

中国科学院昆明分院拟推荐申报2017年度云南省 科学技术奖励项目相关信息公告

根据云南省科技厅云科奖发〔2017〕4号通知要求，现将中国科学院昆明分院拟推荐申报2017年度云南省科学技术奖励项目相关信息在昆明分院网页予以公告。自公告之日起10天内，若对申报项目有异议，请以书面形式向昆明分院科技与教育处提出。若无异议，将按相关程序申报云南省科学技术奖。

一、技术发明奖推荐项目（1项）公告

项目名称：太阳射电爆发干扰导航系统事件预警平台的研发与应用

主要完成人：董亮、屈会鹏、高冠男、汪敏、林隼

主要完成单位：中国科学院云南天文台

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目的重要技术发明点、项目推广应用情况及效果（800字以内）：

北斗卫星导航系统（BDS）是中国正在实施的自主发展、独立运行的全球卫星导航系统，致力于向全球用户提供高质量的定位、导航、授时服务，并能向有更高要求的授权用户提供进一步服务，军用与民用目的兼具。中国在2003年完成了具有区域导航功能的北斗卫星导航试验系统，之后开始构建服务全球的北斗卫星导航系统，已于2012年起向亚太大部分地区正式提供服务，并计划至2020年完成全球系统的构建。

作为中国自主研发的导航设备，将来以期取代GPS，太阳活动是其潜在的影响因素，较之于主流影响：高能射线影响卫星不同，太阳射电爆发以强噪声信号形式光速传播，在强耀斑爆发后约八分钟到达卫

星轨道瞬间在通信链路上造成噪声增强，大大提前于高能射线到达时间，而其受到太阳射电活动的影响方面还没有系统的设备对其进行快速、准确预警平台。

一种针对太阳射电爆发干扰导航系统事件的预警平台主要适用于预警 L 波段太阳射电强爆发干扰导航信号通信方面。该发明采用在 L 波段内以导航频点为界限建立多个检测通道，实时对这些通道内的太阳射电流量进行精密检波、采集，通过这些通道太阳射电流量加权，分别对多个导航频点可能受到太阳射电爆发信号干扰在事件早期做出预警提示，目前已经完成了试验样机的设计、制作，实现了 L 波段多点频太阳射电观测。我们下一步还将汇同中国科学院空间科学研究中心在廊坊野外观测站建成一个标准的监测系统。

该系统建立的重要意义在于：可以快速探知 L 波段太阳射电爆发，为导航系统特别是我国目前大力发展的北斗系统提供可能受影响的警报信息。

本项专利得到了国家自然科学基金项目（10978006，U1431113，11303094，11403099）云南省科技计划面上项目（编号：2015FB189）和西部之光 A 类人才计划的支持，执行以来开展了前端模拟接收机、宽动态范围检波电路、数据采集电路等的研制，同时得到了国内多家研究所的关注，目前和北斗卫星地面站的总体单位：北京跟踪与通信技术研究所建立了预警数据通报机制，并成功多次预报。

本专利中，董亮负责系统设计、方案制定、专利编写等工作，屈会鹏负责具体技术路线、导航数据分析等工作，高冠男、汪敏负责太阳射电频谱分析、相关爆发数据解释等工作，林隽研究员对下一步通过事件前的太阳活动参数进行分析，进一步提高预警时间做出了指导。

该项研究目前获得相关专利授权 10 项，发表论文 5 篇，其中 EI 检索 2 篇。同时先期专利“一种针对太阳射电爆发干扰导航系统事件

的预警平台”于 2016 年获得昆明市发明专利二等奖。

二、科技进步奖推荐项目（1 项）公告

项目名称：滇产报春花种质资源收集、新品种创制及产业化示范

主要完成人：张长芹、薛建平、马永鹏、吴之坤、黄媛、张鑫、乔琴、薛大伟、朱慧芬、陈志星、刘敏荣

主要完成单位：中国科学院昆明植物研究所、昆明虹之华园艺有限公司

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目简介：

报春花不仅是世界著名花卉，也是云南八大名花之一。云南省报春花资源丰富，但由于缺乏资源利用系列技术研究，商品生产中绝大多数品种源自日本，英国和荷兰，受制于国外公司，引进成本高，缺乏自主知识产权品种和制种及商品化生产技术三大瓶颈制约了我省报春花产业的形成和发展。

本项目以探明滇产报春花资源现状、生境类型、传粉机制，遗传背景，提高报春花高效育种和制种技术及产业水平为目标，依托 4 项国家及省部级课题的实施，历经近 15 年的系统研发，在种质资源调查、生境和园林应用类型综合评价、挖掘优异种质、奠定遗传基础，探明传粉机制，高效育种及创新制种和标准化生产技术体系方面取得重要突破。

项目推广应用情况、获得知识产权情况：

本项目共发表研究论文 25 篇，其中 10 篇为 SCI 收录，获国家发明专利 5 项，培育出自主知识产权新品种 6 个；制定经备案的企业标准 2 项。培养研究生 5 名，技术工人 10 余名，带动 30 余户农户种植

报春花，成果推广省内大理、丽江，并在省政协会议和省外的上海世博会应用，种植面积 545 亩，累计增加产值 5000 余万元，新增销售额 714 万元，新增利润 330.2 万元。新增税收 90.44 万元，项目的应用强力地推动了报春花生产水平和产品科技含量的提高，收到了显著的经济和社会效益。

候选人及候选单位对项目的贡献情况

候选单位为中国科学院昆明植物研究所，其贡献是历时 15 年在报春花种质资源调查、生境和园林应用类型综合评价、高效育种及创新制种方面的工作；本项目第二候选单位为昆明虹之华园艺有限公司，其在标准化生产技术体系的构建和报春花新品种推广方面做了主要贡献。

候选人张长芹研究员领导整个项目的开展，是成果最主要的贡献者；薛建平总经理在标准化生产技术体系的构建和报春花新品种推广方面做了最主要的贡献；马永鹏、吴之坤、黄媛、张鑫、乔琴、薛大伟、朱慧芬在资源调查，传粉生物学、细胞学及群体遗传学方面做了实验验证，并发表相应科研论文以及新品种专利；陈志星、刘敏荣在报春花种间杂交育种、制种和扩繁技术体系构建方面做了主要工作。

二、自然科学奖推荐项目（9 项）公告

项目（1）：

项目名称：日冕磁流体力学波、喷流和暗条爆发活动观测研究

主要完成人：申远灯、郑瑞生、刘煜

完成单位：中国科学院云南天文台

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点：

太阳爆发活动是造成灾害性空间天气的主要源头，剧烈的太阳爆发活动可直接影响近地空间环境乃至人类生活。因此，研究太阳爆发活动的起源和相关物理机制对空间天气预报的研究至关重要。本项目采用国内外高分辨多波段观测数据，在日冕磁流体力学波、喷流和暗条爆发等方向取得系列创新成果。（1）从大尺度和小尺度两个方面系统地研究了日冕磁流体力学波的物理性质和驱动机制，首次观测到日冕波的光球响应以及与活动区相互作用时产生反射、折射和衍射等现象。对人们正确认识和理解日冕波的物理性质和驱动机制具有重要意义。（2）首次观测到日冕波导致系列暗条振荡行为并提出日冕波导致暗条横向振荡和纵向振荡的物理模型。（3）首次观测到日冕准周期快磁声波的亚精细结构和多温结构，并首次提出光球压力模振荡泄漏到日冕是激发日冕准周期快磁声波的一种重要机制。（4）首次观测到极区旋转喷流的螺旋状超精细结构，以及一个日冕爆裂喷流同时导致两个日冕物质抛射的现象并提出物理解释模型。（5）首次提出日冕背景磁场对暗条的非对称束缚和低日冕中耀斑能量释放的多少是影响暗条爆发成功与否的两个关键影响因素，并首次引入磁内爆机制来解释四极磁场位形下的连续暗条爆发活动并提出物理解释模型。

主要学术代表作

项目执行以来取得系列创新研究成果，推动了太阳物理相关领域的发展。20篇核心论文均发表于国际天文学 SCI 期刊，其中有 17 篇论文发表于国际著名天文刊物（ApJ、MNRAS 和 A&A）上，有 7 篇论文以通讯快报的形式发表（6 篇 ApJ Letters 和 1 篇 A&A Letters）。8 篇代表性论文影响因子累计超过 45，SCI 他人引用超过 200 篇次，20 篇

