



# 2011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 2011

2011.12

**旱区作物逆境生物学国家重点实验室**

**2011 年报**

二〇一一年十二月



农业部部长韩长赋来实验室调研



陕西省省长赵正永来实验室调研



科技部副部长王志刚来实验室调研



科技部副部长曹健林来实验室调研



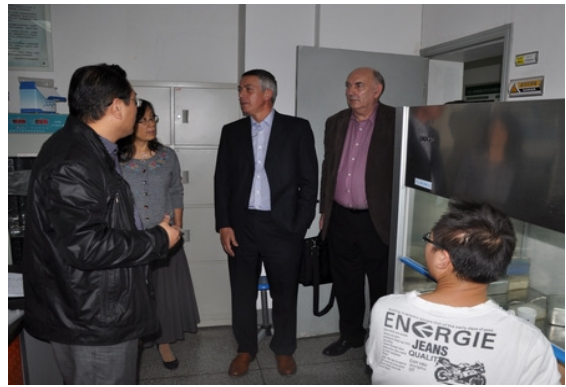
教育部副部长杜占元来实验室调研



西北农林科技大学—普度大学联合研究中心成立



澳大利亚科学院院士 Robert McIntosh  
来实验室开展合作研究



英国哈伯亚当斯大学副校长 Peter Mills 教授  
来实验室访问交流



澳大利亚国家植物生物安全合作研究中心  
执行总裁 Simon Mckirdy 博士来实验室访问  
交流



德国霍恩海姆大学 Ralf Thomas Voegelé 来  
实验室学术交流



第一届学术委员会第一次会议

# CONTENTS 目 录

一、实验室年度报告 .....	1
(一) 研究工作进展 .....	1
(二) 队伍建设和人才培养 .....	5
(三) 学术交流与运行管理 .....	6
(四) 开放课题执行情况 .....	6
(五) 实验室公众开放活动 .....	7
(六) 实验室大事记 .....	7
(七) 依托单位与主管部门的支持 .....	8
二、实验室组织机构 .....	10
三、学术委员会组成 .....	11
四、学术委员会纪要 .....	12
五、承担的科研项目 .....	16
六、发表的研究论文 .....	22
七、授权专利.....	25
八、审定品种.....	26
九、国内外学术交流 .....	27
十、获奖情况.....	28
十一、2011 年仪器设备购置清单 .....	29
十二、开放课题.....	31
(一) 开放课题申请指南 .....	31
(二) 立项通知 .....	34
(三) 课题清单 .....	35
十三、实验室有关文件 .....	37

实验室建设计划书主要内容 .....	38
关于批准建设心血管疾病等 49 个国家重点实验室的通知 .....	41
中共西北农林科技大学委员会常委会有关实验室建设问题的决议 .....	46
依托单位关于实验室管理体制机制等有关问题的通知 .....	47
旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任招聘公告 .....	49
实验室主任招聘工作报告 .....	52
关于实验室业务副主任聘任的通知 .....	55
关于在校内公开选拔实验室行政副主任的通知公告 .....	56
关于实验室行政副主任任职的通知 .....	58
关于成立实验室党支部的决定 .....	59
<b>十四、重要科研成果首页 .....</b>	<b>60</b>

## 一、实验室年度报告

旱区作物逆境生物学国家重点实验室于2011年10月13日经科技部批准建设(国科基发〔2011〕517号),本实验室前身是2001年6月28日成立的陕西省农业分子生物学重点实验室,2005年进入科技部省部共建国家重点实验室培育基地建设序列,2006年通过验收。实验室主任为教育部“长江学者”特聘教授康振生,学术委员会主任为中国工程院院士山仑。

实验室围绕生物及非生物逆境因子与作物生产关系开展研究,重点探索干旱、高温、盐碱等逆境因子的信号转导调控网络及病原与作物互作的分子机理,克隆具有抗旱、抗寒、抗病、耐盐的重要农艺性状功能基因,同时致力于作物功能基因组及高产优质新品种的培育研究。

旱区作物逆境生物学国家重点实验室设立以下研究方向:

方向一:作物抗逆种质和基因资源发掘

方向二:作物非生物胁迫应答机理

方向三:作物与有害生物的互作机理

方向四:作物抗逆种质创新与品种设计

### (一) 研究工作进展

2011年,实验室围绕旱区主要粮油和果蔬植物,共承担国家及省部级科研项目74项,其中新增项目22项,到位经费2012.9万元。承担项目国家自然科学基金29项,杰出青年基金2项;共发表研究论文206篇,其中发表在Plos Pathology, Plos One, Molecular Plant-Microbe Interactions, Planta等SCI源刊物上25篇;出版专(编)著两套共6本;获国家科技进步二等奖2项、陕西省部科学技术一等奖1项、中华农业科技奖科研成果三等奖1项;授权发明专利12项;获植物新品种审定权3个;获批全国百篇优秀博士学位论文1篇;国务院政府津贴获得者1人;陕西省教学名师1人;举办国际学术会议1次;实验室人员参加国际学术会议25次,其中,大会特邀报告3次;参加国内学术会议168次;国外专家来访和学术交流26次。

培养博士研究生 18 人，硕士研究生 62 人。

### 1、作物抗逆基因与种质资源发掘

从国内外搜集和引进小麦、大麦、玉米、油菜、苹果、葡萄等作物新种质资源 300 余份，并开始对其从农艺性状、抗病性、抗旱和耐盐性等方面进行评价，同时利用其中的优异资源配置了杂交组合 80 多个。

在抗旱棚，对 90 个冬小麦材料构成的小麦核心种质的抗旱性进行了进一步的评价，利用分布于全基因组的 SSR 标记分析其基因型，对其重要农艺性状和抗旱节水相关生理性状的 QTL 位点进行了扫描分析，发掘了一些对相应性状有重要贡献的位点，为进一步挖掘和利用这些种质奠定了良好基础；构建了小麦 GA 敏感型矮秆基因 Rht4、Rht13、Rht14、Rht15、Rht18 等的遗传群体，为进一步分析其遗传效应，鉴定出利于小麦产量潜力提高和抗逆性提高的小麦矮秆基因奠定了基础；克隆了控制小麦蒸腾效率的主效基因 ERECTA，筛选了相应的突变体，同时利用候选基因关联分析对自然群体中该基因的变异进行检测和分析，为碳同位素分辨率（CID）在小麦抗旱性的遗传改良中的高效利用奠定了基础。

完成了 268 份新育成品种抗条锈病、抗白粉病和抗赤霉病的抗性鉴定，筛选出一批抗性优良的新品种（系）。小麦-华山新麦易位系 H9020-1-6-8-3 抗条锈病基因的分子作图结果表明：其对 CYR33 的抗病性由 1 个显性单基因控制，暂命名为 YrH9020。利用 F<sub>2</sub> 代分离群体和分组分析法(BSA)，组建抗、感池，筛选到 4 对与抗病基因 YrH9020 紧密连锁的微卫星标记，并将 YrH9020 定位于小麦 2DS 上，为小麦抗条锈病育种工作打下基础。

### 2、作物非生物胁迫应答机理

以模式植物拟南芥、旱区作物小麦、玉米、油菜、糜子等为对象，从抗逆生理、信号转导机制、基因表达调控、遗传转化等方面开展研究，取得了一些重要进展，为后续研究奠定了坚实的基础。

鉴定了一个拟南芥显性矮化突变体 abs1-1D，克隆了 ABS1 基因，编码一个 BAHD 家族酰基转移酶，abs1-1D 突变体和植物激素油菜素内酯相关。从我国西北荒漠区的野生豆科植物苦马豆（*Sphaerophysa salsula* Pall.）中，发现了 15 株促植物生长



的内生菌，当与根瘤菌 *Mesorhizobium gobiense* 混合接种时，明显提高植物体叶绿素含量、鲜重和结瘤数。

小麦幼苗 miRNA 进行识别及 Northern 验证，发现了小麦 miRNAs 序列 16 条，其中 1 条在干旱胁迫处理后的抗旱品种中表达上调，转基因证明该 miRNA 的过量表达可大大提高植物的抗旱性。研究了不同耐旱小麦品种不同生育期干旱条件下，脱水素的表达规律，脱水素基因沉默载体转入小麦，进行相关生理指标分析。构建了小麦幼苗、旗叶及不同发育时期小麦籽粒样品的小 RNA 文库，通过深度测序识别出一些小麦新的 miRNA，并通过半定量 RT-PCR 验证其组织表达特征，分离鉴别出一些籽粒发育相关的 miRNA，并预测了其靶基因，这些 miRNA 和靶基因的功能研究工作正在进行。

筛选出了具有差异表型的转录因子基因的突变体，对低钾处理高度敏感转录因子 WSLK1 基因的突变体，以及在种子的萌发期对 ABA 处理敏感的蛋白激酶 PKSA5 及 PKSA6 基因的突变体进行了深入的功能分析，对新近发现的在种子萌发期对 ABA 敏感的 MSA1 (MYB sensitive to ABA 1) 基因的突变体、渗透及盐害胁迫敏感的 NSOS1 基因的突变体的初步的分析工作。克隆了油菜的 20 余个 CBL 及 CIPK 基因，以及 10 余个 CDPK 基因，对互作模式及亚细胞定位等进行的系统的研究，为下游的深入功能分析奠定了基础。从苹果中克隆了自噬相关基因 (ATG) 的多个成员，筛选了苹果 DREB 基因的 64 个候选基因，克隆了抗坏血酸相关转运蛋白的编码基因 MdNAT12，山梨醇转运蛋白基因 SOT 等。在葡萄方面，克隆获得了欧洲葡萄无核白 EF-hand 钙结合蛋白基因、无核葡萄胚珠败育相关基因 MADS-Box、中国野生华东葡萄泛素连接酶基因 UIRP、燕山葡萄脱水素基因、山葡萄抗寒相关 ERD 基因、中国野生葡萄 VpWRKY 家族基因 3 个、华东葡萄转录因子基因 VpMYB 1 个、华东葡萄 VpYABBY1 和 VpYABBY2 基因 2 个。

### 3、作物与病虫害互作机理

以小麦条锈病、赤霉病、马铃薯晚疫病、小麦蚜虫、吸浆虫及果树病虫害等为研究对象，开展了小麦成株期抗性的组织细胞特征、细胞化学定位、转录表达分析、RNA-Seq 测序及信息初步分析和 MicroRNA 测序及信息初步分析和关键基因分析等方面的研究工作，采用 qRT-PCR、瞬时表达、病毒诱导的基因沉默系统及酵母单杂等方法对 31 个 WRKY 家族基因、NAC 转录因子、钙调控相关基因、过敏性坏死 (或 PCD)

相关基因、及寄主植物诱导的病菌的基因进行了功能鉴定和分析，结果表明它们通过不同的形式参与了小麦抗条锈反应。

小麦抗条锈病机制研究，克隆获得一批小麦抗条锈病相关基因，包括小麦热激蛋白 70 基因 TaHSC70、小麦 G 蛋白基因 TaRab7 和 TaTYP A、小麦 14-3-3 蛋白基因、小麦坏死基因 TaLSD1 和 TaLOL1 基因、小麦 CBL-CIPK 钙信号途径基因，或者对上述基因进行了序列分析和转录表达特征分析，明确了它们在生物和非生物胁迫下的基因表达模式，并对部分基因进行了亚细胞定位分析，明确了它们在细胞中的分布情况，构建了部分基因的过量表达体系和病毒诱导(BSMV-VIGS)的基因沉默技术，明确了上述基因的功能，为进一步研究上下游互作的基因、信号通路以及小麦抗锈性的遗传改良奠定了基础。

小麦条锈菌致病机理研究方面，首次克隆了一个小麦条锈菌的 Fus3/Kss1 类 MAPK 基因 PsMAPK1，研究结果表明：PsMAPK1 可能在调节条锈菌的侵染和生长过程中具有重要的作用。克隆获得了一批小麦条锈病菌的致病相关基因，如钙信号途径参与基因、产孢相关基因及侵染分化相关基因，同时研究了这些基因的表达模式、亚细胞定位及在不同生理小种之间的 SNP，为进一步研究小麦条锈菌的致病机制及防控奠定理论基础。

禾谷镰刀菌蛋白激酶功能研究，对小麦赤霉菌中的 116 个蛋白激酶基因进行了 manual annotation 和敲除，有 96 个基因拿到了突变体，20 个基因确定为致死型。通过突变体详尽的表型分析，建立了一个禾谷镰刀菌激酶数据库。PacC 和 AreA 基因的功能研究，得到 PacC 和 AreA 基因敲除突变体，通过突变体的一系列表型观察、分析，发现这两个基因对毒素的合成有重要作用。建立了转座子随机插入构建禾谷镰刀菌的突变体库的方法，为大规模构建突变库奠定了基础。

明确了陕西省小麦白粉菌的毒性结构，明确了相应抗性基因的利用价值。结果表明，抗性基因 Pm4a 和 Pm7 仍有一定的利用价值；抗性基因 Pm2+M1d、Pm4b+M1i、Pm13、Pm “XBD” 对小麦白粉菌的抗病性较好。

在疫霉病的研究方面，识别到了一类新型小 RNA 分子，疫霉菌小 RNA 分子表达模式分析表明，其在非侵染时期表达量高，在侵染时期下调，其靶标偏好与 5' UTR 稳

定结合。证明了疫霉菌小 RNA 分子的生物学功能,为疫霉菌生物学及其相关的病理学研究奠定了基础。

苹果病害方面,以腐烂病、褐斑病、轮纹病、煤污病等为研究对象,从病原菌鉴定,病害发生规律、防治等方面开展大量的研究,研究成果获 2011 年杨凌示范区科学技术一等奖。

#### 4、作物抗逆种质创新与育种设计

研究了苹果、李等果皮的花色苷合成的调控机制;开展了葡萄 SBP 家族基因克隆与功能研究和葡萄 ALDH 家族基因克隆、进化及表达分析;建立了生物能源植物柳枝稷人工穗芽稳定高效再生体系和遗传转化体系;获得了部分携带有叶片衰老抑制基因 PSAG12-ipt、产量调控基因 GHD7 的 T0 代转基因小麦植株及其 T1 代株系。

继续开展远缘杂交后代的筛选和细胞学鉴定、种质创制、新品种选育等工作。获得不同染色体组型的稳定株系 5 个;人工合成小麦种质 F<sub>3</sub> 株系 100 余个;新创制小麦优异中间种质 70 余个,完成了 4 个小麦种质抗病基因的遗传分析,将 Yr26 基因定位于小麦 1B 染色体长臂紧靠着丝粒的 1BL-6 区域;16 个小麦新品系进入陕西省、安徽省和国家区域试验,新审定小麦新品种 4 个;获得玉米优异自交系 5 份;6 个玉米新组合参加陕西省区域试验;玉米杂交种陕单 606 和陕单 609 通过陕西省品种审定;审定油菜新品种 2 个。

#### (二) 队伍建设和人才培养

实验室现有固定研究人员 61 人,其中教授 46 人、副教授 11 人、讲师 4 人;管理技术人员 7 人,其中高级实验师 2 人,实验师 5 人。研究队伍中有国家“千人计划”2 人、教育部“长江学者”特聘教授和长江学者讲座教授各 1 人、国家杰出青年基金获得者 4 人、国家“百篇优秀博士学位论文获得者”2 人、国家“新世纪百千万人才工程”入选者 1 人、教育部“新世纪优秀人才”5 人。

通过多种途径加大中青年学术骨干的培养,利用国家优秀青年教师出国培训计划等政策,选派 4 名优秀中青年研究骨干到美国、英国、奥地利等国实验室进行学习 5-12 个月;资助 6 名中青年科研骨干参加高水平国际会议;邀请 39 人次国际顶尖学

者到实验室访问、交流，对中青年科研骨干的研究工作进行针对性的指导；邀请 3 名国外著名学者，到实验室举办病害流行学和英文论文写作的培训。

2011 年，我室王晓杰毕业论文荣获国家百篇优秀博士学位论文；单卫星、王中华被聘为陕西省“三秦学者”特聘教授；陈坤明入选“教育部新世纪优秀人才”。

### （三）学术交流与运行管理

举办国际会议 1 次，承办大型学术会议 2 次，其他会议 5 次；参加国内学术会议 168 人次，国际学术会议 25 人次；建立了西北农林科技大学——普度大学联合研究中心；邀请国内外知名专家进行了院士系列学术报告会。



澳大利亚国家植物生物安全合作研究中心执行总裁 Simon Mckirdy 博士来实验室学术交流



澳大利亚科学院院士 Robert McIntosh 来实验室开展合作研究

重新组建了实验室办公室、技术支撑部，聘任了实验室行政副主任。召开了实验室第一届学术委员会第一次会议，审核了实验室建设计划，审批了实验室开放课题。实验室作为公共研究平台，进一步强化了仪器设备的管理和实验室的开放工作，制定和完善了实验室的管理制度。实验室大型仪器设备实现开放和高效运行，促进了实验室各项工作的顺利开展。

### （四）开放课题执行情况

西北农林科技大学同意提供 2011 年开放课题基金 100 万元。实验室发布了《2011 年开放基金课题申请指南》，共收到有效申请书 36 份，按照 2011 年开放基金课题的资助原则，经实验室学术委员会审议，实验室批准了 20 个开放基金课题项目，项目

进展顺利。

## (五) 实验室公众开放活动

2011 年，实验室继续对国内外科研机构、研究人员及学生开放，共接待国内外领导专家 72 人次，各类学生 1365 人次，增加了学生对国家重点实验室研究工作的认识，提高了实验室的影响。

## (六) 实验室大事记

### 1、领导关怀与重要来访

实验室共接待国内外领导专家 72 人次，主要包括农业部部长韩长赋、科技部副部长曹健林、科技部党组副书记、副部长王志刚、教育部副部长杜占元、陕西省省长赵正永、副省长祝列克、朱静芝等领导及各兄弟院校领导专家，国外相关院校研究所领导专家。



