

目 录

2007 年度工作总结·····	1
水稻遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结·····	9
小麦遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结·····	25
棉花遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结·····	36
大豆遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结·····	47
蔬菜遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结·····	64
作物逆境分子遗传改良课题组 2007 年度工作总结·····	82
植物营养分子遗传学研究课题组 2007 年度工作总结·····	86
关于聘任第二届实验室主任及学术委员会主任的通知·····	90
第二届学术委员会委员名单·····	92
第二届学术委员会第一次会议会议纪要·····	93
代表性文章·····	96

作物遗传与种质创新国家重点实验室 2007 年度工作总结

在国家科技部、教育部及依托单位的大力支持下，实验室围绕着三个研究方向，遵循“开放、流动、联合、竞争”的原则，结合评估专家组意见，在实验室学术委员会的具体指导下，经过全体工作人员的努力，实验室各方面工作呈现出稳中有升的良好发展局面，取得了一定的成绩。

一、承担科研项目与经费情况

本年度，实验室在研项目 152 项，项目总经费 8435.8 万元，实际到款 2309.7 万元。新增国家项目 13 项，“973”项目 2 项，国家自然科学基金项目 12 项。这些项目的实施，标志着实验室在本领域有着较为重要的影响，对国家和国民经济以及人民生活起着至关重要的作用。

二、实验室的科研产出情况

本年度获得省部级奖励 3 项，其中张天真教授主持的“**优质棉的种质创新与分子育种**”成果获高等学校科学技术奖技术发明一等奖（第一完成单位）；盖钧镒院士等主持的“**我国大豆主产区大豆花叶病毒株系的鉴定、抗性遗传及其育种应用**”成果获高等学校科学技术奖科技进步一等奖（第一完成单位）；陈劲枫教授等参与的“**魔芋资源开发利用研究**”获得教育部科技进步一等奖（第二完成单位）。“**棉花杂交种选育及产业化开发**”被中国技术市场协会评为金桥奖优秀项目奖。

在国际高水平学术刊物上发表具有重大影响的学术论文，一直是实验室追求的目标。本年度发表的文章数量及质量再上一层楼，万建

民教授等在 *Plant Physiol* 发表文章“A chlorophyll-deficient rice mutant with impaired chlorophyllide esterification in chlorophyll biosynthesis”，影响因子达 6.125；马正强教授等在 *Proteomics* 发表文章“cTrans: Generating polypeptide databases from cDNA sequences”，影响因子达 5.735。实验室发表第一署名论文 231 篇，非第一署名论文 9 篇，其中 SCI 论文 52 篇，比 2006 年增加 8 篇，但是，总影响因子达到了 105.096，几乎是 2006 年的 2 倍，这充分说明发表的论文档次有了大幅度的提高。论文“Characteristics, development and mapping of *G. hirsutum* derived-EST-SSRs in allotetraploid cotton.” (*Theor Appl Genet*, 2006, 112: 430-439) 被中国科学技术信息研究所评为第一届“中国百篇最具影响优秀国际学术论文”。

表 1. 2005、2006、2007 年度发表第一署名 SCI 文章对比表

	2005 年度	2006 年度	2007 年度
SCI 文章数(篇)	24	44	52
SCI 总影响因子	35.78	53.73	105.096

本年度获批专利 5 项，申请专利 9 项，审定品种 3 项，获批品种权 2 项，申请品种权 2 项，成果转让 1 项，出版专著 2 部。高产、品质优、食味佳、抗性好、易栽培、适应性广的早熟晚粳新品种“宁粳 1 号”2004 年通过了江苏省品种审定委员会的审定，2005 年被确定为江苏省水稻良种补贴推荐品种，也是农业部推荐的超级稻新品种、863 科技后补助品种，累计推广面积 1000 多万亩，已从 2006 年全国第 9 大粳稻品种提高到 2007 年的第 5 大粳稻品种。

三、人才队伍建设

人才队伍建设和开放交流一直是实验室建设发展的首要任务，也是实验室可持续发展的重要基础之一。实验室依托作物遗传育种和蔬

菜学两个国家重点学科，在人才培养和科学研究中相互渗透，逐步形成了一支不断开拓进取，并在重要作物的基因资源、鉴定、育种等方面有优异的成绩，在国内外产生较大影响的优秀创新团体。

为培养高层次人才、开展高水平、高层次和实质性的国内外学术交流与合作，实验室成功申报高等学校学科创新引智计划“作物遗传与种质创新”引智项目（B08025），资助期5年，总经费900万元。通过学科创新引进基地的建设，使我实验室在作物种质创新、基因与基因组分析和分子育种领域的科学研究水平和高层次人才培养质量跃上一个新台阶，成为国内外高层次研究和管理人才的培养基地。

本年度，我实验室章文华教授入选2007年度“新世纪百千万人才工程”国家级人选；郭旺珍教授获中国青年科技奖；张天真教授入选江苏创新创业人才奖。

加强研究队伍人员的自身培养，也是实验室十分重要的一项工作，配合实验室工作需要，在原有人才基础上，选留优秀博士8名。本年度，我实验室3名博士后获得第四十一批国家博士后科学基金资助，2名博士后获得“江苏省博士后科研资助计划”资助。

目前，在站博士后13人、在读博士生237人、在读硕士生412人，其中国外留学生2人。2007年出站博士后1人、毕业博士生37人、毕业硕士生66人，接受国内外访问学者、合作研究人员24人。

四、国内外学术交流和会议

1、学术交流

本着“开放、流动、联合、竞争”的八字方针，实验室开展了大量的学术交流活动，主办或协办国内外学术会议3次，有27位国内外知名学者来我室讲学，有22人次参加国内外学术会议，并做大会报告。

2、主办或协办由主管部门或一级学会批准的学术会议

表 2. 主办或协办学术会议

会议名称	会议性质	会议地点	会议日期	与会人数
国际棉花基因组测序研讨会	国际学术会议	江苏南京	05.25-26	20
江苏省遗传会植物分子育种学术研讨会	国内学术会议	江苏徐州	07.07-09	120
中国园艺学会十届二次理事会暨学术讨论会	国内学术会议	江苏南京	11.17-20	400

(1)、国际棉花基因组测序研讨会

“国际棉花基因组测序研讨会”（International Cotton Sequencing Workshop）于 2007 年 5 月 25-26 日在南京农业大学隆重召开。来自美国农业部、德克萨斯大学、澳大利亚植物研究所以及中科院上海植生所、北京大学、南方基因组研究中心的 20 余名专家学者参加了此次研讨会。研讨会期间，与会代表围绕棉花基因组测序工作的研究基础及进展进行研讨，并就国际棉花基因组计划白皮书的内容与实施方案进行具体磋商，以明确分工，加强合作，推进棉花全基因组测序计划的全面启动。

此次研讨会的召开，双方加强了了解、增进了友谊，为进一步开展合作研究奠定了良好的基础。同时也为我校师生提供了了解棉花分子生物学与基因组学最新研究动态的机会，对促进我校棉花遗传育种专业的教学和科研水平有着十分重要的意义。

本次会议后，以美国 University of Texas at Austin 的陈增建教授牵头撰写的“棉花基因组测序白皮书”发表在 2008 年 Plant Physiol. 杂志上。

(2)、中国园艺学会十届二次理事会暨学术讨论会

中国园艺学会十届二次理事会暨学术讨论会于 2007 年 11 月 17-20 日在南京农业大学召开。本次会议由中国园艺学会、中国工程

院农业学部主办；南京农业大学、江苏省农科院、江苏省园艺学会承办；作物遗传与种质创新国家重点实验室、金陵科技学院、北京华耐农业发展有限公司协办。

中国工程院院士方智远、束怀瑞、吴明珠出席会议，来自全国 12 所高校校级领导和来自全国各地 70 多个科研院所、高等院校、企事业单位的园艺专家、学者和有关人员 400 余名代表参会。韩国园艺学会理事长李升九特邀出席会议并做大会报告。

11 月 18 日大会开幕仪式上，中国园艺学会理事长方智远院士致开幕词。危朝安副部长作重要讲话，他指出了园艺产业在农业中的重要地位，分析了园艺产业目前的发展状况，对园艺产业今后的发展提出了宝贵意见和建议。黄莉新副省长对会议的召开表示祝贺并向代表们介绍了江苏园艺产业的发展情况。屈冬玉副院长、中国园艺学会名誉理事长朱德蔚、常有宏副院长等致辞。会上，郑小波校长发表讲话，介绍了南京农业大学的悠久历史、学科建设、科学研究、人才培养等方面的情况。本次会议的主题是加强园艺科学研究，促进园艺产业发展，会议的目的就是要通过总结与交流，促进园艺科技在支撑园艺产业发展中发挥更大的作用。会议期间先后总结了园艺学会各专业委员会、分会、园艺学报两年的工作；交流果树、蔬菜、花卉、西甜瓜各领域近年取得的科研成果、工作经验、存在问题及今后的设想。

本次会议的成功召开对于进一步明确方向，相互学习，团结协作，脚踏实地地努力工作，为提高我国园艺学科的学术水平，为促进园艺产业更健康的发展作出了积极的贡献。

(3)、江苏省植物分子育种学术研讨会

2007 年 7 月 7-9 日，实验室和江苏省遗传学会植物遗传专业委员会合作在徐州召开了江苏省《植物分子育种学术研讨会》。来自省内 13 个单位的 120 多名从事植物遗传和育种工作的专家、学者以及研

究生出席了会议。

开幕式由江苏农科院遗传所所长、江苏省遗传学会副理事长马鸿翔研究员主持。徐州农科院党委书记刘刚首先致辞对会议的召开表示祝贺，对各位代表的到来表示热烈欢迎；实验室主任和江苏省遗传学会理事长张天真教授代表实验室和理事会介绍了本次会议的目的、要求及意义，希望通过这次会议加强江苏省的遗传学研究与传统相结合，分子遗传学/育种学与传统育种相结合，即理论研究与生产实践的紧密结合，为江苏省经济和社会发展服务。大会特邀盖钧镒院士、程顺和院士、陈佩度教授、陆维忠研究员、梁国华教授、张天真教授作大会报告，6位专家就现代植物育种、植物分子育种与传统育种的关系、我国特别是长江中下游麦区小麦品种改良、染色体工程和细胞工程育种、分子标记辅助选择育种以及转基因分子育种的最新进展分别作了详尽、生动的报告，并对未来植物遗传研究发展走势进行了探讨。

为了更广泛地交流我省各单位、各类植物以及各个领域植物遗传学工作的最新进展，本次大会又设两个分会场，由22位专家和科研一线工作的青年学者和研究生介绍了各自的研究成果和工作经验。大会共收到论文摘要110篇，其中106篇已经列入论文摘要汇编。

本次研讨会共有16名地区农科所的具有中级以上职称的专家向学会提交了加入学会的申请，通过学术交流，扩大了学会的影响，增加了学会会员在江苏的覆盖面，有效地团结了一批农业生产第一线的育种工作者。这次大会对交流我省近年来植物遗传理论与应用研究的经验和成果，促进遗传学发展和更好地为社会经济建设服务都具有重要意义。参会代表高度评价这次研讨会，认为是一次学术气氛浓厚、信息量大、交流充分的学术研讨会。并希望明年能再次举办，进一步促进和加强我省植物遗传研究领域的学术交流。

五、实验室建设与管理工作

依据国家科技部、教育部有关实验室管理办法，结合实验室的运行管理特点，规范实施、严格执行各种规章制度，强化实验室公共平台建设，保障公共高值仪器的正常运行和维护；加强实验室内部的整合和外部联系，扩大交流和开放，提高效率。

自实验室“科技产出后补助条例”实施以来，取得了明显的激励效果，实验室研究人员创新积极性得到了极大的提高。本年度，对“条例”进行修改，加强了奖励力度，实验室相关科研团队和个人获得的科技成果后补助达 30 万元。

通过支撑人员的素质和技术水平进一步提高，在已建立的高水平研究平台的资源共享方面进行积极探索，逐步加大公共平台的开放和共享力度。

六、存在的问题与下一年工作重点

虽然实验室在科学研究、学科建设、人才培养和运行管理等方面取得了一些成绩，但与其他好的实验室相比还是存在着较大的差距，尤其是在目前日趋激烈的竞争态势，结合上一年评估工作中的专家意见和建议，提出下一步的工作设想：

1. 进一步加强相关基础研究，提高科学研究产出的规模 and 水平

围绕实验室的研究方向和研究特点，实验室定位在应用基础研究型，如何围绕实验室的研究方向和国家重大需求组织能够承担国家重大研究项目的有机群体，产出具有影响力的标志性成果，提高学术地位是实验室的当务之急。实验室应注意分析基础研究和应用研究两个层次上不同类型研究内容的优先主次，注意突出每个研究方向的重点和发展主线，提出切实、明确的工作目标，提高科学研究产出的规模 and 水平。

2. 各方向之间加强学术交流，以利于整体水平的进一步提高

开放和交流是实验室高效运行的原则之一，实验室虽然也在室内外开展了各层次的交流活动，但实验室内不同研究领域、研究方向和课题组之间没有充分的学术交流，国内和国际间的合作交流也表现为规模小、层次低；另外，实验室部分研究结构和实验场所也需要进一步调整，在今后的工作中，实验室应尽快建立健全和有效落实经常性的内部学术交流和沟通制度，增加课题组和学科之间的交叉融合，以保证资源优势在解决重大科学问题和国家重大需求上得到集中体现和发挥。

3. 依靠依托单位的坚实保障，扩大实验室的影响

依托单位在实验室建设过程中给予了人、财、物、政策等方面的大力支持，根据科技部、教育部的要求，除基础设施条件建设以外，依托单位应进一步创造条件，使实验室真正成为独立运行的科研实体，并对实验室的运行补助费给予配套，以保障对外开放、学术交流、设备维护等各项工作的顺利开展，提高开放课题的研究层次和经费额度，吸引国内外学者来实验室进行合作研究，提高开放程度，发挥实验室的辐射作用，扩大在国内外的积极影响。

水稻遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：万建民教授

研究与技术人员：张红生教授；江玲教授；洪德林教授；杨世湖教授；刘世家副研究员；王建飞副教授；刘玲珑讲师；黄骥讲师；张文伟讲师；王州飞讲师；鲍永美讲师；赵志刚讲师；刘喜实验师；陈亮明助理研究员。

在站博士后：徐大勇、吴洪恺、王益华等 3 人

在读博士研究生：周时荣等 50 人

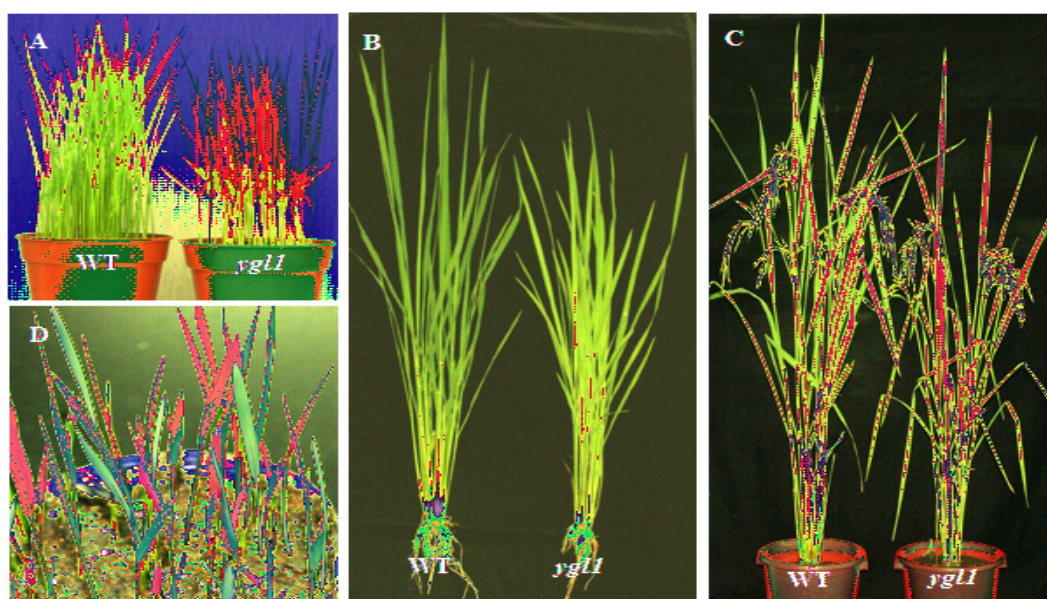
在读硕士研究生：任玉龙等 81 人

二、科研进展

1. 育种目标性状的基因与基因组分析

水稻 (*Oryza sativa* L.) 作为世界上最重要的粮食作物之一，是全球超过 50% 人口的主要食物和热量来源。随着全球人口的激增，耕地面积的逐年减少，如何进一步提高水稻产量来满足人类不断增长的需求已成为现代农业生产上的一项主要任务。培育高光效的高产品种是提高产量的主要途径之一。长期以来，水稻光合作用的相关研究大多停留在生理水平上，同时传统的杂交育种手段在改良水稻光能利用方面至今尚未取得令人满意的结果，而叶色突变体是开展光合作用研究的理想材料。叶绿素合成酶，催化叶绿素酸酯植醇化，生成叶绿素 a，这一合成步骤对叶绿素 a 辅基蛋白的翻译和积累，类囊体膜组分的稳定装配起重要作用。在高等植物中，尚无该基因的报道。本研究利用水稻品种镇恢 249 的黄绿叶突变体 *yg11* 为材料，通过图位克隆的方法分离 *yg11* 基因，并进行了功能分析，且从生理生化水平和细

胞水平对 *ygl1* 突变体黄绿叶表型进行了分析。分析表明, *ygl1* 突变体黄绿叶性状是由一对隐性核基因控制。利用 *ygl1* 突变体与培矮 64 杂交组合衍生的 F₂ 代临时性分离群体, 把突变基因定位于第 5 染色体上标记 RM516 和 RM164 之间, 进一步开发标记和扩大群体, 最终将突变基因精细定位于 BAC AC136221 上包含 2 个基因的大约 11kb 区间内, 一个为叶绿素合成酶基因, 称为 YGL1 基因; 另一个为 *em* 基因。通过测序发现仅在叶绿素合成酶基因 YGL1 的编码区 cDNA 上有单碱基差异 (T→C), 造成脯氨酸 (Proline) 到丝氨酸 (Serline) 的改变。转基因验证突变基因即为 YGL1 基因。体外原核表达重组蛋白酯化活性分析显示, 突变体 *ygl1* 重组蛋白较野生型 YGL1 重组蛋白酯化活性下降, 表明脯氨酸到丝氨酸的改变, 导致叶绿素合成酶活性下降。这些结果为叶绿素或叶绿素中间代谢产物水平反馈调控编码叶绿体相关核基因表达提供了直接的证据。研究结果已在 *Plant Physiol* 上发表。该研究通过对一个自然变异的水稻黄绿叶突变体 *ygl1* 基因的图位克隆和功能分析, 从分子水平揭示了引起水稻黄绿叶突变性状的分子机理, 且从生理生化、细胞形态学等方面对 *ygl1* 突变体进行了比较系统的研究, 为水稻高光效生理研究和水稻黄绿叶突变体



yg11 在生产上的应用提供了理论依据。

利用有重组自交系群体、回交重组自交系群体、染色体片段置换系群体等 18 套永久性群体，对稻米品质、抗性、产量等相关性状的进行 QTL 定位分析，并对其中控制垩白的主效 QTLqPGWC-8 和 qPGWC-9，粒形相关的主效 QTL (gl-3 和 gw-5)，直链淀粉含量的 Wx-m、低谷蛋白相关基因 LGC-1 和谷蛋白前体剧增突变基因 Os-vpe、耐贮藏相关的脂氧合酶基因 (LOX-3)、抗稻瘟病基因 Pi-kh1 (t)、Pi-kh2 (t)、Pi-tg1 (t)、控制最上节间长度 qUIL-6 等，进行了精细定位研究，开发实用分子标记，并初步应用于育种群体的筛选和标记辅助选择，构建近等基因系。同时开展着这些目标基因的图位克隆研究，并已取得一定进展，目前已获得低谷蛋白基因、谷蛋白前体剧增基因、脂氧合酶 (LOX-3) 基因等。

利用基因芯片技术对 72 个水稻 C2H2 型锌指蛋白基因家族成员进行了表达分析，发现这些锌指蛋白基因分别受干旱、过氧化氢、低温和高盐胁迫的调节。部分转基因实验表明，有 5 个锌指蛋白基因能增强转基因植物对非生物逆境的耐性。例如，过量表达 ZFP182 提高了转基因水稻的耐盐性、耐冷性和耐旱性；过量表达 ZFP252 提高了转基因水稻的耐盐和耐旱性。利用 RT-PCR 的方法克隆了 3 个 SNARE 蛋白基因(OsNPSN11~13)，这些基因的表达不同程度地受到各种胁迫的诱导，过量表达 OsNPSN11 可增强转基因植株对稻瘟病的抗性，转 OsNPSN11~13 基因的酵母细胞也显著增强了对 H₂O₂ 的抗性，转 OsNPSN11 基因的烟草抗 H₂O₂ 的能力也获得增强，研究结果为深入了解水稻中 SNARE 蛋白家族的功能奠定了基础。

2. 种质资源遗传基础与创新

用 SDS-PAGE 方法对 115 个不同生态型粳稻品种种子贮藏蛋白多

态性进行分析，共鉴别出 19 种蛋白图谱类型。在蛋白谱带相似系数 0.894 处，把供试品种分为高直链淀粉含量组、高蛋白含量组和标准组。中熟中粳生态型与高直链淀粉含量组有关联。构建了 35 个粳稻品种 SSR 指纹图谱。依据遗传相似系数聚类分析基本上能反映品种间亲缘关系。提供资源平台水稻共性数据 3400 余份，图象数据 500 余份，个性数据 200 余份。入国家长期库稻种资源 133 份。

