

2024 第四季 10-12月

Quarterly Journal of **FRCBS**

北京生物结构 前沿研究中心

肖百龙教授团队荣获2023年度北京市科学技术奖自然科学奖一等奖
国际学术评估会议顺利召开, 专家高度认可中心建设成效
颜宁团队利用冷冻电镜技术探索结构生物学研究新范式

Contents.目录

01

02

03

04

05

06

概述	01
获奖资讯	03
肖百龙教授团队荣获2023年度北京市科学技术奖自然科学奖一等奖	
国际学术评估会议	05
科研速递	07
生物结构前沿知识发现与建立	
1.李赛团队合作公布首个猴痘病毒的冷冻电镜照片和病毒粒子结构	
2.李丕龙合作发表转录凝聚体的特邀综述	
3.张数一团队提出蛋白质序列-功能空间压缩的概念	
4.颜宁团队利用酷寻在淡水中发现的包围着四肽重复序列蛋白丝的规则糖质结构	
5.肖百龙 / 李雪明 / 田博学课题组合作解析机械力受体PIEZO1的结构功能机制	
6.高分辨率带来全新发现——颜宁等发现糖质新型键连方式、探索糖质结构折叠密码	
生物结构新技术开发	13
1.颜宁团队利用冷冻电镜技术探索结构生物学研究新范式	
2.陈春来课题组发展基于人工智能的单分子荧光数据分析方法	
3.龚海鹏团队通过几何学习和预训练策略改进蛋白质稳定性变化的预测精度	
学术交流	16
1.Molecular Cell资深编辑Krista Bledsoe博士解析论文发表之路	
2.宾夕法尼亚大学Matthew Good教授解读细胞内无膜结构的蛋白质凝聚机制	
3.哈佛大学医学院张毅教授开展干细胞衰老与多能性调控的学术讲座	
4.南京大学于涵洋教授分享非天然核酸化学生物学	
5.华盛顿大学王艇教授分享转座子与癌症表观基因组进化	
6.哥伦比亚Samuel H. Sternberg教授分享CRISPR-转座子在分子层面的扩展性适应的创新研究	
7.微软研究院王童博士探讨AI驱动分子动力学模拟新时代	
2025年第一季度工作重点	21

2024第四季度

踔厉奋发，拓新求索

冬日寒霜渐浓，万物静待新生，北京生物结构前沿研究中心（以下简称“中心”）的科研步履依旧坚定有力。本季度，中心在基础研究、技术创新、学术交流等方面不断拓展边界，收获累累硕果。年终将至，各项荣誉接连揭晓，肖百龙教授团队荣获2023年度北京市科学技术奖自然科学奖一等奖，进一步彰显了中心在生物结构研究领域的卓越实力。“千淘万漉虽辛苦，吹尽狂沙始到金。”在不断追求卓越的道路上，中心本季度自发组织国际学术评估会议，邀请了数位全球顶尖学者，对中心科研进展进行深入评估，并就未来发展规划建言献策，从而为中心长远发展奠定更加坚实的基础。

“博观而约取，厚积而薄发”，本季度，中心多个研究团队在生物结构前沿领域取得突破性进展。李赛团队合作公布了首个猴痘病毒的冷冻电镜照片和病毒粒子结构，为病毒学研究提供了关键数据支撑。李丕龙合作发表了关于转录凝聚体的特邀综述，系统梳理并总结了该领域的最新研究进展。张数一团队提出蛋白质序列-功能空间压缩的概念，拓宽了蛋白质功能演化的研究思路。颜宁团队利用酷寻在淡水中发现的包围着四肽重复序列蛋白丝的规则糖质结构，为糖质与蛋白互作提供了新视角。肖百龙、李雪明、田博学课题组合作解析机械力受体PIEZO1的结构功能机制，为细胞机械感知的研究提供了深入的分子层面解析。此外，依托高分辨率冷冻电镜技术，颜宁等人发现糖质新型键连方式，并进一步探索糖质结构折叠密码，为糖生物学研究开辟了新方向。

“工欲善其事，必先利其器”，技术突破与方法创新是推动科研进步的重要驱动力。本季度，中心在生物结构新技术开发领域持续发力，取得诸多成果。颜宁团队利用冷冻电镜技术探索结构生物学研究的新范式，推动该技术在生物大分子研究中的应用深化。陈春来课题组发展基于人工智能的单分子荧光数据分析方法，显著提升荧光检测的精确度与解析能力。龚海鹏团队则通过几何学习与预训练策略，提高了蛋白质稳定性变化的预测精度，为蛋白质设计及改造提供了更加精准的工具。这些技术突破不仅推动了基础研究的发展，也为生物医药等应用领域提供了新的可能性。

学术交流激发创新思维，思想碰撞助力科研前行。本季度，中心持续举办高水平学术活动，邀请多位专家学者与广大师生分享前沿研究成果。*Molecular Cell*资深编辑Krista Bledsoe博士深入解析论文发表之路，助力青年学者掌握科学写作与投稿技巧。宾夕法尼亚大学Matthew Good教授带来细胞内无膜结构的蛋白质凝聚机制研究，揭示蛋白相分离的最新进展。哈佛大学医学院张毅教授讲解干细胞衰老与多能性调控，剖析干细胞生物学的前沿趋势。南京大学于涵洋教授探讨非天然核酸化学生物学，拓宽核酸化学研究的边界。华盛顿大学王艇教授解析转座子与癌症表观基因组进化的关系，揭示基因调控与疾病发展的内在联系。哥伦比亚大学Samuel H. Sternberg教授分享CRISPR-转座子在分子层面的扩展性适应研究，展示基因编辑技术的最新进展。微软研究院王童博士探讨AI驱动的分 子动力学模拟新时代，展示人工智能在生物结构研究中的广阔前景。高水平的学术讲座为中心师生提供了多元化的学习机会，也为学术创新营造了更加浓厚的氛围。

回首2024年第四季度，中心在科研创新、技术突破和学术交流等方面均取得了扎实进展。站在新一年的起点，中心将继续坚守科研初心，勇攀科学高峰，在生物结构研究的道路上不断探索，为推动学科发展和社会进步贡献更多智慧与力量。

获奖资讯

肖百龙教授团队荣获2023年度北京市科学技术奖自然科学奖一等奖

2024年11月19日，北京市人民政府召开了2023年度北京市科学技术奖励大会，评选出自然科学奖一等奖13项，二等奖39项。肖百龙团队与李雪明团队的成果“机械力受体PIEZO的结构功能机制”荣获自然科学奖一等奖！



机械力受体PIEZO介导哺乳动物包括人类的触觉、本体觉以及内脏觉机械感知，以及器官组织发育与功能稳态维持等基本生命活动，其发现与研究工作被授予2021年诺贝尔生理学或医学奖。

肖百龙教授团队近10年来聚焦于从分子、细胞、动物及药物水平解答机械力受体PIEZO如何将机械力刺激转化为电化学信号、进而决定其生理病理功能这一核心科学问题，并致力于其药物发现与开发，在PIEZO的离子通道功能属性证实、机械力感知的结构功能机制、生理病理功能、小分子工具药物发现方面取得了系统性的创新研究成果，主要科学发现与意义包括：1) 建立了机械力受体PIEZO蛋白的结构功能机制研究新范式，解析了其三维结构，鉴定了其关键离子通道功能位点，发现了其小分子工具药物，确证了PIEZO蛋白是在哺乳动物中发现的首类机械门控阳离子通道，开辟了生理学、神经科学、医学、药理学、生物力学等领域新的研究方向；2) 证实了PIEZO2的触觉受体生理功能，解析了其完整三维结构，揭示了其将机械力高效转化为电化学信号的独特结构基础与精巧工作机制，提出了其双门控作用机制模型；3) 建立了PIEZO在脂膜中的受力结构解析体系，解析了PIEZO1在脂膜中的动态结构与受力形变过程，定量了其皮牛尺度力学敏感性，确立了其形变与曲率感知学说，解答了PIEZO1如何将物理机械刺激转化成生物电信号这一核心科学问题。本项目代表性论文研究成果被2021年诺贝尔生理学或医学奖委员会所引用，以及被神经生物学经典教材所收录，产生了重大学术影响。

肖百龙和李雪明团队成员包括肖百龙、李雪明、赵前程、王莉、周珩、杨旭中、林超、吴坤、耿洁、王燕峰、张明敏、刘文豪、陈旭东、李首卿为本项目获奖人，完成单位为清华大学。





国际学术评估会议顺利召开 专家高度认可中心建设成效

2024年11月14日，北京生物结构前沿研究中心成功举办国际学术评估会议。本次会议由中心自发组织，旨在对中心的阶段性建设成果进行全面评估，并进一步提升中心的学术影响力和国际化水平。

为确保评估的权威性与专业性，中心特别邀请了六位国际知名专家组成评审委员会。他们分别是：美国杜克大学医学院王小凡教授、美国纪念斯隆凯特琳癌症中心Dinshaw J. Patel院士、美国约翰霍普金斯大学医学院刘钧教授、美国宾夕法尼亚大学宋洪军教授、美国圣路易斯华盛顿大学医学院王艇教授，以及美国德克萨斯大学西南医学中心潘多加教授。

评审委员会



会议期间，评审专家认真听取了中心副主任王宏伟教授关于中心整体工作情况的汇报，并围绕中心自成立以来的建设进展、科研成果及未来发展目标展开深入讨论。专家们结合国际前沿研究动态，对中心的发展现状进行了细致分析，并提出了具有建设性的意见与建议。

王宏伟教授



评估结束后，专家评审团对北京生物结构前沿研究中心的建设成效给予高度评价。他们认为，中心已在生物结构前沿研究领域取得了重要突破，为我国该领域的未来发展奠定了坚实基础。同时，专家们也对中心未来的发展方向提出了中肯的建议，期待中心继续推动原始创新，进一步提升国际学术影响力。