农业部部长韩长赋来实验室调研指导



科技部副部长王志刚来实验室调研指导

- (1) 2 月 15 日，科技部副部长曹健林等在陕西省副省长朱静芝陪同下调研；
- (2) 2 月 28 日，农业部部长韩长赋等调研；
- (3) 5 月 17 日，国家外国专家局教科文卫专家司陈化北副司长等调研；
- (4) 5 月 25 日，陕西省副省长祝列克以及农业厅、科技厅领导调研；
- (5) 6 月 16 日，欧盟科技局代表团考察；

(6) 7月22日, 陕西省省长赵正永、副省长祝列克一行调研, 并听取工作进展汇报;

(7) 9月7日, 芬兰科学院专家及国家自然科学基金委国际局副局长鲁荣凯等考察;

(8) 9月21日, 哈萨克斯坦前总理、哈萨克斯坦国际一体化基金会理事会主席谢尔盖·亚历山大维奇·捷列先科一行考察;

(9) 11月17日, 国家科技部党组副书记、副部长王志刚在陕西省副省长朱静芝等陪同下调研, 并听取研究进展汇报;

(10) 11月25日, 教育部副部长杜占元、科技司司长王延觉、国务院学位办副主任、研究生司副司长孙也刚等一行调研。



教育部副部长杜占元来实验室调研指导



科技部副部长曹健林来实验室调研指导

## 2、实验室重要事件

2011年实验室获批国家重点实验室, 进入国家重点实验室建设序列(国科基发〔2011〕517号); 实验室组建方案通过学校党委常委会议研究, 确定了旱区作物逆境生物学国家重点实验室的管理体制、人员编制和运行机制(校人发〔2011〕309号); 聘任康振生教授为实验室主任, 中国工程院院士山仑研究员为实验室学术委员会主任, 张朝阳为实验室行政副主任。

### (七) 依托单位与主管部门的支持

2011年依托单位西北农林科技大学为实验室提供了经费1650万元, 用于实验室开放课题的设立、实验室的建设与开放运行, 实验室的仪器购置与改建工作正在紧张

进行。科技部和主管部门陕西省科技厅也为实验室在申请课题等方面提供了有力的支持。

## 二、实验室组织机构

主任：康振生 教授

副主任：吉万全 教授

张朝阳

秘书：胡银岗 教授

实验室成员：

教授：宋卫宁 冯佰利 李鹏民 唐明 王乔春 王跃进 邹志荣

韦革宏 陈坤明 胡银岗 江元清 梁宗锁 罗志斌 陶士珩

王朝晖 郁飞 张林生 赵惠贤 赵天永 康振生 黄丽丽

刘德广 刘同先 单卫星 孙广宇 王宝通 吴文君 吴云峰

仵均祥 许金荣 杨家荣 赵惠燕 马锋旺 董振生 胡小平

胡胜武 吉万全 王成社 王西平 奚亚军 谢惠民 薛吉全

张改生 张鲁刚 赵政阳 张世泽

副教授：韩德俊 徐爱遐 徐炎 范三红 金伟波 闽东红 郭军

王晓杰 赵杰 李学军 文颖强

讲师：梁东 张宏昌 张宏 刘杰

高级实验师：张宏利 黄雪玲

实验师：简利茹 裴国亮 张国云 周晓娜



## 三、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

## 四、学术委员会纪要

### 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一次会议纪要

2011年11月19日上午,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一次会议在西北农林科技大学国际交流中心210会议室隆重举行。会议分两阶段进行,首先是一个简短的实验室启动仪式,随后召开了实验室第一届学术委员会第一次会议。

#### 一、实验室启动会

启动会由西北农林科技大学副校长吴普特教授主持。实验室第一届学术委员会成员,科技部基础研究司基地建设处处长周文能,陕西省科技厅基础研究处处长唐光华,校领导孙其信、王跃进、吴普特,相关职能处室和学院的领导及国家重点实验室人员参加了会议。

吴普特副校长首先介绍了旱区作物逆境生物学国家重点实验室建设的背景及发展和学校对实验室建设制定的政策和采取的措施,并宣读了实验室第一届学术委员会的组成名单。

随后,科技部基础研究司基地建设处周文能处长介绍了国家重点实验室建设与运行管理办法,指出国家重点实验室主要任务是针对学科发展前沿和国民经济、社会发展及国家安全的重要科技领域和方向,开展创新性研究,希望旱区作物逆境生物学实验室进一步凝练研究方向,培养一支高水平的学术队伍,结合国家重大需求开展工作,并表示科技部将继续予以支持,将旱区作物逆境生物学国家重点实验室建成西部旱区一流的国家重点实验室,并对实验室下一步工作的开展提出了意见和建议。

唐光华处长表示,陕西省科技厅将继续关注旱区作物逆境生物学国家重点

实验室的发展建设，希望实验室不断提升作物逆境生物学研究水平，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。

西北农林科技大学校长孙其信教授在讲话中感谢科技部、陕西省对多年来学校工作和重点实验室的支持，对来校参加旱区作物逆境生物学国家实验室第一届学术委员会的各位专家表示欢迎。并表示，学校将紧紧抓住旱区作物逆境生物学国家重点实验室建设的机遇，在学术委员会的指导下，将实验室建成西部旱区一流的国家重点实验室。

旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任康振生教授表示，要团结带领实验室人员，进一步整合学科资源，汇聚研究团队，增强创新能力，力争使实验室成为特色鲜明、国内一流、国际知名的旱区作物逆境生物研究中心，成为我国旱区农业高层次创新人才的培养基地和高水平成果的研发基地。

### 二、实验室第一届学术委员会第一次会议

会议由学术委员会主任山仑院士主持。学术委员会副主任刘旭院士和武维华院士，学术委员会委员魏江春院士、程顺和院士、方荣祥院士、邓秀新院士、彭友良教授、巩志忠教授、康振生教授、王跃进教授和张改生教授参加了会议。

#### 1. 审议国家重点实验室建设计划

委员们首先听取了旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任康振生教授关于实验室建设计划的汇报，并围绕实验室的定位、研究方向、实验室管理等方面展开了热烈的讨论，为实验室建设出谋划策。

委员们的建议主要集中在以下几个方面：

1. 实验室的定位要突出“旱区作物”这一特色，建设期内，要进一步凝练研究方向，强化抗旱性等非生物逆境的生物学研究；
2. 实验室的建设要高起点、高指标，特别是要加强基础与薄弱方向的工作。

从硬件条件建设，人员、梯队的建设，管理水平的提升等方面都要认真考虑，不能偏颇。

3. 实验室建设期内，要筹划实验室的突破性成果，注意重点培育几个可能取得重要突破的研究团队，争取在实验室建设验收和评估时，能够成熟，并有所展示，这一点很关键，是评估中的一个硬指标；
4. 实验室建设期的核心任务是要建立一套符合西农的完整的实验室运行机制，协调好各种关系。这是实验室这两年要抓的主要工作，要使实验室展示出向高水平实验室启动和迈进的发展趋势；
5. 人才引进是实验室要考虑的重大问题，实验室地处西北地区，更要考虑实验室的方向和薄弱环节，花大功夫引进看中的人才；
6. 实验室的另一个主要问题是实验室的内容过于丰富，体量太大，因此关键是要考虑如何集中，找准特色和优势。建议将早字放在首位，围绕“早”字，整合实验室的各个方向，越集中越好。

山仑主任作了总结，特色是实验室的根本，如何突出特色，要从方向设置等方面下功夫，开始可以多一点，逐步确定优势方向，突出优势，进而解决问题。实验室的重点是基础，还是应用基础，要认真考虑？实验室的管理问题，如何协调？在人才引进方面，要既注重水平，又要符合实验室的发展方向。

同意实验室建设方案，建议实验室在建设中始终关注各位委员指出的问题，重视实验室研究方向和特色的凝练，加强实验室的管理工作，把实验室建设好。

### 2. 审议实验室学术委员会工作章程

学术委员会审议了“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，并一致同意通过了实验室学术委员会工作章程。

### 3. 审议实验室第一批开放基金课题

实验室主任康振生教授就旱区作物逆境生物学国家重点实验室第一批开放基金课题的设立、项目申请与评审等方面的情况作了说明。依托单位西北农林科技大学为了促进实验室的建设,决定在建设期内每年为实验室提供开放课题基金 100 万元,将经过初步评审的 20 个候选项目提请学术委员会审议。经过学术委员会委员的讨论,通过“小麦赤霉病主效抗性基因 Qfhb.hyz-7D 区域物理图谱和精细遗传图谱的构建”等 20 个项目作为“旱区作物逆境生物学”国家重点实验室第一批开放基金课题项目予以资助,并建议尽快组织实施。同时,委员们还指出,实验室开放课题要面向西部,重点支持和鼓励西部地区的年轻人来实验室作工作,肩负起培养西部地区青年人才的责任。

“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一次会议的召开必将促进实验室建设的顺利进行。

实验室学术委员会主任



2011 年 11 月 20 日

## 五、承担的科研项目

序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题 负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
1	2010CB126105	病毒及菌害调控的候选药物与分子靶标	973 (含前期专项)	18.00	吴文君	2010-01-01	2014-12-01
2	2010CB126502	根瘤菌及其共生固氮体系耐受重金属的分子机理研究	973 (含前期专项)	6.00	韦革宏	2010-01-01	2014-12-01
3	2011CD944601	同源染色体识别与配对分子机理	973 (含前期专项)	46.00	吉万全	2011-01-01	2015-12-01
4	2009CB118604	主要粮食作物高产栽培与资源高效利用的基础研究	973 (含前期专项)	10.00	王朝辉	2009-01-01	2013-12-01
5	2009AA101105	国家 863 重点项目子课题	"863"计划	12.00	徐爱遐	2011-01-01	2015-12-01
6	2011AA100103	小麦分子染色体工程与功能基因育种研究	"863"计划	700.00	吉万全	2011-01-01	2015-12-01
7	2009BAD5B04	马铃薯种薯有害生物监测及综合防控技术与集成示范	国家科技支撑计划	12.50	单卫星	2009-01-01	2011-12-01
8	2008ZX08003-004	抗逆转基因玉米品种培育重大专项	国家科技重大专项	50.00	薛吉全	2008-01-01	2011-12-01
9	2008ZX08002-003	小麦高产基因聚合育种研究	国家科技重大专项	177.00	吉万全	2011-01-01	2015-12-01
10	2009ZX08009-051B	小麦抗条锈病基因 Yr26 克隆和功能研究	国家科技重大专项	0.00	王晓杰	2009-01-01	2011-12-01
11	2009ZX08009-053B	小麦条锈病抗性基因 Yr36 的同源克隆、功能验证及利用 (YR36 (同源) 基因的抗条锈机理研究)	国家科技重大专项	0.00	黄丽丽	2009-01-01	2011-12-01

序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
12	2009ZX08011-026B	转基因抗病棉花环境安全评价技术研究	国家科技重大专项	0.00	杨家荣	2009-01-01	2011-12-01
13	31071772	白粉菌诱导下中国野生葡萄 VpR82H 基因特异定位表达研究	国家自然科学基金	13.20	文颖强	2011-01-01	2013-12-01
14	30971722	保绿型玉米抗旱增产的生理基础	国家自然科学基金	10.00	薛吉全	2010-01-01	2012-12-01
15	30970003	濒危植物沙冬青根瘤菌的遗传多样性及橙单胞菌科中一个根瘤菌新成员的研究	国家自然科学基金	0.00	韦革宏	2010-01-01	2012-12-01
16	31070444	刺槐根瘤菌新种( <i>Mesorhizobium robiniae</i> )及共生体系强化植物对锌污染土壤的生物修复作用	国家自然科学基金	16.00	韦革宏	2011-01-01	2013-12-01
17	31071652	感染“中四”小麦新菌系 T4 的毒性分析及快速检测体系建立	国家自然科学基金	13.20	王保通	2010-01-01	2012-12-01
18	30871596	根系硝态氮溢泌的氮素营养生理效应	国家自然科学基金	0.00	王朝辉	2010-01-01	2012-12-01
19	31000890	过刺激发能诱导非红色苹果果皮合成花色素的机制研究	国家自然科学基金	8.00	李鹏民	2011-01-01	2013-12-01
20	31000913	灰霉病菌胁迫下番茄差异表达 miRNA 的识别及抗病机制研究	国家自然科学基金	10.00	金伟波	2011-01-01	2013-12-01
21	30871603	来自野燕麦的抗小麦条锈病新基因的发掘和利用	国家自然科学基金	0.00	韩德俊	2009-01-01	2011-12-01
22	30971769	冷驯化条件下小麦返白突变系叶绿体基因转录组研究	国家自然科学基金	0.00	徐虹	2010-01-01	2012-12-01
23	30971881	拟南芥与寄生疫霉菌亲和互作	国家自然科学基金	0.00	单卫星	2010-01-01	2012-12-01
24	31071650	苹果对褐斑病的抗性机制研究	国家自然科学基金	0.00	黄丽丽	2011-01-01	2013-12-01
25	31071472	荞麦优异基因资源挖掘及黄酮性状的遗传研究	国家自然科学基金	10.00	冯佰利	2011-01-01	2013-12-01

## 2011年度报告

序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
26	30871571	生物能源植物柳枝稷人工穗芽转基因体系的研究	国家自然科学基金	0.00	奚亚军	2009-01-01	2011-12-01
27	31000836	受条锈菌诱导的小麦类受体激酶基因的克隆及功能分析	国家自然科学基金	72.00	王晓杰	2010-01-01	2012-12-01
28	30871469	水稻活性氧介导的干旱胁迫响应与忍耐分子生理机制解析	国家自然科学基金	0.00	陈坤明	2009-01-01	2011-12-01
29	31071349	水分胁迫对小麦脱水素启动子的调控与其耐旱性的关系	国家自然科学基金	12.80	张林生	2010-01-01	2012-12-01
30	31070651	条锈菌诱导的小麦 microRNA 的克隆和功能分析	国家自然科学基金	14.40	康振生	2011-01-01	2013-12-01
31	30930064	小麦对条锈菌成株抗性机理的研究	国家自然科学基金	72.00	康振生	2010-01-01	2014-12-01
32	30800712	小麦过敏反应诱导蛋白基因 Ta-hir1 和 Ta-hir3 的克隆和功能分析	国家自然科学基金	0.00	郭 军	2009-01-01	2011-12-01
33	31071640	小麦条锈病菌潜育越冬的分子流行病学研究	国家自然科学基金	13.60	胡小平	2011-01-01	2013-12-01
34	31000078	小麦条锈菌夏孢子芽管顶端生长过程中的细胞骨架响应及相关马达蛋白的功能研究	国家自然科学基金	8.00	刘 杰	2011-01-01	2013-12-01
35	31071409	野生二粒小麦抗白粉病基因分子标记及抗性相关基因的克隆	国家自然科学基金	0.00	王长有	2011-01-01	2013-12-01
36	31071073	一个全新的 MATE 转运蛋白介导的植物顶端优势调控途径	国家自然科学基金	12.00	郁 飞	2011-01-01	2013-12-01
37	31071641	杂草在小麦条锈菌关键越冬区病害流行作用研究	国家自然科学基金	14.00	赵 杰	2011-01-01	2014-12-01
38	31071782	中国野葡萄 SBP 转录活性、定位及特异启动子功能研究	国家自然科学基金	13.20	王西平	2011-01-01	2013-12-01
39	30971972	中国野葡萄抗白粉病芪合成酶基因特异启动子及功能研究	国家自然科学基金	0.00	王跃进	2010-01-01	2012-12-01



序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
40	30871701	中国野生葡萄抗黑痘病特异表达基因功能研究	国家自然科学基金	0.00	王西平	2010-01-01	2012-12-01
41	30499340	中国真菌志—长喙壳目、小囊菌目编研卷册	国家自然科学基金	3.00	孙广宇	2006-01-01	2011-12-01
42	201103024	“北方果树食心虫综合防控技术研究与示范推广”子项目	省部级项目	29.40	仵均祥	2011-01-01	2015-12-01
43	20100204110026	SRF 及其共调控因子的调控模式研究	省部级项目	4.00	陶士珩	2011-01-01	2012-12-01
44	2010JM3018	大丽轮枝菌微菌核萌发 cDNA 文库的构建	省部级项目	0.00	胡小平	2010-01-01	2011-12-01
45	200903039-6	稻曲病控制技术的研究—稻曲病遗传转化体系与侵染过程	省部级项目	0.00	许金荣	2009-01-01	2013-12-01
46	0000071	关中地区小麦高产创建病虫害综合防治关键技术研究	省部级项目	20.00	仵均祥	2011-01-01	2012-12-01
47	CARS-07-12.5-A9	国家谷子糜子产业技术体系	省部级项目	70.00	冯佰利	2011-01-01	2015-12-01
48	nycytx-05	国家现代农业产业技术体系建设专项(小麦)	省部级项目	70.00	王朝辉	2011-01-01	2015-12-01
49	CARS-13	国家油菜现代产业技术创新体系岗位科学家	省部级项目	70.00	胡胜武	2011-01-01	2015-12-01
50	200903044-4	果树遗传改良与控制技术研究及其应用	省部级项目	43.00	王跃进	2009-01-01	2013-12-01
51	nycytx-25	马铃薯产业技术体系	省部级项目	70.00	单卫星	2011-01-01	2015-12-01
52	200903004	马铃薯有害生物种类与发生危害特点研究	省部级项目	0.00	单卫星	2009-01-01	2013-12-01
53	2010NKC-08	猕猴桃细菌性溃疡病发生规律和防治研究	省部级项目	0.00	黄丽丽	2010-01-01	2011-12-01

