



# 2013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

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

## ANNUAL REPORT in 2013

2013.12

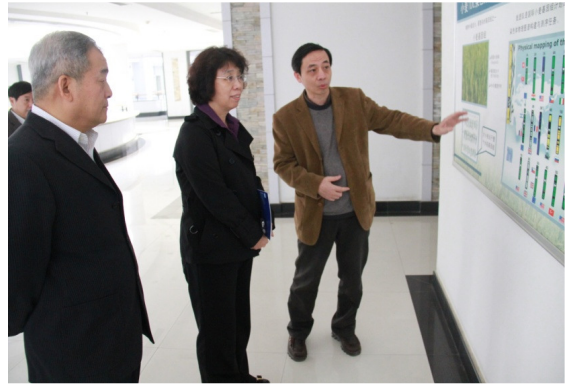
**旱区作物逆境生物学国家重点实验室**

**2013年报**

二〇一三年十二月



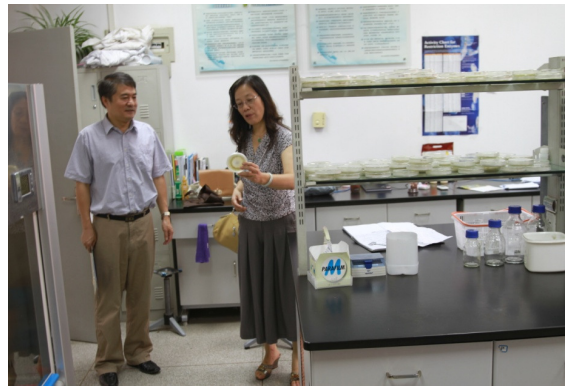
全国人大常委会副委员长张宝文来实验室调研



科技部副部长陈小娅来实验室调研



科技部副部长王伟中来实验室调研



中国农科院植保所吴孔明院士来实验室访问交流



华南农业大学罗锡文院士来实验室访问交流



澳大利亚阿德莱德大学 Robert Saint 教授  
来实验室访问交流





第一届学术委员会第三次会议



第三届植物-生物互作国际会议



中欧澳作物非生物逆境抗性表型鉴定国际研讨会



# CONTENTS 目 录

一、实验室概况.....	1
(一) 简介.....	1
(二) 研究方向 .....	1
(三) 学术委员会与领导班子 .....	2
(四) 固定研究人员 .....	3
(五) 技术人员 .....	4
二、工作总结.....	5
(一) 科研工作 .....	5
(二) 人才队伍建设 .....	5
(三) 开放交流 .....	6
(四) 平台建设 .....	9
(五) 运行管理 .....	9
(六) 验收工作 .....	10
(七) 2013 年学术委员会 .....	11
三、研究成果与贡献 .....	16
(一) 科技奖励 .....	16
(二) 代表性论文 .....	25
(三) 审定农作物品种 .....	32
四、 实验室大事记 .....	39



## 一、实验室概况

### (一) 简介

旱区作物逆境生物学国家重点实验室(英文简称 CSBAA, 网址: <http://csbaa.nwsuaf.edu.cn>), 于 2011 年 10 月经科技部批准建设, 2013 年 11 月通过验收并正式运行, 依托单位为西北农林科技大学。教育部"长江学者"特聘教授康振生任实验室主任, 中国工程院院士山仑研究员任学术委员会主任。

实验室针对我国旱区作物抗逆这一重大科学问题, 突出"旱区逆境"这一区域特色, 从旱区特有资源入手, 发掘作物抗逆种质与基因资源; 利用现代生物学技术, 深入研究作物非生物胁迫的应答机理以及作物与病虫互作机理; 通过作物抗逆种质创新与品种设计, 培育抗逆广适、高产优质的作物新品种, 为旱区农业生产的高效可持续发展提供理论基础和技术支撑。

### (二) 研究方向

实验室主要从事干旱半干旱地区作物与非生物逆境、生物逆境因子的互作机理研究, 重点开展植物重大病虫害致病机理与防治策略、干旱低温盐碱等胁迫条件下植物信号转导与调控网络、高效抗逆基因资源发掘与高产抗逆品种选育等。主要包括以下四个研究方向:

#### 1、作物抗逆种质和基因资源发掘

以旱区粮油、果树、蔬菜等作物及其近缘植物种质资源为对象, 围绕抗旱、抗寒、抗病虫、耐盐碱及优质高产等性状, 进行种质资源的收集、整理和综合评价; 建立作物种质资源抗逆鉴定与评价的技术体系; 鉴定出在作物抗逆和高产优质的遗传改良中具有重要利用价值的种质资源。分析揭示作物抗旱、抗寒、抗病虫、耐盐碱以及高产优质等重要性状的遗传规律, 为作物逆境生物学研究和抗逆种质创新及新品种培育奠定基础。

#### 2、作物非生物胁迫应答机理

以旱区作物面临的干旱、盐碱、极端低温和高温等非生物逆境为主攻方向, 以抗性和敏感作物(小麦、玉米、果树、蔬菜等)种质为材料, 从形态结构、生理生化、



细胞生物学、遗传与表观遗传、分子生物学等方面对作物适应与抵御非生物逆境的机制进行深入系统研究，揭示非生物逆境对作物致害的机理，阐明作物感受、抵御与耐受逆境的信号转导通路和基因调控网络，探索提高作物非生物逆境抗性的策略和技术，为作物非生物逆境抗性种质创新、品种选育与作物栽培方式改进提供理论基础。

### 3、作物与有害生物的互作机理

针对旱区作物生产中存在的重大病虫害危害问题，以粮食、果树、蔬菜作物主要病虫害——小麦条锈病、小麦赤霉病、小麦病毒病、小麦吸浆虫、小麦蚜虫、苹果腐烂病、卵菌病害等——为主攻对象，从分子、细胞、个体和群体生物学水平研究其发生规律、病虫害与作物的互作关系，以揭示作物病虫害致害的机理、作物抗病虫性的机制、病虫害与作物互作的遗传基础以及环境因素对病虫害种群的调控作用，为抗病虫品种选育、旱区主要作物重大病虫害防控策略的制定及病虫害综合治理体系的构建提供科学依据与关键技术。

### 4、作物抗逆种质创新与品种设计

围绕抗旱、抗寒、抗病虫、耐盐碱等重要性状，探索创制小麦、玉米、油菜、小杂粮、苹果、葡萄、蔬菜等作物抗逆种质和新品种设计的新理论与新方法，综合运用细胞工程、染色体工程、基因工程、分子标记辅助选择等现代生物技术，创制抗逆新种质，与常规育种技术结合，培育适宜大面积生产应用的高产优质、抗逆广适的新品种，服务旱区农业生产。

## （三）学术委员会与领导班子

领导班子				
主任	康振生 教授			
副主任	吉万全 教授			
副主任	张朝阳			
学术委员会				
主任	山 仑	作物抗旱生理	院士	中国科学院水土保持研究所
副主任	刘 旭	作物种质资源	院士	中国农业科学院
	武维华	植物抗逆机理	院士	中国农业大学

委员	魏江春	微生物学	院士	中国科学院微生物所
	郭予元	植物保护	院士	中国农业科学院
	程顺和	作物育种	院士	江苏里下河农科院
	方荣祥	植物病毒学	院士	中科院微生物所
	邓秀新	果树学	院士	华中农业大学
	彭友良	植物病理学	教授	中国农业大学
	巩志忠	植物抗逆生物学	教授	中国农业大学
	许金荣	植物病理学	教授	西北农林科技大学
	李毅	植物病理学	教授	北京大学
	康振生	植物病理学	教授	西北农林科技大学
	王跃进	果树学	教授	西北农林科技大学
	张改生	遗传育种	教授	西北农林科技大学
	胡银岗	作物遗传育种	教授	西北农林科技大学

#### (四) 固定研究人员

实验室现有固定研究人员 63 人，其中教授 49 人、副教授 11 人、讲师 3 人。研究队伍包括国家“千人计划”2 人、教育部“长江学者”特聘教授 1 人、“长江学者”讲座教授 2 人、国家杰出青年基金获得者 4 人、国家“973”项目首席科学家 1 人、国家“百篇优秀博士学位论文”获得者 4 人、国家级有突出贡献专家 1 人、国家“百千万人才工程”入选者 2 人、教育部“跨世纪优秀人才计划”入选者 1 人、教育部“新世纪优秀人才支持计划”入选者 15 人、教育部“高校青年教师奖”入选者 1 人、教育部“高等学校优秀青年教师资助计划”入选者 1 人、教育部“高等学校教学名师奖”获得者 1 人、陕西省百人计划入选者 3 人、陕西省“三秦学者”特聘教授 1 人、陕西省“科技创新人才”称号 1 人、陕西省“青年科技新星”称号 3 人。

教授						
宋卫宁	陈勤	冯佰利	李鹏民	唐明	王乔春	王跃进
徐爱遐	邹志荣	郁飞	陈坤明	胡银岗	江元清	李竞
罗志斌	沈锡辉	陶士珩	王晓峰	王朝辉	王中华	韦革宏
张林生	赵惠贤	赵天永	康振生	胡小平	黄丽丽	刘德广
刘同先	马青	单卫星	孙广宇	王保通	吴云峰	仵均祥
许金荣	赵惠燕	马锋旺	董振生	胡胜武	吉万全	王成社
王西平	奚亚军	薛吉全	张改生	张鲁刚	赵政阳	闽东红
副教授						
韩德俊	徐炎	范三红	郭军	刘杰	王晓杰	张世泽
	赵杰	李学军	李海峰	文颖强		
讲师						
	梁东	张宏昌	张宏			

### (五) 技术人员

现有技术人员 8 人，其中高级实验师 2 名，实验师 4 名，助理实验师 2 名。主要负责各专业平台相关仪器设备的操作、开发和维护工作。

高级实验师 张宏利 黄雪玲

实验师 张国云 简利茹 裴国亮 周晓娜

助理实验师 姚娟妮 张雯婷



## 二、工作总结

### (一) 科研工作

#### 1、科研项目

2013年新承担国家和省部级重点科研任务33项,在研项目合同经费总额19120万元,到位科研经费5260万元。其中主持“973”项目1项、课题1项,国家自然科学基金重点项目1项、面上项目15项、青年基金项目5项、国际(地区)合作与交流项目1项、农业部转基因专项课题2项、公益性行业(农业)专项子课题6项,陕西省科技统筹创新工程1项。

#### 2、科研成果

科技论文发表:2013年,实验室固定研究人员在 *Science* (IF=31.027,第5作者), *Nature Communications* (IF=10.015), PNAS (IF=9.737,第4作者), *Plant cell* (IF=9.251,第3作者), *Journal of Pineal Research* (IF=7.304), *New Phytologist* (IF=6.737) 和 *Plant Physiology* (IF=6.535) 等期刊发表研究论文203篇(署名),其中SCI收录142篇,影响因子5以上12篇。

科技奖励:黄丽丽教授主持的“苹果树腐烂病等重大病害的防治基础和应用研究”、唐明教授主持的“菌根真菌对黄土高原植被恢复和生态系统重建的作用机制”2项研究成果获陕西省科学技术一等奖;王成社研究员主持的“小麦新品种陕农78的选育”、仵均祥教授主持的“梨小食心虫发生规律和防控技术研究与应用”2项成果获陕西省科学技术二等奖。

审定品种:审定新品种9个,其中小麦2个(省审品种西农165、西农529),玉米1个(省审品种陕单616),油菜1个(省审品种陕油19),苹果新品种3个(省审品种美味、黄冠、皮诺娃),甘蓝新品种2个(省审品种秦甘1265、秦甘1268)。

### (二) 人才队伍建设

#### 1、研究队伍

根据国家重点实验室“开放、流动、联合、竞争”的原则和实验室建设发展的需要

探索了研究人员的准入和退出机制，对实验室固定研究人员队伍进行了优化和调整。目前实验室有固定研究人员 63 人，其中教授 49 人、副教授 11 人、讲师 3 人。

2013 年，我室单卫星教授入选“国家百千万人才工程”；韦革宏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”；李鹏民教授、赵杰副教授入选教育部“新世纪优秀人才支持计划”；李鹏民教授获陕西省“青年科技新星”称号；刘慧泉助理研究员博士学位论为入选“2013 年全国百篇优秀博士学位论文”。

### 2、实验技术队伍

2013 年招聘专职实验技术人员 2 名，现有技术队伍规模达到 8 人，其中高级实验师 2 名。负责大型仪器操作、维护和功能开发工作，承担着公共平台、测试分析、显微测试、基因组学和蛋白组学、生物信息学等专业平台相关仪器设备的操作、开发和维护工作。

实验室技术职称队伍组建了色谱、显微镜、蛋白组学等若干个实验技术团队，把从事功能相近仪器操作的实验技术人员组织起来，建立相互促进、共同提高的实验技术交流平台。2013 年实验技术人员承担学校大型仪器功能开发项目 3 项，发表相关研究论文 8 篇，其中 SCI 收录论文 2 篇。

### （三）开放交流

#### 1、开放课题

根据《旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放课题管理办法》，2013年实验室对2012年立项的15项开放课题进行检查总结，各课题严格按计划书任务执行，取得了预期成果。

马艳玲等根据根际促生细菌提高小麦幼苗耐旱性的 RNA 组学解析,通过对小麦幼苗叶片接种茎瘤固氮根瘤菌 (*Azorhizobium caulinodans* ORS571) 与巴西固氮螺菌 (*Azospirillum brasilense* Yu62) 混合菌,研究了干旱胁迫下接菌小麦幼苗的发芽状况,筛选出接种固氮菌后干旱最敏感的小麦品种,测定喷施根瘤菌的该品种幼苗根体积和叶片相对含水量、脯氨酸含量及可溶性蛋白含量的变化。利用激光共聚焦显微镜检测了干旱条件下 *gfp-A.caulinodans* 在小麦幼苗体内的动态分布与定殖规律。2013年度在《植物生态学报》发表1篇研究论文。

其余课题目前正在进行前期试验及数据整理阶段,项目进展顺利。如李丽在西北干旱区甘草根瘤菌生物地理学与系统发育学的研究中,从我国西北地区,包括新疆、甘肃、宁夏和陕西不同甘草生长地采集的30份甘草根瘤和土壤样品中分离并纯化出根瘤菌菌株100株;彭岳林通过调查西藏林芝地区小檗的种类与分布,发现在西藏林芝地区米林县多卡村至布久乡喇嘛岭村一带共8个调查地点广泛分布有小檗(待鉴定),在河边、山地林边、麦田边均生长有此种小檗,数量在100株/500m<sup>2</sup>以上。在所调查的地点生长的小檗,均不同程度地受到侵染,而且在其叶片背部生长有锈子器,但长度较小,约1-3mm不等。室内条件下,利用萌发的小麦条锈菌冬孢子接种采自西藏的小檗,产生性子器与锈子器,可作为小麦条锈菌的转主寄主;张彦峰等选取油菜BRI1基因特异保守区序列,构建了RNAi载体。并通过分析油菜BRI1基因,设计干扰序列,经全基因序列合成后,构建了BRI1-Knock down载体,从文库的筛选中,获得了BRI1基因的抑制基因。通过农杆菌介导法对构建的BRI1-RNAi和BRI1-Knock down载体进行了转化,目前正在进行转化体筛选工作。

开展了2013年度开放课题立项工作,10项开放课题获得开放基金资助,总经费80万元,河南农业大学、新疆农业大学等10位青年科研人员获得开放课题支持。

#### 2013年开放课题清单

序号	名称	主持人	单位
1	小麦条锈菌重要基因和基因家族变异与毒性变异关系研究	郑文明	河南农业大学
2	中国野生华东葡萄MYB转录因子的抗旱功能研究	史江莉	河南农业大学
3	尖孢镰刀菌芝麻转化型致病相关基因的特征及功能反洗	段迎辉	河南省芝麻研究中心
4	细菌性果斑病菌( <i>Acidovorax citrulli</i> )抗铜基因的鉴定与功能分析	刘君	新疆农业大学
5	小菜蛾Dorsal和Relish基因对抗菌肽表达调控的机理研究	金丰良	华南农业大学
6	小麦化感潜势对土壤水分的应答机理研究	左胜鹏	安徽师范大学
7	中国野生燕山葡萄抗旱CIPK基因的功能研究	朱自果	河南科技学院
8	苹果全基因组NAC转录因子基因家族鉴定及干旱胁迫下的表达分析	王顺才	天水师范学院
9	苹果类黄酮代谢及其与抗逆性的关系研究	杜国荣	西安文理学院
10	盐碱胁迫下新疆红富士苹果营养吸收规律及产量、品质的研究	颜安	新疆农业大学



## 2、承办的主要学术会议

2013年8月19日至22日实验室联合中国植物生理与分子生物学会、中国昆虫学会、中国植物病理学会在杨凌成功举办了“第三届植物-生物互作国际会议”，300余名国际国内学者汇聚一堂，共同探讨植物-生物互作研究的最新进展。



德国霍恩海姆大学 Ralf Thomas Voegele 教授作报告



朱有勇院士作报告

2013年5月11日至13日实验室在杨凌主办“中欧澳作物非生物逆境抗性表型鉴定国际研讨会”，与会人员有：来自西班牙、英国、澳大利亚、美国、加拿大等国的15位知名专家；国内中国农业科学院、中国科学院植物研究所、寒旱区研究所和中国农业大学、华中农业大学、贵州大学、电子科技大学以及我校专家学者共70多人。



康振生教授做报告



会议合影

## 3、邀请专家讲学

实验室邀请了美国科学院院士Steven E. Lindow教授、澳大利亚科学院院士Robert McIntosh教授、美国俄勒冈州立大学Brett Tyler教授、华盛顿州立大学Xianming Chen教授、爱荷华州立杨兵教授、昆士兰大学豆科植物研究中心高级研究员江群益、莫道克大学Giles Hardy、亚联邦科工组织植物所A G Condon博士、西班牙巴塞罗那大学

Jose Luis Araus教授、英国洛桑研究所Martin Parry教授以及中国工程院院士吴孔明、中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所李来庚研究员、中国农科院植保所周雪平教授、南京农业大学王源超教授等36位国内外著名科学家来重点实验室进行学术交流、合作研究，促进了实验室研究工作的深入开展。

