

Foldit 启发的“合成生物学”教学新方式

祝诚*, 韩玉琦, 赵婉彤, 叶升*

天津大学 生命科学学院, 天津 300072

祝诚, 韩玉琦, 赵婉彤, 叶升. Foldit 启发的“合成生物学”教学新方式[J]. 生物工程学报, 2025, 41(5): 2179-2187.

ZHU Cheng, HAN Yuqi, ZHAO Wantong, YE Sheng. Foldit-inspired innovative teaching of Synthetic Biology[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2025, 41(5): 2179-2187.

摘 要: 合成生物学旨在通过构建人工生物系统来理解生命和设计生命, 是新一轮科技革命和产业变革的新引擎。为了适应合成生物学前沿知识与传统生物科学框架的融汇交叉, 本文聚焦于全新设置的“合成生物学”课程中元件开发与设计基础知识的教学现状, 提出理论传授与 Foldit 实践操作有机结合的方式, 增强学生对“蛋白质元件折叠与设计”的掌握与运用。从课程设计、教学方法等方面进行探讨, 提出智能软件辅助解决课程难点的策略。创新的教学模式有效促进了学生在蛋白质设计前沿领域的创新能力与实践技能的发展, 对于培养适应未来科技挑战的生物科学人才具有重要意义。

关键词: 合成生物学; 蛋白质折叠; 蛋白质设计; 教学方法; 人才培养

Foldit-inspired innovative teaching of Synthetic Biology

ZHU Cheng*, HAN Yuqi, ZHAO Wantong, YE Sheng*

School of Life Sciences, Tianjin University, Tianjin 300072, China

Abstract: Synthetic biology aims to understand and design life by building artificial biological systems. It is a new engine for the next round of scientific and technological revolution and industrial revolution. To adapt to the integration between cutting-edge knowledge of synthetic biology and conventional biological science frameworks, we proposed the combination of theoretical teaching and practical operation of Foldit in the teaching of component development and design in the newly developed Synthetic Biology course. The combined teaching mode

资助项目: 国家自然科学基金(22007071); 天津市高等学校本科教学质量与教学改革研究计划(B231005615); 天津大学课程思政教改项目; 国家重点研发计划(2020YFA0908500)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (22007071), the Tianjin Higher School Undergraduate Teaching Quality and Teaching Reform Research Program (B231005615), the Ideological and Political Education Reform Project of Tianjin University, and the National Key Research and Development Program of China (2020YFA0908500).

*Corresponding authors. E-mail: ZHU Cheng, cheng_zhu@tju.edu.cn; YE Sheng, sye@tju.edu.cn

Received: 2024-05-30; Accepted: 2024-11-29; Published online: 2024-12-03

significantly enhanced students' understanding of protein folding and design. Further, we discussed the course design and teaching methods and put forward the idea of using intelligent software to assist in the teaching of difficult points in this course. This innovative approach significantly fosters the students' ability and hands-on experience in the domain of protein design, which play pivotal roles in nurturing next-generation talents to meet the demands of forthcoming technological challenges.

Keywords: Synthetic Biology; protein folding; protein design; teaching methods; talent training

合成生物学是一门新生的交叉学科,集成了生物学、生物工程学、系统生物学、物理化学与信息科学等领域的前沿知识,为生命科学提供了“建物致知”的全新范式,也为生物经济与产业发展提供了引领性与变革性的技术^[1-2]。在大学本科阶段开设“合成生物学”及相关课程是一种崭新的尝试,也是自主培养富有创新意识和实践精神的拔尖人才的有益探索。

作为合成生物学的关键使能技术,蛋白质折叠(结构预测)与蛋白质设计能够塑造学生“工程化、量化”思维方式,帮助学生迈出从“解读生命”到“设计、创造生命”的跨越性一步。在理解蛋白质元件功能方面,学生面临 2 方面的挑战:首先,在生物化学、细胞生物学等前序课程中,蛋白质被视为生命活动的具体执行者,而不是被操纵被设计的对象。其次,蛋白质的结构与功能在生命活动中起着至关重要作用,直接影响生物体的生长发育与疾病发生,但许多信息无法通过基因测序直接获得。人工智能(artificial intelligence, AI)与生物学的深度融合为传授元件预测与元件设计的知识点带来了新机遇和新挑战。2020 年作为生物技术(biotechnology, BT)与信息技术(information technology, IT)的汇聚的元年,AI 正为合成生物学中的元件预测与元件设计提供必需的工具和方法,主要体现在以下 2 点:(1)以 AlphaFold2 为代表的新一代人工智能系统精确预测蛋白质的三维结构,准确性已接近冷冻电子显微镜、X 射线晶体学等实验技术,为深度理解蛋白质结构-功能关系和从头设计全新蛋白质奠定了基础。中国科学家徐鹰、张阳、许东从各自的

