

农业资源研究中心 研究 岗位应聘申请表

姓名	张娜	性别	女	党派	中共党员	
出生日期	1988.10	参加工作时间		无		
毕业院校	中国科学院大学	毕业时间		2017年 6月		
		出站时间		无		
学历	研究生	学位	博士	所学专业	遗传学	
现工作/博士后单位		中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源中心				
现职务/职称	无		任职时间	无		
外语语种和水平	英语六级			与本所有无亲属关系		无
配偶情况	姓名	朱金城	工作地点	河北省石家庄市		
	工作性质	科研管理	户口所在地	河北省石家庄市		
E-mail	zhangna2nina@163.com		联系电话	15233632680		
户口所在地	正式户口所在地			山东省济宁市邹城市		
	非正式户口所在地（学生或博士后）			山东省济宁市邹城市		
应聘岗位	助理研究员 李俊明组					

一、学习进修经历（大学填起，研究生阶段注明指导教师）

2007.9—2011.6 山东农业大学 农学院 植物科学与技术 大学本科

2011.9—2014.6 中国农业大学 农业与生物技术学院 植物病理学 硕士研究生 导师 彭友良 教授

2014.9—2017.6 中国科学院遗传与发育所农业资源中心 遗传学 博士研究生 导师 李俊明 研究员

二、工作经历（含工作时间、单位名称及任职情况等）

2012/09—2013/09 硕士期间担任国家重点实验室分子植物病理课题组信息联络员，负责学院与本课题组研究生之间的信息沟通和协调，被评为学院优秀联络员。同时作为实验室报账员，负责老师同学差旅、学生补助上传及日常实验耗材的报销。

三、代表性研究工作或学位论文工作介绍（含参加/承担项目、研究基础、取得成果等）

硕士期间主要从事稻瘟病的研究工作，参与 973 计划项目：粮食作物重大病害控制的基础研究。初步探讨了甘露糖焦磷酸化酶(GDP-mannose pyrophosphorylase, GDPMP)和甘露糖转移酶(protein O-mannosyltransferases, PMT)家族的部分成员在稻瘟菌中的生物学功能。GDPMP 催化 GDP-mannose 的形成，该产物作为甘露糖糖基化反应的直接或间接供体。稻瘟菌中存在两个编码 GDPMP 基因，其中一个是 *MoPSA1*。对获得的 *MoPSA1* 敲除体分析发现，该基因的缺失导致营养菌丝生长缓慢，分生孢子数量减少，侵染钉形成缺陷，致病性丧失，且细胞壁完整性存在缺陷。上述缺陷在该基因的互补体中完全恢复。构建 *MoPSA1::eGFP* 对该基因的表达产物定位，结果定位于细胞质。PMT 催化甘露糖 O-糖基化的发生，其甘露糖供体来源于 GDP-mannose 与 Dol-P 生成的 Dol-P-Man。进化分析发现稻瘟菌中存在三个 PMT 基因，*PMT1*、*PMT2* 和 *PMT4*。前期研究已获得 *PMT1* 和 *PMT4* 的敲除体。表型分析显示，*PMT1* 和 *PMT4* 的单基因敲除体菌丝生长缓慢，菌丝细胞变短，产孢量下降，细胞壁完整性存在缺陷，致病力减弱，且 *PMT4* 的敲除体致病力显著减弱。另外，还敲除了 9 个稻瘟菌基因，并分析了每个敲除体的生物学表型。了解上述基因的生物学功能，为系统了解稻瘟菌的致病机理提供了实验材料，同时也为其他真菌的研究提供了依据。

博士期间主要从事小麦遗传育种方面的工作。主要集中在小麦遗传连锁图谱的构建和株高 QTL 解析，具体研究结果如下：1. 构建了一个包括 119,566 个标记、总遗传距离为 4424.4 cM 的高密度遗传连锁图谱，其中 119,001 个标记是来自 wheat660K SNP 芯片的 SNP 标记。本图谱与国际小麦基因组测序

