

潘星华：理学博士，医学硕士，医学学士；澳门科技大学医学部教授，澳门青年学者导师，博士生导师和硕士生导师

当前研究方向：

- ✓ 单细胞与空间组学：技术创新与应用
- ✓ 多组学整合：肿瘤异质性；精准医疗 AI 模型
- ✓ 干细胞生物学：再生医学；衰老及抗衰老
- ✓ 基因组医学：疾病多组学；中医药组学
- ✓ 生物信息学：组学数据库及分析；算法开发

Email: panxinghua@must.edu.mo

MUST scholar:

<https://scholar.must.edu.mo/scholar/106820>

ORCID:

<https://orcid.org/0000-0002-7421-8155>

GoogleScholars:

<https://scholar.google.com/citations?user=64M5V5wAAAAJ&hl=zh-CN>

ScholarGPS:

<https://scholargps.com/scholars/15886116861365/xinghua-pan>

一. 工作和学习简历

1, 工作简历:

2024-至今担任澳门科技大学医学部精准再生医学研究中心教授（负责科研），兼澳门科技大学中药机制与质量全国重点实验室教授；澳门青年学者导师；医学院生物医学科学博士生导师和中西医结合临床医学硕士生导师；药学院药学博士生和硕士生导师；中医药学院中医学和中药学博士生导师。是横琴澳科大创新科技研究院的活跃成员。

2017-2024 年担任南方医科大学高层次人才、特聘教授和生物医学科学博士生、硕士生和博士后指导导师，基础医学院学术委员会委员，生物化学与分子生物学教研室（原基因工程研究所）主任，广东省单细胞技术与应用重点实验室创始人和主任（现学术委员会副主任）。2016-2017 年担任广东省生物芯片重点实验室主任和教授。期间还分别申报省珠江学者学科和省特支计划学科，成功获批并担任学科负责人，并先后兼任南方医院、珠江医院、广东省人民医院、东莞妇幼保健院双聘教授，深圳湾实验室开放基金 PI，横琴爱姆斯坦生物技术有限公司（ImStem Biotech）博士后导师，也兼教育部精神健康研究重点实验室和教育部华南传染病防治重点实验室骨干 PI。

2004-2017 年在美国耶鲁大学（Yale University）医学院遗传系及分子医学 Boyer 中心初入时为副研究员，随后晋升为具有项目 PI 资格的研究员（Research

Scientist），并兼耶鲁卓越基因组中心（YCEGS）、癌症中心（YCC）和干细胞中心（YSC）成员，在耶鲁大学 Sterling 讲座教授及 YCEGS 共同主任 Sherman M. Weissman 院士领导下参加 ENODE 项目，从事单细胞基因组学技术创新及相关干细胞和肿瘤研究。随后他以顾问身份（Consultant）继续从事合作研究工作，直至 2019 年。

2000-2004 年在美国分子平台公司（Molecular Staging Inc., 2004 年获 Qiagen 并购）基因组学部担任研究员和酶学主任，兼耶鲁大学客座研究员，聚焦开发 REPLIg 试剂盒。

1994-1997 年在上海海军医科大学之细胞生物学与医学遗传学教研室担任副教授、硕士生导师，并以博士生副导师身份联合培养博士生 2 名。

先后培养博士后/访问学者、博士、硕士 60 多名，亲自指导本科生和医学生 40 多位；先后为 10000 多名本科生和研究生授课（生物化学与分子生物学，医学遗传学，细胞生物学，及前沿进展讲座等）。

2，教育简历：

潘星华在南方医科大学临床医学（1980-1985）和基础医学院（1985-1988）获得医学学士和硕士学位，在复旦大学遗传与遗传工程系及遗传学研究所（1989-1993）获得遗传学专业理学博士学位，在中国医学科学院暨北京协和医学院（CAMS & PUMC）肿瘤医院分子肿瘤学国家重点实验室（1993-1994）和美国耶鲁大学遗传学系暨分子医学 Boyer 中心之分子肿瘤学与发育项目（1997-1999）获得了 2 期博士后（分子肿瘤学和基因组学）培训。他先后师从于导师复旦大学谈家桢教授（中国遗传学奠基人，加州理工大学获得 PhD，师从于现代遗传学奠基人 TH 摩尔根）、北京协和医学院吴旻教授（中国肿瘤遗传学先驱，苏联医学科学院医学科学博士）和耶鲁大学 Sherman M. Weissman 教授（美国遗传学与基因组学先驱，哈佛大学医学博士）等中国和美国国家科学院三位院士。期间短期进修主要包括：北京大学生物系（1987 年学习果蝇染色体技术），澳大利亚墨尔本大学及 Ludwig 癌症研究所（1994 年获得日内瓦国际抗癌联盟/UICC Scholarship 资助学习分子肿瘤学）；美国纽约冷泉港实验室（1995 年受 CSHL Scholarship 支持学习人工酵母染色体技术）。

