NCCBB

第10届
全国计算生物学与生物信息学学术会议

The 10th National Conference on Computational Biology and Bioinformatics

会议手册

2024年7月12日-14日 浙江 · 宁波

全国计算生物学与生物信息学学术会议

目录 CONTENT

欢迎辞

全国计算生物学与生物信息学学术会议（NCCBB）是由中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专业委员会主办的全国性计算生物学和生物信息学领域的高水平学术会议，每年举办一次。第十届NCCBB 2024大会由宁波大学承办、宁波市科学技术协会协办，于2024年7月12-14日在浙江省宁波市召开，会议将促进全国生物、药学、农学、医学与计算机等领域专家学者跨界交流与合作，打造前沿交叉科学交流平台。

本届大会汇集国内优秀专家、学者和产业界优秀人才，围绕数据与智能驱动的生命和医学前沿的大会主题展开深入交流和讨论。大会安排130余个会议报告，包括主旨报告、特邀专题报告、口头报告、墙报等形式，会期3天，热烈欢迎各位专家、学者、同学来到美丽的滨海大都市宁波，共赴生物信息学盛会，交流和探讨前沿问题。

中国生物工程学会

2024年7月1日

大会信息

主办单位

中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专业委员会

承办单位

宁波大学海洋学院
宁波大学医学部公共卫生学院

协办单位

中国计算机学会生物信息学专业委员会
宁波市科学技术协会
浙江省生物信息学学会精准医学专委会、青年委员会

赞助单位

浙江崭晴生物科技有限公司、杭州瑞普基因科技有限公司、
宁波希诺赛生物科技有限公司、源资信息科技（上海）有限公司、
北京字跳网络技术有限公司

会议时间及地点

会议时间： 2024年7月12-14日，7月12日全天注册报到。
会议地点： 浙江省宁波市阳光豪生大酒店
（浙江省宁波市海曙区中山西路1288号）

大会主题

数据与智能驱动的生命与医学前沿

分论坛主题

1：组学数据挖掘与人工智能（一）
2：RNA修饰及非编码RNA
3：单细胞与空间组学
4：转化医学信息学
5：水产养殖组学大数据及应用
6：组学数据挖掘与人工智能(二)
7：基因表达调控与表观遗传学
8：基因组学与进化
9：微生物与代谢组学
10：结构生物信息与药物设计

大会委员会组织机构

大会主席

陈润生（中国科学院 院士）

程序委员会主席（排列顺序不分先后）

李 霞 赵方庆

委员（排序不分先后）

蔡 禄 陈 晨 陈润生 陈禹保 高 歌 胡松年 江赐忠 李乐攻
李 涛 梁承志 林 魁 宁 康 戚 继 任 间 谭钟扬 童贻刚
王秀杰 吴一雷 薛 宇 张世华 张学工 张 勇 张镇海 赵方庆

赵屹	周丰丰	周宏伟	周志刚	朱云平	方向东	李霞	叶凯
张雯	江瑞	陈挺	崔庆华	汪小我	朱怀球	彭绍亮	何顺民
吴金雨	谢震	张子丁	何华勤	蔡宏民	姜伟	鲍一明	杨运桂
章张	蒋庆华	杜朴风	李小波	王升启	邹权	赵兴明	王希胤
庄永龙	李敏	陈伟	章乐	杜向军	汪国华	刘健	宋述慧
张昆林	郭有	施建宇	魏冬青	杨雪瑞	赵圣国	毕夏安	郭安源
高红波	肖传乐	肖勤	宁尚伟	李书艳	兰伟	王俊	王卓
王理	吴昊	许立达	黄国华	李津臣	彭佳杰	杨跃东	陈振夏
任洪广	黄强	顾若虚	吕晖	张永红	李防震	王顺芳	徐云刚
戴晓峰	李婧	艾冬梅	石婷	薛志东	张凤月	王燕	余国先
王峻	熊毅	韦朝春	刘振栋	高立志	黄金艳	王鲜芳	唐旭清
李国亮	李婷婷	刘秀芹	李代禧	尚军亮	徐沁	余光创	李虹
卢宏超	康晓龙	孙宇平	张健	张岳	贾耿介	胡伦	廖之君
谭利强	陈海林	邓裕华	邱育珊	宋宝兴	孙坤	汪涛	彭玮
刘荣	李幸一	罗军伟	祝小雷	孙睿	杨晓飞	张劲松	郑凌伶
左志向	余青芬	寸玉鹏	李磊	汤德佑	王兵	邹凌云	覃静
孙慧妍	刘晖	王书元	刘涛	王永天	刘娟	项炬	潘玮华
杨梦云	周家健	安海龙	蒋国治	周猛	张丹	郑瑞清	郑鸿
张青叶	占翔	余振华	严承	张媛媛	李健	李建芳	雷桅
崔英博	赵贵虎	李滨	邓静文	毕文健	王杰	许鹏	唐琴
索生宝	孙杰	曾安	卢新国	瞿芳芳	陆人杰	李春权	张永清
刘祥根	周家蓬	赵齐	赵天意	赵素文	张子龙	张明明	魏彦杰
王岩	王金凯	尚德思	董改芳	李伟	姜涛	肖球	侯庆振
林雪	姚登举	李玥	范小英	崔国祯	程晓青	程立新	蔡云鹏

刘治平　刘泽先　李胜利　曾　敏　章元明　刘　青　王金朋　宋小明
陈凯宁　呼加璐　胡鹏伟　廖　奇　王艳菁　阳小燕　王　静　包立随
周　宇　李　俊　杜红丽　冯会娟　黄茉莉　雷秀娟　马　闯　王立坤
张　焱　毛凤彪　马世勇　吕洪超　周百灵　方　晨　郭　闯　冉隆科
刘亚东　苏现斌　李　鹏　郑旭彬　常素华　陈盛泉　李　晶　张　林
刘　辉　刘亮亮　成建宏　曹　晨　杨　琦　张云鹏　左春满　李　晋
马宝山　蔡　浩　谢小冬　刘　莘　陈　超　裴智勇　国宏哲　程　亮
胡德华　李　峰　彭小清　徐英岐　杜伟杰　代　琦　刘　昶　王政霞
卢诚谦　邵　丹　薛愿超　石金龙　房森彪　蒋兴鹏　王　成　张梦颖
丁彦蕊　胡　静　朱晓姝　张湘莉兰　米热扎提·吐尔洪　欧阳德方

组织委员会主席（排序不分先后）

王春琳　陈禹保

秘书长（排序不分先后）

母昌考　廖　奇

组织委员会成员（排序不分先后）

母昌考　廖　奇　包红燕　陈相瑞　张　浩　徐嘉杰　崔朝霞　李荣华
史　策　潘一红　侯聪聪　宋微微　刘　磊　陈娟娟　朱姗姗　李亚鹤
陈　虹　胡　洋　刘　华　张蓉蓉　刘士霞

联系人及方式

会务联系人： 张浩 13705742013
（邮箱：zhanghao@nbu.edu.cn）

专委会联系人：员丽丽 18701529461

（邮箱：yuanll@bcc.ac.cn）

会务负责人：莫若兰 18964953257

会议注册：余佳烨 19945627509

会议投稿：杨佳培 18964166301

会议住宿：杨骊 19901617846

宁波阳光豪生大酒店（宁波海曙区中山西路1288号）

温馨提醒

尊敬的各位专家、学者：

欢迎您来到浙江宁波，参加第十届全国计算生物学与生物信息学学术会议！请您认真阅读会议手册，如有任何需求和建议，请随时与会务组联系，我们将竭诚为您服务！

1.参会期间，请您佩戴会议胸牌；进入会场，请您将手机设为静音模式。

2.宁波近期气温较高，26-39度，伴短时雷阵雨，请关注天气变化，注意防暑防雨。

7天天气预报（2024/07/10 12:00发布）

星期三 07/10	星期四 07/11	星期五 07/12	星期六 07/13	星期日 07/14	星期一 07/15	星期二 07/16
雷阵雨	雷阵雨	多云	小雨	雷阵雨	雷阵雨	雷阵雨
北风	北风	北风	无持续风向	无持续风向	南风	南风
4~5级	4~5级	4~5级	微风	微风	4~5级	5~6级
38℃	33℃	31℃	31℃	35℃	34℃	34℃
27℃	26℃	25℃	26℃	26℃	26℃	26℃
晴	多云	多云	阴	多云	多云	多云
西南风	南风	南风	南风	南风	南风	南风
3~4级	3~4级	3~4级	3~4级	4~5级	5~6级	5~6级

3.公共交通路线（机场/火车站→酒店）

宁波火车站→宁波阳光豪生大酒店

公交：301路，156路
宁波火车站南广场站上车，中山西路丽园北路口站下车；步行280米到达宁波阳光豪生大酒店。全程约33分钟，票价2元。

地铁：4号线-1号线
宁波火车站出发，乘坐4号线（慈城方向）
到大卿桥换乘1号线（高桥西方向）
到望春桥站下车，A口出，步行680米后到达宁波阳光豪生大酒店
耗时24分钟，票价3元。

宁波栎社国际机场→宁波阳光豪生大酒店

地铁：2号线-4号线-1号线

宁波栎社国际机场出发，乘坐2号线（红联方向）

到宁波火车站换乘4号线（慈城方向）

到大卿桥换乘1号线（高桥西方向），到望春桥站下车，A口出，

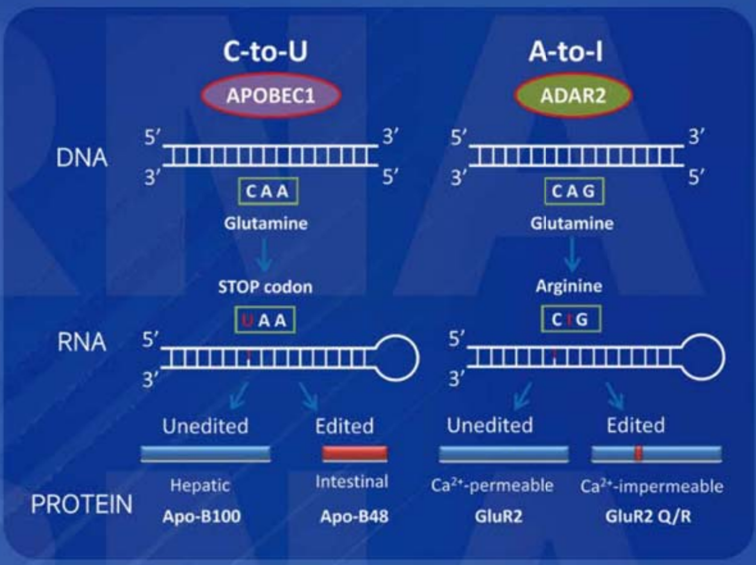
步行680米后到达宁波阳光豪生大酒店

耗时51分钟，票价5元。

出租：全程13公里，耗时约16分钟，费用约30元。


崭晴 transtech
www.biotranstech.com
空间多组学
整体解决方案
RNA修饰
类器官
中医药现代化研究
整体解决方案
RNA编辑组学
单细胞
循证医学
基于NGS
合作单位
40+
完成项目
450+
上海
宁波
长沙
合肥

RNA编辑(RNA Editing)

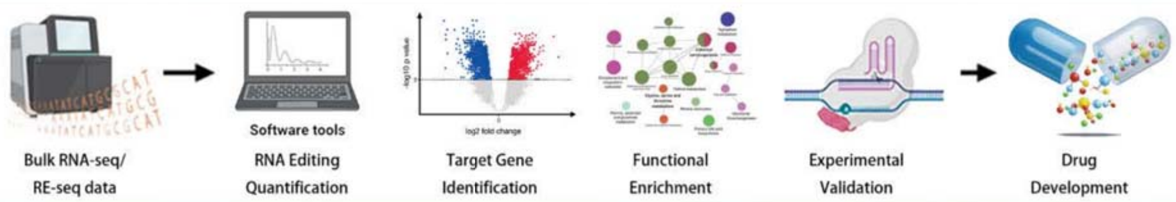


转录后 RNA 分子中碱基的改变

影响 RNA 分子的结构和功能

- 解析RNA编辑在疾病发生发展中的作用，揭示基因表达调控的复杂性
- 靶向RNA分子特定编辑位点开发基于RNA编辑的潜在疗法
- 探寻生物学研究中的“盲点”寻找精准医学研究的新“蓝海”

崭晴生物独创的RNA编辑组学（RE-seq）可用于诊断标志物开发和疾病机制研究。此外，崭晴生物目前正在内测的单细胞RNA编辑组学（scRE-seq）和RNA空间编辑组学（stRE-seq）可助力您在单细胞和组织原位水平中探寻RNA编辑新世界。



	RNA 编辑	DNA 突变	RNA 表达	RNA 剪切
疾病分子标志物预测	+++	+++	+++	++
免疫反应研究	++	+++	+++	+++
差异基因分析	+++	+++	+++	++
转录组分析	+++		+++	++
基因功能研究	+++	+++	+++	+++
翻译调控研究	+++	++	+++	+++
表观遗传研究	+++	+++	+++	+++
基因调控网络分析	+++		+++	++
突变（编辑）负荷分析	+++	+++		
精准基因修复	+++	+++		
病毒感染研究	++			
编辑酶研究	+++			
药物开发	+++	+++	+++	++
疾病进度研究	+++	+++	+++	+++

简要日程

日期	时间	内容	地点
7月12日	09:00-22:00	会议报到	酒店大堂
	17:30-20:30	自助晚餐	A座二楼豪生咖啡厅
	20:30-21:30	专委会会议	A座东钱湖1+2厅
7月13日	08:00-12:00	大会报告	阳光一品二楼阳光厅
	12:00-13:45	自助午餐	A座二楼豪生咖啡厅
	13:45-18:00	S1：组学数据挖掘与人工智能（一）	A座豪生1厅
		S2：RNA修饰及非编码RNA	A座豪生3厅
		S3：单细胞与空间组学	A座东钱湖1+2厅
		S4：转化医学信息学	A座东钱湖3+4厅
		S5：水产养殖组学大数据及应用	A座豪生2厅
	18:30-20:30	晚宴	阳光一品二楼阳光厅
7月14日	08:00-12:00	大会报告	阳光一品二楼阳光厅
	12:00-13:45	自助午餐	A座二楼豪生咖啡厅
	13:45-18:00	S6：组学数据挖掘与人工智能(二)	A座豪生1厅
		S7：基因表达调控与表观遗传学	A座东钱湖3+4厅
		S8：基因组学与进化	A座豪生2厅
		S9：微生物与代谢组学	A座豪生3厅
		S10：结构生物信息与药物设计	A座东钱湖1+2厅
	18:00-18:30	闭幕式	A座豪生1厅
	18:30-20:30	自助晚餐	A座二楼豪生咖啡厅

详细日程

会议主题：主旨报告

会议地点	阳光一品二楼阳光厅
会议日期	7月13日-上午

时间	会议内容	讲者	工作单位	主持人
08:00-08:30	开幕式	宁波大学蔡荣根校长致辞 宁波市科学技术协会领导致辞 中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会主任致辞 合影		王春琳
08:30-09:10	生物医学大数据与人工智能大模型	陈润生	中国科学院生物物理研究所	陈禹保
09:10-09:50	生成式人工智能与数字化医工结合：关键技术与发展趋势	谭建荣	浙江大学	李　霞
09:50-10:05	**茶　歇**			
10:05-10:30	Enhanced LINE-1 Retrotransposition Underpins the Pathogenesis of Alzheimer's Dementia through Cellular-Specific Modulations	孙中生	中国科学院动物研究所	薛愿超
10:30-10:55	AI时代重大疾病组学信息学的发展	李　霞	哈尔滨医科大学	薛愿超
10:55-11:20	甲壳动物基因组学和进化研究进展及展望	相建海	中国科学院海洋研究所	瞿　昆
11:20-11:45	A Pre-trained Foundation Model for Context-specific Transcriptional Regulatory Networks	张　勇	同济大学	瞿　昆
11:45-12:00	基于NGS的RNA编辑组学技术的开发与应用	杭雨晴	浙江崭晴生物科技有限公司	母昌考

S1会议主题：组学数据挖掘与人工智能（一）

会议地点	A座豪生1厅
会议日期	7月13日- 下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	Language Models in PTM Bioinformatics	薛 宇	华中科技大学	吴红艳
14:05-14:25	神经发育疾病非经典剪接变异的鉴定与应用	李津臣	中南大学湘雅医院	
14:25-14:45	面向患者的抗癌药物反应预测方法研究	彭 玮	昆明理工大学	王 宏
14:45-15:05	自适应图网络助力生物医学发现	吴红艳	中国科学院深圳先进技术研究院	
15:05-15:20	CellTracer基于单细胞分化轨迹的多水平交互可视化大数据平台	王 鹏	哈尔滨医科大学	李 晋
15:20-15:35	基于多层次组学的癌症多维分子特征研究	陈 迪	中国科学院大连化学物理研究所	
15:35-15:55	茶 歇			
15:55-16:15	基于理性模型设计的细胞调控图谱计算解码	高 歌	北京大学	薛 宇
16:15-16:35	卵巢衰老与营养干预	陈振夏	华中农业大学	
16:35-16:55	基于多组学的猪体外抗病育种材料研制	廖明帜	西北农林科技大学	刘 娟
16:55-17:15	Keep Everything on the Same PAGE — 数据融合赋能模型构建	程立新	南方科技大学 深圳市人民医院	
17:15-17:30	复杂网络视角下的医药数据分析	丁彦蕊	江南大学	陈振夏
17:30-17:45	基于深度学习的二三代数据通用结构变异过滤算法	崔英博	国防科技大学	
17:45-18:00	Transforming Tabular Omics Data to Take Advantage of Deep Learning with ConvolutionalNeural Networks for Biomarker Discovery	马世勇	重庆医科大学	