#### 4、参加学术报告情况

实验室积极支持研究骨干参与国内外学术交流与合作，**28 人次参加国际国内学术会议并做报告，与国内外专家交流合作。**

胡胜武教授应邀参加“Sino-Germany workshop on genetics and biotechnology of rapeseed”会议，并做题为“Cytological and comparative proteomic analyses on male sterility in *Brassica napus* L. induced by the chemical hybridization agent monosulphuron ester sodium”的特邀报告；许金荣教授在美国加利福尼亚州参加第27届国际真菌遗传学大会，并做题为“Surface recognition and appressorium morphogenesis in *Magnaporthe oryzae*”的分组报告；王晨芳副研究员和刘慧泉助理研究员参加第27届国际真菌遗传学大会，并分别展出“Functional analysis of A MADS-box transcription *Mcm1* in *Fusarium graminearum*”和“Evolutionary and functional analysis of mitosis-related kinase genes in *Fusarium graminearum*”的墙报；冯佰利教授参加“NSFC-ICARDA-ICRISAT Workshop on Improving Dryland Agriculture Production”会议，并做题为“Genetic improving and cultivation of Grass Pea and Lentil”的学术报告；吉万全教授参加“第三届作物学会年会”，并作题为“NB—ARC enhancing resistance to stripe rust pathogen in wheat but not in gentics”的特邀报告。

#### (四) 平台建设

2013 年购置了图形工作站系统、生物信息服务系统及软件等仪器设备 14 台(件)，共计 216 万元。组建了分析测试、显微可视、蛋白组学、基因组学、生物信息等专业技术平台和公共技术平台，全部面向校内外开放共享。

#### (五) 运行管理

实验室设实验室主任 1 名，业务副主任和行政副主任各 1 名，实验室秘书 1 名，

研究室负责人4名；成立实验室学术委员会、实验室室务管理委员会。设置实验室综合办公室，实行学校领导下的主任负责制，充分发挥学术委员会的指导作用。定期不定期向学术委员会委员通报实验室的重大事宜，征求委员的意见与建议，邀请相关委员参加相关活动，进行学术交流；结合实验室的实际，建立起一系列规章制度，规范办事程序；建立二级固定资产数据系统，明确资产责任；建立专业技术平台和大型仪器设备共享系统；实验室各研究方向不定期组织学术汇报等交流活动，每年与相同研究领域的国家重点实验室召开学术交流会议；同时，为增加学术氛围、丰富文化生活，更新了双语展板并积极组织师生业余活动，为科学研究提供良好的学术氛围和服务保障。

### （六）实验室验收

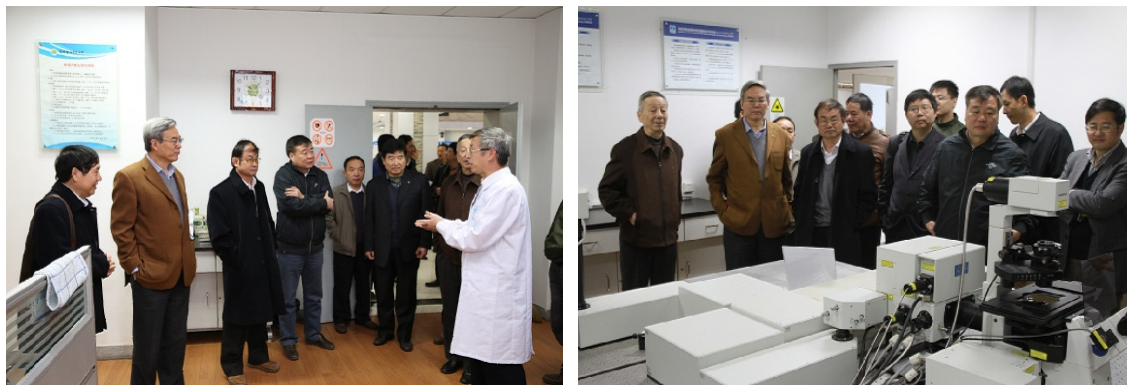
经过两年的建设，旱区作物逆境生物学国家重点实验室已完成建设计划的各项任务并向科技部申请验收。2013年11月12日，科技部组织有关专家对我室进行了建设验收。



专家组召开验收会认真听取了实验室主任康振生教授做的实验室建设情况汇报，现场考察了实验室的研究平台，充分讨论后认为：实验室在两年的建设期内，在科研项目争取、研究水平和成果产出方面均显著提高；实验室研究队伍结构合理，人才培养和队伍建设成效显著；主管部门和依托单位对实验室建设给予了大力支持，科研用房面积增加并实现了空间布局的优化和集中；加强了原有技术平台的硬件建设，强化了专职实验技术人员的配备，组建了四个较为完善的技术平台和一个公共服务平台；



建立了良好的运行机制，国内外开放与交流广泛。专家组一致认为，旱区作物逆境生物学国家重点实验室已全面完成了建设任务，实现了建设目标，同意通过验收。同时专家组也对实验室的发展提出了中肯的建议，希望实验室进一步突出研究重点，加强各方向之间的交叉与协同，产出高水平的成果。



### (七) 2013 年学术委员会

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学术委员会工作章程》，实验室组织召开了 2013 年度学术委员会。12 月 21 日，实验室学术委员会委员山仑院士、魏江春院士、武维华院士、方荣祥院士、程顺和院士、李毅教授、巩志忠教授、许金荣教授、康振生教授、王跃进教授、张改生教授及全体固定研究人员和技术人员参加了学术委员会会议。

实验室主任康振生教授代表实验室汇报了 2013 年工作进展和下年度工作计划。各位委员对实验室的工作报告进行了充分讨论，认为实验室在科学研究、平台建设、交流合作、运行管理等方面开展了扎实的工作，完成了 2013 年度工作计划，取得了较好的成绩。同时建议实验室进一步凝练方向，围绕旱区主要作物和生物及非生物逆境因子开展深入研究，争取在标志性成果产出方面有较大突破，为迎接实验室下一步评估打下坚实基础。

## 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



## 学术委员纪要



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, NWAUFU

### 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3次会议纪要

2013年12月21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3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。学术委员会委员魏江春院士、方荣祥院士、程顺和院士、武维华院士、李毅教授、巩志忠教授、王跃进教授、许金荣教授、康振生教授和张改生教授出席了会议。

西北农林科技大学副校长王跃进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。孙其信要求实验室以此次学术委员会为契机,谋划长远发展蓝图,充分吸纳各位委员的建议,争取取得更多标志性研究成果。

#### 一、审议工作报告

首先,实验室主任康振生教授汇报了2013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

及完成情况。随后实验室固定研究人员王跃进教授、单卫星教授、胡银岗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。在小麦与条锈病菌的互作等方面具有显著特色，在小麦基因组学、作物抗逆种质资源挖掘、非生物逆境的机理揭示等方面取得了一系列重要进展，研究成果获国家和省级奖励。建设经费落实到位，已基本建成了5个专业技术平台和1个公共技术平台。实验室建立健全了各项管理制度和办法，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，并顺利通过了科技部组织的建设验收。

### 三、建议

1. 充分利用国家和学校的政策，吸引青年优秀人才，加强青年的人才支持，特别是优青、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。

2. 进一步凝练研究方向和内容,围绕旱区作物逆境生物学关键科学问题,进行顶层设计,力争取得更多标志性研究成果。

3. 加强研究团队建设和开放交流,促进学科交叉融合,使实验室各个研究方向均衡发展。

4. 创新体制和机制,建立和完善人员考核与评估激励机制,增加团队凝聚力,促进和保证实验室高效开放运行。

学术委员会主任: 山仑

二〇一三年十二月二十一日

### 三、研究成果与贡献

#### (一) 科技奖励

2013年，5项科研成果获国家及陕西省科技奖励，其中国家科学技术一等奖1项、陕西省科学技术一等奖2项、陕西省科学技术二等奖2项。

序号	获奖名称	获奖类型及等级	第一完成人
1	中国小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系的构建	国家科学技术进步一等奖	康振生(第2) 王保通(第10)
2	菌根真菌对黄土高原植被恢复和生态系统重建的作用机制	陕西省科学技术一等奖	唐明
3	苹果树腐烂病等重大病害的防治基础和应用研究	陕西省科学技术一等奖	黄丽丽
4	小麦新品种陕农78的选育	陕西省科学技术二等奖	王成社
5	梨小食心虫发生规律和防控技术研究与应用	陕西省科学技术二等奖	忤均祥

## 国家科技进步一等奖

### 中国小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系的构建

康振生(第2完成人)王保通(第10完成人)

**成果简介:**小麦条锈病是一种高空远距离传播的毁灭性病害,严重影响小麦生产和粮食安全。病害大流行可造成小麦减产40%以上,甚至绝产,其有效防控是长期的国际难题。项目组从1991年起开展全国大协作,对中国小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系进行了连续18年的科技攻关,取得重大创新与突破。

(1)发现中国小麦条锈病存在秋季菌源和春季菌源两大菌源基地,查清了菌源基地的精确范围与关键作用,明确了病害源头与治理重点区域,研发出病害早期定量分子诊断和以菌源基地秋季菌源数量为基础的病害大区流行异地测报技术,预测预报吻合率100%。

(2)系统揭示了基因突变、异核作用和遗传重组是条锈菌毒性变异的主要途径,病菌毒性小种的产生和发展是导致品种抗锈性“丧失”的关键,寄主抗病基因筛选是前提,生态环境胁迫是诱因。建立了品种抗锈性鉴定评价与病菌毒性变异监测的技术平台。

(3)首次提出“重点治理越夏易变区、持续控制冬季繁殖区和全面预防春季流行区”的病害分区治理策略,创建了以生物多样性利用为核心,以生态抗灾、生物控害、化学减灾为目标的小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系。

出版著作8部,发表研究论文328篇,其中SCI/EI源期刊论文66篇、核心期刊论文222篇;制定国家、行业和地方标准3项,获得国家专利5项和其他知识产权6项;培





养研究生 151 名，其中博士研究生 30 名。

该成果在生产上大规模推广应用，防病保产效果极其显著。2009-2011 年在全国 8 省（市、区）累计推广应用 23067.2 万亩，有效控制了条锈病的爆发流行，增收节支 93.32 亿元，为国家粮食生产 9 连增做出了重大贡献。同时，丰富和发展了《植物病害分子流行病学》和《植物生态病理学》理论、技术和方法，为国家小麦条锈病的防控决策提供了重要科学依据和技术支撑。作为“公共植保、绿色植保”的典型范例，为研究其他气传病害提供了借鉴和参考。研究总体上处于国际领先地位，经济、社会和生态效益巨大。



## 陕西省科学技术一等奖

### 苹果树腐烂病等重大病害的防治基础和应用研究

黄丽丽（第1完成人）

我国是世界第一苹果生产大国，其中陕西省因日照充足、昼夜温差大而成为我国优质苹果最优生产区。然而，苹果树腐烂病、褐斑病（早期落叶病）、轮纹病等因其危害的顽固性、爆发性、毁灭性，严重威胁着我省乃至全国苹果产业的发展。由于对防治基础理论认知粗浅，加之尚无国外研究成果和实践经验可以借鉴，生产上病害防治工作一直处于盲目、被动、低效状态。因此，尽早尽快且全面深入开展苹果重大病害防治的理论和应用研究，对我国苹果病害可持续控制具有重要的实际指导意义和科学价值。

从2001年至今，本成果围绕长期困扰我国苹果生产的重大病害及其防治难问题，从揭示病害防治的理论和应用基础入手，通过室内研究与田间试验示范相结合的策略，利用现代生物学、组织细胞学、分子生物学等方法技术，深入系统地开展了病原及其生物学、致病性及其机理、预测预报及寄主抗病性、可持续性防控技术等方面的研究工作，达到揭示病害本质，为病害可持续控制策略的制定和关键防控技术研发提供科学依据、进而科学高效控制病害的目的。本成果取得的重要研究结果如下：

(1) 明确了陕西省乃至全国苹果重大病害的病原菌种类、群体结构和遗传多样性。发表苹果树腐烂病菌的新变种1个，描述新纪录种1个；建立了ISJ, SRAP, ISSR分子标记技术体系并揭示了腐烂病菌、轮纹病菌的群体遗传多样性，发现腐烂病菌存在不同地理类群；明确褐斑病菌在我国存在多型性，为病害检疫检验、抗病育种和药剂筛选提供了重要证据。

(2) 明确了苹果主要病原菌的生物学特征和种间、种内致病性差异。建立了以叶片为材料的重大病害快速、简便、灵敏的室内致病性评价方法并明确了陕西省的优势致病种类，并利用优势致病菌株对主要栽培品种和砧木进行了抗病性评价，为病害控制研究奠定了基础。

(3) 系统揭示了苹果树腐烂病菌和轮纹病菌在树皮、褐斑病菌在叶片上的侵染致病过程，为抗病性利用和病害防治等提供了科学依据，并且丰富和完善了树木枝干病害的细胞学研究方法和技术。

(4) 首次发明了苹果腐烂病、褐斑病，快速、灵敏、特异的 PCR 分子诊断技术，并将该技术成功应用于检测无症状苹果树上腐烂病菌、褐斑病菌的带菌情况、越冬存活部位等，为科学准确的预测预报、流行规律和分子生态学研究提供了重要证据。

(5) 揭示了我省重大病害流行规律，筛选出优良的可替代剧毒农药的化学药剂种类和生物药剂 BAR1-5，不但具有重要生产应用价值，并为病害可持续控制储备了技术、方法和资源。

(6) 组装整合形成了一套适宜于苹果重大病害可持续控制的方案，在陕西果区进行了连续多年的试验示范，累计防治示范面积达到 445 万亩，腐烂病新增发病率控制在 5%以下，复发率控制在 3%以下，早期落叶病病叶率比常规生产园降低 90%以上，取得了显著的经济和社会效益。同时提升了全国的病害防治理论研究和认知水平。

本成果出版著作 5 部，申请专利 2 项，发表学术论文 90 篇，其中 SCI 源刊物 18 篇、国家一级学会刊物 35 篇，促进和推动了这一学科领域在我国的发展。



黄丽丽教授做现场指导



## 陕西省科学技术一等奖

### 菌根真菌对黄土高原植被恢复和生态系统重建的作用机制

唐 明 (第 1 完成人)

本成果将“菌根真菌与植被恢复的作用机制”这一科学问题与西部生态环境建设相结合,针对黄土高原气候干旱、水土流失和生态环境脆弱的现状,在黄土高原干旱、贫瘠的特殊立地条件下,以水上保持、防风固沙的主要造林树种为研究对象,将微生物学、林木遗传学和森林生态学等有机结合,从地上部分和与其紧密相关的地下部分(菌根真菌)的整体出发,在植物—菌根—土壤三者之间系统研究退化生态系统植被恢复与重建中根系生态系统的恢复。采用 BIOLOG 和 DGGE 技术研究了不同生态条件、树种和树龄林木菌根根际微生物群落多样性和生态分布规律,揭示出菌根促生细菌—荧光假单胞菌对菌根真菌的促生作用,菌根促生放线菌—苯胺紫链霉菌协同外生菌根真菌拮抗植物病原菌的机制。用分子生物学和细胞化学技术研究了菌根真菌抗逆性生理生态特性,揭示出菌根真菌提高植物对干旱、盐碱、病害、重金属毒害和有机物污染抗性的作用机制;应用同位素示踪技术研究了菌根真菌促进植物营养转化的作用。研究成果丰富了脆弱森林生态系统植物、微生物共生体系的生态学意义,为菌根真菌在黄土高原生物多样性恢复和生态系统重建的应用提供了重要的理论依据。在国内外学术刊物发表论文 56 篇,其中 SCI 收录 26 篇。出版专著 1 部,申报发明专利 3 件。



陕西省科学技术二等奖  
小麦新品种陕农 78 的选育  
王成社（第 1 完成人）

陕农 78 由小麦与簇毛麦远缘杂交、花药培养和辐射诱变等技术结合选育而成。2002 年 8 月通过陕西省农作物品种审定委员会审定。

**特征特性：**幼苗半匍匐，分蘖力强；穗层整齐；株高 82 厘米，茎秆粗硬，根系发达；穗长方形，结实性好；长芒，白壳，白粒，半硬质，穗粒数 50 粒左右，千粒重 40 克左右；耐寒；抗旱；抗倒伏；中熟；成熟黄亮。抗病性鉴定结果：对条中 26、28、29、31 号生理小种表现高抗；对白粉、叶枯和赤霉等病害表现中抗。

**产量表现：**1999~2002 年陕西省关中灌区高肥组 3 年 21 点次区域试验，最高产量 586.7kg，最低产量 337kg，平均亩产 449.5kg，比对照增产 24.7kg，增幅 5.3%。2001~2002 年 6 点次生产试验，最高产量 544.2kg，最低产量 375.0kg 平均亩产 452.8kg，比对照增产 42.4kg，增幅 10.5%。

**品质分析：**陕西省种子管理站组织品质分析，该品种容重 806g/L，水分含量 10.6%，粗蛋白含量（干基）13.40%，湿面筋 29.1%，干面筋 9.8%，沉降值 31.6ml，吸水率 60.06%，形成时间 4min，稳定时间 6.9min，断裂时间 8.2min，弱化度（BU）65，评价值 55。

**适宜地区：**陕西关中和黄淮麦区塬灌区种植。

➤ **推广应用情况：**

在适宜区域分点分片建立示范基地，以点带面，大力推广种植，使陕农 78 的种植面积大幅度提高，为农业生产做出贡献，目前累计推广面积 430 万亩以上，增产小麦 14426.5 万公斤以上，增值 38765.36 万元以上。

黄淮麦区适宜种植区域面积约 8000 万亩，其中陕西省适宜区面积约 1200 万亩。目前累计推广面积仅 430 万亩左右，如果按占适宜麦区面积的 2% 计算，种植面积可



以达到 1600 万亩以上。另外，陕农 78 是陕西省 2002 年审定小麦品种中产量高、产量稳、综合抗病性好、品质优良的品种，特别是在 2002 年条锈病大流行年份，表现极为突出。

