



湖南省自然科学奖提名书

(2021年度)

一、项目基本情况

提名单位(专家)	中国农业科学院麻类研究所			
项目名称	苧麻基因组信息破译及其应用			
主要完成人	朱爱国, 栾明宝, 陈坤梅, 陈平, 陈建华, 喻春明			
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所			
省财政资金拨款单位	中国农业科学院麻类研究所			
学科分类 名称	1	基因组学	代码	1803710
	2	进化遗传学	代码	1803145
	3	核糖核酸组学	代码	1803720
所属科学技术领域	植物基因组学			
任务来源	部委计划, 国家自然科学基金			
具体计划、基金的名称和编号： 1. 中国农业科学院科技创新工程项目，项目编号：CAAS-ASTIP-2017-IBFC04 2. 国家自然科学基金面上项目：基于全基因组关联分析确定苧麻纤维细度显著关联分子标记，基金编号：31671744 3. 湖南省自然科学基金面上项目：基于全基因组关联分析确定苧麻叶片粗蛋白含量显著关联分子标记，基金编号：2018JJ2465				
已呈交的科技报告编号：				
项目起止时间	起始：	2016年1月1日	完成：	2019年9月1日

湖南省科学技术奖励工作办公室制



二、提名意见

提名单位	中国农业科学院麻类研究所		
通讯地址	湖南省长沙市岳麓区咸嘉湖西路348号	邮政编码	410205
联系人	唐超	联系电话	0731-88998507
电子邮箱	ibfckyc@163.com	传 真	0731-8899852
<p>提名意见：</p> <p>我单位认真审核了该项目推荐书及其附件材料，确认全部材料均真实有效，相关栏目均符合湖南省关于自然科学奖提名的填写要求。项目完成人爱党爱国，品行优良，坚持立德树人，在科研教学中贯彻课程思政。</p> <p>在农业农村部、国家基金和湖南省自然科学基金项目的支持下，项目组就苧麻基因组信息破译、苧麻核心种质遗传基础及苧麻重要农艺性状调控机理进行了系统研究，首次绘制了苧麻生产上的主推品种中苧1号的高质量基因组草图、绘制了苧麻SNP、SSR等分子标记高密度图谱、解析了1151份种质资源的遗传多样性和进化关系，完成重要经济性状的关联分子标记鉴定、候选基因挖掘，为种质资源的精准利用和分子生物学研究奠定了基础。系列研究成果发表在Molecular Ecology Resources等国际知名刊物上。</p> <p>拟推荐申报省自然科学奖二等奖。</p> <p>提名该项目为湖南省自然科学奖二等奖。</p>			
<p>声明：本单位遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，所提供的提名材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极调查处理。</p> <p style="text-align: right;">提名单位（盖章）</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>			
提名项目等级（请在相应栏打“ ”进行选择）			
一等奖		第一完成人签字： 年 月 日	
二等奖			
三等奖			
<p>说明：实行“定标定额”评审，一等奖评审落选项目不再降格参评二、三等奖，二等奖评审落选项目不再降格参评三等奖。评审公示后不受理对评审结果中有关提名等级的异议。请认真对照省自然科学奖授奖条件，填写提名等级。</p>			



三、项目简介

(限 1 页)

苧麻 (*Boehmeria nivea*(L.)Gaud), 起源于中国, 为荨麻科苧麻属的多年生宿根性草本植物, 是具有中国特色的天然纺织原料。迄今为止, 我国是收集、保存苧麻种质资源最多的国家。但是, 苧麻分子育种技术落后, 表现为苧麻分子生物学研究落后, 缺乏高质量的基因组, 限制了苧麻种质资源的精准鉴定和重要经济性状基因的挖掘, 影响了苧麻分子育种进程。本项目通过绘制苧麻生产上的主推品种中苧 1 号的高质量基因组草图、开发大量 SSR 和 SNP 标记、对国家种质麻类资源圃 1151 份种质资源的遗传多样性和进化分析, 完成重要经济性状的关联分子标记鉴定、候选基因挖掘, 为种质资源的精准利用和分子生物学研究奠定了基础。取得的重要科学发现简述如下:

