



京城金秋，胜友如云；千里逢迎，高朋满座

——第五届中国计算蛋白质组学研讨会（CNCP-2018）全景回顾

一. 会议概况

2018年8月22日至23日，中国科学院计算技术研究所 pFind 团队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，在北京举办了第五届中国计算蛋白质组学研讨会（CNCP-2018, China Workshop on Computational Proteomics）。海内外 150 多位专家学者和青年学生参加了本届会议。



“计算蛋白质组学”是蛋白质组学重要的研究方向，包括蛋白质鉴定、蛋白质定量、翻译后修饰分析、交联蛋白质鉴定和糖蛋白质鉴定等众多研究内容。随着质谱数据规模的不断扩大，领域对计算在蛋白质组研究中的应用也越来越关注。CNCP 为中国计算蛋白质组学研究提供了一个严肃又轻松的交流平台，并致力于促进蛋白质组学相关方向学者的交叉合作。

CNCP-2018 继承了往届 CNCP 的一贯原则：

- 1、学术优先、一切从简：只设邀请报告，并免收一切参会者的注册费；
- 2、优先新人，优先一线：报告人多为首次在 CNCP 登台做报告的海内外特邀专家；
- 3、同行推荐，本人登台：报告人均来自历届 CNCP 报告人推荐；为了保证报告质量，所邀请的报告人必须本人登台报告；
- 4、学术平等，严控时间：所有报告一律平等对待，报告时间一律严格控制。

中科院计算所 pFind 团队迟浩博士代表主办方致开幕词。他介绍了计算蛋白质组学的概念和由来，以及 2010 年至 2018 年，基因组学、生物信息学、蛋白质组学和计算蛋白质组学



在 PubMed 和 Google 检索结果的增长情况。随后，他介绍了 CNCP 历届会议及报告人邮件群建设，以及本届会议的基本情况与会议特色。

第五届中国计算蛋白质组学研讨会

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

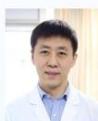
2018年8月22日-23日

特邀专家



王红霞

军事医学科学院
国家生物医学分析中心



王初

北京大学
化学与分子工程学院



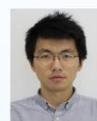
王泽峰

中国科学院-马普学会
计算生物学伙伴研究所



王冠博

南京师范大学
化学与材料科学学院



冯晋文

国家蛋白质科学
中心·北京



刘延盛

耶鲁大学
医学院



李建科

中国农业科学院
蜜蜂研究所



李惠琳

中山大学
药学院



杨靖

国家蛋白质科学
中心·北京



轩玥

赛默飞世尔科技
有限公司



邱继辉

台湾中央研究院
生物化学研究所



余风潮

香港科技大学
电子及计算机工程学系



张琪

复旦大学
化学系



张策

苏黎世联邦理工学院
计算机科学系



张瑶

中山大学
生命科学学院



张耀阳

中国科学院
生物与化学交叉研究中心



秦洪强

中国科学院
大连化学物理研究所



袁作飞

宾夕法尼亚大学
医学院



袁辉明

中国科学院
大连化学物理研究所



郭天南

西湖高等研究院
生命科学学院



陶纬国

普渡大学
生物化学系



黄光明

中国科学技术大学
化学系



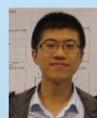
常乘

国家蛋白质科学
中心·北京



曾文锋

中国科学院
计算技术研究所



刘超

中国科学院
计算技术研究所

主办单位:  中国人类蛋白质组组织  中国科学院计算技术研究所  中国科学院大连化学物理研究所

 北京蛋白质组研究中心  北京生命科学研究所

赞助单位:  媒体单位:  音视频服务支持:  承办单位: 



CNCP-2018 安排了 24 个特邀报告，其中有四个专题集中安排了多个报告，包括非数据依赖采集技术专题、糖蛋白质组学专题、化学蛋白质组学专题和自顶向下的蛋白质组学/非变性质谱技术专题。同时，本届会议报告也覆盖了蛋白质定量方法、翻译后修饰分析算法及基于质谱技术的下游分析应用等多方面研究。

非数据依赖采集技术是当前最受人关注的研究热点之一。来自德国赛默飞世尔公司的轩玥博士报告了该公司在全球范围内的非数据依赖采集技术的标准化数据评测分析，分享了在非数据依赖采集技术上的实验质量控制、非同位素标记定量方面的成果；来自西湖大学的郭天南博士分享了他们团队在西湖大学开展的基于非数据依赖采集技术的数据分析云平台建设与数据分析的进展；来自苏黎世理工大学的张策博士报告了他们对非数据依赖采集分析的算法和硬件加速策略；来自军事医学科学院的王红霞研究员和来自耶鲁大学的刘延盛博士分别报告了非数据依赖采集技术在临床医学研究和唐氏综合症等疾病研究方面的应用。

糖蛋白质组学是较为年轻的组学技术。来自台湾中研院生物化学研究所的邱继辉研究员给我们带来了结合多种质谱技术的微观不均一性的糖链解析和糖蛋白解析方法的报告；来自中国科学院大连化学物理研究所的秦洪强博士分享了糖蛋白质组学质谱流程搭建与分析方面的工作；来自计算所的曾文锋博士报告了糖肽鉴定算法与软件方面的最新研究成果。

自顶向下的蛋白质组学/非变性质谱技术也是近几年兴起的蛋白质组学研究方向。来自中国科学技术大学的黄光明教授分享了他们开发的针对非变性蛋白质解析的离子源技术；来自中山大学的李惠琳教授分享了自顶向下的非变性蛋白质质谱技术在蛋白质复合物的测序、结构以及功能信息的解析方面的应用；来自南京师范大学的王冠博教授报告了如何使用不同的自顶向下的质谱方法来对寡聚态和非变性蛋白质进行分析。

化学蛋白质组学是结合化学方法对蛋白质进行研究的组学技术。来自北京大学的王初教授报告了含硒蛋白质的分析难点和分析算法；来自复旦大学的张琪教授分享了核糖体肽类化合物的合成和解析方面的工作；来自北京蛋白质组研究中心的杨靖博士带来了利用定量化学蛋白质组学方法发现意外修饰的工作。

