重要信息

会议时间: 2017年6月16日—18日

会议地点: 上海交通大学闵行校区学术活动中心

注册:

报到时间: 2017年6月15日下午、16日上午

报到地点:上海交通大学学术活动中心(上海市闵行区东川路800号)

会务组联系方式:

杨 旸: 13917516036

殷 曦: 15026619588

王亚楠: 13072163689

曹 真: 15800549156

交通和会场位置

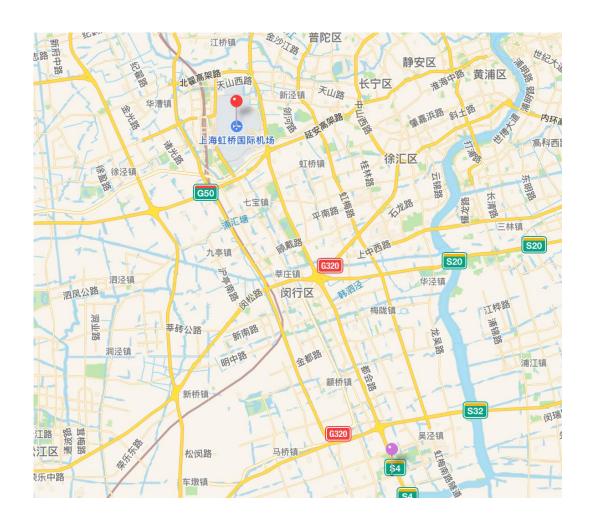
会场与宾馆位置:

上海交通大学闵行校区学术活动中心

地址:上海市闵行区东川路800号

机场、火车站到会场(上海交通大学闵行校区学术活动中心)交通路线:

1. 上海虹桥国际机场 → 上海交通大学闵行校区学术活动中心 全程约 24 公里

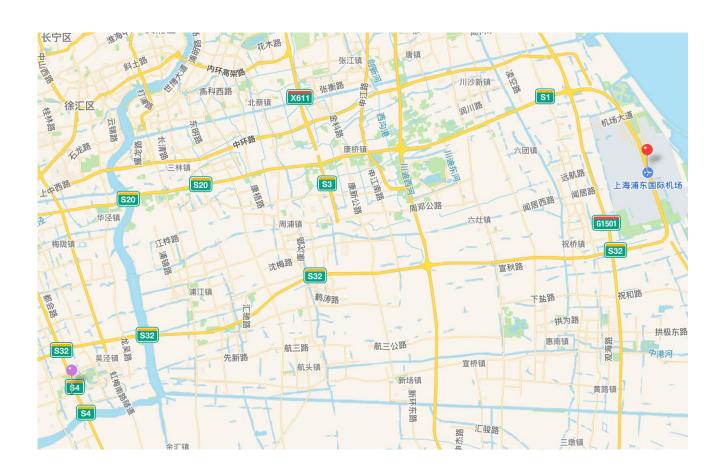


方案一:公交车 总路程:87分钟 参考费用:6元		
步骤	路程	参考费用
"上海虹桥国际机场"步行至"虹桥东交通中心"	400 米/6 分钟	/
乘坐"虹桥枢纽4路公交车"至"东川路永平路"下车	31 站/75 分钟	6 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	80 米/2 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案二: 地铁 总路程: 88 分钟 参考费用: 13 元		
步骤	路程	参考费用
"上海虹桥国际机场"步行至"虹桥二号航站楼地铁站"	200 米/3 分钟	/
乘坐"地铁10号线"至"虹桥路地铁站"下车	7站/19分钟	4 元
乘坐"地铁 4 号线"至"上海体育馆地铁站"下车	2 站/7 分钟	3 元
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	6 站/16 分钟	4 元
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6 站/18 分钟	2 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案三: 出租车	总路程: 24 公里/30 分钟	参考费用	月: 90 元	
乘坐出租车至上海	交通大学闵行校区学术活动	中心	24 公里/30 分钟	90 元

