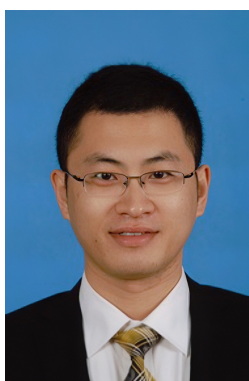


## 赵韩生

来源: 本站原创 作者: 佚名 发布时间: 2022年03月21日 阅读: 6389 次 字体: **【小】** **【大】**



赵韩生, 男, 满族, 1983年8月生。博士研究生学位, 研究员职称、博士生导师。2012年, 中国农业大学生物学院生物信息学专业毕业, 获理学博士学位, 师从杨焕明院士。硕博连读期间主要从事高通量组学数据分析与挖掘工作, 作为项目骨干参加了水稻基因组计划等多个国内外大型科研项目。2012年6月博士毕业并获“中国农业大学优秀毕业生”荣誉称号。同年7月入职国际竹藤中心, 2014年和2020年先后被聘为副研究员和研究员。

赵韩生及其团队专注于竹材材性形成的分子基础与调控机制等林木遗传的核心科学问题。先后主持国家重点研发计划(青年科学家项目)、国家自然科学基金等国家级项目5项, 在*Nature Plants*, *Nature Communications*和*GigaScience*等杂志发表论文60余篇。另外, 担任全球竹藤基因组计划协调人、Editorial Board Members (*BMC Genomics*)、Review Editor (*Frontiers in Plant Science*)和中国生物信息学学会(筹)农林信息学专业委员。

目前在研课题有:

1 国家重点研发计划(青年科学家项目), 2021YFD2201000, 毛竹纤维细胞壁加厚的遗传及表观遗传调控机制研究, 2021/12-2026/11, 主持。

1 国家自然科学基金面上项目, 31971733, 基于泛基因和重测序的毛竹材性全基因组关联分析, 2020/01-2023/12, 主持。

近年来发表的主要论文论著如下:

1 Zhao, H#(赵韩生)., Sun, S#, Ding, Y#, Wang, Y#, Yue, X., Du, X., Wei, Q., Fan, G., Sun, H., Lou, Y., Yang, H., Wang, J., Xu, X., Li, L., Yang, K., Xu, H., Wang, J., Zhu, C., Wang, S., Shan, X., Hou, Y., Wang, Y., Fei, B., Liu, X\*, Jiang, Z\*, Gao, Z\*. 2021. Analysis of 427 genomes reveals moso bamboo population structure and genetic basis of property traits. *Nature communications*, 12(1):1-12.

1 Zhao, H#(赵韩生)., Gao, Z#, Wang, L#, Wang, J., Wang, S., Fei, B., Chen, C., Shi, C., Liu, X., Zhang, H., Lou, Y., Chen, L., Sun, H., Zhou, X., Wang, S., Zhang, C., Xu, H., Li, L., Yang, Y., Wei, Y., Yang, W., Gao, Q., Yang, H., Zhao, S\*, Jiang, Z\*. 2018. Chromosome-level reference genome and alternative splicing atlas of moso bamboo (*Phyllostachys edulis*). *GigaScience*, 7(10):1-12.

1 Zhao, H#(赵韩生)., Wang, S#, Wang, J#, Chen, C#, Hao, S., Chen, L., Fei, B., Han, K., Li, R., Shi, C., Sun, H., Wang, S., Xu, H., Yang, K., Xu, X., Shan, X., Shi, J., Feng, A., Fan, G., Liu, X., Zhao, S., Zhang, C., Gao, Q\*, Gao, Z\*, Jiang, Z\*. 2018. The chromosome-level genome assemblies of two rattans (*Calamus simplicifolius* and *Daemonorops jenkinsiana*). *GigaScience*, 7(9):1-11.

1 Ma, X#, Zhao, H#(赵韩生), Yan, H#, Sheng, M., Cao, Y., Yang, K., Xu, H., Xu, W\*, Gao, Z\*, Su, Z\*. 2021. Refinement of bamboo genome annotations through integrative analyses of transcriptomic and epigenomic data. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19:2708-2718.

1 Zhao, H#(赵韩生), Sun, H#, Li, L., Lou, Y., Li, R., Qi, L., Gao, Z\*. 2017. Transcriptome-Based Investigation of Cirrus Development and Identifying Microsatellite Markers in Rattan (*Daemonorops Jenkinsiana*). *Scientific Reports*, 7(1):1-13.

1 Zhao, H#(赵韩生), Lou, Y#, Sun, H., Li, L., Wang, L., Dong, L., Gao, Z\*. 2016. Transcriptome and comparative gene expression analysis of *Phyllostachys edulis* in response to high light. *BMC Plant Biology*, 16(1):1-17.

1 Ma, X#, Zhao, H#(赵韩生), Xu, W., You, Q., Yan, H., Gao, Z\*, Su, Z\*. 2018. Co-expression gene network analysis and functional module identification in bamboo growth and development. *Frontiers in Genetics*, 9:574.

1 Wang, J#, Mu, W#, Yang, T., Song, Y., Hou, Y., Wang, Y., Gao, Z., Liu, X., Liu, H., Zhao, H\*(赵韩生). 2021. Targeted enrichment of novel chloroplast-based probes reveals a large-scale phylogeny of 412 bamboos. *BMC Plant Biology*, 21(1):1-13.

1 Wang, J#, Hou, Y., Wang, Y., Zhao, H\*(赵韩生). 2021. Integrative lncRNA landscape reveals lncRNA-coding gene networks in the secondary cell wall biosynthesis pathway of moso bamboo (*Phyllostachys edulis*). *BMC Genomics*, 22(1):1-13.

Wang, J#, Ma, X#, Yang, J., Hui, Y., She, J., Tian, T., Li, Z., Xu, W., Gao, Z\*, Su, Z\*, Zhao, H\*(赵韩生). 2020. Co-expression analysis reveals dynamic modules regulating the growth and development of cirri in the rattans (*Calamus simplicifolius* and *Daemonorops jenkinsiana*). *Frontiers in Genetics*, 11:378.

[添加收藏]

[打印文章]

上一篇: [程海涛](#) [ 03-21 ]

下一篇: [刘杏娥](#) [ 03-21 ]

版权所有 © 2004-2019 国际竹藤中心 技术支持: 国际竹藤中心

地址: 北京市朝阳区望京阜通东大街8号 邮编: 100102 电话: 010-84789999

京ICP备2020039653号  京公网安备11010502032725号



微信公众号