协会释放的中国春 contigs、中国春全基因组组装序列及利用 Wheat 90K 和 Wheat 820K SNP 芯片构建的整合图谱共线性关系良好。2. 检测到分布于 7 条染色体上的 8 个株高加性 QTL, 其中 *qPh-3A*、*qPh-3D*、*qPh-4B*、*qPh-5A.1* 和 *qPh-6B* 为稳定主效 QTL。 *qPh-3A* 主要通过孕穗期至拔节期调节穗长、第一节间长及第五节间长来控制株高; *qPh-3D* 在孕穗期至拔节期调节第一至第五节间长来调控株高; *qPh-4B* 主要在抽穗期前调节第一至第四节间长来调控株高; *qPh-5A.1* 主要在抽穗前调节第二至第四节间长来调控株高; *qPh-6B* 主要在孕穗期以后调节穗颈长和第一节间长来控制株高。3. 共定位到分布于 13 条染色体上的 14 个响应低氮胁迫的加性 QTL。其中, *Phdv-4B*、*qPhdv-5A.1* 和 *qPhdv-6B* 在单环境及联合环境中 LOD>3, 且分别与 *qPh-4B*、*qPh-5A.1* 和 *qPh-6B* 共定位, 说明来自 KN9204 的等位基因在降低株高的同时也缩小不同供氮条件下的株高差异。4. 五个主效株高 QTL 中, 除 *qPh-3A* 外, *qPh-3D*、*qPh-4B*、*qPh-5A.1* 和 *qPh-6B* 对千粒重和单株产量均有显著影响, 而且降低株高的等位基因也降低千粒重和单株产量。未发现上述 QTL 对单株穗数和穗粒数的影响。5. 遗传连锁图谱中, *qPh-3A*、*qPh-3D*、*qPh-4B*、*qPh-5A.1* 和 *qPh-6B* 所在的区段分别与水稻第 1、1、3、9 和 2 号染色体部分区段存在共线性。*qPh-4B* 对应的水稻 3 号染色体区段存在一个参与株高调节的 *SLR*, 该基因与定位于 *qPh-4B* 区间的 *Rht-B1a* 同源。经同源克隆, 分别从 KN9204 和 J411 中得到 *Rht-B1b* 和 *Rht-B1a*, 证明 *Rht-B1b* 是位于 *qPh-4B* 中的矮秆基因。6. 构建了 *qPh-6B* 靶区段包含 1,289 个标记的高密度遗传连锁图谱。*qPh-6B* 对应中国春组装序列 6B: 150.845Mb–657.089 Mb 区段, 结合 *qPh-6B* 控制穗颈长和第一节间长的定位结果, 初步认为 *Rht-6B* 位于中国春组装序列 6B: 623.382Mb–652.882Mb 区段。上述工作为小麦株高的遗传研究奠定了基础。

四、获得的科技/荣誉奖励及研究成果情况 (代表性研究论文、专利、获奖等, 标注排名) 发表论文:

[1] **Na Zhang**, Xiaoli Fan, Fa Cui, Chunhua Zhao, Wei Zhang, Xueqiang Zhao, Lijuan Yang, Ruiqing Pan, Mei Chen, Jie Han, Jun Ji, Dongcheng Liu, Zongwu Zhao, Yiping Tong, Aimin Zhang, Tao Wang and Junming Li. Characterization of the temporal and spatial expression of wheat (*Triticum aestivum* L.) plant height at the QTL level and their influence on yield related traits. *Theoretical and Applied Genetics*. (第一作者, SCI-1 区 IF=3.9, 已接受, 排版中, doi: 10.1007/s00122-017-2884-6)

[2] Fa Cui, **Na Zhang**, Xiaoli Fan, Wei Zhang, Chunhua Zhao, Lijuan Yang, Ruiqing Pan, Mei Chen, Jie Han, Xueqiang Zhao, Jun Ji, Yiping Tong, Hongxia Zhang, Jizen Jia, Guangyao Zhao and Junming Li. (共同第一作者, SCI-2 区 IF=5.2, 大修)

