



浙江省生物信息学学会
Bioinformatics Society of Zhejiang Province

第七届学术年会

暨生物信息学与人工智能学术研讨会

会议手册

2019 年 10 月 12-14 日

浙江杭州

主办单位：浙江省生物信息学学会

承办单位：浙江工业大学计算机科学与技术学院

承办单位

浙江工业大学是一所综合性的浙江省属重点大学，始建于1953年，其前身可以追溯到1910年创立的浙江中等工业学堂，先后经历了杭州化工学校、浙江化工专科学校、浙江化工学院、浙江工学院和浙江工业大学等发展阶段，几易校址，数历分合。浙江省经济管理干部学院、杭州船舶工业学校、浙江建材工业学校分别于1994年、1999年和2001年并入浙江工业大学。经过几代工大人的艰苦创业和不懈奋斗，学校目前已发展成为国内有一定影响力的综合性的教学研究型大学，综合实力稳居全国高校百强行列。2009年6月8日，浙江省人民政府和教育部签订共建协议，浙江工业大学进入省部共建高校行列。2013年5月，由学校牵头建设的长三角绿色制药协同创新中心入选国家“2011计划”，成为全国首批14家2011协同创新中心之一。2015年4月，浙江工业大学入选浙江省首批“省重点建设高校”。

计算机科学与技术学院、软件学院目前是浙江工业大学规模最大、最具活力和发展最为迅速的学院之一。全院教职工 180 余人，其中有共享院士、国家“千人计划”、国家“万人计划”领军人才、国家级教学名师、国家“百千万人才工程”等高层次人才。学院有教授 30 余人，副教授 70 余人；在校学生 3200 余人，其中研究生 620 余人。学院拥有计算机科学与技术浙江省一流学科（A 类）、软件工程浙江省一流学科（B 类）、计算机科学与技术浙江省重点建设高校重点建设学科。拥有计算机科学与技术一级学科博士点、控制科学与工程一级学科博士点、计算机科学与技术一级学科硕士点、软件工程一级学科硕士点、计算机技术和软件工程 2 个专业学位硕士点。学院已建成浙江省可视媒体智能处理技术研究重点实验室。



会议背景及主题

随着人工智能与大数据时代的到来，以及基因组、转录组、蛋白质组、代谢组等组学生物信息技术的发展，医疗人工智能、个体化医学、转化医学，已成为生物信息领域的重要发展趋势。“如何发挥生物信息学与人工智能的优势特点，做出有价值的高水平的研究”是本次会议的核心议题，与会专家将结合自己的研究工作做大会报告。通过大会报告和交流讨论，与会专家和学会会员从生物信息学的研究重点、生物信息学与人工智能的交叉与应用等领域积极阐述自己的观点、想法与建议。

会议组织信息

大会主席

陈铭教授

组委会主席

丁维龙教授

张贵军教授

组织及程序委员会委员

（按拼音顺序）

包家立、陈欢、陈蔚青、代琦、邓祖跃、丁维龙、董长征、樊龙江、郭俊明、贺平安、黄方亮、黄有军、姜俊平、郎秋蕾、李飞、廖奇、刘鹏渊、刘庆坡、刘文斌、刘箴、罗洁、邵朝纲、沈波、苏建忠、向太和、辛德东、徐程、徐建红、姚玉华、叶子弘、张贵军、赵怀、钟伯雄、周猛、朱峰、郑丽

支持单位

亚马逊 AWS 中国、中科曙光公司、联川生物、厚泽生物、宝诚生物、遂真生物、维讯生物、浩天教育、领航基因、圣庭医药

会议日程

10月12日

时间	内容	地点
12:00-17:30	报到	计算机楼一楼大厅
13:30-17:00	2019 生物信息学“学会杯”决赛	计算机楼 A105
17:30-19:30	晚餐	华辰圣希罗酒店 华怡餐厅
20:00-21:00	党支部会议、理事会会议	计算机楼 A518

10月13日

时间	内容	地点
7:30-11:30	报到	计算机楼一楼西南门大厅
上午	开幕式 1 浙江省科学技术协会学会部主管黄云菁致辞 2 浙江工业大学科学技术研究院副院长何兴致辞 3 浙江省生物信息学会理事长陈铭致辞 4 浙江工业大学计算机科学与技术学院院长梁荣华致辞 5 合影	艺术楼一楼报告厅 主持人：丁维龙
	特邀报告： 沈红斌 上海交通大学 报告题目：基于智能计算的蛋白质结构预测与冷冻电镜图像三维重构	艺术楼一楼报告厅 主持人：丁维龙
	特邀报告： 徐士彪 中科院自动化研究所 报告题目：基于深度学习的医疗影像分割	
	10:30-10:45	茶歇

