

请输入关键字

邮箱登录



中国科学院上海巴斯德研究所
Institut Pasteur of Shanghai

🏠 首页 (<http://www.shanghaipasteur.cas.cn/sy2016/>) > 研究队伍
(<http://www.shanghaipasteur.cas.cn/kydw2016/jcqn2016/>)

研究组长







个人简介:

1997年毕业于上海交通大学电子工程专业，2008年复旦大学生物信息专业博士毕业。2001年5月至2002年9月与中科院上海生命科学院国家基因中心合作，开发了基因组注释系统平台，并参与了水稻第四号染色体的注释统计分析工作，作为并列第一作者相关结果发表在《自然》上；2002年9月和中科院上海生命科学院蛋白质组学重点实验室合作从事蛋白注释平台开发、实验室信息管理系统开发等工作，作为第一作者相关工作发表在《Bioinformatics》上。2003年4月SARS爆发后又参与了赵国屏教授组织的中国SARS研究小组的工作，作为并列第一作者相关结果发表在《科学》、《PNAS》、《JBC》，并获得了（排名第四）。2013年参与了H7N9的发现以及耐药株变迁的研究工作，相关成果分别发表在《New Eng J Med》和《Lancet》。2003年至2008年还主持中英合作项目 Knowledge Discovery Edition平台在生物信息学的应用开发。作为项目负责人承担了国家863项目目标导向项目、自然科学基金青年项目和上海市上海市科委（基础处重点）项目等，曾获得上海市自然科学一等奖、上海市青年科技启明星、民治乳业科学奖、中国科学院卢嘉锡青年人才奖。

研究方向:

主要从事计算生物学/生物信息学领域的交叉前沿研究，充分发挥计算机科学背景，在以下三个方面进行研究：1) 在病毒分子进化、致病机制、和耐药性突变规律研究方面，建立关键突变位点的检索算法，病毒致病性的网络模型、和分子动力学模拟评估传播宿主的方法，并进行临床表型关联分析；对SARS病毒和新型H7N9禽流感病毒的分子进化、病毒宿主变迁、和临床诊断分型及治疗具有重大指导意义；2)推广生物信息学方法在病原微生物检测预防和抗药性突变评估的转化应用，建立了一批流行性病毒突变数据库和检索分析工具平台；3)多维组学数据Meta-分析算法探索及应用，开发完成了高通量转录组数据的组装算法的优化模拟、基于组学功能模块的小分子功能表型搜索比对算法、和基因组水平的基因稳定性/敏感性meta-评估算法。相关研究成果发表在Science、Nature、LANCET、PNAS、J BiolChem、BMC Systems Biol、BMC Bioinformatics、Genomics等专业学术杂志上。





(<http://www.zx110.org/>)



沪ICP备10017196号-1 (<https://beian.miit.gov.cn/#/Integrated/index>) 版权所有 © 中国科学院上海巴斯德研究所