翻译后修饰的研究依然是计算蛋白质组学的热点问题。来自中国科学院-马普学会计算生物学伙伴研究所的王泽峰研究员给我们带来了精氨酸上的甲基化修饰对 RNA 加工和翻译过程的调控的研究；来自美国普渡大学的陶纬国研究员分享了糖蛋白、磷酸化蛋白作为疾病标志物的发现与验证的研究工作；来自美国宾夕法尼亚大学的袁作飞博士分享了他们在组蛋白和磷酸化蛋白解析算法方面的进展。

蛋白质样品预处理、蛋白质定性定量的算法与软件开发一直是蛋白质组学的一个永恒的



话题。来自中国科学院大连化学与物理研究所的袁辉明博士分享了一站式快速样品预处理的方法；来自复旦大学的冯晋文博士给我带来了一站式蛋白质组学分析云平台——Firmiana（梧桐树）的报告；来自香港科技大学的余风潮博士分享了基于谱图中多个短氨基酸序列标签进行肽段开放式搜索的算法；来自北京蛋白质组研究中心的常乘博士报告了他们在蛋白质非标记绝对定量方面的研究工作。

对于计算蛋白质组学/质谱技术的应用，来自中国科学院生物与化学交叉研究中心的张耀扬研究员报告了利用质谱技术探索阿司匹林对生物体进行影响的生物机理，来自中山大学的张瑶博士分享了蛋白质基因组学在结核分枝杆菌致病性研究方面的应用，来自中国农业科学院蜜蜂研究所的李建科研究员介绍了使用蛋白质组学方法进行蜂王浆高产品种的高产机理研究。

本届 CNCP 在继承中也有创新。主办方在 2018 年 3 月份发起了一次全国范围内的联合数据分析活动。该活动由计算所 pFind 团队主持，参与者包括了来自北京、上海、大连等国内的主要蛋白质组学实验室。活动旨在通过后期的数据分析来发现质谱实验条件可能存在的问题，从而反馈并且优化质谱实验条件，以提高质谱数据的质量与解析深度。计算所 pFind 团队刘超博士在会上报告了本次联合数据分析的最终结果。他提到，通过这次联合分析，各个实验室均或多或少发现了自身质谱实验条件存在的不同方面的问题，也发现了质谱条件优化的方向。优化后，在同一类样品、同样的质谱仪器下，部分实验室质谱数据解析效率提高了 30% 以上，说明通过计算发现问题与反馈方案，能够使质谱实验质量有很大的提高，也说明了计算技术能够为质谱实验优化提供很大的帮助。

CNHUPO 秘书长、北京蛋白质组研究中心徐平研究员致闭幕词。作为 CNCP 首届报告人，徐平见证了 CNCP 的发展历程，他表示 CNCP 已经成为了 CNHUPO 的一个品牌、一张名片，而且本届会议有大陆、台湾、海外华人学者、特别是众多学术新秀登上讲台，报告内容深刻体现了学科交叉与融合，听报告是一次令人兴奋的学术激荡。徐平特别指出，本届会议听到国内学者在仪器、试剂、软件国产化方面的新进展，令人充满期待。

报告人在 22 日 CNCP 特色晚宴上进行了深度交流。24 到 26 日，董梦秋实验室与 pFind 团队举办了第二届 CNCP-CXMS 交联质谱培训。至此，CNCP-2018 圆满结束。

赛默飞世尔公司独家赞助了本届会议，毛豆网提供了会议录像服务，分析测试百科网提供了会议摄像服务。本届会议报告详情请参考文末信息，部分报告人的文档及视频已经公开。



二. 数据评测

在蛋白质组学研究中，不管研究哪个层次、哪个类型的蛋白质组科学问题，采集高质量的数据、实现对复杂样品的深度覆盖是基础。国外 Coon 实验室和 Olsen 实验室在过去两年发表了一系列有代表性的文章，阐述质谱数据采集技术的进展与应用。我们在 CNCP-speaker 和 CNCP-reviewer 邮件群中与诸位同行进行了讨论，但总感觉“不解渴”，于是筹划做一次“实战”——大家真正采集一批数据，进行对比和分析。此前，pFind 团队与南方科技大学田瑞军实验室合作，研究优化 DDA 数据采集方案与深度解析，建立了一定的实践基础。2017 年底，我们决心结合 CNCP-2018 启动此次多实验室联合数据分析活动。

此次活动首先得到了 CNCP 组织者张丽华老师、徐平老师和董梦秋老师的大力支持，各位老师及其所在团队为本次实验方案提出了很多宝贵建议。最终，我们的实验方案明确为：
1、将相同的 HeLa 细胞样品分发给各实验室；2、各实验室使用自身已有的色谱-质谱平台采集 120 分钟梯度的质谱数据，提交给 pFind 团队；3、pFind 团队分析相关数据，反馈针对色谱-质谱参数的优化建议；4、各实验室优化方案，重新采集质谱数据。在方案确定期间，我们曾经想增加梯度或增加同批次的重复实验，但实践发现各实验室机时非常紧张，安排采集 120 分钟梯度的数据已经颇有困难，在第一次活动大家不清楚路线的情况下，再增加实验复杂度极有可能导致很多实验室望难却步。

CNCP2018联合数据分析



为保证样品的一致性和时效性，Thermo 公司提供产品化的 HeLa 细胞样品 (<https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/88328>) 并于 3 月中旬到位，后由董梦秋实验室统一保管、分发。随后的 4 月至 5 月间，我们分别专门联系了国内十家实验室，进行了第一轮分析。我们与 Thermo (上海) 的 Demo 实验室密切合作，测试了 QEHF-X 质谱仪的分辨率、碎裂窗口大小、最大离子注入时间等参数，并测试了数种色谱柱的性能。我们发



现，通过参数优化，蛋白质鉴定数目可提升 33.3%。其他实验室根据 pFind 团队反馈的优化建议，数据质量也有不同程度的提升。该结果充分证明了“干”“湿”实验结合，可以大大提升色谱-质谱平台的性能。

