

温阳俊 简历

个人信息

姓名: 温阳俊 性别: 女
民族: 汉 出生年月: 1978.12
学历: 研究生 学位: 理学博士
职称: 副教授 从事专业: 生物信息学
研究方向: 统计遗传学, 数量遗传学, 高维数据分析
E-mail: wenyangjun@njau.edu.cn

研究领域

目前, 从事海量多组学数据的遗传模型与分析方法研究, 特别是海量标记全基因组关联分析和双亲分离群体小效应和连锁 QTL 检测的新算法研究, 提出了关联分析 FASTmrEMMA 和 F_2 群体 GCIM 新算法, 均在国际高水平期刊 *Briefings in Bioinformatics* (学科排名: 1/59) 上发表。参与研制了两个 R 语言应用软件包 mrMLM v4.0 和 QTL.gCIMapping.GUI v2.0, 引用次数超 300 次, 为广大遗传工作者提供了技术和方法上的支撑。

社会兼职

- “高教社杯”全国大学生数学建模竞赛江苏赛区论文评审专家
- 江苏省研究生数学建模科研创新实践大赛评审专家
- Frontiers in Plant Science*、*Heredity*、*Scientific Reports*、*BMC Genetics* 和 *PLoS ONE* 等 SCI 期刊审稿人

工作经历

2007-04 至现在, 南京农业大学理学院, 助教、讲师 (2009.12)、副教授 (2019.12)
2002-08 至 2004-07, 东南大学数学系, 助教

教育背景

2013-09 至 2020-09, 南京农业大学, 生物信息学, 博士, 导师: 章元明 教授
2004-09 至 2007-03, 东南大学, 概率论与数理统计, 硕士, 导师: 朱道元 教授
1998-09 至 2002-06, 东南大学, 应用数学, 学士

教学信息

主讲本科生课程:

多元统计分析 线性模型 统计软件 R 语言 数学建模与实验

教材建设:

1. 吴清太（主编） 张瑾 陈朝霞（副主编） 滕卫东 **温阳俊** 张梅（参编）. 概率论与数理统计. 中国农业出版社, 2017.8. 全国高等农林院校“十三五”规划教材
2. 吴清太 方桂英（主编）陈朝霞 胡建根（副主编） **温阳俊** 朱烈浪 张梅（参编）. 概率论. 中国农业出版社, 2011.7. 全国高等农林院校“十二五”规划教材

获奖情况

1. 指导本科生
 - (1) 美国大学生数学建模竞赛, M 奖 5 项, H 奖若干项
 - (2) “高教社杯”全国大学生数学建模竞赛, 全国一、二等奖各 1 项, 江苏省奖若干项
2. 指导研究生
 - (1) 中国研究生创新实践系列大赛——“华为杯”全国研究生数学建模竞赛, 全国一等奖 1 项, 其他奖若干项
 - (2) 江苏省研究生数学建模科研创新实践大赛, 江苏省一等奖 1 项, 其他奖若干项
3. 全国大学生数学建模竞赛江苏赛区, 优秀指导教师, 2011
4. 南京农业大学, 年度考核优秀个人, 2019 2012 2008
5. 南京农业大学理学院, 优秀共产党员, 2011

研究项目

科研项目:

1. 国家自然科学基金委员会, 面上项目, 32070688, 高通量快速高效上位性关联分析新算法的理论与应用研究, 2021/01-2024/12, 58 万, 在研, **主持**
2. 国家自然科学基金委员会, 青年科学基金项目, 31701071, 高精度和快速计算 F_2 群体主效与环境互作 QTL 检测的理论与应用研究, 2018/01-2020/12, 25 万, 在研, **主持**
3. 中央高校基本科研业务费专项基金青年科技创新基金项目, KJQN201849, 高精度和快速计算 F_2 群体主效与环境互作 QTL 检测的理论与应用研究, 2018/01-2020/12, 10 万, 在研, **主持**
4. 国家自然科学基金委员会, 青年科学基金项目, 31301004, 多性状全基因组关联分析新方法的探索, 2014/01-2016/12, 23 万, 结题, **第一参加人**
5. 中央高校基本科研业务费专项基金青年科技创新基金项目, KJQN201414, 多性状全基因组关联分析新方法的探索, 2014/01-2016/12, 10 万, 结题, **第一参加人**
6. 南京农业大学, 校青年科技创新基金项目, KJ07024, 一类新的多元偏态 t 分布的若干理论问题的研究, 2007/09-2008/12, 0.7 万, 结题, **主持**

教研项目:

7. 南京农业大学理学院, 教育教学改革培育项目, 重点项目, 在农林院校开展数学建模活动的研究, 2015/07-2017/06, 2 万, 结题, **主持**
8. 南京农业大学, 创新性实验实践教学项目, 2011sy43, 城市表层土壤重金属污染的数学模型, 2011/11-2012/09, 1 万, 结题, **主持**

学科竞赛项目:

9. 南京农业大学, 本科生学科专业竞赛项目, 重点赛事, 南京农业大学本科生数学建模竞赛暨全国大学生数学建模竞赛校内选拔赛, 2014/03 至现在, 在研, **负责**

学术论文

第一作者论文 (#: 同等贡献作者; *: 通讯作者):

