



师资队伍

海洋生物系

海洋生物工程系

教授

副教授

讲师

环境生态系

海洋生命科学实验教学示范中心

副教授

当前位置: [首页](#) [师资队伍](#) [海洋生物工程系](#) [副教授](#)

汪小龙

发布者: 伍玥琪 发布时间: 2018-04-26 浏览次数: 1617



姓名: 汪小龙
 学历/职称/职务: 博士、副教授
 联系方式:
 邮箱: Xiaolong@ouc.edu.cn
 地址:
 中国海洋大学生命学院生物工程系
 山东青岛鱼山路5号化学馆218室
 邮编: 266003
 实验室网站: www.DNAPlusPro.com

学习工作经历:

教育背景

2002-2006 博士, 中国海洋大学, 研究方向: 海洋生物技术
 1996-1999 硕士, 西北农林科技大学, 研究方向: 分子生物学
 1992-1996 本科, 西北农林科技大学, 主修动物科学专业, 辅修计算机专业

工作经历

2006-至今 中国海洋大学, 副教授
 2007-2008 美国俄克拉荷马州立大学 (Oklahoma State University), 博士后/访问学者
 2001-2005 中国海洋大学, 讲师
 1999-2000 中国海洋大学, 助教

科研领域描述:

目前研究方向为生物技术制药、分子生物技术、生物信息学、计算生物学及其交叉学科。研究兴趣包括开发和新型核酸扩增技术, 设计和开发新型基因转移、基因表达调控及基因治疗的方法和药物 (包括反义寡核苷酸、siRNA和miRNA等)。开发新型生物计算算法, 编写用户友好的生物信息学软件, 用于DNA和蛋白质序列分析, 数据挖掘, 进行蛋白质空间结构模拟、分子系统发生、分子进化和分子生物学研究。另外, 本人还对DNA计算机研究感兴趣, 开发新型DNA计算算法。

(1) 在生物制药和分子生物技术领域: 首创了一种新型核酸扩增技术, 称为聚合酶-内切酶扩增反应 (Polymerase-endonuclease Amplification Reaction, PEAR), 该技术已经获得国家发明专利授权, 并已经申请国际专利。PEAR技术具有重要的科学意义和应用价值: 可用于扩增寡核苷酸和小RNA, 可制备反义寡核苷酸药物, 用于基因调控和基因治疗等研究。与化学合成法相比, PEAR扩增和制备反义寡核苷酸设备成本低、无污染, 而且产物纯度高, 易于实现规模化和自动化生产。

(2) 在生物信息和生物计算领域: 目前蛋白质及其编码DNA序列的比对和进化分析, 是分别进行的, 但二者往往会得出截然不同的结论。本人开发了一种新型核酸和蛋白质序列联合比对分析方法和软件——“密码子-氨基酸联合序列比对” (Codon and Amino-acid Unified Sequence Alignments, CAUSA), 将蛋白质编码DNA序列和其氨基酸序列组合, 统一进行多序列比对, 不仅大大提高了DNA和蛋白质序列比对的精确度, 而且发现了几种新的插入/缺失序列变异模式。从理论上证明了CAUSA联合序列比对的熵信息量更大。通过对HIV等病毒蛋白基因的实例分析, 证实了用CAUSA软件比对结果画进化树, 能够克服分子系统和进化分析中常见的进化树不准确和不一致问题, 能够更清楚地解释进化事件, 并使蛋白质空间结构模拟结果也更加准确。该软件目前已发布2.0版, 可在<http://www.dnapiuspro.com/> 网站免费下载使用。

(3) 在DNA计算机领域: 本人提出了一种新型DNA计算方法, 用连接酶链式反应 (Ligase Chain Reaction, LCR) 技术解决了计算机科学中著名的SAT难题, 并构建了数字逻辑电路, 与国际同类研究相比具有容错性好, 灵敏度高, 时间/空间复杂度低等优势。

代表性成果:

发表论文:

(1). Biao Li, Shihua Dong, Jiajun Wu, Jianye Zhang, Gang Chen, Quanjiang Dong, Xinhong Zhu, Xiaolong Wang* (2013) Preparation of 5'-O-(1-Thiotriphosphate)-Modified Oligonucleotides Using Polymerase-Endonuclease Amplification Reaction (PEAR). *PLoS ONE* 8(7): e67558. doi:10.1371/journal.pone.0067558