➤ **创新点：**

1) 把单穗粒重的提高和多穗结合起来，实现了产量的突破，育成了丰产性突出的小麦新品种；

2) 从簇毛麦中导入了新的抗条锈病基因，提高了陕农 78 的抗病性；

3) 把花培技术、远缘杂交、辐射诱变等育种技术有机的结合起来，提高了育种效率。



陕西省科学技术二等奖

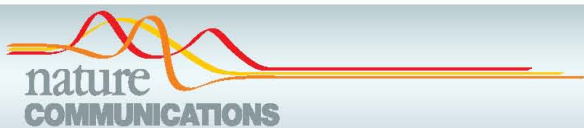
梨小食心虫发生规律和防控技术研究与应用

忤均祥（第1完成人）

梨小食心虫是一种世界性果树重要害虫，尤以桃梨混栽果区发生严重。本项目在实现室内继代饲养的基础上，系统研究了环境条件对生长发育与生殖的影响，建立了基于性诱剂监测的成虫防治指标，研发了具有自主知识产权的自控节水型性诱剂监测诱捕器，筛选了高效低毒的药剂种类和迷向防治的田间使用技术，克隆了5个普通气味结合蛋白、化学感受蛋白、热激蛋白的基因，构建了梨小食心虫滞育与非滞育正反向差减 cDNA 文库。先后发表研究论文 20 篇、合作制定国家标准 1 个、申报国家发明专利 4 项。这些研究结果为梨小食心虫的准确测报和科学防治及研发新型趋避剂、引诱剂和揭示滞育调控机理奠定了基础，对保障陕西省果品生产安全具有重要意义。项目实施期间，累计示范推广 358.20 万亩，新增纯收入 11.78 亿元。经济效益、社会效益和生态效益非常显著。



## (二) 代表性论文



## ARTICLE

Received 27 Mar 2013 | Accepted 26 Sep 2013 | Published 23 Oct 2013

DOI: 10.1038/ncomms3673

OPEN

## High genome heterozygosity and endemic genetic recombination in the wheat stripe rust fungus

Wenming Zheng<sup>1,2,\*</sup>, Lili Huang<sup>1,\*</sup>, Jinqun Huang<sup>3,\*</sup>, Xiaojie Wang<sup>1</sup>, Xianming Chen<sup>4</sup>, Jie Zhao<sup>1</sup>, Jun Guo<sup>1</sup>, Hua Zhuang<sup>1</sup>, Chuangzhao Qiu<sup>3</sup>, Jie Liu<sup>1</sup>, Huiquan Liu<sup>1</sup>, Xueling Huang<sup>1</sup>, Guoliang Pei<sup>1</sup>, Gangming Zhan<sup>1</sup>, Chunlei Tang<sup>1</sup>, Yulin Cheng<sup>1</sup>, Minjie Liu<sup>1</sup>, Jinshan Zhang<sup>1</sup>, Zhongtao Zhao<sup>1</sup>, Shijie Zhang<sup>1</sup>, Qingmei Han<sup>1</sup>, Dejun Han<sup>1</sup>, Hongchang Zhang<sup>1</sup>, Jing Zhao<sup>1</sup>, Xiaoning Gao<sup>1</sup>, Jianfeng Wang<sup>1</sup>, Peixiang Ni<sup>3</sup>, Wei Dong<sup>3</sup>, Linfeng Yang<sup>3</sup>, Huanming Yang<sup>3</sup>, Jin-Rong Xu<sup>5</sup>, Gengyun Zhang<sup>3</sup> & Zhensheng Kang<sup>1</sup>

Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), is one of the most destructive diseases of wheat. Here we report a 110-Mb draft sequence of *Pst* isolate CY32, obtained using a 'fosmid-to-fosmid' strategy, to better understand its race evolution and pathogenesis. The *Pst* genome is highly heterozygous and contains 25,288 protein-coding genes. Compared with non-obligate fungal pathogens, *Pst* has a more diverse gene composition and more genes encoding secreted proteins. Re-sequencing analysis indicates significant genetic variation among six isolates collected from different continents. Approximately 35% of SNPs are in the coding sequence regions, and half of them are non-synonymous. High genetic diversity in *Pst* suggests that sexual reproduction has an important role in the origin of different regional races. Our results show the effectiveness of the 'fosmid-to-fosmid' strategy for sequencing dikaryotic genomes and the feasibility of genome analysis to understand race evolution in *Pst* and other obligate pathogens.

<sup>1</sup> State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China. <sup>2</sup> Key Laboratory of Physiology, Ecology and Genetic Improvement of Food Crop in Henan Province and College of Life Sciences, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan Province 450002, China. <sup>3</sup> State Key Laboratory of Agricultural Genomics, BGI-Shenzhen, Shenzhen 518083, China. <sup>4</sup> USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Washington State University, Pullman, Washington 99164-6430, USA. <sup>5</sup> Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, IN 47907, USA. \* These authors contributed equally to this work. Correspondence and requests for materials should be addressed to Z.K. (email: kangzs@hwsuaf.edu.cn) or to G.Z. (email: zhanggengyun@genomics.org.cn) or to J.-R.X. (email: jinrong@purdue.edu).

*J. Pineal Res.* 2013; 54:292–302

Doi:10.1111/jpi.12017

© 2012 John Wiley &amp; Sons A/S.

Published by Blackwell Publishing Ltd.

Journal of Pineal Research

## Long-term exogenous application of melatonin delays drought-induced leaf senescence in apple

**Abstract:** To examine the potential roles of melatonin in drought tolerance, we tested the effects of its long-term exogenous application on 'Hanfu' apple (*Malus domestica* Borkh.). When 100  $\mu\text{M}$  melatonin was added to soils under drought conditions, the resultant oxidative stress was eased and leaf senescence was delayed. This molecule significantly reduced chlorophyll degradation and suppressed the up-regulation of *senescence-associated gene 12* (*SAG12*) and *pheophorbide a oxygenase* (*PAO*). Such treatment also alleviated the inhibition of photosynthesis brought on by drought stress. We also investigated quenching and the efficiency of Photosystem II (PSII) photochemistry under dark and light conditions and found that melatonin helped to maintain better function of PSII under drought. The addition of melatonin also controlled the burst of hydrogen peroxide, possibly through direct scavenging and by enhancing the activities of antioxidative enzymes and the capacity of the ascorbate–glutathione cycle. Thus, understanding this effect of melatonin on drought tolerance introduces new possibilities to use this compound for agricultural purposes.

Ping Wang, Xun Sun, Chao Li,  
Zhiwei Wei, Dong Liang and  
Fengwang Ma

State Key Laboratory of Crop Stress Biology in  
Arid Areas/College of Horticulture, Northwest  
A&F University, Shaanxi, China

**Key words:** apple, ascorbate–glutathione cycle,  
chlorophyll fluorescence, drought, leaf  
senescence, melatonin, photosynthesis

Address reprint requests to Fengwang Ma,  
Department of Pomology, College of  
Horticulture, Northwest A&F University,  
Yangling, Shaanxi 712100, China.  
E-mail: fwm64@sina.com & fwm64@nwsuaf.  
edu.cn

Received August 3, 2012;

Accepted September 21, 2012.

### Introduction

Drought, the most prominent threat to agricultural production worldwide, accelerates leaf senescence, which then leads to a decrease in canopy size, reduced photosynthesis, and lower crop yields [1]. Climate models have indicated that drought episodes will become more frequent because of the long-term effects of global warming [2]. This emphasizes the urgent need to develop adaptive agricultural strategies for a changing environment.

Plants have evolved different strategies to avoid or tolerate drought stress. For example, winter annuals in arid regions combine a relatively short life cycle with a high growth rate during the wet season to avoid drought altogether. Other types of avoidance mechanisms include the closing of stomata to minimize water loss, adjusting sink/source allocation by increasing root growth, and decreasing canopy size by reducing plant growth and shedding older leaves [3]. In nature, accelerated leaf senescence and abscission are characteristics of drought tolerance because those processes reduce the cumulative water demand over the entire plant cycle, thereby avoiding the detrimental effects of water deficits during seed filling and allowing for the recycling of scarce resources to reproductive sinks [4]. However, in crop species, early leaf senescence is usually correlated with lower yield because cumulative photosynthesis is reduced [5, 6]. In perennial fruit trees, drought-induced early leaf senescence can in fact restrain the accumulation of nutrients, which can delay fruit development and the formation of less desirable fruit flavors, as well as adversely influence the first flush of growth and flowering during the next spring [7].

One factor common to both drought stress and senescence is an increase in the levels of reactive oxygen species (ROS) and their products [8, 9]. These changes are possibly due to a decline in the activity of certain antioxidant enzymes or antioxidants, for example, reduced-form ascorbic acid (AsA) and glutathione (GSH). Hydrogen peroxide ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) is a more stable free radical that can be effectively scavenged by catalase (CAT, EC 1.11.1.6) and peroxidase (POD, EC 1.11.1.7). In the ascorbate–glutathione (AsA–GSH) cycle, the enzymatic action of ascorbate peroxidase (APX, EC 1.11.1.11) also reduces the accumulation of  $\text{H}_2\text{O}_2$ , using AsA as an electron donor. Oxidized ascorbates – the monodehydroascorbate (MDHA) radical and dehydroascorbate (DHA) – are then enzymatically reduced back to AsA by NADPH- or NADH-dependent monodehydroascorbate reductase (MDHAR, EC 1.6.5.4) and dehydroascorbate reductase (DHAR, EC 1.8.5.1), respectively. Oxidized glutathione (GSSG) is reduced back to GSH by an NADPH-dependent glutathione reductase (GR; EC 1.6.4.2) [10]. Thus, the activity of antioxidant enzymes and the redox state of primary antioxidants play important roles in protecting plant cells against free radical damage.

As a highly evolutionarily conserved molecule, melatonin is present in almost all organisms, both plant and animal, and displays an exceptional multiplicity of actions [11]. In mammals, melatonin has several important physiological functions in regulating seasonal reproduction, immunomodulation, anti-inflammatory activity, and the control of light–dark signal transduction, as well as having the capacity to influence some aspects of aging [12, 13]. Furthermore, melatonin has a primary function in widespread antioxidant actions [14–16]. The presence of melatonin in plants was first published as full reports by



## RESEARCH PAPER

## Functions of the *lethal leaf-spot 1* gene in wheat cell death and disease tolerance to *Puccinia striiformis*

Chunlei Tang<sup>1,†</sup>, Xiaojie Wang<sup>2,†</sup>, Xiaoyuan Duan<sup>1</sup>, Xiaodong Wang<sup>2</sup>, Lili Huang<sup>2</sup> and Zhensheng Kang<sup>2,\*</sup>

<sup>1</sup> State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, PR China

<sup>2</sup> State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, PR China

\* To whom correspondence should be addressed. Email: kangzs@nwsuaf.edu.cn

† These authors contributed equally to this work

Received 5 December 2012; Revised 20 March 2013; Accepted 22 April 2013

### Abstract

Pheophorbide *a* oxygenase (PaO) is a key enzyme in chlorophyll catabolism that is known to suppress cell death in maize and *Arabidopsis*. The catalytic activity of PaO in chlorophyll degradation has been clearly demonstrated, but the function of PaO in the regulation of cell death and plant–microbe interactions is largely unknown. In this study, we characterized a PaO homologue in wheat of the *lethal leaf-spot 1* gene, *TaLls1*, that was induced in leaves infected by *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (*Pst*) and wounding treatment. The *TaLls1* protein contains a conserved Rieske [2Fe-2S] motif and a mononuclear iron-binding site typical of PaOs. Silencing of *TaLls1* by virus-induced gene silencing in wheat led to leaf cell death without pathogen attacks, possibly due to the accumulation of pheophorbide *a* (upstream substrate of PaO), indicating a suppressor role of *TaLls1*, while overexpression of *TaLls1* also triggered cell death in both tobacco and wheat leaves, probably owing to the accumulation of the red chlorophyll catabolite (downstream product of PaO). Further deletion mutant analysis showed that the conserved Rieske domain, but not the iron-binding site, was essential for cell death induction. These results thus suggest a threshold for *TaLls1* in maintaining cell homeostasis to adapt in various stresses, and shed new light on the role of *TaLls1* in cell death regulation. Furthermore, silencing of *TaLls1* in wheat did not change the disease symptoms but enhanced tolerance to *Pst* via an significant increase in H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> generation, elevated cell death occurrence, and upregulation of pathogenesis-related genes.

**Key words:** cell death, disease resistance, pheophorbide *a* oxygenase, *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*, wheat.

### Introduction

Plants mount elaborate defence mechanisms to protect themselves from various environmental stresses (Hutcherson, 1998). Programmed cell death is one key defence mechanism in plants, and is an important process involved in development and defence responses against biotic and abiotic stresses (Dangl *et al.*, 1996). In plant–microbe interactions, programmed cell death occurs during the hypersensitive response (HR) to avirulent pathogens, as well as in response to an attack by a virulent pathogen (Greenberg, 1997). As

a typical resistant response, HR is characterized as a rapid and localized cell death that occurs at or around the infection sites that are caused by avirulent pathogens, and its purpose is to protect plants from further pathogen colonization. HR is triggered by the recognition of a plant *resistance* (*R*) gene product and a pathogen *avirulence* (*Avr*) gene product in a gene-for-gene manner (Greenberg *et al.*, 2000).

In addition to the HR-induced cell death, a class of lesion-mimic (*Les/les*) mutants is ubiquitous in plants, characterized

Abbreviations: BSMV, barley stripe mosaic virus; DAB, 3,3'-diaminobenzidine; GUS,  $\beta$ -glucuronidase; HR, hypersensitive response; PaO, pheophorbide *a* oxygenase; p.i., post-inoculation; p.t., post-treatment; PR, pathogenesis-related; qRT-PCR, quantitative reverse transcription-PCR; RCC, red chlorophyll catabolite. © The Author(2) [2013].

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>), which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



## RESEARCH ARTICLE

## Open Access

# Identification and analysis of MKK and MPK gene families in canola (*Brassica napus* L.)

Wanwan Liang<sup>1†</sup>, Bo Yang<sup>1†</sup>, Bao-Jun Yu<sup>1</sup>, Zili Zhou<sup>1</sup>, Cui Li<sup>1</sup>, Ming Jia<sup>1</sup>, Yun Sun<sup>1</sup>, Yue Zhang<sup>1</sup>, Feifei Wu<sup>1</sup>, Hanfeng Zhang<sup>1</sup>, Boya Wang<sup>1</sup>, Michael K Deyholos<sup>2</sup> and Yuan-Qing Jiang<sup>1\*</sup>

## Abstract

**Background:** Eukaryotic mitogen-activated protein kinase (MAPK/MPK) signaling cascades transduce and amplify environmental signals via three types of reversibly phosphorylated kinases to activate defense gene expression. Canola (oilseed rape, *Brassica napus*) is a major crop in temperate regions. Identification and characterization of MAPK and MAPK kinases (MAPKK/MKK) of canola will help to elucidate their role in responses to abiotic and biotic stresses.

**Results:** We describe the identification and analysis of seven MKK (*BnaMCK*) and 12 MPK (*BnaMPK*) members from canola. Sequence alignments and phylogenetic analyses of the predicted amino acid sequences of BnaMCKs and BnaMPKs classified them into four different groups. We also examined the subcellular localization of four and two members of BnaMCK and BnaMPK gene families, respectively, using green fluorescent protein (GFP) and, found GFP signals in both nuclei and cytoplasm. Furthermore, we identified several interesting interaction pairs through yeast two-hybrid (Y2H) analysis of interactions between BnaMCKs and BnaMPKs, as well as BnaMPK and BnaWRKYs. We defined contiguous signaling modules including BnaMCK9-BnaMPK1/2-BnaWRKY53, BnaMCK2/4/5-BnaMPK3/6-BnaWRKY20/26 and BnaMCK9-BnaMPK5/9/19/20. Of these, several interactions had not been previously described in any species. Selected interactions were validated *in vivo* by a bimolecular fluorescence complementation (BiFC) assay. Transcriptional responses of a subset of canola MKK and MPK genes to stimuli including fungal pathogens, hormones and abiotic stress treatments were analyzed through real-time RT-PCR and we identified a few of *BnaMCKs* and *BnaMPKs* responding to salicylic acid (SA), oxalic acid (OA), *Sclerotinia sclerotiorum* or other stress conditions. Comparisons of expression patterns of putative orthologs in canola and *Arabidopsis* showed that transcript expression patterns were generally conserved, with some differences suggestive of sub-functionalization.

**Conclusions:** We identified seven MKK and 12 MPK genes from canola and examined their phylogenetic relationships, transcript expression patterns, subcellular localization, and protein-protein interactions. Not all expression patterns and interactions were conserved between canola and *Arabidopsis*, highlighting the limitations of drawing inferences about crops from model species. The data presented here provide the first systematic description of MKK-MPK-WRKY signaling modules in canola and will further improve our understanding of defense responses in general and provide a basis for future crop improvement.

**Keywords:** Abiotic stress, Biotic stress, *Brassica napus*, MKK, MPK, *Sclerotinia sclerotiorum*, WRKY

\* Correspondence: jiangyq@nwfau.edu.cn

†Equal contributors

<sup>1</sup>State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Life Sciences, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China  
Full list of author information is available at the end of the article

## RESEARCH ARTICLE

## Open Access

# Genome-wide identification, evolutionary and expression analysis of the aspartic protease gene superfamily in grape

Rongrong Guo<sup>1,2</sup>, Xiaozhao Xu<sup>1,2</sup>, Bassett Carole<sup>3</sup>, Xiaoqin Li<sup>1,2</sup>, Min Gao<sup>1,2</sup>, Yi Zheng<sup>1</sup> and Xiping Wang<sup>1,2\*</sup>

## Abstract

**Background:** Aspartic proteases (APs) are a large family of proteolytic enzymes found in almost all organisms. In plants, they are involved in many biological processes, such as senescence, stress responses, programmed cell death, and reproduction. Prior to the present study, no grape AP gene(s) had been reported, and their research on woody species was very limited.

