

第一届结构生物信息学研讨会暨  
**I-TASSER2018** 研讨会

**The First Workshop on Structural Bioinformatics and  
I-TASSER Workshop 2018**

程序册

举办单位

浙江工业大学控制科学与工程高峰学科

浙江工业大学信息工程学院

Department of Computational Medicine and Bioinformatics,

University of Michigan

2018年11月23-25日

中国·杭州

# 第一届结构生物信息学研讨会暨 I-TASSER2018 研讨会通知

尊敬的专家，您好！

“第一届结构生物信息学研讨会暨 I-TASSER2018 研讨会”将于 2018 年 11 月 23-25 日在浙江杭州召开，会议由浙江工业大学控制科学与工程高峰学科、信息工程学院与密歇根大学计算医学与生物信息学系（Department of Computational Medicine and Bioinformatics, University of Michigan）举办。借此机会，我们热忱欢迎您拨冗出席，共享学术交流盛宴。

本届会议的宗旨是为国内从事结构生物信息学、计算机科学、信息科学、人工智能、生命科学相关专家学者提供一个学术交流平台，探讨现有结构生物信息学理论、方法和技术面临的挑战，探索新思路、新方法以及新方向，建立和发展更广泛、更紧密的交流合作关系。

会议地点：三立开元名都大酒店(浙江省杭州市下城区绍兴路 538 号)

根据会议安排，11 月 23、24 日报到注册，24 日举行开幕式及研讨会学术报告，25 日上午研讨会学术报告与会议总结。

感谢您对我们工作的支持并恳请您为参加此次研讨会预留时间！

顺祝身体健康，阖家幸福安康！

浙江工业大学控制科学与工程高峰学科  
浙江工业大学信息工程学院

Department of Computational Medicine and Bioinformatics,  
University of Michigan

2018 年 10 月 10 日

大会主席：

俞立，张阳

程序委员会主席：

沈红斌

组委会主席：

张贵军，薛志东

组委会委员（按姓氏笔画排序，排名不分先后）：

王燕，宁康，李炯，李春华，杜红英，吴宏杰，吴建盛，杨建益，於东军，武剑洁，胡秀珍，涂追，曹洋，董启文

会务组秘书：

胡俊：15050534908, hujunum@zjut.edu.cn；周晓根：17347091515, xiaogenz@umich.edu

# 会议日程

时间		会议日程	报告人	主持人
2018年11月23日				
13:00	22:00	参会人员报到(23 下午、24 日全天报到)		会务组
2018年11月24日				
8:00	8:15	开幕式		张贵军
8:15	8:30	集体合影		
8:30	9:05	Optimization by Chaotic Simulated Annealing (特邀报告)	陈洛南	於东军
9:05	9:40	RNA 动力学结构预测与基因调控 (特邀报告)	张文炳	
9:40	10:15	Parallel evolving uninterpretable intelligence(特邀报告)	吕强	
10:15	10:30	茶歇		
10:30	10:48	基于序列信息预测蛋白质-离子配体结合位点(交流报告)	胡秀珍	薛志东
10:48	11:06	基于动力学性质分析的生物大分子变构机制的研究(交流报告)	李春华	
11:06	11:24	A comprehensive multi-dimensions mechanism analysis method for human disease: integration of gene regulatory networks and computational structural biology (交流报告)	戴文韬	
11:24	11:42	Application of Evodesign for de novo design antigen-binding protein scaffolds as alternative antibodies in clinical imaging (交流报告)	李炯	
11:42	12:00	The Improvement of SPIKER by Random Forest (交流报告)	吴宏杰	
12:00	13:30	午餐		
13:30	14:05	Application of machine learning methods in fragment selection and contact prediction (特邀报告)	龚海鹏	沈红斌
14:05	14:40	基于分子对接的蛋白质复合体结构预测 (特邀报告)	黄胜友	
14:40	15:15	从五个氨基酸序列到蛋白构象全信息 (特邀报告)	杨家安	
15:15	15:30	茶歇		
15:30	15:48	靶向 HER2 的蛋白药物设计研究(交流报告)	曹洋	李春华
15:48	16:06	基于深度学习靶向 GPCRs 的配体虚拟筛选方法研究(交流报告)	吴建盛	
16:06	16:24	DNAPred: accurate identification of DNA-binding sites from protein sequence by ensembled hyperplane-distance-based support vector machines (交流报告)	於东军	
16:24	16:42	ANDIS: an atomic angle- and distance-dependent statistical potential for protein structure quality assessment (交流报告)	邓海游	胡秀珍
16:42	17:00	Cluster-transition determining sites underlying the antigenic evolution of seasonal influenza viruses (交流报告)	权丽君	
17:00	17:18	Sorting protein decoys by machine-learning-to-rank(交流报告)	董启文	
17:18	17:36	人类细胞系中远程增强子-启动子相互作用的识别(交流报告)	冯振兴	

