

# 苏震，教授，中国农业大学生物学院

北京市海淀区圆明园西路 2 号，100193

Email: [zhensu@cau.edu.cn](mailto:zhensu@cau.edu.cn)

## 研究领域

农业生物信息学和系统生物学，着重于组学大数据整合与解析的新技术和算法研究。

## 教育经历

1986 年 9 月-1990 年 7 月，北京农业大学生物学院，应用物理专业，获理学学士学位

1997 年 8 月-2003 年 5 月，美国亚利桑那大学 (University of Arizona)，农业和生命科学学院，环境科学专业，获理学博士学位，副修材料工程专业

## 工作经历

2004 年 5 月至今，中国农业大学生物学院，教授

2003 年 3 月-2004 年 4 月，Syngenta 生物技术公司 (美国)，生物信息科学家

2002 年 10 月-2003 年 3 月，Activx 生物医学公司 (美国)，生物信息专家

2001 年 9 月-2002 年 9 月，TMRI, SYNGENTA (美国)，生物信息程序员

1990 年 7 月-1997 年 7 月，中国科学院生物物理研究所，1994 年评为助理研究员

## 2004.5~至今 中国农业大学生物学院，教授

2009 年入选教育部“新世纪优秀人才支持计划”，2018 年获教育部高等学校科学研究优秀成果奖自然科学二等奖，2019 年入选中国农业大学“人才培育发展支持计划”领军教授 B 类，2021 年入选爱思唯尔“中国高被引学者”。

### 教学方面：

自入职以来，建立了生物信息平台，主持了生物信息学专业的学科建设，包括硕博生招生要求和培养方案等一系列工作，开设了以生物信息学为中心的不同层次要求的《生物信息学》、《生物信息学算法》和《生物信息学 Seminar》等课程。作为课程负责人，主讲了四门生物信息学研究生的专业学位课程。

关于研究生培养方面，共指导研究生 40 名，已毕业 34 名 (博士 27 名，硕士 7 名)，培养博士后 2 名。其中多人获得各项奖励，包括 3 人获北京市级优秀毕业生、1 人获校长奖学金、2 人获博士国家奖学金、2 人获校级优秀博士学位论文，等等，培养了一批杰出的生物信息学人才。

### 科研方面：

(1) 整合多组学大数据 (基因组学、转录组学、表观基因组学、蛋白质组学和代谢组学、变异组学、调控基因组学等)，构建重要动植物功能基因组综合信息平台。建立了中国农业大学生物信息平台，致力于组学数据整合和挖掘、功能注释和节律性分析算法的方法学

研究，发展了一系列的创新理论和技术体系，为组学数据分析挖掘提供了切实可行的途径，公开发布了 20 余个数据库和网络服务。主要包括：

- i. 基因功能富集分析工具平台（EasyGO/agriGO/PlantGSEA）
- ii. 植物非编码 RNA 数据整合与分析平台（PMRD/PNRD）
- iii. 植物基因组学、转录组学、表观基因组学数据整合（PCSD）
- iv. 植物功能基因组学数据整合与分析平台（SFGD/SIFGD/GraP/ccNET 等）
- v. 构建识别节律性基因表达的算法（ARSER/LSPR）

(2) 通过多组学大数据分析，集成分析作物 QTL 和 GWAS 关联位点、表观遗传和转录调控位点、染色质状态和基因表达变化等关键信息，深入挖掘和解析关键调控因子和网络模块。正在试图建立一个集多功能于一体的水稻、玉米、大豆、棉花等作物调控基因组平台，以期加快基因组编辑技术在育种技术中的广泛应用，促进分子设计育种的发展。

(3) 系统生物学研究：挖掘与生长发育和逆境应答相关的关键调控因子，开展与植物生长发育及逆境应答等相关的功能基因研究。比如，系统研究水稻和拟南芥 SPX 基因影响生长发育和环境应答的分子机制；探索拟南芥和棉花 JAZ 家族基因在叶片衰老和水分胁迫适应性的分子机制；对植物时序（如昼夜节律变化，叶片衰老等）的动态基因表达调控和表观遗传变化的规律进行探索，以期发现时序转录调控的关键因子，并尝试跨物种表观基因组比较分析（包括拟南芥、水稻、棉花和玉米等）。

#### 承担课题：

- 1、国家自然科学基金面上项目，32170673，系统解析水稻脱分化和再分化过程的染色质修饰和转录调控机制，2022/01-2025/12，在研，主持
- 2、国家自然科学基金面上项目，31970629，基于多组学分析探索植物核纤层类似蛋白影响染色质状态和基因表达的动态调控规律，2020/01-2023/12，在研，主持
- 3、国家自然科学基金面上项目，31771467，多维组学数据集成分析以探索叶片衰老的转录和表观遗传调控机制，2018/01-2021/12，已结题，主持。
- 4、国家自然科学基金面上项目，31571360，基于表观基因组与转录组数据的整合挖掘以及基因调控网络的动态解析构建棉花基因组结构与功能注释体系，2016/01-2019/12，已结题，主持。
- 5、国家自然科学基金面上项目，31371291，植物表观基因组和转录组数据整合及其时序动态变化规律探索，2014/01-2017/12，已结题，主持。
- 6、国家自然科学基金面上项目，31171276，棉花和拟南芥应答水分胁迫的转录组数据比较分析及基因表达调控网络的构建，2012/01-2015/12，已结题，主持。
- 7、国家自然科学基金面上项目，31071125，水稻籼粳亚种间细胞凋亡差异反应的分子机制研究，2011/01-2013/12，已结题，主持。
- 8、教育部新世纪优秀人才支持计划，2010 年，重要动植物功能基因组生物信息学平台建设

设，已结题，主持。

9、国家自然科学基金重大研究计划培育项目，90817006，拟南芥 JAZ 家族基因在茉莉酸和脱落酸间交互作用及协调水分胁迫适应性的分子机制研究，2009/01-2011/12，已结题，主持。

10、国家自然科学基金面上项目，30570139，降解农药残留的水稻细胞色素 P450 的功能基因组研究，2006/01-2008/12，已结题，主持。

11、国家重点基础研究发展计划，2013CBA01400，水稻优良品种的分子设计研究，2015-2017，已结题，参加。

12、国家重点基础研究发展计划，2012CB215300，草本能源植物培育及化学催化制备先进液体燃料的基础研究，2012-2016，已结题，参加。

13、国家重点基础研究发展计划，2006CB100100，作物适应高盐、低温胁迫的分子调控机理，2006-2010，已结题，参加。

14、国家高技术研究发展计划，2008AA02Z312，网络海量 RNA 数据搜索、二次挖掘与应用集成软件开发，2008-2010，已结题，参加。

15、横向技术服务，棉花水分高效利用关键基因的挖掘及抗旱材料创制，2014-2017，已结题。

16、棉花生物学国家重点实验室开放课题，棉花多维组学集成分析与染色质状态数据库构建，2021-2022，在研。

17、棉花生物学国家重点实验室开放课题，棉花多维组学数据整合并挖掘关键功能模块，2019-2020，已结题。

18、棉花生物学国家重点实验室开放课题，棉花基因调控网络和功能模块分析平台构建，2017-2018，已结题。

19、中国农业大学引进人才基金课题，2004-2006，已结题。

#### 代表性成果：

- 2018 年获教育部高等学校科学研究优秀成果奖自然科学二等奖。
- agriGO 是世界上首个全面支持农业物种的基因功能富集分析平台，目前可支持 400 多个农业相关物种和 800 多种相应的数据类型，在数据整合、功能注释、分析计算等方面都有创新，已成为大量农业物种基因功能分析的标准工具。agriGO 和其升级版的论文（2 篇）SCI 他引总和已达 2639 次（Google scholar 引用 3376 次），先后成为 ESI 高被引论文。agriGO 在一些国际慕课中作为组学大数据的主要示范工具。
- 为涵盖更多的基因功能注释信息，我们引入基因集概念，构建了大规模植物基因集功能分类在线分析挖掘平台 PlantGSEA/PlantGSAD，目前可支持 44 个植物物种，涵盖 9 个功能类别的 236,007 个基因集，能显著提高植物全基因组的注释率，可以多维度地进行基

