



创新教育模式 培养一流人才



师资队伍

杰出人才

教职员工

副高

COLLEGE OF LIFE SCIENCES, SICHUAN UNIVERSITY

当前位置: 首页 > 师资队伍 > 教职员工

余岩

发布时间: 2016年12月20日 浏览量: 11912



个人简历

基本信息

余岩, 博士, 男, 汉族 籍贯: 江苏省徐州市
 职称: 副教授, 博士生导师
 出生日期: 1986/02/20 政治面貌: 中国民主同盟
 Email: yyyu@scu.edu.cn
 通讯地址: 四川省成都市武侯区四川大学生命科学学院

教育和工作经历

2015/10 - 至今, 四川大学, 生命科学学院, 副教授
 2014/3 - 2015/9, Duke University, Visiting scholar
 2012/7 - 2015/9, 四川大学, 生命科学学院, 讲师
 2007/9 - 2012/6, 四川大学, 生命科学学院, 生物学, 博士
 2003/9 - 2007/6, 四川大学, 生命科学学院, 生物技术

研究内容

研究方向: 计算生物学、生态学、进化生物学、植物经典分类学、植物系统与分子进化、历史生物地理、进化软件与算法、自然科技资源平台建设、资源植物保护与利用、外来入侵植物等
 研究简介: 研究聚焦大数据的前沿领域, 紧跟国家战略需求, 从事生命科学和计算机科学交叉学科的研究, 提出分子标记提取和物种起源扩散的多种理论方法并开发了相关工具, 成果应用于细菌/病毒的起源与传播路径、动植物的迁移和扩散、环境气候对物种的影响等领域。作为第一作者或通讯作者在MBE, MPE, Annals of Botany 等进化生物学顶级期刊上发表了系列SCI论文17篇, 共计发表论文30余篇, 其中3篇第一作者论文入选ESI高被引, 2篇单篇他引大于500次, ESI总被引2000余次。研究成果“西南地区特色类群的生物多样性研究”获得2020年度教育部自然科学二等奖, 主持国家自然科学基金面上项目(2项)、青年项目、四川省基础条件平台项目等各级项目10项300余万, 参编十三五规划教材《药用植物学》, 参编工具书《中国维管植物科属志》和《中国维管植物科属词典》, 副主编《四川湿地植物彩色图谱》; 开发了“物种形态学测量系统”、“植物野外调查”等多个软件, 获得软件著作权6个, 专利1个。

本科和研究生教学

主讲《生物学计算机基础》、《基因组与进化》、《生物分类学与机器学习》、《生物科学野外综合实习》、《普通生物学实验》等本科课程。
 参讲《从硅基到碳基: 信息技术和文明再造》、《返本开新: 中医药的传统与未来》、《科幻文学: 想象的未来与超越的现实》等本科课程。
 参讲《宏观生物学》、《高级组学分析》、《系统发育方法与软件》等研究生课程。

获奖称号

2021 四川大学 四川大学教学成果二等奖 排名(1/10)
 2020 中华人民共和国教育部 自然科学二等奖 排名 (2/5)
 2019 四川省 海外高层次人才
 2018 四川大学 大学生创新创业教育优秀指导教师
 2017 四川大学 优秀实习指导教师
 2016 四川大学 优秀学业指导教师
 2015 四川大学 课堂教学质量优秀奖
 2014 四川大学 青年骨干教师

教材和著作

普通高等教育“十三五”规划教材, 《药用植物学》, 主编: 高宁, 牛晓峰, ISBN: 9787030503084 编委
 《中国维管植物科属志》, 主编: 李德铎, ISBN: 9787030508432, 参编伞形科部分
 《中国维管植物科属志》, 主编: 李德铎, ISBN: 9787030551207, 参编伞形科部分
 《四川湿地植物彩色图谱》, 主编: 何兴金, ISBN: 9787569054835, 副主编

