



## 师资队伍

### 教授

当前位置：学院首页 > 师资队伍 > 蔬菜学科 > 教授 > 正

师资概况

果树学科

蔬菜学科

茶学学科

观赏园艺学科

中药学科

设施园艺学科

风景园林学科

## 陈劲枫

发布人： 发布日期：2016-11-15 文章作者： 点击：3393

姓名：	陈劲枫	性别：	男
出生日期：	1959.11	职称：	教授/博士生导师
学历：	研究生	学位：	博士
毕业院校：	西南农业大学	学科专业：	蔬菜学
任课程名：	园艺学进展、植物生物技术（双语）、园艺作物育种学总论（双语）、园艺作物育种学各论（双语）、现代蔬菜科学、植物组织培养学(双语)等		
电话：	025-84396370	Email:	jfchen@njau.edu.cn



### 个人情况：

**陈劲枫**教授，南京农业大学园艺学院党委书记，博士生导师，南京农业大学学术委员会委员，“作物遗传与种质创新国家重点实验室”骨干成员，“农业部南方蔬菜遗传改良重点开放实验室”副主任。

国务院“政府特殊津贴”及“中国青年科技奖”获得者，农业部“有突出贡献的中青年专家”，农业部“高级专家库专家”，教育部“跨世纪优秀关闭人才”，国家自然科学基金委员会“专家评审组专家”，美国康奈尔大学“唐氏学者”，江苏省“六大人才高峰”培养对象。

《中国瓜菜》期刊副主编，高校教材《植物组织培养》主编，“国家双语示范课程”《园艺植物育种学》首席教师，被“国际腌制蔬菜集团公司”（Pickle Packer International, Inc.）《Who's Who》（2009）收入“发展和保护世界腌制蔬菜产业领先科学家名录”。

**工作经历：**主要从事瓜类蔬菜作物细胞分子遗传及育种研究。1985-1994年西南农业大学园艺系讲师、副教授，1994-1995年日本佐贺大学细胞遗传室高访学者，1996-1997年美国威斯康辛大学园艺系博士后，1998-1999年克莱姆森大学园艺系副教授，2000-现在，南京农业大学园艺学院教授，2003-2006年美国康奈尔大学育种系访问教授。

**研究成果：**在瓜类蔬菜作物间杂交和遗传育种、细胞分子遗传与种质创新、栽培黄瓜品种改良等方面取得了显著成绩：

(1) 重新发现黄瓜属珍稀野生种 (*Cucumis hystrix* Chakr., 2n=24) 并阐明其与栽培黄瓜 (*C. sativus* L., 2n=14) 之间特殊的生物系统关系，获得了第一个黄瓜种间杂种；

(2) 合成了甜瓜属双二倍体新种，定名为 *Cucumis ×hytivus* Chen and Kirkbride，取得黄瓜属作物间杂交及遗传育种的重要突破；

(3) 创制了系列黄瓜特异细胞育种种质，包括“异源三倍体”（2n=26）、“黄瓜单体异附加系”（2n=15）、“异源易位系”等，提升了我国黄瓜遗传育种研究的水平。

#### 科研项目（部分）：

(1) 黄瓜近缘野生种酸黄瓜重要抗病基因的深度发掘 (NSFC, 31430075)

(2) 长三角地区设施蔬菜高产高效关键技术与示范 (公益性行业 (农业) 科研专项, 201403032)

(3) 黄瓜、番茄果实形成的分子遗传与调控机制 (973计划, 2012CB113904)

(4) 蔬菜细胞育种技术与优异种质创制 (863计划, 2012AA100102)

(5) 黄瓜单性结实分子标记基因分析及耐冷 (973计划, 2009CB119001)

(6) 黄瓜母系线粒体消失的调控机制 (NSFC, 31071801)

(7) 基于种间渐渗的甜瓜属野生优异基因发掘研究 (NSFC, 30830079)

(8) 黄瓜类胡萝卜素含量的QTL精细定位及相关调控基因的克隆 (NSFC, 30972007)

