

附件 2:

西北农林科技大学引进人才 聘期考核表

姓 名: 杨若林

所 在 单 位: 生命科学学院

填 写 日 期: 2020.10.30

西北农林科技大学党委人才工作部制

填写说明

- 一、填写要严肃认真、实事求是、内容详实、文字精炼。
- 二、请逐项认真填写，没有的填“无”。
- 三、填报的各项工作成绩或数据，必须是来校工作所取得的成果，且是以西北农林科技大学为第一单位。
- 四、发表论文均以第一作者或通讯作者为准。
- 五、各种论文、成果、奖励和授权专利等，均需复印件单独装订一册作为附件材料。

一、总结简表

个人基本情况	姓名	杨若林	性别	男	民族	汉	出生年月	1978.1	
	最终学位及毕业学校	博士，中科院昆明动物研究所		研究领域	进化基因组学	研究方向	进化基因组学		
	专业技术职务	教授		行政职务	无	电子邮箱	yang_ruolin@hotmail.com		
	研究依托的实验室、科研平台(中心)	本人实验室							
	联系电话			传真	无	手机			
学校支持	科研启动费(万元)	实验室设备费(万元)		专业技术职务(岗位级别)		博导(硕导)	其他		
	100	0		四级		博导	无		
来校工作以来工作情况	经费使用情况	资助总额		100 万元		实际支出金额		万元	
	学术交流	大会特邀报告(篇)		分组报告(篇)		邀请讲学(次)		被邀请讲学(次)	
		国际	0	国际	0	国际	0	国际	0
		国内	0	国内	0	国内	1	国内	1
	授课情况	授课门类	1.遗传学 2. 新生研讨课		授课时数	56 学时+20 学时	授课对象(本科、研究生)		本科生
	入选人才支持计划	国家级				省部级			
		无				陕西省百人计划			
	发明专利	申请				已授权			
		国际(项)		国内(项)		国际(项)		国内(项)	
		0		0		0		0	
	发表论文	国际三大检索系统、SSCI、CSSCI 收录		国际三大检索系统、SSCI、CSSCI 源刊全文		其他(篇)			
		7		0		4			
	新增主持研究课题	国家级(项)		省部级(项)		年均到位研究经费(万元)			
1		1		30					
获奖情况	国际(项)		国家级(项)		省部级(项)				
	无		无		无				
人才培养情况	博士后(人)	博士(已获学位)		硕士(已获学位)		学士(已获学位)			
	0	6\1		11\7		20\10			

二、合同聘期目标任务

教学任务：承担本科生遗传学等核心课程教学任务；为研究生开设群体遗传学或分子进化与系统发育等相关学术研讨课。

科研任务：在国际学术期刊发表 SCI 一区或二区研究论文 3-5 篇。

基金申请：申请三项及以上国家级、省部级科研基金或项目。

人才培养：指导培养基因组学、比较和进化基因组学、生物信息学等研究方向的硕士博士生；对本科生进行科研训练和毕业设计进行指导，培养有进化生物学理论基础知识的本科生。

三、个人思想品德情况

请对本人思想政治表现（政治立场、遵守国家法律法规、学校规章制度）、遵守师德师风、学术道德行为等情况作出说明。

本人政治思想坚定，严于律己，宽厚待人，遵守学术道德及规范，忠实履行教师职责。注重师德师风，能虚心听取各位老师及学生的意见，主动提高教学质量和科研能力。在本科生和研究生培养过程中，切实遵守学术道德规范和教师职责，始终以教师职业道德规范为准则严格要求自己。在教学和科研工作过程中，注重对学生的人生观、价值观、思维能力等的培养。

无任何违反师德师风和学术不端等不良行为的情况。

四、主要研究内容及工作进展

本实验室主要从涉及基因组学，比较基因组学，群体遗传学，表观组学，生物信息学等几个相对独立但高度交叉的研究领域不同的具体科学问题并行开展了相关的研究工作，简述如下：

一. DNA 序列和基因基因功能网络水平解析被子植物基因印迹机制

1) 通过对八种被子植物的印记基因进行核苷酸序列分析，我们首次发现了植物印记基因在启动子区和基因 body 区有明显的串联重复元件的富集（表 1）。对这些相关区域 TFBS 进行富集分析鉴定出了少数可能与调控植物基因印迹有关的 TF，关于它们潜在的功能我们还将进一步分析并考虑进行后续验证。

表 1 串联重复序列在印记基因中的富集情况

物种	基因区 body*	上游 1kb 区	下游区 1kb
拟南芥	1	0	0
琴叶拟南芥	1	1	0
芥菜	1	0	1
蓖麻	1	1	0
番茄	0	0	0
高粱	0	1	0
水稻	1	1	0
玉米	1	0	0

注：“1”表示串联重复元件在对应区域显著富集（ $P\text{-value} < 0.05$ ）；“0”表示没有富集。

2) 首次在基因功能网络水平对拟南芥印记基因进行系统的网络生物学分析，揭示了植物印记基因之间密切的功能互动（图 1）以及印记状态虽然在基因水平表现较低的跨植物保守性，但是在功能模块水平具有很高的保守性（图 2）。这一结果反驳了由选择性放松（relaxation of selection）导致的植物基因印记状态不保守的观点。相关研究分析部分基本完成，文章初稿完成，进入精修阶段，目标投稿杂志为 *The Plant Cell*。