通过大量筛选各地水稻资源和突变体库，已经得到 12 个以日本晴为受体的 T-DNA 插入的高垩白突变体、17 份谷蛋白相关突变体(其中低谷蛋白突变体 8 份，谷蛋白前体增加突变体 (57H) 7 份，球蛋白缺失体共 2 份)，以东北香米为背景的 8 个淀粉含量从低到高的系列辐射突变体材料，以岳晚粳为背景的 7 个淀粉含量从低到高的系列辐射突变体材料，以白丰 B 为背景的 8 个淀粉含量从低到高的系列辐射突变体材料，以及各种株叶形态、叶色突变体 100 余份。这些突变体的获得为深入阐明水稻相关性状的基因克隆和品种改良奠定了材料基础。

3. 作物育种新方法和新品种选育

利用与抗条纹叶枯病基因 *Stvbi* 紧密连锁的分子标记进行辅助选择，结合产量、品质（低垩白、直链淀粉含量中等）选育出高产、优质、抗条纹叶枯病、抗稻瘟病的水稻新品系 W006，2007 年已参加江苏省第二年区试，并同步进入生产性试验。2008 年已通过江苏审定。

利用黄绿叶性状及培矮 64S 中的光敏核不育基因，通过杂交聚合育种（培矮 64S/轮回 422//镇稻 88//镇稻 88）×中间材料(249 黄/镇稻 88//镇稻 88)，即在粳型品种镇稻 88 背景中，通过形态鉴定和分子标记选择聚合了黄绿叶性状及培矮 64S 中的光敏核不育基因，同时在 S5 位点上置换了 S5i 基因，育成一个粳型的亲粳型两系核不育系

509S, 其所配组合 9 两优 1 号, 9 两优 102 已参加 2007 年江西省、江苏省区试或预试。

三、在研项目

1. 水稻品质新基因发掘、定位、克隆及育种利用研究 (2004CB117200), 973 计划项目, 主持人: 万建民;
2. 类胡萝卜素及类黄酮化合物代谢与调控研究(2007CB108802), 973 计划项目, 主持人: 江玲;
3. 花生油脂形成的分子机理研究 (2007CB116212), 973 计划项目, 主持人: 张红生;
4. 高产优质多抗水稻品种分子创制 (2006AA100101), 863 计划项目, 主持人: 江玲;
5. 水稻品质等重要农艺性状的功能基因组研究(2006AA10A102), 863 计划项目, 主持人: 王春明;
6. 粳稻广谱、高抗稻瘟病基因的鉴定、功能分析与利用研究 (2006AA10Z162), 863 计划项目, 主持人: 张红生;
7. 水稻优质、抗病虫多基因聚合育种研究 (2006AA10Z1A5), 863 计划项目, 主持人: 江玲;
8. 长江中下游粳稻育种技术研究及新品种选育, “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 刘世家;
9. 水稻锌指蛋白 OsZFP 介导的盐胁迫应答机理研究 (30470921), 国家自然科学基金项目, 主持人: 张红生;
10. 水稻品种 N22 种子强休眠相关的结合 ABRE、GARE 的转录因子的分离 (30471120), 国家自然科学基金项目, 主持人: 江玲;
11. 利用近等基因系剖析稻米高垚白率生理机制 (30500315), 国家自然科学基金项目, 主持人: 吴秀菊;

- 12.抗稻瘟病基因 Pib 的功能基因组学研究 (30571044), 国家自然科学基金项目, 主持人: 杨世湖;
- 13.水稻锌指蛋白基因 OsAACZ1 的特性与功能研究 (30571141), 国家自然科学基金项目, 主持人: 张红生;
- 14.水稻隐性感光抑制基因的鉴定和分离 (30571142), 国家自然科学基金项目, 主持人: 万建民;
- 15.非生物胁迫抑制表达锌指蛋白基因 SRZ1 的功能研究 (30600350), 国家自然科学基金项目, 主持人: 黄骥;
- 16.利用近等位基因系剖析水稻品种 USSR5 种子耐低温发芽的生理机制 (30671246), 国家自然科学基金项目, 主持人: 江玲;
- 17.水稻花粉半不育基因的克隆和功能分析 (30671275), 国家自然科学基金项目, 主持人: 王春明;
- 18.优质高产水稻新品种宁粳 1 号的中试与示范, 科技部农业车技成果转化资金项目, 主持人: 万建民;
- 19.白叶枯病和条斑病菌小种与寄主品种抗性鉴定 (M200724), 行业支撑项目, 主持人: 张红生;
- 20.超级稻“培矮 64S/9311”染色体片段置换系群体构建及新基因发掘 (20040307009), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 万建民;
- 21.强耐盐粳稻地方品种韭菜青耐盐 QTL 定位和相关基因克隆 (20050307013), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 张红生;
- 22.水稻类钙调磷酸酶 B 亚基蛋白基因家族的克隆与功能分析 (20060307035), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 张红生;
- 23.水稻抗刺吸类害虫新基因及其兼抗机制研究 (105090), 教育部科学技术研究项目, 主持人: 王春明;
- 24.长江流域超级粳稻新品种选育与示范 (农财发[2007]46 号), 农业

- 部超级稻新品种选育与示范项目，主持人：万建民；
- 25.新品种选育“宁粳1号”优质专用，农作物新品种选育及繁殖技术研究项目，主持人：万建民；
 - 26.长江流域超级粳稻新品种选育与示范，超级稻新品种选育与示范项目，主持人：万建民；
 - 27.优质、高产、多抗常规中粳稻新品种选育（BG2004303），江苏省高技术研究计划项目，主持人：万建民；
 - 28.优质超级粳稻新品种（组合）选育（BG2006301），江苏省高技术研究计划项目，主持人：万建民；
 - 29.水稻C2H2型锌指蛋白基因家族的克隆和功能研究（BK2005090），江苏省自然科学基金项目，主持人：张红生；
 - 30.特异水稻种质资源引进与开发（sx(2005)047），江苏省农业三项工程项目，主持人：万建民；
 - 31.水稻不同元素特异吸收和积累新种质的引进与开发利用（Sx(2006)123），江苏省农业三项工程项目，主持人：张红生；
 - 32.江苏省水稻种质资源基因库建设（sx(2007)g02），江苏省农业种质资源基因库项目，主持人：万建民；
 - 33.粳稻新品种选育和繁殖制种技术，横向合作，主持人：洪德林；
 - 34.适于有机栽培的早生抗逆优质粳稻品种选育引种和配套栽培技术，横向合作，主持人：洪德林；

四、科研产出

（一）、发表论文

1. Wu ZM, Zhang X, He B, Diao LP, Sheng SL, Wang JL, Guo XP, Su N, Wang LF, Jiang L, Wang CM, Zhai HQ, Wan JM*. A chlorophyll-deficient rice mutant with impaired chlorophyllide

- esterification in chlorophyll biosynthesis. *Plant Physiology*, 2007, 145: 29-40
2. Zhao ZG, Jiang L, Zhang WW, Yu CY, Zhu SS, Xie K, Tian H, Liu LL, Ikehashi H, Wan JM. Fine mapping of *S31*, a gene responsible for hybrid embryo-sac sterility in rice (*Oryza sativa* L.). *Planta*, 2007, 226: 1087-1096
 3. Li DT, Chen LM, Jiang L, Zhu SS, Zhao ZG, Liu SJ, Su N, Zhai HQ, Ikehashi H, Wan JM. Fine mapping of *S32(t)*, a new gene causing hybrid embryo sac sterility in a Chinese landrace rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 515-524
 4. Jing W, Zhang WW, Jiang L, Chen LM, Zhai, HQ, WAN JM. Two novel loci for pollen sterility in hybrids between the weedy strain Ludao and the japonica variety Akihikari of rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 915-925
 5. Li WC, Jiang L, Zhou SR, Wang CM, Liu LL, Chen LM, Ikehashi H, Wan JM. Genetic analysis and fine-mapping of pollen semi-sterile gene in a japonica spontaneous mutant W207-2. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 939-946
 6. Jiankang Wang, Xiangyuan Wan, Huihui Li, Wolfgang H. Pfeiffer, Jonathan Crouch, Jianmin Wan Application of identified QTL-marker associations in rice quality improvement through a design-breeding approach. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 87-100
 7. Zheng TQ*, Xu JL*, Li ZK, Zhai HQ, Wan JM. Genomic regions associated with milling quality and grain shape identified in a set of random introgression lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breeding*, 2007, 126: 158-163

8. Zhang WW, Bi JC, Yan XY, Wang HL, Zhu CL, Wang JK, Wan JM. In vitro measurement of resistant starch of cooked milled rice and physico-chemical characteristics affecting its formation. *Food Chemistry*, 2007, 105: 462-468
9. Huang J, Yang X, Wang MM, Tang HJ, Ding LY, Shen Y, Zhang HS. A novel rice C2H2-type zinc finger protein lacking DLN-box/EAR-motif plays a role in salt tolerance. *BBA-Gene Struct Expr*, 2007, 1769: 220-227
10. Sun LH, Liu YQ, Jiang L, Su CC, Wang CM, Zhai HQ, Wan JM. Identification and mapping of brown planthopper resistant genes in the Indica rice cultivar Col.5 Thailand. *Hereditas*, 2007, 144: 48-52
11. Tang SY, Guan RZ, Zhang HS, Huang J. Molecular cloning and expression analysis of three distinct ω -3 fatty acid desaturases from *Descurainia Sophia*. *Biotechnol Lett*, 2007, 29: 1417-1424
12. Jiang L, Xu JF, Wei XJ, Wang SF, Tang JY, Zhai HQ, Wan JM. The inheritance of early heading in the rice variety USSR5. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 34(1): 46-55
13. Hou FY, Huang J, Yu SL, Zhang HS. The 6-phosphogluconate dehydrogenase genes are responsive to abiotic stresses in rice. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 49 (5): 655-663
14. 孙黛珍*, 江玲*, 张迎信, 程遐年, 翟虎渠, 万建民. 水稻品种 IR24 抗条纹叶枯病相关 QTL 的检测. *作物学报*, 2007, 33 (1): 25-30
15. 胡茂龙, 张迎信, 孔令娜, 杨权海, 王春明, 翟虎渠, 万建民. 水稻光合作用及相关生理性状的 QTL 分析. *作物学报*, 2007, 33 (2): 183-188

16. 牛洪斌, 覃怀德, 王益华, 翟虎渠, 万建民. 水稻谷蛋白的一个新基因克隆及表达分析. 作物学报, 2007, 33(3): 349-355
17. 余传元, 赵志刚, 陈平, 江玲, 翟虎渠, 万建民. 籼粳亚种间杂种育性相关基因座全基因组分析. 作物学报, 2007, 33(4): 547-553
18. 郑天清, 徐建龙, 傅彬英, 高用明, Satish VERUKA, Renee LAFITTE, 翟虎渠, 万建民, 朱苓华, 黎志康. 遗传搭车与方差分析在水稻定向选择群体的抗旱性位点分析中的初步应用. 作物学报, 2007, 33(5): 799-804
19. 郑天清, 徐建龙, 傅彬英, 高用明, Satish VERUKA, Renee LAFITTE, 翟虎渠, 万建民, 朱苓华, 黎志康. 回交高代选择导入系的纹枯病抗性与抗旱性的遗传重叠研究. 作物学报, 2007, 33(8): 1380-1384
20. 吴秀菊, 万向元, 江玲, 肖应辉, 刘世家, 陈亮明, 翟虎渠, 万建民. 多环境下稻米粒重的 QTL 定位. 作物学报, 2007, 33(11): 1771-1776
21. 翁建峰, 万向元, 郭涛, 江玲, 翟虎渠, 万建民. 利用 CSSL 群体研究稻米加工品质相关 QTL 表达的稳定性. 中国农业科学. 2007, 40(10): 2128-2135
22. 孙黛珍*, 江玲*, 张迎信, 程遐年, 翟虎渠, 万建民. 水稻抗条纹叶枯病数量性状基因座分析. 中国水稻科学, 2007, 21(1): 95-98
23. 牛洪斌, 王益华, 翟虎渠, 万建民. 水稻谷蛋白基因 *GluB-6* 的 cDNA 克隆及表达. 中国水稻科学, 2007, 21(2): 111-116
24. 李培富, 史晓亮, 王建飞, 刘超, 张红生. 太湖流域地方品种黑壳紫子稻抗稻瘟病基因的分子定位. 中国水稻科学,

2007, 21 (6): 573-578

25. 唐三元, 黄骥, 张红生, 管荣展. 播娘蒿油酸脱氢酶基因 (DsFAD6) 的克隆和表达分析 (英文). 分子植物育种, 2007, 5 (1): 15-20
26. 潘丽娟, 黄骥, 王州飞, 张红生. 水稻胆碱单加氧酶基因的克隆与表达分析 (英文). 分子植物育种, 2007, 5 (1): 8-14
27. 杜文明, 管荣展, 王建飞, 张红生, 唐三元, 董海滨. 播娘蒿蛋白酶抑制剂基因 DsTI2 转化油菜的研究. 分子植物育种, 2007, 5 (6): 765-670
28. 吴秀菊, 江玲, 万向元, 翁建锋, 边小峰, 万建民. 稻米高垩白率相关 *qPGWC-9* 生理功能分析. 植物生理和分子生物学学报, 2007, 33 (2): 153-159
29. 纪素兰, 江玲, 王益华, 刘世家, 刘喜, 翟虎渠, 万建民. 利用回交重组自交群体检测水稻耐低温发芽数量性状基因座. 南京农业大学学报, 2007, 30 (1) : 1-6
30. 王胜军, 陆作楣. 我国常用杂交籼稻亲本杂种优势群的初步研究. 南京农业大学学报, 2007, 30 (1): 14-18
31. 乔保健, 黄柳柳, 江建华, 洪德林. 水稻4个异交相关性状的 QTL 定位研究. 南京农业大学学报, 2007, 30 (2): 1-5
32. 江玲, 王松凤, 刘喜, 刘世家, 陈亮明, 翟虎渠, 万建民. 优质水稻品种 W017 的耐贮藏特性. 南京农业大学学报, 2007, 30 (2): 133-135
33. 程保山, 万志兵, 洪德林. 35个粳稻品种 SSR 指纹图谱的构建及遗传相似性分析. 南京农业大学学报, 2007, 30 (3): 1-8
34. 周学标. 陆作楣. 三类籼稻近亲型二元不育系的一般配合力研究. 南京农业大学学报, 2007, 30 (3): 9-15
35. 张露霞, 王松凤, 江玲, 万建民. 利用重组自交系群体检测水

- 稻芽期耐冷性 QTL, 南京农业大学学报, 2007, 30(4): 1-5
36. 江玲, 万建民. 植物激素 ABA 和 GA 调控种子休眠和萌发的研究进展, 江苏农业学报, 2007, 23(4): 360-365
 37. 武亮, 卜庆云, 杨世湖, 万建民. 西红柿原系统素基因转化水稻的抗虫性研究. 农业生物技术学报, 2007, 15(1): 63-70
 38. 万建民. 中国水稻分子育种现状与展望. 中国农业科技导报, 2007, 9(2): 1-9
 39. 乔保健, 洪德林. 水稻幼苗性状对GA-3处理的敏感性及其QTL分析. 西北植物学报, 2007, 27(4): 684-692
 40. 朱世杨, 洪德林. PVA+KNO₃对杂交籼稻F₁人工老化种子的引发效果. 西南农业学报, 2007, 20(3): 383-387
 41. 郭书巧, 黄骥, 江燕, 张红生. 水稻C2H2型锌指蛋白基因RZF71的克隆与表达分析. 遗传, 2007, 29(5): 607-613
 42. 江建华, 郭媛, 陈献功, 徐红梅, 侯一甲, 洪德林. 粳稻穗角与稻米品质的相关性及其稻米品质遗传分析. 遗传, 2007, 29(6): 714-724
 43. 姜淑慧, 管荣展, 唐三元, 忻如颖, 张红生, 赵立茜, 潘琴燕. 甘蓝型油菜与焯菜的原生质体融合与植株再生遗传, 2007, 29(6): 745-750
 44. 黄骥, 张红生. TFIIIA型锌指蛋白及在提高植物耐逆性中的作用. 遗传, 2007, 29(8): 915-922
 45. 乔保健, 王盈盈, 朱晓彪, 洪德林. 不同生长环境下水稻最上节间长度QTL定位研究. 遗传, 2007, 29(8): 1001-1007
 46. 李培富, 史晓亮, 王建飞, 张红生. 4个太湖流域粳稻地方品种抗稻瘟病性的遗传分析. 遗传, 2007, 29(10): 1249-1255
 47. 朱世杨, 洪德林. 几种化学药剂对杂交籼稻汕优63自然老化种

- 子引发效果研究。杂交水稻, 2007, 22 (3): 74-77
48. 江建华, 洪德林。粳稻碾磨品质与植株农艺性状相关性研究。中国稻米, 2007, (2): 30-32
 49. 周学标, 陆作楣。籼稻改良单交种的选育。中国水稻科学, 2007, 21 (1): 31-38
 50. 朱世杨, 洪德林。杂交粳稻86优8号F-1自然老化种子引发技术研究。种子, 2007, 26 (1): 38-42
 51. 戴剑, 李华勇, 丁奎敏, 洪德林。植物新品种DUS测试技术的现状与展望。种子, 2007, 26 (9): 44-47

(二)、专利

获批专利

1. 水稻锌指蛋白基因 OsZFP18 的基因工程应用(ZL200410103080.X), 第一申请人: 张红生, 公告时间: 2007年06月20日;
2. 水稻单子叶植物胆碱单加氧酶基因的应用(ZL200410103079.7), 第一申请人: 张红生, 公告时间: 2007年03月28日;

申请专利

1. 水稻 SNARE 蛋白基因 OsNPSN11 及其应用(200710021375.6), 第一申请人: 张红生, 申请时间: 2007年04月10日;
2. 一个水稻锌指蛋白基因的耐逆性基因工程应用(200710135263.3), 第一申请人: 张红生, 申请时间: 2007年11月14日;
3. 水稻叶绿素合成酶突变基因及其基因工程应用(200710023554.3), 第一申请人: 万建民, 申请时间: 2007年06月08日;
4. 软米水稻低直链淀粉含量基因位点的分子标记方法(200710025249.8), 第一申请人: 万建民, 申请时间: 2007年

07月20日;

(三)、品种权

获批品种权

1. 宁粳2号 (CNA20040146.7), 第一申请人: 万建民;

申请品种权

1. W006 (20070392.7), 第一申请人: 万建民;

(四)、成果转让

1. 水稻新品种 W3660 的生产经营权, 转让对象: 哈尔滨英霞实业有限公司

五、研究生培养

毕业博士

- 1 王益华, 水稻谷蛋白合成途径关键基因的图位克隆与功能研究, 专业: 遗传学, 导师: 万建民;
- 2 徐俊锋, 中国籼稻品种抽穗期基因型分析及隐性感光抑制基因 dth-8 的精细定位, 专业: 遗传学, 导师: 万建民;
- 3 赵志刚, 精细定位一个新的水稻亚种间杂种胚囊败育基因, 专业: 遗传学, 导师: 万建民;
- 4 井文, 籼稻与栽培稻杂种花粉不育性的细胞学研究及基因定位, 专业: 遗传学, 导师: 万建民;
- 5 王海莲, 稻米脂肪含量 QTL 分析及二酰甘油酰基转移酶基因的克隆, 专业: 遗传学, 导师: 万建民、翟虎渠;
- 6 纪素兰, 水稻低温萌发性状的分子遗传学研究, 专业: 遗传学, 导师: 翟虎渠;
- 7 吴自明, 水稻黄绿叶基因 yg11 的图位克隆及功能分析, 专业: 遗

传学，导师：翟虎渠、万建民；

8 鲍永美，水稻 SNARE 蛋白基因的克隆与功能分析，专业：应用植物基因组学，导师：张红生；

9 乔保健，水稻异交相关性状及其对 GA3 敏感性的遗传分析，专业：种子科学与技术，导师：洪德林；

毕业硕士

1. 马晓东，四个云南软米水稻品种低直链淀粉含量形成机制研究，专业：作物遗传育种，导师：万建民；

2. 程保山，SSR 标记在粳稻恢复基因 Rf-1 转育、F₁ 纯度和品种鉴定中的应用，专业：作物遗传育种，导师：洪德林；

3. 周明，35S 驱动 Pib 基因启动区和编码区的转基因分析，专业：作物遗传育种，导师：杨世湖；

4. 陈志伟，利用韭菜青/IR26 重组自交系群体进行水稻苗期耐盐性 QTL 定位，专业：作物遗传育种，导师：张红生；

5. 王杰，利用一个籼粳交重组自交系群体定位水稻氮高效利用的 QTLs，专业：作物遗传育种，导师：张红生；

6. 丁林云，水稻胞质 6-磷酸葡萄糖酸脱氢酶基因的功能分析，专业：作物遗传育种，导师：张红生；

7. 苏璇，水稻类钙调磷酸酶 B 亚基蛋白基因 OsCBL6 的功能分析，专业：作物遗传育种，导师：张红生；

8. 张强，水稻光合相关性状 QTL 分析，专业：作物遗传育种，导师：王春明；

9. 王茂青，稻米品质性状的 QTL 定位及遗传分析，专业：作物遗传育种，导师：王春明；

10. 王松凤，水稻粒形相关性状及千粒重 Q T L 表达稳定性分析，专业：遗传学，导师：江玲；

六、国内外学术交流活动

1. 张红生, 2007年3月31日于海南三亚参加第三届水稻基因组与分子育种研讨会, 并做报告《水稻锌指蛋白基因的克隆与功能研究》;
2. 洪德林, 2007年10月12日于江苏常熟参加第四届中国杂交粳稻科技创新论坛, 并做报告《SSR标记在粳稻恢复基因 Rf-1 转育和杂种 F1 纯度鉴定中的应用》;

