**2019年度江西省科学技术奖提名项目公示**

以下9个项目拟申报2019年度江西省科学技术奖，特予公示。公示期：2019年8月7日至2019年8月13日，公示期内如对公示内容有异议，请您向江西农业大学科技处反映。

联 系 人：张晋虹

联系电话：83828478

附件： 2019年度江西省科学技术奖提名项目简介

 江西农业大学科技处

 2019年8月7日

**项目名称：**江西省永久基本农田划定与核查监管技术及应用

**完成单位：**江西农业大学、江西省国土资源勘测规划院、江西省土壤肥料技术推广站、江西省煤田地质局测绘大队

**完成人员：**郭 熙、匡英剑、邵 华、赵小敏、夏敏峰、刘 明 、罗志军、李资华、侯冰鑫、赵应丁、季俊光、刘丽娟、张易、于贵军、邹孙忠、陈伟、杜素娇

**主要内容：**

永久基本农田是按照一定时期人口和经济社会发展对农产品的需求，依据土地利用总体规划确定不得占用的耕地，是实施“藏粮于地”政策的最主要抓手。本研究利用空间决策模型分析了永久基本农田与城市开发边界、生态红线边界矛盾冲突，协调解决了永久基本农田（尤其是城市周边永久基本农田）布局和优化问题；通过构建基于耕地质量评价与耕地景观评价的永久基本农田划定综合模型，利用Map GIS软件平台构建江西省基本农田数据库，并在软件VC++6.0上运用面向对象的可视化编程语言C++，设计并实现了江西省永久基本农田划定系统，该系统为快速准确划定永久基本农田提供高效的工具和手段；利用低空数字航空摄影测量技术，解决了永久基本农田快速精准落地难的问题；利用移动互联网+举证核查思路，采用了云计算技术、分布式数据库技术、内存数据库技术、负载均衡技术、对象存储技术以及相应的数据安全保密技术开发了江西省永久基本农田在线核查和监管系统，解决了高效快速审查永久基本农田成果的难题。

本研究自2012年开始，历经研究，修改，推广使用等阶段，成功划定了江西省95个县（市、区）3693.86万亩的永久基本农田，保护了粮食理论产能3832.13万吨，可实现产能2804.12万吨，国家利用等平均提高了0.08等，真正实现了“藏粮于地”的目标。使用无人飞机的低空摄影测量技术，解决了江西省铅山县等8个县的1442.68平方公里永久基本农田28460个图斑精准落地难题；利用江西省永久基本农田在线核查和监管系统，在短短4个月，实现了对全省全部永久基本农田的在线核查工作。共查出共查疑似图斑10120个，疑似图斑面积共计32.86万亩。本研究成果的推广使用为江西省省市县三级财政共节约4895万元。保证粮食生产、保障粮食安全、促进农业现代化发展的根本，为江西省农业发展保驾护航。

**项目名称：**能源树种-晚松繁育及其生物质能利用关键技术研究

**候选单位：**江西农业大学 峡江县林木良种场

**候 选 人：**刘苑秋、 刘光斌、郭圣茂、文阳平、赖猛、童华彪、刘亮英、李晓东、黄忠

**项目简介：**

生物质能资源培育与利用技术是林业生物质能源快速发展的主要瓶颈，培育高热值、高生物量的优质生物质能源资是林业生物质能源发展的首要任务，解决生物质能利用关键技术、提高生物质能利用效率是生物质资源高效利用的关键。本项目自2009年开始原产美国的优良能源树种晚松（Pinus serotina）繁育及其生物质能利用研究，历时10年，取得以下研究成果：

揭示了晚松萌芽的解剖机理，找出了晚松的萌芽规律及其影响因素，通过树干解析方法比较不同立地条件下、不同林龄晚松萌生林和实生林的胸径、树高、材积生长差异，揭示了晚松萌生林生长规律，为晚松能源林定向培育提供了理论依据，首次培育了晚松萌生林并建立了示范基地。

 充分利用晚松具有极强萌蘖能力的特性，系统开展了晚松无性繁殖研究，突破了晚松扦插技术，研究出了晚松扦插配套技术，扦插成活率达90% ；开展了当年生茎段为外植体的组培繁殖，初步构建了晚松茎段快繁技术体系，同时开展了晚松采穗培育关键技术研究，为工厂化育苗提供技术支撑和示范。

基于晚松的球果具有多年宿存的特性，通过测定晚松人工林种群内株间、株内球果及种子形态性状，揭示了晚松球果形态性状与种子形态性状间的相互关系。并针对宿存不同年限（二年、三年、四年、五年、六年）的果实及其种子品质、发芽特性研究，揭示了晚松球果及种子动态规律，为晚松采种繁育提供了理论依据。

