



一、会议简介

随着蛋白质组学的兴起，特别是质谱技术的快速发展，蛋白质组学研究中产生的数据规模越来越大，依靠简单的手工处理已经远远不能满足问题的需求，通过先进的计算机算法与软件工具来自动处理大批量的蛋白质组数据已经成为蛋白质组学研究的重要分支，这就是“计算蛋白质组学”（Computational Proteomics）。

“计算蛋白质组学”是以计算技术为主要手段，通过开发高效的算法和实用的软件工具来处理大规模蛋白质实验数据，解决蛋白质组学研究中的蛋白质鉴定、翻译后修饰分析、蛋白质定量、蛋白质相互作用、蛋白质定位、蛋白质结构或蛋白质动力学等领域中的问题。近年来，在中国蛋白质组学项目驱动下，计算蛋白质组学的研究发展迅速。在此背景下，中国科学院计算技术研究所 pFind 团队发起并在北京组织召开了首届中国计算蛋白质组学研讨会。自 2010 年起，CNCP 会议基本保持两年一届的传统，迄今已成功举办五届。为了继续推动中国的计算蛋白质组学研究，促进国内蛋白质组学及其他相关领域的学术交流，经 CNCP 组委会讨论商定，第六届中国计算蛋白质组学研讨会（CNCP-2021）将于 2021 年 8 月 25 日至 26 日首次以在线会议的形式举办。

CNCP 办会宗旨是学术优先、其它从简；办会方式为只设邀请报告，免收大会注册费。此次 25 位报告人均由领域内的资深学者和往届的报告人共同推荐产生，其中大多数报告人为首次登上 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 和毕业不久的优秀 PhD。会议相关最新消息请关注 CNCP 会议网站：<http://cncp.ict.ac.cn>。

二、研讨内容

会议主题：计算蛋白质组学为主，设置多个热点专题，以较高密度报告促进交流。

具体研讨内容包括但不限于：

- | | |
|----------------|---------------|
| A. 质谱数据分析新技术方法 | B. 翻译后修饰分析 |
| C. 化学蛋白质组学 | D. 蛋白质交联与结构解析 |
| E. 蛋白质基因组学 | F. 生物信息学 |

三、邀请专家

2021 年 8 月 25 日和 26 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（按姓氏笔划顺序）：丁明、水雯箐、申华莉、田瑞军、朱力、乔亮、刘泽先、孙世伟、李衍常、李雪明、杨明坤、张莹、陈兴、陈顺兴、陈鹏、周虎、郑杰、赵群、姜颖、秦伟捷、唐淳、黄河、谢鹭、瑕瑜、谭敏佳。

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

四、报名与参会

请通过 CNCP 官方网站 <http://cncp.ict.ac.cn/register> 填写注册信息报名参会，收到后我们会发送确认邮件，如会前没有收到确认邮件，请电话联系我们（86-10-62600822）。

请使用“腾讯会议”软件参会，会议 ID：763 2900 0243。加入会议室前请将名字修改为“姓名-单位”以供核验注册信息。会议同时开启在线直播（仅提供观看功能）。

会议链接：<https://meeting.tencent.com/s/uDIH7cyRxmrS>

直播链接：<https://meeting.tencent.com/l/2Q4PwreZZRmx>

为方便及时接收通知，强烈建议大家扫描下面的二维码加入 CNCP-2021 微信群。如无法加入，请联系微信：TarnYeongChing。



该二维码 7 天内 (8 月 26 日前) 有效，重新进入将更新

五、会议日程

会议持续两天，每天上午 09:00、下午 13:30 开始。由于需要核验参会人注册信息，请大家提前十分钟进入会议室等待。

Day 1 (8 月 25 日, 星期三)

