陈力 Li Chen



助理研究员 · 西湖大学工学院 ｜ **计算生物学 / 统计遗传学**

邮箱：chenli@westlake.edu.cn | 性别：男

通讯地址：浙江省杭州市西湖区墩余路 600 号，西湖大学云谷校区工学院

ORCID：0000-0002-8200-7681 | GitHub：github.com/LiChen1990 | Google Scholar

个人简介

拥有十余年计算生物学经验的生物医药研究者，聚焦统计遗传学与 AI 方法，致力于以“单细胞基础模型 + 多组学遗传学”推动创新药早期研发；研究从人类遗传学数据出发，为复杂疾病（目前以脑疾病为主）寻找有遗传学证据支持的药物靶点。博士毕业于德国柏林洪堡大学，曾在西湖大学杨剑教授课题组从事博士后研究，现任西湖大学工学院助理研究员。代表作以第一 / 共同第一作者发表于 *Nature Communications* 和 *American Journal of Human Genetics*。

- **遗传学驱动的靶点发现：**熟练运用 GWAS、eQTL、共定位与 SMR 等方法进行多组学整合分析，从人类遗传学证据出发，结合细胞语境依赖的遗传效应，对复杂疾病（以脑疾病为主）的候选致病基因和非编码 RNA 靶点进行优先排序（AJHG 2026；Nature Communications 2026）。
- **AI 赋能的单细胞与空间组学分析：**参与开发空间多组学基因调控网络推断框架 STARNet，以及基于组织学图像预测空间转录组的深度学习方法 THItoGene。
- **面向药物研发：**参与国家重点研发计划“多组学和人工智能技术在疾病靶点发现和药物发现的创新与应用”，以及国家自然科学基金重大项目课题“镜像核酸适配体的优化与药效评价”。下一步目标是通过计算与实验的闭环，推进靶点发现和核酸药物的设计优化。

教育背景

博士学位 · 生物信息学 2016.09 – 2021.04

德国柏林洪堡大学生物学院　导师：Kerstin Kaufmann 教授

硕士学位 · 生物信息学 2013.09 – 2016.03

浙江大学农业与生物技术学院生物信息学研究所　导师：樊龙江教授

学士学位 · 设施农业科学与工程 2009.09 – 2013.06

华中农业大学园艺林学学院

工作经历

助理研究员 · 西湖大学工学院 2024.08 – 至今

导师：曾坚阳教授　｜　方向：AI 驱动的单细胞/空间组学分析方法开发

博士后 · 西湖大学生命科学学院 2021.08 – 2024.07

导师：杨剑教授　｜　方向：多组学整合分析与统计遗传学方法开发

科研项目

国家重点研发计划：多组学和人工智能技术在疾病靶点发现和药物发现的创新与应用
项目编号 SQ2025YFC3400197 ｜ 2026.01 – 2028.12 ｜ 本人角色：参与

国家科技重大专项：机体感知和调控肿瘤演进的途径和机制研究
项目编号 2024ZD0525100 ｜ 2025.02 – 2029.01 ｜ 本人角色：参与

国家自然科学基金重大项目课题：镜像核酸适配体的优化与药效评价
所属重大项目：镜像生物大分子的合成与应用（课题 4）
项目编号 T2596084 ｜ 2026.01 – 2030.12 ｜ 本人角色：主要参与者

论文发表

本人姓名加粗；# 共同第一作者，* 通讯作者；IF 为期刊影响因子；★ 为代表作；年份与卷期按正式出版信息。

第一 / 共同第一作者论文

[1] Yuran Jia[#], **Li Chen**[#], Liyang Song, Tianyi Zheng, Jian Yang, Yadong Wang, Tianyi Zhao. Mapping genetic regulation of gene expression to cellular contexts identifies long non-coding RNAs associated with brain disorders. *Nature Communications*, 2026, 17: 10314. **IF 18.9 ★ 代表作**
用 2,443 人的皮层转录组结合去卷积估计的细胞类型比例做全转录组交互 eQTL 分析，鉴定 3,763 个遗传效应依赖细胞语境的 lncRNA；118 个 lncRNA–性状共定位中约三分之二只有建模细胞语境后才能检测到。

[2] **Li Chen**, Yazhou Guo, Junren Hou, Wen Yang, Ting Qi, Jian Yang. Genetic control of non-coding RNAs in the human brain and their implications for complex traits. *American Journal of Human Genetics*, 2026, 113(1): 149–167. **IF 8.1 ★ 代表作**
基于 2,865 份人脑皮层样本绘制 lncRNA 与 circRNA 的 eQTL 图谱，发现其遗传调控很大程度上独立于邻近蛋白编码基因，并为 72 个与蛋白编码基因 eQTL、剪接 QTL 均无共定位证据的 GWAS 信号提供了候选 lncRNA。

[3] **Li Chen**[*], Qian-Hao Zhu. The evolutionary landscape and expression pattern of plant lincRNAs. *RNA Biology*, 2022, 19(1): 1190–1207. **IF 4.8**
在 26 个植物物种（含 6 个非开花植物）中系统鉴定 lincRNA，并基于序列与共线性比较其在不同进化层级的保守性；保守 lincRNA 富集组蛋白修饰与转录因子结合信号，提示其具有生物学功能。

[4] **Li Chen**, Enhui Shen, Yunlei Zhao, Hongmei Wang, Iain Wilson, Qian-Hao Zhu. The conservation of long intergenic non-coding RNAs and their response to *Verticillium dahliae* infection in cotton. *International Journal of Molecular Sciences*, 2022, 23(15): 8594. **IF 6.2**
在两个栽培异源四倍体棉种及其二倍体祖先种中鉴定 lincRNA，发现 lincRNA 对黄萎病菌侵染的响应与其保守程度正相关，并鉴定到了可能参与抗病反应的候选 lincRNA。

