冯建英，博士，副教授。

主要从事统计基因组的方法研究工作，特别是植物抗性性状分类数据基因检测方法的探索。承担相关项目包括国家自然科学基金 1 项，中央高校项目 1 项，南京农业大学青年创新项目 1 项。目前已经在 PLoS ONE、Heredity、SCIENTIFIC REPORTS 等期刊发表相关论文。

代表性研究论文：(#为同等贡献作者)

1. **JianYing Feng**, Jin Zhang, WenJie Zhang, ShiBo Wang, ShiFeng Han, YuanMing Zhang*. An Efficient Hierarchical Generalized Linear Mixed Model for Mapping QTL of Ordinal Traits in Crop Cultivars. PLoS ONE, 2013, 8(4): e59541.

2. ShangQian Xie; **JianYing Feng#**; YuanMing Zhang*. Linkage group correction using epistatic distorted markers in F2 and backcross populations, Heredity, 2014, 112(5), 479-488.

3. Jin Zhang, **JianYing Feng#**, YueLi Ni, YangJun Wen, Yuan Niu, Cox Lwaka Tamba, Chao Yue, QiJian Song, YuanMing Zhang*. pLARmEB: integration of least angle regression with empirical Bayes for multilocus genome-wide association studies. Heredity, 2017, 118, 517-524.

4. 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.

4. **冯建英**，岳秀丽，倪元丽，章元明。多歧性状上位性关联分析的分层广义混合线性模型方法。南京农业大学学报。2017，40(2)，211-218。

5. **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，(7)：945~956。

邮箱：fengjianying@njau.edu.cn，电话：84399520。