



## “第五届中国计算蛋白质组学研讨会”第二轮通知

The Fifth China Workshop on Computational Proteomics (CNCP-2018)

2018年8月22日-23日  
中国科学院计算技术研究所，北京

### 一、会议简介

为了推动中国的计算蛋白质组学研究，促进国内蛋白质组学领域的学术交流，2018年8月22日至23日，中国科学院计算技术研究所 pFind 团队将联合中国人类蛋白质组学会 (CNHUPO)、北京蛋白质组研究中心徐平实验室、北京生命科学研究所董梦秋实验室、中国科学院大连化学物理研究所张丽华实验室，在北京举办“第五届中国计算蛋白质组学研讨会 (CNCP-2018)”。

CNCP 办会宗旨是学术优先、其他从简。自 2010 年起，CNCP 会议保持两年一届的传统，迄今已成功举办四届。相比往届 CNCP 会议，CNCP-2018 特色包括：

**第一，首次开展蛋白质组学数据采集系统性能评测与优化活动。**2018 年 4 月初，我们联合 Thermo 公司和国内十个生物质谱实验室，基于各实验室已有的色谱-质谱平台，针对 Thermo 公司提供的标准 HeLa 细胞样品分别采集质谱数据，采用最新的 pFind 系列软件分析数据、发现问题、反馈改进、提升性能。6 月起，我们已邀请更多的实验室参加此次联合评测与优化活动。相关结果将在第五届 CNCP 大会上进行总结报告。

**第二，根据当前热点设置多个专题，以较高密度报告促进交流。**本次会议新设研究专题包括糖蛋白质组学 (Glyco-proteomics)、自顶向下蛋白质组学 (Top-Down proteomics)、非数据依赖采集 (Data-Independent Acquisition, DIA)、化学蛋白质组学 (Chemical Proteomics) 等，每个专题安排三至四名学者进行集中报告，在同一个



专题内促进更深入的交叉科学研究。

第三，本次会议报告人的新人率为 **100%**。所有报告人由领域内的资深学者和往届的报告人共同推荐产生，且均为首次登上 CNCP 讲坛，这其中既包括若干资深专家，也包括几位刚刚回国工作的年轻 PI 和刚刚毕业不久的优秀 PhD（详见会议官方网站：<http://cncp.ict.ac.cn>）。

## 二、研讨内容

会议主题：计算蛋白质组学

研讨内容：

- A. 质谱数据分析新方法
- B. 蛋白质组鉴定与定量新技术
- C. 翻译后修饰分析
- D. 蛋白质交联与结构解析
- E. 蛋白质基因组学

## 三、邀请专家

2018 年 8 月 22 日和 23 日两天全天为邀请专家作大会报告，邀请的 25 位专家名单如下（按姓名笔划为序）：

王红霞、王初、王泽峰、王冠博、冯晋文、刘延盛、李建科、李惠琳、杨靖、轩玥、邱继辉、余风潮、张策、张琪、张瑶、张耀阳、周敏、秦洪强、袁作飞、袁辉明、郭天南、陶纬国、黄光明、常乘、曾文锋。

专家介绍请参见会议官方网站：<http://cncp.ict.ac.cn/2018/experts.html>。

## 四、大会报告

大会共设 26 个报告，具体报告题目如下（按姓名笔划为序）：



报告编号	报告题目	报告人	报告人单位
1	Quantitative proteomic and kinomic analysis of hepatocellular carcinoma tissues by SWATH-MS reveals complex reprogramming of cell metabolic pathways	王红霞	军事医学科学院 国家生物医学 分析中心
2	Selenium-encoded chemical proteomics	王初	北京大学
3	Increasing Complexity of Human Proteome: from Alternative Splicing to Alternative Translation	王泽峰	中国科学院 -马普学会 计算生物学伙伴 研究所
4	Characterization of oligomeric and nonnative proteins using hybrid mass spectrometric approaches	王冠博	南京师范大学
5	Firmiana: towards a one-stop proteomic cloud platform for data processing and analysis	冯晋文	国家蛋白质 科学中心
6	Quantifying the Genetic Control of Disease Proteotypes by Data Independent Acquisition	刘延盛	Yale University
7	A comprehensive investigation of data dependent acquisition workflow for deep coverage of proteome	刘超	中国科学院 计算技术研究所
8	Proteome reveals highly activated protein synthesis and carbohydrate metabolism of hypopharyngeal glands in honeybee worker driven the enhanced performance of royal jelly secretion	李建科	中国农业科学院 蜜蜂研究所
9	Native Top-Down Mass Spectrometry Meets Structural Biology: Enabling Tools to Link Sequence, Structure and Function of Macromolecular Protein Complexes	李惠琳	中山大学
10	Discovery of Unexpected Protein PTMs by Quantitative Chemoproteomics	杨靖	国家蛋白质 科学中心
11	Advancing Mass Spectrometry-based Large-Cohort Proteomics for Precision Medicine – An International Cancer Moonshot Multiple Site Study	轩玥	Thermo Fisher Scientific
12	Glycotopes and Protein Glycosylation Analysis at Omics level - Less is More	邱继辉	台湾中央研究院 生物化学研究所
13	PTM-Invariant Peptide Identification	余风潮	香港科技大学
14	Genome mining and structural characterization of sactipeptides, a class of ribosomally synthesized and posttranslationally modified natural products	张琪	复旦大学