小麦遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：刘大钧，教授，中国工程院院士

研究与技术人员：陈佩度教授；马正强教授；王秀娥教授；王苏玲副教授；亓增军副教授；张守忠讲师；冯祎高讲师；庄丽芳讲师；王海燕讲师；张政值讲师；曹爱忠讲师；张丽霞讲师；贾海燕讲师；邢莉萍讲师；孔忠新讲师；薛树林讲师；孔令娜助教。

在站博士后：杨绍华、林峰等 2 人

在读博士研究生：马珞琳等 29 人

在读硕士研究生：李亚浩等 64 人

二、科研进展

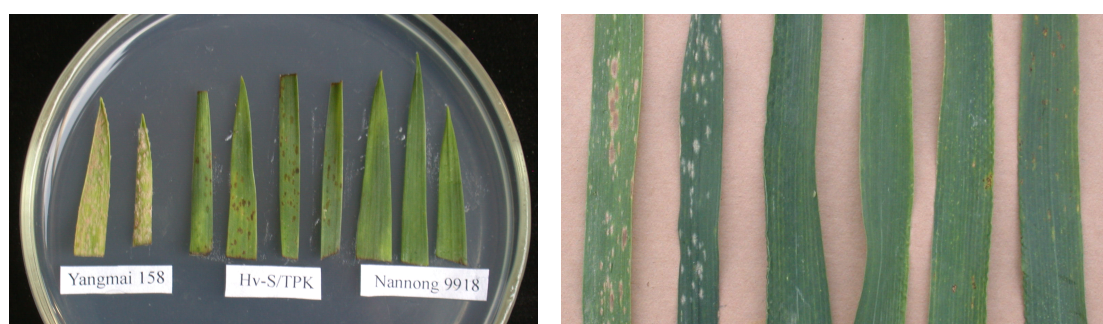
1. 育种目标性状的基因与基因组分析

在望水白基因组中定位了五个对赤霉病抗性有重要贡献的 QTL，分布在 2D、3B、4B、5A 和 6B 等染色体上。验证了苏麦 3 号 3BS 上的主效抗病基因的分子标记，通过对苏麦 3 号衍生的各种品系的抗性和指纹图谱分析，发现了三个候选抗病 QTL，其中两个能解释 15% 以上的遗传变异。通过候选基因途径，获得了 65 个抗赤霉病相关基因，其与赤霉病的抗性显著相关。利用蛋白组分析的方法，鉴定出一批与抗病有关的蛋白，并开发了用于小麦多肽数据库构建的软件。

克隆了一个可能参与控制小麦籽粒穗发芽的淀粉酶抑制蛋白基因和一个参与植物生长发育及耐逆性反应的基因。利用南大 2419 x 望水白重组自交系群体在不同环境中的 20 多个农艺性状资料进行了 QTL 分析，对南大 2419 中控制优异性状的基因组区段有了初步认识。定位了三个抗白粉病新基因。在簇毛麦中克隆到 3 个新基因的全长序

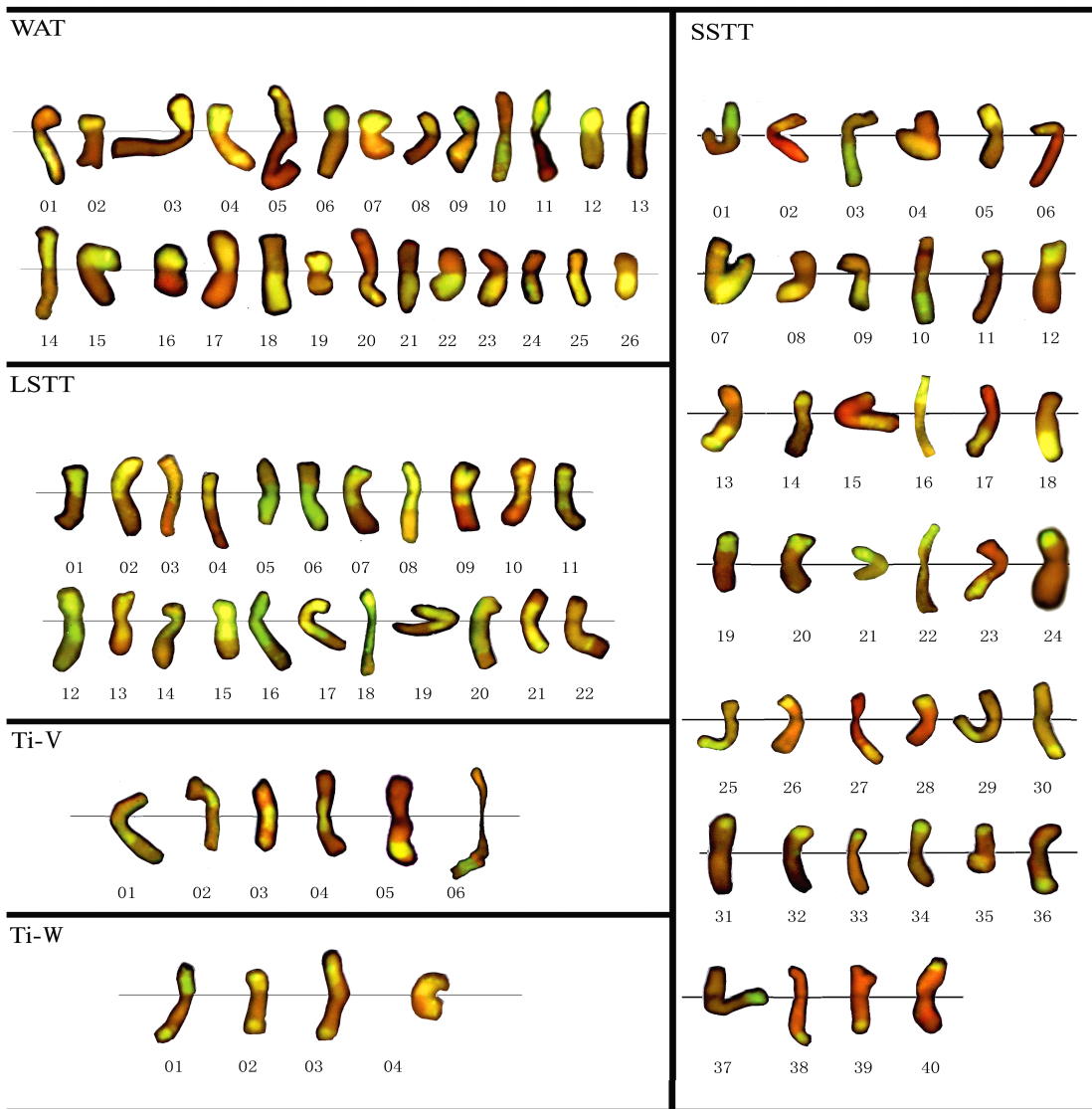
列，分别定名为 Hv-EREBP、Hv-PKI、Hv-CMPG，构建了用于基因功能鉴定的载体。获得了一个新的小麦-簇毛麦添加缺失系，可用来定位簇毛麦抗白粉病候选克隆。利用基因枪转基因方法获得了转 Ta-Tlp、Hv-GR、Ta-LRR2、Hv-S/TPK 基因的阳性植株。对 T0 或 T1 代转基因植株的抗性鉴定表明，这些基因对白粉菌具有不同程度的抑制作用。

2. 种质资源遗传基础与创新



通过对收集、引进的种质资源的鉴定、筛选，得到了一批抗穗发芽、抗赤霉病、抗白粉病等新种质。在抗白粉病基因发掘中，从一粒小麦、二粒小麦和六倍体小麦中鉴定出多个白粉病抗源。鉴定出抗赤霉病的 3 个小麦-大赖草易位系的和 1 个小麦-鹅观草易位系；9 个新的小麦-纤毛鹅观草异附加系；1 个抗梭条花叶病小麦-簇毛麦易位系；1 个新的 Rf6 基因易位系；1 个新的抗白粉病小麦-簇毛麦易位系；9 个小麦-加州野大麦异染色体系，其中 4 个表现较好的白粉病抗性。

利用电离辐射处理整臂易位系成熟雌配子高效诱导外源染色体小片段结构变异，建立了基于高效诱导小麦背景中外源染色体小片段结构变异、特别是中间插入易位的技术体系。筛选出携带 6VS 小片段的结构变异染色体 192 条，其中小片段中间插入易位 80 条、小片段末端易位 57 条、6VS 缺失 55 条；鉴定出 6 个小片段结构变异体，其中 3 个抗小麦白粉病小片段中间插入易位变异体。用



60Co- γ -ray1200rad 处理硬簇麦花粉，授于母本中国春，其杂种用中国春作父本连续回交 2 代，在 BC₂F₂ 代得到纯合易位系 5 个，包括外源小片段易位系 2 个，整臂易位系 2 个，簇毛麦中间插入易位系 1 个。

3. 作物育种新方法与新品种选育

将 Pm4a 的分子标记转化成了基因专化的 SNPs 标记；筛选出 2 个与抗白粉病基因 Pm6 基因紧密连锁的分子标记；1 个与抗条锈病基因 Yr26 紧密连锁的分子标记；获得了 30 多个农艺性状 QTL 和 17 个抗病性状 QTL 的分子标记；筛选出与簇毛麦 6VS、1V、鹅观草 1Rk#1、黑麦 1R 染色体特异的 EST-STS 标记，为抗病基因或 QTL 以及外源染色体（片段）的分子标记辅助选择奠定了基础。

以二倍体、四倍体和六倍体小麦为对象，构建了小麦可见表型突

变体库。利用分子标记辅助选择选育出 3 个抗赤霉病 QTL 近等基因系。育成 4 个高产、优质、抗病新品系，正在参加国家和省级区域试验。“十五”育成小麦新品种继续大面积推广。

三、在研项目

1. 骨干亲本形成的关键基因组区段定位与效应分析 (2006CB101702), 973 计划项目, 主持人: 马正强;
2. 抗病、优质、高产小麦新品种分子设计 (2006AA10Z1F6), 863 计划项目, 主持人: 王秀娥;
3. 我国特有抗赤霉病小麦种质的抗性功能基因组研究 (30430440), 国家自然科学基金项目, 主持人: 马正强;
4. 小麦 - 簇毛麦 6VS/6AL 易位系的遗传效应和高效利用研究 (30471080), 国家自然科学基金项目, 主持人: 陈佩度;
5. 荆州黑麦抗病新基因向小麦中的转移、定位与应用研究 (30500048), 国家自然科学基金项目, 主持人: 庄丽芳;
6. 小麦脱水素类新基因在耐逆中的作用研究 (30500314), 国家自然科学基金项目, 主持人: 罗庆云;
7. Rht3 基因影响小麦生长发育的分子机理研究 (30570989), 国家自然科学基金项目, 主持人: 王云;
8. 假俭草分子标记遗传图谱构建及重要性状基因的定位和 QTL 分析 (30670200), 国家自然科学基金项目, 主持人: 王秀娥;
9. 抗赤霉病 QTL 的近等位基因系选育及其互作效应解析 (30671295), 国家自然科学基金项目, 主持人: 马正强;
10. Rht3 矮秆系抗穗发芽的分子基础研究 (20050307016), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 马正强;
11. 抗赤霉病优质高产小麦新品种选育, 江苏省高技术研究计划项目,

- 主持人：王耀南、王苏玲；
12. 小麦抗纹枯病、抗赤霉病新基因的发掘与种质创新 (BK2006720), 江苏省自然科学基金项目, 主持人: 王秀娥;
 13. 小麦抗白粉病基因的克隆和功能鉴定 (BK2007163), 江苏省自然科学基金项目, 主持人: 曹爱忠;
 14. 氮素调控粳稻蒸煮食味品质的生理生化机制研究 (BK2007579), 江苏省自然科学基金项目, 主持人: 刘正辉;
 15. 优质高产水稻新品种宁粳 1 号的推广, 江苏省农业综合开发项目, 主持人: 王耀南;
 16. 一粒小麦中一个抗白粉病性基因的分子标记定位, 南京农业大学青年科技创新基金项目, 主持人: 张政值;
 17. 簇毛麦抗梭条花叶病基因 Wss1 的精细定位, 南京农业大学青年科技创新基金项目, 主持人: 王海燕;

四、科研产出

(一)、发表论文

1. Xu, HB; Yang, LM; Xu, P; Tao, Y; Ma, ZQ. cTrans: Generating polypeptide databases from cDNA sequences. *Proteomics*,2007,7 (2): 177-179
2. Yao,GQ; Zhang,JL; Yang,LL; Xu,HX; Jiang,YM; Xiong,L; Zhang,CQ; Zhang,ZZ; Ma,ZQ; Mark E Sorrells. Genetic mapping of two powdery mildew resistance genes in einkorn accessions. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 351-358
3. Jia HY, Yi DL, Yu J, Xue SL, Xiang Y, Zhang CQ, Zhang ZZ, Zhang LX, Ma ZQ. Mapping QTLs for tissue culture response of mature wheat embryos. *Mol Cells*,2007,23(3): 323-330

4. Ma ZQ, Zhao DM, Zhang CQ, Zhang ZZ, Xue SL, Lin F, Kong ZX, Tian DG, Luo QY. Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F-2 populations. *Mol Genet Genomics*, 2007, 277 (1): 31-42
5. Liu Z.H., Wang H.Y., Wang X.E., Zhang G.P., Chen P.D., Liu D.J. Phytase activity, phytate, iron, and zinc contents in wheat pearling fractions and their variation across production locations. *Journal of Cereal Science*, 2007, 45:319–326
6. Tong-De Bie, Ya-Ping Cao and Pei-Du Chen. Mass production of intergeneric chromosomal translocation through pollen irradiation of *Triticum durum-Haynaldia villosa* amphiploid. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2007, 49(1):1619-1626
7. Li Guiping, Chen Peidu, Zhang Shouzhong, Wang Xiue, He Zhonghu, Zhang Yan, Zhao He, Huang Huiyao, Zhou Xiangchun. Effects of the 6VS.6AL translocation on agronomic traits and dough properties of wheat. *Euphytica*, 2007, 155:305-313
8. Wang H.Y., Wang X.E., Chen P.D., Liu D.J. Assessment of genetic diversity of Yunnan, Tibetan, and Xinjiang wheat using SSR markers. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 34(7):623-633
9. 张大乐, 李锁平, 雷进生, 刘萍, 马正强。利用 SSR 标记对 12 个啤酒大麦品种的聚类分析和主坐标分析。河北农业大学学报 2007, 30 (3): 26–31
10. 王华忠, 邢丽萍, 陈佩度。小麦抗白粉病相关基因的转化。遗传, 2007, 29 (2): 243–249
11. 徐川梅, 别同德, 王春梅, 周波, 陈佩度。45S rDNA 在小麦及其近缘物种染色体上的分布。遗传, 2007, 29 (9): 1126–1130

12. 纪剑辉, 曹爱忠, 王海燕, 覃碧, 王苏玲, 孔芳, 陈佩度, 刘大钧, 王秀娥。利用基于 PCR 的分子标记区分普通小麦—提莫菲维小麦渐渗系。遗传, 2007, 29 (10): 1256-1262
13. 刘正辉, 刘大钧。小麦铁锌营养品质研究进展。麦类作物学报, 2007, 27 (1): 172-175
14. 李桂萍, 陈佩度, 张瑞奇, 王春梅, 曹爱忠, 张守忠。小麦—簇毛麦 6VS/6AL 易位染色体在不同小麦背景中的遗传稳定性及其在配子中的传递。麦类作物学报, 2007, 27 (2): 183-187
15. 王海燕, 王秀娥, 陈佩度, 刘大钧。云南、西藏及新疆小麦研究进展。麦类作物学报, 2007, 27 (4): 740-473
16. 杜小燕, 郝晨阳, 张学勇, 马正强, 游光霞, 王兰芬, 董玉琛。我国部分小麦地方品种 Waxy 基因多样性研究。作物学报, 2007, 33 (3): 503-506
17. 李爱霞, 亓增军, 裴自友, 庄丽芳, 冯祎高, 王秀娥。普通小麦辉县红—荆州黑麦异染色体系的选育及其梭条花叶病抗性鉴定。作物学报, 2007, 33 (4): 639-645
18. 裴自友, 贾高峰, 亓增军, 庄丽芳, 冯祎高, 王秀娥, 陈佩度, 刘大钧。普通小麦籽粒 DON 含量的配合力分析。作物学报, 2007, 33 (5): 731-737
19. 陈全战, 王官锋, 陈华锋, 陈佩度。普通小麦—簇毛麦易位系 T4VS·4VL-4AL 的选育与鉴定。作物学报, 2007, 33 (6): 871-877
20. 陈华锋, 钱保俐, 庄丽芳, 陈全战, 冯祎高, 裴自友, 亓增军, 陈佩度, 刘大钧。普通小麦中国春—百萨偃麦草异染色体系的分子标记分析。作物学报, 2007, 33 (8): 1232-1239
21. 王春梅, 别同德, 陈全战, 曹爱忠, 陈佩度。簇毛麦 6V 染色体短臂特异分子标记的开发和应用。作物学报, 2007, 33

(10) : 1595-1600

22. 孔芳, 王海燕, 赵彦, 纪剑辉, 曹爱忠, 王苏玲, 周波, 王秀娥。加州野大麦染色体 C-分带、荧光原位杂交及其核型分析。草地学报, 2007, 15 (2): 103-108
23. 郎淑平, 王海燕, 曹爱忠, 胥红研, 王苏玲, 张守忠, 陈佩度, 王秀娥。分子标记辅助选育小麦抗白粉病、优质高分子量麦谷蛋白亚基聚合体。分子植物育种, 2007, 5 (3): 353-357
24. 王林生, 陈佩度。普通小麦外源染色体易位系的诱导及其在育种上的应用。生物学通报。2007, 42 (2): 9-11
25. 曹爱忠, 陈全战, 王海燕, 王秀娥, 陈佩度。基于专化的反转录转座子序列开发鉴定簇毛麦染色质的 PCR 分子标记。西北植物学报, 2007, 27 (6): 1078-1084
26. 王华忠, 陈雅平, 陈佩度。植物瞬间表达系统与功能基因组学研究。生物工程学报。2007, 23 (3): 367-374
27. 马鸿翔, 陈佩度, 余桂红, 任丽娟。东北草莓 × 凤梨草莓种间杂种一代的细胞遗传学观察与 RAPD 分析。园艺学报, 2007, 34 (3): 597-604

(二)、专利

获批专利

1. 一个与小麦抗白粉病基因 Pm21 连锁的共显性 PCR 标记及其用法 (ZL200510040991.7), 第一申请人: 陈佩度, 公告时间: 2007 年 10 月 10 日;

申请专利

1. 发明专利与小麦抗白粉病基因 Pm21 连锁的共显性 PCR 标记及其用法 (ZL200410103073.X), 第一申请人: 陈佩度;

五、研究生培养

毕业博士

1. 陈全战, 离果山羊草 3C 染色体诱导簇毛麦 2V、4V 和 6V 染色体结构变异的研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 陈佩度;
2. 李桂萍, 小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位染色体的遗传效应研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 陈佩度;
3. 贾海燕, 小麦组织培养特性的分子遗传分析及遗传转化体系研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 马正强、吴琴生;
4. 薛树林, 小麦高密度 PCR 分子标记遗传图谱的构建及抗赤霉病 QTL 近等基因系的选育, 专业: 作物遗传育种, 导师: 马正强;
5. 王春梅, 小麦抗条锈病基因 Yr26 的分子标记及黑麦 1R、鹅观草 1RK#1 与簇毛麦 1V 和 6VS 特异分子标记的开发, 专业: 遗传学, 导师: 陈佩度;
6. 裴自友, 普通小麦毒素 (DON) 积累抗性种质筛选、配合力分析和 QTL 定位, 专业: 遗传学, 导师: 刘大钧;
7. 孔忠新, 抗赤霉病小麦品种望水白的突变体库构建和分析, 专业: 生物化学与分子生物学, 导师: 马正强;
8. 杨立明, 小麦 Rht3 基因近等基因系的蛋白质组学研究, 专业: 应用基因组学, 导师: 马正强;

毕业硕士

1. 张忆萍, 小麦条锈病抗性相关基因的克隆, 专业: 作物遗传育种, 导师: 陈佩度;
2. 孙玉磊, 从小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位系 TAC 文库中筛选抗白粉病相关基因, 专业: 作物遗传育种, 导师: 陈佩度;
3. 汪乐, 3 个小麦-大赖草易位系的分子细胞遗传学鉴定, 专业: 作物遗传育种, 导师: 陈佩度;

