



2014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 2014

2014.12

旱区作物逆境生物学国家重点实验室

2014年报

二〇一四年十二月

摘 要

2014 年度，根据学术委员会的建议，实验室进一步凝练了研究方向，启动了小麦逆境生物学和苹果逆境生物学两个研究计划。同时，加强了人才培养和团队建设工作。经过努力，圆满完成了预期的各项任务和目标，在科学研究、人才培养与团队建设、平台建设与管理等方面均取得了较好成绩，为迎接 2016 年实验室的评估奠定了基础。

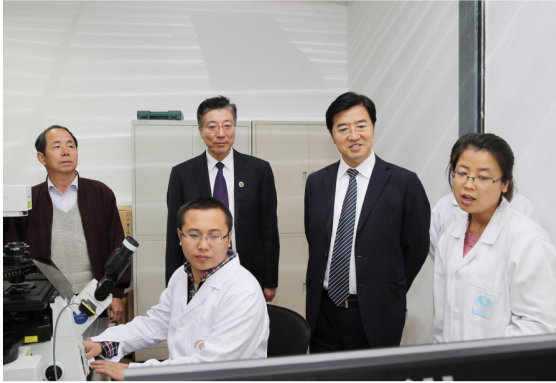
获批国家和省部级科研项目34项。其中，国家自然科学基金重点项目1项、优秀青年科学基金1项、面上项目13项、青年项目5项；科技部“973”项目课题1项、国际合作项目1项；农业部国家转基因专项重大项目1项。合同经费累计5546万元，到位经费2845万元。

在 Annual Review of Entomology, Nature Communications, Biotechnology Advances, Nucleic Acids Res, Journal of Pineal Research, Plant Journal, New Phytologist, Environmental Microbiology 等期刊发表 SCI 论文 170 篇；获批国家发明专利 3 项；出版著作 4 部；审定农作物新品种 8 个。

2 人获批教育部“长江学者”特聘教授，1 人入选国家自然科学基金“优秀青年人才项目支持计划”，1 人获批“全国百篇优秀博士学位论文”，1 人获“陕西省青年科技新星”荣誉称号，1 人获“陕西省青年科技奖”，形成了较好的学术梯队。

与澳大利亚默多克大学联合组建了“中澳生物与非生物逆境治理”联合研究中心；举办了“第一届全国植物逆境生物学学术研讨会”、“十三五”农业领域“农作物病害防控方向”战略研讨会和“实验室第一届研究生论坛”；先后邀请了本领域 55 位国内外著名科学家来实验室学术交流，39 人受邀参加国内外学术会议做大会报告。

2015 年，实验室将进一步凝练研究方向、加强人才培养和团队建设，并按照《国家重点实验室建设与运行管理办法》的相关要求，积极筹备和部署 2016 年实验室评估工作，力争在相关研究领域取得突破性研究进展，争取在评估中取得优异成绩，使实验室成为功能齐全、设备先进、开放共享的创新性研究平台，科技创新的基地和国际合作交流的窗口，为旱区农业可持续发展提供理论与技术支撑。



教育部副部长杜玉波来实验室调研



农业部副部长余欣荣来实验室调研

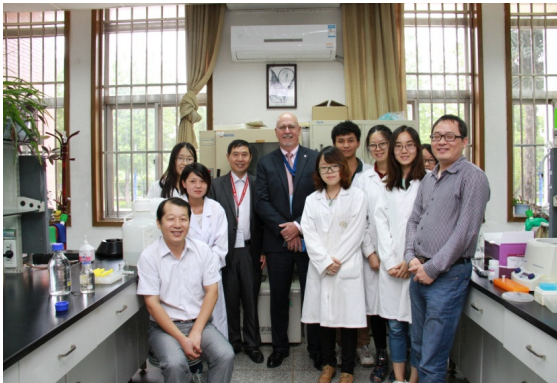
 旱区作物逆境生物学国家重点实验室第一届学术委员会第四次会议
2014-12-7 西北农林科技大学



第一届学术委员会第四次会议



国家“973计划”项目中期总结会



康奈尔大学 Ronnie coffman 来实验室交流访问



俄勒冈州立大学 BrrtleTyle 教授来实验室交流访问



爱荷华州立大学 Patrick Schnable 教授来实验室访问交流



中澳生物和非生物逆境治理联合研究中心成立



中科院遗传所高彩霞研究员来实验室交流访问



阿肯色大学 Vibha Srivastava 教授来实验室交流访问

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.....	9
（三）作物与有害生物互作机理.....	15
（四）作物抗逆种质创新和品种设计研究.....	28
三、科研成果.....	31
四、人才培养.....	32
五、实验平台建设.....	34
六、运行与管理.....	35
七、学术委员会纪要.....	36
八、专项经费执行情况.....	39
九、开放交流.....	40
（一）开放课题立项和执行情况.....	40
（二）学术交流.....	42
（三）公众开放日活动.....	43
（四）参观访问.....	44

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，确定了以粮食作物小麦和果树作物苹果为实验室的主攻点，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

1. 作物抗逆种质资源收集和鉴定评价

先后赴以色列、叙利亚、高加索、非洲等国家和地区实地采集了各类抗病、耐逆、高产小麦种质资源 2400 份。其中野生大麦 1600 份，野生二粒小麦 200 份，其他近缘野生材料 100 份，小麦、大麦优良品种 500 个；从 ICARDA 引进了抗旱、耐盐、抗病等优异小麦种质 130 份；与中国农科院交流获得小麦微核心种质 260 份。

目前，已完成了所有麦类种质的农艺性状调查、种子繁殖的初步鉴定、筛选工作。获得了一批分蘖数多、穗大、粒重等优异性状的种质和一系列抗病、抗旱等优异资源，为进一步深入研究和利用这些种质资源奠定了基础。如对近 200 份野生二粒小麦在芽期和苗期的耐盐性鉴定，发现来自以色列 Mt. Gilboa 地区的材料抗盐性较强，共鉴定、发掘了 8 个强抗盐材料；筛选获得了 10 个优异的抗旱野生大麦品系；筛选获得了 20 个高铁锌、高蛋白的野生二粒小麦材料；开展了小麦微核心种质根系性状与抗旱性的关联分析，现已完成了所有 260 份核心种质的 SSR 基因分型工作。

另外，对引进的 80 份国外小麦种质资源（其中 70 个品系已在美国种质资源注册并获得登记号（PI 660056-PI 660125）），进行了温室苗期和田间联合鉴定和抗条锈性评价。其中，14 个品系具有全生育期抗病性，22 个具有成株抗病性，44 个具有成株抗病性或高温成株抗病性。此外，针对国内育种单位引进数千份小麦农家种、远缘杂交后代、国外引进种质以及航天诱变材料中，筛选到不同类型抗源材料

50 多份，拓展了我国抗源储备库，为进一步发掘新基因，培育抗病品种奠定了材料基础。

引进美国、加拿大玉米种质 300 份，收集国内优异种质材料 200 份，鉴定筛选出 30 份育种选系基础材料；收集具有高抗晚疫病、高淀粉含量、高抗氧化活性物质含量的新、特、稀有遗传资源及马铃薯野生种 300 余份，并进行了保存和扩繁。目前已对收集到 300 余份新资源，中间育种材料品系进行了组织培养无菌保存，并进行了实验室和田间的观察与鉴定。

通过对构建的小麦 EMS 突变体库中 315 份突变体 M3 苗期抗旱性的筛选，得到了抗旱性明显强于野生型的突变体（即干旱胁迫耐受型突变体）4 个以上（M3-404、M3-410、M3-468、M3-1048 等）、抗旱性明显弱于野生型的突变体（即干旱胁迫敏感型突变体）1 个（M3-1067）。

2. 作物抗逆资源遗传基础研究

在对收集大麦资源鉴定的基础上，初步开展了野生材料的育种利用工作，先后组培了各类杂交组合 40 余个，获得了一批优良的育种中间材料，并构建了多个野生大麦/栽培大麦，野生小麦/普通小麦的 RIL 群体，为相关性状的 QTL 定位奠定基础。在抗条锈性鉴定的基础上，为了充分利用这些小麦抗病种质资源，兼顾高产、优质及抗病性等性状，分别以全国不同麦区 14 个主栽的小麦品种为受体亲本进行抗病性转育，包括新麦 26、郑麦 9023、郑麦 366-6、百农 AK58、烟农 21、烟农 19、邯 6172、周 8425B、周 22、西农 979、襄麦 25、济麦 22、皖麦 52、宁春 4 号等，目前已获得 60 个杂交组合。

抗条锈性遗传与基因发掘方面：完成了品冬 34 新抗源材料抗条锈性遗传分析。抗病性鉴定结果表明，品冬 34 对所测试的小种和致病型均表现高抗。抗病遗传分析表明，该抗源有一对显性抗病基因，定位在小麦 7AS 染色体，是一对抗条锈病新基因，被国际小麦基因命名委员会定名为 Yr61。小麦抗源武汉 2 号具有良好抗条锈性。除了 CYR32 以外，对其他供试条锈菌系均表现抗病，尤其对新致病类型 V26/CM42 等新菌系表现高抗。抗病遗传分析分析表明，武汉 2 号具有两个抗条锈病 QTLs，都具有重要发掘价值。此外，对兴资 9104 和秦农 142 等一些成株期抗条

锈病抗源材料，已构建了 RILs 遗传群体，目前正用 SNP 等分子标记开展 QTL 作图和精细定位工作。对 4 个普通小麦-柔软滨麦草易位系、10 个抗条锈病新种质的抗条锈基因进行了遗传分析和抗病基因的分子作图。小麦-柔软滨麦草易位系 M852-1 对 CYR32、CYR33 和 Su11-7 的抗锈性均由 1 对隐性基因控制，并将其定位于小麦 2BS 染色体。M97 苗期对 CYR31 的抗病性由 2 对显性基因独立或重叠作用控制，筛选了 4 个与该抗病基因连锁的 SSR 标记，并将该抗病基因定位于小麦 1DS 染色体。普通小麦-华山新麦易位系 H9020-1-6-8-3 对 CYR33 的抗病性由 1 个显性单基因控制，暂命名为 YrH9020，筛选了 4 对与其紧密连锁的微卫星标记，并将其定位于小麦 2DS 上。H9014-121-5-5-9 苗期抗条锈性遗传分析表明，其对条锈菌 CYR31 的抗病性由 1 对显性基因控制，暂命名为 YrHA，筛选 7 个与其抗病基因连锁的 SSR 标记，定位于小麦 1AL 染色体。中梁 21 苗期对条锈菌 CYR30 的抗性由 1 对显性基因控制，暂命名为 Yrzhong21，筛选了 10 个与其连锁的特异性 SSR 标记，并将其定位于小麦 5AL 染色体，系谱分析结合分子标记检测表明，该基因可能来自 Ciemenp。H122 对供试小种均表现免疫或近免疫，将其暂命名为 YrH122，并将该基因定位于小麦染色体 1DL 上，SSR 标记回检显示，YrH122 来源于华山新麦草。通过基因来源、分子检测及染色体位点比较，YrH122 可能是 1 个不同于目前已知抗条锈病基因的新基因。

甘蓝型油菜白花基因的遗传及定位研究：甘蓝型油菜白花性状仅受一对不完全主效基因控制，白花对黄花为不完全显性，F1 代表现乳白花。利用分子标记技术筛选到了 5 个与白花基因连锁的分子标记，最近的两个标记与基因的遗传距离分别为 3.2 与 3.0cM。确定了白花基因在拟南芥上同源区域，位于拟南芥 5 号染色体 At5g49780-At5g58230 之间。芥菜型油菜黄籽遗传及机理研究取得进展。利用拟南芥以及白菜基因组的序列设计引物开发 IP 标记，建立了黄籽基因的高密度的遗传连锁图谱及物理图谱，筛选到两侧最近标记分别为 0.3 与 0.4cM。该基因在白菜 A09 染色体上的位置位于 26,345,945 与 27,616,367 之间，该区间的物理距离为 1.25M。进而通过对 1.25M 区间所有基因的功能分析 <http://brassicadb.org/brad>，发现基因 Bra036828 与油菜中类黄酮的代谢途径有关，是决定油菜籽粒颜色的关键基因。根

据 Bra036828, Bra036827, Bra036829 三个基因的序列开发了 3 个共分离的 IP 标记, 由此表明 Bra036828 可能为陕北黄芥黄籽性状的候选基因。通过查询该基因的功能发现, 该基因来自于拟南芥的 TT6 基因。白菜型油菜雄性不育材料的花药败育特征及遗传研究表明 0A193 衍生系育性受环境温度影响, 早期低温条件下表现不育, 后期温度升高其育性可得到恢复。该不育材料不育性受细胞质和一对核基因控制。

另外, 开展了硬粒小麦 DR147 的芒性控制基因的遗传分析, 明确其位于 6BL-5 和 6BL-6 近着丝粒末端之间, 与 Xwmc539、Xgpw5130 和 Xwmc748 标记连锁; 将小麦叶色突变体与正常绿色品系杂交, 对其 F₁、F₂ 和 BC₁ 代的遗传分析表明, LF2010 的斑点突变性状由 1 对隐性核基因控制; 对 Tamyb10 基因的单倍型与穗发芽抗性的关系进行的研究发现 Tamyb10 基因可分成 7 类单倍型, 分别是 baa, aba, bba, aab, bab, abb 和 bbb。Tamyb10-D1 对穗发芽抗性影响最大, Tamyb10-B1 次之, Tamyb10-A1 作用最小; 初步明确了小麦矮秆基因 Rht12, Rht13 和 Rht5 的遗传效应。

3. 作物种质资源保存技术研究

茎尖超低温保存及脱毒研究: 建立了三种茎尖超低温保存技术, 利用 SSR 和 FCM 技术对三种超低温保存后获得的再生植株进行了遗传稳定性鉴定, 利用 Leaf-disc 诱导不定芽脱除 ASPV 技术, 与传统的苹果茎尖培养脱毒相比较, 该方法具有材料增殖率高、取材容易、脱毒率高等优点。

建立了葡萄卷叶病-3 试管苗指示植物检测技术: 葡萄卷叶病-3 带毒试管苗在 4% PEG 的胁迫下, 营养生长受到明显抑制, 生理代谢明显下降, 光合能力降低, 基因表达差异明显。初步建立了葡萄茎尖超低温保存技术, 正在进行茎尖超低温脱毒试验。

建立了茎尖超低温脱除枣疯病技术: 以带毒‘骏枣’试管苗为材料, 成功建立了茎尖超低温脱除枣疯病技术, 茎尖超低温处理后成活率为 85%, 再生率 75%, 脱毒率 100%, 显著优于传统脱毒技术。

4. 作物种质基因组学研究

完成了小麦 7DL 的序列草图和注释：根据小麦 7DL 指纹印记的结果，挑选出了 4457 个 MTP 克隆。将所有 MTP 克隆加上随机挑选的部分单体克隆，共计 10,000 个用于测序分析。对这些克隆分别构建每一个克隆的测序文库，插入片段分别为 500bp 和 800bp，然后采用 Illumina 测序平台进行双端测序，测序深度不低于 50 倍，单端测序长度为 150bp。同时把 96 个 BAC 克隆混合成池，构建插入片段为 2kb 和 5kb 的文库，然后利用 Illumina 测序平台对混合池进行双端测序，单端测序长度 100bp。对获得的测序结果，利用 SOAPdenovo 和 Velvet 等软件进行序列的组装，初步拼装出各个 BAC 克隆的 Scaffold，然后根据物理图谱的 MTP BAC 的顺序和方向做连接和组装。最终组装获得了 1454 个 Scaffold，最长 Scaffold 达到 2.1Mb，Scaffold 的 N50 达到 295.3kb，N90 为 87,150，拼接序列总长为 283Mb，覆盖了整个染色体臂的 82%，基本完成了小麦 7DL 的序列草图。为了验证 BAC 组装的正确性和准确性，我们随机选取了 4 个 BAC 利用三代测序技术测序并组装，获得了 BAC 的完整序列。将二代测序组装的 BAC 与三代测序进行比对，确认了二者组装结果的一致性，从而说明二代测序组装结果的正确。将单个 BAC 的 read 比对回 BAC 的组装结果，read 分布很均匀，说明 BAC 序列组装完整。

进一步对组装序列进行了初步的注释。重复元件分析发现小麦 7DL 染色体重复序列占整个组装序列的 62%，针对基因注释采用了 *denovo* 预测，同源比对，并结合小麦已有 EST 数据和转录组数据进行注释；对小麦 7DL 染色体臂序列做进化分析，序列采用双边比对，结合近缘物种水稻、二穗短柄草、高粱、玉米的基因信息，再用 *orthmcl* 分析统计；进一步的序列分析工作正在进行中。

小麦 7 号染色体组 MITE 元件的组成和变异分析：利用测序获得的 7DL 序列，结合已公布的小麦 7A、7B 和 7D 的 survey 序列，首次在染色体水平分析了 MITE 元件的种类、数目和结构变异。结果在三条染色体上共鉴定、发现了 2026 个 MITE 元件，其中 7AL、7AS、7BL、7BS、7DL、7DS 的数目分别为 330、257、415、299、345 和 380 个，整体上 7D 比 7A、7B 的数目要多，表明在进化过程中 A、B 基因组发生了更多的融合，减少了部分重复序列的含量；进一步对这些 MITE 元件

的正向重复序列的保守性和差异性进行了分析，结果发现小麦 7 号染色体 MITE 元件的正向重复序列（TSD）偏向于二碱基的基序，且以 TA 的含量为最高，但对于不同 MITE 家族在不同染色体上其 TSD 存在着显著差异，在 7D 上，Minimus 家族的 TSD 是 AA，Oleus 的是 AT，Tantalos 的是 TT，而 7B 上分别为 AG，TA 和 TA。这些特征差异表明不同染色体间转座子元件插入的频率和位置是具有偏向性的，为揭示小麦多倍化过程中重复序列的作用机制提供了重要信息。

5. 社会服务

当前主栽小麦品种抗病性鉴定和抗条锈基因分析：对 74 个全国主栽小麦品种（其中，68 个为全国种植面积超百万亩小麦品种；6 个为中国小麦条锈菌核心越冬区-陇南地区当前主栽小麦品种），进行苗期室内分小种（CYR32 和 CYR33）鉴定，同时在杨凌设置混合小种（CYR32 和 CYR33 等）圃，在天水平南镇（北纬 34°27′，东经 105°56′，海拔 1697 m）设置自然诱发圃进行成株期抗条锈性鉴定。同时分别选用 Yr5、Yr9、Yr10、Yr15、Yr17、Yr18 和 Yr26 等 7 个已知抗条锈病基因的分子标记进行基因检测。抗病鉴定结果显示，参试的 74 个小麦主栽品种中，无全生育期抗病品种，4 个成株期抗病品种，10 个在杨凌成株期抗病的品种在天水自然小种圃中有不同程度的感病；分子检测结果显示，参试小麦品种中 24 个品种含 Yr9，4 个品种带有 Yr17，5 个品种带有 Yr26，未发现含 Yr5、Yr10、Yr15 和 Yr18 的小麦品种。这一结果表明，当前我国大面积种植的小麦品种抗条锈病水平整体较低，且抗病基因较单一，存在小麦条锈病在条件适宜时大面积流行的风险，必须进一步加强病害预警预报。

