

简历

韦朝春 博士

上海交大生命学院 生物信息学与生物统计学系 教授, 博士生导师

上海市闵行区东川路 800 号叶杰全楼 422, 200240

电话: +86-21-34204083

Email: ccwei@sjtu.edu.cn

实验室主页: <http://cgm.sjtu.edu.cn>

出生日期 1973 年 10 月

性别 男

民族 汉

籍贯 浙江东阳

科研方向

- 基因组中的功能因子寻找
 - 基因预测, 可变剪切预测
 - 调控因子寻找
 - 基因组中重复序列的识别及进化分析
- 泛基因组学、微生物组学
- 高性能计算在生物信息学中的应用

教育背景

2000-2006	博士: 计算机科学 (计算生物学) 美国华盛顿大学 (圣路易斯) 计算机系
1996-1999	硕士: 信号与信息处理 北京大学信息科学中心
1991-1996	学士: 数学 北京大学数学系

经历

2015-今	教授 上海交通大学
2014-2019	副系主任 上海交通大学生命科学技术学院生物信息学与生物统计学系
2011-今	博士生导师 上海交通大学
2008-2015	副教授 上海交通大学生命科学技术学院生物信息学与生物统计学系 兼上海生物信息技术研究中心课题组长
2006-2007	软件工程师 微软公司, 美国华盛顿州, 西雅图市
2000-2006	计算生物学研究助理 美国华盛顿大学计算机科学与工程系
1996-1999	信号处理研究助理 北京大学信息科学中心

科研项目

主持项目

1. 上海市自然科学基金面上项目（20万）
“蝙蝠基因组中的水平基因转移研究”，项目批准号 22ZR1433600，时间 2022.4-2025.3
2. 国家自然科学基金面上项目（58万）
“基于三代测序的泛基因组构建方法及其在水稻基因组研究中的应用”，项目批准号 32170643，时间 2022.1-2025.12
3. 上海市自然科学基金面上项目（20万）
“水稻泛基因组浏览器 2.0 的构建”，课题编号 20ZR1428200，时间 2020.7-2023.6
4. 横向项目
 - a) “胃肿瘤基因组数据分析”，（40万），时间 2016.10-2017.12
 - b) “胃肿瘤测序数据分析”，（20万），时间 2017.7-2017.12
5. 上海交通大学医工交叉项目
 - a) 重点项目“基于胃癌复杂表型及微生物组学多样性的大数据平台建设”，（75万）课题编号 YG2017ZD01,时间 2018.1-2020.12
 - b) 面上项目“Kiss1、CUX1、ER 基因及相关通路对女童性发育的影响机制研究”，（21万）,课题编号 YG2015MS39，时间 2016.1-2018.12
6. 国家自然科学基金面上项目（80万）
“元基因组中复杂结构的序列模块寻找及其功能分析”，项目批准号 61472246，时间 2015.1-2018.12
7. 国家自然科学基金面上项目（80万）
“包含重复序列的基因预测及其功能分析”，项目批准号 61272250，时间 2013.1-2016.12
8. 863 项目一项（161万）
“基于新一代测序技术的元基因组数据采集与分析系统”，课题编号 2009AA02Z310，时间 2009.1-2011.12
9. 国家自然科学基金面上项目（共 30万）
“基因结构多变性指标及其在基因的疾病易感性研究中的应用”，项目批准号 60970050，时间 2010.1-2012.12
10. 上海市科委 基础重点项目一项（25万）
“在基因组序列中寻找复杂结构子序列模块的算法及系统研究”，课题编号 08JC1416700，时间 2008.10-2010.9.
11. 上海市浦江人才计划（20万）
“条件随机场理论及其在生物信息学中的应用研究”，课题编号 09PJ1407900, 时间 2009.8-2011.7
12. 上海市白玉兰科技人才基金（3万）
“条件随机场理论在调控因子识别中的应用”，课题编号 2010B084，时间 2010.6-2011.5

参与项目

1. 973 项目“南海珊瑚礁对多次度热带海洋环境变化的响应、记录与适应对策研究”（预算 2600 万）
子课题：南海珊瑚礁退化机理和修复潜力（104 万，总预算 572 万），课题编号 2013CB956103，时间 2013.1-2017.12
2. 863 项目“微生物组学数据集成及分析的关键技术研发”，（65 万，总预算 720 万），课题编号 2014AA021502，时间 2014.1.1-2016.12
3. 上海市产学研合作项目“食源性致病菌广谱高效检测系统的开发及应用”（120 万），项目编号沪 CXY-2013-58，时间 2013.1 至 2015.12

发表文章 (*: 通讯作者, 引用次数 > 4500 次)

