

# 第四届全国“农业、健康、生态”整合生物信息学大会

暨 2023 核科学技术应用研讨会

| 2023 绿色畜牧与人工智能研讨会

| 生物信息学教育教学研讨会

2023 年 8 月 8-11 日

内蒙古·呼伦贝尔

## 联合主办

中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会、浙江省生物信息学学会、江苏省生物信息学学会、内蒙古生物物理与生物信息学会、内蒙古自治区预防医学会放射卫生分会、呼伦贝尔学院

## 协办单位

内蒙古自治区核与辐射探测联合实验室、内蒙古民族大学青年学者创新联盟、江苏省现代作物生产协同创新中心、内蒙古自治区生物信息学重点实验室

# 会议介绍

## 一、会议目的

为切实贯彻绿色发展理念，强化生态文明建设主题地位，聚焦五大任务精准发力，进一步推进多学科交叉融合，助力科技强国建设，繁荣我国南北学术交流、推进交流合作、科技创新和技术推广，讨论绿色高质量发展的重大需求，促进大农业、大健康、生态文明发展，由中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物医学专业委员会、浙江省生物信息学学会、内蒙古生物物理与生物信息学会、江苏省生物信息学专业委员会、内蒙古自治区预防医学会放射卫生分会、呼伦贝尔学院联合举办的第四届全国“农业、健康与生态”整合生物信息学大会暨 2023 核科学技术应用研讨会、2023 绿色畜牧与人工智能研讨会拟于 2023 年 8 月 8-11 日在海拉尔市召开、同时还将举行生物信息学教育教学研讨会、研究生论坛等活动。欢迎您参加！

## 二、会议主题

会议就“大农业、大健康、生态绿色发展”与多学科交叉融合，将邀请国内外著名专家、知名学者作特邀报告和专题报告，加强合作交流，高层次人才培养，拓展协作公关渠道。会议专题涵盖：1) 整合生物信息学研究方法、技术与应用的新进展，以及人才培养；2) 核科学技术在能源、农业、环境与健康等领域中的应用研究；3) 绿色畜牧与人工智能。分会议议题见各分会议通知。

## 三、会议组织

大会主席：陈铭、李文阁

副主席：蔡禄、邓海腾、季星来、李宏、宋晓峰、王勇

大会秘书长：吴玉峰

### 1、学术委员会

主任：孙之荣、罗辽复

副主任：李前忠、孙啸

委员：曹培健、陈欢、陈兴、邓成、代琦、丁维龙、樊龙江、高峰、高立志、郭宝英、郭俊明、郭维生、何华勤、贺平安、胡秀珍、黄金艳、姜永帅、李飞、李国婧、李健、李明辉、廖奇、刘丙强、刘俊杰、刘庆坡、陆剑、马闯、欧竑宇、冉隆科、任仙文、邵朝纲、沈波、宋江平、苏建忠、唐旭清、汪强虎、王晨飞、王佳佳、王俊、吴江鸿、肖景发、肖瑞、邢永强、徐良德、徐建红、杨四海、杨毅欣、姚玉华、叶子弘、严小军、余光创、张红雨、张文广、张文羿、张子丁、赵怀、周丰丰、朱峰、朱平、邹权、左永春。。。 (持续更新)

### 2、分会召集人

整合生物信息学学术研讨会（秘书长）：吴玉峰、张贵军、陈颖丽、姜伟

2023 核科学技术应用研讨会：张苏雅拉吐、红兰

2023 绿色畜牧与人工智能研讨会：张文广、吴江鸿、丽春

2023 生物信息学教育教学论坛：陈铭

研究生论坛：廖奇、陈迪俊、鲍志炜

副秘书长：王宏、蒋杭进、周晓根

秘书组：王德鑫、蒙古夫、沈小仙

#### 四、会议单位

会议联合主办及协办单位：中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专业委员会、浙江省生物信息学学会、内蒙古生物物理与生物信息学会、江苏省生物信息学专业委员会、内蒙古自治区预防医学会放射卫生分会，呼伦贝尔学院、内蒙古民族大学青年学者创新联盟、江苏省现代作物生产协同创新中心、内蒙古自治区生物信息学重点实验室

支持单位：暂无

# 大会日程

(会场: 崇文楼 A201 会议室)

时间	内容	地点/主持或召集人	
8月8日 10:00-22:00	报到	宾馆或会场	
8月8日 14:30-17:30	研究生论坛(一)	主持人: 廖奇、蒋杭进	
8月9日 7:30-9:00	报到	呼伦贝尔学院会场	
上午	9:00-9:15	开幕式 领导及嘉宾致辞	主持人: 红兰教授
	9:15-9:30	集体合影	会场外台阶
	9:30-10:00	报告人: 张大成(西安电子科技大学) 报告题目: 激光光谱物质智能分析技术	主持人: 蔡禄教授 郭俊明教授
	10:00-10:30	报告人: 张苏雅拉吐(内蒙古民族大学) 报告题目: 内蒙古民族大学核物理学科建设进展	
	10:30-11:00	报告人: 左永春(内蒙古大学) 报告题目: 利用基层医院的临床血液检测数据构建慢性疾病人工智能辅助诊断预测模型	
	11:00-11:30	报告人: 陈铭(浙江大学)(机动待定) 报告题目: 整合生物信息学机遇与挑战	
中午	午餐(自助)	酒店	
下午	14:30-17:30	<b>2023 核科学技术应用研讨会</b>	召集人: 张苏雅拉吐、红兰
	14:30-17:30	<b>2023 绿色畜牧与人工智能研讨会</b>	召集人: 张文广、吴江鸿、丽春
	14:30-17:30	<b>整合生物信息学学术研讨会</b>	召集人: 吴玉峰、张贵军、陈颖丽、姜伟/李健
8月10日 9:00-11:30	生物信息学教育教学论坛	召集人: 陈铭	
8月10日 14:30-17:30	研究生论坛(二)	主持人: 陈迪俊、黄金艳	

11日自由讨论、离会

整合生物信息学学术研讨会、生物信息学教育教学论坛

(会场：崇文楼 A201 会议室)

召集人：吴玉峰、张贵军、陈颖丽、姜伟/李健、陈铭

时间	报告人及题目	主持人
2023 年 8 月 9 日		
14:30-14:50	报告人：李健（东南大学） 报告题目：使用便携式纳米孔测序及 5G 通信的“端-网-云”技术实现实时检测微生物	张贵军
14:50-15:10	报告人：丁维龙（浙江工业大学） 报告题目：乳腺组织病理图像 AI 分析研究进展	
15:10-15:30	报告人：邢永强（内蒙古科技大学） 报告题目：Alternative Splicing Regulation during Embryonic Development	李健
15:30-15:50	报告人：陈迪俊（南京大学） 报告题目：单细胞转录组大数据解析转移肿瘤微环境	
15:50-16:00	茶歇	
16:00-16:20	报告人：张利绒（内蒙古大学） 报告题目：基于机器学习方法识别基因表达和转录因子的结合	陈颖丽
16:20-16:40	报告人：李瑞芳（内蒙古师范大学） 报告题目：mRNA 对相应蛋白质折叠速率的影响	
2023 年 8 月 10 日		
8:30-8:50	报告人：刘庆坡（浙江农林大学） 报告题目：《生物信息学》面向新农科的 PRIFA 教学改革与实践	陈铭
8:50-9:10	报告人：蒋杭进（浙江大学） 报告题目：生物信息学 101 计划核心课程建设的介绍	
10:00-11:30	报告人：自由探讨 报告题目：新时代生物信息学教与学的新模式研讨	

**2023 核科学技术应用研讨会**  
(会场: 崇文楼 A203 会议室)

召集人: 张苏雅拉吐、红兰

时间	报告人及题目	主持人
2023 年 8 月 9 日		
14:30-15:00	报告人: 钱东斌 (中国科学院近代物理研究所) 报告题目: 核能材料 (燃料、结构材料) 性能优劣的原位、实时感知技术研发	哈日巴拉
15:00-15:30	报告人: 张慧 (中国地质科学院水文地质环境地质研所) 报告题目: 地科院水环所加速器质谱仪性能特点及应用	
15:30-16:00	报告人: 闫聪冲 (苏州大学) 报告题目: 基于 Geant4 不同物理模型的空间辐射致航天员剂量模拟研究	
16:00-16:10	茶歇	
16:10-16:40	报告人: 拓飞 (中国疾控中心) 报告题目: 谱分析技术及其在食品放射性监测中的应用	张苏雅拉吐
16:40-17:10	报告人: 哈日巴拉 (内蒙古疾控中心) 报告题目: 内蒙古食品放射性风险监测概况	
18:00	晚餐	
2023 年 8 月 10 日		
8:30-9:00	报告人: 牛中明 (安徽大学) 报告题目: Gross 理论的改进及其对原子核 beta 衰变寿命的描述	王德鑫
9:00-9:30	报告人: 兰长林 (兰州大学) 报告题目: 中子俘获伽马能谱解谱技术在元素测井中的应用	
9:30-10:00	报告人: 黄美容 (内蒙古民族大学) 报告题目: $^{12}\text{C}/^{16}\text{O}$ 原子核 alpha 团簇结构研究	
10:00-10:10	茶歇	
10:10-10:40	报告人: 王德鑫 (内蒙古民族大学) 报告题目: 中子辐射俘获截面测量进展	红兰
10:40-11:10	报告人: 李雪 (内蒙古民族大学) 报告题目: 典型农田区放射性核素测量及其风险评价	
11:10-11:40	报告人: 蒙古夫 (内蒙古民族大学) 报告题目: 典型铀矿/煤矿区放射性核素测量及其风险评价	
11:40-12:00	报告人: 白于 (内蒙古民族大学) 报告题目: 特色蒙药材放射性核素测量及其风险评价	

## 2023 绿色畜牧与人工智能研讨会

(会场：崇文楼 A205 会议室)

召集人：张文广、吴江鸿、丽春

时间	报告人及题目	主持人
2023 年 8 月 9 日		
14:30-15:00	报告人：张东旭（厦门大学） 报告题目：面向自然场景的肉牛表型指标整群智能测定装备研制及其应用范式构建	吴江鸿
15:00-15:30	报告人：吴晓强（内蒙古民族大学） 报告题目：牛肉品质非接触式客观评价进展与活体 AI 评测潜能	
15:30-16:00	报告人：薛丰（帝斯曼-芬美意动物营养与保健部） 报告题目：肉牛养殖的数智化应用	
16:00-16:10	茶歇	
16:10-16:40	报告人：陶英（内蒙古华文科技信息有限公司） 报告题目：基于 AI 视觉育种系统在畜牧中的应用介绍	丽春
16:40-17:10	报告人：罗保华（呼伦贝尔市农牧科学研究所） 报告题目：呼伦贝尔短尾羊遗传资源现状	
17:10-17:40	报告人：自由探讨 报告题目：AI 技术推动畜牧业智慧化发展	

