



第一届亚太植物表型国际会议

尊敬的_____先生/女士，您好！

第一届亚太植物表型国际会议将于2016年10月在北京召开。

会议通知

过去20年来，随着技术的发展，多种植物的全基因组测序已经完成，但对这些基因组进行解析的难度要远远大于测序的难度，多数基因的功能暂时还不清楚。在农业育种上所关心的核心问题——性状（Trait）也就是表型（Phenotype）——由于受到基因和环境的双重影响，更是难以进行可重复的精确测量。植物表型研究成为制约植物功能基因组学和分子育种发展的瓶颈。

随着高通量植物表型测量技术的快速发展，越来越多的研究人员和育种家开始采用这一新兴的技术进行研究。植物表型组学时代已经来临！植物表型组学是一个跨学科的研究领域，它必须与基因组学、生物信息学、大数据计算相结合才能更好的为育种服务。由国际植物表型组织（IPPN）、欧盟植物表型组织（EPPN）和德国植物表型组织（DPPN）联合进行的一项调查表明，田间表型、数据管理、费用、根系表型、非生物胁迫、行业标准、技术限制、生物信息学、通量等是制约植物表型组学发展的主要问题。然而，随着各项相关技术的快速发展，相关瓶颈在未来2 - 3年内将会取得突破。

近年来，国外组织了一系列以植物表型为主题的学术会议，如第1、2、3届国际植物表型研讨会（International Plant Phenotyping Symposium）分别于2009年、2011年和2014年在澳大利亚、德国和印度召开，在国际植物学界产生了重要影响；在著名的每年一度的动植物基因组大会（Plant & Animal Genomics Conference，美国圣迭戈）上，植物表型组学亦成为一个重要的议题。

放眼世界，亚太地区的人口总数占到全球人口的一半，如此众多的人口为农业生产带来巨大挑战，但是至今尚没有一个面向亚太地区的国际性植物表型会议召开。本次亚太植物表型国际会议的召开将填补这一空白，极大地促进亚太地区植物表型研究的快速发展。

会议的举办地点北京，既是中国的政治中心，也是著名的文化中心和国际交流中心。雄伟的长城、庄严的故宫、美丽的颐和园、现代化的都市景观、古老的文化以及中国人民的热情好客都将给您留下美好的回忆。

我们相信，有了您的热情参与，大会必将圆满成功！

期待金秋时节与您相会北京！

会议名称：第一届亚太植物表型国际会议

会议时间：2016+年10月20-21日

会议地点：北京

组委会

组织委员会（按姓氏字母排序）

范云六，中国工程院院士，中国农业科学院生物技术研究所

郭威，东京大学

韩志国，慧诺瑞德（北京）科技有限公司

Grégoire HUMMEL, PhenoSpex BV
王喜庆, 中国农业大学
张春义, 中国农业科学院生物技术研究所

学术委员会（按姓氏字母排序）

郭 威, 东京大学
Seishi NINOMIYA, 东京大学
王喜庆, 中国农业大学
张春义, 中国农业科学院生物技术研究所
朱新广, 中国科学院上海生命科学研究院计算生物学研究所

会议日程

详细会议日程将在2016年9月发布，敬请期待。

10月19日，星期三 14:00-18:00	登记和资料袋发放 墙报粘贴、展台搭建
10月20日，星期四	大会第1天
上午	大会报告: 开幕式 大会报告 1 大会报告 2 茶歇@展览区和墙报区 大会报告 3 大会报告 4
中午	午餐，展览和墙报展示
下午	Session 1 大会报告 5 学术报告 茶歇@展览区和墙报区 学术报告 展览和墙报展示
10月21日，星期五	大会第2天
上午	Session 2 大会报告 6 学术报告 茶歇@展览区和墙报区 学术报告

中午	午餐, 展览和墙报展示
下午	Session 3 大会报告 7 学术报告 茶歇@展览区和墙报区 学术报告 会议闭幕

会议嘉宾

主讲嘉宾 (按姓氏字母排序)





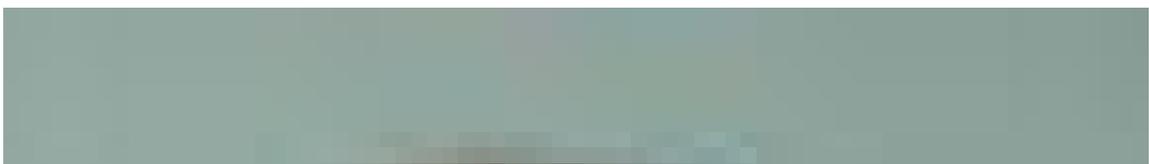
Thomas ALTMANN, 博士, 教授, 德国莱布尼茨植物遗传和作物研究所 (IPK)

