

朱河勤

🇨🇳 中国科学技术大学博士 ✉ zhuheqin1@gmail.com ☎ +86 153 5141 6199 🔗 heqin-zhu.github.io
🌐 heqin-zhu 🎓 Google Scholar

研究方向

我的研究聚焦于人工智能生物学，致力于理解生物分子结构并设计功能分子，主要包括：(1) **分子设计与药物发现**；(2) **多模态生物基础模型**；(3) **结构与功能预测**。此前，我主要研究面向医学图像分析的通用模型。

- **结构与功能预测**：RNA 二级结构预测：BPfold [16] ([Nature Communications](#))、NCfold [19] ([ICLR 2026](#))；IRES 识别：IRESeek [17]。
- **结构引导的 RNA 基础模型**：structRFM [18] ([Nature](#), 已接收)。
- **核酸适配体设计**：NACraft [110]。
- **医学图像分析**：领域适应：GU2Net [11, 12] ([MICCAI 2021](#), [BMEF](#))、DATR [14]；小样本学习：UOD [15] ([MICCAI 2023](#))。

教育经历

- | | | |
|-------|--|-------------------|
| Ph.D. | 中国科学技术大学 (USTC), 生物医学工程
• 导师：周少华教授 (Prof. Shaohua Kevin Zhou) 🔗 | 09/2023 – 06/2026 |
| M.S. | 中国科学院计算技术研究所 (ICT) & 中国科学院大学 (UCAS), 计算机科学与技术
• 导师：周少华教授 (Prof. Shaohua Kevin Zhou) | 09/2020 – 06/2023 |
| B.S. | 中国科学技术大学 (USTC), 计算机科学与技术
• 华夏计算机科技英才班 | 09/2016 – 06/2020 |

代表性研究项目

- | | |
|--|-----------------|
| NACraft: 基于全原子结构模型反馈的程序化核酸适配体设计 代码 🔗 | 研究项目
08/2026 |
| <ul style="list-style-type: none">• 主要开发者；设计并实现了一个免训练框架，通过结构模型反馈的反向传播，实现 RNA 和 DNA 适配体的从头设计、相似性引导设计和靶标选择性设计。• 在统一的可微优化框架中整合结合、序列相似性和抗结合目标，并进一步使用 NA-MPNN 进行序列优化，以及采用独立的 AlphaFold 3 进行评估。• 在五个蛋白质靶标上取得 0.63–0.88 的 AF3 最高 ipTM；69.44% 的成对候选序列更倾向于 EGFR 而非 HER2；NACraft 在 10/11 个 NA-12 靶标和 17/20 个治疗相关靶标–长度设置上优于 ODesign。 | |
| structRFM: 完全开放的结构引导 RNA 基础模型 论文 🔗 代码 🔗 | Nature (已接收) |
| <ul style="list-style-type: none">• 第一作者；完成从序列–结构数据构建、预训练目标与模型设计，到下游适配、基准评测及开源发布的端到端流程。• 基于 2100 万对 RNA 序列–结构数据构建预训练体系，将 MUSES 多源结构注释与结构引导掩码语言建模 (SgMLM) 结合，以捕获局部碱基配对上下文并减少注释偏差。• 学习序列级、核苷酸级和配对级表征；在多个 RNA 结构与功能基准上取得最先进结果，并在零样本同源性分类任务中排名前四。 | |

- **第一作者**；主导完整方法流程，包括基序库构建、网络架构设计、实验、结果分析和可复现软件发布。
- 构建从完整三邻域碱基对基序枚举、从头三维结构能量估计，到热力学能量图、**碱基对注意力**及物理约束接触图优化的核心建模流程。
- 在 bpRNA-TS0 上相较 SPOT-RNA 将 F1 和 INF 提升**约 5%**；在 Rfam12.3–14.10 中来自**未见家族的 10,791 条** RNA 上取得最佳的 F1=0.689。

中国科大课程资源 [GitHub](#) [🔗](#) (16.2K GitHub stars)

2019 – 至今

- **项目负责人及维护者**；长期负责仓库维护，并整理学生贡献的课程笔记、试题、代码和学习资料，为中国科大社区提供开放课程资源。

Selected Publications

I=Representative, J=Journal, C=Conference

denotes co-first author and * denotes co-corresponding author. For full list, please refer to [Google Scholar](#) [🔗](#).