4. 马飞, 二倍体小麦突变体库的构建, 专业: 作物遗传育种, 导师: 马正强、吴琴生;
5. 李春军, 小麦抗赤霉病 QTL 的定位及抗赤霉病 QTL 近等基因系的选育, 专业: 作物遗传育种, 导师: 马正强、吴琴生;
6. 秦德辉, 栽培一粒小麦细长型突变体 D08736, 专业: 作物遗传育种, 导师: 马正强;
7. 聂明娟, 普通小麦西风对梭条花叶病抗性相关 QTL 的初步定位, 专业: 作物遗传育种, 导师: 王秀娥;
8. 钱保俐, 普通小麦背景中百萨偃麦草染色体结构的分子标记分析, 专业: 作物遗传育种, 导师: 亓增军;
9. 宋立晓, 小麦 EST-SSR 标记的开发及其耐盐基因的分子标记, 专业: 作物遗传育种, 导师: 亓增军;
10. 马秋香, 普通小麦-簇毛麦 6VS·6AL 易位系与辉县红的 RIL 群体及其部分农艺性状的遗传分析, 专业: 作物遗传育种, 导师: 亓增军;
11. 倪金龙, HvS/TPK 基因的表达分析及反义 HvS/TPK 基因向小麦易位系 92R137 中的导入, 专业: 遗传学, 导师: 陈佩度;
12. 王金彦, 六倍体小麦突变体库的构建及叶形-穗形突变体 233737 的遗传分析, 专业: 遗传学, 导师: 马正强;
13. 刘园, 簇毛麦 Hv-CMPG 基因克隆及其功能初步分析, 专业: 遗传学, 导师: 王秀娥;
14. 别同德, 利用花粉辐射诱导小麦-亲缘物种属间染色体易位, 专业: 遗传学, 导师: 陈佩度;
15. 胥红研, 不同品质类型小麦麦谷蛋白亚基形成与积累特性和戊聚糖含量及其与品质的关系, 专业: 粮食、油脂及植物蛋白工程, 导师: 王秀娥;

六、国内外学术交流活动

1. 陈佩度, 2007年3月23-27日于海南省三亚市参加2007年“第二届植物分子育种国际研讨会”, 并做报告《Development and application of alien germplasm》;
2. 马正强, 2007年8月18-20日于中国上海参加第八届全国植物基因组学大会, 并做报告《Mapping QTLs for leaf-related characters in wheat》;
3. 陈佩度, 2007年9月23日于北京参加International Workshop on Plant Molecular Breeding, 并做报告《Development, characterization and application of translocation between wheat and relatives》;

棉花遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：张天真教授

研究与技术人员：郭旺珍教授；周宝良教授；刘康副教授；孙敬副教授；朱协飞农艺师；葛海燕讲师；丁业掌讲师；王凯讲师。

在站博士后：宋宪亮，汤飞宇，吴慎杰等 3 人

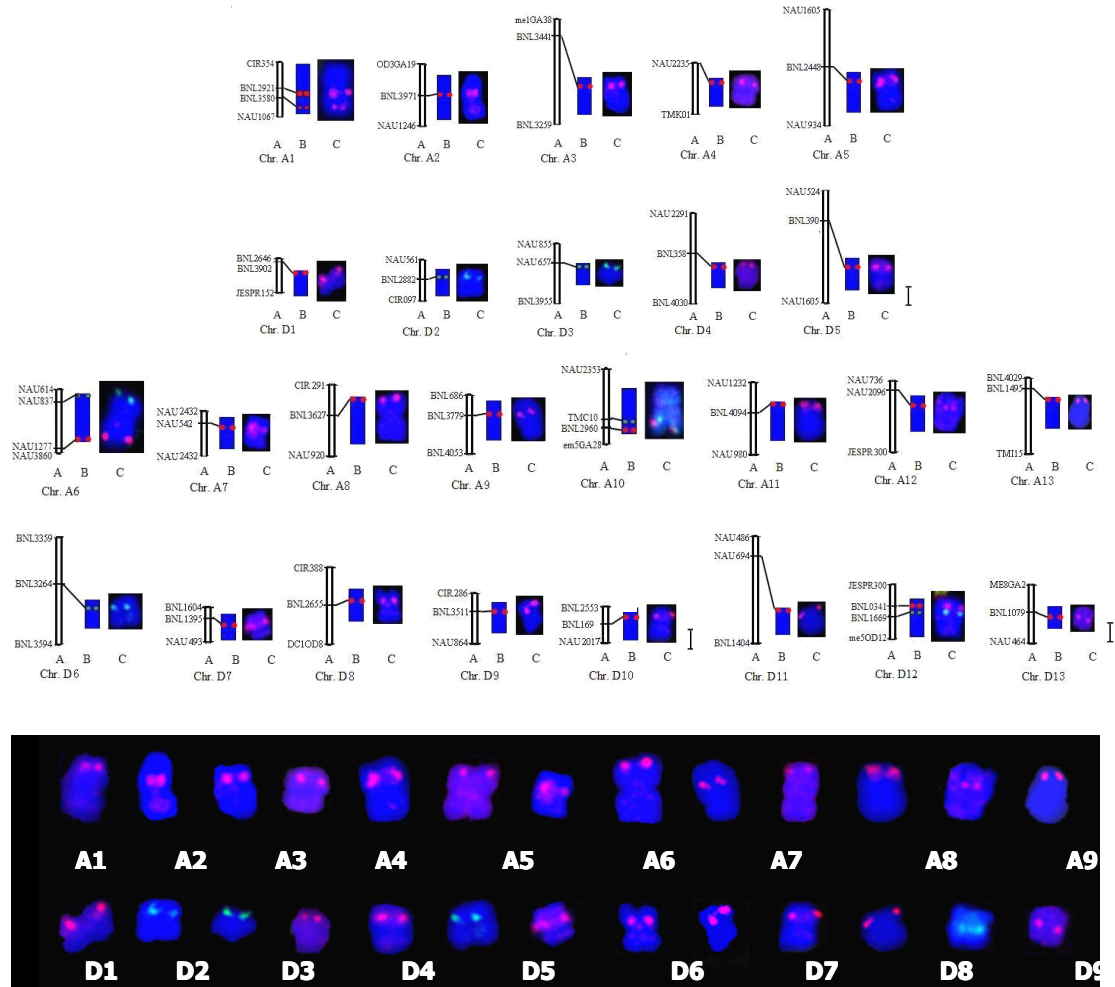
在读博士研究生：胡艳等 40 人

在读硕士研究生：林绍艳等 60 人

二、科研进展

1. 育种目标性状的基因与基因组分析

国际上开发出最多的 3386 对 EST-SSR 标记，并在美国棉花 SSR 开发数据库（CMD）释放，占公开释放 EST-SSR 标记数的 67.5%，被美国、法国等多个国家的同行利用，相关研究论文于 2007 年被中国科学技术信息研究所评定为“中国百篇最具影响优秀国际学术论文”。构建了第一张以 EST-SSR 功能标记为主体的四倍体栽培棉种饱和遗传图谱。新整合图谱含 26 个连锁群，13 对部分同源转化群，2247 个位点，覆盖 3540.4cM 的遗传距离，平均标记间的遗传距离为 1.58 cM。通过 BAC-FISH 技术和易位系，完成四倍体棉种染色体和连锁群的完全整合，填补了棉花细胞遗传学研究空白。利用 BAC-FISH 技术开发出完整的四倍体棉染色体特异 BAC 克隆，通过多色 BAC-FISH 技术国际上首次对棉花 A 基因组全套染色体实现染色体大小和染色体编号的整合，为棉花全基因组测序奠定了坚实基础。



2. 种质资源遗传基础与创新

利用 T-DNA, EMS 和远缘杂交技术, 开展了棉花种质创新研究。利用浓度为 1%和 2%的 EMS 进行亚洲棉突变体的诱发, 以构建突变体库。在棉花的生长发育时期进行观察, 共发现各类突变体 50 多株。突变性状有: 雄性不育 (8 株)、芽黄 (9 株)、芽黄且雄性不育 1 株、花瓣状花药 (全部花药均为花瓣状的 5 株、部分花药为花瓣状的 2 株、部分花药为花瓣状后转为正常的 2 株)、叶片畸型 26 株 (有的叶片突变后或变小、或变肥大、或叶脉明显、或呈斑驳叶等)、矮秆 7 株 (育性正常、叶片萎蔫)、其它矮秆 11 株 (雌雄均不育)。

利用四种与株高有关的不同激素, 在棉花盛花期对矮秆突变体进行处理, 其浓度分别为: IAA 100 mg/L, GA 50 mg/L, BR 0.02 mg/L,

每隔 7 天分四次用小喷雾器进行喷施，距最后一次喷施 10 天调查株高。研究表明，IAA 和 BR 对突变体的株高没有显著影响，与对照喷水差异不显著，喷 GA 则对株高有显著提高作用。初步确定该突变体可能是由于 GA 的合成发生缺陷所导致。

遗传分析表明，矮秆突变体、芽黄突变体的矮秆、芽黄基因的遗传符合孟德尔式的单基因遗传比例。

3. 作物育种新方法和新品种选育

获得转果胶酸裂解酶，内切- β -1, 4-葡聚糖酶基因和蔗糖合酶等基因的一系列转基因植株并进行了相关功能验证。

利用 7235 与 TM-1 重组自交系群体构建的遗传图谱和纤维检测结果，初步对海 7124 和陆 TM-1 在纤维伸长发育时期差异表达的基因进行染色体定位，发现有 5 个基因定位于与品质相关的 QTL 区域内或附近；对未定位上连锁群的两个基因进行了基因与纤维品质的单标记分析，结果表明与纤维品质 QTL 显著相关。

完成抗黄萎病海岛棉品种海 7124 和陆地棉品系 5026 抗病基因 QTL 定位，并将其紧密连锁的分子标记用于抗黄萎病的分子标记辅助选择育种研究。

在以前杂交种培育的工作基础上，“南农 8 号” 2007 年通过安徽省农作物品种审定委员会审定。

在新品种的推广利用方面，近几年南农系列杂交种累计推广抗虫棉杂交种 2000 多万亩。产生 20 多亿元的经济和社会效益。

三、在研项目

1. 棉花纤维品质相关基因的分离、表达及功能研究(2002CB111303), 973 计划子课题项目，主持人：郭旺珍；

2. 大豆、棉花骨干亲本的分子数量遗传学研究 (2006CB101708), 973 计划项目, 主持人: 张天真;
3. 农作物代谢工程启动子及重要基因的克隆 (2007CB108805), 973 计划子课题项目, 主持人: 张天真;
4. 海岛棉优质纤维的形成基因及其网络解析 (2006AA10Z111), 863 计划项目, 主持人: 郭旺珍;
5. 优质高产棉花分子品种创制 (2006AA100105), 863 计划项目, 主持人: 张天真;
6. 利用一个新发现的突变体克隆棉纤维初始发育相关基因 (30471104), 国家自然科学基金项目, 主持人: 郭旺珍;
7. 陆地棉 - C1/G2 染色体附加系的培育及其特异基因 (30571184), 国家自然科学基金项目, 主持人: 周宝良;
8. 陆地棉胞质雄性不育及其恢复机制的蛋白质组学研究 (30671120), 国家自然科学基金项目, 主持人: 刘康;
9. 棉花 CMS 育性恢复基因 Rf1 的图位克隆及新型抗虫恢复系的培育 (30671324), 国家自然科学基金项目, 主持人: 郭旺珍;
10. 高产、雄性不育化制种的转 Bt 基因抗虫杂交棉“南农 6 号”的示范推广, 科技部农业科技成果转化资金项目, 主持人: 张天真;
11. 寄主与病原菌互作及抗病基因定位研究 (nyhyzx07-052), 农业行业项目, 主持人: 张天真;
12. 农作物特种遗传资源标准化整理、整合及共享 (505005), 教育部科技基础条件平台项目, 主持人: 张天真、盖钧镒;
13. 主要农作物的基因资源与分子育种资源与分子育种 (IRT0432), 教育部长江学者和创新团队发展计划创新团队项目, 主持人: 张天真;
14. 教育部新世纪优秀人才计划 (NCET-04-05000), 教育部新世纪优

- 秀人才基金项目，主持人：郭旺珍；
15. 超高产杂交棉“南农8号”的中试(2007GB23600462)，科技部农业科技成果转化资金项目，主持人：孙敬；
 16. 优质高产抗病虫棉花新品种(组合)选育(BG2006307)江苏省高新技术研究计划项目，主持人：孙敬；
 17. 棉纤维伸长突变基因的精细定位及图位克隆(BK2007166)，江苏省自然科学基金项目，主持人：周宝良；
 18. 棉花抗枯、黄萎病优异种质资源的发掘、鉴定与利用(BK2007720)，江苏省自然科学基金项目，主持人：郭旺珍；
 19. 棉花苞质雄性不育及其恢复机理的蛋白质组学研究，江苏省自然科学基金项目，主持人：刘康；
 20. 利用棉花部分同源BAC进行基因组结构与进化研究(010600536)，南京农业大学青年科技创新基金项目，主持人：王凯；
 21. Molecular tagging and marker-assisted pyramiding of QTLs for fiber strength and Bt gene in cotton, IAEA 项目，主持人：张天真。

四、科研产出

(一)、获奖成果

成果名称：“优质棉的种质创新与分子育种”

奖励类别： 技术发明

奖励等级： 一等奖

授奖部门： 教育部

获奖单位： 南京农业大学

完成人员：张天真，郭旺珍，周宝良，朱协飞，沈新莲，陈爱民，李爱青，陈松，易善贵，郭楚祥，孙敬，刘康，韩志国，袁有禄，丁业掌

成果简介：棉花纤维品质的改良，对发展纺织业、扩大外贸出口和增加棉农收入均有十分重要的意义。陆地棉是我国主栽棉花品种，但是陆地棉 (*G. hirsutum* L.) 遗传基础狭窄，缺乏优良纤维品质的种质资源，品质育种成本高、费时、难度较大。研制能显著提高优质棉选择效率的分子育种理论与技术体系，实现优质纤维的种质资源创新，对快速培育出高产优质的棉花品种具有重要意义。为此，本项研究旨在国家有关部门的支持下，开展野生棉种渐渗的高品质棉种质系的创新技术研究，以获得不同野生棉来源的高品质棉种质系；综合运用多学科的理论知识以揭示优质棉纤维种质系纤维品质的遗传模式，筛选多个与不同优质纤维基因或 QTL 紧密连锁或共分离的分子标记以便开展分子育种；通过优质棉和常规棉不同纤维发育阶段基因表达差异，阐明高品质棉在纤维伸长、次生壁加厚过程中的特异基因表达谱，克隆出与优质纤维发育有关并有重要利用价值的新基因 2-4 个；结合棉纤维品质改良的育种方法，建立分子标记辅助选择 (MAS) 的育种体系，选育出 3-4 个优质棉品种并实现产业化。

通过优化野生棉渐渗的高品质棉种质创新技术，创造了具有自主知识产权的高品质棉种质材料 100 多份，向国内 21 个单位发放 245 份次种质用于纤维的遗传育种研究；鉴定出可用于分子标记辅助选择 (MAS) 育种的 6 个优质纤维主效 QTL，这为优质纤维品系选育提供了早期有效鉴别的分子标记，从而为优质品种的准确、快速选育提供了先进的科技基础；发现了 3 对可能的部分同源 QTL，表明不同遗传背景下的优质纤维基因可能有相同的来源；克隆出优质棉纤维优势表达的 27 个全长 cDNA，为棉纤维品质改良提供了重要的基因资源；建立了 MAS 的基因叠加育种技术体系，显著提高了育种效率；培育出产量、品质、抗病虫性同步提高的棉花新品种“南农优 3 号”、“南农 98-4”、“南农 10 号”等累计推广种植面积已达 603 万亩，新增经济

效益 6 亿多元。

(二)、发表论文

1. Chen Z. Jeffrey, Brian E. Scheffler, Elizabeth Dennis, Barbara Triplett, Tianzhen Zhang, Wangzhen Guo, Xiaoya Chen, David M. Stelly, Pablo D. Rabinowicz, Christopher Town, Tony Arioli, Curt Brubaker, Roy Cantrell, Jean-Marc Lacape, Mauricio Ulloa, Peng Chee Alan R. Gingle, Candace Haigler, Richard Percy, Sukumar Saha, Thea Wilkins, Robert J. Wright, Allen Van Deynze, Yuxian Zhu, Shuxun Yu, Ibromkhim Abdurakhmonov, Ishwarappa Katageri, Mehboob Rahman, John Yu, Russell J. Kohel, Jonathan Wendel, and Andrew H. Paterson. Towards Sequencing Cotton (*Gossypium*) Genomes. *Plant Physiol.* 2007,145:1303-1310
2. Wangzhen Guo, Caiping Cai, Changbiao Wang, Zhiguo Han, Xianliang Song, Kai Wang, Xiaowei Niu, Cheng Wang, Keyu Lu, Ben Shi, Tianzhen Zhang. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in *Gossypium*. *Genetics*,2007, 176: 527–541
3. Wang Kai, Wangzhen Guo, Tianzhen Zhang. Both homologous and homoeologous segments detected in homoeologous groups of allotetraploid cotton by BAC-FISH. *BMC Genomics*, 2007, 8:178.
4. Wang Kai, Wangzhen Guo, Tianzhen Zhang. Construction of one set of chromosome-specific microsatellite-containing BACs and their physical mapping in *Gossypium hirsutum*. *Theor Appl Genet*, 2007,115:675-682
5. SONG Xian-Liang, ZHANG Tian-Zhen. Identification of quantitative trait loci for some seed quality traits in cotton. *Seed Sci Res*,

2007,17:243-251

6. Guo WZ, ZQ Sang, BL Zhou, TZ Zhang. Genetic relationship of D genome species based on two types of EST-SSRs markers derived from *G. arboreum* and *G. raimondii* in *Gossypium*. Plant Sci. 2007,172:808-814
7. Wang Baohua, Yaoting Wu, Wangzhen Guo, Xiefei Zhu, Naitai Huang, and Tianzhen Zhang. genetic dissection of heterosis for fiber qualities in an elite cotton hybrid grown in second-generation. Crop Sci., 2007,47: 1384-1392
8. Shen Xinlian, Wangzhen Guo, Xiefei Zhu, Youlu Yuan, Tianzhen Zhang. Genetic Mapping of Quantitative Trait Loci for Fiber Quality and Yield Trait by RIL Approach in Upland Cotton. Euphytica, 2007,155:371-380
9. Zhang DY, Tianzhen Zhang, Zhiqin Sang, Wangzhen Guo, Comparative development of lint and fuzz using different cotton fiber-specific developmental mutants in *Gossypium hirsutum*. J Integ Plant Biol., 2007,49:1038-1046
10. 董承光, 丁业掌, 郭旺珍, 张天真. 海岛棉 Gl_2^e 显性无腺体基因的精细定位. 科学通报, 2007, 52: 2374-2378
11. Dong Chengguang, Ding Yezhang, Guo Wangzhen & Zhang Tianzhen. Fine Mapping of the Dominant Glandless Gene Gl_2^e in Sea island Cotton (*Gossypium barbadense* L.). China Sci Bul, 2007, 52:3105-3109
12. 王凯, 张燕洁, 关兵, 郭旺珍, 张天真. 棉花细菌人工染色体的荧光原位杂交 (BAC-FISH) 技术. 生物化学与生物物理进展. 2007, 34: 1216-1222

13. Wang Bao-hua, Guo Wang-zhen, Zhu Xie-fei, Wu Yao-ting, Huang Nai-tai, Zhang Tian-zhen. QTL Mapping of Yield and Yield Components for Elite Hybrid Derived-RILs in Upland Cotton. 遗传学报, 2007, 34: 35-45
14. Han Zhiguo, Wangzhen Guo, Tianzhen Zhang. Mapping of *Fiber Factor 1* gene based on single nucleotide polymorphisms in *Gossypium*. 作物学报, 2007, 33: 256-261
15. WANG Bao-Hua, WU Yao-Ting, HUANG Nai-Tai, GUO Wang-Zhen, ZHU Xie-Fei, and ZHANG Tian-Zhen. QTL Analysis of Epistatic Effects on Yield and Yield Component Traits for Elite Hybrid Derived-RILs in Upland Cotton. 作物学报, 2007, 33 (11): 1755-1762
16. 吴慎杰, 李飞飞, 陈天子, 张洁, 郭旺珍, 张天真. 利用农杆菌介导法转化泗棉 3 号的研究. 作物学报, 2007, 33: 632-638
17. 郭嫒, 郭旺珍, 张天真. 两个陆地棉过氧化物酶 cDNA 的克隆和鉴定. 作物学报 2007, 33: 891-899
18. 李成奇, 郭旺珍, 张天真. 棉花四个栽培种纤维初始发育的比较研究. 作物学报, 2007, 33: 1346-1351
19. 高玉龙, 郭旺珍, 王磊, 张天真. 一个棉花 β -1, 3-葡聚糖酶基因全长 cDNA 的克隆与特征分析. 作物学报, 2007, 33: 1310-1315
20. 郭金英、朱协飞、郭旺珍、张天真. 转 *Bt+Sck* 基因双价抗虫棉的抗虫性及遗传分析. 棉花学报, 2007, 19: 88-92
21. 郭金英, 郭旺珍, 朱协飞, 朱祯, 张天真. 转 *Bt+Sck* 棉花的分子检测及其农艺性状分析. 南京农业大学学报, 30 (3): 16-20
22. 丁业掌, 郭旺珍, 张天真. 陆地棉两个纤维突变体的遗传分析. 棉花学报, 2007, 17: 179-182

23. 马雪霞, 王凯, 张天真. SSR 多重 PCR 和 SSR 扩增后多重检测技术在遗传图谱构建中应用的初步研究. 分子植物育种, 2007, 5: 648-654
24. 王沛政, 秦利, 苏丽, 胡保民, 张天真. 新疆主栽品种形态性状 QTL 的标记与定位. 分子植物育种, 2007, 5:
25. 杨昶, 郭旺珍, 张天真. 陆地棉抗黄萎病、纤维品质和产量等农艺性状的 QTL 定位. 分子植物育种, 2007, 5:
26. 张天真, 郭旺珍. 棉花分子育种的现状、问题与展望. 中国农业科技导报, 2007, 9 (2) : 19-25
27. 张鹏, 张海洋, 郭旺珍, 郑永战, 魏利斌, 张天真. 以 SRAP 和 EST-SSR 标记分析芝麻种质资源的遗传多样性. 作物学报, 2007, 33 (10) : 1696-1702

