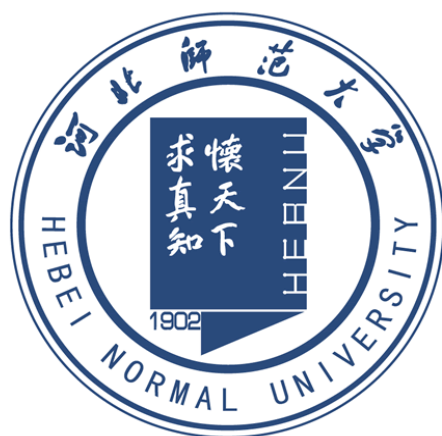


# 首届中国分子生物拓扑会议

The First National Conference on Molecular Biology and Topology

## 会议手册



2018年10月26日—29日

河北师范大学数学与信息科学学院 主办

中国 河北 石家庄

## 会议委员会及致谢

### 学术委员会

刘敬泽	河北师范大学
吴 杰	<b>National University of Singapore</b>
段海豹	中国科学院
吕 志	复旦大学
雷逢春	大连理工大学
王彦英	河北师范大学
卢本卓	中国科学院
夏克林	<b>Nanyang Technological University</b>

### 组织委员会

吴 杰	<b>National University of Singapore</b>
潘建中	中国科学院
雷逢春	大连理工大学
王彦英	河北师范大学
马 凯	河北师范大学
丁雁鸿	河北师范大学
李日成	河北师范大学

**联系电话：** 13722799311（丁雁鸿）

### 致 谢：

此次会议得到中国数学会、河北师范大学及国家自然科学基金的支持和资助，特此致谢！

## 首届中国分子生物拓扑会议日程表

10月26日		10月27日		10月28日	
		时间	报告人	时间	报告人
报 到		8: 30- 8: 50	开幕式 领导致欢迎词	8: 30 - 9: 20	陈旻昕
				9: 30 - 10: 15	郭栋梁
		8: 50- 9: 40	卢本卓	10: 25- 10: 55	黄飞龙
		10: 00- 10: 50	刘承宜	11: 05- 11: 35	吕艳芬
		11: 00- 12: 00	张捷	11: 45- 12: 30	赵天力
		12: 00- 13: 30	午餐	12: 30- 14: 00	午餐
		13: 30- 14: 20	夏克林	14: 00- 15: 30	座谈讨论 吴杰：拓扑学及其思想方法简介
		14: 30 - 15: 20	彭佳杰		
		15: 30- 15: 45	会议合影	15: 30- 18: 00	自由讨论
		15: 50 - 16: 40	陈麒先		
		17: 00 - 17: 50	姜川		
		18: 00- 18: 30	冯异		
18: 30	晚餐	18: 30	晚宴	18: 30	晚餐

### 会议报告及座谈讨论地点：

- (1) 27日--28日上午会议报告在图书馆二楼学术报告厅（进入图书馆需要佩戴会议胸牌）。
- (2) 28日下午座谈讨论在数学与信息科学学院办公楼，理科群 1-D203。

## 一、会议报告

10 月 27 日 , 星 期 六	时间	报告人及题目	主持人
	8:30--8:50	开幕, 领导致欢迎词	王彦英
	8:50--09:40	卢本卓 (中国科学院) 题目: 结构生物学相关问题简介及分子静电与扩散的模拟研究	吴 杰
	10:00--10:50	刘承宜 (华南师范大学) 题目: 生物数据处理的定量拓扑方法	段海豹
	11:00--12:00	张捷 (复旦大学) 题目: 脑功能网络的拓扑结构分析	雷逢春
	12:00--13:30	午餐 (观和国际酒店一楼西雅厅)	
	13:30--14:20	夏克林 (Nanyang Technological University) 题目: Topological modeling and analysis of big data in biomolecules	潘建中
	14:30--15:20	彭佳杰 (西北工业大学) 题目: 大规模生物网络分析中的深度学习方法	王向军
	15:30--15:45	会议合影	
	15:50-16:40	陈麒先 (大连理工大学) 题目: DNA 的可控有序折叠与基因治疗	Han Fei (韩飞)
17:00--17:50	姜川 (河北师范大学) 题目: 肿瘤新抗原筛选的研究现状与前景展望	沈文淮	
18:00--18:30	冯异 (复旦大学) 题目: 腧穴与数学	高洪铸	
18:30	晚宴 (观和国际酒店二楼北洋厅)		

