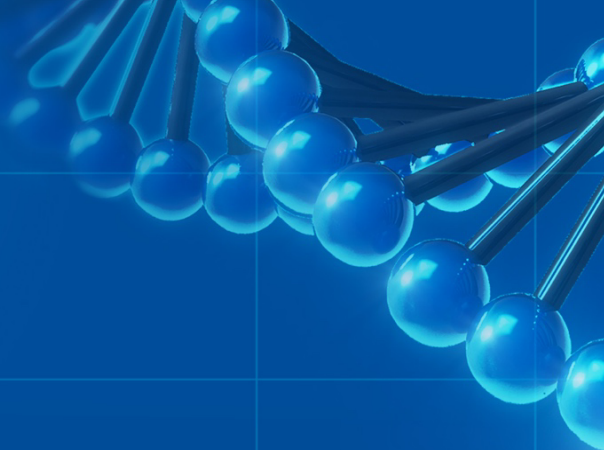




“AI赋能的生命健康大数据解析”前沿论坛

中国人工智能学会生物信息学与人工生命专业委员会“走进高校”系列活动

会议手册

试书水印

中国·天津

2025年11月7-9日



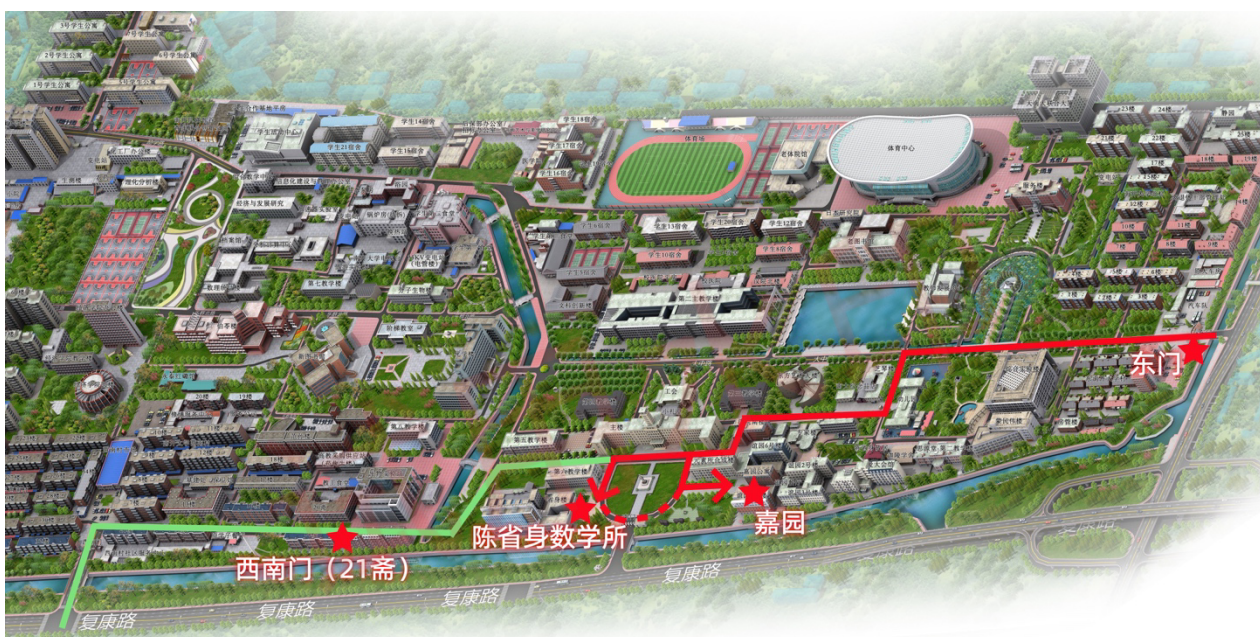
“AI 赋能的生命健康大数据解析”前沿论坛

2025 年 11 月 7 日-9 日

会议须知

报到及会议地点

- 报到时间：11 月 7 日 13:00 至 20:00（如提前或晚到，可在嘉园办理入住）
- 报到地点：南开大学嘉园宾馆
- 会议地点：陈省身数学所（省身楼）206 会议室