二. 研究兴趣和贡献

潘星华课题组的主要研究方向聚焦单细胞与多组学技术创新与应用，特别是肿瘤异质性及精准医疗 AI 模型、干细胞生物学与衰老再生医学、基因组医学与生物信息学等。

1，技术创新：

作为单细胞组学技术创新的一位早期探索者和持续创新者，近二十余年来专攻单细胞组学核心技术创新及其生物医药多个领域的应用研究，先后创新单细胞技术 10 余项：

单细胞基因组：作为核心骨干参与开发 REPLIg 试剂盒(2003)，创建了基于 MDA 原理的单细胞全基因组扩增技术 WPA（2008），对早期的单细胞基因组测序做出了重要贡献。近年提出中通量单细胞测序的理念，据此创建了中通量拷贝数变异测序技术 msCNVS（2021，2025）及创新算法。在细胞稀有的临床情境下，msCNVS 代表了当前技术体系下兼具高稳健性与高效率的理想解决方案。

单细胞转录组：创建 2 种全长转录组测序技术 PMA 和 SMA（2013）；创建多样品微群体细胞转录组测序技术 MUST-seq(2021)。PMA 技术开创了基于 mRNA 环化和 phi29 DNA 聚合酶的多重滚环扩增（RCA）的一类 mRNA 扩增新技术，获得评论认为是在 PCR 扩增和体外转录扩增外的第三类代表性 scRNA-seq 技术，后续获得进一步发展和再创新。

单细胞表观组：创建 2 种 DNA 甲基化测序技术: scCGI-seq（2016）和 msRRBS，（2021，2023）及致密染色质图谱技术（2015），其中 scCGI-seq 技术被认为是最早的不依赖于碱基转化的全基因组 DNA 甲基化测序代表性技术，而 msRRBS 在同类技术中最高效及最稳健。

单细胞多样品测序：双重单细胞多样品测序方案 NAMUL-seq（2025），及在无标记混样测序基础上结合 SNV 和转录组谱的双重样品解码方案（2026），大大提高了单细胞转录组测序效率。

单细胞多维组学：首报单细胞转录组和基因组共分析技术（2014），获得评论认为：为单细胞多组学测序的发展探明了道路；并报告了转录组与端粒长度共分析技术（2021）。

单细胞端粒长度检测：含平均长度测定技术 SCT-pqPCR（2013）、和全染色体端粒长度测定技术 USC-STELA（2019）。

目前聚焦深入探索 msCNVS 和 msRRBS 在肿瘤（液体活检，循环癌细胞 CTC/残留病/MRD）和产前及植入前胚胎遗传病（PGT，NIPT）的基因组突变和表观基因组检测等；并进行其高通量升级为基础科研服务。

2，基础理论研究：

主要应用单细胞组学、空间组学、多维组学、生物信息学和机器学习等前沿技术和分析手段，结合先进的细胞和分子生物学方法、动物实验、大型临床样本、公共数据和人工智能分析工具，阐明不同生理系统和疾病的内在组学机制及精准防治，和他们的共同内在规律。

从多组学出发，结合影像组学，聚焦研究多种**实体瘤**（肝癌、甲状腺癌、肺癌、结直肠癌和脑瘤）的瘤内异质性（ITH）和瘤间异质性、启动和恶性演化、死亡或耐药抵抗、侵袭和转移、炎症和纤维化，及细胞微环境调控机制，探索鉴定诊断和治疗靶标，并基于多队列大样本构建精准医疗（诊断、治疗、药物反应、预后风险及分层）AI 模型；同时创新研究**白血病**（MDS/AML 和 ALL）多组学 AI 诊疗模型；还构建了泛癌图谱共有元程序，并开发了分析细胞状态指纹的深度学

习模型 StateNet，以刻画癌症独特性。

深入调查多种**干细胞和祖细胞**（特别是造血干祖细胞/HSPC、间充质干细胞/MSC、组织干细胞）及其在发育、衰老、退变、损伤和再生中的作用（如造血系统、毛囊和肝脏）；关注研究肿瘤干细胞及肿瘤起始细胞及其可塑性，和他们在肿瘤发生、复发和抵抗中的作用；并结合干细胞和类器官及基因编辑技术，以研究疾病机制和转化应用潜力。

积极探索神经元与神经系统疾病（如唐氏综合征）、感染性及炎症性等免疫相关疾病的细胞异质性及其调控机制，关注单细胞多组学在研究中药作用机制及其开发中的应用。

热情寻求与不同学科的临床医生和科学家的合作，探讨生命基本机制及创新技术的转化和应用。

3， 论文、专利及基金支持：

迄今学术著作获 GoogleScholars 收录 160 余篇，总影响因子超 1000，总被引用 11000 多次，Google Scholar H 指数 45，i10 指数 75 (April 15, 2026)。主要论文包括权威期刊 PNAS x7、STTT x1、Adv Science x4、Nat Comm x4、Nucleic Acids Res x3、J Adv Res x3、Cancer Research x2、Cell Discov x1、Oncogene x1 等，及作为人类基因组 DNA 元素百科全书计划/ENCODE 联盟成员参与 Nature x4 篇，合作 Cell x1 篇等。主编的电子书 Introduction to Single Cell Omics（单细胞组学导论，基于其主编的 Frontiers 研究专题 Single Cell Omics）2019 年出版，迄今已有 40 万次总阅读和 6.6 万次文章下载。

在中美两国已获授权发明专利 15 项，提交多项 PCT 国际专利申请，并有数项专利正在审理中；获得软件著作权 10 余项。获得广泛应用或成功转化产品或试剂盒 5 项。

