

姓名 王晨

性别 女

籍贯 河北邯郸

职称 教授/硕士生导师

学历 研究生

学位 博士/Ph.D

毕业院校 南京农业大学

学科专业 果树学

Tel : 15951817539

E-Mail: wangchen@njau.edu.cn



研究方向:

葡萄草莓生殖发育分子生物学、葡萄草莓栽培生理以及分子设计育种

教授课程:

园艺植物育种学、园艺植物分子生物学、园艺植物生物技术

教育经历:

2014/12-2015/12 Israel, ARO, Volcanic Center, 博士后, 导师: Etti Or.

2013/01-2014/12 南京农业大学, 生命科学院, 博士后, 导师: 沈文飏

2008/09-2012/06, 南京农业大学, 园艺学院, 研究生/硕、博士, 导师: 房经贵

工作经历:

2013/12-至今, 南京农业大学, 园艺学院, 副教授

2012/08-2013/11, 南京农业大学, 园艺学院, 讲师

学术任职与服务/社会服务:

1. 《Plant Journal》《Journal of Experimental Botany》《RNA Biology》《PLoS one》、《BMC Genomics》《Physiologia Plantarum》《Genomics》《Plant Genome》《Gene》和《Hortiscience》等国际期刊的审稿人;

2. 中国园艺学会石榴分会副秘书长、江苏省细胞与发育生物学学会委员、江苏省葡萄协会的副秘书长

获奖及荣誉（最多 10 条）:

1. 2019 年度荣获教育部科技进步二等奖;

2. 2019 年度指导的 2 名研究生荣获“国家奖学金”; 1 名研究生获“名人企业奖学金”; 2 名研究生中期考核“优秀”; 2 名研究生荣获“优秀毕业生”;

3. 2019 年度荣获南京农业大学“优秀班主任”;

4. 2018 年度指导的 2 名研究生荣获“优秀毕业生”; 3 名研究生荣获“一等奖学金”, 2 名研究生荣获“名人企业奖学金”; 2 名研究生中期考核“优秀”;

5. 2018 年荣获南京农业大学“优秀共产党员”;

6. 2017 年度指导的 1 名研究生荣获“国家奖学金”；1 名研究生荣获“名人企业奖学金”，2 名研究生荣获“一等奖学金”；
7. 2016 年度，指导的 1 名研究生荣获“名人企业奖学金”，1 名研究生荣获“一等奖学金”；
8. 2014 年“挑战杯”大学生课外学术科技作品竞赛中被评为“优秀指导教师”；
9. 2013 年荣获江苏省优秀博士学位论文；
10. 2013 年论文“基于 EST 数据库的葡萄 AP2 的 cDNA 克隆及其表达分析”荣获中国精品科技期刊顶尖学术论文领跑者 5000 论文；

主持或参与的科研项目：

1. 国家自然科学基金面上项目	2020-2023	1 项
2. 国家经济作物重点研发计划（子课题）	2019-2022	1 项
3. 江苏省自然科学基金	2018-2021	1 项
3. 中央高校自主创新重大项目(子课题)	2016-2019	1 项;
4. 农业部果树育种技术重点实验室开放课题	2015-2017	1 项;
5. 国家青年自然科学基金项目	2014-2016	1 项;
6. 国家博士后特别资助项目	2015-2017	1 项;
7. 国家博士后面上项目	2013-2015	1 项;
8. 江苏省博士后基金	2013-2015	1 项;
9. 中央高校自主创新重点项目	2014-2016	1 项;
10. 南京农业大学青年创新基金	2013-2015	1 项;
11. 江苏省研究生自主创新工程项目	2011-2013	1 项;
12. 国家级大学生 SRT 项目	2016-2017	1 项;
13. 国家级大学生 SRT 项目	2015-2016	1 项;

主要论著：

1.以副主编身份编著《葡萄分子生物学》、《果树志. 石榴卷》、《葡萄分子耕田》、《葡萄自育品种》等四部.