入校及就餐等

- 参会代表在会议期间出入校园请携带参会代表证及身份证，配合学校门岗检查。
- 参会代表会议期间在嘉园餐厅用餐，时间如下：
早餐：7:30-8:30 午餐：11:30-13:00 晚餐 17:30-19:00
注：11 月 8 日午餐时间为 11:30 桌餐。
- 会议期间，11 月 8 日中午 13:00-13:30 陈省身先生故居——宁园开放，可供大家参观，
注：到宁园参观请按门铃后进入。
- 天气：11 月 7 日小雨（9-12℃），11 月 8 日阴（7-15℃），11 月 9 日晴（4-14℃）。

组委会联系电话

陈盛泉（手机号：18811555615），李晗（手机号：15044067292）

“AI 赋能的生命健康大数据解析” 前沿论坛日程

11 月 7 日 星期五 南开大学嘉园		
12:00-18:00	会议签到	
18:00-19:00	晚餐	
11 月 8 日 星期六 南开大学陈省身数学研究所 206 会议室		
时间	内容	主持
8:40-8:45	南开大学陈省身数学研究所所长致辞 白承铭 南开大学	陈盛泉 南开大学
8:45-8:50	中国人工智能学会生物信息学与人工生命专委会主任致辞 汪小我 清华大学	
8:50-9:00	合影	
9:00-9:25	Computational solutions for spatial transcriptomics 高琳 西安电子科技大学	陈河兵 军事科学院
9:25-9:50	AI 赋能的玉米遗传大数据解析方法 郭茂祖 北京建筑大学	
9:50-10:15	基于人工智能的蛋白质多模态大数据分析 沈红斌 上海交通大学	
10:15-10:35	茶歇	
10:35-11:00	免疫大数据的系统挖掘和预测 郭安源 四川大学	陈河兵 军事科学院
11:00-11:25	基因调控序列的人工智能设计 汪小我 清华大学	
11:30-13:00	午餐	
13:00-13:30	参观陈省身先生故居	
14:45-15:10	生物元件智能预测与设计 郑春厚 安徽大学	李晗 南开大学
15:10-15:35	题目待定 伯晓晨 军事科学院	
15:35-16:00	题目待定 李敏 中南大学	
16:00-16:20	茶歇	
16:20-16:45	生物医学多模态数据中异质性和特异性的融合分析 张法 北京理工大学	李晗 南开大学
16:45-17:10	肿瘤细胞命运的“虚拟”示踪 古瑾 清华大学	
17:20-19:00	晚餐	

11月9日 星期日 南开大学陈省身数学研究所 206 会议室		
时间	内容	主持
9:00-9:20	面向单细胞 DNA 甲基化数据分析的多功能工具 汤淞鸣 南开大学	李斯羽 南开大学
9:20-9:40	单细胞 DNA 甲基化衰老时钟方法的基准测试研究 胡凌一 南开大学	
9:40-10:00	基于正则化重心映射的 scATAC-seq 数据整合方法 花赫阳 南开大学	
10:00-10:20	基于单细胞技术的高浆性卵巢癌转移灶 CAFs 异质性研究 王至卓 南开大学	
10:20-10:35	茶歇	
10:35-10:55	scBOND: 单细胞转录组与 DNA 甲基化双向转换算法 郎可菡 南开大学	花赫阳 南开大学
10:55-11:15	单细胞表观遗传时钟构建 李斯羽 南开大学	
11:15-11:35	单细胞 DNA 甲基化数据细胞类型自动注释算法 贾宇航 南开大学	
11:35-11:55	基于多阶段 Transformer 的蛋白组多疾病诊断与预测 李永康 南开大学	
11:55-14:30	午餐	
14:30-14:50	高通量细胞图像数据的三重效应校正框架 张宇 南开大学	汤淞鸣 南开大学
14:50-15:10	Topic 信息引导的多分辨率 Hi-C 预测 林任天 南开大学	
15:10-15:25	单细胞 DNA 甲基化数据填补方法的全面测评与集成学习 梁海天 南开大学	
15:25-15:40	单细胞 DNA 甲基化数据的前沿聚类方法与系统测评 林一鸣 南开大学	
15:40-15:55	茶歇	
15:55-16:25	单细胞基础模型研究进展回顾 郭家齐 南开大学	胡凌一 南开大学
16:25-16:40	基于相似度网络融合的单细胞数据聚类集成方法 刘治权 南开大学	
16:40-16:55	基因组结构化变异与基因调控关联的建模初探 刘禹彤 南开大学	
16:55-17:05	基于对比学习的蛋白质组疾病预测方法 卿皇培 南开大学	
17:05-17:15	基于自适应图网络的 scATAC-seq 疾病细胞识别 邹紫怡 南开大学	
17:15-17:25	单细胞数据不平衡细胞类型的精准注释 顾可鞠 南开大学	
18:00-19:00	晚餐	