因功能分析。美国科学院院士 Jeff Dangl 教授曾高度评价了 PlantGSEA 的可信度和易操作性。

- 对于非编码 RNA，我们先后构建了两个植物非编码 RNA 功能注释和数据挖掘分析平台 PMRD/PNRD。PMRD/PNRD 文章发表后，已被广泛应用，尤其是被后续 20 多个非编码 RNA 数据库所引用，在国际上起着重要的引领作用。
- 植物染色质状态数据库 PCSD 可高效挖掘与重要农艺性状相关的关键表观遗传修饰位点，利用这一平台可进行调控基因组学的研究，有利于促进农作物分子设计育种。
- 提出并实现时域与频域相结合的组学数据节律性识别的新算法 ARSER/LSPR。其中 ARSER 算法促进了组学大数据的生物节律识别分析，被广泛应用于医学和农业领域研究，已成为这一领域国际公认的标准算法。生物钟领域杰出科学家约翰·霍格尼斯 (John B. Hogenesch) 评价 ARSER 算法是 “gold standard”。2017 年，ARSER 算法被 “Guidelines for Genome-Scale Analysis of Biological Rhythms (全基因组规模生物节律分析指南)” 推荐为标准算法之一，该《指南》由 92 位科学家共同完成，其中包括三位诺贝尔奖得主。

#### 代表性论文：

自入校以来共发表 SCI 论文 84 篇 (其中通讯作者论文 60 篇)，SCI 总他引 6189 次，Google Scholar 引用为 8498 次，入选爱思唯尔 2021 中国高被引学者。代表性论文列表如下(\*通讯作者)：

1. Minghao Sheng, Xuelian Ma, Jiyao Wang, Tianxi Xue, Zhongqiu Li, Yaxin Cao, Xinyue Yu, Xinyi Zhang, Yonghong Wang, Wenying Xu, **Zhen Su\***. (2022). KNOX II Transcription Factor HOS59 Functions in Regulating Rice Grain Size. *Plant Journal*. doi:10.1111/tpj.15709. (IF: 6.417)
2. Xuelian Ma, Hengyu Yan, Jiaotong Yang, Yue Liu, Zhongqiu Li, Minghao Sheng, Yaxin Cao, Xinyue Yu, Xin Yi, Wenying Xu, **Zhen Su\***. (2021). PlantGSAD: a comprehensive gene set annotation database for plant species. *Nucleic Acids Research*. 50: D1456 - D1467. (IF: 16.971)
3. Zhaobin Dong, Juan Yu, Hui Li, Wei Huang, Ling Xu, Yue Zhao, Tao Zhang, Wenying Xu, Jiming Jiang, **Zhen Su\***, Weiwei Jin\*. (2018). Transcriptional and epigenetic adaptation of maize chromosomes in Oat-Maize addition lines. *Nucleic Acids Research*. 46: 5012 - 5028. (IF: 16.971)
4. Yue Liu, Tian Tian, Kang Zhang, Qi You, Hengyu Yan, Nannan Zhao, Xin Yi, Wenying Xu\*, **Zhen Su\***. (2018). PCSD: A plant chromatin state database. *Nucleic Acids Research*. 46: D1157-D1167. (IF: 16.971)
5. Tian Tian, Yue Liu, Hengyu Yan, Qi You, Xin Yi, Zhou Du, Wenying Xu\*, **Zhen Su\***. (2017). agriGO v2.0: a GO analysis toolkit for the agricultural community, 2017 update. *Nucleic Acids Research*. 45: W122-W129. (IF: 16.971)

6. Qi You, Wenyong Xu, Kang Zhang, Liwei Zhang, Xin Yi, Dongxia Yao, Chunchao Wang, Xueyan Zhang, Xinhua Zhao, Nicholas Provart, Fuguang Li\*, **Zhen Su\***. (2016). ccNET: Database of co-expression networks with functional modules for diploid and polyploid Gossypium. *Nucleic Acids Research*. 46: D1157–D1167. (IF: 16.971)
7. Kang Zhang, Wenyong Xu, Chunchao Wang, Xin Yi, Wenli Zhang\*, **Zhen Su\***. (2016). Differential deposition of H2A.Z in combination with histone modifications within related genes in rice callus and seedling. *Plant Journal*. 89: 264–277. (IF: 6.417)
8. Kang Zhang, Qian Song, Qiang Wei, Chunchao Wang, Liwei Zhang, Wenyong Xu\*, **Zhen Su\*** (2016). Down-regulation of OsSPX1 caused semi-male sterility, resulting in reduction of grain yield in rice. *Plant Biotechnology Journal* 14: 1661–1672. (IF: 9.803)
9. Juan Yu, Yixiang Zhang, Chao Di, Qunlian Zhang, Kang Zhang, Chunchao Wang, Qi You, Hong Yan, Susie Dai, Joshua Yuan\*, Wenyong Xu\*, and **Zhen Su\*** (2016). JAZ7 negatively regulates dark-induced leaf senescence in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany*. 67: 751–762. (IF: 6.992)
10. Qi You, Liwei Zhang, Xin Yi, Zhenghai Zhang, Wenyong Xu\*, and **Zhen Su\***. (2015) SIFGD: *Setaria italica* Functional Genomics Database. *Molecular Plant*. 8: 967–970. (IF: 13.164)
11. Xin Yi, Zhenhai Zhang, Yi Ling, Wenyong Xu\*, **Zhen Su\***. (2015) PNRD: A plant non-coding RNA database. *Nucleic Acids Research*. 43: D982–D989. (IF: 16.971)
12. Xin Yi, Zhou Du\*, **Zhen Su\***. (2013) PlantGSEA: a Gene Set Enrichment Analysis toolkit for plant community. *Nucleic Acids Research*. 41: W98 – W103. (IF: 16.971)
13. Zhou Du, Hui Li, Qiang Wei, Xin Zhao, Chunchao Wang, Qilin Zhu, Xin Yi, Wenyong Xu, X. Shirley Liu\*, Weiwei Jin\*, **Zhen Su\***. (2013) Genome-wide analysis of histone modifications: H3K4me2, H3K4me3, H3K9ac and H3K27ac, in *Oryza sativa* L. japonica. *Molecular Plant*. 6: 1463–1472. (IF: 13.164)
14. Fengxia Liu, Wenyong Xu, Qian Song, Lubin Tan, Jiayong Liu, Zuofeng Zhu, Yongcai Fu, **Zhen Su\***, and Chuanqing Sun\*. (2013) Microarray Assisted Fine-mapping of Quantitative Trait Loci for Cold Tolerance in Rice. *Molecular Plant*. 6: 757–767. (IF: 13.164)
15. Rendong Yang, Chen Zhang, **Zhen Su\***. (2011) LSPR: an integrated periodicity detection algorithm for unevenly sampled temporal microarray data. *Bioinformatics*. 27: 1023–1025. (IF: 6.937)
16. Rendong Yang and **Zhen Su\***. (2010) Analyzing circadian expression data by harmonic regression based on autoregressive spectral estimation. *Bioinformatics*. 26: i168–i174. (IF: 6.937)
17. Zhou Du, Xin Zhou, Yi Ling, Zhenhai Zhang, and **Zhen Su\***. (2010) agriGO: a GO analysis toolkit for the agricultural community. *Nucleic Acids Research*

38: W64-W70. (IF: 16.971)

18. Zhenhai Zhang, Jingyin Yu, Daofeng Li, Zuyong Zhang, Fengxia Liu, Xin Zhou, Tao Wang, Yi Ling, and **Zhen Su\***. (2010) PMRD: plant microRNA database. *Nucleic Acids Research* 38: D806-D813. (IF: 16.971)
19. Linna Zhao, Fengxia Liu, Wenying Xu, Chao Di, Shaoxia Zhou, Yongbiao Xue, Jingjuan Yu, **Zhen Su\***. (2009) Increased expression of *OsSPXI* enhances cold/subfreezing tolerance in tobacco and *Arabidopsis thaliana*. *Plant Biotechnology Journal*. 7: 550-561. (IF: 9.803)
20. Xin Zhou, **Zhen Su\***. (2008) tCal: transcriptional probability calculator using thermodynamic model. *Bioinformatics*. 24: 2639-2640. (IF: 6.937)

### 社会服务:

近 18 年来。我们利用互联网数据库和在线分析平台对社会的重要贡献，陆续发布了 30 多个的数据库和网络服务，对全社会进行公开服务，在领域内有一定的影响力。以基因功能富集分析平台（包括 agriGO 和 PlantGSEA）为例，平台的访问者来自 110 多个国家的 14 万多个 IP 地址，执行计算任务共 70 万多次。在一个植物科学研究常用数据库和生物信息学工具的汇总中，共包括了世界上 178 个数据库，其中中国占 56 个，中国农大有 14 个（12 个来自于我们实验室）。这可能是一个不完整的统计，但还是能说明我们实验室对社会的贡献。

### 2003.3~2004.4 Syngenta 生物技术公司(美国) 生物信息科学家

从事基因芯片系统的研究，负责实验室信息管理系统(LIMS)，设计不同的计算机算法研究遗传调节网络（整合时序算法，建立基于表达谱的遗传调节网络分析流程，应用于基因表达调控网络的研究）。通过对 Arabidopsis 全基因组 sub-exon 水平基因芯片数据的分析，系统预测 Arabidopsis 全基因组基因功能，对基因表达的复杂现象（例如：alternative splicing）进行深入研究

