

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 学工在线 科研平台 虚拟仿真教学

师资队伍

教授简介

>>更多

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

薛宇

时间：2009-12-29 浏览次数：15631



站点链接

—相关链接—

薛宇

职称职务 三级教授、博士生导师、华中学者特聘岗

学科专业 生物信息学、系统生物学

联系方式 联系电话：027-87793903
传 真：027-87793172

电子邮箱 xueyu@hust.edu.cn

教育经历	1998/09 – 2002/07, 中国科学技术大学, 高分子科学与工程系, 学士 2000/09 – 2002/07, 中国科学技术大学, 计算机科学与技术系, 双学士 2002/09 – 2006/12, 中国科学技术大学, 生命科学学院, 博士
工作经历	2007/01 – 2007/07, 中国科学技术大学, 生命科学学院, 研究助理 2007/07 – 2009/07, 中国科学技术大学, 生命科学学院系统生物学系, 副教授 2009/07 – 至今, 华中科技大学, 生命科学与技术学院生物医学工程系, 教授
学术兼职	2013年6月应邀担任国际期刊PLOS ONE的Academic Editor 2013年11月任国际期刊BMC Genomics的Associate Editor
研究方向	本研究组的主要研究方向有:(1) 蛋白质共价修饰的计算生物学与系统生物学;(2) 基于修饰组大数据的生物信息学分析与可视化;(3) 共价修饰介导的蛋白质调控网络;(4) 基于修饰调控网络的潜在疾病、癌症的分子标记发现;(5) 修饰尤其是“新修饰”的资源整合与底物预测;(6) 共价修饰之间的相互影响(crosstalk)。

近年的科研项目、专著与论文、专利、获奖

主持及参与多项国家自然科学基金、中科院和科技部973、重大研究计划等项目;发表SCI期刊论文40多篇,其中IF>7的论文13篇,包括Nature Protocols (IF=7.96) 1篇, Nucleic Acids Research (IF=8.278) 8篇, Molecular & Cellular Proteomics (IF= 7.251) 3篇和Cell Research (IF=10.526) 1篇,被他人引用~1000次,单篇最高引用>150次,H因子17;获专利1项,软件著作权4项;2006年获香港"求是"研究生奖学金;2008年入选"中国科学院优秀博士论文";2010年入选教育部"新世纪优秀人才支持计划";2012年、2013年率队分获"国际遗传工程的机器设计竞赛"(iGEM) 铜奖和银奖;2013年1月获"青年科学之星铜奖"。

近五年代表性论文

1. Liu Z, Wang Y, Gao T, Pan Z, Cheng H, Yang Q, Cheng Z, Guo A, Ren J, Xue Y**. (2014) CPLM: a database of protein lysine modifications. *Nucleic Acids Research*. 42(1): D531-6.
2. Wang Y, Liu Z, Cheng H, Gao T, Pan Z, Yang Q, Guo A, Xue Y**. (2014) EKPD: a hierarchical database of eukaryotic protein kinases and protein phosphatases. *Nucleic Acids Research*. 42(1):D496-502.
3. Gao T, Liu Z, Wang Y, Cheng H, Yang Q, Guo A, Ren J, Xue Y**. (2013) UUCD: a family-based database of ubiquitin and ubiquitin-like conjugation. *Nucleic Acids Research*. 41(D1):D445-51.
4. Liu Z, Ren J, Cao J, He J, Yao X, Jin C#, Xue Y#. (2013) Systematic analysis of the PIK-mediated phosphoregulation in eukaryotes. *Briefings in Bioinformatics*. 14(3):344-60.
5. Song C, Ye M, Liu Z, Cheng H, Jiang X, Han G, Songyang Z, Tan Y, Wang H, Ren J#, Xue Y#, Zou H#. (2012) Systematic analysis of protein phosphorylation networks from phosphoproteomic

data. *Molecular & Cellular Proteomics*. 11(10):1070-83.

6. Liu Z, Cao J, Gao X, Zhou Y, Wen L, Yang X, Yao X, Ren J#, Xue Y#. (2011) CPLA 1.0: an integrated database of protein lysine acetylation. *Nucleic Acids Research*. 39:D1029-34.

7. Ren J, Jiang C, Gao X, Liu Z, Yuan Z, Jin C, Wen L, Zhang Z#, Xue Y#, Yao X#. (2010) PhosSNP for systematic analysis of genetic polymorphisms that influence protein phosphorylation. *Molecular & Cellular Proteomics*, 9:623-34.

8. Ren J, Liu Z, Gao X, Jin C, Ye M, Zou H, Wen L, Zhang Z, Xue Y#, Yao X#. (2010) MiCroKit 3.0: an integrated database of midbody, centrosome and kinetochore. *Nucleic Acids Research*, 38:D155-160.

9. Xue Y*, Ren J*, Gao X, Jin C, Wen L, Yao X. (2008) GPS 2.0, a tool to predict kinase-specific phosphorylation sites in hierarchy. *Molecular & Cellular Proteomics*. 7(9):1598-608.

10. Zhou F*, Xue Y*, Yao X, Xu Y. (2006) A general user interface for prediction servers of proteins' post-translational modification sites. *Nature Protocols*, 1(3), 1318-1321.

(**通讯作者, #共同通讯作者, *共同第一作者)

上一篇：贾海波

下一篇：余龙江

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