	10:45-11:05	专家报告：苏建忠 温州医科大学 报告题目：DNA 甲基化调控癌症致癌活性的模式研究	艺术楼一楼报告厅 主持人：张贵军
	11:05-11:25	专家报告：左志向 中山大学 报告题目：基于转录组的肿瘤异质性研究	
	11:25-11:45	专家报告：褚琴洁 浙江大学 报告题目：TOD-CUP: A gene expression rank-based algorithm for tissue origin diagnosis of cancers of unknown primary	
	11:45-12:05	专场报告：时飞 亚马逊云 报告题目：AWS 助力生命科学研究及发展 专场报告：王绍祥 曙光信息 报告题目：曙光助力于生物信息学计算存储	
中午	12:05-13:30	午餐	家和堂三楼自助餐厅
	12:30-13:30	生物信息学与人工智能专委会成立会议	现场通知
下午	13:30-14:10	特邀报告 ：陈迪俊 德国洪堡大学 报告题目：ChIP-Hub: an Integrative Platform for Exploring Plant Regulome	艺术楼一楼报告厅 主持人：苏建忠
	14:10-14:30	专家报告：周猛 温州医科大学 报告题目：Large-scale integrated analysis of ovarian cancer tumors and cell lines identifies an individualized genomic tool for monitoring response to platinum-based chemotherapy	
	14:30-14:50	专家报告：周昌军 浙江师范大学 报告题目：DNA 计算	
	14:50-15:10	专家报告：徐良德 温州医科大学 报告题目：RNA 结构驱动的疾病风险 SNP 重注释研究	艺术楼一楼报告厅 主持人：姚玉华
	15:10-15:30	专家报告：刘飞 华南理工大学 报告题目：Multi-formalism modeling and simulation of biological systems	
	15:30-15:50	专家报告：丁维龙 浙江工业大学 报告题目：儿童青少年骨龄智能识别进展	

	15:50-16:10	茶歇	
	16:10-16:40	2019生物信息学“学会杯”总决赛、优秀论文	艺术楼一楼报告厅 主持人：徐程
	16:40-17:00	专场报告：朱咪咪 厚泽生物 报告题目：Qsep 系列毛细管电泳仪在测序文库质控和遗传学研究中的应用 专场报告：毛凌锋 宝诚生物 报告题目：纳米孔测序技术及其最新应用进展	
	17:00-17:30	闭幕式、竞赛颁奖、专委会授牌 本届及下届承办单位交接仪式	
晚上	17:30-20:00	晚餐	华辰圣希罗酒店 华怡厅

10月14日大会交流考察

时间		内容	地点
上午	8:30-10:30	考察：浙江工业大学屏峰校区、浙工大计算机学院	浙江工业大学屏峰校区
	10:30-	返程	

会议费用

个人会员：个人参会请详见下表（主要用于会议期间资料、餐饮、茶歇等费用）。与会人员的差旅费、住宿费自理。

缴费时间	学生会员	其他会员	非会员
10 月 1 日前	200	500	800
10 月 1 日后及现场	500	800	1000

企业会员：本学会企业会员单位免费拥有 1 个展位（参会人员以学会其他会员身份注册）及 2 名人员免注册费，会议手册 A4 宣传页，会议网站宣传。赞助招展请联系秘书处。

会议预注册网址：<http://www.zjbioinformatics.org/meetings/2019/>

协议住宿酒店（自行预定）

协议酒店名称	预定电话	标准间协议价	单间协议价	含早	备注
浙江工业大学招待所	0571-85290988	200 元/间	200 元/间	不含	校区家和堂西侧一号楼
杭州华辰圣希罗酒店	0571-87272666、87796030	300 元/间	300 元/间	双早	会场所在的 A1 区块对面