Altmann教授是IPK在德国植物表型组织 (DPPN) 的联系人, 擅长高通量植物表型研究和分子遗传研究。他是IPK分子遗传学部门的主管, 建立了几个高通量植物表型平台, 研究植物生长的基因功能和控制过程, 以及主要作物的杂种优势研究。Altmann教授曾任职于Golm的马普学会分子植物生理研究所, 领导一个植物功能基因组学研究组, 将基因表达谱与蛋白组学和代谢组学结合起来揭示拟南芥基因的功能和代谢控制。



Menachem MOSHELION, 博士, 教授, 以色列希伯来大学

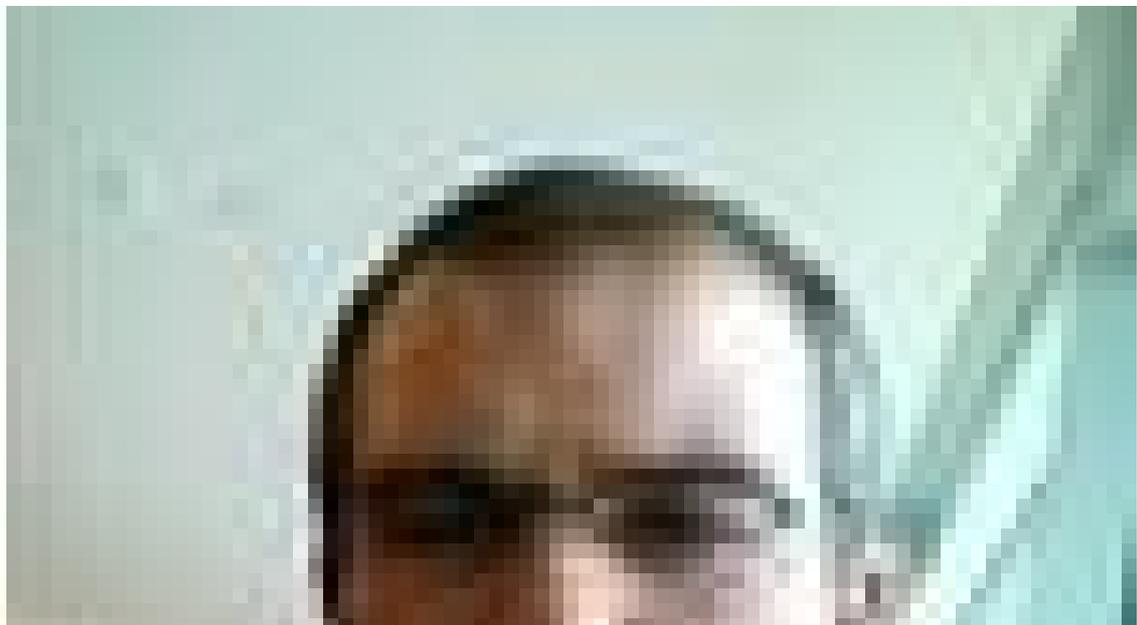
Moshelion教授是一位分子植物生理学家, 主要研究在正常和非生物胁迫环境下控制整株植物水分利用效率、叶片水分动态和作物产量的分子和细胞机理。Moshelion教授目前主要研究: 1) 茄科植物水通道蛋白在改善植物活力、非生物胁迫耐受性和提高产量上的作用; 2) 整株植物高通量生理表型平台的开发; 3) 建立扫描森林植物幼苗耐旱性和水分利用效率的定量标准; 4) C3植物的维管束鞘细胞作为植物抵抗栓塞的第一道防线和胁迫诱导的ABA信号的作用。

