一、基本信息

姓 名	张爱民	性 别	男	出生年月日 (公历)	1957-2-13
民 族	汉族	出生地	河北省		
党 派	中共	籍 贯	河北省		
工作单位	中国科学院遗传与发育生物学研究所			行政职务	
单位所属部门、省、自治区、直辖市		中国科学院			
单位通讯地址	北京市朝阳区北辰西路1号院2号				
单位所在地	北京市朝阳区			邮政编码	100101
单位电话	64806501				
专业或专长	作物种质资源与遗传育种(小麦遗传育种)			技术职称	研究员
曾被提名、推荐为 院士候选人情况	年度 (工程院)				
	年度 (科学院)				

二、主要学历 (从大专或大学填起, 六项以内)

起 止 年 月	校 (院) 及系名称	专 业	学 位
1978.3-1982.1	北京农业大学 (现中国农业大学)	作物遗传育种	学士
1982.2-1984.12	北京农业大学 (现中国农业大学)	作物遗传育种	硕士
1985.9-1989.7	中国农业大学(在职博士研究生)	作物遗传育种	博士

三、主要经历（十项以内）

起止年月	工作单位	行政职务/技术职务/职称
1984.12-1990.12	北京农业大学（现中国农业大学）	/教师/讲师
1990.12-1993.1	北京农业大学（现中国农业大学）	研究室副主任/教师/副教授
1993.1-2000.12	中国农业大学	/教师/教授
1986.9-1988.2	德国 hohenheim 大学 进修	//
1997.7-1997.9	国际玉米小麦研究中心 CIYYMT 合作研究	//
1996.6-1998.11	中国农业大学国际交流中心	主任//
2001.1-至今	中国科学院遗传与发育生物学研究所	课题组长//研究员
2001.12-2002.2	美国德州农工大学 合作研究	//
2005.10-2009.7	中国科学院遗传与发育生物学研究所	副所长//

四、主要学术团体兼职（六项以内）

起止年月	学术团体名称	兼职职务
2011.4-至今	中国农业生物技术学会	副理事长
2014.10-至今	中国作物学会	副理事长
2002.5-至今	中国农学会	理事
2008.10-2013.10	中国遗传学会	理事

五、在工程科技方面的主要成就和贡献（限 3000 字）

候选人张爱民长期从事小麦遗传育种研究，作为主要完成人完成小麦 A 基因组测序，绘制出小麦 A 基因组精细图谱；提出一系列自花授粉作物杂交育种亲本选配新方法；克隆小麦绿色革命新等位基因并解析小麦绿色革命基因的遗传多样性；创建了小麦低分子量麦谷蛋白基因研究新体系；研制出数量遗传育种程序包；育成和参与育成小麦新品种 16 个；作为首席主持 973 项目“小麦产量和品质的全基因组选择研究”，为我国小麦基因组学研究，小麦品质分子改良和小麦产业发展做出重要贡献，获省部级一等奖 2 项，二等奖 1 项，大北农科技创新一等奖 1 项及中国青年科技奖等奖项。

1 开展小麦 A 基因组测序，绘制出小麦 A 基因组精细图谱

小麦是最重要的粮食作物之一。面对小麦基因组庞大复杂的难点，候选人张爱民与凌宏清等及华大基因等合作，采取亚基因组测序的策略，完成小麦 A 基因组供体种乌拉尔图的测序。2013 年获得了国际上首张小麦 A 基因组草图（nature, 496:87-90），2018 年获得小麦 A 基因组精细图（nature, 557:424-428），注释出 41,507 个蛋白编码基因，推演出小麦 A 基因组 7 条染色体的进化模型，并鉴定出了小麦 A 基因组从二倍体、经四倍体到六倍体进化过程中的染色体结构变异。小麦 A 基因组草图论文（候选人是通讯作者之一）发表后，中央电视台新闻联播以头条新闻进行报导并与小麦 D 基因组草图绘制一起入选“2013 年度中国科学十大进展”。获 2015 年大北农科技奖创新一等奖。候选人为第二完成人。小麦 A 基因组精细图论文（候选人是通讯作者之一）2018 年 5 月在“nature”发表后，中央电视台新闻节目予以报道。

在对小麦 A 基因组测序的基础上，候选人开展了乌拉尔图 A 基因组重测序和栽培一粒小麦测序的研究。重测序鉴定了 71,210,521 个群体 SNPs 和 5,842,763 个群体 InDels。栽培一粒小麦 A 基因组测序组装基因组大小为 5.2G, Scaffold N50 为 40.1Mb, Contig N50 为 6.53Mb, 组装效果优于已发表的小麦基因组。论文待发表。

