

# 应可钧 博士

290 Jane Stanford Way, Stanford, CA 94305

✉ keying@stanford.edu | kying0@uw.edu 📞 albert-ying | ID 0000-0002-1791-6176 🌐 kejunying.com

Studying aging at the intersection of biology and AI

## 教育经历与专业培训

### 斯坦福大学 & 华盛顿大学

博士后研究员, Tony Wyss-Coray实验室 & David Baker实验室 (联合指导) Stanford, CA & Seattle, WA

2025年6月至今

- 由Wyss-Coray博士和Baker博士联合指导, 获NIH/NIA F99/K00奖学金资助
- 结合衰老生物学与蛋白质从头设计, 应对神经退行性疾病
- 专注于从头设计解聚酶以对抗神经元中的蛋白质聚集
- 构建先进的衰老时钟和蛋白质组数据基础模型

### 哈佛大学

Ph.D., 公共卫生生物科学

Cambridge, MA

2019年7月 – 2025年5月

- 论文: “衰老的量化”
- 导师: Vadim Gladyshev博士, 哈佛医学院, 布莱根妇女医院
- 论文指导委员会: Brendan Manning博士、David Sinclair博士、Shamil Sunyaev博士
- 研究方向: 通过多组学建模和因果推断理解衰老的机制
- 构建了首个因果增强型衰老时钟 / 目前最大的生物年龄数据库和智能体系 (ClockBase Agent, 200万+样本, 4万+分析) / 首个DNA甲基化组基础模型 (MethylGPT)

### 哈佛大学

M.S., 计算科学工程

Cambridge, MA

2023年7月 – 2024年5月

- 博士学习期间的第二专业

### 加州大学伯克利分校

访问学生, 综合生物学

Berkeley, CA

2017年8月 – 2017年12月

### 中山大学

B.S., 生命科学

广州, 中国

2015年9月 – 2019年6月

- 论文: 基于活细胞中分子荧光互补系统筛选hTERC相互作用组
- 逸仙荣誉学院项目 (前0.5%)
- 高考成绩 (前0.6%)

## 研究经历

### 斯坦福大学 & 华盛顿大学

Stanford, CA & Seattle, WA

衰老的蛋白质设计 博士后研究员, Wyss-Coray实验室 & Baker实验室

2025年6月至今

访问学者, Wyss-Coray实验室 & Baker实验室

2024年11月 – 2025年5月

### Avinasi Labs

去中心化长寿数据收集 联合创始人

San Francisco, CA

2025年1月至今

### 哈佛医学院, 布莱根妇女医院

生物衰老 研究生研究员, Vadim Gladyshev实验室

Boston, MA

2020年3月 – 2025年5月

### 哈佛医学院, 波士顿儿童医院

RNA修饰 研究生研究员 (轮转), Eric Greer实验室

Boston, MA

2020年1月 – 2020年3月

哈佛医学院 细胞重编程 研究生研究员（轮转）， David Sinclair实验室	Boston, MA 2019年10月 – 2019年12月
哈佛大学陈曾熙公共卫生学院 mTORC1 研究生研究员（轮转）， Brendan Manning实验室	Boston, MA 2019年7月 – 2019年10月
<b>本科研究经历</b>	2015年 – 2019年
· 中山大学，端粒与端粒酶	松阳渊实验室
· 爱丁堡大学，群体遗传学	Xia Shen实验室
· 华盛顿大学，阿卡波糖与雷帕霉素	Matt Kaeberlein实验室
· 巴克老龄化研究所，衰老细胞清除剂	Judith Campisi实验室
· 加州大学伯克利分校，SIRT7	Danica Chen实验室
· 中山大学，端粒与DNA甲基化	容益康实验室

