

2027 年研究生招生情况说明

拟招人数: 学术型硕士 1 名

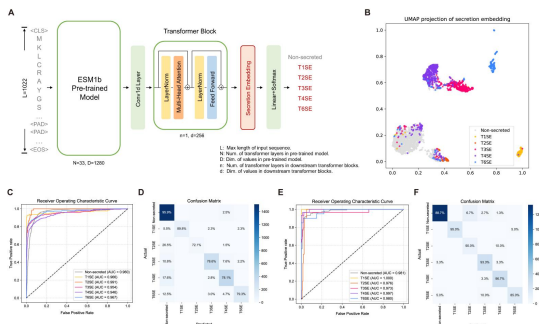
导师: 欧站宇 长聘教授 生物楼 3-314 室

E-mail: hyou@sjtu.edu.cn

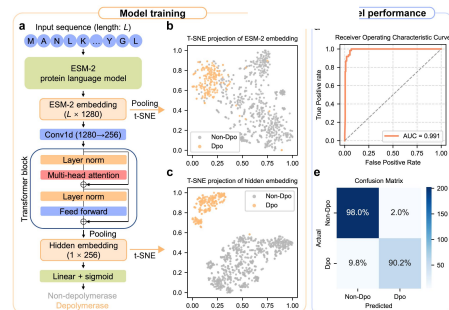
教研组网站: <http://bioinfo-mml.sjtu.edu.cn/>



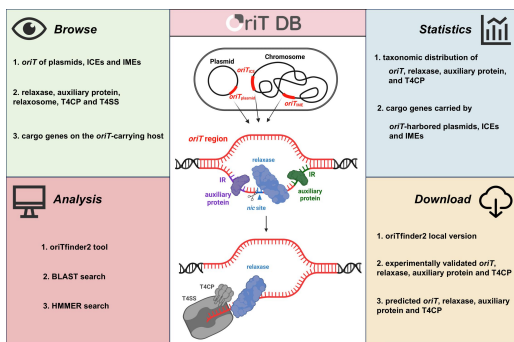
我们教研组由欧站宇教授和多名在读博士和硕士研究生组成。以多重耐药肺炎克雷伯菌为研究对象, 采用功能组学、生物信息学、AI 技术和分子遗传学等“干-湿”实验方法, 开展耐药移动元件复杂结构和转移机制的研究。近期研究课题重点关注肺炎克雷伯菌的耐药质粒和毒力质粒、整合性接合元件 ICEKp1、毒素-抗毒素系统 GNAT-RHH 和 CpxAR 双组分调控系统等。已在 *Nucleic Acids Research* (17 篇)、*Nature Machine Intelligence*、*Genome Medicine*、*Research* 和 *Emerging Microbes & Infections* 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。教研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!



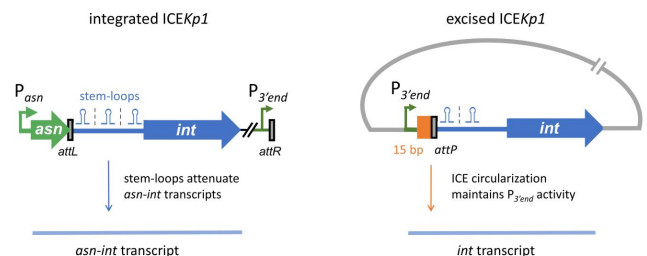
基于蛋白语言大模型预测革兰阴性菌分泌蛋白 DeepSecE (Zhang, et al., *Research*, 2023)



基于深度学习预测噬菌体多糖解聚酶 DposFinder (Shen, et al., *Genome Medicine*, 2026)



接合转移功能模块数据库和识别软件 oriTDB (Liu, et al., *Nucleic Acids Research*, 2025)



整合性接合元件 ICEKp1 整合酶基因转录的新机制 (Liu, et al., *Nucleic Acids Research*, 2026)