



简历

基本信息

姓名：祝德 学位：博士
专业：作物遗传育种 毕业院校：华中农业大学
籍贯：四川巴中 出生年月：1990-6



研究方向：棉花分子遗传育种

联系电话：18771063931 E-mail: zhujunde@msn.cn

教育背景

2016.06-2020.06 博士 华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室

作物遗传育种专业，导师林忠旭教授

2014.06-2016.06 硕士（提前攻博）华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室

作物遗传育种专业，导师林忠旭教授

2010.09-2014.06 本科 华中农业大学植物科学技术学院植物科学与技术专业

研究方向

以国家转基因专项任务“棉花高效基因克隆遗传材料的创制及基因克隆应用研究”为背景，主要围绕棉花导入系群体展开，进行棉花海陆种间的遗传效应解析。基于高通量测序技术手段，在棉花基因组、转录组层面，对控制棉花产量性状、纤维品质性状等数量性状 QTL 位点进行定位，挖掘海岛棉优异农艺性状的相关候选基因。同时对导入系群体中特异表型性状突变材料进行遗传连锁分析与 QTL 精细定位，尝试克隆海岛棉质量性状表型相关基因。另外，研究生阶段还参与多个国家自然科学基金、华中农业大学自主创新课题、作物遗传改良国家重点实验室自主课题等项目，包括棉花脂肪酸代谢相关基因 *GhKASI* 基因的转基因功能验证课题，海岛棉参考基因组及其他野生棉种基因组的组装工作等。

自我评价

性格积极乐观，做事认真负责，适应力和执行力强，肯钻研，有良好的团队合作精神。研究生期间科研素养和科研技能得到良好训练，能够独立开展实验工作，熟练掌握基因组学、转录组学等生物信息分析手段、基因的遗传定位、遗传转化，组织培养，载体构建，石蜡切片，Southern blot, Northern blot, CRISPR-Cas9 等生物技术和分析方法，以及长期担任双分子荧光共聚焦显微镜负责人的管理经验，具有分子与群体遗传学、基因组学、数量遗传学、分子生物学，基因克隆与功能验证研究背景。

参加学术会议

2020.01 参加 Plant & Animal Genome XXVIII 会议（美国圣迪戈）

2018.09 参加中国作物学会学术年会（扬州）

已发表和待发表的论文

1. **Zhu D**, Li X, Wang Z, You C, Nie X, Sun J, Zhang X, Zhang D, Lin Z. Genetic dissection of an allotetraploid interspecific CSSLs guides interspecific genetics and breeding in cotton. *BMC genomics*, 2020, 21, 1471-2164. IF=3.729
2. **Zhu D**; Le Y, Zhang R, Li X, Lin Z. A global survey of the gene network and candidate genes for oil accumulation in allotetraploid cotton. *Plant biotechnology journal*, IF=8.154 (已经投稿)
3. Wang M¹, Tu L¹, Yuan D¹, **Zhu D**, Shen C, Li J, Liu F, Pei L, Wang P, Zhao G, Ye Z, Huang H, Yan F, Ma Y, Zhang L, Liu M, You J, Yang Y, Liu Z, Huang F, Li B, Qiu P, Zhang Q, Zhu L, Jin S, Yang X, Min L, Li G, Chen LL, Zheng H, Lindsey K, Lin Z, Udall J.A. and Zhang X. Reference genome sequences of two cultivated allotetraploid cottons, *Gossypium hirsutum* and *Gossypium barbadense*. *Nature genetics*, 2019, 51(2), 224-229. IF=25.455 (二作)
4. Shen C, Jin X, **Zhu D** and Lin Z. Uncovering SNP and indel variations of tetraploid cottons by SLAF-seq. *BMC Genomics*, 2017, 18:247. IF=3.729
5. Huang C., C Shen, T Wen, B Gao, **Zhu D**, X Li, M M. Ahmed, D Li & Lin Z. SSR-based association mapping of fiber quality in upland cotton using an eight-way MAGIC population. *Molecular genetics and genomics*, 2018, 293, 793-805. IF= 2.734
6. Wen T., M Wu, C Shen, B Gao, **Zhu D**, X Zhang, C You & Z Lin. Linkage and association mapping reveals the genetic basis of brown fibre (*Gossypium hirsutum*). *Plant biotechnology journal*, 2018, 16(9):1654-1666. IF=6.305
7. Wang H, Zhang R, Shen C, Li X, **Zhu D**, & Lin Z. Transcriptome and QTL analyses reveal candidate genes for fiber quality in Upland cotton. *Crop Journal*. 2020, 8(1):98-106. IF=3.48