



华南农业大学
South China Agricultural University

研究生院

更新日期：2021年2月19日



姓名	张哲	性别	男
出生年月	1984年3月	籍贯	南阳
民族	汉族	政治面貌	中共党员
最后学历	博士研究生	最后学位	农学博士学位
技术职称	教授	导师类别	博导
行政职务		Email	zhezhang@scau.edu.cn
工作单位	华南农业大学动物科学学院	邮政编码	510642
通讯地址	广州市天河区五山路483号		
单位电话	020-85280275		
个人主页	https://www.researchgate.net/profile/Zhe-Zhang-78		

个人简介

张哲，博士，华南农业大学动物科学学院动物遗传育种系教授，博士生导师，国家优秀青年基金获得者。2011年中国农业大学博士毕业，曾赴英国爱丁堡大学、德国哥廷根大学进行学习及科研合作。长期从事动物遗传育种与繁殖专业教学及科研工作，国内首批开展畜禽基因组选择理论方法研究的人员之一，在该领域的开展了系列创新性工作。主持国家自然科学基金、广东省自然科学基金等各级科研课题13项,参与国家产业体系、重点研发等项目十多项。在Journal of Animal Science、Frontiers in Genetics等国内外刊物发表研究论文80篇，以第一完成人获软件著作权12项，获广东省科学技术及农业推广奖3项。受邀担任Animal、BMC Genomics、Frontiers in Genetics编委，Nucleic Acids Research、PLoS Genetics、G3、Animal Genetics等30

多个期刊审稿人，广州市珠江科技新星，广东省特支计划“科技创新青年拔尖人才”，中国畜牧兽医学会动物遗传育种学分会理事。

=====欢迎各位考生报考=====

工作经历

2011.7--2014.12 华南农业大学，动物科学学院动物遗传育种系，讲师

2012.4--2012.10 德国哥廷根大学(Goettingen University)，动物科学系，访问学者

2015.1--2018.12 华南农业大学，动物科学学院动物遗传育种系，副教授

2014.9--现在 华南农业大学，动物科学学院动物遗传育种系，硕士生导师

2018.7--现在 华南农业大学，动物科学学院动物遗传育种系，博士生导师

2019.1--现在 华南农业大学，动物科学学院动物遗传育种系，教授

教育经历

2001.9--2005.7 中国农业大学，动物科技学院，动物科学专业学习，获农学学士学位

2006.9--2011.6 中国农业大学，动物科技学院，动物遗传育种与繁殖专业硕博连读，获农学博士学位

2009.10--2010.9 英国爱丁堡大学(University of Edinburgh)，罗斯林研究所(Roslin Institute)访问学习

获奖、荣誉称号

2019.12，主持获得“吴常信动物遗传育种基金”科技成果奖《畜禽基因组选择方法》，1/6；

2018.10，获广东省农业技术推广二等奖《华南区域地方猪种质资源杂交利用及示范推广》，3

2018.8，获中国畜牧兽医学会养猪学分会“改革开放40年养猪业创新人才奖”；

2017.12，获国家超级计算广州中心“天河之星”优秀应用入围奖；

2017.2，获广东省科学技术二等奖《数字化种猪育种关键技术研发与产业化应用》，5；

2016.9，获“吴常信动物遗传育种基金”优秀论文奖；

2016.9, 获华南农业大学“教书育人”先进个人荣誉称号;
 2016.7, 获华南农业大学“优秀共产党员”荣誉称号;
 2015.12, 获华南农业大学“科技新星”荣誉称号;
 2015.5, 获中共广东省委组织部“广东特支计划”科技创新青年拔尖人才称号;
 2015.2, 获广州市科技创新委员会“珠江科技新星”荣誉称号;
 2013.8, 获2013广东省农业技术推广一等奖《现代猪分子育种技术的应用与推广》,8;
 2012.9, 获2011广东省农业技术推广一等奖《华南种猪遗传评估系统建立及应用》,13;

社会、学会及学术兼职

中国畜牧兽医学学会动物遗传育种学分会理事 Animal、BMC Genomics期刊编委、Nucleic Acids Research、PLoS Genetics、Frontiers in Genetics、G3等期刊审稿人 国家自然科学基金、广东省自然科学基金、省科技厅、省农业厅项目评审专家

研究领域

畜禽基因组选择方法及应用研究

科研项目

主持项目:

