

姓名	侍婷	性别	女	
出生日期	1986年7月	职称	副教授	
学历	博士	学位	博士	
毕业院校	南京农业大学	学科专业	果树学	
任课名称	园艺生产技能训练、果树栽培学实习、果品鉴评与文化、园艺学进展（全英文）			
电话	84395724	EMAIL	shiting@njau.edu.cn	
学习和工作简历	<p>2009.09-2014.12 南京农业大学 果树学 农学博士</p> <p>2012.09-2014.09 美国加州大学河滨分校 联合培养博士</p> <p>2014.12-2020.12 南京农业大学 讲师</p> <p>2020.12-至今 南京农业大学 副教授</p>			
科研项目	<ol style="list-style-type: none"> 1. 国家自然科学基金面上项目（主持，31971703，2020-2023） 2. 国家自然科学基金青年基金项目（主持，31500571，2016-2018） 3. 江苏省自然科学基金青年基金项目（主持，BK20150679，2015-2018） 4. 中央高校基本科研业务费青年项目（主持，KJQN201653，2016-2018） 5. 中国博士后科学基金第64批面上资助项目（主持，2018M640497，2018-2020） 6. 江苏省博士后科研资助计划项目（主持，2018K216C，2018-2019） 7. 广东省植物表观遗传学重点实验室开放课题基金项目（子课题负责人，2018-2019） 8. 植物生产国家级实验教学中心实验微课项目（主持，SYWK201908，2019-2020） 9. 校级品牌专业教改项目（第二主持人，2017P007，2017-2019） 			
发表论文	<ol style="list-style-type: none"> 1. Shi T, Luo W, Li H, et al. Association between blooming time and climatic adaptation in <i>Prunus mume</i> [J]. Ecol Evol, 2020, 10(1): 292-306. 2. Xue S, Shi T, Luo WJ, et al. Comparative analysis of the complete chloroplast genome among <i>Prunus mume</i>, <i>P. armeniaca</i>, and <i>P. salicina</i> [J]. Horticult Res, 2019, 6(1): 89. 共同一作 3. Wu X, Shi T, Iqbal S, et al. Genome-wide discovery and characterization of flower development related long non-coding RNAs in <i>Prunus mume</i> [J]. BMC Plant Biol, 2019, 19(1): 64. 共同一作 4. Wang W, Shi T, Ni X, et al. The role of miR319a and its target gene TCP4 in the regulation of pistil development in <i>Prunus mume</i> [J]. 			

	<p>Genome, 2018, 61(1): 43-8.</p> <p>5. Shi T, Sun J, Wu X, et al. Transcriptome analysis of Chinese bayberry (<i>Myrica rubra</i> Sieb. et Zucc.) fruit treated with heat and 1-MCP [J]. Plant Physiol Biochem, 2018, 133: 40-9.</p> <p>6. Huang Z, Shi T, Zheng B, et al. APETALA2 antagonizes the transcriptional activity of AGAMOUS in regulating floral stem cells in <i>Arabidopsis thaliana</i> [J]. New Phytol, 2017, 215(3): 1197-209. 共同一作</p> <p>7. Sun HL, Shi T, Song J, et al. Pistil abortion in Japanese apricot (<i>Prunus mume</i> Sieb. et Zucc.): isolation and functional analysis of <i>PmCCoAOMT</i> gene [J]. Acta Physiol Plant, 2016, 38(5): 114. 共同一作</p> <p>8. Luo XY, Shi T, Sun HL, et al. Selection of suitable inner reference genes for normalisation of microRNA expression response to abiotic stresses by RT-qPCR in leaves, flowers and young stems of peach [J]. Sci Hortic, 2014, 165: 281-7. 共同一作</p> <p>9. Shi T, Gao Z, Wang L, et al. Identification of differentially-expressed genes associated with pistil abortion in Japanese apricot by genome-wide transcriptional analysis [J]. PLoS One, 2012, 7(10): e47810.</p> <p>10. Shi T, Zhuang W, Zhang Z, et al. Comparative proteomic analysis of pistil abortion in Japanese apricot (<i>Prunus mume</i> Sieb. et Zucc) [J]. Journal of Plant Physiology. 2012, 169(13), 1301-1310.</p> <p>11. Gao Z, Shi T, Luo X, et al. High-throughput sequencing of small RNAs and analysis of differentially expressed microRNAs associated with pistil development in Japanese apricot [J]. BMC Genomics, 2012, 13: 371. 共同一作</p>