

作物抗逆与高效生产全国重点实验室(西北农林科技大学)

State Key Laboratory for Crop Stress Resistance and High-Efficiency Production, NWAUFU

# 工 作 简 报

2025年第4期

2025.10.1-2025.12.31



微信搜一搜

作物抗逆与高效全重室

内容来源: 实验室各团队、实验室主页

图文设计排版: 唐思琦

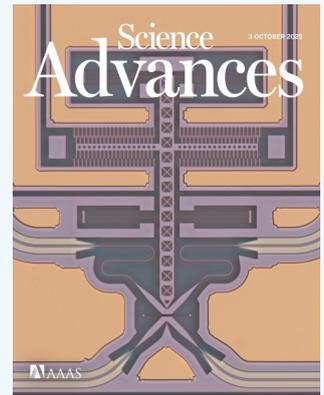
本刊物供内部传阅

地址: 中国 陕西 杨凌 西农路南段3号 邮编: 712100

电话/传真: 029-87080062 网址: <https://csbaa.nwafu.edu.cn/>

## Mitochondrial ROS trigger inter-organellar signaling and prime ER processes to establish enhanced plant immunity

期刊: Science Advances  
研究团队: 单卫星教授课题组  
第一作者: 杨洋  
通讯作者: 单卫星  
DOI: 10.1126/sciadv.ady9234



近日, 我室单卫星教授课题组在学术期刊Science Advances发表题为Mitochondrial ROS trigger inter-organellar signaling and prime ER processes to establish enhanced plant immunity的研究论文, 揭示了一条独立于质外体ROS与叶绿体ROS的ROS免疫信号通路: 发现线粒体产生的mROS是植物响应病菌侵染的早期信号分子, 通过促进线粒体—内质网互作转运至内质网, 进而激发植物内质网应激反应及其介导的植物免疫激活的新机制。

通过构建和利用细胞器特异的ROS生物感应器 (biosensor)、多种荧光染料, 结合植物突变体制备和分析等遗传学方法, 检测寄主植物细胞内ROS的动态变化, 发现在寄生疫霉侵染寄主植物过程中, 线粒体聚集于吸器周围, 且吸器周围的线粒体表现出更高水平的ROS, 表明mROS可能参与介导植物对寄生疫霉的抗性; 同时, 在高水平mROS情况下, 可观察到高水平的网格状ROS信号, 考虑到形态特异性, 推测为内质网ROS; 进一步通过构建和利用内质网特

异的ROS生物感应器, 结合植物突变体遗传分析, 发现高水平mROS激活内质网ROS迸发。

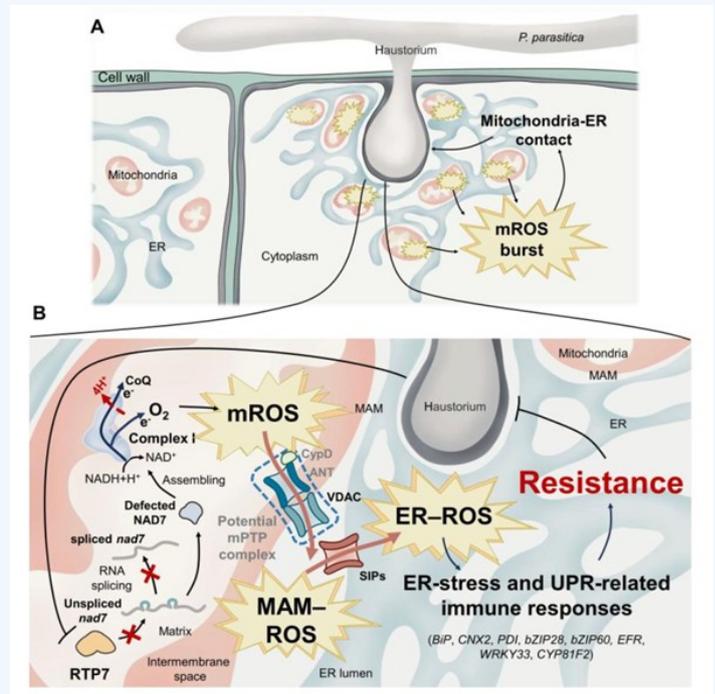
线粒体与内质网互作过程中, 会形成线粒体外膜—内质网膜结合位点 (MAM) 复合体结构。作者进一步通过构建基于split-GFP原理的植物MAM检测方法, 结合透射电镜观察, 明确了mROS促进吸器周围MAM的形成, 作者由此推测mROS可能通过促进MAM形成, 进一步促进线粒体与内质网的ROS信号转运。

由于现有的ROS染色方法无法为MAM位点ROS的观察提供足够的分辨率, 作者基于FKBP-rapamycin-FRB互作原理, 通过Rapamycin处理, 将ROS生物感应器定向聚集于MAM位点, 实现了植物体内MAM-ROS的实时检测; 分析发现, 高水平mROS促进MAM-ROS迸发, 并进一步提高内质网ROS水平; 结合植物突变体遗传分析与多种化学抑制剂处理, 明确了寄生疫霉吸器周围存在线粒体—MAM—内质网ROS信号转运通路, 且是调控植物免疫激活的关键。

为进一步明确mROS信号转运及其调控的下游信号通路，通过检测mROS转运相关植物突变体对内质网应激诱导剂衣霉素和二硫苏糖醇的反应，发现高水平mROS能够增强植物对氧化还原型内质网应激反应的耐受性；同时，检测内质网应激及内质网未折叠蛋白反应（unfolded-protein response, UPR）相关标记基因的表达，发现线粒体—内质网mROS信号转运通路通过激活内质网应激反应和UPR相关免疫通路，增强植物的抗病性。

抗病品种的培育和利用是作物病害防控的最为经济有效的途径，是作物病害绿色防控的核心，但由于病菌毒性变异，品种抗病性丧失问题十分突出。该研究揭示mROS是植物免疫激活的关键初始信号分子，激发线粒体—内质网结合位点（MAM）的形成，通过线粒体—内质网互动，向内质网传递ROS信号，进而通过激发内质网应激反应激活植物免疫的新机制，为从细胞器互作角度深入认识mROS在植物—病原互作中的作用提供理论基础，为利用

调控mROS的水平实现作物精准广谱抗病育种提供新思路。



博士后杨洋为论文第一作者，单卫星教授为论文通讯作者，英国华威大学Murray Grant教授和德国吉森大学Patrick Schäfer教授为本研究提供了大力支持。该研究得到了国家马铃薯产业技术体系、中国博士后国家资助博士后研究人员计划B档、国家自然科学基金、国家外专局高等学校学科创新引智基地（111项目）的资助。

## Microbial Physiological Adaptation to Biodegradable Microplastics Drives the Transformation and Reactivity of Dissolved Organic Matter in Soil

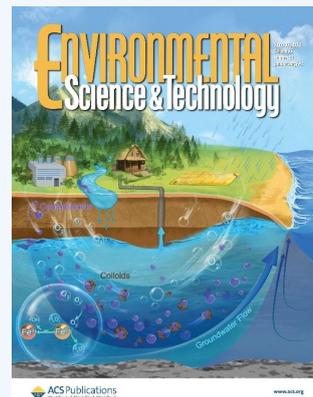
期刊: Environmental Science & Technology

研究团队: 韦革宏教授团队

第一作者: 刘琳

通讯作者: 韦革宏 陈春

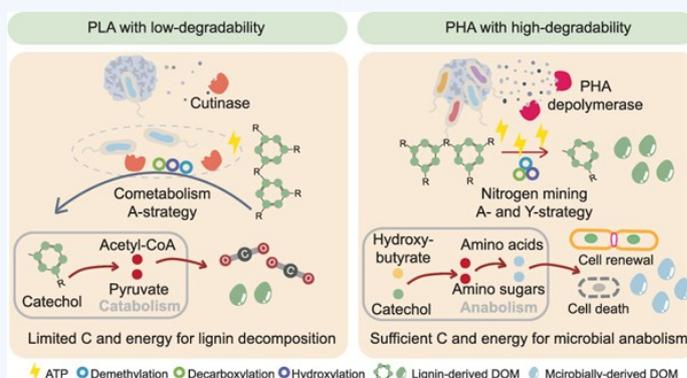
DOI: 10.1021/acs.est.5c09633



近日, 我室韦革宏教授团队在国际权威期刊《Environmental Science & Technology》发表了题为“Microbial Physiological Adaptation to Biodegradable Microplastics Drives the Transformation and Reactivity of Dissolved Organic Matter in Soil”的研究论文。该研究首次从微生物生理适应视角, 揭示了可生物降解微塑料 (MPs) 调控土壤溶解性有机质 (DOM) 转化与反应的关键机制。

研究团队通过稳定同位素示踪、反应组学和宏基因组学等方法, 系统阐明了不同降解性能的MPs对微生物能量分配、代谢权衡和细胞过程的影响。结果表明, 低降解性聚乳酸 (PLA) 促进资源获取型策略, 加速植物源DOM分解; 而高降解性聚羟基丁酸 (PHA) 增强合成代谢与蛋白质生物合成, 促进微生物残体碳的稳定积累。研究提出了“微塑料特性-微生物

生理适应策略-DOM反应路径”的调控框架, 阐明了可生物降解微塑料通过改变微生物能量与代谢过程影响土壤碳循环的作用机制。该研究为理解可生物降解塑料在土壤环境中的生态过程提供了新的思路, 对推动绿色塑料的合理应用具有重要意义。



博士生刘琳为该论文第一作者, 韦革宏教授和陈春教授为论文共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金和旱区土壤微生物组与土壤健康学科创新“111”引智基地共同资助。

## Subgenomic divergence and functional innovation following whole-genome duplication in Maleae species of Rosaceae

期刊: The Plant Journal

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

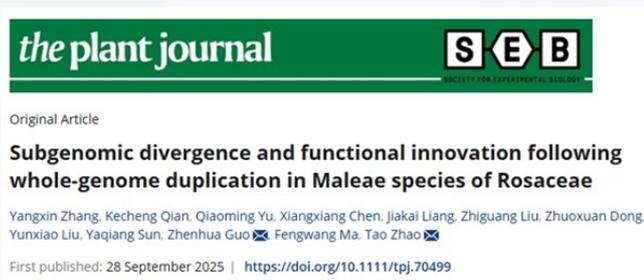
第一作者: 张阳鑫 钱柯成

通讯作者: 赵涛 郭振华

DOI: 10.1111/tpj.70499



近日, 我室苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺课题组在《The Plant Journal》杂志在线发表了题为“Subgenomic divergence and functional innovation following whole-genome duplication in Maleae species of Rosaceae”的研究论文。园艺学院已毕业硕士生张阳鑫, 中国科学院昆明植物研究所博士生钱柯成为论文共同第一作者。园艺学院赵涛教授、中国科学院昆明植物研究所郭振华研究员为该论文的共同通讯作者。



该研究聚焦于全基因组加倍后再二倍化 (rediploidization) 过程中染色体结构、亚基因组分馏及表达模式的演变, 以蔷薇科苹果族为研究对象, 通过共线性网络分析, 揭示了染色体断点在塑造亚基因组结构差异中的重要作用, 同时发现转录因子、植物激素及信号转导相关基因在多次WGD事件中表现出

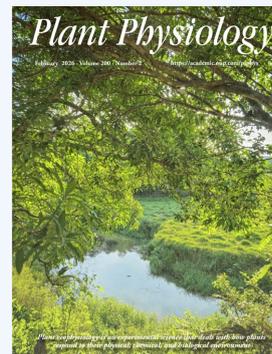
更高的保留倾向。进一步分析表明, 重复基因的新功能化与亚功能化在推动苹果属植物适应性进化和形态多样性形成方面具有重要潜力。