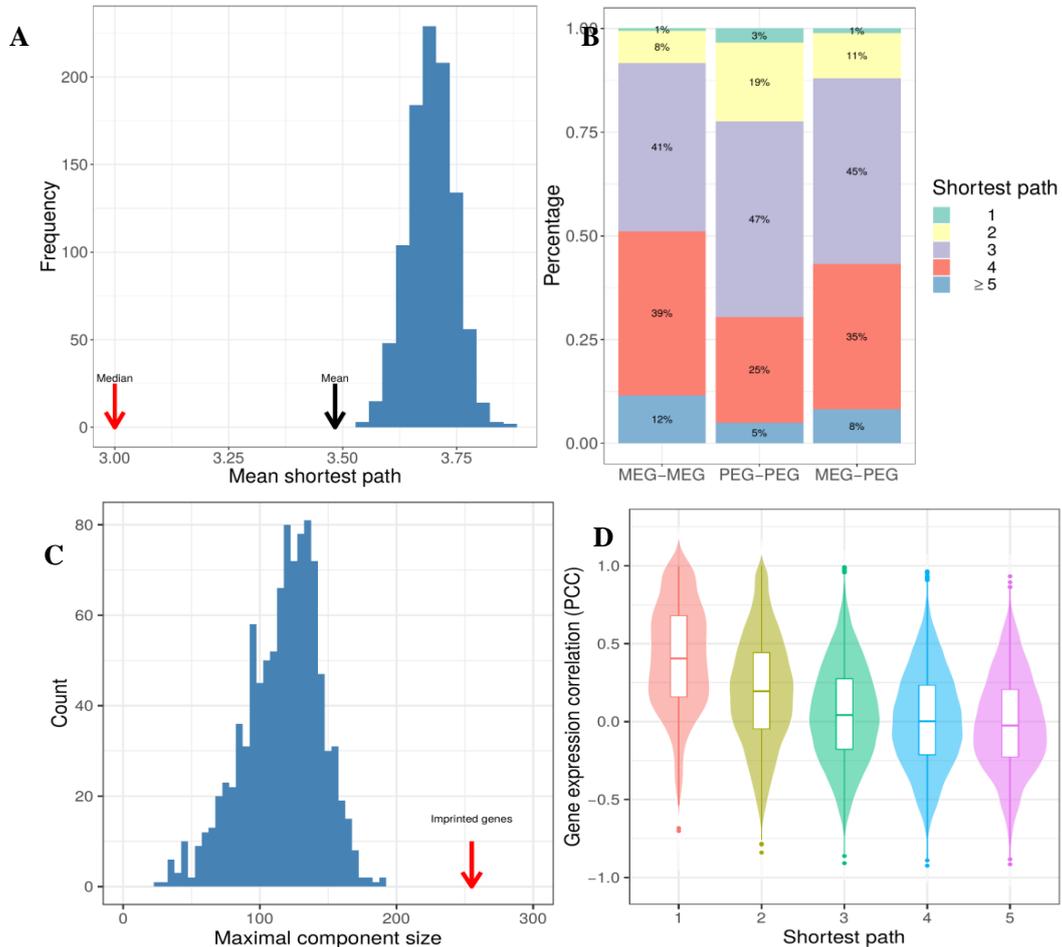


图 1. 拟南芥印记基因在基因功能网络的特性。(A) 印记基因之间的最短网络拓扑距离。蓝色直方图显示随机 1000 次的结果。(B) 印记基因之间的网络距离。(C) 实际的和 1000 次随机抽样产生的印记基因形成的最大的模块大小比较。(D) 印记基因之间的网络拓扑距离和基因共表达系数之间的关系。