Representative Papers

- [I10] Heqin Zhu, Jiaqi Wang, Weibo Zhao, YuZhi Xu, Huang Su, Jianmin Wang, Qinghan Wang, Yuntao Yu, Ziyi You, Gang Du, Pheng Ann Heng*, Liqin Zhang*, and Odin Zhang*. "NACraft: Programmatic nucleic-acid aptamer design via all-atom structure-model feedback" (**In submission**). [bioRxiv [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I9] Heqin Zhu#, Ruifeng Li#, Ao Chang, Mingqian Li, Hongyang Chen*, Peng Xiong*, and S. Kevin Zhou*. "Toward Accurate RNA Non-Canonical Structure Prediction: The NC-Bench Benchmark and the NCfold Framework." (**ICLR 2026**). [bioRxiv [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I8] Heqin Zhu, Ruifeng Li, Feng Zhang, Fenghe Tang, Tong Ye, Xin Li, Yunjie Gu, Peng Xiong*, and S. Kevin Zhou*. "A fully open structure-guided RNA foundation model for robust structural and functional inference." (**Nature, Accepted**). [bioRxiv [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I7] Feng Zhang#, Heqin Zhu#, Jiayin Gao, Jie Hu, Ke Chen, Shaohua Kevin Zhou*, and Peng Xiong*. "IRESeek: structure-informed deep learning method for accurate identification of internal ribosome entry sites in circular RNAs." NAR Genomics and Bioinformatics 7, no. 4 (2025): lqaf210. (**NAR Genomics and Bioinformatics**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I6] Heqin Zhu, Fenghe Tang, Quan Quan, Ke Chen, Peng Xiong*, and S. Kevin Zhou*. "Deep generalizable prediction of RNA secondary structure via base pair motif energy." Nature Communications 16, (2025): 5856. (**Nat. Commun., 2025**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I5] Heqin Zhu, Quan Quan, Qingsong Yao, Zaiyi Liu, and S. Kevin Zhou. "Uod: Universal one-shot detection of anatomical landmarks." In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pp. 24-34. Cham: Springer Nature Switzerland, 2023. (**MICCAI 2023**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I4] Heqin Zhu, Qingsong Yao, and S. Kevin Zhou. "Datr: Domain-adaptive transformer for multi-domain landmark detection." arxiv preprint arxiv:2203.06433 (2022). (**Preprint**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I3] Heqin Zhu, Xu Sun, Yuxiang Li, Kai Ma, S. Kevin Zhou*, and Yefeng Zheng*. "DFTR: Depth-supervised fusion transformer for salient object detection." arxiv preprint arxiv:2203.06429 (2022). (**Preprint**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I2] Heqin Zhu, Qingsong Yao, Li Xiao, and S. Kevin Zhou. "Learning to Localize Cross-Anatomy Landmarks in X-Ray Images with a Universal Model." BME Frontiers 2022 (2022): 9765095. (**BMEF 2022**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]
- [I1] Heqin Zhu, Qingsong Yao, Li xiao, and S. Kevin Zhou. "You only learn once: Universal anatomical landmark detection." In Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, pp. 85-95. Springer International Publishing, 2021. (**MICCAI 2021**). [Paper [🔗](#); Code [🔗](#)]

Journal Papers

- [J4] Quan Quan#, Qingsong Yao#, Heqin Zhu, and S. Kevin Zhou. "IGU-Aug: Information-guided unsupervised augmentation and pixel-wise contrastive learning for medical image analysis." IEEE Transactions on Medical Imaging (2024). (**TMI 2024**).
- [J3] Quan Quan#, Qingsong Yao#, Heqin Zhu, Qiyuan Wang, and S. Kevin Zhou. "Which images to label for few-shot medical image analysis?." Medical Image Analysis 96 (2024): 103200. (**MIA 2024**).
- [J2] Huang Zhen#, Han Li#, Shitong Shao, Heqin Zhu, Huijie Hu, Zhiwei Cheng, Jianji Wang, and S. Kevin Zhou. "PELE scores: pelvic X-ray landmark detection with pelvis extraction and enhancement." International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery 19, no. 5 (2024): 939-950. (**IJCARS 2024**).

[J1] Pengbo Liu, Hu Han, Yuanqi Du, Heqin Zhu, Yinhao Li, Feng Gu et al. "Deep learning to segment pelvic bones: large-scale CT datasets and baseline models." International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery 16 (2021): 749-756. (IJCARs 2021).

Conference Papers

[C4] Fenghe Tang, Chengqi Dong, Wenxin Ma, Zikang Xu, Heqin Zhu, Zihang Jiang, Rongsheng Wang, Yuhao Wang, Chenxu Wu, and Shaohua Kevin Zhou. "U-Bench: A Comprehensive Understanding of U-Net through 100-Variant Benchmarking." arXiv preprint arXiv:2510.07041 (2025). (Under review).