此外, 该研究系统性重建了蔷薇科祖先核型, 揭示了其基因组演化轨迹。结果表明, 蔷薇科祖先具有9条原始染色体。随后, 蔷薇亚科祖先 (ARoK) 经历1次染色体相互易位 (RT) 和3次端对端易位 (EET); 李属植物祖先 (APK) 经历2次RT和1次EET; 美吐根 - 苹果族祖先 (AGMK) 仅发生1次RT。其中, 苹果族 ( $n=17$ ) 染色体数量的减少由AGMK ( $n=9$ ) 在WGD后经嵌套染色体融合 (NCF) 造成。与此同时, 研究团队提出了一种基于网络的祖先染色体验证与可视化方法, 提升了核型重建的准确性与直观性, 为植物基因组进化研究提供了新工具和思路。

该研究得到中央高校基本科研业务费 (2452021133和2452023067) 和西北农林科技大学高性能计算平台的支持。

## The MdVQ17/MdVQ37-MdWRKY100 module coordinates apple salt tolerance by modulating Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup> homeostasis and ROS scavenging

期刊: Plant Physiology  
研究团队: 马锋旺教授团队  
第一作者: 段定越 伊然  
通讯作者: 马锋旺 杨洁 毛柯  
DOI: 10.1093/plphys/kiaf434



近日, 我室马锋旺教授团队在Plant Physiology在线发表题为“The MdVQ17/MdVQ37-MdWRKY100 module coordinates apple salt tolerance by modulating Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup> homeostasis and ROS scavenging”的研究论文, 揭示了VQ蛋白与WRKY转录因子互作调控Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>平衡和ROS积累, 从而参与苹果应答盐胁迫的分子机理。

该研究从苹果中鉴定出一个响应盐胁迫并负调控耐盐性的VQ家族蛋白MdVQ17。过表达MdVQ17导致转基因苹果植株在盐胁迫下表现出Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>比值升高和活性氧(ROS)过量积累, 并伴随抗氧化酶活性的降低。蛋白互作鉴定发现MdVQ17与正调控苹果耐盐性的WRKY转录因子MdWRKY100互作。转录调控分析发现MdWRKY100能直接结合钾转运蛋白基因MdAKT1-like和抗氧化酶基因MdPER57的启动子并激活它们表达, 从而促进盐胁迫下植株对K<sup>+</sup>的吸收和ROS的清除。然而, MdVQ17通过互作抑制

MdWRKY100与两个靶基因启动子的结合和转录激活, 从而负调控MdWRKY100介导的耐盐性。此外, 研究还发现另一VQ家族蛋白MdVQ37也与MdWRKY100互作, 并通过与MdVQ17相同的调控模式参与苹果对盐胁迫的应答。

综上, 该研究揭示了MdVQ17/MdVQ37-MdWRKY100模块通过调节靶基因MdAKT1-like和MdPER57的表达影响Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>平衡和ROS清除, 从而参与苹果应答盐胁迫的分子机理。研究成果为解析VQ-WRKY模块参与植物应答环境胁迫的机制研究提供了思路。

马锋旺教授、杨洁助理研究员和毛柯副研究员为论文共同通讯作者, 已毕业博士生段定越和硕士生伊然为论文共同第一作者。研究得到中国博士后科学基金、陕西省博士后科学基金、作物抗逆与高效生产全国重点实验室开放课题、国家苹果产业技术体系专项资金等多个项目资助。研究还得到园艺学院‘园艺科学研究中心’在实验技术上的支持。

## Silica nanoparticles suppress fungal pathogenic allies to alleviate Astragalus root rot

期刊: Microbiome

研究团队: 韦革宏教授团队

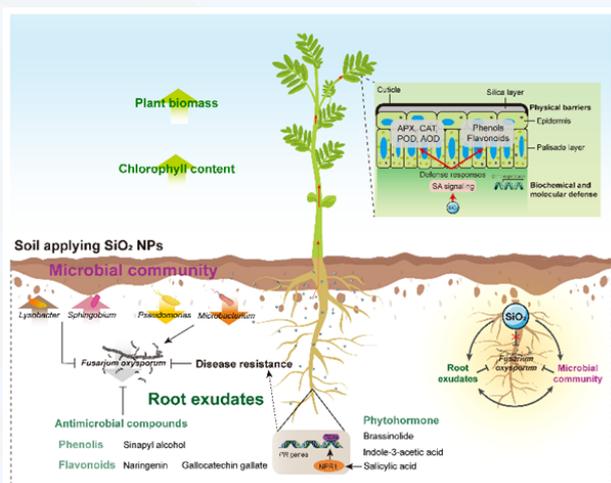
第一作者: 艾加敏

通讯作者: 韦革宏 李哲斐

DOI: 10.1186/s40168-025-02183-x



近日, 我室韦革宏教授团队在《Microbiome》上发表了题为“Silica nanoparticles suppress fungal pathogenic allies to alleviate Astragalus root rot”的研究论文。该研究从抑制病原真菌“帮手”的视角, 揭示了防治作物土传病害的新策略。生命学院博士生艾加敏为该论文第一作者, 韦革宏教授和李哲斐教授为论文共同通讯作者。



传统生物防治主要关注拮抗菌对病原真菌生长的抑制作用。在本研究中, 纳米二氧化硅添加使得黄芪根际微生物群落的多样性

增加, 互作网络更加复杂, 同时也降低了黄芪根际假单胞菌和微杆菌的丰度。进一步研究发现铜绿假单胞菌和氧化微杆菌可作为尖孢镰刀菌的盟友促进后者对黄芪的侵染。通过代谢组学分析发现纳米二氧化硅处理使得黄芪根际水杨酸、吲哚-3-乙酸、油菜素内酯和棕榈酸富集。外源添加这些代谢物能显著抑制铜绿假单胞菌和氧化微杆菌的生长, 从而减轻了两种细菌和尖孢镰孢菌共感染时植物的根腐病症状。这些结果表明, 代谢物通过靶向抑制病原菌助手来增强病害防治效果。因此, 纳米二氧化硅通过改变根际微生物群落的组成, 减少尖孢镰孢菌的数量, 激活黄芪中依赖水杨酸的系统性获得性抗性 (SAR), 从而降低镰刀菌根腐病的发生率。这些结果表明, 纳米二氧化硅在农业实践中可以作为一种高效的防治土传病害措施。

该研究得到了国家自然科学基金、国家重点研发计划等项目的支持。

## MdATG10 is targeted by MdbHLH155 and delays leaf senescence in apple plants by activating autophagy

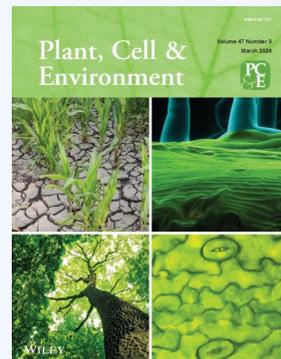
期刊: Plant, Cell & Environment

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

第一作者: 程丽

通讯作者: 马锋旺 龚小庆

DOI: 10.1111/pce.70053



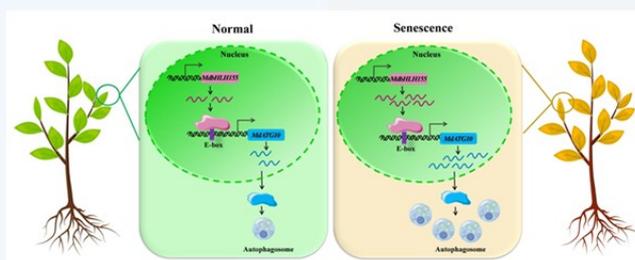
近日, 我室苹果抗逆与品质改良创新团队马锋旺教授/龚小庆副教授团队在期刊《Plant, Cell & Environment》在线发表题为“MdATG10 is targeted by MdbHLH155 and delays leaf senescence in apple plants by activating autophagy”的研究论文。该研究揭示了苹果叶片衰老过程中MdATG10和转录因子 MdbHLH155协同调控自噬的分子机制, 为果树“抗早衰”育种提供了新的见解。园艺学院在读博士研究生程丽为论文的第一作者, 马锋旺教授和龚小庆副教授为论文共同通讯作者。



叶片衰老是不可逆的程序性细胞死亡, 直接影响植物生长, 自噬虽参与调控植物发育与衰老, 但其分子调控机制不甚清晰。研究团队通过黑暗处理诱导苹果叶片衰老, 发现自噬基因MdATG10表达量会上升, 该基因过

表达的苹果植株在黑暗条件下叶片黄化程度更轻, 叶绿素含量更高, 光系统II光化学效率(Fv/Fm)下降较少; 沉默植株则相反。进一步研究发现, MdATG10可通过增强自噬活性减缓叶片衰老, 证实了MdATG10是一个关键的抗衰老因子。

为揭示其上游调控因子, 通过文库筛选及验证, 发现MdbHLH155是上游调控MdATG10表达的正调控因子。MdbHLH155通过激活MdATG10的表达, 进而增强自噬、延缓叶片衰老。本研究揭示了阐明了“MdbHLH155 - MdATG10 - 自噬 - 叶片衰老”这一条自上而下完整的苹果叶片衰老调控分子途径, 为果树新品种选育和营养管理提供新视角。



本研究得到国家自然科学基金(32372648, 32472667)和产业技术体系专项基金(CARS - 27)的支持。

## High-Quality Genome Assembly of *Diplocarpon coronariae* Unveils LTR Retrotransposon-Driven Structural Dynamics in Fungi Evolution

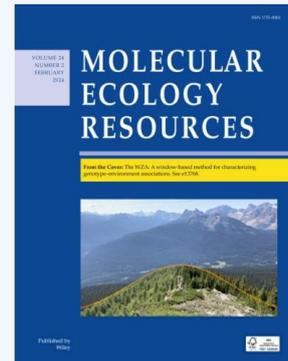
期刊: Molecular Ecology Resources

研究团队: 果树病害致灾机理及综合防控团队

第一作者: 高承宇

通讯作者: 黄丽丽 冯浩

DOI: 10.1111/1755-0998.70070

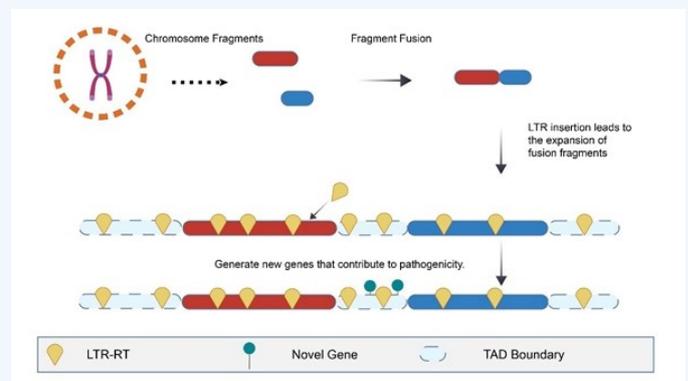


近日, 我室果树病害致灾机理及综合防控团队在Molecular Ecology Resources上发表了题为“High-Quality Genome Assembly of *Diplocarpon coronariae* Unveils LTR Retrotransposon-Driven Structural Dynamics in Fungi Evolution”的研究论文。植保学院博士研究生高承宇为论文的第一作者, 黄丽丽教授和冯浩教授为论文的通讯作者。

该研究完成了苹果褐斑病致病真菌冠双壳菌 (*Diplocarpon coronariae*) XN1菌株的高质量基因组组装。基于该基因组, 研究揭示了LTR逆转录转座子可促进物种内序列和结构变异, 并鉴定出一个由转座子介导基因组扩张形成的年轻染色体Chr15, 为阐明真菌染色体进化机制提供了新见解。