## 研究生论坛（一）

（会场：崇文楼 A201 会议室）

召集人：廖奇、陈迪俊、鲍志炜

时间	报告人及题目	主持人
2023 年 8 月 8 日		
14:30-14:50	报告人：陈文燕（深圳湾实验室博士后） 报告题目：Enhancer RNA transcriptomics-wide association study reveals an atlas of pan-cancer susceptibility eRNAs	廖奇
14:50-15:10	报告人：张雅茹（温州医科大学） 报告题目：类祖细胞耗竭 CD8+T 细胞与新辅 anti-PD1 治疗食管鳞癌中的完全应答相关	
15:10-15:30	报告人：尚云飞（北京基因组研究所） 报告题目：CancerSCEM: A database of single-cell expression map across various human cancers	
15:30-15:50	报告人：晁好瑜（浙江大学） 报告题目：A chromosome-level genome assembly provides insights into <i>Cornus wilsoniana</i> evolution and oil biosynthesis	
15:50-16:10	报告人：徐康（哈尔滨医科大学） 报告题目：Systematic characterization of the expression patterns of TE/CE lncRNAs across normal and cancer tissues	蒋杭进
16:10-16:30	报告人：白贇（东南大学） 报告题目：Detection of Islet Autoantibodies Using Glass Capillary Nanopore	
16:30-16:50	报告人：罗语婷（南京大学） 报告题目：scPlantDB: a comprehensive database for exploring cell types and markers of plant cell atlases	
16:50-17:10	报告人：吕德重（哈尔滨医科大学） 报告题目：Construction of HLA-presented immunopeptidome from non-coding regions	

## 研究生论坛（二）

（会场：崇文楼 A201 会议室）

召集人：廖奇、陈迪俊、鲍志炜

时间	报告人及题目	主持人
2023 年 8 月 10 日		
14:30-14:50	报告人：戎浩（宁波大学） 报告题目：基于全长 scRNA-seq 数据对增强子 RNA 的系统分析	陈迪俊
14:50-15:10	报告人：柴璐（内蒙古大学） 报告题目：基于卷积神经网络和支持向量机识别转录因子 CTCF 的结合位点	
15:10-15:30	报告人：汤沈杨（浙江大学） 报告题目：InsectBase 2.0: a comprehensive gene resource for insects	
15:30-15:50	报告人：俞秀冲（宁波大学附属第一医院） 报告题目：The mechanism of tRNA derived fragment tRF-28 regulatory network in the occurrence of gastric cancer and the diagnostic value analysis	
15:50-16:10	报告人：陈俞皓（浙江大学） 报告题目：scMoVe: single cell multi-omics latent vector filed infers cell developmental trajectories	黄金艳
16:10-16:30	报告人：麦嘉琳（北京基因组研究所） 报告题目：TWAS Atlas: a curated knowledgebase of transcriptome-wide association studies	
16:30-16:50	报告人：周伟伟（哈尔滨医科大学） 报告题目：Integrated multiomics data analysis reveals cancer immune related oncogenous pathway	
16:50-17:10	报告人：肖以琪（浙江大学） 报告题目：A chromosome-level assembly of the harlequin ladybird <i>Harmonia axyridis</i> as a genomic resource to study beetle and invasion biology	
17:10-17:30	研究生论坛颁奖	

# 激光光谱物质智能分析技术

张大成

西安电子科技大学光电工程学院

**摘要：**激光诱导击穿光谱技术 (LIBS) 技术是一种不需要样品制备、近乎无损检测、可远程在线分析的元素检测方法，被认为是化学分析技术的“未来之星”，已在火星探测、冶金分析、环境监测、食品安全、地质勘探等领域应用。近年来，我们团队自主研制了多种台式、远程以及微型等 LIBS 分析仪器，并针对提高 LIBS 检测灵敏度、仪器便携化等研制了可调谐激光光源、高峰值功率微型纳秒激光器等核心器件。利用自主研发的 LIBS 装备，提出了波导管模式、等离子体自约束模式等液体中微量元素 LIBS 快速定量测量的新方法，解决了液体测量中的溅射、器件污染等问题，实现了液体中元素的高精度测量。针对金属定量测量、复杂物质鉴别等 LIBS 光谱直接分析中存在的精度不高、光谱识别困难等问题，我们将 LIBS 技术与机器学习方法结合，通过多种机器学习算法优化组合，实现了对航空合金、痕量爆炸物、霉菌、文物以及小地域范围植物产地智能检测，可对合金中微量元素进行高精度定量测量以及对复杂物质碎片进行高准确率识别。这些工作有望为工业生产原材料品控、农产品溯源、反恐、文物修复等提供新方法。

## 报告人简介



张大成，西安电子科技大学光电工程学院教授，博士生导师、光电仪器系主任，兼任中国光学工程学会激光诱导击穿光谱专委会常务委员、光谱技术与应用专委会委员、光与物质相互作用专委会委员，中国光学学会光学测试专委会委员，陕西省光学学会理事，陕西创共体先进光电专委会委员，以及《现代应用物理》和《冶金分析》期刊青年编委。

# 内蒙古民族大学核物理学科建设进展

张苏雅拉吐

内蒙古民族大学，核物理研究所物理与电子信息学院

**摘要：**本研究团队是内蒙古自治区高校内唯一的核物理与核科学技术领域研究人员，对自治区国防与核安全、稀土和铀矿等核产业发展、生态环境保护、核科学技术应用及人才培养具有重要意义。本次报告除了介绍学校核物理学科建设进展，主要介绍医用放射性核素生产相关核数据实验研究进展。目前，全球共有 100 多种放射性核素应用于医学领域，其中 30 余种放射性核素用于疾病的精准诊断与治疗。 $^{177}\text{Lu}$  ( $T_{1/2}=6.1\text{d}$ ) 和  $^{166}\text{Ho}$  ( $T_{1/2}=17.0\text{h}$ ) 在分子核医学受体治疗和肿瘤治疗的药物研究中受到极大重视，并获得部分药物临床应用批准（如 FDA 批准的  $^{177}\text{Lu}$ -DOTA-TATE）。本工作利用我国大科学实验装置中国散裂中子源提供的强流脉冲中子束流轰击  $^{175,176}\text{Lu}$  和  $^{165}\text{Ho}$  同位素靶，解决了反应实验数据稀少，分歧显著，部分能区关键核数据严重短缺问题，将为工业制备  $^{177}\text{Lu}$  和  $^{166}\text{Ho}$  提供精确的关键核数据。

## 报告人简介



张苏雅拉吐，内蒙古通辽市人，1986 年 4 月生，教授，研究生导师，博士。陕西师范大学本科，中科院近代物理所硕博连读，中国原子能研究院博士后，美国德州农工大学访问学者。内蒙古自然科学基金“杰青”，内蒙古“草原英才”，内蒙古高等学校“创新团队”负责人、“科技英才”，获批立项 2 个自治区级科研平台，负责主持国家自然科学基金 3 项，省部级科研项目 6 项，已在 Nature 子刊、Physics letter B、Physical Review C、Chinese physics C 等期刊上发表系列研究论文 60 余篇。主要从事核物理基础研究及其在天体物理、生态环境与健康等领域中的应用研究。近几年，主要关注恒星演化与比铁重元素核合成机制，特色蒙药核辐射诱变育种与品质鉴定，内蒙古典型矿区及农田附近环境辐射与健康风险等问题做了探索性研究。担任内蒙古民族大学核物理学科带头人、学术委员会委员，中国核学会射线束分会理事、中国核学会医学物理分会理事、中国核物理学会会员，内蒙古生物物理与生物信息学会理事、内蒙古预防医学放射卫生分会理事、内蒙古自治区反恐怖工作特聘专家。

# 利用基层医院的临床血液检测数据构建慢性病人工智能辅助诊断预测模型

左永春  
内蒙古大学

**摘要：**慢性病是指以癌症、心血管和糖尿病等为代表的慢性非传染性疾病，具有起病隐匿、潜伏期长等特点，每年造成 4100 万人死亡，占全球死亡总人数的 71%，其中约 3/4 死亡人数发生在低收入和中等收入国家，目前的病理切片、分子标志物、以及影像学等方法普遍存在设备要求高、费用昂贵等缺点。首先，本研究收集了来自 32448 名慢性疾病患者的临床血液检测数据，其中包括 22 项血常规指标和 15 项血生化指标，涵盖了 17 种慢性疾病，包括 9 种癌症、5 种心血管疾病和 3 种精神类疾病。比较了四种机器学习算法（SVM、RF、LR 和 XGBoost），并采用 5 倍交叉验证和独立测试集来验证其性能。结果表明，基于独立测试集的 XGBoost 模型表现最佳，AUC 值为 87.32%。随后，构建了针对癌症、心血管和精神类疾病的三分类 XGBoost 模型，其平均 AUC 为 82.45%，使用 SHAP 对模型进行特征贡献度筛选，发现 CREA、R-CV、GLU 和 NEUT% 等指标与多种慢性疾病密切相关，其中 R-CV 可能是癌症的特异性指标。为了进一步探究临床血液指标的遗传学基础，本研究进一步筛选了 516 个与红细胞宽度（R-CV）相关的基因，并利用来自 TCGA 数据库中 25 种癌症的基因表达数据，探讨了 R-CV 相关基因在不同癌症中的诊断性能，基于 R-CV 的基因表达数据分别构建了 25 个癌症的风险预测模型，其 AUC 值均高于 98%。经过 SHAP 分析，本研究发现了不同癌症风险模型中的关键 R-CV 基因，最后，本研究构建了一个用户友好的基于机器学习的慢性疾病预警云平台 DisPioneer (<http://bioinfor.imu.edu.cn/dispioneer>)，可实现慢性疾病的预测、分类和数字化管理。

## 报告人简介



左永春，内蒙古大学生命科学学院三级教授/博士生导师。国家中组部“万人计划”青年拔尖人才、内蒙古杰出青年基金获得者、内蒙古“草原英才”、内蒙古 321 人才等。主要围绕数字胚胎、精准医学、智慧农牧业等领域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、国家自然科学基金面上等国家级项目 7 项。担任国际 Current Gene Therapy 期刊编委，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专委会委员、中国计算机学会专委会委员（高级会员）、中国医药教育协会数字医疗专委会委员、内蒙古健康数字学会秘书长、内蒙古生物物理与生物信息学会副秘书长等。先后第一（通讯）作者先后在 Nucleic Acids Research、Research、Cellular and Molecular Life Sciences、Bioinformatics 等期刊发表学术论文 80 多篇，6 篇成果入选 ESI % 高被引论文。成果先后被人民日报、科技日报、内蒙古新闻联播等媒体报道，作为杰青“先锋”模范人物被内蒙古科技厅专题宣传。

