



湖南省自然科学奖提名书

(2022 年度)

一、项目基本情况

| | | | | |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|-----------|-----|------------|
| 提名单位(专家) | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | |
| 项目名称 | 温带粳稻与其野生稻适应低温环境的分子遗传基础 | | | |
| 主要完成人 | 毛东海, 李兰英, 陈彩艳, 朱玉兴 | | | |
| 主要完成单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | |
| 省财政资金拨款单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | |
| 学科分类 名称 | 1 | 农业植物学 | 代码 | 2102060 |
| | 2 | 分子遗传学 | 代码 | 1803135 |
| | 3 | | 代码 | |
| 所属科学技术领域 | 水稻耐气候逆境的遗传基础与分子育种 | | | |
| 任务来源 | 国家自然科学基金, 其它 | | | |
| 具体计划、基金的名称和编号： 国家自然科学基金，面上，水稻苗期耐冷基因qCTS11的克隆与功能分析，31371603 国家自然科学基金，青年，东乡野生稻越冬耐寒性的遗传分析，31101211 中国科学院青年创新促进会，茉莉酸对水稻耐冷性的分子调控机制，2018398 | | | | |
| 已呈交的科技报告编号： | | | | |
| 项目起止时间 | 起始： | 2012年1月1日 | 完成： | 2019年2月26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 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | |
| 通讯地址 | 长沙市芙蓉区远大二路644号 | 邮政编码 | 410125 |
| 联系人 | 刘守龙 | 联系电话 | 0731-84619759 |
| 电子邮箱 | along@isa.ac.cn | 传 真 | 0731-84612685 |
| <p>提名意见：</p> <p>在国家自然科学基金等项目资助下，该团队系统剖析了温带粳稻或温带粳稻近缘型野生稻适应低温环境的分子遗传基础，主要成果为：（1）解析了温带粳稻耐冷性状形成的分子遗传基础，克隆了其中QTL基因HAN1，解析其分子作用机制，并阐述了粳稻向温带扩张的适应机制；（2）系统解析了越冬野生稻适应低温环境的进化与遗传机制，首次鉴定它的温带粳稻近缘性，解析了它的两头下注式低温适应机制，即逃避、耐受的遗传机制。相关成果在《PNAS》、《Theor Appl Genet》、《Mol Breed》、《Plant Breed》等期刊发表，并先后被《Molecular Plant》、《Nature Communications》、《Science Advances》、《New Phytologist》、《中国科学：生命科学》等期刊引用。其中，水稻基因HAN1的研究被列为新中国成立70周年以来的植物激素研究重要进展和水稻遗传学与分子设计育种的重要进展之一。</p> <p>综上所述，该项目创新性强，所获成果为深入了解水稻耐冷性状的分子遗传机制提供了全新的知识和视角，拓展了水稻耐冷性状研究的广度和深度，可为水稻育种提供理论基础以及种质、基因资源。我单位认真审阅了该项目申报材料，确认真实有效，并以推荐。</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>提名单位（盖章）</p> <p>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

水稻起源于热带或亚热带，对低温敏感，冷害易致其减产，危及粮食安全。因此，本项目经过多年研究，在**温带粳稻或其近缘野生稻的低温适应机制**上，获得了系列原创成果。

一、系统解析了温粳近缘型野生稻的低温环境适应性的遗传基础

东乡野生稻是分布纬度最高的野生稻，能越冬再生，极具耐冷性，但其遗传基础未知。因此，我们开展了东乡野生稻耐冷遗传解析，主要结论为：**1) 东乡野生稻与温带粳稻近缘**：它与温带粳稻的亲缘关系极其接近，遗传信息可代表温带粳稻祖先种。**2) 东乡野生稻具备低温逃避机制**：它拥有 5 个低温迟萌 QTL，从而使其种子逃避低温胁迫。**3) 东乡野生稻具备低温耐受机制**：它富集 13 个苗期耐低温 QTL，从而使其耐冷性强于普通栽培稻。**4) 基于 QTL 聚合，可培育越冬品种或直播品系**：东乡野生稻衍生的第一个越冬品种东野 1 号，富集了 6 个东乡野生稻耐冷主效 QTL；聚合东乡野生稻苗期耐冷主效 QTL 与栽培稻种子速萌 QTL 等位，创制 DX71 品系，表现为萌发齐快、苗期耐冷，适合轻简直播。

该成果发表在《**Theor Appl Genet**》和《**Mol Breed**》国际期刊。其中前者于 2019 年被中国农业科学院农业信息研究所统计为学科高被引论文之一。

