

浙江工业大学“青年英才支持计划” 申 请 表

所在部门： 信息工程学院 （盖章）

申 报 人： 张彪

申报类别： ☐A 类 ☒B 类

填表日期 2023 年 2 月 1 日

一、申请人简况

基本情况	姓 名	张彪	性别	男	出生年月	1989.10
	专业技术职务	讲师	最终学位及授予学校			博士/上海交通大学
	所在学科、团队	控制科学与工程 智能优化与生物信息研究所			联系电话	18317054032
	研究方向	生物信息学			电子邮箱	zbiao@zjut.edu.cn

二、申请理由：

2.1 对照“青年英才支持计划”申报条件所提出的申请理由：

☒正常申报 ☐单独推荐 ☐单列计划

申请单独推荐，需列出团队完成本聘期学校重大（重点）发展目标的内容和时间及申请人对团队贡献；单列计划和正常申报需列出符合申报条件的具体条目内容、时间、排名等成果信息。

申报条件的具体条目（加粗为申报条件，满足两项）：

1. 主持 V 类（理工科）及以上纵向科研项目：蛋白质冷冻电镜密度图结构建模及优化方法研究(62201506)，国家自然科学基金项目-青年科学基金项目(V 类)，2022；项目负责人；
2. 获省部级科研成果二等奖（前四）/重要社会力量奖二等奖（前三）：蛋白质多结构域折叠机制及全链建模方法，中国自动化学会自然科学奖二等奖，2022 年，排名：3/3；
3. 发表高水平学术论文：第一作者，Biao Zhang, Dong Liu, Yang Zhang, Hongbin Shen and Guijun Zhang. Accurate flexible refinement for atomic-level protein structure using cryo-EM density maps and deep learning, Briefings in Bioinformatics, 2022 Mar 10;23(2). (SCI, 中科院一区 TOP, IF:13.99)

2.2 近 5 年主要教书育人业绩、学术成绩、创新成果及其社会效益（限 800 字）

近年来，申报人一直从事模式识别与生物信息学的相关研究工作，重点关注了与蛋白质数据相关的研究问题，如蛋白质结构预测、深度学习、冷冻电镜密度图重构，多结构域组装，蛋白质结构解析以及优化算法的开发等，在包括 Nature Methods, Nature Communications、Journal of Molecular Biology、Bioinformatics、Briefings in bioinformatics, Journal of Chemical Information and Modeling、The Journal of Physical Chemistry、IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics 等生物信息学与模式识别领域的国际权威期刊上发表与本项目密切相关的学术论文10 余篇。加入浙江工业大学1年半时间内，主持 1 项国家自然科学基金青年项目、1 项浙江省自然科学基金探索基金项目和 1 项浙江省教育厅科研一般项目，作为项目骨干参与科技创新2030“新一代人工智能”重大项目2项，参与国家自然科学基金面上项目2项。

教书育人上，担任2022/2023第一学期本科生2020通信03班的《Java程序设计》主讲；担任2021/2022第二学期《Java程序设计》助教；2022年带领2个学生的毕业设计。作为

第一指导教师指导学生获得浙江工业大学挑战杯竞赛一等奖1项，作为第二指导教师指导学生获得浙江省“挑战杯”竞赛一等奖1项（目前已经进入国赛）；作为第三指导教师指导学生获得浙江省“互联网+”竞赛银奖1项。

学术成绩上，在电镜密度图重构方面，提出了基于电镜密度图来从头预测蛋白质结构的算法，利用PDB库中的模板和电镜密度图获得模板进行结合，来指导全长原子结构模型的重构，相应的算法发表在著名综合性期**Nature Methods**上；在基于电镜密度图和原子结构之间的优化以及组装方面，提出了基于电镜密度图和原子结构之间的优化的算法(EM-Refiner)，相应的算法发表在 **Journal of Molecular Biology** 上；同时利用EM-Refiner解析了人类混合谱系白血病核心复合物(Mixed Lineage Leukemia, MLL)组蛋白甲基转氨酶和核小体颗粒(Nucleosome Core Particle, NCP)结合后的复合物，该项成果已刊于 **Nature Communications** 上；开发了利用电镜密度图和深度学习模型预测的接触/距离图来提高蛋白质结构精度方法 EMCMR，利用电镜密度图和深度学习模型预测的距离图来进一步优化蛋白质结构，以使其达到更高的分辨率，相应的算法发表在 **Briefings in bioinformatics** ；提出一种基于多目标粒子群优化的原子结构与电镜密度图的刚体拟合算法（MOFIT），拟合原子结构到低精度的电镜密度图中，相应的算法发表于 **The Journal of Physical Chemistry B** 。