基于第一轮分析的经验，5月中旬，我们正式对外发布了通知。到8月中旬，又有7个实验室陆续提交了自己的数据。最终，17个参与实验室分别使用了 QEHF-X、Lumos、QE-HF、Fusion、QE plus、Elite、QE、Velos 这8种仪器，全部为 Thermo 公司出品，共提交 RAW 文件 51 个。pFind 团队对所有数据进行了分析和反馈。分析结果表明，2018 年面世的 QEHF 比 2009 年面世的 Velos 采集速度快 10 倍，好的质谱仪需要采集更多的二级谱图，提高谱图利用率，提升谱图质量。值得特别指出的是，各实验室使用的色谱性能（峰容量）差异较大，色谱在整个流程中的作用越来越重要。

详细分析结果请参考 pFind 团队刘超博士在 CNCP-2018 的[报告](#)或[视频](#)。

三. 晚宴交流

CNCP 第一天会后的晚宴是 CNCP 的保留节目。本届和历届报告人约 50 人应邀出席晚宴，品尝了花家怡园北京风味的菜肴。“席间不敬酒，席末不让走”是保留节目的精华所在，轻松的宴会后半程进入不轻松的晚会期。刘超主持了晚会，他请每位嘉宾选择一位在座嘉宾提问，被选中的嘉宾回答问题之后可以进一步提出自己的问题。二十多位嘉宾参与了问答环节，分享了困惑与智慧、欣喜与感伤。

困惑集中在学生培养的各个环节。关于招生，pFind 团队成员分享了招生时的 20+ 个交流问题。关于新生培养，多位嘉宾提及两种模式，一种是每个人安排不同的课题，独立创新，而另一种是高低年级编为一组，在传承中创新。多数嘉宾感觉前一种模式可能适合少数优秀学生，后一种模式可能适合更多学生。关于顺利毕业，有老师正在为学生犯愁，其实这也是普遍现象，涉及到学科交叉就更是如此。关于毕业后发展，嘉宾也都表示目前不乐观，尤其有计算背景的学生很容易被吸引到生物学外的热点领域。曾文锋谈及他愿意留在计算蛋白质组学继续研究的几个因素，有团队因素、导师因素，可能最重要的还是自己的初心。学生培养值得高度重视的另外一个原因，是团队当前的培养模式很容易传承到下一代，当自己的学生成为 PI，他复制了你的培养模式，你会感到心忧还是心安。

智慧来自学术发展的精彩问答。陶纬国提到本是生物背景的董梦秋成功拥抱质谱、拥抱软件的开放性思维，梦秋总结为需要做什么就做什么、就去寻找合作，尽可能不要能做什么就做什么。王冠博也分享了梦秋的另一观点，即研究可以冷门，但应用必须大众。黄光明



的答问同样精彩，他说年轻人时间紧迫，所以只能先做自己擅长的；年轻人资源有限，所以必须寻找合作者；如果觉得找合作者难，那么想想自己从头做会不会更难。

欣喜与感伤，既来自资深报告人，也来自青年报告人。在 CNCP 已经举办四届的情况下，本届还能做到 100% 报告人首次登台，可见咱们蛋白质组学水陆两军和友邻军种蓬勃发展，令人欣喜。科研教学岁月静好，常常不知今夕是何年，可是一参会发现报告人多数都不认识，恍惚之间不知自己是新人还是旧人，不免感伤。一方面，质谱正在进入每个大学、每个研究所，蛋白质组学应用即将呈现井喷之势，令人欣喜；另一方面，质谱研究还没有成为一个学科，蛋白质组学期刊影响因子一路下滑，令人感伤。郭天南提到要花一点时间做蛋白质组学的科普工作，也许下届 CNCP 可以设立一个科普专题，大家分享自己专业方向最经典、最有趣的积淀。

一问一答之间，时间过去了两个半小时，紧张从一桌传递到另一桌，很多在台上伶牙俐齿的嘉宾，在晚会问答环节或者一时想不好答案，或者一时问不出问题，晚会展现了其最朴实的一面。计算蛋白质组学新秀余风潮的直率一问，成为本届 CNCP 晚会的 Killer Question：“最近没见你的新作，你在忙啥呢？”晚会 9:30 结束，嘉宾如释重负，不禁感慨：世上真没有免费的晚餐啊！

四. 交联培训

交联质谱技术 (Cross-linking Mass Spectrometry, CXMS) 是近十多年来发展起来的一项新技术，它将质谱技术与交联技术相结合，在研究蛋白质结构与相互作用方面具有速度快、成本低和通量高等优势。然而，由于 CXMS 涉及到多个学科的交叉，要从头全面掌握核心技术，对于多数实验室来说需要较长的周期。北京生命科学研究所董梦秋实验室与 pFind 团队合作，已经在此领域探索了多年，积累了丰富的经验。为了促进 CXMS 技术的普及与广泛应用，借第五届中国计算蛋白质组学研讨会 (CNCP-2018) 之机，2018 年 8 月 24 日至 26 日，董梦秋实验室联合 pFind 团队共同举办了第二届 CNCP-CXMS 技术培训 (第一届是 2014 年的 CNCP 会后)。

实验室受质谱条件所限，仅能提供 8 个培训的名额，但报名仅开放了仅两天就有 15 位报名，最终我们筛选了在未来研究中可能真正需要该技术的 10 位学员。在准备此次培训内容时，为了有的放矢，我们先对学员进行了调查，多数学员希望能够培训的内容包括：交联试剂的分析、交联质谱的操作、交联数据的解析、假阳性判断、后续结构解读等等。结合学员的这些需求，我们针对性地准备了报告和实验的操作，以及各种有用的软件工具。



三天的培训内容覆盖了 CXMS 的各个方面：第一天上午介绍了 CXMS 的历史、应用和操作流程，下午进行了蛋白的交联反应实验和 SDS-PAGE 检测及酶切；第二天上午进行了质谱数据的采集，并讲解了交联鉴定软件 pLink 2 的使用方法，下午学员们将采集的数据用 pLink 2 进行了分析；第三天上午介绍了二硫键数据分析的操作流程和 Quantitative CXMS 的内容，下午老师们对学员们遇到的问题进行了集中答疑，学员们总结了这三天培训所学的内容，最后大家进行了合影留念。



