



■ 导师信息

▣ [博士生导师](#)

▣ [硕士生导师](#)

Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences

导师信息



马庆权, 中国科学院海洋研究所责任研究员, 博士研究生导师, 实验海洋生物学重点实验室主任助理; 分别于南开大学、中国科学院生物物理研究所及德国哥廷根大学取得学士、硕士及博士学位; 先后在欧洲分子生物学实验室、德国马克斯·普朗克学会结构分子生物学研究单元及德国柏林自由大学从事研究工作, 2010年起在德国吕贝克大学任研究组长; 2014年全职归国创建“海洋结构生物学及生物资源利用课题组”, 目前已入选中国科学院“百人计划”、青岛海洋科学与技术国家实验室“鳌山人才”优秀青年; 近5年来, 在PNAS、Acta Crystallogr D、J Virol和J Biol Chem等国际权威期刊上发表论文20余篇, 被他引逾500次。

● 研究领域

面向国家战略需求和国际学科前沿, 以重要海水养殖生物和关键海洋模式生物为研究对象开展蛋白质结构、功能与应用相关研究。

主要研究领域包括: (1) 海洋生物“病原-宿主”相互作用机制基础理论与应用, (2) 海洋(微)生物重要功能基因及生物资源的发掘与利用。

● 招生专业及方向

招生专业: 海洋生物学;

研究方向: 海洋生物免疫学理论及应用;

研究内容: 在基础理论方面, 以关键蛋白结构-功能关系为核心, 以病原-宿主相互作用为主线, 探索主要病原微生物致病机理及疫病爆发机制, 解析重要海水养殖生物及关键海洋模式生物免疫防御体系的结构和功能基础, 为海水养殖病害防控贡献新认知。在应用开发方面, 以应用需求为导向, 以结构信息为基础, 开发安全低毒的新型渔药, 设计高效广谱的水产疫苗, 研制环境友好的免疫增强剂和益生菌制剂, 为海水养殖病害防控提供新途径, 同时关注海洋(微)生物及海洋(极端)环境来源的重要功能基因及生物资源的发掘与利用。

● 联系方式

办公电话: 0532-82898916

电子邮件: qma@qdio.ac.cn

● 承担的主要科研项目

中国科学院百人计划, “结构生物学与海洋生物资源利用”, 主持

中国科学院海洋研究所海外引进人才项目, “海洋结构生物学”, 主持

青岛海洋科学与技术国家实验室“鳌山人才”优秀青年项目, “海洋病原微生物与结构生物学”, 主持

国家自然科学基金面上项目, “基于对虾白斑综合症病毒dUTPase结构的抑制剂设计及抗病毒活性研究”, 主持

青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山科技创新计划, “近海健康养殖关键技术研究与生产模式构建”, 参与

● 代表性论著

Ma Q, Guo C, Barnewitz K, et al. Crystal structure and functional analysis of *Drosophila* Wind, a protein-disulfide isomerase-related protein. *Journal of Biological Chemistry*, 2003, 278(45): 44600-44607.

Ma Q, Zhao X, Eddine A N, et al. The *Mycobacterium tuberculosis* LipB enzyme functions as a cysteine/lysine dyad acyltransferase. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006, 103(23): 8662-8667.

地址: 青岛市市南区南海路7号

电话: 0532-82898650

传真: 0532-82898654

邮政编码: 266071

电子邮件: yjsb@ms.qdio.ac.cn

Rao Y, Ma Q, Vahedi-Faridi A, et al. Molecular basis for SH3 domain regulation of F-BAR-mediated membrane deformation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2010, 107(18): 8213-8218.

Xiao Y, Ma Q, Restle T, et al. Nonstructural proteins 7 and 8 of feline coronavirus form a 2: 1 heterotrimer that exhibits primer-independent RNA polymerase activity. *Journal of Virology*, 2012, 86(8): 4444-4454.

Bulut H, Ma Q, Moniot S, et al. Crystal structures of receptors involved in small molecule transport across membranes. *European Journal of Cell Biology*, 2012, 91(4): 318-325.

Ma Q, Akhter Y, Wilmanns M, et al. Active site conformational changes upon reaction intermediate biotinyl - 5' - AMP binding in biotin protein ligase from *Mycobacterium tuberculosis*. *Protein Science*, 2014, 23(7): 932-939.

Rocha-Pereira J, Nascimento M S J, Ma Q, et al. The enterovirus protease inhibitor rupintrivir exerts cross-genotypic anti-norovirus activity and clears cells from the norovirus replicon. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2014, 58(8): 4675-4681.

Lei J, Mesters J R, Drosten C, Anemüller S, Ma Q, et al. Crystal structure of the papain-like protease of MERS coronavirus reveals unusual, potentially druggable active-site features. *Antiviral Research*, 2014, 109: 72-82.



Copyright 2007 中国科学院海洋研究所 All Rights Reserved
中国科学院海洋研究所研究生部主办 网络信息中心技术支持