

## 人才队伍

研究团队

专家名录

博士后招收

研究生培养

公派留学

招聘信息

## 联系我们

## 吕远大

作者: 文章来源: 点击数: 1455 更新时间: 2016-09-19 14:24:07

博士, 副研究员, 硕士生导师

Email: Lyd0527@126.com

主要研究方向(**Research interests**):

1. 作物优异种质资源基因组解析与重要基因挖掘
2. 作物基因组长链非编码RNA在非生物胁迫下的调控应答机制
3. 作物DNA分子检测技术的研发与应用

课题项目 **Funding**:

1. 国家自然科学基金面上项目

“玉米 $\alpha$ -醇溶蛋白基因eQTL定位及调控网络解析”, 2018-2021, 主持, 60万

2. 国家自然科学基金青年项目

“玉米 $\alpha$ -醇溶蛋白含量的遗传解析和分子标记定位”，2015-2018，主持，26万

3. 院探索性颠覆性创新计划项目

“构建新型农作物DNA身份检测系统”，2017-2019，主持，100万

4. 江苏省农业生物学重点实验室开放课题

“玉米LncRNA调控氮胁迫响应的分子机制研究”，2016-2017，主持，10万

5. 江苏省农业科技自主创新资金项目

“玉米籽粒氮响应分子机制研究”，2013-2014，主持，10万

6. 国家重点研发计划“七大农作物育种”重点专项

“主要农作物种子分子指纹检测技术研究与应用”，2017-2020，技术骨干

发表论文**Publication:** [https://researchgate.net/profile/Yuanda\\_Lv](https://researchgate.net/profile/Yuanda_Lv)

1. **Yuanda Lv**, Fengqin Hu, Yongfeng Zhou, Feilong Wu, Brandon S Gaut. Maize transposable elements contribute to long non-coding RNAs that are regulatory hubs for abiotic stress response. *BMC genomics* 20(1),864,2019
2. **Yuanda Lv**, Zhikai Liang, Min Ge, Weicong Qi, Tifu Zhang, Feng Lin, Zhaohua Peng, Han Zhao\*. Genome-wide identification and functional prediction of nitrogen-responsive intergenic and intronic long non-coding RNAs in maize (*Zea mays* L.). *BMC Genomics*, 2016, 17(1):350
3. **Yuanda Lv**, Yuhe Liu and Han Zhao\*. mInDel: a high-throughput and efficient pipeline for genome-wide InDel marker development. *BMC Genomics*, 2016, 17(1): 290

4. **Yuanda Lv**<sup>†</sup>, Liang Zhao<sup>†</sup>, Xiaoyang Xu, Lei Wang, Cheng Wang, Tianzhen Zhang, Wangzhen Guo\*. Characterization of expressed sequence tags from developing fibers of *Gossypium barbadense* and evaluation of insertion-deletion variation in tetraploid cultivated cotton species. BMC Genomics, 2013, 14(1).170
5. Liang Zhao<sup>†</sup>, **Yuanda Lv**<sup>†</sup>, Caiping Cai, Xiangchao Tong, Xiangdong Chen, Wei Zhang, Hao Du, Xiuhua Guo, Wangzhen Guo\*. Toward allotetraploid cotton genome assembly. integration of a high-density molecular genetic linkage map with DNA sequence information. BMC Genomics, 2012, 13(1).539
6. **Yuanda Lv**, Caiping Cai, Lei Wang, Shaoyan Lin, Liang Zhao, Liangliang Tian, Junhong Lv, Tianzhen Zhang, Wangzhen Guo\*. Mining, characterization, and exploitation of EST-derived microsatellites in *Gossypium barbadense*. Chinese Science Bulletin, 2010, 55(18).1889-1893
7. 吕远大, 李坦, 石丽, 张晓林, 赵涵\*. 基于全基因组重测序信息开发玉米H99自交系特异分子标记. 作物学报.2014,(2): 191-197.
8. 吕远大, 李坦, 张晓林, 赵涵\*. 利用玉米高通量RNA-Seq数据预测长链非编码RNA(LncRNA). 江苏农业学报.2013,(6): 1248-1253.
9. 吕远大, 蔡彩平, 王磊, 林绍艳, 赵亮, 田亮亮, 吕俊宏, 张天真, 郭旺珍.海岛棉EST-SSRs分布特征及新标记的开发与利用. 科学通报.2010,(19): 1886-1904.
10. 周玲, 张体付, 梁帅强, 陆海燕, 吕远大. 利用三重测交群体解析玉米穗部性状杂种优势遗传学基础. 江苏农业学报,2017(05):986-992.
11. 李国锋, 葛敏, 吕远大. Opaque2转录因子对玉米 $\alpha$ -醇溶蛋白基因家族成员表达的影响. 江苏农业学报.2015,(6): 1224-1231.
12. Bing He, Pibiao Shi, **Yuanda Lv**, Zhiping Gao, Guoxiang Chen. Gene coexpression network analysis reveals the role of SRS genes in senescence leaf of maize (*Zea mays* L.), Journal of Genetics 99(1),2020