1. “Widespread of horizontal gene transfer regions in eukaryotes”, Li, K., Yan, F., Duan, Z., Adelson, D., **Wei, C.***, *bioRxiv*, 2022, doi: <https://doi.org/10.1101/2022.07.26.501571>.
2. “Long-read sequencing of 111 rice genomes reveals significantly larger pan-genomes”, Zhang, F., Xue, H., Dong, X., Li, M., Zheng, X., Li, Z., Xu, J., Wang, W., and **Wei, C.***, *Genome Research*, 2022,32:853-863.
3. “mbDenoise: microbiome data denoising using zero-inflated probabilistic principal components analysis”, Zeng, Y., Li, J., **Wei, C.**, Zhao, H., Wang, T., *Genome Biology*, 2022,23: 94.
4. “Gene Presence/Absence Variation analysis of coronavirus family displays its pan-genomic diversity”, Jiao, D., Dong, X., Yu, Y.*, **Wei, C.***, *International Journal of Biological Sciences*, 2021, 17(14):3717-3727.
5. “Genetic Profiles Affect the Biological Effects of Serine on Gastric Cancer Cells”, Li, J., Xue, H., Xiang, Z., Song, S., Yan, R., Ji, J, Zhu, Z., **Wei, C.**, Yu, Y., *Frontiers in Pharmacology*, 2021, 11:1183.
6. “GESLM algorithm for detecting causal SNPs in GWAS with multiple phenotypes”, Lyu, R., Sun, J., Jiang, Q., **Wei, C.***, Zhang, Y.*, *Briefings in Bioinformatics*, 2021, 22(6), 1–12
7. “ivTerm—An R package for interactive visualization of functional analysis results of meta-omics data”, Dong, X., Xue, H., **Wei, C.***, *Journal of Cellular Biochemistry*, 2021, 122:1428-1434
8. “UHRF1 regulates alternative splicing by binding to splicing factors and U snRNAs”, Xu, P., Zhang, L., Xiao, Y., Li, W., Hu, Z., Zhang, R., Li, J., Wu, F., Xi, Y., Zou, Q., Wang, Z., Guo, R., Ma, H., Dong, S., Xiao, M., Yang, Z., Ren, X., **Wei, C.***, Yu, W.* , *Human Molecular Genetics*, 2021, 30(22)2110-2122.
9. “A powerful HUPAN on a pan-genome study: significance and perspectives”, Yu, Y. and **Wei, C.**, *Cancer Biology & Medicine*, 2020, doi:10.20892/j.issn.2095-3941.2019.0317
10. “CDKAM: a taxonomic classification tool using discriminative k-mers and approximate matching strategies”, Bui, V. and **Wei, C.***, *BMC Bioinformatics*, 2020, 21:468

11. "HUPAN: a pan-genome analysis pipeline for human genomes", Duan, Z., Qiao, Y., Lu, J., Lu, H., Zhang, W., Yan, F., Sun, C., Hu, Z., Zhang, Z., Li, G., Chen, H., Xiang, Z., Zhu, Z., Zhao, H., Yu, Y.*, **Wei, C.***, *Genome Biology*, 2019, 20:149.
12. "Discovery and characterization of the evolution, variation and functions of Diversity-Generating Retroelements using thousands of genomes and metagenomes", Yan, F., Yu, X., Duan, Z., Lu, J., Jia, B., Qiao, Y., Sun, C., **Wei, C.***, *BMC Genomics*, 2019, 20:595.
13. "PaSS: A sequencing simulator for PacBio sequencing", Zhang, W., Ben, J., **Wei, C.***, *BMC Bioinformatics*, 2019, 20:352.
14. "GLAPD: whole genome based LAMP primer design for a set of target genomes", Jia, B.#, Li, X.#, Liu, W., Lu, C., Lu, X., Ma, L., Li, Y.*, **Wei, C.***, *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10:2860
15. "Towards a deeper haplotype mining of complex traits in rice with RFG v2.0", Wang, C., Yu, H., Huang, J., Wang, W., Faruquee, M., Zhang, F., Zhao, X., Fu, B., Chen, K., Zhang, H., Tai, S., **Wei, C.**, Li, J., McNally, K., Alexandrov, N., Gao, X., Li, Z., Xu, J., Zheng, T., *Plant Biotechnology Journal*, 2019, pp. 1-3.
16. "Comparative genomics analysis and Characterization of two Salmonella enterica Serova Enteritidis isolates from poultry with notably different survival abilities in egg whites", Wang, Y., Jia, B., Xu, X., Zhang, L., **Wei, C.**, Ou, H., Cui, Y., Shi, C., Shi, X., *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9:2111
17. "MetaBinG2: a fast and accurate metagenomic sequence classification system for samples with many unknown organisms", Qiao, Y., Jia, B., Hu, Z., Sun, C., Xiang, Y., **Wei, C.***, *Biology Direct*, 2018, 13(1):15.
18. "Genomic variation in 3,010 diverse accessions of Asian cultivated rice", Wang, W.#, Mauleon, R.#, Hu, Z.#, Chebotarov, D.#, Tai, S.#, Wu, Z.#, Li, M.#, Zheng, T.#, Fuentes, R.#, Zhang, F.#, Mansueto, L.#, Copetti, D.#, Sanciangco, M., Palis, K., Xu, J., Sun, C., Fu, B., Zhang, H., Gao, Y., Zhao, X., Shen, F., Cui, X., Yu, H., Li, Z., Chen, M., Detras, J., Zhou, Y., Zhang, X., Zhao, Y., Kudrna, D., Wang, C., Li, R., Jia, B., Lu, J., He, X., Dong, Z., Xu, J., Li, Y., Wang, M., Shi, J., Li, J., Zhang, D., Lee, S., Hu, W., Poliakov, A., Dubchak, I., Ulat, V., Borja, F., Mendoza, J., Ali, J., Li, J., Gao, Q., Niu, Y., Yue, Z., Naredo, M., Talag, J., Wang, X., Li, J., Fang, X., Yin, Y., Glaszmann, J., Zhang, J., Li, J., Hamilton, R.2, Wing, R.*, Ruan, J.*, Zhang, G.*, **Wei, C.***, Alexandrov, N.*, McNally*, K., Li, Z.*, Leung, H., *Nature*, 2018, 553:43-49 (co-corresponding uthor)
19. "In silico analysis of endogenous siRNAs associated transposable elements and NATs in Schistosoma japonicum reveals their putative roles during reproductive development", Giri, B.#, Ye, J.#, Chen, Y., **Wei, C.***, Cheng, G.*, *Parasitology Research*, 2018, 117(5):1549-1558.
20. "Genome-wide analysis of the association of transposable elements with gene regulation suggests that Alu elements have the largest overall regulatory impact", Zeng, L., Pederson, S., Cao, D., Qu, Z., Hu, Z., Adelson, D., **Wei, C.***, *Journal of Computational Biology*, 2018, Jun;25(6):551-562.
21. "Novel sequences, structural variations and gene presence variations of Asian cultivated rice", Hu, Z., Wang, W., Wu, Z., Sun, C., Li, M., Lu, J., Fu, B., Shi, J., Xu, J., **Wei, C.***, Li, Z.*, *Scientific Data*, 2018, 5:180079.

