

桂松涛

籍贯：山东临沂 出生年月：1991年01月 政治面貌：中共党员
联系电话(微信同)：15002717735 电子邮箱：songtaogui@sina.com
通讯地址：湖北省 武汉市 洪山区 狮子山街1号 华中农业大学 第二综合楼 （430070）



※ 研究兴趣

(1). 作物群体遗传学、泛基因组和图形基因组; (2). 结合多组学数据解析作物复杂表型变异的遗传基础; (3). 开发作物多组学分析相关工具和数据库等;

※ 目前工作

- 1. 解析玉蜀黍泛基因组在玉米遗传改良中的应用潜能: 基于最新测序技术组装玉蜀黍属中全部7个大刍草亚种的基因组, 结合比较基因组、泛基因组和群体遗传学分析, 解析大刍草和玉米物种分化/功能分化的机理, 鉴定玉米中不同大刍草渗入的区段, 探究近缘野生种资源在玉米遗传改良中的应用方向。
- 2. 玉蜀黍属多组学数据库ZEAMAP V2.0的开发: 重构ZEAMAP站点前后端框架, 增加群体遗传变异数据、多组学表型数据、多组学遗传定位数据、玉米单细胞/空间转录组数据模块、玉蜀黍选择驯化模块等

※ 科研技能

- 编程语言: Bash; Perl; R; Julia; Python(调用/修改); Rust(学习中);
- 操作系统: Linux(Debian, Ubuntu, Red Hat); Windows; HPC cluster(CentOS7-based)
- 生物信息相关:
- 主流测序/组学分析流程: 熟悉二代/三代DNA/RNA测序分析流程, 以及各种延伸组学分析技术;
 - 常规生物信息分析技术:
 - 群体遗传学: 遗传变异鉴定(SNP/INDEL/SV), 遗传图谱构建, 群体选择, 关联/连锁分析等;
 - 进化生物学: 多序列比对, 系统发生树构建, 选择进化分析等;
 - 基因组学: 基因组组装/注释, 比较基因组分析等;
 - 统计分析: 熟练运用降维, 聚类, 富集, 假设检验等常规统计方法回答科学问题;
 - 数据可视化: 熟练运用R/ggplot, Julia/Makie, AdobeIllustrator, Photoshop等工具画图;
 - 流程开发: 已开发泛基因组构建流程, 基于WGS的SV鉴定流程, GWAS下游分析流程等
 - Web开发: 有复杂生物数据库网站的设计开发经验, 熟悉网站前后端架构;
- 生物学/实验相关:
- 习惯基于多组学数据, 以从宏观切入并逐步细化的方式回答科学问题。长期从事数据分析工作, 了解常规分子生物学实验操作和原理. 期待与擅长实验的老师合作;

※ 教育经历

2012.09-2017.12 武汉大学 生命科学学院 遗传学专业 博士研究生
2008.09-2012.06 山东师范大学 生命科学学院 生物科学专业 理学学士

※ 科研/工作经历

- 2018.01至今 在 华中农业大学 作物遗传改良全国重点实验室 从事 博士后研究 (合作导师: 严建兵 教授), 主要课题:
- 1. 基于泛基因组和结构变异图谱解析玉蜀黍属(*Zea*)遗传变异的生物学功能
 - 2. 基于玉米群体各种遗传变异研究玉米表型变异的遗传基础;
 - 3. 玉米多组学整合数据信息平台ZEAMAP的构建和维护
- 2018.12-2019.12 在 深圳华大基因 兼职 研发工程师 (上级: 杨林峰), 负责玉米数据库合作项目以及数据库功能和模块设计研发
- 2012.09-2017.12 在 武汉大学 杂交水稻全国重点实验室 攻读 博士学位 (导师: 丁毅 教授), 主要参与项目:
- 主要课题:
 - 1. 中国莲(*Nelumbo nucifera*)高密度遗传图谱的构建、基因组挂载、比较基因组和基部双子叶植物的进化研究;
 - 2. 中国莲基因组重测序及分子标记的开发
 - 参与课题: 中国莲细胞器基因组的构建和进化分析、中国莲着丝粒组蛋白和着丝粒进化分析、水稻种质资源DNA指纹鉴定等

