

人才培养成效证明目录

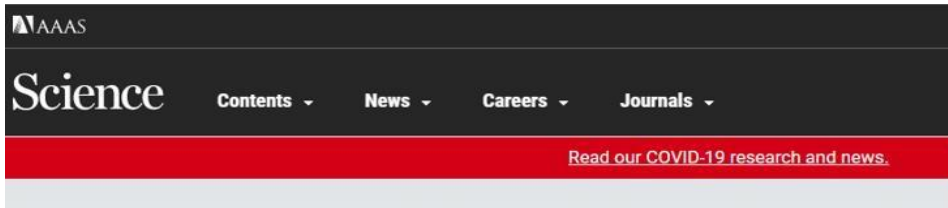
- 1.研究生代表性论文发表列表 (IF 8.0 以上 24 篇)
- 2.研究生优秀学位论文列表 (国家级 2 篇)
- 3.研究生获得部省级奖励
- 4.研究生参与品种选育情况
- 5.研究生参与研制的技术 (国家级 3 项)
- 6.研究生参加代表性国际学术会议并做报告情况
- 7.国际联合培养研究生情况
- 8.学生省级及以上创新创业计划竞赛获奖情况 (国家级 20 项)
- 9.相关新闻媒体报道情况

人才培养成效证明

1.研究生发表代表性论文列表（近 10 年，共计发表 SCI 论文 1573 篇，其中影响因子 8.0 以上高质量学术论文 24 篇，入选 ESI 全球热点学术论文 3 篇，ESI 高被引论文 12 篇。）

序号	论文名称	第一或通讯作者	期刊名称	发表年度	影响因子	本校排名
1	A single transcription factor promotes both yield and immunity in rice	王 静	<i>Science</i>	2018-09	41.058	第一单位
2	Pan-genome analysis of 33 genetically diverse rice accessions reveals hidden genomic variations	钦鹏	<i>Cell</i>	2021-05	38.637	第一单位
3	A Natural Allele of a Transcription Factor in Rice Confers Broad-Spectrum Blast Resistance	李伟滔	<i>Cell</i>	2017-06	28.71	第一单位
4	Discovery of broad-spectrum fungicides that block septin-dependent infection processes of pathogenic fungi	贺 闽	<i>Nature Microbiology</i>	2020-09	15.54	第一单位
5	Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat	彭远英	<i>Nature Genetics</i>	2022-07	41.307	第一单位
6	Suppression of rice miR168 improves yield, flowering time and immunity	李 燕	<i>Nature Plants</i>	2021-02	13.256	第一单位
7	Leaf-derived ABA regulates rice seed development via a transporter-mediated and temperature-sensitive mechanism	钦鹏	<i>Science Advances</i>	2021-01	13.116	第一单位
8	A trimeric CrRLK1L-LLG1 complex genetically modulates SUMM2-mediated autoimmunity	黄衍焱	<i>Nature Communications</i>	2020-09	12.121	第一单位
9	Haploid strategies for functional validation of plant genes	沈亚欧	<i>Trends in Biotechnology</i>	2015-10	11.958	第一单位
10	MoSnt2-dependent deacetylation of histone H3 mediates MoTor-dependent autophagy and plant infection by the rice blast fungus <i>Magnaportheorizae</i>	贺 闽	<i>Autophagy</i>	2018-08	11.1	第一单位
11	The Coix Genome Provides Insights into Panicoideae Evolution and Papery Hull Domestication	周树峰	<i>Molecular Plant</i>	2020-02	10.812	第一单位

12	Natural variation in PTB1 regulates rice seed setting rate by controlling pollen tube growth	李双成	<i>Nature communications</i>	2013-11	10.015	第一单位
13	Whole-genome sequencing of cultivated and wild peppers provides insights into Capsium domestication and specialization	沈亚欧	<i>Proceedings of the National Academy of Sciences, USA</i>	2014-02	9.737	第一单位
14	Loss of function of a rice TPR-domain RNA-binding protein confers broad-spectrum disease resistance	陈学伟	<i>Proceedings of the National Academy of Sciences, USA</i>	2018-03	9.661	第一单位
15	Joint linkage-linkage disequilibrium mapping is a powerful approach to detecting quantitative trait loci underlying drought tolerance in maize	卢艳丽	<i>Proceedings of the National Academy of Sciences, USA</i>	2010-11	9.432	第一单位
16	A Comprehensive Mutational Analysis of the Arabidopsis Resistance Protein RPW8.2 Reveals Key Amino Acids for Defense Activation and Protein Targeting	王文明	<i>Plant Cell</i>	2013-10	9.251	第一单位
17	Natural Antisense transcripts are significantly involved in regulation of drought stress in maize	卢艳丽	<i>Nucleic Acids Research</i>	2017-02	9.202	第一单位
18	Foliar application of silicon improves stem strength under low light stress by regulating lignin biosynthesis genes in soybean (<i>Glycine max</i> (L.) Merr.)	刘卫国	<i>Journal of Hazardous Materials</i>	2021-01	9.038	第一单位
19	Differentiating homoploid hybridization from ancestral subdivision in evaluating the origin of the D lineage in wheat	袁中伟	<i>New Phytologist</i>	2020-09	8.512	第一单位
20	RPW8.1 enhances the ethylene-signaling pathway to feedback-attenuate its mediated cell death and disease resistance in Arabidopsis	赵志学	<i>New Phytologist</i>	2020-08	8.512	第一单位
21	Identification of rice (<i>Oryza sativa</i> L.) genes involved in sheath blight resistance via a genome-wide association study	王爱军	<i>Plant Biotechnology Journal</i>	2021-02	8.154	第一单位
22	Dual function of clock component OsLHY sets critical day length for photoperiodic flowering in rice	孙昌辉	<i>Plant Biotechnology Journal</i>	2021-03	8.154	第一单位
23	DNA hypermethylation promotes the flowering of orchardgrass during vernalization	张新全	<i>Plant Physiology</i>	2022-07	8.340	第一单位
24	Genome assembly provides insights into the genome evolution and flowering regulation of orchardgrass	张新全	<i>Plant biotechnology journal</i>	2019-06	8.154	第一单位



SHARE

REPORT



A single transcription factor promotes both yield and immunity in rice

Jing Wang^{1,*,†}, Lian Zhou^{1,*}, Hui Shi^{1,*}, Mawsheng Chern^{2,*}, Hong Yu^{3,*}, Hong Yi¹, Min He¹, Junjie Yin¹, Xiaobo Zhu¹, Yan Li¹, Weitao Li¹, Jiali Liu¹, Jichun Wang¹, Xiaoqiong Chen¹, Hai Qing¹, Yuping Wang¹, Guifu Liu³, Wenming Wang¹, Ping Li¹, Xianjun Wu¹, Lihuang Zhu³, Jian-Min Zhou^{3,4}, Pamela C. Ronald², Shigui Li¹, Jiayang Li^{3,4,†}, Xuewei Chen^{1,†}

RESEARCH

PLANT SCIENCE

A single transcription factor promotes both yield and immunity in rice

Jing Wang^{1,*,†}, Lian Zhou^{1,*}, Hui Shi^{1,*}, Mawsheng Chern^{2,*}, Hong Yu^{3,*}, Hong Yi¹, Min He¹, Junjie Yin¹, Xiaobo Zhu¹, Yan Li¹, Weitao Li¹, Jiali Liu¹, Jichun Wang¹, Xiaoqiong Chen¹, Hai Qing¹, Yuping Wang¹, Guifu Liu³, Wenming Wang¹, Ping Li¹, Xianjun Wu¹, Lihuang Zhu³, Jian-Min Zhou^{3,4}, Pamela C. Ronald², Shigui Li¹, Jiayang Li^{3,4,†}, Xuewei Chen^{1,†}

Plant immunity often penalizes growth and yield. The transcription factor Ideal Plant Architecture 1 (IPA1) reduces unproductive tillers and increases grains per panicle, which results in improved rice yield. Here we report that higher IPA1 levels enhance immunity. Mechanistically, phosphorylation of IPA1 at amino acid Ser¹⁶³ within its DNA binding domain occurs in response to infection by the fungus *Magnaporthe oryzae* and alters the DNA binding specificity of IPA1. Phosphorylated IPA1 binds to the promoter of the pathogen defense gene *WRKY45* and activates its expression, leading to enhanced disease resistance. IPA1 returns to a nonphosphorylated state within 48 hours after infection, resuming support of the growth needed for high yield. Thus, IPA1 promotes both yield and disease resistance by sustaining a balance between growth and immunity.

Plant growth is usually slowed by an active immune response, resulting in yield penalties for crops fighting pathogens (1, 2). Plants without an active immune response may grow faster but will easily succumb to various diseases (3). Various proteins control the growth-immunity trade-off. For example, *Arabidopsis* BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 (BZR1) and HOMOLOG OF BRASSINOSTEROID ENHANCED EXPRESSION 2 (BEE2) INTERACTING WITH IBH1 (HB1) promote plant growth but suppress immunity (4, 5). Conversely, transcription factors TLL-BINDING FACTOR 1 (TBF1) and WRKY45 enhance immunity but inhibit plant growth (6, 7). Breeding practice has selected crop varieties with high yield and disease resistance. A better balance between growth and immunity is supported by various genes, including a natural allele of the *Broad-Spectrum Resistance-Digit 1* (*Ber-d1*) transcription factor (8); a chemically induced allele of *Broad-Spectrum Resistance-Kitaake 1* (*Ber-k1*), which encodes an RNA binding protein (9); a nucleotide-binding oligomerization domain-like receptor (NLR) pair, *Pyricularia-Gumei Resistant* and *Pyricularia-Gumei Susceptible* (*PigmR* and *PigmS*) (10); and

an artificial, pathogen-inducible cassette containing *Nonexpressor of Pathogenesis-Related genes 1* (*NPRI*) or *sncl* (*suppressor of npri-1, constitutive 1*) (11). However, there are no reports showing that a single protein can positively promote yield and disease resistance.

Rice feeds half of the world's population; improved yields would help sustain the food supply needed for the growing world population. Grain yield depends on the number of productive tillers per plant, the number of grains per panicle, and grain weight (12). The *Ideal Plant Architecture 1* (*IPA1*) gene encodes a SQUAMOSA promoter binding protein-like (SPL) transcription factor, also known as OsSPL14, which activates yield-related genes, including *Dense and Erect Panicle 1* (*DEP1*), leading to plants with fewer unproductive tillers and more grains per panicle, supporting higher yield (13–15). The *ipa1-D* allele carries a mutation at the miR156 and miR529 target sites, releasing suppression by miR156 and miR529 and leading to higher *IPA1* RNA and protein levels (13, 16). Though *ipa1-D* plants have been demonstrated to have 10% higher yields in extensive field trials (13), it was not known if the improved yield would persist when plants faced pathogen challenges.

We directly tested the yield of *ipa1-D* plants under challenge with *Magnaporthe oryzae*, which causes the devastating rice blast disease. We conducted field tests in three consecutive years by using isogenic rice lines developed in two rice varieties (R320 and R441) and found that *ipa1-D* plants R320^{ipa1-D} and R441^{ipa1-D} had yields 10.1 to 13.3% higher under normal field conditions without blast disease and 30.7 to 48.2% higher under high blast disease pressure than controls R320 and R441, respectively (Fig. 1, A to D). The 10 to 13% yield increase under normal conditions

is consistent with previous reports (13). *ipa1-D*-mediated yield increase is greater under blast disease pressure, indicating that *IPA1* may also improve resistance to *M. oryzae*. To test this hypothesis directly, we generated *IPA1* overexpression [*IPA1*-green fluorescent protein (*IPA1*-GFP)] plants and plants with *IPA1* expression reduced by RNA interference (RNAi) (13). *IPA1* overexpression lines showed enhanced resistance and *IPA1* RNAi lines showed higher susceptibility to multiple isolates of *M. oryzae* in both detached leaves and spray-inoculated plants (Fig. 1, E to G, and figs. S1 to S3).

Because *IPA1* RNA and protein levels do not change upon *M. oryzae* infection (Fig. 2A), we investigated whether *IPA1* protein becomes phosphorylated in *ipa1-D* plants upon *M. oryzae* infection. The phosphorylated *IPA1* protein was separated from nonphosphorylated *IPA1* in a gel containing Phos-tag and detected with an *IPA1* polyclonal antibody (Ab). Phosphorylated *IPA1* protein starts to accumulate at 3 hours post-infection (hpi), peaks at 6 to 12 hpi, and then subsides to near normal levels within 48 hpi (Fig. 2B and fig. S4). A conserved serine residue exists among different SPL proteins and has been suggested as a phosphorylation site necessary for the transcriptional activity of SPL proteins (17). We therefore generated a polyclonal Ab against a 14-amino acid peptide containing phosphorylated Ser¹⁶³ (S163-P) (fig. S5A). The Ab (αIPA1S163-P) recognizes *IPA1* containing S163-P [*IPA1*(S163-P)] with high specificity. Changing S163 to alanine (S163A), which removes the ability of *IPA1* to be phosphorylated, abolished *IPA1* recognition by αIPA1S163-P (fig. S5B). In samples from *M. oryzae*-infected *ipa1-D* plants, αIPA1S163-P detected an *IPA1* phosphorylation pattern similar to that detected by using Phos-tag, peaking at 12 hpi with ~3-fold enrichment of the *IPA1* (S163-P) protein (Fig. 2C). Wild-type plants displayed a similar but weaker phosphorylation response (~2-fold enrichment) upon *M. oryzae* infection (fig. S6). These results indicate that *IPA1* S163 becomes phosphorylated upon *M. oryzae* infection in a manner similar to the overall phosphorylation pattern of *IPA1*.

We next used chromatin immunoprecipitation sequencing (ChIP-seq) to identify genes up-regulated by *IPA1* in *IPA1*-GFP plants (15). We found that defense-related genes, including transcription factor *WRKY45*, were up-regulated (fig. S7A). *WRKY45* is required for benzothiadiazole-inducible and NLR protein-mediated immunity to *M. oryzae*, and its elevated expression enhances resistance in rice (18, 19). Thus, elevated *WRKY45* expression may mediate the enhanced pathogen resistance in *IPA1* overexpression plants. Two SPL binding sites containing GTAC sequences were identified in the *WRKY45* promoter (fig. S7B). As expected, probes carrying each of these two sites bound to *IPA1* in vitro and in vivo (fig. S7, C and D). Overexpression of *IPA1* in *IPA1*-GFP plants increased *WRKY45* expression (fig. S7E), indicating that *IPA1* activates the *WRKY45* promoter. Moreover, *WRKY45* induction by *M. oryzae* infection was enhanced in *ipa1-D* plants but reduced

¹State Key Laboratory of Hybrid Rice, Key Laboratory of Major Crop Diseases and Collaborative Innovation Center for Hybrid Rice in Yangtze River Basin, Rice Research Institute, Sichuan Agricultural University at Wenjiang, Chengdu, Sichuan 611130, China. ²Department of Plant Pathology and the Genome Center, University of California, Davis, CA 95616, USA. ³State Key Laboratory of Plant Genomics and National Center for Plant Gene Research (Beijing), Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China. ⁴University of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China. ^{*}These authors contributed equally to this work. [†]Corresponding author. Email: xwchen88@163.com (X.C.); jly@genetics.ac.cn (J.L.); jingwang406@scau.edu.cn (J.W.)