会务组联系方式

总协调人：丁维龙 13758222699 E-mail: wlding@zjut.edu.cn

学会总务：沈小仙 13666606799 E-mail: xxshen@zju.edu.cn

理事会议：徐程 18057145588

专委会筹：张贵军 13958125042

接待安排：徐利锋 13588150422；胡俊 15050534908

论文、注册：霍颖异 13819128939；何磊 15268821020

学会杯竞赛：黄方亮 13666652591；徐利锋 13588150422

会议网址：<http://www.zjbioinformatics.org/meetings/2019/>

行车路线和会场位置示意图

交通路线 →浙江工业大学屏峰校区（大会报到地点：校区 A1 区块计算机楼一楼大厅）

- **萧山机场：**

机场大巴到杭州汽车西站→换乘 B 支 7 路（小和山公交站方向）→9 站至西溪医院·横街下车→ 步行 162 米至浙江工业大学屏峰校区；

- **火车杭州东站：**

(1) 乘地铁：火车东站地铁口-D 口，湘湖方向→4 站到武林广场站-E 口→步行 202 米换乘 B 支 7 路，小和山公交站方向→19 站至西溪医院·横街下车→ 步行 162 米至浙江工业大学屏峰校区；

(2) 乘出租车：浙江工业大学屏峰校区（约 40 分钟，80 元左右）；

(3) 乘公交车：火车东站西上车：179 路始发站 → 12 站到九莲新村站换乘：193 路 → 11 站至西溪医院·横街下车→ 步行 162 米至浙江工业大学屏峰校区；

- **杭州汽车西站：**

(1) 乘出租车：浙江工业大学屏峰校区（26 元左右）；

(2) 乘公交车：步行 177 米，310 路汽车西站公交站上车（小和山公交站方向）或 193 路（里山桥方向）→ 10 站/5 站到西溪医院·横街下车→ 步行 162 米至浙江工业大学屏峰校区；

- **自驾车：**导航至浙江工业大学计算机科学与技术楼（留和路）



进入小程序，扫码定位



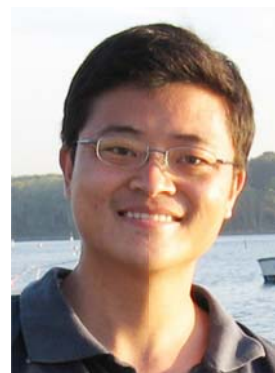
会场位置图



报 告 人 简 介

**报告人简介：沈红斌上海交通大学特聘教授、博导，
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，担任中国人工智能学会生物信息学与人工生命专业委员会副主任、上海市自动化学会模式识别专委会主任、BMC Bioinformatics Associate Editor、中国科学信息科学编委。发表



SCI 学术论文 130 篇，建设 30 余个在线生物信息计算平台(www.csbio.sjtu.edu.cn)，已累计提供在线预测服务超过千万次，理论预报结果的正确性多次获得实验验证。入选 ESI 高被引科学家、Elsevier 中国高被引学者，指导 4 名研究生入选上海市研究生优秀学位论文。主持项目入选 2018 世界人工智能大会创新大赛最高荣誉 SAIL 奖榜单、获 2015 上海市自然科学一等奖。

报告题目：基于智能计算的蛋白质结构预测与冷冻电镜图像三维重构

报告人简介：徐士彪 中科院自动化研究所模式识别国家重点实验室副研究员，硕士生导师。

2009 年 6 月，本科毕业于北京邮电大学信息工程专业；2014 年 6 月，博士毕业于中国科学院自动化研究所计算机应用专业，导师张晓鹏研究员(三维可视计算团队负责人)。2014 年 7 月至 2016 年 4 月，在北京航空航天大学，虚拟现实技术与系统国家重点



实验室，从事博士后研究工作，合作导师沈旭昆教授。2016 年 4 月起工作于中国科学院自动化研究所。目前主要研究方向集中在三维计算机视觉、计算机图形学、机器学习等领域，具体包括计算机视觉中的场景目标识别与分类、视觉重建、物体分割等，计算机图形学中的虚实场景融合及可视化等，以及机器学习中的概率图模型和深度学习

习等。在相关领域学术会议和期刊上共发表论文 30 余篇（主要包括 JCR I 区的顶级国际期刊 TPAMI, TGRS, TIP, TVCG 和 Pattern Recognition 共计 7 篇, CCF A 类顶级国际会议论文 6 篇, 领域知名 SCI 期刊 6 篇）, 授权发明专利 5 项, 所提出的三维复杂场景信息获取与理解方法作为核心工作, 获得 2017 年度陕西高等学校科学技术奖一等奖。主持国家自然科学基金面上项目及子项目 5 项, 同时作为实际负责人, 承担国家自然科学基金重点项目、重大研究计划重点项目及国家 863 项目子项目等 4 项, 项目总经费达 600 万以上。