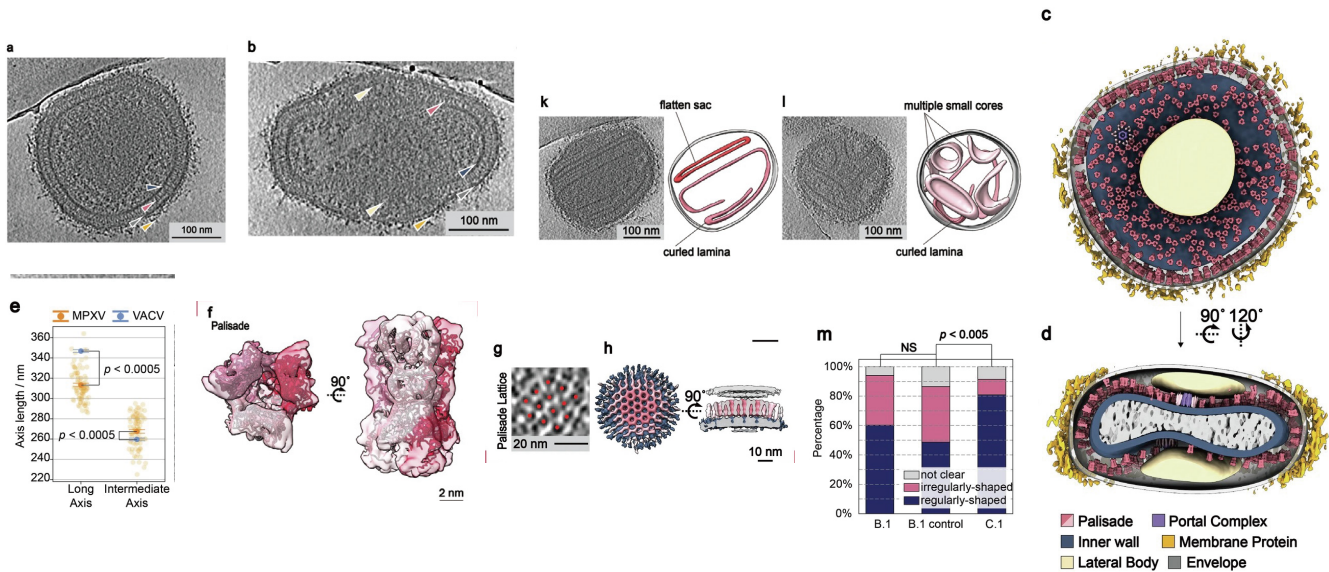
李赛团队合作
公布首个猴痘病毒的冷冻电镜照片和病毒
粒子结构

猴痘病毒是一种直径可达350nm的巨型囊膜病毒。它拥有近200kbp的双链DNA基因组，编码了180余种蛋白质，相较于其他病毒而言组分构成极其复杂且体型庞大。加之其高致病性及传染性特征，至今尚无完整、真实猴痘病毒粒子的冷冻电镜照片或结构公开。

2024年10月22日，清华大学生物结构前沿中心李赛课题组与中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所应急技术中心谭文杰团队在《细胞·发现》(*Cell Discovery*) 期刊合作发表了题为“猴痘成熟病毒粒子的分子构造”(Molecular Architecture of Monkeypox Mature Virus) 的研究工作。该工作揭示了灭活猴痘病毒成熟病毒粒子及其内核上栅栏蛋白与孔道复合物的原位结构与组装模式，并首次报道了2022-2023年流行的两个代表性猴痘病毒毒株中存在异常组装模式的现象。

本研究通过揭示真实猴痘病毒的分子构造，发现2022年至今主要流行的两个代表性毒株存在不同比例的异常形态病毒粒子，提示猴痘病毒在内核组装方面可能发生了适应性进化。然而其他猴痘病毒分支与毒株，特别是2024年8月爆发的clade 1b分支毒株是否存在类似特征，这些异形病毒颗粒的形成机制，及这些毒株的形态是否和致病性由关联等问题还有待进一步探索。此外，本研究主要揭示了猴痘病毒内核表面的分子构造，但更多结构蛋白的细节，如内核中基因组如何组装、囊膜表面刺突蛋白的结构和分布规律，猴痘主要抗原与受体、中和抗体的结合机制等是下一步的研究重点。

RESEARCH



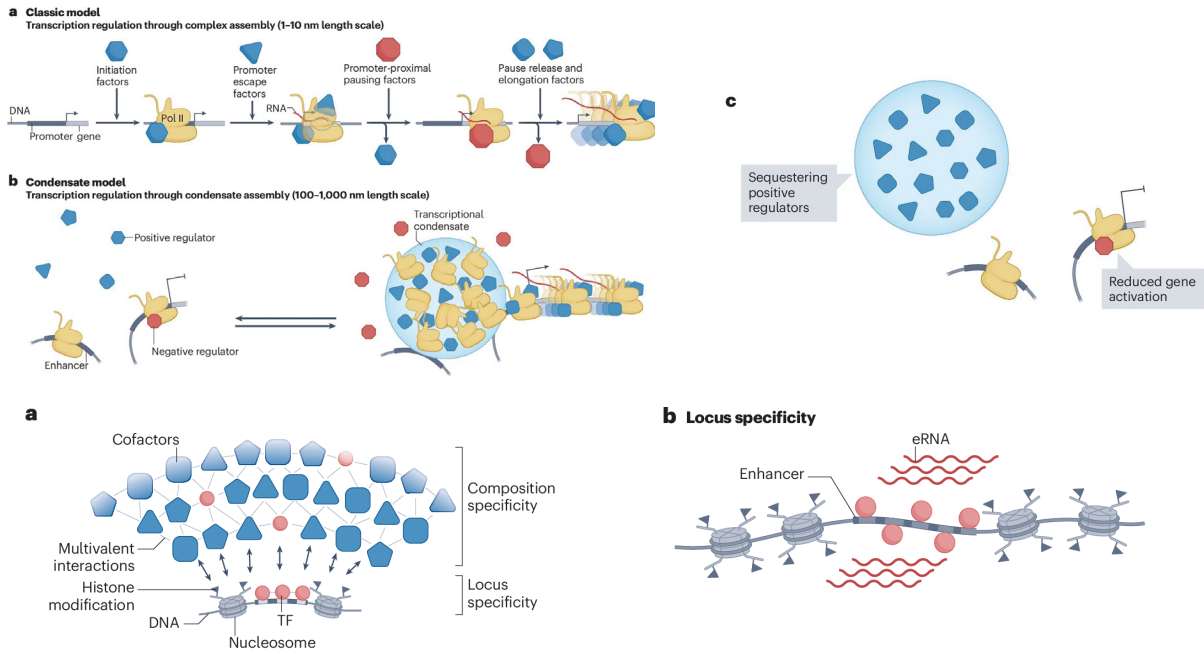
李丕龙合作发表
转录凝聚体的特邀综述

mRNA的选择性转录是一个十分重要的生物学过程，一旦出现调控失常将会导致很严重的疾病。传统的转录调控模型关注这些转录相关蛋白如何在几十纳米的尺度上形成大分子复合体进而调控转录。最新的研究发现这些大分子复合体(包括转录因子、辅助因子、Pol II 及其相关的数十种蛋白)进一步通过蛋白质、DNA和RNA之间的动态多价相互作用来驱动液液相分离最终形成100-1000纳米尺度的“转录凝聚体”。

2024年11月8日，前沿中心李丕龙和德克萨斯大学西南医学中心Benjamin R. Sabari联合在*Nature Reviews Molecular Cell Biology*杂志上发表题为“*Transcription regulation by biomolecular condensates*”的特邀综述文章。在本综述中，他们详细讨论了凝聚体介导的转录调控的机制及与人类疾病的关系。

文章详细讨论了转录凝聚体的形成机制及其在转录调控中的作用，并进一步探讨了转录凝聚体如何调节基因激活以及转录凝聚体在应对环境刺激中的作用。最后，文章探讨了转录凝聚体在疾病中的作用。许多疾病的发生与转录凝聚体的失调密切相关，文章提出了四种主要的失调机制：新的相互作用网络的获得、相互作用网络的破坏、蛋白质核浓度的变化以及信号传导的干扰。这些机制可能导致转录调控的紊乱，从而引发癌症、发育障碍和神经退行性疾病。

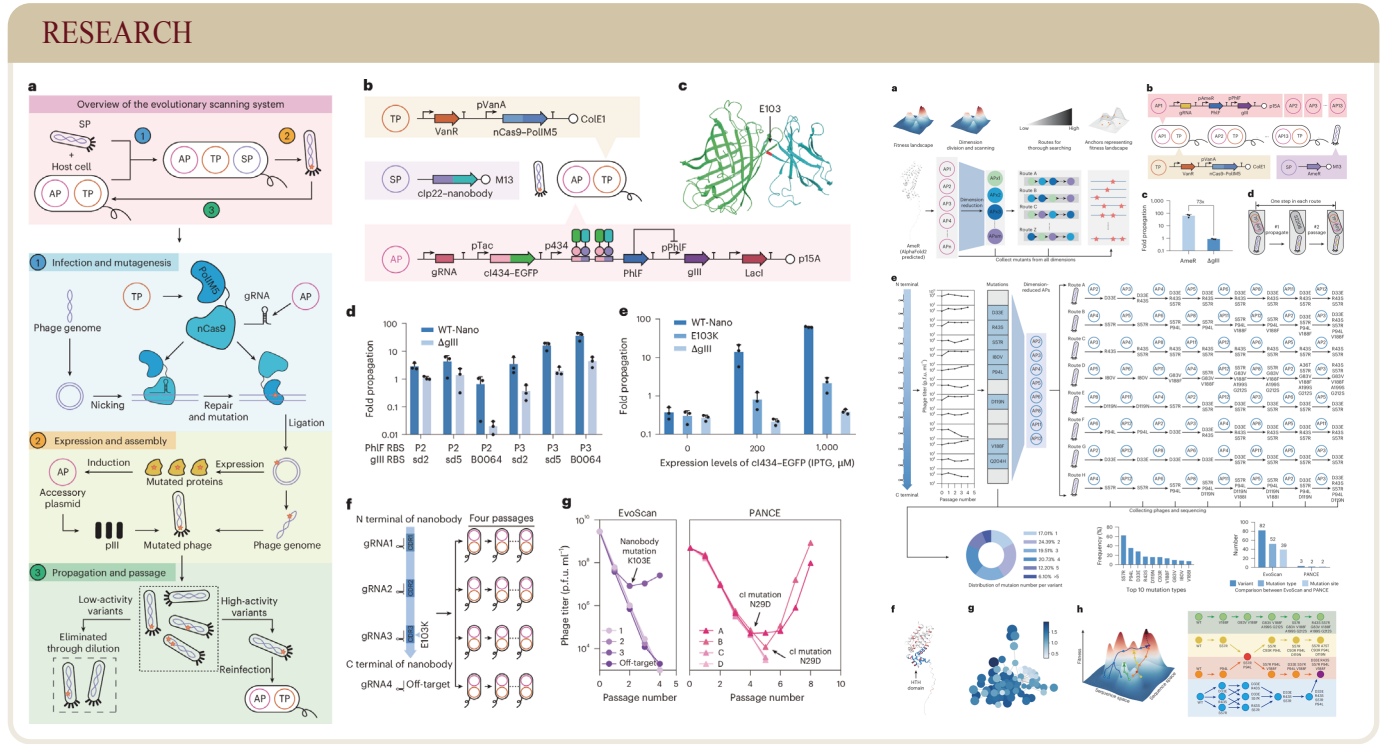
RESEARCH



张数一团队 提出蛋白质序列-功能空间压缩的概念

2024年11月11日,张数一团队在*Nature Methods*上发表了名为“*EvoAI enables extreme compression and reconstruction of the protein sequence space*”的文章。提出了对蛋白质序列-功能空间进行压缩的概念,开发了进化扫描系统,可以高效获取空间压缩后的锚点 (Anchor),并开发了相应的EvoAI系统,实现了对蛋白质序列-功能空间的进化压缩和AI重构,压缩比可以达到1048,对于理解蛋白质序列-功能空间映射关系引入了新的视角。

