



中国科学院昆明植物研究所

Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences

王文韬 简历

联系方式

姓 名： 王文韬（副研究员）
地 址： 中国科学院昆明植物研究所
云南省昆明市盘龙区蓝黑路132号
邮编： 650201
E-mail : wangwentao@mail.kib.ac.cn
ORCID: 0000-0003-4533-6870
(<https://orcid.org/0000-0003-4533-6870>)



研究领域

植物表观遗传学与相分离生物学、植物与环境相互作用等

工作经历

2024.10—至今： 中国科学院昆明植物研究所， 副研究员（“优秀人才”引进）；
2022.01—2024.07： 华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室， 博士后（合作导师：周道绣教授、赵毓教授）。

教育经历

2012.09—2021.12： 华中农业大学， 生物化学与分子生物学， 硕博连读， 理学博士（导师：周道绣教授）

代表性论文（* 通讯作者， # 共同第一作者）

- (1) **Wentao Wang**; Yue Lu; Junjie Li; Xinran Zhang; Fangfang Hu; Yu Zhao; Dao-Xiu Zhou*; SnRK1 stimulates the histone H3K27me3 demethylase JMJ705 to regulate a transcriptional switch to control energy homeostasis, *The Plant Cell*, 2021,33(12): 3721-3742
(Research Article, 解析组蛋白去甲基化酶参与能量平衡调控机制)；
- (2) Feng-Quan Tan#; **Wentao Wang**#; Junjie Li; Yue Lu; Bo Zhu; Fangfang Hu; Qi Li; Yu Zhao*; Dao-Xiu Zhou*; A coiled-coil protein associates Polycomb Repressive Complex 2 with KNOX/BELL transcription factors to maintain silencing of cell differentiation-promoting genes in the shoot apex, *The Plant Cell*, 2022,34(8):2969-2988. (#共同第一作者) (Research Article, 解析组蛋白甲基化酶参与顶端分生组织发育调控的机制)；

- (3) Xinran Zhang#; Qingxiao Jia#; **Wentao Wang**#; Yu Chang; Qian Liu; Jingjing Tian; Meng Yuan; Yu Zhao; Dao-Xiu Zhou*; Microrchidia ATPases and DNA 6mAdemethylase ALKBH1 act antagonistically on PRC2 to control chromatin structure and stress tolerance, *Nature Plants*, 2025. doi.org/10.1038/s41477-025-02048-z. (#共同第一作者)(Research Article, 解析染色质重塑因子MORC协同PRC2参与基因表达抑制的机制) ;
- (4) Junjie Li; Qi Li; **Wentao Wang**; Xinran Zhang; Chen Chu; Xintian Tang; Bo Zhu; Lizhong Xiong; Yu Zhao*; Dao-Xiu Zhou*; DELLA-mediated gene repression is maintained by chromatin modification in rice. *EMBO Journal*, 2023. doi.org/10.15252/embj.2023114220 (Research Article, 解析赤霉素应答过程中的染色质修饰相关的基因表达调控机制) ;
- (5) Xiaoyun Liu; Shaoli Zhou; **Wentao Wang**; Yiran Ye; Yu Zhao; Qiutao Xu; Chao Zhou; Feng Tan; Saifeng Cheng; Dao-Xiu Zhou*; Regulation of histone methylation and reprogramming of gene expression in the rice inflorescence meristem, *The Plant Cell*, 2015,27(5): 1428-1444 (Research Article, 探究组蛋白甲基化修饰参与茎顶端分生组织向花序分生组织转换的调控过程) 。

主持项目（基金资助）

- (1) 国家自然科学基金青年基金项目，项目批号：32200470，2023.01-2025.12，在研、主持；
- (2) 中国博士后科学基金第16批特别资助（站中），项目批号：2023T160250，2023.07-2025.07，结题、主持；
- (3) 中国博士后科学基金第71批面上项目，项目批号：2022M711265，2022.06-2024.06，结题、主持；
- (4) 湖北省自然科学基金青年基金项目，项目号：2022CFB744，2023.01-2025.01，在研、主持；
- (5) 湖北省博士后创新研究岗位资助项目，2022.07-2024.07，结题、主持。