特邀嘉宾

高琳 西安电子科技大学



嘉宾简介：

高琳，西安电子科技大学计算机科学与技术学院二级教授。计算机学会理事，计算机学会“生物信息专委会”主任，第八届人工智能学会理事，人工智能学会“生物信息学与人工生命专业委员会”荣誉委员，运筹学会“计算生物信息学分会”副理事长。在计算生物信息学、数据挖掘与机器学习、图论与组合优化算法方面进行了长期研究，承担国家自然科学基金原创探索、重点、重大研究计划等项目。研究成果获陕西省自然科学技术一等奖/二等奖，电子学会自然科学技术二等奖等，单细胞环状伪轨迹推断算法入选“2019年中国生物信息学十大算法与工具”，在《Nature Communications》，《Nature Methods》，《Science Advances》，《Nature Computational Science》，《Advanced Science》，《Nucleic Acids Research》，《Communication Biology》，《PLoS Computational Biology》，《Bioinformatics》等期刊发表研究成果。

报告标题：Computational solutions for spatial transcriptomics

报告摘要：

The function of biological systems depends on the spatial organization of their cells. Spatial transcriptomics technologies measure gene expression across spatial locations within a tissue, and computational methods are developed that leverage spatial gene expression data to reconstruct a single-cell spatial map and to delineate tissue structure. In this talk, a method SWOT is introduced for learning a mapping from cells to spots to infer both cell-type composition and single-cell spatial maps from spot-based spatial transcriptomics data. Furthermore, a method HRCHY-CytoCommunity is introduced to decode hierarchical multicellular structures in cell phenotype-annotated single-cell spatial maps from single-cell spatial omics data.

郭茂祖 北京建筑大学



嘉宾简介：

郭茂祖，北京建筑大学智能科学与技术学院二级教授、博导。国务院政府特殊津贴专家、北京市优秀教师、北京市教学名师，担任“城市建筑超级智能技术”北京市重点实验室主任，中国人工智能学会机器学习专委会常委、中国计算机学会生物信息学专委会资深委员。1997年博士毕业于哈工大计算机应用专业，2002年破格评为教授。研究方向包括：生物信息学与计算生物学、机器学习与数据挖掘、时空信息数据挖掘、智能建造与智慧城市等。先后主持国家自然科学基金重点和面上项目、国家重点研发课题等国家级项目二十余项，牵头获教育部自然科学奖、吴文俊人工智能自然科学奖、省自然科学奖等。发表论文400余篇。已培养毕业博士23人。

报告标题：AI 赋能的玉米遗传大数据解析方法

报告摘要：

我国玉米年产量供应不足，而传统田间育种成本高、周期长，亟需高效的玉米良种选育方法。报告围绕“玉米基因型-表型智能解析”核心需求，针对玉米关键分子特征定位难、组学数据表示建模难、遗传调控机制解析难三个挑战，聚焦位点-表型因果定量分析、多层次分子关联网络构建与优化、基因-表型决策与溯源以及智能育种田间验证等内容，研究揭示玉米基因型-表型间内在关联的信息方法，推动对玉米遗传规律的系统认知，促进玉米高产稳产的遗传改良。

