姓名	王晨	**性别**	女
籍贯	河北邯郸	**职称**	副教授/硕士生导师
学历	研究生	**学位**	博士/Ph.D
毕业院校	南京农业大学	**学科专业**	果树学
Tel：15951817539		**E-Mail:** wangchen@njau.edu.cn	

研究方向：

葡萄生殖发育分子生物学、葡萄栽培生理与育种以及石榴栽培育种

教授课程：

园艺植物育种学、园艺植物分子生物学、园艺植物生物技术

教育经历：

2014/12-2015/12 Israel, ARO, Volcanic Center, 博士后，导师: Etti Or.

2013/01-2014/12 南京农业大学，生命科学院，博士后，导师: 沈文飚

2008/09-2012/06，南京农业大学，园艺学院，研究生/硕、博士，导师: 房经贵

工作经历：

2013/12-至今，南京农业大学，园艺学院，副教授

2012/08-2013/11，南京农业大学，园艺学院，讲师

获奖及荣誉（最多 10 条）：

1. 2014 年“挑战杯”大学生课外学术科技作品竞赛中被评为**“优秀指导教师”**；

2. 2013 年荣获**“江苏省优秀博士论文”**；

3. 2013 年论文“基于 EST 数据库的葡萄 AP2 的 cDNA 克隆及其表达分析”荣获中国精品科技期刊顶尖学术论文领跑者 5000 论文；

4. 2009、2010、2011、2012 荣获“陈裕光”、“金善宝”、全优一等“奖学金”、硕博中期考核“优秀”、“博士之星”等.

主持或参与的科研项目：

1. 中央高校自主创新重大项目(子课题)	2016-2019	1 项;
2. 农业部果树育种技术重点实验室开放课题	2015-2017	1 项;
3. 国家青年自然科学基金项目	2014-2016	1 项;
4. 国家博士后特别资助项目	2015-2017	1 项;
5. 国家博士后面上项目	2013-2015	1 项;
6. 江苏省博士后基金	2013-2015	1 项;
7. 中央高校自主创新重点项目	2014-2016	1 项;
8. 南京农业大学青年创新基金	2013-2015	1 项;
9. 江苏省研究生自主创新工程项目	2011-2013	1 项;
10. 国家级大学生 SRT 项目	2016-2017	1 项;

11. 国家级大学生 SRT 项目 2015-2016 1 项;

发明专利：

1. 梅汁调配苹果汁生产高酸浓缩苹果汁的方法；

2. 一种利用 RAPD 快速区分葡萄品种的方法；

3. 一种快速区分核桃品种的引物和方法.

主要论著：

1. 以副主编身份编著《葡萄分子生物学》、《果树志. 石榴卷》等;

2. 参编英文论著:

1) **Wang Chen**, Fang Jinggui*. 2015. miR-RACE: An Effective Approach to Accurately Determine the Sequence of Computationally Identified miRNAs. In: Mathieu Rederstorff eds. Small Non-Coding RNAs: Methods and Protocols, Chapter 16, Humana Press 1296:109-118.

2) **Wang Chen.** And Fang Jinggui. 2015. RLM-RACE, PPM-RACE and qRT-PCR, an integrated strategy to accurately validate miRNA target genes. In: Mathieu Rederstorff eds. Small Non-Coding RNAs: Methods and Protocols, Chapter 16, Humana Press. 1296:175-186.

3. 参编中文论著:

《葡萄遗传育种》、《果树分子生物学》两部.

近五年发表的 SCI 文章/论文(*通讯作者):

1. Wang Baoju, Wang Jian, **Wang Che**n*, Shen Wenbiao, Jia Haifeng, Zhu Xudong, Li Xiaopeng. 2016. Study on Modes of Expression and Cleavage Role of miR156b/c/d and its Target Gene Vv-SPL9 During the Whole Growth Stage of Grapevine. Journal of Heredity, 1-13.

2. Zhang Cheng, Jia Haifeng, Zeng Jingjue, Perraiz Tariq, Xie Zhenqiang, Zhu Xudong, **Wang Chen*.** 2016. Fertilization of Grapevine Based on Gene Expression. The Plant Genome (Accept)

3. Zhu Xudong, LengXiangpeng, Sun Xin, Mu Qian, Wang Baoju, Li Xiaopeng, **Wang Chen***, Fang Jinggui*. 2015. Discovery of conservation and diversification of miR171 genes by phylogenetic analysis based on globalgenomes. The Plant Genome, 8(2): doi:10.3835/plantgenome, 2014.10.0076.