1. 破译了苧麻基因组信息: 绘制了苧麻生产上的主推品种中苧 1 号的第一张高质量基因组草图, 同时也是荨麻科物种第一张高质量基因组草图。从头组装, 获得 341.9 Mb 基因组序列, 预测到 30237 个蛋白质编码基因, 明确了苧麻的进化地位, 并以此为基础完成了 112 份苧麻核心种质资源的简化基因组测序, 获得高质量多态性 SLAF 标签, 为解析荨麻科进化、开发分子标记和基因挖掘奠定了坚实的基础。

2. 解析了苧麻种质资源遗传基础: 以苧麻基因组和简化基因组测序信息为基础, 开发 SSR 分子标记, 明确了 1151 份苧麻种质资源的遗传多样性、群体结构和亲缘关系, 构建了核心种质; 首次明确了微绿苧麻是栽培苧麻的原始祖先, 苧麻产量、花期及逆境胁迫方面具有强烈的驯化痕迹。为苧麻种质资源的合理利用指明了方向, 回答了谁是苧麻的原始祖先和如何驯化的科学问题。

3. 苧麻重要经济性状调控机理解析及关键基因挖掘: 以苧麻基因组信息为基础, 首次采用高通量测序技术揭示了苧麻响应镉胁迫的 miRNA 组织表达特征及其调控机理, 发现了响应镉胁迫的新 miRNA 并预测到对应的靶基因, 证实了其靶基因受到对应 miRNA 的调控; 首次利用全基因组扫描分析了苧麻茎粗、皮厚及分株等显著关联的 SSR 或 SNP, 并挖掘获得相关的关键基因。

4. 本项目获国家自然科学基金面上项目、中国农科院科技创新工程、湖南省自然科学基金项目资助, 培养博士研究生 1 名、硕士研究生 8 名。5 篇代表作均为 JCR 一区论文。代表论文分别被《Reviews in Aquaculture》和《Advances in Nutrition》等杂志合计他引 69 次, 其中 SCI 他引 48 次。本项目发表的基因组已经作为国内外多项研究的参考基因组, 用于候选基因挖掘; 构建的核心种质和候选基因及其关联分子标记, 助力了苧麻分子育种。因此, 本项目为苧麻分子生物学研究以及分子育种提供了新的理论基础, 对促进苧麻育种和解析韧皮纤维发育有着潜在的应用价值。同时, 本项目研究取得的成果受到了国内外同行高度肯定。



四、重要科学发现

1. 重要科学发现

2021年度提名书预览版



2. 研究局限性

2021年度提名书预览版



五、客观评价

1. 论文引用情况、引用单位和期刊

(1) 引用情况：8 篇论文中 JCR 一区论文 5 篇，二区 1 篇，代表论文分别被《Plant Journal》和《BMC Genomics》等杂志合计他引 60 次，多篇代表作受到同行广泛关注。

(2) 主要引用单位：他引第一作者单位主要有华中农业大学、云南大学、吉首大学、伊朗伊斯兰阿扎德大学、湖南农业大学、巴西农业研究公司、河南科技大学的、福建农林大学、中国农业科学院麻类研究所、中国农业科学院饲料研究所、法国国家科学研究中心、中科院亚热带研究所、青岛大学、东华大学、广东海洋大学、扬州大学、海南师范大学、马来西亚博特拉大学等。

(3) 主要引用期刊：本项目所列代表作他引涉及国内外生命科学主流期刊，主要包括《The Plant Journal》(JCR 一区, IF: 6.417)、《Scientific Reports》(JCR 一区, IF: 4.379)、《Industrial Crops & Products》(JCR 一区, IF: 4.244)、《BMC Genomics》(JCR 二区, IF: 3.501)、《Frontiers in Genetics》(JCR 一区, IF: 3.258)、《BMC Plant Biology》(JCR 一区, IF: 3.93)、《Genes》(JCR 二区, IF: 3.331) 和《作物学报》等。

