

职工号： 2013110001

西北农林科技大学职称任职资格 评审表附件材料

（教师岗位系列）

单 位 农学院

姓 名 杨 璞

现任职资格 讲 师

申 报 资 格 副教授

岗 位 类 型 教学科研型教师

附件材料目录

1. 毕业证、学位证、教师资格证
2. 海外合作经历（会议论文、墙报等）
 - （1）2015 年第二届国际糜子学术研讨会
 - （2）2016 年第十三届国际荞麦学术研讨会
3. 班主任经历证明
4. 本科生发表论文
5. 教改项目结题证书
 - （1）《常用生物技术软件操作》课程体系建设结题证书
 - （2）《常用生物技术软件操作》实验课程建设项目验收结果
6. 论文相关材料
7. 品种相关材料
8. 标准相关证明材料
9. 获奖证书

华中农业大学

HUAZHONG AGRICULTURAL UNIVERSITY

博士研究生毕业证书



(无华中农业大学钢印无效)

证书编号: 105041201201000203

研究生 杨璞, 男, 生于一九八四年三月二十三日,

于二〇〇七年九月一日至二〇一二年十二月二十日

在 作物遗传育种 专业学习,

修完 博士研究生 培养计划规定的全部课程,

成绩合格, 通过毕业论文答辩, 准予毕业。

新邓
印秀

校长:



二〇一二年十二月二十日

勤读力耕

立已达人



博士学位证书

杨璵 男，1984年3月23日生。在 华 中 农 业 大 学

作物遗传育种

学科（专业）已通过博士学位的课程

考试和论文答辩，成绩合格。根据《中华人民共和国学位条例》的规

定，授予 农学 博士学位。

华中农业大学

校 长
学位评定委员会主席

邓秀新



证书编号：1050422012000238

二〇一二年十二月二十日



持证人：杨璞

性别：男

出生年月：1984-03-23

民族：汉族

身份证号码：42032319840323123X

资格种类：高等学校教师资格

任教学科：植物科学与技术

证书号码：20146100071000201



根据《中华人民共和国

教师法》及《教师资格条例》

的规定，认定 杨璞

具备 高等学校

教师资格。



聘书

兹聘任 杨 璞 同志为西北农林科技大学
班主任，聘期四年。



中共西北农林科技大学委员会

二〇一四年七月一日

The 2nd International Symposium on Broomcorn Millet & World Millet Summit 2015

Program Book

**Theme : Creation of Values of Coarse Grains in Gangwon Province
through Re-lightening of Millet Industry**

Date : Feb. 25(Wed) – 28(Sat,)

Place : Chuncheon Bear's Hotel(Feb. 25-26)

60th Anniversary Hall, Kangwon National University(Feb. 27)

Organized by **Department of Bio/Health Technology, RIC, and IBB of Kangwon National University,
International Broomcorn Millet Research Association**

Sponsored by **Gangwon Province Government, Kangwon National University,
The Plant Resources Society of Korea, The Food Trust, U CHEM, Guwoon Food**



The 2nd International Symposium on Broomcorn

Feb. 25 13:30 – 18:20 at Bear's Hotel

Symposium I. Vision and strategies of coarse grains in Gangwon province

- 13:50-14:00 Opening (Chairman, Hyeong Min Seo (IBB-Kangwon National Univ.)
- 1st Session Chairman, Gyu Cheol Kyeong (Chuncheon MBC)**
- 14:00-14:25 Cheol Ho Park(KNU) & Jin Sun Chang(Gangwon Provincial ARES)
Current status in production, research, and subject of coarse grains in Gangwon province
- 14:25-14:50 Sun Hee Woo (Chungbuk National University)
Strategies for promoting competitiveness of coarse grains in Gangwon province
- 14:50-15:15 In Je Sung (IBB-Kangwon National Univ.)
Strategies of international cooperation for activation of millet industry
- 15:15-15:30 Break
- 2nd Session Chairman, Myeong Hyeon Lee(Hallym Sungshim College)**
- 15:30-15:55 Bu Gyo Park (Bongyangri Agri. Group)
Case study I. Production and marketing of coarse grains in Bongyangri
- 15:55-16:20 Ho Sik Chang (Bongpyeong Agri. Cooperation)
Case study II. Buckwheat processing & development of Tartary buckwheat tea
- 16:20-16:45 Kwang Jin Chang (Korea National University of Agriculture & Forestry)
Characteristics and development strategy of Qinoa, a new small grain crop
- 16:45-17:10 Jeong Sun Lee (Hallym Sungshim College)
Utilization of coarse grains in Gangwon province for globalization of Korean food
- 17:10-17:35 Break
- 17:35-18:20 General discussion (Chairman, Yong Soon Choi, KNU)
Hyeok Yeol, Kwon(Chairman, Agriculture & Forestry Committee, Gangwon Provincial Council),
Jong Won Ryu(Sangji Univ.), Im Soo Song(Formerly, member of provincial council),
Sung Hwan Lee(Setin Biotech.), Yong Sup Lim(Nami Landscape & Tourism Institute),
Jin Sun Chang(Gangwon Provincial ARES)

Feb. 25 18:30 – 21:00 at Bear's Hotel

- 18:00-18:30 **Registration**
- 18:30-19:00 **Openning Ceremony**
(Chairman Kooyeon Lee, Kangwon National University, Korea)
Chai Yan: Opening address (President, IBMRA)
Choel Ho Park: Welcoming address (Chairman, Organizing committee)
Seung Ho Shin: Congratulatory address (President, KNU)
Hyeok Yeol Kwon: Congratulatory address (Chairman, Agriculture & Forestry committee of Gangwon Provincial Council)
- 19:00-21:00 **Welcoming dinner**

Feb. 26 09:00 – 14:00 at Bear's Hotel

Symposium II. World Millet Summit 2015

Theme : Current status and prospect of coarse grains in the world

1st Session

(Chairman : Seong Tak Yoon, Dankook University, Korea Hisayoshi Hayashi; University of Tsukuba, Japan)

- 09:00-09:25 Emiko Takei: Millet research and local production in Japan(Osaka Gaukuin Univ. Japan)
- 09:25-09:50 Dipak Santra: Current status in research and industry of millet in USA(University of Nebraska, USA)
- 09:50-10:00 Break
- 10:00-10:25 Jaemin Cho: Industry trends & productivity improvement of coarse cereal crops in Korea
(National Institute of Crop Science, Korea)
- 10:25-10:50 Chai Yan: Current status in millet science and industry in China(North West A&F Univ. China)
- 10:50-11:30 General Discussion
(Chairman: Sun Hee Woo(Chungbuk National Univ.)
Hisayoshi Hayashi(Univ. of Tsukuba, Japan), Shinya Kasajima(Tokyo Agri. Univ. Japan),
Seong Tak Yoon(Dankook University, Korea), Cheol Ho Park(Kangwon National University. Korea),
Feng Baili(NorthWest A&F Univ. China)

Feb. 26. 11:30 – 12:30 Lunch

Feb. 26. 12:30 – 14:00 Demonstration of Korea traditional Broomcorn millet dishes & Poster presentation

Broomcorn Millet & World Millet Summit 2015

Feb. 26. 14:00 – 18:00 at Bear's Hotel

Symposium III. The 2nd International Symposium on Broomcorn Millet

Theme : Advances in research of Broomcorn millet

1st Session Food culture & Food education

(Chairman : Yong Soon Choi, Kangwon National University, Korea; Feng Baili, NorthWest A&F Univ. China)

- 14:00-14:25 Hisayoshi Hayashi: Educational activities for 'Shokuiku' using diversity of millets in elementary schools in Japan
- 14:25-14:50 Gao Jinfeng: Starch physicochemical properties of waxy Proso millet
- 14:50-15:15 Hyeon Suk Kim: Food culture of Broomcorn millet from old literatures on cook
- 15:15-15:30 Break
- 15:30-15:55 Deok Ja Lee: Traditional treatment as a medicine by using Broomcorn millet in Korea
- 15:55-16:20 Ju Gang Ko: Local dishes of Broomcorn millet in Youngwol county

2nd Session Crop Physiology

(Chairman : Seong Tak Yoon, Dankook National University, Korea; Hisayoshi Hayashi, University of Tsukuba, Japan)

- 16:20-16:45 Qu Yang, Su wang, Gao Jinfeng, Gao Xiaoli, Wang Pengke, Feng Baili, Chai Yan: Photosynthesis characteristics and yield of broomcorn millet under harvesting rainwater model based on furrow and ridge with plastic-film mulched in semi-arid region of Northern Shaanxi
- 16:45-17:05 Su Wang, Qu Yang, Feng Baili, Chai Yan: Photosynthesis characteristics and yield of broomcorn millet under film mulching on ridge-furrow for harvesting rainwater model in semi-arid region of Northern Shaanxi, China
- 17:05-17:30 Zhang Ji-ru-fei, Zhou Yu, Yang Pu, Wang Peng-ke, Gao Jin-feng, Gao Xiao-li, Feng Baili: Study on physiological changes and correlation with resistance level to the head smut of broomcorn millet after an infection with *Sphacelotheca destruensis*
- 17:30-17:55 Zhou Da, Yang Pu, Zhao Weijie, Zhou Yu, Yang Qinghua, Chao Guimei, Su Wang and Feng Baili: Research on activities of key enzymes for starch synthesis and grain-filling characteristics under water stress in Broomcorn millet

Feb. 27. 09:00-10:30 at 60th Anniversary Hall, KNU

3rd Session (Bio-activity & Food processing)

(Chairman : Myeong Hyeon Wang, Kangwon National University, Korea; Dipak Santra, Univ. of Nebraska, USA)

- 09:00-09:25 Timnoy Salitxay, Phonesavanh Phouthaxay, Amal Kumar Ghimeray, Pankaja Sharma Ghimeray Cheol Ho Park: Comparative study of phenolic compounds and antioxidant activity in different millet lines.
- 09:25-09:50 Zhao Wei-jie, Li Xia, Zhou Da, Liu Jia-jia, Yang Qing-hua, Wang Peng-ke, Gao Xiao-li, Feng Baili: Effect of water deficit on antioxidant activity of Broomcorn millet
- 09:50-10:15 Chao Gui-mei, Wang Ying, Gao jin-feng, Feng Bai-li: Effects of food additives on pasting properties of Proso millet (*Panicum miliaceum* L.) starch
- 10:15-10:30 Break

Feb. 27. 10:30-12:10 at 60th Anniversary Hall, KNU

4th Session Cultivation (I)

(Chairman : Heon Ryeol Park, ChoongAng University, Korea; Emiko Takei, Osaka Gakuin Univ. Japan)

- 10:30-10:55 Miao Jiayuan, Zhang Yuyu, Liu Fengqin, Wang Meng, Xue Zhihe, Gao Jinfeng, Yang Pu, Feng Baili: Effects of different mulching treatments on Broomcorn millet group canopy vertical structure
- 10:55-11:20 Su Wang, Zhang Yan-ping, Qu Yang, Li Cui, Miao Jia-yuan, Gao Xiao-li, LIU Jian-hua, Feng Bai-li: Effects of mulching pattern on soil water, broomcorn millet growth, photosynthetic characteristics and yield in the dryland of Loess Plateau in China
- 11:20-11:45 Qu Yang, Gao Jin-feng, Gao Xiao-li, Wang Peng-ke, Feng Bai-li, Chai Yan: Border effect and physiological characteristics of broomcorn millet under harvesting rainfall model based on furrow and ridge with plastic-film mulched in the semi-arid region of Northern ShaanXi, China
- 11:45-12:10 Zhang Dong-qi, Zhao Dan, Yang Qing-hua, Liu Jia-jia, Liang Ji-bao , Gao Xiao-li: Effects of different sowing dates on the physiological characteristics and group dynamic variation of Proso millet
- 12:10-13:20 Lunch

Feb. 27. 13:20-18:40 at 60th Anniversary Hall, KNU

5th Session Cultivation (II)

(Chairman : Shinya Kasajima, Tokyo Agri. Univ. Japan; Chai Yan, NorthWest A&F Univ. China)

- 13:20-13:45 Cui Wen-wen, Gao Xiao-li: Influence of different cropping patterns on soil enzyme activities and yield of broomcorn millet
- 13:45-14:10 Zhao Wei-jie, Yang Qing-hua, Liu Jia-jia, Zhou Da, Li Xia, Gao Jinfeng, Yang Pu, Feng Baili: Compensation effects of rewatering on root and shoot functions of Broomcorn millet under water stress
- 14:10-14:35 Zhang Yu-yu, Miao Jia-yuan, Wang Meng, Han Hao-kun, Zhang Dong-qi, Xue Zhi-he, Feng Bai-li: Effect of different mulching treatment on "W" ridgeon soil temperature of broomcorn millet in rain-fed farming area
- 14:35-15:00 Zhang Pan-pan, Jin Xijun, Ke Xiwang, Yin Lihua, Song Hui, Zheng Dian-feng, Feng Bai-li: Effects of different fertilization levels on field microclimate characteristic and yield in Proso millet
- 15:00-15:10 Break

6th Session (Genetics and Breeding)

(Chairman : Nam Soo Kim, Kangwon National Univ. Korea; Sun Hee Woo, Chungbuk National Univ. Korea)

- 15:10-15:35 Yue Xu, Chunxiang LI, Yingnan Wang, Ping Lu, Minxuan Liu, Xiyan Cui, Hui Zhou: Origin of Broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) in Eurasia: Evidence from nuclear ribosomal DNA sequences of Broomcorn millet in China and comparison with other countries
- 15:35-16:00 Natesan Senthil: Genomics tools for millet improvement; current status and future prospects
- 16:00-16:25 Zhou Yu, Yang Pu, Gao Xiao-li, Gao Jin-feng, Wang Peng-ke, Feng Bai-li: Genetic diversity and virulence analysis of *Sporisorium destruens* isolated from Broomcorn millet in China
- 16:25-16:50 Tae Wook Jeong & Ji Yeon Go: Breeding and cultivation of Broomcorn millet in Korea
- 16:50-17:00 Break
- 17:00-17:25 Tianyu Yang: Broomcorn millet variety improvement and development in China
- 17:25-17:50 Dipak Santra: Proso millet (*Panicum miliaceum* L.) genetics, genomics and breeding research in the USA
- 17:50-18:15 Chai Yan: Genetic diversity analysis of *Sporisorium destruens* isolated from broomcorn millet and highland barley
- 18:15-18:40 Xuehai Zhu: Study on two-line hybrid seeds of dwarf strains in Broomcorn Millet

大会报告

Feb. 28 Post tour: Millet market and fertilities at local and Seoul



The 13th International Symposium on Buckwheat (ISB)

제13회 세계메밀학회

2016. 9. 9. (Fri.) ~ 9. 11. (Sun.)

보광 휘닉스파크 호텔 2층 볼룸
Phoenix ballroom, Phoenix Park (2F/The hotel)

- 주최 : 제13회 세계메밀학회
- 주관 : (사)이효석문학선양회,
충북대학교 농업과학기술연구소
- 후원 : 평창군, 충북대학교, (사)강원컨벤션뷰로

• Supervision
Incorporated Association, Lee Hyoseok Cultural Enhancement Association
Institute of Agricultural Science & Technology, Chungbuk National University

• Support
PyeongChang-gun,
Chungbuk National University,
Gangwon Convention & Visitors Bureau

Scientific Program

Day 1-Friday September 9, 2016		
Introductory Session		
08:00 -08:20	Title: History, current status, and future task of Buckwheat industry in Bongpyoung town Ji Yeon Hwang, Bongpyeong High School, Korea	Session chair: Cheol-Ho Park, Korea
Track-Biotechnology		
08:20 -08:40	Title: Isolation and functional analysis of FeDREB1 in Buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>) Pu Yang, Northwest A&F University, China	Session chair: Nikhil Kumar Chrungoo, India
08:40 -09:00	Title: The introduction of molecular breeding program of Buckwheat in Korea Gwang Soo Cho, Highland Agriculture Research Institute, RDA, Korea	
09:00 -09:20	Title: Tartary Buckwheat transcription factors and their functional regulation Qi Wu, Sichuan Agricultural University, China	Co-chair: Jinfeng Gao, China
09:20 -09:40	Title: Efficient promotion of the sprout growth and flavonoids accumulation of tartary Buckwheat by associated fungal endophytes Jiang Lin Zhao, Chengdu University, China	Session chair: Sang-Un Park, Korea
09:40 -10:00	Title: Analysing structural diversity of seed storage protein gene promoters: Buckwheat a case study Upasna Chettry, North Eastern Hill University, India	Co-chair: Chao-Feng Huang, China
Opening Ceremony		
10:00 -10:05	Dr. Gwang Soo Cho, Highland Agriculture Research Institute, RDA, Korea	Announcing the opening ceremony of the conference
10:05 -10:10	Dr. Sun-Hee Woo, Professor, Chungbuk National University	Opening Remarks
10:10 -10:15	Governor, Pyeongchang-gun, Kangwon Province	Welcomes address
10:15 -10:20	Council Chairman, Pyeongchang-gun, Kangwon Province	Congratulatory Message
10:20 -10:25	Director General, Highland Agriculture Research Institute, Rural Development Administratio	Congratulatory Message
10:25 -10:30	Capturing a group photo	Infront of conference room
10:30 -10:40	Tea Break	
Track-Biotechnology		
Plenary Session		
10:40 -11:10	Title: Buckwheat: Practical application in food processing Nikhil Kumar Chrungoo, North Eastern Hill University, India	Session chair: Jong-Soon Choi, Korea
11:10 -11:40	Title: Functional characterization of FtMYB11 in Buckwheat Meiliang Zhou, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), China	
Concurrent Session		
11:40 -12:00	Title: Molecular mechanisms of high aluminum tolerance and accumulation in buckwheat (<i>Fagopyrum tataricum</i>) Chao-Feng Huang, Nanjing Agricultural University, China	Co-chair: Pu Yang, China
12:00 -14:00	Lunch Break	小组主持人

大会报告

小组主持人

14:00 -17:00	Short trip to Buckwheat themed festival, Hyo-Seok Lee culture festival, Pyeongchang winter olympic stadium	
17:00 -18:00	Sponsor Exhibition and Leisure	
18:00 -20:00	Dinner/Banquet Party	
Day 2-Saturday September 10, 2016		
Track-Genetics and Breeding		
Plenary Session		
08:00 -08:30	Title: Enalng plant proteomics technologies Jong Soon Choi, Korea Basic Science Institute/Chungnam National University, Korea	Session chair: Meiliang Zhou, China Co-chair: Tomoyuki Katsube-Tanaka, Japan
08:30 -09:00	Title: Construction of Buckwheat genome database (BGDB) Yasuo Yasui, Kyoto University, Japan	
09:00 -09:30	Title: Buckwheat genetic resources in China Zongwen Zhang, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), China	
Concurrent Session		
09:30 -09:50	Title: Protective effect of flavonoids on senescent human dermal fibroblasts Eun-Ju Sohn, Korea Basic Science Institute, Korea	Session chair: Won-Kon Kim, Korea Co-chair: Zongwen Zhang, China
09:50 -10:10	Title: Buckwheat productivity in Japan Hisayoshi Hayashi, University of Tsukuba, Japan	
10:10 -10:30	Title: Recent progress on crossbreeding of genus <i>Fagopyrum</i> Qing-Fu Chen, Guizhou Normal University, China	
10:30 -10:40	Tea Break	
Plenary Session		
10:40 -11:10	Title: BUCKWHEAT RENAISSANCE: Tradition and prospect for breakthrough of future cultivation Taiji Adachi, Institute for Plant Biotechnology, R&D, Ltd. in Osaka and Colloquia Naturae in Miyazaki, Japan	Session chair: Yasuo Yasui, Japan Co-chair: Qing-Fu Chen, China
11:10 -11:40	Title: A new common buckwheat cultivar, ‘Tohoku No.3’ with better quality, fitted to spring seeding in Tohoku area, Japan Yutaka Honda, NARO, Japan	
Concurrent Session		
11:40 -12:00	Title: Research on genetic characteristics of thorn Buckwheat (<i>F. emarginatum</i>) Lirong Gao, Shaanxi Yulin Agriculatural School, China	Co-chair: Qing-Fu Chen, China
12:00 -12:20	Title: Multiple-repeat genes of 13S globulin are consecutively located to form a cluster in a common buckwheat (<i>Fagopyrum esculentum</i>) genome Tomoyuki Katsube-Tanaka, Kyoto University, Japan	
12:20 -13:30	Lunch Break	
Track-Germplasm resources		
Plenary Session		
13:30 -14:00	Title: On the diffusion of buckwhet cultivation and the diffusion of consumption of buckwheat noodles Ohmi Ohnishi, Kyoto University, Japan	Session chair: Clayton G. Campbell, Canada Co-chair: Jai Chand Rana, India
14:00 -14:30	Title: The investigation and collection of wild buckwheat in Sichuan China Yu Tang, Sichuan Tourism University, China	
Concurrent Session		

14:30 -14:50	Title: Research on fecundity of self-fertile common Buckwheat Jinfeng Gao, College of Agronomy Northwest A&F University, China	Session Chair: Hiroyasu Michiyama, Japan
14:50 -15:10	Title: Wild resources and genetic diversity of buckwheat in southwest of China Meng-Qi Ding, Sichuan Agricultural University, China	
15:10 -15:30	Title: Germplasm resources of Buckwheat in India-status and prospects Jai Chand Rana, ICAR-National Bureau of Plant Genetic Resources, India	Co-chair: Jerzy Józef Grabiński, Poland
15:30 -15:50	Title: The transcriptome analysis of flavonoid synthesis pathway in different species of buckwheat seeds Jia Gao, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), China	
15:50 -16:00	Tea Break	
Track-Cultivation		
16:00 -16:20	Title: Problems in cultivation and utilization of buckwheat in Poland Jerzy Józef Grabiński, IUNG, Institute of Soil Science and Plant Cultivation, Poland	Session chair: Hisayoshi Hayashi, Japan
16:20 -16:40	Title: Effect of planting density on lodging related morphology lodging rate and yield of <i>Fagopyrum tataricum</i> Xiang Da Bing, Chengdu University, China	Co-chair: Young-Ho Yun, Korea
16:40 -17:00	Title: Effect of day length and temperature on the growth, flowering and seed-setting in a rice-Tartary buckwheat line Hiroyasu Michiyama, Meijo University, Japan	
17:00 -17:20	Buckwheat food product exhibition and sponsor exhibition	
17:20 -18:00	Poster presentation	
18:00 -08:00	Dinner/Banquet Party	
Day 3-Sunday September 11, 2016		
Track-Physiology		
Plenary Session		
08:00 -08:30	Title: Impact of selenium and iodine on buckwheat plant characteristics Mateja Germ, University of Ljubljana, Slovenia	Session chair: Myung Heon Lee, Korea
Concurrent Session		
08:30 -08:50	Title: Investigation and development of buckwheat in China Gang Zhao, Chengdu University, China	Session chair: Mateja Germ, Slovenia
08:50 -09:10	Title: Contents of antocynin, chlorophyl, and phenolic compounds under different quality of LED light Obyedul Kalam Azad, Kangwon National University, Korea	
09:10 -09:20	Tea Break	
Track-Quality and Nutrition		
Plenary Session		
09:20 -09:50	Title: An update on buckwheat allergy Dan Norbäck, Uppsala University, Sweden	Session chair: Dong-Wook Kim, Korea
09:50 -10:20	Title: Some case reports in chronic disease on buckwheat health effects after prolonged daily intake Gunilla Wieslander, Uppsala University, Sweden	Co-chair: Alexey Grigoryevich Klykov, Russia
Concurrent Session		

10:20 -10:40	Title: Buckwheat in food culture in Slovenia Blanka Vombergar, The Education Centre Piramida Maribor	<p>Session chair: Dan Norbäck, Sweden</p> <p>Co-chair: Chai Yan, China</p>
10:40 -11:00	Title: The effect of storage condition on the quality of buckwheat flours Xinzhong Hu, Shaanxi Normal University, China	
11:00 -11:20	Title: Influence of merosesquiterpenoids derived from marine sponges upon growth, development, productivity and rutin content in buckwheat Alexey Grigoryevich Klykov, Primorsky Scientific Research Institute of Agriculture, Russia	
11:20 -11:40	Title: Strengthening international academic exchanges and promoting industrial developments in buckwheat Chai Yan, Northwest A & F University, China	
11:40 -12:00	Title: Anti-oxidant and anti-inflammatory activities of <i>Fagopyrum tataricum</i> sprout extracts Keshav Raj Paudel, Mokpo National University, Korea	
12:00 -12:30	Acknowledgement Best Oral and Poster Award Future Planning/Meeting/General Assembly Other items	
12:30 -14:00	Farewell Lunch	



Characterization of *FeDREB1* promoter involved in cold- and drought-inducible expression from common buckwheat (*Fagopyrum esculentum*)

大会墙报

Yang Pu, Fang Zhengwu, Gao Jinfeng, Wang Pengke, Gao Xiaoli, Chai Yan, Feng Baili*

State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Agronomy,
Northwest A&F University, Yangling, Shanxi 712100, China
e-mail: fengbaili@nwsuaf.edu.cn

Abstract

C-repeat-binding factor (CBF)/dehydration-responsive element (DREB) transcription factors play key roles in plant stress responses. However, little information is available on the regulation of CBF/DREB expression. In this study, we isolated and characterized the *FeDREB1* promoter sequence from the common buckwheat accession Xinong 9976. To identify the upstream region of the *FeDREB1* gene required for promoter activity, we constructed a series of *FeDREB1* promoter deletion derivatives. Each deletion construct was analyzed through Agrobacterium-mediated transient transformation in tobacco leaves treated with 4°C cold or drought stress. Promoter-beta-glucuronidase fusion assays revealed that the *pCD1* (-270 bp) deletion in the upstream region of *FeDREB1* could activate expression of the *GUS* gene at 4°C. The *pCD1* (-270 bp), *pCD2* (-530 bp), and *pCD3* (-904 bp) deletion induced low-level *GUS* expression under drought stress. However, the *pCD4* (-1278 bp) deletion clearly activated *GUS* gene expression. Our results suggest that sections *pCD1* (-270 bp) and *pCD4* (-1278 bp) in the *FeDREB1* gene promoter are new sources of induced promoters for adversity-resistance breeding in plant genetic engineering.

Results and Discussion

Sequence analysis of the *FeDREB1* promoter

The *FeDREB1* promoter harbored numerous *cis*-acting elements, including 24 predicted TATA-boxes, 8 CAAT-boxes, 4 MYCONSENSUSAT drought and low temperature-responder elements (CANNTG), 1 MYBCORE drought responding element (CNGTTR), 1 MYBIAT drought responding element (WAACCA), 1 ACGTATERD1 drought-responder element (ACGT), 1 LTRECOREATCOR15 low temperature-responder element (CCGAG), 1 TC-rich repeat adversity corresponding element (AGTTTCTCA), 1 TCA1MOTIF salicylic acid-responder element (TCATCTTCTT), and 2 ABRE-responder elements (ACGTG).

Activation of the *FeDREB1* promoter under cold stress or drought stress

We generated a set of serial deletions of the *FeDREB1* promoter by PCR (Fig. 1). The deletions described relative to the *FeDREB1* transcription start site, were fused with the *GUS* reporter. Histochemical *GUS* assays showed that under control, low temperature, and drought circumstances, the wild-type and *pC0390::GUS* transformed plant expression vector of the tobacco leaves were not stained by the X-Gluc solution, but tobacco leaves that had been transformed with the *pC35S::GUS* plant expression vector (positive control) were stained blue by X-Gluc solution under each treatment (Fig. 2 and 3). Fig. 2 shows that compared with the control, which grows under normal conditions, the *pCD1::GUS* transformed tobacco leaves were dyed blue by X-Gluc under 4°C cold stress, but the *pCD2::GUS*, *pCD3::GUS* and *pCD4::GUS* vectors were not stained, indicating that the *pCD1* (-270 bp) deletion of *FeDREB1* promoter activated the expression of the *GUS* genes at low temperatures, but the other 3 deletions did not show this characteristic. To more precisely measure *GUS* expression, we performed quantitative *GUS* assays. Fig. 4A shows that as well as the normal growing condition, under 4°C cold treatment, the activity of *GUS* in which the tobacco leaves were transformed with *pCD2::GUS*, *pCD3::GUS*, and *pCD4::GUS* vectors showed no detectable activity. However, the activity of *pCD1::GUS* increased significantly compared with the control. The *GUS* activity of the *pCD1::GUS* transformed tobacco was 32.6% that of the *pC35S::GUS* transformed tobacco (Fig. 4A). Under drought stress, the tobacco leaves transformed with *pCD1::GUS*, *pCD2::GUS*, and *pCD3::GUS* were blue, while those transformed with *pCD4::GUS* were darker blue (Fig. 4). Similar to the results of the histochemical *GUS* assays, *GUS* activity of the *pCD1::GUS*, *pCD2::GUS*, *pCD3::GUS*, and *pCD4::GUS* transformed tobacco leaves were remarkably different from the control, and the activity of the induced *GUS* consistently increased, with *pCD4::GUS* showing the greatest activity (Fig. 4B). Under the drought condition, the *GUS* activity of the *pCD4::GUS* transformed tobacco was 42.0% that of the *pC35S::GUS* transformed activity (Fig. 4B). The results of both histochemical and fluorometric assays showed no significant difference in the *GUS* activity of *pCD5::GUS* transformed tobacco leaves between drought stress and the control, and between cold and the control (Fig. 4B).

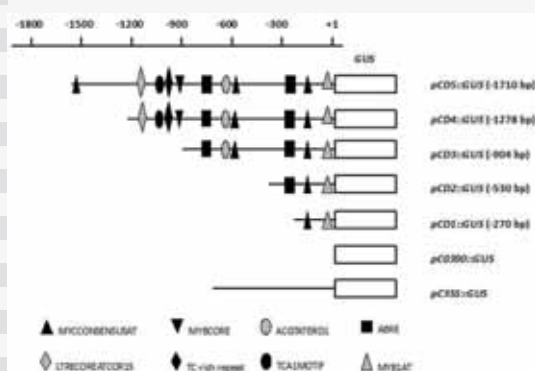


Fig. 1 Schematic of *FeDREB1* promoter deletion-GUS constructs.

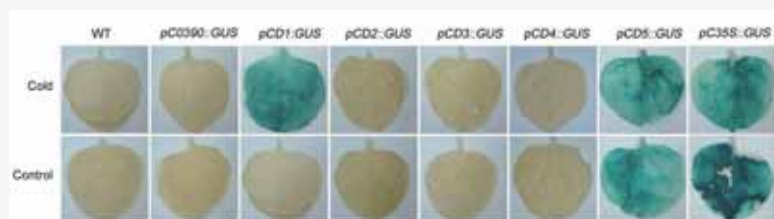
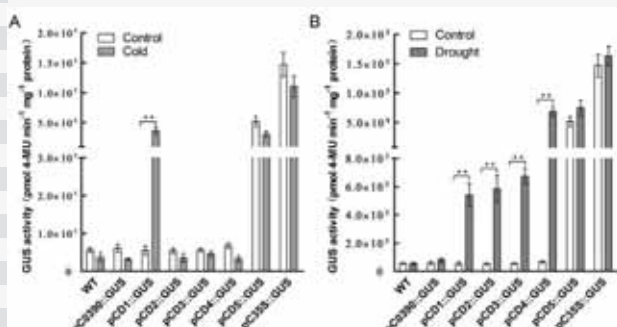


Fig. 2 *GUS* expression in the transiently transformed tobacco leaves in plants treated with cold for 24 h.

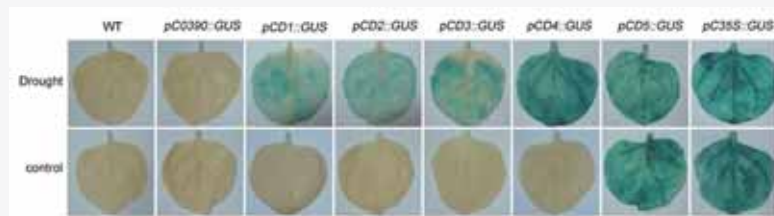


Fig. 3 *GUS* expression in the transiently transformed tobacco leaves in plants treated with drought for 24 h.

