

邬荣领简历

教育背景

1980-1990	南京林业大学	学士、硕士、助教	林业遗传学
1990-1995	华盛顿大学(西雅图)	博士	数量遗传学
1995-1996	华盛顿大学(西雅图)	博士后	基因组作图
1996-2000	北卡罗莱纳州立大学	博士后	生物技术、遗传统计学

工作经历

2000-2003	佛罗里达大学	统计学助理教授
2003-2007	佛罗里达大学	统计学副教授(终身)
2007-2008	佛罗里达大学	大学研究基金教授 (仅授予研究记录突出的终身教授)
2008	普林斯顿大学	客座研究员
2008-至今	宾夕法尼亚州立大学	统计学与公共医学教授、杰出教授
	宾夕法尼亚 Hershey 医学院	统计遗传学中心主任
2009-至今	北京林业大学	高精尖首席研究员 计算生物学中心主任

研究兴趣

一、开展多领域跨学科交叉研究

- 引入发育、进化学原理，发展高效基因作图的统计方法，提出表型变异、进化与环境适应性的预测模型
- 引入进化博弈论，发展揭示基因互作、细胞互作、器官互作、生态互作的运作机理与动态趋势，探讨这些不同层次的互作对性状或疾病形成的影响

- 整合统计力学与食饵-捕食模型，构建影响复杂性状的全基因互作组网络，揭示全基因组与环境互作的非线性关系

二、发展遗传学大数据的研究方法

- 将统计前沿知识融入到全基因组关联分析(GWAS)
- 利用微分方程构建单细胞分析数据与微生物组数据的全息互作网络
- 通过形态与图形数据研究复杂性状的遗传机理

学术成果

一、在国际上首创功能作图

针对复杂性状动态变化的生物学原理，将发育、进化与基因定位通过数学模型连接起来，揭示生物发育的基因调控规律。该方法被命名为功能作图(functional mapping),被《自然综述:遗传》重点介绍，被自然出版集团推举为最近半个多世纪以来最重要的 DNA 分析技术之一，有关论文被 Faculty of 1000 多次遴选为生物学与生物医学领域 2%最佳论文。运用功能作图进一步提出“异时性基因”(heterochrony genes)定位新方法，系统研究影响生物发育时间节点、发育长度、发育速率的基因，预测基因世代之间的变化方式和进化趋势，为病人个体化时辰疗法(chronotherapy)提供关键技术支撑。因发明功能作图，本人被第 17 届国际进化生物学大会(法国马赛)邀请做主旨报告，内容被收录进进化生物学权威专著。

二、发展统计模型解析医学大数据

提出系统进化博弈网络新理论，开发多个计算生物学模型，深度解析医学大数据。例如，为评估遗传对突变癌细胞的影响，开发了 miniGWAS 模型，分析影响癌细胞的基因网络；开发了 idopNetwork 模型，构建全息型、动态化、个体化网络，系统分析生物学过程的分子机制。idopNetwork 作为高效的数据分析工具，可以预测神经母细胞瘤风险，剖

析肿瘤细胞如何互动决定癌症发展进程，解析生殖细胞和体细胞互动模式和互动机制等。这些模型为医学研究从还原论转变为系统论提供了基本方法，在医学大数据的因果推断方面富有特色，在国际上具有很高的学术影响力。

三、开发多项生物大数据建模核心技术

原创性成果主要包括：(a)借助异速标度律(allometric scaling law)，提出静态数据的类动态化(quasi-dynamization)处理技术，能从静态数据中提取、挖掘动态因果关系，(b)利用小微波理论，提出基因表达数据聚类分析技术的通用方法，(c)利用景观生态学理论，提出基因型-表型关系的跨空间立体路线图构建技术，(d)提出 GWAS 超高维数据解析技术。这些技术填补了大数据建模分析的多个空白领域，解决了用静态快照构建动态网络的技术难题，刻画多个变量的时空演变模式和因果关系网络动图，可广泛用于医学研究，包括肠道微生态、生殖道微生态研究等。