13. Min Ge, Yuancong Wang, Yuhe Liu, Lu Jiang, Bing He, Lihua Ning, Hongyang Du, **Yuanda Lv**, Ling Zhou, Feng Lin, Tifu Zhang, Shuaiqiang Liang, Haiyan Lu, Han Zhao. The NIN-like protein 5 (ZmNLP5) transcription factor is involved in modulating the nitrogen response in maize. *The Plant Journal*, 2019
14. Yongfeng Zhou, Andrea Minio, Mélanie Massonnet, Edwin Solares, **Yuanda Lv**, Tengiz Beridze, Dario Cantu, Brandon S Gaut. The population genetics of structural variants in grapevine domestication. *Nature plants* 5(9), 965-979,2019
15. Fengge Wang, Hongli Tian, Hongmei Yi, Han Zhao, Yongxue Huo, Meng Kuang, Like Zhang, **Yuanda Lv**, Manqing Ding, Jiuran Zhao. Principle and Strategy of DNA Fingerprint Identification of Plant Variety. *Molecular Plant Breeding* 10,2019
16. Xiaoxi Meng, **Yuanda Lv**, Hana Mujahid, Mariola J Edelmann, Han Zhao, Xiaojun Peng, Zhaohua Peng. Proteome-wide lysine acetylation identification in developing rice (*Oryza sativa*) seeds and protein co-modification by acetylation, succinylation, ubiquitination. *BBA-Proteins and Proteomics* 1866 (3), 451-463
17. Fan Feng, Weiwei Qi, **Yuanda Lv**, Shumei Yan, Liming Xu, Wenyao Yang, Yue Yuan, Yihan Chen, Han Zhao, Rentao Song. OPAQUE11 is a central hub of the regulatory network for maize endosperm development and nutrient metabolism. *The Plant Cell* 30(2),375-396
18. Min Ge, Yuhe Liu, Lu Jiang, Yuancong Wang, Yuanda Lv, Ling Zhou, Shuaiqiang Liang, Huabin Bao, Han Zhao. Genome-wide analysis of maize NLP transcription factor family revealed the roles in nitrogen response. *Plant Growth Regulation* 84(1),95-105
19. Tifu Zhang, Minfeng Gu, Yuhe Liu, **Yuanda Lv**, Ling Zhou, Haiyan Lu, Shuaiqiang Liang, Huabin Bao, Han Zhao. Development of novel InDel markers and genetic diversity in *Chenopodium quinoa* through whole-genome re-sequencing. *BMC genomics* 18(1),685
20. Chaobin Li, Zhenyi Qiao, Weiwei Qi, Qian Wang, Yue Yuan, Xi Yang, Yuanping Tang, Bing Mei, **Yuanda Lv**, Han Zhao, Han Xiao, Rentao Song\*. Genome-wide characterization of cis -Acting DNA targets reveals the transcriptional regulatory framework of Opaque2 in maize. *Plant Cell*, 2015, 27(3)
21. Lu Jiang, **Yuanda Lv**, Tan Li, Han Zhao, Tifu Zhang\*. Identification and characterization of presence/absence variation in maize genotype Mo17. *Genes & genomics*, 2015, 37(6)

22. Yanhui Lv, Dan Ma, Wenhua Liang, **Yuanda Lv**, Wangzhen Guo, Yan Hu, Tianzhen Zhang\*. Construction of BAC contig maps of homoeologous chromosomes A12 and D12 of *Gossypium hirsutum* L. acc. TM-1. *Molecular Cytogenetics*, 2015, 8(1).55
23. Feng Lin, Lu Jiang, Yuhe Liu, **Yuanda Lv**, Huixue Dai, Han Zhao\*. Genome-wide identification of housekeeping genes in maize. *Plant Molecular Biology*, 2014, 86(4-5)
24. Cheng Wang, **Yuanda Lv**, Wentin Xu, Tianzhen Zhang, Wangzhen Guo\*. Aberrant phenotype and transcriptome expression during fiber cell wall thickening caused by the mutation of the Im gene in immature fiber (im) mutant in *Gossypium hirsutum* L. *BMC Genomics*, 2014, 15(1).94.
25. Tianzi Chen, **Yuanda Lv**, Tongming Zhao, Nan Li, Yuwen Yang, Wengui Yu, Xin He, Tingli Liu, Baolong Zhang\*. Comparative transcriptome profiling of a resistant vs. susceptible tomato (*Solanum lycopersicum*) cultivar in response to infection by tomato yellow leaf curl virus. *PLoS ONE*, 2013, 8(11).e80816..
26. Tao Tao, Liang Zhao, **Yuanda Lv**, Jiedan Chen, Yan Hu, Tianzhen Zhang, Baoliang Zhou\*. Transcriptome sequencing and differential gene expression analysis of delayed gland morphogenesis in *Gossypium australe* during seed germination. *PLoS ONE*, 2013, 8(9).e75323
27. Hua Zhang, Qun Wan, Wenxue Ye, **Yuanda Lv**, Huaitong Wu, Tianzhen Zhang\*. Genome-wide analysis of small RNA and novel microRNA discovery during fiber and seed initial development in *Gossypium hirsutum*. L. *PLoS ONE*, 2013, 8(7).e69743
28. Junmin Li, Ida Bagus Andika, Jiangfeng Shen, **Yuanda Lv**, Yongqiang Ji, Liying Sun, Jianping Chen\*. Characterization of rice black-streaked dwarf virus- and rice stripe virus-derived siRNAs in singly and doubly infected insect vector *Laodelphax striatellus*. *PLoS ONE*, 2013, 8(6).e66007
29. 何冰, 时丕彪, 吕远大, 陈国祥. 玉米SPP基因家族的全基因组鉴定及表达分析. *分子植物育种*, 2019, 17(23):7649-7656.
30. 时丕彪, 何冰, 费月跃, 王军, 王伟义, 魏福友, 吕远大, 顾闽峰. 藜麦GRF转录因子家族的鉴定及表达分析. *作物学报*, 2019, 45(12):1841-1850.