小麦后备品种和高代系材料抗病性鉴定和抗条锈基因分析：2014 年度全国征集小麦后备品种和高代系材料，共计 318 份。分别进行苗期分小种（CYR32、CYR33 和 V26）鉴定，同时在杨凌和天水进行成株期抗条锈性鉴定。鉴定结果表明：参鉴品种中，表现出抗性的小麦品种有 123 个，其中包括：全生育期抗性的品种 48 个（占参鉴品种 15.1%），成株期抗性品种 18 个（占参鉴品种 5.7%），中抗-中感品种 34 个（占参鉴品种 10.7%）。感病品种 192 个，其中包括高感品种 163 个（占参鉴品种 51.3%），感病-中感品种 29 个（占参鉴品种 9.1%），另有 3 个表现出慢条

锈性品种（占参鉴品种 0.9%）。研究表明，由于新毒性小种 V26 出现，使携带 Yr26 基因的小麦品种已经受到严重威胁。因此，建议在菌源易变区（陇南）和冬繁区（川西北等地），要控制使用携带 Yr26 基因的小麦品种，以减缓其对新毒性小种 V26 的定性选择过快成为流行小种的趋势，确保该基因在东部广大麦区发挥更大作用。

抗条锈基因和抗白粉基因有效性研究：用当前流行频率最高的三个小种：CYR32、CYR33 和 V26/CM42 对已知抗条锈病基因的小麦材料分别进行苗期抗病性鉴定并结合田间抗病性调查分析。研究表明，只有 Yr5、Yr15 和 Yr61 三个基因在所有抗病鉴定中都表现为抗病；Yr32、YrTr1 和 YrTye 等 3 个单基因具有有效的成株期抗病性；Mega、Ibis、Hyak、Maris Huntsman、Hobbit、CarstensV、Express、Lee 和 Compair 等 9 个含多个 Yr 基因的载体品种表现出良好的成株期抗条锈性；采用已知抗条锈病基因的单基因系，在苗期和成株期分别接种我国当前条锈菌主要流行小种 CYR32、CYR33 和 V26，同时结合甘肃天水田间的抗病鉴定，明确了这 3 个流行小种在单基因系上的毒性谱，表明三个小种毒性谱都很宽并且相互交叉。

利用开发的 Pm21 特异序列标记 WS-1 对来自中国不同冬麦区的 662 份小麦品种（系）进行分子标记检测，结合白粉病抗性田间鉴定结果，分析了 Pm21 在不同麦区小麦品种（系）的分布情况。根据结果分析认为，四川、贵州等西南冬麦区小麦品种（系）中，Pm21 基因使用频率过高，有促进病原菌定向选择的风险。研究结果为该基因合理布局利用提供了依据。

研究了近 10 年来在四川盆地广泛种植的 85 份四川小麦品种（系），鉴定抗锈性水平和 Yr26 基因的分布情况。结果表明，仅有 4 个品种基因全生育期抗病性，20 个品种苗期感染所有参试小种，其他品种对参试小种抗/感表现差异。新毒性小种 V26/Gui22 对 65（76.5%）个品种对表现苗期感病，基因检测结果表明，33 个品种（系）（占 38.8%）基因 Yr26 基因。研究结果对当地小麦条锈病预测预报、抗病品种合理利用，以及今后如何开展预见性抗病育种都具有指导意义。

(二) 作物非生物胁迫应答机理

以旱区作物面临的干旱、盐碱、低温、高温等非生物逆境为主攻方向,利用蛋白组、转录组、酵母双杂交、双分子荧光互补等技术高通量筛选、鉴定逆境响应基因及其编码蛋白产物。深入解析作物感受、抵御、耐受逆境的信号转导通路、蛋白互作和基因调控网络,探索非生物逆境、土壤营养、有益微生物及栽培模式对旱区作物生理生化、生长发育、产量与品质的影响。

1. 作物抗逆功能基因组学

(1) 干旱胁迫耐受与敏感型小麦突变体筛选

通过对小麦 EMS 突变体库 315 份 M3 突变体苗期抗旱性的筛选,获得了 M3-404、M3-410、M3-468、M3-1048 等旱胁迫耐受型突变体和 1 个干旱胁迫敏感型突变体(M3-1067)。目前,以初筛得到的抗旱突变体材料 M3-279、M3-1096 和野生型材料西农 2000 的水培幼苗为研究材料,分别测定了 PEG 胁迫前后不同时刻点的 MDA、Pro、光合、荧光、相对叶绿素含量等干旱胁迫耐受性相关生理指标,为后续深入研究其遗传和抗旱机制提供了典型性种质材料。

(2) 小麦干旱响应蛋白高通量筛选

以抗旱性强的野生一粒小麦为材料,利用蛋白组学方法从根和叶中分别筛选到 102 和 105 个差异表达蛋白。GO 分析发现根部和叶片显著上调的蛋白主要与抗氧化和防御相关,其中根部有 4 个信号转导相关蛋白表达丰度显著上调。分析了普通小麦叶片干旱胁迫前后蛋白组变化,鉴定出 19 个上调和 4 个下调表达蛋白点,它们参与 ROS 的清除、光合碳固定、信号传导、蛋白质的代谢及膜脂修饰。利用脱水素抗体分析双向电泳凝胶上的潜在脱水素家族成员,共发现 28 个潜在点,质谱鉴定了 12 个蛋白,其中 9 个属于脱水素家族蛋白。

(3) 小麦干旱响应及发育相关 miRNA 鉴定

以抗旱性强的野生一粒小麦为材料,分别构建了正常供水及干旱胁迫下野生一粒小麦根部及叶片的 miRNA 库及降解组库。以小偃 6 号为实验材料,构建了幼苗、旗叶和花后 5 天、10 天及 20 天籽粒的 5 个样品的 miRNA 库,并对其进行深度测序及分析,在 5 个小麦 sRNA 库中共鉴定出 79 条 miRNA,包括 24 条已知

miRNA 和 55 条新 miRNA。其中，本研究鉴定出的 55 条新 miRNA 存在于小麦基因组上的 54 个 miRNA 基因位点，已提交至 miRbase 数据库(version 21, June 2014; <http://www.mirbase.org>)。对获得的 miRNA 对应的靶基因进行预测，获得 15 条已知和 37 条新 miRNA 的潜在靶标。发现绝大多数 miRNA 都显示出不同程度的组织偏爱性表达，其中 12 条新 miRNA 在籽粒中特异表达，8 个已知和 28 条新 miRNA 在旗叶中偏爱性表达。相关研究结果发表在 BMC Genomics。

(4) 外源褪黑素对苹果砧木蛋白质组的影响

研究了外源褪黑素对苹果砧木平邑甜茶叶片衰老期间蛋白组的调控，结果表明：叶片衰老和褪黑素分别改变了 622 个和 309 个蛋白的表达。GO 分析多数差异蛋白参与主要的代谢过程，具有水解活性并主要定位于质体中。这些蛋白归于几种与衰老相关的功能分类中，包括大分子物质的降解、氧化胁迫响应、运输、光合作用、发育和其他的调控功能。发现褪黑素的处理使部分衰老上调的蛋白下调，这也许是褪黑素延缓衰老作用的一个重要机制。同时也发现了很多未知的调控蛋白，这些被褪黑素改变的未知调控蛋白可能执行着一些未知的重要功能。上述蛋白质组数据为研究褪黑素在苹果甚至植物上的应用提供了一套基础的信息数据。

2. 作物非生物胁迫响应分子机制

(1) 小麦蜡质合成通路解析

小麦表皮蜡质可显著降低蒸腾作用，提高作物抗旱性，蜡质合成及调控通路对小麦抗旱遗传改良有重要意义。研究发现小麦苗期叶片覆盖着片状晶体蜡质，蜡质组分以初级脂肪醇含量最高（80%），脂肪醇中以 C28 醇为主。抽穗期旗叶和穗下茎表面蜡质中，苗期仅痕量存在的 beta-二酮含量显著上升，初级脂肪醇含量则相对下降。同源克隆了 8 个小麦一级脂肪醇蜡质合成的 FAR 基因。其中 *TaFAR1* 位于 4A 染色体，编码一个 525 个氨基酸残基的 FAR(脂酰辅酶 A 还原酶)，定位于细胞质中。遗传转化酵母的实验结果证明其具有长链脂肪醇合成能力，转基因番茄果实表面蜡质发生显著变化，C26、C28、C30 长链脂肪醇含量显著上升。*TaFAR2* 基因位于小麦 7D 染色体的短臂上，其编码产物具有 FAR 蛋白典型结构域，定位于内质网。转化酵母实验结果表明 *TaFAR2* 能催化可催化 C16, C18 和 C20 初级脂肪醇的

合成。转 *TaFAR2* 番茄果实表皮的总醇含量明显增加，并形成类小麦叶片表面的片状蜡质晶体。上述研究结果已被 *Journal of Experimental Botany* 接收。

(2) 玉米棉籽糖合成通路基因的非生物胁迫响应

棉子糖是植物特有的三糖，既可作为渗透调节物质也可作为信号分子激活植物抗逆通路。克隆了玉米棉子糖合成关键酶基因 *ZmRafS*，利用原核表达获得具有生物活性的 *ZmRafS*，对其酶学性质进行了深入分析。对玉米棉子糖水解酶 *ZmAGAI* 基因上游调控原件展开分析，发现 *ZmAGAI* 基因上游除启动子区包含 DRE、HSE 原件外，其 5'-UTR 在调控该基因表达水平上也有重要功能。同时利用双分子荧光护壁技术研究发现玉米 MAPK3a 与 bZip6 转录因子互作，从而诱导棉子糖合成通路关键酶 *ZmGolS2* 基因的表达。

(3) 油菜 MAPKKK、CPK、CBL-CIPK 功能解析

从甘蓝型油菜中共鉴定出 66 个 MAPKKK 基因，并克隆了其中 28 个，它们分布于系统树的三个独立分支中，4 个属于 MAPKKK 亚类、7 属于 ZIK 亚类、17 个属于 Raf 亚类。利用酵母双杂交测验和双分子荧光互补分析发现了 15 个 MAPKKK 和 MAPKK 相互作用，并利用定量 PCR 分析了上述激酶在各种激素、非生物和生物胁迫下的表达模式。发现 BnaMAPKKK18 和 BnaMAPKKK19 能引起瞬时表达烟草叶片出现超敏反应，且 BnaMAPKKK19 可能通过 BnaMKK9 介导细胞死亡。从油菜中鉴定出 25 个钙依赖的蛋白激酶 (CPK) 基因，成功克隆到了其中 23 个，它们分布在系统发育树的四个分支中。利用实时定量 PCR 分析了 21 个油菜 CPK 基因在干旱、盐、冷、热、ABA 及低钾条件下的表达模式，利用酵母双杂交和双分子荧光互补技术、分析了其与 5 种 bzip 蛋白和 8 种 2C 类型蛋白磷酸酶 (PP2C) 之间的互作模式。系统鉴定了 7 种甘蓝型油菜钙依赖磷酸酶 B-like 蛋白 (CBLs) 和 23 种 CBL 互作蛋白激酶 (CIPK) 及其互作模式。上述结果发表在 *Journal of Experimental Botany*, *BMC genomics* 和 *BMC Plant Biology*。

(4) *ABS* 系列基因与植物细胞形态建成

利用拟南芥 *abs* (*abnormal short*, 发育异常叶片) 系列突变体开展植物叶片和细胞形态建成研究。其中 *ABS3*、*ABS4*、*ABS3-Like1* (*ABS3L1*) 和 *ABS3L2* 编码 4 种

处于同一系统进化分支的 MATE 家族转运蛋白，其过量表达均导致植株在光下生长时下胚轴较短、顶端优势弱化、分枝增加；在暗中生长时，下胚轴伸长受到显著抑制。四种 MATE 转移蛋白均主要定位于 LE/PVC 膜上。遗传互作分析发现过表达 *ABS3* 或 *ABS4* 可以挽救 *PHYB* 基因敲除导致的下胚轴在光下过度伸长的表型，首次将 MATE 家族转运蛋白与植物细胞伸长调控相联系。*ABS3* 及其相关 MATE 基因表达激活或缺失均导致 ABA 信号响应异常，同时突变体中活性氧的积累远低于野生型。这些结果初步显示，*ABS3* 及其相关 MATE 转运蛋白很可能参与多种植物非生物逆境胁迫响应。

ABS6 编码 IQD 家族蛋白，其表达激活时表皮细胞皮层微管阵列的排布更为有序，促进表皮细胞沿着与微管排列垂直的方向伸长，最终在宏观上导致叶片细长表型。*ABS6* 基因在细胞分裂旺盛的组织中表达较高，并且在叶片表皮气孔保卫细胞中特异表达。荧光蛋白标记的 *ABS6* 与微管细胞骨架共定位，*ABS6* 通过其 C 端结构域直接与微管互作。分离克隆了 7 个小麦 *IQD* 家族基因 (*TaIQD*) 全长 cDNA 序列，将 *TaIQD18a* 导入拟南芥过表达，转基因植株子叶由圆形变为长椭圆形。*ABS5* 编码 bHLH 家族转录因子，而 *ABS7* 编码 MYB 家族转录因子，它们过表达均导致植物叶片边缘上卷。*ABS5/bHLH30* 过表达导致生长素在叶边缘的表达模式发生改变，可能促进叶脉维管组织发育。

(5) 活性氧 ROS 通路关键酶功能研究

用生物信息手段及 RT-PCR 分析等方法，系统研究并厘清了植物 NOX 家族基因进化关系及其在水稻和拟南芥中的表达模式与共表达网络。克隆了水稻 *OsNOX1*、*OsNOX2*、*OsNOX3* 和 *OsNOX5* 基因并通过遗传转化获得超表达与沉默表达的转基因植株。以 *OsNOX2* 基因缺失突变体为材料较为全面地分析了该基因对水稻育性及抗逆性影响的作用机制。克隆到小麦 *TaNOX12* 和 *TaNOX13* 基因全长 cDNA，成功转化水稻和拟南芥并获得相应转基因植株。开展植物 NADK 家族基因功能研究，筛选并获得 2 个水稻、4 个拟南芥 NADK 基因突变体，成功克隆到 4 个小麦 NADK 同源基因的全长 cDNA 并初步完成亚细胞定位分析。从全基因组水平分析了植物 NADK 的进化规律及其逆境响应特点。

(6) 外源多巴胺和褪黑素对苹果干旱和盐胁迫的调控机理

外源褪黑素处理能显著增加抗旱砧木富平楸子和干旱敏感砧木平邑甜茶的抗旱性。其有益作用主要表现在：在干旱条件下维持叶片的保水力、降低电解质外渗、保持叶绿素含量的稳定和维持更好的光合能力；外源褪黑素能降低ABA合成基因*MdNCED3*的表达，增加ABA代谢基因*MdCYP707A1*和*MdCYP707A1*的表达，从而降低干旱植株中ABA的含量；外源褪黑素能直接或间接清除H₂O₂；两种作用机制协同增强气孔的功能，比如使气孔重新开放。植株可以通过上调褪黑素合成基因*MdTDC1*，*MdAANAT2*，*MdT5H4*和*MdASMT1*的表达来有效维持干旱条件下的水分平衡。因此，诱导褪黑素的产生是植物抵御非生物胁迫的一个重要机制。研究结果发表在*Journal of Experimental Botany* (2014, Online)。

多巴胺可缓解苹果砧木平邑甜茶盐胁迫的效应。研究表明：外源多巴胺能显著的缓解盐胁迫的抑制作用，使植株维持了更好的光合能力。外源多巴胺除了能改变气孔行为外，还能促进 K、N、P、S、Cu 和 Mn 离子的吸收。相反，Na 和 Cl 离子的吸收被显著抑制。另外，外源多巴胺处理显著地抑制了活性氧的产生，这是由于其直接的清除活性氧的能力、增加了抗氧化酶的活性和抗坏血酸谷胱甘肽循环中抗氧化物质的能力引起的。外源多巴胺处理显著上调了平邑甜茶根系和叶片中*MdHKT1*、*MdNHX1* 和 *MdSOS1* 的表达量，这能更好的调节离子平衡，使植株具有更好的抗盐能力。研究结果发表在 *Physiologia Plantarum* (2014, Online)。

(7) 杨树抗镉分子机制

明确了杨树在外生菌根真菌介导下抗镉性增强：杨树的根尖是吸收 Cd²⁺的主要区域。土壤外生菌根真菌可与杨树根尖形成菌根，增大吸收根的表面积。许多外生菌根真菌对镉胁迫具有较强的抗性，但菌根形成后，宿主林木的抗镉能力及其内在机制缺乏研究。通过无菌根与菌根杨树响应镉胁迫的分子生理研究，发现外生菌根杨树通过增强解毒能力、改善林木的养分状况、提高对逆境胁迫的防御准备、诱导与 Cd²⁺吸收和转运相关的基因表达，有效增强了宿主杨树对镉的抗性。该研究结果发表植物学领域的知名期刊上(*Plant, Cell and Environment* 37: 627–642)。

阐明了转 γ -ECS 基因灰杨增强镉吸收、转运和解毒的分子生理机制：在灰杨细

胞质中过表达细菌的 γ -ECS 基因使得叶中还原型谷胱甘肽含量显著高于野生型，表明转基因杨具有较大的镉修复潜力。研究发现，转基因杨对 Cd^{2+} 的吸收速率显著大于野生型，同时参与 Cd^{2+} 转运和解毒的关键基因的转录表达丰度也显著高于野生型杨树。在相同的外源 Cd^{2+} 浓度下，转基因杨地上部分相对于野生型杨积累了更多的 Cd。然而，与野生型相比，转基因杨树积累了较少的 O_2^- 和 H_2O_2 ；根或叶中总硫醇、GSH、GSSG 的含量显著增加，GR 活性显著增强。结果表明，在 $100 \mu\text{M}$ 的 Cd 胁迫条件下，转基因杨具有比野生型杨更高的 Cd 耐受性，可能与 GSH 诱导 Cd^{2+} 转运和解毒的关键基因的表达有关。研究结果发表在植物学领域内影响因子前 5% 的 TOP 期刊上(New Phytologist, online, doi: 10.1111/nph.13013)。

3. 旱区作物抗逆的遗传与生理基础研究

(1) 小麦抗逆的遗传与生理基础

开展了小麦与谷子的C4代谢途径关键酶活性的比较研究，并利用冠层反射光谱分析了小麦叶片表皮蜡质含量的初步研究，建立了一个利用冠层反射光谱估计小麦叶片表皮蜡质含量的方法。在小麦矮秆基因的遗传效应研究方面取得了一定进展，初步明确了小麦矮秆基因Rht12，Rht13和Rht5的遗传效应。以小麦、玉米等旱区粮食作物为对象，研究了Fe、Zn等营养元素的吸收利用规律，及各种元素对作物最终产量和品质的影响。建立了旱地作物监控施肥技术，实现了快速定量旱地小麦养分供应，为旱地小麦稳产高产提供依据。

(2) 细菌抗逆基因的分离和抗逆机制的研究

分离西部特色抗逆菌种 1200 株，鉴定新种 6 个，为从抗逆微生物资源中进一步克隆抗逆基因供植物转基因研究奠定了基础。在细菌抗逆基因的分离和抗逆机制的研究方向上，鉴定了 7 种新型细菌抗逆基因并进行生化功能研究，其中最重要的发现是：首次揭示了细菌 VI 型分泌系统通过分泌金属螯合蛋白来提高细菌抗逆性的机制。在细菌荧光素酶的技术开发方面，利用 DNA Shuffling 技术获得进化的融合性单体细菌荧光素酶基因，可作为植物分子生物学研究中的报告基因，获授权专利 1 项。此外，开发出基于细菌荧光素酶的 BRET 蛋白动态相互作用系统，研究结果发表在微生物学顶级期刊 mBio。研究细菌鞭毛系统蛋白动态相互作用的文章发表在环

