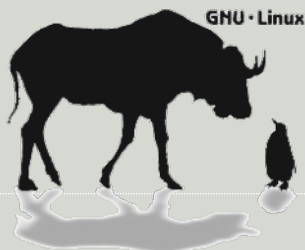




BEIJING NORMAL UNIVERSITY

LABORATORY OF COMPUTATIONAL MOLECULAR BIOLOGY

计算分子生物学实验室



INTRODUCTION

实验室简介

北京师范大学
计算分子生物学实
验室成立于2002年10月。现有在编师生23名，
其中教授2名，讲师1名，实验师1名，博士研究生6名，硕士研究生14名。硕士招生专业为“生物信息学”。实验室主要研究方向有进化与生态基因组学、分子进化与比较基因组学和计算生物学等。2003年以来，共发表SCI论文22篇，承担各种基金和资助项目9项，合计达187万元。

● 硬件环境

- ▶ 惠普高性能计算集群 (HP ProLiant BL460c × 16)，每个运算节点拥有8个CPU，16GB物理内存，整套系统拥有10TB磁盘阵列。
- ▶ IBM System x3950，配有16个CPU，32GB物理内存，3TB存储空间
- ▶ SGI Altix3700 高性能计算系统，配有16个Intel Itanium2 CPU，16GB物理内存以及2.4TB光纤硬盘存储系统

● 软件环境

- ▶ 基于惠普高性能计算集群的MPI并行运算环境
- ▶ 包括基因预测、重复序列和非编码RNA识别的基因注释软件

- ▶ 基于隐马尔可夫模型的序列分析软件包 HMMER
- ▶ 生物序列比对软件BLAST和ClustalW等

● 近期科研项目

- ▶ 教育部“新世纪优秀人才支持计划”项目
- ▶ 国家自然科学基金委资助项目《酵母全基因组蛋白质-蛋白质相互作用网络的时空动态分解和相互作用模块对的预测》
- ▶ 国家自然科学基金面上项目《基于蛋白质结构域插入事件的结构域架构进化研究》
- ▶ 863国际合作项目《蛋白质与蛋白质相互作用数据库及其应用》

● 教学内容

- ▶ 面向本科生
C程序设计语言、生命科学概论和生物信息学等课程，多次指导本科生科学研究资助项目。
- ▶ 面向研究生
Linux操作系统、Perl程序设计语言、基因组学、生物信息学、高级文献选读和C++算法—图算法讨论班等课程。



惠普高性能计算集群
HP ProLiant BL460c

EVOLUTIONARY & ECOLOGICAL GENOMICS 进化与生态基因组学

研究兴趣

- 植物基因组的注释与比较分析
- 微生物群落基因组学与系统发育基因组学
- 蛋白质与蛋白质相互作用网络的构建与分析

在线数据库

- **SPIDER**
Saccharomyces Protein-protein Interaction Database
<http://cmb.bnu.edu.cn/SPIDer/>
- **PDART**
Protein Domain Architecture Retrieval Tool
<http://cmb.bnu.edu.cn/pdart/>
- **BPhyOG**
Overlapping Genes in Bacterial Genomes
<http://cmb.bnu.edu.cn/BPhyOG/>

MOLECULAR EVOLUTION & COMPARATIVE GENOMICS 分子进化与比较基因组学

研究兴趣

- 内含子存在的利弊
- 低等真核生物的可变剪接
- 内含子和基因表达的关系

科研理念

“识人所共识，思人所未思。”

“Discovery consists of seeing
what everybody has seen and
thinking what nobody has thought.”