### 2002~2003 Activx 生物医学公司(美国) 生物信息专家

从事蛋白组学研究，根据蛋白质活性高效筛选靶蛋白和加速研发药物。建立针对蛋白酶活性测量的谱线分析算法，为基于平板电泳，毛细管电泳，和质谱的蛋白组学分析打下基础。

### 2001~2002 TORREY MESA RESEARCH INSTITUTE, SYNGENTA (美国) 生物信息程序员及访问学者

生物信息学算法研究：综合比较多种聚类分析方法，并在此基础上建立可自组织，自收敛的聚类分析新算法。

功能基因组学研究：利用聚类分析方法对拟南芥、水稻、及小鼠的基因表达谱进行数据挖掘。

1997~2003 亚利桑那大学 (美国), 博士, 主修环境科学, 副修材料工程

博士论文方向: 利用计算机分子动力学模拟算法研究纳米水平液体薄膜的物理化学性质以揭示在土壤环境中液态有机污染物的运动过程。建立纳米水平液体薄膜及其与固体表面相互作用的数学模型, 并在此基础上, 综合应用 molecular dynamic 和 Monte Carlo simulations 算法, 预测液体小分子在纳米级水平上的运动规律, 研究超薄液膜的物理化学特性, 对润滑材料, 土壤清污的应用研究具有一定的指导意义。

开发进行核酸及蛋白质序列分析、基因芯片数据处理及数据挖掘等生物信息学应用程序。

1990~1997 中国科学院生物物理所细胞生物物理室 助理研究员

从事光生物物理和环境生物物理领域的研究工作, 参加了以下科研项目:

- 生物系统超微弱发光与其氧化代谢相关性研究. 国家自然科学基金项目
- 水体中苯系物对哺乳类线粒体微弱光子发射的诱导作用. 国家自然科学基金项目
- 空间辐射剂量测量方法研究项目. 中西德合作计划和 863 高技术跟踪
- 快中子治癌研究装置及应用研究. 国家科委重大研究项目
- 中子治癌束剂量与微剂量的测量. 国家自然科学基金项目
- 快中子在医学、生物学中的应用研究. 国家自然科学基金, 国家攀登计划 B
- 用于肿瘤疗效分析及复发检测的追踪测试技术. 中国科学院生物物理所
- 用毛白杨叶片发光监测 SO<sub>2</sub> (包括酸雨) 污染. 中国科学院生物物理所

1986~1990 北京农业大学应用物理专业 本科生

1990 年获理学学士学位. 毕业论文: 色谱计算机模拟教学软件设计

## 发表文章: (\*通讯作者)

1. Zhongqiu Li, Yiheng Hu, Xuelian Ma, Lingling Da, Jiajie She, Yue Liu, Xin Yi, Yaxin Cao, Wenying Xu, Yuannian Jiao\*, **Zhen Su\***. (2022). ccnWheat: A Database for Comparing Co-expression Networks Analysis of Allohexaploid Wheat and Its Progenitors. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*. Accepted.
2. Minghao Sheng, Lingling Da, Qian Song, Yue Liu, Xinyi Zhang, Fengxia Liu, Wenying Xu, **Zhen Su\***. (2022). Systems biology-based analysis indicates that PH01;H10 positively modulates high light-induced anthocyanin biosynthesis in Arabidopsis leaves. *Genomics*. doi: 10.1016/j.ygeno.2022.110363.
3. Jiaotong Yang, Hengyu Yan, Yue Liu, LingLing Da, Wenying Xu\*, Qiaoqiao Xiao\*, **Zhen Su\***. (2022). GURFAP: a platform for gene function analysis in *Glycyrrhiza uralensis*. *Frontiers in Genetics*. doi: 10.3389/fgene.2022.823966.
4. Minghao Sheng, Xuelian Ma, Jiyao Wang, Tianxi Xue, Zhongqiu Li, Yaxin Cao, Xinyue Yu, Xinyi Zhang, Yonghong Wang, Wenying Xu, **Zhen Su\***. (2022). KNOX II Transcription Factor HOS59 Functions in Regulating Rice Grain Size. *Plant Journal*. doi:10.1111/tpj.15709.

5. Huawei Liu, Li Jiang, Zhifeng Wen, Yingjun Yang, Stacy D. Singer, Dennis Bennett, Wenying Xu, **Zhen Su**, Zhifang Yu, Jonathan Cohn, Hyunsook Chae, Qiudeng Que, Yue Liu, Chang Liu, Zongrang Liu. (2021). Rice RS2-9, which is bound by transcription factor OSH1, blocks enhancer-promoter interactions in plants. *Plant Journal*. 109: 541 - 554.
6. Xuelian Ma, Hengyu Yan, Jiaotong Yang, Yue Liu, Zhongqiu Li, Minghao Sheng, Yaxin Cao, Xinyue Yu, Xin Yi, Wenying Xu, **Zhen Su\***. (2021). PlantGSAD: a comprehensive gene set annotation database for plant species. *Nucleic Acids Research*. 50: D1456 - D1467.
7. Qiaoqiao Xiao, Zhongqiu Li, Mengmeng Qu, Wenying Xu, **Zhen Su\***, Jiaotong Yang\*. (2021). LjaFGD: *Lonicera japonica* functional genomics database. *Journal of Integrative Plant Biology*. doi: 10.1111/jipb.13112.
8. Xuelian Ma, Hansheng Zhao, Hengyu Yan, Minghao Sheng, Yaxin Cao, Kebin Yang, Hao Xu, Wenying Xu\*, Zhimin Gao\*, **Zhen Su\***. (2021). Refinement of bamboo genome annotations through integrative analyses of transcriptomic and epigenomic data. *Computational and Structural Biotechnology Journal*. PII: S2001-0370(21)00180-X. doi: 10.1016/j.csbj.2021.04.068.
9. Peng Yu, Xiaoming He, Marcel Baer, Stien Beirinckx, Tian Tian, Yudelsy A. T. Moya, Xuechen Zhang, Marion Deichmann, Felix P. Frey, Verena Bresgen, Chunjian Li, Bahar S. Razavi, Gabriel Schaaf, Nicolaus von Wirén, **Zhen Su**, Marcel Bucher, Kenichi Tsuda, Sofie Goormachtig, Xiping Chen and Frank Hochholdinger. (2021). Plant flavones enrich rhizosphere Oxalobacteraceae to improve maize performance under nitrogen deprivation. *Nature Plants*. 7:481 - 499. doi: 10.1038/s41477-021-00897-y.
10. Jiaotong Yang, Qiaoqiao Xiao, Jiao Xu, Lingling Da, Lanping Guo, Luqi Huang, Yue Liu, Wenying Xu, **Zhen Su**, Shiping Yang, Qi Pan, Weike Jiang and Tao Zhou. (2020). GelfAP: Gene functional analysis platform for *Gastrodia elata*. *Frontiers in Plant Science*. 11:563237.
11. Minghao Sheng, Jiajie She, Wenying Xu, Yan Hong, **Zhen Su\*** and Xiaodong Zhang\*. (2020). HpeNet: Co-expression Network Database for De Novo Transcriptome Assembly of *Paeonia lactiflora* Pall. *Frontiers in Genetics*. 11:570138.
12. Nannan Zhao, Kang Zhang, Chunchao Wang, Hengyu Yan, Yue Liu, Wenying Xu and **Zhen Su**. (2020). Systematic analysis of differential H3K27me3 and H3K4me3 deposition in callus and seedling reveals the epigenetic regulatory mechanisms involved in callus formation in rice. *Frontiers in Genetics*. 11:766.
13. Nannan Zhao, Minghao Sheng, Jie Zhao, Xuelian Ma, Qiang Wei, Qian Song, Kang Zhang, Wenying Xu, Chuanqing Sun, Fengxia Liu and **Zhen Su**. (2020). Over-expression of HDA710 delays leaf senescence in rice (*Oryza sativa* L.). *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 8:471.
14. Jiongliang Wang, Xuelian Ma, Jiaotong Yang, Wenying Xu, Yanan Hui, Jiajie She, Tian Tian, Zhongqiu Li, Zhimin Gao, **Zhen Su\*** and Hansheng Zhao\*. (2020). Co-expression network analysis reveals the dynamic modules regulating the growth



and development of cirrus in the rattans (*Calamus simplicifolius* and *Daemonorops jenkinsiana*). *Frontiers in Genetics*. 11:378.