2. 引用代表论文及评价

① 代表作 1 自发表以来，其基因组序列作为参考序列被多次应用，如被华中农业大学的汪波、中国农业科学院麻类研究所的刘头明等学者在《Frontiers in Genetics》(他引论文 1, IF: 3.258)、《Scientific Reports》(他引论文 2, IF: 4.011) 等杂志上引用了 11 次，原文即：“**Following the publication of genomic data of ramie, promoter sequences of ramie can be obtained directly by designing PCR primers based on desired genome sequences.**”和“**To genotype the population, the clean reads from the transcriptome of 111 F2 families and two parents were aligned into the ramie genome (NCBI accession no: PHNS00000000)**”。

② 云南大学的刘飞虎教授在《Industrial Crops & Products》(他引论文 3, IF: 4.244) 上发表的综述论文，充分肯定了代表作 1 的研究成果，认为苧麻基因组的解析为基因功能研究奠定了基础，原文即：“**The genome of B. nivea has been sequenced recently, which helps us to study the function and regulation of atp9 gene during reproductive growth period.**”。

③ 吉首大学的 Qingzhong Peng 在《BIOTECHNOLOGY & BIOTECHNOLOGICAL EQUIPMENT》(他引论文 4, IF: 1.097) 上发表的论文，充分肯定和认可了代表作 2 的研究结果，认为该研究所获得的苧麻纤维产量相关的位点为苧麻分子标记辅助育种奠定了坚实的基础，原文即：“**A recent genome-wide study also identified 16 loci associated with fibre yield-related traits, based on these SSRs. The identification of these QTLs provides an essential basis for the genetic improvement of fibre yield traits through**



marker-assisted selection in ramie.”

④ 伊朗伊斯兰阿扎德大学的 Alireza Etminan 在《Industrial Crops & Products》中发表的论文（他引论文 5, IF: 4.191），充分认可和肯定了代表作 3 的研究结果，认为苧麻种质资源群体的遗传多样性高是源于其高频的等位基因变异，原文即：“**The higher genetic diversity in this population might be attributed to the frequency of allelic variation of this population being affected by different climatic conditions.**”

⑤ 湖南农业大学的崔国贤（Guoxian Cui）教授在《Genetic Resources and Crop Evolution》（他引论文 6, IF: 1.071）上的研究引用了代表作 3 的研究结果，认为中国的苧麻种质和国外的苧麻种质存在显著差异的分子标记，原文即：“To date, ramie germplasm resources related research has been relatively comprehensive. The genetic diversity of 1151 ramie germplasm resources by using simple sequence repeat (SSR) markers and phenotypic markers. **They found that the domestic (China) and foreign (other regions) germplasm resources exist marked difference.**”

⑥ 巴西农业研究公司的 Claudio Brondani 在《Pesquisa Agropecuária Brasileira》（他引论文 7, IF: 4.191）发表的文章，认同并肯定了代表作 4 的研究结果，认为所获得的苧麻分株显著关联的 SNP 可以作为基因工程改造的候选位点，原文即：“**The SNPs located in genes are candidates to be explored by genetic engineering.**”

⑦ 河南科技大学的 Zhang Zhong Yi 教授在《Scientific Reports》发表的文章（他人引文 8, IF: 4.379），认同和肯定了代表作 5 有关研究结果，认为高通量测序是挖掘苧麻非生物胁迫相关基因或新 miRNA 的强有力工具，原文即：“**High-throughput RNA sequencing (RNA-seq) technology is a powerful tool that allows concomitant sequencing of millions of sRNAs from a single tissue.**”；并且认为苧麻中响应镉胁迫的 miRNA 可与其靶基因结合，参与调控胁迫的过程，原文即：“**Plant miRNAs function mainly as post-transcriptional gene regulatory molecules, mediating Mrna degradation by interacting with their complementary targets.**”；同时，Zhang Zhong Yi 教授还认为，其在《Scientific Reports》发表的文章结果与代表作 5 的研究结果相一致，原文即：“**The results of the present study revealed a range of sRNAs, of length 18–30 nt in length, containing substantially more of 24 nt sRNAs than of 21 nt, similar to the Srna size distribution of sRNAs in several plant species, including *A. thaliana*, broccoli and ramie.**”