根据 ScholarGPS 百分位排名（标准排名，剔除合作作者超过 20 的论文），截至 2025 年底，潘博士的学术成果标准统计在单细胞分析（Single-cell analysis）领域位列全球前 1.12%（107/9537）。

基于其部分单细胞组学研究成果，获得美国 GEN（Genetic Engineering & Biotechnology News, 2015）独家报导、美国国家科学院进展杂志俱乐部的采访（PNAS Club, 2013）及欧洲 Technology Networks (Genomics Research)（2018）的专门采访和报导。

研究课题获得澳门科学技术发展基金(FDCT)、澳门科技大学教师基金(FRG)、中国国家自然科学基金(NSF)、科技部重大专项基金(MOST)、国家卫健委基金、国家教育部基金、广东省自然科学基金重大基础培育项目、广东省基础与应用基础研究重点项目、广东省自然科学基金面上项目、广东省珠江领军人才创新团队、广东省重点实验室基金、深圳市科技发展项目等资助。早前获得美国国立卫生研究院(NIH)、自然科学基金会(NSF)及康州干细胞基金会和中国博

士后科学基金及中国自然科学基金青年基金支持。

三. 学术兼职、服务和荣誉

1, 学会兼职:

潘星华担任广东省生物化学与分子生物学学会副理事长, 中华医学会广东省医学遗传学会常务理事, 中国生物化学与分子生物学会基础医学专委会委员, 全国侨联特聘专家和生物医药专委会委员, 海峡两岸医药卫生交流协会遗传与生殖专委会常委, 中国抗癌协会生物标志专委会委员, 澳门干细胞研究协会理事, 江西省系统生物医学重点实验室学术委员会主任(后担任顾问), 精准医学四川省重点实验室学术委员; 曾任印度 *Advances in NGS* 国际顾问委员会委员; 获选相继分别担任中国旅美科技协会全美总会第 26-28 届会长、董事会主席和理事会主席(第 32 届再任理事会主席)。

2, 杂志服务:

获邀担任 *Nature Protocols*, *Nature Communications*, *Nucleic Acids Res*, *Genome Biology*, *Genome Research*, *Genome Medicine*, *Aging Cell*, *Protein and Cell*, *Genomics Proteomics and Bioinformatic*, *EMBO Molecular Medicine*, *Computational and Structural Biotechnology*, *Science Bulletin* 等 30 多种 SCI 杂志特邀评审专家或编辑及数种新兴专业杂志顾问。是 *Precision Clinical Medicine* 杂志(牛津大学出版社/OUP 出版)及 *Monocytomics* (MCM) 创刊副主编, *Single Cell Biology* 创刊主编, 也曾担任欧洲出版社杂志 *Frontiers* 的《*Single Cell Omics*》研究专题执行主编、中国生物化学与分子生物学学报 40 周年《单细胞与空间组学》主题专刊执行主编。担任多部著作/教材编委, 如教育部 101 计划核心教材《医学分子细胞遗传基础》编委(编写 2 章节)等。

3, 组织会议:

在国际国内专业大会发表主题报告或专题报告 200 余次, 主持组织和参与组织国际学术会议多次 30 次以上。如, 主导发起和担任大会共同主席组织了首届至迄今第四届国际单细胞和空间组学大会(TICSSO1-4, 2022-2026, 杭州/广州、深圳、上海/广州, 北京); 担任主席组织了疫情期间的在线国际壹细胞菁英论坛第一到十期(FOSCE, 2021-2023); 担任大会主席组织了 2018 全球创新高峰论坛暨中国旅美科协第 26 届年会(美国康涅狄克州纽黑文市耶鲁大学校园, 2018 年 10 月)并参与组织多次同系列大会; 作为主任领导生物化学与分子生物学教研室组织了南方医科大学首届基础医学讲坛(2017); 参与组织第二至十届华西精准医学国际学术论坛(2016-2024)、澳门科技大学国际精准再生医学研讨会及医学前沿论坛(2024/2025)等。

4, 学术评审:

获邀担任英国医学研究理事会(MRC)、比利时癌症研究基金会和中国国家自然科学基金委、科技部、中国科学院及佛山、成都、杭州、西安等多个省市科研基

金的特邀评审/论证专家。是教育部学位与研究生教育发展中心博士论文评审专家（答辩前盲审，答辩后抽检）；广东省、浙江省、广西省及深圳、东莞、九江等地市科技专家委员会委员。曾为清华大学深圳研究院、中山大学、上海交通大学、华南理工大学、广东医科大学、广州医科大学等博士学位论文答辩、论文评审或教授职称评审服务。

5, 其他服务和荣誉:

曾获聘兼任杭州市引进智力专家及杭州市肿瘤医院特邀研究员,暨南大学研究员,四川大学、广东药科大学、九江学院等客座教授等;获得广州市高层次人才、南京市领军人才、江西省赣鄱英才-高端柔性特聘教授,以及黄埔优秀领军人才、南沙优秀领军人才等;获得美国卓越人才、英国皇家医学会会士(fellow)、PolyGenomics 多基因组学 Fellowship、国际抗癌联盟(UICC)和冷泉港实验室(CSHL)Scholarship、和 CastUSA 单细胞基因组学先锋奖。

四. 最近代表性文章和专著 SELECTED RECENT PUBLICATIONS:

(*Corresponding author; #First author; IF refers to the highest impact factor)

Selected original research articles

1. Tang X, Shi Y, Pan J, Zhao Y, Huang M, Su H, Zhou W, Luo X, Luo X, Zhang J, Zhao J, Jia J, Li J, Zhong B, Tang L, Chen Z, Ouyang Y, Dang Z, French WS, Huang Y*, **Pan X***, Liu H*. Unraveling the HGF/MET/UbD axis in Mallory-Denk body pathogenesis associated with liver fibrosis through single-cell transcriptomics. **Signal Transd and Targeted Therapy (STTT)**. 2026 April. doi: 10.1038/s41392-026-02722-4 (IF 81.2)
2. Chen Y#, Li X#, Luo C#, Lin G#, Zhou X, Wen Z, Su H, Lin G, Tam Paul KH*, **Pan X***. MYBL2-driven cancer stem-like cells resist ferroptosis and promote the progression of hepatocellular carcinoma. **J Adv Res** 2026 March 19:S2090-1232(26)00260-2. doi: 10.1016/j.jare.2026.03.039. PMID: 41864611 (IF 17.1)
3. Wen Z#, Zhang Y#, Lin G#, Li X#, Xiao C, Xu S, Wang J, Cao S, Chen Y, Liu H, Luo X, Chen Y, Tam PKH*, **Pan X***. Profiling Cell-state Fingerprints Based on Deep Learning Model with Meta-programs of Pan-cancer. **Genomics Proteomics & Bioinformatics (GPB)** 2025 Dec 2; qzaf123. doi: 10.1093/gpbjnl/qzaf123. PMID: 41329499 DOI: 10.1093/gpbjnl/qzaf123 (IF 11.5)
4. Lin G#, Xu M#, Chen C#, Peng B#, Dong Z#, Zhou X, Gao J, Yu J, Jia B, Luo C, Hua R, Xiao C, Mai L, Zhang Y, He Y, Song Y, Marjani SL, Luo X, Zhang W, Zhong M, Quan S, Weissman SM, Hong X, Zhu H*, Tam PKH*, **Pan X***. A medium throughput approach for single cell copy number variation sequencing towards efficient application in clinics. **J Adv Res** 2025 Nov 13; S2090-1232(25)00881-

- 1.DOI: 10.1016/j.jare.2025.11.005. PMID: 41241182 (**IF 17.1**)
5. Zhang Y#, Lu Y#, Mai L#, Wen Z, Dai M, Xu S, Lin X, Luo Y, Qiu Y, Chen Y, Dong Z, Chen C, Meng W, Luo X, Lin G*, Tam PKH*, **Pan X***. Dynamic heterogeneity towards drug resistance in AML cells is primarily driven by epigenomic mechanism unveiled by multi-omics analysis. **J Adv Res** 2025 February; 80:487-501 doi: 10.1016/j.jare.2025.05.038. PMID: 40409464 (**IF 17.1**)
6. Su H#, Zhou X#, Lin G#, Luo C#, Meng W, Lv C, Chen Y, Wen Z, Li X, Wu Y, Xiao C, Yang J, Lu J, Luo X, Hong X, Chen Y, Tam PKH*, Li C*, Sun H*, **Pan X***. Deciphering the Oncogenic Landscape of Hepatocytes through Integrated Single-Nucleus and Bulk RNA-Seq of Hepatocellular Carcinoma. **Adv Sci (Weinh)**, 2025 Apr;12(14), e2412944, doi:10.1002/advs.202412944.PMID: 39960344 (**IF 17.5**)
7. Huang Y#, Wang Q#, Zhou W#, Jiang Y#, He K#, Huang W, Feng Y, Wu H, Liu L, Pan Y, Huang Y, Chen Z, Li W, Huang Y, Lin G, Zhang Y, Ren Y, Xu K, Yu Y, Peng Y, **Pan X***, Pan S*, Hu H*, Hu Y*. Prenatal p25-activated Cdk5 induces pituitary tumorigenesis through MCM2 phosphorylation-mediated cell proliferation. **Neoplasia** 2024 Nov;57, 101054, doi:10.1016/j.neo.2024.101054 (**IF 7.7**)
8. Mai L, Wen Z, Zhang Y, Gao Y, Lin G, Lian Z, Yang X, Zhou J, Lin X, Luo C, Peng W, Chen C, Peng J, Liu D, Marjani SL, Tao Q, Cui Y, Zhang J, Wu X, Weissman SM, **Pan X***. Shortcut barcoding and early pooling for scalable multiplex single-cell reduced-representation CpG methylation sequencing at single nucleotide resolution. **Nucleic Acids Res** 2023 Nov 27;51(21):e108. doi: 10.1093/nar/gkad892 (**IF 19.1**)
9. Bai X, Guo ZQ, Zhang YP, Fan ZZ, Liu LJ, Liu L, Long LL, Ma SC, Wang J, Fang Y, Tang XR, Zeng YJ, **Pan X***, Wu DH*, Dong ZY*. CDK4/6 inhibition triggers ICAM1-driven immune response and sensitizes LKB1 mutant lung cancer to immunotherapy. **Nature Communication** 2023 Mar 4;14(1):1247. doi:10.1038/s41467-023-36892-4 (2023) (**IF 17.7**)
10. Qu R, He K, Yang Y, Fan T, Sun B, Khan AU, Huang W*, Ouyang J*, **Pan X***, Dai J*. The role of serum amyloid A1 in the adipogenic differentiation of human adipose-derived stem cells basing on single-cell RNA sequencing analysis. **Stem Cell Res Ther** 2022 May 7;13(1):187. doi: 10.1186/s13287-022-02873-5 (**IF 8.1**)
11. Trubetskoy V, Pardiñas AF..... PsychENCODE (**Pan X** as a member of the consortium), Ripke S, Walters JTR, O'Donovan MC; Schizophrenia Working Group of the Psychiatric Genomics Consortium. Mapping genomic loci implicates genes and synaptic biology in schizophrenia. **Nature** 2022 Apr;604(7906):502-508. doi: 10.1038/s41586-022-04434-5. Epub 2022 Apr 8 (**IF 83.4**)
12. Lu Y, Liu M, Yang J, Weissman SM, **Pan X***, Katz SG*, Wang S*. Spatial transcriptome profiling by MERFISH reveals fetal liver hematopoietic stem cell niche