S2会议主题：RNA修饰及非编码RNA

会议地点	A座豪生3厅
会议日期	7月13日- 下午

时间	会议内容	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:10	RNA互作组学新技术及应用	薛愿超	中国科学院生物物理研究所	宋晓峰
14:10-14:30	Nuclear Retention Coupled with Sequential Polyadenylation Dictates Post-transcriptional m6A Modification in the Nucleus	周　宇	武汉大学	宋晓峰
14:30-14:50	针对非编码RNA的生物信息学研究及其在精准医疗上的应用	鲁　志	清华大学	徐　娟
14:50-15:10	基于多组学数据的计算方法解析肿瘤易感机理	李　磊	深圳湾实验室	徐　娟
15:10-15:30	开发tRNA组学技术解码遗传信息调控规律	郑凌伶	中山大学	徐　娟
15:30-15:45		**茶　歇**		
15:45-16:05	非编码区域 — 肿瘤免疫调控的暗物质	徐　娟	哈尔滨医科大学	周　宇
16:05-16:25	非编码RNA翻译微蛋白及翻译活性调控的计算分析	宋晓峰	南京航空航天大学	周　宇
16:25-16:45	非编码RNA的功能机制探索	孙　亮	山东第一医科大学	李　磊
16:45-17:05	基因产物多样性非适应性观点的新案例	胥　川	上海交通大学	李　磊
17:05-17:25	增强子RNA在肿瘤临床中潜在价值的探索	张　朝	复旦大学	原春晖
17:25-17:45	Near-Infrared Fluorogenic RNA for In vivo lmaging and Sensing	李　幸	中国科学院动物研究所	原春晖
17:45-18:00	基于图神经网络的lncRNA-miRNA-疾病相互作用预测研究	王　岩	吉林大学	原春晖

S3会议主题：单细胞与空间组学

会议地点	A座东钱湖1+2厅
会议日期	7月13日- 下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	复杂单细胞多模态数据解析	杨雪瑞	清华大学	诸 颖
14:05-14:25	基于空间多模态数据的小细胞肺癌异质性研究	周 猛	温州医科大学	
14:25-14:45	基于单细胞和空间转录组数据解析复杂疾病的异质性	姜 伟	福建医科大学附属第一医院	张晓飞
14:45-15:05	Batch Effect in scRNA-seq Data: Detection and Evaluation	蒋杭进	浙江大学	
15:05-15:25	Single-cell Omics Data Integration Methods	高 洁	江南大学	张力烨
15:25-15:45	Integrative Spatial Analysis Reveals Aberrant Cellular Niches Driving Renal Injury in Lupus Nephritis	郭 闯	中国科学技术大学	
15:45-15:55		**茶 歇**		
15:55-16:15	单细胞时空重构与计算免疫学	任仙文	昌平国家实验室	杨雪瑞
16:15-16:35	发展单细胞测序技术并解析肿瘤微环境	靳文菲	中国科学院上海营养与健康研究所	
16:35-16:55	空间高可变的生物学通路鉴定	余光创	南方医科大学	王光中
16:55-17:15	肿瘤空间微环境与免疫治疗	叶幼琼	上海交通大学	
17:15-17:35	Clustering Single-cell RNA-seq Data with Some Model-Based Deep Learning Approaches	代 琦	浙江理工大学	余光创
17:35-17:55	人类器官发生时期单细胞图谱的绘制和应用	徐一驰	复旦大学	

S4会议主题：转化医学信息学

会议地点	A座东钱湖3+4厅
会议日期	7月13日- 下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	数据驱动的复杂眼病遗传诊断和干细胞治疗	苏建忠	温州医科大学	郭安源
14:05-14:25	“女娲”中国人群可变数目串联重复序列图谱解析	何顺民	中科院生物物理研究所	郭安源
14:25-14:45	Pathogenic Germline Variants in Asian PAAD	李 晶	海军军医大学	胡长江
14:45-15:05	单细胞组学解析人类和猕猴大脑发育中GABA能神经元皮质区域特化的保守与差异机制	李明锋	华中科技大学	胡长江
15:05-15:20	Cardiovascular Events of BTK Inhibitors: A Real-World Study Based on FAERS Database	苏钰文	南京医科大学	李 婧
15:20-15:35	基于生物质谱的免疫多肽组学分析与研究	邵文广	上海交通大学	李 婧
15:35-15:55		**茶 歇**		
15:55-16:15	肿瘤生物信息学—肿瘤免疫联合用药预测和验证	郭安源	四川大学华西医院	黄金艳
16:15-16:35	Cold atmospheric plasma translational medical informatics	戴晓峰	西安交通大学第一附属医院	黄金艳
16:35-16:55	AI模型在提升体外受精胚胎移植成功率方面的研究与应用	李书艳	徐州医科大学	戴晓峰
16:55-17:15	A New Era of Virus Bioinformatics	崔 杰	复旦大学	戴晓峰
17:15-17:30	全面整合遗传信息推进遗传咨询精准化	赵贵虎	中南大学湘雅医院	李明锋
17:30-17:45	The Dynamically Evolving Cell States and Ecosystem from Benign Nevi to Melanoma	李 鑫	重庆大学附属三峡医院	李明锋
17:45-18:00	人体微生物组调控女性生殖健康的机制研究	陈 夏	宁波大学附属第一医院	李明锋

S5会议主题：水产养殖组学大数据及应用

会议地点	A座豪生2厅
会议日期	7月13日- 下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:10	组学技术助推对虾种质创新	李富花	中国科学院海洋研究所	崔朝霞
14:10-14:35	海洋生物综合组学资源数据库构建及深度解析工具开发	王　师	中国海洋大学	崔朝霞
14:35-15:00	海鞘入侵的遗传组学基础及信号调控通路解析及应用	董　波	中国海洋大学	王　师
15:00-15:25	海洋生物基因组学研究进展及DCS技术的应用	范广益	深圳华大生命科学研究院	王　师
15:25-15:40	中华绒螯蟹肌肉蜕皮调控网络构建及蜕皮调控链分析	郝　彤	天津师范大学	王　师
15:40-16:00		**茶　歇**		
16:00-16:25	基于多组学技术的我国牡蛎主养种适应性分化与育种应用研究	李　莉	中国科学院海洋研究所	孙金生
16:25-16:50	南极磷虾极地适应与群体演变的遗传基础	邵长伟	中国水产科学研究院黄海水产研究所	孙金生
16:50-17:15	鲤异源四倍体基因组学及亚基因组演化	徐　鹏	厦门大学	李富花
17:15-17:30	基于组学数据发掘探究拟穴青蟹CHHs受体介导的调控机制	包臣昌	宁波大学	李富花

会议主题：主旨报告

会议地点	阳光一品二楼阳光厅
会议日期	7月14日-上午

时间	会议内容	讲者	工作单位	主持人
08:00-08:40	分子医学	谭蔚泓	中国科学院杭州医学研究所	赵方庆
08:40-09:05	高维生物学数据的因果推断理论和AI应用	陈洛南	中国科学院系统生物学重点实验室	赵方庆
09:05-09:30	Autoencoders模型与单细胞数据生物信息学分析	黄德双	宁波东方理工大学(暂名)	邓海腾
09:30-09:55	整合生物信息学的机遇与挑战	陈　铭	浙江大学	邓海腾
09:55-10:10	**茶　歇**			
10:10-10:35	单细胞及空间多组学技术开发和应用	赵方庆	中国科学院北京生命科学研究院	陈　铭
10:35-11:00	人工智能超级计算精准药物发现：花椒素抗衰老，癌症免疫与新冠	魏冬青	上海交通大学	陈　铭
11:00-11:25	整合RNA-seq与Iso-seq解析肺纤维化分子机制	蔡　禄	内蒙古科技大学	廖　奇
11:25-11:50	多模态生物医药大数据和人工智能大模型	彭绍亮	国家超算长沙中心（湖南大学）	廖　奇

会议地点	A座豪生1厅
会议日期	7月14日-下午

时间	会议内容	主持人
18:00-18:30	闭幕式	陈禹保

S6会议主题：组学数据挖掘与人工智能（二）

会议地点	**A座豪生1厅**
会议日期	**7月14日- 下午**

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	医疗多模态数据融合计算框架DeepOmix	赵 屹	中国科学院计算技术研究所	徐云刚
14:05-14:25	高灵敏度靶向基因融合检测算法Anchored-fusion	沈 宁	良渚实验室	
14:25-14:45	多组学数据多维度分子标志物的生物通路功能富集分析	卜德超	中国科学院计算技术研究所	罗海涛
14:45-15:05	肝癌类器官在原发性肝癌精准治疗中的应用	李 健	东南大学	
15:05-15:20	Large-language Models Facilitate Discovery of the Molecular Signatures Regulating Sleep and Activity	彭 迪	华中科技大学	景 莹
15:20-15:35	AI赋能的肿瘤微环境解析模型	左春满	东华大学	
15:35-15:50	**茶 歇**			
15:50-16:10	脊椎动物调控原件的人工智能解析	郭国骥	浙江大学	赵 屹
16:10-16:30	Guitar: Annotation Guided full-length Transcript Acquisition and Quantification with Reads Imputation	徐云刚	西安交通大学	
16:30-16:50	生物医学通用工具软件	任 间	中山大学	王 理
16:50-17:10	Dissecting Cellular Spatial Organization and Evolution of Tumor Ecosystem During Cancer Development	罗海涛	深圳市肿瘤精准免疫诊疗转化医学工程中心	
17:10-17:30	多组学驱动的复杂生物系统建模	计智伟	南京农业大学	任 间
17:30-17:45	基于人脑库的精神分裂症病因研究	陈 超	中南大学	
17:45-18:00	结合院前大数据和气象条件的院外心脏骤停风险预测模型	唐雯奕	重庆大学附属中心医院重庆市急救医疗中心	

S7会议主题：基因表达调控与表观遗传学

会议地点	A座东钱湖3+4厅
会议日期	7月14日-下午

时间	会议内容	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:10	3D Genome Mechanisms in Development	李　程	北京大学	张　岩
14:10-14:30	基于能量指标表征哺乳动物发育编程与体细胞重编程过程的细胞分化潜能	左永春	内蒙古大学	
14:30-14:50	Enhancer Code in Control of Gene Expression	黄佳良	厦门大学	李春权
14:50-15:10	单细胞基因调控网络推断方法的研究	刘治平	山东大学	
15:10-15:30	三维基因组与人工智能	陈河兵	军事医学研究院	宁尚伟
15:30-15:45	DNA Methylation Heterogeneity Attributable to a Complex Tumor Immune Microenvironment Prompts Prognostic Risk in Glioma	智　慧	哈尔滨医科大学	
15:45-16:00	**茶　歇**			
16:00-16:20	基于DNA甲基化的癌症分型和预后预测模型构建及特征	张　岩	哈尔滨工业大学	李　程
16:20-16:40	增强子驱动的转录调控网络分析方法研究	李春权	南华大学附属第一医院	
16:40-17:00	基于组学数据解析癌症免疫衰老的复杂调控模式	宁尚伟	哈尔滨医科大学	左永春
17:00-17:20	RNA编辑工具CRISPR-Cas13的系统评估和使用建议	费　腾	东北大学	
17:20-17:35	The Landscape of Extrachromosomal Circular DNA in Mammalian Preimplantation Embryos	毛凤彪	北京大学第三医院	费　腾
17:35-17:50	多囊卵巢综合征中的跨组织RNA编辑失调	陈建欢	江南大学	
17:50-18:00	Cross-disease Drug Discovery Based on Bioinformatics and Virtual Screening: Study of Key Genes in Alzheimer's Disease and Ovarian Cancer	沈子屹（学生代表）	川北医学院	

S8会议主题：基因组学与进化

会议地点	A座豪生2厅
会议日期	7月14日- 下午

时间	会议内容	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	人脑特异性发育的基因与分子网络基础	李川昀	北京大学	张治华
14:05-14:25	遗传变异大数据驱动的预测预警	宋述慧	国家生物信息中心	张治华
14:25-14:45	高原适应性的基因组结构变异特征解析	石金龙	中国人民解放军总医院	肖传乐
14:45-15:05	毛竹泛基因组构建分析及地径相关结构变异位点鉴定	赵韩生	国际竹藤中心	肖传乐
15:05-15:25	人类多核苷酸变异图谱构建及功能解析	龚　静	华中农业大学	李诣远
15:25-15:45	Development and Evolution of the Prefrontal Cortex	马少捷	中国科学院脑科学与智能技术卓越创新中心	李诣远
15:45-16:00	**茶　歇**			
16:00-16:20	Chromatin 3D Architectures Revealed by Single Cell Hi-C and ATAC-seq Data	张治华	国家生物信息中心	李川昀
16:20-16:40	三代测序基因组信息解析技术开发及应用	肖传乐	中山大学	李川昀
16:40-17:00	蜜蜂肠道微生物多样性的演化机制	李诣远	宁波大学	宋述慧
17:00-17:20	葫芦科植物基因组信息学研究平台构建	王金朋	华北理工大学	宋述慧
17:20-17:35	运用突变特征深度挖掘基因组数据以诠释癌症的诱因与发生机制	刘　陌	广州医科大学霍夫曼免疫研究所	龚　静
17:35-17:50	膀胱腺癌突变指纹及病因新解	苏现斌	上海交通大学	龚　静
17:50-18:00	基于基因表达谱特征的药物重定位方法研究	杨寅骑（学生代表）	重庆医科大学	龚　静

S9会议主题：微生物与代谢组学

会议地点	A座豪生3厅
会议日期	7月14日-下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	基于深度学习的复杂微生物组状态检测与识别	苏晓泉	青岛大学	朱怀球
14:05-14:25	人体口咽微生物组的水平传递	李明锟	国家生物信息中心	
14:25-14:45	微生物组暗物质的人工智能解析与健康领域转化	宁　康	华中科技大学	陈卫华
14:45-15:05	面向低生物量临床样品的微生物组方法学研究	黄　适	香港大学	
15:05-15:20	AI-based Large-scale and Accurate de novo Peptide Sequencing	常　乘	国家蛋白质科学中心	蒋　超
15:20-15:35	全景“代谢组衰老分数”的构建与应用	李　滨	中南大学湘雅医院	
15:35-15:55	**茶　歇**			
15:55-16:15	深度学习在微生物组学研究的若干应用及探讨	朱怀球	北京大学	宁　康
16:15-16:35	Oral to Gut Microbial Translocation_x005f and Disease Risks	陈卫华	华中科技大学	
16:35-16:55	浅谈进化微生物组及分析方法	蒋　超	浙江大学	宋启发
16:55-17:15	The Spatiotemporal Dynamics of Oral Microbiome and its Impact on Oral and Gastrointestinal Diseases	徐振江	南昌大学	
17:15-17:30	肠道菌群及其代谢产物诊治妊娠并发症的潜力探讨	宣荣荣	宁波大学附属第一医院	徐振江
17:30-17:45	Linking Dietary Fiber to Human Malady through Cumulative Profiling of Microbiota Disturbance	贾耿介	中国农业科学院农业基因组研究所	
17:45-18:00	基于质谱解析未知次生代谢物结构的生物信息学算法	纪宏超	中国农业科学院深圳农业基因组研究所	

S10会议主题：结构生物信息与药物设计

会议地点	A座东钱湖1+2厅
会议日期	7月14日- 下午

时间	报告题目	讲者	工作单位	主持人
13:45-14:05	基于智能算法的药物组合预测	陈　兴	江南大学	朱　峰
14:05-14:25	PolyLego：功能性生物聚合物的高通量设计与筛选	纪志梁	厦门大学	
14:25-14:45	人工智能（AI）辅助的药物靶标发现	朱　峰	浙江大学	赵　琪
14:45-15:05	DeepDirect – 替换氨基酸使得蛋白亲和力单调提升的人工智能方法	李金艳	深圳理工大学	
15:05-15:25	噬菌体与细菌的军备竞赛	冯　越	北京化工大学	章　乐
15:25-15:40	药物结合口袋的动态性质与小分子药物发现	徐志建	中国科学院上海药物研究所	
15:40-15:55		**茶　歇**		
15:55-16:15	基于人工智能的生物大分子冷冻电镜数据处理技术	张　法	北京理工大学	陈海峰
16:15-16:35	Compound Toxicity Prediction Based on Deep Learning and Feature Fusion	赵　琪	辽宁科技大学	
16:35-16:55	ConvNeXt-MHC: Improving MHC-peptide Affinity Prediction by Structure-derived Degenerate Coding and the ConvNeXt Model	章　乐	四川大学计算机学院	冯　越
16:55-17:15	蛋白质多态构象预测及模型质量评估	张贵军	浙江工业大学	
17:15-17:35	Deep Learning Enhanced Multi-body Protein Interaction Prediction and Dynamics Modelling	龚新奇	中国人民大学	李金艳
17:35-17:50	CarbonDesign, CarbonNovo, and SidechainDiff-Generative AI for Protein Sequence, Backbone, and Sidechain Structure	张海仓	中国科学院计算技术研究所	
17:50-18:05	蛋白质结构中的稳定相互作用与柔性相互作用	张盖华	湖南师范大学	

院士嘉宾信息

陈润生 院士

中国科学院

中国科学院院士，中国科学院核酸生物学重点实验室学术委员会主任，陈润生院士是我国最早从事理论生物学、生物信息学以及非编码RNA研究的科研人员之一。三十多年来在生物信息学领域进行了系统的研究，曾参加我国第一个完整基因组泉生热袍菌B4基因组序列的组装和基因标识，曾参加人类基因组1%和水稻基因组工作草图的研究。构建了收录非编码RNA及其基因的数据库NONCODE，以及收录非编码RNA与其它生物大分子相互作用的数据库NPInter，这两个数据库也已成为了国际在非编码RNA领域非常有影响力的数据库。共发表SCI学术论文300余篇，自1996年以来在国际学术会议上共作大会报告及分组会报告二十余次。由于其在基因组信息学领域的早期工作，1996年9月29日至10月3日在日本筑波召开的第十五届国际科学技术数据委员会（CODATA）大会上应邀作“Kotani Memorial Lecture”，同时获得“小谷正雄”奖（“Kotani Prize”，生物领域）。2008年获何梁何利基金科学与技术进步奖；2012年获谈家桢生命科学成就奖；2013年获得国家科学技术进步奖二等奖（第一完成人）。