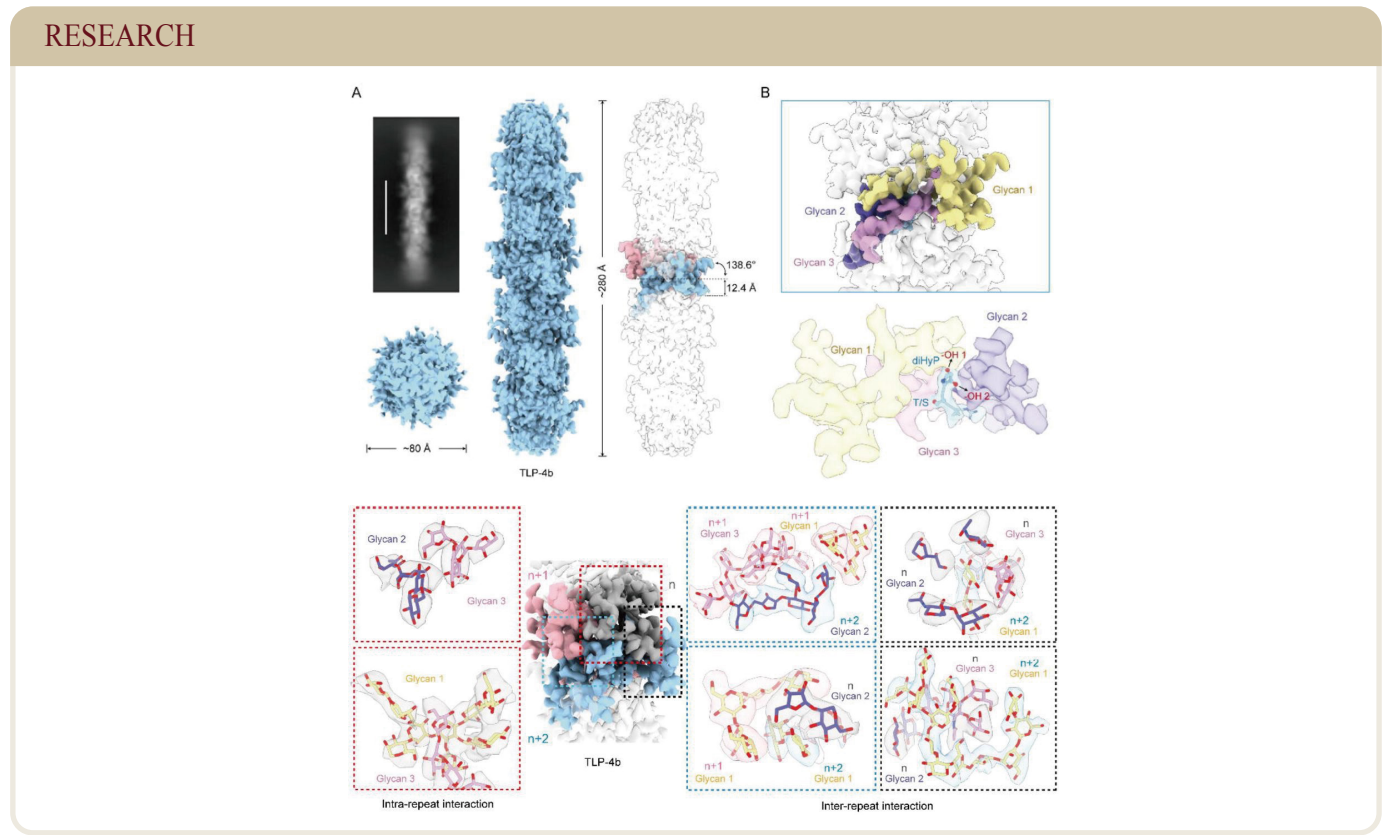
与现有方法相比,该方法有几个重要优势。首先,它实现了序列空间的广泛,均匀且精确的采样,这可以快速探索高维并生成更多样化和功能性的突变体,并提供有关序列-功能映射的更丰富信息。其次,该方法整合了基于经验的进化扫描和深度学习模型,充分利用了这两种不同方法的优势。研究人员可以使用深度学习得到的关键特征来动态地指导扫描过程。可解释性深度学习在未来的进一步发展可能会揭示潜在的进化规则,并为蛋白质如何适应和克服进化限制提供见解。第三,该方法可以进化和研究缺乏结构信息或涉及具有挑战性的相互作用的蛋白质。EvoScan可以针对不同的蛋白质相互作用捕获蛋白质锚点,如蛋白质-蛋白质、蛋白质-配体和蛋白质-核酸相互作用。文章中提出的蛋白质序列-功能空间压缩的概念也有望应用于不同种类的蛋白质,并对自然界如何在有限时间内完成蛋白质空间的搜索和物种的高效进化产生一定的启发作用。



颜宁团队 利用酷寻在淡水中发现的包围着四肽重复序列 蛋白丝的规则糖质结构

2024年12月15日,颜宁团队在预印本网站BioRxiv公布最新成果,论文标题为《8纳米意大利面条:利用酷寻在淡水中发现的包围着四肽重复序列蛋白丝的规则糖质结构》(*The 8-nm spaghetti: well-structured glycans coating linear tetrapeptide repeats discovered from freshwater with CryoSeek*)。事实上,这篇研究论文是研究团队即将发表在《美国科学院院刊》(PNAS)的一篇相关论文的姐妹篇。不同于之前可以利用AI自动搭建出模型的、以蛋白质为主的两个疑似未知菌毛的结构,在这两个后续研究中,AI-助力的若干软件都无法自动搭建出蛋白结构。经过人工手动尝试,才发现原来是一种高度糖基化的蛋白纤维。

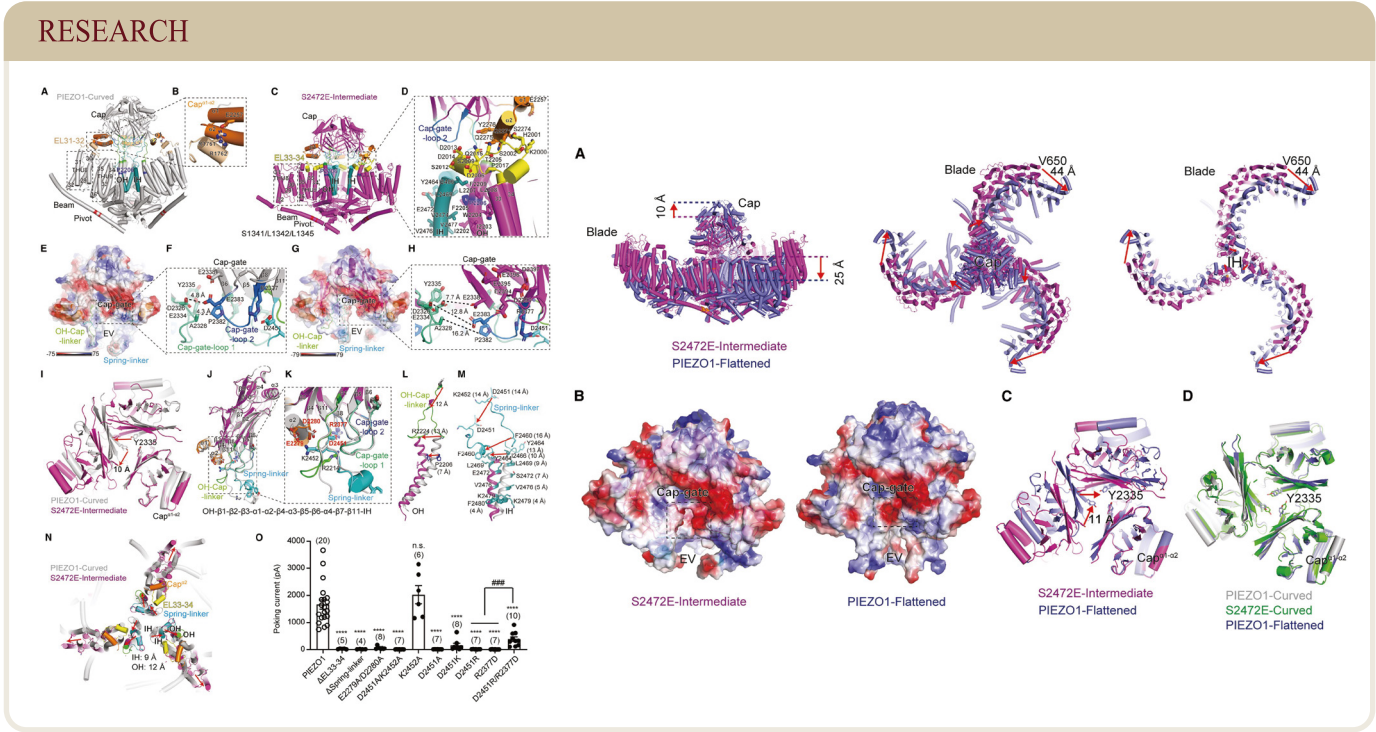
本研究衍生出诸多有趣的问题等待探索。比如,如此高度有序的结构是由哪些糖基转移酶催化的?在组装过程中是否需要特定的伴侣蛋白或其他辅助因子?最重要的是,这些在细胞体外的纤维丝为糖基的存储几乎提供了无限空间,从而成为一种有效调节微环境里碳氮平衡的手段。探索这些问题需要在实验室内建立合适的模式生物,还有赖于包括结构信息学在内的多种策略;而这些问题的解决则将为包括合成生物学、材料科学在内的诸多学科提供新思路和新手段。