报告摘要:

通过医学成像进行病变分割是精确评估肿瘤变化的有力手段。现目前实体瘤中的响应评估标准 (RECIST) 常见于当前的医院图片和归档系统 (PACS), 这意味着它们可以为病灶分割提供潜在的强大但极其具有挑战性的弱监督来源。为此, 我们提出了一种基于图像到图像掩模生成的弱监督分割方法 (WSSI), 并与基于目前最先进的分割网络改进的模型做对比实验。所提出的 WSSI 方法在所尝试的所有模型中达到了最高的平均 Dice 系数, 且有优于其他方法的明显视觉分割效果。对于 DeepLesion 数据集里肺部病灶图片, 提出的方法对 RECIST 切片的平均 Dice 系数为 91.8%。我们还验证了 LIDC-IDRI 数据集, 所提出的模型在从未见过的数据集上, 分割效果明显优于四个医生的原始标注。

报告人简介: 苏建忠 教授/博士生导师

温州医科大学生物医学大数据研究所所长, 中国科学院大学温州研究院研究员, 国家“青年千人计划”特聘教授。主持浙江省“杰出青年基金”, 国家“自然科学基金面上项目”, 国家“自然科学基金重点项目”(子课题)等科研课题多项。主要从事生物医学大



数据分析算法开发, 癌症表观遗传机制与液体活检分子标志物鉴定, 致盲性眼科图像智能诊断等方面的研究工作。开发在线算法工具和数据库 8 个, 发表高水平 SCI 论文 40 余篇 (累计影响因子 300 余点)。其中近 5 年第一或通讯作者 (含共同) 在 Nature Genetics、Nature Communications、Genome Biology 及 Nucleic Acids Research 等国际高水平期刊发表研究论文 10 余篇, 参与生物医学信息学论著一项。

报告题目: DNA 甲基化调控癌症致癌活性的模式研究

报告内容摘要: DNA 甲基化改变可以直接调控癌基因转录,可以用于癌症早期发现和表观遗传治疗。但精确鉴定不同癌症类型的 DNA 甲基化标记物, 直接揭示其对癌症相关基因表达调控作用的因果关系是研究难点。我们研究发现泛癌超高甲基化的峡谷区与基因激活(而不是抑制转录) 显著相关,且高度富集在 Homeobox 基因和致癌基因上利用长基因组区域 DNA 甲基化编辑工 dCas9-SunTag-DNMT3A 进行甲基化修饰编辑,成功发现 Homeobox 基因体重新甲基化能够直接导致基因表达上调, 并且发现 DNA 甲基化和染色质修饰协同调控的新模式, 从而提出激活 Homeobox 基因转录的表观遗传调控新途径。

报告人简介: 左志向副研究员/博士生导师, 中山大学

2015 年百人计划引进人才, 广东省创新创业引进团队核心成员, 主要从事肿瘤生物信息领域的研究。在国际知名期刊上共发表 50 篇 SCI, 累积影响因子超过 200 点, H-index 21, 引用次数 4000 余次 (Google Scholar)。以第一或者通讯作者的身份在 Cancer



Cell, Clinical Cancer Research, Molecular Biology and Evolution, Nucleic Acids Research, Cancer Research 等国际权威杂志上发表 20 篇 SCI。多次获邀参加 AACR 和 ASCO 等国际会议并做报告。目前主持和参与多个国家和省部级科研基金项目。

报告人简介：周猛 教授 温州医科大学

Dr. Meng Zhou received his Ph.D. in Biochemistry and Molecular Biology from Jilin University, China. He has been engaged in the study of bioinformatics since 2004. Currently, he is a full associated professor in the School of Biomedical Engineering, Wenzhou Medical



University, China. His research interests include computational system biology, bioinformatics and application for human complex disease. He has published over 50 peer-reviewed papers which have been cited over 1600 times with the H-index of 22 and i10-index of 36 as indicated in Google Scholar (update in 2019.08). He is Associated Editor of the journal <Frontiers in Oncology> and <Frontiers in Genetics> and the editor of the journal <Current Bioinformatics>. Dr. Zhou contributed significantly to the computational identification of novel biomarkers for cancer diagnosis, prognosis and treatment response based on multi-omics data. He also conceptualized, designed developed, and co-developed computational methods/tools to analyze and interpret human genes, diseases and gene-disease associations from system biology perspective.