(9) 基于Ty1-copia逆转座子和种间渐渗的甜瓜属野生抗 (博士点基金, 20090097110024)

国际合作项目: 分别与利玛格兰 (Limagrain)、先正达 (Syngenta)、纽内姆 (Nunhems)、PPI (Pickle Packer International) 等国际公司建立长期合作

#### 发明专利 (部分):

2013年抗南方根结线虫黄瓜渐渗系材料的培育方法 ZL20111023037. X

2012年甜瓜抗蔓枯病基因GSB-4的SSR标记ZL201110081073. 4

2012年全雌华北型黄瓜南雌1号的培育方法及应用ZL200910262845. 7

2012年全雌美国切片型黄瓜美雌09的培育及应用ZL201010017674. 4

2012年全雌加工型黄瓜优加全雌09的培育及应用ZL201010017675. 9

2012年全雌华北型黄瓜华北全雌2号的培育和应用ZL201010017672. 5

2012年全雌华南型黄瓜华南全雌09的培育和应用ZL201110107676. 3

2012年甜瓜属异源三倍体黄瓜的选育方法ZL201110107687. 5

2010年黄瓜游离小孢子的培养方法ZL200810022098. 5

2010年甜瓜抗蔓枯病基因位点专利证书ZL20071002553

#### 培育新品种:

‘宁运3号’超市专用黄瓜、‘南水2号’水果型设施栽培专用黄瓜、‘宁佳7号’加工型黄瓜、‘南抗1号’密刺型黄瓜

#### 发表文章 (部分):

1、Li Cui·Tinglin Zhang·Ji Li·Qunfeng Lou·Jinfeng Chen\*.Cloning and expression analysis of Cs-TIR1/AFB2: the fruit development related genes of cucumber (*Cucumis sativus* L.).Acta Physiol Plant (2014) 36:139-149

2、Qunfeng Lou†, Yunxia Zhang†, Yuhua He ,Ji Li, Li Jia, Chunyan Cheng, Wei Guan, Shuqiong Yang, Jinfeng Chen\*.Single copy gene-based chromosome painting in cucumber and its application for chromosome rearrangement analysis in *Cucumis*.The Plant Journal,2014,doi: 10.1111/tpj.12453

3、Li J,Wu Z,Cui L,Zhang TL,Guo QW,Xu J,Jia L,Lou QF,Huang SW,Li ZG,Chen JF\*.Transcriptome Comparison of Global Distinctive Features Between Pollination and Parthenocarpic Fruit Set Reveals Transcriptional Phytohormone Cross-Talk in Cucumber (*Cucumis sativus* L.).PLANT AND CELL PHYSIOLOGY .2014,55(7):1325-1342

4、Zhiming Wu;Li Jia;Jia Shen;Biao Jiang; Chuntao Qian ; Qunfeng Lou; Ji Li; Jinfeng Chen\*.The complete chloroplast genome sequence of the wild cucumber *Cucumis hystrix* Chakr (*Cucumis*, Cucurbitaceae).Mitochondrial DNA.

5、Li Jia, Qunfeng Lou, Biao Jiang, Dong Wang, Jinfeng Chen\*. LTR retrotransposons cause expression changes of adjacent genes in early generations of the newly formed allotetraploid *Cucumis hystrix*.Scientia Horticulturae 174 (2014) 171-177

6、Kailiang Bo · Zheng Ma · Jinfeng Chen\* · Yiqun Weng\*. Molecular mapping reveals structural rearrangements and quantitative trait loci underlying traits with local adaptation in semi-wild Xishuangbanna cucumber (*Cucumis sativus*L. var.xishuangbannanensisQi et Yuan). Theor Appl Genet .2014

7、Qingzhen Wei ,Yunzhu Wang ,Xiaodong Qin ,Yunxia Zhang ,Zhentao Zhang ,Jing Wang,Ji Li ,Qunfeng Lou\* ,Jinfeng Chen\*. An SNP-based saturated genetic map and QTL analysis of fruit-related traits in cucumber using specific-length amplified fragment (SLAF) sequencing .BMC Genomics 2014, 15:1158

