

[师资队伍](#)[教授](#)[教授](#)[副教授](#)[讲师](#)**任竹梅**

发布时间：2018-09-05 来源：生命科学学院

任竹梅，女，博士，山西大学生命科学学院教授，博士生导师。主要从事生物信息学、分子系统学、分子生物地理学以及分子方面的教学和科研工作；先后主持并完成国家级、省部级科研项目10余项，包括国家高技术研究发展计划“863”项目子项目科学基金面上项目、山西省自然科学基金项目和山西省回国留学人员基金项目等；目前，主持国家自然科学基金面上项目1项、中国科学院学者研究基金项目1项、山西省百人计划引进人才项目1项。先后在《Molecular Phylogenetics and Evolution》、《Genetica》、《Current Microbiology》等国内外进化生物学权威学术期刊上发表论文60余篇，其中SCI收录论文近30篇。现指导研究生20余名。

重点研究内容：

- (1) 采用基因组序列数据研究五倍子蚜分子系统发育地理学及其与寄主植物和内共生菌之间的协同进化
- (2) 国家重点保护野生动物的基因组进化
- (3) 五倍子自然生物资源的数据库建立

欢迎有兴趣的同行进行合作研究，期待感兴趣的同学报考本课题组研究生！

招生专业：

- (1) 博士生：动物学
- (2) 学术型硕士：动物学、植物学
- (3) 专业型硕士：资源利用与植物保护、食品加工与安全

教育和工作背景：

1989-1992年 山西大学 环境保护专业 学士
1996-1998年 山西大学 环境生物学 硕士 导师：马恩波教授
1999-2002年 山西大学 环境科学 博士 导师：马恩波教授
2004-2006年 复旦大学 进化生态学 博士后 联系导师：钟扬教授
1992.8-1995.9 山西忻州市环保局 初级
1998.7-2000.9 山西大学 生命科学与技术学院 助教
2000.9-2003.10 山西大学 生命科学与技术学院 讲师
2003.10-2008.9 山西大学 生命科学与技术学院 副教授
2008.9-至今 山西大学 生命科学学院 教授
2008.1-2008.6 美国 Smithsonian Institution 访问学者 合作者：文军研究员
2009.1-2010.4 美国 Smithsonian Institution 访问学者 合作者：文军研究员
2015.4-2017.6 美国 Smithsonian Institution 访问学者 合作者：文军研究员

主持和参加的科研项目：

- [1] 国家自然科学基金面上项目（31870366）五倍子蚜与第一寄主植物和内共生菌分子系统发育及协同进化 2019-2022主持
- [2] 山西省“百人计划”项目 2015年文军第八批海外高层次人才引进 2015-2018主持 100.0万
- [3] 国家科技部高技术研究发展计划“863”主题项目（2014AA021802）特种昆虫资源在生物医药领域中的发掘与开发利用 2014-2017主持 45.0万
- [4] 山西省科技厅专项科研设备费 体视显微镜图像系统 2016-2017 主持 25万
- [5] 国家自然科学基金面上项目（31170359）五倍子分子系统地理学与第一和第二寄主植物之间的协同进化 2012-2015主持
- [6] 山西省回国留学人员科研资助项目（2013-020）经济昆虫五倍子蚜与其寄主在植物DNA序列及协同进化关系 2014-2017主持