院士嘉宾信息

谭建荣 院士

中国工程院

中国工程院院士，浙江大学求是特聘教授、博士生导师，担任浙江大学机械工程学院设计工程及自动化系系主任，浙江大学流体动力与机电系统国家重点实验室学术委员会副主任、浙江大学CAD&CG国家重点实验室学术委员会委员，中国机械工程学会副理事长、中国图学学会副理事长、教育部工程图学教学指导委员会主任，先后获首届“国家杰出青年科学基金”、“中青年图形科技跨世纪人才”、国务院政府特殊津贴、“浙江省重点学科带头人”、“浙江省‘151’人才工程第一层次”、“浙江省新世纪重点培养人才”、国家863计划自动化领域CIMS主题设计自动化专题专家、国家“百千万人才第一二层次”、“科技部十五863先进个人”、“科技部十一五国家科技计划执行突出贡献奖”等荣誉和称号。

院士嘉宾信息

谭蔚泓 院士

中国科学院

中国科学院院士、发展中国家科学院院士、欧洲科学院院士、中国科学院杭州医学研究所所长、浙江省肿瘤医院院长。现任教育部科技委员会委员，国家自然科学基金委化学部咨询委员会委员，科技部纳米 专项专家委员会委员等；美国化学会J.Am.Chem.Soc.杂志副主编，ACS Nano、Chem Sci、国家科学评论等国内外期刊副主编或编委。长期致力于生物化学、生化分析和分子医学的教育和研究，在国际上首先提出了核酸适体活细胞筛选的新概念，研制了特异性识别恶性肿瘤等病变细胞的分子探针和靶向药物，建立了多种基于功能核酸的重大疾病诊断治疗新方法与新技术，为诊断医学提供了新策略、新工具和新材料。谭蔚泓教授在Science等学术刊物上发表学术论文1000余篇，引用95000多次，H-index 170。2014-2023连续十年入选全球高被引研究人员名单。研究成果分别获2014年和2020年国家自然科学二等奖，2018年何梁何利基金科学与技术进步奖，2018年美国化学会“光谱化学分析奖”，2019年美国PITTCON分析化学成就奖、2019年RalphN. Adams生物分析化学成就奖， 2022树兰医学奖。

主旨报告专家及主持人

孙中生 教授（中国科学院动物研究所）

中国科学院动物研究所/北京生命科学研究院，博士生导师。1982 年北京大学学士；1992 年美国德克萨斯 A&M 大学博士；1993-1998 年先后在德克萨斯大学安德生癌症研究中心放射治疗系、贝勒医学院分子人类遗传学系做博士后；1998-1999 年任路易斯安那州立大学神经科学中心助理教授、主任助理，同时任生物化学和遗传系助理教授；1999-2005 年在美国康奈尔大学任助理教授，威尔医学院特护医学实验室主任；2005-2010 年在中国科学院心理研究所行为遗传学中心任研究员，2010 年至今任北京生科院研究员。1997 年,荣获 Science 杂志十大科学突破，1998 年度获基金委海外杰青，2006 年入选“新世纪百千万人才工程”，2006 年入选中国科学院第十六批“引进国外杰出人才”，2017 年获第七届中国科学院北京分院科技成果转化三等奖，2018 年获“药明康德生命化学研究奖”学者奖，国务院政府特殊津贴专家。

李　霞 教授（哈尔滨医科大学）

李霞教授，国家二级教授、博士生导师，哈尔滨医科大学生物信息科学与技术学学院院长，国务院特殊津贴获得者，北京“百千万人才工程”入选者、五洲女子科技奖获得者、“龙江学者”特聘教授、生物信息学国家一流专业负责人、省级教学名师、省“头雁”团队带头人、省重点学科带头人。兼任中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会主任委员，中国生物信息学（筹）重大疾病组学信息学专业委员会，理事长，黑龙江省生物信息学学会会长。主要研究方向重大疾病组学信息学，先后承担国家 863 项目 4 项，973 课题 2 项，参加重大研究计划 2 项，国自然基金项目 12 项，获教育部奖、省部级奖、中华医学奖等 10 余项。在国外著名生命科学杂志发表 SCI 论文近 300 篇，累计 SCI 影响因子千余点，H 指数>50。2020 年--2023 年连续评为 ESI 高被引学者，进入全球学者学术影响力排行榜。2003 年创办了我国第一个生物信息学本科专业，国家生物信息学一流专业（本科）建设专业负责人。国家级规划教材《生物信息学》（第一、二和三版）连任主编。

相建海 教授（中国科学院海洋研究所）

相建海，毕业于南开大学，1982 年底留德回国，投身于我国海洋生物学及生物技术研发，40 多年来如一日，在基础研究、关键技术和产业转化上发力。开创了对虾细胞工程育种，首次批量诱导出三倍体并养成，在海洋动物细胞、分子遗传学和组学研究上取得新认知。上世纪 90 年代即参与谋划并组织了我国海洋生物 863 高技术计划的实施，倡导并力行海水养殖种子工程，为推动实现产业化尽职尽力。早在上世纪末，团队就开始应用生物信息学开展了海洋生物组学研究，在国际上率先成功破译重要经济生物--海参和凡纳滨对虾等复杂基因组。参加了国家中长期科技战略海洋领域规划，负责组织编写十五和十一五海洋高技术战略报告和十二五国家海洋农业专项战略规划；担任了中科院“至 2050 年海洋科技领域发展路线图”编写组组长。先后指导博士后 12 人，博士硕士 50 余人，2008 年被中科院研究生院评为“杰出贡献教师”。曾获全国优秀留学回国人员、全国科技先进工作者等称号。2016 年获曾呈奎海洋科技突出成就奖；2017 年获“国际甲壳动物学会杰出研究贡献奖”。

张　勇 教授（同济大学）

张勇教授，同济大学生命科学与技术学院教授，生物信息学系系主任。关注于开发生物信息学算法和模型，解析细胞命运决定过程中染色质调控信息的建立及作用机制。获得国家杰出青年基金、国家基金委优秀青年基金、教育部青年长江学者、中组部青年拔尖人才、上海市优秀学术带头人、国家自然科学奖二等奖、上海市自然科学奖一等奖、教育部自然科学奖一等奖等.

杭雨晴 教授（浙江崭晴生物科技有限公司）

杭雨晴教授，浙江崭晴生物科技有限公司研发总监。宁波大学 12 级阳明班生物技术专业本科，美国克莱姆森大学生化与分子博士，主要通过多组学数据挖掘，基因编辑算法开发及应用，识别分子标志物，研究疾病发生发展机制。参与多个美国国家课题（NSF-CC*1659300，NSF-PGRP1444461, NIH-P01 AG070384-01)，成果发表在 Cell Reports、BMCGenomics、Scientific Reports、G3 Genes|Genomes|Genetics、Journal of Autism and Development Disorders、Biotechnology for Biofuels 等期刊。入选浙江省湖州市“南太湖精英计划”海外创新青年人才。

王春琳 教授（宁波大学）

王春琳，教授，博士生导师，宁波大学海洋学院特聘院长，国家现代农业产业技术体系岗位科学家，第六届全国水产原种和良种审定委员会委员，浙江省 151 人才工程重点资助对象。王春琳教授长期从事海水蟹遗传育种和养殖技术研究工作，主持国家级、省部级等各类课题 20 余项，包括国家 863 计划子课题、国家自然科学基金面上项目、国家农业科技成果转化资金项目、浙江省育种重大科技专项等。获省、部级奖励多项，作为主要成员培育三疣梭子蟹“科甬 1 号”新品种；发表学术论文 200 余篇，其中 SCI 收录 100 余篇，获授权发明专利 20 余项，牵头制定浙江省地方标准 1 项、宁波市技术规范 1 项。推广示范具有自主知识产权的“科甬 1 号”新品种及配套养殖技术，提高了三疣梭子蟹养殖良种覆盖率，为进一步提升我国水产科技竞争力，加快现代海水养殖业发展贡献了力量。

薛愿超 教授（中国科学院生物物理所）

薛愿超，中国科学院生物物理所研究员、中国科学院大学岗位教授、博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者、国家重点研发项目首席科学家。2010 年博士毕业于武汉大学，2010-2015 年在美国加州大学圣地亚哥分校进行博士后训练，于 2015 年 5 月全职回国并入职于生物物理研究所。长期从事非编码 RNA 的功能机制研究及相关技术研发。近年来，围绕非编码 RNA 与转录调控开展了系统性探索，在 Nature、Nat Cell Biol、Mol Cell、Nat Commun、Cell Res 等杂志发表研究论文 40 余篇，先后获得国家海外高层次人才计划、优秀青年科学基金、国家杰出青年科学基金、中国科学院优秀导师奖、中国科学院大学领雁银奖、药明康德生命化学研究奖、中源协和生命医学创新突破奖等荣誉和奖励。

瞿　昆 教授（中国科学技术大学）

中国科学技术大学生命科学与医学部教授，国际合作与交流部部长兼港澳台办公室主任,长期致力于通过生命科学与医学、化学、数学和计算机科学的交叉融合，发展新型基因组学测序技术和生物大数据分析算法和软件；同时利用已有和原创的工具，通过与医学的交叉融合，系统性研究新冠肺炎、肿瘤、自身免疫病等重大疾病的免疫学致病机理。已在 Nature, Cell 及其子刊等高影响因子学术期刊上发表论文 60 多篇（第一或通讯作者 18 篇）。5 年内论文 SCI 总影响因子超过 400，Google Scholar 学术引用超过学术引用超过 10000 次，H-index 45。承担国家创新人才青年项目；基金委杰出青年基金项目、重大研究计划培育项目和集成项目、面上项目；科技部国家重点研发计划课题负责人；安徽省科技重大专项；中国科学院稳定支持基础研究领域青年团队计划等。

母昌考 教授（宁波大学）

母昌考，宁波大学教授，博士生导师，入选浙江省高层次人才特殊支持计划和浙江省 151 人才工程第二层次，浙江省高校创新领军人才，担任中国海洋学会理事、浙江省遗传学会理事和浙江省动物学会理事。主要从事甲壳动物繁殖生物学、遗传选育与种质资源保护研究。教育部第二批高校“双带头人”教师党支部书记工作室负责人。先后承担国家自然科学基金面上项目等 10 余项，在研国家自然科学基金面上项目 2 项，发表论文 70 余篇。

主旨报告专家及主持人

陈洛南 教授（中国科学院系统生物学重点实验室）

陈洛南教授，华中科技大学电气工程学士学位；日本东北大学系统科学硕士学位；日本东北大学系统科学博士学位。1997 年日本大阪产业大学副教授；2000 年美国加州大学洛杉矶分校(UCLA)访问教授；2002 年日本大阪产业大学教授；2009 年中科院生化细胞研究所研究员，中国科学院系统生物学重点实验室执行主任，国科大杭高院首席教授。中国生化细胞学会《分子系统生物学专业分会》主任委员，中国生物信息学学会(筹)《网路生物学专业委员会》主任委员，中国运筹学会《计算系统生物学分会》名誉理事长，IEEE SMC 学会《系统生物学技术委员会》主席。主要从事生物信息学，非线性动力学，人工智能等研究，近年来作为通讯或共同通讯作者发表 300 余篇期刊论文(Nature, Nature Genetics, Nature Communications, Nature Cancers, Cancer Cell, Cell Research, PNAS, NSR, PRL, Innovation 等)和五部专著。

黄德双 教授（宁波东方理工大学（暂名））

黄德双，工学博士，教授，博士生导师，宁波东方理工大学（暂名）教授。国家科技创新 2030-新一代人工智能重大项目首席科学家（主持人），国家科技创新 2030-脑科学与类脑研究重大项目管理专家。中国生物信息学会（筹）生物医学数据挖掘与计算专业委员会主任，中国计算机学会生物信息学专业委员会副主任。迄今 Google Scholar 引用 24220 余次，H 因子 81。IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics，IEEE Transactions on Cognitive and Developmental Systems 等国际杂志编委。已发表 SCI 收录论文 260 余篇，其中 Genome Biology、PLOS Computational Biology、Bioinformatics 和 Brief in Bioinformatics 等生物信息学领域影响因子大于 5.0 的论文 50 余篇，IEEE 系列刊物 69 篇，SCI 他引 7100 多次，曾获 1997 年度第八届全国优秀科技图书二等奖（排名唯一），2010 年度安徽省自然科学一等奖（排名第一），2016 年度教育部自然科学一等奖（排名第一），2018 年度吴文俊人工智能科技进步一等奖（排名第一）。授权发明和实用新型专利 38 项； 美国发明专利授权 1 项、日本发明专利授权 2 项、软件著作权 7 项。

陈 铭 教授（浙江大学）

陈铭教授，德国比勒菲尔德大学生物信息学博士，浙江大学生命科学学院教授、博导，浙江大学生物信息学学科带头人。曾先后借调科技部基础司工作；挂职内蒙古民族大学任校长助理、特聘院长。现担任浙江省生物信息学学会理事长；教育部生物科学“101 计划”生物信息学核心课程建设牵头专家、教育部生物信息学虚拟教研室主任；中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会主任、中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学分会常务理事、中国运筹学会计算系统生物学分会理事会常务理事。长期从事生物信息学与系统生物学方面的科教工作，在 Cell、Nature、NAR、Bioinformatics 等期刊上共发表 SCI 学术论文 200 余篇，Google Scholar H 指数 52。主要研究方向：组学大数据整合与挖掘，非编码 RNA 生物信息学研究、生物网络建模以及精准医学方面的科学研究。

赵方庆 教授（中国科学院动物研究所）

赵方庆教授，中国科学院动物研究所研究员，国家杰出青年基金获得者、中国科学院特聘研究员。现任中国生物信息学会基因组信息学专委会主任、中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会副主任、中国微生物学会微生物组专委会副主任、Briefings in Bioinformatics、Science Bul-letin、Science China Life Sciences、Genomics, Proteomics & Bioinformatics 等期刊副主编或编委。先后主持十余项国家自然科学基金，并作为首席科学家主持科技部重点研发计划和军委科技委基础加强计划等项目。主要致力于建立高效的算法模型和实验技术，探索人体微生物与非编码RNA 的结构组成与变化规律，以期解析它们与健康和疾病的关系。近年来，在 Cell、Gut、Nature Biotechnology、Nature Methods、Nature Computational Science、Nature Communications 等刊物上发表通讯作者论文 90 余篇，其中十余篇入选 ESI 高被引论文。荣获“中国科学院优秀共产党员”称号，并 6 次获得“中国科学院优秀导师奖”，3 次获得“中国科学院大学领雁奖章”，“中国科学院李佩教师奉献奖”、“中国科学院朱李月华优秀教师奖”和“中国科学院大学必和必拓导师奖”。

魏冬青 教授（上海交通大学）

魏冬青教授，上海交通大学生命科学技术学院和微生物代谢国家重点实验室长聘教授（二级教授），鹏城实验室双聘教授，仲景中医药产业研究院院长，皇家化学院院士， 生物工程学会生物信息专委会副主委、国际交叉科学学会会长。荣获横山亮次奖，上海市科学进步一等奖等国内外奖项。在交叉学科多个领域做出了开拓性工作，特别是首次从理论上证明了铁电液晶的存在，首次揭示了爆炸反应的微观机理，发现并验证了花椒素的抗衰老作用。目前主要从事生物信息学研究，系统开展分子模拟，AI 辅助药物设计以及基于人工智能的酶定向进化研究。在 PRL、JACS、Gastroenterology 和 Nature 子刊等期刊发表科学论文 600 多篇，主编专著 13 部，SCI 引用 16000 多次, H 因子 67，h10 312。

蔡 禄 教授（内蒙古科技大学）

蔡禄教授，内蒙古科技大学生命科学与技术学院教授，博士生导师。国务院特殊津贴专家、内蒙古自治区杰出人才、自治区有突出贡献中青年专家、自治区“草原英才”人才。内蒙古自治区“功能基因组生物信息学重点实验室”主任，“表观遗传学与生物信息学科技创新团队”负责人。开展生物信息学、表观遗传学、精准医学等领域研究。目前主要关注基因表达在表观遗传学层面的调控机制，开展核小体定位、RNA 可变剪接、地方高发性疾病与精准医学的生物信息学等问题研究。获国家自然科学奖三等奖 1 项，内蒙古自治区自然科学奖一等奖 1 项，自治区科技进步奖一等奖、二等奖各 1 项，自治区中青年科技创新奖 1 项，获自治区优秀教学成果奖一等奖 2 项。主持国家自然科学基金项目 6 项，承担国家自然科学基金重点项目 1 项。发表高水平论文 60 余篇；出版《表观遗传学前沿》学术专著 1 部，《生物信息学》教材 3 部。中国生物信息学学会（筹）表观遗传信息学专业委员会主任，中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学分会委员、中国生物工程学会生物信息学与计算生物学分会委员，内蒙古自治区生物物理与生物信息学会副理事长。三疣梭子蟹养殖良种覆盖率，为进一步提升我国水产科技竞争力，加快现代海水养殖业发展贡献了力量。

