

西北农林科技大学引进人才 中期评估表

姓 名： 姜 雨

所 在 单 位： 动物科技学院

填 写 日 期： 2018 年 04 月 13 日

西北农林科技大学高层次人才工作办公室制

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，须为来校工作后所取得的成果，且以西北农林科技大学为第一单位。

一、总结简表

个人基本情况	姓名	姜雨		性别	男		民族	汉族		出生年月	1983年12月11日	
	最终学位及毕业学校	中国科学院昆明动物所			研究领域	畜牧学		研究方向	动物基因组学			
	专业技术职务	教授			行政职务	无		电子邮箱	jiangyu96@163.com			
	研究依托的实验室、科研平台(中心)	基因组大数据实验室										
	联系电话	029-87092102			传真	029-87092164		手机	15029266711			
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			
	250	100			教授		博导		无			
来校工作以来工作情况	经费使用情况	资助总额			826 万元		实际支出金额		400 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	2	国际	2	国际	0	国际	1			
		国内	5	国内	8	国内	2	国内	5			
	授课情况	授课门类	生物信息学 生物统计学		授课时数	200		授课对象(本科、研究生)	本科生、研究生			
	入选人才支持计划	国家级				省部级						
		青年千人计划				陕西省科技新星、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		5		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 源刊全文发		其他(篇)						
		7		7		1						
	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		2		150								
获奖情况	国际(项)		国家级(项)		省部级(项)							
	无		无		2							
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)						
	1	6(0)		13(1)		12(12)						

二、合同聘期目标任务

- 1、教学任务：聘期内，承担本科生《生物统计学》或《新生研讨课》等课程的教学任务，且年本科生课堂授课时数不低于 16 学时。
- 2、科研任务：利用基因组学大数据分析辅助分子育种，编写大数据分析的通用软件和分析流程方法，解析家养动植物遗传变异分析工作的普遍性问题。重点进行羊的进化基因组学研究，发起世界羊亚科动物泛基因组研究的国际合作项目，构建家养动物 CNV HapMap 数据库构建等开创性工作，以彻底解析羊亚科动物的物种进化和经济性状基因的演化历程，并寻找其适应自然环境的抗性基因和受到人工选择的重要经济性状基因和关键变异，服务羊的遗传育种领域。
- 3、学科团队建设任务：聘期内，吸纳 2-3 名青年学术骨干，组建“动物基因组学”研究团队，成为国际上最主要的山羊和绵羊基因组分析团队，并与校内外多个动植物遗传实验室建立合作，使其成为服务育种领域的国内领先的生物信息分析平台。
- 4、人才培养：培养 5-8 名博士研究生、10-15 名硕士研究生，并为研究生讲授《基因组学与分子育种》课程，培养热爱科研、具有创造性科研能力的青年人才。
- 5、国际交流：聘期内，与国际绵羊基因组组织、欧洲绵羊研究组织，以及美国犹他州立大学、澳大利亚联邦科学院等开展实质性合作研究，搭建师生互访平台，协助建立校际合作关系。参加 4-5 次国际会议并做大会报告，提升我校动物遗传育种学科的国际学术影响力。

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。

1、思想政治表现

自本人参加工作以来,政治立场坚定,热爱祖国,热爱学校,拥护中国共产党领导,拥护社会主义。全面贯彻党和国家教育方针政策,自觉遵守国家法律法规和学校各项规章制度,有强烈的事业心和责任感,爱岗敬业,教风端正。

2、师德师风

在平时的工作中,本人注重师德师风修养,能够按照师德师风的高标准严格要求自己,对本职工作有强烈的事业心和责任感,严于律己,为人师表。教育思想端正,关心、爱护全体学生,教书育人,具有良好的职业道德。

3、学术道德

在学术活动中,坚守学术诚信,勇于承担学术责任和学术义务,自觉维护学术的高尚、纯洁与严肃性;不断提高学术道德素养,倡导求真务实的学术作风,提倡严谨治学,忠于真理,反对投机取巧、弄虚作假,提倡潜心研究,努力铸造学术精品。

四、主要研究内容及工作进展（限 2000 字以内）

本人主要从事牛羊等草食家畜的比较基因组和群体遗传学研究，致力于阐明牛羊重要经济性状的遗传机制和关键的因果突变，服务于牛羊的分子育种。同时，通过整合实验室积累的各种组学大数据，构建牛羊遗传变异数据库，针对中国牛羊品种的遗传特点设计 SNP 芯片，加速我国牛羊的育种进程。目前已在以下研究方面取得重要进展：