# 面向自然场景的肉牛表型指标整群智能测定装备研制及其应用范式构建

张东旭

厦门大学

**摘要：**目前，肉牛的生产性能测定，主要依赖于传统的人工操作，费时费力、主观性强、重复性差，加之牛肉需求量以及人力成本日益增长，给肉牛规模化养殖带来了挑战，而数字化和智能化成为解决该瓶颈的重要手段。我们拟研制整群测定装备及算法，引入机器人和人工智能技术，研制基于图像的机器学习模型，突破群体肉牛饲养自然状态下个体精准捕捉、主要行为以及体尺、体型的识别；进而，研制基于红外的牛肉性状远端非侵入式准确测量装备，对主要性状，如大理石纹、柔韧度等，进行数字化表征，建立红外信号与性状的对应关系数据库，实现肉牛养殖过程中，自然生长状态下肉质主要性状的监测。我们希望通过前述装备的研制和智能算法的建立，为肉牛规模化养殖加入工业智能机器人与机器学习先进技术，最终实现肉牛养殖智能化，节省养殖成本，利于扩大养殖规模。

## 报告人简介



张东旭，厦门大学公共卫生学院助理教授/副研究员，福建省级高层次人才。2009 年获得厦门大学机械设计制造及其自动化专业学士学位，2015 年毕业于厦门大学精密仪器及机械专业，获工学博士学位，2018 年从中国科学院自动化研究所复杂系统管理与控制国家重点实验室博士后出站，研究方向为医疗检测机器人与医用人工智能，长期从事医疗检测机器人的研发及其产业化，以及临床医学影像智能化处理、疫苗免疫原人工智能设计。主持国家自然科学基金、国家重点研发计划子课题、中国博士后科学基金、福建省自然科学基金、企业横向课题等多个项目，参与国家自然科学基金重点项目、国家 904 重大科技专项、内蒙古自治区重点研发计划等课题；主持研发的核酸现场快速检测仪器已经被列为国家药监局优先审评医疗器械（三类），儿童骨龄智能判读算法及软件系统已在合作医院测试，临床研究身份信息管理系统已经应用于九价宫颈癌疫苗、新型冠状病毒肺炎疫苗临床接种现场，发挥着现场身份信息大数据管理与质量控制的重要作用。在 TMI、TNNLS、JDI、LOC 等权威学术期刊上发表论文二十余篇，授权国家发明专利三十余项、软件著作权 6 项。作为指导教师，指导学生团队获得第四届“互联网+”大学生创新创业大赛全国金奖、第十二届“挑战杯”福建省大学生创业计划竞赛银奖、第十届锐智杯福建省大学生智能设计大赛一等奖等好成绩。

# 牛肉品质非接触式客观评价进展与活体 AI 评测潜能

吴晓强

内蒙古民族大学

**摘要：**近年来，牛肉品质评价一直是畜产品研究的重要方向之一。传统评价方法存在耗时长、易受主观因素干扰等问题。非接触式客观评价方法利用计算机视觉技术，通过分析牛肉的外观特征和色彩信息，实现对牛肉品质的快速准确评估。这些方法可以自动提取形态、纹理和色彩特征，评估鲜嫩度、脂肪含量和肌纤维粗糙度等指标。活体 AI 评测技术通过采集牛只行为、外貌和声音等信息，预测牛肉品质。活体 AI 评测提高了评价的客观性和准确性，节省了时间和人力，并减少对牛只的干预。然而，该方法在实际应用中仍面临挑战，如图像设备选择和标准化、数据质量保证、算法优化和模型泛化能力等。此外，活体 AI 评测需要更多真实数据支持和验证。总之，非接触式客观评价方法在牛肉品质领域应用前景广阔。活体 AI 评测是重要技术手段，有望实现高效准确的牛肉品质评估。未来研究方向包括优化算法和模型，提高数据质量和标注准确性，推动非接触式客观评价方法的应用推广。

## 报告人简介



吴晓强，天津大学机械工程专业博士，国家自然科学基金评审专家，内蒙古自治区科技专家库首批入库专家；主要研究内容针对刚齿刀具在应用中局部磨损严重导致过早失效的问题，从切削机理方面入手，以提高刀具寿命为目标，探明干式切削过程中时变断续多刃渐进成形特征，揭示切屑瞬时截面形态的切削力/热的生成机制与刀具磨损的映射关系。阐明时变切削前角工况下刚削机理及刀具磨损机理，实现刀具的延寿优化设计。近 4 年，入选人才项目：2022 自治区“草原英才”青年创新人才一层次入选者；2022 中组部西部之光人才培养计划“西部青年学者”；2021 自治区“新世纪 321 人才工程”第二层次；2019 自治区高等学校“青年科技英才支持计划”B 类；近 4 年主持科研项目中央引导地方科技发展计划“光热发电系统精密定位装置关键零件制造技术研究”；国家自然科学基金“非均匀几何前角刚齿刀具设计及延寿方法研究”内蒙古自治区关键技术攻关计划项目“机器人 RV 减速器核心部件绿色高效刚削技术研究及应用”2019 年度内蒙古自治区高等学校“青年科技英才计划”。

## 肉牛养殖的数智化应用

薛丰

帝斯曼-芬美意动物营养与保健部

### 报告人简介



薛丰，2010年毕业于中国农业大学，获反刍动物营养学博士学位。从业十余年间一直在反刍行业从事相关工作，对于奶牛和肉牛羊养殖管理、原料评估、营养配方等方面都有丰富的经验。目前就职于帝斯曼-芬美意动物营养与保健部，负责中国反刍产品设计、培训、客户技术支持及大亚太区的反刍市场工作。

## 基于 AI 视觉育种系统在畜牧中的应用介绍

陶英

内蒙古华文科技信息有限公司

**摘要：**“AI 视觉育种互联网 + 畜牧平台”是集 AI 技术、大数据分析和高效的育种算法，将提供自动化、完善化、科技化的高效育种管理解决方案。核心优势在于其自动化数据采集与管理、遗传背景分析、性能预测与评估、育种评估、基因组选择、育种值预测。基于 AI 视觉应用共同开发核心硬件介绍包括：动物体尺测量器、定制手持终端、电子耳标、智能项圈、动物定位器等；运用互联网 + 的概念延伸打造出的智慧化牧场管理平台。

### 报告人简介



陶英，内蒙古华文科技信息有限公司副总经理，羊种质资源创新与产业化联盟理事，内蒙古畜牧业协会会员多年通讯及信息技术行业应用解决方案经验。2018 年对物联网（IoT）技术的行业应用进行研究实践，为中国电信股份有限公司内蒙古分公司定制“智慧家庭 DICT”项目专业化解解决方案，为电信产数字化转型增收八千余万元。2019 年开展 NB、LoRa 通讯技术、定位系统在畜牧行业场景化应用，适配牛、羊远程管家平台；同时，组织与内蒙古农业大学动科院联合研发动物体尺测量器及 AI 智慧育种分析平台搭建，动物体尺测量器在新疆昭苏牧场、浙金赛诺、呼和浩特市金莱牧场等地应用。

# 呼伦贝尔短尾羊遗传资源现状

罗保华

呼伦贝尔市农牧科学研究所

**摘要：**草原短尾羊是以呼伦贝尔羊中的短尾品系为素材，经过系统选育而形成的优良小短脂尾肉用绵羊品种。重点围绕草原短尾羊培育过程，选育技术路线与技术方案，现有群体数量及分布，育种核心区数量与等级比例，育种核心群数量及生长发育性能，尾型结果，生产性能，世代选育效果，遗传稳定性，遗传性能，推广应用范围、条件和前景，现场审定情况及会议审定情况等方面进行阐述。

## 报告人简介



罗保华，男，汉族，1980年7月生，研究生学历，农学硕士，2017年12月份评聘为副研究员，中共党员，现任市农牧科学研究所副所长。目前为呼伦贝尔市畜牧科研与技术推广学术带头人，先后主持和参与完成了国家级、自治区和呼伦贝尔市科研课题及推广项目16余项。尤其是完成的呼伦贝尔羊新品种培育和推广应用，草原短尾羊新品种培育，已成为呼伦贝尔市农牧业发展的支柱，是农牧民收入的主要经济来源。曾获全国农牧渔业丰收二等奖1项，三等奖2项；获呼伦贝尔市科技进步一等奖1项；获内蒙古自治区农牧业丰收奖三等奖1项。参编专著1部，在国内外学术期刊上公开发表论文17篇，其中收入国际学术会议论文集2篇，制定发布了自治区地方标准2项，呼伦贝尔市地方标准21项，获国家实用专利5项。

# 使用便携式纳米孔测序及 5G 通信的“端-网-云”技术实现实时检测微生物

李健

东南大学

**摘要：**“生物技术（BT）与信息技术（IT）融合应用工程”作为生物经济七大工程，提出了发展综合信息技术、生物技术、医学技术、智能技术的新研究范式，形成新的经济增长点。我们将自主研发的便携式固态纳米孔单分子检测和商业蛋白纳米孔测序的“端设备”，通过移动/卫星异构融合“通信网”与生物健康“云平台”相结合，构建了“端-网-云”技术体系，形成了即时即地微生物检测能力。该项技术可应用于健康医疗，公共卫生以及生物安全等领域。

## 报告人简介



李健，博士/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，副秘书长，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。李健教授来自于东南大学“发育与疾病相关基因”教育部重点实验室，本科毕业于东南大学医学院临床医学专业，博士毕业于丹麦奥胡斯大学生物医学专业。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 4 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。

# 乳腺组织病理图像 AI 分析研究进展

丁维龙  
浙江工业大学

**摘要：**癌症的发病率与致死率逐年增加，已成为人类死亡的主要原因。中国每年超 1 亿的人群需要进行肿瘤筛查。作为肿瘤诊断的金标准，病理学诊断结果直接决定患者的治疗方案。然而，我国病理科依然存在诸多困境，比如病理医生诊断水平不平衡，误诊、漏诊率偏高，病理医生短缺。基于人工智能技术进行病理图像的智能判读，有助于缓解上述问题。本报告介绍了我们近几年来在 HE 染色乳腺图像的人工智能分析方法与系统研发方面所取得的进展。具体包括基于空间相关性的全切片识别方法、基于多层次特征融合的图像块分类方法、联合聚类与边缘检测全切片图像标注方法、基于多尺度注意力的乳腺病理图像分类方法等，已在公开数据集和私有数据集上取得了良好的实验效果。在此基础上，我们设计并开发了病理图像在线标注系统、乳腺病理图像肿瘤智能识别系统、远程会诊平台等，已在部分医院推广使用。

## 报告人简介



丁维龙，浙江工业大学计算机科学与技术学院教授，博士生导师。主要研究方向集中在病理图像人工智能识别与系统研发、机器学习与深度学习、虚拟仿真等领域。兼任中国自动化学会智慧农业专委会常务委员、中国图像图形学会虚拟现实专委会委员、浙江省生物信息学学会副理事长。主持或参与国家自然科学基金面上项目、重点项目、国家 863 数字技术专题以及其他省部级项目 10 余项。通过上述项目的研究，在国内外重要学术刊物上发表论文 90 余篇。授权技术发明专利和软件著作权 20 余件，参与的项目“农业智能系统技术体系研究与平台研发及其应用”获得国家科技进步奖二等奖。

# Alternative Splicing Regulation during Embryonic Development

邢永强  
内蒙古科技大学

## Abstract

Alternative splicing is pervasive in mammalian genomes and involved in embryo development, whereas research on crosstalk of alternative splicing and embryo development was largely restricted to mouse and human and the alternative splicing regulation during embryogenesis in zebrafish remain unclear. We constructed the alternative splicing atlas at 18 time-course stages covering maternal-to-zygotic transition, gastrulation, somitogenesis, pharyngula stages and post fertilization in zebrafish. The differential alternative splicing events between different developmental stages were detected. The results indicated that abundance alternative splicing and differential alternative splicing events are dynamically changed and remarkably abundant during maternal-to-zygotic transition process. Based on gene expression profiles, we found splicing factors are expressed with specificity of developmental stage and largely expressed during maternal-to-zygotic transition process. The better performance of cluster analysis was achieved based on inclusion level of alternative splicing. The biological function analysis uncovered the important roles of alternative splicing during embryogenesis. The identification of isoforms switches of alternative splicing provided a new insight into mining the regulated mechanism of transcript isoforms, which always is hidden by gene expression. In conclusion, we inferred that alternative splicing activation is synchronized with zygotic genome activation and discovered that alternative splicing is coupled with transcription during embryo development in zebrafish. We also unveiled that the temporal expression dynamics of splicing factors during embryo development, especially co-orthologous splicing factors. Furthermore, we proposed that inclusion level of alternative splicing events can be employed for cluster analysis as a novel parameter. This work will provide a deeper insight into the regulation of alternative splicing during embryogenesis in zebrafish.