肖百龙/李雪明/田博学课题组
合作解析机械力受体PIEZO1的结构功能机制

PIEZO是一类专门的机械力受体,具有将多种形式的机械刺激转导成阳离子内流的能力。PIEZO蛋白凭借其纳米尺度的曲率形变,能够感受皮牛尺度的力,并在毫秒尺度被激活,随后快速失活。这种出色的机械敏感性使得PIEZO蛋白在多种细胞中发挥重要的机械信号转导功能,进而调控了触觉、本体感觉、机械痛痒觉、血压、心率和性快感等众多生理过程。PIEZO蛋白在受力时可以从关闭状态迅速转换至开放状态,随后快速进入失活状态。PIEZO蛋白的精细门控调节可能对应着其发挥的广泛生理和病理作用。例如:在体内一些细胞类型中,内源的PIEZO1介导电流的失活速度相较于异源表达的PIEZO1显著减慢;PIEZO1的一些功能获得性突变的人类致病位点往往具有电流失活变慢的特点。因此,确定PIEZO不同功能状态的结构对于在分子层面上深入理解其门控过程至关重要。

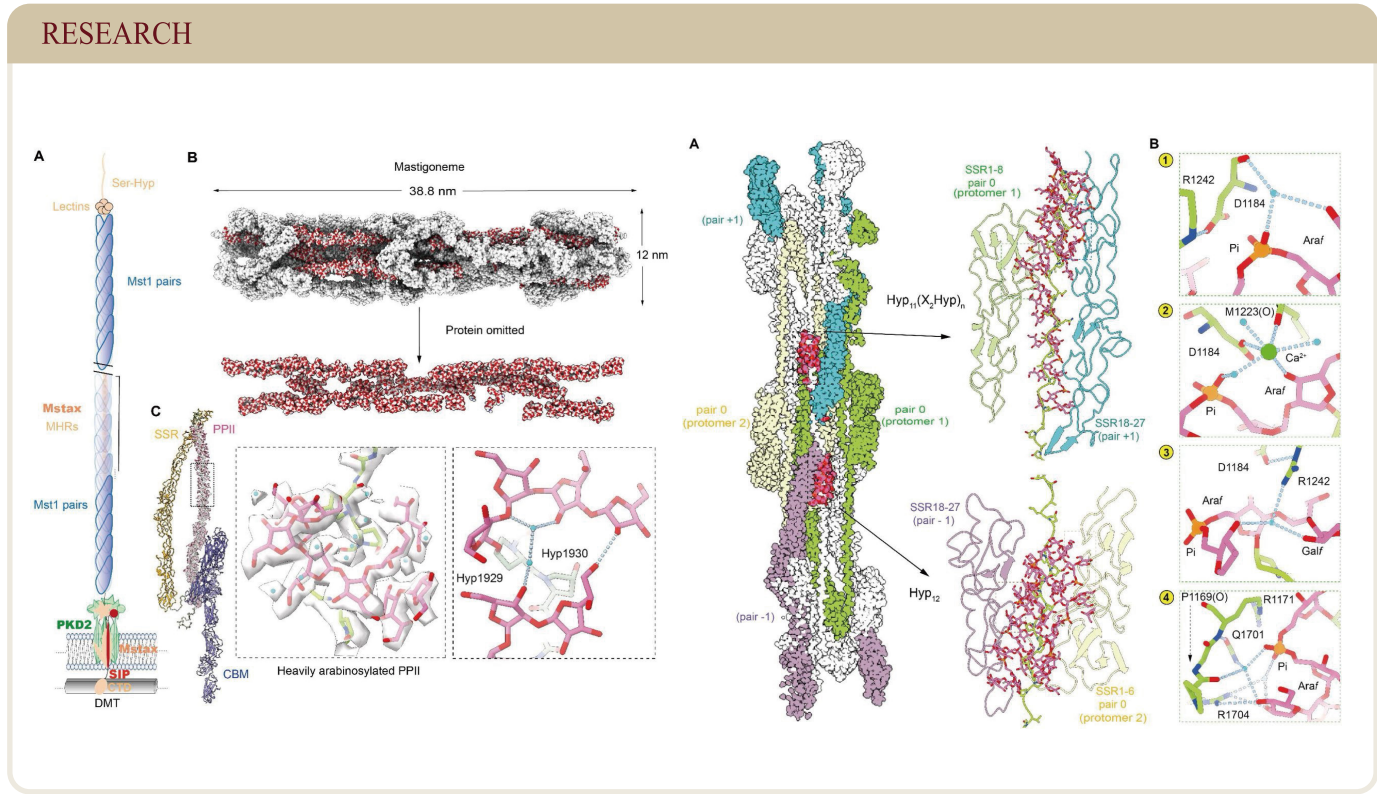
2024年12月23日,肖百龙教授课题组、李雪明研究员课题组与田博学研究员课题组合作,在神经科学领域权威期刊《神经元》(*Neuron*)杂志在线发表了题为《中间开放态结构揭示机械激活PIEZO1 通道的门控转换》(*An intermediate open structure reveals the gating transition of the mechanically activated PIEZO1 channel*)的研究长文,解析了机械力受体PIEZO1的中间开放状态的结构,揭示了其精细结构动态变化和门控转换过程,并结合结构分析、分子动力学模拟和电生理实验,定义了其关闭态、开放态和失活态的不同构象状态,提出了其门控循环机制,完善了其曲率感知理论学说。



高分辨率带来全新发现
颜宁等发现糖质新型键连方式、探索糖质
结构折叠密码

碳水化合物是生命的基本物质,包括多糖、聚糖在内的糖质 (glycan) 对于细胞活动必不可少。尽管糖质具有重要的基础生物学意义,但其三维结构信息在很大程度上是缺失的。迄今为止,糖质高分辨率结构仅限于与蛋白质结合的相对简单的糖配体或蛋白质修饰上与氨基酸相连的少数几个糖环。这种结构信息的缺乏严重阻碍了我们对于糖质参与的广泛的生理和病理功能的机制理解。考虑到糖质是地球上最丰富的生命分子,对其高级结构的解析对于破译糖质和糖缀合物的折叠原理至关重要,并且可能助力包括材料科学在内的多个研究领域。

2024年12月25日,颜宁及其合作者团队在预印本网站BioRxiv公布最新成果,论文标题为“高分辨率纤维结构揭示通过5',5'-磷酸二酯键稳定的糖质折叠”(High-resolution mastigoneme structure reveals 5',5'-phosphodiester stabilized glycan folding)。高达2.3埃(即0.23纳米)的分辨率不仅让研究者可以精确定糖质的种类与立体化学信息,还揭示了一种此前在自然界从未发现过的5', 5'-磷酸二酯键,它将相邻的糖链进行了共价固定,从而将修饰于不同氨基酸上的糖链编织成了“糖网”。总而言之,该研究定义了一种新的糖质基本二级结构单元,标志着对糖质和糖缀合物结构进行系统性研究的重要一步,为破译糖质折叠密码奠定了重要基础。

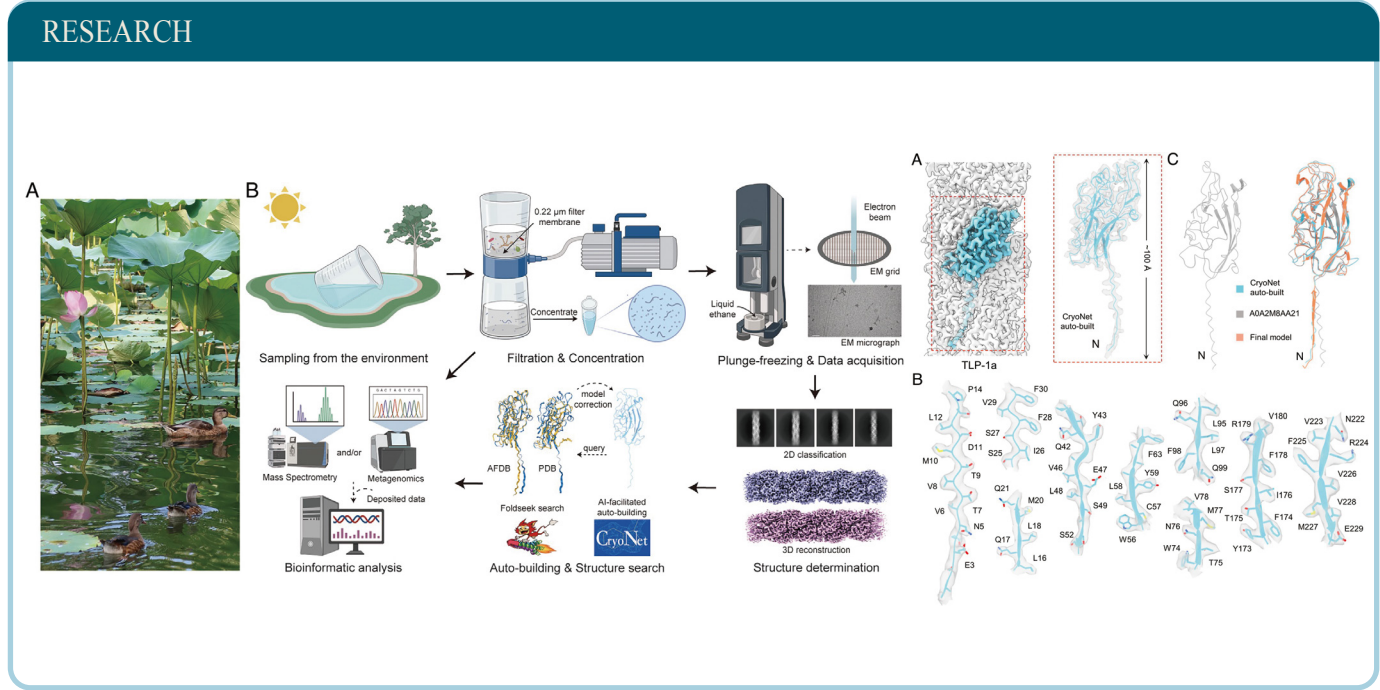


颜宁团队 利用冷冻电镜技术探索结构生物学研究新范式

人类通过视觉、听觉、味觉、嗅觉、触觉来感知世界。据估计，我们对于外界85%的信息通过视觉获得。然而，由于人类视力有限，直接观察的范畴也有限，于是发明了各种工具用以观测极幽微或者极遥远的世界。在生命科学研究历史上，光学显微镜的发明直接孕育了细胞生物学。然而，普通光学显微镜的分辨率极限受限于可见光的波长，只有大约200纳米；近年来的超分辨率光学显微镜通常需要荧光探针，并依赖足够的先验知识。颜宁团队试图回答如下问题：是否可以将冷冻电镜像历史上的放大镜、望远镜、光学显微镜一样，用来探索完全未知的世界？因为冷冻电镜技术自从2013年底经历了一场技术突破之后，对结构生物学乃至多个学科的影响非常深远，但其潜力还远未被充分发掘。