## 基金资助

---

**K00博士后过渡奖** NIH/NIA 利用因果衰老生物标志物和蛋白质设计开发新型抗衰老干预措施，  
2025年 – 2028年

**F99向衰老研究过渡博士生奖** NIH/NIA  
利用因果衰老生物标志物和蛋白质设计开发新型抗衰老干预措施，  
2024年 – 2025年

- 奖项文件编号：FAG088431A (负责人)
- 获得满分10分的影响评分

## 发表论文

---

✉ 通讯作者； \* 共同第一作者； + 以联盟作者身份贡献

### 精选论文与预印本

Ying, K., Paulson, S., Eames, A., Tyshkovskiy, A., …, Gladyshev, V. N. (2025). A Unified Framework for Systematic Curation and Evaluation of Aging Biomarkers. *Nat. Aging*. <https://www.nature.com/articles/s43587-025-00987-y>

Moqri, M.\* , Ying, K.\* , Poganić, J.\* , Herzog, C.\* , Chen, Q., Emamifar, M., …, Gladyshev, V. N. (2025). Integrative epigenetics and transcriptomics identify aging genes in human blood. *Nat. Commun.* (已接受) . <https://doi.org/10.1101/2024.05.30.596713>

Wu, X.\* , Liu, H.\* , Ying, K.\*† (2025). Biological Age, Aging Clocks, and the Interplay with Lymphoid Neoplasms: Mechanisms and Clinical Frontiers. *Lymphatics*, 3(3), 19. <https://doi.org/10.3390/lymphatics3030019>

Ying, K.† (2024). Causal inference for epigenetic ageing. *Nat. Rev. Genet.*, 1–1. <https://doi.org/10.1038/s41576-024-00799-7>

Ying, K., Castro, J. P., Shindyapina, A. V., …, Gladyshev, V. N. (2024). Depletion of loss-of-function germline mutations in centenarians reveals longevity genes. *Nat. Commun.*, 15(1), 5956. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50098-2>

Ying, K., Liu, H., Tarkhov, A. E., …, Gladyshev, V. N. (2024). Causality-enriched epigenetic age uncouples damage and adaptation。 **Nat. Aging** (2月封面) , 1–16. <https://doi.org/10.1038/s43587-023-00557-0>

Ying, K., Zhai, R., Pyrkov, T. V., …, Gladyshev, V. N. (2021). Genetic and phenotypic analysis of the causal relationship between aging and COVID-19。 **Commun. Med.**, 1(1), 35. <https://doi.org/10.1038/s43856-021-00033-z>

Ying, K.\*†, Tyshkovskiy, A., Moldakozhayev, A., …, Gladyshev, V. N. (2025). Massive AI agent mining of aging interventions from millions of molecular profiles。 **bioRxiv** (更新版本, Nature投稿中) . <https://doi.org/10.1101/2023.02.28.530532>

Ying, K.†, Song, J., Cui, H., …, Gladyshev, V. N†. (2024). MethylGPT: a foundation model for the DNA methylome。 **bioRxiv** (Nature Machine Intelligence投稿中) . <https://doi.org/10.1101/2024.10.30.621013>

Ying, K., Paulson, S., Reinhard, J., …, Gladyshev, V. N. (2024). An Open Competition for Biomarkers of Aging。 **bioRxiv**. <https://doi.org/10.1101/2024.10.29.620782>

Ying, K., Tyshkovskiy, A., Chen, Q., …, Gladyshev, V. N. (2024). High-dimensional Ageome Representations of Biological Aging across Functional Modules。 **bioRxiv** (Nature Aging二次修订中) . <https://doi.org/10.1101/2024.09.21.570935>

Ying, K., Tyshkovskiy, A., Trapp, A., …, Gladyshev, V. N. (2023). ClockBase: A comprehensive platform for biological age profiling in human and mouse。 **bioRxiv**. <https://doi.org/10.1101/2023.02.28.530532>

## 其他论文

Zhang, O., Lin, H., Zhang, X., Wang, X., Wu, Z., Ye, Q., Zhao, W., Wang, J., Ying, K., Kang, Y., Hsieh, C.-Y., Hou, T. (2025). Graph neural networks in modern AI-aided drug discovery。 **Chem. Rev.**, 125, 10001–10103. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.5b00254>