系统揭示了晚松主要化学成分和热值时空分布规律及其能量利用特点，摸清了晚松各化学成分的含量和热值的关系，为晚松生物质能利用提供了充分依据。基于响应面法分析优化晚松生物质成型燃料制备工艺，研制出的晚松固化成型燃料的方法，并探索晚松快速热解制备生物质油的方法及其成分分析，制备出了晚松生物炭，并在重金属镉离子电化学传感中得到应用。

本项目共发表学术论文11篇，获得发明专利7项和实用新型专利1项，在5个县进行晚松引种和能源林定向培育推广应用，在2个企业进行了晚松生物炭转化成果应用。

**项目名称：**鄱阳湖流域绿色高效循环农业关键技术研发与集成示范

**候选单位：**江西农业大学；江西省农业科学院；江西云河实业有限公司；江西星火农林科技发展有限公司；赣州归根生态科技有限公司

**候 选 人：**黄英金；黄国勤；黄山；舒邓群；胡冬南；刘勇；魏洪义；刘增兵；潘晓华；欧一智；石庆华；杨滨娟；王广利；吴建富；熊忠华

**项目简介：**

根据江西双季稻区冬闲田增加、水稻秸秆资源量大、猪场粪污资源量多、油茶林地面积大尤其是新造林多的现状，针对目前生产中农林牧业生产脱节、有机废弃物利用率低、冬季资源浪费、土壤生产力偏低、化肥农药投入过量、农产品质量下降等亟待解决的关键问题，以农林牧业主要废弃物资源化高效循环利用为突破点，通过研究，明确了稻田冬种紫云英的用地养地与资源高效利用及增加生态系统结构稳定性、对稻田害虫的调控作用效应，秸秆还田及猪粪有机肥对作物产量、病虫害防控、土壤肥力、温室气体排放等的效应；提出了有机物资源化与高值化利用途径，并证明了其利用效果和可行性：研发了冬种紫云英大面积均衡稳产技术、绿色水稻生产全程质量监控、猪粪规模化养殖蚯蚓、猪粪高效堆肥、油茶壳基料工厂化生产食用菌、油茶林沼液安全施用、橘园害虫生态调控、橘园沼渣安全施用等技术；研制了LED多光谱杀虫灯、稻田肥料增效剂、作物专用肥料、水稻种衣剂、二化螟行为干扰剂、生态环保型猪饲料、海鲜菇培养基质等新产品；获授权发明专利10件、实用新型专利3件，发表论文102篇，出版专著3部、出版技术光盘1张，研制新产品10个，制定规程/标准15项。研究成果促进了《江西省人民政府办公厅关于推进绿色生态农业十大行动计划的意见》的制定，推进了江西省绿色生态农业建设。构建了冬种紫云英资源高效利用、双季稻“双还双减”机械化生产、双季稻病虫害绿色防控、双季稻田猪粪有机肥可持续高效养分管理、橘园生态重建与柑橘提质增效栽培，以及猪-蚯蚓-畜禽-作物专用肥料、“畜禽-沼液-油茶‖作物”废弃物资源化农林牧互补经营等针对区域农业可持续发展需求的绿色生态循环农业模式，在全省建立核心区和示范区，并进行大面积辐射推广，取得了显著的生态效益和社会经济效益。

**项目名称：**中国亚热带植物谱系地理与遗传多样性研究

**候选单位：**江西农业大学，中国科学院植物研究所

**候选人：**张志勇、范邓妹、寇一翾、葛颂、王红卫

**项目简介：**

本项目系统开展了中国亚热带不同植被类型代表植物（常绿阔叶林：钩栲、红楠、木荷、野生桂花；落叶阔叶林：水青冈属植物、十齿花、青钱柳、华木莲、大血藤；针叶林：银杉、华南五针松、五针白皮松；林下灌木和草本：苦刺花、黄荆、黄芩、菊芋、木根沿阶草）的谱系地理和遗传结构，系统阐明了晚第三纪以来地质气候变化（青藏高原隆升、亚洲季风形成、第四纪冰期等）对中国亚热带植被变化、植物物种形成以及植物遗传多样性分布的深刻影响。首次利用种下遗传分化将亚洲季风的形成追溯到早中新世；首次报道了中国亚热带东部三条植物迁移路线；较早注意到青藏高原隆升对植物谱系地理结构的巨大影响；国内最早一批报道第四纪多个避难所；首次从谱系地理学角度阐述了“田中-楷永”生物地理线的真实性；首次报道了亚热带常绿阔叶林不同建群树种分布区对第四纪气候变化的异质性响应；研究成果在Journal of Biogeography, Molecular Phylogenetics and Evolution, Molecular Ecology （3篇）, Annals of Botany, Conservation Biology等一大批国内外主流学术刊物上发表论文28篇，其中SCI论文22篇，参加编写专著2部。这些成果得到国内外同行的广泛认可，多次入选“中国植物科学若干领域重要研究进展”。

