

卷首语

2020年，国家自然科学基金委交叉学部正式成立，这是顺应当下科学发展大趋势的一项重要举措。二十世纪中，很多学科从无到有，由表及里，不断深入发展和系统完善。到了二十一世纪，系统性的科学各个门类已经大范围地发生交接，从不同学科领域看到的视野开始发生重合，让我们产生了尽快看清事物真相的冲动。这就是真正的交叉科学形成的基础。而“现代人类学”就是率先成熟的第一个交叉科学。2021年，教育部正式批准现代人类学教育部重点实验室归入交叉领域。

人类学的发展经历了经典人类学、近代人类学、现代人类学三个阶段。经典人类学起源于16世纪，属于博物学的四大分支之一，与矿物学、植物学、动物学一道，成为对自然万物进行整理分类的基础学科之一，不断完善各地自然博物馆的收藏和系统性分析。最早的人类学研究，是欧洲人类学家到世界各地的民族和部落中去测量人体的各种特征，属于体质人类学的范畴。后来，各个民族的习俗、语言、文物也引起了博物学的人类学家的关注，因此又发展出了文化人类学、语言人类学、考古人类学。经典人类学的阶段，各个学科分支才刚刚萌发起步，学科是不分家的，也不存在学科交叉问题。当时的人类学家看问题往往是多视角的，很多假说虽然证据并不充分，但是至今看来还有重要价值。

近代人类学是人类学学科发展影响最大的时期。各个人类学分支领域充分发展以后，形成了很多独特的理论和方法，对人类演化谱系的构建也得到了不同的结果。因为这些学科方法需要较长时间的专业培训，所以培养了很多专门的人才。又由于各个分支得到的结果不同，

又无法彼此说服，人类学分化成了独立的四大分支，学科之间几乎没有交叉。近代人类学是一个大争议的时代，是一个发现问题多于解决问题的时代。但是这种争议，现在回头看，都像是摸象的盲人之间的争议。

现代人类学的诞生，是基于人类基因组计划的契机的，是与分子人类学成熟同步的。人类基因组分析技术的完善，分子人类学的科学逻辑的成熟，使得我们可以整体性地分析人群与人群之间的血缘距离，从而知道彼此之间分开多久了，这样构建起来的人类演化谱系，往往已经没有争议空间了。所以语言人类学、文化人类学、考古人类学，又可以与生物人类学对话了。人类演化的这一头“大象”，是时候让我们睁开眼睛看了。基因组的谱系，用来构建“大象的骨骼”；语言学的系属，用来壮实“大象的肌肉”；考古学的发现，用来填充“大象的脏腑”；文化学的现象，用来陈铺“大象的皮毛”。这些学科交叉融合在一起，才是一头有血有肉完整的“大象”。我们再也不要再用片面的知识去武断地下结论，也不要陷在片面的视角中迷失在浓雾里。

现代人类学，再也不需要边界和隔阂。我们在学科交叉融合的大科学中，整合人类基因组和人类表型组的成果，把握人群的整体结构，扩展到精准医学、文化建设、社会管理、外交政治等等各个领域，为国家重大需求服务，为人类整体命运护航。

李 辉



现代人类学教育部重点实验室 主任

目 录

一、简表.....	3
二、研究水平与贡献.....	4
1.实验室概况.....	4
2.年度研究成果.....	5
3.承担科研任务.....	7
4.荣誉奖励.....	9
三、研究队伍建设.....	11
1.队伍建设总体情况.....	11
2.实验室主任和学术带头人.....	11
3.学术影响.....	11
四、学科发展与人才培养.....	15
1.学科发展.....	15
2.科教融合推动教学发展.....	16
3.人才培养.....	16
五、开放交流与运行管理.....	17
1.国内外合作.....	17
2.开放交流.....	18
3.学术活动.....	18
4.运行管理.....	20
5.仪器设备.....	20
六、研究方向与课题介绍.....	21
李金辉课题组.....	22
钱迅峰课题组.....	29
谷峰迅课题组.....	31
石乐明课题组.....	32
汪海健课题组.....	35
李士林课题组.....	37
王永明课题组.....	39
谭静泽课题组.....	41
徐书华课题组.....	44
樊少华课题组.....	48
郑志琰课题组.....	49
张梦翰课题组.....	54
Andres Ruiz-Linares.....	57
陈兴栋课题组.....	59
陈一璐课题组.....	62
胡一微课题组.....	63
王敬文课题组.....	65
林燕丹课题组.....	67
韩寰昇课题组.....	68
潘悟云课题组.....	69
袁一靖课题组.....	71
文少卿课题组.....	73
胡耀武课题组.....	75
张萌课题组.....	77
生膨菲课题组.....	79
七、发表论文、专著和专利.....	81

一、简表

实验室名称		现代人类学教育部重点实验室					
研究方向		研究方向 1		中华民族基因组的进化与适应			
		研究方向 2		中华民族语言文化的演化			
		研究方向 3		中华民族体质与人类表型组学			
		研究方向 4		一带一路人群的交流融合			
实验室主任	姓名	李辉		研究方向	中华民族基因组的进化与适应		
	出生日期	1978		职称	教授	任职时间	2017-今
学术委员会主任	姓名	赵国屏		研究方向	人类基因组学		
	出生日期	1948		职称	院士	任职时间	2017-今
研究水平与贡献	论文与专著	发表论文		SCI	47 篇	EI	6 篇
		人均论文 (SCI+EI)/实验室人员数			2 篇/人		
		科技专著		国内出版	1 部	国外出版	/部
	承担任务研究经费	2021 年项目到账总经费		1798.6 万元	国家重大项目经费		1585.6 万元
	发明专利与成果转化	发明专利		申请数	5 项	授权数	6 项
		成果转化		转化数	0 项	转化总经费	0 万元
研究队伍建设	科技人才	实验室固定人员		25 人	国务院特殊津贴		1 人
		院士		/人	千人计划		2 人
		长江学者		特聘 1 人	国家杰出青年基金		3 人
		青年长江		2 人	国家优秀青年基金		3 人
		青年千人计划		2 人	青年研究员		2 个
学科发展与人才培养	依托学科	学科 1	人类生物学		学科 2	遗传学	
	博士研究生	毕业学生数		18 人	在读学生数		60 人
	硕士研究生	毕业学生数		16 人	在读学生数		59 人
	承担本科课程	353 学时			承担研究生课程		432 学时
	大专院校教科书	/ 部			高等学校教学名师奖		/ 人
	国家级教学成果奖	/ 项			省部级教学成果奖		/ 门
	省市级精品课程	1 项			校级精品课程		1 门
开放与运行管理	承办学术会议	国际	1 次		国内 (含港澳台)	2 次	
	国际合作计划		3 项		国际合作经费	419 万元	
	实验室面积		6000 M ²	实验室网址	http://koca.fudan.edu.cn		
	依托单位经费投入					25 万元	
	学术委员会人数	17 人	其中外籍委员	0 人	2021 年召开学术委员会议 1 次		
	实验室科普工作形式		科普讲座 34 次 累计参与公众 1000 人次 参与扶贫工作 4 次 电视科普 2 次				

二、研究水平与贡献

1、实验室概况

复旦大学现代人类学教育部重点实验室有着悠久的历史传承，开始于 1921 年复旦大学人类学教学组（生理人类学和文化人类学），1952 年院系调整以后重组为复旦大学生物系人类学教研组（体质人类学），1997 年成立复旦大学人类群体遗传学和多基因疾病实验室（分子人类学），2002 年成立了复旦大学现代人类学研究中心（学科融合人类学），2005 年 12 月开始建立重点实验室，2008 年获教育部批准。实验室依托复旦大学的生物学、考古学和中国史 3 个一级学科，以及人类生物学、遗传学、科技考古、历史地理 4 个二级学科，是目前我国唯一从事人类学跨领域研究的教育部重点实验室。2021 年在学术委员会的支持下，向教育部成功申报为交叉领域。

总体定位：以“人类演化”与“民族形成”为研究核心，以人群的多样性为切入点，探索现代人演化与中华民族起源的历程，建立中华民族人类学大数据库，揭示现代人的群体间和个体间的基因、体质、文化、语言、生理、病理等差异及其形成机制，特别是东亚人群的生物与文化特征的多样化机制，揭示中华民族形成和发展的动力和过程，为中国人群众疾病的预防、治疗、预后提供线索，服务于“国家稳定、民族团结”的国家重大需求和“一带一路”政策，将实验室建设成为人类学原创理论发源地、杰出创新人才培养基地和国际知名学术高地。

研究特色：

- 1) 生命科学与数理科学、医学科学和人文科学深度交叉；
- 2) 基础研究与应用紧密结合。

主要研究方向：

- 1) **中华民族基因组的进化与适应：**从现代东亚人群与古代人类遗骨的基因组分析，揭示东亚人类的起源与中华民族形成的过程，以及基因组适应的机理；
- 2) **中华民族语言文化的演化：**以遗传结构为谱系框架，研究中华民族语言系统与民族文化多样性的演化结构和规律，对中华民族和中华文明的历史进行科学地解读；
- 3) **中华民族体质与人类表型组学：**揭示东亚人群形态特征、语言行为、生理生化、中医体质等表型组的多样化规律，推动东亚人群的大健康研究；
- 4) **一带一路人群的交流融合：**在一带一路共建国家中进行国际合作，研究人群交流融合过程中的生物人类学和文化人类学演变规律。

本实验室在多个方向具国际影响力，取得系列重要成果：如，揭示东亚人群多样性的形成机制，发现古人类与现代人群的基因渐渗，阐明拷贝数变异的发生机理、卵子发育和出生缺陷的分子机制，解析人类表型特征的遗传学基础，探究家族和民族的历史源流和语言的起源。在研究范式上的最重大发展是，建立了

20 万人的大型队列，突破人群研究的瓶颈；服务于国家安全，研发新一代个体鉴定标记，为多地公安系统建立罪犯数据库（81 万份检材），协助侦破多起疑难案件。

先后发起或领导国际人类表型组研究计划(17-)、国际泛亚 SNP 计划(05-10)、Genographic 计划（05-12）、MAQC 联盟（14-）和 InSCAR 联盟（11-）。承担多项 973、863、科技支撑、基础性工作专项、国家重点研发计划等国家重大科研任务及国际合作项目，14 人任职于 12 个国际和 64 个国内学术组织，10 人担任 28 个国际刊物的主编、副主编或编委。

实验室共有国家杰出青年 3 名，千人计划 2 名，长江学者 1 人，青年千人 2 名，基金委优秀青年 3 名，教育部新世纪人才 1 名，国务院特殊津贴获得者 1 人。

2、年度研究成果

中华民族基因组的进化与适应方向：

本年度重点实验室完成了**华表计划**，该研究对来自中国华北（郑州）、华东（泰州）、华南（南宁）三个代表性汉族群体的 5000 名个体进行了基因组全外显子测序，初步构建了“华表”中国外显子组数据库。发现大量本土人群特有的基因组变异，为罕见病精准诊疗提供科学基础（**JGG2021**）。

通过遗传学、考古学、语言学、民族学等多个学科的融合分析，李辉课题组系统重建了东亚人群自然史大框架（**MGG 2021**）。现代人约 5 万年前进入东亚，约 12000 年前末次冰盛期结束，稻和粟在东亚的南部和北部分别被驯化，农业的兴起支撑了人口扩张和人群聚合，形成了初期的语系和族群。现代东亚人群的遗传结构和语言谱系之间的紧密关联，形成于约 7800 年前开始的新石器时代社会结构转变。大约 5300 年前，中国东北的红山文化人群南下扩张，推动其他文化人群大规模重组和迁移。部分人群迁移到偏远地区形成少数民族，在东亚的边缘和中心产生了遗传结构的差异。在中原地区，来自不同原始族群的人群融合形成了汉族的前身华夏族。这些重组的人群继续发展着来自母体的文化传统，最终构成中华文明。历史时期由北向南的人口迁移造成了由北向南梯度变化的遗传结构。

基于这一系列研究，在**中国民族学会高层论坛**上，李辉做了大会主题报告，提出了中华民族共同体的新认识，得到了中国民族学界的一致好评。中华民族的主体起源于中国，无论是基因、语言、文化上，中国各民族之间有大量共享部分，远大于域外人群，中华民族有共同的遗传和文化背景。中国各语系各民族都是较晚历史中分化形成的，在新石器时代早期转型中，没有民族概念的散在采集狩猎人群渐渐聚合成了中华民族的雏形，没有现代式的民族分化和文化隔离。由于各地领导家族之间的政治博弈，部分人群迁到了边缘地区，才从主流人群中分离出来，渐渐形成少数民族。而留在中部地区的主要人群融合形成了汉族。这才有了民族的分化。所以中华民族是先融合再分化而形成的。中华民族不是多元的，而是一元的，考古中看到的文化区系只是次要的地方特色，是民族形成之前的族群初步聚合。中华民族共同体因为先有“实”体，才能被命“名”，实在名前，是名被

广泛接受的基础。

在法医人类学领域，李士林课题组基于 Y-STR 数据来推测 Y-SNP 单倍群的应用性研究，在中国云南昭阳汉族男性群体进行验证；利用 Y-SNP 单倍群提高 Y-STR 单倍型男性家系分辨率（**Forensic Sci. Int. Genet. 2021**）。

中华民族语言文化的演化方向：

本实验室 2012 年发表于 Science 的报道中揭示，全世界元音的分布有着明显的规律，呈现出从中亚向周边扩散的结构，吴语和日耳曼语的元音丰度达到最高值，但是一半以上的语言元音丰度都相似。那么元音音位的稳定性在全世界语言中有何规律？张梦翰课题组分析了全世界 357 种语言及方言，共计 532 种语言样本的元音音位空间，通过对标准化离散度和聚焦度特征，发现这两个特征之间存在很显著的负相关性，并呈现出一种幂律关系。这种被观察到的幂律关系不依赖于语言分布的地区、所属的语系以及语言之间的谱系关系，呈现一种语言共性。这体现出元音系统的自组织性。**Front. Psychol. (Lang. Sci.), 2021**。

在历史人类学领域，韩昇教授以历代帝王推崇的治国奇书为蓝本，用历史细节揭示历史规律，说明上古国家给后世中国建立起民本主义的治国宗旨。这是中华文明中最核心的思想文化特征之一。文章发表在《中国社会科学报》2021 年第 2139 期。

中华民族体质与人类表型组学方向：

人类表型组研究基于泰州队列成果显著。陈兴栋课题组基于表型组学系统设计的“泰州脑影像队列(Taizhou Imaging Study)”的建设目标、研究设计、表型采集内容、可支撑的研究方向、已取得的初步研究成果、队列的未来规划等，为慢性病的干预和治理措施研究提供宝贵的资源和基础支撑（**Alzheimer's & Dementia.2021**）。

在传统体质人类学领域，通过西北地区遗骸骨骼的分析，东西方交流的历史越来越细化。谭婧泽课题组比较了新疆察吾呼墓地西周、东周、秦汉三个时期共 80 例头骨样本，与同时代新疆地区及东西方古代人类颅骨形态特征的相似性，认为样本间颅骨形态特征相似性与地理距离之间存在对应关系，形态特征相近的人群地理距离也更近，反映了这一时期人群互动交流的情况以及亲疏关系。从考古遗存上看，察吾呼墓地周代人群具有较多的北亚和中亚因素，而秦汉时期人群则出现了更多的东亚特征，这与颅骨形态学分析的结果相符。所以，秦汉时期有大量东部移民迁入新疆察吾呼地区。（《西域研究》2021）。

人类表型组研究加深了对传染病的认知。新型冠状病毒肺炎（COVID-19）是一类由 β 冠状病毒导致的传染病。自疫情爆发以来，COVID-19 已经在全球范围内造成超过 500 万名患者死亡。已有研究报道新冠患者肠道菌群的变化，但其与疾病发展的关系还有待研究。郑琰课题组通过宏基因组方法检测了 63 名新冠肺炎患者在不同疾病时期的肠道菌群，结合蛋白组、宏蛋白组以及转录组等多组学方法探究了肠道菌群与疾病中人体免疫反应的动态关系。（**J. Genomics**

Genet. 2021)。

王永明课题组联合王红艳和李继喜团队经过鉴定和改造，开发出了 SlugCas9-HF 工具酶，性能突出，它识别简单的 NNGG PAM，具备活性高、精准性高、编辑范围广、基因小等优点。研究团队同时还开发出 ShaCas9、SlutrCas9、Sa-SlugCas9 等工具。为了方便研究人员选择合适的工具酶使用，作者对本团队开发的 7 种工具酶和 SaCas9 的活性和精准性进行了比较。综合看，SlugCas9-HF 在编辑活性、精准性和编辑范围都具有优势。(Nucleic Acids Res. 2021)。

一带一路人群的交流融合方向：

在一带一路交流合作研究方面，我们与哈萨克斯坦科学院、吉尔吉斯斯坦国立大学、波兰、意大利等国家单位开展多次国际网络会议，交流一带一路人类学研究进展。文少卿等与吉尔吉斯斯坦联合研究柯尔克孜族（吉尔吉斯族）的基因组发现，其遗传背景主要由两部分来源，分别是青铜时代的西伯利亚人群（古代坚昆人）和近古的蒙古人群，来自中国中部的人群对其也有部分影响(J.Genet. Genomics 2021)。

Andrus 课题组通过拉丁美洲人面部皮肤皱纹和痣数的全基因组关联研究，发现：MC1R、IRF4 和 SLC45A2 与美洲土著、欧洲和非洲血统的拉丁美洲人皮肤皱纹具显著关联；确定了新的面部皱纹基因位点，其中包括 VAV3；报告了一种与痣数的新基因关联：SLC45A2（一种已知的黑色素瘤相关基因）。以欧洲为中心的研究倾向于欧洲群体，而该研究报告了混合大陆血统的拉丁美洲人的遗传变异（VAV3、SLC30A1），分别与面部皮肤皱纹和痣计数有关。此外，SLC45A2 单核苷酸多态性也可能解释黑色素瘤风险，该研究有助于制定与年龄相关的皮肤功能丧失干预及预防黑色素瘤的措施。(British Journal of Dermatology, 2021)。

3、年度承担科研任务

2021 年重点实验室在研科技项目 33 项，包括上海市市级重大专项、国家重点研发计划、973、863、科技部基础性专项、国家国际科技合作专项等，其中国家级项目 26 项，到款科研经费 1585.6 万元。

序号	项目/课题名称	编号	负责人	起止时间	年度经费 (万元)	项目总经费 (万元)	类别
1	人类表型组学数据的质 量控制与标准化研究	2018YFE020 1600	石乐明	2019/08/01- 2022/07/31	300	1144	国家重点研发 计划
2	人类表型组测量技术及 表型数据跨尺度关联合 作研究	2020YFE020 1600	李辉	2020/06/01- 2022/07/31	300	1000	国家重点研发 计划科技创新 合作

2021 年报

3	中国健康人群微生物组及基因组基线数据库构建		郑琰	2021/12/01-2026/11/31	0	550	国家重点研发计划
4	Influence of gut microbiota on vector competence of disease transmitting insects	R01AI129819	王敬文	2017/04/01-2022/03/31	89	\$73.9 万	美国 NIH
5	我国精准医学的群体基因组学基础理论分析与应用研究	32030020	徐书华	2021/01/01-2025/12/31	147	294	国家自然科学基金—重点项目
6	肠道共生菌的色氨酸代谢对按蚊传播疟原虫能力的影响及机制研究	U1902211	王敬文	2020/01/01-2023/12/31	0	223	国家自然科学基金云南联合基金重点项目
7	人类语言多样性及演化	T2122007	张梦翰	2020/07/01-2023/07/01	0	200	国家自然科学基金优秀青年项目
8	肿瘤分子流行病学	82122060	陈兴栋	2022/01/01-2024/12/30	120	200	国家自然科学基金优秀青年科学基金项目
9	2020 年度第五批国家万人计划青年拔尖人才	QWH1323001	郑琰	2021/01/01-2023/12-31	37	150	中国共产党中央委员会组织部人才项目
10	新型冠状病毒的人群遗传易感性研究和遗传筛查体系构建	32041008	徐书华	2020/03/01-2022/03-31	150	150	国家自然科学基金—专项项目
11	寡基因突变导致出生缺陷的遗传模式及致病机制	2021YFC2701100	王永明	2022/01/01-2024/12/31	0	150	国家重点研发计划重点专项
12	昆虫虫媒共生菌与病原体	31822051	王敬文	2019/01/01-2021/12/30	0	130	国家自然科学基金优秀青年基金
13	中国老年人肾功能减退特征及危险因素筛选	VGH1322071	郑琰	2020/01/01-2023/06/31	119.1	129	国家重点研发计划
14	特殊酵母底盘细胞的染色体工程		王永明	2021/06/01-2026/05/31	0	120	国家重点研发计划重点专项
15	基于 STR 大数据分析****推断技术(机密)	KWH2022140	李士林(参与)	2018/10/01-2021/10/31	21	100	国家重点研发计划
16	吴语语料库建设和吴语比较研究	20&ZD301	张梦翰	2021/01/01-2024/12/31	0	80	国家社科重大
17	汉族体质形态特征的南北差异及其形成的遗传机制	31771325	谭婧泽	2018/01/01-2021/12/31	0	60	国家自然科学基金面上项目

18	新疆维吾尔族遗传负荷分析及其进化和医学意义	31771388	徐书华	2018/01/01-2021/12/30	52.5	60	国家自然科学基金面上项目
19	中国人群遗传结构与语言系统的共演化研究	32070577	张梦翰	2020/10/01-2022/12/30	29	58	国家自然科学基金面上项目
20	非洲俾格米人表型进化的遗传学基础	31970563	樊少华	2020/10/01-2023/12/31	27	58	国家自然科学基金
21	研究基因编辑技术治疗小鼠长QT综合征的效果	82070258	王永明	2021/01/01-2024/12/31	28.5	57	国家自然科学基金
22	肠道微生物代谢产物与冠心病关系的分子流行病学研究	KRF201217	郑琰	2020/01/01-2023/12/31	19.6	56	国家自然科学基金委员会
23	体细胞突变特征解析食管鳞癌暴露因素致病机制研究	82073637	陈兴栋	2020/01/01-2023/12/31	55	55	国家自然科学基金委员会面上项目
24	东亚和东南亚少数民族群体的基因组学分析	31961130380	徐书华	2020/01/01-2022/12/31	49.9	50	国家自然科学基金—对外合作与交流项目
25	哈萨克斯坦及中亚人群精细遗传结构研究	19410740700	李辉	2019/11/01-2021/10/30	30	30	上海市国际合作项目
26	中国分子人类学研究的最新动向和趋势	2020-GMZ-012	李辉	2020/01/01-2021/11/30	11	11	国家民委民族研究项目

4、荣誉、奖励、专利

1) 王永明：申请发明专利 1 项。

专利名称：Cas12 蛋白、含有 Cas12 蛋白的基因编辑系统及应用

申请号：202110606220.9。完成人：王永明，王帅，高思琪，王瑶。

2) 王永明：申请发明专利 1 项。

专利名称：Cas9 蛋白、含有 Cas9 蛋白的基因编辑系统及应用

申请号：202110765655.8。完成人：王永明，王帅，高思琪，王瑶。

3) 王永明：申请发明专利 1 项。

专利名称：Cas9 蛋白、含有 Cas9 蛋白的基因编辑系统及应用

申请号：202110878452.X。完成人：王永明，王帅，高思琪，王瑶。

4) 张梦翰：申请发明专利 1 项。

专利名称：喉部运动信息捕获系统。

申请号：202111326124.5。完成人：张梦翰，陈迟晓，林锋，潘晓声。

5) 张梦翰：授权软件著作权 1 项。

专利名称：听辨能力表征采集系统 V1.0。

专利号：2021SR1422079。完成人：张梦翰。

6) 张梦翰：授权软件著作权 1 项。

专利名称：语音表达能力采集分析系统 1.0。

专利号：2021SR1028980。完成人：张梦翰。

7) 张梦翰：授权软件著作权 1 项。

专利名称：阅读能力表征采集系统 V1.0。

专利号：2021SR1409437。完成人：张梦翰。

8) 张梦翰：授权软件著作权 1 项。

专利名称：书写能力表征采集系统 V1.0

申请号：2021SR1409436。完成人：张梦翰。

9) 钱峰：申请发明专利 1 项。

专利名称：一种免疫衰老评估方法。

申请号：ZL202111034169.5。完成人：钱峰、韩旭凌、高健

10) 钱峰：申请发明专利 1 项。

专利名称：确定新冠疫苗介导的保护免疫力应答状态的方法。

申请号：ZL202111050925.3。完成人：钱峰、高健、罗雅丽、韩静轩。

11) 汪海健：授权发明专利 1 项。

专利名称：靶向肝星状细胞敲低 $Pdgfr\beta$ 和 $T\beta rII$ 基因的人工 miRNA 及其载体系统。

申请号：ZL201810009392.6。完成人：汪海健，贺福初，姜燕，赵园园。

12) 陈兴栋：获 2021 年度山东省科学技术进步奖二等奖。

成果名称：食管鳞癌分级精准筛查体系的建立与推广应用。

完成人：吕明，陈兴栋，索晨，杨孝荣，张媛，陈慧，陈甜甜（已公示，尚未获取证书）

13) 李辉：获 2021 年上海市优秀科普图书奖。

成果名称：图书《茶道经译注》。作者：李辉。

书号：ISBN978-7-309-14966-1。复旦大学出版社。

三、研究队伍建设

（一）队伍建设总体情况

实验室固定人员 25 人：教授/研究员 18 人；青年研究员 2 人；副教授/副研究员 2 人；青年副研究员 1 人；讲师 1 人，工程师 1 人。其中包括国家杰出青年 1 名，千人计划 2 名，长江学者 1 人，青年千人 2 名，基金委优秀青年 3 名，教育部新世纪人才 1 名，国务院特殊津贴获得者 1 人。

新引进国家杰出青年 1 名，海外优青 1 名，青年副研究员 1 名。本年度 2 名教授退休。

（二）实验室主任和学术带头人

实验室主任：李辉

副主任：钱峰

方向一学术带头人：徐书华、李辉、陈璐、王轲、谷迅、汪海健、李士林、陈兴栋、罗若愚、王一

方向二学术带头人：张梦翰、韩昇、袁靖、潘悟云、王辉、魏峻、沈岳明、文少卿、张萌、生膨菲、徐丹

方向三学术带头人：石乐明、昌军、钱峰、郑琰、王永明、谭婧泽、郑媛婷、林燕丹、胡薇、王敬文、杨燕萍

方向四学术带头人：李辉、樊少华、Andres-Ruiz、韦兰海、YerlanRamankulov、HorolmaPamjav、Oleg Balanovsky、MaxatZhabagin

（三）学术影响

1. 李辉

国内外学术机构任职情况：

- 1)现代人类学教育部重点实验室主任
- 2)大同中华民族寻根工程研究院院长
- 3)Asian Academy of Humanity and Nature（澳门）院士
- 4)国家民委中华民族共同体研究基地副主任
- 5)中国人类学民族学研究会常任理事
- 6)中国人类学学会理事
- 7)上海人类学学会常务副会长

国家级人才计划等荣誉：

国家自然科学基金委“优秀青年科学基金”(2012)

2. 钱峰

国内外学术机构任职情况：

- 1)中国老年学学会衰老与抗衰老科学委员会委员(2015-今)
- 2)上海市免疫学会第一届免疫遗传专业委员会委员(2015-今)
- 3)Switzerland 《Frontiers in Aging》 Associate Editor(2021-今)

3. 谷迅

国内外学术机构任职情况：

英国《Molecular Biology and Evolution》副主编(2014)

国家级人才计划等荣誉：

- 1)千人计划(2009)
- 2)国家自然科学基金委杰出青年基金 B 类(2004)

行业部委人才计划：

教育部长江学者(讲座，2006)

4. 石乐明

国内外学术机构任职情况：

- 1)ScientificDataNPG 集团编委(2014-今)
- 2)美国食品药品监督管理局国家毒理研究中心客座教授(2013-今)
- 3)JournalofGenomics 编委(2011-今)
- 4)美国阿肯色医科大学医学院客座教授(2009-今)
- 5)BMCRsearchNotes 副主编(2008-今)
- 6)ExpertReviewofMolecularDiagnostics 编委(2001-今)
- 7)国际标准化组织 TC215 健康信息学工作组专家(2019-今)
- 8)“人类表型组计划”国际联盟秘书长(2018-今)
- 9)国家 863 计划“生物大数据”重大项目总体专家组 (2012-今)

国家级人才计划等荣誉：

第三批“千人计划”(2012)

5. 汪海健

国家级人才计划等荣誉：

教育部新世纪优秀人才(2007)

6. 李士林

国内外学术机构任职情况：

中国遗传学会法医专业委员会秘书长(2015-今)

7. 徐书华

国内外学术机构任职情况：

- 1)Molecular Genetics and Genomics (德国)共同主编(2008-2015)
- 2)BMC Genomic Data (英国) 资深编辑(2005-2007)
- 3)Human Genomics (英国)资深编辑 (2002-2005)
- 4)Section Editor (英国)编辑 (2002-2005)
- 5)Scientific Reports (英国)编辑 (2002-2005)
- 6)中国遗传学会理事(2018-至今)
- 7)上海遗传学会理事(2011-至今)