专长出发,紧密合作并培养新一代的科学家,共同组成了蛋白质结构预测中的创新群体,其中许锦波被业界誉为“AI 预测蛋白质结构全球第一人”,他的工作助力了 AlphaFold2 的诞生;张阳开发的 I-TASSER 推陈出新,在历次国际比赛中拔得头筹^[3]。(2)与随机筛选驯化菌种或进行有限的蛋白改造不同,AI 赋能的生物学有潜力开发出超越天然蛋白质的调控元件、催化元件和更复杂的生物功能回路等^[4]。为了将这些知识融汇点和学科前沿及时、生动地传递到课堂,笔者团队在天津大学生命科学学院开设的“合成生物学”“现代生物学前沿”“生物设计与建造”等不同层级课程中进行了大量的探索与尝试。

蛋白质折叠(结构预测)是指从蛋白质序列推导其三维结构信息,而蛋白质设计则关注如何从空间结构反推对应的一维序列,因此蛋白质折叠与蛋白质设计互为可逆关系,并且在教学中通常作为相互关联的连续章节来讲授。如果将 20 种氨基酸看作字母,那么蛋白质就是由自然力量书写的生命天书。经过数十亿年的进化,这本天书充满了奥妙难解之处,它不仅仅只是字母的简单堆砌和线性排列,这些字母组成了音节(如 α 螺旋、 β 折叠等二级结构),而这些音节又构建出单词(比如 $\beta\beta\alpha$ motif、 $\beta\alpha\beta$ motif 等超二级结构),最终逐步发展为复杂的三维结构。课堂上,学生难以把握生物大分子一维序列到三维结构映射关系的抽象性,现有的教学模式仍存在灌输知识原理与操练实用技术之间的失衡。因此,引入了华盛顿大学开发的开源软件包 Foldit (<https://fold.it>)作为教学工

具^[5], 目的是将抽象的生化原理与生动直观的蛋白图像相连接, 推动从学生被动听讲到主动操作的转变。本文以 Foldit 平台的演示方法为主, 辅助多种线上与线下的教学工具与案例, 给出可行的方案。

Foldit 是一款全民在线参与的学术型游戏, 在游戏环境中将蛋白质分子结构展示为引人入胜的挑战关卡。个人玩家可以创建自己的 Foldit 谜题并共享给指定的班级。Foldit Standalone 版本则关注蛋白质设计, 属于经典设计方法 Rosetta 的简化版, 并配备了图形界面。理论传授与 Foldit 实践操作的有机结合可显著加强学生对“蛋白质折叠”与“蛋白质设计”的掌握与运用。在以蛋白质为核心的生物化学、生物物理相关教学章节中灵活运用 Foldit, 也可以充分激发学生创造力潜能和学习积极性^[6-7]。

1 从序列到结构: “蛋白质折叠”知识点传授与实践

蛋白质折叠是生物“中心法则”的关键步骤, 是核酸编码的一维序列转变为具有功能的三维结构的过程。经过全基因组测序、单细胞

测序等技术获取的海量序列信息, 通过蛋白质折叠的原理可以解读为蛋白质结构与功能知识库。因此, 蛋白质折叠也是合成生物学内功能元件整合与划分的基础。虽然生物化学课程中详细阐述了核糖体读取 mRNA 编码的密码子和 tRNA 携带氨基酸进入核糖体形成肽链等步骤, 但“新生肽链如何折叠成有功能蛋白质”这一知识点尚有欠缺。中国科学家吴宪在 1931 年首次认识到蛋白质折叠(或解折叠)是肽链构象变化(1931 年), 这项工作也被饶毅教授列为“百年中国生命科学的重要研究”之一, 但蛋白质折叠相关内容在高校的生命学院本科课堂中仍缺少关注度^[8]。在 AlphaFold2 突破性预测了人类基因组编码的所有蛋白质之后, 理解蛋白质折叠的原理与意义变得更加重要。