四、发明多项数量遗传学应用技术

构建多倍体基因作图的统计模型，是国际上少有的能从事高难度多倍体作图的学者；提出连锁-连锁不平衡联合分析模型，能对影响复杂性状的基因精准定位，确定关键的 QTL；推导出一系列定位表型可塑性的计算方法，用于进化、发育和医学研究，探讨环境因素对疾病发生和器官发育的影响。

人才培养与团队建设

在美国研究型大学培养统计遗传学博士 20 多名，分布在各知名大学和研究机构(包括杜克大学、马里兰大学、纽约州立大学、密西根州立大学、美国食品与药物管理局等)从事高端医学统计遗传学研究。在宾夕法尼亚州立大学，创建统计遗传学中心，集来自数学、统计、生物、医学、病理等领域力量，从事统计遗传学跨学科交叉研究与人才培养。

自 2001 年以来，与国内高校和科研院所一直保持紧密合作。早期在浙江农林大学担任浙江省首批省政府特聘教授，在南京林业大学获海外青年合作基金项目资助。2009

年之后，获教育部长江学者讲座教授与中组部“国家特聘教授”称号，落户北京林业大学，创建国内最早的“计算生物学中心”，开展林业领域计算生物学开创性研究。十年内以北京林业大学为第一单位共发表SCI论文达150篇，建立计算生物学与生物信息学二级学科，共培养博士20多名，在全国多个高校与科研院所从事计算生物学研究。这些成果对提升北京林业大学总体排名起了重要作用。

学术荣誉和奖项

奖项/荣誉名称	评审单位	取得时间	备注
青年科学家奖	美国农业荣誉协会	2006	个人奖项
大学杰出研究员奖	佛罗里达大学	2007	个人奖项
美国统计学会会士(ASA)	美国统计学会	2010	个人奖项
杰出研究员奖	美国应用数学与统计研究	2011	个人奖项
杰出教授奖	宾夕法尼亚州立大学	2015	个人奖项
美国科学促进会会士(AAAS)	美国科学促进会	2016	个人奖项
Lloyd 创新奖	宾夕法尼亚州立大学	2020	个人奖项
国家杰出青年科学基金项目 (海外)	国家自然科学基金会	2001	与南京林业大学 合作
长江讲座教授	教育部	2009	个人奖项
“千人计划”入选专家(第一批)	中组部	2010	个人奖项
北京市自然科学奖	北京市	2018	林木数量性状基因 解析理论与方法
高等学校自然科学奖(二等)	教育部	2018	复杂性状功能作图 理论
入选北京市战略人才	北京市	2019	个人奖项

学术兼职

- 任《BMC Genomics》高级编委
- 任《Frontiers in Systems Biology》创始专业主编
- 任 Mary Ann Liebert 出版社旗下《Re:GEN Open》创始专业主编
- 任《Frontiers in Plant Science》、《Frontiers in Ecology & Evolution》副主编
- 任美国自然科学基金会生物信息项目审评委员会委员
- 任美国卫生研究院精准医学项目审评委员会委员

学术论文

在国际顶级出版社 Springer, CRC 和 Elsevier 出版专著四部，内容涉及统计遗传学、计算药理基因组学和网络遗传学。在《Nature Reviews: Genetics》、《Nature Communications》、《Cell Reports》、《PNAS》、《Physics of Life Reviews》、《Physics Reports》、《Applied Physics Reviews》、《Nuclei Acids Research》、《Journal of the American Statistical Association》、《Evolution》等重要刊物上发表 SCI 论文 420 篇，其中影响因子 10 或以上 30 余篇，总影响因子超过 1500，论文被《Science》、《Cell》、《Nature Machine Intelligence》、《Nature Reviews: Genetics》等重要刊物引用并重点介绍。

