

第15届计算系统生物学国际会议（ISB 2024）	
2024年 8 月 20 日 星期二（8:00-18:00）	
8:00-18:00	报到（开封 开元名都大酒店大堂）
2024年 8 月 21 日 星期三（8:00-21:00）	
8:00-18:00	报到（开封 开元名都大酒店大堂）
18:00-20:30	自助餐
20:30-21:00	计算系统生物学分会理事会议（8区2楼电梯口 金明厅）
2024年 8 月 22 日 星期四（8:30-21:00）	
8:30-8:50	开幕式（会议中心二楼 开元厅）
8:50-12:00	大会报告（会议中心二楼 开元厅）
12:00-13:30	自助餐
14:00-15:40	各分组报告
15:40-16:00	茶歇
16:00-17:40	各分组报告
18:00-20:30	自助餐
20:30-21:00	分子系统生物学专业分会委员会议（8区2楼电梯口 金明厅）
2024年 8 月 23 日 星期五（8:50-20:30）	
8:50-11:50	大会报告（会议中心二楼 开元厅）
12:00-13:30	自助餐
14:00-15:40	各分组报告
15:40-16:00	茶歇
16:00-17:40	各分组报告
18:00-20:30	自助餐

大会报告主会场日程						
2024年 8 月 22 日 星期四						
时间		发言人	单位		主持人	地点
开幕式致辞	8:30-8:50	薛波	河南大学		陈洛南	会议中心二楼 开元厅
		吴家睿	中国科学院分子细胞科学卓越创新中心			
		陈洛南	中国科学院分子细胞科学卓越创新中心			
		周天寿	中山大学			
		韩泽广	上海交通大学			
时间		报告人	单位	报告题目	主持人	地点
大会报告	8:50-9:30	张 磊	北京大学	Construction of Solution Landscapes of Complex Biological Systems	陈洛南	会议中心二楼 开元厅
	9:30-10:10	赵方庆	中国科学院动物研究所	Development of New Spatial Transcriptomics Technologies and Data Mining Methods		
	10:10-10:40	大会合影、茶歇				
	10:40-11:20	张世华	中国科学院数学与系统科学研究院	Intelligent Decoding of Spatial Biology	韩泽广	会议中心二楼 开元厅
	11:20-12:00	盛斌	上海交通大学	Evolution of Diabetes Retinopathy Management Utilizing Deep Learning		
2024年 8 月 23 日 星期五						
时间		报告人	单位	报告题目	主持人	地点
大会报告	8:50-9:30	汪小我	清华大学	生物大分子“语言”的AI解析与设计	周天寿	会议中心二楼 开元厅
	9:30-10:10	蔡宇伽	上海交通大学	基因编辑与转化医学研究		
	10:10-10:30	茶歇				
	10:30-11:10	温翰	深势科技有限公司	Large Scientific Pre-Trained Models Empower RNA Research and Drug Development	王勇	会议中心二楼 开元厅
	11:10-11:50	崔大祥	河南大学	医工融合促进消化道疾病诊疗技术的进展与转化		

计算系统生物学分会场日程					
2024年 8 月 22 日 星期四					
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点
14:00-14:25	江瑞	清华大学	细胞类型的人工智能辨识方法	张世华	会议中心一楼天波厅
14:25-14:50	李敏	中南大学	3D Genome: from Computational Methods to Applications in Disease		
14:50-15:15	刘石平	中国科学院	时空组学与发育演化研究		
15:15-15:40	胡宇轩	西安电子科技大学	细胞通讯与组织架构的图建模方法		
15:40-16:00	茶歇				
16:00-16:25	王希胤	华北理工大学	染色体着丝粒演化启发的数学问题	张家军	会议中心一楼天波厅
16:25-16:50	葛颢	北京大学	An Accurate Bayesian Linkage Analysis Method for niPGT-M		
16:50-17:15	刘锐	华南理工大学	基于高维数据的复杂生物系统临界状态预警方法		
17:15-17:40	刘肇祺	中国科学院北京基因组研究所	Computing the Role of Splicing Dysregulation in Human Cancer		
2024年 8 月 23 日 星期五					
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点
14:00-14:25	马欢飞	苏州大学	高阶因果网络与系统重构	鱼亮	会议中心一楼天波厅
14:25-14:50	王维康	中国科学院理论物理研究所	Geometric Quantification of Cell Phenotype Transition Manifolds with Information Geometry		
14:50-15:15	宋鹏飞	西安交通大学	深度学习与微分方程耦合模型及其应用简介		
15:15-15:40	周沛劼	北京大学	On the Mathematics of RNA Velocity		
15:40-16:00	茶歇				
16:00-16:25	周达	厦门大学	Inferring Cell Dynamics Based on Single-cell Lineage Tracing Data	金锁钦	会议中心一楼天波厅
16:25-16:50	焦锋	广州大学	随机基因表达概率分布形态的数学刻画及应用		
16:50-17:15	秦伯韡	复旦大学	生物振荡定量调控的数学理论与计算方法		
17:15-17:40	王晶囡	哈尔滨理工大学	Stability and Bifurcation of a Pathogen-Immune Model with Delay and Diffusion Effects		