二、深入解析了温带粳稻适应低温环境的分子遗传调控机制

温带粳稻长期适应温带环境，具备较强耐冷性，但其适应低温环境的分子机制有待深入研究。因此，我们开展了温带粳稻低温适应机制研究，主要结论为：**1) 克隆负调控耐冷性的 HANI 基因**：在温带粳稻中克隆了 QTL 基因 *HANI*，它的过表达降低耐冷性，敲除增强耐冷。 **2) HANI 基于茉莉酸通路响应低温胁迫**：*HANI* 编码氧化酶，使植物激素茉莉酸羟基化而失活，并通过 *CBF* 依赖型低温响应保守途径调控耐冷性。 **3) HANI 促进温带粳稻适应低温环境**：*HANI* 启动子在温带粳稻中获得 1 个 MYB 元件，降低基因表达，保留较高的茉莉酸含量和 *CBF* 表达量，从而使得温带粳稻适应低温环境。 **4) HANI 改良籼稻稳产性**：将 *HANI* 基因组片段导入籼稻中，能显著提高苗期耐冷性，但不影响产量。总之，该研究深入解析水稻低温适应性的分子遗传调控机制，为水稻耐逆育种提供理论指导与基因资源。

该成果发表在《**PNAS**》等期刊，*HANI* 的克隆被列为新中国成立 70 年来植物激素、水稻遗传学与分子设计育种的研究进展之一(黎家等, 2019; 郭涛等, 2019)。



四、重要科学发现

本项目的重要科学发现包括：(1) 证实耐冷野生稻与温带粳稻近缘，都是水稻耐冷性状改良的优异种质；(2) 阐述耐冷野生稻具备两头下注式适应遗传机制；(3) 揭示温带粳稻或其野生稻耐冷性的遗传基础，并基于共有 QTL 基因 *HANI* 的克隆，深入解析了水稻适应低温环境的分子遗传及其驯化机制；(4) 基于 QTL 聚合，发现直播耐冷早稻、高产耐冷籼稻、越冬再生粳稻等品种培育的有效途径。重要发现的具体解析如下。

1. 基于种质资源分析，证实耐冷野生稻与温带粳稻近缘，都是水稻耐冷性状改良的优异种质

本项目前后收集了 500 余份栽培稻和 80 余份野生稻，为水稻耐冷遗传研究与育种实践储备了种质资源基础。

1.1 确定水稻耐冷多样性，其中温带粳稻或其近缘型野生稻的耐冷性最强

经过种质资源耐冷性状鉴定，确定在亚种之间，粳稻耐冷性比籼稻强；在生态型之间，温带粳稻耐冷性最强，热带粳稻其次，籼稻敏感，此外与温带粳稻近缘的野生稻也具备较强耐冷性。例如，日本晴和 02428 等温带粳稻耐冷性强，东乡野生稻和茶陵野生稻是温带粳稻型野生稻，耐冷性也较强，是水稻耐冷改良的优异种质 (Mao et al., 2015; Li et al., 2018; Mao et al., 2019)。

1.2 证实敏感籼稻或耐受粳稻都具备依赖于 *CBF/DREB1* 通路的冷驯化机制

温带植物拟南芥存在 *CBF1/DREB1* 依赖型的冷驯化机制，即适度低温预处理可以增强植物耐寒性。我们利用多个籼稻和粳稻品种，证实了热带或亚热带起源的水稻也存在类似冷驯化机制；结合共线性与表达分析证明水稻 *CBF1/DREB1* 同源基因存在保守功能 (Mao et al., 2012)。

1.3 揭示温带粳稻或其近缘型野生稻的低温耐受遗传基础，共有主效 QTL

在 4 套温带粳稻或其近缘型野生稻与栽培稻杂交衍生的遗传群体中，利用 SSR、InDel 或 SNP 分子标记构建遗传图谱，并检测苗期耐冷性 QTL 位点。最终共发掘了 15 个 QTL，都是来自温带粳稻或其近缘野生稻，解析了耐冷性状形成的遗传基础。其中，位于第 11 和 12 号染色体上的 QTL 多次被检测到，为主效 QTL，包括 *HANI* 等 (Mao et al., 2015; Li et al., 2018; Mao et al., 2019)。



2. 基于不同时期遗传分析，阐述耐冷野生稻具备两头下注式适应遗传机制，即低温逃避和低温耐受机制

东乡野生稻是目前已知的分布纬度最高的野生稻，可越冬再生，极其耐冷。然而此前，该野生稻的遗传基础并不清楚。

2.1 发现极其耐冷的东乡野生稻与温带粳稻近缘

以已知生态型的栽培稻种质资源为对照，利用全基因组覆盖的分子标记分析东乡野生稻等野生稻种质资源的遗传背景。发现分布纬度较高的东乡野生稻、茶陵野生稻等与温带粳稻处于位于系统发育树的同一亚枝。进一步利用与 13 个耐冷 QTL 连锁的分子标记构建东乡野生稻与栽培稻的系统发育树。发现在进化树上，东乡野生稻与温带粳稻的进化距离更接近。由此推断，东乡野生稻与温带粳稻存在相近的遗传关系，也存在相似的低温环境适应机制（Mao et al., 2015）。

