

人工智能与生命组学大数据交叉前沿论坛日程

10月9日 星期五 南开大学嘉园宾馆		
14:00-20:00	会议签到	
18:00-19:00	晚餐	
10月10日 星期六 南开大学陈省身数学研究所 216 室		
时间	内容	主持
9:00-9:25	基于单细胞数据的表观遗传时钟构建 胡凌一 南开大学	李斯羽 南开大学
9:25-9:50	单细胞多组学数据中的基因调控时延检测 曹 澜 南开大学	
9:50-10:15	基于多源参考的空间表观组学增强算法 花赫阳 南开大学	
10:15-10:30	茶歇	
10:30-10:55	基于原型回归器的可解释表观遗传时钟 李斯羽 南开大学	花赫阳 南开大学
10:55-11:20	平衡单细胞数据中生物异质性与批次效应的特征选择框架 邹紫怡 南开大学	
11:20-11:40	融合结构化因果建模与流匹配的单细胞扰动响应预测 石鑫瑞 南开大学	
11:40-13:00	午餐	
14:30-15:00	单细胞和空间组学数据可解释性整合与调控网络推断 张丽华 武汉大学	于东岳 南开大学
15:00-15:30	记忆驱动的复杂系统 AI 建模方法与应用 朱群喜 复旦大学	
15:30-16:00	单细胞数据中批次效应的校正和量化 周 阳 哈尔滨工业大学	
16:00-16:30	合影、茶歇	
16:30-17:00	基于双域交互与观测一致性校正的医学高光谱图像超分辨率重建 陈 程 新疆大学	李晗 南开大学
17:00-17:30	空间组学中表型特异信号的解耦与识别 方钊玉 华中师范大学	
17:30-19:00	晚餐	

10月11日 星期日 南开大学陈省身数学研究所 216 室		
时间	内容	主持
9:00-9:30	基于微生物组学构建肿瘤精准治疗模型 苏 蓓 天津大学	陈盛泉 南开大学
9:30-10:00	机器学习指导筛选 CLL-1 结合结构域以构建长效 CAR-T 细胞并实现急性髓系白血病持久控制 张宏恺 南开大学	
10:00-10:30	一种连接患者疾病状态与单细胞转录组的弱监督学习框架 王 芳 腾讯生命科学实验室	
10:30-10:50	茶歇	
10:50-11:20	AI 驱动的慢病智能诊疗：从风险预警到药物发现 吕 昊 电子科技大学	王子叶 南开大学
11:20-11:50	基于图表示学习解析植物单细胞基因调控网络及功能基因发现 丁 云 安徽大学	
11:50-13:00	午餐	
13:00-13:30	参观陈省身先生故居	
14:30-14:55	转录组数据中基因筛选与通路解析方法的集成与优化 于东岳 南开大学	胡凌一 南开大学
14:55-15:20	单细胞水平的线粒体功能状态 AI 建模与疾病关联解析 王至卓 南开大学	
15:20-15:45	扩散模型在单细胞组学中的应用 顾可鞠 南开大学	
15:45-16:00	茶歇	
16:00-16:20	基于多组学整合的跨物种基因调控网络比对算法 刘禹彤 南开大学	于东岳 南开大学
16:20-16:40	基于单细胞多组学数据整合的基因互作因果推断 冷新燃 南开大学	
16:40-17:00	单细胞基因调控网络推断方法综述 郭 帅 南开大学	
17:20-19:00	晚餐	

特邀嘉宾（字母序）

陈程 新疆大学



嘉宾简介：

陈程，新疆大学软件学院专任教师，副教授（破格），农工党党员，以通讯作者或第一作者发表 SCI 论文 100 余篇，谷歌学术被引用 4000 余次，h 指数：33，ESI 热点论文 1 篇，高被引论文 6 篇，获得授权专利 6 项，入选“斯坦福全球前 2% 顶尖科学家榜单”。主持国家自然科学基金、自治区自然科学基金杰出青年基金、自治区重大专项课题、“天山英才”人才项目等科研项目 8 项。担任中国人工智能学会生物信息和人工生命专委会委员、中国自动化学会智能健康与生物信息专委会委员。