15. Ge Zhao, Yun Song, Qianhua Wang, Dongxia Yao, Dongliang Li, Wenqiang Qin, Xiaoyang Ge, Zuoren Yang, Wenying Xu, **Zhen Su**, Xueyan Zhang, Fuguang Li, Jiahe Wu. (2020). *Gossypium hirsutum* salt tolerance is enhanced by overexpression of *G. arboreum* JAZ1. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 8:157.
16. Lingling Da, Yue Liu, Jiaotong Yang, Tian Tian, Jiajie She, Xuelian Ma, Wenying Xu, **Zhen Su**. (2019). AppleMDO: A multi-dimensional omics database for apple co-expression networks and chromatin states. *Frontiers in Plant Science*. 10:1333.
17. Yuan Fang, Lifen Chen, Kande Lin, Yilong Feng, Pengyue Zhang, Xiucui Pan, Jennifer Sanders, Yufeng Wu, Xiu-e Wang, **Zhen Su**, Caiyan Chen, Hairong Wei, Wenli Zhang. (2019). Characterization of functional relationships of R-loops with gene transcription and epigenetic modifications in rice. *Genome Research*. doi: 10.1101/gr.246009.118.
18. Hengyu Yan, Yue Liu, Kang Zhang, James Song, Wenying Xu, **Zhen Su**. (2019). Chromatin state-based analysis of epigenetic H3K4me3 marks of Arabidopsis in response to dark stress. *Frontiers in Genetics*. 10:306.
19. Hengyu Yan, Minghao Sheng, Chunchao Wang, Yue Liu, Jiaotong Yang, Fengxia Liu, Wenying Xu, **Zhen Su**. (2019). AtSPX1-mediated transcriptional regulation during leaf senescence in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Science*. doi:10.1016/j.plantsci.2019.03.005.
20. Jiajie She, Hengyu Yan, Jiaotong Yang, Wenying Xu, **Zhen Su**. (2019). croFGD: *Catharanthus roseus* Functional Genomics Database. *Frontiers in Genetics*. 10:238.
21. Jiaotong Yang, Yue Liu, Hengyu Yan, Tian Tian, Qi You, Liwei Zhang, Wenying Xu\*, **Zhen Su**\*. (2018). PlantEAR: functional analysis platform for plant EAR motif-containing proteins. *Frontiers in Genetics*. 9:590.
22. Xuelian Ma, Hansheng Zhao, Wenying Xu, Qi You, Hengyu Yan, Zhimin Gao\*, **Zhen Su**\*. (2018). Co-expression Gene Network Analysis and Functional Module Identification in Bamboo Growth and Development. *Frontiers in Genetics*. 9:574.
23. Tian Tian, Qi You, Hengyu Yan, Wenying Xu\*, **Zhen Su**\*. (2018). MCENet: A database for maize conditional co-expression network and network characterization collaborated with multi-dimensional omics levels. *Journal of Genetics and Genomics*. 45: 351-360.
24. Zhaobin Dong, Juan Yu, Hui Li, Wei Huang, Ling Xu, Yue Zhao, Tao Zhang, Wenying Xu, Jiming Jiang, **Zhen Su**\*, Weiwei Jin\*. (2018). Transcriptional and epigenetic adaptation of maize chromosomes in Oat-Maize addition lines. *Nucleic Acids Research*. 46: 5012 - 5028.
25. Yue Liu, Tian Tian, Kang Zhang, Qi You, Hengyu Yan, Nannan Zhao, Xin Yi, Wenying Xu\*, **Zhen Su**\*. (2017). PCSD: A plant chromatin state database. *Nucleic Acids Research*. 46: D1157-D1167.

26. Hansheng Zhao, Shancen Zhao, International Network for Bamboo and Rattan, Benhua Fei, Huan Liu, Huanming Yang, Honghai Dai, DanWang, Wei Jin, Feng Tang, Qiang Gao, Hang Xun, Yuwei Wang, Lianghua Qi, Xianghua Yue, Shuyan Lin, Lianfeng Gu, Lubin Li, Tiansheng Zhu, Qiang Wei, **Zhen Su**, Tarmeze Bin Wanoup Ariffin Wan, Daniel A. Ofori, George Mbeva Muthike, Yigardu Mulatu Mengesha, Roberto Magno de Castro e Silva, Antonio Ludovico Beraldo, Zhimin Gao, Xin Liu, Zehui Jiang. (2017). Announcing the Genome Atlas of Bamboo and Rattan (GABR) project: promoting research in evolution and in economically and ecologically beneficial plants. *GigaScience*. 6: 1 - 7.
27. Qi You, Xin Yi, Kang Zhang, Chunchao Wang, Xuelian Ma, Xueyan Zhang, Wenying Xu\*, Fuguang Li\*, **Zhen Su\***. (2017). Genome-wide comparative analysis of H3K4me3 profiles between diploid and allotetraploid cotton to refine genome annotation. *Scientific Reports*. doi:10.1038/s41598-017-09680-6.
28. Yue Liu, Wenli Zhang, Kang Zhang, Qi You, Hengyu Yan, Yuannian Jiao, Jiming Jiang, Wenying Xu, **Zhen Su**. (2017). Genome-wide mapping of DNase I hypersensitive sites reveals chromatin accessibility changes in Arabidopsis euchromatin and heterochromatin regions under extended darkness. *Scientific Reports*. doi:10.1038/s41598-017-04524-9.
29. Tian Tian, Yue Liu, Hengyu Yan, Qi You, Xin Yi, Zhou Du, Wenying Xu\*, **Zhen Su\***. (2017). agriGO v2.0: a GO analysis toolkit for the agricultural community, 2017 update. *Nucleic Acids Research*. 45: W122-W129.
30. Kang Zhang, Wenying Xu, Chunchao Wang, Xin Yi, **Zhen Su**. (2017). Differential deposition of H2A.Z in rice seedling tissue during the day-night cycle. *Plant Signaling & Behavior*. doi:10.1080/15592324.2017.1286438.
31. Qi You, Hengyu Yan, Yue Liu, Xin Yi, Kang Zhang, Wenying Xu\* and **Zhen Su\***. (2016). A systemic identification approach for primary transcription start site of Arabidopsis miRNAs from multidimensional omics data. *Functional & Integrative Genomics*. doi:10.1007/s10142-016-0541-9.
32. Qi You, Wenying Xu, Kang Zhang, Liwei Zhang, Xin Yi, Dongxia Yao, Chunchao Wang, Xueyan Zhang, Xinhua Zhao, Nicholas Provar, Fuguang Li\*, **Zhen Su\***. (2016). ccNET: Database of co-expression networks with functional modules for diploid and polyploid *Gossypium*. *Nucleic Acids Research*. 46: D1157-D1167.
33. Qi You, Liwei Zhang, Xin Yi, Kang Zhang, Dongxia Yao, Xueyan Zhang, Qianhua Wang, Xinhua Zhao, Yi Ling, Wenying Xu\*, Fuguang Li\*, **Zhen Su\***. (2016). Co-expression network analyses identify functional modules associated with development and stress response in *Gossypium arboreum*. *Scientific Reports*. 6, 38436.
34. Zhang, K., Xu, W., Wang, C., Yi, X., Zhang, W\*. and **Su, Z\***. (2016). Differential deposition of H2A.Z in combination with histone modifications within related genes in rice callus and seedling. *Plant Journal*. doi:10.1111/tpj.13381.

