



2015年报

旱区作物逆境生物学国家重点实验室 (西北农林科技大学)
State Key Laboratory of
Crop Stress Biology for Arid Areas, NWAUFU

地址: 中国 陕西 杨凌 邠城路3号
邮编: 712100
电话: +86 -29 -87080062 (传真)
网址: [Http://csbaa.nwsuaf.edu.cn](http://csbaa.nwsuaf.edu.cn)

Add : 3 Taicheng Road, Yangling, Shaanxi, China
Postcode : 712100
Tel : +86-29-87080062(Fax)
Http : //csbaa.nwsuaf.edu.cn

ANNUAL REPORT
in 2015

2015.12

旱区作物逆境生物学国家重点实验室

2015 年报

二〇一五年十二月

摘 要

2015 年,旱区作物逆境生物学国家重点实验室围绕作物抗逆种质与基因资源发掘、作物非生物胁迫应答机理、作物与有害生物的互作机理及作物抗逆种质创新与品种设计 4 个研究方向,进一步凝练研究内容,继续支持小麦逆境生物学和苹果逆境生物学 2 个研究计划,并取得了较好进展。

2015 年,实验室新增科研项目 55 项,获批总经费 3665 万元。其中国家自然科学基金国际(地区)合作项目 2 项,总经费 473 万元;国家自然科学基金面上项目 14 项,经费 880 万元;国家自然科学基金青年科学基金 13 项,经费 275 万元;农业部“948”项目 1 项,经费 60 万元;科技部科技支撑计划项目 2 项,经费 1428 万元;科技部国际科技合作与交流项目 1 项,经费 87 万元;陕西省科研项目 22 项,经费 462 万元。

2015 年,实验室固定研究人员及团队以通讯或第一作者身份公开发表 SCI 研究论文 202 篇,其中 $7 < \text{IF}$ 共 8 篇, $5 < \text{IF} < 7$ 共 18 篇, $3 < \text{IF} < 5$ 共 71 篇。包括 Annual Review of Entomology($\text{IF}=13.731$)1 篇、Journal of Pineal Research($\text{IF}=9.6$)3 篇、New Phytologist($\text{IF}=7.672$)2 篇、PLoS Pathogens($\text{IF}=7.562$)2 篇、Plant, cell & environment($\text{IF}=6.96$)1 篇、Plant Physiology($\text{IF}=6.841$)1 篇、Fungal Diversity($\text{IF}=6.221$)1 篇、Environmental Microbiology($\text{IF}=6.201$)4 篇、The Plant Journal($\text{IF}=5.972$)1 篇、Scientific Reports($\text{IF}=5.578$)5 篇、Journal of Experimental Botany($\text{IF}=5.526$)5 篇。

2015 年,实验室固定研究人员获科技奖项 4 项,王保通教授主持完成的科研成果“小麦条锈病菌新毒性小种监测和抗条锈基因挖掘及其应用”和吉万全教授主持的科研成果“优质强筋小麦新品种远丰 175 和陕麦 159 的选育和推广”分别获陕西省科学技术一等奖;胡小平教授参与的“棉花枯、黄萎病抗性鉴定技术创新与应用”获河南省科技进步一等奖;黄丽丽教授主持完成的科研成果“苹果树腐烂病成灾规律与防控关键技术研发和应用”获大北农科技成果一等奖。

2015 年,共有 18 个品种通过国家或省级品种审定。其中,小麦新品种 2 个,玉

米杂交种 2 个，油菜新品种 3 个。获批国家发明专利 10 项，植物新品种权 1 项，实用新型专利 3 项。

2015 年，共资助自主探索课题 4 个，计 150.00 万元；连续资助的重点项目 5 项，计 80.00 万元，主要用于加强作物非生物胁迫应答机理研究；设立青年人才项目 3 项，共 15.00 万元。目前，各项目的研究进展顺利，并已初步取得了一些成果。



科技部副部长徐南平来实验室调研



陕西省委副书记胡和平来实验室调研



陕西省科技厅厅长卢建军来实验室调研



康奈尔大学生物技术研究院 Jocelyn Rose 教授来实验室访问交流



澳大利亚科学院院士 R. A. McIntosh 教授
来实验室访问交流



吉林农业大学李玉院士来实验室访问交流



第一届学术委员会第五次会议



第十六届全国植物基因组学大会



中加联合研究中心学术研讨会

CONTENTS 目 录

一、基本信息	1
二、科学研究进展	2
(一) 作物抗逆种质和基因资源发掘	2
(二) 作物非生物胁迫应答机理	7
(三) 作物与有害生物互作机理	9
(四) 作物抗逆种质创新和品种设计研究	13
三、科研成果	17
四、队伍建设与人才培养	19
五、开放交流	21
(一) 开放课题立项和执行情况	21
(二) 学术交流	23
(三) 公众开放日活动	27
(四) 调研指导与参观访问	27
六、技术平台建设	29
(一) 仪器设备购置情况	29
(二) 开放共享情况	29
七、运行管理	30
八、学术委员会纪要	31
九、专项经费执行情况	35

一、基本信息

实验室中文名称:	旱区作物逆境生物学国家重点实验室 (西北农林科技大学)
实验室英文名称:	State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, NWAFU
实验室代码:	2011DA105054
所属学科领域:	生物科学
实验室主任:	康振生教授
学术委员会主任:	山仑院士
主管部门:	教育部
依托单位:	西北农林科技大学

二、科学研究进展

本年度实验室进一步明确了主攻方向，围绕旱区农业生产中的逆境因子这一前沿科学问题，重点开展旱区作物适应与抵御逆境的生物学基础及其改良与防控的基础与应用基础研究。同时，根据实验室的优势和特色，确定了粮食作物小麦和果树作物苹果作为实验室的主攻点，组建了科研团队，启动了小麦逆境生物学和苹果逆境生物学两个重大项目。主要进展如下：

（一）作物抗逆种质和基因资源发掘

围绕抗旱、抗寒、抗病虫、耐盐碱及优质高产等性状，收集粮油、果树、蔬菜等作物及其近缘植物种质资源，克隆筛选抗旱、耐盐等基因；并对小麦抗条锈病基因、大麦耐盐等相关性状的功能分析、中国野生葡萄抗病基因进行了深入研究。完成了普通小麦7DL的测序工作，建立了木荷蒿、苹果、葡萄三种植物的超低温保存技术与超低温疗法脱毒技术。取得的主要进展有：

1. 小麦 7DL 染色体物理图谱的构建及测序与分析

“小麦 7DL 染色体物理图谱的构建及测序与分析”子课题是国际小麦基因组测序协作组织（IWGSC）小麦基因组测序计划的组成部分，是国际小麦基因组测序计划的中国份额。本课题完成了小麦 7DL 染色体物理图谱的构建，并在物理图的基础上利用 BAC BY BAC 对其进行了测序与分析，获得了 7DL 染色体的序列草图，这是国际上首次在物理图谱基础上完成的小麦 7DL 染色体序列图，所获得的序列图的完整性、覆盖度及组装效果都明显好于前期的 survey 测序（Science, 2014），这为 7DL 上重要功能基因的克隆奠定了基础，也为小麦功能基因学研究提供了重要平台。

在此基础上，对小麦 7 号染色体组（7A\7B\7D）在重复序列、miRNA 组成等方面进行了分析与比较，从同源染色体的角度，研究了重复序列及 miRNA 在同源染色体间的异同、插入缺失特性、进化关系等，为小麦同源染色体互作的机制、小麦多倍化过程中的基因剂量效应及进化研究提供重要的信息。

项目的参与完成促进了我国小麦基因组学研究加入国际大协作，对提升我国小麦

基因组学研究水平、扩大我国在国际小麦基因组学领域的话语权、增强我国农业国际科技竞争力具有重要的推动作用。同时,小麦是我国乃至全世界最重要的粮食作物之一,用现代生物技术手段提高育种水平,缩短育种周期和培育优良品种是我国小麦生产面临的重大挑战之一。小麦染色体臂 7DL 上携带了大量未克隆的控制重要农艺性状的功能基因或 QTL 位点,包括抗病基因、抗病毒基因、抗虫基因、籽粒蛋白含量相关主效 QTL 位点、产量相关主效 QTL 位点等,7DL 的序列草图的完成为定位、克隆这些基因提供了重要的平台,为小麦分子育种奠定了基础。本项目的完成及相关结果的发表将产生较大的国内外影响。

2. 大麦盐胁迫相关 miRNA 的鉴定与表达特性分析

以大麦栽培品种 Morex 为实验材料,对其在盐胁迫及正常条件下 3h、8h 和 27h 的 miRNA 表达谱进行了分析。通过高通量测序,共鉴定到 152 个 miRNA,对差异表达谱进行分析,发现 108 个 miRNA 与大麦响应盐胁迫相关。进一步利用生物信息预测结合降解组测序的方法对这些盐胁迫相关 miRNA 的靶基因进行了鉴定,结合靶基因的功能分析,结果发现 miR164、miR168、miR172、miR396、miR419 等在大麦盐胁迫响应中发挥了重要的调控作用。最后,利用 qPCR 对部分鉴定的盐胁迫相关 miRNA 及其对应靶基因的表达情况进行了分析,结果表明 miRNA 与其对应靶基因的表达量存在着明显的负调控。结合 miRNA 及靶基因的表达特性和调控关系,揭示了 miRNA 在大麦盐胁迫响应方面的分子,这为进一步揭示大麦抗盐的分子机理,利用小 RNA 改良大麦抗盐性奠定了基础 (Deng et al., 2015)。

3. 过量表达死海真菌 EhHOG 基因增强转基因拟南芥的抗生物胁迫能力

小蜡叶散囊菌 (*Euritm herbariorum*) 是存在于死海中的一种普通真菌, EhHOG 基因是小蜡叶散囊菌中参与耐高渗透压重要的调控因子,对盐胁迫强烈应答的大多数基因都高度或完全依赖 EhHOG。过量表达 EhHOG 能够提高转基因植株在盐、干旱和冷冻胁迫条件下的生长;在锂盐胁迫条件下,转基因株系 EhHOG41 和野生型株系进行转录组测序,结果发现 EhHOG 能够诱导压力响应, MAPK 和甘油合成相关基因的表达,并且进一步分析得出 EhHOG 能够诱导 WRKY75 的表达,使得 EhHOG41 的侧根数量明显

多于野生型。随机挑选 14 个差异表达基因进行 qRT-PCR 进行验证，证明转录组数据与 qRT-PCR 相符，并且转基因株系的 GPP 酶活、G3P 和甘油含量均高于野生型株系，证明 EhHOG 确实能够激活植物体内的甘油合成途径从而使植物具有抗逆性。该研究是首次过量表达死海真菌的 EhHOG 基因增强拟南芥的抗逆性，若将 EhHOG 基因转入农作物中，能稳定地遗传，将促进真菌的基因资源在农作物中的开发利用，极大地丰富作物遗传改良所需的抗逆基因资源。

4. 中国野生毛葡萄浆果特异品质基因及功能研究

为了阐明丹凤-2 果皮中白藜芦醇含量高的机理，本研究采集丹凤-2 果实四个关键发育时期，以白藜芦醇含量低的著名酿酒品种欧洲葡萄赤霞珠为对照，进行转录组测序。转录组测序每个样品得到 >5G 的 clean Reads，经过比对，计算表达丰度，分析各个时期差异基因，鉴定得到与白藜芦醇代谢途径相关的差异基因集。其中，在丹凤-2 果实发育过程中，芪合成酶在转色前期开始启动表达，而在赤霞珠中，芪合成酶在转色期才开始表达，在表达时间上滞后于野生葡萄丹凤-2。另外，控制白藜芦醇生成云杉新苷进行贮藏的关键酶白藜芦醇糖基转移酶在丹凤-2 转色期和成熟期表达量显著高于欧洲葡萄赤霞珠，这可能是丹凤-2 白藜芦醇含量高的原因之一。通过共表达分析鉴定得到 16 个与芪合成酶表达模式相同或相似的转录因子，这些转录因子可能参与调控芪合成酶表达。同时，丹凤-2 转录组数据中存在部分未能匹配到参考基因组上的序列，进行拼接后得到大量特异转录本，其中一些转录本 GO 注释与抗病相关。筛选的候选基因已进行后续功能验证。

5. 泛素连接酶基因与葡萄白粉菌、温度之间的调控关系

对前期获得的泛素连接酶基因 VpRH2、VpUIFP1 分别稳定转化欧洲葡萄无核白和红地球，转基因葡萄中对泛素连接酶基因的表达模式分析和接菌实验结果表明，这些泛素连接酶基因均能诱发防御响应并授予转基因葡萄对葡萄白粉菌的抗性，对分子改良欧洲葡萄感病品种具有重要的理论指导意义。另一方面，深入研究了泛素连接酶基因 VpPUB24 与两个互作蛋白 ICE1 及 EX070B2 的关系。研究表明 VpPUB24 的表达受温度严格控制，在转录水平上其存在负反馈调节，受 ICE1 的调控。EX070B2 在

抗病过程中起到正调控的作用, VpPUB24 与 EX070B2 互作并介导其降解。通过 RT-PCR 分析表明, 过量表达 VpPUB24 可以抑制抗病反应路径中的节点基因 SNC1 的表达而负调控对白粉菌的抗性。这些结果揭示了泛素连接酶在介导植物生物胁迫与非生物胁迫防御反应的作用机理, 为葡萄定向改良提供理论基础。

6. 建立了木荷蒿、苹果、葡萄等植物的超低温保存与脱毒技术

(1) 木荷蒿菊花矮化类病毒 (CSVd) 的侵染力及其脱毒技术研究

利用原位杂交 (in situ hybridization) 技术定位 CSVd 在茎尖的分布表明, CSVd 侵染茎尖分生组织的能力随基因型而异: CSVd 可以侵染 ‘Yellow Empire’ 和 ‘Butterfly’ 的顶端分生组织, 以及第一二片叶原基。但只能侵染 ‘Border Dark Red’ 和 ‘Border Pink’ 茎尖基部的细胞, 而不能侵染顶端分生组织和第一二片叶原基。组织学和透射电子显微镜观察表明, 胼胝质沉积的差异性很可能是导致 CSVd 侵染不同木荷蒿基因型茎尖能力差异的主要原因。

将带 CSVd 的木荷蒿试管苗用在光照条件下, 5 °C 低温处理 1-12 个月后, 取茎尖用原位杂交定位 CSVd 的结果表明, ‘Border Dark Red’ 经过低温处理后, 茎尖分生组织和第一到第四片叶原基不能检测到 CSVd 的信号, 而在维管束组织和茎尖分生组织以下的细胞中发现 CSVd 的颜色反应, 但是颜色分布明显对照淡。‘Yellow Empire’ 经过低温处理后, 随着处理时间的增加, 茎尖 CSVd 的分布没有明显的变化: CSVd 不但可以感染维管束细胞, 叶原基细胞, 以及茎尖中几乎所有的细胞, 甚至可以感染到茎尖分生组织的第一二层细胞和最肉嫩的一二片叶原基。低温处理结合茎尖培养可获得 8% 的 CSVd 脱除率。首次在国际上获得木荷蒿无 CSVd 苗。

(2) 苹果茎尖超低温保存及脱毒技术研究

建立了两种高效、广谱的苹果茎尖超低温保存技术体系: Droplet-vitrification 和 Encapsulation-dehydration。在两种方法中, 均有三种再生类型: 1) 仅有愈伤组织; 2) 仅有叶片组织; 3) 正常茎再生。三种再生类型与细胞成活模式和数量相关: 在成活模式 1 中, 分生组织中的大部分细胞 (94-95%) 被液氮杀死, 叶原基中仅有部分细胞 (30-32%) 成活; 在成活模式 2 中, 分生组织中的少量细胞 (18-20%) 及叶原基中的部分细胞 (30-31%) 成活; 在成活模式 3 中, 分

生组织中的大部分细胞（60–62%）及叶原基中的部分细胞（30–33%）成活。这些结果表明，超低温过程中，只有当分生组织中的大部分细胞成活时，茎尖才能再生正常的茎。RAPD 和 ISSR 引物及 CFM 对两种茎尖超低温保存后再生植株的遗传稳定性鉴定结果没有发现异常条带（图 8）染色体倍数的变异（图 9），表明茎尖超低温保存后的再生植株是遗传稳定的。上述研究为苹果种质资源的长期保存提供了理论与技术平台。

(3) 苹果茎尖超低温疗法与茎尖培养脱毒研究

以感染苹果茎痘病毒 (Apple stem pitting virus, ASPV) 和苹果茎沟病毒 (Apple stem grooving virus, ASGV) 的 M26 和 M9 砧木试管苗为试材，分别用顶芽茎尖培养和茎尖超低温疗法脱毒。顶芽茎尖培养时，带 2 个叶原基 0.5mm 的茎尖能有效 (100%) 脱除 ASPV，带 3 个叶原基同样大小的茎尖对 ASPV 的脱毒率明显降低 (10%)；茎尖超低温疗法能有效地脱除 ASPV，其脱毒率不受茎尖大小 (1.0–1.5mm，带 3–4 个叶原基) 的影响；顶芽茎尖培养和茎尖超低温疗法均不能脱除 ASGV。超低温处理后成活细胞在茎尖的分布及病毒在茎尖的定位为顶芽分生组织培养和茎尖超低温疗法能有效脱除 ASPV，而不能脱除 ASGV 提供了实验证据。

以感染苹果茎痘病毒 (Apple stem pitting virus, ASPV) 和苹果茎沟病毒 (Apple stem grooving virus, ASGV) 的 ‘Gala’ 试管苗为试材，用叶片为外植体，诱导不定芽形成，在不定芽形成的不同阶段取茎尖分生组织进行培养，以脱除苹果病毒。实验结果表明，再生 3–4 周后带 3 个叶原基 0.3mm 茎尖的再生率 (53–55%) 明显高于再生 2–3 周后同样大小带 2 个叶原基茎尖的再生率 (10–15%)。而再生 4 周后带 4 个叶原基 0.4mm 茎尖的再生率最高 (82%)。再生 2–4 周后带 2–3 个叶原基 0.2–0.4mm 的茎尖均能有效 (95–100%) 脱除 ASPV，随再生时间的延长和茎尖增大，脱毒率明显下降，再生 4 周后带 4 个叶原基 0.4mm 的茎尖对 ASPV 的脱毒率仅为 20%。在不同再生时间，取不同大小的茎尖均不能脱除 ASGV。叶片不定芽再生过程中的组织学观察和病毒在外植体及不定芽形成中的分布变化揭示了不定芽再生的脱毒机理。

(4) 葡萄卷叶病-3 指示植物检测与茎尖超低温疗法脱毒

以葡萄卷叶病-3 的葡萄 ‘Cabernet Sauvignon’ 试管苗为试材，利用盐胁迫

(150 mmol NaCl) 或干旱胁迫 (4% PEG 8000) 处理 4 周后带毒植株表现出明显的症状, 而无毒植株不表现任何症状。该方法用于其他 3 个带毒红色葡萄 (两个鲜食葡萄, 一个砧木) 的检测获得同样的结果, 该方法的建立为红色葡萄卷叶病-3 的检测建立了简易、快速、灵敏的指示植物检测技术。

