

代绍兴, 博士

2018 年 11 月 17 日更新

中科院动物模型与人类疾病机理重点实验室

中科院昆明动物研究所

云南省昆明市五华区教场东路 32 号, 邮编: 650223

0871-65195400; Tel: 15287145159

Email: daishx08@gmail.com

Web: [Google Scholar](#)

教育

- 2008.09-2013.06 中国科学技术大学, 生命科学学院, 生物化学与分子生物学, 博士
导师: 黄京飞教授; 博士论文: 利用结构生物信息学方法促进药物研发
- 2004.09-2008.06 兰州大学, 生命科学学院, 生物科学, 学士

学术职位

- 2013.07 – 至今 助理研究员, 生物信息学与系统生物学课题组, 中科院昆明动物研究所

公司任职

- 2017.11 – 2018.06 高级生物信息工程师, 云检集团 (mProbe Co., Ltd.) (兼职)

基金项目

- 2015-2017 2014 年国家自然科学基金-青年科学基金项目, 项目批准号: 31401142, 24 万
项目名称: 抗 HIV 新靶标的生物信息学发掘和实验验证。(主持人)
- 2015-2017 2014 年国家自然科学基金-青年科学基金项目, 项目批准号: 31401137, 20 万
项目名称: 基于"标志物—靶标—药物"复合网络构建肿瘤个体化治疗模型的研究。(主要参与人)
- 2016-2021 企业合作技术开发横向项目 (2016-2021 年, 云南巅青生物科技有限公司委托, 金额: 100 万)。项目名称: 神经药物信息学分析 (主要执行人, 排名第 1)

研究兴趣

- 1) 通过整合严重疾病中的多组学数据发掘和鉴定治疗靶标(系统生物学)
- 2) 对治疗靶点及其药物结合口袋进行三维结构分析和可视化 (结构生物信息学)
- 3) 筛选和设计能够靶向和调控治疗靶点的先导化合物(药物发现)
- 4) 机器学习和深度学习在转化医学中的运用

研究技能

代谢组; 转录组; 基因组; 序列和进化分析; 蛋白-配体结构分析可视化; 分子对接; 网络分析;
机器学习和深度学习; 编程技能 (Python, R and Perl); Linux; MySQL; 网页服务器

研究经验

专注于利用生物信息学和机器学习等工具, 整合疾病的多组学数据, 来进行疾病的靶点识别和药物发现。主要的科研经历如下:

- 1) 通过构建 30 个抗 AD 靶标和中草药来源的化合物之间的互作网络，并结合治疗阿尔茨海默病的中草药配方，我们识别出 11 个新型的抗阿尔茨海默病候选化合物。
- 2) 基于机器学习和化学信息学理论，我们开发了一系列预测方法，来识别具有抗艾滋病毒、抗细菌和抗真菌活性的潜在药物。并基于此发掘出人体中新的抗 HIV 靶标
- 3) 通过整合大量的转录组数据，我们发现脑中风的靶点基因存在很大的性别差异。在比较阿尔兹海默症和精神分裂症的学习记忆通路时，发现两者存在若干分子通路的异同。
- 4) 中风是全球范围的高发病率、高致死率的疾病。不断地发掘有效的抗中风药物以及其抗中风机制对于中风的治疗具有重要意义。通过筛选中医临床抗中风治疗的中药药方，结合中草药数据库和抗中风靶标数据库，利用分子对接和 ADMET 过滤获得若干具有良好血脑屏障通透性的候选抗中风化合物。该研究解释了多种抗中风植物潜在的作用机制，为抗中风药物研发提供了一个有吸引力的起点。
- 5) 通过活性富集和化学信息学方法，从传统中草药中发掘出 57 种抗癌植物（绞股蓝、桔梗、三七、番荔枝、白头翁、丹参等）和若干化合物。在此基础上构建了抗癌植物和上市抗癌药物的连接网络。这些结果为挖掘潜在的抗癌药物提供了更广泛的范围。
- 6) 与郑永唐课题组合作，对核苷类逆转录酶抑制剂阿兹夫定(Azvudine)的体外抗 HIV 活性及其分子机制进行了研究。Azvudine 已于 2013 年 4 月获得了国家食品药品监督管理局(CFDA)的临床研究批件，**目前该新药正在进行 II 期临床研究。同时还进行了抗 HIV 药物重定位研究和实验验证。**
- 7) 与徐林课题组进行了多个课题的合作研究，包括抗抑郁药物靶标和 3 个通路（应激，单胺和学习记忆）的关系及其靶标分子网络； NMDA 受体与抗抑郁新药 123 的相互作用模式预测等。其中新药 123 **目前在进行 III 期临床研究。**
- 8) 我们在蛋白组范围内预测了药物阿司匹林的潜在靶标谱，并为这些靶标建立了细胞效应网络。这些多靶点及其网络为阿司匹林的多疾病预防作用提供了全局性的解释。
- 9) 开发出 GPCR 药效团模型产生的新方法 Pharmacophore-Map-Pick 以用来对人体中所有 GPCR 蛋白进行活性小分子的筛选。
- 10) 系统地研究了在肩突硬蜱中 Kunitz/BPTI 基因家族的进化，扩张和表达。该研究揭示 Kunitz/BPTI 基因家族在硬蜱长时程吸血过程中发挥重要作用，推断出该家族的软蜱和硬蜱中的差异进化模式。最终，我们鉴别出 6 个 BPTI 基因作为蜱虫控制的候选靶基因。

