

首届中国昆虫基因组学及国际“5000种昆虫基因组（i5k）计划” 研讨会通知（第二轮）

文章来源：动物研究所

发布时间：2013-12-09

【字号：小 中 大】

本次会议将于12月14日至15日在北京举办。研讨会将采用大会特邀报告和专题报告的形式，从全基因组测序、功能基因组学、进化和比较基因组学、生物信息学分析技术等多个主题，来探讨昆虫基因组学未来发展趋势，以及如何推进基因组学在害虫防治、资源昆虫利用、药物靶点开发及进化生物学等方面的应用问题，并酝酿“中国昆虫基因组测序联盟”等事宜。

会议报到时间：12月13日，上午10：00至下午5：00

会议报到地点：中国科学院动物研究所A座1楼大厅；（具体地址：北京市朝阳区北辰西路1号院5号，见附地图）

会议收费：注册费1000元，包括提供与会者的接待、会议资料准备、会议餐费等费用。参加人员的交通、住宿费自理。

报告人的注册费免收。

注册费现场缴纳或者汇款；若汇款请在12月13日前完成，并注明会议名称，参会人姓名，和发票抬头单位。动物所内的老师可以自行转账。

单位开户名称：中国科学院动物研究所

开户银行（全称）：中国工商银行北京市海淀区支行

银行帐号：0200004509088125063

住宿安排：

本次会议住宿安排酒店为“亚奥国际酒店”，距离动物所10-15分钟步行路程，为距离动物所较近，容纳力较强，条件较好的酒店，酒店提供早餐。标准间430元/间，特价房（无窗户，只有15间）350/间，具体地址和联系方式：北京市朝阳区北沙滩大屯路甲一号，(010)64874433；

其它附近旅馆信息（可自行联系）：

7天招待所（农机院内）：010-64870977；

中科院生物物理所宾馆：010-64888615；

如家奥林匹克店：010-52082998；

会务联系人：

中国科学院动物研究所 王宪辉

电话：010-64807220 13718241944 电子邮件：wangxh@ioz.ac.cn

中国科学院动物研究所 任珊珊

研讨会组织委员会:

主 席: 康乐院士 (中国科学院动物研究所);

成 员: 戈峰 (中国科学院动物研究所);

王俊 (深圳华大基因研究院);

尤民生 (福建农林大学);

黄勇平 (中国科学院上海生科院);

张文庆 (中山大学);

陈学新 (浙江大学);

王桂荣 (中国农科院植保所);

李飞 (南京农大);

赵云鲜 (Insect Science 编辑部);

周欣 (深圳华大基因研究院);

王宪辉 (中国科学院动物研究所)

秘书: 王宪辉; 周欣; 任珊珊

主办单位:

中科院动物研究所农业虫害鼠害综合治理研究国家重点实验室;

深圳华大基因研究院;

中国科学院生命科学院;

中国昆虫学会;

Insect Science 杂志编辑部。

会议日程安排:

会议日程 (如下日程以当日研讨会公布为准)			
时间	报告题目	演讲人	主持人
2013 年 12 月 13 日 星期五			
10:00-17:00	代表签到 (中国科学院动物研究所 A 座 1 楼大厅)		
18:00-20:00	欢迎晚宴 (中科院奥运园区奥北天香酒店)		
2013 年 12 月 14 日 星期六 (B-105 报告厅, C101 视频)			
08:30-11:40	特邀报告		
08:30-08:40	研讨会开幕式, 所领导发言		
08:40-9:20		杨焕明	戈峰

