

2025 第四季 10-12月

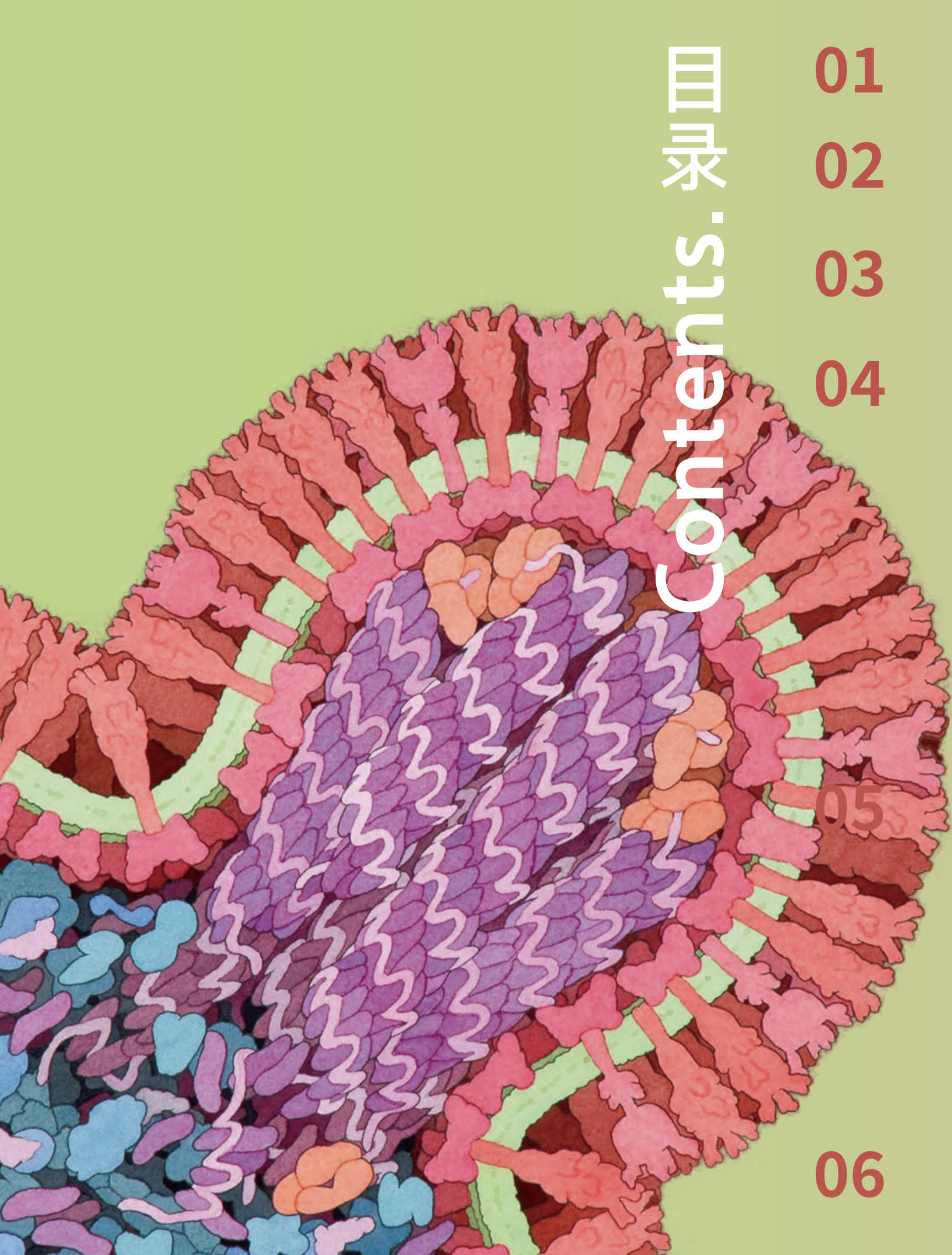
Quarterly Journal of **FRCBS**

北京生物结构 前沿研究中心

中心两位科学家入选“新基石研究员”

卡罗尔·罗宾逊受聘清华大学名誉教授

隋森芳课题组与合作者揭示Hsp90分子机器调控PINK1的分子机制



Contents. 目录

概述	01
获奖资讯	02
中心两位科学家入选“新基石研究员”	
受聘仪式	05
卡罗尔·罗宾逊受聘清华大学名誉教授	
科研速递	07
生物结构前沿知识发现与建立	
1. 陈春来研究组合作揭示全长T-box核糖开关调控翻译起始的构象动态机制	
2. 欧光朔实验室揭示Joubert 综合征相关蛋白调控分子马达区域特异性运输分子机制	
3. 隋森芳课题组与合作者揭示Hsp90分子机器调控PINK1的分子机制	
4. 李丕龙团队开发光控相分离工具CORdensate, 揭示相分离在受体酪氨酸激酶信号中的重要调控作用	
5. 欧光朔团队开发SynSeg通用方法: 合成数据驱动的亚细胞结构分割新范式, 告别手工标注	
6. 王佳伟课题组揭示AcrAB-TolC外排泵的全新组分和底物转运的结构机制	
生物结构新技术开发	
1. 刘翔宇实验室利用从头设计融合蛋白策略, 成功开发GPCR研究新工具	
2. 张数一团队研发首个工业自动化蛋白质编程进化实验室	
学术交流	15
1. 沈浩博士分享可控自组装蛋白纤维材料的设计新进展	
2. 走近Nature Portfolio: Nature Communications编辑李文博博士分享论文发表全流程	
3. Kay Grünewald教授解读疱疹病毒入侵与出芽中的结构可塑性	
4. 普林斯顿大学Clifford Brangwynne教授阐释细胞内组织的流动范式	
5. Ada Hang-Heng Wong编辑分享科学出版中的关键要素及人工智能的应用	
6. 叶晓东副教授介绍分析超速离心技术在大分子表征中的应用	
7. Petr Chlanda教授分享: 原位冷冻电镜揭示流感病毒形态依赖的传播与装配机制	
8. 周海霞博士分享纤毛结构研究最新进展	
9. 石发展教授分享量子传感赋能生命科学: 微尺度磁共振谱学新进展	
10. 龚湘君教授分享三维动态行为表征前沿进展	
2026年第一季度工作重点	25

2025第四季度

聚势突破，厚积成势

“为者常成，行者常至。”2025年第四季度，北京生物结构前沿研究中心（以下简称“中心”）紧扣前沿科学问题，在科研攻关、技术创新与学术生态建设等方面持续发力，取得了一系列具有标志性的阶段性进展，为全年工作画上了稳健而有力的句号。

在科研成果与知识发现方面，中心科研团队围绕生命过程中的关键结构与调控机制，取得多项重要突破。陈春来研究组联合合作者揭示了全长T-box核糖开关在翻译起始调控中的构象动态机制，加深了对RNA精细调控模式的理解；欧光朔课题组解析了Joubert综合征相关蛋白调控分子马达区域特异性运输的分子机制，为神经系统疾病研究提供了结构基础；隋森芳课题组与合作者系统阐明了Hsp90分子机器调控PINK1的分子机制，为线粒体质量控制研究提供了关键线索。与此同时，李丕龙团队开发光控相分离工具CORdensate，揭示相分离在受体酪氨酸激酶信号转导中的重要调控作用；王佳伟课题组发现AcrAB-TolC外排泵的全新组分并解析其底物转运结构机制，拓展了对细菌耐药性的结构认知。欧光朔团队提出的SynSeg通用方法，则通过合成数据驱动亚细胞结构分割，为高通量结构解析提供了高效新路径。

在生物结构新技术与方法开发方面，中心持续推进工程化与智能化探索。翔宇实验室通过从头设计融合蛋白策略，成功开发面向GPCR研究的新型工具，显著拓展了膜蛋白功能研究手段；张数一团队研发的首个工业自动化蛋白质编程进化实验室，实现了蛋白进化流程的高度集成与自动化，为结构导向的蛋白工程提供了可扩展的新范式。这些创新成果进一步凸显了中心在技术平台建设与交叉方法创新方面的综合优势。

在学术交流与学术生态建设方面，中心持续打造开放、多元、高水平的学术交流平台。多位国内外专家学者应邀作专题报告，内容涵盖自组装蛋白材料设计、科学出版与人工智能、病毒结构可塑性、细胞内相分离动力学、原位冷冻电镜技术、量子传感赋能生命科学等前沿方向。系列讲座主题前沿、视角多元，为中心科研人员和学生提供了深入交流与思想碰撞的宝贵机会，进一步活跃了学术氛围、拓展了国际视野。