Zhang, O., …, Ying, K., Huang, Y., Zhao, H., Kang, Y., Pan, P., Wang, J., Guo, D., Zheng, S., Hsieh, C.-Y., & Hou, T. (2025). ECloudGen: leveraging electron clouds as a latent variable to scale up structure-based molecular design。 **Nat. Comput. Sci.**. <https://doi.org/10.1038/s43588-025-00886-7>

Farinas, A., Rutledge, J., Bot, V. A., Western, D., Ying, K., Lawrence, K. A., Oh, H. S. H., …, Wyss-Coray, T. (2025). Disruption of the cerebrospinal fluid–plasma protein balance in cognitive impairment and aging。 **Nat. Med.**, 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41591-025-03831-3>

Rothi, M.H., Sarkar, G.C., Haddad, J.A., Mitchell, W., Ying, K., 等 (2025). The 18S rRNA methyltransferase DIMT-1 regulates lifespan in the germline later in life。 **Nat. Commun.**, 16, 6944. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-62323-7>

Grzeczka, A., Iqbal, S., Ying, K., Kordowitzki, P. (2025). Circular RNAs as regulators and biomarkers of mammalian ovarian ageing。 **GeroScience**, 1–19. <https://doi.org/10.1007/s11357-025-01798-0>

Jacques, E., Herzog, C., Ying, K., …, Gladyshev, V. N. (2025). Invigorating discovery and clinical translation of aging biomarkers。 **Nat. Aging**, 1–5.

Goeminne, L. J. E., Vladimirova, A., Eames, A., Tyshkovskiy, A., Argentieri, M. A., Ying, K., Moqri, M., & Gladyshev, V. N. (2025). Plasma protein-based organ-specific aging and mortality models unveil diseases as accelerated aging of organismal systems. **Cell Metab.**, <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2024.03.007>

Gladyshev, V. N., Anderson, B., Barlit, H., …, Ying, K., Yunes, J., Zhang, B., & Zavoronkov, A. (2024). Disagreement on foundational principles of biological aging. **PNAS Nexus**, 3(12), pgae499. <https://doi.org/10.1093/pnasnexus/pgae499>

Lyu, YX.\*, Fu, Q.\* , Wilczok, D.\* , 应可钧\*, King, A., …, Bakula, D. (2024). Longevity biotechnology: Bridging AI, biomarkers, geroscience and clinical applications for healthy longevity. **Aging**, 16(1), 1–25. <https://doi.org/10.18632/aging.205397>

衰老生物标志物联盟<sup>+</sup>, Herzog, C. M. S., Goeminne, L. J. E., Poganik, J. R., …, Gladyshev, V. N. (2024). Challenges and recommendations for the translation of biomarkers of aging. **Nat. Aging**, 1–12. <https://doi.org/10.1038/s43587-024-00683-3>

Castro, J. P., Shindyapina, A. V., Barbieri, A., Ying, K., …, Gladyshev, V. N. (2024). Age-associated clonal B cells drive B cell lymphoma in mice. **Nat. Aging**, 4(8), 1–15. <https://doi.org/10.1038/s43587-024-00671-7>

Moqri, M., …, de Sena Brandine, G., Ying, K., Tarkhov, A., …, Sebastian, V. (2024). PRC2-AgeIndex as a universal biomarker of aging and rejuvenation. **Nat. Commun.**, 15(1), 5956. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50098-2>

Tarkhov, A. E., Lindstrom-Vautrin, T., Zhang, S., Ying, K., Moqri, M., …, Gladyshev, V. N. (2024). Nature of epigenetic aging from a single-cell perspective. **Nat. Aging**, 1–17. <https://doi.org/10.1038/s43587-023-00555-2>