**项目名称：**木薯燃料乙醇“零污染、低能耗”制造关键技术及其相关机理研究

**候选单位：**江西农业大学、江南大学

**候 选 人：**张庆华、毛忠贵、朱向东、唐蕾

**项目简介：**

工业生物产业的废水与废渣分布广泛、产量巨大，对环境造成了极大的污染并导致资源的巨大浪费。传统“末端治理”模式治表难治里，废水废渣污染问题依然突出，研究开发带有根本性的且具有全局意义的“无废低能耗制造”新模式并凝炼形成指导性理论迫在眉睫。本成果以木薯燃料乙醇的无废低能耗制造为研究切入点，主要开展了以下几方面的研究：

**（1）****木薯酒精-沼气双发酵耦联体系的建立与革新**：首次在国际上建立了木薯酒精-沼气双发酵耦联体系，通过数学建模诠释了耦联体系中抑制物的累积规律，从理论上阐明该体系可无限运行下去；此外，通过耦合复合菌系预处理技术进一步完善了该体系，初步实现了木薯燃料乙醇的“零污染低能耗”制造模式，该研究为大宗发酵产品的无废低能耗制造指明了新方向。**（2）生物及化学预处理技术强化纤维质的沼气资源化转化研究**：揭示了热稀硫酸预处理提高纤维质沼气产量以及不会产生抑制的原理及控制策略；首次通过定向构建复合菌系的预处理方式来提高木薯渣的沼气产量，并从提高厌氧消化稳定性以及纤维质结构的改变等角度阐释了纤维素降解复合菌系预处理技术提高木薯纤维质沼气资源化转化的机制，上述研究可为纤维质基质的高效生物资源化转化提供重要理论依据。**（3）纤维素降解复合菌系的高效纤维质降解机理研究**：首次通过梯度稀释法结合PCR-DGGE以及环境蛋白组学和酶谱分析技术确定了复合菌系的关键降解菌以及功能蛋白，从功能微生物以及蛋白层面上阐明了纤维素降解复合菌系的作用机制，该研究可为其它种类天然复合菌群的作用机制解析提供新思路。

其主要研究在*Bioresour Technol*、*J Hazard Mater、J cleaner prod*和*J Environ Sci*等主流学术期刊上发表论文20篇，其中SCI期刊论文9篇；6篇代表性论文(累积影响因子27.61)共计被引用185次，WOS引用159次，他引142次，被该领域国际权威期刊*Prog Energy Combust Sci*（IF 26.467）、*Renewable Sustainable Energy Rev* （IF 10.556）*、Appl Energy* (IF 8.426)*、Chem Eng J*（IF 8.355）、*J Hazard Mater*(IF 7.65)*、Bioresour Technol* (6.669) 和*J Cleaner Prod* (IF 6.395)等正面他引44次；美国Alkanes-Advances in Research and Application: 2012 Edition对本研究作了正面专题报道。

**项目名称：**水稻种质资源创新与有利基因挖掘

**候选单位：**江西农业大学、中国水稻研究所

**候 选 人：**徐杰、贺浩华、曾大力、胡江、边建民

**项目简介：**

本项目属于农业科学技术领域的成果。本项目针对江西水稻育种和生产中所面临的早熟、优质、稳产与高产难协调的多个难题，利用现有的特色水稻种质以及诱变等手段创制的资源，结合现代生物学技术，对水稻重要农艺性状（叶型、株型、分蘖、穗型、粒型、品质、抗性等）形成的调控机制进行解析，为江西水稻育种提供理论和技术支撑。

1、利用多个水稻品种构建的群体，从根部、茎部、叶部、穗部、品质等多个角度全方位分析了水稻产量和品质形成的遗传基础，共定位了405个相关性状的QTL位点。不仅首次分析了剪颖后稻米粒型粒重、叶鞘相关性状、叶舌长度、高节位分蘖、抗倒伏根系相关性状的遗传机制，对已报道的粒型粒重和品质等重要性状也发现了一些新的QTL位点；开发了一批连锁的分子标记，辅助选育水稻品种，必将推进我省乃至全国水稻高产、优质、安全、高效的分子育种进程；