境微生物学顶级期刊 *Environmental Microbiology* 并被 Faculty of 1000 Prime 推荐。

(3) mRNA 结构对蛋白翻译的调控

RNA 二级结构的形成通常认为会阻碍蛋白翻译，然而实验数据显示以二级结构的存在不仅不阻碍蛋白翻译，而且可能提高蛋白翻译水平。本研究以 mRNA 二级结构为中心，系统研究了翻译过程中 mRNA 二级结构的动态变化规律，及与核糖体的相互关系。构建了包含 mRNA 二级结构、密码子偏好性、核糖体密度在内的翻译模型。通过模拟翻译，系统阐述了 mRNA 二级结构调控翻译速率的机制。该结果解释了高翻译速率的 mRNA 具有高结构稳定性的这个看似矛盾的结果。该结果发表在 *Nucleic Acids Research* 上。mRNA 结构在非生物胁迫下会发生某种程度的改变，而这种改变对蛋白质翻译的影响可能也是一种潜在的调控方式。

(三) 作物与有害生物互作机理

1. 病害发生与流行

(1) 小麦条锈菌生理小种鉴定及群体结构分析

由于 2013 年小麦条锈病全国属轻发生年份，本年度共采集并鉴定小麦条锈病标样 172 份。标样主要采自陕西省宝鸡、咸阳、安康 3 地(市) 4 个县(区) 及甘肃、四川、湖北的小麦生产品种成株期自然发病叶片。鉴别寄主依然沿用全国通用的 19 个鉴别寄主。从 172 标样鉴定结果分析表明，明确的已知小种类型有 14 个。供监测的标样分别归属于条中 23 号、条中 26 号、条中 31 号、条中 32 号、Hy-8-1、Hy-33、条中 33 号、水源 11-4-1、水源 11-4-2、水源 11-5-1、水源 11-14-4、水源 11-24、水源 11-45 和贵农 22-14，它们各自出现的频率依次为 2.33%、0.58%、2.33%、36.63%、1.16%、0.58%、43.60%、1.74%、4.06%、0.58%、2.33%、1.74%、1.16%、1.16%。所监测陕西、甘肃、四川以及湖北省采样地区的小麦条锈菌生理小种消长变化总趋势与往年基本相同，仍然以水源 11 致病类群和 Hybrid46 致病类群为主，优势小种仍为条中 33 号、条中 32 号。

条中 33 号及水源 11 致病类群：2013 年度共鉴定到 95 份标样属于水源 11 致病类群，占总标样数的 55.23%，与去年的 51.34%相比略有上升。其中，条中 33 号出

现频率居首位，频率为 43.60%。与去年的 36.02%相比，今年频率上升较快，在所有采样点均可监测到。其次为水源 11-4-2、水源 11-14-4，出现频率分别为 4.06%和 2.33%。其他致病类型的出现频率在 0.58%~1.74%之间波动。

条中 32 号及 Hybrid46 致病类群：2013 年度共鉴定到 70 份标样属于 Hybrid46 致病类群，占总标样数的 40.70%，与去年的 33.71%相比亦有所上升。其中，条中 32 号小种出现频率最高，频率为 36.63。与去年的 32.18%相比，略有上升，在所有采样点均可监测到。条中 31 号出现频率较低，为 2.33%，分布范围小。Hy-8-1 和 Hy-33 出现频率均较低，分别为 1.16%和 0.58%。

根据 2013 年条锈菌生理小种监测结果，建议陕西省小麦育种以条中 33 号和条中 32 号为主要对象。

(2) 条锈菌转主寄主小檠在小麦条锈病流行中的作用

本年度开展了在小檠上进行模拟实验，从小檠上获得了 70 份小麦条锈菌菌系，并从毗邻小麦上分离获得了 71 份小麦条锈菌菌系，进行了致病性鉴定与分析，明确了在我国田间野生小檠向毗邻小麦传播锈孢子侵染小麦，引起小麦条锈病。同时，从野生自然发病的小檠上分离获得 16 个小檠条锈菌菌系。明确了小檠在我国小麦条锈病的发生和新小种产生中起重要作用。

(3) 疫霉菌群体遗传结构分析

通过对我国西北马铃薯主产区的病原菌交配型和抗药性分析表明，A2 交配型菌系和抗药（甲霜灵）性菌系在西北马铃薯主产区广泛存在。对北马铃薯产区晚疫病菌群体遗传多样性分析表明：病菌的基因型单一，多样性水平低，病菌在田间发生有性生殖的效率很低；年度间晚疫病菌群体表现出的大幅度变化，表明晚疫病菌在西北地区的越冬极为有限；不同交配型菌系间遗传物质的交流十分有限，晚疫病菌在田间发生有性生殖的成功率很低。相关结果整理成三篇论文，一篇发表在 *Plant pathology*；两篇投稿于 *Plant pathology*，正在返修。

(4) 苹果轮纹病病原学

该研究工作针对来自权威及模式菌株（日本、新西兰、美国、荷兰、南非）及中国不同省份（陕西、河南、山东、辽宁、河北、江苏和山西）的苹果轮纹病及梨

轮纹病致病菌株，通过多基因（ITS, EF-1 α , HIS 和 HSP）分子系统学并结合多项表型特征，包括菌落形态，显微形态，不同温度下的生长速率及致病性等，重新厘定了国内苹果轮纹病的病原菌组成。提出苹果轮纹病实际是有两种不同的病原真菌引起的，其一是 *Botryosphaeria dothidea*，另一种是新分类单元 *Botryosphaeria kuwatsukai*，后者也是引起梨轮纹病的唯一病原菌。这一研究成果解决了百余年来苹果轮纹病病原方面的混乱状况，有助于今后开发更有针对性的基于化学药剂和抗病育种手段的防治策略。本研究还发现来自美国的引起苹果白腐病的菌株包括这两个种，证明了 *Botryosphaeria kuwatsukai* 存在于美国，而非欧美检疫性对象。

(5) 麦长管蚜种群表型可塑性和专业化研究

本年度对不同麦长管蚜种群的表型可塑性及其遗传基础和自然选择进行了研究，结果表明麦长管蚜的所有生活史性状都表现出一定的表型可塑性，且具有明显的遗传基础，但其可塑性水平比预期的低。替代寄主对大麦种群的表型可塑性有明显选择作用，但对燕麦和小麦种群的选择作用不明显。替代寄主的直接选择可能是麦长管蚜的表型可塑偏低的原因。

对不同麦长管蚜种群的专化程度及其遗传基础进行了研究，结果表明小麦、大麦和燕麦种群之间出现一定程度的分化。同燕麦种群相比，大麦种群的生物学性状具有较高的广义遗传力，大麦种群的专化程度也较高。大麦种群出现了一定程度的专化，但燕麦种群没有。麦长管蚜的适合度随其专化水平的加强而升高。

2. 病虫害与寄主互作

(1) 小麦真菌病害

①微丝骨架与小麦抗条锈性研究

细胞内众多的生理活动都与肌动蛋白形成的微丝骨架息息相关。大量研究表明微丝骨架的重塑在植物防御反应中起重要作用，但作为微丝骨架调节者之一的肌动蛋白解聚因子(actin depolymerizing factor, ADF)，有关它在其中的作用的报道甚少。本研究克隆到了一个小麦 ADF 基因：TaADF7。该基因在小麦基因组中有 3 个拷贝，分别定位与小麦 1A、1B 和 1D 染色体上。尽管三个拷贝在 cDNA 水平上存在 19 个核苷酸位点的变异，但却编码同一个蛋白。亚细胞定位分析表明该蛋白定位于

烟草表皮细胞的细胞骨架上。酵母过表达和体外结合/切割试验表明该蛋白在体外和体内均具有结合和切割 F-actin 的功能。qTR-PCR 分析表明，三个拷贝在小麦与条锈菌互作体系中均受到条锈菌的诱导表达，且表达特征相似。利用 BSMV-VIGS 体系对该基因进行了沉默，检测结果显示三个拷贝同时发生了沉默，而表型和组织学观察表明 TaADF7 沉默植株与对照植株相比，其病原菌的生长增强，并伴有少量夏孢子的产生，同时活性氧的积累和过敏性坏死反应（hypersensitive response HR）明显降低。所有结果表明 TaADF7 可能通过调控小麦细胞骨架的动态平衡来影响活性氧的积累和 HR 反应，进而参与小麦对条锈病的抗性。该研究发表在 Plant journal 上。

②小麦 *Yr10* 抗条锈基因克隆

通过对候选序列 4B (*Yr10*) 与其假基因 4E 进行生物信息学分析，表明二者均属于 NBS-LRR 类基因，且相似性高达 84%，但由于 4E 启动子的调节元件 TSS 位点、TATA-box 及 CAAT-box 的缺失导致其不能正常翻译蛋白，从而丧失功能。与小麦其它类 CC-NBS-LRR 类蛋白相比，发现 *Yr10* 编码的蛋白序列较为特异，与相似度最高的 *Lr10* 一致性仅为 40%。与其它非条锈菌寄主植物（山羊草、簇毛麦、二穗短柄草、水稻和高粱等）从基因组水平进行分析表明，*Yr10* 编码的蛋白高度保守，且内含子都定位于 kinase-2a, 推测其与进化相关。利用正向转基因技术，将 *Yr10* 转入小麦感病品种 Fielder 中，Fielder 对条锈菌 SRC-84 的亲性和丧失而表现为具有 HR 反应的非亲性和。借助反向的病毒诱导基因沉默技术，根据 4B (*Yr10*) 不同的结构域及与其假基因 4E 不同的结构特点，分别构建了 3 个 BSMV 表达载体，3 个表达载体均成功沉默了 *Yr10* 基因，表现出 Moro 对条锈菌 SRC-84 的抗病性降低，变为感病；沉默后 *Yr10* 的表达分析和条锈菌侵染的组织学验证了 *Yr10* 沉默的表型变化。综上，*Yr10* 基因在小麦品种“Moro”对条锈菌对的抗病性中起主导作用。该部分研究结果发表在 Molecular Plant 上。

③囊泡转运相关基因在小麦抗条锈病过程中的功能研究

可溶性 N-乙基马来酰亚胺敏感因子附着蛋白受体 (SNARE) 在植物病原物互作过程中的作用仍不明确。本研究从小麦中成功克隆了三个 NPSN 基因 (TaNPSN11、TaNPSN12 和 TaNPSN13) 和三个植物抗病相关 SNARE 基因

(TaSYP132、TaSNAP34 和 TaMEMB12)。酵母双杂交及双分子荧光互补 (BiFC) 实验发现其中的两个 SNARE 蛋白 TaSYP132 与 TaNPSN11 存在特异性蛋白互作, 而该互作可能表明这两个蛋白协同参与某些囊泡转运过程。借助荧光实时定量 qRT-PCR 技术, 在接种小麦条锈菌的小麦叶片中, 三个 TaNPSNs 和 TaSYP132 的基因表达水平受到的诱导程度不同。利用病毒介导的基因沉默 (VIGS) 技术, 在 TaNPSN11、TaNPSN13 和 TaSYP132 的基因沉默植株中, 小麦品种“兴资 9104”的抗条锈菌非亲和小种“条中 23”的抗病性减弱, 而 TaNPSN12 的基因沉默植株抗病性未发生变化, 表明这些小麦 SNARE 同源基因在小麦细胞阻止条锈菌侵染和菌丝延伸方面存在不同功能。免疫胶体金实验表明 TaNPSN11 蛋白或其结构类似蛋白主要分布在靠近条锈菌菌丝方向的细胞膜附近的囊泡状结构处。以上实验结果表明 TaNPSN11 在囊泡介导的小麦抗条锈菌抗病过程中起关键作用。该研究发表在 Journal of Experimental Botany 上。

④ CBL-CIPK 与 SA 交互对话参与对条锈菌的抗病性

分离得到 7 个小麦 CBL 基因 (TaCBL1、2、3、4、6、7 和 9) 和 11 个小麦 CIPK 基因 (TaCIPK02、05、07、09、10、14、15、17、23、31 和 32)。进行了以上基因的转录表达分析及亚细胞定位分析。酵母双杂实验显示, 除 TaCIPK02 和 TaCIPK15 未发现与已知小麦 CBL 蛋白互作外, 其它小麦 CBL 与 CIPK 形成复杂的互作网络。BSMV-VIGS 分析显示, 沉默 TaCBL4、TaCIPK05 和 TaCIPK15 能够增强植株对条锈菌的感病性, 表现为非亲和组合中条锈菌菌丝扩展能力增加并产生夏孢子堆, 以及沉默叶片中防卫相关基因表达量降低; 而沉默 TaCIPK14 则导致叶片中条锈菌侵染能力显著下降, 增强小麦对条锈菌的抗病性。此外, 沉默 TaCBL4 后发现 SA 浓度变化。基于此, 进一步鉴定获得了小麦 SA 信号通路关键调控因子 TaNPR1。定量结果及瞬时沉默分析表明该基因参与了小麦对条锈菌的抗性。酵母双杂结果和 BiFC 结果均证实 CBL-CIPK-NPR1(SA)存在交互对话。综上所述表明不同的小麦 CBL 和 CIPK 信号途径与 SA 信号通路存在交互对话并参与了小麦对条锈菌的不同抗性反应过程。

⑤条锈菌蛋白激酶 PsSRPKL，一个新的条锈菌致病因子

在所有的真核生物中，蛋白激酶在其各种生命活动中起着重要的调节作用，且一般在进化上比较保守。许多蛋白激酶被证实在植物病原真菌的致病过程中起着重要的作用。禾谷类锈病是全世界农业生产的一类重大病害，然而到目前为止人们对于蛋白激酶在其病原菌致病过程中的作用及其机制了解甚少。本研究鉴定了一个在侵染植物中高量诱导表达的小麦条锈菌激酶基因 PsSRPKL。PsSRPKL 在进化上属于禾谷类锈菌特有基因。研究表明，PsSRPKL 的激酶域在不同的条锈菌生理小种中序列变异较大；亚细胞定位结果表明其定位于细胞核；在模式真菌裂殖酵母中过表达该基因会诱导酵母细胞的形态变化，同时降低酵母细胞对环境胁迫的抗性。最为重要的是 PsSRPKL 被证实为条锈菌的一个重要的致病因子。它通过调节菌丝的发育及其对环境胁迫的应答来调节条锈菌在寄主小麦上的毒性。据此推测禾谷类锈菌在长期的进化过程中已经形成了一些其特有的蛋白激酶作为其致病因子，从而适应其专有的寄主种类。该研究为揭示禾谷类锈菌的致病及毒性演化机制提供了重要的理论基础。该结果发表在 *Environmental Microbiology* 上。

⑥条锈菌腺嘌呤核苷酸转移酶 PsANT，调控病菌细胞坏死及生长发育

腺嘌呤核苷酸转移酶（Adenine nucleotide translocase, ANT）负责线粒体 ATP 与 ADP 的交换转运，是酵母、哺乳动物等细胞凋亡途径的重要组分。但是，对 ANT 在病原真菌中的作用几乎没有报道。本研究鉴定到一个小麦条锈菌 ANT 基因，命名为 PsANT。免疫胶体金表明 PsANT 位于正常发育菌丝及衰老菌丝细胞的线粒体中，推测其参与菌丝生长发育的能量供给及衰老细胞的凋亡。瞬时表达 PsANT 在烟草、小麦和酵母中诱导细胞坏死，证实其参与细胞坏死调控。qRT-PCR 表明，PsANT 在条锈菌侵染过程中诱导表达。利用寄主诱导的基因沉默技术（HIGS）沉默 PsANT 导致侵染早期吸器形成受抑，菌丝变短；侵染后期，病菌侵染能力恢复，表明 PsANT 可能参与能量供应调控条锈菌生长发育，但并不是条锈菌致病所必需的。研究表明 PsANT 参与细胞坏死及病菌生长发育，这对揭示条锈菌细胞坏死及致病机理具有重要意义。该研究结果已投在 *Environmental Microbiology* 上。

⑦条锈病菌 MAPK 激酶级联途径介导的致病机理

为了探索 MAPK 在小麦条锈菌侵染繁殖中发挥的作用,本研究从全基因组水平鉴定并克隆小麦条锈菌 Fus3/Kss1 类 MAPK 途径中的 7 个激酶基因。利用实时定量分析基因的表达特征,其中 6 个激酶基因在条锈侵染整个时期均上调表达,在侵染前期(6h,12h,24h)上调表达明显。通过酵母双杂技术验证 7 个蛋白激酶基因之间存在着相互作用。借助基因沉默技术(BSMV-Based Host-Induced Gene Silencing, BSMV-HIGS)瞬时沉默 7 个蛋白激酶基因。结果表明,其中 4 个激酶基因被沉默后,条锈菌的产孢量有了显著的减少,侵染前期组织分化时的菌丝长度明显缩短、菌落面积也明显减小,这些结果暗示了这 4 个基因在条锈菌与小麦互作过程中可能发挥着更重要的作用。另外,本研究将继续利用 RNAi 干扰技术构建小麦转基因材料,以期能够更深入的了解小麦与小麦条锈菌互作的分子机制,并为条锈病持久控制的新策略提供基因资源和奠定理论基础。

⑧条锈菌 cAMP 信号途径关键基因 PsPKA 的功能分析

第二信使 cAMP 主要通过激活蛋白激酶 A (PKA) 调控真菌菌丝的生长、毒力、致病性、黑色素的形成等。本研究从分子水平对小麦条锈菌 cAMP 信号途径中关键基因 PKA 在小麦与条锈菌互作过程中对条锈菌的生长、发育和致病性进行功能研究,以期为进一步揭示小麦条锈菌的致病机理奠定理论基础。首先我们鉴定并克隆了小麦条锈菌 PKA 基因(PsPKA)。利用 qRT-PCR 分析 PsPKA 在小麦条锈菌侵染小麦后各个侵染时期的表达水平,结果显示 PsPKA 在侵染前期表达量逐步升高,在侵染后 18 h 达到峰值,随后表达量下降。互补稻瘟菌 Δ CPKA 突变体试验结果表明,PsPKA 能够部分恢复 Δ CPKA 丧失的致病性。酵母双杂交试验结果显示,PsPKA 与 PsPrf1 蛋白之间存在互作关系。利用 BSMV-HIGS 技术瞬时沉默 PsPKA 基因后,条锈菌侵染叶片上的孢子堆量显著减少;组织学观察统计表明,沉默 PsPKA 后的条锈菌在侵染前期的组织分化受到了不同程度的影响,表现在 48hpi 时吸器数目和菌丝长度受到一定抑制,在 120hpi 时菌丝长度和菌落面积显著减小($P < 0.05$)。VIGS 功能分析结果表明,在条锈菌与小麦互作过程中 PsPKA 与条锈菌的生长、发育及致病性方面具有重要的作用。利用 RNAi 干扰技术,构建了 PKA-

pMCG161 干扰载体, 通过基因枪轰击的方法转化小麦, 随后进行了 PCR 检测, 得到 T0 代阳性植株 23 株, 转化率为 1.04%。本研究将为条锈病持久控制的新策略提供基因资源、奠定理论基础。