畜禽基因组选择方法, 国家自然科学基金优秀青年基金

基于序列并整合生物学先验的全基因组预测新方法研究, 国家自然科学基金面上项目

利用畜禽全基因组SNP芯片的多性状基因组选择方法研究, 国家自然科学基金青年基金

猪基因组选择育种技术服务, 农业农村部

畜禽多性状全基因组选择方法模拟研究, 教育部博士点基金博士启动项目

基于畜禽基因组序列数据的基因组选择遗传评定方法研究, 广东省自然科学基金面上项目

基于猪高密度SNP芯片的全基因组选择遗传评估方法研究, 广东省自然科学基金博士启动

优质肉鸡全基因组选择育种技术研究，广东省科技厅

“广东特支计划”科技创新青年拔尖人才，广东省科技厅、广东省委组织部

基于组学大数据的畜禽遗传评定技术研究，广东省教育厅特色创新项目

基于组学信息的畜禽基因组遗传评定方法研究，广州市科信局珠江科技新星专项

发表论文

第一作者 (*并列第一作者)

1. Jiabo Wang*, Zhengkui Zhou*, Zhe Zhang*, Hui Li, Di Liu, Qin Zhang, Peter Bradbury, Edward Buckler, Zhiwu Zhang. Expanding BLUP Alphabet for Genomic Prediction Adaptable to the Genetic Architectures of Complex Traits. *Heredity*. 2018, doi.org/10.1038/s41437-018-0075-0
2. Xiaolong Yuan*, Zhe Zhang*, Bin Li, Ning Gao, Hao Zhang, Per Torp Sangild, Jiaqi Li#. Genome-wide DNA methylation analysis of the porcine hypothalamus-pituitary-ovary axis. *Scientific Reports*. 2017, 7: 4277
doi: 10.1038/s41598-017-04603-x
3. Xiaolong Yuan*, Zhe Zhang*, Rongyang Pan, Ning Gao, Xi Deng, Bin Li, Hao Zhang, Per Torp Sangild, Jiaqi Li. Performance of reduced representation bisulfite sequencing for different fragment sizes in pigs. *Biological Procedures Online*. 2017, 19:5
doi: 10.1186/s12575-017-0054-5
4. Zhe Zhang, Zhenqiang Xu, Yuanyu Luo, Haibin Zhang, Ning Gao, Jinlong He, Congliang Ji, Dexiang Zhang, Jiaqi Li, Xiquan Zhang. Whole genomic prediction of growth and carcass traits in a Chinese quality chicken population. *Journal of Animal Science*. 2017, 95(1):72-80 doi:10.2527/jas2016.0823 (IF= 1.863 二区)
5. Zhe Zhang, Hao Zhang, Rongyang Pan, Long Wu, Yalan Li, Zanmou Chen, Gengyuan Cai, Jiaqi Li, Zhenfang Wu. Genetic parameters and trends for production and reproduction traits of a Landrace herd in China. *Journal of Integrative Agriculture*. 2016, 15(5):1069-1075 doi:10.1016/S2095-3119(15)61105-4 (IF=0.833 四区)
6. Zhe Zhang, Malena Erbe, Jinlong He, Ulrike Ober, Ning Gao, Hao Zhang, Henner Simianer, Jiaqi Li. Accuracy of whole genome prediction using a genetic architecture enhanced variance-covariance matrix. *G3-Genes Genomes Genetics*. 2015,

- 5(4):615-627 (IF= 3.198 三区)
7. Zhe Zhang, Xiujin Li, Xiangdong Ding, Jiaqi Li, Qin Zhang. GPOPSIM: a Simulation Tool for Whole-Genome Genetic Data. BMC Genetics. 2015, 16:10 (IF=2.397 三区)
8. Xiong Tong*, Zhe Zhang*, Yiren Jiao, Jian Xu, Hongjuan Deng, Ye Chen, Zhiguo Jiang, Junli Duan, Hao Zhang, Jiaqi Li, Chong Wang. Association of eight EST-derived SNPs with carcass and meat quality traits in pigs. Journal of Applied Genetics. 2015, 56(1): 85-95 (IF=1.902, 四区)
9. Zhe Zhang, Jinlong He, Hao Zhang, Ping Gao, Malena Erbe, Henner Simianer, Jiaqi Li. Results of Genome Wide Association Studies Improving the Accuracy of Genomic Selection. The Proceedings of the 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP) 695. 2014, in Vancouver, Canada
10. Zhe Zhang, Ulrike Ober, Malena Erbe, Hao Zhang, Ning Gao, Jinlong He, Jiaqi Li, Henner Simianer. Improving the Accuracy of Whole Genome Prediction for Complex Traits Using the Results of Genome Wide Association Studies. PLoS ONE. 2014, 9(3): e93017 (IF=3.51 三区)
11. Xiangdong Ding*, Zhe Zhang*, Xiujin Li*, Sheng Wang, Xiaoping Wu, Dongxiao Sun, Ying Yu, Jianfeng Liu, Yachun Wang, Yi Zhang, Shengli Zhang, Yuan Zhang, Qin Zhang. Accuracy of genomic prediction for milk production traits in the Chinese Holstein population using a reference population consisting of cows. Journal of Dairy Science. 2013, 96(8): 5315-5323 (二区, IF=2.566)
12. Zhe Zhang, Ding Xiangdong, Liu Jianfeng, Ni Guiyan, Li Jiaqi, Zhang Qin. Whole-Genome Genetic Data Simulation Based on Mutation-Drift Equilibrium Model. The proceedings of the 2012 4th International Conference on Computer Modeling and Simulation (ICCMS 2012). 2012.2.18-19 in Hong Kong, (ISBN: 978-981-07-1437-6).
13. Zhe Zhang, Qin Zhang, Xiangdong Ding. Advances in genomic selection in domestic animals. Chinese Science Bulletin. 2011,56(25):2655-2663. (SCI, IF=1.087, 三区) 1.321
14. Zhe Zhang, Xiangdong Ding, Jianfeng Liu, Qin Zhang, Dirk-Jan de Koning. Accuracy of genomic prediction using low density marker panels. Journal of Dairy Science, 2011, 94(7):3642-3650. (SCI, IF=2.497, 一区) 2.564
15. Zhe Zhang, Xiangdong Ding, Jianfeng Liu, Dirk-Jan de Koning, Qin Zhang. Genomic selection for QTL-MAS data using a trait-specific relationship matrix. BMC Proceedings. 2011, 5(S3):15.