持续开展了基于光谱组学、基因组学等组学数据的新疆高发病的多模态生物传感、智能检测以及风险评估关键技术研究。获得新疆维吾尔自治区科技进步奖一等奖，自治区专利奖二等奖 1 项，三等奖 1 项和新疆医学科技奖二等奖等科研奖励，指导学生获得中国国际大学生创新创业大赛国家级银奖，中国计算机设计大赛国家级二等奖等奖项 10 余项。相关研究瞄准新疆医学智能检测“卡脖子”的关键核心技术难题，所开发的医学检测新技术等一系列成果，已成功地应用于新疆医科大学省部共建中亚高发病成因与防治国家重点实验室、新疆维吾尔自治区人民医院、新疆医科大学第一附属医院等单位。

报告标题：基于双域交互与观测一致性校正的医学高光谱图像超分辨率重建

报告摘要：

医学高光谱图像超分辨率旨在固定采集条件下提升有效空间分辨率，从而为细粒度病理组织分析提供更丰富的空间—光谱表征。然而，现有方法采用的级联跨模态融合可能导致细粒度病理结构信息逐步衰减，同时缺乏针对 RGB 结构观测和 LR-HSI 退化观测的显式一致性约束，因而难以兼顾空间结构保持与光谱保真。针对上述问题，我们提出 DDNet，一种面向医学高光谱图像超分辨率的观测一致性双域交互网络。DDNet 在统一的前向重建过程中，将



选择性的多尺度结构补偿与双观测残差校正相结合。具体而言，结构—退化残差校正模块（SDRC）将初始重建结果分别投影至 RGB 观测域和 LR-HSI 退化域，并将得到的结构残差与退化残差迭代反馈至高光谱空间，从而利用两类输入观测对重建结果进行显式校正。在此基础上，多尺度高频结构补偿模块（MHFP）从 RGB 图像中提取多尺度高频残差，并通过波段—空间门控机制选择性地将与结构相关的高频线索注入高光谱波段，在补偿弱边界和局部纹理的同时，减少无关高频信息对高光谱重建的干扰。在×2、×4 和×8 超分辨率倍率下的实验结果表明，DDNet 能够有效提升医学高光谱图像的重建质量。在×8 条件下，与所比较的方法相比，DDNet 取得了最佳性能，其中 PSNR 为 35.38 dB，SAM 为 0.0308，体现了其高放大倍率下多模态信息融合与高保真医学高光谱图像重建方面的有效性。



丁云 安徽大学



嘉宾简介：

丁云，安徽大学，副教授，入选安徽省高层次人才，担任第二十二届 CCF C 类会议 ICIC 2026 “图机器学习”专题组织者，获得 2025 中国高校教师机器人教学创新大赛全国二等奖。主持国家自然科学基金青年基金项目 1 项，安徽省教育厅重点项目 1 项，安徽省科技创新攻坚计划子课题项目 1 项，以第一作者在 Briefings in Bioinformatics, IEEE TNLS 等领域内顶刊发表多篇学术论文。

报告标题：基于图表示学习解析植物单细胞基因调控网络及功能基因发现

报告摘要：

基因调控网络 (GRNs) 统筹调控植物的生长发育与农艺性状，然而在单细胞分辨率下对其进行解析，仍受限于数据的极度稀疏性以及已验证调控互作关系的匮乏。为此，本文提出了面向植物单细胞数据基因调控网络方法 GRAIN，该方法将子空间互信息约束、块对角结构对比策略与先验调控关系映射无缝融合，即使在稀疏且高噪声的条件下，也能有效捕获基因间的调控关系。在实际应用中，GRAIN 鉴定出 OsABI5、OsMYB4 和 OsbZIP45 三个水稻转录因子，作为籽粒产量的全新候选调控因子。后续的湿实验验证，包括亚细胞定位、转录激活活性检测以及 DAP-seq，证实了这三个新候选转录因子 (OsABI5、OsMYB4、OsbZIP45) 均具有较强的转录激活活性。通过将计算推断与功能遗传学相衔接，GRAIN 降低了实验试错成本，为功能基因发掘与作物精准育种提供了一个强有力的研究范式。