核心论文影响因子累计超过 110，SCI 他人引用 320 多篇次，其中被 A&ARv 等至少 8 篇国际著名综述杂志文章引用 30 多篇次。

主要完成人的学术贡献：

在本项目中，申远灯负责项目的总体规划和具体实施，郑瑞生负责小尺度太阳爆发活动的数据处理和分析研究，刘煜负责暗条爆发活动和大尺度日冕波的分析研究。该项目得到国家自然科学基金、中国科学院项目以及云南省自然科学基金的支持。

项目（2）：

项目名称：重要野生蘑菇的系统亲缘、多样性与新资源研究

主要完成人：杨祝良、吴刚、李艳春、葛再伟、戴玉成、杜习慧、曾念开

完成单位：中国科学院昆明植物研究所，北京林业大学

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目简介

蘑菇是指肉眼可见且徒手可采，个体相对较大的真菌。野生蘑菇，特别是野生食用菌是我国西南省份经济发展中的重要绿色产业，但野生蘑菇多样性的研究和认识依然任重道远。本项目立足于生物多样性高度富集我国西南地区，选择具有突出经济价值和重要生态价值的野生蘑菇，开展系统发育与多样性研究，挖掘食用菌和药用菌的新资源。本项目对系统深入认识我国野生蘑菇的属种多样性及其适应性进化等具有重要的科学意义，对资源开发利用和毒蘑菇中毒预防与治疗具有重要的现实意义。

项目的重要科学发现点

1. 率先重建了牛肝菌科高级阶元的系统亲缘框架

在国际上率先研究了牛肝菌科高级阶元的系统亲缘，取得了突破性进展。首次提出了牛肝菌科高级阶元的新分类系统，首次发现牛肝菌科数个关键形态性状都经历了多次起源，首次阐明了牛肝菌科担孢子的纹饰类型，将牛肝菌科担孢子的纹饰划分为 11 种类型，其中 2 种类型为首次发现。

2. 深刻揭示了重要野生蘑菇的时空演化机制

首次阐明了色钉菇属物种分化与松科不同属或属内不同种宿主植物演化的关系。在色钉菇属与其共生植物的系统演化中，宿主专一性通常逐渐增强，但在松属的两个亚属间常常发生宿主转换，以实现真菌物种的演化和成种。首次发现在中国羊肚菌属共有 30 个物种，比整个欧洲或北美的都多，中国是羊肚菌属的现代物种多样性中心。首次发现中国约 90% 的物种是自中新世至今快速辐射演化出来的。

3. 构建了重要属种的多样性家谱，实现了精准分类，揭示了一批蘑菇新资源

首次发现臧氏牛肝菌属 (*Zangia*)、大孔牛肝菌 (*Borofutus*) 属等 3 新属 24 新种。首次较为清晰地构建了世界褶孔牛肝菌属的分子系统发育框架，发现该属东亚与东南亚的物种间关系紧密，东亚与北美洲及中美洲间未发现共有物种，但明显存在多个种对，而东亚与欧洲间则仅有一个种对。新建具托大环柄菇组，完善了大环柄菇属的属下分类系统。澄清了百余年来我国野生蘑菇研究中存在的诸多分类混乱。发现导致云南不明原因猝死的可疑真菌——毒沟褶菌 (*T. venenata*)，这一发现被运用到“不明原因猝死”预防中并发挥了重要作用，相关部门组织开展了以禁食毒沟褶菌为主的健康教育干预宣传活动，云南不明原因猝死已呈逐年下降趋势。

4. 着力发掘了药用真菌新资源

盘点了我国的药用真菌，结合项目组的研究，在大量文献中，通过去伪存真、吐故纳新，对我国药用真菌的名称作了系统考证，总结出了 76 科 199 属 540 种的物种目录及各种药用真菌的具体用途。成果发表后，成为国内外药用真菌研究的基础性参考文献。

主要学术代表作

本项目发表研究论文 20 篇，其中 SCI 收录论文 18 篇，9 篇发表在 JCR 前 15% 的期刊上，总影响因子 81.338。研究成果被国内外同行认可，他引 512 次（SCI 他引 245 次，CSCD 他引 267 次）。通过该项目，培养博士 11 名，其中吴刚完成的博士学位论文被评为“2015 年度中国科学院优秀博士论文”。1 人晋升为教授，3 人晋升为副教授或副研究员，3 人晋升为助理研究员。

代表性论文 (*通讯作者):

1. Wu G, Feng B, Xu J, Zhu XT, Li YC, Zeng NK, Hosen MI, Yang ZL*. 2014. Molecular phylogenetic analyses redefine seven major clades and reveal 22 new generic clades in the fungal family *Boletaceae*. *Fungal Diversity* 69: 93-115
2. Li YC, Yang ZL*, Tolgor B. 2009. Phylogenetic and biogeographic relationships of *Chroogomphus* species as inferred from molecular and morphological data. *Fungal Diversity* 38: 85-104
3. Li YC, Feng B, Yang ZL*. 2011. *Zangia*, a new genus of Boletaceae supported by molecular and morphological evidence. *Fungal Diversity* 49: 125-143
4. Du XH, Zhao Q, O'Donnell K, Rooney AP, Yang ZL*. 2012. Multigene molecular phylogenetics reveals true morels (*Morchella*) are especially species-rich in China. *Fungal Genetics and Biology* 49: 455-469
5. Ge ZW, Yang ZL*, Vellinga EC. 2010. The genus *Macrolepiota* (Basidiomycota) in China. *Fungal Diversity* 45: 81-98
6. Yang ZL*. 2011. Molecular techniques revolutionize knowledge of basidiomycete evolution. *Fungal Diversity* 50: 47-58
7. Zeng NK, Tang LP, Li YC, Tolgor B, Zhu XT, Zhao Q, Yang ZL*. 2013. The genus *Phylloporus* (*Boletaceae*, *Boletales*) from China: morphological and multilocus

DNA sequence analyses. *Fungal Diversity*, 58: 73-101

8. Dai YC*, Yang ZL, Cui BK, Yu CJ, Zhou LW. 2009. Species diversity and utilization of medicinal mushrooms and fungi in China (review). *Intern Journ. Medic. Mushrooms* 11: 287-302

主要完成人的学术贡献:

杨祝良: 主持本项目的工作, 提出总体科学构思, 凝练关键科学问题, 设计研究技术方案, 系统收集标本资料, 综合分析重要基础数据, 组织解决关键性学术疑难问题, 组织国内外合作研究。提出分子生物学技术对担子菌进化研究带来了革命性变革的观点, 并力主顺势而上, 着力开展相关研究。代表性论文 6 的唯一作者; 代表性论文 1、2、3、4、5、6 的通讯作者, 代表性论文 8 的第二作者。

吴刚: 首次提出了牛肝菌科高级阶元的新分类系统; 首次发现牛肝菌科数个关键形态性状都经历了多次起源; 首次阐明了牛肝菌科担孢子的纹饰类型。将牛肝菌科担孢子的纹饰划分为 11 种类型, 其中 2 种类型为首次发现。代表性论文 1 的第一作者。在该项目研究中的工作量占本人工作量的 80%以上。

李艳春: 首次阐明了色钉菇属物种分化与松科植物不同属或属内不同宿主植物演化的关系, 在色钉菇属与其共生植物的系统演化中, 宿主专一性通常逐渐增强, 但在松属的两个亚属间常常发生宿主转换, 以实现真菌物种的演化和成种。代表性论文 2、3 的第一作者。在该项目研究中的工作量占本人工作量的 80%以上。

葛再伟: 完成大环柄菇属青褶伞属及金针菇属经济真菌的系统发育、多样性和新资源研究工作。代表性论文 5 的第一作者, 核心论文 13、14 的第一作者, 核心论文 11 的第三作者和核心论文 16 的第四作者。在该项目研究中的工作量占本人工作量的 80%以上。

戴玉成: 在本项目中国药用真菌资源多样性及用途研究中, 策划并负责总体构思、提出研究方案和技术路线, 并对相关重要基础数据

进行系统收集和综合分析。代表性论文 8 的第一作者和通讯作者；核心论文 20 的第一作者和通讯作者。在该项研究中的工作量占本人工作总量的 80%以上。

杜习慧：首次发现中国共有 30 个羊肚菌物种，中国的物种比整个欧洲或北美的都多，中国是羊肚菌属的现代物种多样性中心，中国约 90%的物种是自中新世至今快速辐射演化出来的。代表性论文 4 的第一作者。在该项目研究中的工作量占本人工作量的 80%以上。

曾念开：较清晰地构建了世界褶孔牛肝菌属的分子系统发育框架，发现了该属东亚与东南亚的物种间关系紧密，东亚与北美洲及中美洲间未发现共有物种，但明显存在多个种对，而东亚与欧洲间则仅有 1 个种对。代表性论文 7 的第一作者。在该项目研究中的工作量占本人工作量的 80%以上。

