昝艳君
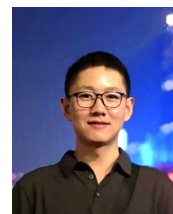
出生年月：1989.07

Email：yanjunzan@gmail.com

手机：+46-762722783　微信：15934076136

联系地址：Umeå Plant Science Center, 90736 Umeå, Sweden

工作经历

- 2020.07 ── 至今：Research fellow，瑞典农业科学大学，于默奥植物科学中心，瑞典
- 2019.06 ── 2020.06：计算遗传学，博士后，瑞典农业科学大学，于默奥植物科学中心，瑞典
- 2018.05 ── 2019.05：计算遗传学，博士后，乌普萨拉大学，瑞典

教育背景

- 2014.10 ── 2018.05：医学计算遗传学博士，乌普萨拉大学，瑞典
- 2011.09 ── 2014.06：遗传学硕士，天津大学
- 2007.09 ── 2011.06：生物工程学士，山西农业大学

研究方向与主要学术贡献

我的主要研究方向是**复杂数量性状的遗传和进化机制**，主要通过**计算生物学方法创新与多组学数据分析**，探究**个体基因型、个体表型与环境**三者之间的关系，为**动植物遗传改良、人类疾病诊断和预测**提供理论和方法基础。

(A) 在实验流程计算生物学方法创新方面：开发了一个仅用 10 元人民币就能高通量构建测序文库的方法,实现了超低成本二代全基因组建库；建立了基于超低覆盖度的基因型填充方法，把育种群体重测序成本降低了近 10 倍；建立了整合转录组和表型组的多基因性状定位方法，实现了已知**分子生物学信息和多组学数据的有效整合**，提高了多基因性状定位的统计功效；建立了挪威云杉的 50K 基因芯片，为针叶树全基因组选育奠定了基础。

(B) 在复杂数量性状的遗传和进化机制解析方面：以拟南芥的开花、家鸡的体重、酵母的生长为模型，首次发现**环境是通过影响基因互作网络来间接影响个体的表型以及群体水平的遗传参数**，发现了基因型之间和以及基因型环境三方互作在复杂数量性状的变异和局部适应性中的重要作用，**从而在基因、个体和群体的多尺度水平阐释了多基因性状在自然选择和人工选择过程中的遗传和适应性进化机制**。为进一步构建动植物全基因组选育、精准医疗个体诊断统计模型、研究物种局部适应性以及气候变化的自然选择下群体的长期进化潜力提供了理论和方法基础。

现主持瑞典环境农业科学与空间规划研究理事会（Formas-Mobility Grant For Early Career Researcher）项目一项 (230 万 RMB)，累计发表文章 SCI 文章 18 篇，其中第一作者、共同第一作者（排名第一）或通讯作者文章共 10 篇，包括 《Molecular Biology and Evolution》（共 2 篇，IF$_{2017-2019}$=12，中科院一区 Top）、《Molecular Ecology Resources》（2 篇, IF$_{2017-2019}$=6.7，中科院一区 Top）、《PLoS Genetics》（一作兼通讯, IF$_{2017-2019}$=5.5，中科院二区 Top）、《Genetics Selection Evolution》（1 篇, IF$_{2017-2019}$=3.4，中科院二区 Top）、《BMC Genomics》（1 篇, IF$_{2017-2019}$=3.6，中科院二区 Top）、《G3-Genes Genetics Genomics》（共 2 篇, IF$_{2017-2019}$=2.7，中科院三区），累计影响因子近 55。开发计算生物学 R 软件包、生物信息学 Pipeline 3 个，多次在国际学术会议报告、特邀报告上与国内外同行进行了广泛的学术交流。

主持课题

- The Swedish Research Council for Environment, Agricultural Sciences and Spatial Planning (FORMAS): Can plant breeding be improved by accounting for how genetic interactions are influenced by environmental factors (PI: Yanjun Zan; Grant-ID:2019-01600; 2020-2022; 2.9 MSEK (~230 万 RMB，主持).

科研论文

- 已发表一作或通讯文章 (共同第一作者文章标注为#，通讯作者文章标注为*)

  1. Bernhardsson C#, Zan Y#, Chen Z, Ingvarsson P, Wu.H, Development and evaluation of a 50K Axiom SNP genotyping array for Norway spruce (*Picea abies L. Karst*). **Molecular Ecology Resources,** 2021, 21(3) 880-896(Co-first author, $IF_{2017-2019}=6.8$，中科院一区 Top).

  2. Zan Y*, Carlborg Ö. Dissecting the Genetic Regulation of Yeast Growth Plasticity in Response to Environmental Changes, **Genes**, 2020, 11(11), 1279 (First and corresponding author, $IF_{2017-2019}=3.4$，中科院三区).