architecture. **Cell Discovery** 2021 Jun 29;7(1):47. doi: 10.1038/s41421-021-00266-1 (IF 38.9)

13. Luo C, Peng W, Kang J, Chen C, Peng J, Wang Y, Tang Q, Xie H, Li Y, **Pan X***. Glutamine Regulates Cell Growth and Casein Synthesis through the CYTHs/ARFGAP1-Arf1-mTORC1 Pathway in Bovine Mammary Epithelial Cells (cover story). **J Agric Food Chem** 2021 Jun 23;69(24):6810-6819. doi: 10.1021/acs.jafc.1c02223 (IF 6.1, JCR Q1)

14. Wang H, Gong P, Chen T, Gao S, Wu Z, Wang X, Li J, Marjani SL, Costa J, Weissman SM, Qi F*, **Pan X***, Liu L*. Colorectal Cancer Stem Cell States Uncovered by Simultaneous Single-Cell Analysis of Transcriptome and Telomeres. **Adv Sci (Weinh)** 2021 Feb 8;8(8):2004320. doi: 10.1002/advs.202004320 (IF 17.5)

15. He K#*, Chen X, Qiu Y-B, Liu Z, Wang W-Z, Woodman N, Maldonado JE, **Pan X***. Mitogenome and phylogenetic analyses support rapid diversification among species groups of small-eared shrews genus *Cryptotis* (Mammalia: Eulipotyphla: Soricidae). **Zoological Research** 2021 Nov 18;42(6):739-745. doi: 10.24272/j.issn.2095-8137.2021.199 (IF 4.7, JCR Q1)

16. Zhou Y, Yang D, Yang Q, Lv X, Huang W, Zhou Z, Wang Y, Zhang Z, Yuan T, Ding X, Tang L, Zhang J, Yin J, Huang Y, Yu W, Wang Y, Zhou C, Su Y, He A, Sun Y, Shen Z, Qian B, Meng W, Fei J, Yao Y*, **Pan X***, Chen P*, Hu H*. Single-cell RNA landscape of intratumoral heterogeneity and immunosuppressive microenvironment in advanced osteosarcoma. **Nature Communication** 2020 Dec 10;11(1):6322. doi: 10.1038/s41467-020-20059-6 (IF 17.7)

17. ENCODE Project Consortium (**Pan X** as a member); Moore JE, Purcaro MJ, Pratt HE, Epstein CB, et al. Expanded encyclopaedias of DNA elements in the human and mouse genomes. **Nature** 2020 Jul;583(7818):699-710. doi: 10.1038/s41586-020-2493-4 (IF 83.4)

18. ENCODE Project Consortium (**Pan X** as a member); Snyder MP, Gingeras TR, Moore JE, Weng Z, et al. Perspectives on ENCODE. **Nature** 2020 Jul;583(7818):693-698. doi: 10.1038/s41586-020-2449-8. Epub 2020 Jul 29.(IF 83.4)

19. Huang P, Zhao Y, Zhong J, Zhang X, Liu Q, Qiu X, Chen S, Yan H, Hillyer C, Mohandas N, **Pan X***, Xu X*. Putative regulators for the continuum of erythroid differentiation revealed by single-cell transcriptome of human BM and UCB cells. **Proc Natl Acad Sci U S A** 2020 Jun 9;117(23):12868-12876. doi: 10.1073/pnas.1915085117 (IF 12.8)

20. Cen B, Wei Y, Huang W, Teng M, He S, Li J, Wang W, He G, Bai X, Liu X, Yuan Y, **Pan X***, Ji A*. An Efficient Bivalent Cyclic RGD-PIK3CB siRNA Conjugate for Specific Targeted Therapy against Glioblastoma In Vitro and In Vivo. **Mol Ther**

Nucleic Acids 2018 Dec 7;13:220-232. doi: 10.1016/j.omtn.2018.09.002 (IF 10.18)

21. Cen B, Liao W, Wang Z, Gao L, Wei Y, Huang W, He S, Wang W, Liu X, **Pan X***, Ji A*. Gelofusine Attenuates Tubulointerstitial Injury Induced by cRGD-Conjugated siRNA by Regulating the TLR3 Signaling Pathway. **Mol Ther Nucleic Acids** 2018 Jun 1;11:300-311. doi: 10.1016/j.omtn.2018.03.006 (IF 10.18)