Fig. 4 *GUS* activity driven by *FeDREB1* promoter deletion-GUS chimeric constructs in tobacco leaf tissues. The leaves were infiltrated with each of the deletion plasmids, *pC0390::GUS*, or *pC35S::GUS*, and then treated with cold stress for 24 h (A), or treated with drought stress (B). The plasmid *pC0390::GUS* was used as a negative control and the *pC35S::GUS* construct was used as a positive control. Data are mean values from 3 independent experiments ($N = 3$) and error bars represent the standard deviations of the replicates. A one-side paired Student *t*-test was performed to assess significant differences between control and treatment condition using a statistical software package. Differences at $P < 0.01$ (**) were considered significant.

Acknowledgement

This work was supported by the National Nature Science Foundation of China (Grant No. 31071472), Young Scientists Fund of the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 31501365) and the Special Fund for Agro-scientific Research in the Public Interest of China (Grant No. 201303008).

Effect of exogenous sucrose on flavonoids content and antioxidant activity of tartary buckwheat seedling

会议论文

Pu Yang, Jiajia Liu, Da Zhou, Dongqi Zhang, Qing-hua Yang, Jinfeng Gao,
Pengke Wang, Xiaoli Gao, Yan Chai and Baili Feng*

State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China

Corresponding author: Baili Feng, Email: 7012766@163.com

Abstract

Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum* Gaertn.) is a medical edible crop in the family *Polygonaceae*. As a potential functional food crop, tartary buckwheat is rich in flavonoids and with the function of reduces risk of cancer and cardiovascular disease. Flavonoids content in tartary buckwheat is a quantitative trait, which was greatly influenced by the environment factors such as temperature, light, minerals and exogenous substance. Exogenous sucrose was added for buckwheat seedling in the first 10 days when it germinates, to investigate the influence of exogenous sucrose on flavonoids content and antioxidant activity. In this study, we planted the tartary buckwheat variety Yu 6-21, which had high flavonoids content, on the medium contained exogenous sucrose. Five treatments of sucrose with the concentration of 0 g·ml⁻¹, 1 g·ml⁻¹, 2 g·ml⁻¹, 3 g·ml⁻¹, 4 g·ml⁻¹ and 5 g·ml⁻¹ were conducted. For each concentration, the flavonoids content in the seedling increasing and reached to the peak value at the 9th day after germination and then decreased on the medium contained sucrose. Among the different concentration, the buckwheat seedling had the highest content of flavonoids when the concentration is 4 g·ml⁻¹ for sucrose. Three parameters, DPPH radical scavenging activity, ABTS radical scavenging activity and hydroxyl radical scavenging activity, which measuring the ability of antioxidant was investigated. The buckwheat seedling showed the highest DPPH radical scavenging activity, ABTS radical scavenging and hydroxyl radical scavenging activity at the 9th day. Accordingly, the concentration of sucrose at 4 g·ml⁻¹ had the strongest effect. Correlation analysis also showed the flavonoid content was highly significantly associated with DPPH radical scavenging activity, ABTS radical scavenging activity, and hydroxyl radical scavenging activity, respectively. The results indicated that the addition of sucrose could significantly improve the flavonoid content and antioxidant activity of tartary buckwheat seedling, which provided the evidence that we could manipulate the medical function of tartary buckwheat only by adding multiple exogenous substances.

SSR analysis of common buckwheat flowers with different style length

会议论文

Pu Yang, Tenghui Li, Ying Du, Chao Guo, Jinfeng Gao, Xiaoli Gao, Pengke Wang, Baili Feng and Yan Chai

State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi, China

Corresponding Author: Pengke Wang, Email: ylwangpk@163.com

Keywords Common buckwheat, Style length, SSR marker

Abstract

The flower of common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) with complex morphology. The length of pistil and stamens are tightly associated with the self-fecundity of common buckwheat. In this work, we conducted SSR analysis for the flower with different morphology of style in common buckwheat. The result indicated that: (1) SSR band were amplified in both the two different type flower and one same type flower in buckwheat. 6 SSR markers, GB-FE-014, BM85, BM87, BM84, BM071 and 1094m, that associated with style length in the same genetic background were screened out. One SSR marker, BM85, that linked style length in different genetic background were identified. (2) In total, 24 band were amplified in the genome of 5 flower type common buckwheat, of which, 11 SSR markers, BM062, BM84, BM85, BM87, Fes2328, BM071, Fes1002, Fes1816, Fes1497, Fes2695 and GB-FE-109, showed high polymorphism and have clear band. (3) The amplification of marker BM85, BM87, BM84 and BM071 are stable and with high polymorphism in 5 different type common buckwheat. These result indicated that there is a high polymorphism among the five type common buckwheat and it is feasible to distinguish different type of common buckwheat by SSR markers.

Introduction

Common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) is a typical self-incompatibility crop, the seed setting rate was only 12% under the natural condition [1]. Buckwheat the self-incompatibility and outer cross are two main characteristics lead to the low seed setting rate, which is an important factor leading to the low yield [2, 3]. Common buckwheat has same-type flower and hetero-type flower. In the same type flowers, the pistil length is equal to stamen,

BioPublisher

发给 yangpu

2019-06-02 22:34 隐藏信息

发件人: BioPublisher<mail@sophiapublisher.com>

收件人: yangpu<yangpu@nwsuaf.edu.cn>

时间: 2019年6月2日 (周日) 22:34

大小: 2 KB

本科生论文投稿邮件

尊敬的 杨璞:

您好。

感谢您将稿件

〈中国苦荞主产区品种形态性状的遗传多样性分析〉

投稿至《《分子植物育种》官方网站》。透过我们所使用的期刊管理系统，您将能够登入期刊网站来追踪稿件的编辑进度：

稿件网

址：<http://biopublisher.cn/index.php/mpbopa/author/submiss>

用户名称：yangpu

如果您有任何问题，请与我们联系。再次感谢您考虑本期刊出版您的作品。

《分子植物育种》编辑部

《分子植物育种》官方网站

《分子植物育种》印刷版数字优先出版，是以《分子植物育种》印刷版期刊录用稿件为出版内容，先于印刷版期刊出版日期的在线出版模式。

<http://www.biopublisher.cn/index.php/mpbopa/index>

缴纳版面费通知-(M19000梁诗涵)中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析-《分子植物育种》编辑部

《分子植物育种》

发给 lsh_52501, yangpu@nwsuaf.edu.cn

2019-12-04 09:43 隐藏信息

发件人:《分子植物育种》<molplantbreed@126.com>

收件人: lsh_52501<lsh_52501@163.com>

抄送: yangpu@nwsuaf.edu.cn<yangpu@nwsuaf.edu.cn>

时间: 2019年12月4日 (周三) 09:43

大小: 3 MB

本科生论文接收邮件

 (M19000梁诗涵)中国苦荞主... (888 KB)  版面费收取通知- (M19000梁... (2 MB)

 版面费回执单-请认真填写, ... (34 KB)

尊敬的 梁诗涵、李境、周达、任慧莉、高金锋、王鹏科、高小丽、冯佰利、杨璞 作者:

经《分子植物育种》编委审核,您的稿件已被我期刊录用。附件为您的预定稿稿件,请检查文本是否有错误,若需修改,请用修订模式。

根据中国科协[1988]科协学发字039号《关于建议各学术期刊收取版面费的通知》精神,收取论文版面费。您的论文题目:中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析,论文编码M19000,预版面费为5200.00元人民币。请于2019年12月8日前汇往以下《分子植物育种》编辑部指定账户。

通过银行汇款至:

收款单位: 海南省生物工程协会

开 户 行: 中国农业银行海口市海秀支行

账 号: 21 16000 10400 23776



分子植物育种
Molecular Plant Breeding
ISSN 1672-416X, CN 46-1068/S

论文网络首发首页

《分子植物育种》网络首发论文

题目：中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析
作者：梁诗涵，李境，周达，任慧莉，高金锋，王鹏科，高小丽，冯佰利，杨璞
网络首发日期：2019-12-24
引用格式：梁诗涵，李境，周达，任慧莉，高金锋，王鹏科，高小丽，冯佰利，杨璞. 中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析. 分子植物育种. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20191224.1342.006.html>



网络首发：在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认：纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

论文首页

研究报告

Research Report

中国苦荞主产区苦荞种质形态性状的遗传多样性分析

梁诗涵^{1,2} 李境^{1,2} 周达^{1,2} 任慧莉^{1,2} 高金锋^{1,2} 王鹏科^{1,2} 高小丽^{1,2} 冯佰利^{1,2} 杨璞^{1,2*}

1 西北农林科技大学农学院, 旱区作物逆境生物学国家重点实验室; 2 西北农林科技大学, 农业部作物基因资源与种质创制陕西科学观测实验站, 杨凌, 712100

*通信作者, yangpu@nwsuaf.edu.cn

摘要 苦荞药食同源, 富含生物类黄酮和微量元素, 具有众多营养保健功效。本研究旨在了解中国苦荞主产区种质资源的遗传多样性, 以期为苦荞的良种选育提供理论依据。选择中国的 339 份苦荞种质, 2014—2015 年连续 2 年在陕西杨凌种植, 考察株高、主茎粗、主茎节数、主茎分枝数、二级分枝数、花簇数、千粒重、粒形、粒色 9 个性状, 并进行分析, 结果表明: (1) 339 份苦荞种质资源遗传多样性丰富, 大部分农艺性状呈显著的相关性, 二级分枝数、花簇数的变异系数大于 20%, 变异程度较大, 一级分枝数、主茎粗、株高、千粒重和主茎节数的变异系数依次降低。 (2) 主成分分析将 7 个数量性状简化为 3 个主成分, 累计贡献率为 69.08%。聚类分析将苦荞资源分为三组。中国苦荞资源遗传多样性丰富, 数量性状与质量性状变异广泛。苦荞种质性状特征与所处环境条件有一定的关联性。研究结果将为中国苦荞资源的遗传改良提供有价值信息。

关键词 苦荞(*Fagopyrum tataricum*), 形态性状, 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis on the Morphological Traits of Tartary Buckwheat Germplasm from Major Production Regions of China

Liang Shi-han^{1,2} Li Jing^{1,2} Zhou Da^{1,2} Ren Huili^{1,2} Gao Jin-feng^{1,2} Wang Peng-ke^{1,2} Gao Xiao-li^{1,2} Feng Bai-li^{1,2} Yang Pu^{1,2*}

1 State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Agronomy, Northwest A & F University; 2 Shaanxi Research Station of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement, Ministry of Agriculture, Northwest A & F University, Yangling, 712100

*Corresponding author, yangpu@nwsuaf.edu.cn

Abstract Tartary buckwheat, a medicinal-edible crop, is rich in bioflavonoids and trace elements, and has many nutraceutical effects.. The study aims to estimate the genetic diversities of Tartary buckwheat germplasm from major production regions of China, and further provide theoretical basis for the breeding of Tartary buckwheat. A total of 339 Tartary buckwheat germplasm from China were selected and planted for 2 consecutive years in Yangling, Shaanxi. Nine traits include plant height, stem width, node number, preliminary branch number, secondary branch number, flower cluster number, 1000 seed weight, seed size and seed color were recorded and analyzed. The results showed that: (1) Rich genetic diversity was discovered among the germplasm, there were significant correlations among most agronomic traits, the variation coefficient of the number of secondary branches, the number of flower clusters, primary branch number, main stem diameter, plant height, 1000-grain weight and the number of mainstem segments decreased in turn. (2) Principal component analysis showed that the seven main quantitative traits are simplified into three principal components, and the cumulative contribution rate

西北农林科技大学2017年校级教学改革与研究项目

结 题 证 书

编号: JY1703004

项目名称: 《常用生物软件操作》课程体系建设

项目类别: 培育项目

项目负责人: 杨璞

项目成员: 陈亮 聂小军 王晓明

验收结果: 优秀

本项目已完成并经专家组验收, 现准予结题。特发此证。



西北农林科技大学教务处

二零一七年七月

实验课程立项通知

信息名

称：关于开展本科实验课程建设工作的通知

发布科实验室管理科

发布时2019-03-11

室：

间：

西北农林科技大学教务处

关于开展本科实验课程建设工作的通知

各学院（系）：

为进一步加强实验教学，促进实验课程教学内容改革创新，提升实验室建设水平，提高学生实验和实践创新能力，学校决定以项目化管理形式全面开展本科实验课程建设工作。现将有关事项通知如下：

一、申报范围与条件

1.申报范围

本科人才培养方案中规定的必修及选修实验课程，原则上要求已至少开设2年以上。

2.申报团队要求

以教学团队形式申报，团队负责人应熟悉所申报课程的教学大纲，实践教学经验丰富，讲授该门课程2轮次以上；团队成员中应至少有1名实验技术人员。

二、建设内容

1.形成实验课程质量标准。根据专业人才培养目标，结合本专业实际和特点，注重科技成果吸收转化，更新实验教学项目、内容；改进实验教学方法；创新实验教学考核方式；合理设定实验课程内容更新比例，确保验证性、设计性、创新性、综合性等实验项目比例结构适当。

2.提出满足实验课程建设的实验室仪器设备配置标准及清单。

三、建设要求

1.各学院（系）对标国际、国内一流专业，以本科专业类教学质量国家标准、专业认证为标准，结合新版人才培养方案的修订，以专业或实验课程为单位统筹考虑，全面启动实验课程建设。



2.各学院（系）在统筹考虑仪器设备现有配置和共享情况的基础上，以功能实验室为单位整合汇总实验课程建设所对应的《实验条件建设新增仪器清单》。根据实验课程开课时间先后，分2 - 3年提出实验课程建设相对应的实验室仪器设备配置清单。学校论证通过后，从改善基本办学条件专项逐步予以经费支持，优先支持一流专业实验课程、基础实验课程、专业核心课程实验条件建设。

四、建设程序

各学院（系）教学院长（主任）为本单位实验课程建设工作负责人，统筹安排本单位实验课程建设规划、实验课程建设的申报、立项、考核、验收等工作。

1.项目立项

学院（系）结合新版人才培养方案修订，全面梳理开设的实验课程教学内容，在充分论证的基础上，编制本单位《实验课程建设规划》（附件1），并通过学院教授委员会审议确定。学院（系）根据规划进行实验课程立项建设。

2.项目验收

项目团队按期完成实验课程建设，向学院提交《实验课程建设项目任务书》（附件2）、《实验课程质量标准》（附件3），学院（系）组织专家进行项目考核、验收。

3.项目审核

学校组织专家对学院（系）提交的《实验课程质量标准》、及整合汇总的《实验条件建设新增仪器清单》进行审核。

五、进度安排

1月21日 - 3月25日，学院（系）编制《实验课程建设规划》。组织实验课程建设项目立项，并将《2019年实验课程建设项目立项汇总表》（附件4）报教务处，电子版发送至指定邮箱。

3月26日 - 5月10日，学院（系）按计划进行实验课程建设。

5月11日 - 5月20日，学院（系）组织实验课程建设项目验收。将本单位《实验课程建设规划》、《实验课程建设项目任务书》、《实验课程质量标准》、《实验条件建设新增仪器清单》（附件5）、《2019年实验课程建设项目验收汇总表》（附件6）报教务处，电子版发送至指定邮箱。

5月21日 - 5月31日，学校审核、论证，审核结果反馈学院（系）。审核通过的实验课程建设所对应的《实验条件建设新增仪器清单》纳入实验室条件建设标准数据库。

6月1日 - 6月5日，学院（系）编制改善基本办学条件本科教学实验课程改革类实验条件建设项目申报书。

6月6日 - 6月30日，学校审议，接受教育部改善基本办学条件项目专家评审。

六、经费资助



实验课程建设统一纳入学校教学改革项目建设序列，学院（系）验收合格并通过学校专家评审的项目按校级教学改革项目对待。项目建设经费以学校教改专项和

教学运行费形式下达，主要用于调研、专家咨询、参加培训或进修、实验材料、资料、印刷等支出。鼓励学院（系）配套相应经费和激励政策。

本科实验课程建设是实验教学改革工作的重要基础，请各学院（系）高度重视，积极做好统筹规划、组织建设工作，为项目建设提供必要的条件保障与支持。实验课程建设完成后，各学院（系）要及时安排落实所建实验项目进实验室、进课堂。

联系人：王麻林

联系电话：87091077

电子邮箱：shiyanke@nwsuaf.edu.cn。

务
处

03-
11

附件：

[实验课程建设相关附件.zip](#)

打印 关闭

Copyright © 2007-2017 西北农林科技大学教务处 All Rights Reserved 网站负责人：陈遇春 管理员：贾伟洋

地址：陕西杨凌农业高新技术产业示范区西农路22号 邮编：712100 电话（传真）：029-87091122

#if(\$curChannel.name != \$rootChannel.name) #end



2019年实验课程建设项目验收结果

学院	序号	项目名称	课程名称	课程号	项目负责人	验收结果
农学院	1	实验室安全教育	实验室安全教育		孟敏	合格
	2	常用生物技术软件操作	常用生物技术软件操作	4013021	杨璞	合格
	3	计算机数据处理	计算机数据处理	3013024	王长发	合格
	4	农产品加工学/植物产品加工工艺学	农产品加工学/植物产品加工工艺学	3014028/3013043	张莉	合格
	5	农业生物技术	农业生物技术	3013008	汪勇	合格
	6	农业信息技术	农业信息技术	3014035	王瑞	合格
	7	生物信息学	生物信息学	3013038	童维	合格
	8	遗传学	遗传学	2012001	史雪	合格
	9	植物组织与细胞培养	植物组织与细胞培养	3013000	李春莲	合格
	10	种子生物学	种子生物学	3013007	张玲丽	合格
	11	种子学	种子学	3014004	马守才	合格
	12	作物栽培学	作物栽培学	3014007	刘杨	合格
植保学院	1	普通植物病理学	普通植物病理学（上） 普通植物病理学（下） 真菌学 病毒学	2023015 2023016 2022004 2022025	吴云锋	合格
	2	农业植物病理学	农业植物病理学（上） 农业植物病理学（下） 农业植物病理学（制药）	3024011 3024012 2023049	刘巍	合格
	3	农业昆虫学	农业昆虫学（上） 农业昆虫学（下） 农业昆虫学（制药）	3024009 3024010 2023047	李怡萍	合格
	4	普通昆虫学	普通昆虫学（上） 普通昆虫学（下）	2023013 2023014	花保祯	合格
	5	植物化学保护	植物化学保护学实验	3024022	吴华	合格
	6	试验设计与统计分析	试验设计与统计分析	3023052	郝兴安	合格
	7	植物保护学	植物保护学（设施）	3023092	张世泽	合格
	8	城市资源昆虫学	资源昆虫学 城市昆虫学	3024077 3024027	王敦	延后建设
	9	昆虫生态与行为学	昆虫生态学 昆虫行为学	3023037 3024038	胡祖庆	合格
	10	植保研究技术	昆虫研究技术 植病研究技术 农药生物技术	3024039 3024007 3024044	胡祖庆	合格
	11	植物检疫学	植物检疫学 植物检疫学（食品）	3024071 3024099	张皓	合格
	12	生物防治	生物防治	3024000	吴云锋	合格
	13	园艺植物保护学	园艺植物病理学 园艺植物昆虫学	2023090 2023091	吕淑敏	合格
	14	微生物学	工程微生物学 微生物生态学 微生物学	2023031 2023009 2022017	朱明旗	合格
	15	化工原理	化工原理	2022001	陈光友	合格
	16	农药毒理学	农药毒理学	3024002	马志卿	合格

编号: SCIE-LY-20200330-1

检索报告

根据委托人杨璞委托,通过网络检索,杨璞发表的 1 篇论文被《科学引文索引》扩展版 (SCI-Expanded) 数据库收录。数据库具体检索结果如下:

标题: Identification of Differentially Expressed Genes Involved in the Molecular Mechanism of Pericarp Elongation and Differences in Sucrose and Starch Accumulation between Vegetable and Grain Pea (*Pisum sativum* L.)

作者: Yang, P (Yang, Pu)[1,2]; Li, ZH (Li, Zhonghao)[1,2]; Wu, CY (Wu, Caoyang)[1,2]; Luo, Y (Luo, Yan)[1,2]; Li, J (Li, Jing)[1,2]; Wang, PK (Wang, Pengke)[1,2]; Gao, XL (Gao, Xiaoli)[1,2]; Gao, JF (Gao, Jinfeng)[1,2]; Feng, BL (Feng, Baili)[1,2]

INTERNATIONAL JOURNAL OF MOLECULAR SCIENCES 卷: 20 期: 24

DOI: 10.3390/ijms20246135 出版年: DEC 2019 文献类型: Article

通讯作者地址: Feng, BL (通讯作者) Northwest A&F Univ, Coll Agron, State Key Lab Crop Stress Biol Arid Areas, Yangling 712100, Shaanxi, Peoples R China.

通讯作者地址: Feng, BL (通讯作者) Minist Agr, Shaanxi Res Stn Crop Gene Resources & Germplasm E, Yangling 712100, Shaanxi, Peoples R China.

地址: [1] Northwest A&F Univ, Coll Agron, State Key Lab Crop Stress Biol Arid Areas, Yangling 712100, Shaanxi, Peoples R China

[2] Minist Agr, Shaanxi Res Stn Crop Gene Resources & Germplasm E, Yangling 712100, Shaanxi, Peoples R China

电子邮件地址: yangpu@nwsuaf.edu.cn; lizhonghao@nwfufu.edu.cn; wucaoyang@nwfufu.edu.cn; 1994lyyl@nwfufu.edu.cn; lijing1993@nwfufu.edu.cn; ylwangpk@163.com;

gao2123@nwsuaf.edu.cn; gijfnxy@nwfufu.edu.cn; fengbaili@nwsuaf.edu.cn

出版商 MDPI, ST ALBAN-ANLAGE 66, CH-4052 BASEL, SWITZERLAND

研究方向: Biochemistry & Molecular Biology; Chemistry

Web of Science 类别: Biochemistry & Molecular Biology; Chemistry, Multidisciplinary

语言: English 入藏号: WOS:000506840100030 eISSN: 1422-0067

Web of Science 核心合集中的 "被引频次": 0

第一作者杨璞, 第一署名单位西北农林科技大学农学院, 旱区逆境生物学国家重点实验室。通讯作者冯佰利, 署名单位西北农林科技大学农学院, 旱区逆境生物学国家重点实验室, 农业部作物基因资源与种质创制陕西科学观测实验站。

2019 年公布的影响因子: 4.183, 期刊分区:

JCR® 类别	类别中的排序	JCR 分区
BIOCHEMISTRY & MOLECULAR BIOLOGY	78/299	Q2
CHEMISTRY, MULTIDISCIPLINARY	46/172	Q2

2019 年中科院分区:

	学科名称	分区	Top 期刊
小类	BIOCHEMISTRY & MOLECULAR BIOLOGY 生化与分子生物学	3	-
小类	CHEMISTRY, MULTIDISCIPLINARY 化学综合	3	-
大类	生物	2	是

查证检索: 刘媛

西北农林科技大学图书馆

2020 年 03 月 30 日





Article

Identification of Differentially Expressed Genes Involved in the Molecular Mechanism of Pericarp Elongation and Differences in Sucrose and Starch Accumulation between Vegetable and Grain Pea (*Pisum sativum* L.)

Pu Yang ^{1,2,†} , Zhonghao Li ^{1,2,†}, Caoyang Wu ^{1,2}, Yan Luo ^{1,2}, Jing Li ^{1,2}, Pengke Wang ^{1,2}, Xiaoli Gao ^{1,2}, Jinfeng Gao ^{1,2} and Baili Feng ^{1,2,*}

¹ State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; yangpu@nwsuaf.edu.cn (P.Y.); lizhonghao@nwafu.edu.cn (Z.L.); wucaoyang@nwafu.edu.cn (C.W.); 1994lyyl@nwafu.edu.cn (Y.L.); lijing1993@nwafu.edu.cn (J.L.); ylwangpk@163.com (P.W.); gao2123@nwsuaf.edu.cn (X.G.); gjfnxy@nwafu.edu.cn (J.G.)

² Shaanxi Research Station of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement, Ministry of Agriculture, Yangling 712100, China

* Correspondence: fengbaili@nwsuaf.edu.cn; Tel.: +86-29-8708-2889

† These authors contributed equally to this work.

Received: 29 September 2019; Accepted: 3 December 2019; Published: 5 December 2019



Abstract: Pea (*Pisum sativum* L.), as a major source of plant protein, is becoming one of the major cultivated crop species worldwide. In pea, the pericarp is an important determinant of the morphological characteristics and seed yield. To investigate the molecular mechanism of pericarp elongation as well as sucrose and starch accumulation in the pods of different pea cultivars, we performed transcriptomic analysis of the pericarp of two types of pea cultivar (vegetable pea and grain pea) using RNA-seq. A total of 239.44 Gb of clean sequence data were generated, and were aligned to the reference genome of *Pisum sativum* L. In the two samples, 1935 differentially expressed genes (DEGs) were identified. Among these DEGs, three antioxidant enzyme superoxide dismutase (SOD) were detected to have higher expression levels in the grain pea pericarps at the pod-elongating stages. Otherwise, five peroxidase (POD)-encoding genes were detected to have lower expression levels in the vegetative pericarps at the development stage of pea pod growth. Furthermore, genes related to starch and sucrose metabolism in the pea pod, such as *SUS*, *INV*, *FBA*, *TPI*, *ADPase*, *SBE*, *SSS*, and *GBSS*, were found to be differentially expressed. The RNA-seq data were validated through real-time quantitative RT-PCR of 13 randomly selected genes. Our findings provide the gene expression profile of, as well as differential expression information on, the two pea cultivars, which will lay the foundation for further studies on pod development and nutrition accumulation in the pea and provide valuable information for pea cultivar improvement.

Keywords: pea (*Pisum sativum* L.); RNA-seq; transcriptome; pod elongation; gene

1. Introduction

Pea (*Pisum sativum* L.), belonging to the legume family, is an annual or biennial crop that originated in the southern part of Europe, the Mediterranean coast, and West Asia [1]. Pea seeds can not only be used as food but also as fodder, and their tender seeds, pods, and seedlings are consumed as edible vegetables. Pea is a widely cultivated crop species and a major source of plant protein for both animal and human consumption [2]. Moreover, the seeds are also used in treating wrinkled skin, diabetes,

acne, phlegm, and intestinal inflammation [3,4]. One study suggested that the active ingredients in pea have important anticancer properties [5]. According to the statistics of the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), there are 89 countries around the world that plant pea. In 2017, the area for pea cultivation reached 2.669 million hectares, and the total output was 33.29 million tons (FAO) [6].

As a major pulse crop for its protein-rich seeds, much research has focused on the components and development of the seed as well as the breeding of pea. For instance, in some studies on pea seed proteins (*Pisum sativum* L.), researchers found that globulin or storage proteins are the predominant proteins [7,8]. Ronald et al. also isolated and purified two major closely related albumin proteins from pea [9]. Sucrose, starch, alkaloids, galactolipids, trigonelline, piplartine, and essential oils have also been detected in pea seed [4].

In the context of seed development, *ABI5* genes have been found to impact seed maturation and longevity [10]. Enzymes related to glutamine metabolism are also thought to have an impact on the senescence and seed development of pea while antioxidant enzymes regulate pod elongation [11,12]. Currently, studies of simple sequence repeats (SSRs) in the pea genome have gained increasing interest in the field of breeding, with the identification of many novel SSRs that assist in breeding [13–15]. While there has been a lot of research on pea seeds and breeding, the studies on peel remain scarce, despite its close ties to seed growth.

Peel is the package or wrapping around the seed, which differentiates and develops from the ovary wall [16]. Some studies have indicated that most peels are likely to have certain characteristics, which allows for their use in different applications, for example, in medicine, as value-added ingredients in various food applications, or as anti-mosquito or deodorant products [17,18]. The pericarp of the pea pod has also shown potential antihyperglycemic activity [19]. Moreover, the pea pericarp is a homologous organ of the leaf, and has a complete photosynthetic function and assists in the growth of seeds but does not play a protective role. Research has indicated that the pea pod has a significant influence in seed photosynthesis in the early stages of pod development and the later stages of plant growth [20]. Thus, the pod weight is the foundation for the formation of multiple seed pods and large pods [20,21]. However, as the edible part of the pea is its seeds, the pericarp is often thrown away as waste, contributing to the lack of research on the pea pod.

Nowadays, with the development of next-generation technologies, RNA-seq, with its rapidly declining cost and increasing efficiency, is quickly becoming a mainstay in plant genetics and biochemistry research [22,23]. Recently, Iveta and colleagues characterized the differentially expressed genes involved in pea pod dehiscence through combined transcriptomic and metabolomic analyses [24]. While this study provided insights into pod dehiscence, other mechanisms remain unknown, such as those involved in the biosynthesis of components that govern differences in the traits of shape and weight between different pods. In our study, we chose two types of materials (grain pea pod and vegetable pea pod) for transcriptomic analysis to investigate the different regulatory mechanisms of the two different types of pea pod. Our research can provide guidelines for pea breeding and the conversion of byproducts.

2. Results

2.1. The Phenotypic Traits of Vegetable and Grain Pea Pericarp at Five Developmental Stages

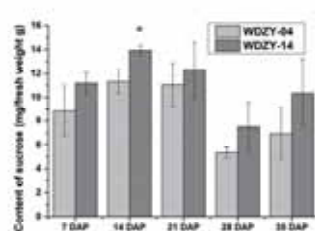
Vegetable pea and grain pea show differences in their morphology, nutrition, and taste, with vegetable pea having a higher content of sugar than grain pea, leading to vegetable pea being sweet [25]. In our study, vegetable pea, WDZY-14, and grain pea, WDZY-04, were used. In terms of pod development, the two cultivars showed a significant difference in phenotypic traits. Regarding the pea pericarp, the size in grain pea (WDZY-04) was slightly smaller than in vegetable pea (WDZY-14). The histogram presents the distribution of the shape and weight at each stage (Figure 1D–F). At 7 days after pollination (DAP), the two cultivar pericarps were around 6.3 and 7.6 cm in length, and 1.3 and

1.5 cm in width for the grain pea and vegetable pea, respectively. During pea growth, the size of the pericarp increased, and the largest size was reached at 28 DAP, at which the length and width of the WDZY-04 pea pericarp were 7.9 and 1.54 cm, and those of WDZY-14 were 8.23 and 1.56 cm, respectively. As for the grain pea, WDZY-04, the pericarp size changed most significantly from 7 to 28 DAP, and the length of the pericarp at 28 DAP was almost 1.27 times that at 7 DAP. This result means that, compared with vegetable pea, the pericarp of grain pea elongated more quickly from 7 to 28 DAP (Figure 1D). Meanwhile, during the growth development of the two pea cultivars, the trend of the pericarp weight was increased from 7 to 21 DAP and then decreased. The pericarp weight of WDZY-14 at each stage was heavier than that of WDZY-04 except at 35 DAP.

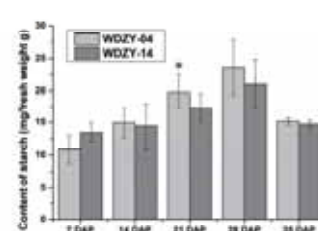
The pericarp sucrose contents of the two cultivars differed at each development stage. WDZY-14 accumulated more sucrose than WDZY-04 during growth development (Figure 1B). However, the two cultivars had a similar trend at each development stage, which is that the content of sucrose increased from 7 to 14 DAP, where it reached its peak, followed by a decreasing trend until 28 DAP, whereby it began to increase. Meanwhile, the starch content of the two cultivars presented a single peak pattern during their growth development (Figure 1C). The starch content of the cultivar WDZY-04 was higher than that of WDZY-14.



