

序号	项目负责人	联系邮箱	项目名称	项目简介	招生专业要求	备注
1	潘旭冉	pxr@tust.edu.cn	基于条件可控蛋白质语言模型与强化学习的查尔酮合酶的设计研究	针对天然查尔酮合酶催化效率低、序列空间探索不足等瓶颈，本项目融合人工智能与合成生物工程，构建“条件生成—特征解析—智能筛选”闭环系统。首先开发属性可控的蛋白质语言模型，定向生成非天然高活性序列；继而利用改进粒子群算法识别关键功能特征，提升模型可解释性；最后结合主动学习与贝叶斯优化，高效预测并迭代筛选优异变体。旨在实现从模仿自然到超越自然的酶定向进化，为类黄酮生物合成提供自主知识产权的高性能生物元件。	智能科学与技术、软件工程、电子信息	欢迎对人工智能与合成生物学交叉研究怀有浓厚兴趣、乐于探索新知识、踏实勤奋且善于团队协作的同学加入，共同探索AI驱动酶定向进化的前沿方向。
2	张宇	zhangyuai.tust.edu.cn	大模型与排序学习驱动的小样本蛋白功能强度预测研究	当前生物技术与人工智能的深度交叉正快速推动蛋白质设计迈向智能化，但在“高目标功能蛋白筛选”这一关键任务上，仍面临因湿实验耗时昂贵而导致标注数据极度稀缺的现实困境。现有模型普遍依赖大量训练样本，难以获得稳定性能。因此，发展可在小样本条件下实现蛋白功能强度精准预测的方法，对推动定向进化进入低成本、高效率阶段至关重要。本项目围绕“小样本蛋白功能强度建模”开展研究，首先利用蛋白质大语言模型的强泛化性能，结合参数高效微调策略，构建适用于特定应用场景的高质量序列表征基座，为后续任务提供稳健的特征基础；随后引入排序学习思想，将原本对功能强度的点式回归转化为对变体间相对优劣的直接比较，通过列表级差分建模与排序损失优化，在有限样本中充分挖掘变体之间的结构—表型关系，提升模型优选能力；最后将模型预测结果用于指导湿实验验证，并基于实验反馈对模型持续迭代优化，形成“模型预测—实验验证—模型更新”的闭环，提高预测可靠性与工程实用性。项目的实施将为低样本、高通量条件下的蛋白变体优选提供一条高效路径，有望显著降低定向进化的实验成本，提升功能蛋白研发效率，为生物制造与合成生物学的智能化发展提供重要方法学支撑。	智能科学与技术	对生物大模型开发有兴趣，愿意学习交叉学科知识，坐得住板凳。
3	赵婷婷	tingting@tust.edu.cn	基于深度学习的酶设计模型的构建与应用	本项目旨在构建人工智能驱动的蛋白质工程全链条技术体系，实现酶资源的高效挖掘、智能改造与创新设计。研究内容包括三大核心模型：首先，构建蛋白质多模态智能挖掘模型（PMM model），融合序列、结构与功能信息，通过“AI初筛-分子动力学精筛”的级联策略，从宏基因组等大数据中精准发现新型功能酶。其次，开发蛋白质工程网络模型（PEN model），基于深度生成与进化学习，针对热稳定性、催化效率等目标，实现酶蛋白的定向进化与多目标优化。最后，创新蛋白质全原子设计模型（PDE model），采用嵌套双轨去噪架构，高效生成高精度全原子结构，支撑无序列先验的酶从头设计。整个体系通过“计算-实验”闭环迭代，旨在系统性突破传统酶工程的效率瓶颈，为合成生物学与生物制造提供强大的智能化工具与核心酶元件。	智能科学与技术、软件工程、电子信息	欢迎对深度学习与酶工程交叉研究充满热情、具备一定编程基础或生物信息学基础，愿意踏实钻研、勇于跨学科协作的同学加入，共同推进智能酶设计的前沿探索。
4	李佳	lijiajoyce@tust.edu.cn	呼吸跃变型食药同源农产品采后智能增值技术研究	本项目聚焦天麻、肉苁蓉等食药同源农产品采后易腐烂、营养成分易流失的产业痛点，构建全流程保鲜体系。从揭示贮藏环境对呼吸代谢的调控机理出发，研制智能保鲜材料精准锁鲜，搭建大数据模型实时监测品质，同时优化活性营养成分体内递送功效，最终为农产品高品质保鲜与活性营养成分高效利用提供理论与技术支撑。相关成果正与康师傅、海天、王致和等知名食品企业开展转化应用，以科技减少源头损耗、提升原料品质，切实带动农民增收，服务健康中国与乡村振兴战略。	电子信息	欢迎对人工智能与食品科学交叉研究怀有浓厚兴趣、愿意学习交叉学科知识、具备团队协作能力的同学加入，有大模型垂直应用或开发经历者优先。