

English

搜索

工程教育认证  
CEEAA

网站首页 学院概况 师资队伍 学科建设 本科生 研究生 学术科研 学生工作 党建工作 教工之家 校友风采 下载中心

## 师资队伍

教师名录

你现在的位置: 首页 &gt; 师资队伍 &gt; 教师名录 &gt; 副高级(副教授、副研究员、高级工程师、高级实验师)

## 鄢仁祥

2016-12-26 阅读数: 8576

姓名: 鄢仁祥  
 职称: 副研究员、硕士生导师  
 电子邮件:

性别: 男  
 学历: 博士



yanrenxiang@fzu.edu.cn

研究方向: 生物信息学

## 教育工作经历:

2013.6~ 现今 福州大学, 从事教学及科学研究工作。  
 2011.9~2013.4 美国密歇根大学, 生物信息学, 访问研究/博士后。  
 2007.9~2012.6 中国农业大学, 生物信息学, 博士。  
 2003.9~2007.6 福建农林大学, 生科院国家理科基地班, 学士。

## 教学简介:

主讲: 《生物信息学》, 本科生课程(2013~2018)  
 主讲: 《实验设计与统计分析》, 本科生课程(2018)  
 参讲: 《基因组学》, 研究生课程(2015~2018年)  
 参讲: 《现代微生物研究技术》(2018年秋)  
 参讲: 《应用蛋白质化学》, 研究生课程(2014, 2016年春)  
 参讲: 《专家系列讲座》, 本科生课程(2016年秋)

## 科研简介:

主要研究方向为生物信息学, 涵盖基因组信息与蛋白质结构分析。(1) 基因组信息学主要研究内容包括基因组测序数据分析、基因与疾病关联分析、遗传变异分析、以及采用统计学方法对大规模基因组数据进行系统分析等;(2) 蛋白质结构分析包括序列比对、三维结构预测、功能分析、分子对接、动力学模拟、以及酶分子定点突变改造提高亲和力与热稳定性等。另外, 也有开展对Neural Network、Support Vector Machine和Random Forest等深度学习(deep learning)统计预测算法的优化与改进。

## 社会兼职:

担任Scientific Reports、BMC Bioinformatics、Molecular Biosystems、PLOS ONE、IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics、China Journal of Bioinformatics、Advances and Applications in Bioinformatics and Chemistry、BioMed Research International、Current Bioinformatics、Journal of Information Security、中国生物化学与分子生物学报、浙江农业学报 等期刊审稿人。

## 主持科研项目:

- 1、国家自然科学基金、31500673、G蛋白偶联受体结构及与药物配体结合的计算研究。
- 2、福州大学科技发展基金项目、2014-XY-15、膜蛋白结构与功能预测新算法的开发。
- 3、福建省教育厅科技项目、JA14049、膜蛋白序列、结构与功能关系的挖掘。
- 4、福州大学人才基金项目、XRC-1336、与疾病相关的生物信息学平台的构建。

## 代表性论文(\*通讯作者):

1. Xiaofeng Wang\*, **Renxiang Yan\***(2018)RFAtM6A: a new tool for predicting m6A sites in Arabidopsis thaliana. **Plant Molecular Biology**, 96(3):327-337.
2. **Renxiang Yan\***, Xiaofeng Wang, Lanqing Huang, Yarong Tian and Weiwen Cai (2017) Transmembrane region prediction by using sequence-derived features and machine learning methods, **RSC Advances**, 7(46), 29200-29211
3. Guozeng Wang, Jingjing Wu, **Renxiang Yan**, Juan Lin and Xiuyun Ye (2016) A novel multi-domain high molecular, salt-stable alkaline xylanase from Alkalibacterium sp. SL3. **Front. Microbiol** doi: 10.3389/fmicb.2016.02120
4. **Renxiang Yan\***, Xiaofeng Wang, *et al* (2016), A neural network learning approach for improving the prediction of residue depth based on sequence-derived features. **RSC Advances**, 6 (72), 67729-67738