代表作

专著

1. **Wu RL, Ma CX, Casella G (2007) *Statistical Genetics of Quantitative Traits: Linkage, Maps and QTL*. Springer, New York.**
2. **Wu RL, Lin M (2008) *Statistical and Computational Pharmacogenomics*. CRC, London.**
3. **Wu RL (2022) *Quantitative Methods for Precision Medicine*. CRC, London.**
4. **Wu RL (2022) *Statistical Network Genetics: Evolutionary Game Theory in Action*. Elsevier, Boston.**

论文

统计遗传方法学

1. Lou X-Y, Casella G, Todhunter RJ, Yang MKC, **Wu RL** (2005) A general statistical framework for unifying interval and linkage disequilibrium mapping: Towards high-resolution mapping of quantitative traits. **Journal of the American Statistical Association** 100: 158–171.
2. Zhao W, **Wu RL** (2008) Wavelet-based nonparametric functional mapping of longitudinal curves. **Journal of the American Statistical Association** 103: 714–725.
3. Liu JY, Li RZ, **Wu RL** (2014) Feature selection for varying coefficient models with ultrahigh dimensional covariates. **Journal of the American Statistical Association** 109: 266-274.
4. Li JH, Wang Z, Li R, **Wu RL** (2015) Bayesian group LASSO for nonparametric varying-coefficient models with application to functional genome-wide association studies. **Annals of Applied Statistics** 9: 640–664.

统计遗传学与生物学的交叉

1. **Wu RL**, Lin M (2006) Functional mapping – how to map and study the genetic architecture of dynamic complex traits. **Nature Reviews Genetics** 7: 229–237.
2. Jiang LB, He XQ, Jin Y, Ye MX, Sang MM, Chen N, Zhu J, Zhang Z, Li J, **Wu RL** (2018) A mapping framework of competition-cooperation QTLs that drive community dynamics. **Nature Communications** 9: 3010.
3. Wang HJ, Ye MX, Fu YR, Dong A, Zhang MM, Feng L, Zhu XL, Bo WH, Jiang LB, Griffin CH, Liang D, **Wu RL** (2021) Modeling genome-wide by environment interactions through omnigenic interactome networks. **Cell Reports** 35: 109114.
4. Yang DC, Jin Y, Ye MX, He XQ, **Wu RL** (2020) Inferring multilayer interactome networks shaping phenotypic plasticity and evolution. **Nature Communications** (accepted).

统计遗传学与医学的交叉

1. Wang YQ, Wang NT, Wang JX, Wang Z, **Wu RL** (2013) Delivering systems pharmacogenomics towards precision medicine through mathematics. **Advanced Drug Delivery Reviews** 65: 905-911.
2. Liu GD, Kong L, Wang Z, **Wu RL** (2013) Systems mapping of metabolic genes through control theory. **Advanced Drug Delivery Reviews** 65: 918-928.
3. Wang Z, Li HY, Li JH, Wang JX, Wang YQ, Wang NT, **Wu RL** (2013) Statistical resolution of missing longitudinal data in clinical pharmacogenomics. **Advanced Drug Delivery Reviews** 65: 912-917.
4. Jiang LB, Liu X, He XQ, Jin Y, Cao Y, Zhan X, Griffin CH, Gragnoli C, **Wu RL** (2020) A behavioral model for mapping the genetic architecture of gut-microbiota networks. **Gut Microbes**: e1820847-8.

统计遗传学与物理学的交叉

1. Sun LD, **Wu RL** (2015) Mapping complex traits as a dynamic system. **Physics of Life Reviews** 13: 155-85.
2. Wang Q, Gosik K, Xing SJ, Jiang LB, Sun LD, Chinchilli VM, **Wu RL** (2017) Integration of epigenetic game theory and developmental principles. **Physics of Life Reviews** 20: 166-169.

3. **Wu RL**, Jiang LB (2021) Recovering dynamic networks in big static datasets. **Physics Reports** 812: 1-57.
4. Sun LD, Dong A, Griffin C, **Wu RL** (2021) Statistical mechanics of clock gene networks underlying circadian rhythms. **Applied Physics Reviews** 8: 021313.