1.1 关键知识点重构

从物理的角度来看, 蛋白质折叠是自发热力学反应(Anfinsen 实验)。溶液中自发的反应朝向自由能降低的方向进行。因此, 蛋白质折叠可以简化为寻找自由能最低点的过程。折叠势能面尚不能被物理方法直接测量, 但是可以部分地被计算模拟(漏斗型势能面, 图 1A)。Foldit

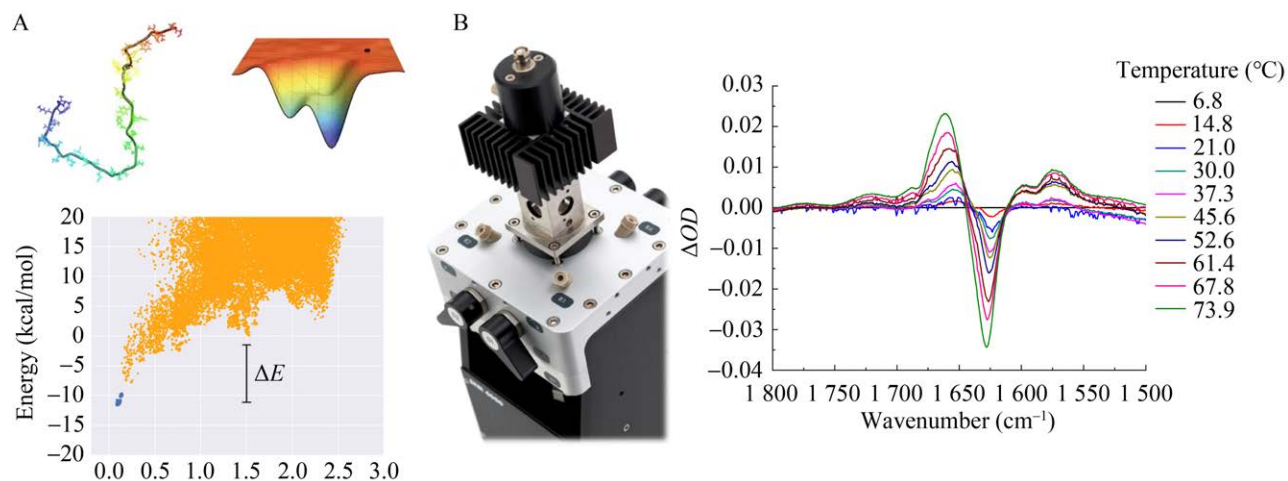


图 1 蛋白质折叠问题的理论模型和实验方法 A: 蛋白质折叠的漏斗型势能面。B: 蛋白质折叠反应的定量测量工具。左: 停流; 右: 温度跃迁的红外光谱。

Figure 1 The theoretical models and experimental methods for protein folding. A: Funnel-shaped energy landscape of protein folding models. B: Quantitative measurement tools for protein folding. Left: Stopped-flow; Right: Infrared spectroscopy of temperature jump.

内核的分子力场(Rosetta 打分函数)可以用于计算蛋白质折叠态与非折叠态构象及其能量。蛋白质折叠的速度是另一个关键物理参数。停流 stopped-flow 实验与温度跃迁 T-jump 实验均可定量表征折叠的快慢,学生应了解 α 螺旋与 β 折叠标志性的折叠时间(图 1B)。

从化学的角度区分蛋白质的主链(连续的肽键)与侧链(20 种化学基团)。首先,将蛋白质折叠比喻为水相(亲水的极性氨基酸侧链)与油相(疏水氨基酸侧链)的混合与相容。疏水侧链在内部,亲水侧链在外部,决定了蛋白质丰富多样的三级结构。

从几何的角度重点演示主链的 2 个二面角 Φ 与 Ψ 。借助可以实时转动的主链模型让学生自主构建 α 螺旋与 β 折叠标志性的二面角(如线上工具 <http://bioinformatics.org/molvis/phiPsi/>),从而了解蛋白质主链的二面角只有限定区间的取值。使用 Ramachandran 图加深主链构象与二级结构之间的关联。