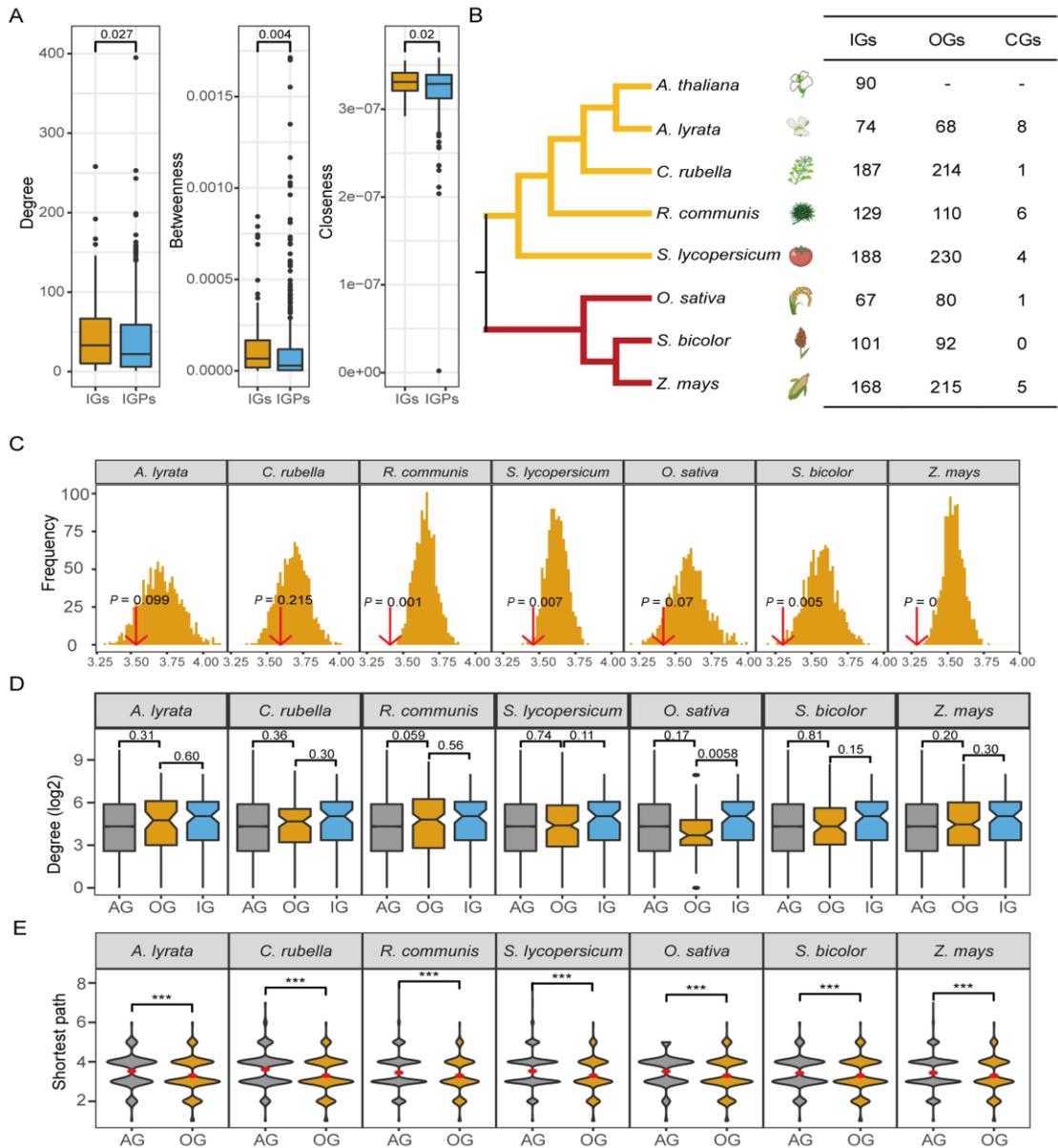


图 2. 被子植物印记基因跨物种分析（由于字数限制，详细的图解略）

二. 通过启动子或增强子多种染色质修饰以及转录因子结合信号来理解植物基因表达调控

使用机器学习方法对组蛋白修饰、染色质开放性以及转录因子的结合等特征对拟南芥和水稻蛋白编码基因表达水平进行建模，获得了上述因素在基因表达调控中相对贡献的理解，模型分析揭示出这种定量关系具有跨植物组织以及跨物种保守的特征。相关研究已发表在 *Plant Cell & Physiology*。

三. 通过比较转录组数据分析揭示黄瓜外源 Si 对 NaCl 胁迫的缓解效应

通过对比分析胁迫前和胁迫后，以及施加或不施加外源 Si 等条件下黄瓜叶片转录组 RNA-Seq 数据，揭示了外源 Si 具有缓解 NaCl 胁迫的作用，相关研究已发表在 *Ecotoxicology Environment Safety*。

四. 开发出基于整合表观遗传修饰信号进行的细胞系表观谱比较方法

设计了一种全新的方法对两种条件下多种表观修饰的全局动态性进行定量刻画，并以人类胚胎干细胞分化程序为例说明该方法提供了新的有关生命活动精细表达调控的知识。相关研究发表于 *BMC Genomic*。

五. 染色质三维结构对基因组内大片段 DNA 进化的影响

以拟南芥基因组为对象，探究了染色质三维结构对基因组内大片段 DNA 进化的影响。研究揭示了三维基因组内相邻的 DNA 片段之间存在共进化的关系，这种共进化的关系是由相邻 DNA 片段之间相似的突变率和选择压力共同导致的。同时染色质的三维结构影响它们之间的共进化，尤其是三维空间中相邻 DNA 相似的转录和复制模式可能使得它们具有相似的突变率，从而导致相邻片段的共进化。该研究有助于增进我们对真核生物基因组结构的理解。相关结果发表至 *Molecular Biology and Evolution*。

六. 基于转录组分析鉴定和刻画猪繁殖性状相关基因

本研究较系统地鉴定和分析了猪繁殖性状相关的基因及其转录特征和表达调控机制，首次利用了 5 种哺乳动物(猪，牛，绵羊，人和小鼠)的 RNA-Seq、猪转录因子结合位点、猪蛋白互作数据，系统地对比猪睾丸特异性基因(TSGs)和 TSGs 表达的调控机制进行了分析。相关研究结果发表至 *BMC Genomics*。

七. retrocopy 对染色质三维结构建成的影响调控研究

通过分析人类和小鼠多种细胞系的染色质空间互作数据，发现了逆转座元件和其亲本基因在三维染色质水平上相互靠近，揭示了 retrocopy 可能参与染色质高级结构 TAD 的形成。论文 2019 年投稿到进化生物学领域权威期刊 *Molecular Biology and Evolution* 后，获得了同行评议；尽管文章被拒，但 editor 允许我们根据 reviewer 的修改意见进行完善后重投至该杂志。该研究与近期国际著名基因组学家 Ren Bin 等通过实验发现逆转录病毒活性有利于形成 TAD 不谋而合（该研究发表在 *Nature Genetics*）。目前，修改稿已重投至 *MBE*，正在评审中，预计近期将返回评审意见。

