

第十三届全国植物基因组大会第二轮通知

为充分展示植物基因组研究领域的重大进展,推动我国植物基因组学研究的深入和农业生物技术产业的快速发展,定于2012年8月19—22日(19日报到)在山东省泰安市召开第十三届全国植物基因组学大会。会议将邀请国内外植物基因组学研究领域知名科学家作学术研究报告。我们诚挚邀请国内外从事相关研究的专家学者和研究生参加本次大会。

会议时间: 2012年8月19日报到,8月20日—22日会议。

会议地点: 山东省 泰安市 东尊华美达大酒店

主办单位: 中国遗传学会植物遗传与基因组学专业委员会

承办单位: 山东农业大学, 山东农业大学作物生物学国家重点实验室

大会组委会:

主 席:	张启发	华中农业大学
执行主席:	左建儒	中国科学院遗传与发育生物学研究所
秘 书 长:	张宪省	山东农业大学
成 员:	(以姓氏拼音为序)	
	曹晓风	中国科学院遗传与发育生物学研究所
	陈晓亚	中国科学院上海植物生理生态研究所
	邓兴旺	美国耶鲁大学
	巩志忠	中国农业大学
	顾红雅	北京大学
	韩 斌	中国科学院国家基因研究中心
	何光存	武汉大学
	贾继增	中国农业科学院
	姜里文	香港中文大学
	康振生	西北农林科技大学
	黎志康	中国农业科学院
	李家洋	中国科学院遗传与发育生物学研究所
	刘耀光	华南农业大学
	马 红	复旦大学
	马正强	南京农业大学
	裴 炎	西南大学
	邱丽娟	中国农业科学院
	孙其信	西北农林科技大学
	王国梁	美国俄亥俄州立大学

王石平	华中农业大学
王兴智	东北师范大学
吴平	浙江大学
武维华	中国农业大学
薛勇彪	中国科学院遗传与发育研究所
种康	中国科学院植物研究所
周道绣	法国巴黎第十一大学
朱玉贤	北京大学

专题报告：

本次大会的会议语言是英语，会议设置 6 个专题，按专题组织报告，包括特邀大会报告（30 分钟）、重要报告（20 分钟）和研究生报告（15 分钟）。

- Genome Sequencing and New Technology
- Functional Genomics
- Proteomics, Metabolomics and Bioinformatics
- Transgenic Technology and Genomics-based Breeding
- Genome Diversity
- Epigenetics and Epigenomics

已确认的报告人与报告题目（姓氏英文字母排序）：

报告人	单位	题目
Mee Len Chye	香港大学	Plant acyl-CoA-binding proteins are involved in stress and development
Douglas R Cook	University of California, Davis	Harvesting legume genomes for disease resistance traits
Blake C. Meyers	University of Delaware	Differential truncation and uridylation patterns of microRNAs in plant <i>hen1</i> mutants reveal distinct routes of microRNA turnover
Tom W. Okita	Washington State University	New insights on RNA localization in plants
Seung Yon Rhee	Stanford University	Systematic identification of gene function from genome-wide molecular networks in plants
Rod Wing	University of Arizona	To be determined

报告人	单位	题目
曹晓风	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Flowering time regulation mediated by protein arginine methylation
陈明生	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Whole genome sequencing of <i>Oryza brachyantha</i> reveals mechanisms underlying <i>Oryza</i> genome evolution
陈晓亚	中国科学院上海生命科学研究院	Hormonal regulation of plant sesquiterpene biosynthesis
储昭辉	山东农业大学	A case for exploring the complicated recognitions between plant resistance proteins and avirulence proteins
邓兴旺	美国耶鲁大学	The genome-wide analysis of intermediate-size ncRNAs in higher plants
巩志忠	中国农业大学	The anti-silencing role of the RNA-directed DNA methylation pathway and a histone acetyltransferase in <i>Arabidopsis</i>
顾红雅	北京大学	Adaptation to local environments - a group of fast expanding <i>Arabidopsis thaliana</i> along the Yangtze River
郭亚龙	中国科学院植物研究所	Evolutionary genomics of <i>Arabidopsis</i> relatives - leveraging genomics to the studies of evolution and genetics
韩 斌	中国科学院上海生命科学研究院	Genome-wide association study of complex traits in rice
郝东云	吉林省农业科学院生物技术中心	Identification of uniquely expressed genes in maize roots under saline-alkali stress by comparative digital gene expression profile
胡 骏	武汉大学	Fertility restoration for honglian type cytoplasmic male sterile rice
焦雨铃	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Cell-type specific analysis of translating RNAs in floral meristem stem cells
赖锦盛	中国农业大学	The genomics of maize breeding
李传友	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Jasmonate-mediated transcriptional regulation and plant defense
刘春明	中国科学院植物研究所	Development of an efficient TILLING platform for rice functional genomics