## 报告人简介



邢永强，内蒙古科技大学生命科学与技术学院教授、生物信息学系主任。累计在生物信息学领域发表学术论文 40 余篇，参编学术专著 1 部（《表观遗传学》，清华大学出版社，2012 年）、教材 1 部（《生物信息学》，科学出版社，2017 年）。入选内蒙古自治区“草原英才”工程青年创新人才、内蒙古自治区高等院校“青年科技英才”。主持 3 项国家自然科学基金、多项省级课题、获内蒙古科技大学优秀青年科学基金资助。现任中国生物信息学学会（筹）多组学与整合生物学专委会委员、中国生物信息学学会（筹）表观遗传学专委会委员、内蒙古生物物理与生物信息学会常务理事兼副秘书长、内蒙古健康数字学会理事等。

## 单细胞转录组大数据解析转移肿瘤微环境

陈迪俊  
南京大学

### 报告人简介



南京大学副教授、博士生导师，江苏省特聘教授、南京大学登峰 B 人才支持计划入选者。2003-2008 年在哈尔滨医科大学接受本科教育并获得生物信息学学士学位，2017 年在德国哈雷-维滕贝格大学获得博士学位，先后在浙江大学、波茨坦大学和洪堡大学从事研究工作，2019 年底入职南京大学，担任生物信息学课题组 PI，主要研究方向是功能基因组学和人工智能生物学。共发表学术论文近 60 篇，参与编写专著 5 部，其中以第一或者通讯（含共同）作者在 Nat Commun（5 篇）、Nat Neurosci、Nat Plants 等主流期刊发表论文近 30 篇。

# 基于机器学习方法识别基因表达和转录因子的结合

张利绒  
内蒙古大学

**摘要：**基因的选择性表达使不同的细胞具有不同的结构和功能，决定了细胞命运的时空特异性，是从发育到癌症发生等很多重要生物学的关键。转录因子（TF）是基因表达调控的主调节因子，通过与顺式调控元件共价结合，调控目标基因在特定时间和空间以特定强度表达。转录因子往往以组合的方式调控基因的表达，解析转录因子驱动基因表达的相互作用模式仍然是一项具有挑战性的任务。针对基因表达预测问题，在 GM12878 和 K562 细胞系中构建了高低表达基因集合，根据转录因子的 ChIP-seq 数据构建了基因表达相关的 TF 相互作用网络，在每个细胞系中鉴定出 6 个与基因表达相关的 TF 模块。此外，根据靶基因启动子区域这些 TF 模块中 TF 的富集特征，建立了卷积神经网络模型 TFCNN 识别基因的表达水平，获得了较高的预测精度。通过比较发现，TFCNN 模型可以更好地提取 TF 之间的相互作用信息，预测结果优于基于支持向量机（SVM）和线性判别分析（LDA）构建的模型。分析表明，主调控 TF 控制靶基因的表达水平，TF 之间的协同作用对基因表达水平具有微调作用，不同的 TF 组合对基因表达具有非线性调控能力，这些结果有助于解码 TF 组合调控基因表达的机制，并为解析转录因子协同作用在基因表达调控中的功能提供了理论参考。针对 CTCF 结合位点的预测，基于 67 个细胞系的 CTCF 结合峰数据，构建了细胞系特异的 CTCF 结合位点集合，利用 DNase-seq、12 种组蛋白修饰、转录因子 RAD21 和 SMC3 结合信号，应用卷积神经网络（CNN）和 SVM 方法预测了 CTCF 细胞系特异的结合位点。结果表明，DNase-seq、转录因子 RAD21 和 SMC3 对 CTCF 的细胞系特异性结合位点具有较强的预测能力，而序列模体和组蛋白修饰信号对识别细胞系特异的结合位点的贡献较小，这些结果为解码 CTCF 的调控功能，分析 CTCF 的相互作用机制提供了理论参考。

## 报告人简介



张利绒，内蒙古大学物理科学与技术学院教授，博士生导师，研究方向是理论生物物理与生物信息学，研究方向主要为：（1）人类基因组和模式生物基因组基因表达、剪接和可变剪接识别，转录因子结合位点预测，组蛋白修饰等表观遗传修饰调控等方面的研究。（2）正常和癌症条件下基因表达的差异性，可变剪接的多样性研究，结合表观修饰数据，探索癌症发生和发展的影响因素和机制。主持完成了“人类基因的可变剪接及其与人类疾病关系的研究”等国家自然科学基金项目 3 项，内蒙古自然科学基金项目 2 项，目前在研国家自然科学基金项目 1 项（2023 年底结题），提出了基于多样性指标的二次判别方法（IDQD 方法）和基于转录因子互作的卷积神经网络方法，论文发表在 *Nucleic Acids Research*、*Briefings in Bioinformatics* 和 *BMC genomics* 上发表论文，研究工作得到了同行的高度评价。

## mRNA 对相应蛋白质折叠速率的影响

李瑞芳

内蒙古师范大学

**摘要：**蛋白质折叠问题被称为破译生命的另一半遗传密码问题，是理解与错折叠相关的疾病起源的需要，其中一个重要问题是蛋白质折叠速率。目前不少研究基于蛋白质结构与氨基酸序列来预测蛋白质折叠速率，但预测精度尚有待提高。我们注意到，一些结构和稳定性相似的同源蛋白质折叠速率有显著差异，这些差异推动我们的认知。我们认为蛋白质的折叠速率除蛋白质的大小、天然结构拓扑性质以及氨基酸组成等主要因素之外，mRNA 也携带了影响蛋白质折叠速率的重要因素。基于这些想法，研究组展开了一系列研究，本报告将介绍近几年来我们做的一些相关研究。

### 报告人简介



李瑞芳，内蒙古师范大学物理与电子信息学院教授。主要从事理论生物物理研究，积累了蛋白质折叠速率及 mRNA 特征等方面的一些研究成果。发表论文 30 多篇，主持内蒙古自然科学基金项目 4 项，主持教育部产学研合作协同育人项目一项，主持完成内蒙古高等学校科学技术及其它研究项目多项。出版题目为《蛋白质折叠速率与 mRNA》专著 1 部，主编出版教材 2 部，获内蒙古自然科学二等奖一项。培养研究生 20 多名，现任内蒙古生物物理与生物信息学会理事。

## 《生物信息学》面向新农科的 PRIFA 教学改革与实践

刘庆坡

浙江农林大学

**摘要:**《生物信息学》是首批国家级线上线下混合式一流课程，由全国林业和草原教学名师领衔。本课程是农学专业大三学生的核心必修课。根据课程的学情特点和教学痛点，基于建构主义学习理论和 OBE 理念，开展了面向新农科的 PRIFA 课程教学改革与实践。以贯穿教学全过程的“问题”为教学主轴，进一步重构教学内容，搭建课程知识图谱和在线课程资源；充分利用现代信息技术开展“互联网 + 教学”和翻转课堂“教与学”，结合课堂教学工具，实现学生全员、全过程、全方位参与；建立线上与线下考核、过程性与终结性考核相结合的多元考核评价体系，提高课程“两性一度”。同时，将课程思政教育深度融入 PRIFA，实现育才更育人。

### 报告人简介



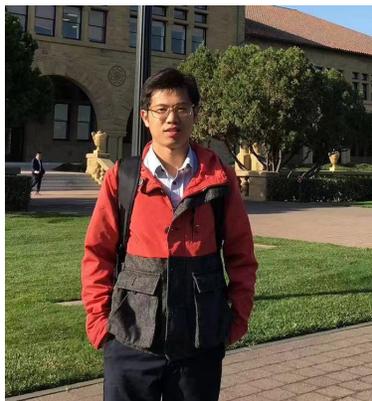
刘庆坡，博士，教授，博士生导师，全国林业和草原教学名师、浙江省高校创新领军人才、浙江省高校中青年学科带头人、浙江省新世纪 151 人才工程第三层次人选，兼任浙江省农产品品质改良技术研究重点实验室副主任、《Journal of Genetics》Associate Editor、浙江省作物学会副理事长、浙江省生物信息学学会理事、浙江省生物信息学学会农林生物专业委员会主任委员、中国生物信息学学会（筹）农林信息学专业委员会副秘书长。现担任国家一流专业建设点（农学专业）、新农科专业（智慧农业）、国家一流课程《生物信息学》、教育部新农科研究与改革实践项目、教育部产学研合作协同育人项目、省级虚拟仿真实验教学项目主持人等。曾荣获浙江省优秀教师、浙江省“三育人”先进个人、省级名师网络工作室（主持人）、浙江农林大学“我心目中的好老师”“教坛新秀”“十大育人先锋”“优秀班主任”“优秀导学团队”“创新之星”“优秀共产党员”等荣誉。为全国首届优秀教材奖、第二批国家一流课程评审专家等。曾荣获浙江省教学成果奖一等奖、二等奖以及浙江省生物信息学学会教学成果奖一等奖、浙江省本科院校首批“互联网 + 教学”优秀案例一等奖等教学成果奖励。主持国家自然科学基金等基金课题 12 项，获浙江省自然科学学术奖 2 项，授权发明专利 2 件，在《Nature Plants》《Molecular Biology and Evolution》等学术刊物上发表论文 60 余篇。

