



# 人体蛋白质组导航国际大科学计划全球峰会 暨第十二届中国蛋白质组学大会

The  $\pi$ -HuB Project Global Summit & The 12<sup>th</sup> Chinese Human Proteome Organization (CNHUPO) Congress

## 二轮通知



**人体蛋白质组导航：通向智慧医学之路**

**THE PROTEOMIC NAVIGATOR OF THE HUMAN BODY: THE ROAD TO PHRONESIS MEDICINE**

2023.9.24-27 | 中国·成都 | Chengdu, China

### 会务组：

国家蛋白质科学中心·北京

010-61777004 (学术)

010-84351699 (注册缴费)

官方网站: [cnhupo.org.cn](http://cnhupo.org.cn)

010-61777010 (招展)

会议网站: [cnhupo.ittn.com.cn](http://cnhupo.ittn.com.cn)

微信线上注册

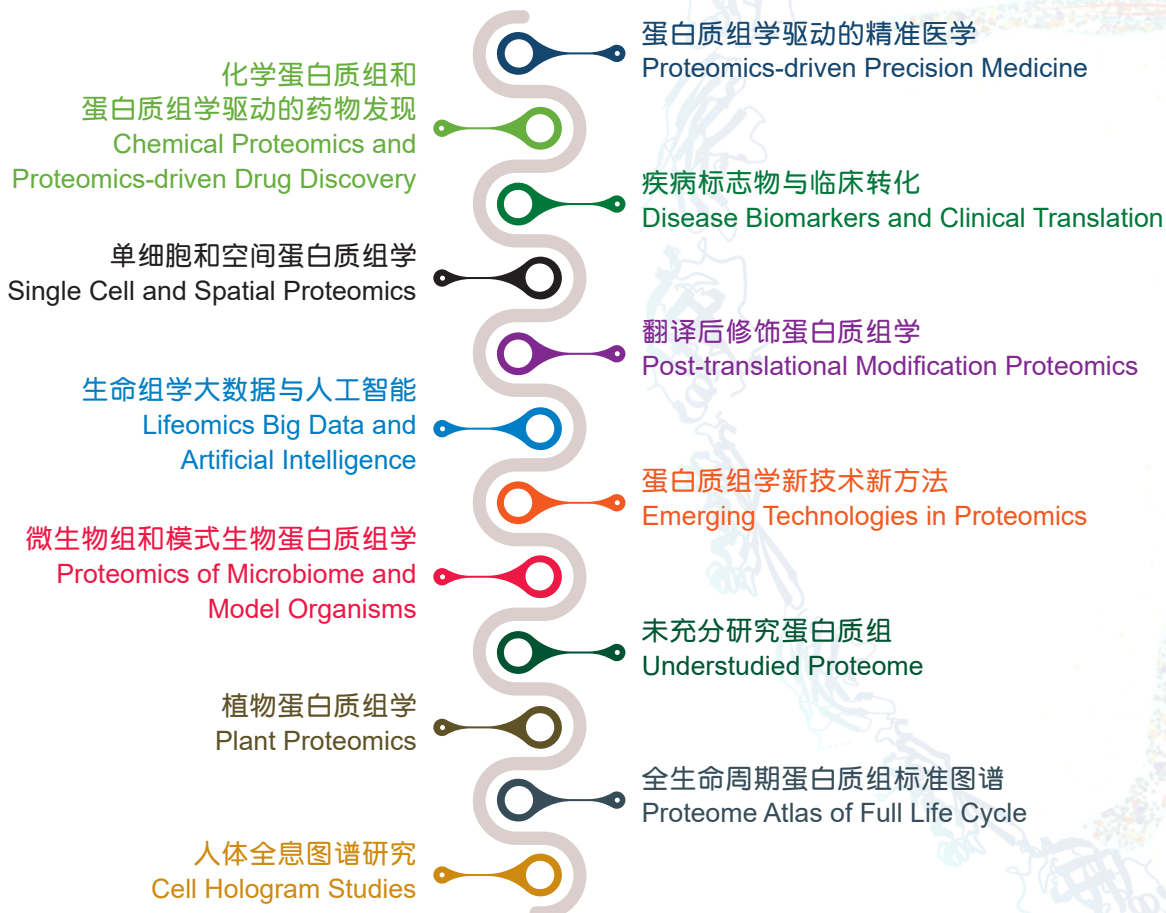


**注册优惠截止时间8月20日！论文摘要投稿截止时间8月20日！**

## 会议介绍

2023年9月24-27日，人体蛋白质组导航国际大科学计划全球峰会暨第十二届中国蛋白质组学大会将在中国成都举行。本届会议以“人体蛋白质组导航：通向智慧医学之路”为主题，聚焦蛋白质组学领域发展及 $\pi$ -HuB计划蓝图，将以国内外专家学者大会报告、大会特邀报告、主题报告、邀请报告、培训讲座、墙报等多种形式，集中呈现近年全球蛋白质组学领域重大突破、前沿成果、最新的仪器设备及分析技术，展示 $\pi$ -HuB计划的具体组织实施方案。本次会议既是中国蛋白质组学领域的顶级盛会，更是人体蛋白质组导航国际大科学计划（ $\pi$ -HuB计划）继5月第11届AOHUPO大会上首次发布“人体蛋白质组导航计划白皮书1.0版”后面向全球的新的学术盛宴。我们将与全球蛋白质组学、医学、信息学等领域专家学者一道，共享国际前沿成果，共商 $\pi$ -HuB计划组织方案，共同推动蛋白质组学在生命科学、健康医学、制药业和农业农业等领域的发展。

## 大会议题



## 大会特邀报告人 (待更新)

Fernando Corrales 教授, Spanish National Centre for Biotechnology, Spain

鄂维南 院士, 北京科学智能研究院

樊 嘉 院士, 复旦大学附属中山医院

贺福初 院士, 国家蛋白质科学中心·北京

Henning Hermjakob 教授, European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI), UK

Ming Li 院士, University of Waterloo, Canada

李为民 教授, 四川大学华西医院

Matthias Mann 教授, Max Planck Institute of Biochemistry, Germany