⑧ 福建农林大学张立武教授在国内顶级中文核心期刊《作物学报》发表的《主要麻类作物基因组学与遗传改良：现状与展望》综述文章引用了代表作 5 的结果，认为该文的研究结果“苧麻 miRNA 介导的重金属镉胁迫响应”是苧麻非生物胁迫基因挖掘研究领域为数不多的报道，充分肯定了该代表作研究的先进性。



六、代表作及论文目录 (不超过8篇, 其中代表作不超过5篇)

序号	代表作及论文名称/刊名/作者	影响因子	年卷页码 (xx年xx卷xx页)	发表时间(年月日)	通讯作者(含共同)	第一作者(含共同)	国内作者(排序)	他引总次数	SCI他引次数	知识产权是否归国内所有	是否代表作
1	代表作1: Draft genome sequence of ramie, <i>Boehmeria nivea</i> (L.) Gaudich/Molecular Ecology Resources/Ming-Bao Luan#, Jian-Bo Jian#, Ping Chen#, Jun-Hui Chen#, Jian-Hua Chen#, Qiang Gao#, Gang Gao, Ju-Hong Zhou, Kun-Mei Chen, Xuan-Min Guang, Ji-Kang Chen, Qian-Qian Zhang, Xiao-Fei Wang, Long Fang, Zhi-Min Sun, Ming-Zhou Bai, Xiao-Dong Fang, Shan-Cen Zhao, He-Ping Xiong*, Chun-Ming Yu*, Ai-Guo Zhu*	7.049	2018年18卷639-645页	2018年03月08日	Ai-Guo Zhu, Chun-Ming Yu, He-Ping Xiong	Ming-Bao Luan	栾明宝, 简建波, 陈平, 陈军辉, 陈建华, 高强, 高钢, 周菊红, 陈坤梅, 管学敏, 陈继康, 张倩倩, 王晓飞, 方龙, 孙志民, 白明洲, 方晓东, 赵山岑, 熊和平, 喻春明, 朱爱国	0	0	是	是
2	代表作2: SSR markers associated with fiber yield traits in ramie (<i>Boehmeria nivea</i> L. Gaudich)/Industrial Crops and Products/Ming-Bao Luan, Chen-Chen Liu, Xiao-Fei Wang, Ying Xu, Zhi-Min Sun, Jian-Hua Chen	3.849	2017年107卷439-445页	2017年01月01日	Jian-Hua Chen	Ming-Bao Luan	栾明宝, 刘晨晨, 王晓飞, 许英, 孙志民, 陈建华	0	0	是	是
3	代表作3: Genetic diversity and population structure of ramie (<i>Boehmeria nivea</i> L.)/Industrial Crops and Products/Ji-Le Ni, Ai-Guo Zhu, Xiao-Fei Wang, Ying Xu, Zhi-Min Sun, Jian-Hua Chen, Ming-Bao Luan	4.191	2018年115卷340-347页	2018年01月01日	Jian-Hua Chen, Ming-Bao Luan	Ji-Le Ni	倪吉乐, 朱爱国, 王晓飞, 许英, 孙志民, 陈建华, 栾明宝	0	0	是	否