2. 上海浦东国际机场 → 上海交通大学闵行校区学术活动中心 全程约 49 公里

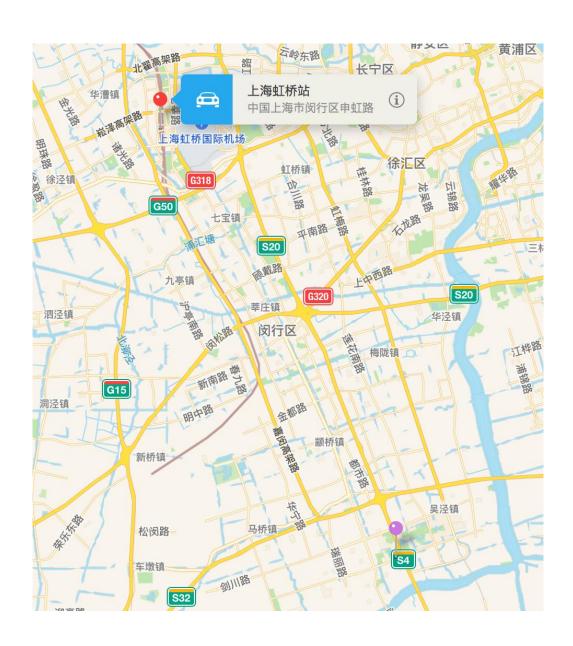


方案一: 磁悬浮+地铁 总路程: 106 分钟 参考费用: 60 元		
步骤	路程	参考费用
步行至浦东国际机场磁悬浮站	150 米/2 分钟	/
乘坐"上海市磁悬浮"至"龙阳路站"	1 站/10 分钟	50 元
步行至"地铁2号线龙阳路地铁站"	350 米/5 分钟	/
乘坐"地铁2号线"至"人民广场地铁站"	7站/17分钟	4 元
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	12 站/29 分钟	4 元
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6 站/18 分钟	2 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案二: 地铁 总路程: 131 分钟 参考费用: 15 元			
步骤	路程	参考费用	
步行至"地铁2号线东延线浦东国际机场地铁站"	5 米/1 分钟	/	
乘坐"地铁2号线东延线"至"广兰路地铁站"下车	8 站/32 分钟	5 元	
乘坐"地铁2号线"至"人民广场地铁站"下车	10 站/26 分钟	4 元	
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	12 站/29 分钟	4 元	
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6 站/18 分钟	2 元	
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/	
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/	

方案三: 出租车	总路程: 49 公里/44 分钟	参考费月	月: 166 元	
乘坐出租车至上海交通大学闵行校区学术活动中心 49 公里/44 分钟 166 元				166 元

3. 上海虹桥站 → 上海交通大学闵行校区学术活动中心 全程约 31 公里

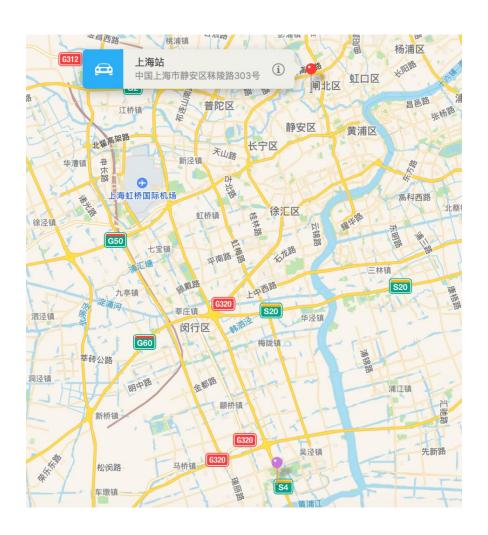


方案一:公交车 总路程:90分钟 参考费用:6元		
步骤	路程	参考费用
"上海虹桥站"步行至"虹桥东交通中心"	600 米/9 分钟	/
乘坐"虹桥枢纽4路公交车"至"东川路永平路"下车	31 站/75 分钟	6元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	80 米/2 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案二: 地铁 总路程: 87 分钟 参考费用: 13 元		
步骤	路程	参考费用
"上海虹桥站"步行至"虹桥火车站地铁站"	15 米/1 分钟	/
乘坐"地铁10号线"至"虹桥路地铁站"下车	8 站/20 分钟	4 元
乘坐"地铁 4 号线"至"上海体育馆地铁站"下车	2 站/7 分钟	3 元
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	6站/16分钟	4 元
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6 站/18 分钟	2 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案三: 出租车	总路程: 31 公里/40 分钟 参考费	用: 90 元	
乘坐出租车至上海	交通大学闵行校区学术活动中心	31 公里/40 分钟	90 元

4. 上海站 → 上海交通大学闵行校区学术活动中心 全程约 37 公里



方案一: 地铁 总路程: 85 分钟 参考费用: 7元		
步骤	路程	参考费用
"上海站"步行至"上海火车站地铁站"	600 米/8 分钟	/
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	15 站/34 分钟	5 元
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6站/18分钟	2 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案二: 出租车 总路程: 37 公里/59 分钟 参考费/	用: 130 元		
乘坐出租车至上海交通大学闵行校区学术活动中心 37 公里/59 分钟 130 元			