**Results:** In this study, a total of 50 AP genes (*VvAP*) were identified in the grape genome, among which 30 contained the complete ASP domain. Synteny analysis within grape indicated that segmental and tandem duplication events contributed to the expansion of the grape AP family. Additional analysis between grape and *Arabidopsis* demonstrated that several grape AP genes were found in the corresponding syntenic blocks of *Arabidopsis*, suggesting that these genes arose before the divergence of grape and *Arabidopsis*. Phylogenetic relationships of the 30 *VvAP*s with the complete ASP domain and their *Arabidopsis* orthologs, as well as their gene and protein features were analyzed and their cellular localization was predicted. Moreover, expression profiles of *VvAP* genes in six different tissues were determined, and their transcript abundance under various stresses and hormone treatments were measured. Twenty-seven *VvAP* genes were expressed in at least one of the six tissues examined; nineteen *VvAP*s responded to at least one abiotic stress, 12 *VvAP*s responded to powdery mildew infection, and most of the *VvAP*s responded to SA and ABA treatments. Furthermore, integrated synteny and phylogenetic analysis identified orthologous AP genes between grape and *Arabidopsis*, providing a unique starting point for investigating the function of grape AP genes.

**Conclusions:** The genome-wide identification, evolutionary and expression analyses of grape AP genes provide a framework for future analysis of AP genes in defining their roles during stress response. Integrated synteny and phylogenetic analyses provide novel insight into the functions of less well-studied genes using information from their better understood orthologs.

**Keywords:** Synteny analysis, Phylogenetic analysis, Gene expression, Orthologous genes, Grape

## Background

Aspartic proteinases (APs; EC 3.4.23) are widely distributed among living organisms, being found in plants, yeast, nematodes, parasites, fungi and even viruses. These enzymes have been extensively studied and constitute one of the four superfamilies of proteolytic enzymes [1-3]. APs

are usually characterized by the presence of two aspartic acid residues located within the conserved Asp-Thr/Ser-Gly motif responsible for catalytic activity [4]. They are active at acidic pH and are specifically inhibited by active site blockers such as pepstatin A, diazo-acetyl-norleucine methyl ester (DAN), and 1,2-epoxy-3-(p-nitro-phenoxy) propane (EPNP) [5]. APs are synthesized as single-chain preproenzymes which are subsequently converted to mature enzymes that can function as either monomeric or dimeric proteins during activation. According to the MEROPS database (<http://www.merops.ac.uk>), APs are now grouped into 14 different families on the basis of

\* Correspondence: wangxiping@nwsuaf.edu.cn

<sup>1</sup>State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas, College of Horticulture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China

<sup>2</sup>Key Laboratory of Horticultural Plant Biology and Germplasm Innovation in Northwest China, Ministry of Agriculture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China

Full list of author information is available at the end of the article

## Molecular mapping of *Yr53*, a new gene for stripe rust resistance in durum wheat accession PI 480148 and its transfer to common wheat

L. S. Xu · M. N. Wang · P. Cheng ·  
Z. S. Kang · S. H. Hulbert · X. M. Chen

Received: 5 June 2012 / Accepted: 6 October 2012 / Published online: 23 October 2012  
© Springer-Verlag Berlin Heidelberg (outside the USA) 2012

**Abstract** Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), is one of the most damaging diseases of wheat worldwide. It is essential to identify new genes for effective resistance against the disease. Durum wheat PI 480148, originally from Ethiopia, was resistant in all seedling tests with several predominant *Pst* races in the US under controlled greenhouse conditions and at multiple locations subject to natural infection for several years. To map the resistance gene(s) and to transfer it to common wheat, a cross was made between PI 480148 and susceptible common wheat genotype Avocet S (AvS). Resistant F<sub>3</sub> plants with 42 chromosomes were selected cytologically and by testing with *Pst* race PST-100. A total of 157 F<sub>4</sub> plants from a single F<sub>3</sub> plant with 2n = 42 tested with PST-100 segregated in a 3 resistant: 1 susceptible ratio, indicating that a single dominant gene from PI 480148 conferred resistance. Using the F<sub>3,4</sub> population and the resistance gene-analog polymorphism (RGAP) and simple sequence repeat (SSR)

markers, the gene was mapped to the long arm of chromosome 2B. SSR marker *Xwmc441* and RGAP marker *XLRRrev/NLRRrev<sub>350</sub>* flanked the resistance gene by 5.6 and 2.7 cM, respectively. The effective resistance of the gene to an Australian *Pst* isolate virulent to *Yr5*, which is also located on 2BL and confers resistance to all US *Pst* races, together with an allelism test of the two genes, indicated that the gene from PI 480148 is different from *Yr5* and should be a new and useful gene for resistance to stripe rust. Resistant common wheat lines with plant types similar to AvS were selected for use in breeding programs.

### Introduction

Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), is one of the most damaging diseases of common wheat (*Triticum aestivum* L., 2n = 6x = 42, AABBDD genomes) and durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. *durum*, 2n = 4x = 28, AABB genomes) worldwide (Chen 2005). Stripe rust affects wheat crops in the early growth stages leading to yield losses of more than 90 % on susceptible cultivars when weather conditions are extremely favorable to the disease (Chen 2005; Sharma-Poudyal and Chen 2011). Growing resistant cultivars is the most effective, economic and environmentally friendly way to control stripe rust. Based on specificity, stripe rust resistance can be classified as race specific or race non-specific; and based on plant growth stage, it can be classified as seedling (also known as all-stage) resistance or adult plant resistance (Chen 2005, 2012). Seedling resistance is usually race specific, but often provides complete control when it confers resistance to the prevalent races. Race-specific resistance is often conferred by a single gene that follows the gene-for-gene interaction model (Flor 1971). Adult plant

Communicated by P. Hayes.

L. S. Xu and M. N. Wang made equal contributions.

L. S. Xu · Z. S. Kang  
State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas,  
College of Life Sciences, Shaanxi Key Laboratory of Molecular  
Biology for Agriculture, Northwest A&F University,  
Yangling 712100, Shaanxi, People's Republic of China

L. S. Xu · M. N. Wang · P. Cheng · S. H. Hulbert · X. M. Chen  
Department of Plant Pathology, Washington State University,  
Pullman, WA 99164-6430, USA

X. M. Chen (✉)  
Wheat Genetics, Quality, Physiology and Disease Research Unit,  
US Department of Agriculture-Agricultural Research Service  
(USDA-ARS), Pullman, WA 99164-6430, USA  
e-mail: xianming@wsu.edu



Planta (2013) 237:293–303  
DOI 10.1007/s00425-012-1769-9

ORIGINAL ARTICLE

## A core functional region of the *RFP1* promoter from Chinese wild grapevine is activated by powdery mildew pathogen and heat stress

Yihe Yu · Weirong Xu · Jie Wang ·  
Lei Wang · Wenkong Yao · Yan Xu ·  
Jiahua Ding · Yuejin Wang

Received: 11 August 2012 / Accepted: 9 September 2012 / Published online: 29 September 2012  
© Springer-Verlag 2012

**Abstract** RING-finger proteins (RFP) function as ubiquitin ligases and play key roles in plant responses to biotic and abiotic stresses. However, little information is available on the regulation of *RFP* expression. Here, we isolate and characterize the *RFP* promoter sequence from the disease-resistant Chinese wild grape *Vitis pseudoreticulata* accession Baihe-35-1. Promoter-GUS fusion assays revealed that defense signaling molecules, powdery mildew infection, and heat stress induce *VpRFP1* promoter activity. By contrast, the *RFP1* promoter isolated from *Vitis vinifera* was only slightly induced by pathogen infection and heat treatment. By promoter deletion analysis, we found that the –148 bp region of the *VpRFP1* promoter was the core functional promoter region. We also found that, in *Arabidopsis*, *VpRFP1* expressed under its own promoter activated defense-related gene expression

and improved disease resistance, but the same construct using the *VvRFP1* promoter slightly improve disease resistance. Our results demonstrated that the –148 bp region of the *VpRFP1* promoter plays a key role in response to pathogen and heat stress, and suggested that expression differences between *VpRFP1* and *VvRFP1* may be key for the differing disease resistance phenotypes of the two *Vitis* genotypes.

**Keywords** *VpRFP1* promoter · *Vitis pseudoreticulata* · Pathogen · Heat stress

### Introduction

Plants protect themselves against pathogens through multiple diverse responses, including basal defense and gene-for-gene resistance (Jones and Takemoto 2004). The plant basal immune system includes a small number of pattern recognition receptors that are specific for broadly conserved pathogen-associated molecular patterns (PAMPs) (Jones and Dangl 2006). Gene-for-gene resistance can recognize a pathogen carrying an avirulence (Avr) gene via the corresponding resistance (R) gene (Dangl and Jones 2001). R gene-mediated resistance is usually accompanied by an oxidative burst, hypersensitive cell death, and activation of salicylic acid (SA)-dependent signaling, which leads to the expression of pathogenesis-related (PR) proteins thought to contribute to resistance (Glazebrook 2005). Many plant disease resistance genes have been studied, but the role of the ubiquitination-mediated protein degradation pathway in plant defenses remains poorly understood.

The ubiquitin conjugation pathway involves the activity of three enzymes or protein complexes: the ubiquitin-activating enzyme (E1), the ubiquitin-conjugating enzyme

**Electronic supplementary material** The online version of this article (doi:10.1007/s00425-012-1769-9) contains supplementary material, which is available to authorized users.

Y. Yu · W. Xu · J. Wang · L. Wang · W. Yao · Y. Xu ·  
J. Ding · Y. Wang (✉)  
College of Horticulture, Northwest A&F University,  
Yangling 712100, Shaanxi, People's Republic of China  
e-mail: wangyj@nwsuaf.edu.cn

Y. Yu · W. Xu · J. Wang · L. Wang · W. Yao · Y. Xu ·  
J. Ding · Y. Wang  
Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement  
of Horticultural Crops (Northwest Region),  
Ministry of Agriculture, Yangling 712100,  
Shaanxi, People's Republic of China

Y. Yu · W. Xu · J. Wang · L. Wang · W. Yao · Y. Xu ·  
J. Ding · Y. Wang  
State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas,  
Northwest A&F University, Yangling 712100,  
Shaanxi, People's Republic of China

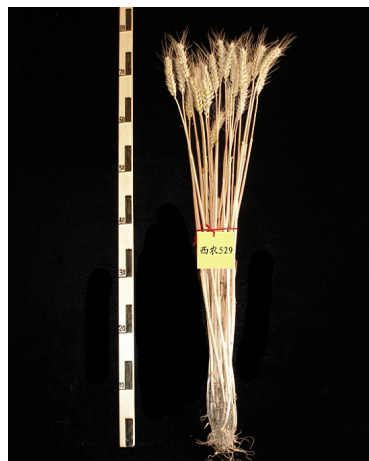


### (三) 审定农作物品种

## 西农 529

1、品种来源：绵阳 26/小偃 597

2、品种简介：西农 529 属半冬偏春性，比对照小偃 22 早熟 1 天。幼苗淡绿色，半匍匐，生长健壮。株高 75 厘米左右，株型稍紧凑，旗叶上挺，茎秆粗壮，抗倒伏性好。穗层整齐，穗长方形。长芒，护颖白色，斜肩。穗长 9-10 厘米，每穗小穗数 20-22 个，小穗排列紧密。中部小穗数结实 3-4 粒，顶端结实性好。亩穗数 38 万左右，穗粒数 35-40 粒，千粒重 45 克左右。籽粒白色，角质，卵圆形，腹沟浅，籽粒饱满度好，品质优良，产量高。经农业部谷物及制品质量监督检验测试中心(哈尔滨)分析：蛋白质含量 14.99%，沉降值 43.5ml，湿面筋 30.8%，稳定时间 13.1 分钟，角质率 99%，最大抗延阻力 732E.U.，拉伸面积 148.7cm<sup>2</sup>，评价值 83 分。品质达到国家优质强筋小麦标准。综合抗病性好。经西北农林科技大学植物保护学院植病研究所鉴定，对条锈高抗至免疫；中感白粉病和赤霉病。适应性强，成熟落黄好。产 2010—2013 年陕西省区域试验（高肥组）7 点次汇总，平均亩产 490 公斤，比对照小偃 22（平均亩产 484.7 公斤）增产 1.8%。



## 西农 165

### 1、品种来源:

西农 165 由西北农林科技大学农学院小麦育种研究室于 2002 年用西农 953 做母本, 9401B 做父本杂交, 经系谱法选育而成。

### 2、品种简介:

特征特性: 西农 165 主要植物学特征是幼苗微匍匐; 叶色深绿, 叶较小, 旗叶上挺; 株高 75cm 左右, 茎秆坚韧, 弹性好; 株型较紧凑, 穗层厚齐; 穗长方形、中大、均匀,

多花多粒, 结实性好; 白壳、长芒, 籽粒色白、饱满, 角质、长圆形; 千粒重 44 克左右。主要生物学特性是: 弱冬性, 抗寒耐冻性好; 分蘖力较强, 成穗率较高; 抗倒伏能力强; 生育期 230 天左右, 熟期适中; 田间综合抗病性好, 成熟落黄好; 品质为优质中筋; 适应性好, 对关中新老灌区具有良好适应性; 产量三要素协调, 产量潜力 650 公斤以上, 生产水平 550 公斤左右。

栽培技术要点: ①选用地力水平为 400 公斤以上的中、高水肥水地种植, 施足基肥, 有机肥与无机肥配合, 氮、磷、钾肥配合, 基肥中氮肥用量占全生育期氮肥用量的 70~75%。

②适宜播期为 10 月上中旬, 亩播量依土壤肥力、整地质量、播期、墒情及播种方法而定, 常规亩播量 8~10 公斤, 基本苗每亩 14~16 万, 冬前群体每亩 55~60 万, 春季最大群体每亩 80~90 万, 亩成穗 44 万左右。

③适时冬灌, 酌情春灌, 早年浇好灌浆水, 结合冬灌追施氮肥, 氮肥追肥量占全生育期氮肥总用量的 25~30%, 留 2% 的氮肥用于抽穗灌浆期叶面追肥。

④在小麦抽穗开花期及时进行一喷三防。结合一喷三防, 喷施磷酸二氢钾和进行叶面喷肥, 延长叶功能期, 增加粒重, 确保优质高产。



适宜地区及产量水平：该品种为弱冬性，抗寒耐冻性较好，株高 75cm 左右，茎秆坚韧，抗倒伏能力强。田间综合抗病性好，成熟落黄好，关中灌区两年区试平均亩产 542.4kg, 最高亩产 632kg。14 点次试验中，11 点次增产，增产点次占试验点次 78.6%。表明该品种对关中灌区具有良好的广泛适应性，且具有亩产 650 公斤的产量潜力。





## 陕单 616

**1、品种来源：**母本 KA081 以西北农林科技大学构建的 PX 群体为基础材料，以单穗粒重（大于 100 克）和出籽率（大于 87%）为指标，在 6000 株/亩密度条件下，经多代自交选育而成。父本 KB093 以西北农林科技大学构建陕群 B 群体为基础材料，以单穗粒重（大于 100 克）和出籽率（大于 87%）为指标，在 8000 株/亩密度条件下，经多代自交选育而成。



**2、品种简介：**在陕西春播生育期 123 天左右，与对照郑单 958、秦龙 14 号生育期相当。幼苗叶鞘紫红色。成株高 260 厘米，穗位 90 厘米，全株叶片 19 片，株型半紧凑，上部叶间距大，叶尖下垂，顶叶 1-2 叶较短，植株茎秆韧性较好。雄穗分枝 7 个左右，护颖浅红色，花药黄色，散粉时间为 5 天左右。花丝浅红色。果穗圆筒形穗长 20~22 厘米，穗行数 18~20 行，行粒数 36~38 粒，千粒重 370~400 克，出籽率 88%，穗轴白色，籽粒半马齿型，籽粒黄色。

经西北农林科技大学植物保护学院 2011~2012 年两年接种鉴定，抗小斑病、丝黑穗病、茎腐病，中抗大斑病、穗粒腐病。

经农业部谷物及制品质量监督检验测试中心（哈尔滨）测定，籽粒容重 752 克/升，粗蛋白含量（干基）8.46%，粗脂肪含量（干基）3.72%，粗淀粉（干基）含量 74.62 %。



KA081 玉米自交系



KA081 雄穗



KA081 果穗



KB093 玉米自交系



KB093 雄穗



KB093 果穗

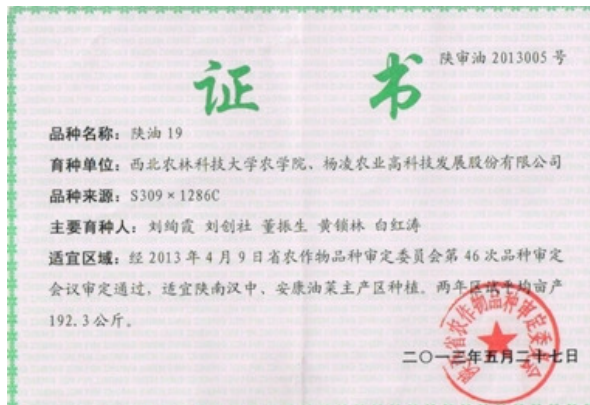


## 陕油 19

1、品种来源：陕油 19 是利用化学杀雄技术，以自育的甘蓝型油菜优质自交系 S 309 为母本，以自育的恢复系 1286 C 为父本杂交选育而成的杂交油菜新品种。

2、品种简介：2011 ~ 2012 年参加陕西省陕南区试和生产试验，两年平

均产量 2 883.8 kg /hm<sup>2</sup>，比对照增产 5.7%。2012 年生产试验平均产量 2 714 kg /hm<sup>2</sup>，比对照增产 8.4%。该品种高产、高油、优质、耐病、稳产性好，芥酸含量 0.10%，硫苷含量 25.43 μmol /g(饼)，含油量 45.08%。2013 年 4 月通过陕西省农作物品种审定委员会审定(编号：陕审油 2013005 号)。该品种全生育期 241 天。叶片绿色，裂叶 2-3 对，苗期出叶 10-12 片，幼苗半直立，初花期适中，终花期与对照相同，成熟期与对照相当，属中熟品种。成熟期株高 175cm 左右，一次有效分枝 9-10 个，主花序长度 65cm，单株有效角果数 420 个左右，角果细长，每角粒数 23 粒，千粒重 3.4g，种子黑褐色，籽粒饱满。抗倒、抗寒能力较强，抗菌核病。



油菜移动

## 秦甘 1265

### 1、品种来源:

由西北农林科技大学园艺学院育成。秦甘1265为秋甘蓝中熟杂种一代品种，是利用甘蓝胞质雄性不育系CMS04G632-8-6-3和DH系DH06Y03-35杂交配制育成。

