



位置: 首页 > 研究队伍

搜索



陈明生

陈明生 男，博士，1966年生。研究员，博士生导师。

1988年南开大学生物系毕业；1991年获中科院遗传所硕士学位；1998年获Purdue University博士学位；1999-2000年在University of California, San Diego从事博士后研究；2001-2002年在Clemson University Genomics Institute任Research Assistant Professor。2002年至今任中科院遗传发育所研究员。2002年入选中科院百人计划，获同年度国家杰出青年科学基金的资助；2009年入选新世纪百千万人才工程国家级人选。

实验室的主要研究方向是禾本科植物的比较基因组学、生物信息学以及农作物重要农艺性状基因的克隆和功能研究。近期的研究主要集中在以下几个方面：

1. 水稻和野生稻的比较基因组学研究：随着水稻基因组测序的完成和水稻功能基因组的发展，稻属已成为一个开展植物的生理生化、基因组进化、多倍体、人工驯化、适应性和基因功能等各个方面研究的独特模式系统。稻属包含十种不同的基因组类型，其中既有二倍体（AA、BB、CC、EE、FF、GG），也有四倍体（BBCC、CCDD、HHJJ、KKLL）。我们前期开展了稻属基因组的常染色质区域的比较分析，如MOC1, Adh1, Shattering 4和Hd1等等。目前我们参与了国际稻属基因组计划（International Oryza Map Alignment Project, I-OMAP），正在开展稻属基因组的着丝粒和异染色质区域的比较分析、短花药野生稻*Oryza brachyantha*（FF基因组）的全基因组测序和比较分析等等，以探讨稻属基因组的结构、功能和进化。

2. 谷子和狗尾草属的比较基因组学研究：谷子（*Setaria italica*），又名稷，是起源于我国的古老作物，是古代先民最重要的粮食来源。谷子（稷）在仰韶时代（约4500 B.C.）的黄土高原曾广泛种植。最重要的考古证据是在典型的仰韶文化早期遗址半坡的几处窖穴里发现了成堆的谷壳。谷子属于狗尾草属（*Setaria*），我国保存了丰富的遗传资源。由于谷子抗旱性强，基因组较小，国际上已将谷子（Foxtail millet）列入了全基因组测序计划(<http://www.jgi.doe.gov>)。我们将开展谷子的起源和人工驯化、谷子与近缘种的比较基因组学等研究。

E-mail: mschen@genetics.ac.cn

Office Phone: 010-64837087

代表性论文：

- Sanyal, A., Jetty, A.S., Lu, F., Yu, Y., Rambo, T., Currie, J., Kollura, K., Kim, H.R., Chen, J., Ma, J., San Miguel, P., **Chen, M.\***, Wing, R.A.\*, and Jackson, S.A.\* (2010). Orthologous comparisons of the *Hd1* region across genera reveal *Hd1* gene lability within diploid *Oryza* species and disruptions to microsynteny in sorghum. *Mol Biol Evol* 27, 2487. (\*Co-corresponding authors)
- Chen, M.\***, Lu, F., Jackson, S.A., and Wing, R.A. (2010). Dynamic Genome Evolution of *Oryza*, - A Genus-Wide Comparative Analysis. In *DARWIN'S HERITAGE TODAY: Proceedings of the Darwin 200 Beijing International Conference*, M. Long, H. Gu, and Z. Zhou, eds. (Beijing, Higher Education Press), pp. 76-83.
- Wang, C., Chen, J., Zhi, H., Yang, L., Li, W., Wang, Y., Li, H., Zhao, B., **Chen, M.\***, and Diao, X.\* (2010). Population genetics of foxtail millet and its wild ancestor. *BMC Genet* 11, 90. (\*Co-corresponding authors)
- Ammiraju, J.S., Fan, C., Yu, Y., Song, X., Cranston, K.A., Pontaroli, A.C., Lu, F., Sanyal, A., Jiang, N., Rambo, T., Currie, J., Collura, K., Talag, J., Bennetzen, J.L., **Chen, M.**, Jackson, S., and Wing, R.A. (2010). Spatio-temporal patterns of genome evolution in allotetraploid species of the genus *Oryza*. *Plant J* 63, 430.
- Goicoechea, J.L., Ammiraju, J.S., Marri, P.R., **Chen, M.**, Jackson, S., Yu, Y., Rounsley, S., and Wing, R. (2010). The future of rice genomics: Sequencing the collective *Oryza* genome. *Rice* 3, 89-97.
- Lu, F., Ammiraju, J. S., Sanyal, A., Zhang, S., Song, R., Chen, J., Li, G., Sui, Y., Song, X., Cheng, Z., de Oliveira, A. C., Bennetzen, J. L., Jackson, S., Wing, R. A., and **Chen, M.\*** (2009). Comparative sequence analysis of the *MONOCULM1* orthologous regions in fourteen *Oryza* genomes. *Proc Natl Acad Sci U S A* 106, 2071-2076.
- Ammiraju, J. S., Lu, F., Sanyal, A., Yu, Y., Song, X., Jiang, N., Pontaroli, A. C., Rambo, T., Currie, J., Collura, K., Talag, J., Fan, C., Goicoechea, J. L., Zuccolo, A., Chen, J., Bennetzen, J. L., **Chen, M.\***, Jackson, S., and Wing, R. A.\* (2008). Dynamic Evolution of *Oryza* Genomes Is Revealed by Comparative Genomic Analysis of a Genus-Wide Vertical Data Set. *Plant Cell* 20, 3191-3209. (\*Co-corresponding authors)
- Wu, Y., Zhu, Z., Ma, L., and **Chen, M.\*** (2008). The preferential retention of starch synthesis genes reveals the impact of whole-genome duplication on grass evolution. *Mol Biol Evol* 25, 1003-1006.



@2008-2009 中国科学院遗传与发育生物学研究所 版权所有 京ICP备09063187号

地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院2号, 遗传与发育生物学研究所

邮编: 100101 邮件: genetics@genetics.ac.cn