4. Zhang Cheng, Wu Weimin, Wang Xicheng, Fang Jinggui, **Wang Chen***. 2015. Functional conservation analysis and expression modes of grape anthocyanin synthesis genes responsive to the low temperature stress. Gene, 574(1): 168-177.

5. Leng Xiangpeng, Han Jian, Wang Xiaomin, Zhao Mizhen, Sun Xin, **Wang Chen***, Fang Jinggui*. 2015. Characterization of a calmodulin-binding Transcription Factor from Strawberry (Fragaria × ananassa). The Plant Genome, 8(2): doi:10.3835/plantgenome2014.08.0039.

6. LengXiangpeng, Song Changnian, Han Jian, ShangguanLingfei, Fang Jinggui, **Wang Chen***. 2015. Determination of the precise sequences of computationally predicted miRNAs in Citrus reticulata by miR-RACE and characterization of the related target genes using RLM-RACE[J]. Gene, 575(2): 498-505.

7. Jia,Haifeng **Wang Chen**, Zhang Cheng, Muhammad Salman Haider, Zhao Pengcheng, Liu Zhongjie, Shangguan,Lingfei Tariq Pervaiz, Fang Jinggui*. 2016. Functional Analysis of VvBG1 During Fruit Development and Ripening of Grape [J]. Journal of Plant Growth Regulation, 1-13.

8. Fang Jinggui*, Zhu Xudong, **Wang Chen**, Shangguan Lingfei. Applications of DNA technologies in agriculture.Current Genomics, 2016, 17(4): 379-386.Wang C, Han J, Shangguan LF, Yang G, Kayesh E, Zhang YY, Leng XP, Fang JG*. 2014. Depiction of grapevine phenology by genes expression information and test of its workability in guiding fertilization. Plant Molecular Biology Reporter. 5: 1070-1084.

9.Jia Haifeng, Jiu Songtao, Zhang Cheng, **Wang Che**n, Tariq Pervaiz, Liu Zhongjie, Wang Baoju, Cui Liwen, Fang Jinggui*. Abscisic acid and sucrose regulate tomato and strawberry fruit ripening through the abscisic acid-stress ripening transcription factor. Plant Biotechnol J. 2016,doi: 10.1111/pbi.12563.

10. Wang Chen, Leng XP, Zhang YY, Kayesh E, Zhang YP, Sun X, Fang J G*. 2014. Transcriptome-wide analysis of dynamic variations in regulation modes of grapevine microRNAs on their target genes during grapevine development. Plant Molecular Biology, 84:269-285.

11. **Wang Chen**, Han J, Nicholas KK, Wang XC, Liu H, Li XY, Leng XP, Fang JG*. 2013. The characterization of target mRNAs for table grapevines miRNAs with an integrated strategy of modified RLM RACE, PPM RACE and qRT-PCRs of cleavage products. Journal of Plant physiology,170 (10): 943-957.

12. **Wang Chen**, Han J, Liu C, Nicholas K, Kayesh E, Shangguan LF, Li X, Fang J. 2012. Identification of microRNAs from Amur grapes (VitisamurensisRupr.) by deep sequencing and analysis of microRNA variations with bioinformatics. BMC Genomics 13: 122.

13. Wang Chen, Shangguan LF, Nicholas KK, Wang XC, Han J, Song CN, Fang JG. 2011.Characterization of microRNAs identified in a table grapevine cultivar with validation of computationally predicated grapevine miRNAs by miR-RACE. PLoS ONE 6(7): e21259.

14. Wang Chen, Wang XC, Nicholas KK, Song CN, Zhang CQ, Li XY, Han J, Fang JG. 2011. Deep sequencing of grapevine flower and berry short RNA library for discovery of novel microRNAs and validation of precise sequences of grapevine microRNAs deposited in miRBase. PhysiologiaPlantarum 143: 64-81.

15. Han J, Fang JG*, **Wang Chen***, Yin YL, Sun X, Leng XP, Song CN. 2014, Grapevine microRNAs responsive to exogenous gibberellin. BMC Genomics 15:111.

16. Ren GH, Wang BJ, Zhu XD, Mu Q, **Wang Chen***, Tao R, Fang JG.2014, Cloning, expression, and characterization of miR058 and its target PPO during the development of grapevine berry stone. Gene, 166-173.

17. Xin Sun, Yanping Zhang, Xudong Zhu, Nicholas KibetKorir, Ran Tao, **Chen Wang***, Jinggui Fang*.2014, Advances in identification and validation of plant microRNAs and their target genes.PhysiologiaPlantarum, 166-173.