## 生物信息学 101 计划核心课程建设的介绍

蒋杭进

浙江大学

### 报告人简介



蒋杭进，香港中文大学统计学博士，现任浙江大学“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 年入选省级青年人才计划。2023 年成为教育部生物学科“101 计划”生物信息学核心课程建设专家。曾访问斯坦福大学统计系 Wing Hung Wong 教授。研究兴趣包括计算生物学、贝叶斯数据分析和深度学习，主要致力于以统计方法推动生命科学的发展。在 *Statistica Sinica*, *PLoS Computational Biology*, *Briefings in Bioinformatics*, *The Plant Journal*, *Nature Plants*, *Nature Astronomy* 和 *The Astrophysical Journal* 等高水平期刊上发表论文近 30 篇。参与或主持多项国家自然科学基金，浙江省重大研发计划和中国烟草总公司重大科技计划。

## 核能材料 (燃料、结构材料) 性能优劣的原位、实时感知技术研发

钱东斌

中国科学院近代物理研究所

**摘要:** 激光诱导击穿光谱 (LIBS) 与其它元素分析技术相比较的优势在于能对待分析物质进行直接、快速、无接触 (几厘米到十几米) 的检测, 因此特别适合于在线、原位、实时的分析检测, 这样的应用尤其在核能领域有突出的需求。采用 LIBS 技术直接分析松散微颗粒堆积物时必然会遇到分析常规固体、液体物质时从未遇到过的基体效应, 即光谱信号强度不仅与待测物质中的分析元素含量相关 (这是进行光谱化学分析的基本原理), 还会受到颗粒堆积力学的严重影响, 以至于会完全掩盖谱线强度与对应元素含量的直接关联。本报告首先简单介绍 LIBS 基本原理; 接着简单介绍一下广东省新建成的“东江实验室”(先进能源科学与技术广东省实验室), 以及当前推进颗粒 LIBS 实验研究与东江实验室之间的关系; 最后通过几个实验观察, 探讨后续几年深入开展颗粒 LIBS 研究聚焦的一些感兴趣的科学和技术问题

### 报告人简介



钱东斌, 中科院近代物理研究所研究员, 博士生导师。近年来从事的研究主要涉及颗粒物质的 LIBS 技术研发、激光与孤立分子相互作用机理研究。先后主持 1 项广东省能源实验室的技术研发任务、2 项国家自然科学基金、2 项大科学装置联合基金、1 项中科院“西部之光”、1 项中科院青促会人才专项科研项目; 参与 1 项国家重点研发计划大科学装置前言研究重点专项、1 项中科院重要方向项目、1 项大科学装置联合基金重点项目。迄今为止, 已在相关领域的主流期刊 (Phys. Rev. Appl., Phys. Rev. A, J. Anal. Atom. Spectrom., Phys. Chem. Chem. Phys., J. Chem. Phys., Chem. Phys. Lett., Int. J. Mass Spectrom. 等) 发表 30 余篇学术论文; 申请受理发明专利 4 项。

# 中国地质科学院水环所加速器质谱仪性能特点与应用

张慧

中国地质科学院水文地质环境地质研究所

**摘要：**介绍加速器质谱原理和发展历程，IHEG-CAGS AMS 性能特点（多核素，低本底，高灵敏）以及相关应用。

## 报告人简介



张慧，男，博士，副研究员，硕导，主要从事加速器质谱技术与应用研究，2006 年内蒙古民族大学物理学专业毕业，2009 年吉林大学粒子物理与原子核物理硕士毕业，同年到黑龙江省科学院参加工作，从事辐射防护与同位素技术应用研究。2012 年 2013 年在加拿大阿尔伯塔大学做访问学者半年，2017 年中国原子能科学研究院粒子物理与原子核物理加速器质谱学博士毕业，同年到中国地质科学院水文地质环境地质研究所工作，从事加速器质谱应用研究。主持和参与国家、省、市、院级项目 17 项，发表论文 20 余篇，其中 SCI 5 篇（一作 3 篇），EI 3 篇，授权发明专利 3 项，注册核安全工程师，中国辐射防护学会电离辐射计量分会理事，黑龙江省核与辐射事故应急专家组专家，河北省、福建省环境影响评价与验收专家库专家（核与辐射）。

# 基于 Geant4 不同物理模型的空间辐射致航天员剂量模拟研究

闫聪冲

苏州大学

**摘要：**为研究执行深空探索任务的航天员受到的空间辐射情况，需要对空间辐射粒子输运过程进行精确模拟，本文针对 Geant4 工具包中三种物理列表应用于空间辐射粒子输运的可行性及适配性进行分析和探讨。本文采用空间辐射粒子能谱模型——O'Neill2010 作为空间辐射源，并基于 Geant4 的三种不同物理列表 QBBC、QBBC\_EMY 和 QGSP\_BERT\_EMY 进行模拟计算，分析 20 g/cm<sup>2</sup> 铝等效屏蔽厚度辐射防护条件下男性航天员体内次级粒子能谱以及皮肤的吸收剂量率。结果表明，QBBC\_EMY 物理列表更适合模拟空间辐射粒子输运过程。对于次级粒子——中子、质子和氦核，QBBC 和 QBBC\_EMY 在低能粒子部分表现较好，而高能粒子部分数据歧离大，QBBC\_EMY 相对较小；由于重离子能谱缺少数据，未能择选出适合模拟的物理列表。

## 报告人简介



闫聪冲，现为苏州大学苏州医学院放射医学与防护学院特聘副教授。2015 年 7 月毕业于清华大学工程物理系，获得核科学与技术工学博士学位。长期从事辐射剂量及防护相关研究工作。主要包括航天员太空旅行宇宙辐射风险评估研究、辐射剂量模拟计算、DNA 损伤模拟研究、肿瘤生长及对辐射的响应研究、低能粒子与材料相互作用截面计算、蒙特卡罗程序开发及相关应用、GPU 加速计算等方面研究。国内外发表学术论文 20 多篇，同时担任 NIMB、Physics in Medicine and Biology、Annals of Nuclear Energy 等期刊的审稿人，参与编写《载人航天放射医学》、《核与辐射事故医学救援与应急管理》、《中国大百科全书（核技术篇）》、《简明放射医学》等教材。

# 谱分析技术及其在食品放射性监测中的应用

拓飞

中国疾病预防控制中心辐射防护与核安全医学所

**摘要：目的：**谱分析技术具有重大的科学意义，在食品放射性污染监测领域具有重要的应用需求，本项目旨在做好全国食品中放射性污染监测技术支撑，保障监测的工作质量。**方法：**本项目率先建立了大体积 2L 马林杯干粉样品制备方法，系统开展了我国食品放射性污染监测体系研究，解决了我国食品中放射性核素传统测量方法耗时冗长、方法质控不统一、食品放射性核素基线数据以及风险评估方法不完善等问题，大幅提升了我国食品放射性预警与控制管理能力，形成了我国食品放射性污染监测关键技术支撑体系。**结果：**1) 建立了大体积 2L 马林杯干粉样品制备技术和流程，配套研发了对应的样品盒及测量支架，制备了相应生物基质的标准样品，解决了传统测量方法耗时冗长、方法质控不统一难题。2) 发展了核应急情况下食品放射性检测的新技术，为做好应急情况下食品中放射性监测评估提供了必要的技术储备。3) 构建了全国食品放射性核素监测系统和数据库，实现了数据的信息化管理，补充完善了我国食品中放射性核素基线数据。4) 探索了食物中放射性污染特征量化综合分析的手段，实现了食物中放射性核素污染的综合评价，解决了风险评价难以精准量化的难题。**结论：**项目在食品放射性监测谱分析技术方面做出了突破和创新，形成了我国食品放射性污染监测技术支撑体系，总体技术达到国际先进水平。

## 报告人简介



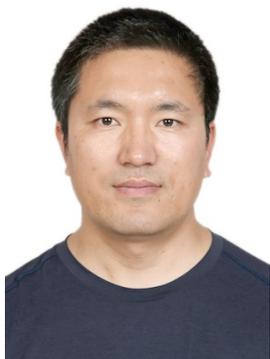
拓飞，中国疾病预防控制中心研究员，博士生导师。2003 年在兰州大学获得原子核物理与核技术学士学位，2008 年在兰州大学获得粒子物理与原子核物理博士学位。2008 年起在中国疾控中心辐射安全所工作，2015 年任辐射检测与评价室主任。主要从事能谱分析、食品和环境放射性监测等应用研究。任食品安全国家标准审评委员会放射性物质专业委员会委员、中央军委装备发展部军控核查技术专业组成员、《Radiation Medicine and Protection》编委等。以第一作者或通讯作者身份发表研究论文 40 余篇，获国家发明专利 8 项，起草颁布国家标准 3 项。

## 内蒙古地区饮用水和食品放射性水平监测概况

哈日巴拉  
内蒙古自治区疾控中心

**摘要：**对全区 12 个盟市 103 个旗县区的集中供水饮用水进行了放射性监测，取得了内蒙古地区饮用水中放射性水平的基本数据。通过内蒙古铀矿周围饮用水、土壤、牧草及草原五畜体内放射性核素的测量和分析研究取得了重要的研究成果，为政府部门提供有力的基础依据，为改善人民健康提供重要的基础数据。

### 报告人简介



哈日巴拉，博士，主任技师，科长，内蒙古自治区综合疾病预防控制中心，反恐怖工作专家人才库的特聘专家。在多个专业学会担任重要职务，包括内蒙古预防医学会放射卫生分会的主任委员，中华医学会放射医学与防护学分会的 11 届青委会委员，中华预防医学会放射卫生分会委员，以及中国卫生监督协会第二届放射卫生专业委员会委员。主持和参与了多项国家自然科学基金、内蒙古自然科学基金，以及内蒙古卫健委自然科学基金。此外，在国内外学术期刊上发表了 20 余篇学术论文，并获得了 5 项国家实用新型专利，在主编或副主编了 3 部专著。

# 中子俘获伽马能谱解谱技术在元素测井中的应用

兰长林

兰州大学核科学与技术学院

**摘要：**传统最小二乘法在元素俘获能谱测井解谱中存在相对产额解谱精度低的问题。本文从不同元素俘获伽马能谱之间的相关性入手，提出了一种基于元素群分析的中子俘获伽马能谱解谱方法。通过对不同元素谱形、特征峰道及本底之间的理论分析和数值计算，按照元素间相互影响程度构建主要元素群和辅助元素群，明确了不同元素解谱的先后顺序，在此基础上结合剥谱最小二乘法实现了基于元素群分析的中子俘获伽马能谱解谱方法。并对国内多批次井的 ECS 伽马能谱数据进行了产额求解，结果表明，该方法在一定程度上消除了元素之间的相互影响效应，可有效提高中子俘获伽马能谱的解谱精度，对不同类型储层也具有较好的普适性，同时为其他类型仪器的中子伽马能谱数据处理提供了重要的参考和借鉴意义。

## 报告人简介



兰长林，博士，兰州大学核科学与技术学院教授，博士研究生导师。从事实验核物理、中子应用技术和辐射探测研究工作。主持参与国家自然科学基金、科技部重大科技专项、国防科技重点实验室基金、省部级和横向合作科研项目 30 余项；发表学术论文 60 余篇；申请并授权国家发明专利、实用新型和软件著作权 16 项，作为主要完成人制定团体标准 2 项。元素俘获能谱测井方面工作得到了推广应用，取得了一定的社会效益。

# Enhancer RNA transcriptomics-wide association study reveals an atlas of pan-cancer susceptibility eRNAs

陈文燕  
深圳湾实验室

## Abstract

Increasing evidences have demonstrated that enhancer RNAs (eRNAs) play essential roles in human diseases. However, the full identification of disease-related subsets of eRNAs remains a major challenge. Here we construct an atlas of common and rare genetic variants influencing the expression of enhancer RNAs across 49 human tissues. We identify 11,757 eRNA quantitative trait loci (eRNA-QTLs) associated with the expression of 89.75% annotated eRNAs, with 28.48% of cancer variants being co-localized by eRNA-QTLs that significantly contribute to cancer heritability. We perform an eRNA transcriptome-wide association study (eTWAS) and identify 259 cancer susceptibility eRNAs for 23 cancer types and the majority of nearby target genes for these eRNAs are well-defined oncogenes. Interestingly, cancer risk can be significantly influenced by rare functional variants that are linked to eRNAs with transcriptomic outliers. Additionally, we develop a comprehensive and flexible data portal for exploring the genetic underpinnings of eRNAs. Overall, this study reveals a systematic landscape of genetic dependencies on eRNAs across pan-cancers and significantly expands the pool of disease-associated eRNAs.