2.参编英文论著:

1) **Wang Chen, Fang Jinggui***.2015. miR-RACE: An Effective Approach to Accurately Determine the Sequence of Computationally Identified miRNAs. In: Mathieu Rederstorff eds. Small Non-Coding RNAs: Methods and Protocols, Chapter 16, Humana Press 1296:109-118.

2) **Wang Chen**, Fang Jinggui. 2015. RLM-RACE, PPM-RACE and qRT-PCR, an integrated strategy to accurately validate miRNA target genes. In: Mathieu Rederstorff eds. *Small Non-Coding RNAs: Methods and Protocols*, Chapter 16, Humana Press. 1296:175-186.

3.以参编中文论著两部:

《葡萄遗传育种》、《果树分子生物学》

近五年发表的 SCI 文章/论文(*通讯作者):

1. Zhang Wenying, Abdelrahman Mostafa, Jiu Songtao, Guan Le, Han Jian, Zheng Ting, Jia Haifeng, Song Changnian, Fang Jinggui, **Wang Chen***. *VvmiR160s/VvARFs* interaction and their spatio-temporal expression/cleavage products during GA-induced grape parthenocarpy. *BMC Plant biology*, 2019, 19:111
2. Zhang Yanping, Huang Yuqing, **Wang Chen***, Mu Qian, Jiu Songtao, Zhu Xudong, Zheng Ting, Zhang Kekun, Jia Haifeng, Pervaiz Tariq, and Fang Jinggui. Characterization and Identification of PpEIN3 during the Modulation of Fruit Ripening Process by Ectopic Expressions in Tomato[J]. *Plant Genome*, 2019, 12(3).
3. Cui Mengjie, Wang Wenran, Guo Fengfei, Fan Xiucai, Guan Le, Zheng Ting, Zhu Xudong, Jia Haifeng, Fang Jinggui, **Wang Chen***, Liu Chonghuai. Characterization and temporal-spatial expression analysis of LEC1 gene in the development of seedless berries in grape induced by gibberellin. *Plant Growth Regulation*, 2019, DOI: 10.1007/s10725-020-00582-8.
4. **Wang Chen***, Jogaiah S, Zhang Wenying, Abdelrahman M, Fang Jinggui. 2018. Spatio-temporal expression of miRNA159 family members and their GAMYB target gene during the modulation of gibberellin-induced grapevine parthenocarpy. *Journal of experimental botany*, doi:10.1093/jxb/ery172.
5. Cui Mengjie, **Wang Chen***, Zhang Wenying, Pervaiz T, Haider MS, Tang Wei, Fang Jinggui. 2018. Characterization of Vv-miR156:Vv-SPL pairs involved in the modulation of grape berry development and ripening. *Molecular Genetics & Genomics*, 1-22.
6. Wang Menqi#, Sun Xin#, **Wang Chen***, Cui Liwen, Chen Lide, Zhang Chaobo, Shanguan Lingfei, Fang Jinggui. 2017. Characterization of miR061 and its target

genes in grapevine responding to exogenous gibberellic acid. *Functional & Integrative Genomics*, 17(5): 537-549.

7. Zhao Fanggui[#], **Wang Chen^{#*}**, Han Jian, Zhu Xudong, Li Xiaopeng, Wang Xicheng, Fang Jinggui. 2017. Characterization of miRNAs responsive to ethylene in grapevine berries at whole genome level. *Functional & Integrative Genomics*, 17: 213-235.

8. Leng Xiangpeng, Wang Peipei, Zhao Pengcheng, Wang Mengqi, Cui Liwen, Shangguan Lingfei*, **Wang, Chen***. 2017. Conservation of microRNA-mediated regulatory networks in response to copper stress in grapevine. *Plant Growth Regulation*, 82(2):293-304.

9. Zeng Jingjue, Zhu Xudong, Haider S. Muhammad, Wang Xicheng, Zhang Cheng, **Chen Wang***. 2017. Genome-Wide Identification and Analysis of the Type-B Authentic Response Regulator Gene Family in Peach (*Prunus persica*). *Cytogenetic & Genome Research*, 151(1):41.