彭绍亮 教授（国家超级计算长沙中心）

长江学者，主持湖南省“创新群体”和”杰出青年”基金，国家超级计算长沙中心副主任，湖南大学"岳麓学者"二级教授/博导，2023 年获评湘江榜样（10 位），2023 湖南省数字化十大杰出人物。从事大数据、生物信息、人工智能、区块链等技术研究。出版学术专著 8 部，在 Nature Machine Intelligence 等期刊发表学术论文 200 余篇，论文引用 9000 余次。获 2019 年国家科技进步二等奖，2019 年湖南省技术发明一等奖（排名 1），2013 年军队科技进步一等奖 1 项，2021 年 CCF 技术发明二等奖（排名 1），2018 年 CCF 自然科学二等奖（排名 1），2016 年立三等功。是中央军委科技委生物交叉立项专家组成员、国家科技部/工信部/教育部会评专家、人工智能学会终身会员，中国计算机学会理事、CCF 计算机应用和生物信息专委副主任和 YOCSEF 总部 AC 委员、CCF 大模型论坛常委、高性能计算专委常委、大数据专委常委、区块链专委委员，CCF 杰出会员和杰出 3 星演讲者（CCF 第二个）、湖南省生物信息学会和生物医学工程学会理事长（发起人），担任 2 个 SCI 期刊执行主编（Interdisciplinary Sciences: Computational Life Scienc -es， International Journal of Biological Sciences）和多个国际期刊副主编等。2020 年联合创立全球第一个《Metaverse》元宇宙 Web 3.0 国际学术期刊，任 Editor-in-Chief（主编），获得 2022 世界元宇宙生态大会元宇宙领军人物奖和 2022 “元宇宙 30 人创新人物奖”。

邓海腾 教授（清华大学）

邓海腾现担任清华大学生命科学学院长聘教授、协和医院双聘教授、教育部信息及系统生物学重点实验室主任和清华长三角研究院（嘉兴）靶标发现中心主任。邓海腾在武汉大学获得学士和硕士学位，在美国宾州州立大学获得化学物理专业博士学位，先后在阿拉伯塔大学和橡树岭国家实验室从事博士后研究，并分别在爱因斯坦医学院、内布拉斯加大学、洛克菲勒大学和清华大学担任质谱和蛋白质组学平台主管。邓海腾课题组目前主要研究领域与方向包括发展和应用蛋白质组学、代谢组学、噬菌体展示和化学生物学技术；研究衰老和复杂疾病之间的关系；发现衰老的生物标志物和治疗靶标；开发延缓衰老和提高健康寿命的新策略。他在近 5 年中发表学术论文 130 余篇。

廖　奇 教授（宁波大学）

廖奇，宁波大学医学部教授，科技处副处长，博士生导师。研究方向为非编码 RNAs 的生物信息学分析，包括非编码 RNAs 的鉴定、功能、调节网络分析及与疾病和癌症的关系。迄今为止以第一或通讯作者身份在国际著名期刊 Signal Transduction and Targeted Therapy、Nucleic Acids Res 、 Briefings in bioinformatics 、 Genomics, Proteomics & Bioinformatics 等发表论文 30 多篇，单篇最高引用 493 次（Web of Science）。主持国家自然科学基金面上项目等。目前担任中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学分会理事，浙江省生物信息学学会副理事长等。2021 年入选浙江省属高校领军人才培养计划青年优秀人才。

组学数据挖掘与人工智能（一）专题报告专家及主持人

薛 宇（华中科技大学）

华中科技大学生命科学与技术学院教授、湖北省生物信息与分子成像重点实验室主任、湖北省“人工智能生物学”创新群体负责人。现任中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学分会委员，中国生物信息学会（筹）理事。主要研究方向为蛋白质化学修饰信息学，近年来紧密围绕化学修饰底物与位点预测、修饰生物效应解析和修饰组学数据挖掘等重要科学与技术问题，采用由点及面、层层推进的研究策略，取得了阶段性研究成果。近 5 年以唯一或共同通讯作者身份在 Immunity、Nature Biomedical Engineering 和 Nature Communications 等期刊上发表其中 IF>10 的 SCI 论文 24 篇。全部论文近 5 年引用>11,000 次，授权发明专利 9 项，获得计算机软件著作权登记证书 15 项。

李津臣（中南大学湘雅医院）

中南大学湘雅医院特聘教授、研究员、博士生导师，现任国家老年疾病临床医学研究中心数据挖掘与应用中心主任、湘雅医院生物信息中心常务副主任，芙蓉实验室生物信息平台负责人；入选国家四青人才项目、中国科协青年人才托举工程，湖南省卫生健康高层次人才；荣获湖南省青年岗位能手等称号。主要围绕人类重大疾病特别是神经精神类疾病的基因组医学开展了系列研究，作为项目负责人获批国家重点研发计划(青年科学家项目)等科研项目 10 余项；以第一作者或通讯作者累积发表 SCI 研究论文 40 余篇，其中 IF>10 的研究论文 15 篇。

彭 玮（昆明理工大学）

教授，昆明理工大学信息工程与自动化学院，博士生导师。云南省”兴滇英才”计划青年人才的入选者，云南省高校普识与可信计算科技创新团队负责人。主要从事图论和深度学习方法研究及其在融合多组学数据解决精准医学相关问题上的应用。在 Bioinformatics、BIB、JBHI、TCBB、TNSE 等 SCI 期刊发表论文 50 余篇。主持国家自然科学基金等多个项目。获得云南省科技进步一等奖等奖励。

吴红艳（中国科学院深圳先进技术研究院）

中国科学院深圳先进技术研究院研究员，博士生导师。深圳市“孔雀计划”海外高层次人才，致力于深度图计算算法，以及图计算在生命科学领域的预测、泛化性及可解释性。主持国自然面上等，核心参与深圳科技进步二等奖，以第一或通讯作者在 Nature Machine Intelligence，IEEE Trans Neural Netw Learn Syst, IEEE Trans Cybernetics，Briefings in Bioinformatics 等重要国际期刊发表论文 30 余篇；申请专利和软著 40 余项。

王　鹏（哈尔滨医科大学）

哈尔滨医科大学，教授、黑龙江省高层次 E 类人才、博士生导师，主要研究方向为恶性肿瘤个体化精准医疗、生物医学大数据平台开发等。主持国家自然科学基金面上项目等省部级以上课题 10 余项，作为学术骨干参与 863、973 重大项目（已结题）。发表论文 50 余篇，其中 15 篇论文 SCI 影响因子>10。一篇论文被评选为 ESI(top 0.1%)热点论文，并入选 2023 年度“中国生物信息学十大进展”。

陈　迪（中国科学院大连化学物理研究所）

中国科学院大连化学物理研究所，副研究员，主要围绕生命科学领域内多层次、异质性的大数据资源的智能化整合及生物学机制挖掘开展深入研究，建立多层次组学整合分析方法，为数据驱动的生物标记物和治疗靶标的发现提供行之有效的分析手段。相关成果以第一作者（包括共同一作）发表在 Nature Communications,Advanced Science 等国际知名期刊上。主持国家自然科学基金等多个科研项目。

高　歌（北京大学）

北京大学博雅教授，生物医学前沿创新中心(BIOPIC)、蛋白质与植物基因研究国家重点实验室暨生物信息中心(CBI)研究员。长期致力于开发新生物信息技术以精准解析细胞调控图谱，并探索其在重大慢性疾病精准诊疗中的应用。近年来于 Nature Biotechnology 等领域高影响力刊物、NeurIPS 等人工智能领域顶会上发表通讯作者论文 30 余篇，累计他引逾万次，多次获评 Clarivate/SCI 全球高被引学者、Elsevier 中国高被引学者等，多项成果入选中国生物信息学十大进展、中国生物信息学十大数据库、中国热点论文榜、ESI Highly Cited (Top 1%)论文等。作为主讲教师创设的国际首门中英双语生物信息学慕课(MOOC)入选国家首批精品在线课程(2017)、首批国家级一流本科课程(2020)，相关成果获北京高等教育教学成果一等奖(2013~2017，第一完成人)。

陈振夏（华中农业大学）

教授、博士生导师。华中农业大学生命科学技术学院、生物医学与健康学院教授、博士生导师，Briefings in Bioinformatics 副主编（Deputy Editor）。现主要开展营养基因组学研究，采用“果蝇-小鼠-人”比较基因组学研究策略，通过动物和人类营养健康的多组学数据整合分析，评估“基因-膳食-表型”的关联及其分子机制。迄今以通讯或第一作者发表 Advanced Science, Genome Biology, Genome Research, Nucleic Acids Research 等 SCI 论文 21 篇。

廖明帜（西北农林科技大学）

西北农林科技大学教授/博士生导师，国家级青年人才计划入选者、陕西省杰出青年基金获批者。研究兴趣集中在动物多组学大数据的处理与分析。目前为中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会委员等。主持 3 项国家自然科学基金，在 PNAS、Advanced Science、Molecular Plant、Journal of Biological Chemistry 等期刊发表论文 60 余篇。

程立新（南方科技大学-深圳市人民医院）

南方科技大学第一附属医院（深圳市人民医院）研究员，健康医疗大数据中心主任。主要研究方向为生物信息学及医学大数据分析，通过多源数据整合和迁移学习技术从多维组学数据中识别稳定的分子标志物，对疾病进行早期筛查及预后评估。近年来以第一或通讯作者发表 SCI 论文近 40 篇（IF>250，h-index 25）。深圳市海外高层次人才。

丁彦蕊（江南大学）

江南大学，教授，纽约大学访问学者，Interdisciplinary Sciences: Computational Life Sciences 青年编委，Computational Biomedicine 编委。长期从事基于复杂网络理论以及机器学习方法的生物医学交叉研究。发表 SCI 论文 40 余篇；参与完成科技部“重大仪器专项”、“863”项目、江苏省科技成果转化专项资金 A 类重点项目等项目；获得教育部科技进步奖二等奖（第三完成人）、中国石油和化学工业联合会科技进步一等奖（第二完成人）等奖项。

崔英博（国防科技大学）

国防科技大学计算机学院副研究员，天河超算团队核心骨干。主要研究基于超算和人工智能的基因组解析技术和方法，涉及序列比对、结构变异、泛基因组等，在 Nature Protocols、Nucleic Acids Research 等期刊发表论文 26 篇，获国防发明专利授权 9 项。主持国家自然科学基金、国防科工局项目等多项课题。入选湖南省“荷尖人才”、国防科技大学“高层次创新人才拔尖人才培养对象”，获国防科技大学青年创新奖。担任中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会委员等。

马世勇（重庆医科大学）

重庆医科大学新靶标与化学干预教育部医药基础研究创新中心副教授，重庆市引进高层次人才。主要从事基于高维组学数据的肿瘤生物标志物研究工作。迄今在 Cell、Nucleic Acids Research、Theranostics、Materials Today Bio 和 Analytica Chimica Acta 等知名期刊上发表了十余篇学术论文，其中 6 篇论文为通讯作者或第一作者。发表论文的累计影响因子超过 120，总引用次数超过 600 次。主持重庆市教委等多个科研项目。

王　宏（温州医科大学）

博士，研究员，博士生导师。温州市瓯越英才海智计划人才，中国眼谷副主任，温州医科大学附属眼视光医院 PI。主要从事眼病功能基因组学与结构生物学研究，研究方向包括近视大数据与智能应用，眼病环境与阈值效应分析，遗传眼病分子诊疗新技术探究，RNA 结构异常与眼病分子机制研究，人工智能辅助多疾病集成诊断研究等。累计发表高水平期刊论文 40 余篇，第一作者/通讯发表论文 15 篇，总 SCI 影响因子达到超过 300 点。主持国家重点研发计划课题、国家自然科学基金项目、浙江省“尖兵领雁”重点研发计划项目等科研项目 18 项。

李　晋（海南医科大学）

博士、教授，博士生导师，海南省拔尖人才，海南医科大学生物医学信息与工程学院院长助理、卫生健康大数据海南省工程研究中心副主任。留学美国印第安纳大学和俄亥俄州立大学，主持国家自然科学基金 2 项，发表 SCI 论文 40 余篇。主要研究方向为组学数据分析、药物基因组信息学和癌症系统生物学。担任中国生物信息学学会（筹）重大疾病组学信息学专委会常委、中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会委员、中国人工智能学会生物信息学与人工生命专委会委员、会中国计算机学会生物信息学专委会通讯委员、海南省学位委员会学科评议组成员、海南省青年科技工作者协会委员等职务。

刘　娟（武汉大学）

武汉大学教授、博士生导师。武汉大学珞珈特聘教授，武汉大学人工智能研究院副院长。曾入选教育部“新世纪优秀人才计划”、 教育部“骨干教师计划”、武汉市“3551 光谷人才计划”、武汉市“青年科技晨光计划”等。主要研究领域为生物信息、智能医学等。已发表相关研究论文 200 余篇，出版学术论著 1 部，主编教材一本，申请国际发明专利 10 项，授权 4 项；申请中国发明专利 40 余项，授权 22 项；取得软件著作权登记 15 项。承担国家重点研发计划课题、国家自然科学基金、教育部新世纪人才计划、教育部骨干教师资助计划、留学回国人员科研启动基金、湖北省人工智能重大专项、江苏省自然科学基金、武汉市应用基础前沿项目、武汉市晨光计划等课题多项。曾获教育部科技进步奖、湖北省自然科学奖、湖北省科技进步奖、中国产学研合作创新奖等。

RNA 修饰及非编码 RNA 专题报告专家及主持人

薛愿超（中国科学院生物物理研究所）

中国科学院生物物理所研究员、中国科学院大学岗位教授、博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者、国家重点研发项目首席科学家。2010 年博士毕业于武汉大学，2010-2015 年在美国加州大学圣地亚哥分校进行博士后训练，于 2015 年 5 月全职回国并入职于生物物理研究所。长期从事非编码 RNA 的功能机制研究及相关技术研发。近年来，围绕非编码 RNA 与转录调控开展了系统性探索，在 Nature、Nat Cell Biol、Mol Cell、Nat Commun、Cell Res 等杂志发表研究论文 40 余篇，先后获得国家海外高层次人才计划、优秀青年科学基金、国家杰出青年科学基金、中国科学院优秀导师奖、中国科学院大学领雁银奖、药明康德生命化学研究奖、中源协和生命医学创新突破奖等荣誉和奖励。

周　宇（武汉大学）

武汉大学生命科学学院教授。长期从事生物信息与 RNA 生物学研究，研发了多项 RNA 研究新技术和分析方法，取得了一系列原创性成果，包括建立了以解析多维 RNA 图谱为基础的 RNA 加工调控研究范式；发现了改变传统观点的 RNA 渐进式加尾模式；鉴定了 RNA 非经典生成模式中的 RNA-RNA 互作调控规律；揭示了 m6A 修饰调控 mRNA 分流到 P-body 的新功能；解析了 RNA 调控影响细胞功能和命运的分子机制等。近 5 年在知名学术期刊以通讯或共同通讯作者发表研究论文 20 篇（Cell 1 篇，Mol Cell 2 篇，Nat Struct Mol Biol 2 篇，Genes Dev、EMBO J、Nat Commun、Genome Biol、Plant Cell、EMBO Rep 各 1 篇等）。入选国家高层次人才计划、获批国家优秀青年基金。

鲁　志（清华大学）

清华大学生命科学学院长聘副教授，特别研究员，博士生导师，“生物信息学”教育部重点实验室副主任，教育部“青年长江学者”，国家“优秀青年”基金和“霍英东”青年基金获得者。主要从事跟非编码 RNA 有关的生物信息学研究，包括 1)生信驱动的精准医疗; 2) AI 驱动的核酸模型， 两个重点方向。发表在国际重要期刊文章 70 余篇(Science,Nature,Cell,PNAS，e-Life, Nuc. Acids. Res.,Genome Biology，Bioinformatics 等),总引用近 2 万次，其中以通讯作者身份发表的 30 余篇(高被引 4 篇)。

李　磊（深圳湾实验室）

博士，深圳湾实验室系统与物理生物学研究所研究员，博士生导师。国家首批海外优青获得者，深圳市海外高层次人才（B 类）。长期从事生物信息与疾病基因组学方面的研究，开发算法软件和数据库 10 个。近五年以第一或通讯作者在 Nature Genetics, Molecular Cell, Nature Communications, Science Advances, Cell Discovery, Nucleic Acids Research 等国际高水平期刊共发表研究论文约 20 余篇。

郑凌伶（中山大学）

中山大学生命科学学院副教授，生命科学学院三全育人创新中心主任。长期致力于利用计算生物学的方法研究细胞内 RNA 分子的功能及其在重大疾病中作用。在 PNAS、Nucleic Acids Research、Brief Bioinform 等发表 SCI 论文 40 篇。其中一篇文章入选 ESI 高被引论文，一篇文章受到 Science 编辑的点评。获得多项国家自然科学基金的资助，同时还获得了广东省及 “广州市珠江科技新星”项目资助。

徐　娟（哈尔滨医科大学）

博士生导师，青年长江学者，副院长，省生物医学工程重点学科后备带头人、省头雁团队骨干成员。研究方向为医学生物信息学，特别关注癌症免疫相关的生物信息学研究。成果以第一/通讯作者发表在《Nature Communication》(ESI 高被引)、《Trends in Biochemical Sciences》(封面文章)、《Nucleic Acids Research》、《Cancer Research》等知名期刊。主持国自然面上、黑龙江省杰出青年等，获霍英东青年教师奖、省青年科技奖、省高校科技成果奖等。担任中国生物信息学学会重大疾病组学专委会秘书长等。

宋晓峰（南京航空航天大学）

南京航空航天大学自动化学院副院长，教授,博导。江苏省“六大人才高峰” 高层次人才选拔培养人选。主要研究领域为转录组学与计算系统生物学。近几年来主持国家自然科学基金等各类省部级科研项目十多项。在国际著名的 Nucleic Acids Research, Journal of Theoretical Biology,等 SCI 检索期刊发表论文 80 多篇，他引 2100 多次，H-index 23。目前担任中国人工智能学会生物信息学与人工生命专业委员会常务委员；中国计算机学会生物信息学专业委员会委员等。