国家级人才计划等荣誉：

- 1)中科院青年科学家奖；
- 2)中科院院长奖（导师）；
- 3)教育部自然科学一等奖；
- 4)国家自然科学二等奖等。

8. 王永明

国家级人才计划等荣誉：

- 第六批中组部青年千人计划(2015)
- American Journal of Stem Cell 编委(2019-今)

9. 樊少华

国家级人才计划等荣誉：

- 第九批中组部青年千人计划(2018)

10. 郑琰

行业部委人才计划：

- 上海市“浦江人才计划”（2018）

11.陈兴栋

国内外学术机构任职情况：

- 1)全国生物样本标准化技术委员会委员(2020-2025)
- 2)中国研究型医院学会临床数据与样本资源库专业委员会信息学组委员 (2019-2024)
- 3)“福声计划”中国人群泛癌早筛前瞻性研究学术专家委员会学术顾问 (2021-2026)

12.Andrés RUIZ-LINARES

国内外学术机构任职情况：

- 1)Annuals of Human Genetics 主编(2008-2015)

- 2)Annuals of Human Genetics 高级编辑(2005-2007)
- 3)Annuals of Human Genetics 编辑委员会成员(2002-2005)
- 4)美国人类遗传学学会提名委员会成员(2015-至今)

13. 韩昇

国内外学术机构任职情况：

- 1) 日本东京大学东洋文化研究所外籍研究员
- 2) 日本关西大学外籍研究员
- 3) 日本明治大学文学部外籍教授
- 4) 中国魏晋南北朝史学会副会长
- 5) 中国唐史学会理事
- 6) 复旦大学日本研究中心兼职研究员
- 7) 复旦大学韩国研究中心兼职研究员
- 8) 中国社会科学院《欧亚学刊》学术委员
- 9) 《欧亚历史文化文库》学术委员
- 10) 上海大学兼职教授
- 11) 复旦大学历史系学术委员会委员
- 12) 复旦大学现代人类学重点实验室学术委员会委员
- 13) 复旦大学通识课程学术委员会委员

国家级人才计划等荣誉：

- 国务院特殊津贴获得者(2007)

14. 袁靖

国内外学术机构任职情况：

- 1) 中国社会科学院考古研究所研究员
- 2) 入选爱思唯尔（Elsevier）中国高被引学者名录（人文艺术类）

15. 林燕丹

国内外学术机构任职情况：

- 1) 国际照明委员会(CIE)第 4 分部副部长、中国国家代表
- 2) 国际照明委员会(CIE) TC1-91 技术委员会主任
- 3) 国际照明委员会(CIE)TC3-46、TC4-47, JTC1 技术委员会委员
- 4) 国际照明委员会(CIE)TC1-58 技术委员会委员
- 5) Journal of Physiological Anthropology 编委会(SCI 期刊) 编辑
- 6) 联合国开发计划署(UNDP)绿色照明技术咨询专家
- 7) 中国国际汽车照明论坛(IFAL)组委主任
- 8) 中国照明学会理事
- 9) 中国照明学会交通运输照明与信号灯专业委员会主任
- 10) 中国照明学会教育与培训工作委员会副主任

- 11)国家半导体照明应用系统工程技术研究中心技术专家
- 12)上海市财政局上海市政府采购评审专家
- 13)上海市质量和标准化研究院科学技术委员会委员

16.王敬文

国内外学术机构任职情况：

F1000 Associate Faculty Member for Public Health & Epidemiology(2012-今)

国家级人才计划等荣誉：

国家自然科学基金委“优秀青年科学基金”(2018)

17.胡薇

国内外学术机构任职情况：

- 1)上海市寄生虫学会理事(2009-今)
- 2)《中国血吸虫病防治杂志》编委(2008-今)
- 3)卫生部寄生虫与媒介生物学重点实验室学术委员会副主任委员
- 4)卫生部寄生虫病预防与控制技术重点实验室学术委员会委员
- 5)国家自然科学基金委杰出青年基金

18.陈璐

国家级人才计划等荣誉：

国家自然科学基金委“海外优秀青年科学基金”(2021)

四、学科发展与人才培养

1、学科发展

实验室依托复旦大学的人类学、遗传学、考古学、历史学 4 个学科，是目前我国唯一从事分子人类学和人类学跨领域研究的教育部重点实验室。

复旦大学的人类学研究历史悠久、门类齐全、发展迅速，学科交叉紧密。上世纪二十年代，复旦大学在中国首开人类学的教学和科研。1952 年的院系调整将全国生物人类学力量集中于复旦大学。目前，复旦大学人类学研究包括生物人类学、历史人类学、语言人类学、考古人类学、文化人类学，分布于生命科学学院、历史系、中文系、社会学院、文博系、史地所等院系，又以现代人类学教育部重点实验室为中心而聚集。实验室借助对人类基因组的分析，全面解析东亚遗传结构，建立人群谱系结构，重构考古文化、语言系统、民族类群的演化历史，是亚太人类学研究领域的世界级中心，是复旦大学人类学研究的核心。

在遗传学领域，实验室重点发展人类与医学遗传学、群体遗传学、计算生物学等方向的理论和方法。人类学的多样性分析和群体遗传背景研究是相关人类遗

传学研究的重要基础。实验室通过对人类群体结构的研究，揭示人群差异，挖掘遗传资源，为重要体质、生理、病理表型的遗传分析提供精准研究对象。实验室建立了 20 万人的大型队列，为数十个国家级项目提供样本、数据和现场，成功揭示了东亚人群一系列独特表型的形成机理及各种复杂疾病的遗传机制。在人类基因组分析方面，自主建立了 UltraSeq 分析流水线，显著提升数据分析效率。在罕见遗传病研究中，实现近 30 例的罕见病遗传辅助诊断，取得了显著社会效益。在分析与计算领域，推进人工智能与人类学各方向的结合，成为重要学科新兴增长点。在表型组领域，建立国际首个人类表型组分析系统及平台，推动国际人类表型组计划，力争成为国际计划的领军者。

基于学科交叉融合，以项目推动新学科的发展。如，曹操家族遗传等研究项目开创了历史人类学的新领域，迄今已与历史系联合培养 5 名博士研究生。通过西北语言接触项目，发展语言人类学领域，与法国东方语言所联合培养 2 名博士研究生。

2、科教融合推动教学发展

实验室坚持教学科研并重，并充分将实验室前沿的科研成果转化为独具特色的教学资源。2021 年共开设本科生课程 36 门、研究生课程 18 门；类别包括平台课、核心课、新生研讨课、专业必修/选修、公共选修课。《人类进化遗传学》为国家级双语教学示范课程，《人类进化》、《现代生物科学导论》、《生物化学》和《细胞生物学》为上海市精品课程、《人类进化》为上海市教委重点课程，《现代人类学》、《考古发现与探索》为校级精品课程。

借助实验室的学术优势和国际交流资源，自 1997 年开设的统计遗传与基因组学暑期讲习班，现已成为实验室传统，2021 年由于疫情原因改为线上。

3、人才培养

研究生培养实行轮转制度和全程导师组制度，通过轮转，帮助新生体验各课题组的科研氛围，学习不同领域的实验技术和科研思路，为研究生和导师提供双向选择的机会。通过培养期间全程多位跨学科跨院系导师共同指导，拓宽了学生的视野。

2020 年毕业及在读人数

毕业人数

博士后：1 人

博士：18 人

硕士：16 人

在读人数

博士后：7 人

博士：60 人

硕士：59 人

联合培养研究生介绍

姓名	专业	联合培养单位名称	复旦导师
祁馨禾	生物统计学	复旦大学	姚音
卢鹤扬	华山医院神经病学	华山医院	陈兴栋
李沛汐	华山医院神经病学	华山医院	陈兴栋
田倩倩	体育	上海体育学院	郑 琰
范观珍	微生物	云南寄生虫病研究所	王敬文

五、开放交流与运行管理

(一) 国内外合作

积极发起和参加国际性重大研究计划并加强国际间学术交流是本实验室的主要努力方向。2018 年开始, 本实验室即与美国哈佛大学、美国耶鲁大学、英国皇家医学院、美国德克萨斯大学、NIH 等高端学术机构以及俄罗斯科学院考古研究所、法国国立东方语言文化学院、瑞典卡罗琳斯卡医学院、俄罗斯国家医学研究中心、匈牙利国家法医学研究中心、哈萨克斯坦阿斯塔纳实验室的交流与合作。以重点实验室为主体: (1)上海市“科技创新行动计划”“一带一路”国际合作计划, 以重点实验室为主体成立“丝路人类学国际联合实验室”。(2)与美国科学院院士、美国工程院院士 George Church 共同发起了中国个人基因组计划(Personal Genome Project China)的倡议。(3) 与哈萨克斯坦科学院联合发起欧亚草原人群历史研究项目, 召开纪念金帐汗国成立 750 周年国际学术会议。

2021 年, 金力院士领衔, 王久存、李辉等教授参与的“丝路人类学国际联合实验室”国际合作项目按时完成。“人类表型组测量技术及表型数据跨尺度关联合作研究”战略性国际科技创新合作重点专项项目多次召开线上会议, 项目顺利推进。

2020 年, 现代人类学教育部重点实验室联合复旦大学多个院系机构及上海人类学学会、上海市遗传学会, 与哈萨克斯坦研究机构共同举办了多次“一带一路”大讲堂系列讲座, 初步建立了与“一带一路”倡议伙伴国家学术及人文交流联系。为拓展复旦大学与一带一路国家更广泛的学术交流, 2021 我们邀请了哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、伊朗、意大利、德国等国家生命科学及公共卫生领域专家学者, 分享自己的研究成果, 对“健康一带一路”相关研究进行学术报告和交流, 从多领域实践“一带一路”倡议。会议由复旦大学现代人类学教育部重点实验室、丝路人类学国际联合实验室、“一带一路”人类表型组联合研究中心共同主办, 复旦大学公共卫生学院、生命科学学院人类遗传学与人类学系, 上海人类学学会, 上海市遗传学会协办。

在国内合作方面: (1)实验室成员主持或参与了多项国内合作项目; (2)依托与国内研究机构共建的 5 个联合实验室, 为对方实验室尤其是边远地区联合培养研究生; (3)截止 2020 年已正式挂牌成立 8 个本科生教学实践基地。

(二) 开放交流

基于本实验室在人类学和遗传学领域深度交叉的特色，通过“复旦大学重点实验室高级访问学者”计划、“111”引智计划、“现代人类学国际科技合作基地”，吸引国内外相关领域高水平研究人员，促进实验室研究人员与国外著名学者、专家的深层次合作交流，优势互补，强强联合，提高实验室研究工作水平。

2021 年由于疫情原因，取消高访及其它研究人员交流

(三) 学术活动

1、举办/承办学术会议

- 1) 《健康“一带一路”：生命科学研究与公共卫生健康》会议，国际性，会议由复旦大学现代人类学教育部重点实验室、丝路人类学国际联合实验室、“一带一路”人类表型组联合研究中心共同主办，复旦大学公共卫生学院、生命科学学院人类遗传学与人类学系，上海人类学学会，上海市遗传学会协办。连线：哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦、伊朗、意大利、德国、上海，2021.11.23-26，参会人数 350 人。
- 2) 《上海人类学学会 2021 年学术年会》，地区性，上海，2020.11.06，参会人数 300 人。

2、参加国际/国内学术会议

序号	会议/报告名称	会议名称	地址	会议时间	报告人
1	Metabolomics, dietary habits and cardiometabolic disease	CAU-Fudan Univ. Joint Symposium 2021	线上会议	2021/07/13	郑琰
2	Metabolomics, dietary habits and cardiometabolic disease	健康一带一路：生命科学研究与公共卫生健康”国际研讨会	线上会议	2021/11/26	郑琰
3	Genome assembly, spatiotemporal variation, and genetic admixture in Asia	SMBEv2021 Symposium	线上会议	2021/07/04-08	徐书华
4	Neanderthal Ancestry: Across Populations And Within Genomes	一带一路国际研讨会：生命科学研究与公共卫生健康	线上会议	2021/11/23-26	陈璐
5	Origin of Chinese People and Civilization	PensilvaniaState University	线上会议	2021/03/21	李辉
6	Nutrition in Chinese Medicine: Finve Materials and Six Energies	健康一带一路：生命科学研究与公共卫生健康（丝路人类学国际联合实验室）	线上会议	2021/11/23	李辉

7	中甸渊源：汉藏与乌拉族群研讨会	复旦大学中华民族共同体研究中心	上海	2021/04/27	李辉
9	我国及周边地区若干自然人群的遗传结构及演化历史	β -地中海贫血千人全基因组测序计划项目启动会	中国广州	2021/02/26-03/01	徐书华
10	精准医学的群体遗传学基础	江苏师范大学在线讲座	中国徐州	2021/1/8	徐书华
11	古人与现代人的种群混合：现代人基因组中的尼安德特遗产	上海市遗传学会青年遗传学家论坛	线上会议	2021/12/12	陈璐
12	茶道经：用茶打通国学与科学	博鳌亚洲论坛全球健康论坛第二届大会	青岛	2021/06/01	李辉
13	汉藏同源的四个视野重合	哲学视野中的民族与中华民族研究论坛	上海	2021/05/29	李辉
14	茶道经：打通国学和科学	世博展览会上海茶博会-高校茶文化论坛	上海	2021/05/28	李辉
15	汉藏同源：基因-考古-语言-文化	西藏研学班	上海	2021/04/22	李辉
16	分子人类学与中国人起源	宛山湖论坛	无锡	2021/03/02	李辉
17	中华民族共同体起源与民族聚合同步	中国民族学会高层论坛	广州	2021/10/16	李辉
18	茶道科学与中华文明的人类学解析	人类学高层论坛	福州	2021/12/5	李辉

3、举办和参加科普活动

序号	时间	活动主题	主办单位
1	1月9日	二十四节气茶事	奉贤区茶文化学会
2	3月18日	茶道经-人体与茶叶	复旦九三学社
3	3月26日	中国茶道的科学与哲学	同济一附中
4	3月29日	中国茶道的真谛	复旦留学生院
5	4月10日	来自猩猩的你	上海图书馆
6	4月12日	茶道经与普洱茶健康功效	勐海县文旅局
7	4月23日	茶道经	中国银行青浦分行
8	5月7日	上古黑陶与神农茶道	沁阳市政府
9	5月14日	茶道·中医·科学	复旦大学管理学院
10	5月16日	中华茶道的国际交流	上海大学钱伟长图书馆
11	5月16日	来自猩猩的你	悦悦图书
12	5月19日	茶道中的国学与科学	茗约茶文化园
13	6月11日	茶道与人体经络	浙江中医药大学
14	6月27日	茶道中的科学哲学	交大农学院茶学高级研修班
15	6月29日	打通国学与科学	医学院克卿书院导师沙龙
16	7月17日	YIM YAD :Philosophy of Chinese Teas	复旦留学生暑期课程
17	7月18日	茶道中医与科学	复旦管院后EMBA
18	7月24日	茶道经译注	复旦管院科创营
19	7月27日	夏日养生茶	简知直播
20	7月29日	A Journey to the Origin of Human	嘉定
21	9月3日	茶道科学与精准养生	平安集团
22	9月23日	铜壶滴水冲泡绿茶的科学原理	人类货币起源文史馆
23	9月26日	茶道打通国学与科学	音昱听堂

24	9 月 28 日	中华民族起源与中医起源	上海中医药大学
25	10 月 12 日	中国人群起源	CCTV 科幻地带
26	10 月 15 日	中华民族的起源	中山医院
27	10 月 21 日	基因中的中华民族共同体	江西临川一中
28	10 月 22 日	基因中的中华民族共同体	江西科技学院附中
29	10 月 23 日	茶道科学与精准养生	徐汇区卫健委徐汇区医学会
30	11 月 14 日	中华文化在衣食住行上的核心体现与五营六养原理	长宁区丝享荟
31	11 月 20 日	茶道经的科学与国学	上工坊文化中心
32	12 月 4 日	基因中的中华民族共同体	自然科学班讲座
34	12 月 23 日	从人类由来到三星堆	上海图书馆

(四) 运行管理

实施目标管理：按照按需设岗、按岗设人、“谁主管，谁负责”的原则，职责分明、责任到人。实验室设主任、副主任、主任助理、实验室总管、科研主管、外事主管、教学主管、平台主管、招生主管、后勤主管等岗位，设立专职行政秘书，协助处理日常事务、运行及管理工作。制定一系列管理制度：如岗位职责、学生守则、实验室及资源管理相关规定、实验室安全管理办法等。

学术委员会：负责审议、监督、指导实验室的重大学术事项。每年举办一次学术委员会会议，审议实验室主任及各方向负责人的工作报告，对实验室发展提出意见及建议，指导制定实验室中长期研究方向与规划。平时，实验室与学术委员会主要以通讯方式联系。

科研管理：实行课题组制和大型科学仪器设备共享制。强调团队力量，在团队成员相对独立的框架下，充分发挥和体现团队的实力。鼓励科研人员申报国际合作、国家和地方的重大研究计划。自主选题主要由主任基金资助，内容瞄准人类学及人类遗传学的研究前沿，强调遗传学与数理科学、医学科学和人文科学的交叉，增强了实验室在“学科会聚”科学发展范式中的竞争力。每周举办一次学术研讨会，定期邀请国内外知名专家做报告。

实验室网站由专人负责，及时更新，报道近期科研成果和实验室的学术交流等。实验室科研氛围浓厚，学术交流频繁，学风端正，无违反学术道德事件，无重大安全事故。

(五) 仪器设备

为有效支撑实验室研究任务，提高仪器使用率和共享率，实验室公共仪器技术平台扩充为 7 个，包括基因组学平台、代谢组学平台、人类遗传资源库、古 DNA 平台、细胞及病原微生物实验平台、生物信息学平台、体质人类学平台，并搭建了自主设计的高内涵活细胞工作站。每个平台均有专人负责，对仪器管理采取优化资源、节约空间的策略。

公共平台的所有仪器设备均对外开放。对师生进行上机操作培训，经考核合格后方可独立使用仪器。公共仪器技术平台建立了电子门卡制度，制定了《仪器

晚间使用管理办法》，实现了仪器设备的全天 24 小时开放。建立了公共仪器网上管理系统，实行仪器使用网上预约服务，构建了“仪器使用者”—“仪器管理员”—“研究生导师”之间及时沟通的信息平台，促进了仪器使用的便捷及高效运作。如代谢组学平台的年使用率达 70% 以上，年均服务达 200 人/次/样品，服务课题数达 9 项。生物信息学平台仪器的年使用率达 70% 以上，有效支撑国家 863 课题、自然科学基金等研究。此外，公共仪器平台加入国家及上海市大型分析仪器共享平台，本年度所有仪器设备运转正常，实现了面对社会的开放与共享。

六、研究方向与课题组介绍

实验室在 4 个方向上，融合人类学的遗传、生理、体质、生态、考古、历史、语言、社会等分支领域学科，对现代人类起源与中华民族发展历程进行解析。研究方向与研究人员对应关系如下：

1) 中华民族基因组的进化与适应：

从现代东亚人群与古代人类遗骨基因组分析，揭示东亚人类的起源与中华民族形成的过程，以及基因组适应的机理。

方向成员：徐书华、李辉、陈璐、王轲、谷迅、汪海健、李士林、陈兴栋、罗若愚、王一、

2) 中华民族语言文化的演化：

以遗传结构为谱系框架，研究中华民族语言系统与文化多样性的演化结构和规律，对中华民族和中华文明的历史进行科学地解读。

方向成员：张梦翰、韩昇、袁靖、潘悟云、王辉、魏峻、沈岳明、文少卿、胡耀武、张萌、生膨菲、徐丹

3) 中华民族体质与人类表型组学：

揭示东亚人群形态特征、语言行为、生理生化、中医体质等表型组的多样化规律，推动东亚人群的大健康研究。

方向成员：石乐明、昌军、钱峰、郑琰、王永明、谭婧泽、郑媛婷、林燕丹、胡薇、王敬文、杨燕萍

4) 一带一路人群的交流融合：

在一带一路共建国家中进行国际合作研究人群交流融合过程中的生物人类学和文化人类学演变规律。

方向成员：李辉、樊少华、Andres-Ruiz、韦兰海、Yerlan Ramankulov、Horolma Pamjav、Oleg Balanovsky、Maxat Zhabagin

李辉课题组

李辉，复旦大学生命科学学院教授、博导，现代人类学教育部重点实验室主任，亚洲人文与自然研究院院士，复旦大同中华民族寻根工程研究院院长，中国人类学民族学研究会理事，中国人类学学会理事，上海人类学学会常务副会长。

主要研究分子人类学，从 DNA 探索人类起源与文明肇始，被 Science 以《复活传奇》为题专版报道，应邀在联合国总部做文明起源报告。在 Science、Nature、PNAS 等期刊发表论文 290 多篇，揭示现代人 7 万年前在多峇巨灾推动下出非洲，适应不同环境形成 8 个地理种；中华民族因为数个农业起源点而聚合形成，5 千多年前融合成共同体；用茶叶显影中医经络体系，揭示人体体液循环通道和有机小分子组织特异性分配规律。



出版著作 26 部，包括《Y 染色体与东亚族群演化》《人类起源与迁徙之谜》等科学著作，《岭南民族源流史》等史学著作，《茶道经（译注）》等哲学著作，《自由而无用的灵魂》《紫宸词》等文学著作，翻译过《夏娃的七个女儿》《我的美丽基因组》等科学名著。

课题组成员：敖雪

博士生：俞雪儿、刘佳星、杜盼新、熊建雪、陶驿辰、苏明杰、任晓莹、桑思瑶；

硕士生：王露飞、周娟娟、邹叶韬、贾旻熙；

本科生：欧阳雨潇、许怡冉、黄子帅、包昊权、陶奎廷。

一、研究方向及简介

1. 分子人类学：包括人类群体的遗传多样化，社会文化、自然环境对基因组的影响等。
2. 生理人类学，解析东亚独特环境对人体生理机制的影响，及对心理、文化的作用。
3. 历史人类学，通过分子人类学与历史学、考古学的融合研究分析中华民族的形成过程。
4. 语言人类学：用计算生物学方法研究人类语言特征的多样化过程及与基因多样化的关系。
5. 法医人类学：通过人类精细遗传谱系进行个体的时空定位，追踪检材线索。

二、2021 年度研究进展

1. 从 Y 染色体梳理中华民族形成过程

东亚西起帕米尔高原,西南至喜马拉雅山脉,北至贝加尔湖,南达南中国海,孕育着各种民族、文化和语言。重建东亚人群的自然历史是遗传学、考古学、语言学及民族学等多个学科的共同使命。从遗传学角度来看,现代东亚人近期起源于非洲。解剖学意义的现代人产生于非洲,并在大约5万年前通过南方路线迁徙到东亚。约12000年前末次冰盛期结束,稻和粟在东亚的南部和北部分别被驯化,农业的兴起支撑了人口扩张和人群聚合,形成了初期的语系和族群。现代东亚人群的遗传结构和语言谱系之间的紧密关联,形成于约7800年前开始的新石器时代社会结构转变。大约5300年前,中国东北的红山文化人群南下扩张,推动其他文化人群大规模重组和迁移。部分人群迁移到偏远地区形成少数民族,在东亚的边缘和中心产生了遗传结构的差异。在中原地区,来自不同原始族群的人群融合形成了汉族的前身华夏族。这些重组的人群继续发展着来自母体的文化传统,最终构成中华文明。历史时期由北向南的人口迁移造成了由北向南梯度变化的遗传结构。观察东亚人群遗传结构的形成过程,亦有助于理解全球现代人类的自然历史。

2. 发现柯尔克孜族的双重起源

中国的柯尔克孜族和吉尔吉斯斯坦居民是一个操突厥类语言的独特族群。鉴于突厥族群往往由复杂的人群混合所形成的,柯尔克孜族的来源也值得单独研究。本研究通过Y染色体上高分辨率的108个SNP和17/24 STR对中国新疆298名柯尔克孜人进行分析。首先,通过Y-SNP频率进行PCA分析,我们可以看出中国西北的柯尔克孜族与境外吉尔吉斯人聚在一起,并且他们都处于西亚和中亚群体之间。第二,中国柯尔克孜族的Y染色体主要有R1a1a1b2a2a-Z2125和C2b1a3a1-F3796两种类型。前者与青铜时代的西伯利亚人密切相关,而后者源于中世纪尼伦蒙古的扩张。第三,通过NETWORK分析,我们又从上述两种Y染色体类型中发现了各自对应的晚近扩张支系。两个支系的最近共祖时间大致都位于13-14世纪。这一结果再次说明蒙古帝国扩张对中亚人群的遗传组成产生了重大影响。

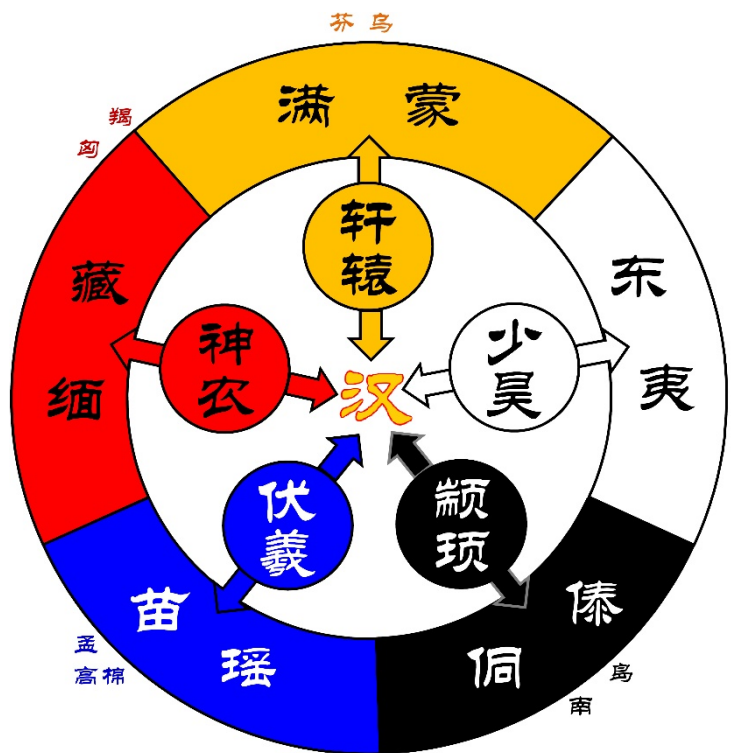
3. 在中国民族学会提出中国各族源于中华民族共同体

在中国民族学会高层论坛上,李辉做了大会主题报告,提出了中华民族共同体的新认识,得到了中国民族学界的一致好评。中华民族的主体起源于中国,那么在中国境内是否数个族群完全独立起源的呢?现在学界流行一种由“多元一体”理论过度异化而来的“中华民族多源说”。“多元一体”理论应该指的是农业和文化的起源有多元素,而后发展成一体化的民族集团。并不是民族有多个起源,更不是各个族群起源不同。我们现在所说的中华民族共同体的存在,从分子人类学角度,可以很容易证实这一点。

①中国各民族之间有大量共享谱系和同源谱系,远大于域外人群,中华民族有共同的遗传背景。中国目前的56个民族都与汉族有共享遗传世系,人口越多,

共享成分越多，例如藏族、蒙古族、维吾尔族都有很高比例的汉族主体的 Y 染色体 O-M134 类型。

②中国各语系各民族都是较晚历史中分化形成的，在新石器时代早期转型中，没有民族概念的散在采集狩猎人群渐渐聚合成了中华民族的雏形，没有现代式的民族分化和文化隔离。由于各地领导家族之间的政治博弈，部分人群迁到了边缘地区，才从主流人群中分离出来，渐渐形成少数民族。而留在中部地区的主要人群融合形成了汉族。这才有了民族的分化。所以中华民族是先融合再分化而形成的。中华民族不是多元的，而是一元的，考古中看到的文化区系只是次要的地方特色，是民族形成之前的族群初步聚合。中华民族因为先有“实”体，才能被命“名”，实在名前，是名被广泛接受的基础。