发表文章

一共发表了 20 多篇 SCI 研究论文（8 篇二区），其中 10 篇是第一作者或通讯作者（5 篇二区）；文章一共被引用超过 200 次，其中最高引文章获得 45 次引用；发表文章的完整列表见[谷歌学术](#)

co-first author * corresponding author

- 1) Zheng J J, **Dai S X***, et al. Low expression of aging-related NRXN3 is associated with Alzheimer disease: A systematic review and meta-analysis[J]. **Medicine**, 2018, 97(28): e11343. (IF=2.028, 3 区)
- 2) Chen B W, **Dai S X***, et al. A strategy to find novel candidate anti-Alzheimer's disease drugs by

constructing interaction networks between drug targets and natural compounds in medical plants[J]. **PeerJ**, 2018, 6: e4756. (IF=2.118, 3 ☒)

- 3) **Dai S X**, Li W X, Li H J, et al. Anti-HIV activity prediction and enrichment identify novel human targets for Anti-HIV therapy[J]. **bioRxiv**, 2017: 159236.
- 4) **Dai S X**, Chen H, Li W X, et al. Efficient repositioning of approved drugs as anti-HIV agents using Anti-HIV-Predictor[J]. **bioRxiv**, 2017: 087445.
- 5) Li W X, Qi F, Liu J Q, Li G H, **Dai S X**, et al. Different impairment of immune and inflammation functions in short and long-term after ischemic stroke[J]. **American Journal of Translational Research**, 2017, 9(2): 736. (IF=3.062, 3 ☒)
- 6) Li W X, He K, Tang L, **Dai S X**, et al. Comprehensive tissue-specific gene set enrichment analysis and transcription factor analysis of breast cancer by integrating 14 gene expression datasets[J]. **Oncotarget**, 2017, 8(4): 6775. (IF=5.168, 2 ☒)
- 7) Li W X, Cheng F, Zhang A J, **Dai S X**, et al. Folate Deficiency and Gene Polymorphisms of MTHFR, MTR and MTRR Elevate the Hyperhomocysteinemia Risk[J]. **Clinical laboratory**, 2017, 63(3): 523-533. (IF=0.848, 4 ☒)
- 8) Wang Q, Li W X, **Dai S X**, et al. Meta-Analysis of Parkinson's Disease and Alzheimer's Disease Revealed Commonly Impaired Pathways and Dysregulation of NRF2-Dependent Genes[J]. **Journal of Alzheimer's Disease**, 2017;56(4):1525-1539. (IF=3.476, 2 ☒)
- 9) Liu J Q[#], **Dai S X**[#], Zheng J J, et al. The identification and molecular mechanism of anti-stroke traditional Chinese medicinal compounds[J]. **Scientific Reports**, 2017, 7. (IF=4.122, 2 ☒)
- 10) Li W X[#], **Dai S X**[#], Wang Q, et al. Integrated analysis of ischemic stroke datasets revealed sex and age difference in anti-stroke targets[J]. **PeerJ**, 2016, 4: e2470. (IF=2.177, 3 ☒)
- 11) Guo Y C, Zhang L, **Dai S X**, et al. Independent Evolution of Winner Traits without Whole Genome Duplication in Dekkera Yeasts[J]. **PloS one**, 2016, 11(5): e0155140. (IF=2.806, 3 ☒)
- 12) **Dai S X**, Li W X, Han F F, et al. In silico identification of anti-cancer compounds and plants from traditional Chinese medicine database[J]. **Scientific reports**, 2016, 6. (IF=4.259, 2 ☒)
- 13) **Dai S X**, Li W X, Li G H, et al. Proteome-wide prediction of targets for aspirin: new insight into the molecular mechanism of aspirin[J]. **PeerJ**, 2016, 4: e1791. (IF=2.177, 3 ☒)
- 14) Li W X[#], **Dai S X**[#], Liu J Q, et al. Integrated analysis of Alzheimer's disease and schizophrenia dataset revealed different expression pattern in learning and memory[J]. **Journal of Alzheimer's Disease**, 2016, 51(2): 417-425. (IF=3.371, 2 ☒)
- 15) Han F, Li G, Dai S, et al. Genome-wide metabolic model to improve understanding of CD4+ T cell metabolism, immunometabolism and application in drug design[J]. **Molecular BioSystems**, 2016, 12(2): 431-443. (IF=2.781, 3 ☒)
- 16) **Dai, S. X.**, Li, G. H., Gao, Y. D. & Huang, J. F. Pharmacophore-Map-Pick: A Method to Generate Pharmacophore Models for All Human GPCRs. **Molecular Informatics** (2015). (IF=1.570, 4 ☒)