2 提出一系列自花授粉作物杂交育种亲本选配的新方法

亲本选配是取得植物杂交育种成功关键的第一步。候选人针对亲本

选配开展了系统研究，提出小麦杂交育种亲本选配的“主成分最小二乘法”和“组合表现指数法”等，并通过遗传分离群体验证了方法的有效性。为使上述方法能应用于复交组合的亲本选配，提出了复交亲本间遗传距离测定以及亲本和性状加权的方法；在小麦杂种优势预测方面提出了“标准差距离分组法”。这些方法及其应用研究成果获得教育部科技进步一等奖并编入作物育种学全国统编教材。候选人编著出版了“小麦杂交育种亲本选配的理论和方法”的专著。

3 创建小麦低分子量麦谷蛋白基因研究新体系

小麦低分子量麦谷蛋白对于品质形成具有重要作用。低分子量麦谷蛋白基因是一个大的基因家族。候选人对普通小麦该基因家族的组成、表达以及功能机制开展了系统研究，明确了小偃 54 的低分子量麦谷蛋白基因数目与组成；建立了小麦低分子量麦谷蛋白亚基的分子标记体系，可以明确的分离任何一个品种的低分子量麦谷蛋白基因 (TAG, 2011, 122:1503-1516)；建立了低分子量麦谷蛋白亚基基因全长的克隆方法 (TAG, 2011, , 123:1293-1305)，明确了我国微核心种质中低分子量麦谷蛋白亚基基因的组成、分布与表达规律，以及不同的单体型 (JXB, 2013, 64:2027-2040) 组成。还解析了 A 基因组供体种乌拉尔图 (BMC Plant Biology, 2015, 15:68) 和 D 基因组 (TAG, 2018, 131, 2745-2763) 供体种粗山羊草的低分子量麦谷蛋白亚基基因的组成、分布与表达规律。解析了小麦主产区主栽品种的低分子量麦谷蛋白基因组成，为小麦品质育种提供理论和材料基础。候选人提出和建立的新方法已经得到国际同行权威专家的认可和应用。

候选人还开展了一系列小麦品质基础和应用基础研究。系统创制和鉴定出小麦高分子量麦谷蛋白的突变体，明确了其突变的分子机理 (Mol Plant 2015, 8332-334)。明确了小麦籽粒硬度基因 *Pina* 和 *Pinb* 基因在中国小麦微核心种质中的变异类型与分布，鉴定出包括双突变在内的一系列新等位变异 (BMC Plant Biology 2017, 17:158)。为小麦籽粒硬度遗传改良提供新的基因种质。

4 克隆矮秆基因 *Rht-B1e*，解析小麦绿色革命基因的遗传多样性

株高是作物重要的农艺性状，第一次绿色革命主要是矮秆基因的应用。发掘矮秆基因遗

传变异，对于小麦的遗传改良具有重要的理论意义和实践意义。候选人克隆了小麦 *Rht-A1*、*Rht-B1* 和 *Rht-D1* 的全长序列。在中国小麦微核心种质及主栽品种（1537 份）中，检测到 30 种 *Rht-A1*、22 种 *Rht-B1*、25 种 *Rht-D1* 等位变异。克隆了 *Rht-B1e* (Mol breeding, 2012, 30:1443-1451)，解析了等位基因 *Rht-B1i* 增加株高的分子机理。明确了我国特有的大拇指矮秆基因 *Rht-B1c* 是来源于 *Rht-B1h* 突变 (JIPB, 2013, 55:1026-1037)。解析了显性赤霉素敏感矮秆基因 *Rht-12* 致矮的分子机理 (Plant J, 2019)。研究发掘了中国小麦种质中矮秆基因丰富的遗传变异，对小麦株型的遗传改良和育种具有重要意义。

5 育成和参与育成小麦新品种 16 个，为小麦产业做出了积极贡献

候选人注重基础研究和育种实践的相结合，主持育成农大 3219，农大 3214，科遗 5214，科紫 6061，衡科 6021 和科遗 6259 等小麦新品种，其中科遗 5214 是矮秆，高产，高白度，获得新品种权，在河北和北京大面积种植。农大 3291 和农大 3214 曾在北京和河北大面积推广种植，农大 3214 引进到新疆后审定为新冬 27，在新疆大面积种植推广。参与育成科农 199，科农 2009，科农 213，科农 1093，科农 1006 等小麦新品种。其中科农 199 和科农 2009 为国审品种，在黄淮北片麦区大面积推广，为我国小麦生产做出了积极的贡献。参与育成核质杂种新品种 NC206，小山 8645，小山 9659 和两系小麦杂交种云杂 5 号和云杂 6 号，后两个品种是云南推广的主要小麦杂交种，曾被越南引进种植。