方钊玉 华中师范大学



嘉宾简介：

方钊玉博士，华中师范大学特任副研究员，澳门青年学者计划入选者。博士毕业于中南大学计算机学院，曾在新加坡科技研究局（A*STAR）联合培养。主要研究方向为单细胞与空间多组学数据建模，融合图神经网络与自然语言处理方法开展人工智能算法研究。以第一作者或共同作者身份在 Bioinformatics、Briefings in Bioinformatics、Nature Genetics、NeurIPS 等知名国际期刊和会议上发表研究论文多篇，主持国家自然科学基金青年项目。

报告标题：空间组学中表型特异信号的解耦与识别

报告摘要：

空间组学能够在保留组织空间结构的同时刻画细胞的分子特征，但与疾病状态、药物处理或基因扰动相关的表型变化通常较弱，容易被细胞类型、组织区域等主要生物学差异所掩盖。针对这一问题，我们提出了一种结合层次变分自编码器与图神经网络的空间组学分析方法 C-HIVE。该方法通过显式建模共享因素与表型特异因素之间的层次依赖关系，并进一步融合空间邻域信息，实现对共有生物学变化与表型相关变化的有效解耦。在此基础上，C-HIVE 能够识别与特定表型相关的细胞群、空间区域及关键基因。多个空间转录组数据集上的分析结果表明，C-HIVE 能够从复杂的细胞类型和组织结构背景中捕捉细微而具有空间组织特征的表型信号，为空间组学中的疾病机制解析、扰动效应识别及生物标志物发现提供新的分析工具。

吕昊 电子科技大学



嘉宾简介：

吕昊，电子科技大学副教授。围绕复杂疾病多维表征问题，近年来共发表论文 60 余篇，包括 Genome Biology、iMeta、Cardiovascular Diabetology、Biomarker Research、Ageing Research Reviews、Diabetologia 等。Google 学术引用 3000 余次，H-index 为 30。研究成果被诺贝尔奖获得者、美国国家科学院院士 Arie Warshel 教授正面评价。主持国家自然科学基金面上、青年、区域联合重点（子课题负责人）等项目。担任国际期刊 Research、Methods、IJMS、BMC Bioinformatics 编委/特刊主编。担任 CCF 生物信息学专委会委员、中国生物信息学会（筹）表观遗传信息学专委会委员。

报告标题：AI 驱动的慢病智能诊疗：从风险预警到药物发现

报告摘要：

如何更早发现疾病风险、实现精准分层并寻找有效干预策略，是慢病智能诊疗的重要目标。人工智能正在推动海量组学数据向疾病预警线索与潜在治疗方案转化。本报告以糖尿病和癌症为研究场景，介绍人工智能辅助风险评估与药物发现的系列进展。通过结合单细胞组学与机器学习，我们识别糖尿病相关的高风险细胞及关键分子变化，揭示不同患者亚型的病理差异，为疾病早期识别、进展风险评估和个体化分层提供依据。围绕疾病异常能否被药物干预这一问题，我们进一步将癌症三维基因组研究与大规模药物筛选相结合，从数万份药物扰动数据中挖掘候选化合物，并在乳腺癌细胞中开展实验验证，探索现有药物的新用途。这些研究展示了人工智能连接疾病风险评估与治疗策略发现的潜力，为慢病精准诊疗以及候选药物的后续临床前评价和临床研究提供新的线索。

苏苒 天津大学



嘉宾简介：

苏苒教授课题组长期聚焦于人工智能与生物医学的交叉研究，利用深度学习、集成学习等智能计算方法，解决药物开发、疾病诊疗中的实际问题。代表性工作包括：利用微生物基因水平预测免疫用药响应，利用深度森林模型预测抗癌药物反应，构建多剂量药物肝毒性预测模型，以及开发抗癌肽、穿膜肽、蛋白质亚细胞定位等多种生物序列的功能预测工具。相关成果发表于 Nature Communications、Medical image analysis、Gut Microbes 等生物信息学权威期刊。课题组与天津市肿瘤医院、天津市胸科医院、天士力集团保持着长期与良好的合作关系。

