


新增功能目录页左上角logo可跳转主页面



登录

Protein sequence

GIVEQCCTSIC
SLYQLENYCN...

Refseq

蛋白质低同源检索

V0.5

打破同源束缚，大幅扩展可检索空间与效率，实现序列无关的新型TnpB蛋白高效发现，速度提升十倍，成功鉴定世界最小活性TnpB。

蛋白质 检索 向量数据库 Embedding

Protein structure recovery

蛋白质结构补齐

V1.0

基于柔性感知SE(3)编码与物理几何约束，实现结构缺失片段的极速、物理可行且整体一致的自动补齐，显著优于传统采样建模，支持网页交互式操作。

蛋白质 结构补齐 插入片段

Protein sequence

...ANRKVSLQRY
REKRKDRKFSK
AKKEKRKEKS...

< 1 min

蛋白质结构预测

V1.0

打造高效高精度蛋白质结构预测模型，以十分之一时间实现 AlphaFold3 90% 性能，平均推理小于一分钟。

蛋白质 结构预测

Protein structure

...ANRKVSLQRY
REKRKDRKFSK
AKKEKRKEKS...

蛋白质逆向折叠

V1.0

模型结合实验柔性信息和先进生成技术，高效设计能自发折叠实现功能的可合成氨基酸序列，将结构设想快速转化为实际分子，全面提升效率与精度。

蛋白质 逆折叠 序列设计

Tm optimized

Codon optimization



AI驱动的生物智造平台

通过AI × 生物实验平台的深度融合，重塑生命科学研究范式，推动
新药研发、蛋白质工程与绿色生物制造的发展。

立即体验

关于我们

国际先进生物智造平台

合肥源维生物科技有限公司 (NovoBiotech@HiDimension)
致力于打造自主可控、国际先进的生物智造平台。公司由中国科学技术大学科学家团队创立，核心成员具备人工智能、生物信息学、结构生物学、肿瘤免疫及合成生物学等多学科背景。



公司愿景

打造具国际影响力的智能平台

公司愿景是通过 AI × 生物实验平台的深度融合，重塑生命科学研究范式，推动新药研发、蛋白质工程与绿色生物制造的发展，打造具有科大特色和国际影响力的智能化生物研发与应用平台。



技术核心

自主研发HiModel基础大模型

依托自主研发的 HiModel 基础大模型体系，源维生物构建了涵盖数据采集与清洗、AI 模型训练与验证、实验验证与产品转化的闭环体系。我们的 Bioo 系列模型聚焦生物大分子挖掘、结构预测与从头设计，Hyper 系列模型面向具体生物学场景进行优化与应用，推动从基础研究到产业化的高效转化。



合作共赢

期待与您携手，共创未来

合作方向

- 大分子AI模型联合开发
- 蛋白优化、药物研发、合成生物学应用

联系我们

邮箱: zhr123456@mail.ustc.edu.cn
电话: +86-0551-63800406
传真: 86-0551-3600406



© 2025 合肥源维生物科技有限公司. All Rights Reserved.
皖ICP备2025095675号 皖公网安备34019202002620号

© 2025 合肥源维生物科技有限公司. All Rights Reserved.
皖ICP备2025095675号 皖公网安备34019202002620号

完善了公司信息

新增用户任务列表，并带有检索功能。
可登录后点击“用户头像-我的任务”查看

zhangsan@example.com

我的任务

修改信息

修改密码

退出登录

HiDimension
NovoBiotech

我的任务

返回功能目录

搜索任务类型或时间（例如：蛋白质、2025-09-01 10:25）

搜索重置

任务类型	提交时间	完成时间	操作
蛋白质低同源检索	2025-09-01 10:25:20	2025-09-01 10:25:40	查看
蛋白质结构补齐	2025-09-01 10:25:20	2025-09-01 10:25:40	查看

提示：当前为演示数据，后续可以替换为真实接口返回的列表。

可使用字段检索历史任务，点击重置以复位

新增用户信息修改和密码修改，
可登录后点击“用户头像-修改信息/修改密码”



蛋白质低同源检索

基于 BiooSeek0.5 模型，高效完成低同源场景下的快速检索与比对任务。

输入 可选参数

输入蛋白质FASTA序列

MQYKLILNGKTLKGETTTEAVDAATAEKVFKQYANDNGVDGEWTYDDATKTFTVTE

或上传FASTA文件

选择文件

未选择任何文件

运行检索

清空

能力介绍 使用示例

使用示例

点击下方图片可查看完整大图。

蛋白质低同源检索（BiooSeek0.5）使用示例

一、准备输入

准备蛋白质氨基酸序列文本（如 "GIVEQCCTSCSLYQLENYCN..."），或标准.fasta 文件（首行 ">" 开头加序列标识，第二行前为氨基酸序列），例如：

```
代码块
1 >protein_sample
2 GIVEQCCTSCSLYQLENYCNVLSPADKTN
```

二、设置参数与提交

1. 进入工具“输入”板块：
- 输入数据：直接粘贴序列到输入框，或点击“选择文件”上传.fasta 文件。
 - 选择数据库：可选 Refseq系列（细菌 / 古菌 / 病毒 / 真菌 / 植物）和 UniProt 系列（Swiss-Prot / TrEMBL）。
 - 设置返回条数：输入自定义数字，或选择预设的 10/20/50/100 条（按余弦相似性 score 排序）。
2. 点击“运行检索”开始任务，弹窗新操作点“清空”。

三、查看与获取结果

1. 结果预览：检索完在“输出”板块查看结果，表格含输入查询名、匹配蛋白 ID、score、匹配序列、匹配蛋白名。例如：

Query	Protein ID	Score	Sequence	Name
Query1	XP_12045	0.95	MVLSPADKTN...	Protein kinase
Query1	XP_12145	0.94	MVLSPADKTN...	Protein kinase

2. 结果保存：点“下载结果 (.csv)”获取文件，也能点“复制预览”复制临时结果。

下载示例输入（FASTA）

下载示例输出（CSV）

新增示例输入和输出文件的下载！