1.2 实践操作与演示

Foldit 包含 3 个基本元素:(1) 蛋白质结构。Foldit 每一关预设了多种类型的三维结构,主链以“卡通”形式展现,侧链以“棒状”形式展现。(2) 主链和侧链的变构。学生可以直接用鼠标点击并移动主链和转动侧链。(3) 打分函数。Foldit 内设 Rosetta 全原子力场,并显示为打分条,分数越高表明结构越稳定,因此学生可以改变蛋白质主链或侧链结构后实时观察蛋白质稳定性的变化(图 2A)。具体地, Foldit 设置了过远空洞罚分(红色圆球),过近碰撞罚分(红色刺球),提示学生如何改良蛋白质整体折叠(图 2A)。

“摆动”与“摇动”:蛋白质结构预测中的难题是如何迅速找到合理构象。这一难题对于空间拓扑复杂的蛋白三维结构尤其突出。运用 Foldit 内置的 SHAKE 和 WIGGLE,笔者可以直

观地向学生演示复杂结构的优化。SHAKE 主动替换侧链的转子(rotamer),寻找侧链能量最低的组合;可以用 S 快捷开启 SHAKE,还可以鼠标右击一段结构片段选择 SHAKE (图 2B)。WIGGLE 同时优化主链二角合和侧链转子组合。快捷键 W、E、T 分别开启主链+侧链、侧链、主链这 3 种优化模式(图 2C)。

1.3 教学效果反馈

通过课堂问卷调查和课后学生访谈,收集了学生反馈来评估 Foldit 结合合成生物学教学的具体效果。基于学生兴趣点和课堂重难点的词频图,在未包含 Foldit 案例的课堂中,学生印象点比较宽泛,“蛋白质”占 81%,其余为“创新”“生物科技”“学会”“机器”等(图 3A);而包含 Foldit 的课堂中,学生的课堂印象丰富而具体,如“病毒”“修复”“抗原”“检测器”(图 3B)。通过前后比较和量化数据可以看出, Foldit 让“合成生物学”课堂发生了 3 点改变:(1) 兴趣范围更加广阔。问卷表明学生积极想了蛋白质元件在医美、增肌、环境保护方面的用途,例如“想设计皮肤受伤后促进恢复愈合不留疤痕的蛋白质”“可以在运动后快速增长的肌原纤维蛋白质”“用来降解水体中某些污染物或固废,让微生物帮忙处理”。(2) 实施方案更加具体。Foldit 独有的图形界面和实时反馈,指引学生具体想象,例如“定点识别两种特异 DNA 片段,分别结合 2 个基因,锁死该段 DNA 的复制与转录。这个蛋白质有一个可以结合糖链的基团,通过特殊编码的糖链解锁基因抑制”。(3) 学习目标更加明确。学过元件结构预测和功能设计的模块之后,学生反馈包含“为加入 iGEM 科研团队做准备”“认识蛋白中的键”“通过探究其背后的原理,为自己真正动手动脑创新别具一格、作用独特的生物分子机器做铺垫”,初步达到了合成生物学的教学目标。