(三)、品种审定

1. 南农 8 号, 审定部门: 安徽省品种审定委员会, 第一培育人: 张天真;

五、研究生培养

毕业博士

1. 杨昶, 棉花抗黄萎病基因分子标记定位研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 张天真;
2. 李成奇, 棉花衣分等产量性状的遗传、QTL 定位及不同衣分材料纤维初始发育的比较研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 张天真;
3. 马雪霞, 二倍体亚洲棉遗传图谱的构建及产量、品质 QTL 分析, 专业: 作物遗传育种, 导师: 张天真;
4. 秦鸿德, 陆地棉产量与纤维品质性状 QTL 定位和标记辅助轮回选择, 专业: 遗传学, 导师: 张天真;

毕业硕士

1. 董承光，海岛棉显性无腺体基因 G12e 的精细定位，专业：作物遗传育种，导师：张天真；
2. 张晓阳，分子标记辅助转移、聚合陆地棉纤维品质 QTL，专业：作物遗传育种，导师：张天真；
3. 王长彪，与棉纤维发育相关的 EST 生物信息学分析，专业：作物遗传育种，导师：郭旺珍；
4. 王娟，渝棉 1 号优质纤维 QTL 的标记与定位，专业：作物遗传育种，导师：郭旺珍；
5. 马晓杰，两个与棉纤维发育相关基因的克隆与鉴定，专业：遗传学，导师：张天真。

六、国内外学术交流活动

1. 张天真，2007 年 8 月 18-20 日于中国上海参加第八届全国植物基因组学大会，并做大会报告；
2. 张天真，2007 年 9 月 10-14 日于美国 Texas-Lubbock 参加第四次世界棉花研究大会，并做大会特邀报告《Cotton Genomics: How It Will Shape the Future》；
3. 郭旺珍，2007 年 9 月 10-14 日于美国 Texas-Lubbock 参加第四次世界棉花研究大会，并做小组报告《EST-SSR Sequences Revealed the Relationship of D Genome in Diploid and Tetraploid Species in Gossypium》。

大豆遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：盖钧镒，教授，中国工程院院士

研究与技术人员：喻德跃教授；邢邯教授；智海剑教授；章元明教授；麻浩教授；杨守萍副教授；赵团结副教授；吕慧能副教授；管荣展副教授；邢光南讲师；黄方讲师；何小红讲师；阚贵珍讲师；王慧讲师；冯建英讲师。

博士后：魏臻武、王显生等 2 人。

在读博士研究生：王宇峰等 60 人。

在读硕士研究生：程浩等 120 人

二、科研进展

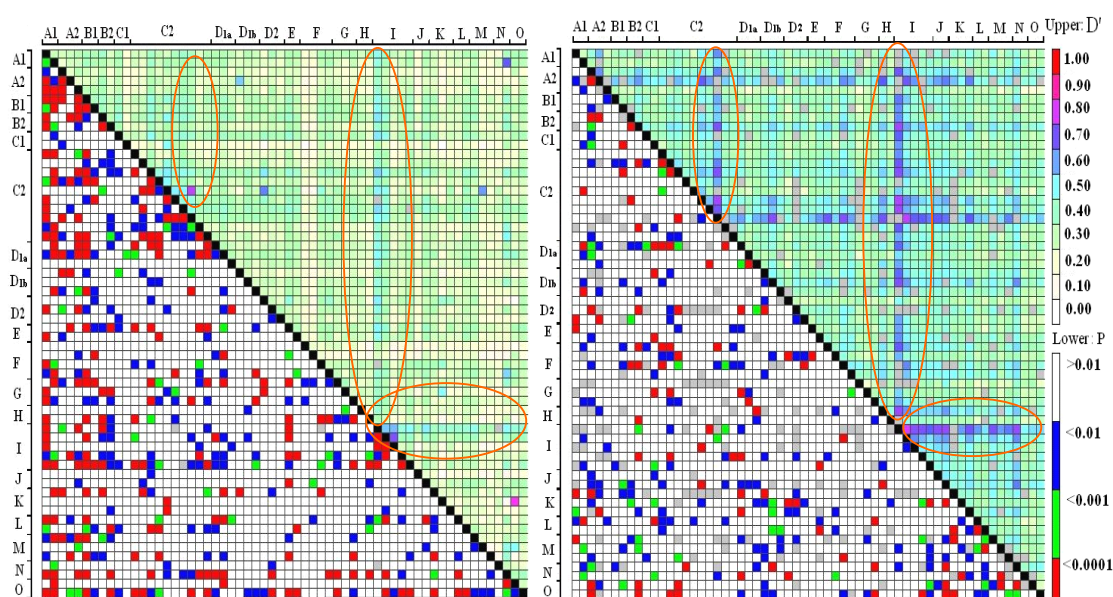
1. 育种目标性状的基因与基因组分析

大豆基因克隆和基因表达分析：（1）利用生物信息学检索、RT-PCR 和 3' RACE-PCR 反应相结合，从栽培大豆 NN99-10 中克隆了 6 个新的 OAS-TL 基因的全长 cDNA，同源性搜索发现各 OAS-TL 推导蛋白与已登录序列的一致性达 73 ~ 89%。系统发育分析表明，GmOAS-TL3 和 GmOAS-TL4 分别被划分为 CAS 类似类型和质体定位类型，其它 4 个 OAS-TL 被划分为细胞质定位类型。（2）从大豆中克隆 1 个拟南芥 SUPERMAN-like 基因 GmZFP1，mRNA 表达分析表明其在生殖器官表达，在营养器官基本不表达，而且在 4 轮花器官中均表达，尤其在花瓣和雄蕊中表达较高，并在种子发育后期表达增强。通过实时定量 RT-PCR 分析，发现 GmZFP1 在大豆 NJS-10Hfs 突变体花瓣中表达量明显高于正常品种。以上结果表明 GmZFP1 可能在大豆的花瓣发育以及种子发育后期发挥重要的作用。（3）克隆了大豆

C2-H2 锌指蛋白基因 STOP1(EU127298), 正在研究其功能。以豆科鹰嘴豆为材料, 初步探明了其苗期抗旱的分子机理, 首次克隆了 4 个与抗旱性相关的基因。

大豆高密度遗传图谱构建: 构建了高密度 (>1000 个分子标记) 的大豆遗传图谱。对 6 个 BIL 和 RIL 群体已进行了作图, 初步整合获得一张含 1133 个标记的分子遗传图谱, 覆盖大豆基因组长度的 2210.16cM, 包括 142 个 RFLP、635 个 SSR、319 个 AFLP、30 个 EST 和 7 个形态和抗性标记, 标记间平均距离为 1.95cM。

大豆育种性状的遗传分析: 对产量及相关性状、品质、抗虫、耐铝毒、耐涝等性状进行 QTL 定位, 各性状均检测到一些 QTL。进一步从基于混合遗传模型的遗传分析、双亲本杂交后代 QTL 定位分析、栽培和野生大豆自然群体的关联分析等多角度揭示了品质性状为主的大豆育种性状的遗传规律 (主基因+多基因) 和复杂性 (不同材料和背景下的遗传差异); 关联分析发现了更多的与品质及加工性状相关联的位点, 且控制性状变异的 QTL 在栽培和野生大豆种质资源中的遗传可能以趋异为主, 趋同为辅; 综合分析发现和验证了大豆油脂、



蛋白含量等品质性状的一些重要 QTL, 并用于标记辅助育种。

大豆雄性不育机理的蛋白质组研究和恢复性遗传研究: (1) 利用

蛋白质组技术分析大豆质核互作雄性不育系 NJCMS1A 和 NJCMS2A 与其对应保持系 NJCMS1B 和 NJCMS2B 的不同器官的蛋白质组差异, 结果发现不育系与保持系的花药间差异表达蛋白较多, 种子间仅有少量的差异表达蛋白, 而叶片间基本没有差异表达蛋白, 说明蛋白表达具有时空性和器官特异性; 用 MALDI-TOF-MS 质谱技术鉴定不育系与保持系的花药中差异表达蛋白, 对主要差异表达蛋白如热激蛋白 22 kD、半胱氨酸蛋白酶、V 型 H⁺-ATP 酶 A 亚基、MADS 盒蛋白、淀粉分枝酶、ACC 氧化酶和 UDP-葡萄糖焦磷酸化酶等进行功能分析, 推测不育系 NJCMS1A 和 NJCMS2A 的雄性不育性可能与能量代谢紊乱、细胞程序化死亡 (PCD)、乙烯过度产生、淀粉合成受抑制和花器官发育调节基因作用失控等有关。(2) 对大豆质核互作雄性不育系 NJCMS2A 开展育性恢复性遗传研究, 结果表明 NJCMS2A 的育性恢复性遗传在不同年份间表现稳定, 在组合 NJCMS2A×中豆 5 号中 NJCMS2A 的育性恢复性由两对显性重叠基因控制; 随机选取组合 NJCMS2A×中豆 5 号的一个 F₁: 2 株行群体作为分子标记定位群体, 采用 903 对大豆 SSR 引物对 NJCMS2A 育性恢复基因进行 SSR 标记定位研究, 发现 D2 连锁群上标记 Satt135 与 NJCMS2A 育性恢复基因连锁, 遗传距离为 11.47cM。

植物数量遗传分析方法研究: 拓展了植物数量性状遗传分析和 QTL 定位方法, 提高此类研究的精度和深度。(1) 完成了植物数量性状 1~4 对主基因-多基因遗传体系检测的分离分析方法, 将 RIL 群体原有的 7 类 53 个遗传模型拓展到 9 类 63 个遗传模型。(2) 提出了改进高密度遗传图谱构建的优化技术; 建立了时间序列上的发育(异速生长)性状的 QTL 定位方法; 并在基于双亲本杂交后代 QTL 定位方法基础上, 开展了通过关联分析发现检测 QTL 的方法, 提出遴选优异等位变异及载体材料的关联检测分析程序。

统计基因组学新方法的研究：（1）拓展了基于隐含 Markov 链多点方法，以利用偏分离、显性和缺失标记来重新构建分子标记遗传图，并在水稻和小白菜的遗传分析中应用。提出了偏分离基因座定位的新方法，并探索了两连锁偏分离基因座不同遗传模式对标记遗传距离估计值的影响。（2）针对不同作物品种材料拓展了不同 QTL 定位方法。对已知系谱的品种群体，拓展了多 QTL 的 Haseman-Elston 回归方法，统计功效比两阶段方差组分方法更高；对系谱不清的品种群体，拓展了多 QTL 的 *in silico* 定位方法，进一步提高了统计功效。（3）在 F₂:₃ 设计 QTL 定位新方法研究方面，提出了二歧性状的基因定位新方法和全基因组标记的 Bayesian 分析新方法。

2. 种质资源遗传基础与创新

大豆优异种质发掘与创新：从 1000 余份野生大豆和栽培大豆育成品种、地方品种中新发掘高油及组分优良（高油酸、低亚麻酸等）材料 14 份，其中油酸最高达 42%；高蛋白及组分（高 11S/7S 值）优良材料 18 份。通过理化诱变获得形态及油脂、蛋白质含量等突变体 100 余份。通过杂交育种和分子标记辅助鉴定，选育出形态、品质性状近等基因系和剩余杂合系等遗传材料 20 份。利用叠氮化钠，⁶⁰Co γ 射线，甲基磺酸乙酯等物理化学方法诱变“南农 86-4”，“南农 87c-38”，“南农 94-16”等大豆品种来构建突变体库。对 M₂、M₃ 世代的突变体进行了表型性状调查和分析。获得包括叶、茎、花、种子、子叶等性状变异的材料，其中“南农 86-4” 185 份，“南农 87c-38” 62 份，“南农 94-16” 120 份。并对部分突变体的蛋白质及油分性状进行了分析，“南农 86-4”突变系蛋白质含量变化范围为：39.5%~52.5%，油分含量变化范围为：15.3%~22.9%，“南农 94-16”突变系蛋白质含量变化范围为：42.1%~53.0%，油分含量变化范围为：14.8%~22.1%。

3. 作物育种新方法与新品种选育

获得了转外源花器发育调节基因的大豆，其后代蛋白质和氨基酸



组成发生了重要变化。将吡喃酮合成酶基因 *g2ps1* 导入南农 73-935 等栽培品种，获得了对斜纹夜蛾幼虫生长发育有明显抑制作用的转基因大豆。大豆新品种选育：审定大豆新品种 2 个（南农 28、南农 30）。育成

高产、优质新品系 10 份，目前有 1 份在进行区域试验，有 2 份 2008 年申请参加区域试验。

三、在研项目

1. 大豆油份和蛋白品质分子改良技术体系的建立与应用研究（2002CB111304），973 计划子课题项目，主持人：盖钧镒、喻德跃；
2. 大豆新基因发现（2004CB117206），973 计划项目，主持人：喻德跃；
3. 油菜脂肪酸代谢途径中关键酶比较酶学研究（2006CB101600），973 子课题项目，主持人：管荣展；
4. 优质高产多抗专用大豆分子品种创制（2006AA100104），863 计划项目，主持人：赵团结、盖钧镒；
5. 大豆抗病基因的克隆及功能研究（2006AA10A111），863 计划项目，主持人：智海剑、喻德跃；
6. 分子标记技术聚合大豆优质多抗基因的研究与应用（2006AA10Z1C1），863 计划项目，主持人：喻德跃；

7. 大豆优质蛋白质基因的克隆及功能研究, 863 计划项目, 主持人: 朱月林、盖钧镒;
8. 耐盐纤维植物规模化栽培技术与开发, “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 麻浩;
9. 耐盐纤维植物规模化栽培技术集成与示范, “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 麻浩;
10. 南方优质高产专用大豆育种技术与新品种选育, “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 智海剑;
11. 耐盐纤维植物黄麻规模化栽培技术与开发 (2006BAD09A04-06-01), “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 麻浩;
12. 耐盐优良纤维植物黄麻栽培技术集成与研究开发 (2006BAD09A08-02-02), “十一·五” 国家科技支撑计划项目, 主持人: 麻浩;
13. 大豆优异基因资源的发掘及其基因组研究 (30490250), 国家自然科学基金重大项目, 主持人: 盖钧镒;
14. 基于 Fx;y 设计的抗性分级性状 QTL 定位新方法的研究 (30470998), 国家自然科学基金项目, 主持人: 章元明;
15. 大豆对大豆花叶病毒抗性激越南的发掘和育种利用研究 (30571176), 国家自然科学基金项目, 主持人: 智海剑;
16. 中国黄河中下游及南方野生大豆自然居群与栽培大豆间演化关系研究 (30671266), 国家自然科学基金项目, 主持人: 盖钧镒;
17. 大豆孢子体和配子体雄性不育性遗传机制的比较研究 (30671314), 国家自然科学基金项目, 主持人: 赵团结;
18. 作物品种群体数量性状 QTL 有关上位性检测新方法探索 (30671333), 国家自然科学基金项目, 主持人: 章元明;

19. 我国南方大豆主栽品种及育种材料抗性鉴定 (nyhyzx07-053-2), 公益性行业 (农业) 科研专项项目, 主持人: 邢邯;
20. F2: 3 设计数量性状 QTL 互作检测新方法的研究 (20060307008), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 章元明;
21. 大豆抗豆卷叶螟和斜纹夜蛾基因定位和标记辅助基因聚合研究 (20060307028), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 盖钧镒;
22. 教育部新世纪优秀人才计划 (NCET-05-0489-2), 教育部新世纪优秀人才基金项目, 主持人: 章元明;
23. 常规、生物技术相结合选育优质高产多抗专用大豆新品种 (BG2006308), 江苏省高技术研究计划项目, 主持人: 邢邯;
24. 作物品种群体优良基因发掘 QTL 定位新方法及其应用研究 (BK2005087), 江苏省自然科学基金项目, 主持人: 章元明;
25. 江苏省特色大豆种质资源基因库建设 (sx (2006) g9), 江苏省农业三项工程项目, 主持人: 盖钧镒;
26. Pyramiding mutated genes for improvement of tolerance to drought and salinity in soybeans, 国际原子能机构项目, 主持人: 喻德跃;

四、科研产出

(一)、获奖成果

成果名称: 我国大豆主产区大豆花叶病毒株系的鉴定、抗性遗传及其育种应用

奖励类别: 高等学校科学技术进步奖

奖励等级: 一等奖

授奖部门: 教育部

获奖单位: 南京农业大学

完成人员：盖钧镒、智海剑、陈受宜、王修强、喻德跃、邱家驹、陈应志、濮祖芹、胡蕴珠、张志永、王永军、东方阳、任珍静、战勇、郭东全、何小红

成果简介：大豆花叶病毒(SMV) 病是严重影响大豆产量和品质的全国性病害，控制危害的有效手段是培育抗病品种，明确 SMV 株系组成、发掘抗源、阐明抗性遗传机制是选育抗病品种的基础。

本项目（1）发现东北、黄淮和长江流域大豆主产区田间 SMV 株系结构 20 年来有显著变动，从国内各鉴别体系中筛选鉴别寄主，建立了统一的 SMV 株系鉴定体系，发现我国 SMV 由 SC-1---SC-17 17 个株系组成， SC-3、SC-7、SC-8、SC-11、SC-13 是主要流行株系，明确了东北原 3 个株系与新划分株系的对应关系。

（2）发现大豆对 SMV 存在抗侵染和抗扩展两类抗性。

（3）鉴定出对 SMV 多数株系抗侵染的科丰 1 号和兼抗多个株系的抗源 19 份。抗扩展种质 10 份。

（4）在遗传研究方面，明确抗侵染由一对显性基因控制；发现抗扩展由一对加性主基因+加性-显性多基因共同控制，主基因作用为主。为抗 SMV 育种提供了理论指导；发现抗病、系统坏死、系统花叶症状由一组复等位基因控制，抗病（SR）对坏死（sN）和花叶（sm）表现显性，sN 对 sm 表现显性；找到 8 个抗性基因 Rsa、Rsc、Rsc7、Rsc8、Rsc9、Rsc14、Rn1、Rn3 的分子标记并将其定位在 N8-（D1b+W）和 F 连锁群上。发现 7 个抗 SMV 基因成簇存在，为标记辅助选择和整体利用抗性基因的遗传操作打下基础。

（5）选育 6 个抗病品种，近 3 年累计推广 449.68 万亩，创造效益 27681.83 万元。为黄淮、长江流域和华南地区 700 个品种做了抗性鉴定。推动了抗病品种的发展。

3 应用推广情况:

(1) 在 SCI 和国内核心期刊上发表论文 24 篇, 论文被国内引用 59 次。

(2) 鉴定的 SMV 株系和抗源已被东北农大、黑龙江农科院、河北农大、上海交大等 8 个单位用于 SMV 研究和抗病育种。

(3) 被农业部和苏、鲁、豫、京、浙指定为区试品种抗性鉴定单位。

(4) 育成 6 个大豆品种在苏、赣、皖、沪推广种植, 近 3 年累计推广 449.68 万亩, 创造效益 27681.83 万元。

(二)、发表论文

1. Meng QC, Zhang CH, Huang F, Gai JY, Yu DY. Molecular cloning and characterization of a LEAFY-like gene highly expressed in developing soybean seeds. *Seed Science Research*, 2007, 17:297-302.
2. Li LY, Wang XL, Gai JY, Yu DY. Molecular cloning and characterization of a novel microsomal oleate desaturase gene from soybean. *Journal of Plant Physiology*, 2007, 164:1516-1526.
3. Li LY, Cheng H, Gai JY, Yu, DY. Genome-wide identification and characterization of putative cytochrome P450 genes in the model legume *Medicago truncatula*. *Planta*, 2007, 226 (1): 109-123.
4. Zhu CS, Wang CM, Zhang YM. Modeling segregation distortion for viability selection I. Reconstruction of linkage maps with distorted markers. *Theor Appl Genet*, 2007, 114 (2): 295-305.
5. Liu C, Wang HL, Cui ZM, He XL, Wang XS, Zeng XX, Ma H. Optimization of extraction and isolation for 11S and 7S globulins of soybean seed storage protein. *Food Chem*, 2007, 102 (4): 1310-1316 .
6. Zhu,C, Huang,J , Zhang YM Mapping binary trait loci in the F2:3

- design. *J Hered*, 2007, 98(4): 337-344
7. Meng QC, Zhang CH, Gai JY, Yu DY. Molecular cloning, sequence characterization and tissue-specific expression of six NAC-like genes in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.). *J Plant Physiol*, 2007, 164 (8): 1002-1012.
 8. Cui SY, Meng QC, Gai JY, Yu DY. Gene mapping of brachytic stem and its effects on yield-related traits in soybean. *Aust J Agr Res*, 2007, 58 (8): 774-779.
 9. Geng JF, Zhu CS, Zhang XW, Cheng Y, Zhang YM, Hou XL. A genetic linkage map of nonheading chinese cabbage. *J AM Soc Hortic Sci*, 2007, 132(6): 816-823.
 10. Yang SP, Duan MP, Meng QC, Qiu J, Fan JM, Zhao TJ, Yu DY, Gai JY. Inheritance and gene tagging of male fertility restoration of cytoplasmic-nuclear male-sterile line NJCMS1A in soybean. *Plant Breeding*, 2007, 126 (3): 302-305.
 11. Liu SH, Zhou RB, Tian SJ, Gai JY. A study on subunit groups of soybean protein extracts under SDS-PAGE. *J AM Oil Chem Soc*, 2007, 84 (9): 793-801.
 12. Zhu CS, Wang FH, Wang JF, Li GJ, Zhang HS, Zhang YM. Reconstruction of linkage maps in the distorted segregation populations of backcross, doubled haploid and recombinant inbred lines. *Chinese Sci Bull*, 2007, 52 (12): 1648-1653.
 13. Zhu C, Zhang YM. An EM algorithm for mapping segregation distortion loci. *BMC Genet*, 2007, 8: 82.
 14. Yi XP, Yu DU. Transformation of multiple soybean cultivars by infecting cotyledonary-node with *Agrobacterium*. *African J Biotech*, 5

(20): 1989-1993.