35. Yuan Fang, Lei Wang, Ximeng Wang, Qi You, Xiucui Pan, Jin Xiao, Xiu-e Wang, Yufeng Wu, **Zhen Su\***, Wenli Zhang\* (2016). Histone modifications facilitate the coexpression of bidirectional promoters in rice. *BMC Genomics*. 17:768
36. Tian Tian, Qi You, Liwei Zhang, Xin Yi, Hengyu Yan, Wenyong Xu\*, **Zhen Su\*** (2016). SorghumFDB: Sorghum Functional Genomics Database with multidimensional network analysis. *Database* doi:10.1093/database/baw099.
37. Xin Ma, Yongcai Fu, Xinhui Zhao, Liyun Jiang, Zuofeng Zhu, Ping Gu, Wenyong Xu, **Zhen Su**, Chuanqing Sun & Lubin Tan (2016). Genomic structure analysis of a set of *Oryza nivara* introgression lines and identification of yield associated QTLs using whole genome resequencing. *Scientific Reports* doi: 10.1038/srep27425.
38. Kang Zhang, Qian Song, Qiang Wei, Chunchao Wang, Liwei Zhang, Wenyong Xu\*, **Zhen Su\*** (2016). Down-regulation of OsSPX1 caused semi-male sterility, resulting in reduction of grain yield in rice. *Plant Biotechnology Journal* doi: 10.1111/pbi.12527.
39. Juan Yu, Yixiang Zhang, Chao Di, Qunlian Zhang, Kang Zhang, Chunchao Wang, Qi You, Hong Yan, Susie Dai, Joshua Yuan\*, Wenyong Xu\*, and **Zhen Su\*** (2015). JAZ7 negatively regulates dark-induced leaf senescence in Arabidopsis. *Journal of Experimental Botany* doi:10.1093/jxb/erv487.
40. Zhenyan Miao; Wei Xu; Daofeng Li; Xiaona Hu; Jiaying Liu; Rongxue Zhang; Zongyong Tong; Jiangli Dong; **Zhen Su**; Liwei Zhang; Min Sun; Wenjie Li; Zhenglin Du; Songnian Hu; Tao Wang (2015). De novo transcriptome analysis of *Medicago falcata* reveals novel insights about the mechanisms underlying abiotic stress-responsive pathway. *BMC Genomics* 16:818.
41. Xu W, Di C, Zhou S, Liu J, Li L, Liu F, Yang X, Ling Y\* and **Su Z\*** (2015). Rice Transcriptome Analysis to Identify Possible Herbicide Quinclorac Detoxification Genes. *Frontiers in Genetics*. 6:306.
42. Jinyan Guo, Gongyao Shi, Liwei Zhang, Wenyong Xu, Yumei Wang, **Zhen Su\***, Jinping Hua\*. (2015) Transcriptome analysis reveals that distinct metabolic pathways operate in salt-tolerant and salt-sensitive upland cotton varieties subjected to salinity stress. *Plant Science*. doi:10.1016/j.plantsci.2015.05.013.
43. Liwei Zhang, Jinyan Guo, Qi You, Xin Yi, Yi Ling, Wenyong Xu, Jinping Hua\*, **Zhen Su\***. (2015) GraP: Platform for Functional Genomics Analysis of *Gossypium raimondii*. *Database*. doi:10.1093/database/bav047.
44. Qi You, Liwei Zhang, Xin Yi, Zhenghai Zhang, Wenyong Xu\*, and **Zhen Su\***. (2015) SIFGD: *Setaria italica* Functional Genomics Database. *Molecular Plant*. doi:10.1016/j.molp.2015.02.001.
45. Xin Yi, Zhenhai Zhang, Yi Ling, Wenyong Xu\*, **Zhen Su\***. (2015) PNRD: A plant non-coding RNA database. *Nucleic Acids Research*. 43: D982-D989.
46. Yonglu Meng, Nan Ma, Qian Zhang, Qi You, Na Li, Muhammad Ali Khan, Xiaojing Liu, Lin Wu, **Zhen Su** and Junping Gao. (2014) Precise Spatio-Temporal

modulation of ACC Synthase by MPK6 Cascade Mediates the Response of Rose Flower to Rehydration. *Plant Journal*. doi:10.1111/tpj.12594.

47. Juan Yu, Zhenhai Zhang, Jiangang Wei, Yi Ling, Wenying Xu\* and **Zhen Su\***. (2014) SFGD: a comprehensive platform for mining functional information from soybean transcriptome data and its use in identifying acyl-lipid metabolism pathways. *BMC Genomics*. 15:271.
48. Chunchao Wang, Qiang Wei, Kang Zhang, Ling Wang, Fengxia Liu, Linna Zhao, Yuanjun Tan, Chao Di, Hong Yan, Jingjuan Yu, Chuanqing Sun, Wenqiong J Chen, Wenying Xu\*, **Zhen Su\***. (2013) Down-regulation of OsSPX1 causes high sensitivity to cold and oxidative stresses in rice seedlings. *PLoS ONE*. doi:10.1371/journal.pone.0081849.
49. Du Z, Fei T, Verhaak RGW, **Su Z**, Zhang Y, Brown M, Chen C, Liu XS. (2013) An integrated approach to identify clinically relevant long non-coding RNAs (lncRNAs) in cancer. *Nat Struct Mol Biol*. doi:10.1038/nsmb.2591.
50. Xin Yi, Zhou Du\*, **Zhen Su\***. (2013) PlantGSEA: a Gene Set Enrichment Analysis toolkit for plant community. *Nucleic Acids Research*. doi:10.1093/nar/gkt281.
51. Zhou Du, Hui Li, Qiang Wei, Xin Zhao, Chunchao Wang, Qilin Zhu, Xin Yi, Wenying Xu, X. Shirley Liu\*, Weiwei Jin\*, **Zhen Su\***. (2013) Genome-wide analysis of histone modifications: H3K4me2, H3K4me3, H3K9ac and H3K27ac, in *Oryza sativa* L. japonica. *Molecular Plant*. doi:10.1093/mp/sst018.
52. Xueyan Zhang, Dongxia Yao, Qianhua Wang, Wenying Xu, Qiang Wei, Chunchao Wang, Chuanliang Liu, Chaojun Zhang, Hong Yan, Yi Ling, **Zhen Su\***, Fuguang Li\*. (2013) mRNA-seq analysis of the *Gossypium arboreum* transcriptome reveals tissue selective signaling in response to water stress during seedling stage. *PLoS ONE*. 8(1):e54762.
53. Fengxia Liu, Wenying Xu, Qian Song, Lubin Tan, Jiayong Liu, Zuofeng Zhu, Yongcai Fu, **Zhen Su\***, and Chuanqing Sun\*. (2013) Microarray Assisted Fine-mapping of Quantitative Trait Loci for Cold Tolerance in Rice. *Molecular Plant*. doi:10.1093/mp/sss161.
54. Gaihua Zhang, Yijing Zhang and **Zhen Su\***. (2012) CYP51: a structure-based interface for cytochrome P450s and ligands in *Arabidopsis thaliana*. *BMC Bioinformatics*. 13:332.
55. Gaihua Zhang and **Zhen Su\***. (2012) Inferences from structural comparison: flexibility, secondary structure wobble and sequence alignment optimization. *BMC Bioinformatics*. 13(Suppl 15):S12
56. Dongxia Yao, Qiang Wei, Wenying Xu, Ryan D Syrenne, Joshua S. Yuan, and **Zhen Su\***. (2012) Comparative genomic analysis of NAC transcriptional factors to dissect the regulatory mechanisms for cell wall biosynthesis. *BMC Bioinformatics*. 13(Suppl 15):S10
57. Zhenyan Miao, Daofeng Li, Zhenhai Zhang, Jiangli Dong, **Zhen Su\*** and Tao Wang\*. (2012) *Medicago truncatula* transporter database: a comprehensive database resource for *M. truncatula* transporters. *BMC Genomics*. 13:60

58. Daofeng Li, Yunqin Zhang, Xiaona Hu, Xiaoye Shen, Lei Ma, **Zhen Su**, Tao Wang and Jiangli Dong. (2011) Transcriptional profiling of *Medicago truncatula* under salt stress identified a novel CBF transcription factor MtCBF4 that plays an important role in abiotic stress responses. *BMC Plant Biology*. 11:109.
59. Dongxia Yao, Xueyan Zhang, Xinhua Zhao, Chuanliang Liu, Chunchao Wang, Zhenghai Zhang, Chaojun Zhang, Qiang Wei, Qianhua Wang, Hong Yan, Fuguang Li, **Zhen Su\***. (2011) Transcriptome analysis reveals salt-stress-regulated biological processes and key pathways in roots of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Genomics*. 98: 47 - 55
60. Wenying Xu, Rendong Yang, Meina Li, Zhuo Xing, Wenqiang Yang, Guang Chen, Han Guo, Xiaojie Gong, Zhou Du, Zhenhai Zhang, Xingming Hu, Dong Wang, Qian Qian, Tai Wang, **Zhen Su\***, Yongbiao Xue\*. (2011) Transcriptome Phase Distribution Analysis Reveals Diurnal Regulated Biological Processes and Key Pathways in Rice Flag Leaves and Seedling Leaves. *PLoS ONE* 6(3): e17613
61. Rendong Yang, Chen Zhang, **Zhen Su\***. (2011) LSPR: an integrated periodicity detection algorithm for unevenly sampled temporal microarray data. *Bioinformatics*. 27: 1023-1025
62. Yi Ling, Zhou Du, Zhenhai Zhang and **Zhen Su\***. (2010) ProFITS of maize: a database of protein families involved in the transduction of signalling in the maize genome. *BMC Genomics*. 11:580
63. Chao Di, Wenying Xu, **Zhen Su\*** and Joshua S Yuan\*. (2010) Comparative genome analysis of PHB gene family reveals deep evolutionary origins and diverse gene function. *BMC Bioinformatics*. 11 (Suppl 6):S22
64. Li Q Wei, Wen Y Xu, Zhu Y Deng, **Zhen Su**, Yongbiao Xue and Tai Wang. (2010) Genome-scale Analysis and Comparison of Gene Expression Profiles in Developing and Germinated Pollen in *Oryza sativa*. *BMC Genomics*. 11:338.
65. Rendong Yang and **Zhen Su\***. (2010) Analyzing circadian expression data by harmonic regression based on autoregressive spectral estimation. *BIOINFORMATICS*. 26: i168-i174.
66. Zhou Du, Xin Zhou, Yi Ling, Zhenhai Zhang, and **Zhen Su\***. (2010) agriGO: a GO analysis toolkit for the agricultural community. *Nucleic Acids Research* 38: W64-W70.
67. Jie Zhang, Haibin Lu, Xinyan Li, Yan Li, Haitao Cui, Chi-Kuang Wen, Xiaoyan Tang, **Zhen Su**, and Jian-Min Zhou (2010) Effector-Triggered and Pathogen-Associated Molecular Pattern-Triggered Immunity Differentially Contribute to Basal Resistance to *Pseudomonas syringae*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*. 23: 940 - 948.
68. Liu F, Xu W, Wei Q, Zhang Z, Xing Z, Tan L, Di C, Yao D, Wang C, Tan Y, Yan H, Ling Y, Sun C, Xue Y, **Su Z\***. (2010) Gene Expression Profiles Deciphering Rice Phenotypic Variation between Nipponbare (Japonica) and 93-11 (Indica) during Oxidative Stress. *PLoS ONE* 5(1): e8632. doi:10.1371/journal.pone.0008632