报告人	单位	题目
马 红	复旦大学	Developmental and transcriptomic adaptations to drought in the <i>Arabidopsis</i> flower
邱丽娟	中国农业科学院作物科学研究所	Pan-genome of annual wild soybean (<i>Glycine soja</i> Sieb. and Zucc.)
瞿礼嘉	北京大学	The chemistry between the male and the female in Plants
阮一骏	新加坡基因组学研究院	Chromosome landscape and transcription regulation
苏英华	山东农业大学	Down-regulated ethylene biosynthesis is required for induction of somatic embryos through auxin localization in <i>Arabidopsis</i>
孙其信	西北农林科技大学	Epigenetic regulations contribute to the expression divergence of the three TaEXPA1 homoeologs in hexaploid wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)
田志喜	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Comprehensive analysis of miRNAs duplication and specification in paleopolyploid soybean genome
王柏臣	中国科学院植物研究所	A systemic proteomic analysis of maize seedling during the process of de-etiolation
王国梁	美国俄亥俄州立大学	The U-box E3 ligase SPL11/PUB13 is a convergence point of defense and flowering signaling in plants
向成斌	中国科技大学	Develop a model system to study desiccation tolerance in higher plants
邢少辰	吉林省农业科学院生物技术中心	A promising platform of transgenic technology —— chloroplast transformation
薛勇彪	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Cellular and biochemical control of S-RNase-based self-incompatibility in flowering plants
杨万能	华中农业大学	Development of a rice phenomics facility equipped with agricultural photonics
张 彦	山东农业大学	DEFECTIVE VACUOLAR TRAFFICKING, a palmitate transferase, regulates development and stress responses in <i>Arabidopsis</i>

报告人	单位	题目
张大兵	上海交通大学	<i>MICROSPORE AND TAPETUM REGULATOR 1</i> encodes a secretory fasciclin glycoprotein required for male reproductive development in rice
张启发	华中农业大学	Genetic and molecular understanding of sub-specific reproductive isolation between <i>indica</i> and <i>japonica</i> rice
张学勇	中国农业科学院作物科学研究所	Wheat centromeric retrotransposons: the new ones usually take a more important role in centromere function
周道绣	法国巴黎第十一大学	Epigenome regulation and recognition in rice gene expression and plant development
朱 军	浙江大学	New methods of mapping QTX based on omics data and their applications in crop breeding
朱玉贤	北京大学	Identification and in-depth analyses of genes in tetraploid <i>G. hirsutum</i> tissue based on the sequenced diploid <i>G. raimondii</i> genome

会议注册:

本次会议采取网上注册，原则上不再接收电子邮件注册，注册网址为 <http://www.plantgenomics.cn>。网站注册将于 2012 年 3 月 31 日开通。2012 年 6 月 30 日（含）前注册的正式代表注册费 1200 元，学生代表 800 元。6 月 30 日后注册的正式代表 1500 元，学生代表 1200 元。请按照会议提供的方式交纳注册费，住宿费自理。注册截止期为 7 月 10 日，截止期后注册的代表将收取注册费 1800 元，会务组不保证住宿。

论文摘要:

大会接受论文摘要，论文摘要提倡用英文，字数不超过 500 字，文责自负。

墙报:

大会鼓励墙报交流，并评选优秀墙报奖。

组委会将从提交的摘要中选择一部分作为研讨会口头报告。

商业赞助信息:

欢迎公司和企业为会议提供赞助,会议将为公司和企业提供试剂和设备展示的空间,同时我们将在会议论文摘要集中留出一定的空间用于公司产品宣传和广告。相关事宜请与大会承办方组委会联系。

联系方式

联系人: 李祥, 电话: 13954887869; 储昭辉, 电话: 0538-8249913

地 址: 山东省泰安市岱宗大街 61 号山东农业大学作物生物学国家重点实验室

邮 编: 271018

更多信息请查看会议网站:

<http://www.plantgenomics.cn/> (全国植物基因组学网页);

<http://www.geneticsociety.cn/> (中国遗传学会网页);

<http://www.sdau.edu.cn/> (山东农业大学网页)

第十三届全国植物基因组学大会组委会

2012 年 7 月 4 日