22. "Dosage compensation in the process of inactivation/reactivation during both germ cell development and early embryogenesis in mouse", Li, X., Hu, Z., Yu, X., Ma, B., Zhang, C., **Wei, C.***, and Wu, J.*, *Scientific Reports*, 2017, 7:3729.
23. "EUPAN enables pan-genome studies of a large number of eukaryotic genomes", Hu, Z., Sun, C., Lu, K., Chu, X., Zhao, Y., Lu, J., Shi, J., **Wei, C.***, *Bioinformatics*, 2017, 23(15):2408-2409.
24. "Widespread of Horizontal Gene Transfer in the Human Genome", Huang, W., Tsai L., Li, Y., Hua, N., Sun, C., **Wei, C.***, *BMC Genomics*, 2017, 18:274.
25. "RNA virus receptor Rig-I monitors gut microbiota and inhibits colitis-associated colorectal cancer", Zhu, H., Xu, W., Hu, Z., Zhang, H., Shen, Y., Lu, S., **Wei, C.***, Wang, Z.*, *J. of Experimental & Clinical Cancer Research*, 2017, 36:2.
26. "RPN: Rice Pan-genome Browser for ~3,000 rice genomes", Sun, C. #, Hu, Z. #, Lu, K. #, Zhao, Y., Lu, J., Zheng, T., Wang, W., Shi, J., Zhang, D., Li, Z.*, **Wei, C.***, *Nucleic Acids Research*, 2017, 45(2): 597-605.
27. "水稻功能基因组育种数据库(RFGB): 3K 水稻 SNP 与 InDel 子数据库", 郑天清#, 余泓#, 张洪亮#, 吴志超#, 王文生, 太帅帅, 迟璐, 阮珏, **韦朝春**, 石建新, 高用明, 傅彬英, 周永力, 赵秀琴, 张帆, McNally Kenneth L., 李自超, 张耕耘, 李家洋, 张大兵, 徐建龙, 黎志康, *中国科学*, 2015, 第 60 卷第 4 期: 367-371.
28. "Revealing missing human protein isoforms based on *ab initio* prediction, RNA-seq and proteomics", Hu, Z., Scott, H., Qin, G., Zheng, G, Chu, X., Xie, L., Adelson, D., Oftedal, B., Venugopal, P., Babic, M., Hahn, C., Zhang, B., Wang, X., Li, N., **Wei, C.***, *Scientific Reports*, 2015, 5:10940
29. "MOST+: a *de novo* motif finder combining genomic sequence and heterogeneous genome-wide signatures", Zhang, Y., He, Y., Zheng, G., **Wei, C.***, *BMC Genomics*, 2015, 16(Suppl 7):S13
30. "Whole genome sequencing of six dog breeds from continuous altitudes reveals adaption to high-altitude hypoxia", Xiao, G. et al., *Genome Research*, 2014, 24(8)1308-15.
31. "LAcP: lysine acetylation sites prediction using logistic regression classifier", Hou, T., Zheng, G., Zhang P., Jia, J., Li, J., Xie, L., **Wei, C.***, Li, Y.*, *PLoS ONE*, 2014, 9(2): e89575.
32. "NeSSM: a Next-generation Sequencing Simulator for Metagenomics", Jia, B., Cai, K., Xuan, L., **Wei, C.***, *PLoS ONE*, 2013, 8(10):e75448.
33. "cGRNB: a web server for building combinatorial gene regulatory networks through integrated engineering of seed-matching sequence information and gene expression datasets", Xu, H., Yu, H., Tu, K., Shi, Q., **Wei, C.**, Li, Y.*, Li, Y.*, *BMC Systems Biology*, 2013, 7(Suppl 2):S7
34. "PMRD: a curated database for genes and mutants involved in plant male reproduction", Cui, X., Wang, Q., Yin, W., Xu, H., Wilson, Z., Pan, S., **Wei, C.** and Zhang, D.*, *BMC Plant Biology*, 2012, 12:215
35. "Towards biological characters of interactions between transcription factors and their

