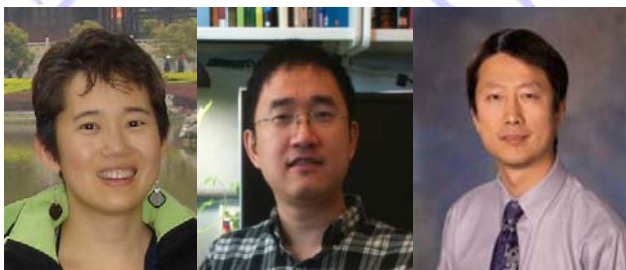


# 同济大学生物信息学系

## *Tongji University*

### *Bioinformatics Department*

#### 海外团队



刘小东

李程

李蔚

合作导师



张勇

徐函

# 刘小乐 教授 (Xiaole Shirley Liu)

[xsliu.tju@gmail.com](mailto:xsliu.tju@gmail.com)

刘小乐 (X. Shirley Liu) 教授 1992 年考入北京大学生物系, 1994 年转学到美国史密斯女子学校双修生物化学和计算机科学, 三年后以最高拉丁荣誉毕业。2002 年于斯坦福大学取得生物医学信息学博士和计算机科学辅修博士学位后, 被直接聘为哈佛大学终身制助理教授。她目前担任哈佛大学公共卫生学院和 Dana-Farber 肿瘤研究所生物统计与计算生物学系的副教授, 和同济大学生物信息海外团队教授。

刘小乐教授的工作侧重于基因调控机制的生物信息和计算生物学研究。她的科研组通过整合全基因组 ChIP-chip/Seq、核小体定位、组蛋白修饰、基因表达谱、基因组序列等数据, 构建转录与表观遗传调控的计算和统计模型。她开发了一些被广泛应用和引用的算法来寻找转录因子主题基序, 进行 ChIP-chip/Seq 数据分析, 并在表观遗传学方面做出前沿工作。通过广泛合作研究, 她不仅研究发现模式生物的基因调控机制, 还发掘了诸如癌症、代谢和免疫疾病的致病分子机制。最近她的科研扩展到对于胚胎干细胞、细胞分化和诱导多能干细胞的基因调控方面的计算生物学研究。她发表了 87 篇文献, 包括 32 篇作为 (共同) 第一或通讯作者, 24 篇在 Cell / Nature / Science 系列中。刘小乐教授不仅仅是实验室成员科学研究方面的导师, 还关注他们的职业发展前途。她课题组里的博士毕业生和博士后现在大都在优秀高校终身制任教。

刘小乐教授现任三家杂志编委, 并给 19 家杂志 (包括 Nature) 审稿。她在 60 所国内外高校做过专题报告, 并在 30 个国际会议上被邀请做过报告。她 2002 年成为 The Chronicle of Higher Education 的封面人物, 2005 年获得 Claudia Adams Barr 创新基础癌症研究奖, 2006 年获得国防部前列腺癌研究计划新人奖, 2008 年获得 Sloan 研究基金会奖金。她目前担任两项美国卫生部 (NIH) 资金和一项国防部资金的 PI, 以及五项 NIH 资金的骨干 (Co-investigator)。

在 5 年之内, 用不到 \$100 在一小时内测序一个人体基因组将会成为现实。生物信息这个在生物、统计、计算机的交叉学科, 可以结合科研与技术和实际应用把数据转化成知识。刘小乐期待着与有志向、有天赋、勤奋努力的同学们一起探索生物医学的奥妙, 提高人类健康。

刘小乐教授实验室主页: <http://liulab.dfci.harvard.edu/>

## 李程 教授 (Cheng Li)

[cli@hsph.harvard.edu](mailto:cli@hsph.harvard.edu)

李程 (Cheng Li) 教授 1995 年毕业于北京师范大学数学系，获计算机专业学士学位。2001 年毕业于加州大学洛杉矶分校，获统计专业博士学位。2002 年起在哈佛公共卫生学院及 Dana-Farber 癌症研究所的生物统计与计算生物系任助理教授，2008 年任副教授。2009 年被同济大学聘为生物信息系海外团队教授。李程教授研究组开发的 dChip、ComBat 软件和相关数据分析方法被广泛应用于基因表达和 SNP 生物芯片的数据分析和展示，主要文章被引用 2000 次。研究组的工作目前由多项美国国家卫生院研究基金资助，在 Nature、Nature Genetics、Blood、PNAS、BMC Bioinformatics 等刊物发表论文 77 篇。