长末端重复反转录转座子 (LTR-RTs) 是真核生物基因组进化的重要驱动力, 但其在真菌染色体水平上的进化调控机制尚不明确。该研究以苹果褐斑病致病真菌冠双壳菌 (*D. coronariae*) XN1菌株为材料, 完成了其端粒到端粒 (T2T) 级别基因组组装, 并结合转录组数据与人工校验获得高精度全长转录本。基

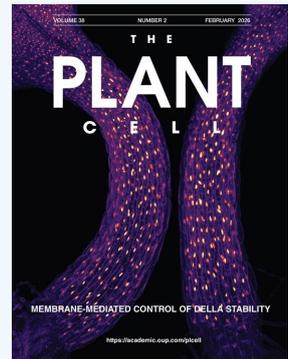
于高质量基因组与基因结构注释, 该研究鉴定了冠双壳菌的双速基因组特征, 并构建了图泛基因组。比较基因组学分析表明, LTR-RTs通过引起序列与结构变异促进了冠双壳菌菌株间的分化。基于锤舌菌纲 (Leotiomycetes) 多物种基因组的基因家族分析显示, LTR-RTs不仅参与物种特异性基因家族的形成, 还驱动了基因家族的扩张。进一步的种间比较分析发现, 冠双壳菌中特异性存在的年轻染色体Chr15可能起源于保守的拓扑关联结构域 (TADs), 并随着LTR-RTs的爆发式插入而扩展形成。该研究为理解LTR-RTs驱动真菌染色体与基因组结构演化的机制提供了新的见解。



该研究得到了陕西省科技重大专项 (2020zdzx03-03-01) 的资助。

## Population Transcriptome and Phenotype Analyses Reveal that Rht-D1b Contributed a Larger Seedling Root to Modern Bread Wheat

期刊: The Plant Cell  
研究团队: 小麦非生物胁迫耐受机理团队  
第一作者: 王晓明  
通讯作者: 许盛宝 康振生  
DOI: 10.1093/plcell/koaf267



近日, 我室小麦非生物胁迫耐受机理团队在国际知名期刊《The Plant Cell》在线发表题为“Population Transcriptome and Phenotype Analyses Reveal that Rht-D1b Contributed a Larger Seedling Root to Modern Bread Wheat”的研究论文。该研究首次在群体水平揭示了绿色革命基因Rht-D1b的“隐藏优势”——在降低小麦株高的同时, 显著增大苗期根系, 为小麦抗逆育种和产量提升提供了全新思路。《The Plant Cell》同期配发的专文点评指出, 该研究首次在群体水平揭开绿色革命基因的“地下功能”, 为两个小麦绿色革命基因的广泛且区域化应用提供了新的理解。农学院王晓明副教授为第一作者, 赵鹏博士、青年教师史雪、郭效龙博士为共同第一作者, 许盛宝教授和康振生教授为共同通讯作者。

### 一、绿色革命基因Rht-D1b的“地下秘密”: 被忽视的根系优势

20世纪60年代绿色革命以来, 半矮化基因Rht-B1b (Rht1) 和Rht-D1b (Rht2) 因其能显著降低小麦株高、增强抗倒伏能力, 被广泛应用于全球小麦育种, 目前已存在于全球超过70%的商业小麦品种中。长期以来, 研究焦点集中在两者对地上部分的改良效应; 而作为小麦吸收水分和养分“生命线”的根系, 其是否受绿色革命基因调控、调控机制如何, 始终缺乏系统解析与明确结论。

研究团队收集了来自全球的406份小麦核心种质资源, 涵盖农家种、历史品种、现代栽培种和育种材料, 构建了大规模的根系表型-转录组-基因型数据库。通过对苗期根系的系统鉴定, 发现现代栽培种的根系表面积、体积和直径显著大于农家种。后续通过整合栽培种与农家种间差异表达基因鉴定、全转录组关联分析 (TWAS)、全基因组关联分析

(GWAS)、基因表达量GWAS分析 (eQTL) 和育种选择效应分析, 鉴定出Rht-D1b是驱动栽培种与农家种根系差异的核心因子, 其通过增加根系分生区大小和成熟区细胞的长度与宽度, 显著增大小麦苗期根系。

### 二、同源基因功能分化: Rht-D1b与Rht-B1b的“功能分化”

Rht-D1和Rht-B1为同源基因, 均编码赤霉素信号途径关键负调控因子DELLA蛋白, 且Rht-D1b与Rht-B1b均在两基因中相似位置引入提前终止突变, 两者对株高的调控功能也高度相似。但GWAS分析显示, Rht-B1b与任何根系性状均无显著关联, 近等基因系、遗传分离群体和转基因实验进一步验证了这一结果, 证实两者在根系发育调控中存在显著功能分化。

后续机制解析表明, 这种分化源于两点核心差异: 一是Rht-D1b在根系中对赤霉素的敏感性显著低于Rht-B1b; 二是两者调控的下游基因集合差异极大, Rht-D1b特异调控“根分生区发育”“细胞周期”等通路基因, 而Rht-B1b主要影响“活性氧代谢”“赤霉素响应”相关基因。

该研究证实了绿色革命基因的“地下优势”——Rht-D1b通过“地上矮化+地下增根”的协同作用, 显著提高小麦根冠比。这一发现从全新维度揭示了Rht-D1b的育种价值, 不仅完善了绿色革命基因的功能网络, 也为小麦根系遗传改良和高产稳产新品种培育提供了新策略。

研究得到国家重大科技专项、国家自然科学基金等项目资助。研究相关的基因型、表型及转录组数据已上传至开放共享的小麦基因型-表型数据库WGPD (<http://resource.iwheat.net/WGPD/>)。

## Interkingdom sensing of fungal tyrosol promotes bacterial antifungal T6SS activity in the murine gut

期刊: Nature Microbiology

研究团队: 沈锡辉/朱玲芳教授团队

第一作者: 朱玲芳 左煜昕 崔蕊

通讯作者: 沈锡辉 刘双江 李德峰

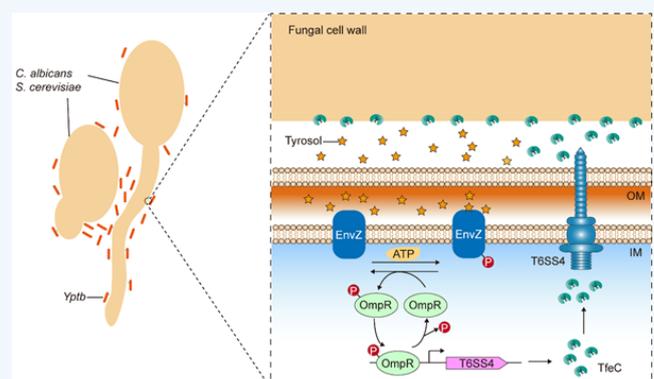
DOI: 10.1038/s41564-025-02208-z



近日, 我室沈锡辉/朱玲芳教授团队在《Nature Microbiology》上在线发表了题为“Interkingdom sensing of fungal tyrosol promotes bacterial antifungal T6SS activity in the murine gut”的研究论文。该研究揭示了一种全新的细菌跨界感知真菌的信号识别机制, 表明肠道细菌假结核耶尔森氏菌通过双组分系统(TCS) EnvZ/OmpR“监听”真菌群体感应信号(QSM)酪醇(tyrosol), 进而激活VI型分泌系统(T6SS)分泌新型几丁质酶效应因子TfeC, 靶向降解真菌细胞壁的核心组分几丁质, 实现对真菌竞争者的精准跨界拮抗。这一突破性发现不仅破解了微生物跨界交流信号感知的核心谜题, 为细菌-真菌相互作用(BFI)领域搭建了“信号识别-通路激活-效应执行”的完整框架, 也对临床混合感染疾病诊疗、耐药菌防控、作物病害生物防治等领域的应用具有重要指导意义。

生命科学学院青年教授朱玲芳、博士后左煜昕、中国科学院微生物研究所博士后崔蕊为论文的共同第一作者, 沈锡辉教授、山东大学刘双江教授和中国科学院微生物研究所李德峰研究员为论文的共同通讯作者。该研究得到了国家自然科

学基金、陕西基础科学(化学、生物学)研究院基础科学研究计划等项目的资助。青年教授朱玲芳近年来在细菌T6SS新功能和致病机制、微生物跨界相互作用等领域取得了比较突出的进展, 主持国家自然科学基金青年项目、面上项目、中国博士后科学基金面上项目等, 以第一作者或通讯作者(含共同)在Nature Microbiology, PNAS, Nature Communications, Current Biology, The ISME Journal等期刊发表研究论文10余篇, 创新性发现细菌竞争武器T6SS与宿主互作的新功能, 揭示了一种由分泌型转录因子介导的细胞通讯新机制, 完善了由OMV介导的细胞通讯信号传递途径, 阐明了细菌跨界感知真菌信号激活T2SS/T6SS杀真菌的分子机制, 拓展了当前对细菌分泌系统功能的认识。



## Calcium-sensing receptor AcCaS regulates chloroplast immunity in kiwifruit by competitively binding with Ca<sup>2+</sup> or the Psa effector

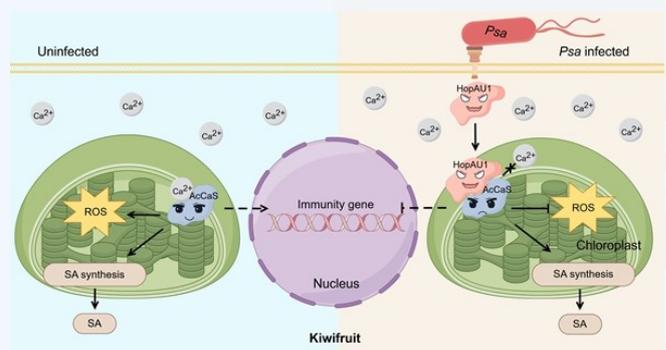
期刊: Horticulture Research  
 研究团队: 果树病害致灾机理及综合防控团队  
 第一作者: 李芮与 张亚丽  
 通讯作者: 黄丽丽 刘巍  
 DOI: 10.1093/hr/uhaf230



近日, 我室果树病害致灾机理及综合防控团队在《Horticulture Research》发表了题为“Calcium-sensing receptor AcCaS regulates chloroplast immunity in kiwifruit by competitively binding with Ca<sup>2+</sup> or the Psa effector”的研究论文。该研究揭示了AcCaS通过“双管齐下”的免疫调控机制, 以及病原菌如何“见招拆招”实施免疫抑制的精彩攻防战。植保学院博士研究生李芮与已毕业硕士张亚丽为论文共同第一作者, 黄丽丽教授与刘巍副教授为共同通讯作者。研究基于获得的二倍体猕猴桃杂交群体, 通过比较抗感材料的转录组学, 利用瞬时沉默技术以及过表达转基因株系等材料, 发现叶绿体蛋白-细胞钙感应受体AcCaS正向调控猕猴桃对Psa的抗性。进一步研究表明, AcCaS结合Ca<sup>2+</sup>的能力和叶绿体定位对其发挥抗病功能至关重要。同时该研究通过酵母双杂交、LCI等技术, 发现Psa效应子HopAU1与AcCaS在叶绿体上互作, 且AcCaS的第121位天冬酰胺(Asn-121)是其与HopAU1结合的关键残基。进一步探究AcCaS与HopAU1的互作机理, 发现HopAU1可以与Ca<sup>2+</sup>竞争性结合AcCaS。将HopAU1与AcCaS互作的关键残基Asn-121突变为丙氨酸(Ala)后, AcCaS无法结合Ca<sup>2+</sup>并丧失了抗病功能。这表明AcCaS的Ca<sup>2+</sup>结合能力依赖于Asn-121, 且AcCaS结