科研项目

国家科技基础资源调查专项, 2022FY101000, 具有潜在药用价值的中药资源调查——新物种的评估与复核子课题(四川大学), 2022/10-2025/10, 在研, 50万, 主持
 国家自然科学基金面上项目, 32271552, 基于浅层基因组测序的系统发育方法学研究及其在芹亚科的应用, 2023/01-2026/12, 在研, 64.8万, 主持
 国家自然科学基金面上项目, 32071666, 柴胡属(Bupleurum L.)物种多样化的时空分布格局研究, 2021/01-2024/12, 在研, 69.6万, 主持
 四川省中医药科学技术研究专项, 2019PC002, 全国第四次中药资源普查2019年外业调查研究(新龙县、炉霍县、白玉县), 2019/7-2020/12, 已结题, 40万, 主持
 四川省基础条件平台项目, 2018TJPT0027, 四川省自然保护区植物标本资源共享平台建设, 2018/1-2020/12, 在研, 30万, 主持
 United Board for Christian Higher Education in Asia, A Practical Bridge to Bring Environmentalism from University to Rural Areas, 2018/04-2019/03, 已结题, 3.49万, 主持
 国家科技基础条件平台建设项目, 2005DKA21400-1, 中国大学校园植物网的构建与示范——四川大学, 2017/09-2018/12, 已结题, 4万, 主持
 国家自然科学基金青年基金, 31500188, 基于转录组的花瓣软苞片遗传调控机制和演化模式的研究, 2016/01-2018/12, 已结题, 25.2万, 主持
 国家自然科学基金面上项目, 31270241, 中国蕨属的分子系统学与细胞地理学研究, 2013/01-2016/12, 已结题, 参加
 国家科技基础条件平台建设项目, 2005DKA21403-JK, 教学标本标准化整理、整合及共享试点, 2012/01-2012/12, 250万, 参加
 国家自然科学基金面上项目, 30670146, 国产独活属的细胞地理学与分子进化研究, 2007/01-2009/12, 已结题, 参加
 科技部基础性研究专项重点项目, 2007FY110100, 青藏高原特殊生境下野生植物种质资源的调查与保存, 2008/01-2012/12, 已结题, 参加
 依托种质资源库的植物DNA条形码研究, 中国科学院大科学装置开放研究项目, 2010/01-2010/12, 已结题, 参加
 国家科技基础条件平台建设项目, 2005DKA21403-JK, 教学标本标准化整理、整合及共享试点, 2006/01-2008/12, 已结题, 参加
 国家教育部博士点基金资助项目, 独活属及其近缘类群的分子系统学与进化研究, 2004/01-2006/12, 已结题, 参加