在人才建设与学术影响力方面，中心科研队伍建设取得积极进展，陈柱成和俞立两位科学家入选“新基石研究员”，彰显了中心在高水平科研人才培养与学术引领方面的持续积累；中心联合主办卡罗尔·罗宾逊教授受聘为清华大学名誉教授的授予仪式，进一步拓展了中心的国际学术影响力与合作深度。

“积跬步以至千里，汇涓流以成江海。”站在新的发展节点上，北京生物结构前沿研究中心将继续围绕生物结构前沿科学问题，夯实原创研究根基，强化技术平台建设，凝聚高水平科研人才，持续推动结构生物学与多学科交叉融合，稳步迈向更具国际影响力的科研高地。



新基石研究员项目
NEW CORNERSTONE
INVESTIGATOR PROGRAM

喜讯 | 中心两位科学家人选 “新基石研究员”

11月24日上午，第三期“新基石研究员”名单揭晓，北京生物结构前沿研究中心陈柱成教授、俞立教授入选。

“新基石研究员”是一项聚焦原始创新、鼓励自由探索、公益属性的新型基础研究资助项目，旨在长期稳定地支持一批富有创造力的科学家开展探索性与风险性强的基础研究，实现“从0到1”的原始创新。遵循“科学家主导”的原则，重在选人而非选项目。



陈柱成 教授

简介

清华大学生命科学学院院长聘教授、北京生物结构前沿研究中心研究员、博士生导师。

主要研究ATP-依赖的染色质重塑的分子机制，为靶向特异染色质调控通路，治疗肿瘤等相关疾病提供新策略。



俞立 教授

简介

俞立，清华大学生命科学学院院长聘教授、北京生物结构前沿研究中心研究员、博士生导师，膜生物学全国重点实验室主任，中国细胞生物学学会细胞器生物学会分会创始会长，北京细胞生物学会副理事长。

作为迁移体研究的开拓者和领军人物，深耕迁移体生物学领域十余年，证实迁移体可以作为远程精准递送信号分子的载体介导细胞间通讯，提出了系统水平细胞靶向通讯新理论，同时也为开发迁移体靶向药物奠定理论基础，为相关疾病诊治提供新策略。

受聘仪式

卡罗尔·罗宾逊受聘清华大学名誉教授



11月18日, 牛津大学李博士化学讲席教授、牛津大学卡弗里纳米科学发现研究所创始主任卡罗尔·罗宾逊(Carol Robinson)访问清华大学, 受聘为清华大学名誉教授, 并以“细胞表面受体与转运蛋白——质谱分析新见解”为题发表演讲。

卡罗尔·罗宾逊教授

罗宾逊教授是质谱分析领域的开拓者, 在推动质谱技术用于蛋白质和复合物结构研究方面作出了开创性贡献。在演讲中, 她追溯了质谱分析技术的发展历程, 从最初业界的质疑到最终被科学界所接纳。她指出, 当重组蛋白质的研究转向更接近天然环境的研究时, 必须面对自然界固有的异质性。在互动环节, 现场师生围绕质谱分析工具在膜蛋白研究中的应用、天然膜环境中的信号传导机制等话题, 与罗宾逊教授进行了深入交流。

清华大学副校长王宏伟出席受聘仪式, 向罗宾逊教授颁发名誉教授聘书, 演讲结束后, 生命学院副院长王新泉赠送清华海外名师讲堂纪念牌。

本次活动由清华大学国际处与北京生物结构前沿研究中心联合主办。



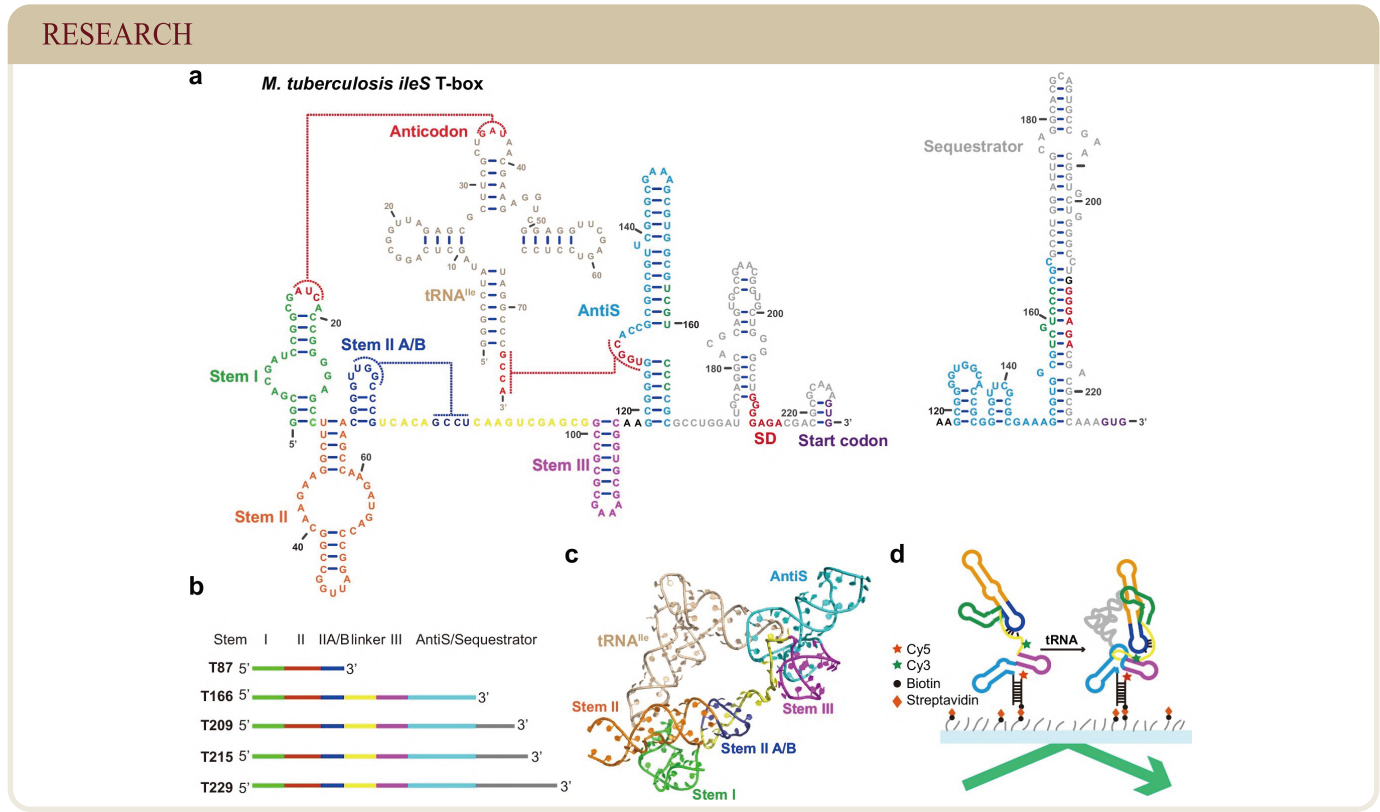
从左到右分别为: 卡罗尔·罗宾逊教授和王宏伟教授



陈春来研究组合作 揭示全长T-box核糖开关调控翻译起始的构象动态机制

T-box核糖开关是一类重要的基因调控元件，广泛分布于革兰氏阳性菌（包括多种致病菌，如结核杆菌、皮疽诺卡菌等）中。其核心功能是通过识别tRNA 3'末端的氨酰化状态感知细菌营养水平，进而精准调控相关基因表达，对维持细菌生长平衡至关重要。由于该元件在细菌中普遍存在而在哺乳动物中尚未发现，针对T-box核糖开关的药物设计已成为新型抗生素研发的重要方向。T-box的功能实现高度依赖其三维结构与构象动态特征。尽管科研人员已成功解析多种T-box-tRNA复合物的静态三维结构，但T-box如何精准鉴别不同氨酰化状态的tRNA，并启动后续转录或翻译调控的构象动态机制，长期以来仍是领域内亟待解决的关键科学问题。