## 会议日程

时间		会议日程	报告人	主持人
17:36	17:54	High throughput DNA sequencing analysis of a naive nanobody repertoire (交流报告)	涂追	董启文
17:54	18:12	mTM-align: an algorithm for multiple protein structure alignment and protein structure database search(交流报告)	杨建益(董润泽)	
18:12	18:30	DEMO: Domain enhanced modeling for multi-domain protein structure prediction(交流报告)	周晓根	
18:30	20:10	晚餐		
2018年11月25日				
8:10	8:45	蛋白质 2D 冷冻电镜图像的 3D 重构 (特邀报告)	沈红斌	张贵军
8:45	9:20	微生物组大数据挖掘: 方法与应用, 以及在蛋白 3D 结构预测方向的潜力 (特邀报告)	宁康	
9:20	9:55	Improving the Accuracy of Physics-based Atomistic Models for Proteins (特邀报告)	黄晶	
9:55	10:10	茶歇		
10:10	10:28	大数据时代云化 I-TASSER 软件技术与应用探讨(交流报告)	薛志东	李炯
10:28	10:46	蛋白质结构域预测与家族发现 (交流报告)	石强	
10:46	11:04	组学技术研究两种功能迥异淡水鱼的营养差异性(交流报告)	杜红英	
11:04	11:22	Towards a unified model for predicting 3D structure & stability of RNAs in salt solutions (交流报告)	金雷(谭志杰)	
11:22	11:40	残基接触预测软件 DeepConPred2 及其在 CASP13 上的应用 (交流报告)	张文轩	
11:40	11:50	LS-align: an atom-level, flexible ligand structural alignment algorithm for high-throughput virtual screening (交流报告)	胡俊	
11:50	12:00	蛋白质高维构象空间采样方法 (交流报告)	张贵军	
12:00	12:20	会议总结		大会主席(张阳)
12:20	13:30	午餐		

# 大会主席

## 俞立



浙江工业大学信息工程学院教授，博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者，“新世纪百千万人才工程”国家级人选。1982年毕业于南开大学控制理论专业，后在浙江大学控制理论与控制工程专业获硕士和博士学位。现任浙江工业大学研究生院执行院长、控制科学与工程省一流学科负责人，浙江省嵌入式系统联合重点实验室主任。研究兴趣包括先进控制策略、网络化控制、信息融合、生物信息学等，主持国家基金委两化融合重点基金项目、国家自然科学基金、国家 863 计划项目、浙江省科技厅重大项目 20 余项，出版学术专著 5 部，在国内外主要学术期刊上发表论文 400 余篇，论著被同行引用超过 1 万次，其中 SCI 他引 3000 余次，获得教育部科技进步奖二等奖 1 项、浙江省科技进步奖 3 项。

## 张阳



美国密西根大学计算医学与生物信息学系以及生物化学系终身正教授。在蛋白质折叠和结构预测、蛋白质设计、以及功能注解等方向开展了一系列开拓性的研究，并产生了重要的国际影响。I-TASSER 算法发明人（该算法连续六届国际蛋白质结构预测 CASP 大赛自动组均名列第一，在生物信息及生物医学领域得到广泛应用）。主持与完成 NIH 百万美元以上级项目研究课题 10 余项。曾获得 NSF 早期生涯奖、斯隆奖、以及密西根大学基础科学奖等奖项；担任 IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics、Journal of Structural Biology 等 8 种国际期刊的编委。在 Nature Methods, PNAS 等著名期刊上发表论文 160 多篇，被国际同行引用两万三千余次。连续四年入选 2015, 2016, 2017 和 2018 年度汤森路透（Thomson Reuters）全球高被引科学家。

