

## 会议报告日程

时间：2022年8月15日 09:00-17:10    地点：昆明植物所行政楼三楼学术报告厅

| 报告人                           | 职称  | 工作单位               | 报告题目  | 报告时间        | 会议主持 |     |
|-------------------------------|-----|--------------------|---|-------------|------|-----|
| 领导致欢迎辞（李宏伟，党委书记，中国科学院昆明植物研究所） |     |                    |   | 9:00-9:15   | 伊廷双  |     |
| 李德铢                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | Building Genomic Resources for Plant Identification and Phylogenomics | 9:15-9:45   |      |     |
| 刘建全                           | 教授  | 四川大学<br>兰州大学       | 物种概念、条形码方法和物种数量   | 9:45-10:05  |      |     |
| 会间休息 会议合影                     |     |                    |   | 10:05-10:30 |      |     |
| 杨祝良                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 第二代 DNA 测序技术与真菌的系统发育研究  | 10:30-10:50 |      |     |
| 高连明                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 基因组学数据在植物 DNA 条形码和系统发育基因组学中的应用  | 10:50-11:10 |      |     |
| 李洪涛                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 被子植物系统发育基因组学  | 11:10-11:30 |      |     |
| 伊廷双                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 裸子植物系统发育基因组学  | 11:30-11:50 |      |     |
| 午餐                            |     |                    |   | 11:50-13:30 |      |     |
| 李捷                            | 研究员 | 中国科学院西双<br>版纳热带植物园 | 植物 DNA 条形码与多样性保护  | 13:30-13:50 |      | 高连明 |
| 郁文彬                           | 研究员 | 中国科学院西双<br>版纳热带植物园 | 从遗传视角看生物多样性：DNA 信息助力“隐存种”发现   | 13:50-14:10 |      |     |
| 纪运恒                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | DNA 条形码 2.0 在分类修订和物种鉴定中的应用  | 14:10-14:30 |      |     |
| 金效华                           | 研究员 | 中国科学院<br>植物研究所     | 中国外来入侵植物的 DNA barcoding 体系研究  | 14:30-14:50 |      |     |
| 葛学军                           | 研究员 | 中国科学院<br>华南植物园     | 中国荒漠植物的 DNA barcoding 数据库研究   | 14:50-15:10 |      |     |
| 会间休息                          |     |                    |   | 15:10-15:30 |      |     |
| 曾春霞                           | 高工  | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | DNA 条形码技术在中药材鉴定中的应用进展   | 15:30-15:50 | 郁文彬  |     |
| 马鹏飞                           | 研究员 | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 从单拷贝到完美拷贝核基因的系统发育研究应用——以竹类为例  | 15:50-16:10 |      |     |
| 贺正山                           | 博士  | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 利用 ALiBaSeq 获取植物基因组中低/单拷贝基因序列   | 16:10-16:30 |      |     |
| 莫智琼                           | 博士  | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | 深度基因组测序获取系统发育基因组学数据   | 16:30-16:50 |      |     |
| 崔卫华                           | 博后  | 中国科学院<br>昆明植物研究所   | ITS 分型结合叶绿体基因组序列分析鉴别蔷薇属植物家系   | 16:50-17:10 |      |     |
| 晚餐                            |     |                    |   |             |      |     |

# 数据分析技术交流日程

时间：2022 年 8 月 16 日 09:00-17:30

地点：昆明植物所行政楼三楼学术报告厅

## 一、培训目的

针对生物信息学基础较弱、对植物系统发育学和物种鉴定领域感兴趣的研究生和科研人员，通过培训能快速准确地了解和掌握利用低成本 DGS 数据获取叶绿基因组、核糖体 DNA 片段、单/低拷贝直系同源核基因片段等用以系统发育重建、物种鉴定等数据分析和处理能力。

## 二、培训目标

本次培训讲座和案例分析演示相结合，让学员们逐步了解、掌握全基因组浅层测序数据的组装、多样品单拷贝直系同源核基因片段的获取、序列比对和评估、系统发育重建、物种鉴定等操作。

## 三、培训内容安排

1. DNA 二代测序技术进展
2. GetOrganelle 软件介绍、细胞基因和核糖体 DNA 序列组装
3. 从 DGS 数据获取核基因序列方法介绍和案例分析演示
4. 目标序列评估、筛选和矩阵比对
5. 系统发育重建和物种鉴定分析

## 四、培训团队

郁文彬，中国科学院西双版纳热带植物园，研究员

贺正山，中国科学院昆明植物研究所，工程师

姚 昕，中国科学院西双版纳热带植物园，助理研究员

莫智琼，中国科学院昆明植物研究所，博士研究生

## 五、注意事项

1. 参加人员需自带笔记本电脑，了解 Linux 或 MacOS 常用操作命令；
2. 从事过 DNA 序列处理、比对和分析；
3. 了解高通量测序数据和 de novo 组装。

## 野外实践交流日程安排

时间：2022年8月17日 08:30-17:00

08:30 集合乘车

09:00-09:30 DNA材料采集技术规范指导

09:30-17:00 野外采集分组实践

地点：昆明植物所1号门停车场集合，前往昆明近郊

### 一、实践目的

通过野外实操，掌握野外采集DNA材料、标本压制、图像拍摄、数据填写等技术和规范的要点。

### 二、工作目标

完成10号（每人单独完成1-2号）DNA单元的采集。

### 三、分组安排

组织协调：张挺

A组领队：张挺 13577059606

B组领队：刘成 15925149233

C组领队：郭永杰 13987126536

D组领队：亚吉东 15925229625

### 四、注意事项

1. 参加人员须带相机、GPS；
2. 自备适合野外工作的衣物、鞋袜和防雨防晒用具等；
3. 自备个性化药物；培训过程中，身体若有不适反应请及时告知会务人员；
4. 野外实践海拔约2000-2500米，处于云贵高原，请注意预防高原反应。

## 二代测序文库构建实践日程安排

时间：2022年8月18日 09:00-17:30

地点：昆明植物所中国西南野生生物种质资源库 301 实验室

### 一、实践目的

通过实验操作，掌握二代测序文库制备、质控的基本方法及操作技巧。

### 二、工作目标

每组完成 2-4 个标准 DNA 样品的二代测序文库制备、质控。

### 三、分组安排

组织协调：杨 静

A 组领队：林春艳

B 组领队：张金萍

C 组领队：杨志云

D 组领队：杨继雄

### 四、注意事项

1. 参加人员严格遵守实验室的规章制度，不私自动用仪器及实验用品；
2. 实验操作时穿着实验服，佩戴实验手套；
3. 培训过程中，如遇身体不适请及时告知会务人员。