15. 郭东全, 王延伟, 智海剑, 盖钧镒, 李海朝, 李凯. 大豆对 SMVSC-13 株系群的抗性遗传及基因定位的研究. 大豆科学, 2007, 26 (1): 21-24.
16. 刘莹, 盖钧镒, 吕慧能. 大豆品种苗期根系性状的遗传变异及其与耐逆境胁迫的关系. 大豆科学, 2007, 26 (2): 127-133.
17. 王春娥, 盖钧镒. 大批量小样品豆腐与豆乳得率的定量分析技术研究. 大豆科学, 2007, 26 (2): 223-229.
18. 黎波涛, 韩航如, 麻浩, 张占琴, 张欣, 王丽群. 毛细管电泳法测定大豆籽粒中异黄酮含量. 大豆科学, 2007, 26 (2): 230-234.
19. 耿雷跃, 崔士友, 张丹, 邢邯, 盖钧镒, 喻德跃. 大豆磷效率 QTL 定位及互作分析. 大豆科学, 2007, 26 (4): 460-466.
20. 赵晋铭, 孟庆长, 张玉梅, 许鹤灵, 盖钧镒, 喻德跃, 邢邯. 菜用大豆出仁率的 QTL 定位. 大豆科学, 2007, 26 (6): 648-654
21. 赵晋铭, 孟庆长, 张玉梅, 张祎因, 喻德跃, 盖钧镒, 邢邯. 菜用大豆百粒鲜重的 QTL 定位. 大豆科学, 2007, 26 (6): 667-674
22. 刘顺湖, 周瑞宝, 盖钧镒. 大豆蛋白质 11S 和 7S 组分及其亚基分析方法的研究述评. 河南工业大学学报 (自然科学版), 2007, 28 (4): 1-6.
23. 袁世峰, 戚存扣. 甘蓝型油菜埃芥二体附加系 92I1096 附加染色体的遗传分析. 江苏农业学报, 2007, 23 (4): 289-294.
24. 朱成松, 王付华, 王建飞, 李广军, 张红生, 章元明. 回交、DH 和 RIL 偏分离群体遗传图谱的重新构建. 科学通报, 2007, 52 (8): 918-922.
25. 郝小燕, 麻浩, 豆类淀粉研究综述. 粮油食品科技, 2007, 15 (3): 11-14.

26. 徐鹏, 王慧, 李群, 盖钧镒, 喻德跃. 大豆油份含量 QTL 的定位. 遗传, 2007, 29 (1): 92-96 .
27. 付三雄, 王慧, 吴娟娟, 刘华, 盖钧镒, 喻德跃. 应用重组自交系群体定位大豆抗虫 QTL 遗传, 2007, 29 (9): 1139-1143 .
28. 王芳, 王丽群, 田鑫, 顾卫红, 麻浩. 中国南方春大豆收获前后种子劣变的抗性研究. 中国农业科, 2007, 39 (11): 2637-2647.
29. 崔世友, 陈华涛, 喻德跃. 大豆叶片衰老 QTL 的初步定位. 中国农业科学, 2007, 40 (9): 2103-2108.
30. 曾维英, 杨守萍, 盖钧镒, 喻德跃. 大豆质核互作雄性不育系 NJCMS1A 及其保持系的花药差异蛋白质组学研究. 中国农业科学, 2007, 40 (12): 2679-2687.
31. 白丽, 李凯, 陈应志, 智海剑, 盖钧镒, 杨清华, 杨华, 李海朝. 部分国家和省(市)区试品种对大豆花叶病毒的抗性分析. 中国油料作物学报, 2007, 29 (1): 86-89 .
32. 张洁夫, 戚存扣, 浦惠明, 陈松, 陈锋, 陈新军, 高建芹, 傅寿仲. 甘蓝型油菜花瓣缺失性状的主基因+多基因遗传分析. 中国油料作物学报, 2007, 29 (3): 227-232 .
33. 高文瑞, 陈晨, 王红铃, 张欣, 王显生, 麻浩. 大豆籽粒大小的遗传及 SSR 标记分析. 中国油料作物学报, 2007, 29 (2): 1-8.
34. 张洁夫, 戚存扣, 浦惠明, 陈松, 陈锋, 陈新军, 高建芹, 傅寿仲. 甘蓝型油菜花瓣缺失性状的主基因+多基因遗传分析. 中国油料作物学报, 2007, 29 (3): 227-232 .
35. 刘顺湖, 周瑞宝, 盖钧镒. 大豆蛋白质及其组分含量对豆腐产量和品质的影响. 中国油脂, 2007, 32 (2): 65-68 .
36. 刘顺湖, 周瑞宝, 盖钧镒. 大豆 11S 和 7S 蛋白质凝胶特性的研究综述. 中国油脂, 2007, 32 (8): 7-11.

37. 崔竹梅, 王金梅, 郝小燕, 张巨松, 麻浩. 鹰嘴豆肽、大豆肽功能性质的研究 中国油脂, 2007, 32(9): 27-31.
38. 李燕, 巫冠中, 张巨松, 麻浩. 鹰嘴豆异黄酮提取物对糖尿病小鼠血糖和氧化-抗氧化态的效应. 中国组织工程研究与临床康复, 2007, 11(38): 7625-7629 .
39. 崔世友, 耿雷跃, 孟庆长, 喻德跃. 大豆苗期耐低磷性及其 QTL 定位. 作物学报, 2007, 33(3): 378-383 .
40. 崔世友, 喻德跃. 大豆不同生育时期叶绿素含量 QTL 的定位及其与产量的关联分析. 作物学报, 2007, 33(5): 744-750.
41. 张洁夫, 戚存扣, 栗根义, 浦惠明, 陈松, 陈新军, 高建芹, 陈锋, 顾慧, 傅寿仲. 甘蓝型油菜遗传图谱构建与无花瓣性状 QTL 定位. 作物学报, 2007, 33(8): 1246-1254.
42. 张洁夫, 戚存扣, 浦惠明, 陈松, 陈锋, 高建芹, 陈新军, 顾慧, 傅寿仲. 甘蓝型油菜含油量的遗传与 QTL 定位. 作物学报, 2007, 33(9): 1495-150.
43. 曾维英, 杨守萍, 喻德跃, 盖钧镒. 大豆质核互作雄性不育系 NJCMS2A 及其保持系的花药蛋白质组比较研究. 作物学报, 2007, 33(10): 1637-1643 .
44. 万素琴, 邵艳华, 袁有禄, 章元明. F2:3 设计全基因组标记的 Bayesian 分析. 作物学报, 2007, 33(12): 1943-1948.
45. 王春娥, 赵团结, 盖钧镒. 我国栽培和野生大豆豆腐与豆乳得率的遗传变异. 作物学报, 2007, 33(12): 1928-1934.
46. 韩锁义, 张恒友, 杨玛丽, 赵团结, 盖钧镒, 喻德跃. 大豆“南农 86-4”突变体筛选及突变体库的构建. 作物学报, 2007, 33(12): 2059-2062

47. 李春梅, 杨守萍, 盖钧镒, 喻德跃. 野生大豆与栽培大豆种子差异蛋白质组学研究. 生物化学与生物物理进展, 2007, 34 (12): 1296-1302 .

(二)、品种权和品种审定

获批品种权

1. 南农 99-10 (CNA20040470.9), 第一培育人: 邱家驹, 申请时间: 2007 年 09 月 01 日

获批品种审定

1. 南农 28, 审定部门: 安徽省品种审定委员会, 第一培育人: 邱家驹;
2. 南农 30, 审定部门: 安徽省品种审定委员会, 第一培育人: 邱家驹;

五、研究生培养

毕业博士

1. 王芳, 大豆耐淹性鉴定及其形态解剖特征、遗传与 QTL 定位, 专业: 作物遗传育种, 导师: 盖钧镒;
2. 邢光南大豆抗豆卷叶螟和筛豆龟蜡的鉴定、遗传和 QTL 分析, 专业: 作物遗传育种, 导师: 盖钧镒;
3. 黄方, 大豆花发育相关基因的克隆与功能研究, 专业: 作物遗传育种, 导师: 喻德跃
4. 赵晋铭, 菜用大豆品质性状的遗传分析与 QTL 定位作, 专业: 作物遗传育种, 导师: 邢邯;
5. 张春红, 大豆含硫氨基酸合成路径中 OAS-TL 编码基因的克隆与鉴定, 专业: 生物化学与分子生物学, 导师: 喻德跃;
6. 杨艳芳, 菊花 DREB 同源基因的克隆和功能分析, 专业: 观赏园艺,

导师：喻德跃；

毕业硕士

1. 齐波，我国大豆种质资源耐铝毒性的变异、遗传与基因定位的研究，专业：作物遗传育种，导师：盖钧镒；
2. 张红梅黄淮海和南方地区大豆品种豆腐与豆乳得率的变异、遗传及基因定位的研究，专业：作物遗传育种，导师：盖钧镒；
3. 耿雷跃，大豆遗传图谱加密及磷效率相关性状基因定位，专业：作物遗传育种，导师：喻德跃；
4. 汪潇琳，大豆种子发育相关基因 GmAGL15 的克隆及功能初步分析，专业：作物遗传育种，导师：喻德跃；
5. 杨玛丽，大豆理化诱变突变体库的构建及大豆单链特异性核酸内切酶基因的克隆，专业：作物遗传育种，导师：喻德跃；
6. 李永春，大豆对胞囊线虫抗性和主要农艺性状的自然选择效应，专业：作物遗传育种，导师：邢邯；
7. 王红玲，不同播期下气象因子对大豆主要贮藏蛋白组分、亚基含量的影响及 A3B4、A5A4B3 亚基含量变异的分子机制，专业：作物遗传育种，导师：麻浩；
8. 黎波涛，大豆种质和培养条件对大豆愈伤组织积累异黄酮的影响，专业：作物遗传育种，导师：麻浩；
9. 曾维英，大豆质核互作雄性不育系和保持系的差异蛋白质组研究，专业：作物遗传育种，导师：杨守萍；
10. 董建生，大豆质核互作雄性不育系 NJCMS2A 的育性恢复性遗传和育性恢复基因的 SSR 标记定位，专业：作物遗传育种，导师：杨守萍；
11. 白丽，大豆品种对大豆花叶病毒的抗源筛选、抗性遗传分析和抗性基因的 SSR 标记定位，专业：作物遗传育种，导师：智海剑；

- 12.唐三元, 播娘蒿中几个重要基因的克隆和表达分析, 专业: 作物遗传育种, 导师: 管荣展;
- 13.杜文明, 播娘蒿胰蛋白酶抑制剂基因转化油菜的研究, 专业: 遗传学, 导师: 管荣展;
- 14.刘黎卿, 华菊 DREB2 同源基因的克隆和功能分析, 专业: 观赏园艺, 导师: 喻德跃、陈发棣;
- 15.朱凯, 甘菊 NAC 同源基因的克隆和功能, 专业: 分析观赏园艺, 导师: 喻德跃、陈发棣;
- 16.张永清, 发芽条件对豆芽生产的影响研究, 专业: 粮食、油脂及植物蛋白质工程, 导师: 邢邯、顾振新;
- 17.崔竹梅, 鹰嘴豆蛋白的制备与其蛋白肽功能性质的研究, 专业: 粮油及植物蛋白工程, 导师: 麻浩;
- 18.李春梅, 大豆种子蛋白的差异蛋白质组研究, 专业: 生物化学与分子生物学, 导师: 喻德跃。

六、国内外学术交流活动

1. 盖钧镒, 2007 年 3 月 21-23 日于美国夏威夷参加世界大豆科学家会议, 并做报告《拓宽大豆遗传基础》;
2. 盖钧镒, 2007 年 4 月 19-21 日于日本 Tsukuba 参加首届国际大豆基因组测序协作会, 并做报告《国家大豆改良中心研究进展》;
3. 喻德跃, 2007 年 4 月 19-21 日于日本 Tsukuba 参加首届国际大豆基因组测序协作会, 并做报告《大豆结构基因组和功能基因组》;
4. 管荣展, 2007 年 3 月 28 日于湖北武汉参加第 12 届世界油菜大会, 并做分组报告《Genetic enhancement of rapeseed germplasm by use of cruciferous weeds》;
5. 章元明, 2007 年 5 月于四川成都参加园艺科学与信息科学的交叉

与融合——青年科学家论坛，并做大会特邀报告《植物数量性状遗传分析方法的研究》；

6. 麻浩，2007年5月30日于江苏南京参加爱国际湿地恢复与生态工程学术会议，并做分会报告《Planting in coastal saline land and utilization of Jute (*Corchorus capsularis*)》；
7. 盖钧镒，2007年8月17-24日于浙江杭州参加第三届国际数量遗传学大会，任大会主席；

蔬菜遗传与种质创新团队 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：侯喜林教授

研究与技术人员：陈劲枫教授；柳李旺副教授；钱春桃副教授；史公军讲师；娄群峰讲师。

在站博士后：胡春梅、腾年军、房婉萍等 3 人

在读博士研究生：王建军等 36 人

在读硕士研究生：江彪等 61 人

二、科研进展

1. 育种目标性状的基因与基因组分析

以 Nau-WH-04 (*Raphanus sativus* L.) × 蓝花子 (*R. sativus* L. var *raphanistroid*) 得到的 180 株 F₂ 代单株为作图群体，利用形态学标记和 RAPD、ISSR、RAMP 分子标记构建了萝卜品种间的遗传图谱。172 个标记用于连锁分析，得到一张包含 78 个标记，13 个连锁群的遗传图谱框架，包括 55 个 RAPD 标记、6 个 ISSR 标记、14 个 RAMP 标记和 3 个形态标记，其中来自父本“蓝花子”的标记 46 个，31 个标记来自母本“Nau-WH-04”。图谱覆盖基因组总长度 1433.7cM，标记间的平均图距为 18.4cM。

利用不结球白菜晚抽薹品种 Y5 和早抽薹品种 P120 杂交的 F₂ 群体为材料，通过田间调查，采用极晚抽薹单株和极早抽薹单株分别构建晚抽池和早抽池，筛选了 RAPD、SSR、ISSR、SRAP 等引物。结果表明，在所筛选的 182 条 SSR 引物中只有一条引物 DBC16 在晚抽薹池中扩增出多态性片段 LB，通过 F₂ 单株验证后，证明 LB 与晚抽薹基因紧密连锁，其遗传距离为 5.7cM。利用遗传模型联合分析方

法，通过抽薹时期不同的 2 个亲本配制组合 ‘Nau-Wh’ × ‘Nau-Lhz’，研究了萝卜抽薹性状的遗传。分析表明抽薹性状符合两对主基因+多基因遗传模型 (E-0, E-1)。采用 BSA 与 GRA 策略，对抽薹性状进行多种遗传标记分析，获得与抽薹性主效位点连锁的 6 个 RAPD 标记、1 个 ISSR 标记、1 个 SRAP 标记。

利用甜瓜属人工异源多倍体不同自交世代，研究基因组“杂合性”及“多倍化”诱发的基因组及基因表达变化。初步研究结果表明：异源多倍体基因组发生了广泛的基因组变化及基因表达变化，主要表现为序列丢失及部分基因沉默和激活(Chen et al, *Planta*, 2007)。从黄瓜中分离到热胁迫响应基因片段 chrr182，该基因与转录修复偶联因子 TRCF (transcription repair coupling factor) 高度同源，并且相关实验验证了该片段在热胁迫下增强表达。

2. 种质资源遗传基础与创新

利用甜瓜属人工异源四倍体与不同生态型二倍体进行回交，获得种子有活力的异源三倍体黄瓜新种质。该新种质具有明显杂种优势及单性结实能力强（无籽）等优点，而且具有回交能力，对甜瓜属野生种优异性状向普通黄瓜渐渗提供桥梁种质，并有望开发无籽黄瓜新品种。对引进的高抗蔓枯病（Gummy Stem Blight）甜瓜种质进行遗传分析，探明了其遗传规律，并获得了一个与蔓枯病紧密连锁的 AFLP 标记，为我国甜瓜抗病育种奠定重要基础（Wolukau et al. *HortScience; Plant Breeding*, 2007）。

利用分子标记 RAPD, ISSR 和 SRAP 对 35 份优良晚抽薹萝卜材料进行了指纹图谱分析与的构建。35 个 RAPD 引物，22 个 ISSR 引物和 17 对 SRAP 引物组合多态性条带比率分别为 85.44%，85.2%和 85.41%，品种间平均遗传相似系数分别为 0.781，0.787 和 0.764。3

个标记能将所有的品种区分开；5组3个RAPD引物组合，3组3个ISSR引物组合以及16组3对SRAP引物组合分别可以将35个萝卜品种鉴别开。一个引物的鉴别力（ R_p ）与它相应的区分基因型的能力存在线性相关性。通过UPGMA聚类分析和PCoA主成分分析，RAPD，ISSR和3种标记综合数据将35个品种分为3类，此结果与它们的来源和主要性状有较高的一致性（Liu et al, *Scientia Horticulturae*, 2007）。利用RAPD、ISSR、SRAP三种分子标记技术对上海地区及其周边城市33个甘蓝主栽品种及青花菜、花椰菜品种进行了品种鉴定与遗传关系分析。

3. 作物育种新方法与新品种选育

基于Ty1-copia类反转座子，开发了一种新分子标记技术—SSAP（sequence-specific amplification polymorphism）。研究不同生态型的黄瓜表明,与比AFLP相比，该技术可以获得更高的多态性，为更有效的利用分子标记辅助育种奠定基础（Lou and Chen. *Genome*, 2007）。

基于远缘杂交并不断回交转育，获得高抗霜霉病和白粉病的加工型黄瓜新品种—宁佳3号，该品种瓜条短，整齐，瓜把极短，棱刺瘤不明显，适于整条腌渍；而且连续坐果能力强，丰产潜力大，市场前景看好（品种权公告号:CNA003058E）。

种子是农业中极其重要的生产资料，品种遗传纯度检验是良种质量控制的重要内容，当前种子工作与生产实际中，准确、迅速、简便地检测品种遗传纯度一直是人们关注的热点。研究用RAPD、ISSR、SRAP、SSR等分子标记技术产生的8个父母本特异性标记，对甘蓝商品杂交种‘早夏16’成功进行了遗传纯度检测。利用RAPD、ISSR和SSR分子标记5个引物对甘蓝杂交种新夏50、‘合作903’、‘合

作 906’、‘苏粉 8 号’和‘苏粉 9 号’等番茄重要杂交种进了种子遗传纯度鉴定。标记分析结果与田间纯度鉴定结果高度一致，表明分子标记是杂交种种子质量控制的有效工具 (Liu et al, Hortsci. 2007; Seed Sci & Tech., 2007; Scientia Horticulturae, 2007)。

三、在研项目

1. 白菜优质抗病多基因聚合育种技术研究 (2006AA10Z1C9), 863 计划项目, 主持人: 侯喜林;
2. 优质多抗蔬菜和果树分子育种技术与品种创制 (不结球白菜) (2006AA100108), 863 计划项目, 主持人: 侯喜林;
3. 园艺作物基因资源发掘与种质创新利用研究 (2006BAD13B06), “十一·五”国家科技支撑计划项目, 主持人: 陈劲枫;
4. 优质多抗专用白菜育种技术研究及新品种选育 (2006BAD01A7-1-11), “十一·五”国家科技支撑计划项目, 主持人: 侯喜林;
5. 优质多抗蔬菜育种技术研究及新品种选育 (2006BAD01A7-5-11), “十一·五”国家科技支撑计划项目, 主持人: 陈劲枫;
6. 甜瓜属人工异源四倍体早期基因组变化特征及相关机制 (30470120), 国家自然科学基金项目, 主持人: 陈劲枫;
7. 萝卜肉质直根形成膨大的遗传学机理研究 (30571193), 国家自然科学基金项目, 主持人: 柳李旺;
8. 外源 DNA 诱发的黄瓜渐渗系基因组结构及基因表达变化研究 (30671419), 国家自然科学基金项目, 主持人: 陈劲枫;
9. 不结球白菜核心种质构建 (30671420), 国家自然科学基金项目, 主持人: 侯喜林;
10. 黄瓜染色体单片段导入系构建及 QTL 分析 (30700541), 国家自

- 然科学基金项目，主持人：娄群峰；
11. 不结球白菜优质耐热‘暑绿’新品种的中试与示范 (2006GB23600447)，科技部农业科技成果转化资金项目，主持人：侯喜林；
 12. 蔬菜现代产业技术体系研究与建立 (nyhyzx07-007) 农业行业计划项目，主持人：陈劲枫；
 13. 甜瓜属人工异源四倍体表型和基因表达稳定性研究 (20050307009)，教育部高校博士点基金项目，主持人：陈劲枫；
 14. 蔬菜现代化产业技术体系研究与建立 (不结球白菜)，公益性行业科研专项项目，主持人：侯喜林；
 15. 不结球白菜分子标记技术及优质抗病新品种选育 (BG2004311)，江苏省高技术研究计划项目，主持人：侯喜林；
 16. 优质抗病设施栽培萝卜新品种选育与育种技术研究 (BG2005314)，江苏省高技术研究计划项目，主持人：柳李旺；
 17. 优质多抗设施专用黄瓜和丝瓜新品种选育 (BG2007301)，江苏省高新技术研究计划项目，主持人：钱春桃；
 18. 甜瓜蔓枯病抗性基因分子标记及聚合育种 (BK2005088)，江苏省自然科学基金项目，主持人：陈劲枫；
 19. 萝卜晚抽蔓性状的分子遗传学机理研究 (BK2004418)，江苏省自然科学基金项目，主持人：柳李旺；
 20. 黄瓜单性结实主效基因标记定位及育种应用 (BK2006139)，江苏省自然科学基金项目，主持人：娄群峰；
 21. 江苏省十字花科蔬菜种质资源基因库建设 (SX (2007) g13)，江苏省农业三项工程项目，主持人：侯喜林；
 22. 苦瓜高产栽培及工技术示范推广 (2007kj-37)，江苏省农业资源开发项目，主持人：钱春桃；