⑨稻瘟菌小孢子生物学特性

目前研究发现, 水稻稻瘟病存在有系统侵染现象。稻瘟菌小孢子可能在系统侵染过程中具有重要作用。本研究对小孢子产孢条件、萌发能力和致病性进行了系统研究, 现已创建了一种稳定的、可大量产小孢子的方法体系; 确定了小孢子萌发条件, 并对其致病性进行了测试, 明确了小孢子在稻瘟菌侵染水稻过程中的作用。研究结果对增强稻瘟病、麦瘟病及其它巨坐壳科 (*Magnaporthaceae*) 真菌病害防控的认识具有重要意义。该部分结果已在 Nature Communications 上发表。

⑩禾谷镰刀菌 KIN1 基因功能研究

KIN1/PAR-1/MARK 家族与细胞极性、微管稳定性、细胞周期调节有关。本研究发现禾谷镰刀菌中 *KIN1* 基因 (*FgKIN1*) 的缺失会导致突变体子囊壁提前消解、子囊孢子释放受阻并且在子囊壳中萌发。并且 *Fgkin1* 突变体分生孢子隔膜数减少, 糖原累积降低, 致病力降低 50%。*FgKIN1* 定位于隔膜孔处。对禾谷镰刀菌两个 β -微管蛋白基因定位发现, *Fgkin1* 突变体中 β -微管蛋白 1 定位于微管组织中心, 而 β -微管蛋白 2 的定位与野生型相同。*FgKIN1* 可能与微管蛋白的组装、稳定性及物质运输有关。该部分试验结果已发表在 New Phytologist 上。

⑪禾谷镰刀菌活性氧响应系统相关转录因子功能研究

由转录因子介导的活性氧相应系统在真菌病原菌与宿主的相互作用过程中发挥着重要的作用。本研究鉴定出禾谷镰刀菌活性氧响应系统中 3 个主要的转录因子 FgAP1, FgSKN7 和 FgATF1。发现与多数真菌不同, FgAP1 在禾谷镰刀菌中的作用较小, 而 FgATF1 和 FgSKN7 则承担了更多的功能。FgATF1 的缺失会导致生长迟缓, 产孢量降低, 有性生殖延迟以及致病力减弱。而 FgSKN7 的缺失则影响了气生菌丝的形态, 产孢量以及 DON 的合成, 突变体同时也失去了对 ROS 诱导 DON 的响应。进一步的研究发现 FgSKN7 与 FgATF1 在生长, 产孢, 有性生殖, 致病力等方面均存在功能的重叠。FgSkn7 和 FgAtf1 都定位于核。FgAp1 在无 ROS 压力的情

况下定位于细胞质，而在 ROS 诱导下进入细胞核。此外，研究还发现 PMK1 可能对 FgATF1 和 FgAP1 起负调控作用。该部分实验成果已发表在 *Environmental Microbiology* 上。

⑫ 禾谷镰刀菌 MADS-box 转录因子 FgMcm1 功能研究

通过对禾谷镰刀菌中 MADS-box 转录因子的研究发现，FgMcm1 蛋白对病原菌子囊孢子，分生孢子，次生代谢以及致病性有着极其重要的影响。约有一半的 Fgmcml 突变体常会发生自发生长速率严重降低的现象。研究还发现 Fgmat1mcml 双突变体生长速率稳定。RNAseq 数据分析表明在生长受限的突变体中，与有性生殖相关的基因表达量明显升高。为了进一步证明 FgMcm1 与配型位点的关系，我们鉴定并研究了异宗配合轮枝镰孢菌中其同源基因 FvMcm1 突变体，发现两个突变体菌丝形态与大孢子形态缺陷极其相似，但 Fvmcm1 突变体是稳定的。研究结果进一步明析了禾谷镰刀菌调控细胞生长发育的过程以及有性生殖及相应交配型在侵染周期中的重要作用。该部分试验结果已投稿至 *Environmental Microbiology*。

⑬ 化生物学分析真菌中微管蛋白 (Tubulins) 家族的进化和功能分化

本研究系统鉴定并分析了真菌中微管蛋白家族的分布和进化情况，首次报到了真菌中的 δ 、 ϵ 和 η 微管蛋白基因。研究发现子囊菌和担子菌的共同祖先分别获得了至少两个 α 微管蛋白基因 (α_1 和 α_2) 和两个 β 微管蛋白基因 (β_1 和 β_2)，而担子菌丢失了 α_2 微管蛋白基因，绝大多数子囊菌丢失了 β_2 微管蛋白基因。分子进化分析表明， α_1 、 α_2 和 β_2 微管蛋白承受着不同的选择压力并经历了适应性正选择作用，并且 α 微管蛋白和 β 微管蛋白功能分化呈现出不同的模式。研究还通过实验验证了禾谷镰刀菌中两个 β 微管蛋白的不同功能，分析了造成其功能分化的原因。该结果已发表在 *Scientific Reports* 上。

(2) 卵菌病害

疫霉菌致病和发育表观遗传调控：通过高通量测序、传统克隆以及 Northern 实验，鉴定到了疫霉菌中 tRNA 来源的小 RNA 分子 (tsRNA)。该 tsRNA 分子表现出保守的发育阶段特异性，并且与预测的靶基因呈现出相反的表达模式。降解组测序和 RLM-RACE 实验证明了 tsRNA 可介导靶基因在临近但不重叠的结合位点从多处

进行切割。疫霉菌瞬时表达实验证明了这个结合位点对于 tsRNA 介导靶基因切割至关重要。该研究首次证明了疫霉菌中存在具有调控功能的 tsRNA 分子，并提出了一个 tsRNA 介导的靶基因切割调控的新机制。相关研究结果，投稿至 Nature communications，正在返修。

(3) 小麦病毒病

在大麦黄矮病毒与寄主互作方面，本年度开展了大麦黄矮病毒（BYDV）GAV 侵染性克隆构建，二穗短柄草与 BYDV-GAV 互作蛋白的筛选，华山新麦草 BYDV 抗性鉴定。完成了 BYDV-GAV 基因组的测序，由 5685bp 组成，内含 6 个开放阅读框架(ORF)和 4 个非编码区(UTR)。已经构建了大麦黄矮病毒侵染性克隆载体 pTCK-GAV-RZ 和 pCass-GAV-RZ。pTCK-GAV-RZ 能够侵染单子叶植物小麦，pCass-GAV-RZ 能够侵染双子叶植物本氏烟。用 GAV 的外壳蛋白（CP），运输蛋白（MP）和病毒沉默抑制子（P6）作为诱饵蛋白，分别依次从二穗短柄草中筛选到了 1 个互作蛋白、D5 膜联蛋白（annexin D5-like）、类锌指蛋白（BdVOZ）、叶绿体醛缩酶（fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic-like）。初步探明了病毒与类锌指蛋白的作用过程。

(4) 苹果病害

①完成了苹果树腐烂病全基因组测

通过对苹果树腐烂病菌进行全基因组测序，证实了苹果树腐烂病菌基因组大小为 44.7 Mb，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，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在腐烂菌中更为丰富，并且这些基因在病菌侵染过程中普遍上调表达。但是分析发现腐烂菌对木质纤维素和角质的降解能力有限。这些结果表明腐烂菌特异地适应了对树皮的定殖和侵染。此外，对基因功能研究发现，6 个果胶酶基因分别敲除后可以显著降低病菌的致病力。同时，对梨树腐烂菌的基因组测序分析发现，其定殖和侵染相关的基因与苹果树腐烂病菌非常相似。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。

②腐烂病菌致病相关基因鉴定功能分析

通过对黑腐皮壳菌菌丝体及其侵染的苹果树皮病组织的转录组进行测序分析，*de novo* 拼接共获得 66,982 个 contig，预测获得 13,046 个编码蛋白基因。采用 FPKM 法计算各基因在 2 个样本中的差异表达情况，共分析获得差异表达基因 437 个，在侵染中上调表达的有 139 个。基因功能注释发现，139 个上调表达基因中包含 16 个细胞壁水解酶基因和 10 个次生代谢相关基因。对差异表达基因进行 GO 和 KEGG 功能富集，分析结果表明在黑腐皮壳菌侵染过程中，淀粉和糖代谢、果胶裂解通路及水解酶基因等明显富集。PHI (Pathogen-HostInteraction database) 注释和生物信息学预测，共得到 585 个致病相关基因以及 215 个效应蛋白，后经过与全基因组信息比对分析，准确预测到 413 个候选效应蛋白基因，经瞬时表达发现 8 个能够抑制 Bax 诱导的 PCD，且敲除突变体 VmEp1 的致病力显著降低。所以，本研究表明苹果树腐烂病菌在侵染互作阶段可以产生效应子，抑制植物抗性反应，帮助病原菌侵染。这些将为深入挖掘苹果树腐烂病菌的致病机理提供丰富的实验素材。

克隆了多个与腐烂病菌致病相关的基因（果胶酶基因、阿魏酸酯酶基因、己糖激酶基因等），并成功构建了敲除载体，获得了 22 个基因的敲除突变体，对其功能的研究发现多个基因与病菌致病相关，其中包括 1 个果胶酶裂解基因、1 个果胶酯酶、4 个多聚半乳糖醛酸酶基因、1 个己糖激酶基因、3 个阿魏酸酯酶基因及 6 个代谢调控基因。

③抗褐斑病与 PCD、内质网应激的机制

苹果褐斑病是由 *Diplocarpon mali* 引起的苹果树早期落叶病害，可导致果树早期大量落叶，造成树势衰弱，引起产量和品质降低。而揭示寄主抗病机理，培育抗褐斑病品种是控制该病害最有效和经济的方法。为研究苹果褐斑菌在侵染不同抗性品种过程中寄主组织细胞学变化，本研究以抗性砧木山定子为材料，通过研究 PCD 过程中 DNA 片段化和类 caspases 的变化，采用荧光显微观察法和透射电子显微观察法，探索山定子叶片与褐斑病菌的互作过程中抗性的表现。发现山定子在褐斑病菌侵染早期的细胞死亡中并不伴随着 DNA ladder 的产生，但 4 种类 caspases 与山定子细胞死亡相关，推测是病原菌通过抑制 4 种类 caspases 活性，抑制山定子细胞死亡，

有利病菌侵染。光镜及电子显微镜观察显示，病菌侵染苹果叶片后，细胞核凝集、线粒体膜破裂或脊肿胀、叶绿体片层结构肿胀且淀粉粒变大、液泡膜破裂，7d 后除叶绿体外，其余细胞器被完全降解，抗病品种细胞核的凝集及细胞质降解比感病品种晚 2d 左右。同时根据电镜观察过程中发现的细胞质变化及山定子中内质网肿胀现象为切入点，研究内质网应激反应在苹果与褐斑病菌互作中的作用。

3. 病虫害防控

(1) 小麦病虫害

①小麦病虫害综合防控示范基地建设

示范区设在常兴镇侯家村共 1000 亩。该地区是陕西省关中灌区小麦病虫害常发区和发生严重的地区。

2014 年示范区主要病虫害有：麦田杂草、红蜘蛛、条锈病、赤霉病、麦蚜、白粉病，今年是病虫害总体偏轻发生年份。红蜘蛛 4 月上中旬为发生盛期，属中度发生；小麦条锈病发生晚，发生轻，收获前调查仍属点片发生，是近年来发生最轻年份；赤霉病偏轻发生，局部下湿地中度-偏重发生；麦穗蚜属偏轻发生年份；小麦白粉病轻度发生，秦岭北麓稻麦两熟区偏重发生。

示范区病虫害防治情况：我们采取“四统一”的专业化防治和给群众免费提供药剂，统一时间、统一药剂、统一方案的三统一群众自防相结合的方式，小麦生长过程全程开展技术指导，实施了秋播期统一药剂拌种、冬前化学除草、小麦红蜘蛛防治、小麦病虫害“一喷三防”等技术，通过示范防治样板带动、电视、明白纸宣传，推动了全县防治工作科学适时、有的放矢地开展，节约了投入成本，有效的控制了病虫害发生危害，确保了夏粮作物生产安全。

②蚜虫生物防控

在 Banker Plant 系统研究中发现，不同寄主蚜虫对于烟蚜茧蜂 *Aphidius gifuensis* 的产卵习性和后代健康存在不同的影响。饲养于麦长管蚜 *Sitobion avenae* 和桃蚜 *Myzus persicae* 上的寄生蜂 F1 代与棉蚜 *Aphis gossypii* 上的相比，其后代更倾向于产生雌性且体重增加，但差异仅在一天之内，长时间内并无明显差异。本研究对于利用习性不同的蚜虫通过 Banker Plant 系统来饲养寄生蜂具有重要价值。论文发表在

Biological Control。

(2) 苹果病害

苹果病害防治研究及其技术推广

在陕西省洛川、白水、印台、旬邑、乾县、凤翔等苹果主产区开展以预防为主苹果树腐烂病综合防治技术示范与推广，取得很好的防治效果；同时通过多种渠道开展了技术咨询和培训，大大提高了果农的防治技术水平。

(3) 病害生物防治研究

生防研究目前集中在小麦条锈病、苹果腐烂病、猕猴桃细菌性溃疡病、油菜菌核病等的田间生物防治效果评价、生防制剂研制、活性物质分离纯化和结构鉴定、生防的分子机理方面。

①抑菌活性物质分离纯化：从猕猴桃细菌性溃疡病生防菌 gCLA4 发酵液中分离得到 4 个化合物。从苹果腐烂病生防菌 Hhs.015 发酵液中分离得到 2 种活性化合物：苯乙酸和多烯大环内酯类抗生素 Fungichromin，其对苹果树腐烂菌、小麦纹枯病菌都有抑制作用。对小麦条锈病和全蚀病的生防细菌 E1R-J 进行了抗菌物质的分离纯化，分离到一种新的抗菌蛋白，目前正在进行测序。

②生防菌抑菌的机理：已构建了小麦全蚀病和油菜菌核病生防菌 EDR4 突变体库，目前正在筛选表型缺陷突变体，共获得了 3125 个插入突变体。从 995 株突变体中筛选出 4 株抑菌活性明显降低的菌株，并获得了 2 株菌 T-1272 和 T-1473 的侧翼序列，比对结果显示 T-1473 中转座子插入基因序列与 BS168 基因组中糖基化酶基因 yvbX 有较高的同源性，T-1272 中转座子插入基因序列与 BS168 基因组中假定蛋白编码基因有较高的同源性。基因敲除验证功能的工作正在进行中。另外，从猕猴桃细菌性溃疡病生防菌 gCLA4 得到活性物质相关 PKS 基因簇的两个关键功能域：KS、ACP。优化了 gCLA4 的遗传转化体系，构建了已有 403 株突变体的突变体库。扩增了苹果腐烂病生防菌 Hhs.015 部分侧翼序列，经过 Blast 比对分析发现与大环内酯类或多烯类抗生素合成基因簇同源性最高。

建立了 qPCR 体系用于检测生防菌 Hhs.015 对树皮中苹果腐烂病菌菌量变化，结果表明 Hhs.015 可以显著减少病斑形成前的树皮样品中病菌总量。进而发现，

Hhs.015 处理可显著地降低致病相关基因内切多聚半乳糖醛酸酶的表达，并显著地增加胍胝质合成酶基因的表达，且组织学观察发现筛管中出现大量胍胝质积累。

Hhs.015 处理后病菌菌丝的亚细胞结构发生细胞壁破裂、横膈和晕圈、细胞核降解、线粒体数量增多、线粒体聚集与膨大等现象；48h 时后菌丝细胞壁加厚，细胞质几乎全部降解并形成大的空液泡，细胞核与细胞质完全分离并出现细胞核的完全降解。

③生防制剂研制及防效检测

在苹果腐烂病生防菌 Hhs.015 油剂研究方面，离体枝条接种实验结果显示桐油制剂配方六对苹果树腐烂病菌的扩展具有良好的抑制作用，其保护作用防效为 65.48%，治疗作用防效为 31.37%。制剂药效稳定性测定结果表明：常温遮光条件下，180 天后其药效基本稳定，保护作用 70.0%左右，治疗作用 29.0%左右，但保存 6 个月后药效下降。大田药剂涂干预防腐烂病试验于 2014 年 4 月 27 日进行，一个月后调查结果显示：Hhs.015 桐油制剂处理组的预防效果达到 73.06%。

在粉剂研究方面，前期利用固体发酵技术通过正交试验优化得到了最优发酵培养基，后又通过平板法筛选载体、助剂，最终得到两种生防制剂：活菌制剂、干粉制剂（次生代谢产物）。室内离体枝条试验测试表明这两种生防制剂对苹果腐烂病均有良好的防治效果，与对照相比，当用药浓度为 10-2g/mL 时，活菌制剂的抑制率（病斑扩展速率）为 60.5%，干粉制剂的抑制率为 73.7%。现在正在进行田间试验防效检测，已经在不同地区的两个果园进行了涂药试验，需待半年后统计结果。

（四）作物抗逆种质创新和品种设计研究

1. 品种培育

本年度审定苹果新品种 3 个，油菜新品种 1 个，另有 2 个小麦新品种和 3 个玉米新品种已完成国家或省级区域试验，达到审定标准待审定。此外 10 个小麦新品系，2 个油菜新品系，2 个玉米新品系正在参加国家或省级区域试验。

在小麦新品种选育方面，西农 511 完成陕西省区域试验和生产试验待审。西农 529 通过陕西省审定后，继续参加国家区试。该品种半冬偏春性，株高 75 厘米左

右，抗倒伏性好。综合抗病性好，成熟黄亮。品质达到优质强筋小麦标准。西农 501 参加国家区试预备实验；西农 519 参加陕西省区试；西农 585 第二年参加黄淮南片春水组小麦区试；西农 22、西农 807 参加黄淮南片小麦品种比较试验；西农 585 第三年参加陕西省小麦区试及生产试验；西农 752、西农 807、西农 203 第二年参加陕西省小麦区试；西农 22 第一年省区试；育成小麦新品系西农 0828 申请参加国家小麦品种比较试验。

2013-2014 年度培育的玉米新组合陕单 621 于 2014 年 4 月通过陕西省品种审定委员会审定。陕单 609 已完成国家玉米区域试验。陕单 618、陕单 622 已完成陕西省区域试验。陕单 623、陕单 626 在陕西省区域试验中表现突出。

今年提交 2 个杂交油菜组合 XN1301 和 XN1303，参加陕西省和甘肃省的冬油菜区试。在甘肃省的油菜区试中，XN1303 表现较好。

审定苹果新品种 3 个，分别为：美味、黄冠和皮诺娃。

另外，开展了特色马铃薯的营养物质及其对人体健康影响的研究，培育出的红色、紫色、彩色马铃薯是近年来育成的一类营养价值高，具有药用食用保健功能的马铃薯新品种。其花青素含量仅次于蓝莓，而维生素 C 含量是苹果的 10 倍。单位蛋白质含量是小麦的 2 倍，稻谷的 1 倍。对致癌物质有抑制作用，增强人体免疫力，延缓衰老，增强体质。

2. 作物种质创新

在小麦种质创新方面，四倍体硬粒小麦 DR147 重双端体 12 个系创制成功定型，并用 pAs1 and pHvG38 探针开展了 FISH 分型研究，结果发表于 *Genome*,57:89-95。利用 EMS 诱变技术创建了一个遗传变异类型丰富的油菜突变体库，筛选出 3 株苯磺隆抗性突变单株，明确了抗性单株的突变位点。用叠氮化钠 (NaN₃) 构建一个陕农 33 小麦突变体库，在 M2 群体中发现了 322 份茎、叶、穗和其他性状变异的突变体，其中 204 份茎秆性状突变、65 份叶片性状突变、24 份穗部性状突变。

