

教授

教授

副教授

讲师

首页 > 蔬菜学 > 教授

张忠华

2021-06-03 08:54:10 来源: 园艺学院 浏览量: 12455

张忠华, 男, 1979年8月出生, 教授, 博士生导师。

Email: zhangzhonghua_79@163.com

入选国家“万人计划”中青年科技创新领军人才、青年拔尖人才和山东省泰山学者特聘教授, 获国家自然科学基金二等奖(第2)和中国青年科技奖等, 中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant Journal等期刊编委, 中央国家机关青联委员, 全国青联常委。

在Nature、Science、Cell、Nature Genetics等期刊共发表SCI论文50余篇, 累计影响因子超过500, 共被引用9200余次, 其中(共同)第一或通讯作者在Nature Genetics (3篇)、Nature Communications、PNAS和Plant Cell等期刊发表20余篇, 编写了美国Science Publishers出版专著的两个章节。主持国家重点研发计划课题1项(1205万), 2013年获国家自然科学基金委“优秀青年”科学基金项目, 主持国家自然科学基金面上项目3项, 主持国家973和863计划子课题。

教育背景

1997.09 - 2001.07: 青岛农业大学, 园艺专业, 学士

2001.09 - 2006.07: 浙江大学, 生命科学院生物信息学专业, 博士

工作经历

2006.07 - 2019.09: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 博士后 助研/副研/研究员

2013.04 - 2013.10: 比利时根特大学, 访问学者

2019.10 - 至今: 青岛农业大学, 园艺学院院长

主要研究内容

蔬菜基因组学和遗传育种

在“大数据时代”背景下, 以基因组学为突破口, 为黄瓜、甜瓜等蔬菜作物构建了高效的功能基因组学平台, 利用大数据挖掘技术开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。

主要科研项目

科技部重点研发计划项目“蔬菜优异种质资源形成与演化规律”课题主持人, 1205万, 2016年8月至2020年12月, 中组部“万人计划”青年拔尖人才, 主持人, 210万。
国家自然科学基金“优秀青年科学”基金项目, 经费100万元, 2014年1月至2016年12月。
国家自然科学基金面上项目“华北型和华南型黄瓜分化形成的遗传基础”, 经费85万, 2018年1月至2021年12月。
国家自然科学基金面上项目“黄瓜永久群体的基因组作图及其在果实性状中的研究”, 经费85万, 2013年1月至2016年12月。
国家自然科学基金面上项目“黄瓜野生变种和栽培变种的全基因组遗传多样性挖掘”, 经费32万, 2010年1月至2012年12月。
973计划项目“主要蔬菜重要品质性状形成的遗传机理与分子改良”子课题任务, 经费100万元, 2012年1月至2016年12月。

代表性论文和论著 (第一、通讯)

