

全基因组关联分析国际培训班

主讲人简介



张志武教授（统计遗传学家）

美国华盛顿州立大学

张志武博士现任教华盛顿州立大学，主讲统计基因组学，所领导的 Zhang Lab 致力于发展基因组学相关统计方法和计算软件，继而推动人类疾病的攻克和加速动植物的遗传改良。张志武博士在 2014 年被华盛顿谷物协会授予杰出教授，享受特殊津贴。

过去十年里，张志武博士发明了多个颇具影响力的统计方法，其中包括：
1) 2007 年将遗传标记关系矩阵引入 MTDFREML 遗传评估系统，推动了全基因组选择实用算法：GenomicBest Linear Unbiased Prediction (gBLUP)；
2) 2010 年发明压缩式混合线性模型全基因组关联分析算法；
3) 2014 年发明 SUPER 全基因组关联分析算法；
4) 2016 年发明 FarmCPU 全基因组关联分析算法。这些选法已经被用于基因组学研究的各个领域，包括发现与人类癌症相关的基因，以及动植物病虫害抵抗基因等。这些方法不仅大幅提高了科学家们寻找这些基因的成功机率，同时大幅缩短了科研周期，将过去数周的计算量缩短为几小时。

张志武博士担任两大通用计算机软件 TASSEL 和 GAPIT 的作者和设计者，为 Briefings in Bioinformatics 撰写全基因组选择软件工程综述，研究成果发表于《Nature Genetics》、《Science》和《Plant Cell》等著名学术期刊，详细资料访问 <http://zzlab.net>