2.2 解析了东乡野生稻耐受低温的遗传基础

东乡野生稻的幼苗比普通栽培稻耐冷性更强。利用东乡野生稻与两个栽培稻杂交衍生的重组自交系或回交自交系群体，结合基于简化基因组测序构建的遗传分析与单分子标记验证，确定东乡野生稻拥有 13 个苗期耐低温 QTL，分别为位于第 2、3、7、8、9、11、12 号等染色体上（Mao et al., 2015）。众多耐受 QTL 的富集，促使东乡野生稻获得极强耐冷性，解析了它耐受高纬度低温环境的遗传基础。

2.3 解析了东乡野生稻逃避低温的遗传基础

与栽培稻比较，东乡野生稻种子在常温下能整齐发芽，但是在低温条件下，部分种子不萌发或延迟萌发。东乡野生稻作为野生稻，其种子原位落地后可以逃避低温胁迫，等待合适温度时萌发成苗。利用东乡野生稻与栽培稻杂交衍生的遗传群体，在东乡野生稻检测到了 5 个低温抑制种子萌发的 QTL，分别为位于第 2、5、10、12 号等染色体上（Li et al., 2019）。多个低温抑制萌发的 QTL 的富集，促使东乡野生稻逃避低温胁迫，解析了它逃避高纬度低温环境的遗传基础

综上，我们发现了东乡野生稻存在种子萌发逃避低温胁迫和苗期植株耐受低温胁迫的两种生物学现象；基于 QTL 发掘，解析了东乡野生稻通过两头下注式适应较高纬度低温环境的遗传基础。



3. 揭示温度粳稻或其野生稻耐冷性的遗传基础，并基于共有 QTL 基因 *HANI* 的克隆，解析了水稻适应低温环境的分子遗传及其驯化机制

温带粳稻是由起源于热带与亚热带的水稻向北扩展过程中，通过遗传变异与自然选择或人工驯化从而适应温带低温生长环境的独特生态型水稻。然而，温带粳稻的低温适应性的分子机制有待深入研究。

3.1 剖解耐冷主效 QTL 为连锁 QTL 簇，并克隆了其中的 *HANI* 基因

在温带粳稻或其野生稻衍生的重组自交系群体中，在第 11 号染色体上都能初步检测到苗期耐冷性关联的 QTL。利用近等基因系回交分离群体，将第 11 号染色体上耐冷性关联 QTL，深度剖析为多个连锁 QTL：*qCST11.3/HANI*、*qCTS11.2/HAN2*、*qCTS11.1/HAN3*。结合精细定位与候选基因分析，最终克隆了 *HANI* 基因 (Mao et al., 2015; Li et al., 2018; Mao et al., 2019)。

3.2 证实 *HANI* 负调控耐冷性，揭示 *HANI* 氧化茉莉酸的生化功能

HANI 粳稻等位的表达量高于籼稻等位。*HANI* 过表达使植株耐冷性减弱，敲除基因使植株耐冷性增加，因此 *HANI* 负调控耐冷性。*HANI* 编码细胞色素氧化酶，定位于内质网上。*HANI* 蛋白在体外可以氧化植物激素茉莉酸，使其羟基化而失去活性。体内茉莉酸含量测定验证 *HANI* 高表达的粳稻基因型的茉莉酸含量在低温条件下显著低于低表达的籼稻等位。综上证实，*HANI* 代谢植物激素茉莉酸的生化功能 (Mao et al., 2019)。

3.3 证明 *HANI* 依赖“茉莉酸-*CBF/DREB1* 通路”调控水稻耐冷性

茉莉酸是植物中的逆境激素，参与生长发育和抗性的平衡。与对照比较，*HANI* 过表达植株变得更高，但耐冷性更弱；而 *HANI* 突变体变得更矮，但耐冷性更强。在拟南芥中，有文献证实茉莉酸通过 *CBF/DREB1* 途径调控耐冷性。我们已证实水稻存在 *CBF/DREB1* 依赖型低温响应机制。因此，在 *HANI* 的粳籼等位之间，我们开展了水稻 *CBF/DREB1* 同源基因的表达分析，最终证明了籼稻基因型中的 *OsDREB1B*、*OsDREB1F*、*OsDREB1G* 与 *OsDREB1I* 的表达高于粳稻基因型。由此说明 *HANI* 依赖“茉莉酸-*CBF/DREB1* 通路”调控水稻耐冷性 (Mao et al., 2019)。

3.4 证明 *HANI* 启动子获得 MYB 元件，促进温带粳稻适应低温环境

HANI 基因在水稻亚种之间中存在自然变异，温带粳稻单倍型耐冷性最强，



在其启动子中获得 1 个 MYB 元件，抑制自身表达，保留更多茉莉酸含量，使其在低温环境中保持较高 CBF 表达水平，获得耐冷性。*HANI* 在水稻驯化过程中，受到选择作用。温带粳稻单倍型主要分布于高纬度或高海拔地区，其他单倍型主要分布于低纬度或低海拔地区（Mao et al., 2019）。