## 报告人简介



陈文燕，深圳湾实验室博士后。2021 年在中科院营养与健康研究所取得博士学位。主要研究方向有：运用新的计算学方法，整合多种高通量组学大数据解析人类复杂疾病和性状的遗传和表观遗传的调控机理，以期识别潜在的可运用于临床实践的分子标记及治疗靶点。

# 类祖细胞耗竭 CD8+T 细胞与新辅 anti-PD1 治疗食管鳞癌中的完全应答相关

张雅茹  
温州医科大学

**摘要：**新辅助免疫检查点阻断 (NICB) 作为一种癌症治疗的新兴方法，在食管鳞癌治疗中展现出潜在的前景，其完全缓解/应答率高达 43%。然而，对于为何仅有部分患者对 NICB 产生完全缓解或缓解 (CR) 的因素仍不明确，同时迫切需要开发高效的疗效预测分子标志物。本研究针对一项 2 期临床试验中的 7 名食管鳞癌患者 (共 14 个样本) 进行了单细胞转录组测序，以研究 NICB 前后的肿瘤微环境。经过多层高质量数据筛选及质量验证，我们最终得到了 7 个主要细胞群，涵盖了 111,646 个细胞。通过差异分析、相关性分析、轨迹分析以及细胞-细胞互作分析等技术，本研究成功将食管鳞癌中耗竭 CD8+T 细胞的祖细胞表型与 NICB 治疗下的 CR 预测联系起来。此外，通过多重免疫组织化学、外周流式细胞术和前瞻性的 Bulk-RNA 队列的验证实验，我们发现这类祖细胞耗竭 CD8+T 细胞具有预测 NICB 疗效的能力，并且在预测上优于传统标志物，如肿瘤突变负荷 (TMB) 和程序性死亡配体-1 (PD-L1) 水平。泛癌数据分析进一步揭示了该细胞群在黑色素瘤、肺癌和膀胱癌等其他癌症中与免疫治疗应答相关。此外，我们的研究还揭示了该 CD8+T 细胞是如何通过调节巨噬细胞的促炎表型和 B 细胞的功能状态来增强 CD8+T 细胞的效应功能，并进一步促进抗肿瘤免疫。综上所述，本研究深入揭示了复杂肿瘤微环境在 NICB 对食管鳞癌有效应答中的作用，并成功发现类祖细胞耗竭 CD8+T 细胞作为 NIBC 的疗效预测标志物。这一发现为食管鳞癌患者个体化的免疫治疗提供了重要依据，也为其他癌症的治疗策略提供了新的思路。

## 报告人简介



张雅茹，温州医科大学眼视光、生物医学工程 2021 级博士研究生。主要研究方向包括单细胞分析及遗传、流行病学多个交叉领域，其中一作/共一文章发表在 *Ophthalmology*、*Bioinformatics* 以及 *Computational and Structural Biotechnology Journal*。曾获得浙江省生信学会“逐真杯”一等奖、校卓越奖学金等。目前主要通过多组学分析癌症治疗。微信公众号“一只细胞”以及 Bilibili“科研审美积累”运行者。

# CancerSCEM: A database of single-cell expression map across various human cancers

尚云飞  
北京基因组研究所

## Abstract

Whole-transcriptome mRNA sequencing at single cell resolution (scRNA-seq) is being widely applied to answer many essential questions in developmental biology, immunology, oncology, etc. Particularly with the proliferating studies of human cancers by scRNA-seq technique, massive cancer scRNA-seq datasets were exponentially exploded in the past decade which are calling for a burning demand to be integrated and processed for essential investigations in tumor microenvironment and further comprehensive comparative analysis. To achieve this goal, we developed a database of Cancer Single-cell Expression Map (CancerSCEM, <https://ngdc.cnbc.ac.cn/cancerscem>), which consists of 208 cancer samples across 20 human cancer types. A series of uniform and multiscale analyses for each sample were performed, including cell type annotation, expression of functional genes (oncogenes, tumor suppressor genes and widely-used immune checkpoint molecules), cell interaction network, survival analysis and etc. Plus, CancerSCEM was visualized as a user-friendly web interface for users to browse, search, analyze and download all metadata as well as analytical results. More importantly, the newly-constructed comprehensive online analyzing platform in CancerSCEM integrates two analyze modules and seven functions, where investigators can interactively perform cancer scRNA-seq analyses. For example, users can acquire the gene's global expression pattern in a specific sample and rapidly find out cell types that contribute the highest expressions by Gene analyzing module. While in Sample analyzing module, an interaction network for each sample will be visualized indicating cell subsets as key mediators of cellular cross-talk in the specific tumor microenvironment, guiding users to further investigate their underlying biological roles. Taken together, CancerSCEM paved an informative and practical way to facilitate human cancer studies, and also provided insights into clinical therapy assessments.

## 报告人简介



尚云飞，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）的博士二年级学生，导师是肖景发研究员，本科毕业于哈尔滨医科大学，专业是生物信息学。主要研究方向是泛癌的单细胞转录组的相关研究、数据库和算法开发。目前以第一作者身份在 *Nucleic Acids Research* 发表论文两篇，*Briefings in Bioinformatics* 发表论文一篇。非第一作者身份发表论文 3 篇。

# A chromosome-level genome assembly provides insights into *Cornus wilsoniana* evolution and oil biosynthesis

晁好瑜  
浙江大学

## Abstract

*Cornus wilsoniana* is an important woody oil plant in China, with high oil content and medicinal value. To elucidate the genomic composition and evolutionary history of *C. wilsoniana*, we employed PacBio and Hi-C technologies to generate the first high-quality chromosome-level genome assembly of this species. The assembled genome size was 843 Mb, with N50 contig size of 4.49 Mb and total predicted gene number of 30,474. Comparative genomics analysis revealed that *C. wilsoniana* diverged from other families approximately 106 million years ago, forming a unique *Cornus* genus, and underwent two whole genome duplication events in the Mid-Cretaceous. Furthermore, through transcriptomics and metabolomics, we identified key genes and pathways involved in oil biosynthesis in fruit and floral bud development of *C. wilsoniana*. This provides valuable resources for understanding the evolutionary history and molecular mechanisms governing important agronomic traits in *C. wilsoniana*.

## 报告人简介



晁 (cháo) 好瑜，来自浙江大学生命科学学院生物信息学系陈铭教授课题组，目前直博二年级，主要的研究方向是植物基因组学、水稻的多组学分析、以及生物信息学组学分析工具的开发。目前以第一或通讯作者发表 4 篇 SCI 论文，参与发表 5 篇 SCI 论文。今天给大家带来的汇报是有关光皮枧 (lái) 木的基因组组装和进化历史的解析工作。

# Systematic characterization of the expression patterns of TE/CE lncRNAs across normal and cancer tissues

徐康  
哈尔滨医科大学

## Abstract

Long noncoding RNAs (lncRNAs) have emerged as significant players in gene function and regulation. The precise regulatory effectiveness of lncRNA is closely associated with spatial expression patterns across tissues and cells. Here, we systematic characterization of the expression patterns of TE/CE lncRNAs across normal and cancer tissues, including 5 major bulk transcriptomic datasets and 181 single-cell transcriptomic datasets. Firstly, we found the lncRNA transcriptomes exhibited high consistency within the same tissues across resources. Moreover, TE lncRNAs also tend to be associated with cancer, and exhibited differential expression or were correlated with patient survival. Next, in order to explore the regulatory mechanisms of these TE lncRNAs in normal and disease, we collected multi-tissue m6A RNA methylated data, and we found that TE lncRNA tend to be modified by m6A. Analysis of the m6A-modified TE lncRNAs across cancers reveal that the m6A-modified TE lncRNAs were closely related to the prognosis of patients. To provide a comprehensive spatial atlas of expression for lncRNA, we propose LncSpA (<http://bio-bigdata.hrbmu.edu.cn/LncSpA>) to explore tissue-elevated (TE) lncRNA across human normal and adult and pediatric cancer tissues. Finally, we propose the Cellular-Elevated LncRNA (LncCE, <http://bio-bigdata.hrbmu.edu.cn/LncCE>) to explore cellular-elevated (CE) lncRNAs across normal and cancer tissues in single cells. In summary, our results revealed that TE/CE lncRNAs may be novel potential biomarkers for digagnosis and prognosis of patient, and could help the research community to understand the biological function of lncRNA in cells, tissues and tumorigenesis.

## 报告人简介



徐康，哈尔滨医科大学，生物信息科学与技术学院，生物医学工程 2021 级博士研究生。主要研究方向为 lncRNA，癌症及表观遗传学，其中一作/共一文章发表在《Molecular Cancer》，《Cancer Research》，《Briefings in Bioinformatics》等杂志。今天给大家带来的是已发表以及待发表的整合工作，系统刻画人类正常和癌症组织中 TE/CE lncRNA 的表达模式。

# Detection of Islet Autoantibodies Using Glass Capillary Nanopore

白贇  
东南大学

## Abstract

**Background:** Diabetes mellitus is a frequent endocrine disease in clinic. The early diagnosis and classification are of great significance for its treatment and prognosis. Anti-glutamic acid decarboxylase antibody (GADA) is recognized as a biomarker of value for clinical diagnosis and prognostication in type 1 diabetes (T1D). Therefore, the development of rapid detection methods for GADA is of great value. Single molecule detection based on nanopore technology is a very promising approach for medical diagnostics, drug therapy and even DNA sequencing. Compared with other biological nanopores and solid-state nanopores, the glass capillary nanopore has low cost, easy availability and stable mechanical characteristics. In the present study, we demonstrate the potential of glass nanopore technology in the detection of GADA in vitro that may contribute to the development of early clinical diagnosis of diabetes.