孙　亮（山东第一医科大学）

山东第一医科大学，医学人工智能与大数据学院教授，博导，核酸大数据与智慧医学实验室 PI，山东省教育厅生物医学大数据青创团队引育计划负责人，山东省泰山学者青年专家，山东省全生命周期空间多组学大数据发展创新实验室副主任，以第一及通讯作者发表 SCI 总引用 1500 余次。目前共主持国家自然科学基金三项，国家重点研发计划课题一项。

胥　川（上海交通大学）

博士，上海交通大学 Bio-X 研究院独立课题组长、博士生导师。研究方向为生物信息学与演化基因组学，主要研究基因产物多样性的基因组学规律和演化意义、及其在人类疾病中和物种适应环境中的作用和机制。相关成果发表于 Cell Reports，Molecular Biology Evolution、Nature Reviews Genetics、PLoS Biology、Cell Systems 等知名期刊。

张　朝（复旦大学）

复旦大学青年研究员（PI），博士生导师，获上海市高层次引进人才，浦江人才等称号和多项资助。长期从事计算生物学与复杂疾病多组学方向的探索，研究成果以通讯或第一作者（含共同）发表在 The Innovation, Nature Communications，Nucleic Acids Research，Genome Medicine，Cancer Research，Advanced Science 等杂志，总引用 2000 余次。

李　幸（中国科学院动物研究所）

中国科学院动物研究所 研究员、博士生导师、PI 课题组长，国家高层次青年人才，中科院海外引进人才。致力于研发交叉融合 RNA 生物技术，开展 DNA/RNA 成像标记和精准调控等研究，精细解析 RNA 与生命健康的关系，应用于神经退行性疾病、遗传病等疾病的诊断与治疗。主持国家重点研发计划课题、国家自然科学基金国际合作与交流项目、国家自然科学基金面上项目等基金。以通讯/第一作者在 Nature Communications、Journal of the American Chemical Society、Angewandte Chemie International Edition、Nucleic Acids Research 发表论文。担任《中国生物物理学会》RNA 治疗学分会委员、《北京生物工程学会》理事、《北京生物工程学会》组学技术专业委员会秘书长。

王　岩（吉林大学）

吉林大学计算机科学与技术学院教授、人工智能学院兼职教授、博士生导师，受聘吉林大学“唐敖庆学者”英才教授，中国计算机学会(CCF)杰出会员、CCF 生物信息委员会专委、CCF 教育委员会专委、中国生物工程学会(CSB)终身会员/计算生物学与生物信息学专委，吉林大学-佐治亚系统生物学联合中心副主任，吉林省大数据智能计算重点实验室/吉林省大数据智能认知国际合作重点实验室副主任。长期从事计算智能、肿瘤信息学研究。在 Nucleic Acids Research、National Science Review、Briefing in Bioinformatics、Bioinformatics、IEEE TCBB、BIBM、AAAI、IJCAI 等国际期刊与会议上发表学术论文 120 余篇。目前担任 Frontiers in Genetics、Frontiers in Bioengineering and Biotechnology、Frontiers in Plant Science 等国际期刊副主编(Associate Editor)。主持和参与多项国家自然科学基金、国家 863 计划项目子项、吉林省自然科学基金等项目。荣获吉林省自然科学奖一等奖、全国商业科技进步奖一等奖等多项荣誉。

原春晖（浙大城市学院）

浙大城市学院医学院副教授。2015 年获得浙江大学生命科学学院生物信息学博士学位，2017 至 2019 年在浙江大学医学院进行博士后研究。从系统生物学角度进行精准医药学研究，对转录组、单细胞转录组、蛋白组和表观组等多组学生物医学大数据整合分析。主持国家自然科学基金、浙江省自然科学基金等。以第一及通讯（含共同）作者身份在 Nucleic Acids Research、Bone Research 、Bioinformatics 等杂志发表多篇论文。

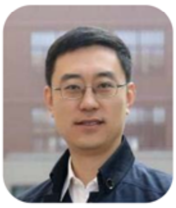
单细胞与空间组学专题报告专家及主持人

杨雪瑞（清华大学）

清华大学生命科学学院副教授、博导。研究方向为“生物信息学与 RNA 生物学”，关注转录后 RNA 加工、翻译及非编码功能，通过生物信息学与人工智能分析工具，结合大规模生命组学数据的深度挖掘与 RNA 生物学研究，发现非经典的 RNA 异常剪接、编辑等加工过程；定量解析 mRNA 翻译组图谱与翻译动态调控机器；系统分析非编码 RNA 生理、病理功能及作用机制；最终鉴定新型 RNA 干预靶点元件，开发与优化新一代 RNA 治疗策略与工具。

周　猛（温州医科大学）

温州医科大学生物医学工程学院 研究员，博士生导师，生物医学信息学系副主任。长期从事医药大数据和精准医学领域的交叉学科研究，将生物信息技术应用于疾病风险预测、诊断和病理分析等方面，为重大疾病的预防和治疗提供了新的研究思路和方法。主持国家自然科学基金项目 4 项，作为骨干参与多项国家和省重点研发计划；以一作和通讯作者（含并列）在 Hepatology, Nat Commun, Mol Cancer 等发表 SCI 研究论文 80 余篇，论文总引用>5000 余次，ESI 热点论文 2 篇，ESI 高被引论文 13 篇，H 指数 37。先后入选浙江省“万人计划”青年拔尖人才、温州市“特支计划”科技创新领军人才、爱思唯尔中国高被引学者、美国斯坦福大学生物医学工程领域全球前 2%顶尖科学家和全球顶尖 10 万名科学家榜单。



姜　伟（福建医科大学附属第一医院）

福建医科大学附属第一医院，福建省肿瘤精准诊疗重点实验室，研究员。长期从事生物信息学研究，重点关注非编码 RNA 在靶向药物设计及肿瘤耐药中的调控机制研究。在《Science Translational Medicine》、《Advanced Science》、《Genome Medicine》等期刊发表论文 80 余篇；主持国家自然科学基金 4 项及各级各类课题 20 余项。

蒋杭进（浙江大学）

浙江大学“百人计划”研究员，博导，浙江省生物信息学学会理事、副秘书长。2022 年入选浙江省高层次人才计划。研究方向包括计算生物学、贝叶斯数据分析和可解释的人工智能，在 Nucleic Acids Research, PLoS Computational Biology, Briefings in Bioinformatics, Nature Plants,等高水平期刊上发表论文 30 余篇。主持或参与多项国家自然科学基金项目，浙江省重大研发计划等。

高　洁（江南大学）

江南大学理学院教授，博导，数学“十四五”江苏省重点学科带头人。已在数学与计算生物学领域顶刊等国际国内学术刊物上发表高水平学术论文 60 多篇，出版学术专著及教材 3 部。主持国家自然科学基金面上项目、重点项目课题等近 10 个项目。获全国素质教育教研成果一等奖等奖项。获评“全国素质教育先进工作者”“无锡市学会系统优秀共产党员”“荣智权奖教金”“江南大学优秀教育工作者”等荣誉。

郭　闯（中国科学技术大学）

中国科学技术大学生命科学与医学部特任副研究员，副教授；致力于通过生物信息学、免疫学与医学的交叉融合，应用单细胞组学及数据分析方法系统性研究自身免疫病等重要疾病的免疫学致病机理。相关成果发表在 Nature Methods、Nature Communications、Genome Medicine、Cell Reports、Cell Discovery、iScience 等学术期刊。主持国家自然科学基金面上和青年等项目等。

任仙文（昌平国家实验室）

研究员，昌平国家实验室领衔科学家。从事基于单细胞测序与空间组测序的计算免疫学研究。在 Cell 、 Cancer Cell、 Cell Research、Gut、Blood 等学术期刊上发表论文 70 多篇，获国家自然科学基金委优秀青年、教育部高等院校优秀科学技术成果奖科技进步奖一等奖、北京市自然科学一等奖、中源协和生物医学创新突破奖等荣誉，担任 Cell、Immunity、Cell Metabolism、Nature Genetics 等数十种期刊的审稿人。担任中国生物信息学会（筹）多组学与整合生物学专委会常委、中国免疫学会感染免疫专委会委员、中国细胞生物学会细胞结构与细胞行为专委会委员、中国细胞生物学会细胞信号转导专委会委员、Cell 出版社交叉科学旗舰刊物 iScience 编委、Journal of Leucocyte Biology 编委、Infectious Diseases & Immunity 编委等学术任职。

靳文菲（中国科学院上海营养与健康研究所）

中国科学院上海营养与健康研究所研究员,国家高层次青年人才。长期从事基因组、生物信息、肿瘤免疫相关研究。注重开发和整合单细胞测序技术和计算方法，并使用单细胞技术解析细胞异质性和肿瘤微环境等。发表论文 50 余篇，其中以通讯或第一作者身份在 Nature、Nature Cancer、Nature Methods、Mol Cell、PNAS 等杂志发表论文 30 余篇。先后承担十余项国家和省部级项目。

余光创（南方医科大学）

教授、博导，香港大学生物信息学博士，现任南方医科大学生物信息学系系主任。长期致力于通过生物医学、数学和计算机科学的交叉融合，开发生物大数据分析算法和软件，为解决生物医学领域复杂问题提供探索和分析数据的工具。主持国家自然科学基金面上项目和军科委国防科技创新特区项目，在 The Innovation、Gut Microbes、Molecular Biology and Evolution 等期刊发表论文 40 余篇，其中 8 篇为 ESI 高被引论文，他引频数超过 3 万次，入选全球高被引学者、全球前 2%顶尖科学家榜单和中国高被引学者。

叶幼琼（上海交通大学）

研究员，上海交通大学基础医学院课题组组长，博士生导师。课题组聚焦肿瘤微环境（TME）和免疫治疗(http://www.yelab.site/)，以单细胞、空间组学为驱动，构建算法、结合生物信息学创新方法、基础实验、临床队列等解析 TME，揭示 TME 中特别是在癌和癌旁交互区的互作组分参免疫逃逸机制，构建肿瘤免疫治疗疗效预测模型，助力临床转化。相关研究成果已发表 80 余篇国际期刊论文，其中以最后(共同)通讯或第一在 Immunity、Cell Metab、Cancer Res 等发表 17 篇论文，以第一(共同)作者在 Nat Metab 、Nat Immunol 、Cancer Cell 等发表 16 篇论文。

代　琦（浙江理工大学）

浙江理工大学教授、博导、浙江省领军人才，主要从事三代测序、单细胞转录组、功能基因组分析、肿瘤早期分子诊断中的信息处理研究。主持与参与国家重点研发计划、国家自然科学基金项目、浙江省重点研发及企业委托课题 20 余项；在 Nature Communications (IF: 12.121)、Briefings in Bioinformatics (IF: 8.990)等 SCI 杂志上以第一作者或通信作者发表论文 40 余篇。

徐一驰（复旦大学）

复旦大学基础医学院医学系统生物学系和前沿创新中心青年研究员、博士生导师，入选国家级青年人才计划（海外）和上海市人才计划。长期致力于计算生物学和发育生物学的交叉领域，利用单细胞测序、成像和大数据挖掘，研究人类以及模式生物早期胚胎发育。近 5 年主要成果发表在 Nature Cell Biology，Nature Machine Intelligence，Nature Immunology 等杂志，研究论文影响力进入前 5%。

张晓飞（华中师范大学）

博士，华中师范大学数学与统计学学院教授，博士生导师。2013 年博士毕业于中山大学。主要研究面向实际生物医学问题的数学建模和机器学习方法。立足于各类生物医学大数据，提出了一系列从不同视角解析肿瘤异质性的数学模型和计算方法，并开发了相应软件系统，为解析肿瘤异质性提供了数学理论、计算方法和软件系统支持。已主持国家自然科学基金面上项目 2 项和青年项目 1 项，参与国家重点研发计划“精准医学研究”重点专项 1 项和国家自然科学基金重点项目 1 项。已在 Genome Biology、Bioinformatics、PLOS Computational Biology、Briefings in Bioinformatics、IEEE Transactions 等期刊发表学术论文 50 余篇。担任中国自动化学会智能健康与生信专委会委员、中国工业与应用数学学会数学生命科学专委会委员以及中国运筹学会计算系统生物学分会青年理事。

张力烨（上海科技大学）

博士，上海科技大学研究员，博士生导师。主要从事癌症和感染微生物的基因组进化方面的研究，以及相关的生物信息学算法工具开发。主要研究成果发表在 Cancer Cell, Molecular Cell、Genome Research、EMBO Journal 和 Science, Cell 等核心期刊，累计 50 余篇。总引用率超过 2200 次，H-index 为 22。目前主持和参与国家自然科学基金，国家重点研发项目等项目。目前任上海市生物信息学会理事，以及 BMC Medical Genomics 编委。

王光中（中科院上海营养与健康所）

中国科学院上海营养与健康研究所研究员、博士生导师。目前主持国家基金委面上项目，参与科技部重点研发计划及国家基金委重大科研仪器研制等项目。主要研究方向：分析及整合节律转录组的大数据，尤其是单细胞转录组数据；神经大数据整合。已在国际期刊上发表论文 40 余篇，其中以第一或者通讯作者在 Neuron，Nature Communications 等杂志上发表多篇。获上海生物信息“科研新星”奖。

诸颖（复旦大学）

清华大学生物科学与技术系学士，耶鲁大学神经生物学博士，耶鲁大学神经生物学系和生物统计系联合博士后、副研究科学家。2019 年起担任复旦大学脑科学研究院青年研究员。入选国家级青年人才计划和上海市人才计划。其研究结合大规模高通量测序与生物信息学技术，解码大脑发育、进化和疾病的分子和细胞基础。研究成果发表于 Nature, Science 等。

转化医学信息学专题报告专家及主持人

苏建忠（温州医科大学）

温州医科大学基因组医学研究院院长、研究员、博士生导师。长期从事生物信息学算法开发与生物医学交叉研究，开发一系列融合多组学数据计算分析方法，精确识别遗传和表观遗传调控元件，阐明复杂疾病的遗传/表观遗传协同调控新机制，及肿瘤早诊和免疫治疗的无创标记物鉴定等前沿领域开展研究。相关论文发表在 Cancer Cell、Cell Genomics、Nature Genetics、Blood、Genome Medicine、Cell Reports、Nature Communications、PNAS 等， H Index 35 （Google Scholar)，曾获国家高层次青年人才和浙江省杰出基金、国家自然基金重点等项目计划支持。

何顺民（中科院生物物理研究所）

中国科学院生物物理所研究员、中国科学院大学教授、博导，致力于大规模人群队列的多组学大数据分析。"女娲"基因组资源是目前已发表的高深度中国参考人群全基因组测序队列（5000 例样本），并聚焦重复序列等复杂区域解析。目前已发布中国人群 SNP/Indel 低频变异图谱、中国人群特异的单倍型参考面板、含中国人群数目最多的全球移动元件变异图谱和全球微卫星变异图谱等，并系统解析中国人群基因组（尤其是非编码调控元件）的适应性选择及其对表型和疾病演化的影响。

李 晶（海军军医大学）

海军军医大学转化医学研究中心副主任，生物信息学研究室主任。国家"优青" 、国家重点研发计划青年科学家、上海市曙光、启明星人才。承担国家重点研发计划青年科学家项目、国家优秀青年基金项目等项目，基金总额 1000 余万。5 年来在 Nature, Nature Genetics, Cancer Letters 等国际核心期刊相继发表论文 16 篇，影响因子 187。

李明锋（华中科技大学）

华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系教授、博士生导师。现担任中国药理学会神经精神药理学专委会青年委员等。主持国家海外高层次人才青年项目和国家自然科学基金面上项目。其工作聚焦于开发和应用生物信息学方法研究神经发育和神经系统疾病。现已发表 50 余篇 SCI 论文，其中包括第一或共一作者 Science 研究论文 3 篇，谷歌学术引用超过 11000 次。

苏钰文（南京医科大学）

博士，南京医科大学药学院副教授，硕士研究生导师；南京医科大学附属逸夫医院国家药物临床试验机构办公室主任，作为主要完成人参与包括重大新药创制科技重大专项，国家自然科学基金项目等课题研究工作。近年来，以第一或通讯作者在 PNAS 等学术期刊发表研究论文 10 多篇，参编专著 5 部。

邵文广（上海交通大学）

上海交通大学博士生导师，课题组组长，长聘教轨副教授。主要从事计算蛋白质组学、免疫多肽组学和与临床医学数据结合的分析研究。课题组目前已获得国家自然科学基金面上项目、青年项目和国家重点研发计划的支持。迄今为止在 Nature Metabolism、Nature Communications、Nucleic Acids Research 、Mass Spectrometry Reviews 等期刊，发表通讯作者或（共同）一作论文。

郭安源（四川大学华西医院）

四川大学华西医院生物医学大数据研究院副院长，二级教授，博导。入选国家自然科学基金委“优青”和教育部新世纪优秀人才计划。获 2020 年教育部高校科学研究优秀成果奖二等奖（第一完成人），被评为爱思唯尔中国高被引学者（2020-2023 年）。主要研究方向为肿瘤生物信息学，包括肿瘤多组学数据挖掘，肿瘤免疫及表达调控等的生物信息方法和数据库构建，及其在肿瘤和细胞外囊泡抗衰老中的应用研究。在 Nature Immunology、Science Translational Medicine、Advanced Science 等 SCI 期刊发表第一及通讯作者（含共同）论文 100 余篇，多篇高被引和热点论文。

戴晓峰（西安交通大学）

Prof. Xiaofeng Dai is a professor on plasma medicine working at The First Affiliated Hospital of Xi’an Jiaotong University, with a focus on the establishment of cold atmospheric plasma based onco-therapeutic strategies against highly malignant tumors. Dr. Dai was awarded with the Outstanding Engineer Award (Young Award) in 2022. Dr. Dai’s has published 101 SCI papers in the past few years, with the accumulated impact factor being 657 (highest IF=31.281, 14 with IF>10). Dr. Dai has 4 granted Chinese innovation patent and 10 Chinese software copyrights as the first inventor.