- DNA targets in Mammals”, Zheng, G., Liu, Q., Ding, G., **Wei, C.***, Li, Y.*, *BMC Genomics*, 2012, 13:388
36. “CTF: A transcription factor binding site prediction system using conditional random fields”, He, Y., Zheng, G., **Wei, C.***, *BMC Genomics*, 2012, 13(Suppl 8):S18
 37. “iGepros: An integrated gene and protein annotation server for biological nature exploration”, Zheng, G., Wang, H., **Wei, C.***, Li, Y.*, *BMC Bioinformatics*, 2011, 12(Suppl 14):S6
 38. “MetaBinG: Using GPUs to accelerate metagenomic sequence classification”, Jia, P., Liu, L.*, **Wei, C.***, *PLoS ONE*, 2011, 6(11): e25353
 39. “FIND: 从下一代单端测序数据中快速查找 Indel 的方法”, 宋琳琳, 顾朝晖, 韦朝春*, 现代生物医学进展, 2010, 1:142-145
 40. “Analysis of oral microbiota in children with dental caries by PCR-DGGE and Barcoded Pyrosequencing”, Ling, Z., Kong, J., Jia, P., **Wei, C.**, Wang, Y., Pan, Z., Huang, W., Chen, H., Xiang, C., *Microbial Ecology*, 2011, 60(3):677-90
 41. “The Completion of the Mammalian Gene Collection (MGC)”, The MGC Project Team, *Genome Research*, 2009, 19:2324-2333
 42. “Interactions between gut microbiota, host genetics, and diet relevant to development of metabolic syndromes in mice”, Zhang, C., Zhang, M., Wang, S., Han R., Cao, Y., Hua, W., Mao, Y., Zhang X., Pang X., **Wei, C.**, Zhao, G., Chen, Y., Zhao, L., *ISME J*, 2010, 4,232-241
 43. 宋琳琳, 顾朝晖, 韦朝春*, 陈赛娟*, “Illumina-Solexa 测序数据质量评估系统的构建”, 现代生物医学进展, 2009, 15:2899-04
 44. “More Than 9,000,000 unique Genes in Human Gut Bacterial Community: Estimating Gene Numbers inside a Human Body”, Yang, X., Xie, L. LI, Y. and **Wei, C.***, *PLoS ONE*, 2009, 4(6): e6074.
 45. “The prediction of interferon treatment effects based on time series microarray gene expression profiles”, Huang, T., Tu, K., Shyr, Y, **Wei, C.**, Xie, L.* and Li, Y.*, *Journal of Transcriptional Medicine*, 2008, 6:44.
 46. “ITFP: an integrated platform of mammalian transcription factors”, Zheng, G., Tu, K., Yang, Q., Xiong, Y., **Wei, C.**, Xie, L., Zhu, Y. and Li, Y.*, *Bioinformatics*, 2008, 24(20):2416-2417
 47. “The Combination Approach of SVM and ECOC for Powerful Identification and Classification of Transcription Factor”, Zheng, G., Qian, Z., Yang, Q., **Wei, C.**, Xie, L., Zhu, Y. and Li, Y., *BMC Bioinformatics*, 2008, 9(1):282.
 48. “Using ESTs to Improve the Accuracy of de novo Gene Prediction”, **Wei, C.** and Brent, M. R., *BMC Bioinformatics*, 2006, 7:327. **Highly accessed**
 49. “PAIRAGON + N-SCAN: A Model-Based Gene Annotation Pipeline”, Arumugam, M., **Wei, C.**, Brown, R. H. and Brent, M. R., *Genome Biology*, 2006, 7(Suppl 1): S5.

50. "Closing in on the *C. elegans* ORFeome by Cloning TWINSCAN predictions", Wei, C., Lamesch, P., Arumugam M., Rosenberg, J., Hu, P., Vidal, M., and Brent, M. R., *Genome Research*, 2005, 15:577-582. (Reported by *Nature Reviews Genetics* Vol.6 No.5 as "**Research highlight**".)
51. "The Genome Sequence of *Caenorhabditis briggsae*: A Platform for Comparative Genomics", Stein, L. D., Bao, Z., et al., *PLoS Biol*, 2003, 1(2): E45.

发表论著

1. "Evolution of the Human Genome I" , Springer, 2017, 978-4-431-56603-8
2. "The Pangenome --Diversity, Dynamics and Evolution of Genomes", Springer, 2020

学术报告:

1. "EUPAN for eukaryote pan-genome analysis", Invited talk, the 7th National Conference on Computational Biology and Bioinformatics, Yantai, Shandong, China, 7/16/2021
2. "HUPAN: a human pan-genome analysis pipeline", Invited talk, the 17th Asian Bioinformatics Consortium Symposium, Gui'an, Guizhou, China, 8/22/2019
3. "The rice pan-genome derived from 3,010 diverse accessions", Invited talk, Network for Food Security (Net4FS), Shanghai, China, 7/19/2019
4. "The rice pan-genome derived from 3,010 diverse accessions", Invited talk, the 13th Annual Meeting of the International Conference on Genomics, Shenzhen, China, 10/27/2018
5. "Widespread of Horizontal Gene Transfer in the Human Genome", Invited talk, the 1st AsiaEvo Conference, Shenzhen, China, 4/19/2018
6. "The rice pan-genome: gene presence/absence variation derived from >3000 rice genomes", Invited talk, Net4FS, Montpellier, France, 10/16/2017
7. "RPN: the rice pan-genome browser", Breakthrough Highlight Oral Presentation, ISMB 2017, Prague, Czech Republic, 7/24/2017
8. "The rice pan-genome: gene presence/absence variation derived from >3000 rice genomes", Oral Presentation, the 15th Japan-Korea-China Bioinformatics Symposium, Seoul, Korea, 6/21/2017
9. "The rice pan-genome: gene presence/absence variation derived from >3000 rice genomes", NET4FS: AN INTERDISCIPLINARY TRAINING NETWORK TO ADDRESS KEY QUESTIONS IN PLANT DEVELOPMENT FOR FOOD SECURITY, Shanghai, China, 11/8/2016
10. "How many protein isoforms are encoded in the human genome?", EBI, Cambridge, UK, 7/16/2015
11. "EUPAN: a large-scale pan-genome analysis pipeline for eukaryotic large genomes", Dublin, Ireland, 7/12/2015-7/14/2015
12. "MOST+: A motif finding approach combining genomic sequence and heterogeneous genome-wide signatures", Poster, ISMB2013, Berlin, German, 7/23/2013