## 2011年度报告

序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
54	0000069	猕猴桃贮藏期病害防治及保鲜技术与示范	省部级项目	10.00	王保通	2011-01-01	2011-12-01
55	201103003	农作物最佳养分管理技术研究与应用	省部级项目	38.00	王朝辉	2011-01-01	2015-12-01
56	2010K02-03	葡萄新品种选育和设施栽培技术研究	省部级项目	4.00	王西平	2010-01-01	2011-12-01
57	200903040	陕西省小麦禾谷孢囊线虫发生调查与防控	省部级项目	10.80	赵杰	2009-01-01	2013-12-01
58	0000074	陕西省小麦区试品种抗性鉴定	省部级项目	0.40	王保通	2010-01-01	2011-12-01
59	200903052	生物源农药创制与技术集成及产业化开发	省部级项目	20.00	吴云锋	2009-01-01	2014-12-01
60	20100204120005	受条锈菌诱导的小麦 DAD2 基因的克隆及功能分析	省部级项目	0.00	王晓杰	2011-01-01	2013-12-01
61	Nycytx-30-zp-06	无核葡萄育种岗位科学家	省部级项目	70.00	王跃进	2011-01-01	2015-12-01
62	200807121011	小麦过敏性反应诱导蛋白基因的克隆和功能分析	省部级项目	0.00	郭军	2009-01-01	2011-12-01
63	2010SYS-01	小麦抗逆基因的挖掘及利用联合研究	省部级项目	0.00	康振生	2010-01-01	2011-12-01
64	nycytx-03	小麦条锈病防治研究	省部级项目	70.00	康振生	2007-01-01	2013-12-01
65	200903035	小麦条锈病监测与综合治理技术与示范	省部级项目	36.00	康振生	2009-01-01	2013-12-01
66	0100204110006	小麦吸浆虫不同滞育状态幼虫分子标记研究	省部级项目	4.00	仵均祥	2011-01-01	2013-12-01
67	0000072	小麦吸浆虫发生危害规律及防控技术与示范	省部级项目	6.00	仵均祥	2011-01-01	2012-12-01

序号	课题编号	课题名称	课题类型	本年度经费 (万元)	课题负责人	课题开始 时间	课题结束 时间
68	2010ZDKG-08	小麦新品种选育	省部级项目	2.00	李学军	2010-01-01	2011-12-01
69	200903035-1	小麦锈病监测与综合治理技术与示范-流行体系	省部级项目	5.00	胡小平	2009-01-01	2014-12-01
70	110200902046	烟草主要病毒病与寄主互作的分子机理研究	省部级项目	30.00	吴云锋	2009-01-01	2012-12-01
71	2008K01-26	优质高产油菜新品种选育	省部级项目	1.00	徐爱遐	2011-01-01	2011-12-01
72	2009BC118604	玉米高产与资源高效栽培技术基础研究	省部级项目	10.00	薛吉全	2010-01-01	2012-12-01
73	NCET-10-0692	中国野生葡萄 VpPR10 蛋白调节植物细胞死亡机理研究	省部级项目	20.00	徐 炎	2011-01-01	2013-12-01
74	0000056	种质资源中期库更新	省部级项目	30.00	吉万全	2011-01-01	2012-12-01

## 六、发表的研究论文

序号	论文名称	作者	刊物名称刊物名称/卷期页码	通讯作者	影响因子
1	Functional Analysis of the Kinome of the Wheat Scab Fungus <i>Fusarium graminearum</i>	Chenfang Wang, Shijie Zhang, Rui Hou, Zhongtao Zhao, Qian Zheng, Qijun Xu, Dawei Zheng, Guanghui Wang, Huiquan Liu, Xuli Gao, Jiwen Ma, H. Corby Kistler, Zhensheng Kang and Jinrong Xu.	PLoS pathog. Dec 2011 7 (12) e1002460	Zhensheng Kang ; Jinrong Xu	9.127
2	Characterization of a copper-resistant symbiotic bacterium isolated from <i>Medicago lupulina</i> growing in mine tailings	LianMei Fan, ZhanQiang Ma, JianQiang Liang, HuiFen Li, EnTao Wang, GeHong Wei	Bioresource Technol. Jan 2011 102 (2) 703-709	GeHong Wei	4.98
3	The HDF1 Histone Deacetylase Gene Is Important for Conidiation, Sexual Reproduction, and Pathogenesis in <i>Fusarium graminearum</i>	Yimin Li, Chenfang Wang, Wende liu	Mol Plant Microbe In. Apr 2011 24 (4) 487-496	Jinrong Xu	4.431
4	TaDAD2, a Negative Regulator of Programmed Cell Death, Is Important for the Interaction Between Wheat and the Stripe Rust Fungus	Xiaojie Wang, Chunlei Tang, Hongchang Zhang, Jinrong Xu, Bo Liu, Jie LV, Dejun Han, Lili Huang and Zhensheng Kang	Mol Plant Microbe In. Jan 2011, 24 (1) 79-90	Zhensheng Kang	4.431
5	Functional Analysis of the Two Brassica AP3 Genes Involved in Apetalous and Stamen Carpeloid Phenotypes	Yanfeng Zhang, Xuefang Wang, Wenxue Zhang, Fei Yu, Jianhua Tian, Dianrong Li, Aiguang Guo	PloS one. Jun 2011 6 (6) e20930	Aiguang Guo	4.092
6	Molecular characterization of a Fus3/Kss1 type MAPK from <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> , PsMAPK1.	Jun Guo, Xiwei Dai, Jin-Rong Xu, Yulin Wang, Pengfei Bai, Furong Liu, Yinghui Duan, Hong Zhang, Lili Huang, Zhensheng Kang	PLoS One. Jul 2011 6 (7) e21895	Zhensheng Kang	4.092
7	Draft Genome of <i>Streptomyces zinciresistens</i> K42, a Novel Metal-Resistant Species Isolated from Copper-Zinc Mine Tailings	Yanbing lin, Xiuli hao, Laurel Johnstone, Susan J. Miller, David A. Baltrus, Christopher Rensing and Gehong Wei.	J. Bacteriol. Nov 2011 193 (22) 6408-6409	Gehong Wei	3.825

序号	论文名称	作者	刊物名称刊物名称/卷期页码	通讯作者	影响因子
8	Molecular characterization of estrogen receptor genes in <i>Gobiocypris rarus</i> and their expression upon endocrine disrupting chemicals exposure in juveniles	Houpeng Wang, Jingjing Wang, Tingting Wu, Fang Qin, Xiaoqi Hu, Lihong Wang, Zaizhao Wang	Aquat Toxicol. Jan 2011 101 (1) 276-287	Zaizhao Wang	3.761
9	Diversity of endophytic bacteria within nodules of the <i>Sphaerophysa salsula</i> in different regions of Loess Plateau in China	Zhenshan Deng, Longfei Zhao, Zhaoyu Kong, Wenquan Yang, Kristina Lindström, Entao Wang, Gehong Wei	FEMS Microbiol Ecol. Jun 2011 76 (3) 463-475	Gehong Wei	3.408
10	Yr45, a new wheat gene for stripe rust resistance on the long arm of chromosome 3D	Q. Li, X. M. Chen, M. N. Wang, J. X. Jing	Theor Appl Genet. Jan 2011 122 (1) 189-197	X. M. Chen	3.297
11	Histological and molecular studies of the non-host interaction between wheat and <i>Uromyces fabae</i>	Hongchang Zhang, Chenfang Wang, Yulin Cheng, Xiaojie Wang, Feng Li, Qingmei Han, Jinrong Xu, Xianming Chen, Lili Huang, Guorong Wei, Zhensheng Kang	Planta. Nov 2011 234 (5) 979-991	Zhensheng Kang	3
12	Cloning and characterization of a wheat neutral ceramidase gene Ta-CDase	Xiumei Yu, Xiaojie Wang, Xueling Huang, Heinrich Buchenauer, Qingmei Han, Jun Guo, Jie Zhao, Zhipeng Qu, Lili Huang, Zhensheng Kang	Mol Biol Rep. Jun 2011 38 (5) 3447-3454	Zhensheng Kang	2.929
13	Characterization of a wheat HSP70 gene and its expression in response to stripe rust infection and abiotic stresses	Yinghui Duan, Jun Guo, Ke Ding, Shujuan Wang, Hong Zhang, Xiwei Dai, Yueying Chen, Francine Govers, Lili Huang, Zhensheng Kang	Mol Biol Rep. Jan 2011 38 (1) 301-307	Zhensheng Kang	2.929
14	Cloning and characterization of a calcium binding EF-hand protein gene TaCab1 from wheat and its expression in response to <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> and abiotic stresses	Hao Feng, Xiaomin Wang, Yanfei Sun, Xiaojie Wang, Xianming Chen, Jun Guo, Yinghui Duan, Lili Huang, Zhensheng Kang	Mol Biol Rep. Aug 2011 38 (6) 3857-3866	Zhensheng Kang	2.929
15	A New Benzofuran Glucoside from <i>Ficus Tikoua</i> Bur	Shaopeng Wei; Jieyu Luan; Lina Lu; Wenjun Wu and Zhiqin Ji.	Int J Mol Sci. Aug 2011 12 (8) 4946-4952	Zhiqin Ji	2.598

## 2011年度报告

序号	论文名称	作者	刊物名称刊物名称/卷期页码	通讯作者	影响因子
16	Identification of a Male-Specific Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) and a Sequence Characterized Amplified Region (SCAR) Marker in <i>Eucommia ulmoides</i> Oliv	Dawei Wang, Yu Li and Zhouqi Li	Int J Mol Sci. Jan 2011 12 (8) 857-864	Zhouqi Li	2.598
17	<i>Mesorhizobium camelthorni</i> sp. nov., isolated from <i>Alhagi sparsifolia</i>	Weimin Chen, Wenfei Zhu, Cyril Bontemps, J. Peter W. Young and Gehong Wei	Int J Syst Evol Micr. Mar 2011 61 574-579	Gehong Wei	2.268
18	<i>Streptomyces zinciresistens</i> sp. nov., a zinc-resistant actinomycete isolated from soil from a copper and zinc mine	Yanbing Lin, Xinye Wang, Huifen Li, Nana Wang, Huxuan Wang, Ming Tang and Gehong Wei	Int J Syst Evol Micr. Mar 2011 61 616-620	Gehong Wei	2.268
19	<i>Paracoccus sphaerophysae</i> sp. nov., a siderophore-producing, endophytic bacterium isolated from root nodules of <i>Sphaerophysa salsula</i>	Zhenshan Deng, Longfei Zhao, Lin Xu, Zhaoyu Kong, Peng Zhao, Wei Qin, Jiali Chang and Gehong Wei	Int J Syst Evol Micr. Mar 2011 61 665-669	Gehong Wei	2.268
20	<i>Rhizobium sphaerophysae</i> sp nov., a novel species isolated from root nodules of <i>Sphaerophysa salsula</i> in China	Lin Xu, JianFeng Shi, Peng Zhao, WeiMin Chen, Wei Qin, Ming Tang, GeHong Wei	Anton Leeuw Int J G. 2011 99 (4) 845-854	GeHong Wei	2.091
21	Re-evaluation of pathogens causing Valsa canker on apple in China	Xuli Wang, Jieling Wei, Lili Huang	Mycologia. Mar-Apr 2011 103 (2) 317-324	Lili Huang	2.031
22	<i>Gluconacetobacter hansenii</i> subsp nov., a High-Yield Bacterial Cellulose Producing Strain Induced by High Hydrostatic Pressure	Hanjing Ge, Shuangkui Du, Dehui L, Junna Zhang, Jinle Xiang and Zhixi Li	Appl Biochem Biotech. Dec 2011 165 (7-8) 1519-1531	Zhixi Li	1.943
23	Gene expression profiling of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp <i>tritici</i> during development reveals a highly dynamic transcriptome	Xueling Huang, Xianming Chen, Tristan Coram, Meinan Wang, Zhensheng Kang	J Genet Genomics. Aug 2011 38 (8) 357-371	Xianming Chen	1.883
24	NW-G03, a related cyclic hexapeptide compound of NW-G01, produced by <i>Streptomyces alboflavus</i> 313	Zhengyan Guo, Ling Shen, Jiwen Zhang, Hongmei Xin, Wei Liu, Zhiqin Ji and Wenjun Wu	J Antibiot. Dec 2011 64 (12) 789-794	Wenjun Wu	1.651
25	Identification and primary application of TSNA degrading bacterial strain AS97 isolated from aging tobacco leaves	H. Shan, D. Chen, J. Li, T. Chen, H. Hu, Z. Guo, and D. An	Acta microbiologica Sinica. Oct 2011 51 (10) 1326-1333		

## 七、授权专利

序号	成果名称	成果编号	完成人
1	一种梨小食心虫的人工饲养方法	ZL201010107439.6	忤均祥
2	一种黑粪蚊的人工饲养方法	ZL201010107446.6	忤均祥
3	一种淡紫灰链霉菌及其活性产物的制备方法和应用	ZL200910021081.2	黄丽丽
4	一种用于防治小麦全蚀病的芽孢杆菌及其制备方法	ZL200910021117.7	黄丽丽
5	小麦黄矮病的多重 PCR 检测的引物组和试剂盒	ZL201010267642.X	吴云锋
6	小麦黄矮病的多重 PCR 检测方法	ZL201010267645.3	吴云锋
7	化合物 (RS) -5-乙基-2-(4-异丙基-4-甲基-5-氧代-2-咪唑啉-2-基) 烟酸及其铵盐用于作为植物化学杂交剂的应用	ZL200810231884.6	胡胜武
8	带有自交不亲和特性的油菜环境敏感核不育系的选育及应用	ZL200910023163.0	胡胜武
9	一种农杆菌介导转化柳枝稷的方法	ZL200710018260.1	奚亚军
10	一种化学杀雄杂交植物去杂保纯的方法	ZL200910023162.6	胡胜武
11	一种获得柳枝稷转基因植株的方法	ZL200710018580.7	奚亚军
12	提高抗病无核葡萄胚挽救育种效率的双相培养基及制备方法	ZL200610043024.0	王跃进
13	陕麦 159 获得植物新品种权	CNA20070364.1	吉万全
14	西农 9871 植物新品种保护权	CNA20070552.0	李学军
15	西农 928 植物新品种保护权	CNA20080419.7	谢惠民

## 八、审定品种

序号	成果名称	审定单位	完成人
1	西农 509	国家农作物品种审定委员会	吉万全
2	陕油 0913	国家农作物品种审定委员会	徐爱遐
3	靖油 1 号	陕西省农作物品种审定委员会	徐爱瑕
4	西农 688	陕西省农作物品种审定委员会	谢惠民
5	陕单 606	陕西省农作物品种审定委员会	薛吉全
6	陕单 609	陕西省农作物品种审定委员会	薛吉全
7	陕麦 139	安徽省农作物品种审定委员会	吉万全



## 九、国内外学术交流

### 1、大型学术会议特邀报告

序号	报告名称	会议名称	会议地址	会议时间	报告人
1	Translocation of oomycete and fungal effectors suggests novel strategies for plant disease control	The 2nd international conference on Biotic plant interaction	云南昆明	2011-11-01	单卫星
2	小麦-条锈菌互作的研究进展	2nd International Conference on Biotica Plant Interaction	云南昆明	2011-11-01	康振生
3	Update on research of interaction between wheat and stripe rust	2011 年美国植物病理学学会-国际植物保护学术学会联合会会议	美国夏威夷	2011-08-01	康振生

### 2、承办大型学术会议

序号	会议名称	会议类型	主办单位名称	会议主席	会议日期	参加人数
1	第一届国际糜子学术研讨会筹备会暨糜子品种区域试验座谈会	区域性	国际糜子协会,旱区作物逆境生物学国家重点实验室联合承办	柴岩	2011-11-01	90
2	第十二届全国玉米栽培暨玉米栽培学组成立三十周年学术研讨会	全国性	全国玉米栽培学组、农业部玉米专家指导组、国家玉米产业技术体系栽培与土肥功能研究室,旱区作物逆境生物学国家重点实验室联合承办	薛吉全	2011-08-01	260
3	Symposium on Plant Pathology for Food Security	双边性	西北农林科技大学,旱区作物逆境生物学国家重点实验室联合承办	许金荣	2011-05-01	150

## 十、获奖情况

序号	成果名称	获奖类别	获奖人员
1	黄土高原旱地氮磷养分高效利用理论与实践	国家科技进步二等奖	王朝辉
2	玉米高产高效生产理论及技术体系研究与应用	国家科技进步二等奖	薛吉全
3	高产优质多抗广适小麦新品种西农979的选育	陕西省科学技术一等奖	李学军

## 十一、2011年仪器设备购置清单

序号	仪器名称	型号	金额(万元)	购置日期
1	分光光度计	U-3900H	19.43	2011-11-2
2	双向电泳系统	Protean IEF	37.19	2011-11-9
3	荧光显微镜	DM5000B	54.94	2011-11-10
4	便携式光合仪	LI-6400XT	33.84	2011-11-10
5	荧光分光光度计	F-7000	25.99	2011-11-10
6	紫外分光光度计	BioSpec-nano	8.88	2011-11-22
7	PCR 仪 10 台	S1000	54.12	2011-11-23
8	超低温冰箱 5 台	907	31.35	2011-11-23
9	自动微生物鉴定系统	MIDI	27.78	2011-11-23
10	突变检测系统	DCODE	26.46	2011-11-23
11	气相色谱仪	6850	21.71	2011-11-23
12	大容量振荡培养箱 2 台	S19	18.35	2011-11-23
13	化学发光成像系统	CHEMIDOC XRS+	17.49	2011-11-23
14	制水系统	MILLI-Q INTEGRAL 10	16.17	2011-11-23
15	冷冻干燥机	CS110-4	9.70	2011-11-23
16	便携式光合作用测量系统	LI-6400XT	38.94	2011-11-25
17	全自动酶标仪	M200PRO	35.57	2011-11-25
18	荧光显微镜	BX63+DP72	27.06	2011-11-28
19	地物光谱仪	GER-1500	70.35	2011-12-2
20	定氮仪	K1100	30.82	2011-12-2

## 2011年度报告

---

序号	仪器名称	型号	金额(万元)	购置日期
21	脂肪测定仪	SOX500	12.06	2011-12-2
22	活体叶绿素仪分析仪	PAM2500	31.50	2011-12-12
23	差示扫描量热仪	Q2000	30.82	2011-12-19
24	蛋白质分析仪	ZY3M16137	25.19	2011-12-21
25	电泳凝胶成像分体系统	MicroChemi	15.76	2011-12-31

