

陈 艳朋

基本信息

性 别：男 出生年月：1992.10
籍 贯：河南新野 政治面貌：中共党员
电 话：+86 15196696815 电子邮箱：yanpengch@qq.com
民 族：汉族 现居住地：德国，不伦瑞克
学术主页：<https://www.researchgate.net/profile/Yanpeng-Chen-2>
G i t h u b：<https://github.com/ypchan>
研究方向：生物信息学、微生物药物、真菌分类



教育 & 工作经历

2024.6	— 至今	亥姆霍兹感染研究中心	博士后	导师：Marc Stadler & Sajeewa SN Maharachchikumbura 教授
2020.9	— 2024.6	电子科技大学 & 亥姆霍兹感染研究中心	生命科学学院 生物医学工程-生物信息学 博士研究生	导师：Sajeewa SN Maharachchikumbura & Marc Stadler 教授
2019.6	— 2020.9	成都基因汇生物科技有限公司	生物信息工程师	
2016.9	— 2019.6	四川大学	生命科学学院 微生物学 硕士	导师：王红宁教授
2012.9	— 2016.6	广东海洋大学	水产学院 水产养殖学-疾病防控（现水生动物医学）本科	导师：鲁义善教授 & 蔡佳教授

论文代表作

Chen YP, ..., Maharachchikumbura SSN*. Updates on Sordariomycetes with Novel Taxa from Sichuan Province, China. 包含 40 个新的分类单元，40 个新记录物种，正在撰写

Chen YP, Su PW, Hyde KD, Maharachchikumbura SSN*. Phylogenomics of fungal families. 投稿中

Chen YP, Su P, Stadler M, Maharachchikumbura SSN*, et al. Beyond observation: genomic traits and machine learning algorithms for predicting fungal lifestyles. *Mycosphere*, 2023, 14(1): 1530–1563. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/14/1/17> 中科院一区 Top IF 14.6

Chen YP, Su PW, Hyde KD, Maharachchikumbura SSN*. Phylogenomics and diversification of Sordariomycetes. *Mycosphere*, 2023, 14(1): 414–451. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/14/1/5> 中科院一区 Top IF 14.6

Chen YP, Wu T, Tian WH, Ilyukhin E, Hyde KD, Maharachchikumbura SSN*. Comparative genomics provides new insights into the evolution of *Colletotrichum*. *Mycosphere*, 2022, 13(2): 134–187. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/si/1f/5> 中科院一区 Top IF 14.6

Chen YP, Tian WH, Guo YB, Madrid H, Maharachchikumbura SSN*. *Synhelminthosporium* gen. et sp. nov. and two new species of *Helminthosporium* (Massarinaceae, Pleosporales) from Sichuan Province, China. *Journal of Fungi*, 2022; 8(7):712. <https://doi.org/10.3390/jof8070712> 中科院二区 Top IF 4.7

Maharachchikumbura SSN*, **Chen YP**, et al. Integrative approaches for species delimitation in Ascomycota. *Fungal Diversity*, 2021, 109(1):155-179. <https://doi.org/10.1007/s13225-021-00486-6> 中科院一区 Top IF 20.3

Hyde, KD*, Baldrian, P., **Chen YP**. et al. Current trends, limitations and future research in the fungi? *Fungal Diversity*, 2024, 125: 1–71. <https://doi.org/10.1007/s13225-023-00532-5> 中科院一区 Top IF 20.3

Chen YP, Lei CW, ..., Wang HN*, et al. A novel *cfr*-carrying Tn7 transposon derivative characterized in *Morganella morganii* of swine origin in China, *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 2019, 74(3): 603–606, <https://doi.org/10.1093/jac/dky494> 中科院二区 Top IF 5.2

Chen YP, Lei CW, ..., Wang HN*, et al. Tn6450, a novel multidrug resistance transposon characterized in a *Proteus mirabilis* isolate from chicken in China. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 2018, 62(4): e02192-17. <https://doi.org/10.1128/AAC.02192-17> 中科院二区 Top IF 4.9 共一第一

Lei CW, **Chen YP**, ..., Wang HN*, et al. Characterization of a novel SXT/R391 integrative and conjugative element carrying *cfr*, *bla*_{CTX-M-65}, *fosA3*, and *aac(6')-Ib-cr* in *Proteus mirabilis*. Antimicrobial agents and chemotherapy, 2018, 62(9):10.1128/aac.00849-18. <https://doi.org/10.1128/aac.00849-18> 中科院二区 **Top IF 4.9** 共一第二

