



复旦大学
生物化学与生物物理学系
研究生招生宣传

2021.5.28

生化系简介

- 1958年，在中科院生化所、复旦大学生物系和化学系的共同努力下正式成立生物化学专业。1986年生命科学学院成立后改为生物化学系。2021年调整为生物化学与生物物理系。
- 目前有教授/研究员15人，副教授/副研究员5人，其中杰青2人、百人计划1人、优青3人、青千6人、青年女科学家1人、重大专项/重点研发首席科学家3人。

生化系研究方向和课题组简介

（一）蛋白质的修饰、结构与功能

表观遗传调控因子的鉴定、功能和机制；蛋白质合成机器和蛋白质-核酸复合物的结构与功能。

（二）核酸的转录表达调控与功能

基因表达的转录和转录后调控及在发育、疾病和逆境适应中的功能；非编码RNA的产生、修饰和作用方式及其生物学功能。

（三）组学新技术和生物医学研究

代谢组学、蛋白质组学和生物信息学新技术和新方法的开发、组学在代谢疾病中的应用、疾病发生关键因子的药物的研发。

研究特点：

基础性、前沿性及交叉性，为现代生物医药和农业等提供理论指导和技术支撑。

生化系研究方向和导师简介

（一）蛋白质的修饰、结构与功能

董爱武、麻锦彪、李继喜、甘建华、林金钟、朱炎、俞瑜、苏伟

（二）核酸的转录表达调控与功能

王纲、郑丙莲、任国栋、常芳、蒯本科、葛晓春、尤辰江

（三）组学新技术方法的开发和生物药学研究

唐惠儒、丁琛、杨青、张旭敏、姚红艳

生化系研究生招生和培养情况

- 硕士生导师20名，每年录取科学硕士~15名，主要通过推荐免试（夏令营+推免，~13名）和公开招考（~2名）；
- 博士生导师17名，每年录取博士~15名，主要通过硕博连读（~8名）、直博（~4名）和公开招考（~3名）；
- 研究生培养：硕士3年，硕博连读和直博5-7年，公开招考博士3-5年；毕业要求参照研究生培养方案；
- 在读期间奖学金名额分配：国家奖学金（硕士2个，博士3个）、冠名奖学金（硕士~2个，博士~6个）。

学院招生政策咨询电话：021-3124-6508

生化系研究生毕业后就业渠道

- **博士后(~40%)**: 欧美各大名校、国内高水平实验室.....这部分学生将来主要进入科研院所和企业;
- **企业(~40%)**: 诺华制药、恒瑞医药、药明康德等;
- **其它(~10%)**: 重点中学教师、公务员.....;

课题组简介

董爱武教授课题组



董爱武 教授

邮箱: aiwudong@fudan.edu.cn

1996起生物化学系任教，教授，现任**生化系主任**

2007年获得中国青年女科学家奖，2019年获得自然科学基金“重点项目”资助

研究方向：植物表观遗传学

利用生物化学、结构生物学、生物信息学、遗传学等方法研究表观遗传调控植物环境适应性的分子机制。

1. **染色质组装与重塑**调控植物细胞分裂和生长发育的分子机制
2. **组蛋白甲基化修饰**及其识别调节植物生长发育及环境适应性的分子机制。

董爱武课题组副教授/副研究员



2007年起，生物化学系
任教，副教授

研究方向：表观遗传学
组蛋白甲基化修饰

俞瑜 副教授

邮箱: yuy@fudan.edu.cn



2007年起，生物化学系
任教，副教授

研究方向：表观遗传学
核小体组装

朱炎 副教授

邮箱: zhu_yan@fudan.edu.cn



2012年起，生物化学系任教，
副研究员

研究方向：植物分子生物学
植物激素的信号传递及代谢途径
的分子机理

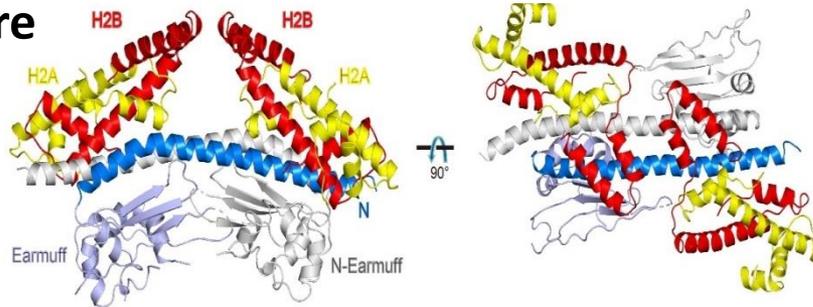
苏伟 副教授

邮箱: weisu@fudan.edu.cn

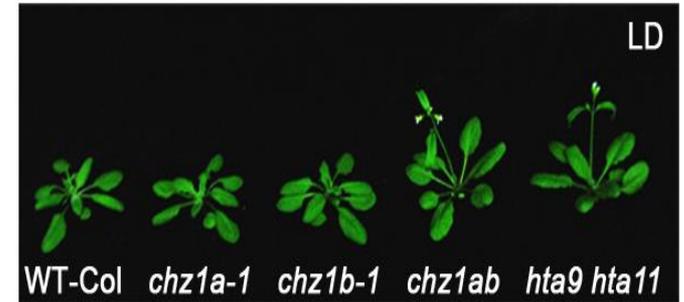
董爱武课题组的研究领域：植物表观遗传学

利用生物化学、结构生物学、生物信息学、遗传学等方法研究植物细胞分裂和生长发育过程中的表观遗传调控机制。

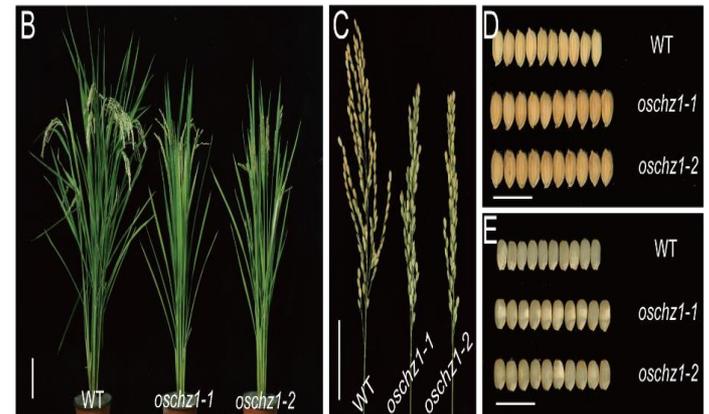
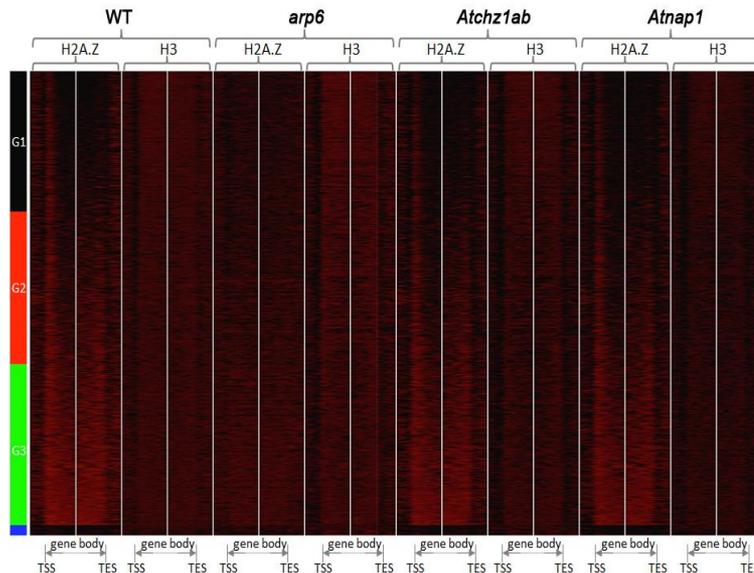
Structure



Genetics



ChIP-seq



近五年（2017-2021）研究生作为第一作者发表SCI论文

1. Chen K, Du K, Shi Y, Yin L, Shen WH, Yu Y, **Liu B***, **Dong A***. (2021) H3K36 methyltransferase SDG708 enhances drought tolerance by promoting abscisic acid biosynthesis in rice. *New Phytol*. doi: 10.1111/nph.172903.
2. Luo Q, Wang B, Wu Z, Jiang W, Wang Y, Du K, Zhou N, Zheng L, Gan J, Shen WH, **Ma J***, **Dong A***. (2020) NAP1-Related Protein 1 (NRP1) has multiple interaction modes for chaperoning histones H2A-H2B. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 117(48):30391-30399. doi: 10.1073/pnas.20110891174.
3. Du K, Luo Q, Yin L, Wu J, Liu Y, Gan J, **Dong A***, **Shen WH***. (2020) OsChz1 acts as a histone chaperone in modulating chromatin organization and genome function in rice. *Nat Commun*. 11(1):5717. doi: 10.1038/s41467-020-19586-z
4. An Z, Yin L, Liu Y, Peng M, **Shen WH***, **Dong A***. (2020) The histone methylation readers MRG1/MRG2 and the histone chaperones NRP1/NRP2 associate in fine-tuning Arabidopsis flowering time. *Plant J*. doi: 10.1111/tpj.14780.
5. Guo Z, Li Z, Liu Y, An Z, Peng M, Shen WH, Dong A, **Yu Y***. (2020) MRG1/2 histone methylation readers and HD2C histone deacetylase associate in repression of the florigen gene FT to set a proper flowering time in response to day-length changes. *New Phytol*. doi: 10.1111/nph.16616.
6. Wang B, Luo Q, Li Y, Yin L, Zhou N, Li X, Gan J*, **Dong A***. (2020) Structural insights into target DNA recognition by R2R3-MYB transcription factors. *Nucleic Acids Res*. 48(1):460-471.
7. Liu B, Liu Y, Wang B, Luo Q, Shi J, Gan J, Shen WH, **Yu Y***, **Dong A***. (2019) The transcription factor OsSUF4 interacts with SDG725 in promoting H3K36me3 establishment. *Nat Commun*. 10(1):2999.
8. Liu Y, Liu K, Yin L, Yu Y, Qi J, Shen WH, Zhu J, Zhang Y*, **Dong A***. (2019) H3K4me2 functions as a repressive epigenetic mark in plants. *Epigenetics Chromatin*. 12(1):40..
9. Jiang W, Li Z, Yao X, Zheng B, Shen WH, **Dong A***. (2019) jaw-1D: a gain-of-function mutation responsive to paramutation-like induction of epigenetic silencing. *J Exp Bot*. 70(2):459-468.
10. Kang H, Zhang C, An Z, Shen WH, **Zhu Y***. (2019) AtINO80 and AtARP5 physically interact and play common as well as distinct roles in regulating plant growth and development. *New Phytol*. 223(1):336-353.
11. Wang Y, Luo X, Sun F, Hu J, Zha X, **Su W***, Yang J*. (2018) Overexpressing lncRNA LAIR increases grain yield and regulates neighbouring gene cluster expression in rice. *Nat Commun*. 9(1):3516.
12. Wei G, Liu K, Shen T, Shi J, Liu B, Han M, Peng M, Fu H, Song Y, Zhu J*, **Dong A***, Ni T*. (2018) Position-specific intron retention is mediated by the histone methyltransferase SDG725. *BMC Biol*. 16(1):44.
13. Ma J, Liu Y, Zhou W, Zhu Y, **Dong A***, **Shen WH***. (2018) Histone chaperones play crucial roles in maintenance of stem cell niche during plant root development. *Plant J*. 95(1):86-100.
14. Li C, Liu Y, Shen WH, **Yu Y***, **Dong A***. (2018) Chromatin-remodeling factor OsINO80 is involved in regulation of gibberellin biosynthesis and is crucial for rice plant growth and development. *J Integr Plant Biol*. 60(2):144-159.
15. Liu K, Yu Y, **Dong A***, **Shen WH***. (2017) SET DOMAIN GROUP701 encodes a H3K4-methyltransferase and regulates multiple key processes of rice plant development. *New Phytol*. 215(2):609-623.
16. **Zhu Y***, Rong L, Luo Q, Wang B, Zhou N, Yang Y, Zhang C, Feng H, Zheng L, Shen WH, Ma J*, **Dong A***. (2017) The histone chaperone NRP1 interacts with WEREWOLF to activate GLABRA2 in Arabidopsis root hair development. *Plant Cell*. 29(2):260-276.

