

## 会议

最新消息

会议通知

特邀专家

关于CNCP

CNCP2010

CNCP2012

CNCP2014

pFind主页

## 联系我们

联系方式

## 主办单位

## 承办单位



## 一、CNCP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，必须通过先进的计算机算法、高效的软件与硬件来自动处理大批量的蛋白质组数据，这已经成为蛋白质组学研究的一个重要分支，即“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的蛋白质实验或模拟数据，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。我国的计算蛋白质组学与国际目前基本处于同步的发展态势，特别是最近十年内在我国蛋白质组学项目的推动下，计算蛋白质组学的研究发展迅速。在此背景下，由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](#)（2010年11月10日-11日）。之后2012年和2014年11月相继举办了 [第二届](#)和 [第三届](#) CNCP会议。

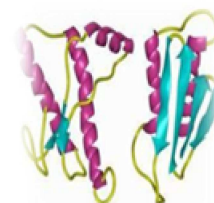
在北京成功举办前三届CNCP会议积累的经验基础上，2015年经过组委会的讨论商定，第四届中国计算蛋白质组学研讨会（CNCP-2016）将于2016年8月10日至11日在美丽的大连召开。CNCP的办会宗旨是学术优先、其他从简。办会方式是只设邀请报告、免收大会的注册费。我们已经邀请到了26位来自海内外的一线专家做大会特邀报告，他们是由前三届的报告人推荐产生的，其中，绝大多数（>90%）是首次登上CNCP讲坛（详见会议官方网站：<http://cncp.ict.ac.cn>）。CNCP会议特别鼓励邀请新的、年轻的一线优秀科研人员（从事具体的研发工作）作大会报告。

## 二、研讨内容

会议主题：“计算蛋白质组学”

研讨内容包括但不限于如下内容：

- |                 |             |
|-----------------|-------------|
| A. 质谱数据分析新方法    | B. 蛋白质鉴定新技术 |
| C. 翻译后修饰，如糖基化等  | D. 蛋白质组定量技术 |
| E. 蛋白质交联技术与结构解析 | F. 蛋白质基因组学  |



## 三、特邀专家

2016年8月10日和11日两天全天为特邀专家作大会报告，确定邀请的26位专家如下：





关于专家的更详细信息, 请访问<http://cnpc.ict.ac.cn/2016/experts.html>  
四、大会报告

01	<b>Charting the Cellular Interactome by Proteome-Wide Cross-Linking Mass Spectrometry</b>	刘凡	Utrecht Univ., The Netherlands
02	<b>Genome-Wide Quantitative Proteomic and Transcriptomic Analysis Reveals Post-Transcriptional Regulation of Mitochondrial Biogenesis in Human Hematopoiesis</b>	周峰	复旦大学
03	<b>GAPP: a Proteogenomic Software for Genome Annotation and Global Profiling of Posttranslational Modifications in Prokaryotes</b>	葛峰	中科院水生所
04	<b>Mapping Conserved Metazoan Protein Complexes with Biochemical Fractionation and LC/MS/MS</b>	万翠红	华中师范大学
05	<b>Ultra-Deep Tyrosine Phosphoproteomics Enabled by a Phosphotyrosine Superbinder</b>	李磊	青岛大学
06	<b>Isolation and Structural Analysis of N-Linked Glycans by Using Two-Dimensional Chromatography, Mass Spectrometry and Nuclear Magnetic Resonance Spectroscopy</b>	于龙	中科院大连化物所
07	<b>Liquid Chromatography-Mass Spectrometry based Metabolomics Strategies Towards Clinical Applications</b>	尹沛源	中科院大连化物所
08	<b>Quantitative Proteomic and Kinomic Analysis of Hepatocellular Carcinoma Tissues by SWATH-MS Reveals Complex Reprogramming of Cell Metabolic Pathways</b>	王红霞	国家生物医学分析中心
09	<b>Proteomics Toolbox for Profiling Intercellular Signaling</b>	田瑞军	南方科技大学