4	代表作4 : Genome-wide association study discovered favorable single nucleotide polymorphisms and candidate genes associated with ramet number in ramie (<i>Boehmeria nivea</i> L.)/BMC plant biology/Kun-Mei Chen, Ming-Bao Luan, He-Ping Xiong, Ping Chen, Ji-Kang Chen, Gang gao, Kun-Yong Huang, Chun-Ming Yu, Ai-Guo Zhu	3.93	2018年18卷 345	2018年 12月 12日	Kun-Mei Chen, Chun-Ming Yu, Ai-Guo Zhu	Kun-Mei Chen, Ming-Bao Luan	陈坤梅, 栾明宝, 熊和平, 陈继康, 高钢, 黄坤勇, 喻春国, 朱爱国	0	0	是	是
5	代表作5:The miRNAome of ramie (<i>Boehmeria nivea</i> L.): identification, expression, and potential roles of novel microRNAs in regulation of cadmium stress response/BMC plant biology/Kun-Mei Chen, Yong-Ting Yu, Kai Sun, He-Ping Xiong, Chun-Ming Yu, Ping Chen, Ji-Kang Chen, Gang gao, Ai-Guo Zhu	3.93	2018年18卷 369	2018年 12月 01日	Chun-Ming Yu, Ai-Guo Zhu	Kun-Mei Chen, Yong-Ting Yu	陈坤梅, 余永廷, 孙凯, 熊和平, 喻春国, 陈继康, 高钢, 朱爱国	0	0	是	是
6	论文6 : Comparative transcriptomics reveals the selection patterns of domesticated ramie/Ecology and Evolution/Kun-Yong Huang, Ai-Guo Zhu, Xiao-Rong Chen, Ya-Liang Shi, Qing Tang, Xiao-Fei Wang, Zhi-Min Sun, Ming-Bao Luan, Jian-Hua Chen	2.39 2	2019年9卷	2019年 01月 01日	Ming-Bao Luan, Jian-Hua Chen	Kun-Yong Huang	黄坤勇, 朱爱国, 陈晓蓉, 石亚亮, 唐靖, 王飞, 孙志民, 栾明宝, 陈建华	0	0	是	否
7	论文7 : Core collection of ramie comprising 1151 germplasms based on simple sequence repeats and phenotypic markers/Brazilian Journal of Botany/Ming-Bao Luan, Ya-Mei Chen, Xiao-Fei Wang, Ying Xu, Zhi-Min Sun, Jian-Hua Chen, Jian-Sheng Wang	0.93	2018年41卷 859-866页	2018年 11月 09日	Jian-Hua Chen, Jian-Sheng Wang	Ming-Bao Luan	栾明宝, 陈亚梅, 王飞, 许英, 孙志民, 陈建华, 王健胜	0	0	是	否



8	Identification, evaluation and application of the genomic-SSR loci in ramie/Acta Societatis Botanicorum Poloniae/Luan Mingbao, Yang Zema, Zhu Juanjuan, Deng Xin, Liu Chenchen, Wang Xiaofei, Xu Ying, SunZhimin, Chen Jianhua	0.917	2016年85卷3510	2016年09月26日	Jianhua Chen	Mingbao Luan	栾明宝, 杨泽茂, 朱娟娟, 邓欣欣, 刘晨晨, 王晓飞, 许英, 孙志民, 陈建华	0	0	是	否
合计								0	0		

补充说明：

承诺：上述代表作及论文用于提名湖南省自然科学奖的情况，已征得未列入项目主要完成人和主要完成单位的其他作者和其他署名单位的同意。知识产权归国内所有，且不存在争议。

第一完成人签名：

2021年度提名书预览版



七、代表作及论文被他人引用的情况（不超过8篇）

序号	被引代表作及论文序号	引文题目/作者	引文刊名/影响因子	引文发表时间 (年月日)

2021年度提名书预览版



八、主要完成人情况表

姓 名	朱爱国	性 别	男	排 名	1	国 籍	中国
出生年月	1973年05月14日			出生地		民 族	汉族
身份证号	432425197305140032			归国人员	否	归国时间	
技术职称	研究员			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	中国农业科学院研究生院			毕业时间	2008年07月01日	所学专业	作物学
电子邮箱	zhuaiquo@caas.cn			办公电话		移动电话	13170477137
通讯地址						邮政编码	
工作单位	中国农业科学院麻类研究所					行政职务	副所长
二级单位	无					党 派	中国共产党
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所					所在地	湖南
						单位性质	事业单位
参加本项目的起止时间	2015年01月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 负责项目的总体设计与实施，包括项目的申请、实验设计和具体实施、年度进展汇报、项目成果总结和结题等。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p style="text-align: right;">本人签名：</p> <p style="text-align: center;">年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p style="text-align: right;">单位（盖章）</p> <p style="text-align: center;">年 月 日</p>			