# 大会特邀报告

(按姓氏首字母排序)

陈洛南



1984 年获华中科技大学电气工程学士学位；1988 年获日本东北大学系统科学硕士学位；1991 年获日本东北大学系统科学博士学位。1997 年起任日本大阪产业大学副教授；2000 年起任美国加州大学洛杉矶分校(UCLA)访问教授；2002 年起任日本大阪产业大学教授；2009 年起任日本东京大学教授(兼)；2009 年 10 月至今任中科院系统生物学重点实验室执行主任，研究员。现任中国运筹学会《计算系统生物学会》理事长，IEEE-SMC《系统生物学委员会》主席，中日韩国际系统生物学会组织(Trisys)的轮值主席，中国细胞生物学会《功能基因组学与系统生物学会》副会长，中国药理学会《网络药理学专业委员会》副主任委员，上海市临床生物信息学研究所副所长，国家基金委重大研究计划专家组专家，国家重点研发计划首席科学家。主要从事计算系统生物学和大数据分析的研究工作。近年来，在计算系统生物学和非线性动力学等研究领域发表了 300 余篇 SCI 期刊论文及 10 余部编著书籍 (h-index: 57)。

报告题目 **Optimization by Chaotic Simulated Annealing**

摘 要 We developed a neural network model with transient chaos, which can achieve the global search for combinatorial optimization problems. Chaotic dynamics of our neural network is temporarily generated for searching and self-organizing, and eventually vanishes with the autonomous decrease, and thus it gradually approaches a dynamical structure similar to the conventional neural network models. It is expected to be applied to various areas for learning and optimization.

## 龚海鹏



1997 年获清华大学生物科学与技术系学士学位；2000 年获清华大学生物科学与技术系硕士学位；2006 年获 Johns Hopkins University 生物物理学博士学位；2006-2007 年，在 Johns Hopkins University Program of Molecular Biophysics 从事博士后工作；2007-2009 年在 University of Chicago 大学生物化学和分子生物学系从事博士后工作；2009 年至今任清华大学生命科学学院副教授，博士生导师。长期从事蛋白质三维结构预测、生物大分子分子动力学模拟机理研究工作，以第一作者在 Proceedings of the National Academy of Sciences、Physical Review letters、Journal of Physical Chemistry Letters、Bioinformatics、Journal of Molecular Biology 等著名期刊上发表多篇 SCI 论文。

**报告题目**      **Application of machine learning methods in fragment selection and contact prediction**

**摘 要**      Machine learning techniques have been extensively used to facilitate the protein structure prediction nowadays. In this work, I will introduce our application of machine learning methods in improving the fragment selection and contact prediction, both of which will benefit the conformational sampling of protein structure prediction. In the first aspect, we constructed machine-learning models to optimize the extraction of near-native templates for fragments of 7-15 residues in the target protein. Fragment templates collected using our method show significant improvement in the degree of structural similarity to native ones over the other state-of-the-art methods and thus could enhance the efficiency of structure prediction algorithms using the fragment assembly protocol. In the second aspect, we developed a few machine-learning models either to predict the native residue contacts or to further refine the accuracy of a predicted residue contact map. Our methods show better or at least comparable performance to the other state-of-the-art ones. The predicted native residue contacts can be properly utilized in simulations to restrict the conformational space and thus to improve sampling efficiency in practical protein structure prediction.

## 黄晶



2005 年获清华大学物理系学士学位；2007 年获清华大学物理系硕士学位；2011 年获瑞士巴塞尔大学化学系博士学位 (summa cum laude)。2012 年至 2017 年在美国马里兰大学药学院从事博士后研究，2015 年起受美国国立卫生研究院 (NIH) 资助担任 NIH/NHLBI 计算生物学实验室外聘顾问。2017 年 11 月加入西湖大学任 PI，组建计算生物物理与药物设计实验室。学术上致力于以计算机模拟为手段研究生物物理和生物化学问题，侧重于生物大分子计算模型和模拟算法的设计与开发，提升生物分子动力学模拟和计算机辅助药物设计的精度和效率。在上述领域发表学术论文 30 多篇，其中以第一作者身份发表了包括 Nature Methods 在内的国际顶级期刊 14 篇；第一作者 ESI 高被引论文 2 篇，其中 ESI 热点论文 1 篇；论文被引用总计 1300 余次 (google scholar)。实验室网站：网站：[www.compbiophysics.org](http://www.compbiophysics.org)