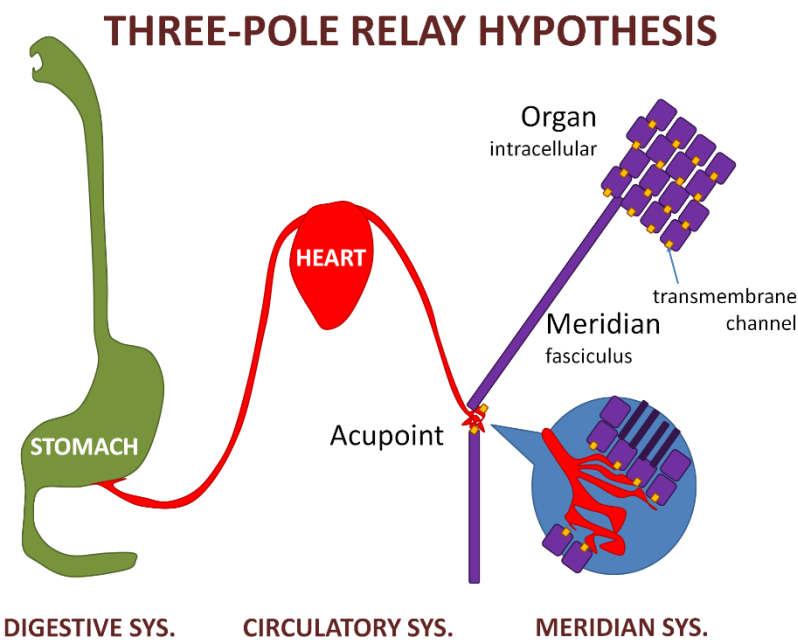
中华民族共同体起源的人群结构模式

4. 在博鳌亚洲论坛提出消化-循环-经络-脏腑细胞的三步传输分配假说和五营六养理论

在 6 月 1 日的博鳌亚洲论坛上，李辉做了中医现代化的报告，提出了基于经络解剖和功能的消化-循环-经络-脏腑细胞的三步传输分配假说。我们一直觉得中医是在哲学层面或者在技术层面上的学科,但实际上中医既然行之有效,它背后一定有科学原理,虽然有些科学原理我们暂时不知道,但是随着我们的深入研究一定可以一步一步把它揭示出来。特别是从我的生命科学角度的研究,认为我们的人体不存在没有结构的功能,所有的功能它必然是有结构来行使。

中医对人体最特别最核心的认知就是经络。复旦大学有研究经络结构的传统。因为我们相信经络既然有功能,一定有结构,不可能是幻想出来的。在“八五”、“九五”计划里面复旦大学就已经把经络两个问题搞清楚,一是在经络结构上，解剖

发现细胞通道,它是由胶原纤维素构造的密集纤维,外面包着细胞,一段一段连接形成的,所以它能够大量地输送水分和有机大分子,并且高效传递一个波段的红外辐射,所以它就承担了我们原来中医讲的经络的功能。二是穴位,穴位是一段一段经络连接的,而且还是大量毛细血管、神经末梢和淋巴等各种各样系统富集的部位。根据这些基础发现我们提出了经络的三步传输的假说。我们吃进去的药、食物,特别植物性的食物,里面含有一些特殊的有机分子,就是打开经络的钥匙。这些东西怎么传输?首先消化系统传到血液,血液传到全身,但是更多的是富集到了穴位上。穴位细胞的表面通道开了以后,大量的成份就输送进去,通过经络直接输送到脏腑里面,整个脏腑就开始活化。所有脏腑的细胞也可能有这个“钥匙”,细胞的内环境,包括里面的浊毒全部都开始排进来,营养就带进去,整个脏腑的功能就恢复平衡了。分配到不同经络不同脏腑细胞的有机分子,在我们对药物的分析中发现有着显著的规律。人体不同组织有不同生化功能,需不同有机小分子,按基团活性可分六类:酚 - 脑、小肠、膀胱;酸 - 大肠、胃、面、鼻、唇;胺 - 内分泌、卵巢、胆;酯 - 肺、乳、淋巴;苷 - 肝、眼、胸腺、松果体;酮 - 心、血、胰、肾、骨。因此我们提出:营养成分可以分成两类,有组织分配特异性的六养(上述六种),以及没有组织分配特异性的五营(脂肪、糖类、肽类、盐分、水分)。



小分子有机物特异性分配的三步传输模式

5.揭示太岁的生物学本质和人类学意义

太岁实体的记载最早出现于唐代。从现代中国第一个太岁的发现（1963 年）至 2015 年，太岁发现报告的总数达 228 份。2007 年，第一份太岁研究报告被发表。14 年间，太岁领域研究改变了人们对太岁的认知，也将太岁产品推向了消费市场。太岁并非单种菌体的观点目前已经被多项研究证实。然而，受到技术的

限制太岁中的物种组成依然没有确切的答案。太岁的物种组成研究不仅是太岁研究的基础，更是太岁生物学意义的体现。根据前人的研究成果，太岁和地衣有诸多相似点。地衣是典型的微生物共生体，同时也是共生关系研究的模型之一。而太岁是否像地衣一样具有稳定的核心微生物群落是判断太岁是否为微生物共生体的关键。

宏基因组分析结果显示：1.太岁中存在相对一致的区别于土壤的微生物群落，其中变形菌门（Proteobacteria）在所有太岁中普遍、稳定、优势地存在。2. 太岁微生物群中大部分分类单元在样本间共有，分类单元的相对丰度是样本间物种组成差异的主要来源。3. 太岁微生物群有区别于土壤微生物群的物种和功能组成方式，显示出独特的环境适应性。4. 太岁中存在稳定的核心微生物群落，群落成员间存在代谢转移。类比地衣细菌群落，太岁群落的物种和功能组成特征均符合太岁为微生物共生体的推断。在排除其他可能后，本研究认为复杂微生物共生体是目前对太岁最为合理的定义。

太岁本身兼具生物学意义和文化意义。目前对于太岁的生物学研究刚刚起步，太岁受到关注主要是因为人们赋予它的文化内涵，其文化意义甚至超越了其生物学意义。文化本身是人类社会的产物，文化人类学的研究范畴包括了人类创造的文化符号，而太岁是一种有对应生物载体的文化符号。太岁的宏基因组研究与文化人类学交叉，将为太岁文化研究提供宝贵资源。

宏基因组分析结果显示，太岁微生物群落有完整的亚精胺合成通路，这意味着太岁有合成亚精胺的潜力。研究显示，亚精胺可以诱导细胞的保护性自噬，并有包括抗氧化、抗炎和抗衰老在内的多种作用。在无脊椎动物模型和小鼠模型中，亚精胺延长寿命的作用均已经被证实。

目前，太岁提取物的抗衰老和抗癌作用已经被报导。在太岁崇拜文化中，人们认为太岁是一种延年益寿的仙药。介于古人对于死亡的恐惧和对“长生不老”的渴望，这些古籍中的描述可能有夸大的成分，但是这些记载都强调了太岁有强健身体，延长寿命的功效。综合太岁的宏基因组分析、太岁提取物在小鼠和大鼠模型中的研究以及太岁的文化特征，我们认为抗衰老和抗肿瘤可能是太岁药用研究的方向，而太岁中的亚精胺可能是太岁可以延年益寿的原因之一。宏基因组分析为太岁崇拜文化提供了部分现代生物学依据。

6. 组织人类学的精准养生系列科普

在《大学科普》组织“人类表型组与精准健康”主题专刊，系统性介绍人类学对人体结构功能的新认识以及日常生活习惯、饮食等等对群体健康的影响。

三、发表论文

1. WANG Lufei, LIU Yongli, LI Hui (2021)Mythology and Geography: A Historic Geographical Resolution of the Location of North Leading Mountain GHeng-Shan in Hunyuan or Quyang. **Proceedings of Mythology**, 5:161-175, Ba-Shu Book.

2. Liu Jiaying, Gu Xun, Li Hui (2021) Assembly of 97 novel bacterial genomes in the microbial community affiliated with polyvinyl alcohol in soil of northern China. **Biomed Research International**, in press.
3. Wang Lufei, Sang Siyao, Su Mingjie, Wang Simin, Li Hui(2021) Tea Flavonoids Inhibiting Multiple Proteins Related to SARS-Cov-2 Judged from Molecular Docking. **Frontiers in Molecular Medicine and Therapeutics**, 1(1):102.
4. Li Hui (2021) Perfect Match between genealogy and climate for modern human origin: Review of: "Climatic windows for human migration out of Africa in the past 300,000 years". *Qeios*. <https://doi.org/10.32388/A5D4TM>
5. Wen Shaoqing, Du Panxin, Sun Chang, Cui Wei, Xu Yiran, Meng Hailiang, Shi Meisen, Zhu Bofeng, Li Hui (2021) Dual origins of the Northwest Chinese Kyrgyz: the admixture of Bronze age Siberian and Medieval Niru'un Mongolian Y chromosomes. **Journal of Human Genetics**. in press.
6. Meng Hao, Weilin Pu, Yi Li, Shaoqing Wen, Chang Sun, Yanyun Ma, Hongxiang Zheng, Xingdong Chen, Jingze Tan, Guoqing Zhang, Menghan Zhang, Shuhua Xu, Yi Wang, Hui Li, Jiucun Wang, Li Jin(2021) The HuaBiao Project: Whole-Exome Sequencing of 5,000 Han Chinese Individuals. **Journal of Genetics and Genomics**, in press.
7. Darren Curnoe, Hong-chun Li, Bo-yan Zhou, Chang Sun, Pan-xin Du, Shao-qing Wen, Xue-feng Sun, Hui Li (2021) Reply to Martín-Torres et al. and Higham and Douka: Refusal to acknowledge dating complexities of Fuyan Cave strengthens our case. **PNAS**, 118 (22) e2104818118.
8. YU Xueer, LI Hui (2021) Origin of ethnic groups, linguistic families, and civilizations in China viewed from the Y chromosomes. **Molecular Genetics and Genomics**, 296:783–797.
9. Siobhán M. MATTISON, Chun-Yi SUM, Adam Z. REYNOLDS, Gabrielle D. BACA, Tami BLUMENFIELD, Sara NIEDEBALKI, Ruizhe LIU, Meng ZHANG, Lige LIU, Lin WEI, Mingjie SU, Hui LI, Mary K. SHENK, Katherine WANDER (2021) Using evolutionary theory to hypothesize a transition from patriliney to matriliney and back again among the ethnic Mosuo of Southwest China. **Matrix: A Journal for Matricultural Studies**, 2(1):90-117.
10. Chuan-Chao Wang, Hui-Yuan Yeh, Alexander N. Popov, Hu-Qin Zhang, Hirofumi Matsumura, Kendra Sirak, Olivia Cheronet, Alexey Kovalev, Nadin Rohland, Alexander M. Kim, Swapan Mallick, Rebecca Bernardos, Dashtseveg Tumen, Jing Zhao, Yi-Chang Liu, Jiun-Yu Liu, Matthew Mah, Ke Wang, Zhao Zhang, Nicole Adamski, Nasreen Broomandkhoshbacht, Kimberly Callan, Francesca Candilio, Kellie Sara Duffett Carlson, Brendan J. Culleton, Laurie Eccles, Suzanne Freilich, Denise Keating, Ann Marie Lawson, Kirsten Mandl, Megan Michel, Jonas Oppenheimer, Kadir Toykan Özdoğan, Kristin Stewardson, Shaoqing Wen, Shi Yan, Fatma Zalzala, Richard Chuang, Ching-Jung Huang, Hana Looh, Chung-Ching Shiung, Yuri G. Nikitin, Andrei V. Tabarev, Alexey A. Tishkin, Song Lin, Zhou-Yong Sun, Xiao-Ming Wu, Tie-Lin Yang, Xi Hu, Liang Chen, Hua Du, Jamsranjav Bayarsaikhan, Enkhbayar Mijiddorj, Diimaajav Erdenebaatar, Tumor-Ochir Iderkhangai, Erdene Myagmar, Hideaki Kanzawa-Kiriyama, Masato Nishino, Ken-ichi Shinoda, Olga A. Shubina, Jianxin Guo, Wangwei Cai, Qiongying Deng, Longli Kang, Dawei Li, Dongna Li, Rong Lin, Nini, Rukesh Shrestha, Ling-Xiang Wang, Lanhai Wei, Guangmao Xie, Hongbing Yao, Manfei Zhang, Guanglin He, Xiaomin Yang, Rong Hu, Martine Robbeets, Stephan Schiffels, Douglas J. Kennett, Li Jin, Hui Li, Johannes Krause,

- Ron Pinhasi, David Reich (2021) Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia. **Nature**, <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2>
11. Sun Xue-feng, Wen Shao-qing, Lu Cheng-qiu, Zhou Bo-yan, Curnoe Darren, Lu Hua-yu, Li Hong-chun, Wang Wei, Cheng Hai, Yi Shuang-wen, Jia Xin, Du Pan-xin, Xu Xing-hua, Lu Yi-ming, Lu Ying, Zheng Hong-xiang, Zhang Hong, Sun Chang, Wei Lan-hai, Han Fei, Huang Juan, Edwards R. Lawrence, Jin Li, Li Hui (2021) Ancient DNA and multi-method dating confirm the late arrival of anatomically modern humans in southern China. **PNAS**, 118 (8) e2019158118.
 12. Jin Wenli, Tao Yichen, Wang Chen, Wang Lufei, Ao Xue, Su Mingjie, Hu Binwei, Ouyang Yuxiao, Liu Jiaying, Li Hui (2021) Infrared imageries of human body activated by teas indicate the existence of meridian system. **Phenomics**, in press.
 13. 田恬, 戴铭炫, 李辉(2021)古诗词中的"茶科学". 大学科普.
 14. 王露飞, 李辉(2021)铜壶滴水法冲泡绿茶. 大学科普.
 15. 桑思瑶, 李辉(2021)极简最优烹茶之道. 大学科普.
 16. 李辉(2021)用茶叶实现经络可视化. 大学科普.
 17. 李辉(2021)在系统进化中看人类和文明的演变规律. 大学科普.
 18. 李辉(2021)中华民族共同体的起源与民族聚合同步. 中国民族学学会高层论坛——铸牢中华民族共同体意识与新时代中国民族学发展与协同创新学术研讨会. 中国广州, 广东技术师范大学, 2021 年 10 月 16 日. 第 10-23 页.
 19. 李辉(2021)消化-循环-经络-脏腑细胞的三步传输分配假说和茶道实证. 博鳌亚洲论坛第二届全球健康博览会中医药健康论坛. 中国青岛 2021 年 6 月 1-4 日.
 20. 周娟娟, 李辉(2021)丹尼索瓦人长啥样. 世界科学, 44(9):44-46.
 21. 李辉(2021)不想做基因的老中医不是好人类学家. 见: 徐杰舜, 韦小鹏. 新生代人类学家之路. 北京: 学苑出版社, 197-218.
 22. 李辉(2021)"龙人"身份为何仍然存疑. 世界科学, 44(8):1.
 23. 王露飞, 李辉(2021)大蒜真的能预防疾病吗? 大学科普 15(2):82-84.
 24. 李辉(2021)看见经络. 环球, 774(8):54-56.

四、专著

《茶道经译注》作者: 李辉 (紫晨) (2021) 上海: 复旦大学出版社。
书号: ISBN978-7-309-14966-1

五、获奖

《茶道经译注》, 获 2021 年上海市“优秀科普图书”。

钱峰课题组

钱峰，复旦大学人类表型组研究院副研究员，博士生导师。复旦大学现代人类学教育部重点实验室副主任，上海国际人类表型组研究院免疫表型组研究所副所长。以免疫生物学为主要研究方向，近年来获得国家基金委、教育部等项目资助。在 *EMBO J*, *mBio*, *Aging Cell*, *Curr Opin Immunol* 等期刊发表 SCI 论文 50 余篇，论文累计引用 2000 余次。



课题组成员：王瑞

一、研究方向及简介

- ✧ 免疫组学新技术新方法开发及其应用
- ✧ 基于免疫组学的免疫衰老及肿瘤免疫表型特征研究
- ✧ 病原微生物与宿主免疫系统的相互作用及其分子机制研究

二、2021 年度工作概况

1. 建立人体免疫表型测量体系

建立 6 个高维多色流式 Panel 为基础的免疫细胞精细分型方案，可对单核细胞、粒细胞、自然杀伤细胞、树突状细胞、T 细胞、B 细胞进行精细分型，并可对不同免疫细胞的活化状态、成熟阶段、功能发挥等进行更进一步的评估，从而达到对人体免疫表型的全面表征。基于该免疫细胞精细分型技术体系，本团队联合上海市计量测试技术研究院起草提出了两项团队标准，分别为人体外周血单核细胞群体的流式细胞检测法和人体外周血自然杀伤细胞和自然杀伤 T 细胞亚群的流式细胞术检测法。

2. 开展基于免疫组学的免疫衰老研究

基于本团队构建的免疫细胞精细分型方案，实现对人体免疫衰老表型的全面解析。研究人体免疫细胞随年龄增加的重要变化指标与变化规律，提出了一种免疫衰老的全面评估方法。通过对免疫年龄的计算反映机体的免疫衰老状态，使用固有免疫细胞与适应性免疫细胞的细胞比例或功能作为指标，建立人体免疫衰老状态评估模型，实现对人免疫年龄的综合评估与免疫健康监测。

三、发表论文(*corresponding author, # co-first author)

1. Yang Y, Chai X, Xin W, Wang D, Dai C, Qian F#, Yang T#. (2021) Generation and characterization of a high-affinity chimeric anti-OX40 antibody with potent anti-tumor activity. *FEBS Lett.* 2021 Jun;595(11):1587-1603. doi: 10.15252/embj.2020105896.

四、专利

1. 钱峰、韩旭凌、高健，一种免疫衰老评估方法（专利申请号：202111034169.5，申请日期：2021.9.4）。
2. 钱峰、高健、罗雅丽、韩静轩，确定新冠疫苗介导的保护免疫力应答状态的方法（专利申请号：202111050925.3，申请日期：2021.9.8）。

谷迅课题组

谷迅，博士生导师，国家特聘专家(教授)(“千人计划”)。1985年获复旦大学遗传学学士学位，1987年获复旦大学遗传学硕士学位，1996年获德州大学遗传学博士学位。1996年至1998年在宾夕法尼亚州立大学分子进化遗传研究所从事博士后研究工作，1998年起在爱荷华州立大学遗传发育与细胞生物学学系从事有关分子进化和基因组学科研和教学工作。2001年获杜邦青年教员奖、获NIH和NSF多项资助。2004年获中国国家杰出青年基金海外合作项目。



曾受聘“长江学者奖励计划”讲座教授；获国家自然科学基金委杰出青年基金海外合作基金、杜邦青年教员奖。主要研究方向是进化基因组学、生物学系统的复杂性演化、生物信息学和计算生物学。在Science、Nature、Nature Genetics等杂志上发表论文120余篇。担任Genetica, Journal of Experimental Zoology B杂志编委。

一、研究方向及简介

1. 进化基因组学基础理论研究

- 1)进化基因组学统计理论与方法；
- 2)关于生物复杂性的进化遗传学理论框架。

2. 生物信息学和计算生物学

- 1)蛋白质家族功能和表达谱的分化；
- 2)转录组的进化；
- 3)基因组及蛋白质组的进化；
- 4)生物信息学和计算生物学在生物医学等交叉研究领域的应用。

二、2021年度研究进展

本年度的主要成果为已接收的一篇祖先节点转录组推断的方法学文章，发表在Methods。正在投稿的文章有我们开发的软件包SNIPER可以用于预测改变RNA二级结构的体细胞突变，以及在癌症基因组上显著富集/缺失此类突变的区域。这类区域可能在癌症的发生发展过程中有重要的作用。

石乐明课题组

石乐明，国家特聘专家(千人计划入选者)，复旦大学生命科学学院教授、药物基因组学研究中心主任、复旦-张江临床基因组学联合研究中心主任；迄今发表学术论文 200 多篇(其中 11 篇发表于 Nature Biotechnology)。领导的关于基因芯片和新一代测序质量控制标准和应用的 MAQC/SEQC 大型国际合作研究计划，获 4 项创新药物化合物美国专利授权；多次获美国 FDA 局长颁发的奖励，包括杰出科学合作奖(2011)、合作奖(2008)、特殊贡献奖(2005)。2010 年作为国家特聘专家，是中组部“千人计划”第三批入选者。



课题组成员：郑媛婷、郁颖、侯湾湾、杨竞成、任路瑶、顾海英

一、研究方向及简介

从事药物基因组学、精准医学、医学大数据、生物信息学及化学信息学等方面的研究和开发工作，旨在提高新药研发的成功率和药物临床应用的有效率。

二、2021 年度研究进展

1. ISO 国际标准草案《高通量基因表达数据可靠性评价标准》正式发布

石乐明课题组团队提交了我国第一个基因组测序领域的 ISO TC215 国际标准，建立了高通量基因表达可靠性的评估标准，并于 2021 年 10 月 25 日正式发布。在高通量基因表达数据无法量值溯源的情况下，该标准草案确立了以多类标准样本间差异检出能力为核心质量评估指标的国际标准。同时，该标准草案还明确了采用标准物质进行性能评价的方法，以及在临床大队列研究中监控和校正批次效应的方法，为提高高通量基因表达数据的可靠性提供质量保证体系。

2. 研究影响肿瘤体细胞突变检出结果准确性的因素

由美国食品药品监督管理局(FDA)牵头，历时 5 年多，石乐明团队深度参与的国际组学数据质量控制联盟第四期(MAQC-IV，亦称“测序质量控制第二期 SEQC2”，本年度发表系列文章，石乐明课题组共同领导其中 5 篇论文，2 篇发表于 Nature Biotechnology (IF 54.9)，3 篇发表于 Genome Biology (IF 12.7)。通过建立和使用一系列基因组参考物质，SEQC2 对众多 NGS 平台和生物信息学方法在体细胞和胚系突变、拷贝数变异、肿瘤靶向测序和液态活检、单细胞测序等多个应用场景的性能进行了系统研究。Springer Nature 建立了专门的网站予以重点介绍 SEQC2 系列工作：<https://www.nature.com/collections/fjhdjcdefg>。

同期配发了 NBT 主编 Andrew Marshall 博士撰写的社论以及由斯坦福大学教授 Marc Salit (原美国 NIST GIAB 项目负责人)和美国 FDA 执行局长 Janet

Woodcock 合作撰写的评论文章。Marshall 认为, 自 2005 年启动以来, MAQC 从根本上改变了基因组数据分析的实践, 是共享利他和开放科学的绝妙例子, 应成为其它快速发展的技术领域努力学习的样板。Salit 和 Woodcock 认为, MAQC 为期 16 年的国际合作项目, 提升了人们对基因组数据可靠性的信心, 直接促进了监管科学的发展, 证明监管科学可以促进新技术的快速推广和临床使用, 正支撑着精准医学领域的许多药物和诊断设备的上市申报。作者还指出, MAQC 是促进技术成功转化的一个重大案例, 希望其成功将在更多研究领域得以复制, 克服从技术到产品转化过程中的障碍。

三、发表文章(*corresponding author, # co-first author)

- 1 **Xiao W^{*, #}**, **Ren L[#]**, Chen Z, Fang LT, Zhao Y, Lack J, Guan M, Zhu B, Jaeger E, Kerrigan L, Blomquist TM, Hung T, Sultan M, Idler K, Lu C, Scherer A, Kusko R, Moos M, Xiao C, Sherry ST, Abaan OD, Chen W, Chen X, Nordlund J, Liljedahl U, Maestro R, Polano M, Drabek J, Vojta P, Kõks S, Reimann E, Madala BS, Mercer T, Miller C, Jacob H, Truong T, Moshrefi A, Natarajan A, Granat A, Schroth GP, Kalamegham R, Peters E, Petitjean V, Walton A, Shen TW, Talsania K, Vera CJ, Langenbach K, de Mars M, Hipp JA, Willey JC, Wang J, Shetty J, Kriga Y, Raziuddin A, Tran B, Zheng Y, Yu Y, Cam M, Jailwala P, Nguyen C, Meerzaman D, Chen Q, Yan C, Ernest B, Mehra U, Jensen RV, Jones W, Li JL, Papas BN, Pirooznia M, Chen YC, Seifuddin F, Li Z, Liu X, Resch W, Wang J, Wu L, Yavas G, Miles C, Ning B, Tong W, Mason CE, Donaldson E, Lababidi S, Staudt LM, Tezak Z, Hong H, **Wang C^{*}**, **Shi L^{*}**. (2021) Toward best practice in cancer mutation detection with whole-genome and whole-exome sequencing. **Nat Biotechnol.** 2021; 39(9):1141-1150.
- 2 Fang LT[#], Zhu B[#], Zhao Y[#], Chen W, Yang Z, Kerrigan L, Langenbach K, de Mars M, Lu C, Idler K, Jacob H, Zheng Y, Ren L, Yu Y, Jaeger E, Schroth GP, Abaan OD, Talsania K, Lack J, Shen TW, Chen Z, Stanbouly S, Tran B, Shetty J, Kriga Y, Meerzaman D, Nguyen C, Petitjean V, Sultan M, Cam M, Mehta M, Hung T, Peters E, Kalamegham R, Sahraeian SME, Mohiyuddin M, Guo Y, Yao L, Song L, Lam HYK, Drabek J, Vojta P, Maestro R, Gasparotto D, Kõks S, Reimann E, Scherer A, Nordlund J, Liljedahl U, Jensen RV, Pirooznia M, Li Z, Xiao C, Sherry ST, Kusko R, Moos M, Donaldson E, Tezak Z, Ning B, Tong W, Li J, Duerken-Hughes P, Catalanotti C, Maheshwari S, Shuga J, Liang WS, Keats J, Adkins J, Tassone E, Zismann V, McDaniel T, Trent J, Foox J, Butler D, Mason CE, **Hong H^{*}**, **Shi L^{*}**, **Wang C^{*}**, **Xiao W^{*}**. (2021) Establishing community reference samples, data and call sets for benchmarking cancer mutation detection using whole-genome sequencing. **Nat Biotechnol.** 2021; 39(9):1151-1160.
- 3 Gong B[#], Li D[#], Kusko R[#], Novorodovskaya N, Zhang Y, Wang S, Pabón-Peña C, Zhang Z, Lai K, Cai W, LoCoco JS, Lader E, Richmond TA, Mittal VK, Liu LC, Johann DJ Jr, Willey JC, Bushel PR, Yu Y, Xu C, Chen G, Burgess D, Cawley S, Giorda K, Haseley N, Qiu F, Wilkins K, Arib H, Attwooll C, Babson K, Bao L, Bao W, Lucas AB, Best H, Bhandari A, Bisgin H, Blackburn J, Blomquist TM, Boardman L, Burgher B, Butler DJ, Chang CJ, Chaubey A, Chen T, Chierici M, Chin CR, Close D, Conroy J, Cooley Coleman J, Craig DJ, Crawford E, Del Pozo A, Deveson IW, Duncan D, Eterovic AK, Fan X, Foox J, Furlanello C,

- Ghosal A, Glenn S, Guan M, Haag C, Hang X, Happe S, Hennigan B, Hipp J, Hong H, Horvath K, Hu J, Hung LY, Jarosz M, Kerkhof J, Kipp B, Kreil DP, Łabaj P, Lapunzina P, Li P, Li QZ, Li W, Li Z, Liang Y, Liu S, Liu Z, Ma C, Marella N, Martín-Arenas R, Megherbi DB, Meng Q, Mieczkowski PA, Morrison T, Muzny D, Ning B, Parsons BL, Paweletz CP, Pirooznia M, Qu W, Raymond A, Rindler P, Ringler R, Sadikovic B, Scherer A, Schulze E, Sebra R, Shaknovich R, Shi Q, Shi T, Silla-Castro JC, Smith M, López MS, Song P, Stetson D, Strahl M, Stuart A, Supplee J, Szankasi P, Tan H, Tang LY, Tao Y, Thakkar S, Thierry-Mieg D, Thierry-Mieg J, Thodima VJ, Thomas D, Tichý B, Tom N, Garcia EV, Verma S, Walker K, Wang C, Wang J, Wang Y, Wen Z, Wirta V, Wu L, Xiao C, Xiao W, Xu S, Yang M, Ying J, Yip SH, Zhang G, Zhang S, Zhao M, Zheng Y, Zhou X, Mason CE, Mercer T, Tong W, **Shi L***, **Jones W***, **Xu J***. (2021)Cross-oncopanel study reveals high sensitivity and accuracy with overall analytical performance depending on genomic regions. **Genome Biol.** 2021; 22(1):109.
- 4 Pan B[#], Ren L[#], Onuchic V[#], Guan M[#], Kusko R[#], ..., Shi L, ..., Tong W, Xiao W, **Zook JM***, **Zheng Y***, **Hong H***.(2021)Assessing reproducibility of inherited variants detected with shortread whole-genome sequencing.**Genome Biol.**Accepted 2021.
- 5 Khayat MM, Sahraeian SME, Zarate S, Carroll A, Hong H, Pan B, Shi L, Gibbs RA, Mohiyuddin M, **Zheng Y***, **Sedlazeck FJ***.(2021)Hidden biases in germline structural variant detection. **Genome Biol.**In press 2021.