Zhang H¹, Li S¹, Yang L¹, Cai G¹, Chen H¹, Gao D¹, Lin T¹, Cui Q¹, Wang D¹, Li Z¹, Cai R¹, Bai S¹, Lucas WJ², Huang S¹, and Sun J¹. Gain-of-function of the L-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase gene ACSJG induces female flower development in cucumber gynocopy. *Plant Cell*. 2020. doi.org/10.1093/plcell/koa018.
Zha G¹, Lian Q¹, Zhang Z¹, Fu Q¹, He Y¹, Ma S¹, Ruggieri V, Monforte AJ, Wang P, Julca I, Wang H, Liu J, Xu Y, Wang R, Ji J, Xu Z, Kong W, Zhong Y, Shang J, Pereira L, Argiris J, Zhang J, Maybore C, Pujol M, Oren E, Ou D, Wang J, Sun D, Zhao S, Zhu Y, Li N, Katsur N, Gu A, Dogimont C, Schaefer H, Fan W, Bendahmane A, Fei Z, Pitrat M, Gabalton T, Lin T, Garcia-Mas J¹, Xu Y¹, and Huang S¹. A comprehensive genome variation map of melon identifies multiple domestication events and loci influencing agronomic traits. *Nat Genet*. 2019, 51:1607-1615.
Xie D¹, Xu Y¹, Wang J, Liu W, Zhou Q, Luo S¹, Huang W¹, He X¹, Li Q¹, Peng Q¹, Yang X¹, Yuan J, Yu J, Wang X¹, Lucas WJ², Huang S¹, Jiang B¹, and Zhang Z¹. The wax gourd genomes offer insights into the genetic diversity and ancestral cucurbit karyotype. *Nature communications*. 2019, 10(1):5158.
Zhang Z¹, Wang B¹, Wang S¹, Lin T¹, Yang L¹, Zhao Z¹, Zhang Z¹, Huang S¹, Yang X¹. Genome-wide Target Mapping Shows Histone Deacetylase Complex 1 Regulates Cell Proliferation in Cucumber Fruit. *Plant Physiology*. 2019;8.4, 00532.
Li Q¹, Li H¹, Huang W¹, Xu Y¹, Zhou Q¹, Wang S¹, Ruan J¹, Huang S¹, and Zhang Z¹. A chromosome-scale genome assembly of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Gigascience*. 2019; 8(6):1-10.
Xin T¹, Zhang Z¹, Li S¹, Zhang S¹, Li Q¹, Zhang Z.H¹, Huang S¹, and Yang X¹. Genetic Regulation of Ethylene Dosage for Cucumber Fruit Elongation. *Plant Cell*. 2019, 31(5):1063-1076.
Zhu G¹, Wang S¹, Huang Z¹, Zhang S¹, Liao Q¹, Zhang Q¹, Lin T¹, Qin M, Peng M, Yang C, Cao X, Han X, Wang X, van der Knaap E, Zhang Z, Cui X, Klee H, Fernie AR, Luo J¹, Huang S¹. Rewiring of the Fruit Metabolome in Tomato Breeding. *Cell*. 2018;172(1-2):249-61.
Wang Y, Zhou Q, Zhu G, Wang S, Ma Y, Miao H, Zhang S, Huang S, Zhang Z¹, Gu X¹. Genetic analysis and identification of a candidate gene associated with in vitro regeneration ability of cucumber. *Theor Appl Genet*. 2018;131(12):2663-75.
Xiang C¹, Duan Y¹, Li H, Ma W, Huang S, Sui X¹, Zhang Z¹, Wang C¹. A High-Density EST-SSR-Based Genetic Map and QTL Analysis of Dwarf Trait in Cucurbita pepo L. *Int J Mol Sci*. 2018;19(10).
Xu C¹, Jiao C¹, Sun H, Cai X, Wang X, Ge C, Zheng Y, Liu W, Sun X, Xu Y, Deng J, Zhang Z, Huang S, Dai S, Mou B, Wang Q, Fei Z¹, Wang Q¹. Draft genome of spinach and transcriptome diversity of 120 *Spinacia* accessions. *Nat Commun*. 2017;8:15275.
Gao D¹, Zhang C¹, Zhang S¹, Hu B, Wang S, Zhang Z, Huang S¹. Mutation in a novel gene *SMALL AND CORDATE LEAF 1* affects leaf morphology in cucumber. *J Integr Plant Biol*. 2017;59(10):736-41.