16. Zhe Zhang, Jianfeng Liu, Xiangdong Ding, Piter Bijma, Dirk-Jan de Koning, Qin Zhang. Best linear unbiased prediction of genomic breeding values using a trait-specific marker-derived relationship matrix. PLoS ONE. 2010, 5(9):e12648 (SCI, IF=4.411, 二区) 4.092
17. Zhe Zhang, Xiangdong Ding, Jianfeng Liu, Dirk-Jan de Koning, Qin Zhang. TA-BLUP: a new genetic evaluation method for genomic selection. The proceedings of the 9th world congress on genetics applied to livestock production (WCGALP). 2010, in Leipzig, Germany.
18. 张哲, 张豪, 陈赞谋, 李加琪. 种猪育种性能测定校正公式研究. 中国畜牧杂志, 2015, 51(16):49-54 (中文核心)
19. 张哲, 罗元宇, 李晴晴, 贺金龙, 高宁, 张豪, 丁向东, 张勤, 李加琪. 一种基于高密度遗传标记的亲缘鉴定方法及其应用. 遗传, 2014, 36(8): 835-841 (一级核心)
20. 张哲, 贺金龙, 邓熙, 高宁, 吴海娥, 张豪, 李加琪. 杜洛克猪生长性状全基因组关联分析. 广东农业科学, 2014, 41(14):139-143 (中文核心)
21. 张哲, 吴龙, 陈赞谋, 刘敬顺, 李娅兰, 王青来, 吴珍芳, 张豪. 长白母猪妊娠天数影响因素及效应分析. 安徽农业科学, 2014, 42(13):3920-3922
22. 张哲, 张勤, 丁向东. 畜禽基因组选择研究进展. 科学通报, 2011, 56(26): 2212-2222 (一级核心)
23. 张哲, 张勤. 混合家系随机抽样群体期望亲缘系数的计算. 中国农业大学学报, 2008, 13(1): 42-46 (一级核心)
24. 张哲, 王楚端. 计算机视觉技术在猪眼肌内脂肪含量测定中的应用. 猪业科学, 2006, 23(2): 24-25

通讯作者 (#通讯作者)

1. Ning Gao, Jinyan Teng, Shaopan Ye, Shuwen Huang, Xiaolong Yuan, Hao Zhang, Xiquan Zhang, Jiaqi Li#, Zhe Zhang#. Genomic prediction of complex phenotypes using genic similarity based relatedness matrix. Frontiers in Genetics. 2018, 9:364. doi: 10.3389/fgene.2018.00364
2. Shuwen Huang, Yingting He, Shaopan Ye, Jiaying Wang, Xiaolong Yuan, Hao Zhang, Jiaqi Li, Xiquan Zhang, Zhe Zhang#. Genome-wide association study on chicken carcass traits using sequencing data imputed from SNP array. Journal of Applied Genetics. 2018, DOI: 10.1007/s13353-018-0448-3
3. Shaopan Ye*, Xiaolong Yuan*, Xiran Lin, Ning Gao, Yuanyu Luo, Zanmou Chen, Jiaqi Li, Xiquan Zhang, Zhe Zhang#.