Moqri, M., Herzog, C., Poganik, J. R., Ying, K., …, Ferrucci, L. (2024). Validation of biomarkers of aging. **Nat. Med.**, 1–13. <https://doi.org/10.1038/s41591-023-02784-9>

Griffin, P. T., …, Kerepesi, C., Ying, K., …, Sinclair, D. A. (2024). TIME-seq reduces time and cost of DNA methylation measurement for epigenetic clock construction. **Nat. Aging**, 1–14. <https://doi.org/10.1038/s43587-023-00555-2>

Moqri, M., Herzog, C., Poganik, J. R., 衰老生物标志物联盟<sup>+</sup>, …, Gladyshev, V. N. (2023). Biomarkers of aging for the identification and evaluation of longevity interventions. **Cell**, 186(18), 3758–3775. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2023.08.003>

Lberman, N., Rothi, M. H., Gerashchenko, M. V., Zorbas, C., Boulias, K., MacWhinnie, F. G., Ying, K., Flood Taylor, A., …, Greer, E. L. (2023). 18S rRNA methyltransferases DIMT1 and BUD23 drive intergenerational hormesis. **Mol. Cell**, 83(18), 3268–3282.e7. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2023.08.014>

Bitto, A., Grillo, A. S., Ito, T. K., Stanaway, I. B., Nguyen, B. M. G., Ying, K., …, Kaeberlein, M. (2023). Acarbose suppresses symptoms of mitochondrial disease in a mouse model of Leigh syndrome. **Nat. Metab.**, 5(6), 955–967. <https://doi.org/10.1038/s42255-023-00815-w>

Emmrich, S., Trapp, A., Tolibzoda Zakusilo, F., Straight, M. E., Ying, K., Tyshkovskiy, A., …, Gorbunova, V. (2022). Characterization of naked mole-rat hematopoiesis reveals unique stem and progenitor cell patterns and neotenic traits. **EMBO J.**, 41(15), e109694. <https://doi.org/10.15252/embj.2021109694>

Yang, Z., …, Guo, H., Ying, K., Gustafsson, S., …, Shen, X. (2022). Genetic Landscape of the ACE2 Coronavirus Receptor. *Circulation*, 145(18), 1398–1411. <https://doi.org/10.1161/CIRCULATIONAHA.121.057888>

Li, T., Ning, Z., Yang, Z., Zhai, R., Zheng, C., Xu, W., Wang, Y., Ying, K., Chen, Y., & Shen, X. (2021). Total genetic contribution assessment across the human genome. *Nat. Commun.*, 12(1), 2845. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-23124-w>

Zhu, J., Xu, M., Liu, Y., Zhuang, L., Ying, K., Liu, F., …, Songyang, Z. (2019). Phosphorylation of PLIN3 by AMPK promotes dispersion of lipid droplets during starvation. *Protein Cell*, 10(5), 382–387. <https://doi.org/10.1007/s13238-018-0593-9>

## 其他预印本

Zhang, O., Zhang, X., Lin, H., Tan, C., Wang, Q., Mo, Y., …, Ying, K., Li, J., Zeng, Y., Lang, L., Pan, P., Cao, H., Song, Z., Qiang, B., Wang, J., Ji, P., Bai, L., Zhang, J., Hsieh, C.-Y., Heng, P. A., Sun, S., Hou, T., & Zheng, S. (2025). ODesign: A World Model for Biomolecular Interaction Design. *arXiv*. <https://odesign1.github.io/>

Mavrommatis, C., Belsky, D., Ying, K., Moqri, M., Campbell, A., Richmond, A., …, Gladyshev, V. N. (2025). An unbiased comparison of 14 epigenetic clocks in relation to 10-year onset of 174 disease outcomes in 18,859 individuals. *medRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.07.14.25331494>

Galkin, F., …, Tyshkovskiy, A., Ying, K., Gladyshev, V. N., & Zhavoronkov, A. (2024). Precious3GPT: Multimodal Multi-Species Multi-Omics Multi-Tissue Transformer for Aging Research and Drug Discovery. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.07.25.605062>