项目（3）：

项目名称：中国植物 DNA 条形码的研究

主要完成人：李德铎、杨俊波、李洪涛、高连明、葛学军、王 红、
郁文彬

完成单位：中国科学院昆明植物研究所、中国科学院华南植物园

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

引领我国植物 DNA 条形码研究。组织植物 DNA 条形码研究团队（代表性论文 2），通过集体攻关与合作，完成中国种子植物 75 科 141 属 1757 种 6286 个样本的 DNA 条形码比较研究，自主提出将 ITS/ITS2 作为种子植物核心条形码的新标准（代表性论文 1，SCI 他引 168 次）。

PNAS 同期发表专题评论认为“该项研究代表了将 DNA 序列纳入植物物种水平分类和鉴定的重要一步”，为国际生命条形码联盟最终确认植物核心 DNA 条形码做出了重要贡献。筛选出针对不同植物类群的、适用性强的 DNA 条形码和核心条形码 matK 和 ITS 的高通用引物组合（代表性论文 5），得到国际生命条形码联盟植物工作组的高度认可。制定了《植物 DNA 条形码研究技术规范》（代表性论文 8）。

推动了国际植物 DNA 条形码 2.0 的发展。针对植物核心 DNA 条形码在鉴定近缘类群中的局限性，构建了快速、高效获取叶绿体基因组的新技术体系（代表性论文 4），提出基于新一代测序技术和大数据的细胞器条形码是鉴定近缘物种乃至不同个体的有效途径，发展了植物 DNA 条形码的研究内涵（代表性论文 3, 4）。

拓展了 DNA 条形码技术的应用。将植物 DNA 条形码首次用于中国亚热带大样地研究，解析亚热带常绿阔叶林的群落构建机制（代表性论文 6）；将 DNA 条形码用于分类学研究，解决了马先蒿属、梅花草属和白珠树属物种分类学的疑难问题（代表性论文 7）；将 DNA 条形码用于药用植物鉴定，成功解决了乌头属和獐牙菜属等道地药材和混伪品的鉴定问题。

依托“中国西南野生生物种质资源库”收集的植物种质资源，对已收藏的 196 科 1292 属 3463 种 10076 份样品种子和 DNA 材料 5 个条形码的测序和分析，获得 37280 条 DNA 条形码序列，其中 96% 的样品可鉴定到属，87% 的标本鉴定到种。纠正标本鉴定错误的 4279 条序列，发现 311 份种子存在科级鉴定错误。通过联合协作，采集中国野生植物 176 科 1153 属 3500 余种，获得 36810 条 DNA 条形码序列，构建了 273 科 1550 属 6920 种 74000 余条 DNA 条形码序列的参考数据库。为政府相关部门、大学和企业提供物种鉴定服务，取得了优异的社会效益。

组织召开第五届国际生命条形码大会，联合发布《关于促进 DNA

条形码和生物多样性科学的昆明宣言》，有效地提升了我国在植物 DNA 条形码研究领域的国际地位。组织中国植物 DNA 条形码战略研讨会、植物 DNA 条形码前沿探讨学术沙龙，中国植物 DNA 条形码专辑，为国内外数十所高校和科研院所提供技术培训和服务。

主要学术代表作

系列原创性论文发表在 PNAS、Molecular Ecology Resources、BMC Evolutionary Biology、Journal of Systematics and Evolution 等主流刊物 137 篇（SCI 论文 94 篇）；出版专辑 3 期，科普专著 1 部。

代表性论文专著（*为通讯作者；#为并列第一作者）：

1. China Plant Barcode of Life Group, De-Zhu Li*, Lian-Ming Gao, Hong-Tao Li, Hong Wang, Xue-Jun Ge, Jian-Quan Liu, Zhi-Duan Chen, Shi-Liang Zhou, Shi-Lin Chen, Jun-Bo Yang, Cheng-Xin Fu, Chun-Xia Zeng, Hai-Fei Yan, Ying-Jie Zhu, Yong-Shuai Sun, Si-Yun Chen, Lei Zhao, Kun Wang, Tuo Yang, Guang-Wen Duan. (2011) Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108: 19641-19646.
2. De-Zhu Li*, Jian-Quan Liu, Zhi-Duan Chen, Hong Wang, Xue-Jun Ge, Shi-Liang Zhou, Lian-Ming Gao, Cheng-Xin Fu, Shi-Lin Chen (2011) Plant DNA barcoding in China. *Journal of Systematics and Evolution* 49: 165-168.
3. Jun-Bo Yang, Min Tang, Hong-Tao Li*, Zhi-Rong Zhang, De-Zhu Li * (2013) Complete chloroplast genome of the genus *Cymbidium*: lights into the species identification, phylogenetic implications and population genetic analyses. *BMC Evolutionary Biology* 13: 84.
4. Jun-Bo Yang, De-Zhu Li*, Hong-Tao Li* (2014) Highly effective sequencing whole chloroplast genomes of angiosperms by nine novel universal primer pairs. *Molecular Ecology Resources* 14(5): 1024-31.
5. Yan Liu, Hai-Fei Yan, Tong Cao*, Xue-Jun Ge* (2010) Evaluation of 10 plant barcodes in Bryophyta (Mosses). *Journal of Systematics and Evolution* 48: 36-46.
6. Nancai Pei#, Ju-Yu Lian#, David L. Erickson, Nathan G. Swenson, W. John Kress, Wan-Hui Ye*, Xue-Jun Ge* (2011) Exploring tree-habitat associations in a Chinese

subtropical forest plot using a molecular phylogeny generated from DNA barcode loci. PLoS One 6(6): e21273.

7. Wen-Bin Yu#, Pan-Hui Huang#, Richard H. Ree, Min-Lu Liu, De-Zhu Li, Hong Wang* (2011) DNA barcoding of Pedicularis L. (Orobanchaceae): Evaluating four universal barcode loci in a large and hemiparasitic genus. Journal of Systematics and Evolution 49: 425-437.
8. 高连明, 刘杰, 蔡杰, 杨俊波, 张挺, 李德铎* (2012) 关于植物 DNA 条形码研究技术规范. 植物分类与资源学报 34: 592-606.

主要完成人的学术贡献

李德铎: 项目总负责; 负责项目的总体构思、研究方向的确定、关键科学问题的凝练和具体研究方案的设计。是代表性论文 1, 2 的第一作者; 1, 2, 8 的通讯作者; 3, 4 的共同通讯作者; 7 的参与者; 在该项研究中的工作量占本人工作总量的 80%以上。

杨俊波: 项目主要参与者; 负责种质资源库已保存野生植物 DNA 条形码测定与分析, 提出了超级条形码(细胞器条形码、条形码 2.0)概念, 并进行了有效性评价。是代表性论文 3, 4 的第一作者; 1 的参与者; 在该项研究中的工作量占本人工作总量的 80%以上。

李洪涛: 项目主要参与者; 合作提出了超级条形码并做了有效性评价。是代表性论文 3, 4 的共同通讯作者; 1 的参与者; 在该项研究中的工作量占本人工作总量的 80%以上。

高连明: 项目主要参与者; 负责 DNA 条形码研究技术规范及 DNA 条形码的分子标记的筛选与评价。是代表性论文 8 的第一作者; 1 的第二作者; 2 的参与者; 在该项研究中的工作量占本人工作总量的 70%以上。

葛学军: 项目主要参与者; 负责 DNA 条形码的分子标记的筛选与评价。是代表性论文 5, 6 的共同通讯作者; 1, 2 的参与者; 在该项研究中的工作量占本人工作总量的 70%以上。

王红: 项目主要参与者; 负责重要类群的采集及 DNA 条形码的测

定与分析。是代表性论文 7 的通讯作者；1, 2 的参与者；在该项研究中的工作量占本人工作总量的 60%以上。

郁文彬：项目主要参与者；负责马先蒿属的条形码研究。是代表性论文 7 的共同第一作者；在该项研究中的工作量占本人工作总量的 60%以上。

项目（4）：

项目名称：醉鱼草属亚洲类群地理分布格局及其物种多样性分化机制研究

主要完成人：孙卫邦、陈高、罗桂芬、葛佳、公维昌、张鑫、廖荣丽

完成单位：中国科学院昆明植物研究所

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

中国-喜马拉雅地区是醉鱼草属亚洲类群的多样性中心，该区域集中分布了亚洲约 90%的种类（20 种）。虽然该属物种在生境、生活习性 & 形态特征上表现出强烈的分化，但该热带起源的类群几乎均为狭窄分布在滇藏地区的物种。该类群是研究热带起源植物在中国喜马拉雅及横断山地区物种快速分化及植物地理分布格局与地质事件关联的重要类群，同时也是深度发掘该类典型芳香植物，构建芳香植物园、蝴蝶植物园的重要素材。申请者带领的团队经过 15 年的连续研究【①在花特征与传粉者互作方面，研究了 13 种醉鱼草花特征耦合和传粉者的识别关系，阐明了花气味在不同醉鱼草类群繁殖成功中扮演重要角色（6 篇文章）；②在该属亚洲类群物种起源方面，证明多倍化和杂交物种形成是该类群表型强烈分化、物种适应性强的主要原因（6 篇文