1. 牛羊泛基因组研究

牛羊等重要家畜泛基因组的构建对全面挖掘各自物种的遗传变异具有重要作用。本课题组前期积累了大量山羊、绵羊和牛等重要家畜的 de novo 基因组和全基因组重测序数据。利用比较基因组学分析方法并基于上述数据，我们建立了动物泛基因组分析流程，已经构建了山羊的泛基因组，发现了大量参考基因组缺失的序列，并结合重测序、转录组等数据对这些序列的生物学功能进行了分析。

整合国内外大量山羊品种的重测序和转录组数据，构建了山羊的泛基因组数据库 (<http://animal.nwsuaf.edu.cn>)，该数据库包含了各山羊品种的 SNP、CNV 和表达量数据，可供国内外学者使用，为山羊的遗传育种提供了重要参考。

2. 牛羊的起源、驯化历史和适应性进化研究

(1) 山羊起源、驯化历史和适应性进化研究

山羊的起源和驯化历史研究：通过对 164 只分布全世界家山羊 (*Capra hircus*)、35 只野山羊 (24 只伊朗野山羊 (*Capra aegagrus*), 3 只西伯利亚北山羊 (*Capra sibirica*), 3 只捻角羊 (*Capra falconeri*), 4 只努比亚北山羊 (*Capra nubiana*) 及 1 只阿尔卑斯北山羊 (*Capra ibex*)) 和 2 只古

代山羊 (~4,000 年前) 进行全基因组重测序, 构建山羊全基因组多态性位点图谱, 并基于该图谱揭示了警惕性的改变是山羊早期驯化过程中的一个重要事件。此外, 研究发现早期驯化山羊与野生山羊存在很强的基因流混合, 并从中获得了新的遗传变异用于适应人工圈养环境

中国山羊适应性进化研究: 中国不同地域有着差异分明的气候环境, 山羊在约 4000 年前进入中国之后, 迅速适应了中国各个地方不同的地理环境, 研究中国不同山羊群体的形成和适应性演化过程对于理解家畜的环境适应性机制有重要意义。本研究对 31 只 4000 年前到 500 年前的中国北方古代山羊进行了全基因组测序, 结合现代样本, 发现中国山羊的形成受到过两次迁徙事件的影响。除 4000 年前的第一次迁入以外, 中国北方山羊在 650 年前还受到过一次大规模群体杂交, 可能与蒙古游牧民族的南迁有关。对比炎热和寒冷环境下的山羊群体, 我们发现与绒毛性状相关的 *FGF5* 基因、*EDA2R* 基因, 与甲状腺素转运相关的 *SLC16A2* 基因有着显著的分化。这些基因在不同的气候环境下发生的分化使得中国山羊适应了不同的气候环境。

(2) 中国黄牛的起源研究

课题组与雷初朝教授合作, 对 111 头中国黄牛进行了全基因组重测序分析, 并结合国外 24 个牛种 (146 头) 的全基因组重测序数据, 分析了中国黄牛的起源, 发现中国瘤牛与印度瘤牛的父亲系单倍型具有显著差异, 并发现了西藏黄牛存在牦牛的渗入, 南方瘤牛存在爪哇的渗入, 提出渗入事件对西藏黄牛和南方瘤牛分别适应高寒和炎热潮湿环境发挥了重要作用, 相关论文正在 Nature Communication 审稿中 (小修)。

3. 反刍动物生物学研究

(1) 反刍动物新器官 (瘤胃、角) 的起源研究

牛羊等反刍动物最主要的特征是角和具有反刍功能的瘤胃，角和瘤胃形成遗传机制的研究对无角新品种的选育和提高家畜纤维素利用效率具有重要意义。本课题组与西工大王文教授团队合作，对反刍亚目 42 个物种的基因组进行了 de novo 组装，进而结合转录组、Hi-C 技术和宏基因组分析分别对反刍动物角的起源和瘤胃的形成机制进行了研究，鉴定到了与牛羊角生成相关的重要基因，构建了瘤胃形成的调控网络及与微生物的互作关系。

(2) 反刍动物数据库的构建

基于整个反刍项目计划，我们收集了 52 个反刍动物的基因组和注释，并以山羊为参照构建了 65 个物种的共线性关系，6 种尺度的保守性评估（鹿科、牛科、有角下目、反刍亚目、哺乳动物和脊椎动物）以及 381 个样品的转录组分析（山羊：87，绵羊：206，牛：68，孢子：20）。反刍数据库（Ruminant Genome Database, RGD）通过在本地搭建 LAMP 环境，引入著名的基因组浏览器 UCSC Genome Browser 和在线比对工具 BLAST 和 BLAT，并通过自动化代码实现以上数据的检索和可视化展示。RGD 的网址为 <http://animal.nwsuaf.edu.cn/Ruminantia>。