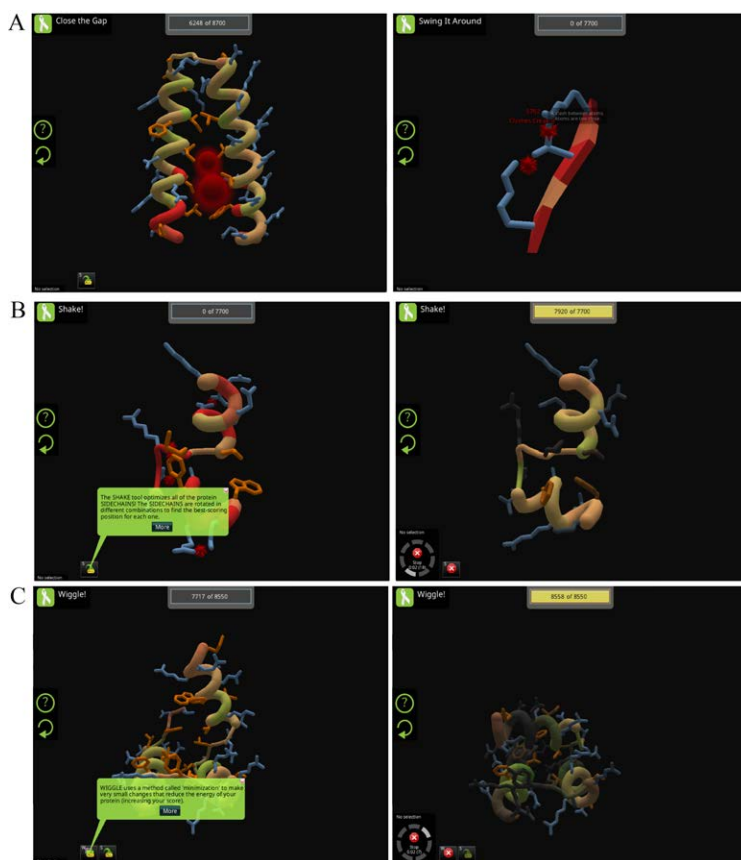


图2 Foldit 演示蛋白质折叠问题 A: Foldit 内置的过远空洞罚分和过近碰撞罚分, 打分条位于界面上方; B: SHAKE 的提示条和优化结构效果; C: WIGGLE 的提示条和整体优化效果。

Figure 2 Foldit demonstration of the protein folding problem. A: Foldit's built-in penalties for excessively distant cavities and closely collided atoms, with a scoring bar located centrally on top of the interface; B: SHAKE's hint bar and effects of structural optimization; C: WIGGLE's hint bar and effects of overall structural optimization.

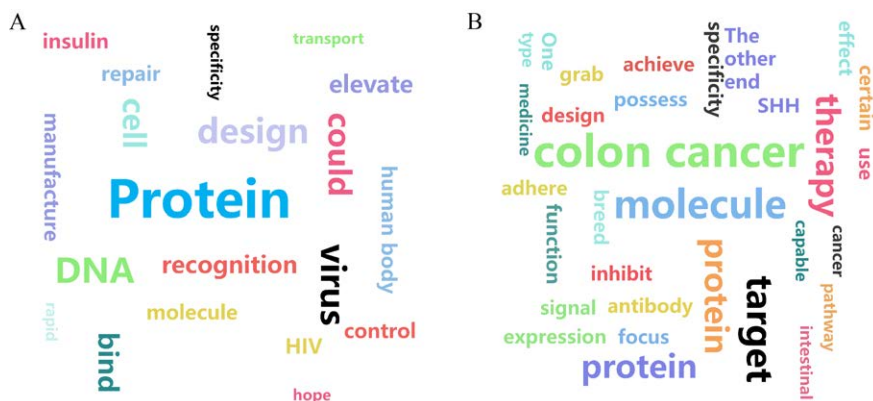


图3 课堂实践中使用 Foldit 的效果 A: 普通的教学模块中, 学生反馈的印象点宽泛; B: 包含 Foldit 实践的教学模块中, 学生的印象点具体而多样。

Figure 3 Effects of practicing foldit in classrooms. A: In regular teaching modules, students' impressions are broad; B: In teaching modules including Foldit, students' impressions are specific and diverse.

2 从结构到序列：“蛋白质设计”知识点传授与实践

将蛋白质设计引入本科课堂是一种新的尝试。蛋白质折叠关注一维序列如何形成三维结构，而蛋白质设计是其反问题(图 4A)：它从三维结构出发，找到一条或多条氨基酸序列，以人为指定的方式形成预设的结构和发挥预期的功能。如果说蛋白质折叠的课堂重点关注序列-结构关系，蛋白质设计的课堂则重点关注功能-结构互动。它们相互呼应，打通了序列-结构-功能这 3 个层次间的信息流动。在教学实践中，将功能层次分解为物质转化、能量转换、信号转导这 3 个方面，对应蛋白质-小分子作用设计、蛋白质-蛋白质界面优化等模块。根据学生对蛋白质设计课程章节的反馈，主要难点是设计理念与设计方法(Rosetta, RFDiffusion, ProteinMPNN 等)的具象化，Foldit Standalone 版本帮助学生将黑盒子一般的设计模型转变为眼前的图像，显著提升了学生对蛋白质设计的兴趣。

2.1 核心概念梳理

微循环与宏循环：经典方法 Rosetta 的基本概念包含 Pose, Mover, ScoreFunction (图 4B)。Mover 对 Pose 进行扰动，用打分函数判断是否

接受这次扰动，由此构成了蛋白质设计的微循环，也称 baby step。作为从头设计蛋白的代表，研究人员会为新的蛋白质构思一个形状：通常情况下，这一步需要拼凑一些其他蛋白质的碎片，然后软件会推导出与这种形状相对应的氨基酸序列，最后考察这个序列对应的势能面(与蛋白质折叠章节的知识点形成闭环)。