章)；③ 在物种居群遗传方面，揭示中国喜马拉雅地区河流改道和袭夺影响物种的地理分布格局、皱叶和密蒙花分布重叠区杂交和不对称的基因交流导致物种的快速分化、叶表皮微形态特征和物种倍性显著正相关(3 篇文章)；④ 在醉鱼草观赏资源方面，我们系统整理评估了该类群的观赏特征、对不同种类的萌发特征进行了细致研究、在打破繁殖瓶颈的同时探索了种质创新的新途径(7 篇文章，1 项专利)】，发现了原创性较好的科学问题【① 杂交后不对称的基因流可能与物种的快速适应密切相关；② 中国喜马拉雅横断山高山峡谷醉鱼草类群的多倍化物种形成可能是该地区物种分化的重要特征之一；③ 花特征的耦合与传粉者在化学上的识别过程显著影响植物的繁殖适合度；④ 醉鱼草属亚洲类群种间杂交容易打破是创新该观赏类群新种质资源的重要途径】。本研究的科学价值在于不仅能为研究热带起源植物类群在中国-喜马拉雅的物种分化和迁移机制提供重要线索，还将为研究该地区其他典型类群的生态适应机制、园林价值发掘、生物多样性保护及生态修复等提供理论依据和技术指导。

此外，醉鱼草研究团队与华盛顿大学的 Olmstead 教授、Stetson 大学的 Eliane Norman 教授及 Oklahoma 大学的 Bruce Dunn 博士建立起了长期的实质合作。在过去几年里，研究组已经培养了 3 名博士研究生和两名硕士研究生。他们毕业后分别得到国家级和省级层面上的科学基金支持。如，陈高副研究员的金青年基金“腺叶醉鱼草花特征耦合与其传粉者响应关系研究”、葛佳青年基金“中国-喜马拉雅高倍性(2n = 24)大花醉鱼草的传粉生态学研究”；公维昌的地区基金“大序醉鱼草花部特征地理分化及适应性研究”等。

主要学术代表作：

目前一共发表论文 22 篇(13 篇 SCI+9 篇核心)。

代表性论文：

1. Chen G, Sun WB, Sun H. 2007. Ploidy variation in *Buddleja* L. (Buddlejaceae) in the Sino-Himalayan region and its biogeographical implications. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 154(3):305-312.
2. Yue LL, Chen G (co-first author), Sun WB, Sun H. 2012. Phylogeography of *Buddleja crispa* (Buddlejaceae) and its correlation with drainage system evolution in southwestern China. *American Journal of Botany*, 99(10):1726-1735.
3. Chen G, Sun WB, Sun H. 2009. Morphological characteristics of leaf epidermis and size variation of leaf, flower and fruit in different ploidy levels in *Buddleja macrostachya* (Buddlejaceae). *Journal of Systematics and Evolution*, 47(3):231-236.
4. Gong WC, Chen G (co-first author), Vereecken NJ, Dunn BL, Ma YP, Sun WB. 2015. Floral scent composition predicts bee pollination system in five butterfly bush (*Buddleja*, Scrophulariaceae) species. *Plant Biology*, 17(1):245-255.
5. Chen G, Gong WC, Ge J, Dunn BL, Sun WB. 2012. Floral scents of typical *Buddleja* species with different pollination syndromes. *Biochemical Systematics and Ecology*, 44:173-178.
6. Chen G, Sun H, Sun W, Norman E. 2011. *Buddleja davidii* and *Buddleja yunnanensis*: exploring features associated with commonness and rarity in *Buddleja*. *Flora*, 206(10):892-895.
7. Chen G, Sun WB, Sun H. 2010. Leaf epidermal characteristics of Asiatic *Buddleja* L. under scanning electron microscope: insights into chromosomal and taxonomic significance. *Flora*, 205(11):777-785.
8. Zhang X, Chen G, Gong WC, Sun WB, 2014. *Buddleja caryopteridifolia* (Scrophulariaceae), a species to be recognized based on morphology, floral scent, and AFLP data. *Phytotaxa*, 161(3):181-193

主要完成人的学术贡献

孙卫邦： 本人及带领的团队通过 15 年对醉鱼草属亚洲类群的综合研究，基本弄清了该属各方面的科学问题。如解析了中国喜马拉雅地区河流改道和袭夺对该属物种分布的影响、阐明了多倍化和不对称基因交流的杂交渗透是醉鱼草物种多样性分化的重要原因、研究了该属 13 种的繁殖策略（花色花香的耦合效应调节了该物种花与传粉者的互动机制）、调查了亚洲 20 种醉鱼草类群的观赏特性及其潜在引种区

域、弄清了不同种类种子萌发特性与其物种分布的关联并解决了物种快速繁殖的技术瓶颈。本研究能为热带起源植物类群在中国-喜马拉雅的物种分化和迁移机制研究提供线索，还为研究该地区其他类群的生态适性、园林园艺价值发掘、生物多样性保护及生态修复等提供理论和技术支持。

陈高： 本人硕士博士阶段及毕业后的工作期间均在从事醉鱼草属的综合研究，参与了醉鱼草属的细胞地理分布格局研究、横断山地区河流改道和袭夺影响皱叶醉鱼草分布模式和遗传分化的研究、参与了醉鱼草属代表类群的繁殖策略研究等。协助第一申请人孙卫邦研究员培养了 2 名博士（公维昌、张鑫）和一名硕士（葛佳）。自己也获得国家基金青年基金和云南省基金的资助研究醉鱼草属的各种科学问题。以第一或并列第一作者的身份发表醉鱼草属的研究论文 14 篇。

葛佳： 本人的硕士论文是蝴蝶灌木大叶醉鱼草观赏特性的综合评估工作，在完成论文的同时也参与到醉鱼草属不同种类的繁殖生物学、种群遗传及种子萌发特征及适应性的研究。对云南醉鱼草属观赏植物资源的调查和评估工作有较多的研究。特别是大叶醉鱼草不同居群花色花香的耦合效应与园林价值的发掘及构建芳香植物园和蝴蝶植物园的功效方面掌握更为充分。

公维昌： 本人的博士论文是醉鱼草属代表类群的繁殖策略研究，在攻读博士期间系统研究了醉鱼草属花色、花香、花蜜、传粉、交配系统等与植物适合度的关系。对用动态吸附与气相色谱-质谱（GC-MS）联用分析醉鱼草不同类群的挥发性花香成分非常熟悉。也比较了世界不同洲类群的传粉综合征在同质园的生态效果。

张鑫： 本人的博士论文是皱叶醉鱼草的遗传分化研究，同时研究醉鱼草不同类群的种子萌发条件、光温对皱叶醉鱼草种子萌发的影响等。对皱叶醉鱼草的分类地位进行了重新界定。用核基因和分子标记

研究了喜马拉雅-横断山对皱叶遗传分化的影响。

项目（5）：

项目名称：家蚕等鳞翅目昆虫茧丝进化机制及基因资源挖掘

主要完成人：相辉、王文、赵若苹、李昕、陈垒、董扬、张国捷、任彦栋、刘晖

完成单位：中国科学院昆明动物研究所

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点：

蚕丝业是我国重要的传统产业。云南省目前蚕桑种植面积居全国第三，蚕桑产业发展迅猛，蚕丝产业升级任务迫切。该项目着眼于利用进化基因组学手段及基因组编辑平台，从遗传学和表观遗传学视角解析家蚕等鳞翅目绢丝昆虫的茧丝进化机制，挖掘优良基因资源，为阐明人工选择机制重大科学问题提供线索，为云南省乃至我国蚕丝产业升级提供遗传与基因素材，有重大科学及实践意义。相对于遗传学突变，研究证明表观遗传学改变也是表型进化的重要因素。该项目首次从表观遗传学视角探索人工选择机制，研究思路具有创新性和前沿性。基于昆虫表观遗传系统的认识尚模糊，该项目构建了第一张昆虫的表观遗传组图谱——丝腺 DNA 甲基化组，发现昆虫 DNA 甲基化水平很低，但基因内部甲基化与表达呈显著正相关，证明其功能重要性。成果于 2010 年发表在 *Nat Biotechnol* (IF=38.276)，引起了广泛国际影响。*Nature Asia-Pacific*、*Nature China* 等众多网站进行亮点报道，被 *Nature Rev Genet*、*Ann Rev Entomol*、*Trends in Genet* 等期刊综