此外，候选人积极参加农业教育和科学研究的社会活动。曾担任国务院学位委员会第四届学科评议组成员，国家重点基础研究规划（973）咨询专家组成员，国家农作物品种审定委员会委员和全国科学技术名词审定委员会第四，第五届委员和新词审定委员会委员。2015 年被评为名词委“先进个人”。候选人兼任作物学会和农业生物技术学会副理事长，为学会发展做出了积极的贡献。候选人积极参加科学普及活动，编著出版了《农业小博士》和《民以食为天》两部科普著作。

六、重要科技奖项 [包括国家三大奖，省、部级一、二等奖等，限填六项以内（同一成果及相关科技奖项，只填写一项最高奖项）。请在“基本信息”栏内按顺序填写成果（项目）名称，类别（国家、省、部）名称，获奖等级，排名，获奖年份，证书号码，主要合作者]

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
1	小麦育种亲本选配理论与方法的研究，省部级，一等奖，排名：第一，1993 年，证书号码：92-04801，主要合作者：孙其信 何中虎 黄铁城 张树臻。	提出小麦杂交育种亲本选配的“主成分最小二乘法”和“组合表现指数法”及复交亲本间遗传距离测定，亲本和性状加权的方法；提出“相关配合力”的概念及分析方法；提出杂种优势的“组合质量指数法”。
2	小麦远缘杂交创造新材料的研究，省部级，一等奖，排名：第五，1999 年，证书号码：99087-5，主要合作者：张庆勤 张立异 徐如宏 贾旭 黄铁城 肖建富 陈庆富 任明见。	开展小麦和野生燕麦的远缘杂交研究，进行小麦和光稃野燕麦杂交后代的遗传分析，证明杂交后代的种子贮藏蛋白还有来自野燕麦的成分。
3	数量遗传育种程序包，省部级，二等奖，排名：第二，1986 年，证书号码：86-0154，主要合作者：黄金龙 孙其信 黄铁城等。	程序包设计育种全过程，包括亲本选配，F1 杂种优势预测，配合力和遗传力估算，分离世代选择等，本人负责世代平均值分析，遗传交配设计分析及主成分分析计算遗传距离等方法的完善，程序编写和验证及应用研究。
4	小麦 A 基因组测序及草图绘制，大北农奖，一等奖，排名：第二，2015 年，证书号码：2015-DBNSTA-02-0107，主要合作者：凌宏清 王道文 李振声等。	提出亚基因组测序策略，对小麦 A 基因组供体中乌拉尔图开展测序，参与序列组装，基因注释及相关进化等分析
5	中国青年科技奖，省部级，排名：第一，1994 年。	
6	中国青年科学家奖（生命科学）提名奖，排名：第一，1994 年。	

七、发明专利情况 [限填六项以内。请在栏内按顺序填写实施的发明专利名称，批准年份，专利号，发明（设计）人，排名，主要合作者，本人在专利发明和实施中的主要贡献。如无实施证明材料则视为专利未实施]

