



2016家犬基因组学术峰会

尊敬的_____先生/女士，您好！

2016家犬基因组学术峰会将于2016年06月在北京召开。

会议通知

家犬基因组学术峰会将于2016年6月17-18日在北京召开。此次会议由中国科学院昆明动物研究所主办，北京诺禾致源生物信息科技有限公司承办。本会议拟邀请多位国际知名专家到会做专题报告，旨从基因组、转录组和古DNA研究等多个角度，交流和探讨世界家犬研究在基因组和疾病方面的发展。

时间：2016年6月17日-18日（17日报到）

地点：中国地质大学国际会议中心（海淀区学院路29号，毗邻中国地质大学北门）

主办单位：中国科学院昆明动物研究所

承办单位：北京诺禾致源生物信息科技有限公司

大会主题：世界家犬研究在基因组学和疾病方面的进展

大会特邀报告人：张亚平院士，Elaine Ostrander at NIH，Robert Wayne at UCLA。

大会研讨方向及演讲者

1. 家犬起源和驯化方向 (Where the dog came from? the domestic history of dogs) :

Adam Boyko at Cornell University

Greger Larson at Oxford

Peter Savolainen at KTH

Weiwei Zhai at Genome institute of Singapore

2. 家犬癌症和疾病研究 (Cancer and diseases) :

Brian Davis (NIH)

Jennifer Meadows at Uppsala University

Cathryn Melleresh at Animal Health Trust

Hannes Lohi at University of Helsinki

Robert Schnabel at College of Agriculture, Food and Natural Resources

3. 家犬群体基因组学和人工选择研究 (Population genomics and artificial selection) :

Bridgett VonHoldt at Princeton

Jeff Kidd at University of Michigan

Ziheng Yang at UCL

Kirk Lohmueller at UCLA

Bill Murphy

会议嘉宾

张亚平

中国科学院院士，第三世界科学院院士，分子进化生物学和保护遗传学家。现任中国科学院副院长、中国科学院昆明动物研究所研究员、博士生导师；同时担任《自然科学进展》、《Cell Research》、《科学通报》、《遗传学报》、《动物学报》、《生物多样性》、《动物学研究》等刊物编委。已在《Nature》、《Science》、《Nature Genetics》、

《Proc. Natl. Acad. Sci. USA》、《Am J Hum Genet》、《Mol Biol Evol》等SCI刊物发表论文200多篇。

张亚平和他的科研团队，致力于研究动物的进化历史和遗传多样性，在分子水平系统内澄清了一些重要动物类群的进化之谜，建立起我国最大的野生动物DNA库。

李瑞强

北京诺禾致源生物信息科技有限公司创始人、总裁，国际知名基因组学专家，北京大学生命科学学院研究员，哥本哈根大学生物学博士，香港大学计算机系荣誉副教授，入选“中关村高聚人才工程”和北京市“海聚人才工程”，为北京市特聘专家。李瑞强10余年来专注于基因组学与信息技术研究，曾任华大基因副总裁，曾主导完成首个中国人基因组序列图谱炎黄一号；现已发表科研学术论文70余篇，Science、Nature 系列论文26篇，总被引12,000 余次。

2011年，李瑞强在北京中关村创立诺禾致源。诺禾致源专注于前沿分子生物学技术和高性能计算技术在生命科学研究和人类健康领域的应用，现已建成国内最大的基因测序平台和领先的高性能计算平台。

伊莱恩·奥斯特兰德(Elaine Ostrander)

美国国立卫生研究院，杰出研究员，肿瘤遗传学方向。发表文章246篇，被引述5,847次。

奥斯特兰德博士致力于研究基因在生长调节中的重要性，尤其是基因突变对人类和犬科动物疾病方面的影响，旨在发现调控犬科动物身体形态以及疾病相关的基因。同时，她的小组也在进行乳腺癌和前列腺癌相关基因突变的鉴定。