4. 基于耐冷 QTL 聚合，发现直播耐冷早稻、高产耐冷籼稻、越冬再生粳稻等品种培育的有效途径

4.1 聚合东乡野生稻耐冷 QTL 与早稻种子萌发 QTL，创制耐直播新种质

目前大受欢迎的轻简栽培模式需要培育出种子萌发快而整齐且苗期耐冷性强的品种。为此，通过分子标记辅助选择方法将东乡野生稻的苗期耐冷主效 QTL 与早稻品种协青早 B 的促进低温萌发的 QTL 聚合到“DX71”品系中。该品系表现为，在低温条件下种子萌发快且整齐、出苗后植株耐冷性强，符合大田直播种植需求（Li et al., 2018）。因此，将东乡野生稻的耐冷 QTL 与早稻的种子萌发 QTL 聚合到同一品种，可实现耐直播早稻品种的有效改良。

4.2 导入 *HANI* 基因组片段，可培育高产耐冷籼稻品种

在解析温带粳稻苗期耐冷性的遗传基础前提下，将位于温带粳稻第 11 号染色体上的含连锁耐冷 QTL 的基因组片段（经过深度剖析，继续分解为 *qCST11.3/HAN1*、*qCTS11.2/HAN2*、*qCTS11.1/HAN3*）导入到两系杂交籼稻品种两优培九的父本品种 93-11 中，获得了编号为“11-9”株系，该株系在常温条件下产量不受影响，但其耐冷性显著增强（Li et al., 2018）。因此，*HANI* 所在的温带粳稻基因组片段，能改良高产籼稻的耐冷性，但不影响其他重要农艺性状。

4.3 聚合东乡野生稻耐冷 QTL，可培育越冬粳稻品种

东野 1 号是以东乡野生稻为供体，以栽培粳稻 0298 品种为受体，杂交选育到的第一个越冬粳稻品种。该品种具有较强的耐冷性，在南昌地区自然条件下越冬，次年 4 月初出苗，8 月上旬抽穗，九月上旬成熟，全生育期 10 天左右。通过 QTL 连锁分子标记鉴定，确定东野 1 号富集了多个东乡野生稻的耐冷主效位点，例如 *qCTS2.3*、*qCTS3.1*、*qCTS8*、*qCTS11.1*、*qCTS11.2* 及 *qCTS12.2*（Mao et al., 2015）。因此，聚合东乡野生稻耐冷 QTL 是培育越冬粳稻品种的有效途径。

总之，本项目围绕水稻耐冷性状改良方向获得了系列创新成果，阐述了温带粳稻或其野生稻耐冷性状的遗传基础，并发掘了水稻耐冷性状改良的有效途径。



2. 研究局限性（限 1 页）

在本项目的研究中，系统剖析了温带粳稻或其近缘型野生稻适应低温环境的遗传基础；基于 QTL-*HAN1* 的图位克隆，深入解析了温带粳稻适应低温环境的分子遗传机制；在温带粳稻或其野生稻种质耐冷遗传基础的基础上，探索出了基于 QTL 聚合方法培育直播耐冷早稻、高产耐冷籼稻、越冬再生粳稻等水稻品种的有效途径。这些研究成果为水稻耐冷遗传育种奠定了理论基石与种质或基因资源。然而，由于水稻耐冷性状是复杂性状，本项目研究还存在 2 个局限性：

（1）本项目主要侧重于苗期耐冷性的遗传基础的深入研究，而种子低温萌发和穗期耐冷性对水稻安全生产都很重要，也需要深入研究。（2）本项目鉴定到了多个 QTL，但是由于水稻 QTL 克隆周期长，目前已经仅仅完成了 *HAN1* 的克隆、机制解析，并获得最终发表。此外，本项目已经克隆的 *HAN2*、*HAN3* 等耐冷 QTL 有，有待深入解析分子作用机理。



五、客观评价

【限 2 页。围绕科学发现点的原创性、科学价值、国内外自然科学界公认度以及推动学科发展的作用进行客观、真实、准确评价。填写的评价意见要有客观依据，主要包括国内外同行在重要学术刊物、学术专著和重要国际学术会议论文集等公开发表的学术性评价意见，国内外重要科技奖励等，可在附件中提供证明材料。非公开资料（如私人信函等）不能作为评价依据。】

一、首次发现茉莉酸代谢酶基因 *HANI* 的自然变异促进水稻适应温带环境

该发现于 2019 年发表在国际著名期刊《PNAS》，目前 SCI 他引次数达 84 次，被列为 ESI Highly Cited Paper。该成果得到业界广泛认可。

华中农业大学张启发院士作为通讯作者于 2021 年在《Molecular Plant》期刊发表水稻功能基因组学研究进展综述“From green super rice to green agriculture: Reaping the promise of functional genomics research”，评价本发现“three genes (*COLD1*, *bZIP73*, and *HANI*) have been cloned for cold tolerance at the seedling stage (Ma et al., 2015b; Liu et al., 2018; Mao et al., 2019)”。