10 月 28 日 , 星 期 日	08:30--09:20	陈旻昕（苏州大学） 题目：Efficient and Qualified Mesh Generation for Gaussian Molecular Surface Using Piecewise Trilinear Polynomial Approximation	吕志
	09:30--10:15	郭栋梁（燕山大学） 题目：动态模拟下分子空腔结构的时空拓扑特征可视分析	李维萍
	10:25--10:55	黄飞龙（北京龙博兰医学研究院） 题目：从胚胎发育、肿瘤侵袭、血栓形成等的拓扑性引发的生物医学的科学思考	李起升
	11:05--11:35	吕艳芬（中国人民大学） 题目：A novel probability method of prediction protein-protein interface residues pair from noise data	王家军
	11:45--12:30	赵天力（中南大学） 题目：利用拓扑学原理对心内结构进行可视化三维重构的探讨	赵学志
	12:30--14:00	午餐（观和国际酒店一楼西雅厅）	
	14:00--15:30	座谈讨论 吴杰：拓扑学及其思想方法简介	
	15:30--18:00	自由讨论	
	18:30	晚餐（观和国际酒店二楼北洋厅）	

## 二、报告题目与摘要

1. 卢本卓，中国科学院数学与系统科学研究院

**题目：**结构生物学相关问题简介及分子静电与扩散的模拟研究

**摘要：**第一部分，对结构生物学中的一些主要问题和现象，尤其是与或者可能与分子拓扑有关的做一个简单介绍，包括蛋白质折叠、分子结构与动力学、分子对接、化学信息与生物物理等。第二部分，介绍我们小组的一些研究工作，包括分子的静电溶剂化能、离子扩散过程的边界元/有限元数值模拟，及其相关的分子表面网格生成等。

2. 刘承宜，华南师范大学体育科学学院

**题目：**生物数据处理的定量拓扑方法

**摘要：**从第一原理出发提出了一个生物数据整合的定量拓扑方法。**方法 1.** 黄金分割常数是人类世界比例的自然单位。引入黄金分割常数为底的黄金对数，发现了取黄金对数不变的自相似常数  $\sigma$ 。**2.** 按照心理物理学的 Weber-Fechner 定律，将一个参数过程起止比值的黄金对数称为过程对数，其绝对值称为相应的定量差异 (QD)。**3.** 功能的剂量关系都是 U 型，正则功能对应于平台期，失调功能对于上升期或下降期。QD 存在三个阈值 ( $\alpha, \beta, \gamma$ )， $\alpha$  是 QD 的最小值， $QD < \alpha$  对应于完全不变的常数； $\beta$  是正则功能的 QD 上限； $QD$  不小于  $\beta$  或  $\gamma$  对应于失调功能的显著性或非常显著性变化。根据自相似常数  $\sigma$  发现生物功能可以分为细胞分子、组织器官、整体和整体高级功能四大类，QD 的阈值 ( $\alpha, \beta, \gamma$ ) 依次下降。**4.** 分形的基本原理是自相似，其幂函数分布比正态分布更加基本。人的所有参数无量纲化构成的齐性数据空间，可以用两个参数的过程对数定量表征数据空间的拓扑特征 (称为拓扑空间)，可以用两个拓扑空间相应过程对数的比值定义自相似指数 (SSE)，通过计算 SSE 序列的 QD 揭示两个拓扑空间的拓扑差异。所有 QD 都没有达到显著性阈值的两个拓扑空间称为自相似，满足幂函数分布  $Y = aX^{SSE}$ ，其中  $a$  称为幂函数系数。QD 超过显著性阈值对应的参数是表征两个数据空间拓扑差异的标志物。**5.**  $SSE = 1$  对应于一阶自相似，表示  $Y/X$  与均值的 QD 都小于  $\beta$ ，QD 的均值小于  $\alpha$ 。**6.**  $SSE \neq 1$  对应于高阶自相似，表示  $Y/a$  的对数与  $X$  的对数的比值与均值的 QD 都小于  $\beta$ ，QD 的均值小于  $\alpha$ 。**结果 1.** 自