### 2、品种简介:

甘蓝中早熟杂种一代品种,陕西省夏秋季栽培定植到收获65天左右。苗期,子叶两枚,对生肾形,真叶椭圆形,叶片较厚,叶缘平滑,叶脉明显。莲座期,植株半直立型,莲座叶14~15片,蜡粉多,外叶灰绿色,叶面平滑,蜡粉多;叶缘波纹轻,无缺刻,叶柄不明显,着生叶片外茎短粗。结球期,植株开展度46.2cm,叶球扁圆形,叶球顶端半平、底部圆平,球纵径20.5cm,横径23.9cm,叶球浅灰绿色;叶球紧实度0.58,中心柱长0.56cm,帮叶比23.5%,平均单球重1.4kg。高抗病毒病、黑腐病和霜霉病,耐裂球、耐热性强。叶球商品性好,叶球外观符合消费者习惯;叶球叶片质地脆甜,生食香甜,风味品质优良。该品种主要适宜北方地区早秋、秋冬季栽培和南方秋季栽培。667m<sup>2</sup>产量水平4500~5000公斤。



移 动

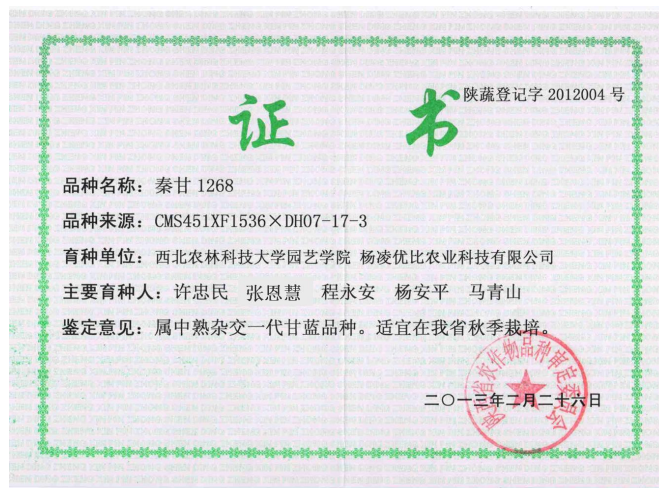
## 秦甘 1268

### 1、品种来源:

秦甘 1268 是由西北农林科技大学园艺学院利用甘蓝胞质雄性不育系 CMS451XF1536 和自交系 DH07-17-3 杂交配制而成的杂交一代甘蓝品种。

### 2、品种简介:

甘蓝中早熟优质甘蓝品种，从定植到叶球收获 68 天左右。植株较直立，适宜密植；开展度 53.8 厘米，外叶数 11—13 片，外叶绿色，蜡粉少；叶球圆球型，球叶较绿。球纵径 16.5cm，横径 16.8cm；叶球中心柱长 6.4cm，单球重 1.4kg；叶球紧实度 0.67。高抗病毒病和霜霉病，抗黑腐病；耐裂球，商品性好。成熟球叶绿色叶层较多，叶质鲜嫩脆甜，叶球外观符合消费者习惯，品质优良；抗病性强，适宜秋季和高山栽培，亩产量水平 5000kg。



移 动



## 四、实验室大事记

1、2月23日,科技部基础司彭以祺副司长参加“小麦重要病原真菌毒性变异的生物学基础”项目启动会,项目首席科学家黄丽丽教授汇报项目总体设计及进展

2、2月23日,科技部基础司彭以祺副司长来实验室考察调研,实验室主任康振生教授介绍了实验室研究方向、科研进展、人才队伍、运行管理、科研基础、开放共享和社会服务等情况。

3、3月2日,植物病虫害生物学国家重点实验室主任周雪平教授和南京农业大学王源超教授来实验室进行学术交流,并分别做了题为“植物的防御与双生病毒的反防御”和“卵菌干扰植物免疫的分子机理”的学术报告。

4、3月17-22日,实验室主任康振生教授带队调研相关国家重点实验室运行管理、开放交流等机制体制建设。实验室副主任、各研究方向负责人、技术支撑部负责人及办公室人员一同赴山东农大、中国农大、中国农科院植保所、中科院遗传所等单位相关国家重点实验室进行调研。

5、3月30日,科技部副部长陈小娅考察实验室,张光强书记、孙其信校长陪同考察,实验室主任康振生教授、副主任吉万全教授分别汇报了实验室情况和研究进展。

6、4月21日,陕西科协党组书记胡燕女士来实验室调研。王跃进副校长陪同,实验室副主任吉万全教授介绍相关情况。

7、5月11-13日,实验室联合农学院、中国旱区节水农业研究院共同举办“中欧澳作物非生物逆境抗性表型鉴定国际研讨会”,来自美国、澳大利亚、英国、西班牙、加拿大的15名国际知名专家与中国农业大学、华中农业大学等国内学者70余人参会。

8、5月17日,来自全国32所高校、40个国家级教学实验示范中心的120余名代表来我室参观考察。

9、6月18日,埃塞俄比亚农业部考察团一行来我室参观考察。实验室主任秘



书胡银岗教授介绍了实验室研究方向、科研队伍、人才培养等方面的情况，重点介绍了实验室组建以来取得的科研成果和培育的高产抗逆新品种，并与考察团一行就相关问题展开了交流探讨。

10、7月1日，陕西省科技厅厅长李明远来我室调研考察。实验室主任康振生教授汇报了实验室开放运行、科研条件建设等方面的情况。

11、7月3日，全国政协常委、教科文卫体委员会副主任、科技部原副部长、中国科学院院士程津培教授来实验室考察调研。

12、7月6日，实验室举行第一届师生羽毛球赛，百余名师生在紧张的科研工作之余参加了此次活动，增强了实验室凝聚力。

13、7月22日，应实验室邀请，美国衣阿华州立大学教授杨兵来我室进行学术交流，并做题为“TAL effectors: From Pathogenesis to targeted genome editing”的学术报告。

14、8月7日，科技部副部长王伟中来我室调研考察。实验室主任康振生教授汇报了实验室科研工作进展、开放运行以及取得的科研成果等方面的情况。

15、8月17日，美国科学院院士、加州大学伯克利分校 Steven E. Lindow 教授应邀来我室讲学交流，并做题为“Interactions between bacteria and fungi and the plants on which they live”和“The complex lifestyle of Xylella fastidiosa coordinated by cell-cell signaling: achieving disease control via pathogen confusion”的学术报告。

16、8月19-21日，由实验室主办的“第三届植物—生物互作国际会议”在杨凌成功举办。来自我国以及美国、英国、德国、澳大利亚、荷兰、比利时、丹麦等11个国家的300余名专家学者参加了会议。侯曦副校长代表学校致欢迎辞。会议开幕式由国际著名植物病理学家、我校植物病理学创新引智“111”项目海外学术大师陈贤明教授主持。实验室主任康振生教授、中国科学院上海植生所何祖华研究员、我校“千人计划”刘同先教授、北京大学李毅教授共同担任大会组委会主席。

17、10月16日，澳大利亚阿德莱德大学副校长 Robert Saint 教授来我室参观访问。实验室主任秘书胡银岗教授介绍了实验室研究方向、研究队伍以及近期研究进

展等。

18、10月20日,德国弗莱堡大学 Klaus Palme 教授来实验室访问交流,主任秘书胡银岗教授介绍了实验室相关情况,双方就开展合作与交流进行了商讨。

19、11月5日,中国农科院副院长吴孔明院士应邀来我室做报告。吴孔明院士围绕“植物保护科研团队建设的体会”与我室科研人员、研究生分享了其30余年科研生涯的感受和体会。

20、11月4日,全国人大常委会副委员长、民盟中央主席张宝文来我室视察。实验室主任康振生汇报了实验室研究方向和定位、科研队伍组成、仪器设备以及实验室组建以来取得的科研成果。

21、11月5日,教育部副部长杜占元来实验室调研考察。我室马锋旺教授汇报了实验室基本情况以及其科研团队围绕苹果品质改良与遗传育种开展的工作和取得的成果。

22、11月12日,实验室顺利通过科技部组织建设验收。专家组认真听取了实验室主任康振生教授做的实验室建设情况汇报,现场考察了实验室的研究平台,充分讨论后一致认为,旱区作物逆境生物学国家重点实验室已全面完成了建设任务,实现了建设目标,同意通过验收。

23、12月21日,实验室召开第一届学术委员会第3次会议。实验室主任康振生教授代表实验室汇报了2013年工作进展和下年度工作计划。各位委员对实验室的工作报告进行了质疑讨论,认为实验室在科学研究、平台建设、开放交流、运行管理等方面开展了扎实的工作,完成了2013年度工作计划,取得了较好的成绩。同时建议实验室进一步凝练方向,围绕旱区作物逆境生物学重大科学问题,进行顶层设计,开展协同创新性研究,力争取得重大研究进展,为实验室评估打下坚实基础。

附表 1: 2013 年承担的国家级科研项目

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费 (万元)
1	973 项目	小麦重要病原真菌毒性变异的生物学基础	黄丽丽	2013-1-1	2017-12-31	3500.00
2	转基因专项课题	高产转基因小麦新品种培育	吉万全	2013-1-1	2013-12-31	307.00
3	转基因专项课题	玉米耐旱相关基因的克隆与功能研究	赵天永	2014-1-1	2016-12-31	192.00
4	公益性行业(农业)专项	黄土高原雨养农田水分高效利用技术与示范	王朝辉	2013-1-1	2017-12-31	356.00
5	公益性行业(农业)专项	粮食作物重要病毒病防控技术与示范	吴云峰	2013-1-1	2017-12-31	245.00
6	公益性行业(农业)专项	园艺作物重要粉虱类害虫综合防控技术与示范	刘同先	2013-1-1	2017-12-31	179.00
7	公益性行业(农业)专项	禾谷类白粉病和赤霉病综合治理技术与示范	许金荣	2013-1-1	2017-12-31	179.00
8	公益性行业(农业)专项	作物疫病监测防控技术与示范	单卫星	2013-1-1	2017-12-31	124.00
9	公益性行业(农业)专项	小麦种质资源发掘与创新利用	吉万全	2013-1-1	2017-12-31	100.00
10	自然科学基金重点项目	干旱条件下苹果高水分利用效率的分子机制及其遗传分析	马锋旺	2014-1-1	2018-12-31	297.00
11	自然科学基金面上项目	生物能源作物柳枝稷苗期慢发育的机制研究	奚亚军	2014-1-1	2017-12-31	86.00
12	自然科学基金面上项目	中国野生毛葡萄浆果中特异品质基因及其功能研究	王跃进	2014-1-1	2017-12-31	85.00

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
13	自然科学基金面上项目	中国小麦条锈菌新毒性菌系出现与有性过程的关系研究	詹刚明	2014-1-1	2017-12-31	84.00
14	自然科学基金面上项目	苜蓿中华根瘤菌 P-type ATPase 介导的铜抗性机制及其调控机理研究	韦革宏	2014-1-1	2017-12-31	85.00
15	自然科学基金面上项目	植物源杀虫剂苦皮藤素 V 靶标蛋白的功能验证及成药性验证	吴文君	2014-1-1	2017-12-1	80.00
16	自然科学基金面上项目	小麦蓝矮植原体致病关键效应蛋白的鉴定及其致病机理研究	吴云峰	2014-1-1	2017-12-31	80.00
17	自然科学基金面上项目	苹果轮纹病病原的重新厘定及致病性分化研究	孙广宇	2014-1-1	2017-12-31	80.00
18	自然科学基金面上项目	锈菌特有的小麦条锈菌 INF 类基因介入的致病机理研究	郭 军	2014-1-1	2017-12-31	80.00
19	自然科学基金面上项目	钙依赖蛋白激酶基因 VpCPK1 介导中国野葡萄抗白粉病机制研究	文颖强	2014-1-1	2017-12-31	80.00
20	自然科学基金面上项目	小麦 YrSM139-1B 免疫条锈病基因精细作图和候选基因克隆验证	张 宏	2014-1-1	2017-12-31	80.00
21	自然科学基金面上项目	苹果 MdTMT1 和 MdTMT2 在果实糖代谢与积累中的作用及其调控分析	李明军	2014-1-1	2017-12-31	80.00
22	自然科学基金面上项目	干旱条件下糜子高产群体结构、生理性状及农田微气象特征研究	冯佰利	2014-1-1	2017-12-30	78.00
23	自然科学基金面上项目	一个全新 miRNA 介导番茄抗灰霉病菌侵染的分子机制研究	金伟波	2014-1-1	2017-12-31	78.00
24	自然科学基金面上项目	基于 BSA 差异表达序列的小麦成株期抗条锈病 QTLs 精细作图	韩德俊	2014-1-1	2017-12-31	75.00
25	自然科学基金面上项目	TaPCNA 调控小麦生理型雄性不育小孢子异常分裂分子机理	张改生	2014-1-1	2017-12-31	75.00



## 2013年度报告

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费 (万元)
26	自然科学基金青年项目	稻瘟病菌 TRX 家族成员激活其靶基因及 PMK1 信号通路的分子机制研究	强晓玉	2014-1-1	2016-12-31	26.00
27	自然科学基金青年项目	植物细胞中致病疫霉菌 RXLR 效应蛋白的定位与初步功能解析	顾 彪	2014-1-1	2016-12-31	23.00
28	自然科学基金青年项目	苹果树腐烂病菌 FAE 基因的克隆及其致病功能分析	高小宁	2014-1-1	2016-12-31	22.00
29	自然科学基金青年项目	稻瘟病菌 TRX 家族成员激活其靶基因及 PMK1 信号通路的分子机制研究	江 聪	2014-1-1	2016-12-31	22.00
30	自然科学基金青年项目	落叶松-杨栅锈菌 Kss1/Fus3 类和 Slr2 类 MAPK 基因的功能分析	于 丹	2014-1-1	2016-12-31	22.00
31	杰出青年基金	作物卵菌病害（基金）	单卫星	2012-1-1	2015-12-31	240.00
32	杰出青年基金	微生物多样性及生态（基金）	韦革宏	2012-1-1	2015-12-31	240.00
33	973 课题	粮食作物基因对基因病害的抗病品种布局理论	康振生	2011-1-1	2015-12-31	298.00
34	973 子课题	小麦分子设计育种基础研究	吉万全	2009-1-1	2013-12-31	80.00
35	973 子课题	旱地小麦高产与水分高效利用的养分调控途径	王朝辉	2009-1-1	2013-12-31	50.00
36	973 子课题	同源染色体识别与配对的分子机理	吉万全	2011-1-1	2015-8-31	47.00
37	973 子课题	粮食作物抗基因对基因病害的品种选育与布局理论-马铃薯新型抗晚疫病基因的鉴定	单卫星	2012-1-1	2016-12-31	105.00
38	973 子课题	害虫行为生态调控的新方法和新技术研究	刘同先	2012-1-1	2016-12-31	100.00

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
39	973 子课题	林木对土壤 NP 吸收、利用与归还机制	罗志斌	2011-1-1	2015-12-31	265.00
40	863 课题	分子染色体工程高效育种技术研究与应用	吉万全	2011-1-1	2015-12-31	1159.00
41	863 课题	农业生境检测监测与修复技术研究	韦革宏	2012-1-1	2015-12-31	969.00
42	863 子课题	白菜高胡萝卜素、高花青素的分子标记辅助育种技术研究和优异种质创制	张鲁刚	2012-1-1	2016-12-31	40.00
43	863 子课题	农林有害生物分子生态调控技术研究	王保通	2012-1-1	2015-12-31	233.00
44	863 子课题	小麦 A、D 基因组测序	宋卫宁	2012-1-1	2015-12-31	200.00
45	863 子课题	化杀法强优势小麦杂交种的创制与应用	张改生	2012-1-1	2015-12-31	200.00
46	转基因专项课题	小麦抗赤霉病基因的克隆与功能验证	许金荣	2012-1-1	2015-12-31	1418.00
47	公益性行业(林业)专项	重金属污染土壤的林木修复机理与调控技术研究	罗志斌	2012-1-1	2015-12-31	79.00
48	公益性行业(农业)专项	粮食作物基因对基因病害的抗病品种布局技术研究示范	韩德俊	2012-3-1	2016-12-31	97.00
49	公益性行业(农业)专项	关中灌区小麦主要病害防控技术与集成示范	康振生	2012-1-1	2016-12-31	55.00
50	公益性行业(农业)专项	适合西北非耕地园艺作物栽培的温室结构域建造技术与产业化示范	邹志荣	2012-1-1	2016-12-31	175.00
51	公益性行业(农业)专项	主要蔬菜杂种优势利用与新品种选育	张鲁刚	2012-1-1	2015-12-31	56.00

## 2013年度报告

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费 (万元)
52	公益性行业（农业）专项	果树腐烂病防控技术与示范	黄丽丽	2012-1-1	2015-12-31	47.00
53	公益性行业（农业）专项	主要农作物抗御季节性干旱技术与示范	薛吉全	2012-1-1	2015-12-31	245.00
54	公益性行业（农业）专项	黄淮北部小麦航天工程育种技术及新品种选育研究	王成社	2012-1-1	2015-12-31	140.00
55	公益性行业（农业）专项	中国小麦条锈菌毒性变异与抗条锈遗传合作研究	康振生	2012-1-1	2014-12-31	200.00
56	公益性行业（农业）专项	农作物最佳养分管理技术研究与应用	王朝辉	2011-11-1	2015-12-31	47.00
57	公益性行业（农业）专项	十字花科小菜蛾综合防控技术与示范推广	刘同先	2011-8-1	2015-12-31	38.00
58	公益性行业（农业）专项	陕西省干旱区抗逆农作物种质资源调查	吉万全	2011-6-1	2016-5-31	136.00
59	公益性行业（农业）专项	西北地区作物蚜虫优势寄生蜂应用技术与示范推广	刘同先	2011-3-5	2015-12-31	40.00
60	公益性行业（农业）专项	小麦、玉米抗旱节水指标鉴定与品种选育	奚亚军	2011-1-1	2015-12-31	245.00
61	公益性行业（农业）专项	西北旱作与节水农业最佳养分管理技术模式与示范	王朝辉	2011-1-1	2015-12-31	225.00
62	公益性行业（农业）专项	葡萄苹果砧木收集、评价与筛选	徐 炎	2011-1-1	2015-12-31	168.00
63	农业部产业化体系	草害防控	胡胜武	2011-1-1	2015-12-31	350.00
64	农业部产业化体系	小麦条锈病防治研究	康振生	2011-1-1	2015-12-31	350.00