法国斯特拉斯堡大学 Thierry Heitz 课题组于 2022 年在《The Plant Journal》发表植物激素茉莉酸研究论文，评价本发现：“Nevertheless, natural variability in CYP94-mediated JA-Ile catabolism has been reported in rice and allowed adaptation of this crop species to a temperate climate (Mao et al., 2019)”。

中国科学院韩斌院士团队于 2022 年在《Molecular Plant》期刊发表水稻数量基因组学研究进展综述“Twenty years of rice genomics research: from sequencing and functional genomics to quantitative genomics”，评价本发现“Numerous genes underlying chilling tolerance, such as *HANI*, *bZIP73*, and *CTB2*, have also been identified (Liu et al., 2018a; Mao et al., 2019; Li et al., 2021a), further enriching our understanding of rice adaptation to cold climates”。

中国科学院李家洋院士、华农农业大学刘耀光院士、清华大学谢道昕院士等联合在 2022 年的《Science China Life Sciences》期刊发表近十年水稻功能基因组学研究进展综述“Rice functional genomics: decades’ efforts and roads ahead”，评价本发现“The recently cloned *HANI* (“*HAN*” is the Chinese word for “chilling”) gene encodes an oxidase that is critical for rice (*japonica*) chilling tolerance at the seedling stage by mediating the conversion of JA from the active form (JA-Ile) into



the inactive form (12OH-JA-Ile) (Mao et al., 2019)”。

中国科学院林鸿宣院士、韩斌院士、李家洋院士等在《中国科学: 生命科学》的新中国成立 70 周年生命科学研究进展专辑上发表“中国水稻遗传学研究进展与分子设计育种”评述, 长篇幅评价本发现, “.....成功克隆了控制水稻抗寒性的关键基因 *HANI*,该研究拓展了人们对水稻向北扩散的认识, 为提高水稻的耐冷性提供了重要的基因资源”。

兰州大学黎家教授与中国科学院李传友研究员在《中国科学: 生命科学》的新中国成立 70 周年生命科学研究进展专辑上发表“新中国成立 70 年来植物激素研究进展”评述, 长篇幅评价本发现, “.....鉴定了抗寒性的数量性状位点基因 *HANI*, 该基因编码一种氧化酶, 可催化具有活性的 *JA-Ile* 转化为非活性的 12OH-*JA-Ile*, 进而调控 *JA* 介导的低温反应”。

同时, 本发现在同行发表的研究论文中也被广泛引用, 例如被《Nature Communications》、《Plant Cell》、《Plant Biotechnology Journal》、《New Phytologist》、《Plant Physiology》、《Plant Journal》、《Cell Reports》、《Journal of Experimental Botany》、《Plant Cell and Environment》、《Journal of Integrative Plant Biology》等主流期刊。因此, 水稻基因 *HANI* 的研究成果得到业界广泛的高度的认可!

二、首次系统性揭示了东乡野生稻适应低温环境的两头下注式遗传机制

系列成果发表在《Theor Appl Genet》和《Mol Breed》期刊, 作为水稻种质资源的数量遗传研究成果, 被《Theor Appl Genet》、《Rice》《Mol Breed》等该领域期刊所引用, SCI 他引总次数达 81 次。

三、首次报道了低温敏感作物水稻存在 *CBF/DREB1* 依赖型冷驯化相似机制

该成果虽然发表在《PLOS ONE》期刊, 但是目前 SCI 他引次数达 65 次, 并被众多权威期刊所引用, 例如《Science Advances》、《Plant Biotechnology Journal》、《New Phytologist》、《PLOS Genetics》、《Plant Cell and Environment》、《Journal of Experimental Botany》、《Plant Physiology》等。由此可见, 本发现获得了业界广泛认可。