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
1	一种检测 TaAGPL 基因等位变异的方法及试剂盒，2018 年，专利类型：发明专利，专利号：ZL201510927684.4，发明（设计）人：刘冬成，排名：第二，主要合作者：刘冬成 余慷 阳文龙 孙家柱 马晓玲。	该发明公开了一种检测小麦淀粉合成途径主要功能基因 TaAGPL 等位变异的方法及开发的试剂盒。本人参与基因的克隆，功能验证及等位基因分析和优势单体型功能验证等。
2	一种诱导植物雄性不育的线粒体基因及其作用，2014 年，专利类型：发明专利，专利号：ZL201310150812.X，发明（设计）人：阳文龙，排名：第二，主要合作者：阳文龙 刘冬成 孙家柱 詹克慧 崔党群。	该发明公开了一种能诱导雄性不育的线粒体基因 orf1471，通过转化在线粒体中表达可导致花粉败育。本人参与线粒体全基因组测序和基因克隆，转化验证。
3	一种低分子量麦谷蛋白亚基的提取分离鉴定方法，2013 年，专利类型：发明专利，专利号：ZL201010211730.8，发明（设计）人：张爱民，排名：第一，主要合作者：阳文龙 张肖飞 刘冬成 孙家柱 郭小丽 张相岐 王道文。	该发明公开了一种小麦低分子量麦谷蛋白亚基的提取分离方法。主要是应用双向电泳和质谱鉴定。本人参与方法的设计，效果分析和验证等。
4	一种检测基因家族中基因种类的方法及专用试剂盒，2013 年，专利类型：发明专利，专利号：ZL201010219701.6，发明（设计）人：张爱民，排名：第一，主要合作者：刘冬成 张肖飞 阳文龙 孙家柱 郭小丽 张相岐 王道文。	该发明公开了一种检测基因家族中基因种类的方法及其专用试剂盒。主要是结合毛细管电泳，简便有效的分离小麦低分子量麦谷蛋白基因组成。本人参与引物的设计及应用效果的评价分析。
5	一种对 DNA 片段进行测序的方法，2012 年，专利类型：发明专利，专利号：ZL200910076243.2，发明（设计）人：张爱民，排名：第一，主要合作者：刘冬成 郭小丽 卓国银 阳文龙 孙家柱。	该发明公开一种对 DNA 片段进行测序的方法，主要是应用测序和酶切相结合，提高测序的效率和准确性。本人参与方法的设计，试验和验证。
6	普通小麦 科遗 5214，2015 年，专利类型：植物新品种权，专利号：CNA20110297.5，发明（设计）人：张爱民，排名：第一，主要合作者：孙家柱 刘冬成 阳文龙 李俊明 张相岐 童依平。	组合配置和选育全过程，组织产量比较试验等。

八、论文和著作 [限填有代表性的论文和著作十篇（册）以内。请在“基本信息”栏内按顺序填写论文、著作名称，年份，排名，主要合作者，发表刊物或出版社名称]

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
1	Genome sequence of the progenitor of wheat A subgenome <i>Triticum urartu</i> , 2018 年, 排名: 第三十二, 是通讯作者, 主要合作者: 凌宏清 王道文 梁承志 李振声, 发表刊物 (出版社): nature 2018 557:424-428。	研究整体设计, BAC 测序及部分内容分析, 论文撰写等。
2	Draft genome of the wheat A-genome progenitor <i>Triticum urartu</i> , 2013 年, 排名: 第五十二, 是通讯作者, 主要合作者: 凌宏清 杨焕明 李振声 王道文 王俊, 发表刊物 (出版社): nature (2013) 496:87-90。	参与研究的设计和 research 执行过程管理, 数据分析, 分子标记的开发等
3	A wheat dominant dwarfing line with Rht12, which reduces stem cell length and affects gibberellic acid synthesis, is a 5AL terminal deletion line, 2019 年, 排名: 第十六, 是通讯作者, 主要合作者: 孙林鹤 阳文龙, 发表刊物 (出版社): The Plant journal 2019 doi:10.1111/tpj.14168。	课题整体设计, 材料方法提供指导, 部分数据分析
4	Novel natural allelic variations at the Rht-1 loci in wheat, 2013 年, 排名: 第十一, 是通讯作者, 主要合作者: 李爱霞 阳文龙 娄雪源 刘冬成 孙家柱等, 发表刊物 (出版社): Journal of integrative plant biology 2013 55: 1026-1037。	研究内容的提出和总体设计, 研究材料的选择, 结果分析和讨论。

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
5	Novel insights into the composition, variation, organization, and expression of the low-molecular-weight glutenin subunit gene family in common wheat, 2013 年, 排名: 第十, 是通讯作者, 主要合作者: 张肖飞 刘冬成 张江花 姜蔚 罗光彬 阳文龙等, 发表刊物 (出版社): Journal of Experimental Botany (2013) 64:2027-	研究内容的设计, 材料准备, 数据分析等
6	Development of a new marker system for identifying the complex members of the low-molecular-weight glutenin subunit gene family in bread wheat, 2011 年, 排名: 第十, 是通讯作者, 主要合作者: 张肖飞 刘冬成 阳文龙 刘坤凡 孙家柱等, 发表刊物 (出版社): Theor Appl Genet 2011, 122:1503-1516。	参与课题的设计与指导, 分子标记的设计与验证及其数据分析等
7	PCR-based isolation and identification of full-length low-molecular-weight glutenin subunit genes in bread wheat, 2011 年, 排名: 第八, 是通讯作者, 主要合作者: 张肖飞 刘冬成 姜蔚 郭小丽 阳文龙等, 发表刊物 (出版社): Theor Appl Genet 2011, 123:1293-1305。	研究整体设计, 分子标记设计验证, 数据分析讨论等
8	Dissecting and Enhancing the Contributions of High-Molecular-Weight Glutenin Subunits to Dough Functionality and Bread Quality, 2015 年, 排名: 第十五, 是通讯作者, 主要合作者: 李义文 安学丽 张相岐 王道文, 发表刊物 (出版社): Molecular Plant 2015, 8: 332 - 334。	课题整体设计, 突变体分析, 论文修改讨论
9	Composition, variation, expression and evolution of low-molecular-weight glutenin subunit genes in Triticum urartu, 2015 年, 排名: 第八, 是通讯作者, 主要合作者: 罗光彬 刘冬成 张肖飞 张艳玲 阳文龙等, 发表刊物 (出版社): BMC Plant Biology 2015, 15:68。	研究内容的设计, 材料选择, 结果分析和讨论