沈红斌 上海交通大学



嘉宾简介：

上海交通大学特聘教授、致远学院工科荣誉计划项目主任。曾获国家杰出青年科学基金、万人计划青年拔尖人才等资助，担任中国人工智能学会生物信息学与人工生命专业委员会副主任、《Genome Biology》客座编辑。主要从事人工智能与生命科学交叉的教学研究工作，构建的生物信息人工智能计算平台被广泛使用超过 1 千万次，理论预测结果被生物实验大量验证。曾获上海市青年科技杰出贡献奖、霍英东教育基金会青年教师奖，指导 2 名博士研究生分别入选上海交通大学优秀博士学位论文及提名奖、4 名硕士研究生入选上海市优秀硕士学位论文。

报告标题：基于人工智能的蛋白质多模态大数据分析方法

报告摘要：

蛋白质等生物分子数据快速增长，需要发展相关有针对性的蛋白质等生物分子的嵌入表征学习、模式分析与识别算法，促进数据的快速解析与隐含知识的挖掘与发现。分子序列、结构、功能描述等不同模态数据形式之间相互补充，充分挖掘应用场景所密切关联的多模态关联，实现高维分子数据的低维高效表征学习，在加速数据理解方面具有积极的作用。

郭安源 四川大学



嘉宾简介：

四川大学华西生物医学大数据研究院副院长、二级教授、博士生导师。获基金委青年科学基金项目（A类）、优青等项目资助；作为第一完成人获教育部科研成果奖二等奖，连续多年入选爱思唯尔“中国高被引学者”（2020 - 2024）。研究方向为肿瘤机制、肿瘤药物发现和肿瘤免疫相关的生物信息学方法、数据库及其功能研究。开发了 ImmuCellAI、GSCA、AnimalTFDB 等一系列被广泛使用和引用的生物信息学工具与数据库。在 Nature Immunology、Science Translational Medicine 等期刊发表论文 100 余篇。现任中国生物信息学会（筹）重大疾病组学信息学专委会副主委、四川省生物信息学会智慧免疫分会主委等。

报告标题：免疫大数据的系统挖掘和预测

报告摘要：

主要介绍课题组开放的免疫治疗和 T 细胞相关大数据和数据，单细胞的 T 细胞注释方法，基于免疫大数据的免疫治疗联合药物预测，免疫防御功能评估的 AI 方法等。

汪小我 清华大学



嘉宾简介：

清华大学自动化系长聘教授、系学术委员会副主任、人工智能学院兼职教授，中国人工智能学会生物信息学与人工生命专委会主任，中国生物工程学会青工委首创主任。主要从事人工智能与生物和医学的交叉研究，研究兴趣包括基因组大数据挖掘、人工基因元件和系统的智能设计等。在 PNAS、Nature Communications、NAR、Genome Research 等期刊发表论文 90 余篇，主持国家自然科学基金杰出青年科学基金、重大项目、原创探索计划项目等。

报告标题：基因调控序列的人工智能设计

报告摘要：

基因调控序列的按需设计对于揭示基因表达调控的编码规律及构建人工合成生物系统具有重要意义。由于 DNA 序列的潜在组合空间极其庞大、序列与功能之间的映射关系复杂，如何高效探索序列空间、按需获得具备新型调控功能的序列，是该领域亟待突破的核心挑战。我们基于人工智能技术挖掘基因型与表型之间的关键映射模式，融合生成式模型与进化计算，在虚拟空间中开展功能导向的数字定向进化，并结合高通量 DNA 合成与实验表征验证设计效果，获得了一系列高性能的启动子与增强子序列，推动基因调控元件设计从经验驱动的试错优化迈向智能化、可定制的新范式。

郑春厚 安徽大学



嘉宾简介：

郑春厚，安徽大学教授、博士生导师，国家“万人计划”科技创新领军人才，安徽省学术和技术带头人。近年来在 Nucleic Acids Research、Research、Bioinformatics、IEEE/ACM Transactions 系列汇刊等国内外重要学术期刊发表论文 150 余篇；主持国家重点研发计划课题 1 项、国家自然科学基金项目 5 项（其中重点项目 2 项）、省部级课题多项；2007 年获中国科学院王宽诚博士后工作奖，2010 年获安徽省自然科学一等奖，2016 年获教育部自然科学一等奖，2019 年获安徽省自然科学二等奖；2024 年获山东省自然科学二等奖。应邀在多个国际、国内学术会议做交流报告。现任中国生物信息学会（筹）生物医学数据挖掘与计算专委会秘书长、中国计算机学会生物信息学专业委会常委。

