

首页 学院概况 师资队伍 科学研究 党建工作 人事工作 行政管理 本科生教育 研究生教育 学

师资队伍

教授简介

长江学者

杰出青年

教授、副教授、讲师

教授简介

副教授简介

讲师简介

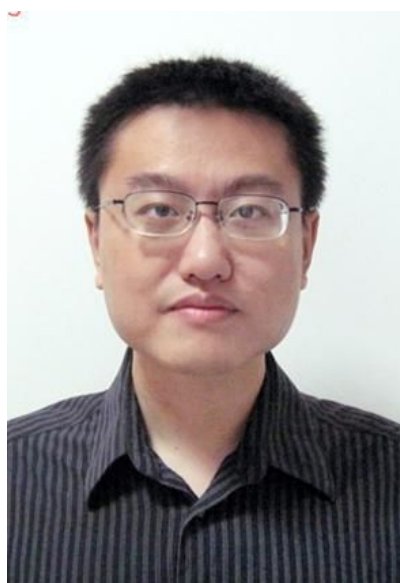


站点链接

--相关链接--

宁康

时间: 2016-01-15 浏览次数



宁康

职称职务 教授, 博士生导师, 楚天学者特聘教授

学科专业 生物信息学, 系统生物学, 微生物学

联系方式 027-87793041 (电话) (传真)

电子邮箱 ningkang@hust.edu.cn

教育经历 1998年09月-2003年07月 中国科学技术大学计算机
2003年08月-2008年08月 新加坡国立大学计算机

工作经历 2007年11月-2010年06月 美国密歇根大学, 博士
2010年08月-2015年03月 中国科学院青岛生物能
2015年04月-至今 华中科技大学生命科学与技术

学术兼职 中国生物工程学会-计算生物学与生物信息学专业
中国遗传学会-生物大数据专业委员会委员;

中国细胞生物学学会-功能基因组信息学与系统生物学分会
中国蛋白质组青年学者委员会委员;
担任Scientific Reports、Journal of Glycobiology
等期刊编委;
担任英国自然环境研究委员会 (UK-NERC) 和英国生物科学理事会 (BBSRC) 等基金评委。

研究方向 研究方向为生物信息学、生物大数据挖掘、以及
点包括: (1) 创新性的微生物组学实验和数据分析
(2) 基于微生物组学大数据的群落宏基因组信息学
(3) 基于微生物组学大数据的群落宏基因组信息学
应用, (5) 蛋白组和调控网络等数据分析, (6)

近年的科研项目、专著与论文、专利、获奖

作为负责人承担多项国家级科研项目, 包括国家科技部十二
面上项目和青年项目、国家自然科学基金委中德中心合作项
Genetics、Journal of Proteome Research、Scientific Repo
被引超过1000次。获得软件著作权6项 (同时正在受理2项)
际遗传工程的机器设计竞赛"(iGEM) 金奖。

近五年代表性论文

- 1.Zhou Qian, Xiaoquan Su, and Kang Ning*. Assessment of metagenomic data analysis. *Scientific Reports* 2014. 4:6393.
- 2.Xiaoquan Su, Jianqiang Hu, Shi Huang, and Kang Ning*. Analysis of structure similarities among massive number of microbial communities. *Scientific Reports* 2014. 4:6393.
- 3.Cheng Xinwei, Xiaoquan Su, Xiaohua Chen, Huanxin Zhang, and Kang Ning*. Biological ingredient analysis of traditional Chinese medicine by high-throughput sequencing: the story for Liuwei Dihuang. *Journal of Proteome Research* 2014. 13(12): 2633-2641.
- 4.Xiaoquan Su, Xuetao Wang, Gongchao Jing, Kang Ning, and Jian Xu. Structure similarities among massive amount of microbial communities. *Bioinformatics* 2014. 30 (7): 1031-1033.
- 5.Jianqiang Hu, Dongmei Wang, Jing Li, Kang Ning*, Jianguo Wang. Identification of transcription factors and transcription-factor binding sites in *Nannochloropsis*. *Scientific Reports* 2014, 4:5454.
- 6.Jing Li#, Danxiang Han#, Dongmei Wang#, Kang Ning*, Jianguo Wang, Shi Chen, Chen Jie, Li Yantao, Qiang Hu, Jian Xu. Choreography of transcription factors in *Nannochloropsis* reveals the mechanisms of oleaginous traits. *Journal of Proteome Research* (4), 1645-1665.
- 7.Dongmei Wang#, Kang Ning#, Jing Li#, Jianqiang Hu, Xiaoyan Jing, Qian Zhou, Xiaoquan Su, Xingzhi Chang, Yi Xin, Yinghe Qiao, Ranran Huang, Jie Chen, Bo Han, Fanchang Chen, Qiang Hu, and Jian Xu. Nannochloropsis Genome Reveals the Genetic Basis of Oleaginous Traits. *PLoS Genetics* 2014, 10(1):e1004094
- 8.Xiaoquan Su; Jian Xu; Kang Ning*. Meta-Storms: Efficient Analysis of Microbial Communities Based on a Novel Indexing Scheme and Structure Similarity. *Bioinformatics* 2012. 28(19):2493-501.
- 9.Kang Ning, Damian Fermin, and Alexey I. Nesvizhskii. A novel method for free mass spectrometry based protein abundance estimation from gene expression data. *Journal of Proteome Research* 2012. 11(12): 2633-2641. (#: co-first author, *: corresponding author)

上一篇: 高尚邦

下一篇: 王晨辉

地址:中国湖北武汉珞喻路1037号 邮编:430074

华中科技大学生命与科学技术学院 版权所有