



南京农业大学
NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY



人工智能学院
COLLEGE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE

基于机器学习的蛋白质 结构与功能预测

主讲嘉宾：於东军 教授

报告摘要

蛋白质是由多个氨基酸组成的长链，是生物体的必要组成成分，参与了生命活动的每一个进程。蛋白质结构决定了许多蛋白质的功能，从序列出发准确预测蛋白质的结构及功能具有重要意义。本报告介绍课题组应用机器学习技术在蛋白质结构及功能预测中取得的一点进展。

具体内容包括：蛋白质接触图预测、蛋白质-配体绑定位点预测；DNA-蛋白质相互作用预测以及蛋白质结晶倾向性预测等。



於东军

南京理工大学计算机科学与工程学院智能科学与技术系教授，博士生导师 (<http://csbio.njust.edu.cn>)。主要研究方向为生物信息学、机器学习、模式识别与智能系统。主持国家自然科学基金面上项目3项，主持省部级项目12项。在模式识别、生物信息学、神经网络、智能计算等领域有一定的研究积累，在 Briefings in Bioinformatics、PLOS Computational Biology、Bioinformatics、Journal of Chemical Information and Modeling、Pattern Recognition、Machine Learning、IEEE TNLS、IEEE TKDE、IEEE/ACM TCBB、计算机学报、计算机研究与发展、软件学报等国内外主流刊物上累计发表学术论文100余篇，授权国家发明专利6件。近年来主要从事生物信息学及模式识别领域相关的课题研究。曾获江苏省科技进步三等奖1项、教育部科技进步(推广类)二等奖1项以及教育部科技进步二等奖1项。入选江苏省博士集聚计划、江苏省“333高层次人才培养工程”中青年科学技术带头人、江苏省“六大人才高峰”以及 World's Top 2% Scientists 2020。中国计算机学会(CCF)生物信息学专业委员会委员，中国人工智能学会(CAAI)生物信息学与人工生命专业委员会委员。

报告时间： 2021年07月09日 下午14:30-16:30
报告地点： 卫岗校区教学楼B634
腾讯会议直播： 122 681 277
邀请人： 姜海燕 教授



第一期

农业大数据分析 with 智能计算系列报告



南京农业大学
NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY



人工智能学院
COLLEGE OF ARTIFICIAL INTELLIGENCE

深度学习技术在nsSNPs 预测中的应用

主讲嘉宾：葛芳 博士生

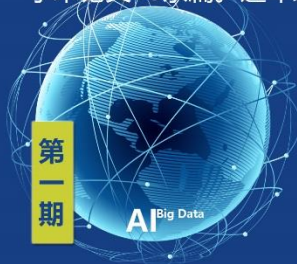


报告摘要

人体蛋白质中某些突变造就了多样化的外貌特征，而一些突变可导致疾病。据报超过6000种人类疾病是由非同义单核苷酸多态性 (Non-synonymous single nucleotide polymorphisms, nsSNPs) 引发的，快速准确地预测 nsSNPs 的致病性，有助于理解发病原理和设计新药物，是生物信息领域的重要研究问题之一。本报告首先给出了 nsSNPs 致病性研究的相关背景知识及其重要意义；其次，介绍了应用深度学习技术在 nsSNPs 预测中取得的一点进展；最后，针对 nsSNPs 预测中存在的若干难点问题，给出了有望取得突破的若干研究方向。

葛芳

南京理工大学计算机科学与工程学院智能科学与技术系博士研究生 (gfang0616@njust.edu.cn)。主要研究方向为生物信息学、数据挖掘。主持安徽省高校自然科学基金项目1项，主持安徽省质量工程课程建设类项目1项。在模式识别、生物信息学等领域有一定的研究积累，在 Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems、Combinatorial Chemistry & High Throughput Screening、模式识别与人工智能、南京理工大学学报等国内外刊物上累计发表学术论文10余篇。近年来主要从事生物信息学及模式识别领域相关的课题研究。



第一期

报告时间： 2021年07月09日 下午14:30-16:30
报告地点： 卫岗校区教学楼B634
腾讯会议直播： 122 681 277
邀请人： 姜海燕 教授