



# 复旦大学物理系 Colloquium

Time: 14:00, Tuesday, 2024.3.19

Location: C108, Jiangwan Physics Building

## 蛋白质折叠问题：生物学、物理学与AI视角

肖奕 教授

华中科技大学物理学院

**摘要：** AlphaFold是用AI解决科学问题的里程碑，被认为基本上解决了蛋白质折叠问题。蛋白质折叠问题是生命科学，特别是生物物理学研究的基本问题之一，也是科学上最难的问题之一。这里我们介绍什么是蛋白质折叠问题，它的生物学意义，从生物学、物理学和AI视角是如何研究该问题、研究现状以及未来研究方向。



**报告人简介：** 肖奕，华中科技大学物理学院教授，1981年获湖南师范学院物理系理学学士学位，1984年获中国科学院生物物理研究所理学硕士学位，1988年获上海交通大学应用物理系理学博士学位。中国生物信息学学会（筹）核心组成员及其生物分子结构预测与模拟专委会主任委员，《Biophysics Report》副主编，国家杰出青年科学基金获得者，主要研究方向为蛋白质和RNA折叠物理机制以及单体与复合物结构预测、生物网络结构和动力学。