八. 高频氨基酸短片断核苷酸水平的调控潜能的研究

以拟南芥为例，我们首次对高频氨基酸短片断在核苷酸水平可能具有的调控密码进行了分析，揭示出它们含有丰富的调控信息，反映在拟南芥与琴叶拟南芥之间同源片段特有的突变模式（图 3）、富集于蛋白 domain 以外且与已知的 TFBS 位点显著重合或靠近；同时，氨基酸密码子偏好性在片段内与外有显著差异。进一步分析表明这些调控功能在一定程度上影响了氨基酸密码子的偏好性（图 4）。进一步的分析显示大部分的高频片段断的进化速率较快，可能为生物快速调整基因调控网络从而适应新的环境提供遗传基础。该研究有助于我们理解遗传密码的多重编码能力，理解生物系统设计的 robustness。相关内容在 2019 年英国举行的 MBE 年会进行了 poster 展示，论文目标投稿期刊为 *Molecular Biology and Evolution* 杂志。



图 3. 高频氨基酸短片断突变模式（拟南芥与琴叶拟南芥比较）

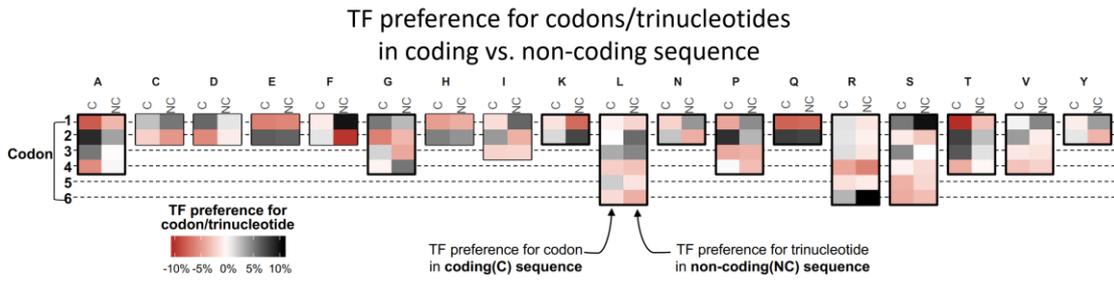


图 4. 拟南芥基因组编码和非编码区转录因子偏好性比较

九. 被子植物顺式调控元件比较基因组学研究

1) 收集和整理了拟南芥和水稻目前已经公开发表的表观修饰数据 (ChIP-Seq)、染色质开放数据 (DNase-Seq) 以及染色质高级结构数据 (HiC)。已完成对 ChIP-Seq 和 DNase-Seq 数据的比对以及组蛋白修饰 peak 和 DHS 的鉴定, 完成拟南芥和水稻的 HiC 数据比对和空间显著相互作用的鉴定 (图 5, 6); 在此基础上, 完成构建机器学习模型对拟南芥中的增强子进行预测。