8、Cui Li, Li Ji, Tinglin Zhang, Qinwei Guo, Jian Xu, Qunfeng Lou, Jinfeng Chen\*.Identification and expression analysis of D-type cyclin genes in early developing fruit of cucumber (*Cucumis sativus* L.).Plant Mol Biol Rep (2014) 32:209-218

9、Hongjian Wan, Wei Yuan, Kailiang Bo, Jia Shen, Xin Pang, Jinfeng Chen\*. Genome-wide analysis of NBS-encoding disease resistance genes in *Cucumis sativus* and phylogenetic study of NBS-encoding genes in Cucurbitaceae crops. BMC Genomics 2013, 14:109, doi:10.1186/1471-2164-14-109

10、Li-Na Lou, Hong-Ying Wang, Chun-Tao Qian, Jia Liu, Yu-Ling Bai, Jin-Feng Chen\*. Genetic mapping of gummy stem blight (*Didymella bryoniae*) resistance genes in *Cucumis sativus*-*hystrix* introgression lines. Euphytica 2013, DOI 0.1007/s10681-013-0860-z

- 11、 Hongjian Wan, Jinfeng Chen\*.Enhanced expression of a thaumatin-like gene, involved in Pseudoperonospora cubensis and abiotic stresses, induced by DNA introgression from a wild relative, Cucumis hystrix.Plant Omics Journal, 2013, 6(2):135-143
- 12、 Xin Pang, Xiaohui Zhou, Hongjian Wan, Jinfeng Chen\* .QTL mapping of downy mildew resistance in an introgression line derived from interspecific hybridization between cucumber and Cucumis hystrix.Journal of Phytopathology, doi: 10.1111/jph.12103
- 13、 Jia Shen, Mbira Geoge Kere, Jin-Feng Chen\*.Mitochondrial genome is paternally inherited between Cucumis species.Scientia Horticulturae, 2013, 155:39-42
- 14、 Qunfeng Lou1,†, Yuhua He1,†, Chunyan Cheng, Zong-hua Zhang, Ji Li, Sanwen Huang, and Jinfeng Chen\*.Integration of high resolution physical and genetic map reveals differential recombination rate between chromosomes and the genome assembling quality in cucumber.Plos One, doi:10.1371/journal.pone.0062676
- 15、 George Mbira Kere, Shen Jia, Jinfeng Chen\*.Heritability and gene effects for salinity tolerance in cucumber (Cucumis sativus L.) estimated by generation mean analysis.Scientia Horticulturae 159 (2013) 122–127
- 16、 Qi J, Liu X, Shen D, Miao H, Xie B, Li X, Zeng P, Wang S, Shang Y, Gu X, Du Y, Li Y, Lin T, Yuan J, Yang X, Chen J, Chen H, Xiong X, Huang K, Feng Z, Mao L, Tian L, Städler T, Renner SS, Kamoun S, Lucas WJ, Zhang Z, Huang S.A genomicvariation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity.Nature Genetics. 2013 Dec;45(12):1510-1515.
- 17、 Luming Yang†, Dal-Hoe Koo†, Dawei Li, Tao Zhang, Jiming Jiang, FeishiLuan, Susanne S. Renner, Elizabeth Hénaff, Walter Sanseverino, Jordi Garcia-Mas, Josep Casacuberta, Douglas A. Senalik, Philipp W. Simon1,Jinfeng Chen andYiqun Weng. Next-generation sequencing, FISH mapping and synteny-based modeling reveal mechanisms of decreasing dysploidy in Cucumis.The Plant Journal.2014 .Volume 77, Issue 1, pages 16–30.

更多信息请查阅葫芦科作物遗传与种质创新实验室网站：<http://chenlab.njau.edu.cn/default.asp>

[上一篇：侯喜林](#)

[下一篇：朱月林](#)