报告标题：基于微生物组学构建肿瘤精准治疗模型

报告摘要：

预测免疫检查点抑制剂（ICI）治疗应答是精准肿瘤学的核心挑战之一。传统基于微生物物种分类学丰度的预测方法常受限于参考数据库覆盖度不足及物种内功能异质性，难以充分捕获影响免疫微环境的关键功能信号。为此，本研究提出一种基于基因水平肠道微生物组特征的 ICI 疗效预测框架，并开发融合蛋白质先验知识的深度学习模型 BioP-VAE，旨在突破物种层面预测的局限性。研究整合多中心宏基因组测序数据，提取超过 16 万个微生物基因丰度特征，通过对比学习、掩码基因重建及跨队列迁移学习等预训练任务，实现基因功能表征的深度挖掘与泛化建模。在包含多种实体瘤患者的队列中，基因水平特征在预测 ICI 临床应答及无进展生存期方面显著优于科、属、种、株等传统分类学特征（AUC 0.89 vs. 0.72）。特征归因分析揭示，应答者显著富集瘤胃球菌科、毛螺菌科和理研菌科等菌群相关基因，涉及氮代谢通路；无应答者则富集脱硫弧菌科和拟杆菌科相关基因，涉及能量代谢通路。交叉队列验证表明，模型泛化能力高度依赖于治疗方案，联合免疫治疗队列训练出的模型在跨队列预测中表现出更稳健的性能（AUC 0.88）。年龄分层分析进一步发现，宿主年龄调节微生物—免疫互作模式，年轻与年长应答者的关键预测基因特征存在显著差异。本研究首次系统证明基因水平肠道微生物组特征在跨癌种 ICI 疗效预测中的优越性，为开发非侵入性、可迁移的微生物生物标志物提供了新范式，也为理解微生物功能与宿主免疫应答的互作机制提供了重要线索。

王芳 腾讯生命科学实验室



嘉宾简介：

王芳，腾讯生命科学实验室高级研究员。博士毕业于哈尔滨工业大学计算机应用技术专业，并荣获哈尔滨工业大学优秀博士毕业论文。曾以访问学者的身份于 2018-2020 年前往约翰霍普金斯大学医学院进行访学。主要研究方向为生物信息学、人工智能。在 Science、Nature Machine Intelligence、Nature Methods、Nucleic Acids Research 等期刊发表论文十余篇。入选 2024 年度中国科协青年人才托举工程。

报告标题：一种连接患者疾病状态与单细胞转录组的弱监督学习框架

报告摘要：

单细胞测序为解析肿瘤复杂性提供了前所未有的分辨率，但如何将单个细胞的表达谱可靠地关联到样本水平的整体表型，在缺乏细胞水平标注的情况下仍是一个尚未解决的计算难题，这一断层制约了该技术在肿瘤机制研究中的应用。本报告介绍我们提出的人工智能框架 scTransMIL。该方法将一个生物样本视为若干细胞构成的集合，采用基于 Transformer 的多示例学习范式，直接建立单细胞转录组与样本水平标签之间的联系。结果表明，scTransMIL 能够准确预测样本水平的癌症表型，包括转移性肿瘤的组织起源判定；在细胞分辨率上，仅依赖少量样本水平标注即可稳健识别肿瘤相关细胞群体并刻画其生物学演进轨迹；此外，模型的注意力机制支持全转录组范围的生物标志物发现。通过将分子与细胞两个尺度同宏观表型状态系统整合，该方法为剖析肿瘤异质性、推进癌症基础生物学研究提供了一种可用的计算工具。

张宏恺 南开大学



嘉宾简介：

张宏恺，南开大学教授、博士生导师，药物化学生物学全国重点实验室固定研究员，国家四青，国家重点研发计划项目负责人，国药中生 - 南开大学联合研发中心首席科学家。主要从事抗体、溶瘤病毒等抗肿瘤生物技术药物研发，及基于耐药机制的药物优化与精准用药研究。近五年以通讯作者（含共同）发表一区论文 25 篇，获授权发明专利 5 项，研发的 3 款抗体药物与 CAR-T 细胞疗法已完成 I 期临床试验。