本次培训通过手把手地带学员操作实验、安装软件、搜索数据和解读数据，一对一地指导学员掌握核心的技术方法，使学员们能够在三天的时间内就学到最重要的技术方法。培训后学员们反馈回非常积极的评价。来自南方科技大学的孔倩同学提到“董老师团队每一个人毫无保留地将这些优秀的技术教会了我们，并且耐心地解答着我们的每一个问题，让我感到十分地感动。”来自中山大学的博士后殷志斌总结说“我在本次培训期间印象最深刻的一件事是董老师课题组是一个十分有爱的课题组，不仅学术氛围好、治学态度严谨，还巧妙地将科学与艺术融合在了一起，在实验室和休息室中随处可见墙上满满的艺术画和实验室的‘难忘经历’，最特别的是大家还给实验室中每一个仪器设备都起了个可爱的名字。同时董老师团队的每一位老师同学都十分谦逊、博学，在这里大家可以无忧无虑、自由自在地探索未知的领域，而不是辛苦地‘搬砖’。我相信董老师团队的实验室氛围和治学态度对我来说是一笔无形的财富和典范，我也希望将这份精神带到日后的科研工作和实验室管理中。”

虽然培训已经结束，但涟漪激浪还在后头，希望学员们能够将学到的技术真正应用到自己的课题研究中，真正体验和掌握 CXMS 的实验设计、交联反应、质谱采集、数据解析与

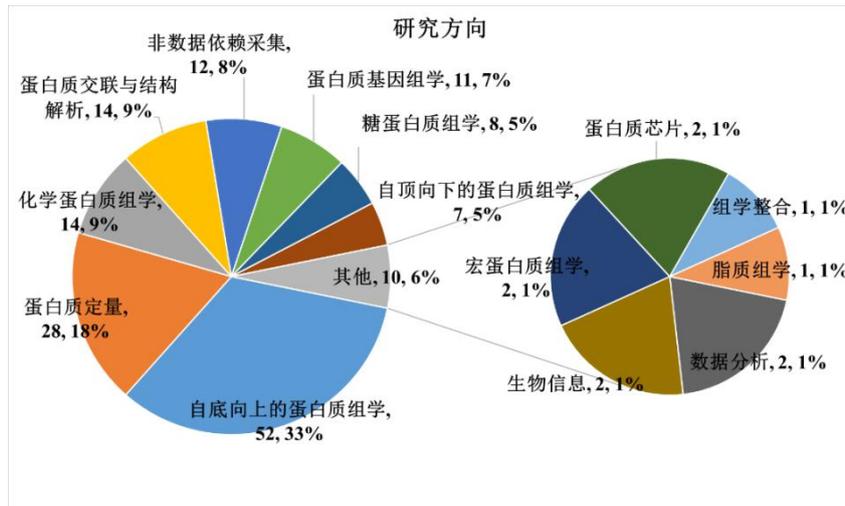


结构解读各个环节的技术。

五. 问卷调查

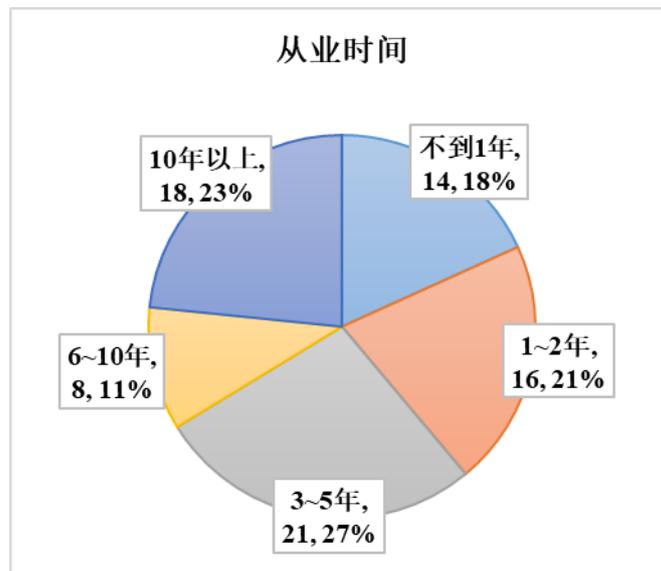
1. 研究方向

约 33% 的参与者研究自底向上的蛋白质组学，约 18% 的参与者研究定量蛋白质组学，另各有 9% 的参与者来自化学蛋白质组学和蛋白质交联领域。此外，本届大会也有蛋白质芯片、宏蛋白质组学、脂质组学的研究者。



2. 从业时间

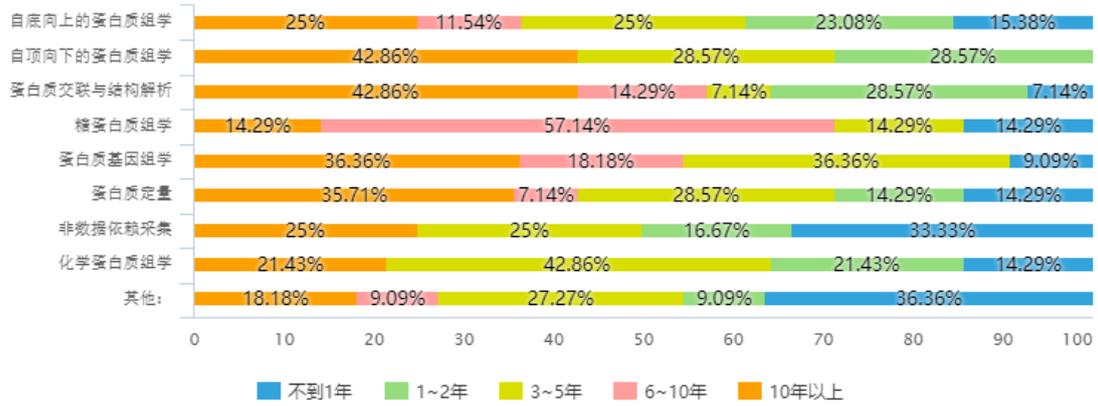
如果根据从业时间的长短，将 0~2 年划分为新生代初学者，3~10 年为中坚力量，10 年以上为资深专家，那么参与问卷调查的与会人员均匀分布在各个时间段，其中十年以上的资深专家占 23%，两年以下的新人占 39%。



