

关于出国访问/学术交流的总结

出国情况描述:

(邀请方、参加人、时间、地点、会议名称、报告名称、参会描述等)

邀请方: 澳门大学健康学院 (Faculty of Health Sciences, University of Macau)

参加人: 张子丁 和三名研究生[杨世平 (SZ20143020078), 张碧亮 (SZ20153020071), 齐欢 (SZ20153020070)]

时间: 2018 年 10 月 21 日至 2018 年 10 月 24 日

会议名称: 第八届全国生物信息学与系统生物学学术大会暨第一届 (澳门) 国际生物信息学研讨会

报告名称: 张子丁和杨世平 (海报: InterSPPI: a machine learning-based predictor of Arabidopsis-pathogen protein-protein interactions); 张子丁和齐欢 (海报: PlaD: A Transcriptomics Database for Plant Defense Responses to Pathogens, Providing New Insights into Plant Immune System); 张子丁和张碧亮 (海报: Coordinated regulation of core and accessory genes in the multipartite genome of Sinorhizobium fredii)

参会描述: 此次大会由中国细胞生物学学会功生物信息学与系统生物学会分会 (简称生物信息学分会) 主办, 澳门大学健康健康科学学院承办。会议共邀请海内外参会人员达 500 多人, 特邀报告人 16 人, 分会场报告人达 90 位, 展览海报 130 多张。本课题组由我和 3 位学生在澳门大学展开为期 3 天的学术交流。一方面, 通过宣讲海报的方式

向参会人员汇报工作进展。另一方面，认真听取同行的工作汇报并围绕着科研方向及领域发展积极开展交流和探讨。

内容摘要：

（考察/交流内容、进展、结论等）

一 日程安排

| 时间 | | 内容 | 地点 |
|------------|-------------|--------------------------------|-----------------|
| 10月 21日 | 11:00~20:00 | 会议报到 | 金沙城假日酒店 澳门大学 |
| | 14:30~18:00 | 会议报到 (只限住澳门大学学 生宿舍之参会人员) | 澳门大学 |
| 10月 22日 | 上午 | 开幕式，大会报告 | 澳门大学 |
| | 下午 | 分会场报告 | 澳门大学 |
| 10月 23日 | 上午 | 大会报告 | 澳门大学 |
| | 下午 | 分会场报告 | 澳门大学 |
| | 晚上 | 墙报 | 澳门大学 |
| 10月 24日 | 上午 | 大会报告，闭幕式 | 澳门大学 |
| | 下午 | 离会或参观澳门世遗景点 | |

二 部分特邀报告简介

1. 生物物理所陈润生院士, 报告题目为“组学大数据和非编码核酸”。首先, 陈老师介绍了非编码 RNA 在整个基因组中的比例(大于 97%)以及非编码 RNA 的功能重要性。其次, 讲述了其课题组围绕这非编码 RNA 开展了一系列工作。最后, 呼吁大家开展相关的研究。
2. 澳门大学健康学院邓初夏院长, 报告题目为“Biobanking major types of cancers in macau for precision oncology”。邓老师向我们介绍了澳门癌症病人的统计情况, 以及他们利用个体的组学数据筛选抗肿瘤相关药物, 并成功辅助医生进行精准治疗的案例。
3. 哈佛大学刘小乐教授, 报告题目为“Hidden cancer immunology insights from tumor RNA-seq”。刘老师向我们介绍了肿瘤免疫相关的知识, 以及其开发的一个平台 TIDE, 用户可以提交基因集, 来预测癌症免疫应答。
4. 北京大学张泽民教授, 报告了单细胞测序深度分析在肿瘤免疫的应用。主要内容是利用单细胞测序技术分别对肝癌, 肺癌中分离的细胞进行测序, 并根据测序的结果对这些细胞进行分类。
5. 北京协和医院常委副院长张抒扬教授团队的老师介绍了中国国家罕见病注册系统。其研究团队开发了一个提交和收集罕见病信息的平台, 通过这个平台, 生物信息学家可以对自己找到自己研究/感兴趣的病例以及数据, 可供进一步开展研究。
6. 陈洛南教授分享了在网络标记物及动态网络标记物方面的研究。告诉我们可以通过观察网络标记物来表征整个网络的情况。通过

研究疾病发生的临界过程，可以利用网络标记物在网络中的状态来判断疾病是不是处在临界状态中，同时也发现在临界状态中，标记物的各种特征也显著与临界之前与之后不一样。也发现了 DNB（动态网络标记物）相关基因虽然相对于 DEG 来说十分的少，但是 DNB 相关基因都处于 DEG 的通路上游，是十分关键的基因。他还报告了通过对时间序列的高维数据建模，能够利用 DNB 来预测疾病的发生。

三 部分分会报告简介

1. 在测序技术与组学分析专场中，赵兴明教授分享了通过整合大量组学数据，发挥已有药物在癌症治疗中旧药新用作用的研究思路。由于传统的药物研发流程至少需要 6 年时间才能完成研发通过临床试验，耗时耗力，通过构建 indications、drugs 与 disease 的多层映射网络可以找出不同药物与不同疾病之间的更多关联。鲁娜博士也分享了她在单细胞测序中 DNA 富集方法上的改进，提出了更俱鲁棒性更可靠的富集方法。万林教授关于单细胞测序中细胞分化问题的研究，他比较了不同降维和聚类方法的优劣，采用了更合适的 level set 聚类方法，开发了 DensityPath 工具。
2. 在组学分析与应用专场中，李明锟教授关于呼吸道微生物基因组的研究展示出呼吸道微生物与肠道微生物一样在人体健康中发挥着重要的作用，能够帮助我们预防各种呼吸道疾病的发生。邓海啸教授关于 NAD⁺的分析也让我们加深了对 NAD⁺相关作用及调控

通路的认识。郭安源教授构建了癌症相关的基因集分析的在线网站。

四 生物信息学与系统生物学分会理事会议简介

10月22号晚8点-10点在澳门大学还召开生物信息学与系统生物学分会理事会，会议由秘书长清华大学孙之荣教授和哈尔滨医科大学李霞教授主持。会议通报了生物信息学一级学会申请进展，增选了新理事，确定了下次会议的举办方及举办地点。本人有幸在这次理事会上增选为理事。

五 一些感想

1. 当前国内生物信息学研究发展迅猛，得益于生物大数据，组学技术及人工智能的蓬勃发展，给生物信息学注入了强大的生命力。国内各大研究机构竞相大力开展生物信息学研究。特别是与人类医学健康的结合的研究课题，正成为当下生物信息学研究的重心。
2. 结合课题组的研究方向，与参会从事蛋白质生物信息学以及深度学习的相关老师进行了讨论。回京后，已安排课题组研究生联系相关老师，进一步探讨合作的可能性。
3. 也看到了我们学校在生物信息学研究方面（特别是我自己课题组）的一些不足。例如，华中农大生物信息学研究力量雄厚，仅参会人数就接近50人，占到总参会人数近10%。

附照片及简要描述:



图 1 大会主会场



图 2 生物信息学和系统生物学分会理事合影



图3 张子丁在会议现场



图 4 研究生杨世平与海报合影