Pan-genome analysis of 33 genetically diverse rice accessions reveals hidden genomic variations

Peng Qin ^{1,9,*} ✉ • Hongwei Lu ^{2,3,9} • Huilong Du ^{2,3,4,9} • **Hao Wang** ^{1,9} • Weilan Chen ^{1,9} • Zhuo Chen ^{2,3,9} • Qiang He ⁴ • Shujun Ou ⁵ • Hongyu Zhang ¹ • Xuanzhao Li ⁴ • Xiuxiu Li ^{2,3} • Yan Li ² • Yi Liao ⁶ • Qiang Gao ² • Bin Tu ¹ • Hua Yuan ¹ • Bingtian Ma ⁷ • Yuping Wang ⁸ • Yangwen Qian ⁸ • Shijun Fan ⁸ • Weitao Li ¹ • Jing Wang ¹ • Min He ¹ • Junjie Yin ¹ • Ting Li ¹ • Ning Jiang ⁸ • Xuwei Chen ⁸ • Chengzhi Liang ^{1,10,*} ✉ • Shigui Li ^{1,10,*} ✉ • Show less • Show footnotes

Published: May 28, 2021 • DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.046> •  Check for updates



Resource

Pan-genome analysis of 33 genetically diverse rice accessions reveals hidden genomic variations

Peng Qin,^{1,9,*} Hongwei Lu,^{2,3,9} Huilong Du,^{2,3,4,9} Hao Wang,^{1,9} Weilan Chen,^{1,9} Zhuo Chen,^{2,3,9} Qiang He,⁴ Shujun Ou,⁵ Hongyu Zhang,¹ Xuanzhao Li,⁴ Xiuxiu Li,^{2,3} Yan Li,² Yi Liao,⁶ Qiang Gao,² Bin Tu,¹ Hua Yuan,¹ Bingtian Ma,⁷ Yuping Wang,⁸ Yangwen Qian,⁸ Shijun Fan,⁸ Weitao Li,¹ Jing Wang,¹ Min He,¹ Junjie Yin,¹ Ting Li,¹ Ning Jiang,⁸ Xuwei Chen,⁸ Chengzhi Liang,^{2,3,*} and Shigui Li^{1,10,*}

¹State Key Laboratory of Crop Gene Exploration and Utilization in Southwest China, Rice Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan, China

²State Key Laboratory of Plant Genomics, Institute of Genetics and Developmental Biology, Innovation Academy for Seed Design, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China

³University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China

⁴School of Life Sciences, Institute of Life Sciences and Green Development, Hebei University, Baoding, China

⁵Department of Ecology, Evolution, and Organismal Biology, Iowa State University, Ames, IA, USA

⁶Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of California, Irvine, Irvine, CA, USA

⁷Biogeo Genome Editing Center, Changzhou, Jiangsu, China

⁸Department of Horticulture, Michigan State University, East Lansing, MI, USA

⁹These authors contributed equally

¹⁰Lead contact

*Correspondence: qinpeng@sicau.edu.cn (P.Q.), cliang@genetics.ac.cn (C.L.), lshigui@sicau.edu.cn (S.L.)
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.046>

SUMMARY

Structural variations (SVs) and gene copy number variations (gCNVs) have contributed to crop evolution, domestication, and improvement. Here, we assembled 31 high-quality genomes of genetically diverse rice accessions. Coupling with two existing assemblies, we developed pan-genome-scale genomic resources including a graph-based genome, providing access to rice genomic variations. Specifically, we discovered 171,072 SVs and 25,549 gCNVs and used an *Oryza glaberrima* assembly to infer the derived states of SVs in the *Oryza sativa* population. Our analyses of SV formation mechanisms, impacts on gene expression, and distributions among subpopulations illustrate the utility of these resources for understanding how SVs and gCNVs shaped rice environmental adaptation and domestication. Our graph-based genome enabled genome-wide association study (GWAS)-based identification of phenotype-associated genetic variations undetectable when using only SNPs and a single reference assembly. Our work provides rich population-scale resources paired with easy-to-access tools to facilitate rice breeding as well as plant functional genomics and evolutionary biology research.

INTRODUCTION

Structural variations (SVs) are a major source of genetic variation (Weischenfeldt et al., 2013). Increasing evidence from human studies has supported that SVs are responsible for many well-known human diseases (Weischenfeldt et al., 2013), and studies in plants have implicated SVs in various phenotypes (Lye and Purugganan, 2019). Identifying SVs based on short-read sequencing data is difficult and unreliable (Sedlazeck et al., 2018). It is therefore unsurprising that SV identification based on long-read data is now becoming increasingly popular (Ho et al., 2020), such as in human (Audano et al., 2019) and plant (Alonge et al., 2020) research. This approach enables higher sensitivity and accuracy for detecting SVs short-reads. However, even with these new long-read datasets, identification of

SVs located near repeat regions, or very large SVs, remains difficult (Ho et al., 2020).

Recently, owing to advances in high-quality genome assembly, an increasing number of plant studies based on high-quality assemblies have resolved SVs among a few accessions (Hufnagel et al., 2020; Sun et al., 2018; Wang et al., 2019; Yang et al., 2019a, 2019b; Zhou et al., 2019). However, because there are few studies based on high-quality assembly at a population-scale, it is difficult to know the true extent of genomic variation in plants (Jayakodi et al., 2020; Liu et al., 2020; Song et al., 2020; Wałkowiak et al., 2020), especially for gene copy number variations (gCNVs), which were recognized as an important source of functionally consequential genetic variations (Lye and Purugganan, 2019). Thus, building a pan-genome based on high-quality assemblies is desirable. One recent trend in



A Natural Allele of a Transcription Factor in Rice Confers Broad-Spectrum Blast Resistance

Weitao Li⁶ • Ziwei Zhu⁶ • Mawsheng Chern⁶ • Junjie Yin⁶ • Chao Yang⁶ • Li Ran⁶ • Mengping Cheng⁶ • Min He⁶ • Kang Wang⁶ • Jing Wang⁶ • Xiaogang Zhou⁶ • Xiaobo Zhu⁶ • Zhixiong Chen⁶ • Jichun Wang⁶ • Wen Zhao⁶ • Bingtian Ma⁶ • Peng Qin⁶ • Weilan Chen⁶ • Yuping Wang⁶ • Jiali Liu⁶ • Wenming Wang⁶ • Xianjun Wu⁶ • Ping Li⁶ • Jirui Wang⁶ • Lihuang Zhu⁶ • Shigui Li⁶ • Xuewei Chen⁶   • Show less • Show footnotes

Open Archive • DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2017.06.008> •  Check for updates

A Natural Allele of a Transcription Factor in Rice Confers Broad-Spectrum Blast Resistance

Weitao Li,^{1,6} Ziwei Zhu,^{1,6} Mawsheng Chern,^{2,3,6} Junjie Yin,^{1,6} Chao Yang,^{1,6} Li Ran,^{1,6} Mengping Cheng,⁴ Min He,¹ Kang Wang,¹ Jing Wang,¹ Xiaogang Zhou,¹ Xiaobo Zhu,¹ Zhixiong Chen,¹ Jichun Wang,¹ Wen Zhao,^{1,5} Bingtian Ma,¹ Peng Qin,¹ Weilan Chen,¹ Yuping Wang,¹ Jiali Liu,¹ Wenming Wang,¹ Xianjun Wu,¹ Ping Li,¹ Jirui Wang,¹ Lihuang Zhu,⁵ Shigui Li,¹ and Xuewei Chen^{1,7,*}

¹State Key Laboratory of Hybrid Rice, Key Laboratory of Major Crop Diseases and Collaborative Innovation Center for Hybrid Rice in Yangtze River Basin, Rice Research Institute, Sichuan Agricultural University at Wenjiang, Chengdu, Sichuan 611130, China

²Department of Plant Pathology, University of California, Davis, Davis, CA 95616, USA

³Joint Bioenergy Institute, Emeryville, CA 94608, USA

⁴Triticale Research Institute, Sichuan Agricultural University, Wenjiang, Chengdu, Sichuan 611130, China

⁵State Key Laboratory of Plant Genomics and National Center for Plant Gene Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

⁶These authors contributed equally

⁷Lead Contact

*Correspondence: xwchen88@163.com

<http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2017.06.008>

SUMMARY

Rice feeds half the world's population, and rice blast is often a destructive disease that results in significant crop loss. Non-race-specific resistance has been more effective in controlling crop diseases than race-specific resistance because of its broad spectrum and durability. Through a genome-wide association study, we report the identification of a natural allele of a C₂H₂-type transcription factor in rice that confers non-race-specific resistance to blast. A survey of 3,000 sequenced rice genomes reveals that this allele exists in 10% of rice, suggesting that this favorable trait has been selected through breeding. This allele causes a single nucleotide change in the promoter of the *bsr-d1* gene, which results in reduced expression of the gene through the binding of the repressive MYB transcription factor and, consequently, an inhibition of H₂O₂ degradation and enhanced disease resistance. Our discovery highlights this novel allele as a strategy for breeding durable resistance in rice.

INTRODUCTION

Despite the lack of a cellular immune system, plants share with animals an innate immune system. Plants contain two major innate immune responses: pathogen-associated molecular pattern (PAMP)-triggered immunity (PTI) (Boiler and He, 2009) and effector-triggered immunity (ETI) (Jones and Dangl, 2006). The PTI response includes activation of MAP kinases, induction of reactive oxygen species (ROS), deposition of callose, and induction of *pathogenesis-related* (PR) genes (Nünberger et al., 2004). ROS burst constitutes an early response to pathogen

attack by strengthening cell walls through cross-linking glycoproteins and by activating defense signaling components (Daudi et al., 2012).

Pathogens deliver effectors into plant cells to inhibit the host PTI response and/or to create a favoring host cell environment. Plants have developed intracellular sensors encoded by resistance (R) genes containing nucleotide-binding domain-leucine-rich repeats (NBS-LRR) that perceive pathogen effectors directly or indirectly leading to ETI (Jones and Dangl, 2006). ETI confers strong resistance, including a hypersensitive response; however, the resistance is limited to a few races of the pathogen and not durable because pathogen effectors evolve quickly (Nünberger et al., 2004). Because pyramiding R genes to combat diseases is an extremely time-consuming process, deployment of genes conferring broad-spectrum, durable resistance is highly favored by breeders.

To date, only six genes conferring non-race-specific resistance have been isolated in plants: *Arabidopsis* *RPW8.2* (Xiao et al., 2001), rice *STV11* (Wang et al., 2014), and wheat *Lr34* and *Yr36* (Fukuoka et al., 2009; Krattinger et al., 2009) are dominant genes; rice *pi21* (Fukuoka et al., 2009) and barley *mlo* (Büschges et al., 1997) act as recessive alleles. Only three have their molecular mechanisms of action elucidated. *Arabidopsis* *RPW8.2*, localized to the plant extrahaustorial membrane (EHM), activates the salicylic acid (SA)-dependent defense response, leading to broad-spectrum resistance against powdery mildew (Wang et al., 2009). Rice *STV11*, encoding a sulfotransferase, catalyzes the conversion of salicylic acid (SA) to sulphonated SA (SSA), leading to durable resistance to rice stripe virus (RSV) (Wang et al., 2014). Wheat *Yr36*, encoding a kinase-START protein, phosphorylates the thylakoid-associated ascorbate peroxidase (tAPX) in chloroplast, resulting in broad-spectrum resistance to stripe rust (Gou et al., 2015). Although some of these genes have been applied, their deployment to elite cultivars has been limited because of their close linkage to undesirable agricultural traits. For examples, wheat

OPEN

Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat

Yuanying Peng^{1,2,3,14,15} , Honghai Yan^{1,3,14}, Laichun Guo^{2,4,14}, Cao Deng^{5,6,14}, Chunlong Wang^{2,4,14}, Yubo Wang^{7,14}, Lipeng Kang^{8,9} , Pingping Zhou^{1,3}, Kaiquan Yu³, Xiaolong Dong³, Xiaomeng Liu³, Zongyi Sun¹⁰, Yun Peng³, Jun Zhao³, Di Deng³, Yinghong Xu³, Ying Li³, Qiantao Jiang^{1,3}, Yan Li¹, Liming Wei^{2,4}, Jirui Wang^{1,3}, Jian Ma^{1,3}, Ming Hao^{1,3}, Wei Li^{1,3}, Houyang Kang^{1,3}, Zhengsong Peng¹¹, Dengcai Liu^{1,3}, Jizeng Jia¹² , Youliang Zheng^{1,3}, Tao Ma¹² , Yuming Wei^{1,3,15} , Fei Lu^{8,9,13,15}  and Changzhong Ren^{2,4,15} 

Common oat (*Avena sativa*) is an important cereal crop serving as a valuable source of forage and human food. Although reference genomes of many important crops have been generated, such work in oat has lagged behind, primarily owing to its large, repeat-rich polyploid genome. Here, using Oxford Nanopore ultralong sequencing and Hi-C technologies, we have generated a reference-quality genome assembly of hulless common oat, comprising 21 pseudomolecules with a total length of 10.76 Gb and contig N50 of 75.27 Mb. We also produced genome assemblies for diploid and tetraploid *Avena* ancestors, which enabled the identification of oat subgenomes and provided insights into oat chromosomal evolution. The origin of hexaploid oat is inferred from whole-genome sequencing, chloroplast genomes and transcriptome assemblies of different *Avena* species. These findings and the high-quality reference genomes presented here will facilitate the full use of crop genetic resources to accelerate oat improvement.

Common oat (*A. sativa* L., $2n=6x=42$, AACDD genomes) is an important cereal crop cultivated worldwide and has long been prized by consumers primarily because it is one of the richest sources of protein, fat and vitamin B1 among all crops¹. In addition, oats are a widely grown cool-season annual forage species, and represent a major source of high-quality forage for livestock globally². Common oat belongs to the genus *Avena* in the grass family Poaceae, and the genus comprises a polyploid series of wild, weedy and cultivated species distributed across six continents³. The diploids have either the AA or CC genomes; the tetraploids mainly contain the AABB or CCDD⁴ (previously AAC) genomes; all hexaploid species, including common oat, share the same AACDD genomic constitutions⁵. Due to the lack of genome sequences from hexaploid oat and its close diploid and tetraploid relatives, the phylogenetic history and divergence time among the A, C and D genomic lineages remain unclear. Polyploid plants often have notable advantages in biomass production, vigor and adaptability to environmental changes, contributing to the emergence of important agronomic traits in food crops^{6–8}. Oat has good adaptability to a wide range of climatic conditions, enabling oat to reliably

produce grains in marginal regions with harsh conditions. Therefore, crop polyploidization plays an important role in next-generation crop improvement to overcome food security challenges⁹. Many genomes of commercially important crops have been sequenced and assembled, which has improved the understanding of crop evolutionary history and the development of efficient approaches for selecting important traits⁹. Oat has lagged behind in this regard, primarily due to the large genome¹⁰ that contains highly repetitive DNA sequences, and the fact that both the A- and D- subgenomes are similar to the A-genome diploid and were difficult to distinguish from one another in previous studies¹¹. Currently, relatively little is known regarding the position and distribution of genes on each of the oat chromosomes and their evolution during the polyploidization events that gave rise to the hexaploid species, which limits the full and effective utilization of oat germplasm. With the recent advances made by Oxford Nanopore Technologies (ONT), the ONT system now offers ultralong sequence reads, delivering high contiguity with low assembly errors caused by long repetitive regions¹². This technology has facilitated complete telomere-to-telomere (T2T) genome assembly in various species, including *Homo sapiens*,

¹State Key Laboratory of Crop Gene Exploration and Utilization in Southwest China, Sichuan Agricultural University, Chengdu, China. ²National Oat Improvement Center, Baicheng Academy of Agricultural Sciences, Baicheng, China. ³Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu, China. ⁴China Oat and Buckwheat Research Center, Baicheng, China. ⁵The Key Laboratory of Animal Disease and Human Health of Sichuan Province, College of Veterinary Medicine, Sichuan Agricultural University, Chengdu, China. ⁶Departments of Bioinformatics, DNA Stories Bioinformatics Center, Chengdu, China. ⁷Key Laboratory of Bio-Resource and Eco-Environment of Ministry of Education, College of Life Sciences, State Key Laboratory of Hydraulics and Mountain River Engineering, Sichuan University, Chengdu, China. ⁸State Key Laboratory of Plant Cell and Chromosome Engineering, Institute of Genetics and Developmental Biology, Innovative Academy of Seed Design, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China. ⁹University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, China. ¹⁰Grandomics Biosciences, Wuhan, China. ¹¹Panxi Crops Research and Utilization Key Laboratory of Sichuan Province, Xichang University, Xichang, China. ¹²Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China. ¹³CAS-JIC Centre of Excellence for Plant and Microbial Science (CEPAMS), Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China. ¹⁴These authors contributed equally: Yuanying Peng, Honghai Yan, Laichun Guo, Cao Deng, Chunlong Wang, Yubo Wang. ¹⁵These authors jointly supervised this work: Changzhong Ren, Fei Lu, Yuming Wei, Tao Ma, Yuanying Peng. ✉e-mail: yy.peng@hotmail.com; matao.yz@gmail.com; ywwei@scau.edu.cn; flu@genetics.ac.cn; renchangzhong@163.com

2.研究生优秀学位论文（共计 82 篇，其中国家级 4 篇，省级 7 篇）

序号	作者	专业	论文题目	指导教师	获奖年度	等级
1	卢艳丽	作物遗传育种	不同类型玉米种质分子特征分析及耐旱相关性状的连锁-连锁不平衡联合作图（全国百篇优秀博士学位论文）	荣廷昭	2012	国家级
2	王际睿	作物遗传育种	小麦种子蛋白及赤霉病抗性相关基因的分子鉴定（全国百篇优秀博士学位论文提名）	郑有良	2010	国家级
3	张连全	作物遗传育种	小麦异源六倍化过程及其在遗传育种中的应用（全国百篇优秀博士学位论文提名）	刘登才	2009	国家级
4	张海琴	作物遗传育种	小麦族狷草属植物基因组组成及其分类地位研究（全国百篇优秀博士学位论文提名）	周永红	2008	国家级
5	王益	作物遗传育种	普通小麦-华山新麦草衍生后代的细胞学鉴定和控制大豆种子低镉积累基因的克隆（四川省优秀博士论文）	周永红	2013	省级
6	欧阳鑫昊	作物遗传育种	拟南芥转录因子 <i>FHY3</i> 全基因组绑定位点分析及参与叶绿体分裂的调控机制（四川省优秀博士论文）	李仕贵	2013	省级
7	祁鹏飞	作物遗传育种	小麦醇溶蛋白和赤霉病抗性研究（四川省优秀博士论文）	郑有良	2013	省级
8	刘江	药用植物学	四川盆地麦冬种质资源的综合评价研究（四川省优秀硕士论文）	陈兴福	2011	省级
9	李净琼	作物遗传育种	一粒系小麦 β -purothionin 基因序列分析及 SNP 标记的开发（四川省优秀硕士论文）	魏育明	2011	省级
10	王纯洁	作物遗传育种	四倍体小麦和四倍体节节麦杂种同源染色体配对对 2n 配子形成的影响（四川省优秀硕士论文）	刘登才	2011	省级
11	黄化刚	植物营养	外源物质对东南景天积累 Zn/Pb 影响及其根系在铅胁迫下抗氧化代谢研究（四川省优秀硕士论文）	李廷轩	2009	省级
12	冯光燕	草学	鸭茅全基因组测序及开花分子机制研究（四川农业大学优秀博士论文）	张新全	2021	校级