万

- [7] 国家自然科学部主任基金 (31040010) 五倍子蚜生物地理学及其与第一寄主植物之间的协同进化 2011主持 10.0万
- [8] 山西省基础研究计划项目 (2012011034-4) 五倍子蚜与第一和第二寄主植物DNA序列及其协同进化关系 2012-2014 :
- [9] 山西省教育厅科学基金 (20091003) 燃料乙醇制取植物- 菊芋优良品种的筛选 2009-2011 主持 2.0万
- [10] 山西省回国留学人员科研资助项目 五倍子蚜分子系统发育与生物地理学 2009-2011主持 5.0万
- [11] 国家自然科学基金面上项目 (30670361) 基于ISSR、AFLP和DNA序列的五倍子蚜与寄主植物之间的协同进化 2007-29.0万
- [12] 山西自然科学基金基础研究计划 (2007011078) 基于DNA序列的五倍子蚜与第一寄主植物的协同进化 2007-2009 3
- [13] 第37批国家博士后科学基金 稻蝗属分子系统发育关系及食性和分布的适应性进化研究 2005-2006主持 1万
- [14] 国家科技部“973”项目子课题 (2003CB715904) 基因功能预测的系统发育分析模型与检验方法 2003-2006 主持 4
- [15] 山西大学青年科技基金项目 角倍蚜群体分子遗传多态性研究 2005-2006 主持 1万
- [16] 国家自然科学基金面上项目 (39570107) 中国稻蝗属染色体带型及系统进化研究 2005-2006 参加 25.0万
- [17] 国家自然科学基金面上项目 (30170612) 中国重要农业蝗虫群体遗传结构及防治应用研究 2002-2004 参加 15.0万
- [18] 国家自然科学基金面上项目 (30070112) 中国稻蝗属分子水平遗传多样性及系统进化研究 2001-2003 参加 16.0万

发表的科研论文：标*为通讯作者

- [1] Ren ZM, Harris AJ, Dikow RB, Ma EB, Zhong Y, Wen J. 2017. Another look at the phylogenetic relationships and intercontinental biogeography of eastern Asian –North American *Rhus* gall aphids (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae). Evidence from mitogenome sequences via genome skimming. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 117: 102-110.
- [2] Ren ZM, Wen J. 2017. Complete mitochondrial genome of the North American *Rhus* gall aphid *Melaphis rhois* (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae). *Mitochondrial DNA Part B*, 2(1): 169-170.
- [3] Ren ZM, Su X, Qiao GX, von Dohlen CD, Wen J. 2018. *Nurudea zhengii* Ren and Qiao, a new species of the *Rhus* aphids (Aphididae, Eriosomatinae, Fordini) from eastern China. *Pakistan Journal of Zoology*, 50(6): 2087-2092.
- [4] Ren ZM, Liang YK, Su X, Wen J. 2018. Complete mitochondrial genome of *Chrysolophus pictus* (Galliformes: Phasianidae), a protected and endangered pheasant species of China. *Conservation Genetics Resources*, <https://doi.org/10.1007/s12686-017-0975-y>
- [5] Ren ZM, Niu XF, Lv T, Wang Yan, Caraballo-Ortiz MA, Su X. 2018. The complete mitochondrial genome of *Panthera pardus* (Felidae: Pantherinae), a first-class national-protected wild animal from China. *Conservation Genetics Resources*, <https://doi.org/10.1007/s12686-018-1029-9>
- [6] Ren ZM, Wang Y, Su X, Wen J. 2017. Complete mitochondrial genome of *Naemorhedus goral* (Caprinae), a threatened species from the Himalayan and Hindu Kush regions. *Conservation Genetics Resources*, <https://doi.org/10.1007/s12686-017-0947-2>
- [7] Yue SQ, Wen J, Ren ZM*. 2018. The Complete Mitochondrial Genome of the *Rhus* gall aphid *Nurudea shiraii* (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae). *Cytology and Genetics*, In press.
- [8] Zhang Y, Su X, Harris AJ, Caraballo-Ortiz MA, Ren ZM*, Zhong Y. 2018. Genetic Structure of the Bacterial Endosymbiont *Buchnera aphidicola* from Its Host Aphid *Schlechtendalia chinensis* and Evolutionary Implications. *Current Microbiology*, 309-315.
- [9] Ren ZM, Bai X, Harris AJ, Wen J. 2016. Complete mitochondrial genome of the *Rhus* gall aphid *Schlechtendalia chinensis* (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1(1): 849-850.
- [10] Ren ZM, Zhong Y, Utako K, Shigeyuki A, Ma EB, von Dohlen CD, Wen J. 2013. Historical biogeography of East Asian-Eastern North American disjunct Melaphidina aphids (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae) on *Rhus* hosts (Anacardiaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69(3): 1146-1158.
- [11] Ren ZM, Zhu B, Ma EB, Wen J, Tu TY, Cao Y, Hasegawa M, Zhong Y. 2009. Complete nucleotide sequences and arrangement of the mitochondrial genome of the crab-eating frog *Fejervarya cancrivora* and evolutionary implications. *Molecular Biology and Evolution*, 26(2): 441-455.
- [12] Ren ZM, Zhu B, Wang DJ, Ma EB, Zhong Y. 2008. Comparative population structure of Chinese sumac aphid *Schlechtendalia chinensis* and its primary host-plant *Rhus chinensis*. *Genetica*, 132: 103-112.