13. "Finding functional elements in genomes with statistical models", Lecture, the 11th Japan-Korea-China Bioinformatics Training Course, Suzhou, 6/18/2013
14. "NeSSM: Next-generation sequencing simulator for metagenomics", Poster, GIW 2012, Tainan, Taiwan, 2012/12/13
15. "MetaBinG: Using GPUs to accelerate metagenomic sequence classification", Invited talk, ANRRC, Jeju Island, Korea, 2012/10/19
16. "Regulatory element finding by integrating the genomic sequence and epigenetic information", Invited talk, International IRSES meeting, Shanghai, China, 9/10/2012
17. "Using GPUs to accelerate metagenomic sequence classification", Invited talk, ICB, Xi'an, China, 8/19/2012
18. "Methods "MetaBinG: a GPU-based fast metagenomic sequence classification system using high-order Markov models", Poster, ISMB, Vienna, Austria, 7/18/2011.
19. "Gene Prediction Methods and Algorithms", Lecture, the 10th Japan-Korea-China Bioinformatics Training Course, Jeju Island, Korea, 5/12/2011.
20. "Bioinformatics for Microbial biology", Lecture, Fudan University, Shanghai, China, 1/13/2011.
21. "Gene Prediction algorithms and systems, and their application for algal genome analysis", Lecture, Top China and Brazil course, Shanghai, China, 7/16/2010.
22. "Algorithms for Gene Prediction", Invited talk, Next generation Sequencing Data Analysis Course, Fudan University, Shanghai, China, 7/30/2010
23. "Methods and Algorithms for Gene Prediction", Invited talk, the 9th Japan-Korea-China Bioinformatics Training Course, Shanghai, China, 4/20/2010
24. "Finding diversity of a microbe community: 16S rRNA or metagenome shotgun sequencing method?", Invited talk, Japan-Korea-China Symposium on Bioinformatics, JST, Tokyo, Japan, 3/1/2010.
25. "Estimation of gene numbers in human", talk, Symposium "Analysis of complex biological systems", Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China, 8/19/2009
26. "More than 9,000,000 genes in the human gut bacterial community: Estimation of gene numbers in human", Invited talk, Spring School on Multiscale Methods and Modeling in Biophysics and Systems Biology, Chinese Academy of Science, Shanghai, 5/22/2009.
27. "Estimation of gene numbers in human", Invited talk, the 8th Japan-Korea-China Bioinformatics Symposium, Kyoto University, Kyoto, Japan, 2/28/2009.
28. "Methods and Algorithms for Gene Prediction", Invited talk, the 8th Japan-Korea-China Bioinformatics Training Course, Kyoto University, Kyoto, Japan, 2/27/2009.
29. "Measuring the Impact of Genomic Sequence Variations on Gene Structure Variations", Invited talk, Theory and Applications of Computational Chemistry, Shanghai, China, 9/27/2008.
30. "Using EST to Improve Gene Structure Prediction", Invited talk, Summer Course for Plant Molecular Biology, Shanghai Jiaotong University, Shanghai, 7/17/2008.
31. "Using EST to Improve Gene Structure Prediction", Invited talk, The Institute of Systems Biology, Seattle, Washington, 7/6/2006.

32. "Integrating EST alignments into TWINSCAN", Poster, Biology of Genomes, CSHL, NY, 5/12/2004.
33. "Experimental Verification of Twinscan Predictions on *C.elegans*", Talk, the 3rd Annual ORFeome Meeting, Boston, MA, 12/3/2003.
34. "Using Gene Prediction to Guide Experiments by Summing Over Consistent Gene Models", Talk, Genome Informatics, CSHL, NY, 5/11/2003.

专利申请

申请国家专利 29 项，授权 25 项：

1. “人乳头瘤病毒检查试剂盒的制备和使用”，专利号：ZL200910049555.4
2. “用图形处理单元加速元基因组物种分析的方法和系统”，专利号：ZL201110125025.0
3. “基于元基因组学的未知病原鉴定系统及分析方法”，专利：ZL20111045266.7
4. “一种核酸扩增反应引物的设计方法及其应用”，专利号：ZL20150559179.9
5. “快速恒温检测阪崎克罗诺杆菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767354.8
6. “快速恒温检测沙门氏菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767608.6
7. “快速恒温检测单核细胞增生李斯特菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610767426.9
8. “快速恒温检测霍乱弧菌 O1 群的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767491.1
9. “快速恒温检测创伤弧菌的方法、引物及试剂盒和应用”，专利号：ZL201610767402.3
10. “快速恒温检测阪崎克罗诺杆菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767389.1
11. “快速恒温检测金黄色葡萄球菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767576.X
12. “快速恒温检测副溶血弧菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610780447.4
13. “快速恒温检测假结核耶尔森氏菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767506.4
14. “快速恒温检测单核细胞增生李斯特菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610767436.2
15. “快速恒温检测蜡样芽孢杆菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780460.X
16. “快速恒温检测霍乱弧菌 O1 群的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780456.3
17. “快速恒温检测金黄色葡萄球菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610767557.7
18. “快速恒温检测创伤弧菌的方法、引物及应用”，专利号：ZL201610780421.X
19. “同时快速恒温检测霍乱弧菌和创伤弧菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780489.8
20. “快速恒温检测小肠结肠炎耶尔森氏菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610767671.X
21. “快速恒温检测志贺氏菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610767703.6
22. “快速恒温检测创伤弧菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780407.X
23. “快速恒温检测副溶血弧菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780425.8
24. “快速恒温检测假结核耶尔森氏菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL201610780457
25. “快速恒温检测沙门氏菌的方法、引物及试剂盒”，专利号：ZL 201610780485.X