学术论文

发表SCI论文33篇, 其中一作和通讯17篇, 其中被ESI评为高被引(Highly cited)论文3篇, 一作和通讯SCI引用次数2000余次。
 Zhang, Z., Xie, P., Guo, Y., Zhou, W., Liu, E., & Yu, Y.* (2022). Easy353: A tool to get Angiosperms353 genes for phylogenomic research. Mol Biol Evol, 39(12), msac261.
 Zhou, Y.-y., Si, Y.-h., Zhang, Z., Wang, Q.* & Yu, Y.* (2021). Codonopsis atriplicifolia (Campanulaceae), a new species from western Sichuan, China. Phytotaxa, 512(3), 197-204.
 Li, Q. Q.#, Yu, Y.#, Zhang, Z. P., & Wen, J. (2021). Comparison among the chloroplast genomes of five species of Chamaerhodos (Rosaceae: Potentillaceae): phylogenetic implications. Nordic Journal of Botany, 39(6).
 Wen J#., Yu Y#., Xie D, Peng C, Liu Q, Zhou S, He X. A transcriptome-based study on the phylogeny and evolution for taxonomic controversial subfamily Apioloideae (Apiaceae). ANNALS OF BOTANY. 2020. 125(6): 937-953 DOI: 10.1093/aob/mcaa011.
 Yu Y*, Blair C, He X*, RASP 4: Ancestral State Reconstruction Tool for Multiple Genes and Characters. MOLECULAR BIOLOGY AND EVOLUTION. 2020. 37:604-606. (IF=16.24, High cited)
 Zhou, S. L., Xu, C., Liu, J., Yu, Y., Wu, P., Cheng, T., & Hong, D.-Y. (2020). Out of the Pan-Himalaya: Evolutionary History of the Paeoniaceae Revealed by Phylogenomics. Journal of Systematics and Evolution. doi:10.1111/jse.12688
 Xie, D. F., Yu, Y., Deng, Y. Q., Li, J., Liu, H. Y., Zhou, S. D., & He, X. J. (2018). Comparative Analysis of the Chloroplast Genomes of the Chinese Endemic Genus Urophysa and Their Contribution to Chloroplast Phylogeny and Adaptive Evolution. Int J Mol Sci, 19(7), doi:10.3390/ijms19071847
 Tan, J., & Yu, Y. (2018). The complete chloroplast genome of Pimpinella rhoisoides var. tenuiloba. Mitochondrial DNA Part B, 3(1), 101-102.
 Liu, H.-Y., Yu, Y., Deng, Y.-Q., Li, J., Huang, Z.-X., & Zhou, S.-D. (2018). The Chloroplast Genome of Lillium henrici: Genome Structure and Comparative Analysis. Molecules, 23(6), doi:10.3390/molecules23061276
 Liu, H.-Y., Li, J., Xie, D.-F., He, X.-J., Yu, Y., & Zhou, S.-D. (2018). The complete chloroplast genome of Nomocharis pardanithina. Mitochondrial DNA Part B, 3(1), 103-104.
 Yu, Y.*, Xiang, Q.*, Manos, P. S., Soltis, D. E., Soltis, P. S., Song, B. H., Cheng, S., Liu, X., Wong, G. (2017). Whole-genome duplication and molecular evolution in Cornus L. (Cornaceae) - Insights from transcriptome sequences. PLoS One, 12(2), e0171361.
 Xie, D. F., Li, M. J., Tan, J. B., Price, M., Xiao, Q. Y., Zhou, S. D., Yu, Y.*. He, X.J* (2017). Phylogeography and genetic effects of habitat fragmentation on endemic Urophysa (Ranunculaceae) in Yungui Plateau and adjacent regions. PLoS One, 12(10), e0186378
 Deng, Y.-Q., Wen, J., Yu, Y.* & He, X.-J.* (2017). The complete chloroplast genome of Angelica nitida. Mitochondrial DNA Part B, 2(2), 694-695. doi:10.1080/23802359.2017.1383198
 Altinordu, F., Peruzzi, L., Yu, Y.* & He, X. (2016). A tool for the analysis of chromosomes: KaryoType. Taxon, 65(3), 586-592.
 Yu, Y., Harris, A. J., Blair, C., & He, X. (2015). RASP (Reconstruct Ancestral State in Phylogenies): a tool for historical biogeography. Molecular Phylogenetics and Evolution, 87, 46-49. (High cited)
 Call, A., Sun, Y.-X., Yu, Y., Pearson, P. B., Thomas, D. T., Trigiano, R. N., . . . Xiang, Q.-Y. J. (2015). Genetic structure and post-glacial expansion of Cornus florida L. (Cornaceae): integrative evidence from phylogeography, population demographic history, and species distribution modeling. Journal of Systematics and Evolution, 15(6), 1137-1146. doi:10.1111/jse.12171