13	潘玲	草学	多组学联合分析揭示多花黑麦草分析揭示抗旱响应机制（四川农业大学优秀博士论文）	张新全	2020	校级
14	赵欣欣	草学	鸭茅开花相关性状 QTL 定位及其候选基因关联分析（四川农业大学优秀博士论文）	张新全	2018	校级
15	李州	草学	亚精胺参与调控白三叶抗旱机制研究（四川农业大学优秀博士论文）	彭燕	2016	校级
16	曾兵	草业科学	鸭茅种质资源遗传多样性的分子标记及优异种质评价（四川农业大学优秀博士论文）	张新全	2008	校级
17	李其	草学	杯腺柳根系分泌物诱导的激发效应及其对根际土壤碳氮转化的影响（四川农业大学优秀硕士论文）	刘琳	2022	校级
18	许肖恒	草学	基于 RNA-seq 解析鸭茅的分蘖调控机制（四川农业大学优秀硕士论文）	张新全	2021	校级
19	雍斌	草学	白三叶焦磷酸酶基因克隆与功能初步验证（四川农业大学优秀硕士论文）	彭燕	2019	校级
20	李小梅	草学	多花黑麦草产量品质对氮肥运筹的响应及其微生物发酵机理研究（四川农业大学优秀硕士论文）	闫艳红	2019	校级
21	严海东	草学	柳枝稷内参基因筛选及 NAC、HSP20 基因家族挖掘与表达分析（四川农业大学优秀硕士论文）	黄琳凯	2018	校级
22	黄 秀	草学	高牛鞭草基因资源挖掘及分子遗传多样性研究（四川农业大学优秀硕士论文）	黄琳凯	2016	校级
23	汪 霞	草学	多花黑麦草耐盐评价及相关抗氧化酶基因表达分析（四川农业大学优秀硕士论文）	张新全	2015	校级
24	陈婷婷	草业科学	紫花苜蓿乙烯应答因子对植物耐盐性影响的研究及 <i>MsWRKY56</i> 基因的克隆分析（四川农业大学优秀硕士论文）	张新全	2012	校级
25	江千涛	作物遗传育种	小麦种子储藏蛋白基因的分子鉴定与进化研究（四川农业大学优秀博士论文）	郑有良	2010	校级

26	卢艳丽	作物遗传育种	不同类型玉米种质分子特征分析及耐旱相关性状的连锁-连锁不平衡联合作图（四川农业大学优秀博士学位论文）	荣廷昭	2011	校级
27	王平荣	作物遗传育种	水稻 824ys 黄绿叶突变基因的图位克隆及功能分析（四川农业大学优秀博士学位论文）	邓晓建	2011	校级
28	董攀	作物遗传育种	以色列野生二粒小麦遗传多样性及模式种短柄草和根系研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	郑有良	2011	校级
29	欧阳鑫昊	作物遗传育种	拟南芥转录因子 FHY3 全基因组绑定定位点分析及参与叶绿体分裂的调控机制（四川农业大学优秀博士学位论文）	李仕贵	2012	校级
30	祁鹏飞	作物遗传育种	小麦醇溶蛋白和赤霉病抗性研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	郑有良	2012	校级
31	李伟滔	作物遗传育种	大麦非生物胁迫相关 QTL 元分析及其 AP2 和 USP 基因的分子鉴定（四川农业大学优秀博士学位论文）	魏育明	2012	校级
32	徐应文	药用植物学	鱼腥草单萜次生代谢研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	吴卫	2012	校级
33	余秀梅	作物遗传育种	有益农用微生物资源鉴定和相关基因的克隆及其功能验证（四川农业大学优秀博士学位论文）	李平	2012	校级
34	王益	作物遗传育种	普通小麦—华山新麦草衍生后代的细胞学鉴定和控制大豆种子低镉积累基因的克隆（四川农业大学优秀博士学位论文）	周永红	2012	校级
35	张静	作物栽培学与耕作学	弱光下干旱对夏大豆水分利用与光合生产的影响及其机理研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	杨文钰	2012	校级
36	杜海	作物遗传育种	MYB 转录因子家族的分子进化机制及参与调控类黄酮生物合成 MYB 基因的克隆和鉴定（四川农业大学优秀博士学位论文）	黄玉碧	2013	校级
37	陈光登	作物遗传育种	大麦抗镰刀菌型茎基腐病遗传及其与重要农艺性状间关系（四川农业大学优秀博士学位论文）	郑有良	2013	校级
38	侯凯	药用植物学	川白芷资源评价与植物激素对其生长发育和产量品质的影响（四川农业大学优秀博士学位论文）	吴卫	2013	校级

39	覃成	作物遗传育种	基于栽培辣椒和野生辣椒的全基因组测序揭示辣椒属的驯化与特异性（四川农业大学优秀博士学位论文）	潘光堂	2014	校级
40	涂斌	作物遗传育种	木聚糖水解酶基因 OsXYN1 的功能解析及两个核苷酸转移酶介导 miRNA 降解的研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	李仕贵	2015	校级
41	张亮	作物遗传育种	不同小麦品种及轮回选择群体早期生长势的比较（四川农业大学优秀博士学位论文）	刘登才	2015	校级
42	马建	作物遗传育种	麦类作物染色体重排与淀粉代谢相关基因的鉴定（四川农业大学优秀博士学位论文）	郑有良	2015	校级
43	陈江	作物遗传育种	ZmbZIP91 转录因子调控玉米淀粉合成的功能鉴定及机理解析（四川农业大学优秀博士学位论文）	黄玉碧	2015	校级
44	李文博	作物遗传育种	PTB1 基因控制水稻结实率的分子机制及其调控网络（四川农业大学优秀博士学位论文）	李平	2016	校级
45	王丽	作物栽培学与耕作学	穗后弱光胁迫对杂交稻稻米淀粉品质与产量形成的影响及其生理响应机制（四川农业大学优秀博士学位论文）	任万军	2016	校级
46	杜安平	作物遗传育种	转录因子 DTH8 抑制开花的分子机制及其在杂交水稻育种中的应用（四川农业大学优秀博士学位论文）	李仕贵	2017	校级
47	周晓钢	作物遗传育种	水稻非小种特异性抗性突变体 bsr-k1 的基因克隆与分子机制研究与四个类受体胞内激酶参与调节水稻生长发育与免疫反应的研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	陈学伟	2017	校级
48	赵俊茗	作物遗传育种	水稻抽穗期相关基因 OsELF3-1 的功能研究和 Osa-miR393a 在多年生草坪草的应用（四川农业大学优秀博士学位论文）	李仕贵	2018	校级
49	傅竞也	作物遗传育种	玉米萜类植保素生物合成转录调控机制研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	王强	2019	校级
50	郭超	作物遗传育种	薏苡全基因组草图构建及其纸壳驯化性状的遗传解析与定位（四川农业大学优秀博士学位论文）	荣廷昭	2020	校级

51	蒋云峰	作物遗传育种	西藏半野生小麦脆穗性主效位点 Qbr.sau-5A 的定位与克隆（四川农业大学优秀博士学位论文）	郑有良	2020	校级
52	胡丽	作物遗传育种	丙酮酸激酶复合体调控水稻籽粒灌浆的分子机制研究（四川农业大学优秀博士学位论文）	李仕贵	2020	校级
53	李净琼	作物遗传育种	一粒系小麦 β -purothionin 基因序列分析及 SNP 标记的开发（四川农业大学优秀硕士学位论文）	魏育明	2010	校级
54	黎开强	药用植物学	川产贝母属植物遗传多样性及温光对川贝母生长发育的影响（四川农业大学优秀硕士学位论文）	吴卫	2010	校级
55	王纯洁	作物遗传育种	四倍体小麦和四倍体节节麦杂种同源四倍体配对对 2N 配子形成的影响（四川农业大学优秀硕士学位论文）	刘登才	2011	校级
56	蔡乾蓉	药用植物学	紫苏属植物主要农艺性状和化学成分研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	吴卫	2011	校级
57	刘江	药用植物学	四川盆地麦冬种质资源的综合评价研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	陈兴福	2011	校级
58	王培	作物遗传育种	玉蜀黍属物种间遗传关系的 RAPD 和 ITS 序列分析（四川农业大学优秀硕士学位论文）	唐祈林	2012	校级
59	邹元锋	药用植物学	九寨刀党质量评价研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	陈兴福	2012	校级
60	伍娟	作物遗传育种	蜡梅天然居群叶挥发油提取工艺优化及其成分多样性分析（四川农业大学优秀硕士学位论文）	伍碧华	2012	校级
61	谢全	作物遗传育种	普通小麦-黑麦-华山新麦草衍生后代大粒株系鉴定与黑麦染色体遗传行为研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	周永红	2013	校级
62	邹宇婷	药用植物学	蕞菜属不同钾效率基因型特性研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	吴卫	2013	校级

63	严奉君	作物栽培学与耕作学	秸秆覆盖与水氮管理对水稻产量与米质及土壤理化性质的影响（四川农业大学优秀硕士学位论文）	孙永健	2015	校级
64	王朗	作物遗传育种	节节麦形态学性状和苗期耐低磷相关性状的全基因组关联分析（四川农业大学优秀硕士学位论文）	郑有良	2015	校级
65	王丹	药用植物学	钼催化的室温 suzuki 反应及基于产物结构的靶标受体蛋白的虚拟筛选（四川农业大学优秀硕士学位论文）	高峰	2015	校级
66	刘波	作物	机械化播栽对杂交水稻根系性状及产量的影响（四川农业大学优秀硕士学位论文）	马荣朝	2015	校级
67	孟永杰	作物栽培学与耕作学	Karrikins 抑制大豆种子萌发与早期幼苗形态建成的机理研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	杨文钰	2016	校级
68	傅竞也	作物遗传育种	玉米贝壳杉烯合酶功能鉴定及 kauralexins 关键酶基因 An2 启动子分析（四川农业大学优秀硕士学位论文）	王强	2016	校级
69	瞿静涛	作物遗传育种	高通量 Indel 分子标记开发体系的建立及应用（四川农业大学优秀硕士学位论文）	荣廷昭	2016	校级
70	田鑫川	药用植物学	铜活化 C-B/C-H 偶联反应研究（四川农业大学优秀硕士学位论文）	高峰	2016	校级
71	吴海军	作物栽培学与耕作学	西南黑豆种质资源的品质分析及其耐荫性评价（四川农业大学优秀硕士学位论文）	刘江	2017	校级
72	任飞	作物遗传育种	玉米萜烯合酶 ZmTPS7 、 ZmKSL2 及 ZmKSL4 的功能鉴定（四川农业大学优秀硕士学位论文）	王强	2017	校级

73	范元芳	作物栽培学与耕作学	套作种植下大豆叶片结构、光合生理特性的响应及蛋白质组学分析（四川农业大学优秀硕士论文）	杨峰	2018	校级
74	石辉	作物遗传育种	水稻转录因子 IPA1 和激酶 OsBSK1-2 对水稻免疫反应的调控作用（四川农业大学优秀硕士论文）	陈学伟	2018	校级
75	秦雯婷	药用植物学	大豆苯丙烷代谢对荫蔽信号的响应及其耐荫调控机理研究（四川农业大学优秀硕士论文）	刘江	2018	校级
76	石峰	作物	栽培技术优化对川泽泻生长及产、质量影响（四川农业大学优秀硕士论文）	陈兴福	2018	校级
77	周练	作物遗传育种	两个抗病相关基因平衡水稻产量和抗性分子机制的初步研究（四川农业大学优秀硕士论文）	陈学伟	2019	校级
78	胡红梅	作物遗传育种	玉米幼胚愈伤组织诱导中组蛋白去乙酰化酶 HDT102 和 HDT3 基因的功能研究（四川农业大学优秀硕士论文）	沈亚欧	2019	校级
79	周文冠	作物	DA-6 介导脂肪酸和糖代谢进而促进老化大豆种子萌发和幼苗建成（四川农业大学优秀硕士论文）	舒凯 刘卫国	2019	校级
80	李菁	作物遗传育种	中国特有小麦条锈病抗性评价及成株期抗性全基因组关联分析（四川农业大学优秀硕士论文）	陈国跃	2020	校级
81	Muhammad Ahsan Asghar	作物栽培学与耕作学	Physiological responses of soybean seedlings to the interactive effect of shade and drought stresses（四川农业大学优秀硕士论文）	杜俊波	2020	校级
82	李思佳	作物	有机无机肥配施对川麦冬生长、产量和质量的影响（四川农业大学优秀硕士论文）	陈兴福	2020	校级

3.研究生获得部省级奖励

序号	奖励类别	获奖等级	获奖项目名称	获奖人	获奖年度	授予部门
1	国家科技进步二等奖	二等	青藏高原特色牧草种质资源挖掘及育种应用	马啸 游明鸿 鄢佳俊	2018	中华人民共和国国务院
2	四川省科技进步奖	一等	川西北高原牧草种质资源收集评价、新品种选育及产业化示范	游明鸿 鄢佳俊	2009	四川省人民政府
3	四川省科技进步奖	一等	小麦重要育种目标性状基因的鉴定与利用	颜泽洪 江千涛	2011	四川省人民政府
4	四川省科技进步奖	一等	小麦近缘资源发掘及种质创新与利用	江千涛	2016	四川省人民政府
5	四川省科技进步奖	一等	高抗优质超级稻恢复系雅恢 2115 的创制与应用	李德强 钦鹏	2019	四川省人民政府
6	四川省科技进步奖	一等	水稻广谱抗病的分子遗传基础	李伟滔 朱孝波 尹俊杰	2020	四川省人民政府
7	神农中华农业科技奖	二等	高抗优质超级稻恢复系雅恢 2115 的创制与应用	李德强 钦鹏	2019	中华人民共和国农业农村部、中国农学会
8	四川省科技进步奖	三等	燕麦属物种种质资源评价与创新利用	彭远英	2019	四川省人民政府
9	第十四届四川省青年科技奖	/	/	李伟滔	2018	中国四川省委组织部、四川省人力资源和社会保障厅、四川省科学技术协会

10	第十五届四川省青年科技奖	/	/	黄琳凯	2020	中国四川省委组织部、四川省人力资源和社会保障厅、四川省科学技术协会
11	川渝科学技术大会奖	特等奖	/	钦鹏	2021	重庆科学技术协会、四川省科学技术协会
12	2018 年度中国作物科技奖	/	高抗优质超级稻恢复系雅恢 2115 的创制与应用	李德强、钦鹏	2018	中国作物学会
13	中国产学研合作创新与促进奖	二等奖	优质高配合力不育系金龙 A 的选育与产业化应用	涂斌	2022	中国产学研促进会
14	先正达齐尔顿奖学金	/	/	朱紫薇	2017	先正达
15	王栋奖学金	/	/	曾泰儒	2020	中国草学会
16	王栋奖学金	/	/	关皓	2019	中国草学会
17	王栋奖学金	/	/	程碧真 雍斌	2018	中国草学会
18	王栋奖学金	/	/	潘玲	2017	中国草学会
19	王栋奖学金	/	/	赵欣欣	2016	中国草学会
20	王栋奖学金	/	/	严海东	2015	中国草学会
21	王栋奖学金	/	/	黄秀	2014	中国草学会
22	王栋奖学金	/	/	蒋林峰 李州	2013	中国草学会
23	王栋奖学金	/	/	陈仕勇	2011	中国草学会
24	王栋奖学金	/	/	黄琳凯 谢文刚	2009	中国草学会
25	王栋奖学金	/	/	曾兵	2007	中国草学会
26	王栋奖学金	/	/	刘金平	2006	中国草学会