创制构建了玉米陕群 A、陕群 B 两个杂种优势群，通过 6 年 30 个地点 6 轮多年多点的持续性联合改良，在国内率先走出一条玉米种质联合改良的新途径，推动了玉米育种实质性的协同创新。筛选了 30 个早熟、耐密植、适应机械化去雄的育种

新材料。选育玉米自交系 KA091、KA101、KA102、KA111，KB091、KB092、KB101、KB111 等 8 个玉米自交系，具有农艺性状优良、抗逆性（耐密、抗旱、耐低氮、抗病）、配合力高、适应机械化作业的特点。

对获得的苹果杂交苗中通过早期抗旱处理，筛选出 4000 多株杂交苗，目前保存杂种实生苗 51000 余株。从现有杂交后代中新初选出 10 个优系。另外从蜜脆×富平楸子为杂交组合结果的杂交后代中筛选出 1 个优质抗逆优系，从嘎啦×红肉苹果杂交后代中筛选出 2 个大果红肉株系。利用遗传转化获得了 20 多个 M26、嘎啦抗逆转基因株系。

开展了特色马铃薯在西北地区、内蒙古、黑龙江、四川和广东等地的适应性及产量特性、品种特性研究，筛选鉴定出 4 个高产、优质、适应性广的品种/品系。

3. 作物育种新技术新理论研究

在育种理论研究方面，与中国农业大学张福锁教授合作开展了“以更低的环境代价获得更高的作物产量”相关研究，通过多学科开展协同创新、并用大量田间试验数据，探索如何在持续增加作物产量的同时保障生态环境。研究结果证明土壤-作物系统综合管理在大幅度增产的同时，能够大幅提高氮肥效率。该成果在国际顶级刊物《自然》（Nature）发表研究论文《以更低的环境代价获得更高的作物产量》。

分子标记辅助育种技术应用于油菜育种：将开发的芥菜型油菜陕北黄芥黄籽基因的分子标记应用到甘蓝型油菜黄籽品系的分子育种中，利用连续多代的回交转育，中间世代采用分子标记辅助选择，选育甘蓝型油菜黄籽品系，该方法已经已于 2014 年获批国家专利（CN102499056A）。

三、科研成果

1. 获批主要科研项目

本年度获批国家自然科学基金重点项目 1 项、优秀青年科学基金 1 项、面上项目 13 项、青年项目 5 项；科技部“973”项目课题 1 项、国际合作项目 1 项；农业部国家转基因专项重大项目 1 项。

2. 发表科技论文

2015 年，在 Annual Review of Entomology (IF = 13.021)，Nature Communications (IF=10.742)，Biotechnology Advances (IF=9.599)，Nucleic Acids Res (IF = 8.808)，Journal of Pineal Research (IF = 7.812)，Plant Journal (IF = 6.815)，New Phytologist (IF = 6.5)，Environmental Microbiology (IF = 6.24) 和 Journal of Experimental Botany (IF=5.794) 等期刊发表署名 SCI 论文 169 篇；在中国农业科学、作物学报、微生物学报、植物病理学报、昆虫学报、菌物学报等国内一级学报发表署名论文 68 篇。

3. 审定品种

审定新品种 8 个。其中苹果 3 个（省审品种“美味”、“黄冠”、“皮诺娃”），玉米 1 个（省审品种陕单 621），荞麦 2 个（省审品种西农 9976、西农 9978），油菜 1 个（省审品种陕油 20），小麦 1 个（省审品种西农 658）。

4. 授权专利

获批“用于快速鉴定小麦主效抗病害基因的方法”、“利用生物技术选育黄籽油菜新品系的方法”、“增强型单体细菌荧光素酶基因 luxAB 及其应用”等 3 项国家发明专利。

5. 出版著作

出版《作物基因工程——原理与技术》（科学出版社）、《葡萄分子生物学》（科学出版社）、《遗传学》（中国农业大学出版社）、《向日葵病虫害诊断及防治技术》（金盾出版社）等著作 4 部。

四、人才培养

1. 固定研究人员队伍建设

2014年，单卫星、韦革宏获批教育部“长江学者”特聘教授；韦革宏教授入选中组部“万人计划”第一批科技创新领军人才；李明军副教授、管清美教授、王晨芳副研究员获批2014年陕西省青年科技新星；张宏副教授获2014年陕西省青年科技奖；王晓杰副研究员获批国家优秀青年科学基金项目资助，为实验室首个获批该类项目的青年科研人员，同时也是学校获批的第一个优青项目，并于该年入选中组部“万人计划”青年拔尖人才。

2. 实验技术队伍建设

先后组织2名技术人员参加进修培训，2名技术人员参加相关学术会议；邀请南京农业大学电镜技术专家、全国电子显微镜协会农林分会专业委员会委员贺子义老师来实验室进行技术讲座和现场指导交流；邀请共聚焦显微镜、酶标仪工程师来实验室进行技术指导和应用操作讲座，促进实验技术人员技术水平的提高。2014年实验技术人员发表仪器设备管理、使用技术相关论文5篇。

3. 研究生培养

组织举办了实验室第一届研究生论坛，16名研究生汇报了研究进展，11位评委进行了精彩的点评；组织了首届研究生羽毛球赛，近百名研究生参加此次活动；开展了第二届摄影大赛，收到参赛作品60余份。通过活动增强实验室凝聚力和研究生责任感。

2014年毕业博士研究生26人，硕士研究生107人。3人获2014年陕西省优秀博士学位论文；2人获西北农林科技大学优秀博士学位论文；3人获西北农林科技大学优秀硕士学位论文。



第一届研究生论坛



第二届摄影大赛



首届羽毛球赛

五、实验平台建设

1. 仪器设备购置

本年度对实验室公共平台的仪器设备进行了重大维修和保养，根据研究需要购置了离心机、PCR 仪、组织培养箱、生物安全柜等仪器设备 15 台（件），保障了科研人员和研究生的科研工作顺利、高效开展。

2. 实验室运行

本年度实验室公共技术平台仪器设备无偿面向全校师生开放使用服务机时 59058 小时；专业技术平台仪器设备加入学校大型仪器设备预约共享系统，面向校内外开放服务机时 17966 小时。实验平台安排专职技术人员进行技术指导和管理，节假日双休日及每天晚上安排专职人员值班，做到全年 365 天全天候开放共享，为广大科研人员提供技术支撑和服务保障。

六、运行与管理

1. 学术委员会会议制度化

坚持每年定期召开学术委员会会议，对实验室的建设和发展提出了宝贵的意见和建议。促进了实验室方向的凝练、人才培养、科学研究和各项任务顺利开展。

2. 室务会会议制度化

实验室每月召开一次室务会，讨论研究实验室平台建设、人才与队伍建设、项目设备等重大问题，保证了实验室高效运行，健康发展。

3. 学术交流制度化

每月举办 2—3 场次学术报告，邀请国内外知名专家学者来实验室开展学术交流和课题研究，活跃实验室学术氛围，促进加强科研合作与交流。

4. 工作简报编辑制度化

坚持每季度出版工作简报，总结每季度实验室开展的工作。工作简报报送学术委员会委员、上级主管部门、依托单位、实验室固定研究人员，并在网站公示，促进实验室的建设与发展并安排部署下步工作。

5. 完善制度、督促落实

结合实验室的实际，进一步完善修订人员、设备、成果、财务等规章制度，加强了规章制度的督办和执行，使合理的规章制度落到实处，提高了工作效率。

6. 丰富文化生活、增强凝聚力

实验室举办了第一届研究生羽毛球比赛、第二届摄影比赛，丰富了大家的业余生活，提高了实验室的活力，增加了凝聚力。

七、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

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四次会议纪要

2014年12月7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四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、中国工程院院士山仑研究员主持会议;委员会副主任刘旭院士、委员魏江春院士、程顺和院士、方荣祥院士、彭友良教授、巩志忠教授、李毅教授、王跃进教授、张改生教授和康振生教授出席了会议。

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。孙其信校长出席会议并致辞,感谢学术委员会各位委员长期以来对实验室建设和发展所做的工作和贡献,请各位委员对实验室存在的问题和下一步的发展提出意见和建议。孙其信校长要求实验室充分吸纳各位委员的建议,进一步凝练研究方向,加强顶层设计,力争取得更多标志性研究成果,为2016年实验室评估夯实基础。

一、审议工作报告

首先,实验室主任康振生教授汇报了2014年实验室在科学研究、队伍建设、人才培养、开放交流、运行管理等方面的工作

1

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

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



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

及完成情况,汇报了2015年开放课题资助方案,随后实验室固定研究人员刘同先教授、王中华教授、江元清教授分别汇报了研究进展。

在听取了工作报告和研究进展汇报后,学术委员会进行了质疑和讨论,对实验室一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。

二、肯定成绩

一年来,实验室各项工作扎实开展,人才培养和队伍建设有较大进展,研究方向得到了进一步凝练,承担了一批国家和省部级的重大科研项目。在 Annual Review of Entomology、Nature Communications 等期刊发表 SCI 论文 170 篇,2 人获批教育部“长江学者”特聘教授、1 人入选国家自然科学基金“优秀青年人才项目支持计划”,与澳大利亚默多克大学联合建立了“中澳生物与非生物逆境治理”联合研究中心,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。通过一年建设,实验室在硬件和软件方面都得到了较大提升,取得了预期目标。

三、建议

1. 进一步凝练研究方向和内容,充分利用国家和学校的政策,加强旱区小麦和苹果等逆境生物学基础及应用前景研究,力争取得更多标志性研究成果,为下年度实验室评估做好准备。

2

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

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



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

2、充分利用学校的政策,吸引和培养青年优秀人才,加强优青、杰青等候选人才培养;加强实验技术队伍建设,充分发挥仪器设备的功能。

3. 进一步增加和整合实验室空间资源,将重点实验室建设成为科研条件相对集中,设备先进、功能完善的国家平台,为研究人员创造良好的科研条件和学术氛围。

学术委员会主任: 山包 刘旭

二〇一四年十二月七日

3

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](http://csbaa.nwsuaf.edu.cn)

八、专项经费执行情况

2014年度，科技部下达国家重点实验室专项经费665万元。主要用于实验室的运行维护150万元，开放共享（包括开放课题）140万元，自助探索课题150万元，重点研究项目80万元，青年人才项目15万元，小麦生物学基础研究项目130万元。严格按照《国家重点实验室专项经费管理办法》和学校及经费相关管理使用规定的要求执行，进展顺利。

九、开放交流

(一) 开放课题立项和执行情况

1. 2014 年开放课题立项情况

2014 年共资助开放课题 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、河北师范大学等 12 位中青年科研人员来实验室开展相关研究工作，并与我校相关团队建立了长期合作交流活动，目前各项任务进展顺利。

2. 2013 年开放课题执行情况

2013 年立项开放课题 10 项，资助经费 80.0 万元。根据《旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放课题管理管理办法》有关要求，本年度对 2013 年开放课题进行结题和验收工作。所有课题均按要求上报了结题报告书和相关支撑材料，达到了计划任务书的要求，顺利结题。开放课题执行期间发表 SCI 论文 6 篇，其中河南农业大学郑文明教授以第一作者在 Nature communications 发表论文 1 篇。具体执行情况如下：

史江莉：以中国野生华东葡萄“白河-35-1”为材料，以葡萄基因组为依据，从中国野生华东葡萄克隆 MYB 转录因子，探讨葡萄在干旱胁迫诱导下，MYB 转录因子的诱导表达。并通过转化拟南芥，进一步验证在干旱胁迫下 MYB 转录因子如何通过调节植物体内生理生化变化，增强植株的抗旱能力，从而为阐述 MYB 转录因子的抗旱机制提供新的线索。在开放课题资助下，在 Plant Physiology and Biochemistry 发表 SCI 论文 1 篇。

朱自果：以中国野生燕山葡萄为材料，利用 RACE 技术获得 5 个 CIPK 基因，即 VyCIPK1, VyCIPK9, VyCIPK13, VyCIPK14 和 VyCIPK18。对燕山葡萄进行干旱、高温、低温和高盐等 4 种胁迫进行处理，提取不同处理时间点叶片的 RNA，利用实时定量 PCR 技术研究了 5 个 CIPK 成员的表达模式，鉴定出一个在干旱和高盐胁迫中的关键基因 VyCIPK1。对其 3 个基因在根、茎、叶、花、果实和种子等不同的组织器官的表达进行了分析。构建了 VyCIPK1、VyCIPK9 和 VyCIPK14 的过量表

达载体和过表达分析。在 *Journal of Plant Physiology* 发表 SCI 论文 1 篇。

左胜鹏：从近 80 份小麦材料中筛选出兰考 95-25、新小偃 6 号、碧玛 1 号、长武 131、86-5-22、兰考 6 号、92-19、小偃 22 号、豫麦 66、宁冬 1 号、丰产 3 号等兼具抗草抗旱性小麦品系。其中以不同年代的典型品种，如碧玛 1 号、丰产 3 号、宁冬 1 号、小偃 22 号为实验材料，在盆栽控制条件下，设计含水量为田间饱和持水量 45% 的中等干旱模拟条件，发现小麦化感潜势与土壤微生物为显著正相互反馈关系，小麦释放含化感物质在内的次生代谢物或根系分泌物，可能改善了土壤微环境，增加了土壤肥力，从而有利于根际微生物聚集和繁殖，其细菌数量高达 26.59×10^6 ；反之，根际足够的土壤微生物将产生更多的土壤氮和土壤碳，尤其促进根系活力，增强了土壤各类转化酶的活性，可促进根际生长和根系分泌物的有效产生和释放。在 *Plant and Soil* 发表 SCI 论文 1 篇。

杜国荣：以不同类黄酮含量的苹果叶片和果实为试材，研究干旱、温度、强光胁迫对其抗氧化能力，总黄酮含量、主要几种类黄酮含量以及类黄酮合成途径中几个关键酶基因表达量等相关指标的变化，以探索类黄酮代谢在干旱、温度、强光胁迫条件下的响应机理，从而为果树抗逆境生理提供新的参考。在 *Journal of Functional Foods* 发表 SCI 论文 1 篇

郭昆：利用植物顶空抽样法获得健康植株、天牛危害后的金银花植物挥发物物质，利用气相色谱与质谱 (GC-MS) 技术测定不同处理挥发物质的化学成份；利用气相色谱与触角电位联用技术 (GC-EAD) 和行为仪测定咖啡脊虎天牛和管氏肿腿蜂对这些挥发物质的混合物和单一组份 (商品制剂) 的触角反应和行为趋性，进而确定金银花对咖啡脊虎天牛间接防御的关键化合物，探讨金银花关键挥发性次生代谢物在寄生蜂寄主搜寻过程中的作用；通过寄生蜂室内种群学习经历不同化合物气味后的行为测定，找到该蜂能有效学习并提高野外寄主搜寻能力的化合物，为室内繁殖的管氏肿腿蜂对野外寄主搜索能力下降的问题提供解决途径，同时也为害虫管理策略提供科学依据。在 *Microscopy research and technique* 发表 SCI 论文 1 篇。

郑文明：利用条锈菌全基因组序列信息，通过毒性菌系群体的全基因组比较，明确代表性毒性小种群体的遗传背景和进化关系，鉴定不同毒性菌系重要基因变异

和快速变异区，认识造成毒力差异的分子成因及演变规律，为小麦条锈菌新毒性菌系的预测和抗锈品种选育及布局提供理论依据。在 Nature communications 发表 SCI 论文 1 篇。

(二) 学术交流

1. 主办、承办的主要学术会议

一年来，实验室主办/协办学术会议 11 次。主办了“第一届全国植物逆境生物学学术研讨会”、“十三五”农业领域“农作物病害防控方向”战略研讨会等会议 10 次；协办了第五届全国小麦基因组学及分子育种大会。



第一届全国植物逆境生物学学术研讨会



康振生教授做学术报告

2. 邀请专家学者

本年度实验室邀请 55 名国内外专家来实验室做学术报告、开展学术交流，促进了实验室的开放交流与合作。



中科院遗传所凌宏清来实验室做学术报告



爱荷华州立大学 Patrick Schnable 教授来实验室访问交流



俄勒冈州立大学 Brittle Tyle 教授来实验交流访问



阿肯色大学 Vibha Srivastava 教授来实验室交流访问

3. 参加学术会议情况

实验室积极支持研究骨干参与国内外学术交流与合作，39 人次受邀参加国际国内学术会议并做学术报告。



宋卫宁教授作学术报告



赵惠贤教授作学术报告

(三) 公众开放日活动

根据科技部《关于开展国家重点实验室公众开放活动的通知》的要求，为进一步加强实验室公众开放活动，培养青年学生的科研兴趣，陕西中医学院基础医学院 2011 级生物技术专业学生、西北农林科技大学农学院和植物保护学院学生近百人来到我室参观学习和科普讲座。

学生们对双光子激光共聚焦显微镜、核磁共振仪、DNA 测序仪等设备的工作原理和应用产生了浓厚的兴趣，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，我室研究人员讲解了实验室的主要研究方向，在

承担国家的重大任务需求和在国家的重大战略定位等方面进行了讲解，培养了学生浓厚了科研兴趣。



中医学院学生前来参观



植保学院学生前来参观

（四）参观访问

2014 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 28 次。



教育部副部长杜玉波来实验室考察调研



康奈尔大学 Ronnie coffman 来实验室访问

附件 1: 学术委员会名单

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

附件 2：固定人员名单

1、抗逆种质与基因资源发掘研究方向

姓名	职称	学历	专业方向
宋卫宁	教授	博士	麦类种质与基因资源
冯佰利	教授	博士	小杂粮种质与基因资源
李鹏民	教授	博士	园艺作物种质资源
唐 明	教授	博士	微生物资源
王乔春	教授	博士	种质与基因资源的保藏
王跃进	教授	博士	葡萄种质与基因资源
邹志荣	教授	博士	蔬菜种质资源
陈 勤	教授	博士	作物遗传育种
徐爱遐	教授	博士	油菜种质资源
徐 炎	教授	博士	葡萄种质与基因资源
韩德俊	副教授	博士	小麦抗锈基因资源
梁 东	讲师	博士	苹果种质与基因资源

2、作物非生物胁迫应答机理研究方向

姓名	职称	学历	专业方向
郁 飞	教授	博士	作物抗逆机理
韦革宏	教授	博士	微生物与作物及环境互作
陈坤明	教授	博士	植物细胞逆境分子调控
胡银岗	教授	博士	小麦逆境生理及分子机制
江元清	教授	博士	植物细胞分子生物学
罗志斌	教授	博士	植物生态生理与分子生理
陶士珩	教授	博士	生物信息
王朝晖	教授	博士	旱区作物营养
张林生	教授	博士	作物耐旱机理
赵惠贤	教授	博士	作物品质形成机理
赵天永	教授	博士	植物抗旱分子生物学
沈锡辉	教授	博士	微生物生理生化
李 竞	教授	博士	分子生物学
王中华	教授	博士	作物遗传育种
王晓锋	教授	博士	植物生理与分子生物学
范三红	副教授	博士	小麦品质形成的分子机理

3、作物与有害生物互作机理研究方向

姓名	职称	学历	专业方向
康振生	教授	博士	小麦与条锈病互作机理
黄丽丽	教授	硕士	果树病害
刘德广	教授	博士	农林害虫分子生态学
刘同先	教授	博士	作物害虫的综合治理
单卫星	教授	博士	作物卵菌病害
孙广宇	教授	博士	果树病害
王保通	教授	博士	植物病理学
马青	教授	博士	作物与病原菌互作
吴云峰	教授	博士	作物病毒病害
仵均祥	教授	博士	小麦害虫治理
许金荣	教授	博士	作物真菌病害的致病机理
赵惠燕	教授	博士	小麦抗蚜机制
胡小平	教授	博士	作物病害流行
郭军	教授	博士	作物抗病的分子机理
刘杰	副教授	博士	作物抗逆的分子机理
王晓杰	副研究员	博士	作物抗病的分子机理
赵杰	副研究员	博士	植物病理学
张世泽	副教授	博士	作物害虫治理
张宏昌	讲师	博士	作物抗逆的细胞学机理