述论文及 Cell、Nat Commu、PNAS、Curr Biol 等重要期刊研究论文及英文专著引用，目前他引次数达 94 次。该研究开创了昆虫表观遗传组学研究的先河，后续在蜜蜂、蚂蚁等昆虫中的一系列甲基化组研究验证了其普遍性。该项目进一步通过家蚕-野蚕比较甲基化组，探讨家蚕人工选择下的表观遗传学进化机制，证实尽管昆虫 DNA 甲基化水平极低，这种表观遗传学机制在人工驯化过程中仍发挥作用。自然界的鳞翅目绢丝昆虫，尤其大蚕蛾科有不少物种的茧丝品质有着家蚕不可比拟的优势。该项目将研究视野拓展到该科野生绢丝昆虫，系统比较 6 种有重要经济价值的大蚕蛾科野生绢丝昆虫的丝腺转录组，分析了多种丝蛋白的序列特征，鉴定了可能与天然茧色相关的候选基因集，为后续深度揭示鳞翅目昆虫茧丝性状分化的遗传机制，挖掘优良茧丝性状基因资源提供了数据和理论依据。为保证上游组学筛选的基因素材有效应用于家蚕遗传改良和功能基因组学研究，该项目对 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术在家蚕等众多物种中高效开展的可行性进行了充分调查，在此基础上建立了家蚕的 CRISPR/Cas9 基因组编辑技术。

该项目取得了一系列重要进展，累计发表文章影响因子达 54.46，他引次数 110 次，产生了一定的国际影响力。

主要完成人的学术贡献

相辉：负责项目的具体实施：甲基化相关项目的主要负责人和第一执行人，具体推进项目的实施，文章的撰写；绢丝昆虫转录组比较的个性化深度数据分析思路的安排、文章的撰写、修改等；主要参与 CRISPR/Cas9 基因组编辑可行性调研研究思路的形成和修改；是 3 篇代表性论文的第一作者或合作通讯作者，1 篇代表性论文的第二作者。

王文：项目主持人。负责项目研究思路的总体设计，总体规划和组织实施、研究成果论文的组织撰写和深度修改。是 4 篇代表性论文主要研究思路的提出者以及通讯作者。

赵若苹：负责项目的管理，参与整个项目研究的具体实验操作，为本项目的顺利实施提供重要的支撑和保证。

李昕：参与整个项目研究，负责甲基化组深度挖掘和分析，是代表性论文的主要作者之一，是2篇代表性论文的共同第一作者。

陈垒：参与整个项目研究，负责项目研究转录组数据深度个性化分析，以及CRISPR/Cas9研究的调研和技术的建立，是代表性论文的主要作者之一，是2篇代表性论文的第一作者或共同第一作者。

董扬：参与整个项目研究，负责绢丝昆虫转录组学分析的资源收集、数据分析、参与论文的撰写；负责甲基化研究中的相关功能实验，是2篇代表性论文的第一作者或共同第一作者。

张国捷：参与整个项目研究，协调甲基化研究测序工作，负责CRISPR/Cas9在家蚕等众多物种开展可行性调研的研究思路设计、文章修改。是2篇代表性论文的参与作者和1篇代表性论文的通讯作者。

任彦栋：主要参与绢丝昆虫转录组数据的深度分析、文章的修改；是1篇代表性论文的共同第一作者。

刘晖：主要参与绢丝昆虫转录组数据的个性化分析、文章的修改；是1篇代表性论文的共同第一作者。

项目（6）：

项目名称：云南有毒动物新型肽类毒素发现与功能解析

主要完成人：张云、李文辉、向阳、李盛安、张勇、杨新旺、刘子超

完成单位：中国科学院昆明动物研究所

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

动物肽类毒素作为生物医药领域不可替代的分子解密器和药物研发宝库，催生了包括若干诺贝尔奖级的基础研究重大发现和一线大品种药物的研发。我们在国家基金委-云南省联合基金、973 计划项目和“重大新药创制”国家科技重大专项资助下，在以下方面获得了创新结果：

1. 新型孔道形成蛋白与三叶因子复合物 β γ -CAT 的发现与功能解析

细菌 aerolysin 类似孔道形成蛋白 (ALPs) 在动植物物种中广泛分布，但功能和作用机制未知。三叶因子 (TFFs) 从鱼到人高度保守，但其分子作用机制不清。我们从云南大蹼铃蟾中发现了第一个脊椎动物 ALP 与 TFF 复合物 $\beta\gamma$ -CAT (授权专利：ZL200810058028.5)，并阐明了其通过全新的细胞作用途径而抵御微生物感染 (PNAS USA 2014, 封面故事)，揭示了脊椎动物天然免疫的新机制和新效应蛋白质机器。生物毒素领军人物 van der Goot 教授在权威专著《Agents of defence, attack and invasion》(Springer 出版社) 第一章《Historical overview》和 Nat Rev Microbiol 权威综述文章中，在总结补体和 T 细胞穿孔素 perforin 对免疫学的历史贡献基础上，以我们的成果为例，进行了新的展望。

在上述相关研究中，我们发现激活炎症小体可以保护宿主抵御致死性微生物感染 (PLoS One 2013)，世界 82 家单位上百位科学家共同发表的有关肿瘤免疫中免疫原性细胞死亡指导意见 (Oncoimmunology 2015)，正面引用了我们的结果。

2. 云南有毒动物肽类毒素分子多样性解析和功能诠释

从云南臭蛙皮肤上获得了 728 种抗菌肽 (J Proteome Res, 2012, 封面故事)，占目前自然界中发现的总抗菌肽的 28%，文章被选为“美

国化学学会每周重要进展”，并被许多包括 Science Daily, Physics 等在内的媒体广泛报道。我们从蜈蚣这一重要中药材的毒液中发现了 543 种不同蛋白和多肽(J Proteome Res, 2012)，国际同行评价是迄今为止世界上对蜈蚣毒液最全面的分子多样性的解析。揭示蛇毒 cathelicidin 抗菌肽(授权专利：ZL200810058260.9)因其直接抗菌活性和选择性免疫调节性质使其能够保护动物抵御致死性败血症 (Antimicrob Agents Chemother 2012; J Med Chem 2013)。这些成果提供了大量的具有医药发展前景的肽类候选分子。

3. 以两栖动物单链三叶因子 BmTFF2 为分子探针解析人生理病理机制

在阐明云南大蹼铃蟾单链三叶因子 BmTFF2 激活蛋白酶激活受体 (PAR1) 基础上，揭示人 hTFF2 激活 PAR4 而诱导细胞迁移 (Cell Mol Life Sci 2011)，是目前首个被国际独立实验室重复验证的作用机制。以 BmTFF2 为分子探针，发现抑素蛋白 (PHBs) 在人血小板膜的分布以及作为 PAR1 信号通路调节因子的新功能 (J Thromb. Haemosta 2012)。

主要学术代表作

项目以第一和/或通讯作者发表 SCI 论文 31 篇。20 篇核心论文总影响因子 83.196，SCI 他引 174 次，其中 8 篇代表性论文总影响因子 43.963，SCI 他引 84 次。SCI 他引中包括 Nat Rev Microbiol, Science Signaling, Chem Rev 等国际权威杂志的正面引用。

主要完成人的学术贡献

张云：参与整个项目研究，是整个项目的组织者，在新型孔道形成毒素样蛋白 (ALPs) 及三叶因子 (TFFs) 的发现和生物学功能阐明、动物肽类毒素分子多样性发现和功能诠释、以及利用两栖动物单链三叶因子为分子探针解析人生理病理三个项目创新点整体思路，主体学术思想和项目指导上做出了主体性的创造性贡献。整个 20 篇核心论文

中，本人作为 19 篇论文的通讯作者，而且是 8 篇代表性论文的主要通信作者，项目的主体内容均为本人指导的研究生在学期间所完成的研究内容。

李文辉： 参与整个项目研究，是整个项目的主要实施人，具体主要负责动物肽类毒素分子多样性挖掘和功能研究，在项目创新点 2 动物抗菌肽资源挖掘和机制研究中做出了创造性贡献，整个 20 篇核心论文中，本人署名文章 18 篇，是 4 篇论文的共同第一作者或共同通讯作者，其中 3 篇为代表性论文。