31. 王风格, 田红丽, 易红梅, 赵涵, 霍永学, 匡猛, 张力科, 吕远大, 丁曼卿, 赵久然. 植物品种DNA指纹鉴定原理及其鉴定方案. 分子植物育种,2018(14):4756-4766.
32. 冯博, 许理文, 王风格, 薛宁宁, 刘文彬, 易红梅, 田红丽, 吕远大, 赵涵, 金石桥, 张力科, 蔚荣海, 赵久然. 玉米InDel标记20重PCR检测体系的建立. 作物学报,2017(08):1139-1148.
33. 刘文彬, 许理文, 王风格, 赵久然, 冯博, 赵涵, 吕远大, 蔚荣海. 基于两种荧光毛细管电泳平台筛选评估玉米新型SSR引物. 玉米科学,2017(02):24-30.
34. 刘文彬, 许理文, 冯博, 易红梅, 任洁, 田红丽, 赵涵, 吕远大, 蔚荣海, 赵久然, 王风格. 非优异SSR原因分析及解决方案. 分子植物育种,2017(11):4547-4555.
35. 张体付, 梁帅强, 吕远大, 蒋璐, 赵涵. 基于三重测交群体解析玉米株高与穗位高杂种优势QTL. 核农学报,2017(05):837-843.
36. 周玲, 梁帅强, 吕远大, 张体付, 戴惠学, 赵松涛, 赵涵. 中国黄淮海地区玉米杂种优势候选位点的鉴定. 玉米科学,2017(01):15-23.
37. 宝华宾, 梁帅强, 吕远大, 赵涵. 玉米籽粒蛋白含量Meta-QTL及候选基因分析. 江苏农业学报.2016,(4): 736-745.
38. 葛敏, 吕远大, 张体付, 周玲, 林峰, 赵涵\*. 玉米氮素敏感性差异自交系的表达谱分析. 作物学报.2016,(10): 1487-1494.
39. 张晓林, 徐韦, 李坦, 吕远大, 赵涵\*. 玉米籽粒主要性状与蛋白质含量的相关性. 江苏农业科学.2014,(12): 104-106.
40. 葛敏, 吕远大, 李坦, 张体付, 张晓林, 赵涵\*. 玉米Dof转录因子家族的全基因组鉴定与分析. 中国农业科学.2014,(23): 4563-4572.
41. 葛敏, 吕远大, 张体付, 李坦, 张晓林, 赵涵\*. 玉米YABBY基因家族的全基因组鉴定与分析. 江苏农业学报.2014,(6): 1267-1272.
42. 邓康胜, 吕远大, 陶涛, 田亮亮, 郭旺珍, 周宝良, 张天真\*. 基于聚丙烯酰胺凝胶电泳的棉花EcoTILLING技术体系创建. 南京农业大学学报.2012,(4): 1-7.

授权专利成果:

1. 吕远大. BSA-Seq混池测序分析软件. 软件著作权, 2017.05
2. 吕远大. KASP引物设计软件. 软件著作权, 2017.06
3. 吕远大. PAV变异检测软件. 软件著作权, 2017.08
4. 吕远大. SSR基因分型软件. 软件著作权. 2017.04
5. 吕远大. 转基因外源片段插入位点检测软件. 软件著作权, 2016.06
6. 吕远大. 分子标记遗传评价软件. 软件著作权, 2016.06
7. 吕远大. 高通量转录组定量分析软件. 软件著作权, 2016.05
8. 吕远大. 高通量位点特异性引物设计软件. 软件著作权, 2014.07
9. 吕远大. 高通量InDel分子标记开发系统. 软件著作权, 2014.06
10. 吕远大. Mu转座子插入位点检测程序. 软件著作权, 2014.06
11. 吕远大. 基于大规模SNP数据构建系统进化树程序. 软件著作权, 2014.06
12. 杨学明, 吕远大, 周淼平, 姚金保, 杨丹, 马鸿翔. 一种小麦抗白粉病基因Stpk-V的标记引物及应用. 发明专利, 2018.09