



曾骏

博士(在读) - 分子遗传学与微生物学

拥有9年以上学术研究经验

精通新一代测序流程 (NGS)、微生物组研究、临床队列研究以及细菌遗传学实验
兼具实验与计算分析技能，可独立完成从实验数据采集到数据可视化的全流程

jun.zeng@duke.edu

+1 (206) 307-7568

linkedin.com/in/jzmicro

junz.inter-knot.org

美国北卡罗来纳州，达勒姆

教育背景

08/2019 - 至今

博士，分子遗传学与微生物学
导师: Lawrence David, 副教授
预计毕业时间: 2026 年春季

杜克大学, 美国北卡罗来纳州, 达勒姆

09/2015 - 06/2019

学士, 微生物学、生物学 (双专业)
以当届绩点前10%毕业; 辅修哲学

华盛顿大学, 美国华盛顿州, 西雅图

研究经历

05/2020 - 至今

博士研究生

- David Lab, 杜克大学, 美国北卡罗来纳州, 达勒姆
- 导师: Lawrence David, 副教授
- 课题: “Dietary Signatures from Fecal DNA Predict Hematopoietic Stem Cell Transplantation (HCT) Outcomes”
- 独立完成了对878个样本的14个完整扩增子测序流程 (从粪便样本处理到数据可视化)。
- 开创性地利用临床粪便中残留的食物DNA, 于患者出院数年后重建患者住院期间的饮食模式。
- 阐明了饮食摄入、肠道微生物组组成与造血干细胞移植术后疗效之间的重要关联。
- 为未来旨在将饮食数据与既往临床微生物组研究中收集的样本相结合的研究提供了先例。
- 展示了食物DNA测序是一项能够跨越语言、文化与读写障碍, 实现临床饮食分析标准化的工具。

08/2016 - 06/2019

本科研究助理

- Mougous Lab, 华盛顿大学, 美国华盛顿州, 西雅图
- 导师: Joseph Mougous, 教授、美国院士 (现任职于耶鲁大学)
- 课题: “An Interbacterial Toxin with Novel Gene Editing Activity Promotes Genetic Diversity of Microbial Communities”
- 参与了全球首个双链DNA脱氨酶DddA的发现、遗传学鉴定与生化分析。
- 为后续利用DddA实现首次精准线粒体DNA编辑的课题项目奠定了实验基础。

技能概述

实验技能

- 分子生物学
 - └ 新一代测序 (NGS), 文库构建, 分子克隆, 细菌诱变, 蛋白纯化, PCR/qPCR, 质粒设计, 引物设计, DNA提取
- 仪器操作
 - └ MiniSeq (Illumina), 厌氧培养箱 (Coy), 气相色谱-火焰离子化检测器 (GC-FID, Agilent), 高效阴离子交换色谱 (HPAE, Agilent), 自动液体处理系统 (epMotion)

计算技能

- 数据分析
 - └ R/RStudio, bash, 线性混合效应模型, 主成分分析, 层次聚类, 动态时间规整聚类 (DTW)
- 软件、工具与AI平台
 - └ microbiome, phyloseq, tidyverse, pROC, dtwclust, ggplot2, circlize, BioRender, Geneious, PyMOL, AlphaFold, OpenAI API, Claude Code, VS Code

指导经验

- 06/2022 - 05/2024 本科生研究导师
 - 指导本科生对NGS流程进行了准确性基准测试。
- 08/2022 - 05/2023 研究生同伴导师
 - 指导一年级博士生并教授科研诚信课程。
- 08/2019 - 02/2021 博士项目申请辅导
 - 为国内硕士研究生提供海外申博辅导 (3人录取)。

学术报告

- 10/2022 CSHL Microbiome
 - 冷泉港实验室 (美国, 纽约)
 - 报告形式: 口头报告
- 09/2022 Center for Host-Microbial Interactions
 - 杜克大学 (美国, 达勒姆)
 - 报告形式: 口头报告

代表性论文

Zeng J, García-González AP, Epstein P, Bauer AE, Jiang S, Kirtley MC, Neubert BC, Rivera CN, Bergens MA, Bush AT, Hill L, Gauthier J, McGriff C, Tang H, Andermann TM, Jobin C, Chao NJ, Dahl WJ, Wingard JR, Sung AD, David LA. (2025). Dietary signatures from fecal DNA predict hematopoietic stem cell transplantation outcomes. *Submitted*.

Mok BY, de Moraes MH, Zeng J, Bosch DE, Kotrys AV, Raguram A, Hsu F, Radey MC, Peterson SB, Mootha VK, Mougous JD, Liu DR. (2020). A bacterial cytidine deaminase toxin enables CRISPR-free mitochondrial base editing. *Nature*, 583(7817), 631–637.