18. Zhang YP, Han J, Liu D, Wen XC, Li Y, Tao R, Peng YB, Fang JG, **Wang Chen***. 2014. Genome-wide identification and analysis of FK506-binding protein gene family in peach (Prunuspersica). Gene. 416-424.

19. Shangguan L, **Wang Chen**, Kayesh E, Zhang Y P, Nicholas K K, Han J, Fang J G. 2012. Review and structural analysis of the evolution of grapevine (Vitisvinifera L.) genes involved in flower and fruit development. The Journal of Horticultural Sciences & Biotechnology, 87(3): 243-249.

20. Song C, **Wang Chen**, Zhang CQ, Nicholas KK, Yu HP, Ma ZQ, Fang JG. 2010. Deep sequencing discovery of novel and conserved microRNAs in trifoliate orange (Citrus trifoliata).BMC Genomics 11: 431.

21. Fang JG, **Wang Chen**, Yu Hua Ping, Zheng Y, Li Xiao Ying, Song Chang Nian, Chen Jin Feng. 2009. Identification of 57 navel sweet orange cultivars with AFLP markers. The Journal of Horticultural Sciences & Biotechnology, 84: 585-590.

22. Song CN, Fang JG, **Wang Chen,** Guo L, Nicholas KK, Ma ZQ. 2010. miR-RACE, a new efficient approach to determine the precise sequences of computationally identified trifoliate orange (Poncirustrifoliata) microRNAs. PLoS ONE, 5(6): e10861.

23. Nicholas KK, Han J, Shangguan LF, **Wang Chen**, Kayesh E, Zhang YY, Fang JG. 2012. Plant variety and cultivar identification: advances and prospects. Critical Reviews in Biotechnology. 33(2):111-125.

24. Wang XC, Guo L, Shangguan LF, **Wang Chen**, Nicholas K K, Yang G, Song CN, Zhang Z, Fang JG. 2012. Analysis of expressed sequence tags from grapevine flower and fruit and development of simple sequence repeat markers. Molecular Biology Reports, 39(6): 6825-6834.

25. Song C, Jia Q, Fang J, Li F, **Wang Chen**, Zhang Z. 2010. Computational identification of citrus microRNAs and target analysis in citrus expressed sequence tags. Plant Biology, 12: 927–934.

26. Yu H, Song C, Jia Q, **Wang Chen**, Li F, Nicholas K, Zhang X, Fang J. 2011.Computational identification of microRNAs in apple expressed sequence tags and validation of their precise sequences by miR-RACE. PhysiologiaPlantarum, 141: 56-70.

27. Li X, Shangguan L, Song C, Nicholas K, **Wang Chen**, Gao Z, Shen Y, Fang J. 2010. Analysis of expressed sequence tags from mei (PrunusmumeSieb. et Zucc.) flowers and fruits and development of simple sequence repeat markers. BMC Genetics, 11: 66.

28. Dong Q, Cao X, Yang G, Yu H, Nicholas K, **Wang Chen**, Fang J. 2010. Discovery and characterization of SNPs in Vitisvinifera and genetic assessment of some grapevine cultivars.ScientiaHorticulturae, 125: 233-238.

29. 王西成, **王晨**, 房经贵*, 孙欣, 冷翔鹏. 2013. 葡萄 VvGA2ox1 基因克隆、亚细胞定位及时空表达分析. 南京农业大学学报, 36(1): 29-34.

30. 任国慧, 陶然, **王晨**, 孙欣, 房经贵*. 2013. 葡萄浆果着色与 UFGT 和 MYBA 基因表达量的关系研究. 南京农业大学学报, 36(4): 30-36.

31. 张彦苹, 慕茜, 李晓鹏, **王晨**, 宋长年, 房经贵*. 2013. 葡萄卷须及其相关研究. 植物生理学报, 49 (3): 234-240.

32. 王西成, 吴伟民, 房经贵*, 钱亚明, **王晨**, 宋长年, 赵密珍. 2013. 葡萄赤霉素受体基因 VvGID1A 的分离、亚细胞定位及表达分析. 园艺学报, 40(5): 839-848.

33. 任国慧, 陶然, 文习成, 李玉, **王晨**, 房经贵*. 2013. 重要果树果实裂果现象及防治措施的研究进展. 植物生理学报, 49(4): 324-330.