Zhou Y¹, Ma Y¹, Zeng J¹, Duan L¹, Xue X, Wang H, Lin T, Liu Z, Zeng K, Zhong Y, Zhang S, Hu Q, Liu M, Zhang H, Reed J, Moses T, Liu X, Huang P, Qing Z, Liu X, Tu P, Kuang H, Zhang Z, Osbourn A, Ro DK, Shang Y, Huang S¹. Convergence and divergence of bitterness biosynthesis and regulation in Cucurbitaceae. *Nat Plants*. 2016;2:16183.
Lin T¹, Wang S¹, Zhong Y¹, Gao D, Cui Q, Chen H, Zhang Z, Shen H, Weng Y, Huang S¹. A Truncated F-Box Protein Confers the Dwarf5q trait in Cucumber. *J Genet Genomics*. 2016;43(4):223-6.
Chen H¹, Sun J¹, Li S¹, Cui Q, Zhang H, Xin F, Wang H, Lin T, Gao D, Wang S, Li X, Wang D, Zhang Z, Xu Z, Huang S¹. An ACC/Oxidase Gene Essential for Cucumber Carpel Development. *Mol Plant*. 2016;9(9):1315-27.
Bu F¹, Chen H¹, Shi Q, Zhou Q, Gao D, Zhang Z, Huang S¹. A major quantitative trait locus conferring subgynocopy in cucumber. *Theor Appl Genet*. 2016;129(1):97-104.
Zhou Q¹, Wang S¹, Hu B¹, Chen H, Zhang Z¹, Huang S¹. An ACCUMULATION AND REPLICATION OF CHLOROPLASTS 5 gene mutation confers light green peel in cucumber. *J Integr Plant Biol*. 2015;57(11):936-42.
Zhou Q¹, Miao H¹, Li S¹, Zhang S, Wang Y, Weng Y, Zhang Z¹, Huang S¹, Gu X¹. A Sequencing-Based Linkage Map of Cucumber. *Mol Plant*. 2015;8(6):961-3.
Zhang Z¹, Mao J¹, Chen H¹, Bu F¹, Li G¹, Sun J, Li S, Sun H, Jiao C, Blakely R, Pan J, Cai R, Luo R, Van de Peer Y, Jacobsen E, Fei Z¹, Huang S¹. Genome-Wide Mapping of Structural Variations Reveals a Copy Number Variant That Determines Reproductive Morphology in Cucumber. *Plant Cell*. 2015;27(6):1595-604.
Wang S¹, Yang X¹, Xu M, Lin X, Lin T, Qi J, Shao G, Tian N, Yang Q, Zhang Z, Huang S¹. A Rare SNP Identified a TCP Transcription Factor Essential for Tendril Development in Cucumber. *Mol Plant*. 2015;8(12):1795-808.
Shang Y¹, Ma Y¹, Zhou Y¹, Zhang H¹, Duan L, Chen H, Zeng J, Zhou Q, Wang S, Gu W, Liu M, Ren J, Gu X, Zhang S, Wang Y, Yasukawa K, Bouwmeester HJ, Qi X, Zhang Z, Lucas WJ, Huang S¹. Biosynthesis, regulation, and domestication of bitterness in cucumber. *Science*. 2014;346(6213):1084-8.
Lu H¹, Lin T¹, Klein J, Wang S, Qi J, Zhou Q, Sun J, Zhang Z, Weng Y, Huang S¹. QTL-seq identifies an early flowering QTL located near Flowering Locus T in cucumber. *Theor Appl Genet*. 2014;127(7):1491-9.
Lin T¹, Zhu G¹, Zhang J¹, Xu X¹, Yu Q¹, Zheng Z¹, Zhang Z, Lun Y, Li S, Wang X, Huang Z, Li J, Zhang C, Wang T, Zhang Y, Wang A, Zhang Y, Lin K, Li C, Xiong G, Xue Y, Mazzucato A, Causse M, Fei Z, Giovannoni JJ, Chetelat RT, Zamir D, Stadler T, Li J¹, Ye Z¹, Du Y¹, Huang S¹. Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding. *Nat Genet*. 2014;46(11):1220-6.
Lin K¹, Limpens E¹, Zhang Z, Ivanov S, Saunders DGO, Mu D, Pang E, Cao H, Cha H, Lin T, Zhou Q, Shang Y, Li Y, Sharma T, van Velzen R, de Ruijter N, Aanen DK, Win J, Kamoun S, Bisseling T, Geurts R, Huang S¹. Single Nucleus Genome Sequencing Reveals High Similarity among Nuclei of an Endomycorrhizal Fungus. *PLoS Genet*. 2014;10(1):e1004078.