合Ca<sup>2+</sup>的能力对其抗病功能至关重要。

该研究揭示了AcCaS通过激发叶绿体ROS, 结合Ca<sup>2+</sup>来增强猕猴桃对Psa的抗性。HopAU1可以在叶绿体上与Ca<sup>2+</sup>竞争性结合AcCaS第121位天冬酰胺, 进而抑制AcCaS的抗病功能。该研究构建了HopAU1-Ca<sup>2+</sup>-AcCaS的作用模型, 揭示了病原菌通过靶向叶绿体进而抑制免疫的致病策略。新发现的Asn-121位点为设计“抗病开关”提供了精确靶标。过表达AcCaS的转基因植株展现出的持久抗性, 为猕猴桃产业的绿色防控开辟了新途径。这种“感应器-病原-离子”三方博弈机制的解析, 不仅促进了我们对猕猴桃-Psa相互作用中钙介导防御机制的理解, 也为利用叶绿体信号通路培育抗病猕猴桃新品种提供了理论依据, 同时为其他作物抗病育种提供了范式转移的思路。



该研究得到了国家自然科学基金和国家重点研发计划项目的资助。

## Wheat TaMYB96-2D positively regulates glaucousness and drought tolerance by promoting cuticular wax accumulation

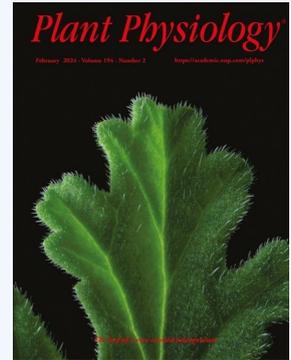
期刊: Plant Physiology

研究团队: 汪勇教授团队

第一作者: 李翀照 赵琦琦 罗茜

通讯作者: 汪勇

DOI: 10.1093/plphys/kiaf668



近日, 我室汪勇副教授在《Plant Physiology》上在线发表了题为“Wheat TaMYB96-2D positively regulates glaucousness and drought tolerance by promoting cuticular wax accumulation”的研究论文。该研究揭示R2R3型MYB转录因子TaMYB96-2D通过影响表皮蜡质的生物合成正向调控小麦的白霜表型与抗旱性。

表皮蜡质 (Cuticular wax) 是一类广泛存在于植物地上组织疏水性化合物的总称, 主要由饱和的长链脂肪族化合物组成, 包括脂肪醇、脂肪酸、烷烃、醛、酮、酯及少量的三萜、黄酮和甾醇。表皮蜡质的基本功能是限制非气孔性水分散失, 降低植物表面水分蒸发, 使植物具有抗旱保水的功效; 同时还具有降低紫外辐射损伤、维持植物表面清洁与表面防水、避免植物被病菌侵害、防止昆虫蚕食等功能。白霜和非白霜是植物表皮蜡质的两种典型表型。前人已鉴定出多个影响小麦蜡质白霜和非白霜形成的位点, 包括控制白霜形成的两个位点W1和W2, 以及抑制白霜形成的两个位点Iw1和Iw2。然而, 小麦的蜡质白霜表型如何被调控目前仍不清楚。

该研究发现, 与野生型相比, TaMYB96-2A/2B/2D的三基因编辑系呈现出绿色的蜡质表型, 而TaMYB96-2D的过量表达系展现出更严重的白霜表型 (图1)。蜡质含量测定表明编辑系中旗叶、叶鞘、穗颈节和颖壳的蜡质总量显著低于野生型, 尤其是二酮的含量极大地降低。相反地, 过量表达系中旗叶、叶鞘、穗颈节和颖壳的蜡质总量显著高于

野生型。扫描电镜观察揭示编辑系的旗叶远轴面、叶鞘、穗颈节和颖壳呈光滑的表面, 无蜡质晶体附着; 而野生型和过量表达系的旗叶远轴面、叶鞘、穗颈节和颖壳表面附着大量管状晶体。此外, TaMYB96-2D的过量表达还导致了离体失水率和叶绿素浸出率的降低及抗旱性增强, 但TaMYB96-2A/2B/2D编辑系的离体失水率升高、叶绿素渗透率增加且抗旱性降低。酵母单杂、双荧光素酶、GUS活性和ChIP-qPCR实验均表明: TaMYB96-2D能够直接结合到三个二酮生物合成基因TaDMH、TaDMP和TaDMC启动子区正向调控其表达。

综上, TaMYB96-2D通过结合到小麦蜡质合成基因TaFARs、TaCER1s、TaDMH、TaDMP和TaDMC的启动子区直接激活它们的表达, 进而促进了小麦表皮蜡质的正常积累, 因此野生型小麦的植株呈现白霜型外观。在TaMYB96-2s编辑系中, 由于TaFARs、TaCER1s、TaDMH、TaDMP和TaDMC等蜡质生物合成基因的表达受到抑制, 导致小麦表皮蜡质的积累减少, 特别是二酮的含量显著减少, 从而使TaMYB96-2s编辑系呈现绿色外观 (图2)。该研究不仅阐明了小麦表皮蜡质合成的转录调控机制, 同时为小麦表皮蜡质的抗旱分子育种提供重要的理论和应用价值。

我室汪勇副教授为论文通讯作者, 已毕业的硕士研究生李翀照、在读硕士研究生赵琦琦和罗茜为论文共同第一作者。该研究得到国家自然科学基金面上项目、陕西省自然科学基金重点项目和作物抗逆与高效生产全国重点实验室开放课题的资助。

## Phytophthora effector exploits WY module truncation to manipulate Nt-acetylation-mediated AtMBP-1 turnover and suppress plant immunity

期刊: Science Advances  
 研究团队: 刘西莉教授课题组  
 第一作者: 田嵩  
 通讯作者: 刘西莉 顾彪  
 DOI: 10.1126/sciadv.ady1482



我室刘西莉教授课题组成功揭示了辣椒疫霉效应蛋白PcAvh337b靶向拟南芥 AtMBP-1-Nats模块, 进而促进病原菌侵染致病的分子机制。该研究首次证实, AtMBP-1蛋白在植物体内真实存在, 且可作为感病因子参与植物免疫调控; 同时进一步明确了AtMBP-1的蛋白稳态受到两种不同N端乙酰转移酶NatA与NatC的拮抗性调控。这一拮抗性的调控维持了AtMBP-1在植物体内的动态平衡及相对较低的蛋白水平。相关成果的发表, 破解了学界长期以来围绕AtMBP-1蛋白能否在植物体内稳定存在的争议难题。

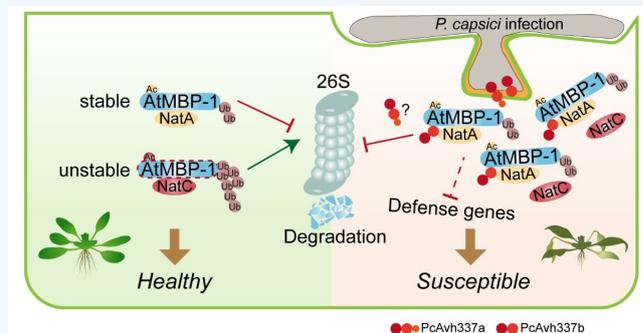
该研究通过转录组数据分析, 筛选获得两个具有不同WY模块数量的旁系同源RxLR效应蛋白PcAvh337a&b。基因组数据库检索比对发现, PcAvh337b的C端存在TNT1-94转座子元件插入, 导致其编码蛋白提前终止, 造成第3个WY模块缺失, 进而形成截断的PcAvh337b。功能研究表明, PcAvh337a&b均是病原菌侵染的关键毒性因子, 且功能非冗余(图1)。

通过寄主靶标筛选鉴定到PcAvh337b特异性与植物AtMBP-1蛋白互作。AtMBP-1被报道通过LOS2选择性翻译产生, 并参与ABA信号通路的调控(Kang et al., 2013); 也有研究指出, AtMBP-1在体内很难被检测到, 可能并不能通过LOS2选择性翻译产生(Yang et al., 2022)。关于这一争议, 该研究通过PCR扩增和IP-MS分析证实了AtMBP-1在植物体内真实存在(图2)。同时也首次发现, AtMBP-1参与植物免疫调控, 其作为感病因子, 可以抑制植物免疫相关基因的表达。进而明确了AtMBP-1蛋白稳态受到两个不同的N端乙酰转移酶NatA和NatC的拮抗性调控机制: NatA介导的N端乙酰化修饰增强

AtMBP-1的稳定性, 而NatC介导的N端乙酰化修饰促进AtMBP-1的降解。这一拮抗性的调控维持了AtMBP-1在植物体内的动态平衡及相对较低的蛋白水平。

而效应蛋白PcAvh337b能够特异性靶向AtMBP-1-Nats复合物, 打破NatA和NatC介导的N端乙酰化修饰所维持的AtMBP-1动态平衡, 并通过促进AtMBP-1与NatA的结合, 增强NatA介导的AtMBP-1的N端乙酰化修饰和降低AtMBP-1的泛素化修饰水平, 以稳定感病因子AtMBP-1, 进而抑制植物免疫反应并促进辣椒疫霉的侵染。

该研究揭示了病原菌效应蛋白变异和扩张的具体途径, 解析了效应蛋白通过劫持植物感病因子AtMBP-1的N端乙酰化与泛素化修饰的交互调控系统, 精准调控AtMBP-1蛋白稳定性, 从而抑制植物免疫的分子机制。研究结果为深入理解病原菌与寄主植物的互作机制提供了新的视角, 也为后续作物抗病遗传改良提供了潜在的基因资源和理论支持。



本论文第一作者为已毕业博士研究生田嵩, 我室刘西莉教授和顾彪副研究员为共同通讯作者。该研究得到了国家自然科学基金(32270211)、陕西省自然科学基金(2022JM-118)和陕西省创新能力支撑计划(2020TD-035)的资助。

## MdKIN10-mediated phosphorylation of the E3 ubiquitin ligase MdMIEL1 leads to its autophagic degradation under cold stress

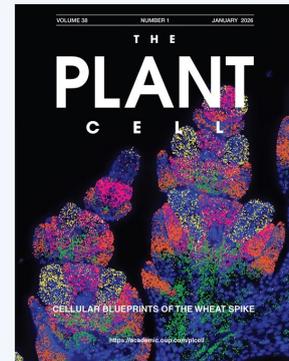
期刊: The Plant Cell

研究团队: 苹果抗逆与品质改良创新团队

第一作者: 智芳

通讯作者: 管清美

DOI: 10.1093/plcell/koaf284

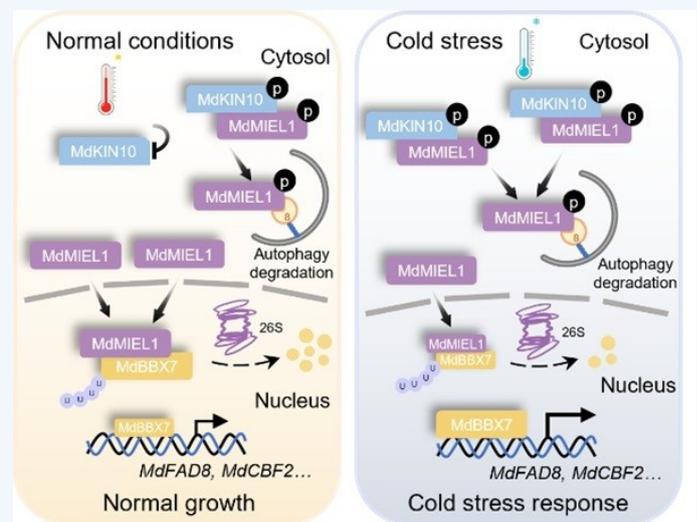
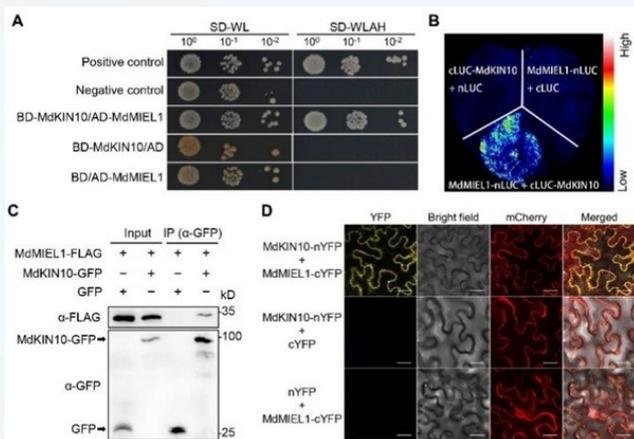