69. Zhenhai Zhang, Jingyin Yu, Daofeng Li, Zuyong Zhang, Fengxia Liu, Xin Zhou, Tao Wang, Yi Ling, and **Zhen Su\***. (2010) PMRD: plant microRNA database. *Nucleic Acids Research* 38: D806–D813
70. Daofeng Li, **Zhen Su**, Jiangli Dong and Tao Wang. (2009) An expression database for roots of the model legume *Medicago truncatula* under salt stress. *BMC Genomics*. 10:517
71. Xin Zhou, **Zhen Su**, R Douglas Sammons, Yanhui Peng, Patrick J Tranel, C Neal Stewart Jr, and Joshua S Yuan. (2009) Novel software package for cross-platform transcriptome analysis (CPTRA). *BMC Bioinformatics*. 10 (Suppl 11):S16
72. Fu-Qing Wu, Qi Xin, Zheng Cao, Zhi-Qiang Liu, Shu-Yuan Du, Chao Mei, Chen-Xi Zhao, Xiao-Fang Wang, Yi Shang, Tao Jiang, Xiao-Feng Zhang, Lu Yan, Rui Zhao, Zi-Ning Cui, Rui Liu, Hai-Li Sun, Xin-Ling Yang, **Zhen Su**, and Da-Peng Zhang. (2009) The Mg-Chelatase H Subunit Binds Abscisic Acid and Functions in Abscisic Acid Signaling: New Evidence in Arabidopsis. *Plant Physiol.* 150(4):1940–54
73. Zhou Du, Xin Zhou, Li Li, **Zhen Su\***. (2009) plantsUPS: a database of plants' Ubiquitin Proteasome System. *BMC Genomics*. 10:227
74. 郭华军, 焦远年, 邸超, 姚冬霞, 张盖华, 郑雪, 刘岚, 张群莲, 郭蔼光\*, **苏震\*** (2009). 拟南芥转录因子GRAS 家族基因群响应渗透和干旱胁迫的初步探索. *植物学报* 44, 290–299.
75. Linna Zhao, Fengxia Liu, Wenying Xu, Chao Di, Shaoxia Zhou, Yongbiao Xue, Jingjuan Yu, **Zhen Su\***. (2009) Increased expression of *OsSPX1* enhances cold/subfreezing tolerance in tobacco and *Arabidopsis thaliana*. *Plant Biotechnology Journal*. 7: 550–561.
76. Hao Lin, Renxiao Wang, Qian Qian, Meixian Yan, Xiangbing Meng, Zhiming Fu, Cunyu Yan, Biao Jiang, **Zhen Su**, Jiayang Li, Yonghong Wang. (2009) DWARF27, an Iron-Containing Protein Required for the Biosynthesis of Strigolactones, Regulates Rice Tiller Bud Outgrowth through the MAX/RMS/D Pathway. *Plant Cell*. 21:1512–1525
77. Zhi-yu Peng, Xin Zhou, Linchuan Li, Xiangchun Yu, Hongjiang Li, Zhiqiang Jiang, Guangyu Cao, Mingyi Bai, Xingchun Wang, Caifu Jiang, Haibin Lu, Xianhui Hou, Lijia Qu, Zhiyong Wang, Jianru Zuo, Xiangdong Fu, **Zhen Su**, Songgang Li, and Hongwei Guo. (2009) Arabidopsis Hormone Database: a comprehensive genetic and phenotypic information database for plant hormone research in Arabidopsis. *Nucleic Acids Research*. 37: D975–D982
78. Xin Zhou, **Zhen Su\***. (2008) tCal: transcriptional probability calculator using thermodynamic model. *Bioinformatics*. 24: 2639 – 2640
79. He Fei, Kang Juqing, Zhou Xin, **Su Zhen**, Qu Li-Jia, Gu Hongya. (2008) Variation at the transcriptional level among Chinese natural populations of *Arabidopsis thaliana* in response to cold stress. *Chinese Science Bulletin*. Vol.53 No. 19 pp. 2989–2999
80. Yi Wang, Wen-Zheng Zhang, Lian-Fen Song, Jun-Jie Zou, **Zhen Su**, and Wei-Hua Wu.

(2008) Transcriptome analyses show changes in gene expression to accompany pollen germination and tube growth in Arabidopsis. *Plant Physiol.* 148:1201-1211

81. Liu, F., Xu, W., Tan, L., Xue, Y., Sun, C., **Su, Z.\*** (2008) Case study for identification of indel-caused alternative expression isoforms in rice subspecies japonica and indica by integrative genome analysis. *Genomics* 91: 186 - 194
82. Xin Zhou, **Zhen Su\*** (2007) EasyGO: Gene Ontology-based annotation and functional enrichment analysis tool for agronomical species, *BMC Genomics* 8:246
83. Hou ZC, Xu GY, **Su Z**, Yang N. (2007) Purifying selection and positive selection on the myxovirus resistance gene in mammals and chickens. *Gene.* 396(1):188-95.
84. Xin Zhou, Fei He, Fengxia Liu, Xue Zheng, Chao Di, Shaoxia Zhou, Hongya Gu, Wenying Xu, and **Zhen Su\***. (2007) Integration of Cold Signal Transduction Pathway Related to ABA 8'-hydroxylase in Arabidopsis. *Biotechnology and Sustainable Agriculture 2006 and Beyond*, 471-474, Z. Xu et al. (eds.), 2007 Springer
85. Jia J, Fu J, Zheng J, Zhou X, Huai J, Wang J, Wang M, Zhang Y, Chen X, Zhang J, Zhao J, **Su Z**, Lv Y, Wang G. (2006) Annotation and expression profile analysis of 2073 full-length cDNAs from stress-induced maize (*Zea mays* L.) seedlings. *Plant J.* 48(5):710-27.
86. Zhang X, Zhou S, Fu Y, **Su Z**, Wang X, Sun C. (2006) Identification of a drought tolerant introgression line derived from Dongxiang common wild rice (*O. rufipogon* Griff.). *Plant Mol Biol.* 62(1-2):247-59.
87. 丁必为, 田英杰, 邓乃扬, **苏震**, 蔡春. (2006) 基于支持向量机的拟南芥基因表达数据分析. 《运筹学学报》10(2):51-58
88. 刘云岩, **苏震**, 董江丽, 申小叶, 李道丰, 王涛 (2006) 截形苜蓿生物数据分析平台的构建与应用 《草地学报》14(3): 231-235
89. 刘胜毅, 毛晗, **苏震**, 董彩华, 徐文英, 冀瑞琴, 郭学兰. (2005) 油菜对菌核病和黑胫病的抗病机制分析. 《西北农林科技大学学报(自然科学版)》2005年z1期
90. **Su Z**, Cushman JH, Curry JE (2003) Computer simulation of anisotropic diffusion in monolayer films in mica slit pores. *Journal of Chemical Physics*, 118(3):1417-1422
91. **苏震**, 徐文英, 张仲伦, 马玉琴, 傅翠真, 郑雁珍, 刘成祥. (1997) 大豆种子脂肪氧化酶同工酶缺失体的超弱发光研究 《大豆科学》1997(3)
92. 赵文恩, 韩雅珊, Saishi Hirota, **苏震**, 张仲伦, 郑雁珍. (1997) 类胡萝卜素对 H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-NaOCl 体系生成的 <sup>1</sup>O<sub>2</sub> 的猝灭作用 《生物物理学报》1997(1): 137-142
93. 傅翠真, 徐文英, **苏震**. (1997) 中国大豆脂肪氧化酶缺失种质多样性鉴定研究 《中国农业科学》1997(1)
94. 章汴生, 牛玉中, 阎日成, 马玉琴, 张仲伦, **苏震**. (1997) 人血清超弱发光水平与肿瘤关系的研究 《肿瘤研究与临床》1997(1)