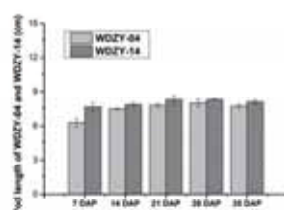
(A)



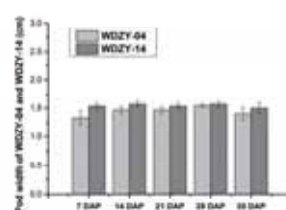
(B)



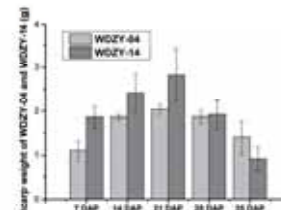
(C)



(D)



(E)



(F)

Figure 1. The morphology of the pea pericarp at different developmental stages and pea pericarp size measurement. (A) The pod and pericarp of grain pea (WDZY-04) and vegetable pea (WDZY-14) at 7, 14, 21, 28, and 35 days after pollination (DAP). (B) Comparison of the sucrose contents in two pea cultivars at five developmental stages. (C) Comparison of the starch contents in two pea cultivars at five developmental stages. (D–F) The length, width, and fresh weight of the pea pericarp at five developmental stages, respectively. The measurement data are shown with standard error bars from three repeated experiments. The data are the means \pm SE ($n = 3$). * Denotes a significant difference at $p < 0.05$ (T-test).

2.2. RNA-seq of the Pea Pericarp Transcriptome

The total RNA was extracted from the pea pericarp of WDZY-14 and WDZY-04 at five growth developmental stages. Then, cDNA libraries were prepared and sequenced using an Illumina HiSeq 4000 platform. We subsequently obtained transcriptomic data from 30 samples that contained the two cultivars of pea pericarp at five stages and their biological replicates. As a result, 239.4 Gb of clean data were produced, and 1641,965,412 clean reads were generated after removing adaptor sequences, ambiguous reads, and low-quality reads (Table 1). The quality of base calling was mostly above Q30, with >96% of the reads having a quality score above Q30. The GC content ranged from 43.05% to 44.16%. The distribution of the base qualities and base percentage composition of the reads of each sample are shown in Figures S1 and S2.

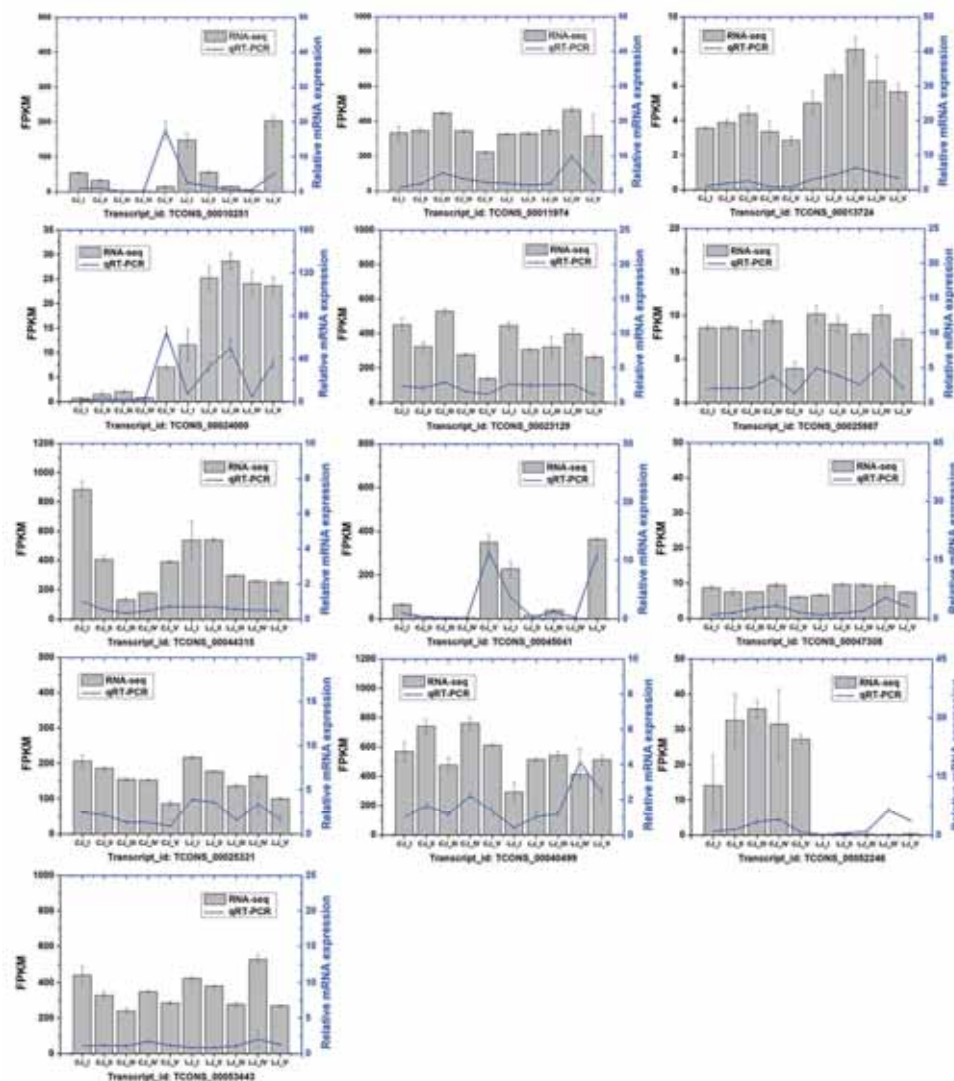
Table 1. Statistical analysis of the pea pericarp transcriptome data of vegetable pea (WDZY-14) and grain pea (WDZY-04) at five growth developmental stages.

Transcriptome Sample	Total Clean Reads	Clean Bases (bp)	Q30 (%)	GC (%)	Total Mapped Reads (%)
WDZY-04_ I#1	50,177,200	7,327,792,349	96.765	43.575	44,475,396 (88.6%)
WDZY-04_ I#2	49,061,332	7,188,004,754	96.825	43.245	43,387,875 (88.4%)
WDZY-04_ I#3	50,406,494	7,306,478,571	96.675	43.37	44,730,739 (88.7%)
WDZY-04_ II#1	52,539,172	7,662,278,764	96.74	43.3	46,613,759 (88.7%)
WDZY-04_ II#2	43,217,524	6,246,391,018	96.585	43.475	38,215,715 (88.4%)
WDZY-04_ II#3	64,372,148	9,362,931,919	96.835	43.36	57,145,999 (88.8%)
WDZY-04_ III#1	70,119,664	10,202,409,573	96.815	43.245	62,179,404 (88.7%)
WDZY-04_ III#2	42,849,086	6,201,019,405	96.655	43.22	37,836,945 (88.3%)
WDZY-04_ III#3	50,627,610	7,391,282,480	97.485	43.045	45,179,447 (89.2%)
WDZY-04_ IV#1	46,268,006	6,789,317,950	96.42	43.15	40,851,769 (88.3%)
WDZY-04_ IV#2	55,534,482	8,050,533,372	96.705	43.16	49,204,948 (88.6%)
WDZY-04_ IV#3	44,742,284	6,511,953,243	97.725	43.335	39,799,834 (89.0%)
WDZY-04_ V#1	51,782,254	7,463,115,630	96.84	43.2	44,300,719 (85.6%)
WDZY-04_ V#2	64,122,736	9,251,735,817	96.825	43.435	54,682,602 (85.3%)
WDZY-04_ V#3	51,512,076	7,460,292,563	96.78	43.405	43,870,727 (85.2%)
WDZY-14_ I#1	53,175,366	7,763,234,698	97.45	43.96	48,054,402 (90.4%)
WDZY-14_ I#2	46,601,580	6,807,140,735	97.435	43.93	42,061,045 (90.3%)
WDZY-14_ I#3	48,438,836	7,005,642,104	97.1	43.855	43,603,612 (90.0%)
WDZY-14_ II#1	48,696,214	7,105,553,520	97.425	43.59	43,878,335 (90.1%)
WDZY-14_ II#2	88,115,270	12,807,329,980	97.37	43.63	79,369,026 (90.1%)
WDZY-14_ II#3	47,762,154	6,956,660,221	97.43	43.425	43,127,846 (90.3%)
WDZY-14_ III#1	46,007,202	6,562,236,455	97.19	43.565	40,383,101 (87.8%)
WDZY-14_ III#2	77,181,058	11,150,851,050	97.51	43.715	68,087,616 (88.2%)
WDZY-14_ III#3	73,287,766	10,600,678,854	97.46	43.68	64,597,938 (88.1%)
WDZY-14_ IV#1	46,437,750	6,721,682,138	96.93	43.925	41,388,924 (89.1%)
WDZY-14_ IV#2	52,647,274	7,628,273,045	97.44	43.43	47,093,257 (89.5%)
WDZY-14_ IV#3	56,984,532	8,236,432,557	96.845	43.255	50,542,076 (88.7%)
WDZY-14_ V#1	58,306,756	8,466,331,576	97.485	44.04	46,961,785 (80.5%)
WDZY-14_ V#2	45,359,128	6,567,548,081	97.49	44.155	36,311,644 (80.1%)
WDZY-14_ V#3	65,632,458	9,522,635,831	97.47	44.01	52,782,939 (80.4%)

Moreover, a coverage analysis of the genes and an assessment of the sequencing randomness were conducted in our study to evaluate the quality of the sequencing. Each clean read for each sample was evenly distributed in the gene body (Figure S3). Meanwhile, Pearson's correlation analysis was performed to evaluate the reproducibility of the biological replicates. As shown in Figure S4, the

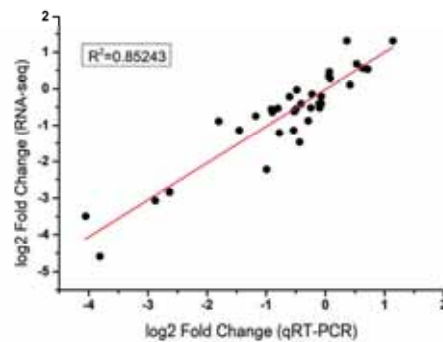
correlations between samples among the same biological replicates were good, with a value ranging from 0.91 to 1.000. However, the correlations between samples of the biological replicates varied significantly, with a value ranging from 0.04 to 0.88. Meanwhile, qRT-PCR analysis was used to validate the quality of the RNA-seq data. A total of 13 genes were selected. As expected, most of these candidate genes had similar expression tendencies (Figure 2A). While the exact change did not exactly match that of the others, the expression trends of all genes from the qRT-PCR and RNA-seq analyses were largely consistent (Pearson's correlation coefficient, $R^2 = 0.85$) (Figure 2B). The strong correlation between the RNA-seq and qRT-PCR data indicates the reliability of the transcriptomic profiling data.

All of the clean reads were then mapped to the reference genome of *Pisum sativum* Linn (downloaded from NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/PUCA000000000.1/>), and more than 85% of the clean reads perfectly matched the reference genome (Table 1).



(A)

Figure 2. Cont.



(B)

Figure 2. (A) qRT-PCR validation of 13 selected genes during the growth development of two pea cultivars. Gray bars indicate the transcript abundance change based on the FPKM values (fragments per kilobase of transcript per million fragments sequenced), according to RNA-seq (left y-axis). Blue lines with standard errors represent the relative expression level, determined by qRT-PCR from independent biological replicates (right y-axis). (B) Correlation analysis of 13 selected genes based on qRT-PCR and RNA-seq data; Pearson's correlation coefficient (r) is 0.92549 ($p < 0.05$).

2.3. Analysis of the Expression Level and Differentially Expressed Genes (DEGs)

To quantify the expression levels of the transcripts, the Bowtie 2 program was used with RSEM [26,27]. Then, the numbers of mapped reads and the FPKM (fragments per kb per million reads) values were obtained for the following analysis. The statistical results on the expression level (FPKM) of the transcripts for each sample are shown in Table S1.

The genes that were differentially expressed in the vegetable pea pod and grain pea pod at the five growth developmental stages were compared using $|\log_2(\text{fold change})| \geq 1$ and FDR (false discovery rate), with ≤ 0.05 as a significant cutoff criterion. After data filtering, we detected 6842, 6287, 8767, 8101, and 8417 differentially expressed genes (DEGs) in the two cultivars at the five stages (Table S2). Among these DEGs, 2523, 3036, 3562, 3965, and 3766 were \log_2 fold change ≥ 1 (more expressed in the vegetable pea pericarp), and 4319, 3215, 5205, 4136, and 4651 were \log_2 fold change ≤ -1 (less expressed in the vegetable pea pericarp) (Table S2). A total of 1935 DEGs were common in both cultivars and were putatively considered to be associated with the phenotypic trait differences in this species (Figure 3A). Of the DEGs in the vegetable pea pericarp, 730 out of a total of 1935 were more expressed and 1158 were less expressed in the vegetable pea pericarp.

In order to understand the expression pattern of DEGs in the five stages for the two cultivars, we conducted hierarchical clustering for the DEGs for the five compared groups (Figure 4). The differentially expressed genes in the five groups were mainly classified into high-expression genes (red) and low-expression genes (green). We grouped genes with a similar expression pattern into a set and used six, five, four, four, and three model profiles to summarize the expression pattern of this subcluster of genes. The DEGs in the five groups fluctuated obviously (more expressed or lower expressed). The expression pattern of the sub-cluster genes in each group is shown in Figure S5.

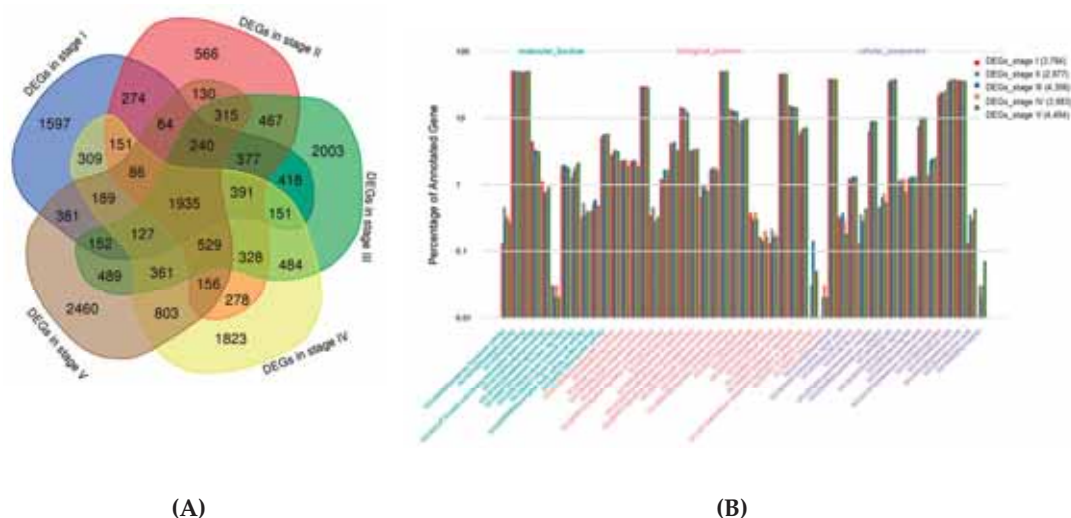


Figure 3. Venn diagram of DEGs and the GO annotation of DEGs in the five compared groups. **(A)** Venn diagram of the number of DEGs in different development stages. **(B)** The GO annotation of DEGs in the different developmental stages.

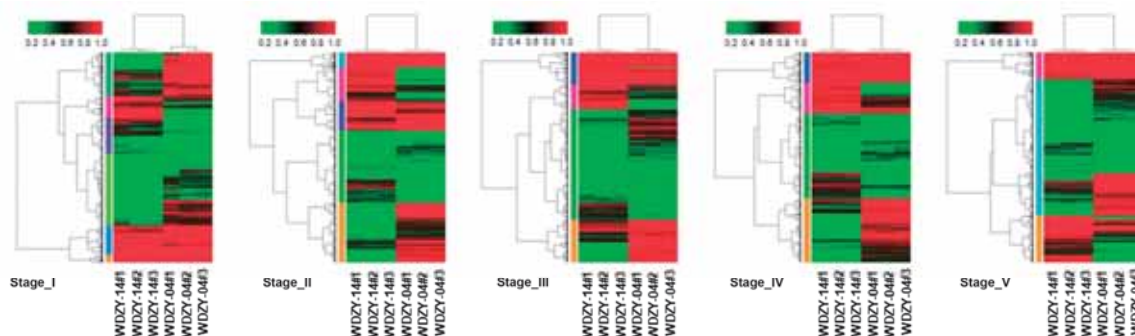


Figure 4. Hierarchical cluster map of differentially expressed genes in the five compared groups. Note: Red indicates high expression and green indicates low expression. The color, from red to green, indicates $\log_{10}(\text{FPKM} \pm 1)$, from large to small.

2.4. GO and KEGG Classification

Gene ontology (GO) and Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) enrichment analyses revealed the biological processes, cellular components, molecular functions, and metabolic pathways associated with the identified transcripts from the vegetable pea pericarp and grain pea pericarp. All of the DEGs were divided into three GO categories: Biological process, cellular component, and molecular function (Figure 3B). In the GO annotation, 45, 44, 46, 45, and 45 terms were categorized for the DEGs of developmental stages I–V, respectively. In the biological process, ‘metabolic process’, ‘cellular process’, and ‘single-organism process’ were the most highly represented terms, and ‘membrane part’, ‘membrane’, ‘organelle’, ‘binding’, ‘catalytic activity’, and ‘transporter activity’ were the most enriched in the cellular component and molecular function of the level-two GO term (Figure 3B).

To investigate the DEG-related pathways, we conducted KEGG annotation of these transcripts. As a result, 19 pathways belonging to 5 categories were retrieved for each compared group. Among them, ‘carbohydrate metabolism’, ‘biosynthesis of other secondary metabolites’, ‘signal transduction’, ‘energy metabolism’, ‘folding, sorting and degradation’, ‘amino acid metabolism’, and ‘translation’ were the top three annotation terms in each group (Figure S6). Similarly, we also analyzed the total DEGs (higher expressed and lower expressed in the vegetable pea pericarp, respectively), and the top

three level-two GO terms of more expressed DEGs were ‘biosynthesis of other secondary metabolites’, ‘carbohydrate metabolism’, ‘signal transduction’, ‘folding, sorting and degradation’, ‘amino acid metabolism’, ‘lipid metabolism’, and ‘translation’. The category with the highest number of lower expressed DEGs in the five groups was ‘carbohydrate metabolism’, followed by ‘energy metabolism’, ‘amino acid metabolism’, ‘signal transduction’, ‘translation’, and ‘folding, sorting, and degradation’ (Figure S6).

2.5. DEGs Related to Pod Elongation

Reactive oxygen species (ROS) play an important role in such plant functions as cell wall loosening and elongation [28]. The antioxidant enzymes superoxide dismutase (SOD) and peroxidase (POD) were found to be associated with pod growth through the regulation of ROS generation and transformation [12]. In our study, we compared the difference in growth between two cultivars of pericarp and identified the DEGs associated with pericarp elongation. As a result, three superoxide dismutase (SOD)-encoding genes were differentially expressed (Table 2). The gene XLOC_013249 (NR database_id: CAD42655.1), XLOC_030516 (NR database_id: XP_013461079.1, and XLOC_038705 (NR database_id: XP_004508271.1) were more highly expressed in the grain pea pericarp than in vegetable pea pericarp at stages III and V (Table 2). The expression levels of these three genes were not significantly different at stages I and II (supplementary dataset 1).

Table 2. DEGs and enzymes involved in pod elongation.

Function	Gene_ID (NR database_id)	Growth Stage	WDZY -04#1 (FPKM)	WDZY -04#2 (FPKM)	WDZY -04#3 (FPKM)	WDZY -14#1 (FPKM)	WDZY -14#2 (FPKM)	WDZY -14#3 (FPKM)
SOD (superoxide dismutase)	XLOC_013249 (CAD42655.1)	Stage III	0.84	0.92	1.48	0.32	0.19	0.19
	XLOC_030516 (XP_013461079.1)	Stage V	6.89	4.96	5.59	2.06	1.56	2.14
	XLOC_038705 (XP_004508271.1)	Stage V	7.67	7.41	7.77	2.66	2.17	2.11
	XLOC_016611 (BAD97435.1)	Stage I	12.48	14.26	7.99	0.67	0.77	0.52
	XLOC_007148 (BAD97436.1)	Stage I	156.02	161.58	124.67	51.6	55.49	54.04
	XLOC_034947 (BAD97436.1)	Stage I	99.49	99.11	82.03	4.86	5.75	5.72
	XLOC_037479 (BAD97439.1)	Stage I	38.62	37.61	37.81	10.94	12.67	15.38
POD (peroxidase)	XLOC_031402 (CAA09881.1)	Stage I	259.53	233.79	187.8	60.94	63.29	70.8
	XLOC_006267 (BAD97438.1)	Stage I	44.78	41.83	36.77	14.98	15.67	15.38
	XLOC_006821 (BAD97436.1)	Stage I	2.94	1.66	1.73	0	0.18	0
	XLOC_006267 (BAD97438.1)	Stage II	14.48	14.26	13.78	5.87	6.66	6.89
	XLOC_016611 (BAD97435.1)	Stage II	27.55	22.79	25.32	1.18	1.55	1.83
	XLOC_016611 (BAD97435.1)	Stage III	26.89	28.71	30.24	2.3	2.01	1.81
	XLOC_018196 (XP_010104370.1)	Stage III	0.28	0.07	0.32	0	0	0
	XLOC_007148 (BAD97436.1)	Stage III	16.03	14.61	14.63	2.5	1.93	1.74
	XLOC_034947 (BAD97436.1)	Stage III	1.18	1.42	1.45	0.38	0.09	0.15
	XLOC_031402 (CAA09881.1)	Stage III	40.27	39.64	36.16	6.84	6.46	5.4
	XLOC_006267 (BAD97438.1)	Stage III	27.95	26.15	25.67	7.26	5.53	5.6

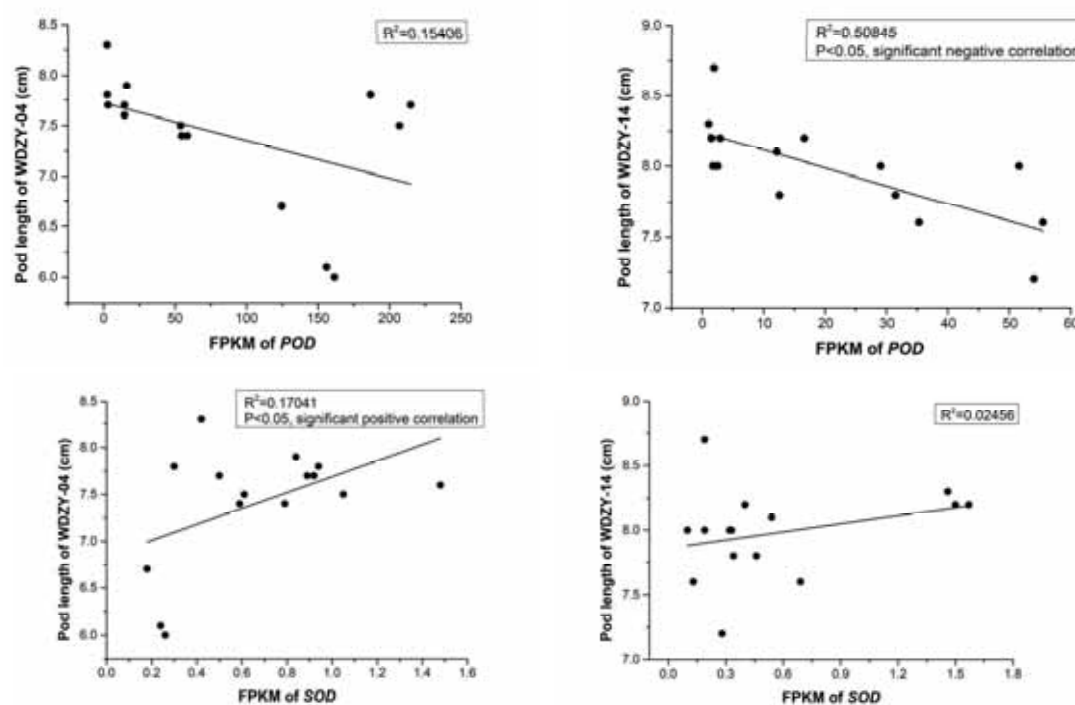
Table 2. Cont.

Function	Gene_ID (NR database_id)	Growth Stage	WDZY -04#1 (FPKM)	WDZY -04#2 (FPKM)	WDZY -04#3 (FPKM)	WDZY -14#1 (FPKM)	WDZY -14#2 (FPKM)	WDZY -14#3 (FPKM)
POD (peroxidase)	XLOC_016611 (BAD97435.1)	Stage IV	26.56	24.06	21.55	0.91	0.69	0.74
	XLOC_034947 (BAD97436.1)	Stage IV	0.27	0.16	0.16	2.38	3.29	3.73
	XLOC_037479 (BAD97439.1)	Stage IV	0.43	1	0.48	1.61	1.62	1.81
	XLOC_031402 (CAA09881.1)	Stage IV	0.62	0.99	0.89	2.57	2.7	4.32
	XLOC_007148 (BAD97436.1)	Stage V	186.77	214.85	207.05	16.61	12.58	12.14
peroxisome	XLOC_010379 (XP_013470503.1)	Stage I	0.8	1.2	1.46	0.17	0.24	0.5
	XLOC_010379 (XP_013470503.1)	Stage III	1.48	1.55	1.92	0.33	0.47	0.51
	XLOC_010379 (XP_013470503.1)	Stage IV	0.74	0.96	1.06	1.93	2.08	2.06
	XLOC_010379 (XP_013470503.1)	Stage V	0.49	0.33	0.28	0.77	0.55	0.72
	XLOC_019651 (GAU39672.1)	Stage I	71.72	61.62	56.4	0	0	0
ko(04146)	XLOC_019651 (GAU39672.1)	Stage II	36.91	42.82	46.38	0	0	0
	XLOC_019651 (GAU39672.1)	Stage III	50.38	54.52	25.55	0	0	0
	XLOC_019651 (GAU39672.1)	Stage IV	27.28	15.42	23.63	0	0	0
	XLOC_019651 (GAU39672.1)	Stage V	38.71	26.16	19.8	0	0	0
	XLOC_019651 (GAU39672.1)							

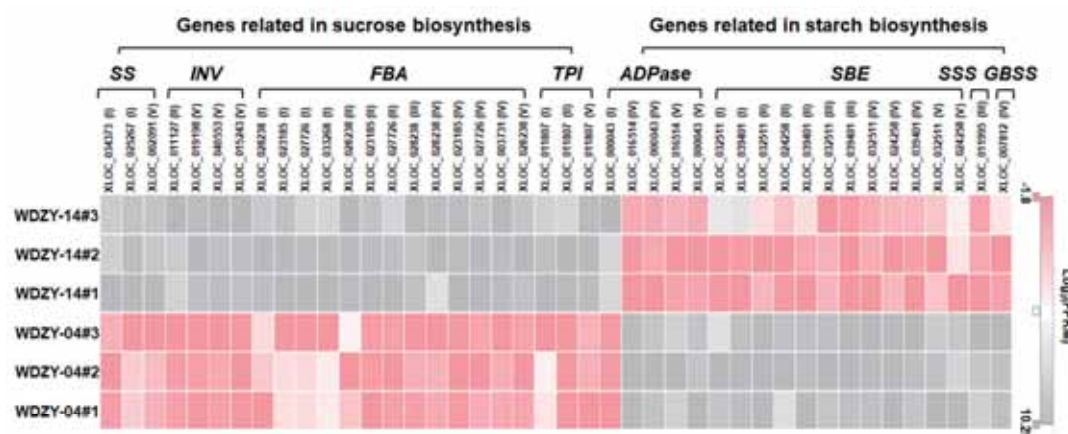
For peroxidase (POD), we identified 12 *POD*-encoding genes that included 8 DEGs in vegetable pea and grain pea. Five *POD*-encoding genes, XLOC_016611 (NR database_id: BAD97435.1), XLOC_006267 (NR database_id: BAD97438.1), XLOC_018196 (NR database_id: XP_010104370.1), XLOC_007148, and XLOC_006821 (NR database_id: BAD97436.1), were more highly expressed in grain pea at pod development stages I–V (Table 2). However, the three genes, XLOC_034947 (NR database_id: BAD97436.1), XLOC_037479 (NR database_id: BAD97439.1), and XLOC_031402 (NR database_id: CAA09881.1), exhibited the opposite trend at pod development stage IV, but these three genes were also more highly expressed in grain pea at stages I and III (Table 2).

Moreover, we also analyzed peroxisome metabolism-related genes. The expression levels of the XLOC_010379 (NR database_id: XP_013470503.1) gene encoding peroxisome biogenesis protein were higher in WDZY-04 than in WDZY-14 at stages I and III but lower at stages IV and V. In addition, four genes that participated in the peroxisome pathway (KEGG_id: ko04146) were detected, and it was found that XLOC_019651 (NR database_id: GAU39672.1) was highly expressed in grain pea at stages I–V (Table 2). Instead, the peroxisome biogenesis protein 2 (XLOC_035083, NR_id: XP_004516308.1), peroxisome biogenesis protein 7 (XLOC_036164, NR database_id: XP_003542988.1), and zinc finger protein-encoding gene (XLOC_036511, NR_id: XP_013444183.1) were more expressed in the vegetable pericarp at development stages I–V (Supplementary Dataset 1).

In order to further investigate the relationship between SOD or POD and pod elongation, Pearson's correlation coefficient analysis was conducted using data of the gene expression level and plant growth. We selected the coefficients related to the phenotypes that met the requirements of statistical significance (multiple testing corrections and an adjusted *p*-value < 0.05). One *SOD*-encoding gene showed a significant positive correlation with pod elongation at WDZY-04, and three *POD*-encoding genes showed a significant negative correlation with pod elongation at WDZY-04 and WDZY-14, respectively (Supplementary dataset 2). To show the correlation clearly, we selected data of one *SOD*-encoding gene (gene_id: XLOC_013249) and one *POD*-encoding gene (gene_id: XLOC_007148) to perform the scatter diagram (Figure 5A).



(A)



(B)

Figure 5. (A) The correlations between the expression level of *POD*, *SOD*, and pod length. (B) The expression pattern of the key genes involved in sucrose and starch synthesis.

2.6. DEGs Related to Pod Sucrose Metabolism

Sucrose synthase (*SUS*) and invertase (*INV*) play an important role in sucrose metabolism. All of the sugar precursors that participate in sucrose metabolism must be decomposed to hexoses, such as glucose and fructose, or the hexoses (e.g., UDP-glucose) must be ramified by *SUS* or *INV* [29]. A total of three encoding sucrose synthase genes were deemed to be the significant DEGs in the two compared groups. The three genes, *XLOC_034373* (NR database_id: O24301.1), *XLOC_025267* (NR database_id: CAC32462.1), and *XLOC_002091* (NR database_id: XP_003591492.2), were more highly expressed in the vegetable pea pericarp at development stages I and V, respectively. The expression level of these three genes in the vegetable pea pericarp were 1.81-, 3.12-, and 1.66-fold higher than that of the grain pea pericarp (Table S3, Figure 5B, Supplementary Dataset 1).

Invertase-encoding genes were also detected in our study. According to the subcellular localization, the invertase was classified into three types: Cell wall invertase (CWIN), vacuolar invertase (VIN), and cytoplasmic invertase (CIN) [30]. In total, eight invertase-encoding genes were identified, four of which were highly expressed in the vegetable pea pericarp at development stages II and V. The four genes contained one arabinanase/levansucrase/invertase (gene_id: XLOC_011127, NR database_id: XP_003613878.1), one vacuolar acid invertase, PsI-1 (gene_id: XLOC_019198, NR database_id: AAM52062.1), and two cell wall invertases (gene_id: XLOC_040553 and XLOC_015243; NR database_id: AAC17166.1 and CAA84527.1).