李程教授组研究兴趣为基因组是如何变化而导致癌症和神经退化性疾病的发生和发展。我们开发高通量生物芯片和测序技术的数据分析算法和软件，并且把它们应用于研究疾病细胞里基因组、表达谱和调控网路的变化，以及这些变化与疾病症状和治疗结果的关系。通过与生物医学研究者的紧密合作，我们使用计算生物方法为发现新的致病基因和机理作出贡献。我们欢迎对数学统计建模、计算机并行快速算法研究感兴趣的同学加入团队，一起对海量基因组数据的分析方法、软件开发进行研究，从而帮助开启个性化医疗的新时代。

李程教授实验室主页: <http://www.biostat.harvard.edu/~cli/>

## 李蔚 教授 (Wei Li)

[WL1@bcm.edu](mailto:WL1@bcm.edu)

李蔚 (Wei Li) 教授 高中时代曾获全国中学物理竞赛一等奖并因此保送南京大学物理系生物物理专业。1998 年考入中国科学院生物物理所师从我国生物信息奠基人之一陈润生院士，并于 2003 获得生物信息博士学位。研究生期间作为中国新一代年轻人的佼佼者曾被中国青年报，CNN 和纽约时报等中外媒体以整版的篇幅报道。2000—2004 在华大基因研究中心（现为中科院北京基因组研究所）任生物信息部门负责人，完成了中国第一个完整微生物（*嗜盐杆菌*）全基因组测序的生物信息工作，同时参与了人类基因组计划中国卷和水稻基因组的绘制。2004-2007 年，在美国哈佛大学和 Dana-Farber 癌症研究所从事博士后研究。2007 年被包括 JHU, UCSF 和 BCM 等五所美国名校聘请为助理教授 (tenure track)。2007 年底赴贝勒医学院 (BCM) 任职，并在短时间内作为 Co-PI 成功申请到总共 700 万美元经费建立了表观遗传组生物信息中心，为总投资为 1.9 亿美元的 NIH 表观遗传组路线图计划进行进度协调和数据分析。2009 年被同济大学聘为生物信息海外团队教授。

李蔚教授的研究工作重点在基因组信息学，表观调控机理以及癌症和精神性疾病的分子机制。他总共发表 SCI 论文 50 余篇（包括 Nature、Science、Cell、Nature Genetics、PNAS、Genome Research 等）。他还担任数家期刊的审稿人（包括 Nature Biotechnology and Nature Method），并在二十几所大学举行过特约学术报告。李蔚教授 2008 年获得 Duncan Scholar 学者奖，2009 年获得美国国防部前列腺癌研究计划新人奖，2010 在美国癌症研究协会 (AACR) 癌症表观遗传学年会以及美国科学促进会 (AAAS) 年会上作特邀生物信息学报告。他目前担任美国 NIH，国防部 (DOD) 和德州癌症基金会 (CPRIT) 多个研究项目的 PI ( Principle investigator) 和共同 PI。

空余时间，李蔚喜欢打羽毛球和游泳。他还酷爱旅游，周游过亚美欧二十几个国家和地区并曾经在北极圈内有 2 周的考察经历。他希望和有志从事科学研究的同学一起去探索生命的奥秘。

李蔚教授实验室主页: <http://lilab.openwetware.org/>

# 张勇 教授 (Yong Zhang)

[yzhang@tongji.edu.cn](mailto:yzhang@tongji.edu.cn)