10	Investigation of Signaling Pathway using Data-Independent Acquisition Proteomics	钟传奇	厦门大学
11	Understanding HBV-Driven Hepatocarcinogenesis, a Redox Proteomics Approach	黄灿华	四川大学
12	High-Throughput <i>De Novo</i> Proteome Identification Aided by Translatome Sequencing	张弓	暨南大学
13	Protein Microarrays for Systems Biology: Construction, Application and Technology	陶生策	上海交通大学
14	Opportunities and Challenges for Urinary Biomarker Discovery Using Proteomic Approaches	邵晨	中国医科院基础医学所
15	New Chemical Isotope Labeling and Electrospray Ionization Strategies for Intact Proteins Analyses	王方军	中科院大连化物所
16	Improving Peptide Identification for Tandem Mass Spectrometry by Incorporating Translatomics Information	肖传乐	中山大学
17	Ionic Liquid Based Sample Preparation Strategy for Efficient Proteome Analysis	赵群	中科院大连化物所
18	Discovery and Characterization of Short-Chain Lysine Acylations with Mass Spectrometry and Quantitative Proteomics	陈悦	Univ. Minnesota
19	Scaffold Protein-Mediated Dynamic Assembly of Protein Complexes in Normal and Cancer Cells	郑勇	国家蛋白质科学中心, 北京
20	<i>De Novo</i> Identification and Quantification of Single Amino-Acid Variants in Human Hepatocellular Carcinoma Tissues	李辰	中科院上海生科院
21	Protein Identification and Quantification based on Multiple Search Engines	闻博	深圳华大
22	Selection of Tandem Mass Spectra for Identification of Intact N- and O-linked Glycopeptide	张会	Johns Hopkins Univ.
23	Ubiquitously Expressed Genes Participate in Cell Specific Functions via Alternative Promoter Usage	王秀杰	中科院遗传发育所
24	pLink 2.0: Ion-Indexing and Semi-Supervised Learning Smooth the Identification of Cross-Linked Peptides in Large Scales	刘超	中科院计算所
25	Developing Cross-Linking Mass Spectrometry (XL-MS) Strategies to Define Interaction and Structural Dynamics of Protein Complexes	黄岚	Univ. California, Irvine
26	Mite Allergen Diversity Identification by Proteomics Coupling with Pharmacological Testing	赖仞	中科院昆明动物所

## 五、会前培训初步日程

为了使参会人员能够掌握蛋白质组学的基础，了解最新的技术进展，以及学习质谱数据分析的基本方法，安排8月9日一天为会前技术培训，我们邀请到了来自海内外的质谱技术或蛋白质组学专家作技术培训，培训的初步日程如下（最终日程可能还会略有调整）：

时间	内容	报告人
9:00-10:00	1. 蛋白质鉴定与定量基础 Fundamentals of Protein Identification and Quantitation	黄岚 (UCI)

10:00-11:00	2. 蛋白质修饰组学的基础和进展 Proteomics Analysis of Posttranslational Modification Pathways: Fundamentals and Progress	<a href="#">陈悦</a> (UMN)
11:00-12:00	3. 蛋白质鉴定搜索引擎与海量质谱数据分析 Introduction to Search Engines in Protein Identification and Big MS/MS Data Analysis	迟浩 (计算所)
12:00-14:00	午餐与休息	
14:00-15:00	4. 应用质谱技术进行糖蛋白分析 Glycoprotein Analysis Using Mass Spectrometry	胡应巍 (JHU)
15:00-16:00	5. 蛋白质组学技术应用于表征蛋白质相互作用组 Characterizing Protein Interactome by Proteomic Technology	<a href="#">田瑞军</a> (南科大)
16:00-17:00	6. 交联质谱技术解密蛋白质复合体的结构与交互作用 Deciphering Protein Complex Structure and Interaction by Crosslinking Mass Spectrometry	<a href="#">刘凡</a> (Utrecht)