相似是健康、自限性康复和习惯性活动转换的定量判据。 2. 自限性康复是疾病治疗或康复的目标。结论 定量拓扑可以实现生物医学数据的整合。

### 3. 张捷, 复旦大学类脑智能科学与技术研究院

**题目:** 脑功能网络的拓扑结构分析

**摘要:** 脑网络是生物系统中最为复杂的网络系统, 其拓扑结构与大脑的认知功能密切相关, 而在各种脑疾病中, 脑网络的拓扑结构将发生显著的改变。我们首先将介绍脑功能网络的基本的拓扑结构特征, 如小世界特性, 无标度性质、社团结构, 富人俱乐部性质等等, 以及这些特性在脑疾病中的变化。进一步介绍我们在脑功能网络分析方面的近年来的进展, 包括全脑关联分析, 大脑对称性以及脑功能网络的动态变化方面的一些工作。

### 4. 夏克林, Nanyang Technological University

**题目:** Topological modeling and analysis of big data in biomolecules

**摘要:** The availability of gigantic structure and gene data in various databanks has brought a great opportunity for researchers to quantitatively understand the biomolecular structure, dynamics and functions. In this presentation, we discuss the application of topological data analysis (TDA) in biomolecular data analysis. We introduce molecular topological fingerprints (MTFs) for biomolecular structure characterization. MTFs are derived from the persistent homology analysis and provide a unique representation that balances the topological simplification and geometric details. Multidimensional persistent homology is proposed and used to quantitatively predict the stability of protein folding configurations generated by steered molecular dynamics. Further, multiresolution persistent homology is proposed to handle extremely large biomolecular data. By appropriately tuning the resolution of a density function, we are able to focus the topological lens on the scale of interest. The proposed multiresolution topological method has potential applications in arbitrary data sets, such as social networks, biological networks and graphs. Moreover, we

offer persistent homology based new strategies for topological denoising and for resolving ill-posed inverse problems in Cryo-EM data. Finally, the recent progress in the topology based hydrogen-bonding network analysis and drug design will be briefly discussed.

#### 5. 彭佳杰, 西北工业大学计算机学院

**题目:** 大规模生物网络分析中的深度学习方法

**摘要:** 生物网络是以系统科学的思想研究生命科学的桥梁。网络中的节点可以是蛋白质, 基因, RNA, DNA, 药物或药物靶点等, 网络的边对应节点之间的物理、功能、空间距离等方面的关联关系。目前受到业界研究人员广泛关注的生物网络包括: 基因调控网络 (gene regulatory network)、基因功能关联网络 (gene functional association network)、蛋白质互作网络 (protein-protein interaction network) 以及序列相关网络 (sequence-sequence association network) 等。本报告主要包括两个部分内容。第一部分, 介绍生物网络的基本特征、数据特点, 当前大家关注的问题和分析方法以及一些生物网络分析的应用场景等。第二部分, 简要介绍我们课题组近期提出的基于深度学习的生物网络分析方法, 主要包括两个工作: 基于深度学习方法, 整合多网络拓扑结构信息, 预测基因功能; 通过建立多层次的关联网络, 提取疾病和 miRNA 特征, 利用深度神经网络模型预测 miRNA 和疾病关联关系。