## 十二、开放课题

### (一) 开放课题申请指南

依托西北农林科技大学的“旱区作物逆境生物学国家重点实验室”，围绕旱区作物逆境生物学的核心科学问题，开展旱区作物抗逆种质和基因资源发掘、作物非生物胁迫应答机理、作物与病虫互作机理、作物抗逆种质创新与品种设计等四个研究方向的基础和应用基础研究，以提升我国作物逆境生物学研究水平，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。

实验室现已具备开展作物逆境生物学相关研究所需的仪器设备和配套设施，在建设期内，实验室还将进一步补充完善仪器设备等科研条件。为了贯彻执行“开放、流动、联合、竞争”的运行机制，提升实验室的科学研究水平，创造良好的学术环境，吸引和凝聚国内外优秀学者，合作开展高水平的基础和应用基础性研究，实验室特设立开放基金，资助与实验室研究方向有关的具有重要科学意义的基础与应用基础研究。热忱欢迎国内外从事相关领域研究的科技工作者来实验室进行合作研究，有意申请者可向实验室索取申请书及申请指南，亦可登陆实验室网页下载申请书。

#### 1. 支持的主要研究方向

实验室本年度拟重点支持的研究领域为旱区作物抗逆种质和基因资源发掘、旱区作物非生物逆境胁迫应答机理、旱区作物与病虫互作机理、旱区作物抗逆种质创新与品种设计四个方向，凡符合下列研究内容的课题，均可申请。

##### (1) 旱区作物抗逆种质和基因资源发掘

以旱区粮油、果树等作物及其近缘植物种质资源为对象，围绕抗旱、耐盐碱、抗病虫、抗寒及优质高产等性状，进行种质资源的综合评价，建立作物种质资源抗逆筛选与评价的技术体系；分析揭示作物抗旱、耐盐碱、抗寒、抗病虫以及高产优质等重要性状的遗传规律。

### **(2) 作物非生物胁迫应答机理**

以旱区作物面临的干旱、盐碱、低温和高温等非生物逆境为主攻点，以旱区作物为材料，从生理生化、细胞生物学、遗传与表观遗传、分子生物学等方面系统深入研究作物适应与抵御非生物逆境的机制，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。

### **(3) 作物与病虫害互作机理**

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，揭示作物病虫害致害的机理、作物抗病虫害性的机制、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。

### **(4) 作物抗逆种质创新与品种设计**

围绕抗旱、耐盐碱、抗寒、抗病虫害等重要性状，探索创制小麦、玉米、小杂粮、苹果、葡萄等作物抗逆种质和新品种设计的新理论与新方法，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。

## **2. 申请条件**

(1) 凡已取得博士学位，或具有助教以上职称的国内外中青年科学工作者均可提出申请，原则上不受理在读博士生的申请。

(2) 申请课题应在学术上具有一定的先进性，研究计划切实可行，申请者在所申请的领域内已具有足够的研究基础，申请课题的研究内容必须符合课题指南范围，并与实验室相关团队有密切的联系。

(3) 每项课题申请经费额度为 5-10 万元/年，执行年限为 1-2 年（可申请延长）。批准的开放基金课题，须依托重点实验室的相关团队开展工作。

(4) 遵守重点实验室“开放基金课题管理办法”的相关规定要求。

### 3. 申请程序

有意申请者可从网站下载申请书, 或向本实验室索取, 并按规定格式认真填写, 申请者将签字盖章的纸质申请书一式 6 份, 于 9 月 5 日前寄至本实验室, 并将电子版 (Word 或 PDF 格式)通过电子邮件发送到指定邮箱。

申请书经同行专家初审后, 递交学术委员会评审, 并经室主任和学术委员会主任批准后, 接受申请人作为访问学者来实验室开展工作, 并根据当年的经费情况对获资助的基金课题给予资助。

### 4. 联系方式

联系人: 韩青梅

电 话: 029-87080062

传 真: 029-87080062

E-mail: Hanqm@nwsuaf.edu.cn

通讯地址: 陕西省杨凌示范区邠城路 3 号西北农林科技大学科研楼旱区作物逆境生物学国家重点实验室

邮政编码: 712100

旱区作物逆境生物学国家重点实验室

2011 年 10 月 15 日

(二) 立项通知

## 2011年开放课题立项通知

旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放课题基金项目，经过 2011 年 11 月 19 日学术委员会评审，同意对陈长卿等 20 位申报的课题予以资助，每个课题资助经费五万元。为了使开放课题能够按预期目标顺利进行，研究决定将每个申请人的经费下拨给校内依托团队负责人，开支范围主要包括来实验室的差旅费、科学研究所需的实验材料费、文献出版信息费、分析测试费等。由依托团队负责人监管执行，期限一年。

旱区作物逆境生物学国家重点实验室

2011 年 11 月 29 日



## (三) 课题清单

## 2011 年开放课题资助清单

序号	名称	编号	申报人	申报人单位	经费(万元)
1	中国小麦条锈菌分子群体遗传结构研究	CSBAA2011001	陈长卿	吉林农业大学	5.00
2	小麦条锈菌夏孢子萌发的转录组分析	CSBAA2011002	郑文明	河南农业大学	5.00
3	大豆疫霉菌抗甲霜灵菌株 AFLP 指纹图谱的构建与分析	CSBAA2011003	左豫虎	黑龙江八一农垦大学	5.00
4	向日葵与锈菌非亲和互作的 cDNA 文库构建及表达序列标签分析	CSBAA2011004	景 岚	内蒙古农业大学	5.00
5	玉米弯孢霉叶斑病菌 Clg2p 与效应分子 Clf 互作网络关系及其在致病性中的调控功能	CSBAA2011005	刘 铜	黑龙江八一农垦大学	5.00
6	基于 RNA-Seq 技术挖掘盐角草嗜盐功能基因	CSBAA2011006	马金彪	中国科学院新疆生态与地理研究所	5.00
7	赤霉素敏感型矮秆基因 <i>Rht13</i> 对小麦抗旱性的效应研究	CSBAA2011007	刘凤楼	宁夏大学	5.00
8	水旱条件下冬小麦抗旱生理和籽粒相关性状的基因定位研究	CSBAA2011008	肖永贵	中国农业科学院作物科学研究所	5.00
9	内生防菌 TIASA5 防治猕猴桃溃疡病的机理研究	CSBAA2011009	涂 璇	三峡大学	5.00
10	抗病无核葡萄杂交胚挽救技术优化及其遗传特性的研究	CSBAA2011010	李桂荣	河南科技学院	5.00
11	中国野生华东葡萄芪合成酶基因参与白粉菌胁迫应答中的功能分析	CSBAA2011011	徐伟荣	宁夏大学	5.00
12	西藏青稞抗旱相关 <i>WRKY</i> 转录因子基因克隆及表达分析	CSBAA2011012	李慧娥	西藏农牧学院	5.00
13	油菜转银杏抗菌肽基因 GNK2-1 及其抗菌核病研究	CSBAA2011013	张彦锋	陕西省杂交油菜研究中心	5.00
14	小麦赤霉病主效抗性基因 <i>Qfhb.hyz-7D</i> 区域物理图谱和精细遗传图谱的构建	CSBAA2011014	李 韬	扬州大学	5.00
15	基于仿生技术的枸杞木虱辅助枸杞瘿螨种群扩散机制研究	CSBAA2011015	徐常青	中国医学科学院药用植物研究所	5.00
16	旱作区不同类型寄主上桃蚜种下表型与基因型分化研究	CSBAA2011016	张利军	山西农业大学	5.00

## 2011年度报告

序号	名称	编号	申报人	申报人单位	经费(万元)
17	果区绿盲蝽的寄主选择及其刺吸危害机制研究	CSBAA2011017	周洪旭	青岛农业大学	5.00
18	耐盐碱苹果砧木资源的筛选及其耐性机理研究	CSBAA2011018	白团辉	河南农业大学	5.00
19	逆境胁迫响应的苹果山梨醇转运蛋白的功能分析	CSBAA2011019	白 茹	石河子大学农学院园林园艺工程系	5.00
20	苹果全基因组转录因子 DREB 基因家族鉴定及其干旱胁迫下的表达分析	CSBAA2011020	马玉华	贵州省农业科学院园艺研究所	5.00
合计经费（万元）					100.00

## 十三、实验室有关文件

## 实验室建设计划书主要内容

### 1、预期研究目标

旱区作物逆境生物学国家重点实验室围绕我国旱区作物抗逆这一重要科学问题，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，深入研究作物对非生物胁迫的应答机理，以及作物与有害生物的互作机理；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。以期在作物抗逆基因资源发掘、植物病原菌致病机理、作物抗逆机制以及抗逆新品种培育等方面取得突破性进展，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。

经过两年建设，实验室争取承担国家重点项目和重大课题（863 课题、973 课题、“十二五”科技支撑计划课题、国家自然科学基金重点项目等）10-15 项，科研经费年均 1000 万元；在作物种质资源挖掘、非生物逆境与生物逆境的抗性机理、作物抗逆种质创新及新品种培育等基础与应用基础方面取得一批有重要影响的成果。发表论文 200 余篇，其中 SCI 论文 100-150 篇，出版著作 2-3 部，获国家、省部科研成果 2-3 项、创制优异新种质 40-50 个，新品系 15-30 个，审定农作物新品种 5-8 个，申请国家专利、植物新品种保护权 8-15 个。

### 2、吸引人才计划

根据现有人员状况和学科发展需求，实验室将利用国家“千人计划”、国家“青年千人”引进计划、陕西省“三秦学者”引进计划和学校“后稷学者”等各类人才引进政策，从海内外引进一批学科点急需的，并在国内外学术界有一定影响的优秀科研人才补充实验室研究力量，增强实验室整体竞争能力。在未来两年内，利用各类人才引进的优惠政策，引进 8-10 人优秀学术骨干，其中，非生物胁迫应答机理方向引进 2-3 人，生物信息学领域引进 1-2 人，蛋白组学方向引进 1-2 人，基因组学领域引进 1 人，作物遗传育种方向引进 1 人，植物病理学方向引进 1 人。实验室固定研究人员数量达到 60 人左右。

### 3、运行管理

#### (1) 管理体制

实验室作为学校直接领导的、相对独立的研究实体，享有独立的人、财、物自主权。实验室固定人员实行竞争聘任机制，实验室流动人员实行开放流动机制。

#### (2) 组织保障机制

实验室实行学校领导下的主任负责制，下设副主任 2 名，其中业务副主任 1 名，行政副主任 1 名。实验室主任由学校组织公开招聘、推荐，主管部门聘任，报科技部备案；实验室副主任由学校聘任。重大事项由主任、副主任、研究团队负责人、相关科研骨干、办公室主任等组成的实验室主任会议决定。

为充分发挥各创新团队的主观能动性，实验室实行实验室主任、研究方向负责人、创新团队（课题）负责人三级管理体制，以创新团队负责人为主的研究小组是实验室的基本单元。

为便于充分发挥仪器设备的功能，提高仪器设备的使用率，实验室将建立一支技术过硬、责任心强的技术支撑与管理队伍，为实验室高效与开放运转提供坚强有力的保障。

#### (3) 科学决策机制

学术委员会是实验室的学术指导机构，实验室成立由 13 位国内外著名专家组成的学术委员会。其成员由学校聘任，其中本重点实验室和依托单位的人员不超过总人数的 1/3，中青年学术委员不少于 1/3。学术委员会的职责是审议重点实验室的目标、研究方向、重大学术活动、年度工作计划和总结，审批开放研究课题。学术委员会每年至少召开一次会议，其会议纪要应当作为重点实验室年度总结报告的重要附件。

#### (4) 制度保障机制

重视和加强实验室的运行管理，建立健全内部规章制度，提高实验室运行管理的透明度。在规范人、财、物管理办法的基础上，加强室务公开，重大事项决策公开透明。每年度末，由实验室主任向学术委员会报告年度实验室管理运行、科研进展及经费使用与执行等情况。

建立和完善实验室各创新团队的评估激励机制和实验室的各项管理制度。加强对

实验室承担的科研项目执行情况的检查、评估和监督；重视实验室的学术道德和学风建设，营造宽松民主、潜心研究的科研环境，开展经常性、形式多样的学术交流活动；加强知识产权保护，在重点实验室完成的专著、论文、软件、数据库等研究成果均应标注重点实验室名称，在专利申请、技术成果转让、申报奖励等方面严格按国家有关规定办理；结合实验室自身特点，加强与产业界的联系与合作，推动科技成果的转化。

#### 4. 仪器设备管理与使用

仪器设备实行开放式管理，建立大型仪器设备专管共用、预约使用、使用登记和损坏赔偿制度等。统筹制定仪器设备的购置与维护方案，有计划地实施科研仪器设备的定期维护和更新改造，保障仪器设备的高效运转和开放共享，并按照有关规定和要求实现数据共享。

管理与技术人员负责仪器设备的管理、维护与功能开发，建立完善的仪器设备使用指南，为来实验室的人员提供指导和技术培训。

#### 5. 实验室建设经费概算

根据现有实验室条件和国家重点实验室建设要求，在建设期间将对实验室现有条件进行改善，添置必要的仪器设备、修建转基因隔离温室、田间试验平台、设立实验室开放课题，以适应国家重点实验室发展的需求。据初步估算，实验室建设期间大约需要建设经费 3000 万元人民币，（经费概算及说明见下表）。

实验室建设经费概算

预算项目	经费 (万元)	说 明
基础设施建设与改造	400.00	实验室改造、水电暖设施配套、温室等
仪器设备购置	2200.00	拟购全光谱激光共聚焦系统和稳定同位素质谱仪等仪器设备
运行、仪器维护及培训	200.00	实验室运行、仪器维修及培训等
实验室开放课题	200.00	设立开放课题 20 项，平均资助 10 万元。
田间试验平台		扩充现有试验地、完善逆境模拟设施
合计	3000.00	

## 关于批准建设心血管疾病等49个国家重点实验室的通知

### 国科发基〔2011〕517号

北京市、天津市、辽宁省、吉林省、黑龙江省、上海市、江苏省、安徽省、福建省、河南省、湖北省、湖南省、广东省、广西壮族自治区、重庆市、陕西省、甘肃省、新疆维吾尔自治区科技厅(委), 教育部、工业和信息化部、国土资源部、环境保护部、水利部、农业部、卫生部、林业局、中科院办公厅(室), 总后勤部卫生部:

按照《国家重点实验室建设与运行管理办法》(国科发基〔2008〕539号)和工作安排, 日前我部组织专家对心血管疾病等49个实验室进行了建设计划可行性论证, 并认真审查了修改后报送的建设计划任务书, 现决定批准建设心血管疾病等49个国家重点实验室(名单见附件)。

请实验室主管部门和依托单位按照《国家重点实验室建设与运行管理办法》和建设计划任务书的要求, 落实有关政策和建设经费, 组织相关实验室开展建设工作。请实验室所在省(自治区、直辖市)科技主管部门对实验室建设给予大力支持。

在建设期间, 实验室应进一步凝练发展方向和目标, 提升科研水平, 加强队伍和实验条件建设、建立健全运行管理机制, 努力成为国家组织高水平科学研究、聚集和培养优秀科学家、开展学术交流的重要基地。

建设计划完成后, 我部将组织专家验收。建设期限一般不超过两年, 请有关方面抓紧各项工作, 按期完成建设任务并验收。

特此通知。

## 批准建设的 49 个国家重点实验室名单

实验室名称	实验室主任	建设承担单位	单位负责人	实验室代码
杂交水稻国家重点实验室	符习勤	湖南杂交水稻研究中心武汉大学	袁隆平 李晓红	2011DA770014
棉花生物学国家重点实验室	喻树迅	中国农业科学院棉花研究所河南大学	喻树迅 姜源功	2011DA125024
林木遗传育种国家重点实验室	卢孟柱	中国林业科学研究院东北林业大学	张守攻 杨传平	2011DA169034
家蚕基因组生物学国家重点实验室	夏庆友	西南大学	王小佳	2011DA105044
旱区作物逆境生物学国家重点实验室	康振生	西北农林科技大学	孙其信	2011DA105054
亚热带农业生物资源保护与利用国家重点实验室	陈保善	广西大学华南农业大学	唐纪良 陈晓阳	2011DA790064
心血管疾病国家重点实验室	胡盛寿	中国医学科学院阜外心血管病医院	胡盛寿	2011DA131078
肾脏疾病国家重点实验室	陈香美	中国人民解放军总医院	李书章	2011DAV00088
生殖医学国家重点实验室	沙家豪	南京医科大学	陈 琪	2011DA690098
天然药物活性物质与功能国家重点实验室	庾石山	中国医学科学院药物研究所	蒋建东	2011DA131108
天然药物活性组分与药效国家重点实验室	李 萍	中国药科大学	吴晓明	2011DA105118
环境基准与风险评估国家重点实验室	吴丰昌	中国环境科学研究院	孟 伟	2011DA144123
大陆构造与动力学国家重点实验室	许志琴	中国地质科学院地质研究所	侯增谦	2011DA121133