**Methods:** Glass nanopores were all fabricated by pulling method using a CO<sub>2</sub> laser based micropipette puller. Proteins diluted with a high concentration of ionic solution were then injected into the nanotube. The current was collected by applying potential between the Ag/AgCl electrode inside the glass capillary nanopore and the external Ag/AgCl reference electrode. A recognizable pulse signal is generated when the protein translocates through the nanopore.

**Results:** The ion currents of GADA and GADA-GAD immune complexes were recorded separately and all characteristic events were extracted and drawn as scatter plot. Two characteristics of dwell time and  $\Delta I$  become the key to distinguish the signals of different proteins. Due to a larger diameter, the relative signal amplitude of the GADA-GAD complexes is significantly higher than that of GADA.

**Conclusion:** Translocation current event analysis results show that our glass nanopore device has the ability to distinguish GADA and GADA-GAD complexes, which is helpful to develop a rapid identification detection method for GADA in patient serum samples. The development of glass nanopore technology shown in our study, could bring a useful tool in the early diagnosis of type I diabetes.

## 报告人简介



白贇, 东南大学生命科学与技术学院生物学专业研究生, 本科就读于东南大学医学院生物工程专业, 目前在东南大学李健教授课题组参与固态纳米孔方向的研究工作, 参与制定了团体标准 T/C1085-2022 《便携式纳米孔测序数据的获取、处理、传输、存储与分析的技术标准》。

# scPlantDB: a comprehensive database for exploring cell types and markers of plant cell atlases

罗语婷  
南京大学

## Abstract

Recent advancements in single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) technology have enabled the comprehensive profiling of gene expression patterns at the single-cell level, offering unprecedented insights into cellular diversity and heterogeneity within plant tissues. In this study, we present a systematic approach to construct a plant single-cell database, scPlantDB, which is publicly available at <https://biobigdata.nju.edu.cn/scplantdb>. We integrated single-cell transcriptomic profiles from 67 high-quality datasets across 17 plant species, comprising approximately 2.5 million cells. The data underwent rigorous collection, manual curation, strict quality control, and standardized processing from public databases. scPlantDB offers interactive visualization of gene expression at the single-cell level, facilitating the exploration of both single-dataset and multiple-dataset analyses. It enables systematic comparison and functional annotation of markers across diverse cell types and species while providing tools to identify and compare cell types based on these markers. In summary, scPlantDB serves as a comprehensive database for investigating cell types and markers within plant cell atlases. It is a valuable resource for the plant research community.

## 报告人简介



罗语婷，南京大学生命科学学院 2022 级硕士研究生，本科毕业于山东大学生物技术专业，来自生物信息学方向陈迪俊老师课题组。主要研究方向为单细胞组学数据挖掘。今天给大家带来的汇报是待发表的工作，植物单细胞组学多功能的数据库 scPlantDB。

# Construction of HLA-presented immunopeptidome from non-coding regions

吕德重  
哈尔滨医科大学

## Abstract

lncRNAs are not only well-known as non-coding elements but also serve as templates for peptide translation, playing important roles in fundamental cellular processes and diseases. Meanwhile, lncRNA-encoded peptides can also engage the immune system against tumor cells, thus exploring peptides derived from non-coding regions is emerging as a fascinating field in cancer immunotherapies. First, we document peptides encoded lncRNAs and integrate six types of direct and indirect evidence supporting the coding potential of lncRNAs. Publicly available mass spectrometry-based HLA immunopeptidome datasets are reanalyzed against our integrated benchmarked non-canonical open reading frame information. Ultimately, we identified 245,870 non-canonical epitopes binding to HLA-I/II allotypes across 15 cancer types and 30 non-cancerous tissues, greatly expanding the cancer immunopeptidome. Moreover, we further evaluate the immunogenicity via several commonly used immunogenic features, including HLA binding affinity, stability and T-cell receptor recognition. Overall, Our works greatly extend the cancer immunopeptidome, investigating the immunogenic capacity of lncRNA-encoded and non-canonical peptides and their potential as therapeutic cancer vaccines.

## 报告人简介



吕德重，男，汉族，目前就读于哈尔滨医科大学，李霞老师团队中的一员，导师是生物信息科学与技术学院徐娟教授。硕士期间主要研究 lncRNA 在不同组织中的空间表达，识别了组织表达增强的 lncRNA，同时识别了 lncRNA 及非编码区域翻译的免疫肽，并搭建了相应的平台。2021 年申请硕博连读，目前研究方向为 HLA 呈递表位算法开发，旨在提升 HLA 呈递表位的识别准确度。

# 基于全长 scRNA-seq 数据对增强子 RNA 的系统分析

戎浩

宁波大学

**摘要:** 增强子 RNA (enhancer RNA, eRNA) 是一类从活化的增强子区域中转录而来的非编码 RNA。近年来的研究表明, eRNA 的表达水平尽管较低, 但特异性强, 且通过多种分子机制调节靶基因的功能和活性, 从而在各种生物过程中起着重要作用 [1]。目前, 基于 bulk RNA-seq 等组学数据, 已有多个研究对癌症相关 eRNA 进行了系统地挖掘和分析, 但很少从单细胞水平反映 eRNA 的表达情况。因此, eRNA 在各生物过程中的单细胞转录图谱仍然有待进一步研究。我们首先通过多个数据库整合了 eRNAs 集合, 其中包含 93347 个人 eRNAs 和 104656 个鼠 eRNAs。与 lncRNA 和 mRNA 的保守性相比, eRNA 的保守性最低, 这表明 eRNA 具有高度的物种多样性。接下来, 我们评估了不同测序方法对 eRNAs 检测能力, 发现全长 scRNA-seq 检测 eRNA 表达的能力与 polyA+ RNA-seq 和 C1 CAGE 单细胞测序技术相当 (这两种方法在多个 eRNA 研究中被证实是有效的检测手段)。因此我们从 GEO、Single Cell PORTAL 和 Single Cell Expression Atlas 整理和下载了 187 套全长 scRNA-seq 测序数据, 经过质量控制后共获得 184329 个细胞 (人: 44605, 鼠: 139724), 涵盖 44 种不同的人 and 鼠组织或者细胞类型, eRNAs 在这些组织和细胞中呈现了很强的特异性。我们还绘制了胚胎细胞、脑部组织、癌症组织中 eRNAs 特异性表达图谱。同时发现了不同细胞中特异性表达的 eRNAs, 可以作为细胞分型的依据, 确定了这些 eRNAs 在特定生物过程中发挥的作用。我们的研究为了解 eRNA 在单细胞水平上的分子功能和调控机制提供重要线索。

## 报告人简介



戎浩, 男, 汉族, 研究方向为生物信息学, 在校期间发表多篇 SCI。曾获 2022 年博士二等学业奖学金; 2021 年宁波市学术节获得学术之星铜奖; 2021 年博士研究生国奖; 2021 年博士一等学业奖学金; 2020 年浙江省生物信息学会优秀研究生论文; 2020 年宁波大学优秀研究生学位论文; 2018 年-2020 年研究生二等奖学金; 2019 年宁波市学术节获得学术之星铜奖。公开发表学术论文多篇。

# Identification of cell-type active CTCF binding sites using machine learning-based

## methods

柴璐

内蒙古大学

### Abstract

The transcription factor (TF) CTCF is a highly conserved zinc finger protein and its binding on the human genome affects numerous regulatory functions, including the regulation of chromatin structure, transcription and gene expression. Based on the ChIP-seq data of 67 cell lines from the ENCODE project, the dataset of cell-type active CTCF binding sites was constructed. By using chromatin accessibility, DNA motif, histone modifications and the binding signals of RAD21 and SMC3, we used convolutional neural network (CNN) and support vector machine (SVM) to identify active binding sites of CTCF in a specific cell type. Using the CNN model, the area under the curve of receiver operating characteristic (AUC) values based on chromatin accessibility are greater than 0.850 in 37 cell lines, and the maximum value reaches 0.950. The AUC values based on the binding signals of RAD21 and SMC3 was between 0.881 and 0.934 in 4 cell lines. By integrating chromatin accessibility, the binding signals of RAD21 and SMC3, the AUC values can achieve 0.948 and 0.906 when applying the CNN and SVM models in 4 cell lines. The results indicated that chromatin accessibility, the binding signals of RAD21 and SMC3 have stronger power for predicting cell-type active CTCF binding sites, while DNA motifs and histone modification signals contributed less to the recognition of these sites. This study may provide clues to understand the regulatory function of CTCF related to chromatin accessibility and histone modifications and displays the significant interaction mechanism between CTCF, RAD21 and SMC3.

### 报告人简介



柴露，内蒙古大学物理科学与技术学院，博士一年级。2015.09 至 2019.07，内蒙古民族大学本科；2019.09 至 2022.07，内蒙古大学物理学专业硕士；2023.09 至今，内蒙古大学物理学专业博士，师从张利绒老师和王勇老师。主要研究方向为基于机器学习方法探究转录因子与 DNA 的结合机制，以及探究单核苷酸变异对转录因子结合的影响。旨在基于 DNA 序列分析转录因子结合状态和基因表达对生物表型的调控机制。在内蒙古大学学报上分别以第一作者和第二作者发表论文两篇，在 Briefings in Bioinformatics 上以第三作者发表论文一篇。

## InsectBase 2.0: a comprehensive gene resource for insects

汤沈杨  
浙江大学

### Abstract

Insects are the largest group of animals on the planet and have a huge impact on human life by providing resources, transmitting diseases, and damaging agricultural crop production. Recently, a large amount of insect genome and gene data has been generated. A comprehensive database is highly desirable for managing, sharing, and mining these resources. Here, we present an updated database, InsectBase 2.0 (<http://v2.insect-genome.com/>), covering 815 insect genomes, 25 805 transcriptomes and >16 million genes, including 15 045 111 coding sequences, 3 436 022 3 UTRs, 4 345 664 5 UTRs, 112 162 miRNAs and 1 293 430 lncRNAs. In addition, we used an in-house standard pipeline to annotate 1 434 653 genes belonging to 164 gene families; 215 986 potential horizontally transferred genes; and 419 KEGG pathways. Web services such as BLAST, JBrowse2 and Synteny Viewer are provided for searching and visualization. InsectBase 2.0 serves as a valuable platform for entomologists and researchers in the related communities of animal evolution and invertebrate comparative genomics.