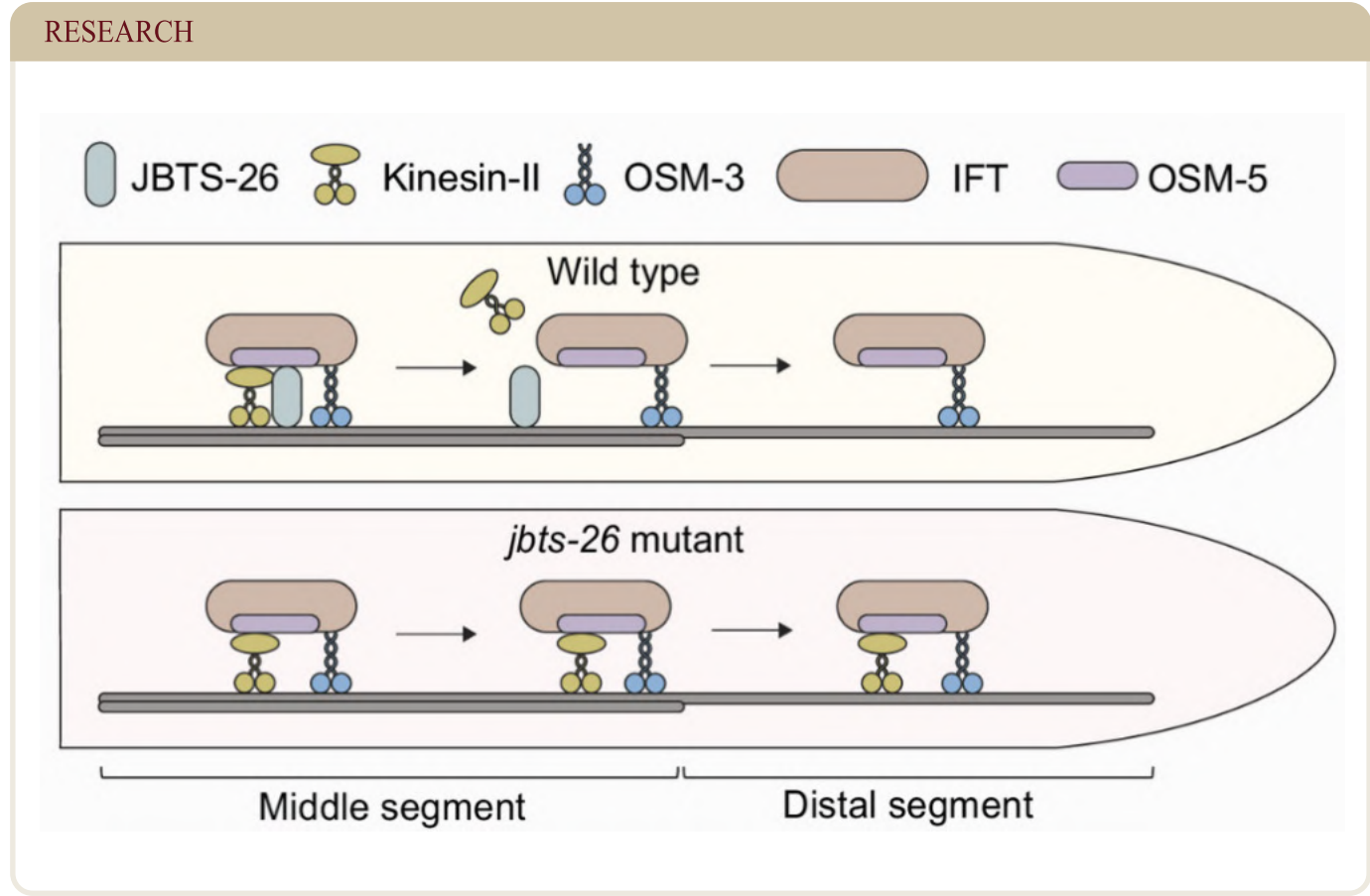
2025年11月25日，陈春来研究组合作在《自然通讯》(Nature Communications) 在线发表题为“tRNA依赖的构象动态与折叠协调全长T-box核糖开关的翻译调控” (tRNA-dependent conformational dynamics and folding coordinate translational regulation by a full-length T-box riboswitch) 的研究论文。该研究首次运用单分子荧光共振能量转移 (smFRET) 技术，系统探究了结核分枝杆菌 (Mycobacterium tuberculosis) ileS T-box核糖开关的结构动态，揭示了其在共转录水平鉴别tRNA 3'末端氨酰化状态、调控翻译起始过程的分子机制，为深入理解RNA-RNA相互作用的功能机制及新型抗生素开发提供了重要理论支撑。



欧光朔实验室 揭示Joubert 综合征相关蛋白调控分子马达区域 特异性运输分子机制

当分子马达驱动蛋白在细胞中被错误激活时，会引发异常运输，从而促发包括肌萎缩侧索硬化 (ALS) 在内的多种遗传疾病。揭示分子马达区域性运动机制将为相关疾病的治疗提供新的理论依据。在模式生物秀丽隐杆线虫的嗅觉纤毛中，驱动蛋白 kinesin-II 与 OSM-3 以分段协作的方式运输 IFT 复合物：近端双联体微管主要由 kinesin-II 驱动，远端单联体微管则由 OSM-3 接力完成。然而，kinesin-II 是如何被严格限制在嗅觉纤毛中段，从而避免进入远端区域，其分子机制尚不清晰。

2025年11月21日，欧光朔课题组在《美国科学院院刊(Proc Natl Acad Sci U S A)》发表题为“Joubert综合征相关蛋白JBTS-26界定纤毛驱动蛋白的区室化运动” (Joubert syndrome 26 protein enforces compartmentalized motility of a ciliary kinesin) 的研究论文，揭示了JBTS-26通过竞争性结合机制促进kinesin-II在双联体微管上与IFT复合物解离，进而限制kinesin-II 进入纤毛远端，调控kinesin-II在纤毛内的区室化运动。