95. 徐文英, 傅翠真, **苏震**. (1996) 大豆脂肪氧化酶的研究动态 《植物生理学通讯》 1996 (4) : 308-313
96. Wang Yingyan, Wang Jinguang, Ma Yuqin, **Su Zhen**, Zhang Zhonglun, Zheng Yanzhen, Liu Chengxiang. (1996) Biophoton emission, free radical and toxicity of benzene to aquatic biosystems *Journal of Environmental Sciences*. Vol.8 No.2: 218-227
97. 徐文英, 付翠真, 丁安林, **苏震**, 马玉琴, 张仲纶. (1995) 大豆脂肪氧化酶同工酶缺失体的苗期叶片超弱发光研究 《大豆科学》 1995 (3)
98. Ma Yuqin, Zhang Zhonglun, **Su Zhen**, Ma Bin, Zheng Yanzhen, Liu Chengxiang, Wang Yingyan, Wa Jiguang. (1995) SO<sub>2</sub>-induced change of spectrum in Low-Level Chemiluminescence from *Populus tomentosa* leaf. *Bull. Environ. Contam. Toxicol.* Vol. 55: 136-141
99. 王英彦, 马玉琴, **苏震**, 张仲纶, 郑雁珍, 刘成祥. (1995) 苯、过渡金属离子和鱼肝微粒体相互作用过程中的生物光子发射 《科学通报》 1995 (20)
100. 王英彦, 王继光; 马玉琴, **苏震**, 赵克俭, 张仲纶, 郑雁珍, 刘成祥. (1995) <sup>60</sup>Co γ 射线辐照诱发的苯水体系发光特性的实验研究 《化学通报》 1995 (1) 31-33
101. **苏震**, 马玉琴, 张仲纶, 赵克俭, 郑雁珍, 马斌, 刘成祥. (1994) 血清的超弱发光对骨肿瘤术前术后监测的临床意义 《中国肿瘤临床》 1994 (12) 903-905
102. **苏震**, 马玉琴, 张仲纶, 赵克俭, 宗小林, 郑雁珍, 刘成祥. (1994) 毛白杨叶片 SO<sub>2</sub> 急性损伤诱发的呼吸障碍与其低水平化学发光的相关性研究 《科学通报》 1994 (20) 1893-1895
103. 张仲纶, 郑雁珍, **苏震**, 马玉琴, 赵克俭, 刘成祥, 马斌; 卢绍婉, 孙象贤, 王淑贤, 叶元贞, 尹殿军; 糜福顺, 苏学清. (1994) 单片微机化微弱发光测量仪及其在肿瘤研究中的初步应用 《生物医学工程学杂志》 1994 (1) 24-30
104. 马玉琴, 张仲纶, **苏震**, 郑雁珍, 马斌, 刘成祥, 赵克俭; 王英彦, 王继光. (1994) SO<sub>2</sub> 诱导的毛白杨叶片 LCL 发射光谱变化 《科学通报》 1994 (6)
105. 马玉琴, 赵克俭, 张仲纶, **苏震**, 马斌, 郑雁珍, 杨光洁, 米志勇 (1994) 羟自由基 (\*OH)、超氧阴离子(O<sub>2</sub><sup>-</sup>)与线粒体低水平化学发光相关性的研究 《感光化学与光化学》 1994 (4) 312-317
106. 常崴克, 唐锦华, 罗醒萱; 张仲纶, **苏震**, 刘成祥, 郑雁珍 (1994) 快中子治癌束剂量特性研究 《辐射防护》 1994 (4) 256-261
107. 张仲纶, **苏震**, 郑雁珍, 刘晓梅. (1993) LiF 剂量计高剂量测量方法研究 《辐射研究与辐射工艺学报》 1993(3) 135-138
108. 张仲纶, 郑雁珍, **苏震**, 赵克俭, 刘成祥. (1993) 中国实验卫星中空间辐射剂量的热释光分析方法 《空间科学学报》 1993 (2)
109. Wang Yingyan, Ma Yuqin, **Su Zhen**, Wang Jinguang, Zhao Kejian, Zhang Zhonglun, Ma Bin, Zheng Yanzhen, Liu Chengxiang. (1993) Changes of Low Level Chemiluminescence Spectra from Plant Leaf Smoked by Air Pollutants *Fresenius Envir Bull* 2: 588-595
110. 王红霞, 袁润英, 相东, 王林, 吴捷, 徐万鹏; 马玉琴, 赵克俭, 张仲纶, **苏震**, 郑雁珍,



- 马斌. (1993) 骨肿瘤病人血清和尿液超微弱发光强度的研究 《中华肿瘤杂志》 1993 (2) 108-111
111. 申文江, 王俊杰, 狄薇, 李亚钢, 常威克, 唐锦华, 罗醒萱, **苏震**. (1993) 35MeV P→Be 快中子分次照射的猪皮肤早期反应 《中华放射肿瘤学杂志》 1993 (1) 43-45
112. 马斌, 马玉琴, **苏震**, 赵克俭, 张仲纶, 郑雁珍, 刘成祥, 王英彦. (1992) 雨水对毛白杨树叶片低水平化学发光的影响 《科学通报》 1992 (24)
113. Ma Yuqin, Zhao Kejian, Zhang Zhonglun, **Su Zhen**, Ma Bin, Zheng Yanzhen, Liu Chengxiang. (1992) Influence of Rain and Sulphur Dioxide on Low-Level Chemiluminescence from leaf of *Populus tomentosa* *Bull. Environ. Contam. Toxicol.* Vol. 49 906-913
114. 马玉琴, 赵克俭, 王英彦, 张仲纶, 郑雁珍, **苏震**, 马斌, 刘成祥, 韩卫. (1992) 用斑马鱼的自发化学发光研究水域酚污染 《环境保护》 1992 (11) 33-34
115. Ma Yuqin, Song Xueling, Zhao Kejing, Zhang Zhoglun, Ma Bin, Zhen YanZhen, Liu Chengxiang, **Su Zhen**; Mi Fushun, Su Xueqing, Shen Yu, Wang Jianzhang. (1992) Investigation of Tumorigenic Effect on Ultraweak Luminescence from Nude Mouse for Animal Model *Chinese Journal of Cancer Research* Vol. 4 No. 4: 46-50
116. 申文江, 李庆琪, 鲍云华, 宋三泰, 刘辉, 陈国雄, 崔书祥, 泰康, 崔广余, 张红志, 唐锦华, 常威克, 张仲伦, 罗醒萱, 张苏, 陈刚, **苏震**, 谷铎之, 殷蔚伯, 曹逊闻. (1992) 快中子治疗临床实验研究 《中华放射肿瘤学杂志》 1992 (4) 32-36
117. 张仲纶, 王英彦, 郑雁珍, **苏震**, 马玉琴, 赵克俭, 刘成祥, 马斌. (1991) 用于环境监测的微弱发光测量仪 《环境保护》 1991 (10) 28-29

## 专利:

1. **苏震**, 徐文英, 达玲玲, 宋倩, 刘凤霞, 张群莲 “拟南芥PH01;H10蛋白及其编码基因在调控植物叶片花青素合成中的应用” 专利号 201911323001.9
2. 葛晓阳, 李付广, **苏震**, 徐文英, 达玲玲, 詹晶晶, 姚冬霞, 张力圩 “miR164a在应答亚洲棉耐盐中的应用” 专利号 202010952096.7
3. 葛晓阳, 李付广, **苏震**, 徐文英, 达玲玲, 詹晶晶, 姚冬霞, 张力圩 “一种亚洲棉miR172c在调控目的植物应答盐胁迫中的应用” 专利号 202010149664.X
4. **苏震**, 徐文英, 赵楠楠, 魏强, 张群莲 “水稻组蛋白去乙酰化酶基因HDA710在延迟叶片衰老中的应用” 专利号 201911298782.0
5. **苏震**, 徐文英, 闫恒宇, 刘凤霞, 王春超 “一种植物衰老相关蛋白AtSPX1及其编码基因和应用” 专利号 201811569253.5
6. **苏震**, 徐文英, 杨教童, 张群莲, 邸超, 刘凤霞, 焦远年, 张康 “一种植物开花时间性状相关蛋白AtJAZ5及其编码基因和应用” 专利号 201910079723.8
7. 李付广、王倩华、张雪妍、刘传亮、张朝军、武芝霞、王晔、孔德培、秦文强、**苏震**、徐文英、姚冬霞、张群莲、郑雪 “与植物抗逆性相关蛋白Gh01399及其编码基因与应用” 专利申请号201210261882.8
8. **苏震**, 徐文英, 魏强, 王玲, 刘凤霞, 于静娟, 赵琳娜, 张力圩 “OsSPX1蛋白及其编

