

请输入关键字

张垒 (副主任)

发布时间：2016-04-21 浏览次数：1511



张垒，男（1983.10-），安徽蒙城人，副教授，硕士生导师

【教育经历】

2001.9-2005.7西安交大 生命科学与技术学院 生物工程 学士
2001.9-2005.7西安交大 电子信息与工程学院 计算机科学与技术 学士
2005.9-2010.9西安交大 生命科学与技术学院 生物化学与分子生物学 博士
2007.4-2010.1美国University of Missouri-Kansas City医学院 访问学生
2012.3-2013.6美国Tulane大学 公共卫生学院 博士后

【工作经历】

2010.10-2013.12上海理工大学 系统生物医学研究中心 助理研究员
2014.6-至今 苏州大学 医学部公共卫生学院 特聘副教授

【讲授课程】

社会医学、医学科研方法、卫生统计学、医学文献检索

【研究方向】

生物统计学、生物信息学、遗传流行病学；

主要从事复杂疾病遗传定位相关的生物统计学和生物信息学理论方法研究，以及以骨质疏松症为代表的复杂疾病的遗传学研究。

1, 理论研究

除极少数单基因疾病外, 人类绝大部分的病症, 如高血压、糖尿病、心脑血管病等都属于复杂疾病的范畴, 其复杂性在于发病机制是由基因和环境组成的异常错综复杂的调控代谢网络所构成。基因定位 (gene mapping) 的研究内容是鉴定导致疾病的易感基因。研究方法主要包括采集大规模流行病学样本的表型信息和DNA遗传信息并进行有效的生物统计分析。常见的实验分析方法包括连锁研究、候选基因关联研究、全基因组关联研究以及新一代DNA测序研究等。涉及到大量的统计分析方法和问题, 如种群分层 (population stratification)、基因型补缺 (genotype imputation)、遗传异质性 (genetic heterogeneity) 等。我们感兴趣的内容包括设计高效稳健的生物统计方法开展高效的统计分析; 研究各遗传统计问题的属性和解决方案; 开发方便易用的计算机软件包提供给实验人员使用等。

2, 实验研究

我们主要开展骨质疏松症等相关疾病的遗传学研究。骨质疏松症的遗传力高达70%, 然而目前仅有6%的遗传力被鉴定出来。我们充分利用全基因组关联研究、meta分析、多变量分析以及DNA测序等技术和实验的发展, 致力于寻找和定位更多隐藏的骨质疏松症遗传力。我们的研究内容还包括基因的分子功能研究, 进一步探讨遗传突变的分子机理, 为下一步的药物开发提供基础。

【研究课题】

项目名称: 定位骨质疏松症隐藏遗传力和致病突变的方法与应用研究

项目类别: 国家自然科学基金面上项目 (31571291)

项目角色: 项目负责人 资助金额: 50

执行年限: 2016.1-2019.12

项目名称: 稀有突变和复杂疾病遗传关联的贝叶斯方法的研究和应用

项目类别: 国家自然科学基金青年科学基金 (31100902)