小改、中改、大改：作为蛋白质工程与合成生物学交叉领域的核心技术，蛋白质的小改是指点突变，简单地使蛋白质稳定性提高可以采取疏水核心紧密堆积或表面电势改变的方法。课堂中引导学生联想蛋白质折叠中学到的侧链化学性质，让学生在 Foldit Standalone 上自行设计稳定的蛋白质，并打分判断。蛋白质的中改主要指结构域(domain)的剪切和融合，超二级结构(motif)的组装和空间拓扑关系。蛋白质的大改包括从头设计，学生将构思自己的“蓝图”，传输给 Foldit Standalone 拼接结构片段。

2.2 操作技巧展示

Foldit Standalone 版本包含 4 种主要操作模式：Pull Mode, Design Mode, Structure Mode, Note Mode。Pull Mode 类似于 Foldit 对蛋白质三级结构的折叠与优化，Design Mode 允许学生进行氨基酸突变，Structure Mode 可改变骨架的

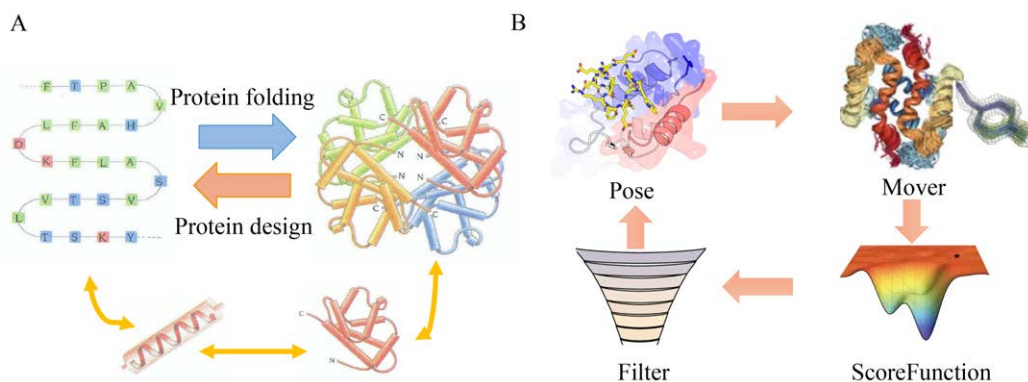


图 4 蛋白质设计问题 A: 蛋白质设计是蛋白质折叠的反问题; B: Rosetta 方法中 4 个要素的循环关系。

Figure 4 Protein design problem. A: Protein design as the inverse problem of protein folding; B: The circulation among the four key components of Rosetta.

<http://journals.im.ac.cn/cjbcn>

二级结构状态或用 Blueprint 蓝图文件拼接蛋白质片段, Note Mode 则帮助学生随时记下想法和注释。主要使用 Design Mode 演示蛋白质设计中的小改与中改。

限定范围的点突变: 设计“寻找稳定突变”的课堂实践环节。在指定的突变位点, 学生运用 Design Mode 全范围筛选 19 种可能的单点突变(图 5A), 再进行多个位点的组合突变, 现场进行稳定性打分和排序。

延伸二级结构片段: 结合神经退行性疾病中多种蛋白质错误折叠形成纤维态的现象, 演示溶液中天然蛋白质逐渐增加 β 折叠片长度(图 5B), 跟踪测量多种疾病相关蛋白(如 Ab,

α -synuclein, SOD1 等)在折叠-去折叠过程中构象转变的打分变化, 引导学生思考错误折叠的蛋白质是变得更稳定还是不稳定。

2.3 教学成果评估

蛋白质设计在新能源、新材料、医药、能源、食品、卫生等领域具有广泛的应用前景和丰富的实践素材。在这个模块中, 学生在 Foldit Standalone 中自己设计蛋白质, 加深对合成生物学与经济社会生活紧密联系的印象。在笔者的实践中, 试举天津大学生命学院教师的案例能够激发学生热烈地讨论: 如高效降解高结晶度聚对苯二甲酸乙二醇酯塑料(polyethylene terephthalate, PET)的催化系统用于生物修复,