国家科学技术进步奖 证 书

为表彰国家科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

项目名称：青藏高原特色牧草种质资源挖掘
与育种应用

奖励等级：二等

获 奖 者：四川农业大学



2017年12月6日

证书号：2017-J-203-2-02-D02



获 奖 项 目：川西北高原牧草种质资源收集评价、新品种选育及产业化示范

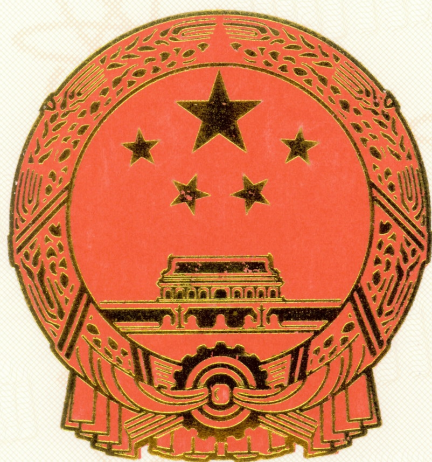
获 奖 单 位：四川农业大学

奖 励 等 级：一 等

奖 励 日 期：二 0 0 九 年

证 书 号：畜-1-02-02





获 奖 项 目：小麦重要育种目标性状基因的鉴定与利用

获 奖 单 位：四川农业大学

奖 励 等 级：一 等

奖 励 日 期：二 0 一 一 年

证 书 号：理-1-02-01





四川省科学技术进步奖 证 书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，特颁发
此证书。

奖励类别：科技进步类

项目名称：小麦近缘资源发掘及种质创新与利用

奖励等级：一 等

获 奖 者：四川农业大学



证书号：2016-J-1-17-D01



四川省科学技术进步奖 证书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

奖励类别：科技进步类

项目名称：高抗优质超级稻恢复系雅恢 2115 的
创制与应用

奖励等级：一 等

获 奖 者：钦 鹏



证书号：2018-J-1-22-R04



四川省科学技术进步奖 证书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

奖励类别：科技进步类

项目名称：高抗优质超级稻恢复系雅恢 2115 的
创制与应用

奖励等级：一 等

获 奖 者：李德强



证书号：2018-J-1-22-R03



四川省科学技术进步奖 证 书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

奖励类别：自然科学类

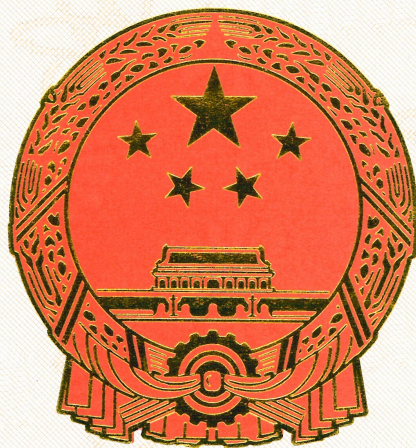
项目名称：水稻广谱抗病的分子遗传基础研究

奖励等级：一 等

获 奖 者：朱孝波（四川农业大学）



证书号：2020-Z-1-02-R04



四川省科学技术进步奖 证书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

奖励类别：自然科学类

项目名称：水稻广谱抗病的分子遗传基础研究

奖励等级：一 等

获 奖 者：尹俊杰（四川农业大学）

证书号：2020-Z-1-02-R05



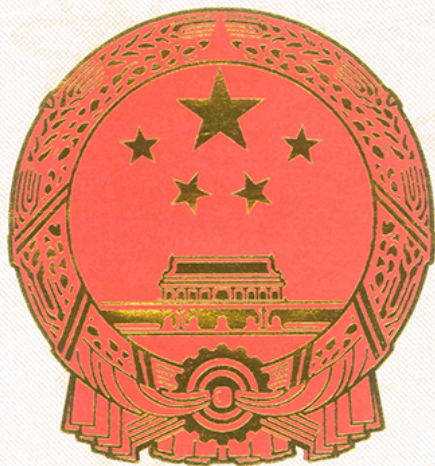
神农中华农业科技奖 证书

为表彰在我国农业科学
技术进步工作中做出突出贡
献的获奖者，特颁发此证书，
以资鼓励。

成果名称：高抗优质超级稻恢复系雅
恢 2115 的创制与应用
奖励等级：二等奖
获奖者：李德强（第 3 完成人）
获奖者单位：四川农业大学

证书编号：2019-KJ080-2-R03





四川省科学技术进步奖 证 书

为表彰四川省科学技术进步奖获得者，
特颁发此证书。

奖励类别：科技进步类

项目名称：燕麦属物种种质资源评价与创新利用

奖励等级：三 等

获 奖 者：四川农业大学



证书号：2018-J-3-137-D01

证书

授予：李伟滔 同志

第十四届四川省青年科技奖



中共四川省委组织部



四川省人力资源和社会保障厅



四川省科学技术协会

二〇一六年一月

证书

授予：黄琳凯 同志

第十五届四川省青年科技奖



中共四川省委组织部



四川省人力资源和社会保障厅



四川省科学技术协会

二〇二〇年十二月

荣誉证书

HONORARY CREDENTIAL

钦鹏、鲁宏伟、社会龙、梁承志、李仕贵：

你的论文《Pan-genome analysis of 33 genetically diverse rice accessions
reveals hidden genomic variations》在2021川渝科技学术大会中荣获

特等奖

特发此证，以资鼓励。



证书



为表彰在推动作物科学技术进步、对我国经济建设和社会发展作出贡献者，特颁此证，以资鼓励。

获奖项目：高抗优质超级稻恢系雅恢2115的创制与应用

完成单位：四川农业大学

主要完成人：黄 富，彭友良，李德强，钦 鹏，
江青山，杨 莉，曾 波，毛双林，
任万军，王文明，岳元文

2018 年度中国作物科技奖

证书编号：2018-KJ—2



国科奖社证字第0191号

**2021年中国产学研合作创新与促进奖
产学研合作创新成果奖
获奖证书**

为表彰在产学研深度融合中取得的重要科技创新成果，
特颁发此证书。

项目名称：优质高配合力不育系金龙A的选育研究与产业化应用

奖项等级：二等奖

完成单位：肇庆学院、

中国种子集团有限公司生命科学技术中心、

中种华南（广州）种业有限公司、

四川川种种业有限公司、

四川农业大学

主要完成人：李新昌、周 华、杨 毅、刘 明、陈德清、

涂 斌、陈晓慧、谭芷晴、周丽萍、王绥军

证书号：20216172

中国产学研合作促进会

2022年1月





Certificate

of

Syngenta Mary-Dell Chilton
Graduate Scholarship

Dear Ziwei,

Congratulations for your outstanding achievements, which have been recognized by the award of a Syngenta Mary-Dell Chilton Graduate Scholarship. I hope that this award may further your education, your research experience and your interest in plant science.

By the year 2050 the world is projected to have a population of 9 billion people, an increase of about 30% over what we have today. This population growth will pose for agricultural science the challenge of increasing food production by 30% over the next three decades. We cannot meet this challenge by simply increasing agricultural inputs: we are already reaching the limits of available farm land and water. We must meet the challenge of the future by improving the productivity of our crops and farming practices. We must do more with less. I am confident that the ingenuity of young people like you will find ways to deal with these challenges. It will not be easy, but you can do it, and you must never doubt that your skills and imagination will be needed, perhaps desperately needed.

I have one more thought that I want to share with you: in my experience, solving problems is the most rewarding activity of a lifetime. I have enjoyed research enormously. I think that you will too. As a winner of one of the Syngenta Mary-Dell Chilton Graduate Scholarships, you have already shown great promise. I look forward to a bright future from you.

With high hopes and best wishes,

Sincerely yours,



Mary-Dell Chilton

This is to award

Ziwei Zhu

at

Sichuan Agricultural University

in recognition of your
outstanding performance and
dedication in your postgraduate
research project

The certificate of recognition is
presented by

Syngenta Beijing Innovation Center

On

12/30/2017



Bei Zhang
Head of Syngenta Beijing Innovation Center



The Wang Dong Grass Science Scholarship Committee
Chinese Grassland Society
Nanjing Agricultural University

2018

Wang Dong Grass Science Scholarship

Presented to

Cheng Bizhen

Supervisor: Prof. Peng Yan
Sichuan Agricultural University

Prof. Ben Jichao

Academician of Chinese Academy of Engineering



王棟獎學金
(2018年度)

获奖学生: 程碧貞
导师: 彭燕
单位: 四川农业大学

王棟獎學金管理委員會
中國草學會
南京農業大學

二〇一九年十一月



The Wang Dong Grass-Science Scholarship Committee
Chinese Grassland Society
Nanjing Agricultural University

2017

Wang Dong Grass-Science Scholarship

Presented to

Yong Bin

Supervisor: Prof. Peng Yan
Sichuan Agricultural University

Prof. Ren Jizhou
Academician of Chinese Academy of Engineering



王棟獎學金

(2017年度)

获奖学生：潘 玲

导师：张新全

单位：四川农业大学

王棟獎學金管理委員會
中 國 草 學 會
南 京 農 業 大 學

二〇一八年 十一月



王栋奖学金
(2016年度)

获奖学生：赵欣欣
导师：张新全
单位：四川农业大学

王栋奖学金管理委员会
中国草学会
南京农业大学

二〇一七年十一月



The Wang Dong Grass-Science Scholarship Committee
Chinese Grassland Society
Nanjing Agricultural University

2016

Wang Dong Grass-Science Scholarship

Presented to

Zhao Xinxin

Supervisor: Prof. Zhang Xinquan
Sichuan Agricultural University

Prof. Ren Jizhou
Academician of Chinese Academy of Engineering



王 栋 奖 学 金

(2015年度)

获奖学生：严海东

导 师：黄瑾凯

单 位：四川农业大学

王栋奖学金管理委员会
中 国 草 学 会
南 京 农 业 大 学

二〇一六年 五月



王 栋 奖 学 金

(2014年度)

获奖学生：黄 秀

导 师：黄琳凯

单 位：四川农业大学

王栋奖学金管理委员会
中 国 草 学 会
南 京 农 业 大 学

二〇一五年 五月



王 栋 奖 学 金

(2013年度)

获奖学生：蔺林峰

导 师：张新全

单 位：四川农业大学

王栋奖学金管理委员会
中 国 草 学 会
南 京 农 业 大 学

二〇一四年五月



王 栋 奖 学 金

(2013年度)

获奖学生：李 州

导 师：彭 燕

单 位：四川农业大学

王栋奖学金管理委员会
中 国 草 学 会
南 京 农 业 大 学

二〇一四年五月

中国草学会王栋奖学金证书

编号: WDG11002

No. WDG11002

Certificate of Scholarship Award

经学术委员会评审, 四川农业大学博士生陈仕勇 (导师:
张新全) 荣获 2011 年度中国草学会王栋奖学金, 以资鼓励。

Presented by the Academic Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship to
Shiyong Chen (supervisor: Xinquan Zhang), Sichuan Agricultural University, for his
outstanding achievements as a graduate student in 2011.

中国草学会

Chinese Grassland Society

2012 年 11 月

November, 2012

中国草学会王栋奖学金证书

Certificate of Scholarship Award

编号：WDG08005

No. WDG08005

经学术委员会评审，四川农业大学博士生黄琳凯（导师：
张新全）荣获2008年度中国草学会王栋奖学金，以资鼓励。

Presented by the Academic Committee of Wang Dong Grass-
Science Scholarship to Linkai Huang (supervisor: Xinquan Zhang),
Sichuan Agricultural University, for his outstanding achievements as a
graduate student in 2008.

中国草学会

China Grassland Society

2009年3月

March, 2009

荣誉证书

证书编号 (Certificate NO.): WDG09008

中国草学会王栋奖学金证书

Certificate of Scholarship Award

经学术委员会评审，四川农业大学博士生谢文刚（导师：张新全）荣获 2009 年度中国草学会王栋奖学金，以资鼓励。

Presented by the Academic Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship to Wengang Xie (supervisor: Xinquan Zhang), Sichuan Agricultural University, for his outstanding achievements as a graduate student in 2009.



中国草学会
China Grassland Society

2010 年 5 月

May, 2010

证书编号: WD07004
Certificate NO.: WD07004

荣誉证书

王栋草业科学奖金证书

Certificate of Scholarship Award

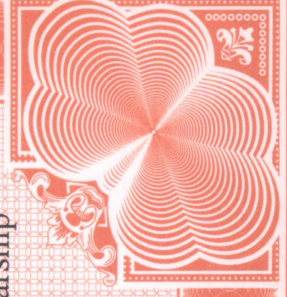
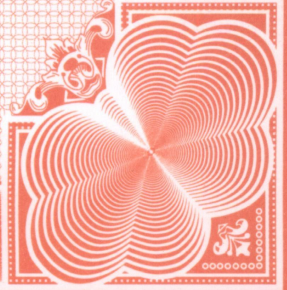
经专家委员会评审, 授予四川农业大学博士生曾兵 (导师: 张新全教授) 2007 年度王栋草业科学奖学金, 以资鼓励。
Presented by the Administration Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship to Bing Zeng (supervisor: Prof. Xinquan Zhang) for his outstanding achievement during his doctoral course in Sichuan Agricultural University.

王栋草业科学奖金管理委员会主任: 任强周

Director of the Administration Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship

2007 年 12 月 9 日

Dec. 9, 2007



荣誉证书

证书编号 (Certificate NO.): WD06003

王栋草业科学奖学金证书

Certificate of Scholarship Award

经专家委员会评审，授予四川农业大学博士生刘金平（导师：张新全教授）2006 年度王栋草业科学奖学金，以资鼓励。

Presented by the Administration Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship to Jinping Liu (supervisor: Prof. Xinquan Zhang) for his outstanding achievement during his doctoral course in Sichuan Agricultural University.

王栋草业科学奖学金管理委员会主任：



Director of the Administration Committee of Wang Dong Grass-Science Scholarship

2006 年 6 月 24 日

June 24, 2006

4. 研究生参与品种选育情况

2010-2021 年期间，研究生参与选育品种 167 个，其中国家级品种 57 个。

序号	品种名称	审定时间	审定单位	审定编号	审定等级	本校排名
1	川选 1 号苦苣菜	2018-08-15	全国草品种审定委员会	557	国家级	第一单位
2	攀西蓝花子	2019-12-12	全国草品种审定委员会	584	国家级	
3	蜀草 1 号高粱-苏丹草杂交种	2018-08-15	全国草品种审定委员会	551	国家级	
4	丰瑞德红三叶	2018-08-15	全国草品种审定委员会	546	国家级	
5	康北垂穗披碱草	2017-07-17	全国草品种审定委员会	527	国家级	第一单位
6	川西狗牙根	2017-07-17	全国草品种审定委员会	529	国家级	第一单位
7	阿鲁巴鸭茅	2016-07-21	全国草品种审定委员会	500	国家级	第一单位
8	滇北鸭茅	2014-05-31	全国草品种审定委员会	464	国家级	第一单位
9	宝兴鸭茅	1999-12-10	全国草品种审定委员会	197	国家级	第一单位
10	雅安扁穗牛鞭草	2009-04-17	全国草品种审定委员会	363	国家级	第一单位
11	川南狗牙根	2007-11-29	全国草品种审定委员会	354	国家级	第一单位
12	安第斯多花黑麦草	2020-12-03	全国草品种审定委员会	595	国家级	第一单位
13	川单 189	2011-10-08	国家品种审定委员会	国审玉 2011020	国家级	第一单位

14	F 优 498（国审）	2011-10-08	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 2011006	国家级	第一单位
15	川谷优 204	2011-10-08	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 2011010	国家级	第一单位
16	川谷优 202	2010-09-09	农业部国家农业品种审定委员会	国审稻 2010038	国家级	第一单位
17	冈香 707	2010-09-06	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 2010007	国家级	第一单位
18	荣玉甜 1 号	2012-12-24	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 2012020	国家级	第一单位
19	川农优 298	2013-01-01	国家农作物品种审定委员会	国审稻 2012004	国家级	第一单位
20	川谷优 538	2012-11-26	国家农作物品种审定委员会	国审稻 2012033	国家级	第一单位
21	内香 6 优 498	2013-10-18	国家品种审定委员会	国审稻 2013007	国家级	第一单位
22	广优 498	2013-10-15	农业部	国审稻 2013009	国家级	第一单位
23	川谷优 918（国家级）	2013-10-18	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 2013004	国家级	第一单位
24	内 6 优 538	2015-01-19	农业部国家农作物品种审定委员	国审稻 2014010	国家级	第一单位
25	荣玉糯 9 号	2014-12-30	国家农作物品种审定委员会	国审玉 2014027	国家级	第一单位
26	蜀优 217	2015-08-25	国家农作物品种审定委员会	2015013	国家级	第一单位
27	荣玉 1210	2015-09-02	国家农作物品种审定委员会	国审玉 2015026	国家级	第一单位
28	川农优 3203	2015-10-30	农业部	国审稻 2015012	国家级	第一单位