#### 6. 陈麒先, 大连理工大学生命科学与技术学院

**题目:** DNA 的可控有序折叠与基因治疗

**摘要:** DNA 作为遗传物质的基础在组蛋白的帮助下有序而规则的盘旋缠绕在真核细胞的细胞核内, 而基因治疗的关键也需要将 DNA 超分子凝缩成具有蛋白质表达活性的功能纳米结构。因此, 针对 DNA 凝缩的研究, 不但有利于破解天然 DNA 凝缩的分子机制, 而且对基因治疗的发展有着至关重要的应用价值。针对人工诱导 DNA 凝缩结构这一空白领域, 这里以聚氨基酸衍生物 (白蛋白类似物) 为模板分子, 通过分子结构的调控以及其与 DNA 的静电力作用的调控 [基因治疗采用的核酸分子是 plasmid DNA, 即环状、闭合、超螺旋、刚性 (持续长度: 50 纳米)、具有双链结构 (数千碱基对) 的聚阴离子], 获得对 DNA 双链结构的定点、定位、定量的解旋, 进而首次实现选择性折叠凝缩 DNA 成了球、杆、纤维、蝌蚪、甜甜



圈等性状的 DNA 折叠缠绕复合体进一步的细胞实验和动物试验验证了尺寸、形状以及 DNA 凝缩折叠方式与其生物活性的至关重要联系,为进一步有针对性地合成性能优异的基因纳米输运载体奠定了基础。

7. 姜川, 河北师范大学生命科学学院

题目: 肿瘤新抗原筛选的研究现状与前景展望

摘要: 待定

8. 冯异, 复旦大学基础医学院

题目: 腧穴与数学

摘要: Acupoints have long been considered to be relevant with blood vessels, nerves and lymphatic vessels, which might form a three-dimensional (3D) architecture. With CLARITY and lightsheet microscope, micro-vessels and micro-nerves in acupoints can be imagined and reconstructed without slice-destroy. Three acupoints, Hegu (LI-4), Guanyuan (CV 4) and Zusanli (ST 36), are selected to analyze and 3D-reconstructed with Imaris software. We found blood vessels of Guanyuan distribute into three groups according to their location depth, the 1st layer corresponding to dermis, and the 2nd and 3rd corresponding to muscle. The 1st layer vessels form ladder-like connections, the 2nd layer vessels form well-like structures, and the 3rd layer vessels stretch along the muscle fibers. The 1st layer vessels have most connections with each other and reach to the most branching level of 10, with mean diameter of  $7.94 \mu\text{m}$ . The 2nd layer vessels have the largest mean diameter of  $20.01 \mu\text{m}$ ; ramify to the level of three. The 3rd layer vessels have similar mean diameter with the 1st layer of  $7.55 \mu\text{m}$ , and ramify to the level of three. Nerves shown by TH antibody appeared to intertwine with vessels, and form a same patten with the 3rd layer vessels. The branching point may follow certain topological rules, waiting to be further explored. In the non-acupoint area, we didn't find vessels distributed in different way according to the depth, and only stretched along the muscle fibers.

Using Mapper tool offered by Python, there are obviously more branch and loop structures of vessels in acupoint compared with non-acupoint area. But no obvious feature difference of neurons between acupoint and non-acupoint area. With the analyses of tda tool, stabilize loop structures are found in vessels and neurons of acupoint or non-acupoint area. The difference between acupoint and non-acupoint area is the size of loop structures. In acupoint area, size of acupoint loops of both vessels and neurons are bigger than non-acupoint area. But limited by individual data analysis, it's hard to put these features as common features. More analysis about comparisons between acupoints and non-acupoints, between before-acupuncture and after-acupuncture should be done to find more solid conclusions.

