

请输入关键字



中国科学院动物研究所
INSTITUTE OF ZOOLOGY, CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

献身科学 服务国家 人才至上 追求卓越

🏠 首页 > 研究队伍



姓 名:	周 兵
学 科:	系统生物学
电话/传真:	+86-10-82619908 /
电子邮件:	zhoubing@ioz.ac.cn
通讯地址:	北京市朝阳区北辰西路1号院5号 中国科学院动物研究所, 干细胞与生殖生物学国家重点实验室 100101
更多信息:	细胞微环境系统生物学研究组 个人页面 English

简历介绍:

周兵, 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 中国科学院动物研究所干细胞与生殖生物学国家重点实验室细胞微环境系统生物学研究组组长。

2004年于湖南大学信息管理与信息系统系获得学士学位, 2012年于中国科学院遗传与发育生物学研究所获得生物信息学博士学位, 从事衰老系统生物学方向的研究。2012-2014年留所继续博士后研究工作, 从事组蛋白去甲基化酶的表观遗传学精确调控机制的研究。2014-2018年在美国加州大学圣地亚哥分校进行博士后研究工作, 从事RNA代谢调控网络与染色质高级结构的功能基因组方面的研究。研究内容主要围绕功能基因组学与表观遗传学的分子调控机制, 结合计算生物学与系统生物学的方法, 探索多基因的精确表达调控、表观遗传信息的靶向识别以及染色质的高级结构与功能, 取得了一系列研究成果, 分别发表于Nature Protocols、Nature Biotechnology、Nature Genetics、The Plant Cell、Genome Research、PNAS、RNA等SCI刊物上共19篇, 其中发表第一或共一作者文章8篇, 获得美国应用专利1项。(1) 设计并开发了RNA-染色质互作组大规模测序技术GRID-seq的计算与分析流程, 首次揭示了新生RNA转录活动受限于周围染色质的三维结构, 表明空间临近的多基因形成活跃的社区结构, 存在相互反馈调控的转录微环境 (Nature Biotechnology 2017; Nature Protocols 2019)。(2) 揭示了真核生物核小体H3K27me3和H3K4me3的去甲基化酶REF6和JM14在高等植物中精确调控基因表达的序列依赖性识别与靶向机

制 (Nature Genetics 2016; Cell Discovery 2015)。(3) 建立小鼠饮食与能量干预模型, 揭示了能量限制相关调控通路, 发现了能量过剩促进过氧化物酶体的过量增殖, 显著降低了细胞对活性氧耐受程度, 从而加速衰老进程 (PNAS 2012)。(4) 开发并实现了大规模数据的整合分析框架与流程, 构建了多维异质性生物学大数据的贝叶斯网络推断与分析模型, 成功地揭示了人类CD4阳性T细胞20多种核小体表观遗传学修饰的基因表达调控网络 (Genome Research 2008)。

研究领域:

实验室主要聚焦多细胞互作微环境中细胞的身份决定与维持、细胞间协作和组织、器官衰老与再生等科学问题, 运用计算生物学与大规模高通量实验技术相结合的方法, 从功能基因组学、表观遗传学、染色质高级结构以及单细胞生物学等多个生物学层面, 系统性地阐释多细胞微环境的性质、功能与分子调控机制。

代表论著:

1. Bing Zhou, Xiao Li, Daji Luo, Do-Hwan Lim, Yu Zhou, and Xiang-Dong Fu. GRID-seq for comprehensive analysis of global RNA-chromatin interactions. *Nature Protocols*, 2019.
2. Peng Liu[^], Shuaibin Zhang[^], Bing Zhou[^], Xi Luo, Xiaofeng Zhou, Bin Cai, Yinhua Jin, De Niu, Jinxing Lin, Xiaofeng Cao, and Jingbo Jin. The histone H3K4 Demethylase JMJ16 represses leaf senescence in Arabidopsis. *The Plant Cell*, 2019.
3. Xiao Li[^], **Bing Zhou**[^], Liang Chen, Lan-Tao Gou, Hairi Li, Xiang-Dong Fu. GRID-seq reveals the global RNA-chromatin interactome. *Nature biotechnology*, 2017.
4. Jinsong Qiu[^], **Bing Zhou**[^], Felicitas Thol, Yu Zhou, Liang Chen, Changwei Shao, Christopher DeBoever, Jiayi Hou, Hairi Li, Anuhar Chaturvedi, Arnold Ganser, Rafael Bejar, Dong-Er Zhang, Xiang-Dong Fu, Michael Heuser. Distinct splicing signatures affect converged pathways in myelodysplastic syndrome patients carrying mutations in different splicing regulators. *RNA*, 2016.
5. Xia Cui[^], Falong Lu[^], Qi Qiu[^], **Bing Zhou**[^], Lianfeng Gu, Shuaibin Zhang, Yanyuan Kang, Xiekui Cui, Xuan Ma, Qingqing Yao, Jinbiao Ma, Xiaoyu Zhang, Xiaofeng Cao. REF6 recognizes a specific DNA sequence to demethylate H3K27me3 and regulate organ boundary formation in *Arabidopsis*. *Nature genetics*, 2016.
6. Shuaibin Zhang[^], **Bing Zhou**[^], Yanyuan kang, Xia Cui, Ao Liu, Angelique Deleris, Maxim V. C. Greenberg, Xiekui Cui, Qi Qiu, Falong Lu, James A. Wohlschlegel, Steven E. Jacobsen and Xiaofeng Cao. C-terminal domains of histone demethylase JMJ14 interact with a pair of NAC transcription factors to mediate specific chromatin association. *Cell Discovery*, 2015.
7. **Bing Zhou**[^], Liu Yang[^], Shoufeng Li, Jialiang Huang, Haiyang Chen, Lei Hou, Jinbo Wang, Christopher D. Green, Zhen Yan, Xun Huang, Matt Kaerberlein, Li Zhu,



Huasheng Xiao, Yong Liu, and Jing-Dong J. Han. Midlife gene expressions identify modulators of aging through dietary interventions. *PNAS*, 2012.

8. Hong Yu[^], Shanshan Zhu[^], **Bing Zhou**[^], Huiling Xue, and Jing-Dong Jackie Han. Inferring causal relationships among different histone modifications and gene expression. *Genome Research*, 2008.

专利:

- Xiang-Dong Fu, **Bing Zhou**, Xiao Li. Methods for global rna-chromatin interactome discovery. US patent, 2018: US20180039729A1.



中国科学院
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

版权所有 © 中国科学院动物研究所 备案序号: 京ICP备
05064604号

文保网备案号: 1101050062 技术支持: 青云软件