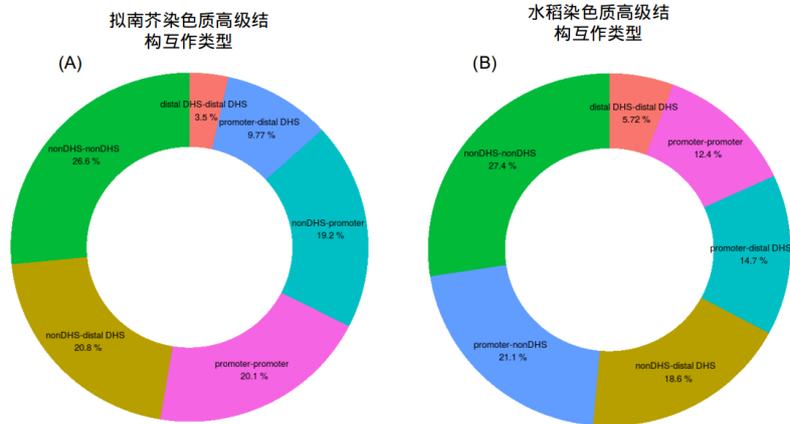


图 5. 拟南芥 (A) 和水稻 (B) 中各染色质高级结构交互类型所占的比例

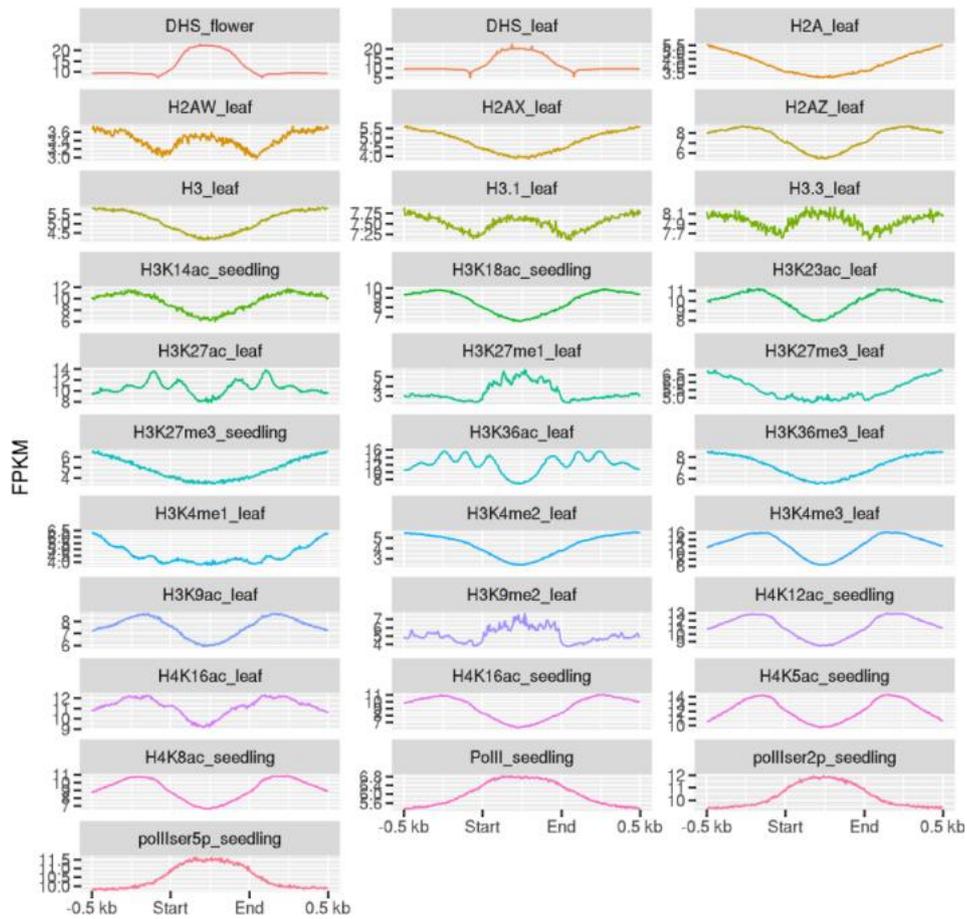


图 6. 拟南芥基因组中预测的增强子的表现地貌

2) 顺式调控元件上 TFBS 的多态性以及比较基因组分析

基于 PlantTFDB 数据库中的 TF 信息以及拟南芥群体变异及表达量数据，完成各转录因子表达量的高低和在群体中的变异的计算和统计；在此基础上，未来将进一步调查同源增强子元件上对应的 TF 的周转率。

3) 我们系统地对多种植物的各种基因组表观修饰的序列特征进行了分析，揭示出大部分组蛋白修饰都能进行较好的预测（图 7），且跨组织和跨物种预测效果很好（图 8）；同时我们确定了预测性能与修饰信号之间的位置依赖关系（图 9）该研究对于认识表观修饰的遗传学决定机制和进化有着重要意义。

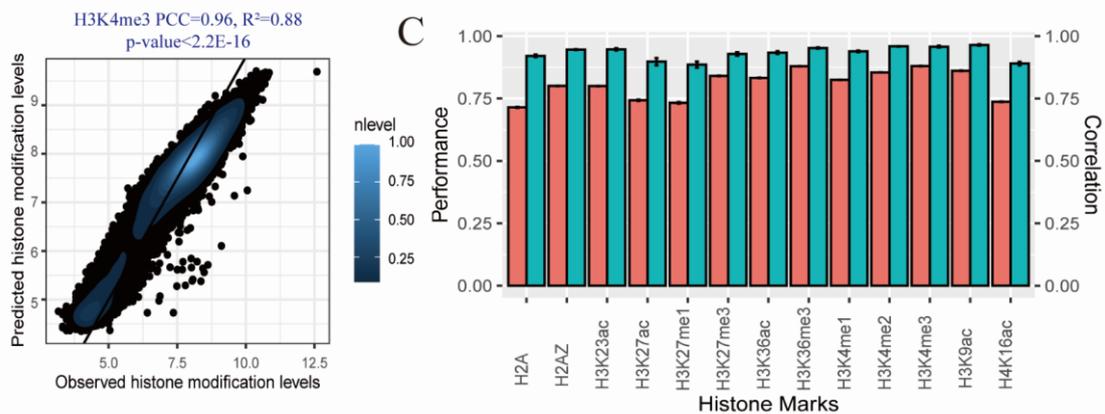


图 7. 拟南芥几种主要的表观修饰的序列水平可预测性

k-mers Cross Tissue Prediction - H4K16ac				k-mers Cross Plant Prediction - H4K16ac			
		Testing Tissue				Testing Plant	
		AthLeaf	AthSeedling			AthLeaf	RiceLeaf
Training Tissue	AthLeaf	0.887	0.877	Training Plant	AthLeaf	0.887	0.871
	AthSeedling	0.909	0.893		RiceLeaf	0.878	0.893

图 8. 表观遗传标记序列水平跨组织和跨物种可预测性(H4K16ac 为例)