  3. Zan Y*, Carlborg Ö. Dynamic genetic architecture of yeast response to environmental perturbation shed light on origin of cryptic genetic variation. **PLoS Genet**, 2020, 16(5): e1008801 (First and corresponding author, $IF_{2017-2019}=5$，中科院二区 Top).

  4. Zan Y, Payen T, et al. Genotyping by low-coverage whole-genome sequencing in intercross pedigrees from outbred founders: a cost-efficient approach. **Genetics Selection Evolution**, 2019, 51(44), 1-11 ($IF_{2017-2019}=3.4$，中科院二区 Top).

  5. Zan Y, Carlborg Ö. A polygenic genetic architecture of flowering time in the worldwide *Arabidopsis thaliana* population. **Molecular Biology and Evolution,** 2019, 36 (1), 141-154 ($IF_{2017-2019}=12$，中科院一区 Top) .

  6. Zan Y#, Forsberg S#, Carlborg Ö**.** On the relationship between high-order linkage disequilibrium and epistasis. **G3 − Genes Genomes Genetics**. 2018 Jul 31, 8(8):2817-2824 (Co-first author, $IF_{2017-2019}=2.7$，中科院三区).

  7. Zan Y, Carlborg Ö. A multi-locus association analysis method integrating phenotype and expression data reveals multiple novel associations to flowering time variation in wild-collected *Arabidopsis thaliana*. **Molecular Ecology Resources,** 2018, 1, 1-11 ($IF_{2017-2019}=6.8$，中科院一区 Top).

  8. Zan Y#, Sheng Z#, Lillie M et al. Artificial selection response due to polygenic adaptation from a multilocus, multiallelic genetic architecture. **Molecular Biology and Evolution**, 2017, 2, 7−10 (Co-first author, $IF_{2017-2019}=12$，中科院一区 Top).

  9. Zan Y, Xia S, Forsberg SKG, et al. Genetic regulation of transcriptional variation in natural *Arabidopsis thaliana* accessions. **G3 − Genes Genomes Genetics,** 2016, 6(8): 2319-2328 ($IF_{2017-2019}=2.7$，中科院三区).

  10. Zan Y, Ji Y, Zhang Y, et al. Genome-wide identification, characterization and expression analysis of populus leucine-rich repeat receptor-like protein kinase genes. **BMC Genomics**, 2013, 14(1): 318 ($IF_{2017-2019}=3.6$，中科院二区 Top).

- 已发表共同作者文章

  1. Chen Z; **Zan Y**; Milesi P; Zhou L; Chen J; Li L; Cui B; Niu S; Westin J; Karlsson B; García-Gil; Lascoux M; Wu H, Leveraging breeding programs and genomic data in Norway spruce (Picea abies L. Karst) for GWAS analysis, 2021, (Accepted in Genome Biology, $IF_{2017-2019}=12.7$，中科院一区 Top)

  2. Wang X; Liu S; Zuo H; Zheng W; Zhang S; Huang Y; Pingcuo G; Ying H; Zhao F; Li Y; Yi T; **Zan Y**; Larkin M R; Deng X; Zeng X, Xu Q, Genomic basis of high-altitude adaptation in Tibetan Prunus fruit tree, 2021, (Accepted in Current Biology, $IF_{2017-2019}=9.3$，中科院一区 Top)

  3. Guo Y, Ou J, **Zan Y**, et al, Researching on the fine structure and admixture of the worldwide chicken population reveal connections between populations and important events in breeding history, **Evolutionary Applications.** 2021 ($IF_{2017-2019}=4.5$, 中科院二区)

  4. Ji Y, Lehotai N, **Zan Y**, et al. A fully assembled plastid-encoded RNA polymerase complex

detected in etioplasts and proplastids in Arabidopsis, **Physiologia Plantarum**. 2021, Mar 435-446. doi: 10.1111/ppl.13256 (IF$_{2017\text{-}2019}$=3.2，中科院二区).

5.Yang Y, **Zan Y** et al. Haplotype Purging After Relaxation of Selection in Lines of Chickens that Had Undergone Long-Term Selection for High and Low Body Weight, **Genes**, 2020, 11(6), 630 (IF$_{2017\text{-}2019}$=3.4，中科院三区).

6. Guo Y, Lillie M, **Zan Y**, et al. A genomic inference of the White Plymouth Rock genealogy, **Poultry science**, 2019, pez411, https://doi.org/10.3382/ps/pez411 (IF$_{2017、2019}$=2.3，中科院二区 Top).