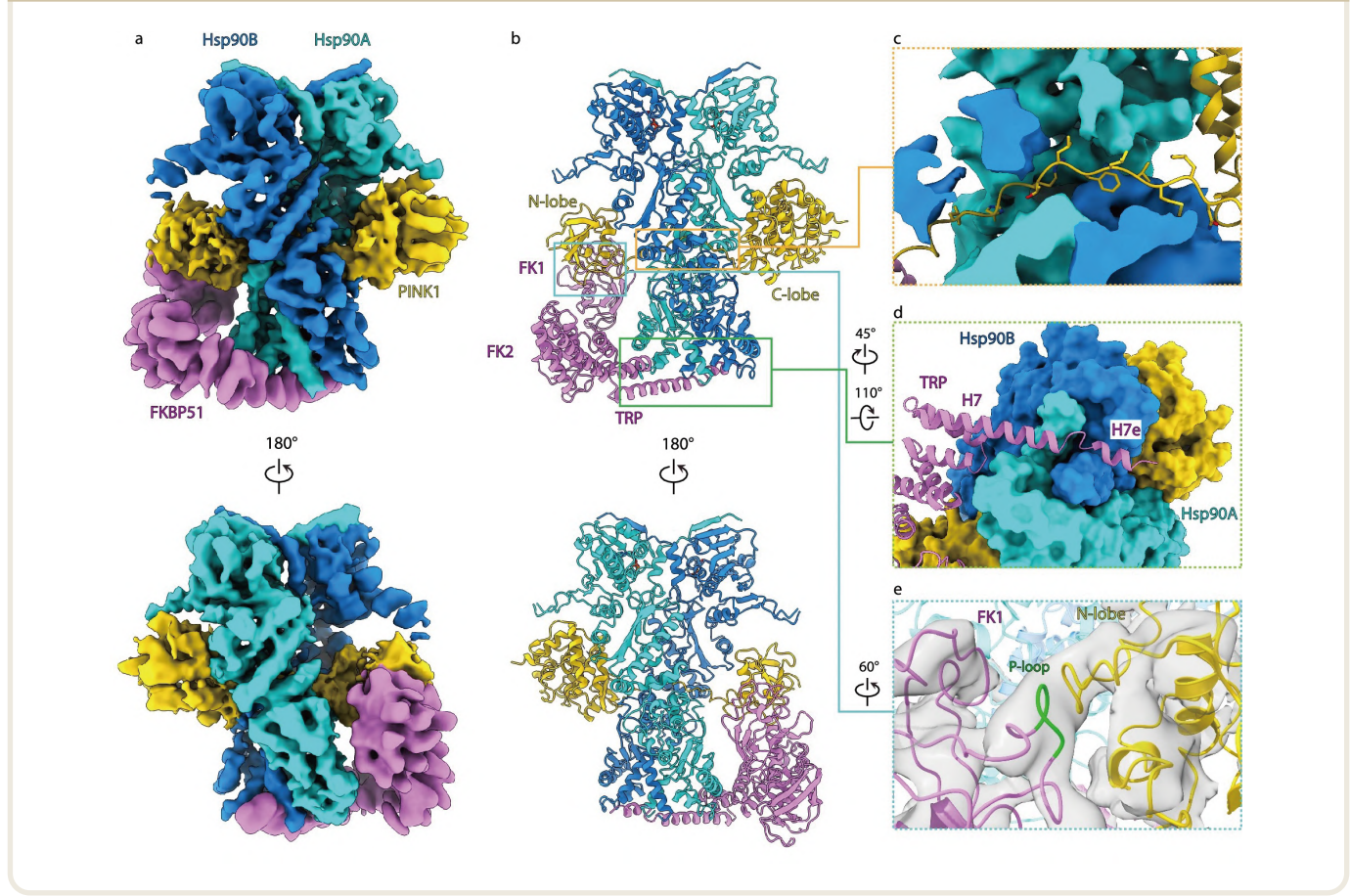


隋森芳课题组与合作者
揭示Hsp90分子机器调控PINK1的分子机制

帕金森症 (Parkinson's disease, PD) 是仅次于阿尔茨海默症的全球第二大常见神经退行性疾病。随着全球人口老龄化加剧, 帕金森症的发病率逐年升高, 对个人及社会都带来重大挑战。 帕金森症的病因复杂, 遗传因素在其中扮演重要角色。近年来多项研究鉴定出与帕金森症相关的若干基因, 其中 PINK1 (PTEN induced putative kinase 1) 尤为关键。PINK1 基因突变可导致常染色体隐性遗传的帕金森症, 并与多种神经精神症状相关。

2025年12月1日, 隋森芳课题组合作在《自然通讯》期刊在线发表了题为《Hsp90机器调控PINK1的分子机制》(*Molecular mechanism of PINK1 regulation by the Hsp90 machinery*) 的研究论文。该论文报道了PINK1与Hsp90及其辅因子CDC37、FKBP51形成的多种复合物结构, 为深入理解 Hsp90 分子伴侣调控激酶的作用机制提供了重要依据, 也为帕金森症的靶向药物研发提供了新的理论依据。

RESEARCH

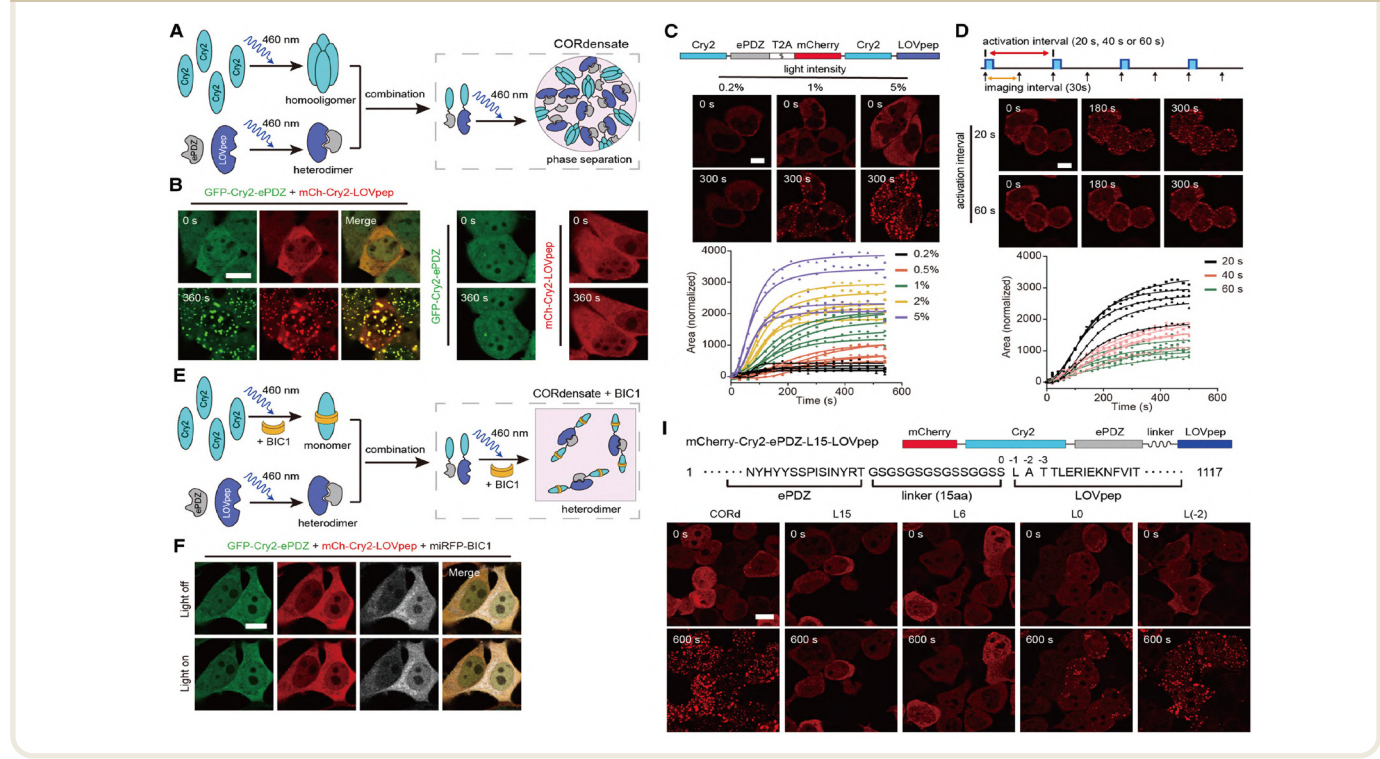


李丕龙团队
开发光控相分离工具CORdensate, 揭示相分离在受体酪氨酸激酶信号中的重要调控作用

受体酪氨酸激酶 (RTK) 是细胞膜上调控细胞生长、存活及增殖的一类重要的膜受体蛋白, 其异常激活与肿瘤等重大疾病的发生发展密切相关。传统理论认为, 配体诱导的受体多聚化 (二聚化/寡聚化) 是RTK激活的经典模式。然而近年研究提示, 相分离亦可能参与RTK信号调控, 但从生物分子组织的角度看, 多聚化与相分离在RTK信号激活中的功能差异及机制, 是领域内亟待阐明的核心科学问题。

2025年12月1日, 李丕龙团队在《细胞化学生物学》(*Cell Chemical Biology*) 杂志在线发表题为《生物分子组织的光遗传学调控揭示相分离在受体酪氨酸激酶信号中的独特作用》(*Optogenetic control of biomolecular organization reveals distinct roles of phase separation in RTK signaling*) 的研究论文。该研究利用两类蓝光敏感蛋白的协同作用, 创新性开发出光控相分离系统CORdensate, 并通过体系改造实现了生物分子“单体-低阶多聚体-高阶多聚体-相分离”四种组织模式的精准调控。以ALK、RET两种典型RTK为研究对象, 团队证实: 相分离的生物分子组织活性显著优于多聚化。该研究不仅为生物分子相分离功能研究提供了新型光遗传学工具, 更为解析相分离调控RTK信号的机制提供了关键实验证据, 为靶向RTK异常相分离的疾病治疗奠定理论基础。