5. 上海南站 → 上海交通大学闵行校区学术活动中心 全程约 21 公里



方案一: 地铁 总路程: 57 分钟 参考费用: 5 元		
步骤	路程	参考费用
"上海南站"步行至"上海南站地铁站"	100 米/2 分钟	/
乘坐"地铁1号线"至"莘庄地铁站"下车	4 站/12 分钟	3 元
乘坐"地铁5号线"至"东川路地铁站"下车	6 站/18 分钟	2 元
步行至上海交通大学闵行校区思源门	1400 米/21 分钟	/
步行至上海交通大学学术活动中心	250 米/4 分钟	/

方案二: 出租车 总路程: 21 公里/33 分钟	参考费用: 71元
乘坐出租车至上海交通大学闵行校区学术活动	中心 21 公里/33 分钟 71 元

会议日程安排

6月16日下	午,上海3	交通大学闵行校区学术活动中心一楼演讲厅 	
时间	项目	会议内容	主持人
13:00-13:45	开幕式、	上海交通大学副校长徐学敏教授致开幕辞	光 並 亚
	合影	清华大学张学工教授致辞	关新平
13:45-14:20	特邀报告	大脑信息处理与模式识别	
		胡德文,国防科学技术大学	
14:20-14:55	特邀报告	人工生命的前世与来生	
		张永光,中国科学院数学与系统科学研究院	
14:55-15:10	口头报告	癌症组学数据的低维表示	
		古槿,清华大学自动化系	
15:10-15:25	口头报告	jNMFMA: a joint non-negative matrix factorization meta-analysis of	
		transcriptomics data	沈红斌
		王红强,中国科学院合肥物质科学研究院	邹权
15:25-15:40	口头报告	Combining Inferred Regulatory and Reconstructed Metabolic	
		Networks Enhances Phenotype Prediction in Yeast	
		王卓,上海交通大学生命科学技术学院	
15:40-15:55	口头报告	Pattern Genes Suggest Functional Connectivity of Organs	
		覃杨梅,厦门大学生命科学学院	
15:55-16:10	口头报告	基于统计相关性与 K-means 的区分基因子集选择算法	
		谢娟英,陕西师范大学计算机科学学院	
16:10-16:25	茶歇		
16:25-16:40	口头报告	基于特征选择的差异甲基化位点识别方法	
		田奇,电子科技大学自动化研究所	
16:40-16:55	口头报告	Mining Protein Complexes Based on Topology Potential from	
		Weighted Dynamic PPI Network	
		雷秀娟,陕西师范大学计算机学院	
16:55-17:10	口头报告	整合基因表达和 DNA 甲基化数据的癌症特征基因选择方法	张涛
		唐健雄,电子科技大学自动化研究所	张浩
17:10-17:25	口头报告	Inference of cellular level signaling networks using single-cell gene	
		expression data in Caenorhabditis elegans reveals mechanisms of cell	
		fate specification	
		黄晓太,西安电子科技大学计算机科学技术学院	
17:25-17:40	口头报告	Constrained target controllability of complex networks	
		郭伟峰,西北工业大学自动化学院	

17:40-17:55	口头报告	基于类间联系的多标记蛋白质图像亚细胞定位研究	
10.00.10.20	ロケ ヴマ	徐莹莹,上海交通大学图像处理与模式识别研究所	
18:00-19:30	•		
6月17日,	,上海交通	大学闵行校区学术活动中心一楼演讲厅	
时间	项目	会议内容	主持人
8:30-9:05	特邀报告	Protein Structure and Function Prediction	
		张阳,密歇根大学	
9:05-9:40	特邀报告	文本驱动的智能音、视频合成	
		汪增福,中国科学技术大学	
9:40-9:55	口头报告	Human Genomic Signatures of Brain Oscillations During Memory	
		Encoding	高琳
		王光中,中国科学院计算生物重点实验室	周丰丰
9:55-10:10	口头报告	Inferring Gene Regulatory Networks from Time Series Gene	
		Expression Data Based on Maximal Information Coefficient	
		张朝阳,University of Southern Mississippi	
10:10-10:25	口头报告	Functional diversity of CTCFs is encoded in their binding motifs	
		张治华,中国科学院北京基因组研究所	
10:25-10:40	茶歇		
10:40-10:55	口头报告	Exploring spatially adjacent TFBS-clustered regions with Hi-C data	
		陈河兵,Beijing Institute of Radiation Medicine	
10:55-11:10	口头报告	HCCDB: a database for large-scale expression of HCCs	
		张谷超,清华大学自动化系	
11:10-11:25	口头报告	Robust and rapid algorithms facilitate large-scale whole genome	
		sequencing downstream analysis in an integrative framework	
		李淼新,中山大学中山医学院	刘元宁
11:25-11:40	口头报告	Mammalian non-CG methylations are conserved and cell-type specific	刘治平
		and may have been involved in the evolution of transposon elements	
		郭伟龙,中国农业大学农学院	
11:40-11:55	口头报告	VRprofile: gene-cluster-detection-based profiling of virulence and	
		antibiotic resistance traits encoded within genome sequences of	
		pathogenic bacteria	
		欧竑宇,上海交通大学生命学院	
12:00-13:00	午餐		T
13:10-13:45	特邀报告	Two-dimensional Representation learning	
		杨健,南京理工大学	汪小我
13:45-14:20	特邀报告	Pinned Control of Complex Dynamical Networks	余国先
		汪小帆,上海交通大学	

