

会议日程

10月26日（周六），学术报告与交流研讨

藕舫楼 724 室				
时间	事项			主持人
08:20-08:30	开幕式			刘文军
时间	报告人	单位	题目	主持人
08:30-09:00	雷锦志	天津工业大学	异质性干细胞增殖的数学模型框架	吕广迎 南京信息工程大学
09:00-09:30	万林	中国科学院数学与系统科学研究院	Learning complex cellular dynamics from time-series single-cell sequencing data	
09:30-10:00	张磊	北京大学	Unveiling the Complex Biological Systems: New Horizons in Solution Landscapes	徐玮玮 南京信息工程大学
10:00-10:30	周达	厦门大学	Inferring Cell Population Dynamics Using Lineage Tracing and Flow Cytometry Data	
10:30-10:45	茶歇			
10:45-11:30	交流研讨			张学兵 南京信息工程大学

10月27日（周日），主题研讨

行政楼 528 会议室		
时间	事项	主持人
09:00-11:30	模块药理学应用主题研讨 参加人员： 中国中医科学院中医临床基础医学团队 金陵科技学院智慧中医团队 南京信息工程大学偏微分方程与生物数学团队	刘文军

报告摘要

异质性干细胞增殖的数学模型框架

雷锦志

天津工业大学

本报告介绍近年来发展的异质性干细胞增殖的数学模型框架，通过所建立的数学框架描述考虑到细胞的异质性和可塑性的一定动力学方程。根据所建立的方程确立了细胞的增殖分化能力作为描述细胞增殖动力学的关键系数，并提出细胞的动力学型(kinetotype)的概念。同时，介绍从单细胞组学数据出发建立细胞的动力学型的一般性思路。希望能够通过本报告对与干细胞增殖过程相关的生物学过程的数学建模提供一种新的思路，同时提出相关的数学问题并进行讨论。

报告人简介：雷锦志，天津工业大学数学科学学院教授。主要从事应用数学、计算系统生物学的研究，研究领域涉及动力系统及其应用、蛋白质折叠的统计物理原理、动态血液病的致病原理、系统生物学、数学肿瘤学等，主要致力于应用数学思维理解复杂生命现象背后的一般性机理和数学表示。

Learning complex cellular dynamics from time-series single-cell sequencing data

万林

中国科学院数学与系统科学研究院

Emerging time-series single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) data provide unprecedented opportunities to study dynamic processes of cell populations. However, dynamic inference based on time-series scRNA-seq data is challenging due to the destructive nature of single-cell sequencing. It remains a computational challenge to link the scRNA-seq snapshots sampled at different time points. This requires the development of mathematical models and machine learning methods capable of reconstructing cell population dynamics and global landscape. Optimal transport (OT) is a powerful tool for the analysis of complex data, as it learns an optimal cost-effective mapping between data distributions. In this talk, I will present our recent work on developing the OT-based machine learning framework for inferring the cellular dynamics and the underlying cell-cell interactions from time-series scRNA-seq data. Our framework not only facilitates accurate predictions, but also improves interpretability.

报告人简介：万林，中国科学院数学与系统科学研究院研究员。2003年获南京大学物理系理学学士学位，2009年获北京大学数学科学学院理学博士学位。曾先后于美国南加州大学、美国数学生物研究所等机构从事博士后或访问研究。主要研究领域为计算生物学、系统生物学、数据科学和机器学习等。

Unveiling the Complex Biological Systems: New Horizons in Solution Landscapes

张磊

北京大学

Biological systems are often characterized by nonlinear interactions, feedback loops, and the ability to adapt and evolve, making them challenging to study and model. Energy landscape has been widely applied to many biological systems. A long standing problem in computational physics is how to search for the entire family tree of possible stationary states on the energy landscape without unwanted random guesses? Here we introduce a novel concept “Solution Landscape”, which is a pathway map consisting of all stationary points and their connections. We develop a generic and efficient saddle dynamics method to construct the solution landscape, which not only identifies all possible minima, but also advances our understanding of how a complex system moves on the energy landscape. As illustrations, we apply the solution landscape approach to study two problems: One is construction of the solution landscapes of gene regulatory networks in cell fate decisions, and the other one is to construct the solution landscape of reaction-diffusion systems, which reveals a nonlinear mechanism for pattern formation beyond Turing instability.

报告人简介: 张磊, 北京大学北京国际数学研究中心博雅特聘教授, 国际机器学习中心、定量生物学中心 PI。2009年在美国宾州州立大学数学系获博士学位。研究领域为计算和应用数学、交叉科学, 包括稀有事件与解景观的算法与应用, 数学与生命科学交叉, 计算材料科学等。研究成果在 PRL、PNAS、Acta Numerica、Science 子刊、Cell 子刊、SIAM 系列期刊发表。曾获国家杰出青年科学基金、基金委原创探索计划、基金委创新研究群体、英国皇家学会牛顿高级学者、基金委优秀青年科学基金、中组部高层次青年人才计划等项目的资助, 担任科技部重点研发专项首席科学家。现任 SIAM J. Appl. Math, Science China Mathematics, CSIAM Trans. Appl. Math 等6个国内外期刊的编委。

Inferring Cell Population Dynamics Using Lineage Tracing and Flow Cytometry Data

周达

厦门大学

In cellular dynamics research, obtaining time-series data on cell populations is often challenging, leading to mismatches between data structures and model variables. This talk will present the work of our research group on parameter estimation in cellular dynamics, specifically addressing these challenges. We focus on two types of experimental data: lineage tracing and flow cytometry proportions. For each data type, we discuss methodologies for inferring dynamic parameters and highlight how these approaches improve the accuracy of cellular behavior models.

报告人简介: 周达, 厦门大学数学科学学院教授, 博士生导师。2006年于华中科技大学数学系取得统计学专业学士学位, 2011年于北京大学数学科学学院取得概率统计专业博士学位; 2011-2013年在清华信息国家实验室从事博士后研究工作。长期从事概率统计与生

命科学、化学、能源等领域的交叉研究，共发表论文40余篇，其中以第一或通讯作者论文发表在 Nature Biotechnology, JACS, Advanced Science, Communications Biology, PLOS Computational Biology, Physical Review E, npj Complexity, Journal of Theoretical Biology, Mathematical Biosciences 等重要刊物；先后主持国家自然科学基金3项；成果荣获2023年中国生物信息学“十大进展”；荣获2021年厦门大学田昭武交叉学科奖；目前兼任厦门大学健康医疗大数据国家研究院副院长、厦门大学概率统计系主任、中国工业与应用数学会数学生命科学专委会理事、中国运筹学会计算系统生物学分会理事、中国现场统计研究会统计交叉科学研究分会理事等学术职务。
