

大会特邀报告

(按姓氏笔画排序)

Michael Q. Zhang

Professor, Director of Center for Systems Biology, Cecil H. and Ida Green Distinguished Chair of Systems Biology, School of Natural Sciences and Mathematics, UT Dallas. USA.

Qian-Ren Guest Professor, MOE Key Laboratory of Bioinformatics, Director of Center for Synthetic & Systems Biology, Tsinghua National Lab for Information Science and Technology, Tsinghua University, Beijing, China.



I got my B.S. in Mech. Eng. from USTC and joined the first CUSPEA (initiated by T.D. Lee) group studying physics in USA in 1981. After getting Statistical Physics PhD from Rutgers University in 1987, I became a postdoc at the Courant Institute of Mathematics at NYU until I became a Genome Research fellow at CSHL in 1991. I started my Computational Genomics Lab there in 1996 and became full professor in 2002. I became 1000-Talent guest professor of Tsinghua University in 2009 and moved to The University of Texas at Dallas as the Cecil H. and Ida Green Distinguished endowed chair Professor in 2010. I am currently the director of Center for Systems Biology at UT Dallas and the co-director of Center for Synthetic and Systems Biology at Tsinghua U.

报告题目 Dissecting Functional Regulatory Structures of the Genome from 1D to 3D

摘 要 I will begin with a brief summary of our regulatory genomics achievements; I will then introduce our recent developments in biochemical (BL-Hi-C), biophysical (Super-resolution imaging) and Bioinformatics (Functional DNA loop quantitation and prediction) technologies. I will end with more detail on a new methodology “In Situ Capture of Chromatin Interactions by Biotinylated dCas9” and its application for in situ capture of individual constituents of the enhancer cluster controlling human β -globin genes, which establishes evidence for composition-based hierarchical organization.

王亚东



教授，博士生导师，国务院学位委员会第七届学科评议组成员，主要从事生物医学信息技术、人工智能、机器学习等方向的研究，现任哈尔滨工业大学计算机科学与技术学院院长、生物信息技术研究院院长、人工智能研究院院长、国家“健康保障重大工程 2030”规划基地平台专家组副组长、“十三五”国家重点研发计划“重大慢性非传染性疾病防控研究”、“生物安全关键技术研发”专家组专家、国家精准医学重点项目“中国十万人基因组计划”首席科学家、黑龙江省生物医学信息技术与系统工程技术研究中心主任，曾任国家 863 计划生物医药领域专家委员会专家（2007-2011 年）、生物信息技术主题专家组专家（2001-2006 年）、863 计划数字化医疗工程重大项目首席科学家，发表 SCI 论文 150 余篇，获国家科技进步二等奖 1 项、省自然科学二等奖 2 项。

报告题目 生物大数据分析与挑战

摘 要 生物大数据已成为世界规模最大，增长速度最快的大数据领域。当前，对以各类组学数据为核心的生物大数据进行快速、准确、高质量的分析已成为生命科学发展的关键共性需求。生物大数据的庞大数据量、较高数据噪声和复杂内在关系对现有生物信息学理论和技术形成了巨大挑战，并成为人类站在生命科学时代历史关口所亟待解决的瓶颈问题。本报告主要从生物信息算法学角度，阐述生物大数据分析技术发展与挑战的理解与应对，并分享部分生物大数据算法研究成果，共同应对生物大数据挑战，推动生物信息学发展。



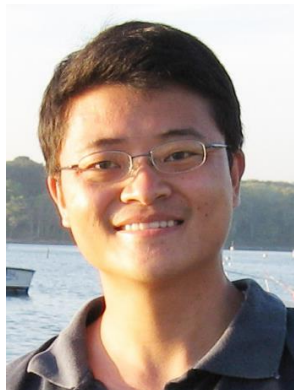
王秀杰

中科院遗传发育所研究员、中心主任。国家杰出青年科学基金获得者，国家重大科学研究计划项目首席科学家。主要从事非编码 RNA 相关的生物信息学与实验生物学研究，发表 SCI 论文 90 篇，他引 4000 余次，多项工作得到 Science Now, Nature Review Genetics 等科技媒体的推荐。兼任全国青联常委、中国青年工作者协会副秘书长等职务。曾荣获“中国青年五四奖章”等奖励，作为共同完成人两次获得“国家自然科学基金”二等奖，入选中组部“万人计划领军人才”。

报告题目 Finding new regulatory mechanisms using bioinformatics

摘 要 The application of various types of omics studies has produced huge amount of data, which enabled researchers to identify new regulatory mechanisms using bioinformatics. By integration of high-throughput sequencing data and bioinformatic analysis, we have identified a new function of microRNAs in regulating m6A modification formation, discovered a set of embryonic stem cell (ESC) specific transcripts which were transcribed from ubiquitously expressed genes using alternative promoter, and revealed the different response of immune-related genes between the LUAD and LUSC subtypes of lung cancers. These examples demonstrate the huge power of bioinformatics in discovering new regulatory mechanisms.

