

第二届江苏省生物信息学学术会议将于2009年6月13日在南京航空航天大学召开。会议由江苏省生物医学工程学会生物信息学专业委员会主办，南京航空航天大学承办。

一、会议主题

本次会议旨在进一步加强江苏省内各研究单位和相关领域研究人员的学术交流，促进合作研究，推动江苏省生物信息学的发展。

会议安排大会特邀报告、大会报告和研究生学术报告等内容。欢迎生物信息学及相关领域的学者、研究生前来参加会议。

二、会议时间和地点

签到时间：2009年6月13日上午8：00 ~ 8：30

会议时间：2009年6月13日全天

会议地点：南京航空航天大学（明故宫校区）图书馆四楼报告厅

三、会议注册

本次会议不收取注册费，并提供午餐。请准备参加本次会议的人员填写注册单，并于6月5日之前返回到会务组（Email发至xfsong.nuaa@gmail.com）。

四、会议组织委员会

孙啸 东南大学

宋晓峰 南京航空航天大学

王进 南京大学

许晓风 南京师范大学

王炜 南京大学

李飞 南京农业大学

马飞 南京师范大学

郑珩 中国药科大学

方慧生 中国药科大学

张革新 江南大学

李建民 南京医科大学

何洁月 东南大学

高军晖 江苏无锡维新技术研究所

张迎 南京金斯特科技有限公司

沈百荣 苏州大学

五、联系方式

宋晓峰 (xfsong@nuaa.edu.cn)，025-84891938，13770629401

谢建明 (xiejm@seu.edu.cn)，025-83795174，13814098167

孙啸 (xsun@seu.edu.cn)，025-83795174，13951989906

会议日程

一. 开幕式

8: 30 — 9: 00 致欢迎词

领导致词

专家合影

二. 学术报告

1. 特邀报告（主持人：孙啸教授）

9:00 — 9:40 用机器学习生物学：实例和挑战

（张学工教授 清华大学）

9:40 — 10:20 新一代DNA测序技术的展望和研究进展

（陆祖宏教授 东南大学）

10:20 — 10:40 茶休

2. 大会报告一（主持人 宋晓峰教授，每人20分钟）

10:40 — 11:00 转录调控序列的信号特征与预测

（王进教授 南京大学）

11:00 — 11:20 遗传密码的信息内涵与偏爱使用

（许晓风教授 南京师范大学）

11:20 — 11:40 选择性基因的起源和进化性分析

（马飞教授 南京师范大学）

11:40 — 12:00 面向基因转录调控的生物信息分析

（孙啸教授 东南大学）

3. 午餐（12: 00—13: 30）

4. Inforsense产品介绍（上海康昱盛科技有限公司）13:30 — 13:45

5. 大会报告二（主持人：王进教授，每人20分钟）

13:50 — 14:10 国际性难题暨远距离同源蛋白模建及比对解决的基本策略

(方慧生教授 中国药科大学)

14: 10 — 14: 30 蛋白质共进化残基分析研究进展

(郑珩教授 中国药科大学)

14: 30 — 14: 50 Insect-Specific microRNA Involved in the Development of the Silkworm Bombyx mori

(李飞教授 南京农业大学)

14: 50 — 15: 10哺乳动物X连锁睾丸表达mi RNA的快速进化

(郭雪江博士 南京医科大学)

15: 10 — 15: 30 BioNetSim: 生物化学反应模拟软件的设计与开发

(高军晖主任 江苏无锡维新技术研究所)

15: 30 — 15: 50 蛋白质半衰期与氨基酸序列特性

(宋晓峰教授 南京航空航天大学)

15: 50 — 16: 00 茶休

6. 研究生报告

分组报告一: 生物信息分析方法与工具 (地点: 小会议室)

(主持人: 许晓风教授, 每人15分钟)

16: 00 — 16: 15线粒体基因网络的构建

(高嵩 南京大学)

16: 15 — 16: 30 FragAnchor: 采用定性得分用于在真核细胞蛋白质序列中糖基化磷脂酰肌醇锚的大规模的预测工具

(艾观华 中国药科大学)

16: 30 — 16: 45 SCWRL3.0: 一种常用侧链预测软件介绍

(郭城 中国药科大学)

16: 45 — 17: 00网络工具在整合膜蛋白预测中的应用

(杨洪乾 中国药科大学)

17: 00 — 17: 15 pre-mi RNA序列及二级结构特性分析

(胡丽珍 南京航空航天大学)

17: 15 — 17: 30基于损失最小化的决策导向支持向量机结构选择

(易辉 南京航空航天大学)

分组报告二: 基因组及蛋白质组分析 (地点: 报告厅)

(主持人: 郑珩教授, 每人15分钟)

16: 00—16: 15 Large-scale identification of odorant-

binding proteins and chemosensory proteins from expressed sequence tags in insects

(许亚龙 南京农业大学)

16: 15 —

16: 30 Discovering conserved insect microRNAs from Expressed sequence tags with support vector machine

(贾启东 南京农业大学)

16: 30 — 16: 45非核糖体寡肽及非核糖体寡肽合成酶基因的生物信息分析

(薛文达 南京师范大学)

16: 45 — 17: 00 人类syndrome疾病基因编码区碱基突变特征分析

(张磊 南京师范大学)

17: 00 — 17: 15 蛋白质结构预测的进展和挑战

(周建红 中国药科大学)

17: 15 — 17: 30 重复序列衍生的mi croRNA的计算分析

(袁志栋 东南大学)

三. 闭幕式

17: 30 会议总结发言 (孙啸教授 专委会主任)

17: 40 会议结束

2009第二届江苏省生物信息学学术会议

注册单

姓名 职务/职称

工作单位 专业方向

通讯地址 邮政编码

Email地址 联系电话

注册单返回给会务组, 推荐使用电子邮件发送注册单。

注册单发至如下邮箱: xfsong.nuaa@gmail.com

返回首页