以感染葡萄卷叶病-3 的葡萄试管苗为试材, 建立了茎尖超低温疗法脱毒技术 (图 15), 超低温处理后植株再生率为 72%, 对卷叶病-3 的脱毒率为 90%。病毒在茎尖的定位及超低温处理后成活细胞在茎尖的分布, 解释了超低温疗法脱毒的机理。

7. 小麦人工染色体合成与抗病优质育种

围绕小麦抗病、优质、高产品种培育为终极目标, 继续开展了小麦-黑麦、小麦-华山新麦草、小麦-滨麦草等衍生后代的细胞学鉴定工作; 小麦优异种质的抗病基因遗传分析、定位和作图工作; 同时开展了人工合成小麦创制以及新品种培育工作。利用双色荧光 FISH 细胞学鉴别技术, 鉴定出小麦-滨麦异附加系 2 个, 该系表现出优异的条锈病抗性 (Yang et al., 2015)。研究表明, 小麦与黑麦杂交后, 黑麦 R 染色体组具有定向消除小麦染色体 D 组染色体的能力 (Li et al., 2015), 为后续远缘杂交种质创制奠定了基础。遗传分析表明人工合成小麦 SE5756 中含有显性条锈病抗性基因 YrSE5756 (Wang et al., 2015)。克隆了小麦转录因子 TaNAC29, 功能研究表明该基因具有增强小麦耐盐胁迫功能 (Xu et al., 2015)。育成的西农 511 通过陕西省品种审定委员会审定。此外, “优质强筋小麦新品种远丰 175 和陕麦 159 的选育和推广” 获得陕西省科技进步一等奖。

(二) 作物非生物胁迫应答机理

围绕作物响应非生物逆境的分子机理, 进一步凝练科研方向, 取得了较好成绩。围绕小麦表皮蜡质在抗旱中的功能、玉米干旱响应棉籽糖代谢相关基因的功能、植物逆境响应激素 ABA 作用机理等问题, 在作物响应干旱的分子机理领域持续开展工作并取得新进展。围绕作物和植物生长发育的调控机理, 在作物种子大小调控的分子机理、植物细胞伸长调控机理等领域持续开展工作并取得新进展。

1. 小麦表皮蜡质合成及其调控的分子机理

围绕植物叶片表皮蜡质在响应干旱胁迫中的功能开展研究，明确了小麦叶片和穗表皮蜡质组分和晶体形态的动态发育过程。克隆了小麦 *TaFAR1-TaFAR5* 系列表皮蜡质脂肪醇合成相关基因。其中 *TaFAR1* 和 *TaFAR5* 均编码脂肪酸酰基辅酶 A 还原酶。*TaFAR1* 和 *TaFAR5* 蛋白与拟南芥 CER4 高同源并定位于内质网上。*TaFAR1* 和 *TaFAR5* 基因表达受干旱胁迫诱导。相关研究结果在《Journal of Experimental Botany》《Plant Cell Physiology》等期刊发表。

2. 植物激素 ABA 调控的分子机理

在拟南芥中，发现 SnRK3 型蛋白激酶 PKS5 与 bZIP 型转录因子 ABI5 物理互作。发现 PKS5 遗传上在 ABI5 上游，通过磷酸化调控 ABI5 活性进而调控 ABA 介导过程。相关研究结果在《Plant Physiology》发表。

3. 植物微生物互作响应重金属胁迫的分子机理

系统研究了细菌 VI 型分泌系统 (T6SS) 在抗逆中的功能，在假结核耶尔森氏菌中鉴定 4 套 T6SS。发现 T6SS-4 受到应激反应总调控因子 RpoS 和饥饿胁迫调控蛋白 RovM 等多种胁迫相关调控蛋白的调控，其中饥饿诱导的 LysR 家族转录调节蛋白 RovM 通过结合在 T6SS-4 启动子的上游区域激活其表达。与此相反，RovM 通过结合在经典的精氨酸依赖抗酸系统 AR3 启动子-35 区而抑制其表达。发现活性氧信号感受与调控蛋白 OxyR 通过与 T6SS-4 启动子上一个保守的结合位点结合并激活 T6SS-4 组成基因的表达，T6SS-4 突变体在氧胁迫下存活率显著降低，并发现 T6SS-4 突变体中含有较高水平的自由基，通过添加自由基清除剂和产自由基抑制剂可明显恢复 T6SS-4 突变体在氧胁迫下的存活率，表明 T6SS-4 主要通过降低氧胁迫产生的自由基水平而对抗氧胁迫对细菌的杀伤作用。相关结果在《PLoS Pathogens》《Environmental Microbiology》等期刊发表。

4. 植物株型调控。

植物株型调控是植物生长发育的重要过程，具有重要的理论价值和应用潜力。对植物株高调控开展研究。在小麦矮秆基因的遗传效应研究方面取得了进展，初步明确

了小麦矮秆基因 *Rht18*、*Rht13* 和 *Rht4* 的遗传效应。相关研究结果的在《Field Crops Research》发表论文 2 篇。鉴定了拟南芥显性株型突变体 *abs3-1D* 并开展了 ABS3 亚家族 *MATE* 转运蛋白基因调控植物细胞伸长机理研究。ABS3 亚家族基因具有显著组织表达特异性, 其编码蛋白定位于植物细胞次级内体。在光照和黑暗条件下, 过量表达 ABS3 导致植物下胚轴细胞伸长受到抑制, 而 ABS3 亚家族基因四重功能缺失突变体表现出下胚轴细胞过度伸长表型, 这些结果表明 ABS3 亚家族基因是植物细胞伸长的负调控因子。相关研究结果在《Journal of Experimental Botany》发表。

5. 作物种子籽粒大小的分子调控机理

建立了小麦的 BSMV-VIGS 基因沉默研究体系, 并在小麦穗部实现基因高效沉默。克隆小麦 CYP78A 家族基因 *TaCYP78A3* 和 *TaCYP78A5*, 分别编码小麦细胞色素 P450 蛋白。利用 BSMV-VIGS 技术在小麦种子发育阶段分别抑制 *TaCYP78A3* 和 *TaCYP78A5* 基因的表达, 导致小麦种子大小显著降低。在拟南芥中超表达 *TaCYP78A3* 和 *TaCYP78A5* 基因可以导致拟南芥种子显著增大。相关研究结果在《Plant Journal》和《Journal of Experimental Botany》发表。

(三) 作物与有害生物互作机理

1. 首次构建了小麦条锈菌的无毒基因与分子标记的连锁遗传草图, 揭示了条锈菌无毒基因的遗传规律

利用单夏孢子菌系产生的冬孢子接种陕西小檗 (*Berberis shensiensis*), 获得了 118 个单锈孢子后代。亲本以及自交后代 S1 在 *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr17*, *Yr24*, *Yr25*, *Yr26*, *YrA*, *YrExp2* 都表现为能侵染, 在 *Yr5*, *Yr8*, *Yr15*, *YrTr1* 没有出现分离且与亲本一样表现为不能侵染, 说明在亲本的这 16 个位点为纯合。在 *Yr6* 和 *Yr43* 这两个位点上, 亲本为无毒性, S1 无毒性有毒性的分离比接近于 3:1, 说明在这两个位点上, 亲本为杂合且无毒基因为显性。在 *Yr27* 和 *Yr28* 位点上, 亲本为有毒性, S1 后代无毒性有毒性的分离比接近于 3:1, 说明这两位点由一个基因控制, 且无毒基因为隐性。在 *Yr4*, *Yr32* 和 *Yr44* 这三个位点上, 亲本表现为能侵染, 后代中无毒性有毒性的分离比接近于 15:1, 说明在这个位点由两个基因控制, 且无毒基

因为隐性。在 *YrSp* 位点上，无毒性与有毒性的比例接近于 13:3 多于 3:1，说明毒性由两个分离的显性基因控制，一个显性基因控制毒性，另一个显性基因控制抑制毒性基因的表达。此外，后代群体共产生了 28 个致病类型，其中一个与亲本一致。在 13 个位点上后代出现了分离，这表明亲本在这 13 个位点为杂合。共产生了 82 个基因型，其中一个和亲本是一样的。有性生殖后产生如此多致病类型和基因型，表明有性生殖产生了较高的遗传多样性 (Zhan et al., *Phytopathology*)。

2. 揭示了禾谷类锈菌特有激酶基因 PsSRPKL 是重要致病因子

在小麦条锈菌吸器库中鉴定到了一个新颖的激酶基因 PsSRPKL。qRT-PCR 分析发现 PsSRPKL 在条锈菌侵染小麦过程中高量诱导表达，同时也在侵染转主寄主小檗中诱导表达。系统发育分析发现 PsSRPKL 属于禾谷类锈菌进化上特有的激酶基因。进一步研究发现 PsSRPKL 具有高水平的种内序列多态性，且突变氨基酸集中于其激酶结构域。同时，在烟草和拟南芥中的亚细胞定位实验均发现 PsSRPKL 定位于细胞核。在裂殖酵母中过表达 PsSRPKL 后会引起酵母细胞的形态畸形，同时降低酵母细胞对环境胁迫（包括氧胁迫和高渗胁迫）的抗性。利用 HIGS 技术将 PsSRPKL 进行沉默，结果发现 PsSRPKL 沉默植株的条锈菌致病表型减弱。组织学观察发现沉默植株中的条锈菌的菌丝发育受到抑制，同时寄主植物的活性氧积累增加。这些结果表明 PsSRPKL 是一个重要的条锈菌致病因子，通过调控菌丝发育和环境胁迫抗性来参与条锈菌在小麦上的致病性 (Cheng et al., *Environmental Microbiology*)。

3. 发现小麦碱/中性蔗糖酶基因通过分解蔗糖抑制光合作用，防止活性氧积累而帮助条锈菌侵染致病

糖在植物响应逆境胁迫过程中起关键作用，但分子机制仍不明确。本研究从小麦种成功克隆了一个小麦碱/中性蔗糖酶基因 (Ta-A/N-Inv1)。通过荧光实时定量 qRT-PCR 技术，发现该基因在亲和组合水源 11/CYR31 中上调表达，而在非亲和组合水源 11/CYR23 中变化不明显。利用酵母突变体互补及理化特性分析明确 Ta-A/N-Inv1 编码产物为碱/中性蔗糖酶。烟草及拟南芥瞬时表达实验表明 Ta-A/N-Inv1 定位于细胞质。利用病毒介导的基因沉默 (VIGS) 技术，在 Ta-A/N-Inv1 的基因沉默植株中，小麦品种“水源 11”对亲和小种 CYR31 的抗病性增强，通过组织细胞学观察，发现

H₂O₂ 积累及细胞坏死明显增强。为了进一步解析抗病性变化的原因, 对 Ta-A/N-Inv1 基因沉默植株的光合作用速率进行测定, 发现与对照相比, 光合作用效率明显提高, 同时与 H₂O₂ 清除相关的小麦超氧化物歧化酶基因 TaSOD 与抗坏血酸过氧化物酶 TaAPX 基因也明显上调表达。以上结果表明, Ta-A/N-Inv1 在条锈菌侵染过程中被诱导表达, 可能通过分解蔗糖提高小麦细胞质中的己糖浓度来反馈抑制过剩的光合作用, 以此来防止因光合作用产生过多的活性氧而不利于条锈菌的侵染 (Liu et al., Journal of Experimental Botany)。

4. 明确了两个细胞周期蛋白依赖性激酶 Cdc2A 和 Cdc2B 对小麦赤霉菌侵染生长的分子调控机理

小麦赤霉菌等半活体营养病原真菌的侵染菌丝和营养菌丝形态不同, 两种菌丝的细胞周期调控机制不同, 但其潜在分子机理并不清楚。已知细胞周期蛋白依赖性激酶 Cdc2 是细胞周期调控中最重要因子, 真菌通常只编码一个 Cdc2, 且是必需基因。本研究首次在小麦赤霉菌中鉴定到两个 Cdc2 直系同源基因 (Cdc2A 和 Cdc2B), 并证明二者均调控营养生长的细胞周期且功能冗余, 但只有 Cdc2A 作用于侵染生长, 为小麦赤霉菌侵染致病所需。研究还进一步证明 Cdc2A 的 N-端和 C-端序列决定其在侵染生长中的功能特异性, 揭示了小麦赤霉菌侵染生长的分子调控机理, CDC2A 可作为候选药剂靶标, 用于开发新型药剂防治小麦赤霉病 (Liu et al., PLoS Pathogens)。

5. 明确了小麦赤霉菌 MADS-box 转录因子 FgMcm1 在小麦赤霉菌细胞识别和致病中的重要调控作用

小麦赤霉菌有性生殖对小麦赤霉病的发生至关重要, 因为有性生殖产生的子囊孢子是赤霉病发生的初侵染源。本研究证明 FgMcm1 可与有性生殖相关基因 Mat1-1-1 和 Ste12 互作, 从而激活调控小麦赤霉菌的有性发育。FgMcm1 基因敲除突变体在小麦上的致病力和产真菌毒素能力显著下降, 此外, 一个重要发现是, FgMcm1 基因敲除突变体不稳定, 可形成快慢两种菌落, 但 FgMcm1 和 Mat1-1-1 双基因敲除突变体稳定, RNA-Seq 转录组测序分析发现有性生殖有关的基因在生长慢的菌落里上调表达。这些结果表明 FgMcm1 通过与 Mat 及其它转录因子互作来调控真菌的细胞识别和有性生殖上 (Yang et al., Environmental Microbiology)。

6. 揭示了水稻稻瘟菌信号受体 Msb2 激活机制

稻瘟菌中信号黏蛋白 MoMsb2 是与附着胞形成和致病性相关的 Pmk1 信号通路的上游受体基因。本研究发现 MoMsb2 的 N 端被高度糖基化，且激活过程中该蛋白被水解切割为两段。但是对 3 个假定切割位点的单点突变均不能阻止 MoMsb2 的切割并使其丧失功能。MoMsb2 的胞外区域对于表面信号识别和附着胞形成是至关重要的，而胞内部分对于附着胞的穿透和侵染菌丝的生长是极其重要的。持续单独表达胞内区域并不能恢复 *Momsb2* 突变体的缺陷。通过免疫共沉淀方法鉴定出一个与 MoMsb2 胞内部分互作的蛋白 Ras2，因此 MoMsb2 可能通过 Ras2 来激活 Pmk1 信号通路。有趣的是 *Momsb2 cbp1* 双敲突变体完全不能够激活 Pmk1，并且不能在人工疏水表面形成附着胞，也不能使水稻叶片形成病斑。表明 MoMsb2 和 Cbp1 可能具有功能上的重叠 (Wang et al., *Environmental Microbiology*)。

7. 揭示了苹果树腐烂病菌及梨树腐烂病菌全基因组特征

通过对苹果树腐烂病菌和梨树腐烂病菌进行全基因组测序，发现 *Valsamali* 基因组大小为 44.7 Mb，11261 个基因，重复序列为 14.1%，而 *V. pyri* 基因组 35.7Mb，编码 10481 个基因。二者均编码大量参与植物细胞壁降解、蛋白降解、次生代谢物质合成等致病相关蛋白。比较基因组分析发现，相对其它子囊菌，腐烂病菌编码果胶酶、谷氨酸蛋白酶、次生代谢物合成酶和膜转运蛋白等的基因家族更为丰富，并且这些基因在病菌侵染过程中普遍上调表达，但是对木质纤维素和角质的降解能力有限。这些结果表明基因组中水解酶类、次生代谢物合成、氮转运相关蛋白和酸性外泌蛋白酶等相关基因的扩增可能是病菌适应性侵染树皮的主要决定因子。腐烂病菌基因组的测序，为腐烂病菌的进化和致病机理研究提供了大量有价值的信息 (Yin et al., *New Phytologist*)。

8. 鉴定获得了 2 个拟南芥对疫霉菌抗性的负调控因子

明确了通过对模式植物拟南芥抗寄生疫霉菌突变体进行分析鉴定，获得根瘤素基因 MtN21 家族的 RTP1 基因和蛋白激酶基因 Raf36，可以负向调控植物对疫霉菌的抗性。其中，疫霉菌侵染 RTP1 基因沉默或敲除的突变体植株，导致活性氧迸发和病程

相关蛋白表达, 引起局部细胞坏死。RTP1 蛋白定位于内质网, 参与调节植物对专性寄生菌的抗性, 但对腐生菌的侵染没有影响 (Pan et al., New Phytologist)。

9. 明确了 Insulin 信号通路中 Apirp5 基因参与了豌豆蚜翅发育进程

蚜虫一般包含无翅型和有翅型, 通常这两种多型之间会进行生殖和扩散之间的转换。最近在褐飞虱之中的研究表明, Insulin 信号通路之中的胰岛素受体在其翅型分化中起到了重要的作用, 然而在同样具有翅多型现象的蚜虫之中是否存在类似的机制我们并不清楚。我们的研究发现, 豌豆蚜 Apirp5 基因的表达影响了其无翅型中生化成分和胚胎发育。通过比较三龄有翅蚜和无翅蚜中 Insulin 信号通路之中关键基因的表达, 我们发现 Apirp5 在无翅蚜头部和胸部的表达高于在有翅蚜中。通过 RNAi 抑制 Apirp5 基因的表达, 我们发现蚜虫体重减轻、胚胎变小的同时碳氢化合物和蛋白质含量升高。研究结果表明, Apirp5 基因在豌豆蚜翅发育进程之中参与了胚胎发育和代谢调控。

(四) 作物抗逆种质创新和品种设计研究

2015 年度选育新品种 20 个, 其中小麦 4 个、油菜 3 个、玉米 2 个、杂粮 2 个、甘蓝 1 个、西瓜 8 个。杂交小麦“西杂五号”获得新品种权 (CNA20100760.4)。选育的小麦新品种西农 188、西农 511、西农 20 于 2015 年通过陕西省审定 (已公示完毕), 西农 822 通过安徽省审定。此外, 筛选出 10 余个小麦新品系参加国家和陕西省试验。新选育的杂交小麦新品种‘西杂九号’, 于 2015 年 6 月 14 日, 经陕西省科技厅组织邀请相关专家现场实收, 平均亩产 741.33 公斤, 创下了陕西省小麦单产的最高纪录。选育的油菜新品种陕油 1209 通过国家审定, 陕油 28 和润扬油 1 号分别通过陕西省和江苏省审定。选育的玉米杂交种陕单 618 和陕单 622 通过陕西省审定。

1. 橙色大白菜类胡萝卜素积累基因功能标记的开发

在前期工作基础上, 根据橙色 Br-or 启动子区域的 86 bp 缺失, 开发了大白菜橙色叶球基因的功能标记 Br-Pro-Indel。该功能标记在橙色叶球大白菜品种中能扩增出 213 bp 的片段, 而在普通白色大白菜品种中扩增出 299 bp 的片段, 并在不同遗传背景的白菜品种品系及 F2 群体中进行验证表明与橙色性状为共显性, 该标记可以用