In addition, genes of the soluble sugar metabolism pathway were analyzed. These include fructose-bisphosphate aldolase (*FBA*)- and triosephosphate isomerase (*TPI*)-encoding genes, which participate in fructose and mannose metabolism (ko00051), and the uridylyl transferase-encoding gene, which participates in galactose metabolism (ko00052). Our results showed that five fructose-bisphosphate aldolase-encoding genes, XLOC_028238 (NR database_id: P46257.1), XLOC_023185 (NR database_id: P46256.1), XLOC_003731 (NR database_id: Q43088.1), XLOC_027726, and XLOC_033268 (NR database_id: XP_003607065.1), were differentially expressed in the grain pea pericarp and vegetable pea pericarp at various development stages. Among them, one gene, P46257.1 (Transcript_id: XLOC_028238), was more expressed in the vegetable pea pericarp from development stage I to stage V. With plant growth, the expression level of XLOC_028238 decreased from stage I to II, and then increased steadily and reached the second highest at stage III, and then decreased (Supplementary Dataset 1). Similarly, a varying trend of gene XLOC_028238 expression occurred in grain pea, although its FPKM value was lower than that in the vegetable pea pericarp (Table S3, Figure 5B). The other four genes were highly expressed in vegetable pea pericarp at all stages, except for XLOC_027726, which was repressed in stage V. Moreover, one triosephosphate isomerase-encoding gene, XLOC_011807 (NR database_id: XP_013465404.1), was identified, and it was found that this gene was more expressed in the vegetable pea pod at stages I, II, and V but was slightly higher expressed at stages III and IV than the grain pea pod. A total of six uridylyl transferase-encoding genes were detected, but these genes exhibited no great difference in their expression levels in the two compared cultivars.

2.7. DEGs Related to Pericarp Starch Synthesis

Starch includes amylose and amylopectin, and granule-bound starch synthase (GBSS), ADP-glucose pyrophosphorylase (ADPase), soluble starch synthase (SSS), starch branching enzyme (SBE), and starch debranching enzyme (isoamylase) are important catalytic enzymes in amylose and amylopectin synthesis [31]. In our study, three *ADPase*-encoding genes, four starch branching enzymes, three *GBSSs*, three phosphoglucomutases, and one soluble starch synthase-encoding gene were identified using RNA-seq (Table S3, Figure 5B, Supplementary Dataset 1). Among these genes, the *ADPase*-encoding gene, XLOC_016514 (NR database_id: CAA65541.1), was significantly higher expressed in the grain pea pericarp than the vegetable pea pericarp at stages IV, where it was 7.19-fold higher in the grain pea pericarp. However, the other *ADPase*-encoding gene, XLOC_000043 (NR database_id: CAA65540.1), was more expressed in the vegetable pea pericarp at stage I (Supplementary Dataset 1).

Three starch branching enzyme-encoding genes, XLOC_032511, XLOC_039401, and XLOC_024258 (NR_id: Q41058.1), were all highly expressed in the grain pea pericarp and had a low expression in the vegetable pea pericarp from stage I to V. The expression levels of these genes in the grain pea pericarp were 2.80- to 5.14-fold higher than those in the vegetable pea pericarp (Supplementary Dataset 1). In addition, the *GBSS*- and *SSS*-encoding genes were also more highly expressed in the grain pea pericarp at stages III and IV, respectively (Table S3, Figure 5B, Supplementary Dataset 1).

3. Discussion

The pea pericarp is an important determinant of the morphological characteristics and seed yield. Mature pericarp usually consists of three parts: The exocarp, mesocarp, and endocarp. As the homologous organ of the leaves, the pod pericarp has a stronger photosynthetic capacity than the leaf at the late stage of seed development, and it can continuously input nutrient products into seeds [32]. The pod has been demonstrated to have a complete functional photosynthetic system, and its contribution to seed yield cannot be ignored [33]. Currently, most studies on the pod have focused on soybeans, beans, and other legumes [34,35]. By contrast, reports on the green pea pericarp are rare as it is generally considered to be a biological waste material. Thus, the pea pericarp remains largely uncharacterized. In our research, we selected two domestic pea cultivars, the vegetable pea cultivar WDZY-14, and the grain pea cultivar WDZY-04, which have significant phenotypic characteristics, to investigate the molecular mechanism of different phenotypic traits. The whole transcriptome data of the two cultivars of pea pericarp at five developmental stages were obtained by high-throughput sequencing technology. About 7.98 Gb of clean reads for each sample were filtered, and approximately 87.78% of the sequences were successfully mapped to the pea reference genome (Table 1). The analysis of the differentially expressed genes reveals that 1935 DEGs co-existed in the five developmental stages. GO and KEGG annotation revealed that these DEGs were mainly involved in the 'metabolic process', 'cellular process', 'single-organism process', 'membrane part', 'membrane', 'organelle', 'binding', 'catalytic activity', 'transporter activity', 'carbohydrate metabolism', 'biosynthesis of other secondary metabolites', 'signal transduction', 'energy metabolism', 'folding, sorting, and degradation', 'amino acid metabolism', and 'translation'.

Reactive oxygen species (ROS) can impact metabolism and plant growth by interacting with proteins, carbohydrates, and other components in the cell and play an important role in cell wall loosening and elongation [36]. Research into the pericarp elongation of *Pisum sativum* suggested that high levels of O_2^- and $\cdot OH$ may have an impact on cell wall loosening and cell elongation, and that superoxide dismutase (SOD) and peroxidase (POD) were associated with pericarp growth through the regulation of ROS generation and transformation [28]. A high SOD activity and low-level POD can increase pod wall thickness by regulating ROS [12]. In our study, we identified three SOD-encoding genes that were differentially expressed in the two cultivars. More SOD-encoding genes were expressed in the grain pea pericarp at development stages III and IV. According to our measurements, the size of the grain pea WDZY-04 pericarp experienced the greatest change from stage I to stage IV, especially in the early developmental stages. Thus, we suspect that more SOD-encoding genes in the pod of grain pea contributed to the faster pod elongation. In addition, five POD-encoding genes were lower expressed in the vegetable pea pericarp at the developmental stage. A previous study indicated a positive relation between pod wall thickness and SOD activity and a negative relation between pod wall thickness and POD activity, and these two enzymes are synergic and responsible for pod growth through the regulation of ROS generation [12]. Similar to the findings of Liu et al. [12], our Pearson's correlation coefficient analysis also showed a significant positive correlation between the expression level of one SOD-encoding gene and pod elongation at WDZY-04 and a significant negative correlation between the expression level of three POD-encoding genes at WDZY-04 and WDZY-14. Thus, we think that the more POD-encoding genes found in the grain pea pod is one of the reasons for the vegetable pea pod being longer than the grain pea pod. These results further suggest that POD may have contributed to pod elongation.

Vegetable pea typically has a higher content of sugar than grain pea, so it is sweeter than grain pea [25]. This remarkable phenotype characteristic has led to the division of the food-oriented pea into two types (vegetable pea and grain pea). Pea pericarp consists of wrapped seeds that are directly linked to each other, so it plays an important role in both pea seed yield and quality. The reason for peas being sweeter is closely related to sucrose metabolism in plant cells. The distribution of sucrose to storage organs, such as seeds, fruits, and tubers, is one of the most important factors determining crop yield and quality, so sucrose metabolism also plays a key role in plant growth and

development [37,38]. After unloading the phloem into sinks, sucrose must be degraded into hexoses or their derivatives to become metabolically available [39]. Sucrose synthase (SUS) and invertase (INV) play an important role in this process. Sucrose synthase is a glycosyltransferase, and can convert sucrose into UDP-glucose and fructose in the presence of UDP [40,41]. Invertase is a hydrolytic enzyme that hydrolyzes sucrose into glucose and fructose [42]. In our study, we identified three sucrose synthase-encoding genes that were more highly expressed in the vegetable pea pericarp than in grain pea, and hypothesized that these three encoding genes are involved in sugar synthesis in pea pericarp as one of the molecular mechanisms that contribute to the sweet taste of peas. Meanwhile, we also identified four invertase-encoding genes that were more highly expressed in the vegetable pea pericarp, and suggested that these genes may be one of the factors responsible for the higher sweetness of the vegetable pea pericarp. Furthermore, the other genes related to sucrose metabolism were also analyzed. Uridyl transferase, fructose-bisphosphate aldolase, and triosephosphate isomerase were all more highly expressed in the vegetable pea pericarp than in the grain pea cultivar. These results suggested that these genes play a role in the sweet phenotype. At the same, the identified expression of these genes, associated with sucrose metabolism in the pea pericarp, was consistent with previous studies on pea seeds [25]. We also hypothesized that the traits of the pea pericarp could also affect the sweet traits of pea seeds.

Similarly, considering the difference in starch content between the two peas, we identified the DEGs related to starch metabolism in the pea pericarp to investigate the starch synthesis mechanism in the pea pericarp and the relation between pea and the pea pericarp. Starch is the main carbohydrate that accumulates in mature seeds. Genes involved in starch biosynthesis have been reported in a previous study, and include *SUS*, *GBSS*, *SS*, *BE*, *ADPase*, and *DBE* [31]. However, pea pericarp and pea starch biosynthesis remain largely unknown. We characterized the expression levels of *ADPase*, *GBSS*, the starch branching enzyme phosphoglucomutase, and soluble starch synthase-encoding genes, and the results revealed that most of these genes related to starch synthesis were highly expressed in the grain pea pericarp, especially at the later stage of plant growth. At the later stage of pea seed development, the grain pea seed accumulated a lot of starch and its starch content was higher than that of the vegetable pea. Interestingly, we observed that the starch-related genes in the grain pea pericarp were more highly expressed at a later development stage compared to vegetable pea, and we also presumed that the mechanism of pea pericarp starch metabolism may affect pea seed starch accumulation.

In short, our study determined the phenotype characteristics of two pea pericarps, and a transcriptomic analysis was conducted. The aim was to research the molecular mechanisms involved in different traits of the vegetable pea pericarp and grain pea pericarp. Numerous DEGs were identified as being involved in ROS generation and sucrose and starch biosynthesis in the pea pericarp. Taken together, these results may facilitate the understanding of the molecular mechanisms involved in the sweetness and growth differences between the two types of peas, as well as aid in the construction of a genetic map for pea.

4. Materials and Methods

4.1. Plant Material

The domesticated pea (*Pisum sativum* L.) samples, including the vegetable pea cultivar “WDZY-14” and the grain pea cultivar “WDZY-04”, were planted in an experimental farm at Northwest A&F University, Yangling (E108°4′/N34°16′/511 m), Shaanxi, China, in the 2018 growing season. Three biological replicates were set up for each cultivar. The pea is a self-pollination species, and the first day of the flower being fully open is defined as the first day of fertilization (0 DAP) [43]. After pollination on 17 April (the flower fully open, 0 DAP), we collected pea pericarp at five developmental stages according to the pea growth of the two cultivars for further study: Stage I (7 days after pollination, 7 DAP), stage II (14 days after pollination, 14 DAP), stage III (21 days after pollination, 21

DAP), stage IV (28 days after pollination, 28 DAP), and stage V (35 days after pollination, 35 DAP). Each pericarp was considered one biological replicate, and we collected three pericarps in three plants at five developmental stages. Thus, 30 samples were collected in total (two cultivars at five developmental stages, with three replicates, e.g., the number, WDZY-04-I#1, was the cultivar, WDZY-04, from the first replicate at stage I). Figure 1A shows the different developmental stages of the pericarp in the two pea cultivars. After harvest, the tissues were immediately frozen in liquid nitrogen and stored at -80°C until required. For RNA extraction, we divided the pericarp and seed of the pea of each cultivar.

4.2. Measurement of the Phenotypic Traits of the Two Cultivars

An estimation of the sugars and starches was carried out on the whole pericarps of the two cultivars harvested at each developmental stage according to a previous methodology [44]. A total of 0.1 g (dry weight) of the samples were ground into fine powder and placed into a 10-mL centrifuge tube, and then homogenized in 4.0 mL of ethanol (80%). After extraction in a water bath (80°C) for 40 min and centrifugation, the supernatant was collected, and 4.0 mL of 80% ethanol were added to the precipitate, for another extraction. After decolorization in an 80°C water bath for 30 min, the supernatants were prepared to a constant volume of 25 mL. After filtration, the filtrate was taken for analysis. The soluble total sugar content and starch content were determined by the anthrone method, and the sucrose content was determined by the resorcinol method.

4.3. Illumina Sequencing and Mapping

The total pea pericarp RNA was extracted using an RNAPrep Pure Plant kit (Bio TeKe, Beijing, China) following the manufacturer's instructions. The purity and concentration of each RNA sample was determined using a NanoDrop 2000 spectrophotometer (Thermo Scientific, Wilmington, DE, USA). The equal amounts of RNA from each sample were pooled for cDNA library construction. Stranded cDNA libraries were constructed using a NEBNext Ultra Directional RNA Library Prep Kit (cat#E7420, NEB, UK) according to the manufacturer's protocols. Briefly, the mRNA was fragmented into 250 to 450 bp followed by first strand cDNA synthesizing. Then, dUTP was added as a marker during the syntheses of the second strand cDNA. Finally, the double strand cDNA was digested with Uracil - DNA Glycosylase (UDG) before PCR reaction. In this way, only the first strands of cDNA were kept and sequenced. Transcriptome sequencing was carried out on the Hiseq 4000 (Illumina, San Diego, CA, USA) platform using a paired-end run ($2 \times 150\text{bp}$).

After removing the adaptor sequences and low-quality sequences ($Q < 30$), the clean reads were aligned to the reference genome sequences of the *Pisum sativum* Linn genome (downloaded from NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/PUCA000000000.1/>) using Tophat2 software with default parameters [45]. All of the raw data, generated by sequencing, were deposited in NCBI SRA under the following accession: PRJNA548433.

4.4. Expression Level Analysis and Gene Annotation

A fragments per kilobase per million (FPKM) analysis, which simultaneously considers the sequencing depth and length of a count, was used to measure the gene expression levels [46]. Genes with an expression level of at least 1 FPKM in at least one sample were retained after removing genes with low expression levels. The differentially expressed genes (DEGs) were identified by *DESeq2* in R software, with an FDR (false discovery rate) ≤ 0.05 and $|\log_2(\text{fold change})| \geq 1$ between two samples.

Gene ontology (GO) enrichment analysis and normalized gene expression data were used to identify the function of and relationships between differentially expressed genes. The identified DEGs were subjected to GO (Gene Ontology: <http://geneontology.org/>) and KEGG pathway enrichment analysis using *phyper* in R software. Moreover, the NR (NCBI nonredundant protein sequences (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/about/nonredundantproteins/>)) and GO and KO (KEGG ORTHOLOGY,

<https://www.kegg.jp/kegg/ko.html>)) annotation of transcripts were carried out using BLAST (cutoff E -value $< 1 \times 10^{-5}$).

4.5. qRT-PCR Validation

A total of 13 genes were selected to validate the RNA-seq data. The HiScript® II Q RT SuperMix for qPCR (+g DNA wiper) Kit (Nanjing, China) was used according to the manufacturer's instructions to generate the first cDNA after extracting the total RNA from six samples subjected to RNA-seq. The gene-specific primers were produced by Primer 5.0 software (Premier, Canada), and the primer sequence is listed in Table S4. The gene-specific primer was synthesized by Sangon Biotech Co., Ltd. (Shanghai, China). ChamQ™ SYBR® Color qPCR Master Mix (10 µL; Vazyme, Nanjing, China) was mixed with gene-specific primers, sterilized water, and the synthesized cDNA, with 20 µL as the total reaction volume. The reaction were performed on an qTOWER 2.2 (Analytik Jena AG, Jena, Germany). The two-step quantitative RT-PCR program began at 95 °C for 30 s, followed by 40 cycles of 95 °C for 10 s and 60 °C for 30 s. Each reaction was carried out with three biological replicates and three technical replicates. Tubulin was used as the internal reference gene. The data were analyzed using the $2^{-\Delta\Delta C_t}$ method to obtain relative mRNA expression data.

5. Conclusions

We investigated the molecular mechanism responsible for the phenotypic traits of the pericarp of two pea cultivars through a transcript analysis of five developmental stages. We analyzed the DEGs of the two cultivars and determined their relative expression levels. Then, hierarchical clustering was used to analyze the expression pattern of the DEGs. As a result, we identified 1935 DEGs common to the five developmental stages of pea. Moreover, we identified important genes related to pod elongation and starch and sucrose synthase that may influence the seed quality. Our research will provide a basis for further studies on starch biosynthesis in pea and a reference for heredity breeding.

Supplementary Materials: Supplementary materials can be found at <http://www.mdpi.com/1422-0067/20/24/6135/s1>.

Author Contributions: P.Y. and Z.L. performed the experiments and drafted the manuscript. B.F. and P.Y. designed the project and guided the experiments. C.W., Y.L. and J.L. Investigated the material characteristics. P.W., X.G. and J.G. analyzed the data and planted the material. B.F. organized and coordinated the whole project.

Funding: This work was supported by the Young Scientists Fund of the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 31501365), Fundamental Research Funds for the Central Universities of Ministry of Education of China (Grant No. 2452015128 & 2452018103), Minor Grain Crops Research and Development System of Shaanxi Province (Grant No. NYKJ-2018-YL19) and Shaanxi Province Modern Crops Seed Industry Project (Grant No. 20171010000004).

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Bataillon, T. Plant Genetic Resources of Legumes in the Mediterranean. *Plant Sci.* **2002**, *162*. [CrossRef]
2. Vanhala, T.; Normann, K.R.; Lundström, M.; Weller, J.L.; Leino, M.W.; Hagenblad, J. Flowering time adaption in Swedish landrace pea (*Pisum sativum* L.). *BMC Genet.* **2016**, *17*, 117. [CrossRef] [PubMed]
3. Bonet, M.A.; Valles, J. Ethnobotany of Montseny biosphere reserve (Catalonia, Iberian Peninsula): Plants used in veterinary medicine. *J. Ethnopharmacol.* **2007**, *110*, 130–147. [CrossRef] [PubMed]
4. Zilani, M.N.H.; Sultana, T.; Asabur Rahman, S.M.; Anisuzzman, M.; Islam, M.A.; Shilpi, J.A.; Hossain, M.G. Chemical composition and pharmacological activities of *Pisum sativum*. *BMC Complement. Altern. Med.* **2017**, *17*, 171. [CrossRef]
5. Rungruangmaitree, R.; Jiraungkoorskul, W. Pea, *Pisum sativum*, and Its Anticancer Activity. *Pharmacogn. Rev.* **2017**, *11*, 39–42. [CrossRef]
6. FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations). *Stat. Database* **2017**, *12*. Available online: <http://faostat.fao.org/> (accessed on 28 September 2012).

7. Croy, R.R.; Gatehouse, J.A.; Tyler, M.; Boulter, D. The purification and characterization of a third storage protein (convicilin) from the seeds of pea (*Pisum sativum* L.). *Biochem. J.* **1980**, *191*, 509–516. [\[CrossRef\]](#)
8. Breeding legumes for nutritional value. *Proc. Nutr. Soc.* **1982**, *41*, 1–94. [\[CrossRef\]](#)
9. Croy, R.R.; Hoque, M.S.; Gatehouse, J.A.; Boulter, D. The major albumin proteins from pea (*Pisum sativum* L.). Purification and some properties. *Biochem. J.* **1984**, *218*, 795–803. [\[CrossRef\]](#)
10. Zinsmeister, J.; Lalanne, D.; Terrasson, E.; Chatelain, E.; Vandecasteele, C.; Vu, B.L.; Dubois-Laurent, C.; Geoffriau, E.; Signor, C.L.; Dalmais, M.; et al. ABI5 Is a Regulator of Seed Maturation and Longevity in Legumes. *Plant Cell* **2016**, *28*, 2735–2754. [\[CrossRef\]](#)
11. Storey, R.; Beevers, L. Enzymology of Glutamine Metabolism Related to Senescence and Seed Development in the Pea (*Pisum sativum* L.). *Plant Physiol.* **1978**, *61*, 494–500. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
12. Liu, N.; Lin, Z.; Guan, L.; Gaughan, G.; Lin, G. Antioxidant enzymes regulate reactive oxygen species during pod elongation in *Pisum sativum* and *Brassica chinensis*. *PLoS ONE* **2014**, *9*, e87588. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
13. Gong, Y.-M.; Xu, S.-C.; Mao, W.-H.; Hu, Q.-Z.; Zhang, G.-W.; Ding, J.; Li, Y.-D. Developing new SSR markers from ESTs of pea (*Pisum sativum* L.). *J. Zhejiang Univ. Sci. B* **2010**, *11*, 702–707. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
14. Teshome, A.; Bryngelsson, T.; Dagne, K.; Geleta, M. Assessment of genetic diversity in Ethiopian field pea (*Pisum sativum* L.) accessions with newly developed EST-SSR markers. *BMC Genet.* **2015**, *16*, 102. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
15. Kaur, S.; Pembleton, L.W.; Cogan, N.O.I.; Savin, K.W.; Leonforte, T.; Paull, J.; Materne, M.; Forster, J.W. Transcriptome sequencing of field pea and faba bean for discovery and validation of SSR genetic markers. *BMC Genom.* **2012**, *13*, 104. [\[CrossRef\]](#)
16. Jiang, F.; Chen, X.-P.; Hu, W.-S.; Zheng, S.-Q. Identification of differentially expressed genes implicated in peel color (red and green) of *Dimocarpus confinis*. *SpringerPlus* **2016**, *5*, 1088. [\[CrossRef\]](#)
17. Abdul Aziz, N.A.; Wong, L.M.; Bhat, R.; Cheng, L.H. Evaluation of processed green and ripe mango peel and pulp flours (*Mangifera indica* var. Chokanan) in terms of chemical composition, antioxidant compounds and functional properties. *J. Sci. Food Agric.* **2012**, *92*, 557–563. [\[CrossRef\]](#)
18. Denis, M.C.; Furtos, A.; Dudonne, S.; Montoudis, A.; Garofalo, C.; Desjardins, Y.; Delvin, E.; Levy, E. Apple peel polyphenols and their beneficial actions on oxidative stress and inflammation. *PLoS ONE* **2013**, *8*, e53725. [\[CrossRef\]](#)
19. Taha, K.F.; Hetta, M.H.; Ali, M.E.; Yassin, N.Z.; El Guindi, O.D. The pericarp of *Pisum sativum* L. (Fabaceae) as a biologically active waste product. *Plant. Med.* **2011**, *12*. [\[CrossRef\]](#)
20. Xue, L.H.; Zhang, J.X.; Yan, X.H.; Li, Q. A study on relationship between growth and seed number and seed weight of soybean pod. *J. Xinj. Agric. Univ.* **2008**, *4*, 16–19.
21. Liu, H.M.; Li, Y.; Bu, G.J.; Lv, W.; Cui, L.; Cang, J.; Wang, X.D. Effects of photosynthate transportation and distribution in soybean pods on the development of soybean seeds. *J. Nucl. Agric. Sci.* **2008**, *4*, 519–523.
22. Chia, J.M.; Ware, D. Sequencing for the cream of the crop. *Nat. Biotechnol.* **2011**, *29*, 138–139. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
23. Ozsolak, F.; Milos, P.M. RNA sequencing: Advances, challenges and opportunities. *Nat. Rev. Genet.* **2011**, *12*, 87–98. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
24. Hradilová, I.; Trněný, O.; Válková, M.; Cechová, M.; Janská, A.; Prokešová, L.; Aamir, K.; Krezdorn, N.; Rotter, B.; Winter, P.; et al. A Combined Comparative Transcriptomic, Metabolomic, and Anatomical Analyses of Two Key Domestication Traits: Pod Dehiscence and Seed Dormancy in Pea (*Pisum* sp.). *Front. Plant Sci.* **2017**, *8*, 542. [\[CrossRef\]](#) [\[PubMed\]](#)
25. Liu, N.; Zhang, G.; Xu, S.; Mao, W.; Hu, Q.; Gong, Y. Comparative Transcriptomic Analyses of Vegetable and Grain Pea (*Pisum sativum* L.) Seed Development. *Front. Plant Sci.* **2015**, *6*, 1039. [\[CrossRef\]](#)
26. Langmead, B. Aligning short sequencing reads with Bowtie. *Curr. Protoc. Bioinform.* **2010**. [\[CrossRef\]](#)
27. Li, B.; Dewey, C.N. RSEM: Accurate transcript quantification from RNA-Seq data with or without a reference genome. *BMC Bioinform.* **2011**, *12*, 323. [\[CrossRef\]](#)
28. Liskay, A.; van der Zalm, E.; Schopfer, P. Production of reactive oxygen intermediates (O_2^- , H_2O_2 , and $\cdot OH$) by maize roots and their role in wall loosening and elongation growth. *Plant Physiol.* **2004**, *136*, 3114–3123. [\[CrossRef\]](#)
29. Ruan, Y.L.; Jin, Y.; Yang, Y.J.; Li, G.J.; Boyer, J.S. Sugar input, metabolism, and signaling mediated by invertase: Roles in development, yield potential, and response to drought and heat. *Mol. Plant* **2010**, *3*, 942–955. [\[CrossRef\]](#)

30. Sturm, A. Invertases. Primary structures, functions, and roles in plant development and sucrose partitioning. *Plant Physiol.* **1999**, *121*, 1–8. [[CrossRef](#)]
31. Nougué, O.; Corbi, J.; Ball, S.G.; Manicacci, D.; Tenaillon, M.I. Molecular evolution accompanying functional divergence of duplicated genes along the plant starch biosynthesis pathway. *BMC Evolut. Boil.* **2014**, *14*, 103. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
32. Luan, X.Y.; Du, W.G.; Zhang, G.R.; Man, W.Q.; Li, G.Q.; Wang, X.W.; Ge, Q.Y.; Hao, N.B.; Gui, M.Z.; Chen, Y. Observation on photosynthetic structure system of soybean pods. *J. Chin. Electron. Microsc. Soc.* **2003**, *22*, 280–285.
33. Buttery, B.R.; Buzzell, R.I.; Findlay, W.I. Relationships among photosynthetic rate, bean yield and other characters in field-grown cultivars of soybean. *Can. J. Plant Sci.* **1981**, *61*, 191–198. [[CrossRef](#)]
34. Diao, X.N.; Li, W.; Gao, C.Y.; Zhang, Y.P.; Wang, M.; Zhao, J.Z.; Du, W.J.; Yue, A.Q. Dynamic Accumulation Analysis of Nutritional. *J. Chin. Cereals Oils Assoc.* **2018**, *33*, 32–37.
35. Chen, H.; Jiang, B.J.; Zhang, C.; Cai, T.C.; Zeng, J.B.; Deng, Y.; Zhuang, W.J. Construction and primary analysis of peanut pericarp full-length cDNA library. *J. Fujian Agric. For. Univ.* **2013**, *42*, 57–62.
36. Fry, S.C.; Dumville, J.C.; Miller, J.G. Fingerprinting of polysaccharides attacked by hydroxyl radicals in vitro and in the cell walls of ripening pear fruit. *Biochem. J.* **2001**, *357*, 729–737. [[CrossRef](#)]
37. Boyer, J.S.; McLaughlin, J.E. Functional reversion to identify controlling genes in multigenic responses: Analysis of floral abortion. *J. Exp. Bot.* **2007**, *58*, 267–277. [[CrossRef](#)]
38. Jin, Y.; Ni, D.A.; Ruan, Y.L. Posttranslational elevation of cell wall invertase activity by silencing its inhibitor in tomato delays leaf senescence and increases seed weight and fruit hexose level. *Plant. Cell* **2009**, *21*, 2072–2089. [[CrossRef](#)]
39. Weber, H.; Borisjuk, L.; Wobus, U. Molecular physiology of legume seed development. *Ann. Rev. Plant Biol.* **2005**, *56*, 253–279. [[CrossRef](#)]
40. Coleman, H.D.; Yan, J.; Mansfield, S.D. Sucrose synthase affects carbon partitioning to increase cellulose production and altered cell wall ultrastructure. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **2009**, *106*, 13118–13123. [[CrossRef](#)]
41. Chourey, P.S.; Taliercio, E.W.; Carlson, S.J.; Ruan, Y.L. Genetic evidence that the two isozymes of sucrose synthase present in developing maize endosperm are critical, one for cell wall integrity and the other for starch biosynthesis. *Mol. Gen. Genet. MGG* **1998**, *259*, 88–96. [[PubMed](#)]
42. Liu, Y.H.; Cao, J.S.; Li, G.J.; Wu, X.H.; Wang, B.G.; Xu, P.; Hu, T.T.; Lu, Z.F.; Patrick, J.W.; Ruan, Y.L. Genotypic differences in pod wall and seed growth relate to invertase activities and assimilate transport pathways in asparagus bean. *Ann. Bot.* **2012**, *109*, 1277–1284. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
43. Gepts, P.; Beavis, W.D.; Brummer, E.C.; Shoemaker, R.C.; Stalker, H.T.; Weeden, N.F.; Young, N.D. Legumes as a model plant family. Genomics for food and feed report of the Cross-Legume Advances through Genomics Conference. *Plant Physiol.* **2005**, *137*, 1228–1235. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
44. Nakkanong, K.; Yang, J.H.; Zhang, M.F. Starch accumulation and starch related genes expression in novel inter-specific inbred squash line and their parents during fruit development. *Sci. Hortic.* **2012**, *136*, 1–8. [[CrossRef](#)]
45. Trapnell, C.; Pachter, L.; Salzberg, S.L. TopHat: Discovering splice junctions with RNA-Seq. *Bioinformatics* **2009**, *25*, 1105–1111. [[CrossRef](#)]
46. Trapnell, C.; Williams, B.A.; Pertea, G.; Mortazavi, A.; Kwan, G.; van Baren, M.J.; Salzberg, S.L.; Wold, B.J.; Pachter, L. Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation. *Nat. Biotechnol.* **2010**, *28*, 511–515. [[CrossRef](#)]





ISSN 0578-1752
CODEN CKNYAR

中国农业科学

SCIENTIA AGRICULTURA SINICA

第 50 卷

第 22 期

Vol. 50

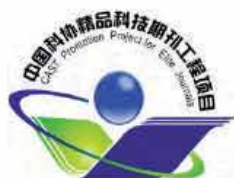
No. 22

2017



中国农业科学院
中国农学会

主办



目 次

作物遗传育种·种质资源·分子遗传学

- 4235-4246 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.001
磷素对小麦 (*Triticum aestivum* L.) 淀粉粒微观特性的影响及其形成机理
张润琪 付凯勇 李超 祖赛超 李春艳 李诚
- 4247-4265 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.002
马铃薯薯条色泽和质地特性及薯条加工型品系筛选
刘娟 梁延超 余斌 李成 王玉萍 程李香 张峰
- 4266-4276 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.003
谷子 *SiARGOS1* 的克隆、表达分析和功能标记开发
王智兰 杜晓芬 王军 杨慧卿 王兴春 郭二虎 王玉文 袁峰 田岗 刘鑫 王秋兰 李会霞 张林义 彭书忠

耕作栽培·生理生化·农业信息技术

- 4277-4289 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.004
节水抗旱稻早优 113 号的根系生长对土壤水分亏缺的响应
补红英 宋维周 曹湊贵 李萍
- 4290-4298 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.005
黄河流域棉花轻简化栽培技术评述
董建军 代建龙 李霞 李维江 董合忠
- 4299-4306 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.006
盐分不均匀分布对紫花苜蓿生长和离子特征的影响
孙娟娟 于林清 赵金梅 刘洪林 张英俊

植物保护

- 4307-4315 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.007
溴氰虫酰胺对双委夜蛾生长发育、繁殖和营养利用的影响
丁金凤 徐春梅 张正群 赵云贺 刘峰 慕卫
- 4316-4324 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.008
甜菜夜蛾卵黄原蛋白多克隆抗体制备及其在不同发育时期蛋白表达
赵静 孙洋 谭永安 肖留斌 姜义平 柏立新

土壤肥料·节水灌溉·农业生态环境

- 4325-4337 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.009
土壤有机质高光谱特征与波长变量优选方法
朱亚星 于雷 洪永胜 章涛 朱强 李思锦 郭力 刘家胜

4338-4349

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.010

黄土高原旱地冬小麦籽粒锌含量差异与主要土壤理化性状的关系

余旭 王朝辉 马小龙 曹寒冰 何红霞 王森

4350-4361

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.011

霍氏肠杆菌 B4 表面活性剂纯化鉴定及其应用

王权 王佳音 朱瀚 左金玉 刘东阳 沈其荣

园 艺

4362-4372

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.012

宽皮柑橘种质资源表型多样性分析及综合评价

孙珍珠 李秋月 王小柯 赵婉彤 薛杨 冯锦英 刘小丰 刘梦雨 江东

4373-4381

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.013

硒对甜樱桃叶片褪黑素和谷胱甘肽氧化还原循环的影响

孙协平 罗友进 周广文

食品科学与工程

4382-4388

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.014

磷酸化水平对肌红蛋白稳定性的影响

李蒙 李铮 李欣 杜曼婷 宋璇 张德权

畜牧·兽医·资源昆虫

4389-4397

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.015

MiR-433-3p 靶向调节绵羊 *BCKDHB* 表达

闫晓茹 师涛 潘洋洋 景灵婕 程俐芬 曹宁贤 乔利英 刘文忠

4398-4407

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.016

家蚕 CDK11 与 RNPS1 和 9G8 相互作用的鉴定

张倩 刘太行 董小龙 吴云飞 杨基贵 周亮 潘彩霞 潘敏慧

研究简报

4408-4420

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.017

5 种气候生态型割手密 F₁ 和 F₂ 杂种的耐旱性评价

田春艳 桃联安 俞华先 董立华 经艳芬 边芯 郎荣斌 周清明 安汝东 孙有芳 杨李和

4421-4430

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.018

柱型苹果生长特性及 Co 基因定位研究进展

梁美霞 乔绪强 郭笑彤 张洪霞

CONTENTS

CROP GENETICS & BREEDING·GERMPLASM RESOURCES·MOLECULAR GENETICS

4235-4246 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.001
Changes of Micro-Structural Characteristics of Starch Granules and the Mechanisms Under Different Phosphorus Application Rates in Wheat (*Triticum aestivum* L.)