学术服务上，申报人在 2022 年参与组织了 2 次全国性会议。在 2022 年参与了浙江省生物信息学学会人工智能专委会奖励委员会的筹备工作， 并担任浙江省生物信息学学会奖励委会的副秘书长。

2.3 近 5 年主要教学工作

学年	讲授主要课程	授课对象及人数	本人承担内容
2022/2023 第一学期	Java 程序设计	本科生 2020 通信 03 班，30 人	主讲教师

2.4 近 5 年主要科研项目（5 项以内）

序号	项 目 名 称（项目编号）	经费(万元)	起止年月	负责或参加	项目来源
1	蛋白质冷冻电镜密度图结构建模及优化方法研究（62201506）	30	2023.01-2025.12	负责	国家自然科学基金项目-青年科学基金项目
2	基于冷冻电镜密度图的多域蛋白质结构组装研究（LQ22F020028）	10	2022.01-2024.12	负责	浙江省自然科学基金项目-青年
3	基于人工智能的蛋白质结构预测与设计—单序列蛋白及蛋白复合物结构预测（2021ZD0150100）	课题国拨经费100	2022.01-2023.12	科研课题排名第三	科技创新2030“新一代人工智能”重大项

					目
4	蛋白质复合物动态构象及靶标药物设计人工智能方法 2022ZD0115102	课题国拨经费 300	2022.12-2027-11	科研课题排名第三	科技创新2030“新一代人工智能”重大项目

2.5 近 5 年以第一作者/通讯作者发表的论文（5 篇以内）

序号	论文题目	刊物名称	发表时间	简要评价（创新点、贡献性及意义）
1	A New Protocol for Atomic-Level Protein Structure Modeling and Refinement Using Low-to-Medium Resolution Cryo-EM Density Maps	Journal of Molecular Biology	2020.05	提出了一种基于冷冻电镜密度图来优化原子结构的新方法-EMRefiner。该算法基于蒙特卡洛算法，设计了新的能量函数、片段移动方式，并结合实验数据来优化蛋白质原子结构，以使其达到更高的分辨率。为提高原子结构的分辨率提供一种新算法。
2	Fitting Low-Resolution Protein Structures into Cryo-EM Density Maps by Multiobjective Optimization of Global and Local Correlations	Journal of Physical Chemistry B	2021.01	提出一种基于多目标粒子群优化的原子结构与电镜密度图的刚体拟合算法，设计了三个多目标的能量函数，利用多目标算法实现了低分辨率的电镜密度图和原子结构之间的拟合。上述工作的开展为深度学习模型的开发和大分子蛋白质结构的优化提供了良好的借鉴。
3	Accurate flexible refinement for atomic-level protein structure using cryo-EM density maps and deep	Briefings in Bioinformatics	2022.03	提出了 EMCMR 新方法。该算法使用预测接触/距离图来建立密度图和预测模型之间的长程关联性，引导蛋白质在空间中的精细折叠。距离图氨基酸之间的长程相关性和电镜密度图的 CC 评分之间相互补充，可以提高构象空间的搜索精度。同时，针对密度图和蛋白质之间的局部相似性，我们设计了一个动态置信度分数。根据片段的置信度得

	learning			分，开发了针对不同优化情况使用密度图和接触/距离图来设计置信度的策略。当密度图和初始原子模型具有较高的置信度得分时，密度图可以主导优化中的片段移动并指导蛋白质折叠；否则，预测的接触/距离图主导优化中的片段移动并指导蛋白质折叠。总体而言，结果表明该策略是一种有价值的方法，在使用低温电镜密度图和预测的接触/距离图进行的原子级结构优化具有优势。		
4	CR-I-TASSER: Assemble Protein Structures from Cryo-EM Density Maps using Deep Convolutional Neural Networks（排名第二）	Nature Methods	2022.02	提出了利用 I-TASSER 和电镜密度图结合来从头预测蛋白质结构的算法,相应的算法发表在著名综合性期刊 Nature Methods 上。本算法利用 PDB 库中的模板和电镜密度图获得模板进行结合，设计新的能量函数、移动方式、蒙特卡洛优化算法来指导全长原子结构模型的重构，是一个利用电镜密度图来从头重构原子结构的新方法。为解析高分辨率的蛋白质结构提供了一种新的途径。		
2.6 近 5 年主要出版著作情况（5 项以内）						
序号	著作题目	作者排序	出版社	出版时间	书号	类别（教材、专著、译著）
2.7 近 5 年授权发明专利（5 项以内）						
序号	专利名称	专利类别	专利号	授权时间	授权国家（地区）	转化情况
1	基于能量的原子结构与电子密度图多目标优化拟合预测方法	发明专利	CN111968707B	20220617	中国	暂无
2.8 近 5 年获奖情况（5 项以内）						
序号	获奖项目名称	奖励类别	等级	授予单位	获奖时间	本人排名