六、代表作（含论文、专著）目录（不超过5篇）

| 序号 | 代表作名称/刊名/作者 | 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 | 检索数据库 | 知识产权是否归国内所有 |
|----|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------|-------------|------------------|----------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------|---------------------------------|-------------|
| 1 | Natural variation in the HAN1 gene confers chilling tolerance in rice and allowed adaptation to a temperate climate/Proc Natl Acad Sci U S A/Mao DH, Xin YY, Tan YJ, Hu XJ, Bai JJ, Liu ZY, Yu YL, Li LY, Peng C, Fan T, Zhu YX, Guo YL, Wang SH, Lu DP, Xing YZ, Yuan LP, Chen CY | 2019年116卷3494-3501页 | 2019年02月26日 | Chen CY, Yuan LP | Mao DH, Xin YY | 毛东海 /1, 辛业芸 /2, 谭勇俊 /3, 胡潇婕 /4, 白姣姣 /5, 刘兆颖 /6, 玉兰英 /7, 李兰英 /8, 彭灿 /9, 朱玉兴 /11, 郭亚龙 /12, 汪松虎 /13, 吕东平 /14, 邢永忠 /15, 袁隆平 /16, 陈彩艳 /17 | 84 | Science Citation Index Expanded | 是 |
| 2 | Multiple cold resistance loci confer the high cold tolerance adaptation of Dongxiang wild rice (Oryza rufipogon) to its high-latitude habitat/Theor Appl Genet/Mao DH, Yu L, Chen DZ, Li LY, Zhu YX, Xiao YQ, Zhang DC, Chen CY | 2015年128卷1359-1371页 | 2015年04月11日 | Chen CY | Mao DH, Yu L | 毛东海 /1, 禹黎 /2, 陈大洲 /3, 李兰英 /4, 肖叶青 /5, 朱玉兴 /6, 张德春 /7, 陈彩艳 /8 | 69 | Science Citation Index Expanded | 是 |
| 3 | Pyramiding of rapid germination loci from Oryza Sativa cultivar Xieqingzao B and cold tolerance loci from Dongxiang wild rice to increase climate resilience of cultivated rice/Molecular Breeding/Li LY, Chen HP, Mao DH | 2019年39卷 85页 | 2019年05月27日 | Mao DH | Li LY, Chen HP | 李兰英 /1, 陈红萍 /2, 毛东海 /3 | 12 | Science Citation Index Expanded | 是 |
| 4 | Deployment of cold tolerance loci from Oryza sativa ssp. Japonica cv. 'Nipponbare' in a high-yielding Indica rice cultivar 93-11/Plant Breeding/Li LY, Mao DH | 2018年137卷553-560页 | 2018年06月12日 | Mao DH | Li LY | 李兰英 /1, 毛东海 /2 | 4 | Science Citation Index Expanded | 是 |
| 5 | Colinearity and similar expression pattern of rice DREB1s reveal their functional conservation in the cold-responsive pathway/PLOS ONE/Mao DH, Chen CY | 2012年7（10）卷 e47275页 | 2012年10月16日 | Chen CY | Mao DH | 毛东海 /1, 陈彩艳 /2 | 65 | Science Citation Index Expanded | 是 |
| | | | | | | | | | |



| | | | | | | | | | |
|----|--|--|--|--|--|--|-----|--|--|
| | | | | | | | | | |
| | | | | | | | | | |
| 合计 | | | | | | | 234 | | |

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：

2022年度提名书预览版



七、代表作（含论文、专著）被他人引用的情况

| 序号 | 被引代表作序号 | 引文题目/作者 | 引文刊名 | 引文发表时间 (年月日) |
|----|---------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|-----------------|
| 1 | 1 | Twenty years of rice genomics research: From sequencing and functional genomics to quantitative genomics/Wang CS, Han B | Molecular Plant | 2022年04月21日 |
| 2 | 1 | From Green Super Rice to green agriculture: Reaping the promise of functional genomics research/ Yu S, Ali J, Zhou S, Ren G, Xie H, Xu J, Yu X, Zhou F, Peng S, Ma L, Yuan D, Li Z, Chen D, Zheng R, Zhao Z, Chu C, You A, Wei Y, Zhu S, Gu Q, He G, Li S, Liu G, Liu C, Zhang C, Xiao J, Luo L, Li Z, Zhang Q | Molecular Plant | 2022年06月03日 |
| 3 | 1 | Natural variation in a type-A response regulator confers maize chilling tolerance/Zeng R, Li Z, Shi Y, Fu D, Yin P, Cheng J, Jiang C, Yang S | Nature Communications | 2021年08月05日 |
| 4 | 1 | The COG1-OsSERL2 complex senses cold to trigger signaling network for chilling tolerance in japonica rice/Xia C, Liang G, Chong K, Xu Y | Nature Communications | 2023年05月29日 |
| 5 | 5 | Natural variation of codon repeats in COLD11 endows rice with chilling resilience/Li Z, Wang B, Luo W, Xu Y, Wang J, Xue Z, Niu Y, Cheng Z, Ge S, Zhang W, Zhang J, Li Q, Chong K | Science Advances | 2023年01月06日 |
| | | | | |
| | | | | |
| | | | | |