Tyshkovskiy, A., Khodina, D., Ying, K., Davitadze, M., …, Gladyshev, V. N. (2024). Transcriptomic Hallmarks of Mortality Reveal Universal and Specific Mechanisms of Aging, Chronic Disease, and Rejuvenation. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.07.04.601982>

Moqri, M., Poganik, J. R., Herzog, C., Ying, K., Chen, Q., …, Gladyshev, V. N. (2024). Integrative epigenetics and transcriptomics identify aging genes in human blood. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.05.30.596713>

Rothi, M. H., Sarkar, G. C., Al Haddad, J., Mitchell, W., Ying, K., Pohl, N., …, Greer, E. L. (2024). The 18S rRNA Methyltransferase DIMT-1 Regulates Lifespan in the Germline Later in Life. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.05.15.570935>

Zhang, B., Tarkhov, A. E., Ratzan, W., Ying, K., Moqri, M., …, Gladyshev, V. N. (2022). Epigenetic profiling and incidence of disrupted development point to gastrulation as aging ground zero in *Xenopus laevis*. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2022.08.02.502559>

## 专利

V. N. Gladyshev, **K. Ying**, “High-dimensional measurement of biological age” (2024)。临时专利申请

V. N. Gladyshev, **K. Ying**, “Mapping CpG sites to quantify aging traits” (2024)。WO2024039905A2

## 软件与数据库

MethylGPT (2024)

<https://github.com/MethylGPT/MethylGPT>

<b>Biolearn</b> (2024)	<a href="https://bio-learn.github.io/">https://bio-learn.github.io/</a>
<b>ClockBase</b> (2023)	<a href="https://www.clockbase.org/">https://www.clockbase.org/</a>

## 演讲报告

---

口头报告

<b>衰老生物标志物研讨会2025</b> 利用AI智能体从数百万分子谱中大规模挖掘衰老调节干预措施	Boston, MA 2025年
<b>美国人类遗传学学会2025年年会</b> 解码衰老甲基化组：从因果推断到基础模型	Boston, MA 2025年
<b>第6届TimePie长寿论坛</b> 利用AI智能体从数百万分子谱中大规模挖掘衰老调节干预措施	上海，中国 2025年
<b>CSH亚洲会议：干细胞、衰老与再生</b> 利用AI智能体从数百万分子谱中大规模挖掘衰老调节干预措施	苏州，中国 2025年
<b>Keystone研讨会：衰老的新前沿——再生与老年治疗</b> MethylGPT：DNA甲基化组的基础模型	Breckenridge, CO 2025年
<b>衰老生物标志物研讨会</b> 衰老生物标志物的标准化与BoA挑战	Boston, MA 2024年
<b>哈佛大学GRIP演讲</b> 因果衰老生物标志物赋能无偏抗衰老治疗筛选	Boston, MA 2024年
<b>第4届TimePie长寿论坛</b> 因果衰老生物标志物作为无偏抗衰老治疗筛选工具	上海，中国 2023年
<b>全球美容与抗衰大会（GCAA2023）</b> 因果衰老生物标志物作为无偏抗衰老治疗筛选工具	新加坡 2023年
<b>第10届衰老研究与药物发现会议（ARDD2023）</b> 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	Copenhagen, Denmark 2023年
<b>AGE 2023第51届年会</b> 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	Oklahoma City, OK 2023年
<b>博德研究所MPG研讨会</b> 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	Cambridge, MA 2023年
<b>哈佛大学GRIP演讲</b> 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	Boston, MA 2022年
<b>Targeting Metabesity 2022，“荣誉提名”</b> 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	线上会议 2022年
<b>GSA 2021年度科学会议</b> 衰老与COVID-19之间因果关系的遗传学和表型证据	线上会议 2021年