2、本项目通过图位克隆与分子生物学手段首次报道并分析了水稻*PGL*、*ES1*、*MINI*、*NRL1*、*WSL12*、*SUI1*、*WFSL1*、*OsRH17*、*OsPMS1*等基因在水稻发育的重要功能，并加深和拓宽了对已报道基因（*Ghd10*、*ZB2*、*BC88*、*PGL10*等）功能的理解。很好地补充水稻产量形成、衰老和抗逆境等多个重要发育过程的调控机制，有助于推动水稻“后基因组时代”的功能基因组学发展；

3、通过全基因组关联分析、消减杂交和蛋白质组学等技术发现水稻抗纹枯病关联标记13个、高温响应基因11个、以及镉胁迫差异表达蛋白47个，从全基因组多基因水平分析水稻响应各种胁迫的分子机制。

本项目共计发表相关论文49篇，其中SCI论文33篇，影响因子总计119.5，总引用615次，其中SCI-E数据库引用468次，它引394次（仅统计SCI论文的SCIE引用情况）。6篇代表作发表于Plant physiology、Journal of Experimental Botany、Plant Molecular Biology、Journal of Integrative Plant Biology、Gene和Plant Breeding等国际主流专业期刊，影响因子共计23.9，篇均4.0。代表性论文被引用共计228次，SCI引用146次，SCI它引120次。其中被Trends in Plant Science (IF=14.0)、Molecular Plant (IF=10.3，2次)、National Science Review（IF=13.2，2次）、Current Biology、Annual Review of Genetics、Plant Physiology、Plant Journal、New Phytologist等top期刊它引36次。

**项目名称：**畜禽GH—IGFs轴基因遗传变异及与生产性能相关性的研究

**候选单位：** 江西农业大学

**候 选 人：** 王文君，欧阳克蕙

**项目简介：**

（1）研究了猪GH、IGF-1、IGF-1R 、IGFBP1-6基因的遗传变异及与生产性能的相关性；

（2）分析了鸡IGF-1遗传变异及与生产性能的相关性；

（3）对猪IGFBP2、4、6基因在染色体进行了定位；测定了IGFBP-4基因的部分序列和IGFBP-6的全序列。

 科学价值：

 （1）猪IGF-1基因型对瘦肉率具有显著的影响，不同猪种的基因频率分布存在品种间的差异性，不同基因型对初生重、2和6月龄体重存在相关性。

 （2）鸡IGF-1基因的基因频率和基因型频率在所研究的6种鸡种存在品种的特异性，且与2月龄生4月龄体重存在的相关性。

 （3）在IGFBP-1基因中检测到了三个SNP。单体型分析表明，ACG单体型猪的生长和产肉性状优于CTG单体型，而CTG型猪的pH值和系水力优于ACG单体型。

 （4）将IGFBP-2基因定位于SSC15上，发现三个SNP；其中CAG单体型猪的前后躯重、前后肢重和体长都高于TGT单体型，但肉质性状如肉色和大理石纹正相反。

 （5）在IGFBP-3基因中检测到了三个SNP，在产肉性状中，CGGCT单体型明显高于其它单体型，而CGGCG单体型相对较低；生长性能也以CGGCT单体型的最高；但肉色则是ATATT单体型高于CGGCG单体型。

 （6）采用FISH和RH panel技术，将IGFBP-4基因定位于SSC12上。发现二个SNP，其中A868G的突变会引起氨基酸由谷氨酰胺突变为精氨酸；不同基因型与体长都存在相关性，同时还与其它生长性状存在相关性。

 （7）在IGFBP-5基因中检测到2个SNP，其中T199C的突变都会对肌肉的pH值产生影响；而G485A的突变主要影响肉质性状。单体型分析表明，在蓝塘长白家系中，不同单体型主要影响产肉性能。

（8）采用RH panel技术，将IGFBP-6基因定位于SSC5上；基因全长4026 bp，由4个外显子组成。检测到两个SNP；其中AT单体型猪的生长发育性状和产肉性状都高于GG单体型，但在板油重的指标上正好相反。