八、主要完成人情况表

| | | | | | | | |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|---------------------------|---|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------|------|-------------|
| 姓 名 | 毛东海 | 性 别 | 男 | 排 名 | 1 | 国 籍 | 中国 |
| 出生年月 | 1982年01月03日 | | | 出生地 | 湖南省永州市 | 民 族 | 汉族 |
| 身份证号 | 432930198201031379 | | | 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 | 华中农业大学 | | | 毕业时间 | 2010年12月26日 | 所学专业 | 基因组学 |
| 电子邮箱 | donghai.mao@isa.ac.cn | | | 办公电话 | 18229984357 | 移动电话 | 18229984357 |
| 通讯地址 | 湖南省长沙市芙蓉区远大二路644号 | | | | | 邮政编码 | 410125 |
| 工作单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 行政职务 | 副主任 |
| 二级单位 | 作物分子生态研究中心 | | | | | 党 派 | 无党派人士 |
| 主要完成单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 所在地 | 湖南 |
| | | | | | | 单位性质 | 事业单位 |
| 参加本项目的起止时间 | | 2012年01月01日 至 2019年02月26日 | | | | | |
| <p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要贡献是：（1）解析了温带粳稻及其野生稻适应低温的遗传基础；（2）克隆了QTL基因HAN1，基于此阐述了温带粳稻适应低温环境的分子遗传机制；（3）证实了低温敏感水稻的CBF依赖型冷驯化类似机制。具体体现在：毛东海是本项目课题的主持人，也是5篇代表作的第一作者或通讯作者。</p> | | | | | | | |
| <p>曾获科技奖励情况： 无。</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 | 李兰英 | 性 别 | 女 | 排 名 | 2 | 国 籍 | 中国 |
| 出生年月 | 1990年01月19日 | | | 出 生 地 | 江西省九江市 | 民 族 | 汉族 |
| 身份证号 | 360428199001192720 | | | 归国人员 | 否 | 归国时间 | |
| 技术职称 | 助理研究员 | | | 最高学历 | 研究生 | 最高学位 | 博士 |
| 毕业学校 | 中国科学院大学 | | | 毕业时间 | 2019年06月30日 | 所学专业 | 生态学 |
| 电子邮箱 | lanyingli@isa.ac.cn | | | 办公电话 | 13787092919 | 移动电话 | 13787092919 |
| 通讯地址 | 湖南省长沙市芙蓉区远大二路644号 | | | | | 邮政编码 | 410125 |
| 工作单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 行政职务 | 无 |
| 二级单位 | 作物分子生态研究中心 | | | | | 党 派 | 中国共产党 |
| 主要完成 单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 所在地 | 湖南 |
| | | | | | | 单位性质 | 事业单位 |
| 参加本项目的起止时间 | 2012年09月01日 至 2019年02月26日 | | | | | | |
| <p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要贡献是：（1）解析了温带粳稻的低温适应遗传基础；（2）参与QTL基因HAN1的克隆与功能解析。具体体现在：是2篇代表作的<u>第一作者</u>，是另外2篇代表作的<u>参与作者</u>。</p> | | | | | | | |
| <p>曾获科技奖励情况： 无。</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: center;">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: center;">单位（盖章）</p> <p style="text-align: center;">年 月 日</p> | | | |



| | | | | | | | |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------|-----|-------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---|------|-------------|
| 姓 名 | 陈彩艳 | 性 别 | 男 | 排 名 | 3 | 国 籍 | 中国 |
| 出生年月 | 1973年05月04日 | | 出 生 地 | 湖北省恩施市 | | 民 族 | 侗族 |
| 身份证号 | 422201197305040978 | | 归国人员 | 是 | | 归国时间 | 2009年09月01日 |
| 技术职称 | 研究员 | | 最高学历 | 研究生 | | 最高学位 | 博士 |
| 毕业学校 | 中国科学院遗传与发育生物学研究所 | | 毕业时间 | 2005年11月30日 | | 所学专业 | 遗传学 |
| 电子邮箱 | cychen@isa.ac.cn | | 办公电话 | 0731-84619709 | | 移动电话 | 15973160504 |
| 通讯地址 | 湖南省长沙市芙蓉区远大二路644号 | | | | | 邮政编码 | 410125 |
| 工作单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 行政职务 | 主任 |
| 二级单位 | 作物分子生态研究中心 | | | | | 党 派 | 中国九三学社 |
| 主要完成单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | | 所在地 | 湖南 |
| | | | | | | 单位性质 | 事业单位 |
| 参加本项目的起止时间 | 2012年01月01日 至 2019年02月26日 | | | | | | |
| <p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要贡献是：（1）解析了温带粳稻及其野生稻适应低温的遗传基础；（2）阐述了温带粳稻适应低温环境的分子遗传机制；（3）证实了低温敏感水稻的CBF依赖型冷驯化类似机制。具体体现在：是课题组长，组织与指导成员，也是3篇代表作的通讯作者。</p> | | | | | | | |
| <p>曾获科技奖励情况： 无。</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 | 朱玉兴 | 性 别 | 男 | 排 名 | 4 | 国 籍 | 中国 |
| 出生年月 | 1970年05月20日 | | 出 生 地 | 山东省莒县 | | 民 族 | 汉族 |
| 身份证号 | 370627197005200254 | | 归国人员 | 否 | | 归国时间 | |
| 技术职称 | 助理研究员 | | 最高学历 | 研究生 | | 最高学位 | 博士 |
| 毕业学校 | 中国科学院遗传与发育生物学研究所 | | 毕业时间 | 2006年05月30日 | | 所学专业 | 遗传学 |
| 电子邮箱 | yxzhu@isa.ac.cn | | 办公电话 | 15074843420 | | 移动电话 | 15074843420 |
| 通讯地址 | 湖南省长沙市芙蓉区远大二路644号 | | | | 邮政编码 | 410125 | |
| 工作单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | 行政职务 | 无 | |
| 二级单位 | 作物分子生态研究中心 | | | | 党 派 | 群众 | |
| 主要完成单位 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | 所在地 | 湖南 | |
| | | | | | 单位性质 | 事业单位 | |
| 参加本项目的起止时间 | 2012年01月01日 至 2019年02月26日 | | | | | | |
| <p>对本项目重要科学发现的贡献： 主要贡献是：（1）参与解析了温带粳稻及其野生稻适应低温的遗传基础；（2）参与克隆了QTL基因HAN1，基于此阐述了温带粳稻适应低温环境的分子遗传机制。具体体现在：是2篇代表作的参与者。</p> | | | | | | | |
| <p>曾获科技奖励情况： 无。</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 | 中国科学院亚热带农业生态研究所 | | | | |
| 排 名 | 1 | 法定代表人 | 谭支良 | 所 在 地 | 湖南 |
| 单位性质 | 事业单位 | 传 真 | 0731-84612685 | 邮政编码 | 410125 |
| 通讯地址 | 湖南省长沙市芙蓉区远大二路644号 | | | | |
| 联 系 人 | 刘守龙 | 单位电话 | 0731-84615204 | 移动电话 | 13548969385 |
| 电子邮箱 | along@isa.ac.cn | | | | |
| 对本项目科学发现的贡献：（限600字） | | | | | |
| <p>本单位的主要贡献是：（1）剖析了温带粳稻及其野生稻适应低温环境的遗传基础；（2）克隆水稻耐冷QTL-HAN1，并阐述水稻适应低温环境的分子遗传机制；（3）证实了低温敏感水稻具有CBF/DREB1依赖型冷驯化机制。具体体现为：是所有科研项目的牵头实施单位，也是所有代表作的第一完成单位。</p> | | | | | |
| <p>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。</p> | | | | | |
| 单位（盖章） 年 月 日 | | | | | |