[5] **Li Chen**, Qian-Hao Zhu, Kerstin Kaufmann. Long non-coding RNAs in plants: emerging modulators of gene activity in development and stress responses. *Planta*, 2020, 252: 92. **IF 3.4** 综述
综述植物 lncRNA 在发育与胁迫响应中的功能，归纳其在表观、转录、转录后和翻译水平的作用机制，并提出 lncRNA 功能研究的实验框架。

[6] **Li Chen**, Yongyi Yu, Xinchen Zhang, Chen Liu, Chuyu Ye, Longjiang Fan. PcircRNA_finder: a software for circRNA prediction in plants. *Bioinformatics*, 2016, 32(22): 3528–3529. **IF 5.8 ★ 代表作**
针对植物基因组特点设计的环状 RNA 识别软件，整合五种比对工具给出的反向剪接候选并按剪接信号过滤；在拟南芥与水稻的模拟和真实数据中，灵敏度高于 find_circ、CIRCexplorer 等工具。

[7] Chu-Yu Ye[#], **Li Chen**[#], Chen Liu, Qian-Hao Zhu, Longjiang Fan. Widespread noncoding circular RNAs in plants. *New Phytologist*, 2015, 208(1): 88–95. **IF 7.7 ★ 代表作**
植物环状 RNA 的早期全基因组研究：在水稻和拟南芥中分别鉴定 12,037 和 6,012 个环状 RNA，并比较了植物与动物环状 RNA 在侧翼内含子等特征上的异同。

合作论文

[8] Lei Hu, Shichen Zhang, Xuting Zhang, …, **Li Chen**, …, Jianyang Zeng. STARNet enables spatially resolved inference of gene regulatory networks from spatial multi-omics data. *bioRxiv*, 2025. doi: 10.1101/2025.08.21.671434 预印本

[9] Yuxin Yi, Wenjie Xu, Pengcheng Mi, Siliang Ye, **Li Chen**, Neal M. Alto, Zixu Liu. Deubiquitinase-dependent transcriptional silencing controls inflammation. *Cell Research*, 2025, 35(9): 675–686. **IF 25.7**

[10] Yuran Jia, Junliang Liu, **Li Chen**, Tianyi Zhao, Yadong Wang. THItoGene: a deep learning method for predicting spatial transcriptomics from histological images. *Briefings in Bioinformatics*, 2024, 25(1): bbad464. **IF 9.5**

[11] Longbiao Guo, Jie Qiu, Chuyu Ye, …, **Li Chen**, …, Longjiang Fan. *Echinochloa crus-galli* genome analysis provides insight into its adaptation and invasiveness as a weed. *Nature Communications*, 2017, 8: 1031. **IF 12.4**

[12] Enhui Shen, Jun Zou, Falk Hubertus Behrens, **Li Chen**, …, Longjiang Fan. Identification, evolution, and expression partitioning of miRNAs in allopolyploid *Brassica napus*. *Journal of Experimental Botany*, 2015, 66(22): 7241–7253. **IF 5.5**

[13] Chu-Yu Ye, Zhangxiang Lin, Gengmi Li, …, **Li Chen**, …, Longjiang Fan. *Echinochloa* chloroplast genomes: insights into the evolution and taxonomic identification of two weedy species. *PLoS ONE*, 2014, 9(11): e113657. **IF 3.2**

[14] Jie Qiu, Jinwen Zhu, Fei Fu, …, **Li Chen**, …, Longjiang Fan. Genome re-sequencing suggested a weedy rice origin from domesticated *indica-japonica* hybridization: a case study from southern China. *Planta*, 2014, 240(6): 1353–1363. **IF 3.3**

软件与数据资源

- **PcircRNA_finder**（第一作者，Bioinformatics 2016） GitHub · 使用手册
  植物环状 RNA 识别软件：汇总五种比对工具给出的反向剪接位点，按植物基因结构注释，再用 U2 / U12 剪接信号和伪参考序列回比对过滤。
- **人脑非编码 RNA 遗传调控图谱**（第一作者，AJHG 2026） 数据下载 · 在线查询 · 分析代码
  基于 2,865 份人脑皮层样本的 lncRNA / circRNA eQTL 汇总统计（SMR 格式），可直接用于 SMR、共定位等分析，支持下载和在线查询。
- **Brain-ieQTL Atlas**（共同第一作者，Nature Communications 2026） 在线浏览 · 分析代码
  人脑蛋白编码基因与 lncRNA 的细胞语境交互 eQTL（ieQTL）汇总统计与转录组注释，可在线浏览和下载。

专业技能

统计遗传学	GWAS 信号的功能解析；eQTL 与细胞语境交互 eQTL 定位（tensorQTL、PEER）；共定位（COLOC）、SMR、mashr 与遗传力富集分析
组学数据分析	大规模 RNA-seq 数据处理；lncRNA / circRNA 鉴定与注释；单细胞与空间组学数据分析
AI 方法	深度学习与图神经网络（参与开发 THItoGene、STARNet）
编程与计算	Python、R、Perl、Shell；Linux 高性能计算环境

荣誉奖励

2019	Giens 会议海报/报告奖（法国）
2015–2016	研究生国家奖学金
2015–2016	浙江大学优秀毕业生、三好学生
2015–2016	浙江大学研究生荣誉奖
2013	华中农业大学优秀毕业生