1. 5. Xiaofeng Wang, **Renxiang Yan**, Jiangning Song (2016) SOHPRED: a new bioinformatics tool for the characterization and prediction of human S-sulfenylation sites, **Mol Biosyst**, 12(9):2849-58.
2. 6. Xiaofeng Wang, **Renxiang Yan**, Jiangning Song (2016) DephosSite: a machine learning approach for discovering phosphatase-specific dephosphorylation sites, **Scientific Reports**, 23510.
7. 许伟明, 王晓锋, 林娟, 蔡伟文, 鄢仁祥\*(2016) G蛋白偶联受体计算研究的进展和前瞻. *中国生物信息学*, 14(1):31-38.
8. Guozeng Wang, Qiaohuang Wang, Xianju Lin, Tzi Bun Ng, **Renxiang Yan**, Juan Lin, Xiuyun Ye (2016) A novel cold-adapted and highly salt-tolerant esterase from *Alkalibacterium* sp. SL3 from the sediment of a soda lake. **Scientific Reports**, 6, 19494.
9. **Renxiang Yan\***, Xiaofeng Wang, Weiming Xu, Juan Lin, and Weiwen Cai (2015) A short review of protein fold recognition methods. **Chinese Journal of Bioinformatics**. 13(4), 231-238.
10. **Renxiang Yan\***, Xiaofeng Wang, Lanqing Huang, Feidi Yan, Xiaoyu Xue, and Weiwen Cai (2015) Prediction of structural features and application to outer membrane protein identification. **Scientific Reports**, 5, 11586. IF: 5.078
11. **Renxiang Yan**, Jiangning Song, Weiwen Cai and Ziding Zhang (2015) A short review on protein secondary structure prediction methods. *Pattern Recognition in Computational Molecular Biology: Techniques and Approaches (Wiley Series in Bioinformatics)*. Chapter 6. doi: 1.1002/9781119078845.ch6, ISBN: 978-1-118-89368-5, 99-112.
12. Xiaofeng Wang\*, Yuan Zhou, **Renxiang Yan\*** (2015) AAFreqCoil: a new classifier to distinguish parallel dimeric and trimeric coiled coils. **Mol Biosyst**, 11(7):1794-801.
13. Jianyi Yang, **Renxiang Yan**, Ambrish Roy, Dong Xu, Jonathan Poisson and Yang Zhang (2015) The I-TASSER Suite: protein structure and function prediction. **Nature Methods**, 12(1), 7-8.
14. **Renxiang Yan\***, Xiaofeng Wang, Lanqing Huang, Jun Lin, Weiwen Cai and Ziding Zhang (2014) GPCRserver: an accurate and novel G protein-coupled receptor predictor. **Mol Biosyst**, 10(10):2495-504.
15. **Renxiang Yan\***, Jun Lin, Zhen Chen, Xiaofeng Wang, Lanqing Huang, Weiwen Cai and Ziding Zhang (2014) Prediction of outer membrane proteins by combining the position- and composition-based features of sequence profiles. **Mol Biosyst**, 10: 1004-1013. IF:3.18.
16. **Renxiang Yan\***, Lanqing Huang, Xiaofeng Wang and Weiwen Cai (2014) EasyAlign: an easy and novel fold recognition tool. *The 8th International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering (iCBBE 2014 Proceedings Paper)* ISBN:978-1-60595-194-2, 57-62.
17. **Renxiang Yan**, Dong Xu, Jianyi Yang, Sara Walker and Yang Zhang (2013) A comparative assessment and analysis of 20 representative sequence alignment methods for protein structure prediction. **Scientific Reports**, 3: 2619. IF: 5.078.