#### **9. 陈旻昕, 苏州大学数学系**

**题目:** Efficient and Qualified Mesh Generation for Gaussian Molecular Surface Using Piecewise Trilinear Polynomial Approximation

**摘要:** Recent developments for mathematical modeling and numerical simulation of biomolecular systems raise new demands for qualified, stable, and efficient surface meshing, especially in implicit-solvent modeling. In our former work, we have developed an algorithm for manifold triangular meshing for large Gaussian molecular surfaces, TSMesh. In this talk, I will introduce our recent work on new algorithms to greatly improve the meshing efficiency and qualities, and implement into a new program version, TSMesh 2.0. In the first step of TSMesh 2.0, a new adaptive partition and estimation algorithm is proposed to locate the cubes in which the surface are approximated by piecewise trilinear surface with controllable precision. Then, the piecewise trilinear surface is divided into single valued pieces by tracing along the fold curves, which ensures that the generated surface meshes are manifolds. Numerical test results show that TSMesh 2.0 is capable of handling arbitrary sizes of

molecules and achieves ten to hundreds of times speedup over the previous algorithm. The result surface meshes are manifolds and can be directly used in boundary element method (BEM) and finite element method (FEM) simulation.

**10. 郭栋梁**, 燕山大学信息科学与工程学院

**题目:** 动态模拟下分子空腔结构的时空拓扑特征可视分析

**摘要:** 动态模拟下生物分子空腔 (Cavity) 分析在分子生物学和生物化学领域具有重要的实际意义。由于隐蔽性、动态性等因素, 介观级原子数的大分子空腔可视分析面临着巨大挑战。我们的研究工作以 Cavity 时空拓扑特征为出发点, 实现动态环境中分子 Cavity 的高效感知可视化及分析。通过研究面向 Cavity 感知的分子结构可视化、基于拓扑特征的动态 Cavity 可视化和动态 Cavity 交互式可视化探索, 解决分子动态模拟的条件下辅助专家分析 Cavity, 以及大分子上高性能光照这两个关键科学问题。这些工作的研究意义旨在建立面向 Cavity 感知的分子结构可视化以及交互方法, 为领域专家交互式探索 Cavity 结构奠定相应的可视化理论和技术基础。

**11. 黄飞龙**, 北京龙博兰医学研究院

**题目:** 从胚胎发育、肿瘤侵袭、血栓形成等的拓扑性引发的生物医学的科学思考

**摘要:** 待定

**12. 吕艳芬**, 中国人民大学

**题目:** A novel probability method of prediction protein-protein interface residues pair from noise data

**摘要:** A new atoms contact frequency for noise protein-protein complex data are defined. It is different from one presented by Howook Hwang et al and using it to predict protein-protein interface residue pairs. We carried out experiments on the ZDOCK 3.0.2 6 degree sampling (noise protein-protein complex data). The accuracy of prediction is as high as 90.91%, of which one protein is correct for 7 of the top 10 pairs, another

protein is 4 correct for the top 10 pairs. Higher accuracy than some well-known results confirm the performance of the method.

### 13. 赵天力，中南大学湘雅二医院

**题目：**利用拓扑学原理对心内结构进行可视化三维重构的探讨

**摘要：**心内结构的三位重构特别是心脏瓣膜的可视化三维重构一直是心脏诊断方面的难题，由于结构复杂且各种诊断手段各有限制，我们一直未探寻到一种能对心脏瓣膜可视化三维重构的有效手段，本次旨在探讨是否有可能利用拓扑学原理对心脏瓣膜结构进行精确的可视化三维重构。