- [13] Zhu B, Ren ZM, Nan P, Jiang M, Zhao J, Zhong Y. 2007. Chemical variation in leaf essential oils of *Rhus chinensis* from eight locations in southern and eastern China. *Chemistry of Natural Compounds*, 43(6): 741-743.
- [14] Liu YP, Ren ZM, Harris AJ, Peterson PM, Wen J, Su X. 2018. Phylogeography of *Orinus* (Poaceae), a dominant genus on the Qinghai-Tibet Plateau. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 186: 202-223.
- [15] Ren ZM, Ma EB, Guo YP. 2004. Phylogeny of *Oxya* (Orthoptera: Acridoidea) inferred from partial mtDNA Cyt b sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33: 516-521.
- [16] Ren ZM, Ma EB, Guo YP. 2002. Chromosome aberration assays for the study of cyclophosphamide and *Bacillus thuringiensis* in *Oxya chinensis* (Orthoptera: Acrididae). *Mutation Research*, 520: 141-150.
- [17] Li YL, Ren ZM, Tash T, Hasegawa M, Takahiro Y, Zhong Y. 2013. High altitude adaptation of the *Schizothora* (Cyprinidae) revealed by the mitochondrial genome analyses. *Gene*, 517: 169-178.
- [18] Ma WL, Wu M, Wu Y, Ren ZM, Zhong Y. 2013. Cloning and characterisation of a phenylalanine ammonia-lyase from *Rhus chinensis*. *Plant Cell Reports*, 32(8): 1179-1190.
- [19] Li X, Zhang T, Qiao Q, Ren ZM, Yonezawa T, Hasegawa M, Li J, Zhong Y. 2013. Complete Chloroplast Genome Sequence of *Holoparasite Cistanche deserticola* (Orobanchaceae) Reveals Gene Loss and Horizontal Gene Transfer from *Haloxylon ammodendron* (Chenopodiaceae). *Plos One*, 8(3): e58747.
- [20] Li T, Zhang M, Qu Y, Ren ZM, Zhang JZ, Guo YP, Heong K, Villareal B, Zhong Y, Ma EB. 2011. Population genetic structure and phylogeographical pattern of rice grasshopper, *Oxya hyla intricata*, across Southeast Asia. *Genetica*, 137: 521-524.
- [21] Li T, Geng Y, Zhong Y, Zhang M, Ren ZM, Ma J, Guo YP, Ma EB. 2010. Host-associated genetic differentiation of grasshopper, *Oxya japonica*, on wild vs. cultivated rice. *Biochemical Systematics and Ecology*, 38(5): 958-963.