实验室名称	实验室主任	建设承担单位	单位负责人	实验室代码
流域水循环模拟与调控国家重点实验室	王浩	中国水利水电科学研究院	匡尚富	2011DA126143
生物地质与环境地质国家重点实验室	童金南	中国地质大学(武汉)	王焰新	2011DA105153
同位素地球化学国家重点实验室	徐义刚	中国科学院广州地球化学研究所	徐义刚	2011DA173163
大地测量与地球动力学国家重点实验室	倪四道	中国科学院测量与地球物理研究所	孙和平	2011DA173173
荒漠与绿洲生态国家重点实验室	陈亚宁	中国科学院新疆生态与地理研究所	陈曦	2011DA173183
草地农业生态系统国家重点实验室	南志标	兰州大学	周旭红	2011DA105194
热带海洋环境国家重点实验室	王东晓	中国科学院南海海洋研究所	张偲	2011DA173203
森林与土壤生态国家重点实验室	韩兴国	中国科学院沈阳应用生态研究所	韩兴国	2011DA173213
高性能复杂制造国家重点实验室	段吉安	中南大学	黄伯云	2011DA105227
钢铁冶金新技术国家重点实验室	郭占成	北京科技大学	徐金梧	2011DA105237
机械结构强度与振动国家重点实验室	王铁军	西安交通大学	郑南宁	2011DA105247
机械结构力学及控制国家重点实验室	熊克	南京航空航天大学	朱荻	2011DA124257
强电磁工程与新技术国家重点实验室	段献忠	华中科技大学	李培根	2011DA105267
新能源电力系统国家重点实验室	刘吉臻	华北电力大学	刘吉臻	2011DA105277

## 2011年度报告

实验室名称	实验室主任	建设承担单位	单位负责人	实验室代码
煤矿灾害动力学与控制国家重点实验室	李晓红	重庆大学	林建华	2011DA105287
计算机体系结构国家重点实验室	孙凝晖	中国科学院计算技术研究所	李国杰	2011DA173295
信息光子学与光通信国家重点实验室	任晓敏	北京邮电大学	方滨兴	2011DA105305
复杂系统管理与控制国家重点实验室	王飞跃	中国科学院自动化研究所	王东琳	2011DA173315
流程工业综合自动化国家重点实验室	柴天佑	东北大学	丁烈云	2011DA105325
聚合物分子工程国家重点实验室	丁建东	复旦大学	杨玉良	2011DA105331
有机无机复合材料国家重点实验室	陈建峰	北京化工大学	王子镐	2011DA105346
硅酸盐建筑材料国家重点实验室	赵修建	武汉理工大学	张清杰	2011DA105356
水利工程仿真与安全国家重点实验室	钟登华	天津大学	李家俊	2011DA105367
理论物理国家重点实验室	吴岳良	中国科学院理论物理研究所	吴岳良	2011DA173372
低维量子物理国家重点实验室	薛其坤	清华大学	顾秉林	2011DA105382
发光学及应用国家重点实验室	申德振	中国科学院长春光学精密机械与物理研究所	宣 明	2011DA173395
发光材料与器件国家重点实验室	曹 镛	华南理工大学	李元元	2011DA105406
核探测与核电子学国家重点实验室	王贻芳	中国科学院高能物理研究所中国科学技术大学	陈和生 侯建国	2011DA173412

## 旱区作物逆境生物学国家重点实验室(西北农林科技大学)

实验室名称	实验室主任	建设承担单位	单位负责人	实验室代码
高温气体动力学国家重点实验室	姜宗林	中国科学院力学研究所	樊菁	2011DA173422
生命分析化学国家重点实验室	鞠焜先	南京大学	陈骏	2011DA105431
药物化学生物学国家重点实验室	饶子和	南开大学	龚克	2011DA105444
细胞生物学国家重点实验室	朱学良	中国科学院上海生命科学研究院	陈晓亚	2011DA173454
细胞应激生物学国家重点实验室	韩家淮	厦门大学	朱崇实	2011DA105464
分子发育生物学国家重点实验室	杨维才	中国科学院遗传与发育生物学研究所	薛勇彪	2011DA173474
真菌学国家重点实验室	刘杏忠	中国科学院微生物研究所	黄力	2011DA173484
微生物代谢国家重点实验室	邓子新	上海交通大学	张杰	2011DA105494

## 中共西北农林科技大学委员会常委会有关实验室建设问题的决议

9月13日，党委书记张光强主持召开2011年第12次党委常委会议。纪要如下：会议审议并原则同意学科办提出的旱区作物逆境生物学国家重点实验室（以下简称“重点实验室”）建设期建设方案。

会议审议了人事处提出的关于重点实验室管理体制及人员编制的意见。

会议明确，重点实验室为学校直属、独立建制的科研实体，实行学校领导下的主任负责制，具体业务工作接受科研处指导。重点实验室设六级职员岗位1个，七级职员岗位1个，实验室技术岗位9个。现大型仪器设备管理中心实验技术人员全部划归重点实验室。先选聘1名六级职员，剩余实验技术岗位面向校内公开招聘。重点实验室专职管理人员、实验技术人员关系隶属重点实验室，研究人员实行实验室、原单位双聘，关系隶属原单位，科研成果由实验室和原单位共享。

## 依托单位关于实验室管理体制机制等有关问题的通知

各学院(系、所、部)、处(室)、直属单位:

我校“旱区作物逆境生物学”国家重点实验室,已经科技部批准并授牌,正式进入国家重点实验室建设序列。按照国家有关要求和相关规定,结合学校实际,经学校2011年第9次党委常委会议研究,确定了旱区作物逆境生物学国家重点实验室(以下简称国家重点实验室)的管理体制、人员编制和运行机制。

### 一、管理体制

1. 国家重点实验室为学校直属、独立建制的科研实体。学校为国家重点实验室单独下达管理岗位和实验技术岗位。

2. 国家重点实验室实行学校领导下的主任负责制。主任由学校择优推荐,教育部聘任,报科技部备案。主任全面负责国家重点实验室的运行与管理工作。国家重点实验室业务工作接受科研处指导。

3. 国家重点实验室成立学术委员会,审议实验室的建设目标、研究方向、重大学术活动、年度工作计划和总结。

### 二、机构设置及人员编制

国家重点实验室工作人员由固定人员和流动人员组成,以流动人员为主。固定人员包括管理人员、实验技术支撑人员和校内“双聘”的研究人员,流动人员包括访问学者、博士后研究人员等。

1. 国家重点实验室设主任1名,业务副主任1名,行政副主任1名,主任秘书1名。实验室主任、业务副主任、主任秘书由研究人员兼任,无行政级别。行政副主任为专职管理人员,主要负责协调、管理国家重点实验室行政事务、国家重点实验室运行和后勤服务等工作。

2. 国家重点实验室设专职管理岗位 2 个，其中六级职员岗位 1 个，七级职员岗位 1 个。国家重点实验室内设办公室，科级建制，主要负责国家重点实验室内部日常事务的管理、大型仪器设备共享管理等工作。专职管理人员在校内公开招聘。

3. 国家重点实验室设实验技术岗位 9 个。现大型仪器设备管理中心的 7 名实验技术人员和工作职能全部划归国家重点实验室管理，不足人员在校内公开招聘。

实验技术人员的主要职责是：仪器设备的使用操作、小故障的维修、日常维护、保养和新功能的开发；实验室仪器设备的开放、共享等。

### 三、运行机制

1. 国家重点实验室实行“开放、流动、联合、竞争”的运行机制，对校内外开放、共享。

2. 国家重点实验室专职管理人员和实验技术人员的人事、组织关系隶属国家重点实验室，工资、福利及津贴等待遇与学校同类人员相同，由国家重点实验室负责管理与考核。

3. 校内“双聘”的研究人员实行国家重点实验室和原单位“双聘制”，人事、组织关系隶属原单位，由原单位负责管理与考核，科研成果由国家重点实验室和原单位共享。

4. 实验室的专职管理人员和实验技术支撑人员的党员组织关系隶属机关党委，工会关系隶属机关部门工会。

西北农林科技大学

2011 年 9 月 29 日

## 旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任招聘公告

2011年4月科技部“关于组织制定国家重点实验室建设计划的通知”(国科办【2011】20号)批准我校旱区作物逆境生物学国家重点实验室(筹)立项建设。实验室主要研究方向为:(1)作物抗逆种质与基因资源发掘;(2)作物非生物胁迫应答机理;(3)作物与病虫互作机理;(4)作物抗逆种质创新与品种设计。

实验室按照国家科技部《国家重点实验室建设与管理暂行办法》,实行依托单位领导下的主任负责制。现面向国内外公开招聘实验室主任1名,具体事宜公布如下:

### 一、岗位职责

1. 围绕科技创新总体目标,策划实验室的科技发展战略,全面负责实验室发展规划并组织实施;
2. 吸引优秀学术带头人和学术骨干,构建在国内外有较大影响力的创新研究团队;
3. 组织承担国家(含国际合作)重大、重点科技项目,取得一批具有国际先进水平的标志性科技成果;
4. 促进实验室研究工作与多学科的交叉融合,加强实验室的对外学术交流,提升实验室在国内外的知名度。

### 二、招聘条件

- 1、具有教授(研究员)任职资格和博士学位,年龄一般不超过60周岁;
- 2、在实验室研究领域有较高的学术造诣,在国内外具有较高知名度;
- 3、德才兼备,具有高度的敬业精神、较强的组织管理与协调能力和团队凝聚能力;
- 4、对本实验室建设和学术研究工作有创新性构想;
- 5、能保证每年在实验室的工作时间不少于9个月。

6、院士、“千人计划”入选者、教育部长江学者、国家杰出青年基金获得者优先。

### 三、待遇

实验室主任除享受国家规定的工资和福利待遇外，其它待遇面议。

### 四、依托单位提供的工作条件

- 1、实验室具有相对独立的人、财、物等相关权利；
- 2、实验室具有相对独立开展学科建设和研究生培养的条件；
- 3、实验室具有独立的办公试验条件；
- 4、依托单位优先支持实验室申报国家公益性研究项目和各类基金项目课题。

### 五、聘任与考核

1、经上级主管部门审批后，由西北农林科技大学与受聘者签订聘任合同，颁发聘书，每届聘期5年。聘任合同明确规定聘任双方的权利和义务。

2、届满考核与国家科技部对实验室的评估同期进行，依托单位根据重点实验室评估结果确定是否继续聘任。

### 六、聘任程序与时间

1、应聘者需提供以下材料：

(1) 本人基本情况，近五年来工作业绩：承担科研项目、科研经费，发表论文，获奖和获得发明专利等情况，并注明级别及名次；

(2) 五篇代表性学术论文或论著的复印件及引用情况证明；

(3) 学位、专业技术职务、获奖及发明专利的证书复印件；

(4) 两名同行专家的推荐信；

(5) 本人应聘后工作设想及预期目标。

2、请应聘者于2011年4月8日下午18:00前将上述材料提交西北农林科技大学科研处。初审通过后，再行答辩。答辩时间另行通知。

### 七、联系方式

**通讯地址：**陕西省杨凌示范区邠城路3号西北农林科技大学科研处



邮 编: 712100

联 系 人: 张雪峰

电 话: 029-87082961      传 真: 029-87082962

邮 箱: zhangxf3010@163.com

西北农林科技大学人事处

2011年4月6日

## 实验室主任招聘工作报告

### 一、招聘过程

根据科技部《关于组织制定国家重点实验室建设计划的通知》[国科办基〔2011〕20号]的要求和科技部、财政部联合发布的《国家重点实验室建设与运行管理办法》的精神,学校高度重视并精心组织了科技部拟建设的旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任的招聘工作。

1、学校立即召开专题工作会议,安排部署实验室主任的招聘工作,成立了以孙其信校长为组长的招聘专家组。

组 长: 孙其信教授

副组长: 山 仑院士

成 员: 王万忠教授 王跃进教授 吴普特教授

2、在校园网等媒体发布了旱区作物逆境生物学国家重点实验室(筹)主任招聘公告。

3、经过对个人应聘,应聘人员基本材料初审。

4、召开旱区作物逆境生物学国家重点实验室(筹)主任招聘会议,经招聘专家组审议,拟聘请康振生教授担任旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任。

5、“关于推荐康振生教授为旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任的请示”,报请教育部聘任。

### 二、康振生教授个人情况介绍

康振生,男,汉族,1957年生于四川安岳,博士,西北农林科技大学植物保护学院植物病理学教授,博士生导师,教育部“长江学者奖励”计划特聘教授,教育部“长江学者和创新团队发展计划”创新团队首席专家,国家小麦产业技术体系病虫害防控功能实验室主任。

1981年本科毕业于西北农业大学植保专业，获学士学位；1984年从该校植病专业硕士研究生毕业，获硕士学位；1988-1990年在加拿大农业部温尼泊研究所完成博士论文研究工作，1990年获博士学位；1997-2001年在德国霍恩海姆大学从事麦类病害的合作研究；2001年获国家杰出青年基金；2004年入选国家“新世纪百千万人才工程”；2004年获“全国模范教师”称号；2010年荣获“全国先进工作者”称号。

现任西北农林科技大学植物病理研究所所长、陕西省农业分子生物学重点实验室主任；兼任中国植物病理学会副理事长、陕西省植物病理学会理事长、国务院学位委员会第四、六届学科评议组成员、教育部高等学校教学指导委员会委员、中国植病学会抗病育种专业委员会主任、中国植病学会真菌专业委员会副主任、《Molecular Plant Pathology》《植物病理学报》《植物保护学报》和《菌物学报》等刊物的编委。

长期从事小麦赤霉病和小麦条锈病流行与防控研究。先后承担了国家杰出青年基金、国家自然科学基金、国家973项目、教育部重大培育项目、教育部重点项目、国家攀登计划、国家科技攻关、国家教委“优秀年轻教师基金”和国家博士点基金等30多项课题，参加国家、省部级科研课题10余项。在国内外学术刊物发表论文300多篇，其中SCI收录80多篇。主编和参编著作8部，撰写的《植物病原真菌的超微结构》和《植物病原真菌的超微形态》两本专著是我国涉及这一领域仅有的两部优秀著作。先后获国家、省（部）级科研成果奖8项，其中完成的“繁6及衍生小麦抗条锈性变异及对策研究”获1999年国家科技进步三等奖；主持完成的“植物病原真菌与寄主植物互作关系的超微结构和细胞化学研究”获2003年陕西省科学技术一等奖；完成的“小麦品种抗条锈性丧失原因及控制对策研究”获2006年陕西省科学技术一等奖；主持完成的“小麦赤霉病防治基础与应用研究”获2008年陕西省科学技术一等奖、2010年获国家科技进步二等奖；主持完成的“条锈病菌与小麦相互作用的分子基础”获2010年陕西省科学技术一等奖。

### 三、依托单位推荐意见

康振生教授一直担任陕西省农业分子生物学重点实验室（国家重点实验室前身）主任，为该研究领域的优秀学术带头人，具备较强的组织管理和协调能力，有足够的

时间和精力致力于实验室工作，在实验室的建设与发展中起到了主导作用。学校同意推荐康振生教授为旱区作物逆境生物学国家重点实验室主任。

## 关于实验室业务副主任聘任的通知

各学院（系、部、所）、处（室）、直属（附属）单位：

根据《国家重点实验室建设与运行管理办法》（国科发基〔2008〕539号）有关规定，经2012年2月20日校长办公会研究，决定聘任吉万全为旱区作物逆境生物学国家重点实验室业务副主任。

聘期五年，聘期至2015年10月。

西北农林科技大学

2012年3月23日

## 关于在校内公开选拔实验室行政副主任的公告

根据 2011 年 9 月 13 日校党委常委会议有关精神及《关于旱区作物逆境生物学国家重点实验室管理体制等有关问题的通知》（校人发〔2011〕309 号）有关规定，校党委决定对旱区作物逆境生物学国家重点实验室行政副主任进行校内公开选拔。现就有关事项公告如下：

### 一、公开选拔的岗位

旱区作物逆境生物学国家重点实验室行政副主任。

该岗位为专职管理岗位（副处级），主要负责协调、管理国家重点实验室行政事务、国家重点实验室运行和后勤服务等工作。

### 二、公开选拔的条件

1、有关政策和基本条件按《西北农林科技大学 2010 年院处级领导班子和领导干部换届调整工作安排意见》（校党发〔2010〕18 号）规定执行。

2、年龄一般不超过 40 周岁，按截至 2011 年 10 月 31 日计算。

3、具有大农学或生命科学学科背景。

4、熟悉科研管理和实验室建设业务，具有较高的科技政策水平。

### 三、公开选拔的程序及时间安排

#### 1、报名

个人根据公开选拔岗位、选拔条件，填写《公开选拔报名登记表》。

报名截至 2011 年 11 月 4 日。由本人携带《公开选拔报名登记表》打印件一式两份（贴一寸红底免冠标准照片）到党委组织部报名，电子版同时发至邮箱 [zuzhibu@nwsuaf.edu.cn](mailto:zuzhibu@nwsuaf.edu.cn)。

#### 2、资格审查

11月15日前,党委组织部对报名人员进行资格审查后,由招聘小组研究提出初步人选。

3、考察和任用

11月30日前,完成确定考察对象、组织考察和决定任用等工作。

西北农林科技大学党委组织部

2011年10月26日

## 关于实验室行政副主任任职的通知

各学院（系、部、所），处（室），直属单位：

根据 2011 年 12 月 31 日校党委常委会议研究决定，聘任张朝阳为旱区作物逆境生物学国家重点实验室副主任（副处级）。

聘期至 2013 年 4 月 30 日（其中试用期一年）。

校长：孙其信

西北农林科技大学

2012 年 1 月 9 日



## 关于成立实验室党支部的决定

各党支部：

由于学校机构调整，成立了旱区作物逆境生物学国家重点实验室。按照相关规定，经机关党委 2012 年 3 月 1 日委员会研究，决定成立旱区作物逆境生物学国家重点实验室党支部（简称：旱作重点实验室党支部），指定张朝阳同志为负责人，并组织召开支部党员大会选举支委报机关党委审批。

实验室党支部所属党员做相应调整，并完善支委报机关党委审批。

机关党委

2012 年 3 月 2 日

## 十四、重要科研成果首页

(影响因子 3 以上论文 11 篇)

# Functional Analysis of the Kinome of the Wheat Scab Fungus *Fusarium graminearum*

Chenfang Wang<sup>1</sup>, Shijie Zhang<sup>1</sup>, Rui Hou<sup>1</sup>, Zhongtao Zhao<sup>1</sup>, Qian Zheng<sup>1</sup>, Qijun Xu<sup>1</sup>, Dawei Zheng<sup>1</sup>, Guanghui Wang<sup>1,2</sup>, Huiquan Liu<sup>1</sup>, Xuli Gao<sup>1</sup>, Ji-Wen Ma<sup>1</sup>, H. Corby Kistler<sup>3</sup>, Zhensheng Kang<sup>1\*</sup>, Jin-Rong Xu<sup>1,2\*</sup>

**1** Purdue-NWAFU Joint Research Center and State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, Shanxi, China, **2** Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, Indiana, United States of America, **3** USDA ARS Cereal Disease Laboratory, University of Minnesota, St. Paul, Minnesota, United States of America

## Abstract

As in other eukaryotes, protein kinases play major regulatory roles in filamentous fungi. Although the genomes of many plant pathogenic fungi have been sequenced, systematic characterization of their kinomes has not been reported. The wheat scab fungus *Fusarium graminearum* has 116 protein kinases (PK) genes. Although twenty of them appeared to be essential, we generated deletion mutants for the other 96 PK genes, including 12 orthologs of essential genes in yeast. All of the PK mutants were assayed for changes in 17 phenotypes, including growth, conidiation, pathogenesis, stress responses, and sexual reproduction. Overall, deletion of 64 PK genes resulted in at least one of the phenotypes examined, including three mutants blocked in conidiation and five mutants with increased tolerance to hyperosmotic stress. In total, 42 PK mutants were significantly reduced in virulence or non-pathogenic, including mutants deleted of key components of the cAMP signaling and three MAPK pathways. A number of these PK genes, including Fg03146 and Fg04770 that are unique to filamentous fungi, are dispensable for hyphal growth and likely encode novel fungal virulence factors. Ascospores play a critical role in the initiation of wheat scab. Twenty-six PK mutants were blocked in perithecia formation or aborted in ascospore release. Additional 19 mutants were defective in ascospore release or morphology. Interestingly, *F. graminearum* contains two aurora kinase genes with distinct functions, which has not been reported in fungi. In addition, we used the interlog approach to predict the PK-PK and PK-protein interaction networks of *F. graminearum*. Several predicted interactions were verified with yeast two-hybrid or co-immunoprecipitation assays. To our knowledge, this is the first functional characterization of the kinome in plant pathogenic fungi. Protein kinase genes important for various aspects of growth, developmental, and infection processes in *F. graminearum* were identified in this study.