10. Zhang Cheng, Jia Haifeng, Zeng Jingjue, Perraiz Tariq, Xie Zhenqiang, Zhu Xudong, **Wang Chen***. 2016. Fertilization of Grapevine Based on Gene Expression. *The Plant Genome*, 9(3).

11. Wang Baoju, Wang Jian, **Wang Chen***, Shen Wenbiao, Jia Haifeng, Zhu Xudong, Li Xiaopeng. 2016. Study on Modes of Expression and Cleavage Role of miR156b/c/d and its Target Gene Vv-SPL9 During the Whole Growth Stage of Grapevine. *Journal of Heredity*, 1-13.

12. Fang Jinggui*, Zhu Xudong, **Wang Chen**, Shangguan Lingfei. 2016. Applications of DNA technologies in agriculture. *Current Genomics*, 17(4): 379-386.

13. Jia Haifeng, **Wang Chen**, Zhang Cheng, Muhammad Salman Haider, Zhao Pengcheng, Liu Zhongjie, Shangguan, Lingfei Tariq Pervaiz, Fang Jinggui*. 2016. Functional Analysis of VvBG1 During Fruit Development and Ripening of Grape. *Journal of Plant Growth Regulation*, 1-13.

14. Jia Haifeng, Jiu Songtao, Zhang Cheng, **Wang Chen**, Tariq Pervaiz, Liu Zhongjie, Wang Baoju, Cui Liwen, Fang Jinggui*. 2016. Abscisic acid and sucrose regulate tomato and strawberry fruit ripening through the abscisic acid-stress ripening transcription factor. *Plant Biotechnology Journal*. 14(10):2045-2065.

15. Zhu Xudong, LengXiangpeng, Sun Xin, Mu Qian, Wang Baoju, Li Xiaopeng, **Wang Chen***, Fang Jinggui*. 2015. Discovery of conservation and diversification of genes by phylogenetic analysis based on global genomes. *The Plant Genome*, 8(2).
13. Leng Xiangpeng, Han Jian, Wang Xiaomin, Zhao Mizhen, Sun Xin, **Wang Chen***, Fang Jinggui*. 2015. Characterization of a calmodulin-binding Transcription Factor from Strawberry (*Fragaria × ananassa*). *The Plant Genome*, 8(2).
14. Zhang Cheng, Wu Weimin, Wang Xicheng, Fang Jinggui, **Wang Chen***. 2015. Functional conservation analysis and expression modes of grape anthocyanin synthesis genes responsive to the low temperature stress. *Gene*, 574(1): 168-177.
15. LengXiangpeng, Song Changnian, Han Jian, ShangguanLingfei, Fang Jinggui, **Wang Chen***. 2015. Determination of the precise sequences of computationally predicted miRNAs in *Citrus reticulata* by miR-RACE and characterization of the related target genes using RLM-RACE. *Gene*, 575(2): 498-505.
16. **Wang Chen**, Leng XP, Zhang YY, Kayesh E, Zhang YP, Sun X, Fang J G*. 2014. Transcriptome-wide analysis of dynamic variations in regulation modes of grapevine microRNAs on their target genes during grapevine development. *Plant Molecular Biology*, 84:269-285.
17. **Wang Chen**, Han J, Shangguan LF, Yang G, Kayesh E, Zhang YY, Leng XP, Fang JG*. 2014. Depiction of grapevine phenology by genes expression information and test of its workability in guiding fertilization. *Plant Molecular Biology Reporter*. 5: 1070-1084.
18. Han J, Fang JG*, **Wang Chen***, Yin YL, Sun X, Leng XP, Song CN. 2014, Grapevine microRNAs responsive to exogenous gibberellin. *BMC Genomics*, 15:111.
19. Xin Sun, Yanping Zhang, Xudong Zhu, Nicholas KibetKorir, Ran Tao, **Chen Wang***, Jinggui Fang*. 2014. Advances in identification and validation of plant microRNAs and their target genes. *PhysiologiaPlantarum*, 166-173.
20. Ren GH, Wang BJ, Zhu XD, Mu Q, **Wang Chen***, Tao R, Fang JG. 2014. Cloning, expression, and characterization of miR058 and its target PPO during the development of grapevine berry stone. *Gene*, 166-173.