集山风,复旦大学计算机科学技术学院	14:20-14:35	口头报告	Large-scale Multilabel Learning for Bioinformatics	
周丰丰、吉林大学计算机学院			朱山风,复旦大学计算机科学技术学院	
14:50-15:05 日头报告	14:35-14:50	口头报告	高维健康大数据的降维建模	
interactions 施建字,西北工业大学生命学院 PSISearch2 & its search platform: Query-seeded iterative sequence similarity searching improves selectivity 20-fold 李伟忠,中山大学中山医学院 15:20-15:35 口头报告 Inferring kinase-substrate interactions based on protein domains 李春祎,同济大学计算机系 15:35-15:50 萘酞 15:50-16:05 口头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 口头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 佘国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建石,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			周丰丰, 吉林大学计算机学院	
施建宇、西北工业大学生命学院 15:05-15:20 口头报告 PSISearch2 & its search platform: Query-seeded iterative sequence similarity searching improves selectivity 20-fold 李伟忠、中山大学中山医学院 15:20-15:35 口头报告 Inferring kinase-substrate interactions based on protein domains 李春祎。同济大学计算机系 15:35-15:50 茶蔵 15:50-16:05 口头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鸣、北京工业大学生命科学与生物工程学院 16:05-16:20 口头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平、山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 口头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 全国大、西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸、上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建日、南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科大模型集构建与识别 付天翔、北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎。浙江工业大学信息工程学院	14:50-15:05	口头报告	Predicting existing targets for new drugs base on strategies for missing	
Times			interactions	
similarity searching improves selectivity 20-fold 李伟忠,中山大学中山医学院 15:20-15:35 口头报告 Inferring kinase-substrate interactions based on protein domains 李春祎,同济大学计算机系 15:50-16:05 口头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鳴,北京工业大学生命科学与生物工程学院 16:05-16:20 口头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 口头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoe 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科大模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			施建宇, 西北工业大学生命学院	
李伟忠,中山大学中山医学院15:20-15:35口头报告Inferring kinase-substrate interactions based on protein domains 李睿祎,同济大学计算机系15:35-15:50蒸歇15:50-16:05口头报告蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院16:05-16:20口头报告Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院16:20-16:35口头报告Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院16:35-16:50口头报告Hum-mPLoe 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系16:50-17:05口头报告Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院17:05-17:20口头报告蛋白质折叠类型的隐马尔科大模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院17:20-17:35口头报告A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 那小虎,浙江工业大学信息工程学院	15:05-15:20	口头报告	PSISearch2 & its search platform: Query-seeded iterative sequence	
15:20-15:35			similarity searching improves selectivity 20-fold	
李春祎、同济大学计算机系 15:35-15:50 茶駄 15:50-16:05 口头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院 16:05-16:20 口头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科大模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			李伟忠,中山大学中山医学院	
15:35-15:50 茶敬 15:50-16:05 日头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 刘一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院 16:05-16:20 日头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 日头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	15:20-15:35	口头报告	Inferring kinase-substrate interactions based on protein domains	
15:50-16:05 日头报告 蛋白质折叠类型的自动分类研究 対一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院 16:05-16:20 日头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 対治平,山东大学控制科学与工程学院 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			李睿祎,同济大学计算机系	
対一鳴,北京工业大学生命科学与生物工程学院	15:35-15:50	茶歇		
16:05-16:20 日头报告 Structure alignment-based methods for identifying regional RNA recognition motifs on protein surfaces 刘治平、山东大学控制科学与工程学院 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 日头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 日头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	15:50-16:05	口头报告	蛋白质折叠类型的自动分类研究	
recognition motifs on protein surfaces 刘治平,山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 口头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			刘一鸣,北京工业大学生命科学与生物工程学院	
刘治平,山东大学控制科学与工程学院 16:20-16:35 口头报告 Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	16:05-16:20	口头报告	Structure alignment-based methods for identifying regional RNA	
16:20-16:35 日头报告			recognition motifs on protein surfaces	
Reduction 余国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			刘治平,山东大学控制科学与工程学院	
無国先,西南大学计算机与信息科学学院 16:35-16:50 口头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	16:20-16:35	口头报告	Protein Function Prediction using Gene Ontology Dimensionality	
16:35-16:50 日头报告 Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features			Reduction	
localization through modeling the hidden correlations of gene ontology and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			余国先,西南大学计算机与信息科学学院	
and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	16:35-16:50	口头报告	Hum-mPLoc 3.0: prediction enhancement of human protein subcellular	
and functional domain features 杨旸,上海交通大学计算机系 16:50-17:05 口头报告 Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			localization through modeling the hidden correlations of gene ontology	赵兴明
物物,上海父週天字计算机系			and functional domain features	7 - 7 - 74
solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks 高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			杨旸,上海交通大学计算机系	711 / N
高建召,南开大学数学科学学院 17:05-17:20 口头报告 蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院 17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	16:50-17:05	口头报告	Predicting the errors of predicted local backbone angles and non-local	
17:05-17:20口头报告蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别 付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院17:20-17:35口头报告A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			solvent-accessibilities of proteins by deep neural networks	
付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院			高建召,南开大学数学科学学院	
17:20-17:35 口头报告 A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	17:05-17:20	口头报告	蛋白质折叠类型的隐马尔科夫模型集构建与识别	
Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			付天翔,北京工业大学生命科学与生物工程学院	
Feature Space 郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	17:20-17:35	口头报告	A Novel Method Using Abstract Convex Underestimation in Ab-Initio	
郝小虎,浙江工业大学信息工程学院			Protein Structure Prediction for Guiding Search in Conformational	
·			Feature Space	
17:35-19:25 晚宴			郝小虎,浙江工业大学信息工程学院	
	17:35-19:25	晚宴		
19:30-21:00 专委会活动(学术活动中心二楼会议室)	19:30-21:00	专委会活动	动(学术活动中心二楼会议室)	

