

## 2025 年研究生招生情况说明

拟招人数: 硕士 1 名 (学术型)

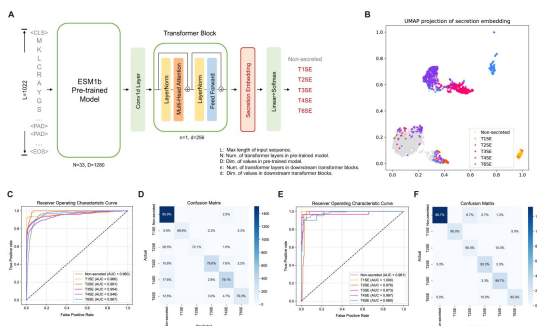
导师: 欧竑宇 长聘教授

E-mail: [hyou@sjtu.edu.cn](mailto:hyou@sjtu.edu.cn)

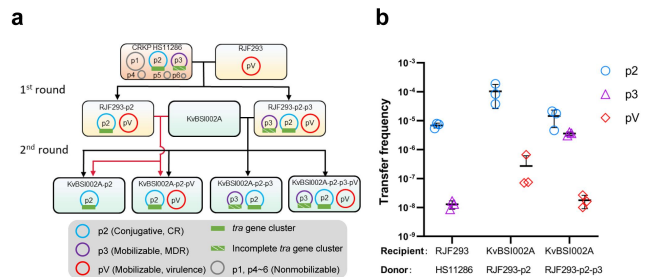
研究组网站: <http://bioinfo-mml.sjtu.edu.cn/>



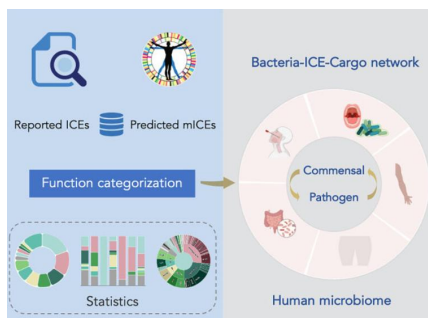
我们研究组由欧竑宇教授和多名在读博士和硕士研究生组成。以多重耐药肺炎克雷伯菌为研究对象, 采用功能组学、生物信息学和分子遗传学等多学科方法, 开展耐药移动元件复杂结构和转移机制的研究。近期研究课题重点关注耐药质粒和毒力质粒、整合性接合元件 ICEKp1、毒素-抗毒素系统 GNAT-RHH 和 CpxAR 双组分调控系统等。已在 *Nucleic Acids Research* (14 篇)、*Genome Medicine*、*Research* 和 *Emerging Microbes & Infections* 等国际刊物发表论文九十多篇, 获国家自然科学基金和科技部重点研发等国家级课题的资助。研究组有良好的学术氛围和科研条件; 硕士生和博士生按时毕业的比率高, 就业情况良好。欢迎参加我们小组, 向未知挑战!



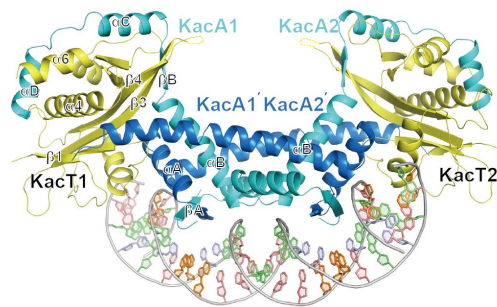
基于深度学习的革兰阴性菌分泌蛋白预测算法 DeepSecE (Zhang, et al., *Research*, 2023)



肺炎克雷伯菌从动毒力质粒的转移 (Zhang, et al., *Genome Medicine*, 2023)



整合性接合元件数据库和识别软件 ICEberg 3 (Wang, et al., *Nucleic Acids Research*, 2024)



GNAT-RHH 毒素-抗毒素系统的条件协同转录 (Qian, et al., *Nucleic Acids Research*, 2019)