RESEARCH

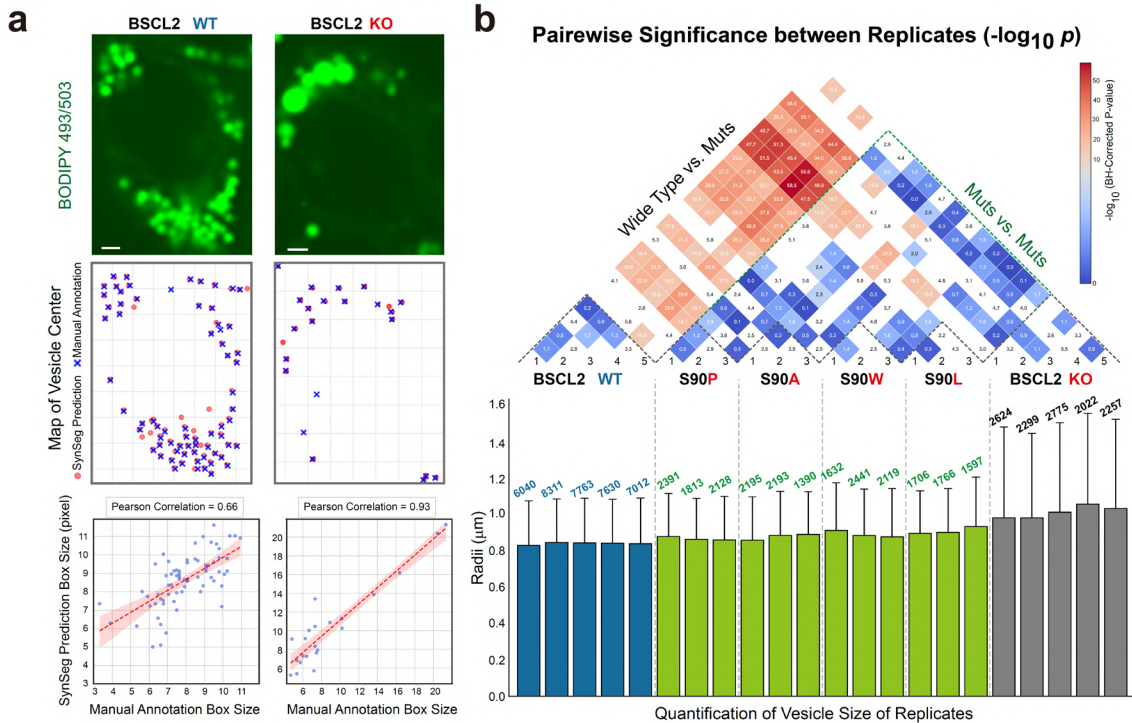


欧光朔团队 开发SynSeg通用方法:合成数据驱动的亚细胞结构分割新范式,告别手工标注

细胞生物学研究时常依赖于对亚细胞结构的精确量化分析。准确的图像分割是理解细胞内运输、结构组织和细胞信号转导的重要基础。然而,传统的无监督分割方法(如*Otsu*阈值法)在面对低信噪比、光照不均和复杂情景时往往力不从心。虽然卷积神经网络(*CNN*)等深度学习方法极大地提高了分割精度,但它们通常需要大量的手工标注数据作为训练集。这一过程不仅耗时费力,还容易引入人为偏差。而现有的模拟数据生成方法通常需要复杂的物理建模和大量的计算资源,限制了其广泛应用。

2025年12月18日,欧光朔课题组在《细胞生物学杂志(*Journal of Cell Biology*)》发表了题为“*SynSeg:一种用于广泛亚细胞结构分割的合成数据驱动方法(SynSeg: A synthetic data-driven approach for robust subcellular structure segmentation)*”的研究论文。该研究开发了一种名为 *SynSeg* 的通用方法,通过生成合成数据来训练机器学习模型,实现了对亚细胞结构的鲁棒分割,彻底消除了对手工标注数据的需求。*SynSeg*利用几何基元和域随机化策略,在囊泡、细胞骨架等多种结构的分割任务中表现优异,并可成功应用于神经退行性疾病和脂代谢疾病的定量分析。*SynSeg*不仅在多种生物成像场景中表现鲁棒,还展现了强大的泛化能力和定量分析潜力,为细胞生物学和病理学研究提供了一套高效、可扩展的自动化分析工具。

RESEARCH



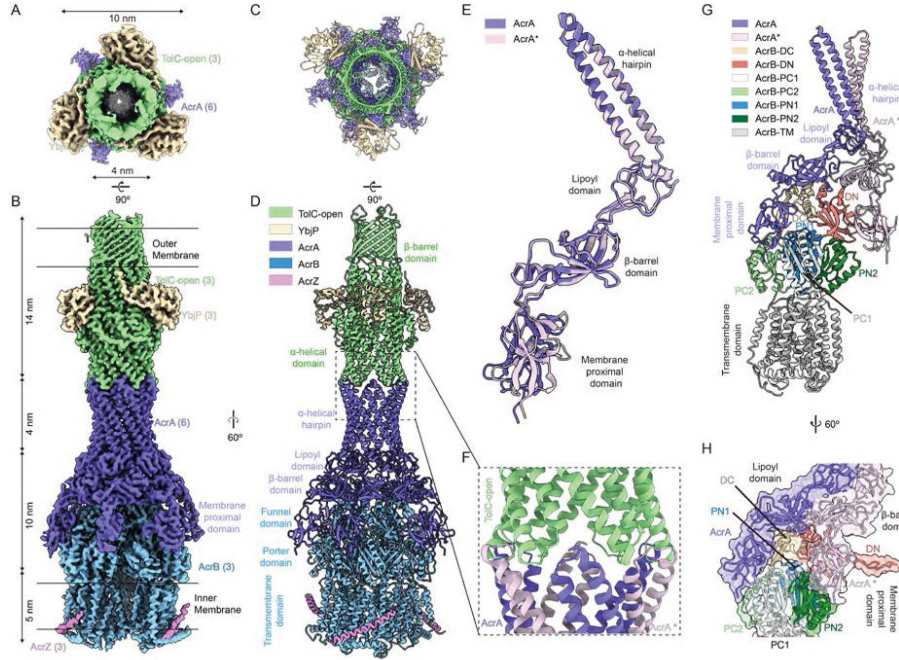
王佳伟课题组 揭示AcrAB-TolC外排泵的全新组分和底物转运的结构机制

革兰氏阴性菌的多重耐药性已成为全球重大公共卫生威胁,而AcrAB-TolC等三联体多药外排泵是介导耐药性的核心机制之一。作为大肠杆菌中研究最透彻的外排系统,AcrAB-TolC系统横跨细菌内外膜,通过内膜转运蛋白AcrB、周质适配蛋白AcrA与外膜通道蛋白TolC的协同作用,能够外排包括临床常用抗生素在内的多种毒性底物,同时还可通过支持细菌在宿主环境中的存活参与致病过程。尽管人们对AcrAB-TolC外排系统持续关注、不断研究,但仍存在诸多知识缺口。

2025年12月18日,王佳伟课题组在eLife发表题为“AcrAB-TolC外排系统泵组装和药物转运的结构机制”(Structural mechanisms of pump assembly and drug transport in the AcrAB-TolC efflux system)的研究论文。该研究利用冷冻电镜技术,从大肠杆菌天然表达的TolC-AcrABZ复合物中解析和鉴定出了一种全新的外膜脂蛋白组分YbjP。通过分析完整的TolC-YbjP-AcrABZ外排泵复合物结构,研究进一步揭示了YbjP对TolC锚定于大肠杆菌外膜的关键辅助作用,并首次在完整外排泵复合物中同时展示出AcrB三聚体处于三种不同构象状态的结构。

总之,这项工作首次鉴定出AcrAB-TolC系统的天然组分YbjP,并首次在完全组装的天然TolC-YbjP-AcrABZ复合物中捕捉到了AcrB三聚体的所有三种构象状态(L、T、O)。这些发现丰富和完善了人们对AcrAB-TolC转运系统的理解,并展示了高分辨率冷冻电镜结合整合建模技术能够揭示此前未被表征的蛋白质因子。