姓 名	栾明宝	性 别	男	排 名	2	国 籍	中国
出生年月	1978年12月20日		出生地		民 族	汉族	
身份证号	410621197812205013		归国人员	否	归国时间		
技术职称	研究员		最高学历	研究生	最高学位	博士	
毕业学校	中国农业科学院研究生院		毕业时间	2008年07月01日	所学专业	作物遗传育种	
电子邮箱	luanmingbao@caas.cn		办公电话		移动电话	17375881576	
通讯地址					邮政编码		
工作单位	中国农业科学院麻类研究所				行政职务	无	
二级单位	无				党 派	中国民主促进会	
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所				所在地	湖南	
					单位性质	事业单位	
参加本项目的起止时间	2015年01月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 项目成果主要参与人员，首次报道了苕麻基因组草图，绘制了苕麻生产上的主推品种中苕1号的第一张高质量基因组草图，同时也是苕麻科物种第一张高质量基因组草图，并以此为基础完成了112份苕麻核心种质资源的简化基因组测序，获得高质量多态性SLAF标签；完成1151份苕麻核心种质的遗传多样性和进化分析。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p>本人签名：</p> <p>年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p>单位（盖章）</p> <p>年 月 日</p>			



姓 名	陈坤梅	性别	女	排 名	3	国 籍	中国
出生年月	1985年05月16日			出生地		民 族	汉族
身份证号	45090219850516154X			归国人员	否	归国时间	
技术职称	副研究员			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	西北农林科技大学			毕业时间	2015年07月01日	所学专业	作物遗传育种
电子邮箱	chenkunmei@caas.cn			办公电话		移动电话	17375881797
通讯地址						邮政编码	
工作单位	中国农业科学院麻类研究所					行政职务	无
二级单位	无					党 派	中国共产党
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所					所在地	湖南
						单位性质	事业单位
参加本项目的起止时间	2015年07月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 以苧麻基因组信息为基础，首次采用高通量测序技术揭示了苧麻响应镉胁迫的miRNA组织表达特征及其调控机理，发现了响应镉胁迫的新miRNA并预测到对应的靶基因，证实了其靶基因受到对应miRNA的调控；首次利用全基因组扫描分析了苧麻茎粗、皮厚及分株等显著关联的SSR或SNP，并挖掘获得相关的关键基因。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p>本人签名：</p> <p>年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p>单位（盖章）</p> <p>年 月 日</p>			



姓 名	陈平	性别	男	排 名	4	国 籍	中国
出生年月	1982年08月17日			出生地		民 族	汉族
身份证号	362123198208170050			归国人员	否	归国时间	
技术职称	副研究员			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	南京农业大学			毕业时间	2009年07月01日	所学专业	作物遗传育种
电子邮箱	chenping02@caas.cn			办公电话		移动电话	13618497684
通讯地址						邮政编码	
工作单位	中国农业科学院麻类研究所					行政职务	科室副主任
二级单位	无					党 派	中国共产党
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所					所在地	湖南
						单位性质	事业单位
参加本项目的起止时间	2015年12月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要参与了下列重要科学发现：协助完成镉胁迫苕麻表型数据采集与分析，完成miRNA及相关靶基因的表达验证工作，筛选获得73个镉响应的新miRNA，首次揭示了苕麻响应镉胁迫的miRNA分子调控机理。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p style="text-align: right;">本人签名：</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p style="text-align: right;">单位（盖章）</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>			