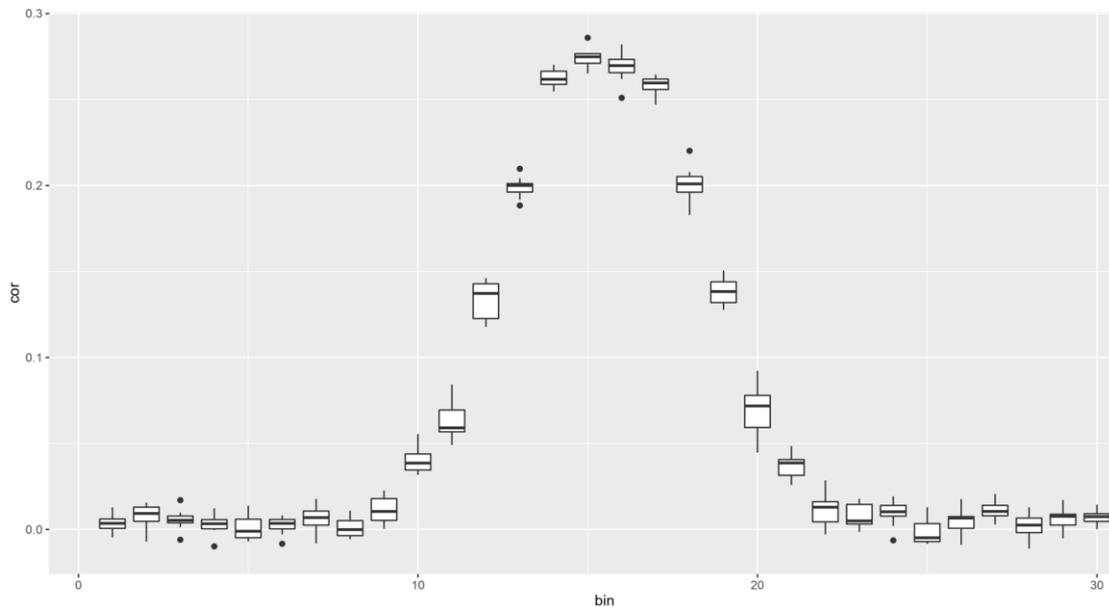


图 9. 不同区间的序列与组蛋白修饰水平可预测性的关系

十. 植物基因组大小与转座子关系研究

我们与中国农大教授合作，通过对四种十字花科植物基因组转座子进行鉴定和比较基因组分析，阐述了 Gypsy 转座子与十字花科基因组大小多样性之间的直接联系。相关研究发表发表于 *Genomics, Proteomics and Bioinformatics*.

十一. 群体遗传学相关研究

我们在全基因组水平揭示本地濒危黄牛的系发育史，通过比较极端和非极端环境下本地黄牛的遗传信息，探究本地黄牛快速适应极端环境的遗传机制。

1) 通过系统发育分析表明本地黄牛具有明显的地理分布。ADMIXTURE 分析发现本地黄牛之间具有显著的遗传交流。此外，PSMC 分析表明，本地黄牛的祖先群体大小主要受历史气候影响（图 10）。