于分子标记辅助选择育种。同时，在获得了橙色大白菜候选基因 *Br crtiso* 序列之后，以拟南芥 *At crtiso* 突变体为对象进行了互补试验。分别构建了 3 个过量表达载体，分别是：过表达普通大白菜 *Br CRTISO* cDNA 全长（35S-*Br CRTISO*），橙色大白菜 *Br crtiso* cDNA 全长（35S-*Br crtiso*）及包含 2 个 SNP 但是不含有 3' 端大片段插入的橙色大白菜 *Br crtiso* cDNA（35S-*Br crtiso*）载体。结果 35S-*Br crtiso* 和 35S-*Br crtiso* 能够完全互补 *At crtiso* 突变体，其表型跟野生型完全相同。但是 35S-*Br crtiso* 却不能互补拟南芥 *At crtiso* 突变体，表明 *Br crtiso* 3' 端插入序列可能导致产生了没有功能的 *CRTISO* 蛋白，最终导致了橙色表型的产生。(Planta (2015) 241:1381 - 1394)。

2. 利用 PCR 技术克隆到抗性突变体相应的 *BnALS1*、*BnALS2*、*BnALS3* 基因

序列分析结果表明，K1 和 K4 的 *BnALS3* 基因序列发生碱基突变，其中第+535 位 C 碱基突变为 T，导致其编码的 *BnALS3* 蛋白第 197 位氨基酸由 Pro 突变为 Ser；而 K5 的 *BnALS1* 基因序列第+544 位 C 突变为 T，导致其编码的 *BnALS1* 蛋白发生了 Pro197Ser 的改变（均以拟南芥 *ALS* 氨基酸序列为准）。基于突变的基因序列设计了 8 对等位基因特异性 PCR 引物组合，有 6 对能用于区分抗性突变体和野生型材料，其中检测 K5 的 *BnALS1* 基因 SNP 位点的引物 2 对，检测 K1、K4 突变体 *BnALS3* 基因 SNP 位点的引物 4 对。

K5 抗性位点 *BnALS1*:Pro197Ser 的改变属于首次报道。本研究筛选到的新型苯磺隆抗性油菜及开发的等位基因特异分子标记，将为油菜抗除草剂育种奠定材料基础与技术储备。

3. 对 3 个具有不同抗性的野生葡萄的转录组

进行了从头 (*de novo*) 拼接，通过与葡萄参考基因组全面的比较，发现了大量的野生葡萄特异基因和丰富的遗传变异资源。在每个野生材料中找到了超过 1,000 个特异基因和 600-700 个非编码转录本，并且发现 ~30% 的特异基因的功能与植物的防御反应有关。这些特异基因中富集了大量的植物响应病原菌侵染的生理过程和一些例如香豆素类植保素的合成过程。进一步的分析结果发现，6-10% 的特异基因被预测为受体类激酶，8% 的特异基因为 NBS-LRR 类抗病基因。同时本研究还在野生葡萄和葡萄参考

基因组 PN40024 之间找到了 87,000–110,000 个纯和的 SNPs 和约 2,000 个小片段的 indels, 并且对这些变异可能产生的影响进行了全面的预测。此外, 通过链特异的 RNA-Seq 文库, 还找到了 100–200 对 cis-NA 些转录本中显著富集了参与次生代谢途径和非生物胁迫途径的转录本, 预示了野生葡萄中 cis-NATs 的潜在调节功能。以上研究在 BMC Genomics 16:223, 2015, 发表论文 1 篇。

4. 玉米种质创新

鉴于现代玉米种质创新的关键在于拥有优异种质资源的数量与质量。玉米育种难在选系、重在测配、关键在种质。为此, 在总结分析国内玉米育种历程和国外商业化育种经验基础上, 确立“大规模、多地点和持续性”的育种思路, 形成了“优异种质材料 + 高效选择方法 + 新组合多环境测试”的高效玉米育种技术体系。借鉴国际、国内玉米育种的新理念, 以简化的杂优模式和国内外优良种质为基础, 构建陕 A 群、陕 B 群 2 个杂种优势群体, 实行开放式育种, 推动了我国玉米育种实质性的协同创新。本年度通过农艺性状分析、基于 SNP 分子生物学分析和配合力测定, 陕 A 群、陕 B 群 2 个杂种优势群培育的 KA、KB 系列玉米自交系具有农艺性状优良、抗逆性强(耐密、抗旱、耐低氮、抗病)、配合力高的特点。陕 A 群、陕 B 群 2 个杂种优势群具有遗传基础丰富、典型性状突出特点, 既可作为育种群体, 又可作为抗逆高产遗传机理研究的群体材料。为进一步开展玉米抗逆(抗旱、氮高效)种质创新利用, 以及抗逆新品种设计积累了种质基础。培育的陕单 609、陕单 616、陕单 618、陕单 621 和陕单 622 已通过陕西省品种审定。陕单 619、陕单 620、陕单 636 和陕单 639 等新组合在多年多点试验中表现较好。陕单 609 已成为陕西省区域布局意见主栽品种, 以及陕西省玉米高产创建、旱作农业科技项目主推品种。

5. 小麦种质创新

年度围绕小麦抗病、优质、高产品种培育为终极目标, 继续开展了小麦-黑麦、小麦-华山新麦草、小麦-滨麦草等衍生后代的细胞学鉴定工作; 小麦优异种质的抗病基因遗传分析、定位和作图工作; 同时开展了人工合成小麦创制以及新品种培育工作。利用双色荧光 FISH 细胞学鉴别技术, 鉴定出小麦-滨麦异附加系 2 个, 该系表现出优异的条锈病抗性(Yang et al., 2015)。研究表明, 小麦与黑麦杂交后, 黑麦 R 染色

体组具有定向消除小麦染色体 D 组染色体的能力(Li et al., 2015), 为后续远缘杂交种质创制奠定了基础。遗传分析表明人工合成小麦 SE5756 中含有显性条锈病抗性基因 YrSE5756(Wang et al., 2015); 利用等位性测验、分子标记群体遗传分析, 并结合抗谱分析表明育成小麦品种陕麦 139 的 1B 染色体的抗条锈病基因不同于已有抗病基因 Yr10、15、24/26, 该基因对目前我国流行的条锈病小种全部表现免疫(Zhang et al., 2015)。育成的西农 511 通过陕西省品种审定委员会审定。此外, “优质强筋小麦新品种远丰 175 和陕麦 159 的选育和推广” 获得陕西省科技进步一等奖。

三、科研成果

1. 获批主要科研项目

2015 年, 实验室新增科研项目 55 项, 获批总经费 3665 万元。其中国家自然科学基金国际(地区)合作项目 2 项, 总经费 473 万元; 国家自然科学基金面上项目 14 项, 经费 880 万元; 国家自然科学基金青年科学基金 13 项, 经费 275 万元; 农业部 948 项目 1 项, 经费 60 万元; 科技部科技支撑计划项目 2 项, 经费 1428 万元; 科技部国际科技合作与交流项目 1 项, 经费 87 万元; 陕西省科研项目 22 项, 经费 462 万元。

2. 发表的研究论文

2015 年, 实验室固定研究人员以通讯或第一作者身份公开发表 SCI 研究论文 201 篇, 其中 $7 < IF < 8$ 共 8 篇, $5 < IF < 7$ 共 18 篇, $3 < IF < 5$ 共 71 篇。包括 *Annual Review of Entomology* (IF=13.731) 1 篇、*Journal of Pineal Research* (IF=9.6) 3 篇、*New Phytologist* (IF=7.672) 2 篇、*PLoS Pathogens* (IF=7.562) 2 篇、*Plant, cell & environment* (IF=6.96) 1 篇、*Plant Physiology* (IF=6.841) 1 篇、*Fungal Diversity* (IF=6.221) 1 篇、*Environmental Microbiology* (IF=6.201) 4 篇、*The Plant Journal* (IF=5.972) 1 篇、*Scientific Reports* (IF=5.578) 5 篇、*Journal of Experimental Botany* (IF=5.526) 5 篇。

3. 科技奖励

2015 年, 实验室固定研究人员共获科技奖项 3 项, 王保通教授主持完成的科研成果“小麦条锈病菌新毒性小种监测和抗条锈基因挖掘及其应用”和吉万全教授主持的科研成果“优质强筋小麦新品种远丰 175 和陕麦 159 的选育和推广”分别获陕西省科学技术一等奖; 黄丽丽教授主持完成的科研成果“苹果树腐烂病成灾规律与防控关键技术研发和应用”获大北农科技成果一等奖。

4. 审定品种

2015 年实验室共有 20 个品种通过国家或省级品种审定。分别是: 小麦新品种西农 188、西农 511、西农 20 和西农 822; 玉米杂交种“陕单 618”、“陕单 622”; 油菜新品种“陕油 1209”、“陕油 28”、“润扬油 1 号”; 芸豆新品种的“西芸 2 号”; 豌豆新

品种“西豌 2 号”；甘蓝新品种“秦甘 68”；西瓜新品种“农科大 16 号”、“农科大 21 号”、“陕农 6 号”、“陕农 10 号”、“农大甜 6 号”、“陕农 5 号”、“多甜 1 号”、“农大甜 2 号”。

5. 授权专利

2015 年，实验室共获批国家发明专利 10 项，植物新品种权 1 项，实用新型专利 3 项。

国家发明专利分别为：胡小平教授等申请的“小麦条锈菌 17 号生理小种的分子检测方法；韩青梅教授等申请的“一种枯草芽孢杆菌的微生物制剂制备方法及其应用”；恽均祥教授等申请的“一种斜纹夜蛾的人工群体方法；冯佰利教授等申请的“甜芥 DREB 转录因子；王西平教授等申请的“欧美杂交中葡萄巨峰抗旱基因 VvMBF1；张恩慧等申请的“一种甘蓝小孢子单倍体植株加倍的方法”和“一种甘蓝小孢子苗从试管到田间的移栽方法；卫亚红等申请的“一种敲除布洛芬福斯质粒邻苯二酚双加氧酶基因的方法”；吴云峰教授等申请的“采用反转录环介导等温扩增技术检测苹果病毒的方法”“小麦矮缩病毒的快速可视化检测方法”。

植物新品种权为：张改生教授等申请的杂交小麦“西杂五号”。

实用新型专利分别为：宋月等申请的“一种用于小型昆虫试验的轻便型小叶笼”；冯佰利教授等申请的“一种旱地糜子节水高产栽培方法”；王朝辉教授等申请的“一种自走式遥控小麦覆膜施肥播种机”。

6. 出版著作

2015 年，实验室固定研究人员主编和参编著作 8 部。分别为：冯佰利教授主编《糜子病虫害》，参编《中国小杂粮优质高产栽培技术》、《中国农作物病虫害》；王西平教授参编《葡萄设施栽培百问百答》；薛吉全教授参编《西北旱地玉米高产高效栽培新模式》；孙广宇教授副主编《菌物学》，参编《中国菌物学 100 年》；沈锡辉教授参编《*Corynebacterium glutamicum*: From systems biology to biotechnological applications Chapter7:Transport, degradation and assimilation of aromatic compounds and their regulation in *Corynebacterium glutamicum*.》。

四、队伍建设与人才培养

1. 科研队伍和团队建设

一年来,实验室围绕研究方向进一步凝聚科研人员,通过自主研究课题、青年人才项目、重点项目等形式支持科研人员深入开展研究工作和团队建设,取得了较好的成效。研究人员管清美教授入选 2015 年第十一批国家“千人计划”青年人才支持计划;王晓杰教授入选国家创新人才推进计划“中青年科技创新领军人才”,并荣获“示范区青年创新创业标兵”荣誉称号;邹志荣教授获“陕西省师德楷模”荣誉称号;小麦条锈病研究室获“陕西省教育系统劳模创新工作室”荣誉称号;重点实验室被陕西省科技厅评为陕西省创新人才培养示范基地。

2. 技术队伍建设

本年度,实验室为了提升技术队伍的管理水平和技术能力,继续坚持技术人员的培训与交流,组织裴国亮、姚娟妮参加了全国生物医学农林电镜技术研讨会暨生物电镜前沿技术培训班,培训合格并取得了结业证书;黄雪玲高级实验师赴植物生理学与生物化学国家重点实验室、植物病虫害生物学国家重点实验室学习技术平台和仪器设备管理经验和做法;张国云、裴国亮、张雯婷、姚娟妮四人参加西北五省第七届电镜学术交流及技术研讨会,促进了与相关领域专家、同行的学习交流。同时组织了张宏利等 8 名实验技术人员为实验室科研人员和研究生做了技术讲座,促进了实验室技术平台与师生的沟通交流。邀请公司有关技术负责人来实验室做技术进展和仪器规范使用报告 7 场次。

一年来,技术人员发表仪器设备使用和管理相关论文 4 篇。张国云实验师依靠多年工作经验,经过不断摸索,获授权国家新型发明专利 2 项,测试各类样品 28000 余份,其中核磁共振波谱仪测试样品 2500 个、实时定量 PCR 仪检测样品 16000 个、制备及观测扫描电镜样品 4600 个、制备及观测透射电镜样品 2605 个、高效液相色谱仪测试样品 1500 个、双向电泳测试样品 520 个、基因枪轰击样品 200 个。为实验室科研人员科研工作的高效开展奠定了坚实的基础。

3. 研究生培养

2015年，实验室获批成立了旱区国家重点实验室团工委，组织开展了第三届摄影大赛、2015年研究生羽毛球比赛、第一届拔河比赛等文体活动；全年组织研究生参加学术报告会21场、举办了第二届研究生论坛等学术活动。增强了实验室研究生的团队凝聚力，激发了研究生的科研兴趣，了解国内外最新研究进展，开拓了视野和思维，营造了有利于研究生成长的良好科研氛围和人文环境。

2015年实验室毕业博士研究生49人，硕士研究生145人。1人获2015年陕西省优秀博士学位论文；3人获西北农林科技大学优秀博士学位论文；2人获西北农林科技大学优秀硕士学位论文。



第二届研究生论坛



2015年研究生羽毛球比赛



第三届摄影大赛



第一届拔河比赛

五、开放交流

(一) 开放课题立项和执行情况

1.2015 年开放课题立项和进展情况

根据《国家重点实验室建设与运行管理办法》和《旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放基金课题管理办法》，2015 年 1 月，旱区作物逆境生物学国家重点实验室发布了 2015 年开放课题基金申请指南。经自由申报、资格审查、专家评审、学术委员会审核等环节，确定资助开放课题 16 项，6 万元/项，共 96.00 万元，执行期 2 年。来自四川农业大学、山西农业大学、河南农业大学等 16 位中青年科研人员来实验室开展相关研究工作，并与实验室相关团队建立了长期学术合作关系，目前各项任务已完成中期总结。

2.2014 年开放课题执行情况

根据《国家重点实验室建设与运行管理办法》和《旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放基金课题管理办法》，2014 年 1 月，旱区作物逆境生物学国家重点实验室发布了 2014 年开放课题基金申请指南。经自由申报、资格审查、专家评审、学术委员会审核等环节，确定资助开放课题 12 项，8 万元/项，共 96.00 万元，执行期 2 年。来自复旦大学、南京农业大学、黑龙江八一农垦大学等 12 位中青年科研人员来实验室开展相关研究工作，开放课题负责人都能按申请书任务积极开展课题研究工作，截止 2015 年 12 月 30 日，课题执行资金 90 余万元，所有课题实施进展顺利，目前已取得的初步成果如下：

赵立群研究发现 NO 和 H₂O₂ 都是植物响应热激的上游信号分子。我们曾经报道了 H₂O₂ 刺激了 NO 信号的产生。在该研究中我们发现了一个有趣的现象，H₂O₂ 诱导产生的 NO 通过刺激过氧化氢酶抑制了 H₂O₂ 信号的过度膨胀，从而抑制了热激信号的过分放大，确认这两个热激信号分子之间存在着反馈抑制现象的存在。相关结果发表在 *Plant Growth Regulation* 上。

彭岳林明确了西藏地区小檗种类与地理分布。人工接种证实多种小檗是小麦条锈

菌的转主寄主，并从小檗上分离获得了小麦条锈菌菌系，其单孢菌系致病性多样性差异明显。研究结果证实，在西藏地区，小檗是小麦条锈菌的自然转主寄主，在小麦条锈病发生中提供一定数量的菌源，并在小麦条锈菌新小种的产生中起作用。对西藏地区小麦条锈病的病害循环与周年循环中起重要作用。相关结果发表在《植物病理学报》上。

吕树作对 134 份来自不同生态区的小麦微核心种质的根重和根数进行了调查和鉴定，发掘见到了多份优异的根系种质材料，为小麦育种提供重要的种质资源；其次，利用 217 对 SSR 标记对这些小麦微核心种质进行了全基因组扫描，获得其群体遗传结构及遗传变异；最后，利用关联分析的方法鉴定，获得了干旱和正常条件下与根系性状性状关联的 SSR 位点，其中两个位点 *barc205_5D* 和 *cfid238_2B* 在两种条件下均与根重和根数显著关联，表明其可能与小麦根系性状紧密连锁，为进一步优异等位变异发掘，及小麦根系的分子标记辅助选择育种提供了重要的工具。目前已撰写 sci 论文，正在投稿中。

余义和获得了 UIHC 基因序列并进行了相关的生物信息学分析。UIHC 基因的表达模式分析结果表明其在抗病和感病葡萄品种中的表达模式不同；UIHC 基因定位在细胞核、细胞质和细胞膜；UIHC 具有泛素连接酶活性；通过酵母双杂交筛选获得一个与 UIHC 相互作用的蛋白；通过转基因试验获得转 UIHC 基因的幼苗。目前已撰写 sci 论文，正在投稿中。

殷丽华研究表明外源施加 0.1 μ M 褪黑素能缓解盐胁迫对平邑甜茶生长、光合速率下降的抑制，并保护叶绿素不被降解。褪黑素同时能减轻盐胁迫下的膜损伤氧化损伤。褪黑素能提高平邑甜茶幼苗的抗盐作用可能与其作为抗氧化剂的功能有关。另外，外源褪黑素能促进盐胁迫下植物根系的生长，影响元素的吸收，并调控离子转运蛋白基因 *MdNHX1* 和 *MdHKT1* 的表达，调控离子平衡。褪黑素对苹果抗旱性的研究表明，外源褪黑素处理能增强耐旱砧木富平楸子和不耐旱砧木平邑甜茶的抗旱能力，使其更容易适应干旱。双重保护机制协同工作改善气孔的功能，进而维持正常条件及干旱条件下植物的水分状况。相关结果发表在 *Journal of Experimental Botany* 上。

(二) 学术交流

1. 主办、承办的主要学术会议

2015 年, 实验室共主办或承办各类学术会议 8 次, 其国际性会议 1 次, 双边性学术会议 3 次, 全国性学术会议 4 次。

(1) 国际性学术会议



José R. Dinney 教授做报告



研讨会会场

“植物响应逆境胁迫学术研讨会”于 6 月 19 日在国际交流中心 104 会议室举行。研讨会由我校与中国农业大学联合举办, 旱区作物逆境生物学国家重点实验室和生命科学学院共同承办。来自美国、以色列、韩国、中国台湾的 12 名专家学者和我校相关领域的科研人员、研究生共 200 余人参加了研讨会。郁飞教授主持研讨会, 来自以色列 Tel Aviv University 的 Shaul Yalovsky 教授、美国 University of Maryland 的 Jianhua Zhu 教授、Carnegie Institution for Science 的 José R. Dinney 教授和 Rutgers University 的 Juan Dong 教授分别作了精彩学术报告, 并和与会人员进行了充分的交流探讨。