Robert Moritz 教授, Institute for Systems Biology, USA

Irene Ng Oi Lin 教授, The University of Hong Kong, China

饶子和 院士, 清华大学

Chris Sander 教授, Harvard Medical School, USA

滕皋军 院士, 东南大学附属中大医院

魏于全 院士, 四川大学华西医院

Bernd Wollscheid 教授, Swiss Federal Institute of Technology (ETH), Switzerland

张玉奎 院士, 中国科学院大连化学物理研究所

\* 按姓氏首字母排序

## 分会报告人 (待更新)

**分论坛 1: 蛋白质组学驱动精准医学 -1 (召集人: 高强、姜颖)**

**Session 1: Proteomics-driven Precision Medicine-1**

张 会 (美国约翰霍普金斯大学)

黄超兰 (北京协和医院)

章 冰 (美国贝勒医学院)

郭天南 (西湖大学)

Chris Turck (Max Planck Institute of Psychiatry)

Philip Robinson (The University of Sydney)

Sanjeeva Srivastava (Indian Institute of Technology Bombay)

**分论坛 2: 化学蛋白质组和蛋白质组学驱动的药物发现 (召集人: 李刚, 叶慧)**

**Session 2: Chemical Proteomics and Proteomics-driven Drug Discovery**

叶明亮 (中国科学院大连化学物理研究所)

王 初 (北京大学)

水雯箐 (上海科技大学)

张耀阳 (中国科学院生物与化学交叉研究中心)

李正球 (暨南大学)

付 玲 (国家蛋白质科学中心·北京)

李 刚 (深圳湾实验室)

**分论坛 3: 蛋白质组学新技术新方法 -1 (召集人: 田瑞军 张丽华)**  
**Session 3: Emerging Technologies in Proteomics-1**

Christopher Overall (The University of British Columbia)

Ben Collins (Queen's University of Belfast)

董梦秋 (北京生命科学研究所以)

郑江南 (南方科技大学)

邹 鹏 (北京大学)

赵 群 (中国科学院大连化学物理研究所)

**分论坛 4: 生命组学大数据与人工智能 -1 (召集人: 常乘、曾文锋)**  
**Session 4: Lifeomics Big Data and Artificial Intelligence-1**

陈洛南 (中国科学院分子细胞科学卓越创新中心)

Juergen Cox (Max Planck Institute of Biochemistry)

Juan Antonio Vizcaíno (European Bioinformatics Institute, EMBL-EBI)