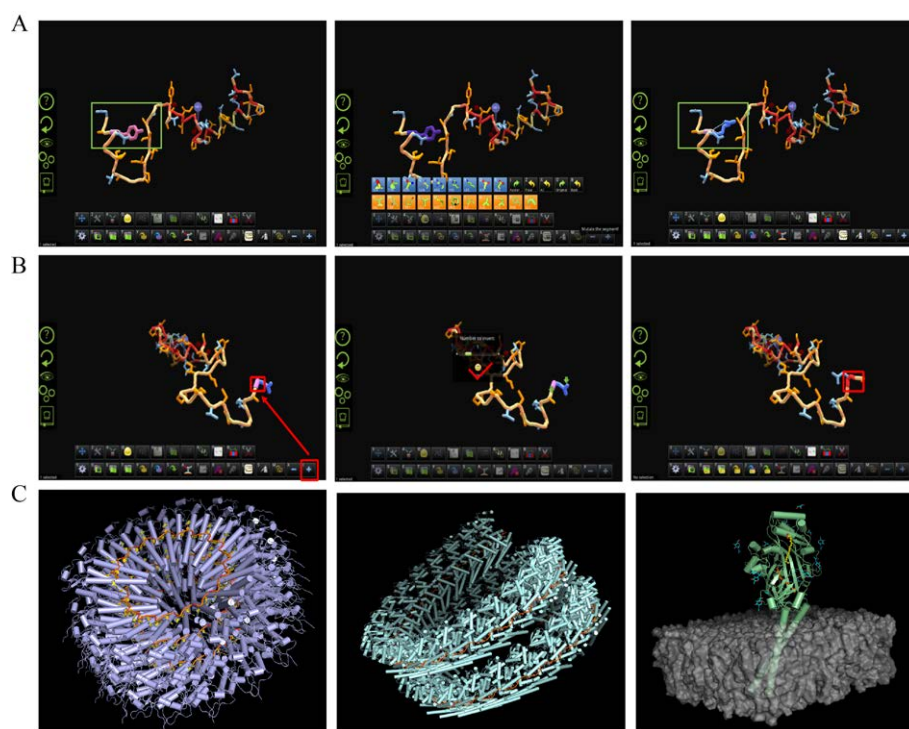


图 5 Foldit Standalone 演示蛋白质设计方法 A: 指定位点点突变, 绿色方框指示突变前后氨基酸侧链的变化; B: 延伸二级结构片段, 红色方框指示手动选择的增加 β 折叠片段位置; C: 学生团队运用 Foldit 设计元件的代表性案例: 衣壳蛋白和基因组的包装, 工程菌表面的分子外排蛋白泵。

Figure 5 Foldit Standalone demonstration of protein design methods. A: Site-directed point mutation, with the green boxes indicating changes in amino acid side chains before and after mutation; B: Extending secondary structure segments, with the red boxes indicating manually selected positions for adding β -sheet segments; C: Representative cases of student teams using Foldit to design proteins: capsid proteins and genome packaging, efflux pump proteins on the surface of engineered bacteria.

再生丝素蛋白的一维组装得到强度和硬度优于天然蛛丝的高性能生物基材料等^[9]；又如酶可以用于化学品制造或环境检测，是生物经济的“芯片”。学生表示，这些案例的应用激励了他们利用本课程的知识设计新酶，从源头创新，为生物工程提供“芯片”。

结合天津大学在“新工科”和培养卓越工程师方面的实践、路径和举措，医学、药学、能源、环境、材料、信息等不同专业背景的学生均汇聚在“合成生物学”的课堂中，以团队形式借助 Foldit 协同完成了交叉领域的项目设计，积累了一些有益的案例：(1) 健康领域。医学专业同学练习治疗型噬菌体的模型构建，比较衣壳蛋白和基因组的包装形式(左手或右手螺旋，图 5C)对包装效率的影响。(2) 环境领域。环境专业同学练习集“污染感知-降解功能自启-环境存留自限”于一体的工程化生物体建模，针对无机物与有机物(如汞、镉重金属和环境内分泌干扰物 EDC)分子特征，寻找适配的分子外排蛋白泵(图 5C)。(3) 材料领域。材料专业学生建造高强韧力学特性的结构蛋白质，以再生丝素蛋白为蓝本，增加或减少结构基元，模拟拉伸和去折叠动态。以上均可作为 Foldit 在实际教学过程中的应用实例。

