

# 第 14 届计算系统生物学国际会议 (ISB 2022)

## 会议日程

2022 年 8 月 19—22 日

腾讯会议: 285-344-977 会议密码: 220820

会议日程	
2022 年 8 月 10 日—8 月 19 日 星期五 开放注册	
8 月 19 日 星期五 (全体注册)	
20:00-21:00	中国运筹学会计算系统生物学分会理事会 (#腾讯会议: 670-2885-6490) (主持人: 张世华)
8 月 20 日 星期六 (全天会议)	
20:00-21:00	中国生物化学与分子生物学会分子系统生物学分会专委会 (#腾讯会议: 670-2885-6490) (主持人: 汪思佳)
8 月 21 日 星期日 (全天会议)	
20:00-21:00	中国生物工程学会系统生物医学专业委员会专委会 (#腾讯会议: 670-2885-6490) (主持人: 陶生策)
8 月 22 日 星期一 (全天会议)	
17:00-17:05	会议闭幕

# 第 14 届计算系统生物学国际会议 (ISB 2022)

## 会议日程

2022 年 8 月 20 日 星期六 (8:30am – 17:00pm)

腾讯会议: 285-344-977 会议密码: 220820

时 间	报告人	单 位	报告题目
<b>8:30-10:20 主持人: 周天寿</b>			
<b>8:30-9:00 陈洛南、董秋仙、吴家睿、韩泽广、周天寿等嘉宾致开幕词</b>			
9:00-9:40	刘海燕 (特邀)	中国科技大学	Data-driven de novo protein design with neural networks and deep learning
9:40-10:20	邢建华 (特邀)	匹兹堡大学	Reconstructing cell phenotypic transition dynamics from single cell data
<b>10:20-10:30 休息</b>			
<b>10:30-12:10 主持人: 张世华</b>			
10:30-10:50	王泽峰	中科院上海营养与健康研究所	Increasing proteome complexity at RNA level
10:50-11:10	曹 罡	华中农业大学	单细胞多组学技术的开发与运用
11:10-11:30	金锁钦	武汉大学	Modeling and analyzing cell-cell communication from single-cell RNA sequencing data
11:30-11:50	张晓飞	华中师范大学	Imputing dropouts for single-cell RNA sequencing based on multi-objective optimization
11:50-12:10	张丽华	武汉大学	Dissecting transcriptional regulation codes by integrative analysis of single-cell multiomics data
<b>12:10-13:30 休息</b>			
<b>13:30-15:10 主持人: 张家军</b>			
13:30-13:50	沈百荣	四川大学	Systems medicine perspectives on digital healthcare
13:50-14:10	李海鹏	中科院上海营养与健康研究所	Detection of positive Darwinian selection associated with complex traits
14:10-14:30	侯 琳	清华大学	Bayesian Regression Approach for Polygenic Risk Prediction
14:30-14:50	洪 柳	中山大学	基于机器学习的系统生物学建模研究
14:50-15:10	李春贺	复旦大学	生物网络随机方法和应用
<b>15:10-15:20 休息</b>			
<b>15:20-17:00 主持人: 尹洪位</b>			
15:20-15:40	张海仓	中科院计算技术研究所	Predicting functional effect of missense variants using graph neural networks and deep sequence language modelling
15:40-16:00	李丽敏	西安交通大学	Co-VAE: Drug-target binding affinity prediction by co-regularized variational autoencoders
16:00-16:20	施绍萍	南昌大学	Prediction of phosphorylation site-specific kinases based on protein interaction networks
16:20-16:40	张家军	中山大学	四维基因组调控细胞命运的数学理论
16:40-17:00	叶育森	西安电子科技大学	Deciphering Hierarchical Chromatin Structures and Preference of Genomic Positions in Single Mouse Embryonic Stem Cells

# 第 14 届计算系统生物学国际会议 (ISB 2022)

## 会议日程

2022 年 8 月 21 日 星期日 (9:00am – 17:00pm)