## 受邀报告

圣犹大儿童研究医院， Zhaoming Wang博士主持 MethylGPT与因果增强型表观遗传时钟	Memphis, TN 2025年
长寿倡议联盟科学家聚焦， 第14集： Albert Ying	线上播客 2024年
BioAge研讨会， Robert Hughes博士和Paul Timmers博士主持 Ageome： 更高维度的生物年龄	Boston, MA 2024年
MRC综合流行病学单位研讨会 表观遗传时钟与孟德尔随机化	Bristol, UK 2024年
NIA EL项目联合会议， 国家老龄化研究所 衰老时钟	线上网络研讨会 2024年
衰老生物标志物挑战赛， Foresight Institute 与Foresight的更新网络研讨会	线上网络研讨会 2024年
Everything Epigenetics， Hannah Went主持的播客 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	线上播客 2024年
香港中文大学， 王鑫博士主持 因果衰老生物标志物作为系统性抗衰老治疗筛选工具	香港， 中国 2024年
香港中文大学， 王鑫博士主持 因果衰老生物标志物作为系统性抗衰老治疗筛选工具	香港， 中国 2023年
北京大学， 韩敬东博士主持 因果衰老生物标志物与ClockBase	北京， 中国 2023年
中国科学院， 周旭明博士主持 因果表观遗传年龄解耦损伤与适应	北京， 中国 2022年
Foresight Institute， Allison Duettmann主持 遗传变异、衰老与COVID-19的关系   Joris Deelen、 Albert Ying	线上研讨会 2020年

## 荣誉与奖项

半决赛入围者， 哈佛校长创新挑战赛， 医疗保健与生命科学赛道	2025年
最佳海报奖， 首届衰老生物标志物研讨会	2023年
最佳海报奖， 戈登研究会议， 系统衰老	2022年
黑客马拉松获胜者， 长寿黑客马拉松， VitaDAO	2021年
逸仙荣誉学院项目， 中山大学	2016年 – 2019年
逸仙奖学金， 中山大学	2016年 – 2019年

## 专业经验

## 服务与领导

理事会成员, 救生艇基金会	2025年至今
成员, Norn长寿联盟	2025年至今
评委与导师, 智能体AI对抗衰老黑客马拉松	2025年
核心成员, 衰老生物标志物联盟	2024年至今
组织者, 衰老生物标志物挑战赛	2024年至今
主席, 哈佛疾病与健康跨学科讨论组	2024年 – 2025年
议程贡献者, 世界经济论坛	2024年
组委会成员, 衰老生物标志物研讨会2024	2024年
组委会成员, 衰老生物标志物研讨会2023	2023年

## 教学与指导

导师, 元培青年学者项目	2023年 – 2024年
讲师, 哈佛公共卫生青年一代研讨会	2023年

## 指导学生

博士前学生: Ali Doga Yucel、李思远、刘涵娜、李东贤、张艺坤

## 审稿期刊

Nat. Aging、Nat. Commun.、Commun. Med.、Genome Med.、BMC Nephrol.、Lipids Health Dis.、Clin. Proteomics、Evid. Based Complement. Alternat. Med.、Sci. Rep.

## 推荐人

Dr. Tony Wyss-Coray, 博士后联合导师 D.H. Chen杰出神经学与神经科学教授, 斯坦福大学	twc@stanford.edu
Dr. David Baker, 博士后联合导师 生物化学教授, 华盛顿大学	dbaker@uw.edu
Dr. Vadim Gladyshev, 博士导师 医学教授, 哈佛医学院	vgladyshev@bwh.harvard.edu
Dr. Steve Horvath, 合作者 人类遗传学教授, 加州大学洛杉矶分校	shorvath@mednet.ucla.edu
Dr. David Sinclair, 论文指导委员会 遗传学教授, 哈佛医学院	david_sinclair@hms.harvard.edu
Dr. Matt Kaeberlein, 导师 病理学教授, 华盛顿大学	kaeber@uw.edu