

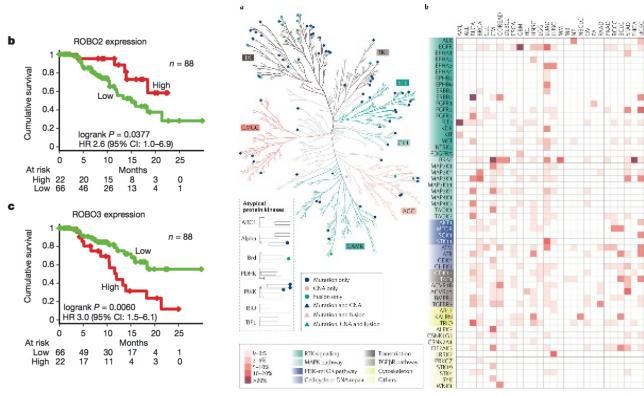
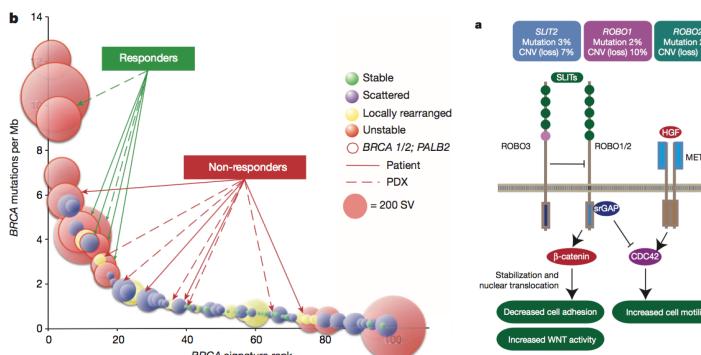


吴健民，研究员、博士生导师，生物信息中心主任。曾在澳大利亚悉尼Garvan医学研究所担任研究组长(PI, 2010-2015)和新南威尔士大学(UNSW)兼职高级讲师(2012-2016)。2016年2月在北京肿瘤医院任职至今。

吴健民研究员在癌症基因组和蛋白组相关的生物信息学多个领域开展了系列高水平的创新研究，其第一作者/通讯作者的工作发表

在*Nature Reviews Cancer* (2016, 封面文章, 荣获F1000Prime推荐)、*Nature Methods* (2009) 和*Nucleic Acids Research* (2006, 2009, 2012) 等国际专业高影响力杂志; 其合作研究也多次发表在*Nature* (2012, 2015, 2016) 和*Cell* (2014)等国际一流杂志。这些工作获得了澳大利亚NHMRC、Cancer Council NSW和Vodafone Foundation等多个机构的科研资助。

- 中心研究方向:
 - 综合生物信息计算和实验手段，整合基因组和蛋白组研究来深入了解胃癌等国内高发癌种的异质性和分子分型
 - 在分子网络层次来理解肿瘤分子变异的信号通路和功能
 - 多瘤种的分子和医学大数据的深度挖掘和综合分析
- 多学科背景的研究团队，其中研究员1名，助理研究员(生物信息)2名，项目助理研究员(蛋白质谱实验)1名，技术员(实验)1名。
- 配备了高性能计算集群(760个CPU内核、5.12 TB内存和1.44 PB存储)，具备大规模组学数据分析和处理能力。



近年代表著作

1. Fleuren ED, Zhang L, **Wu J***, Daly RJ*. (2016) The kinome “at large” in cancer. *Nature Reviews Cancer* 16, 83-98. (封面文章, F1000Prime推荐)
2. Humphrey ES, Su SP, Nagrial AM, Hochgräfe F, Pajic M, Lehrbach GM, Parton RG, Yap AS, Horvath LG, Chang DK, Biankin AV, **Wu J***, Daly RJ* (2016) Resolution of novel pancreatic ductal adenocarcinoma subtypes by global phosphotyrosine profiling. *Molecular & Cellular Proteomics*. (in press)
3. Rajendra S*, Wang B*, Merrett N, Sharma P, Humphris J, Lee HC, **Wu J***. (2016) Genomic analysis of HPV-positive versus HPV-negative oesophageal adenocarcinoma identifies a differential mutational landscape. *Journal of Medical Genetics* 53(4):227-231.
4. Cowley MJ, Pinese M, Kassahn KS, Waddell N, Pearson JV, Grimmond SM, Biankin AV, Hautaniemi S and **Wu J*** (2012) PINA v2.0: mining interactome modules. *Nucleic Acids Research* 40, D862-865.
5. **Wu J***, Vallenius T, Ovaska K, Westermarck J, Makela TP, Hautaniemi S. (2009) Integrated network analysis platform for protein-protein interactions. *Nature Methods* 6, 75-77.

Welcome

欢迎咨询，热忱盼望加入我们！