汪海健课题组

汪海健，教授。2003 年获军事医学科学院细胞生物学专业博士学位。曾获教育部新世纪人才(2007)、上海市科技启明星(2007)及跟踪(2012)、普林斯顿高等研究院求是研究学者(2009)、上海市浦江人才(2011)、王宽诚教育基金会学术讲座学者(2013)。主要研究方向是药物基因组学、肿瘤流行病学、表观遗传学。



一、主要研究方向

肿瘤遗传学与基因组学、表型组学与流行病学、基因组医学与进化。

二、2021 年度研究进展

1. 铂类转运体基因 *SLC31A1* 和 *ABCG2* 多态性的交互作用与晚期非小细胞肺癌铂类化疗的临床预后关联

铂类药物联合化疗是晚期非小细胞肺癌（NSCLC）的一线疗法，但疗效和毒副作用存在较大个体差异，其部分遗传学基础是铂类药物代谢转运相关基因的功能多态性，它们可以影响转运体表达水平和药物组织浓度及治疗效果。我们前期鉴定了介导铂摄入的 *SLC31A1* 转运体基因 3'UTR 的 rs10759637 可影响 miRNA 的调控作用，进而与铂类联合化疗生存期降低关联（*Oncotarget* 2018）。基于一千余例的接受铂类一线药物化疗的晚期 NSCLC 病人样本，我们分析了介导铂外排的 *ABCG2* 转运体基因的序列变异与化疗临床结局的关联，发现编码区错义位点 rs2231142、内含子区 rs1871744 以及它们的单倍型和二倍体与客观缓解显著相关，并且 rs1871744 基因型与 *SLC31A1* 的 rs2233914 基因型的组合与较差客观缓解显著相关。内含子区 rs4148157 变异基因型与总生存期较短相关，且它和 *SLC31A1* rs10759637 的交互作用与较差的总生存期相关。

因此，我们揭示了铂类摄入与泵出转运体 *SLC31A1* 和 *ABCG2* 的基因交互作用与 NSCLC 铂类化疗临床结局相关，为晚期 NSCLC 患者尤其是一些特定组群患者的铂类药物联合化疗的个性化用药提供了新的潜在的遗传药理学分子标志物。（*Journal of Cancer* 2021;12(5):1270-1283）

2. 组蛋白 H3K27 甲基化酶 *EZH2* 和去甲基化酶 *JMJD3* 调控肝星状细胞活化和肝纤维化

肝纤维化是慢性肝病的重要阶段，肝星状细胞（HSC）活化是肝纤维化中心环节，表观遗传重编程是其重要生物学基础。我们之前建立了体内靶向 HSC 干预基因表达的方法（复旦学报（医学版）2015；*Hum Gene Ther* 2019），并阐明了 H3K9 去甲基化酶 *JMJD1A* 对肝纤维化的功能（*FASEB J* 2015）。最近还发现，H3K27 甲基化酶 *EZH2* 和去甲基化酶 *JMJD3* 在 HSC 活化中呈相反的表达趋势，

EZH2 促进 HSC 活化而 JMJD3 抑制活化, EZH2 小分子抑制剂 DZNep 和人工合成 microRNA(miRNA)重组慢病毒靶向 HSC 敲低 EZH2 均可减轻小鼠肝纤维化, 并鉴定了 TGF- β 1 假受体 BAMBI、抗炎细胞因子 IL10、细胞周期调节子 p21、GADD45A 和 GADD45B 的编码基因均是受 EZH2 和 JMJD3 表观遗传调控的直接靶基因。因为 TGF- β 1 和 IL10 等分子对包括肝脏在内多个器官组织纤维化有重要作用, 该发现还提示了 H3K27 甲基化修饰酶对跨器官组织纤维化的共性调控意义。(Theranostics 2021;11(1):361-378)

三、发表文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Wang L, Sun C, Li X, Mao C, Qian J, Wang J, Wu J, Li Q, Bai C, Han B, Gao Z, Xu J, Yin J, Liu Z, Lu D, Jin L, Wang H*. (2021)A pharmacogenetics study of platinum-based chemotherapy in lung cancer: *ABCG2* polymorphism and its genetic interaction with *SLC31A1* are associated with response and survival.*J Cancer*2021; 12(5):1270-1283.
2. Jiang Y, Xiang C, Zhong F, Zhang Y, Wang L, Zhao Y, Wang J, Ding C, Jin L, He F*, Wang H*. (2021)Histone H3K27 methyltransferase EZH2 and demethylase JMJD3 regulate hepatic stellate cells activation and liver fibrosis. *Theranostics* 2021; 11(1):361-378.

四、专利

获授权国家发明专利 1 项。

专利名称: 靶向肝星状细胞敲低 Pdgfr β 和 T β rII 基因的人工 miRNA 及其载体系统。。

专利号: ZL201810009392.6。

专利申请日: 2018 年 1 月 5 日。

授权公告日: 2021 年 9 月 7 日。

发明人: 汪海健, 贺福初, 姜燕, 赵园园。

专利权人: 复旦大学。

李士林课题组

李士林，教授，研究员，博士生导师。现任复旦大学生命科学学院教授、生物医学研究院研究员、中国遗传学会法医委会秘书长、中国优生优育协会理事。现主要从事群体遗传、法医遗传学的科研工作。主持和参与了多个国家自然科学基金项目及国家重大科研项目；另外，发表文章九十余篇。

课题组成员：殷才湧、苏开元、任一杰、田君哲、范辰韵、金鑫、贺子唯、汤真



一、研究方向及简介

1. 对于高分辨的 SNP 遗传标记新体系进行系统认证,进一步通过构建覆盖中国主要人群的 DNA 数据库,大幅度提高判定现场检材的民族来源、群体来源和个体来源的能力和形态特征刻画能力;
2. 对于 Dip-STR 位点,研究在混合斑及复杂检材 DNA 的分析方法,建立检测标准,为解决实际案例提供科学依据;
3. 在人类表型组研究领域,开展人类暴力行为预警模型,在南北汉族、新疆地区维族、云南省各少数民族地区,完成中国人暴力心理行为调查量表的探索性和认证性研究;
4. 从事群体遗传学、法医遗传学、及法医学领域各种应用试剂盒研发等科研工作。

二、2021 年度研究进展

1. 基于常染色体 STR 数据对西北少数民族进行族群来源推断;申报软件专利一项;
2. 基于 Y-STR 数据来推测 Y-SNPs 单倍群的应用性研究,在中国云南昭阳汉族男性群体进行验证;利用 Y-SNPs 单倍群提高 Y-STR 单倍型男性家系分辨率;通讯作者发表一篇 SCI 论文。

三、发表文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Caiyong Yin#, Ziwei He#, Yi Wang, Xi He, Xiao Zhang, Mingying Xia, Dian Zhai, Kaichuang Chang, Xueyun Chen, Xingneng Chen, Feng Chen, Li Jin *, Shilin Li*(2021)Improving the regional Y-STR haplotype resolution utilizing haplogroup-determining YSNPs and the application of machine learning in Y-SNP haplogroup prediction in a forensic Y-STR database: A pilot study on male

2021 年报

Chinese Yunnan Zhaoyang Han population.**Forensic Sci Int Genet. Review**
(IF=4.882)

四、教学工作

“人类进化”上海市精品课程复旦大学本科生通识教育课

“法医人类学”复旦大学生命科学学院本科生课程

“法医血清学”复旦大学本科生通识教育课

五、其他工作

2021 年 10 月 9 日参加上海市公安局浦东区公安机关 DNA 技术培训班并做大会主旨发言；

参与 2020 年上海市英才计划，作为辅导导师；并与浦东区公安局建立复旦大学生命科学学院科研及人才联合培养基地；培养淄博市公安局生物工程硕士一名和闵行区公安局生物工程博士一名。

王永明课题组



复旦大学生命科学学院研究员。2001 年本科毕业于兰州大学生命科学学院；2004 硕士毕业于东北师范大学生命科学学院，导师为刘宝教授。2005-2010 年在德国马克思戴尔布吕克分子医学中心（MDC）师从 Zsuzsanna Izsvak 教授研究睡美人转座子，取得了柏林自由大学博士学位。2010-2013 年在斯坦福大学从事博士后研究，用基因编辑技术结合多能干细胞技术研究心肌病，导师为 Joseph Wu 教授。目前主要从事新型 CRISPR 工具开发与基因治疗研究。主持 3 项国家自然科学基金面上项目，参与 3 项国家重点研发项目。

课题组成员：李苗苗。

博士生：齐涛、魏京京、王瑶、刘靓童、王添翼、周桓羽；

硕士生：高思琪、侯凌慧、毛惠琳、陶晨、陈帅威、刘晓雨。

一、研究方向及简介

1. 利用本课题组开发的 GFP 报告系统，从自然界中大量筛选 CRISPR 系统，用于基因编辑技术。
2. 利用基因编辑技术进行心肌病的基因治疗。；

二、2021 年度研究进展

1. 筛选出编辑范围大的 CRISPR 工具

CRISPR/Cas9 被誉为“基因魔剪”，是基因编辑的利器，在基础研究、农业育种和基因治疗等领域得到了广泛应用。但是 CRISPR/Cas9 编辑的位点需要有一个叫做 PAM 的序列，限制了编辑范围。常用的 SpCas9 编辑范围广，活性高，但是其基因较大，给病毒载体递送带来困难。常用的 SaCas9 基因小，但是编辑范围小。其他 Cas9 活性低，应用较少。为了找到理想的 Cas9 工具酶，本课题组建立了大规模筛选 Cas9 的平台，对自然界中数百种 Cas9 进行系统性筛查。本团队开发出了 SlugCas9、ShaCas9、SlutrCas9、Sa-SlugCas9、SchCas9 等工具，扩大了编辑范围，丰富了基因编辑工具库。为了方便研究人员选择合适的工具酶使用，本团队对开发的 7 种工具酶和 SaCas9 的活性和精准性进行了比较。综合看，SlugCas9-HF 在编辑活性、精准性和编辑范围都具有优势。SchCas9 识别简单的 NNGR（R=A/G）PAM，编辑范围最大

2. 利用 CRISPR 工具治疗心肌病

联合东南大学柴人杰课题组在 Advanced Science 上发表了题为 Compact SchCas9 Recognizes the Simple NNGR PAM 的研究论文，该研究从 16 个 SaCas9

的直系同源物中筛选到了多个有编辑活性的 Cas9。其中 SchCas9 含有 1054 个氨基酸，识别 NNGR PAM，是目前编辑范围最大的小型 CRISPR 工具，平均每 4 个碱基就有一个编辑位点。与之前的小型 Cas9 相比，编辑范围扩大了一倍，基因治疗及基础研究提供了新的基因编辑工具。

三、发表文章

1. Shuai Wang, Huilin Mao, Linghui Hou, Ziyang Hu, Yao Wang, Tao Qi, Chen Tao, Yuan Yang, Chengdong Zhang, Miaomiao Li, Huihui Liu, Shijun Hu, Renjie Chai*, **Yongming Wang***. (2021) Compact SchCas9 Recognizes the Simple NNGR PAM. **Advanced Science**. e2104789.
2. Ziyang Hu, Chengdong Zhang, Daqi Wang, Siqi Gao, Yongming Wang*, Wei V. Zheng*. (2021) A Highly Sensitive GFP Activation Assay for Detection of DNA Cleavage in Cells. **Front Cell Dev Biol**.
3. Ma SH#, Jiang WJ#, Liu XJ#, Lu WJ, Qi T, Wei JJ, Wu FJ, Chang Y, Zhang SY, Song YB, Bai R, Wang JB, Lee A, Zhang HJ*, Wang YM*, Lan F* (2021) Efficient Correction of a Hypertrophic Cardiomyopathy Mutation by ABEmax-NG. **Circulation Research**. 129(10):895-908.
4. Hu ZY #, Zhang CD#, Wang S, Gao SQ, Wei JJ, Li MM, Hou LH, Mao HL, Wei YY, Qi T, Liu HM, Liu D, Lan F, Lu DR, Wang HY*, Li JX*, Wang YM* (2021) Discovery and engineering of small SlugCas9 with broad targeting range and high specificity and activity. **Nucleic Acids Research**. 49(7):4008-4019.

谭婧泽课题组

负责主持国家自然科学基金面上项目“汉族体质形态特征的南北差异及其形成的遗传机制”；参与国家自然科学基金重大研究计划集成项目“不同时期遗传混合对东亚、东南亚等地区人群基因多样性的影响及其适应机制”，参与科技部科技基础性工作专项“中国各民族体质人类学表型特征调查”，负责子课题二“中国汉族体质人类学系统表型特征调查”。



课题组成员：管海娟、陆九正、曹恺心、祝海歌、杨晨

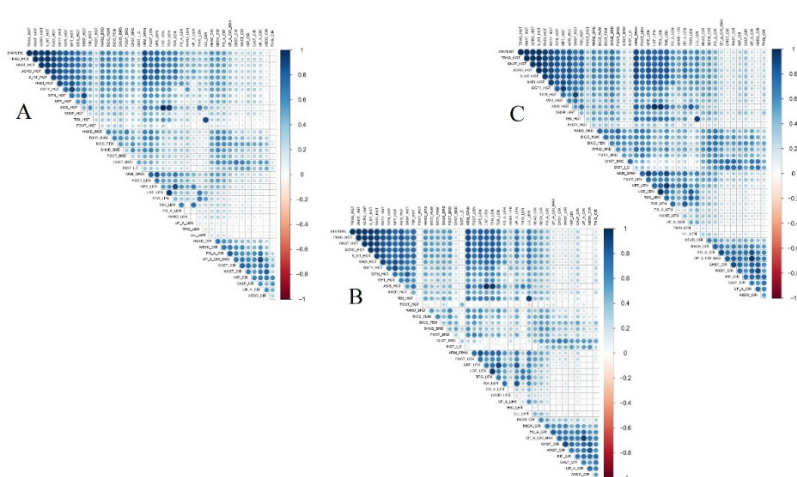
一、主要研究方向

1. 现代人和古代人体质人类学研究
2. 人类表型组学研究
3. 古代人骨 DNA 研究

二、2021 年度研究进展

1、汉族人群体部测量表型的相关性

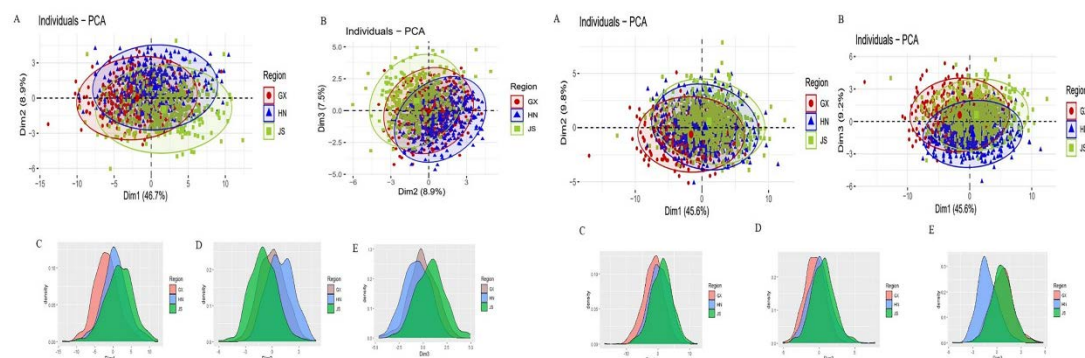
对 2015~2019 年采集的南方（广西南宁）、北方（河南郑州）、中部（江苏泰州）3 个地区汉族人群，共计 3003 例样本（男 1186 例，女 1817 例）的 42 项体部测量表型，进行 Pearson 线性相关分析。结果显示：汉族人群体部的高度表型之间、高度与长度表型之间、长度表型之间、围度表型之间具有较强的正相关性，而宽度表型之间、宽度与高度表型之间、宽度与长度表型之间、宽度与围度表型之间具有中等程度的正相关性，围度与高度、长度表型之间则具有较弱的正相关性。结论：体部测量表型间的相关性反映了人体部分特征发育的关联性与规律性，同时相关性在人群间存在明显的差异，可为后期复合表型的遗传学研究提供数据支撑，有助于深入探讨复杂性状的遗传学机制。



三个汉族人群 42 项体表测量表型间的相关性分析 (A: 广西; B: 江苏; C: 河南)
颜色越蓝表明表型间正相关性越强, 颜色越红表明负相关性越强

2、汉族人群肢体测量表型的地区性差异

于 2015~2019 年采集了广西南宁、河南郑州和江苏泰州 3 个地区汉族成人样本的 31 项肢体测量表型, 样本量共计 3003 例 (男 1186 例, 女 1817 例)。对各项肢体测量表型进行性别差异分析、年龄与表型间相关性分析及地区间差异分析, 并基于肢体表型个体数据的主成分分析, 提取出具有显著地区差异的肢体表型, 用于精细刻画 3 个地区汉族人群的体质特征。结果显示: 3 个汉族人群的绝大多数肢体表型在性别和地区间差异均存在统计学意义, 年龄与部分表型之间存在正或负相关关系。基于个体数据的主成分分析显示, 汉族人群在肢体测量表型上存在明显的地区差异, 广西汉族 (长江以南) 与河南汉族 (淮河以北)、江苏汉族有较大差异, 河南汉族和江苏汉族的差异相对较小, 而江苏汉族在部分肢体表型上又有其自身的特点, 能与河南汉族明显区分开。结论: 汉族人群肢体测量表型存在明显的地区差异, 长江流域可能是现代南北人群交流的最大地理屏障。

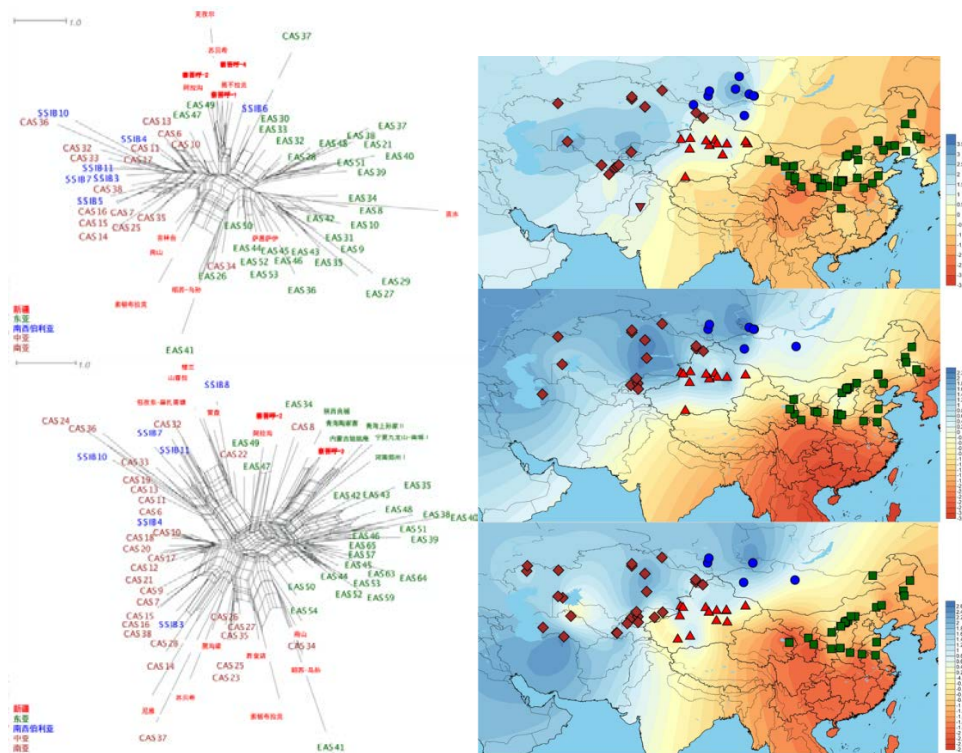


肢体测量表型的主成分分析散点图 (A、B) 及个体分布概率密度图 (C~E)
左图为男性, 右图为女性

3、新疆察吾呼墓地出土人骨的颅骨测量学研究

本文比较了新疆察吾呼墓地早中晚三个时期共 80 例头骨样本 (早期为公元前 1000~前 600 年, 中期为公元前 600~前 400 年, 晚期为公元前 200~公元前 270 年)。

年), 与同时代新疆地区及东西方古代人类样本颅骨形态特征的生物学相似性, 认为样本间颅骨形态特征相似性与地理距离之间存在对应关系, 形态特征相近的人群地理距离也更近, 反映了这一时期人群互动交流的情况以及亲疏关系。从考古遗存上看, 察吾呼墓地早、中期人类具有较多的北亚和中亚因素, 而晚期人类则出现了更多的东亚特征, 这与颅骨形态学分析的结果相符。考古学和颅骨形态测量学的证据表明, 察吾呼晚期人群可能是由这一时期中国古代西北地区人群大规模移民迁入新疆而形成的。



基于颅骨测量数据构建的邻接网络图;
基于克里金法生成的第一主成分地理等值线图

三、发表论文

1. 吴佳姿, 殷杏, 李紫君, 孙畅, 谭婧泽(2021)汉族人群体部测量表型的相关性. 解剖学杂志, 44(2): 147-151.国内核心期刊.
2. 吴佳姿, 孙畅, 文少卿, 谭婧泽(2021)汉族人群肢体测量表型的地区差异. 解剖学报, 52(5): 803-811. 国内核心期刊.
3. 孙畅, 文少卿, 张梦翰, 李肖, 任晓莹, 管海娟, 韩康信, 熊建雪, 万雪娇, 谭婧泽(2021)新疆察吾呼墓地出土人骨的颅骨测量学研究.西域研究. CSSCI, 国内核心期刊.

<https://kns.cnki.net/kcms/detail/65.1121.C.20210617.0932.002.html>.

徐书华课题组

徐书华，复旦大学特聘教授，中国科学院特聘研究员，兼任上海科技大学特聘教授，博士生导师；2012-2018 年担任德国马普学会和中科院共同支持的青年科学家小组组长；2013 年入选首批万人计划青年拔尖人才；2015 年获国家杰出青年基金；2016 年入选上海市优秀学术带头人；2018 年入选科技部中青年科技创新领军人才；2019 年获英国皇家学会牛顿高级访问学者基金资助。兼任中国遗传学会理事、上海市遗传学会常务理事、上海市人类学会常务理事；兼任多个 SCI 学术期刊编委如 JGG (中国)、Molecular Genetics and Genomics (德国)共同主编、Scientific Reports (英国)、Human Genomics (英国)、Hereditas (英国)、BMC Genetics (英国) Section Editor、BMC Genomic Data (英国) 资深编辑。长期致力于人类群体遗传学研究，发展和运用计算生物学手段，将群体遗传学和分子进化理论应用于适应性演化和疾病发生机制研究；在 Science, Cell, PNAS, Nature Genetics, Nature Communications, Genome Biology, AJHG, NAR, Genome Research, MBE 等期刊共发表 SCI 收录学术论文 120 多篇、其中责任作者论文 80 多篇、被引用 5000 多次、单篇最高被引用 580 多次。成果多次入选 F1000 优秀论文、期刊“亮点论文”、Science, Scientific American 等专文报道。曾获中科院青年科学家奖、中科院院长奖（导师）、教育部自然科学一等奖、国家自然科学基金二等奖等。



课题组成员：陆艳、邓恋、楼海一、刘琪、刘姣姣、温佳、杜晓玥、陈思勤、贾舒芳、程爽爽、陈思涵、孔爽、江雪彤、赵晓涵、王宝楠、唐蝶

一、研究方向及简介

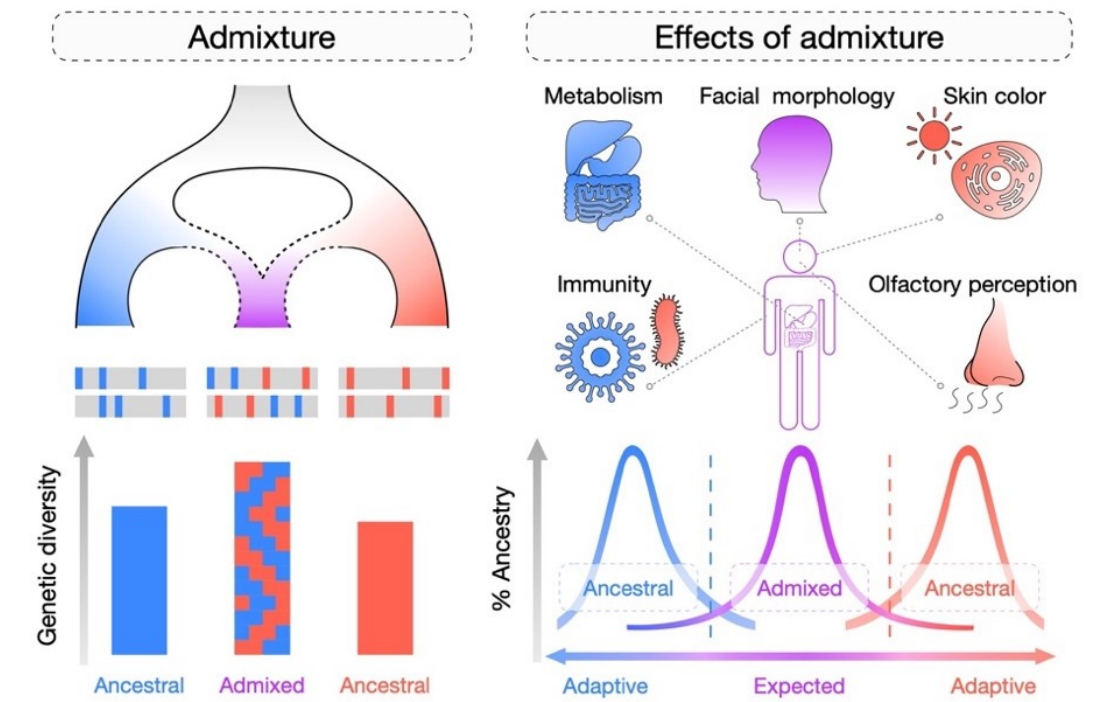
1. 人类群体遗传学研究
2. 计算生物学
3. 适应性演化和疾病发生机制研究

二、2021 年度研究进展

1. 揭示人群混合驱动基因组遗传多样性形成的机制

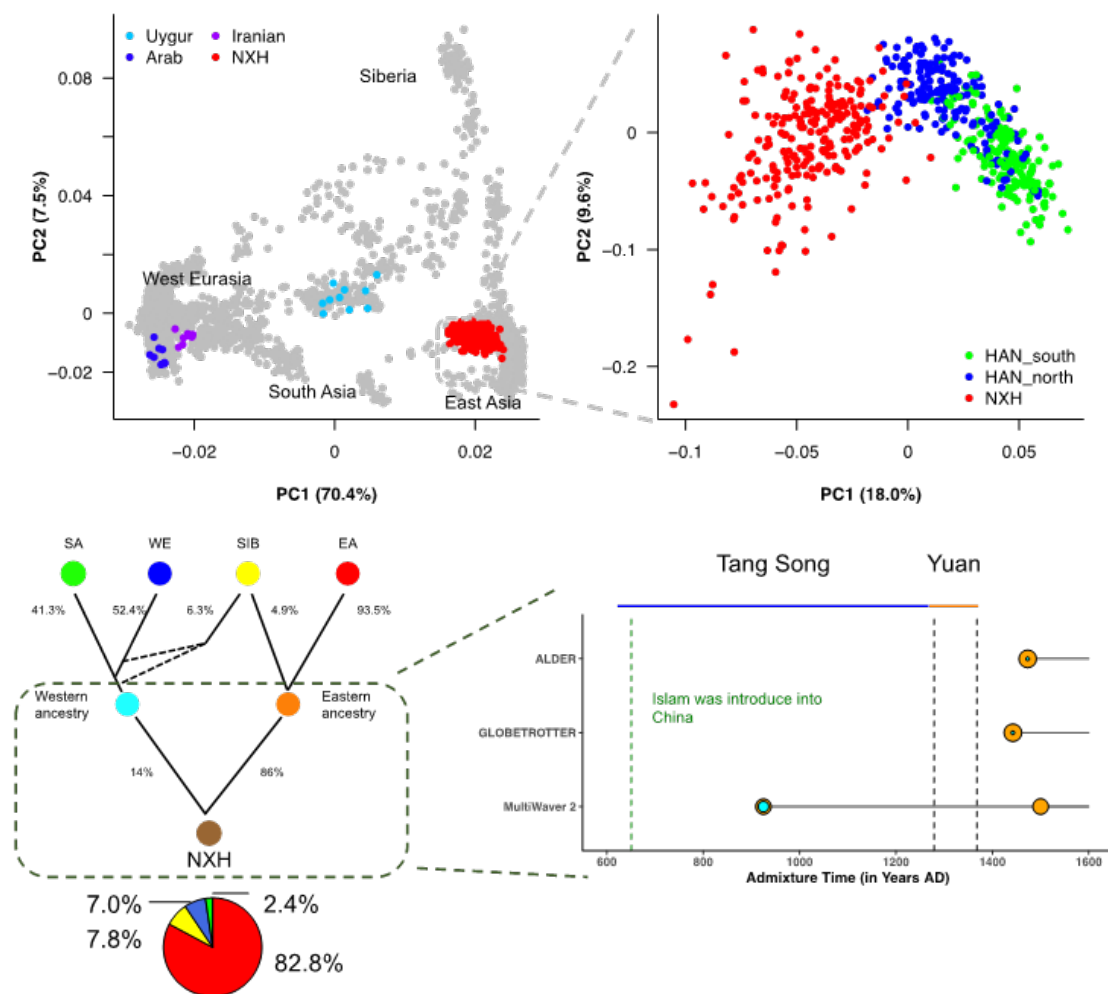
新疆维吾尔族人群是典型的混合人群，形成于欧亚大陆上长时间和大空间尺度的人群混合。不同遗传成分的融合为我们理解人群的遗传多样性以及适应性演化提供了新的窗口。2021 年 9 月 11 日，徐书华教授团队在《National Science Review》杂志发表了题为《Genomic diversity and post-admixture adaptation in the Uyghurs》的探究论文。该研究基于深度全基因组测序数据对新疆维吾尔族人群的遗传成分进行了系统性的比较分析。研究发现，维吾尔族人群基因组与东西方人群基因组相比表现出极高的遗传多样性，且与人群混合比例呈显著相关性，即维吾尔族人群的遗传多样性由混合驱动，且受到祖先人群的遗传多样性的影响。

