

姓名： 明灯明

籍贯： 湖北省黄石市阳新县

联系地址： 上海市淞沪路2005号，复旦大学生命科学学院生物楼G611室

联系电话： 021-51630656（办），13761513483

E-mail地址： dming@fudan.edu.cn

简历：

1991年9月—1995年7月 哈尔滨工业大学应用化学系，高分子材料，学士
1995年9月—1998年7月 华东理工大学化学系，物理化学，硕士
1998年9月—2001年7月 复旦大学物理系，理论物理学，博士
2001年12月—2003年11月 美国贝勒医学院，生物化学系，博士后
2003年12月—2007年9月 美国洛斯阿拉莫斯国家实验室计算机与计算科学部，博士后
2007年12月— 2008年11月 南京大学生命科学学院，副教授
（其中有半年在洛斯阿拉莫斯国家实验室做访问研究员）
2008年12月— 2015年6月 复旦大学生命科学学院，副教授
2015年7月—至今 复旦生命科学学院遗传所

研究方向：

- 酶的改性设计、催化机理模拟
- 生物大分子的动力学模拟方法、蛋白质折叠模拟
- 蛋白质-小分子相互作用模拟与设计
- 蛋白质结构建模及蛋白质互作预测

已经完成项目：

2009 国家自然科学基金面上项目，编号 30870509，蛋白质对接研究：动力学扰动分析方法。

2013 国家自然科学基金面上项目，编号31270759，蛋白质-磷脂相互作用研究：多尺度模式分析方法。

教学经验：

- 生物控制论：基因调控网路，本科专业选修课，2 学分（5 年教学，多次受到学生的好评）
- 计算结构信息学导论，公共平台课，2 学分（2 年）
- 生物中的物理化学，本科专业必修课，2 学分（1 年）

研究经验

我本科学化学，后来转到物理，博士后转到生物物理。我对于用数学方法解决科学问题一直有着浓厚的兴趣。经过 10 多年计算生物的（特别是基于生物大分子结构的）工作，本人在应用物理化学模型和计算机手段解决生物大分子互作方面的问题积累了比较丰富的经验，并已取得了一定的成绩。过去主要涉及的工作包括，表征糖链与蛋白质的相互作用、预测蛋白质与小分子互作模式，蛋白质的大范围变构效应，蛋白质折叠等。

特别是，近年来本人自己编写了近 5 万行的分子动力学模拟和分析软件包（主要编程语言是 Fortran、

Perl 和 Python), 并进行了蛋白质折叠、蛋白质-小分子对接研究, 相关结果已经开始发表。这些工作为今后独立开发新型的动力学模拟方法提供了一定的基础。

最近, 通过与酶工程研究组的合作, 我着手开发了表征酶催化反应过程的模拟方法, 其中一些初步预测结果已经应用到了与食品安全相关酶学研究中, 并取得了初步的成功, 这为今后开展酶学方面的理论模拟工作打下初步基础。

发表文章: (它引计 1000 次)

- 1 Deng-Ming Ming, Qi Qi, Wen-Jing Yang, Kai-Lei Sun, Tian-Yu Xu, Xiao-Jian Hu*, Hong Lv* An Enzyme-Intermediate Structure with Elongated Carbon-Carbon Bond Reveals A Protonated Carbon Hydrolysis Mechanism for α/β Hydrolase fold Lactonase ZHD (submitted 2015)
- 2 Min Han, Dengming Ming* A sequence-based prediction of protein function sites and their involved interactions using a function annotated domain profile database. (Submitted)
- 3 Xiaokun Wu, Min Han, Dengming Ming* Channel dynamics correlations through membrane dynamics: A multi-scale normal mode analysis. *J. Chem. Phys.* **143**, 134113(2015)
- 4 Yian Yang, Jiaqiang Qian, Dengming Ming* Molecular simulation of polysaccharide docking to proteins that have Tryptophan boxes in the binding pockets. *Carbohydrate Research* 414:78-84 (2015)
- 5 Yunxiang Sun, Dengming Ming* *Energetic frustrations in protein folding at residue resolution: a homologous simulation study of Im9 proteins.* *Plos One.* 9:e87719 (2014)
- 6 Xiongbo An, Xiaokun Wu and Dengming Ming* *Sequence-based functional sites prediction from a function annotated protein domain profile database.* *Journal of Fudan University*, 52:768-778 (2013)
- 7 Dengming Ming, Michael E. Wall. *Predicting binding sites by analyzing allosteric effects.* *Methods Molecular Biology.* 796:423-36 (2012).
- 8 Mingyang Lu, Dengming Ming & Jianpeng Ma. *fSUB: normal mode analysis with flexible substructures.* *J Phys. Chem. B*, 116:8636-45(2012)
- 9 Xuehui Chen, Yunxiang Sun, Xiongbo An & Dengming Ming* *Virtual interface substructure synthesis method for normal mode analysis of superlarge molecular complexes at atomic resolution.* *J. Chem. Phys.* 135:144108 (2011)