将研究方向和从业时间进行交叉分析，发现此次大会中不同方向都有十年以上的资深专

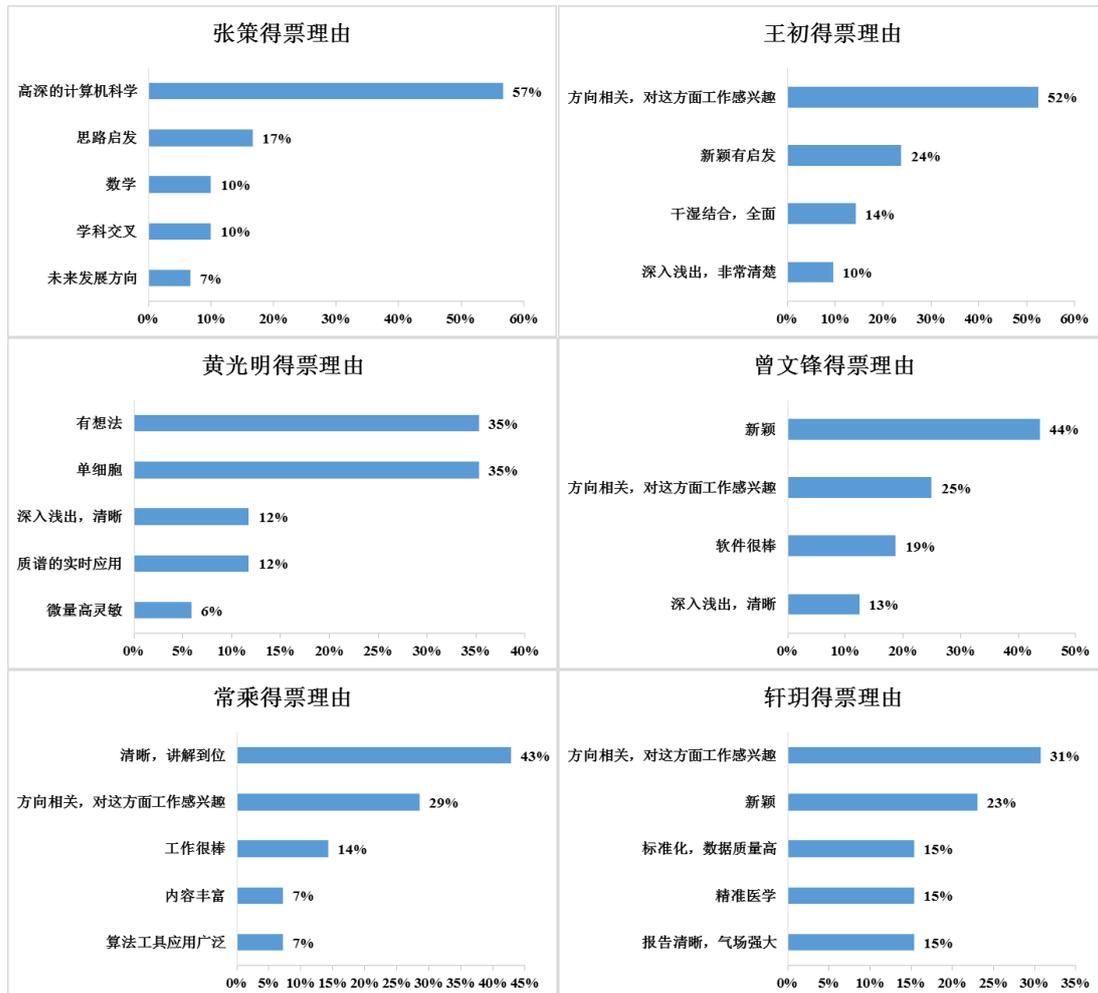


家参与。中坚力量和专家占比较多、新生代占比较少的方向是自顶向下的蛋白质组学，糖蛋白质组学和蛋白质基因组学。中坚力量和专家占比较少、新生代占比较多的方向为非数据依赖采集和其他方向（数据分析，生物信息。宏蛋白质组学，蛋白质芯片，组学整合，脂质组学，糖组学）。



