, Du R, Ma L, Wang N, Zhu ZG, Rao JL, Wang J, Zhong K, Lyu YQ, Wang YL, Lin T, Zhou Y, Zhou YF, Zhu GT, Fei ZJ, Klee H, Huang SW** (2024b). Releasing a sugar brake generates sweeter tomato without yield penalty. *Nature* **635**, 647–656.
- Zhang XX, Meng WJ, Liu DP, Pan DZ, Yang YZ, Chen Z, Ma XD, Yin WC, Niu M, Dong NN, Liu JH, Shen WF, Liu YQ, Lu ZF, Chu CC, Qian Q, Zhao MF, Tong HN** (2024c). Enhancing rice panicle branching and grain yield through tissue-specific brassinosteroid inhibition. *Science* **383**, eadk8838.
- Zhang YL, Zhao MX, Tan JS, Huang MH, Chu X, Li Y, Han X, Fang TH, Tian Y, Jarret R, Lu DD, Chen YJ, Xue LF, Li XN, Qin GC, Li BS, Sun YD, Deng XW, Deng Y, Zhang XP, He H** (2024d). Telomere-to-telomere *Citrullus* super-pangenome provides direction for watermelon breeding. *Nat Genet* **56**, 1750–1761.
- Zheng H, Xie W** (2019). The role of 3D genome organization in development and cell differentiation. *Nat Rev Mol Cell Biol* **20**, 535–550.
- Zheng Z, Sun ZQ, Qi FY, Fang YJ, Lin K, Pavan S, Huang BY, Dong WZ, Du P, Tian MD, Shi L, Xu J, Han SY, Liu H, Qin L, Zhang ZX, Dai XD, Miao LJ, Zhao RF, Wang J, Liao YL, Li AL, Ruan J, Delventro C, Cigliano RA, Maliepaard C, Bai YL, Visser RGF, Zhang XY** (2024). Chloroplast and whole-genome sequencing shed light on the evolutionary history and phenotypic diversification of peanuts. *Nat Genet* **56**, 1975–1984.
- Zhong T, Zhu M, Zhang QQ, Zhang Y, Deng SN, Guo CY, Xu L, Liu TT, Li YC, Bi YQ, Fan XM, Balint-Kurti P, Xu ML** (2024a). The ZmWAKL-ZmWIK-ZmBLK1-ZmRBOH4 module provides quantitative resistance to gray leaf spot in maize. *Nat Genet* **56**, 315–326.
- Zhong X, Wang J, Shi X, Bai M, Yuan C, Cai C, Wang N, Zhu X, Kuang H, Wang X, Su J, He X, Liu X, Yang W, Yang C, Kong F, Wang E, Guan Y** (2024b). Genetically optimizing soybean nodulation improves yield and protein content. *Nat Plants* **10**, 736–742.
- Zhou JM** (2024). A combat vehicle with a smart brake. *Chin Bull Bot* **59**, 343–346. (in Chinese)
- 周俭民** (2024). 收放自如的明星战车. *植物学报* **59**, 343–346.
- Zhu M, Zhong T, Xu L, Guo CY, Zhang XH, Liu YL, Zhang Y, Li YC, Xie ZJ, Liu TT, Jiang FY, Fan XM, Balint-Kurti P, Xu ML** (2024). The ZmCPK39-ZmDi19-ZmPR10 immune module regulates quantitative resistance to multiple foliar diseases in maize. *Nat Genet* **56**, 2815–2826.

Achievements and Advances of Plant Sciences Research in China in 2024

Hongya Gu¹, Fan Chen², Rongcheng Lin³, Xiaoquan Qi⁴, Shuhua Yang⁵, Zhiduan Chen⁴
Xuewei Chen⁶, Zhaojun Ding⁷, Langtao Xiao⁸, Jianru Zuo⁹, Liwen Jiang¹⁰
Yongfei Bai⁴, Kang Chong^{4*}, Lei Wang^{4*}

¹School of Life Sciences, Peking University, Beijing 100871, China; ²Yazhouwan National Laboratory, Sanya 572024, China

³Xianghu Lab, Hangzhou 311231, China; ⁴Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China

⁵College of Biological Sciences, China Agricultural University, Beijing 100094, China; ⁶Rice Research Institute of Sichuan Agricultural University, Chengdu 625099, China; ⁷Shandong University, Jinan 250100, China; ⁸College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; ⁹Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China; ¹⁰The Chinese University of Hong Kong, Shatien, China

Abstract In 2024, the numbers of original research articles published by Chinese plant scientists in mainstream plant science journals increased significantly compared with that in 2023, and important advances have been made in the fields of plant hormone regulation, pathology, synthetic biology, stress resistance mechanism, phylogenetics and genomics. Among them, “Characterization and Heterologous Reconstitution of Taxus Biosynthetic Enzymes Leading to Baccatin III”, and “Reciprocal Conversion Between Annual and Polycarpic Perennial Flowering Behavior in the Brassicaceae” were selected as two of the “Top Ten Advances in Life Sciences in China” in 2024. Here we summarize the achievements of plant science research in China in 2024, by briefly introducing 50 representative important research advances, 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, 2024

Gu HY, Chen F, Lin RC, Qi XQ, Yang SH, Chen ZD, Chen XW, Ding ZJ, Xiao LT, Zuo JR, Jiang LW, Bai YF, Chong K, Wang L (2025). Achievements and advances of plant sciences research in China in 2024. *Chin Bull Bot* 60, 151–171.

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