 引用情况：

 Web of ScienceTM核心集合收录 9篇，总引用42次；CNKI引文数据库8篇，共引用212次。

**项目名称：**皮蛋品质形成机制与质量控制

**候选单位：**江西农业大学

**候 选 人：**涂勇刚，赵燕，徐明生，姚瑶

**项目简介：**

皮蛋是一种我国独创的大宗传统蛋制品，因其风味独特、营养丰富、色泽美观而深受消费者喜爱，但其风味、质构、色泽等特异品质形成机制研究确极为薄弱，使其品质控制与工艺改进缺乏。针对此现状，课题组在4项国家自然科学基金项目的连续资助下，近十年来系统开展了传统蛋制品品质形成机制及质量控制研究。通过皮蛋腌制过程中重金属化合物调控作用研究，确定了“堵孔”物质成分与动态调控碱渗入量作用，完善了重金属化合物的“堵孔”机制；明确了金属离子在碱诱导凝胶形成过程中的直接作用，建立了重金属化合物的双向协同调控理论。通过对皮蛋加工过程中蛋白与蛋黄凝胶化行为及蛋白质分子间相互作用的研究，探明了皮蛋蛋白与蛋黄凝胶网络结构的主导作用力和参与凝胶形成的关键蛋白质组分，阐明了碱诱导下皮蛋蛋白凝胶组装聚集机制，建立了“强碱诱导-蛋白质组装聚集-强弹性凝胶形成”的理论体系。采用现代实验模型与技术手段证实皮蛋蛋白水溶性提取物与仿生酶解产物均有较好的抗肠炎作用，并筛选鉴定出4个皮蛋蛋白源性抗肠炎肽，进一步明确了其减缓肠道炎症的活性，阐明了其分子机制。运用GC-MS/MS建立了皮蛋中赖丙氨酸科学、可靠的检测方法，探明了禽蛋碱加工过程中赖丙氨酸的形成规律和影响因素，明确了皮蛋赖丙氨酸形成的前体化合物，并阐明了禽蛋碱加工过程中赖丙氨酸的形成机制与控制方法。采用同时蒸馏萃取结合GC-MS鉴定了皮蛋腌制过程中的挥发性风味物质成分变化，并综通过相关分析和生源关系分析明确了蛋白质与脂质降解在皮蛋挥发性风味物质中形成的作用。本项目成果可为皮蛋加工过程中质量控制与其功效价值的应用提供理论基础，从而为皮蛋的进一步推广和高值利用做出贡献。

项目共发表相关论文30篇，其中SCI收录论文15篇、EI收录论文4篇，Google和CNKI检索显示论文已被引用184次。项目授权专利1项；并出版英文著作1章节。

**项目名称：**亚热带主要树种功能性状及其林分生产力的维持机制

**候选单位：**江西农业大学、江西农业大学、中国科学院植物研究所

**候 选 人：**卜文圣、方向民、刘晓娟

**项目简介：**

本项目为森林生态学和森林培育学研究领域的成果。在全球变化背景下，生物多样性灭绝速度正在逐渐加剧，物种丧失对生态系统的影响亟待评估。功能性状是指能够影响生物的生长、繁殖和生存等个体表现力的形态-生理-物候特性。基于个体水平的功能性状能够很好地预测该物种对生物间相互作用的响应，群落水平的功能性状则可以预测一个特定的群落如何吸收利用有限的资源。因此，功能性状变异是群落组配过程和维持林分生产力的主要驱动力。基于江西德兴BEF-China实验平台、中科院泰和千烟洲试验站及古田山生态站等平台，以亚热带阔叶林主要树种及人工林主要树种马尾松和杉木为研究对象，通过观测不同多样性水平下植物生长的长期监测数据、种内和种间的功能性状变异及相关环境因子测定，探讨了个体水平的植物功能性状如何响应环境因素和影响植物生长过程，群落水平的功能性状如何驱动林分生产力，揭示了亚热带森林中树种样性驱动林分生产力和养分循环的重要机制。

本研究创新性地提出了评估和度量种内和种间功能性状变异的方法，揭示了物种共存的相关机制，证实了混交林相比纯林的优势，丰富了生物多样性与生态系统功能理论。同时出版了《植物生态学》一书，属功能性状研究领域的首部专著。成果已荣获江西省林业科技一等奖和梁希林业科学技术三等奖等。

核心成果发表于Ecology, Functional Ecology, Journal of Plant Ecology, Canadian Journal of Forest Research, Acta Oecologica, Plos One等国际主流专业期刊。被Science（IF=41.04）、Reviews of Geophysics（IF=16.73）、Trends in Ecology & Evolution（IF=15.24）、Nature Communications（IF=11.88）等顶级期刊引用。近几年共计发表论文32篇，其中SCI论文20余篇，影响因子总计62，他引252次。6篇代表性论文共计引用119次，Web of Science检索他引95次，单篇他引最高为49次。

本成果开创了国内植物功能性状研究的新篇章，得到了国内外学者的广泛认可和积极评价，为人工林物种配置模式、碳汇林业、多功能森林等提供了重要的理论依据，从而引领森林生态学科的发展，支撑国家生态文明试验区的建设。