- Imputation from SNP chip to sequence: a case study in a Chinese indigenous chicken population. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2018, 9:30. 10.1186/s40104-018-0241-5
4. Xiaolong Yuan, Ning Gao, Yan Xing, Haibin Zhang, Ailing Zhang, Jing Liu, Jinlong He, Yuan Xu, Wenmian Lin, Zanmou Chen, Hao Zhang, Zhe Zhang#, Jiaqi Li#. Profiling the genome-wide DNA methylation pattern of porcine ovary using reduced representation bisulfite sequencing. *Scientific Reports*. 2016, 6:22138. (IF=5.578 二区)
5. Ning Gao, Jiaqi Li, Jinlong He, Guang Xiao, Yuanyu Luo, Hao Zhang, Zanmou Chen, Zhe Zhang#. Improving Accuracy of Genomic Prediction by Genetic Architecture Based Priors in a Bayesian Model. *BMC Genetics*. 2015, 16:120. (IF=2.397 三区)
6. 滕金言, 王家迎, 张静, 徐昀歆, 季从亮, 张细权, 张哲. 基于自动饲喂系统的肉鸡采食行为与生产性能的相关性. *华南农业大学学报*, 2018, 39(4):7-12
7. 毛启荣, 王家迎, 张静, 徐昀歆, 季从亮, 张细权, 张哲#. 基于自动饲喂系统的鸡采食地点偏好性及其与单次采食性状关系的研究. *中国家禽*, 2018, 40(3):27-30.
8. 刁淑琪, 罗元宇, 蔡迪, 陈桂华, 李加琪, 张豪, 张哲#. 杜洛克猪全基因组连锁不平衡分析. *广东农业科学*, 2016, 43(11):116-121.
9. 罗元宇, 吴鹏, 贺金龙, 陈赞谋, 张豪, 李加琪, 张哲#. 畜禽群体中基于SNP标记的亲缘鉴定及亲本推断方法. *华中农业大学学报*, 2016, 35(5):68-74. (一级核心)

出版专著和教材

1. 全国种猪遗传评估信息网用户手册, 中国农业大学出版社, 2010.11, 9787565501159, 参编, 13/22
2. 现代农业高新技术成果丛书: 动物重要经济性状基因的分离与应用, 中国农业大学出版社, 2012.2, 9787565504679, 参编, 8/12, 30/590千字
3. 现代农业高新技术成果丛书: 奶牛分子育种技术研究, 中国农业大学出版社, 2012, 9787565505348, 参编

科研创新

软件著作权

1. “整合基因注释信息的基因组预测软件V1.0”，(2018SR803245)，第一完成人
2. “基于基因相似性的基因组预测软件V1.0”，(2018SR803218)，第一完成人
3. “基于生物学信息对基因芯片数据进行注释的软件V1.0”，(2018SR091474)，第一完成人
4. “基于单碱基分辨率DNA甲基化组学数据的计算基因组特定区域甲基化模式软件 V1.0”(2017SR605537)，第三完成人
5. “基于基因座位信息对CpG岛元件进行注释的软件 V1.0”(2017SR614532)，第三完成人
6. “基于性状特异信息的基因组遗传评估计算软件 V1.0”(2017SR505313)，第一完成人
7. “基因组选择一步法遗传评估计算软件V1.0”(2016SR349674)，第二完成人
8. “华南农业大学动物科学学院猪场远程监控教学管理系统 V1.0”(2015SR030043)，第四完成人
9. “基于全基因组高密度SNP标记的亲亲子鉴定软件 V1.0”，(2015SR181187)，第一完成人
10. “全基因组多性状遗传数据模拟软件V1.0”(2013SR070948)，第一完成人
11. “多性状基因组遗传评估计算软件V1.0”(2013SR070345)，第一完成人
12. “全基因组群体数据模拟软件V1.0”(2010SRBJ3976)，第一完成人
13. “基因组育种值估计软件V1.0”(2010SRBJ3977)，第一完成人
14. “基因组育种值最佳线性无偏预测软件V1.0”(2010SRBJ5208)，第一完成人
15. “种猪场优化育种方案设计软件V1.0”(2008SRBJ0216)，第一完成人

专利

1. 一种小型动物代谢气体收集系统，ZL 2012 2 0102665.X，2012.3.19，实用新型专利，3/4
2. 一种优化的硫化物醌氧化还原酶基因及其表达载体，ZL 2012 1 0197611.0，2012.6.15，2014.7.30，1454028，发明专利，3/4

📌 教学活动

本科生：《生物统计附实验设计》、《动物育种学》

研究生：《数量遗传学》、《高级统计遗传学》

▣ 指导学生情况

指导博士生4人，硕士生22人。

▣ 我的团队

李加琪 教授

张 豪 教授

陈赞谋 副教授

袁晓龙 副教授

魏 趁 博士后

任端阳 博士后

刁淑琪 博士生

滕金言 博士生

硕士生 18人