Wilson Wilson Wen Bin Goh (Nanyang Technological University)

Qing Zhong (The University of Sydney)

王 宇 (鹏城实验室)

曾文锋 (Max Planck Institute of Biochemistry)

**分论坛 5: 微生物组和模式生物蛋白质组学 (召集人: 刘翠华、张令强)**  
**Session 5: Proteomics of Microbiome and Model Organisms**

Anthony Purcell (Monash University)

赵方庆 (中国科学院北京生命科学研究院)

王 军 (中国科学院微生物研究所)

程 功 (清华大学医学院)

朱 书 (中国科学技术大学生命科学与医学部)

李乐园 (国家蛋白质科学中心·北京)

**分论坛 6: 翻译后修饰蛋白质组学 (召集人: 徐平)**  
**Session 6: Post-translational Modification Proteomics**

邓海腾 (清华大学)

薛 宇 (华中科技大学)

戴伦治 (四川大学)

王 洪 (中国医学科学院)

谭敏佳 (中国科学院上海药物研究所)

孙士生 (西北大学)

应万涛 (国家蛋白质科学中心·北京)

**分论坛 7: 单细胞和空间蛋白质组学 (召集人: 曹小宝、周峰)**  
**Session 7: Single Cell and Spatial Proteomics**

方 群 (浙江大学)

周 峰 (复旦大学)

张祥民 (复旦大学)

吴 迪 (Vesicode)

田瑞军 (南方科技大学)

丁显廷 (上海交通大学)

薛 鹏 (广州实验室)

**分论坛 8: 疾病标志物与临床转化 -1 (召集人: 于晓波、黄灿华)**

**Session 8: Disease Biomarkers and Clinical Translation-1**

Mark Baker (Macquarie University)

Edouard Collins Nice (Monash University)

Terrence Poon (University of Macau)

Connie R Jimenez (Amsterdam University Medical Center)

于晓波 (国家蛋白质科学中心·北京)

**分论坛 9: 疾病标志物与临床转化 -2 (召集人: 于晓波、黄灿华)**

**Session 9: Disease Biomarkers and Clinical Translation-2**

高友鹤 (北京师范大学)

郑磊 (南方医科大学南方医院)

王雅杰 (北京地坛医院)

陶生策 (上海交通大学)

孙瑞 (西湖大学)

彭鑫鑫 (普瑞基准)

**分论坛 10: 全生命周期蛋白质组标准图谱 (召集人: 刘光慧、郭雪江)**

**Session 10: Proteomic Atlas of Full Life Cycle**

王强 (南京医科大学)

王红梅 (中国科学院动物研究所)

刘江 (中国科学院北京基因组研究所)

韩敬东 (北京大学定量生物学中心)

刘光慧 (中国科学院动物研究所)

郭雪江 (南京医科大学)

**分论坛 11: 蛋白质组学驱动精准医学 -2 (召集人: 高强、姜颖)**

**Session 11: Proteomics-driven Precision Medicine-2**

姜颖 (国家蛋白质科学中心·北京)

高强 (复旦大学附属中山医院)

刘芝华 (中国医学科学院肿瘤医院)

丁琛 (复旦大学)

江一舟 (复旦大学附属肿瘤医院)

谭嵘 (中南大学湘雅医院)

**分论坛 12: 未充分研究蛋白质组 (召集人: 郭天南、万翠红)**

**Session 12: Understudied Proteome**

徐寒梅 (中国药科大学)

李惠琳 (中山大学)

石铁流 (华东师范大学)

Low Teck Yew (National University of Malaysia)

**分论坛 13: 植物蛋白质组学 (召集人: 戴绍军)**

**Session 13: Plant Proteomics**

汪迎春 (中国科学院遗传与发育研究所)

王鹏程 (南方科技大学)

戴绍军 (上海师范大学)

杨平仿 (湖北大学)

李磊 (南开大学)

武旭娜 (云南大学)

邓志平 (浙江省农业科学院)

陈艳梅 (中国农业大学)

**分论坛 14: 蛋白质组学新技术新方法 -2 (召集人: 田瑞军 张丽华)**  
**Session 14: Emerging Technologies in Proteomics-2**

陈 兴 (北京大学)

刘延盛 (Yale University)

乔 亮 (复旦大学)

黄 硕 (南京大学)