RESEARCH

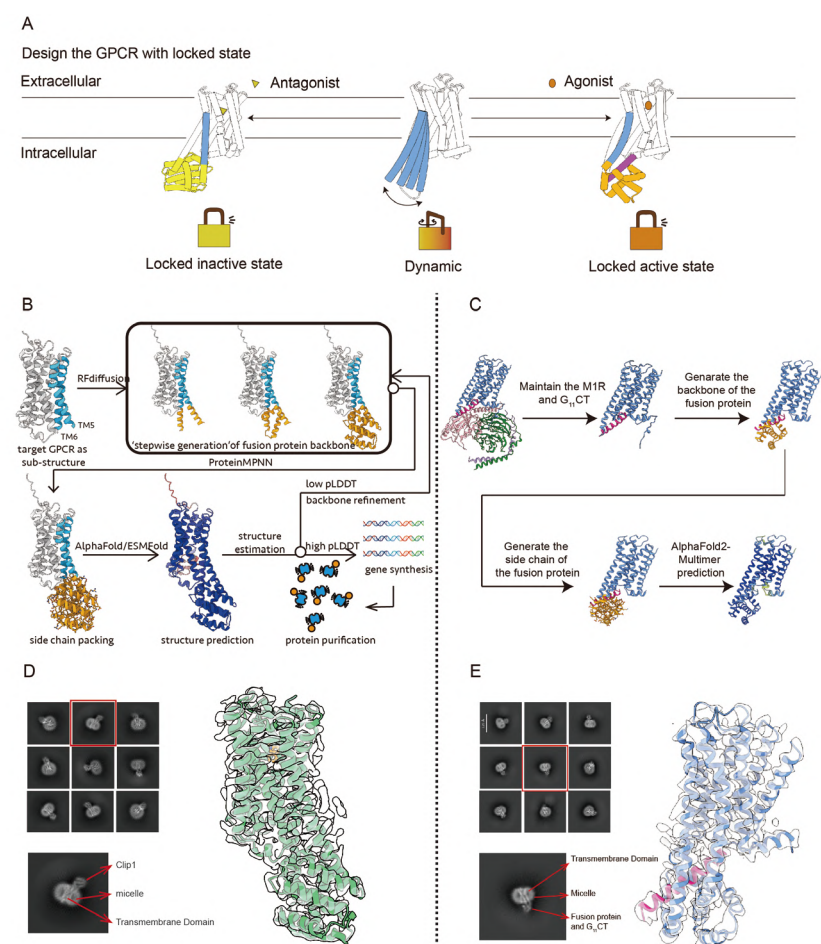


刘翔宇实验室 利用从头设计融合蛋白策略, 成功开发GPCR 研究新工具

G蛋白偶联受体 (GPCRs) 作为一类具有七次跨膜结构的膜蛋白, 是生理调控的核心元件。它们识别多样的胞外信号, 比如激素、神经递质、光等, 并将信号向胞内传递, 介导广泛的细胞应答。正因其 在疾病发生与发展中的重要作用, GPCRs 被视作药物研发的关键靶点。这一重要性在临床用药中得到印证: 据统计, 约 34% 的 FDA 批准药物以 GPCR 为靶点; 在这些药物中, 拮抗剂占比过半, 激动剂占比超过四成。

刘翔宇实验室在《PNAS》杂志先后发表了两项研究成果,提出了一种名为“Click Fusion”的研究策略。他们利用近年来兴起的机器学习驱动的蛋白质设计工具,深入探索了蛋白质从头设计在GPCR融合蛋白设计中的应用潜力,为解析非激活态GPCR结构以及筛选GPCR新配体提供了具有广阔应用前景的新工具。

RESEARCH

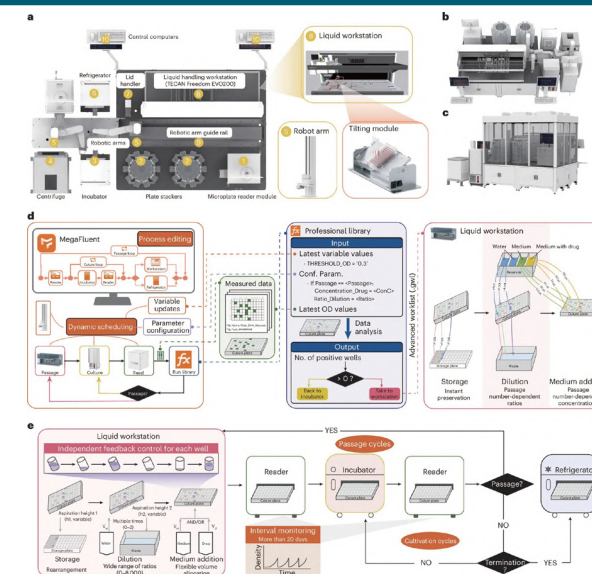


张数一团队 研发首个工业自动化蛋白质编程进化实验室

蛋白质工程领域在生物技术、医学和基础研究方面具有巨大潜力,但其发展往往受限于序列-功能关系理解不足、AI设计复杂性质的困难以及劳动密集型的定向进化过程。定向进化技术模仿自然选择,通过人为引入基因突变并根据目标功能进行筛选,可以建立序列-功能的直接映射关系,是目前蛋白质工程领域最核心的设计改造策略。但是定向进化技术本身需拆解成多步包括突变文库建立和筛选的繁琐流程,并需要经过多轮迭代,极大的限制了技术的应用发展和提供高质量序列-功能数据用于训练AI算法。因此将定向进化技术进行多模块整合,实现一体化、标准化的工业标准蛋白质智能进化,并集成机器人、软件、机械控制系统降低人为干预,提高通量水平,获取标准化蛋白质序列-功能数据,将成为未来的发展趋势。

2025年11月19日,中心张数一团队在*Nature Chemical Engineering*杂志发表题为*An industrial automated laboratory for programmable protein evolution*的封面研究论文,开发了一种工业化尺度的蛋白质编程进化实验室iAutoEvoLab,同期杂志还做了研究简报的专门报道:*iAutoEvoLab as an all-in-one laboratory for programmable protein evolution*。利用该系统对活性近乎为零的前体CapT7进行蛋白质功能进化。为了赋予T7 RNAP加帽能力,以扩大其应用效果,将非洲猪瘟病毒的加帽酶与其进行融合,有望应用于哺乳动物细胞中的正交基因表达和疫苗开发等领域。在该平台上进行了一个完全自动化多组平行的定向进化过程,在96孔板中并行启动>100条独立进化线,每天9个循环、连续25天。再接入连续流式装置追加10天高浓度筛选,最终获得变体CapT7-V14。该变体在酵母内使靶基因表达提升30倍;在体外转录反应中可合成带帽mRNA;在HEK293T细胞中,其驱动的荧光蛋白水平与CMV、EF1 α 等哺乳动物强启动子相当,实现“原核启动子直接用于人源细胞”的跨界表达。

RESEARCH



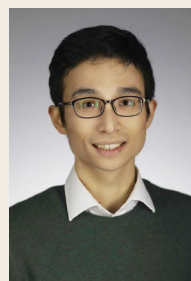
沈浩 博士

华盛顿大学（西雅图）



沈浩博士分享可控自组装蛋白纤维材料的设计新进展

2025年10月11日, 北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请到华盛顿大学(西雅图)沈浩博士作学术报告。沈浩博士以《*De Novo Design of Controllable and Functional Self-assembling Protein Filament Biomaterials*》(可控且具功能性的自组装蛋白纤维生物材料从头设计)为题, 系统介绍了其团队在蛋白纤维结构设计与功能化方向的最新研究进展。本次讲座由王新泉教授主持。



沈浩 博士

嘉宾简介:

沈浩博士, 现任美国华盛顿大学蛋白质设计研究所 (Institute for Protein Design, University of Washington) 博士后研究员, 是国际知名科学家David Baker教授的首位博士生。沈博士本科毕业于清华大学生命科学学院, 是清华生科首届本科生之一; 随后在华盛顿大学攻读分子工程博士学位, 并成为该校首位完成该项目博士学业的学生。

在博士阶段, 沈博士率先实现了自组装螺旋蛋白纤维的从头设计, 相关成果发表于Science, 开创了通过结构设计精确控制蛋白纤维装配几何的全新方向。博士后阶段, 他进一步拓展了可调控蛋白纤维系统的设计能力, 开发了包括pH响应型蛋白纤维(发表于Nature Nanotechnology)、核化限制与极性生长型变构调控蛋白纤维(bioRxiv, 审稿中)以及可诱导组装的多组分蛋白纤维(bioRxiv, 已投稿)等多种体系。这些研究在蛋白装配的动态性与可控性方面已接近天然细胞骨架系统, 为功能性生物材料的研发提供了重要平台。

此外, 沈博士的研究还涉及功能化蛋白纳米材料的设计, 包括导电蛋白纳米线、远红荧光蛋白纤维以及结合叶绿素实现长距离能量传递的蛋白纤维, 其研究成果在生物电子学、能量传递与智能材料等领域具有潜在应用前景。迄今为止, 沈博士已在Science、Nature Nanotechnology、Nature Biotechnology等国际顶级期刊发表多篇论文, 拥有一项美国专利申请, 并获得包括Protein Science Travel Award与“华盛顿大学生物化学系奖学金(UW Biochemistry Department Fellowship)”等多项荣誉。

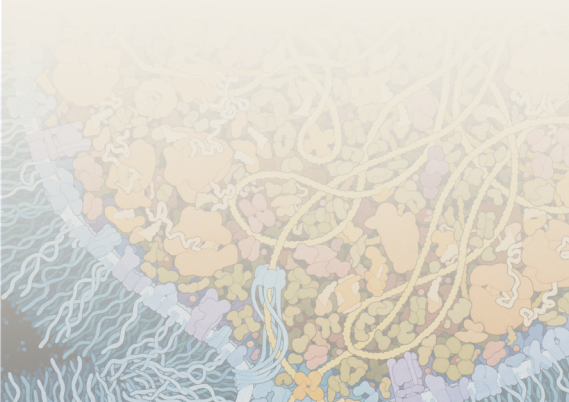


李文博 博士

嘉宾简介:

李文博博士于2024年9月加入《Nature Communications》编辑部, 现常驻伦敦办公室, 主要负责结构生物学与生物物理学领域稿件的编辑与评审工作。

他在英国牛津大学获得临床医学博士学位, 期间从事天然产物形成酶的结构与生物物理机制研究。博士毕业后, 李博士在英国罗莎琳德·富兰克林研究所(Rosalind Franklin Institute)开展博士后研究, 主持多项合作项目, 利用光化学与XFEL技术开展时间分辨晶体学研究。



走近Nature Portfolio: Nature Communications编辑李文博博士分享论文发表全流程

2025年10月17日, 北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请到Nature Communications的编辑李文博博士作学术报告题为“*Publishing with Nature Portfolio*”(Nature期刊的论文发表之路)。本次讲座由李赛副教授主持。

在报告中, 李文博博士以Nature旗下期刊为例, 系统介绍了科研论文从投稿到发表的完整编辑流程, 深入解析了编辑部在稿件评估、同行评审管理以及编辑决策中的关键环节。



Kay Gr newald教授解读疱疹病毒入侵与出芽中的结构可塑性

2025年10月28日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请德国汉堡大学Kay Gr newald教授作学术报告,题为《Conformational Flexibility and Molecular Plasticity in Herpesvirus Entry and Egress》(疱疹病毒入侵与出芽过程中的构象柔性及分子可塑性)。本次讲座由李赛副教授主持。

Gr newald教授长期致力于将结构生物学与细胞生物学方法相结合,利用冷冻电镜及冷冻电子断层术(cryo-EM /cryo-ET)解析病毒与宿主细胞在分子层面的相互作用。在本次报告中,他系统介绍了团队在疱疹病毒入侵、衣壳装配及核外逸出等环节的最新研究进展,揭示了病毒结构的动态特征及其与宿主膜系统复杂而精巧的相互作用机制。



Kay Gr newald

Professor of Structural Cell Biology of Viruses, Leibniz
Institute of Virology (LIV) & University of Hamburg
Deputy Scientific Director, Centre for Structural
Systems Biology (CSSB)



Kay Gr newald 教授

嘉宾简介:

Kay Gr newald教授现任德国汉堡大学及利布尼茨病毒学研究所病毒结构细胞生物学教授,同时担任结构系统生物学中心副科学主任。他在耶拿弗里德里希·席勒大学(Friedrich Schiller University Jena)获得博士学位,随后在美国国立卫生研究院(NIH)与Alasdair C. Steven教授合作开展博士后研究期间,率先将冷冻电镜断层扫描技术应用于多形态病毒的结构研究,开创了该领域的先河。

此后,Gr newald教授在德国马丁斯里德的马克斯·普朗克生物化学研究所建立了独立研究组,并于后来出任英国牛津大学威廉基金人类遗传学中心结构细胞生物学教授。2017年,他的研究团队迁至汉堡大学和利布尼茨病毒学研究所,继续聚焦于病毒与宿主相互作用的整合成像与结构细胞生物学研究。

Frontiers in Biological Structures

普林斯顿大学Clifford Brangwynne教授阐释细胞内组织的流动范式

2025年10月29日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请普林斯顿大学Clifford Brangwynne教授作学术报告,题为《A Fluid Paradigm for Intracellular Organization》(细胞内组织的流动范式)。本次讲座由李丕龙副教授主持。

Clifford Brangwynne教授是细胞相分离与生物分子凝聚体领域的开创者之一,其研究深刻改变了人们对细胞内组织与动态调控的理解。他长期致力于将物理学与细胞生物学相结合,揭示生物分子通过液滴样凝聚形成高度动态的细胞结构,从而在生命过程中实现精准而灵活的功能调控。



Clifford Brangwynne 教授

嘉宾简介:

Clifford Brangwynne教授现任普林斯顿大学化学与生物工程系June K. Wu'92讲席教授、霍华德·休斯医学研究所研究员,以及Omenn-Darling生物工程研究所创始主任。他于2001年获卡内基梅隆大学材料科学学士学位,2007年获哈佛大学应用物理学博士学位。此后,他先后在德国德累斯顿的马普复杂系统物理研究所从事访问研究,并以Helen Hay Whitney基金会博士后研究员身份在马普分子细胞生物学与遗传学研究所开展研究。自2011年起,Brangwynne教授在普林斯顿大学化学与生物工程系任教。

他的研究主要聚焦于生命体系的自组装过程,特别是细胞内“液-液相分离”在生物功能与疾病中的作用机制。因其在该领域的开创性贡献,Brangwynne教授荣获多项国际奖项,包括Searle学者奖、麦克阿瑟天才奖(MacArthur Fellowship)、Wiley奖、HFSP中曾根奖(Nakasono Award)以及科学突破奖(Breakthrough Prize)等。



Advanced Science编辑Ada Hang-Heng Wong博士分享科学出版中的关键要素及人工智能的应用

2025年11月10日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请到《Advanced Science》期刊的编辑Ada Hang-Heng Wong博士,作了题为“*The Publishing Blackbox: Publishing in TOP Wiley journals*”(出版的黑箱:如何在顶级Wiley期刊上发表)的学术报告。讲座由闫创业副教授主持。

在本次讲座中,Wong博士深入探讨了科研出版的多个重要环节,分享了关于期刊选择、稿件提交及撰写技巧的宝贵经验。她特别强调了在选择期刊时需要注意的几个关键因素,并为与会者提供了关于如何提升稿件接受率的实用建议。



Ada Hang-Heng Wong 博士

嘉宾简介:

Ada Hang-Heng Wong于暨南大学获得生物技术学士学位及生物化学与分子生物学硕士学位,随后在清华大学获得生物学(结构生物学方向)博士学位。她曾在多个国际知名学术机构担任研究职务,包括新加坡国立大学、澳门大学、台湾大学、A*STAR分子与细胞生物学研究所和乔治·华盛顿大学。Ada博士的研究领域广泛,涵盖生物化学(2005-2007年)、遗传学(2005-2006年)、结构生物学(2007-2013年)、生物物理学(2013-2014年)以及癌症生物学(2014-2024年)。

2024年12月,Ada博士加入Wiley,担任《Advanced Science》期刊副主编,负责推动肿瘤学领域的拓展与发展。

叶晓东副教授介绍分析超速离心技术在大分子表征中的应用



叶晓东 副教授

嘉宾简介:

叶晓东,中国科学技术大学化学物理系副教授。他于2000年和2006年在中科大获得学士和博士学位,随后在香港中文大学进行博士后研究,并于2008-2009年在杜克大学任访问学者。其研究方向主要为利用激光光散射、分析型超速离心等技术,研究高分子与生物大分子在溶液中的折叠与聚集行为。现已在《Macromolecules》等国际期刊上以第一作者或通讯作者发表论文30余篇。

2025年11月17日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”特邀中国科学技术大学化学物理系叶晓东副教授作题为《分析超速离心技术在大分子表征中的应用》的学术报告。讲座由李文奇博士主持。

叶晓东副教授在报告中详细介绍了分析超速离心 (Analytical Ultracentrifugation, 以下简称AUC) 技术在大分子研究中的广泛应用。该技术通过实时监测样品在离心场中的沉降与扩散行为,可以精准表征样品的沉降系数、分子量、粒径、形状以及密度等多个重要参数。与传统方法不同,AUC技术直接在溶液中进行分析,避免了色谱柱等固定相的干扰,也无需依赖标准品进行校准,因此具有独特的优势,广泛应用于蛋白质、核酸、多糖、合成高分子和纳米颗粒等多种大分子的表征。



Petr Chlanda教授分享：原位冷冻电镜揭示流感病毒形态依赖的传播与装配机制

2025年12月1日, 北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请德海德堡大学Petr Chlanda教授作题为《原位冷冻电镜揭示流感病毒形态依赖的传播与装配机制》(*Influenza A Virus Morphology-Dependent Spread and Assembly revealed by in situ cryo-electron tomography*) 的学术报告。本次讲座由李赛副教授主持。