Zhang C¹, Liu L¹, Zheng Z, Sun Y, Zhou L, Yang Y, Cheng F, Zhang Z, Wang X, Huang S, Xie B, Du Y, Bai Y, Li J¹. Fine mapping of the Ph-3 gene conferring resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) in tomato. *Theor Appl Genet*. 2013;126(10):2643-53.
Sun J¹, Zhang Z¹, Zong X, Huang S, Li Z, Han Y¹. A high-resolution cucumber cytogenetic map integrated with the genome assembly. *BMC Genomics*. 2013;14:461.
Sharma SK¹, Bolser D, de Boer J, Senderkaer M, Amoros W, Carboni MF, D'Ambrosio JM, de la Cruz G, Di Genova A, Douches DS, Egniluz M, Guo X, Guzman F, Hackett CA, Hamilton JP, Li G, Li Y, Lozano R, Maass A, Marshall D, Martinez D, McLean K, Mejia N, Milne L, Mumve S, Nagy I, Ponce O, Ramirez M, Simon R, Thomson SJ, Torres Y, Waugh R, Zhang Z, Huang S, Visser RGJ, Bachem CW, Sagredo B, Feingold SE, Orjeda G, Veilleux RE, Bonierbale M, Jacobs JM, Milbourne D, Martin DM, Bryan JG¹. Construction of reference chromosome-scale pseudomolecules for potato: integrating the potato genome with genetic and physical maps. *G3* 2013;3(11):2031-47.
Qi J¹, Liu X¹, Shen D¹, Miao H¹, Xie B¹, Li X¹, Zeng P, Wang S, Shang Y, Gu X, Du Y, Li Y, Lin T, Yuan J, Yang X, Chen J, Chen H, Xiong X, Huang K, Fei Z, Xiao L, Tian L, Stadler T, Renner SS, Kamoun S, Lucas WJ, Zhang Z¹, Huang S¹. A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nat Genet*. 2013;45(12):1510-5.
Luo Q¹, He Y, Cheng C, Zhang Z, Li J, Huang S, Chen J¹. Integration of high-resolution physical and genetic map reveals differential recombination frequency between chromosomes and the genome assembling quality in cucumber. *PLoS ONE*. 2013;8(5):e62676.
Guo S¹, Zhang J¹, Sun H¹, Saise J¹, Lucas WJ, Zhang H, Zheng Y, Mao L, Ren Y, Wang Z, Min J, Guo X, Murat F, Ham BK, Zhang Z, Gao S, Huang M, Xu Y, Zhong S, Bombarely A, Mueller LA, Zhao H, He H, Zhang Y, Zhang Z, Huang S, Tan T, Pang E, Lin K, Hu Q, Kuang H, Ni P, Wang B, Liu J, Kou Q, Hou W, Zou X, Jiang J, Gong G, Klee K, Schoof H, Huang Y, Hu X, Dong S, Liang D, Wang J, Wu K, Xia Y, Zhao X, Zheng Z, Xing M, Liang X, Huang B, Lv T, Wang J, Yin Y, Yi H, Li R, Wu M, Levi A, Zhang X, Giovannoni JJ, Wang J¹, Li Y¹, Fei Z¹, Xu Y¹. The draft genome of watermelon (*Citrullus lanatus*) and resequencing of 20 diverse accessions. *Nat Genet*. 2013;45(1):51-8.
Tomato Genome Consortium. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*. 2012;485(7400):635-41.
Lv J¹, Qi J¹, Shi Q¹, Shen D¹, Zhang S¹, Shao G, Li H, Sun Z, Weng Y, Shang Y, Gu X, Li X, Zhu X, Zhang J, van Treuren R, van Dooyeweert W, Zhang Z, Huang S¹. Genetic Diversity and Population Structure of Cucumber (*Cucumis sativus* L.). *PLoS One*. 2012;7(10):e46919.
Zhao X¹, Lu J, Zhang Z, Hu J, Huang S, Jin W¹. Comparison of the distribution of the repetitive DNA sequences in three variants of *Cucumis sativus* reveals their phylogenetic relationships. *J Genet Genomics*. 2011;38(1):29-45.