时间	项目	会议内容	主持
8:30-9:05	特邀报告	Genomic Analysis Reveals Hypoxia Adaptation in the Tibetan Mastiff by Introgression of the Grey Wolf from the Tibetan Plateau 李亦学,中国科学院上海生命科学研究院	
9:05-9:20	口头报告	Characterize novel noncoding RNAs by integrating high-throughput data and structure prediction 鲁志,清华大学生命科学学院	
9:20-9:35	口头报告	Boosting in block variable subspaces: An approach of additive modeling 许青松,中南大学数学与统计学院	张绍武
9:35-9:50	口头报告	CURE-SMOTE algorithm and hybrid algorithm for feature selection and parameter optimization based on random forests 樊锁海,暨南大学信息科学技术学院	於东军
9:50-10:05	口头报告	Bayesian Nonnegative CP Decomposition-based Feature Extraction Algorithm for Drowsiness Detection 张寓,华东理工大学自动化系	
10:05-10:20	口头报告	TargetM6A: 基于核苷酸位置特异性偏好和支持向量机的方法识别 RNA 序列的 N6-甲基腺苷修饰位点 刘子,南京理工大学计算机科学与工程学院	
10:20-10:35	茶歇		
10:35-10:50	口头报告	Integrated metagenomic data analysis demonstrates that a loss of diversity in oral microbiota is associated with periodontitis 艾冬梅,北京科技大学信息与计算机系	
10:50-11:05	口头报告	一个新的细菌最小基因集和一种半从头构建最小人工细胞的初步 方案 刘硕,电子科技大学信息生物学中心	
11:05-11:20	口头报告	Dual CRISPR-Cas9 Knock-out Screening Reveals Genetic Interaction Underlying BRAFV600E Melanoma Drug Resistance 陶敏珍,清华大学自动化系	宋晓峰
11:20-11:35	口头报告	Hsa-miR-3911 may Affect the Expression of TNFSF14 Through the Regulatory Pathways Mediated by Six Different CircRNAs in HepG2 Cell 郝政宇,东南大学生物科学与医学工程学院	王蓓
11:35-11:50	口头报告	Optimized motor imagery paradigm based on imagining Chinese characters writing movement 邱朝阳,华东理工大学自动化系	
11:50-12:10	闭幕式		
12:15-13:15	午餐		