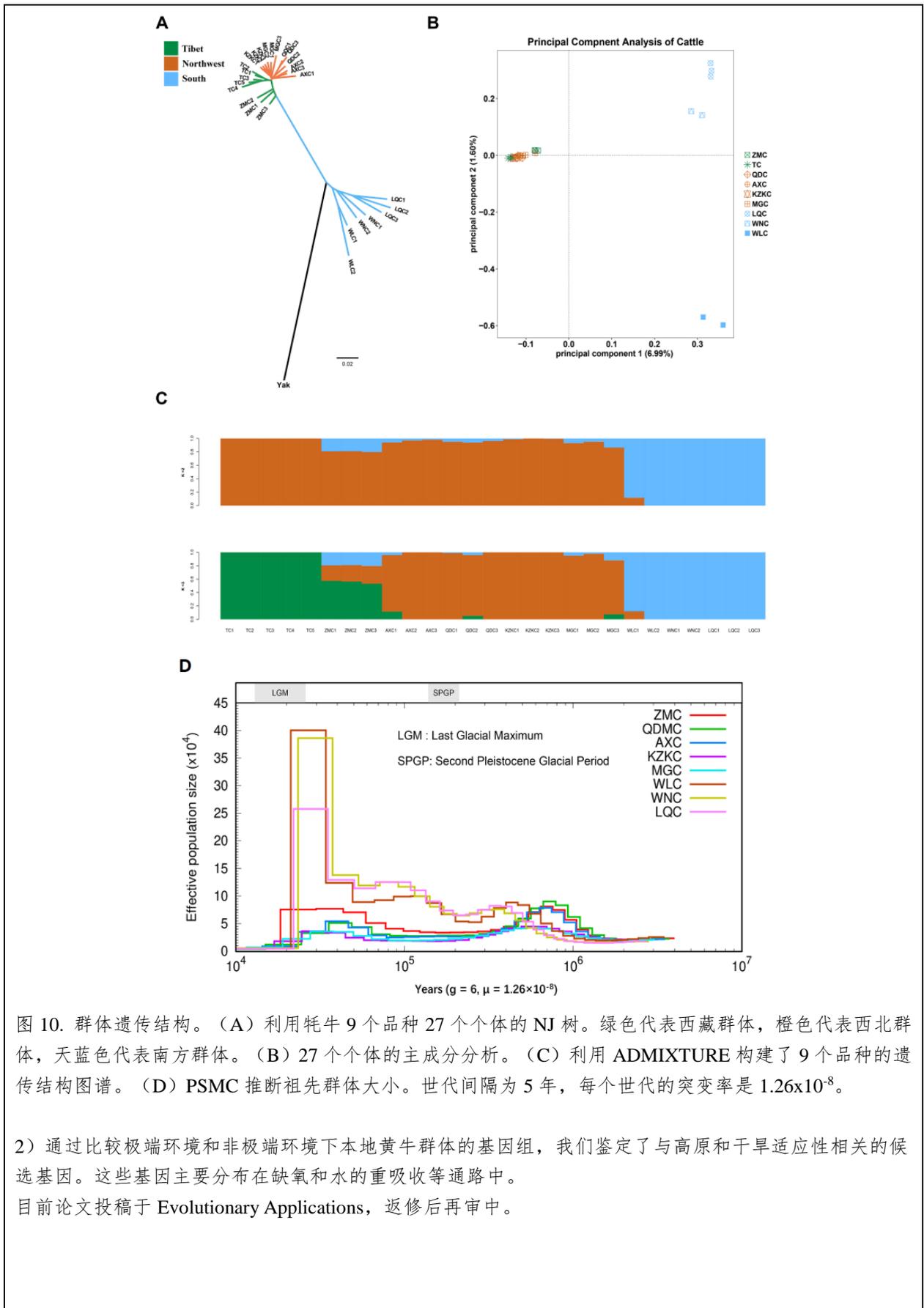


图 10. 群体遗传结构。(A) 利用牦牛 9 个品种 27 个个体的 NJ 树。绿色代表西藏群体，橙色代表西北群体，天蓝色代表南方群体。(B) 27 个个体的主成分分析。(C) 利用 ADMIXTURE 构建了 9 个品种的遗传结构图谱。(D) PSMC 推断祖先群体大小。世代间隔为 5 年，每个世代的突变率是 1.26×10^{-8} 。

2) 通过比较极端环境和非极端环境下本地黄牛群体的基因组，我们鉴定了与高原和干旱适应性相关的候选基因。这些基因主要分布在缺氧和水的重吸收等通路中。

目前论文投稿于 *Evolutionary Applications*，返修后再审中。

五、新增省部级以上研究课题情况（限主持的研究课题）

请按照课题名称; 课题来源; 总经费; 到位经费; 主持人; 起止年月顺序填写

- 1.植物胚乳印迹基因的比较和进化基因组学研究以及计算生物学预测; 国家自然科学基金面上项目; 65 万; 65 万; 杨若林; 2017.1-2020.12
- 2.陕西省百人计划; 陕西省人才资助项目; 50 万; 50 万; 杨若林; 2017.1-2020.12

六、发表学术论文情况 (限第一作者或通讯作者)

国际三大检索系统、SSCI、CSSCI 收录论文情况 (影响因子及分区情况以中科院 SCI 期刊分区为准)

请按照作者; 论文题目; 刊物名称; 发表时间; 影响因子及分区; 引用频次顺序填写

下列文章, 本人全部为 (并列) 通讯作者。

Yan Y, Li Z, Li Y, Wu Z, Yang R. Correlated Evolution of Large DNA Fragments in the 3D Genome of Arabidopsis thaliana. Mol Biol Evol. 2020;37(6):1621-1636 (SCI, IF=14.37, 中科院分区: 1 区)

Tang J, Wu Z, Tian Y, Yang R. ICGEC: a comparative method for measuring epigenetic conservation of genes via the integrated signal from multiple histone modifications between cell types. BMC Genomics. 2020;21(1):356. (中科院分区: 2 区, 目前无引用)

Yang W, Zhao F, Chen M, Li Y, Lan X, Yang R, Pan C. Identification and characterization of male reproduction-related genes in pig (Sus scrofa) using transcriptome analysis. BMC Genomics. 2020;21(1):381. (中科院分区: 2 区, 目前无引用)

Zhang S, Liu L, Yang R, Wang X. Genome Size Evolution Mediated by Gypsy Retrotransposons in Brassicaceae. Genomics, Proteomics & Bioinformatics. 2020, Oct 31. (SCI, IF=6.597: 中科院分区: 1 区,) 西农为第三单位

Wu Z, Tang J, Zhuo J, Tian Y, Zhao F, Li Z, Yan Y, Yang R. Chromatin Signature and Transcription Factor Binding Provide a Predictive Basis for Understanding Plant Gene Expression. Plant Cell Physiol. 2019 Jul; 60(7):1471-1486. (SCI, IF=3.929: 中科院分区: 2 区, 目前无引用)

Zhu Y, Yin J, Liang Y, Liu J, Jia J, Huo H, Wu Z, Yang R, Gong H. Transcriptomic dynamics provide an insight into the mechanism for silicon-mediated alleviation of salt stress in cucumber plants. Ecotoxicology Environment Safety. 2019 Jun; 174:245-254. (SCI, IF=4.527: 中科院分区: 2 区, 引用 7 次)

Ma L, Li Z, Cai Y, Xu H, Yang R, Lan X. Genetic variants in fat and short tailed sheep from high-throughput RNA-sequencing data. Animal Genetics, 2018, Oct; 49 (5):483-487. (SCI, IF=1.84: 中科院分区: 4 区, 引用 2 次)