29	川中鹅观草	2015-08-10	农业部草品种审定委员会	491	国家级	第一单位
30	泸优 257	2016-12-01	国家品种审定委员会	国审稻 2016009	国家级	第一单位
31	荣玉甜 9 号	2017-06-29	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20170036	国家级	第一单位
32	荣玉青贮 1 号	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20180178	国家级	第一单位
33	川单 308	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20180322	国家级	第一单位
34	川农 32	2018-05-01	国家农作物品质审定委员会	国审麦 20180002	国家级	第一单位
35	SAU1402	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20180126	国家级	第一单位
36	双优 573	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20180014	国家级	第一单位
37	雅 7 优 2117	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20180015	国家级	第一单位
38	蓉 7 优 2117	2018-09-17	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20180017	国家级	第一单位
39	荃优 548	2019-10-31	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20190065	国家级	第一单位
40	SAU1906	2019-03-15	老挝国家农林部种植业司	00081 S / MAF	国家级	第一单位
41	川农优 308	2019-10-31	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20190032	国家级	第一单位
42	川 345 优 2115	2019-10-31	国家农作物品质审定委员会	国审稻 20190003	国家级	第一单位
43	玉草 5 号玉米-摩擦禾-大刍 草杂交种	2019-11-01	国家草品种审定委员会	579	国家级	第一单位

44	SAU801	2019-12-18	老挝国家农林部种植业司	00098S/MAF	国家级	第一单位
45	SAU805	2019-12-18	老挝国家农林部种植业司	00099S/MAF	国家级	第一单位
46	蓉 7 优 313	2019-10-31	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20190058	国家级	第一单位
47	迷科乌洋芋	2020-11-12	中华人民共和国农业农村部	GDP 马铃薯 (2020)510110	国家级	第一单位
48	华龙油 520	2020-12-31	农业农村部	GPD 油菜 (2020) 510308	国家级	第一单位
49	华晶油 100	2020-12-31	农业农村部	GPD 油菜 (2020) 510309	国家级	第一单位
50	蓉 7 优 505	2020-11-26	国家农作物品质审定委员会	国审稻 20200081	国家级	第一单位
51	蜀优 975	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20200089	国家级	第一单位
52	蜀优 938	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审稻 20200005	国家级	第一单位
53	川青 8 号	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20200563	国家级	第一单位
54	金荣青贮一号	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20200561	国家级	第一单位
55	荣玉 98	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20200416	国家级	第一单位
56	荣玉 1410	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20200408	国家级	第一单位
57	荣玉丰赞	2020-11-26	农业部国家农作物品种审定委员会	国审玉 20200422	国家级	第一单位

5.学生参与研制的技术

共参与研制技术 24 项，其中国家级 3 项。

序号	成果名称	成果类型	第一完成人	年度
1	南方大豆间套作栽培技术	国家级	杨文钰	2012
2	大豆带状复合种植	国家级	杨文钰	2013
3	玉米-大豆带状复合种植技术	国家级	舒凯	2016
4	水稻优化定抛技术	省级	任万军	2013
5	旱地“麦（芋）/玉/豆/芋”复合高产高效种植技术	省级	杨文钰	2013
6	玉米覆盖增密高产栽培技术	省级	黄玉碧	2013
7	玉米-大豆带状复合种植技术	省级	杨文钰	2013
8	水稻超高产强化栽培技术	省级	马均（男）	2014
9	水稻超高产强化栽培技术（2016）	省级	马均（男）	2016
10	水稻全程机械化生产技术	省级	马均（男）	2016
11	两季田水稻节水节肥高产高效栽培技术（2017）	省级	马均（男）	2017
12	水稻全程机械化生产技术（2017）	省级	马均（男）	2017
13	油菜全程机械化轻简高效生产技术	省级	吴永成	2017
14	优质稻保优提质绿色高效栽培技术	省级	任万军	2018
15	马铃薯原种高效扩繁关键技术	省级	郑顺林	2018
16	玉米全程机械化生产技术	省级	袁继超	2018
17	油菜全程机械化轻简高效生产技术（2018 年）	省级	吴永成	2018
18	油菜全程机械化轻简高效生产技术（2019-2020 年）	省级	吴永成	2019
19	优质杂交稻保优提质绿色高效栽培技术	省级	任万军	2019
20	杂交稻暗化催芽无纺布覆盖高效育秧技术	省级	陈勇	2019
21	油菜全程机械化轻简高效生产技术（2020-2021）	省级	吴永成	2020
22	青贮玉米-青贮大豆带状间作全程机械化技术	省级	刘卫国	2020
23	四川盆周山区马铃薯超高产栽培技术	省级	郑顺林	2020
24	玉米大豆带状复合种植绿色防控技术	省级	尚静	2020

6.研究生参加代表性国际学术会议并做报告 27 次

序号	报告名称	会议名称及地点	报告时间	报告人	报告类型
1	Genome-wide association analysis for pre-harvest sprouting resistance in a large germplasm collection of Chinese wheat landrace	第 13 届国际谷物穗发芽大会, 澳大利亚珀斯	201609	周勇	大会报告
2	Population structure and association study of resistance to stress traits using germplasm from southwest China	2016 年 Sicaú-DuPont Pioneer 玉米遗传与分子育种研讨会, 中国成都	201609	张啸	大会报告
3	Research progress of panicoideae evolution and papery hull domestication	2016 年 Sicaú-DuPont Pioneer 玉米遗传与分子育种研讨会, 中国成都	201609	郭超	大会报告
4	Regulation and genomic selection of genetic basis of maize endosperm	2016 年 Sicaú-DuPont Pioneer 玉米遗传与分子育种研讨会, 中国成都	201609	汪青军	大会报告
5	Genetic structure and association analysis for resistant stress in maize of southwest China	2016 年 Sicaú-DuPont Pioneer 玉米遗传与分子育种研讨会, 中国成都	201609	罗博文	大会报告
6	Influence mechanism of light recovery after shading on compensation growth of soybean	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	吴雨珊	大会报告
7	Maize dwarf gene <i>d2014</i> regulates internode elongation	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	张向歌	大会报告
8	Maize terpenoid phytoalexin biosynthesis	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	傅竞也	大会报告
9	ZmMYB14 and ZmNAC126 participate in the regulation of maize starch synthesis	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	肖前林	大会报告
10	Water use efficiency in maize-soybean relay strip intercropping systems	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	Tanzeelur Rahman	大会报告

11	QTL mapping of Fusarium head blight resistance on wheat chromosome 2B	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	Syeda Akash Fatima	大会报告
12	Receptor-like cytoplasmic kinases regulate development and immunity in rice	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	周晓钢	大会报告
13	Specific genomic regions for maize foundation parents Ye478 and 08-641	作物分子生理与遗传育种国际学术研讨会, 中国成都	201610	易强	大会报告
14	Amino acid metabolism as influenced by N variation during filling stage	澳大利亚小麦生产氮素利用率研讨会, 澳大利亚珀斯	201712	郑亭	大会报告
15	How to betray mendel-the drive mechanism of supernumerary chromosomes in <i>Aegilops speltoides</i>	2018 植物科学学生研讨会, 德国萨克森-安哈尔特	201806	吴丹丹	大会报告
16	Separated Bs, does chromatin the competition play a role?	染色体生物学研讨会, 德国萨克森-安哈尔特	201903	李代艳	大会报告
17	Molecular mechanism of seed development and germination of wheat under variant temperature conditions	第 14 届国际谷物穗发芽大会, 中国成都	201908	黄雯	大会报告
18	Genetic mapping of a major QTL promoting homoeologous	第二届植物染色体工程和功能基因组育种国际会议, 中国北京	201906	范超兰	大会报告
19	Transcriptional analysis of polyploidy-associated wheat aneuploidy	第二届植物染色体工程和功能基因组育种国际会议, 中国北京	201906	曾德英	大会报告
20	Separated as or non-separated Bs, does the chromatin competition play a role	2019 年 PROBRAL CAPES/DAAD 研讨会, 巴西累西腓	201907	李代艳	大会报告
21	Transcriptome analysis reveals plant response to colchicine treatment during on chromosome doubling	2016 年植物生物技术, 加拿大金斯顿	201606	周凯	分会报告
22	Genome-Wide Association Study of Heat Tolerance in Diverse Population of Perennial Ryegrass	2016 年美国农学会, 美国凤凰城	201611	聂刚	分会报告
23	Plant development and production biology under global climate change	2018 年全球气候变化峰会, 捷克	201809	潘玲	分会报告

24	Construction of high-density genetic linkage map and flowering-time QTLs analysis in orchardgrass	国际牧草和草坪草育种会议，美国奥兰多	201903	赵欣欣	分会报告
25	The Flowing Regulation of Orchardgrass During Vernalization	国际牧草和草坪草育种会议，美国奥兰多	201903	冯光燕	分会报告
26	Microbial community and fermentation dynamics of corn silage prepared with heat-resistant lactic acid bacteria in hot environment	2020 美国乳业科学协会年会，美国佛罗里达西棕榈滩	202006	关皓	分会报告
27	Effects of storage length and microbial inoculation on fermentation profile, dry matter loss and aerobic stability of wet brewers grains ensiled with increasing amounts of dry ground corn	佛罗里达州第5届动物科学研究生年会，美国佛罗里达州圣奥古斯汀	202010	关皓	分会报告

7.国际联合培养研究生情况

2011-2020 年国家公派留学共 211 人, 其中联合培养博士生 156 人、硕士生 6 人, 在国外攻读博士学位研究生 47 人、硕士学位 1 人。

序号	姓名	校内导师	留学国家	留学学校	留学身份	年份
1	谢文刚	张新全	美国	美国农业部犹他州牧草试验站	联合培养博士研究生	2010
2	苗佳敏	张新全	美国	弗吉尼亚理工大学	联合培养博士研究生	2012
3	陈仕勇	张新全	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2012
4	许文志	张新全	美国	田纳西州立大学	联合培养博士研究生	2012
5	常丹	马啸	美国	俄克拉荷马州立大学	联合培养博士研究生	2013
6	聂刚	张新全	美国	普渡大学	联合培养博士研究生	2014
7	周凯	张新全	加拿大	圣母玛利亚大学	联合培养博士研究生	2014
8	李州	彭燕	美国	罗格斯大学	联合培养博士研究生	2014
9	张瑜	黄琳凯	西班牙	巴塞罗那自治大学	联合培养博士研究生	2014
10	赵欣欣	张新全	美国	美国农业部犹他州牧草试验站	联合培养博士研究生	2015
11	郭志慧	马啸	日本	北海道大学	联合培养博士研究生	2016
12	严海东	黄琳凯	美国	弗吉尼亚理工大学	联合培养博士研究生	2017
13	潘玲	张新全	澳大利亚	西悉尼大学	联合培养博士研究生	2017
14	李季	张新全	比利时	根特大学	联合培养博士研究生	2017
15	张艳	彭燕	荷兰	格罗宁根大学	联合培养博士研究生	2017
16	冯光燕	张新全	美国	美国农业部牧草与草地研究所	联合培养博士研究生	2018

17	关皓	张新全	美国	佛罗里达大学	联合培养博士研究生	2019
18	陈佩琳	黄琳凯	德国	柏林洪堡大学	联合培养博士研究生	2019
19	冯俊彦	郑有良	美国	美国农业部	联合培养博士研究生	2011
20	韩畅	颜泽洪	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织植物研究所	联合培养博士研究生	2011
21	冷鹏飞	潘光堂	美国	爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2011
22	涂斌	李仕贵	美国	美国加州大学河滨分校	联合培养博士研究生	2011
23	向小利	潘光堂	美国	罗格斯大学	联合培养博士研究生	2011
24	张亮	刘登才	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织植物研究所	联合培养博士研究生	2011
25	蔡文国	吴卫	德国	柏林自由大学	联合培养博士研究生	2011
26	刘洁	郑有良	澳大利亚	塔斯马尼亚大学	联合培养博士研究生	2011
27	刘增禹	杨文钰	德国	马普研究所	联合培养博士研究生	2011
28	孙晓欢	魏育明	比利时	比利时根特大学	联合培养博士研究生	2011
29	张雪花	牛应泽	加拿大	曼尼托巴大学	联合培养博士研究生	2011
30	邹元锋	陈兴福	挪威	奥斯陆大学	联合培养博士研究生	2011
31	谢全	周永红	英国	诺丁汉大学	联合培养博士研究生	2011
32	陈时盛	魏育明	美国	加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2012
33	苟璐璐	魏育明	加拿大	加拿大农业部东部谷物和油料种子研究中心	联合培养博士研究生	2012
34	李炆平	黄玉碧	美国	加州大学伯克利分校	联合培养博士研究生	2012
35	汪燕	柯永培	美国	佛罗里达大学	联合培养博士研究生	2012

36	高健	潘光堂	美国	加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2012
37	张永中	潘光堂	美国	艾奥瓦（依阿华）州立大学	联合培养博士研究生	2012
38	马建	郑有良	澳大利亚	澳大利亚联邦科工组织植物产业部	联合培养博士研究生	2012
39	梁成刚	李天	日本	东京大学	联合培养博士研究生	2012
40	万燕	杨文钰	加拿大	麦克马斯特大学	联合培养博士研究生	2012
41	黄芳	吴先军	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织植物研究所	联合培养博士研究生	2013
42	梁越洋	李平	英国	英国剑桥大学	联合培养博士研究生	2013
43	雍太明	李晚忱	美国	美国加州大学圣地亚哥分校	联合培养博士研究生	2013
44	刘娜	龚国淑	美国	美国农业部	联合培养博士研究生	2013
45	周游	黄富	美国	美国农业部	联合培养博士研究生	2013
46	陈婷婷		德国	慕尼黑工业大学	联合培养博士研究生	2012
47	周莹洁		荷兰	莱顿大学	联合培养博士研究生	2012
48	赵俊茗	李仕贵	美国	美国克莱姆森大学	联合培养博士研究生	2013
49	刘诗航	郑有良	美国	美国德克萨斯农工大学	联合培养博士研究生	2013
50	柳思思	潘光堂	美国	美国爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2013
51	徐洁	荣廷昭	美国	美国加州大学伯克利分校	联合培养博士研究生	2013
52	许光利	李天	美国	美国农业部	联合培养博士研究生	2013
53	雷 雨	张敏	美国	美国农业部农业研究院	联合培养博士研究生	2014
54	刘新春	冯宗云	美国	美国农业部农业研究院	联合培养博士研究生	2014
55	何 翔	徐正军	美国	加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2014

56	刘 尧	李平	澳大利亚	澳大利亚联邦科工组织植物工业研究所	联合培养博士研究生	2014
57	黄衍焱	王文明	美国	德州农工大学	联合培养博士研究生	2014
58	马晓智	邓晓建	美国	加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2014
59	邹 挺	李平	美国	加州大学伯克利分校	联合培养博士研究生	2014
60	颜红海	魏育明	加拿大	加拿大农业部东部谷物和油料种子研究中心	联合培养博士研究生	2014
61	刘 淼	刘登才	澳大利亚	澳大利亚联邦科工组织植物工业研究所	联合培养博士研究生	2014
62	张晓伟	魏育明	澳大利亚	澳大利亚联邦科工组织植物产业部	联合培养博士研究生	2014
63	胡信坤	颜泽洪	加拿大	加拿大农业部东部谷物和油料种子研究中心	联合培养博士研究生	2014
64	董贞贞	周永红	美国	加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2014
65	闫宇薇	潘光堂	美国	加州大学伯克利分校	联合培养博士研究生	2014
66	张新业	潘光堂	美国	北卡罗来纳州立大学	联合培养博士研究生	2014
67	张 啸	高世斌	美国	康奈尔大学	联合培养博士研究生	2014
68	李 燕	唐祈林	美国	美国内布拉斯加大学林肯分校	联合培养博士研究生	2015
69	杨财容	周永红	加拿大	加拿大渥太华大学	联合培养博士研究生	2015
70	程宇坤	魏育明	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2015
71	于好强	李晚忱	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2015
72	朱永卉	曹墨菊	美国	美国威斯康星大学	联合培养博士研究生	2015
73	李 巧	郑爱萍	美国	美国康涅狄格大学	联合培养博士研究生	2015
74	郑兰杰	黄玉碧	美国	美国北卡罗来纳大学教堂山分校	联合培养博士研究生	2015
75	谢 樱	王 强	美国	美国爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2015

76	夏超	荣廷昭	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2015
77	袁一冰	荣廷昭	墨西哥	墨西哥国际玉米小麦改良中心	联合培养博士研究生	2015
78	蒋云峰	郑有良	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2015
79	盛华金	周永红	美国	美国康奈尔大学	联合培养博士研究生	2015
80	赖先军	卢艳丽	美国	美国内布拉斯加大学	联合培养博士研究生	2015
81	曾德英	刘登才	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织植物研究所	联合培养博士研究生	2015
82	葛飞	潘光堂	美国	美国新泽西州立大学	联合培养博士研究生	2015
83	胡坤	荣廷昭	美国	美国爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2015
84	彭宇龙	黄云	加拿大	加拿大圭尔夫大学	联合培养博士研究生	2016
85	雷映霞	张海琴	美国	美国威斯康辛麦迪逊分校	联合培养博士研究生	2016
86	唐登国	荣廷昭	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2016
87	聂治	高世斌	美国	美国康奈尔大学	联合培养博士研究生	2016
88	尹传春	李平	美国	美国德州农工大学	联合培养博士研究生	2016
89	汪晓璐	周永红	美国	美国康奈尔大学	联合培养博士研究生	2016
90	徐立明	张素芝	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2016
91	何秀静	张志明	美国	美国洛克菲勒大学	联合培养博士研究生	2016
92	李春梅	王平荣	美国	美国加利福尼亚大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2016
93	赵雄伟	潘光堂	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2016
94	叶雪玲	郑有良	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2016
95	郑亭	郑有良	澳大利亚	澳大利亚默多克大学	联合培养博士研究生	2016