[3] **Na Zhang**, Ruiqing Pan, Xiaoli Fan, Jun Ji, Junming Li, Fa Cui. QTL for sensitivity of seeding height to exogenous GA₃ and its influence on final plant height in wheat. (准备投稿)

[4] Fa Cui, Xiaoli Fan, Mei Chen, **Na Zhang**, Chunhua Zhao, Wei Zhang, Jie Han, Ji Jun, Xueqiang Zhao, Yiping Tong, Tao Wang, Junming Li. (2016) QTL detection for wheat kernel size and quality and the responses of these traits to low nitrogen stress. *Theoretical and Applied Genetics*, 129: 469–484.

[5] Jie Han, Wei Zhang, Lijing Sun, Qiannan Su, Zijing Li, Xiaoli Fan, **Na Zhang**, Ruiqing Pan, Fa Cui, Jun Ji, Hui Li and Junming Li. A Novel Wheat Nicotianamine Synthase Gene, TaNAS-D, Confers High Salt Tolerance in Transgenic *Arabidopsis*. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2017, 35: 252-264.

[6] Wei Zhang, Xiaoli Fan, Yingjie Gao, Lei Liu, Lijing Sun, Qiannan Su, Jie Han, **Na Zhang**, Fa Cui, Jun Ji, Yiping Tong and Junming Li. Chromatin modification contributes to the expression divergence of three *TaGS2* homoeologs in hexaploid wheat. *Scientific Reports*. 2017, 7: 44677.

所获奖励:

2007-2010 年于山东农业大学连续三年获得优秀学生奖学金;
2010 年于山东农业大学获于振文院士所设“爱农”奖学金;
2010 年于山东农业大学获社会实践单项奖;
2012 年于中国农业大学获社会服务奖学金。

五、提供两或三位同行具有高级职称推荐人的联系方式（姓名、职务、电话和邮箱地址）

李俊明 研究员 139 3016 1456 ljm@sjziam.ac.cn
安调过 研究员 131 1155 0272 andiaoguo@163.com
刘西岗 研究员 139 3382 6621 xgliu@sjziam.ac.cn

六、应聘岗位陈述（对岗位的认识、研究兴趣、应聘理由及优势、工作设想和其它说明）:

助理研究员，首先是作为科研人员应本着科研第一位的原则做好本职工做，另一方面是作为助理应为课题组的发展服务，具有团队意识。六年的研究生经历使我认识到科学研究永远都是进行时，总有未知在前方等着你，总是这种好奇驱使自己去学习 and 发现。在这个探索的过程中总有曲折和失败的光顾，然而不断的尝试、学习和纠正是一步步接近事实的唯一路径。我愿意为自己最原始的好奇心去努力尝试。科学泰斗李振声院士曾说自己一辈子就干了两件事情，一是小麦远缘杂交，二是渤海粮仓。对于普通人而言一辈子能干一件事就已经相当不易了，如果能有机会继续博士期间的工作也是我人生一大幸事。一方面熟悉实验材料和工作环境可以顺延前面的工作，另一方面，硕博期间正反向遗传都有涉及，尤其三年博士学习使我对小麦的理解更加深刻。现在的工作重心是矮秆基因的精细定位，目前我们已经成功拿到了近等基因系，而且今年种了相当大的次级作图群体，供重组体的筛选。下一步工作就是利用 BSR-Seq 方法筛选与矮秆基因连锁的 SNP，利用 KASP 标记对后代进行基因型鉴定。结合今年次级群体的表型对该矮秆基因实现精细定位。另外，科农 9204 的测序完成也为该矮秆基因的分离奠定了良好的基础。我恳请单位和课题组考虑给我一次机会。

七、附件：证明能力的：论文、证书影印件、其它材料等（PDF）

本人承诺以上情况真实无误，如有虚假，本人愿意承担一切后果。

申请人签名：张娜

填表日期：2017 年 4 月 14 日