ZHANG RunQi, FU KaiYong, LI Chao, ZU SaiChao, LI ChunYan, LI Cheng

4247-4265 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.002
Screening for French Fries Processing Potato Lines According to Colour Qualities and Texture Properties

LIU Juan, LIANG YanChao, YU Bin, LI Cheng, WANG YuPing, CHENG LiXiang, ZHANG Feng

4266-2476 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.003
Molecular Cloning, Expression Analysis and Development of Functional Markers for *SiARGOS1* Gene in Foxtail Millet

WANG ZhiLan, DU XiaoFen, WANG Jun, YANG HuiQing, WANG XingChun, GUO ErHu, WANG YuWen, YUAN Feng, TIAN Gang, LIU Xin, WANG QiuLan, LI HuiXia, ZHANG LinYi, PENG ShuZhong

TILLAGE & CULTIVATION·PHYSIOLOGY & BIOCHEMISTRY·AGRICULTURE INFORMATION TECHNOLOGY

4277-4289 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.004
Root Growth Responses to Soil Water Deficit for a Water-Saving and Drought-Resistant Rice Genotype Hanyou113

BU HongYing, SONG WeiZhou, CAO CouGui, LI Ping

4290-4298 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.005
Review of Light and Simplified Cotton Cultivation Technology in the Yellow River Valley

DONG JianJun, DAI JianLong, LI Xia, LI WeiJiang, DONG HeZhong

4299-4306 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.006
Effects of Heterogeneous Root Zone Salinity on Plant Growth and Ion Characteristic in Alfalfa

SUN JuanJuan, YU LinQing, ZHAO JinMei, LIU HongLin, ZHANG YingJun

PLANT PROTECTION

4307-4315 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.007
Effects of Cyantraniliprole on Development, Fecundity and Nutritional Utilization of *Aethis dissimilis*

DING JinFeng, XU ChunMei, ZHANG ZhengQun, ZHAO YunHe, LIU Feng, MU Wei

4316-4324 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.008
Polyclonal Antibody Preparation of *Spodoptera exigua* Vitellogenin and Its Protein Expression at Different Developmental Stages

ZHAO Jing, SUN Yang, TAN YongAn, XIAO LiuBin, JIANG YiPing, BAI LiXin

SOIL & FERTILIZER·WATER-SAVING IRRIGATION·AGROECOLOGY & ENVIRONMENT

4325-4337 doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.009
Hyperspectral Features and Wavelength Variables Selection Methods of Soil Organic Matter

ZHU YaXing, YU Lei, HONG YongSheng, ZHANG Tao, ZHU Qiang, LI SiDi, GUO Li, LIU JiaSheng

4338-4349

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.010

Variation of Winter Wheat Grain Zinc Concentration and Its Relation to Major Soil Characteristics in Drylands of the Loess Plateau

SHE Xu, WANG ZhaoHui, MA XiaoLong, CAO HanBing, HE HongXia, WANG Sen

4350-4361

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.011

Purification and Identification of the Biosurfactant Produced by *Enterobacter Hormaechei* B4 and Its Application

WANG Quan, WANG JiaYin, ZHU Han, ZHUO JinYu, LIU DongYang, SHEN QiRong

HORTICULTURE

4362-4372

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.012

Comprehensive Evaluation and Phenotypic Diversity Analysis of Germplasm Resources in Mandarin

SUN ZhenZhu, LI QiuYue, WANG XiaoKe, ZHAO WanTong, XUE Yang, FENG JinYing, LIU XiaoFeng, LIU MengYu, JIANG Dong

4373-4381

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.013

Effects of Selenium on Melatonin Content and Glutathione Redox Cycle in Sweet Cherry Leaves

SUN XiePing, LUO YouJin, ZHOU GuangWen

FOOD SCIENCE AND ENGINEERING

4382-4388

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.014

Effect of Phosphorylation Level on Myoglobin Stability

LI Meng, LI Zheng, LI Xin, DU ManTing, SONG Xuan, ZHANG DeQuan

ANIMAL SCIENCE • VETERINARY SCIENCE • RESOURCE INSECT

4389-4397

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.015

Regulation of the *BCKDHB* Gene Expression by miR-433-3p in Ovine Preadipocytes

YAN XiaoRu, SHI Tao, PAN YangYang, JING JiongJie, CHENG LiFen, CAO NingXian, QIAO LiYing, LIU WenZhong

4398-4407

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.016

Identification of the Interactions of CDK11 with RNPS1 and 9G8 in the Silkworm (*Bombyx mori*)

ZHANG Qian, LIU TaiHang, DONG XiaoLong, WU YunFei, YANG JiGui, ZHOU Liang, PAN CaiXia, PAN MinHui

RESEARCH NOTES

4408-4420

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.017

Drought Resistance Evolution of F₁ and F₂ Hybrids from Five Climatic Ecotypes *Saccharum spontaneum* L.

TIAN ChunYan, TAO LianAn, YU HuaXian, DONG LiHua, JING YanFen, BIAN Xin, LANG RongBin, ZHOU QingMing, AN RuDong, SUN YouFang, YANG LiHe

4421-4430

doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2017.22.018

Research Progresses in Mechanisms of Growth Habits and Co Gene Mapping of Columnar Apple (*Malus domestica* × Borkh.)

LIANG MeiXia, QIAO XuQiang, GUO XiaoTong, ZHANG HongXia

基于国家品种区域试验数据的中国糜子品种 产量和性状变化

杨璞, Rabia Begum Panhwar, 李境, 高金锋, 高小丽, 王鹏科, 冯佰利

(西北农林科技大学农学院/旱区作物逆境生物学国家重点实验室, 陕西杨凌 712100)

摘要:【目的】整理分析近 17 年间全国糜子品种区域试验参试品种的产量和农艺性状变化, 探讨中国糜子品种改良进展和育种水平变化, 为未来中国糜子的遗传改良提供依据。【方法】利用多元回归、相关分析和聚类分析等方法, 分析 1998—2014 年国家糜子品种区域试验参试品种不同年份主要性状的变异, 比较主要育种单位选育糜子品种性状的差异。【结果】1998—2014 年糜子参试品种性状变异显著。随年份推进, 粳性糜子品种产量和单株粒重以及糯性糜子品种产量、单株粒重和穗长持续增加。17 年间粳性和糯性糜子产量分别增加了 50%和 21%, 单株粒重分别增加了 90%和 7%, 穗长分别增加了 19%和 29%, 生育期长度、株高、主茎节数量和千粒重等性状变化不明显。来自黑龙江、吉林、辽宁、内蒙古、河北、山西、陕西、甘肃和宁夏等 9 个糜子主产省(区)的 17 家育种单位提供了 65 个糜子区域试验品种, 其中 7 家同时提供了粳性和糯性糜子品种, 2 家只提供了粳性糜子品种, 8 家只提供糯性糜子品种。来自内蒙古、甘肃和宁夏的 3 家育种单位贡献了参试品种的 55.4%。近 6 年来自这 3 家单位的品种产量表现优异, 是中国糜子育种的中坚力量。多元回归分析表明, 粳性糜子的生育期长度、主茎节数量和单株粒重决定了产量 82.8%的变异, 糯性糜子的主茎节数量和单株粒重决定了产量 78.6%的变异。相关性分析表明, 粳性和糯性糜子的主穗长和单株粒重均与单株产量显著正相关, 而其他性状间相关性在粳性和糯性糜子中均有所不同。聚类分析结果表明, 粳性糜子育成品种分为 2 类, 糯性糜子育成品种分为 3 类。【结论】1998—2014 年, 国家区试中粳性和糯性糜子参试品种产量稳步增加, 表明中国糜子育种水平有了一定提高。但育种手段相对单一, 育种方法多样性程度较低。糜子区试对产量相关性状和品质性状的关注不够, 培育高产、优质、适口性好、蒸煮品质优良、抗性淀粉含量高、耐落粒、适合机械化的糜子品种是未来糜子育种的发展方向。强化杂交、远杂交、诱变育种、双单倍体以及多倍体育种等传统技术的应用, 充分利用基因组学和分子育种学研究方法, 加强传统育种技术与现代生物技术结合, 是系统提升糜子育种技术水平的重要途径。

关键词: 糜子; 区域试验; 产量; 农艺性状; 品种改良

Changes of Yield and Traits of Broomcorn Millet Cultivars in China Based on the Data from National Cultivars Regional Adaptation Test

YANG Pu, Rabia Begum Panhwar, LI Jing, GAO JinFeng, GAO XiaoLi, WANG PengKe, FENG BaiLi

(College of Agronomy, Northwest A&F University/State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, Yangling 712100, Shaanxi)

Abstract:【Objective】The changes in yield and agronomic traits of broomcorn millet cultivars were analyzed in the national cultivars regional adaptation tests made in recent 17 years. The progress of broomcorn millet improvement and the capacity of the breeding institutions in China were investigated, aimed to provide information for further genetic improvement of broomcorn millet in China.【Method】The multivariate regression analysis, correlation analysis and cluster analysis were employed. The phenotypical

收稿日期: 2017-05-12; 接受日期: 2017-06-15

基金项目: 国家自然科学基金(31371529)、国家现代农业产业技术体系(CARS-07-A9)、科技部国家科技支撑计划课题(2014BAD07B03)、中央高校基本科研业务费(2452015128)

联系方式: 杨璞, Tel: 029-87082889; E-mail: yangpu@nwsuaf.edu.cn. Rabia Begum Panhwar, E-mail: 1936778928@qq.com. 杨璞和 Rabia Begum Panhwar 为同等贡献作者。通信作者冯佰利, E-mail: fengbaili@nwsuaf.edu.cn. 通信作者王鹏科, E-mail: ylwangpk@163.com

中国农业科学

主 编: 万建民

副 主 编: (以拼音字母为序)

陈焕春

陈温福

李云霞

王汉中

吴孔明

张改平

张洪程

邹瑞苍

《中国农业科学》编委会

顾 问 (以拼音字母为序)

程顺和 邓秀新 傅廷栋 官春云 李家洋 刘 旭 刘秀梵 路文如
吕飞杰 屈冬玉 向仲怀 许世卫 翟虎渠 张启发 朱英国

主 任 委 员 唐华俊

副主任委员 赵方田 方智远 Michael T. Clegg 刘继芳

栏 目 主 编 (以拼音字母为序)

陈化兰 黄三文 李少昆 罗绪刚 万方浩 王 强 张维理 张学勇

委 员 (以英文字母为序)

M. Alley, USA	Bouzayen M, France	Matthew J. W. Cock, Switzerland
David A. Andow, USA	John Bower, South Africa	Nick Costa, Australia
R. Appels, Australia	Kenneth G. Cassman, USA	Thomas Crenshaw, USA
Jill Shore Auburn, USA	Chen Xian-ming, USA	Zhnao Deng, USA
Bing Yang, USA	Chen Z X, USA	C. Robert Dove, USA
Bas Bouman, IRRI	Michael T. Clegg, USA	Lester E. Ehler, USA (转封三)

编 辑 部

主 任 孙雷心

副 主 任 林鉴非

值 班 编 辑 王红艳 赵 琪 王振江 Laurie Burkitt

中国农业科学

(半月刊, 1960 年创刊)

2017 年 11 月 16 日 第 50 卷第 22 期

Scientia Agricultura Sinica

(Semimonthly, Started in 1960)

Vol.50 No.22 November 16, 2017

主 管 中华人民共和国农业部

主 办 中国农业科学院

中国农学会

编辑出版 《中国农业科学》编辑部

地 址 北京中关村南大街 12 号

邮政编码 100081

电 话 010-82109808 82106281

传 真 010-82106247

网 址 <http://www.ChinaAgriSci.com>

电子邮件 zgnykx@caas.cn

印刷装订 北京地大彩印有限公司

国内发行 北京报刊发行局

订 购 处 全国各地邮电局

国外发行 中国国际图书贸易总公司
(北京 399 信箱)

国内定价 49.50 元/期 1188.00 元/年

Superintended by Ministry of Agriculture, P. R. China

Sponsored by Chinese Academy of Agricultural Sciences
Chinese Association of Agricultural Science Societies

Published by Editorial Department of *Scientia Agricultura Sinica*

Address No.12 South Street, Zhongguancun, Beijing

Postcode 100081

Telephone 010-82109808 82106281

Fax 010-82106247

Website <http://www.ChinaAgriSci.com>

E-mail zgnykx@caas.cn

Issued by Beijing Dida Colored Printing Co., Ltd

Subscription Domestic Post Office

Issued Abroad by International Book Trading Corporation,
P.O.Box 399, Beijing, P.R. China

Abroad Issued No. BM43

Price US\$ 49.50 / Issue US\$ 1188.00 / year

ISSN 0578-1752 邮发代号: 2-138 国内外公开发行

CN 11-1328/S 国外代号: BM43 广告经营许可证: 京海工商广字第 0178 号

ISSN 0578-1752



全国中文核心期刊 《中国学术期刊网络出版总库》、美国《CHEMICAL ABSTRACTS》收录期刊

食品工业

THE FOOD INDUSTRY

ISSN 1004-471X

CN31-1532/TS

1
2017

广告



国家轻工业食品质量监督检测上海站

Food Quality Supervision & Inspection Shanghai Station of P.R.C. Light Industry Ministry

上海市营养食品质量监督检验站

Shanghai Nutrition Food Quality Supervision & Inspection Station



食品质量的提升
食品安全的保障

上海源本食品质量检验有限公司

Shanghai Yuanben Food Quality Inspection Co., Ltd.

地址: 上海市济宁路28号

Add: No.28 Ji Ning Road Shanghai China

电话/Tel: 021-65471617, 021-65471167

网址/Web: <http://www.Yuanben.com>

邮编: 200082

P.C: 200082

传真/Fax: 021-65471617, 021-65471167

E-mail: Yuanben@Yuanben.com





Shi Pin Gong Ye

《食品工业》编委会

编委会委员

(按姓氏汉语拼音为序)

孙宝国	北京工商大学	校长	中国工程院院士
朱蓓薇	大连工业大学食品学院	院长	中国工程院院士
安勇	中国科学院上海科技查新咨询中心	研究员	国家级审核员
毕阳	甘肃农业大学食品科学与工程学院	院长	教授 博导
储晓刚	中国检验检疫科学研究院	首席专家	博导
程建军	东北农业大学食品学院	副院长	博士
高丽萍	北京联合大学功能食品科学技术研究院	副院长	教授
顾振华	上海市食品药品监督管理局	所长	
郭宏	北京市食品研究所	所长	教授级高工
何东平	武汉工业学院食品科学与工程学院	院长	教授
侯冬岩	鞍山师范学院	副院长	教授
姜培珍	上海市食品安全工作联合会	秘书长	主任医师
靳华	内蒙古农业大学食品科学与工程学院	院长	教授
金征宇	江南大学	副校长	教授 博导
李爽	上海市工业微生物研究所	所长	教授级高工
李洪军	西南大学食品科学院	院长	教授
李华	西北农林科技大学	副校长	教授 博导
李琳	华南理工大学	副校长	教授 博导
李新华	沈阳农业大学食品学院	教授	博导
李忠海	中南林业科技大学食品科学与工程学院	院长	教授 博导
李永敬	丹尼斯克(中国)有限公司	总经理	博士
林洪	中国海洋大学食品科学与工程学院	院长	教授
凌兴庭	上海市食品添加剂协会	专家	教授级高工
励建荣	浙江工商大学食品与生物工程学院	院长	教授 博导
刘宝林	上海理工大学医疗器械与食品学院	院长	教授 博导
刘成梅	南昌大学生命科学学院	院长	教授 博导
刘静波	吉林大学农学部军需科技学院	院长	教授
陆启玉	河南工业大学粮油食品学院	院长	教授
陆兆新	南京农业大学食品科技学院	院长	教授 博导
卢向阳	湖南农业大学	副校长	教授 博导
卢晓黎	四川大学轻纺与食品学院	副院长	教授
罗自生	浙江大学生物系统工程与食品科学学院	院长	教授
茅金妹	全国冷冻食品专业委员会	秘书长	
马海乐	江苏大学食品与生物工程学院	院长	教授 博导
王光军	沈阳农业大学食品学院	院长	教授 博导
虎广易	天津商业大学生物技术与食品科学学院	院长	教授
蒲彪	四川农业大学食品学院	院长	教授
孙豪晨	上海市轻工科技情报研究所	所长	教授级高工
石彦国	哈尔滨商业大学食品工程学院	院长	教授 博导
屠凯杰	上海市轻工工业研究所	所长	教授级高工
王锡昌	上海海洋大学食品学院	院长	教授 博导
王大为	吉林农业大学食品工程学院	院长	教授
汪兴平	湖北民族学院	副院长	教授
卫祥云	中国调味品协会	会长	
魏益民	中国农业科学院农产品加工研究所	所长	教授 博导
夏延斌	湖南农业大学食品科学技术学院	院长	教授 博导
肖祥群	国家科技奖评审委员会	委员	教授级高工
徐蓓蓓	中国轻工业联合会科技发展司	原司长	教授级高工
薛亮	国家轻工业食品质量监督检测上海站	站长	教授级高工
余从田	光明食品集团有限公司	主任	教授级高工
余龙江	华中科技大学生命科学与技术学院	副院长	教授 博导
郁建平	贵州大学生命科学学院	副院长	教授 博导
岳田利	西北农林科技大学食品科学与工程学院	院长	教授 博导
郑宝东	福建农林大学食品科学学院	院长	教授 博导
周家春	华东理工大学生物工程学院	教授	
朱念琳	中国焙烤食品糖制品工业协会	理事长	
朱文学	河南科技大学食品与生物工程学院	院长	教授 博导

(以上为部分编委名单)

主管单位

光明食品(集团)有限公司

主办单位

上海市食品工业研究所

业务指导

中国食品工业协会

协办单位

中国焙烤食品糖制品工业协会

中国罐头工业协会

全国冷冻食品专业委员会

中国食品工业协会糖果专业委员会

中国科学院上海科技查新咨询中心

上海科学院

上海市食品学会

上海应用技术学院香料技术与工程学院

上海海洋大学食品学院

华东理工大学生物工程学院

云南民族传统食品开发促进会

编辑出版:《食品工业》编辑部

主编:侯少雄

副主编:钱根新

责任编辑:陈 涵

广告部主任:李丕逸

电话:13817379694

地址:上海市肇嘉浜路376号轻工大厦10楼

邮政编码:200031

电话(传真):021-65126911

E-mail: zzs@shspgy.com

官方网站: http://www.shspgy.com

户名:上海市食品工业研究所

账号:7311410182200048044

开户银行:中信银行上海静安支行

国际标准连续出版物号:

ISSN 1004-471X

国内统一连续出版物号:

CN31-1532/TS

广告经营许可证号:

3100520080012

国内总发行:上海市邮政局报刊发行局

国内订阅:全国各地邮局

邮发代号:4-503

单价:每册20.00元 全年240.00元

印刷:上海昌鑫龙印务有限公司

目次

第38卷 第1期(月刊)

Contents

工艺技术

- 响应面法优化麻辣豆腐皮生产工艺的研究 梁宝东,魏海香,张琪,等 (1)
Optimization of the Production Process of Spicy Soybean Milk Skin Using Response Surface Methodology Liang Bao-dong, Wei Hai-xiang, Zhang Qi, et al.
挤压膨化胡萝卜粉冲调工艺的研究 乔聚林,刘学梅 (6)
Research on the Preparing Process of Extruded-carrot Powder Qiao Ju-lin, Liu Xue-mei
浆水饮料的调配、澄清及挥发性风味成分分析 侯智勇,杨静,竇小玲,等 (9)
Clarification, Formulating and Volatile Flavor Components Analysis of an Chinese Fermented Vegetable Beverage Hou Zhi-yong, Yang Jing, Dou Xiao-ling, et al.
ISO 22000:2005在生制速冻牛排生产中的应用 赵仁发,陈雪,秦全锋 (14)
Application of ISO 22000:2005 in Processing of Quick-frozen Beef Steak without Cooking Zhao Ren-fa, Chen Xue, Qin Quan-feng

- 4种长白山区食用菌多酚类物质的体外抗氧化活性 侯文井,王露露,梁铭鸿,等 (18)
Phenolic Content and Antioxidant Capacity *in Vitro* of Four Kinds of Edible Mushrooms in Changbai Mountain Hou Wen-jing, Wang Lu-lu, Li Ming-hong, et al.
响应面优化草石蚕泡菜生产工艺 史守纪 (22)
Production Process of Chinese Artichoke Pickle by Response Surface Methodology Shi Shou-ji

- 醋酸酯化莲藕改性淀粉的制备工艺研究 刘丽 (25)
Research on Preparation Process of Lotus Root Starch Acetate Liu Li
乳酸菌发酵生产胞外多糖条件优化研究 陶静,许赛信,孟德俊,等 (28)
The Conditions Optimization of Lactobacillus Exopolysaccharides Fermentation Tao Jing, Xu Sai-xin, Meng De-jun, et al.

- 果蔬中甲醛提取方法的优选研究 李俊,吕都,陈中爱,等 (32)
Optimization Research on Extract Methods of Formaldehyde in Fruits and Vegetables Li Jun, Lü Du, Chen Zhong-ai, et al.

- 超声波清洗对红枣细菌总数的影响 张春兰,陈胜慧子,杨爱霞,等 (36)
Effect of Ultrasonic Cleaning on the Total Bacterial Count in Jujube Zhang Chun-lan, Chen Sheng-huizi, Yang Ai-xia, et al.

- 棕榈油基焙烤专用脱模剂乳化工艺配方优化研究 蒋子敬,王冉冉,牛跃庭,等 (39)
Optimization Study of Emulsifying Process Formula in Palm Oil-based Baking Release Agent Jiang Zi-jing, Wang Ran-ran, Niu Yue-ting, et al.

- 花生中黄曲霉毒素B₁提取方法的优化 毕春元,张金玲,杜伟,等 (43)
To Optimize the Extraction Method of Aflatoxin B₁ from Naturally Contaminated Peanut Bi Chun-yuan, Zhang Jin-ling, Du Yi, et al.

- 桔梗多酚的超声辅助提取及其抑菌活性研究 师绘敏,吕梦 (46)
Study on Ultrasonic Assisted Extraction of Polyphenols from *Platycodon grandiflorum* and Its Antibacterial Activity Shi Hui-min, Lü Meng

- 玫瑰蜂蜜花茶的研制 李陈陈,陈钢,简素平,等 (49)
Development of the Rose Honey Tea Li Chen-chen, Chen Gang, Jian Su-ping, et al.

- 炒制与烤制工艺对治洽香瓜子呈香组分的影响 周强,沈旭,付梦,等 (53)
Effect of Frying and Roasting Processing Technologies on Aroma Components in Chacheer Aromatic Sunflower Seeds Zhou Qiang, Shen Xu, Fu Meng, et al.

- 高纤维玉米蛋糕蒸制加工的研究 渠雪娜,陈为凤,刘晓宇,等 (57)
Research on Steaming Process of High-Fiber Corn Cake Qu Xue-na, Chen Wei-feng, Liu Xiao-yu, et al.

- 电蒸箱烹饪条件对蒸紫薯品质影响 曹亚楠,谢淑丽,方莹,等 (61)
Effect of Different Cooking Conditions with Electric Steamer on Purple Potatoes Quality Cao Ya-nan, Xie Shu-li, Fang Kun, et al.

- 三种方法提取豆腐柴叶果胶抗氧化性比较研究 石仕慧,冀晓龙,李秀中,等 (65)
Comparison of Antioxidant Activity of Pectin Extracted from *Premna microphylla* Leaves by Three Methods Shi Shi-hui, Ji Xiao-long, Li Xiu-zhong, et al.

- 响应面法优化核桃青皮果胶提取工艺的研究 洪晶阳,李焕荣,许建,等 (68)
Optimization of Walnut Green Husk Pectin Extraction by Response Surface Method Hong Jing-yang, Li Huan-rong, Xu Jian, et al.

声明

凡本刊发表的论文,将通过被授权的传播单位进行各种方式的数据化网络出版或提供信息服务,稿件一经刊登,将在稿酬中一次性支付稿费和著作权使用费(即包括印刷版、光盘版和网络版等)。若作者不同意被数字化处理,应在投稿时,向本刊提出书面说明,否则即视为同意上述声明。

编辑部

- 几种不同添加剂对预糊化大米面包品质的影响 路飞,王坤,李哲,等 (72)
Effects of Several Different Additives on the Quality of Rice Bread
Lu Fei, Wang Kun, Li Zhe, et al.
- 腌制工艺对泥鳅鱼骨及其罐头感官品质的影响 郑捷,杨鸿路,高建忠,等 (76)
Effects of Curing Process on Loach Bones and Sensory Quality of Canned Loach
Zheng Jie, Yang Lu-lu, Gao Jian-zhong, et al.
- 分蘖葱头油脂微胶囊的研制 刘蒙佳,周强,张宝善,等 (81)
Preparation of Tillering Onion Oil Capsules Liu Meng-jia, Zhou Qiang, Zhang Bao-shan, et al.
- 超临界CO₂和八角联合处理对猪肉糜的保鲜作用 黄师荣,戈杜,刘斌,等 (85)
Effect of Combined Treatment with Supercritical CO₂ and Star Anise on Preservation of Pork Patties Huang Shi-rong, Ge Du, Liu Bin, et al.
- 荷叶中可溶性膳食纤维酶法提取工艺研究 师艳秋,彭浩,赵强,等 (88)
Preparation of Soluble Dietary Fiber of Lotus Leaf Residues with Cellulase Shi Yan-qiu, Peng Hao, Zhao Qiang, et al.
- 即食半干南美白对虾仁的研制 吴文龙,杨萍,叶盛权,等 (92)
Study on Processing Technology of Instant High-Moisture Shelled Penaeus Shrimp Wu Wen-long, Yang Ping, Ye Sheng-quan, et al.
- 林蛙油保湿乳液的制备及其性能研究 刘春娟,李军,梁清,等 (95)
Study on Preparation and Properties of *Oviductus ranae* Moisturizing Emulsions Liu Chun-juan, Li Jun, Liang Qing, et al.
- 魔芋ACE抑制肽酶法制备工艺研究 毛跟年,周亚丽,贺磊,等 (99)
Enzymatic Preparation of Konjac ACE Inhibitory Peptides Mao Gen-nian, Zhou Ya-li, He Lei, et al.
- 薇菜干复水工艺研究 李刚凤,王敏,高健强,等 (103)
Study on Rehydration Technology of Dried *Osmunda japonica* Li Gang-feng, Wang Min, Gao Jian-qiang, et al.
- 红小豆蛋白质的复合蛋白酶酶解工艺研究 王燕荣,李正英,柳仁图雅 (106)
Study on Compound Proteinase Hydrolysis Technology of Adzuki Bean Protein Wang Yan-rong, Li Zheng-ying, Narentuya, et al.
- 纳米银保鲜膜包装对黄瓜保鲜效果的影响 史君彦,高丽朴,左进华,等 (109)
Effect of Nano-Ag Film Packaging on Preservation of Cucumber Shi Jun-yan, Gao Li-pu, Zuo Jin-hua, et al.
- 辣木酥性饼干工艺研究 彭芍丹,林丽静,周伟,等 (113)
Study on Processing Technology of *Moringa* Crisp Biscuits Peng Shao-dan, Lin Li-jing, Zhou Wei, et al.
- 响应曲面法优化提取牡丹籽粕蛋白的工艺及应用研究 王青,孙金月,刘超,等 (117)
Study on Protein Extraction Technology from Peony Seed Meals Optimized by Response Surface Methodology Wang Qing, Sun Jin-yue, Liu Chao, et al.
- 响应面法优化生姜水溶性膳食纤维提取及抗氧化活性研究 苗敬芝,董玉玮,陈尚龙 (122)
Study on Optimization of Soluble Dietary Fiber Extraction by Water Response Surface Method and Antioxidant Activity of Ginger Miao Jing-zhi, Dong Yu-wei, Chen Shang-long
- 传统桂林甜酒曲中酵母分离鉴定及发酵性能研究 康亮,李良红,林捷 (126)
Isolation, Identification and Research of Fermentation Characteristics of Yeast from Traditional Guilin Rice Wine Koji Kang Xian, Li Liang-hong, Lin Jie
- 多谷物非油炸方便面的微波-热风联合干燥工艺研究 开伟华,修琳,张大力 (130)
Much-grain Not-fried Instant Noodles of the Microwave Hot Air Drying Process Research Qi Wei-hua, Xiu Lin, Zhang Da-li
- 仙草多糖对鸡肉肌原纤维蛋白凝胶性能的影响 梁俊广,李可,柳红莉,等 (134)
Effects of Hsian-tsao Polysaccharide on Gel Properties of Chicken Myofibrillar Proteins Li Jun-guang, Li Ke, Liu Hong-li, et al.
- 蒸制对红枣主要活性成分的影响 张娜,雷芳,马娇,等 (138)
Effect of Steaming on Main Active Ingredients of Jujube Zhang Na, Lei Fang, Ma Jiao, et al.