所获奖励/荣誉

2023年，带领团队晋级第二届全国博士后创新创业大赛总决赛，团队负责人；

2023年，获得“湖北省创新创业优秀博士后”称号（湖北省人力资源和社会保障厅）；

2023年，带领团队获得首届湖北省博士后创新创业大赛优胜奖，团队负责人；

2022年，华中农业大学“百川计划”A类博士后资助入选者；

2018年，华中农业大学优秀博士生资助计划入选者；

2015年，“陶氏益农”奖学金资助计划入选者；

2014年，获得华中农业大学“科研积极分子”称号。

研究方向介绍:

1) 以拟南芥与菟丝子的互作系统为研究对象，利用表观基因组学、染色质生物学等研究体系探究植物寄生适应性的分子机制：寄生植物在寄生过程中涉及到众多的物质交换，包括糖类、蛋白、核酸以及其他小分子代谢物。这些分子通过跨物种间的传递，参与了复杂的寄生过程调节，包括寄生植物的能量维持、生长发育调控、环境适应与信号传递，以及寄主植物对寄生植物的免疫抵抗等。基于植物与寄生植物间的物质交换，结合利用表观基因组学、细胞生物学、生物化学以及相分离生物学等手段系统探究植物互作过程中的染色质调节的机制，旨在解析植物寄生相关机理，为嫁接机制以及寄生植物的生物防治和利用提供理论依据；

2) 以玉米为研究对象，利用三维基因组学、相分离生物学等研究手段探究植物在胁迫应答过程中的染色质结构重塑以及与其关联的基因表达重编程调节机制：固着的生存模式使得植物经受各类环境胁迫，植物如何感知复杂环境信号并做出适应性应答一直是生物学研究亟需解决的重要问题。植物通过各通路间相互交叉、协调，整体性、系统性的染色质层面调控应对逆境应答。以探究复杂环境信号激活的染色质整体结构重塑以及与其关联的基因表达重编程过程为切入点，阐释植物多重逆境重塑细胞功能与植物行为的分子逻辑意义重大；

3) 开发和整合前沿的表观基因组学高通量测序手段，从“omics”角度探究植物适应环境和稳态调节的调控机制。

前期工作介绍

前期工作主要围绕H3K27me3以及PRC2相关的基因表达重编程机制展开。具体包括：1) 系统性鉴定了水稻PRC2复合体组分(核心组分和附属组分)，并完整创建了所有水稻PRC2核心组分基因相关材料，解析水稻PRC2复合体两类催化亚基之间的功能异同，揭示二者的功能协同与分化是植物正常生长发育的重要保证的机制；2) 解析新型Coiled-Coil 蛋白PACP通过介导PRC2与KNOX/BEL类转录因子的结合进而参与PRC2对水稻侧生器官发育相关基因基因座位的招募，时空特异抑制侧生器官相关基因在顶端分生组织的表达以维持其组织特性的机制（相关研究结果以并列第一作者发表在*The Plant Cell* 杂志，2022）；3) 解析水稻能量调控核心因子OsSnRK1激酶通过磷酸化PRC2与JMJ705以调节二者的酶活，进而实现通过调节特定染色质区的H3K27me3修饰水平参与水稻对环境适应应答调控的新机制。该研究结果揭示了植物将感知的外部环境信号与内源染色质修饰变化紧密关联的调控机制，对于理解植物生长发育与逆境应答中相关的能量稳态调节具有重要的意义（相关研究结果以独立第一作者发表在*The Plant Cell* 杂志，2021）；4) 博士后阶段研究范畴从单基因表达调控延展到染色质结构调控，从整体染色质层面探究PRC2复合体以及H3K27me3参与逆境应答相关的染色质变构调节（三维基因组）以及其涉及到的基因表达重编程机制(部分研究结果以并列第一作者发表在*Nature Plants* 杂志，2025)。