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
65	农业部产业化体系	蔬菜害虫生物防治	刘同先	2011-1-1	2015-12-31	350.00
66	自然科学基金重点项目	小麦对条锈菌成株抗性机理的研究	康振生	2010-1-1	2014-12-31	180.00
67	自然科学基金面上项目	杂交杨吸收、转运与积累重金属镉的生理与转录组调控机制	罗志斌	2013-1-1	2016-12-31	88.00
68	自然科学基金面上项目	致病疫霉菌致病关键的效应蛋白基因的鉴定和初步利用研究	单卫星	2013-1-1	2016-12-31	85.00
69	自然科学基金面上项目	小麦条锈菌有性过程在毒性变异及病害流行中的作用研究	康振生	2013-1-1	2016-12-31	85.00
70	自然科学基金面上项目	西北地区丛枝菌根真菌提高植物耐铅性机制的研究	唐 明	2013-1-1	2016-12-31	85.00
71	自然科学基金面上项目	中国野葡萄抗黑痘病分子机理的研究	王西平	2013-1-1	2016-12-31	85.00
72	自然科学基金面上项目	温度诱导的小麦抗条锈病基因表达特征研究	胡小平	2013-1-1	2016-12-31	80.00
73	自然科学基金面上项目	小麦-蚜虫-天敌载体植物系统防治温室蔬菜蚜虫的理论及应用	刘同先	2013-1-1	2016-12-31	80.00
74	自然科学基金面上项目	条锈菌效应蛋白转运机制及其功能分析	王晓杰	2013-1-1	2016-12-31	80.00
75	自然科学基金面上项目	梨小食心虫在桃、梨之间季节性转移危害的挥发物诱导与嗅觉识别机制研究	仵均祥	2013-1-1	2016-12-31	80.00
76	自然科学基金面上项目	水稻 OsNOX2 抗旱的分子机制及其调控信号研究	陈坤明	2013-1-1	2016-12-31	78.00
77	自然科学基金面上项目	白粉病诱导的中国野生华东葡萄 VpPR10 蛋白基因定位表达研究	徐 炎	2013-1-1	2016-12-31	76.00



序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费 (万元)
78	自然科学基金面上项目	MAPK-WRKY 信号通路调控植物钾营养利用的分子机理研究	江元清	2013-1-1	2016-12-31	75.00
79	自然科学基金面上项目	海氏浆角蚜小蜂与烟粉虱对逆境胁迫响应的适应性与机制	张世泽	2013-1-1	2016-12-31	70.00
80	自然科学基金面上项目	大麦盐胁迫相关 miRNA 的鉴定与功能分析	宋卫宁	2013-1-1	2013-12-31	15.00
81	自然科学基金面上项目	菌根真菌和黑色有隔内生真菌提高林木耐旱机制	唐 明	2012-1-1	2015-12-31	68.00
82	自然科学基金面上项目	中国野葡萄抗白粉病泛素连接酶基因调控抗病功能研究	王跃进	2012-1-1	2015-12-31	68.00
83	自然科学基金面上项目	中国西部蔷薇科果树煤污病菌分类与系统发育研究	孙广宇	2012-1-1	2015-12-31	65.00
84	自然科学基金面上项目	苹果树腐烂病菌侵染过程基因的差异表达及致病性研究	黄丽丽	2012-1-1	2015-12-31	64.00
85	自然科学基金面上项目	干旱诱导表达的苹果 AsA 转运蛋白功能和在抗逆中的作用分析	马锋旺	2012-1-1	2015-12-31	62.00
86	自然科学基金面上项目	小麦-野燕麦衍生系分子细胞遗传学研究	吉万全	2012-1-1	2015-12-31	60.00
87	自然科学基金面上项目	无光条件下李果皮花色苷合成的调控机制研究	李鹏民	2012-1-1	2015-12-31	60.00
88	自然科学基金面上项目	拟南芥花斑突变体 var2 修饰基因的克隆和功能研究	郁 飞	2012-1-1	2015-12-31	60.00
89	自然科学基金面上项目	小麦生理型雄性不育靶标蛋白定位及其组分与功能研究	张改生	2012-1-1	2015-12-31	60.00
90	自然科学基金面上项目	橙色大白菜类胡萝卜素积累的分子机理	张鲁刚	2012-1-1	2015-12-31	58.00

序号	项目类别	项目名称	项目负责人	开始日期	结束日期	合同经费(万元)
91	自然科学基金面上项目	生物能源作物柳枝稷人工穗芽形成机制研究	奚亚军	2012-1-1	2015-12-31	57.00
92	自然科学基金面上项目	小麦 CBL-CIPK 信号系统介导的抗条锈病机理研究	郭 军	2012-1-1	2015-12-31	52.00
93	自然科学基金青年项目	苹果 6-磷酸山梨醇脱氢酶基因启动子的功能分析与应用	梁 东	2013-1-1	2015-12-31	23.00
94	自然科学基金青年项目	小麦条锈菌 Zn2Cys6 转录因子在致病性中的作用机理研究	黄雪玲	2013-1-1	2015-12-31	22.00

附表 2: 2013 年度发表的学术论文

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
1	The Gene Sr33, an Ortholog of Barley Mla Genes, Encodes Resistance to Wheat Stem Rust Race Ug99	Science, (2013) 341, 786 DOI: 10.1126/science.1239028	Sambasivam Periyannan, John Moore, Michael Ayliffe, Urmil Bansal, Xiaojing Wang (第五作者), Li Huang, Karin Deal, Mingcheng Luo, Xiuying Kong, Harbans Bariana, Rohit Mago, Robert McIntosh, Peter Dodds, Jan Dvorak, Evans Lagudah	31.027
2	High genome heterozygosity and endemic genetic recombination in the wheat stripe rust fungus	Nature communications, (2013) 4:2673 DOI: 10.1038/ncomms3673	Wenming Zheng, Lili Huang, Jinqun Huang, Xiaojie Wang, Xianming Chen, Jin-Rong Xu, Gengyun Zhang, Zhensheng Kang	10.015
3	A 4-gigabase physical map unlocks the structure and evolution of the complex genome of <i>Aegilops tauschii</i> , the wheat D-genome progenitor	PNAS May (2013) 7, 110 :19 7940-7945	Ming-Cheng Luo, Yong Q. Gub, Frank M. Youa, Karin R. Deala, Yaqin Maa, Yuqin Hua, Naxin Huo, Yi Wanga, Jirui Wang, Shiyong Chena, Chad M. Jorgensena, Yong Zhanga, Song Weiningi, Gerard R. Lazob, Olin D. Andersonb, and an Dvoraka,	9.737
4	A Comprehensive Mutational Analysis of the Arabidopsis Resistance Protein RPW8.2 Reveals Key Amino Acids for Defense Activation and Protein Targeting	Plant Cell, (2013) DOI: 10.1105/tpc.113.117226	Wenming Wang, Yi Zhang, Yingqiang Wen, Robert Berkey, Xianfeng Ma, Zhiyong Pan, Dipti Bendigeri, Harlan King, Qiong Zhang, Shunyu Xiao	9.251
5	Long-term exogenous application of melatonin delays drought-induced leaf senescence in apple	Journal of Pineal Research, Apr 2013 54(3) 292-302	Ping Wang, Xun Sun, Chao Li, Zhiwei Wei, Dong Liang and Fengwang Ma.	7.304
6	The Chinese wild grapevine ( <i>Vitis pseudoreticulata</i> ) E3 ubiquitin ligase Erysiphe necator-induced RING finger protein 1 (EIRP1) activates plant defense responses by inducing proteolysis of the VpWRKY11 transcription factor	New Phytologist doi: 10.1111/nph.12418 (2013)	Yihe Yu, Weirong Xu, Jie Wang, Lei Wang, Wenkong Yao, Yazhou Yang, Yan Xu, Fuli Ma, Yangjian Du, and Yuejin Wang	6.736
7	A Transcriptomic Network Underlies Microstructural and Physiological Responses to Cadmium in <i>Populus x canescens</i> (I[C][W])	Plant Physiology, 2013, 162(1) 424-439	Jiali He, Hong Li, Jie Luo, Chaofeng Ma, Shaojun Li, Long Qu, Ying Gai, Xiangning Jiang, Dennis Janz, Andrea Polle, Melvin Tyree, and Zhibin Luo.	6.535
8	A suspension-cell biosensor for real-time determination of binding kinetics of protein-carbohydrate interactions on cancer cell surfaces	Chemical Communication, 2013 49(85): 9908-9910	Xueming Li, Yuxin Pei, Ruina Zhang, Qi Shuai, Feng Wang, Teodor Aastrup, Zhichao Pei.	6.378

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
9	A type VI secretion system regulated by OmpR in <i>Yersinia pseudotuberculosis</i> functions to maintain intracellular pH homeostasis	Environmental Microbiology, 2013, 15(2) 557-569	Weipeng Zhang, Yao Wang, Yunhong Song, Tietao Wang, Shengjuan Xu, Zhong Peng, Xiaoli Lin, Lei Zhang and Xihui Shen.	5.843
10	Dispersion and domestication shaped the genome of bread wheat	Plant Biotechnology Journal, 2013 11(5) 564-571	Paul J. Berkman, Paul Visendi, Hong C. Lee, Jiri Stiller, Sahana Manoli, Michał T. Lorenc, Kaitao Lai, Jacqueline Batley, Delphine Fleury, Hana Simkova, Marie Kubal, Song Weining, Jaroslav Dolezel and David Edwards.	5.442
11	RLP1.1, a novel wheat receptor-like protein gene, is involved in the defence response against <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. tritici	Journal Of Experimental Botany, 2013, 64(12):3735-3746.	Zhengning Jiang, Shuai Ge, Liping Xing, Dejun Han, Zhensheng Kang, Guoqin Zhang, Xiaojie Wang, Xiue Wang, Peidu Chen, Aizhong Cao,	5.242
12	Functions of the lethal leaf-spot 1 gene in wheat cell death and disease tolerance to <i>Puccinia striiformis</i>	Journal Of Experimental Botany, 2013, 64(10):2955-2969.	Chunlei Tang, Xiaojie Wang, Xiaoyuan Duan, Xiaodong Wang, Lili Huang, Zhensheng Kang.	5.242
13	Number Variation of High Stability Regions Is Correlated with Gene Functions	Genome Biology And Evolution, 2013, 5(3) 484-493	Yuanhui Mao, Qian Li, Wangtian Wang, Peiquan Liang, and Shiheng Tao.	4.618
14	Development and comparison of two dispersive liquid-liquid microextraction techniques coupled to high performance liquid chromatography for the rapid analysis of bisphenol A in edible oils	Journal Of Chromatography A, 2013, 1295:16-23.	Shuhui Liu, Qilong Xie, Jie Chen, Janzhi Sun, Hui He, Xiaoke Zhang.	4.612
15	Microbe-Independent Entry of Oomycete RxLR Effectors and Fungal RxLR-Like Effectors Into Plant and Animal Cells Is Specific and Reproducible	Molecular Plant-Microbe Interactions, 2013, 26(6)611-616	Brett M. Tyler, Shiv D. Kale, Qunqing Wang, Kai Tao, Helen R. Clark, Kelly Drews, Vincenzo Antignani, Amanda Rumore, Tristan Hayes, Jonathan M. Plett, Isabelle Fudal, Biao Gu, Qinghe Chen, Katharyn J. Affeldt, Erwin Berthier, Gregory J. Fischer, Daolong Dou, Weixing Shan, Nancy P. Keller, Francis Martin, Thierry Rouxel, and Christopher B. Lawrence.	4.431
16	Genome-wide identification, evolutionary and expression analysis of the aspartic protease gene superfamily in grape	Bmc Genomics, 2013, 14.	Rongrong Guo, Xiaozhao Xu, Bassett Carole, Xiaoqin Li, Min Gao, Yi Zheng, Xiping Wang.	4.397
17	Identification and analysis of MKK and MPK gene families in canola ( <i>Brassica napus</i> L.)	Bmc Genomics, 2013, 14.	Wanwan Liang, Bo Yang, Bao-Jun Yu, Zili Zhou, Cui Li, Ming Jia, Yun Sun, Yue Zhang, Feifei Wu, Hanfeng Zhang, Boya Wang, Michael K. Deyholos, Yuan-Qing Jiang.	4.397
18	GA-Responsive Dwarfing Gene Rht12 Affects the Developmental and Agronomic Traits in Common Bread Wheat	PloS ONE, 2013, 8(4) e62285	Liang Chen, Andrew L. Phillips, Anthony G. Condon, Martin A. J. Parry, Yingang Hu.	4.092



序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
19	Functional Morphology and Sexual Dimorphism of Mouthparts of the Short-Faced Scorpionfly <i>Panorpes kuandianensis</i> (Mecoptera: Panorpididae)	PloS ONE, 2013 8(3) e60351	Na Ma, Jing Huang, Baozhen Hua.	4.092
20	Genomic Organization, Phylogenetic Comparison and Differential Expression of the SBP-Box Family Genes in Grape	PloS ONE, 2013 8(3)e59358	Hongmin Hou, Jun Li, Min Gao, Stacy D. Singer, Hao Wang, Linyong Mao, Zhangjun Fei, Xiping Wang.	4.092
21	TaAbc1, a Member of Abc1-Like Family Involved in Hypersensitive Response against the Stripe Rust Fungal Pathogen in Wheat	PloS ONE, 2013 8(3)e58969	Xiaojing Wang, Xiaojie Wang, Yinghui Duan, Shuining Yin, Hongchang Zhang, Li Huang, Zhensheng Kang.	4.092
22	Fine Mapping of Wheat Stripe Rust Resistance Gene Yr26 Based on Collinearity of Wheat with <i>Brachypodium distachyon</i> and Rice	PloS ONE, 2013 8(3)e57885	Xiaojuan Zhang, Dejun Han., Qingdong Zeng, Yinghui Duan, Fengping Yuan, Jingdong Shi, Qilin Wang, Jianhui Wu, Lili Huang, Zhensheng Kang.	4.092
23	A Secretory Protein of Necrotrophic Fungus <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> That Suppresses Host Resistance	PloS ONE, 2013 8(1)e53901	Wenjun Zhu, Wei Wei1, Yanping Fu, Jiasen Cheng, Jiatao Xie, Guoqing Li, Xianhong Yi, Zhensheng Kang, Martin . Dickman, Daohong Jiang.	4.092
24	Comparative analysis of fungal genomes reveals different plant cell wall degrading capacity in fungi	Bmc Genomics, 2013 14 :274	Zhongtao Zhao, Huiquan Liu, Chenfang Wang and Jin-Rong Xu.	4.073
25	TaEIL1, a wheat homologue of AteIN3, acts as a negative regulator in the wheat-stripe rust fungus interaction	Molecular Plant Pathology, 2013, 14(7):728-739.	Xiaoyuan Duan, Xiaojie Wang, Yanping Fu, Chunlei Tang, Xiaorui Li, Yulin Cheng, Hao Feng, Lili Huang, Zhensheng Kang	3.877
26	Profiling of Differentially Expressed Genes in Roots of <i>Robinia pseudoacacia</i> during Nodule Development Using Suppressive Subtractive Hybridization	PloSONE, 2013, 8(6).	Hongyan Chen, Minxia Chou, Xinye Wang, Sisi Liu, Feilong Zhang, Gehong Wei	3.73
27	Suppression Subtractive Hybridization Analysis of Genes Regulated by Application of Exogenous Abscisic Acid in Pepper Plant ( <i>Capsicum annuum</i> L.) Leaves under Chilling Stress	PloSONE, 2013, 8(6).	Wei-Li Guo, Ru-Gang Chen, Zhen-Hui Gong, Yan-Xu Yin, Da-Wei Li	3.73
28	The MAT Locus Genes Play Different Roles in Sexual Reproduction and Pathogenesis in <i>Fusarium graminearum</i>	PloSONE, 2013, 8(6).	Qian Zheng, Rui Hou, Juanyu Zhang, Jiwen Ma, Zhongshou Wu, Guanghui Wang, Chenfang Wang, Jin-Rong Xu	3.73

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
29	Mutasynthesis of pyrrole spiroketal compound using calcimycin 3-hydroxy anthranilic acid biosynthetic mutant	Applied Microbiology And Biotechnology, 2013, 97(18):8183-8191.	Lixia Gou, Qiulin Wu, Shuangjun Lin, Xiangmei Li, Jingdan Liang, Xiufen Zhou, Derong An, Zixin Deng, Zhijun Wang.	3.689
30	Potato leafroll virus (PLRV) and Potato virus Y (PVY) influence vegetative growth, physiological metabolism, and microtuber production of in vitro-grown shoots of potato ( <i>Solanum tuberosum</i> L.)	Plant Cell Tissue And Organ Culture, 2013, 114(3):313-324.	Jing-Wei Li, Biao Wang, Xiao-Ming Song, Ren-Rui Wang, Long Chen, Hao Zhang, Zhi-Bo Zhang, Qiao-Chun Wang	3.633
31	Overexpression of ALDH2B8, an aldehyde dehydrogenase gene from grapevine, sustains Arabidopsis growth upon salt stress and protects plants against oxidative stress	Plant Cell Tissue And Organ Culture, 2013, 114(2):187-196.	Xiaozhao Xu, Rongrong Guo, Chenxia Cheng, Hongjing Zhang, Yucheng Zhang, Xiping Wang	3.633
32	Target of taе-miR408, a chemocyanin-like protein gene (TaCLP1), plays positive roles in wheat response to high-salinity, heavy cupric stress and stripe rust	Plant Molecular Biology, 2013, 83(4-5):433-443.	Hao Feng, Qiong Zhang, Qiuling Wang, Xiaojie Wang, Jia Liu, Man Li, Lili Huang, Zhensheng Kang	3.518
33	Light and abiotic stresses regulate the expression of GDP-L-galactose phosphorylase and levels of ascorbic acid in two kiwifruit genotypes via light-responsive and stress-inducible cis-elements in their promoters	Planta, 2013, 238(3):535-547.	Juan Li, Dong Liang, Mingjun Li, Fengwang Ma	3.347
34	Molecular mapping of Yr53, a new gene for stripe rust resistance in durum wheat accession PI 480148 and its transfer to common wheat	Theoretical And Applied Genetics, 2013, 126(2) 523-533	L. S. Xu, M. N. Wang, P. Cheng, Z. S. Kang, S. H. Hulbert, X. M. Chen.	3.297
35	Genetic analysis and molecular mapping of a stripe rust resistance gene derived from <i>Psathyrostachys huashanica</i> Keng in wheat line H9014-121-5-5-9	Molecular Breeding, 2013, 32(2):365-372.	Dongfang Ma, Xinli Zhou, Lu Hou, Yaobo Bai, Qiang Li, Haige Wang, Mingshuang Tang, JinXue Jing	3.251
36	Primary and secondary metabolism in the sun-exposed peel and the shaded peel of apple fruit	Physiologia Plantarum, 2013 148(1)9-24	Pengmin Li, Fengwang Ma and Lailiang Cheng.	3.112
37	Contrasting hypoxia tolerance and adaptation in <i>Malus</i> species is linked to differences in stomatal behavior and photosynthesis	Physiologia Plantarum, 2013 147(4) 514-523	Tuanhui Bai, Cuiying Li, Chao Lia, Dong Lianga and Fengwang Ma.	3.112