Petr Chlanda教授长期致力于病毒形态、宿主细胞膜动力学及病毒装配机制研究, 尤其擅长利用冷冻电子断层术等高分辨率原位成像技术。其团队通过整合光学显微、扫描电镜及冷冻电子断层术等方法, 系统揭示病毒在细胞内的真实结构, 在病毒学与结构生物学交叉领域开展持续工作。



Petr Chlanda

Department of Infectious Diseases – Virology,
Heidelberg University, Germany



Petr Chlanda 教授

嘉宾简介：

Petr Chlanda教授本科就读于捷克查尔斯大学, 专业为生物化学, 其后在德国海德堡大学攻读博士学位, 在Jacomine Krijnse Locker实验室利用电子显微技术开展痘病毒组装机制研究。博士毕业后, 他先后在 EMBL 海德堡 (与 John Briggs 合作) 及美国国立卫生研究院 NIH (与 Joshua Zimmerberg 合作) 进行博士后研究, 主要聚焦流感病毒的膜融合与装配的结构分析。

自2017年起, Chlanda 教授在海德堡大学病毒学系担任研究组组长, 2025年继升为Heisenberg Professor (W3级)。他的团队长期致力于利用原位冷冻电子断层成像 (in situ cryo-ET) 及光电关联显微技术 (CLEM) 解析人类重要 RNA 病毒 (包括流感病毒、埃博拉病毒、SARS-CoV-2) 在感染细胞中的结构特征, 并在感染细胞结构生物学领域做出了重要贡献。



周海霞博士分享纤毛结构研究最新进展

2025年12月4日, 北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”邀请哈佛医学院周海霞博士作题为《纤毛结构的解析: 从天然纯化到原位研究的深入洞察》(*Structure understanding of cilia: from native purification to in situ insights*) 的学术报告。本次讲座由梁鑫副教授主持。周海霞博士长期从事纤毛与鞭毛的结构生物学研究, 团队依托单颗粒冷冻电镜与原位冷冻电子断层技术, 在理解纤毛的运输机制、分子装配以及关键致病因素方面取得多项突破。

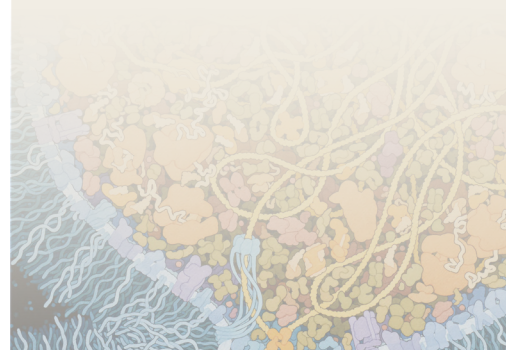


周海霞 博士

嘉宾简介：

周海霞博士于2019年在清华大学获得博士学位, 师从王新泉教授, 其博士研究主要聚焦于高致病性冠状病毒MERS-CoV和SARS-CoV的刺突糖蛋白结构解析。博士毕业后, 她加入哈佛医学院, 在Alan Brown教授和Johannes Walter教授课题组开展博士后研究, 探究E3泛素连接酶在DNA复制终止过程中的作用, 并在两年内完成了相关研究工作。

随后, 她将研究方向拓展至纤毛生物学领域, 重点关注纤毛运输机制, 并利用原位冷冻电子断层技术解析人类运动纤毛的结构与功能, 探索纤毛相关疾病的分子基础。



石发展教授分享量子传感赋能生命科学：微尺度磁共振谱学新进展

2025年12月12日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”特邀中国科学技术大学石发展教授作题为《面向生命科学的量子传感——基于金刚石最优灵敏度自旋传感器的微尺度磁共振谱学》(*Quantum Sensing for Life Science—Microscale magnetic resonance spectroscopy with an optimal sensitivity spin sensor in diamond*)的学术报告。讲座由李文奇博士主持。



石发展 教授

嘉宾简介:

石发展,中国科学技术大学物理学院教授。主要从事金刚石中氮-空位(NV)单自旋量子精密测量研究及其在生命科学和凝聚态物理中的应用,研究方向包括量子测量技术与方法、单分子谱学以及纳米尺度成像。

龚湘君教授分享三维动态行为表征前沿进展

2025年12月30日,北京生物结构前沿研究中心系列讲座“生物结构前沿学者讲坛”特邀华南理工大学龚湘君教授作题为《从颗粒到分子的三维动态行为表征》的学术报告,系统介绍了跨越介观到分子尺度的三维动态显微测量新方法及其在生命科学与材料研究中的应用。讲座由李文奇博士主持。报告围绕“不同微观尺度三维动态过程的精准表征”这一核心问题,重点介绍了三种互补的动态显微技术:基于数字全息的非标记三维动态显微镜(DHM)、探针调制型原子力显微镜(CM-AFM)以及全内反射荧光显微镜(TIRF)。龚湘君教授指出,这些技术能够覆盖从百微米颗粒到单分子层级的时空尺度,为理解复杂生物体系中的动态行为提供了关键工具。



龚湘君 教授

嘉宾简介:

龚湘君,华南理工大学材料科学与工程学院教授,博导。2005年本科毕业于中国科学技术大学物理系,2011年博士毕业于香港中文大学物理系。2011-2013年于香港中文大学化学系从事博士后工作。2014年加入华南理工大学材料学院。发表SCI论文50余篇,主持国家、省部级及其他企业委托项目20余项,授权发明专利15项,获2023年中国仪器仪表协会朱良漪分析仪器青年创新奖。研究兴趣:设计基于光学、电磁学的高精度表征工具用于研究细胞、微生物、颗粒、生物和环境分子的动态行为和界面过程。具体包括:(1)三维动态显微技术的发展;(2)微生物和细胞的相互作用表征、表面附着机制和运动策略;(3)生物分子和污染物分子的界面行为;(4)颗粒、微纳气泡、活体颗粒(微生物及细胞)的识别、筛选和控制技术。



| 2026

第一季度 工作重点

一、科研队伍建设

组织开展2026年度“卓越学者”项目招聘工作,系统引进和遴选具有发展潜力的青年科研人才,持续优化科研队伍结构。通过完善遴选与支持机制,增强科研人员的稳定性与成长通道,为中心中长期科研创新能力提升夯实人才基础。

二、多肽设计大赛

有序推进2025多肽设计大赛各项工作,完成第二轮参赛设计序列的合成与功能性能测试,系统评估参赛成果。围绕比赛结果,组织召开分享会并举办颁奖仪式。大赛以人工智能与结构生物学的结合为特色,通过实验验证参赛者设计的多肽分子,推动从“计算机设计”向“实验验证”的关键转化。

三、学术活动

1. 1月16日,湖南师范大学周熙来访,并举行学术讲座。
2. 1月20日,中国计量科学研究院宋德伟研究员来访,并举行学术讲座。
3. 组织筹备将于2026年3月21-23日召开的“30 Years of Epigenetics: From Discovery to Therapy”国际学术研讨会。
4. 组织筹备将于2026年3月28日召开的"2025多肽设计大赛报告会暨颁奖典礼"。



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。



平台主管



李文奇 博士
Wenqi Li Ph.D.

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/swypzbjdpt.htm>

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

平台合影



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



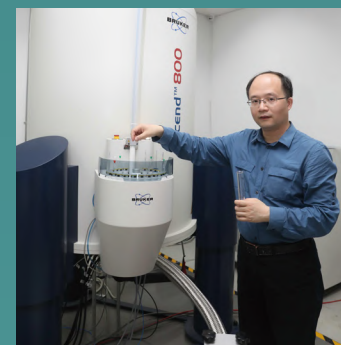
核磁技术平台

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



王继纵 助理教授
Jizong Wang

植物生物学
邮箱:wangjizong@tsinghua.edu.cn



向烨 副教授
Ye Xiang

微生物与传染病学
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



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



王童 助理教授
Tong Wang

交叉学科
邮箱:tongwang@mail.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

胡英函
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
Kezhou Zhou



电话:010-62780302
邮箱:zhoukezhou@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

2025 第四季 10-12月

总策划：袁亚飞

总编辑：胡英囡

美术编辑：陈彦甫

封面及插图由美国斯克里普斯研究所 (Scripps Research Institute) David S. Goodsell 教授绘制，原图由 RCSB Protein Data Bank 提供，遵循 CC BY 4.0 许可协议使用。
在此对作者为结构生物学科普与传播所做的贡献致以诚挚谢意。
Image credit: D.S. Goodsell, RCSB PDB-101 (CC BY 4.0)

