学院首页　｜　学院概况　｜　党建工作　｜　师资队伍　｜　人才培养　｜　科学研究　｜　学生工作　　　2019年3月6日 星期三

您当前的位置：　首页»师资队伍»硕士生导师

师资队伍

师资概况

教师名师

教授

硕士生导师

快速导航

综合教务　　　　　财务查询

综合教务(理　　　　短信平台

友情链接

--------校内连接-------- ▼

--------校外连接-------- ▼

硕士生导师

张屹

一、个人简介

　　张屹，1972年10月22日生于内蒙古通辽市，从2007年10月开始在河北科技大学理学院数学系任教，现为河北科技大学教授，全国计算生物学与生物信息学会会员，硕士研究生导师，研究生物信息学算法和肿瘤精准医疗表观遗传网络推理。河北省药用分子化学实验室的"生物信息学"研究室负责人，河北科技大学工程数学研究所所长，国家自然科学基金通讯评议员，美国阿拉巴马大学主办的期刊Frontiers in statistical genetics and methodology 的review editor. 是Physic A, Chem. Phys. Letter, Gigasceince等多个杂志的审稿人。2011年度河北省"三三三人才工程"第三层次人才。已经在国外杂志发表项目相关SCI论文20余篇，第一或通讯作者15篇，其中一区一篇，二区三篇。主持或参加项目12项，其中主持国家基金面上项目一项，主持教育部重点项目一项，主持并结题河北省自然基金面上项目一项，主持并结题省教育厅项目一项，主持并结题中国博士后基金一项。作为第一主研人参加中科院创新项目一项。现在已经和河北省肿瘤医院建立了合作关系。

联系方式：
电话：15132125899
Email: zhaqi1972@163.com
办公室地址：经管楼B208
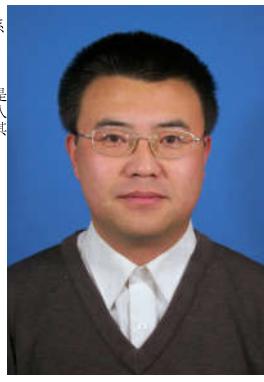
二、研究方向

1. 肿瘤基因组学与精准医疗
2. 生物信息学的基因调控网络
3. 深度学习算法及图像识别

三、科研项目

1. 主持非编码RNA的识别方法及其在果蝇基因组中的应用(A2015208108)，2015-2018，河北省自然基金面上项目　5万
2. Project of State-financed students studying abroad, 2016-2017, 1800 dollar/month.
3. 主持并结题 基于转录组的非编码RNA分类和预测算法的研究（11171088），2012-2015，国家自然基金面上项目 46万
4. 主持并结题飞蝗编码与非编码RNA的高精度识别和鉴定 (212011)，2012-2014，教育部科研重点项目　10万
5. 主持并结题生物分子进化与系统发育分析算法的研究（A2011208002），2011-2013，河北省自然基金面上项目　5万
6. 主持河北科技大学杰出青年重点项目一项. 15万
7. 主持并结题一项国家博士后基金（第46届二等）"飞蝗piRNA的识别及其功能的验证"（20090460519）. 3万
8. 　主持并结题河北省教育厅项目一项"密码子偏好在在预测药物靶点和进化树构建中的应用"（z2008111）.
9. 主持并结题一项校立基金"蛋白质结构和药物靶点预测算法的研究"（XL200902）.
10. 主研并结题国家自然基金"Dyson型常数项恒等式的研究"（10926054）（第三）.
11. 主研并结题河北省科技攻关项目"永定河流域的水生态修复和生物多样性保护研究"（07276759）（第二）.
12. 主研中科院创新项目"非编码RNA和系统生物学网络分析算法研究"子课题"非编码RNA的分析鉴定以及预测算法研究"（第二）

四、代表性论文

　　Juliane Hitzel, Eunjee Lee, Yi Zhang, Sofia Iris Bibli , Xiaogang Li, et al. Oxidized phospholipids activate an MTHFD2-controlled amino acid network to facilitate nucleotide release from endothelial cells. Nature Communication. Accepted. 2018. 1区

　　Jialiang Yang , Jing Qiu , Kejing Wang, Lijuan Zhu, Jingjing Fan, Deyin Zheng, Xiaodi Meng, Jiasheng Yang, Lihong Peng, Yu Fu, Dahan Zhang, Shouneng Peng, Haiyun Huang* , Yi Zhang* . Using molecular functional networks to manifest connections between obesity and obesity-related diseases. Oncotarget, 2017, 8 (49): 85136-85149.　　1区