韦恩(Robert Wayne)

加州大学洛杉矶分校，生态学和进化生物学系，教授，分子遗传学方向。发表文章75篇，被引述1,267次。

韦恩教授致力于运用分子遗传学技术，来解决系统分类学、群体遗传学和社会生物学等方面的问题。

博伊科(Adam Boyko)

康奈尔大学，动物医学院，助理教授，进化遗传学方向。发表文章54篇，被引述3,124次。

博伊科博士主要以家犬为模式生物进行遗传疾病和进化遗传学方面的研究。

格雷格拉尔森(Greger Larson)

牛津大学，考古学系，教授，进化遗传学及系统发生学方向。发表文章71篇，被引述2,506次。

拉尔森博士与他的团队目前致力于运用古DNA测序技术来研究家养动物遗传学问题。

彼得·萨沃莱宁(Peter Savolainen)

皇家理工学院，生物技术系，副教授，进化遗传学方向。发表文章20篇，被引述632次。

萨沃莱宁博士主要通过线粒体DNA来研究家犬的起源驯化历史。

杨子恒

伦敦大学学院，统计遗传学教授，英国皇家科学院院士，分子进化论、分子分类学、计算生物学、生物信息学方向。发表文章156篇，被引述24,517次。

杨子恒博士致力于利用DNA和蛋白质序列数据进行系统发育分析的模型和方法。同时，其研究兴趣还包括群体遗传学的理论研究。

Robert Schnabel

密苏里大学，动物科学与生物信息研究所，副教授，生物信息学方向，发表论文179篇，被引述3,817次。

Dr.Robert Schnabel主要通过高通量测序及SNP芯片进行基因组分析，以确定引发家犬疾病遗传因素。

凯瑟琳·梅勒许(Cathryn Mellersh)

动物健康信托基金会，犬类遗传学系主任，遗传学方向。发表文章85篇，被引述1,744次。

梅勒许博士和她的团队鉴定引起各种家犬遗传疾病的突变位点。

Kirk Lohmueller

加州大学洛杉矶分校，生态学和进化生物学系，助理教授，群体遗传学及基因组学方向。发表文章39篇，被引述3,798次。

Dr. Kirk Lohmueller 主要通过对遗传变异数据的分析，来研究进化和疾病方面的问题。尤其对于自然选择和群体历史对不同物种基因组内遗传变异模式的影响感兴趣。

翟巍巍(Weiwei ZHAI)

新加坡基因组研究所，高级研究员，进化基因组学方向。发表文章15篇。

巍巍博士致力于研究通过全基因组数据进行种群演化历史的推断，特别是人类和家养动物的群体历史；同时，他的研究领域还包括肿瘤基因组学和病毒演化。

Bridgett M. vonHoldt

普林斯顿大学，生态学与进化生物学系，助理教授，基因组学方向。发表文章35篇，被引述2,130次。

Dr. Bridgett M.vonHoldt的研究方向除了DNA变异及基因组学，还包括基因水平的群体生物学和行为生态学。她的小组旨在揭示在自然以及人工条件下基因型-表型的进化。

HannesLohi

赫尔辛基大学，医学院，教授，分子神经学方向。发表文章109篇，被引述1,737次。

Dr. HannesLohi的研究主要集中在神经系统和神经行为学方面，如常见的焦虑与癫痫症。通过定位新的基因位点和跨物种的识别位点，来了解复杂性状的分子发病机制。

Brian Davis

美国国立卫生研究院，Exotic Genome Repository执行董事，基因组学、进化遗传学方向。

Dr. Brian Davis致力于研究比较基因组学和犬类、猫科动物表型变异相关的疾病研究。

会议门票

5月18日前参会代表会议注册费1000元 / 人，参会学生800元 / 人；

5月18日后参会代表会议注册费1200元 / 人，参会学生1000元 / 人。

注：注册为参会学生的代表在报到时需出示有效学生证件。