4、作物抗逆种质创新与品种设计研究方向

姓名	职称	学历	专业方向
马锋旺	教授	博士	苹果种质创新与品种选育
董振生	研究员	学士	油菜种质创新与品种选育
胡胜武	教授	博士	油菜品种选育
吉万全	教授	博士	小麦种质创新与品种选育
王成社	教授	博士	小麦育种新技术与新品种选育
王西平	教授	博士	苹果分子育种
奚亚军	教授	博士	小麦基因工程
薛吉全	教授	博士	玉米种质创新与品种选育
张改生	教授	博士	小麦雄性不育理论和杂种优势利用
张鲁刚	教授	博士	蔬菜种质创新与品种选育
赵政阳	教授	博士	苹果种质创新与品种选育
闽东红	教授	博士	小麦转基因育种
李学军	副教授	博士	小麦遗传育种
李海峰	副教授	博士	作物遗传学
文颖强	副教授	博士	果树种质创新与品种选育
张宏	副教授	博士	小麦种质创新与品种选育

附件 3: 科研项目

序号	项目编号	项目名称	负责人	金额(万元)	类别
1	2013CB127700	小麦重要病原真菌毒性变异的生物学基础	黄丽丽	1729.00(后三年)	973 项目
2	2012CB114002	赤霉菌致病相关基因的鉴定与功能分析	许金荣	69.00	973 课题
3	2014BAD07B03	糜黍丰产关键技术研究集成与示范	高小丽	725.00	科技支撑
4	GZ928	水稻与黑麦上麦角菌属病害的功能比较研究	许金荣	95.00	科技部国际合作项目
5	31430069	小麦条锈菌效应子鉴定及其调控机理	康振生	329.00	国家自然科学基金重点项目
6	31422043	植物真菌病害	王晓杰	100.00	国家自然科学基金优青项目
7	31471844	葡萄霜霉菌效应因子筛选及中国野生葡萄抗霜霉病基因鉴定	徐炎	90.00	国家自然科学基金面上项目
8	31470618	转 gsh1 基因杨增强重金属镉富集的分子生理调控机制	罗志斌	89.00	国家自然科学基金面上项目
9	31471731	基于 RAD-seq 的我国小麦条锈菌传播与起源研究	胡小平	89.00	国家自然科学基金面上项目
10	31471819	食蚜瓢虫与蚜虫寄生蜂互作机制及其利用	刘同先	88.00	国家自然科学基金面上项目
11	31470484	烟粉虱天敌集团内捕食作用及其生态学机制研究	张世泽	86.00	国家自然科学基金面上项目
12	31471153	一条全新的蛋白激酶与转录因子信号通路调控 ABA 与干旱应答的分子机制研究	江元清	86.00	国家自然科学基金面上项目
13	31471482	3 个小麦种子特异表达的全新 microRNA 的功能研究	赵惠贤	85.00	国家自然科学基金面上项目

序号	项目编号	项目名称	负责人	金额(万元)	类别
14	31471732	苹果树腐烂病菌效应蛋白 VmEP1 抑制植物免疫性的机理研究	黄丽丽	85.00	国家自然科学基金面上项目
15	31471733	小麦 Metacaspase I 型基因在小麦细胞死亡及抗条锈中的作用机理	王晓杰	85.00	国家自然科学基金面上项目
16	31471825	恶性入侵植物紫茎泽兰种群遗传特性与入侵机制研究	宋卫宁	85.00	国家自然科学基金面上项目
17	31471845	MYB1 启动子甲基化调控光胁迫诱导苹果果实着色的机制研究	赵政阳	82.00	国家自然科学基金面上项目
18	31471568	小麦表皮蜡质二酮合成酶候选基因功能研究	王中华	80.00	国家自然科学基金面上项目
19	31470290	拟南芥 HD-Zip 转录因子 GL2 调控植物表皮毛发育的分子机制研究	安丽君	80.00	国家自然科学基金面上项目
20	31401689	条锈菌诱导的小麦候选感病基因 TaHIPP1 的感病机制解析	张新梅	25.00	国家自然科学基金青年项目
21	31401693	条锈菌激发子 Pst_EC1 诱导寄主小麦防御反应的分子机理	汤春蕾	25.00	国家自然科学基金青年项目
22	31400216	一个拟南芥叶绿体镁离子转运蛋白 AtMGT10/VAR5 的功能研究	赵军	24.00	国家自然科学基金青年项目
23	31401373	基于转录组测序的野生二粒小麦盐胁迫相关基因的鉴定与优异等位变异发掘	聂小军	24.00	国家自然科学基金青年项目
24	31401830	苹果砧木根系发育对高 pH 胁迫的响应及其内源激素调控机理	李翠英	24.00	国家自然科学基金青年项目
25	201404403	新疆野果林苹果小吉丁虫综合治理研究与应用	刘同先	316.00	国家林业局公益性行业专项
26	2014ZX08002003	高产转基因小麦新品种培育	吉万全	400.00	农业部国家转基因重大专项
27	201303018	作物疫病监测防控技术研究与示范	单卫星	124.00	农业部公益性行业科研专项

2014年度报告

序号	项目编号	项目名称	负责人	金额(万元)	类别
28	201203034-03	果树腐烂病防控技术与示范	孙广宇	20.00	农业部公益性行业科研专项
29	2014KCT-25	小麦育种新技术创新团队项目	王中华	200.00	陕西省科技创新团队
30	K332021349	苹果茎尖超低温脱毒技术与示范	王乔春	30.00	陕西省科技攻关项目
31	2014K02-02-03	基于中国野葡萄 VpR82H 基因的抗病葡萄新种质创制	徐炎	10.00	陕西省科技攻关项目
32	2014K02-02-04	优质高产多抗特色马铃薯新品种选育及良种快繁科技示范园建设	陈勤	14.00	陕西省科技攻关项目
33	CHN-94145-02-1314A-R	长武宇家山村气候变化与适应示范项目	赵惠燕	43.00	香港乐施会横向课题
34	NY20140401070002	烟草黑胫病菌和赤星病菌致病性分化和病害流行规律研究	单卫星	110.00	中国烟草公司重庆分公横向课题司

附件 4: 审定品种

序号	品种名称	审定或鉴定单位	主要完成人
1	苹果新品种“美味”	陕西省果树品种审定委员会	马锋旺
2	苹果新品种“黄冠”	陕西省果树品种审定委员会	李翠英
3	苹果新品种“皮诺娃”	陕西省果树品种审定委员会	邹养军
4	油菜新品种“陕油 20”	陕西省农作物品种审定委员会	董振生
5	小麦新品种西农“658”	陕西省农作物品种审定委员会	康振生
6	玉米新品种“陕单 621”	陕西省农作物品种审定委员会	薛吉全
7	荞麦新品种“西农 9976”	陕西省农作物品种审定委员会	柴 岩
8	荞麦新品种“西农 9978”	陕西省农作物品种审定委员会	柴 岩

附件 5: 授权发明专利

序号	专利名称	主要完成人	专利号
1	用于快速鉴定小麦主效抗病害基因的方法	康振生	ZL201410202259.4
2	利用生物技术选育黄籽油菜新品系的方法	徐爱遐	ZL201110327017.4
3	增强型单体细菌荧光素酶基因 luxAB 及其应用	沈锡辉	ZL201310073405.3

附件 6：立项开放课题

序号	名称	编号	负责人	单位	职称	资助金额 (万元)
1	青海小麦近缘属-以礼草属水分胁迫应答	CSBAA2014001	李凤珍	青海大学	副教授	8.00
2	SSR 标记与小麦微核心种质抗旱相关性状	CSBAA2014002	吕树作	洛阳农林科学院	助研	8.00
3	拟南芥一氧化氮信号上游原初热激响应元	CSBAA2014003	赵立群	河北师范大学	教授	8.00
4	一个跨膜 NAC 转录因子调控盐害的分子	CSBAA2014004	刘建祥	复旦大学	教授	8.00
5	对干旱和盐响应的谷子 SiCBL3 基因功能	CSBAA2014005	赵晋锋	山西省农科院	副研	8.00
6	中国野葡萄泛素连接酶 UIHC 调控抗病分	CSBAA2014006	余义和	河南科技大学	讲师	8.00
7	水分胁迫对冬小麦的生长发育及其养分运	CSBAA2014007	张红娟	杨凌职业技术学院	讲师	8.00
8	叠氮化钠与 60 Co - γ 射线复合诱变小麦抗	CSBAA2014008	陈晓杰	河南省科学院	助研	8.00
9	小麦成株期抗条锈新基因的发掘	CSBAA2014009	贾海燕	南京农业大学	副教授	8.00
10	西藏流行区小檗与小麦条锈菌毒性变异关	CSBAA20140010	彭岳林	西藏农牧学院	副教授	8.00
11	褪黑素对苹果抗旱耐盐性的调控研究	CSBAA20140011	殷丽华	八一农垦大学	讲师	8.00
12	苹果 cystatin 基因家族的全基因组分析及	CSBAA20140012	李娟	内蒙古大学	讲师	8.00
合计经费 (万元)						96.00

附件 7: 主办/协办学术会议情况

序号	会议名称	时间	主办/协办
1	第一届全国植物逆境生物学学术研讨会	2014.5.9	主办
2	国家重点实验室联合学术研讨会	2014.7.24	主办
3	中澳生物与非生物逆境治理联合研究中心揭牌暨学术研讨会	2014.9.13	主办
4	“十三五”农业领域“农作物病害防控方向”战略研讨会	2014.11.15	主办
5	粉虱行业专项年度讨论会	2014.4.28	主办
6	973 项目中期讨论会	2014.4.29	主办
7	苹小吉丁虫项目启动会	2014.5.13	主办
8	陕西省玉米协作组会议	2014.4.12	主办
9	全国深松改土座谈会	2014.7.6	主办
10	2014 年第五届中韩日设施园艺与植物工厂联合研讨会	2014.5.10	主办
11	第五届全国小麦基因组学及分子育种大会	2014.8.17	协办

附件 8：邀请国内外专家学者做学术报告情况

序号	报告题目	报告人	时间
1	绿色植物基因的起源及进化研究	郭亚龙	2014.2.27
2	Virus vectors for Functional Genomics and Pathogen Control in Plants	Valerian Dolja	2014.3.4
3	Breeding of root mass will help farmers under organic farming in potato	岩间和人	2014.3.10
4	Molecular breeding to improve abiotic stresses in plants	山田敏彦	2014.3.10
5	Generating Rice Integration Target Lines	David Ow	2014.3.18
6	Applications of Site-specific Recombination Systems in Plant Genetic Engineering	Vibha Srivastava	2014.3.18
7	Next Generation Sequencing (NGS): Opportunities to Advance Breeding	Patrick Schenable	2014.3.20
8	小麦 A 基因组的草图绘制与物理图谱构建	凌宏清	2014.3.20
9	Developing genome editing technologies for crop improvement	高彩霞	2014.3.20
10	An overview of plant pathology at the University of Western Australia	Martin Barbetti	2014.3.29
11	Agriculture Research at the Cereal Research Centre, Canada 加拿大禾谷类作物研究中心的农业研究	Douglas BROWN	2014.4.10
12	An F-Box protein targeting Phytochrome Interacting Factor 1 (PIF1) for polyubiquitination and destruction	Bruce Downie	2014.4.16
13	Late Embryogenic Abundant (LEA) proteins: A protein protection mechanism?	Lynnette Dirk	2014.4.16
14	From genomics to effectors: new ways to protect crop plants from disease	Brett Tyler	2014.4.21
15	温室蔬菜害虫生物防治	Mike Keller	2014.5.1

序号	报告题目	报告人	时间
16	Maintaining genome integrity: crucial for cell cycle progression and plant development	崔晓峰	2014.5.9
17	Wheat rust research in Australia	Robert F Park	2014.5.15
18	The challenge of the Post-Genome Era: <i>Salmonella</i> and its hosts	Daoguo Zhou	2014.5.20
19	Emerging Structural Biology Method: Electron Cryo-Microscopy	Wen Jiang	2014.5.20
20	Plant Specialized Metabolism: Biosynthesis and Application	陈峰	2014.6.6
21	Transport and control of toxic minerals-Cd and As in rice	Jian Feng Ma	2014.6.10
22	Integrated Control of wheat stripe rust	Xianming Chen	2014.6.24
23	A <i>P. syringae</i> Calmodulin Binding Effector Interferes with Microtubules for Pathogenicity	郭明	2014.6.26
24	Molecular mechanisms underlying gene-for-gene interactions in the rice blast pathosystems	潘庆华	2014.7.24
25	基于基因组学的生物学研究	张耕耘	2014.7.28
26	葡萄酒风味物质形成机理研究	段长青	2014.9.3
27	我国南方葡萄设施栽培技术研究	王世平	2014.9.3
28	Make food security a non-issue	Shashi Sharma	2014.9.13
29	Wheat quality improvement through grain protein manipulation	Wujun Ma	2014.9.13
30	Human Activities and Plant Disease: Reflections from the Recent Past	Krishna V. Subbarao	2014.9.15
31	Genetic dissection of acclimation to high temperature	Elizabeth Vierling	2014.9.19

2014年度报告

序号	报告题目	报告人	时间
32	Taking another look at <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	Weidong Chen	2014.9.22
33	Working successfully with APS journals	Mark L. Gleason	2014.9.27
34	植物病理学中常见数据的统计分析方法	徐向明	2014.10.9
35	Integrated approach to sequence <i>Aegilops tauschii</i> , the wheat D genome progenitor	罗明成	2014.10.14
36	Integrated approach to sequence <i>Aegilops tauschii</i> , the wheat D genome progenitor	Mingcheng Luo	2014.10.14
37	Overview of researches on greenhouse microclimate	Thierry Boulard	2014.10.21
38	Protective Role of MRP1 in Doxorubicin-Induced Cardiotoxicity	Mary Vore	2014.10.22
39	Cellular Mechanisms Underlie Plant Penetration Resistance against Fungal Pathogens	Yangdou Wei	2014.10.23
40	miRNA and phasiRNA networks in plants ---What do small RNAs in Rosaceae plants tell us ?	夏瑞	2014.10.24
41	Multiple epigenetic layers regulate dormancy exit in deciduous tree fruits	刘宗让	2014.10.24
42	植物表皮蜡质研究进展	Reinhard Jetter	2014.10.24
43	我国农作物病虫害防控现状及趋势分析	杨普云	2014.10.31
44	充分利用分子标记大平台，加速植物基因组研究进程	卢洪	2014.11.6
45	害虫生物	Ridstill-Smith	2014.11.10
46	Genetic and epigenetic studies on floret closing (cleistogamy) in barley	Takao Komatsuda	2014.11.10
47	我国小麦赤霉病菌抗药性研究进展	周明国	2014.11.16

序号	报告题目	报告人	时间
48	A new twist to plant immune receptor activation	周俭民	2014.11.16
49	水稻矮缩病毒与宿主相互作用研究	李毅	2014.11.16
50	大麦 NLR 受体蛋白介导白粉菌抗性的动态调控	沈前华	2014.11.16
51	黄单胞菌受体组氨酸激酶的识别与调控	钱韦	2014.11.16
52	稻黄单胞菌与水稻互作中的三型分泌系统和效应蛋白	陈功友	2014.11.16
53	卵菌与寄主的分子互作	王源超	2014.11.16
54	水稻病毒在介体昆虫体内持久增殖的机制	魏太云	2014.11.16
55	植物抗病遗传育种进展	Robert McIntosh	2014.11.18

附件 9：参加学术会议并做报告情况

序号	姓名	参会名称	报告题目	时间
1	许金荣	The XXIII Plant and Animal Genome Conference	Comparative analysis of genomes of <i>Taphrina</i> species infecting different plants.	2014.1.10
2	许金荣	the 12 th European Fungal Genetics Conference	The Prp4 kinase regulates splicing efficiency in <i>Fusarium graminearum</i> .	2014.3.23
3	康振生	BGRI 2014 Technical Workshop	New evidence supporting occurrence of sexual reproduction of the wheat stripe rust fungus on barberry as alternate host in nature in China	2014.3.25
4	罗志斌	第一届亚热带森林可持续发展—树木生理与逆境胁迫国际论坛会议	Molecular physiology of poplars in response to nitrogen availability	2014.4.9
5	郁飞	2014年全国光合作用学术研讨会	拟南芥 MATE 家族转运蛋白 ABS3 调控植物细胞伸长	2014.4.16
6	康振生	2nd Interactional Wheat Stripe Rust Symposium	Barberry (<i>Berberis</i> spp.) plays an important role in natural infection of stripe rust on wheat in China	2014.4.27
7	江元清	第一届全国逆境生物学学术研讨会	Identification and characterization of stress responsive genes in canola (<i>Brassica napus</i> L.)	2014.5.10
8	郁飞	第一届全国植物逆境生物学学术研讨会	叶绿体发育相关基因的大规模鉴定及 VIR3 的功能研究	2014.5.19
9	孙广宇	十一届中韩菌物学学术研讨会	苹果炭疽病研究进展	2014.5.22
10	胡银岗	第四届提高小麦产量潜力国际研讨会	The effects of GAR dwarfing genes in wheat	2014.5.22
11	赵惠燕	全球气候变化与适应对策国际会议	Investigation and analysis about adaptation	2014.5.26
12	胡银岗	Breeding to Optimize Agriculture in a Changing World	The effects of GAR dwarfing genes in wheat	2014.5.26
13	许金荣	the Annual meeting of Mycological Society of America	FgKin1 kinase differentially regulates two beta-tubulins and localizes to the septal pore in <i>Fusarium graminearum</i> .	2014.6.8

序号	姓名	参会名称	报告题目	时间
14	陈坤明	与青海大学校际交流	ROS 途径相关基因家族的功能及其抗逆机制研究	2014.7.16
15	陈勤	2014 年中国马铃薯大会	彩色马铃薯产业与小康社会建设	2014.7.20
16	高敏	The 11th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics	Identification and Expression Analysis of the JAZ Genes in Grape	2014.7.27
17	王跃进	第 11 届世界葡萄遗传与育种大会	The functional analysis of disease genes from Chinese wild vitis species	2014.7.28
18	许金荣	中国植物病理学会第四届中美植物病理学学术研讨会	Functional analysis of the predicted secretome of the wheat scab fungus <i>Fusarium graminearum</i>	2014.7.29
19	顾彪	中国植物病理学会第四届中美植物病理学学术研讨会	致病疫霉菌系间 <i>RxLR</i> 基因群体特征分析及核心 <i>RxLR</i> 基因鉴定	2014.7.29
20	康振生	中国植病病理学会 2014 年学术年会	中国条锈病研究进展	2014.7.29
21	孙广宇	第十届国际菌物学大会	苹果轮纹病病原研究进展	2014.8.3
22	郭军	中国植物生理与植物分子生物学学会第十一次会员代表大会暨全国学术会	小麦 CBL-CIPK 和 SA 信号通路介导的抗条锈病机理研究	2014.8.5
23	江元清	中国植物生理与分子生物学学会年会	Identification and characterization of calcium-associated protein kinase genes in canola (<i>Brassica napus</i> L.)	2014.8.6
24	沈锡辉	中国微生物学会学术年会	假结核耶尔森氏菌鞭毛系统基因表达调控的新机制	2014.8.15
25	李建明	第 29 届国际园艺会议 (IHC2014)	Effect of NO ₃ ⁻ /NH ₄ ⁺ Ratio on Growth and Nitrogen Metabolism of Tomato Seedling under Sub-low Temperature	2014.8.18
26	李建明	中日韩三国设施会议	The research of horticultural crop's water consumption and its response to greenhouse environment	2014.8.18