沈红斌



上海交通大学特聘教授、博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者，主要研究领域为模式识别与生物信息学，担任上海市自动化学会模式识别专委会主任、上海市计算机学会生物信息学专委会副主任、BMC Bioinformatics Associate Editor、Science China Information Sciences Associate Editor，在 Nature Protocols、Bioinformatics 等期刊发表 SCI 论文 120 篇，建立 30 余个在线生物信息计算平台，已为 50 余个国家科学家广泛提供生物信息在线预测服务超过千万次，理论预言结果多次被实验验证。曾入选国家杰青、ESI 高被引科学家、Elsevier 中国高被引学者、万人计划青年拔尖人才、首届国家自然科学基金优秀青年基金、全国百篇优博论文、第八届上海青年科技英才等计划与荣誉，指导 4 名研究生连续 4 年入选上海市研究生优秀成果（学位论文），主持生物医学大数据人工智能分析理解项目入围 2018 世界人工智能创新大赛最高荣誉 SAIL 奖榜单，获 2015 年上海市自然科学一等奖（第一完成人）。

报告题目 基于智能计算的蛋白质结构预测与多目标优化

摘 要 近年来，随着分子测序技术的快速突破，生物蛋白分子的序列数据呈现爆炸增长趋势，发展海量数据内在联系的新算法方法，实现从蛋白序列精确预测它们的结构和功能是一个挑战性问题。我将介绍我们组近期基于智能算法研究提出的蛋白质结构预测和多目标优化方面的一点进展。

陈洛南



Luonan Chen received BS degree in the Electrical Engineering, from Huazhong University of Science and Technology, and the M.E. and Ph.D. degrees in the electrical engineering, from Tohoku University, Sendai, Japan, in 1988 and 1991, respectively. From 1997, he was an associate professor of the Osaka Sangyo University, Osaka, Japan, and then a full Professor. Since 2010, he has been a professor and executive director at Key Laboratory of Systems Biology, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences. He was elected as the founding president of Computational Systems Biology Society of OR China, and Chair of Technical Committee of Systems Biology at IEEE SMC Society. He serves as editor or editorial board member for major systems biology related journals. In recent years, he published over 300 SCI journal papers and two monographs (books) in the area of systems biology.

报告题目 **Making small sample size to equivalently large sample size by Randomly Distributed Embedding**

摘 要 Future state prediction for nonlinear dynamical systems is a challenging task, particularly when only a few time-series samples for high-dimensional variables are available from real-world systems. In this work, we propose a novel model-free framework, named Randomly Distributed Embedding (RDE), to achieve accurate future state prediction based on short-term, high-dimensional data. Specifically, from the observed data of high-dimensional variables, the RDE framework randomly generates a sufficient number of low dimensional “non-delay embeddings”, and maps each of them to a “delay embedding” which is constructed from the data of a to-be predicted target variable. Any of these mappings can perform as a low-dimensional weak predictor for future state prediction, and all of such mappings generate a distribution of predicted future states. This distribution actually patches all pieces of association information from various embeddings unbiasedly or biasedly into the whole dynamics of the target variable, which, after operated by appropriate estimation strategies, creates a stronger predictor for achieving prediction in a more reliable and robust form. Through applying the RDE framework to data from both representative models and real world systems, we reveal that a high-dimension feature is no longer an obstacle but a source of information crucial to accurate prediction for short-term data even under noise deterioration. RDE is also a method to make small sample size to equivalently large sample size, which can be applied to many fields, including AI and machine learning.

章 毅



IEEE Fellow, 中国人工智能学会首批会士, 四川大学人工智能首席科学家。1994 年毕业于中国科学院数学研究所, 获理学博士学位, 现为四川大学计算机学院学术院长、教授、博士生导师, 四川大学机器智能实验室主任, 四川省 2011 大数据分析协同创新中心主任, CCF 成都分部主席, IEEE 计算智能协会成都 Chapter 创始人, 曾任 IEEE Chengdu Section 主席 (2015~2016)。发表 SCI 学术论文 200 余篇, 其中 IEEE Transactions 系列论文 60 余篇, 连续入选 2014、2015、2016、2017 年 Elsevier 中国高被引学者榜单, 著有英文学术专著三部: 《Convergence Analysis of Recurrent Neural Networks》(Kluwer Academic Publishers, 2004)、《Neural Networks: Computational Models and Applications》(Springer, 2007)、《Subspace Learning of Neural Networks》(CRC Press, 2010), 翻译神经网络经典教材《神经网络设计(原书第 2 版)》(机械工业出版社, 2018)。担任 IEEE Transactions on Neural Networks and Learning Systems 期刊的 Associate Editor (2009~2012), 担任 IEEE Transactions on Cybernetics 期刊的 Associate Editor (2014~), 担任 2016、2017 年度 IEEE CIS Fellow Committee 委员, 及 2015、2016、2017 年度 IEEE CIS Award Committee 委员。目前研究方向为: 神经网络理论与应用、大数据分析、智能医学大数据。