尤其体现在稀有遗传变异的组成上。混合引入的大量稀有变异会对维吾尔族人群疾病或者表型的遗传结构产生影响。混合驱动的遗传多样性在新的环境中进一步塑造了表型多样性的形成，包括头面部特征、肤色、代谢、免疫，和嗅觉等。该工作不仅系统研究了维吾尔族人群的遗传多样性特征，而且揭示了以遗传混合为驱动的表型多样性塑造以及环境适应性演化，其研究方法与结果对认识人群混合对遗传多样性的形成与演化都具有重要意义。徐书华课题组博士研究生潘雨闻、张超和复旦大学陆艳副研究员为本文共同第一作者，徐书华教授为论文通讯作者。



2. 解析宁夏回族的遗传源流

2021 年 9 月徐书华教授团队在《 Molecular Biology and Evolution》杂志发表了题为《Genetic origins and sex-biased admixture of the Huis》的研究论文。该项工作综合运用群体遗传学理论与算法，解析了回族的遗传背景和祖源构成，重构了宁夏回族的早期族源构成和遗传融合及演化历史。研究发现，宁夏回族与以汉族为代表的东亚人群的遗传关系最近，宁夏回族的遗传融合及演化历史模型表明，东亚和西伯利亚人群在早期的欧亚大陆东部产生了基因交流，构成宁夏回族东方遗传祖源人群；而欧洲和南亚人群在早期的欧亚大陆西部产生了基因交流，构成宁夏回族西方遗传祖源人群。随后，宁夏回族的东方祖源和西方祖源在历史上发生了两个阶段的大融合，较为早期的阶段约为 1000 年前，较为晚近的阶段约在 500 年前。在更精细的尺度上，研究还发现了宁夏回族呈现出从南到北的遗传分化。该项研究聚焦于宁夏回族自治区的世居回族人群，从遗传学角度揭示的回族遗传源流，对其他学科以及整个回族学研究具有参考价值，研究方法对全国及邻边国家和地区的回族群体遗传研究具有借鉴意义。徐书华课题组博士后马西献和宁夏医科大学杨文君教授为论文共同第一作者，徐书华教授为论文通讯作者。



二、 代表性文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Rui Zhang#, Chang Liu#, Kai Yuan, Xumin Ni, Yuwen Pan and Shuhua Xu*.(2021)AdmixSim 2: a forward - time simulator for modeling complex population admixture.**BMC Bioinformatics**.22 Article number: 506.
- 2.Mingyue Cheng#, Xueling Ge#, Chaofang Zhong, Ruiqing Fu, Kang Ning*, Shuhua Xu*.(2021)Micro-co-evolution of Host Genetics with Gut Microbiome in Three Chinese Ethnic Groups.**Journal of Genetics and Genomics**.48(11):972-983.
3. Kai Yuan#, Xumin Ni#, Chang Liu#, Yuwen Pan#, Lian Deng#, Rui Zhang#, Yang Gao, Xueling Ge, Jiaojiao Liu, Xixian Ma, Haiyi Lou, Taoyang Wu and Shuhua Xu*.(2021)Refining models of archaic-modern human admixture in Eurasia with ArchaicSeeker 2.0.**Nature Communications**.12 Article number: 6232.
4. Meng Hao#, Weilin Pu#, Yi Li#, Shaoqing Wen#, Chang Sun, Yanyun Ma, Hongxiang Zheng, Xingdong Chen, Jingze Tan, Guoqing Zhang, Menghan Zhang, Shuhua Xu, Yi Wang*, Hui Li*, Jiucun Wang*, Li Jin*.(2021)The HuaBiao Project: Whole-Exome Sequencing of 5,000 Han Chinese Individuals.**Journal of Genetics and Genomics**. 48(11):1032-1035.
5. Yuwen Pan#, Chao Zhang#, Yan Lu#, Zhilin Ning, Dongsheng Lu, Yang Gao, Xiaohan Zhao, Yajun Yang, Yaqun Guan, Dolikun Mamatyusupu and Shuhua Xu*.(2021)Genomic diversity

- and post-admixture adaptation in the Uyghurs.**National Science Review**. doi:10.1093/nsr/nwab124.
6. Xixian Ma#, Wenjun Yang#, Yang Gao, Yuwen Pan, Yan Lu, Hao Chen, Dongsheng Lu, Shuhua Xu*.(2021)Genetic origins and sex-biased admixture of the Huis.**Molecular Biology and Evolution**. 38(9):3804-3819.
 7. Hao Chen#, Yan Lu#, Dongsheng Lu & Shuhua Xu*.(2021)Y-LineageTracker: a high-throughput analysis framework for Y-chromosomal next-generation sequencing data.**BMC Bioinformatics**. 22:114.
 8. Lan-Tao Gou,Yang Gao,Jun-Yan Kang,Xin Wang,Hao Chen,Min-Min Hua,Zheng Li,Dangsheng Li,Xiang-Dong Fu,Hui-Juan Shi*, Shuhua Xu* and Mo-Fang Liu*.(2021)Reply to Lack of evidence for a role of PIWIL1 variants in human male infertility.**Cell**. 184(8):1943-1944.
 9. Qian Jiang, Yang Wang, Yang Gao, Hui Wang, Zhen Zhang, Qi Li, Shuhua Xu, Wei Cai* & Long Li*.(2021)RET compound inheritance in Chinese patients with Hirschsprung disease: lack of penetrance from insufficient gene dysfunction.**Human Genetics**. 140:813–825.
 - 10.Yin Huang#, Dan Li#, Lu Qiao, Yu Liu, Qianqian Peng, Sijie Wu, Manfei Zhang, Yajun Yang, Jingze Tan, Shuhua Xu, Li Jin, Sijia Wang*, Kun Tang*, Stefan Grünewald* (2021)A Genome-wide Association Study of Facial Morphology Identifies Novel Genetic Loci in Han Chinese.**Journal of Genetics and Genomics**.48(2021):198-207.

樊少华课题组

樊少华，研究员。2005 及 2008 年分别获得西北农林科技大学学士及硕士学位，2014 年获德国康斯坦兹大学进化生物学博士学位。2015-2018 年于美国宾夕法尼亚大学进行博士后研究。2018 年任复旦大学研究员、博士生导师。迄今，在包括 Nature、Science 等国际学术刊物发表了论文 20 篇，共被引超过 1600 次。曾于 2018 年受到中组部千人计划青年项目资助。

课题组成员：段晓克、潘明佩、宿可、龚娇、黄业超、周雨露、赵妍惠、李书航、崔航、季艳枫



一、研究方向及简介

4. 人类迁徙、分歧时间以及遗传结构
5. 适应性进化对不同民族表型多样性以及疾病易感性的影响
6. 基因组结构变化对于表型多样性的影响

二、2021 年度研究进展

1. 基于三代测序技术的汉族人结构变异的特征分析和功能探究

基于最新一代测序技术 Oxford nanopore technology (ONT) 对 945 个汉族人进行全基因组测序，在此基础上对汉族自然人群基因组结构变异的多态性、分布规律和可能的功能进行了全方面的分析和解读。研究共发现 96,494 个基因组结构变异，其中 46% 未被报道过。这些未报道的基因组结构变异位于基因编码区和表达调控区，因此对于基因的功能和调控有着重要的影响。通过分析结构变异在基因组的分布，本研究发现了汉族人群结构变异突变的热点区域和沙漠区域。基因富集分析发现位于基因组结构变异突变热点区域的基因显著地富集在与免疫、皮肤发育等相关的通路中，这表明基因组结构变异对于人类对环境的适应性进化有着重要的影响。同时本研究发现基因组结构变异可能对人类表型和疾病易感性的差异有着重要的影响。本研究发现：1) 302 个基因在汉族人群中发生了自然丢失现象，其中 72% 未被之前的研究所报道。分析结果表明这些基因显著地富集在与自身免疫调控、基因转录调节、嗅觉感应以及细胞分裂过程相关的通路中；2) 1729 个结构变异与已发表的 58 万个全基因组关联研究中的显著位点重叠，这些全基因组关联研究不仅涵盖了与表型相关的特征例如骨密度、身高等，也有大量的位点与疾病相关，例如青少年脊柱侧弯、哮喘等。本研究弥补了人类参考基因组中缺失的 38Mb 序列，并对人类参考基因组拼接错误的片段进行了修正。最后本研究构建了汉族人结构变异数据库并向科研人员公开，这将对筛选和研究临床研究中所发现的基因组结构变异有着重要的参考意义。

郑琰课题组

郑琰，2013 年获美国德州大学公共卫生学院流行病学博士学位。2014-2017 年，在美国哈佛大学陈曾熙公共卫生学院从事博士后研究。2017 年加入复旦大学生命科学学院，任青年研究员。主要研究方向为探索肥胖相关代谢病的人群流行病学因素，尤其是利用代谢组学大数据，发现肥胖相关疾病的新型生物标志物，探索饮食影响健康的代谢中介机制。



承担国家自然科学基金项目一项，上海市“浦江人才计划”一项，参与国家科技部重点研发计划重点专项项目一项。迄今，已发表 SCI 文章 60 余篇，第一作者的论著书籍章节 (book chapter) 1 篇，累计影响因子超过 400；其中以第一/通讯作者在 JAMA、Int J Epidemiol、Hypertension 等杂志上发表文章 20 篇，受邀在 Nat Rev Endocrinol 等杂志上撰写综述 1 篇。

课题组成员：白雪峰、管慧慧、何畅、胡建颖、江雨舟、孔梦梦、李潇、林晨昊、林树椿、刘成林、楼涛、梅振东、蒲彦霓、齐文昊、孙仲汉、谭诗尚、王烨彤、吴雪梅、岳海岩、张璇、赵漫滢、周小锋

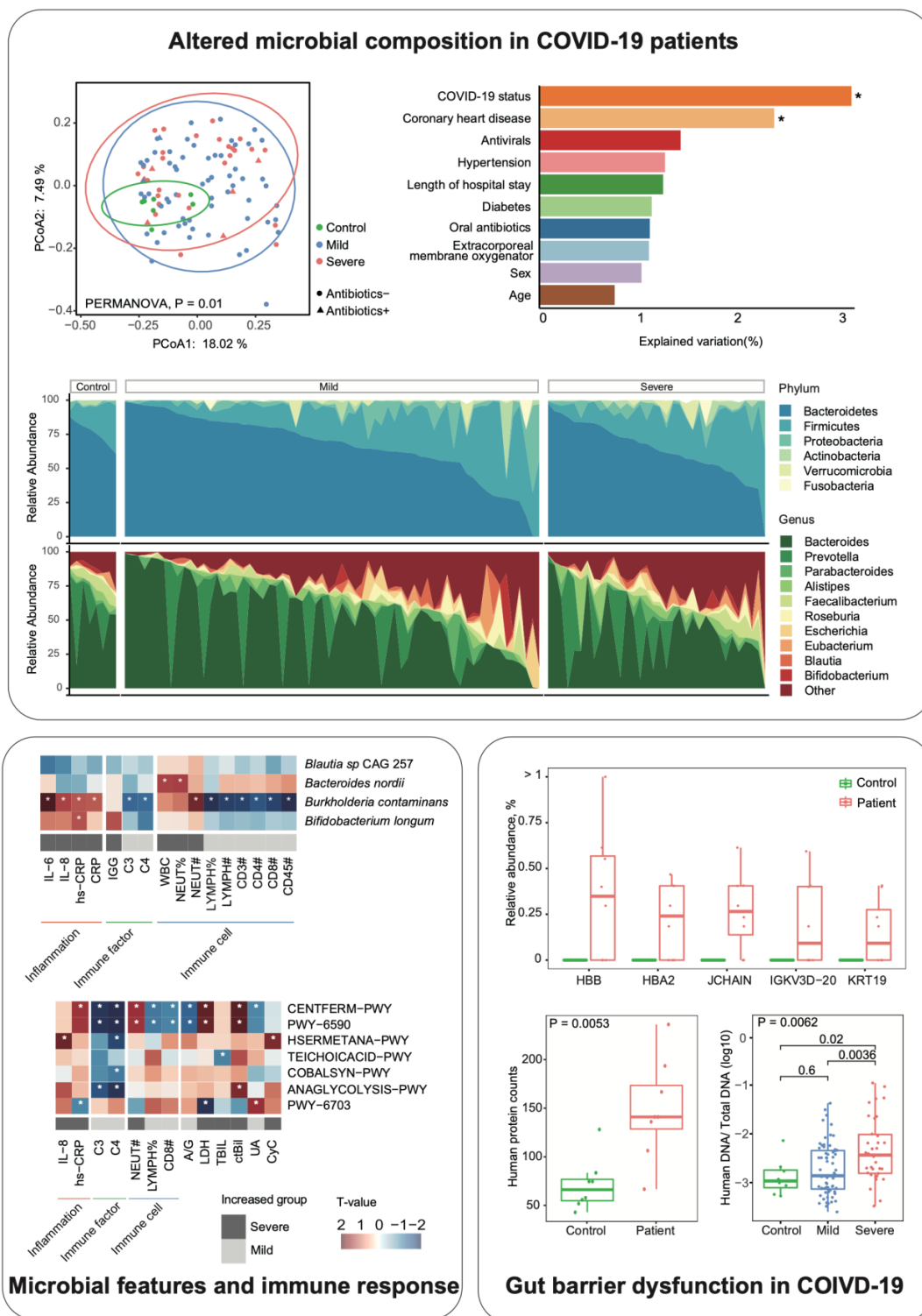
一、研究方向及简介

主要研究肥胖相关代谢病的人群流行病学因素，尤其是利用代谢组及微生物组学大数据，发现肥胖相关疾病的新型生物标志物，探索饮食影响健康的代谢中介机制。

二、2021 年度研究进展

1. 新型冠状病毒肺炎患者肠道菌群与免疫反应的关联性研究

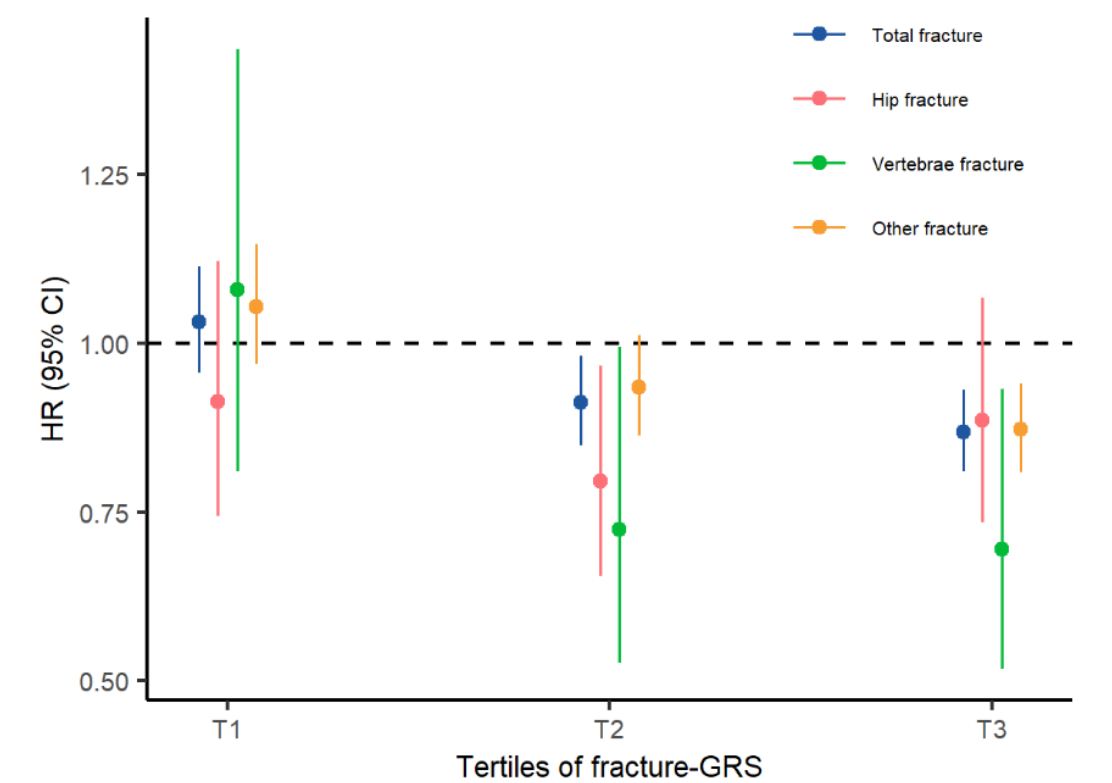
新型冠状病毒肺炎 (Corona Virus Disease 2019, COVID-19) 是一类由 β 冠状病毒导致的传染病。自疫情爆发以来，COVID-19 已经在全球范围内造成超过 500 万名患者死亡。COVID-19 以呼吸道症状为主要表现，此外消化道症状也多有报道。已有研究报道新冠患者肠道菌群的改变，但其与疾病发展的关系还有待研究。本研究通过宏基因组方法检测了 63 名新冠肺炎患者在不同疾病时期的肠道菌群，结合蛋白组、宏蛋白组以及转录组等多组学方法探究了肠道菌群与疾病中人体免疫反应的动态关系。我们鉴定出了一系列与疾病状态、疾病严重程度及人体免疫相关的菌种 (Burkholderia contaminans, Bacteroides nordii, Bifidobacterium longum, Blautia sp. CAG 257)、菌群通路 (糖酵解及发酵) 及毒力因子。此外，蛋白组和宏蛋白组结果提示新冠患者肠道屏障功能可能受损。研究结果表明，肠道菌群失调及肠道屏障功能紊乱可能是影响疾病发展的因素之一。



2. 鱼油补充剂、遗传易感性与骨折风险的关联性研究

流行病学研究表明循环中的长链 $\omega-3$ 多不饱和脂肪酸 (PUFAs) 水平与骨折风险成反比。然而，补充长链 $\omega-3$ PUFA (即鱼油) 是否与骨折风险相关，以及这种关联是否受到遗传易感性的影响，目前尚不清楚。我们对英国生物银行队列中 492713 名参与者的研究资料进行了探索分析。在平均随访 8.1 年的时间段里，

基线无骨折史的参与者中 (n=441756)，共发生了 12070 例骨折。与不服用鱼油补充剂的参与者相比，习惯性服用鱼油补充剂与总体骨折 (HR=0.93, 95%CI: 0.89-0.97)、髌部骨折 (HR=0.83, 95%CI: 0.75-0.92) 以及椎骨骨折 (HR=0.85, 95%CI: 0.72-0.99) 的发生风险降低相关。与骨折 GRS 较低的参与者相比，骨折 GRS 较高的参与者中鱼油补充剂与总体骨折发生风险的相关性更为明显 (交互作用 P<0.001)。基线时有骨折史的参与者中 (n=50957)，随访期间发生了 3076 例再发骨折。服用鱼油补充剂与较低的再发骨折风险相关，其中总体骨折的 HR=0.88 (95%CI: 0.82-0.96)，椎骨骨折的 HR=0.64 (95%CI: 0.46-0.88)，但与再发髌部骨折没有显著关联 (HR=1.06, 95%CI: 0.86-1.30)。该研究结果表明，习惯性服用鱼油补充剂与较低的骨折发生和再发风险存在关联，且服用鱼油补充剂与总体骨折发生风险的负相关关系在骨折遗传风险较高的个体中比遗传风险较低的个体中更加明显。



三、代表性文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Zhonghan Sun#, Zhi-Gang Song#, Chenglin Liu#, Shishang Tan#, Shuchun Lin, Jiajun Zhu, Fa-Hui Dai, Jian Gao, Jia-Lei She, Zhendong Mei, Tao Lou, Jiao-Jiao Zheng, Yi Liu, Jiang He, Yuanting Zheng, Chen Ding, Feng Qian, Yan Zheng*, Yan-Mei Chen* Gut microbiome alterations and gut barrier dysfunction were associated with host immune homeostasis in COVID-19 patients. BMC Medicine. 2021; Accepted.

本文摘要总结：新型新型冠状病毒肺炎（COVID-19）是一类由β冠状病毒导致的传染病。自疫情爆发以来，COVID-19 已经在全球范围内造成超过 500 万名患者死亡。已有研究报道新冠患者肠道菌群的变化，但其与疾病发展的关系还有待研究。本研究通过宏基因组方法检测

了 63 名新冠肺炎患者在不同疾病时期的肠道菌群，结合蛋白组、宏蛋白组以及转录组等多组学方法探究了肠道菌群与疾病中人体免疫反应的动态关系。

2. Chenglin Liu#, Zhonghan Sun#, Shalaimaiti Shali#, Zhendong Mei, Shufu Chang, Hanjun Mo, Lili Xu, Yanni Pu, Huihui Guan, Guo-Chong Chen, Qibin Qi, Zhexue Quan, Ji Qi, Kang Yao, Yuxiang Dai*, Yan Zheng*, Junbo Ge The gut microbiome and microbial metabolites in acute myocardial infarction. *Journal of Genomics and Genetics*. Accepted.

本文摘要总结：急性心肌梗死（AMI）是冠心病中致死率最高的一类亚型。最近的研究表明肠道微生物失调可能会导致心血管疾病的发生发展，但肠道微生物及其代谢产物与 AMI 的关系仍有待确定。我们通过 16SrRNA 测序和宏基因组测序对 117 名冠状动脉造影诊断的新发 AMI 患者 78 名对照的粪便样本进行了肠道微生物检测，并且通过靶向代谢组学对粪便短链脂肪酸、循环氧化三甲胺相关代谢物进行了检测。我们鉴定出了一系列与 AMI 相关的菌群表型及代谢物表型，并建立了菌群风险评分，可有效预测远期不良心血管事件的发生风险。

3. Huihui Guan#, Yanni Pu#, Chenglin Liu#, Tao Lou, Shishang Tan, Mengmeng Kong, Zhonghan Sun, Zhendong Mei, Qibin Qi, Zhe-Xue Quan, Guo-Ping Zhao, Yan Zheng*, Comparison of fecal collection methods on variation in gut metagenomics and untargeted metabolomics. *mSphere*. 2021;e0063621.

本文摘要总结：对来自粪便样本的高质量宏基因组学和代谢组学数据的综合分析为支持肠道微生物与人类相互作用的机制提供了新的线索。然而，关于粪便收集方法对宏基因组学和代谢组学的影响的数据很少。此研究利用宏基因组测序技术和非靶向代谢组从微生物物种组成、物种、基因和代谢通路的多样性、抗生素抗性基因和功能代谢物（短链脂肪酸、胆汁酸）等多角度比较了 6 种不同的收集方法（-80° C 下立即冷冻，95% 乙醇、RNAlater、OMNIGene Gut、粪便潜血试验 [FOBT] 卡和 Microlution）对肠道微生物组和代谢组研究的影响。

4. Hailuan Zeng#, Chenhao Lin, Sijia Wang*, Yan Zheng* & Xin Gao*, Genetically predicted body composition in relation to cardiometabolic traits: a Mendelian randomization study. *Eur J Epidemiol*. 2021;36(11):1157-1168.

本文摘要总结：流行病学研究显示较高体重指数(BMI)与多种疾病风险相关，然而 BMI 无法区分体脂重量与去脂体重。此研究使用 UK Biobank 的全基因组关联研究数据，分别构建了体脂重量、体脂百分比和去脂体重相关的基因工具变量，利用两样本孟德尔随机化方法，探究了体成分与心血管代谢性疾病之间的因果关联。结果显示高体脂重量与体脂百分比与多种心血管代谢性疾病风险呈正相关，而在校正体脂重量后，高去脂体重则对心血管代谢性疾病具有保护作用。

5. Zhendong Mei#, Guo-Chong Chen, Jianying Hu, Chenhao Lin, Zhonghan Sun, Chenglin Liu, Xin Geng, Changzheng Yuan, Qibin Qi, Yan Zheng*, Habitual use of fish oil supplements, genetic predisposition, and risk of fractures: a large population-based study. *Am J Clin Nutr*. 2021;114(3):945-954.

本文摘要总结：人体补充长链 ω -3 多不饱和脂肪酸（即鱼油）是否与骨折风险相关，以及这种关联是否受到遗传易感性的影响，目前尚不清楚。此研究通过大样本的前瞻性队列，探索并发现服用鱼油补充剂与骨折发生和再发风险降低相关，并且发现与骨折遗传风险较低的人群相比，骨折遗传风险更高的人群中鱼油补充剂与骨折的负相关关系更强。该研究为 ω -3 多不饱和脂肪酸影响骨代谢的机制研究提供了人群线索，也为通过个性化的营养干预来预防骨

折提供了强有力的人群证据。

6. Rui Wang#, Chunyan Qian#, Yanan Pang, Miaomiao Li, Yu Yang, Haijing Ma, Manying Zhao, Feng Qian, Hang Yu, Zhenping Liu, Ting Ni*, Yan Zheng*, Yongming Wang*, opvCRISPR: One-pot visual RT-LAMP-CRISPR platform for SARS-cov-2 detection. Biosens Bioelectron. 2021;172:112766

已列入 2020 年年报素材中。

7. Guo-Chong Chen#, Rhonda Arthur, Li-Qiang Qin, Li-Hua Chen, Zhendong Mei, Yan Zheng, Yang Li, Tao Wang, Thomas E Rohan, Qibin Qi*, Association of Oily and Non-oily Fish Consumption and Fish Oil Supplements With Incident Type 2 Diabetes: A Large Population-Based Prospective Study. Diabetes Care. 2021;44(3):672-680

不是以一作/通讯作者发表。

8. Yuxiang Dai#, Zhendong Mei#, Shuning Zhang#, Shalaimaiti Shali, Daoyuan Ren, Lili Xu, Wei Gao, Shufu Chang, Yan Zheng, Juying Qian, Kang Yao*, Junbo Ge*, Sexual Dysfunction and the Impact of Beta-Blockers in Young Males With Coronary Artery Disease. Front Cardiovasc Med. 2021;8:708200.

本文摘要总结：血运重建以及药物服用是否对男性早发冠心病患者的勃起功能障碍（ED）有影响仍然未知。本研究通过对 296 名男性早发冠心病患者及 354 名对照进行分析，发现早发冠心病患者 ED 的患病率和严重程度均高于对照组。此外，ET-1 和 NO（血管内皮功能紊乱指标）能够减弱早发冠心病与 ED 之间的关联。另外，我们也发现血运重建能够改善早发冠心病患者的 ED 症状，但是在服用 β 受体阻滞剂的患者中，血运重建不能改善患者的 ED 症状。本研究提示血管内皮功能障碍是早发冠心病和 ED 的共同病理生理机制，也为男性早发冠心病患者血运重建后的药物治疗选择提供了临床证据。

9. Mingcong Xu#, Xuefeng Bai#, Bo Ai#, Guorui Zhang, Chao Song, Jun Zhao, Yuezhu Wang, Ling Wei, Fengcui Qian, Yanyu Li, Xinyuan Zhou, Liwei Zhou, Yongsan Yang, Jiaxin Chen, Jiaqi Liu, Desi Shang, Xuan Wang, Yu Zhao, Xuemei Huang, Yan Zheng, Jian Zhang*, Qiuyu Wang*, Chunquan Li*, TF-Marker: a comprehensive manually curated database for transcription factors and related markers in specific cell and tissue types in human. Nucleic Acids Research. 2021 gkab1114.