09:20-10:00	基因组学时代的昆虫学研究	康乐	
10:00-10:20	茶歇, 集体留影		
10:20-11:00	基因组学及产业发展趋势	王俊	戈峰
11:00-11:40	鳞翅目昆虫遗传转化研究	黄勇平	
11:40-13:30	午餐		
13:30-17:00	Denovo 基因组测序		
13:30-13:50	<i>Plutella xylostella</i> genome reveals the adaptive capacity of a worldwide herbivore	尤民生	黄勇平
13:50-14:10	褐飞虱及其 2 种内共生菌的互作基因组	张传溪	
14:10-14:30	Genome sequencing project of a polyphagous agricultural pest, the oriental leafworm moth, <i>Spodoptera litura</i>	冯启理	
14:30-14:50	中国绢丝昆虫基因组计划及其资源保存利用	程廷才	
14:50-15:10	Genomic analyses reveal the molecular mechanism of pyrethroid insecticide resistance in <i>Anopheles sinensis</i>	陈斌	
15:10-15:20	茶歇		
15:20-15:40	稻螟虫基因组的测序进展	李飞	尤明生
15:40-16:00	飞蝗全基因组测序研究	王宪辉	
16:00-16:20	烟粉虱基因组工程简介	谢文	
16:20-16:40	Two spider genomes provide insight into composition, function and evolution of venom and silk	江炫霆	
16:40-17:00	DBM-DB: the diamondback moth genome database	何玮毅	
17:00-18:30	晚餐		
18:30-20:35	生物信息学和技术讲座 (B-105 报告厅)		
18:30-18:55	基因组 de novo 测序技术的基本原理	刘山林	王宪辉

18:55- 19:20	转录组测序及其组装、分析技术	杨鹏程	
19:20- 19:45	高维特征选择与直接分类	袁哲明	
19:45- 20:10	多肽组技术研究及应用	林志龙	
20:10- 20:35	表观遗传学基本原理和分析技术	李启业	
18:30- 20:30	“i5K” 中国昆虫基因组测序联盟讨论会（邀请制）（ C101 会议室）		
2013 年 12 月 15 日 星期天（ B-105 报告厅， C101 视频）			
08:30- 12:00	功能基因组学研究		
08:30- 08:50	媒介昆虫的功能基因组学进展	邹振	陈学新
08:50- 09:10	基于全基因组测序的昆虫反向化学生态学的研究	王桂荣	
09:10- 09:30	Modulation of Anopheles stephensi gene expression by nitroquine, an antimalarial drug against Plasmodium yoelii infection in the mosquito	张健	
09:30- 09:50	基于组学的飞蝗发育的内分泌调控研究	周树堂	
09:50- 10:10	飞蝗 GST 基因的转录组分析及杀虫剂解毒功能研究	张建珍	
10:10- 10:20	茶歇		
10:20- 10:40	斜纹夜蛾变态发育过程中中肠和表皮基因表达分析与调控	黄立华	邹振
10:40- 11:00	飞蝗长非编码 RNA 鉴定和表达特征分析	陈兵	
11:00- 11:20	凹缘菱纹叶蝉 (<i>Hishimonus sellatus</i> Uhler) 及枣疯病 (JWB) 植原体的全基因组测序	王进忠	
11:20- 11:40	基因组水平调控褐飞虱几丁质合成的 microRNA 网络及功能研究	陈洁	
11:40- 12:00	DNA sequencing reveals the midgut microbiota of diamondback moth, <i>Plutella xylostella</i> (L.) and a possible relationship with insecticide resistance	夏晓峰	

12:00-13:30	午餐		
13:30-16:20	比较和进化基因组学		
13:30-13:50	Segmental duplications and copy number variations in the silkworm genomes	张泽	周欣
13:50-14:10	家蚕驯化过程中内含子进化历程研究	朱政霖	
14:10-14:30	SPY: a novel superfamily of eukaryotic DNA transposons without target site duplications (TSDs)	韩民锦	
14:30-14:50	蚜虫线粒体全基因组及进化意义	黄晓磊	
14:50-15:00	茶歇		
15:00-15:20	利用转录组 de novo 测序进行大尺度昆虫进化关系的构建: 1KITE 项目	周欣	李飞
15:20-15:40	社会昆虫, RNA 编辑 —— 调控蚂蚁等级分化和劳动分工的新表观机制	李启业	
15:40-17:00	闭幕式		
15:40-16:20	蝴蝶基因组测序和进化分析 (特邀报告)	王文	康乐
16:20-17:00	康乐院士发言		

打印本页

关闭本页