Large-scale integrated analysis of ovarian cancer tumors and cell lines identifies an individualized genomic tool for monitoring response to platinum-based chemotherapy

Abstract

Heterogeneity in chemotherapeutic response is directly associated with prognosis and disease recurrence in patients with ovarian cancer (OvCa). Despite the significant clinical need, a credible gene signature for predicting response to platinum-based chemotherapy and for guiding the selection of personalized chemotherapy regimens has not yet been identified.

With the current availability of large-scale transcriptional profiles of OvCa tumors and cell lines, there is now an opportunity to identify and validate a robust and reproducible individualized gene signature for predicting response to platinum-based chemotherapy in OvCa.

By combining gene expression profiles and chemotherapeutic response information from multiple patient and cell line datasets, the present study identifies an individualized genomic tool (IndividCRS) to monitor patient intrinsic or acquired platinum-based chemotherapy resistance in a timely manner. The ability of the IndividCRS to predict response to platinum-based chemotherapy and outcome was verified in multiple independent datasets deposited by different laboratories with different platform technologies. The universality and simplicity of the IndividCRS make it a promising individualized predictive tool to monitor patient resistance in a timely manner before and after platinum-based chemotherapy treatment and can be analyzed using RT-PCR in a clinical setting. Moreover, the IndividCRS correlated with homologous recombination deficiency (HRD) and was also capable of discriminating HR-deficient tumors with or without platinum-sensitivity for guiding HRD-targeted clinical trials.

Keywords: chemotherapeutic response; integrated analysis; ovarian cancer; platinum

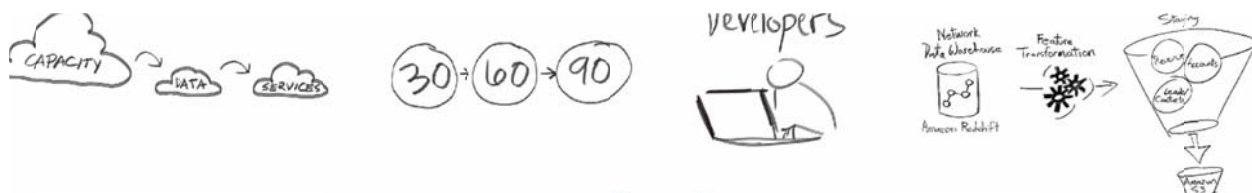
报告人简介：徐良德 教授/博士生导师 温州医科大

学附属眼视光医院眼病大数据智能应用课题组 PI，温州医科大学生物医学信息系主任、生物医学大数据研究所副所长，浙江省儿童青少年近视防控工作指导中心办公室主任。主要学术方向为眼病生物信息学与近视防控大



数据研究。曾在 Briefings in Bioinformatics、Bioinformatics、Nucleic Acids Research 等发表 SCI 收录论文 17 篇，累计影响因子达到 83 点。主持国家自然科学基金、教育部儿童青少年近视防控专项研究项目等科研课题 12 项、省级教改课题 4 项，以编委、副主编身份编写《生物信息学》等国家规划教材和辅助教材 6 部，指导研究生 10 人。主要学术兼职包括教育部全国综合防控儿童青少年近视专家宣讲团专家、秘书长，中国卫生信息与健康医疗大数据学会标准化专业委员会常务委员、近视防控学组秘书长，浙江省生物信息学会青年委员会常务委员，黑龙江省医学健康促进会儿童保健专业委员会常务委员，浙江省卫生健康监测与评价中心专家咨询委员会委员，国家自然科学基金函评专家，国家规划教材《生物信息学》、《高等数学》编委等。

报告题目：RNA 结构驱动的疾病风险 SNP 重注释研究



aws is how

关于 AWS

13年以来, Amazon Web Services (AWS) 一直是世界上服务丰富、应用广泛的云服务平台。通过位于美国、澳大利亚、巴林、巴西、加拿大、中国、法国、德国、印度、爱尔兰、日本、韩国、新加坡、瑞典和英国的22个地理区域、69个可用区(AZ), AWS 向客户提供超过165项功能全面的服务, 涵盖计算、存储、数据库、联网、分析、机器人、机器学习与人工智能、物联网、移动、安全、混合云、虚拟现实与增强现实、媒体, 以及应用服务、部署与管理等方面。全球数百万客户, 包括发展迅速的初创公司、大型企业和领先的政府机构信赖 AWS, 通过 AWS 的服务强化其基础设施, 提高敏捷性, 降低成本。欲了解 AWS 的更多信息, 请访问: <http://aws.amazon.com>。