序号	基本信息	本人作用和主要贡献（限 100 字）
10	植物育种亲本选配的理论和方法，1994 年，排名：第一，主要合作者：张树臻 郭平仲，发表刊物（出版社）：农业出版社。	本人是该专著的编著者，系统的总结了植物育种亲本选配的研究，主要以编著者本人的研究成果为内容，全书分九章，为作物杂交育种亲本选配提供了系统全面的参考。

九、工程设计、建设、运行、管理方面的重要成果（限填五项以内）

序号	成果简介	本人作用和主要贡献（限 100 字）
1	耕地保育与持续高效现代农业试点工程，以解决我国耕地保护与粮食安全战略性问题为宗旨，完成耕地红线区域指标核定，提出耕地质量评价与分级国家标准，发展年增长 1% 以上的农业技术体系，建立了农业可持续发展典范。	候选人作为项目主管之一，负责项目计划书的起草，论证和项目实施过程的管理。参与项目中发展实现年增长 1% 以上的现代农业技术体系的研究，项目的实施为“渤海粮仓”和中科院“第二粮仓”计划的实施奠定了基础。

十、候选人个人声明

(一) 本人在党政机关担任领导干部情况 (无此类情况的, 请在对应情况下方填写“无”; 有此类情况的, 请在对应情况前的□内划“√”, 并在对应情况下方填写相应信息):

在公务员和参照公务员法管理的党政机关 (包括人大、政协、民主党派、社会团体等) 任职情况:

无

在军队系统担任领导干部情况 (兼任专业技术职务请注明):

无

(二) 本人以往违反科学道德情况 (请先在“无此类情况”或“有此类情况”前的□内划“√”; 有此类情况的, 请填写相应信息):

无此类情况

有此类情况

(三) 本人受到过党政纪处分 (组织处理) 的情况 (请先在“无此类情况”或“有此类情况”前的□内划“√”; 有此类情况的, 需填写何时何处何原因受过何种处分或处理):

无此类情况

有此类情况

本人接受提名, 并对《提名书》中第一至第十项所有填写内容的真实性负完全责任。第十项所填内容, 在 2019 年 11 月底前如有变动, 将及时向中国工程院书面报告。

被提名人签名:

年 月 日

十一、候选人所在单位审核意见（候选人人事关系所在单位对候选人政治表现、廉洁自律、道德品行等方面出具意见，并对候选人《提名书》及附件材料的真实性、准确性以及涉密情况进行审核，限 600 字以内）

候选人思想素质高，政治觉悟强，具有坚定的政治立场和组织原则，在重大原则问题上态度鲜明，政治上不信谣不传谣，时刻把国家和集体的礼仪放在第一位，拥护中国共产党的领导，认真学习贯彻党的路线方针政策，有较高的政治理论和业务水平。

认真遵守组织纪律和廉政条例，自觉抵制社会不正之风的影响。以廉洁从业严格要求自己，规范自己的行为，清正廉洁，品行高尚，作风朴实，自我约束能力强，牢固思想道德防线，顾大体，识大局，讲团结，守纪律。科研中勇于创新，注重理论联系实际。科研管理中，坚持原则，不独断专行，不以权谋私，自觉遵守财务纪律，秉公办事，坚持自重、自省、自警、自励。

勇于开展批评和自我批评，胸怀高尚坦荡，为人正直，谦虚真诚，真诚待人待事，处事公道正派。不计较个人得失。爱岗敬业，工作责任心强，工作效率高，注重团队合作，执行力强。

本单位已审核候选人《提名书》及附件材料，内容真实准确。

本单位按照中国工程院院士增选工作相关规定对候选人材料进行了审核，候选人《提名书》无涉密内容。

单位负责人签名（盖章）：

单位盖章：

年 月 日