近日, 苹果抗逆与品质改良创新团队管清美教授课题组在《The Plant Cell》上发表题为

“MdKIN10-mediated phosphorylation of the E3 ubiquitin ligase MdMIEL1 leads to its autophagic degradation under cold stress”的研究论文, 系统揭示了苹果响应低温胁迫过程中,

MdKIN10介导泛素连接酶MdMIEL1降解的分子机制。博士生智芳(已毕业)为论文第一作者, 管清美教授为通讯作者。

显著增强二者互作, 从而加速MdMIEL1的自噬降解。与此同时, 低温胁迫减弱了MdMIEL1对其下游靶标转录因子MdBBX7的泛素化降解作用, 从而激活脂肪酸去饱和途径及一系列冷响应基因的表达, 最终提升苹果植株的耐寒性。



研究发现, 在苹果响应低温胁迫时, 被低温胁迫激活的蛋白激酶MdKIN10能够磷酸化MdMIEL1第198位丝氨酸, 从而促进MdMIEL1通过自噬途径降解。进一步研究表明, MdMIEL1与自噬相关蛋白MdATG8i之间存在相互作用, 且上述磷酸化修饰能

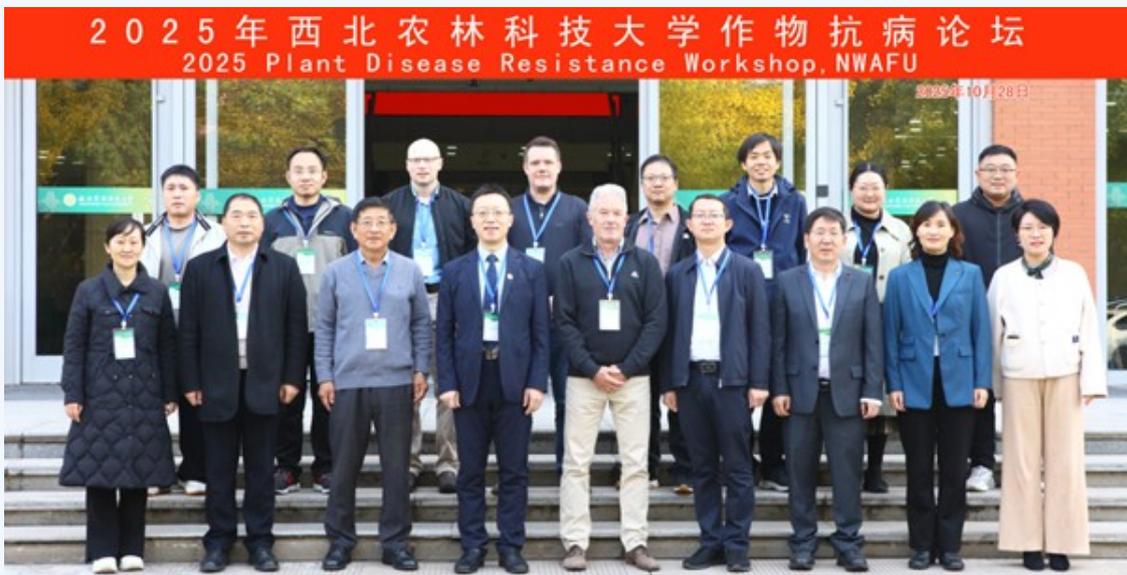
研究阐明了一个由MdKIN10-MdMIEL1-MdBBX7构成的级联调控模块, 在低温胁迫下通过多层次蛋白质修饰实现信号传导与生理响应。该研究不仅拓展了苹果冷胁迫响应调控网络的理论认知, 也为苹果耐寒遗传改良与育种实践提供了重要的分子依据。

研究得到了国家自然科学基金(32325045)、新疆苹果产业技术体系(XJLGCYJSTX04)和新疆生产建设兵团科技计划项目(2024DA010)的联合资助。

## 2025年作物抗病论坛举办

10月28日，由作物抗病育种与遗传改良创新引智基地（111计划）项目主办的2025年作物抗病论坛在我校交流中心104会议室举行。

本次论坛汇聚了来自国内外知名高校和科研机构的顶尖专家学者，共同探讨作物抗病领域的最新研究成果与前沿技术。副校长张宏鸣对远道而来的各位专家学者表示热烈欢迎，表示作物抗病研究是保障全球粮食安全、促进农业可持续发展的重要环节，希望通过此次论坛的举办，能够进一步推动农业可持续发展，并为广大学者搭建更多合作桥梁。实验室固定研究人员单卫星教授主持论坛。



来自英国华威大学Murray Grant教授，澳大利亚联邦科学与工业研究组织农业与食品部Wang Ming-Bo研究员和Ian Greaves博士，德国科隆大学Gunter Doehlemann教授和左为亮博士，河南农业大学吴刘记教授，中国科学院遗传与发育生物学研究所李磊研究员，中国农业科学院植物保护研究所宁约瑟研究员，我校农学院杨琴教授和胡继宏教授，杨洋、魏玉树和刘广利博士以及博士生于乃彬等14名专家学者和优秀学生代表做学术报告。报告内容涵盖了植物免疫机制、RNA干扰技术在作物保护中的应用、微生物与植物互作等多个方面，充分展示了作物抗病领域的最新研究进展，为作物学及相关领域的师生搭建了一个宝贵的学习与交流平台，促进了学术思想的碰撞与融合。

自2017年首次举办以来，我校作物抗病论坛已连续成功迈入第九个年头，累计邀请了来自英国、德国、澳大利亚、法国、美国等十余个海外国家以及国内各地的160余位专家学者共襄盛举。这一国际性的学术交流平台，已然成为专家学者们分享作物抗病领域前沿成果、交流创新思想的重要舞台。论坛的持续举办，不仅极大地促进了国内外学术界的深度交流与紧密合作，还加速了国际化科研团队的凝聚与形成，为引智基地的实质性合作研究注入了强劲动力，为提升我校作物学科的研究实力与国际影响力发挥了重要的作用。

## 两位外籍专家来室开展学术交流

为加强学术交流合作，助力科研创新与发展，10月31日，Diane Gail Owen Saunders教授、Joe Win高级研究员应邀来室开展学术报告。实验室50余名师生到场参与，报告会由实验室固定研究人员曾庆东主持。

英国约翰·英纳斯中心团队首席研究员Diane Gail Owen Saunders教授以“Safeguarding wheat yields from cereal fungal invaders”为题，系统介绍了在小麦锈菌研究领域的重要突破。其团队开创的“田间病原基因组学”和“MARPLE诊断技术”，首次实现了对田间样本的直接高通量测序与病原菌种群动态的实时监测，为全球小麦锈病的防控提供了强有力的技术支撑。



塞恩斯伯里实验室（TSL）Joe Win高级研究员围绕“Genomics of Magnaporthe Oryzae identifies adaptive features of a successful plant pathogen”主题，分享了稻瘟病菌基因组学的最新研究成果。作为国际小麦玉米改良中心小麦病害早期预警系统的核心成员，其牵头创建的“OpenWheatBlast”开放科学门户平台，为全球麦瘟病的诊断与防控提供了重要技术支持。

报告结束后，现场师生围绕两位专家的研究内容展开了热烈讨论。与会师生就小麦真菌病害的防控策略、病原菌基因组学的研究方法、作物抗病育种的创新思路等前沿问题与报告人进行了深入交流，表示本次报告内容丰富详实，对今后的研究工作具有很好的启发和借鉴意义。

## 实验室首次开设大型仪器全英文课程赋能国际学生科研创新

近日，在国际学院和研究生院的大力支持下，我室成功完成首批生命科学领域大型仪器设备原理及应用技术全英文课程授课，这是我校首次针对国际学生打造的系统性仪器专项培训体系。课程聚焦荧光定量PCR、基因枪、激光共聚焦显微镜三大核心设备，通过构建“理论授课-实体操作-独立考核”的完整教学链条，探索国际学生仪器操作能力的标准化培养路径，为“一带一路”沿线国家生命科学人才培育提供了重要支撑。

随着基因编辑、单细胞测序等技术的快速发展，生命科学研究已进入“仪器驱动创新”的新阶段，大型精密仪器成为解析生命现象的核心工具。我校传统仪器培训资源主要面向国内研究生，而国际学生因语言障碍和课程体系缺失，长期面临“操作设备无方”的困境。此前国际学生大多依赖中国同学协助完成实验操作，导致“知其然不知其所以然”，严重制约科研自主性。这种“技术依附”状态与我校建设国际化一流



大学的目标形成反差，也成为制约“一带一路”学术合作的突出瓶颈。通过构建生命科学领域大型仪器设备原理及应用技术全英文课体系，探索国际学生仪器操作能力的标准化培养，填补了“技术能力培养”这一教育空白。

课程创新采用模块化设计，形成覆盖生命科学研究关键环节的教学矩阵：依托奥林巴斯FV3000共聚焦显微镜，系统讲授荧光及荧光成像技术、共聚焦成像原理、图像的三维重构、动态追踪等前沿成像方法；围绕荧光定量PCR技术开展仪器信号采集机制、实验设计与样品制备、数据分析的讲解；通过对基因枪及农杆菌介导转基因技术的系统讲解，使学生深入理解从载体构建、基因枪轰击、农杆菌转化到组织培养、转基因植物鉴定等知识点的技术原理。

来自苏丹的博士生在课程反馈中表示：“高分辨显微成像课程是一次极具启发性的实践体验，特别是使用奥林巴斯FV3000共聚焦显微镜的实操环节。最让我着迷的是学习如何制作三维图像和动态影像，课程结构严谨，实践环节对巩固理论知识起到了关键作用。”这种从“技术认知”到“创新应用”的能力跃升，正是课程价值的生动体现。

实验室主任指出，课程不仅填补了国际学生科研技能培养的空白，更通过技术赋能使“一带一路”沿线国家学生具备参与国际前沿研究的能力自信。这一创新实践彰显了实验室在人才

## 实验室赴生命科学学院开展技术交流

为深化跨学科协作、充分宣传我室科研仪器平台资源，实现资源共享，互惠互利，10月11日下午，副主任彭科峰带领我室十余名技术人员，赴生命科学学院开展专题技术交流会，搭建起学科互动与仪器资源共享的沟通桥梁。会议由生命科学学院院长王存教授主持。