### 三、参会人员名单

1	陈波	华中科技大学	bobchen@hust.edu.cn
2	陈会敏	南开大学	2455637006@qq.com
3	陈君达	复旦大学	10110180019@fudan.edu.cn
4	陈旻昕	苏州大学	chenminxin@suda.edu.cn
5	陈麒先	大连理工大学	qixian@dlut.edu.cn
6	代伟	河北经贸大学	vividai@foxmail.com
7	丁帆	北京大学	dingfan@math.pku.edu.cn
8	丁雁鸿	河北师范大学	yanhongding@163.com
9	段海豹	中国科学院	dhb@math.ac.cn
10	鄂强	大连海事大学	eqiang@dlmu.edu.cn
11	范飞飞	中山大学	fanfeifei@mail.nankai.edu.cn
12	房冰	大连理工大学	917340959@qq.com
13	冯异	复旦大学	fengyi17@fudan.edu.cn
14	付佳	河北师范大学	1830284074@qq.com
15	高红铸	北京师范大学	hzgao@bnu.edu.cn
16	高婷	大连理工大学	525882076@qq.com
17	高亚茹	大连理工大学	gaoyaru@mail.dlut.edu.cn
18	桂升	中国科学院	guishengjxnu@126.com
19	郭栋梁	燕山大学	dongliangguo@ysu.edu.cn
20	Han Fei	National University of Singapore	mathanf@nus.edu.sg
21	何莉莹	石家庄铁道大学	heliying1633@163.com
22	胡世军	中南大学	hushijun@csu.edu.cn
23	胡薇	复旦大学	15301050259@fudan.edu.cn
24	黄保军	亳州学院	Huangbaojun006-6@163.com
25	黄飞龙	北京龙博兰医学研究院	859323081@QQ.com
26	研究生	北京龙博兰医学研究院	859323081@QQ.com
27	黄瑞芝	中国科学院	huangrz@amss.ac.cn
28	姜川	河北师范大学	chuanj@hebtu.edu.cn

29	金贤安	厦门大学	xajin@xmu.edu.cn
30	雷逢春	大连理工大学	fclei@dlut.edu.cn
31	李风玲	大连理工大学	dutlfl@163.com
32	李京艳	石家庄铁道大学	yanjinglee@163.com
33	李梦旭	南开大学	1310999457@qq.com
34	李鹏程	中国科学院	Xiaotianshishou@163.com
35	李起升	河南大学	lqs@henu.edu.cn
36	李日成	河北师范大学	richeng_cn@163.com
37	李维萍	西南交通大学	w.li@okstate.edu
38	李小旺	厦门大学	Xwli91@163.com
39	李志国	河北工业大学	jacob1234@163.com
40	梁 良	辽宁师范大学	Liang_liang@aliyun.com
41	刘承宜	华南师范大学	909616975@qq.com
42	刘登品	广西师范大学	aaldp520@126.com
43	刘敬泽	河北师范大学	liujingze@hebtu.edu.cn
44	刘帅鹏	中国科学院	lsp_math@163.com
45	刘 祥	南开大学	xjwang@nankai.edu.cn
46	刘秀贵	南开大学	Xgliu@nankai.edu.cn
47	刘 晔	日本北海道大学	liu@math.sci.hokudai.ac.jp
48	柳 翔	首都师范大学	nz_liu1989@163.com
49	卢本卓	中国科学院	bzlu@lsec.cc.ac.cn
50	卢雪梅	石家庄铁道大学	2728024323@qq.com
51	吕艳芬	中国人民大学	lyf20130327wd@163.com
52	吕 志	复旦大学	zlu@fudan.edu.cn
53	马继明	复旦大学	majiming@fudan.edu.cn
54	马 凯	河北师范大学	makai@hebtu.edu.cn
55	母雪薇	广西师范大学	13045321015@163.com
56	潘 铎	河北师范大学	846882696@qq.com
57	潘建中	中国科学院	Pjz@amss.ac.cn