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
38	Duration of sucrose preculture is critical for shoot regrowth of in vitro-grown apple shoot-tips cryopreserved by encapsulation-dehydration	Plant Cell Tissue And Organ Culture, 2013 112(3) 369-378	Chaohong Feng , Zhenhua Cui , Baiquan Li , Longchen, Yanli Ma , Yanhua Zhao, Qiaochun Wang.	3.09
39	Halide promoted organotin-mediated carbohydrate benzoylation: mechanism and application	Tetrahedron, 2013 69(13) 2693-2700	Yixuan Zhou , Jinyang Li , Yingjie Zhan , ZhichaoPei , Hai Dong.	3.025
40	A core functional region of the RFP1 promoter from Chinese wild grapevine is activated by powdery mildew pathogen and heat stress	Planta , 2013, 237(1)293–303	Yihe Yu , Weirong Xu , Jie Wang, Lei Wang, Wenkong Yao , Yan Xu , Jiahua Ding , Yuejin Wang.	3
41	Theoretical Modeling Suggests that Synergy May Result from Combined Use of Two Biocontrol Agents for Controlling Foliar Pathogens Under Spatial Heterogeneous Conditions	Phytopathology, 2013, 103(8):768-775.	X-M Xu, M. J.Jeger	2.968
42	Expression patterns and promoter characteristics of the gene encoding Actinidia deliciosa L-galactose-1-phosphate phosphatase involved in the response to light and abiotic stresses	Molecular Biology Reports, 2013 40(2) 1473-1485	Juan Li , Mingjun Li , Dong Liang,Meng Cui , Fengwang Ma.	2.929
43	Molecular cloning and characterization of a cDNA encoding kiwifruit L-myo-inositol-1-phosphate synthase, a key gene of inositol formation	Molecular Biology Reports , 2013 40(1)697–705	Meng Cui , Dong Liang , Fengwang Ma.	2.929
44	Cytological and molecular characterization of non-host resistance in Arabidopsis thaliana against wheat stripe rust	Plant Physiology and Biochemistry, 2013, 62 : 11-18	Yulin Cheng , Hongchang Zhang , Juanni Yao, Qingmei Han, Xiaojie Wang , Lili Huang ,Zhensheng Kang .	2.838
45	Combined Use of Two Biocontrol Agents with Different Biocontrol Mechanisms Most Likely Results in Less Than Expected Efficacy in Controlling Foliar Pathogens Under Fluctuating Conditions: A Modeling Study	Phytopathology,2013 103(2) 108-116	X.-M. Xu and M. J. Jeger.	2.799

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
46	vsiRNAs derived from the miRNA-generating sites of pri-tae-miR159a based on the BSMV system play positive roles in the wheat response to Puccinia striiformis f. sp tritici through the regulation of taMyb3 expression	Plant Physiology And Biochemistry, 2013, 68:90-95.	Hao Feng, Qiong Zhang, Huayi Li, Xiaojie Wang, Xiaodong Wang, Xiaoyuan Duan, Bing Wang, Zhensheng Kang	2.775
47	Enhanced salt resistance in apple plants overexpressing a Malus vacuolar Na <sup>+</sup> /H <sup>+</sup> antiporter gene is associated with differences in stomatal behavior and photosynthesis	Plant Physiology And Biochemistry, 2013, 70:164-173.	Chao Li, Zhiwei Wei, Dong Liang, Shasha Zhou, Yonghong Li, Changhai Liu, Fengwang Ma	2.775
48	Genome-wide identification and analysis of the SBP-box family genes in apple (Malus x domestica Borkh.)	Plant Physiology And Biochemistry, 2013, 70:100-114.	Jun Li, Hongmin Hou, Xiaoqin Li, Jiang Xiang, Xiangjing Yin, Hua Gao, Yi Zheng, Carole L.Bassett, Xiping Wang	2.775
49	Rapid determination of alpha-tocopherol in cereal grains using dispersive liquid-liquid microextraction followed by HPLC	Journal of separation science, 2013 36(6) 1135-1141	Shuhui Liu, Qilong Xie, Jiangping Cao, Pingping Song, Jie Chen, Weiwei Bai.	2.733
50	Characteristic of the Pepper CaRGA2 Gene in Defense Responses against Phytophthora capsici Leonian	International Journal of Molecular Sciences, 2013,14(5) 8985-9004	Yingli Zhang , Qingli Jia , Dawei Li , June Wang , Yan-Xu Yin and Zhenhui Gong .	2.598
51	Characterization of Rice NADPH Oxidase Genes and Their Expression under Various Environmental Conditions	International Journal of Molecular Sciences/, 2013,14(5) 9940-9458	Gang-Feng Wang , Wenqiang Li , Wenyan Li , Guoli Wu , Congyi Zhou and Kunming Chen	2.598
52	A Novel Peroxidase CanPOD Gene of Pepper Is Involved in Defense Responses to Phytophthora capsici Infection as well as Abiotic Stress Tolerance	International Journal Of Molecular Sciences, 2013,14(2) 3158-3177	June Wang , Keke Liu , Dawei Li , Yingli Zhang, Qian Zhao , Yumei He and Zhenhui Gong	2.598
53	Molecular characterization of an ABA insensitive 5 orthologue in Brassica oleracea	Biochemical and Biophysical Research Communications, 2013, 430(3) 1140-1146	Xiaona Zhou , Feifei Yuan , Mengyao Wang, Aiguang Guo , Yanfeng Zhang , Chang Gen Xie.	2.484
54	Increasing Se concentration in maize grain with soil- or foliar-applied selenite on the Loess Plateau in China	Field Crops Research, 2013, 150:83-90.	Jianwei Wang, Zhaohui Wang, Hui Mao, Hubing Zhao, DonglinHuang.	2.474
55	A Vacuolar Processing Enzyme RsVPE1 Gene of Radish Is Involved in Floral Bud Abortion under Heat Stress	International Journal Of Molecular Sciences, 2013, 14(7):13346-13359.	Jing Zhang, QingFei Li, WeiWei Huang,XiaoYong Xu, XinLing Zhang, MaiXia Hui,MingKe Zhang, LuGangZhang,	2.464



序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
56	Ectopic Expression of BraYAB1-702, a Member of YABBY Gene Family in Chinese Cabbage, Causes Leaf Curling, Inhibition of Development of Shoot Apical Meristem and Flowering Stage Delaying in <i>Arabidopsis thaliana</i>	International Journal Of Molecular Sciences, 2013, 14(7):14872-14891.	XinLing Zhang, ZePing Yang, Jing Zhang, Lu-Gang Zhang.	2.464
57	PHYTOREMEDIATION OF HEAVY AND TRANSITION METALS AIDED BY LEGUME-RHIZOBIA SYMBIOSIS	International Journal Of Phytoremediation, 2014, 16(2):179-202.	X Hao, S Taghavi, P Xie, M J Orbach, H A Alwathnani, C Rensing, G Wei,	2.464
58	Isolation and Characterization of a Calcium-Dependent Protein Kinase Gene, FvCDPK1, Responsive to Abiotic Stress in Woodland Strawberry ( <i>Fragaria vesca</i> )	Plant Molecular Biology Reporter/, 2013, 31(2) 443-456	Jiayue Feng, Jing Li, Hong Liu, Qinghua Gao, Ke Duan, Zhirong Zou.	2.453
59	A Novel Heat Shock Transcription Factor, VpHsf1, from Chinese Wild <i>Vitis pseudoreticulata</i> is Involved in Biotic and Abiotic Stresses	Plant Molecular Biology Reporter, 2013, 31(1) 240-247	Shaobing Peng, Ziguang Zhu, Kai Zhao, Jiangli Shi, Yazhou Yang, Mingyang He, Yuejin Wang.	2.453
60	Etiology of Moldy Core, Core Browning, and Core Rot of Fuji Apple in China	Plant Disease, 2013, 97(4) 510-516	L. L. Gao, Q. Zhang, X. Y. Sun, L. Jiang, R. Zhang, G. Y. Sun, Y. L. Zha.	2.449
61	Virulence Characterization of International Collections of the Wheat Stripe Rust Pathogen, <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>	Plant Disease, 2013, 97(3) 379-386	D. Sharma-Poudyal, X. M. Chen, A. M. Wan, G. M. Zhan, Z. S. Kang, S. Q. Cao, S. L. Jin, Z. Mert, S. J. A. Shah, H. Bux, M. Ashraf, R. C. Sharma, R. Madariaga, K. D. Puri, K. Q. Xi, K. Manninger, M. I. Ganzález, M. Koyda, S. Sanin, L. J. Patzek.	2.449
62	Antibacterial Activity Composition of the Fermentation Broth of <i>Streptomyces djakartensis</i> NW35	Molecules/Mar, 2013, 18(3) 2763-2768	Wenjuan Zhang, Shaopeng Wei, Jiwen Zhang, and Wenjun Wu	2.386
63	Impacts of spinosad and lambda-cyhalothrin on spider communities in cabbage fields in south Texas	Ecotoxicology, 2013, 22(3) 528-537	T. X. Liu, R. W. Irungu, D. A. Dean, M. K. Harris	2.355
64	Universally increased mRNA stability downstream of the translation initiation site in eukaryotes and prokaryotes	Gene, 2013, 517(2)	Yuanhui Mao, Wangtian Wang, Nan Cheng, Qian Li, Shiheng Tao	2.341
65	Development of multiplex real-time PCR for simultaneous detection of three Potyviruses in tobacco plants	Journal of Applied Microbiology, 2013, 114(2) 502-508	J. Dai, H. Peng, W. Chen, J. Cheng and Y. Wu.	2.337

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
66	APHIDSim: A population dynamics model for wheat aphids based on swallowtail catastrophe theory	Ecological Modelling, 2013,253:9-16	M.K.D.K. Piyaratne, Huiyan Zhao, Qingxiang Meng.	2.326
67	Isolation and characterization of a wheat IF2 homolog required for innate immunity to stripe rust	Plant Cell Rep,2013,32(5) 591-600	Hong Zhang , Yingang Hu , Baoju Yang , Fei Xue , Changyou Wang , Zhensheng Kang , Wanquan Ji	2.274
68	Wheat hypersensitive-induced reaction genes TaHIR1 and TaHIR3 are involved in response to stripe rust fungus infection and abiotic stresses	Plant Cell Reports, 2013,32(2) 273-283	Yinghui Duan, Jun Guo, Xuexia Shi ,Xiangnan Guan , Furong Liu, Pengfei Bai , Lili Huang , Zhensheng Kang.	2.274
69	Streptomyces ziwulingensis sp nov., isolated from grassland soil	International Journal of Systematic and Evolutionary MicroBiology, 2013, 63:1545-1549	Yan BingLin, XinYeWang,TingTingWang, ShaoShanAn, PengShi , Ge HongWei.	2.112
70	The association of carbon isotope discrimination (Delta) with gas exchange parameters and yield traits in Chinese bread wheat cultivars under two water regimes	Agricultural Water Management, 2013,119 :111-120	Tauqeer Ahmad Yasira, Donghong Mina, Xiaojie Chen, Anthony Gerard Condon, Yingang Hua.	1.998
71	Comparative Study of Chromium Biosorption by Mesorhizobium amorphae Strain CCNWGS0123 in Single and Binary Mixtures	Applied Biochemistry Biotechnology, 2013, 169(2)570-587	Pin Xie, Xiuli Hao, Osama Abdalla Mohamad, Jianqiang Liang, Gehong Wei.	1.943
72	Characterization of novel gene expression related to glyoxal oxidase by agro-infiltration of the leaves of accession Baihe-35-1 of Vitis pseudoreticulata involved in production of H2O2 for resistance to Erysiphe necator	Protoplasma, 2013,250(3)765-777	Heqing Zhao, Xin Guan , Yan Xu , Yuejin Wang	1.922
73	Effect of a benzothiadiazole on inducing resistance of soybean to Phytophthora sojae	Protoplasma, 2013,250(2) 471-481	Qingmei Han , Hao Feng, Haiyan Zhao , Lili Huang , Xiaojie Wang , Xiaodong Wang, Zhensheng Kang.	1.922
74	Subcellular localization and functional analyses of a PR10 protein gene from Vitis pseudoreticulata in response to Plasmopara viticola infection	Protoplasma, 2013,250(1) 129-140	Mingyang He, Yan Xu , Jiangling Cao , Ziguozhu , Yuntong Jiao , YuejinWang , Xin Guan ,Yazhou Yang , Weirong Xu , Zhenfang Fu	1.922
75	Light intensity and wavelength influence development, reproduction and locomotor activity in the predatory flower bug Orius sauteri (Poppius) (Hemiptera: Anthocoridae)	Biocontrol, 2013, 58(5):667-674.	S. Wang, XTan, J. P. L. Michaud, F. Zhang, XGuo.	1.917

## 2013年度报告

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
76	High-throughput detection of banana bunchy top virus in banana plants and aphids using real-time TaqMan (R) PCR	Journal Of Virological Methods, 2013, 193(1):177-183.	Yan Chen, Xiaoping Hu	1.9
77	Fine structures of the ejaculatory sac and sperm pump of the scorpionfly <i>Panorpa liui</i> Hua (Mecoptera: Panorpidae)	Micron, 2013, 51:41-47.	Jian Shen, Baozhen Hua	1.876
78	Embryonic development of the alimentary canal of the scorpionfly <i>Panorpa obtusa</i> Cheng (Mecoptera: Panorpidae)	Microscopy Research and Technique, 2013,76(5) 457-466	Chao Yue and Baozhen Hua.	1.792
79	Histochemical comparison of the nonhost tomato with resistant wheat against <i>Blumeria graminis</i> f. sp <i>tritici</i>	Microscopy Research and Technique,2013,76(5) 514-522	ChongZhao Hao, Yanli Chen, Bing Zhang, Yuefei Li, Hai Zuo, Tuo Qi, and Qing Ma.	1.792
80	A type I MADS-box gene is differentially expressed in wheat in response to infection by the stripe rust fungus	Biologia Plantarum, 2013, 57(3):540-546.	JGuo, XX. Shi,JSZhang, YHDuan, PFBai, XNGuan,ZSKang.	1.692
81	Characterization of a wheat C2 domain protein encoding gene regulated by stripe rust and abiotic stresses	Biologia Plantarum, 2013, 57(4):701-710.	GZhang, YF Sun,YM Li, YL Dong, XL Huang, YT Yu, JMWang, XMWang, X J Wang, Z SKang.	1.692
82	Changes of dehydrin profiles induced by drought in winter wheat at different developmental stages	Biologia Plantarum, 2013, 57(4):797-800.	HM Zhang, L SZhang, L Liu, WN Zhu,WBYang.	1.692
83	A comparative approach expands the protein-protein interaction node of the immune receptor XA21 in wheat and rice	Genome, 2013, 56(6):315-326.	Baoju Yang, RandyRuan, Dario Cantu, Xiaodong Wang, Wanquan Ji, Pamela Ronald, Jorge C. Dubcovsky,	1.668
84	Rapid and sensitive detection of <i>Curvularia lunata</i> associated with maize leaf spot based on its <i>Clg2p</i> gene using semi-nested PCR	Letters in Applied Microbiology, 2013,56(4) 245-250	J.M. Hou, B.C. Ma, Y.H. Zuo, L.L. Guo, S.G. Gao, Y.Y. Wang and T. Liu.	1.622
85	<i>Psathyrostachys huashanica</i> , a potential resource for resistance to Barley yellow dwarf virus-GAV	European Journal Of Plant Pathology, 2013, 137(2):217-221.	Shuang Song, Ye Tao,Huawei Zhang, YunfengWu.	1.61

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
86	Defence responses of pepper ( <i>Capsicum annuum</i> L.) infected with incompatible and compatible strains of <i>Phytophthora capsici</i>	European Journal Of Plant Pathology, 2013, 136(3):625-638.	JunE Wang, DaWei Li, YingLi Zhang, Qian Zhao, YuMei He, ZhenHuiGong,	1.61
87	Aquaporin expression in response to water-deficit stress in two <i>Malus</i> species: relationship with physiological status and drought tolerance	Plant Growth Regul, J2013, 70(2) 187-197	Changhai Liu, Chao Li, Dong Liang, Fengwang Ma, Shunca Wang, Ping Wang, Rongchao Wang	1.604
88	Differential Performance of <i>Sitobion avenae</i> (Hemiptera: Aphididae) Clones From Wheat and Barley With Implications for its Management Through Alternative Cultural Practices	Journal Of Economic Entomology, 2013, 106(3):1294-1301.	Suxia Gao, Deguang Liu	1.6
89	The Resistance and Correlation Analysis to Three Species of Cereal Aphids (Hemiptera: Aphididae) on 10 Wheat Varieties or Lines	Journal Of Economic Entomology, 2013, 106(4):1894-1901.	XiangShun Hu, MikeA. Keller, XiaoFeng Liu, ZuQing Hu, HuiYan Zhao, TongXianLiu,	1.6
90	Biological control of wheat stripe rust by an endophytic <i>Bacillus subtilis</i> strain E1R-j in greenhouse and field trials	Crop Protection, 2013, 43: 201-206	Hui Li, Jie Zhao, Hao Feng, Lili Huang, Zhensheng Kang.	1.596
91	Fine structure of the ommatidia of the short-faced scorpionfly <i>Panorpedes kuandianensis</i> (Mecoptera: Panorpididae)	Microscopy Research And Technique, 2013, 76(8):862-869.	Qingxiao Chen, Yao Wei, Baozhen Hua,	1.593
92	Cytoplasmic diversity in <i>Brassica rapa</i> L. investigated by mitochondrial markers	Genetic Resources And Crop Evolution, 2013, 60(3)967-974	Ruijie Zhang, Shengwu Hu, Jinqiang Yan, Genlou Sun.	1.554
93	A new species of <i>Scolecobasidium</i> associated with the sooty blotch and flyspeck complex on banana from China	Mycol Progress: online DOI 10.1007/s11557-012-0855-5	Lu Hao & Chen Chen & Rong Zhang & Mingqi Zhu & Guangyu Sun & Mark L. Gleason	1.554
94	Genetic analysis of wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.) and related species with SSR markers	Genetic Resources And Crop Evolution/Mar 2013 60(3) 1105-1117	Yajuan Wang, Changyou Wang, Hong Zhang, Zhongna Yue, Xinlun Liu, Wanquan Ji.	1.554
95	Physiological responses and tolerance to NaCl stress in different biotypes of <i>Malus prunifolia</i>	Euphytica, 2013, 189(1) 101-109	Mingyang Fu, Chao Li, Fengwang Ma.	1.554