研究探讨

- 不同热处理对酸奶品质特性的影响 陈峰青,汪建明,牛思思,等 (141)
Effect of Different Heat Treatments on the Quality Characteristics of Yogurt Chen Feng-qing, Wang Jian-ming, Niu Si-si, et al.
- 枯草芽孢杆菌对香菇发酵液糖类成分降解规律研究 张腾霄,王斌,张希,等 (146)
Study on the Degradation of Sugars in *Lentinus edodes* Fermentation Broth by *Bacillus subtilis* Zhang Teng-xiao, Wang Bin, Zhang Xi, et al.
- 不同品种与年份对花生营养品质的影响 梁克红,朱大洲,孙君茂,等 (149)
Effects of Different Varieties and Years on Nutritional Quality of Peanut Liang Ke-hong, Zhu Da-zhou, Sun Jun-mao, et al.
- 酰氯法合成植物甾醇油酸酯 杨福明,马莺 (152)
Synthesis of Phytosterol Oleate by Using Chloride Method Yang Fu-ming, Ma Ying
- 菜籽蛋白糖基化修饰及其功能性质的研究 张燕鹏,祝贤彬,齐玉堂,等 (156)
The Study on Glycosylation and Functional Properties of Rapeseed Protein Zhang Yan-peng, Zhu Xian-bin, Qi Yu-tang, et al.

- 食品中双歧杆菌快速检测方法的建立 蒋曙光, 曹晓颖 (160)
Establishment of Rapid Detection Method of *Bifidobacterium* in Food Jiang Shu-guang, Cao Hu-liang
- 不同浓度水杨酸处理对迷你黄瓜货架期生理的影响 郝晓玲, 杨博慧 (164)
The Effects of Salicylic Acid Treatment of Different Concentrations on Physiology of Mini Cucumber during Shelf Life Hao Xiao-ling, Yang Bo-hui
- 香根草油的化学成分及抗氧化、抑菌活性研究 彭燕, 蔡文凝, 肖生鸿, 等 (167)
Study on Chemical Composition, Antioxidant and Antibacterial Activities of *Vetiveria zizanioides* Oil Peng Yan, Cai Wen-ning, Xiao Sheng-hong, et al.
- 基于 PLS-DA 判别法对黑龙江大米产地溯源的研究 钱丽丽, 冷侯喜, 宋雪健, 等 (171)
Study on Heilongjiang Rice Origin Traceability Based on Partial Least Squares Discriminant Analysis Qian Li-li, Leng Hou-xi, Song Xue-jian, et al.
- 烫漂方式对香菇多糖含量及其抗氧化活性的影响 刘璐, 王桂横, 乔宇, 等 (175)
Research on Polysaccharide and Antioxidant Activity of *Lentinula edodes* Liu Lu, Wang Gui-zhen, Qiao Yu, et al.
- 石仙桃化合物抗氧化活性的构效关系研究 蔡仕宁, 张福星, 李小波, 等 (178)
Comparative Evaluation of Antioxidant Activity of Components from *Pholidota chinensis* Cai Shi-ning, Zhang Fu-xing, Li Xiao-bo, et al.
- 香辛料提取物阻断风干肠中亚硝胺合成的比较研究 李佳栋, 周凤超, 杨庆余, 等 (181)
Comparative Studies of Disconnecting Nitrosamine Synthesis by Spices Extracts in the Air Dried Sausage Li Jia-dong, Zhou Feng-chao, Yang Qing-yu, et al.
- 动物双歧杆菌乳亚种 B225 的安全性评价 熊江, 何腊平, 张义明, 等 (184)
The Safety Assessment of Animal Species of *Lactobacillus* BZ25 Xiong Jiang, He La-ping, Zhang Yi-ming, et al.
- 外源物对苦荞芽黄酮含量及抗氧化性的影响 周达, 张东旗, 杨清华, 等 (190)
Effect on Flavonoids Content and Antioxidant Activity of Tartary Buckwheat Bud with Exogenous Substance Zhou Da, Zhang Dong-qi, Yang Qing-hua, et al.
- 薄层色谱-生物自显影联用检测残留抗生素的研究 唐惠玲, 尹鸿萍 (195)
Detection of Residual Antibiotics in Agricultural and Sideline Products by HPTLC Coupled with Bioluminescence Tang Hui-ling, Yin Hong-ping
- 食品检测业务受理的优化与探究 赵亚凤, 刘琦, 李蕊岑, 等 (200)
The Optimization and Investigation of Food Testing of Business Operation Zhao Ya-feng, Liu Qi, Li Rui-cen, et al.

食品机械

- 灌装设备全自动外部泡沫清洗系统的研制 李湘伟, 刘尉 (202)
The Design of Fully Automatic External Foam Cleaning System in the Filling Equipment Li Xiang-wei, Liu Wei
- 基于 EDEM 的小型立式粉碎机数值模拟与优化研究 邢志中, 李贵荣, 张海东, 等 (206)
Small Vertical Disintegrator Based on EDEM Numerical Simulation and Optimization Research Xing Zhi-zhong, Li Gui-rong, Zhang Hai-dong, et al.
- 厢式压滤机机架有限元分析及优化设计 郭年琴, 林通, 乔保蒙, 等 (210)
Finite Element Analysis and Optimization on Overall Framework of Chamber Filter Press Guo Nian-qin, Lin Tong, Qiao Bao-meng, et al.
- 啤酒糖化控制的分布式系统设计 陈婵娟, 徐洋洋, 杜景山, 等 (214)
Design of Distributed Control System for Beer Saccharification Chen Chan-juan, Xu Yang-yang, Du Jing-shan, et al.

专题论述

- O2O 平台上外卖食品安全问题的研究 张志祥, 石岩然 (218)
Research on the Safety of Takeaway on O2O Platform Zhang Zhi-xiang, Shi Kui-ran
- 基于 SEM 与 AHP 的消费者食品安全信任综合指数评价研究 慕静, 刘胜男, 杨秀丹 (221)
Comprehensive Index Evaluation Study of Consumer Food Safety Trust—Based on SEM and AHP Mu Jing, Liu Sheng-nan, Yang Xiu-dan
- 乳酸菌生产甘露醇的研究进展 郑琳, 金铁, 崔福顺, 等 (226)
Research Progress of Mannitol Production by Lactic Acid Bacteria Zheng Lin, Jin Tie, Cui Fu-shun, et al.
- 肉及肉制品中蛋白氧化的研究进展 程述震, 王志东, 张春晖, 等 (230)
Progress of Protein Oxidation in Meat and Meat Products Cheng Shu-zhen, Wang Zhi-dong, Zhang Chun-hui, et al.
- 番木瓜的应用价值与开发利用研究进展 秦涛 (234)
Research Progress on Application Value and Development of Papaya Qin Qin

《食品感官分析》课程的教学改革探索

朱苗, 李刚凤, 谭沙, 等 (238)

Educational Reform in "Food Sensory Analysis" Course

Zhu Miao, Li Gang-feng, Tan Sha, et al.

预包装食品营养标签的实施状况及消费者认知情况分析

白晨, 夏慧敏, 崔琳琳, 等 (240)

Investigation and Analysis of the Implementation and Consumer Awareness of the Nutritional Label on Pre-packaged Foods

Bai Chen, Xia Hui-min, Cui Lin-lin, et al.

茶叶苦味研究进展

彭静, 孙威江 (244)

Research Progress on Bitter Taste of Tea

Peng Jing, Sun Wei-jiang

高压脉冲电场在提取天然产物中的应用

刘曦然, 方婷 (249)

The Application of High Pulsed Electric Field Technology in Extracting Natural Compounds

Liu Xi-ran, Fang Ting

明胶分子结构的研究方法及其发展

柴梦阳, 辛颖, 赖少娟, 等 (253)

The Research Methods of the Molecular Structure of Gelatin and Its Development

Chai Meng-yang, Xin Ying, Lai Shao-juan, et al.

水中苯氧羧酸类除草剂残留检测的研究进展

许仁杰, 蔡春平, 丁立平, 等 (258)

Advances on Detection of Phenoxy Carboxylic Acid Herbicides Residues in Water

Xu Ren-jie, Cai Chun-ping, Ding Li-ping, et al.

水分子对玉米淀粉凝胶特性影响的研究现状

余世锋 (263)

Research Progress of the Effects of Water Molecule on the Behavior of Corn Starch Gel

Yu Shi-feng

分析检测

两种杂交水牛乳脂肪酸组成的对比

李玲, 农皓如, 唐艳, 等 (266)

Comparison of Milk Fatty Acid Composition of Two Crossbred Buffalo

Li Ling, Nong Hao-ru, Tang Yan, et al.

免疫亲和柱净化-UPLC-MS/MS测定花生中黄曲霉毒素B₁

郝莉花, 陈复生 (269)

Determination of Aflatoxin B₁ in Peanut by Immunoaffinity Column Purification and UPLC-MS/MS

Hao Li-hua, Chen Fu-sheng

固相萃取-比色法测定西洋参中总皂苷

马永龙, 周勇, 赵允, 等 (273)

Determination of Total Saponins in *Panax quinquefolium* L. by Solid Phase Extraction-colorimetry

Ma Yong-long, Zhou Yong, Zhao Yun, et al.

改进的高效液相色谱法快速检测红曲中莫纳可林K

冯艳丽, 朱丽萍, 赵薇, 等 (276)

Rapid Detection of Monacolin K in *Monascus* Fermented Products by Modified HPLC Method

Feng Yan-li, Zhu Li-ping, Zhao Wei, et al.

基于拉曼散射的猪肉品质检测方法

刘琦, 全尚忠, 毛晓婷, 等 (281)

New Approach to Detect Quality of Pork Using Raman Scattering

Liu Qi, Jin Shang-zhong, Mao Xiao-ting, et al.

UPLC-MS/MS测定地沟油中黄曲霉毒素和苯并芘

吴春英, 白莹, 谷凤, 等 (285)

Simultaneous Determination of Aflatoxin and Benzopyrene in Hogwash Oil Using Ultra Performance Liquid Chromatography-tandem Mass Spectrometry

Wu Chun-ying, Bai Lu, Gu Feng, et al.

高效液相色谱法测定卷烟燃烧生成的羰基化合物的分布

秦存永, 何爱民, 赵晖, 等 (289)

The Determination of Distribution on Major Carbonyl Compounds during Cigarette Burning by HPLC

Qin Cun-yong, He Ai-min, Zhao Hui, et al.

流动注射分析法测定甜型葡萄酒中总二氧化硫

罗洁, 涂小珂, 王丙涛, 等 (293)

Determination of Total Sulfur Dioxide in Sweet Wine by Flow Injection Analyzer

Luo Jie, Tu Xiao-ke, Wang Bing-tao, et al.

高效液相色谱法测定奶粉中双乙酸钠

蒲云月, 陈少波 (296)

Determination of Sodium Diacetate in Milk Powder by High Performance Liquid Chromatography

Pu Yun-yue, Chen Shao-bo

绿茶中两种晚期糖基化终末产物同步检测研究

刘婧, 王彬, 罗劲松, 等 (298)

Simultaneous Determination of Two Types of Advanced Glycation End Products in Green Tea

Liu Jing, Wang Bin, Luo Jin-song, et al.

不同产地雪莲果中低聚果糖含量和组成的测定

郝婷, 赵红玲, 李松涛, 等 (303)

Determination of Fructooligosaccharides in *Smallanthus sonchifolius* from Different Regions by HPLC-ELSD

Hao Ting, Zhao Hong-ling, Li Song-tao, et al.

HPLC-ELSD法测定黑茶中单糖和双糖的含量

黄明军, 杨新河, 章彩芹, 等 (306)

Determination of Monosaccharides and Disaccharides in Dark Tea by HPLC-ELSD

Huang Ming-jun, Yang Xin-he, Qin Cai-qin, et al.

水产品中15种避孕药的HPLC方法测定

王丹华, 陈盼盼, 王宏亮 (310)

Determination of the 15 Kinds of Birth Control Pills by HPLC Method in Aquatic Products

Wang Dan-hua, Chen Pan-pan, Wang Hong-liang

外源物对苦荞芽黄酮含量及抗氧化性的影响

周达, 张东旗, 杨清华, 刘佳佳, 冯佰利, 杨璞*

旱区作物逆境生物学国家重点实验室/西北农林科技大学(杨凌 712100)

摘要 为探讨外源添加物对苦荞芽中功能价值的影响。以苦荞品种榆6-21为试验材料,在芽期分别添加不同浓度的蔗糖和L-苯丙氨酸,研究了浓度和处理时间对苦荞芽的黄酮含量和抗氧化能力(清除DPPH自由基、ABTS自由基和羟基自由基能力)的影响。结果表明,随着蔗糖和L-苯丙氨酸浓度的增大升高和处理时间的延长,苦荞芽的黄酮含量及对自由基的清除能力均呈现先升高后降低的趋势。当蔗糖的质量浓度为4 g/mL,处理时间为9 d;L-苯丙氨酸的浓度为150 μ mol/L,处理时间也为第9天时荞麦芽黄酮含量最高,抗氧化性也最强。因此,添加外源物质可以改变荞麦芽的黄酮含量和抗氧化性。

关键词 苦荞;蔗糖;L-苯丙氨酸;黄酮;抗氧化性

Effect on Flavonoids Content and Antioxidant Activity of Tartary Buckwheat Bud with Exogenous Substance

Zhou Da, Zhang Dong-qi, Yang Qing-hua, Liu Jia-jia, Feng Bai-li, Yang Pu*

State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, Northwest A & F University (Yangling 712100)

Abstract In order to investigate the influence of exogenous additives on functional value of buckwheat bud. Using Yu 6-21 as the material, by adding different concentration sucrose and L-phenylalanine at bud stage to study the influence on flavones content, DPPH radical scavenging activity, ABTS radical scavenging, along with hydroxyl radical scavenging activity in tartary buckwheat sprout. Along with the increasing of sucrose and L-phenylalanine concentration, with the extension of treatment time, the flavones content and radical scavenging activity of tartary buckwheat sprout showed before increasing after decreasing, the influence was best when sucrose and L-phenylalanine concentration was 4 g/mL and 150 μ mol/L respectively and treatment time was the 9th day. The addition of exogenous substance could change the flavonoid content and antioxidant activity of tartary buckwheat bud.

Keywords tartary buckwheat; sucrose; L-phenylalanine; flavonoids; antioxidant

苦荞(*Fagopyrum tataricum* Gaertn.)耐贫瘠、耐干旱、适应性强、生育期短,是备荒救灾最理想、最经济的优势作物^[1]。苦荞营养丰富,富含蛋白质、淀粉、脂肪、粗纤维、维生素和矿物质等成分^[2],还具有降血糖、降血脂、增强免疫力、杀菌、抗衰老等药用疗效,这些生物活性与苦荞中生物类黄酮抗氧化能力密切相关^[3]。黄酮类化合物是植物在长期自然选择过程中产生的一类次生代谢产物,是苦荞中最重要的生物活性物质,蔗糖为次生代谢产物的合成提供碳源^[1],L-苯丙氨酸可以增强苯丙氨酸解氨酶(PAL)活性,苯丙氨酸解氨酶(PAL)是黄酮合成过程中第一个关键酶,促进了黄酮合成过程中的中间产物查尔酮的合成,进而促进黄酮的合成^[4]。

目前苦荞产品主要为初级加工产品,虽然苦荞麦蛋白的氨基酸组成较为均衡,营养全面,但由于籽粒中含有大量的荞麦胰蛋白酶抑制剂等抗营养因子,使得其营养不易被人体吸收^[5]。苦荞籽粒萌发时,胰蛋白酶抑制剂的活性会降低,减少了芦丁降解。并且荞麦芽与荞麦或荞麦产品相比,荞麦芽含有高质量蛋白

质,合理氨基酸组成,是一种具有营养保健功能的新型蔬菜^[6]。

目前对于苦荞黄酮的研究主要集中在环境条件对苦荞黄酮含量及抗氧化性的影响^[7-11],但是,在植物培养中加入适量目的前体也是提高次生代谢产物产量的有效途径。吴春华等^[12]研究认为白色紫萼菊不定根在高或低浓度的蔗糖培养基中的生长及次生代谢产物含量均降低。何含杰等^[13]通过研究蔗糖浓度对三裂叶野葛毛状根生长及其总异黄酮和葛根素产生的影响中发现蔗糖浓度过高或过低都会影响次生产物的产生。Van Uden等^[14]认为,在金黄亚麻细胞悬浮培养中,加入前体苯丙氨酸,细胞中5-甲氧基鬼臼毒素的含量增加了3~5倍。Zhao Jian等^[15]认为,蔗糖质量浓度从20 g/L到60 g/L时,长春花吲哚生物碱含量明显增加,当蔗糖质量浓度调到70 g/L时,吲哚生物碱含量明显下降。李树敏等^[16]在人参组培中加入苯丙氨酸,在5~20 mg/L的范围内,花青苷的含量随苯丙氨酸质量浓度的增加而增加,质量浓度为20 mg/L时,花青苷的含量是对照组的2倍。关于外源添加物对次生代谢产物含

农作物品种鉴定 证书

鉴定编号：国品鉴杂 2015034

作物种类：豌豆

品种名称：西豌 2 号

选育单位：西北农林科技大学、宝鸡市农业科学研究所

品种来源：美国引进豌豆材料 Qellow-2 系选

鉴定意见：该品种于 2012~2014 年参加全国农业技术推广服务中心组织的全国小宗粮豆品种试验，2015 年 5 月经全国小宗粮豆品种鉴定委员会鉴定通过。建议在河北张北，甘肃卓尼、兰州，陕西榆林，宁夏吴忠、隆德，西藏拉萨等豌豆种植区推广。

证书编号：2015-1-72

2015 年 6 月 18 日



北京·全国农业技术推广服务中心 100026

表 号: CG002
制定机关: 科学技术部
批准机关: 国家统计局
批准文号: 国统制[2017]4号
有效期至: 2019年1月

科技成果登记表

(应用技术类科技成果)

成果名称: 西豌2号

第一完成单位: 西北农林科技大学
(盖章)

研究起始日期: 2005 年 01 月

研究终止日期: 2015 年 12 月

推荐单位: 西北农林科技大学
(盖章)

批准登记单位:

批准登记号: 961201840172

批准登记日期: 2018-03-09

中华人民共和国科学技术部制定
中华人民共和国国家统计局批准

2017年

应用技术类科技成果

批准登记号:

批准登记日期: 2018 年 3 月 9 日

推荐单位: 西北农林科技大学

2017 年

表 号: CG002

制定机关: 科学技术部

批准机关: 国家统计局

批准文号: 国统制[2017]4号

有效期至: 2019年1月

一、成果概况

1. 成果名称	西豌2号	
2. 关键词	豌豆	
3. 成果体现形式	<input type="checkbox"/> 新技术 <input type="checkbox"/> 新工艺 <input type="checkbox"/> 新产品 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新装备 <input checked="" type="checkbox"/> 农业、生物新品种 <input type="checkbox"/> 矿产新品种 <input type="checkbox"/> 其他 <input type="checkbox"/> 国际标准 <input type="checkbox"/> 国家标准 <input type="checkbox"/> 行业标准 <input type="checkbox"/> 地方标准 <input type="checkbox"/> 企业标准	
4. 成果属性	<input checked="" type="radio"/> 原始性创新 <input type="radio"/> 国外引进消化吸收创新 <input type="radio"/> 国内技术二次开发	
5. 成果所处阶段	<input type="radio"/> 初期阶段 <input type="radio"/> 中期阶段 <input checked="" type="radio"/> 成熟应用阶段	
6. 成果水平	<input type="radio"/> 国际领先 <input type="radio"/> 国际先进 <input checked="" type="radio"/> 国内领先 <input type="radio"/> 国内先进 <input type="radio"/> 国内一般 <input type="radio"/> 未评价	
7. 合作形式	<input checked="" type="radio"/> 独立研究 <input type="radio"/> 与企业合作 <input type="radio"/> 与院校合作 <input type="radio"/> 与科研院所合作 <input type="radio"/> 与国(境)外合作 <input type="radio"/> 其他	
8. 学科分类	210.30 - 农艺学	
9. 中图分类	S529	
10. 战略性新兴产业(单选)	<input type="radio"/> 节能环保 <input type="radio"/> 新一代信息技术 <input type="radio"/> 生物 <input type="radio"/> 高端装备制造 <input type="radio"/> 新能源 <input type="radio"/> 新材料 <input type="radio"/> 新能源汽车	
11. 所属高新技术领域(单选)	<input type="checkbox"/> 电子信息 <input type="checkbox"/> 先进制造 <input type="checkbox"/> 航空航天 <input type="checkbox"/> 现代交通 <input type="checkbox"/> 生物医药与医疗器械 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新能源与节能 <input type="checkbox"/> 环境保护 <input type="checkbox"/> 地球、空间与海洋 <input type="checkbox"/> 核应用技术 <input checked="" type="checkbox"/> 现代农业	
12. 成果应用行业(单选)	<input checked="" type="checkbox"/> 农、林、牧、渔业 <input type="checkbox"/> 采矿业 <input type="checkbox"/> 制造业 <input type="checkbox"/> 电力、热力、燃气及水生产和供应业 <input type="checkbox"/> 建筑业 <input type="checkbox"/> 批发和零售业 <input type="checkbox"/> 交通运输、仓储和邮政业 <input type="checkbox"/> 住宿和餐饮业 <input type="checkbox"/> 信息传输、软件和信息技术服务业 <input type="checkbox"/> 金融业 <input type="checkbox"/> 房地产业 <input type="checkbox"/> 租赁和商务服务业 <input type="checkbox"/> 科学研究和技术服务业 <input type="checkbox"/> 水利、环境和公共设施管理业 <input type="checkbox"/> 居民服务、修理和其他服务业 <input type="checkbox"/> 教育 <input type="checkbox"/> 卫生和社会工作 <input type="checkbox"/> 文化、体育和娱乐业 <input type="checkbox"/> 公共管理、社会保障和社会组织 <input type="checkbox"/> 国际组织	

二、立项情况

1. 课题来源(单选)	<input type="checkbox"/> 国家科技计划	<input type="radio"/> 科技重大专项 <input type="radio"/> 重点基础研究发展计划(973计划) <input type="radio"/> 科技支撑计划 <input type="radio"/> 星火计划 <input type="radio"/> 国家重点新产品计划 <input type="radio"/> 国际科技合作专项 <input type="radio"/> 国家工程技术研究中心 <input type="radio"/> 重大科学仪器设备开发专项 <input type="radio"/> 国家野外科学观测站 <input type="radio"/> 科技富民强县专项行动计划 <input type="radio"/> 国际热核聚变实验堆(ITER)计划专项	<input type="radio"/> 自然科学基金 <input type="radio"/> 高技术研究发展计划(863计划) <input type="radio"/> 科技基础条件平台 <input type="radio"/> 火炬计划 <input type="radio"/> 国家软科学研究计划 <input type="radio"/> 国家重点实验室 <input type="radio"/> 科技型中小企业技术创新基金 <input type="radio"/> 科技基础性工作专项 <input type="radio"/> 农业科技成果转化资金 <input type="radio"/> 科研院所技术开发研究专项资金 <input type="radio"/> 其他国家科技计划							
		<input type="checkbox"/> 部门计划 <input checked="" type="checkbox"/> 地方计划 <input type="checkbox"/> 部门基金 <input type="checkbox"/> 地方基金 <input type="checkbox"/> 民间基金 <input type="checkbox"/> 国际合作 <input type="checkbox"/> 横向委托 <input type="checkbox"/> 自选 <input type="checkbox"/> 其他								
2. 课题来源单位	陕西省科学技术厅									
3. 课题立项名称	特色小杂粮新品种选育、栽培及深加工技术与推广									
4. 课题立项编号	2014K01-28									
5. 经费实际投入额(万元)										
总计	国家投入	部门投入	地方投入			基金投入	自有资金	银行贷款	国外资金	其他
			合计	省级投入	地级投入	县级投入				
15			15	15						

三、评价情况					(续表)
1. 评价方式	<input checked="" type="radio"/> 鉴定 <input type="radio"/> 验收 <input type="radio"/> 行业准入 <input type="radio"/> 评估 <input type="radio"/> 机构评价 <input type="radio"/>				
2. 评价单位	全国农业技术推广服务中心				
3. 评价日期	2015.06.18				
4. 评价报告编号	国品鉴杂2015034				
四、知识产权状况					
1. 知识产权形式	<input type="checkbox"/> 发明专利 <input type="checkbox"/> 实用新型专利 <input type="checkbox"/> 外观设计专利 <input type="checkbox"/> 软件著作权 <input checked="" type="checkbox"/> 其他				
2. 专利状况	<input type="radio"/> 未申请专利 <input type="radio"/> 已受理专利 <input type="radio"/> 已授权专利				
3. 已受理专利项数					
4. 已授权专利项数					
5. 已授权专利情况	授权公告号 名称 				
6. 已受理专利情况	专利申请号 名称 				
7. 获得软件著作权情况	软件著作权登记号		软件著作权名称		
五、成果转移转化情况					
1. 应用状态	<input checked="" type="checkbox"/> 产业化应用 <input type="checkbox"/> 小批量或小范围应用 <input type="checkbox"/> 试用 <input type="checkbox"/> 应用后停用 <input type="checkbox"/> 未应用				
2. 应用效果	<input type="checkbox"/> 落后技术、工艺、装备的替代 <input type="checkbox"/> 进口替代 <input type="checkbox"/> 填补国内空白 <input type="checkbox"/> 降低成本				
3. 转化方式	<input type="checkbox"/> 自我转化 <input checked="" type="checkbox"/> 合作转化 <input type="checkbox"/> 技术转让与许可 <input type="checkbox"/> 合作转化方式 <input checked="" type="checkbox"/> 技术服务 <input type="checkbox"/> 合作开发 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 完成人创业				
4. 转移途径	<input type="checkbox"/> 协议定价 <input type="checkbox"/> 挂牌交易 <input type="checkbox"/> 技术拍卖 <input type="checkbox"/> 其他 <u>无偿应用</u>				
5. 自我转化效益(万元)	收入	净利润	实交税金	出口创汇	节约资金
6. 合作转化收入(万元)			其中, 技术入股股权折价(万元)		
7. 技术转让收入(万元)			其中, 知识产权技术转让收入(万元)		
8. 已转让单位数(个)					
9. 转化的政府支持	<input type="checkbox"/> 纳入政府计划 <input type="checkbox"/> 进入政府采购 <input type="checkbox"/> 得到转化财政经费支持 <input type="checkbox"/> 享受政府税收优惠 <input type="checkbox"/> 军民融合				
10. 单位转化政策支持	<input type="checkbox"/> 单位转化机构参与 <input type="checkbox"/> 纳入绩效考评 <input type="checkbox"/> 与职称评定挂钩 <input type="checkbox"/> 与收入分配挂钩				
11. 转化的奖励和报酬	<input checked="" type="checkbox"/> 未实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 未完全实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 完全实施转化收益奖励和报酬				
12. 项目研发人员状态	<input checked="" type="checkbox"/> 项目组基本完整保持 <input type="checkbox"/> 项目组解散 <input type="checkbox"/> 横向兼职 <input type="checkbox"/> 自主创业				
13. 未应用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他				
14. 停用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他				

六、成果转化需求					
1. 转化需求意向	<input type="checkbox"/> 近期内无转化需求 <input checked="" type="checkbox"/> 近期内有转化需求				
2. 转化意向与范围	<input type="checkbox"/> 可国（境）内外转让 <input type="checkbox"/> 仅限国（境）外转让 <input checked="" type="checkbox"/> 仅限国内转让 <input type="checkbox"/> 不转让				
3. 拟采取的转化方式	<input type="checkbox"/> 合作研发 <input checked="" type="checkbox"/> 技术转让 <input type="checkbox"/> 技术许可 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 创业融资 <input type="checkbox"/> 股权融资 <input type="checkbox"/> 其他				
4. 成果转化联系人	王鹏科	电话	18392859778		
5. 电子邮箱/电子信箱	ylwangpk@163.com				
七、成果完成单位情况 (此栏涉及到的知识产权问题由填报单位负责)					
第一完成单位名称		西北农林科技大学			
组织机构代码					
统一社会信用代码		12100000437096236G			
通讯地址	陕西杨凌邠城路3号		邮政编码	712100	
网址			传真	029-87082851	
单位联系人	李文华		电话	029-87082851	
电子信箱	chengguochu@nwsuaf.edu.cn				
单位属性	<input type="checkbox"/> 独立科研机构 <input checked="" type="checkbox"/> 大专院校 <input type="checkbox"/> 医疗机构				
	企业	<input type="radio"/> 国有企业 <input type="radio"/> 集体企业 <input type="radio"/> 股份合作企业 <input type="radio"/> 联营企业 <input type="radio"/> 有限责任公司 <input type="radio"/> 股份有限公司 <input type="radio"/> 私营企业 <input type="radio"/> 个体经营 <input type="radio"/> 港、澳、台商投资企业 <input type="radio"/> 外商投资企业 <input type="radio"/> 其他企业			
		科研机构转制型企业 <input type="radio"/> 是 <input checked="" type="radio"/> 否			
		<input type="checkbox"/> 其他			
所在省市	陕西省		上级主管单位	教育部	
成果合作完成单位情况					
序号	单位名称	通讯地址	邮政编码	联系人	联系人电话

单位负责人:

统计负责人:

填表人:

联系电话:

报出日期: 20 年 月 日

批准登记单位意见	
<h2 style="margin: 0;">同意登记</h2> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;"> <p>批准登记单位：</p> <p>(盖章)</p>  </div> <div style="text-align: center;"> <p>负责人：</p>  </div> </div> <div style="text-align: right; margin-top: 10px;"> <p>批准登记日期：2018 年 3 月 9 日</p> </div>	

附件一： 应用技术类成果登记材料一览表

评价方式 材料名称	鉴定	验收	行业准入	评估	机构评价	知识产权	
						专利（发明、 实用新型）	软件 著作权
科技成果登记表	★	★	★	★	★	★	★
客观评价证明文件 （复印件）	★鉴定 证书	★验收 报告	★审查 证明	★评估 报告	★评估 报告	★专利授 权证书	★软件著 作权证书

注：表中标示的“★”表示需要提交的材料, 提供复印件或者提供原件的PDF文件。

成果完成人员名单

(此表涉及到的知识产权问题由填报单位负责)

序号	姓名	性别	出生年月	技术职称	文化程度	是否留学归国	工作单位	对成果创造性贡献
1	王鹏科	男	1963.01	副高	硕士研究生	否	西北农林科技大学	项目负责, 主持品种选育
2	高金锋	男	1976.04	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
3	高小丽	女	1968.11	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
4	杨 璞	男	1984.03	中级	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
5	冯佰利	男	1966.12	正高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
6	柴 岩	男	1951.01	正高	本科	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广

填写说明:

按贡献大小排序填写(如表格空间不够,可另附纸)。其中:

职称:按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如完成人具有院士资格,加填院士,并写明是中科院院士还是工程院院士。

文化程度:按博士研究生、硕士研究生、本科、大专、中专、其他分别填写。

是否留学归国:按“是”、“否”填写。

工作单位:按本成果研发期间完成人所属的工作单位填写。

对成果创造性贡献:根据完成人在成果研发过程中发挥的主要作用、做出的主要贡献填写,不超过100字。

评价委员会名单						
评价委员会 职务	姓名	性别	工作单位	所学专业	从事专业	技术 职称
主任委员	季广德	男	内蒙古种子管理站	农学	农业管理	正高
副主任委员	程须珍	女	中国农业科学院作物科学研究所	农学	品种资源	正高
委员	宋国栋	男	内蒙古种子管理站	农学	品种管理	正高
委员	张亚芝	女	黑龙江省农业科学院	农学	品种资源、育种	正高
委员	季 良	男	新疆农业科学院粮食作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	贺晨邦	男	青海省农林科学院	农学	作物遗传育种	正高
委员	李彩菊	女	河北省保定市农业科学院	农学	作物遗传育种	正高
委员	冷苏凤	女	江苏省种子管理站	农学	品种管理	正高
委员	葛维德	男	辽宁省农业科学院作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	田 静	女	河北省农林科学院粮油作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	余东梅	女	四川省农业科学院作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	赵 敏	男	陕西省粮油贸易公司	经济管理	贸易	其他
委员	尹凤祥	男	吉林省白城市农业科学院	农学	作物育种、栽培	正高

