



<https://github.com/andreyhgl>

[andreyhgl.github.io/doc/cv\\_swe.pdf](https://andreyhgl.github.io/doc/cv_swe.pdf)

# Andrey Höglund

PhD i genetik

Bioinformatiker

## Sammanfattning

Bioinformatiker med doktorsexamen i genetik med gedigen erfarenhet av bioinformatisk analys inom toxikogenomik och evolutionsbiologi. Utvecklar reproducerbara NGS pipelines i Nextflow och R i HPC miljöer.

## Arbetslivserfarenhet

---

| **Bioinformatiker i toxikogenomik** | 2022 jan – pågående | [Karlssonlab](#) | Stockholms universitet |

---

- Ansvarar för forskargruppens NGS analyser generat i mus och människa.
- Utvecklar pipelines i **Nextflow** och **R**.
- Utvecklar [pipeline för genuttrycks analys](#) för **RNA-seq**.
- Utvecklar [pipeline för DNA metylerings analys](#) för **RRBS**, **EM-seq** och **BS-seq**.
- Är mentor i bioinformatiska verktyg för gruppens medlemmar (**R**, **Nextflow**, **Git**, **Quarto**, **package managers** och **containers**).
- Medförfattare på flera vetenskapliga publikationer som bland annat kartlagt [karcinogena effekter av PFOS](#) och [metaboliska störningar av DBP](#) (se min publikationslista på nästa sida).

---

| **Postdoktor i evolutionbiologi** | 2020 nov – 2022 jan | Linköpings universitet |

---

- Analyserade NGS data genererat i kycklingar.
- Utvecklade [linkage-mapping pipeline](#) med single nucleotide polymorphisms (SNPs) som genetiska markörer.
- Författade vetenskaplig publikation som kartlade [sexkromosomens doskompensation i fåglar](#).

## Utbildning

---

| **PhD i genetik** | [Avhandlingen](#) | 2020-10-23 | Linköpings universitet |

---

- Kartlade effekterna domesticeringsprocessen på DNA metylering och genuttryck i kycklingen.
- Utvecklade linkage-mapping pipeline med single nucleotide polymorphisms (SNPs) som genetiska markörer.
- Optimerade protokoll för provframställning av DNA metylering för NGS.
- Undervisade kurser i cellbiologi, genuttrycksanalys med tekniker för RNA/DNA extraktion, microarray, PCR och immunoprecipitation protokoll.

## Projekt

- [Methylome nextflow pipeline](#), analys för differentiellt metylerade regioner.
- [Transcriptome nextflow pipeline](#), analys för differentiellt uttrycka gener.
- Singularity containers förinstallerade med R bibliotek för NGS analys av [genuttryck](#), [DNA metylering](#) och [gen-ontologi](#).
- [Python webscraper](#), extraherar liströntan med CI / CD.
- Lathundar för [git](#), [nextflow](#) och [HPCs](#).

## Vetenskapliga publikationer

---

| [ORCID](#) | [Google Scholar](#) |

---

Pierozan, **Höglund**, Theodoropoulou, Karlsson (2024) Perfluorooctanesulfonic acid (PFOS) induced cancer related DNA methylation alterations in human breast cells: A whole genome methylome study. *The Science of the total environment* | [DOI](#) | [Computational pipeline](#)

Abele, Perez, **Höglund**, Pierozan, Breitholtz, Karlsson (2024) Automated Image-Based Fluorescence Screening of Mitochondrial Membrane Potential in *Daphnia magna*: An Advanced Ecotoxicological Testing Tool. *Environmental science & technology* | [DOI](#) | [Computational pipeline](#)

Strand, Nylander, **Höglund**, Lundgren, Martin, Karlsson (2024) Screening persistent organic pollutants for effects on testosterone and estrogen synthesis at human-relevant concentrations using H295R cells in 96-well plates. *Cell biology and toxicology* | [DOI](#) | [Computational pipeline](#)

**Höglund**, Henriksen, Churcher, Guerrero-Bosagna, Martinez-Barrio, Johnsson, Jensen, Wright (2024) The regulation of methylation on the Z chromosome and the identification of multiple novel Male Hyper-Methylated regions in the chicken. *PLoS genetics* | [DOI](#) | [Computational pipeline](#)

Theodoropoulou, Pierozan, Marabita, **Höglund**, Karlsson (2024) Persistent effects of di-n-butyl phthalate on liver transcriptome: impaired energy and lipid metabolic pathways. *Chemosphere* | [DOI](#)

Bakovic, Martin-Cerezo, **Höglund**, Fogelholm, Henriksen, Hargeby, Wright (2021) The genomics of phenotypically differentiated *Asellus aquaticus* cave, surface stream and lake ecotypes *Molecular Ecology* | [DOI](#)

**Höglund**, Henriksen, Fogelholm, Churcher, Guerrero-Bosagna, Martinez-Barrio, Johnsson, Jensen, Wright (2020) The methylation landscape and its role in domestication and gene regulation in the chicken *Nature Ecology & Evolution* | [DOI](#)

**Höglund**, Strempl, Fogelholm, Wright, Henriksen (2020) The genetic regulation of size variation in the transcriptome of the cerebrum in the chicken and its role in domestication and brain size evolution *BMC Genomics* | [DOI](#)

Henriksen, **Höglund**, Fogelholm, Abbey-Lee, Johnsson, Dingemanse, Wright (2020) Intra-Individual Behavioural Variability: A Trait under Genetic Control *Int J Mo. Sci* | [DOI](#)

Fogelholm, Henriksen, **Höglund**, Huq, Johnsson, Lenz, Jensen, Wright (2020) CREBBP and WDR 24 Identified as Candidate Genes for Quantitative Variation in Red-Brown Plumage Colouration in the Chicken *Scientific Reports* | [DOI](#)

Fogelholm, Inkabi, **Höglund**, Abbey-Lee, Johnsson, Jensen, Henriksen, Wright (2019) Genetical Genomics of Tonic Immobility in the Chicken *Genes* | [DOI](#)

Johnsson, Henriksen, **Höglund**, Fogelholm, Jensen, Wright (2018) Genetical genomics of growth in a chicken model *BMC Genomics* | [DOI](#)

Johnsson, Henriksen, Fogelholm, **Höglund**, Jensen, Wright (2018) Genetics and Genomics of Social Behavior in a Chicken Model *Genetics* | [DOI](#)

Edstam, Laurila, **Höglund**, Raman, Dahlström, Salminen, Edqvist, Blomqvist (2014) Characterization of the GPI-anchored lipid transfer proteins in the moss *Physcomitrella patens* *Plant Physiology and Biochemistry* | [DOI](#)

Johnsson, Rubin, **Höglund**, Sahlqvist, Jonsson, Kerje, Ekwall, Kämpe, Andersson, Jensen, Wright (2014) The role of pleiotropy and linkage in genes affecting a sexual ornament and bone allocation in the chicken *Molecular Ecology* | [DOI](#)