本文摘要总结：转录因子（TF）在生物过程中起着关键作用，通常用作细胞标记。本研究开发了 TF-Marker 数据库，(<http://bio.liclab.net/TF-Marker/>)，为我们提供了细胞/组织特异性 TF 和相关标记。根据 TF 作为标记的功能分为五种类型：(i) TF：调节标记表达的 TF；(ii) T Marker：受 TF 调控的标记；(iii) I Marker：影响 TF 活性的标记；(iv) TFMarker：充当标记的 TF；(v) TF Pmarker：充当潜在标记的 TF。TF-Marker 的 5905 个条目包括 1316 个 TFs、1092 个 T Markers、473 个 I Markers、1600 个 TFMarkers 和 1424 个 TF Pmarkers，涉及人类 383 种细胞类型和 95 种组织类型。TF-Marker 将成为了解不同组织和细胞调节模式的宝贵资源。

张梦翰课题组

张梦翰，于 2009、2014 年分别获上海师范大学理学学士学位（数学）和博士学位（语言学），2014-2019 年于上海复旦大学生物学进行博士后研究。2019 年出站留校，任复旦大学现代语言学院青年研究员，双聘于复旦大学人类表型组研究院和生命科学学院，生物学博士生导师。主要从事群体遗传学以及语言-遗传共演化机制研究；并开展围绕“语言行为”相关的疾病筛查和监测的软硬件开发，并申请多项国家专利。获得国家自然科学基金委优秀青年基金项目（2021 年），入选上海市曙光学者计划。主持多个国家自然科学基金项目、国家社科重大项目子课题负责人、欧盟先进研究理事会“地平线”项目的子课题负责人等。以第一作者及通讯作者发表了 Nature、PNAS、National Science Review、Frontiers in Psychology 等国内外期刊上发表论文 20 余篇，曾获上海优秀博士论文、上海市“社科新人”称号。



课题组成员：杨思哲、吴佰慧、陶侯昕、杨承坤

一、主要研究方向

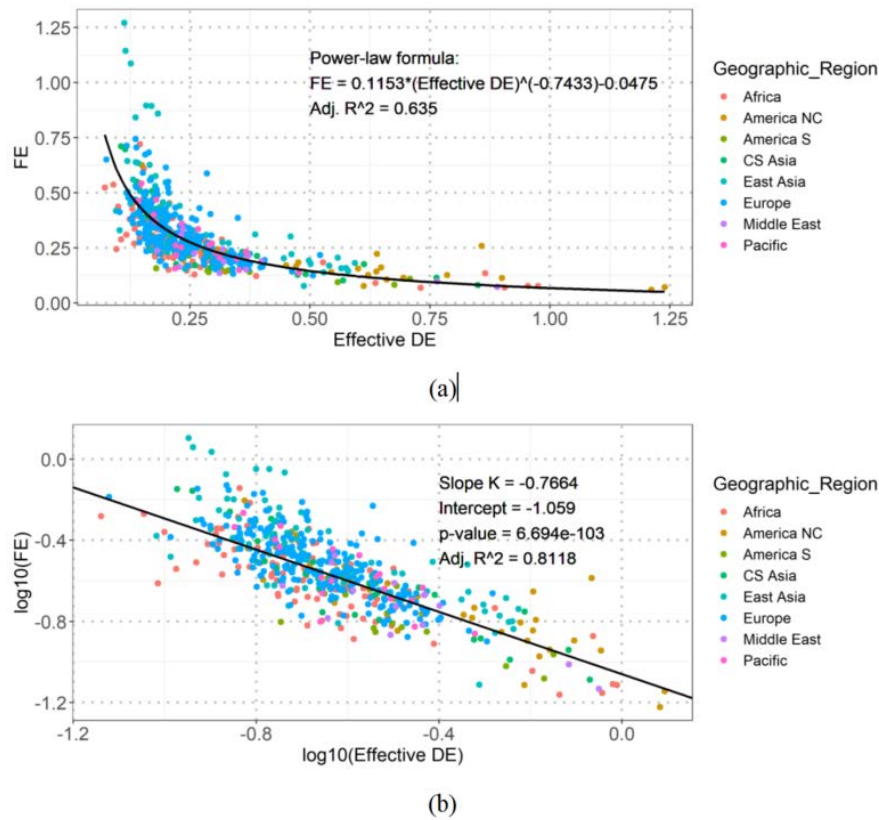
语言人类学：解析不同人类群体的遗传结构及所使用语言之间的关系，重构群体活动及语言演化的进化历史。

语音表型组学：研究人类语音、图像及行为模式在不同疾病之间的特异性，开展疾病的早期诊断研究。

二、2021 年度研究进展

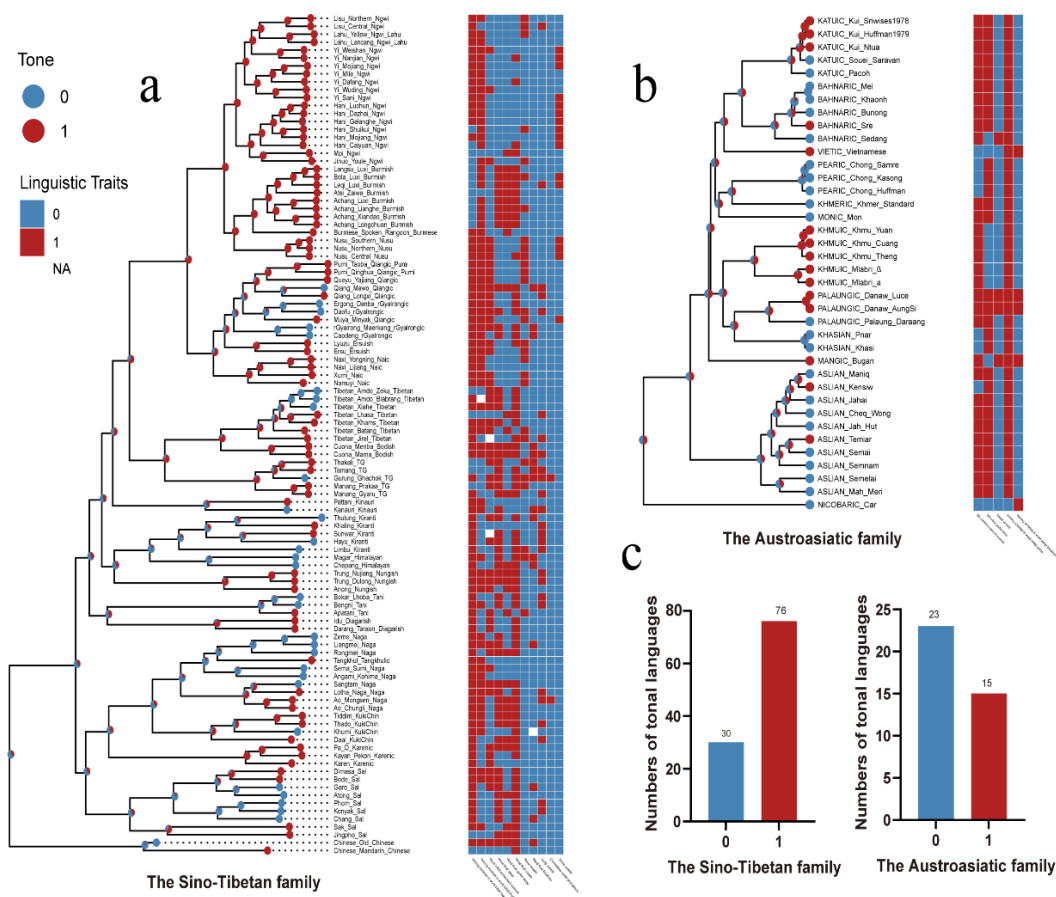
1. 世界元音系统的演化化

我们分析了全世界 357 种语言及方言，共计 532 种语言样本的元音空间，通过对标准化离散度和聚焦度特征，发现这两个特征之间存在很显著的负相关性，并呈现出一种幂律关系。这种被观察到的幂律关系不依赖于语言分布的地区、所属的语系以及语言之间的谱系关系，呈现一种语言共性。这体现出元音系统的自组织性。相关论文已经在期刊 Frontiers in Psychology (Language Science) 进行第二轮审稿。



2. 声调起源

声调起源演化：声调起源相关模型有许多讨论，但是目前都没有定论。在此项研究中，我们在之前 Nature 的成果基础上，采用系统发生学方法对汉藏语系和南亚语系声调起源假说进行了分析和检验，通过进化模型，我们发现声调的起源于韵尾的丢失有关，但是与其他的音节类型特征（如辅音清浊对立丢失等）无关。同时，声调特征虽然具有很强的系统发生学信号，但是声调演化对汉藏语系的语言分化并无贡献。目前，相关论文正在撰写中。



三、专利

1. 张梦翰；陈迟晓；林锋；潘晓声；喉部运动信息捕获系统，2021-11-10，中国，202111326124.5.
2. 张梦翰；听辨能力表征采集系统 V1.0，2021-09-24，中国，2021SR1422079.
3. 张梦翰；语音表达能力采集分析系统 1.0，2021-07-13，中国，2021SR1028980.
4. 张梦翰；阅读能力表征采集系统 V1.0，2021-09-22，中国，2021SR1409437.
5. 张梦翰；书写能力表征采集系统 V1.0，2021-09-22，中国，2021SR1409436.

Andres Ruiz-Linares 课题组

男，1962 年出生，博士，教授。1984 年获罗萨里奥大学医学学士学位，1987 年获巴黎第七大学生物化学硕士学位，1991 年获剑桥大学遗传学博士学位。1992-1994 年在斯坦福大学医学院从事博士后研究，1994-1998 年任哥伦比亚麦德林大学医学院生物化学系助理教授，1998-2000 年任英国伦敦帝国理工学院医学院讲师，2000-2006 年任英国伦敦大学学院（UCL）生物学系(高尔顿实验室)讲师、高级讲师，2006-2017 年任英国伦敦大学学院遗传进化环境学系教授、名誉教授，2017 年 2 月起任复旦大学生命科学学院特聘教授。

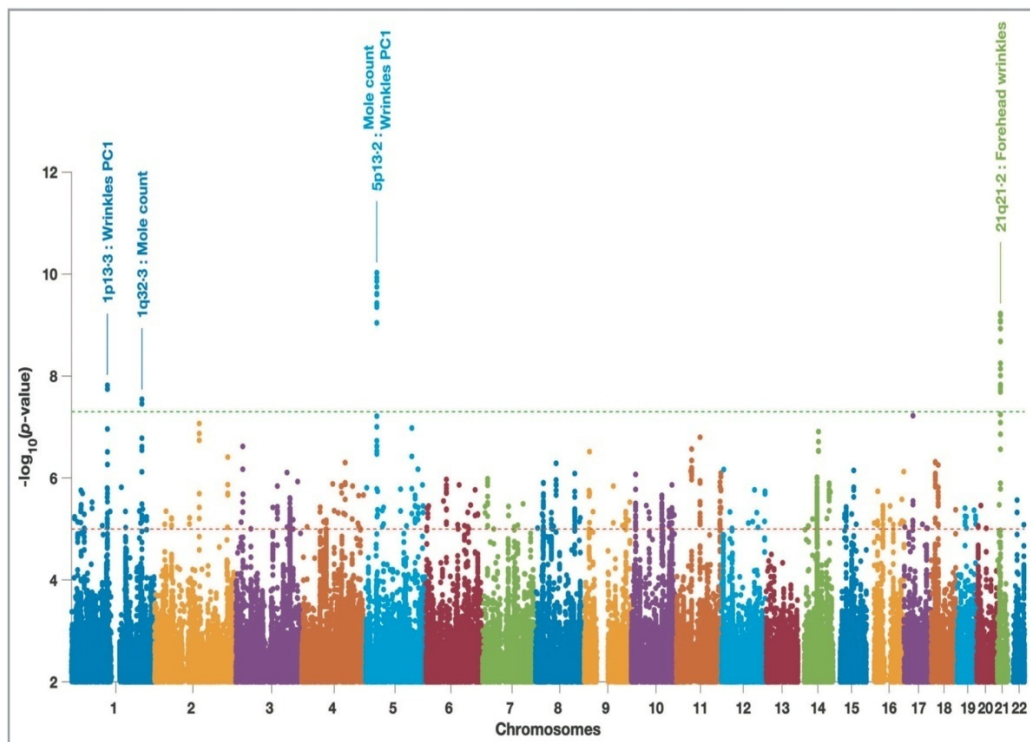


一、研究方向及简介

1. 基因/遗传/生物人类学，人类牙齿形态特征的遗传学研究”。
2. 表型组研究。
3. 拉丁裔的基因遗传研究。

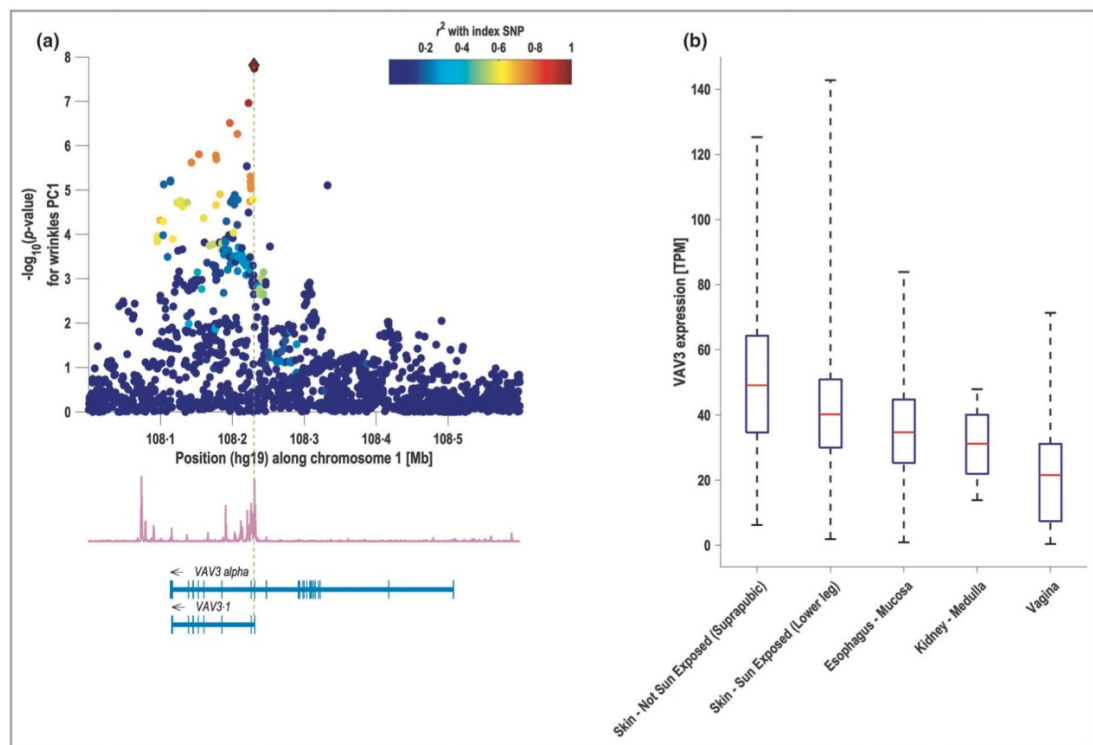
二、2021 年度研究进展

1. 一现代人迁入美洲的时间与路线计算



通过拉丁美洲人面部皮肤皱纹和痣数的全基因组关联研究，发现：MC1R、

IRF4 和 SLC45A2 与美洲土著、欧洲和非洲血统的拉丁美洲人皮肤皱纹具显著关联；确定了新的面部皱纹基因位点，其中包括 VAV3；报告了一种与痣数的新基因关联：SLC45A2（一种已知的黑色素瘤相关基因）。以欧洲为中心的研究倾向于欧洲群体，而该研究报告了混合大陆血统的拉丁美洲人的遗传变异（VAV3、SLC30A1），分别与面部皮肤皱纹和痣计数有关。此外，SLC45A2 单核苷酸多态性也可能解释黑色素瘤风险，该研究有助于制定与年龄相关的皮肤功能丧失干预及预防黑色素瘤的措施。



三、代表性文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Chen, Y. , M André, Adhikari, K. , Blin, M. , & Ruiz-Linares, A. . (2021). A gwas identifies novel gene associations with facial skin wrinkling and mole count in latin-americans. **British Journal of Dermatology**.
2. Bonfante, B. , Faux, P. , Navarro, N. , Mendoza-Revilla, J. , & Ruiz-Linares, A. . (2021). A gwas in latin americans identifies novel face shape loci, implicating vps13b and a denisovan introgressed region in facial variation. **Science Advances**, 7(6).

陈兴栋课题组

复旦大学泰州健康科学研究院副院长、特聘研究员，
复旦大学人类表型组研究院青年研究员，任全国临床数据与样本资源库专业委员会信息学组委员。

课题组成员：张铁军、索晨、徐柯琳、朱嗣博、蒋艳峰、
王颖喆、吴维诚、郑丽娟；刘振球、朱成凯、郑茜茜、
童鑫、樊虹、袁黄波、戴佳成；毛宪化、范佳慧、李逍
逍、杨丹桐、胡美芝、蒋伟、谭子怡、戴杰妮、吕雪玮、
李贵枝、姚隆庆、王丹可、张雨婷。



一、主要研究方向

主要研究方向为大型队列建设、重大慢性疾病的分子流行病学和遗传学研究。围绕消化系统恶性肿瘤开展分子流行病学研究，从环境、遗传、疾病三者的关系，深入探索肿瘤发生发展的机制。同时，依托泰州队列和人类表型组计划，从分子流行病学角度开展表型组研究。

二、2021 年度研究进展

1.多表型自然人群队列建设成果

队列研究(Cohort Study)是目前国际公认的慢性病病因研究的首选设计之一，也是表型组学信息和生物样本的重要来源。慢性病的发病机制复杂，由环境因素、生活方式和遗传变异等综合作用所致。基于前瞻性的研究设计，通过对大规模队列人群的健康状况进行持续追踪调查，利用人群的生物样本和流行病学数据，有望阐明慢性病的发病机制，实现“精准医疗”。

2021年复旦大学人类表型组研究院陈兴栋青年研究员团队在痴呆研究领域国际著名学术期刊《阿尔茨海默病与痴呆》(Alzheimer's & Dementia, 影响因子: 21.566)在线发表了题为“中国人群生活方式、多组学特征与临床前痴呆研究(Lifestyle, multi-omics features, and preclinical dementia among Chinese: The Taizhou Imaging Study)”的研究成果。论文详细介绍了“泰州队列”的子队列——基于表型组学系统设计的“泰州脑影像队列(Taizhou Imaging Study)”的建设目标、研究设计、表型采集内容、可支撑的研究方向、已取得的初步研究成果、队列的未来规划等。

“泰州脑影像队列”从流行病学和临床干预的角度设计，为脑血管病与认知障碍的危险因素、生物标志物、发病机制、干预和治療措施等研究提供了珍贵的资源及系统的研究框架(图1)。队列也可为监测自然人群脑动脉硬化与认知衰老进程、评估生活方式、多组学特征改变等与疾病进展的关联、探索脑血管病变在认知障碍中的机制、开展临床干预实验等提供资源支撑与研究现场。同时，“泰

州脑影像队列”基于表型组学的系统思维设计，跨尺度、多维度的信息采集可支持全表型关联分析(phenome-wide association studies, PheWAS)，从而促进精准医学的发展。研究团队基于“泰州脑影像队列”构建了农村社区人群高解析脑核磁共振分析、宏基因组采集与分析、认知功能评估、步态与平衡功能评估等技术体系，已开展了农村社区无症状脑小血管病(cerebral small vessel disease, CSVD)患病情况(Sci Rep 2019)、危险因素(Cardiology 2018; J Atheroscler Thromb 2020; Ann Transl Med 2020; Aging 2020a)，及其与认知障碍(J Alzheimers Dis 2019; Neuroimage Clin, 2019)、步态异常(Aging 2020b)等疾病表型的关联研究。

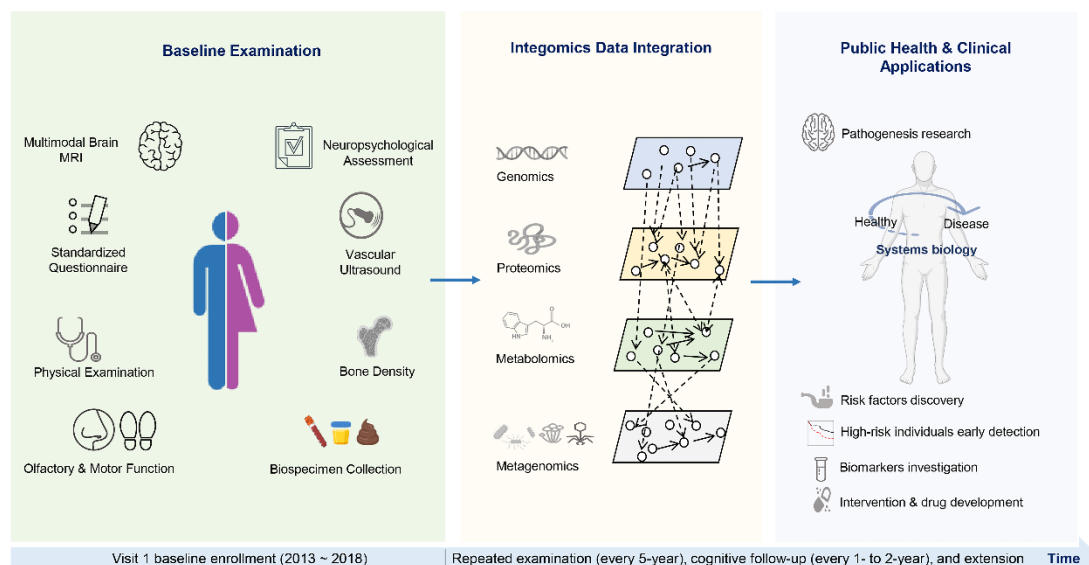


图 1. 泰州脑影像队列研究设计框架图

三、发表论文(*corresponding author, # co-first author)

1. Zhenqiu Liu#, Kelin Xu#, Yanfeng Jiang, Ning Cai, Jiahui Fan, Xianhua Mao, Chen Suo, Li Jin, Tiejun Zhang#, Xingdong Chen#*. Global trend of aetiology-based primary liver cancer incidence from 1990 to 2030: a modelling study. International Journal of Epidemiology. 2021. 50(1): 128-142. 医学 1 区

摘要总结：本文利用数学模型预测了不同病因导致的肝癌的发病率和发病人數。结果发现截至 2030 年，全球范围内肝癌发病率依然呈现持续上升趋势。我国肝癌趋势先下降后上升，这可能与我国乙肝感染的人群基数大以及人口持续老龄化有关。

2. Yanfeng Jiang#, Mei Cui#, Weizhong Tian, Sibao Zhu, Jinhua Chen, Chen Suo, Zhenqiu Liu, Ming Lu, Kelin Xu, Min Fan, Jiucun Wang, Qiang Dong, Weimin Ye, Li Jin, Xingdong Chen#, on Behalf of the Taizhou Imaging Study Group. Lifestyle, multi-omics features, and preclinical dementia among Chinese: The Taizhou Imaging Study. Alzheimer's & Dementia. 2021. 17(1): 18-28. 医学 1 区

摘要总结：本文详细介绍了“泰州队列”的子队列——基于表型组学系统设计的“泰州脑影像队列(Taizhou Imaging Study)”的建设目标、研究设计、表型采集内容、可支撑的研究方向、已取得的初步研究成果、队列的未来规划等，为慢性病的干预和治理措施研究提供宝贵的资源和基础支撑。

3. Chuanyu Hu#, Zhenqiu Liu#, Yanfeng Jiang#, Oumin Shi#, Xin Zhang#, Kelin Xu, Chen Suo, Qin Wang, Yujing Song, Kangkang Yu, Xianhua Mao, Xuefu Wu, Mingshan Wu, Tingting Shi, Wei Jiang, Lina Mu, Damien C. Tully, Lei Xu, Li Jin, Shusheng Li, Xuejin Tao, Tiejun Zhang, and Xingdong Chen*. Early prediction of mortality risk among severe COVID-19 patients, using machine learning. *International Journal of Epidemiology*. 2021. 49(6): 1918-1929. 医学 1 区

摘要总结:本文利用机器学习模型研究了重症新冠肺炎患者死亡的相关危险因素,并构建了预测模型,开发了死亡风险预测网页工具。为新冠肺炎患者的治疗和疫情防控提供了理论支持。

4. Heyang Lu#, Ziyi Tan#, Zhenqiu Liu#, Liping Wang, Yingzhe Wang, Chen Suo, Tiejun Zhang, Li Jin, Qiang Dong, Mei Cui, Yanfeng Jiang*, Xingdong Chen*. Spatiotemporal trends in stroke burden and mortality attributable to household air pollution from solid fuels in 204 countries and territories from 1990 to 2019. *Science of The Total Environment*. 2021. 775: 145839. 环境与生态学 1 区

摘要总结:研究基于全球疾病负担(GBD)公共数据库,揭示了 1990-2019 年期间固体燃料燃烧所致的室内空气污染(HAP)导致的脑卒中全球疾病负担趋势。研究发现在男性、老年人口、低收入国家和脑出血亚型中,HAP 引起的脑卒中疾病负担明显。大多数国家 HAP 导致的脑卒中疾病负担的年龄标准化率下降。

四、软件著作权

1. 2021 年 11 月,2021SR1621447,利用多基因易感模型预测亚洲女性的乳腺癌风险分析系统 V1.0;
2. 2021 年 11 月,2021SR1621446,针对复合表型及极值抽样实验设计中的基因组关联研究分析系统 V1.0;
3. 2021 年 6 月,2021SR0902786,基于标签融合技术的队列数据管理系统应用软件 V1.0;

五、获奖

- (1) 入选 2021 年国家自然科学基金委优秀青年基金
- (2) 荣获 2021 年度山东省科学技术进步奖二等奖(排名第二)

项目名称:食管鳞癌分级精准筛查体系的建立与推广应用

- (3) 荣获 2021 年度泰州市科技创新奖二等奖(排名第一)

项目名称:泰州市食管癌相关危险因素识别和防控策略谋划

陈璐课题组

陈璐，于 2009 年获华中科技大学生物信息学学士学位，2016 年获复旦大学遗传学博士学位。2017-2021 年先后在美国华盛顿大学和普林斯顿大学 Joshua Akey 实验室做博士后研究。2021 年 9 月入职复旦大学生命科学学院人类学系，任青年研究员。



一、研究方向及简介

主要通过人类基因组数据，运用群体遗传学和计算生物学手段进行人类遗传和进化研究，探索古人与现代人的人群混合，鉴定尼安德特/丹尼索瓦序列在现代人基因组的分布，揭示其进化、表型、功能上的重要意义。

二、2021 年度研究进展

1. 正常人中不同组织里的体细胞突变的鉴定与全面解析

通过对 5 个正常人、共 21 个不同组织的 DNA 样本进行全基因组及外显子组测序，运用已有方法（Mutect2 等）及团队自己发展的算法，鉴定不同组织/个人之间的体细胞突变（SNVs 和 indels），探索健康人/组织间的体细胞变异图谱以及与疾病相关的表达调控机制。（与普林斯顿大学合作课题）

2. 鉴定和探索藏族人群与丹尼索瓦人的人群混合历史及适应性表型进化

运用 38 个藏族人群的全基因组测序数据，将其与丹尼索瓦人参考基因组进行比对分析，通过 IBDmix 等方法，准确鉴定现代藏族人群基因组中的丹尼索瓦序列，并进一步发现其在表型进化和功能上的证据和意义。

三、获奖

获 2021 年上海市领军人才海外项目资助。

获 2021 年国家自然科学基金委海外优秀青年基金支持。

胡薇课题组

胡薇, 研究员, 应用分子生物学与遗传学、功能基因组学、生物信息学、生态学等手段, 研究人类重要寄生生物(日本血吸虫、棘球绦虫、疟原虫等)的遗传变异、分子进化、发育、感染过程及其与宿主的相互关系, 并发展新的预防、诊断和治疗方法。近年来承担了国家传染病重大专项、国家基础科研专项、国家重点国际合作项目、国家自然科学基金等多项研究。迄今, 在包括 Nature、Nature Genetics、Nature Communications 等国际学术刊物发表了论文 50 多篇, 共被引 800 多次。曾获上海市科技进步二等奖(2004, 第三完成人), 全国优秀博士论文(2005), 第四届中国青年女科学家奖(2007), 上海市“三八”红旗手标兵提名奖(2010), 中国女医师协会第二届五洲女子科技奖基础医学科研创新奖(2011), 上海市自然科学一等奖(2012 年, 第四完成人), 国家自然科学基金二等奖(2015 年, 第二完成人), 上海市科技进步奖(2017, 第一完成人)等。



课题组成员: 殷明波、李健

一、研究方向及简介

应用分子生物学与遗传学、功能基因组学、生物信息学、生态学等手段, 研究人类重要寄生生物(日本血吸虫、棘球绦虫、疟原虫等)的遗传变异、分子进化、发育、感染过程及其与宿主的相互关系, 并发展新的预防、诊断和治疗方法。

进化生态学/生物地理学: 水生节肢动物群体遗传与进化, 研究生物对变化环境的快速响应。

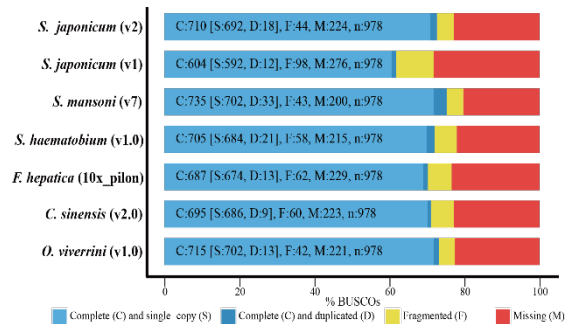
二、2021 年度研究进展

1. 完成了基于三代基因组的日本血吸虫基因组

现有日本血吸虫基因组草图序列组装质量不佳, 碎片化程度较高。为获得高质量日本血吸虫基因组, 本研究首先利用单毛蚴感染钉螺获得了克隆化的日本血吸虫虫株, 抽提单克隆化的日本血吸虫基因组 DNA 构建文库, 利用 PacBio 结合 Illumina 新一代测序技术进行测序, 共获得了 53 × PacBio 数据和 213 × Illumina 数据。组装后的基因组大小为 370.5 Mb, scaffold 和 contig 的 N50 分别为 1.09 Mb 和 871.9 kb, 与已发表的基因组草图 scaffold 和 contig 的 N50 相比, 分别提升了 6.2 倍及 142 倍。重复序列占基因组的 46.80%, 注释得到 10 089 个编码基因, 其中 96.5% 的基因存在功能注释。通过与曼氏血吸虫和埃及血吸虫进行比较基因组