2024年10月9日，颜宁团队在《美国国家科学院院刊》(PNAS) 杂志在线发表题为“CryoSeek:利用冷冻电镜进行生物实体发现的研究策略”(CryoSeek: A strategy for bio-entity discovery using cryo-electron microscopy) 的研究论文，研究团队将冷冻电镜作为一种“发现”工具，拓展了人类视觉分辨率的极限，放眼大自然，发现完全未知的生物大分子。

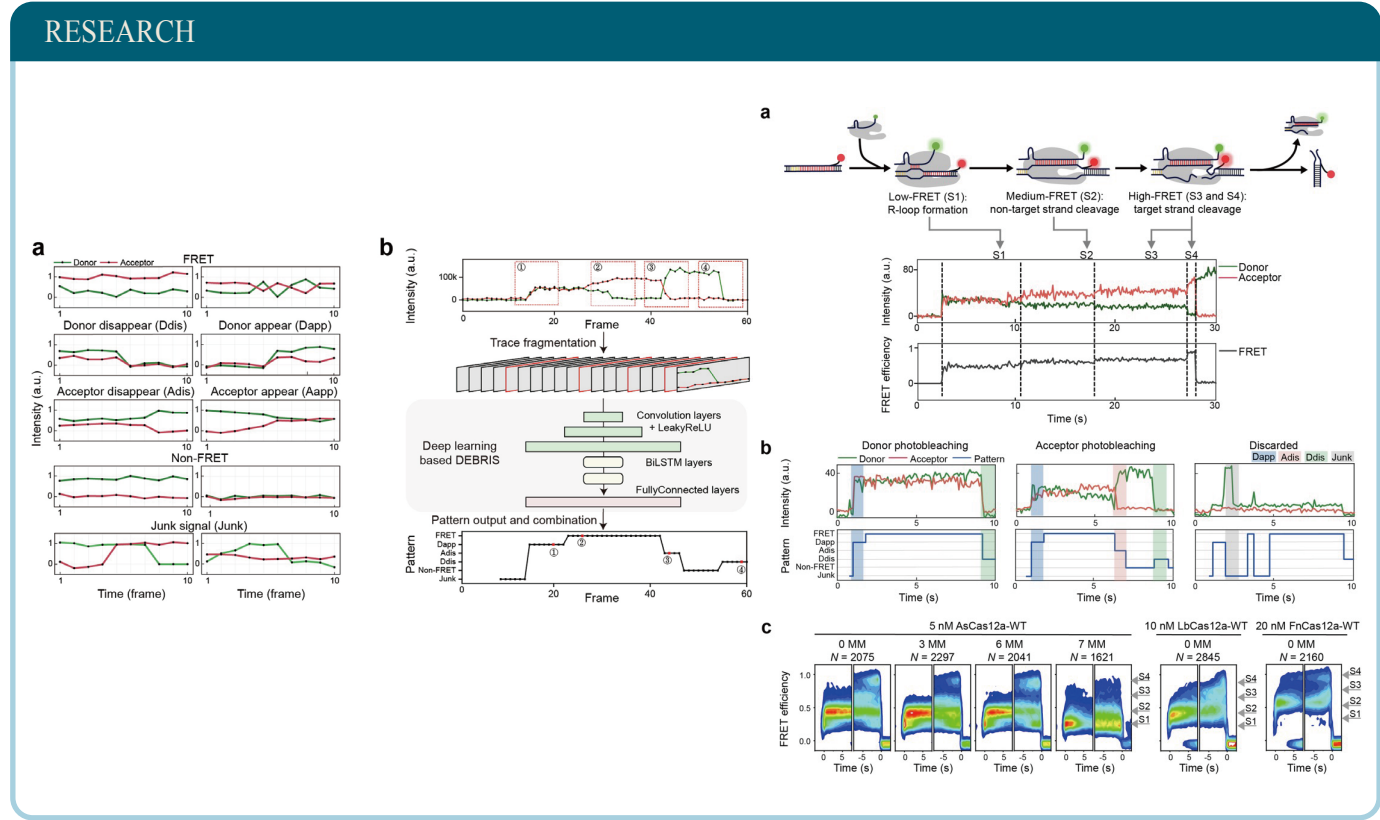
未来，研究团队计划将CryoSeek研究策略应用到更加多样化的样品研究中。清华荷塘只是一个起点，未来的研究对象可以扩展到土壤、河流、空气、雨雪、海洋，甚至更为极端的环境，如深海、极地、火山，乃至外太空的生物实体。研究团队希望通过基于冷冻电镜技术开启结构生物学研究全新范式，从而助力多学科的发展，包括但不限于结构考古学、结构病理学、结构生态学等。



陈春来课题组 发展基于人工智能的单分子荧光 数据分析方法

单分子荧光共振能量转移 (FRET) 技术，是研究纳米尺度生物分子动态和相互作用的前沿生物物理工具。传统的长时间单分子FRET测量通常依赖于全内反射荧光 (TIRF) 显微镜，通过追踪单个荧光分子的强度变化，揭示分子层面的动态信息。然而，这一过程产生的大量数据对数据分析和筛选提出了挑战。传统的人工或半自动化方法不仅效率低下，而且容易引入主观偏差，严重依赖于实验者的经验。深度学习模型的应用则极大地减少了人为错误，提高了数据处理的速度和准确性。尽管如此，现有的深度学习模型往往难以根据用户的特定需求进行优化。

2024年10月28日，陈春来课题组在《通讯生物学》杂志上发表题为《基于深度学习和局部特征的单分子荧光事件自动识别方法》。该研究介绍了一种名为DEBRIS (Deep Learning Based fRagmentation approach for Single-molecule fluorescence event identification) 的新方法，专注于对单分子荧光轨迹的局部特征进行分类。通过调整用户定义的标准，DEBRIS能够利用同一AI模型，精确筛选和分析四种不同类型的单分子荧光事件。这种创新的方法为单分子荧光技术的应用提供了一个高效的数据分析工具，极大地扩展了其在生物物理研究中的潜力。



龚海鹏团队 通过几何学习和预训练策略改进蛋白质 稳定性变化的预测精度

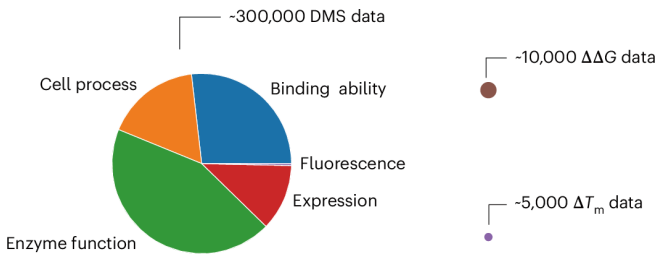
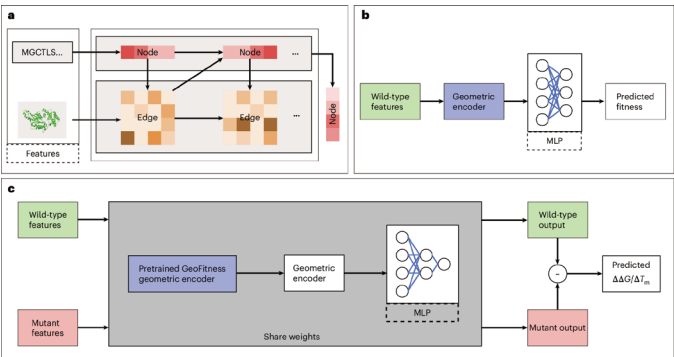
正如机器的运转离不开每一个零件的“各司其职”，蛋白质精确的三维结构决定着它功能的正确表达。然而，蛋白质结构的“零件”经常受到外部环境(如温度、pH 值等)及基因突变的影响，而产生稳定性变化。

即使是微小的稳定性变化也可能导致蛋白质结构的改变，从而导致功能的重大损失或获得。在生物体内，这样的“故障”可能导致遗传性疾病(如镰状细胞性贫血、囊性纤维化等)以及神经退行性疾病(如阿尔茨海默病、帕金森病等)的发生。预测蛋白质突变后的稳定性变化及其影响，对这类疾病的早期诊断及个性化疗法具有重要意义。

更进一步地，若能精准预测突变造成的稳定性影响，便能合理设计突变，帮助我们改造出更“强力”的蛋白质。比如，改造酶使其在极端的温度或pH条件下仍然保持稳定和活性，在恶劣的环境中也能保持高效和稳定的功能表达，使其可以用于生产药物、生物燃料等。由此，理解和预测蛋白质突变的重要性已毋庸置疑。然而，传统的实验方法如热力学分析等通常耗时费力且成本高昂，难以应对海量突变的预测需求。为解决这一问题，深度学习方法的迅速发展，为精确预测蛋白质稳定性变化提供了新的方向。

2024年10月25日，龚海鹏课题组在*Nature Computational Science*杂志发表了题为《通过几何学习和预训练策略改进蛋白质稳定性变化的预测精度》的文章。在多项基准测试中，GeoDDG和GeoDTm模型展现出优异的性能，其预测 $\Delta\Delta G$ 和 ΔT_m 的精度相较于现有方法有较大的提升。

RESEARCH



Molecular Cell 资深编辑Krista Bledsoe 博士解析论文发表之路



2024年10月23日，*Molecular Cell*资深编辑Krista Bledsoe博士应邀在北京生物结构前沿研究中心举办的系列讲座——“学者讲坛”，为师生带来了一场题为《从编辑视角谈如何发表您的研究成果》(Publishing your work: an editor’s perspective)的学术讲座。讲座由中心的李丕龙副教授主持。Bledsoe博士结合自身多年的编辑和科研经验，为听众详细解析了论文发表的流程，并深入探讨了如何应对审稿反馈以及避免常见投稿误区。

嘉宾简介:



Dr. Krista Bledsoe

Senior Editor, *Molecular Cell* and
Cross-Journal team,
Cell Press

Krista Bledsoe是《分子细胞》期刊的高级编辑。她在梅奥研究生院获得生物化学与分子生物学博士学位，期间在珍妮弗·韦斯滕多夫博士的指导下，研究了尤文肉瘤和鼻窦肉瘤中的转录因子融合基因。此后，她在费城儿童医院与玛格丽特·周博士合作，进行尤文肉瘤表观遗传抑制剂的研究。克里斯塔曾在《癌症发现》担任科学写作工作，之后于2018年加入Cell Press，担任《分子细胞》和《癌症细胞》期刊的编辑。2020年，她将工作重点转向全职担任《分子细胞》的编辑。

宾夕法尼亚大学Matthew Good教授 解读细胞内无膜结构的蛋白质凝聚机制



2024年10月28日,宾夕法尼亚大学的Matthew Good副教授应邀在北京生物结构前沿研究中心举办了一场题为“*Selective Assembly of Disordered Proteins Into Discrete Subcellular Condensed Phases*”的学术讲座。本次讲座由中心李丕龙副教授主持,Good教授分享了其在无膜细胞结构中蛋白质选择性凝聚领域的最新研究成果。

嘉宾简介:



Matthew Good
宾夕法尼亚大学副教授

Matthew Good教授在加利福尼亚大学旧金山分校获得生物化学博士学位,期间在温德尔·林(Wendell Lim)实验室工作,主要研究领域为支架蛋白在细胞信号传导中的作用。作为加利福尼亚大学伯克利分校米勒研究员,他在丽贝卡·希尔德(Rebecca Heald,细胞与分子生物学)和丹·弗莱彻(Dan Fletcher,生物工程)教授的共同指导下,开发了一个合成细胞平台,研究了早期胚胎发育过程中细胞器大小的缩放机制。2015年,Good教授在宾夕法尼亚大学建立了独立的研究实验室,主职是细胞与发育生物学系的教授,兼任生物工程系的副教授。

Good教授实验室主要研究细胞亚结构的区室化过程,重点关注蛋白质和RNA如何在中尺度组装体中凝聚,及其在早期胚胎发育过程中如何形成和缩放。该实验室的核心研究方向之一是探索控制细胞内生化的反应空间组织和功能隔离的机制,以及微米级亚细胞结构的自组装过程。实验室还注重开发新的工具,服务于细胞与发育生物学研究,并应用于合成生物学和细胞工程领域,长期目标是实现对细胞决策过程的可编程控制。



哈佛大学医学院张毅教授 开展干细胞衰老与多能性调控的学术讲座



2024年10月29日,应北京生物结构前沿研究中心之邀,哈佛大学医学院知名学者张毅教授带来了一场主题为“*Naïve Pluripotent Stem Cell Specification and Hematopoietic Stem Cell Aging: A Focus on Transcriptional Regulation*”的精彩学术讲座。本次讲座由颀伟教授主持,吸引了众多师生前来聆听,现场座无虚席。

嘉宾简介:



张毅 教授
哈佛医学院及波士顿儿童医院弗雷德·罗斯博士讲席教授
霍华德·休斯医学研究所研究员

张毅教授是哈佛医学院遗传学系和波士顿儿童医院儿科的弗雷德·罗斯博士讲席教授。他的主要研究兴趣包括胚胎发育、干细胞重编程和衰老中的基因表达表观遗传基础,以及与奖励相关的大脑学习与记忆。此外,他还关注表观遗传酶的失调如何导致包括癌症和药物成瘾等多种人类疾病。

张毅博士通过系统地识别和表征染色质修饰酶,为表观遗传学领域做出了重要贡献。这些酶包括核小体重塑与去乙酰化复合物(NuRD)、组蛋白甲基转移酶(如Ezh2/PRC2、Dot1L)、含JmJc的组蛋白去甲基酶、组蛋白H2A泛素E3连接酶PRC1,以及TET家族的5-甲基胞嘧啶二氧酶。除了识别这些关键的表观遗传酶外,他还在阐明经典表观遗传现象的机制方面做出了贡献,包括Polycomb沉默、基因组印记和X染色体失活。此外,他的实验室通过识别并克服克隆中的两个最重要的表观遗传障碍,大大改进了动物克隆技术,并帮助开发了PRC2/EZH2抑制剂tazemetostat,该药已获FDA批准用于治疗表皮样肉瘤和滤泡性淋巴瘤。张毅博士曾被评为2002-2006年遗传学与分子生物学领域高影响力论文的前十名作者,并被《ScienceWatch》评为世界上最具影响力的科学家之一。他已发表超过190篇高影响力的论文,获得超过90,000次引用,H指数为123。



南京大学于涵洋教授 分享非天然核酸化学生物学



2024年10月31日，南京大学于涵洋教授受邀在北京生物结构前沿研究中心举办的“学者讲坛”系列讲座上，做了题为《非天然核酸化学生物学》的学术报告。本次讲座由中心刘俊杰副教授主持。报告分为三个部分，于涵洋教授首先介绍了非天然核酸的基本概念，随后详细阐述了非天然核酸化学生物学的相关研究，最后对研究成果及未来展望进行了总结。

嘉宾简介：



于涵洋 教授
南京大学现代工程与应用科学学院教授
国家高层次人才计划青年项目基金获得者
江苏省杰出青年科学基金获得者

于涵洋，南京大学现代工程与应用科学学院教授，国家高层次人才计划青年项目基金获得者，江苏省杰出青年科学基金获得者。2007年在北京大学获得学士学位，2013年在美国亚利桑那州立大学获得博士学位，2013-2015年在美国耶鲁大学进行博士后研究，2015年加入南京大学。研究方向是核酸化学生物学，主要从事非天然核酸化学生物学方向的研究。研究成果发表于*Nature Chemistry*等期刊上。曾获中国化学会生命化学青年创新奖等。



华盛顿大学王艇教授 分享转座子与癌症表观基因组进化



2024年11月8日，华盛顿大学的王艇教授应邀在北京生物结构前沿研究中心“学者讲坛”系列讲座上发表了题为“*Transposable Elements and Cancer Epigenome Evolution*”的学术报告。本次讲座由刘念副教授主持，吸引了众多师生参加，现场座无虚席，气氛热烈。

嘉宾简介：



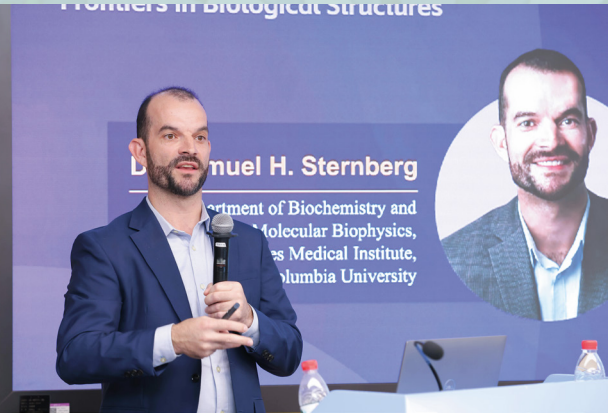
王艇 教授
圣路易斯华盛顿大学医学院 Sanford C. 和 Karen P. Loewentheil 医学杰出教授
遗传学系主任

王艇博士是圣路易斯华盛顿大学医学院首任 Sanford C. 和 Karen P. Loewentheil 医学杰出教授，同时担任遗传学系主任。王博士的研究重点是转座子 (TE) 对基因调控的遗传学和表观遗传学影响。其研究团队在定义转座子广泛参与基因调控网络进化和三维基因组结构方面具有重要贡献，并揭示了转座子的表观遗传失调是驱动肿瘤发生的主要机制之一。他的实验室开发了华盛顿大学表观基因组浏览平台 (WashU Epigenome Browser)，全球研究人员可通过该平台访问包括NIH基因组项目、ENCODE、4D Nucleome、TaRGET等大型协作组生成的数十万基因组数据集。

目前，王教授还负责多个重要科研项目的领导工作，包括 NIEHS环境表观基因组数据中心、人类泛基因组参考联盟、IGVF数据管理与协调中心、SMaHT网络组织中心及基因组表征中心，以及多组学健康与疾病数据生产中心。



哥伦比亚Samuel H. Sternberg教授 分享CRISPR-转座子在分子层面的扩展性适应的创新研究



2024年11月22日，应北京生物结构前沿研究中心邀请，哥伦比亚大学Samuel H. Sternberg教授在“学者讲坛”系列讲座上，作了题为“*Molecular innovation at the CRISPR-transposon interface*”的精彩报告。本次讲座由刘俊杰副教授主持。

嘉宾简介：



Dr. Samuel H. Sternberg
生物化学与分子生物物理学系
霍华德·休斯医学研究所
哥伦比亚大学

Samuel H. Sternberg博士是哥伦比亚大学生物化学与分子生物物理学系的副教授，同时也是霍华德·休斯医学研究所的研究员。他于2007年获得哥伦比亚大学生物化学学士学位，并以优异成绩毕业；2014年，他在加利福尼亚大学伯克利分校获得化学博士学位，并与诺贝尔奖得主珍妮弗·道德纳博士合作研究。斯特恩伯格博士的研究方向集中在CRISPR-Cas系统、RNA引导酶和基因组工程技术上。他曾荣获NIH主任新兴创新奖和NSF CAREER奖，并曾是斯隆研究员、皮尤生物医学学者和谢费尔研究学者。除了在国际学术期刊上发表论文并参与国际学术交流，斯特恩伯格博士还积极参与公众科普和关于基因编辑伦理问题的讨论。他与珍妮弗·道德纳共同著作的科普书籍《创造中的裂缝》(*A Crack in Creation*)广受好评，《纽约书评》称其为“每个关心此事的公民必读之书”。



微软研究院王童博士 探讨AI驱动分子动力学模拟新时代



2024年12月4日，北京生物结构前沿研究中心举办的“学者讲坛”系列讲座迎来了微软研究院王童博士的到访。王博士带来了题为“*The coming age of AI driven biomolecular dynamics simulation with ab initio accuracy*”的学术报告，向与会师生分享了AI驱动分子动力学模拟的前沿进展。讲座由北京生物结构前沿研究中心常务副主任王新泉教授主持，现场气氛热烈，座无虚席。