1	蛋白质多结构域折叠机制及全链建模方法	中国自动化学会自然科学奖	二等奖	中国自动化学会	2022.12.02	3
2	蛋白质构象空间优化及多域蛋白质建模方法	浙江省生物信息学学会自然科学奖	一等奖	浙江省生物信息学学会	2022.12	3
3	康普莱斯—高通量高精度复合物结构解析先行者	浙江省第十三届“挑战杯”建行银行大学生创业计划竞赛	金奖	浙江省大学生创新创业大赛组委会	2022.05	2
4	康普莱斯—高通量高精度复合物结构解析先行者	浙江工业大学“挑战杯”大学生创业计划竞赛	金奖	浙江工业大学	2022.03	1
5	深度组装—高通量靶标蛋白人工智能筛选先行者	第八届浙江省国际“互联网+”大学生创新创业大赛	银奖	浙江省大学生科技竞赛委员会、浙江省大学生创新创业大赛组委会	2022.07	3

三、支持期内工作任务规划

要求计划具体，目标明确（至少新增一项标志性任务，具体参照《浙江工业大学“青年英才支持计划”实施办法》第四章目标与考核第八条，限一页）

3.1 标志性任务

争取获批省青拔、省杰青等 D 类及以上人才培养计划/项目（2025 年）或主持 IV 类纵向科研项目 1 项（2026 年）或获省部级科研成果二等奖（前三）或作为第一指导教师获中国国际“互联网+”创新创业大赛金奖或第一（通讯）作者发表 NSC 子刊 1 篇。

3.2 工作任务

学科建设：

围绕冷冻电镜和蛋白质结构重构，努力做好蛋白质复合物重构的科学研究，提升个人科研能力，力争在冷冻电镜密度图的重构方向上有所突破，提升我校控制科学与工程学科的学术竞争力及国际影响力，为控制科学与工程学科建设作出自己的一份贡献。

科学研究：

在国内外重要学术刊物上发表论文 4 篇以上，其中 SCI 收录论文 3 篇以上，TOP 期刊论文 2 篇以上；国内核心期刊论文 2 篇以上；力争在《Nature》、《Science》子刊上发表论文 1 篇以上；申请国家发明专利 2 项以上，其中授权 2 项以上。

平台建设：

围绕信息工程学院省级平台、一流专业建设，建立完善的生物信息服务平台，提升服务器的用户友好性和社会影响力，为学院平台建设贡献自己的一份力量。

团队建设：

根据生物信息学团队需要，努力提升团队的竞争力。通过推荐引进上海交通大学、西湖大学和新加坡国立大学等国内外著名学者来校报告，提升学生学术视野。帮助推荐国内外专家来校讲学，努力提升团队影响力，为团队建设做好应有服务。

人才培养：

结合本项目培养硕士生 3 名，争取协助培养博士生 1 名。

其他：

组织和参与组织全国性会议 1-2 次。

四、资格审核

本人承诺：本人提出“青年英才支持计划”申请，愿意遵守相关政策规定。本表内所填内容属实，所提供的材料客观真实。

本人签字：张彪

日期：2023 年 02 月 01 日

所在单位师德考察意见

（包括申请人的思想政治表现、师德师风等情况。）

所在单位党委（总支）书记签字：

（加盖党委公章）

日期： 年 月 日

所在单位资格审查意见

经审核，上述材料均内容真实，与证明材料原件相符。

审核人签字：

所在单位负责人签字：

（加盖单位公章）

日期： 年 月 日

学校意见

负责人签章：

（加盖学校公章）

日期： 年 月 日