

# 张瑾简历

## 1. 个人信息

姓名: 张瑾  
职称: 副教授 硕导  
职务: 理学院 副院长  
学位: 生物信息学 博士  
毕业院校: 南京农业大学  
院系: 理学院 数学系  
通讯地址: 南京农业大学 理学院 江苏省南京市卫岗 1 号, 210095  
Email: zhangjin@njau.edu.cn

## 2. 个人简介

张瑾, 副教授, 硕士生导师, 理学院副院长, 江苏省数学学会理事。2012年获得南京农业大学生物信息学博士学位, 研究方向为生物统计, 同年于南京农业大学理学院数学系任职。自2018年4月起, 作为访问学者在美国密歇根大学生物统计系交流一年。主要研究方向为概率统计、生物统计、统计遗传、统计基因组学等。目前, 主要从事生物数据的遗传模型与分析方法研究, 特别是针对大规模海量遗传数据的统计分析, 展开了全基因组关联分析, 全基因组选择, 多性状联合分析、海量遗传数据预测等相关研究, 研究成果在 *Briefings in Bioinformatics*, *Heredity*, *Frontier in Genetics* 等国际期刊上发表。近年来, 参编教材两本, 主持、参与国家自然科学基金项目、江苏省人社厅项目、南京农业大学中央高校基本业务费项目等多项科研项目。

欢迎数学、统计学等相关专业的考生与我联系。

## 3. 工作经历

讲师	2012.12~2014.12	南京农业大学 理学院 数学系
副教授	2014.12~至今	南京农业大学 理学院 数学系
访问学者	2018.04~2019.04	美国密歇根大学 生物统计系

## 4. 教学信息

### 主讲课程:

本科生课程: 《概率论与数理统计》、《数理统计》、《非参数统计》、《统计学导论》等。

研究生课程: 《生物统计》等。

### 参编教材:

《生物统计》2017.05, 中国农业出版社, 编委。

《概率论与数理统计》2016.12, 中国农业出版社, 副主编。

### 教改项目:

南京农业大学专业建设研究教改专项, 《统计学专业人才培养方案改革与优化》, 2021, 主持。

### 教学成果:

1、理学院青年教师授课比赛 一等奖 2016

2、南京农业大学校级教学成果奖，一等奖，依托数学建模竞赛，构建卓越创新农业人才培养体系，3/5，2020.1.5

#### 人才培养：

- 1、指导校级本科优秀毕业论文，丁杰，2020。
- 2、指导院级本科优秀毕业论文，王艳萍，2021。
- 3、指导大学生SRT项目，国家级，刘丰容，丁杰，高宇，2018.4-2019.4。
- 4、指导大学生SRT项目，国家级，张旭光，陈秀华，徐帅，2016.4-2017.4。

#### 5. 发表期刊论文

1. Fengrong Liu, Ziyang Zhou, Mingzhi Cai, Yangjun Wen and **Jin Zhang**\*. 2021. AGNEP: An Agglomerative Nesting Clustering Algorithm for Phenotypic Dimension Reduction in Joint Analysis of Multiple Phenotypes. *Front. Genet.* 12:648831. doi: 10.3389/fgene.2021.648831.
2. **Jin Zhang**, Min Chen, Yangjun Wen, Yin Zhang, Yunan Lu, Shengmeng Wang, Juncong Chen. 2021. A Fast Multi-Locus Ridge Regression Algorithm for High-Dimensional Genome-Wide Association Studies. *Front. Genet.* 12:649196. doi: 10.3389/fgene.2021.649196.
3. Jiali Sun, Qingtai Wu, Dafeng Shen, Yangjun Wen, fengrong Liu, Yu Gao, Jie Ding, **Jin Zhang**\*. 2019. tSLRF: two-Stage Algorithm Based on Least Angle Regression and Random forest in genome-wide association studies. *Scientific reports.* 9:18034, <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54519-x>.
4. **Zhang Jin**#, Feng Jian-Ying #, Ni Yuan-Li, Wen Yang-Jun, Niu Yuan, Tamba Cox Lwaka, Yue Chao, Song Qijian, Zhang Yuan-Ming. 2017. pLARmEB: Integration of least angle regression with empirical Bayes for multi-locus genome-wide association studies. *Heredity*, Accepted, DOI: 10.1038/hdy.2017.8(Featured Article, one of the most highly cited papers from 2017)
5. **Zhang Jin**, Yue Chao, Zhang Yuan-Ming. 2012. Bias correction for estimated QTL effects using the penalized maximum likelihood method. *Heredity* 108: 396-402
6. Xie Fang-Teng#, Niu Yuan#, **Zhang Jin**#, Bu Su-Hong, Zhang Han-Zhu, Geng Qing-Chun, Feng Jian-Ying, Zhang Yuan-Ming. 2014. Fine mapping of quantitative trait loci for seed size traits in soybean. *Molecular Breeding* 34:2165-2178
7. Pian Cong#, **Zhang Jin**#, Chen Yuan-Yuan, Chen Zhi, Li Qin, Li Qiang, Zhang Liang-Yun. 2016. OP-Triplet-ELM: Identification of real and pseudo microRNA precursors using extreme learning machine with optimal features. *J Bioinform Comput Biol.* 14(1):1650006
8. Wen Yang-Jun, Zhang Ya-Wen, **Zhang Jin**, Feng Jian-Ying, Jim M Dunwell, Zhang Yuan-Ming. An efficient multi-locus mixed model framework for the detection of small and linked QTLs in F2. *Briefings in Bioinformatics*, bby058, <https://doi.org/10.1093/bib/bby058>, 18 July 2018
9. Feng Jian-Ying, **Zhang Jin**, Zhang Wen-Jie, Wang Su-Bong, Han Shi-Feng, Zhang Yuan-Ming. 2013. An efficient hierarchical generalized linear mixed model for mapping QTL of ordinal traits in crop cultivars. *PLoS ONE* 8(4): e59541
10. Zhao Xiao-Yu, **Zhang Jin**, Chen Yuan-Yuan, Li Qin, Yang Tao, Pian Cong, Zhang Liang-Yun. 2014. Promoter recognition based on the maximum entropy hidden Markov model. *Comput Biol Med.* 51:73-81.
11. Pian Cong, Zhang Guang-Le, Chen Zhi, Chen Yuan-Yuan, **Zhang Jin**, Yang Tao, Zhang Liang-Yun. 2016. LncRNAPred: Classification of Long Non-Coding RNAs and Protein-Coding Transcripts by the Ensemble Algorithm with a New Hybrid Feature. *PLoS One* 11(5):e0154567
12. Pian Cong, Chen Yuan-Yuan, **Zhang Jin**, Chen Zhi, Zhang Guang-Le, Yang Tao, Zhang Liang-Yun. 2017. V-ELMpiRNAPred: Identification of human piRNAs by the voting-based extreme learning machine (V-ELM) with a new hybrid feature. *J Bioinform Comput Biol.* 15(1):1650046.
13. Guangle Zhang, Cong Pian, Zhi Chen, **Jin Zhang**, Mingmin Xu, Liangyun Zhang, Yuanyuan Chen. Identification of cancer-related miRNA-lncRNA biomarkers using a basic miRNA-lncRNA network, *PLoS One*, 2018.05.01, 13(5): e0196681.
14. Wen Yang-Jun, Zhang Hanwen, Ni Yuan-Li, Huang Bo, **Zhang Jin**, Feng Jian-Ying, Wang Shi-Bo, Jim M. Dunwell, Zhang