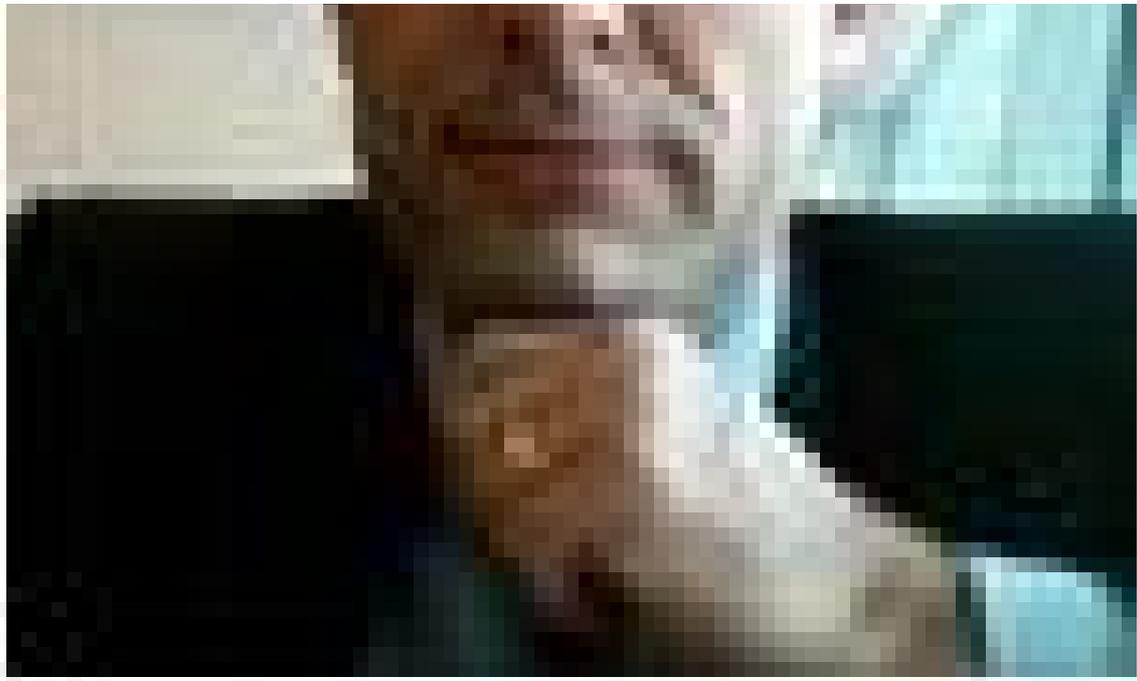




二宫正士，博士，教授，东京大学

二宫正士教授1982年毕业于日本东京大学并获得农学博士学位。留校任教后至今，曾任日本农林水产省农业研究中心上席研究官，农林水产省农业IT研究推进负责人，日本中央农业研究机构研究管理监，亚洲农业信息技术联盟主席等职务，现任日本东京大学教授，附属生态调和农学机构副机构长，日本信息农学会会长，日本育种学会役員。二宫教授的主要研究方向为育种学，农业ICT，表型组学，信息与图像处理技术，机器学习，模式识别。二宫教授作为日本农业IT技术研究的先驱者和开拓者，多年来为国际农业与生物系统工程学会(CIGR)，亚洲太平洋高度网络协议会(APAN)等国际学术组织做出贡献





Xavier SIRAULT, 博士, 澳大利亚联邦科学与工业研究组织 (CSIRO)

Xirault博士是CSIRO下属高精度植物表型中心 (HRPPC) 主任, 国际植物表型组织 (IPPN) 副主席。作为HRPPC的主任, Xirault博士负责为澳大利亚的研究组织提供高品质、技术先进的表型设施, 支持研究结构、产业界和政府间的科研合作。Xirault博士的研究领域聚焦于利用各种先进的成像技术、图像分析、计算机视觉技术和生理生态模型来揭示作物光合作用的调节和限制因素及机理。



Vincent VADEZ, 博士, 印度国际半干旱热带作物研究所 (ICRISAT)

Vadez博士是一位法国农学家、作物生理学家和模型专家, 自从2004年起领导着ICRISAT的作物生理实验室。他还是ICRISAT的四大研究项目之一“干旱区谷物研究项目”的副主任。Vadez博士的研究领域为典型亚洲和非洲作物的干旱适应机理和遗传机制, 现在聚集于“干旱表型”研究, 为分子育种家提供“好的”表型数据。Vadez博士有25年的研究经验, 在加入ICRISAT之前, 曾在美国佛罗里达大学、哥伦比亚国际热带农业中心、新加坡国立大学等单位工作过。