王存院长强调科研工作的顺利开展，需要稳定可靠的技术力量作为后盾。技术交流会正是连接科研需求与技术供给的重要环节，期待通过它促进双方更紧密地协同，实现技术能力与科研目标的高效对接与深度融合。



交流会开始后，彭科峰率先发言。他首先介绍了实验室的发展历程以及大型仪器科研平台，鼓励大家推动科研工作向“四极”前沿发展。随后，他围绕“科研仪器平台助力学科创新”的核心，阐明此次交流的重要意义：不仅是推动我室与生命科学学院学术互通的关键举措，更是让优质仪器资源精准对接科研需求、服务学科发展的重要途径。最后，他希望参会人员能够多多交流，提出对实验仪器的新的需求，以改善仪器平台的技术服务，促进平台实验人员从“机械型”到“参与型”的转变。

随后，实验室各平台技术老师依次针对各自负责的科研仪器平台进行详细汇报。老师们通过清晰的讲解与实例展示，让参会人员直观了解各平台仪器的优势与适用场景。

此次交流会节奏紧凑、重点突出，既实现了我室科研仪器平台的有效宣传，也为双方后续学科交流与资源共享搭建了良好开端。未来，我室将持续推动此类跨学科交流活动，优化仪器平台服务，助力科研创新发展。

## 周俭民研究员来室开展学术交流

为加强学术交流合作，助力科研创新与发展，11月27日，国际植物免疫领域领军科学家、崖州湾国家实验室周俭民研究员应邀来室开展学术报告。实验室200名师生到场参与，报告会由实验室首席科学家、中国工程院院士康振生教授主持。



康振生院士主持报告会



会场照片

报告中，周俭民研究员以“抗病理论和技术的探索”为题，系统介绍了其在植物与病原微生物相互作用研究领域的重要进展。长期聚焦拟南芥和假单胞杆菌/黄单胞菌互作体系，其团队解析了植物免疫识别机制及病原菌效应因子功能。近年来，团队揭示模式识别受体通过胞质激酶激活丝原蛋白激酶级联反应的植物免疫新机制，相关成果入选中国农业科学重大进展；曾因发现抗病小体及其功能机制获未来科学大奖生命科学奖。2025年，团队合作发现植物广谱抗病天然产物芥酸酰胺，为绿色农药开发提供了新策略；系列创新成果为植物抗病理论与技术发展奠定了重要基础。



报告结束后，现场师生围绕报告内容展开了热烈讨论。与会师生就植物免疫机制、抗病技术应用及未来研究方向等前沿问题与报告人进行了深入交流，表示本次报告内容丰富、视角前沿，对今后的研究工作具有重要启发和借鉴意义。

## 南京农业大学副校长王源超教授来室开展学术交流

为加强学术交流合作，促进科研创新与发展，11月18日，我国植物病理学领域知名专家、南京农业大学副校长王源超教授应邀来校开展学术报告，实验室100余名师生到场聆听，报告会由实验室固定研究人员、植物保护学院院长郭军主持。



在报告中，王源超教授以“大豆病害绿色防控技术研究进展”为题，聚焦大豆根腐病等重大植物病害，系统阐述在病菌致病机制、植物免疫机制和病害监测与防控技术等方面的系列原创性研究成果。他结合团队科研实例，深入解析大豆病害绿色防控技术的研究进展与应用前景，内容兼具理论深度与实践价值，在场师生深受启发。



报告结束后，现场进入热烈的互动环节。师生们围绕大豆病害防控策略、植物免疫机制研究等专业问题踊跃提问，王源超教授耐心倾听并细致解答，与大家展开深入探讨。

本次学术报告内容丰富、视角前沿，为师生们提供了深入了解大豆病害研究进展的宝贵机会，现场学术氛围浓厚。报告会的成功举办，进一步促进了作物抗病研究领域的学术交流，对推动相关科研工作的发展具有积极意义。

## 作物学前沿与创新发​​展论坛举办

为全面贯彻习近平总书记关于科技自立自强的系列重要讲话精神，推动作物学科前沿创新，助力农业新质生产力发展，12月2日，农学院与作物抗逆与高效生产全国重点实验室共同举办的“作物学前沿与创新发​​展论坛”在交流中心104会议室召开。来自浙江大学、中国农业大学、华中农业大学、南京农业大学等高校的专家学者齐聚我校，共商作物学科发展大计。

副校长房玉林教授代表学校欢迎各位专家学者的到来，他表示，作物学是保障国家粮食安全、实现农业现代化的核心学科。面对新一轮科技革命与产业变革，必须坚持创新驱动，强化基础研究，突破关键核心技术，推动学科交叉融合，为农业可持续发展提供坚实的科技支撑。要充分发挥高校在人才培养、科学研究与社会服务中的重要作用，聚焦国家战略需求，勇担强农兴农使命，为保障粮食安全、推进农业农村现代化贡献智慧与力量。

在大会报告环节，多位专家学者围绕作物学前沿领域分享了最新研究成果。浙江大学马忠华教授作《小麦赤霉病及其毒素防控研究进展》报告，南京农业大学贾海燕教授作《Fhb1抗赤霉病的遗传机制解析及育种应用》报告，中国农业大学缙金营教授作《小麦高产抗病协同改良的遗传和代谢基础》报告，华中农业大学兰彩霞教授作《气候变化下小麦病害危害及遗传育种改良研究》报告。我校毛虎德研究员、陈明训教授、杨琴教授、吴建辉副教授、王晓明副教授等15名专家学者分别就作物抗逆分子机制、油脂代谢调控、玉米抗病基因挖掘、小麦根系发育、水肥高效利用等方向进行了学术分享。

作物学是农业科技创新的重要基础，也是保障国家粮食安全的关键支撑。本次论坛的成功举办，不仅为作物学领域的专家学者提供了高水平的交流平台，也为推动学科创新发展、培育农业新质生产力注入了新的动力。论坛凝聚的共识与成果，将为我国作物学科迈向更高水平、服务农业强国建设提供有力的学术支撑与实践指引。



## 两位外籍专家来室开展学术报告

为加强学术交流合作，了解国际前沿相关领域最新动态与学术研究，11月30日，Brande Wulff教授与David Gilbert研究员应邀来校开展学术报告。实验室近100名师生到场参加报告会，报告由实验室固定研究人员汤春蕾研究员主持。

报告中，Brande Wulff教授以“Harnessing wheat’s wild relatives for durable disease resistance”为主题，系统介绍了其团队在该领域的前沿研究与最新突破。Brande Wulff教授长期致力于利用高通量DNA测序和生物信息学技术鉴定小麦抗病基因。该研究团队开发了MutRenSeq、MutChromSeq和AgRenSeq等抗病基因快速克隆新方法，成功从小麦及其近缘物种中克隆了多个抗锈病、抗白粉病基因。

David Gilbert研究员进行题为“Harnessing wild diversity to identify a novel resistance gene for cereal eyespot disease”的报告，分享了相关研究成果与技术路径，系统介绍了该领域的前沿进展。David Gilbert研究员致力于运用生物信息学技术，从小麦及其野生近缘种中鉴定抗病基因，解析粗山羊草（*Aegilops tauschii*）中小麦多种病害的抗性遗传机制，研究方向涵盖抗病基因的克隆、演化机制及谷物的再驯化。

报告结束后，现场气氛热烈，师生围绕报告内容踊跃提问。Brande Wulff教授与David Gilbert研究员对问题一一作出详尽解答，交流深入，学术氛围浓厚。本次报告为师生了解国际前沿小麦抗病研究进展提供了宝贵机会，也为推动作物抗逆与高效生产研究注入了新动力。



Brande Wulff教授作报告



David Gilbert研究员作报告

## 全国植物保护学科高质量发展论坛在我校召开

12月22日至23日，以“新质植保与学科高质量发展”为主题的2025年全国植物保护学科高质量发展论坛在我校举行。校党委书记黄思光出席开幕式并致辞，常务副校长韦革宏主持开幕式。

论坛由我校植物保护学院、作物抗逆与高效生产全国重点实验室、陕西省植物保护学会联合承办，旨在系统总结全国“十四五”期间植物保护学科发展经验与成效，科学谋划“十五五”发展蓝图，凝聚全国植保同仁共识，强化学科对国家粮食安全与农业绿色可持续发展的支撑作用。

中国农业科学院吴孔明院士、宁波大学陈剑平院士、贵州大学宋宝安院士、湖南农业科学院柏连阳院士、南京农业大学副校长王源超教授、吉林农业大学副校长孙文献教授及我校康振生院士受邀出席，共同为植保学科高质量发展把脉定向。来自全国45所高等院校及科研院所的植物保护学院（所）负责人、学科带头人等200余人参加会议。



与会院士专家作主旨报告

主旨报告上，吴孔明院士聚焦“迁飞性害虫雷达监测预警体系的构建”，阐述了现代监测技术在生物灾害防控中的核心作用；陈剑平院士围绕“农产品质量安全与同一健康”，探讨了植保学科与公共卫生领域的跨界融合；宋宝安院士分享了“植物保护与化学生物学交叉融合培养拔尖人才”的创新模式；柏连阳院士解析了“十五五”杂草学科发展方向与创新路径；我校黄丽丽教授以“大生态大健康驱动植保科技创新”为题，提出了学科未来发展的趋势。

大会报告上，来自浙江大学、中国农业大学、华中农业大学、福建农林大学、云南农业大学、吉林农业大学、南京农业大学、贵州大学、西南大学、山东农业大学、华南农业大学、西北农林科技大学12所高校的院长或学科负责人，从学科建设、人才培养、文化建设、特色发展等维度分享经验，提出打破二级学科壁垒、农业生物多样性赋能、差异化特色化发展等建设性意见，为全国植保学科协同发展提供了多元思路。

大会还设置战略咨询座谈会和党建交流座谈会两个分会场。战略咨询座谈会围绕中国工程院战略研究与咨询项目“植物保护学科高质量发展”进行交流，项目成员分别从国际合作、人才培养、科技创新、外来生物入侵、智能化预测预警、推广应用与服务模式创新、科技评价等政策举措、重大灾害防控、产品创新等多个维度进行研究进展汇报，与会人员围绕学科发展趋势、机遇挑战及创新路径展开深度研讨。党建交流座谈会聚焦党建与业务双融双促，与会高校植物保护学院党委（副）书记分享了探索新时代植保学科高质量发展的党建引领模式创建的工作经验。会后，与会人员参观了全国重点实验室、东南窑文化育人基地。



## 黄丽丽教授当选中国植物保护学会第十四届理事会副理事长

11月4日至7日，中国植物保护学会第十四次会员代表大会暨2025年学术年会在浙江杭州成功举办，本次大会以“新质植保与高质量发展”为主题，由中国植物保护学会主办，中国农业科学院植物保护研究所、浙江大学等多家单位联合协办，吸引了全国200余家单位的1200余名行业专家学者、会员代表参会。

本次年会聚焦植物保护与现代科技的深度融合，展现了学科前沿和发展趋势，设置了大会特邀报告、中国植物保护学会第十四次会员代表大会、分会场学术交流等多项议程。参会代表选举产生了新一届理事会和监事会，我室黄丽丽教授当选学会第十四届理事会副理事长，康振生教授当选监事会监事长，郭军教授当选常务理事。据学会负责人介绍，新一届领导机构成员均为植保领域学术造诣深厚、行业贡献突出的专家，将为学会引领学科发展、服务农业高质量发展注入新动能。