嘉宾简介：



王童 博士
微软研究院高级研究员

王童博士是微软研究院的高级研究员。他在清华大学获得博士学位，并曾在哈佛大学进行博士访问研究。王博士的研究方向包括基于人工智能的分子动力学模拟算法设计与应用、机器学习力场、计算机辅助药物发现以及蛋白质结构预测。他作为第一作者和通讯作者在《Nature》、《Nature Machine Intelligence》、《Nature Communications》和《Cell Research》等期刊上发表了一系列研究论文，并持有多项中美专利。在团队的带领下，王博士赢得了第一届全球AI药物开发竞赛的冠军。他的研究曾获得Wiley出版社的“Top Downloaded Article”奖。他还是中国生物信息学会的委员会成员。



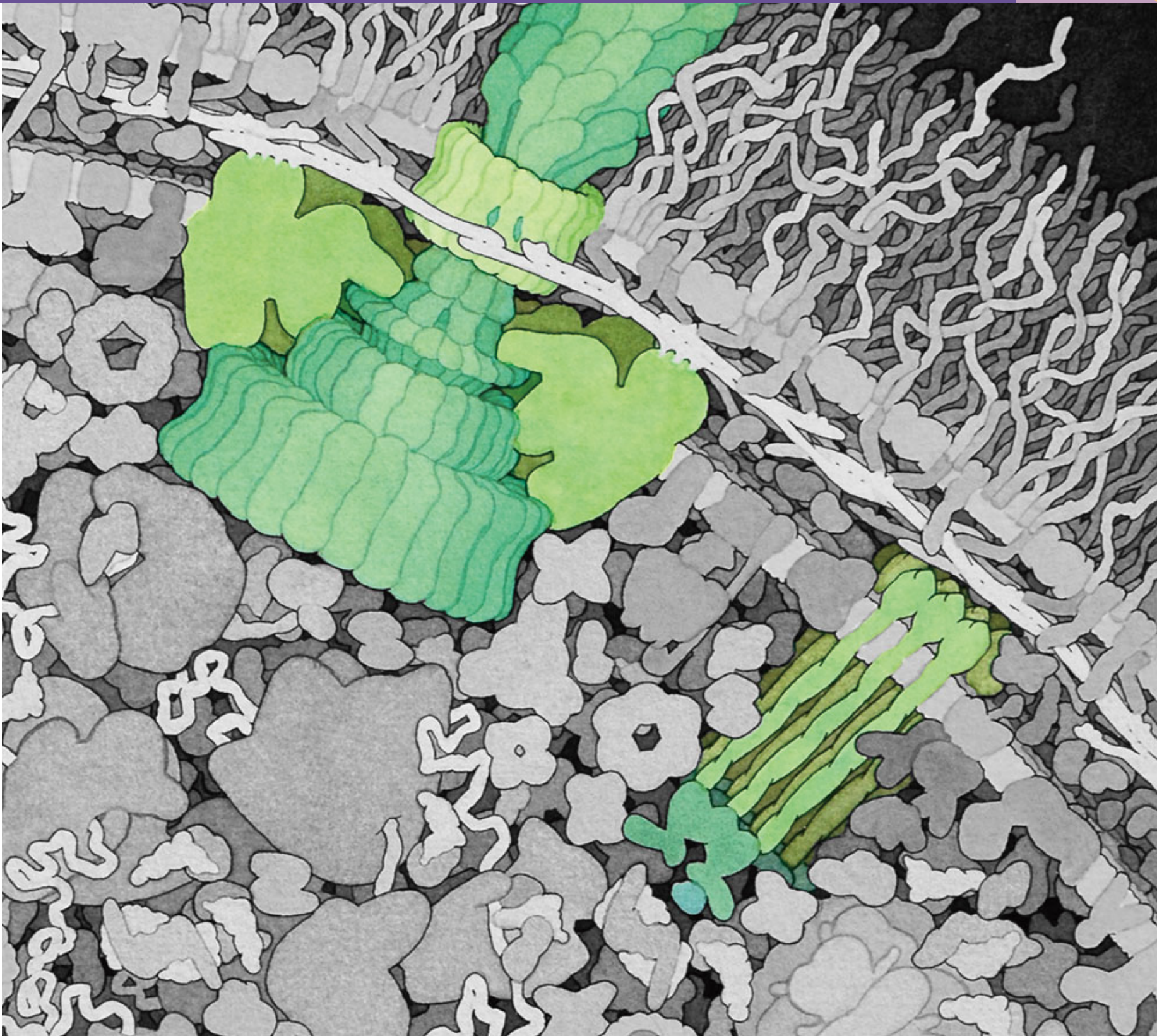
2025 第一季度 工作重点

一、科研队伍建设

筹备2025年度第一批次“卓越学者”（博士后）项目的招聘与录用工作，持续优化科研团队结构，吸引优秀人才加入。

二、学术活动

1. 筹备并召开于2025年3月2-6日举办的国际冷冻电镜研讨会
2. 筹备并召开于2025年3月28-30日举行的“膜蛋白结构与药物开发前沿论坛”研讨会。
3. 3月21日，国际人类前沿科学计划组织 (HFSP) 的秘书长、荷兰瓦赫宁根大学Pavel Kabat教授应邀来访，并举行学术讲座。
4. 3月24日，美国科学院院士、麻省理工学院Harvey Lodish教授应邀来访，并举行学术讲座。



TECHNICAL SUPPORT

技术支持

冷冻电镜平台
Cryo-EM Facility

生物计算平台
Biocomputing Platform

生物样品制备与鉴定平台
Core Facility for Biomolecule Preparation

X射线晶体学平台
X-ray Crystallography Facility

核磁技术平台
Nuclear Magnetic Resonance Facility

冷冻电镜平台 Cryo-EM Facility

平台简介

世界一流的冷冻电镜平台是国家蛋白质科学研究(北京)设施清华基地的根基。清华大学冷冻电镜平台提供专业知识和系统资源运用冷冻电镜和三维重构技术来理解分子和细胞的结构。平台的主要仪器包括十台各类冷冻透射电子显微镜(含四台高端300千伏Titan Krios)、四台聚焦离子束/扫描电子双束显微镜、两台冷冻光镜和一系列相关辅助设备。

冷冻电镜平台已运行的仪器包括：

透射电子显微镜

Titan Krios 300kV场发射透射电子显微镜 (D3172)
Titan Krios 300kV场发射带能量过滤扫描透射电子显微镜 (D3418)
Titan Krios 300kV场发射带球差校正及能量过滤透射电子显微镜 (D3424)
Krios G3i 300kV场发射带能量过滤透射电子显微镜 (D3786)
Tecnai Arctica 200kV场发射透射电子显微镜 (D683)
Talos Arctica 200kV场发射透射电子显微镜 (9950610)
Tecnai F20 Twin 200kV场发射扫描透射电子显微镜 (D545)
Tecnai Spirit BioTwin 120kV透射电子显微镜 (D1266)
Tecnai Spirit BioTwin 120kV透射电子显微镜 (D1297)
Tecnai Spirit Twin with iCorr 120kV透射电子显微镜 (D1319)

双束显微镜

Helios G5 Hydra (9959134)
Helios G5 (9959553)
Helios NanoLab G3 UC (9922567)
Aquilos 2 (9952021)

冷冻关联光学显微镜

LSM 900 (4124410511)
CorrSight (1044796)

生物电镜样品制备系统

- a) 投入式冷冻仪
- b) 等离子清洗仪
- c) 高真空镀膜仪
- d) 高压冷冻仪
- e) 冷冻替代仪
- f) 超薄切片机
- g) 振动切片机



平台主管



雷建林 博士
Jianlin Lei Ph.D.

技术专长

主要从事冷冻电镜新技术新方法的开发与应用,尤其侧重于开发高通量冷冻电镜自动化数据采集技术,以及用于提升电子显微镜性能的方法和技术。

联系方式

E-mail: jllei@tsinghua.edu.cn

平台合影



生物计算平台 Biocomputing Platform

平台简介

清华大学蛋白质研究技术中心计算平台(以下简称清华生物计算平台)通过搭建专用的高性能计算机集群,以承载和支撑大规模生物和医学计算为中心任务,充分利用其大数据处理和并行计算能力,并进一步为大数据地高效处理和分析提供创新机制。并且,通过信息资源整合和共享、统一管理和维护,不仅能有效节省购置成本和运营开支,还可以大幅度提升提高信息资源的使用效率,以更好的满足生命科学和交叉科学不断提出的新要求和挑战。

计算平台面向信息技术和生物医学的交叉应用,致力于生物医学等领域的“干实验”,利用高性能并行计算等手段来解决本领域的前沿科学问题。计算平台目前共建有四期,第一期(2012)拥有120个计算节点,1920个处理器核,处理器采用Intel Xeon E5-2650,系统的理论浮点峰值计算性能达到30.72TFlops,存储总容量约1.4PB。第二期(2015)拥有250个计算节点,5000个处理器核,处理器采用Intel Xeon E5-2660,系统的理论浮点峰值计算能力达到104TFlops,存储总容量约2.6PB。第三期(2018)拥有200个计算节点,5600个处理器核,处理器采用Intel Xeon E5-2690,系统的理论浮点峰值计算能力达到233TFlops,存储总容量约7PB。第四期(2022)拥有40个计算节点,1902个处理器核,处理器采用Intel Xeon 6240R, GPU采用NVIDIA TESLA V100显卡,系统理论计算CPU浮点峰值计算能力达到147TFlops, GPU浮点峰值计算能力达到1.24PFlops, 高速存储约3.7PB, 缓冲存储约4PB。另外,还配置若干个512G+内存的胖节点、2个2T内存的超胖节点和若干不同显卡型号的GPU服务器。



平台主管



杨涛 博士
Tao Yang Ph.D.