(2) 双边性学术会议

“水稻稻瘟菌学术研讨会”于 5 月 22 日在我校隆重召开, 由旱区作物逆境生物学国家重点实验室、西农-普度联合研究中心和植保学院联合举办, 来自美国、韩国、中国农科院植保所、浙江大学、中国农业大学、南京农业大学、福建农林大学以及我校的 30 多名代表参加了此次研讨会。

“禾谷镰刀菌学术研讨会”于 5 月 29-30 日在我校举行, 由旱区作物逆境生物学国家重点实验室和西农-普度联合研究中心共同举办, 来自国内外的 50 多位代表参加了本次研讨会, 旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任康振生教授主持研讨会开幕

式，我校副校长钱永华出席开幕式并致辞。



水稻稻瘟菌学术研讨会



禾谷镰刀菌学术研讨会

“西北农林科技大学与阿尔伯特大学农业与食品创新联合研究中心研讨会”于6月29-30日在我校举行，由重点实验室和农学院承办，罗军副校长致开幕辞，来自我校与阿尔伯特大学的100余名代表参加了研讨会。



(3) 全国性学术会议

“2015年全国玉米育种和农业部玉米生物学与遗传育种重点实验室学术交流会”于8月23-26日在杨凌召开，校长孙其信、农业部科技中心新品种保护处副处长陈红、IOWA州立大学 Thomas 教授、中国农业大学陈绍江教授、中国农业科学院李新海研究员、我室薛吉全教授、国家种业科技成果产权交易平台主任宋敏等就农业走出去战略、新品种保护与交易、玉米育种研究进展做大会报告。

以“果树抗逆与发育分子生物学”为主题的第五届全国果树分子生物学学术研讨

会于 9 月 18-20 日在杨凌田园山庄酒店隆重召开。会议由中国园艺学会果树专业委员会与我校联合主办，园艺学院和旱区作物逆境生物学国家重点实验室承办，来自中国农业大学、浙江大学、华中农业大学、南京农业大学及西北农林科技大学等十余所高校及中国农科院、中国科学院等农业科研单位的 350 余名专家学者齐聚农城杨凌，共议果业发展大计。

“第六届全国小麦基因组学及分子育种大会”于 8 月 17 日至 19 日在杨凌召开，由我校农学院和旱区作物逆境生物学国家重点实验室承办，中国工程院院士刘旭、程顺和，国家 973 首席科学家、大会组委会主席贾继增研究员，陕西省政协副主席、西北农林科技大学校长孙其信教授出席并致辞。报告会期间，孙其信教授作了题为《气候变化背景下小麦耐热性遗传改良》的报告，美国加利福尼亚大学 Jorge Dubcovsky 教授、国家杰青种康研究员、长江学者康振生教授等 26 名专家学者围绕小麦的基因组学、新基因发掘、分子育种与种质创新、远缘杂交、遗传多样性及小麦抗条锈病等作了主题报告。

“第十六届全国植物基因组学大会”于 8 月 19 日-22 日在杨凌召开，大会由中国遗传学会植物遗传与基因组学专业委员会主办，旱区作物逆境生物学国家重点实验室和生命科学学院共同承办。开幕式上，罗军副校长代表学校致辞。中国科学院院士张启发、陈晓亚、韩斌以及来自美国加利福尼亚大学、华盛顿大学、法国巴黎第十一大学和北京大学、清华大学、中科院遗传发育所、中国农业大学、华中农业大学等近百家国内外高校、科研院所以及西北农林科技大学相关专业教师和学生近 700 人参加会议。旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任康振生教授主持。

第六届全国小麦基因组学及分子育种大会合影留念

中国·杨凌 2015年8月17日-19日





第十六届全国植物基因组学大会



美国科学院院士 Jorge Dubcovsky 作报告

2. 邀请专家学者做报告

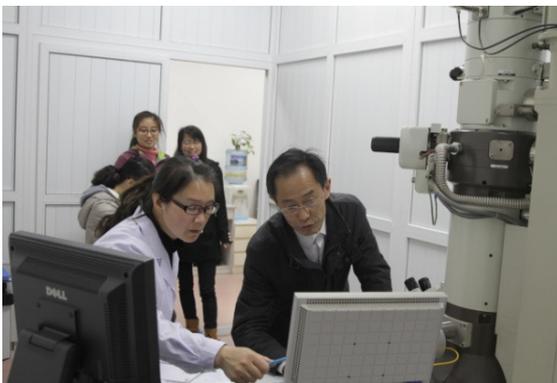
本年度，实验室邀请康奈尔大学罗尼·科夫曼教授和张胜博士、默多克大学Bernard Dell、澳大利亚联邦科工组织植物所Ming-BoWang博士、普度大学Andy Tao教授、Daoguo Zhou教授、美国犹他州立大学David Hole教授、中国工程院陈剑平院士、浙江大学马忠华教授等53位国内外著名科学家来重点实验室进行讲学、合作研究和学术交流。同时邀请13位技术人员为实验室科研人员做技术交流报告，为广大科研人员更好的了解仪器性能以及利用仪器进行高水平的科学研究，提供了良好的交流平台。



默多克大学dell教授



Douglas BROWN学术报告



电镜技术专家贺子义来实验室交流访问



陈剑平院士来实验室交流访问

3. 参加学术会议情况

本年度，实验室师生 117 人次参加国际国内学术会议，其中 34 人次参加国际学术会议，83 人参加国内学术会议，并以特邀报告、大会报告或墙报的形式展示研究成果，与国内外同行进行学术交流与合作研究。

(三) 公众开放日活动

为进一步加强实验室开放共享，充分发挥实验室科技资源在科学研究中的作用，4 月 16 日，实验室举行开放日活动，钱永华副校长出席活动并致辞，学校各单位主管科研领导、2015 年杰青（优青）培养科研专项资助对象、学校中青年科教人员、实验技术团队、大型仪器设备管理和操作人员、研究生、高年级本科生等近百人参加此次活动，实验室主任康振生教授做了介绍和报告。

随后针对科研工作者在研究中碰到的具体问题，实验室技术人员周晓娜实验师和裴国亮实验师为大家做了题为“蛋白质层析的基本原理及 AKTA 系统在蛋白质层析中的应用与操作”与“激光共聚焦显微镜在生命科学研究中的应用与实践”的技术讲座。



(四) 调研指导与参观访问

实验室全年接待上级领导、国内外专家学者、高校管理专家、校内外本科生及研究生等团队来实验室调研指导和参观访问 22 次。来自陕西中医学院基础医学院 2012 级生物技术专业学生、2015 年全国青少年高校科学营陕西分营、西北农林科技大学园艺学院 2015 年“优秀大学生暑期夏令营”近 200 名学生来我室参观学习，实验室技术人员就大型仪器设备的操作、用途和微观世界的结构及应用进行了讲解，研究人员讲解了实验室的主要研究方向及在服务国家重大需求中的定位，这些活动培养了学生

浓厚了科研兴趣。



陕西省委副书记胡和平来实验室调研



科技部副部长徐南平来实验室调研



创新学院本科生来实验室参观



植物保护学院研究生来实验室参观

六、技术平台建设

(一) 仪器设备购置情况

2015 年实验室积极争取依托单位的支持, 学校核拨了 300 万元专项仪器设备购置经费, 用于技术平台的建设。在充分论证的基础上实验室购置了包括蛋白层析系统、高效液相色谱仪及实时定量 PCR 仪在内的 14 台件仪器。另外, 利用国家重点实验室建设专项经费购置了高速离心机、制冰机及控温摇床, 共计 24 万元。新购置的仪器设备进一步完善了技术平台的功能, 为实验室科学研究工作高效开展提供了有力支撑。

(二) 开放共享情况

实验室技术平台大型仪器设备全部加入学校大型仪器共享系统, 面向校内外开放使用。本年度大型仪器的用户除实验室固定研究人员外, 还包括来自全校生物相关的院系以及校外有关科研单位的科研工作者, 校外单位包括南京农业大学、四川农大、西南科技大学等高等院校及科研单位。

2015 年度, 40 万元以上大型仪器设备全年平均使用机时为 800 小时, 10 万元以上仪器全年平均使用机时为 2200 小时, 近 12000 人次来实验室开展有关科研工作, 平均每天 32 人次。同时, 重点实验室公共平台面向校内开放使用, 节假日及每天晚上安排专人值班, 为广大科研人员提供技术支撑和服务保障。

七、运行管理

1. 室务会会议制度化

实验室实行学校的领导下的主任负责制，成立了由实验室主任、副主任、办公室主任、各研究室负责人及秘书、技术支撑部主任等组成的实验室室务管理委员会。2015年实验室每月召开一次室务会，讨论实验室的人才培养及引进、队伍建设、研究方向凝练、专项经费使用、基础设施建设与改造、规章制度的建立、开放课题的设置等重大问题。保证了实验室的快速、健康发展。

2. 学术交流制度化

2015年实验室坚持每月举办2-3场学术报告会，通过不同途径邀请国内外知名专家学者来实验室开展学术交流与合作研究，活跃实验室学术氛围，促进科研合作与交流。

3. 强化技术岗位工作职责，落实技术人员责任

完善了技术人员岗位职责，明确了专职技术人员作为仪器设备操作技术和运行管理人员的工作职责，不仅要做好仪器设备的日常运行管理和技术指导，还要进行技术参与，协助制定试验方案，深入服务科研人员。同时进一步加强技术交流，全体技术人员结合本人工作面向实验室科研人员、研究生做了专题技术报告。

4. 强化资产管理，确保资产安全

建立了细化的二级数据库，实现了资产的台账式管理。构建了完整的动态资产数据库，包括资产的主要性能指标、责任人、使用管理人、放置地点，同时台账进行全程痕迹管理，包括资产报损、报减、责任人员变更等信息留痕，确保了台账信息完善可信；加强日常监管，确保资产安全资产日常管理实行“谁使用谁负责”的使用人负责制，实验室层面落实资产的责任人，建立资产管理、安全卫生责任标签，同时实验室形成了每周一对所有资产进行使用管理和安全卫生检查的机制。2015年度获批学校国有资产管理先进单位。

八、学术委员会纪要



旱区作物逆境生物学国家重点实验室 (西北农林科技大学)
State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, NWAU

第一届学术委员会第五次会议纪要

2016年3月19日,旱区作物逆境生物学国家重点实验室第一届学术委员会第五次会议在西北农林科技大学国际交流中心210会议室召开。学术委员会主任山仑院士、副主任武维华院士、委员方荣祥院士、程顺和院士、李毅教授、巩志忠教授、彭友良教授、康振生教授、许金荣教授、王跃进教授、张改生教授出席了会议。

西北农林科技大学副校长钱永华教授介绍了出席会议的学术委员会委员和实验室固定研究人员。校长孙其信教授出席会议并讲话,感谢学术委员会各位委员长期以来对实验室建设和发展的支持和真心帮助,使实验室得到了较快发展,并表示学校会不遗余力地支持实验室的发展,要求实验室认真研究消化委员们的意见和建议,以高度的责任感和使命感迎接实验室建设以来的首次评估,而且要借此机会,进一步明确发展目标,认真分析现状,在创新上下功夫,瞄准旱区作物逆境生物学中的重大科学问题和生产中的重大需求,进行超前部署,集中力量做出系统性、创新性的、有显示度的科研成果。

一、审议工作报告

首先,实验室主任康振生教授汇报了实验室五年来在科学研究、队伍建设、人才培养、开放交流、运行管理等方面的工作及取得的成果和进展,随后郁飞教授、许金荣教授、王晓杰教授、马锋旺教授、吉万全教授分别代表各自研究方向汇报了实验室的5个代表性研究成果。最后,实验室主任康振生教授还汇报了2016年开放课题资助

地址:中国 陕西 杨凌 邠城路3号
邮编:712100
电话:+86-29-87080062(传真)
网址:Http://csbaanwsuaf.edu.cn

Add: 3 Taicheng Road, Yangling, Shaanxi, China
Postcode: 712100
Tel: +86-29-87082809(Fax)
Http: //csbaa.nwsuaf.edu.cn

方案。

在听取了工作报告和代表性研究成果的汇报后，学术委员会进行了充分的质疑和讨论，对实验室建设五年来的成绩表示肯定，同时对下一步建设和发展提出了意见和建议，对实验室迎接2016年的首次评估，提出了针对性的建议。

二、肯定成绩

五年来，实验室的各项工作扎实开展，与五年前相比，在人才培养和队伍建设取得了明显进展，研究方向和内容得到了进一步凝练，承担了一批国家和省部级的重大科研项目，取得了一些代表性的研究成果。在 Annual Review of Entomology、Nature Communications 等期刊发表 SCI 论文 656 篇，2 人入选“千人计划”青年人才支持，2 人获批国家杰出青年科学基金项目并获批教育部“长江学者”特聘教授、1 人入选国家自然科学基金“优秀青年人才项目”，建立了 5 个联合研究中心，国际合作研究实质开展，实验室学术交流逐步制度化、经常化，形成了良好的学术氛围。

三、建议

1. 结合国家“十三五”规划，围绕旱区农业产业发展和转型中的重大需求，聚焦旱区作物逆境生物学的重大科学问题，加强顶层设计，进一步凝练研究方向和内容，突出特色，凝聚高层次人才，产出标志性的重大成果，更好地服务我国旱区农业的高效可持续发展，为我国旱区农业的转型升级提供坚实的技术支撑。

2. 加强机制体制创新，充分利用国家和学校的政策，吸引和培养高层次人才；加强实验技术队伍建设，充分发挥科研平台的功能；进一步整合实验室的空间资源，使之相对集中，便于学科方向间

的学术交流，为研究人员创造良好的科研条件和学术氛围。

3. 进一步梳理五年来实验室建设和发展取得的成绩，充分反映实验室建立以来的进步，突出实验室的特色和优势，凝练标志性成果，做好实验室首次评估的准备工作。

学术委员会主任： 山 仑

二零一六年三月二十日

学术委员会组成

姓名	性别	职务	出生年月	职称	工作单位	研究方向
山 仑	男	主任	1933.01	研究员，院士	中国科学院 水土保持研究所	作物抗旱生理
刘 旭	男	副主任	1953.12	研究员，院士	中国农业科学院	作物种质资源
武维华	男	副主任	1956.1	教授，院士	中国农业大学	植物抗逆机理
魏江春	男	委员	1931.11	研究员，院士	中国科学院微生物所	微生物学
郭予元	男	委员	1933.01	研究员，院士	中国农业科学院	植物保护
程顺和	男	委员	1939.09	研究员，院士	江苏里下河农科院	作物育种
方荣祥	男	委员	1946.01	研究员，院士	中科院微生物所	植物病毒学
邓秀新	男	委员	1961.11	教授，院士	华中农业大学	果树学
彭友良	男	委员	1961.1	教授，博导	中国农业大学	植物病理学
巩志忠	男	委员	1964.05	教授，博导	中国农业大学	植物抗逆生物学
许金荣	男	委员	1965.08	教授 千人计划	西北农林科技大学	植物病理学
李 毅	男	委员	1961.1	教授，博导	北京大学	植物病理学
王跃进	男	委员	1958.4	教授，博导	西北农林科技大学	果树种质资源
张改生	男	委员	1964.4	教授，博导	西北农林科技大学	逆境生理与 抗性改良
康振生	男	委员	1957.1	教授，博导	西北农林科技大学	植物病理学
胡银岗	男	秘书	1967.12	教授，博导	西北农林科技大学	作物遗传育种

九、专项经费执行情况

2015 年基本科研业务费预算 300 万元，实际支出 300 万元。设置自主探索课题 4 项，每项 50 万元，共计 200 万元，实验室四个研究方向各安排一个，用于固定研究人员围绕实验室主要任务和研究方向开展持续深入的系统性研究和探索性自主选题研究；重点研究项目 5 项，每项 16 万元，共计 80 万元，用于实验室固定研究人员及其团队开展重大成果的前期培育研究；青年人才项目 2 项，每项 10 万元，共计 20 万元，用于资助 2014 年“陕西省青年科技新星”入选者，促进实验室青年科研人员的培养和发展。基本业务费的支出范围严格按照财政部、科技部联合印发的《国家重点实验室专项经费管理办法》相关规定执行，开支范围包括材料费、测试化验加工费、差旅费、出版/文献/信息传播/知识产权事务费、劳务费，支出款项严格遵守项目负责人签字、办公室审核、实验室主任签字、依托单位财务报销的程序，同时接收依托单位财务的指导和监督。

2015 年度开放运行费预算 380 万元，实际支出 380 万元。其中开放共享费 171 万，包括开放课题 96 万元，学术交流与合作费 75 万元。开放课题 28 项，全部用于资助非依托单位优秀青年科研人员来实验室开展相关研究工作。开放课题经费支出范围主要包括实验材料费、测试化验加工费、差旅费、出版/文献/信息传播/知识产权事务费等支出；学术交流与合作费主要用于主办“第十六届全国植物基因组学大会”、“第五届全国小麦基因组学及分子育种大会”、“植物响应逆境胁迫国际研讨会”三次大型国际学术会议以及实验室固定研究人员赴国内外开展学术合作与交流、邀请国内外专家讲学和客座研究等支出。运行维护费 209 万元，主要用于仪器设备购置、仪器设备运行耗材及配件费、维修改造费、文化氛围建设费、办公及印刷费、实验技术人员外出培训等支出。开放运行费的支出范围严格按照财政部、科技部联合印发的《国家重点实验室专项经费管理办法》相关规定执行，支出款项严格遵守使用人签字、办公室审核、实验室主任签字、依托单位财务报销的程序，同时接收依托单位财务的指导和监督。开放运行费对实验室高效运转、高度开放发挥了重要作用。

附件 1: 获批的主要科研项目

序号	项目名称	项目编号	类别	负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
1	黄淮主产麦区超级杂交小麦选育及高效制种技术与示范	2015BAD27B01	国家科技支撑计划	张改生	2015/1/1	2018/12/31	708.00
2	抗虫性鉴定		国家科技支撑计划	赵惠燕	2015/1/1	2020/12/31	720.00
3	源于硬粒小麦成株期抗条锈基因的精细作图及其利用	2015DFG32340	国际科技合作与交流专项	康振生	2015/1/1	2018/12/31	87.00
4	北美特色马铃薯种质资源及高效种薯技术引进	2015-Z38	农业部 948	陈勤	2015/1/1	2015/12/31	60.00
5	基于病菌效应蛋白识别的晚疫病抗性基因鉴定和评价	31561143007	国家自然科学基金国际合作项目	单卫星	2016/1/1	2020/12/31	241.00
6	优异抗旱小麦种质的筛选、相关基因挖掘及育种利用		国家自然科学基金国际合作项目	宋卫宁	2016/1/1	2020/12/31	232.00
7	苹果属 <i>cystatins</i> 基因在干旱胁迫应答中的功能及分子调控机制研究	31572108	国家自然科学基金面上项目	马锋旺	2016/1/1	2019/12/31	86.00
8	叶蝉传播小麦蓝矮植原体专化性的分子机制研究	31570144	国家自然科学基金面上项目	吴云锋	2016/1/1	2019/12/31	70.00
9	秦冠苹果一个锌指蛋白(MdZFP1)在干旱胁迫下的功能分析	31572106	国家自然科学基金面上项目	管清美	2016/1/1	2019/12/31	70.00
10	小麦侧根数目主效 QTLTaLRN 的精细定位与候选基因克隆	31571756	国家自然科学基金面上项目	许盛宝	2016/1/1	2019/12/31	66.00
11	大麦和小麦上麦长管蚜的生物型分化及其分子基础	31572002	国家自然科学基金面上项目	刘德广	2016/1/1	2019/12/31	66.00