### 报告题目 **Improving the Accuracy of Physics-based Atomistic Models for Proteins**

#### 摘 要

Atomistic force fields constitute the underlying models for a variety of molecular modeling and simulation methods, and improving their accuracy could enhance the the explanatory and predictive power of these in silico techniques. In this talk, I will present recent advances in developing more accurate protein force fields. I will introduce new parametrization schemes that make full use of condensed phase experimental data, using our recent development of the CHARMM36m protein force field as an example. I will then illustrate the importance and the advantage of explicitly incorporating polarizability into protein force fields, and present our efforts in developing polarizable protein force fields using the Drude model as well as a multiple and induced dipole model.



## 黄胜友



华中科技大学物理学院教授，1998 年获武汉大学物理学学士学位，2003 年获武汉大学理学博士学位，长期从事计算生物物理和生物信息学方面的研究，已发表 SCI 论文 70 余篇，其中第一和通讯作者 40 余篇，文章累计他引 2000 余次。发展的蛋白质分子对接算法和打分函数模型在国际蛋白质相互作用预测的 CAPRI 评估中多次排名第一。获中组部“青年千人计划”、全国百篇优秀博士论文、中国大学生“五四”奖、湖北省自然科学一等奖等。实验室网站：网站：<http://huanglab.phys.hust.edu.cn/>。

**报告题目**      **基于分子对接的蛋白质复合体结构预测**

**摘    要**      蛋白质是生命活动的执行者，生命体的许多过程都由其相互作用来完成，同时，这些蛋白质-蛋白质相互作用又受配体如有机小分子、离子和多肽等的调控，共同完成生命中的各项活动。因此，确定生命体中蛋白质-蛋白质的相互作用及其复合物结构，对于理解其相互作用机制和揭示疾病的发生发展机理，从而通过对其调控来治疗疾病和开发药物有着重要的理论意义和应用价值。本报告将讲解怎样通过分子对接方法来进行蛋白质-蛋白质相互作用的复合物结构预测，系统介绍目前结构生物信息学领域中最重要和主流的几种分子对接方法及其原理，并讨论存在的问题及将来的发展趋势。

## 吕强



苏州大学计算机科学与技术学院教授，博士生导师。研究把并行元启发技术、深度学习技术、大数据技术应用于计算生物学问题，在蛋白质结构预测、对接和序列建模等领域获 NSFC 资助 2 项、海外资助 6 项，发表相关论文 10 多篇。曾获江苏省高校“青蓝工程”中青年学术带头人，获江苏省科技进步三等奖、四等奖；江苏省优秀软件二等奖、三等奖；江苏省新长征突击手、苏州市新世纪高级青年专业技术人才。

**报告题目**      **Parallel evolving uninterpretable intelligence**

**摘    要**      现实世界中的许多问题都可以被建模为优化问题，非确定性优化问题(NOP)是传统优化问题的扩展，其目标函数在数值上不能精确定量表达。本报告把 NOP 转换为一种松弛的多目标优化问题，研究如何用并行启发式搜索技术来解决 NOP。首先面向并行把元启发搜索算法拆解成多个部件；然后设计并行多种启发式搜索的算法，通过搜索执行时的并行交互将非确定性的需求体现在并行运行中，可以求得非严格的 Pareto 最优解集；最后通过异质多尺度方法或构型熵分析等手段，从并行搜索所发掘出来的最优解集中挑选面向 NOP 的“优中最优”解。明确聚焦研究 NOP 中的非确定性的特性，通过并行方法模仿人脑处理非确定性的某些行为；松弛过于苛刻的基于值域的最优解分析方法，通过对非值域特征的提取来实现非确定性需求。