**Citation:** Wang C, Zhang S, Hou R, Zhao Z, Zheng Q, et al. (2011) Functional Analysis of the Kinome of the Wheat Scab Fungus *Fusarium graminearum*. PLoS Pathog 7(12): e1002460. doi:10.1371/journal.ppat.1002460

**Editor:** Barbara Jane Howlett, University of Melbourne, Australia

**Received:** October 24, 2011; **Accepted:** November 11, 2011; **Published:** December 22, 2011

This is an open-access article, free of all copyright, and may be freely reproduced, distributed, transmitted, modified, built upon, or otherwise used by anyone for any lawful purpose. The work is made available under the Creative Commons CC0 public domain dedication.

**Funding:** This work was supported the National Major Project of Breeding for New Transgenic Organisms (2012ZX08009003), Northwest A&F University research grant Z111021101, a grant from the National Research Initiative of the USDA CSREES (#2007-35319-102681), and the 111 Project from the Ministry of Education of China (B07049). The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

**Competing Interests:** The authors have declared that no competing interests exist.

\* E-mail: jinrong@purdue.edu (JRX); kangzs@nwsuaf.edu.cn (ZK)

## Introduction

In eukaryotic organisms, reversible protein phosphorylation by protein kinase (PK) is involved in the regulation of various growth and developmental processes and responses to environmental stimuli. Approximately 30% of cellular proteins are phosphorylated [1]. The eukaryotic PK superfamily consists of conventional and atypical protein kinases. Conventional PKs (ePKs) have been classified into eight groups, AGC, CAMK, CK1, CMGC, RGC, STE, TK, and TKL, based on their similarities in amino acid sequences, domain structures, and modes of regulation [2,3]. Protein kinases with a conserved kinase domain (PF00069) but not classified into these eight groups are categorized as the 'other' group of ePKs. Atypical PKs (aPKs) lack significant sequence similarity with ePKs. Four groups of aPKs, Alpha, PIKK, PDHK, and RIO, are known to possess protein kinase activity [2,3].

In general, approximately 1% of predicted genes encode protein kinases in higher eukaryotes, such as human, mouse, rice, and

Arabidopsis [4–6]. In the budding yeast *Saccharomyces cerevisiae*, 127 PK genes have been identified, which is approximately 2% of its genome. Many of them play critical roles in signal transduction, cell division, sexual reproduction, and stress responses. The genome of *Schizosaccharomyces pombe* contains 117 PK genes. Approximately 85% of its kinome is shared with *S. cerevisiae*, indicating that these two yeasts have a high degree of homology in their PK genes [7].

To date, genomes of over 40 filamentous fungi have been sequenced. Besides the model filamentous fungi *Neurospora crassa* and *Aspergillus nidulans*, genome sequences are available for a number of plant pathogenic fungi, including *Magnaporthe oryzae*, *Ustilago maydis*, and four *Fusarium* species. In general, less than 1% of the predicted genes in filamentous fungi encode protein kinases [8,9]. In addition to the well conserved cell-cycle related genes, several PK genes are known by classical genetic studies to be important for hyphal growth in *N. crassa* and *A. nidulans* [10,11]. In plant pathogenic fungi, a number of PK genes are known to be



Contents lists available at ScienceDirect

Bioresource Technology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/biortech](http://www.elsevier.com/locate/biortech)

## Characterization of a copper-resistant symbiotic bacterium isolated from *Medicago lupulina* growing in mine tailings

Lian-Mei Fan<sup>a,b,1</sup>, Zhan-Qiang Ma<sup>a,1</sup>, Jian-Qiang Liang<sup>a</sup>, Hui-Fen Li<sup>a</sup>, En-Tao Wang<sup>c</sup>, Ge-Hong Wei<sup>a,\*</sup>

<sup>a</sup> College of Life Sciences, Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China

<sup>b</sup> College of Life Science, Qingdao Agricultural University, Qingdao Shandong 266109, China

<sup>c</sup> Departamento de Microbiología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, 11340 México D.F., Mexico

### ARTICLE INFO

#### Article history:

Received 4 March 2010

Received in revised form 12 August 2010

Accepted 17 August 2010

Available online 24 August 2010

#### Keywords:

Copper resistance

Rhizobia

*Medicago lupulina*

Bioremediation

### ABSTRACT

A root nodule bacterium, *Sinorhizobium meliloti* CCNWSX0020, resistant to 1.4 mM Cu<sup>2+</sup> was isolated from *Medicago lupulina* growing in mine tailings. In medium supplied with copper, this bacterium showed cell deformation and aggregation due to precipitation of copper on the cell surface. Genes similar to the copper-resistant genes, *pcoR* and *pcoA* from *Escherichia coli*, were amplified by PCR from a 1.4-Mb megaplasmid. Inoculation with *S. meliloti* CCNWSX0020 increased the biomass of *M. lupulina* grown in medium added 0 and 100 mg Cu<sup>2+</sup> kg<sup>-1</sup> by 45.8% and 78.2%, respectively, and increased the copper concentration inside the plant tissues grown in medium supplied with 100 μM Cu<sup>2+</sup> by 39.3%, demonstrating that it is a prospective symbiotic system for bioremediation purposes.

© 2010 Elsevier Ltd. All rights reserved.

### 1. Introduction

Copper is an essential trace element, serving as a cofactor for a variety of enzymes, such as ascorbic acid oxidase, polyphenol oxidase and superoxide dismutase, and electron transfer proteins involved in redox reactions (Brown et al., 1997). However, excess copper damages cells by metal-catalyzed oxidation of proteins and by causing oxidative damage through the generation of reactive oxygen species (ROS) (Lebedev et al., 2002). At minimal or excessive metal levels, the uptake systems in a microorganism are important factors for survival and competitiveness (Silver and Walderhaug, 1992). Generally, microbial cells have evolved effective and accurate mechanisms to maintain copper homeostasis and control copper levels by converting free Cu<sup>2+</sup> to nontoxic organic copper complexes (Rensing and Grass, 2003). Copper homeostasis is a complicated process involving copper sequestration, uptake and efflux (Rensing and Grass, 2003). The genes related to these mechanisms may be encoded on the chromosome, but loci conferring resistance are usually located on plasmids (Rensing and Grass, 2003). Two different plasmid-encoded copper resistance systems *pco* and *cop* have been described in bacteria. The *pco* system, involving energy-dependent uptake and efflux of copper ions, has been expounded in *Escherichia coli* (Rouch et al., 1985), and a chromosome-encoded copper uptake and intracellular transport-

ation system is also connected with the *pco* system in this bacterium (Brown et al., 1994). Another energy-dependent uptake and efflux process for copper (*cop* system) that is accompanied by sequestration of copper in the periplasm and outer membrane has been described in *Pseudomonas syringae* (Cooksey, 1994).

The development of mining, smelting and processing of copper, has caused contamination of some soils with this metal in China (Chen et al., 1999), and bioremediation might be helpful for restoring such soils (Wu et al., 2010). Some microorganisms and plant-microbe symbiosis can tolerate high concentrations of heavy metals and may be useful for the restoration of contaminated soils (Carrasco et al., 2005). For example, inoculation of pea grown in metal-amended soil with a nickel and zinc-resistant strain, *Rhizobium* sp. RP5, isolated from pea nodule increased dry matter and yield of seeds, while decreasing the concentration of nickel and zinc in the plants (Wani et al., 2008).

In order to develop a collaborative restoration system of microorganisms and plants in copper-contaminated soils from mine tailings, legumes grown in the mine tailings were surveyed and effective copper-resistant microsymbionts were isolated from their root nodules. The tolerance level, resistance mechanisms and resistance-related genes of this isolate were investigated.

### 2. Methods

#### 2.1. Isolation and screening of copper-resistant rhizobia

Root nodules were collected from *Medicago lupulina* growing in the heavy metal mine tailings of Fengxian county, China

\* Corresponding author. Address: College of Life Sciences, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China. Tel./fax: +86 29 87091175.

E-mail address: [weige hong@yahoo.com.cn](mailto:weige hong@yahoo.com.cn) (G.-H. Wei).

<sup>1</sup> Equally contributed to this work.

## The *HDF1* Histone Deacetylase Gene Is Important for Conidiation, Sexual Reproduction, and Pathogenesis in *Fusarium graminearum*

Yimin Li,<sup>1,2</sup> Chenfang Wang,<sup>1</sup> Wende Liu,<sup>2</sup> Guanghui Wang,<sup>1</sup> Zhensheng Kang,<sup>1</sup> H. Corby Kistler,<sup>3</sup> and Jin-Rong Xu<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>College of Plant Protection and Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A&F University, Yangling, Shanxi 712100, China; <sup>2</sup>Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, IN 47907, U.S.A.; <sup>3</sup>United States Department of Agriculture–Agricultural Research Service, Cereal Disease Laboratory, University of Minnesota, St. Paul, MN 55108, U.S.A.

Submitted 11 October 2010. Accepted 23 November 2010.

Head blight caused by *Fusarium graminearum* is an important disease of wheat and barley. Its genome contains chromosomal regions with higher genetic variation and enriched for genes expressed in planta, suggesting a role of chromatin modification in the regulation of infection-related genes. In a previous study, the *FTL1* gene was characterized as a novel virulence factor in the head blight fungus. *FTL1* is homologous to yeast *SIF2*, which is a component of the Set3 complex. Many members of the yeast Set3 complex, including Hos2 histone deacetylase (HDAC), are conserved in *F. graminearum*. In this study, we characterized the *HDF1* gene that is orthologous to *HOS2*. *HDF1* physically interacted with *FTL1* in yeast two-hybrid assays. Deletion of *HDF1* resulted in a significant reduction in virulence and deoxynivalenol (DON) production. The  $\Delta hdf1$  mutant failed to spread from the inoculation site to other parts of wheat heads or corn stalks. It was defective in sexual reproduction and significantly reduced in conidiation. Expression of *HDF1* was highest in conidia in comparison with germlings and hyphae. Deletion of *HDF1* also resulted in a 60% reduction in HDAC activity. Microarray analysis revealed that 149 and 253 genes were down- and upregulated, respectively, over fivefold in the  $\Delta hdf1$  mutant. Consistent with upregulation of putative catalase and peroxidase genes, the  $\Delta hdf1$  mutant was more tolerant to H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> than the wild type. Deletion of the other two class II HDAC genes had no obvious effect on vegetative growth and resulted in only a minor reduction in conidiation and virulence in the  $\Delta hdf2$  mutant. Overall, our results indicate that *HDF1* is the major class II HDAC gene in *F. graminearum*. It may interact with *FTL1* and function as a component in a well-conserved HDAC complex in the regulation of conidiation, DON production, and pathogenesis.

Goswami and Kistler 2004). *Fusarium graminearum* (teleomorph *Gibberella zeae*) is the major causal agent of head blight in North America and other parts of the world. Plant infection is initiated when ascospores (the primary inoculum) ejected into the air by the pathogen (Mitter et al. 2006; Trail et al. 2005) are dispersed and deposited on flowering wheat or barley heads, which are susceptible to infection from the beginning of anthesis to the dough stage of kernel development. After initial colonization, the pathogen can spread from the infection site to other florets (Brown et al. 2010) and cause severe yield losses under favorable environmental conditions. In addition, *F. graminearum* produces harmful mycotoxins, such as deoxynivalenol (DON) and zearalenone. DON is also phytotoxic and an important virulence factor in the wheat scab fungus (Desjardins 2003; Proctor et al. 1995).

The *F. graminearum* genome has no active transposable elements and contains less than 0.5% repetitive sequences (Cuomo et al. 2007). Another unique feature of its genome is the presence of regions enriched for genes that are unique or highly expressed during plant infection (Cuomo et al. 2007). Some of these genes are known to be involved in fungus–plant interactions, suggesting that chromatin structure and modifications play a role in regulating infection-related genes. Reversible acetylation and deacetylation are common forms of histone modifications mediated by histone acetyltransferases (HAT) and histone deacetylases (HDAC). Classical HDAC include class I and class II HDAC that are sensitive to inhibition by trichostatin A and share similarity to yeast Rpd3 and Hda1, respectively (Yang and Grégoire 2005). In several fungi, histone modifications have been implicated in regulating genes important for pathogenicity, stress response, and secondary metabolism (Baidyaroy et al. 2001; Ding et al. 2009; Palmer et al. 2008; Tribus et al. 2010). In the corn pathogen *Cochliobolus carbonum*, the *HDC1* HDAC gene is an important pathogenicity factor (Baidyaroy et al. 2001). In *Aspergillus nidulans*, the Rpd3-like HDAC is required for hyphal growth and conidiation (Tribus et al. 2010). HdaA is a class II HDAC important for the biosynthesis of sterigmatocystin and production of conidia in *A. fumigatus* (Lee et al. 2009). In the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*, the Tig1 HDAC complex is essential for invasive growth and blast lesion development (Ding et al. 2010).

In *F. graminearum*, the  $\Delta fli$  mutant was defective in colonizing wheat heads and causing typical head blight symptoms (Ding et al. 2009). *FTL1* is homologous to yeast *SIF2*, which

*Fusarium* head blight (FHB) or scab is one of the most important diseases of wheat and barley (Bai and Shaner 2004;

Y. Li and C. Wang contributed equally to this work.

Corresponding author: J.-R. Xu; E-mail: jinrong@purdue.edu; Telephone: +1.765.496.6918; Fax: +1.765.496.6918.

\*The e-Xtra logo stands for “electronic extra” and indicates that four supplementary tables and five supplementary figures are published online. Figures 3, 4, 5, and 10 also appear in color online.

## TaDAD2, a Negative Regulator of Programmed Cell Death, Is Important for the Interaction Between Wheat and the Stripe Rust Fungus

Xiaojie Wang,<sup>1</sup> Chunlei Tang,<sup>2</sup> Hongchang Zhang,<sup>2</sup> Jin-Rong Xu,<sup>1,3</sup> Bo Liu,<sup>1</sup> Jie LV,<sup>1</sup> Dejun Han,<sup>1</sup> Lili Huang,<sup>1</sup> and Zhengsheng Kang<sup>1</sup>

<sup>1</sup>College of Plant Protection and Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, 712100, P. R. China; <sup>2</sup>College of Life Science, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, 712100, P. R. China; <sup>3</sup>Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, IN 47907, U.S.A.

Submitted 6 June 2010. Accepted 23 August 2010.

Defender against cell death (*DAD*) genes are known to function as negative regulators of cell death in animals. In plants, *DAD* orthologs are conserved but their role in cell death regulation is not well understood. Here, we report the characterization of the *TaDAD2* gene in wheat. The predicted amino acid sequence of *TaDAD2* contains typical structural features of *DAD* proteins, including a signal peptide, three transmembrane regions, and a subunit of oligosaccharyl-transferase. Transcripts of *TaDAD2* were detected in wheat leaves, culms, roots, florets, and spikelets. The expression level of *TaDAD2* was reduced in the initial contact with the stripe rust fungus, subsequently induced and peaked at 18 h postinoculation (hpi), gradually reduced at 24 to 48 hpi, and restored to control level at 72 to 120 hpi. In addition, *TaDAD2* exhibited positive transcriptional responses to abiotic stresses after the initial reduction at 1 hpi. Overexpression of *TaDAD2* in tobacco leaves inhibited cell death. Furthermore, knocking down *TaDAD2* expression by virus-induced gene silencing enhanced the susceptibility of wheat cv. Suwon11 to avirulent race CYR23 and reduced necrotic area at the infection sites. These results indicate that *TaDAD2* may function as a suppressor of cell death in the early stages of wheat–stripe rust fungus interaction. However, it is dispensable for or plays an opposite role in hypersensitive response or cell death triggered by an avirulent race of stripe rust fungus at late-infection stages.