麻锦彪教授课题组



麻锦彪 教授

邮箱: majb@fudan.edu.cn

2002-2007 美国纪念斯隆凯特琳癌症中心 博士后

2007-2011 美国阿拉巴马大学伯明翰分校 助理教授

2011年 复旦大学生命科学学院生物化学系 特聘教授

2011年 中组部 “青年千人计划” 上海市 “东方学者”

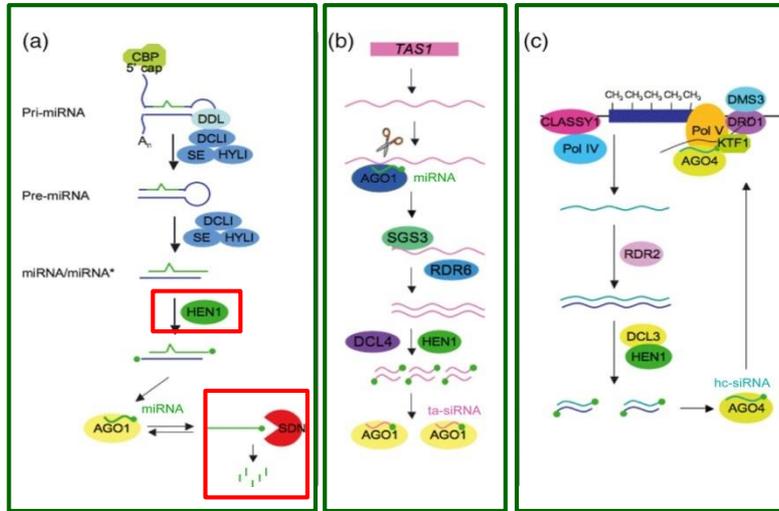
2012年 上海市 “浦江计划” “曙光学者”

研究方向：表观遗传学和结构生物学

以蛋白质晶体X射线衍射及冷冻电镜为主要手段，结合多种生物化学、分子生物学和生物物理等方法，研究**非编码RNA**和**表观遗传学领域**中**蛋白质与核糖核酸**（RNA）之间相互作用的三维结构基础及其分子机制。

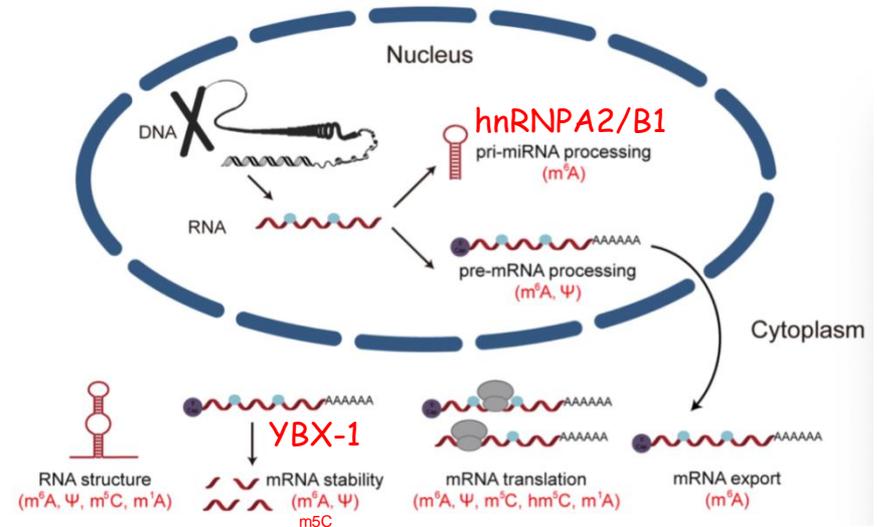
麻锦彪课题组的研究领域

小非编码RNA的产生、作用和代谢机制



1. Huang et al., **Nature**, 2009
2. Chen et al, **Nat Comm**, 2018

核糖核酸(RNA)的修饰及其识别机制



1. Wu et. al., **Nat Comm**, 2018
2. Yang et. al., **Mol Cell**, 2019

甘建华研究员课题组



甘建华

邮箱: ganjhh@fudan.edu.cn

- 1993-1997 北京医科大学, 学士
- 1997-2002 中科院上海有机化学研究所, 博士
- 2002-2003 中科院上海有机化学研究所, 研究助理
- 2003-2008 美国国立卫生研究院癌症研究中心, 博士后
- 2008-2009 美国纪念斯隆凯特琳癌症中心
Research Associate
- 2009-2012 美国佐治亚州立大学
Research Scientist
- 2012-至今 复旦大学生命科学学院, 研究员

研究方向——结构生物学。主要以晶体学为研究手段, 结合其他生物化学和生物物理方法, 对与疾病和其他生物学过程相关的蛋白、核酸、蛋白与核酸以及蛋白与蛋白复合物进行结构和功能机制方面的研究。

近五年在SCI杂志上发表**40**多篇论文, 其中通讯和共通讯论文**20**余篇, 包括 Nature Catalysis、Nature Communications、Angewandte Chemie、Nucleic Acids Research、Embo Journal、PloS Biology等杂志。

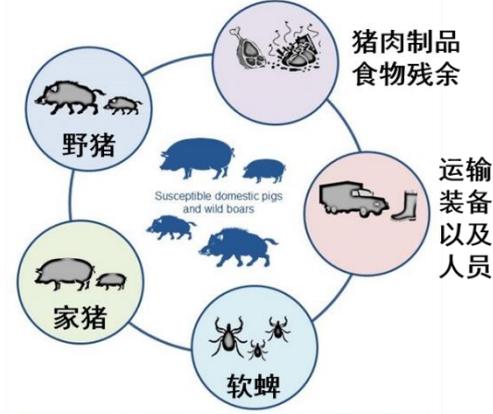
甘建华研究员课题组——研究方向

非洲猪瘟病毒 (ASFV)

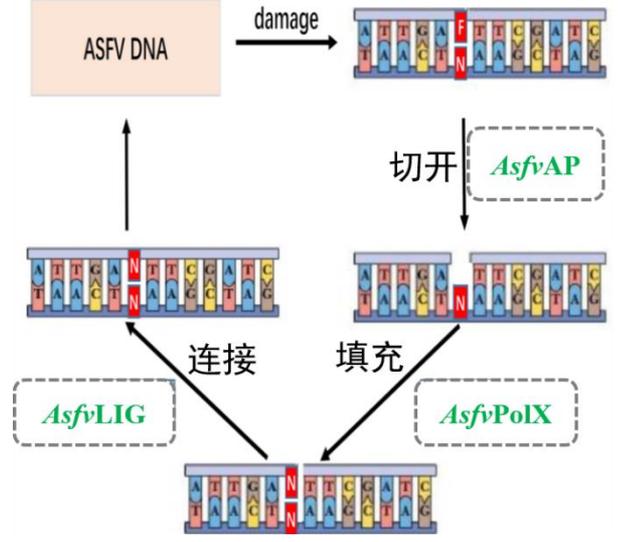
- 非洲猪瘟病毒科 (*Asfarviridae*)
- 非洲猪瘟病毒属 (*Asfivirus*)
- 1921年首次报道于肯尼亚
- 上世纪60年代传入欧洲
- 上世纪70年代传入南美洲
- 2007传入高加索地区和俄罗斯

- 传染性强
- 传播途径多
- 致死率高
- 无有效疫苗和治疗处施

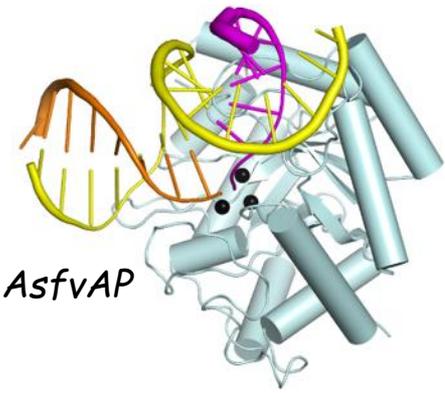
主要的
传染途径



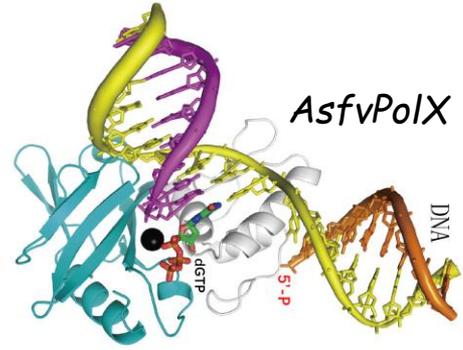
主要的
控制方法



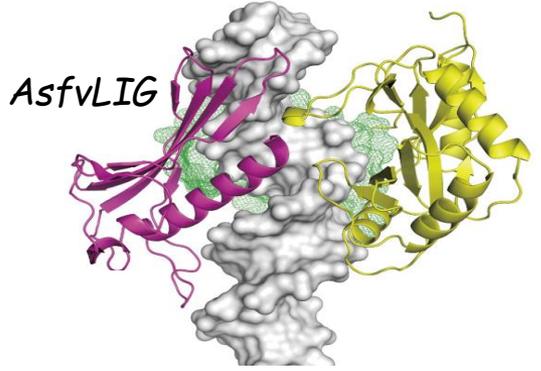
ASFV病毒DNA修复通路



(Cell Discovery, 2020)



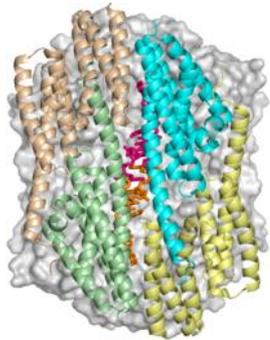
(Plos Biol, 2017)



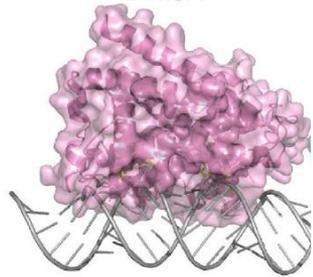
(Nature Commun, 2019)

甘建华研究员课题组——研究方向

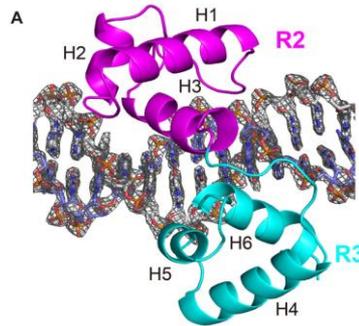
基因沉默、调控与编辑相关通路蛋白



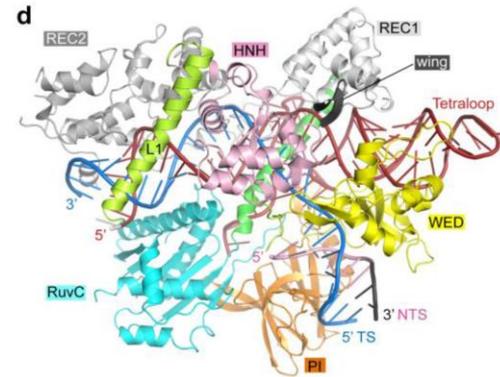
C3PO-ssRNA
Nucleic Acids Res
(2016)



EhRNase III
Scientific Reports
(2017)

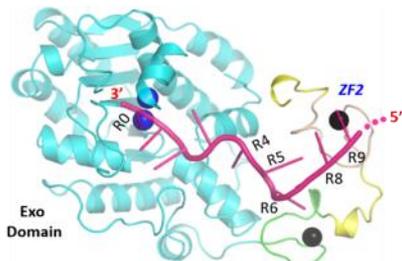


WER-dsDNA complex
Nucleic Acids Res (2019)

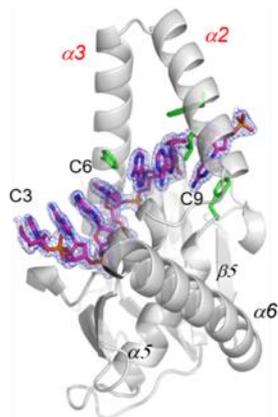


Cas9-complex
PloS Biology (2019)
Nature Catalysis (2020)

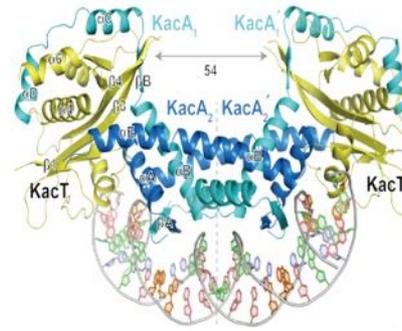
致病性相关蛋白



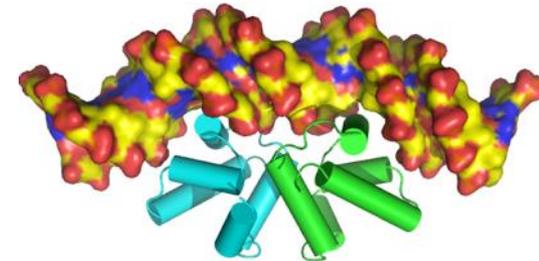
TbRND-ssRNA
Nucleic Acids Res
(2021)



MGME1-DNA Complex
Nucleic Acids Res (2018)



KpKatTA/DNA complex
Mol Microbiol (2018)
Nucleic Acids Res (2019)



铜绿杆菌通路蛋白
PloS Biology (2016)
Nucleic Acids Res (2017)
Mol Microbiol (2019)
Embo Journal (2020)

甘建华课题组——研究生培养

国家奖学金获得者:

张 静 杨 春 陈屹勍 (2次)
李洋洋 邵志伟 陈 茜

国家博新计划获得者:

于 翔

上海市优秀毕业生:

于 翔 张 静 陈屹勍

学术之星获得者:

陈屹勍

复旦大学优秀学生标兵获得者:

张 静

上海市结构生物学合作会议“青年学者原著性科研论文优秀报告奖”获得者

张 静 陈屹勍



欢迎加入:

ganjhh@fudan.edu.cn

李继喜教授课题组



李继喜 教授

邮箱: lijixi@fudan.edu.cn

2006-2014 美国加州理工学院、康奈尔大学医学院、哈佛大学医学院，博士后
2014年，复旦大学生命科学学院，教授、博士生导师
2014年，上海市“东方学者”特聘教授
2015年，中组部“青年千人计划”
2016年，科技部“蛋白质机器”重点研发计划首席科学家
2018年，复旦大学特聘教授、附属华山医院双聘教授
2020年，上海市优秀学术带头人

研究方向：细胞死亡与免疫应答

细胞死亡方式多种多样，我们目前聚焦于细胞程序性坏死、焦亡的功能机制和相关免疫应答研究，以期阐明坏死及焦亡在各种疾病如恶性肿瘤、神经退行性疾病（阿尔茨海默病、帕金森病等）中发挥功能的作用机理；

系统整合生物化学、细胞生物学及小鼠模型等技术和方法，开发基于细胞炎性死亡相关疾病的干预及治疗性药物。

李继喜课题组研究情况

- ◆ **论文发表：** 作为通讯/第一作者在Cell、Immunity、PNAS等杂志发表SCI论文29篇，高被引3篇，授权发明专利10项
- ◆ **承担科研项目：** 科技部“蛋白质机器”重点专项（2016）、国家自然科学基金委面上项目（2015、2017、2020）、上海市科委科技创新项目（2018、2020）
- ◆ **毕业学生：** 3人次获研究生国家奖学金、1人次获上海市优秀毕业生、10人次获各类研究生冠名奖学金
- ◆ **实验室主页：** homepage.fudan.edu.cn/lijixi