(2). Shuang-yong Xu, Rebecca L. Nugent, Julie Kasamkattil, Alexey Fomenkov, Yogesh Gupta, Aneel Aggarwal, Xiaolong Wang, Zhiru Li, Yu Zheng, and Richard Morgan (2012) Characterization of Type II and III restriction-modification systems from *Bacillus cereus* strains ATCC10987 and ATCC14579. *Journal of Bacteriology*, 194(1): 49-60. doi:10.1128/JB.06248-11 (SCI IF 2010: 3.726)

(3). Xiaolong WANG, Deming GOU, Shuang-yong XU. (2010) Polymerase- Endonuclease Amplification Reaction (PEAR) for Large-Scale Enzymatic Production of Antisense Oligonucleotides. *PLoS ONE*, 5(1): e8430. doi:10.1371/journal.pone.0008430. (SCI IF 2010: 4.351)

(4). Xiaolong WANG, Zhenmin BAO, Jingjie HU, Deming GOU. (2008) DNA computing solves the 3-SAT problem with a small solution space. *Current Nanoscience*, 4 (4): 354-360. DOI: 10.2174/157341308786306099 (SCI IF 2008: 2.437)

(5). Xiaolong WANG, Zhenmin BAO, Jingjie HU, Shi WANG, Aibin ZHAN, (2008), Solving the SAT problem using a DNA computing algorithm based on ligase chain reaction. *Biosystems*, 91: 117-125. doi:10.1016/j.biosystems.2007.08.006 (SCI IF 2008: 1.477)

(6). Xiaolong WANG, Jingjie HU, Jie PAN, Zhuojun MA, Ke BI, Quanqi ZHANG and Zhenmin BAO. (2004), Polyethylenimine promotes sperm-mediated transgene and oligonucleotide delivery in abalone *haliotis discus hannai*. *Journal of shellfish Research*, 23(4): 1123-1127 (SCI IF 2009: 0.891)

(7). Shi WANG, Lingling ZHANG, Aibin ZHAN, Xiaolong WANG, Zhanjiang Liu, Jingjie Hu and Zhenmin BAO. (2007), Patterns of concerted evolution of an rDNA family in a natural population of Zhikong scallop, *Chlamys farreri*. *J. Molecular Evolution*. 65(6): 660-667 1127 (SCI IF 2007: 3.234)

(8). Aibin ZHAN, Jingjie HU, Xiaolong WANG, Wei Lu, Min Hui and Zhenmin Bao. (2006) A panel of polymorphic EST-derived microsatellite loci for the bay scallop (*Argopecten irradians*) *J. Molluscan Studies*, 72: 435-438 (SCI IF 2006: 0.968)

(9). AIBIN ZHAN, ZHENMIN BAO, BING YAO, XIAOLONG WANG, MIN HUI, JINGJIE HU. (2006) Polymorphic microsatellite markers in the Zhikong scallop, *Chlamys farreri*. *Molecular Ecology Notes*, 6: 127-129 (SCI IF 2006: 1.220)

(10). [Xiaolong WANG, Jie PAN, Shi WANG, et al. (2006) Identification of the Raw Material of Ejiao Using the CytB Gene PCR-RFLP Method, *PERIODICAL OF OCEAN UNIVERSITY OF CHINA*, 36 (4): 645-648 (Article in Chinese)]

(11). [Xiaolong WANG, Zhifa YUAN, et al. (2002) Maximum entropy principle and population genetic equilibrium, *ACTA GENETICA SINICA*, 29(6) 562-564 (Article in Chinese) [PDF]

预印本和会议论文:

(1) Xiaolong Wang; Yu Fu; Yue Zhao; Qi Wang; Chandra Sekhar Pedamallu; Shuang-yong Xu; Yingbo Niu and Jingjie Hu. (2011) Accurate Reconstruction of Molecular Phylogenies for Proteins Using Codon and Amino Acid Unified Sequence Alignments (CAUSA). *Nature Precedings* <http://precedings.nature.com/documents/4898/version/1>

专利和软件著作权:

(1) 2013, Patent: Method for amplifying oligonucleotide and small RNA by using polymerase-endonuclease chain reaction, PCT/CN2009/000362, CN200980128021, WO2010075659A1 US20120028253

(2) 2006, Patent: Method for amplifying specific circular or concatemer nucleic acid, CN 200410035814.5

(3) 2013, Software: Codon and Amino acid unified sequence alignment (CAUSA)

(4) 2006, Software: Repeat Reporter (RR), 2006SR00848

Copyright©中国海洋大学出版社所有 all Rights Reserved 网站管理
校址: 青岛市鱼山路5号 邮编: 266003 电话: 0532-82031809



扫描二维码关注海洋生命
学院官方微信公众号