AWS 官方微信: awschina
AWS 海外区域热线: 1010 0866

申请并成功获得 AWS 中国区账户
即赠**2888元**服务抵扣券



扫码注册 AWS 账户
2888元即刻领取





曙光信息产业股份有限公司（以下简称“中科曙光”）是在中国科学院的大力推动下组建的高新技术企业，是中国高性能计算、先进计算第一品牌，中国智慧城市、大数据、服务器领先品牌。2014 年， 中科曙光成功在上海证券交易所上市（股票代码：603019）。

曙光公司和中科院计算所先后研制完成了从曙光1 号到曙光6000 共七代高性能计算机，曾首度将中国高性能计算机带入全球前十、前三名之列，掌握了高性能计算机的一系列核心技术并逐步实现了产业化，于2009-2018 年共计9 度获得中国高性能计算机TOP100 排行榜市场份额第一。



曙光公司始终倡导着“自主创新，服务中国”的品牌理念，以全面、专业、增值的服务为广大中国用户提供良好的应用体验，曙光的服务器、存储、安全、数据中心等计算产品、解决方案及云计算、大数据、人工智能、先进计算服务已被广泛应用于政府、能源、互联网、教育、气象、医疗及公共事业等社会各个领域。

凭借多年在高端计算领域的技术积累，曙光公司正在逐步从“硬件与解决方案提供商”向“数据综合服务商”迈进。2015-2017 年先后推出“数据中国”战略、“数据中国智能计划”，通过全面布局城市云计算中心、大数据、AI 领域业务，以实现覆盖中国的百城百行云数据网络，让全社会共享数据价值。

2018 年，曙光充分发挥在算力领域的技术、经验优势，进一步发展以高性能计算、云计算、智能计算为代表的先进计算，为实现“数字中国”提供多层面支撑。

放眼未来，曙光将始终站在国家发展、技术创新的前沿，助力中国成为信息产业强国，为客户创造更大价值。

Qsep100全自动核酸蛋白分析系统 ----您的NGS质控好帮手！

Qsep100是台湾Bioptic (光鼎) 公司推出, 杭州厚泽生物科技有限公司是其国内总代理。本系统采用毛细管电泳原理进行全自动核酸电泳分析, 免去了手工制胶的繁琐和人工上样的误差, 可用于核酸质控和PCR产物检测, 灵敏度高, 分辨率高, 重复性好, 可处理1-96个任意个数样本, 真正实现了核酸片段和蛋白的快速、自动化、高通量、高分辨率分析。

产品特点

- 全自动上样:** 1-96样品, 灵活使用, 无需手动分装加样, 无污染
- 上样形式:** 直接兼容0.2ml离心管、8联管、12联管、96孔板等
- 通量灵活:** 可单次分析单个样品, 也可96个样品整板上样, 无浪费
- 抛弃式卡夹:** 无需制胶, 灌胶, 每支卡夹可分析100-300样品 (DNA, RNA和Protein)
- 快速分析:** 可达1分钟内/样品
- 高灵敏度:** 可达pg级
- 高分辨率:** 最佳可达1-4bp (500bp以内)
- 定量范围:** DNA (50ng/μL, RNA (500ng/μL, 分离范围: 15bp-40kb
- 结果呈现:** 数字数据, 凝胶成像图/毛细管电泳图
- 软件分析:** 同时进行定性及定量分析, 界面友好, 操作人性化
- 样品需求和消耗:** 最低样品需求量1μL, 上样量小于0.1μL
- 低成本:** 市场上最经济的仪器及耗材费用



应用领域:

- 遗传学研究
- DNA指纹图谱分析
- 病原微生物检测或分型
- 转基因动植物检测
- 食品安全分析
- 农渔业养殖
- 各种疾病筛查, 分子诊断

应用实验:

- NGS建库质控
- 常规PCR产物检测
- 质粒DNA酶切, 构造及纯度分析
- AFLP/RFLP
- 高分辨率基因分型
- 基因组 DNA质控
- 总 RNA、cRNA、片段化 RNA、micro-RNA质控
- 合成引物 (primer) 分析
- STR/微卫星 (SSR)
- 高分辨率多重 PCR分析
- DNA/蛋白互作

