伍少远主要业绩

2016年作为特聘教授引进到江苏师范大学工作，现担任江苏省系统发育与比较基因组学重点实验室和徐州市基因组大数据工程研究中心主任。他在基因组学研究领域接受了良好的学术训练，于2011年5月获美国哈佛大学博士学位，师从国际知名群体遗传与比较基因组学家、美国国家科学院暨美国人文与科学院双院院士Scott V. Edwards教授。在哈佛大学学习期间担任助教，因为教学工作优秀而荣获2006年度哈佛大学优秀教学奖。2014年入选天津市“三年千人”计划，2017年入选江苏省优秀科技创新团队带头人，2019年荣获“徐州市劳动模范”荣誉称号。

伍教授近十年来一直致力于生物信息与比较基因组学方面的科研工作，其成果具有较高的科学原创性和学术价值，在比较基因组学领域取得了国际同行公认的创新性成果。近五年在PNAS、Nature、Evolution等国际一流学术期刊发表学术论文12篇，论文总引用次数862次，其中单篇最高引用317次(根据最新谷歌学术检索)。先后主持国家自然科学基金项目两项，江苏省高等学校自然科学研究重大项目一项。担任Systematic Biology, Molecular Biology and Evolution, Bioinformatics, Journal of Heredity 等国际学术期刊审稿人。其主要学术贡献有：

1. 伍少远教授的最新基因组学科研成果，于2017年8月发表在《美国国家科学院学报》（PNAS）上。该项工作在国际上首次采用大规模基因组数据和计算机分析，发现松散分子钟模型的缺陷并提出解决方案。论文发表后受到了国内外同行以及国际权威杂志和媒体的广泛关注。2017年8月24日出版的世界顶级学术期刊《自然》(Nature, Volume: 548, Issue: 7668) 在其“研究亮点”栏目对该成果进行专文报道，并特别指出该成果是由位于江苏省徐州市的江苏师范大学科研团队做出。2017年8月24日论文入选“Faculty of 1000”的 F1000Prime 文章，获得推荐和点评。此外，论文发表当日入选PNAS New & Newsworthy的重点推荐文章。2017年8月16日，美国知名科学网站GenomeWeb也对该科研成果进行了专文报道。2017年8月24日，国内权威科技媒体《科技日报》对该成果在头版进行报道，并迅速获得央视新闻网，新华网、人民网、中科院网等国内权威媒体和网站的广泛转载。2017年8月30日，国家自然科学基金委员会在其资助成果栏目，以《我国学者在哺乳动物演化研究领域取得重要进展》为题进行专文报道。
2. 在国际上首次通过大规模基因组数据证明，目前分子系统发育生物学研究领域的主要分析模型－串联模型(concatenation model)－具有内在缺陷，可以导致误导性结果，并提出解决方案。这项研究成果2012年9月发表在《美国国家科学院学报》（PNAS）上 。发表后，受到了国际学术同行的高度关注，发表至今，引用次数已达317次，且引用次数还在快速增长中，证明了该项科研成果的前沿性。