


<p>导师个人信息</p>	<p>简介：金鑫 精准健康研究所 博导</p> <p>研究方向：曾参与“千人基因组计划”中国部分的生物信息学分析；带领团队建立了首个藏族中国人参考基因组数据库；开拓了基于游离核酸的群体遗传学及复杂疾病动态基因组研究方向；领导了银屑病、自闭症等复杂遗传疾病以及一系列单基因遗传病的生物信息分析与数据库建立工作。</p> 
<p>科研项目列表</p>	<p>(1) 新冠患者血浆游离核酸 DNA 特征及其产生机制研究，主持，国家自然科学基金面上项目，2022-01-01 / 2025-12-31</p> <p>(2) 海南岛自然人群的遗传特征与地贫的遗传演化机制研究，主持，海南省院士创新平台科研专项项目，2021-10-01 / 2024-10-01</p> <p>(3) 基于大型自然人群队列示范项目的高精度中国人群单倍型参考序列构建与研究，主持，国家自然科学基金项目青年基金，2020-01-01 / 2023-12-31</p> <p>(4) 免疫性肾病易感基因的验证和临床关联研究，主持，地方任务地方科技攻关计划课题，2020-01-01 / 2022-12-31</p> <p>(5) 基于十四万人基因大数据的中国人群遗传结构与等位基因频率库构建与研究，主持，地方任务地方自然科学基金，2017-05-01 / 2021-05-01</p> <p>(6) 粤港慢性肾病免疫与遗传研究联合实验室，子课题负责人，广东省基础与应用基础研究重大项目，2019/12-2024/12</p> <p>(7) 华南理工大学中央高校基本科研，主持，华南理工大学杰出青年基金，2017/01-2018/12</p>
<p>培养成果介绍</p>	<p>目前已培养硕士研究生 24 名，目前在读硕士研究生 16 名，博士研究生 4 人。</p> <p>学生培养期间已发表 SCI 文章 15 篇，获批专利 1 个。</p> <p>学生蒋晓森获得 2021 年华大奖优型奖学金【乙等】。</p> <p>学生郭亭佑，获得 2020 年的港澳台獎學金</p>
<p>出版信息</p>	<p>(1) The trans-omics landscape of COVID-19, Nat Commun, 2021, 通讯作者</p> <p>(2) VThunter: a database for single-cell screening of virus target cells in the animal kingdom, Nucleic Acids Res, 2021, 通讯作者</p> <p>(3) Trans-ethnic genome-wide association study of severe COVID-19, Commun Biol, 2021, 通讯作者</p> <p>(4) Cell-free DNA as a diagnostic tool for human echinococcosis, Trends Parasitol, 2021, 通讯作者</p> <p>(5) Deep sequencing of 1320 genes reveals the landscape of protein-truncating variants and their contribution to psoriasis in 19,973 Chinese individuals, Genome Res, 2021, 通讯作者</p> <p>(6) Longitudinal multi-omics transition associated with fatality in critically ill COVID-19 patients, Intensive Care Med Exp,</p>

	<p>2021, 通讯作者</p> <p>(7) Accurate classification of COVID-19 patients with different severity via machine learning, Clin Transl Med, 2021, 通讯作者</p> <p>(8) Identifying occult maternal malignancies from 1.93 million pregnant women undergoing noninvasive prenatal screening tests, Genetics in Medicine, 2019, 通讯作者</p> <p>(9) Genomic analyses from non-invasive prenatal testing reveal genetic associations, patterns of viral infections, and Chinese population history, Cell, 2018, 通讯作者</p> <p>(10) Genomic landscapes of Chinese sporadic autism spectrum disorders revealed by whole-genome sequencing, Journal of Genetics and Genomics, 2018, 第1作者</p> <p>(11) Copy number variation profile in noninvasive prenatal testing (NIPT) can identify co-existing maternal malignancies: Case reports and a literature review, nature, Taiwanese Journal of Obstetrics and Gynecology, 2018, 通讯作者</p> <p>(12) Genomic landscapes of Chinese sporadic autism spectrum disorders revealed by whole-genome sequencing, J Gent Genomics 2018, 共1作者</p> <p>(13) A copy-number variation detection pipeline for single cell sequencing data on BGI Online, IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (IEEE BIBM), 2017, 通讯作者</p> <p>(14) Inference of purifying and positive selection in three subspecies of chimpanzees (Pan troglodytes) from exome sequencing, Genome Biology and Evolution, 2015, 共1作者</p> <p>(15) Altitude adaptation in Tibetans caused by introgression of Denisovan-like DNA, Nature 2014, 共1作者</p> <p>(16) A large-scale screen for coding variants predisposing to psoriasis, Nat Genet, 2014, 共1作者</p> <p>(17) Sequencing-based approach identified three new susceptibility loci for psoriasis, Nat Commun, 2014, 共1作者</p> <p>(18) Detection of clinically relevant genetic variants in autism spectrum disorder by whole-genome sequencing, American journal of human genetics, 2013, 共1作者</p> <p>(19) Whole-genome sequencing in autism identifies hot spots for de novo germline mutation, Cell, 2012, 共1作者</p> <p>(20) Sequencing of 50 human exomes reveals adaptation to high altitude, Science, 2010, 共1作者</p>
<p>专利成果与奖项</p>	<p>专利成果:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 基于母体血浆 DNA 测序数据检测胎儿新生突变的方法, CN202111234035.8, 2021.10.25, 第6作者 2. 基于测序数据的碱基突变检测方法, 装置及存储介质, CN201980093764.0, 2019.05.15, 第3作者 3. SNRNP200 基因突变体及其应用, CN201210082413.X, 2012.3.26, 第

	<p>2 作者</p> <p>4. 一种检测高度近视的试剂盒, CN201210057779.1, 2012.3.7, 第2作者</p> <p>5. 目标区域捕获方法及其生物信息处理方法和系统, CN201180071091.2, 2011.8.1, 第2作者</p> <p>6. 遗传性疾病相关基因的鉴定方法, CN201010286309.3, 2010.9.19, 第3作者</p> <p>奖项:</p> <p>(1) 广东特支计划科技创新青年拔尖人才, 2017</p> <p>(2) 广东省自然科学杰出青年基金获得者, 2017</p> <p>(3) 国自然面上项目基金获得者, 2021</p> <p>(4) 获深圳市自然科学奖二等奖, 2017</p>