本次大会的成功举办，为我国植保领域搭建了高水平交流平台，而新一届领导机构的产生，将进一步凝聚行业力量，为保障国家粮食安全、推动农业绿色发展提供有力支撑。

中国植物保护学会（China Society of Plant Protection, 缩写CSPP）是我国植物保护领域最具权威性的学术团体，1962年6月经国家科委批准成立，7月在哈尔滨召开首次会员代表大会，由著名植物病理学家俞大绂教授当选首任理事长。作为中国科学技术协会的重要组成部分，学会接受其业务指导，挂靠于中国农业科学院植物保护研究所，是连接党和政府与植保科技工作者的关键桥梁纽带。学会以“繁荣植保科技、服务农业现代化”为核心宗旨，秉持“献身、创新、求实、协作”精神，贯彻“百花齐放、百家争鸣”学术方针，致力于搭建学术交流平台、普及植保科学知识、培养青年科技人才，为保障国家粮食安全、推动农业绿色发展提供科技支撑。



## 麦田里的守望者——黄丽丽与康振生科研人生里的家国情怀

六月的关中平原，金色麦浪翻滚如诗。西北农林科技大学的实验室里，黄丽丽俯身于显微镜前，果树枝条切片在灯光下泛着微光；不远处，康振生正对着小麦条锈病的实验数据凝神思索。这对相守四十年的学术伉俪，将实验室建在田间地头，用科技守护“中国粮”，以赤诚家风书写着当代知识分子的家国答卷。

陕西洛川的苹果园曾是黄丽丽的“战场”。多年前，成片果树因腐烂病濒临死亡，果农们望着发黑的树干欲哭无泪。她带着团队扎进果园，在临时



帐篷里日夜监测——烈日下，胶鞋沾满泥土，汗水浸透衣襟，她用放大镜观察病斑纹路，在笔记本上密密麻麻记录着湿度、温度与病状变化。“改治为防”的理念在无数次失败中萌芽，“夏防冬病”技术最终覆盖全国70%种植区，让枯萎的果树重挂红果，将笑容挂在果农脸上。

猕猴桃细菌性溃疡病曾被称为“产业杀手”。黄丽丽创新提出“阻传播、防入侵”策略，把技术培训变成“田间破案课”：“就像防疫一样，要在病菌‘偷渡’前布下防线。”她带着团队跑遍全国产区，手把手教果农修剪、涂药，如今猕猴桃主产区的溃疡病发生率下降60%以上。

广阔的麦田则是康振生的主战场。

小麦条锈病俗称“黄疸”，曾让甘肃农户连年减产，麦粒干瘪如沙。康振生带着学生走遍全国麦区，在东北的寒风中蹲守麦苗，在西北的旱地里采集病叶。国外机构曾以高薪邀约，他却指着麦田说：“这里的苗需要我。”

为观察条锈病菌的变异规律，康振生在电镜前坚守24小时，让技术员惊叹：“从没见过这么拼的学者。”团队研发的生物育种技术，让小麦抗病基因“改头换面”，年均为国家挽回100亿公斤损失。甘肃老农攥着他的手哽咽：“康教授，是您让麦田‘复活’了！”

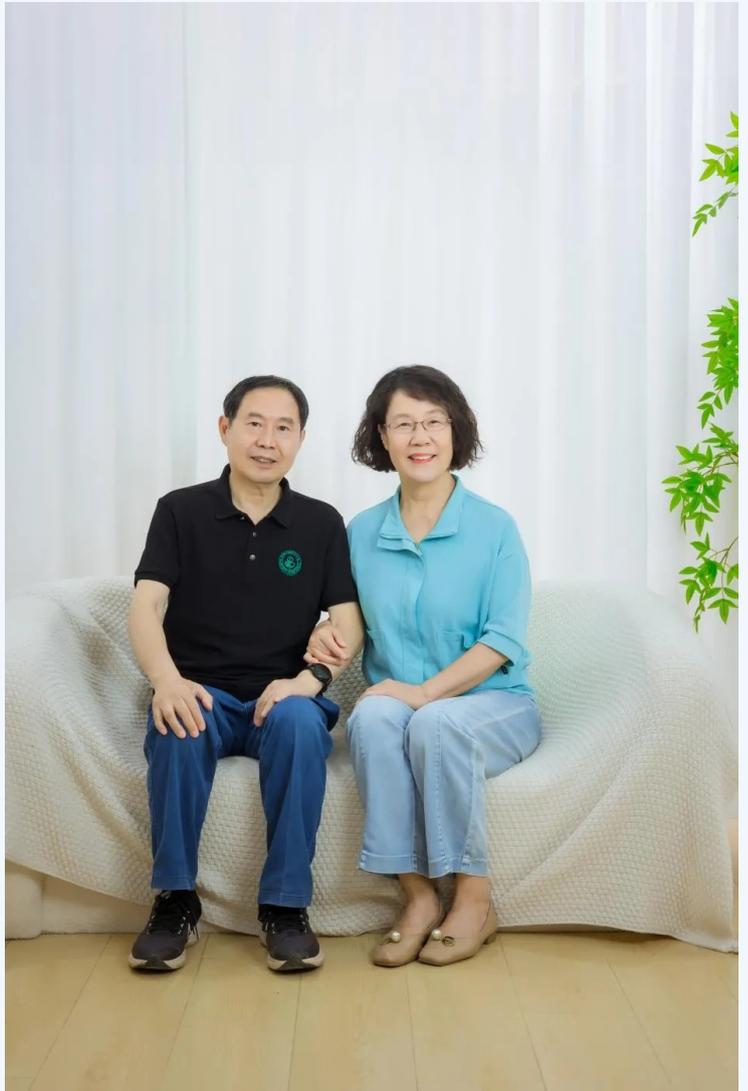
1982年，西北农学院的窑洞实验室见证了他们的爱情。

那时候，黄丽丽“误打误撞”研究小麦条锈病，与学长康振生在煤油灯下并肩查资料。康振生用萝卜刻印章、在信纸上画梅花鹿，把科研的严谨藏进浪漫——“他每次写信都盖着自制的印章，连暖瓶塞都能刻出山水。”黄丽丽摩挲着泛黄的信纸回忆。

婚后的标本室婚房里，康振生常捧着英文原版书读到深夜，出差调查条锈病一去就是半月。黄丽丽回忆说：

“那时觉得他心里只有工作。”但当她看到丈夫在电镜前熬红的双眼，又忍不住心疼：“他心里有团为粮食安全燃烧的火。”

1997年，夫妇俩受邀赴德国霍恩海姆大学参加合作研究。康振生延续“拼命三郎”模式：周末实验室的灯光常亮到深夜，华人聚会难得露面。总有人问黄丽丽：“老康又钻实验室了？”三年里，他们不仅攻克了条锈病菌的分子机理难题，更让外国同行见识了中国学者的韧性——“我们代表的是中国农业的底气。”康振生说。



## 从书桌到麦田里的相濡以沫

黄丽丽、康振生家中书房的书架塞满农业典籍，宽大的书桌则是夫妻俩的“第二实验室”。晚餐桌上，黄丽丽会讲果园里的“病害侦探故事”，康振生则分享麦田里的新发现。如今，年近七旬的康振生会在空闲时给妻子烧一锅红烧肉，抢着买菜做饭：“以前她为家付出太多，现在换我‘服务’。”当黄丽丽捧回“全国先进工作者”奖牌，他轻声说：“你也不容易。”四十年风雨，争吵化为理解，并肩成为默契。

“农业科研工作者要把国家粮食安全扛在肩上。”黄丽丽的课堂总充满田野气息，她带学生去果园辨认病害，让书本上的理论“沾着泥土”落地。康振生的实验室里，学生们记得他常说：“做研究不能怕吃苦，麦浪翻滚的地方才是真正的考场。”

他们的团队先后入选“全国黄大年式教师团队”，培养的学生遍布全国农业战线。一位年轻学者说：“跟着两位老师，不仅学到技术，更懂得了‘把论文写在大地上’的分量。”

从“全国创新争先奖”到“最美家庭”，荣誉簿上的每一笔都凝结着四十年的坚守。黄丽丽的“果树癌症”防控技术走向“一带一路”国家，康振生的条锈病研究引领国际方向。但在他们心中，最珍贵的奖励是洛川果农送来的脆苹果，是农户捧来的饱满麦粒。

暮色中的实验室依旧亮着灯，黄丽丽与康振生的身影在窗前交叠。他们是夫妻，是战友，更是扎根土地的“粮食卫士”——如同关中平原上的星辰，用科研之光点亮麦田，以赤诚家风传递着“把国家装在心里”的信念。在农业强国的征程中，这对“麦田夫妻”的故事，正化作千万农业人的前行力量。



## 国家柑橘产业技术体系栽培与土肥研究室主任淳长品一行来室调研

10月9日，国家柑橘产业技术体系栽培与土肥研究室主任淳长品一行来室调研，新农村发展研究院副院长齐高强陪同，我室技术支撑部负责人赵华接待并介绍相关情况。

交流中，技术支撑部负责人赵华围绕我室基本情况，研究方向、人员与团队建设、平台发展、学术合作及代表性成果与论文作简要介绍。淳长品主任一行就我室相关工作进行交流，为进一步推动相关领域发展筑牢基础。



## 新乡市委书记李卫东一行来室调研工作

10月16日上午，新乡市委书记李卫东一行来室调研工作，新农院常务副院长冯永忠陪同，实验室副主任彭科峰进行讲解。

调研中，彭科峰简要介绍了实验室的基本定位，重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、及技术队伍建设情况。重点对实验室平台建设和人才队伍建设进行介绍。



调研团实地参观了我室科研平台，实地查看了硬件设备，了解平台运行机制，对实验室整洁规范的平台环境、完善的功能布局和浓厚的科研氛围给予充分肯定，为我室后续发展给予鼓励。

## 新西兰梅西大学副校长 Raymond Geor 一行来室调研

10月20日下午，新西兰梅西大学副校长兼理学部部长 Raymond Geor 一行来室调研，国际处副处长邹宇峰陪同，实验室技术支撑部负责人赵华接待并介绍相关情况。

参观过程中，赵华简要介绍了实验室的基本定位，重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、及技术队伍建设情况。重点对实验室平台建设和人才队伍建设进行介绍。参观团实地参观了我室科研平台，实地查看了硬件设备，了解平台运行机制。



## 哈萨克斯坦专家一行来室调研

10月21日，哈萨克斯坦植物保护研究所所长Bakhytzhon Duissembekov一行来室参观调研，植物保护学院副院长赵磊陪同，实验室技术支撑部负责人赵华接待并介绍相关情况。

参观过程中，赵华简要介绍了实验室的基本定位，重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、及技术队伍建设情况。重点对实验室平台建设和人才队伍建设进行介绍。参观团实地参观了我室科研平台，实地查看了硬件设备，了解平台运行机制。



## 中省主流媒体记者一行来室参观

为深入学习贯彻习近平总书记关于“三农”工作的重要论述及历次来陕考察重要讲话重要指示精神，依托网络新媒体传播优势，多维度呈现基础研究与创新成果，10月26日下午，来自人民网、新华网、中国网、国际在线、中国日报网、央视网等30余人来室参观，开展网络主题宣传活动，实验室技术部正高级实验师黄雪玲负责接待并介绍相关情况。



## 新疆农垦科学院作物研究所副所长桑伟一行来室参观

10月30日下午，新疆农垦科学院作物研究所副所长桑伟一行来室参观，实验室主任王晓杰讲解相关情况。

参观过程中，王晓杰简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设情况及实验成果和论文产出，为我室与新疆农垦科学院作物研究所后续深入合作筑牢坚实基础。



## 中东欧国家高校领导一行来室参观

11月1日，中东欧国家高校领导一行来室参观调研，实验室技术支撑部负责人赵华接待并介绍相关情况。

参观过程中，赵华简要介绍了实验室的基本定位，重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、及技术队伍建设情况。重点对实验室平台建设和人才队伍建设进行介绍。