李书艳（徐州医科大学）

博士，教授，硕导，徐州医科大学高层次人才，医学信息工程专业教研室主任，江苏省医疗健康人工智能工程研究中心副主任。主要研究领域为医学信息大数据挖掘，计算机辅助医疗诊断系统构建。目前已在 eClinicalMedicine、Nucleic Acid Research 等杂志发表 SCI 论文 50 余篇，合计影响因子 260+。作为骨干参与国家重点研发计划项目两项，主持国家自然科学基金项目等各类课题项目 10 余项。

崔　杰（复旦大学）

复旦大学感染与健康研究院研究员，上海感染与免疫科技创新中心 PI，博士生导师，研究组长。崔杰研究员主要从事病毒生物信息学、病原演化、内源性逆转录病毒、病毒组等研究领域，曾入选中科院百人计划，入选全球前 2%顶尖科学家榜单（2022），为爱思唯尔中国高被引学者（2022、2023）。崔杰研究员为《Research》（Q1 IF=11）副主编，为《National Science Review》（Q1 IF=21）第一、第二届生命科学编委，迄今为止已发表论文 76 篇，引用>14000 次，H 因子=34。研究成果多次被《Nature》,《Science》,《F1000》等选为研究亮点。崔杰研究员代表性工作如 SARS 病毒的多重重组起源理论，新冠病毒的 L/S 分型体系等被 GISAID 收录和认可，为传染病防控提供基础支撑并在全球范围广泛使用。

赵贵虎（中南大学湘雅医院）

中南大学湘雅医院助理研究员。主要致力于医学遗传学研究，面向神经精神疾病，利用多学科交叉的优势，应用计算机科学与生物信息学的跨学科知识，探索如何准确有效地鉴定神经精神疾病相关的致病变异与候选基因等关键科学问题。目前以第一作者/通讯作者在 Nucleic Acids Research(IF = 19.161)、Genomics Proteomics Bioinformatics(IF = 9.5)等发表 SCI 期刊论文 14 篇，其中 IF > 10 的 3 篇。主持参与国家级、省部级项目 6 项。

李　鑫（重庆大学附属三峡医院）

副研究员，硕士研究生导师，2022 年国家博新计划入选者，重庆大学附属三峡医院医学数据中心副主任，生物信息组组长。主要从事以癌症为核心的生物信息学研究。近年来，以第一作者/通讯作者（含共同）发表（或接收）SCI 论文 14 篇，包括 Nature（1 篇，IF：64.8）、Nucleic Acids Research（4 篇，IF：14.9）等。

陈　夏（宁波大学附属第一医院）

副主任医师，博士研究生导师，博士后合作导师，宁波大学附属第一医院妇科副主任兼病区主任、兼中心实验室主任。以第一作者或通讯作者在 Gut (2020 封面论文), Gut (2023) , Immunity (2023 , Immunity 专评), Nature communications (2023), BMC medcine (2023)等期刊发表论文 10 余篇，主持国家自然科学基金 2 项等。

胡长江（陆军军医大学第二附属医院）

陆军军医大学第二附属医院消化内科主任，副主任医师，副教授，博士生导师； 哈佛医学院访问学者； 重庆市杰青； 重庆巴渝青年学者； “林岛项目”入选者； 中华医学会消化病学分会肿瘤协作组委员等；主要研究方向为幽门螺旋杆菌与胃黏膜病变，主持国自然基金项目 3 项，重庆市自然科学基金杰出青年基金 1 项，发表 SCI 论文 20 余篇。

李　婧（上海交通大学）

上海交通大学生命学院生物信息学与生物统计学系教授。上海市浦江人才。主要研究方向为蛋白质组生物信息学，聚焦致病性蛋白质图谱的计算识别、功能风险注释、数据统计建模以及复杂样本宏蛋白质组解析等科学问题，累计在 Cell、Genome Biology、Molecular Systems Biology 等期刊发表一作或通讯作者论文 30 余篇，他引近 3000 次。担任中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会委员等。

黄金艳（浙江大学医学院附属第一医院）

浙江大学医学院附属第一医院生物医学大数据中心负责人，浙江大学临床名师(科研岗)，博士生导师。担任中国抗癌协会肿瘤基因诊断专委会副主委、浙江省生物信息学学会生物医学大数据专委会主委等，主持国家自然科学基金 5 项。主要研究领域：生物医学大数据的分析与挖掘，恶性肿瘤的分子分型和发病机制研究。在 Cancer Cell、Genome Biology、PNAS(2017a, 2017b, 2018, 2020, 2022)、Hepatology、Arthritis & Rheumatology、Advanced Science、Nature Communication、Cell Research 等学术刊物以第一或通讯作者发表 SCI 论文 50 余篇，总影响因子超过 500，总引用次数 16,115，h-index 45。

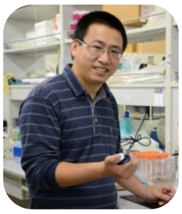
水产养殖组学大数据及应用专题报告专家及主持人

李富花（中国科学院海洋研究所）

中国科学院海洋研究所研究员，博士生导师。长期致力于无脊椎动物特别是虾类繁 殖生物学、功能基因组学和遗传育种方面的科学研究、技术研发和成果转化，取得一系列创新成果。主持国家重点研发计划项目，国家基金重点项目、基金委国际合作项目和国家产业技术体系岗位科学家项目等 20 余项。相关研究成果在 Nature Communications、PLoS Biology、Reviews in Aquaculture 等高水平期刊发表论文 200 余篇；获国家发明专利授权 30 余项，国际 PCT 专利授权 2 项；培育虾类国审新品种 4 个；获得省部级奖励 6 项。担任甲壳动物学分会副理事长等，获国务院政府特殊津贴专家、泰山学者特聘专家、齐鲁巾帼十大科技创新之星等荣誉称号。

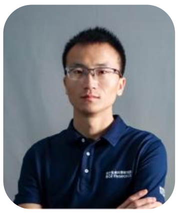
王　师（中国海洋大学）

中国海洋大学教授/博导，海洋生命学院副院长，教育部海洋生物遗传学与育种重点实验室主任。教育部长江学者、万人计划领军人才入选者。主要从事海洋贝类遗传和基因组学研究，在非模式生物基因组学前沿技术研发、贝类重要性状遗传解析和发育进化机制研究等方面取得具有重要国际影响力成果。迄今已在 Nature Methods、Nature Ecology & Evolution（3 篇）、Nature Protocols（2 篇）、Nature Communications 等国际权威学术期刊发表论文上百余篇。获教育部青年科学奖，中国动物学会青年科技奖，国家技术发明二等奖 1 项，省部级一等奖 2 项。



董　波（中国海洋大学）

中国海洋大学“筑峰计划”特聘教授、青岛市创新创业领军人才、山东省“泰山学者”特聘教授、山东省有突出贡献中青年专家、入选国家万人计划科技创新领军人才。现任国际被囊动物学会学术指导委员会委员，《Marine Life Science & Technology》基础生物学领域主编，《Developmental Biology》编委。主要从事海洋动物遗传学与环境适应演化机制研究，以进化节点动物海鞘和模式动物果蝇为实验材料，通过遗传学、细胞发育生物学和生物物理学等多学科交叉途径开展研究。研究成果以通讯作者身份发表在 Science Advances，Nature Communications，PNAS 等领域主流刊物发表论文 140 余篇，他引 3000 次。



范广益（深圳华大生命科学研究院）

一直致力于比较基因组学和生物信息学领域的研究，主导发起“万种鱼类基因组学”、“万种软体动物基因组学”和“全球海洋微生物基因组学”等基因组研究计划，推动了相关领域的研究进展。主编并发布了年度海洋生物基因组学研究进展报告《海洋生物基因组学白皮书》。在 Nature、Science、Cell 等国际知名学术刊物上发表科学论文 130 余篇，其中以第一作者或通讯作者（含共同）发表的论文 40 余篇，累积引用次数 13000 余次，h-index 45。

郝　彤（天津师范大学）

天津师范大学生命科学学院教授，主要研究方向为生物网络构建和分析。主持并完成国家自然科学基金面上项目等。获得天津市"131"创新型人才培养工程第三层次人才称号，入选天津市"三年千人"和天津市高校“中青年骨干创新人才培养计划”。共发表论文六十余篇。以第一作者或通讯作者发表论文五十余篇，其中 SCI 文章三十余篇。

李　莉（中国科学院海洋研究所）

中国科学院海洋研究所研究员，中国科学院大学教授。国家高层次人才特殊支持计划领军人才（万人计划领军人才）、科技部创新人才推进计划中青年科技创新领军人才。从事贝类适应进化与遗传育种研究。发表 SCI 论文 160 余篇，其中第一与通讯作者论文 90 余篇，获批国审水产新品种 3 个。成果 2 次荣获中国海洋与湖沼十大科技进展，荣获山东省科学技术进步一等奖、海洋科学技术奖一等奖以及山东省自然科学奖二等奖各 1 项。

邵长伟（中国水产科学研究院黄海水产研究所）

研究员，黄海水产研究所水产生物技术与基因组室主任，国家海洋水产种质资源库副主任。主要从事水产种质资源与遗传育种研究。主持国家重点研发计划等项目 10 余项；在 Cell（封面）、Nature、Nature Genetics（2 篇）、Genome Research（2 篇）等发表 SCI 论文 100 余篇，引用 4500 余次。获神农中华农业科技奖一等奖等奖励 9 项。入选国家高层次人才特殊支持计划领军人才和青年拔尖人才、国家自然科学基金优秀青年基金、科技部中青年科技创新领军人才、山东省泰山学者特聘专家、海洋国家实验室鳌山人才优秀青年学者等人才工程，并荣获中国青年科技奖等荣誉称号。

徐　鹏（厦门大学）

厦门大学海洋与地球学院副院长，海水养殖生物育种全国重点实验室主任，国家杰出青年基金（2022）、国家“万人计划”科技创新领军人才（2019）、国家优秀青年科学基金（2014）获得者。主要从事鱼类遗传学和遗传育种研究。先后主持国家重点研发计划、国家 863 计划、国家自然科学基金等国家级科研项目。获得中国青年科技奖、茅以升北京青年科技奖、中国水产青年科技奖等表彰。担任中国农业生物技术学会理事，中国动物学会鱼类学分会理事等。迄今已在 Nature Genetics、Nature Communications 等刊物发表论文 200 余篇，获得专利授权 12 项，获得国家科技进步二等奖等科技奖励。

包臣昌（宁波大学）

博士，宁波大学海洋学院助理研究员。主要从事拟穴青蟹神经肽和神经肽受体的鉴定，及其介导的生理调控机制研究。利用生物信息学的手段发掘神经肽及其受体；通过哺乳动物细胞系表达和配体-受体亲和实验鉴定甲壳动物神经肽的受体；采用活体注射和 RNA 干扰等手段深入探究神经肽及受体介导的内分泌调控机制。

崔朝霞（宁波大学）

宁波大学海洋学院教授，博士，博士生导师，中国甲壳动物学分会理事、中国河蟹产业技术创新联盟理事；入选 2016 年度科技部“中青年科技创新领军人才”、国家万人计划科技创新领军人才。主要围绕蟹类遗传资源、养殖遗传学与育种生物技术开展免疫、生长与性别等经济性状的研究。

组学数据挖掘与人工智能（二）专题报告专家及主持人

赵　屹（中国科学院计算技术研究所）

中科院计算所研究员、博导。 主要从事多组学数据、临床数据挖掘及医学人工智能算法研究。近十年在 Nature Methods, Cell stem cell, Cell metabolism, Nature structural and molecular biology 等国际著名期刊发表论文 110 余篇。其中影响因子 15 以上的论文 30 篇，超过 100 次 SCI 引用 12 篇，总引用超过 12000 次。连续四年入选爱思唯尔(Elsevier) “中国高被引学者”；2020/2021/2022/年全球前 2%顶尖科学家(美国斯坦福大学发布)；2021/2022/2023 年度科睿唯安(Clarivate) “全球高被引科学家”。北京市 2023 年自然科学一等奖(排第一)。担任中国生物信息学会(筹)生物医学数据挖掘与计算专委会副主任委员；中国人工智能学会生物信息学与人工生命专委会委员等。

沈　宁（良渚实验室）

博士，浙江大学良渚实验室百人计划研究员，博士生导师。复旦大学本科，美国杜克大学博士，哈佛医学院博士后。曾在美国生物初创公司进行罕见病药物研发工作，将药物推进到临床二期试验。沈宁课题组围绕“生物计算驱动的组学与精准医学转化研究”开展与临床转化密切相关的研究，运用生物信息学数据整合分析与人工智能算法，并结合患者来源 iPSC 细胞分化实验平台进行药物研发与精准治疗。沈宁研究员在 Genome Medicine、PNAS、Cell Systems 等杂志作为一作/通讯发表多篇论文，并获得 8 项国际专利授权。

卜德超（中国科学院计算技术研究所）

中国科学院计算技术研究所副研究员，硕士生导师。从事医疗多模态人工智能研究，以第一或通讯作者发表论文 14 篇，其中中科院一区 9 篇，ESI 高被引论文 2 篇，单篇 SCI 引用最高超 700 次；以前三完成人获得 2023 年北京市科学技术奖自然科学奖一等奖；入选 Clarivate2022/2023 全球高被引学者；主持科技部重点专项课题 1 项，子课题 2 项，北自然重点专题 1 项，国自然青年基金 1 项，浙江省自然科学基金 1 项。

李　健（东南大学）

教授/博导 东南大学生命科学与技术学院，江苏省生物信息学专委会委员秘书长，江苏省高性能计算专委会委员，中国人工智能学会生物信息学与合成生命专委会委员，中国遗传学会高级会员

李健教授长期从事测序技术研发、生物医学大数据、数据库构建、生物信息学，聚焦于使用测序技术、基因组学、深度学习工具解决临床与健康问题。李健教授发表相关 SCI 学术论文 30 余篇，授权发明专利 5 项，软著授权 12 项，其主持和参与的国家级及省部级项目 10 余项，获得中国产学研合作创新（个人）奖等奖励。

彭　迪（华中科技大学）

华中科技大学生命科学与技术学院，特聘副研究员。主要从事蛋白质化学修饰信息学研究。以第一作者（含共同第一作者）或通讯作者在 Nature Communications、Science Bulletin、Nucleic Acids Research、Autophagy 等高水平学术期刊上发表论文 10 篇，主持国家自然科学科学基金和中国博士后基金 3 项，参与国自然重点专项和科技部重点研发项目 6 项等。

左春满（东华大学）

东华大学人工智能研究院讲师，主要集中在开发人工智能和统计方法，整合各种组学数据（包括空间单细胞转录、代谢、表观遗传和基因组）、图像和临床表型等信息，以解析疾病时空异质性。作为第一或通讯作者，在 Nature Communications (2022，2024), Journal of Hepatology, Cancer Letters 等期刊发表了 9 篇论文。现主持国自然青年基金和上海市高层次青年人才项目，并参与了两项国自然重点项目。

郭国骥（浙江大学）

浙江大学求是特聘教授，浙江大学血液学研究所副所长。2014 年入职浙江大学医学院，干细胞与再生医学中心。入选中组部万人计划科技创新领军人才，教育部长江学者特聘教授。曾获“谈家桢生命科学创新奖”，“中源协和生命医学创新突破奖”，“浙江省自然科学一等奖”等荣誉。从事细胞图谱绘制及人工智能解析等相关领域的研究，以通讯作者在 Nature、Cell、Science 等期刊发表多篇学术论文。

徐云刚（西安交通大学）

西安交通大学医学部基础医学院教授/博导，青年拔尖人才，陕西省秦创原引用高层次创新创业人才，西安交通大学学科规划与建设办公室副主任，转化医学研究院遗传与发育研究所副所长。研究领域为生物信息学与多组学，包括：基因转录调控、计算表观遗传学与空间基因组、单细胞组学、多组学整合分析与机器学习和统计遗传学。主持国家级等项目多项，担任 9 个学会生物信息学专业委员会委员，曾获得教育部、省级和厅级奖励各 1 项，在顶级 SCI 期刊发表论著近 30 篇。

任　间（中山大学）

中山大学生命科学学院、肿瘤防治中心，教授、博导。广东省首批自然科学杰出青年基金获得者，教育部新世纪优秀人才。在生物大分子修饰的生物信息学研究方面发表 SCI 论文 60 余篇（19 篇 IF>10），ESI 高被引论文 4 篇，引用 7000 余次，H-index 37。主持国家自然科学基金 5 项，作为骨干参与科技部项目 4 项。产业化方向：2016 年创立广州锐竞信息科技有限责任公司，任公司 CEO。锐竞积极参与“数字中国”建设，开发一系列科研生态产品（https://eco.rjmart.cn），助力科研行业数字化转型。2019 年获第八届中国创新创业大赛广东省第三名，全国总决赛优秀企业奖。2021 年入选未来医疗 100 强，德勤中国高科技高成长 50 强。2022 年入选广东省专精特新企业与广州市硬科技百强企业。2023 年入选广州市“隐形冠军”企业、广州“未来独角兽”创新企业、广州拟上市“领头羊”50 强企业。

罗海涛（深圳市肿瘤精准免疫诊疗转化医学工程中心）

深圳裕策生物科技有限公司/深圳市肿瘤精准免疫诊疗转化医学工程中心副总裁、信息中心兼医学科学部负责人；深圳市高层次人才，梧桐人才；当前方向主要集中在基于 NGS 多组学及单细胞空间组学技术解析肿瘤发展发展与耐药机制的转化医学研究，在 JAMA Surgery、CNS 子刊等发表 SCI 文章 40 余篇，累计他引次数 3000 余次；主持及参与国家自然科学基金等项目 10 余项。