报告标题：生物元件智能预测与设计

报告摘要：

合成生物学（synthetic biology）是以工程学思想为指导，设计并构建新的生物元件、组件和系统，或者对天然生物系统进行改造与重新设计的学科。合成生物学为众多研究领域带来全新的解决方案。生物元件是搭建合成生物系统的基石，DNA 调控元件可以控制目标基因精确表达，其中启动子是调控基因表达的核心元件和基本驱动因素。准确鉴定并改造或设计启动子元件是合成生物学研究的重要方向。传统实验方法耗时耗力效率低，导致合成生物技术潜力未能得到充分挖掘。人工智能技术的发展为合成生物学的发展注入了新的活力。本报告主要探讨人工智能技术助力生物元件，特别是启动子的预测与设计问题。启动子及其强度的准确预测是进行设计的前提与基础，报告首先介绍针对噬菌体和微藻等不同物种进行的启动子及其强度预测工作，并介绍开发的噬菌体相关平台，以及微藻研究中预测结果的可解释性分析。考虑到短串联重复序列的作用，报告介绍利用深度学习模型助力启动子设计的工作，并简要展示所设计序列的有效性和特点。



伯晓晨 军事科学院

试用水印





李敏 中南大学

试用水印



张法 北京理工大学



嘉宾简介：

张法，北京理工大学长聘教授，中科院计算所客座研究员。现任 IEEE 计算生命科学专委会 (TCCLS) 主席，CCF 生物信息学专委会副主任。主要从事冷冻电镜数据处理、多模态生物医学数据处理等方面的研究：研发了国内首款冷冻电镜电子断层重构软件-AuTOM；开发了系列医学病理图像分类分级 AI 处理技术，相关研究成果已在多家医院应用。承担了多项科技部重点研发专项、国家自然科学基金重点、国际合作重大和专项项目等项目。在 Cell Research、Natural Communications、Sciences Advances 等国际期刊和顶级国际会议发表论文 160 余篇，获得医学影像顶会 MICCAI 2022 Best Paper。

报告标题：生物医学多模态数据中异质性和特异性的融合分析

报告摘要：

当前，结合影像和分子等多模态数据的综合诊断方法为疾病精准医疗提供了全新的发展机遇，然而现有模型无法有效地融合医学影像和基因数据的多模态特征，不同模态数据的异质性为融合分析提出了严峻的挑战。本报告将主要介绍我们在多模态数据的异质性和特异性方面的最新研究结果。

古槿 清华大学



嘉宾简介：

古槿，清华大学自动化系，长聘副教授。课题组针对生命遗传密码与复杂系统调控规律解析的关键难题，发展新的信息理论与智能技术，推动恶性肿瘤等重大疾病诊疗的精准化与个体化，已在 Nature Genetics、Nature Cell Biology、Cell Stem Cell、Genome Biology 等杂志上发表论文 60 余篇。现任中国自动化学会智能健康与生物信息专业委员会秘书长、中国人工智能学会生物信息学与人工智能专业委员会常务委员。

报告标题：肿瘤细胞命运的“虚拟”示踪

报告摘要：

肿瘤以及微环境的异质性与可塑性是导致耐药复发的关键因素，单细胞组学技术为解析肿瘤细胞响应药物作用的动力学规律提供了新机遇，但基于非追踪时序单细胞组学数据的动态建模与表征仍极具挑战。报告将探讨目前计算分析与建模的所面临的主要挑战，并重点介绍基于最有传输原理的细胞命运“虚拟”示踪的策略：scStateDynamics 基于流形学习和最优传输的原理将不同时间点的细胞命运进行推断，进而可以详细解析肿瘤细胞的异质性与原发耐药、获得性耐药的关系，该策略也适用于时序空间转录组数据的建模。最后还将分享基于多矩阵联合因子分解的谱系示踪单细胞组学数据增强计算方法，该方法可有效提升下游多个分析任务的性能。随着大规模单细胞分辨率扰动数据的积累和虚拟细胞技术的发展，“AI+Omics”将为破解肿瘤系统动力学规律提供强大助力。