 Wang, Z.-X., Downie, S. R., Tan, J.-B., Liao, C.-Y., Yu, Y., & He, X.-J. (2014). Molecular phylogenetics of Pimpinella and allied genera (Apiaceae), with emphasis on Chinese native species, inferred from nrDNA ITS and cpDNA intron sequence data. Nordic Journal of Botany, 32(5), 642-657. doi:10.1111/j.1756-1051.2013.00343.x
 Wang, Q., Wang, X. Q., Sun, H., Yu, Y., He, X. J., & Hong, D. Y. (2014). Evolution of the platycodonoid group with particular references to biogeography and character evolution. J Integr Plant Biol, 56(10), 995-1008. doi:10.1111/jipb.12203
 Liao, C., Downie, S. R., Li, Q., Yu, Y., He, X., & Zhou, B. (2013). New Insights into the Phylogeny of Angelica and Its Allies (Apiaceae) with Emphasis on East Asian Species, Inferred from nrDNA, cpDNA, and Morphological Evidence. Systematic Botany, 38(1), 266-281.
 Ali, S. S., Pfosser, M., Wetschnig, W., Martínez-Azorin, M., Crespo, M. B., & Yu, Y. (2013). Out of Africa: Miocene dispersal, vicariance, and extinction within Hyacinthaceae subfamily Utricularioideae. J Integr Plant Biol, 55(10), 950-964. doi:10.1111/jipb.12065
 Liao, C.-Y., Downie, S. R., Yu, Y., & He, X.-J. (2012). Historical biogeography of the Angelica group (Apiaceae tribe Selineae) inferred from analyses of nrDNA and cpDNA sequences. Journal of Systematics and Evolution, 50(3), 206-217. doi:10.1111/j.1759-6831.2012.00182.x
 Ali, S. S., Yu, Y., Pfosser, M., & Wetschnig, W. (2012). Inferences of biogeographical histories within subfamily Hyacinthoideae using S-DIVA and Bayesian binary MCMC analysis implemented in RASP (Reconstruct Ancestral State in Phylogenies). Ann Bot, 109(1), 95-107. doi:10.1093/aob/mcr274
 Yu, Y., Downie, S. R., He, X., Deng, X., & Yan, L. (2011). Phylogeny and biogeography of Chinese Heracleum (Apiaceae tribe Torpidiellae) with comments on their fruit morphology. Plant systematics and evolution, 296(3-4), 179-203.
 Yu, Y., Harris, A. J., & He, X. (2010). S-DIVA (Statistical Dispersal-Vicariance Analysis): A tool for inferring biogeographic histories. Molecular Phylogenetics and Evolution, 56(2), 848-850. (High cited)
 Li, Q. Q., Zhou, S. D., He, X. J., Yu, Y., Zhang, Y. C., & Wei, X. Q. (2010). Phylogeny and biogeography of Allium (Amaryllidaceae: Alliaceae) based on nuclear ribosomal internal transcribed spacer and chloroplast rps16 sequences, focusing on the inclusion of species endemic to China. Ann Bot, 106(5), 709-733. doi:10.1093/aob/mcq177
 Feng, T., Downie, S. R., Yu, Y., Zhang, X., Chen, W., He, X., & Liu, S. (2009). Molecular systematics of Angelica and allied genera (Apiaceae) from the Hengduan Mountains of China based on nrDNA ITS sequences: phylogenetic affinities and biogeographic implications. Journal of Plant Research, 122(4), 403-414. doi:10.1007/s10265-009-0238-4
 Wang, Q.-Z., He, X.-J., Zhou, S.-D., Wu, Y.-K., Yu, Y., & Pang, Y.-L. (2008). Phylogenetic inference of the genus Bupleurum (Apiaceae) in Hengduan Mountains based on chromosome counts and nuclear ribosomal DNA ITS sequences. Journal of Systematics and Evolution, 46(2), 142-154. doi:10.3724/sp.j.1002.2008.07107
 Xue, H.-G., Zhou, S.-D., He, X.-J., & Yu, Y. (2007). Molecular authentication of the traditional Dai medicinal plant Croton caudatus. Planta Medica, 73(6), 611-613. doi:10.1055/s-2007-967197
 Xue, H.-G., Zhou, S.-D., He, X.-J., & Yu, Y. (2007). Karyotype in fifteen populations belonging to thirteen species of Euphorbia (Euphorbiaceae) in China. Acta Phytotaxonomica Sinica, 45(5), 619-626. doi:10.1360/aps06043
 Song-Dong, Z., Xing-Jin, H., Yan, Y., & Jie-Mei, X. (2007). Karyotype studies on twenty-one populations of eight species in Allium section Rhiziridium. Acta Phytotaxonomica Sinica, 45(2), 207-216. doi:10.1360/aps06023

上一頁: 徐晓婷

下一頁: 卿人韦