填写说明：

指在以鉴定、评审、验收等形式对本成果进行评价过程中发挥咨询、评价作用的专家委员会的成员。其中：

评价委员会职务：按在评价委员会中担任的职务：“主任委员、副主任委员、委员”择一填写。

工作单位：指本成果评价时专家所在工作单位。

所学专业：指专家个人获得最高学历学习期间的专业。

从事专业：指专家在现工作单位从事的专业。

职称：按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如评价专家具有院士资格，则填院士，并写明是中科院院士还是工程院院士。

附件二：“成果简介”、“成果完成人员名单”和“评价委员会名单”填报格式

成果简介（不少于500字，不超过2000字）

豌豆是我国传统的出口农作物，也是重要的淀粉植物资源。

西豌豆2号由西北农林科技大学从美国引进豌豆材料Qellow-2经系统选育而成。中晚熟，生育日数83d-95d；有限生长习性，株型紧凑，株高55.6cm-59.3cm。苗期生长旺盛，叶色深绿，无叶卷须型，主茎分枝数1.1个-2.1个，主茎节数14.0节-15.5节；花白色，单株荚数7.5个-11.3个，荚长5.4cm-5.9cm，荚粒数3.8粒-4.8粒；籽粒圆形、白色，百粒重18.3g-21.7g。籽粒粗蛋白含量27.16%，粗脂肪含量2.26%，碳水化合物55.50%，水分10.30%。2012-2014年参加国家豌豆品种区域试验，平均单产2857.2kg/hm²，较参试品种平均产量高17.41%。2014年生产试验平均产量2366.8kg/hm²，较对照增产13.9%。

西豌豆2号抗旱耐瘠薄，适应性广，适宜在河北张北、甘肃卓尼、兰州、陕西榆林、宁夏盐池、隆德、西藏拉萨等豌豆种植区推广。

栽培技术要点：春季适宜播期为4月上旬，一般地温稳定至8℃-10℃即可播种；播种量165kg/hm²-180 kg/hm²，一般留苗80万株/hm²左右，播深4cm-5cm。播种前进行深耕细耙，疏松土壤，确保出苗整齐，增强抗逆力，避免重茬。播种时应施足基肥，以有机质肥为主。一般施腐熟农家肥15000kg/hm²、磷肥300kg/hm²-450kg/hm²、钾肥100kg/hm²-150kg/hm²。出苗后及时时间定苗，并中耕松土2-3次。幼苗期可根据长势适当追施速效氮肥。一般当田间80%豆荚变成浅黄色，籽粒干硬即可收获。

填报内容要求：①课题来源与背景；②技术原理及性能指标；③技术的创造性与先进性；④技术的成熟程度，适用范围和安全性；⑤应用情况及存在的问题；⑥历年获奖情况⑦成果简介要向社会公开，请不要填写商业秘密内容。

农作物品种鉴定 证书

鉴定编号：国品鉴杂 2015023

作物种类：芸豆

品种名称：西芸 2 号

选育单位：西北农林科技大学

品种来源：美国红芸豆“Y13”系选

鉴定意见：该品种于 2012~2014 年参加全国农业技术推广服务中心组织的全国小宗粮豆品种试验，2015 年 5 月经全国小宗粮豆品种鉴定委员会鉴定通过。建议在黑龙江引龙河，内蒙古赤峰，山西忻州、大同，陕西榆林，甘肃平凉，新疆阿勒泰等芸豆种植区推广。

证书编号：2015-1-61

2015 年 6 月 18 日



表 号: CG002
制定机关: 科学技术部
批准机关: 国家统计局
批准文号: 国统制[2017]4号
有效期至: 2019年1月

科技成果登记表

(应用技术类科技成果)

成果名称: 西芸2号

第一完成单位: 西北农林科技大学
(盖章)

研究起始日期: 2005 年 01 月
研究终止日期: 2015 年 12 月

推荐单位: 西北农林科技大学
(盖章)

批准登记单位:

批准登记号: 9612018Y0174

批准登记日期: 2018-03-09

中华人民共和国科学技术部制定
中华人民共和国国家统计局批准

2017年

应用技术类科技成果

批准登记号:

批准登记日期: 2018 年 3 月 9 日

推荐单位: 西北农林科技大学

2017 年

表 号: CG002

制定机关: 科学技术部

批准机关: 国家统计局

批准文号: 国统制[2017]4号

有效期至: 2019年1月

一、成果概况

1. 成果名称	西芸2号	
2. 关键词	芸豆	
3. 成果体现形式	<input type="checkbox"/> 新技术 <input type="checkbox"/> 新工艺 <input type="checkbox"/> 新产品 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新装备 <input checked="" type="checkbox"/> 农业、生物新品种 <input type="checkbox"/> 矿产新品种 <input type="checkbox"/> 其他 <input type="checkbox"/> 国际标准 <input type="checkbox"/> 国家标准 <input type="checkbox"/> 行业标准 <input type="checkbox"/> 地方标准 <input type="checkbox"/> 企业标准	
4. 成果属性	<input checked="" type="radio"/> 原始性创新 <input type="radio"/> 国外引进消化吸收创新 <input type="radio"/> 国内技术二次开发	
5. 成果所处阶段	<input type="radio"/> 初期阶段 <input type="radio"/> 中期阶段 <input checked="" type="radio"/> 成熟应用阶段	
6. 成果水平	<input type="radio"/> 国际领先 <input type="radio"/> 国际先进 <input checked="" type="radio"/> 国内领先 <input type="radio"/> 国内先进 <input type="radio"/> 国内一般 <input type="radio"/> 未评价	
7. 合作形式	<input checked="" type="radio"/> 独立研究 <input type="radio"/> 与企业合作 <input type="radio"/> 与院校合作 <input type="radio"/> 与科研院所合作 <input type="radio"/> 与国(境)外合作 <input type="radio"/> 其他	
8. 学科分类	210.30 - 农艺学	
9. 中图分类号	S529	
10. 战略性新兴产业(单选)	<input type="radio"/> 节能环保 <input type="radio"/> 新一代信息技术 <input type="radio"/> 生物 <input type="radio"/> 高端装备制造 <input type="radio"/> 新能源 <input type="radio"/> 新材料 <input type="radio"/> 新能源汽车	
11. 所属高新技术领域(单选)	<input type="checkbox"/> 电子信息 <input type="checkbox"/> 先进制造 <input type="checkbox"/> 航空航天 <input type="checkbox"/> 现代交通 <input type="checkbox"/> 生物医药与医疗器械 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新能源与节能 <input type="checkbox"/> 环境保护 <input type="checkbox"/> 地球、空间与海洋 <input type="checkbox"/> 核应用技术 <input checked="" type="checkbox"/> 现代农业	
12. 成果应用行业(单选)	<input checked="" type="checkbox"/> 农、林、牧、渔业 <input type="checkbox"/> 采矿业 <input type="checkbox"/> 制造业 <input type="checkbox"/> 电力、热力、燃气及水生产和供应业 <input type="checkbox"/> 建筑业 <input type="checkbox"/> 批发和零售业 <input type="checkbox"/> 交通运输、仓储和邮政业 <input type="checkbox"/> 住宿和餐饮业 <input type="checkbox"/> 信息传输、软件和信息技术服务业 <input type="checkbox"/> 金融业 <input type="checkbox"/> 房地产业 <input type="checkbox"/> 租赁和商务服务业 <input type="checkbox"/> 科学研究和技术服务业 <input type="checkbox"/> 水利、环境和公共设施管理业 <input type="checkbox"/> 居民服务、修理和其他服务业 <input type="checkbox"/> 教育 <input type="checkbox"/> 卫生和社会工作 <input type="checkbox"/> 文化、体育和娱乐业 <input type="checkbox"/> 公共管理、社会保障和社会组织 <input type="checkbox"/> 国际组织	

二、立项情况

1. 课题来源(单选)	<input type="checkbox"/> 国家科技计划	<input type="radio"/> 科技重大专项 <input type="radio"/> 重点基础研究发展计划(973计划) <input type="radio"/> 科技支撑计划 <input type="radio"/> 星火计划 <input type="radio"/> 国家重点新产品计划 <input type="radio"/> 国际科技合作专项 <input type="radio"/> 国家工程技术研究中心 <input type="radio"/> 重大科学仪器设备开发专项 <input type="radio"/> 国家野外科学观测台站 <input type="radio"/> 科技富民强县专项行动计划 <input type="radio"/> 国际热核聚变实验堆(ITER)计划专项	<input type="radio"/> 自然科学基金 <input type="radio"/> 高技术研究发展计划(863计划) <input type="radio"/> 科技基础条件平台 <input type="radio"/> 火炬计划 <input type="radio"/> 国家软科学研究计划 <input type="radio"/> 国家重点实验室 <input type="radio"/> 科技型中小企业技术创新基金 <input type="radio"/> 科技基础性工作专项 <input type="radio"/> 农业科技成果转化资金 <input type="radio"/> 科研院所技术开发研究专项资金 <input type="radio"/> 其他国家科技计划
		<input type="checkbox"/> 部门计划 <input checked="" type="checkbox"/> 地方计划 <input type="checkbox"/> 部门基金 <input type="checkbox"/> 地方基金 <input type="checkbox"/> 民间基金 <input type="checkbox"/> 国际合作 <input type="checkbox"/> 横向委托 <input type="checkbox"/> 自选 <input type="checkbox"/> 其他	

2. 课题来源单位	陕西省科学技术厅										
3. 课题立项名称	特色小杂粮新品种选育、栽培及深加工技术与推广										
4. 课题立项编号	2014K01-28										
5. 经费实际投入额(万元)											
总计	国家投入	部门投入	地方投入				基金投入	自有资金	银行贷款	国外资金	其他
			合计	省级投入	地市级投入	县级投入					
15			15	15							

三、评价情况				(续表)
1. 评价方式	<input checked="" type="radio"/> 鉴定 <input type="radio"/> 验收 <input type="radio"/> 行业准入 <input type="radio"/> 评估 <input type="radio"/> 机构评价 <input type="radio"/>			
2. 评价单位	全国农业技术推广服务中心			
3. 评价日期	2013. 08. 01			
4. 评价报告编号	国品鉴杂2013007			
四、知识产权状况				
1. 知识产权形式	<input type="checkbox"/> 发明专利 <input type="checkbox"/> 实用新型专利 <input type="checkbox"/> 外观设计专利 <input type="checkbox"/> 软件著作权 <input checked="" type="checkbox"/> 其他			
2. 专利状况	<input type="radio"/> 未申请专利 <input type="radio"/> 已受理专利 <input type="radio"/> 已授权专利			
3. 已受理专利项数				
4. 已授权专利项数				
5. 已授权专利情况	授权公告号 名称 			
6. 已受理专利情况	专利申请号 名称 			
7. 获得软件著作权情况	软件著作权登记号		软件著作权名称	
五、成果转移转化情况				
1. 应用状态	<input checked="" type="checkbox"/> 产业化应用 <input type="checkbox"/> 小批量或小范围应用 <input type="checkbox"/> 试用 <input type="checkbox"/> 应用后停用 <input type="checkbox"/> 未应用			
2. 应用效果	<input type="checkbox"/> 落后技术、工艺、装备的替代 <input type="checkbox"/> 进口替代 <input type="checkbox"/> 填补国内空白 <input type="checkbox"/> 降低成本			
3. 转化方式	<input type="checkbox"/> 自我转化 <input checked="" type="checkbox"/> 合作转化 <input type="checkbox"/> 技术转让与许可 合作转化方式 <input checked="" type="checkbox"/> 技术服务 <input type="checkbox"/> 合作开发 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 完成人创业			
4. 转移途径	<input type="checkbox"/> 协议定价 <input type="checkbox"/> 挂牌交易 <input type="checkbox"/> 技术拍卖 <input type="checkbox"/> 其他 无偿应用			
5. 自我转化效益(万元)	收入	净利润	实交税金	出口创汇 节约资金
6. 合作转化收入(万元)	其中, 技术入股股权折价(万元)			
7. 技术转让收入(万元)	其中, 知识产权技术转让收入(万元)			
8. 已转让单位数(个)				
9. 转化的政府支持	<input type="checkbox"/> 纳入政府计划 <input type="checkbox"/> 进入政府采购 <input type="checkbox"/> 得到转化财政经费支持 <input type="checkbox"/> 享受政府税收优惠 <input type="checkbox"/> 军民融合			
10. 单位转化政策支持	<input type="checkbox"/> 单位转化机构参与 <input type="checkbox"/> 纳入绩效考评 <input type="checkbox"/> 与职称评定挂钩 <input type="checkbox"/> 与收入分配挂钩			
11. 转化的奖励和报酬	<input checked="" type="checkbox"/> 未实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 未完全实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 完全实施转化收益奖励和报酬			
12. 项目研发人员状态	<input checked="" type="checkbox"/> 项目组基本完整保持 <input type="checkbox"/> 项目组解散 <input type="checkbox"/> 横向兼职 <input type="checkbox"/> 自主创业			
13. 未应用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他			
14. 停用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他			

六、成果转化需求					
1. 转化需求意向	<input type="checkbox"/> 近期内无转化需求 <input checked="" type="checkbox"/> 近期内有转化需求				
2. 转化意向与范围	<input type="checkbox"/> 可国（境）内外转让 <input type="checkbox"/> 仅限国（境）外转让 <input checked="" type="checkbox"/> 仅限国内转让 <input type="checkbox"/> 不转让				
3. 拟采取的转化方式	<input type="checkbox"/> 合作研发 <input checked="" type="checkbox"/> 技术转让 <input type="checkbox"/> 技术许可 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 创业融资 <input type="checkbox"/> 股权融资 <input type="checkbox"/> 其他				
4. 成果转化联系人	高小丽	电话	13991843829		
5. 电子邮箱/电子信箱	gao2123@nwsuaf.edu.cn				
七、成果完成单位情况 (此栏涉及到的知识产权问题由填报单位负责)					
第一完成单位名称	西北农林科技大学				
组织机构代码	43709623-6				
统一社会信用代码	12100000437096236G				
通讯地址	陕西杨凌邠城路3号			邮政编码	712100
网址				传真	029-87082851
单位联系人	李文华			电话	029-87082851
电子信箱	chengguochu@nwsuaf.edu.cn				
单位属性	<input type="checkbox"/> 独立科研机构 <input checked="" type="checkbox"/> 大专院校 <input type="checkbox"/> 医疗机构				
	企业	<input type="radio"/> 国有企业 <input type="radio"/> 集体企业 <input type="radio"/> 股份合作企业 <input type="radio"/> 联营企业 <input type="radio"/> 有限责任公司 <input type="radio"/> 股份有限公司 <input type="radio"/> 私营企业 <input type="radio"/> 个体经营 <input type="radio"/> 港、澳、台商投资企业 <input type="radio"/> 外商投资企业 <input type="radio"/> 其他企业 科研机构转制型企业 <input type="radio"/> 是 <input checked="" type="radio"/> 否			
		<input type="checkbox"/> 其他			
所在省市	陕西省		上级主管单位	教育部	
成果合作完成单位情况					
序号	单位名称	通讯地址	邮政编码	联系人	联系人电话

单位负责人:

统计负责人:

填表人:

联系电话:

报出日期: 20 年 月 日

批准登记单位意见
<h2 style="margin: 0;">同意登记</h2> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;"> <p>批准登记单位：</p> <p>(盖章)</p>  </div> <div style="text-align: center;"> <p>负责人：</p>  </div> </div> <p style="text-align: right; margin-top: 10px;">批准登记日期：2018 年 3 月 9 日</p>

附件一： 应用技术类成果登记材料一览表

评价方式 材料名称	鉴定	验收	行业准入	评估	机构评价	知识产权	
						专利（发明、 实用新型）	软件 著作权
科技成果登记表	★	★	★	★	★	★	★
客观评价证明文件 （复印件）	★鉴定 证书	★验收 报告	★审查 证明	★评估 报告	★评估 报告	★专利授 权证书	★软件著 作权证书

注：表中标示的“★”表示需要提交的材料，提供复印件或者提供原件的PDF文件。

成果完成人员名单

(此表涉及到的知识产权问题由填报单位负责)

序号	姓名	性别	出生年月	技术职称	文化程度	是否留学回国	工作单位	对成果创造性贡献
1	高小丽	女	1968.11	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	项目负责, 主持品种选育
2	杨 璞	男	1984.03	中级	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
3	高金锋	男	1976.04	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
4	冯佰利	男	1966.12	正高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
5	王鹏科	男	1963.01	副高	硕士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
6	柴 岩	男	1951.01	正高	本科	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广

填写说明:

按贡献大小排序填写(如表格空间不够,可另附纸)。其中:

职称:按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如完成人具有院士资格,加填院士,并写明是中科院院士还是工程院院士。

文化程度:按博士研究生、硕士研究生、本科、大专、中专、其他分别填写。

是否留学回国:按“是”、“否”填写。

工作单位:按本成果研发期间完成人所属的工作单位填写。

对成果创造性贡献:根据完成人在成果研发过程中发挥的主要作用、做出的主要贡献填写,不超过100字。

评价委员会名单						
评价委员会 职务	姓名	性别	工作单位	所学专业	从事专业	技术 职称
主任委员	季广德	男	内蒙古种子管理站	农学	农业管理	正高
副主任委员	程须珍	女	中国农业科学院作物科学研究所	农学	品种资源	正高
委员	宋国栋	男	内蒙古种子管理站	农学	品种管理	正高
委员	张亚芝	女	黑龙江省农业科学院	农学	品种资源、育种	正高
委员	季 良	男	新疆农业科学院粮食作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	贺晨邦	男	青海省农林科学院	农学	作物遗传育种	正高
委员	李彩菊	女	河北省保定市农业科学院	农学	作物遗传育种	正高
委员	冷苏凤	女	江苏省种子管理站	农学	品种管理	正高
委员	葛维德	男	辽宁省农业科学院作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	田 静	女	河北省农林科学院粮油作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	余东梅	女	四川省农业科学院作物研究所	农学	作物育种、栽培	正高
委员	赵 敏	女	陕西省粮油贸易公司	经济管理	贸易	其他
委员	尹凤祥	男	吉林省白城市农业科学院	农学	作物育种、栽培	正高

填写说明：

指在以鉴定、评审、验收等形式对本成果进行评价过程中发挥咨询、评价作用的专家委员会的成员。其中：

评价委员会职务：按在评价委员会中担任的职务：“主任委员、副主任委员、委员”择一填写。

工作单位：指本成果评价时专家所在工作单位。

所学专业：指专家个人获得最高学历学习期间的专业。

从事专业：指专家在现工作单位从事的专业。

职称：按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如评价专家具有院士资格，则填院士，并写明是中科院院士还是工程院院士。

附件二：“成果简介”、“成果完成人员名单”和“评价委员会名单”填报格式

成果简介（不少于500字，不超过2000字）

芸豆是我国传统出口产品，具有较高的营养价值和保健价值。但目前芸豆生产上品种混杂退化，新品种少，限制了其产业发展。

西芸2号由西北农林科技大学选育而成。中早熟，生育日数85d-96d；有限生长习性，直立，株型紧凑，株高39.2cm-41.9cm。幼苗生长旺盛，叶色深绿，叶形桃形，主茎分枝2.9个-3.4个，主茎节数6.2个-7.3个；花初开黄色，盛开后白色，单株荚数11.0个-13.2个，荚长10.9cm-11.9cm，荚粒数3.9粒-5.5粒；籽粒肾形、红色，百粒重44.6g-48.3g。籽粒粗蛋白含量23.96%，粗脂肪含量2.47%，碳水化合物54.96%，水分9.93%。2012-2014年参加国家芸豆品种区域试验，平均单产2079.7kg/hm²，比参试品种平均产量高10.92%。2014年生产试验平均产量2394.6kg/hm²，较对照增产10.8%。

西芸2号芸豆品种抗旱耐瘠薄，结荚集中，适应性广，适宜在黑龙江引龙河，内蒙古赤峰，山西五寨、大同，陕西榆林，甘肃平凉，新疆阿勒泰等地推广种植。该品种的示范推广对提高产区芸豆产量和品质，促进产业化发展具有重要的指导意义。

西芸2号栽培技术要点：（1）适期播期。可春播、夏播，春播一般以10cm地温稳定在12℃-13℃时比较适宜，夏播在前茬作物收获后及时播种；播种量90kg/hm²-120kg/hm²，一般留苗9.6万株/hm²，播深4cm-5cm。（2）田间管理。播种时应施足基肥，以有机质肥为主，一般施腐熟农家肥15000kg/hm²、磷肥300kg/hm²-450kg/hm²、钾肥100kg/hm²-150kg/hm²，初花期追施尿素150kg/hm²-200kg/hm²。出苗后及时定苗，并中耕松土2-3次。生育期间注意预防根腐病、病毒病。（3）收获贮藏。当田间80%豆荚变成浅黄色，籽粒干硬即可收获，并及时晾晒2d-3d、脱粒及清选，籽粒含水量低于13%时可入库贮藏。

填报内容要求：①课题来源与背景；②技术原理及性能指标；③技术的创造性与先进性；④技术的成熟程度，适用范围和安全性；⑤应用情况及存在的问题；⑥历年获奖情况⑦成果简介要向社会公开，请不要填写商业秘密内容。

证书

陕糜登字 2015001 号

品种名称：陕糜 1 号

育种单位：西北农林科技大学、黑龙江八一农垦大学

品种来源：从地方品种子长红软糜 13~3 中经系统选育而来

主要育种人：冯佰利 杨璞 高小丽 王鹏科 张盼盼

适宜区域：该品种适合在陕西神木、府谷、定边等长城沿线推广种植。三

年区试平均产量为 4076.9kg/hm²。



二〇一六年二月二十三日

表 号: CG002
制定机关: 科学技术部
批准机关: 国家统计局
批准文号: 国统制[2017]4号
有效期至: 2019年1月

科技成果登记表

(应用技术类科技成果)

成果名称: 陕糜1号

第一完成单位: 西北农林科技大学
(盖章)

研究起始日期: 2006 年 01 月
研究终止日期: 2016 年 12 月

推荐单位: 西北农林科技大学
(盖章)

批准登记单位:

批准登记号: 961201840168

批准登记日期: 2018-03-09

中华人民共和国科学技术部制定
中华人民共和国国家统计局批准

2017年

应用技术类科技成果

批准登记号:

批准登记日期: 2018 年 3 月 9 日

推荐单位: 西北农林科技大学

2017 年

表 号: CG002

制定机关: 科学技术部

批准机关: 国家统计局

批准文号: 国统制[2017]4号

有效期至: 2019年1月

一、成果概况											
1. 成果名称	陕糜1号										
2. 关键词	糜子										
3. 成果体现形式	<input type="checkbox"/> 新技术 <input type="checkbox"/> 新工艺 <input type="checkbox"/> 新产品 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新装备 <input checked="" type="checkbox"/> 农业、生物新品种 <input type="checkbox"/> 矿产新品种 <input type="checkbox"/> 其他 <input type="checkbox"/> 国际标准 <input type="checkbox"/> 国家标准 <input type="checkbox"/> 行业标准 <input type="checkbox"/> 地方标准 <input type="checkbox"/> 企业标准										
4. 成果属性	<input checked="" type="radio"/> 原始性创新 <input type="radio"/> 国外引进消化吸收创新 <input type="radio"/> 国内技术二次开发										
5. 成果所处阶段	<input type="radio"/> 初期阶段 <input type="radio"/> 中期阶段 <input checked="" type="radio"/> 成熟应用阶段										
6. 成果水平	<input type="radio"/> 国际领先 <input type="radio"/> 国际先进 <input checked="" type="radio"/> 国内领先 <input type="radio"/> 国内先进 <input type="radio"/> 国内一般 <input type="radio"/> 未评价										
7. 合作形式	<input checked="" type="radio"/> 独立研究 <input type="radio"/> 与企业合作 <input type="radio"/> 与院校合作 <input type="radio"/> 与科研院所合作 <input type="radio"/> 与国(境)外合作 <input type="radio"/> 其他										
8. 学科分类	210.30 - 农艺学										
9. 中图分类	S516										
10. 战略性新兴产业 (单选)	<input type="radio"/> 节能环保 <input type="radio"/> 新一代信息技术 <input type="radio"/> 生物 <input type="radio"/> 高端装备制造 <input type="radio"/> 新能源 <input type="radio"/> 新材料 <input type="radio"/> 新能源汽车										
11. 所属高新技术领域 (单选)	<input type="checkbox"/> 电子信息 <input type="checkbox"/> 先进制造 <input type="checkbox"/> 航空航天 <input type="checkbox"/> 现代交通 <input type="checkbox"/> 生物医药与医疗器械 <input type="checkbox"/> 新材料 <input type="checkbox"/> 新能源与节能 <input type="checkbox"/> 环境保护 <input type="checkbox"/> 地球、空间与海洋 <input type="checkbox"/> 核应用技术 <input checked="" type="checkbox"/> 现代农业										
12. 成果应用行业 (单选)	<input checked="" type="checkbox"/> 农、林、牧、渔业 <input type="checkbox"/> 采矿业 <input type="checkbox"/> 制造业 <input type="checkbox"/> 电力、热力、燃气及水生产和供应业 <input type="checkbox"/> 建筑业 <input type="checkbox"/> 批发和零售业 <input type="checkbox"/> 交通运输、仓储和邮政业 <input type="checkbox"/> 住宿和餐饮业 <input type="checkbox"/> 信息传输、软件和信息技术服务业 <input type="checkbox"/> 金融业 <input type="checkbox"/> 房地产业 <input type="checkbox"/> 租赁和商务服务业 <input type="checkbox"/> 科学研究和技术服务业 <input type="checkbox"/> 水利、环境和公共设施管理业 <input type="checkbox"/> 居民服务、修理和其他服务业 <input type="checkbox"/> 教育 <input type="checkbox"/> 卫生和社会工作 <input type="checkbox"/> 文化、体育和娱乐业 <input type="checkbox"/> 公共管理、社会保障和社会组织 <input type="checkbox"/> 国际组织										
二、立项情况											
1. 课题来源 (单选)	<input checked="" type="checkbox"/> 国家科技计划 <input type="checkbox"/> 部门计划 <input type="checkbox"/> 地方计划 <input type="checkbox"/> 部门基金 <input type="checkbox"/> 地方基金 <input type="checkbox"/> 民间基金 <input type="checkbox"/> 国际合作 <input type="checkbox"/> 横向委托 <input type="checkbox"/> 自选 <input type="checkbox"/> 其他	<input type="radio"/> 科技重大专项 <input type="radio"/> 自然科学基金 <input type="radio"/> 重点基础研究发展计划(973计划) <input type="radio"/> 高新技术研究发展计划(863计划) <input checked="" type="radio"/> 科技支撑计划 <input type="radio"/> 科技基础条件平台 <input type="radio"/> 星火计划 <input type="radio"/> 火炬计划 <input type="radio"/> 国家重点新产品计划 <input type="radio"/> 国家软科学研究计划 <input type="radio"/> 国际科技合作专项 <input type="radio"/> 国家重点实验室 <input type="radio"/> 国家工程技术研究中心 <input type="radio"/> 科技型中小企业技术创新基金 <input type="radio"/> 重大科学仪器设备开发专项 <input type="radio"/> 科技基础性工作专项 <input type="radio"/> 国家野外科学观测站 <input type="radio"/> 农业科技成果转化资金 <input type="radio"/> 科技富民强县专项行动计划 <input type="radio"/> 科研院所技术开发研究专项资金 <input type="radio"/> 国际热核聚变实验堆(ITER)计划专项 <input type="radio"/> 其他国家科技计划									
2. 课题来源单位	中华人民共和国科学技术部										
3. 课题立项名称	糜黍丰产关键技术研究集成与示范										
4. 课题立项编号	2014BAD07B03										
5. 经费实际投入额(万元)											
总计	国家投入	部门投入	地方投入				基金投入	自有资金	银行贷款	国外资金	其他
			合计	省级投入	地级投入	县级投入					
425	425		0								

三、评价情况				(续表)
1. 评价方式	<input checked="" type="radio"/> 鉴定 <input type="radio"/> 验收 <input type="radio"/> 行业准入 <input type="radio"/> 评估 <input type="radio"/> 机构评价 <input type="radio"/>			
2. 评价单位	陕西省农作物品种审定委员会			
3. 评价日期	2016. 02. 23			
4. 评价报告编号	陕糜登字2015001号			
四、知识产权状况				
1. 知识产权形式	<input type="checkbox"/> 发明专利 <input type="checkbox"/> 实用新型专利 <input type="checkbox"/> 外观设计专利 <input type="checkbox"/> 软件著作权 <input checked="" type="checkbox"/> 其他			
2. 专利状况	<input type="radio"/> 未申请专利 <input type="radio"/> 已受理专利 <input type="radio"/> 已授权专利			
3. 已受理专利项数				
4. 已授权专利项数				
5. 已授权专利情况	授权公告号 名称 			
6. 已受理专利情况	专利申请号 名称 			
7. 获得软件著作权情况	软件著作权登记号		软件著作权名称	
五、成果转移转化情况				
1. 应用状态	<input checked="" type="checkbox"/> 产业化应用 <input type="checkbox"/> 小批量或小范围应用 <input type="checkbox"/> 试用 <input type="checkbox"/> 应用后停用 <input type="checkbox"/> 未应用			
2. 应用效果	<input type="checkbox"/> 落后技术、工艺、装备的替代 <input type="checkbox"/> 进口替代 <input type="checkbox"/> 填补国内空白 <input type="checkbox"/> 降低成本			
3. 转化方式	<input type="checkbox"/> 自我转化 <input checked="" type="checkbox"/> 合作转化 <input type="checkbox"/> 技术转让与许可 合作转化方式 <input checked="" type="checkbox"/> 技术服务 <input type="checkbox"/> 合作开发 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 完成人创业			
4. 转移途径	<input type="checkbox"/> 协议定价 <input type="checkbox"/> 挂牌交易 <input type="checkbox"/> 技术拍卖 <input type="checkbox"/> 其他 无偿应用			
5. 自我转化效益(万元)	收入	净利润	实交税金	出口创汇 节约资金
6. 合作转化收入(万元)	其中, 技术入股股权折价(万元)			
7. 技术转让收入(万元)	其中, 知识产权技术转让收入(万元)			
8. 已转让单位数(个)				
9. 转化的政府支持	<input type="checkbox"/> 纳入政府计划 <input type="checkbox"/> 进入政府采购 <input type="checkbox"/> 得到转化财政经费支持 <input type="checkbox"/> 享受政府税收优惠 <input type="checkbox"/> 军民融合			
10. 单位转化政策支持	<input type="checkbox"/> 单位转化机构参与 <input type="checkbox"/> 纳入绩效考评 <input type="checkbox"/> 与职称评定挂钩 <input type="checkbox"/> 与收入分配挂钩			
11. 转化的奖励和报酬	<input checked="" type="checkbox"/> 未实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 未完全实施转化收益奖励和报酬 <input type="checkbox"/> 完全实施转化收益奖励和报酬			
12. 项目研发人员状态	<input checked="" type="checkbox"/> 项目组基本完整保持 <input type="checkbox"/> 项目组解散 <input type="checkbox"/> 横向兼职 <input type="checkbox"/> 自主创业			
13. 未应用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他			
14. 停用的主要原因 (单选)	<input type="checkbox"/> 资金问题 <input type="radio"/> 拨款未到位 <input type="radio"/> 贷款困难 <input type="radio"/> 无资金渠道 <input type="radio"/> 协议终止 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 技术问题 <input type="radio"/> 技术过时 <input type="radio"/> 成熟度不够 <input type="radio"/> 成套性差 <input type="radio"/> 引进技术冲击 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 市场问题 <input type="radio"/> 进口产品冲击 <input type="radio"/> 新产品替代 <input type="radio"/> 与市场要求不吻合 <input type="radio"/> 市场信息不灵 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 政策因素 <input type="radio"/> 产业政策调整 <input type="radio"/> 技术政策调整 <input type="radio"/> 金融信贷政策 <input type="radio"/> 进出口政策 <input type="radio"/> 其他 <input type="checkbox"/> 管理问题 <input type="radio"/> 管理原因 <input type="radio"/> 经营原因 <input type="radio"/> 其他			