　　Yi Zhang*, Haiyun Huang, Dahan Zhang, Jiasheng Yang, Kejing Wang, Lijuan Zhu, Xiaoqing Dong, Jialiang Yang*. A review on recent computational methods for predicting non-coding RNAs. Volume 2017, Article ID 9139504, BioMed Research International　3区

　　黄海云，韩育，张达瀚，李伟，樊晶晶，牛晓燕，张屹*. 贝叶斯模型大数据分析的软件实现—以河北科技大学图书馆为例. 图书馆论坛, 核心期刊（C刊），2017 09 15

　　Bing Chen†, Yi Zhang†, Xia Zhang, Shili Jia, Shuang Chen, Le Kang. Genome-wide identification and developmental expression profiling of long noncoding RNAs during Drosophila metamorphosis. Scientific Reports, 2016. 6:23330. DOI: 10.1038/srep23330　　2区

　　Xiaoming Liu, Jiasheng Yang, Yi Zhang, Yun Fang, Fayou Wang, Jun Wang, Xiaoqi Zheng*, jialiang Yang*. A systematic study on drug response associated genes using baseline gene expressions of the Cancer Cell Line Encyclopedia. Scientific Reports, 2016. 6:22811. DOI: 10.1038/srep22811　2区

　　Yushuang Li, Tian Song*, Jiasheng Yang, Yi Zhang, Jialiang Yang*. An Alignment-Free Algorithm in Comparing the Similarity of Protein Sequences Based on Pseudo-Markov Transition Probabilities among Amino Acids. PLOS ONE 2016 DOI:10.1371/journal.pone.0167430　　3区

　　Yi Zhang†*, Haiyun Huang†, Xiaoqing Dong, Kejing Wang, Lijuan Zhu, Ke Wang, Tao Huang,* , Jialiang Yang*. A dynamic 3D graphical representation for RNA structure analysis and its application in non-coding RNA classification. PLos One.　2016. DOI:10.1371/journal.pone.0152238　　3区

　　Wei Wang, Huaien Dai, Yi Zhang, Chandrasekar Raman, Lan Luo, Yasuaki Hiromasa, Changzhong Sheng, Gongxin Peng, Shaoliang Chen, et al., 2015. Armet is an effector protein mediating aphid-plant interactions. 2015. FASEB Journal. fj.14-266023,　2区

Yi Zhang*, Shili Jia, Haiyun Huang, Jiqing Qiu, Changjie Zhou, 2014. A Novel Algorithm for the Precise Calculation of the Maximal Information Coefficient. SCIENTIFIC REPORTS (IF="5.078)," 4 : 6662. DOI: 10.1038/srep06662. 2区

Xianhui wang, …, Yi Zhang,….. 2014. The locust genome provides insight into swarm formation and long-distance flight, Nature communication (IF="10)." 5:2957, DOI: 10.1038/ncomms3957 . 1区

Yi Zhang, X. H . Wang, L., Kang*, 2011. A k-mer scheme to predict piRNAs and characterize locust piRNAs. Bioinformatics . Vol. 27 no. 6 2011, pages 771‐776.   2 区

Yi Zhang*, 2010. A new model of amino acids evolution, evolution index of amino acids and its application in graphical representation of protein sequences，Chemical Physics Letters , 497: 223-228. 4区

Yi Zhang*, 2009. Relations of Shanoon Entropy and Genome Order Index in Segmenting DNA Sequences, Physical Review E, 79, 041918 . 3区

Yi Zhang*, Junkang Hao, Changjie Zhou, Kai Chang, 2009, Normalized Lempel-Ziv Complexity and its Application in Bio-sequence Analysis, J Math. Chem. 46:1203-1212 4区

Yi Zhang，Jun Wang*, 2008. Volatilities of Codons and Its Application in Similarity Analysis of Biological Sequences , J. Math. Chem., 43（2）: 864-873.   4区

Yi Zhang*, Jiqing Qiu, Lianqing Su, 2008. Comparing RNA secondary structures based on 2D graphical representation , Chemical Physics Letters, 458: 180-185. 4区

Jun Wang, Yi Zhang*, 2008. Mathematical relations between codon bias indexes and their applications, J. Math. Chem., 44（2）: 569-575.

Chun Li*, Jun Wang, Yi Zhang, 2008. Similarity Analysis of Protein Sequences based on the Normalized Relative entropy, Comb. Chem. High T. Scr., 11: 477-481

Jun Wang, Yi Zhang*，2006. Characterization and similarity analysis of DNA sequences grounded on a 2-D graphical representation, Chemical Physics Letter, 423: 50-53.

Jun Wang, Yi Zhang*，2006. Characterization and similarity analysis of DNA sequences basedon mutually direct-complementary triplets, Chemical Physics Letter, 425:324-328.