23. 优质高效无公害超市黄瓜生产技术, 江苏省农林厅项目, 主持人: 陈劲枫;
24. “宁佳系列”加工专用黄瓜新品种及无公害技术示范推广 (BC2006317), 江苏省科技厅成果示范推广计划项目, 主持人: 陈劲枫;
25. 优质多抗设施专用黄瓜和丝瓜新品种选育 (BG2007301), 江苏省农业高技术及农业科技攻关项目, 主持人: 钱春桃;
26. 不结球白菜优质抗病“暑绿”新品种的产业化 (BG2004311), 江苏省教育厅高校高新技术产业发展项目, 主持人: 侯喜林;
27. 黄瓜嫁接育苗技术规程 (苏质技监标发[2007]278号), 江苏省质量技术监督局农业地方标准制定项目, 主持人: 侯喜林;
28. 优质安全青菜种质创新与分子育种 (06DZ19103), 上海市重大科技攻关项目, 主持人: 侯喜林;
29. 主要蔬菜作物种子种苗质量的高效快速检测技术研究上海市科技兴农重点攻关项目, 主持人: 柳李旺;
30. 检测技术与“菜蓝子”信息化平台建设南京市科技计划项目, 主持人: 侯喜林;
31. 天津松江乡村俱乐部六万平方米智能温室建设规划, 天津市松江生态产业有限公司专项项目, 主持人: 侯喜林;
32. 蔬菜设施栽培示范工程灌云县人民政府专项项目, 主持人: 侯喜林;
33. 小菘菜、高菜、刀豆等创汇蔬菜良种国产化与配套关键技术研究 (2007C10031), 浙江省宁波市科技项目, 主持人: 侯喜林;
34. 辣椒小孢子培养技术研究及加工出口专用品种选育 (2007C1004), 浙江省宁波市科技项目, 主持人: 侯喜林;
35. 常州萝卜品种提纯复壮与产业化开发项目, 主持人: 柳李旺;

36. 常州市企业委托课题作物种子种苗质量控制技术研发，横向合作项目，主持人：柳李旺；
37. Introgressive breeding of cucumber lines with resistances to downy mildew through alien translocation, PSRF of PPI 项目，主持人：陈劲枫；

四、科研产出

(一)、获奖成果

成果名称：魔芋资源开发利用研究

奖励类别：教育部科技进步（推广类）

奖励等级：一等奖

授奖部门：教育部

获奖单位：南京农业大学（第二单位）

完成人员：刘佩英、张胜林、陈劲枫等

成果简介：1、研究魔芋的光合性能及魔芋对温度、湿度的确切要求和适应度；2、研究魔芋的优化栽培；3、研究魔芋魔芋球茎的生长过程；4、发现白魔芋并和其他同志研究白魔芋形态和分子水平的特点，优点等，和刘佩瑛老师一道为“白魔芋”新命名。以后主管白魔芋的开发应用；

(二)、发表论文

1. Chen, LZ; Lou, QF; Zhuang, Y; Chen, JF; Zhang, XQ; Wolukau, JN. Cytological diploidization and rapid genome changes of the newly synthesized allotetraploids *Cucumis x hytivus*. *Planta*,2007,225 (3): 603-614
2. Lou Qf; Chen,JF. Ty1-copia retrotransposon based SSAP marker

- development and its application in genetic study of cucurbits. *Genome*, 2007, 50 (9): 802-810
3. Geng,JF; Zhu,CS; Zhang,XW; Cheng,Y; Zhang,YM ; Hou,XL .A genetic linkage map of nonheading chinese cabbage. *J AM Soc Hortic Sci*, 2007, 132(6): 816-823
 4. Wolukau, JN; Zhou, XH; Li, Y; Zhang, YB; Chen, JF. Resistance to gummy stem blight in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm and inheritance of resistance from plant introductions 157076, 420145, and 323498. *Hortscience*,2007, 42 (2): 215-221
 5. Liu, G; Liu, L; Gong, Y; Wang, Y; Yu, F; Shen, H; Gui, W. Seed genetic purity testing of F-1 hybrid cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata*) with molecular marker analysis. *Seed Sci Technol*, 2007,35 (2): 477-486
 6. Yuan,JY; Hou,XL; Zhang,CW; Ye,F. Active oxygen metabolism in the floral buds and leaves of the new cytoplasm male sterile(CMS) line and its maintainer line of non-heading Chinese cabbage. *Front. Agric. China*, 2007, 1(1): 47-51
 7. Sun , FF; Hou,XL; Li,M; Cui ,XM. Molecular cloning and characterization of nitrate reductase gene cDNA from non-heading Chinese cabbage. *Front. Agric. China*, 2007, 1(2):188-192
 8. Song, H; Lou, QF; Luo, XD; Wolukau, JN; Diao, WP; Qian, CT; Chen, JF. Regeneration of doubled haploid plants by androgenesis of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Cell Tissue and Organ Culture*, 2007, 90 (3): 245-254
 9. 耿建峰, 侯喜林, 张晓伟, 蒋武生, 原玉香, 韩永平, 姚秋菊, 成妍, 李英. 影响白菜游离小孢子培养关键因素分析. *园艺学报*,

2007, 34 (1): 111-116

10. 陈沁滨, 侯喜林, 王建军, 韩建明. 不同熟性洋葱休眠期生理生化变化. 园艺学报, 2007, 34 (1): 221-224
11. 邓晓辉, 张蜀宁, 侯喜林, 陈沁滨. 不结球白菜 Po1 胞质雄性不育系和其保持系的 RAPD 分析及分子标记的筛选. 南京农业大学学报, 2007, 30 (1): 19-22
12. 陈沁滨, 侯喜林, 王建军, 邓晓辉. 外源脱落酸对洋葱鳞茎休眠的影响. 南京农业大学学报, 2007, 30 (1): 30-33
13. 万双粉, 张蜀宁, 张伟, 张杰, 侯喜林. 二、四倍体青花菜花粉母细胞减数分裂比较. 南京农业大学学报, 2007, 30 (1): 34-38
14. 蒋芳玲, 侯喜林, 史公军, 崔秀敏. 不结球白菜 *BrCOR14* 基因 cDNA 全序列克隆及结构特征分析. 江苏农业学报, 2007, 23(1): 34-38
15. 戴忠良, 侯喜林, 潘跃平. 结球甘蓝杂交新组合强力 65 的杂种优势分析. 江苏农业学报, 2007, 23 (1): 76-77
16. 陈沁滨, 侯喜林, 陈晓峰, 张静宜, 薛萍. 洋葱种质资源的 RAPD 分析. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2007, 28 (1): 88-91
17. 张蜀宁, 万双粉, 张伟, 侯喜林. 同源四倍体青花菜花粉母细胞的减数分裂. 园艺学报, 2007, 34 (2): 387-390
18. 崔广荣, 侯喜林, 张子学, 张从宇, 胡能兵, 刘跃成. 蝴蝶兰叶片离体培养胚状体的发生及组织学观察. 园艺学报, 2007, 34(2): 431-436
19. 耿建峰, 侯喜林, 张晓伟, 成妍, 李英, 原玉香, 蒋武生, 韩永平, 姚秋菊. 利用 DH 群体构建不结球白菜遗传连锁图谱. 南京农业大学学报, 2007, 30 (2): 23-28
20. 蒋芳玲, 侯喜林, 史公军, 崔秀敏. 不结球白菜 *BrCBF* 基因 cDNA 全序列克隆及结构特征分析. 南京农业大学学报, 2007, 30 (2):

18-22

21. 叶凡, 侯喜林, 袁建玉. 高温胁迫对不结球白菜幼苗抗氧化酶活性和膜酯过氧化作用的影响. 江苏农业学报, 2007, 23 (2): 154-156
22. 邓晓辉, 张蜀宁, 侯喜林. 白菜 *po1* 胞质雄性不育系和保持系蕾期基因表达差异的 SRAP 分析. 园艺学报, 2007, 34 (3): 655-658
23. 冷月强, 侯喜林, 史公军. 白菜抗霜霉病基因的 RAPD 标记. 园艺学报, 2007, 34 (3): 763-766
24. 蒋芳玲, 侯喜林, 史公军, 崔秀敏. 不结球白菜 *BrLos2* 基因 cDNA 全序列克隆及结构特征分析. 南京农业大学学报, 2007, 30 (3): 27-32
25. 任锡亮, 李英, 侯喜林, 王枫. 不结球白菜 *L-半乳糖酸-1, 4-内酯脱氢酶* 基因的克隆及光诱导表达. 南京农业大学学报, 2007, 30 (3): 33-37
26. 邓晓辉, 张蜀宁, 侯喜林, 杨寅桂. 不结球白菜 *Po1* 胞质雄性不育系及其保持系的部分生理生化指标分析. 江西农业大学学报, 2007, 29 (4): 522-525
27. 韩建明, 侯喜林, 史公军, 耿建峰, 邓晓辉. 不结球白菜叶子重量性状遗传模型分析. 遗传, 2007, 29 (9): 1149-1153
28. 申书兴, 侯喜林, 付雅丽. 大白菜随体染色体的附加和减少对种株光合特性的影响. 园艺学报, 2007, 34 (5): 1157-1162
29. 王彦华, 侯喜林, 申书兴. 白菜 *WRKY* 转录因子 cDNA 全长的克隆及分析. 农业生物技术学报, 2007, 15 (5): 810-815
30. 陈沁宾, 侯喜林, 陈晓峰, 张静宜, 薛萍. 洋葱胞质雄性不育基因 RAPD 及 SCAR 分子标记研究. 南京农业大学学报, 2007, 30 (4): 16-19

31. 陈晓峰, 侯喜林, 刘金兵, 王枫, 高洪亮. 甜椒细胞质雄性不育新种质花蕾败育与活性氧代谢关系研究. 南京农业大学学报, 2007, 30 (4): 26-29
32. 苏小俊, 袁希汉, 徐海, 陈劲枫. 普通丝瓜两性花现象的研究. 安徽农业科学 2007, 35 (29): 9217-923
33. 苏小俊, 袁希汉, 徐海, 陈劲枫. 对普通丝瓜弱苗、僵苗和瓜过顶植株生长现象的研究. 安徽农业科学 2007, 35 (30): 9511-9512
34. 苏小俊, 徐海, 袁希汉, 陈劲枫. 普通丝瓜第1雌花节位遗传研究. 福建农业学报 2007, 22 (2): 154-157
35. 李英; 张永兵; Joseph N. Wolukau; 陈劲枫. 甜瓜蔓枯病菌子实体法分离及 A 型菌株产孢条件研究. 果树学报 2007, 24 (1): 88-84
36. 娄群峰, 江彪, 李为观, 陈劲枫. 一种适合于黄瓜不同组织 RNA 的提取方法. 江苏农业科学, 2007, 23
37. 张慧蓉, 龚义勤, 柳李旺, 杨金兰, 黄丹琼, 李培, 宋闲勇. 萝卜 mRNA 差异显示技术反应体系的优化及应用. 江苏农业科学, 2007, 23 (1): 76-80
38. 赵艳玲, 龚义勤, 柳李旺, 周治国, 吴云虎, 仲昭丽. 萝卜离体花粉萌发与花粉管生长影响因子研究 江苏农业科学, 2007, 23 (1): 88-91
39. 苏小俊, 陈劲枫, 卢成苗, 徐海, 袁希汉. 光周期和温度对江蔬 1 号丝瓜花芽发生和发育的影响. 江苏农业科学, 2007, 23 (2): 95-97
40. 苏小俊, 徐海, 袁希汉, 陈劲枫. 普通丝瓜种质资源部分质量性状的鉴定和评价. 江苏农业科学, 2007, 23 (3): 98-99
41. 苏小俊, 陈劲枫, 袁希汉, 徐海. 黄瓜 SSAP 标记技术的建立. 江苏农业科学 2007, 23 (4): 110-112

42. 娄群峰, 刘强, 陈劲枫。芦蒿过氧化物酶和酯酶同工酶研究。江苏农业科学, 2007, 23(4): 82-85
43. 石丽敏, 陈劲枫, 缪恒彬, 钱春桃, 杨寅桂。普通丝瓜种质资源部分数量性状的鉴定和评价。江苏农业科学, 2007, 23(4): 99-101
44. 杨寅桂, 庄勇, 娄群峰, 刘强, 曹清河, 陈劲枫。适于 cDNA-AFLP 的黄瓜幼叶总 RNA 快速高效提取方法。江西农业大学学报, 2007, 29(1): 129-133
45. 王燕, 龚义勤, 赵统敏, 刘广, 郁樊敏, 叶海龙, 柳李旺。番茄 SRAP-PCR 体系优化与品种分子鉴定。南京农业大学学报, 2007, 30(1): 23-29
46. 万双粉, 张蜀宁, 张伟, 张杰, 侯喜林。二、四倍体青花菜花粉母细胞减数分裂比较。南京农业大学学报, 2007, 30(1): 34-38
47. 张伟, 张蜀宁, 张红亮。萝卜花粉母细胞减数分裂及其雄配子体发育。南京农业大学学报, 2007, 30(3): 38-41
48. 赵天荣, 龚义勤, 柳李旺。萝卜自交不亲和特性的荧光快速鉴定。南京农业大学学报, 2007, 30(4): 30-34
49. 朱献文, 龚义勤。柳李旺, 黄丹琼, 赵艳玲, 汪隆植。萝卜花药愈伤组织诱导与分化影响因素的研究。生命科学研究, 2007, 11, (1): 90-94
50. 杨寅桂, 娄群峰, 庄勇, 张万萍, 陈劲枫。黄瓜幼苗热胁迫响应基因的分离。生态学杂志, 2007, 26(7): 1034-1037
51. 陈学军, 程志芳, 陈劲枫, 娄群峰, 耿红。辣椒种质遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 及其表型数据分析。西北植物学报, 2007, 27(4): 662-670
52. 苏小俊, 徐海, 袁希汉, 陈劲枫。普通丝瓜始雌花节位遗传分析。西北植物学报, 2007, 27(7): 1468-1472

53. 戴亮芳, 陈劲枫。辣椒细胞质雄性不育系的 3 种同工酶分析。西北植物学报, 2007, 27(9): 1772-1776
54. 张永兵, 伊鸿平, 贾媛媛, 冯炯鑫, 吴明珠, 陈劲枫。单倍体甜瓜离体繁殖的方法。园艺学报, 2007, 34(2): 497-506
55. 程志芳, 钱春桃, 陈学军, 陈劲枫。辣椒属种间杂交及杂种鉴定研究。园艺学报, 2007, 34(4): 883-888
56. 周晓慧, Joseph N. Wolukau, 李英, 张永兵, 吴明珠, 陈劲枫。甜瓜抗蔓枯病种质资源筛选及 RAPD 分析。园艺学报, 2007, 34(5): 1201-1206
57. 王玮, 柳李旺, 龚义勤。萝卜肉质根膨大过程中碳水化合物与蔗糖代谢相关酶活性分析。园艺学报, 2007, 34(5): 1313-1316
58. 曹清河, 陈劲枫, 李英, 刁卫平, 万红建。黄瓜-酸黄瓜渐渗系霜霉病抗性及其感病前后几种酶活性的变化。植物病理学报, 2007, 37(4): 433-437
59. 石丽敏, 陈劲枫, 杨寅桂, 钱春桃。野生蔬菜马兰的离体培养与快速繁殖。植物生理学通讯, 2007, 43(1): 133
60. 杨金兰, 柳李旺, 龚义勤, 黄丹琼, 王峰, 何玲莉。镉胁迫下萝卜基因组 DNA 甲基化敏感扩增多态性分析。植物生理与分子生物学学报, 2007, 33(3): 219-116
61. 宋贤勇, 柳李旺, 龚义勤, 黄丹琼, 汪隆植。春萝卜抽薹过程中内源激素含量变化分析。植物研究, 2007, 27(2): 182-185
62. 曹清河, 万红建, 陈劲枫。黄瓜霜霉病抗性研究进展。中国瓜菜, 2007(1): 27-30
63. 周晓慧, Joseph N. Wolukau, 李英, 陈劲枫。甜瓜蔓枯病抗性与 SOD、CAT 和 POD 活性变化的关系。中国瓜菜, 2007(2): 4-6
64. 杨寅桂, 李为观, 娄群峰, 陈劲枫。黄瓜苗期热害症状及其发生

- 发展规律研究。中国瓜菜, 2007(5): 1-3
65. 杨寅桂, 李为观, 娄群峰, 陈劲枫。黄瓜耐热性研究进展。中国瓜菜, 2007(5): 30-34
 66. 杨寅桂, 娄群峰, 李为观, 陈劲枫。不同温度对黄瓜发芽的影响及耐热性比较。中国瓜菜, 2007, (6): 5-7
 67. 罗向东, 戴亮芳, 钱春桃, 陈劲枫。野黄瓜与栽培黄瓜种间杂种 F-1 雌雄配子发生和发育的细胞学研究。中国农业科学, 2007, 40(2): 338-344
 68. 杨寅桂, 娄群峰, 陈劲枫, 刘 强, 李为观。黄瓜 *CSHSP70* 基因内含子结构分析。中国农业科学, 2007, 40(12)
 69. 宋贤勇, 柳李旺, 龚义勤, 王明霞, 赵丽萍, 黄丹琼。萝卜基因组 DNA RAPD 与 ISSR-PCR 反应体系优化。种子, 2007, 26(2): 1-5

(三)、专利

获批专利

1. 超临界二氧化碳提取洋葱油的方法(ZL200410064680.X), 申请人: 侯喜林, 授权时间: 2007年07月25日;
2. 一种不结球白菜雄性不育分子标记辅助选择方法(ZL200610086161.2), 申请人: 侯喜林, 授权时间: 2007年11月14日;

申请专利

1. 不结球白菜晚抽薹基因的分子标记方法(200710024854.3), 申请人: 侯喜林, 申请时间: 2007年07月05日;
2. 一种不结球白菜游离小孢子再生植株的倍性鉴定方法(200710132681.7), 申请人: 侯喜林, 申请时间: 2007年09月18日;

3. 甜瓜抗蔓枯病基因位点的分子标记方法(200710025531.6), 申请人: 陈劲枫, 申请时间: 2007年08月03日;
4. 一种甘蓝种子遗传纯度的快速鉴定方法(200710020045.5), 申请人: 柳李旺, 申请时间: 2007年02月09日;
5. 一种基于PCR技术的番茄杂交种纯度检测方法(200710020044.0), 申请人: 柳李旺, 申请时间: 2007年02月09日;

(四)、品种权

申请品种权

1. 超市3号(20070529.6), 申请人: 陈劲枫, 申请时间: 2007年10月26日

五、研究生培养

毕业博士

1. Joe Walukau, GENETIC, PHYLOGENETIC and MOLECULAR STUDIES of MELON (*Cucumis melo* L.) RESISTANCE to GUMMY STEM BLIGHT (*Didymella bryoniae*), 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
2. 张永兵, 甜瓜单倍体育种技术及抗蔓枯病分子标记研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
3. 杨寅桂, 黄瓜耐热生理机制、分子标记及相关基因分离的研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
4. 耿建峰, 利用DH群体构建不结球白菜遗传连锁图谱及重要农艺性状QTL定位, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
5. 韩建明, 不结球白菜种质资源遗传多样性和遗传分析及bcDREB2基因片段克隆, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;

6. 申书兴, 大白菜三体和单体创建与应用基础研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
7. 邓晓辉, 不结球白菜温敏型胞质雄性不育的分子标记和相关基因的克隆与表达分析, 专业: 生态农业科学技术, 导师: 侯喜林;

毕业硕士

1. 李英, 瓜类蔓枯病菌的生物学特性和黄瓜抗病资源的筛选, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
2. 刘强, 黄瓜属 (Cucumis) 物种地理分布和分子系统发育的研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
3. 石丽敏, 南京地区菊科三种野菜资源的鉴定分类与评价, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
4. 张晓青, 不同倍性黄瓜的形态和一些生理指标的比较, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
5. 程志芳, 辣椒属 (Capsicum) 栽培种种间杂交及其杂种的细胞遗传学研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 陈劲枫;
6. 张波, 不结球白菜晚抽薹分子标记及抽薹性遗传分析, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
7. 陈敏敏, 不结球白菜离体培养及再生体系的优化及抗病转基因研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
8. 靳敏峰, 青花菜抗病基因同源序列及相关基因的克隆与表达分析, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
9. 申姗姗, 不结球白菜霜霉病人工接种鉴定方法及抗性机制的研究, 专业: 蔬菜学, 导师: 侯喜林;
10. 王明霞, 萝卜及其近缘属种亲缘关系分析与遗传图谱构建, 专业: 蔬菜学, 导师: 柳李旺;
11. 赵丽萍, 萝卜抽薹性遗传分析与春萝卜种质标记鉴定, 专业: 蔬

- 菜学，导师：柳李旺；
12. 杨金兰，萝卜镉累积的基因型差异、生理响应与甲基化变化研究，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 13. 赵天荣，萝卜自交不亲和性测定与相关基因的鉴定，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 14. 周志国，萝卜游离小孢子胚状体诱导与植株再生研究，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 15. 王燕番，茄种子纯度检测与品种鉴定的分子标记分析，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 16. 刘广，甘蓝主要品种鉴定与遗传纯度快速检测，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 17. 王玮，萝卜肉质直根形成膨大的生理生化、基因差异表达与甲基化变化研究，专业：蔬菜学，导师：柳李旺；
 18. 胡明华，安徽小檗生物碱成分筛选及洋葱硫化物含量测定，专业：中药学，导师：侯喜林；