## 宁康

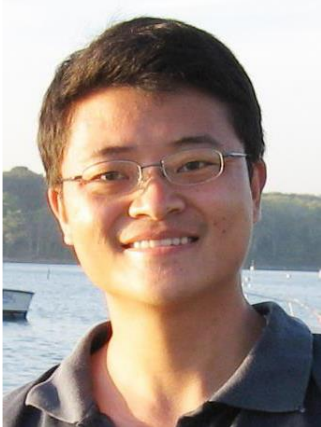


华中科技大学生命科学与技术学院教授，博士生导师，生物信息与系统生物学系系主任，湖北省楚天学者特聘教授。2003 年本科毕业于中国科学技术大学计算机科学技术专业，2008 年博士毕业于新加坡国立大学生物信息学专业，2010 年于美国密歇根大学医学院完成博士后研究工作回国。先后在中国科学院青岛生物能源与过程研究所和华中科技大学从事微生物相关生物信息学研究工作，研究重点方向为生物大数据和微生物组的挖掘及其在健康与环境等领域的应用。2015 年与同仁在华中科技大学生命科学与技术学院建立生物信息与系统生物学系，并建设“生命科学大数据高性能计算平台”。在生物信息学领域从事科研工作 10 余年，发表高水平学术论文 60 余篇，并是 10 余项发明专利和软件著作权的拥有者或主要作者。其中 2010 年回国以来，已在 Gut、Bioinformatics、PLoS Genetics、Plant Cell 等高水平学术期刊发表学术论文 50 余篇，其中以第一作者或通讯作者发表 SCI 论文 30 余篇，文章总引用超过 1500 次（Google Scholar）。获得软件著作权 6 项，申请国家发明专利 7 项。目前主持国家自然科学基金、科技部重大研究计划课题等。Scientific Reports、Genomics Proteomics & Bioinformatics 等国际期刊编委。担任中国生物工程学会-计算生物学与生物信息学专业委员会委员，中国遗传学会-生物大数据专业委员会委员，中国计算机学会-生物信息学专业组委员，中国细胞生物学学会-功能基因组信息学与系统生物学分会-转化医学信息学学组专家委员，中国蛋白质组青年学者委员会委员等。担任英国生物技术与生物科学研究理事会（UK-BBSRC）等基金评委。教授“生物统计学”、“生物信息学”等课程，并是 3 届 iGEM 金牌团队的指导老师。

**报告题目** 微生物组大数据挖掘：方法与应用，以及在蛋白 3D 结构预测方向的潜力

**摘 要** 微生物组学的研究对象是包括微生物群落全部遗传物质、代谢物和环境因素等在内的所有组学相关信息，是涉及到微生物遗传学、微生物分类学、各类组学的大数据挖掘与统计分析、实验科学与技术等的交叉学科，其深入研究将能够解决微生物群落相关的一系列基础与应用问题。随着人类对于广泛分布于环境和人体中的微生物群落的认识日益加深，相关微生物组学数据的积累也与日俱增，其中必然蕴含着巨量尚未发掘的遗传资源和深刻的生态与进化规律。然而，目前的微生物组数据整合与挖掘方面的技术和方法，尚不能够满足研究人员对基因资源挖掘和模式识别的深入研究需求。在本工作中，将会首先介绍我们在微生物组大数据整合与挖掘方面的工作，特别是在高性能计算和机器学习方法开发方面的工作。其中，我们将会重点介绍我们在利用微生物组数据进行未知结构 pFam 的结构预测方面的合作工作：通过利用海洋微生物组大数据，结合 I-TASSER 等 3D 预测精准方法，我们准确地预测了数十个 pFam 家族的蛋白 3D 结构。同时我们正在发展一种靶向性的 pFam 家族蛋白 3D 结构预测策略。

## 沈红斌



上海交通大学特聘教授、博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者，主要研究领域为模式识别与生物信息学，担任上海市自动化学会模式识别专委会主任、上海市计算机学会生物信息学专委会副主任、BMC Bioinformatics Associate Editor、Science China Information Sciences Associate Editor，在 Nature Protocols、Bioinformatics 等期刊发表 SCI 论文 120 篇，建立 30 余个在线生物信息计算平台，已为 50 余个国家科学家广泛提供生物信息在线预测服务超过千万次，理论预报结果多次被实验验证。曾入选国家杰青、ESI 高被引科学家、Elsevier 中国高被引学者、万人计划青年拔尖人才、首届国家优青、全国百篇优博论文、第八届上海青年科技英才等计划与荣誉，指导 4 名研究生连续 4 年入选上海市研究生优秀成果（学位论文），主持生物医学大数据人工智能基础分析算法与在线预测应用系统项目入围 2018 世界人工智能创新大赛最高荣誉 SAIL 奖榜单，获 2015 年上海市自然科学一等奖（第 1 完成人）。