发表其他论文情况

请按照作者；论文题目；刊物名称；发表日期；刊物类别顺序填写

唐康，杨若林. 大豆蛋白编码基因起源与进化. 植物学报. 2019.3. 中文核心

孟玉，杨若林. 基于基因家族大小的比较研究脊椎动物的适应性进化. 遗传. 2019. 2. 中文核心

七、新获省部级以上奖励情况

无

八、申请及获批专利情况

无

九、承担教学任务情况

1.为本科生、研究生讲授课程、学术报告等情况

请按照授课门类；授课时数；授课对象（本科生、研究生）顺序填写

遗传学，56，本科生

新生研讨课，20，本科生

2015年博士生论坛做学术报告

2017年学生夏令营做学术报告

2.获批教改项目、发表教改论文情况

无

十、人才培养情况

招收指导研究生数量及学生发表论文、获奖情况

共招收 6 位博士生、11 位硕士生进行科研工作，已毕业学生为 7 个硕士，其中两位在生物信息学公司进行科研工作，5 位学生在中山大学（3 人），西北工业大学（1 人）和西湖大学（1 人）进行博士阶段学习。去年有一名博士毕业，尽管拿到签证，去 Duke 大学进行博士后工作。目前在王二涛研究员团队进行研究。合作培养了三名硕士（目前分别在芬兰研究所，中山大学和兰州大学读博）。

目前学生们在 MBE (SCI 一区), MBC Genomics (SCI 二区), Plant Cell Physiology (SCI 二区), 中文核心期刊《植物学报》和《遗传学报》等发表研究论文。一篇论文在 MBE (SCI 一区) 评审, 其他未发表的研究论文, 后续将至少投稿到 SCI 二区及以上的期刊进行评审。

本科生指导情况

实验室共接受二十多位本科生在实验室进行科研训练, 实施与研究生相同的培养模式和条件, 例如安排独立工作位, 按时进行组会, 且要求本科生与研究生一样进行文献分享和讨论。在实验室至少经历两年以上科研训练的同学是田常青 (现在中科院上海药物所读博), 韩雪玮 (指导毕业论文, 南加州大学), 王也 (指导毕业论文, 清华大学), 郭雅菲 (指导毕业论文, 中科院遗传发育所), 李紫莹、王欢禹和侯宗良 (上海交通大学), 卢麒玥 (英国帝国理工大学), 杨璐 (北京大学), 王文岐 (毕业论文指导, 丹麦哥本哈根大学), 徐煜 (毕业论文指导, 西安交大), 何知非 (南京大学)。

十一、国内外学术交流情况

2017 年 6 月受邀去中国农业大学和中科院遗传发育所进行学术交流, 并作为硕士生, 博士生论文答辩评委
2018 年 6 月受邀去中山大学进行生态与进化系列讲座
2018 年 8 月带领课题组成员参加第十九届全国植物基因组大会
2019 年带领课题组成员参加在英国曼彻斯特举行的 MBE 年会, 并提交两个 poster 进行学术交流

十二、参加学院公益活动、完成学院安排任务情况

积极参加学院举办的博士论坛, 各种学术讲座, 积极接受学院各种旨在提升本科生科研能力和兴趣的活动, 如科研训练, “起航”计划, “微起航”计划等。
参与对毕业保送生的选拔, 申请夏令营学生的评选和进行相关讲座, 积极配合完成学院安排的各项任务。

十三、学校资助经费使用情况

学校的科研启动费主要用于

- 1) 实验室装修、布置, 常用办公电器 (如空调) 基本办公桌椅、电脑的购买;
- 2) 实验室科研仪器如超低温冰箱, 显微镜、服务器等配置;
- 3) 用于研究生的助研补贴的发放。

目前该经费使用完。

十四、存在的主要问题及需要说明的其它情况

1) 实验室固定的具有初级、中级职称科研技术人员极少（只到 2017 年才有一位师资博士后加入），前期开展研究工作十分困难。

2) 本人研究方向是进化生物学，偏重基础理论的研究。恰好该研究领域涉及的知识内容和结构在我国目前绝大部分高等院校培养的学生中是最薄弱甚至完全缺乏的，因此招收的学生基础十分差，基本上都是从零或者负起步进行培养，培养难度极大，周期长，给研究带来了很大困难。

希望学院领导能研究同意本实验室引进一名师资博士后，或者初级高级职称科研技术人员。

十五、下一步工作计划

进一步完善目前的研究计划，全面系统地推进相关研究工作。

教学上，希望能将国外最优秀的教材翻译为中文版，满足我国进化遗传学等学科教育资源极度缺乏的落后局面，为本科生普及更系统的专业知识，打造更合理，先进的学科知识结构。

承 诺 书

本人郑重承诺，以上所填内容真实，对填写所有内容负责。

签字：

年 月 日

十六、学院教授委员会考核意见

请从思想政治表现、师德师风、业务水平、所取得的教学、科研成果、参加学院公益活动及发展潜力等方面对参加考核人员进行全面评估

考核意见:

优秀

合格

不合格

教授（学术）委员会主任签字:

年 月 日

教授委员会成员签字:

年 月 日

十七、学院党委意见

思想品德鉴定 (请对其聘期内思想政治表现、遵守师德师风情况、有无处分、犯罪记录及学术不端行为做出鉴定)

(公章)

党委书记(签字):

年 月 日

十八、学院意见

参加考核人员的工作报告内容是否属实: 是 否

请定性描述参加考核人员聘期目标任务完成情况,明确考核结果及是否同意续聘。如同意续聘,请对参加考核人员提出今后工作安排的建议方案。

优秀

合格

不合格

(公章)

院长(签字):

年 月 日

十九、学校意见