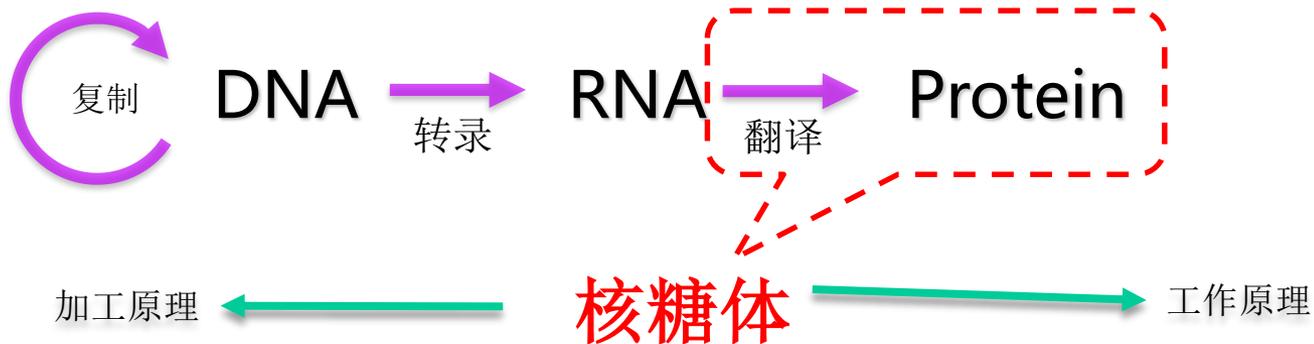


林金钟研究员课题组



林金钟 研究员

linjinzhong@fudan.edu.cn



北京生命科学研究所

2008-2011



叶克穷



2017-



复旦大学附属
中山医院
ZHONGSHAN HOSPITAL



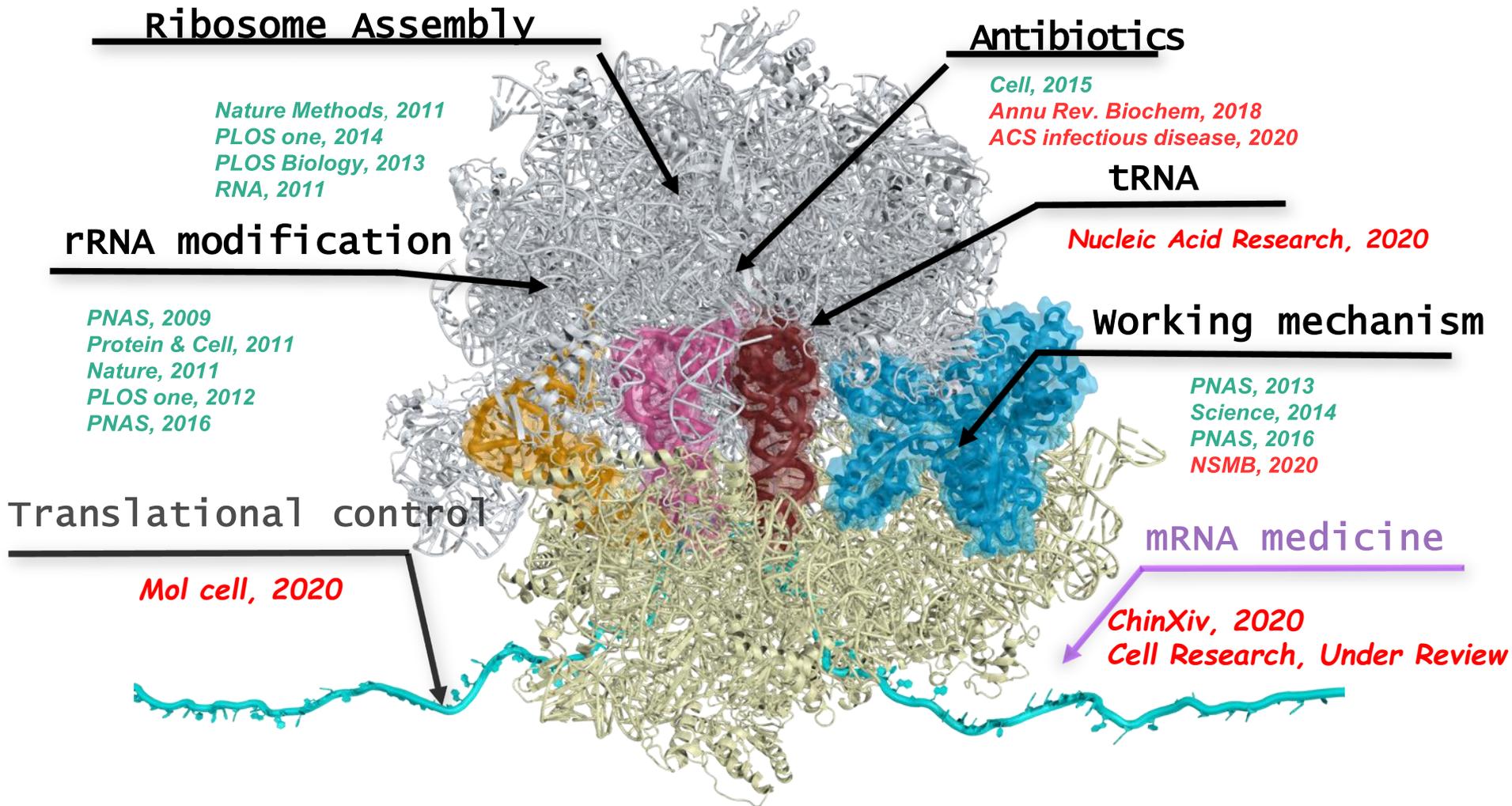
YALE Thomas Steitz

2011-2016



基因表达在翻译水平的调控

林金钟课题组的研究领域



林金钟课题组的研究领域

Ribosome Assembly

Nature Methods, 2011
PLOS one, 2014
PLOS Biology, 2013
RNA, 2011

Antibiotics

Cell, 2015
Annu Rev. Biochem, 2018

tRNA

Nucleic Acid Research, 2020

rRNA modification

PNAS, 2009
Protein & Cell, 2011
Nature, 2011
PLOS one, 2012
PNAS, 2016

基础研究
mRNA 翻译与调控

Working mechanism

PNAS, 2013
Science, 2014
PNAS, 2016
NSMB, 2020

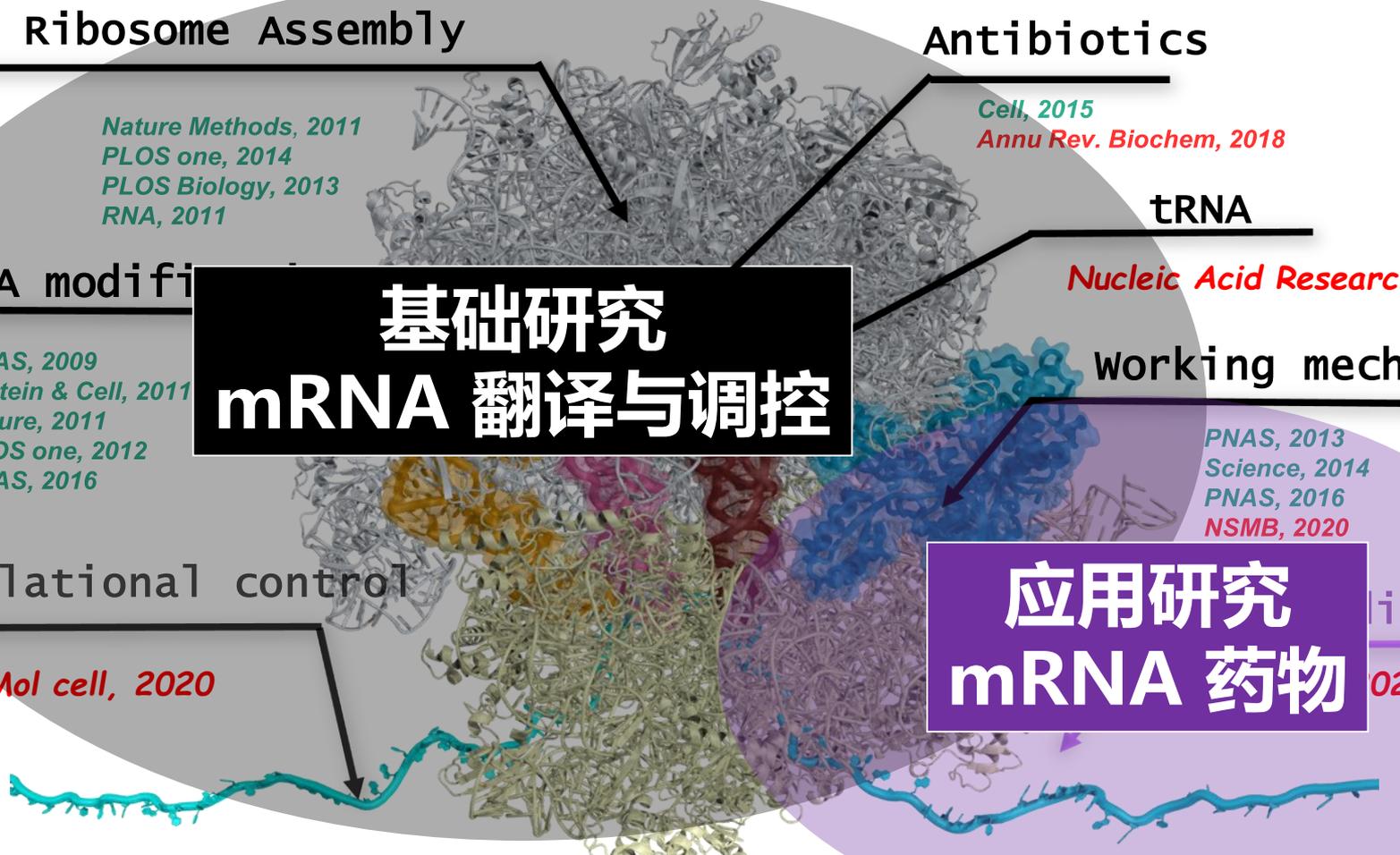
Translational control

Mol cell, 2020

应用研究
mRNA 药物

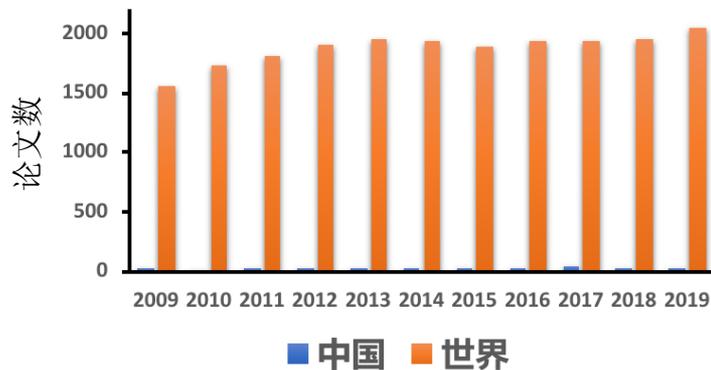
Medicine

2020

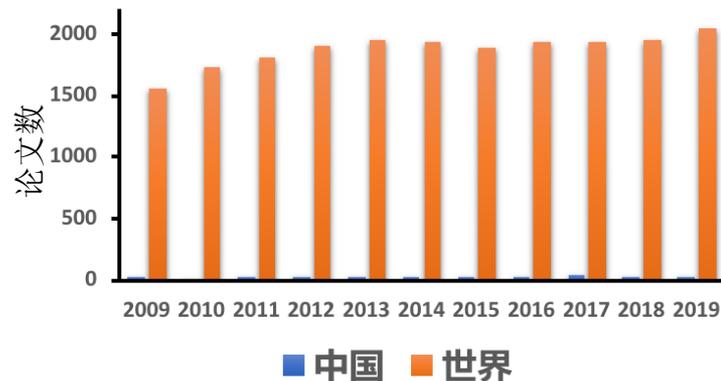


我国与世界翻译水平调控研究现状

转录调控研究



翻译调控研究



国外mRNA药物发展进入爆发期!
论文数指数增长
40个药物处于临床

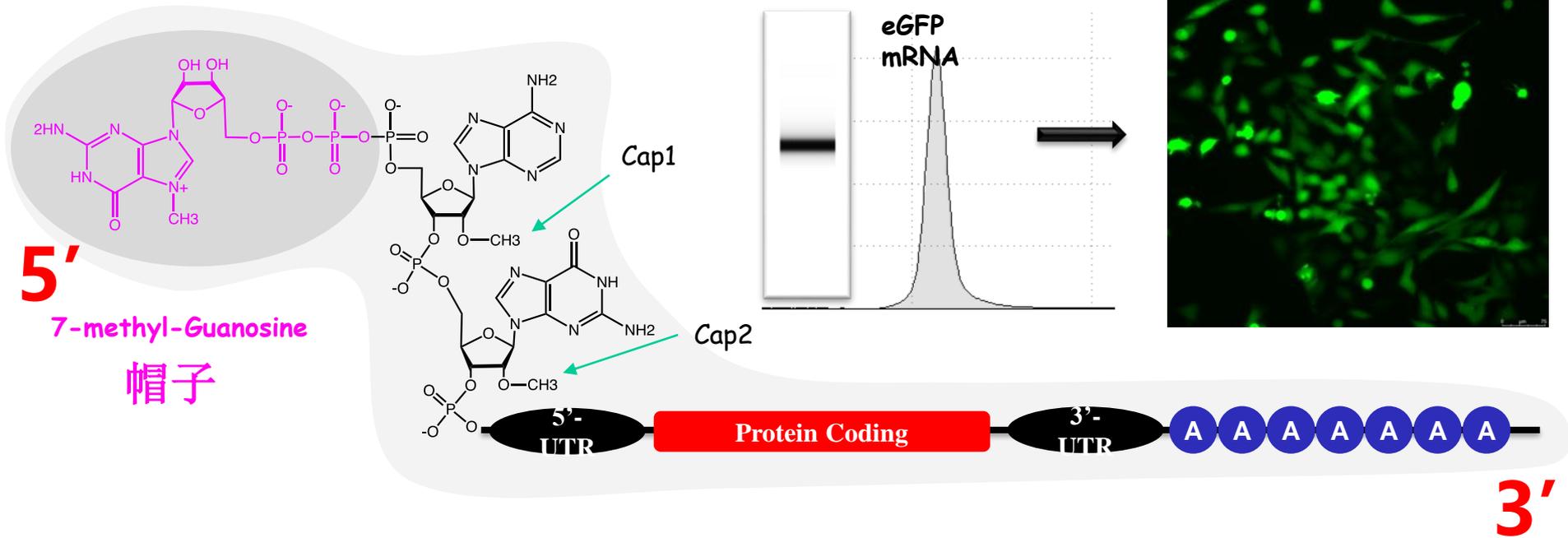
应用转化研究 -- mRNA药物



导入的是mRNA，发挥疗效是其编码的蛋白质

复旦大学mRNA药物研发平台

第三代共转录加帽技术 Co-transcriptional Capping

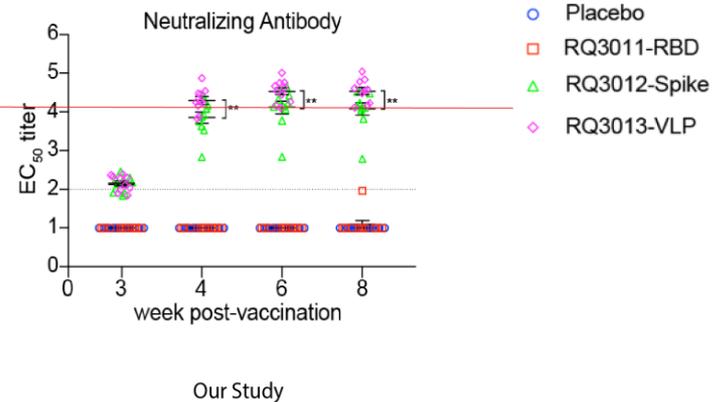
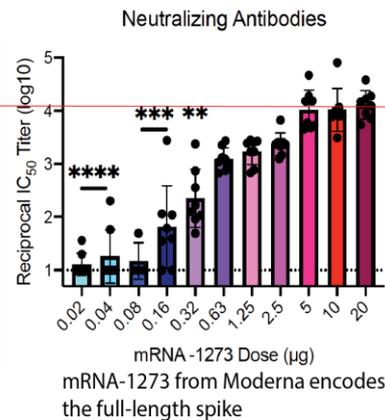
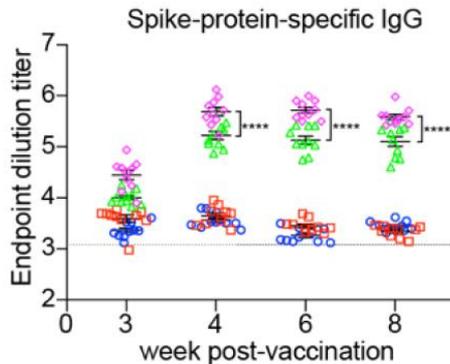
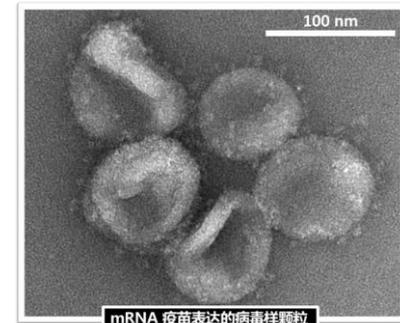
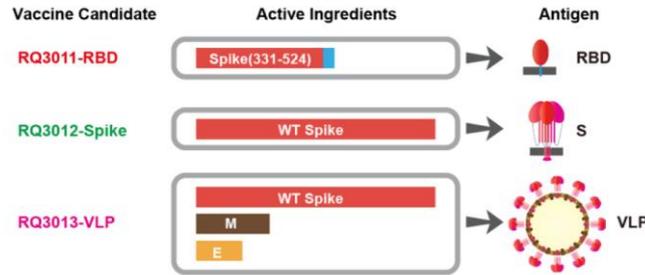


mRNA 在研实例

新型冠状病毒mRNA疫苗

第一代：三种方案，Spike全长、RBD、病毒样颗粒

- ✓ 小鼠免疫原性比较
- ✓ 小鼠中和抗体滴度
- ✓ 小鼠细胞免疫检测
- ✓ 论文 *Cell Research 2020*



Cell Research 2020

王纲教授课题组



王纲 特聘教授、博士生导师 (2019.1.1入职)

复旦大学生命科学学院 副院长

生物化学系

gwang_fd@fudan.edu.cn; 13916396401 (cell)

研究方向

发育与疾病的转录和表观遗传调控

- ◆ 中国科学院“百人计划”
- ◆ 上海市“浦江人才”
- ◆ 中国细胞生物学学会 监事
- ◆ 曾担任973首席科学家
- ◆ 科技部重点研发计划首席科学家
- ◆ 获国务院特殊津贴
- ◆ 科学院“朱李月华”优秀导师奖
- ◆ JBC、Transcription编委
- ◆ 中国细胞生物学学报副主编
- ◆ ACT Organizing Committee

- 作为通讯作者在 *Mol Cell*, *Dev Cell*, *Genes Dev*, *PNAS*, *EMBO J*, *Nat Comm*, *Development*, *Stem Cells*, *Cell Res*, *Cell Rep*, *PloS Biol* 等国际期刊发表文章
- 发表特邀综述多篇；多次获 *Mol Cell*、*EMBO J* 杂志专评、以及 *Faculty1000*, *Nature Asia*, *BioArt*, *知识分子* 等网站评论

王纲实验室研究什么？

1. 转录与表观遗传调控
2. 细胞命运与发育
3. 癌症与代谢疾病

Cell fates & development

Adipocyte differentiation
Dev Cell, 2009

Adipogenesis & Myogenesis
Genes & Dev, 2012

T-cell development
Nat Commun, 2014

Neural differentiation
Development, 2015

Osteogenesis
Nat Commun, 2016

Cell lineage control
Development, 2014
(Invited review)

