

生物信息学与智能信息处理 2018 年学术会议日程

6月15日 14:00-18:00 会议报到、现场注册		
6月15日 18:00-19:00 自助晚餐（全日制餐厅）		
6月16日（津利华酒店二楼风华厅前半厅）		
9:00-9:30	开幕式、合影	主持人：唐继军
9:30-10:20	大会特邀报告：王向东 题目：基于基因异质性思考治疗策略	主持人：唐继军
10:20-10:40	茶歇	
10:40-11:30	大会特邀报告：蔡禄 题目：粉尘胁迫大鼠动物、细胞模型构建及相关基因可变剪接的生物信息学分析	主持人：高琳
11:30-13:30	自助午餐（全日制餐厅）、午休	
13:30-15:30	会议口头报告（6位）	主持人：张浩、王颖
15:30-15:50	茶歇	
15:50-17:40	会议口头报告（6位）	主持人：赵兴明、宋晓峰
18:00-20:00	晚宴（津利华酒店二楼风华厅后半厅）	
20:00-22:00	专委会会议（津利华酒店二楼风华厅前半厅）	
6月17日（津利华酒店二楼风华厅前半厅）		
9:10-10:10	大会主旨报告：元英进（吴毅代替） 题目待定	主持人：汪小我
10:10-10:30	茶歇	
10:30-11:30	大会主旨报告：戴琼海 题目：从脑科学到人工智能的前沿问题	主持人：张学工
11:30-14:00	自助午餐（全日制餐厅）、午休	
14:00-14:50	大会特邀报告：江瑞 题目：Deep Learning towards Understanding Gene Regulation	主持人：刘元宁
14:50-15:10	茶歇	
15:10-16:45	会议口头报告（5位）	主持人：姜伟、古槿
16:45-17:20	闭幕式	
17:30-18:30	自助晚餐（全日制餐厅）	

口头报告具体安排

6月16日 13:30-15:30 主持人：张浩、王颖		
时间	论文标题	报告人
13:30-13:55	Matrix Factorization for Data Integration in Bioinformatics	张世华(中国科学院数学与系统科学研究院)
13:55-14:20	单细胞基因表达数据的低维表示	古槿(清华大学)
14:20-14:45	Integrated regulatory-metabolic network modeling and application in strain design	王卓(上海交通大学)
14:45-15:00	Meta Metric Learners for Few-shot Learning	王铎(清华大学)
15:00-15:15	An algorithm for fast and accurate multiple protein structure alignment	董润泽(南开大学)
15:15-15:30	Pathogenic function-related small RNAs classification model of Phytophthora infestans base on Random Forest	常浩武(吉林大学)
6月16日 15:50-17:40 主持人：赵兴明、宋晓峰		
15:50-16:15	基于分子对接的对称同源寡聚体蛋白质结构预测	黄胜友(华中科技大学)
16:15-16:40	RECTA: Regulon Identification Based on Comparative Genomics and Transcriptomics Analysis	陈鑫(天津大学)
16:40-16:55	mTM-align: a server for efficient protein structure database search	潘硕(南开大学)
16:55-17:10	Deep learning approach for enhancing the prediction of the sparsely distributed contact maps in protein structure modeling	冯世豪(上海交通大学)
17:10-17:25	基于染色质开放性和深度学习的功能基因组注释与分析	魏征(清华大学)
17:25-17:40	Improving the prediction of protein-nucleic acids binding residues via multiple sequence profiles and the consensus of complementary methods	宿鸿(南开大学)
6月17日 15:10-16:45 主持人：姜伟、古槿		
15:10-15:35	An Integrated Clinical Decision-making Scheme (ICDS) for Predicting the Risk Factors of Second Primary Cancers	张启昌(台湾中山医学大学)
15:35-16:00	The Cross-Entropy Based Multi-Filter Ensemble Method for Gene Selection	李小波(丽水学院)
16:00-16:15	COACH-D: improved protein-ligand binding sites prediction with refined ligand-binding poses through molecular docking	武琦(南开大学)
16:15-16:30	Discovering personalized driver mutation profiles of single samples in cancer by network control strategy	李岩(西北工业大学)
16:30-16:45	Accurate prediction of DNA/RNA solvent accessibility with deep neural network and improved sequence profile	孙赛赛(南开大学)