参观团实地参观了我室科研平台，实地查看了硬件设备，了解平台运行机制。



## 安徽科技学院党委书记时伟、校长李升和一行来室调研

11月10日上午，安徽科技学院党委书记时伟、校长李升和一行来室调研，副校长孙马陪同，实验室副主任彭科峰、实验室技术支撑部负责人赵华接待并介绍相关情况。

参观过程中，彭科峰简要介绍了实验室的基本定位、研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设情况，重点介绍了小麦重大病害成灾机制与防控技术重大突破、



苹果高效生产理论和新品种重大突破等创新性研究成果。

## 第十二届国际青年论坛学者一行来室参观

11月20日下午，我校第十二届国际青年学者论坛青年学者一行来室参观，实验室副主任彭科峰接待并介绍相关情况。

参观期间，彭科峰简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设成效，以及实验成果与论文产出等情况，并热情邀请各位学者未来加入实验室交流合作。



## 巴基斯坦学者一行来室参观交流

11月27日上午，巴基斯坦学者一行来室参观，实验室技术人员张琼接待并介绍相关情况。

参观期间，张琼简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设等情况。重点对小麦条锈病防控与作物育种进行介绍，参观团实地参观了我室科研平台，查看了硬件设备，了解平台运行机制。



## “青年科学家百城行” 青年科技工作者一行来室参观

11月21日上午，“青年科学家百城行”青年科技工作者一行来室参观，实验室技术人员黄雪玲接待并介绍相关情况。



参观期间，黄雪玲简要介绍了实验室的基本定位、重点研究方向、核心人员构成、科研平台布局、技术队伍建设等情况。重点对小麦条锈病防控与作物育种进行介绍，参观团实地参观了我室科研平台，查看了硬件设备，了解平台运行机制。

## 教育部党组成员、副部长王光彦来校调研

11月18日，教育部党组成员、副部长王光彦一行来校调研。校党委书记黄思光、校长吴普特，陕西省委教育工委书记、教育厅厅长王树声参加。

黄思光代表学校对教育部长期以来的关心和支持表示感谢。他表示，党的二十届四中全会对一体推进教育科技人才发展、扎实推进乡村振兴战略进行全方位部署，为学校聚焦国家重大战略，谋划“十五五”，以有组织新农科建设、有组织科技创新、有组织研发推广、有组织国际合作“四个有组织”服务“三农”事业发展和“一带一路”建设提供了方向和遵循。

吴普特表示，学校始终瞄准国际科技前沿，服务国家战略需求和区域经济社会发展需要，在推进农业农村现代化的征程中贡献了西农力量。学校将按照国家“十五五”规划确定的目标导向，围绕国家粮食安全、生态文明、人类健康、乡村振兴四大学科使命，强化社会服务贡献，扎实推动产教创新、科教创新，在助推国家现代化建设中展现更大的担当和作为。



王光彦对西北农林科技大学长期扎根西部大地办学，保障国家粮食安全，服务“一带一路”建设和区域经济社会发展等方面取得的显著成效给予充分肯定。他指出，党的二十届四中全会强调要统筹推进教育强国、科技强国、人才强国，对“十五五”时期提升国家创新体系整体效能作出系统部署。西北农林科技大学要深入贯彻习近平总书记给全国涉农高校书记校长和专家代表重要回信精神，落实全国教育大会精神和教育强国建设规划纲要部署，抢抓机遇、勇立潮头，扎实推进“十五五”时期工作，落实立德树人根本任务，统筹推进教育科技人才体制机制一体改革，大力培育农业新质生产力，主动融入新时代西部大开发全过程，更好发挥西北地区农林院校的独特引领作用，当好服务“一带一路”建设“排头兵”，持续为教育强国、农业强国建设作出更多西农贡献。

王光彦一行调研了我校作物抗逆与高效生产全国重点实验室，听取科技成果实物展、办学成果展汇报，了解小麦条锈病预防等科研工作和农业科技成果转化推广情况，并实地了解未来农业研究院建设进展。

调研期间，调研组一行主持召开教育发展“十五五”规划编制西北片区座谈会，来自西北五省份和新疆生产建设兵团的教育部门、高校、职业院校、中小学以及有关企业、科研机构等20余位代表出席会议，教育部办公厅、政法司、规划司负责同志和规划编制工作专班有关成员等参加座谈。

## 农业农村部党组书记、部长韩俊来室调研

10月29日—30日，农业农村部党组书记、部长韩俊来我室调研农业科技创新、乡村产业发展等工作。首席科学家康振生院士，实验室主任王晓杰教授汇报有关工作。



韩俊强调，要深入学习贯彻党的二十届四中全会精神，加强农业关键核心技术攻关，抓好重大科技成果高效转化应用，加快实现高水平农业科技自立自强。要统筹发展科技农业、绿色农业、质量农业、品牌农业，因地制宜发展壮大乡村特色产业，提升农业质量效益。

杨凌示范区是我国首个农业高新技术产业示范区，近年来与西北农林科技大学等单位密切合作，取得一系列重大成果。韩俊来到西北农林科技大学作物抗逆与高效生产全国重点实验室，了解小麦抗逆高产品种选育、重大病害防控、氮磷养分高效利用等方面的科研成果。他强调，要加强基础理论研究，深入挖掘作物基因型、表型、环境型内在关联，加快突破性新品种选育和重大病害防控技术研发。在考察学校办学成果展时，韩俊详细查看粮油、林果等优良品种和高效智能农业设施设备，就旱作节水、精量播种、智能采摘等技术装备研发应用与科研人员深入交流。他强调，要瞄准国际前沿、立足产业需求，紧盯高产优质品种、高效节水技术、高端智能及丘陵山区适用农机装备等急需领域，加快关键技术装备攻关和集成熟化，促进创新链产业链深度融合，促进良田良种良机良法集成增效。他还来到杨凌智慧农业示范园，了解日光温室智能操控设备等研发应用情况，强调要推动设施农业更新升级，加大智慧农业应用场景开发力度，强化先进适用技术装备示范推广，不断提升农业数字化智能化水平。

杨凌示范区是上合组织农业技术培训示范基地所在地。韩俊来到上合组织农业交流中心，调研了解中心开展国际农业交流合作等情况。他强调，要用好杨凌农高会这个平台，充分展示农业科技创新成果，推动高新技术交流，推动农业科技走出去。要加大对杨凌示范区建设支持力度，营造良好的科技创新生态，一体推进教育科技人才发展，集聚科研机构、创新平台、农业企业、科技人才，强化科技成果转化和企业孵化，打造农业科技创新高地，完善农业区域创新体系。



苹果是陕西的优势特色产业，韩俊来到洛川苹果现代产业园区，走进果业企业察看智能选果生产线，了解洛川苹果品种培育、规模种植、加工贮藏、流通销售



等情况。他还来到西北农林科技大学洛川苹果试验站，与科研人员深入交流。他强调，要加强优良苹果品种选育，培育更多有竞争力的品种。要积极探索矮化密植等高效技术模式，创新农技推广科普方式，示范带动更多果农增产

增收。要推进苹果全产业链发展，发挥园区引领作用，一体推动研发、生产、加工、销售，促进产业集聚发展，持续加强品牌建设，提升产业附加值。

## 实验室赴四省调研引才

为进一步增强学术交流，学习借鉴全国重点实验室建设与特色做法，推动我室科研水平与“十五五”高质量发展规划，引进优秀人才来校工作、增强校企合作，近日，实验室主任王晓杰、副主任沈锡辉、管清美、刘慧泉、毛虎德，专家焦硕等一行，先后赴杭州、南京、武汉、深圳等地深入调研及引才。

调研组一行先后走入水稻生物育种全国重点实验室、浙江大学农业与生物技术学院、浙江托普云科技股份有限公司、南京农业大学作物遗传与种质创新利用全国重点实验室、农林生物安全全国重点实验室、华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室、果蔬园艺作物种质创新与利用全国重点实验室、农业微生物资源发掘与利用全国重点实验室、中国农业科学院深圳农业基因组研究所、深圳大学生命与海洋科学学院等10家单位调研。

调研组通过座谈交流、宣讲介绍、实地走访参观，深入考察了各重点实验室的科研布局、平台建设与人才引进机制、运行管理与创新团队建设等，围绕青年人才培养、研究生联合培养、科研绩效考核及产学研融合等方面深入交流，对各团队在基因编辑、合成生物学及农业大数据分析等前沿领域的研究进展进行探讨交流；同时在各单位宣讲我校基本情况、科研平台、引才政策、未来规划等，引进优秀人才来校工作。

下一步，实验室将系统梳理调研成果，借鉴各单位项目管理、成果转化、开放共享平台、跨单位协作机制和协同创新方面的成功经验，加快推进人才引进与科研实质合作。结合“十五五”发展规划重点任务布局，强化顶层设计，统筹资源配置，推动跨学科协同攻关，深入推进有组织科研，提升创新链整体效能，进一步完善实验室运行机制与平台建设方案；同时，将深化与高校、科研院所、企业的战略联动，持续优化人才发展生态，激发创新活力，为打造具有全国影响力的现代农业科技创新高地提供坚实支撑。



## 筑牢安全线，提升应急能力

### ——2025年安全应急培训活动圆满举办

为强化实验室安全管理，全面提升新进实验室人员的安全意识、自防自救能力及应急响应处置效率，10月22日，实验室成功举办了2025年安全应急培训活动，近300名2025级研究生全程参加，活动由实验室副主任彭科峰主持，保卫处副处长汪勇攀出席并讲话。

本次活动以“人人讲安全、个个会应急——筑牢实验室安全防线”为主题，内容兼具理论深度与实践指导性。实验室安全与保障处副处长纪克攻以“实验室安全我知、我会、我行动——做一名高素质的西农科研人”为主题，结合多起高校实验室因化学品管理不当、用电违规等引发的典型安全案例，深入剖析了实验室火灾风



险的成因与危害。保卫处副处长冯邦、袁伟刚老师就“校园电动车治理与消防安全”进行专题报告，分别介绍了校园内电动车火灾的特点和危险性，结合具体案例，讲解了电动车违规充电、电池老化等安全隐患，并详细解读了学校关于电动车停放、充电的管理规定。校医院副院长陈宁就“实验室的应急救护”展开报告，从专业医护人员等的角度出发，结合心肺复

苏等救护实践，分享了突发事故时如何应急展开救护。实验室技术支撑部负责人赵华以“无危无损·安全实验”主题分享报告，结合实验室日常安全检查经验，从仪器设备安全操作、实验耗材规范存放、安全应急预案制定等方面，分享了实验室安全管理的具体做法和实用技巧，强调了建立常态化安全检查机制的重要性。



课题组代表张倩倩同学以“我们如何做得更好？实验室安全自查与实验改进”为题，从科研人员的角度出发，分享了在实验设计、操作流程优化中融入安全考量的经验做法。



本次培训特别设置了消防暨地震应急处置演练与现场灭火模拟环节。全体培训学生在统一指挥下，迅速、安全、有序地从科研主楼各实验室撤离至指定的安全集结点。负责老师现场详细演示了干粉灭火器的使用方法、适用场景及注意事项，参与学生现场实操，熟练掌握“提、拔、握、压”的灭火步骤。演练过程井然有序，学生们积极参与，有效提升了应对初期火灾的实战能力。

通过本次培训，2025级研究生系统学习了安全知识，掌握了基本的应急处置技能，进一步夯实了实验室的安全基础。实验室将持续开展常态化安全培训与检查工作，不断强化全员安全意识，为科研工作的顺利开展提供坚实的安全保障。