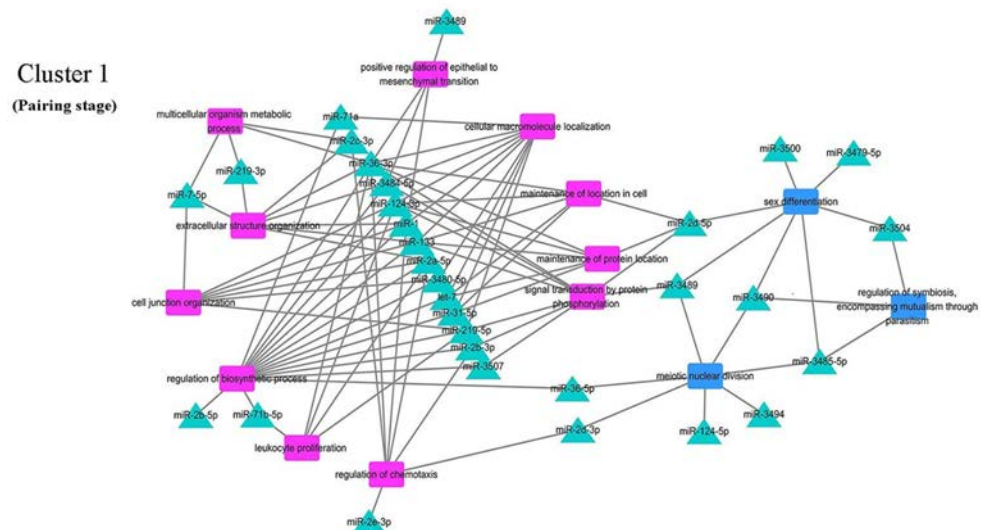
学分析, 我们发现在日本血吸虫中存在 20 个显著扩张的基因家族, 包括半胱氨酸蛋白酶、卵壳合成蛋白及锌指蛋白等。此外, 在日本血吸虫中发现了 105 个特异性扩张的基因家族, GO 富集分析显示这些扩张的基因家族主要其富集在蛋白水解及蛋白糖基化等分子功能。本研究提供了改良的高质量日本血吸虫的基因组草图及基因注释, 将为后续日本血吸虫的比较基因组学分析及分子生物学的研究提供非常重要的参考基因组。(PLoS NTD, 2019)

<i>S. japonicum</i>	V2	V1
Genome size (bp)	369,900,518	402,743,189
Number of scaffolds	1,789	25,048
Number of contigs	2,108	95,267
Longest scaffold (bp)	6,264,197	1,730,213
Average scaffold length (bp)	210,145	16,078
Number of scaffolds: >10 kb	1,052	4,707
Number of Gaps	319	70,219
Scaffold N50 (bp)	1,093,989	176,869
Contig N50 (bp)	871,911	6,121
GC content (%)	33.76	34.08
Repeat content (%)	46.87	44.56



2. 解析了不同发育阶段 miRNA 表达谱

miRNA 在许多细胞的代谢、分化、发育和繁殖过程中发挥作用生物。然而，miRNAs 在血吸虫雌雄虫的发育、成熟和产卵中的调节作用都不清楚。本研究通过 miRNA 测序检测和分析了 79 个已知的日本血吸虫 miRNA 从配对到产卵过程（14 天(dpi)、16、18、20、22、24、26、28 dpi）的动态表达谱，发现其表达谱可聚类成三种模式，分别对应合抱高表达组(cluster1)、成熟期高表达(cluster2)、产卵期高表达组(cluster 3)。miRNA cluster 靶向基因在雌虫和雄虫中的富集存在明显差异。通过对 miRNA 及其靶标调控的网络分析，我们发现 cluster 1 中有 15 个 miRNA 参与调控了雌、雄、虫宿主的相互作用、交流和免疫应答，其他 11 个 miRNA 是参与性别分化和减数分裂的细胞周期过程。在 cluster 2 中，有 11 个 miRNA 参与了发育和性成熟；在 cluster 3 中，有 45 个 mi 可能调节产卵物质的代谢和合成。对 miRNA 调控网络的分析将有助于理解其日本血吸虫发育和产卵机制的研究分子调控机制。（Veterinary Research, 2019）



王敬文课题组

王敬文，青年研究员，主要从事虫媒(按蚊、蜱虫)、肠道菌群与病原体(疟原虫、巴贝虫等)三者间相互作用机制的研究,通过了解三者免疫反应和营养代谢中的相互作用,寻找影响虫媒传播寄生虫的因素,探索防控虫媒传染病的新方法。近年来承担并参与了美国 NIH、国家自然科学基金、国家重点研发计划等多项研究。迄今,在包括 PNAS、Developmental and Comparative Immunology 等国际学术刊物发表了论文多篇。

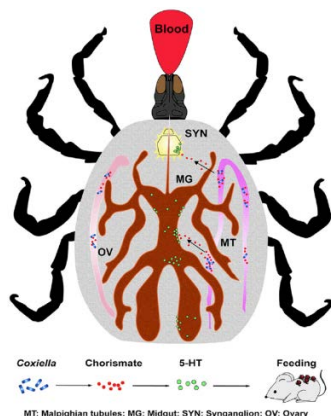


一、研究方向及简介

以虫媒传染病中的节肢动物为主要研究对象,研究虫媒,共生菌和病原体三者之间的相互作用关系,包括虫媒识别和防御病原体的机制,保护共生菌的机制,共生菌和病原体之间相互作用的机制等。

二、2021 年度研究进展

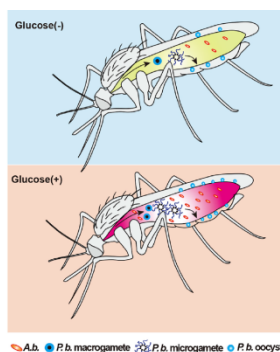
1. 蜱虫共生菌对其吸血行为的调控机制



发现蜱虫的共生菌通过调控蜱虫 5-羟色胺生成相关基因,促进 5-羟色胺的生成,从而促进蜱虫吸血。

发现蜱虫的共生菌通过调控蜱虫 5-羟色胺生成相关基因,促进 5-羟色胺的生成,从而促进蜱虫吸血。

2. 蜱蚊共生菌促进疟原虫感染

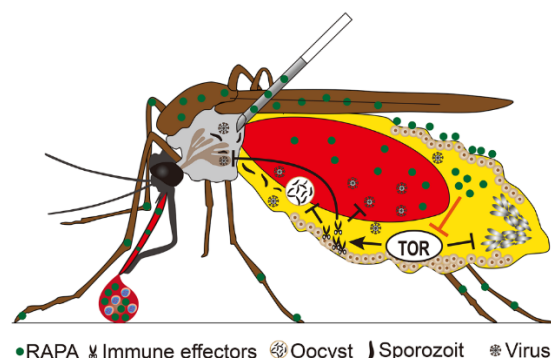


发现蚊虫的共生菌在高葡萄糖饮食下,糖代谢活性发生改变,增加蚊虫中肠 pH 值,从而促进疟原虫的感染。

发现蚊虫的共生菌在高葡萄糖饮食下,糖代谢活性发生改变,增加蚊虫中肠 pH 值,从而促

进疟原虫的感染。

3. 蚊虫 TOR 通路影响其传播疟原虫的能力



发现抑制蚊虫的 TOR 通路活性，可以激活蚊虫免疫系统，抑制疟原虫感染。

三、发表文章(*corresponding author, # co-first author)

1. Xu Y, Zhong Z, Ren Y, Ma L, Ye Z, Gao C, Wang J*, Li Y*. Antiviral RNA interference in disease vector (Asian longhorned) ticks. *PLoS Pathog.* 2021 Dec 3;17(12):e1010119.
2. Zhong Z, Zhong T, Peng Y, Zhou X, Wang Z, Tang H, Wang J*. Symbiont-regulated serotonin biosynthesis modulates tick feeding activity. *Cell Host Microbe.* 2021 Oct 13;29(10):1545-1557.e4.
3. Wang M, An Y, Gao L, Dong S, Zhou X, Feng Y, Wang P, Dimopoulos G, Tang H*, Wang J*. Glucose-mediated proliferation of a gut commensal bacterium promotes *Plasmodium* infection by increasing mosquito midgut pH. *Cell Rep.* 2021 Apr 20;35(3):108992.
4. Cao Y, Sun C, Wen H, Wang M, Zhu P, Zhong M, Li J, Chen X, Tang Y, Wang J*, Zhou B*. A yeast-based drug discovery platform to identify *Plasmodium falciparum* type II NADH dehydrogenase inhibitors. *Antimicrob Agents Chemother.* 2021 Mar 15;AAC.02470-20.
5. Feng Y, Chen L, Gao L, Dong L, Wen H, Song X, Luo F, Cheng G*, Wang J*. Rapamycin inhibits pathogen transmission in mosquitoes by promoting immune activation. *PLoS Pathog.* 2021 Feb 24;17(2):e1009353.
6. Feng Y, Tang J, Zhu D, Zhang Y*, Zhu G*, Wang J*. The Microbiota of Three *Anopheles* Species in China. *J Am Mosq Control Assoc.* 2021 Mar 1;37(1):38-40.

林燕丹课题组

林燕丹，林燕丹博士，复旦大学光源与照明工程系教授，博士生导师。国际照明委员会(CIE)第4分部中国国家代表，中国照明学会交通照明与光信号委员会主任。主要从事视觉舒适、健康及智慧照明控制研究。承担多项国家和地方政府专项基金，承担十三五国家重点研发项目，承担国家自然科学基金、国家大飞机重大专项、国家“863”、“973”项目中照明的视觉机理与动态控制策略的研究，专注光色与健康、安全、舒适的影响关系和表型机理研究及其在交通、医疗领域的应用。以第一作者或通讯作者身份发表论著等合计100余篇，上海市地方标准1项，申请专利23项，其中发明专利18项，已授权6项，实用新型专利12项，已授权12项。



一、研究方向及简介

交通照明与视觉工效，从人机工效学出发，探索照明技术与交通视觉作业安全、效率和心理生理健康关系。

光健康与光医疗，基于心理物理学和实验心理学，研究各类静态光参数、动态光参数对人的健康的影响，以及光通过视觉通道对人体生理心理的影响机理。

汽车照明前沿技术，研究基于视觉安全的汽车前大灯性能策略、动态眩光的评价方式以及眩光评价模型研究。

二、2021 年度研究进展

1. 民用客机机内照明系统人机工效技术研究

从人眼视觉工效学出发，通过理论研究和人机工效实验，同时根据整体照明集成设计流程，以国际先进民用客机的机内（包括驾驶舱和客舱）照明技术水平为目标，在研究民用客机照明系统需求的基础上，通过先进手段（如仿真和模拟环境的模拟舱）和反复验证，完成满足人机工效要求的机内（包括驾驶舱和客舱）照明系统需求研究，为照明系统的集成设计提供理论支持，完成对照明系统的综合验证，并形成规范的验证方法。

2. 光在情绪干预中的研究及应用

针对光疗缓解抑郁症进行了量效研究。实验发现，实验采用的傍晚和清晨强光对非季节性抑郁倾向人群均有缓解的作用。傍晚和清晨强光使非季节性抑郁倾向者产生积极情绪，心率下降，高低压下降，且实验采用的傍晚强光明显优于清晨强光的作用($p=0.004<0.05$)；傍晚和清晨强光使无抑郁倾向者产生积极情绪，平复激动情绪，心率大幅下降，高低压呈相似变化趋势，两种强光作用无差异($p>0.05$)。

韩昇课题组



一、研究方向及简介

研究魏晋南北朝隋唐史，古代东亚世界、佛教史。

在国内首先开辟古代中国到日本的移民研究，出版了《日本古代的大陆移民研究》，文津出版社(台湾)，1995 年 7 月。进而拓展为古代东亚世界的研究，出版了《正仓院》，上海人民出版社；《东亚世界形成史论》，复旦大学出版社；《海东集—古代东亚史实考论》，上海人民出版社；《遣唐使和学问僧》，中华书局·上海古籍出版社。

出版国内第一部研究隋文帝的学术专著《隋文帝传》，人民出版社，1998 年 9 月，获福建省优秀社会科学成果一等奖。拓展魏晋隋唐时代社会阶层流动与士族政治的研究，在《历史研究》等国内外学术杂志发表学术论文约 150 篇。许多论文用日文在日本发表，或者被翻译成日文、韩文，在日本和韩国学术界产生重大影响，日本 NHK、《朝日新闻》等多次做过专门介绍与报道。

2010 年起，参加跨学科的历史人类学研究，发表了《曹操家族调查与跨学科研究的意义—韩昇教授在复旦大学的演讲》，《解放日报》2010 年 3 月 7 日《思想者》；《曹魏皇室世系考述》，《复旦学报》2010 年 3 期；主编《我们是谁》，复旦大学出版社，2011 年 9 月。

2012 年，取得历史系 985 项目“历史人类学研究”。主办“中国魏晋南北朝史学会会长会议”(第一届)，会议主题是用生命科学的方法研究中国古代史。

二、2021 年研究成果

1. **韩昇**. 上古国家治理中民本主义的建立，《中国社会科学报》2021 年 4 月 2 日第 2139 期；。

国家以何为本，关乎国家的性质及其治理的方向，而国家权力的来源则关乎其合法性的建立。这些都扎根于各个民族的历史文化传统之中，神话是人类对于原始文明起源的认识，从文化和政治角度来说，始祖代表着一个民族的基本特点，构成文化传统和政治的合法性。在黄帝事迹的叙述中，司马迁建立起中国古代政治领袖最为根本的条件，那就是除暴安良、顺应民心。这一条构成了中国政治最重要的合法性根源：天下不是一人一姓的天下，天命无常，唯有德者居之。大禹治水，商汤推翻夏桀乃奉天行伐，武王伐纣乃“天矜于民，民之所欲，天必从之”，周公推行德政、善政、法治等等说明上古国家给后世中国建立起民本主义的治国宗旨。

2. **韩昇**. 汉唐地方监察的制度性发展，《中国纪检监察》2021 年第 17 期。

潘悟云课题组

潘悟云，中国语言学家。上海师范大学教授，博士生导师，上海高校比较语言学 E-研究院首席研究员，复旦大学杰出访问学者。曾出任上海市社联副主席、国际中国语言学会中国大陆地区理事。此外，他还担任《中国语文》编委，《民族语文》编委，《语言研究》编委，《语言科学》编委，《东方语言学》主编。潘悟云的学术研究主要表现在两大方面。第一个方面为语言学研究。包括汉语史与东亚语言历史比较的成果，以及历史语言学的理论创新。第二个方面为平台学术的构建，特别是建立了国际上最大的东亚语言资源库。他的学术成果曾四次获得上海市哲学社会科学优秀成果一等奖。近年来承担了国家社科基金重大项目、教育部哲学社会科学研究重大课题攻关项目。



一、研究方向及简介

东亚语言的演化研究。语言演化是现代人类学中的一个组成部分。本研究方向分三个部分。第一步，建立庞大的东亚语言数据库。第二步，用历史比较的语音对应关系从数据库中提取东亚语言同源语素。第三步，通过同源语素来建立东亚语言的谱系，语言的历史层次，语言的演变过程。

二、研究进展

本年度研发了一种新的同源语素的确认方法，并用侗台、苗瑶 138 种语言做了同源语素的确认和切分。

文明的探索有三个窗口，遗传、语言和考古（早期文化），这三者互有关系，但并不完全相等。语言和人类都有演化的过程。人类演化研究的基本单位是基因，语言演化研究的基本单位则是同源语素。两者的关系非常相似：

基因	最小的遗传单位	遗传与变异	生命演化	载体：DNA	信息：基因序列
语素	最小的语言单位	起源与接触	语言演化	载体：语音	信息：音变链

生命演化与语言演化的基本原理相同，所以研究的技术和方法也基本相同。生命演化的现代方法是贝叶斯演化分析。语言学也是用同样的方法，2019 年金力团队在 Nature 上发表的文章就用这种方法揭示汉语分化的时间和地点。

研究生命演化要用基因测序技术，语言演化则用音变链测序技术。基因测序原来用光学技术，成本很高，时间很长。现在有了芯片技术，能够降低成本，缩短时间。语言的音变链测序技术也有过不同的发展阶段。马提索夫 STEDT 的人工方法用了三十几年的时间做成汉藏语的同源语素库。后来，马普进化所将通过

类似于编辑距离的数字技术来缩短时间，节省成本。但是他们的方法只是利用音义相似法，并没有历史比较法的语音对应关系。最近，我们用了新的音变链分析法，实现数字技术的突破，不只是极度地缩短时间，更重要地是通过语音对应关系，做到更精确的同源语素切分。

今年，我们的团队用音变链的数字技术，对 46 种苗瑶语和 92 种侗台语作了近 1000 种语素的切分，同源词的分析二十几万条。同源语素的确认和切分，实际上是一种统计的方法，统计的语言和词项数量越多，同源语素的确认越精确。

袁靖课题组

袁靖，1982年毕业于西北大学历史系考古专业，获历史学学士学位。1985年毕业于中国社会科学院研究生院考古系，获历史学硕士学位。1993年毕业于日本千叶大学研究生院自然科学研究科，获学术博士学位。1994-1997年主持调查和发掘了山东胶东半岛的21处贝丘遗址。国际动物考古学会(International Council of Archaeozoology)理事，中国第四纪研究委员会委员，中国第四纪研究委员会环境考古专业委员会副主任，东方考古研究中心兼职教授。第十三届全国政协文化文史和学习委员会委员。



课题组成员：董宁宁、朱旭初、薛轶宁、任晓莹

一、研究方向及简介

1. 古代人类与动物的关系
2. 古代人地关系
3. 科技考古

二、2021 研究进展

1. 著作《十二生肖的中国故事》已基本完稿，待出版。
2. 四川凉山乌东德水电站考古出土动物遗存的综合研究正式立项，目前已完成部分样品的初步鉴定工作。

三、发表论文

1. 袁靖：《进一步推进科技考古的三点认识》，王巍、余西云主编：《中国考古学理论与方法》，科学出版社。2020年12月，第28-34页。
2. 袁靖：《牛年说牛》，《中国政协报》2021年1月4日。
3. 袁靖：《牛年说牛》，《中国文物报》2021年1月29日。
4. 袁靖：《中国古代生业研究》，《南方文物》2021年第1期。
5. 袁靖：《生业与社会栏目导读》，《南方文物》2021年第1期。
6. Yuan Jing: A Zooarchaeological Study on the Origins of Animal Domestication in Ancient China, Chinese Annals of History of Science and Technology, Volume 5 Number 1 June 2021, 1-26. 袁靖：《中国古代家养动物起源的动物考古学研究》，《中国科学技术史（英文）》2021年第5卷第1期，第1-26页。

2021 年报

7. 袁靖:《中原地区的生业状况与中华文明早期发展的关系》,南京博物院编:《南博讲坛.2019 年:博物馆与地域文明》,江苏凤凰文明出版社,2021 年,第 93-114 页。
8. 袁靖:《科技助推考古学进入新时代》,《科学世界》2021 年第 10 期,第 1 页。
9. 袁靖:《生业与社会栏目导读》,《南方文物》2021 年第 4 期。
10. 袁靖:《生业与社会栏目导读》,《南方文物》2021 年第 5 期。
11. 袁靖:《探索未知揭示本源》,《中国政协报》2021 年 10 月 28 日。
12. 袁靖:《科技考古》,《江汉考古》2021 年第 6 期。

文少卿课题组

文少卿，2005 年本科（BA）毕业于南京师范大学生命科学学院；2014 年硕士（MPhil.）毕业于兰州大学基础医学院；2017 年博士（PhD.）毕业于复旦大学生命科学学院；2019 年复旦大学生命科学学院博士后；2019 年-至今，就职于复旦大学文物与博物馆学系/科技考古研究院，任青年副研究员。



课题组成员：杨旖旎、丁一、孙辰爽

硕士生：常欣、于瑶

本科生：蒋紫溪、田铮、常孟佳、洛桑塔杰、刀怡元、季小妍、张宇轩、叶有容、

一、研究方向及简介

主要从事分子考古学研究，基于最前沿的古基因组学手段，通过对不同时期和区域的考古文化出土骨骼的检测，系统梳理古代人群间的谱系源流关系，进而描述中华民族“血脉”融合的动态过程。具体包括：

- 1) 依托探源五期工程，聚焦仰韶庙底沟、龙山、先秦（夏商周）人群的谱系溯源研究，回答中国考古学中的文明起源这一核心问题，为建设中国特色中国风格中国气派的考古学贡献力量；
- 2) 依托社科重大项目，研究三到九世纪北方民族谱系，生动地反映各民族交流交往交融历史，为“铸牢中华民族共同体意识”提供新思路；
- 3) 托国自然面上项目，建设国家英烈 DNA 数据库，尝试形成考古法医学研究新范式，为爱国主义教育提供最为生动的素材。

二、2021 研究进展

1. 研究基于多重聚合酶链式反应（polymerase chain reaction, PCR）和单端 400bp（SE400）二代测序技术，自主设计并研发了一款新型法医 STR 二代测序检测试剂盒，该试剂盒包含 52 个常染色体 STR 基因座，81 个 Y 染色体 STR 基因座和 M175 单倍群。且系统进行了约 2200 次二代测序大规模测试评估和 2500 次一代测序全面验证。经验证，该试剂盒可广泛应用于法医学实践。本研究发表于 International Journal of Legal Medicine（《国际法医学杂志》，中科院一区）。
2. 基于复旦大学生物考古平台华大测序仪，使用了四个从公元前 1750 年到公元 60 年的样本，比较了国产 MGISEQ-2000 和 IlluminaX-Ten 对古人类 DNA 基因组的测试性能。结果发现，两种平台对于大多数参数（重复率、测序偏倚、 θ 、 δS 和 λ ）的差异不大。国产 MGISEQ-2000 在内源性和文库复杂度方面

表现较好，可用于古基因组测序研究。

3. 对新疆维吾尔自治区青河县隋唐时期依希根 M6 石圪塔出土的一匹殉马首次同时开展了古 DNA、古蛋白和 Y 染色体分型研究。古蛋白质组学结果明确其为家马。古 DNA 结果揭示该殉马极有可能为小型的蒙古马，与依据跖骨全长推算的马的肩高基本一致，其父系世系不属于现有的欧亚大陆西部常见支系，应为欧亚大陆东部新分支，母系线粒体世系为蒙古马常见支系 F1，毛色为栗色。蒙古马出现在阿勒泰地区的隋唐墓地中，可能反映了当地人群选育蒙古马来适应山区环境。

三、发表论文

1. Fan H, Wang L, Liu C, Lu X, Xu X, Ru K, Qiu P, Liu C, Wen SQ*. (2021) Development and validation of a novel 133-plex forensic STR panel (52 STRs and 81 Y-STRs) using single-end 400 bp massive parallel sequencing. **Int J Legal Med.** doi: 10.1007/s00414-021-02738-1.
2. Zhu KY, Du PX, Xiong JX, Ren XY, Sun C, Tao YC, Ding Y, Xu YR, Meng HL, Wang CC *, Wen SQ*. (2021) Comparative Performance of the MGISEQ-2000 and Illumina X-Ten Sequencing Platforms for Paleogenomics. **Front Genet.** 12:745508. doi: 10.3389/fgene.2021.745508.
3. 文少卿,于建军,魏偏偏,李悦,熊建雪,孙畅,杜盼新,丁一,蒙海亮.(2021) 新疆阿勒泰地区依希根墓地出土马骨的分子考古研究. 西域研究 :1-15. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/65.1121.c.20210611.1344.002.html>.

胡耀武课题组

胡耀武，1991-1995 安徽农业大学茶业系本科，1995- 1998 安徽农业大学茶业系硕士研究生，1998-2002 中国科学技术大学科技史与科技考古系博士研究生，2001-2002 美国威斯康星大学人类学系联合培养博士生，2006 - 2008 德国马普进化人类学研究所访问学者，2018 - 2019 日本东京大学综合研究博物馆外专局领军人才培训，2019 年加入复旦大学文物与博物馆学系，复旦大学科技考古研究院教授，博导。中国科学技术史学会科技考古专业委员会主任；中国第四纪学会人类演化与环境考古专业委员会秘书长；《人类学学报》编委；《Asian Archaeology》编委。



一、研究方向及简介

1. 科技考古
2. 稳定同位素

二、2021 研究进展

1. 将在考古中应用稳定同位素分析首次命名为“稳定同位素生物考古学”（简称为“同位素生物考古学”），详细介绍其概念、研究简史、分析原理和研究目标。
2. 通过对新石器时代的广西邕宁顶蛳山、桂林甑皮岩、临桂大岩、四川大邑高山古城等遗址出土的人骨和动物骨骼以及更新世的广西巨猿动物群和东北亚地区猛犸象-披毛犀动物群化石牙齿的 C、N 和/或 C、O 稳定同位素分析，探讨人骨的污染机制，揭示了先民群体及个体的生存方式、健康和生生活史以及古生物的独特摄食行为。
3. 总结长江下游地区全新世海岸线的变迁以及对史前遗址分布、动植物资源利用的影响，梳理了已发表的人骨同位素数据，探讨了先民的生存策略对文化发展和人口增长的积极作用。

三、发表论文

1. Hu, Y. *(2021). Human subsistence strategies and adaptations in the Lower Yangtze River Region during the prehistoric era. *Frontiers in Earth Science*, 9, 654416.
2. Jiang, Q., Zhao, L.*, Guo, L., & Hu, Y.* (2021). First direct evidence of conservative foraging ecology of early *Gigantopithecus blacki* (~ 2 Ma) in Guangxi, southern China. *American Journal of Physical Anthropology*. 176(1): 93-108

3. Ma, J., Wang, Y., Baryshnikov, G. F., Drucker, D. G., McGrath, K., Zhang, H., ... & Hu, Y.* (2021). The Mammuthus-Coelodonta Faunal Complex at its southeastern limit: A biogeochemical paleoecology investigation in Northeast Asia. *Quaternary International*, 591: 93-106.
4. Yi, B., Liu, X., Yan, X., Zhou, Z., Chen, J., Yuan, H.*, & Hu, Y. * (2021). Dietary shifts and diversities of individual life histories reveal cultural dynamics and interplay of millets and rice in the Chengdu Plain, China during the Late Neolithic (2500–2000 cal. BC). *American Journal of Physical Anthropology*, 175(4): 762-776.
5. Zhu, S., Li, F.*, Chen, X., Fu, X., & Hu, Y. * (2021). Subsistence and health in Middle Neolithic (9000–7000 BP) southern China: new evidence from the Dingsishan site. *Antiquity*, 95(379): 13-26.
6. Wang, X.*, Shang, X.*, Smith, C., Wei, D., Zhang, J.*, Ruan, Q., & Hu, Y. Paleodiet reconstruction of human and animal bones at the Dalujiao cemetery in Early Iron Age Xinjiang, China. *International Journal of Osteoarchaeology*. Online, DOI: 10.1002/oa.3060
7. 胡耀武*. (2021). 稳定同位素生物考古学的概念, 简史, 原理和目标. *人类学学报*, 40(03): 526-534.
8. 刘晓迪, &胡耀武*. (2021). 华南地区新石器早中期动物骨中羟磷灰石的污染鉴别及机制——以广西桂林甑皮岩遗址为例. *第四纪研究*, 41(1), 189-200.
9. 刘晓迪, 王然, 胡耀武* (2021) 桂林市甑皮岩与大岩遗址人和动物骨骼的碳氮稳定同位素研究. *考古*, 7: 83-95.
10. 刘晓迪, 魏东, 王婷婷, 张昕煜, &胡耀武*. (2021). 内蒙古东南部战国时期的农业经济及人群融合. *人类学学报*, 40(05), 764-775.
11. 胡耀武, 胡松梅, 杨军凯. (2021). 驴鞠: 唐代贵妇打球骑的是驴. *光明日报*, 2021 年 02 月 28 日, 12 版

四、课题支撑

1. 纵向项目, 国家自然科学基金项目, 步氏巨猿的摄食行为及对其演化和灭绝的潜在影响, 2018.1-2021.12, 41773008, 在研, 主持

张萌课题组

张萌，2004-2008 吉林大学考古学系本科，2008-2011 吉林大学考古与博物馆学系硕士研究生，2012-2019 美国新墨西哥大学人类学系博士研究生，现任复旦大学文物与博物馆学系、复旦大学科技考古研究院青年副研究员。