26. “一种荧光成像分析系统及其荧光成像分析方法”，申请号：201510186113.X
27. “一种荧光成像分析系统”，申请号：201520237179.2
28. “快速恒温检测蜡样芽孢杆菌的方法”，引物及应用，申请号：201610767579.3
29. “快速恒温检测阪崎克罗诺杆菌的方法、引物及试剂盒”，申请号：201510556917.4

软件著作权 7 项：

30. “元基因组新一代测序模拟系统（NeSSM）”，登记号：2010SR029333
31. “可视化复杂子序列模块检测系统（FlexSA）”，登记号：2010SR057696
32. “基于条件随机场的转录因子结合位点预测系统（CTF）”，登记号：2011SR086086
33. “元基因组基因功能分析系统”，申请号：2011R11L181725
34. “痢疾杆菌综合基因组数据库系统”，登记号：2012SR030510
35. “基于逻辑回归的蛋白质乙酰化位点预测系统（LAceP）”，登记号：2015SR171889
36. “用于生物特征探索的一个整合的基因和蛋白质注释系统（iGepros）”，登记号：2015SR171886.

教学

1. “组学大数据”，主讲，3 学分，32/48 学时，2017、2018、2019 年春季、2020 年秋季、2021、2022 年春季
2. “生物计算编程语言”，主讲，3 学分，48 学时，2013-2016 年春季，32 学时 2017-2020 年春季
3. “Matlab 模拟与计算实验”，主讲，2 学分，32 学时，2012 年春季
4. “计算生物学”，主讲之一，3 学分，9/48 学时，2011-2018 年秋季
5. “高级生物信息学”，主讲之一，3 学分，9/48 学时，2012、2013、2014、2015 年春季
6. “生物信息学算法原理”，主讲，3 学分，32/48 学时，2011-2016 年秋季，2018 年春季，2021、2022 年春季
7. “基因组学与蛋白质组学:算法与实践”，主讲，3 学分，54 学时，2010 年秋季
8. “数字信号处理”，主讲，3 学分，54 学时，2009 年秋季
9. “生物信息学前沿研讨”，生物序列分析部分，2009 年春季
10. “生物信息学概论”，课程介绍及生物序列分析部分，2013 年春季，2014-2016 年秋季

学生指导

11 个博士研究生（3 个协助指导，其中 2 个已经顺利毕业；7 个独立指导，其中 2 个毕业；1 个合作指导，已经毕业）
22 个硕士研究生（18 个已毕业）
37 个本科生做毕设（16 个毕业后到国际著名大学深造，16 个毕业后在国内深造）
28 个 PRP 或暑期实习学生（2 名来自美国哈佛大学，1 名来自加州大学洛杉矶分校）
指导 iGEM 比赛（2009、2014-今）

11 个 博士研究生(5 个毕业)

- 董晓瑞，2021-，独立指导，上海交通大学
- 李坤，2020-，独立指导，上海交通大学
- 焦都，2019-，独立指导，上海交通大学
- 薛泓璋，2018 -，独立指导，上海交通大学
- 陆惠民，2017-，独立指导，上海交通大学
- 段忠取，2015- 2019，合作指导，合作导师 赵宏宇教授，交大耶鲁生物统计学联合中心，目前在西湖大学任助理研究员
- 贾霖，2014 – 2020，独立指导，上海交通大学，目前在上海某生物技术公司参与创业
- 胡智强，2010 – 2016，独立指导，上海交通大学，博士期间研究论文共同一作发表在 Nature；毕业后到美国加州大学伯克利分校做博士后研究；目前在 Illumina 公司任研究员
- 顾朝辉，2009 -2015，协助指导，导师为陈竺院士，上海交通大学系统生物医学研究院，2020 年 6 月起在美国希望城国家医学中心（City of Hope）任助理教授，独立研究员
- 许华勇，2010 -，协助指导，导师为李亦学教授，上海交通大学
- 郑广勇，2008 – 2009，协助指导，导师为朱扬勇教授和谢鹭研究员，复旦大学计算机系，目前为中科院副研究员

22 个硕士生（19 个毕业）

- 刘茗玮，2022 -，独立指导，上海交通大学
- 冯子耀，2021 -，独立指导，上海交通大学
- 翟焜婷，2020 - 2022，独立指导，上海交通大学
- 魏杨蓁，2019 - 2022，独立指导，上海交通大学
- 范诗禹，2019 - 2022，独立指导，上海交通大学
- Mariela Carrasco Villanueva, 2019 - 2022，独立指导，上海交通大学（秘鲁留学生）
- Van Kien Bui，2018 - 2021，独立指导，上海交通大学（越南留学生）
- 董晓瑞，2018 - 2021，独立指导，上海交通大学，毕业后在本实验室继续攻读博士
- 晏法哲，2017 - 2020，独立指导，上海交通大学，目前在互联网公司工作
- 张文敏，2016 - 2019，独立指导，上海交通大学，目前在公司工作
- 乔于洋，2015 - 2018，独立指导，上海交通大学，目前在电信公司工作
- 孙晨，2014 - 2017，独立指导，上海交通大学，目前在美国密西根大学攻读博士学位
- 卢金原，2014 - 2018, 独立指导，上海交通大学，目前在上海创业
- 于雪琳，2013 - 2017, 独立指导，上海交通大学，毕业后去美国纽约大学留学