22. Han L, Wu HJ, Zhu H, Kim KY, Marjani SL, Riester M, Euskirchen G, Zi X, Yang J, Han J, Snyder M, Park IH, Irizarry R, Weissman SM, Michor F*, Fan R*, **Pan X***. Bisulfite-independent analysis of CpG island methylation enables genome-scale stratification of single cells. **Nucleic Acids Res** 2017 Jun 2;45(10):e77. doi: 10.1093/nar/gkx026 (IF 19.1)

23. Yang J, Tanaka Y, Seay M, Li Z, Jin J, Garmire LX, Zhu X, Taylor A, Li W, Euskirchen G, Halene S, Kluger Y, Snyder MP, Park IH, **Pan X***, Weissman SM*. Single cell transcriptomics reveals unanticipated features of early hematopoietic precursors. **Nucleic Acids Res** 2017 Feb 17;45(3):1281-1296. doi: 10.1093/nar/gkw1214 (IF 19.1)

24. Wu H, Zhang XY, Hu Z, Hou Q, Zhang H, Li Y, Li S, Yue J, Jiang Z, Weissman SM, **Pan X***, Ju BG*, Wu S*. Evolution and heterogeneity of non-hereditary colorectal cancer revealed by single-cell exome sequencing. **Oncogene** 2017 May 18;36(20):2857-2867. doi: 10.1038/onc.2016.438. Epub 2016 Dec 12.(IF 9.9)

25. Han L, Zi X, Garmire LX, Wu Y, Weissman SM, **Pan X***, Fan R*. Co-detection and sequencing of genes and transcripts from the same single cells facilitated by a microfluidics platform. **Sci Rep** 2014 Sep 26;4:6485. doi: 10.1038/srep06485(IF 5.6)

26. Wang F#, **Pan X***, Kalmbach K, Seth-Smith ML, Ye X, Antunes DM, Yin Y, Liu L*, Keefe DL*, Weissman SM*. Robust measurement of telomere length in single cells. **Proc Natl Acad Sci U S A** 2013 May 21;110(21):E1906-12. doi: 10.1073/pnas.1306639110 (IF 12.8). It was Interviewed by **PNAS club**: <http://firstlook.pnas.org/new-ruler-for-telomere-length/>, New ruler for telomere length, May 10, 2013 by Sarah CP Williams; featured in “This week in PNAS - In this Issue”: <http://www.pnas.org/content/110/21/8315.full>, May 21, 2013 by C.R., and featured as “Telomere length measurement in single cells” by Hannah Stower published in **Nature Reviews Genetics**, 2013. 14, 444, doi:10.1038/nrg3529, June 18, 2013.

27. **Pan X#***, Durrett RE, Zhu H, Tanaka Y, Li Y, Zi X, Marjani SL, Euskirchen G, Ma C, Lamotte RH, Park IH, Snyder MP, Mason CE, Weissman SM*. Two methods for full-length RNA sequencing for low quantities of cells and single cells. **Proc Natl Acad Sci U S A** 2013 Jan 8;110(2):594-9. doi: 10.1073/pnas.1217322109 (IF 12.8)

28. **Pan X#***, Urban AE, Palejev D, Schulz V, Grubert F, Hu Y, Snyder M, Weissman

SM*. A procedure for highly specific, sensitive, and unbiased whole-genome amplification. **Proc Natl Acad Sci U S A** 2008 Oct 7;105(40):15499-504. doi: 10.1073/pnas.0808028105 (IF 12.8)

29. **Pan X#** & Weissman SM*. An approach for global scanning of single nucleotide variations. **Proc Natl Acad Sci U S A** 2002 Jul 9;99(14):9346-51. doi: 10.1073/pnas.132218699. PMID: 12093903 (IF 12.8)

30. **Pan X#***, Fu J*. Molecular evolution of MHC DQA genes: II. Phylogenetic analysis based on nucleotide substitution and SCU bias. **Acta Genetica Sinica** (now known as: **Journal of Genetics and Genomics**, or JGG) 1997;24(5):394-402. PMID: 9494291 (IF 7.1)

31. **Pan X#***, Fu J*. Molecular evolution of MHC DQA genes: I. The maintenance of interallelic divergence and the influence of GC content on gene structure. **Acta Genetica Sinica** (now known as: **Journal of Genetics and Genomics**, or JGG) 1997;24(3):195-205. PMID: 936145124 (IF 7.1)

Review articles and book/chapters

32. Zhang Y, Xu S, Wen Z, Gao JY, Li S, Weissman SM, **Pan X***. Sample-multiplexing approaches for singlecell sequencing. **Cellular and Molecular Life Sciences** 2022 Aug 5;79(8):466. doi: 10.1007/s00018-022-04482-0. PMID: 35927335 PMCID: PMC11073057 (IF=9.3)

33. Zhang J#*, Späth SS#, Marjani SL, Zhang W, **Pan X***. Characterization of cancer genomic heterogeneity by next-generation sequencing advances precision medicine in cancer treatment. **Precision Clinical Medicine** 2018 Jun;1(1):29-48. doi: 10.1093/pmedi/pby007. PMID: 30687561 (IF=5.3) (contributed to the inaugural issue of the journal as funding **Associate Editor**)