林魁 教授
linkui@bnu.edu.cn

代表性论文

- Lin, K., Zhang D.Y.* and He F. (2009). Demographic trade-offs in a neutral model explains death rate-abundance rank relationship. *Ecology*, 90(1), 31.
- Guo, J., Wu, X.M., Zhang, D.Y. and Lin, K.* (2008). Genome-wide inference of protein interaction sites: lessons from the yeast high-quality negative protein-protein interaction dataset. *Nucleic Acids Research*, 36(6), 2002.
- Luo, Y.Q., Fu, C., Zhang, D.Y. and Lin, K.* (2007). BPhyOG: An interactive server for genome-wide inference of bacterial phylogenies based on overlapping genes. *BMC Bioinformatics*, 8, 266.
- Wu, X.M., Zhu, L., Guo, J., Fu, C., Zhou, H.J., Dong, D., Li, Z.B., Zhang, D.Y. and Lin, K.* (2006). SPIDer: Saccharomyces protein-protein interaction database. *BMC Bioinformatics*, 7, S16.
- Luo, Y.Q., Fu, C., Zhang, D.Y. and Lin, K.* (2006). Overlapping genes as rare genomic markers: the γ -Proteobacteria phylogeny as a case study. *Trends in Genetics*, 22(11), 593.
- Lin, K.* , Zhu, L. and Zhang, D.Y. (2006). An initial strategy for comparing proteins at the domain architecture level. *Bioinformatics*, 22(17), 2081.
- Wu, X.M., Zhu, L., Guo, J., Zhang, D.Y. and Lin, K.* (2006). Prediction of yeast protein-protein interaction network: insights from the Gene Ontology and annotations. *Nucleic Acids Research*, 34(7), 2137.
- Lin, K.* and Zhang, D.Y. (2005). The excess of 5' introns in eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Research*, 33, 6522.



牛登科 教授
dkniu@bnu.edu.cn

代表性论文

- Niu D.K. (2008). Exon definition as a potential negative force against intron losses in evolution. *Biology Direct*, 3, 46.
- Huang, Y.F. and Niu, D.K.* (2008). Evidence against the energetic cost hypothesis for the short introns in highly expressed genes. *BMC Evolutionary Biology*, 8, 154.
- Lv J, Li N and Niu D.K. (2008). Association between the availability of environmental resources and the atomic composition of organismal proteomes: Evidence from Prochlorococcus strains living at different depths. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 375, 241.
- Niu D.K. (2007). Protecting exons from deleterious R-loops: a potential advantage of having introns. *Biology Direct*, 2, 11.
- Wang H.F., Feng L., Niu D.K. (2007). Relationship between mRNA stability and intron presence. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 354, 203.
- Niu D.K., Hou W.R. and Li S.W. (2005). mRNA-mediated intron losses: Evidence from extraordinarily large exons. *Molecular Biology and Evolution*, 22, 1475.
- Niu D.K. (2005). Low-level illegitimate transcription of genes may be to silence the genes. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 337, 413.
- Niu D.K., Lin K. and Zhang D.Y. (2003). Strand compositional asymmetries of nuclear DNA in eukaryotes. *Journal of Molecular Evolution*, 57, 325.

STUDENTS IN CMB

CMB学生风采

对外 交流

实验室注重对外交流，选送学生参加国家自然科学基金委组织的龙星计划生物信息学课程，组织学生参加过多次国内外学术会议，如国际生物信息学研讨会（International Bioinformatics Workshop）、全国生物信息学与系统生物学会议、中国科学院发育系统生物学国际会议（CAS International Symposium on Developmental System Biology, 2008）、生物信息学全国博士生学术会议、2007年全国生物信息学研究生暑期学校、2006年国际生物信息学会议（International Conference on Bioinformatics, 2006, New Delhi, India），也有部分学生被送往中国科学院、新加坡基因组研究院、美国康奈尔大学和加拿大生物技术研究所等研究机构交流学习。

实验室已

毕业研究生21

人，其中博士6人，硕士16人。毕业生多在知名各高校继续学习深造及研究机构从事生物信息学相关研究，也有部分毕业生在中学执教，或在信息技术及生物技术相关企业工作。

去向	单位
学习深造	Rice University University of California University of Georgia University of Houston Arizona State University McMaster University Florida Institute of Technology 中国科学院植物研究所
科研工作	Genome Institute of Singapore 北京生命科学研究所 中国科学院上海生命科学研究院 华东师范大学
其他工作	百度 奇虎 北京四中 博奥 IMS Health

毕业 去向



文体 活动

实验室文体活动丰富，积极备战一年一度的生态所羽毛球比赛，也

曾组织过春游、滑雪等一系列文体活动。



报考建议

欢迎有志于生物信息学研究的同学报考我们的研究生，目前我们实验室可以授予生物信息学硕士与博士学位。我们的招生对象不限于生物学背景，计算机（或信息科学）、数学（或统计学）和物理学背景的同学我们也非常欢迎。

欢迎报考

北京师范大学生命科学学院
计算分子生物学实验室

WELCOME TO CMB

联系方式

地址：北京市海淀区新街口外大街19号
北京师范大学生命科学学院计算分子生物学实验室

邮编：100875

网站：<http://cmb.bnu.edu.cn>