EzMate™ 401 / 601自动移液工作站



Arise Biotech研发的EzMate™401/601是一款高精度的自动移液系统, 专门为低剂量PCR/qPCR样本准备而设计。实验室技术人员大都了解与PCR/qPCR体系配置相关的诸多挑战。为了得到理想的PCR结果, 少量的试剂需要得到准确一致的处理, 然而, 手动加样过程繁琐、耗时, 且错误率较高。

EzMate™401/601是一款可替代PCR/qPCR中手动样品准备过程的简易工具。保证准确性、精确性和一致性, 并避免因操作失误而造成的试剂浪费。与复杂的多功能自动化系统不同, EzMate™401/601为没有自动化操作经验的研究人员精心打造。直观的设置和程序, 即刻为您的实验室节省时间和成本。选择EzMate™401/601, 选择‘聪明工作’。



我们的目标是让 任何人在任何环境中对任何生物进行分析。

已经在国际空间站上执行了纳米孔DNA和直接RNA测序。
合成图像来源：美国宇航局（NASA）约翰逊航天中心。

VolTRAX™

用于纳米孔测序的自动化文库制备解决方案

耗材管将任何生物样本转化成适用于纳米孔传感设备的形式。

自动化文库制备法，集成了PCR等功能。

用于DNA和RNA QC的光检测器。

仅数分钟的上机时间，即便是新的复杂的实验。

USB供电，便携式
液体通过软件编程的路径在管周围流动，依次进行个体反应。

VolTRAX

重量

301 g (含管)

规格 (设备和管):