Transcription & epigenetics
“Post-recruitment”
Mol Cell, 2005
Alternative splicing
Mol Cell, 2012
Elongation
Transcription, 2013
Histone modification
EMBO J, 2015
mRNA processing
WIREs RNA, 2015
(Invited review)



Diseases --

Oncogene addiction
PNAS, 2012

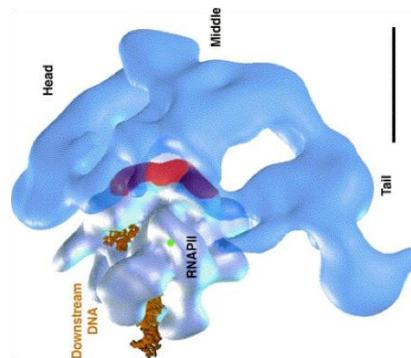
Cancer metastasis
JMCB, 2013

Metabolism & diabetes
Cell Res, 2014

Oncogenic reprogramming
Stem Cells, 2014

DNA repair & Pigmentation
Cell Reports, 2017

Inflammation & fibrosis
PloS Biol, 2019



郑丙莲课题组



郑丙莲

邮箱：zhengbl@fudan.edu.cn

2012年-今，生化系任教，研究员/教授/博士生导师。

2012年，入选中组部“青年千人计划”

2014年，基金委“优秀青年科学基金”获得者

2019年，荣获中国植物生理学会“卫志明青年创新奖”

2020年，基金委“杰出青年科学基金”获得者

现任学术期刊J Integr Plant Biol和Front Plant Sci的编委，中国植生学会常务理事，中国RNA专业委员会、中国植物细胞生物学会、青年科学家分会等委员。

招生方向：生化系，表观遗传学

研究方向：植物RNA生物学

聚焦植物非编码RNA的产生和功能研究，尤其是内含子套索RNA和转座子RNA的作用。近五年在Dev Cell、Plant Cell、PNAS、Nat Commun等期刊发表通讯作者论文11篇。

植物非编码RNA代谢与功能课题组

<http://renlab.fudan.edu.cn>

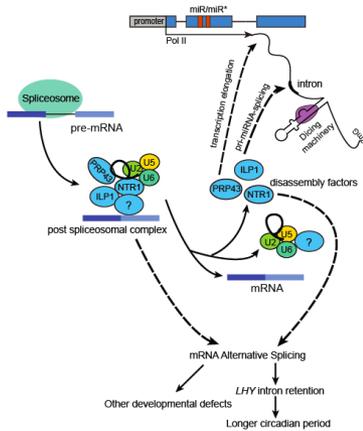


任国栋 研究员

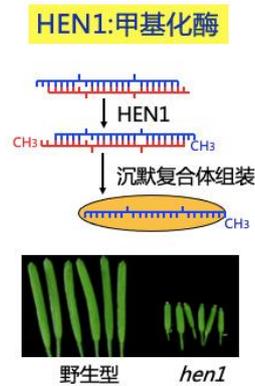
邮箱: bkkuai@fudan.edu.cn

- 2013年起，生物化学系任教，研究员、博士生导师
- 2014年，中组部“青年千人计划”
- 2016年，基金委“优秀青年科学基金项目”资助
- 2020年，上海市教委“曙光学者”
- 2020年，中国植生学会“卫志明青年创新奖”
- 中国植生学会理事；“开花成熟衰老”专业委员会副主任委员；上海市植生学会副理事长；Frontiers 系列杂志植物生理方向reviewer editor.
- 近五年发表SCI论文24篇，其中通讯作者论文11篇，包括Nucleic Acid Res、Mol Plant、PNAS（2篇）等。
- 实验室在读博士研究生6人，硕士研究生3人

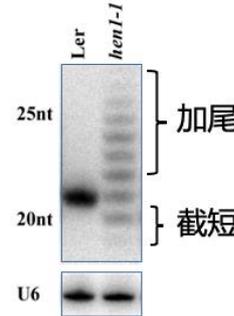
主要研究方向：小RNA代谢的生化途径与调控机制解析



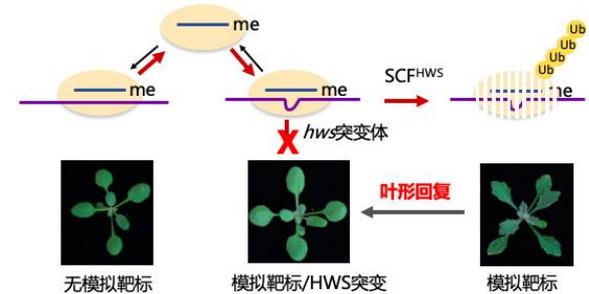
生物合成



HEN1突变引起miRNA加尾和截短，并造成严重发育缺陷



末端修饰



靶向清除

研究方向：表观遗传学、RNA生物学

综合利用生化、分子、遗传、细胞等实验技术以及二、三代高通量测序技术研究植物小RNA代谢与功能的分子机制。

➤ miRNA代谢的生化途径和调控机制

➤ 末端修饰小RNA的高通量测序技术及应用

➤ 长非编码RNA靶向调控小RNA降解的分子机制与生物学功能

Small RNA, **BIG** STAGE

Ren Lab 期待你的加盟



<http://renlab.fudan.edu.cn>

联系方式：任国栋，gdren@fudan.edu.cn, 021-3124-6776
方宜潇，1771094601@qq.com, 18817787268

常芳课题组：植物雄性育性的 调控机制和环境响应



常芳 教授

邮箱: fangchang@fudan.edu.cn

2009年起，生物化学系任教，教授

2018年获得基金委“**优秀青年科学基金项目**”资助

中国植物生理与植物分子生物学会女科分会**委员**；

上海生化与分子生物学学会**理事**；

国家及上海市“**双带头人**”教工党支部书记工作室负责人

Frontier Plant Science Review Editor

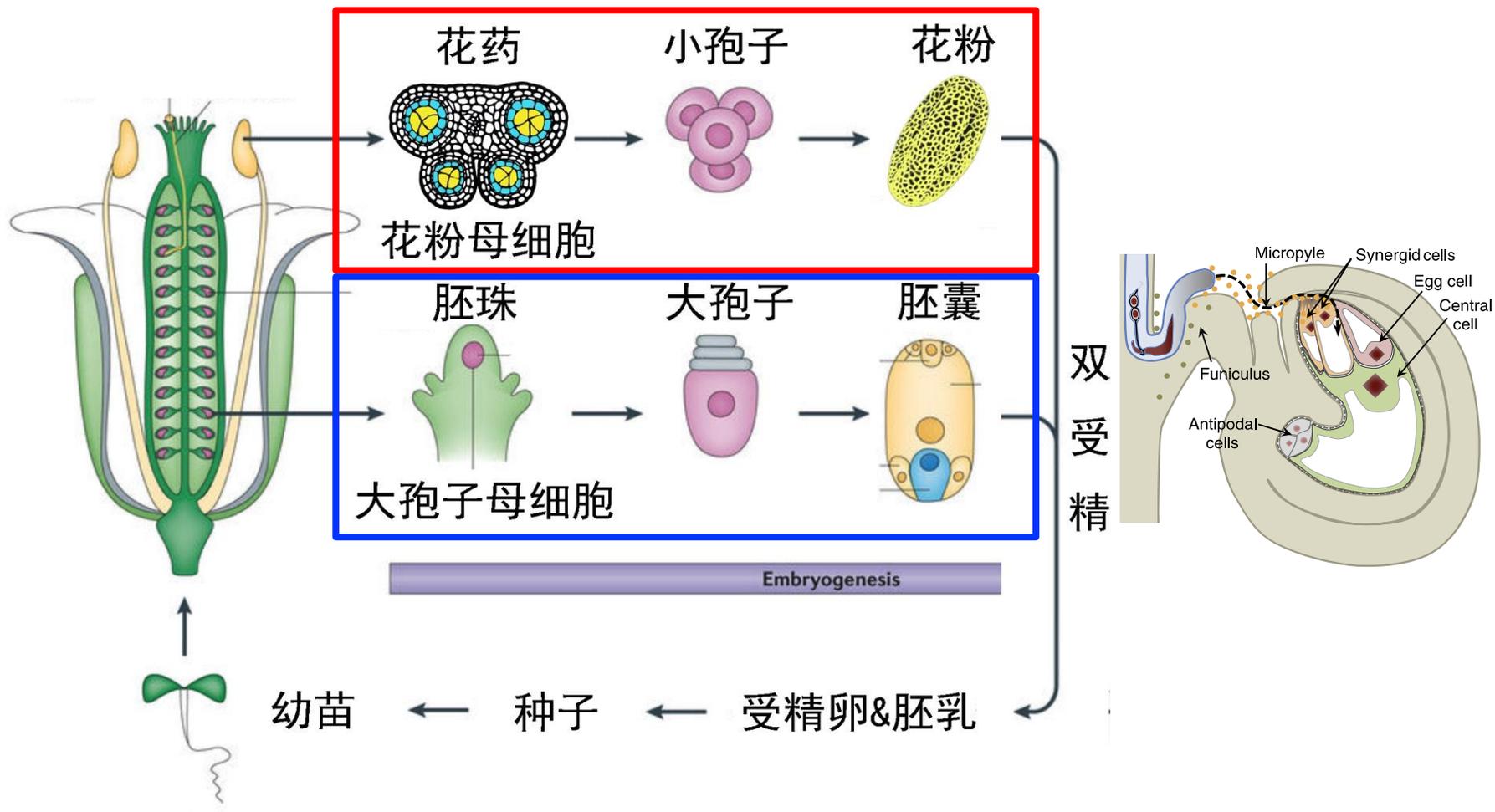
关注**科学问题**：植物**雄性育性的调控机制和环境响应**

研究方向

- 01 调控花及花药形态建成的新基因及新途径
- 02 花粉发生发育的胞间通讯及信号转导
- 03 植物生殖过程的抗逆研究



常芳课题组：植物雄性育性的 调控机制和环境响应



植物的雄性育性，直接影响植物的生物多样性和作物产量

常芳课题组正在开展的工作

雄性生殖过程:



1



花药形态建成

绒毡层发育异常, 花粉败育

2



雄性生殖细胞发生

花粉发育异常, 雄性不育

3



雄性育性的环境响应

温度变化导致减产

花药早期极性建立、以及细胞协调分化的反馈调控机制。

Plant Cell. 2017a ;
Plant Cell. 2016 ;
New phyt. 2019;
Plant J. 2015a;

花粉母细胞发生及花粉发育的细胞通讯和信号转导

IJMS 2020 ;
Plant Physiol. 2017 ;
Mol. Plant 2013 ;
Curr. Opin. Plant Biol. 2011

响应高温维持育性的分子机制

Plant Cell. 2017b ;
Plant J. 2015b ;
JGG. 2020 ;

常芳课题组欢迎你加入



邮箱: fangchang@fudan.edu.cn

联系电话: 021-31246534

办公室地址: 淞沪路2005号生科楼E401-6



蒯本科教授课题组



蒯本科 教授

邮箱: bkkuai@fudan.edu.cn

1995年起，生物化学系任教，教授

上海市曙光学者（96），上海市优秀青年教师（97）

中国植物生理与分子生物学学会 植物成熟与衰老专业委员会原主任委员、首席顾问专家，上海市农业工程学会副理事长

研究方向：植物分子生物学

1. 绿色**器官衰老**与成熟的调控机理
2. 蔬果**成熟器官**中**营养品质与风味**形成的分子机理
3. 叶片衰老与**逆境适应性**的协同调控机理

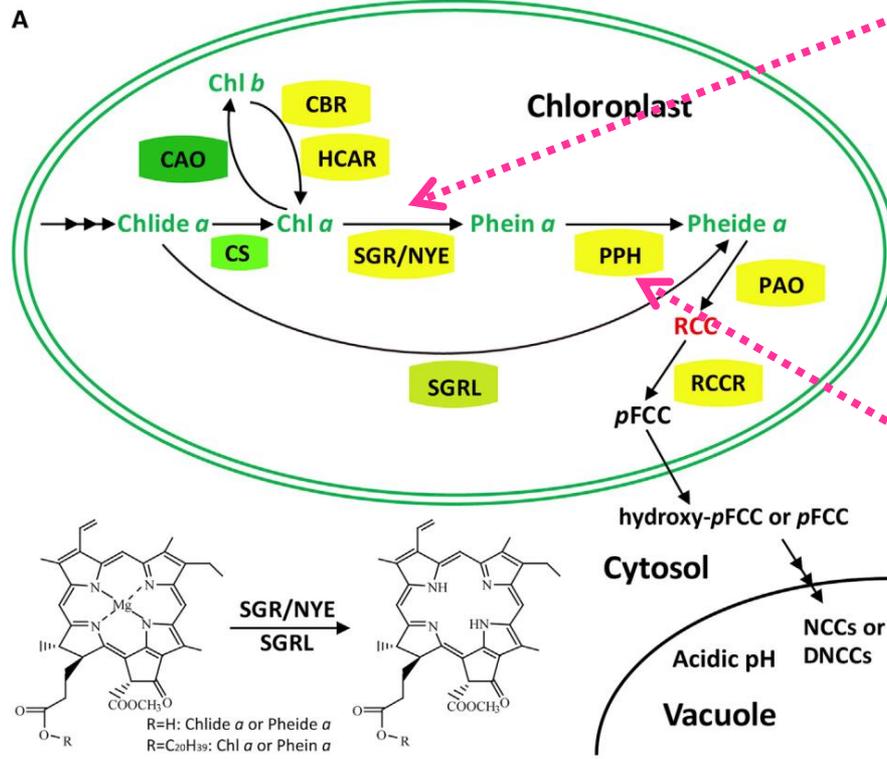
主要团队成员：

梁宁菁-----（实验室管理）
吴声栋，张鼎宇-----（博士后）
韩小康，李宁，郝海波-----（博士生）
朱子薇，窦锦慧-----（硕士生）

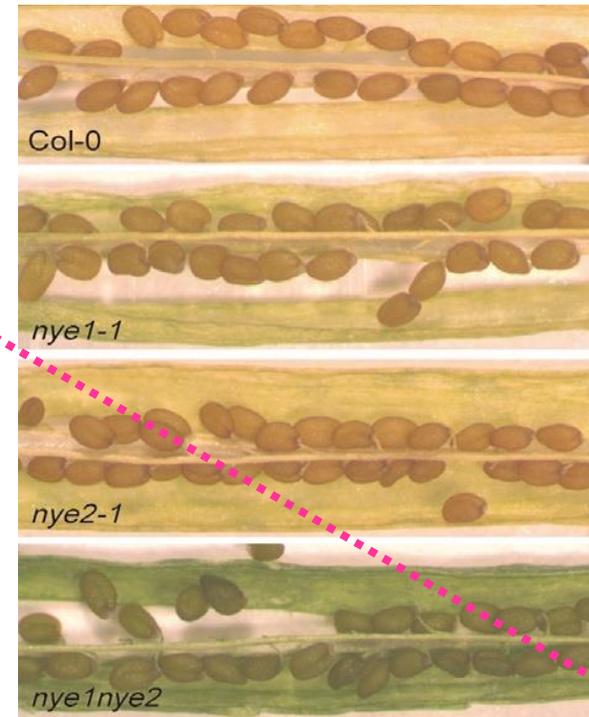
部分研究合作单位：

- 上海市农业科学院
- 中国水产科学研究院
- 上海孙桥溢佳农业技术股份有限公司

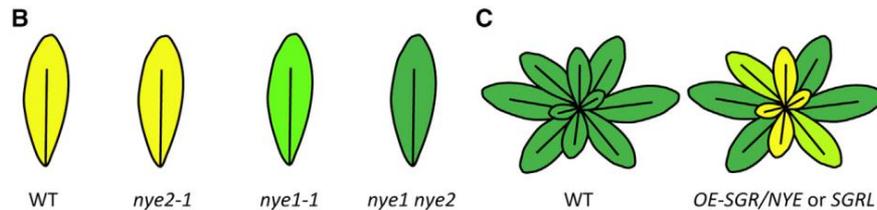
拟南芥上调控孟德尔绿粒豌豆性状/叶绿素降解酶基因 (*NYEs/SGRs*) 的发现



叶片



种子



鉴别出了第二个叶绿素降解酶基因 (*CRN1/PPH*)

(Ren et al., Plant Physiol, 2007; JIPB, 2010)

(Wu et al., Mol Plant, 2016)

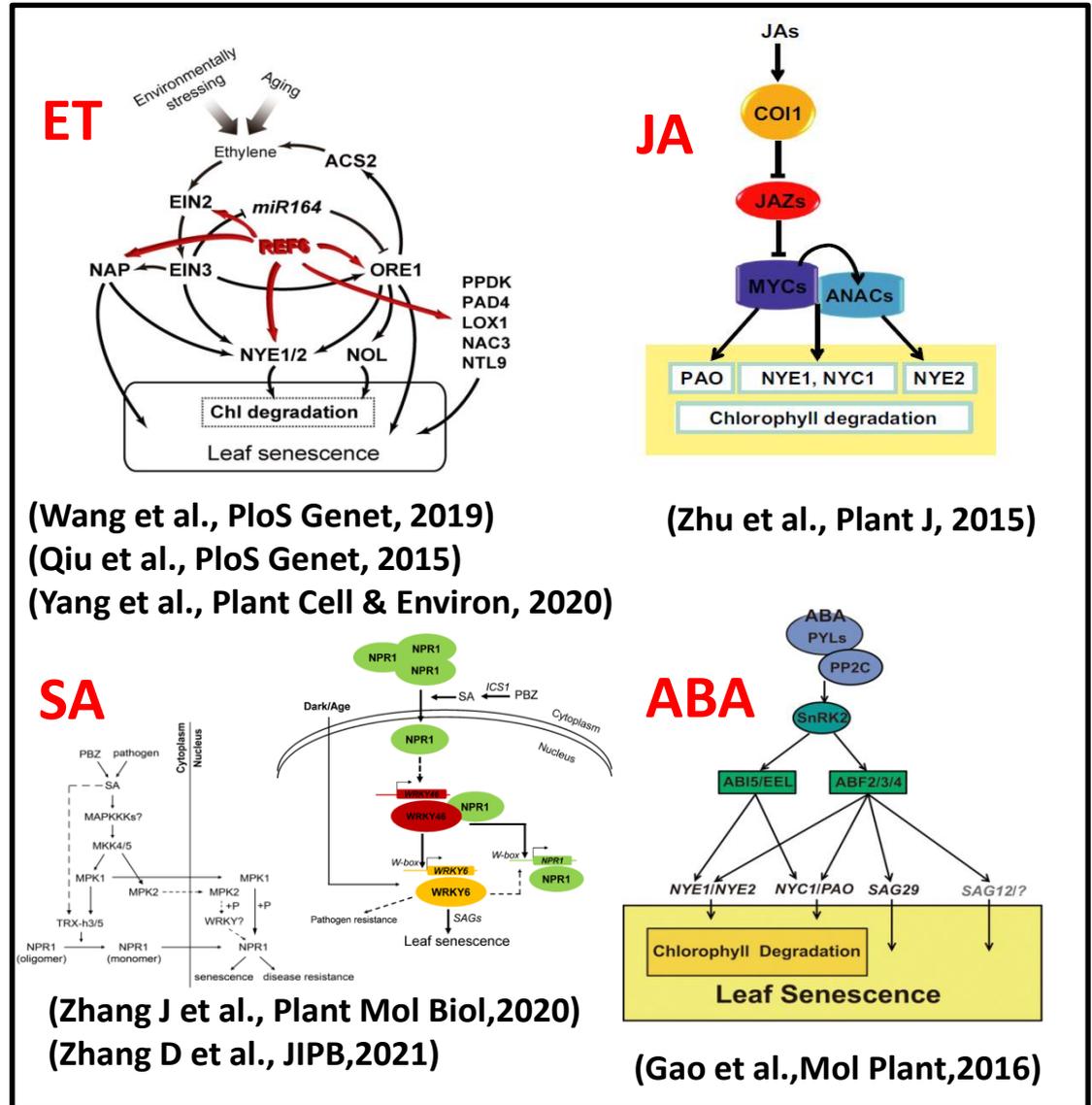
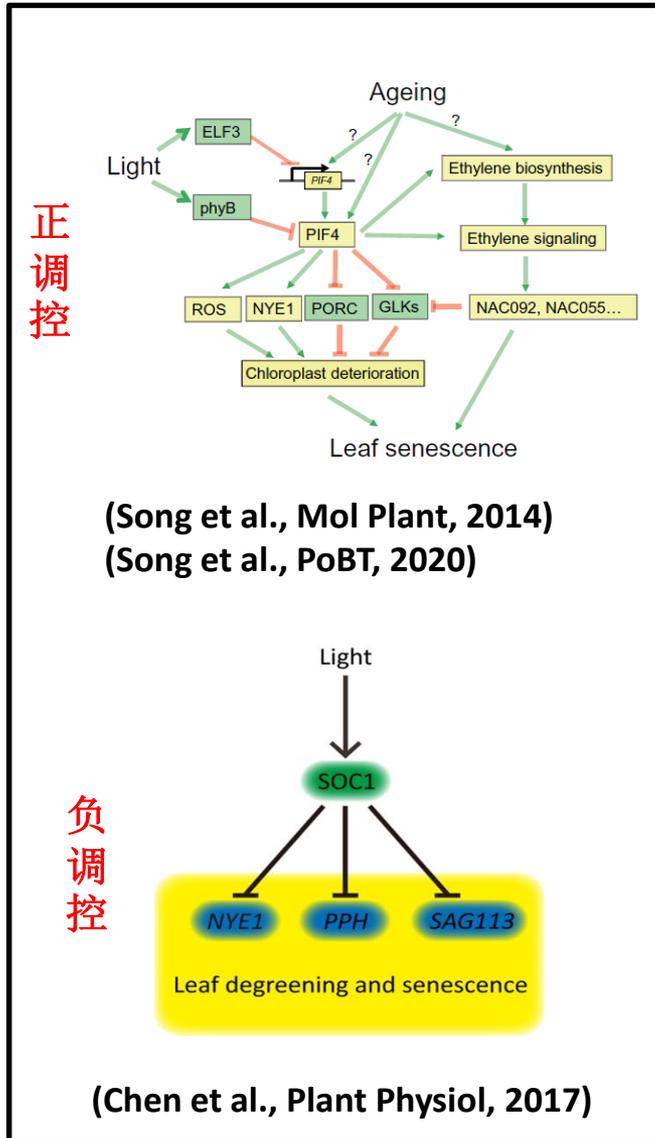
(Chen et al., Mol Plant, 2016)