2014年度报告

序号	姓名	参会名称	报告题目	时间
27	宋卫宁	第五届全国小麦基因组学及分子育种大会	Using Physical maps and survey sequences to decode the structure and composition of wheat chromosome arm 7DL	2014.8.21
28	冯佰利	第六届海峡两岸杂粮健康论坛	荞麦淀粉特性研究	2014.8.23
29	罗志斌	中国林学会第十一届林业青年学术年会	Physiological and transcriptomic responses of poplars to changes in nitrogen availability	2014.9.3
30	罗志斌	第十三届中国生态学大会	Morphological, physiological and transcriptomic mechanisms of <i>Populus simonii</i> in acclimation to nitrogen starvation and excess	2014.9.17
31	罗志斌	非损伤微测技术研讨会	非损伤微测技术在杨树吸收 $Cd^{2+}/NH_4^+/NO_3^-$ 研究中的应用	2014.9.25
32	王乔春	The 50th Anniversary Conference on Low Temperature Biology	Potential roles of cryotechniques in plant genetic transformation and pathogen eradication	2014.10.6
33	马锋旺	2014 年 Horticulture Research 国际会议	Melatonin mediates the regulation of ABA metabolism, free-radical scavenging, and stomatal behavior in two <i>Malus</i> species under drought stress	2014.10.14
34	徐 炎	南京农业大学举办的第一届国际园艺学研究 (International Horticulture Research) 学术研讨会	Transcriptional responses of Chinese wild <i>Vitis</i> species to <i>Plasmopara viticola</i> stress	2014.10.14
35	黄丽丽	第六届全国落叶果树病虫害防治技术交流会	苹果树腐烂病防控基础研究	2014.10.17
36	赵惠贤	全国农业生物化学与分子生物学第十三次学术研讨会	Genome-wide miRNAs identification and their expression profiles analysis in wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	2014.10.17
37	徐 炎	华中农业大学举办的第四届果树分子生物学与基因组学学术研讨会	Preliminary understanding the biology of interaction between <i>Plasmopara viticola</i> and Chinese wild <i>Vitis</i> species	2014.10.18
38	王跃进	中国园艺学会 2014 年学术年会	中国野生葡萄抗白粉病分子机理研究	2014.10.22
39	邹志荣	2014 年设施园艺年会	日光温室主动采光蓄热机理与应用技术	2014.11.3

附件 10: 调研指导与来访交流情况

序号	来访人员及团队	任务
1	科技部原部长徐冠华	调研指导
2	教育部副部长杜玉波	调研指导
3	农业部副部长余欣荣	调研指导
4	科技厅副厅长林黎明	调研指导
5	国务院发展研究中心徐小青部长	调研指导
6	复旦大学常务副校长陈晓漫	交流访问
7	扬州大学副校长黄建晔	交流访问
8	新疆农业大学副校长蒋平安	交流访问
9	宁夏大学国家重点实验室培育基地张维江教授	交流访问
10	南京农业大学贺子义高级实验师	交流访问
11	澳大利亚默多克大学 Shashi Sharma 教授一行	交流访问
12	康奈尔大学科研处处长 Ronnie coffman	交流访问
13	加拿大农业部禾谷类研究中心研究员 Douglas BROWN	交流访问
14	加拿大农业与农业食品部副部长吉勒斯·尚登	交流访问
15	韩国农村振兴厅课长金成日一行	参观考察
16	沈阳农业大学科研处处长岳喜庆	参观考察
17	吉林农大科研处科级处处长黄海	参观考察
18	新疆农牧科学院资源与环境研究所所长贡嘎	参观考察
19	河南农业大学生命学院院长吴建宇一行	参观考察
20	长江大学农学院副院长刘章勇	参观考察
21	陕西省委党校高校领导干部培训班学院一行 20 人	参观考察

序号	来访人员及团队	任务
22	十一届世界葡萄大会代表 30 余人	参观考察
23	台湾屏东科技大学、嘉义大学、台湾大学 30 名师生	参观考察
24	15 个省 67 所中学及地方教育部门的百余名代表	参观考察
25	咸阳中医学院基础医学院 2011 级生物技术专业 60 名本科生	参观考察
26	西农国际学院 20 名留学生	参观考察
27	西农农学专业 2013 级 30 名本科生	参观考察
28	西农植物保护学院植保专业本学生 30 人	参观考察

附件 11: 发表的 SCI 论文

序号	题 目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
1	Germination and infectivity of microconidia in the rice blast fungus <i>Magnaporthe oryzae</i> .	Nature Communications, 2014, 5:4518	许金荣	10.742
2	Potential roles of cryotechniques in plant genetic transformation and pathogen eradication	Biotechnology Advances	王乔春	9.599
3	Deciphering the rules by which dynamics of mRNA secondary structure affect translation efficiency in <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	Nucleic Acids Res 42(8), 4813-4822.	陶士珩	8.808
4	Melatonin regulates proteomic changes during leaf senescence in <i>Malushupehensis</i>	Journal of Pineal Research, 2014, 57:291-307	马锋旺	7.812
5	A bioluminescence resonance energy transfer (BRET) system for measuring dynamic protein-protein interactions in bacteria	mBio 2014, 20;5(3):e01050-14	沈锡辉	6.875
6	TaADF7, an actin-depolymerizing factor, contributes to wheat resistance against <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	Plant Journal, 2014, 78(1): 16-30	康振生	6.815
7	Stripe rsut resistant gene Yr10 encodes an evolutionary-conserved and unique CC-NBS-LRR sequence in wheat. <i>Molecular plant</i> ,	Molecular Plant, 2014, doi:10.1093/mp/ssu112.	康振生	6.605
8	Hydrogen peroxide acts upstream of nitric oxide in the heat shock pathway in <i>Arabidopsis</i> seedlings.	Plant Physiology, 2014, 164: 2184-2196	赵立群	6.555
9	Overexpression of bacterial γ -glutamylcysteine synthetase mediates changes in cadmium influx, allocation and detoxification in poplar	New Phytologist,online	罗志斌	6.5
10	FgKin1 kinase localizes to the septal pore and plays a role in hyphal growth, ascospore germination, pathogenesis, and localization of Tub1 beta-tubulins in <i>Fusarium graminearum</i>	New Phytologist, 2014, doi: 10.1111/nph.12953	许金荣	6.373
11	Characterization of Protein Kinase PsSRPKL, a Novel 1 Pathogenicity Factor in the Wheat Stripe Rust Fungus. DOI	Environmental Microbiology, DOI: 10.1111/1462-2920.12719	康振生	6.24
12	<i>FgSKN7</i> and <i>FgATF1</i> have overlapping functions in ascospore germination, pathogenesis and stress responses in <i>Fusarium graminearum</i> .	Environmental Microbiology, 2014, doi:10.1111/1462-2920.12561	许金荣	6.24
13	Exogenous abscisic acid alleviates zinc uptake and accumulation in <i>Populus × canescens</i> exposed to excess zinc	Plant Cell and Environment,	罗志斌	5.9
14	Ectomycorrhizas with <i>Paxillus involutus</i> enhance cadmium uptake and tolerance in <i>Populus × canescens</i>	Plant Cell and Environment/37: 627-642	罗志斌	5.9

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
15	Identification and functional analysis of mitogen-activated protein kinase kinase kinase (MAPKKK) genes in canola (<i>Brassica napus</i> L.).	J Exp Bot. 65(8): 2171-2188	江元清	5.83
16	Wheat TaNPSN SNARE homologues are involved in vesicle-mediated resistance to stripe rust (<i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>)	Journal of Experimental Botany, 2014, 65(17): 4807-4820	康振生	5.794
17	Evolution and expression analysis of WRKY gene family in grape.	J. Exp. Bot, 2014, Doi: 10.1093/jxb/eru007	王西平	5.794
18	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, Online	马锋旺	5.794
19	Monodehydroascorbate reductase gene, regulated by the wheat PN-2013 miRNA, contributes to adult wheat plant resistance to stripe rust through ROS metabolism.	BBA - Gene Regulatory Mechanisms, 2014, 1839(1):1-12	康振生	5.44
20	Molecular evolution and functional divergence of tubulin superfamily in the fungal tree of life	SCIENTIFIC REPORTS, 2014, 4 : 6746	许金荣	5.078
21	The Remodeling of seedling development in response to long-term magnesium toxicity and regulation by ABA-DELLA signaling in <i>Arabidopsis</i> .	<u>Plant and Cell Physiology</u> , 2014, 55(10): 1713-1726.	陈坤明	4.978
22	The target gene of tae-miR164, a novel NAC transcription factor from the NAM subfamily, negatively regulates resistance of wheat to stripe rust.	Molecular Plant Pathology, 2014, 15(3):284-96	康振生	4.485
23	Phenolic compounds and antioxidant activity in red-fleshed apples	Journal of Functional Foods, Online	马锋旺	4.48
24	The cAMP-PKA pathway regulates growth, sexual and asexual differentiation, and pathogenesis in <i>Fusarium graminearum</i> .	MPMI., 2014,27 (6): 557-566.	王晨芳	4.455
25	Large-scale transcriptome comparison reveals distinct gene activations in wheat responding to stripe rust and powdery mildew	BMC Genomics, 2014, 15:898.	吉万全	4.073
26	A novel TaMYB4 transcription factor involved in the defence response against <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> and abiotic stresses.	Plant Molecular Biology, 2014, 84(4-5):589-603	康振生	4.072
27	Identification, expression and interaction analyses of calcium-dependent protein kinase (CPK) genes in canola (<i>Brassica napus</i> L.).	BMC Genomics. 15:211	江元清	4.04
28	Identification and characterization of microRNAs in the flag leaf and developing seed of wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) . BMC Genomics, 2014, 15:289 15:28	BMC Genomics, 2014, 15:289 15:28	赵惠贤	4.04
29	Identification and characterization of CBL and CIPK gene families in canola (<i>Brassica napus</i> L.).	BMC Plant Biol, 14:8	江元清	3.94
30	Progress in TILLING as a Tool for Functional Genomics and Improvement of Crops	Journal of Integrative Plant Biology, 2014, 56(3):425-443	胡银岗	3.75

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
31	Exogenous GA3 Application Can Compensate the Morphogenetic Effects of the GA-Responsive Dwarfing Gene Rht12 in Bread Wheat	PLoS ONE, 2014, 9(1): e86431. doi:10.1371/journal.pone.0086431	胡银岗	3.73
32	Genome-wide analysis of the NADK gene family in plants.	PLoS ONE, 2014, 9(6): e101051	陈坤明	3.73
33	NrdH-redoxin enhances resistance to multiple oxidative stresses by acting as a peroxidase cofactor in <i>Corynebacterium glutamicum</i>	Appl. Environ. Microbiol. 2014,80(5):1750-62	沈锡辉	3.678
34	The Sch9 Kinase Regulates Conidium Size, Stress Responses, and Pathogenesis in <i>Fusarium graminearum</i>	PLoS ONE, 9(8): e105811.	许金荣	3.534
35	Identification of a Fungi-Specific Lineage of Protein Kinases Closely Related to Tyrosine Kinases	PLoS ONE. 2014, 9(2): e89813	刘慧泉	3.534
36	Direct and Indirect Impacts of Infestation of Tomato Plant by <i>Myzus persicae</i> (Hemiptera: Aphididae) on <i>Bemisia tabaci</i> (Hemiptera: Aleyrodidae).	PLoS ONE 9(4): e94310.	刘同先	3.534
37	Deciphering the mechanism of β -Aminobutyric acid-Induced Resistance in wheat to the grain aphid, <i>Sitobion avenae</i> .	PLoS ONE 9(3): e91768.	刘同先	3.534
38	Genetic basis and selection for life-history trait plasticity on alternative host plants for the cereal aphid <i>Sitobion avenae</i>	PLoS ONE / 9(9): e106179	刘德广	3.534
39	A novel fungal hyperparasite of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> , the causal agent of wheat stripe rust	PLoS ONE/ 9(11): e111484	康振生	3.534
40	A pathogenesis related protein, VpPR-10.1, from <i>Vitis pseudoreticulata</i> : An insight of its mode of antifungal activity	PLoS ONE. 2014, 9(4):e95102. doi:10.1371/journal.pone.0095102.	徐炎	3.534
41	The Photoprotective Role of Spermidine in Tomato Seedlings under Salinity Alkalinity Stress	PLOS ONE 9 (10): e110855 (2014)	邹志荣	3.534
42	The over-expression of two transcription factors, ABS5/bHLH30 and ABS7/MYB101, leads to upwardly curly leaves	PLoS One/9, e107637	郁飞	3.534
43	Evolution of the F-Box Gene Family in Euarchontoglires: Gene Number Variation and Selection Patterns.	PLoS ONE 9(4): e94899.	陶士珩	3.534
44	Training Set Selection for the Prediction of Essential Genes.	PLoS ONE 9(1): e86805.	陶士珩	3.534
45	Molecular and Morphological Analysis Reveals Five New Species of <i>Zygophiala</i> Associated with Flyspeck Signs on Plant Hosts from China	PLoS ONE 9(10): e110717	孙广宇	3.534
46	Comparative Genome Analysis of Wheat Blue Dwarf Phytoplasma, an Obligate Pathogen That Causes Wheat Blue Dwarf Disease in China	PLOS ONE,2014 , 9(5):e96436	吴云锋	3.534

2014年度报告

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
47	Whole genome wide expression profiles on germination of <i>Verticillium dahliae</i> microsclerotia	PLoS ONE, 9(6): e100046	胡小平	3.534
48	Characterization and molecular mapping of stripe rust resistance gene Yr61 in winter wheat cultivar Pindong 34.	Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127:2349-2358	康振生	3.507
49	Engineering an enhanced, thermostable, monomeric bacterial luciferase gene as a reporter in plant protoplasts	Plos One	沈锡辉	3.5
50	Reactive oxygen species produced via plasma membrane NADPH oxidase regulate anthocyanin synthesis in apple peel.	Planta, 2014, 240: 1023-1035.	李鹏民	3.376
51	Anatomical, physiological and transcriptional responses of two contrasting poplar genotypes to drought and re-watering	Physiologia Plantarum 151: 480-494	罗志斌	3.3
52	Transcriptome profiling to identify genes involved in pathogenicity of <i>Valsa mali</i> on apple tree	Fungal Genetics and Biology, 2014, 68:31-38	黄丽丽	3.262
53	Dopamine alleviates salt-induced stress in <i>Malushupehensis</i>	PhysiologiaPlantarum, Online	马锋旺	3.262
54	Photoprotection mechanism in the 'Fuji' apple peel at different levels of 'photooxidative sunburn'.	Physiologia Plantarum, 2014, DOI: 10.1111/ppl.12272	李鹏民	3.262
55	Anthocyanin contributes more to hydrogen peroxide scavenging than other phenolics in apple peel	Food Chemistry, 2014, 152, 205-209.	李鹏民	3.259
56	Histological responses to downy mildew in resistant and susceptible grapevines	<i>Protoplasma</i> . 2014, DOI: 10.1007/s00709-014-0677-1	徐炎	3.171
57	Three vitrification-based cryopreservation procedures cause different cryo-injuries to potato shoot tips while all maintain genetic integrity in regenerants	Journal of Biotechnology	王乔春	3.005
58	The role of ectomycorrhizas in heavy metal stress tolerance of host plants	Environmental and Experimental Botany/108: 47-62	罗志斌	3
59	Different non-host resistance responses of two rice subspecies, japonica and indica, to <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> .	Plant Cell Reports, 2014, 33(3): 423-433	康振生	2.936
60	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 (Online)	单卫星	2.9
61	Photosynthetic performance during leaf expansion in <i>Malus micromalus</i> probed by chlorophyll a fluorescence and modulated 820 nm reflection.	Journal of Photochemistry & Photobiology, B: Biology, 2014, 137, 144-150	李鹏民	2.803

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
62	<i>Solirubrobacter phytolaccae</i> sp. nov., a novel endophytic bacterium isolated from the root of <i>Phytolacca acinosa</i> Roxb.	Int J Syst Evol Microbiol. 2014, 64(3):858-62.	张磊	2.798
63	<i>Asticcacaulis endophyticus</i> sp. nov., a prosthecate bacterium isolated from the root of <i>Geum aleppicum</i>	Int J Syst Evol Microbiol. 2014. doi: 10.1099/ijs.0.066605-0. [Epub ahead of print]	张磊	2.798
64	<i>Rhizobacter bergeniae</i> sp. nov., isolated from the root of <i>Bergenia scopulosa</i>	Int J Syst Evol Microbiol. Accepted	张磊	2.798
65	Threshold Microsclerotial Inoculum for Cotton Verticillium Wilt Determined through Wet-sieving and Real-time Quantitative PCR	Phytopathology, doi.org/10.1094	胡小平	2.746
66	Construction and characterization of a bacterial artificial chromosome library for the hexaploid wheat line 92R137.	BioMed research international, 2014, 2014: 845806-845806	康振生	2.706
67	Geographical variations in life histories of <i>Plutella xylostella</i> in China.	Journal of Pest Science DOI: 10.1007/s10340-014-0608-0	刘同先	2.664
68	A grape VvMBF1 gene improves drought stress tolerance in transgenic <i>Arabidopsis thaliana</i> .	Plant Cell, Tissue & Organ Culture, 2014, ,118 (3): 571-582	王西平	2.612
69	Embryo Rescue Technique and its Applications for Seedless Breeding in Grape	Plant Cell, Tissue & Organ Culture	王西平	2.612
70	Overexpression of MpGR-RBP1, a glycine-rich RNA-binding protein gene from <i>Malus prunifolia</i> (Willd.) Borkh., confers salt stress tolerance and protects against oxidative stress in <i>Arabidopsis</i>	Plant Cell, Tissue and Organ Culture, Online	马锋旺	2.612
71	A circulatory system useful both for long-term somatic embryogenesis and genetic transformation in <i>Vitis vinifera</i> L. cv. Thompson Seedless	PLANT CELL TISSUE AND ORGAN CULTURE. 2014, 118 (1) : 157-168	王跃进	2.612
72	Grain iron and zinc concentrations of wheat and their relationships to yield in major wheat production areas in China	Field Crops Research 156 (2014) : 151-160	王朝辉	2.608
73	Genetic effect of dwarfing gene Rht13 compared with Rht-D1b on plant height and some agronomic traits in common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	Field crops research, 2014, 162(2014):39-47	胡银岗	2.474
74	Genetic effects of dwarfing gene Rht-5 on agronomic traits in common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) and QTL analysis on its linked traits	Field Crops Research, 156 (2014): 22-29	胡银岗	2.474
75	Genome-wide Identification and Analysis of the TIFY Gene Family in Apple (<i>Malus × domestica</i> Borkh.).	Tree Genetics & Genomes, 2014, DOI: 10.1007/s11295-014-0808-z	王西平	2.435
76	Neighbor preferences of amino acids and context-dependent effects of amino acid substitutions in human, mouse, and dog.	Int. J. Mol	陶士珩	2.399
77	Evolutionary and Expression Analyses of the Grape (<i>Vitis vinifera</i> L.) Basic Leucine Zipper Transcription Factor Family.	Plant Mol Biol Rep 2014, 32: 1085-1102	王西平	2.374