序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
96	Defense against <i>Pieris rapae</i> in cabbage plants induced by <i>Bemisia tabaci</i> biotype B	Entomologia Experimentalis et Applicata,2013,147(3) 293-300	Shize Zhang, Honghuang, Hongwei Shan, Fan Zhang, Fanghao Wan and Tongxian Liu.	1.535
97	Population genetic diversity of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> on different wheat varieties in Tianshui, Gansu Province	World Journal Of Microbiology & Biotechnology,2013,29(1): 173-181	Gangming Zhan , Hua Zhuang , Fuping Wang, Guorong Wei, Lili Huang , Zhensheng Kang.	1.532
98	Expression pattern and promoter analysis of the gene encoding GDP-D-mannose 3',5'-epimerase under abiotic stresses and applications of hormones by kiwifruit	Scientia Horticulturae, 2013,150:187-194	Juan Li, Meng Cui, Mingjun Li, Xiaoqian Wang, Dong Liang, Fengwang Ma.	1.527
99	Direct shoot regeneration from basal leaf segments of <i>Lilium</i> and assessment of genetic stability in regenerants by ISSR and AFLP markers	In Vitro Cell.Dev.Biol.—Plant, 2013, 49(3): 333-342	Zhenfang Yin , Bing Zhao, Wenlu Bi , Longchen, Qiaochun Wang.	1.497
100	Physiological roles of mycothiol in detoxification and tolerance to multiple poisonous chemicals in <i>Corynebacterium glutamicum</i>	Arch Microbiol, 2013,195(6) 419-429	Yingbao Liu, Mingxiu Long · Yajie Yin, Meiru Si , Lei Zhang , Zhiqiang Lu · Yao Wang , Xihui Shen.	1.431
101	Evaluation of <i>Malus</i> germplasm resistance to marssonina apple blotch	Eur J Plant Pathol,2013 136(3)597-602	Lihua Yin, Mingjun Li, Xiwang Ke , Cuiying Li , Yangjun Zou , Dong Liang , Fengwang Ma.	1.413
102	Defence responses of pepper ( <i>Capsicum annuum</i> L.) infected with incompatible and compatible strains of <i>Phytophthora capsici</i>	Eur J Plant Pathol, 2013,136(3) 625-638	June Wang , Dawei Li , Yingli Zhang, Qian Zhao , Yumei He, Zhenhui Gong.	1.413
103	An optimized method for in vitro production of <i>Verticillium dahliae</i> microsclerotia	Eur J Plant Pathol,2013,136(2) 225-229	Xiaoping Hu , Yinwen Bai , Ting Chen ,Dongfang Hu , Jiarong Yang , Xiangming Xu	1.413
104	Cytology of infection of apple leaves by <i>Diplocarpon mali</i>	Eur J Plant Pathol,2013,136(1) 41-49	Hua Zhao, Qingmei Han, Jie Wang, Xiaoning Gao, Changlin Xiao, Jing Liu, Lili Huang	1.413
105	Genes involved in adult plant resistance to stripe rust in wheat cultivar Xingzi 9104	Physiological and Molecular Plant Pathology,2013,81 : 26-32	Xueling Huang , Jinbiao Ma, Xianming Chen , XiaojieWang , Ke Ding , Dejun Han , Zhipeng Qu , Lili Huang , Zhensheng Kang .	1.377
106	The Effects of Enhanced Ultraviolet-B Radiation on the Biology of Green and Brown Morphs of <i>Sitobion avenae</i> (Hemiptera: Aphididae)	Environmental Entomology, 2013, 42(3):578-585.	ZuQing Hu, HuiYan Zhao, ThomasThieme.	1.314

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
107	Changes in carbon, nutrients and stoichiometric relations under different soil depths, plant tissues and ages in black locust plantations	Acta Physiologiae Plantarum, 2013, 35(10):2951-2964.	Hong Li ,Jing Li, Yalong He, Shaojun Li, Zongsuo Liang, Changhui Peng, Andrea Polle,Zhi-BinLuo.	1.305
108	Screening proteins interacting with VpPR10.1 of Chinese wild grapevine using the yeast two-hybrid system	Acta Physiologiae Plantarum, 2013, 35(8):2355-2364.	Teng-Fei Xu, Jiang Xiang, Feng-Ju Li,Tie-Mei Li, Yi-He Yu, Yue-Jin Wang, YanXu.	1.305
109	An omp gene enhances cell tolerance of Cu(II) in Sinorhizobium meliloti CCNWSX0020	World Journal Of Microbiology & Biotechnology, 2013, 29(9):1655-1660.	Zhefei Li, Mingmei Lu, Gehong Wei	1.262
110	Validation of reference genes for gene expression analysis in Valsa mali var. mali using real-time quantitative PCR	World Journal Of Microbiology & Biotechnology, 2013, 29(9):1563-1571.	Zhiyuan Yin, Xiwang Ke, Dingxuan Huang, Xiaoning Gao, Ralf T. Voegelé, Zhensheng Kang, Lili Huang,	1.262
111	A conidiation-related gene is highly expressed at the resting urediospore stage in Puccinia striiformis f. sp tritici	Journal Of Basic Microbiology, 2013, 53(8):695-702.	Jun Guo, YingHui Duan, JinShan Zhang, XueXia Shi, YueYing Chen, Hong Zhang, LiLi Huang,ZhenShengKang.	1.198
112	Breeding new seedless grape by means of in vitro embryo rescue	Genetics and Molecular Research, 2013,12(1) 859-869	W. Ji, Z. Q. Li, Q. Zhou, W.-K. Yao and Y. J. Wang.	1.184
113	Construction of a cDNA library of the Chinese wild Vitis amurensis under cold stress and analysis of potential hardiness-related expressed sequence tags	Genetics and Molecular Research, 2013, 12(2):1182-1193	J.Zhang, N.Liu, R.Niu, Y.Liu, H. Zhai,W.Xu, Y.Wang.	1.184
114	Ultrastructure of female accessory glands in the scorpionfly Panorpa sexspinosa Cheng (Mecoptera: Panorpidae)	Tissue& Cell, 2013 45(2):107-114	NaMa,MengWang, BaozhenHua.	1.095
115	A new lignan from Phryma leptostachya	Chemistry of Natural Compounds, 2013,49(1) 21-23	Xinmin Xiao, Zhiqin Ji, Jiwen Zhang, Baojun Shi, Shaopeng Wei, and Wenjjun Wu.	1.029
116	Determination of the Migration of Bisphenol A from Polycarbonate by Dispersive Liquid-Liquid Microextraction Combined with High Performance Liquid Chromatography	Analytical Letters, 2013,46(9) 1342-1354	Jiangping Cao, Shuhui Liu, Weiwei Bai, Jie Chen, Qilong Xie	1.016
117	Determination of Riboflavin in Cereal Grains by Capillary Electrophoresis with Laser-Induced Fluorescence Detection with On-Line Concentration	Analytical Letters, 2013,46(6) 887-899	Jie Chen, Jianzhi Sun and Shuhui Liu.	1.016

2013年度报告

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
118	Dicerapanorpa, a new genus of East Asian Panorpidae (Insecta: Mecoptera: Penorpidae) with descriptions of two new species	Journal of Natural History,2013 47(13-14) 1019-1046	Wen Zhong and Baozhen Hua.	0.953
119	Modification of non-vector aphid feeding behavior on virus-infected host plant	Journal of insect science, 2013, 13:28	Zuqing Hu, Huiyan Zhao, Thomas Thieme.	0.947
120	Genetic relationship between Chinese wild Vitis species and American and European Cultivars based on ISSR markers	Biochemical Systematics and Ecology,2013,46:120-126	Zhaobin Jing, Xiping Wang.	0.931
121	Identification and characterization of the causal agent of bacterial canker of kiwifruit in the ShaanXiprovince Of China	Journal of Plant Pathology,2013 95(1) 155-162	Z.B. Zhao, X.N. Gao, Q.L. Huang, L.L. Huang, H.Q. Qin and Z.S. Kang.	0.912
122	Melanism in a Chinese Population of Harmonia axyridis (Coleoptera: Coccinellidae): A Criterion for Male Investment with Pleiotropic Effects on Behavior and Fertility	Journal Of Insect Behavior, 2013, 26(5):679-689.	Wang Su, J. P. Michaud, XiaolingTan, Leigh Murray,ZhangFan,	0.901
123	Expression of potential resistance genes to the English grain aphid, Sitobion avenae, in wheat, Triticum aestivum	Journal Of Insect Science, 2013, 13.	ChunPing Wang, ZhengHong Wang, HuiYanZhao, QiDi Zhu,Kun Luo, LiMing Wang, PuHuiDong.	0.901
124	Growth, gas exchange, and water-use efficiency response of two young apple cultivars to drought stress in two scion-one rootstock grafting system	Photosynthetica, 2013, 51(3):404-410.	X. P Sun,.H. L Yan, X. Y Kang, FengWang.Ma	0.862
125	Studies on gene transfer of shoot apical meristems by Agrobacterium-mediated genetic transformation in a progeny of Chinese wild Vitis pseudoreticulata	Vitis, 2013, 52(4): 185-192	XinGuan, HeqingZhao,YanXu, YuejinWang.	0.859
126	Molecular characterisation and expression of a pathogen-induced senescence-associated gene in wheat (Triticum aestivum)	Australasian Plant Pathology,2013 42(1) 53-61	Hong Zhang, Baoju Yang , Yajuan Wang , Changyou Wang , Xinlun Liu , Wanquan Ji.	0.837
127	Histological and cytological investigations of the infection and colonization of apple bark by Valsa mali var. mali	Australasian Plant Pathology,2013 42(1) 85-93	Xiwang Ke , Lili Huang , Qingmei Han , Xiaoning Gao , Zhengsheng Kang.	0.837

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
128	Identification And Molecular Mapping Of Powdery Mildew Resist Ance Gene PMG25 In Common Wheat Origina TED From Wild Emmer (TRITICUM TURGIDUM VAR. DICOCCOIDES)	Pakistan Journal Of Botany, 2013 45(1) 203-208	Md. Ashrafal Alam, Fei Xue, M. Ali, Changyou Wang, Wanquan Ji.	0.836
129	Allelopathic Effectof Decomposed Garlic (Allium Sativum L.) Stalkon Lettuce (L. Sativa Var. Crispal.)	Pakistan Journal Of Botany, 2013 45(1) 225-233	Xu Han, ZhihuiCheng, Huanwen Meng, Xianglong Yang and Imran Ahmad.	0.836
130	Chromosome Location and SSR Markers of a Stripe Rust Resistance Gene from Wheat (Triticum Aestivum ) Line N9738	Pakistan Journal Of Botany, 2013 45(3):719-724	BaojuYang, WanquanJi, ChangyouWang, FeiXue,M.Ali, YajuanWang, HongZhang, XinlunLiu.	0.836
131	Peltaster fructicola, a newly recorded species from China associated with sooty blotch and flyspeck	Mycotaxon, 2013, 123: 265-270	ChenChen, LiuGao, MeiyanQu, XiaoyongWei, WenhuanLi, RongZhang, GuangyuSun, Mark L. Gleason.	0.821
132	Detection and Identification of Aster Yellows Group Phytoplasma (16SrI-C) Associated with Peach Red Leaf Disease	Journal of Phytopathology, 2013 161(5) 359-362	Lei Zhang, Zhengnan Li, Hua-Wei Zhang, Ye Tao and Yun-Feng Wu.	0.791
133	Characterization of Two Fungal Isolates from Cotton and Evaluation of their Potential for Biocontrol of Verticillium Wilt of Cotton	Journal Of Phytopathology, 2013 161(2) 70-77	Heqin Zhu, Zili Feng, Zhifang Li, Yongqiang Shi, Lihong Zhao and Jiarong Yang.	0.791
134	Histochemical Studies of the Non-Host Resistance and the Role of Actin Cytoskeleton in Pepper Against Colletotrichum orbiculare	Journal Of Phytopathology,2013 161(1)18-26	Jing Yao, Chongzhao Hao, Ke Yu, Hai Zuo, Yanli Chen and Qing Ma.	0.791
135	Molecular detection and identification of phytoplasma associated with pepper witches' broom in China	Phytoparasitica, 2013, 41(4):429-434.	Zheng-Nan Li, Lei Zhang, Jia-Gui Song, Yun-Feng Wu	0.724
136	HISTOCHEMICAL RESPONSE OF NONHOST RESISTANCE IN PEPPER TO THE STRIPE RUST FUNGUS (PUCCINIA STRIIFORMIS f. sp TRITICI)	Journal Of Plant Pathology, 2013, 95(2):275-283.	H. Zuo, J. Wang, C. Z. Hao, B. Zhang, Q.Ma.	0.688

序号	论文题目	刊物名称/卷期页码	作者	IF
137	Three ERF transcription factors from Chinese wild grapevine <i>Vitis pseudoreticulata</i> participate in different biotic and abiotic stress-responsive pathways	Journal Of Plant Physiology, 2013, 170(10):923-933.	Ziguo Zhu, Weirong Xu, Huie Li, Mingyang He, Yan Xu, Tengfei Xu, Yazhou Yang, Jiangling Cao, Yuejin Wang,	0.688
138	Cytological Investigation of Anther Development in DGMS Line Shaan-GMS in <i>Brassica napus</i> L.	Czech Journal Genetics And Plant Breeding, 2013,49 (1): 16-23	Zhaodi Xiao, Xiaoyang Xin, Hai yan Chen and Shengwu Hu.	0.532
139	Probing Behavior of Sitobion Avenae (Hemiptera: Aphididae) on Enhanced UV-B irradiated Plants	Archives Biological Sciences, 2013 65 (1) 247-254	Zuqing Hu, Huiyan Zhao and Thomas Thieme.	0.36
140	Genetic Analysis and Molecular Mapping of a Stripe Rust Resistance Gene YrH9014 in Wheat Line H9014-14-4-6-1	Journal of Integrative Agriculture, 2013,12(4): 638-645	Dongfang Ma, Lu Hou, Mingshuang Tang, Haige Wang, Qiang Li and Jinxue Jing.	0.35
141	Genetics and Molecular Mapping of a High-Temperature Resistance Gene to Stripe Rust in Seeding-Stage in Winter Wheat Cultivar Lantian 1	Journal of Integrative Agriculture, 2013, 12(6): 1018-1025	Dongang Ma, Jinxue Jing, Dongyuan Hou, Qiang Li, Xinli Zhou, Jiuyuan Du, Qing-lin Lu.	0.35
142	Combining Phytate/Ca <sup>2+</sup> Fractionation with Trichloroacetic Acid/Acetone Precipitation Improved Separation of Low-Abundant Proteins of Wheat ( <i>Triticum aestivum</i> L.) Leaf for Proteomic Analysis	Journal of Integrative Agriculture, 2013,2(7): 1123-1129	Muhammad A. R. F. Sultan, Hui Liu, Yu Feng Cheng, Peipei Zhang, Huixian Zhao.	0.35



附表 3: 2013 年授权的发明专利

序号	专利名称	申请人	专利号	授权时间
1	丛枝菌根真菌孢子的表面消毒方法	唐 明	ZL20101061736.9	2013.07
2	一种日光温室的蓄热后墙	邹志荣	ZL201210096154.6	2013.04
3	应用丽蚜小蜂作为繁殖寄主生产浅黄恩蚜小蜂雄蜂的方法	刘同先	ZL201110173344.9	2013.01
4	一种含云芝多糖的抗病毒剂及其配制方法	安德荣	ZL201210108919.3	2013.10
5	从灵芝的深层发酵菌丝体中提取灵芝多糖的方法	安德荣	ZL201210109007.8	2013.12
6	一种复配化学杂交剂组合物及其应用	刘绚霞	ZL201010204238.8	2013.10
7	一种甘蓝型油菜萝卜细胞质雄性不育恢复系的选育及应用	刘绚霞	ZL201210149670.0	2013.11
8	用重组大麦条斑花叶病毒介导的小麦穗部和籽粒基因沉默方法	赵惠贤	ZL201110450603.8	2013.05
9	一种根癌农杆菌介导普通春性小麦成熟胚转化体系的方法	徐 虹	ZL201110454787.5	2013.05
10	一种萝卜胞质雄性不育分子标记及其辅助选择育种的方法	张鲁刚	ZL201210061546.9	2013.08
11	一种从紫色小白菜叶片中提取花青素的方法	张鲁刚	ZL201110060654.X	2013.06

附表 4: 2013 年审定的农作物品种

序号	品种名称	审定或鉴定单位	主要完成人
1	西农 165	陕西省农作物品种审定委员会	李学军
2	西农 529	陕西省农作物品种审定委员会	吉万全
3	陕油 19	陕西省农作物品种审定委员会	董振生
4	“秦甘 1265”甘蓝	陕西省农作物品种审定委员会	张鲁刚
5	“秦甘 1268”甘蓝	陕西省农作物品种审定委员会	张鲁刚
6	陕单 616	陕西省农作物品种审定委员会	薛吉全