一、研究方向及简介

1. 考古学理论
2. 史前考古

二、2021 研究进展

1. 晚更新世至早全新世细石叶技术的兴衰不仅仅是全球细石器化全景的一部分，而且对于理解人类面对气候波动时的适应变迁至关重要。通过运用路易斯·宾福德在《构建参考框架》（Constructing Frames of Reference, 2001 年）发展出来的宏观生态学方法，并将之置于间冰期和冰期的气候条件下，来解释东北亚晚更新世和早全新世细石叶工业的变异与变迁。
2. 除目前主导的文化历史框架外，对细石叶技术的研究应重点关注人类行为适应的趋同与辐射，进而考察石制品特征和组合呈现的差异与变迁。对“细石叶社会”的研究可以在细石叶技术类型学和技术适应之外进行社会考古学研究，把社会网络、觅食方式和技术组织结合起来，置于环境变迁的背景之下，构建起旧石器时代社会考古学，不仅需要对长时段技术和文化变迁的动力有所了解，而且需要发展出考察石器技术演变背后的社会组织的方法论。

三、发表论文

1. Mattison, Siobhán M.*, Neil G. MacLaren, Ruizhe Liu, Adam Z. Reynolds, Gabrielle D. Baca, Peter M. Mattison, **Meng Zhang**, Chun-Yi Sum, Mary K. Shenk, Tami Blumenfield, Christopher von Rueden, and Katherine Wander. 2021. Gender Differences in Social Networks Based on Prevailing Kinship Norms in the Mosuo of China. *Social Sciences* 10: 253. <https://doi.org/10.3390/socsci10070253>
2. Mattison, Siobhán M.*, Chun-Yi Sum, Adam Z. Reynolds, Gabrielle D. Baca, Tami Blumenfield, Sara Niedbalski, Ruizhe Liu, **Meng Zhang**, Lige Liu, Lin Wei, Mingjie Su, Hui Li, Mary K. Shenk, Katherine Wander. 2021. Using evolutionary theory to hypothesize a transition from patriliney to matriliney and back again among the ethnic Mosuo of Southwest China. *Matrix: A Journal for Matricultural Studies*, 2(1) special theme: Matricultural Societies of East Asia:90-117.
3. **Zhang, Meng**. 2021. Rethinking Microblade Technology Research in Northeastern Asia,

Journal of Paleolithic Archaeology, <https://doi.org/10.1007/s41982-021-00095-4>

4. Yu, P.-L., Ikeya, K., and **Zhang, M.*** 2021. Introduction: New Discoveries and Theoretical Implications for the Last Foraging and First Farming in East Asia. *Quaternary* 2021, 4:37. <https://doi.org/10.3390/quat4040037>
5. 李浩、雷蕾、李大伟, **张萌** 2021. 阿舍利技术与行为的意义——国外研究案例及启示,《人类学学报》, <https://doi.org/10.16359/j.1000-3193/AAS.2021.0011>
6. **Zhang, Meng** 2021. Late Pleistocene and Early Holocene Microblade-based Industries in Northeastern Asia: A Macroecological Approach to Foraging Societies. Forward by Lawrence G. Straus. BAR International Series 3056, Volume 6 of the series Archaeology of East Asia. BAR Publishing. (晚更新世与早全新世东北亚的细石叶工业: 觅食社会的宏观生态学研究)

生膨菲课题组

生膨菲, 2009年~2013年厦门大学历史系本科。2013年~2018年中国科学院大学考古学与人类学系, 硕博连读。2018年~2020年复旦大学文物与博物馆学系/科技考古研究院, 博士后。2020年11月至今复旦大学文物与博物馆学系、科技考古研究院, 青年副研究员。

课题组成员: 董宁宁、朱旭初、薛轶宁、任晓莹



一、研究方向及简介

利用植物考古、生物考古的研究方法, 通过对早期文明起源核心地区(黄河流域的石峁与长江流域的良渚)和汉唐丝绸之路沿线古城出土植物、动物和人骨遗存的科技考古研究, 探索全新世晚期气候变化背景下中国早期文明起源与古代文明互动的经济基础, 尝试构建中华农业文明演进过程与人类适应轨迹的考古学框架。

具体包括:

- 1) 黄土高原地区全新世晚期的旱作农业活动与社会复杂化
- 2) 环太湖地区良渚至青铜时代稻作农业社会的演进与人类适应
- 3) 汉唐丝绸之路的物质基础与西域屯田经济

二、2021 代表性成果

1. 通过综合研究包括石峁在内的黄土高原北部地区新石器时代晚期至青铜时代早期 27 处遗址出土炭化植物遗存的量化分析结果、12 处遗址炭化植物种子的 C、N 稳定同位素分析结果 (n=95)、7 处遗址的动物遗存量化分析结果、8 处遗址人骨 C、N 稳定同位素分析结果 (n=114), 本研究构建了石峁周边黄土高原地区距今 5000-3000 年的旱作农业活动与人类适应变化的时空框架; 结合古气候研究成果, 分析炭化植物遗存记录的粟黍比例、粟黍出土数量和粟黍种子 N 同位素值的历时性变化, 本研究发现了黄土高原北部距今 5000-3000 年期间支撑石峁文化与当地社会复杂性迅速出现农业发展策略。本研究发表于 *Environmental Archaeology* (《环境考古》) (SCI/A&HCI; IF: 2.21)

2. 通过对 2019 年度全国十大考古新发现之一——新疆奇台石城子汉代屯田城址西墙南段地层剖面的植硅体和孢粉进行鉴定和量化分析, 结合剖面出土大植物遗存的 ^{14}C 测年结果, 本研究显示石城子周围的自然植被在全新世晚期以荒漠草原植被为主, 在汉人进入天山北麓之时的气候环境转为相对温暖和湿润的状态, 这样气候条件的改善可能对 2000 年前汉文化在西域的出现与发展起到了重要的支

撑作用。本研究发表于 Journal of Archaeological Science: Reports (《考古科学杂志: 报告》)(A&HCI; IF: 1.668)

3. 通过对新疆奇台石城子遗址出土炭化植物遗存的植物考古研究,通过量化分析,结合历史文献,对两汉时期中原王朝有效治理和管辖西域的经济基础——屯田经济提出新的认识。本研究发表于《西域研究》(CSSCI; 影响因子: 0.456)

4. 结合太湖以东地区史前聚落考古调查与环境考古研究成果,本文通过对太湖以东考古遗址出土炭化水稻种子和水生植物遗存的量化分析,探讨了该地区马家浜文化至广富林文化时期(距今 7000-3800 年)的稻作农业发展与人类对水环境变化的适应过程。本研究发表于《农业考古》(北大中文核心期刊,影响因子: 0.32)

三、发表论文

1. 生彭菲,周宜静:《太湖以东地区的史前稻作农业与人类适应》,《农业考古》,2021 年第 6 期(第一作者、通讯作者)
2. 生彭菲,田小红,吴勇:《新疆奇台石城子遗址出土炭化植物遗存研究》,《西域研究》: 1-17[2021-11-11](第一作者、通讯作者)。
3. **Pengfei Sheng**, Yang Liu, Xiaohong Tian, Yong Wu, Ying Guan.(2021). Paleo-environmental implications of the micro-botanical remains recovered from a military garrison of Han Dynasty in Xinjiang, Journal of Archaeological Science: Reports, Vol. 39, 103176.
4. **Pengfei Sheng**, Xue Shang, Xinying Zhou, Michael Storozum, Liping Yang, Xiaoning Guo, Pengcheng Zhang, Zhanwei Sun, Songmei Hu, Zhouyong Sun, Yaowu Hu. Feeding Shimaos: (2021) Archaeobotanical and isotopic investigation into early urbanism (4200-3000 BP) on the northern Loess Plateau, China, Environmental ArchaeologyDOI:10.1080/14614103.2021.2009995

四、课题支撑

1. 纵向项目,国家社会科学基金青年项目,渭河流域新石器中期至秦汉时期农业活动与土壤质量演变研究,2021.12-2024.12, 21CKG022, 在研,主持。
2. 纵向项目,上海市哲学社会科学规划青年项目,上海市奉贤区柘林遗址良渚文化史前人类的生业经济研究,2019.09-2022.09, 2019ELS006, 在研,主持。

七发表论文、专著和专利

1.出版专著列表

- 1) 李辉（紫晨）(2021)茶道经译著. 上海:复旦大学出版社.

2、文章列表(*corresponding author, # co-first author)

- 1 Liu J#, Tang Y#, Huang Y#, Gao J, Jiang S, Liu Q, Ma Y, Qian X, Qian F, Reveille JD, He D, Zou H, Jin L, Zhu Q*, Pu W*, Wang J*. Single-cell analysis reveals innate immunity dynamics in ankylosing spondylitis (Letter to Editor).Clinical and Translational Medicine. 2021.Mar;11(3):e369.
- 2 Sun Xue-feng€©, Wen Shao-qing€, Lu Cheng-qiu, Zhou Bo-yan, Curnoe Darren©, Lu Hua-yu, Li Hong-chun, Wang Wei, Cheng Hai, Yi Shuang-wen, Jia Xin, Du Pan-xin, Xu Xing-hua, Lu Yi-ming, Lu Ying, Zheng Hong-xiang, Zhang Hong, Sun Chang, Wei Lan-hai, Han Fei, Huang Juan, Edwards R. Lawrence, Jin Li, LI Hui© (2021) Ancient DNA and multi-method dating confirm the late arrival of anatomically modern humans in southern China. PNAS,118 (8) e2019158118.
- 3 Caiyong Yin#, Ziwei He#, Yi Wang, Xi He, Xiao Zhang, Mingying Xia, Dian Zhai, Kaichuang Chang, Xueyun Chen, Xingneng Chen, Feng Chen , Li Jin *, Shilin Li*.Improving the regional Y-STR haplotype resolution utilizing haplogroup-determining YSNPs and the application of machine learning in Y-SNP haplogroup prediction in a forensic Y-STR database: A pilot study on male Chinese Yunnan Zhaoyang Han population. Forensic Sci Int Genet.2021.Review
- 4 Zhuoma Basang#, Shixuan Zhang#, La Yang#, Deji Quzong, Yi Li, Yanyun Ma, Meng Hao, WeiLin Pu, Xiaoyu Liu, Hongjun Xie, Meng Liang, Jiucun Wang*, Qiangba Danzeng*. Correlation of DNA methylation patterns to the phenotypic features of Tibetan elite alpinists in extreme hypoxia.Journal of Genetics and Genomics. 2021 Oct 20;48(10):928-935.
- 5 Hao M, Pu W, Li Y, Wen S, Sun C, Ma Y, Zheng H, Chen X, Tan J, Zhang G, Zhang M, Xu S, Wang Y*, Li H*, Wang J*, Jin L*. The HuaBiao project: whole-exome sequencing of 5000 Han Chinese individuals. J Genet Genomics.2021 Nov 20;48(11):1032-1035.
- 6 Wen Shaoqing, Du Panxin, Sun Chang, Cui Wei, Xu Yiran, Meng Hailiang, Shi Meisen, Zhu Bofeng, Li Hui. Dual origins of the Northwest Chinese Kyrgyz: the admixture of Bronze age Siberian and Medieval Niru'un Mongolian Y chromosomes.Journal of Human Genetics..2021. in press.
- 7 Liu Jiaying, Gu Xun, Li Hui. Assembly of 97 novel bacterial genomes in the microbial community affiliated with polyvinyl alcohol in soil of northern China.Biomed Research International. 2021in press
- 8 YU Xueer, LI Hui. Origin of ethnic groups, linguistic families, and civilizations in China viewed from the Y chromosomes.Molecular Genetics and Genomics. 2021. 296:783–797.
- 9 Li Y, Liang M, Yin X, Liu X, Hao M, Hu Z, Wang Y*, Jin L*. COVID-19 epidemic outside China: 34 founders and exponential growth. J Investig Med.2021. Jan;69(1):52-55.
- 10 Yi Li#, Yanyun Ma#, Kun Wang, MengHan Zhang, Yi Wang, Xiaoyu Liu, Meng Hao, Xianhong Yin, Meng Liang, Hui Zhang, Xiaofeng Wang, Xingdong Chen, Yao Zhang, Wen Yuan Duan, Longli Kang, Bin Qiao, Jiucun Wang*, Li Jin*.Using Composite Phenotypes to Reveal Hidden Physiological Heterogeneity in High-Altitude Acclimatization in a Chinese Han Longitudinal Cohort.Phenomics.2021(1)1;3-14.
- 11 吴佳姿#, 殷杏, 李紫君, 孙畅, 谭婧泽*.汉族人群体部测量表型的相关性.解剖学杂志.2021, 44(2): 147-151.
- 12 吴佳姿#, 孙畅, 文少卿, 谭婧泽*.汉族人群肢体测量表型的地区差异.解剖学报.2021.52(5): 803-811.
- 13 曹家望#, 燕君, 李黎明, 乔辉, 孙畅, 文少卿, 谭婧泽*.基于三维人脸模型及人工测量数据分析现代中国人群面部表型的性别差异.人类学学报.2021.40(4): 664-678.

- 14 孙畅#, 文少卿, 张梦翰, 李肖, 任晓莹, 管海娟, 韩康信, 熊建雪, 万雪娇, 谭婧泽*.新疆察吾呼墓地出土人骨的颅骨测量学研究.西域研究.2021.<https://kns.cnki.net/kcms/detail/65.1121.C.20210617.0932.002.html>.
- 15 熊建雪#, 陈国科, 殷杏, 蒙海亮, 杨谊时, 陶驿辰, 谭婧泽, 李辉, 文少卿*.黑水国遗址汉代人群上颌窦炎研究. 人类学学报.<https://doi.org/10.16359/j.cnki.cn11-1963/q.2020.0031>
- 16 Wang Lufei, Sang Siyao, Su Mingjie, Wang Simin, Li Hui.Tea Flavonoids Inhibiting Multiple Proteins Related to SARS-Cov-2 Judged from Molecular Docking.Ann Virol Res.5(1): 1035-1045.
- 17 李辉.用茶叶实现经络可视化.大学科普.(2021) 15(3):29-34.
- 18 王露飞, 李辉. 铜壶滴水法冲泡绿茶. 大学科普.(2021).15(3):38-39.
- 19 李辉. 看见经络.环球.(2021).774(8):54-56.
- 20 周娟娟, 李辉.丹尼索瓦人长啥样.世界科学.2021.44(9):44-46.
- 21 Zhong Z#, Zhong T, Peng Y, Zhou X, Wang Z, Tang H, Wang J*.Symbiont-regulated serotonin biosynthesis modulates tick feeding activity. Cell Host Microbe. 2021.Oct 13;29(10)1545-1557.
- 22 Sun, Dayan#; Niu, Zhenmin#; Zheng, Hong-Xiang#; Wu, Fei; Jiang, Liuyiqi; Han, Tian-Quan; Wei, Yang; Wang, Jiucun*; Jin, Li*.A Mitochondrial DNA Variant Elevates the Risk of Gallstone Disease by Altering Mitochondrial Function.Cellular andmoleculargastroenterologyandhepatology.2021.11(4):1211-1226.e15.
- 23 Wang M#, An Y#, Gao L#, Dong S, Zhou X, Feng Y, Wang P, Dimopoulos G, Tang H*, Wang J*.Glucose-mediated proliferation of a gut commensal bacterium promotes Plasmodium infection by increasing mosquito midgut pH.Cell Rep.2021 Apr 20;35(3)108992.
- 24 Pu W#, Zhang R#, Ma Y, Liu Q, Jiang S, Liu J, Zhao Y, Tu W, Guo G, Zuo X, Wang Q, Chen Y, Wu W, Zhou X, Distler JW, Reveille JD, Zou H, Jin L, Mayes MD, Wang J*.Genetic associations of non-MHC susceptibility loci with systemic sclerosis in a Han Chinese population.Journalofinvestigativedermatology.2021. Accept
- 25 Pu, Weilin#; Wu, Wenyu#; Liu, Qingmei#; Ma, Yanyun#; Tu, Wenzhen#; Zuo, Xianbo#; Guo, Gang#; Jiang, Shuai; Zhao, Yinhan; Zuo, Xiaoxia; Wang, Qingwen; Yang, Li; el..., Mayes, Maureen D.; Jin, Li; Lee, Eun Bong; Zhang, Xuejun; Xu, Jinhua; Zhang, Zheng; Zhou, Xiaodong; Zou, Hejian; Wang, Jiucun.Exome-Wide Association Analysis Suggests LRP2BP as a Susceptibility Gene for Endothelial Injury in Systemic Sclerosis in the Han Chinese.Journalofinvestigativedermatology.2021 May;141(5):1254-1263.e6.
- 26 Betty Bonfante1*, Pierre Faux1*, Nicolas Navarro2,3, Javier Mendoza-Revilla4,5, Morgane Dubied2,Charlotte Montillot6, Emma Wentworth7, Lauriane Poloni2,3, Ceferino Varón-González8,el...,Caroline Costedoat1, David Balding9,32, Timothy Cox33, Manfred Kayser10, Laurence Duplomb6,Binnaz Yalcin6, Justin Cotney7, Kaustubh Adhikari34,9†, Andrés Ruiz-Linares1,9,35†.A GWAS in Latin Americans identifies novel face shape loci, implicating VPS13B and a Denisovan introgressed region in facial variation. Human Genetics.2021; 7 : eabc6160.
- 27 Feng Y#, Chen L#, Gao L, Dong L, Wen H, Song X, Luo F, Cheng G*, Wang J*.Rapamycin inhibits pathogen transmission in mosquitoes by promoting immune activation. PLoS Pathog.2021 Feb 24;17(2):e1009353.
- 28 Zhu KY, Du PX, Xiong JX, Ren XY, Sun C, Tao YC, Ding Y, Xu YR, Meng HL, Wang CC *, Wen SQ*.Comparative Performance of the MGISEQ-2000 and Illumina X-Ten Sequencing Platforms for Paleogenomics.Front Genet. 2021. 745508.
- 29 Feng Y#, Tang J, Zhu D, Zhang Y*, Zhu G*, Wang J*.The Microbiota of Three Anopheles Species in China.J Am Mosq Control Assoc.2021 Mar 1;37(1):38-40.
- 30 Xiao W*, #, Ren L#, Chen Z, Fang LT, Zhao Y, el..., Hong H, Wang C*, Shi L*.Toward best practice in cancer mutation detection with whole-genome and whole-exome sequencing.Nat

- Biotechnol.2021;39(9):1141-1150.
- 31 Fang LT#, Zhu B#, Zhao Y#, Chen W, Yang Z, et al., Butler D, Mason CE, Hong H*, Shi L*, Wang C*, Xiao W*.Establishing community reference samples, data and call sets for benchmarking cancer mutation detection using whole-genome sequencing.Nat Biotechnol.2021;39(9):1151-1160.
 - 32 Yanfeng Jiang#, Mei Cui#, Weizhong Tian, Sibozhu, Jinhua Chen, Chen Suo, Zhenqiu Liu, Ming Lu, Kelin Xu, Min Fan, Jiucun Wang, Qiang Dong, Weimin Ye, Li Jin, Xingdong Chen*.Lifestyle, multi-omics features, and preclinical dementia among Chinese: The Taizhou Imaging Study.Alzheimer's & Dementia.2021. 17(1): 18-28.
 - 33 Ziyang Hu#, Chengdong Zhang#, Shuai Wang, Siqi Gao, Jingjing Wei, Miaomiao Li, Linghui Hou, Huilin Mao, Yanyan Wei, Tao Qi, Hongmao Liu, Dong Liu, Feng Lan, Daru Lu, Hongyan Wang*, Jixi Li*, Yongming Wang*.Discovery and engineering of small SlugCas9 with broad targeting range and high specificity and activity.Nucleic Acids Research.2021 Apr 19;49(7):4008-4019.
 - 34 Shuai Wang#, Huilin Mao, Linghui Hou, Ziyang Hu, Yao Wang, Tao Qi, Chen Tao, Yuan Yang, Chengdong Zhang, Miaomiao Li, Huihui Liu, Shijun Hu, Renjie Chai*, Yongming Wang*.Compact SchCas9 Recognizes the Simple NNGR PAM.Advanced Science.DOI: 10.1002/adv.202104789
 - 35 Guo-Chong Chen#, Rhonda Arthur, Li-Qiang Qin, Li-Hua Chen, Zhendong Mei, Yan Zheng, Yang Li, Tao Wang, Thomas E Rohan, Qibin Qi*.Association of Oily and Non-oily Fish Consumption and Fish Oil Supplements With Incident Type 2 Diabetes: A Large Population-Based Prospective Study.Diabetes Care.2021 Mar;44(3):672-680.
 - 36 Gong B#, Li D#, Kusko R#, Novorodovskaya N, Zhang Y, et al.,Thierry-Mieg J, Thodima VJ, Thomas D, Tichý B, Tom N, Garcia EV, Verma S, Walker K, Wang C, Wang J, Wang Y, Wen Z, Wirta V, Wu L, Xiao C, Xiao W, Xu S, Yang M, Ying J, Yip SH, Zhang G, Zhang S, Zhao M, Zheng Y, Zhou X, Mason CE, Mercer T, Tong W, Shi L*, Jones W*, Xu J*.Cross-oncopanel study reveals high sensitivity and accuracy with overall analytical performance depending on genomic regions.Genome Biol.2021; 22(1):109
 - 37 Sun Xue-feng©, Wen Shao-qing©, Lu Cheng-qiu, Zhou Bo-yan, Curnoe Darren©, Lu Hua-yu, Li Hong-chun, Wang Wei, Cheng Hai, Yi Shuang-wen, Jia Xin, Du Pan-xin, Xu Xing-hua, Lu Yi-ming, Lu Ying, Zheng Hong-xiang, Zhang Hong, Sun Chang, Wei Lan-hai, Han Fei, Huang Juan, Edwards R. Lawrence, Jin Li, LI Hui©*. Ancient DNA and multi-method dating confirm the late arrival of anatomically modern humans in southern China. PNAS. 2020. 118 (8) e2019158118.
 - 38 Darren Curnoe, Hong-chun Li, Bo-yan Zhou, Chang Sun, Pan-xin Du, Shao-qing Wen, Xue-feng Sun, Hui Li*.Reply to Martín-Torres et al. and Higham and Douka: Refusal to acknowledge dating complexities of Fuyan Cave strengthens our case.PNAS. 2020.118 (22) e2104818118.
 - 39 Rui Wang#, Chunyan Qian#, Yanan Pang, Miaomiao Li, Yu Yang, Haijing Ma, Manying Zhao, Feng Qian, Hang Yu, Zhenping Liu, Ting Ni*, Yan Zheng*, Yongming Wang*.opvCRISPR: One-pot visual RT-LAMP-CRISPR platform for SARS-cov-2 detection.Biosens Bioelectron. 2021 Jan 15;172:112766.
 - 40 Sibozhu#, Yanfeng Jiang, Kelin Xu, Mei Cui, Weimin Ye, Genming Zhao, Li Jin, Xingdong Chen*.The Progress of Gut Microbiome Research Related to Brain Disorders.Journal of Neuroinflammation. (2020) 17(1): 25.
 - 41 Zhonghan Sun#, Zhi-Gang Song#, Chenglin Liu#, Shishang Tan#, Shuchun Lin, Jiajun Zhu, Fa-Hui Dai, Jian Gao, Jia-Lei She, Zhendong Mei, Tao Lou, Jiao-Jiao Zheng, Yi Liu, Jiang He, Yuanting Zheng, Chen Ding, Feng Qian, Yan Zheng*, Yan-Mei Chen*.Gut microbiome alterations and gut barrier dysfunction were associated with host immune homeostasis in COVID-19 patients. BMC Medicine.2021 Accepted.
 - 42 Gao N#, Zhang CD, Hu ZY, Li MM, Wei JJ, Wang YM*, Liu HH*.Characterization of Brevibacillus laterosporus Cas9 (BlatCas9) for mammalian genome editing.Front Cell Dev Biol.2020 Oct 19.
 - 43 Qi T#, Wu FJ#, Xie YQ#, Gao SQ, Li MM, Pu J, Li DL, Lan F*, Wang YM*.Base editing mediated generation of point mutations into human pluripotent stem cells for modeling disease.Front Cell Dev Biol. 2020; 8: 590581.
 - 44 Yanfeng Jiang#, Heyang Lu#, Qihong Man#, Zhenqiu Liu, Liping Wang, Yingzhe Wang, Chen Suo, Tiejun Zhang, Li Jin, Qiang Dong, Mei Cui*, Xingdong Chen*.Stroke burden and mortality attributable

- to ambient fine particulate matter pollution in 195 countries and territories and trend analysis from 1990 to 2017. *Environmental Research*. (2020) 184: 109327.
- 45 Yanfeng Jiang#, Qiuhong Man#, Zhenqiu Liu, Yingzhe Wang, Chen Suo, Li Jin, Qiang Dong, Mei Cui*, Xingdong Chen*. Temporal trends in the mortality rate of Alzheimer's disease and other dementias attributable to smoking, 1990–2017. *Environmental Research*. (2020) 184: 109183.
 - 46 Zhenqiu Liu#, Chunqing Lin, Lina Mu, Chen Suo, Weimin Ye, Li Jin, Silvia Franceschi, Tiejun Zhang*, Xingdong Chen*. The disparities in gastrointestinal cancer incidence among Chinese populations in Shanghai compared to Chinese immigrants and indigenous non-Hispanic white populations in Los Angeles, USA. *International Journal of Cancer*. (2020) 146(2): 329-340.
 - 47 Zhenqiu Liu#, Xianhua Mao#, Kangkang Yu, Chen Suo, Li Jin, Tiejun Zhang*, Xingdong Chen*. Prevalence of HCV resistance-associated substitutions among treatment-failure patients receiving direct-acting antiviral agents. *Journal of Viral Hepatitis*. (2020) 27(6): 585-592.
 - 48 Yin C#, Su K#, He Z, Zhai D, Guo K, Chen X, Jin L*, Li S*. Genetic Reconstruction and Forensic Analysis of Chinese Shandong and Yunnan Han Populations by Co-Analyzing Y Chromosomal STRs and SNPs. *Genes(Basel)*. 2020 Jul 3;11(7):743.
 - 49 Wang L#, Sun C, Li X, Mao C, Qian J, Wang J, Wu J, Li Q, Bai C, Han B, Gao Z, Xu J, Yin J, Liu Z, Lu D, Jin L, Wang H*. A pharmacogenetics study of platinum-based chemotherapy in lung cancer: ABCG2 polymorphism and its genetic interaction with SLC31A1 are associated with response and survival. *Journal of Cancer*. in press.
 - 50 Dayan Sun, Shun Yao , Fei Wu, Wan Deng , Yanyun Ma, Li Jin* , Jiucun Wang*, Xiaofeng Wang*. Mitochondrial DNA Haplogroup M7 Confers Disability in a Chinese Aging Population. *Front Genet*. 2020 Oct 23;11:577795.
 - 51 Jiahui Fan#, Zhenqiu Liu#, Xianhua Mao, Xin Tong, Tiejun Zhang, Chen Suo**, Xingdong Chen**. Global Trends in the Incidence and Mortality of Esophageal Cancer from 1990 to 2017. *Cancer Medicine*. (2020) 9(18): 6875-6887.
 - 52 Zhenqiu Liu#, Xianhua Mao, Li Jin, Tiejun Zhang*, Xingdong Chen*. Global burden of liver cancer and cirrhosis among children, adolescents, and young adults. *Digestive and Liver Disease*. (2020) 52(2): 240-243.
 - 53 Li Gao, Xiumei Song and Jingwen Wang*. Gut microbiota is essential. *Parasites & Vectors*. (2020) 13:3.
 - 54 Mengfei Wang and Jingwen Wang*. Glucose transporter GLUT1 influences Plasmodium berghei infection in Anopheles stephensi. *Parasites & Vectors*. (2020) 13:285.
 - 55 Jingcheng Yang #, Jun Shang #, Qian Song #, Zuyi Yang , Jianing Chen , Ying Yu*, Leming Shi*. ECCDIA: an interactive web tool for the comprehensive analysis of clinical and survival data of esophageal cancer patients. *BMC CANCER*. 2020 Oct 12;20(1):985. doi: 10.1186/s12885-020-07479-9.
 - 56 S. Yao#, Y. S. Zhu, G. P. Shi, J. H. Guo, Z. D. Wang, X. F. Chu, X. Y. Jiang, Li Jin* , Xiao-Feng Wang*. Associations of TNF-Alpha-308 G > A and TNF-Beta 252 A > G with Physical Function and BNP-Rugao Longevity and Ageing Study. *JOURNAL OF NUTRITION HEALTH & AGING*. 2020;24(3):358-363.
 - 57 Dong Z#, Zhou J#, Jiang S, Li Y, Zhao D, Yang C, Ma Y, He H, Ji H, Jin L, Zou H*, Wang J*. Epistatic interaction between PKD2 and ABCG2 influences the pathogenesis of hyperuricemia and gout. *Heredity*. 2020 Jan 27;157(1):2.
 - 58 Yi Li # , Meng Liang #, Xianhong Yin, Xiaoyu Liu, Meng Hao, Zixin Hu, Yi Wang*, Li Jin*. COVID-19 epidemic outside China: 34 founders and exponential growth. *J Investig Med*. 2020 Jul 3;jim-2020-001491.
 - 60 蒋刘一琦, 包黎明, 钱巧霞, 金力, 王久存*. 吸烟对健康人群唾液微生物组的影响. 吸烟对健康人群唾液微生物组的影响. 2020;47(09):2913-2922