Wang X¹, Wang H¹, Wang R¹, Sun R¹, Wu J¹, Liu S¹, Bai Y¹, Mun JH¹, Bancroft I¹, Cheng F, Huang S, Li X, Hua W, Freeling M, Pires JC, Paterson AH, Chalhoub B, Wang B, Hayward A, Sharpe AG, Park BS, Weisshaar B, Liu B, Li B, Tong C, Song C, Duran C, Peng C, Geng C, Koh C, Lin C, Edwards D, Mu D, Shen D, Soumpourou E, Li F, Fraser F, Conant G, Lassalle G, King GJ, Bonnema G, Tang H, Belcram H, Zhou H, Hirakawa H, Abe H, Guo H, Jin H, Parkin IA, Bartley J, Kim JS, Just J, Li J, Xu J, Deng J, Kim JA, Yu J, Meng J, Min J, Poulain J, Hatakeyama K, Wu K, Wang L, Fang L, Trick M, Links MG, Zhao M, Jin M, Ramchariary N, Drou N, Berkman PJ, Cai Q, Huang Q, Li R, Tabata S, Cheng S, Zhang S, Sato S, Kwon SJ, Choi SR, Lee TH, Fan W, Zhao X, Tan X, Xu X, Wang Y, Qiu Y, Yin Y, Li Y, Du Y, Liao Y, Lim Y, Narusaka Y, Wang Z, Li Z, Xiong Z, Zhang Z. The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. *Nat Genet*. 2011;43(10):1035-9.
The Potato Genome Sequencing Consortium. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*. 2011;475(7355):189-95.
Miao H¹, Zhang S, Wang X, Zhang Z, Li M, Mu S, Cheng Z, Zhang R, Huang S, Xie B, Fang Z, Zhang Z, Weng Y, Gu X¹. A linkage map of cultivated cucumber (*Cucumis sativus* L.) with 248 microsatellite marker loci and seven genes for horticulturally important traits. *Euphytica*. 2011;2(2):167-76.
Li Z¹, Zhang Z¹, Yan P, Huang S, Fei Z, Lin K¹. RNA-Seq improves annotation of protein-coding genes in the cucumber genome. *BMC Genomics*. 2011;12(1):540.
Han Y¹, Zhang Z, Huang S, Jin W¹. An integrated molecular cytogenetic map of *Cucumis sativus* L. chromosome 2. *BMC Genet*. 2011;12(1):18.
Liu C¹, Liu J, Li H, Zhang Z, Han Y, Huang S, Jin W¹. Karyotyping in melon (*Cucumis melo* L.) by cross-species fosmid fluorescence in situ hybridization. *Cytogenet Genome Res*. 2010;129(1-3):241-9.
Kang H¹, Weng Y, Yang Y, Zhang Z, Zhang S, Mao Z, Cheng G, Gu X, Huang S¹, Xie B¹. Fine genetic mapping localizes cucumber scab resistance gene Cuc into an R gene cluster. *Theor Appl Genet*. 2010.
Guo S¹, Zheng Y¹, Joung JG, Liu S, Zhang Z, Crasta OR, Sobral BW, Xu Y, Huang S¹, Fei Z¹. Transcriptome sequencing and comparative analysis of cucumber flowers with different sex types. *BMC Genomics*. 2010;11:384.
Ren Y¹, Zhang Z¹, Liu J¹, Staub JE, Han Y, Cheng Z, Li X, Lu J, Miao H, Kang H, Xie B, Gu X, Wang X, Du Y, Jin W, Huang S¹. An Integrated Genetic and Cytogenetic Map of the Cucumber Genome. *PLoS ONE*. 2009;4(6):e5795.
Mueller LA¹, Lankhorst RK, Tanksley SD, Giovannoni JJ, White R, Vrebalov J, Fei Z, van Eck J, Buels R, Mills AA, Menda N, Tecler YJ, Bombarely A, Stark R, Royer SM, Chang S-B, Shearer LA, Kim BD, Jo S-H, Hur C-G, Choi D, Li C-B, Zhao J, Jiang H, Geng Y, Dai Y, Fan H, Chen J, Lu F, Shi J, Sun S, Chen J, Yang X, Lu C, Chen M, Cheng Z, Li C, Ling H, Xue Y, Wang Y, Seymour GB, Bishop GJ, Bryan G, Rogers J, Sims S, Butcher S, Buchan D, Abbott J, Beasley H, Nicholson C, Riddle C, Humpflury