主要完成人合作关系说明

本项目主要由毛东海、陈彩艳、李兰英、朱玉兴同完成。项目完成人均是中国科学院亚热带农业生态研究所的科研人员。

毛东海全程参与本项目研究，先后以第1作者或通讯作者身份与陈彩艳、李兰英和朱玉兴联合发表了5篇项目代表作。

陈彩艳是本项目的课题组长，一直进行指导与关注，负责把握研究关键环节，是本项目3篇代表作的通讯作者。

李兰英是本项目工作的具体实施者之一，先后以第1作者与毛东海联合发表项目代表作2篇，以第4、8作者身份与陈彩艳、毛东海联合发表代表作2篇。

朱玉兴是本项目工作的具体实施者之一，先后以第5、11作者与陈彩艳、毛东海联合发表论文2篇。

第一完成人签名：

2022年度提名书预览版
下载者：中国科学院亚热带农业生态研究所，下载时间：2023年09月04日15时21分



主要完成人合作关系情况汇总表

| 序号 | 合作方式 | 合作者/排名 | 合作时间 | 合作成果 | 证明材料 | 备注 |
|----|------|--------------------------------------------|------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------|----|
| 1 | 论文合著 | 毛东海 (1) 李兰英 (8) 朱玉兴 (11) 陈彩艳 (17) | 2019 | Natural variation in the HAN1 gene confers chilling tolerance in rice and allowed adaptation to a temperate climate | 代表论文1 | |
| 2 | 论文合著 | 毛东海 (1) 李兰英 (4) 朱玉兴 (5) 陈彩艳 (8) | 2015 | Multiple cold resistance loci confer the high cold tolerance adaptation of Dongxiang wild rice (<i>Oryza rufipogon</i>) to its high-latitude habitat | 代表论文2 | |
| 3 | 论文合著 | 李兰英 (1) 毛东海 (3) | 2019 | Pyramiding of rapid germination loci from <i>Oryza Sativa</i> cultivar 'Xeqingzao B' and cold tolerance loci from Dongxiang wild rice to increase climate resilience of cultivated rice | 代表论文3 | |
| 4 | 论文合著 | 李兰英 (1) 毛东海 (2) | 2018 | Deployment of cold tolerance loci from <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>japonica</i> cv. 'Nipponbare' in a high-yielding Indica rice cultivar 93-11 | 代表论文4 | |
| 5 | 论文合著 | 毛东海 (1) 陈彩艳 (2) | 2012 | Colinearity and similar expression pattern of rice DREB1s reveal their functional conservation in the cold-responsive pathway | 代表论文5 | |

承诺：本人作为项目第一完成人，对本项目主要完成人合作关系及上述内容的真实性负责，特此声明。

第一完成人签名：