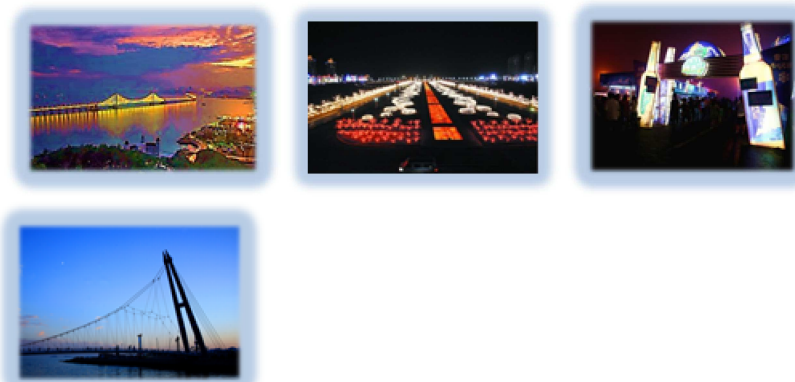
#### 关于培训费的缴纳说明:

参加培训的费用为每人600元, 须在7月22日之前转账缴纳, 并将转账凭证发送到cncp@ict.ac.cn, 转账时请在留言内注明单位名称和人员姓名。会议现场不提供注册和缴费; 培训费不能退费, 但可以转让其他人参加培训。培训费接收账号如下。

户名: 中国科学院大连化学物理研究所

账号: 3400200309014415739

开户行: 中国工商银行大连市分行青泥洼桥支行



## 六、报名回执与酒店预订

CNCP-2016会议将于2016年8月10日至11日在[中国科学院大连化学物理研究所](#)召开, 8月9日一天是会前技术培训, 欢迎从事与计算技术和蛋白质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(报名参加8月9日培训的费用为600元)。由于会场座位有限, 将按接收到的注册报名顺序优先安排座位, 达到会场容量人数后将截止报名注册, 请于7月22日之前尽早填写好信息完整的报名回执表并发送到cncp@ict.ac.cn(回执表可从[会议网站](#)上下载), 邮件标题为: CNCP报名+中文姓名+单位名称, 收到回执后我们会发送确认邮件, 如果一周内未收到确认邮件, 请电话联系。报名参加培训的人员请在回执表最后一栏内填写开发票用的单位抬头信息。

为了提高会议的组织效率, 本次CNCP会议不接受任何现场注册, 已报名人员请准时出席, 如因故不能参会, 请务必负责任地提前告知我们(邮件或电话), 不无故缺席。

由于8月正值大连的旅游旺季, 请参会代表自行提前预订酒店, 请尽量预订会务安排的如下酒店, 因为会安排该酒店到会场的接送班车, 比较方便。如果预订其他的自选酒店, 由于大化所为涉密单位, 且会议期间正值研究所的高温休假期, 个人是无法自行进入研究所的, 需要在研究所大门外凭参会的代表证等待星海高尔夫酒店的接送班车, 乘车后才能进入会场。预定酒店时请提及是CNCP-2016会议的参会人员(享受下面的会议优惠预订价格)。

酒店名称	<a href="#">星海高尔夫酒店</a>
酒店位置	大连市沙河口区星河路29号, 百度地图: <a href="http://map.baidu.com/?shareurl=1&amp;poiShareUid=22e11407d3d9afadd4b74e80">http://map.baidu.com/?shareurl=1&amp;poiShareUid=22e11407d3d9afadd4b74e80</a>
参考价格	大床房, 420元/天(含一早) 标间, 420元/天(含两早)
预订联系	陈滢多: 138-9861-1855

酒店图示	
------	--

## 七、联系信息

会议主办: [中国科学院大连化学物理研究所](#) [中国科学院计算技术研究所](#)  
[中国人类蛋白质组组织CNHUPO](#) [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](#)

会议网站: <http://cncp.ict.ac.cn> 联系邮箱: [cncp@ict.ac.cn](mailto:cncp@ict.ac.cn) (非紧急会务, 请用邮件联系)

联系电话: 会议注册与缴费回执 010-62600822(刘寒化) 会场与酒店 0411-84379720(李潇)

 [点击下载全文](#)

 [点击下载参会回执](#)