4. 动物基因组拷贝数变异软件（CNVcaller）

开发了专门在动植物大群体中快速检测基因组拷贝数变异的软件 CNVcaller，适用于动植物大群体 CNV 检测，并充分简化了分析流程，仅需三个基本步骤便可以报告结果 VCF 文件，输出结果可直接用于动植物的各种性状的 GWAS 和 QTL 分析。

5. 绵羊 SNP 芯片的设计与推广

主导设计了绵羊的 660K SNP 芯片，该芯片与 Affymetrix 公司合作设计生产，可用于学术研究、生产及绵羊育种。该款芯片是依据实验室现有 911

只来自世界范围的绵羊设计而来，特别是针对中国地方绵羊品种的遗传变异进行了优化。相较于现有绵羊 HD 芯片，这款芯片具有均匀度更高、功能位点更丰富、数据来源更广泛、超低频位点数目更少、中频位点比重更大、位点代表性更强、价格更优惠等优势。目前该芯片已设计完成，近期将交付 Affymetrix 公司生产。后期将与新疆、内蒙古和云南等地科研单位和公司进行合作，使用该芯片进行新品种的选育。

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；到位经费；主持人；起止年月顺序填写

1. 陕西地方肉羊品种改良技术规程；陕西省科技厅；10 万元；K332021520；2015.06.01-2016.12.31
2. 羊亚科动物泛基因组研究；中组部；300 万元；Z111021502；2015.1.1-2019.12.31
3. 欧拉型藏羊高原适应性状的进化基因组学研究；国家基金委；76 万元；K3050215111；2016.1.1-2019.12.31
4. 陕西省百人计划；陕西省委组织部；50 万元；A289021616；2016

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；影响因子及中科院系统分区；引用频次顺序填写

1. Zhou Z.#, Li M.#, Cheng H.#, Fan W.#, Yuan Z#., ..., Hou S.*, Jiang Y*., An intercross population study reveals genes affecting associated with body size and plumage color in ducks. Nature Communications. Accepted 【2018, IF=12.12】
2. Wang X.#, Zheng Z.#, Cai Y., Chen T., Li C., Fu W. and Jiang Y.*(2017). CNVcaller: highly efficient and widely applicable software for detecting copy number variations in large populations. GigaScience. 【2018: IF= 6.87】
3. Li M, Zhou H, Pan X, Xu T, Zhang Z, Zi X*, Jiang Y* (2017) Cassava foliage affects the microbial diversity of Chinese indigenous geese caecum using 16S rRNA sequencing. Scientific Reports 7 【2017: IF= 4.25】
4. 程红, 姜雨*. 家养动物基因组拷贝数变异研究进展及其育种应用展望[J]. 生物技术通报, 2015, 31(11): 35-42.(特约综述)
5. Dong Y#, Zhang X#, Xie M#, ... Wang W*, Jiang Y* Reference genome of wild goat(Capra aegagrus)and sequencing of goat breeds provide insight into genic basis of goat domestication.BMC Genomics(2015), 16:431 【2014: IF= 4.0】
6. Jiang Y#, Wang X#, Kijas J, Dalrymple B*. Beta globin gene evolution in the ruminants: evidence for an ancient origin of sheep haplotype B. Animal Genetics (2015)【2014: IF= 2.2】
7. Zhou Z#, Jiang Y#, Wang Z#, ... , Wang W*, Tian Z*. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. Nature biotechnology23(4) (2015): 408-414 【2014: IF= 41.5】
8. Jiang Y#, Xie M#, Chen W#, ... , Wang W*, Dalrymple B*.The sheep genome illuminates biology of the rumen and lipid metabolism. Science 344 (2014): 1168-1172. 【2013: IF=31.5】