P, Shridhar S, Mathur S, Vyas D, Pandan A, Singh P, Kumar R, Gupta V, Sharma AK, Khurana P, Khurana JP, Tyagi A, Sarita, Choudhury P, Shridhar S, Chattopadhyay D, Saldan A, Singh P, Kumar R, Dixit R, Singh A, Praveen S, Dhalal V, Yadav M, Ghazi IA, Gaikwad K, Sharma TR, Mohapatra T, Singh NK, Szinay D, de Jong H, Peters S, van Staveren M, Datema E, Fiers MWELJ, van Ham RCHJ, Lindhout P, Philippot M, Frasse P, Regad F, Zouine M, Bouzayen M, Asamizu E, Sato S, Fukuoka H, Tabata S, Shbata D, Botella MA, Perez-Alonso M, Fernandez-Pedrosa V, Osorio S, Mico A, Graneli A, Zhang Z, He J, Huang S, Du Y, Qu D, Liu L, Liu D, Wang J, Ye Z, Yang W, Wang G, Vezzi A, Todesco S, Valle G, Falcone G, Pietrella M, Giuliano G, Grandillo S, Traini A, D'Agostino N, Chiusano ML, Ercolano M, Barone A, Frusciante L, Schoof H, Jcker A, Bpiggmann R, Spannagl M, Mayer KXF, Guig R, Camara F, Rombauts S, Favocett JA, Van de Peer Y, Knapp S, Zamir D¹, Stekema W¹. A Snapshot of the Emerging Tomato Genome Sequence. *Plant Genome*. 2009;2(1):78-92.
Liu QB¹, Wang HS, Zhang ZH, Wu JS, Feng Y, Zhu ZJ¹. Divergence in function and expression of the NOD26-like intrinsic proteins in plants. *BMC Genomics*. 2009;10(1):313.
Li Z¹, Huang S¹, Liu S, Pan J, Zhang Z, Tao Q, Shi Q, Jia Z, Zhang W, Chen H, Si L, Zhu L, Cai R¹. Molecular Isolation of the M Gene Suggests That a Conserved-Residue Conversion Induces the Formation of Bisexual Flowers in Cucumber Plants. *Genetics*. 2009;182(4):1381-5.
Huang S¹, Li R¹, Zhang Z¹, Li L¹, Gu X¹, Fan W¹, Lucas WJ¹, Wang X, Xie B, Ni P, Ren Y, Zhu H, Li J, Lin K, Jin W, Fei Z, Li G, Staub J, Kilian A, van der Vossen EAG, Wu Y, Guo J, He J, Jia Z, Ren Y, Tian G, Lu Y, Ruan J, Qian W, Wang M, Huang Q, Li B, Xuan Z, Cao J, Asan, Wu Z, Zhang J, Cai Q, Bai Y, Zhao B, Han Y, Li Y, Li X, Wang S, Shi Q, Liu S, Cho WK, Kim J-Y, Xu Y, Heller-Uszyskaski K, Miao H, Cheng Z, Zhang S, Wu J, Yang Y, Kang H, Li M, Liang H, Ren X, Shi Z, Xian M, Jian M, Yang H, Zhang G, Yang Z, Chen R, Liu S, Li J, Ma L, Liu H, Zhou Y, Zhao J, Fang X, Li G, Fang L, Li Y, Liu D, Zheng H, Zhang Y, Qin N, Li Z, Yang G, Yang S, Bolund L, Kristiansen K, Zheng H, Li S, Zhang X, Yang H, Wang J, Sun R, Zhang B, Jiang S, Wang J¹, Du Y¹, Li S¹. The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nat Genet*. 2009;41(12):1273-81.
Han Y¹, Zhang Z¹, Liu C, Liu J, Huang S, Jiang J, Jin W¹. Centromere repositioning in cucurbit species: Implication of the genomic impact from centromere activation and inactivation. *PNAS*. 2009;106(35):14937-41.
Han YH¹, Zhang ZH, Liu JH, Lu JY, Huang SW, Jin WW¹. Distribution of the tandem repeat sequences and karyotyping in cucumber (*Cucumis sativus* L.) by fluorescence in situ hybridization. *Cytogenetic and Genome Research*. 2008;122(1):80-8.
Zhang Z¹, Deng Y¹, Tan J¹, Hu S, Yu J, Xue Q¹. A genome-wide microsatellite polymorphism database for the indica and japonica rice. *DNA Res*. 2007;14(1):37-45.