18. **Renxiang Yan**, Zhen Chen, Ziding Zhang (2011) Outer membrane proteins can be simply identified using secondary structure element alignment. **BMC Bioinformatics**, 12:76. IF:2.751.
19. **Renxiang Yan**, Jing Liu, Yi-Min Tao (2011) Improving PSI-BLAST's Fold Recognition Performance through Combining Consensus Sequences and Support Vector Machine, *Interdisciplinary Research and Applications in Bioinformatics, Computational Biology, and Environmental Sciences*, 51-59.
20. **Renxiang Yan**, Jing-Na Si, Chuan Wang and Ziding Zhang (2009) DescFold: A web server for protein fold recognition. **BMC Bioinformatics**, 10:416. IF:3.02.
21. Jing-Na Si, **Renxiang Yan**, Chuan Wang, Ziding Zhang, and Xiao-Dong Su (2009) TIM-Finder: A novel method to recognize TIM-barrel proteins. **BMC Structural Biology**, 9:73. IF:2.22.
22. Wang Chuan, **Renxiang Yan**, XiaoFeng Wang, JingNa Si and Zhang Z. (2011) Comparison of linear gap penalties and profile-based variable gap penalties in profile-profile alignments. **Comput Biol Chem**, 35: 308-318. IF: 1.59.
23. Zhen Chen, YongZhi Chen, XiaoFeng Wang, Chuan Wang, **Renxiang Yan** and Ziding Zhang (2011) Prediction of ubiquitination sites by using the composition of k-spaced amino acid pairs. **PLoS ONE**, 6: e22930. IF:3.53.
24. Yang Zhang, Dong Xu, Jianyi Yang, Ambrish Roy and **Renxiang Yan** Protein structure predictions by a combination of I-TASSER and QUARK pipelines. *CASP 10 abstract*, 2012, [[www.predictioncenter.org/casp10/doc/CASP10\\_Abstracts.pdf](http://www.predictioncenter.org/casp10/doc/CASP10_Abstracts.pdf)].
25. Xiaofeng Wang, Zhen Chen, Chuan Wang, **Renxiang Yan**, Ziding Zhang and Jiangning Song (2011) Predicting residue-residue contacts and helix-helix interactions in transmembrane proteins using an integrative feature-based random forest approach. **PLoS ONE**, 6: e26767. IF:3.53.
26. 谢勇, 洪晓昆, 鄢仁祥, 林娟 重组琼胶酶*rAgaN3*基因的生物信息学分析 *中国生物信息学*, 2017, 15(1): 16-26.
27. 徐晓丽, 林娟, 鄢仁祥\*, 基因芯片与高通量测序技术的原理与应用的比较. *中国生物化学与分子生物学报*, 2018, 34(11): 1166-1174.

28. 鄢仁祥\*, 王晓锋, 陈震, 蔡伟文, 林娟(2017), 《蛋白质结构生物信息学》, 福建科学技术出版社, ISBN:978-7-5335-5096-7.

**获奖情况:**

1. 2018年主编的《蛋白质结构生物信息学》教材获得第31届华东地区科技出版社优秀科技图书二等奖。
2. 2018年获得两项软件著作权(登记号2018SR777297和2018SR777294)。
3. 2016年获得软件著作权一项(登记号2016SR219894)。
4. 2016年获得《中国生物信息学》杂志“优秀审稿专家”称号。
5. 2010年获得“中国农业大学博士生国际交流项目”基金资助, 赴美波斯顿参加ISMB会议。
6. 获得IBM SPSS Modeler和Oracle Professional Java Programmer等8种计算机水平认证。
7. 2009~2010作为主要完成人之一, 申请了两项生物信息学软件著作权, 登记号分别为2009SRBJ8227以及2010SRBJ5799。
8. 2009年获“中国农业大学博士生科研成就奖”奖学金。

**上一篇:** 罗芳

**下一篇:** 张雯

Copyright © 2014 福州大学生物科学与工程学院

地址: 中国福建省福州市福州地区大学新区学园路2号 邮编: 350108