叶绿素降解生化模块的分子调控

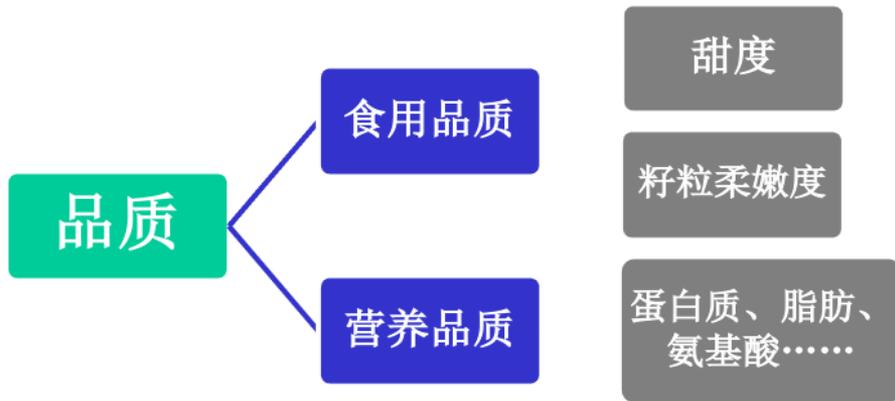
(Kuai et al., *The Biochemistry and Molecular Biology of Chlorophyll Breakdown*, JEB, 2018)

光与叶片衰老褪绿调控

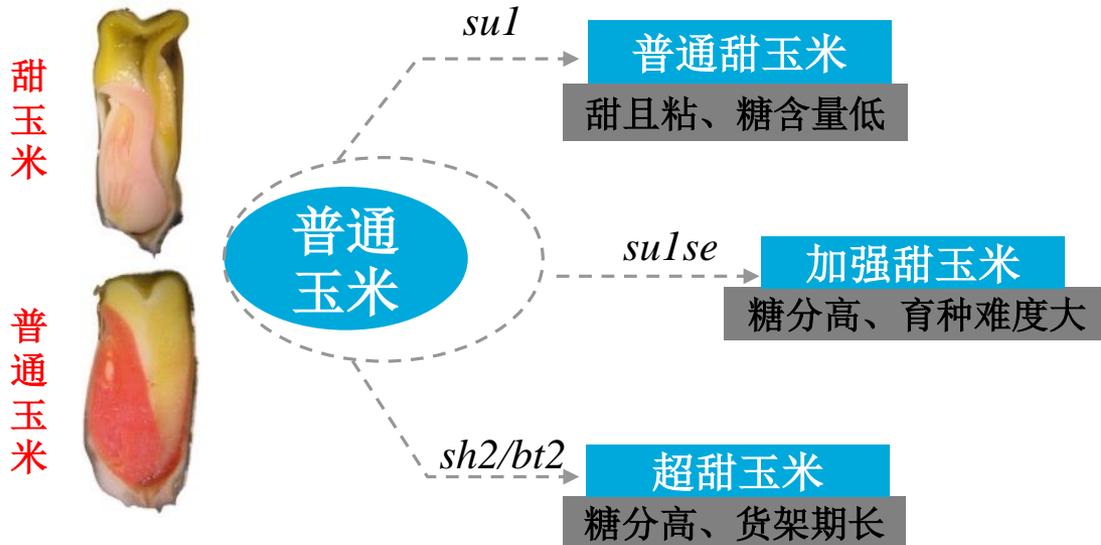
激素与叶片衰老褪绿调控



鲜食玉米/番茄营养品质和风味性状形成机理



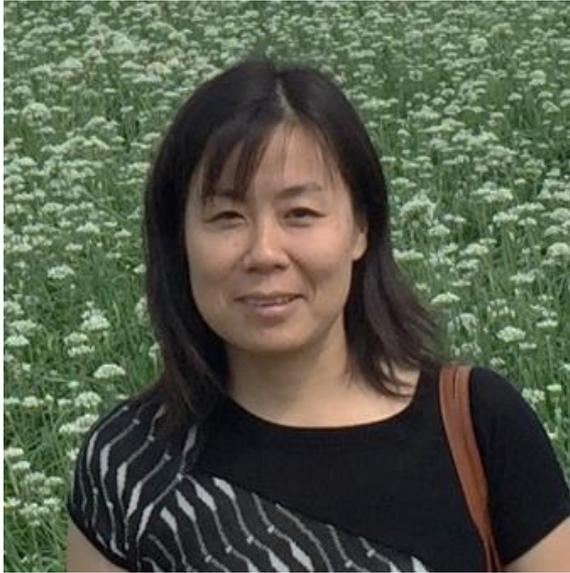
番茄成熟过程中的叶绿素代谢与品质形成



番茄呈色性状与营养、风味

张其园等, 植物生理学报, 2020
朱帅等, 植物生理学报, 2020

葛晓春教授课题组



葛晓春，教授、博士生导师。复旦大学本科、硕士、博士，美国Donald Danforth Plant Science Center 博士后1991年起于生化系任教至今

联系方式： xcge@fudan.edu.cn

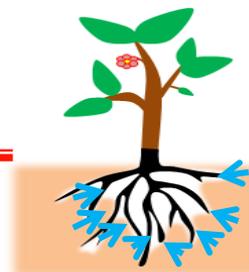
联系电话： 021-31246642

办公室地址： 江湾生物楼D417

欢迎加入生物化学系植物分子生物学方向！

微信二
维码





1. 植物如何抵御逆境胁迫？

水稻调控干旱胁迫响应相关转录因子的功能研究；
抗其它逆境胁迫突变体的研究。

2. 植物如何修复逆境下产生的DNA损伤？

抗基因毒剂相关酶的生理功能研究：抗基因毒剂相关突变体研究；细胞死亡调控基因的功能研究

葛晓春实验室特点/学生去向/在研项目

实验室特点： 人不多，气氛宽松。希望学生自己有较强的自我约束能力和自我驱动的学习动机

毕业生主要去向： 大型药企、高校、政府单位公务员

目前实验室在研项目：

1. 国家自然科学基金项目“一个新的水稻脱落酸信号转导相关蛋白OsAPM1的作用机制研究”；
2. 国家自然科学基金项目“多聚ADP核糖聚合酶家族蛋白PARP3调控种子萌发的机理研究”
3. 上海市基础科研创新行动计划重点项目“ABA转运蛋白OsPM1在高温及干旱胁迫下的活性及转录调控模式研究”

葛晓春实验室近年发表的主要文章

1. Zongying Gu, Weiyang Pan, Wei Chen, and **Xiaochun Ge***. (2019) New perspectives on the plant PARP family: Arabidopsis PARP3 is inactive, and PARP1 exhibits predominant poly (ADP-ribose) polymerase activity in response to DNA damage. **BMC plant Biology**, 19:364
2. Lingya Yao, Xuan Cheng, Zongying Gu, Wei Huang, Shou Li, Linbo Wang, Yong-Fei Wang, Ping Xu, Hong Ma and **Xiaochun Ge***. (2018) AWPM-19 family protein OsPM1 mediates abscisic acid influx and drought response in rice. **Plant Cell**, 30: 1258–1276
3. Caifeng Liu, Qiao Wu, Weiwei Liu, Zongying Gu, Wenjing Wang, Ping Xu, Hong Ma and **Xiaochun Ge***. (2017) Poly(ADP-ribose) polymerases regulate root cell division and inhibition of PARP activities enhances root development. **Journal of Integrative Plant Biology**, 59(7): 459–474
4. Changkui Guo, Lingya Yao, Chengjiang You, Shuangshuang Wang, Jie Cui, **Xiaochun Ge***, Hong Ma*. (2016) MID1 plays an important role in response to drought stress during reproductive development. **Plant Journal**, 88(2): 280-293.
5. Yue Jin, Hongxing Yang, Zheng Wei, Hong Ma and **Xiaochun Ge***. (2013) Rice male development under drought stress: phenotypic changes and stage-dependent transcriptomic reprogramming. **Molecular Plant**, 6: 1630-45.
6. Hai Wang, Yuqing Lu, Pei Liu, Wei Wen, Jianhua Zhang, **Xiaochun Ge***, Yiji Xia*. (2013) The ammonium/ nitrate ratio is an input signal in the temperature-modulated, SNC1- mediated and EDS1-dependent autoimmunity of nudt6-2nudt7. **Plant Journal**, 73: 262-275.
7. Hai Wang, Shengbing Wang, Yuqing Lu, Sophie Alvarez, Leslie M. Hicks, **Xiaochun Ge***, Yiji Xia*. (2012) Proteomic Analysis of Early-Responsive Redox-Sensitive Proteins in Arabidopsis. **Journal of Proteomic Research**, 11: 412–424
8. **Xiaochun Ge**, Fang Chang, Hong Ma. (2010) Signaling and transcriptional control of reproductive development in Arabidopsis. **Current Biology**, 20: 988-997
9. **Xiaochun Ge**, Guo-Jing Li, Sheng-Bing Wang, Huifen Zhu, Tong Zhu, Xun Wang, and Yiji Xia. (2007) AtNUDT7, a negative regulator of basal immunity in arabidopsis, modulates two distinct defense response pathways and is involved in maintaining redox homeostasis. **Plant Physiology**, 145: 204-215

欢迎与我们一起来揭开植物“抗压”之谜！

联系方式: xcge@fudan.edu.cn

联系电话: 021-31246642

办公室地址: 江湾生物楼D417

微信二
维码



唐惠儒教授课题组



唐惠儒 教授

huiru_tang@fudan.edu.cn

1992-2000 英国BBSRC-食品研究所Senior Scientist

2001-2005 英国帝国理工学院 Senior Scientist

2005-2014 中科院武汉物数所 研究员

2014 复旦大学生命科学学院生物化学系，教授

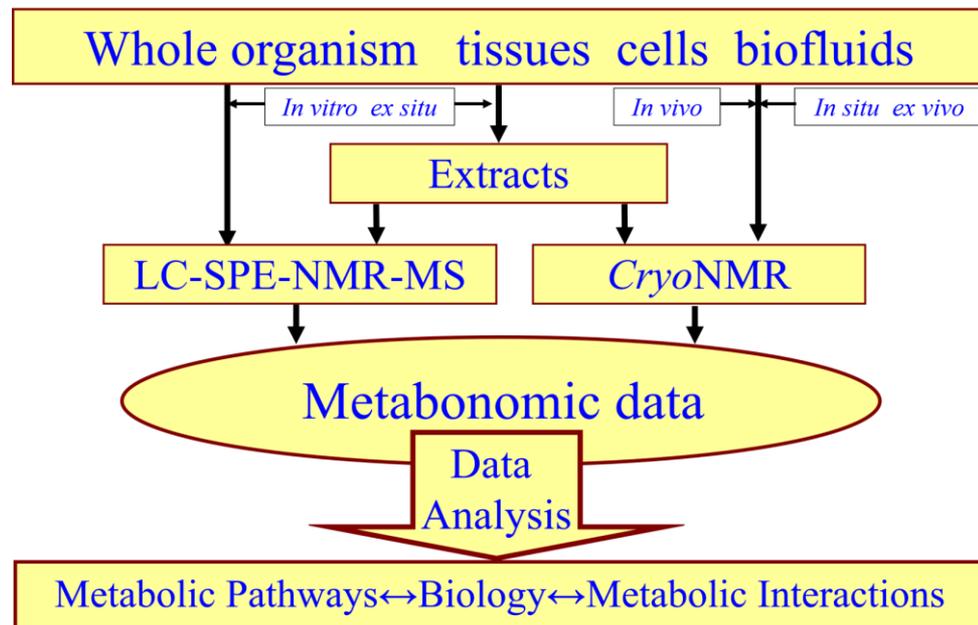
2008 国家“**杰出青年科学基金**”获得者。中国生物物理学会理事、代谢组学分会会长, Metabolomics、SPJ-Metabolism Therapy、Arch Pharm和《基础医学与临床》等**编委**，Nutrition & Metabolism、Phenomix等**副主编**

研究方向：代谢组学及系统生物学

1. 高覆盖**原位代谢表型分析**新技术
2. 重要**疾病发生发展**的代谢组规律与机制
3. **宿主代谢和寄生生物**的互作机制与健康
4. **应激影响代谢组**的动态定量规律与健康

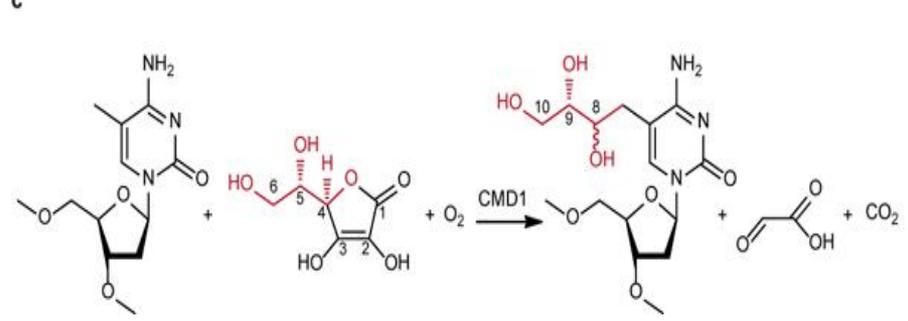
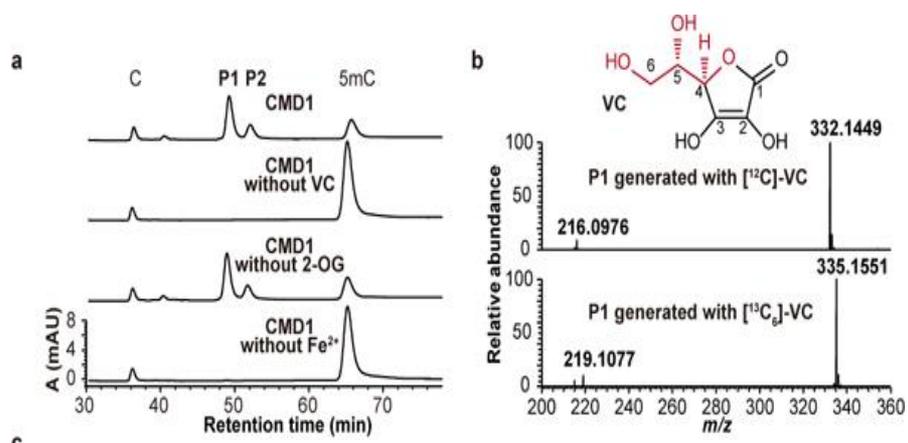
唐惠儒课题组研究平台及团队

