

前瞻研究实验室生物信息学研究组

2010 年年中学术交流报告

时间: 2010 年 06 月 24 日(周四) 上午 9:00~12:00 下午 14:00~17:00

地点: 计算所 4 层 446 # 会议室

学术报告安排:

三维电镜重构:

报告一 报告人--万晓华

报告题目: 电子断层三维重构算法优化研究 (Optimization research for 3D reconstruction algorithm of electron tomography)

报告二 报告人--王功明

报告题目: 球坐标系下对称分子三维重构研究 (The three-dimensional reconstruction study for symmetrical molecules in spherical coordinate system)

复杂生物网络分析:

报告三 报告人--廖奇

报告题目: 基于双色共表达网络对长非编码 RNA 的功能预测 (Large-scale prediction of long noncoding RNA functions in a coding-noncoding gene co-expression network)

报告四 报告人--赵国光

报告题目: 使用 Hadoop 架构分析 Metagenomics 高通量数据 (High Throughput Metagenomics Data Analysis Based on Hadoop Framework)

蛋白结构预测:

报告五 报告人--邵明富 袁雄鹰

报告题目: Shortcuts 与 Profile 条件随机场: 蛋白质结构预测新算法 (Shortcuts and profile conditional random field: two strategies to boost protein structure prediction)

报告六 报告人--张海仓

报告题目: 人际接触网络对艾滋病/肺结核流行趋势影响之研究 (Understanding the effects of human contact network structure on HIV/TB prevalence)

蛋白质谱鉴定:

报告七 报告人--迟浩

报告题目: 基于高精度 HCD 串联质谱的肽段从头测序 (De Novo Peptide Sequencing Using HCD data)

报告八 报告人--王文平

报告题目: 基于千核集群的 pFind 加速技术研究 (Research on the acceleration of pFind based on cluster of hundreds of processors)

报告九 报告人--张生辉

报告题目: Peak Selection in Peptide Identification

注: 每个报告约半小时, 讨论约十分钟

每个报告将由参会师生进行评分, 最后选出最佳报告

本次报告会是生物信息组本年度的一次大型学术活动, 旨在增进互相了解, 增强学术交流

希望生物信息组全体师生都积极参与

也欢迎所内感兴趣的老师同学旁听