Programmed cell death (PCD) plays an important role in the growth and differentiation of multicellular organisms by removing unwanted or harmful cells (Geske and Gerschenson 2001; Ruf et al. 1999). A complex machinery of interconnected signal transduction pathways underlies the capability of cells to sacrifice themselves in response to a range of internal and external stimuli. In plants, the recognition of avirulence (AVR) products by corresponding resistance (*R*) genes is often associated with hypersensitive response (HR), which is a rapid plant-initiated PCD (Heath 2000; Lam et al. 2001). HR as a form of PCD resulting from incompatible interactions is believed to help plants defend themselves against the invading pathogen by limiting its growth. One of the earliest events in

HR is the rapid accumulation of reactive oxygen species (ROS) and nitric oxide (NO) (Chandok et al. 2003; Keller et al. 1998). Both NO and ROS are components of a highly amplified and integrated defense system that involves the induction of salicylic acid (SA) accumulation, activation of ion fluxes, oxidative cross-linking of plant cell wall proteins, and changes in protein phosphorylation patterns, extracellular pH, membrane potential, and the cytosolic Ca<sup>2+</sup> level (Delledonne 2005; Gechev et al. 2006; Klessig et al. 2000; Mittler et al. 2004). These events trigger the expression of disease resistance mechanisms and result in the establishment of systemic acquired resistance (SAR), which provides resistance to a broad range of pathogens in distal plant tissues (Bolwell 1999; Yoshioka et al. 2009).

The main, characteristic morphological features of PCD in animals, which is often referred to as apoptosis, include cellular shrinkage, membrane blebbing, nuclear condensation, DNA fragmentation, and formation of apoptotic bodies (Higuchi 2003; Richberg et al. 1998). Many of these features also can be observed in plant PCD and used as markers of plant cell death (McCabe and Leaver 2000; McCabe et al. 1997).

In animal cells, the key proteases and specific regulatory proteins involved in PCD have been well characterized, including caspases, bcl-2, defender against apoptotic cell death 1 (*DAD1*), p53, c-myc, and fas (Kopitz et al. 2003; Mittapalli and Shukle 2008; O'Donnell et al. 2005; Pozo-Guisado et al. 2005; Ruf et al. 1999). To date, no homologues of animal caspase genes have been identified in plants despite the complete sequencing of *Arabidopsis thaliana*, rice, and other plant genomes. *Bcl*-family genes, such as *Bcl-2* or *Bax*, also lack distinct homologues in plants, although transgenic expression of these genes can influence plant cell death (Lacomme and Cruz 1999; Mitsuhashi et al. 1999). However, some of the suppressors of PCD have orthologous sequences in plants, such as *Bcl-2* associated athanogene (*BAG*), defender against apoptotic death (*DAD*), and Bax inhibitor 1 (*BI-1*). These genes may be functionally related to plant PCD (Matsumura et al. 2003; Moharikar et al. 2007; Watanabe and Lam 2006) as the conserved negative regulators.

*DAD* proteins are well conserved from yeast to mammals. Most plants have two closely related paralogous *DAD* genes. *DAD1* was first identified from a temperature-sensitive hamster cell line, tsBN7, that underwent apoptotic cell death when incubated at nonpermissive temperatures. Its orthologues have been identified as putative antiapoptosis genes in several distantly related organisms, including human, *Caenorhabditis*

Corresponding author: Z. Kang; E-mail: kangzs@nwsuaf.edu.cn

\*The e-Xtra logo stands for “electronic extra” and indicates that two supplementary figures and one supplementary table are published online.

# Functional Analysis of the Two *Brassica* *AP3* Genes Involved in Apetalous and Stamen Carpeloid Phenotypes

Yanfeng Zhang<sup>1,2</sup>, Xuefang Wang<sup>2</sup>, Wenxue Zhang<sup>2</sup>, Fei Yu<sup>1</sup>, Jianhua Tian<sup>2</sup>, Dianrong Li<sup>2\*</sup>, Aiguang Guo<sup>1\*</sup>

**1** State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas, College of Life Science, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, China, **2** Hybrid Rapeseed Research Center of Shaanxi Province, Shaanxi, China

## Abstract

The *Arabidopsis* homeotic genes *APETALA3* (*AP3*) and *PISTILLATA* (*PI*) are B genes which encode MADS-box transcription factors and specify petal and stamen identities. In the current study, the stamen carpeloid (SC) mutants, HGMS and AMS, of *B. rapa* and *B. napus* were investigated and two types of *AP3* genes, *B.AP3.a* and *B.AP3.b*, were functionally characterized. *B.AP3.a* and *B.AP3.b* share high similarity in amino acid sequences except for 8 residues difference located at the C-terminus. Loss of this 8 residues in *B.AP3.b* led to the change of *PI*-derived motifs. Meanwhile, *B.AP3.a* specified petal and stamen development, whereas *B.AP3.b* only specified stamen development. In *B. rapa*, the mutations of both genes generated the SC mutant HGMS. In *B. napus* that contained two *B.AP3.a* and two *B.AP3.b*, loss of the two *B.AP3.a* functions was the key reason for the apetalous mutation, however, the loss-of-function in all four *AP3* was related to the SC mutant AMS. We inferred that the 8 residues or the *PI*-derived motif in *AP3* gene probably relates to petal formation.

**Citation:** Zhang Y, Wang X, Zhang W, Yu F, Tian J, et al. (2011) Functional Analysis of the Two *Brassica* *AP3* Genes Involved in Apetalous and Stamen Carpeloid Phenotypes. PLoS ONE 6(6): e20930. doi:10.1371/journal.pone.0020930

**Editor:** Milos Tsiantis, University of Oxford, United Kingdom

**Received:** March 22, 2011; **Accepted:** May 12, 2011; **Published:** June 30, 2011

**Copyright:** © 2011 Zhang et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

**Funding:** This work was supported by a grant from 863 National High-tech Research and Development Program (2009AA101105) and the fund of Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture (200701). The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

**Competing Interests:** The authors have declared that no competing interests exist.

\* E-mail: guoaiguang@yahoo.com.cn (AG); yczx98@126.com (DL)

## Introduction

The origin and evolution of petals in angiosperms remain elusive [1,2]. Most flowers contain four types of floral organs, the sepal, petal, stamen and carpel, which are arranged in four concentric whorls. The classic ABC model proposes that three classes of floral homeotic genes coordinate with each other to specify the four floral organs: class A genes specify sepals, A+B genes together specify petals, B+C genes combine to specify stamens, and C genes alone specify carpels [3–7]. *APETALA3* (*AP3*) and *PISTILLATA* (*PI*), both MADS-box transcription factors, are class B genes in *Arabidopsis thaliana* and are involved in conferring petal and stamen identities. Mutations in these two genes exhibit similar homeotic conversions of petals to sepals and stamens to carpels [8–10].

Phylogenetic analyses suggest that the ABC class genes have undergone multiple duplication events and functional divergence during their evolution [11–15]. The paralogous lineages *AP3* and *PI* arose from an ancestral class B gene duplication event before the origin of the angiosperms [16–19]. Subsequently, a major gene duplication event in the *AP3* lineage gave rise to the paralogous lineages *TM6* (tomato MADS box gene 6) and *euAP3* and coincided with the base of the higher eudicot radiation [20–22]. A number of higher eudicot species, such as tomato and petunia, contain both *euAP3* and *TM6* genes [21–23]. Interestingly, *Arabidopsis* and *Antirrhinum*, the two well-known model plants for

studying flower development, contain only *euAP3* genes [24,25]. In tomato, loss of *TAP3* (of the *euAP3* lineage) function results in the conversions of petals to sepals and stamens to carpels, but loss of *TM6* function only causes the homeotic transition of stamens to carpels and has little effect on perianth development [20]. In petunia, either *PhDEF* (*euAP3* lineage) or *PhTM6* (*Petunia hybrida* *TM6*) specifies stamen identity, but *PhDEF* has a redundant function of specifying petal development [25–26]. In the higher eudicots, similar to tomato and petunia, the *TM6* gene appears to specify stamen identity in the same way as the *paleoAP3* gene does, and the *euAP3* genes appear to specify stamen and petal identities [1]. In addition, the evolutionary origin of the higher eudicot petals coincides with a *TM6/euAP3* duplication event and the appearance of the *euAP3* genes [17,27,28]. This leads to the hypothesis that the *euAP3* genes have acquired a petal-specific function, compared with *paleoAP3* genes.

The *TM6* and *euAP3* lineages possess a distinct feature in their C-termini [24,29]. Like *paleoAP3* lineages, the *TM6* lineage also contains a *paleoAP3* motif, which is present in *AP3* proteins throughout the lower eudicots, magnoliid dicots, monocots and basal angiosperms. In contrast, the *euAP3* lineage contains a *euAP3* motif, which is exclusively found in *AP3* proteins isolated from the higher eudicots and is most likely evolved from a translational frame shift mutation [29,30]. A chimeric *euAP3* gene, which contains the *paleoAP3* C-terminal sequence instead of that of *euAP3* (including a *euAP3* motif and a *PI*-derived motif, which is defined

# Molecular Characterization of a Fus3/Kss1 Type MAPK from *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, PsMAPK1

Jun Guo<sup>1</sup>, Xiwei Dai<sup>1</sup>, Jin-Rong Xu<sup>3</sup>, Yulin Wang<sup>1</sup>, Pengfei Bai<sup>1</sup>, Furong Liu<sup>1</sup>, Yinghui Duan<sup>2</sup>, Hong Zhang<sup>1</sup>, Lili Huang<sup>1</sup>, Zhensheng Kang<sup>1\*</sup>

**1** State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, People's Republic of China, **2** State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Life Science, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi, People's Republic of China, **3** Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, Indiana, United States of America

## Abstract

*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) is an obligate biotrophic fungus that causes the destructive wheat stripe rust disease worldwide. Due to the lack of reliable transformation and gene disruption method, knowledge about the function of *Pst* genes involved in pathogenesis is limited. Mitogen-activated protein kinase (MAPK) genes have been shown in a number of plant pathogenic fungi to play critical roles in regulating various infection processes. In the present study, we identified and characterized the first MAPK gene *PsMAPK1* in *Pst*. Phylogenetic analysis indicated that *PsMAPK1* is a YERK1 MAP kinase belonging to the Fus3/Kss1 class. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) and insertion/deletion were detected in the coding region of *PsMAPK1* among six *Pst* isolates. Real-time RT-PCR analyses revealed that *PsMAPK1* expression was induced at early infection stages and peaked during haustorium formation. When expressed in *Fusarium graminearum*, *PsMAPK1* partially rescued the *map1* mutant in vegetative growth and pathogenicity. It also partially complemented the defects of the *Magnaporthe oryzae* *pmk1* mutant in appressorium formation and plant infection. These results suggest that *F. graminearum* and *M. oryzae* can be used as surrogate systems for functional analysis of well-conserved *Pst* genes and *PsMAPK1* may play a role in the regulation of plant penetration and infectious growth in *Pst*.

**Citation:** Guo J, Dai X, Xu J-R, Wang Y, Bai P, et al. (2011) Molecular Characterization of a Fus3/Kss1 Type MAPK from *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, PsMAPK1. PLoS ONE 6(7): e21895. doi:10.1371/journal.pone.0021895

**Editor:** Yin-Won Lee, Seoul National University, Korea, Republic of

**Received:** April 3, 2011; **Accepted:** June 8, 2011; **Published:** July 14, 2011

**Copyright:** © 2011 Guo et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

**Funding:** This work was supported by the Hangye Program from the Ministry of Agriculture of China (200903035-02), the 111 Project from Ministry of Education of China (No. B07049), the Key Project of Chinese Ministry of Education (No. 107104), and the Program for Excellent Young Scholars in Northwest A&F University. The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

**Competing Interests:** The authors have declared that no competing interests exist.

\* E-mail: Kangzs@nwsuaf.edu.cn

## Introduction

In a variety of eukaryotic organisms, a family of serine/threonine protein kinases known as the mitogen-activated protein kinases (MAPKs) play critical roles in the transduction of a variety of extracellular signals and regulation of various development and differentiation processes [1]. The MAPK cascades are conserved in eukaryotes and have been studied extensively in many organisms. In filamentous fungi, MAPKs mainly fall into three subgroups represented by Fus3/Kss1, Slt2, and Hog1 of *Saccharomyces cerevisiae* [2,3,4]. The Fus3/Kss1 homolog is more extensively studied than the other two MAPKs in fungal pathogens [1,5,6,7]. In the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*, the *PMK1* MAP kinase gene is essential for appressorium formation and invasive growth [8]. In the wheat scab fungus *Fusarium graminearum*, the *map1* deletion mutants are female sterile, non-pathogenic, and reduced in conidiation and infectious growth [9,10]. In *Ustilago maydis*, Kpp2 (Ubc3) and Kpp6 are two Fus3/Kss1 MAPKs with overlapping functions in mating and plant infection [11,12]. The *ubc3/kpp2* mutant is defective in pheromone responses and the formation of filamentous dikaryons and reduced in virulence. In contrast, Kpp6 plays a more critical role in appressorial penetration than Kpp2. The *kpp6* mutant is reduced in virulence and defective in the penetration of plant cuticle [13]. The *kpp2 kpp6* double mutants are abolished in mating and nonpathogenic

on maize plants. The Fus3/Kss1 homologs also have been functionally characterized in several human pathogens. In *Candida albicans*, the Cek1 MAPK plays a critical role in pathogenesis [14]. In *Cryptococcus neoformans*, the *CPK1* MAPK pathway is important for mating and haploid fruiting but dispensable for virulence [15].

Wheat stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), is one of the most important diseases of wheat worldwide. *Pst* is an obligate biotrophic fungus belonging to the Uredinales. The major phase of the stripe rust life cycle is urediniospores, which can germinate in water but germ tubes will die without host cells [16]. After successful adhesion to the wheat leaves, urediniospores produce germ tubes, which elongate along leaf veins until they encounter stomatal opening. After entering the substomatal space in wheat leaves, the fungus starts to successively differentiate other infection structures, e.g., substomatal vesicles, infection hypha, haustorial mother cell, and eventually haustoria, a structure to withdraw nutrients from host cells [17,18,19]. The majority of germ tubes penetrates stomata after 12 hours of germination, and formation of haustorial mother cells increases rapidly after 18 hours of inoculation [20]. During *Pst* infection, it is believed that the fungus recognizes various signals from the host plant at different stages and responds accordingly to establish a successful colonization. However, little is known about the role of signal transduction pathways in *Pst* and other rust fungi due to their obligate nature and the lack of an efficient and reliable



## Draft Genome of *Streptomyces zinciresistens* K42, a Novel Metal-Resistant Species Isolated from Copper-Zinc Mine Tailings

Yanbing Lin,<sup>1,2</sup> Xiuli Hao,<sup>1,2</sup> Laurel Johnstone,<sup>3</sup> Susan J. Miller,<sup>4</sup> David A. Baltrus,<sup>5</sup> Christopher Rensing,<sup>2\*</sup> and Gehong Wei<sup>1\*</sup>

College of Life Sciences, State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China,<sup>1</sup> and Department of Soil, Water and Environmental Science,<sup>2</sup> University of Arizona Genetics Core,<sup>3</sup> Biotechnology Computing Facility, Arizona Research Laboratories,<sup>4</sup> and Department of Plant Science,<sup>5</sup> The University of Arizona, Tucson, Arizona 85721

Received 11 September 2011/Accepted 12 September 2011

**A draft genome sequence of *Streptomyces zinciresistens* K42, a novel *Streptomyces* species displaying a high level of resistance to zinc and cadmium, is presented here. The genome contains a large number of genes encoding proteins predicted to be involved in conferring metal resistance. Many of these genes appear to have been acquired through horizontal gene transfer.**

The Gram-positive, high-G+C-content, filamentous bacteria of genus *Streptomyces* have mainly been studied and characterized due to their ability to produce a wide variety of secondary metabolites, such as antibiotics (11, 17). The complete genome sequences of five *Streptomyces* species have been reported in recent years. In addition, there are numerous ongoing projects to sequence isolates from different *Streptomyces* species (4, 6, 11, 12, 15).

To this point, there has been no report of a genome sequence for a metal-resistant *Streptomyces* species. The ability of some strains to tolerate high levels of metals and metalloids has been reported (1, 7, 13). *Streptomyces zinciresistens* K42 (CCNWNQ 0016<sup>T</sup>), a novel species of the genus *Streptomyces*, was selected from a copper-zinc mine tailing (8).

Sequencing reads were generated with a 454 GS FLX sequencer (10) and assembled using GS De Novo Assembler (Newbler) version 2.5.3. The assembled contigs were submitted to the RAST annotation server for subsystem classification and functional annotation (3). The coding sequences (CDSs) were assigned using BLASTp with KEGG Orthology (KO). The GC content was analyzed using seqool (<http://www.biossc.de/seqool/index.html>). The NCBI Prokaryotic Genomes Automatic Annotation Pipeline (PGAAP) was employed for gene annotation in preparation for submission to GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/static/Pipeline.html>).

The draft genome sequence of *Streptomyces zinciresistens* strain K42 comprises 8,228,741 bases representing a 43-fold coverage of the genome. Since some contigs appear to be present in multiple copies, this should be considered a lower bound for the size of the strain K42 genome, which is about 4%

smaller than the genome size reported for *Streptomyces griseus* (11) and 5% smaller than that for *Streptomyces coelicolor* (4). The assembled genome consists of 488 large contigs (>500 bp) and has a high G+C content of 72.46%. Seventeen of these contigs showed extremely high coverage (~2,000-fold) and were subsequently joined into a single plasmid of 30,979 bp using the assembly editor Consed (5). The 5S, 16S, and 23S rRNAs (probably present in several copies), 69 tRNA genes, and 7,307 protein-coding genes (CDSs) were annotated in RAST. For the CDSs, 4,943 proteins could be assigned to COG (Cluster of Orthologous Groups) families (14). The genome has 2,019 proteins with orthologs in *Streptomyces coelicolor*, *Streptomyces avermitilis*, *Streptomyces griseus*, and *Streptomyces scabiei* in KEGG (bit score of >60) (<http://www.genome.jp/kegg>). It has 2,520 hypothetical proteins with no match to any known proteins in the databases, which may be a reflection of a high degree of strain specificity of the K42 genome. Sixty-one diverse secondary metabolic genes could be identified, with a total of 31 genes predicted to be involved in biosynthesis of antibiotics.