编写著作

Zhang, Z., He, J., and Huang, S¹. *Chapter 11 Cucumber Genomics, in Genetics, Genomics and Breeding of Cucurbits*. Wang, Y.-H., Behera, T.K., and Chittaranjan, K., Editors. Science Publishers. 2011, p. 335-352.
Huang S¹ and Zhang Z¹. *Chapter 11 Comparative Genome Sequencing of Tomato and Potato: Methods and Analysis, in Genetics, Genomics, and Breeding of Tomato*. Liedl, E.B., et al., Editors. Science Publishers. 2013, p. 361-380.
Bai Y, Zhang Z¹, Fei Z¹. *Databases and Bioinformatics for Cucurbits Species*. In: Grunert R, Katzin N, Garcia-Mas J, editors. Genetics and Genomics of Cucurbitaceae. Springer Nature, 2017.

青岛农业大学二级教授、博士生导师, 长期从事黄瓜、甜瓜等蔬菜作物功能基因组学研究, 开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。入选国家“万人计划”科技创新领军人才, 获第14届“中国青年科技奖”和“国家自然科学基金二等奖(第2)”。中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant Journal等期刊编委, 中央国家机关青联委员, 全国青联常委。在Nature、Science、Cell、Nature Genetics等期刊共发表SCI论文44篇, 累计影响因子超过500, 共被引用8000余次, 其中(共同)第一或通讯作者在Nature Genetics (3篇)、Nature Communications、PNAS和Plant Cell等期刊发表13篇, 共被引用18000余次, 编写了美国Science Publishers出版专著的两个章节。主持国家重点研发计划课题1项, 2013年获国家自然科学基金委“优秀青年”科学基金项目, 主持国家自然科学基金面上项目3项。

教育背景

1997.09 - 2001.07: 青岛农业大学, 园艺专业, 学士

2001.09 - 2006.07: 浙江大学, 生命科学院生物信息学专业, 博士

工作经历

2006.07 - 至今: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 博士后 助研/副研/研究员

2013.04 - 2013.10: 比利时根特大学, 访问学者

2019.10 - 至今: 青岛农业大学, 园艺学院院长

主要研究内容

蔬菜基因组学和遗传育种

在“大数据时代”背景下, 以基因组学为突破口, 为黄瓜、甜瓜等蔬菜作物构建了高效的功能基因组学平台, 利用大数据挖掘技术开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。入选国家“万人计划”科技创新领军人才, 获第14届“中国青年科技奖”和“国家自然科学基金二等奖(第2)”。中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant Journal等期刊编委, 中央国家机关青联委员, 全国青联常委。在Nature、Science、Cell、Nature Genetics等期刊共发表SCI论文44篇, 累计影响因子超过500, 共被引用8000余次, 其中(共同)第一或通讯作者在Nature Genetics (3篇)、Nature Communications、PNAS和Plant Cell等期刊发表13篇, 共被引用18000余次, 编写了美国Science Publishers出版专著的两个章节。主持国家重点研发计划课题1项, 2013年获国家自然科学基金委“优秀青年”科学基金项目, 主持国家自然科学基金面上项目3项。