3 总结与展望

与生命相关的大分子(蛋白质、核酸、多糖)和大分子聚集体(磷脂双分子层等膜系统)之中，只有蛋白质需要折叠之后才能发挥其主要生物功能。蛋白质是多种生命形式中核心的分子机器，因而折叠的本质可看作是从无生命到生命的跨越。蛋白质设计则融合了结构预测、分子模拟、稳定性改造等技术，解析复杂生命分子的构造规律，能够实现从“解读生命”到“设计、创造生命”的跨越。为贯彻合成生物学“设计-合成-测试-学习”循环理念中“设计”环节的关键需求，与现代生物技术接轨的合成生物学教学方案亟待引入元件的数字化设计与数字化表示。

本文聚焦蛋白质元件序列或结构的数字化展示，基于 Foldit 软件包给学生搭建了可动手操作的线下案例，再结合线上资源库(如 PDB 数据库)，直面蛋白质折叠与蛋白质设计课程中抽象难理解的难点。

Foldit 是以定量分子力场为核心的图形化大分子设计平台。现今，AI 驱动的分子力场与分子设计显著提升了预测精度和设计准确度，有望成为推动合成生物学产业数字化和智能化的源动力，并将深刻改变合成生物学教学模块的核心驱动和内在逻辑^[10]。在今后的课堂中，学生用 Foldit 设计的分子不但可以通过内置的打分来筛选，还可以结合 AlphaFold 等 AI 模型去验证，使用 RFdiffusion 和 ProteinMPNN 等深度学习网络优化，更多融合了 AI 技术的元件设计案例还将涌现。

生物科学本科教学的发展通过汇聚不同领域的理论和方法，逐渐从定性描述和分析走向工程改造和定量测量。在掌握蛋白质折叠的关键知识后，学生依据蛋白质“折叠-解折叠”平衡过程的热力学和动力学原理，可以从头创造全新的序列，合理设计稳定的结构，控制复合物的形貌，使用人工设计蛋白来改造免疫细胞、抑制病原微生物、或调控神经感知。蛋白质设计突破了生命发生与进化的自然法则，促进了对生命密码从“读”到“写”的跨越，打开了从非生命化学物质向生命物质转化的大门，在生物技术颠覆式创新方面为学生展现了无限的潜力。

作者贡献声明

祝诚：方案设计、初稿写作、稿件润色修改、经费支持；韩玉琦：数据管理、稿件润色修改；赵婉彤：提供材料；叶升：监督指导。

作者利益冲突公开声明

作者声明没有任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

REFERENCES

- [1] 丁明珠, 李炳志, 王颖, 谢泽雄, 刘夺, 元英进. 合成生物学重要研究方向进展[J]. 合成生物学, 2020, 1(1): 7-28.
- [2] 操帆, 陈耀晞, 缪阳洋, 张璐, 刘海燕. 蛋白质计算设计: 方法和应用展望[J]. 合成生物学, 2021, 2(1): 15-32.
- [3] AlphaFold 结构预测的重大突破及其对蛋白质研究的影响与挑战[J/OL]. 生物化学与生物物理进展, 2024. DOI: 10.16476/j.pibb.2024.0374.
- [4] 赵国屏. 会聚研究内核与赋能人类潜质: 合成生物学的机遇和挑战[J]. 张江科技评论, 2023(5): 2.
- [5] COOPER S, KHATIB F, TREUILLE A, BARBERO J, LEE J, BEENEN M, LEAVER-FAY A, BAKER D, POPOVIĆ Z, PLAYERS F. Predicting protein structures with a multiplayer online game[J]. Nature, 2010, 466: 756-760.
- [6] 倪山川, 吕凌峰. Science2.0 背景下的游戏化科研发展与挑战[J]. 江淮论坛, 2019(1): 136-139, 192.
- [7] 徐忠伟, 单娜娜, 徐瑞成, 周欣. 在线 Foldit 游戏软件在蛋白质空间构象教学中的应用[J]. 中国高等医学教育, 2011(9): 41-42.
- [8] 饶毅. 总结 20 世纪中国生命科学八项重要研究知识分子 [EB/OL]. [2022-01-02]. <http://www.zhishifenzi.com/news/biology/12078.html>.
- [9] 刘晶, 孙韬, 黄金海, 彭予心, 王汉杰. “强基计划”背景下生物学实验教学改革: 以“生物学综合设计”课程为例[J]. 生物工程学报, 2022, 38(7): 2655-2664.
- [10] 刘海燕. 人工智能: 开启生物体系计算设计的新篇章[J]. 合成生物学, 2023, 4(3): 1-3.