21. Zhang YP, Han J, Liu D, Wen XC, Li Y, Tao R, Peng YB, Fang JG, **Wang Chen***. 2014. Genome-wide identification and analysis of FK506-binding protein gene family in peach (*Prunus persica*). *Gene*. 416-424.
22. **Wang Chen**, Han J, Nicholas KK, Wang XC, Liu H, Li XY, Leng XP, Fang JG*. 2013. The characterization of target mRNAs for table grapevines miRNAs with an integrated strategy of modified RLM RACE, PPM RACE and qRT-PCRs of cleavage products. *Journal of Plant physiology*, 170 (10): 943-957.
23. **Wang Chen**, Han J, Liu C, Nicholas K, Kayesh E, Shangguan LF, Li X, Fang J. 2012. Identification of microRNAs from Amur grapes (*Vitis amurensis* Rupr.) by deep sequencing and analysis of microRNA variations with bioinformatics. *BMC Genomics* 13: 122.
24. Nicholas KK, Han J, Shangguan LF, **Wang Chen**, Kayesh E, Zhang YY, Fang JG. 2012. Plant variety and cultivar identification: advances and prospects. *Critical Reviews in Biotechnology*, 33(2):111-125.
25. Wang XC, Guo L, Shangguan LF, **Wang Chen**, Nicholas K K, Yang G, Song CN, Zhang Z, Fang JG. 2012. Analysis of expressed sequence tags from grapevine flower and fruit and development of simple sequence repeat markers. *Molecular Biology Reports*, 39(6): 6825-6834.
26. Shangguan L, **Wang Chen**, Kayesh E, Zhang Y P, Nicholas K K, Han J, Fang J G. 2012. Review and structural analysis of the evolution of grapevine (*Vitis vinifera* L.) genes involved in flower and fruit development. *The Journal of Horticultural Sciences & Biotechnology*, 87(3): 243-249.
27. **Wang Chen**, Shangguan LF, Nicholas KK, Wang XC, Han J, Song CN, Fang JG. 2011. Characterization of microRNAs identified in a table grapevine cultivar with validation of computationally predicted grapevine miRNAs by miR-RACE. *PLoS ONE*, 6(7): e21259.
28. **Wang Chen**, Wang XC, Nicholas KK, Song CN, Zhang CQ, Li XY, Han J, Fang JG. 2011. Deep sequencing of grapevine flower and berry short RNA library for discovery of novel microRNAs and validation of precise sequences of grapevine microRNAs deposited in miRBase. *Physiologia Plantarum*, 143: 64-81.