码基因在调节植物花粉育性中的应用” 专利号201210253451.7

9. **苏震**, 徐文英, 魏强, 王玲, 刘凤霞, 于静娟, 赵琳娜, 谭远军 “水稻OsSPX1蛋白及其编码基因在调控植物抗氧化性中的应用” 专利号201210166813.9
10. **苏震**, 徐文英, 魏强, 王玲, 刘凤霞, 于静娟, 赵琳娜, 张群莲, 王春超 “水稻OsSPX1蛋白及其编码基因在调控植物种子结实率中的应用” 专利号 201210101772.5
11. 孙传清, 张侠, 刘凤霞, 王娜, **苏震**, 谭禄宾, 朱作峰, 付永彩, 谢道昕 “耐旱相关蛋白DT1及其编码基因和应用” 专利号 201110296327.4
12. 孙传清, 刘加勇, 刘凤霞, 谭禄宾, 付永彩, 朱作峰, **苏震** “植物耐冷相关蛋白LTT9及其编码基因和应用” 专利号 201210072826.X
13. 孙传清;刘凤霞;谭禄宾;付永彩;朱作峰;谢道昕;**苏震** “水稻冷诱导启动子p-LTT7 及其应用” 专利号 201010122399.2
14. **苏震**, 徐文英, 邸超, 周少霞, 张盖华 “水稻细胞色素P450基因专用引物辅助鉴别植物培养基质中除草剂的残留” 专利号200810118016.7
15. **苏震**, 徐文英, 邸超, 周少霞, 张盖华 “水稻细胞色素P450基因专用引物辅助鉴别植物培养基质中除草剂的残留” 专利号200810118017.1
16. **苏震**, 徐文英, 邸超, 周少霞, 张盖华 “水稻细胞色素P450基因专用引物辅助鉴别植物培养基质中除草剂的残留” 专利号200810118021.8
17. **苏震**, 徐文英, 邸超, 周少霞, 张盖华 “水稻细胞色素P450基因专用引物辅助鉴别植物培养基质中除草剂的残留” 专利号200810118019.0
18. **苏震**, 徐文英, 邸超, 周少霞, 张盖华 “水稻细胞色素P450基因专用引物辅助鉴别植物培养基质中除草剂的残留” 专利号200810118020.3
19. **苏震**, 徐文英, 于静娟, 赵琳娜, 刘凤霞, 周少霞 “一种植物耐低温蛋白及其编码基因与应用” 专利号200810115174.7
20. **苏震**, 徐文英, 于静娟, 赵琳娜, 刘凤霞, 周少霞 “植物耐低温蛋白及其编码基因与应用” 专利号200810115175.1
21. **苏震**, 刘凤霞, 徐文英, 谭禄宾, 邸超, 张振海, 孙传清, 薛勇彪 “一种辅助筛选籼稻和粳稻的方法以及专用引物” 专利号200810056529.X
22. **苏震**, 刘凤霞, 徐文英, 谭禄宾, 邸超, 张振海, 孙传清, 薛勇彪 “一种辅助筛选籼稻和粳稻的方法” 专利号200810056530.2
23. 孙传清, 刘凤霞, 谭禄宾, **苏震**, 朱作峰, 付永彩 “一种辅助筛选耐冷水稻的方法与其专用引物”, 专利号ZL200610089799.1
24. 孙传清, 刘凤霞, 谭禄宾, **苏震**, 朱作峰, 付永彩 “辅助筛选耐冷水稻的方法和它的专用引物” 专利号200610088805.1
25. 孙传清, 刘凤霞, 谭禄宾, **苏震**, 朱作峰, 付永彩 “辅助筛选耐冷水稻的方法与其专用引物” 专利号200610088803.2
26. 孙传清, 刘凤霞, 谭禄宾, **苏震**, 朱作峰, 付永彩 “一种辅助筛选耐冷水稻的方法及其专用引物” 专利号200610088801.3
27. 孙传清, 刘凤霞, 谭禄宾, **苏震**, 朱作峰, 付永彩 “辅助筛选耐冷水稻的方法及其专用引物” 专利号200610089798.7

28. 孙传清 刘凤霞 苏震 谭禄宾 刘家勇, 付永彩 朱作峰 “一种与植物耐冷性相关的蛋白及其编码基因与应用” 专利号200810181172.8
29. Guangzhou Zou, Xun Wang, and Zhen Su. System and Method for Clustering Data (2003) in USA, PCT/US2003/001806
30. 张仲纶, 付世密, 郑雁珍, 苏震, 马玉琴, 刘成祥, 江丕栋 “微弱发光测量仪”, 专利号ZL96241369.0

## 软件著作权:

1. 苏震, 马雪莲, 徐文英 自定义基因集富集分析软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2021SRBJ0509 ; 证书号: BJ47637
2. 苏震, 马雪莲, 徐文英 基因集富集分析优化软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2021SRBJ0558 ; 证书号: BJ47686
3. 苏震, 马雪莲, 徐文英 基因集富集结果平行比较分析软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2021SRBJ0563 ; 证书号: BJ47691
4. 苏震, 余加杰, 徐文英 SNP数据查询和可视化软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2020SRBJ0177; 证书号: BJ46487
5. 苏震, 田甜, 徐文英 基因组共线性图谱可视化分析工具V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2018SRBJ1118; 证书号: BJ44948
6. 苏震, 田甜, 徐文英 共表达网络自定义分析工具V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2018SRBJ1117; 证书号: BJ44947
7. 苏震, 刘悦, 徐文英 植物基因组调控元件预测软件V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2018SRBJ1116; 证书号: BJ44946
8. 苏震, 刘悦, 徐文英 染色质状态SOM聚类比较分析及可视化软件V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2018SRBJ0863; 证书号: BJ44693
9. 苏震, 张康, 徐文英 染色质状态聚类及可视化查询分析软件V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2017SRBJ1093; 证书号: BJ43637
10. 苏震, 徐文英, 易欣, 尤琪, 闫恒宇, 余加杰, 赵楠楠 基于多维组学数据的植物新转录本预测软件V1.0 计算机软件著作权 登记号 : 2017SRBJ0881; 证书号: BJ43425
11. 苏震, 田甜, 徐文英, 刘悦, 闫恒宇, 尤琪 富集分析P值分布计算软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2017SRBJ0838; 证书号: BJ43382
12. 苏震, 尤琪, 徐文英, 刘悦, 田甜, 马雪莲 共表达网络表达谱动态分析软件V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2017SRBJ0683; 证书号: BJ43227
13. 苏震, 尤琪, 徐文英 同源基因共表达网络比较分析软件V1.0 计算机软件著作权  
登记号 : 2017SRBJ0778; 证书号: BJ43322
14. 苏震, 徐文英, 张振海, 尤琪, 于娟 顺式作用元件motif显著性分析软件 计算机软件著作权  
登记号 : 2015SRBJ008777; 证书号: BJ40645
15. 苏震, 易欣 PlantGSEA植物Gene Set富集分析软件 计算机软件著作权登记号

2013SRBJ0679; 证书号: BJ39356

16. 张盖华, **苏震** BMCD细胞色素P450同源结构建模流程软件 计算机软件著作权登记号 2013SRBJ0529; 证书号: BJ39206
17. 杨仁东, 张臣, **苏震**, 徐文英 基于Lomb-Scargle周期图回归算法软件 计算机软件著作权登记号 2010SRBJ6734; 证书号: BJ28859
18. 杨仁东, **苏震**, 徐文英 ARSER表达谱波形分析软件 计算机软件著作权登记号 2010SRBJ3476; 证书号: BJ28859

## 获奖情况:

1. “组学大数据整合与解析的新技术和算法研究” 2018 年获高等学校科学研究优秀成果奖自然科学二等奖 (证书号: 2018-068)。  
**苏震**, 杜舟, 杨仁东, 周鑫, 易欣, 张振海, 徐文英, 凌毅, 尤琪
2. “生物系统超弱发光的研究及其在环境科学中的应用” 1996 年获中国科学院生物物理研究所重要成果二等奖。  
沈恂, 马玉琴, 张仲纶, 王英彦, 付世密, 李心愿, **苏震**, 郑雁珍, 刘成祥, 张月敬
3. “快中子治癌研究装置及应用研究” 项目于1992年4月16日通过国家医药管理局和中国科学院联合鉴定, 1993年获科学院科技进步二等奖, 1995年获国家科技进步三等奖  
唐锦华, 常崑克, 罗醒萱, 张苏 等 高能物理所  
张仲纶, **苏震**, 刘成祥, 郑雁珍 生物物理所  
军事医学科学院, 医科院肿瘤所, 北京肿瘤所, 301医院 等协作组三十余人