3. 印象最深刻的报告

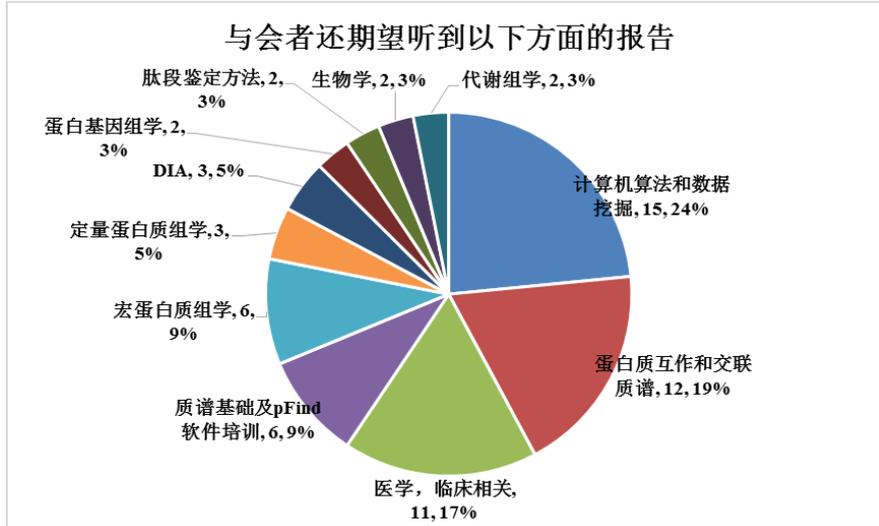
印象最深的报告得票数前六名分别为张策、王初、黄光明、曾文锋、轩玥和常乘的报告。





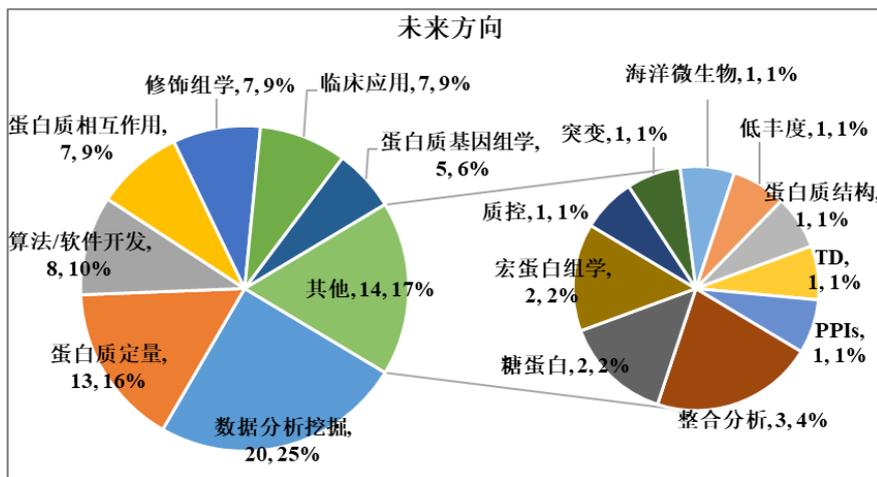
4. 本次会议没有涉及而与会者还期望听到的报告

其中，排名前三的分别为计算机算法和数据挖掘、蛋白质互动和交联质谱、医学、临床相关的报告。



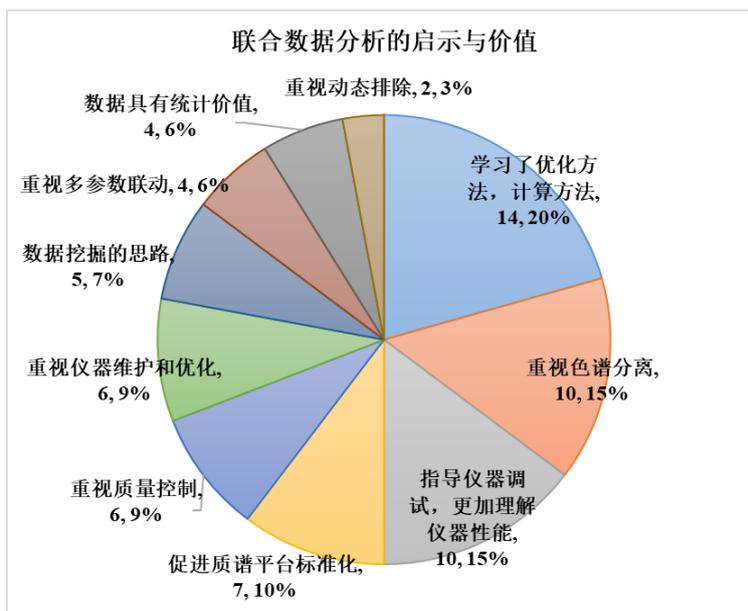
5. 未来五年，与会者对以下方向比较感兴趣

由下图可以看到，数据分析与挖掘在蛋白质组学领域增长势头强劲，是 25% 学者未来关注的方向，其次，定量(16%)也是广受关注的方向。



6. 联合数据分析的启示和价值

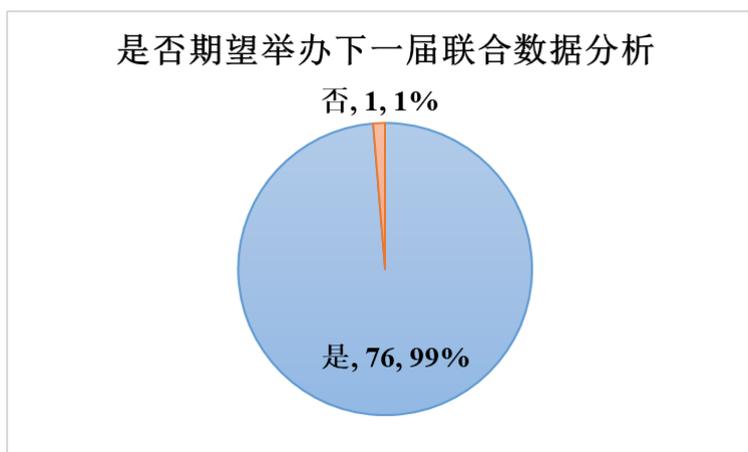
由下图可以得知，联合数据分析使部分参会学者(35%)理解了如何优化调试仪器，使学者更加重视行业交流、质量控制与标准化、质谱学概念和质谱仪的升级换代(52%)，此外，具有数据挖掘和统计价值(13%)。



7. 对本届联合数据分析的改进建议

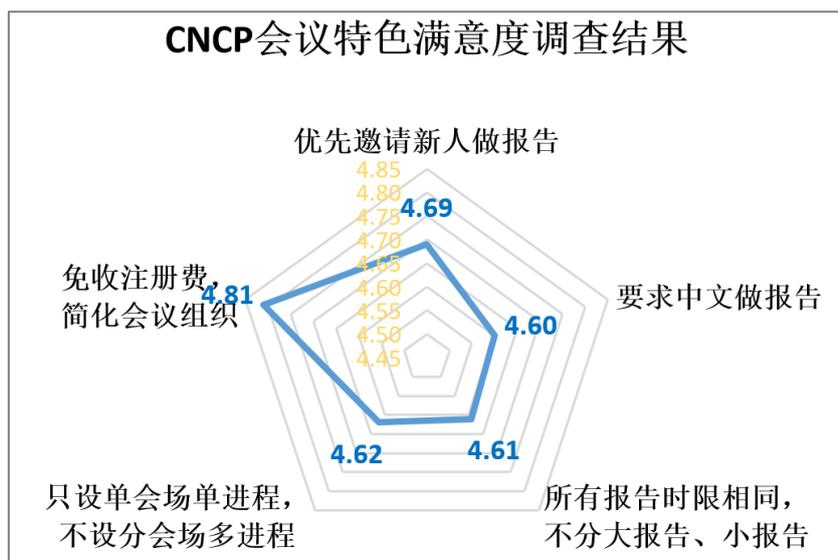
参会学者对联合数据分析的建议主要集中在数据获取、数据分析和会议报告上。在数据获取方面,学者们建议增大样本量,增加数据来源和种类,各仪器在多个时间点重复采样等。在数据分析方面,学者们提议增加定量分析的内容,如在里面混入标肽,作为定量质控,或者探究蛋白质强度是否也有显著差异,分析定量和修饰的联合评价;色谱分析更详细,如探究不同色谱条件对分离的影响等;也有学者建议引入比赛机制。在会议报告方面,学者们提出了标明实验室地理位置,给出具体参数,如何优化等建议,以使报告更加清晰易懂,更加全面。