教育背景

1997.09 - 2001.07: 青岛农业大学, 园艺专业, 学士

2001.09 - 2006.07: 浙江大学, 生命科学院生物信息学专业, 博士

工作经历

2006.07 - 至今: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 博士后 助研/副研/研究员

2013.04 - 2013.10: 比利时根特大学, 访问学者

2019.10 - 至今: 青岛农业大学, 园艺学院院长

主要研究内容

蔬菜基因组学和遗传育种

在“大数据时代”背景下, 以基因组学为突破口, 为黄瓜、甜瓜等蔬菜作物构建了高效的功能基因组学平台, 利用大数据挖掘技术开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。入选国家“万人计划”科技创新领军人才, 获第14届“中国青年科技奖”和“国家自然科学基金二等奖(第2)”。中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant Journal等期刊编委, 中央国家机关青联委员, 全国青联常委。在Nature、Science、Cell、Nature Genetics等期刊共发表SCI论文44篇, 累计影响因子超过500, 共被引用8000余次, 其中(共同)第一或通讯作者在Nature Genetics (3篇)、Nature Communications、PNAS和Plant Cell等期刊发表13篇, 共被引用18000余次, 编写了美国Science Publishers出版专著的两个章节。主持国家重点研发计划课题1项, 2013年获国家自然科学基金委“优秀青年”科学基金项目, 主持国家自然科学基金面上项目3项。

教育背景

1997.09 - 2001.07: 青岛农业大学, 园艺专业, 学士

2001.09 - 2006.07: 浙江大学, 生命科学院生物信息学专业, 博士

工作经历

2006.07 - 至今: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 博士后 助研/副研/研究员

2013.04 - 2013.10: 比利时根特大学, 访问学者

2019.10 - 至今: 青岛农业大学, 园艺学院院长

主要研究内容

蔬菜基因组学和遗传育种

在“大数据时代”背景下, 以基因组学为突破口, 为黄瓜、甜瓜等蔬菜作物构建了高效的功能基因组学平台, 利用大数据挖掘技术开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。入选国家“万人计划”科技创新领军人才, 获第14届“中国青年科技奖”和“国家自然科学基金二等奖(第2)”。中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant Journal等期刊编委, 中央国家机关青联委员, 全国青联常委。在Nature、Science、Cell、Nature Genetics等期刊共发表SCI论文44篇, 累计影响因子超过500, 共被引用8000余次, 其中(共同)第一或通讯作者在Nature Genetics (3篇)、Nature Communications、PNAS和Plant Cell等期刊发表13篇, 共被引用18000余次, 编写了美国Science Publishers出版专著的两个章节。主持国家重点研发计划课题1项, 2013年获国家自然科学基金委“优秀青年”科学基金项目, 主持国家自然科学基金面上项目3项。

教育背景

1997.09 - 2001.07: 青岛农业大学, 园艺专业, 学士

2001.09 - 2006.07: 浙江大学, 生命科学院生物信息学专业, 博士

工作经历

2006.07 - 至今: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 博士后 助研/副研/研究员

2013.04 - 2013.10: 比利时根特大学, 访问学者

2019.10 - 至今: 青岛农业大学, 园艺学院院长

主要研究内容

蔬菜基因组学和遗传育种

在“大数据时代”背景下, 以基因组学为突破口, 为黄瓜、甜瓜等蔬菜作物构建了高效的功能基因组学平台, 利用大数据挖掘技术开发了农艺性状功能基因研究的新方法, 鉴定了果实风味、大小、性别决定等多个重要性状的关键基因, 并用于多个高产优质新品种选育, 加速了蔬菜作物遗传育种基础研究, 为全基因组分子育种提供了支持。入选国家“万人计划”科技创新领军人才, 获第14届“中国青年科技奖”和“国家自然科学基金二等奖(第2)”。中国园艺学会分子育种分会秘书长, Journal of Integrative Agriculture (JIA), Horticultural Plant