29. Yu H, Song C, Jia Q, **Wang Chen**, Li F, Nicholas K, Zhang X, Fang J. 2011. Computational identification of microRNAs in apple expressed sequence tags and validation of their precise sequences by miR-RACE. *Physiologia Plantarum*, 141: 56-70.
30. Song C, **Wang Chen**, Zhang CQ, Nicholas KK, Yu HP, Ma ZQ, Fang JG. 2010. Deep sequencing discovery of novel and conserved microRNAs in trifoliolate orange (*Citrus trifoliata*). *BMC Genomics*, 11: 431.
31. Song CN, Fang JG, **Wang Chen**, Guo L, Nicholas KK, Ma ZQ. 2010. miR-RACE, a new efficient approach to determine the precise sequences of computationally identified trifoliolate orange (*Poncirus trifoliata*) microRNAs. *PLoS ONE*, 5(6): e10861.
32. Li X, Shangguan L, Song C, Nicholas K, **Wang Chen**, Gao Z, Shen Y, Fang J. 2010. Analysis of expressed sequence tags from mei (*Prunus mume* Sieb. et Zucc.) flowers and fruits and development of simple sequence repeat markers. *BMC Genetics*, 11: 66.
33. Song C, Jia Q, Fang J, Li F, **Wang Chen**, Zhang Z. 2010. Computational identification of citrus microRNAs and target analysis in citrus expressed sequence tags. *Plant Biology*, 12: 927–934.
34. Dong Q, Cao X, Yang G, Yu H, Nicholas K, **Wang Chen**, Fang J. 2010. Discovery and characterization of SNPs in *Vitis vinifera* and genetic assessment of some grapevine cultivars. *Scientia Horticulturae*, 125: 233-238.
35. Fang JG, **Wang Chen**, Yu Hua Ping, Zheng Y, Li Xiao Ying, Song Chang Nian, Chen Jin Feng. 2009. Identification of 57 navel sweet orange cultivars with AFLP markers. *The Journal of Horticultural Sciences & Biotechnology*, 84: 585-590.
36. 张文颖, 韩旭, 朱旭东, 解振强, 纠松涛, 黄雨晴, 贾海锋, 房经贵, **王晨***. 葡萄 miR159s 靶基因的鉴定及其应答 GA 在果实不同组织的调控作用[J]. *中国农业科学*, 2019, 52(16).
37. 张文颖, 朱旭东, 崔腾飞, 贾海峰, 房经贵, **王晨***. 葡萄 VvRGL 基因应答 GA 调控无核果实发育的研究. *西北植物学报*, 2019, 3:381-390.

38. 崔梦杰, 郭凤菲, 王晨*, 纠松涛, 朱旭东, 房经贵. 葡萄 AGL11、AGL15 基因克隆及在赤霉素诱导葡萄无核果实发育过程中的作用[J]. 南京农业大学学报 2019, 42(02): 261-269.
39. 汤崑, 白云赫, 胡雨晴, 王晨*, 崔梦杰, 张文颖, 房经贵. 葡萄木质素相关基因 PAL、4CL、CAD 特征鉴定及其应答赤霉素在果实发育过程中的作用.[J]. 南京农业大学学报, 2019, 42(03):48-57.
40. 王文然, 樊秀彩, 王晨*, 刘崇怀, 房经贵. 2019. 果树雄性不育的研究进展. 分子植物育种, 1-10.
41. 王文然, 王晨*, 解振强, 贾海锋, 汤崑, 崔梦杰, 房经贵. 2018. VvmiR397a 及其靶基因 VvLACs 在葡萄果实发育中的作用分析. 园艺学报, 45(08):1441-1455.
42. 崔梦杰, 王晨*, 冷翔鹏, 汤崑, 张文颖, 朱旭东, 贾海锋, 沈文彪, 房经贵. 2018. 葡萄 SBP-box 转录因子家族的生物信息学分析及其应答激素调控葡萄果实成熟的作用分析. 南京农业大学学报, 41(3): 429-439.
43. 张培安, 王壮伟, 蔡斌华, 文习成, 田亮, 王晨, 贾海锋, 房经贵. 2018. ABA 对‘巨峰’葡萄采后成熟关键基因表达的影响. 园艺学报, 45(06):1067-1080.
44. 张文颖, 王晨*, 朱旭东, 马超, 王文然, 冷翔鹏, 郑婷, 房经贵. 2018. 葡萄全基因组 DELLA 蛋白基因家族鉴定及其应答外源赤霉素调控葡萄果实发育的特征. 中国农业科学, 51(16):3130-3146.
45. 张文颖, 王晨*, 汤崑, 崔梦杰, 朱旭东, 李晓鹏, 房经贵. 2018. 果树果实胚败育研究进展. 分子植物育种, 16(12):4043-4054.
46. 汤崑, 王洁, 张文颖, 崔梦杰, 朱旭东, 纠松涛, 房经贵, 王晨*. 2018. 木质素在果树果核退化中的作用. 分子植物育种, 16(11):3752-3762.
47. 李傲, 崔梦杰, 王梦琦, 刘众杰, 陈立德, 王晨*, 房经贵*. 2018. 叶面喷施 NaH_2PO_4 , K_2SO_4 以及 KH_2PO_4 对葡萄磷钾吸收相关基因表达的影响. 分子植物育种, 16(16):5415-5426.
48. 崔腾飞, 王晨*, 吴伟民, 纠松涛, 项殿芳, 汤崑, 房经贵. 2018. 近 10 年来中国葡萄新品种概况及其育种发展趋势分析. 江西农业学报, 30(03):41-48+53.
49. 房经贵*, 朱旭东, 贾海锋, 王晨. 2017. 植物蔗糖合酶生理功能研究进展. 南京农业大学学报, 40(05):759-768.