同时,99%(76/77)的与会者期望举办下一届联合数据分析。



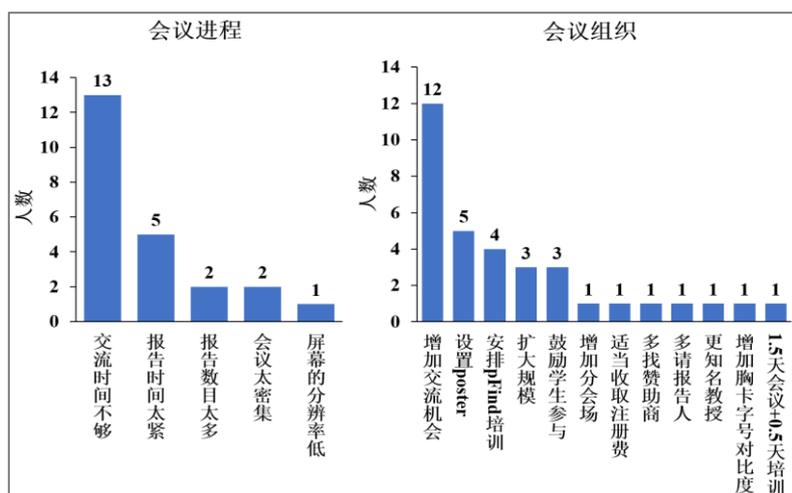
8. CNCP 会议特色满意度调查

在满分为5分的情况下,本届会议的总体满意度得分为4.78分,单项满意度均超过了4.60分,其中,免收注册费,简化会议组织获得最高满意度4.81分。



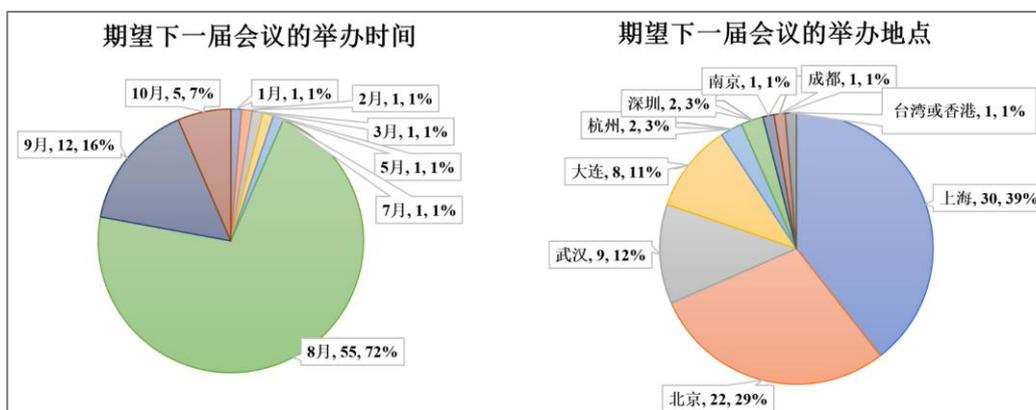
9. CNCP 会议改进建议

与会者提出的关于会议进程和组织方面的改进建议如下:



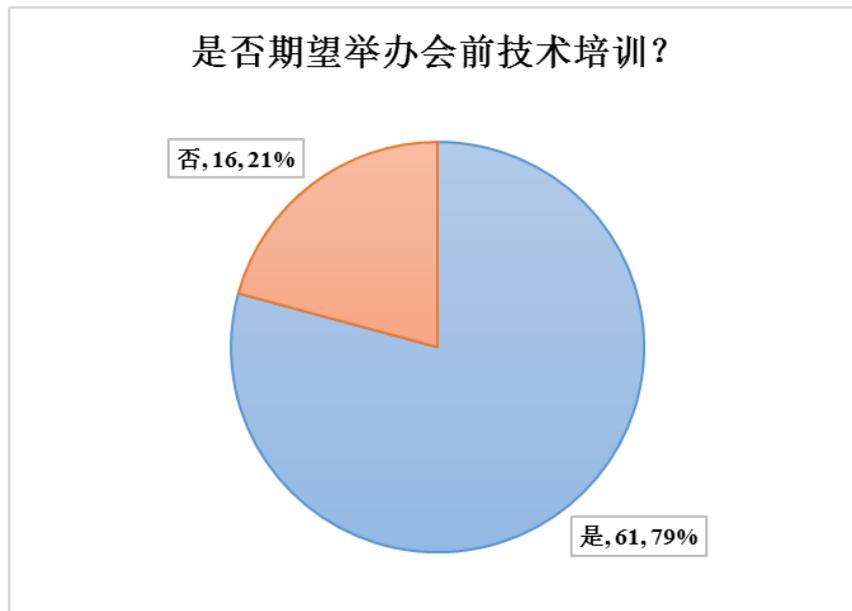
10. 对下届会议的期望

更多参会者期望下届 CNCP 会议 8 月份在上海举办:





同时，大多数人期望举办会前技术培训：



六. 结束语

CNCP-2018 已顺利闭幕。后人有关古风，单叙其事曰：

廿一科技响战鼓，生命科学位其首。
基因生信兴于前，后起之秀蛋白组。
序列功能与互作，纷繁分析出质谱。
奈何数据杂无序，计算蛋白欲为辅。
庚寅岁末丁亥初，华夏京城会龙虎。
宾分水陆聚风云，客并中外皆翘楚。
四会不觉日月长，戊戌岁中再起航。
赞助支持鼎足立，赛氏毛豆百科网。
廿五报告分双日，会议官网有名扬。
自顶向下并修饰，D.I.A.外尚有糖。
酒罢不归事有因，唯谈收获与分享。
更有评测兼培训，会前会后授锦囊。
八月良晤兴不浅，来日江湖再言欢。
因有良师携才俊，计算蛋白不畏难。
唯愿诸君齐努力，驰骋疆场定凯旋。