张勇 (Yong Zhang) 教授，现任职于同济大学生命科学与技术学院，主要从事生物信息学及计算表观遗传组学的科研和教学工作。

张勇教授于 2001 年毕业于北京大学，获学士学位；2006 年毕业于中国科学院生物物理研究所，师从陈润生院士，获得博士学位，在攻读博士学位期间，主要从事非编码 RNA 和生物网络领域的生物信息学研究。2006-2009 年，在美国哈佛大学和 Dana-Farber 癌症研究所从事博士后研究，在博士后期间，针对新一代高通量测序技术，发展生物信息学方法，解决表观遗传组学问题。2009 年受聘为同济大学生命科学与技术学院教授，博士生导师。目前分别作为课题负责人和课题骨干承担和参与国家 973 计划课题各一项，作为项目负责人分别承担国家自然科学基金委员会面上项目和上海市科委科技启明星计划各一项。近几年来研究方向是通过发展生物信息学方法来分析高通量生物学数据，进而在基因组尺度上研究表观遗传修饰、转录因子结合位点及其对真核基因表达的调控作用。

张勇教授的主要研究成果包括：针对 ChIP-seq 数据发展了广泛应用的 MACS 方法，已被引用超过 130 次；系统研究了 DNA 序列对于核小体定位的影响；揭示了斑马鱼在胚胎发育最早期的表观遗传组建立过程及其与基因转录激活的关联。共在 Nature、Cell、Nature Structural & Molecular Biology、Cancer Cell、Nature Genetics、PNAS 等国际学术期刊上发表论文二十多篇。

张勇教授实验室主页：<http://web.tongji.edu.cn/~zhanglab/index.html>



## 徐函 研究员 (Han Xu)

[xuhan.tju@gmail.com](mailto:xuhan.tju@gmail.com)

徐函 (Han Xu) 研究员, 浙江杭州人, 1992-1999 求学于浙江大学, 主攻模式识别和信号处理, 获计算机学士学位, 通信与信息系统硕士学位, 并以优异成绩获竺可桢学院 (原混合班) 荣誉证书。1999-2001 在华为上海研究所担任软件工程师和项目经理等职, 作为主要成员之一开发了 GSM, GPRS 等大型通信产品。2001-2004 在新加坡 XID 公司担任研发负责人, 带领研究小组开发了实时生物特征识别系统, 该产品被提名 2004 年 World Technology Award。2004 年起对基因组学产生浓厚兴趣, 赴新加坡南洋理工大学攻读生物信息学博士学位, 同时于 2004-2010 担任新加坡基因研究所资深生物信息学专员。期间开发了基于 ChIP-PET、ChIP-seq、ChIA-PET 等高通量生物技术的一系列计算机分析算法, 并作为核心成员参与了以胚胎干细胞研究为主的多个科研项目。2010 年赴美国哈佛大学和 Dana Farber 癌症研究所从事博士后研究, 针对结肠癌和前列腺癌的肿瘤细胞设计高通量生物实验和数据分析方法, 并从基因组变异的角度探讨癌症的致病机理。2011 年被聘为同济大学转化医学高等研究院研究员。

徐函研究员的主要研究方向是功能基因组学和生物信息学。目前的研究兴趣是以基因组高通量测序技术为主要平台, 结合模式识别、数据挖掘和信号处理等信息分析技术, 建立新的系统性研究方法, 以揭示肿瘤细胞和胚胎干细胞的基因转录调控机制及相关功能性基因组变异。近五年来, 他的研究成果一直处于高通量测序数据分析领域的前沿并得到广泛应用。他发表了 15 篇学术论文, 其中作为第一或共同第一作者在 Cell、Nature Genetics、Cell Stem Cell、Bioinformatics、Genome Biology 等知名杂志发表 8 篇, 总引用数达 700 余次, 并于 2010 年在国际顶尖生物信息学会议 ISMB 作专题报告。此外, 他还是 Nature Biotechnology、Genome Research、Bioinformatics、IEEE/ACM Transactions 等多家杂志的审稿人。

随着高通量生物技术的日新月异, 生物和医药研究已经进入了一个信息爆炸的时代。如何从海量生物数据中找到治疗癌症等复杂疾病的突破口, 是人类共同关注的问题。而新的生物信息模型和方法的应用, 将是其中至关重要的因素。徐函研究员欢迎具有相当数理功底和计算机应用能力的同学, 一起投身于这个崭新的领域, 为你的家人和整个人类的健康奋斗。