六、成果转化需求					
1. 转化需求意向	<input type="checkbox"/> 近期内无转化需求 <input checked="" type="checkbox"/> 近期内有转化需求				
2. 转化意向与范围	<input type="checkbox"/> 可国（境）内外转让 <input type="checkbox"/> 仅限国（境）外转让 <input checked="" type="checkbox"/> 仅限国内转让 <input type="checkbox"/> 不转让				
3. 拟采取的转化方式	<input type="checkbox"/> 合作研发 <input checked="" type="checkbox"/> 技术转让 <input type="checkbox"/> 技术许可 <input type="checkbox"/> 技术入股 <input type="checkbox"/> 创业融资 <input type="checkbox"/> 股权融资 <input type="checkbox"/> 其他				
4. 成果转化联系人	冯佰利	电话	13891852175		
5. 电子邮箱/电子信箱	7012766@163.com				
七、成果完成单位情况 (此栏涉及到的知识产权问题由填报单位负责)					
第一完成单位名称	西北农林科技大学				
组织机构代码					
统一社会信用代码	12100000437096236G				
通讯地址	陕西杨凌邠城路3号	邮政编码	712100		
网址		传真	029-87082851		
单位联系人	李文华	电话	029-87082851		
电子信箱	chengguochu@nwsuaf.edu.cn				
单位属性	<input type="checkbox"/> 独立科研机构 <input checked="" type="checkbox"/> 大专院校 <input type="checkbox"/> 医疗机构				
	企业	<input type="radio"/> 国有企业 <input type="radio"/> 集体企业 <input type="radio"/> 股份合作企业 <input type="radio"/> 联营企业 <input type="radio"/> 有限责任公司 <input type="radio"/> 股份有限公司 <input type="radio"/> 私营企业 <input type="radio"/> 个体经营 <input type="radio"/> 港、澳、台商投资企业 <input type="radio"/> 外商投资企业 <input type="radio"/> 其他企业			
		<input type="radio"/> 科研机构转制型企业 <input type="radio"/> 是 <input checked="" type="radio"/> 否			
		<input type="checkbox"/> 其他			
所在省市	陕西省	上级主管单位	教育部		
成果合作完成单位情况					
序号	单位名称	通讯地址	邮政编码	联系人	联系人电话

单位负责人:

统计负责人:

填表人:

联系电话:

报出日期: 20 年 月 日

批准登记单位意见
<h2 style="margin: 0;">同意登记</h2> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 20px;"> <div style="text-align: center;"> <p>批准登记单位：</p> <p>(盖章)</p>  </div> <div style="text-align: center;"> <p>负责人：</p>  </div> </div> <p style="text-align: right; margin-top: 10px;">批准登记日期：2018 年 3 月 9 日</p>

附件一： 应用技术类成果登记材料一览表

评价方式 材料名称	鉴定	验收	行业准入	评估	机构评价	知识产权	
						专利（发明、 实用新型）	软件 著作权
科技成果登记表	★	★	★	★	★	★	★
客观评价证明文件 （复印件）	★鉴定 证书	★验收 报告	★审查 证明	★评估 报告	★评估 报告	★专利授 权证书	★软件著 作权证书

注：表中标示的“★”表示需要提交的材料, 提供复印件或者提供原件的PDF文件。

成果完成人员名单

(此表涉及到的知识产权问题由填报单位负责)

序号	姓名	性别	出生年月	技术职称	文化程度	是否留学归国	工作单位	对成果创造性贡献
1	冯佰利	男	1966.12	正高	博士研究生	否	西北农林科技大学	项目负责人, 主持品种选育
2	杨璞	男	1984.03	中级	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
3	高小丽	女	1968.11	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
4	王鹏科	男	1963.01	副高	博士研究生	否	西北农林科技大学	参与品种选育和技术推广
5	张盼盼	女	1985.04	中级	博士研究生	否	榆林学院	参与品种选育和技术推广

填写说明:

按贡献大小排序填写(如表格空间不够,可另附纸)。其中:

职称:按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如完成人具有院士资格,加填院士,并写明是中科院院士还是工程院院士。

文化程度:按博士研究生、硕士研究生、本科、大专、中专、其他分别填写。

是否留学归国:按“是”、“否”填写。

工作单位:按本成果研发期间完成人所属的工作单位填写。

对成果创造性贡献:根据完成人在成果研发过程中发挥的主要作用、做出的主要贡献填写,不超过100字。

评价委员会名单						
评价委员会 职务	姓名	性别	工作单位	所学专业	从事专业	技术 职称
主任委员	刘明慧	男	宝鸡市农业科学研究院	农学	作物遗传育种	正高
副主任委员	严勇敢	男	陕西省种子管理站	植物保护	品种管理	正高
委员	李向宏	男	陕西省种子管理站	农学	品种管理	副高
委员	吉万全	男	西北农林科技大学	农学	作物遗传育种	正高
委员	王 阳	女	西北农林科技大学	植物保护	植物病理	副高

指在以鉴定、评审、验收等形式对本成果进行评价过程中发挥咨询、评价作用的专家委员会的成员。其中：
评价委员会职务：按在评价委员会中担任的职务：“主任委员、副主任委员、委员”择一填写。
工作单位：指本成果评价时专家所在工作单位。
所学专业：指专家个人获得最高学历学习期间的专业。
从事专业：指专家在现工作单位从事的专业。
职称：按正高、副高、中级、初级、其他分别填写。如评价专家具有院士资格，则填院士，并写明是中科院院士还是工程院院士。

附件二：“成果简介”、“成果完成人员名单”和“评价委员会名单”填报格式

成果简介（不少于500字，不超过2000字）

陕西省糜子主要分布在陕北长城沿线和黄土高原沟壑地区，是这些地区的主要粮食作物和经济作物。但长期以来由于品种退化、混杂，尤其是籽粒大小、色泽不一致，适口性差，影响了生产。根据生产和出口贸易需求，选育高产、优质、适应性广、商品性好的糜子新品种，对于提高单产水平、满足人们食用及出口创汇均具有重要意义。

陕糜1号生育日数93 d-95 d，属中早熟品种。株高160.2 cm-162.4 cm，主茎节数7.4节-7.7节，主穗长33.8 cm-40.7 cm，穗重5.0 g-7.7 g，穗型为侧密穗型，糯性，经适口性鉴定为良好。籽粒红色，单株粒重8.0 g-12.2 g，千粒重6.4 g-7.1 g。籽粒粗蛋白含量12.35%，粗脂肪3.63%，碳水化合物78.3%，水分8.38%。2010年-2011年参加陕西省糜子品种区域试验，平均单产4076.9 kg/hm²。该品种抗旱，抗倒伏，耐瘠薄，田间生长势强，生长整齐，适应性广。该品种适合在陕西神木、府谷、定边等长城沿线推广种植。

栽培技术要点：精细整地，早春及时浅耕，耙耱保墒。根据土壤肥力适当施用氮、磷肥，结合整地施腐熟农家肥22500 kg/hm²-45000 kg/hm²，磷酸二铵150 kg/hm²。播前晒种和种子精选，提高播种质量。春、夏、秋播均可，正茬播种以6月中、下旬为宜。适宜播量7.5 kg/hm²-15.0 kg/hm²，留苗90-120万株/hm²。苗期及早中耕锄草，加强田间管理。当全株2/3籽粒成熟，即籽粒变为红色，呈现本品种固有颜色时收获，注意防止霜冻。

填报内容要求：①课题来源与背景；②技术原理及性能指标；③技术的创造性与先进性；④技术的成熟程度，适用范围和安全性；⑤应用情况及存在的问题；⑥历年获奖情况⑦成果简介要向社会公开，请不要填写商业秘密内容。

延安市技术规范发布通告

2017 年第 1 号

延安市质量技术监督局批准发布《地理标志证明商标产品 延安小米》、《延安谷子主要病虫害防治技术规范》、《延安谷子生产技术规范》3 项延安市技术规范，现予以公布（见附件）。

特此通告。

附件：批准发布的 3 项延安市技术规范目录

延安市质量技术监督局

2017 年 1 月 1 日



延 安 市 技 术 规 范

DB612600/T123-2016

延安谷子主要病虫害防治技术规范

2016-12-22发布

2017-01-01实施

延安市质量技术监督局 发布

前 言

本规范按照GB/T 1.1—2009给出的规则起草。

本规范由西北农林科技大学提出。

本规范起草单位：西北农林科技大学，延安市农业科学研究所，延安市质量技术监督局。

本规范主要起草人：杨璞、高金锋、袁宏安、韩芳、冯佰利、高小丽、王鹏科、高锦旭、贾润成、牛宏伟。

本规范首次发布。

延安谷子主要病虫害防治技术规范

1 范围

本规范规定了延安谷子主要病虫害防治技术的术语和定义、播前预防、生育期病虫害防控和收获后防控等技术措施。

本规范适用于延安市谷子生产。

2 规范性引用文件

下列文件中的条款对于本文件的应用是必不可少的。凡是注明日期的引用文件，仅所注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB 4285 农药安全使用标准

GB/T 8321.1 农药合理使用准则 （一）

GB/T 8321.2 农药合理使用准则 （二）

GB/T 8321.3 农药合理使用准则 （三）

GB/T 8321.4 农药合理使用准则 （四）

GB/T 8321.5 农药合理使用准则 （五）

GB/T 8321.6 农药合理使用准则 （六）

GB/T 8321.7 农药合理使用准则 （七）

NY/T 393 绿色食品 农药使用准则

NY/T 1276 农药安全使用规范 总则

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本规范。

3.1 谷子主要病虫害

见附录 A。

谷子主要病害包括白发病、黑穗病、谷瘟病、纹枯病、谷锈病、线虫病等。

谷子主要虫害包括粘虫、粟负泥虫、粟凹胫跳甲、粟灰螟、玉米螟、蝼蛄、金针虫等。

3.2 谷子生育期

根据谷子一生的生长发育特点，划分为 5 个时期：苗期、拔节期、抽穗期、灌浆期、成熟期。

4 播前预防

4.1 轮作倒茬

与豆类、薯类、玉米、高粱等作物实行 3 年以上轮作。

4.2 深翻整地

要进行深秋翻，在土壤冻融交替之际及时进行整地保墒。地膜谷子在早春整地施肥和覆膜播种一次完成。

4.3 选用抗病虫品种

选用优质、高产、抗病虫品种。

4.4 种子处理

根据不同防治对象采用下列处理方法之一。

4.4.1 种子包衣

选用商品包衣种子，或专用种衣剂进行包衣。

4.4.2 温汤浸种

用 55℃ 温水浸种 10 min，种子晾干。

4.4.3 药剂拌种

- a) 白发病：用甲霜灵（瑞毒霉）可湿性粉剂拌种。
- b) 黑穗病：用拌种双（福美双+拌种灵）可湿性粉剂或多菌灵拌种。
- c) 白发病、黑穗病混合发生地区可用甲霜灵可湿性粉剂加拌种双可湿性粉剂混合均匀后拌种。
- d) 纹枯病：用适乐时（咯菌腈）悬浮剂拌种。
- e) 虫害：防治蝼蛄、金针虫等地下害虫可用辛硫磷乳油闷种。

4.4.4 地下害虫

蝼蛄可采用沟施毒谷防治。毒谷的制作：用 50% 辛硫磷 100 mL 兑水 500 mL，加 5 kg 煮半熟的谷子闷种 3-4h，晾干后施用，每 hm^2 用 7.5 kg。

4.4.5 适期播种

5 月上中旬为适宜播期。

5 生育期病虫害防控

5.1 苗期防控

农药按 GB 4285，GB/T 8321，NY/T 393，NY/T 1276 规定使用。

5.1.1 粟负泥虫

谷子 4-5 叶期，喷洒 25% 快杀灵乳油 1 500 倍液，每 hm^2 施用 600 kg。

5.1.2 粟凹胫跳甲

田间枯心苗率为 1-3% 时进行防治。用 5% 高效氯氰菊酯乳油、20% 氰戊菊酯乳油 2 000-2 500 倍液喷雾，用量 600 kg/ m^2 ；或可用 2.5% 溴氰菊酯乳油每 hm^2 用 750 mL 低容量喷雾。

5.1.3 粟灰螟

- （1）物理防治：频振式杀虫灯或黑光灯诱杀，棋盘状排列，每 3 hm^2 放置一盏。

(2) 药剂防治：在谷田发现千茎苗有卵 2-5 块时，应立即防治。用 2.5% 溴氰菊酯乳油 100-150 mL，加水 1-1.5 kg 稀释后，拌细土 10-20 kg，顺垄撒于谷苗根部。

5.2 拔节—孕穗期防控

5.2.1 谷瘟病

在田间初见叶瘟病斑时，用 40% 克瘟散乳油 500-800 倍液或 6% 春雷霉素可湿性粉剂 80 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 喷雾，每 hm^2 用药液 600 kg。

5.2.2 白发病

及时拔除病株，并带出田外烧毁或深埋。

5.2.3 谷子纹枯病

病株率达到 5% 时，采用 12.5% 禾果利可湿性粉剂 400-500 倍液，或用 15% 的粉锈宁可湿性粉剂 600 倍液，每 hm^2 用药液 450 kg，在谷子茎基部喷雾防治一次，7-10d 后酌情补防一次。

5.2.4 粟灰螟

防治措施同 5.1.3。

5.2.5 粘虫

(1) 物理防治：成虫盛发期可用频振式杀虫灯和黑光灯诱杀，棋盘状排列，3 hm^2 放置 1 盏；或用谷草把引诱成虫产卵，225 把/ hm^2 ，3-4 d 换一次草把，并把换下的草把烧毁。

(2) 化学防治：在 3 龄以下用药，当每 m^2 三龄幼虫 10 头时开始用药。4.5% 高效氯氰菊酯乳油 600-750ml 或 40% 毒死蜱乳油 750-900 毫升、90% 敌百虫晶体 800 倍液喷雾，每 hm^2 用药液 40 kg。

5.2.6 玉米螟

(1) 物理防治：同 5.2.5 粘虫物理防治中的杀虫灯诱杀措施。

(2) 生物防治：赤眼蜂防治：在田间卵始盛期（成虫羽化率达 15%）和盛期（一般距第一次放蜂 7d 左右）各放蜂一次。每 hm^2 设 45 个点，第一次每点放 2 500 头，第二次每点放 2 700 头。

(3) 化学防治：成虫产卵至初龄幼虫蛀茎前用 2.5% 溴氰菊酯乳油 1 000 倍液喷雾，每 hm^2 用药液 600 kg。

5.3 抽穗—成熟期防控

5.3.1 谷瘟病

防治措施见 5.2.1。

5.3.2 谷锈病

当病叶率达 1%-5% 时，用 15% 的粉锈宁可湿性粉剂 600 倍液进行第一次喷药，隔 7-10 d 后酌情进行第二次喷药。

5.3.3 白发病、线虫病、黑穗病

拔除病株，并带出田外烧毁。

6 收获后防控

收获后及时将秸秆、谷茬清理出谷田，减少来年病害初侵染来源。地膜谷子及时清除残膜。

附 录 A
(资料性附录)

谷子主要病虫害及适宜发生条件

病虫害名称	病原或害虫类别	主要传播途径	为害部位	适宜发生条件
白发病	禾生指梗霜霉菌，鞭毛菌亚门枝梗霉属真菌 [<i>Sclerospora graminicola</i> (Sacc.) Schroeter]	种子、土壤、病残体、粪肥、降水	幼苗，穗部；烂芽，灰背，白尖，白发	早播、播种过深；土温11-32℃，土壤相对湿度40-50%
黑穗病	粟黑粉菌，担子菌亚门黑粉菌属真菌（ <i>Ustilago crameri</i> Koern）	种子、土壤、病残体	穗部	土壤温度12-25℃，土壤湿度30-50%
谷瘟病	灰梨孢菌，半知菌亚门梨孢菌属真菌[<i>Pyricularia grisea</i> (Cke.) Sacc]	病残体、种子、风雨	苗瘟、叶瘟、节瘟、穗颈瘟和谷粒瘟	阴雨，雾露、寡照、低温；温度25℃，相对湿度80%以上，多雨
纹枯病	立枯丝核菌，半知菌亚门丝核菌属真菌（ <i>Rhizoctonia solani</i> Kuhn）	土壤、病残体、气流、雨水	叶鞘和茎秆，也侵染叶片和穗部	播量大，田间郁闭；氮肥用量大；多雨
谷锈病	粟单胞锈菌，担子菌亚门单胞锈菌属真菌（ <i>Uromyces setariae-italicae</i> Yoshino）	风雨、病残体、气流	叶片和叶鞘	地势低洼、植株过密、施用氮肥过多；温度28-32℃，多雨
线虫病	水稻滑刃线虫（贝西滑刃线虫），水稻干尖线虫的一个变种（ <i>Aphelenchoides oryzae</i> Yokoo）	种子、秕谷、粪肥、土壤	花器、子房	高温多雨；积水洼地；晚播
粘虫	鳞翅目夜蛾科 [<i>Mythimna separate</i> (Walker)]	成虫迁飞	幼苗叶片	温度23-30℃；雨多，湿度大
粟负泥虫	鞘翅目负泥虫科 [<i>Oulema tristis</i> (Herbst)]	成虫扩散	叶片	温暖、干旱；早播
粟凹胫跳甲	鞘翅目叶甲科 [<i>Chaetocnema ingenua</i> Baly]	成虫扩散	叶片	早播；重茬；高温干旱
粟灰螟	鳞翅目螟蛾科[<i>Chilo infuscatellus</i> (Snellen)]	成虫扩散	茎秆	冬季气温高，春季干旱，夏季多雨；早播
玉米螟	鳞翅目螟蛾科[<i>Ostrinia</i>	幼虫爬行，成虫	幼虫咬食心叶，钻	气温20-30℃，高

	<i>furnacalis</i> (Guenee)]	扩散	蛀谷子茎秆与穗柄	湿
蝼蛄	直翅目蝼蛄科东方蝼蛄 (<i>Gryllotalpa orientalis</i> Burmeister) 单刺蝼蛄 (<i>Gryllotalpa</i> <i>unispina</i> Saussure)	短距离扩散	种子和根茎	土壤温度 15-27 °C
金针虫	鞘翅目叩头甲科沟金针虫 (<i>Pleonomus canaliculatus</i> Faldemann) 细胸金针虫 (<i>Agriotes</i> <i>fuscicollis</i> Miwa) 褐纹金针虫 (<i>Melanotus</i> <i>caudex</i> Lewis)	成虫扩散	根茎	土壤墒情好、温度 20-28 °C；沙壤土、 黏壤土沟金针虫为 害重；水浇地和黏 壤土细胸金针虫 重；湿润、有机质 1%以上土壤褐纹 金针虫重

榆林市技术规范发布通告

2016 年第 3 号

榆林市质量技术监督局批准发布《荞麦机械化生产技术操作规范》等技术规范 5 项，现予以公布（见附件）。

特此通告。

榆林市质量技术监督局

2016 年 11 月 30 日

附件

批准发布的榆林市技术规范目录

序号	编号	技术规范名称	代替技术规范编号	实施日期	起草单位	属性
1	DB6127/T52-2016	《荞麦机械化生产技术操作规范》		2017.01.01	西北农林科技大学,靖边县农业技术推广站,定边县农业技术推广中心	推荐性
2	DB6127/T53-2016	《荞麦米生产加工技术规范》		2017.01.01	西北农林科技大学,定边县农业技术推广中心,靖边县农业技术推广站	推荐性
3	DB6127/T54-2016	《荞麦沼液浸种技术规范》		2017.01.01	西北农林科技大学,靖边县农业技术推广站,定边县农业技术推广中心	推荐性
4	DB6127/T55-2016	《荞麦生产基地县建设技术规范》		2017.01.01	西北农林科技大学,靖边县农业技术推广站,定边县农业技术推广中心	推荐性
5	DB6127/T56-2016	《糜子生产基地县建设技术规范》		2017.01.01	西北农林科技大学,府谷县种子管理站,靖边县农业技术推广站	推荐性

点击此处添加 ICS 号

DB6127

榆林市技术规范

DB 6127/ T 55—2016

荞麦生产基地县建设技术规范

2016-11 - 30 发布

2017 - 01 - 01 实施

榆林市质量技术监督局 发布

前 言

本规范按照GB/T 1.1规定编写。

本规范由西北农林科技大学提出。

本规范由西北农林科技大学、定边县农业技术推广中心、靖边县农业技术推广站负责起草。

本规范主要起草人：杨璞，冯佰利，屈洋，王鹏科，苗玉琴，钟子君，艾荣，高小丽，高金锋，梁鸡保。

本规范是首次发布。

荞麦生产基地县建设规范

1 范围

本规范规定了荞麦基地县建设总则、基地建设条件、规划设计、生产目标、栽培管理、追溯管理、技术档案、检查验收等方面的技术要求。

本规范适用于榆林市荞麦基地县的规划、建设与检查验收。

2 规范性引用文件

下列文件对于本文件的应用是必不可少的。凡是注日期的引用文件，仅所注日期的版本适用于本文件。凡是不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

GB 4285 农药安全使用标准

GB/T 10458 荞麦

GB/T 15618 土壤环境质量标准

NY/T 393 绿色食品 农药使用准则

NY/T 496 肥料合理使用准则通则

3 总则

3.1 基地县建设要符合农业产业发展的总体规划，周边生态环境条件良好。

3.2 基地县建设坚持因地制宜、科学规划、合理布局、规模发展的原则。

3.3 基地县建设依托科技进步，积极推广实用的先进技术和科技新成果，不断提高经济效益、生态效益和社会效益。

4 基地建设条件

4.1 气候、土壤等自然条件适宜荞麦生长发育，10℃以上的积温1100～2100℃。

4.2 产品的市场前景广阔，有良种繁育基础和条件。

4.3 生产条件较好，能充分发挥土地资源生产潜力。

4.4 技术力量较强，有比较健全的技术服务体系，能够承担基地建设的实施、技术指导和科学管理，交通便利，便于产品加工、贮藏、运输和销售。

5 规划设计

以农业区划资料为依据，规划在适宜种植荞麦的区域。

5.1 规模

基地县荞麦种植面积不少5万亩。

5.2 品种

5.2.1 应种植商品性状好，符合贸易出口标准和加工要求的优质专用新品种或地方名优品种。

5.2.2 优良品种覆盖面积应在70%以上。

5.3 社会化服务体系

5.3.1 县、乡服务体系健全。

5.3.2 建立原种繁育基地和良种生产基地。

5.3.3 基地县应有 3-5 名熟悉荞麦生产与产业发展的农艺师或助理农艺师。

5.3.4 有荞麦丰产栽培技术规程。

6 生产目标

6.1 产量

正常年份普通荞麦产量 975 kg/hm²，苦荞产量 1500 kg/hm²。

6.2 质量

荞麦商品质量应符合 GB/T 10458 有关规定。

7 栽培管理

7.1 肥料管理要求

7.1.1 肥料使用管理应执行 NY/T 496 的规定。

7.1.2 使用的化肥如存在成分不明确，应经过安全性评估后方可使用。

7.1.3 肥料的采购、保管、发放应由农业技术推广部门统一负责，并由专人建立相关记录。

7.2 病虫害防治

7.2.1 病虫害防治贯彻预防为主、综合防治的原则，及时、准确地做好病虫害的预测预报，采取生物、物理等防治措施。

7.2.2 防治病虫害要选择高效低残毒农药品种，农药使用符合 NY/T 393 和 GB 4285 的要求。

7.2.3 提倡生物防治措施，保护和利用害虫天敌，改善害虫天敌的繁衍和生存环境。

8 追溯管理

8.1 种植基地和粮食加工企业交付的产品应分别确定可以追溯的唯一性批号。

8.2 加工企业应做好原料采购记录，采购记录应包括供货商名称、原料批号、产地、品种、数量、质量等可追溯记录。

8.3 应做好追溯管理的所有记录，制定并执行记录标记、收集、编目、归档、保存和处理等规定。质量记录应真实、准确、规范并具有卫生质量的可追溯性。记录应保存3年以上，以备检索。

9 技术档案

9.1 基地建设要建立技术档案，实行科学化、规范化、标准化管理。

9.2 技术档案要以县为单位，统一管理；设专人负责，做到准确及时填写；由技术负责人审查归档，长期保存，以便查询。

9.3 技术档案主要内容

9.3.1 基地建设的规划建设方案和年度实施计划，田间管理规范，田间记录规范和工作总结等。

9.3.2 基地实施情况，包括品种选择、生长发育状况、产量和经济效益记录等，以及新技术推广应用情况，气候因子变化情况等。

10 检查验收

10.1 按总体建设方案和年度实施计划逐项进行检查验收。

10.2 基地县建设县级业务主管部门，每年应按年度实施计划对田间管理技术环节进行自查，发现问题要及时纠正。

10.3 基地县建设完成后，上一级业务主管部门应按基地建设总体规划方案要求，及时组织验收，并对基地任务完成情况、技术措施的实施、质量标准、存在问题等进行全面总结、评价，提出书面报告。

陕西省遗传学会文件

学会[2018] 01 号

陕西省团体标准发布公告

各有关单位:

根据团体标准审查会专家意见,我单位已完成《糜子 陕糜 1 号》、《糜子 陕糜 2 号》、《荞麦 西农 9976》、《豌豆 西豌 1 号》团体标准编制工作,现予以公布(见附件)。



附件:

批准发布的陕西省遗传学会团体标准目录

序号	编号	团体标准名称	实施日期	起草单位	属性
1	T/YCXH 01—2018	糜子 陕糜 1 号	2018.06.01	西北农林科技大学	推荐性
2	T/YCXH 02—2018	糜子 陕糜 2 号	2018.06.01	西北农林科技大学	推荐性
3	T/YCXH 03—2018	荞麦 西农 9976	2018.06.01	西北农林科技大学	推荐性
4	T/YCXH 04—2018	豌豆 西豌 1 号	2018.06.01	西北农林科技大学	推荐性

T/YCXH

陕西省遗传学会团体标准

T/YCXH 02—2018

糜子 陕糜 2 号

Proso Millet Shaanmi 2

2018 - 05 - 31发布

2018 - 06 - 01实施

陕西省遗传学会 发布

前 言

本标准按照GB/T1.1的规则起草。

本标准由陕西省遗传学会提出并归口。

本标准起草单位：西北农林科技大学。

本标准主要起草人：杨璞、冯佰利、王鹏科、高小丽、高金锋、柴岩。

本标准首次发布。

本标准适用于陕西省遗传学会内所有成员单位。

本标准由陕西省遗传学会内所有成员单位共同承担相关责任。

有关专利的说明按照GB/T1.1-2009中附录C进行。

本标准由陕西省遗传学会负责解释。

联系人：杨璞。

联系电话：029-87082889。

糜子 陕糜 2 号

1 范围

本标准规定了糜子品种陕糜2号的品种来源、植物学特征、经济性状、品质特性、抗性、关键栽培技术。

本标准适用于陕糜2号的品种鉴别。

2 术语和定义

下列术语和定义适用于本文件。

陕糜2号，是西北农林科技大学2006年从地方糜子品种子洲黄糜子10-55中采用系统选育方法，经过单株选择、株系选育、品系鉴定，去劣存优，形成新的品系群体—09M（鉴）-54[系谱号06M（资）-728-03-02]，2010-2012年参加陕西省糜子（粳性）品种区域试验，2012年参加陕西省糜子品种生产试验。2016年2月通过陕西省农作物品种审定委员会鉴定，品种定名名称：陕糜1号，鉴定编号：陕糜登字2015002号。

3 品种来源

3.1 亲本：子洲黄糜子 10-55。

3.2 育种方法：系统选育。

4 植物学特征

- 4.1 幼苗颜色：绿色。
- 4.2 生长习性：丛生。
- 4.3 叶相：中间。
- 4.4 茎叶茸毛：少。
- 4.5 分枝性：少。
- 4.6 花序色：绿色。
- 4.7 穗型：侧。
- 4.8 穗分枝与主轴偏角：小。
- 4.9 穗分枝与主轴的位置：一侧。
- 4.10 穗主轴的弯直：弯曲。
- 4.11 穗分枝长短：长。
- 4.12 粒色：黄色。
- 4.13 粒型：球形。

5 生物学特征

- 5.1 生育日数：92 d~93 d。
- 5.2 主茎节数：6.9~7.6 节。
- 5.3 株高：143.1 cm~151.5 cm。
- 5.4 主穗长：27.0 cm~36.8 cm。
- 5.5 单株穗重：3.1 g~6.4 g。
- 5.6 单株粒重：8.3 g~10.3 g。
- 5.7 千粒重：7.2 g~7.8 g。

6 品质性状

- 6.1 粳糯性：粳性。
- 6.2 粗蛋白质含量：12.94 %。
- 6.3 粗脂肪含量：3.18 %。
- 6.4 粗淀粉含量：78.6 %。

7 抗性

- 7.1 抗落粒性：中等。
- 7.2 抗倒伏性：抗倒。
- 7.3 抗黑穗病：中抗。
- 7.4 抗红叶病：中抗。

8 关键栽培技术

8.1 选地整地

精细整地，早春及时浅耕，耙耱保墒。

8.2 施肥

根据各地土壤肥力适当使用氮、磷肥。结合整地施腐熟农家肥22500 kg/hm²~45000 kg/hm²，磷酸二铵150 kg/hm²。

8.3 播种

播前晒种和良种精选，提高播种质量。春、夏、秋播均可，正茬播种以6月中、下旬为宜。适宜播量7.5 kg/hm²~15.0 kg/hm²，留苗90万株/hm²~120 万株/hm²。

8.4 田间管理

苗期及早中耕锄草，加强田间管理。

8.5 收获与贮藏

当全株2/3籽粒成熟，即籽粒变为黄色，呈现本品种固有颜色时收获，注意防止霜冻。



陕西省科学技术奖 证书

为表彰陕西省科学技术奖获得者，
特颁发此证书。

项目名称：延安谷子标准化生产技术集成与示范

奖励等级：叁等

获奖者：西北农林科技大学



2019年3月22日

证书号： 2018-3-007-D2

陕西省科学技术成果登记 证书

经陕西省科学技术厅成果审查登记办公室审查、核
实，“延安谷子标准化生产技术集成与示范”被确认为
陕西省科学技术成果，特颁发此证书。

成果登记号：9612018Y0113

完 成 单 位：延安市农业科学研究所
西北农林科技大学

完 成 人：韩芳 袁宏安 贾润成 牛宏伟 郭玮 闫伟 刁瑛
杨璞 宋利山 王飞 屈洋



陕西高等学校科学技术奖 获奖证书

为表彰陕西高校科学技术奖获得者，特颁发
此证书。

项目名称：糜子优质抗逆增效关键技术研究集成与示范

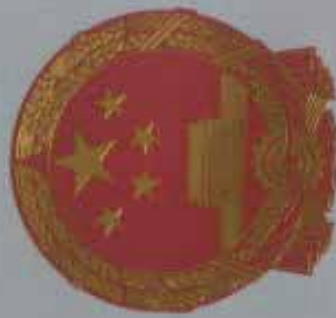
获奖等级：一等奖

获奖单位：西北农林科技大学 神木市农业技术推广中心
府谷县种子管理站 榆林市农业科学研究院
宝鸡市农业科学研究院 榆林学院

获奖者：高小丽 冯佰利 王鹏科 高金锋
龚清世 贾耀明 杨 璞 梁鸡保
屈 洋 王 孟 张盼盼

陕西省教育厅

二〇一九年三月



延安市科学技术奖励 证书

为表彰延安市科学技术
奖获得者，特颁发此证书。

项目名称：延安谷子标准化生产技术与示范

奖励等级：壹等

获奖者：杨琪

证书号：2017~1-30-R₄