——中科院计算所 pFind 团队
2018 年 9 月 5 日



附：报告详细日程

2018年8月22日星期三上午：大会邀请报告(一)					
主持人：王冠博 袁作飞					
时间 Time	报告题目 Title	报告人 Speaker	报告人单位 Institution	报告视频 Video	报告幻灯 Slides
09:00-09:15	欢迎词 Opening Ceremony	迟浩	中国科学院计算技术研究所	观看	下载
09:15-09:45	Promise and Challenges in Developing Proteins in Extracellular Vesicles as Biomarkers	陶纬国	Purdue University 东南大学	观看	下载
09:45-10:15	Demonstrating the relationship of epi-proteomics, whole-proteomics, and phospho-proteomics	袁作飞	University of Pennsylvania	观看	
10:45-11:15	Native Protein Identification via In Cell Mass Spectrometry: Challenges and Opportunities	黄光明	中国科学技术大学	观看	下载
11:15-11:45	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		
11:45-12:15	Characterization of oligomeric and nonnative proteins using hybrid mass spectrometric approaches	王冠博	南京师范大学		下载



2018年8月22日星期三下午: 大会邀请报告(二)

主持人: 袁辉明 曾文锋

时间 Time	报告题目 Title	报告人 Speaker	报告人单位 Institution	报告视频 Video	报告幻灯 Slides
14:00-14:30	<u>Glycotopes and Protein Glycosylation Analysis at Omics level - Less is More</u>	<u>邱继辉</u>	台湾 中央研究院生物化学研究所		<u>下载</u>
14:30-15:00	<u>High Efficiency Characterization of Protein Glycosylation by Combining Glycosite and Site-specific Glycoform Analysis</u>	<u>秦洪强</u>	中国科学院大连化学物理研究所		
15:00-15:30	<u>pGlycoNovo: a database-free algorithm for large-scale identification of intact glycopeptides</u>	<u>曾文锋</u>	中国科学院计算技术研究所		
15:45-16:15	<u>New sample preparation methods for "bottom-up" proteomic analysis</u>	<u>袁辉明</u>	中国科学院大连化学物理研究所		
16:15-16:45	<u>Firmiana: towards a one-stop proteomic cloud platform for data processing and analysis</u>	<u>冯晋文</u>	复旦大学	<u>观看</u>	<u>下载</u>
16:45-17:15	<u>PTM-Invariant Peptide Identification</u>	<u>余风潮</u>	香港科技大学	<u>观看</u>	<u>下载</u>
17:15-17:45	<u>A comprehensive investigation of data dependent acquisition workflow for deep coverage of proteome</u>	<u>刘超</u>	中国科学院计算技术研究所	<u>观看</u>	<u>下载</u>



2018年8月23日星期四上午: 大会邀请报告(三)

主持人: 杨靖 常乘

时间 Time	报告题目 Title	报告人 Speaker	报告人单位 Institution	报告视频 Video	报告幻灯 Slides
09:00-09:30	<u>Series of H37Rv-specific novel genes revealed by proteogenomics for rapid and accurate diagnosis of Mycobacterium tuberculosis complex in clinic</u>	张瑶	中山大学		
09:30-10:00	<u>A journey to the unbiased label-free protein quantification by predicting peptide quantitative factors</u>	常乘	国家蛋白质科学中心 北京	<u>观看</u>	<u>下载</u>
10:00-10:30	<u>Systematic survey of PRMT interactome reveals key roles of arginine methylation in global regulation of translation and splicing</u>	王泽峰	中国科学院-马普学会 计算生物学伙伴研究所		
10:45-11:15	<u>Discovery of Unexpected Protein PTMs by Quantitative Chemoproteomics</u>	杨靖	国家蛋白质科学中心 北京	<u>观看</u>	<u>下载</u>
11:15-11:45	<u>Genome mining and structural characterization of sactipeptides, a class of ribosomally synthesized and posttranslationally modified natural products</u>	张琪	复旦大学	<u>观看</u>	<u>下载</u>
11:45-12:15	<u>Selenium-encoded chemical proteomics</u>	王初	北京大学	<u>观看</u>	



2018年8月23日星期四下午: 大会邀请报告(四)

主持人: 张耀阳 郭天南

时间 Time	报告题目 Title	报告人 Speaker	报告人单位 Institution	报告视频 Video	报告幻灯 Slides
14:00-14:30	<u>Quantifying the Genetic Control of Disease Proteotypes by Data Independent Acquisition</u>	<u>刘延盛</u>	Yale University		<u>下载</u>
14:30-15:00	<u>Ten computational challenges in SWATH/DIA-based high-throughput proteomics</u>	<u>郭天南</u>	浙江西湖高等研究院		
15:00-15:30	<u>A Computer Scientist's Journey of Opening up OpenSWATH</u>	<u>张策</u>	ETH Zürich		
15:30-16:00	<u>Advancing Mass Spectrometry-based Large-Cohort Proteomics for Precision Medicine – An International Cancer Moonshot Multiple Site Study</u>	<u>轩玥</u>	Thermo Fisher Scientific		
16:15-16:45	<u>Quantitative proteomic and kinomic analysis of hepatocellular carcinoma tissues by SWATH-MS reveals complex reprogramming of cell metabolic pathways</u>	<u>王红霞</u>	军事医学科学院国家生物医学分析中心		<u>下载</u>
16:45-17:15	<u>Aspirin Reprograms Acetylome in Mouse</u>	<u>张耀阳</u>	中国科学院生物与化学交叉研究中心		
17:15-17:45	<u>Proteome reveals highly activated protein synthesis and energy metabolism in hypopharyngeal glands of nurse bees enhance secretory performance of royal jelly</u>	<u>李建科</u>	中国农业科学院蜜蜂研究所		
17:45-18:00	闭幕词 Closing Speech	<u>徐平</u>	国家蛋白质科学中心 北京	<u>观看</u>	