34. 慕茜, 刘更森, 孙欣, 李玉, 陶然, **王晨**, 房经贵* . 2013. ‘藤稔’葡萄冬季休眠后期花芽发育相关基因表达的分析. 园艺学报, 40(5): 828-838.

35. 陶然, **王晨**, 房经贵*, 上官凌飞, 冷翔鹏, 张彦苹. 2012. 我国葡萄育种研究概况. 江西农业学报, 24(6), 24-30

36. **王晨**，张演义，房经贵，宋长年，刘洪，王西成. 2012. 葡萄重要花发育调控因子 microR156、mcromiR172 及其靶基因在冬芽二次成花过程中的表达特性及作用机制研究. 南京农业大学学报, 35, (4): 59- 64.

37. **王晨**, 孙欣, 房经贵. 冷翔鹏, 李晓颖, 慕茜. 2011. 葡萄重要 microRNAs 及其靶基因在冬芽二次成花过程中的表达特性分析. 西北植物学报, 31(12): 2429-2436.

38. **王晨**, 刘洪, 房经贵, 宋长年, 李晓颖, 章镇. 2010. 基于 EST 库的葡萄(Vitisvinifera) APETAAL2 基因 cDNA 克隆及其表达分析. 果树学报, 27 (2): 207-212.

39. **王晨**, 王文艳, 初建青, 杨光, 郭磊, 房经贵. 2010. 夏黑葡萄花及果实全长 cDNA 文库的构建及鉴定. 华北农学报, 25(4): 30-34.

40. **王晨**, 房经贵, 王涛, 谭洪花. 2009. 果树果实中的糖代谢. 浙江农业学报, 21(5): 529-534.

41. **王晨**, 王涛, 房经贵, 章镇, 蔡斌华. 2009. 果树设施栽培研究进展. 江苏农业科学, (1): 197-200.

42. **王晨**, 房经贵, 曹雪, 杨光. 2009. 葡萄中原花青素的代谢. 中国农学通报, 25(9): 169-173.

43. **王晨**, 房经贵，章镇，曹尚银，张美勇. 2009. 浅谈中国果树品种权益保护及其现状. 中国农学通报, 25(24): 298-302.

44. **王晨**, 房经贵, 刘洪, 谭洪花. 2009. 葡萄与葡萄酒的营养成分. 江苏林业科技, 36(4): 38-40.

45. 王西成, **王晨**, 房经贵*, 孙欣, 冷翔鹏. 2013. 葡萄 VvGA2ox1 基因克隆、亚细胞定位及时空表达分析. 南京农业大学学报, 36(1): 29-34.

46. 房经贵, **王晨**, 王涛, 蔡斌华. 2009. 梨花芽高接栽培技术. 中国南方果树, 38(4): 58-59.

47. 曹雪, **王晨**, 房经贵, 杨光, 于华平, 宋长年. 2011. 葡萄 SPL9 和 SPL10 基因全长 cDNA 克隆、亚细胞定位和表达分析. 园艺学报, 38(2): 240- 250.

48. 上官凌飞, **王晨**, 房经贵, 李晓颖, 王西成, 宋长年. 2011. 利用 GenBank 中大量葡萄 EST 序列分离有效基因的电子表达分析平台方法初探. 中国农业科学, 44(13): 2748-2755.

49. 郭磊, **王晨**, 曹雪, 杨光, 慕茜, 房经贵. 2011. 葡萄夏芽成花过程中相关基因的 cDNA-RAPD 分析. 华北农学报, 2011, 26(2): 43-48.

50. 张彦苹, **王晨**, 于华平, 蔡斌华, 房经贵. 2010. 适于葡萄不同组织 RNA 提取方法的筛选. 西北农学报, 19(11): 135- 140.

51. 王玉娟, **王晨**, 房经贵*, 宋长年, 上官凌飞. 2011. 葡萄浆果的生长发育及相关组学研究概况. 中外葡萄与葡萄酒, 176: 65-70.

52. 曹雪, 上官凌飞, 于华平, 杨光, **王晨**, 谭洪花, 房经贵*. 2010. 葡萄 SBP 基因家族生物信息学分析. 基因组学与应用生物学, 29(4), 791-798.

学术任职与服务/社会服务:

1. 《RNA Biology》、《PLoS one》、《BMC Genomics》、《PhysiologiaPlantarum》、《Genomics》、《Plant Genome》、《Gene》和《Hortiscience》等国际期刊的审稿人；

2. 中国园艺学会石榴分会副秘书长、江苏省细胞与发育生物学学会委员