96	潘峰	吴卫	德国	德国杜塞尔多夫大学	联合培养博士研究生	2016
97	祁小波	龚国淑	美国	美国内布拉斯加大学林肯分校	联合培养博士研究生	2016
98	吴丹丹	周永红	德国	德国莱布尼茨植物遗传与作物研究所	联合培养博士研究生	2016
99	曹松龄	袁继超	新西兰	新西兰林肯大学	联合培养博士研究生	2016
100	蒋明金	马均	日本	日本东京农工大学	联合培养博士研究生	2016
101	李洪雨	张连全	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2016
102	郑琦	潘光堂	美国	美国明尼苏达大学双城分校	联合培养博士研究生	2016
103	吴雨珊	杨文钰	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2017
104	周伟	任万军	日本	日本东京大学	联合培养博士研究生	2017
105	徐彬杰	魏育明	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2017
106	刘佳	伍碧华	墨西哥	墨西哥国际玉米小麦改良中心	联合培养博士研究生	2017
107	刘永明	曹墨菊	比利时	比利时根特大学	联合培养博士研究生	2017
108	吴锋锴	卢艳丽	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2017
109	吕腾飞	马均	日本	日本名古屋大学	联合培养博士研究生	2017
110	易强	黄玉碧	西班牙	西班牙国家研究委员会 加利西亚生物协会	联合培养博士研究生	2017
111	龙田丹	黄玉碧	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2017
112	张丽	张志明	美国	美国加州大学圣地亚哥分校	联合培养博士研究生	2017
113	梁银萍	张敏	美国	美国俄亥俄州立大学	联合培养博士研究生	2017
114	蒋喻林	周永红	美国	美国康奈尔大学	联合培养博士研究生	2017
115	王慧	张志明	墨西哥	墨西哥国际玉米小麦改良中心	联合培养博士研究生	2017

116	孟永杰	杨文钰	澳大利亚	澳大利亚西澳大学	联合培养博士研究生	2017
117	赵军	陈国跃	加拿大	加拿大农业和农业食品部	联合培养博士研究生	2017
118	张亚洲	魏育明	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2017
119	周红	郑有良	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2017
120	龙芸	潘光堂	美国	美国密西根大学安娜堡分校	联合培养博士研究生	2017
121	马浪浪	沈亚欧	美国	美国爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2017
122	赵志学	王文明	美国	美国德州农工大学	联合培养博士研究生	2017
123	杜含梅	张素芝	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2018
124	邓俊才	杨文钰	比利时	比利时根特大学	联合培养博士研究生	2018
125	周涛	杨文钰	澳大利亚	澳大利亚西澳大学	联合培养博士研究生	2018
126	王艳丽	潘光堂	美国	美国北卡罗来纳州立大学	联合培养博士研究生	2018
127	张元元	李晚忱	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2018
128	罗伟	兰秀锦	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2018
129	张琴	王际睿	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2018
130	梁瑾	王强	美国	美国爱荷华州立大学	联合培养博士研究生	2018
131	杨强	江千涛	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2018
132	李代艳	康厚扬	德国	德国莱布尼茨植物遗传和作物研究所 (IPK)	联合培养博士研究生	2018
133	王琰	郑有良	英国	英国洛桑研究所	联合培养博士研究生	2018
134	郭晓江	王际睿	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2018
135	张亚琴	陈兴福	瑞士	瑞士伯尔尼大学	联合培养博士研究生	2019

136	胡玉亭	张敏	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2019
137	詹小旭	袁继超	荷兰	荷兰瓦格林根大学	联合培养博士研究生	2019
138	吴雅薇	袁继超	澳大利亚	澳大利亚阿德莱德大学	联合培养博士研究生	2019
139	董逸伦	徐正君	美国	美国北卡罗来纳州立大学	联合培养博士研究生	2019
140	陈宁	凡星	加拿大	加拿大圣玛丽大学	联合培养博士研究生	2019
141	杨凡	周永红	澳大利亚	澳大利亚默多克大学	联合培养博士研究生	2019
142	程怡然	周永红	德国	德国波鸿大学（波鸿鲁尔大学）	联合培养博士研究生	2019
143	王超	周永红	澳大利亚	澳大利亚西澳大学	联合培养博士研究生	2019
144	刘小娟	张连全	澳大利亚	澳大利亚联邦科学与工业研究组织	联合培养博士研究生	2019
145	姚方杰	陈国跃	美国	美国华盛顿州立大学	联合培养博士研究生	2019
146	易滢瑾	刘登才	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2019
147	郭祯儒	郑有良	美国	美国普渡大学	联合培养博士研究生	2019
148	孙福艾	付凤玲	美国	美国加州大学戴维斯分校	联合培养博士研究生	2019
149	瞿静涛	李晚忱	美国	美国冷泉港实验室	联合培养博士研究生	2019
150	黄亮	张敏	美国	美国华盛顿州立大学	联合培养博士研究生	2020
151	陈平	雍太文	法国	蔚蓝海岸大学	联合培养博士研究生	2020
152	徐菁	龚国淑	新西兰	新西兰皇家植物与食品研究所	联合培养博士研究生	2020
153	柴松岳	周永红	澳大利亚	莫道克大学	联合培养博士研究生	2020
154	谭露	周永红	西班牙	塞维利亚大学	联合培养博士研究生	2020
155	刘柄良	李晚忱	西班牙	西班牙瓦伦西亚理工大学	联合培养博士研究生	2020

156	李洪杰	张素芝	澳大利亚	澳大利亚新南威尔士州基础产业部	联合培养博士研究生	2020
157	杨秀梅		美国	俄勒冈州立大学	联合培养硕士研究生	2014
158	程亚娟	马啸	英国	英国亚伯大学	联合培养硕士研究生	2015
159	周思凡	黄琳凯	新西兰	林肯大学	联合培养硕士研究生	2017
160	刘宇娇	魏育明	加拿大	加拿大农业部东部谷物和油料种子研究中心	联合培养硕士研究生	2014
161	周萍萍	彭远英	加拿大	加拿大农业与农业食品部	联合培养硕士研究生	2015
162	张玲	刘坚	英国	英国诺丁汉大学	联合培养硕士研究生	2015
163	张玉洁	朱建清	日本	日本东京大学	联合培养硕士研究生	2018
164	袁昕		荷兰	荷兰瓦格林根大学	攻读硕士学位研究生	2018
165	邱景德	李仕贵	德国	马克思普朗克育种研究所	攻读博士学位研究生	2012
166	邵金凤	吴卫	荷兰	格罗宁根大学	攻读博士学位研究生	2012
167	刘跃林	徐正君	日本	北海道大学	攻读博士学位研究生	2012
168	刘月秋	陈兴福	丹麦	哥本哈根大学	攻读博士学位研究生	2012
169	贾婷	冯宗云	日本	北海道大学	攻读博士学位研究生	2012
170	黄林	刘登才	以色列	海法大学	攻读博士学位研究生	2012
171	姚入宇	陈兴福	瑞士	瑞士苏黎世大学	攻读博士学位研究生	2013
172	田跃辉	高世斌	德国	慕尼黑大学	攻读博士学位研究生	2014
173	廖新阳	潘光堂	英国	英国格拉斯哥大学	攻读博士学位研究生	2014
174	崔晓云	吴先军	法国	法国巴黎南大学	攻读博士学位研究生	2015
175	吴花拉	沈亚欧	荷兰	荷兰格罗宁根大学	攻读博士学位研究生	2015

176	魏真真	祁鹏飞	以色列	以色列海法大学	攻读博士学位研究生	2015
177	李进	马炳田	比利时	比利时根特大学	攻读博士学位研究生	2015
178	王丹	高峰	澳大利亚	澳大利亚昆士兰大学	攻读博士学位研究生	2015
179	李伟东	张敏	比利时	比利时根特大学	攻读博士学位研究生	2015
180	黎良	王文明	西班牙	西班牙巴塞罗那自治大学	攻读博士学位研究生	2015
181	高尚	郑有良	澳大利亚	澳大利亚塔斯马尼亚大学	攻读博士学位研究生	2015
182	刘鑫	付凤玲	荷兰	荷兰阿姆斯特丹自由大学	攻读博士学位研究生	2016
183	周露	陈国跃	荷兰	荷兰格罗宁根大学	攻读博士学位研究生	2016
184	樊世军	李仕贵	德国	德国慕尼黑工业大学	攻读博士学位研究生	2016
185	李增林	张连全	德国	德国弗莱堡大学	攻读博士学位研究生	2016
186	邸雪妮	王西瑶	西班牙	西班牙巴萨罗那自治大学	攻读博士学位研究生	2016
187	王瑶	黄云	德国	德国哥廷根大学	攻读博士学位研究生	2016
188	陈刚	张连全	日本	日本千叶大学	攻读博士学位研究生	2017
189	韩善冬	李芦江	荷兰	荷兰格罗宁根大学	攻读博士学位研究生	2017
190	蒋国静	李仕贵	德国	德国莱布尼兹学会植物遗传和育种研究所	攻读博士学位研究生	2017
191	叶淘智	李利华	法国	法国南巴黎第十一大学	攻读博士学位研究生	2017
192	廖永荣	陈荣军	法国	法国斯特拉斯堡大学	攻读博士学位研究生	2017
193	李凯	潘光堂	意大利	意大利博洛尼亚大学	攻读博士学位研究生	2017
194	兰雨舟	潘光堂	瑞典	瑞典农业科学大学	攻读博士学位研究生	2018
195	邸雪妮	王西瑶	西班牙	西班牙巴萨罗那自治大学	攻读博士学位研究生	2018

196	帅海威	舒凯	德国	德国慕尼黑工业大学	攻读博士学位研究生	2018
197	胡昌琼	陈荣军	德国	德国马普研究所	攻读博士学位研究生	2018
198	杨希兰	刘亚西	比利时	比利时根特大学	攻读博士学位研究生	2018
199	秦雯婷	刘江	西班牙	西班牙巴塞罗那自治大学	攻读博士学位研究生	2018
200	梁元可	朱建清	比利时	比利时根特大学	攻读博士学位研究生	2018
201	陈锋	舒凯	德国	德国弗莱堡大学	攻读博士学位研究生	2019
202	姚芸欣	高峰	法国	法国巴黎南大学	攻读博士学位研究生	2019
203	雷飞益	陈兴福	瑞士	瑞士苏黎世大学	攻读博士学位研究生	2019
204	周文冠	舒凯	西班牙	西班牙农业基因组学研究中心	攻读博士学位研究生	2019
205	杨才琼	刘江	德国	德国马普化学生态研究所	攻读博士学位研究生	2019
206	李辉	徐正君	西班牙	西班牙马德里康普顿斯大学	攻读博士学位研究生	2019
207	张启辉	杨文钰	德国	德国波恩大学	攻读博士学位研究生	2020
208	程亚娇	杨峰	西班牙	农业基因组学研究中心/巴塞罗那自治大学	攻读博士学位研究生	2020
209	温冰消	刘卫国	德国	柏林洪堡大学	攻读博士学位研究生	2020
210	宫希	祁鹏飞	德国	德国慕尼黑工业大学	攻读博士学位研究生	2020
211	郑柯	刘登才	德国	明斯特大学	攻读博士学位研究生	2020

8.学生省级及以上创新创业计划竞赛获奖情况

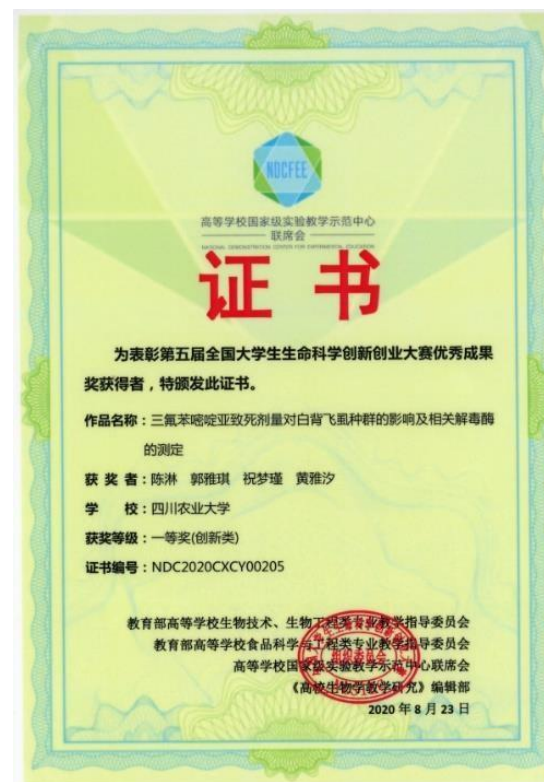
学生省级及以上创新创业计划竞赛获奖 66 项，其中国家级 20 项

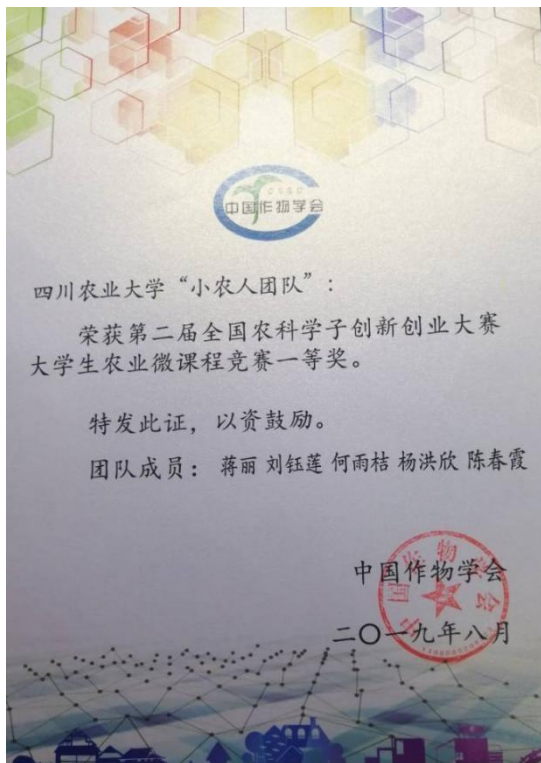
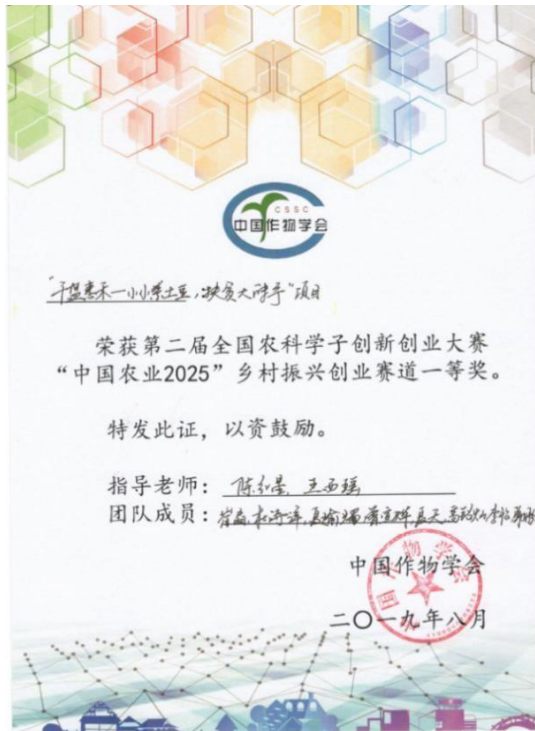
序号	作品名称	竞赛名称	时间	级别	等级
1	一种促进老化大豆种子萌发和幼苗建成的新型植物调节剂	第四届全国大学生生命科学创新创业大赛	2019	国家	特等
2	根肿菌生理小种的分子鉴定体系构建	第五届全国大学生生命科学创新创业大赛	2020	国家	一等
3	三氟苯嘧啶亚致死剂量对白背飞虱种群的影响及相关解毒酶的测定	第五届全国大学生生命科学创新创业大赛	2020	国家	一等
4	千盛惠禾——紫色小土豆，扶贫大能手	第二届全国农科学子创新创业大赛	2019	国家	一等
5	一种促进老化大豆种子萌发和幼苗建成的新型植物调节剂	第二届全国农科学子创新创业大赛	2019	国家	一等
6	成都市美农美家农业科技有限公司	2014 年“创青春”全国大学生创业大赛创业实践挑战赛	2014	国家	银奖
7	美农美家昆虫蛋白开发责任有限公司	第七届“挑战杯”一汽大众中国大学生创业计划竞赛	2010	国家	银奖
8	三氟苯嘧啶对灰飞虱的亚致死效应及解毒酶活性的影响	第五届全国大学生生命科学创新创业大赛	2020	国家	二等
9	“薯”光行动：紫色马铃薯种植、销售	GSVC 全球社会企业创业大赛中国区	2014	国家	二等
10	大数据时代的玉米基因组信息发掘及数据库的构建	第十四届“挑战杯”中航工业全国大学生课外学术科技作品竞赛	2015	国家	三等
11	循环模式下以马铃薯为核心的紫色农产品的生产与销售	2016“创青春”中国大学生创业大赛	2016	国家	铜奖
12	雅安特产汉源乌头中抗肿瘤生物碱的研究	第十二届“挑战杯”全国大学生课外学术科技作品竞赛	2011	国家	三等
13	基于多重 PCR 的大豆镰孢根腐病菌快速检测技术研究	第十五届“挑战杯”大学生课外学术科技作品竞赛	2017	国家	三等
14	玉米 HSC70 多克隆抗体的制备及与 Bt2 的互作研究	第三节全国大学生生命科学竞赛	2019	国家	三等
15	作物学基础知识竞赛	第二届全国农科学子创新创业大赛	2019	国家	三等
16	“平凡的世界”团队	第二届全国农科学子创新创业大赛	2019	国家	三等
17	两个结构简化的紫杉醇类似物的设计、模拟筛选、合作及抗癌活性研究	第十三届“挑战杯”全国大学生课外学术科技作品竞赛	2013	国家	三等
18	马铃薯 WRKY6 基因的功能研究及转基因马铃薯“川芋 10”体系的	第十三届“挑战杯”全国大学生课外学术科技作品竞	2013	国家	三等