- 10 Judith D. Cohn, Dengming Ming, Michael E. Wall.
Prediction of functional sites in 50,000 protein domains using dynamics perturbation analysis.
Biophysical Journal. 96:650a, 2009
- 11 Dengming Ming, Marian Anghel and Michael E. Wall.
Hidden structure in protein energy landscape.
Phys. Rev. E. 77:021902 (2008)
- 12 Dengming Ming, Judith Cohn and Michael E. Wall.
Fast dynamics perturbation analysis for prediction of protein functional sites.
BMC Struct Biol. 8:5 (2008)
- 13 Dengming Ming, Michael E. Wall and Kevin Y. Sanbonmatsu.
Domain motions in Agonaute, the catalytic engine of RNA interference.
BMC Bioinformatics 8:470 (2007)
- 14 Dengming Ming & Michael E. Wall.
Interactions in native binding sites cause a large change in protein dynamics.
J. Mol. Biol. 358: 213-23 (2006)
- 15 Dengming Ming & Rafael Brüschweiler.
Reorientational elastic network model for the prediction of backbone dynamics: comparison with NMR relaxation data.
Biophysics J. 90:3382-8 (2006)
- 16 Dengming Ming & Michael E. Wall.
Allostery in a coarse-grained model of protein dynamics.
Phys. Rev. Lett. 95:198301. (2005)
- 17 Dengming Ming & Michael E. Wall.
Quantifying allosteric effects in proteins.
Proteins. 59: 697-707. (2005)
- 18 Dengming Ming & Rafael Brüschweiler.
Prediction of methyl-side chain dynamics in proteins.
J Biomol NMR. 29:363-368. (2004)
- 19 Dengming Ming, Yifei Kong, Yinghao Wu & Jianpeng Ma.
Simulation of d-actin filament of several microns.
Biophys J. 85:27-35. (2003)
- 20 Yifei Kong, Dengming Ming, Yin hao Wu, Jianpeng Ma.
Conformational flexibility of pyruvate dehydrogenase complexes: a computational analysis by quantized elastic deformational model.
J. Mol. Biol. 330:129-35. (2003)
- 21 Dengming Ming, Yifei Kong, Yinghao Wu and Jianpeng Ma.

- Substructure Synthesis Methods for Simulating Large Molecular Complexes.*
Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 100:104-9. (2003).
- 22 Dengming Ming, Wen Tao, Jixian Dai, W. E. Evenson, Xianxi Dai.
A unified solution of the specific-heat-phonon spectrum inversion problem. Europhys. Lett.
61:723-728. (2003)
- 23 Dengming Ming, Yifei Kong, Maxime A. L., Zhong Huang and Jianpeng Ma.
How to Describe Protein Movements without amino acids sequence and coordinates.
Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 99:8620-5. (2002).
- 24 Dengming Ming, Yifei Kong, Salih J. Wakil and Jiangpeng Ma.
Domain Movements in Human Fatty Acid Synthase.
Proc. Natl. Acad. Sci. U S A. 99:7895-9. (2002).
- 25 Dengming Ming, Wen Tao, Jixian Dai, W. E. Evenson, Xianxi Dai.
Generalized emissivity inverse problem
Phys. Rev. E. 65: 045601. (Rapid Communications 2002)
- 26 Wen Tao, Dengming Ming, Jixian Dai, W. E. Evenson, Xianxi Dai.
A New Type of Inversion Problem in Physics: An Inverse Emissivity Problem.
Phys. Rev. E. 63: 045601. (Rapid Communications 2001)
- 27 Wen Tao, Dengming Ming, Jixian Dai, W. E. Evenson, Xianxi Dai.
New exact solution for specific heat-phonon spectrum inversion and its application in studies of superconductivity.
Physica C: Superconductivity. 341-348(1-4): 1919-1920. (2000)
- 28 Dengming Ming, Wen Tao, Jixian Dai, W. E. Evenson, Xianxi Dai.
Exact Solution of the Specific Heat-Phonon Spectrum Problem by Using the Möbius Inversion Formula.
Phys. Rev. E. 62: R3019. (Rapid Communications 2000)