**报告题目**      **蛋白质 2D 冷冻电镜图像的 3D 重构**

**摘    要**      近年来，随着分子测序和成像技术的快速突破，生物蛋白分子的序列和图像数据呈现爆炸增长趋势，发展海量数据内在联系的新算法方法，实现从蛋白序列和图像精确预测及重构它们的结构和功能是一个挑战性问题。冷冻电镜作为一项新技术，在蛋白质结构求解中发挥着越来越重要的作用，我将介绍我们组近期基于智能算法研究提出的蛋白质结构预测和图像重构方面的一点进展。

## 杨家安



杨家安博士具有 30 多年的化学和生物医药的工作研究经验，包括量子化学，理论化学，结构化学，计算化学，计算生物，生物信息学和药物设计。专注新技术方法的开发。杨家安博士运用数学-物理-化学-计算机方法，在蛋白大数据基础上成功地开发蛋白结构指纹技术。该技术可以对蛋白已知结构进行全面解读，对未知蛋白的空间构象提供全信息，突破了目前蛋白质构象解析和蛋白构象预测方面的技术瓶颈，对生命科学，分子生物学，生物医药研究有重要意义。发表学术文献 30 余篇，开创和拥有 7 项国际专利。杨家安博士目前任麦科罗医药科技（武汉）有限公司总经理，美国 MicrotechNano LLC 公司总裁。中科院深圳先进研究院客座教授，华大基因客座研究员。1978-1981 年吉林大学理论化学所，导师：唐敖庆院士，江元生院士，孙家钟院士，获硕士学位。1983-1989 年美国路易斯安纳州立大学(Louisiana State Univ.)，导师：Prof. Neil Kestner，获物理化学博士。1998-2006 美国礼来医药公司（Eli Lilly and Company），负责计算机药物设计和技术开发。

### 报告题目 从五氨基酸序列到蛋白折叠构象全信息

#### 摘 要

氨基酸序列决定了蛋白折叠构象，包括折叠模式和折叠多变性。蛋白预测或者其结构的展示面对着具有天文数字般多的三维蛋白质结构，如何合适地获得-储存-分析是难以想象的。因此，蛋白质结构是后基因时代生命科学领域里面面临的一个巨大挑战。蛋白结构指纹技术在蛋白构象解读和蛋白构象预测方面给出了新概念新思路新信息。蛋白结构指纹技术通过蛋白折叠码(PFSC)数字化方法对五个氨基酸的折叠向量提供了一个完全描述，然后通过向量偶合的过程，连续扩展到整个蛋白。每一条蛋白折叠指纹代表一个蛋白的折叠构象。基于 20 氨基酸可以生成 3,200,000 五个氨基酸的排列，每一个五个氨基酸的全部可能折叠构象被数字化地存储到数据库。因此，根据任何一条蛋白一级序列，从 N 端到 C 端，全部五个氨基酸的折叠码可以形成一个蛋白折叠构象矩阵(PFVM)。蛋白结构指纹技术不但能够对已知结构的蛋白质提供构象完整解读，而且可以对任何未知结构的蛋白质提供构象全信息，为蛋白构象预测提供了丰富的结构信息。运用蛋白结构指纹技术可以实现对蛋白大数据实现高通量筛选，同时可以运用到基因蛋白突变，蛋白重组，蛋白差异化分析，蛋白多肽构象设计，抗体抗原构象识别，蛋白质折叠和错误折叠等方面。网络链接：<http://micropht.com/>

## 张文炳



武汉大学物理科学与技术学院教授。1999 年获得武汉大学博士学位，并留校任教，2000 年晋升为副教授。1999.11 至 2005.12 美国密苏里-哥伦比亚大学物理系访问学者，2005 年 12 月回武汉大学，晋升为正教授。2006 年入选教育部新世纪人才计划。主要研究方向为发展理论和方法预测 RNA 分子序列和结构以及结构和功能的关系。在 *Proceedings of the National Academy of Sciences*、*Biophysical Journal*、*Journal of Chemical Physics* 等国际期刊上发表论文多篇，2010 年获国家自然科学二等奖 1 项。