Furthermore, a number of genes were predicted to encode proteins conferring resistance to metals and metalloids. Comparison to orthologs in other related species suggests that at least 8 out of 13 genes encoding heavy and transition metal-translocating P<sub>1B</sub>-type ATPase were likely acquired by horizontal gene transfer. A subset of three putative P-type ATPases transporting divalent cations show unusual features in their conserved metal binding domains and are all regulated by a CadC-type repressor, indicating that they confer cadmium and zinc resistance (2, 9, 16).

**Nucleotide sequence accession numbers.** This Whole Genome Shotgun project has been deposited at DDBJ/EMBL/GenBank under accession number AGBF00000000. The version described in this paper is the first version, AGBF01000000.

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (grants 31070444, 30970003, 30900215, and 30630054), 973 Project of China (grant 2010CB126502), International Science &

\* Corresponding author. Mailing address for Christopher Rensing: Department of Soil, Water and Environmental Science, The University of Arizona. Phone: (520) 626-8482. Fax: (520) 621-1647. E-mail: [rensingc@ag.arizona.edu](mailto:rensingc@ag.arizona.edu). Mailing address for Gehong Wei: College of Life Sciences, State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Areas, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China. Phone: 86 029 87091175. Fax: 86 029 87091175. E-mail: [weige hong@yahoo.com.cn](mailto:weige hong@yahoo.com.cn).



Contents lists available at ScienceDirect

## Aquatic Toxicology

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/aquatox](http://www.elsevier.com/locate/aquatox)Molecular characterization of estrogen receptor genes in *Gobiocypris rarus* and their expression upon endocrine disrupting chemicals exposure in juvenilesHoupeng Wang<sup>a</sup>, Jingjing Wang<sup>a</sup>, Tingting Wu<sup>a</sup>, Fang Qin<sup>a</sup>,  
Xiaoqi Hu<sup>a</sup>, Lihong Wang<sup>b</sup>, Zaizhao Wang<sup>a,\*</sup><sup>a</sup> College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Yangling, Shaanxi 712100, China<sup>b</sup> The Affiliated Hospital, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China

## ARTICLE INFO

## Article history:

Received 22 July 2010

Received in revised form 9 October 2010

Accepted 22 October 2010

## Keywords:

Estrogen receptor

*Gobiocypris rarus*

Endocrine disrupting chemicals

Quantitative real-time PCR

## ABSTRACT

Estrogens play an important role in many physiological processes of vertebrates, mediated by estrogen receptors (ERs). The full length of the cDNAs for *ERα*, *ERβ1*, and *ERβ2* were isolated and characterized from *Gobiocypris rarus*. *G. rarus* ERs shared the highest amino acid identities with counterparts of three cyprinidae species (*Pimephales promelas* *ERα*: 91.1%, *Rutilus rutilus* *ERβ1*: 92.9%, *Tanichthy albonubes* *ERβ2*: 93.5%). The phylogenetic tree of vertebrate ERs indicates *G. rarus* ER isoforms are more related to counterparts of cyprinidae species. The expression of *ERα* mRNA was high in gonad and liver. The *ERβ1* transcript was the highest in the liver of female fish and was evenly high in the liver, testis and intestine in male. The *ERβ2* transcript was high in liver, gonad, and intestine. *G. rarus* juvenile at 34 days post fertilization were exposed for 3 days to endocrine disrupting chemicals including 17 $\alpha$ -ethynylestradiol (EE2), 4-nonylphenol (NP) and bisphenol A (BPA). *ER* mRNA expression following the xenoestrogens' exposure was analyzed by quantitative real-time PCR. EE2 exposure at 0.01, 0.1 and 1 nM significantly up-regulated *ERα* transcript. *ERβ1* mRNA expression was suppressed by EE2 at all concentrations. However *ERβ2* transcript had opposite response to EE2 at low and high concentrations (up-regulation at 0.1 nM, down-regulation at 1 nM). Except a weak increase of *ERα* at 10 nM EE2, varying decrease of three *ER* transcripts was resulted in by NP at 10, 100 and 1000 nM. *ERα* transcript was significantly up-regulated by BPA at 10 nM. A non-significant weak increase in *ERβ1* mRNA expression was caused by 1 nM BPA. However 1 nM and 10 nM BPA exposures resulted in significant and non-significant decrease of *ERβ2* transcript, respectively. The BPA exposures at other concentrations almost had no effect on the *ER* transcripts. Vitellogenin (*Vtg*) mRNA expression profiling following exposure to three xenoestrogens indicated that *Vtg* transcript is a sensitive biomarker of the juvenile *G. rarus* at 34 dpf to the EDCs, especially to EE2. These results combined suggest that the *ER* genes are not modulated in the same manner by EE2, NP, and BPA and that ERs may not contribute equally to the transcriptional regulation of genes involved in fish development and reproduction.

© 2010 Elsevier B.V. All rights reserved.

## 1. Introduction

The steroid hormone estrogen derived from gonads plays essential roles in sexual maturation and differentiation in vertebrate. In addition, estrogen has been shown with a wide-ranging effect in modulating skeletal physiology (Frank, 2003), vascular function (Baker et al., 2003), central nervous system (Toran-Allerand, 2004) and immune system (Kovacs et al., 2002). Estrogens exert

their biological effects by interacting with the estrogen receptors (ERs) in two distinct estrogenic transduction pathways (Edwards, 2005). In the direct genomic pathway, ERs act as ligand-dependent transcription factors which regulate expression at transcription level of targets genes containing estrogen response element (ERE) in their transcriptional regulation region of promoter within the cellular nucleus. In the quick, non-genomic pathway, a seven-transmembrane G-protein receptor mediates the effect of estrogen in cells lacking genomic estrogen receptors (O'Dowd et al., 1998). Nuclear ERs belong to a large superfamily of steroid hormone receptors that include receptors for androgen, progestin, mineralocorticoid (Thornton, 2001). Most vertebrate including mammals, birds, and amphibians have two distinct subtypes, *ERα* and *ERβ*, in the nuclear ERs. Each ER subtype is encoded by different genes with

\* Corresponding author at: College of Animal Science and Technology, Northwest A&F University, 22 Xinong Road, Yangling, Shaanxi 712100, China.  
Tel.: +86 29 87092139; fax: +86 29 87092164.

E-mail addresses: [zzwang@nwsuaf.edu.cn](mailto:zzwang@nwsuaf.edu.cn), [zzhwang@msn.com](mailto:zzhwang@msn.com) (Z. Wang).



## RESEARCH ARTICLE

## Diversity of endophytic bacteria within nodules of the *Sphaerophysa salsula* in different regions of Loess Plateau in China

Zhen Shan Deng<sup>1</sup>, Long Fei Zhao<sup>1</sup>, Zhao Yu Kong<sup>1</sup>, Wen Quan Yang<sup>1</sup>, Kristina Lindström<sup>2</sup>, En Tao Wang<sup>3</sup> & Ge Hong Wei<sup>1</sup>

<sup>1</sup>College of Life Sciences, Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi, China;

<sup>2</sup>Department of Food and Environmental Sciences, University of Helsinki, Helsinki, Finland; and <sup>3</sup>Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, México D.F., Mexico

**Correspondence:** Ge Hong Wei, College of Life Sciences, Shaanxi Key Laboratory of Molecular Biology for Agriculture, Northwest A & F University, Xinong road 22#, Yangling, Shaanxi 712100, China. Tel./fax: +86 29 8709 1175; e-mail: weigehong@yahoo.com.cn

Received 1 December 2010; revised 29 January 2011; accepted 31 January 2011.  
Final version published online 1 March 2011.

DOI:10.1111/j.1574-6941.2011.01063.x

Editor: Kornelia Smalla

**Keywords:** diversity; endophytes; rhizobia; *Sphaerophysa salsula*; correspondence analysis.

### Abstract

A total of 115 endophytic bacteria were isolated from root nodules of the wild legume *Sphaerophysa salsula* grown in two ecological regions of Loess Plateau in China. The genetic diversity and phylogeny of the strains were revealed by restriction fragment length polymorphism and sequencing of 16S rRNA gene and enterobacterial repetitive intergenic consensus-PCR. Their symbiotic capacity was checked by nodulation tests and analysis of *nifH* gene sequence. This is the first systematic study on endophytic bacteria associated with *S. salsula* root nodules. Fifty of the strains found were symbiotic bacteria belonging to eight putative species in the genera *Mesorhizobium*, *Rhizobium* and *Sinorhizobium*, harboring similar *nifH* genes; *Mesorhizobium gobiense* was the main group and 65 strains were nonsymbiotic bacteria related to 17 species in the genera *Paracoccus*, *Sphingomonas*, *Inquilinus*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Mycobacterium*, *Nocardia*, *Streptomyces*, *Paenibacillus*, *Brevibacillus*, *Staphylococcus*, *Lysinibacillus* and *Bacillus*, which were universally coexistent with symbiotic bacteria in the nodules. Differing from other similar studies, the present study is the first time that symbiotic and nonsymbiotic bacteria have been simultaneously isolated from the same root nodules, offering the possibility to accurately reveal the correlation between these two kinds of bacteria. These results provide valuable information about the interactions among the symbiotic bacteria, nonsymbiotic bacteria and their habitats.

### Introduction

The establishment of nitrogen-fixing symbiosis (root or stem nodules) with some soil bacteria, collectively called rhizobia, is a unique feature of the plants of the legume family (*Leguminosae* or *Fabaceae*). Traditionally, rhizobia are included in the well-known genera *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Sinorhizobium*, *Mesorhizobium*, *Azorhizobium* and *Allorhizobium* of *Alphaproteobacteria* (Zakhia & de Lajudie, 2001). Because of their economic and ecological importance, the rhizobium-legume symbiosis has been investigated intensively, and the nodule-forming bacteria affiliated to the genera *Methylobacterium* (Sy *et al.*, 2001), *Devosia* (Rivas *et al.*, 2002), *Blastobacter* (Van Berkum & Eardly, 2002), *Ochrobactrum* (Ngom *et al.*, 2004) and

*Shinella* (Li *et al.*, 2008) in *Alphaproteobacteria*. *Burkholderia* (Moulin *et al.*, 2001) and *Cupriavidus* (Chen *et al.*, 2001) in *Betaproteobacteria* have also been identified.

In addition to rhizobia, other bacteria have been found inside legume nodules (Philipson & Blair, 1957; Sturz *et al.*, 1997; De Lajudie *et al.*, 1999; Bai *et al.*, 2002, 2003; Tokala *et al.*, 2002; Vandamme *et al.*, 2002; Benhizia *et al.*, 2004; Barrett & Parker, 2006; Zakhia *et al.*, 2006; Kan *et al.*, 2007; Li *et al.*, 2008; Ibáñez *et al.*, 2009). These bacteria were not able to induce nodules and did not fix nitrogen symbiotically. However, they live inside nodules for at least a part of their life cycle and do not visibly harm host plants and are thus called endophytic bacteria. The endophytic bacteria in nodules were mainly *Bacillus*, *Pseudomonas* and enterobacterial species (Zakhia *et al.*, 2006; Kan *et al.*, 2007). Their

## ***Yr45*, a new wheat gene for stripe rust resistance on the long arm of chromosome 3D**

Q. Li · X. M. Chen · M. N. Wang · J. X. Jing

Received: 12 February 2010 / Accepted: 25 August 2010 / Published online: 14 September 2010  
© US Government 2010

**Abstract** Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, is one of the most destructive diseases of wheat worldwide. Growing resistant cultivars is the most effective approach to control the disease, but only a few genes confer effective all-stage resistance against the current populations of the pathogen worldwide. It is urgent to identify new genes for diversifying sources of resistance genes and for pyramiding genes for different types of resistance in order to achieve high levels of durable resistance for sustainable control of stripe rust. The common spring wheat genotype ‘PI 181434’, originally from Afghanistan, was resistant in all greenhouse and field tests in our previous studies. To identify the resistance gene(s) PI 181434 was crossed with susceptible genotype ‘Avocet Susceptible’. Adult plants of 103 F<sub>2</sub> progeny were tested in the field under the natural infection of *P. striiformis* f. sp. *tritici*. Seedlings of the parents, F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> were tested with races PST-100 and PST-127 of the pathogen under controlled greenhouse conditions. The

genetic study showed that PI 181434 has a single dominant gene conferring all-stage resistance. Resistance gene analog polymorphism (RGAP) and simple sequence repeat (SSR) techniques were used to identify molecular markers linked to the gene. A linkage map of 8 RGAP and 2 SSR markers was constructed for the gene using data from the 103 F<sub>2</sub> plants and their derived F<sub>3</sub> lines tested in the greenhouse. Amplification of the complete set of nulli-tetrasomic lines and selected ditelosomic lines of Chinese Spring with an RGAP marker and the two SSR markers mapped the gene on the long arm of chromosome 3D. Because it is the first gene for stripe rust resistance mapped on chromosome 3DL and different from all previously named *Yr* genes, the gene in PI 181434 was designated *Yr45*. Polymorphism rates of the two closest flanking markers, *Xwgp115* and *Xwgp118*, in 45 wheat genotypes were 73.3 and 82.2%, respectively. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) were identified in the eight wheat genotypes sharing both flanking markers. The RGAP markers and potential SNP markers should be useful in incorporating the gene into wheat cultivars and in pyramiding it with other genes for durable resistance.

Communicated by A. Graner.

Q. Li · J. X. Jing  
College of Plant Protection and Shaanxi Key  
Laboratory of Molecular Biology for Agriculture,  
Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, ChinaQ. Li · X. M. Chen (✉) · M. N. Wang  
Department of Plant Pathology,  
Washington State University, Pullman, WA 99164, USA  
e-mail: xianming@wsu.eduX. M. Chen  
Wheat Genetics, Quality Physiology and Disease Research Unit,  
Agricultural Research Service, US Department of Agriculture,  
Pullman, WA 99164-6430, USA

### **Introduction**

Wheat stripe rust (yellow rust), caused by *Puccinia striiformis* Westend. f. sp. *tritici* Eriks., is a major disease of wheat (*Triticum aestivum* L.) worldwide (Stubbs 1985; Singh et al. 2000; Chen 2005, 2007). In the USA, the disease is most destructive in the western states and has become increasingly important in the south-central states in the past decade (Line and Chen 1996; Chen et al. 2002; Chen 2005, 2007). Growing resistant cultivars is

## Histological and molecular studies of the non-host interaction between wheat and *Uromyces fabae*

Hongchang Zhang · Chenfang Wang · Yulin Cheng · Xiaojie Wang · Feng Li · Qingmei Han · Jinrong Xu · Xianming Chen · Lili Huang · Guorong Wei · Zhensheng Kang

Received: 28 March 2011 / Accepted: 24 May 2011 / Published online: 17 June 2011  
© Springer-Verlag 2011

**Abstract** Non-host resistance (NHR) confers plant species immunity against the majority of microbes. As an important crop, wheat can be damaged by several *Puccinia* species but is immune to all *Uromyces* species. Here, we studied the basis of NHR in wheat against the broad bean rust pathogen *Uromyces fabae* (*Uf*). In the wheat–*Uf* interaction, microscopic observations showed that urediospores germinated efficiently on wheat leaves. However, over 98% of the germ tubes failed to form appressoria over stomata. For the few that invaded through stomata, the majority of them failed to penetrate wheat mesophyll cells. At 96 hours after inoculation, less than 4% of the *Uf* infection units that had entered the mesophyll tissue formed haustoria. Attempted penetration by haustorium mother cells induced the thickening of cell wall and the formation of papillae in plant cells, which arrested the development or growth of *Uf* penetration pegs. For the *Uf* haustoria formed in wheat cells, they were encased in callose-like materials and did

not elicit hypersensitive response. Localized accumulation of H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> were observed in plant cell walls, papillae and encasement of haustoria during the wheat–*Uf* interaction. Furthermore, quantitative RT-PCR analysis showed that several genes involved in basal resistance and oxidative stress responses were up-regulated during *Uf* infection. In conclusion, our study revealed the cytological and molecular bases of NHR in wheat against the non-adapted rust fungus *Uf*, and highlighted the significance of papilla production in the prehaustorial NHR.

**Keywords** Non-host resistance · Papilla formation · Broad bean rust · Wheat rust resistance

### Abbreviations

CWA	Cell wall apposition
DAB	3,3-diaminobenzidine
DIC	Differential interference contrast
dai	Days after inoculation
hai	Hours after inoculation
HMC	Haustorial mother cell
HR	Hypersensitive response
MAMPS or PAMPS	Microbial- or pathogen-associated molecular patterns
MVBs	Multivesicular bodies
NBT	Nitroblue tetrazolium
NHR	Non-host resistance
<i>Pgt</i>	<i>P. graminis</i> f. sp. <i>tritici</i>
PRRs	Pattern recognition receptors
<i>Pst</i>	<i>P. striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>
<i>Pt</i>	<i>P. triticina</i>
PTI	PAMP-triggered immunity
qRT-PCR	Quantitative RT-PCR
ROS	Reactive oxygen species
SA	Salicylic acid

H. Zhang · C. Wang · Y. Cheng · X. Wang · F. Li · Q. Han · J. Xu · L. Huang · G. Wei · Z. Kang (✉)  
State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas and College of Plant Protection, Northwest A&F University Yangling, Shaanxi 712100, People's Republic of China  
e-mail: kangzs@nwsuaf.edu.cn

H. Zhang  
College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, People's Republic of China

J. Xu  
Department of Botany and Plant Pathology, Purdue University, West Lafayette, IN 47907, USA

X. Chen  
USDA-ARS and Department of Plant Pathology, Washington State University, Pullman, WA 99164-6430, USA