序号	项目名称	项目编号	类别	负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
12	普通小麦花发育相关基因 AGAMOUS LIKE 6 (AGL6) 功能解析	31571657	国家自然科学基金面上项目	李海峰	2016/1/1	2019/12/31	64.00
13	Hvu-miR6194 调控大麦抗盐性的分子机制研究	31571647	国家自然科学基金面上项目	杜向红	2016/1/1	2019/12/31	64.00
14	拟南芥 ABS3 亚家族基因调控黑暗胁迫下叶片衰老的机制研究	31570267	国家自然科学基金面上项目	郁飞	2016/1/1	2019/12/31	63.00
15	黄土高原缺锌土壤施用纳米氧化锌 (ZnO-NPs) 对作物的增锌机制及潜在环境风险	4157128263	国家自然科学基金面上项目	毛晖	2016/1/1	2019/12/31	63.00
16	根瘤菌-刺槐共生固氮体系驱动的土壤剖面微生物群落结构时空演化和形成机制	31570493	国家自然科学基金面上项目	陈卫民	2016/1/1	2019/12/31	63.00
17	山野葡萄抗灰霉病关键基因挖掘及抗病机理研究	31572110	国家自然科学基金面上项目	王西平	2016/1/1	2019/12/31	62.00
18	入侵苹果小吉丁虫对诱导产生挥发物的嗅觉行为反应及分子基础	U1503102	国家自然科学基金面上项目	刘德广	2016/1/1	2019/12/31	60.00
19	禾谷镰刀菌 cAMP-PKA 信号途径下游基因功能鉴定及对 DON 产生的调控机制	31571953	国家自然科学基金面上项目	王晨芳	2016/1/1	2019/12/31	58.00
20	苹果树腐烂病菌 AGO 蛋白介导的致病相关 small RNAs 及其调控机理	31501591	国家自然科学基金青年基金	冯浩	2016/1/1	2018/12/31	26.00
21	小 G 蛋白 Rops 基因在番茄抗白粉病中的作用及其调控机理研究	31571960	国家自然科学基金青年基金	马青	2016/1/1	2017/12/31	25.00
22	马铃薯 AGP 基因控制块茎发育的分子机理研究	31500159	国家自然科学基金青年基金	马浩力	2016/1/1	2018/12/31	25.00
23	长期施氮引起的旱地土壤有机碳氮累积机制研究	41501308	国家自然科学基金青年基金	刘金山	2016/1/1	2018/12/31	24.00

2015年度报告

序号	项目名称	项目编号	类别	负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
24	中国野生毛葡萄转录因子 VqWRKY 抗黑痘病功能分析及调控机制研究	31501740	国家自然科学基金青年基金	李智	2016/1/1	2018/12/31	21.00
25	小麦矮秆基因 Rht12 的精细定位和候选基因预测	31501307	国家自然科学基金青年基金	陈亮	2016/1/1	2018/12/31	21.00
26	Raf36 介导拟南芥感染寄生疫霉菌的机制研究	31500212	国家自然科学基金青年基金	赵华	2016/1/1	2018/12/31	20.00
27	2 个小麦旗叶高表达的全新 miRNA tae-miR5048 和 tae-miR9663 的功能研究	31501295	国家自然科学基金青年基金	王倩	2016/1/1	2018/12/31	20.00
28	番茄油菜素内酯受体 SIBRI1 磷酸化对果实发育成熟的影响	31501771	国家自然科学基金青年基金	汪淑芬	2016/1/1	2018/12/31	20.00
29	十字花科植物特有基因 FPE(FailedPollenExine)控制拟南芥花粉壁发育的分子机理研究	31500256	国家自然科学基金青年基金	权力	2016/1/1	2018/12/31	20.00
30	禾谷镰刀菌 GIL1 基因和 FGK3 基因调控隔膜形态发生、DON 毒素产生的作用机制	31501593	国家自然科学基金青年基金	秦君	2016/1/1	2018/12/31	20.00
31	油菜 BnTT8 和 BnTTG1 转录因子在种子油脂积累中的功能解析	31501336	国家自然科学基金青年基金	陈明训	2016/1/1	2018/12/31	20.00
32	番茄 RBOH 和 MAPK 基因在番茄防御害虫中的作用及机制	31501640	国家自然科学基金青年基金	曹贺贺	2016/1/1	2018/12/31	20.00
33	小麦抗条锈菌基因 Yr10 的抗病机制研究	31501619	国家自然科学基金青年基金	王晓静	2016/1/1	2018/12/31	18.00
34	苹果抗旱品种和矮化砧木的选育		陕西农业科技创新重点项目	马锋旺	2015/1/1	2018/12/31	90.00

序号	项目名称	项目编号	类别	负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
35	小麦玉米新品种增产增效关键技术研究	2015KTZDNY01-08	陕西省科技统筹创新工程计划项目	奚亚军	2015/1/1	2017/12/31	75.00
36	小麦种质创新与新品种培育	2015KTZDNY01-01-02	省科技统筹创新工程计划项目	吉万全	2015/1/1	2017/12/31	70.00
37	瓜菜高效栽培模式及关键技术与示范	2015TTC-N-10-4	陕西省科技统筹创新工程计划项目	马建祥	2015/1/1	2017/12/31	55.00
38	陕西省旱地苹果矮砧栽培关键技术与示范		陕西果业发展项目	马锋旺	2015/1/1	2015/12/31	50.00
39	玉米重大病虫害监测与防控关键技术与示范推广		陕西省农业科技创新转化项目	仵均祥	2015/1/1	2016/12/31	30.00
40	抗重茬抗旱苹果矮化砧木种质创制与利用	2015NY116	陕西省农业科技创新与攻关	李翠英	2015/1/1	2016-13-31	10.00
41	基于物联网的小麦条锈病预测预报关键技术与应用	2015KTZDNY01	陕西省科技统筹创新工程计划	康振生	2015/1/1	2017/12/31	10.00
42	陕南茶树病虫害综合防治技术与示范推广		陕西省技术转移与重点科技成果推广计划项目	仵均祥	2015/1/1	2016/12/31	10.00
43	“白菜黄籽性状的精细定位与基因克隆”	2015JZ007	陕西省自然科学基金	张鲁刚	2015/1/1	2017/12/31	10.00
44	苹果砧木耐旱关键小RNA的鉴定与分析	2015kjxx-14	陕西省科技新星	管清美	2015/1/1	2017/12/31	10.00
45	主要瓜类作物抗高温干旱砧木的筛选及推广应用	2015NY091	陕西省农业科技创新与攻关	李好	2015/1/1	2016/12/31	10.00
46	梨小食心虫无公害防治技术规程		陕西省标准化工作专项资金	仵均祥	2015/1/1	2016/12/31	5.00

2015年度报告

序号	项目名称	项目编号	类别	负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
47	油菜新品种陕油0913 高效栽培技术中试与示范		陕西省协同创新	徐爱遐	2015/1/1	2015/12/31	5.00
48	普通小麦 AGAMOUS LIKE 6 (AGL6) 基因功能初步研究	2014JM3065	陕西省自然科学基金	李海峰	2015/1/1	2016-13-31	3.00
49	小麦同源 Os02g0252400 基因克隆及其抗逆性分析	2015JQ3075	陕西省自然科学基金	刘文婷	2015/1/1	2016-13-31	3.00
50	抗白粉病小麦-卵穗山羊草新种质分子生物学研究	2015JQ3078	陕西省自然基金	王亚娟	2015/1/1	2016-13-31	3.00
51	拟南芥表皮毛分化调控关键基因 GL2 遗传互作基因筛选和功能研究	2015JM3081	陕西省自然科学基金	郁飞	2015/1/1	2016-13-31	3.00
52	受条锈菌诱导的小麦 G6PDH 基因的功能鉴定及作用机理研究	2015JM3089	陕西省自然科学基金面上项目	刘杰	2015/1/1	2016/12/31	3.00
53	小麦抗条锈病新基因 Yr45 的精细定位	2015JM3075	陕西省自然科学基金	李强	2015/1/1	2016/12/31	3.00
54	墨西哥野生马铃薯晚疫病的抗性研究	S2015YFJQ0324	陕西省青年基金	赵华	2015/1/1	2016/12/31	2.00
55	猕猴桃溃疡病菌 T6SS 候选效应蛋白 Tle5 的致病功能研究	2014JQ2-3011	陕西省自然基金	高小宁	2015/1/1	2016/12/31	2.00

附件 2: 发表的研究论文

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
1	Whitefly Parasitoids: Distribution, Life History, Bionomics, and Utilization	Annu. Rev. Entomol. 2015, 60:273-292	刘同先	13.731
2	Melatonin enhances the occurrence of autophagy induced by oxidative stress in <i>Arabidopsis</i> seedlings	Journal of Pineal Research. 2015, 58(4):479-489	马锋旺	9.6
3	Melatonin regulates carbohydrate metabolism and defenses against <i>Pseudomonas syringae</i> pv. tomato DC3000 infection in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Journal of Pineal Research. 2015, 59(1):109-119	马锋旺	9.6
4	Unveiling the mechanism of melatonin impacts on maize seedling growth: sugar metabolism as a case	Journal of Pineal Research. 2015, 59(2):255-266	马锋旺	9.6
5	RTP1 encodes a novel ER-localized protein in <i>Arabidopsis</i> and negatively regulates resistance against biotrophic pathogens.	New Phytologist. 2015, doi: 10.1111/nph.13707	单卫星	7.672
6	Genome sequence of <i>Valsa</i> canker pathogens uncovers a potential adaptation of colonization of woody bark	New Phytologist. 2015, 208: 1202-1216	黄丽丽	7.672
7	Two Cdc2 Kinase Genes with Distinct Functions in Vegetative and Infectious Hyphae in <i>Fusarium graminearum</i>	PLoS Pathogen. 2015, 11(6): e1004913	许金荣	7.562
8	Type VI secretion system transports Zn ²⁺ to combat multiple stresses and host immunity.	PLoS Pathogens. 2015, 11(7):e1005020.	沈锡辉	7.562
9	Exogenous abscisic acid alleviates zinc uptake and accumulation in <i>Populus × canescens</i> exposed to excess zinc.	Plantcell & environment 2015, 38 (1), 207-223	罗志斌	6.96
10	SOS2-LIKE PROTEIN KINASE5, an SNF1-RELATED PROTEIN KINASE3-type protein kinase, is important for abscisic acid responses in <i>Arabidopsis</i> through phosphorylation of ABSCISIC ACID-INSENSITIVE5	Plant Physiology. 2015, 168, 659-676	谢长根	6.841
11	Multiple locus genealogies and phenotypic characters reappraise the causal agents of apple ring rot in China.	Fungal Diversity. 2015, 1:15-231	孙广宇	6.221
12	The MADS-box transcription factor FgMcm1 regulates cell identity and fungal development in <i>Fusarium graminearum</i> .	Environmental Microbiology. 2015, 17(8): 2762-2776.	许金荣	6.201
13	Activation of the signalling mucin MoMsb2 and its functional relationship with Cbp1 in <i>Magnaporthe oryzae</i> .	Environmental Microbiology. 2015, 17(8), 2969-2981.	许金荣	6.201
14	The dual transcriptional regulator RovM regulates the expression of AR3- and T6SS4-dependent acid survival systems in response to nutritional status in <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> .	Environmental Microbiology. 2015, 17(11):4631-45	沈锡辉	6.201

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
15	Characterization of Protein Kinase PsSRPKL, a Novel Pathogenicity Factor in the Wheat Stripe Rust Fungus.	Environmental Microbiology. 2015, 17(8):2601-2617	康振生	6.201
16	Expression of TaCYP78A3, a gene encoding cytochrome P450 CYP78A3 protein in wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.), affects seed size	The Plant Journal. 2015, 83, 312–325	赵惠贤	5.972
17	Functional characterization of a vanillin dehydrogenase in <i>Corynebacterium glutamicum</i> .	Scientific Reports. 2015, 5: 8044	沈锡辉	5.578
18	PsANT, the Adenine Nucleotide Translocase of <i>Puccinia Striiformis</i> , Promotes Cell Death and Fungal Growth.	Scientific Reports. 2015, 5, DOI: 10.1038/srep11241.	康振生	5.578
19	Fgk3 glycogen synthase kinase is important for development, pathogenesis, and stress responses in <i>Fusarium graminearum</i> .	Scientific Reports. 2015, 5: 8504.	王晨芳	5.578
20	Testing the fecundity advantage hypothesis with <i>Sitobion avenae</i> , <i>Rhopalosiphum padi</i> , and <i>Schizaphis graminum</i> (Hemiptera: Aphididae) feeding on ten wheat accessions.	Scientific Reports. 2015, 5:18549	赵惠燕	5.578
21	Ha83, a Chitin Binding Domain Encoding Gene, Is Important to <i>Helicoverpa armigera</i> Nucleopolyhedrovirus Budded Virus Production and Occlusion Body Assemblin	Scientific RepoRts. 2015, 9	刘同先	5.578
22	A subgroup of MATE transporter genes regulates hypocotyl cell elongation in <i>Arabidopsis</i>	Journal of Experimental Botany. 2015, 66, 6327-6343	郁飞	5.526
23	Down-regulation of a wheat alkaline/neutral invertase correlates with reduced host susceptibility to wheat stripe rust caused by <i>Puccinia striiformis</i>	Journal of Experimental Botany. 2015, 66(22):7325-7338	康振生	5.526
24	Melatonin mediates the regulation of ABA metabolism, free-radical scavenging, and stomatal behavior in two <i>Malus</i> species under drought stress	Journal of Experimental Botany. 2015, 66(3): 669–680	马锋旺	5.526
25	FAR5, a fatty acyl-coenzyme A reductase, is involved in primary alcohol biosynthesis of the leaf blade cuticular wax in wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	Journal of Experimental Botany.2015, 66 (5):1165-1178.	王中华	5.526
26	TaCYP78A5 regulates seed size in wheat (<i>Triticum aestivum</i>)	Journal of Experimental Botany, 2015, doi: 10.1093	赵惠贤,	5.52
27	Molecular Characterization of TaFAR1 Involved in Primary Alcohol Biosynthesis of Cuticular Wax in Hexaploid Wheat	Plant Cell Physiol. 2015, 56 (10): 1944-1961.	王中华	4.931
28	The AreA transcription factor mediates the regulation of DON synthesis by ammonium and cAMP signaling in <i>Fusarium graminearum</i> .	Molecular plant pathology. 2015, 16(9): 987-999.	王晨芳、许金荣	4.724

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
29	A Putative Chloroplast Thylakoid Metalloprotease VIRESCENT3 Regulates Chloroplast Development in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Journal of Biological Chemistry. 2015	郁飞	4.573
30	FgCDC14 regulates cytokinesis, morphogenesis, and pathogenesis in <i>Fusarium graminearum</i> .	Molecular Microbiology. 2015, 98(4), 770-786.	许金荣	4.419
31	Functional characterization of a mycothiol peroxidase in <i>Corynebacterium glutamicum</i> that uses both mycoredoxin and thioredoxin reducing systems in the response to oxidative stress.	Biochemical Journal. 2015, 469(1): 45-57.	沈锡辉	4.396
32	ZmGOLS2, a target of transcription factor ZmDREB2A, offers similar protection against abiotic stress as ZmDREB2A	Plant Molecular Biology. DOI: 10.1007/s11103-015-0403-1.	赵天永	4.26
33	Identification, cloning and analysis of plant-specific NAC gene family in canola (<i>Brassica napus</i> L.) reveal two novel members mediating programmed cell death.	Plant Molecular Biology. 2015, 87(4-5):395-411	江元清	4.257
34	Physiological and proteome analysis suggest critical roles for the photosynthetic system for high water-use efficiency under drought stress in <i>Malus</i> .	Plant Science. 2015,236:44-60	马峰旺	4.014
35	Comparative transcriptome analysis reveals carbohydrate and lipid metabolism blocks in <i>Brassica napus</i> L. male sterility induced by the chemical hybridization agent monosulfuron ester sodium.	BMC Genomics. 2015,16:206, DOI: 10.1186/s12864-015-1388-5	赵惠贤、胡胜武	3.986
36	Transcriptome characterization of three wild Chinese <i>Vitis</i> uncovers a large number of distinct disease related genes.	BMC Genomics. 2015, 16: 223	王西平	3.986
37	Transcriptome changes in grapevine (<i>Vitis vinifera</i> × <i>V. labrusca</i>) cv. Kyoho flowers induced by GA3.	BMC Genomics. 2015, 16: 128	王西平	3.986
38	Comparative transcriptome analysis reveals carbohydrate and lipid metabolism blocks in <i>Brassica napus</i> L. male sterility induced by the chemical hybridization agent monosulfuron ester sodium	BMC Genomics. 2015, 16:206	赵惠贤	3.986
39	Candidate effector proteins of the necrotropic apple canker pathogen <i>Valsa mali</i> can suppress BAX-induced PCD	Frontiers in plant science.2015, doi:10.33899	黄丽丽	3.95
40	Invasion of shoot apical meristems by <i>Chrysanthemum</i> stunt viroid differs among <i>Argyranthemum</i> cultivar	Frontier in Plant Science. 2015, doi:10.3389	王乔春	3.948