34. Zhu W, Zhang XY, Marjani SL, Zhang J, Zhang W, Wu S, **Pan X***. Next-generation molecular diagnosis: single-cell sequencing from bench to bedside. **Cell Mol Life Sci** 2017 Mar;74(5):869-880. doi: 10.1007/s00018-016-2368-x. PMID: 27738745. (IF=9.3)

35. Zhang X, Marjani SL, Hu Z, Weissman SM, **Pan X***, and Wu S*. (2017) Single-Cell Sequencing for Precise Cancer Research: Progress and Prospects. **Cancer Res** 2016 Mar 15;76(6):1305-12. doi: 10.1158/0008-5472.CAN-15-1907. PMID: 26941284 (IF=16.6)

36. Liu N, Liu L*, **Pan X***. Single-cell analysis of the transcriptome and its application in the characterization of stem cells and early embryos. **Cell Mol Life Sci.** 2014 Jul;71(14):2707-15. doi: 10.1007/s00018-014-1601-8. Epub 2014 Mar 21 (IF=9.3)

37. **Pan X#***. Single Cell Analysis: From Technology to Biology and Medicine. **Single Cell Biol** 2014;3(1):106. doi: 10.4172/2168-9431.1000106. PMID: 25177539, PMCID: PMC4147859 (2014)(co-founded the journal and served as its founding **Editor-in-Chief**).
38. **Pan X**, Urban AE and Weissman SM. Chapter 20: Enriching DNA sequencing with nucleotide variation by thymidine glycosylase combined with suppression PCR. In: **PCR Technology: Current Innovations (3rd Edition)**, edited by Tania Nolan and Stephen A. Bustin, **CRC Press (Taylor & Francis Group)**. 2013 June 17 at Boca Raton, FL, USA and London, UK. pp. 285-297. ISBN 9781439848050.
39. **Pan X**, Weissman SM. Chapter 16: Global analysis of DNA allelic variation (GADAV) by specific enrichment of mismatches and selective amplification of heterohybrids. In: **PCR Technology: Current Innovations (2nd edition)**, edited by Thomas Weissensteiner, Hugh G. Griffin and Annette Griffin. **CRC Press (Taylor & Francis Group)**. 2003 November 13 at Boca Raton, FL, USA and London, UK. pp. 163-174. ISBN 9780849311840.
40. **Pan X**, Wu S, Weissman SM. eds. **Introduction to Single Cell Omics**. Lausanne (Switzerland): Frontiers Media, August 1, 2019. (total 128 pages) ISSN 1664-8714, ISBN 978-2-88945-920-9, DOI: 10.3389/978-2-88945-920-9. (**Invited Editors**).
41. Lin G-C#, **Pan X-H***. The Technological Frontiers, Computational Paradigms and Emerging Challenges of Single-cell and Spatial Omics. **Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology** Nov 2025, 41(11):1559-1565.=6 林贯川, 潘星华 (单细胞与空间组学专栏**特约执行主编**)。单细胞与空间组学的技术前沿、技术范式及新兴挑战。中国生物化学与分子生物学报, 41(11):1559-1565=-6 (**invited review**)
42. **潘星华**, 李亚子。第 57 章 单细胞测序技术 (Technologies for single cell sequencing) (第 1127-1149 页)。《**表观遗传学**》(于文强、徐国良主编) (共 63 章, 260 余万字)。科学出版社, ISBN: 9787030737892。2023 年 3 月 1 日。
43. **潘星华**, 殷志新。第三章 遗传信息的复制、转录与翻译 (Replication, transcription and translation of genetic information)。《**医学分子生物学**》第三版 (胡维新、刘静主编)。科学出版社, ISBN: 9787030666680。2021-01 (国家精品课程教材, 国家精品资源共享课配套教材)。
44. 赵红珊, 杨玉霞, **潘星华**, 李传洲。第十七章 人类基因组和染色体 (Human genome and chromosome)。《**医学分子细胞遗传基础**》(乔杰、高国全、左伋主编), 第 413-428 页。北京大学医学出版社, ISBN: 978-7-5659-3196-3, 2024 年 7 月(教育部 101 计划核心教材)。
45. 易霞, **潘星华**。第二十二章 基因表达调控 (Gene expression regulation)。

《医学分子细胞遗传基础》（乔杰、高国全、左伋主编），第 524-546 页。北京大学医学出版社，ISBN: 978-7-5659-3196-3, 2024 年 7 月(教育部 101 计划核心教材)。

五，代表性发明专利 SELECTED INNOVATION PATENTS:

1. Weissman SM, **Pan X**. Methods for preparing cDNA from low quantities of cells. 2018-07-10, USPTO, US10017761 B2. (美国专利)
2. **Pan X**, Weissman SM. Methods for closed chromatin mapping and DNA methylation analysis for single cells, 2019-11-19, USPTO, US10480021 B2. (美国专利)
3. Keefe D, Weissman SM, Liu L, Wang F, **Pan X**. A method for a single cell analysis of telomere length. 2018-10-09, USPTO, US10093970 B2. (美国专利)
4. Weissman SM, Lasken R, **Pan X**. Methods for reducing the complexity of DNA sequences, 2001-09-11, US6,287,825B2; 2002-04-16, US6,372,434B2; 2002-04-12, US6,346,399B2 (3 patents in a series). (3 相美国专利)
5. Weissman SM, **Pan X**. Methods for identifying genes associated with diseases or specific phenotypes. 2005-08-02, US6924104 B2. (美国专利)
6. Marchese FP, **Pan X**, Harold J. Trehalose-containing topical drying composition and method of using same. 2011-11-29, US 8067037B2. PCT Filing date 6/24/2008. (美国专利)
7. Wang J, Zhang J, Huang Z, and **Pan X**. A method for accurately identification of molecular interactions and their polarity and directionality. China Patent authorization number # ZL201910571327.7; Authorization date: June 19, 2020. (中国专利) 汪佳宏.....潘星华。一种准确识别分子相互作用及其极性和方向性方法。授权号 #ZL201910571327.7; 授权日: 2020 年 6 月 19 日。
8. Wang J, Zhang J, Huang Z, and **Pan X**. A method for screening gene keywords from PubMed literature. China Patent Authorization Number # ZL201910571336.6; Authorization date: June 16, 2020. (中国专利) 汪佳宏.....潘星华。一种从 PubMed 文献筛选基因关键词的方法。授权号#ZL201910571336.6,授权日: 2020 年 6 月 16 日。
9. Huang Z, Zhang J, Wang J, Lin X, and **Pan X**. A method for annotating cell identity based on single-cell transcriptome clustering results. China patent authorization number # ZL201910242519.0; Authorization date: February 28, 2020. (中国专利) 黄仲曦.....潘星华。一种基于单细胞转录组聚类结果注释细胞身份的方法，专利授权号#ZL201910242519.0; 授权日: 2020 年 2 月 28 日。

10. **Pan X**, Xu S, Zhang Y, Zhang J, Lin X, Wang J. Unmarked multisample mixed single cell sequencing technology based on sample genotype data splitting. China Patent Authorization Number #ZL202211555116.2, Authorization date: May 14, 2024. (中国专利) 潘星华等。基于样品基因型的数据拆分的无标记多样品混合单细胞测序技术。专利号# ZL202211555116.2, 授权日 2024 年 5 月 14 日。
11. Huang Z, Shen W, Wen Y, Zhang J, and **Pan X**. A tumor suppressor gene and its application. Invention patents. China Patent Authorization Number # ZL201911152615.5; Authorization date: January 10, 2023. (中国专利) 黄仲曦...潘星华。一种以抑癌基因及其应用。专利号#ZL201911152615.5, 授权日 2022 年 1 月 10 日。
12. **Pan X**, Lin G, Huang Z, Zhang J. A unique fragment sequence capture method based on single cell sequencing data. Application date: Oct 30, 2020. China authorization# ZL 202011200039.X. Authorization announcement# CN 112309500 B, and announcement date: Aug 30, 2024. (中国专利) 潘星华等。一种基于单细胞测序数据唯一片段序列捕获方法。专利号#ZL 202011200039.X, 授权日 2024 年 8 月 30 日。
13. **Pan X**, Mai L, Wang L, Qiu Y, Yin Y, Wang S. A new method, primer set, and reagent kit for high-throughput RNA sequencing and their application. China patent authorization # ZL2020 10248230.5; Authorization date: April 15, 2022. (中国专利) 潘星华等。一种新的 RNA 高通量测序的方法、引物组和试剂盒及其应用。专利号#ZL202010248230.5, 授权日: 2022 年 4 月 15 日。
14. **Pan X**, Mai L, Lian Z, Zhang Y, Lin X, Li S, Yang X, Peng J. A set of barcode connectors and a medium throughput multiplex single-cell representative DNA methylation library construction and sequencing method. China patent application number CN2021103368157, application date: March 25, 2021; Patent acceptance number # 202110336815.7; Publication number CN115125624A, publication date: September 30, 2022. PCT application acceptance on January 21, 2022, PCT/CN2022/073322. (中国专利, 国际专利 PCT) 一组条形码接头以及中通量多重单细胞代表性 DNA 甲基化建库和测序方法。
15. **Pan X**, Mai L, Lian Z. Method for medium-throughput multi-single-cell representative DNA methylation library construction and sequencing. USPTO submission: EFS ID #48631744, application #18372695, mailed date: Nov 15th, 2023; Confirmation Number: #2711. This applicant is a CIP of PCT/CN2022/073322. (美国专利)
16. **Pan X**, Lin G, Chen C, Dong Z. A method for constructing a medium throughput single-cell copy number library and its application. China patent application number CN2021101331285, application date 2021-02-01; Patent acceptance number 202110133128.5; Publication number CN114836838A, publication date: August 2,

2022. PCT application accepted on January 21, 2022, PCT/CN2022/073321. (中国专利, 国际专利 PCT) 一种中通量单细胞拷贝数文库构建的方法及其应用。

17. **Pan X**, Lin G, Caiming C, Dong Z. Method for traceable medium- throughput single-cell copy number sequencing. USPTO submission: EFS ID #48631744, application #18372695, mailed date: Nov 15th, 2023; Confirmation Number: #2711. US Patent App. 18/228,664. This applicant is a CIP of PCT/CN2022/073321. (美国专利)