### 报告题目 RNA 动力学与 RNA 调控

**摘 要** RNA 对基因的调控与 RNA 动力学有关。如配体与核糖开关单元结合会引起表达单元发生构象变化，从而调控基因表达或翻译过程，实验上发现一部分核糖开关依赖于转录速率和代谢物与之相结合的动力学，其对基因的调控由其转录速率、折叠速率、配体浓度及与配体结合的速率决定；RNAi 分子和细胞中的蛋白组装成 RISC，RISC 在 RNAi 的引导下完成与特定靶目标 RNA 的识别和结合，达到抑制靶目标基因表达的效果，RNAi 的有效性也与其和靶目标的结合动力学有关。我们对单个碱基对的研究表明：形成配对速率的温度依赖性弱，其势垒为熵变，打开速率则强烈依赖于温度，其势垒为焓变。扩散系数呈现出 super-Arrhenius 行为。据此我们发展了 RNA 转录过程中折叠的动力学方法来预测 RNA 转录过程中结构的变化，用来研究 RNA 结构变化对基因的调控；我们发展 RNA 与靶目标结合的动力学可用来预测 siRNA 的有效性及 miRNA 靶目标。

# 会场位置图



## 交通指南

### 萧山国际机场 ---> 三立开元名都大酒店

**路线一：**乘坐机场大巴武林门线，到武林门民航售票处站下车，步行 190 米到武林小广场站，乘坐 12 路公交车，到香积寺路白石巷口站下车，步行 770 米到达浙江三立开元名都大酒店；

**路线二：**乘坐机场大巴武林门线，到武林门民航售票处站下车，步行 290 米到武林门站上车，乘坐游 8 线/y8 线到沈塘湾站下车，步行 710 米到达浙江三立开元名都大酒店；

**路线三：**打的费用约 115 元

### 杭州东站 ---> 三立开元名都大酒店

**路线一：**坐地铁 1 号线（湘湖方向）到打铁关下车，A 口出，步行 400 米到焦家村站乘坐 185 路/347 路/88 路到绍兴路香积寺路口站下车，步行 480 米到达浙江三立开元名都大酒店；

**路线二：**从火车东站西站上车乘坐 B 支 3 路，到市公交集团南站下车，步行 110 米，到反方向的市公交集团南站上车，乘坐 185 路到绍兴路香积寺路口站下车，步行 480 米到达浙江三立开元名都大酒店；

**路线三：**打的费用约 24 元

### 城站火车站 ---> 三立开元名都大酒店

**路线一：**从城站火车站乘坐 185 路到绍兴路香积寺路口站下车，步行 480 米到达浙江三立开元名都大酒店；

**路线二：**从城站火车站上车乘坐 88 路到绍兴路香积寺路口站下车，步行 480 米到达浙江三立开元名都大酒店。

**路线三：**打的费用约 22 元



### 三立开元名都大酒店 ---> 萧山国际机场

路线一: 步行 790 米到香积寺路白石巷口站乘坐 12 路公交，到武林小广场站下车，步行 260 米至武林门民航售票处站乘坐机场大巴武林门线，到萧山国际机场站下车；

路线二: 步行 900 米到大关小区北站乘坐 26 路公交，到武林小广场站下车，步行 260 米到武林门民航售票处站乘坐机场大巴武林门线，到萧山国际机场站下车。

路线三: 打的费用约 115 元

### 三立开元名都大酒店 ---> 杭州东站

路线一: 步行 380 米到绍兴路香积寺路口站乘坐 47 路公交，到地铁新风站下车，步行 820 米至杭州东站；

路线二: 步行 960 米到杨六村站乘坐 185 路(或 347 路、403 路、22 路)公交，到焦家村站下车，步行 400 米至打铁关站乘坐地铁 1 号线(临平方向)，到火车东站下车。

路线三: 打的费用约 24 元

### 三立开元名都大酒店 ---> 城站火车站

路线一: 步行 380 米到绍兴路香积寺路口站乘坐 185 路公交，到城站火车站下车；

路线二: 步行 380 米到绍兴路香积寺路口站乘坐 347 路(或 347 路区间)，到焦家村站下车，步行 400 米至打铁关站乘坐地铁 1 号线(湘湖方向)，到城站(火车站)下车。

路线三: 打的费用约 22 元