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
41	2015 The K-segments of wheat dehydrin WZY2 are essential for its protective functions under temperature stress.	Frontiers in Plant Science. 2015, 6: 406.	张林生	3.948
42	Phenotypic and genetic characterization of resistance in <i>Arabidopsis thaliana</i> to the oomycete pathogen <i>Phytophthora parasitica</i> .	Frontiers in Plant Science. 2015,6:378.	单卫星	3.948
43	The protein disulfide isomerase 1 of <i>Phytophthora parasitica</i> (PpPDI1) is associated with the haustoria-like structures and contributes to plant infection.	Frontiers in Plant Science. 2015, 6:632.	单卫星	3.948
44	Ectopic Expression in <i>Arabidopsis thaliana</i> of an NB-ARC Encoding Disease Resistance Gene from Wild Chinese <i>Vitis pseudoreticulata</i> Enhances Resistance to Phytopathogenic Fungi and Bacteria.	Frontiers in Plant Science. 2015, 6: 1087	王西平	3.948
45	Resistance evaluation of Chinese wild <i>Vitis</i> genotypes against <i>Botrytis cinerea</i> and different responses of resistant and susceptible hosts to the infection.	Frontiers in Plant Science. 2015, 6: 854	王西平	3.948
46	Identification, isolation, and expression analysis of heat shock transcription factors in the diploid woodland strawberry <i>Fragaria vesca</i>	Frontiers in Plant Science. 2015,6:736.	冯嘉玥	3.948
47	Denovo assembly and Transcriptome analysis Of two Contrary Tillering Mutants to Learn the mechanisms of tillers Outgrowth in switchgrass (<i>Panicumvirgatum</i> L.).	Frontiers in Plant Science.2015,6:1-10	孙凤丽 奚亚军	3.948
48	Exploration of Micornas and Their Targets Engaging in the Resistance Interaction between Wheat and Stripe Rust.	Frontiers in Plant Science,2015, 6, DOI: 10.3389	康振生	3.948
49	<i>Arabidopsis</i> lectin receptor kinases LecRK-IX.1 and LecRK-IX.2 are functional analogs in regulating <i>Phytophthora</i> resistance and plant cell death.	Molecular Plant-Microbe Interactions. 2015, 9:1032-1048.	单卫星	3.944
50	Penetration peg formation and invasive hyphae development require stage-specific activation of MoGT11 in <i>Magnaporthe oryzae</i> .	Molecular Plant-microbe Interactions.2015, doi: 10.1094	江聪	3.944
51	Molecular phylogeny of Panorpidae (Insecta: Mecoptera) based on mitochondrial and nuclear genes	Molecular Phylogenetics and Evolution. 2015, 85: 22-31	花保祯	3.916
52	Genome-wide Identification and Expression Analysis of the CDPK Gene Family in Grape, <i>Vitis spp</i>	BMC Plant Biology. 2015, 15:164	文颖强	3.813
53	The icmF3 locus is involved in multiple adaptation- and virulence-related characteristics in <i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1.	Front Cell Infect Microbiol. 2015,5:70	沈锡辉	3.719

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
54	<i>Corynebacterium glutamicum</i> methionine sulfoxide reductase (MsrA) uses both mycoredoxin and thioredoxin for regeneration and oxidative stress resistance.	Appl. Environ. Microbiol. 2015, 81(8): 2781-2796.	沈锡辉	3.668
55	Physiological and proteome analysis suggest critical roles for the photosynthetic system for high water-use efficiency under drought stress in <i>Malus</i>	Plant Science, 2015. 236: 44–60	马锋旺	3.607
56	Phenolic compounds and antioxidant activity in red-fleshed apples.	Journal of Functional Foods. 2015, 18:1086-1094	马锋旺	3.574
57	TaER Expression Is Associated with Transpiration Efficiency Traits and Yield in Bread Wheat	PLoS ONE. 2015, 10(6): e0128415	胡银岗	3.534
58	Influences of dominance and evolution of sex in finite diploid populations.	PloS one. 2015, 10(5): e0128459.	陶士珩	3.534
59	The Cloning and Functional Characterization of Peach CONSTANS and FLOWERING LOCUS T Homologous Genes PpCO and PpFT	PLoS ONE. 2015,10, e0124108	郁飞	3.534
60	Mutations in circularly permuted GTPase family genes <i>AtNOA1/RIF1/SVR10</i> and <i>BPG2</i> suppress <i>var2</i> -mediated leaf variegation in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Photosynthesis Research. DOI 10.1007/s11120-015-0195-9	郁飞	3.502
61	Fate of nitrogen from green manure, straw, and fertilizer applied to wheat under different summer fallow management strategies in dryland	Biology of Fertility and Soils. 2015, 51:769–780.	王朝辉	3.398
62	Tartary buckwheat (<i>Fagopyrum tataricum</i> Gaertn.) starch, a side product in functional food production, as a potential source of retrograded starch	Food Chemistry. 2016, 190, 552–558	冯佰利	3.391
63	Expressing an (E)-beta farnesene synthase in the chloroplast of tobacco affects the preference of green peach aphid and its parasitoid	Journal of Integrative Plant Biology. 2015,57(5):770-782	王成社	3.335
64	Molecular characterization and transcriptome analysis of orange head Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i>)	Planta. 2015, 241:1381–1394	张鲁刚	3.263
65	Physiological and transcriptional regulation in poplar roots and leaves during acclimation to high temperature and drought.	Physiologia plantarum.2015, doi: 10.1111/ppl.12400	罗志斌	3.26
66	First Discovery of Acetone Extract from Cottonseed Oil Sludge as a Novel Antiviral Agent against Plant Viruses	PLOS ONE. 2015, 10:e0117496	吴云峰	3.24
67	Spontaneous and divergent hexaploid triticales derived from common wheat ×	PLOS ONE. 2015, 10(3): e0120421	吉万全	3.234

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
	rye by complete elimination of D-genome chromosomes			
68	Development and Molecular Cytogenetic Identification of a Novel Wheat-Leymus mollis Lm#7Ns (7D) Disomic Substitution Line with Stripe Rust Resistance	PLOS ONE. 2015, 10(10):e0140227	吉万全	3.234
69	First discovery of acetone extract from cottonseed oil sludge as a novel antiviral agent against plant viruses	PLOS ONE. 2015,10(2): e0117496	王乔春、吴云峰	3.234
70	A Novel Neurotoxin Gene Recombination Enhances the Efficiency of Nucleopolyhedrovirus as a Pesticide by Inhibiting the Host Larva Ability to Feed and Grow	PLOS ONE. 2015, 10(8): e0135279.	刘同先	3.234
71	Ohr protects Corynebacterium glutamicum against organic hydroperoxide induced oxidative stress.	PLOS ONE. 2015, 10(6): e0131634.	沈锡辉	3.234
72	Effect of low temperature and wheat winter-hardiness on survival of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> under controlled conditions	PLOS ONE. 2015, 10(6): e0130691	胡小平	3.234
73	Spatial pattern of <i>Verticillium dahliae microsclerotia</i> and cotton plants with wilt symptoms in commercial plantations	PLOS ONE. 2015, 10(7): e0132812	胡小平	3.234
74	Biosorption of Cadmium and Manganese Using Free Cells of <i>Klebsiella</i> sp. Isolated from Waste Water	PLOS ONE. 2015, 10(10): e0140962.	卫亚红	3.234
75	Genome-Wide Analysis of Simple Sequence Repeats and Efficient Development of Polymorphic SSR Markers Based on Whole Genome Re-Sequencing of Multiple Isolates of the Wheat Stripe Rust Fungus.	PLOS ONE. 2015, 10(6):e0130362.	康振生	3.234
76	Molecular and quantitative genetic differentiation in <i>Sitobion avenae</i> populations from both sides of the Qinling Mountains	PLOS ONE.2015, 10 (3): e0122343	刘德广	3.234
77	Three New Species of Cyphellophora (Chaetothyriales) Associated with Sooty Blotch and Flyspeck.	PLOS ONE. 2015, 10(9): e0136857.	孙广宇	3.234
78	Tripartite interactions of Barley yellow dwarf virus, <i>Sitobion avenae</i> and wheat varieties.	PLOS ONE. 2014,9(9): e106639.	刘同先	3.234
79	Developmental Changes in Composition and Morphology of Cuticular Waxes on Leaves and Spikes of Glossy and Glaucous Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	PLOS ONE. doi:10.1371	王中华	3.234
80	Physiological and Comparative Proteomic analysis Reveals Different Drought	PLOS ONE. 2015, 10(4)	赵惠贤	3.234

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
	Responses in Roots and Leaves of Drought Tolerant Wild Wheat (<i>Triticum boeoticum</i>)			
81	Global Identification of MicroRNAs and Their Targets in Barley under Salinity Stress	PLOS ONE. 2015, 10(9): e0137990.	宋卫宁	3.324
82	Global transcriptional analysis of <i>Escherichia coli</i> expressing IrrE, a regulator from <i>Deinococcus radiodurans</i> , in response to NaCl shock†	Molecular BioSystems. DOI: 10.1039/c5mb00080g	韦革宏	3.21
83	Impact of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) on cucumber growth and phosphorus uptake under cold stress	Functional Plant Biology. 2015, 42(12) 1158-1167	邹志荣	3.145
84	The plasma membrane NADPH oxidase OsRbohA plays a crucial role in developmental regulation and drought-stress response in rice.	Physiologia Plantarum. 2015, DOI: 10.1111/ppl.12389.	陈坤明	3.138
85	Photoprotection mechanism in the 'Fuji' apple peel at different levels of photooxidative sunburn	Physiologia Plantarum . 2015, 154, 54-65	李鹏民	3.138
86	Dopamine alleviates salt-induced stress in <i>Malus hupehensis</i>	Physiologia Plantarum . 2015, 153(4): 584-602	马锋旺	3.138
87	Population structure of the late blight pathogen <i>Phytophthora infestans</i> in a potato germplasm nursery in two consecutive years.	Phytopathology. 2015, 105: 771-777.	单卫星	3.119
88	Combining models is more likely to give better predictions than single models	Phytopathology. 2015, 105(9): 1174-1182	徐向明	3.119
89	Threshold Microsclerotial Inoculum for Cotton Verticillium Wilt Determined through Wet-sieving and Real-time Quantitative PCR	Phytopathology. 2015, 105: 220-229	胡小平	3.119
90	Quantification of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> in urediniospores and infected wheat leaves using real-time quantitative PCR of DNA and RNA.	Phytopathology. 2015, 105(S4), S4.61	胡小平	3.119
91	Inhibitory effect of polysaccharide peptide (PSP) against Tobacco mosaic virus (TMV). I	International Journal of Biological Macromolecules. 2015, 75: 474-478	吴云峰	3.096
92	.Non-defoliating and defoliating strains from cotton correlate with races 1 and 2 of <i>Verticillium dahliae</i> .	Plant Disease. 2015, 99(12): 1713-1720	Krishna V. Subbarao (胡小平一作)	3.02
93	Host range of <i>Verticillium isaacii</i> and <i>Verticillium klebahnii</i> from artichoke, spinach and lettuce	Plant Disease. 2015, 99(7): 933-938	Krishna Subbarao (胡小平三作)	3.02

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
94	.Screening of wild and cultivated Capsicum germplasm reveals new sources of <i>Verticillium</i> wilt resistance.	Plant Disease. 2015, 99(10): 1404-1409	Krishna Subbarao (胡小平三作)	3.02
95	<i>Saccharothrix yanglingensis</i> strain Hhs.015 is a promising biocontrol agent on apple Valsa canker	Plant Disease	黄丽丽	3.02
96	Determination of the Role of <i>Berberis</i> spp. in Wheat Stem Rust in China	Plant Disease. 2015,99(8):1113-1117	康振生	3.02
97	The Emerging Yr26-virulent Races of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> Are Threatening the Wheat Production in the Sichuan Basin, China	Plant Disease. 2015, 99(6):754-760.	康振生	3.02
98	Effects of the GA-responsive dwarfing gene Rht18 from tetraploid wheat on agronomic traits of common wheat	Field Crops Research. 2015, 183 (2015): 92–101	胡银岗	2.976
99	Comparing the effects of GA-responsive dwarfing genes Rht13 and Rht8 on plant height and some agronomic traits in common wheat	Field Crops Research, 2015, 179:35–43	胡银岗	2.976
100	Drought resistance of wheat alien chromosome addition lines evaluated by membership function value based on multiple traits and drought resistance index of grain yield	Field Crops Research. 2015, 179 (2015): 103–112	胡银岗	2.976
101	Optimizing nitrogen input by balancing winter wheat yield and residual nitrate-N in soil in a long-term dryland field experiment in the Loess Plateau of China	Field Crops Research. 2015,181:32-41	王朝辉	2.976
102	Thermotolerance of apple tree leaves probed by chlorophyll a fluorescence and modulated 820 nm reflection during seasonal shift	Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology.2015,152:347-356	李鹏民	2.97
103	Functional morphology of the larval mouthparts of Panorpididae compared with Bittacidae and Panorpididae (Insecta: Mecoptera)	Organisms Diversity & Evolution. 2015, 15(4): 671–679	花保祯	2.888
104	Recovery patterns, histological observations and genetic integrity in <i>Malus</i> shoot tips cryopreserved using droplet-vitrification and encapsulation-dehydration procedures	Journal of Biotechnology. 2015,214: 182–191	王乔春	2.871
105	Genome-wide identification and evolution of HECT genes in soybean.	International Journal of Molecular Sciences. 2015, 16(4):8517-8535.	陶士珩	2.862
106	Wheat NAC transcription factor TaNAC29 is involved in response to salt stress	Plant Physiology and Biochemistry. 2015, 96:356-363	吉万全	2.756
107	Identification and utilization of a new <i>Erysiphe necator</i> isolate NAFU1 to quickly evaluate powdery mildew resistance in wild Chinese grapevine	Plant Physiology and Biochemistry. 98 (2016) 12-24	文颖强	2.756

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
	species using detached leaves			
108	Identification and expression analysis of heat shock transcription factors in the wild Chinese grapevine (<i>Vitis pseudoreticulata</i>)	Plant Physiology and Biochemistry, 99 (2016) 1-10	文颖强	2.756
109	Isolation and functional analysis of the pathogenicity-related gene VdPR3 from <i>Verticillium dahliae</i> on cotton.	Current Genetics. 2015, 61(4): 555-566	胡小平	2.682
110	Distinct cell cycle regulation during saprophytic and pathogenic growth in fungal pathogens	Current Genetics. doi: 10.1007/s00294-015-0515-9.	刘慧泉	2.682
111	Histological responses to downy mildew in resistant and susceptible grapevines	Protoplasma. 2015, 252(1): 259-270	徐炎	2.651
112	Subcellular localization of calcium in the incompatible and compatible interactions of wheat and <i>Puccinia striiformis</i> .	Protoplasma. 2015, 252(1):103-116	康振生	2.651
113	Cytological and molecular analysis of non-host resistance in rice to wheat powdery mildew and leaf rust pathogens.	Protoplasma. 2015, 252:1167-79.	康振生	2.651
114	Comparison of cell death and accumulation of reactive oxygen species in wheat lines with or without Yr36 responding to <i>Puccinia striiformis</i> .sp. <i>tritici</i> under low and high temperatures at seedling and adult-plant stages	Protoplasma. DOI 10.1007/s00709-015-0833-2	黄丽丽	2.65
115	Isolation and characterisation of cDNA encoding a wheat heavy metal-associated isoprenylated protein involved in stress responses.	Plant Biology. 2015, 17(6):1176-1186. DOI: 10.1111/plb.12344.	康振生	2.633
116	The effects of fruit bagging on levels of phenolic compounds and expression by anthocyanin biosynthetic and regulatory genes in red-fleshed apples	Process Biochemistry. 2015, 50:1774-1782	马锋旺	2.516
117	<i>Sphingomonas hylomeconis</i> sp. nov., isolated from the stem of <i>Hylomecon japonica</i> .	International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2015, doi: 10.1099/ijsem.0.000532.	张磊/沈锡辉	2.511
118	<i>Sphingomonas gei</i> sp. nov., isolated from roots of <i>Geum aleppicum</i> .	International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2015, doi: 10.1099/ijsem.0.000074.	张磊	2.511
119	<i>Rhizobacter bergeniae</i> sp. nov., isolated from the root of <i>Bergenia scopulosa</i> .	International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2015 65(2):479-84	张磊	2.511
120	Antioxidant responses of <i>Propylaea japonica</i> (Coleoptera: Coccinellidae) exposed to high temperature stress..	Journal of insect physiology. 2015, 73, 47-52	刘同先	2.47

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
121	(2015) Rapeseed calcineurin B-like protein CBL4, interacting with CBL-interacting protein kinase CIPK24, modulates salt tolerance in plants.	Biochem Biophys Res Commun. 2015, 467:467-471	江元清	2.297
122	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase (MAPKKK) 4 from rapeseed (<i>Brassica napus</i> L.) is a novel member inducing ROS accumulation and cell death.	Biochem Biophys Res Commun. 2015, 467(4):792-7	杨博	2.297
123	Biology and life history of <i>Tamarixia triozae</i> , a parasitoid of the potato psyllid <i>Bactericera cockerelli</i>	BioControl. 2015, 60:27-35	刘同先	2.253
124	Molecular mapping of resistance gene to the English grain aphid, <i>Sitobion avenae</i> , in a Chinese wheat line XN98-10-35	Mol Breeding .2015, 35: 203	赵惠燕	2.25
125	Mapping of gene conferring adult-plant resistance to stripe rust in Chinese wheat landrace Baidatou	Molecular Breeding. 2015, 35:157-165	王保通	2.246
126	Recombinant <i>Helicoverpa armigera</i> nucleopolyhedrovirus with arthropod - specific neurotoxin gene RjAa17f from <i>Rhopalurus junceus</i> enhances the virulence against the host larvae.	Insect Science.	刘同先	2.144
127	Oviposition preference, larval performance and adaptation of <i>Trichoplusia ni</i> on cabbage and cotton.	Insect science. 2015,22 (2), 273-282	刘同先	2.144
128	Bacteria abundance and diversity of different life stages of <i>Plutella xylostella</i> (Lepidoptera: Plutellidae), revealed by bacteria culture-dependent and PCR-DGGE methods	Insect Science. 2015, 22, 375-385,	刘同先	2.144
129	Evaluation of five antibiotics on larval gut bacterial diversity of <i>Plutella xylostella</i> (Lepidoptera: Plutellidae)	Insect Science. 2015, 22, 619-628,	刘同先	2.144
130	Comprehensive genomic analysis and expression profiling of diacylglycerol kinase gene family in <i>Malus prunifolia</i> (Willd.) Borkh	Gene. 2015, 561(2) : 225-234	马锋旺	2.138
131	The effect of cowpea (<i>Vigna unguiculata</i>) with root mucilage on phenanthrene (PHE) dissipation and microbial community composition using phospholipid fatty acid (PLFA) analysis and artificial neural network (ANN) modeling	International Biodeterioration and Biodegradation.100 (2015): 29-37	韦革宏	2.131
132	Overexpression of MpCYS2, a phytolectin gene from <i>Malus prunifolia</i> (Willd.) Borkh., confers drought tolerance and protects against oxidative stress in <i>Arabidopsis</i>	Plant Cell Tissue and Organ Culture.2015, 123 (1) :15-27	马锋旺	2.125