| 时间 | 题目 | 报告人 | 单位 |
|--------------------|--|-----|---------------|
| 09:00-09:10 | Opening Ceremony | | |
| 09:10-09:20 | 合影 | | |
| Session 1-2 | 主持人: 水雯箐 谭敏佳 | | |
| 09:20-09:50 | Bioorthogonal Chemistry-enabled Spatial-Temporal Proteomics | 陈鹏 | 北京大学 |
| 09:50-10:20 | Proteomic characterization of protein post-translational modifications identifies new therapeutic opportunities | 谭敏佳 | 中国科学院上海药物研究所 |
| 10:20-10:30 | 休息 | | |
| 10:30-11:00 | Profiling Intracellular Protein-Protein and Protein-Chemical Interactions at Scale with Cellular Biophysics Proteomics | 陈顺兴 | 南方科技大学 |
| 11:00-11:30 | Multiregional profiling of the brain transmembrane proteome uncovers novel regulators of depression | 水雯箐 | 上海科技大学 |
| 11:30-12:00 | Systematic Investigation of Key Regulatory Elements for Lysine lactylation and β -hydroxybutyrylation | 黄河 | 中国科学院上海药物研究所 |
| 12:00-13:30 午餐、休息 | | | |
| 13:30-13:45 | LCMS 等常用分析仪器供气需求及方式选择简介 | 孙金荣 | 上海析维医疗科技有限公司 |
| 13:45-14:00 | PaSER 解蛋白质组学大数据解析之困 | 刘先明 | 布鲁克(北京)科技有限公司 |
| Session 3-4 | 主持人: 秦伟捷 李衍常 | | |
| 14:00-14:30 | Chemical Labeling-Assisted Glycoproteomics | 陈兴 | 北京大学 |
| 14:30-15:00 | Discovery Molecular Targets of Natural Product Tanshinton With Quantitative Proteome | 丁明 | 中国药科大学 |
| 15:00-15:30 | Quantitative Proteomics for Ubiquitination Detection and Functional Researches | 李衍常 | 国家蛋白质科学中心(北京) |
| 15:30-15:45 | 休息 | | |
| 15:45-16:15 | MS-based Approaches for Analysis of Glycosylation and Application | 张莹 | 复旦大学 |
| 16:15-16:45 | An RNA tagging approach for system-wide RNA-binding proteome profiling and dynamics investigation upon transcription inhibition | 秦伟捷 | 国家蛋白质科学中心(北京) |
| 16:45-17:15 | Toward Automated Identification of Glycan Branching Patterns Using Multistage Mass Spectrometry with Intelligent Precursor Selection | 孙世伟 | 中国科学院计算技术研究所 |
| 17:15-17:45 | Large-Scale Lipid Profiling with Isomer Resolving Capabilities | 瑕瑜 | 清华大学 |

Day 2 (8月26日, 星期四)

| 时间 | 题目 | 报告人 | 单位 |
|--------------------------|---|-----|-----------------|
| Session 5-6 | 主持人: 杨明坤 周虎 | | |
| 09:00-09:30 | MS-based protein complex profiling in time and space | 田瑞军 | 南方科技大学 |
| 09:30-10:00 | Proteomic Subtyping as a Postoperative Recurrence Risk Assessment Analysis in Hepatocellular Carcinoma | 姜颖 | 国家蛋白质科学中心(北京) |
| 10:00-10:30 | In-depth proteogenomic analysis characterizes the molecular features of HBV-related hepatocellular carcinoma | 周虎 | 中国科学院-上海药物研究所 |
| 10:30-10:40 | 休息 | | |
| 10:40-11:10 | Proteogenomics analysis for tumor neoantigen prediction and identification | 谢鹭 | 上海生物信息技术研究中心 |
| 11:10-11:40 | Proteogenomic analyses for Genome Annotation and Global Profiling of Post-Translational Modifications | 杨明坤 | 中国科学院水生生物研究所 |
| 11:40-12:10 | Genetic variation driven PTM aberrances: from molecular mechanism to targeted cancer therapies | 刘泽先 | 中山大学 |
| 12:10-13:30 午餐、休息 | | | |
| 13:30-13:45 | AssayMAP Bravo 工作站为蛋白质组学样品前处理提供自动化解决方案 | 万晓桢 | 安捷伦科技(中国)有限公司 |
| 13:45-14:00 | MS role in current pandemic--Proteomic techniques in the study of COVID-19 | 杨湘云 | 赛默飞世尔科技(中国)有限公司 |
| Session 7-8 | 主持人: 乔亮 赵群 | | |
| 14:00-14:30 | A personal guide for distilling protein structure and dynamics information from cross-linking MS data | 唐淳 | 北京大学 |
| 14:30-15:00 | Continual learning in cryoEM particle picking | 李雪明 | 清华大学 |
| 15:00-15:30 | Novel Methods for Chemical Crosslinking Based Protein Complex Analysis | 赵群 | 中国科学院大连化学物理研究所 |
| 15:30-16:00 | Hydrogen/Deuterium Exchange Mass Spectrometry reveals a tethering mechanism of MDA5-MAVS signaling cascade by long K63-polyUbiquitin chains | 郑杰 | 中国科学院上海药物研究所 |
| 16:00-16:15 | 休息 | | |
| 16:15-16:45 | Proteomics in the Development of Vaccines against Bacterial Infections | 朱力 | 军事医学科学院生物工程研究所 |
| 16:45-17:15 | Cancer Serum Atlas combining pan-targeted mass spectrometry supports proteomics-based multi-cancer diagnosis | 申华莉 | 复旦大学 |
| 17:15-17:45 | DIA proteomics with in silico spectral libraries by deep learning and DIA glycoproteomics | 乔亮 | 复旦大学 |
| 17:45-18:00 | Closing Speech | 徐平 | 国家蛋白质科学中心(北京) |

六、联系我们

会议主办：中国科学院上海药物研究所、中国科学院计算技术研究所

中国人类蛋白质组组织（CNHUPO）

上海市药理学会

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：中科院上海药物所公共技术中心质谱技术服务部、中科院计算所 pFind 团队

会议网站：<http://cncp.ict.ac.cn>

联系邮件：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）

七、赞助支持



上海析维医疗科技有限公司



布鲁克(北京)科技有限公司



赛默飞世尔科技(中国)有限公司



安捷伦科技(中国)有限公司