- Yuan-Ming, Wu Rongling. 2017. Methodological implementation of mixed linear models in multi-locus genome-wide association studies. *Briefings in Bioinformatics*, online, DOI: 10.1093/bib/bbw145
15. Wang Shi-Bo, Wen Yang-Jun, Ren Wen-Long, Ni Yuan-Li, **Zhang Jin**, Feng Jian-Ying, Zhang Yuan-Ming. 2016. Mapping small-effect and linked quantitative trait loci for complex traits in backcross or DH populations via a multi-locus GWAS methodology. *Scientific Reports* 2016, 6: 29951
  16. Wang Shi-Bo, Feng Jian-Ying, Ren Wen-Long, Huang Bo, Zhou Ling, Wen Yang-Jun, **Zhang Jin**, Jim M. Dunwell, Xu Shizhong, Zhang Yuan-Ming. 2016. Improving power and accuracy of genome-wide association studies via a multi-locus mixed linear model methodology. *Scientific Reports* 6: 19444 (DOI:10.1038/srep19444)
  17. Zhou Ling, Wang Shi-Bo, Jian Jianbo, Geng Qing-Chun, Wen Jia, Song Qijian, Wu Zhenzhen, Li Guang-Jun, Liu Yu-Qin, Jim M. Dunwell, **Zhang Jin**, Feng Jian-Ying, Feng, Niu Yuan, Zhang Li, Ren Wen-Long, Zhang Yuan-Ming. 2015. Identification of domestication-related loci associated with flowering time and seed size in soybean with the RAD-seq genotyping method. *Scientific Reports* 5: 9350 (DOI: 10.1038/srep09350)
  18. Zhang Wen-Jie, Niu Yuan, Bu Su-Hong, Li Meng, Feng Jian-Ying, **Zhang Jin**, Sheng-Xian Yang, Medrine Mmyi Odinga, Wei Shi-Ping, Liu Xiao-Fen, Zhang Yuan-Ming. 2014. Epistatic association mapping for alkaline and salinity tolerance traits in the soybean germination stage. *PLoS ONE* 9(1): e84750
  19. 温阳俊, 冯建英, **张瑾\***. 多位点关联分析方法学的研究进展。南京农业大学学报, 2022.1-10.
  20. 孙嘉利, 吴清大, 温阳俊, **张瑾\***. 基于FASTmrEMMA、最小角回归和随机森林的全基因组选择新算法。南京农业大学学报, 2021.366-372.
  21. **张瑾**, 岳超, 章元明. 基因表达数据聚类分析方法的比较。南京农业大学, 2014, 37 (6): 1-6
  22. 冯建英, 温阳俊, **张瑾**, 章元明. 植物关联分析方法的研究进展。作物学报, 2016. 945-956.

## 6. 科研项目

1. 中央高校基本科研业务费, 主持, No. JCQY202108, 2021.3-2021.12
2. 国家自然科学基金 青年项目, 主持, No. 31301229, 2014.1-2016.12.
3. 中央高校基本科研业务费, 主持, No. KJQN201414, 2014.3-2015.12
4. 国家自然科学基金 面上项目, 参与, No. 31771821, 2017.1-2020.12.
5. 国家自然科学基金 青年项目, 参与, No. 31301004, 2014.1-2016.12.

欢迎数学、统计学等相关专业的考生与我联系。

Email: zhangjin@njau.edu.cn