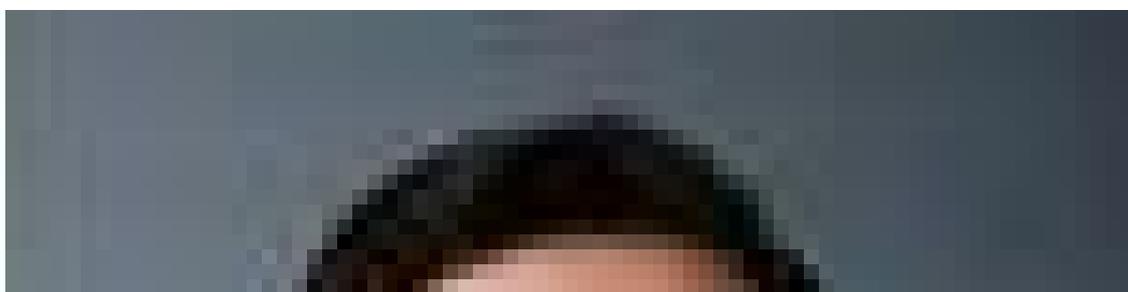
熊立仲, 博士, 教授, 华中农业大学

教育部“长江学者”特聘教授, 国家杰出青年科学基金获得者。1994年毕业于华中农业大学农学系; 1999年获华中农业大学生化分子生物学专业博士学位; 1999-2002年美国博士后留学。主要从事水稻非生物逆境抗性的遗传和分子基础研究, 目前致力于表型组学平台构建及其在作物功能基因组和遗传改良应用中的应用。以第一或通讯作者在Annual Review Plant Biol, Nature Communications, PNAS, Plant Cell, Plant J, Plant Physiol等杂志上发表70多篇学术论文, 获得专利10多项。所开展的研究曾获得国家自然科学基金、“973”计划、“863”计划(重大专项)、美国洛克菲勒基金等的资助。科研成果已获3项省部级以上奖励。个人曾获中国青年科技奖、全国优秀科技工作者等荣誉。此外兼湖北省遗传学会理事以及Theo Appl Genet、Mol Genet Genomics等杂志编委。





徐云碧，博士，研究员，国家“千人计划”特聘专家，中国农业科学院作物科学研究所/CIMMYT 徐云碧博士是中国农业科学院作物科学研究所研究员、国家“千人计划”特聘专家、CIMMYT-中国玉米分子育种高级科学家、中国农业科学院“玉米分子育种技术和应用”创新团队首席科学家。徐云碧博士曾任美国Cornell大学博士后和Research Associate、美国 RiceTec 公司水稻分子育种科学家、CIMMYT玉米分子育种高级科学家和应用生物技术中心主任。兼任 Theoretical and Applied Genetics、Molecular Breeding、International Journal of Plant Genomics、Journal of Integrative Agriculture、The Crop Journal 等国际杂志的编委。在 Science、Nature Genetics、PNAS、《中国科学》等杂志上发表论文 150 余篇，论文累计引用 7500 余次，H 指数 36。著有专著《分子数量遗传学》和 Molecular Plant Breeding。徐云碧领导的玉米分子育种实验室 (www.ccMaize.org) 主要从事玉米非生物逆境（干旱、低磷、低氮等）的分子遗传和育种研究，其目标是发展分子育种的理论、工具和方法并应用于玉米非生物逆境的抗性改良。最近在国际上倡导了“环境型鉴定”概念，为包括作物育种在内的作物科学提供了解码环境影响的参考技术和途径。环境型鉴定与基因型鉴定和表现型鉴定一道，有望成为未来影响作物高效育种和生产的三大支撑技术。





张春义，博士，研究员，中国农业科学院生物技术研究所

张春义研究员是中国农业科学院生物技术研究所副所长、博士生导师。农业部农业基因组学重点实验室副主任，中国生物强化项目副主任。张春义研究员常年负责协调组织全国范围内30余家相关科研院所和大专院校的专家组成多学科交叉的研究团队，针对中国人群尤其是贫困人口的微量营养素缺乏问题开展相关研究并取得了重要成果，产生了广泛的社会影响。张春义领导的科研团队致力于有关玉米和拟南芥的籽粒发育、作物杂种优势、叶酸转录调控网络和代谢通路、表型组学的研究。主持多项国家级课题，包括“973计划”项目、国家“转基因生物新品种培育重大专项”以及国家自然科学基金重大研究计划项目等，主持国际合作项目1项。其关于叶酸代谢与氮代谢相关性的研究填补了国内植物叶酸代谢领域基础理论研究的空白。该团队建立了高通量玉米表型组学及数据分析平台，并建立一套作物表型组数据检测分析标准化流程。

已确认的报告人（按姓氏字母排序）

Thomas ALTMANN, Leibniz-Institut für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK),
Germany

陈庆山，东北农业大学

二宫正士，日本东京大学

冯 露，中国科学院上海植物逆境生物学研究中心

郭庆华，中国科学院植物研究所

郭 威，日本东京大学

Henk JALINK, PhenoVation B. V., The Netherland

Menachem MOSHELION, The Hebrew University of Jerusalem, Israel

Xavier SIRALUT, CSIRO, Australia
Vincent VADEZ, International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, India
王喜庆, 中国农业大学
熊立仲, 华中农业大学
徐云碧, 中国农业科学院作物科学研究所/CIMMYT
杨万能, 华中农业大学
张春义, 中国农业科学院生物技术研究所
张文生, 中国科学院自动化研究所
朱新广, 中国科学院上海生命科学研究院计算生物学研究所

更多确认的报告人将陆续添加, 敬请期待!

会议门票

国内参会人员请以人民币付费。

类型	早鸟注册费 (2016年6月15日前)	标准注册费 (2016年10月1日前)
科研人员	1275元	1500元
工业界人员	1785元	2100元
研究生(凭学生证)	600元	700元
陪同人员	600元	700元

注册费包括:

1. 会议论文集和资料袋
2. 听所有的会议报告、参观墙报和展览
3. 10月20日午餐和晚宴, 10月21日午餐
4. 会议期间的茶歇