[C3] Xinyi Wang, Zikang Xu, Heqin Zhu, Qingsong Yao, Yiyong Sun, and S. Kevin Zhou. "SIX-Net: Spatial-Context Information miX-up for Electrode Landmark Detection." In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pp. 338-348. Cham: Springer Nature Switzerland, 2024. (MICCAI 2024).

[C2] Fenghe Tang, Ronghao Xu, Qingsong Yao, Xueming Fu, Quan Quan, Heqin Zhu, Zaiyi Liu, and S. Kevin Zhou. "Hyspark: Hybrid sparse masking for large scale medical image pre-training." In International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pp. 330-340. Cham: Springer Nature Switzerland, 2024. (MICCAI 2024).

[C1] Yuanyuan Lyu, Haofu Liao, Heqin Zhu, and S. Kevin Zhou. "A 3 DSegNet: anatomy-aware artifact disentanglement and segmentation network for unpaired segmentation, artifact reduction, and modality translation." In International Conference on Information Processing in Medical Imaging, pp. 360-372. Cham: Springer International Publishing, 2021. (IPMI 2021).

工作经历

腾讯 JARVIS 实验室，研究实习生

深圳，中国

• 开发了用于显著目标检测的深度监督特征融合 Transformer [I3]。

07/2021 – 11/2021

学术报告与交流

用于 RNA 建模与基础模型的多模态人工智能

06/15/2026，线上，默沙东研发中国创新合作中心（MCICC）

12/2025，苏州，中国，中国科学技术大学《数字医疗技术与应用》课程

用于结构与功能预测的结构引导 RNA 基础模型

06/13/2026，合肥，中国，中国科学技术大学第七届工程类研究生学术论坛暨“德创·精英创新”博士生学术论坛。

• 优秀学术报告奖（10 人中第 1 名）

基于碱基对基序能量的高泛化 RNA 二级结构预测

05/2025，长春，中国，第三届全国生物分子结构预测与模拟学术会议

• 优秀学术报告奖（12 人中第 2 名）

PDF [🔗](#)

PDF [🔗](#)

PDF [🔗](#)

科研指导

Ao Chang，博士生：基于 Mamba 的基序信息引导 RNA 语言模型预训练

2025 – 2026

Haobin Chen，硕士生：基于大语言模型智能体从文献中检索 lncRNA 知识

2025 – 2026

Duofan Tu，硕士生：用于临床诊断的医疗智能体

2024 – 2026

Feng Zhang，硕士生：环状 RNA 中的 IRES 识别

2024 – 2026

• IRESeek：一种融合结构信息的深度学习方法，用于准确识别环状 RNA 中的内部核糖体进入位点

Xiaoqian Zhou，硕士生：医学图像中的解剖标志点检测

2022 – 2024

• Hybrid attention network：一种高效的无解剖先验标志点检测方法

Zhen Huang，硕士生：X 光图像中的解剖标志点检测

2021 – 2023

• Pele Scores：结合骨盆提取与增强的骨盆 X 光标志点检测

教学经历

- 电子信息开放实践，中国科学技术大学，2023
- 生物分子结构建模，中国科学技术大学，2024

学术服务

- 学术审稿人: Neurips、MICCAI、TCSVT
- 志愿服务
 - 医学增强现实暑期学校 (苏州, 2024)
 - 独墅湖医学影像计算研讨会 (苏州, 2023)

荣誉与奖励

中国科学院院长优秀奖, 中国科学院	2026
安徽省优秀毕业生 (博士, 2026 届), 安徽省	2026
优秀毕业生 (博士, 2026 届), 中国科学技术大学	2026
优秀学术报告奖 (10 人中第 1 名), 中国科学技术大学第七届工程类研究生学术论坛	2026
博士研究生国家奖学金, 中华人民共和国教育部	2025
口头报告二等奖, 第三届全国生物分子结构预测与模拟学术会议	2025
苏州工业园区奖学金, 中国科学技术大学	2025
三好学生, 中国科学院大学 & 中国科学院计算技术研究所	2023
研究生学业奖学金, 中国科学院大学 & 中国科学院计算技术研究所及中国科学技术大学	2020 – 2025
优秀学生奖, 中国科学技术大学	2018 – 2019
化学学院优秀奖学金, 中国科学技术大学	2017

技术技能

方法: 基础模型、多模态学习、大语言模型、扩散模型
编程与工具: Python、PyTorch、C++、Git、 $\text{\LaTeX}$ 、Matplotlib

推荐人

周少华 (S. Kevin Zhou), 教授, 中国科学技术大学	skevinzhou@ustc.edu.cn
熊鹏 (Peng Xiong), 教授, 中国科学技术大学	xiongxp@ustc.edu.cn
申万祥 (Wanxiang Shen), 教授, 浙江大学	shenwx25@zju.edu.cn