

姓名	张天奇	性别	男	
出生日期		职称	教授	
学历	研究生	学位	博士	
毕业院校	中国科学院大学	学科专业	遗传学	
实验室	第三实验楼 510	EMAIL	tqzhang@njau.edu.cn	
学习和工作简历	<p>学习和工作经历:</p> <p>2007.09-2011.06 南京农业大学 植物保护 学士</p> <p>2011.09-2017.01 中国科学院大学 遗传学 博士</p> <p>2016.09-2021.11 中国科学院分子植物科学卓越创新中心 博士后</p> <p>2021.11-至今 南京农业大校园艺学院 教授/博导</p> <p>研究方向:</p> <p>园艺植物进化发育与遗传育种, 植物干细胞调控与再生, 园艺植物单细胞生物学</p> <p>研究内容:</p> <p>植物干细胞/分生组织是维持植物生长发育的重要基础, 对作物生产具有关键贡献。长期植物与环境互作的进化过程, 造就自然界丰富多彩的分生组织多样性特征, 比如土豆的块茎、落地生根的plantlet, 对这些优良特征内在机制的解析, 具有广泛的科学和应用价值。实验室立足植物基础科研, 服务农业生产安全, 利用单细胞多组学测序平台、高通量测序技术, 建立大数据反向遗传学研究体系, 交叉分子生物学、细胞生物学、生物信息学等学科,力图构建自然界分生组织多样性的调控基因库, 深入解析植物分生组织活动的基本规律, 实现对植物生长发育的调控。实验室目前主要以番茄、土豆、拟南芥、落地生根等为研究对象, 以分生组织为中心, 系统围绕以下几个方面展开研究工作:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) 植物干细胞调控与再生的机制解析 2) 植物分生组织进化多样性的分子机理 3) 茄科遗传育种与环境适应性研究 4) 生物技术开发与应用 <p>获奖及荣誉:</p>			

	<p>赛诺菲优秀青年人才奖励基金项目 (2017)、博士研究生国家奖学金 (2015)、中国科学院院长奖学金 (2015) 等。</p>
科研项目	<p>曾获中国科协青年人才托举工程 (第二届)、中国博士后创新人才支持计划 (第一届) 等项目资助。</p>
发表论文	<p>Selected publications (*corresponding author)</p> <p><u>2021</u></p> <p>Zhang TQ*, Chen Y, Liu Y, Lin WH, and Wang JW*. (2021). Single-cell transcriptome atlas and chromatin accessibility landscape reveal differentiation trajectories in the rice root. <i>Nat Commun.</i>12, 2053.</p> <p>Zhang TQ, Chen Y, and Wang JW*. (2021). A single-cell analysis of the Arabidopsis vegetative shoot apex. <i>Dev Cell.</i> 56, 1056-1074 e1058.</p> <p>Lian H, Wang L, Ma N, Zhou CM, Han L, Zhang TQ, and Wang JW*. (2021). Redundant and specific roles of individual MIR172 genes in plant development. <i>PLoS Biol.</i> 19, e3001044.</p> <p><u>2020</u></p> <p>Cheng HP, Yang XH, Lan L, Xie LJ, Chen C, Liu C, Chu J, Li ZY, Liu L, Zhang TQ*, Luo DQ*, and Cheng L*. (2020). Chemical Deprenylation of N(6)-Isopentenyladenosine (i(6)A) RNA. <i>Angew Chem Int Ed Engl.</i> 59, 10645-10650.</p> <p><u>2019</u></p> <p>Zhang TQ, Xu, ZG, Shang GD, and Wang JW*. (2019). A Single-Cell RNA Sequencing Profiles the Developmental Landscape of Arabidopsis Root. <i>Mol Plant.</i>12, 648-660.</p> <p>Wang L, Zhou CM, Mai YX, Li LZ, Gao J, Shang GD, Lian H, Han L, Zhang TQ, Tang HB, Ren H, Wang FX, Wu LY, Liu XL, Wang CS, Chen EW, Zhang XN, Liu C and Wang JW*. (2019). A spatiotemporally regulated transcriptional complex underlies heteroblastic development of leaf hairs in Arabidopsis thaliana. <i>EMBO J.</i> Mar 6:e100063.</p> <p><u>2017</u></p> <p>Zhang TQ, Lian H, Zhou CM, Xu L, Jiao Y, and Wang JW*. (2017). A two-step</p>

model for de novo activation of WUSCHEL during plant shoot regeneration. *Plant Cell*. 29, 1073-1087.

Wang J, Tian C, Zhang C, Shi B, Cao X, **Zhang TQ**, Zhao Z, Wang JW, and Jiao Y*. (2017). Cytokinin signaling activates *WUSCHEL* expression during axillary meristem initiation. *Plant Cell*. 29, 1373-1387.

2015

Zhang TQ, Lian H, Tang H, Dolezal K, Zhou CM, Yu S, Chen JH, Chen Q, Liu H, Ljung K, Wang JW*. (2015) An intrinsic microRNA timer regulates progressive decline in shoot regenerative capacity in Plants. *Plant Cell*. 27, 349–360.

Zhang TQ, Wang JW, Zhou CM*. (2015) The role of miR156 in developmental transitions in *Nicotiana tabacum*. *Sci China Life Sci*. 58, 253-260.

2013

Zhou CM, **Zhang TQ**, Wang X, Yu S, Lian H, Tang H, Feng ZY, Zozomova-Lihova J, Wang JW*. (2013) Molecular basis of age-dependent vernalization in *Cardamine flexuosa*. *Science*. 340, 1097-1100.

Yu S, Cao L, Zhou CM, **Zhang TQ**, Lian H, Sun Y, Wu J, Huang J, Wang G, Wang JW*. (2013) Sugar is an endogenous cue for juvenile-to-adult phase transition in plants. *eLife*. 2, e00269.

2012

Yu S, Galvao VC, Zhang YC, Horrer D, **Zhang TQ**, Hao YH, Feng YQ, Wang S, Schmid M, Wang JW*. (2012) Gibberellin regulates the Arabidopsis floral transition through miR156-Targeted SQUAMOSA PROMOTER BINDING-LIKE transcription factors. *Plant Cell*. 23, 3320-3332.