向阳： 参与整个项目研究，在项目创新点 1 和 3，特别是新型孔道形成毒素样蛋白（ALPs）及三叶因子（TFFs）的发现和生物学功能阐明做出了创造性贡献，整个 20 篇核心论文中，本人署名文章 8 篇，是代表性论文 1 和 2 的第一作者。

李盛安： 参与整个项目研究，在动物肽类毒素分子，特别是项目创新点 2 抗菌肽研究中做出了创造性贡献，阐明了抗菌肽 OH-CATH30 对败血症动物模型的保护作用及其机制，是代表性论文 5 和 6 的第一作者。

张勇： 参与研究工作，在项目创新点 1 新型孔道形成毒素样蛋白（ALPs）及三叶因子（TFFs）的发现和项目创新点 3 利用两栖动物单链三叶因子为分子探针解析人生理病理做出了创造性贡献，是代表性论文 7 和 8 的第一作者。

杨新旺： 参与研究工作，在创新点 2 动物抗菌肽分子多样性挖掘做出了创造性贡献，是代表性论文 3 的第一作者，共计参加了核心论文中 4 篇文章的工作。

刘子超： 参与研究工作，在创新点 2 蜈蚣肽类毒素分子多样性发现和功能研究中做出了突出贡献，是代表性论文 4 的第一作者。

项目（7）：

项目名称：WRKY 转录因子等蛋白调控植物激素信号转导及抗逆性状建成的分子机制

主要完成人：余迪求、胡彦如、陈利钢、姜艳娟

完成单位：中国科学院西双版纳热带植物园

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

植物激素是重要的生长调节物质，广泛参与调控植物的生长发育和抗逆性状的建成。本研究成果是 2009 年至 2014 年期间关于 WRKY 转录因子等重要调节蛋白调控激素信号转导及抗逆性状建成分子机制的系统研究工作集成。

第一、系统阐明了 WRKY 转录因子介导茉莉酸(JA)、生长素(Auxin)及脱落酸(ABA)等激素信号转导，调控植物非生物逆境抗性建成的分子机制。拟南芥 WRKY57 转录因子能与 JA 信号途径中的抑制子 JAZ4/JAZ8 和 Auxin 信号途径中的抑制子 IAA29 相互作用，从而调控 JA 与 Auxin 所介导的植物叶片衰老信号途径的交叉。WRKY57 还直接结合 ABA 相关基因 *RD29A* 和 *NCED3* 启动子，从而调控植物抗旱能力。WRKY8 通过与 VQ9 蛋白相互作用，直接调控下游相关基因如 *RD29A* 的表达，参与调控植物耐盐胁迫的能力。

第二、揭示了 WRKY 转录因子介导 ABA 和乙烯(ET)激素信号转导，调控植物病毒抗性建成的分子机制。拟南芥 *WRKY8* 基因受植物病毒 TMV-Cg 抑制表达，*WRKY8* 突变后促进了 TMV-Cg 病毒在植株系统性叶片中的运输和积累，表明 WRKY8 正调控抗病毒响应过程。TMV-Cg 病毒侵

染能促进 WRKY8 与 *ABI4* 启动子上的结合而抑制了对 *ACS6* 及 *ERF104* 启动子的结合。这些结果证实 WRKY8 通过调控 ABA 及 ET 两条信号转导途径参与调控植物抗病毒响应过程。

第三、BIN2-ABI5 蛋白复合物介导 ABA 和油菜素内脂 (BRs) 相互作用精细调控逆境环境下种子萌发的分子机制。植物激素 BRs 信号途径中的关键激酶 BIN2 正调控 ABA 反应, 并且依赖于 ABA 途径中的关键转录因子 ABI5。BIN2 磷酸化 ABI5, 从而稳定 ABI5 蛋白, 促进其生物学功能。该研究证实 BIN2-ABI5 复合物介导 BRs 和 ABA 之间的平衡, 进而控制种子萌发及其抗逆境性状的建立。

第四、发现了植物抗冻信号分子 JA, 并揭示了它调控植物抗冻性的分子机制。外源施加 JA 显著提高植物的抗冻能力; 相反, 阻断植物内源 JA 信号转导则导致植物对冻害敏感。茉莉酸信号途径的抑制子 JAZ 蛋白能与抗冷信号途径的关键转录因子 ICE 相互作用形成蛋白复合体, 并抑制 ICE 的转录激活功能, 从而抑制下游抗冷相关基因的表达。该研究证实植物激素 JA 是植物体内重要的抗冻信号分子。

主要学术代表作

该研究成果包括 8 篇代表性 SCI 论文, 包括 PNAS 1 篇, Plant Cell 3 篇, Molecular Plant 1 篇, Plant Journal 1 篇, Plant Science 1 篇, Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms 1 篇, 累计影响因子总和是 56.382 (平均影响因子 7.048), SCI 他引 539 次 (平均每篇被他人引用 67.375 次)。培养博士生 4 名, 硕士生 2 名, 其中两人获得中国科学院百篇优秀博士学位论文奖; 1 人晋升为二级研究员、中国科学院特聘研究员, 1 人晋升为四级研究员、博士生导师, 2 人晋升为副研究员、硕士生导师; 1 人入选云南省“云岭学者”、2 人入选中国科学院“青年创新促进会”、1 人入选中国科

协首届“青年人才托举工程”、2人入选云南省中青年学术和技术带头人后备人才。

主要完成人的学术贡献

余迪求：是本项目的主要负责人，总体设计与指导本项目的实施，确立了项目的研究方向和具体研究内容。主持了农业部转基因生物新品种培育重大专项（2009ZX08009-66B），为所有研究成果的通讯作者。

胡彦如：揭示了 BIN2-ABI5 蛋白复合物介导脱落酸和油菜素内脂相互作用精细调控逆境环境下植物种子萌发的分子机制；发现了植物抗冻信号分子——茉莉酸，并解析了它调控植物抗冻害的生物学功能和分子机制；研究了 WRKY8 和 WRKY46 转录因子调控植物抗逆性状建成的生物学功能。

陈利钢：研究了 WRKY8 转录因子介导脱落酸和乙烯激素信号转导，调控植物病毒抗性建成的生物学功能与分子机制。

姜艳娟：揭示了 WRKY57 转录因子介导茉莉酸和生长素相互作用调控植物叶片衰老的分子机制；研究了 WRKY57 介导脱落酸信号通路调控植物抗旱性的分子机制。

项目（8）：

项目名称：云南新近纪环境演变及植物多样性演化

主要完成人（单位）：周浙昆(中国科学院西双版纳热带植物园)，苏涛(中国科学院西双版纳热带植物园)，黄永江(中国科学院昆明植物研究所)，星耀武(中国科学院西双版纳热带植物园)，王力(中国科学院西双版纳热带植物园)，夏珂(中国科学院昆明

植物研究所)，胡瑾瑾（中国科学院昆明植物研究所）

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

本项目的成果是 2006 到 2015 年近十年研究工作的总结，项目在国家自然科学基金委重点项目、面上项目和青年基金项目的支持下，围绕“地球环境演变及其生物多样性演化”这一重大科学问题，以我国西南丰富的化石材料为对象，开展了系统性的研究。主要的科学发现包括：1) 通过长期的野外工作，采集到 20000 万余份植物化石标本，并对若干重要类群进行了深入的研究，在国际学术期刊上发表了包括中国最早竹子化石等在内的 30 余个化石新类群，丰富了对我国西南地区新近纪植物多样性和区系的认识，提升了我国古植物学国际化的程度。2) 基于大量现代采样数据，建立了适合东亚古气候定量重建的叶相-气候模型和古大气 pCO_2 重建关系式。3) 发现了新近纪的气候特征，定量重建了云南新近纪多个化石植物群的古环境（古气候，古二氧化碳等），发现了云南新近纪的古气候特点为温度略高于现在，但是降雨显著高于现在；季风气候已经出现但是其强度弱于现在，而且从晚中新世到晚上新世逐步增强。4) 根据雪松和北美红杉等化石的发现及其种子生理学特征和云南古气候古环境重建的结果，认为雪松和北美红杉在云南灭绝的原因是中新世以来季风气候逐步形成和加强，导致冬、春季干旱增强，影响了这两种植物的种子保存和萌发、幼苗生长，从而导致了部分物种的种群数量减少和分布区改变，乃至物种的灭绝。该发现为生物多样性形成演变以及未来全球变化研究，提供了重要的线索。