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
133	Establishment of a picloram-induced somatic embryogenesis system in <i>Vitis vinifera</i> cv. chardonnay and genetic transformation of a stilbene synthase gene from wild-growing <i>Vitis</i> species	Plant Cell Tissue and Organ Culture. (2015) 121:397-412	王跃进	2.125
134	A highly efficient grapevine mesophyll protoplast system for transient gene expression and the study of disease resistance proteins	Plant Cell Tissue and Organ Culture. 2015, DOI 10.1007	文颖强	2.125
135	Dominance of a single clonal lineage in the <i>Phytophthora infestans</i> population from northern Shaanxi, China revealed by genetic and phenotypic diversity analysis.	Plant Pathology. 2015, 64:200-206	单卫星	2.121
136	Population genetic analysis of <i>Phytophthora infestans</i> in northwestern China.	Plant Pathology. doi: 10.1111/ppa.12392	单卫星	2.121
137	Effects of cowpea (<i>Vigna unguiculata</i>) root mucilage on microbial community response and capacity for phenanthrene remediation	JOURNAL OF ENVIRONMENTAL SCIENCES 33 (2015) :45-59	韦革宏	2.002
138	Cryotherapy of <i>Ziziphus jujuba</i> shoot tips for efficient eradication of Jujube witches' broom phytoplasma	Annals of Applied Biology. 2015,166: 218-228.	王乔春	2.00
139	Antibiosis and tolerance but not antixenosis to the grain aphid, <i>Sitobion avenae</i> (Hemiptera: Aphididae), are essential mechanisms of resistance in a wheat cultivar	Bulletin of Entomological Research. (2015) 105, 448-455	刘同先	1.91
140	The role of male's anal horns in copulation of a scorpionfly	Journal of Zoology. 295(3): 170-177	花保祯	1.883
141	Previous infestation with <i>Psammotettix alienus</i> on spring wheat seedlings decreased the fitness of <i>Sitobion avenae</i> in a subsequent infestation	Agricultural and Forest Entomology 2015, DOI: 10.1111	赵惠燕	1.88
142	Abiotic stress improves in vitro biological indexing of Grapevine leafroll-associated virus-3 in red grapevine cultivars	Australian Journal of Grape and Wine Research. 2015,21: 490-495	王乔春	1.816
143	<i>Sphingobium endophyticus</i> sp. nov., isolated from the root of <i>Hylomecon japonica</i> .	Antonie Van Leeuwenhoek. 2015, 107(4): 1001-8	张磊/沈锡辉	1.806
144	Effects of maternal diet on offspring fitness in the bird cherry-oat aphid	Ecological Entomology . DOI:10.1111/een.12282	赵惠燕	1.80
145	Molecular and functional characteristics of streptomycete communities in relation to soil factors and potato common scab	European Journal of Soil Biology. 2015	马青	1.719
146	Study of phenanthrene utilizing bacterial consortia associated with cowpea (<i>Vigna unguiculata</i>) root nodules	World J Microbiol Biotechnol. 31(2015) :415-433	韦革宏	1.779
147	Effects of maternal diet on offspring fitness in the bird cherry-oat aphid.	Ecological Entomology.	赵惠燕	1.699

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
148	A feedback inhibition between nitric oxide and hydrogen peroxide in the heat shock pathway in <i>Arabidopsis</i> seedlings.	Plant Growth Regulation. 2015, 75: 503-509.	陈坤明	1.672
149	Functional analysis of the 5' regulatory region of the maize ALKALINE ALPHA-GALACTOSIDASE1 gene	Plant Molecular Biology Reporter. 33:1361-1370	赵天永	1.66
150	Identification and functional analysis of the NADK genes in wheat.	Plant Molecular Biology Reporter. 2015, online, DOI: 10.1007/s11105-015-0904-8.	陈坤明	1.656
151	A Buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>) DRE-Binding Transcription Factor Gene, FeDREB1, Enhances Freezing and Drought Tolerance of Transgenic <i>Arabidopsis</i>	Plant Molecular Biology Reporter.2015, 33(5):1-16	冯佰利	1.656
152	Comparative Analysis of Asteraceae Chloroplast Genomes: Structural Organization, RNA Editing and Evolution	Plant Mol Biol Rep. 2015, 33:1526-1538	聂小军	1.656
153	Atypical mating in a scorpionfly without notal organ	Contributions to Zoology. 2015, 84(4): 305-315	花保祯	1.656
154	The sperm pump of the hangingfly <i>Bittacus planus</i> Cheng (Mecoptera: Bittacidae)	Arthropod Structure & Development. 2015, 44(6): 667-676	花保祯	1.65
155	Demography and parasitic effectiveness of <i>Aphelinus asychis</i> reared from <i>Sitobion avenae</i> as a biological control agent of <i>Myzus persicae</i> reared on chili pepper and cabbage	Biological Control. 2016, 92: 111-119	刘同先	1.635
156	Effects of a juvenile hormone analog, pyriproxyfen, on <i>Serangium japonicum</i> (Coleoptera: Coccinellidae), a predator of <i>Bemisia tabaci</i> (Hemiptera: Aleyrodidae)	Biological Control. 2015,86: 7-13	刘同先	1.635
157	Inheritance and molecular mapping of stripe rust resistance genes in Chinese winter wheat Zhongliang 16	Crop Protection. 2015,74:51-55	王保通	1.539
158	Impacts of water deficiency on life history of <i>Sitobion avenae</i> clones from semi-arid and moist areas	Journal of Economic Entomology.2015, 108 (5): 2250-2258	刘德广	1.506
159	Field detection of canker-causing bacteria on kiwifruit trees: <i>Pseudomonas syringae</i> pv. <i>actinidiae</i> is the major causal agent	Crop Protection.2015, 75:55-62.	黄丽丽	1.49
160	Morphological comparison of the larvae of <i>Panorpa obtusa</i> Cheng and <i>Neopanorpa lui</i> Chou & Ran (Mecoptera: Panorpidae)	Zoologischer Anzeiger. 2015, 255: 62-70	花保祯	1.483
161	Phenotypic effects of additional chromosomes on agronomic and photosynthetic traits of common wheat in the background of Chinese Spring	Crop & Pasture Science. 2015, 66(1):32-41	胡银岗	1.483
162	Genetic effect of locus B2 inhibiting awning in double-ditelosomic 6B of <i>Triticum durum</i> DR147	Genet Resour Crop Evol. 2015, 62:407-418	吉万全	1.461

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
163	Identification and evaluation of disease resistance and HMW-GS composition of <i>Aegilops geniculata</i> Roth	Genet Resour Crop Evol. 2015,62: 1085-1093	吉万全	1.461
164	Heterotic grouping and the heterotic pattern among Chinese rapeseed accessions (<i>Brassica napus</i> L.)	Agronomy Journal. 2015,107(4):1321-1330	胡胜武	1.441
165	Roles of RpoS in <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> stress survival, motility, biofilm formation and type VI secretion system expression.	Journal of Microbiology. 2015 Sep; 53(9): 633-42.	沈锡辉	1.439
166	Temperature-Mediated Effects of Host Alternation on the Adaptation of <i>Myzus persicae</i> (Hemiptera: Aphididae)	Environmental Entomology. 04/2015; 44(2).	赵惠燕	1.424
167	Evaluation of actin cytoskeleton in non-host resistance of pepper to <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> stress	Physiological and Molecular Plant Pathology. 2015, 87,64-72	马青	1.407
168	Identification of Qtl for Adult Plant Resistance to Stripe Rust in Chinese Wheat Landrace Caoxuan 5.	Euphytica. 2015, 204:627-34.	康振生	1.385
169	QTL mapping of adult-plant resistance to stripe rust in wheat line P9897.	Euphytica. 2015, 205(1):243-253	康振生	1.385
170	Single nucleotide polymorphism markers linked to QTL for wheat yield traits	Euphytica. 2015,262(1):89-101.	王中华	1.385
171	Mapping quantitative trait loci for plant adaptation and morphology traits in wheat using single nucleotide polymorphisms	Euphytica. 2015, 1-14.	王中华	1.385
172	The Malus carotenoid cleavage dioxygenase 7 is involved in stress response and regulated by basic pentacysteine 1	Scientia Horticulturae.2015, 192: 264-270	马锋旺	1.365
173	New species and record of <i>Zygophiala</i> (Capnodiales, Mycosphaerellaceae) on apple from Montenegro.	Phytotaxa.2015,95(3):227-235	孙广宇	1.318
174	A new species of <i>Scleroramularia</i> associated with sooty blotch and flyspeck in Southern China.	Phytotaxa. 2015, 226 (3): 261-268	孙广宇	1.318
175	The roles of inoculants' carbon source use in the biocontrol of potato scab disease	Can. J. Microbio.2015, 61: 257-262	马青	1.221
176	Microarray-Based Identification of Conserved Microrna from Wheat and Their Expression Profiles Response to <i>Puccinia Striiformis</i> f. sp. <i>Tritici</i> .	Canadian Journal of Plant Pathology, 2015, 37:82-91.	康振生	1.119
177	Rapid detection of watermelon viruses by reverse transcription loop-mediated isothermal amplification.	Journal of phytopathology . doi: 10.1111/jph.12461	吴云峰	1.00
178	Molecular analysis of the complete genome sequence of a tobacco etch virus isolate from China	Journal of Plant Pathology. 2015, 97 (2), 297-301	吴云峰	1.00
179	Breeding new seedless grapes using in ovulo embryo rescue and marker-assisted selection.	In Vitro Cellular and Developmental Biology. 2015, 51:241-248.	徐炎	0.981

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
180	Field performance evaluation and genetic integrity assessment in <i>Argyranthemum maderense</i> plants recovered from cryopreserved shoot tips	In Vitro Cell. Deve. Biol. Plant. 51: 505-513	王乔春	0.981
181	Plant regeneration from shoot regrowth and de novo embryo-like structures from cryopreserved shoot tips of <i>Lilium spp</i>	In Vitro Cell. Deve. Biol. Plant. 51: 505-513	王乔春	0.981
182	Influence of selected host plants on biology of castor whitefly, <i>Trialeurodes ricini</i> (Hemiptera: Aleyrodidae)	Journal of Asia-Pacific Entomology 17 (2014) 745-751	刘同先	0.946
183	Molecular characterization of a eukaryotic-like phenol hydroxylase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> .	J Gen Appl Microbiol. 2015; 61(4): 99-107.	沈锡辉	0.943
184	Neighboring-Site Effects of Amino Acid Substitutions in the Mouse Genome.	Curr Bioinform 10, 337-342.	陶士珩	0.921
185	Larval morphology of the hanging-fly <i>Bittacus trapezoideus</i> Huang & Hua (Insecta: Mecoptera: Bittacidae)	Zootaxa. 2015, 3957(3): 324-333	花保祯	0.906
186	Effects of progressive drought on photosynthesis and partitioning of absorbed light in apple trees	Journal of Integrative Agriculture. 2015, 14(4): 681-690	马锋旺	0.833
187	Effects of light intensity on photosynthesis and photoprotective mechanisms in apple under progressive drought	Journal of Integrative Agriculture. 2015, 14(9): 1755-1766	马锋旺	0.833
188	G Protein β Subunit AGB1 Positively Regulates Salt Stress Tolerance in <i>Arabidopsis</i>	Journal of Integrative Agriculture	闵东红	0.833
189	Molecular mapping of stripe rust resistance gene <i>YrSE5756</i> in synthetic hexaploid wheat and its transfer to common wheat	Pak J Bot. 2015, 47: 1183-1189	吉万全	0.822
190	Assessment of amylose and amylopectin variability in barley	Pak. J. Bot. 2015, 47(6): 2239-2246	宋卫宁	0.822
191	Optimization of nutrient and fermentation parameters for antifungal activity by <i>Streptomyces lavendulae</i> Xjy and its biocontrol efficacies against <i>Fulvia fulva</i> and <i>Botryosphaeria dothidea</i>	Journal of Phytopathology DOI: 10.1111/jph.124401439-0434	黄丽丽	0.82
192	Functional divergence of BAK1 Genes from <i>Brassica rapa</i> in regulating plant architecture.	Genetics and Molecular Research. 2015, 14 (4): 14587-14596	王晓峰	0.775
193	Characterization of FeDREB1 promoter involved in cold- and drought-inducible expression from common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>)	Genetics & Molecular Research Gmr. 2015, 14(3):7990-8000	冯佰利	0.775
194	Identification of sequence-related amplified polymorphism and insertion-deletion markers linked to the male fertility restorer gene of pol-like CMS06J45 in heading Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i> subsp <i>pekinensis</i>)	Genet. Mol. Res. 13 (4): 9606-9614 (2014)	张鲁刚	0.775

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
195	Screening and evaluation of different wheat cultivars for resistance to <i>Sitobion avenae</i> at seeding and adult-plant stages	Agricultural Science and technology.2015, 16(8): 1686-1692	吉万全	0.699
196	Nitrate accumulation in leafy vegetables and its relationship with water.	Journal of Soil Science and Plant Nutrition. 2014, 14 (4): 761-168	王朝辉	0.68
197	Trade-Offs between Growth Rate, Sporulation and Pathogenicity in <i>Verticillium dahliae</i>	Journal of Agricultural Science. 2015, 7(7):35-41	杨家荣	0.653
198	Resveratrol derivatives in four tissues of six wild Chinese grapevine species	New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science.	王跃进	0.605
199	Isolation and molecular characterization of two novel HMW-GS genes from Chinese wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) landrace Banjiemang	Genes Genom. 2015, 37:45-53	李学军	0.565
200	Plant regeneration via embryo-like structures :histological observations and genetic stability in regenerants of <i>Lilium spp</i>	Journal of Horticultural Science & Biotechnology.2015, 90: 626-634	王乔春	0.541
201	The sulphonylurea herbicide monosulfuron-ester sodium as a special male gametocide in <i>Brassica napus</i> L.	Czech Journal of Genetics and Plant Breeding. 2015,51(1):16-22	赵惠贤、胡胜武	0.364

附件 3：科技奖励

序号	获奖名称	获奖类型及等级	完成人
1	小麦条锈病菌新毒性小种监测和抗条锈基因挖掘及其应用	陕西省科学技术一等奖	王保通
2	优质强筋小麦新品种远丰 175 和陕麦 159 的选育和推广	陕西省科学技术一等奖	吉万全
3	苹果树腐烂病成灾规律与防控关键技术研发和应用	大北农科技成果一等奖	黄丽丽

附件 4: 审定品种

序号	品种名称	审定或鉴定单位	完成人	时间
1	西农 20	陕西省农作物品种审定委员会	李学军等	2015
2	西农 822	安徽省科技厅	李学军等	2015.7.10
3	陕单 618	陕西省种子管理站	薛吉全等	2015.4
4	陕单 622	陕西省种子管理站	薛吉全等	2015.4
5	陕油 1209	国家农作物品种审定委员会	刘绚霞等	2015.03.24
6	陕油 28	陕西省农作物品种审定委员会	董军刚等	2015.11.06
7	润扬油 1 号	江苏省农作物品种审定委员会	董振生等	2015.12.03
8	西豌 2 号	全国农业技术推广服务中心	冯佰利等	2015.5.1
9	西芸 2 号	全国农业技术推广服务中心	冯佰利等	2015.5.1
10	“秦甘 68”甘蓝	全国农业技术推广服务中心	张恩慧	2015.6.18
11	农科大 16 号	全国农业技术推广服务中心	张显	2015.6.18
12	农科大 21 号	全国农业技术推广服务中心	马建祥	2015.6.18
13	陕农 6 号	陕西省农作物品种审定委员会	马建祥	2015.5.29
14	陕农 10 号	陕西省农作物品种审定委员会	张显	2015.5.29
15	农大甜 6 号	陕西省农作物品种审定委员会	张显	2015.5.29
16	陕农 5 号	陕西省农作物品种审定委员会	张勇	2015.5.29
17	多甜 1 号	陕西省农作物品种审定委员会	张勇	2015.5.29
18	农大甜 2 号	全国农业技术推广服务中心	张勇	2015.6.18

附件 5: 授权专利

序号	专利名称	申请人	专利号	授权日期
1	甜芥 DREB 转录因子	冯佰利等	ZL2013 1 0377196.1	2015.01.07
2	采用反转录环介导等温扩增技术检测苹果病毒的方法	郝兴安等	ZL201210114644.6	2015.04.08
3	一种枯草芽孢杆菌的微生物制剂制备方法及其应用	韩青梅等	ZL201310311377.4	2015.05.13
4	小麦条锈菌 17 号生理小种的分子检测方法	胡小平等	ZL201310416116.9	2015.05.20
5	一种敲除布洛芬福斯质粒邻苯二酚双加氧酶基因的方法	卫亚红等	ZL201310180285.7	2015.07.29
6	一种糜子种子发芽盒	冯佰利等	ZL2015 2 0034607.1	2015.08.05
7	一种甘蓝小孢子单倍体植株加倍的方法	张恩慧等	ZL2014 1 0011524.0	2015.08.12
8	一种自走式遥控小麦覆膜施肥播种机	王朝辉等	ZL201520284442.3	2015.09.16
9	一种甘蓝小孢子苗从试管到田间的移栽方法	张恩慧等	ZL2014 1 0011546.7	2015.10.28
10	杂交小麦“西杂五号”品种权	张改生等	CNA20100760.4	2015.11.01
11	一种斜纹夜蛾的人工群体方法	仵均祥等	ZL2014 1 0036275.0	2015.11.10
12	一种用于小型昆虫试验的轻便型小叶笼	刘同先等	ZL20152 0484569.X	2015.12.09
13	小麦矮缩病毒的快速可视化检测方法	吴云峰等	ZL2013 10471143.6	2015.12.09
14	欧美杂交种葡萄巨峰抗旱基因 VvMBF1	王西平等	ZL 201410035773.3	2015.12

附件 6: 出版著作

序号	著作名称	作者	出版社	出版时间
1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> : From systems biology to biotechnological applications Chapter7	Xi-Hui Shen (参编)	Caister Academic Press	2015
2	糜子病虫害草害	冯佰利 (主编)	西北农林科技大学出版社	2015.12
3	葡萄设施栽培百问百答	王西平 (主编)	中国农业出版社	2015
4	西北旱地玉米高产高效栽培新模式	薛吉全 (主编)	中国农业出版社	2015.1
5	菌物学	孙广宇 (副主编)	科学出版社	2015.4
6	中国农作物病虫害	冯佰利 (参编)	中国农业出版社	2015.3
7	中国菌物学 100 年	孙广宇 (参编)	科学出版社	2015.4
8	中国小杂粮优质高产栽培技术	冯佰利 (参编)	中国农业出版社	2015.6

附件 7：购置仪器

序号	名称	数量	单价（元）	总价（元）
1	荧光定量 PCR 仪	1	353100.00	353100.00
2	PCR 仪	8	53460.00	427680.00
3	真空浓缩仪	1	51810.00	51810.00
4	高效液相色谱仪（带自动进样器）	1	335280.00	335280.00
5	荧光定量 PCR 仪	1	237600.00	237600.00
6	核酸蛋白测定仪	1	118800.00	118800.00
7	核酸蛋白测定仪	1	79200.00	79200.00
8	灭菌锅	2	44880.00	89760.00
9	徕卡 EM KMR3 玻璃制刀机 16706902	1	157080.00	157080.00
10	半薄切片机显微观察设备 M60	1	51480.00	51480.00
11	植物培养箱	2	151800.00	303600.00
12	蛋白层析系统	1	825000.00	825000.00
13	大存储	1	84000.00	84000.00
14	多线氦离子激光器 FV5-LAMAR-2	1	122100.00	122100.00
15	控温摇床	1	20500.00	20500.00
16	大离心机	1	176880.00	176880.00
17	制冰机三洋	1	42000.00	42000.00