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

1. Wang X, Yu H, Lei A, Zhou J, Zeng W, Zhu H, Dong Z, Niu Y, Shi B, Cai B, et al: Generation of gene-modified goats targeting MSTN and FGF5 via zygote injection of CRISPR/Cas9 system. *Scientific Reports* 2015, 5.
2. Wang X, Liu J, Zhou G, Guo J, Yan H, Niu Y, Li Y, Yuan C, Geng R, Lan X, et al: Whole-genome sequencing of eight goat populations for the detection of selection signatures underlying production and adaptive traits. *Scientific Reports* 2016, 6.
3. Wang X, Niu Y, Zhou J, Yu H, Kou Q, Lei A, Zhao X, Yan H, Cai B, Shen Q, et al: Multiplex gene editing via CRISPR/Cas9 exhibits desirable muscle hypertrophy without detectable off-target effects in sheep. *Scientific Reports* 2016, 6.
4. Kang D, Zhou G, Zhou S, Zeng J, Wang X, Jiang Y, Yang Y, Chen Y: Comparative transcriptome analysis reveals potentially novel roles of Homeobox genes in adipose deposition in fat-tailed sheep. *Scientific Reports* 2017, 7.
5. Li C, Zhang X, Cao Y, Wei J, You S, Jiang Y, Cai K, Wumaier W, Guo D, Qi J, et al: Multi-vertebrae variation potentially contribute to carcass length and weight of Kazakh sheep. *Small Ruminant Research* 2017, 150:8-10.
6. Li X, Su R, Wan W, Zhang W, Jiang H, Qiao X, Fan Y, Zhang Y, Wang R, Liu Z, et al: Identification of selection signals by large-scale whole-genome resequencing of cashmere goats. *Scientific Reports* 2017, 7.
7. Qiao X, Su R, Wang Y, Wang R, Yang T, Li X, Chen W, He S, Jiang Y, Xu Q, et al: Genome-wide Target Enrichment-aided Chip Design: a 66 K SNP Chip for Cashmere Goat. *Scientific Reports* 2017, 7.
8. Xu Y, Jiang Y, Shi T, Cai H, Lan X, Zhao X, Plath M, Chen H: Whole-genome sequencing reveals mutational landscape underlying phenotypic differences between two widespread Chinese cattle breeds. *Plos One* 2017, 12.
9. Yang Y, Wang Y, Zhao Y, Zhang X, Li R, Chen L, Zhang G, Jiang Y, Qiu Q, Wang W, et al: Draft genome of the Marco Polo Sheep (*Ovis ammon polii*). *GigaScience* 2017, 6:1-7.

七、新获省部级以上奖励情况

陕西省青年科技新星 (2015)
陕西省中青年科技创新领军人才 (2015)

八、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

生物统计学；160 学时（2015-2018）；本科生

生物信息学：40 学时（2017-2018 学年）；本科生

九、国内外学术交流情况

姓名	会议名称	时间	地点
----	------	----	----

姜雨	第 25 届国际动植物基因组年会	2017	美国圣地亚哥
----	------------------	------	--------

姜雨	第十九届动物遗传育种大会	2017	江苏南京
----	--------------	------	------

姜雨	第 36 届动物遗传学大会	2017	爱尔兰都柏林
----	---------------	------	--------

姜雨	第一届世界绵羊大会	2017	北京
----	-----------	------	----

姜雨	第四届全国功能基因组学高峰论坛	2017	北京
----	-----------------	------	----

姜雨	第三届大数据技术与产业应用大会	2016	北京
----	-----------------	------	----

姜雨	第二届全国基因组产业转化高峰论坛	2016	北京
----	------------------	------	----

姜雨	第十八届动物遗传育种大会	2015	江西南昌
----	--------------	------	------

十、学校资助经费使用情况

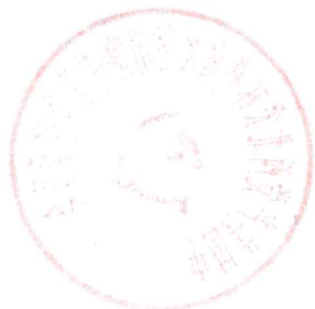
获批学校青年千人配套资助 300 万元，高层次人才引进科研启动费 50 万元，优青杰青培养专项 40 万元。

十一、存在的主要问题及需要说明的其它情况

无

十二、下一步工作计划

- (1) 完善牛羊的泛基因组和相关数据库的搭建，完善反刍动物基因组数据库；
- (2) 揭示反刍动物角和瘤胃的遗传机制，为无角、高产等优良品种的选育奠定基础；
- (3) 利用山羊和绵羊的全基因组重测序数据和古 DNA 样本，深入研究世界山羊、绵羊的驯化、迁徙历史和环境适应性机制；
- (4) 寻找与山羊、绵羊适应和重要经济相关的分子标记，开发山羊、绵羊的 SNP 芯片，并联合国内其他科研单位和育种公司进行山羊、绵羊新品种的选育。



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：姜雨

2018 年 4 月 14 日

十三、专家评估结果

学院于 2018 年 4 月 27 日举行了对引进人才姜雨的聘期中期评估会，共参会专家 10 人，评估结果为合格 10 票，不合格，需改进 0 票。

十四、学院意见

学院对参加评估人员的材料审查情况，是否属实

是

否

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）

姜雨同志理想信念坚定，积极参加政治理论学习，为人师表，积极投身科研工作。无违纪、违法犯罪记录，无学术不端行为。

（公章）

党委书记（签字）：李波

2018 年 5 月 3 日

学院评估结果及意见：

合格

不合格，需改进

1. 请定性描述参加评估人员工作状态
2. 对评估不合格者，请提出明确处理意见和整改措施。

已按合同任务书要求完成了相应目标任务，

发展潜力优异，通过中期考核。

院长（签字）：

刘庆



2018年4月30日