主要学术代表作

这些研究成果包括在 20 篇核心论文中,全部被 SCI 收录。按照 2015 版期刊影响因子的数据,SCI 影响因子累计为: 49.105, 其中 8 篇代表性论文影响因子总和: 19.66, 8 篇代表性论文被引 226 次, SCI 他引 94 次; CSCD 他引 15 次。其他核心篇核心论文被引 113 次, SCI 他引 32 次; CSCD 他引 4 次。

8 篇代表性论文都发表在本领域的 Q1 的期刊, 其中《Palaeogeography Palaeoclimatology Palaeoecology》, 是古生物领域 top10%的期刊 (JCR 4/50), 《Annals of Botany》是植物学 top15%的期刊。叶缘年均模型发表当年被 BioOne 数据库评为当月“featured article”, 目前他引次数已达 30 次; 另外 2 篇代表性论文的单篇他引次数超过 20 次。引用 8 篇代表性论文被 Biological Review, Earth-Science Review, New Phytologist, Gondwana Research, Earth and Planetary Science Letter, Palaeogeography Palaeoclimatology Palaeoecology 等地质学和生物学领域的重要顶级期刊正面引用。

所依托的国家自然科学基金项目结题验收时全部被评为优秀。

研究成果还受到了媒体和学术界的广泛关注。人民日报等 8 家媒体报道了中国最早竹子化石发现。中国科学报在首页位置报道了雪松化石的研究成果。羊蹄甲的化石研究被评为 2014 年中国植物科学的若干重要进展。加拿大哥伦比亚大学 (UBC) 网站报道了关于帽斗栎气孔频度和二氧化碳浓度相关性的研究成果。

主要完成人的学术贡献

周浙昆: 负责整个研究, 从项目申请到工作学术思路和研究思路的提出、技术路线的设计、研究结果的解析、论文的撰写与修改都全程参与, 负主要责任。在具体工作中, 参与野外工作, 指导并亲自参

与化石的发掘，鉴定。在 4 项发现中均作出创新性的贡献，是 8 篇代表论文和 12 篇核心论文的通信作者，对项目的贡献率为 90%。

苏涛：采集了中国现代森林从南至北的 50 个样品，利用单线性回归、典型对应分析等建立了适合东亚新生代植物群古气候定量重建的叶缘-年均温中国模型；基于重建模型定量重建了滇西晚上新世龙门植物群的古气候，指出晚上新世之后云南的季风气候继续增强，并进一步发现雪松在我国西南地区消失与季风气候增强有显著关系。本人在项目的 4 个重要发现中均作出了创新性贡献，是代表性论文 3 和 7 以及核心论文 6, 8, 11, 17 的第一作者，对项目的贡献率为 80%。

黄永江：研究了云南多个新近纪化石植物群的种子和果实化石，利用各种先进的研究手段和方法开展了深入的古植物学研究，发表了多个化石新种，为认识云南地质时期的植物多样性演变历史提供了重要证据，并基于化石历史，探讨了部分类群的分布区演变。在第 1, 4 项重要科学发现中作出了创新性贡献，是代表论文 5 和核心论文 13 的第一作者，对项目的贡献率为 70%。

星耀武：系统研究了云南晚中新世先锋植物群的物种组成，发表了包括松属、铁杉属、青冈亚属等在内的多个植物类群；利用共存分析法和叶相分析法定量重建了该植物群的古气候，并建立了季风气候参数的模型，提出干湿季降雨量差异可用于反映季风强度，发现晚中新世的季风气候明显弱于现在。本人在第 2、3 项重要科学发现中作出了创新性贡献，是代表论文 4 以及核心论文 12, 18 的第一作者，对项目的贡献率为 70%。

王力：研究了云南镇沅中中新世三章田植物群的若干植物类群，重点对该植物群中的竹子化石进行了研究，发表了叶片及茎的化石新种各 2 个，指出在竹子在中新世就已经在云南具有一定的多样性。本

人在第 1 项重要科学发现中作出了创新性贡献，是核心代表论文 2 的第一作者，对项目的贡献率为 50%。

夏珂：以植物大化石为研究对象，利用不同方法定量重建了云南开远晚中新世小龙潭植物群的古气候，发现当时具有比现在更高的降雨量，温度也更高，推测可能与山体抬升有着明显的联系。本人在第 2 项重要科学发现中作出了创新性贡献，是核心代表论文 8 的第一作者，对项目的贡献率为 50%。

胡瑾瑾：分别研究了帽斗栎沿海拔梯度采集的样品和历史腊叶标本样品的气孔频度与大气 pCO_2 的关系，发现两种条件下帽斗栎的气孔频度均与大气 pCO_2 呈正相关关系，确定了帽斗栎气孔频度与大气 pCO_2 的关系式，并用于重建昆明浑水塘和维西庆福的古大气 CO_2 浓度，结果与全球同时期的古大气 CO_2 浓度相符。本人在第 2, 3 项重要科学发现中作出了创新性贡献，是核心代表论文 1 的第一作者，对项目的贡献率为 40%。

项目（9）：

项目名称：粗叶木属植物分类学研究

主要完成人（单位）：朱华（中国科学院西双版纳热带植物园）

推荐单位：中国科学院昆明分院

项目重要科学发现点、主要学术代表作、主要完成人的学术思想贡献：

项目的重要科学发现点

粗叶木属植物是茜草科中的一个属，约有近 180 个种，主要分布在热带亚洲及东亚（约 160 个种），是一个分类和鉴定十分困难的类群。粗叶木属植物的分类学研究过去几乎是空白，对其进行系统的分

类学修订和研究在植物分类学上十分迫切。申请人最初在导师吴征镒院士教诲下自发对该属植物进行研究，在中科院生物分类、区系特别支持费（4万元），中科院百人计划资助（48万元，1997年批准）和国家自然科学基金面上项目（25万元，2008年批准）支持下，通过大量文献资料调研、对世界藏有该属植物的主要标本馆（包括英国皇家植物园标本馆（K），美国密苏里植物园标本馆（MO）、荷兰国家标本馆（L）及东南亚国家的一些主要植物标本馆及国内藏有该属植物的主要标本馆等）的标本进行鉴定，野外考察采集，论文著作发表，完成了对粗叶木属植物分类学研究。通过该项研究，公开发表直接的研究论文 19 篇，其中，7 篇为 SCI 收录论文。该研究的直接成果就是发表该属植物新种（包括亚种、变种）和新组合 49 个，与之相关的植物新属 1 个，归并植物新异名 100 多个。

该项研究发现的这些新物种占了世界粗叶木属植物的 1/4。这些新种和新属的发现及其发表的相关论文不但成为世界粗叶木属植物分类研究工作的主体，也为进一步阐明东亚植物区系、热带亚洲植物区系及喜马拉雅-台湾-日本间植物区系的联系和中国西南与印度-马来西亚植物区系的联系具有重要生物地理意义。该成果系统研究了世界粗叶木属植物的分类学，修订了该属植物，发现大量新物种，探讨其生物地理格局的形成，在国内外均是首次。通过本研究解决这一国际分类学难题，对中国学者立足在该领域的国际领导行列亦具有重要意义。

主要学术代表作

该项目共发表 49 个植物新种（包括亚种、变种）、新名称及 1 个新属。名单如下：

- (1). *Lasianthus austroyunnanensis* **H. Zhu** in Syst. & Geogr. Pl. 72: 96, f. 1, 2002.
- (2). *Lasianthus biermannii* subsp. *crassipedunculatus* C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 75–76, 1994.
- (3). *Lasianthus capitatus* subsp. *pendulus* (Ridl.) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 22(4):

398, 2000.

- (4). *Lasianthus capitatus* subsp. *vietnamensis* **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 22(4): 397–398, f. 2, 2000.
- (5). *Lasianthus chrysoneurus* var. *sylvicola* (H.S. Lo) **H. Zhu** in Fl. Yunnanica 15: 241, 2003.
- (6). *Lasianthus congesticymus* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 124, pl. 1, 2001.
- (7). *Lasianthus elevatineurus* **H. Zhu** in Blumea 47: 395–397, f. 1, 2002.
- (8). *Lasianthus ellipsoideus* **H. Zhu** in Nordic J. Bot. 22: 573, 2002.
- (9). *Lasianthus flavihirtus* **H. Zhu** in Nordic J. Bot. 22: 575, 2002.
- (10). *Lasianthus hookeri* var. *dunniana* (Lév.) **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 71–72, 1994.
- (11). *Lasianthus inodorus* subsp. *montigenus* **H. Zhu** in Blumea 46(3): 451, f. 2, 2001.
- (12). *Lasianthus inodorus* subsp. *pubescens* **H. Zhu** in Blumea 46(3): 451–453, f. 3, 2001.
- (13). *Lasianthus japonicus* var. *lancilimbus* (Merr.) C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 78–79, 1994.
- (14). *Lasianthus japonicus* var. *latifolius* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 79–80, 1994.
- (15). *Lasianthus japonicus* subsp. *longicaudus* (Hook. f.) C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 80–81, 1994.
- (16). *Lasianthus kurzii* var. *fulvus* C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 60, 1994.
- (17). *Lasianthus kurzii* var. *inconspicuus* (Hook. f.) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 154, 1998.
- (18). *Lasianthus kurzii* var. *microphyllus* (Pit.) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 153, 1998.
- (19). *Lasianthus kurzii* var. *ovatifolius* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 134, 2001.
- (20). *Lasianthus larsenii* **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 22(4): 395, f. 1, 2000.
- (21). *Lasianthus linearisepalus* C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 61–62, pl. 1, 1994.
- (22). *Lasianthus loeiensis* **H. Zhu** in Nordic J. Bot. 22: 576, 2002.
- (23). *Lasianthus longissimus* **H. Zhu** in Blumea 47(2): 397–400, f. 2, 2002.
- (24). *Lasianthus lucidus* var. *flavo-hirsutus* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 135, 2001.