15	A Computer Scientist's Journey of Opening up OpenSWATH	张策	ETH Zürich
16	Series of H37Rv-specific novel genes revealed by proteogenomics for rapid and accurate diagnosis of Mycobacterium tuberculosis complex in clinic	张瑶	中山大学
17	Aspirin Reprograms Acetylome in Mouse	张耀阳	中国科学院 生物与化学 交叉研究中心
18	基于质谱技术的结构和动态生物学研究	周敏	南京理工大学
19	A Draft Map of the Protein Glycosylation in Mouse Brain	秦洪强	中国科学院 大连化学物理 研究所
20	Demonstrating the relationship of epi-proteomics, whole-proteomics, and phospho-proteomics	袁作飞	University of Pennsylvania
21	Novel Solid-Phase Alkylation Materials for Universal Proteomic Sample Preparation	袁辉明	中国科学院 大连化学物理 研究所
22	Ten computational challenges in SWATH/DIA-based high-throughput proteomics	郭天南	浙江西湖高等 研究院
23	Promise and Challenges in Developing Proteins in Extracellular Vesicles as Biomarkers	陶纬国	Purdue University 东南大学
24	Native Protein Identification via In Cell Mass Spectrometry: Challenges and Opportunities	黄光明	中国科学技术 大学
25	A journey to the unbiased label-free protein quantification by predicting peptide quantitative factors	常乘	国家蛋白质 科学中心
26	pGlycoNovo: a database-free algorithm for large-scale identification of intact glycopeptides	曾文锋	中国科学院 计算技术研究所

## 五、报名回执与酒店预订

CNCP-2018 会议将于 2018 年 8 月 22 日至 23 日在北京中科院计算所召开，欢迎从事与计算技术和蛋白组学研究相关的科研人员和研究生报名参会，大会免收注册费。由于会场座位有限，按接收到的注册报名时间顺序优先安排前 150 名，请于 **2018 年 8 月 10 日** 之前在官方网址 <http://cncp.ict.ac.cn/2018/registration.html> 填写



会议注册报名信息，收到提交后我们会发送确认邮件，如果一周内没有收到确认邮件，请电话联系（86-10-62600822）。

为了提高会议的组织效率和维持良好现场秩序，本次 CNCP 会议不接受任何现场注册。

由于 8 月是北京旅游旺季，请参会代表提前自行预订酒店，计算所周边的酒店参考信息如下：

宾馆名称	联系电话	房间价格（仅供参考）	地址	备注
物科宾馆	010-82649140	标准间：338 元 三人间：468 元 四人间：568 元	海淀区中关村南三街 8 号（中科院物理所院内）	距离计算所 500 米，步行至会场约 5 分钟
恒兴商务酒店	010-62629988	标准间：350 元	海淀区中关村东路 89 号恒兴大厦	距离计算所 600 米，步行至会场约 7 分钟
骏马国际酒店	010-82885858	标准间：720 元	海淀区中关村南路南 1 条甲 2 号	距离计算所 660 米，步行至会场约 8 分钟
北京辽宁大厦	010-62589999	标准间：780 元	海淀区北四环西路甲二号（保福寺桥东南角）	距计算所 1 公里，步行至会场约 15 分钟
北大中关村新园	010-53730570	标准间（1 号楼）：580 元 标准间（9 号楼）：650 元	北京市海淀区中关村北大街 126 号	距离会场约 1.5 公里，步行至计算所约 20 分钟



## 六、联系我们

会议主办：中国科学院计算技术研究所、中国人类蛋白质组学会（CNHUPO）、  
北京蛋白质组研究中心徐平实验室、北京生命科学研究所以董梦秋实验室、  
中国科学院大连化学物理研究所张丽华实验室

会议承办：中国科学院计算技术研究所生物信息学实验室 pFind 团队

会议网站：<http://cncp.ict.ac.cn>

联系邮件：[cncp@ict.ac.cn](mailto:cncp@ict.ac.cn)（非紧急会务请使用该邮件联系）

联系电话：010-62600822（紧急会务，请联系汪老师）



CNCP-2018 会议注册报名



CNCP-2018 会务通知微信群