	建立	赛			
19	鲜食紫薯销售	第二期华图教育大学生创业基金	2013	国家	三等
20	心成牧业	第二期华图教育大学生创业基金	2013	国家	三等
21	牧草帮—高效、独家、适温的青贮专家	第六届“互联网+”省赛	2020	省级	铜奖
22	基于秸秆综合利用的科技扶贫环保公益项目	“创青春”四川省大学生创新创业大赛	2018	省级	银奖
23	成都大戟生物科技科技有限公司	“创青春”四川省大学生创新创业大赛	2016	省级	铜奖
24	尚节生物科技有限公司（DNA 提取试剂盒）	第 7 届“挑战杯”四川省大学生创业计划竞赛	2012	省级	三等
25	基于美洲狼尾草 Survey 测序的 G-SSR 分子标记的开发与应用	第 16 届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2019	省级	二等
26	分子标记在柳枝稷生态型及杂种鉴定中的应用	第 12 届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2013	省级	三等
27	主粮的功能性革命——新型彩色小麦资源的综合开发	第三届“创青春”四川青年创新创业大赛	2016	省级	金奖
28	“御龄芷”中药纯天然植物护肤	2018 年“创青春”四川省大学生创新创业大赛	2018	省级	金奖
29	玉米大豆青贮饲草罐头—— 冬季牦牛的营养套餐	2020 年“挑战杯”中国农业银行四川省大学生创业竞赛	2020	省级	金奖
30	玉米大豆青贮饲草罐头—— 冬季牦牛的营养套餐	第五届四川省“互联网+”大学生创新创业大赛	2019	省级	金奖
31	成都市美农美家农业科技有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	金奖
32	紫色马铃薯种植与销售	全国首届“互联网+”大学生创新创业大赛四川赛区	2016	省级	金奖
33	基于生物碱成分的瓜叶乌头各变种分类学研究	第十一届“挑战杯” 四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2011	省级	一等
34	大豆主要农学参数可视化估测分析研究	第十三届“挑战杯” 四川省大学生课学术科技作品竞赛外	2015	省级	一等
35	ABI4 介导 RbohD 转录进而调控 NaCl 胁迫响应	第十四届“挑战杯” 四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2017	省级	一等
36	基于多重 PCR 的大豆镰孢根腐病菌快速检测技术研究	第十四届“挑战杯” 四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2017	省级	一等

37	田德文	第二届“工行杯”大学生模拟求职招聘大赛	2021	省级	一等
38	玉米 HSC70 多克隆抗体的制备及与 Bt2 的互作研究	2019 年（第六届）四川省大学生“生命之星”科技邀请赛	2019	省级	一等
39	两个结构简化的紫杉醇类似物的设计、模拟筛选、合作及抗癌活性研究	第十二届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2013	省级	一等
40	马铃薯 WRKY6 基因的功能研究及转基因马铃薯“川芋 10”体系的建立	第十二届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2013	省级	一等
41	整合电子 PCR 和二代测序 Reads 的一种快速简便的 indel 标记开发方法	第四届西南交通大学“生命之星”科技邀请赛	2014	省级	一等
42	薯鲜益农科技公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	银奖
43	四川薯光科技有限责任公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	银奖
44	都江堰市爱心奇异果有限责任公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	银奖
45	成都市豆浆品质现状及专用大豆资源筛选	第四届西南交通大学“生命之星”科技邀请赛	2014	省级	二等
46	玉米热响应基因 HSC70 启动子的克隆与鉴定	2018 年（第五届）四川省大学生“生命之星”科技邀请赛	2018	省级	二等
47	一种用于水体修复的高效绿植系统	四川省大学生生物与环境科技创新大赛	2020	省级	二等
48	基于玉米全基因组测序的 SSR 标记开发及验证	第十一届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2011	省级	二等
49	水谷团队	第十一届全国大学生电子商务“创新、创意及创业”挑战赛四川赛区省级选拔赛	2021	省级	二等
50	一种简易升降式间歇浸没植物组织培养装置	第十三届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2015	省级	二等
51	成都市佳和农道科技有限公司	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
52	江油市万丰生态农业开发有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖
53	成都鲜玉甜果农业科技有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖
54	成都千盛惠禾农业科技有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖
55	成都旭志峰农业机械有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖

56	儋州实依蜂业有限公司	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖
57	和善山羊家庭农场	2014 年“创青春”四川省大学生创业大赛	2014	省级	铜奖
58	苔园艺品	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
59	成都旭志峰农业机械有限公司	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
60	地方特色农产开发——广汉市鱼腥草资源综合开发及产业链建设	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
61	成都大戟生物科技有限公司	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
62	吃果果物联网	第三届“创青春”四川省大学生创业大赛	2016	省级	铜奖
63	高温对玉米 AGPase 酶活性及其产量的影响	2018 年（第五届）四川省大学生“生命之星”科技邀请赛	2018	省级	三等
64	四川猕猴桃软腐病菌的鉴定、种特异性引物检测及遗传多样性研究	第十二届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2013	省级	三等
65	分子标记在柳枝稷生态型及杂种鉴定中的应用	第十二届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛	2013	省级	三等
66	多营蜜蜂养殖	第五届四川省高校毕业生创业大赛	2014	省级	三等







你（们）的项目《成都市美农美家农业科技有限公司》

银 奖

特发此证，以兹鼓励。



二〇一四年十一月

获奖证书

你们的作品《美农美家昆虫蛋白开发有限责任公司》在第七届“挑战杯”——“大众中国大学生创业计划竞赛”中荣获**银奖**。

指导教师：秦自强。向刚。李首成。李静波。

特发此证。



二〇一〇年九月





证书

四川农业大学 鲜食紫薯销售 项目：
荣获第二期华图教育大学生创业基金三等奖。特发
此证，以资鼓励。

团队成员：彭洁 刘一盛 饶天琳
指导老师：王西瑶 杜娟 汤瑞瑞

全国高等学校学生信息咨询
与就业指导中心
二〇一三年十月

证书

四川农业大学 心成牧业 项目：
荣获第二期华图教育大学生创业基金三等奖。特发
此证，以资鼓励。

团队成员：王晓平 胡博文 汪翠存 杨金玲 江雪梅
指导老师：徐钢毅 田孟良 杜鹃

全国高等学校学生信息咨询
与就业指导中心
二〇一三年十月



获奖证书



四川农业大学

李荣曜 肖云 李雅楠 代承东 刘柄良 高成旭 乔康 邓悦 同学：

你（们）的作品《大数据时代的玉米基因组信息发掘及其数据库构建》在第十四届“挑战杯”中航工业全国大学生课外学术科技作品竞赛中荣获

三等奖

指导老师：卢艳丽

特颁此证，以兹鼓励。



二〇一五年十一月



获奖证书



四川农业大学

何宛芹 付瑶 同学：

你（们）的作品《四川大豆镰孢根腐病菌鉴定及其多重PCR快速检测技术研究》在第十五届“挑战杯”中国银行全国大学生课外学术科技作品竞赛中荣获

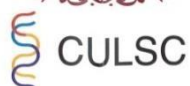
三等奖

指导教师：常小丽

特颁此证，以兹鼓励。



二〇一七年十一月



第三届全国大学生生命科学竞赛

获奖证书

获奖项目：玉米HSC70多克隆抗体的制备及与Bt2的互作研究

获奖者：王智康

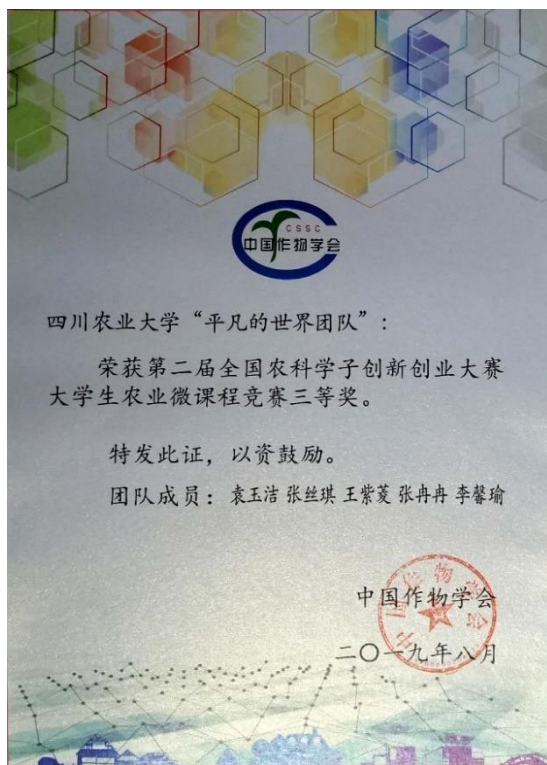
指导教师：余国武

获奖单位：四川农业大学

获奖等级：三等奖

证书号：CULSC201903283

教育部高等学校生物学类专业教学指导委员会
教育部高等学校生物科学类专业教学指导委员会
教育部高等学校生物科学与生物技术专业教学指导委员会
《高校生物学教学研究(电子版)》
二〇一九年十一月







2020年“挑战杯”中国农业银行
四川省大学生创业计划竞赛

获奖证书

杨文艺、杜诗洋、于珈兴、范芮宏、张紫桐、许梅、卢俊吉、雷牧晨 同学：

你们的作品《玉米大豆混合青贮饲草罐头——藏区牦牛的冬季营养套餐》在2020年
“挑战杯”中国农业银行四川省大学生创业计划竞赛中荣获

金奖

指导老师：陈红星、刘卫国
特发此证，以资鼓励。



二〇二〇年八月



获奖证书

许梅、税宇陶、朱菟洁、杨文艺、杨博凯：

你们的作品《玉米大豆混合青贮饲草罐头——冬季牦牛的营养套餐》，在第五
届四川省“互联网+”学生创新创业大赛中荣获 **金奖**

指导教师：刘卫国、陈红星
特发此证，以资鼓励。

主办：

四川省教育厅
四川省发展和改革委员会
四川省农业农村厅
四川省扶贫办公室

中共四川省委统战部
四川省经济和信息化厅
四川省知识产权局
共青团四川省委

中共四川省委网信办
四川省人力资源和社会保障厅
四川省社会科学院
中国建设银行四川省分行



荣誉证书

基于生物碱成分的瓜叶乌头各变种分类学研究：

荣获第十一届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛

一等奖



获奖证书



大豆主要农学参数可视化估测分析研究：

荣获第十三届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛

一等奖

特发此证，以资鼓励。



获奖证书



四川农业大学

罗晓峰 王楠梓 戚颖 杨钰茜 吴迪 同学：

你（们）的作品《ABI4介导RbohD转录进而调控NaCl胁迫响应》在第十四届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛中荣获

一等奖

特颁此证，以资鼓励。



获奖证书



四川农业大学

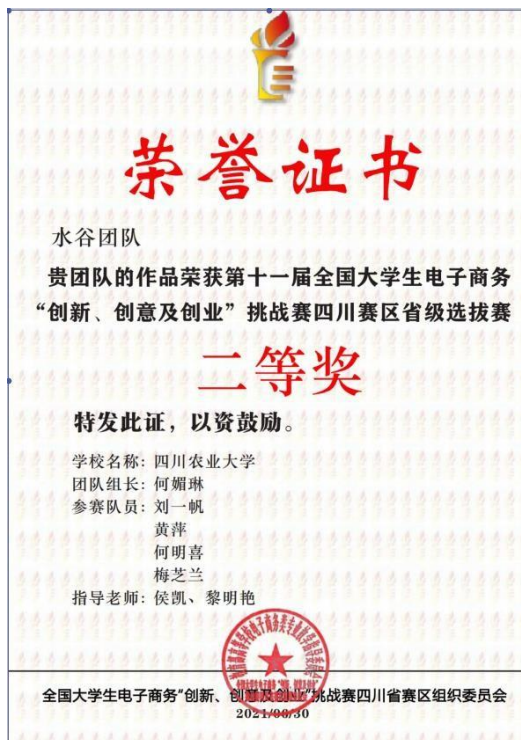
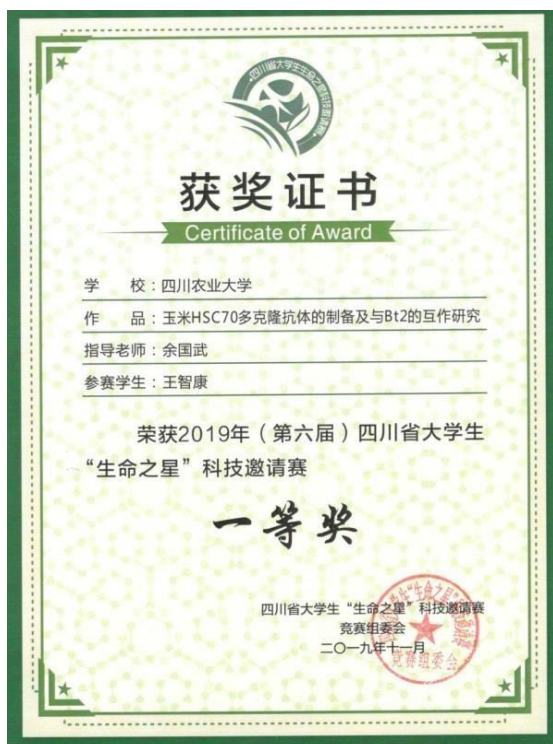
何宛芹 付瑶 同学：

你（们）的作品《四川大豆镰孢根腐病菌鉴定及其主要致病菌的多重PCR快速检测技术研究》在第十四届“挑战杯”四川省大学生课外学术科技作品竞赛中荣获

一等奖

特颁此证，以资鼓励。





9.相关新闻媒体报道情况

序号	标题	网址
1	奋“豆”吧，四川 我省大豆重大技术协同推广多点开花	https://cbgc.scol.com.cn/news/1633589?app_id=cbgc&from=iosapp
2	巴基斯坦总理“点赞”中国玉米-大豆带状复合种植技术	http://intl.ce.cn/specials/zxgjzh/202108/19/t20210819_36821561.shtml
3	大凉山上的“土豆王”登上央视	https://news.sicau.edu.cn/info/1135/62576.htm
4	宜香优 2115 是怎样的一粒米 川农报见证这粒米成长	https://cbgc.scol.com.cn/home/866119
5	“四川造”超级稻“宜香优 2115”获“最受喜爱的十大优质稻米品种”	https://sichuan.scol.com.cn/ggxw/201804/56130748.html
6	逆势增收！白粒小麦品种“蜀麦 133”高抗又高产	https://cbgc.scol.com.cn/currentaffairs/1377774
7	四川公布我国首个牧草(鸭茅)基因组	http://www.most.gov.cn/dfkj/sc/zxdt/202002/t20200224_151833.html
8	四川育成我国首个南方农区饲用燕麦新品种“英迪米特”	http://www.most.gov.cn/dfkj/sc/zxdt/202004/t20200409_153019.html
9	四川省饲草育种攻关取得突破性进展	http://www.most.gov.cn/dfkj/sc/zxdt/202004/t20200426_153478.html
10	【研途风采】冯光燕：发布国内首张牧草基因组图谱的逐梦者	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/58065.htm
11	4 年抬头不见低头见 200 多种草成“熟脸”	https://epaper.scdaily.cn/shtml/scrb/20170818/171265.shtml
12	动科学院博士生关皓喜获中国草业“王栋奖学金”	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/57540.htm
13	动科学院 2 名研究生荣获 2017 年度“王栋奖学金”	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/46100.htm
14	动科学院硕士生喜获 2015 年度中国草学会“王栋奖学金”	https://news.sicau.edu.cn/info/1080/24137.htm
15	2015：砥砺前行 蓄势勃发	https://news.sicau.edu.cn/info/1134/37527.htm
16	动科学院硕士研究生黄秀获 2014 年度“王栋奖学金”	https://news.sicau.edu.cn/info/1080/24223.htm
17	动科学院 2 名研究生喜获 2013 年度中国“王栋奖学金”	https://news.sicau.edu.cn/info/1080/24428.htm
18	草学专业博士生谢文刚成功应聘兰州大学国家重点实验室副教授	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/34502.htm