部分参与发表论文

Senanayake, I.C., ..., **Chen YP**, Xu B*, et al. Fungal diversity notes 1611–1716: taxonomic and phylogenetic contributions on fungal genera and species emphasis in south China. Fungal Diversity, 2023, 122:161–403. <https://doi.org/10.1007/s13225-023-00523-6> 中科院一区 **Top IF 20.3**

Tan YP, ..., **Chen YP**, Crous PW*, et al. Fungal Planet description sheets: 1436–1477. Persoonia, 2022. 49(1):261–350. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2022.49.08> 中科院一区 **Top IF 11.66**

Lei CW, Chen X, Liu SY, Li TY, **Chen YP**, Wang HN*. Clonal spread and horizontal transfer mediate dissemination of phenicol-oxazolidinone-tetracycline resistance gene *poxA* in enterococci isolates from a swine farm in China. Veterinary Microbiology, 2021, 262:109219. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2021.109219> 中科院二区 **Top IF 3**

软件 & 流程开发

流程: buscophylo	https://github.com/ypchan/buscophylo	基于 BUSCO 基因的系统发育基因组学分析流程
工具: barcodePhylogeneticAnalysis	https://github.com/ypchan/barcodePhylogeneticAnalysis	基于 DNA 条形码序列的多基因系统发育分析工具包
R 包: FungiOutline	https://github.com/ypchan/FungiOutline	真菌分类框架

授权专利 & 软著

专利: 目标物种特有序列的获取方法及目标物种检测方法	专利号: 2020111203166	第一发明人
专利: 一种能检测沙门氏菌并鉴别鸡白痢沙门氏菌的 PCR 引物及方法	专利号: 201711106401	第五发明人
软著: 基因汇 Illumina 测序数据组装纠错软件 V1.0	登记号: 2019SR0962193	主要负责人

获奖 & 荣誉

2024	四川省“优秀毕业生”
2023	电子科技大学博士研究生“国家奖学金”、“一等奖学金”、“学术新秀”
2018	四川大学硕士研究生“国家奖学金”、“一等奖学金”、“优秀研究生”、“优秀研究生干部”
2014	中国海洋大学“优秀交换生”

个人总结

本人硕士就读四川大学，专业为微生物学，导师为国家蛋鸡产业技术体系岗位科学家王红宁教授，专注于动物源**细菌耐药性**，以第一或共一作者发表**二区 Top SCI 论文 3 篇**，参与发表**10+篇 SCI 论文**，系列文章系统阐释了动物源致病菌的多重耐药产生机制，为动物饲养的“减抗”提供了理论基础。

2019 年，本人加入了成都基因汇科技有限公司，担任**生物信息工程师**一职，熟练掌握 Linux、Python 和 R，负责服务器维护，**植物、动物和微生物的基因组组装和注释**。工作期间参与多个软件的开发，以主要负责人申请软著：**基因汇 Illumina 测序数据组装纠错软件 V1.0** 登记号：2019SR0962193；以第一发明人发表国家专利：**目标物种特有序列的获取方法及目标物种检测方法**，专利号：2020111203166。

2020 年，本人于电子科技大学攻读博士学位，同时前往德国亥姆霍兹感染研究中心进行联合培养，研究方向为真菌分类和生物信息学，导师为“国际高被引学者”Sajeewa SN Maharachchikumbura 教授（连续六年）和 Marc Stadler 教授。本人的研究**“干湿结合”**，以第一作者发表 SCI 学术论文**5 篇（3 篇为 1 区 Top）**，参与发表**10+篇**，部分论文仍在撰写中，系列文章极大地推动了真菌生命之树的构建，同时从机器学习角度为探索新发病原真菌提供了重要见解。

博士课题完成后，本人自 2023 年 11 月，以联合培养博士方式在德国亥姆霍兹感染研究中心学习和工作，利用**基因组学和代谢组学**方法加速真菌源抗菌药物的开发。2024 年 5 月完成答辩后，以博士后身份继续在研究所开展**真菌源天然抗菌药物研发**，同时结合基因组和代谢组，阐述代谢产物表型和基因型的不一致性。

硕士和博士期间，本人曾协助导师撰写国自然、省级科研项目，熟悉项目管理、经费结算和年度审核，能够独立申报基金项目；同时，协助导师指导本科生和硕士生实验设计，获得导师和学生的认可。