50. 王梦琦, 解振强, 孙欣, 李晓鹏, 朱旭东, 王晨, 房经贵. 2017. 葡萄 miR159 及其靶基因 VvGAMYB 在花发育过程中的作用分析. 园艺学报, 44(06):1061-1072.
51. 崔梦杰, 王晨*, 张文颖, 汤威, 朱旭东, 李晓鹏, 房经贵. 2017. 无核葡萄研究进展. 植物生理学报, 53(03):317-330.
52. 王文然, 樊秀彩, 张文颖, 刘崇怀, 房经贵, 王晨*. 2017. 果树赤霉素代谢与信号途径研究进展. 生物技术通报, 33(11):1-7.
53. 崔梦杰, 王晨*, 吴伟民, 王洁, 汤威, 张文颖. 2017. 葡萄转录因子数据库中 17 个 MADS-box 成员在果实发育成熟过程中的表达特征分析. 果树学报, 34(12):1497-1508.
54. 张超博, 纠松涛, 王梦琪, 王晨*. 2016. 夏黑葡萄功能叶的留叶数对果实品质和产量的影响. 中外葡萄与葡萄酒, (05):46-47+53
55. 张演义, 张全军, 徐颖洁, 钟必凤, 任国慧, 王晨*. 2014. 10 个农家品种梨花粉形态扫描电镜观察. 西南农业学报, 27(05):2119-2123.
56. 朱旭东, 上官凌飞, 孙欣, 王晨, 房经贵. 2014. DNA 标记在植物品种鉴定上的应用现状. 中国农学通报, 30(30):234-240.
57. 彭永彬, 李玉, 徐鹏程, 王晨*, 上官凌飞. 2014. 葡萄果实硬度及影响硬度的主要因素. 浙江农业学报, 26(05):1227-1234.
58. 李玉, 王晨*, 夏如兵, 曹尚银. 2014. 中国石榴栽培史. 中国农史, 33(01):30-37+20.
59. 王西成, 王晨, 房经贵*, 孙欣, 冷翔鹏. 2013. 葡萄 VvGA2ox1 基因克隆、亚细胞定位及时空表达分析. 南京农业大学学报, 36(1): 29-34.
60. 任国慧, 陶然, 王晨, 孙欣, 房经贵*. 2013. 葡萄浆果着色与 UFGT 和 MYBA 基因表达量的关系研究. 南京农业大学学报, 36(4): 30-36.
61. 王西成, 吴伟民, 房经贵*, 钱亚明, 王晨, 宋长年, 赵密珍. 2013. 葡萄赤霉素受体基因 VvGID1A 的分离、亚细胞定位及表达分析. 园艺学报, 40(5): 839-848.
62. 慕茜, 刘更森, 孙欣, 李玉, 陶然, 王晨, 房经贵*. 2013. ‘藤稔’葡萄冬季休眠后期花芽发育相关基因表达的分析. 园艺学报, 40(5): 828-838.
63. 张彦苹, 慕茜, 李晓鹏, 王晨, 宋长年, 房经贵*. 2013. 葡萄卷须及其相关研究. 植物生理学报, 49 (3): 234-240.