- 贾霖，2011 – 2014，独立指导，上海交通大学，毕业后在本实验室继续攻读博士，现在上海生物公司参与创业
- 曾璐，2011 – 2014，联合指导，合作导师澳大利亚阿德莱德大学 David Adelson 教授，毕业后到阿德莱德大学攻读博士学位，现在美国
- 侯婷，2011 - 2014, 协助指导，导师李亦学教授，华东理工大学，毕业后继续攻读博士学位，毕业后在上海某生物信息公司工作
- 曹丹峰，2012 – 2015，独立指导，上海交通大学
- 谢俊，2012 – 2015，独立指导，上海交通大学
- 宣黎明，2010 - 2012, 协助指导，导师李亦学教授，华东理工大学，目前在苏州某生物信息公司工作，从事医学基因组学数据分析
- 贾鹏，2009 – 2011，协助指导，导师刘雷教授，中国科学院，毕业后在上海某互联网公司工作
- 宋琳琳，2008 – 2010，协助指导，导师陈赛娟院士，上海交通大学，毕业后到北京工商银行工作

37 个本科生毕业设计（毕业 37 人）

- 刘茗玮，2021- 2022，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后在本课题组攻读硕士
- 刘昕奕，2021- 2022，上海交通大学生命科学技术学院
- 朱宸，2020 - 2021，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后到清华大学攻读硕士
- 冯子耀，2020 - 2021，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后在本课题组攻读硕士
- 蒋韵哲，2020 - 2021，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后在美国耶鲁大学攻读博士
- 童佳伟，2019-2020，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后到生物信息学公司工作
- 孙鼎，2019-2020，上海交通大学 生命科学技术学院
- 翟浥婷，2018-2019，上海交通大学医学院，毕业后在本课题组攻读硕士
- 焦都，2018-2019，同济大学生命学院，毕业后在本课题组攻读博士
- 魏杨蓁，2018-2019，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后在本课题组攻读硕士
- 杨俊晨，2018-2019，上海交通大学 生命科学技术学院，毕业后在美国耶鲁大学攻读博士
- 吴含，2017-2018，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后在本院攻读硕士
- 吕广振，2015-2018，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到美国印第安纳大学计算机系攻读博士学位
- 晏法哲，2016-2017，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到本课题组攻读硕士，毕业后到网易工作
- 席媛媛，2016-2017，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到瑞士读研
- 叶剑南，2016-2017，上海交通大学致远学院，毕业后到交大计算机专业读研

- 陆惠民，2016-2017，南京农业大学，毕业后到本课题组攻读博士
- 司一辰，2015-2016，上海交通大学致远学院，目前在美国密西根大学攻读博士学位
- 黄文泽，2014-2016，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到清华大学攻读博士学位，博士期间在 Cell 发表共同一作论文
- 刘亮杰，2013-2016，上海交通大学生命科学技术学院，毕业工作后回上海交通大学读研，目前在攻读博士学位
- 王嘉焱，2013 – 2015，上海交通大学电信学院，毕业后到美国印第安纳大学读研
- 卢金原，2013 – 2014，上海交通大学致远学院，毕业后到云南支教，后回本课题组攻读硕士，目前在上海创业
- 时麦，2013 – 2014，上海交通大学致远学院，毕业后到香港中文大学读研
- 孙晨，2013 – 2014，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到本课题组读硕，硕士毕业后到美国密西根大学攻读博士学位
- 王海林，2013 – 2014，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到香港大学读研
- 丁子旭，2013 – 2014，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到美国卡内基梅隆大学读硕，毕业后到美国英特尔公司工作
- 华楠，2012 – 2013，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后在课题组任研究助理一年，后赴南加州大学攻读博士学位，毕业后到谷歌公司工作
- 于雪琳，2012 – 2013，上海交通大学生命科学技术学院，本科毕业后在本实验室攻读硕士学位，然后到美国纽约大学留学，毕业后到华为工作
- 侯佳，2011 – 2012，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到澳大利亚读研
- 黄畅，2011 – 2012，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到公司工作
- 何宇鹏，2009 – 2011，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到美国加州大学圣地亚哥分校攻读博士
- 胡智强，2008 -2010，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后在本课题组攻读博士
- 崔云帆，2010，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到交大软件学院读研
- 何冰，2008 – 2010，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到美国爱荷华大学攻读博士学位，目前在美国宾夕法尼亚大学医学院工作
- 王文佳，2008 – 2009，上海交通大学生命科学技术学院，毕业后到法国巴黎第六大学读研
- 杨幸，2008 – 2009，同济大学生命学院，毕业后到美国佛罗里达国际大学读研
- 杜杰，2008 – 2009，毕业后到海南某研究所工作