姓 名	陈建华	性 别	男	排 名	5	国 籍	中国
出生年月	1963年07月03日		出生地		民 族	汉族	
身份证号	430202196307036034		归国人员	否	归国时间		
技术职称	研究员		最高学历	研究生	最高学位	博士	
毕业学校	中国农业科学院研究生院		毕业时间	2011年07月01日	所学专业	作物遗传育种	
电子邮箱	chenjianhua@caas.cn		办公电话		移动电话	17375881730	
通讯地址					邮政编码		
工作单位	中国农业科学院麻类研究所				行政职务	无	
二级单位	无				党 派	群众	
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所				所在地	湖南	
					单位性质	事业单位	
参加本项目的起止时间	2015年01月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要参与了下列重要科学发现：对112份苕麻核心种质进行了简化基因组测序，获得2,458,923个SLAF标签，SLAF标签的平均深度为10.89x，多态性SLAF标签336,623个，共得到108,888个高一一致性的群体SNP；利用其中部分SSR分子标记，对来自中国、巴西、印度尼西亚、印度和古巴13个地区的1151份苕麻种质资源进行了遗传多样性和群体结构分析，发现种质资源遗传多样性丰富，四川、云南和贵州的遗传多样性高于其他区域，遗传距离和地理距离之间具有显著的正相关。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p style="text-align: right;">本人签名：</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p style="text-align: right;">单位（盖章）</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>			



姓 名	喻春明	性 别	男	排 名	6	国 籍	中国
出生年月	1963年12月22日		出生地		民 族	汉族	
身份证号	432302196312220319		归国人员	否	归国时间		
技术职称	研究员		最高学历	研究生	最高学位	硕士	
毕业学校	中国农业科学院研究生院		毕业时间	2001年07月01日	所学专业	作物遗传育种	
电子邮箱	yuchunming@caas.cn		办公电话		移动电话	18670068301	
通讯地址					邮政编码		
工作单位	中国农业科学院麻类研究所				行政职务	科室主任	
二级单位	无				党 派	中国共产党	
主要完成单位	中国农业科学院麻类研究所				所在地	湖南	
					单位性质	事业单位	
参加本项目的起止时间	2015年01月01日 至 2019年12月31日						
<p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要参与了下列重要发现：利用全基因组扫描分析了苧麻分株显著关联的SNP，共获得32个显著关联的SNP。以241个杂交后代株系为材料，通过单标记关联分析证实了其中的一个SNP（Marker20170-64）与苧麻分株数显著负相关，预测了Marker20170-64位点附近的相关基因，在该位点上下150 kb的区域共预测到9个候选基因，通过qPCR实验证实了其中的6个基因在分株数较高的苧麻品种中的表达量相对于在分株数低的品种中更活跃。</p>							
<p>曾获科技奖励情况：</p>							
<p>声明：本人同意主要完成人排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。该项目是本人本年度被提名的唯一项目（团队）。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。</p> <p style="text-align: right;">本人签名：</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>				<p>主要完成单位声明：本单位确认该主要完成人情况表内容真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如产生争议，愿意积极配合调查处理工作。</p> <p>工作单位声明：本单位对该主要完成人被提名无异议。</p> <p style="text-align: right;">单位（盖章）</p> <p style="text-align: right;">年 月 日</p>			



九、主要完成单位情况表

单位名称	中国农业科学院麻类研究所				
排 名	1	法定代表人	杨永坤	所在地	湖南
单位性质	事业单位	传 真	0731-88998527	邮政编码	410205
通讯地址	湖南省长沙市岳麓区咸嘉湖西路348号				
联 系 人	唐超	单位电话	0731-88998507	移动电话	18627318952
电子邮箱	ibfckyc@163.com				
对本项目科学发现的贡献：（限600字）					
中国农业科学院麻类研究所为拟报奖项的唯一完成单位，所获得的重要科学发现均由中国农业科学院麻类研究所完成。					
声明：本单位同意主要完成单位排名，遵守《湖南省科学技术奖励办法》及其实施细则的有关规定，承诺遵守评审工作纪律，保证所提供的有关材料真实有效，且不存在任何违反《中华人民共和国保守国家秘密法》和《科学技术保密规定》等相关法律法规及侵犯他人知识产权的情形。如有材料虚假或违纪行为，愿意承担相应责任并接受相应处理。如产生争议，保证积极配合调查处理工作。					
单位（盖章）					
年 月 日					