**附件1：**

《第十一届全国小麦基因组学及分子育种大会——暨第八届小麦遗传育种研讨会》报名回执表

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| 单 位 | 姓 名 | 性别 | 职 称 | 电 话（手机） | E-mail | 住宿起止日期 | 房间种类及房间数 |
|  |  |  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |  |  |  |

**附件2：摘要模板**

**粗山羊草叶绿体基因RNA编辑位点的鉴定与分析**

王梦醒1,2 詹豪爽1,2 吕萌荔1,2 刘思妍1,2 宋卫宁1,2\*

1西北农林科技大学农学院，陕西杨凌712100；2旱区作物逆境生物学国家重点实验室，陕西杨凌712100

\*通讯作者：sweining2002@yahoo.com

**摘 要**：RNA编辑是高等植物叶绿体基因转录后表达调控的一种重要方式。本研究利用生物信息学方法,预测出粗山羊草叶绿体基因组分布于15个蛋白编码基因的34个RNA编辑位点,均为C到U的转换,其中以ndhB最多,有9个编辑位点…….. 本研究结果可为解析粗山羊草叶绿体基因的表达调控和探讨禾本科物种的起源进化提供理论依据。（不超过500字）

**关 键 词**：[RNA编辑](http://search.cnki.com.cn/Search.aspx?q=RNA%E7%BC%96%E8%BE%91" \t "_blank),[粗山羊草](http://search.cnki.com.cn/Search.aspx?q=%E7%B2%97%E5%B1%B1%E7%BE%8A%E8%8D%89" \t "_blank),[叶绿体](http://search.cnki.com.cn/Search.aspx?q=%E5%8F%B6%E7%BB%BF%E4%BD%93" \t "_blank),[鉴定](http://search.cnki.com.cn/Search.aspx?q=%E9%89%B4%E5%AE%9A" \t "_blank),[分析](http://search.cnki.com.cn/Search.aspx?q=%E5%88%86%E6%9E%90" \t "_blank)

**会议专题**： 小麦基因组学