

浙江省科学技术奖公示信息表（单位提名）

提名奖项：自然科学奖

| | |
|-------------|--|
| 成果名称 | 大麦抗逆基因挖掘与功能解析 |
| 提名等级 | 二等奖 |
| 提名书 相关内容 | <p>一、代表性论文</p> <p>[1] Qiu CW, Ma Y, Wang QQ, Fu MM, Li CD, Wang YZ, Wu FB. Barley HOMOCYSTEINE METHYLTRANSFERASE 2 confers drought tolerance by improving polyamine metabolism against ROS. <i>Plant Physiology</i>, 2023, 193(1): 389–409; Online: 2023.06.10.</p> <p>[2] Qiu CW, Ma Y, Liu WX, Zhang S, Wang Y, Cai S, Zhang GP, Chater C, Chen Z, Wu FB. Genome resequencing and transcriptome profiling reveal molecular evidence of tolerance to water deficit in barley. <i>Journal of Advanced Research</i>, 2023, 49: 31-45; Online: 2022.09.25.</p> <p>[3] Feng X, Liu WX, Qiu CW, Zeng FR, Wang Y, Zhang GP, Chen ZH, Wu FB. <i>HvAKT2</i> and <i>HvHAK1</i> confer drought tolerance in barley through enhanced leaf mesophyll H⁺ homeostasis. <i>Plant Biotechnology Journal</i>, 2020, 18: 1683–1696.</p> <p>[4] Wang NH, Zhou X, Shi SH, Zhang S, Chen Z, Ali M, Ahmed IM, Wang Y, Wu FB. An miR156-regulated nucleobase-ascorbate transporter 2 confers cadmium tolerance via enhanced anti-oxidative capacity in barley. <i>Journal of Advanced Research</i>, 2023, 44: 23-37.</p> <p>[5] Liu WX, Feng X, Cao F, Wu D, Zhang GP, Vincze E, Wang Y, Chen Z, Wu FB. An ATP binding cassette transporter <i>HvABCB25</i> confers aluminum detoxification in wild barley. <i>Journal of Hazardous Materials</i>, 2021, 401: 123371.</p> <p>[6] Feng X, Liu WX, Cao F, Wang Y, Zhang GP, Chen Z, Wu FB. Overexpression of <i>HvAKT1</i> improves barley drought tolerance by regulating root ion homeostasis and ROS and NO signaling. <i>Journal of Experimental Botany</i>, 2020, 71: 6587–6600.</p> <p>[7] Feng X, Liu WX, Dai H, Qiu Y, Zhang GP, Chen Z, Wu FB. <i>HvHOX9</i>, a novel homeobox leucine zipper transcription factor, positively regulates aluminum tolerance in Tibetan wild barley. <i>Journal of Experimental Botany</i>, 2020, 71: 6057–6073.</p> <p>[8] He X, Zeng J, Cao F, Ahmed IM, Zhang GP, Vincze E, Wu FB. <i>HvEXPB7</i>, a novel β-expansin gene revealed by the root hair transcriptome of Tibetan wild barley, improves root hair growth under drought stress. <i>Journal of Experimental Botany</i>, 2015, 66: 7405–7419.</p> <p>二、主要知识产权</p> <p>(1) 裘程炜，邬飞波. 大麦 <i>HvHMT3</i> 基因及其应用，2022-4-12，中国，ZL202110128950.2.</p> <p>(2) 裘程炜，邬飞波. 大麦 <i>HvPOD11</i> 基因及其用途，2022-4-12，中国，ZL202110128965.9.</p> <p>(3) 裘程炜，邬飞波，马越，曹方彬，王一州，张国平. 大麦 <i>HvZIFL2</i> 基因及其用途，2022-4-12，中国，ZL202110126426.1.</p> <p>(4) 刘文星，邬飞波，曹方彬，冯雪，戴华鑫，张国平. 大麦 <i>HvALS1</i> 基因及其用途，2020-6-23，中国，ZL201811086491.0.</p> <p>(5) 邬飞波，王歆珂，贺小彦，时敏，张国平. 大麦 <i>HvPAA1</i> 基因及其用途，2020-6-23，中国，ZL201811086491.0.</p> |

| | |
|--------|--|
| 主要完成人 | <p>邬飞波，排名1，教授，浙江大学；</p> <p>裘程炜，排名2，副研究员，浙江中医药大学；</p> <p>冯雪，排名3，教授，青岛农业大学；</p> <p>刘文星，排名4，副教授，青岛农业大学；</p> <p>张国平，排名5，教授，浙江大学。</p> |
| 主要完成单位 | 1.浙江大学 |
| 提名单位 | 浙江大学 |
| 提名意见 | <p>该成果在国家自然科学基金、浙江省科技厅等多个课题资助下，以我国独有的西藏野生大麦为主要材料，研究了耐旱、耐酸/铝、耐镉胁迫的基因型差异分子机制，以及抗逆基因挖掘与功能解析，取得的创新性成果主要有：（1）整合基因芯片、全基因组重测序、BSMV-VIGS 及多组学联合分析等研究手段，率先建立了大麦抗逆基因高效挖掘与功能验证体系，挖掘并功能解析了 <i>HvHAK1</i>、<i>HvNAT2</i>、<i>HvEXPB7</i>、<i>HvABCB25</i> 等抗逆基因；（2）构建了大麦响应干旱、酸铝及镉胁迫的 lncRNA-miRNA-mRNA 全转录组调控网络，揭示非编码 RNA 动态调控抗逆性的新机制，填补了大麦非编码 RNA 理论研究的空白；（3）发现甲硫氨酸-多胺抗氧化偶联和根系细胞壁重塑与液泡区室化协同提高大麦抗逆以及 <i>HvEXPB7</i> 正调控大麦根毛发生和 K⁺吸收提高耐旱，丰富了作物抗逆分子调控理论；（4）利用小孢子培养技术，创制了源于西藏野生大麦与栽培大麦杂交的高密度遗传图谱 DH 群体，为抗逆研究与育种提供了新颖种质资源。该研究成果解析了西藏野生大麦的特异抗逆机制，创制了多个具有重大育种价值的新种质，对保障粮食安全意义重大。</p> <p>该项目研究成果以系列高水平论文发表于 <i>Plant Physiology</i>、<i>Plant Biotechnology Journal</i>、<i>Journal of Advanced Research</i>、<i>Journal of Experimental Botany</i> 等国际权威期刊，累计发表论文 23 篇，他引 1100 余次；获授权国家发明专利 9 件，总体处于国际先进水平。</p> <p>提名该项目为浙江省自然科学奖 <u>二</u> 等奖。</p> |