代谢组学研究平台

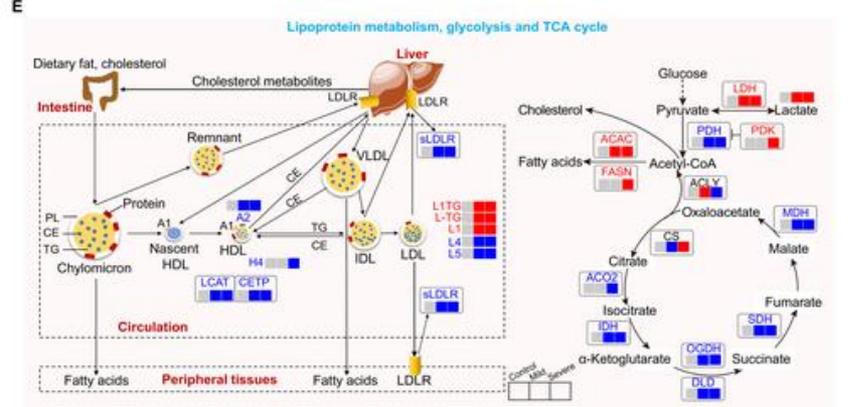
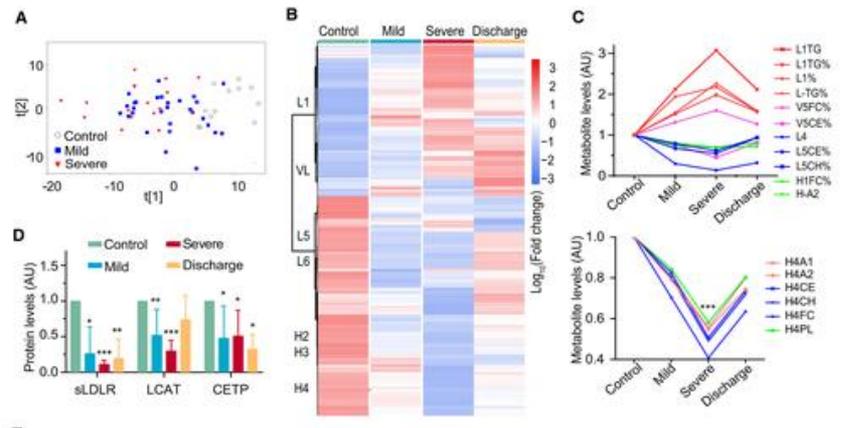


唐惠儒课题组的研究领域：代谢组学及系统生物学

发展并应用色谱-质谱-核磁共振技术相结合的代谢组学新技术，研究重要疾病发生发展与有效干预转归的代谢基础。



Structure determination



COVID-19-associated metabolomic changes

(J. H. Xue, et al, *Nature*, 569:581, 2019)

(Y.M. Chen, *EMBO J*, 24: e105896, 2020)

代表性论文（团队成员为主要作者）

- 1.M. F. Xia, et al, "Insights into contribution of genetic variants towards the susceptibility of MAFLD revealed by the NMR-based lipoprotein profiling", *J Hepatol*, 4:974-977, 2021.
- 2.M. F. Wang, "Glucose-mediated proliferation of a gut commensal bacterium promotes Plasmodium infection by increasing mosquito midgut pH", *Cell Rep*, 3: 108992, 2021.
- 3.Y.M. Chen, "Blood molecular markers associated with COVID-19 immunopathology and multi-organ damage" , *EMBO J*, 24: e105896, 2020.
4. J. H. Xue, et al, "A vitamin-C-derived DNA modification catalyzed by an algal TET homologue", *Nature*, 569:581, 2019.
- 5.J.B. Gou, et al, "Discovery of a non-stereoselective cytochrome P450 catalyzing either 8 α - or 8 β -hydroxylation of germacrene A acid from the Chinese medicinal plant, *Inula hupehensis*", *Plant J*, 93:92-106, 2018.
- 6.X.C. He, et al "Influence of genotype and environment on volatile profile of *Valerianae jatamansi* Rhizoma et Radix", *Front Plant Sci*, DOI: 10.3389/fpls.2018.01003, 2018
- 7.Q.F. Wan, et al, "Quantitative ¹³C traces of glucose fate in hepatitis B virus infected hepatocytes", *Anal Chem*, 89:3293-3299, 2017
- 8.J. Wang, et al, "Simultaneous quantification of amino metabolites in multiple metabolic pathways using ultra-high performance liquid chromatography with tandem-mass spectrometry", *Sci Rep*, 7:1435 2017.
- 9.H.D. Li, et al, "Decreased glutathione biosynthesis contributes to EGFR T790M-driven erlotinib resistance in non-small cell lung cancer", *Cell Discov*, 2:16031, 2016.
- 10.H. Lin, et al, "Correlations of fecal metabonomic and microbiomic changes induced by high-fat diet in the pre-obesity state", *Sci Rep*, 6:21618, doi: 10.1038/srep21618, 2016.

发表Nature及PNAS等SCI论文200余篇，被引1万余次。获批发明专利4项。部分工作被Science，Nature 及其系列刊物等作为“研究亮点”进行多次正面评述。

所有论文及引用Full Publication List: <http://www.researcherid.com/rid/F-9849-2011>

谱，靠谱！

Tang Lab 期待你的加盟



<http://www.metabolome.cn/>

电话：021-31246725

邮箱：hui ru_tang@fudan.edu.cn

地址：复旦大学生命科学学院 D105室

唐惠儒教授课题组骨干成员



姚红艳 副研究员

hyao@fudan.edu.cn

2019年起，入复旦生化系。

主要研究方向：

主要以拟南芥、酵母、动物细胞系等模式系统研究
脂质代谢、细胞内转运与信号调控机体生理病理的
分子机制。

丁琛研究员课题组简介

PI: 丁琛 教授

chend@fudan.edu.cn

- 复旦大学生命科学院、人类表型组研究院，研究员，博士生导师
- 中组部“青年千人计划”
- 北京市“海聚工程”特聘教授
- 上海市“曙光人才”

研究领域：蛋白质组学、系统生物学与精准医学

- 中国蛋白质组领域的核心团队；
- 建立了国际上最高效的蛋白质组深度覆盖技术体系和首个蛋白质组数据综合分析云平台；
- 发明了细胞内源性转录因子大规模鉴定与活性定量方法；
- 迄今共发表研究论文46篇，论文被引用1300余次；
- **近5年**在Nature Biotechnology、Molecular Cell、Journal of Experimental Medicine、Nature Communications、PNAS、Molecular & Cellular Proteomics、Analytical Chemistry等高水平杂志发表论文17篇。



微信公众号iProteome

丁琛研究员课题组简介

实验室研究方向

Mol Cell Proteomics, 2013
J Proteome Res, 2011
Proteomics, 2009
Anal Bioanal Chem, 2014
J Lip Res, 2017

PNAS 2013,
ANAL CHEM, 2016
Sci Rep, 2016
Free Radical Bio Med, 2017
Nat Method, under review

Nat Immunol, under review
Nat Commun, 2017
Nat Commun, 2018
Mol Cell Proteomics, 2016
J Exp Med, 2017
Mol Cell, 2013
Mol Cell Proteomics, 2017
JECCR, 2019
J Proteome Res, 2020

- 国际最高效的蛋白质组深度覆盖平台
- 内源性PTM的大规模修饰位点鉴定
- 临床微量组织样品蛋白质检测技术体系
- 蛋白质组学标准化国际标准的建立
- 蛋白质功能网络与定量分析的关键技术与开发

- 蛋白质组数据平台
- 一站式蛋白质组数据云系统
- 蛋白质组全局定量数据库SCRIPT-MAP

Nat Biotechnol, 2017
Bioinformatics, 2018

平台技术

全蛋白质组高效检测与数据处理

转录调控

- 转录因子深度覆盖方法开发
- 微量/规模化转录因子检测
- 药物刺激下转录因子活性分析
- 染色质蛋白质机器解析

转录因子亚蛋白质组研究

高维度组学

蛋白质组高维度关系精细解析

临床疾病

- 小鼠各组织器官转录因子图谱
- 小鼠肝脏节律相关转录因子的多维度蛋白质组学研究
- 免疫细胞器官维度的比较蛋白质组学研究
- 免疫通路泛素酶-底物研究
- 雌激素受体转录调控机器解析
- 小鼠内源性SUMO位点解析
- 代谢酶在肝癌中的多维度转录调控功能解析

疾病系统生物学研究与精准医学

- 高维度肿瘤蛋白质组学基于蛋白质组学的癌症患者个体化精准分析
- 基于蛋白质组学的人群非侵入性早期疾病诊断与健康检测

Nat Commun, 2018

丁琛课题组的研究方向：肿瘤蛋白质组精准医学

高通量蛋白质组学驱动精准医学

常见肿瘤
(胃癌、肝癌、肺癌等)

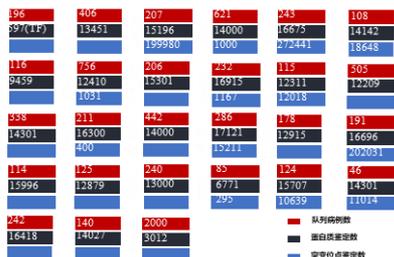
各类病理模型
(进展、转移、耐药等)

多中心临床配对样本

20年临床资料

活检/FFPE微量样品

肿瘤预后/治疗判断



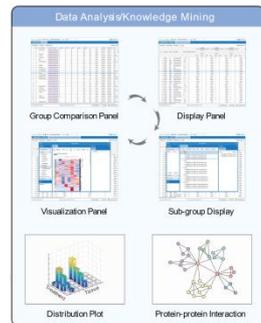
一滴血

肿瘤风险判断



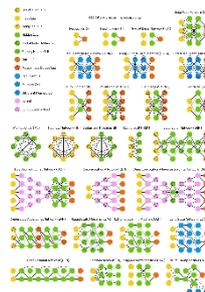
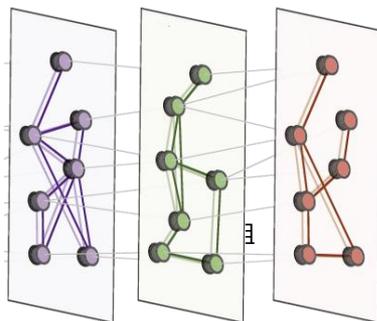
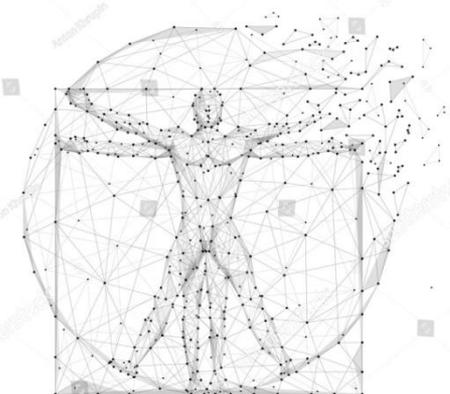
动态演化建模

逾百种诊断模型



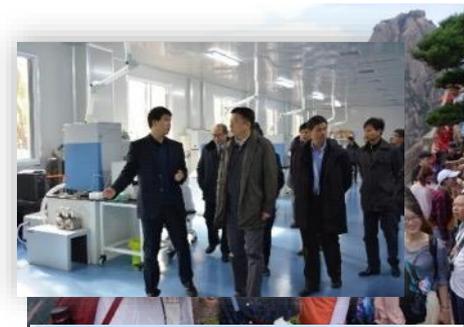
生理病理模型验证

临床转化应用





iproteome
欢迎你的加入





杨青教授课题组：生物药物学实验室



杨青 教授

2003-2005 东京大学药学院 JSPS研究员

2006-2011 复旦大学药学院、生科院 副教授

2012-至今 复旦大学生科院生化系 教授

招生方向：生物化学专业---生物药物学

研究方向：生物药物学

利用生物化学、药物化学、分子药理学等手段，进行疾病发生的分子机制研究及相关药物的研发。

重点研究：1. IDO（吡啶胺2,3-双加氧酶）代谢通路失调与疾病的关系，发现其干预的IDO抑制剂及相应的信号传导网络；
2. Drug Transporter (药物转运蛋白) 在药物代谢中的功能及其表达、定位的调控机制研究。

杨青课题组-致力于免疫治疗用新机制新靶点药物研发

生物药物学实验室，隶属于生化系、遗传工程国家重点实验室、遗传与发育协同创新中心

- 发现新型高效的IDO1抑制剂（天然提取、化学合成）
- IDO1在肿瘤和老年痴呆等重大疾病中的作用
- 寻找IDO1抑制剂生物标志物

研究内容

关键技术

- 国内首创的IDO1抑制剂筛选体系
- 世界首次报道IDO2抑制剂筛选体系
- 全面系统的IDO1及其同工酶抑制剂筛选平台
- IDO1/TDO双靶点抑制剂候选新药