58	庞 斌	北京理工大学	Pangbin1205@163.com
59	彭佳杰	西北工业大学	jjajiepeng@nwpu.edu.cn
60	任世全	广东海洋大学	srenmath@126.com
61	沈 力	南开大学	xjwang@nankai.edu.cn
62	沈文淮	华南师范大学	shenn@scnu.edu.cn
63	宋汝志	河北师范大学	1399848219@qq.com
64	苏笑梅	河北师范大学	124791579@qq.com
65	苏 阳	中国科学院	suyang@math.ac.cn
66	孙思宇	辽宁师范大学	18840828562@163.com
67	孙艺丹	辽宁师范大学	1499154151@163.com
68	童 川	南开大学	602796568@qq.com
69	V. Bardakov	Novosibirsk State University	bardakov@math.nsc.ru
70	王 冲	中国人民大学	wangchong_618@163.com
71	王丹婷	河北工程大学	numberoneabc@163.com
72	王格非	南开大学	1412640@mail.nankai.edu.cn
73	王家军	北京大学	wjiajun@pku.edu.cn
74	王健波	天津大学	wjianbo@tju.edu.cn
75	王 晶	长沙学院	wangjing1001@hotmail.com
76	王向军	南开大学	xjwang@nankai.edu.cn
77	王雪晴	辽宁师范大学	hhgg1983208220@163.com
78	王彦英	河北师范大学	yywang@hebtu.edu.cn
79	汪义瑞	安康学院	Akwyr69@163.com
80	王玉玉	天津师范大学	wdoubleyu@aliyun.com
81	魏 玮	河北师范大学	1160852604@qq.com
82	翁 文	华南师范大学	627450668@qq.com
83	邬恩信	汕头大学	exwu@stu.edu.cn
84	吴 杰	National University of Singapore	matwuj@nus.edu.sg
85	吴语来	海南大学	gengdt@163.com
86	夏克林	Nanyang Technological University	xiakelin@ntu.edu.sg

87	谢 桑	南开大学	1039564340@qq.com
88	邢东方	河北师范大学	1253447738@qq.com
89	熊跃山	华中科技大学	yueshan_xiong@hust.edu.cn
90	徐 妍	大连理工大学	417619336@qq.com
91	闫茹玉	河北师范大学	yryhbu@163.com
92	杨小飞	西安工程大学	yangxiaofei2002@163.com
93	姚 卫	河北科技大学	yaowei0516@163.com
94	姚 远	香港科技大学	yuany@ust.hk
95	叶圣奎	西交利物浦大学	Shengkui.ye@xjtlu.edu.cn
96	易思恒	南开大学	604845337@qq.com
97	于 立	南京大学	yuli@nju.edu.cn
98	岳云光	大连理工大学	Gyyue1990@163.com
99	张丛磊	河北师范大学	yu123shi45@163.com
100	张 捷	复旦大学	jzhang080@gmail.com
101	张蒙蒙	河北师范大学	2293175501@qq.com
102	张 平	重庆大学	pzh@cqu.edu.cn
103	张 强	西安交通大学	Zhangq.math@xjtu.edu.cn
104	张晓欢	河北师范大学	1067227400@qq.com
105	张艳琼	大连理工大学	1332543852@qq.com
106	张志国	河北师范大学	zhangzhiguo123321@163.com
107	赵 浩	华南师范大学	zhaohao@scnu.edu.cn
108	赵乃泽	河北师范大学	554578051@qq.com
109	赵素倩	河北科技大学	suqianzhao@126.com
110	赵天力	中南大学	Zhaotianli@csu.edu.cn
111	赵小然	辽宁师范大学	1844260174@qq.com
112	赵学志	首都师范大学	4019@cnu.edu.cn
113	赵 彦	河北师范大学	zhaoyan992004@126.com
114	郑 玮	辽宁师范大学	13199632008@163.com



## 四、相关信息

**1、住宿：观和国际酒店**（报到地点在观和国际酒店一楼大厅，酒店提醒 26 号下午可以办理入住手续，26 号上午报到者有可能临时需要等待）

**地址：**石家庄市裕华区南二环与裕翔街交口，沿裕翔街南行 500 米路西，河北师范大学东门（南焦客运站对面）。

**酒店总台电话：**0311-80981188/80981199

**2、用餐：** 早餐、午餐在观和国际酒店一楼西雅厅； 晚餐在二楼北洋厅

**3、乘车路线：**

**(1) 石家庄火车站--观和国际酒店：**乘坐 72 路（火车站西广场）、59 路（火车站西广场南或火车站东广场南）、2 环 2 路（火车站西广场南或火车站东广场南）公交车到南焦客运站下车，目的地位于河北师范大学东门（南焦客运站对面）。打车约 18 分钟，费用约 10 元。