技术专长

主要技术专长为计算生物, 算法优化与加速, 并行计算, VANETs安全, 操作系统安全。

联系方式

E-mail: yangtao@tsinghua.edu.cn

平台合影



生物样品制备与鉴定平台 Core Facility for Biomolecule Preparation and Characterization

平台简介

蛋白质分子的表达纯化和制备是所有蛋白质科学研究的基础。清华蛋白质设施的生物样品制备与鉴定平台在建成后具备规模效应,能充分发挥对蛋白质结构及功能研究的支撑作用。平台面向高校、研究中心、小型生物医药公司等单位,提供原核、酵母、昆虫细胞、哺乳动物细胞4种表达体系的小试及中试级别蛋白质表达制备相关服务,涵盖分子克隆,表达纯化,性质鉴定和相互作用分析,小分子化合物筛选等一系列相关研究。

平台目前拥有大量的表达载体质粒包括多种标签质粒(His, GST等标签)以及高效的表达菌株和细胞系,配套各种规格的生物反应器(5L-100L)以满足用户对每一个样品的高品质、多规格的表达需求;平台同时拥有十余台不同类型的AKTA蛋白纯化仪以及不同种类的纯化填料和层析柱,能同时间、大规模、批量进行不同蛋白质的分离纯化工作。在蛋白质的理化性质及相互作用研究方面,平台配备有几十余种大型仪器设备,如:分析超速离心机(AUC),静态光散射仪(SLS),荧光光谱仪,圆二色光谱仪(CD),等温滴定微量热仪(ITC),生物膜干涉仪(BLI),微量热泳动仪(MST),表面等离子体共振成像仪(SPRI)等。

生物样品制备与鉴定平台现有技术主管和技术员共12人,负责仪器的日常使用、管理和测试服务。详细信息及收费详情请登录蛋白质设施实验技术中心蛋白质制备与鉴定平台网站查询:
<http://phoenix.tsinghua.edu.cn/ptxx/swypzbjydp.htm>

平台合影



平台主管



李文奇 博士
Wenqi Li Ph.D.

技术专长

长期致力于蛋白质的分离纯化和性质鉴定,精通生物大分子的表征和分析技术,并具有生命科学设备开发经验,已成功研制高通量全自动蛋白质分离纯化系统,即将完成全自动密度梯度分离仪等仪器的研制。特别是在分析超速离心技术(analytical ultracentrifugation, 简称AUC)方面,李文奇博士作为该领域的国内领军人物之一:牵头举办了第一届和第二届中国AUC大会,组织撰写第一部AUC中文专著,发表多篇AUC相关技术方法论文,正在组织编写AUC分析软件,合作开发AUC荧光检测器。

联系方式

E-mail: liwenqi@tsinghua.edu.cn

X射线晶体学平台

X-ray Crystallography Facility

平台简介

X-ray晶体学平台是国家蛋白质科学中心(北京)清华大学分中心的平台之一,位于清华大学生物医学馆U6-086-091室。平台具有全国最全面的蛋白质结晶所需的设备以及国际上顶尖配置的大分子单晶衍射仪和小角散射仪,这些设备可以为从事蛋白质结构研究的科研人员提供蛋白晶体筛选、观察、优化、数据收集、结构解析等方面的强大技术支持。平台设备全部实行对外开放,欢迎北京以及全国高等院校和科研院所的研究人员来校参观和使用。

详细信息及收费详情请登录X射线晶体学平台网站查询:
<http://phoenix.tsinghua.edu.cn/ptxx/Xsxjtxpt.htm>



平台主管



范仕龙 博士
Shilong Fan

技术专长

我的主要工作在于为大分子晶体学研究提供设备和技术服务,设备服务主要包括从前期液体制备,大分子晶体筛选、优化,数据收集和结构解析相关的各种自动化设备的使用和维护,技术服务主要是为非结构生物学实验室的大分子晶体学研究提供咨询和全程技术服务。

联系方式

E-mail: fanshilong@mail.tsinghua.edu.cn

平台合影



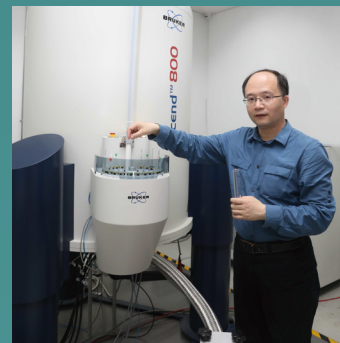
核磁技术平台

Nuclear Magnetic Resonance Facility

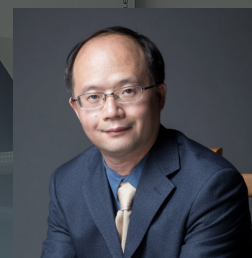
平台简介

清华大学核磁技术平台是国家蛋白质科学研究(北京)设施清华基地的重要组成部分。平台配备有Bruker AVANCE III HD 800MHz、Bruker AVANCE III HD 600MHz和Bruker AVANCE NEO 500MHz三台液态核磁共振谱仪,均配有超低温探头和自动进样系统,可以为校内和校外用户提供高效方便的生物大分子样品测试与分析服务。

平台的核磁共振系统可用于1) 解析蛋白质和核酸等生物大分子在溶液状态下的三维结构;2) 研究生物大分子在各种时间尺度下构象的动态变化;3) 获取生物大分子和配体之间相互作用的信息;4) 开展靶向生物大分子的药物筛选。通过对这些核磁数据的分析,我们能很好地将蛋白质和核酸的“结构”、“动力学”、“功能”这三方面紧密联系起来。同时,利用该系统我们还致力于培养精通核磁共振技术原理、方法开发及其在生命科学中应用的专业人才。



平台主管



薛毅 博士
Yi Xue Ph.D.

技术专长

主要运用液态核磁共振技术和计算生物学方法(特别是分子动力学模拟)来研究非编码RNA和固有无序蛋白的结构和动态特性。我们致力于发展新的核磁手段、样品标记方法来研究大的非编码RNA和核糖核酸蛋白复合物的三维结构和构象变化。我们也致力于发展新的计算方法把实验上获得的各种结构数据结合起来对构象高度可变的生物大分子进行建模,并且在此基础上开展基于生物大分子结构和动态的高通量药物筛选。

联系方式

E-mail: yixue@mail.tsinghua.edu.cn

科研团队

PRINCIPAL INVESTIGATORS AND MANAGEMENT TEAM



主任
施一公 院士
Yigong Shi

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:shi-lab@mail.tsinghua.edu.cn



常务副主任
王新泉 教授
Xinquan Wang

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:xinquanwang@mail.tsinghua.edu.cn



副主任
李海涛 教授
Haitao Li

分子细胞生物学
邮箱:lht@tsinghua.edu.cn



副主任
王宏伟 教授
Hong-Wei Wang

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:hongweiwang@tsinghua.edu.cn



副主任/办公室主任
袁亚飞 博士
Yafei Yuan

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:yuanyf@mail.tsinghua.edu.cn



隋森芳 院士
Sen-Fang Sui
生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:suisf@mail.tsinghua.edu.cn



时松海 院士
Song-Hai Shi
神经生物学方向
邮箱:shisonghai@mail.tsinghua.edu.cn



李栋 教授
Dong Li
交叉学科
邮箱:li-dong@tsinghua.edu.cn



祁海 教授
Hai Qi
免疫学
邮箱:qihai@tsinghua.edu.cn



沈晓骅 教授
Xiaohua Shen
分子细胞生物学
邮箱:xshen@tsinghua.edu.cn



杨茂君 教授
Maojun Yang
线粒体能量代谢结构生物学
邮箱:maojunyang@mail.tsinghua.edu.cn



陈春来 副教授
Chunlai Chen
生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:chunlai@tsinghua.edu.cn



颜宁 院士
Nieng Yan
生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:nyan@tsinghua.edu.cn



陈柱成 教授
Zhucheng Chen
生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:zhucheng_chen@mail.tsinghua.edu.cn



欧光朔 教授
Guangshuo Ou
神经生物学方向
邮箱:guangshuoou@mail.tsinghua.edu.cn



钱锋 教授
Feng Qian
物理和生物药剂学
邮箱:qianfeng@tsinghua.edu.cn



肖百龙 教授
Bailong Xiao
神经科学, 药物筛选
邮箱:xbailong@mail.tsinghua.edu.cn



俞立 教授
Li Yu
细胞, 发育和遗传方向
邮箱:liyulab@mail.tsinghua.edu.cn



龚海鹏 副教授
Haipeng Gong
生物信息学
邮箱:hgong@tsinghua.edu.cn

李丕龙 副教授
Pilong Li

生物大分子液-液相分离
邮箱:pilongli@mail.tsinghua.edu.cn



李雪明 副教授
Xueming Li

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:lixueming@mail.tsinghua.edu.cn



刘翔宇 副教授
Xiangyu Liu

结构生物学和基于结构的药物设计研究
邮箱:Liu_xy@mail.tsinghua.edu.cn



向烨 副教授
Ye Xiang

微生物与传染病学
邮箱:邮箱:yxiang@mail.tsinghua.edu.cn



闫创业 副教授
Chuangye Yan

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:yancy2019@mail.tsinghua.edu.cn



史航 助理教授
Hang Shi

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:hangshi@tsinghua.edu.cn



李赛 副教授
Sai Li

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:sai@mail.tsinghua.edu.cn



刘俊杰 副教授
Jun-Jie Gogo Liu

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:junjegogoliu@tsinghua.edu.cn



王佳伟 副教授
Jiawei Wang

生物物理、生物化学与分子生物学方向
邮箱:jwwang@tsinghua.edu.cn



薛毅 副教授
Yi Xue

生物物理与结构生物学
邮箱:yixue@mail.tsinghua.edu.cn



张强锋 副教授
Qiangfeng Cliff Zhang

生物信息学
邮箱:qc Zhang@tsinghua.edu.cn



行政支撑

ADMINISTRATIVE SUPPORT

运营主管
Operation Manager

王晓婷
Xiaoting Wang



电话:010-62787063
邮箱:wangxiaoting@mail.tsinghua.edu.cn
北京生物结构前沿研究中心办公室B349

宣传主管
PR Supervisor

胡英囡
Yingnan Hu



电话:010-62772075
邮箱:huyingnan@mail.tsinghua.edu.cn
北京生物结构前沿研究中心办公室C106

财务管理
Finance Specialist

李进进
Jinjin Li



电话:010-62786400
邮箱:lijinjin2586@mail.tsinghua.edu.cn
北京生物结构前沿研究中心办公室C106

人事主管
Personnel Management

杨涵
Han Yang



电话:010-62789261
邮箱:yanghan@mail.tsinghua.edu.cn
北京生物结构前沿研究中心办公室B349

平面设计师
Graphic Designer

周可洲
Keshou Zhou



电话:010-62780302
邮箱:zhoukeshou@mail.tsinghua.edu.cn
北京生物结构前沿研究中心办公室C106

联系我们

CONTACT US

网址: <http://www.frcbs.tsinghua.edu.cn>
通讯地址: 清华大学医学科学楼北京生物结构前沿研究中心办公室
Beijing Frontier Research Center for Biological Structure Office,
Medical Science Building, Tsinghua University,
Haidian District,
Beijing, 100084 China

Science Truth Miracle
携手共创中国科学奇迹



2024 第四季10-12月

总策划：袁亚飞 总编辑：胡英囿 美术编辑：陈彦甫