- [22] Zhang M, Cao T, Jin K, Ren ZM, Guo YP, Shi J, Zhong Y, Ma EB. 2008. Estimating divergence times among subfamilies in Nymphalidae. *Chinese Science Bulletin*, 53(17): 2652-2658.
- [23] Zhu B, Ren ZM, Nan P, Jiang M, Zhao J, Zhong Y. 2007. Chemical variation in leaf essential oils of *Rhus chinensis* from eight locations in southern and eastern China. *Chemistry of Natural Compounds*, 43(6): 741-743.
- [24] Zhang M, Zhong Y, Cao T, Geng YP, Zhang Y, Jin K, Ren ZM, Zhang R, Guo YP, Ma EB. 2008. Phylogenetic relationships and morphological evolution in the subfamily Limenitidinae (Lepidoptera: Nymphalidae). *Progress in Natural Science*, 18(10): 1364.
- [25] Ma WL, Wu Y, Wu M, Ren ZM, Zhong Y. 2015. Cloning, characterization and expression of chalcone synthase genes from medicinal plant *Rhus chinensis*. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 24: 18-24.
- [26] Zhang M, Cao TW, Zhong Y, Ren ZM, Guo YP, Ma EB. 2008. Molecular phylogenetic analysis of the main lineages of Nymphalinae (Nymphalidae, Lepidoptera) based on the partial mitochondrial COI gene. *Scientia Agricultura Sinica*, 7(1): 739.
- [27] 李京隆, 任竹梅. 2016. 铁倍蚜属枣铁亚种mtDNACOI基因序列遗传分化. 山西农业科学, 44 (4): 432-435.
- [28] 岳拴琴, 任竹梅. 2018. 基于mtDNA基因序列的北美五倍子蚜遗传多样性. 山西大学学报(自然科学版), DOI:10.13451/j.cnki.shanxi.univ(nat.sci.).2018.03.27.00.
- [29] 岳拴琴, 文军, 任竹梅. 2017. 北美五倍子蚜Melaphis rhois mtDNA COI基因遗传多样性. 内蒙古科技, 36 (9): 112-115.
- [30] 张健, 任竹梅, 文军. 2015. 北美五倍子蚜mtDNA COI基因序列遗传分化. 山西大学学报(自然科学版), 38 (2): 450-455.
- [31] 李麟君, 任竹梅. 2013. 钩灯藓属cpDNA rbcL基因序列系统发育关系. 山西大学学报(自然科学版), 36 (1): 117-119.
- [32] 庞雅文, 马恩波, 任竹梅. 2011. 基于形态特征和mtDNA COI序列的北美五倍子蚜分类和系统发育地位研究. 昆虫学报, 58(1): 581.
- [33] 吕姝媛, 段立柱, 马恩波, 任竹梅. 2010. 资源昆虫角倍蚜遗传多样性及遗传分化的AFLP分析. 昆虫学报, 53 (2): 202-208.
- [34] 任竹梅. 2009. 五倍子蚜与寄主植物DNA序列系统发育关系及其协同进化. 山西大学学报(自然科学版), 32 (4): 614-620.
- [35] 李继变, 任竹梅. 2009. 角倍蚜mtDNA Cyt b基因遗传多样性分析. 复旦大学学报(自然科学版), 48 (5): 680-686.
- [36] 郑哲民, 马恩波, 任竹梅. 2009. 新疆天山地区雒蝗属一新种(直翅目, 网翅蝗科). 动物分类学报, 34 (4): 875-877.
- [37] 李继变, 任竹梅, 马恩波. 2009. 角倍蚜与其唯一夏寄主植物盐肤木种群遗传多样性比较. 山西大学学报(自然科学版), 32 (3): 303.