附件 8: 参观访问

序号	时间	嘉宾	介绍人
1	2015.04.21	康奈尔大学生物技术研究院院长 Jocelyn Rose 教授	胡银岗
2	2015.04.22	中国农业科学院植物保护研究所科研处处长郑传临、周益林研究员、刘太国副研究员	王晓杰
3	2015.04.22	山东农业大学植保学院院长李向东、副院长谢胜利和许永玉	王晓杰
4	2015.05.04	科技部农村司司长马连芳	康振生
5	2015.06.03	陕西科技大学校长姚书志	王晓杰
6	2014.06.07	中国农业科学院作物科学研究所研究员、国家小麦产业技术体系首席科学家肖世和	康振生
7	2015.06.08	陕西省委副书记胡和平	吉万全、王晓杰
8	2015.06.17	陕西中医药大学 2012 级生物技术专业 48 名学生	黄雪玲
9	2015.06.19	美国俄克拉荷马州立大学副校长 Thomas Coon	胡银岗
10	2015.06.30	加拿大阿尔伯塔大学农学院院长 Stanford Blade 教授等一行 8 人	胡银岗
11	2015.07.03	新疆农业大学教务处处长綦群高、研究生处处长张巨松、发展规划处处长陈勇	黄雪玲
12	2015.07.06	上海农林职业技术学院	黄雪玲

2015年度报告

序号	时间	嘉宾	介绍人
13	2015.07.08	贵州大学植物保护系陈文龙教授一行 5 人	王晓杰
14	2015.07.23	2015 年全国青少年高校科学营陕西分营一行 100 名高中生	王晓杰、黄雪玲
15	2015.07.24	西北农林科技大学园艺学院 2015 年“优秀大学生暑期夏令营”46 名大学生	黄雪玲
16	2015.10.20	新疆石河子大学校长助理杨新泉、农学院院长郁松林一行 10 人	王晓杰
17	2015.10.22	2015 年中学校长招生工作研讨会的地方教育部门 120 余名代表	黄雪玲
18	2015.10.23	全国人大常委会委员、全国人大教科文卫委员会副主任委员吴恒	吉万全
19	2015.11.17	科技部农村技术开发中心主任贾敬敦	康振生
20	2015.11.20	陕西国际商贸学院医药学院一行 9 人	黄雪玲
21	2015.12.01	宁夏农林科学院党委书记、院长周东宁一行 13 人	胡银岗
22	2015.12.04	台湾国立云林科技大学管理学院工业工程与管理系一行 7 人	黄雪玲
23	2015.12.16	新疆塔里木大学省委常委、副校长孙庆桥一行 4 人	吉万全
24	2015.12.18	中共陕西省委科技工委书记、省科技厅厅长卢建军一行 9 人	吉万全

附件 9: 报告与交流

序号	报告题目	报告人	时间	类别
1	Reconstructing Fusarium graminearum gene regulatory networks using systems biology approach	郭力	2015.3.6	学术报告
2	蛋白质层析的基本原理及 AKTA 系统在蛋白质层析中的应用与操作	周晓娜	2015.4.16	技术报告
3	激光共聚焦显微镜 (OLYMPUS-FV1000) 在生命科学研究中的应用与实践	裴国亮	2015.4.16	技术报告
4	RainDrop —the most sensitive nucleic acid detection system today	陈伟	2015.4.16	技术报告
5	植物与病毒的相互作用	Lesley Torrance	2015.4.20	学术报告
6	FEI 扫描电子显微镜在生物领域的应用及探索	韩伟	2015.4.17	技术报告
7	Farming in Canada、Developing Breeder Seed	Douglas Brown	2015.5.8	学术报告
8	Regulation of Salmonella invasion into non-phagocytic cell Mapping high-resolution kinase substrate network in animals and plants	Dr. Andy Tao、Dr. Daoguo Zhou	2015.5.11	学术报告
9	Rust, Risk, and Biotechnology	罗尼·科夫曼	2015.5.13	学术报告
10	现代细胞学技术与小麦种质创新、小麦与大麦的全基因组选择	杨足君、David Hole	2015.5.19	学术报告
11	Epigenetic regulation of fungal development and pathogenicity in the rice blast fungus	Dr. YongHwan Lee	2015.5.22	学术报告
12	Friend or foe: differentiation of pathogenic or mutualistic fungi in Magnaportheaceae	林福呈	2015.5.22	学术报告
13	Candidate Effector Proteins of the Blast Pathogen Magnaportheorzyae Target Diverse Plant Cell Compartments and Plant RNAi Pathway	刘文德	2015.5.22	学术报告

2015年度报告

序号	报告题目	报告人	时间	类别
14	Characterization the <i>HOG1</i> Downstream Transcription Factor MoMsn2 in <i>Magnaportheorizae</i>	张海峰	2015.5.22	学术报告
15	Unraveling the complex biology of infection and pathogenesis by the rice blast pathogen <i>Magnaportheorizae</i>	Ralph A. Dean	2015.5.22	学术报告
16	A splicing factor in the rice blast fungus safeguards efficient splicing of introns with multiple branchpoint-mimic sites	杨俊	2015.5.22	学术报告
17	The interactome of pathogenicity factors in <i>Magnaportheorizae</i>	许金荣	2015.5.22	学术报告
18	Autoregulation of ZEB2 expression for zearalenone production in <i>Fusariumgraminearum</i>	Yin-Won Lee	2015.5.29	学术报告
19	Interaction of TOR with MAPK pathways in <i>F. graminearum</i>	马忠华	2015.5.29	学术报告
20	RabGTAases are essential for membrane trafficking-dependent growth and pathogenicity in <i>Fusariumgraminearum</i>	王宗华	2015.5.29	学术报告
21	Toward a comprehensive understanding of sexual development in <i>Fusariumgraminearum</i>	Sung-Hwan Yun	2015.5.29	学术报告
22	Mechanisms and management of fungicide resistance in <i>Gibberellazeae</i>	周明国	2015.5.29	学术报告
23	Isolation and characterization of novel resistance germplasms against <i>Fusarium</i> pathogens in fields	廖玉才	2015.5.29	学术报告
24	Identification and characterization of putative effector proteins in <i>Fusariumgraminearum</i>	Jin-Rong Xu	2015.5.29	学术报告
25	Yap1 transcriptional factor regulates Tri gene expression and deoxynivalenol biosynthesis in <i>Fusariumgraminearum</i>	刘阳	2015.5.29	学术报告
26	Detection and survey of mycotoxins produced by <i>Fusariumgraminearum</i>	史建荣	2015.5.29	学术报告
27	Cytological and Gene Expression Analysis during Maize Stalk Colonization Elucidates <i>Fusariumgraminearum</i> Strategies in Confronting Host Extracellular Environment	唐威华	2015.5.29	学术报告

序号	报告题目	报告人	时间	类别
28	High-density mapping of a major FHB resistance gene Fhb7 derived from <i>Thinopyrum ponticum</i> and its pyramiding with Fhb1 by marker-assisted selection	孔令让	2015.5.29	学术报告
29	Progress in functional genes and genomics of <i>Fusarium graminearum</i> in NJAU	陈长军	2015.5.29	学术报告
30	Action and reaction of host and pathogen during Fusarium head blight	张旭	2015.5.29	学术报告
31	Histone acetylation and <i>Fusarium graminearum</i> pathogenesis	丁胜利	2015.5.29	学术报告
32	<i>Fusarium graminearum</i> : Species or clade?	John Leslie	2015.5.29	学术报告
33	Functional analysis of peroxin encoding genes FgPex14 and FgPex14/17 of <i>Fusarium graminearum</i>	张昊	2015.5.30	学术报告
34	Systematic characterization of unique secreted proteins in <i>F. graminearum</i>	王晨芳	2015.5.30	学术报告
35	Prp4 regulates spliceosome B-complex activation and intron splicing efficiency	金巧军	2015.5.30	学术报告
36	Distinct functions of Cdc2A and Cdc2B in different growth and developmental stages in <i>F. graminearum</i>	刘慧泉	2015.5.30	学术报告
37	实时荧光定量 PCR 原理及应用	张姣	2015.6.5	技术报告
38	KitBase: a fully sequence-indexed mutant collection in a model rice variety	李国田	2015.6.5	学术报告
39	Coordination of auxin distribution and abiotic stress signaling by a ROP effector and a Ca ²⁺ -sensor dependent microtubules stability switch	Dr Shaul Yalovsky	2015.6.19	学术报告
40	Molecular aspects of plant responses to abiotic stresses	Dr Jianhua Zhu	2015.6.19	学术报告
41	Understanding how roots find water	Dr José R. Dinneny	2015.6.19	学术报告

2015年度报告

序号	报告题目	报告人	时间	类别
42	A universal stress signaling pathway feeds into plant development - about fate decision	Dr Juan Dong	2015.6.19	学术报告
43	高通量技术在农业方面的应用案例分享	王敏钱俊	2015.6.18	技术报告
44	电子显微镜的原理及样品制备	张国云	2015.7.20	技术报告
45	The stress biology of extremophile fungi and the nature of fungal interactions algae.	Dr. Steven Harris	2015.8.04	学术报告
46	Use of Rice tungro bacilliform virus to obtain virus resistance and gene silencing in rice	Prof. Indranil Dasgupta	2015.8.28	学术报告
47	NGS 数据解读及信息分析	万智毅刘三阳	2015.9.15	技术报告
48	高通量测序在动植物育种和发育中的应用	张峰	2015.9.22	技术报告
49	蛋白质技术在植物研究中的应用	韦汉福	2015.9.23	技术报告
50	Orbitrap Fusion Tribrid's technologies and applications for quantitative proteomics and characterization of global protein PTMs	张胜	2015.9.24	学术报告
51	DNA demethylases interact with small RNAs to regulate stress response genes in Arabidopsis	Wang, Ming-Bo	2015.9.28	学术报告
52	澳大利亚小麦抗旱性研究进展	Bernard Dell	2015.9.26	学术报告
53	Conservation and utilization of cereal crop wild relatives	Hanan Sela	2015.9.29	学术报告
54	高效液相色谱仪的原理及操作技术	简利茹	2015.10.13	技术报告
55	Using knowledge of genomics and effectors to improve how Phytophthora disease resistance	Brett M. Tyler	2015.10.17	学术报告

序号	报告题目	报告人	时间	类别
56	聚异戊烯醇(PIs)和聚异戊烯醇识别顺序(PIRS)肽之间专一的结合及其对膜构型的影响	周国平	2015.10.26	学术报告
57	小麦赤霉病发生规律及防控关键技术	马忠华	2015.10.28	学术报告
58	The targets of Phytophthora effectors: pressure points to promote disease	Paul R. J. Birch	2015.11.6	学术报告
59	Advancing our knowledge of bacterial plant pathogens through genomics: Pectobacterium and Dickeya – A case study	Ian K. Toth	2015.11.6	学术报告
60	新常态下重塑植保科技创新与服务体系的思考	陈剑平	2015.11.10	学术报告
61	SNP 分子标记与作物辅助育种	张磊	2015.11.11	技术报告
62	Evolution of the grain dispersal system in barley	Takao Komatsuda	2015.11.17	学术报告
63	Predicting functionality of late blight resistance by studying pathogen populations	Hannelelindqvist-kreuze	2015.11.24	学术报告
64	Control of spike grain number by barley Vrs1 orthologous genes in wheat	Takao Komatsuda	2015.12.1	学术报告
65	核磁共振的基本原理及应用	张宏利	2015.12.11	技术报告
66	Bimolecular fluorescence complementation (BiFC): opportunities and challenges	Changdeng Hu	2015.12.28	学术报告

附件 10: 会议报告

序号	姓名	参会名称	报告题目	会议地点	会议时间	类型
1	柴岩	第二届国际糜子学术研讨会	中国非主要谷类粮食作物生产	韩国	2015.02.25-28	邀请报告
2	高金锋	第二届国际糜子学术研讨会	糜子淀粉特性研究	韩国	2015.02.25-28	大会报告
3	杨璞	第二届国际糜子学术研讨会	Genetic diversity analysis of <i>Sporisorium destruens</i> and <i>Ustilago hordei</i> isolated in China	韩国	2015.02.25-28	大会报告
4	王朝辉	作物微量元素营养与微肥施用研究学术研讨会	小麦籽粒的锌及调控研究	武汉	2015.03.27-29	大会报告
5	沈锡辉	病原细菌的化学生物学研讨会	假结核耶尔森氏菌 VI 型分泌系统的新功能	贵阳	2015.04.01	大会报告
6	王朝辉	中国植物营养与肥料学会施肥技术专业委员会 2015 年度学术研讨会	旱地小麦水肥高效管理研究	武汉	2015.04.17-20	大会报告
7	单卫星	海峡两岸植物病理学术研讨会	拟南芥对疫霉菌感病性的遗传分析	台中	2015.05.18-23	邀请报告
8	王晓峰	第二届国际油菜素甾醇会议	The Leucine-Rich Repeat Receptor Kinase BIR3 Is a Negative Regulator of BAK1 in Plant Brassinosteroids Signaling	武汉	2015.05.19-22	大会报告
9	王乔春	Symposium on advances in Cryopreservation	Cryotherapy for plant pathogen eradication	挪威	2015.06.10-13	大会报告
10	王乔春	Symposium on plant biotechnology	Roles of cryopreservation in ensuring food security	意大利	2015.06.20-22	大会报告
11	王朝辉	西北农林科技大学与加拿大阿尔伯塔大学农业与食品创新联合研究中心研讨会	Water and nutrient management of winter wheat in dryland of northwestern China	杨凌	2015.06.28-30	大会报告

序号	姓名	参会名称	报告题目	会议地点	会议时间	类型
12	康振生	国际锈病白粉病大会	Research progress on the role of barberry in epidemics of wheat stripe rust in China	赫尔辛格	2015.07.06-09	邀请报告
13	汤春蕾	国际锈病白粉病大会	PsANT, the Adenine Nucleotide Translocase of Puccinia Striiformis, Promotes Cell Death and Fungal Growth.	赫尔辛格	2015.07.06-09	大会报告
14	赵惠贤	2015 动植物基因组大会亚洲会议	Expression of TaCYP78A3, genes encoding cytochrome P450 78A3 proteins in wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.), affect seed size	新加坡	2015.07.13-15	大会报告
15	刘慧泉	中国植物病理学 2015 学术年会	赤霉菌 2 个细胞周期蛋白依赖性激酶 Cdc2A 和 Cdc2B 的作用机理研究	海口	2015.07.21-26	分组报告
16	单卫星	The 9 th World Potato Congress	Population Genetic Diversity of the Potato Late Blight Pathogen <i>Phytophthora infestans</i> in Northwestern China	北京	2015.07.28-31	邀请报告
17	许金荣	第四届植物-生物互作国际会议	Signaling pathways regulating infection processes in the rice blast fungus.	南京	2015.07.31-08.03	大会报告
18	王晓峰	与陈锋教授课题组科研进展的研讨	The proceedings of BR signal transduction in xiaofeng's Lab	美国田纳西大学	2015.08.09-10	邀请报告
19	沈锡辉	2015 中国遗传学会大会	细菌 VI 型分泌系统与环境胁迫	昆明	2015.08.14-18	分会场主旨报告
20	赵惠贤	第六届全国小麦基因组学及分子育种大会	小麦穗部/籽粒 VIGS 技术体系的建立在品质和产量相关基因功能研究中的应用	杨陵	2015.08.17-19	大会报告
21	宋卫宁	第六届全国小麦基因组学及分子育种大会	小麦 7DL 染色体参考序列/人工分子 (pseudomolecule) 组装	陕西杨凌	2015.08.18-19	大会报告
22	童维	第六届全国小麦基因组学及分子育种大会	整合转录组、蛋白质组和 microRNA 数据解析小麦穗发育过程	陕西杨凌	2015.08.18-19	大会报告
23	赵惠燕	中国气候变化与农村发展大会	将低碳和适应同时纳入农村发展——以长武县亭口宇家村为例	西安	2015.08.20-25	邀请报告

2015年度报告

序号	姓名	参会名称	报告题目	会议地点	会议时间	类型
24	单卫星	泰山学术论坛	植物对疫霉菌感病性的遗传解析	泰安	2015.08.28-31	大会报告
25	赵惠燕	北京+20 高峰论坛	农业技术传播中的社会性别	西安	2015.09.08-10	邀请报告
26	詹刚明	BGRI Technical Workshop 2015 年度会议	Emergence of new races of wheat stripe rust fungus and their relationship with sexual process in China	悉尼	2015.09.15-23	分组报告
27	李明军	第五届全国果树分子生物学学术研讨会	苹果两个己糖转运蛋白以不同的方式调控着果实中 Fru 和 Suc 的分配与积累	杨凌	2015.09.18-20	大会报告
28	马锋旺	第五届全国果树分子生物学学术研讨会	苹果自噬相关基因的功能分析	杨凌	2015.09.18-20	大会报告
29	管清美	全国果树逆境分子生物学会议	Insights of the molecular mechanisms of plant responses to temperature stress	杨凌	2015.09.19	大会报告
30	刘德广	中国昆虫学会 2015 年学术年会	不同寄主植物上麦长管蚜的适应性和专化性分析	沈阳	2015.09.23	分组报告
31	王朝辉	中国植物营养与肥料学会八届四次理事会暨 2015 年学术年会	旱地小麦减肥生产研究与思考	郑州	2015.09.23-25	大会报告
32	刘慧泉	中国植物病理学会第十二届青年学术研讨会	短柄草与稻瘟菌、赤霉菌互作的转录组学研究	泰安	2015.10.22 -24	分组报告
33	沈锡辉	中国微生物学会学术年会	假结核耶尔森氏菌 VI 型分泌系统的抗环境胁迫功能研究	宜昌	2015.10.25	分会场主旨报告
34	邹志荣	2015 中国园艺学会设施园艺学术年会	日光温室结构与环境控制发展新动态	山西太原	2015.11.04-06	邀请报告
35	吉万全	第七届全国小麦遗传育种学术研讨会	小麦分子染色体工程育种与研究进展	郑州	2015.11.18	大会报告
36	王晓峰	近来的生物大分子的结构和功能的实验生物学, 生物信息学和系统生物学的研究	油菜素信号转导与磷酸化位点鉴定	南宁	2015.11.19-21	邀请报告

序号	姓名	参会名称	报告题目	会议地点	会议时间	类型
37	沈锡辉	第十八次全国环境微生物学学术研讨会	细菌 VI 型分泌系统的抗环境胁迫功能研究	镇江	2015.11.21-24	大会报告
38	赵天永	中国农业生物化学与分子生物学年会	通过调控棉子糖代谢提高玉米种子活力和耐储性	温州	2015.11.28	大会报告
39	管清美	中国园艺学会青年学者联合会第二次会议	植物抗非生物逆境的分子基础	广州	2015.12.05	邀请报告
40	赵惠燕	杨凌妇女发展大讲堂	气候变化与农村妇女发展	杨凌	2015.12.05	邀请报告
41	邹志荣	全国日光温室发展学术论坛	西北日光温室结构与蔬菜生产新技术研究	辽宁沈阳	2015.12.06-08	大会报告
42	邹志荣	中国农业工程学会 2015 年学术年会	日光温室主动采光理论与设计技术应用	黑龙江哈尔滨	2015.12.06-08	大会报告