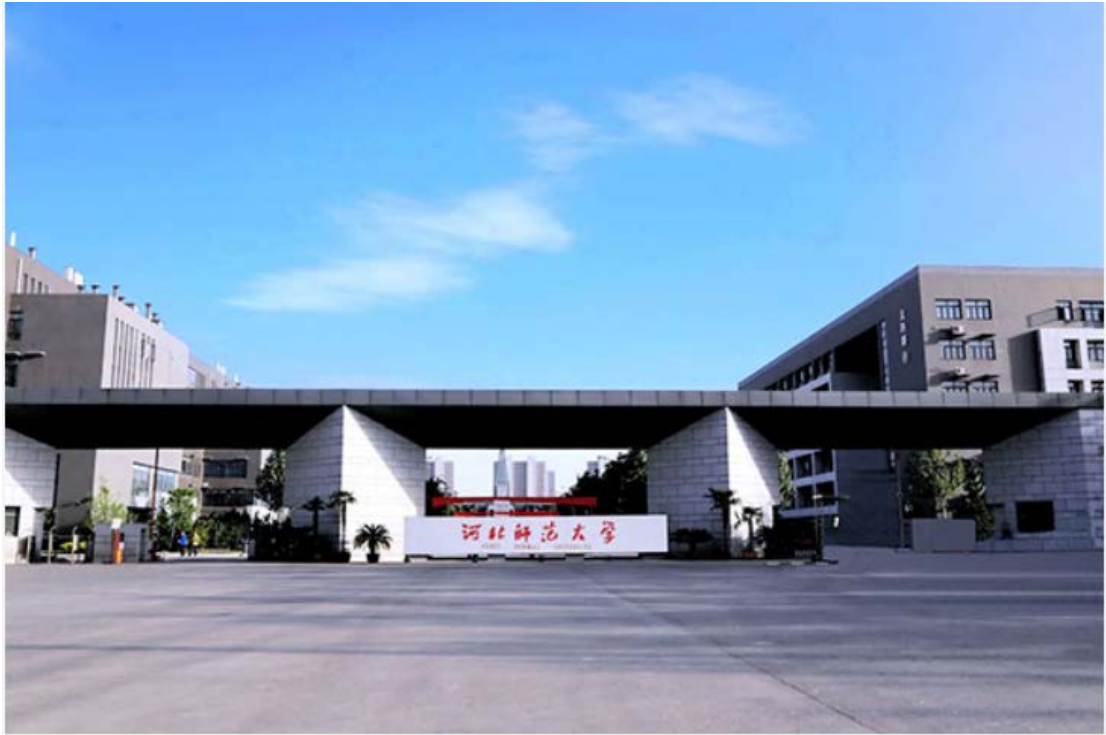
**(2) 火车北站--观和国际酒店：**乘坐 75 路（火车北站）公交车到南焦客运站下车，目的地位于河北师范大学东门（南焦客运站对面）。打车约 35 分钟，费用约 35 元。

**(3) 正定机场--观和国际酒店：**乘坐机场巴士 3 号线到南焦客运站下车，沿裕翔街南行 500 米路西，目的地位于河北师范大学东门（南焦客运站对面）。打车约 46 分钟，费用约 120 元。

**(4) 裕华高速路口--观和国际酒店：**自裕华高速路口步行 980 米，在东二环槐北路口站乘 2 环 1 路公交车到南二环体育街口站下车，沿裕翔街南行 500 米路西，目的地位于河北师范大学东门（南焦客运站对面）。打车约 16 分钟，费用约 20 元。

**4、会议报告厅使用笔记本放映幻灯片，另有白板。**

**5、酒店房间有 wifi。**



会务组通讯方式：河北省石家庄市南二环东路 20 号河北师范大学数学与信息科学学院，邮编：050024，联系人：丁雁鸿，  
E-mail:yanhongding@163.com，电话：13722799311