- [38] 鲍启杰, 任竹梅, 李后魂, 李罡, 王勇军, 王莉, 钟扬. 2008. 用mtDNA COII基因序列确定我国北部湾红树植物白骨壤虫♂科学进展, 18 (12): 1380-1385.
- [39] 安淼, 马恩波, 任竹梅. 2011. 基于mtDNA COI基因序列的盐肤木种群遗传变异. 山西大学学报(自然科学版), 34 (1): 12-
- [40] 张敏, 曹天文, 金科, 任竹梅, 郭亚平, 施婧, 钟扬, 马恩波. 2008. 蛱蝶科亚科间的分歧时间估计. 科学通报, 53 (15): 1809
- [41] 王定江, 杨汉远, 钟扬, 任竹梅. 2008. 贵州省八个种群角倍蚜ISSR遗传多样性. 生态学杂志, 27 (10): 1729-1733.
- [42] 朱军, 王立斌, 郭东龙, 马恩波, 任竹梅. 2008. 基于ISSR标记技术的钱钱豹遗传多样性分析. 山西大学学报(自然科学版), 247.
- [43] 马恩波, 李涛, 张建珍, 杨海涛, 任竹梅, 郭亚平. 2007. 中华稻蝗种群遗传关系研究. 山西大学学报(自然科学版), 2007 (2)
- [44] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平, 谢慧芳. 2004. 苏云金杆菌和环磷酸胺对中华稻蝗DNA的损伤. 山西大学学报(自然科学版), 27 288.
- [45] 刘新, 贺艳萍, 郭亚平, 任竹梅, 王向荣, 马恩波. 2004. 山西临猗东亚飞蝗普通酯酶生化特性研究. 山西大学学报(自然科学版), 56-61.
- [46] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2003. 不同地域小稻蝗mtDNA部分序列及其相互关系. 昆虫学报, 46 (1): 51-57.
- [47] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2002. 不同区域日本稻蝗Cytb基因序列及相互关系. 山西大学学报(自然科学版), 25 (3): 244-2
- [48] 马恩波, 任竹梅, 郭亚平. 2002. 中国小稻蝗种内多态性研究. 山西大学学报(自然科学版), 25 (2): 163-167.
- [49] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2002. 山稻蝗及相关物种Cytb基因序列及其遗传关系. 遗传学报, 29 (6): 507-513.
- [50] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2002. 蝗总科部分种类Cytb基因序列及系统进化研究. 遗传学报, 29 (4): 314-321.
- [51] 马恩波, 郭亚平, 任竹梅, 陈建忠. 2002. 山稻蝗不同地域种群染色体C带核型研究. 动物学报, 2002 (2): 252-259.
- [52] 郭亚平, 马恩波, 任竹梅, 范仁俊, 薛锐. 2001. 苏云金杆菌制剂防治细胸金针虫的初步研究. 华北农学报, 16 (2): 108-11.
- [53] 任竹梅, 马恩波, 魏巍. 2001. 黎芦和苦参对中华稻蝗的毒力. 动物学报, 2001 (S1): 48-51.
- [54] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2001. 苏云金杆菌对中华稻蝗的毒力和致染色体畸变研究. 动物学报, 2001 (S1): 42-47.
- [55] 马恩波, 白贵荣, 郭亚平, 任竹梅, 金晓弟, 马拉仙. 2001. 斑腿蝗科精小管形态及其分类学意义探讨. 动物学报, 2001 (S1):
- [56] 王保成, 马恩波, 任竹梅. 2000. 两种有机磷农药及其混配农药的毒力测定. 山西大学学报(自然科学版), 23 (4): 354-357
- [57] 王彦昌, 陈训, 任竹梅, 周家维, 陈翔, 安淼, 高贵龙, 黄家勇, 罗在柒. 2000. 贵州百里杜鹃保护区杜鹃属植物系统发育与分子水平分析. 种子, 29 (12): 72-76.
- [58] 马恩波, 郭亚平, 张建珍, 任竹梅. 2004. 基于形态学、染色体特征和分子标记的稻蝗属三物种系统进化关系. 当代昆虫学, 50.
- [59] 马恩波, 郭亚平, 任竹梅, 白贵荣. 2000. 三种稻蝗染色体C带核型及其细胞分类学关系. 走向21世纪的中国昆虫学, p58-
- [60] 张琰, 任竹梅, 郭亚平, 马恩波. 2006. 蚜虫与寄主植物 DNA提取及PCR扩增比较. 山西大学学报(自然科学版), 29 (5u): .
- [61] 张琰, 任竹梅, 郭亚平, 马恩波. 2005. 短星翅蝗染色体的C带核型. 动物学报, 51 (增刊): 258-261.
- [62] 任竹梅, 马恩波. 1998. 速灭杀丁对中华稻蝗的毒力和遗传毒性研究. 山西大学学报, 21 (2): 178-182.
- [63] 任竹梅, 马恩波, 郭亚平. 2002. 日本稻蝗Cyt b基因序列及其进化关系. 山西大学学报, 25 (3): 244-248.

联系方式：

任竹梅

山西省太原市小店区坞城路92号 山西大学生命科学学院

Email : zmren@sxu.edu.cn

邮编 : 030006

友情链接

----- 校内链接 -----

----- 校外链接 -----

Copyright 2008-2018 山西大学生命科学学院 All Rights Reserved

电话 : (0351) 7010599 传真 : (0351) 7018397

E-mail : skxy2004@sxu.edu.cn