- 17) Li, W.-X., Lv, W.-W., **Dai, S.-X.**, Pan, M.-L. & Huang, J.-F. Joint associations of folate, homocysteine and MTHFR, MTR and MTRR gene polymorphisms with dyslipidemia in a Chinese hypertensive population: a cross-sectional study. **Lipids in Health and Disease** 14, 101 (2015). (IF=2.137, 3 区)
- 18) Li, W.-X[#], **Dai, S.-X[#]**, Zheng, J.-J., Liu, J.-Q. & Huang, J.-F. Homocysteine Metabolism Gene Polymorphisms (MTHFR C677T, MTHFR A1298C, MTR A2756G and MTRR A66G) Jointly Elevate the Risk of Folate Deficiency. **Nutrients** 7, 6670-6687 (2015). (IF=3.759, 2 区)
- 19) Jiang H Y, Li G D, **Dai S X**, et al. Identification of PSEN1 mutations p. M233L and p. R352C in Han Chinese families with early-onset familial Alzheimer's disease[J]. **Neurobiology of aging**, 2015, 36(3): 1602. e3-1602. e6. (IF=5.153, 2 区)
- 20) Wang, R. R., Q. H. Yang, R. H. Luo, Y. M. Peng, **S. X. Dai**, X. J. Zhang, H. Chen, X. Q. Cui, Y. J. Liu, J. F. Huang, J. B. Chang, and Y. T. Zheng. "Azvudine, a Novel Nucleoside Reverse Transcriptase Inhibitor Showed Good Drug Combination Features and Better Inhibition on Drug-Resistant Strains Than Lamivudine in Vitro." **PLoS One** 9, no. 8 (2014): e105617. (IF=3.234, 3 区)
- 21) Zhang A D, **Dai S X**, Huang J F. Reconstruction and analysis of human kidney-specific metabolic network based on omics data[J]. **BioMed research international**, 2013, 2013. (IF=2.706, 3 区)
- 22) Li Z, Li T, **Dai S**, et al. New Insights into the Pharmacological Chaperone Activity of C2 - Substituted Glucoimidazoles for the Treatment of Gaucher Disease[J]. **ChemBioChem**, 2013, 14(10): 1239-1247. (IF=3.060, 3 区)
- 23) **Dai S X**, Zhang A D, Huang J F. Evolution, expansion and expression of the Kunitz/BPTI gene family associated with long-term blood feeding in Ixodes Scapularis[J]. **BMC evolutionary biology**, 2012, 12(1): 4. (IF=3.285, 2 区)

申请专利

一共申请了 12 项发明专利，其中 3 项是第一发明人。发明专利涉及抗 HIV 药物、肝硬化分子标志物和肿瘤治疗和预后。

1. 代绍兴, 黄京飞, 陈欢, 郑永唐, 李功华, 李文兴. 达巴万星在制备治疗艾滋病的药物中的应用. CN106668833A. 2017.
2. 代绍兴, 黄京飞, 陈欢, 郑永唐, 李功华, 李文兴. 西曲瑞克在制备治疗艾滋病的药物中的应用. CN107007814A. 2017.
3. 代绍兴, 黄京飞, 陈欢, 郑永唐, 李功华, 李文兴. 蕈环类化合物在制备治疗艾滋病的药物中的应用. CN107041891A. 2017.
4. 李功华, 黄京飞, 李文兴, 代绍兴, 唐承薇, 童欢. 肝硬化早期小分子标志物及其应用. CN108572251A. 2018.
5. 李文兴, 李功华, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的结肠癌个性化预后评估方法. CN108320806A. 2018.
6. 李文兴, 李功华, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的肺腺癌个性化预后评

估方法. CN108363907A. 2018.

7. 黄京飞, 李文兴, 李功华, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的胃癌个性化预后评估方法. CN108470111A. 2018.

8. 李文兴, 李功华, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的宫颈癌个性化预后评估方法. CN108611416A. 2018.

9. 李文兴, 李功华, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的肝癌个性化预后评估方法. CN108630317A. 2018.

10. 李功华, 李文兴, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的胰腺癌个性化预后评估方法. CN108648826A. 2018.

11. 李文兴, 李功华, 黄京飞, 赵旭东, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的肾透明细胞癌个性化预后评估方法. CN108647493A. 2018.

12. 赵旭东, 李文兴, 李功华, 黄京飞, 代绍兴. 一种基于多基因表达特征谱的胶质母细胞瘤个性化预后评估方法. CN108733980A. 2018.