64. 任国慧, 陶然, 文习成, 李玉, 王晨, 房经贵*. 2013. 重要果树果实裂果现象及防治措施的研究进展. 植物生理学报, 49(4): 324-330.
65. 王晨, 张演义, 房经贵, 宋长年, 刘洪, 王西成. 2012. 葡萄重要花发育调控因子 microR156、mcromiR172 及其靶基因在冬芽二次成花过程中的表达特性及作用机制研究. 南京农业大学学报, 35, (4): 59- 64.
66. 陶然, 王晨, 房经贵*, 上官凌飞, 冷翔鹏, 张彦苹. 2012. 我国葡萄育种研究概况. 江西农业学报, 24(6), 24-30
67. 王晨, 孙欣, 房经贵. 冷翔鹏, 李晓颖, 慕茜. 2011. 葡萄重要 microRNAs 及其靶基因在冬芽二次成花过程中的表达特性分析. 西北植物学报, 31(12): 2429-2436.
68. 曹雪, 王晨, 房经贵, 杨光, 于华平, 宋长年. 2011. 葡萄 SPL9 和 SPL10 基因全长 cDNA 克隆、亚细胞定位和表达分析. 园艺学报, 38(2): 240- 250.
69. 上官凌飞, 王晨, 房经贵, 李晓颖, 王西成, 宋长年. 2011. 利用 GenBank 中大量葡萄 EST 序列分离有效基因的电子表达分析平台方法初探. 中国农业科学, 44(13): 2748-2755.
70. 郭磊, 王晨, 曹雪, 杨光, 慕茜, 房经贵. 2011. 葡萄夏芽成花过程中相关基因的 cDNA-RAPD 分析. 华北农学报, 2011, 26(2): 43-48.
71. 王玉娟, 王晨, 房经贵*, 宋长年, 上官凌飞. 2011. 葡萄浆果的生长发育及相关组学研究概况. 中外葡萄与葡萄酒, 176: 65-70.
72. 王晨, 刘洪, 房经贵, 宋长年, 李晓颖, 章镇. 2010. 基于 EST 库的葡萄 (*Vitisvinifera*) APETAAL2 基因 cDNA 克隆及其表达分析. 果树学报, 27 (2): 207-212.
73. 王晨, 王文艳, 初建青, 杨光, 郭磊, 房经贵. 2010. 夏黑葡萄花及果实全长 cDNA 文库的构建及鉴定. 华北农学报, 25(4): 30-34.
74. 张彦苹, 王晨, 于华平, 蔡斌华, 房经贵. 2010. 适于葡萄不同组织 RNA 提取方法的筛选. 西北农学报, 19(11): 135- 140.
75. 曹雪, 上官凌飞, 于华平, 杨光, 王晨, 谭洪花, 房经贵*. 2010. 葡萄 SBP 基因家族生物信息学分析. 基因组学与应用生物学, 29(4), 791-798.
76. 王晨, 房经贵, 王涛, 谭洪花. 2009. 果树果实中的糖代谢. 浙江农业学报, 21(5): 529-534.

77. 王晨, 王涛, 房经贵, 章镇, 蔡斌华. 2009. 果树设施栽培研究进展. 江苏农业科学, (1): 197-200.
78. 王晨, 房经贵, 曹雪, 杨光. 2009. 葡萄中原花青素的代谢. 中国农学通报, 25(9): 169-173.
79. 王晨, 房经贵, 章镇, 曹尚银, 张美勇. 2009. 浅谈中国果树品种权益保护及其现状. 中国农学通报, 25(24): 298-302.
80. 王晨, 房经贵, 刘洪, 谭洪花. 2009. 葡萄与葡萄酒的营养成分. 江苏林业科技, 36(4): 38-40.
81. 房经贵, 王晨, 王涛, 蔡斌华. 2009. 梨花芽高接栽培技术. 中国南方果树, 38(4): 58-59.