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
78	Comparative analysis of codon usage patterns in chloroplast genomes of the Asteraceae family	Plant Molecular Biology Reporter, 2014, 32,828-840	宋卫宁	2.374
79	Computational identification and comparative analysis of wheat miRNAs in group 7 chromosomes	Plant molecular biology Reporter, 2014, 32, 487-500	宋卫宁	2.374
80	MicroRNAs involving in cold, wounding and salt stresses in <i>Triticum aestivum</i> L.	Plant Physiology and Biochemistry, 2014, 80: 90-96	康振生	2.352
81	TaMDHAR4, a monodehydroascorbate reductase gene participates in the interactions between wheat and <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> .	Plant Physiology and Biochemistry, 2014, 76: 7-16	康振生	2.352
82	Genome-wide identification and expression profiling of the cystatin gene family in apple (<i>Malus domestica</i> Borkh.)	Plant Physiology and Biochemistry, 2014, 79:88-97	马锋旺	2.352
83	Leaf micromorphology and sugar may contribute to differences in drought tolerance for two apple cultivars	Plant Physiology and Biochemistry, 2014, 80:249-258	马锋旺	2.352
84	The comparative analysis of the potential relationship between resveratrol and stilbene synthase gene family in the development stages of grapes (<i>Vitis quinquangularis</i> and <i>Vitis vinifera</i>)	PLANT PHYSIOLOGY AND BIOCHEMISTRY, 2014, 74: 24-32	王跃进	2.352
85	Genome-Wide Identification, Evolution and Expression Analysis of the Grape (<i>Vitis vinifera</i> L.) Zinc Finger-Homeodomain Gene Family.	Int. J. Mol. Sci. 2014, 15, 5730-5748	王西平	2.339
86	The Wheat E Subunit of V-Type H ⁺ -ATPase Is Involved in the Plant Response to Osmotic Stress	International Journal of Molecular Sciences. 2014, 15, 16196-16210	闵东红	2.339
87	Molecular Characteristics and Biochemical Functions of VpPR10s from <i>Vitis pseudoreticulata</i> Associated with Biotic and Abiotic Stresses	International Journal of Molecular Sciences, 2014, 15, 19162-19182	徐炎	2.339
88	Butterfly catastrophe model for wheat aphid population dynamics: Construction, analysis and application	Ecological Modelling, volume 288, issue , year 2014, pp. 55 – 61	赵慧燕	2.326
89	Effects of winter wheat cultivars on the life history traits and olfactory response of <i>Aphidius gifuensis</i> .	BioControl DOI 10.1007/s10526-014-9594-7	刘同先	2.253
90	Actin dynamic polymerization is required for the expression of nonhost resistance in pepper against <i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>tritici</i>	Physiological and Molecular Plant Pathology 86 (2014) 64-72	马青	2.195
91	Genome-wide identification of members in the YTH domain-containing RNA-binding protein family in apple and expression analysis of their responsiveness to senescence and abiotic stresses	Gene, 2014, 538(2): 292-305	马锋旺	2.082
92	Genome-wide identification and expression profiling of the SnRK2 gene family in <i>Malus prunifolia</i>	Gene, 2014, 552(1) :87-97	马锋旺	2.082

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
93	<i>Solirubrobacter taibaiensis</i> sp. nov., isolated from a stem of <i>Phytolacca acinosa</i> Roxb	Antonie Van Leeuwenhoek. 2014,106(2):279-85	沈锡辉	2.072
94	<i>Pseudoxanthomonas gei</i> sp. nov., a novel endophytic bacterium isolated from the stem of <i>Geum aleppicum</i> .	Antonie Van Leeuwenhoek. 2014,105(4):653-61.	沈锡辉	2.072
95	<i>Rhizobium smilacinae</i> sp. nov., an endophytic bacterium isolated from the leaf of <i>Smilacina japonica</i> .	Antonie Van Leeuwenhoek. 2014,106(4):715-23	王瑶	2.072
96	Large scale identification of microsatellites for a major invasive weed, <i>Ageratina adenophora</i> using the Illumina sequencing technology	Weed research, 2014, 54, 134-139.	宋卫宁	2.015
97	Cloning and expression of two 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase genes during fruit development and under stress conditions from <i>Malus</i>	Molecular Biology Reports, 2014, 41:6795-6802	马锋旺	1.958
98	The gene family of dehydration responsive element-binding transcription factors in grape (<i>Vitisvinifera</i>): genome-wide identification and analysis, expression profiles, and involvement in abiotic stress resistance	Molecular Biology Reports, 2014, 41(3):1577-1590	马锋旺	1.958
99	Suitability of three aphid species for <i>Aphidius gifuensis</i> (Hymenoptera: Braconidae): Parasitoid performance varies with hosts of origin.	Biological Control 69: 90-96.	刘同先	1.873
100	Inhibitory efficacy of endophytic <i>Bacillus subtilis</i> EDR4 against <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> on rapeseed	Biological Control,2014, 78:67-76	黄丽丽	1.873
101	Cryopreservation for eradication of Jujube witches' broom phytoplasma from Chinese jujube (<i>Ziziphus jujuba</i>)	Annals of Applied Biology	王乔春	1.789
102	Enhancing <i>Corynebacterium glutamicum</i> robustness by over-expressing a gene, <i>mshA</i> , for mycothiol glycosyltransferase	Biotechnology Letters 2014, 36:1453-1459	沈锡辉	1.736
103	An efficient, widely applicable cryopreservation of <i>Lilium</i> shoot tips by droplet vitrification	Acta Physiol Plant	王乔春	1.725
104	Does a multi-plant diet benefit a polyphagous herbivore? A case study with <i>Bemisia tabaci</i> .	Entomologia Experimentalis et Applicata 152:148-156.	刘同先	1.711
105	Aphid-induced plant volatiles affect the attractiveness of tomato plants to <i>Bemisia tabaci</i> (Hemiptera: Aleyrodidae) and associated natural enemies.	Entomologia Experimentalis et Applicata 108(3): 133-148.	刘同先	1.711
106	Secondary spread of <i>Zygophiala wisconsinensis</i> on the surface of apple fruit.	European Journal of Plant Pathology 139:117-124,	孙广宇	1.71
107	Geographical variation of <i>Plutella xylostella</i> (Lepidoptera: Plutellidae) populations revealed by mitochondrial COI gene in China.	Journal of Applied Entomology. DOI: 10.1111/jen.12130	刘同先	1.701
108	Molecular mapping of a stripe rust resistance gene in wheat cultivar Wuhan 2.	Euphytica, 2014, 196(2): 251-259	康振生	1.692

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
109	Stripe rust resistance and genes in Chinese wheat cultivars and breeding lines.	Euphytica, 2014, 196(2): 271-284	康振生	1.692
110	Development and discrimination of twelve double ditelosomics in tetraploid wheat DR147	Genome, 2014,57: 89-95	吉万全	1.668
111	Delimiting cryptic pathogen species causing apple Valsa canker with multilocus data	Ecology and Evolution, 2014,4: 1369-1380	黄丽丽	1.658
112	Comparative analysis of Stowaway-like MITEs in wheat group 7 chromosomes: abundance, composition and evolution	Journal of Systematics and Evolution, 2014, 9999 (9999): 1-7.	宋卫宁	1.648
113	Candidate Genes Expressed in Tolerant Common Wheat With Resistant to English Grain Aphid	Journal of Economic Entomology, 107(5):1977-1984. 2014.	赵慧燕	1.605
114	Genetic effect of locus B2 inhibiting awning in double-ditelosomic 6B of Triticum durum DR147.	Genet Resour Crop Ev,2014,DOI 10.1007/s10722-014-0167-5	吉万全	1.554
115	Exposing eggs to high temperatures affects the development, survival and reproduction of Harmonia axyridis.	Journal of Thermal Biology 39:40-44.	刘同先	1.544
116	Shoot recovery and genetic integrity of Chrysanthemum morifolium shoot tips following cryopreservation by droplet-vitrification	Scientia Horti	王乔春	1.526
117	Evaluation of five antibiotics on larval gut bacterial diversity of Plutella xylostella (Lepidoptera: Plutellidae).	Insect Science doi: 10.1111/1744-7917.12168.	刘同先	1.514
118	Oviposition preference, larval performance and adaptation of Trichoplusia ni on cabbage and cotton.	Insect Science doi: 10.1111/1744-7917.12104.	刘同先	1.514
119	Bacteria abundance and diversity of different life stages of Plutella xylostella (Lepidoptera: Plutellidae), revealed by bacteria culture-dependent and PCR-DGGE methods.	Insect Science. DOI: 10.1111/1744-7917.12079	刘同先	1.514
120	Salicylate and salicylate induced defenses in wheat affect host preference and probing behavior but not performance of the grain aphid, Sitobion avenae.	Insect Science 21(1): 47-55.	刘同先	1.514
121	Comparison of the potential rate of population increase of brown and green color morphs of Sitobion avenae (Homoptera: Aphididae) on barley infected and uninfected with Barley yellow dwarf virus	Insect Science, Volume 21, Issue 3, pages 326-333, June 2014	赵慧燕	1.514
122	Fitness traits and underlying genetic variation related to host plant specialization in the aphid Sitobion avenae	Insect Science / 21 (3) : 352-362	刘德广	1.514
123	Isolation and Characterization of MdATG18a, a WD40-Repeat AuTophagy-related Gene Responsive to Leaf Senescence and Abiotic Stress in Malus	ScientiaHorticulturae, 2014, 165: 51-61	马锋旺	1.504

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
124	The effects of bagging and debagging on external fruit quality, metabolites, and the expression of anthocyanin biosynthetic genes in 'Jonagold' apple (<i>Malus domestica</i> Borkh.)	Scientia Horticulturae, 2014, 165: 123-131	马锋旺	1.504
125	Comparison of expression pattern, genomic structure, and promoter analysis of the gene encoding GDP-l-galactosephosphorylase from two Actinidia species	Scientia Horticulturae, 2014, 169 :206–213	马锋旺	1.504
126	Development and reproductive potential of diamondback moth (Lepidoptera: Plutellidae) on selected wild crucifer species.	Environmental Entomology 43(1): 69-74	刘同先	1.424
127	Agrobacterium tumefaciens-Mediated Transformation of the Causative Agent of Valsa canker of Apple Tree <i>Valsa mali</i> var. <i>mali</i>	Current Microbiology, 2014,68: 769-776	黄丽丽	1.359
128	Identification of AFLP and SSR markers linked with the male fertility restorer gene of CMS 06J45 in heading Chinese cabbage (<i>Brassica rapa</i> L. ssp. <i>pekinensis</i>)	Plant Breeding. doi:10.1111/pbr.12200	张鲁刚	1.338
129	Assessment of amylose and amylopectin variability in barely germplasm	Pakistan Journal of Botany (Accepted)	宋卫宁	1.207
130	Differential expression of resistance to powdery mildew at the early stage of development in wheat line N0308.	Genet Mol Res, 2014, 13 (2): 4289-4301	吉万全	1.184
131	Enhancement of in vitro shoot regeneration from leaf explants of apple rootstock G.41	In Vitro Cellular & Developmental Biology—Plant (2014) 50(2):263–270	马锋旺	1.162
132	Shoot regeneration and cryopreservation of shoot tips of apple (<i>Malus</i>) by encapsulation–dehydration	In Vitro Cell Develop Bio-Plant	王乔春	1.15
133	Assessment of reference genes for quantitative real-time PCR gene expression normalization in periwinkle during Wheat Blue Dwarf phytoplasma infection	Australasian Plant Pathol.2014, 43:477–485	吴云锋	1.041
134	Proteomic Analysis of the Defense Response of Wheat to the Powdery Mildew Fungus, <i>Blumeriagraminis</i> f. sp. <i>tritici</i>	Protein J, DOI 10.1007/s10930-014-9583-9(2014.09.17online)	吉万全	1.038
135	Identification of the phytoplasma associated with peach yellows disease in northwest China	Can. J. Plant Pathol., 2014 http://dx.doi.org/10.1080/07060661.2014.920920	吴云锋	0.991
136	Effects of zinc on CarE activities and its gene transcript level in the English grain aphid, <i>Sitobion avenae</i> .	Journal of Insect Science 14(67).	赵慧燕	0.921
137	Detection and Molecular Variability of Turnip mosaic virus (TuMV) in Shaanxi, China	Journal of Phytopathology,2014, doi: 10.1111/jph.12207	吴云锋	0.921
138	Rapid Detection of Turnip mosaic virus by Reverse Transcription Loop-Mediated Isothermal Amplification	Journal of Phytopathology,2014, doi: 10.1111/jph.12227	吴云锋	0.921
139	Identification of a Conserved Core Genome with Group-Specific Genes from Comparative Genomics of Ten Different Candidatus Phytoplasma Strains	Journal of Phytopathology,2014, doi: 10.1111/jph.12239	吴云锋	0.921

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
140	The performance of <i>Oomyzus sokolowskii</i> (Hymenoptera: Eulophidae) parasitizing <i>Plutella xylostella</i> (Lepidoptera: Plutellidae) on different host plants.	Applied Entomology and Zoology 49(1): 67-75.	刘同先	0.877
141	Influence of selected host plants on biology of castor whitefly, <i>Trialeurodes ricini</i> (Hemiptera, Aleyrodidae).	Journal of Asia-Pacific Entomology 17(4): 745-751	刘同先	0.875
142	Effects of exogenous 5-aminolevulinic acid on PIP1 and NIP aquaporin gene expression in seedlings of cucumber cultivars subjected to salinity stress	Genetics and Molecular Research 13 (2): 2563-2573 (2014)	邹志荣	0.85
143	Evaluation of genetic diversity in Chinese kale (<i>Brassica oleracea</i> L. var. <i>alboglabra</i> Bailey) by using rapid amplified polymorphic DNA and sequence-related amplified polymorphism markers	Genet. Mol. Res. 13 (2): 3567-3576 (2014)	张鲁刚	0.85
144	Molecular cloning and expression of the male sterility-related CtYABBY1 gene in flowering Chinese cabbage (<i>Brassica campestris</i> L. ssp. <i>chinensis</i> var. <i>parachinensis</i>)	Genet. Mol. Res. 13 (2): 4336-4347 (2014)	张鲁刚	0.85
145	Effects of static electric fields on growth and development of wheat aphid <i>Sitobion avenae</i> (Hemiptera: Aphididae) through multiple generations	Electromagn Biol Med, DOI: 10.3109/15368378.2014.954288	赵慧燕	0.7769
146	Evaluations of tobacco cultivar varieties resistance to Tobacco mosaic virus and Potato virus Y	Plant Pathology Journal, 2014, 13(1): (1), 37-43	吴云锋	0.755
147	Acceptance and suitability of four plant substrates for rearing <i>Orius sauteri</i> (Hemiptera: Anthocoridae).	BioControl Science & Technology 24(1): 291-302.	刘同先	0.731
148	Biological control of oilseed rape <i>Sclerotinia</i> stem rot by <i>Bacillus subtilis</i> strain Em7	Biocontrol science and technology, 2014, 24:39-52	黄丽丽	0.731
149	Molecular variability of Apple chlorotic leaf spot virus in Shaanxi, China	Phytoparasitica, 2014, 42:445-454	吴云锋	0.675
150	Summer fallow soil management – impact on rainfed winter wheat.	Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science pages. 2014, 65(5): 398-407	王朝辉	0.65
151	A New Disease of Cherry Plum Tree with Yellow Leaf Symptoms Associated a Novel Phytoplasma in the Aster Yellows Group	Journal of Integrative Agriculture 2014, 2014, 13(8): 1707-1718	吴云锋	0.625
152	Molecular Mapping of a Stripe Rust Resistance Gene YrH9020a Transferred from <i>Psathyrostachys huashanica</i> Keng on Wheat Chromosome 6D	Journal of Integrative Agriculture, 2014, 13 (12) : 60345-60347	王保通	0.625
153	Differences in the Efficiency of Potassium (K) Uptake and Use in Five Apple Rootstock Genotypes	Journal of Integrative Agriculture, 2014, 13(9): 1934-1942	邹养军	0.625
154	Effects of progressive drought on photosynthesis and partitioning of absorbed light in apple trees	Journal of Integrative Agriculture, Online	马锋旺	0.625
155	G Protein β Subunit AGB1 Positively Regulates Salt Stress Tolerance in <i>Arabidopsis</i>	Journal of Integrative Agriculture, 2014 Online	闵东红	0.625

序号	题目	刊物名称/卷期页码	通讯作者	IF
156	Comparison of two miRNA quantification methods for assaying expression profiles of miRNAs in wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.).	Journal of Integrative Agriculture, 2014, 13(4): 733-740	赵惠贤	0.625
157	Isolation and Characterization of the Complete Genome of Barley Yellow Dwarf Virus-GAV from Wheat in Northwestern China	Cereal Research Communications DOI: 10.1556/CRC.2014.0006	吴云锋	0.624
158	Ramichloridium apiculatum, a new record for China, causing sooty blotch and flyspeck.	Mycotaxon, 127: 121-127	孙广宇	0.6
159	Isolation and Molecular Characterization of Two Novel HMW-GS Genes from Chinese Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) Landrace Banjiemang	genes and genomics	李学军	0.6
160	Using agronomic biofortification to boost zinc, selenium, and iodine concentrations of food crops grown on the loess plateau in China	Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2014, 14 (2), 459-470	王朝辉	0.582
161	RNA-Seq Analysis of the Transcriptome of <i>Vitis Pseudoreticulata</i> in Response to Powdery Mildew Infection	Horticulture Research, 2014, doi:10.1038/hortres.2014.49	徐炎	-
162	Starch physicochemical properties of waxy proso millet (<i>Panicum Miliaceum</i> L.)	Starch/Stärke 2014, 66, 1-8	冯佰利	-
163	Inheritance and mapping of the white flower gene in <i>Brassica napus</i> L.	New Zealand Journal of Crop And Horticultural Science	徐爱遐	-
164	Draft genome sequence of <i>Nafulsella turpanensis</i> ZLM-10T, a novel member of the family <i>Flammeovirgaceae</i>	Genome Announc. 2014,2(2)	沈锡辉	-
165	Catastrophic behavior of aphid population dynamics: An analysis of swallowtail model,	Computational Ecology and Software, 2014, 4(3): 135-146	赵慧燕	-
166	A MODEL TO ANALYZE WEATHER IMPACT ON APHID POPULATION DYNAMICS: AN APPLICATION ON SWALLOWTAIL CATASTROPHE MODEL,	European Scientific Journal June 2014 edition vol.10, No.18 ISSN: 1857 – 7881 (Print) e - ISSN 1857- 7431	赵慧燕	-
167	Occurrence of ‘Candidatus Phytoplasma ziziphi’ in apple trees in China	Forestry Pathology. 2014, doi: 10.1111/efp.12126	吴云锋	-
168	RAPID DETECTION OF APPLE STEM GROOVING VIRUS BY REVERSE TRANSCRIPTION LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION	Virological Methods, 2014, 169: 211-214	吴云锋	-
169	Functional identification of ELO-like genes involved in very long chain fatty acid synthesis in <i>Arabidopsis thaliana</i>	Russian Journal of Plant Physiology, Doi 10.1134/S1021443714060193	赵惠贤	