

第十四届全国植物基因组学大会第二轮通知

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2013年8月19-22日(19日报到)在南京召开第十四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: 2013年8月19日报到, 8月20日-22日会议

会议地点: 南京国际会议大酒店, 南京玄武区中山陵四方城2号

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: 南京农业大学

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:	马正强	南京农业大学
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
	郝东云	吉林省农业科学院
	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
	刘耀光	华南农业大学
	马 红	复旦大学
	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
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
张宪省	山东农业大学
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：

会议语言为英语。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

已确定的大会报告人（按姓氏英文或拼音字母排序）：

报告人	单 位	题 目
Mike Bevan	John Innes Centre	Analysing the genome of hexaploid wheat and its progenitors
Peter Beyer	University of Freiburg	Golden rice on a mission
Claude dePamphilis	Pennsylvania State University	The Amborella genome and the origin of flowering plants
Stephen Goff	University of Arizona	Using the iPlant cyberinfrastructure to explore the connection between heterosis and cellular aging
Wilhelm Gruissem	ETH Zurich	Ancient and resistance genes for future rice
Linda Walling	University of California, Riverside	The Arabidopsis- <i>Bemisia tabaci</i> interactions: Deciphering plant responses and insect behaviors in susceptible and resistant genotypes

傅向东	中国科学院遗传与发育生物学研究所	The regulation of <i>OsSPL16</i> promotes grain yield in rice
顾红雅	北京大学	Adaptation to local environments - a group of native <i>Arabidopsis thaliana</i> along the Yangtze River, China
何军贤	香港中文大学	Large-scale phosphoprotein identification by Ti^{4+} -IMAC coupled online RP-SCX-RPLC in plants
何予卿	华中农业大学	<i>Qpc1</i> functions as an important regulator of grain storage protein and nutritional quality in rice
黄三文	中国农业科学院蔬菜花卉研究所	Cucumber: its genome and biology
黄学辉	中国科学院国家基因研究中心	Comparative population genomics between cultivated and wild rice
姜里文	香港中文大学	Plant exocytosis
黎志康	中国农业科学院作物科学研究所	Genetic systems underlying the interaction between rice (<i>Oryza sativa</i> L.) and its bacterial blight pathogen, <i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i>
林敏	中国农业科学院生物技术研究所	Functional characterization and regulatory networks of a nitrogen fixation island in a rice root-associated <i>Pseudomonas stutzeri</i> A1501
林荣呈	中国科学院植物研究所	Light regulates cell elongation via chromatin remodeling mechanism
凌宏清	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Draft genome of <i>Triticum urartu</i> , the progenitor of wheat A genome
刘宝	东北师范大学	Rapid genome evolution in allotetra- and allohexaploid wheat
刘宝辉	中国科学院东北地理与农业生态研究所	Molecular mechanism underlying photoperiod regulated flowering in soybean
陆颖	中国科学院国家基因研究中心	Genome sequencing of moso bamboo (<i>Phyllostachys heterocycla</i> cv. <i>pubescens</i>)

马正强	南京农业大学	Association of jacalin-related lectins with wheat responses to stresses
谭保才	香港中文大学	Functional genomics in maize seed development
王国栋	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Functional dissection of NAD salvage pathway in <i>Arabidopsis</i>
王海洋	国家作物分子设计工程技术研究中心	a pair of transposase-derived transcription factors plays multifaceted roles in regulating <i>Arabidopsis</i> development
王石平	华中农业大学	待定
王秀杰	中国科学院遗传与发育生物学研究所	Computational identification of endogenous target mimics for micrnas in plants and introduction to a plant small RNA analysis toolbox
肖 晗	中国科学院上海植物生理生态研究所	Transcription factor <i>SIZFP2</i> is a novel negative regulator of abscisic acid biosynthesis in tomato
谢道昕	清华大学	Molecular basis of jasmonate action in plant development and defense
严建兵	华中农业大学	Association mapping for enhancing maize genetic improvement
杨洪全	上海交通大学	Regulation of photomorphogenesis, stomatal development, and photoperiodic flowering by <i>Arabidopsis</i> cryptochromes
杨淑华	中国农业大学	Function of ethylene and cytokinin in freezing tolerance in <i>Arabidopsis</i>
杨维才	中国科学院遗传与发育生物学研究所	A proteomics approach to understanding symbiotic nitrogen fixation in soybean
张景昱	中国科学院植物研究所	A global profiling of uncapped mRNAs under cold stress reveals specific decay patterns and endonucleolytic cleavages in <i>Brachypodium</i>
周发松	中国种子集团	Developed genotyping tools for rice genomic breeding

会议注册：

本次会议采取网上注册，注册网址为 <http://www.plantgenomics.cn>。2013 年 6

月 30 日（含）前注册的正式代表注册费 1400 元，学生代表 1000 元。6 月 30 日后注册的正式代表 1600 元，学生代表 1200 元。请按照会议提供的方式按时交纳注册费，会务组收到注册费后视为有效注册。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。

注册费请汇到如下账户

开户名称：南京国际会议大酒店

帐号：320006611010141005677

开户银行：交通银行南京卫桥支行

汇出注册费时，请备注：植物基因组会议，汇款后，将汇款凭单扫描件发送至邮箱 pgc2013@njau.edu.cn。

论文摘要：

大会接受论文摘要，论文摘要用英文，文责自负。摘要长度限一个印刷页面，请按照会议网页上提供的模板撰写和提交摘要。

墙报：

大会鼓励墙报交流，并评选优秀墙报奖，并将从提交的摘要中选择一部分作为研讨会口头报告。

联系方式

联系人：李国强，电话：025-84396024；手机：13912969481；

贾海燕，电话：025-84396024；手机：18602513078，13776696167

友情提醒：

由于本次会议会期与在南京举办的“第二届亚洲青年运动会”一致，请各位参会人员提早预定往返车（机）票。

更多信息请留意会议第二轮通知和查看网站：

<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.njau.edu.cn/>（南京农业大学网页）

第十四届全国植物基因组学大会组委会

2013年6月10日