



学院概况

系所中心

教师队伍

教育教学

科学研究

党团工会

院内信息

招聘信息

首页» 教师队伍» 导师介绍

## 教师队伍

两院院士

人才计划

导师介绍

个人主页

## ► 导师介绍

### 周源 副研究员

发布日期: 2019-01-18



周源博士

预聘制助理教授、副研究员、博士生导师  
北京大学基础医学院医学信息学系  
E-mail:zhouyuanbioinfo@bjmu.edu.cn

#### 研究方向

1. 疾病相关转录组数据的计算分析;
2. RNA修饰与表观转录组学的生物信息学研究。

#### 个人简介

2010年本科毕业于首都师范大学生物科学专业，2015年于中国农业大学生物信息学专业获理学博士学位，后于北京大学医学部从事博士后研究。现就职于北京大学基础医学院医学信息学系，从事生物信息学研究，目前主要研究兴趣为转录组学（含非编码RNA）与表观转录组学数据的计算分析。先后开发了CCPPI、SRAMP等10余个生物信息学工具，总使用量超过4万人次。以（含共同）第一或通讯作者在Nucleic Acids Research, Briefings in Bioinformatics等专业期刊上发表SCI论文22篇，其它署名SCI论文15篇。

#### 代表论文

- 1、Zhan Tong, Qinghua Cui, Juan Wang\*, Yuan Zhou\*. TransmiR v2.0: an updated transcription factor-microRNA regulation database. Nucl Acids Res, 2018, in press, doi: 10.1093/nar/gky1023.
- 2、Jianwei Li\*, Xiaofen Han, Yanping Wan, Shan Zhang, Yingshu Zhao, Rui Fan, Qinghua Cui, Yuan Zhou\*. TAM 2.0: tool for microRNA set analysis. Nucl Acids Res, 2018, 2018,46(W1):W180-W185.
- 3、Chunmei Cui#, Weili Yang#, Jiangcheng Shi, Yong Zhou, Jichun Yang, Qinghua Cui\*, Yuan Zhou\*. Identification and analysis of human sex-biased microRNAs. Genomics, Proteomics Bioinformatics, 2018, 16(3): 200-211.
- 4、Yuan Zhou\*, Qinghua Cui\*. Comparative Analysis of Human Genes Frequently and Occasionally Regulated by m6A Modification. Genomics, Proteomics Bioinformatics, 2018, 16(2):127-135.
- 5、Wenjing Xu#, Yuan Zhou#, Guoheng Xu\*, Bin Geng\*, Qinghua Cui\*. Transcriptome analysis reveals non-identical microRNA profiles between arterial and venous plasma. Oncotarget, 2017, 8(17):28471-28480.
- 6、Hong Li, Yuan Zhou\*, Ziding Zhang\*. Network Analysis Reveals a Common Host-Pathogen Interaction Pattern in Arabidopsis Immune Responses. Front Plant Sci, 2017, 8:893.
- 7、Shiping Yang, Hong Li, Fei He, Yuan Zhou\*, Ziding Zhang\*. Critical assessment and performance improvement of plant-pathogen protein-protein interaction prediction methods. Brief Bioinform, 2017, in press, doi: 10.1093/bib/bbx123.
- 8、Yuan Zhou\*, Pan Zeng, Yan-Hui Li, Ziding Zhang, Qinghua Cui\*. SRAMP: prediction of mammalian N6-methyladenosine (m6A) sites based on sequence-derived features. Nucl Acids Res, 2016,44(10):e91.
- 9、Yuan Zhou#, Ying-Si Zhou#, Fei He, Jiangning Song\*, Ziding Zhang\*. Can simple codon pair usage predict protein-protein interaction? Mol Biosyst, 2012, 8(5): 1396-1404.

10、Fei He#, Yuan Zhou#, Ziding Zhang\*. Deciphering the Arabidopsis floral transition process by integrating a protein-protein interaction network and gene expression data. *Plant Physiol*, 2010, 153(4): 1492-1505.

## 快速链接

[北京大学](#)

[北京大学医学部](#)



**北京大学 医学部**  
PEKING UNIVERSITY HEALTH SCIENCE CENTER

版权所有©北京大学北京大学基础医学院

地址：北京市海淀区学院路38号

邮编：100191

联系我们：[yuanzhangxx@bjmu.edu.cn](mailto:yuanzhangxx@bjmu.edu.cn)