计智伟（南京农业大学）

教授，博士生导师，南京农业大学人工智能学院数据科学与智能计算研究中心（CDSIC）负责人。南农智能科学与技术博士点学术带头人，数据科学与大数据技术本科专业负责人。研究兴趣包括：大数据智能计算，人工智能与模式识别，生物信息与系统生物学。主持国家级、省部级项目 3 项等。在 Cell Death & Disease, PLoS Computational Biology 等共发表 SCI 论文近 60 篇，谷歌他引 2300 多次，H 指数 27。

陈　超（中南大学）

中南大学生命科学学院教授，博士生导师，副院长。国家精神心理疾病临床研究中心（中南大学湘雅二医院）双聘研究员，复旦大学泰州健康科学研究院特聘教授，英国邓迪大学双聘 PI。围绕精神分裂症等复杂精神障碍开展遗传学和生物信息学研究，以第一或通讯作者在 Science Translational Medicine（3 篇）、Molecular Psychiatry（8 篇）、Nature Communications（2 篇）、Science Advances 等杂志发表 SCI 论文 40 余篇，累计引用 4000 余次。获国家科技重大专项、基金委优秀青年基金、美国 NIH 等多个项目资助，累计进账经费超 2000 万。

唐雯奕（重庆大学附属中心医院重庆市急救医疗中心）

主治医师，公共卫生硕士。她专注于临床数据分析、医学统计建模和机器学习。主持省部级等课题 4 项，发表 SCI 收录论文 6 篇，多次参加国内外学术会议并做大会报告，获得多项荣誉和奖励。

罗　洁（浙江省农业科学院）

浙江省农业科学院国重室，主要从事生物大数据整合和挖掘工作。侧重基于多组学、多模态数据的表型相关调控网络研究，探索表型形成的分子机制。近年主持及参与省部级以上项目 9 项，其中国家级项目 6 项，省重点研发项目 1 项。发表 SCI 论文 15 篇，包括 Nature communications，Molecular Psychiatry, JEB，Int. J. Mol. Sci 等。中国细胞生物学学会分会理事、浙江省生物信息学学会理事。

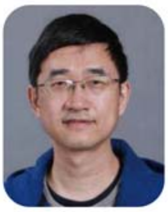
景　莹（粤港澳大湾区精准医学研究院）

粤港澳大湾区精准医学研究院（广州）智能医学研究中心研究员，曾获上海市海外高层次人才和浦江人才。课题组主要运用生物信息学、肿瘤分子生物学和免疫学交叉的方法来研究免疫介导的抗肿瘤药物疗效和副作用，解析免疫相关副作用的发生机制及其和抗肿瘤免疫反应之间的动态关联。已经发表 SCI 论文 40 余篇，被引逾 1000 次，其中以第一/通讯（含共同）作者在 Nature Review Clinical Oncology (2 篇), Cancer Cell, Advanced Science, Nature Communications, Journal of the National Cancer Institute, Briefings in Bioinformatics 等领域内具有影响力的杂志发表多篇论文。

王　理（哈尔滨医科大学）

王理，哈尔滨医科大学生物信息科学与技术学院研究生负责人，教授、博士研究生导师，黑龙江省高层次人才，黑龙江省优青。担任中国计算机学会生物信息学专委会委员、中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专委会委员等。研究方向聚焦于恶性肿瘤异质性解析、早期诊断、癌症治疗决策及预后评估等生物医学大数据与人工智能领域。主持国家自然科学基金项目 3 项等。以第一作者或通讯作者在《Nucleic Acids Research》、《Molecular Therapy-Nucleic Acids》等杂志发表 SCI 论文 30 余篇，ESI 高被引论文 2 篇，ESI 热点论文 1 篇。

基因表达调控与表观遗传学专题报告专家及主持人



李 程（北京大学）

北京大学生命科学学院、统计科学中心、生物信息中心研究员。现担任中国遗传学会三维基因组学专委会、中国生物信息学基因组信息学专委会副主任委员；《Quantitative Biology》期刊“流程与教程”栏目编委。实验室建立并发展组学实验新技术和数据分析新算法，用以研究大脑疾病和干预机制（如衰老、退行性疾病、再生）。采用高通量实验技术和计算方法相结合的手段，系统开展了细胞命运调控的三维基因组与多组学研究。发现了加速干细胞重编程和治疗难治性肿瘤的新靶点，为三维基因组学发展了新技术，为染色质高级结构参与细胞命运调控研究开拓了新视角。研究组开发的 dChip（生物芯片分析）、ComBat（批次效应矫正）等基因组数据分析算法和软件被同行广泛使用，发表学术论文 150 篇，包括作为通讯作者（含共同）发表在 Cell、Cell Stem Cell、Cancer Cell、Nature Immunology、Cell Research 的论文，谷歌学术累计引用 46,000 次，h-index 为 76。研究组获得国家自然科学基金委杰青项目（2020）、基础科学中心、科技部重点研发计划的资助。研究组介绍网页：http://3d-genome.life/。

左永春（内蒙古大学）

内蒙古大学生命科学学院、生物医学研究院教授/博士生导师。国家级青年人才（2022）、内蒙古杰出青年基金（2017），内蒙古草原英才（2019、2021 滚动），内蒙古新世纪 321 人才（2019、2021 滚动）等。主要围绕哺乳动物发育编程与体细胞重编程相关的数字胚胎和精准医学展开生物信息学研究。主持国家高层次人才计划、国家重点研发计划等国家级项目 7 项。担任中国生物信息学会表观遗传信息学专委会秘书长、中国细胞生物学学会功能基因组信息学与系统生物学专委会委员等。先后第一(通讯)作者在 Nucleic Acids Research、Research 等期刊发表学术论文 100 余篇， 6 篇成果入选 ESI 1%全球高被引论文

黄佳良（厦门大学）

厦门大学生命科学学院教授/博导/系主任。利用生物信息学、单细胞多组学和基因编辑等交叉学科技术，探索增强子在发育和疾病（血液系统恶性肿瘤）的作用和机制。近年来发表论文 30 余篇，包括以通讯/第一（含共同）作者在 Dev Cell、Genome Biol、PNAS、Nat Commun 等权威期刊发表论文十余篇，主持国家及省级自然科学基金等项目 5 项，获闽江学者特聘教授等荣誉。

刘治平（山东大学）

山东大学控制科学与工程学院教授，博士生导师。主要从事生物信息学领域的研究工作，在 Cell, Bioinformatics 等国际知名期刊发表 SCI 论文 90 余篇，曾获评中国科学院上海生命科学研究院优秀青年人才，山东大学齐鲁青年学者称号等。

陈河兵（军事医学研究院）

军事医学研究院副研究员。清华大学自动化系本科，军事医学科学院生物信息学博士，主要研究染色质结构和基因表达调控，运用深度学习等方法开发三维基因组计算方法并加以应用。作为负责人承担国自然青年项目、面上项目以及军委科技委重点项目等多项课题，成果发表在 Nature Machine Intelligome Research 、Nature Communications、Advanced Science、Genome Biologyence 等期刊。入选全军青年科技英才、北京市科技新星，获得叶剑英英才奖。担任 Quantitative Biology 期刊特邀编辑，兼任中国人工智能学会生物信息学与人工生命专业委员会委员、中国自动化学会智能健康与生物信息专业委员会委员。

智　慧（哈尔滨医科大学）

教授、博士生导师。就职于哈尔滨医科大学生物信息科学与技术学院。主要研究方向为人类复杂疾病相关表观遗传调控机制研究，非编码 RNA 相关生物网络的构建及生物信息学平台及软件开发等。近期研究论文发表在《Nucleic Acid Research》《Briefings in Bioinformatics》《Oncogene》《Cell & Bioscience》等杂志上。

张 岩（哈尔滨工业大学）

哈尔滨工业大学生命科学与技术学院教授。中国抗癌协会肿瘤标志专委会常务委员，中国抗癌协会肿瘤标志专委会肿瘤测序与大数据分析专家委员会主任委员，中国生物信息学学会（筹）理事，中国生物信息学会（筹）表观遗传信息学专委会副主任委员，中国生物医学工程学会数字医疗与医疗信息化分会委员等。研究方向主要集中在生物信息学及计算表观遗传学，涉及到临床医学数据、肿瘤生物学、发育生物学等领域的数据分析及技术平台开发。系列研究成果发表在《Nucleic Acids Research》、《RNA biology》、《Development》、《Epigenomics》、《Briefings in Bioinformatics》等杂志上。

李春权（南华大学附属第一医院）

博士，教授，博士生导师，南华大学附属第一医院、计算机学院副院长（双聘）。“省杰出青年”基金获得者、南华大学“青年创新”高层次人才。主要从事以超级增强子为代表的 DNA 调控元件驱动的转录调控网络研究及重大疾病生物信息学方法研究。在《Nucleic Acids Res》（15 篇）、《Gastroenterology》、《Brief Bioinform》（4 篇）等国际期刊发表第一作者或通讯作者（含共同）论文 60 余篇。主持国家自然科学基金面上项目（3 项）等科研课题，获黑龙江省自然科学技术学术成果奖一等奖 1 项（排名第 1）。

宁尚伟（哈尔滨医科大学）

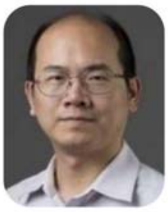
教授，博士生导师，星联青年学者，哈尔滨医科大学生物信息学院学院党委委员、党总支书记，黑龙江省寒地重大疾病重点实验室副主任、大数据中心副主任，中国生物信息学学会生物数据资源专委会副主任委员。主持国家自然科学基金 3 项，发表 SCI 论文 100 余篇，包括 NC、NAR、BIB、Oncogene 等，发表 ESI 高被引论文 5 篇，引用>2800 次，获教育部自然科学二等奖、黑龙江省自然科学一等奖等科研奖励 7 项。主要研究方向为肿瘤生物信息学方法、生物医学大数据挖掘和医学影像人工智能处理等。

费　腾（东北大学）

东北大学生命科学与健康学院，教授，博士生导师，国家级海外高层次人才计划青年项目入选者，辽宁省“兴辽英才计划”青年拔尖人才。2010 年于清华大学获得生物学博士学位，2011-2016 年于哈佛大学医学院/Dana-Farber 癌症研究所开展博士后训练。目前主要运用多种高通量的功能基因组学结合精细的分子细胞学研究手段，探讨基因编辑技术与基因治疗、肿瘤等复杂疾病的分子机理、药物靶标挖掘及疾病诊疗策略开发等领域的关键科学问题。

毛凤彪（北京大学第三医院）

北京大学第三医院研究员，主要通过对遗传变异的功能注释和表观遗传调控网络的构建来研究人类肿瘤和发育疾病的潜在分子机制。相关研究成果发表在 Cell Rep.、Sig Transduct Target Ther、Genes Dev.、Nucleic Acids Res. 等。主持国家自然科学基金等多个项目。



陈建欢（江南大学）

江南大学无锡医学院教授，博士生导师。主要研究方向微生物-宿主互作及机制，以及遗传病分子机理与基因治疗。以第一和通讯作者(含共同)在 Cell Reports、Molecular Psychiatry、Genomics, Proteomics & Bioinformatics 等国际学术期刊发表 SCI 论文 30 多篇。主持国家自然科学基金等国家级项目 10 项。入选广东省特支计划百千万工程青年拔尖人才、扬帆计划培养高层次人才、江苏省高层次创新创业人才引进计划“双创博士”、江苏省“六大人才高峰”项目和无锡“太湖人才计划”创新领军人才。

沈子屹（川北医学院）

沈子屹，川北医学院研究生。深耕生物信息学领域，擅长利用应用数学、信息学、统计学和计算机科学等方法研究生物学问题。目前已发表 SCI 论文 8 篇。

基因组学与进化专题报告专家及主持人

李川昀（北京大学）

北京大学未来技术学院 PI。2009 年获北京大学博士学位，2011 年在北京大学建立独立实验室。课题组以恒河猴为特色模型，探究人脑特异发育的分子基础。研究以多组学数据挖掘、机器学习算法开发与解析、新模型建立与机制发现为主线，解决了恒河猴研究的多个技术瓶颈，为运用其人类近缘特色开展精准的演化与机制研究奠定了基础。据此，准确鉴定人类特有新基因、新调控，提出新模型探究其起源与演化规律，并通过开展多层次实验研究，阐明多例新基因、新调控促进人脑增大、提升认知功能的新机制。以通讯作者在 Nature Ecology & Evolution、Science Advances、PNAS、Genome Biology 等发表论文 22 篇。Science 等发表专评赞赏工作的创新性，新模型得到同行广泛认同。获“万人计划”青年拔尖人才（2014）、基金委优秀青年科学基金（2015）等支持，获贝时璋青年生物物理学家奖，指导博士生获吴瑞奖。

宋述慧（国家生物信息中心）

中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）研究员，博士研究生导师。国家基因组科学数据中心副主任，国家生物信息中心生信服务部部长。2008 年在中国科学院北京基因组研究所获遗传学理学博士学位。中科院青年创新促进会优秀会员，北京市科技新星。主要从事基因组学及生物信息学研究工作，研究方向为遗传变异大数据整合、挖掘及应用。主导设计并建成了国内首个规模最大的基因组变异库(GVM，https://ngdc.cncb.ac.cn/gvm/)与国际首个多物种变异知识库(GWAS Atlas，https ://ngdc.cncb.ac.cn/gwas/)，达到国际领先水平；合作建立了基于多组学关联研究的变异知识挖掘方法与基于机器学习的品系鉴定分类软件等。

赵韩生（国际竹藤中心）

国际竹藤中心，研究员，博士生导师。长期注于竹子快速生长的生物学基础与调控机制。先后主持“十四五”国家重点研发计划项目（青年科学家项目）、国际竹藤组织试点成员国以竹代塑关键技术研究与示范项目、国家自然科学基金面上和青年等国家级科研项目国家级/国际组织项目等 6 项。在 Nature Plants, Nature Communications 和 GigaScience 等杂志发表论文 60 余篇。另外，担任全球竹藤基因组计划协调人、中国林学会青年工作委员会第四届常委委员、中国生物信息学学会农林信息学第一届专业委员等。

龚 静（华中农业大学）

华中农业大学信息学院教授、博士生导师，湖北省青年拔尖人才。主要研究方向为高通量数据整合分析和遗传变异的功能预测及验证。在人类遗传变异方向，拓展了“非编码区域功能型遗传变异鉴定”研究方法，搭建了多个高被引数据平台，“干湿”结合揭示了多个结直肠癌易感位点和基因。主持国家和省部级基金多项。以第一或通讯作者在 Annals of oncology、Nucleic Acids Research 等期刊上发表 SCI 文章 30 余篇，引用 2000 多次。

马少捷（中国科学院脑科学与智能技术卓越创新中心）

中国科学院脑智卓越中心（神经科学研究所）研究员。主要开展脑发育和进化的机制研究。通过功能基因多组学研究，阐释了灵长类前额叶皮层细胞命运特化和进化的机制，揭示了重要精神类疾病风险基因的时空和物种特异的调控机制。相关的项目以第一/共同第一作者发表于 Science（2022，2023）、Neuron 和 Current Opinion in Neurobiology 等国际期刊上，论文引用 1200 余次。

王金朋（华北理工大学）

中国科学院植物研究所博士，教授，博士研究生导师，华北理工大学生命科学学院副院长。主要从事基因组学、生物信息学研究。主持国家自然科学基金 2 项，省自然科学基金 2 项；获河北省自然科学二等奖 1 项、唐山市科技进步二等奖 1 项。发表 SCI 学术论文 54 篇，代表作发表在<Nature Plants>、<Molecular Biology and Evolution>、<Plant Physiology>等学术期刊。

张治华（国家生物信息中心）

中科院北京基因组研究所（国家生物信息中心）研究员，博士生导师。中国生物信息学会（筹）基因组信息学专业委员会秘书长；中国人工智能学会(CAAI)，生物信息学专业委员会等常务委员。主要研究方向为通过计算系统生物学的方法，结合最新的人工智能技术、实验技术，解析在疾病（肿瘤）和发育条件下，基因组(3D)调控网络的结构、动力学、演化和功能。承担国家 863、自然科学基金、科技部重点研发项目、科学院先导 A 等科研项目。近五年在 Nature Communications、Advanced Science、Genome Research、Genome Biology 等杂志发表 SCI 论文 20 余篇。研究成果入选 2018 年度中国生物信息学十大算法和工具，2021 年中国农业科技十大重要进展。

肖传乐（中山大学）

生物信息学博士，广东省杰出青年基金获得者，中山大学中山眼科中心研究员。长期致力于三代测序数据分析方法开发及应用研究，近年来针对三代测序基因组学基础研究及应用中出现的计算瓶颈问题建立了系列关键算法和支撑软件。以第一及通讯作者在 Nature Methods、Nature Structural & Molecular Biology、 Molecular Cell、Nature Communications 等 CNS 子刊发表十余篇，曾主持国家级项目 6 项。曾担任过 Nature Methods、Nature Communications 和 Genome Biology 等多种杂志审稿人。

李诣远（宁波大学）

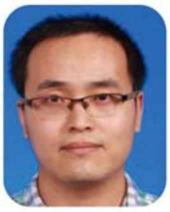
宁波大学植物病毒学研究所，研究员，博士生导师，主持国家级青年人才项目。发表学术论文 20 余篇，总引用超过 3,000 次。以第一或通讯作者在 PNAS, Molecular Biology and Evolution 等期刊发表论文多篇。主要围绕农业昆虫(蚜虫、蜜蜂等)及其共生微生物的协同演化方向开展研究工作，利用演化生物学、基因组学等多组学手段，探索演化过程中昆虫基因组如何获得、适应共生微生物，共生微生物如何在昆虫体内分化。

石金龙（中国人民解放军总医院）

解放军总医院医学创新研究部医学大数据研究中心副主任/高级工程师，解放军医学院硕士研究生导师，主要从事生物信息与精准医学、医学大数据及人工智能等研究及转化应用探索工作，先后承担国家自然科学基金、国家重点研发计划子课题等 10 余项，第一/通讯作者在 Nature Communications, EMBO Mol. Med 等期刊发表论文 20 余篇、授权国家发明专利 10 余项、获解放军总医院科技进步一等奖 1 项、军队科技进步三等奖 2 项。