28 个 PRP 或其他实习项目本科生

- 朱宸，2019，国家大创项目，上海交通大学生命科学技术学院

- 郑旺杰, 2018, PRP, 上海交通大学生命科学技术学院
- 李政新, 2018, PRP, 上海交通大学生命科学技术学院
- 向奕瑾, 2017, 暑期实习, 上海交通大学医学院
- 朱小静, 2017, 暑期实习, 美国加州大学洛杉矶分校 (UCLA)
- 吕广振, 2014, PRP, 上海交通大学生命科学技术学院
- 马思远, 2015-2017, 上海交通大学生命科学技术学院, 三年级后到美国耶鲁大学联合培养
- 李玉龙, 2014, 暑期实习, 上海交通大学致远学院
- Lillian Tsai, 2014, 暑期实习, 美国哈佛大学
- Nicholas Lee, 2012, 暑期实习, 美国哈佛大学
- 丁子旭, 2012, RPR student, 上海交通大学生命科学技术学院
- 杨博, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院, 毕业后到香港大学读硕, 目前在上海互联网公司工作
- 时麦, 2012, 暑期实习, 上海交通大学致远学院
- 刘士毅, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院
- 孙晨, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院
- 沈冰清, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院
- 易欣, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院
- 周祎炜, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院, 毕业后到中科院读研
- 林明, 2012, 暑期实习, 上海交通大学电信学院
- 夏远帆, 2012, 暑期实习, 上海交通大学电信学院
- 徐聪, 2012, 暑期实习, 上海交通大学致远学院
- 沈丹瑾, 2012, 暑期实习, 上海交通大学医学院
- 毕杰, 2012, 暑期实习, 上海交通大学生命科学技术学院, 毕业后到上海科技大学读研
- 胡涛, 2011 – 2012, 实习, 华中理工大学, 实习完成后到美国北卡州立大学读博
- 谭林畅, 2011, 暑期实习, 上海交通大学数学系, 毕业后到美国密西根大学读研
- 陆梦迪, 2011, PRP, 上海交通大学生物医学工程系
- 贺宇杰, 2010 – 2011, 毕业后到交大电院读研, 一年后转美国华盛顿大学 (圣路易斯) 计算机系读博
- 赵元春, 2009 – 2010, 实习, 华中理工大学, 实习结束后到密西根州立大学读研
- 吴旭菲, 2009, PRP, 上海交通大学物理系

指导 iGEM 比赛

2009, 创建上海交大 iGEM 队

2014, 创建上海交大 iGEM 软件队, 队长杨佳蓓, 毕业后去美国哈佛大学读研

2015, 队长刘亮杰, 毕业后工作, 然后回交大读研

2016, 队长范诗禹 (1 年级), 后赴法国巴黎高科联合培养 2 年, 毕业后在本课题组读研

2017, 队长丁晨超

2018, 队长魏杨蓁, 毕业后在本课题组读研

2019, 队长孟昊宇

2020, 队长吕瑞琪

学术服务

1. 上海市生物信息学会理事, 2013.10-
2. 期刊编委: Scientific Reports (影响因子 4.26), 2016.8 -
3. 期刊编委: BioMed Research International, 2013.5- 2014.12
4. RECOMB 2013 国际会议组委会成员, 2012.10-2013.4
5. ICIBM 国际会议组委会成员, 2014, 2015, 2016, 2018
6. 期刊审稿人: Genome Biology、Bioinformatics、BMC Bioinformatics
7. 亚洲生物信息研究院 (ABI, 筹), 筹建工作组中方参与者, 2010-2012
8. 第九届生物中日韩生物信息学培训班 4/20-23/2010, 上海, 参与组织
9. 中日韩生物信息学培训班讲课, 2009, 2010, 2011, 2013
10. EMBO 国际元基因组学培训课程 8/16-22/2009, 上海, 培训课程组织者
11. 研讨会 “Analysis of complex Biological Systems”, 8/19/2009, 上海, 研讨会组织者
12. 研讨会 “Spring School on Multiscale Methods and Modeling in Biophysics and Systems Biology”, 5/22/2009, 上海, 分会主席

其它服务

1. 上海市教委、科协联合主办的上海市高中生物教师暑期培训课程讲课, 2021.7.11
2. 生命科学与技术学院科学研究与对外合作交流委员会副主任, 2020.6-
3. 生命科学与技术学院教学委员会委员, 2016-2019

4. 教育部生物信息学本科专业标准，草稿起草人，2015.9
5. 生物信息学与生物统计学系，副系主任，2014.1 – 2019.3
6. 生物信息学与生物统计学系本硕博课程设计委员会，主要成员，2010，2011，2015
7. 生物信息学与生物统计学系招生委员会，2010 -
8. 上海中学生物信息学科普，讲课教师，2010，2011
9. 创建上海交通大学 iGEM 软件队，任主要指导教师，获 2014、2015、2016、2019 年金奖
10. 创建上海交通大学 iGEM 团队，任指导教师之一（2009），获 2009 年金奖
11. 本科生二年级专业选择指导教师，上海交通大学生命学院，成员，2009 -
12. 研究生入学面试教师委员会，上海交通大学生命学院，成员，2009-2015
13. 上海交通大学，澳大利亚阿德莱德大学硕士学位国际联合培养项目筹建主要成员，2010-2011；项目成立后任中方导师
14. 上海交通大学-美国耶鲁大学生物统计联合中心筹建主要成员，2015；中心成立后任中方导师
15. 上海交通大学高考自主招生面试专家，2013-2016

荣誉

2019 年度中国生物信息学十大算法和工具（2020）

- | | |
|-------------------|---------------------------------|
| 上海交通大学校长奖 | (2019) |
| 上海交通大学教书育人奖 | (2018) |
| 上海交通大学优秀教师 | (2015) |
| 上海交通大学晨星计划 | (2014) |
| 教育部新世纪优秀人才 | (2013) |
| 上海市浦江人才计划 | (2009) |
| 合成生物学 iGEM 国际大赛金奖 | (2009、2014、2015、2016、2019、2020) |
| 北京大学优秀毕业生 | (1996) |
| 北京大学学习优秀奖奖学金 | (1995) |