1. **Yangjun Wen**, Yawen Zhang, Jin Zhang, Jianying Feng, Yuanming Zhang*. The improved FASTmrEMMA and GCIM algorithms for genome-wide association and linkage studies in large mapping populations. *The Crop Journal*, 2020, online, DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.04.008>. (**Top 中科院 JCR 1 区**)
2. **Yang-Jun Wen**, Ya-Wen Zhang, Jin Zhang, Jian-Ying Feng, Jim M. Dunwell, Yuan-Ming Zhang*. An efficient multi-locus mixed model framework for the detection of small and linked QTLs in F₂. *Briefings in Bioinformatics*, 2019, 20(5), 1913-1924. (**Top 中科院 JCR 1 区, 2019 IF:8.990**)
3. **Yang-Jun Wen**, Hanwen Zhang, Yuan-Li Ni, Bo Huang, Jin Zhang, Jian-Ying Feng, Shi-Bo Wang, Jim M. Dunwell, Yuan-Ming Zhang*, Rongling Wu*. Methodological implementation of mixed linear models in multi-locus genome-wide association studies. *Briefings in Bioinformatics*, 2018, 19(4), 700-712. (**Top 中科院 JCR 1 区, 2018 IF:9.101**)
4. Wen-Long Ren#, **Yang-Jun Wen**#, Jim M. Dunwell, Yuan-Ming Zhang*. pKWmEB: Integration of Kruskal-Wallis test with empirical Bayes under polygenic background control for multi-locus genome-wide association study. *Heredity*, 2018, 120(3), 208-218. (**中科院 JCR 2 区, 入选 Heredity 杂志 2018 年度影响最大的 18 篇论文之一**)
5. 温阳俊, 朱道元*. 从 SPVII 分布生成的新的多元偏态 t 分布的有关性质. *应用概率统计*, 2010, 26(4): 367-383. (**自然核心期刊三类**)
6. 温阳俊, 朱道元*. 从偏态 Pearson VII 分布生成的新的多元偏态 t 分布. *应用概率统计*, 2009, 25(5): 485-498. (**自然核心期刊三类**)
7. 温阳俊, 朱道元*. 一类新的多元 t-型分布. *东南大学学报(自然科学版)*, 2007, 37(3): 543-548. (**自然核心期刊三类**)

合作论文:

8. Ya-Wen Zhang #, Cox Lwaka Tamba #, **Yang-Jun Wen**, Pei Li, Wen-Long Ren, Yuan-Li Ni, Jun Gao, Yuan-Ming Zhang*. mrMLM v4.0: An R platform for multi-locus genome-wide

- association studies. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2020 (Accepted, **Top 中科院 JCR 1 区**, **2019 IF: 7.051**)
9. Ya-Wen Zhang, **Yang-Jun Wen**, Jim M. Dunwell, Yuan-Ming Zhang*. QTL.gCIMapping. GUI v2.0: An R software for detecting small-effect and linked QTLs for quantitative traits in bi-parental segregation populations. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2020, 18, 59-65 (**2019 IF: 6.018**)
 10. Jiali Sun, Qingtai Wu, Dafeng Shen, **Yangjun Wen**, Fengrong Liu, Yu Gao, Jie Ding, Jin Zhang*. TSLRF: Two-Stage Algorithm Based on Least Angle Regression and Random Forest in genome-wide association studies. *Scientific Reports*, 2019, 9: 18034.
 11. Jin Zhang#, Jian-Ying Feng#, Yuan-Li Ni, **Yang-Jun Wen**, Yuan Niu, Cox Lwaka Tamba, Chao Yue, Qijian Song, Yuan-Ming Zhang*. pLARmEB: integration of least angle regression with empirical Bayes for multilocus genome-wide association studies. *Heredity*, 2017, 118(6), 517-524 (封面特色论文; 入选 *Heredity* 杂志 2017 和 2018 两年度影响最大的论文之一)
 12. Shi-Bo Wang, **Yang-Jun Wen**, Wen-Long Ren, Yuan-Li Ni, Jin Zhang, Jian-Ying Feng, Yuan-Ming Zhang*. Mapping small-effect and linked quantitative trait loci for complex traits in backcross or DH populations via a multi-locus GWAS methodology. *Scientific Reports*, 2016, 6: 29951 (入选 **F1000**)
 13. Shi-Bo Wang, Jian-Ying Feng, Wen-Long Ren, Bo Huang, Ling Zhou, **Yang-Jun Wen**, Jin Zhang, Jim M. Dunwell, Shizhong Xu*, Yuan-Ming Zhang*. Improving power and accuracy of genome-wide association studies via a multi-locus mixed linear model methodology, *Scientific Reports*, 2016, 6: 19444.
 14. 冯建英, **温阳俊**, 张瑾, 章元明*. 植物关联分析方法的研究进展. *作物学报*, 2016, 42(7): 945-956 (自然核心期刊一类)
 15. 王娟, **温阳俊**. 二维实用下料问题的数学模型及较优解. *数学的实践与认识*, 2006, 36(7): 205-211.

知识产权

章元明, 张亚雯, **温阳俊**, 王诗博. QTL 全基因组复合区间作图软件 [简称: QTL.gCIMapping.GUI] 1.0, 软件著作权, 登记号: 2018SR682083, 2018/08