分子系统生物学会分会日程					
2024年 8 月 22 日 星期四					
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点
14:00-14:25	刘治平	山东大学	Quantifying Protein Representation by Geometric Deep Learning	刘小平	会议中心一楼顺天厅
14:25-14:50	苏建忠	温州医科大学	数据驱动的复杂眼病遗传诊断和干细胞治疗		
14:50-15:15	肖传乐	中山大学	三代测序多维基因组信息解析技术开发及应用		
15:15-15:40	孙慧妍	吉林大学	因果学习及其在肿瘤系统生物学中的应用		
15:40-16:00	茶歇				
16:00-16:25	胡增运	上海交通大学	一体化健康理念的传染病建模及预测预警	张秀军	会议中心一楼顺天厅
16:25-16:50	季加东	山东大学	Fine-mapping Candidate Causal Genes in Transcriptome-wide Association Studies		
16:50-17:15	张传超	国科大杭州高等研究院	多模态域适应方法解析组织的空间功能景观		
17:15-17:40	陶鹏	国科大杭州高等研究院	大脑混沌动力学在深度学习领域中的应用		
2024年 8 月 23 日 星期五					
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点
14:00-14:25	张晓飞	华中师范大学	揭示隐藏的转录组：高效预测空间数据中的未测基因表达	刘治平	会议中心一楼顺天厅
14:25-14:50	朱山凤	复旦大学	GORetriever: Reranking Protein-description-based GO Candidates by Literature-driven Deep Information Retrieval for Precise Protein Function Annotation		
14:50-15:15	孙小强	中山大学	肿瘤多尺度系统的网络重构和动态建模		
15:15-15:40	王沛	河南大学	Modeling and Several Applications of Biomedical Omics Data		
15:40-16:00	茶歇				
16:00-16:25	张秀军	中国科学院武汉植物园	人工智能技术在生物大数据分析中的应用	朱媛	会议中心一楼顺天厅
16:25-16:50	江健	武汉纺织大学	How Math and AI Are Revolutionizing Drug Design?		
16:50-17:15	郭伟峰	郑州大学	Evolutionary Computation for Identifying Biomarkers of Individual Patients in Cancer		
17:15-17:40	史倩倩	华中农业大学	Spatially aligned graph transfer learning reveals regulatory heterogeneity within tissue microenvironment at multiple scales		

系统生物医学分会场日程					
2024年 8 月 22 日 星期四					
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点
14:00-14:25	唐惠儒	复旦大学	代谢组学定量技术与新发现	韩泽广	会议中心一楼 朝阳厅
14:25-14:50	李栋	国家蛋白质科学中心（北京）	π -DDK-Linker: 致力于构建蛋白质组学数据自动化的智能知识挖掘体系		
14:50-15:15	邵文广	上海交通大学	基于生物质谱的免疫多肽组学分析与研究		
15:15-15:40	邢婧	临港实验室	靶向疾病系统的人工智能药物设计		
15:40-16:00	茶歇				
16:00-16:25	韩泽广	上海交通大学	染色质重塑分子与肝癌	陶生策	会议中心一楼 朝阳厅
16:25-16:50	于晓波	北京蛋白质组研究中心	智能蛋白芯片 大数据和精准医学		
16:50-17:15	吕海涛	香港浸会大学	多模态分子科学交叉融合驱动的功能代谢组学转化医学研究		
17:15-17:40	万兵兵	上海交通大学	核酸结合蛋白对端粒保护以及促进DNA损伤修复的机制研究		

博士后、研究生论坛分会场日程						
2024年 8 月 23 日 星期五						
时间	报告人	单位	报告题目	主持人	地点	
14:00-14:15	张城铭	东京大学	Steering Cell-state and Phenotype Transitions by Causal Disentanglement Learning	张驰浩	会议中心一楼 朝阳厅	
14:15-14:30	郑卓齐	上海交通大学	Scaffold-Lab: Critical Evaluation and Ranking of Protein Backbone Generation Methods in A Unified Framework			
14:30-14:45	马逸冰	江南大学	NFMCLDA: Predicting miRNA-based lncRNA-disease Associations by Network Fusion and Matrix Completion			
14:45-15:00	彭强威	北京大学	stVCR: Reconstructing Spatio-temporal Dynamics of Cell Development Using Optimal Transport			
15:00-15:15	陈顺杰	河南大学	Deciphering Gene Expression Patterns Using Large-scale Omics Data and Its Applications			
15:15-15:30	周雨薇	电子科技大学	AACDB: Antigen-Antibody Complex Database — a Comprehensive Database Unlocking Insights into Interaction Interface			
15:30-15:45	王欣宇	北京计算科学研究中心	Poisson Representation: a bridge between discrete and continuous models of stochastic gene regulatory networks			
15:45-16:05	茶歇					
16:05-16:20	杨鑫	电子科技大学	A Clinical-information-free Method for Early Diagnosis of Lung Cancer from the Patients with Pulmonary Nodules Based on Backpropagation Neural Network Model	王沛	会议中心一楼 朝阳厅	
16:20-16:35	张逸宽	北京大学	Geometry of Optimal Control in Chemical Reaction Networks			
16:35-16:50	胡清	上海大学	Identifying Critical Regulatory Interactions in Cell Fate Decision and Transition by Systematic Perturbation Analysis			
16:50-17:05	渠一瀑	河南大学	Global Sensitivity Analysis of Parameters in Arabidopsis Circadian Clock Model			
17:05-17:20	苏伟	电子科技大学	iPro-MP: a BERT-based Model for the Prediction of Multiple Prokaryotic Promoters			
17:20-17:35	孙睿	武汉纺织大学	scGRN-Entropy: Inferring Cell Differentiation Trajectories Using Single-Cell Data and Gene Regulation Network-Based Transfer Entropy			
17:35-17:50	张彪	复旦大学	Whole Brain Alignment of Spatial Transcriptomics between Humans and Mice with BrainAlign			