长 134 mm, 宽 58 mm, 高 64 mm

公司名称: 杭州宝诚生物技术有限公司

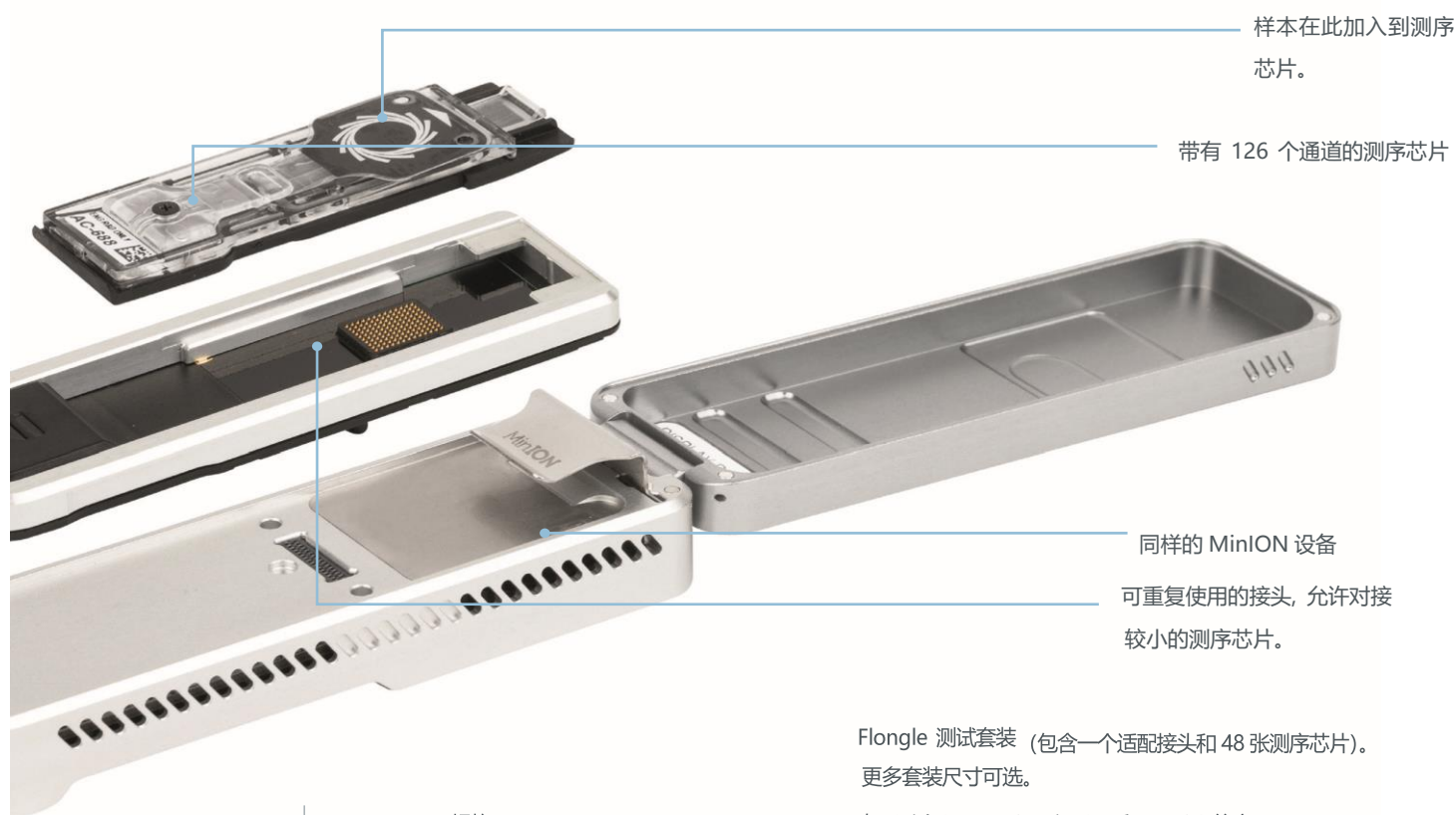
电子邮箱: ontinform@bao-cheng.com.cn

网站: <http://www.bao-cheng.com.cn>

电话: 0571-87242047

地址: 杭州市江南大道 143-149 号江南星座 B 座 5 层

使 MinION 测序仪适用更小的快速检测和分析



Flongle

重量 20g
规格 宽 105 mm, 高 23 mm, 深 8 mm

MinION Mk1C

整合、功能强大的实时计算，含预置碱基识别和分析软件。

面的设备控制，简单的测序结果可视化。

支持蓝牙、无线网络和移动网络上传和分析您的数据，不论身在何方。

数据文件被写入一个机载的、高容量 SSD 固态硬盘；可将数据转移到您的自有系统。



重量 420 g
尺寸 W 140 mm, H 30 mm, D 114 mm

使用 MinION 测序芯片获得 Gb 级数据 Flongle 进行小型测试和分析。



追求质量 尊重生命 熔炼品质 创新求真



生物样品快速制备系统



超微量紫外可见分光光度计



多波段酶标仪



离心机系列



免疫荧光定量检测仪



多功能恒温培养箱



板式移液指示器



高精度移液器系列



核酸提取耗材试剂系列

杭州遂真生物技术有限公司
专注研发型仪器试剂一体化生产商

地址：杭州市余杭区五常街道高澜8号
省属软件园金牛座A座4楼
电话：+86-571-89170 228/8873 3231
传真：+86-571-8630 0671





浙江省生物信息学学会是在遵守宪法、法律、法规和国家政策及社会道德风尚的前提下，团结、联合、组织浙江省生物信息学、生命科学和计算机科学及其他相关专业人士，自愿组成并依法登记的学术性、公益性、非营利性法人社团。学会坚持学术民主和开放的原则，团结广大生物学及计算机工作者，积极开展相关学术活动，为促进科学技术的繁荣和发展、科学知识的普及和推广、科技人才的成长和提高，以及提升我省科技创新能力做出贡献。

根据《社会团体登记管理条例》和有关规定，学会筹备组于2012年9月向省科协学会部提出筹建申请，2013年2月得到批复同意。2013年3月向省民政厅提出筹建申请，2013年5月获得省民政厅同意筹建的批复。学会于2013年9月21日在杭州召开了全体会员大会。会议审议并通过了学会章程、财务管理制度和会费收取标准，并选举产生了第一届学会理事会、常务理事和领导成员：浙江大学陈铭教授为理事长，浙江工业大学丁维龙教授、浙江理工大学贺平安教授、宁波大学刘箴教授、杭州师范大学向太和教授、浙江大学樊龙江教授、中国水稻所郭龙彪研究员和杭州博日生物科技有限公司副总经理赵怀为副理事长，浙江大学徐程副教授为秘书长。

学会挂靠浙江大学，秘书处与办公室设在浙江大学紫金港校区生命科学院236。学会的业务主管单位是浙江省科学技术协会。

随着人工智能与大数据时代的到来，以及基因组、转录组、蛋白质组、代谢组等各组学生物信息技术的发展，医疗人工智能、个体化医学、转化医学，已成为生物信息领域的重要发展趋势。本学会目前学会拥有会员 300 余人，企业会员 11 家、下设三个专业委员会：

精准医学专业委员会、青年专业委员会、生物信息学与人工智能专业委员会。

欢迎有志之士加入我们大家庭！

<http://www.zjbioinformatics.org/>

关注公众号：浙江省生物信息学学会