报告题目 Capsule 神经网络解析

摘 要 Capsule 神经网络是著名神经网络研究者、深度学习之父 Geoffrey Hinton 教授最新提出的一种神经网络, 带来了全新的结构特性和更丰富的计算特性, 为神经网络研究打开了一个新方向。其网络基本结构单元是由一组神经元组成的 capsule (胶囊), 相较传统表示为一个标量的神经元单元, capsule 可以表示为一个向量, 这一特点使得神经网络内部表达获得了极大丰富, 同时扩展了计算单元可进行的操作, 网络结构也更加复杂。与 capsule 神经网络相伴而生的 dynamic routing (动态路由) 算法依托新的网络结构能够进行神经网络内部一致性预测, 我们将展示这一算法的本质即是经典的无监督 Hebb 学习算法 (Hebbian Learning) 的一种变体, capsule 神经网络的学习算法同时包含了有监督学习部分和无监督学习部分。在生物学中, capsule 神经网络也可以得到印证, 其 capsule 结构符合神经解剖学中神经柱结构。本报告将从网络结构、学习算法以及可能的生物学解释三个方面为大家解析 Capsule 神经网络。

蒋田仔



研究员，国家杰出青年基金获得者，中国科学院“百人计划”入选者，长江学者特聘教授，脑网络组北京市重点实验室主任，中国科学院自动化研究所脑网络组研究中心主任。1984年7月在兰州大学获理学学士学位；1992年6月和1994年6月在浙江大学分别获理学硕士和博士学位。曾在澳大利亚新南威尔士大学、马普人类认知与脑科学研究所、英国女王大学计算机学院、美国休斯敦大学计算机系工作五年。现任IEEE TCDS, Frontiers in Bioinformatics, BMC Neuroscience等多种国际刊物编委，中国认知科学学会理事，中国认知科学学会神经环路及其信息处理专业委员会主任委员，中国解剖学学会常务理事和中国解剖学学会脑网络组分会会长，中国神经科学学会精神病学基础与临床分会常务委员。曾任国际“医学影像计算与计算机辅助干预学会”理事及第13届年会（MICCAI 2010）大会主席。主要从事领域包括多模态跨尺度脑网络组图谱研究、基于脑网络图谱的脑机融合和脑疾病早期预测和精准治疗。在所从事的领域已发表SCI收录的论文240多篇，SCI他引10000多次。申请发明专利40余项，已授权28项。曾获国家自然科学奖二等奖（2004）。

报告题目 脑网络组（Brainnetome）及其对类脑计算的启示

摘 要 脑网络组（Brainnetome）是以脑网络为基本单元的理解脑及脑疾病的新的组学，从脑网络的连接模式及其演变规律阐明脑的工作机理及脑疾病的发生和发展机制，为研究人脑内部复杂的信息处理过程与高效的组织模式提供有效的途径，为理解脑的信息处理过程及脑的高级功能开辟新途径，为实现类脑计算及类脑智能处理器奠定基础。本报告将介绍脑网络组提出的背景、脑网络组图谱、脑网络组对类脑计算及类脑智能等方面一些进展以及未来面临的主要挑战和发展方向。

分会场特邀报告

(按姓氏笔画排序)

报告人	报告题目	工作单位
卜东波	蛋白质残基接触预测与三级结构预测的统计模型与深度学习方法	中国科学院 计算技术研究所
邓明华	成分数据网络推断及其在宏基因组数据中的应用	北京大学
古 槿	肿瘤单细胞转录组计算分析的若干问题	清华大学
刘丙强	Systematic Prediction of Regulatory Motifs from Human ChIP-Sequencing Data Based on a Deep Learning Framework	山东大学
李 敏	Scaffolding methods based on contig classification and optimization	中南大学
汪小我	利用 ATAC-seq 数据对功能基因组进行注释与分析	清华大学
张世华	PBLR: an accurate single-cell RNA-seq data imputation tool	中国科学院数学 与系统科学研究院
张治华	High resolution genome 3D architectures as revealed by low resolution Hi-C data	中国科学院 北京基因组研究所
赵兴明	Identifying new indications of old drugs with integrative analysis of omics data	复旦大学
郭 菲	蛋白质相互作用及结合位点的预测方法研究	天津大学
郭安源	GSCALite 基因集癌症多组学分析平台和 SEGtool 特异表达基因筛选	华中科技大学
郭锋彪	必需基因预测的多种计算机方法（工具）	电子科技大学
崔庆华	microRNA 和 lncRNA 重要性计算	北京大学 基础医学院
曾坚阳	Machine Learning Algorithms for Modeling 3D Chromosome Structures	清华大学
廖 波	非编码 RNA 和疾病关系预测	海南师范大学