报告标题：机器学习指导筛选 CLL-1 结合结构域以构建长效 CAR-T 细胞并实现急性髓系白血病持久控制

报告摘要：

嵌合抗原受体（CAR）-T 细胞疗法已彻底革新血液系统恶性肿瘤的治疗。当前 CAR 设计策略主要依赖基于靶标特异性和体外细胞毒性的抗原结合结构域经验性筛选，然而细胞外抗原结合部分的固有特性如何影响 CAR 张力信号、干性维持及 T 细胞耗竭仍不明确。本研究通过整合输注前 CAR-T 产物的单细胞 RNA 测序（scRNA-seq）图谱与不同临床结局，构建监督式机器学习（ML）分类器以预测治疗疗效。基于该预测框架，我们利用 ML 预测评分对靶向 CLL-1 的结合物衍生 CAR-T 细胞进行排序，高分提示该 CAR-T 产物与临床应答者 CAR-T 细胞相似。我们从机制上揭示了一条连接抗原结合结构域设计、张力信号强度与 CAR-T 干性及耗竭特性的调控级联，筛选的抗体构建的 CAR-T 在复发/难治性 AML 患者初步临床队列中展现出强效抗白血病活性及良好安全性。综上，本研究为 ML 指导的 AML 长效 CAR-T 治疗产品理性设计建立了新研发路径。

张丽华 武汉大学



嘉宾简介：

张丽华，武汉大学人工智能学院教授，博士生导师，国家级青年人才。主要从事人工智能与生物医学交叉研究，研究方向是多组学数据整合建模与挖掘、转录调控和细胞通讯推断、人工智能优化算法。研究成果以第一作者或通讯作者发表在 Science Advances, Cell Systems, PNAS, Genome Biology, Advanced Science 等期刊上。

报告标题：单细胞和空间组学数据可解释性整合与调控网络推断

报告摘要：

单细胞与空间测序技术的快速发展，产生了多来源、多层次、多尺度、跨时空的多组学数据。整合转录组与表观基因组数据，为深入解析基因型与表型之间的关联机制提供了重要基础。然而，现有整合方法多局限于将多组学数据映射至共享潜在空间，尚未能充分揭示基因与调控元件间的深层联系。为此，我们开发了特征引导的最优输运方法，该模型可同步解析细胞异质性及其对应的转录调控关系。为揭示多层次基因调控网络，我们进一步提出了基于知识图谱的多组学数据整合框架和细胞动态发育方法。本次报告将重点介绍我们在单细胞及空间多组学数据整合建模与调控网络推断方面的相关研究工作。

周阳 哈尔滨工业大学



嘉宾简介：

周阳，哈尔滨工业大学副研究员，主要研究方向是单细胞和空间组学算法，在 Nature Computational Science, Nature Communications, PNAS 等期刊上发表十余篇论文，主持国自然青年基金 C 类、青年学生基础研究项目（博士研究生）等项目。

报告标题：单细胞数据中批次效应的校正和量化

报告摘要：

单细胞测序数据整合的核心挑战，是在消除批次效应的同时保留真实生物差异。我们将围绕两项工作展开：首先介绍 SIGNAL 如何利用细胞类型、组织、发育阶段和疾病状态等生物变量，分解并去除技术变异，实现多生物来源单细胞数据整合；随后介绍 GTE 如何从基因层面量化批次效应，识别高度批次敏感基因，表明基因中不平衡的批次效应。



朱群喜 复旦大学



嘉宾简介：

朱群喜，复旦大学智能复杂体系实验室青年研究员。2021 年博士毕业于复旦大学数学科学学院，师从林伟教授。致力于复杂系统和机器学习前沿的理论与方法研究，在复杂系统建模、重构、预测与智能调控以及复杂系统驱动的机器学习领域做出了一系列工作，相关成果以第一或通讯作者在 Nature Communications, Research, IEEE TAC, SIAM-CON, PRResearch/E 等期刊和 ICML, ICLR, NeurIPS 等人工智能会议发表文章 20 余篇。担任/获 AIMS 最新期刊 DCDS- Intelligence 执行主编，上海市启明星扬帆计划，上海市超级博士后激励计划，教育部脑科学前沿中心“珠峰”青年学者计划，复旦大学“卓学优秀人才”培育计划等。

报告标题：记忆驱动的复杂系统 AI 建模方法与应用

报告摘要：

如何赋予人工智能记忆，使其能够更好地理解和模拟现实世界中的复杂系统？这是本报告探讨的核心问题。报告首先从复杂系统研究的更广阔背景出发，简要回顾主流方法论框架及其当前应用。随后将聚焦记忆驱动范式，系统介绍我们在此方向上的最新进展，并从理论、方法和应用角度展示其在增强复杂系统建模与辨识方面的有效性。最后，报告将讨论人工智能与复杂系统交叉领域的潜在路径和未来趋势。