### 报告人简介



汤沈杨，2020 年获浙江大学农学学士学位，目前于浙江大学农业与生物技术学院昆虫科学研究所攻读生物信息学博士学位。主要研究领域为生物信息学、昆虫基因组学、昆虫非编码 RNA 信息学等。截至目前，在 *Nucleic Acids Research* 等期刊发表论文 4 篇，拥有 2 项发明专利。

# The mechanism of tRNA derived fragment tRF-28 regulatory network in the occurrence of gastric cancer and the diagnostic value analysis

俞秀冲

宁波大学附属第一医院

## Abstract

Gastric cancer ranks fourth in the world's cancer-related deaths, and it also seriously threatens the national health of China. The current focus of gastric cancer research is to find stable and effective early diagnostic markers and reveal the pathogenesis of gastric cancer. tRNA-derived fragment (tRF) is a newly discovered regulatory non-coding RNA, which plays an important role in tumor diagnosis and treatment. The stable existence of tRF in body fluid makes it advantageous as a new biomarker of gastric cancer. At present, the research on tumor-related tRF is still in the initial stage of data accumulation, and little is known about which target genes and signal pathways are regulated by tRF. This study screened a new molecule tRF-28-ZJ47D112Z4DZ (tRF-28) related to gastric cancer. The specific detection system and absolute quantitative method in plasma were established, and found that tRF-28 has potential early diagnostic value in gastric cancer; Bioinformatics methods were used to analyze the function and pathway of tRF-28 target gene enrichment, predicted the target gene CCND1 (Cyclin D1) and cell cycle signal pathway Cyclin D1/CDK4; It can also affect the proliferation, cloning ability, cell cycle, invasion, migration and apoptosis of gastric cancer cells through the target gene CCND1. To clarify the role and specific molecular mechanism of tRF-28 in gastric cancer, we proposed the scientific hypothesis based on a series of research and literature: tRF-28 may combine with Ago2 protein to form a complex, and binding at the 3' UTR of CCND1 negatively regulates the expression of cyclin D1 and CDK4 and other key proteins, thus inhibiting the proliferation of gastric cancer cell. This study will provide new clues for finding potential early diagnostic markers and therapeutic targets of gastric cancer.

## 报告人简介



俞秀冲，生物医学信息处理专业博士，研究方向为非编码 RNA 调控网络在胃癌发病中的作用和机制研究。以第一作者发表非编码 RNA 在胃癌中诊断或作用机制的论文 7 篇，鉴定了多个有潜力的胃癌新型标志物并明确了它们的作用机制。其中以第一作者发表“Theranostics. 2021”，中科院 1 区，IF: 11.6，ESI 高被引论文和“International Journal of Molecular Sciences. 2023”，中科院 2 区，IF: 6.208 各 1 篇。以排名第三获得 2021 年度宁波市科学技术进步奖三等奖。主持浙江省医药卫生项目 2 项和主持宁波市自然科学基金 2 项。

# scMoVe: single cell multi-omics latent vector field infers cell developmental trajectories

陈俞皓  
浙江大学

## Abstract

With the emergence of single-cell atlas that captures both gene expression and chromatin accessibility in the cell developing population, reconstruction of congruent cellular trajectories from diverse modalities has become a challenging task. To capture unified representations of intrinsic dynamics from different omics profiles, we present scMoVe, a deep generative model to estimate low dimensional latent vector field that governs cell multi-omics dynamics. We highlight scMoVe's power to overcome the limitations of traditional splicing-based RNA velocity models in single cell transcriptome to enable learning neural ordinary differential equations that govern the dynamics of cell lineage in latent data manifold.

## 报告人简介



陈俞皓，来自浙江大学生命科学学院生物信息学系陈铭教授课题组，目前直博三年级，主要的研究方向是细胞发育的动力学模型，单细胞多组学分析和深度学习算法开发。

# TWAS Atlas: a curated knowledgebase of transcriptome-wide association studies

麦嘉琳

北京基因组研究所

## Abstract

Transcriptome-wide association studies (TWASs), as a practical and prevalent approach for detecting the associations between genetically regulated genes and traits, are now leading to a better understanding of the complex mechanisms of genetic variants in regulating various diseases and traits. Despite the ever-increasing TWAS outputs, there is still a lack of databases curating massive public TWAS information and knowledge. To fill this gap, here we present TWAS Atlas (<https://ngdc.cnbc.ac.cn/twas/>), an integrated knowledgebase of TWAS findings manually curated from extensive literature. In the current implementation, TWAS Atlas collects 401,266 high-quality human gene-trait associations from 200 publications, covering 22,247 genes and 257 traits across 135 tissue types. In particular, an interactive knowledge graph of the collected gene-trait associations is constructed together with single nucleotide polymorphism (SNP)-gene associations to build up comprehensive regulatory networks at multi-omics levels. In addition, TWAS Atlas, as a user-friendly web interface, efficiently enables users to browse, search and download all association information, relevant research metadata and annotation information of interest. Taken together, TWAS Atlas is of great value for promoting the utility and availability of TWAS results in explaining the complex genetic basis as well as providing new insights for human health and disease research.

## 报告人简介



麦嘉琳，中国科学院北京基因组研究所硕士在读研究生，专业为生物信息学。研究方向主要是生物信息数据库构建和转录组学关联分析。研究生期间主要参与的课题包括全转录组关联分析知识数据库构建、核小体图谱数据库构建等。发表论文《TWAS Atlas: a curated knowledgebase of transcriptome-wide association studies》(共一作者, Nucleic Acids Research, 2022,IF:19.160); 《CancerSCEM: a database of single-cell expression map across various human cancers》(第四作者, Nucleic Acids Research, 2022,IF:19.160)。本科就读于华南农业大学，专业为动物医学。

# Integrated multiomics data analysis reveals cancer immune related oncogenous pathway

周伟伟  
哈尔滨医科大学

## Abstract

Single-cell transcriptome has enabled the transcriptional profiling of thousands of immune cells in cancers. How to accurately annotate cell types is a key issue. Besides, RNA-binding proteins (RBPs) are key players of gene expression and perturbations of RBP-RNA regulatory network have been observed in various cancer types. However, there is still a lack of computational methods to comprehensively identify the critical RBP regulators based on single cell RNA-Seq (scRNA-seq) data. Therefore, we firstly introduce ImmCluster for immunology cell type clustering and annotation by manually curating reliable marker genes and integrating over 1,068,000 immune cells from all available data. Further, we propose a computational method, RBPreg, to identify the RBP regulators by integration of scRNA-seq and RBP binding data. Pan-cancer analysis revealed an oncogenic RBP-HNRNPK, which is highly expressed in tumors and associated with poor prognosis of patients. Functional assays performed in cancer cells reveal that HNRNPK promotes cancer cell proliferation, migration, and invasion in vitro and in vivo. In summary, ImmCluster is a valuable resource for analysing cellular heterogeneity in cancer microenvironments. And we deciphered an oncogenic RBP-HNRNPK, which can promote cancer cell proliferation, migration, and invasion in cancer, yielding potential biomarkers for precision medicine.

## 报告人简介



周伟伟, 哈尔滨医科大学生物医学工程博士研究生, 曾获得 Math-orCup 国家二等奖、哈尔滨医科大学优秀毕业生等。主要研究方向为癌症免疫调控、单细胞与空间转录组解析肿瘤微环境及特异性调控。以(共同)一作在 Nature Communications、Nucleic Acids Research、Scientific Data、Communications Biology 等杂志共发表 9 篇文章。

# A chromosome-level assembly of the harlequin ladybird *Harmonia axyridis* as a genomic resource to study beetle and invasion biology

肖以琪  
浙江大学

## Abstract

The harlequin ladybird, *Harmonia axyridis* (Pallas), is a well-known model organism for genetic studies and is also a well-studied natural enemy used for pest control. It became an invasive species after being introduced to North America and Europe as a pest control agent. Though two genome assemblies for this insect have been previously reported, a high-quality genome assembly at the chromosome level is still not available. Here, we obtained a new chromosome-level genome assembly of *H. axyridis* by combining various sequencing technologies, namely Illumina short reads, PacBio long reads, 10X Genomics and Hi-C. The chromosome-level genome assembly is 423 Mb with a scaffold N50 of 45.92 Mb. Using Hi-C data 1,897 scaffolds were anchored to eight chromosomes. A total of 730,068 repeat sequences were identified, making up 51.2% of the assembled genome. After masking these repeat sequences, we annotated 22,810 protein-encoding genes. The X chromosome and Y-linked scaffolds were also identified by resequencing male and female genomes and calculating the male to female coverage ratios. Two gene families associated with environmental adaptation, odorant receptor and cytochrome P450, were analysed and showed no obvious expansion in *H. axyridis*. We successfully constructed a putative biosynthesis pathway of harmonine, a defence compound in the haemolymph of *H. axyridis*, which is a key factor for *H. axyridis* strong immunity. The chromosome-level genome assembly of *H. axyridis* is a helpful resource for studies of beetle biology and invasive biology.

## 报告人简介



肖以琪，四川省成都人，中国共青团员。2022年获中国农业大学农学学士学位，目前于浙江大学农业与生物技术学院昆虫科学研究所攻读硕士学位。主要研究领域为昆虫基因组学、昆虫分子生物学等。

## 部分参会人员信息

白贇	东南大学
薄素玲	内蒙古医科大学
蔡禄	内蒙古科技大学
曹广硕	南京大学
柴露	内蒙古大学
晁好瑜	浙江大学
陈迪俊	南京大学
陈铭	浙江大学
陈颖丽	内蒙古大学
陈俞皓	浙江大学
丁维龙	浙江工业大学
多乐	呼伦贝尔市农牧科学研究所
冯聪	浙江大学
郭俊明	宁波大学
赫兆辉	南京大学
胡斯乐	内蒙古民族大学
黄金艳	浙江大学
黄小平	杭州师范大学
蒋杭进	浙江大学
李凤敏	内蒙古农业大学
李娜	中国科学院西北生态环境资源研究院
李瑞芳	内蒙古师范大学
李自立	湖州师范学院
丽春	内蒙古民族大学
廖奇	宁波大学
刘庆坡	浙江农林大学
卢凯燕	南京大学
罗保华	呼伦贝尔市农牧科学研究所
罗语婷	南京大学

吕新宇	西安交通大学
麦嘉琳	中国科学院北京基因组研究所
蒙古夫	内蒙古民族大学
牛中明	安徽大学
戚向东	内蒙古华文科技信息有限公司
钱东斌	中国科学院近代物理研究所
尚云飞	北京基因组研究所
沈以	浙江大学
史悦彤	内蒙古大学
陶英	内蒙古华文科技信息有限公司
邬开俊	兰州交通大学
吴江鸿	内蒙古民族大学
吴晓强	内蒙古民族大学
肖丙秀	宁波大学
邢永强	内蒙古科技大学
薛丰	帝斯曼-芬美意动物营养与保健部
闫聪冲	苏州大学
俞秀冲	宁波大学附属第一医院
张晨露	南京大学
张春友	内蒙古民族大学
张东旭	厦门大学
张慧	中国地质科学院水文地质环境地质研所
张利绒	内蒙古大学
张文广	内蒙古农业大学
张月蕾	南京大学
赵维娟	郑州大学
周欣恺	南京大学
左永春	内蒙古大学