7. Zhang T, Gao H, Saana G, **Zan Y**, et al, Genome-wide association studies reveal candidate genes for fat deposition in tails and body size of Hulun Buir sheep, **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 2019**,** Sep;136(5):362-370 (IF$_{2017\text{-}2019}$=1.7，中科院二区).

8. Wang B, Li Z, Xu W, Feng X, Wan Q, **Zan Y,** et al. Bivariate genomic analysis identifies a hidden locus associated with bacteria hypersensitive response in *Arabidopsis thaliana*. **Scientific Reports**, 2017, 7:45281 (IF$_{2017\text{-}2019}$=4.0，中科院三区).

- 审稿中

    1. Zan Y*, Feng X*, Xu W et al. Separating an allele associated with late flowering and slow maturation of Arabidopsis thaliana from population structure. **BioRxiv**, doi: https://doi.org/10.1101/193417 **(**Manuscript).

- 实验方法 (not-peer reviewed)

    Zan Y et al. A high throughput, cost-efficient library preparation protocol for large-scale next generation sequencing. protocols.io. 2018. DOI = dx.doi.org/10.17504/protocols.io.rt8d6rw.

- 开源统计生物信息学软件

    i) BEFDR: A R package for multi-locus association analysis using a backward elimination approach. Available in Github https://github.com/yanjunzan/BE

    ii) A Python Snakemake pipeline for low coverage genotype imputation (R/Python/Perl)**.**

      Available in

    Github https://github.com/yanjunzan/Stripes

    iii) TD**:** A R package for downstream pipeline for handling low coverage imputation. Available in Github https://github.com/yanjunzan/TD

- 授权专利

    一种欧美杂种山杨的农杆菌介导转基因方法，CN 102796761 B，2013。

    发明人：王洁华，籍燕，昝艳君

教学以及会议经历

- 博士期间以英语为授课语言讲授了 Uppsala University 多门本科生实验课程 (~100 学时)

    2017 spring semester: Acid base equilibrium

    2017 fall semester: Acid base equilibrium, Clinical microbiology, the use of thin-layer chromatography in the analysis of lipids of various tissues and Spectroscopic quantification of nickel nitrate and protein.

- 博士期间在多次国际培训、学术会议中与海内外同行专家进行交流

    国际培训

    2016- Evolutionary Quantitative genetics, Edinburg, UK.

    2017- Intergrade methods to detect polygenic adaptation from genomic data, Zurich Switzerland.

    国际会议

    2017- Poster, European Society for Evolutionary Biology, Groningen, Netherlands.

2017- Poster, Polygenic Adaptation Symposium, Zurich, Switzerland.

2019- Poster, Gordon Conference on Quantitative Genetics and Genomics, Lucca, Italy.

2019- Talk, European Society for Evolutionary Biology, Turku, Finland.

职业技能

- 外语技能： CET-4、CET-6 、IELTS（7 分）；

  以英语作为第一语言在国外学习工作七年多，英语听说读写流利，能熟练阅读写作科技文献，撰写并发表了多篇第一作者 SCI 文章。

- 分子生物学技能：

  硕士三年从事植物基因工程相关研究，在 DNA & RNA 提取、二代测序文库构建、基因克隆、植物组织培养、组织切片积累了丰富的经验。博士期间开发了一个每个样本只用 10 元的高通量全基因组文库构建方法。

- 生物信息学技能：

  熟悉常用生物信息学分析。博士期间在基因组组装、转录组测序、二代以及三代重测序分析积累了丰富的经验。博士期间开发并发表了了基于家系的超低丰度（0.5X）重测序 SNP calling 和基因型填充的生物信息学方法。

- 统计建模技能：

  精通数量遗传学领域常用分析，熟悉常用机器学习算法，在混合线性模型在遗传学领域的应用有丰富的经验。博士期间开发并发表了一个整合转录组和表型信息的多自变量回归方法。

- 数量群体遗传学分析技能:

  精通数量遗传学常用分析，熟练掌握群体遗传学常用分析。博士期间多次发表文章开发新的数量遗传学分析方法，以家鸡体重、酵母生长和拟南芥开花为研究对象，丰富了多基因性状在自然和人工选择中适应性机制等相关数量遗传学理论。

- 编程技能： 精通 R/ Python 语言编程，熟练/Perl/bash 程序语言，了解 C++、MySQL。

  用 R 和 Python 开发了三个软件包，能够熟练在 Linux 环境下程序开发。

  博士期间管理了两台服务器，具有多年超算使用经验。

奖励情况

- 山西农业大学优秀学生、连续多年获得专业一、二等奖学金
- 天津大学三年硕士生均获得专业一等奖学金
- 2014 年天津大学硕士研究生国家奖学金
- 2019 瑞典 Formas fellow
- 2020 Forskar Grand prix