- IDO抑制剂发明专利申请数曾居全国第一，全球第四
- PCT专利获得中国、美国、欧洲、日本、澳洲、香港、南非等授权

专利

创新性和优势

- 拥有①丰富的理论沉淀和实践经验，②筛选、评价、分析的体系和方法，③自主知识产权的新结构高活性化合物
- 专利化合物具有全新骨架，抑制动力学参数清楚，有良好抑制效力，靶向性高，特异性强



复旦大学杨青课题组——国内IDO1抑制剂研发领跑者

研究成果入选教育部科教司“改革开放四十年成果展”（2018年），获得“上海市药学科科技奖（2016年，一等）”、“中国药学会科学技术奖（2017、2012年，三等）”、第十届中国技术市场协会金桥奖（项目，二等）、第二十二届中国专利奖银奖。杨青教授入选“2016中国科学年度新闻人物”候选人名单。

受邀在“2016癌症、炎症与免疫研讨会”、“第七届中国医药战略峰会”、国家自然科学基金委主办“2018免疫干预的新策略战略研讨会”、“2019国际免疫学大会卫星会议--肿瘤免疫治疗的基础与实践”等会议上作主题报告。

在Signal Transduct Target Ther.（医学一区），J. Med. Chem.（药学一区）等期刊发表SCI论文50余篇。系国内最早在IDO1抑制剂研究领域发表SCI论文的课题组，并一度囊括该领域国内发表的所有SCI论文。发表在J Alzheimers Dis (2015)和 J Med Chem (2013)上的文章引用频次在ESI同年同领域中排名全球前10%。

获得中国发明专利授权3项，PCT专利授权7项。PCT专利的海外权力许可给美国公司：“该公司将支付一定额度的首付款，并以里程碑付款方式支付6500万美元的合同款，以获得协议内IDO抑制剂在除中国以外的全球独家临床开发和市场营销的权利。”



加入我们——你的未来你做主

打好理论基础，练就灵活双手，建立逻辑思维



学术研究职位

- 李洋（芝加哥大学博后）
- 杨丹（交大儿科研究所）
- 言君凯（新华医院儿研所）
- 刘鑫（剑桥医学院博士）
- 杨若愚（康涅狄格大学）



专业就职

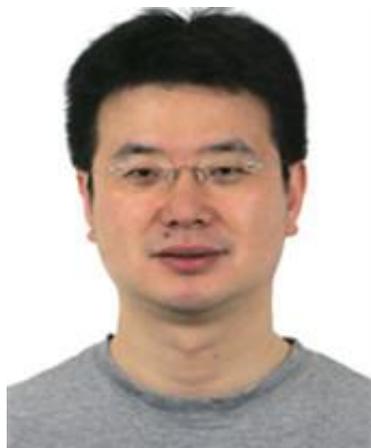
- 郭占领（诺华）
- 何晓婕（国药）
- 于存静（药明康德）
- 李银龙（中国疾控中心寄生虫病预防控制所）
- 朱宇雯&靳桂英&李娟娟（上海名校生物教师）
- 李天祺（复旦大学附属肿瘤医院病理科）
- 杨云云（长海医院药剂科）

非专业就职

- 祝欣刚（五牛控股高级副总裁&首席执行官）
- 李葳蕤（网易公司）

生科院D313, E-mail: yangqing68@fudan.edu.cn Tel: 021-31246641

张旭敏研究员课题组：蛋白质组学研究组



张旭敏 研究员

xumin_zhang@fudan.edu.cn

1994-2001, 北京师范大学本科, 硕士
2001-2004, 北京华大基因研究中心
2004-2008, 丹麦南丹麦大学, 博士
2008-2010, 丹麦南丹麦大学, 博士后
2010-2012, 丹麦奥胡斯大学, 博士后
2013年起, 生物化学系任教, 研究员

蛋白质组学

工必先
欲善其事

1. 基于生物质谱学的蛋白质组学和修饰组学相关的定性定量**方法学研究**
 - a. 蛋白质末端组学
 - b. 磷酸化/糖基化/泛素化和SUMO修饰
 - c. 高通量定量方法
2. 利用模式生物秀丽隐杆线虫研究环境因素对衰老的影响

张旭敏研究员课题组：蛋白质组学研究组

发表文章（独立通讯作者）

1. Li Q, Zhang Y, Huang J, Wu Z, Tang L, Huang L, **Zhang X***. Basic Strong Cation Exchange Chromatography, BaSCX, a Highly Efficient Approach for C-Terminomic Studies Using LysargiNase Digestion. *Anal Chem.* (IF 6.32); 92(7), 2020, 4742-4748. 化学 1区 (Nature Index Journal)
2. Wu Z, Huang J, Huang J, Li Q, **Zhang X***. Lys-C/Arg-C, a More Specific and Efficient Digestion Approach for Proteomics Studies. *Anal Chem.* (IF 6.32) ; 90(16), 2018, 9700-9707; 化学 1区 (Nature Index Journal)
3. Wu Z, Huang J, Lu J, **Zhang X***. Reversible Lysine Derivatization Enabling Improved Arg-C Digestion, a Highly Specific Arg-C Digestion Using Trypsin. *Anal Chem.* (IF 6.32) ; 90(3), 2018, 1554-1559; 化学 1区 (Nature Index Journal)
4. Zhang Y, He Q, Ye J, Li Y, Huang L, Li Q, Huang J, Lu J, **Zhang X***. Systematic Optimization of C-Terminal Amine-Based Isotope Labeling of Substrates Approach for Deep Screening of C-Terminome. *Anal Chem.* (IF 6.32) ; 87(20), 2015, 10354-61 ; 化学 1区 (Nature Index Journal)
5. Huang J, Wang J, Li Q, Zhang Y, **Zhang X***. Enzyme and Chemical Assisted N-Terminal Blocked Peptides Analysis, ENCHANT, as a Selective Proteomics Approach Complementary to Conventional Shotgun Approach. *J Proteome Res.* (IF 4.268) ; 17(1), 2018, 212-221; 生物2区
6. Zhang Y, Li Q, Huang J, Wu Z, Huang J, Huang L, Li Y, Ye J, **Zhang X***. An Approach to Incorporate Multi-Enzyme Digestion into C-TAILS for C-Terminomics Studies. *Proteomics.* (IF 4.041) ; 18(1), 2018, doi: 10.1002/pmic.201700034; 生物2区
7. Ye J, Zhang Y, Huang L, Li Q, Huang J, Lu J, Li Y, **Zhang X***. An optimized guanidination method for large-scale proteomic studies. *Proteomics.* (IF 4.041) 16(13), 2016, 1837-46; 生物2区
8. Huang J, Wu Z, Wang J, **Zhang X***. Quantitative phosphoproteomics reveals GTBP-1 regulating C.elegans lifespan at different environmental temperatures. *Biochem Biophys Res Commun.* (IF 2.466) ; 503(3), 2018, 1962-1967; 生物3区

张旭敏研究员课题组：蛋白质组学教研组

学生培养

- | | | |
|----------------------------|---------|-----------|
| 2013级：张阳（工程硕士，在荷兰攻读博士） | 硕士国家奖学金 | 复旦大学优秀毕业生 |
| 2014级：黄竞男（科学硕士，在德国攻读博士） | 硕士国家奖学金 | 复旦大学优秀毕业生 |
| 李青青（工程硕士，本课题组读博） | 博士国家奖学金 | |
| 黄继昌（博士） | | |
| 2015级：王洁（工程硕士，上交大医学院在编技术员） | 硕士国家奖学金 | 上海市优秀毕业生 |
| 2016级：吴真（科学硕士生，2018年转博） | 博士国家奖学金 | |
| 2017级：唐浪浪（科学硕士生，在读） | | |
| 2018级：李佳淇（科学硕士生，在读） | | |
| 张一鸣（工程硕士生，在读） | | |
| 2019级：沈怡（博士） | | |

张旭敏研究员课题组：蛋白质组学研究组

仪器设施-（遗传工程国家重点实验室仪器平台）



基质辅助激光解析电离-飞行时间质谱仪
UltrafleXtreme MALDI-TOF/TOF



超高分辨率液质联用仪
LTQ-Orbitrap Elite

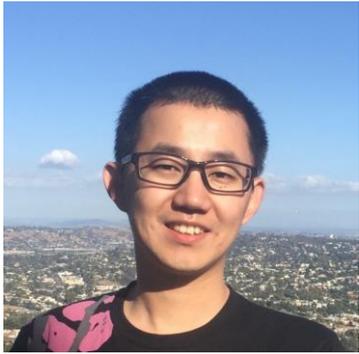


超高分辨率三合一液质联用仪
Orbitrap Fusion Lumos Tribid



超高分辨率液质联用仪
Orbitrap Exploris 480

尤辰江青年研究员课题组



尤辰江 青年研究员、硕士生导师 (2020年9月入职)

复旦大学生命科学学院

生物化学与生物物理系

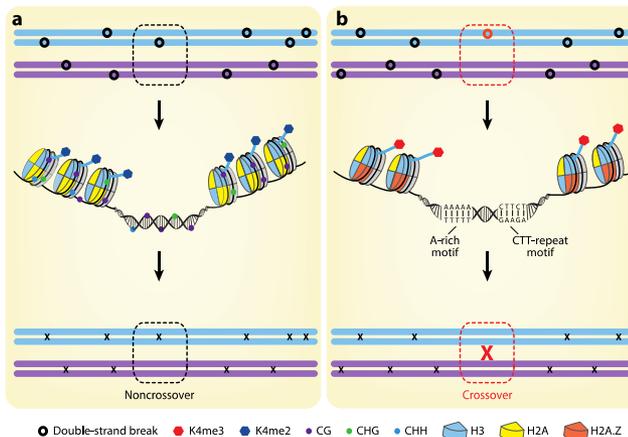
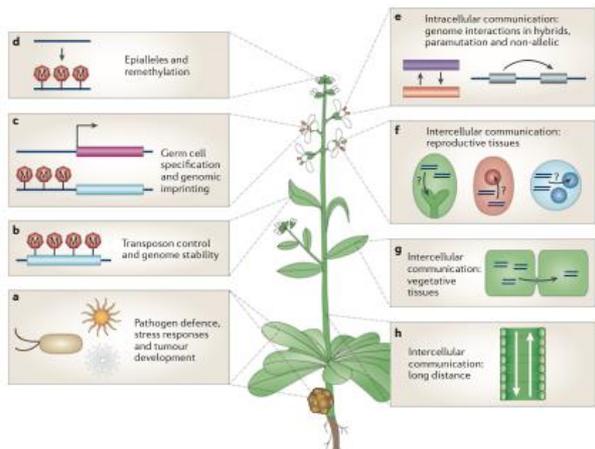
cjyou@fudan.edu.cn; 18701989470

研究方向

**植物生殖发育中的表观遗传调控
小RNA不同通路间的交叉与平衡**

- 作为第一作者在*Nat Commun*, *Genome Biol*, *Plant J*, *Curr Opin Plant Biol*, *Front Genet*等国际期刊发表文章, 其它参与发表文章22篇, 总被他引次数为562次, h指数达16。
- 研究领域为植物表观遗传调控, 尤其是生殖发育与减数分裂过程中染色质表观遗传修饰的变化, 同时关注非编码RNA在植物, 特别是非模式、“低等”植物的抗逆响应中的功能。

研究领域

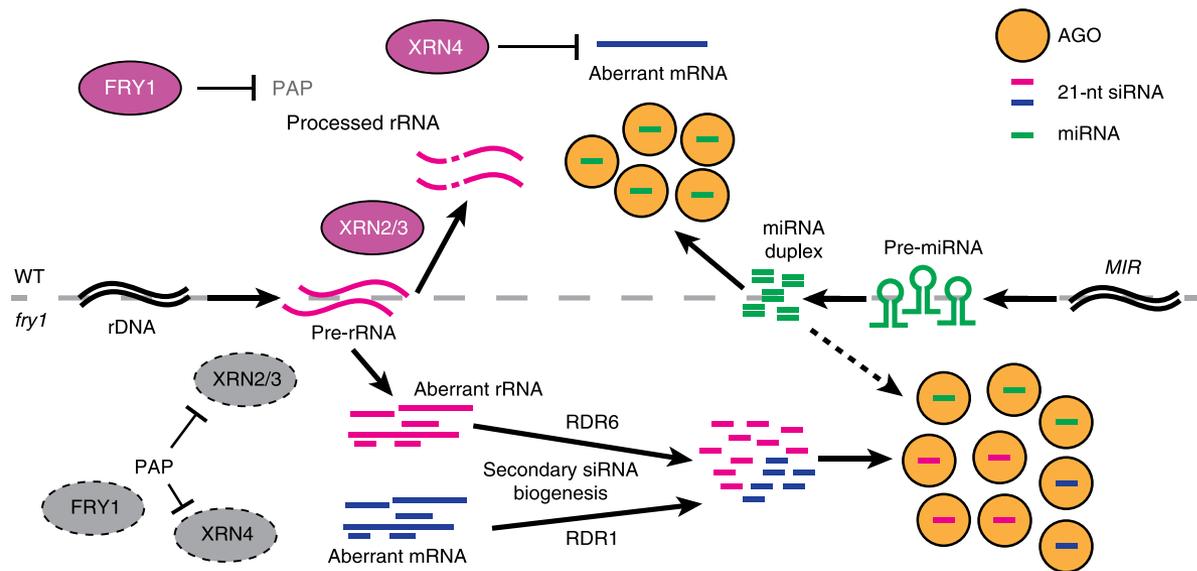


减数分裂重组位点决定机制中的表观调控因素

植物生长过程中小RNA介导的表观遗传调控

Wang and Copenhaver, 2018
Matzke and Mosher, 2019

植物非典型小RNA，如ct-siRNA、risiRNA等，参与调控miRNA丰度，影响植物对环境、生物胁迫的响应。



You et al., 2019

复旦大学生物化学系将秉承动物和植物并重、集基础和应用为一体，利用国际先进理念与方法，将生物化学系建成科研、教学、国际交流的平台。

期待你们的加盟！