※ 科研项目

- 国家自然科学基金青年基金, 32000396, 基于泛基因组和结构变异图谱解析玉米属遗传变异的生物学功能, 2021.01-2023.12, 主持
- 国家重点研发计划, 0120200395, G2P:农作物基因资源阐释, 2020.06-2024.06, 参与

※ 荣誉奖励

第一届全国作物学科博士后学术论坛优秀报告奖; 第七届湖北植物生物学大会报告一等奖; 2016全国植物生物学大会墙报三等奖; 2016年博士研究生国家奖学金等;

※ 发表论文 (# co-author)

1. **Gui S**, Wei W, *et al.* A pan-*Zea* genome map for enhancing maize improvement. *Genome Biology*. 2022, 178, 23
2. **Gui S**, Yang L, Li J, *et al.* ZEAMAP, a comprehensive database adapted to the maize multi-omics era. *iScience*. 2020 Jun 6:101241.
3. **Gui S**, Peng J, Wang X *et al.* Improving *Nelumbo nucifera* genome assemblies using high-resolution genetic maps and BioNano genome mapping reveals ancient chromosome rearrangements. *The Plant Journal*, 2018, 94(4): 721-734.
4. **Gui S**[#], Wu Z[#], Zhang H, *et al.* The mitochondrial genome map of *Nelumbo nucifera* reveals ancient evolutionary features[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6. (* co-author)
5. Hu J[#], **Gui S**[#], Zhu Z, *et al.* Genome-wide identification of SSR and SNP markers based on whole-genome re-sequencing of a Thailand wild sacred lotus (*Nelumbo nucifera*)[J]. *PloS one*, 2015, 10(11): e0143765.
6. Jin J, **Gui S**, Li Q, *et al.* The transcription factor GATA10 regulates fertility conversion of a two-line hybrid tms5 mutant rice via the modulation of UbL40 expression. *Journal of integrative plant biology*. 2020 Jul;62(7):1034-56.
7. Yang N[#], Liu J[#], Gao Q[#], **Gui S**, *et al.* Genome assembly of a tropical maize inbred line provides insights into structural variation and crop improvement. *Nature genetics*. 2019 Jun;51(6):1052-9.
8. Zhu Z, **Gui S**, Jin J, *et al.* The NnCenH3 Protein and Centromeric DNA Sequence Profiles of Sacred Lotus (*Nelumbo nucifera* Gaertn.) Reveal the DNA Structures and Dynamics of Centromeres in Basal Eudicots[J]. *The Plant Journal*, 2016.
9. Wu Z, **Gui S**, Quan Z, *et al.* A precise chloroplast genome of *Nelumbo nucifera* (Nelumbonaceae) evaluated with Sanger, Illumina MiSeq, and PacBio RS II sequencing platforms: insight into the plastid evolution of basal eudicots[J]. *BMC plant biology*, 2014, 14(1): 1.
10. Wu Z, **Gui S**, Wang S, *et al.* Molecular evolution and functional characterisation of an ancient phenylalanine ammonia-lyase gene (NnPAL1) from *Nelumbo nucifera*: novel insight into the evolution of the PAL family in angiosperms[J]. *BMC evolutionary biology*, 2014, 14(1): 1.
11. Wang X, **Gui S**, Pan L, *et al.* Development and characterization of polymorphic microRNA-based microsatellite markers in *Nelumbo nucifera* (Nelumbonaceae)[J]. *Applications in plant sciences*, 2016, 4(1).

> 更多参与论文请参考: <https://songtaogui.github.io/cv/Zh/#发表文章>

感谢您对我的关注!

桂松涛