

万群/教授

院 系	物理系	性 别	男
出 生 年 月	1973.5	学 位	理学博士
学 历	博士	毕 业 院 校	美国佛蒙特大学
职 称	教授	研 究 方 向	蛋白质结构与功能
职 务		办 公 地 点	教四楼 606
电 话		电 子 邮 箱	qunwan@njau.edu.cn

个人简介

万群，南京农业大学理学院教授、博士生导师。2008年博士毕业于美国佛蒙特大学分子生理与生物物理专业，曾在美国能源部橡树岭国家实验室、美国凯斯西储大学药理系从事博士后的研究工作，后在上海美迪西生物制药有限公司担任药物开发部主任，2015年到南京农业大学理学院工作。研究方向：（1）应用结构生物学（X-光衍射和中子衍射）等多种方法研究酶蛋白的催化机理和蛋白质改造；（2）结合虚拟筛选和直接得到晶体结构这两种方式研究靶标蛋白与药物分子的相互作用，筛选和改造现有药物分子，提高其特异性、亲和力、稳定性和跨膜通透性。

在PNAS、Structure、JBC、JMB等杂志发表22篇论文，SCI影响因子总计60，并被Cell、PNAS、Nat Struct Biol等权威杂志引用超过250次。为J. Struct Biol、Acta Cryst Sect D、Plons One、Sci Rep等SCI杂志审稿人。

教学信息

实用蛋白质晶体机构与功能（研究生课程），大学物理，大学物理实验；

科研项目

1. 国家自然科学基金面上项目，木聚糖酶催化反应机理的研究及耐酸碱突变体的设计，负责人 万群，2017-2020；
2. 江苏省自然科学基金面上项目，应用中子衍射技术研究糖苷水解酶的催化反应机理，负责人 万群，2016-2019；
3. 教育部留学人员科研启动基金，基于晶体结构的驱动蛋白ATP水解机制的研究和抗癌药物设计，负责人 万群，2014-2016；
4. 天然药物活性组分与药效国家重点实验室开放基金，作为二氢叶酸还原酶抑制剂的茶多酚的改性研究，负责人 万群，2016-2017；
5. 中央高校科研基本业务费重大专项，基于生物源活性分子先导的新农药创制——合理设计、合成、生物活性与作用机制研究，参加，2016-2019；

所获奖项

2016年江苏省六大人才高峰项目资助；

发表文章

Wan Q., Parks J.M., Hanson B.L., Fisher S.Z., Ostermann A., Schrader T.E., Graham D., Coates L., Langan P., Kovalevsky, A. Direct determination of protonation states and visualization of hydrogen bonding in a glycoside hydrolase with neutron crystallography. *Proc Natl Acad Sci USA*, 112(40): 12384-12389, October 6, 2015 (影响因子: 9.6).

Wan Q., Bennett C.B., Wilson A.W., Kovalevsky A., Langan P., Howell E., Dealwis C.G. Toward resolving the catalytic mechanism of dihydrofolate reductase using neutron and ultrahigh resolution X-ray crystallography. *Proc Natl Acad Sci USA*, 111(51):18225-18230, Decemer 23, 2014 (影响因子: 9.8).

Wan Q., Zhang Q., Hamilton-Brehm S., Weiss K., Mustyakimov M., Graham D., Coates L., Langan P., Graham D. and Kovalevsky A. X-ray crystallographic studies of family 11 xylanase Michaelis and product complexes: implications for the catalytic mechanism. *Acta Cryst D*70:11-23. January, 2014 (影响因子: 7.2, 封面文章).

Wan Q., Ahmad M. F., Fairman J., Gorzelle B., Fuente M., Dealwis C. G., Maguire M. X-ray Crystallography and Isothermal Titration Calorimetry Studies of Salmonella Znc Transporter ZntB. *Structure*. 19(5):700-710. May 2011. (影响因子: 6.3)

Miyagi M., **Wan, Q.**(并列第一作者), Ahmad M. F., Gokulrangan G., Tomechko S. E., Bennett B., Dealwis C. G. Histidine Hydrogen-Deuterium Exchange Mass Spectrometry for Probing the Microenvironment of Histidine Residues in Dihydrofolate Reductase. *PLoS One*. 6(2): e17055. February 2011. (影响因子: 4.3)

Bennett B. C., **Wan Q.** (并列第一作者), Ahmad M. F., Dealwis C. G. X-ray structure of the ternary MTX·NADPH complex of the anthrax dihydrofolate reductase: A pharmacophore for dual-site inhibitor design. *J. Struct. Biol* 166(2): 162-171. May 2009. (影响因子: 3.7)

Ahmad M. F., **Wan Q.** (并列第一作者), Jha, S., Motea, E., Berdis, A., Dealwis C.G. Evaluating the Therapeutic Potential of a Non-Natural Nucleotide that Inhibits Human Ribonucleotide Reductase. *Molecular Cancer Therapeutics*. August 28, 2012; 11(10):2077-2086 (影响因子: 5.1)

Wijerathna, S.R., Ahmad M. F., Xu, H., Fairman J, Zhang, J., Kaushal, P.S., **Wan, Q.**, Kiser, J.Y., and Dealwis, C.G. Targeting the Large Subunit of Human Ribonucleotide Reductase for Cancer Chemotherapy. *Pharmaceuticals*. 2011, 4(10), 1328-1354. (影响因子: 3.2)

Ahmad M.F., Kaushal P.S., **Wan Q.**, Wijerathna S.R., An X., Huang M., Dealwis C.G. Role of Arginine 293 and Glutamine 288 in Communication between Catalytic and Allosteric Sites in Yeast Ribonucleotide Reductase. *J. Mol. Biol* 419(5): 315-29. March 2012. (影响因子: 4.1)

Nair U. B, Joel P. B, **Wan Q.**, Lowey S., Rould M. A, Trybus K. M. Crystal Structures of Monomeric Actin bound to Cytochalasin D. *J. Mol. Biol.*, 384(4):848-864. October 2008. (影响因子: 4.1)

Rould M. A., **Wan Q.**, Joel P. B, Lowey S., Trybus K. M. Crystal structures of expressed non-polymerizable monomeric actin in the ADP and ATP states. *J. Biol. Chem.*, 281 (42) : 31909-31919. August 2006. (影响因子: 5.8)