项目角色: 项目负责人 资助金额: 25

执行年限: 2012.1-2014.12

【代表性论文】

1. #Pei YF, #Ren HG, Liu L, Li X, Fang C, Huang Y, Hu WZ, Kong WW, Feng AP, You XY, Zhao W, Shen H, Tian Q, Zhang YH, *Deng HW, *Zhang L (2017), Genomic Variants at 20p11 Were Associated with Body Fat Mass in the European Population, Obesity, (DOI: 10.1002/oby.21775)
2. #Ran S, #Zhang L, Liu L, Feng AP, Pei YF, Zhang L, Han YY, Lin Y, Li X, Kong WW, You XY, Zhao W, Tian Q, Shen H, Zhang YH, *Deng HW (2017), Gene-based genome-wide association study identified 19p13.3 for lean body mass, Scientific Reports (DOI: 10.1038/srep45025)
3. Liu YZ#, Zhang L#, Roy-Engel AM, Saito S, Lasky JA, Wang G, Wang H (2016). Carcinogenic effects of oil dispersants: A KEGG pathway-based RNA-seq study of human airway epithelial cells. GENE. In press. (#: co-first author)
4. Pei YF, Tian Q, Zhang L*, Deng HW* (2016). Exploring the Major Sources and Extent of Heterogeneity in a Genome-Wide Association Meta-Analysis. Ann Hum Genet. 80(2):113-22. (*: co-corresponding authors)
5. Pei YF, Hu WZ, Hai R, Wang XY, Ran S, Lin Y, Shen H, Tian Q; GEFOS-seq Consortium.; AOGC Consortium.; UK10K Consortium., Lei SF, Zhang YH, Papiasian CJ, Deng HW*, Zhang L* (2016). Genome-wide association meta-analyses identified 1q43 and 2q32.2 for hip Ward's triangle areal bone mineral density. Bone. 91:1-10.
6. Pei YF, Xie ZG, Wang XY, Hu WZ, Li LB, Ran S, Lin Y, Hai R, Shen H, Tian Q, Zhang YH, Lei SF, Papiasian CJ, Deng HW*, Zhang L* (2016). Association of 3q13.32 variants with hip trochanter and intertrochanter bone mineral density identified by a genome-wide association study. Osteoporos Int. 27(11):3343-3354.
7. Zhang L#, Shen YP#, Hu WZ, Ran S, Lin Y, Lei SF, Zhang YH, Papiasian CJ, Yi N, Pei YF (2016). A new method for estimating effect size distribution and heritability from genome-wide association summary results. Hum Genet. 135(2):171-84. (#: co-first authors)
8. Zhang L, Pei YF, Wang YP, Papiasian CJ, Deng HW (2014). Fast and accurate diploid genotype imputation via segmental hidden Markov model. Bioinformatics 30(13):1876-83.
9. Zhang L, Choi HY, Estrada K, et al (2014). Multistage genome-wide association meta-analyses identified two new loci for bone mineral density. Hum Mol Genet 23(7):1923-33.
10. Pei YF, Zhang L*, Papiasian CJ, Deng HW* (2013). On individual genome-wide association studies and their meta-analysis. Human Genetics 2013, Oct 11. (*: corresponding author)
11. Zhang L, Pei YF, Hai R, Lin Y, Deng HW. Testing Rare Variants for Association with Disease: A Bayesian Marker Selection Approach. Ann Hum Genet. 2012 Jan;76(1):74-85.
12. Zhang L, Pei YF, Li J, Papiasian CJ, Deng HW. Efficient Utilization of Rare Variants for Detection of Disease-Related Genomic Regions. PLoS One. 2010 Dec 10; 5(12): e14288.
13. Zhang L, Pei YF, Li J, Papiasian CJ, Deng HW. Improved Detection of Rare Genetic Variants for Diseases. PLoS One 2010 Nov 8; 5(11): e13857.
14. Zhang L, Liu J, Deng HW. A Multilocus Linkage Disequilibrium Measure Based on Mutual Information Theory and Its Applications. Genetica. 2009 Dec;137(3):355-64.
15. Zhang L, Bonham AJ, Li J, Pei YF, Chen J, Papiasian CJ, Deng HW. Family Based Bivariate Association Tests for Quantitative Traits. PLoS One. 2009 Dec 2; 4(12):e8133.
16. Zhang L, Li J, Pei YF, Liu YJ, Deng HW. Tests of Association for Quantitative Traits in Nuclear Families Using Principal Components to Correct for Population Stratification. Annals of Human Genetics. 2009 Nov;73(Pt 6):601-13.

17.Zhang L, Pei YF, Li J, Papasian CJ, Deng HW. Univariate/Multivariate Genome-Wide Association Scans Using Data from Families and Unrelated Samples. PLoS One. 2009 Aug 4; 4(8): e6502.

【学科背景】

欢迎具有各学科背景的有志青年报考本课题组研究生，尤其欢迎在数学、统计学、计算机科学、遗传学和预防医学等任一学科具有浓厚兴趣和较强基础的莘莘学子。

【联系方式】

办公地址：苏大独墅湖校区401号楼 苏州大学公共卫生学院 1418房间；
邮箱：lzhang6@suda.edu.cn；电话：0512-65883871



版权所有 © 苏州大学医学部公共卫生学院
地址:苏州工业园区仁爱路199号 邮编:215123 电话:0512-65883323