19	博士生谢文刚获 2010“中国草业王栋奖”	https://news.sicau.edu.cn/info/1080/24747.htm
20	动科学院草学系在青藏高原高寒草甸生态系统植物物候研究中取得新进展	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/23518.htm
21	草学本科生荣获全国十佳林科毕业生	https://cgst.sicau.edu.cn/info/1045/1643.htm
22	草业科技学院 2021 届毕业生国内升学率达 73.9%	https://cgst.sicau.edu.cn/info/1045/1680.htm
23	草业科技学院本科生发表高水平 SCI 论文	https://cgst.sicau.edu.cn/info/1045/1659.htm
24	草学 2019 级博士研究生获 2021 年四川省科技创新（苗子工程）项目资助	https://cgst.sicau.edu.cn/info/1045/1861.htm
25	公派前往世界一流农业大学——荷兰瓦赫宁根大学深造	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/46490.htm
26	这个草学毕业班升学率喜人	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/46372.htm
27	没错，她要去国家级贫困县当选调生了一——草学 2014 级罗玥	https://news.sicau.edu.cn/info/1096/46511.htm
28	动科学院优秀学生标兵严海东：永不停步	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/31841.htm
29	动科学院本科生发表高影响因子 SCI 论文	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/48655.htm
30	【大学生优标】刘婷：科研路上的小草也有春天	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/48430.htm
31	小草也有春天——记草业科学专业 2016 届毕业生	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/26294.htm
32	动科院牧草育种课题组在《Molecular ecology resources》发表最新研究成果	https://news.sicau.edu.cn/info/1078/29915.htm
33	【优秀学生标兵】苏晏宁：奇迹，努力的另一个名字	https://news.sicau.edu.cn/info/1086/59897.htm

奋“豆”吧四川！我省大豆重大技术协同推广多点开花

四川农村日报 2021-07-03 18:17

四川农村日报全媒体记者 杜铠兵

“你看我这个豆子和玉米长得好吧？”在眉山市仁寿县粮食产业示范园区，种植户周文均自豪地向记者说，“都是按照专家们的建议来种的。”



中国经济网
www.ce.cn

在线访谈 人物库

网站首页 金融证券 产业市场 国际经济 时政社会 宏观经济 地方经济

股市 银行 基金 期货 理财 保险 IT业 食品 汽车 商用车 能源 房产 医药 文化

金融1度

当前位置 首页 > ce专稿 > 独家稿件-综合类 > 正文

巴基斯坦总理“点赞”中国玉米-大豆带状复合种植技术

2021年08月19日 06:02 来源：中国经济网

[手机看新闻] [字号 大 中 小] [打印本稿]

中国经济网北京8月19日讯（记者 王晓彤）“间作技术可以如此高效地利用光能，同时生产两种作物，这样的新技术有望给巴基斯坦的农业领域带来一场‘革命’。来自中国（大学）的阿里博士是巴基斯坦的未来。我认可你导师的能力，他把你培养得很好。”此番称赞来自巴基斯坦总理伊姆兰·汗，他在日前举行的巴基斯坦农民大会（Kissan Convention）上高度认可从中国远道而来的“玉米-大豆带状复合种植技术”，并为中巴合建的巴基斯坦史上首家“间作研究中心”揭牌。



川米图强 | 宜香优 2115 是怎样的一粒米 川农报见证这粒米成长

四川农村日报 2021-02-19 11:29

四川农村日报记者 阚莹莹

03 | 四川农村日报 | 科技

2021年2月19日 星期五 编辑 方万聪 版式设计 张莹



探秘长江上游种植面积最大的水稻品种

川米图强 宜香优 2115 是怎样的一粒米

□本报记者 阚莹莹

2月18日，是开工大吉日，但四川绿丹宝种业有限公司(以下简称绿丹宝)董事长袁元龙的忙碌日子早已开始。今年春耕，对于公司主产的水稻品种宜香优2115来说，是一个特殊的年份。去年11月4日，宜香优2115入选2020年全国十大优质稻型超级稻，这也是四川省、长江上游自主选育、本土推广唯一入选品种。

趁热打铁，宜香优2115在今年的销售量要实现怎样的突破？袁元龙给自己定下一个目标——超越历史。实际上，作为2016年以



袁元龙和袁莹莹在稻田里考察水稻品种 资料图片

养殖户注意了
这5大病种强制免疫

本报讯(记者 阙莹莹)记者近日从省农业农村厅畜牧兽医处获悉，按照《2021年国家动物疫病强制免疫计划》文件精神，省农业农村厅结合我省实际情况，制定了《2021年全省动物疫病强制免疫计划实施方案》。今年，全省对高致病性禽流感、口蹄疫、小反刍兽疫、布鲁氏菌病、狂犬病实行强制免疫，继续实施猪瘟免疫过瘤疫苗，对生猪进行免疫。

具体免疫要求为：高致病性禽流感、口蹄疫、小反刍兽疫、布鲁氏菌病、狂犬病的群体免疫密度常年保持在90%以上，其中区免疫密度达到95%以上，重点疫区达到100%。高致病性禽流感、口蹄疫

“四川造”超级稻“宜香优2115”获“最受喜爱的十大优质稻米品种”



川观新闻

发布时间: 18-04-19 13:02 | 川观新闻官方账号



四川在线消息(记者 李淼 庞峰伟)日前在海南三亚开幕的第二届中国(三亚)国际水稻论坛上，“寻找中国好大米”评选结果揭晓。在“中国优质稻种稻米品牌颁奖”活动上，来自国内外的与会者见证了“最受喜爱的十大优质稻米品种”的出炉。由四川农业大学农学院黄富研究员主持选育、四川省绿丹宝种业有限责任公司、宜宾市农业科学院联合

作者最新文章

开车出门能不能一路绿灯？成都交警：已安排，在指定路段、指定时段就可实现

自贡集中打击非法改装车噪声扰民违法行为，非法改装车尾灯罚款500元

美爆了！是丰收的味道！航拍崇州水稻开镰

相关文章

江华农业农村局：丰收田间现场推广全程机械化水稻种植技术



“为庆祝中国共产党成立100周年，为庆祝中国共产党成立100周年，为庆祝中国共产党成立100周年……”这是许多青年学子的心声。他们通过多种方式，表达对党的热爱和对祖国的祝福。

7月1日，在天安门广场，无数青年学子聚集在这里，共同庆祝党的生日。他们手持国旗，高呼口号，场面十分壮观。

除了线下活动，许多青年学子还通过线上方式，表达对党的热爱。他们制作短视频、撰写心得体会、参加线上知识竞赛等，展现了新时代青年的精神风貌。

以青春之我 助力伟大复兴

赵树刚

青春是奋斗的季节，青春是奉献的季节。作为新时代青年学子，我们要牢记党的嘱托，坚定理想信念，练就过硬本领，勇于创新创造，矢志艰苦奋斗，为全面建设社会主义现代化国家、实现中华民族伟大复兴贡献青春力量。

首先，要坚定理想信念。理想信念是精神之钙，是立身之本。我们要深入学习党的理论知识，不断增强“四个意识”，坚定“四个自信”，做到“两个维护”，在思想上、政治上、行动上同党中央保持高度一致。

其次，要练就过硬本领。知识是力量，本领是底气。我们要珍惜韶华，努力学习，增长才干，不断提高综合素质和创新能力，为将来投身全面建设社会主义现代化国家打下坚实基础。

最后，要矢志艰苦奋斗。奋斗是青春最亮丽的底色。我们要继承和发扬党的优良传统和作风，不怕困难，不怕牺牲，勇于担当，甘于奉献，在实现中华民族伟大复兴的征程中书写青春华章。

请党放心 强国有我



知行合一 坚定信仰

本报记者 张 杰

“知行合一，坚定信仰”是中国共产党人的一贯主张。在新时代，我们要继续发扬这一优良传统，将理论知识与实践相结合，坚定理想信念，为实现中华民族伟大复兴的中国梦而努力奋斗。

首先，要重视理论学习。理论知识是行动的指南。我们要深入学习党的理论知识，不断提高自己的理论素养，为实践提供坚实的理论支撑。

其次，要勇于实践。实践是检验真理的唯一标准。我们要敢于到基层去，到群众中去，在实践中增长才干，锤炼意志，增强解决实际问题的能力。

最后，要坚持知行合一。知行合一是马克思主义认识论的基本要求。我们要将理论知识与实践相结合，相互促进，共同发展，真正做到知行合一、坚定信仰。

挥洒汗水 守护健康

本报记者 李 强

“挥洒汗水，守护健康”是每一位劳动者的座右铭。在新时代，我们要继续发扬这种精神，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

首先，要热爱劳动。劳动是创造财富的源泉。我们要树立正确的劳动观，尊重劳动，热爱劳动，在劳动中实现自己的人生价值。

其次，要辛勤工作。辛勤工作是实现梦想的必经之路。我们要发扬艰苦奋斗的精神，不怕困难，不怕牺牲，为全面建设社会主义现代化国家而努力奋斗。

最后，要守护健康。健康是幸福生活的基石。我们要关注自己的身体健康，养成良好的生活习惯，保持积极乐观的心态，为全面建设社会主义现代化国家提供坚实的健康保障。

扎根田间 技术支农

本报记者 丁 琳

“扎根田间，技术支农”是许多农业科技工作者的座右铭。在新时代，我们要继续发扬这种精神，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

首先，要深入田间。田间地头是农业科技工作者的主战场。我们要深入田间，了解农民的需求，掌握农业生产的第一手资料。

其次，要提供技术支持。技术支持是农民增产增收的关键。我们要充分发挥自己的专业特长，为农民提供及时、有效的技术支持。

最后，要服务农民。服务农民是农业科技工作者的宗旨。我们要心系农民，服务农民，为农民排忧解难，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

山区支教 点亮梦想

本报记者 吴 月

“山区支教，点亮梦想”是许多支教老师的座右铭。在新时代，我们要继续发扬这种精神，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

首先，要走进山区。山区是支教老师的主战场。我们要走进山区，了解山区的教育现状，掌握山区学生的需求。

其次，要开展支教活动。支教活动是山区学生获得知识的重要途径。我们要积极开展支教活动，为山区学生提供优质的教育资源。

最后，要点亮梦想。梦想是山区学生的希望。我们要通过支教活动，帮助山区学生树立信心，点亮梦想，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

发展产业 促农增收

本报记者 丁 琳

“发展产业，促农增收”是许多农村干部的座右铭。在新时代，我们要继续发扬这种精神，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

首先，要发展特色产业。特色产业是农民增收的重要途径。我们要根据当地的实际情况，发展特色产业，提高农民的收入水平。

其次，要促进农民增收。农民增收是农村发展的关键。我们要采取多种措施，促进农民增收，提高农民的生活水平。

最后，要实现乡村振兴。乡村振兴是全面建设社会主义现代化国家的重要任务。我们要通过发展产业、促农增收，实现乡村振兴，为全面建设社会主义现代化国家贡献自己的力量。

逆势增收！白粒小麦品种“蜀麦133”高抗又高产

四川农村日报 2021-05-22 22:05



四川农村日报全媒体记者 杜锐兵



中华人民共和国科学技术部
Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China

全站

请输入关键字

首页

组织机构

信息公开

科技政策

科技计划

政务服务

党建工作

公众参与

当前位置：科技部门户 > 地方科技 > 四川 > 最新动态

www.most.gov.cn

四川育成我国首个南方农区饲用燕麦新品种“英迪米特”

日期：2020年04月10日 07:11 来源：四川省科技厅 【字号：大 中 小】

饲用燕麦因其产量高、品质好等特点，备受养殖户青睐，但其多种植于北方和高海拔区域，适合南方农区种植的饲用燕麦品种匮乏。在四川省农作物及畜禽育种攻关计划持续支持下，四川农业大学饲草团队联合北京猛犸种业公司等单位，经过十余年的潜心攻关，选育出我国第一个适合南方农区种植的饲用燕麦新品种“英迪米特”，于2019年通过国家审定，主要用于饲喂牛、羊和兔。

“英迪米特”燕麦具有三大优势：一是产量高。茎秆直立、植株高大、分蘖多、叶片宽大肥厚，每公顷干草产量达8~11吨，较对照增产10%~15%。二是适应性强。具有生长旺盛、抗寒耐旱、不易感病等特点，适宜生长在温暖湿润气候的南方农区，尤其是四川、贵州和重庆平坝及丘陵山区。三是草质优。适口性好，干草营养成分丰富，含粗蛋白9.9%、粗脂肪17.7%、粗纤维29.2%、酸性洗涤纤维33.8%、中性洗涤纤维53.8%，能满足牛、羊、兔的营养需求，且收获时含水量低，易于青贮利用。



四川省饲草育种攻关取得突破性进展

日期：2020年04月26日 11:24 来源：四川省科技厅 【字号：大 中 小】

在四川省农作物及畜禽育种攻关计划持续支持下，以四川农业大学领衔的“十三五”饲草育种攻关项目组，在新品种选育、新材料新方法研究及新成果开发方面取得突破性进展。

一是优质品种选育取得新突破。育成“川农1号”多花黑麦草、“玉草5号”饲草玉米等新品种44个，其中：国审品种17个（占全国同期19.8%），省审品种27个（占全省同期90%），全国主推品种16个（占全国同期21.9%）。自主选育的“长江2号”多花黑麦草成为国内首个在美国农业部登记注册的饲草品种。

二是材料创制与方法创新取得重要进展。建成西南区乡土特色饲草资源保有量最大的种质库和资源圃，累计收集保存4000余份，创制出高丹草、柳枝稷等骨干亲本和基础材料60余份。分子育种技术取得突破进展，公布了我国首个牧草基因组序列（鸭茅）。创新集成“创制培育新型高产饲草玉米品种的方法”等新品种配套利用关键共性技术20余项，以及林草间作、果草套作等种植模式12个，并研制高湿地区高水分牧草青贮混贮技术体系、饲草化肥沼液配施技术等配套技术15套。

三是科技成果研发取得显著成效。获授权发明专利20项，制定颁布7套行业或地方技术规程标准；出版专著5部，培训教材2部，科普丛书3部；已获省部级以上成果奖8项，其中：国家科技进步二等奖1项，省科技进步二等奖3项。在达州、甘孜等11个市（州）示范推广新品种与新技术260万亩，牧草单产提高15%以上，劳动成本降低10%左右，水土流失量减少20%~35%，草地生产力提高1~3倍。



四川公布我国首个牧草(鸭茅)基因组

日期：2020年02月24日 15:39 来源：四川省科技厅 【字号：大 中 小】

鸭茅是世界四大禾本科栽培牧草之一，在我国西南地区广泛种植使用，因其抗旱性强、耐贫瘠、耐荫性强以及产量高、草质柔嫩、适口性好、营养价值高等特点，可用于青饲、青贮或调制干草，在边际土地及石漠化深度贫困区草牧业发展中发挥着重要作用。在四川省农作物及畜禽育种攻关计划持续支持下，四川农业大学饲草育种团队潜心钻研，采用三代测序技术结合Hi-C和Bionano辅助组装技术，从鸭茅中鉴定到40088个蛋白编码基因，其中1173个基因家族是鸭茅特有基因，并挖掘出4个控制开花性状的潜在调控基因，基因组组装的相关参数较好，是已经公布的白三叶、黑麦草基因组的20- -50倍。研究成果于2019年在植物学权威期刊《Plant Biotechnology Journal》在线发表了题为《Genome assembly provides insights into the genome evolution and flowering regulation of orchardgrass》的研究论文，首次公布了鸭茅的高质量参考基因组，也是我国第一个公布的牧草参考基因组。该研究成果为鸭茅后续育种提供了基础信息支撑，可将育种周期从15年缩短为8-10年，有助于选育更多优质、高产、适应性强的鸭茅新品种，同时对我国牧草基因资源挖掘工作具有借鉴意义。

鸭茅基因组数据库网站已于2019年8月上线，有复旦大学、新西兰皇家科学院农业研究所等中外学者访问，查找相关基因位置与表达，以及下载基因序列，访问量近5000次。