



## 张志勇

电话: 0551-63600854

E-mail: [http://zzyzhang@ustc.edu.cn](mailto:zzyzhang@ustc.edu.cn)

### 主要研究方向:

发展生物大分子多尺度模拟的新方法, 如构象空间增强采样技术和粗粒化模拟, 等等;  
多尺度模拟整合核磁共振、冷冻电镜以及X射线小角散射等结构数据, 研究生物大分子(蛋白、核酸及复合物)的结构及动态变化。  
运用机器学习算法分析生物大分子的结构大数据。

### 个人简历:

博士, 教授: 1994年9月至1998年7月就读于中国科学技术大学生物系, 分子与细胞生物学学士学位; 1998年9月至2003年7月在中国科学技术大学生命科学学院免试硕博连读, 生化与分子生物学博士学位, 获“求是”及“中国科学院院长”奖。2003年12月至2006年12月在美国得克萨斯休斯顿健康科学中心从事博士后研究, 期间获得Keck Center Pharmacoinformatics Fellowship的资助; 2006年12月至2010年3月在犹他大学化学系从事博士后研究; 2010年4月至2010年12月在芝加哥大学化学系从事博士后研究。2010年4月通过中国科技大学优秀人才引进, 受聘为生命科学学院教授。专业是计算生物学, 研究成果发表在Journal of the American Chemical Society, Journal of Chemical Theory and Computation和Biophysical Journal 等国际学术期刊上。

### 主要科研项目:

科技部重大科学研究计划(973), 2013CB910203, 亚纳米尺度表征蛋白质动态学的新技术新方法;  
国家自然科学基金面上项目, 31270760, 多尺度模拟集成小角散射数据研究蛋白质构象变化的方法;  
国家自然科学基金面上项目, 21573205, 计算机模拟整合冷冻电镜结构研究生物大分子复合物的组装。



发表论文:研究成果发表在Journal of the American Chemical Society, Journal of Chemical Theory and Computation和Biophysical Journal 等国际学术期刊上。目前已发表研究论文47篇 (SCI收录论文42篇) , 其中通讯或第一作者论文25篇 (SCI收录论文23篇) 。

### 主要论著:

- [01] Difei Xu, Rongsheng Ma, Jiahai Zhang, Zhijun Liu, Bo Wu, Junhui Peng, Yanan Zhai, Qingguo Gong, Yunyu Shi, Jihui Wu, Qiang Wu, Zhiyong Zhang\*, Ke Ruan\*.  
Dynamic nature of CTCF tandem 11 zinc fingers in multivalent recognition of DNA as revealed by NMR Spectroscopy. *The Journal of Physical Chemistry Letters* 2018 (9): 4020-4028
- [02] Bin Wen, Weiwei Wang, Jiahai Zhang, Qingguo Gong, Yunyu Shi, Jihui Wu\*, Zhiyong Zhang\*. Structural and dynamic properties of the C-terminal region of the Escherichia coli RNA chaperone Hfq: integrative experimental and computational studies. *Physical Chemistry Chemical Physics* 2017 (19): 21152-21164
- [03] Peng Cheng#, Junhui Peng#, Zhiyong Zhang\*. SAXS-oriented ensemble refinement of flexible biomolecules. *Biophysical Journal* 2017 (112): 1295-1301
- [04] Junhui Peng, Zhiyong Zhang\*. Unraveling low-resolution structural data of large biomolecules by constructing atomic models with experiment-targeted parallel cascade selection simulations. *Scientific Reports* 2016 (6): 29360
- [05] Yonghui Zhang, Junhui Peng, Zhiyong Zhang\*. Structural modeling of proteins by integrating small-angle X-ray scattering data. *Chinese Physics B* 2015 (24): 126101
- [06] Junhui Peng, Debiao Zhao, Bin Wen, Zhiyong Zhang\*. Determining structural models of biomolecular complexes integrating nuclear magnetic resonance, small-angle X-ray scattering and computational simulations. *Chinese Journal of Magnetic Resonance* 2015 (32): 181-194
- [07] Yonghui Zhang, Bin Wen, Junhui Peng, Xiaobing Zuo, Qingguo Gong, Zhiyong Zhang\*. Determining structural ensembles of flexible multi-domain proteins using small-angle X-ray scattering and molecular dynamics simulations. *Protein & Cell* 2015 (6): 619-623
- [08] Zhiyong Zhang\*. Systematic methods for defining coarse-grained maps in large biomolecules. *Advances in Structural Bioinformatics* 2015 (827): 33-48
- [09] Bin Wen#, Junhui Peng#, Xiaobing Zuo, Qingguo Gong, Zhiyong Zhang\*. Characterization of protein flexibility using small-angle X-ray scattering and amplified collective motion simulations. *Biophysical Journal* 2014 (107): 956-964
- [10] Junhui Peng, Zhiyong Zhang\*. Simulating large-scale conformational changes of proteins by accelerating collective motions obtained from principal component analysis. *Journal of Chemical Theory and Computation* 2014 (10): 3449-3458
- [11] Debiao Zhao, Xuejuan Wang, Junhui Peng, Chongyuan Wang, Fudong Li, Qianqian Sun, Yibo Zhang, Jiahai Zhang, Gang Cai, Xiaobing Zuo, Jihui Wu, Yunyu Shi, Zhiyong Zhang\*, Qingguo Gong\*. Structural investigation of the interaction between the tandem SH3 domains of c-Cbl-associated protein and vinculin. *Journal of Structural Biology* 2014 (187): 194-205

地址：安徽省合肥市蜀山区黄山路中国科学技术大学西区科技实验楼东楼七楼 邮编:230026