刘 阳（广州医科大学霍夫曼免疫研究所）

广州霍夫曼免疫研究所教授，入选广州医科大学南山学者骨干人才。研究方向基于生物信息学技术和生物医学大数据分析，挖掘多组学数据中的关键信息，探索疾病中诊断、预防和治疗的新靶点、新技术和新方法。近五年在 Nature,PNAS, Cancer Discovery 等顶级杂志发表论文 10 余篇，论文引用数近 900 次。



苏现斌（上海交通大学）

上海交通大学系统生物医学研究院，副研究员。主要以单细胞突变分析为工具探究肿瘤进化基本规律，已在 J Hematol Oncol，J Pathol，Nature Methods，PNAS 等期刊发表论文 30 余篇。

杨寅骑（重庆医科大学）

博士，重庆医科大学药学院，药学专业。研究方向为人工智能+药学、生物信息学，主要利用 AI 结合生物信息学手段开展生物医药领域的相关研究。

微生物与代谢组学专题报告专家及主持人

苏晓泉（青岛大学）

博士，青岛大学特聘教授，博士生导师。泰山学者青年专家，山东省青创人才引育团队带头人，计算机科学技术学院院长助理。研究方向为生物信息学与微生物组学，已在该领域内 mBio、mSystems、Bioinformatics、Advanced Intelligent Systems 等高水平期刊发表学术论文 50 余篇，主持国家自然科学基金项目 3 项、国家重点研发计划任务、山东省自然基金重大基础项目、中科院重点部署项目子课题等。

李明锟（国家生物信息中心）

国家生物信息中心应用发展部部长，研究员，博士生导师，长期致力于高通量测序数据深度挖掘与基因组变异及进化分析，入选国家海外高层次人才青年项目、国家新冠病毒溯源专家组成员等。首次报道了新冠病毒在感染人体后出现准种现象，揭示了新冠病毒在人体内可快速发生变异，存在“跃变”可能。基于全局变异数据揭示并量化了免疫压力对新冠病毒进化的贡献，发现群体免疫背景与病毒进化方向偏好存在显著关联。近五年以（共同）通讯作者在 Nature Ecology Evolution、Cell Host microbe 等期刊发表 SCI 论文 25 篇，被引用超过 2900 次。

宁　康（华中科技大学）

华中科技大学生命科学与技术学院教授，博士生导师，生物信息与系统生物学系系主任。研究重点方向为生物大数据和微生物组的挖掘及其在健康与环境等领域的应用。近 5 年来作为通讯或共通讯作者，已在 Nature Communications、PNAS、Gut、Genome Biology、Genome Medicine、Briefings in Bioinformatics 等头部学术期刊发表学术论文 60 余篇。其中多篇入选 ESI 高被引论文，被他引超过 6000 次（基于 Google Scholar 统计数据），入选 2019 年度“中国生物信息学十大应用”。2021-2023 年连续全球前 2%顶尖科学家“年度科学影响力”榜单。担任中国生物信息学学会（筹）-基因组信息学分会副主任委员等专业学会职务。

黄　适（香港大学）

博士，香港大学牙医学院微生物学助理教授，微生物组创新中心负责人， 国际知名学术期刊 mSystems，iMeta 等学术期刊编辑。在微生物组拉曼单细胞分选方法学研究、痕量样本微生物组分析、益生菌适应性进化等领域研究经验丰富。 发表高水平文章 60 余篇，其中以第一或通讯作者在 Nature Methods， Cell Host Microbe 等发表论文 20 篇，获发明专利 7 项，其中授权国际专利 2 项。 主持和参加包括国家青年自然基金等多项科研基金。

常　乘（国家蛋白质科学中心）（北京）

现任国家蛋白质科学中心（北京）生物大数据研究室副主任，中国生物信息学学会（筹）生物数据资源专委会委员，长期从事计算蛋白质组学及生物信息学研究，形成了具有自主知识产权的大规模蛋白质组数据精准解析流程和相应算法、软件。曾主持国家自然科学基金项目等多项；曾获 2020 年中国发明协会发明创新奖一等奖（排名第 4）；以第一作者/通讯作者（含共同）在 Nature Communications，Nucleic Acids Research, Briefings in Bioinformatics 等期刊发表 SCI 论文多篇（H-index 20）。

李　滨（中南大学湘雅医院）

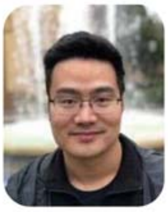
国家老年疾病临床医学研究中心（湘雅医院）副研究员，硕士研究生导师。入选湖南省芙蓉计划—“湖湘青年英才”项目和湖南省创新人才工程—“荷尖人才”项目。主要研究方向为基于基因组学的重大神经系统疾病的生物信息分析。在领域内顶级期刊 Brain 等发表 SCI 论文 20 余篇。

朱怀球（北京大学）

北京大学未来技术学院、北京大学定量生物学中心教授、博士生导师。现任未来技术学院党委书记、北大人工智能研究院人工智能数字生命研究中心主任。研究领域为生物信息学和计算生物学，主要研究兴趣包括基于大数据的医学数据挖掘与分析、基因组与微生物组生物信息学方法和技术、基因组演化与生物进化、蛋白质分子动力学等问题。主持发展的微生物基因组分析与基因预测系列方法被应用于多项微生物基因组测序计划。近年来，致力于发展深度学习、人工智能方法，运用于二代/三代测序技术下的基因组学问题，在病原与病毒的微生物组学分析、人类基因组结构变异检测与疾病关联分析等完成了一系列原创性的工作，申请专利与软件著作权 8 项。进入生物信息学领域以来，共计发表 SCI 论文 70 余篇，其中影响因子超 20 的论文 3 篇、超 10 的 11 篇，研究结果被 Cell、Nature、Nature Methods 等正面引用或专门报道。

陈卫华（华中科技大学）

教授、博士生导师；海外引进高层次人才。研究主要方向是肠道菌群精细调控与人、动物健康。通过实验与生物信息学分析相结合，发现肠道微生态异常与疾病的关联；利用噬菌体或小分子物质对特定肠道细菌精准调控，以达到改善微生态、改善和治疗疾病之目的。截止 2024 年 5 月，以主要作者（通讯或第一）身份在 Science、Gut、Cell Host & Microbe、Cell Metabolism、Nature Communications 等杂志发表文章 70 多篇。引用 6600 多次，H-因子 33。



蒋　超（浙江大学）

浙江大学生命科学研究院研究员，博导，兼聘浙江大学附属第一医院，中国生物物理学会肠道菌群分会委员。主持国自然专项及面上项目。主要研究方向为环境暴露组和微生物组与人类疾病健康以及环境的相互作用。以第一/通讯作者在 Cell、Nature、Nature Protocols、Cell Reports、ES&T、Briefings in Bioinformatics、Cell Discovery 等杂志发表多篇研究论文。

徐振江（南昌大学）

博导，目前任职于南昌大学食品科学与技术国家重点实验室。主要从事肠道微生物和宿主的相互作用研究，结合实验动物模型和生物信息方法，探索精准干预调控口腔和肠道微生物群落的分子机理，在 Briefings in Bioinformatics, eLife、Genome Research 等领域内权威期刊发表通讯作者论文 17 篇论文，近 5 年引用数 30000 余次，H-index 42。2020-2023 年被科睿唯安遴选为全球高被引学者。获得国自然面上项目、科技部重点研发项目资助。

宣荣荣（宁波大学附属第一医院）

宁波大学附属第一医院产科副主任兼病区主任，主任医师，硕士生导师，宁波市领军拔尖人才，宁波市卫生健康青年技术骨干人才，浙江省医师协会妇产科分会委员，美国哈佛大学临床研究学者，美国加州大学圣地亚哥分校访问学者。

贾耿介（中国农业科学院农业基因组研究所）

中国农业科学院农业基因组所食品科学中心研究员。围绕“共病间关联的精准解析”这一科学问题，通过融合自然语言处理和系统识别而开发多维度健康大数据和营养膳食大数据的分析算法。近五年以第一或通讯（含共同）作者在 Nature Computational Science、Nature Communications (2 篇)等期刊发表多篇论文。入选中国农科院青年英才。

纪宏超（中国农业科学院深圳农业基因组研究所）

中南大学化学实验班本科，中南大学化学硕博，南方科技大学博士后，中国农业科学院深圳农业基因组所 Pre-PI，研究方向为多组学算法开发。

宋启发（宁波大学附属第一医院）

浙江省微生物学会理事。从事感染性疾病的防控、病原微生物溯源鉴定和耐药机制、代谢性疾病和临床流行病学研究,擅长生物信息学和临床流行病学分析。近五年来，设计或主持省自然基金 2 项等。以第一或通讯作者发表 SCI 论文 40 余篇，总引用 2000 次以上。发表期刊包括 Lancet Infectious Diseases、JAMA Network Open 等。

结构生物信息与药物设计专题报告专家及主持人

陈　兴（江南大学）

江南大学三级教授、博导，2019-23 连续五年当选科睿唯安全球高被引科学家，2020-23 连续四年当选爱思唯尔中国高被引学者，连续多年入选斯坦福大学发布的全球前 2%顶尖科学家“终身科学影响力”榜单和全球排名前十万科学家，江苏省 333 高层次人才培养工程培养对象，江苏省六大人才高峰高层次人才。中科院一区杂志 Briefings in Bioinformatics 执行编辑，中科院一区杂志 IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics 等四家 SCI 杂志副主编。以一作或通讯发表 SCI 论文 100 余篇，论文被引共计 15000 余次，11 篇论文入选最新一期 ESI 高被引论文，H-因子为 60。

纪志梁（厦门大学）

厦门大学生命科学学院教授，博士生导师。现担任福建省生物信息学学会理事长、中国生物信息学学会（筹）人工智能与生命科学专委会副主委，中国化学会计算机化学专业委员会委员等学术兼职。近年来，主要致力于系统生物学和人工智能辅助药物开发等方向的理论和应用基础研究，开发十多个生物医药信息数据库和软件，并在国际学术期刊发表学术论文 70 多篇。

朱　峰（浙江大学）

浙江大学长聘教授、求是特聘教授、博士生导师，入选国家级人才计划、国家级青年人才计划、浙江省杰出青年基金、浙江省千人计划创新长期；担任浙江省生物信息学学会副理事长、中国化学会计算机化学专业委员会秘书长、浙江省生物信息学学会智能药学委员会主任。在 Nature Biotechnol、Nature Protoc、Nature Mach Intell、Nature Rev Drug Discov 等发表论文 180 余篇。

李金艳（深圳理工大学）

博士生导师、深圳理工大学计算机科学与控制工程学院杰出教授、中国科学院深圳先进技术研究院研究员、2022 年国家高层次海外重点人才，入选全球前 2%顶尖科学家榜单。长期致力于数据挖掘和生物信息前沿课题相关研究和创新。发表 200 多篇高质量学术论文，其中原创论文单篇引用达 1500 余次。主持国家自然科学基金、澳大利亚和新加坡国家科研基金多项。

冯 越（北京化工大学）

北京化工大学教授，2018 年国家优青，2020 年全国青年岗位能手，2018 年中国十大新锐科技人物。多年来一直以生物化学与分子生物学、结构生物学、细胞生物学等为手段，对微生物与宿主免疫系统相互作用等领域相关蛋白质的结构与功能开展研究。共发表 SCI 论文 51 篇，其中通讯作者(含共同)论文 28 篇，分别发表在 Nature（2 篇）、Cell、Mol Cell (3 篇)等国际著名期刊。

徐志建（中国科学院上海药物研究所）

中国科学院上海药物研究所研究员，国家优秀青年科学基金获得者（医学部），明珠菁英人才。现任中国化学会计算（机）化学专业委员会委员。主要从事分子模拟及药物设计方面的研究工作，专注于分子模拟与药物设计新方法的发展，以及这些方法在药物发现方面的应用研究。共发表论文 100 余篇，申请国家发明专利 51 项，软件著作权 6 件。

张 法（北京理工大学）

北京理工大学长聘教授，中科院计算所客座研究员，博士生导师。现任 IEEE 计算生命科学专委会(TCCLS)主席，CCF 生物信息学专委会副主任。主要从事生物信息学、多模态生物医学数据处理等方面的研究：研发了国内首款冷冻电镜三维重构软件-AuTOM，解析了多个生物大分子高分辨结构，获 2021 年国际三维模型检索挑战赛冷冻电镜生物图像分类大赛第一名；开发了系列医学病理图像分类分级 AI 处理技术，相关研究成果已在多家医院应用。作为项目负责人和主要参与人承担了多项科技部重点研发专项、国家自然科学基金重点、国际合作重大等项目。在 Cell Research、Natural Communications、Sciences Advances、Genome Biology 等国际期刊和 ICCV、ISMB、MICCAI 等顶级国际会议发表论文 160 余篇，获医学图像顶会 MICCAI 2022 Best Paper。

赵 琪（辽宁科技大学）

教授，博士生导师，理学博士,厦门大学博士后。主要从事生物信息学，医学人工智能，机器学习，计算毒理学，健康医疗大数据等方向研究。发表论文 99 篇，其中第一或通讯作者 SCI 检索论文 72 篇。截至目前论文被引用 3722 次，10 篇论文入选 ESI 高被引论文，h 指数 32。先后主持国家自然科学基金项目 2 项，辽宁省博士科研启动基金项目 1 项，辽宁省自然科学基金面上项目 1 项，辽宁省教育厅重点项目 1 项。研究成果先后获得辽宁省自然科学学术成果一、三等奖，沈阳市自然科学学术成果一、二、三等奖。2020 年作为第三完成人获得中国自动化学会自然科学奖二等奖。 辽宁省百千万人才工程万人层次，沈阳市拔尖人才，中国计算机学会高级会员。担任十余个 SCI 期刊的副主编或编委。

章　乐（四川大学计算机学院）

四川大学计算机学院副院长，担任中国计算机学会成都分会副会长，ACM SIGBIO 中国区副主席等。目前研究核心是利用计算机和数学计算的知识为生物信息研究提供实时模拟和数据挖掘技术，并通过实验数据建立，分析和优化相关模型。获国家千人计划（青年项目）、重庆杰青、重庆百人计划、四川千人计划和四川省学术和技术带头人。以第一完成人荣获四川省科技进步二等奖、重庆科技进步三等奖等多项学术荣誉。主持国家自然科学基金（面上）、科技部重大专项课题、科技部重点研发子课题等。已发表 100 余篇学术论文。

张贵军（浙江工业大学）

浙江工业大学信息学院教授、博士、博士生导师，浙江省科技创新领军人才、浙江省高等学校中青年学科带头人。长期从事结构生物信息学、人工智能及计算智能等研究。主持科技部科技创新 2030-“新一代人工智能”重大项目课题、国家自然科学基金、国家重点研发计划子课题、浙江省重点基金等国家、省部级项目及百图生科等企业合作项目 20 多项；在 PNAS、Nature Computational Science、Nature Protocols 等期刊上发表研究论文 100 余篇，授权国家发明专利 50 余项，其中实施专利转化 14 项。担任中国生物信息学学会（筹）生物分子结构预测与模拟专委会常务委员、浙江省生物信息学学会秘书长等。

龚新奇（中国人民大学）

中国人民大学吴玉章特聘教授、博士生导师，交叉科学研究院副院长，数学学院信息与计算科学系主任。从事生物信息学和人工智能数学算法研究，开发的 HoDock/PAMA/UltraFold 算法在蛋白质复合物预测中表现较好，已发表原理、算法和应用等方面学术论文 90 多篇，包括 Nature 3 篇，Science 1 篇，Nature Communications 2 篇，Nature Microbiology 1 篇等，负责国家重点研发计划等课题 10 多项。

张海仓（中国科学院计算技术研究所）

中科院计算所副研究员。中科院青促会人才项目获得者，哥伦比亚大学博后科学家，字节跳动算法工程师。主要研究方向为生成式 AI 算法，AI 蛋白质设计和计算基因组学。开发了基因变异致病性预测算法 MVP 和 gMVP；开发了蛋白质设计算法 CarbonDesign, CarbonNovo, AbX；开发了蛋白质结构预测算法 CarbonFold。

张盖华（湖南师范大学）

曾任臻和（北京）科技有限公司高级研究员，北京希望组生物科技有限公司首席医学官。现为湖南师大副教授，从事蛋白质结构预测与设计、基因组演化、基因表达调控等相关研究。有学术界、产业界等跨界经历。

陈海峰（上海交通大学）

上海交通大学教授，博士生导师，生物信息学与生物统计学系副系主任。J. Chem. Inf. Model.编委。上海市浦江人才。本科毕业于西安交通大学，硕士毕业于四川大学，博士毕业于法国巴黎第七大学。美国加州大学尔湾分校进行博士后研究。主要聚焦天然无规蛋白的精准分子力场、基于人工智能的全新蛋白质设计以及计算机辅助创新药物发现等研究。迄今为止已在 JACS, PNAS, Bioinformatics, BIB 等国际著名学术期刊发表了 160 余篇 SCI 论文。获上海市科技进步一等奖。中国生物信息学会生物大分子结构预测及模拟专委会、生物信息学与药物发现专委会委员。智药元创联合创始人。

由于排版原因，专家简介有删减，敬请谅解

實事求是
經世致用

主办单位

中国生物工程学会计算生物学与生物信息学专业委员会

承办单位

宁波大学海洋学院

宁波大学医学部公共卫生学院

协办单位

中国计算机学会生物信息学专业委员会

宁波市科学技术协会

浙江省生物信息学学会精准医学专委会、青年委员会

赞助单位

浙江崭晴生物科技有限公司

杭州瑞普基因科技有限公司

宁波希诺赛生物科技有限公司

源资信息科技(上海)有限公司

北京字跳网络技术有限公司