

## 第四届江苏省生物信息学学术会议日程

### The 4th Bioinformatics meeting of Jiangsu Province, Program

2013年4月20日, 南京师范大学生命科学学院三楼报告厅

8:00—9:00	签到, 领取资料	
<b>开幕式</b> (主持人: 马飞)		
9:00—9:30	南京师范大学校领导致辞 江苏省生物医学工程学会 顾宁 理事长致辞 合影	
<b>特邀报告</b> (主持人: 许晓风, 李飞)		
时间	题目	报告人
9:30—10:05	Dynamical network biomarkers for identifying critical transitions and their driving networks of biological processes	陈洛南 (上海生命科学研究院)
10:05—10:40	缺氮胁迫环境下大肠杆菌基因组的适应性进化研究	林 魁 (北京师范大学)
10:40—10:50	茶 歇	
10:50—11:25	大规模基因组测序结合小鼠模型筛选肿瘤驱动基因	陈礼明 (东南大学)
11:25—12:00	The evolution and origin of animal Toll-like receptor signaling pathway revealed by network-level molecular evolutionary analyses	马 飞 (南京师范大学)
午餐 12:00—13:00		
<b>大会报告</b> (主持人: 王进, 宋晓峰)		
13:30—13:50	P53 信号转导网络动力学和功能	刘 锋 (南京大学)
13:50—14:10	Discovery and Characterization of a Mutated <i>Copia</i> -like LTR Retrotransposon in Tomato	杜建厂 (江苏省农业科学院)
14:10—14:30	蚕卵性状快速识别系统设计	潘沈元 (江苏师范大学)
14:30—14:50	利用低拷贝核基因重建蔷薇类超目类群的系统发育关系	朱新宇 (南通大学)
14:50—15:10	Influenza pandemic early warning research on HA/NA protein sequences	高 洁 (江南大学)
15:10—15:30	Close Association between Multiple IsomiRs and miRNAs Unveils Evolutionary and Functional Relationships	郭 丽 (南京医科大学)
15:30—15:40	茶 歇	

<b>第一分组报告</b> （主持人：朱平，郑珩）		
15:40—15:55	基于关联性特征的宏基因组测序片段分装方法	丁 啸 (东南大学)
15:55—16:10	人类蛋白泛素化位点的结构信息分析	赵 健 (南京航空航天大学)
16:10—16:25	DNA\RNA 结合残基预测平台 XBindR	马 昕 (南京审计学院)
16:25—16:40	蛋白质的 $\gamma$ -转角预测	周素侠 (中国药科大学)
16:40—16:55	组织特异性基因和疾病基因在转录调控网络中的特性	李彭平 (南京大学)
16:55—17:10	与人类疾病和性状相关的同义变异分析平台	刘 丽 (东南大学)
17:10—17:25	哺乳动物蛋白质泛素化位点数据库构建	陈 峰 (南京航空航天大学)
<b>第二分组报告</b> （主持人：方慧生，谢建明）		
15:40—15:55	文昌鱼（Branchiostoma floridae）基因组中 microRNA 的预测及家族进化分析	李亚芳 (南京师范大学)
15:55—16:10	mirMiner: 从高通量测序数据中预测 miRNA 的工具	张广鑫 (南京大学)
16:10—16:25	基于乳腺癌 miRNA-mRNA 交互作用筛选潜在标记物	杨 晟 (南京医科大学)
16:25—16:40	昆虫转录组中 microRNA 的生物信息学预测	刘 莹 (南京农业大学)
16:40—16:55	葡萄 ta-siRNA 及其调控级联的辨识	张 硕 (金陵科技学院)
16:55—17:10	转座元件与 miRNA 及其靶位点的起源相关	秦 笙 (南京师范大学)
17:10—17:25	Multi-target Inhibitors for Metallo- $\beta$ -lactamases: In Silico Discovery	陈 姣 (中国药科大学)
<b>闭幕式</b> 17:30—17:40	孙 啸	