腾讯会议: 285-344-977 会议密码: 220820

时 间	报告人	单 位	报告题目
<b>9:00-10:20 主持人: 陈洛南</b>			
9:00-9:40	李明瑶 (特邀)	宾夕法尼亚大学	Integrative analysis of spatial transcriptomics with histology images and single cells
9:40-10:00	瞿 昆	中国科技大学	空间组学研究中的机遇与挑战
10:00-10:20	席瑞斌	北京大学	单细胞数据的调控网络分析方法
<b>10:20-10:30 休息</b>			
<b>10:30-12:10 主持人: 王 勇</b>			
10:30-10:50	陈洛南	中科院分子细胞 科学卓越中心	深度学习的混沌反向传播算法
10:50-11:10	张学工	清华大学	发现性机器学习与 AI for Science 的思考
11:10-11:30	张辰宇	南京大学	人工智能生物学: 生物学 V3.0
11:30-11:50	丁 琛	复旦大学	蛋白质组与精准医学
11:50-12:10	黄鹏羽	中国医学科学院	器官再造: 医工融合新前沿
<b>12:10-13:30 休息</b>			
<b>13:30-15:10 主持人: 吴凌云</b>			
13:30-13:50	张淑芹	复旦大学	Adjustment for confounding factors using principal coordinate analysis
13:50-14:10	刘治平	山东大学	Detecting prognostic biomarkers of breast cancer by regularized Cox proportional hazards models
14:10-14:30	闵文文	云南大学	结构稀疏矩阵分解及其在癌症组学数据中的应用
14:30-14:50	帅建伟	厦门大学	Dynamical study of the switch of cell death modes modulated by RIP1
14:50-15:10	朱新广	中科院分子植物 科学卓越中心	光合卡尔文本森循环的稳态调控机制
<b>15:10-15:20 休息</b>			
<b>15:20-17:00 主持人: 汪思佳</b>			
15:20-15:40	徐书华	复旦大学	Mapping genetic diversity of natural populations towards precision medicine
15:40-16:00	翟巍巍	中科院动物研究 所	利用多维异质性解析肝癌的起源和进化
16:00-16:20	贾佩琳	中科院北京基因 组所	Decoding tissue- and cell-type specificity of human complex traits and diseases
16:20-16:40	陈 炜	南方科技大学	The SWI/SNF chromatin remodeling factor DPF3 regulates metastasis of ccRCC by modulating TGF- $\beta$ signaling
16:40-17:00	陈勇彬	中科院昆明动物 研究所	Hypoxia-induced GLT8D1 promotes glioma stem cell maintenance by inhibiting CD133 degradation through N-linked glycosylation

# 第 14 届计算系统生物学国际会议 (ISB 2022)

## 会议日程

2022 年 8 月 22 日 星期一 (9:00am – 17:00pm)

腾讯会议: 285-344-977 会议密码: 220820

时 间	报告人	单 位	报 告 题 目
<b>9:00-10:20 主持人: 韩泽广</b>			
9:40-10:00	史卫峰	上海交通大学	新发传染病防控与全球病毒组计划
9:00-9:40	张先恩 (特邀)	中科院生物物理 研究所	合成生物学在生物医学中的机会
10:00-10:20	党永军	重庆医科大学	基于多学科的靶标发现和确证
<b>10:20-10:30 休息</b>			
<b>10:30-12:10 主持人: 陶生策</b>			
10:30-10:50	韩泽广	上海交通大学	基因组学信息与肿瘤精准诊治
10:50-11:10	贾 大	四川大学	iCAL:自噬和肿瘤研究的新工具
11:10-11:30	孙士生	西北大学	糖蛋白质组学新方法:位点特异性 N-糖链的从头结构解析
11:30-11:50	达林泰	上海交通大学	胸腺嘧啶 DNA 糖苷酶搜索并识别特异性碱基的计算模拟研究
11:50-12:10	尹慧勇	中科院营养健康 研究所	代谢组学与代谢疾病研究进展
<b>12:10-13:30 休息</b>			
<b>13:30-15:10 主持人: 董佳家</b>			
13:30-13:50	陶生策	上海交通大学	超高通量抗体识别表位解析及其应用
13:50-14:10	郭天南	西湖大学	蛋白质组大数据分析
14:10-14:30	谢 志	中山大学	系统解析核糖体蛋白对基因表达的调控功能
14:30-14:50	于晓波	北京凤凰中心	蛋白质组学芯片与精准医疗
14:50-15:10	王侃侃	上海交通大学	Deciphering the mechanisms of acute promyelocytic leukemia by genomic approaches
<b>15:10-15:20 休息</b>			
<b>15:20-17:00 主持人: 郭天南</b>			
15:20-15:40	董佳家	上海交通大学	一种可预测的, 模块化的合成方法
15:40-16:00	程 昊	爱博泰克	基于单 B 细胞技术的抗体发现平台
16:00-16:20	许风国	中国药科大学	基于功能代谢组学的药物重定位与组合药物发现研究
16:20-16:40	王培会	山东大学	新型冠状病毒与天然抗病毒免疫的相互作用
16:40-17:00	王 晟	智峪生科	后 AlphaFold2 时代的一些思考, 从高速度大通量的结构预测方法谈起
<b>17:00-17:05 会议闭幕</b>			