六、国内外学术交流活动

参加学术会议

1. 柳李旺，2007年11月11日于中国青岛参加第5届全国十字花科蔬菜学术研讨会，并做大会报告《萝卜及其近缘属种亲缘关系分析与萝卜遗传图谱构建》；
2. 侯喜林，2007年11月18日于中国南京参加中国园艺学会十届二次理事会，并做大会报告《不结球白菜细胞及分子生物学研究进展》；
3. 柳李旺，2007年11月19日于中国南京参加中国园艺学会十届二次理事会，并做分组报告《萝卜遗传育种研究新进展》；

讲学

1. 侯喜林，于 2007 年 5 月 10 日在中国农业科学院进行题为《不结球白菜种质资源研究进展》的报告；
2. 侯喜林，于 2007 年 11 月 10 日在青岛市农科院进行题为《不结球白菜晚抽薹基因的分子标记》的报告；

作物逆境分子遗传改良课题组 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：章文华教授

研究与技术人员：井文讲师。

在读博士研究生：安振峰等 8 人

在读硕士研究生：聂加宁等 15 人

二、科研进展

1. 干旱处理下，磷脂酶D 和ABA合成的关系

以野生型拟南芥和pld α 1突变体为材料，研究了干旱胁迫和盐处理下WT和pld α 1突变体中ABA积累的差异。发现干旱胁迫和盐处理下，野生型和pld α 1突变体中的ABA含量均上升，提示PLD α 1可能不参与ABA合成，而与ABA信号的感受和转导有关。

2. 干旱和ABA处理下植物体脂含量和分子种变化

用野生型拟南芥和突变体为材料，研究干旱和ABA处理进程中PA和其他磷脂及其分子种的变化。发现ABA喷施拟南芥叶片后，PA含量在10min内上升，之后下降，PLD α 1突变后，PA上升的绝对值减少。精确分析了各脂类分子种的变化。

3. 磷脂-蛋白激酶/磷酸酶结合及其生理意义

原核表达了MAP激酶信号级联中的相关蛋白：AtMPK3 (MAPK), AtMPK4 (MAPK), AtMPK6 (MAPK), AtMEKK1和ANP1 (MAPKKK), 以及蛋白磷酸酶AtPP2CA。利用硝酸纤维膜结合等手段，鉴定出PA对结蛋白激酶AtMPK6。活性实验表明，磷脂-蛋白结合，明显激活AtMPK6的激酶活性，而该蛋白及其活性的存在，对于拟南芥在耐盐反应中是必需的。

4. 磷脂介导的ABA调节气孔关闭新信号途径发现

利用硝酸纤维膜结合、脂微囊结合实验等手段，证实PA结合NADPH氧化酶(AtrbohD)。利用遗传突变体(AtrbohD)、原生质体瞬间表达、激光共聚焦分析等手段，证明PA-AtrbohD结合导致后者活性被激活，最终生成H₂O₂。结合其它分子和生理实验，确立磷脂介导的ABA调节气孔关闭新信号途径：ABA激活PLD α 1，产生的磷脂酸(PA)结合并激活NADPH氧化酶(AtrbohD)，生成H₂O₂，通过一氧化氮(NO)信号，促进气孔关闭。PA-ABI1(2C类蛋白磷酸酶)信号途径可能与此信号途径平行或在其下游(见图1)。PLD/PA参与了NO介导的盐胁迫信号。

5. 二胺氧化酶产生的介导ABA调节的气孔关闭

发现多胺在ABA和干旱信号中有作用，探讨了它与磷脂信号是否存在联系。发现二胺氧化酶(CuAO)以腐胺为主要底物，氧化产生H₂O₂，并通过钙信号，诱导气孔关闭(图2, An and Zhang et al., J. Exp. Bot. 2008)。此信号途径与NADPH氧化酶途径并列，但与PLD途径无直接联系(An, Zhang et al., unpublished data)。

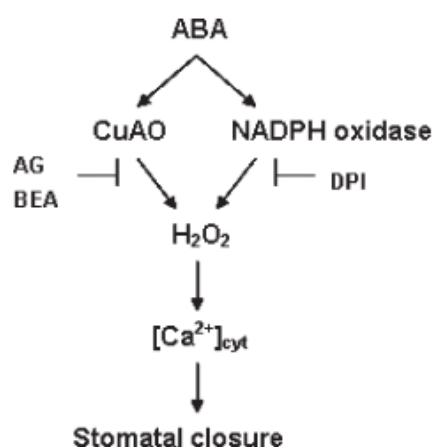


图2 CuAO 介导的ABA信号途径(发表在Journal of Experimental Botany,2008)

6. 磷脂信号与细胞骨架及其在NaCl 响应中的作用

由于近几年对细胞骨架与信号的研究有了新的进展，并有报道指

出, PLD可能与微管蛋白有关, 由此, 我们在本项目中拓展了该领域的研究, 并取得了一些有意义的进展。研究发现, NaCl 处理下, 拟南芥细胞骨架结构破坏, *pldα1*突变体受破坏更早、更严重, 外加磷脂酸有缓解作用。提示来自PLD α 1的磷脂酸对盐处理下的微管结构有稳定作用。研究证明, PA能结合微管蛋白MAP65-1, 进而稳定微管结构。磷脂-微管骨架相互关系在干旱和ABA信号中的作用值得我们今后深入研究。

7、以水稻为材料, EMS诱导后, 进行耐盐筛选, 已进行到M2代。获得若干个盐敏感株系, 正在进行基因定位和克隆。

三、在研项目

1. 作物应答高盐、低温胁迫的分子调控机理(2006CB100100) , 973计划项目, 主持人: 章文华;
2. PLD在植物抗旱信号转导中的作用与机理(30470162), 国家自然科学基金项目, 主持人: 章文华;
3. 植物保卫细胞中磷脂与一氧化氮下降相互作用的分子机理(20060307019), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 章文华;
4. 教育部新世纪优秀人才计划(NCET-05-0489-1), 新世纪优秀人才基金项目, 主持人: 章文华;

四、科研产出

(一)、发表论文

1. Su GX, Yu BJ, Zhang WH, Liu YL. Higher accumulation of γ -aminobutyric acid induced by salt stress through stimulation the activity of diamine oxidases in *Glycine max* (L.) Merr. Roots. *Plant Physiol Biochem.* 2007, 45: 560-566.

2. Wang X, Zhang W, Li W, Mishra G. Phospholipid Signaling in Plant response to drought and salt stress. In M.A. Jenks et al. (eds). Advance in Molecular Breeding towards Salinity and Drought Tolerance. 2007, 183-192

五、研究生培养

毕业博士

1. 张艳艳, ABA 诱导拟南芥气孔关闭过程中 PLD、 H_2O_2 和 NO 的关系, 专业: 植物学, 导师: 章文华;

毕业硕士

1. 魏秋平, 多胺调节拟南芥耐盐性的初步研究, 专业: 植物学, 导师: 章文华;

植物营养分子遗传学研究课题组 2007 年度工作总结

一、研究人员组成

研究组长：徐国华教授

研究与技术人员：孙淑斌副教授；朱毅勇副教授；范晓荣讲师；胡一兵讲师；胡江副教授；任丽轩讲师。

在读博士研究生：常春荣等 10 人

在读硕士研究生：王鹏等 15 人

二、科研进展

1、水稻 OsPht1 家族 13 个基因和 NRT2、NAR2 家族 6 个基因表达模式的研究

水稻 OsPht1 家族中 12 个磷转运蛋白和 4 个硝酸根转运蛋白 NRT2、2 个 NAR2 基因启动子序列都已转入水稻中，获得了基因启动子与 GUS 及 GFP 报告基因的融合基因转基因材料，并对转基因株系 T1 代材料进行分子和生理功能鉴定。

1.1. 水稻 OsPht1 家族 13 个基因表达模式的研究

(1) 首先检测了 OsPht1 家族 13 个基因的时空表达,并对启动子序列中与缺 P 诱导有关的 motif 进行了分析。

(2) 通过 PCR 方法克隆了水稻 OsPht1 家族 12 个基因的启动子，并构建了表达载体。12 个载体已获得转化且有 T₀、T₁ 代种子。

(3) 缺 P 与正常供 P 处理条件下，完成了 OsPT1-13::GUS 基因 GUS 表达鉴定。

1.2. 水稻 NRT2、NAR2 家族基因时空表达模式的研究

Gus 启动子表达实验结果表明 OsNRT2.1 OsNRT2.2 在根系表达非常强； OsNRT2.3 只在根系的中柱表达；而 OsNRT2.4 只在根原基表

达，且表达量非常小。此外，OsNAR2.1在根系中强烈表达，而OsNAR2.2只在中柱表达。

2、水稻磷酸盐、硝酸盐转运蛋白基因异源表达

2.1.酵母异源表达功能分析

根据功能互补实验，得出结论是 OsPT6 介导了酵母细胞膜高亲和力和磷酸盐转运蛋白的功能。OsPT6 基因表达蛋白的最优 pH 大约为 6；而阳性对照 Wt 的最适 pH 为 4-5。通过同位素测定 OsPT6 的 K_m 为 $95 \mu M$ 。 V_{max} 为 $0.4 \text{nmol}/\text{min} \cdot \text{mg}$ 。

2.2. 异源表达的蛙卵体系-电生理手段分析离子吸收转运功能

(1)磷酸盐转运蛋白基因功能分析

在蛙卵细胞中成功的表达了 OsPT2 和 OsPT6.发现 OsPT2 亲和力和较低，对外源 P 的吸收比 OsPT6 强，且能够在高 pH 下吸收 P。

(2) 高亲和硝酸盐运输蛋白功能分析

结果表明 OsNRT2.1 和 OsNRT2.3 都可以独立起到硝酸盐运输的功能，OsNAR2.1 可以有效的提高它们运输硝酸盐的能力(除 OsNRT2.3b)，但是 OsNAR2.2 并没有此效应。

2.3.磷酸盐转运蛋白的细胞膜定位研究

采用 pEYFP-C1 和 pECFP-N1，分别构建 OsPT2 和 OsPT6 的融合蛋白在哺乳动物细胞 HEK293 中表达。实验结果表明两者的确在细胞膜上表达。

三、在研项目

1. 作物氮、磷高效吸收关键基因功能与调控机理 (2005CB120903), 973 计划项目, 主持人: 徐国华;
2. 用反向遗传学途径研究番茄磷素运输蛋白的生理功能

- (30471037), 国家自然科学基金项目, 主持人: 徐国华;
3. 菌根诱导的植物膜质子泵基因的表达调控和生理功能分析
(30571108) 国家自然科学基金项目, 主持人: 徐国华
 4. 高效解磷细菌在植物根际土壤中的行为特征研究国家自然科学基金项目, 主持人: 徐阳春;
 5. 增硝营养调控不同氮效率水稻根系生长的机制研究国家自然科学基金项目, 主持人: 张亚丽;
 6. 用双向遗传学途径结合研究影响番茄利用无机磷效率的分子生物学基础 (20040307037), 教育部高校博士点基金项目, 主持人: 徐国华;
 7. 番茄磷素运输蛋白 LepT3 的生理功能分析, 教育部留学回国人员科研启动基金项目, 主持人: 徐国华;
 8. 植物磷酸盐转运体 Pht1 家族基因的功能及其表达调控分析 (BK2005089), 江苏省自然科学基金项目, 主持人: 徐国华;
 9. 农业资源的生物学利用 (苏教科[2007]5 号), 江苏省教育厅创新团队项目, 主持人: 徐国华;

四、科研产出

(一)、发表论文

1. Xu Guo-hua, Veronique Chague, Cathy Melamed-Bessudo, Yoram Kapulnik, Ajay Jain, Kashchandra.G. Raghothama, Avraham A. Levy, Avner Silbere. 2007. Functional characterization of LePT4: a phosphate transporter in tomato with mycorrhiza-enhanced expression. *Journal of Experimental Botany* 58(10):2491-501
2. Chen Aiqun, Jiang Hu, Shubin Sun, Guohua Xu. 2007. Conservation and divergence of both phosphate- and mycorrhiza- regulated

physiological responses and expression patterns of phosphate transporters in Solanaceous species. *New Phytologist* 173: 817-831

3. Li Y, Fan XR, Shen QR. 2007. The relationship between rhizosphere nitrification and nitrogen-use efficiency in rice plants. *Plant, Cell & Environment* 31 (1), 73–85.

4. Fan X, Jia L, Li Y, Smith SJ, Miller AJ, Shen Q. 2007 Comparing nitrate storage and remobilization in two rice cultivars that differ in their nitrogen use efficiency. *Journal of Experimental Botany* 58(7):1729-40.

Y. Duan, Y. Zhang , L. Ye, X. Fan , G. Xu, Q. Shen. 2007. Responses of Rice Cultivars with Different Nitrogen Use Efficiency to Partial Nitrate Nutrition. *Annals of Botany* 99(6):1153-1160.

五、研究生培养

毕业博士

1. 李宝珍，水稻吸收和利用不同形态氮素的生理特征和相关基因的表达调控分析，专业：植物营养，导师：徐国华；
2. 丁玉川，水稻镁营养特性及镁钾营养互作效应研究，专业：植物营养，导师：徐国华；

毕业硕士

1. 王萍，菌根菌侵染和供磷水平对番茄砷胁迫的缓解作用及磷酸盐转运蛋白基因表达的响应，专业：植物营养，导师：徐国华；

中华人民共和国教育部

教技函〔2007〕109号

教育部关于“作物遗传与种质创新”国家重点实验室 主任和学术委员会主任聘任的通知

南京农业大学：

根据《国家重点实验室建设与管理暂行办法》和《高等学校重点实验室建设与管理暂行办法》的有关通知，为保证实验室持续稳定发展，加强对实验室领导班子聘任管理，我部对通过评估的国家重点实验室领导班子换届以及新立项国家重点实验室主任聘任工作进行了部署，明确要求依托高校须对实验室主任人选实行公开招聘。有关高校对实验室领导班子换届及主任聘任工作高度重视，采取多种方式公开发布招聘信息，从国内外优秀的科学家中公开招聘，并进行严格评审，确定了重点实验室主任的推荐人选，同时，推荐了重点实验室学术委员会主任人选。

经研究，我部同意聘任张天真教授担任作物遗传与种质创新国家重点实验室主任，聘任盖钧镒院士担任国家重点实验室学术委员会主任。

希望学校努力为实验室的建设和发展创造条件，营造良好的学术氛围和创新环境。认真实施“开放、流动、联合、竞争”的运行机制，

面向科技前沿和国家重大需求，加强原始性创新和竞争前高技术研究；大力培养优秀的中青年学术带头人，加强创新团队建设，广泛开展国际交流与合作，切实提高实验室学术竞争力和自主创新能力。



二〇〇七年十二月二十八日

主题词：科技 实验室 聘任 高校 通知

部内发送：有关领导，办公厅

教育部办公厅

2008年1月2日印发

作物遗传与种质创新国家重点实验室第二届学术委员会 委员名单

姓 名	职 称	学委会 职务	专 业	工作单位
盖钧镒	院士、博导	主任	作物遗传育种	南京农业大学
卢永根	院士、博导	副主任	植物分子遗传	华南农业大学
戴景瑞	院士、博导	副主任	作物遗传育种	中国农业大学
陈晓亚	院士、博导	副主任	植物分子遗传	中国科学院上海生命科学研究院 植物生理生态研究所
方智远	院士、博导	委员	蔬菜遗传育种	中国农业科学院
谢联辉	院士、博导	委员	植物病理	福建农业大学
邓秀新	院士、博导	委员	果树遗传育种	华中农业大学
程顺和	院士、博导	委员	作物遗传育种	扬州里下和农科院
翟虎渠	教授、博导	委员	作物遗传育种	中国农业科学院
朱 军	教授、博导	委员	生物统计	浙江大学
朱 祯	研究员、博导	委员	植物分子遗传	中国科学院遗传与发育生物学研究所
张天真	教授、博导	委员	作物遗传育种	南京农业大学
侯喜林	教授、博导	委员	蔬菜遗传育种	南京农业大学
万建民	教授、博导	委员	作物遗传育种	南京农业大学
马正强	教授、博导	委员	作物遗传育种	南京农业大学

作物遗传与种质创新国家重点实验室第二届学术委员会 第一次会议会议纪要

南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室于 2008 年 3 月 15 日在南京农业大学学术交流中心会议室召开了第二届学术委员会第一次会议。本届学术委员会委员共 15 人，出席会议的学术委员有盖钧镒教授、卢永根教授、戴景瑞教授、陈晓亚教授、方智远教授、谢联辉教授、程顺和教授、朱军教授、朱祯研究员、张天真教授、侯喜林教授、马正强教授等 12 人，邓秀新教授、翟虎渠教授、万建民教授因事请假未能出席会议。

教育部科技司高润生处长、省科技厅领导，依托单位郑小波校长、周光宏副校长、沈其荣副校长、实验室与基地管理处张海彬处长、科技处刘凤权副处长、农学院丁艳锋院长、实验室全体老师以及学校相关部处学院领导干部共 60 多人参加会议。

周光宏副校长主持开幕式，代表学校对与会专家以及教育部、省科技厅领导的到来表示欢迎，对长期以来给予实验室的关心和支持表示感谢。高润生处长宣读了教育部教技函【2007】109 号《关于“作物遗传与种质创新”国家重点实验室主任和学术委员会主任聘任的通知》文件，聘张天真教授任作物遗传与种质创新国家重点实验室主任为，盖钧镒教授任学术委员会主任。郑小波校长宣读了南京农业大学关于聘任盖钧镒教授等 15 位第二届学术委员会委员的文件，并向各位委员颁发了聘书。高处长在会上做了指导性讲话。

开幕仪式后，学术委员会副主任卢永根院士主持了实验室研究工作进展报告会，实验室主任张天真教授代表实验室做了年度科研和运行管理的工作汇报；随后，江玲教授、王秀娥教授、张政值讲师、张天真教授、赵团结副教授、钱春桃副教授、章文华教授、徐国华教授

等分别汇报了各创新团队或课题组的年度科研进展。

下午，盖钧镒院士主持讨论会，学术委员会审议了本年度实验室工作和运行管理情况，并对 29 项实验室开放课题申请书进行评审。委员们对实验室一年来的研究工作给予了肯定，并对实验室的建设和运行管理工作等多个方面展开了讨论，提出了中肯的意见和建议：

1、实验室以作物遗传育种应用基础研究为主，向上发展理论与方法的研究，向下发展应用研究，服务生产，这种定位是正确的。育种目标性状的基因与基因组分析、种质资源遗传基础与创新、作物育种新方法和新品种选育 3 个研究方向特色明显；增加的植物抗逆分子遗传改良、营养分子遗传学两个课题组有助研究方向的交叉、融合，建议进一步加强与植保学科的交叉，吸收抗病虫研究相关课题组的加入。

2、实验室现在就要抓住有苗头性的成果，加大投入，培育新的标志性成果。

3、建议实验室加强软件条件建设，凝练团队文化精神建设，树立实验室团结奋斗、健康向上的良好学术氛围。

4、加强人才的培养，依托学校，加大实验室高层次人才引进的力度；团队的培养应该是实验室今后的中心，经过 2-3 年的奋斗，争取能进入国家自然科学基金的创新团队。

5、加强与上、下游，兄弟院校、科研院所的合作，尤其是与上游基础研究和国际同行的交流合作，提高实验室的国际知名度。

6、建议学校进一步加强实验室和实验场所的硬件建设，增加实验室空间，保证良好的实验用地，在良好的科研环境中出更多、更好的科研成果。

7、委员们对 29 项开放课题进行了评审，通过投票表决，建议对“水稻叶片中 ABA 诱导的 OsCBKs 基因克隆与功能分析”等 10 个课题

进行资助。

讨论结束后，沈其荣副校长代表学校，感谢各位专家的指导，同时也表示国家重点实验室是学校最大的拳头，希望出大的成果和人才，借助学校科技大讨论契机，进一步加强实验室的建设和发展。

附：代表性文章

1. Wu ZM, Zhang X, He B, Diao LP, Sheng SL, Wang JL, Guo XP, Su N, Wang LF, Jiang L, Wang CM, Zhai HQ, Wan JM*. A chlorophyll-deficient rice mutant with impaired chlorophyllide esterification in chlorophyll biosynthesis. *Plant Physiology*, 2007, 145: 29-40
2. Xu, HB; Yang, LM; Xu, P; Tao, Y; Ma, ZQ. cTrans: Generating polypeptide databases from cDNA sequences. *Proteomics*, 2007, 7 (2): 177-179
3. Aiqun Chen, Jiang Hu, Shubin Sun, Guohua Xu. 2007. Conservation and divergence of both phosphate- and mycorrhiza- regulated physiological responses and expression patterns of phosphate transporters in Solanaceous species. *New Phytologist* 173: 817-831
4. Wangzhen Guo, Caiping Cai, Changbiao Wang, Zhiguo Han, Xianliang Song, Kai Wang, Xiaowei Niu, Cheng Wang, Keyu Lu, Ben Shi, Tianzhen Zhang. A microsatellite-based, gene-rich linkage map reveals genome structure, function and evolution in *Gossypium*. **Genetics**, 2007, 176: 527–541
5. Wang Kai, Wangzhen Guo, Tianzhen Zhang. Both homologous and homoeologous segments detected in homoeologous groups of allotetraploid cotton by BAC-FISH. **BMC Genomics**, 2007, 8:178.