- (25). *Lasianthus lucidus* var. *inconspicuus* (Hook. f.) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 154, 1998.
- (26). *Lasianthus malaiensis* **H. Zhu** in Gard. Bull. Singapore 52: 257, 2000.
- (27). *Lasianthus oblongilobus* **H. Zhu** in Blumea 47(2): 400, f. 3, 2002.
- (28). *Lasianthus parviflorus* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 137, 2001.
- (29). *Lasianthus rhinocerotis* subsp. *pedunculatus* (Pit.) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 154, 1998.
- (30). *Lasianthus rhinocerotis* subsp. *xishuangbannaensis* **H. Zhu** & H. Wang in Acta Phytotax. Sin. 38(3): 282–283, f. 1, 2000.
- (31). *Lasianthus roosianus* **H. Zhu** in Nordic J. Bot. 22: 576, 2002.
- (32). *Lasianthus shimizui* (T.S. Liu & J.M. Chao) **H. Zhu** in Syst. & Geogr. Pl. 72: 92, 2002.
- (33). *Lasianthus sikkimensis* subsp. *langkokensis* (Drake ex Pit.) **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 61, 1994.
- (34). *Lasianthus simizui* (T.S. Liu & J.M. Chao) **H. Zhu** in Syst. & Geogr. Pl. 72: 92, 2002.
- (35). *Lasianthus tetragonus* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 142, 2001.
- (36). *Lasianthus tomentosus* var. *hiiranensis* (Hayata) **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 156, 1998.
- (37). *Lasianthus trichophlebus* subsp. *barbellatus* (Ridl.) **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 144, 2001.
- (38). *Lasianthus trichophlebus* var. *latifolius* (Miq.) **H. Zhu** in Syst. & Geogr. Pl. 72: 93, 2002.
- (39). *Lasianthus trichophlebus* var. *simizui* (T.S. Liu & J.M. Chao) **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 70, 1994.
- (40). *Lasianthus verticillatus* var. *hirsutus* **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 39(2): 146, 2001.
- (41). *Lasianthus verticillatus* var. *taitoensis* (Simizu) **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 69–70, 1994.
- (42). *Lasianthus wallichii* var. *hispidocostatus* **H. Zhu** in Acta Bot. Yunnan. 20(2): 158, 1998.
- (43). *Lasianthus wallichii* subsp. *plagiophyllus* (Hance) C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin. 32(1): 57–58, 1994.
- (44). *Lasianthus wallichii* var. *setosus* (Craib) C.Y. Wu & **H. Zhu** in Acta Phytotax. Sin.

32(1): 57, 1994.

- (45). *Paralasianthus brevipes* (H. Zhu) **H. Zhu** in *Phytotaxa* 202(4): 275–265, 2015.
- (46). *Paralasianthus dichotomus* (Korth.) **H. Zhu** in *Phytotaxa* 202(4): 275, 2015.
- (47). *Paralasianthus hainanensis* (Merr.) **H. Zhu** in *Phytotaxa* 202(4): 277, 2015.
- (48). *Paralasianthus lowianus* (King & Gamble) **H. Zhu** in *Phytotaxa* 202(4): 276, 2015.
- (49). *Paralasianthus zhengyianus* H. Zhu in *Phytotaxa* 202(4): 275, fig. 1, 2015.

发表新植物属:

Paralasianthus H. Zhu in *Phytotaxa* 202(4): 274, 2015.

经检索《科学引文索引》数据库（Science Citation Index Expanded），提供做引用情况检索报告的 16 篇主要论文中，有 9 篇论文在 SCI 中共计被引用 46 次（其中自引 19 次，他引 27 次）；经检索 google scholar，有 14 篇论文在 google scholar 中共计被引用 87 次（其中自引 32 次，他引 55 次）。提供做引用情况检索报告的 8 篇代表性论文引用情况检索结果是：经检索《科学引文索引》数据库（Science Citation Index Expanded），有 5 篇代表性论文在 SCI 中共计被引用 33 次（其中自引 12 次，他引 21 次）；经检索 google scholar，有 7 篇论文在 google scholar 中共计被引用 49 次（其中自引 19 次，他引 30 次）。

主要完成人的学术贡献

该项目公开发表直接的研究论文 19 篇，其中，7 篇为 SCI 收录论文。这 19 篇论文的的第一作者或通讯作者均为朱华本人。该研究发表植物新种（包括亚种、变种）和新名称 49 个，植物新属 1 个也均为朱华本人为第一作者。

三、杰出贡献奖推荐个人（1 人）

候选人基本情况

郝小江 博士，男，1951 年 7 月生，现任中国科学院昆明植物研究所研究员，博士生导师。1976 年毕业于贵州大学化学系；1985 年于中科院昆明植物研究所获硕士学位；1990 年于日本京都大学获药学博士学位。1992 年获国务院特殊津贴，1995 年获国家自然科学基金杰出青年基金资助，1996 年入选国家跨世纪人才（第一、二层次），1998 年入选中科院“百人计划”，2002 年获“云南省中青年学术和技术带头人”（第一层次）称号，2014 年获云南省“科技领军人才”称号。1991-1994 年任中科院昆明植物研究所植物化学研究室主任；1995-2006 年先后任中科院昆明植物研究所常务副所长、所长、植物化学开放实验室主任；2001-2006 年任植物化学与西部植物资源持续利用国家重点实验室主任。

主要科学技术成就和贡献：

候选人重要贡献有：1) 系统研究了我国西南特有植物中的 4800 余个天然产物化学结构，发现了 1300 余个新颖结构天然产物包括 90 余个新骨架，其中，36 个在国际天然产物权威期刊《天然产物报告》中入选为“热点化合物”；开展抗肿瘤、抗病毒和神经保护等活性天然产物的结构优化与合成，发现 9 类特异性调控细胞信号通路的药物先导化合物；以第一主持人研究的抗老年性痴呆 1.1 类创新药物芬克罗酮进入 II 期临床试验。2) 发展了若干天然小分子探针，通过合作先后揭示了促进溶酶体生物发生、促进线粒体融合、特异性抑制或激活 Wnt 信号通路等新颖的作用机制，为相关疾病治疗和新药研发提供了新策略和先导分子。3) 揭示野生植物防御的化学本质，先后发表了 10 余类抗烟草花叶病毒的植物天然产物；首次发现特异性抑制甲病毒亚基因组 RNA 的双裂孕烷型甾体、植物系统获得性抗性的化学激活剂 AHO、烟碱胆碱能受体的高效抑制剂牛筋果素、核盘菌高效抑制剂孕甾烷衍生物等具有开发潜力的植物源农药先导化合物。

候选人 30 多年坚守西南地区科研一线，创建了“贵州省-中国科学院天然产物化学重点实验室”，主持新建了“植物化学与西部植物资源持续利用国家重点实验室”（昆明）和“药用植物功效与应用省部共建国家重点实验室”（贵阳）；培养的博士已有 27 人晋升为教授/研究员，为我国西南地区学科建设和人才培养做出了重要贡献。

获得知识产权情况、曾获奖励情况：

候选人长期潜心研究我国西南地区丰富多样的植物资源，在植物化学成分的结构与生物功能研究领域取得突出成果，在《美国科学院院刊》、《德国应用化学》、《自然-细胞生物学》、《自然-化学生物学》等 SCI 期刊上发表论文 452 篇；获国家发明专利授权 23 件；三次获得云南省自然科学一等奖（均为第一完成人）；推动了我国天然产物科学的源头创新，是我国该领域的领军人才之一。