

<p>导师个人信息</p>	<p>魏桐 数字化地球研究所 博导</p> <p>研究方向：目前主要从事植物变异组学、作物群体遗传学，其目标是利用重测序技术对作物驯化历史、泛基因组组装、重要农艺性状分子标记及关联基因鉴定等领域展开深入研究。</p> 															
<p>主要学习经历</p>	<table border="1"> <thead> <tr> <th>起止年月</th> <th>学校</th> <th>专业</th> <th>学历/学位</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>2002年9月-2009年7月</td> <td>北京大学</td> <td>生物学（生物技术）</td> <td>博士</td> </tr> <tr> <td>1998年9月-2002年7月</td> <td>兰州大学</td> <td>生物学</td> <td>学士</td> </tr> </tbody> </table>	起止年月	学校	专业	学历/学位	2002年9月-2009年7月	北京大学	生物学（生物技术）	博士	1998年9月-2002年7月	兰州大学	生物学	学士			
起止年月	学校	专业	学历/学位													
2002年9月-2009年7月	北京大学	生物学（生物技术）	博士													
1998年9月-2002年7月	兰州大学	生物学	学士													
<p>科研项目列表</p>	<p>2017-至今：荷兰遗传资源中心生菜重测序项目，直接经费 10 万元，项目主导</p> <p>2020-至今：国际热带农业研究中心木薯重测序项目，93 万元，项目主导</p>															
<p>培养成果介绍</p>	<p>硕士 2 名，在读 2 名，毕业 0 名；博士 1 名，在读 1 名，毕业 0 名。合计发表论文 2 篇，申请发明专利 3 项。</p>															
<p>出版信息</p>	<ol style="list-style-type: none"> 1. Yang Liu*, Sibow Wang*, Linzhou Li*, Ting Yang*, Shanshan Dong*, Tong Wei*, Shengdan Wu*, Yongbo Liu*, Yiqing Gong, Xiuyan Feng, Jianchao Ma, Guanxiao Chang, Jinling Huang, Yong Yang, Hongli Wang, Min Liu, Yan Xu, Hongping Liang, Jin Yu, Yuqing Cai, Zhaowu Zhang, Yannan Fan, Weixue Mu, Sunil Kumar Sahu, Shuchun Liu, Xiaoan Lang, Leilei Yang, Na Li, Sadaf Habib, Yongqiong Yang, Anders J. Lindstrom, Pei Liang, Bernard Goffinet, Sumaira Zaman, Jill L. Wegrzyn, Dexiang Li, Jian Liu, Jie Cui, Eva C. Sonnenschein, Xiaobo Wang, Jue Ruan, Jia-Yu Xue, Zhu-Qing Shao, Chi Song, Guangyi Fan, Zhen Li, Liangsheng Zhang, Jianquan Liu, Zhong-Jian Liu, Yuannian Jiao, Xiao-Quan Wang, Hong Wu, Ertao Wang, Michael Lisby, Huanming Yang, Jian Wang, Xin Liu, Xun Xu, Nan Li, Pamela S. Soltis, Yves Van de Peer, Douglas E. Soltis, Xun Gong, Huan Liu & Shouzhou Zhang. The Cycas genome and the early evolution of seed plants. <i>Nature Plants</i> (2022) 8: 389-401. (*co-first author) 2. Tong Wei*, Rob van Treuren*, Xinjiang Liu*, Zhaowu Zhang, Jiongjiong Chen, Yang Liu, Shanshan Dong, Peinan Sun, Ting Yang, Tianming Lan, Xiaogang Wang, Zhouquan Xiong, Yaqiong Liu, Jinpu Wei, Haorong Lu, Shengping Han, Jason 															

	<p>C. Chen, Xuemei Ni, Jian Wang, Huanming Yang, Xun Xu, Hanhui Kuang, Theo van Hintum, Xin Liu & Huan Liu. Whole-genome resequencing of 445 Lactuca accessions reveals the domestication history of cultivated lettuce. <i>Nature Genetics</i> (2021) 53: 752-760. (*co-first author)</p> <p>3. Shanshan Dong, Chaoxian Zhao, Shouzhou Zhang, Hong Wu, Weixue Mu, Tong Wei, Na Li, Tao Wan, Huan Liu, Jie Cui, Ruiliang Zhu, Bernard Goffinet & Yang Liu. The amount of RNA editing sites in liverwort organellar genes is correlated with GC content and nuclear PPR protein diversity. <i>Genome Biology and evolution</i> (2019) 11: 3233.</p> <p>4. Hongping Liang*, Tong Wei*, Yan Xu*, Linzhou Li, Sunil Kumar Sahu, Hongli Wang, Haoyuan Li, Xian Fu, Gengyun Zhang, Michael Melkonian, Xin Liu, Sibow Wang & Huan Liu. Phylogenomics provides new insights into gains and losses of selenoproteins among Archaeplastida. <i>International Journal of Molecular Sciences</i> (2019) 20: 3020. (*co-first author)</p>
<p>专利成果 与奖项</p>	<p>1. 张冲, 庄伟建, 刘欢, 王珊珊, 魏桐, 庄宇慧, 蔡铁城, 杨强, 王利辉。一种花生 NBS-LRR 编码基因 AhRRS2 及其在植物抗青枯病中的应用 (CN202210111077.0)。</p> <p>2. 庄伟建, 陈华, 王珊珊, 刘欢, 庄宇慧, 魏桐, 蔡铁城, 杨强, 付辉文, 高眉佳。一种花生抗青枯病 NBS-LRR 编码基因 AhRRS1 及其应用 (CN202210111059.2)</p> <p>3. 龚奕青, 张寿洲, 魏桐, 刘欢, 杨蕾蕾。分子标记、引物对其应用和苏铁科植物性别的鉴定方法 (CN202210023091.5)。</p>