王方军 (中国科学院大连化学物理研究所)

王冠博 (北京大学)

边阳阳 (西北大学)

**分论坛 15: 生命组学大数据与人工智能 -2 (召集人: 张世华、常乘)**  
**Session 15: Lifeomics Big Data and Artificial Intelligence-2**

伯晓晨 (军事医学研究院)

张世华 (中国科学院数学与系统科学研究院)

曾坚阳 (西湖大学)

周沛劼 (北京大学)

**分论坛 16: 人体全息图谱研究 (召集人: 郭国骥)**  
**Session 16: Cell Hologram Studies**

郭国骥 (浙江大学)

刘 凡 (Leibniz-Forschungsinstitut for Molecular Pharmacology, FMP)

秦 为 (清华大学)

肖 琦 (西湖大学)

刘龙奇 (杭州华大生命科学研究院)

# 人体蛋白质组导航国际大科学计划全球峰会 暨第十二届中国蛋白质组学大会

The  $\pi$ -HuB Project Global Summit & The 12<sup>th</sup> Chinese Human Proteome Organization (CNHUPO) Congress



## 会议日程

09.23 (星期六)	09:00-17:00	MaxQuant 技术培训 (第一天)		
09.24 (星期日)	09:00-17:00	MaxQuant 技术培训 (第二天)		
	09:00-17:00	$\pi$ -HuB 计划系列活动		
09.25 (星期一)	08:30-14:30	蛋白质组学驱动精准医学研究技术体系培训		
	09:00-12:00	青年学者论坛——青年 PI 的成长“烦恼”		
	09:00-12:00	“蛋白质组学驱动的肝癌精准医学”国际论坛		
	15:00-18:00	开幕式与大会报告		
09.26 (星期二)	18:30-20:00	欢迎晚宴		
	08:30-10:00	大会报告		
	10:00-10:30	壁报交流		
	10:30-12:30	分会报告	分论坛 1 蛋白质组学驱动的精准医学 -1	
			分论坛 2 化学蛋白质组和蛋白质组学驱动的药物发现	
			分论坛 3 蛋白质组学新技术新方法 -1	
			分论坛 4 生命组学大数据与人工智能 -1	
	12:30-14:00	CNHUPO 理事会会议		
	12:30-14:00	新技术专题午餐会		
	14:00-16:00	Meeting the Editors		
分会报告		分论坛 5 微生物组和模式生物蛋白质组学		
		分论坛 6 翻译后修饰蛋白质组学		
		分论坛 7 单细胞和空间蛋白质组学		
	分论坛 8 疾病标志物与临床转化 -1			
16:00-16:30	壁报交流			
16:30-18:00	大会报告			
18:30-20:00	VIP 专家晚宴			

# 人体蛋白质组导航国际大科学计划全球峰会 暨第十二届中国蛋白质组学大会

The  $\pi$ -HuB Project Global Summit & The 12<sup>th</sup> Chinese Human Proteome Organization (CNHUPO) Congress



$\pi$ -HuB  
PROJECT



09.27 (星期三)	08:30-10:00	大会报告		
	10:00-10:30	壁报交流		
	10:30-12:30	分会报告	分论坛 9 疾病标志物与临床转化 -2	
			分论坛 10 全生命周期蛋白质组标准图谱	
			分论坛 11 蛋白质组学驱动精准医学 -2	
			分论坛 12 未充分研究蛋白质组	
	12:30-14:00	新技术专题午餐会		
	14:00-16:00	分会报告	分论坛 13 植物蛋白质组学	
			分论坛 14 蛋白质组学新技术新方法 -2	
			分论坛 15 生命组学大数据与人工智能 -2	
分论坛 16 人体全息图谱研究				
16:00-16:15	壁报交流			
16:15-17:30	大会闭幕式			

## 会议语言

英文 / 中文



## 征文范围及要求 (参照模版)

投稿论文被录用者，将于会议期间在壁报交流区域进行展示，大会将组织**优秀论文评选**。

凡未在国内外公开刊物发表过的研究成果，均可投稿，具体要求如下：

**征文范围** 有关蛋白质组学及相关领域近年来研究的学术成果，**以英文论文摘要形式投稿**。

**稿件要求** 摘要请按正式发表论文要求撰写，300字以内，使用 Word 软件撰写。文责自负（参照模版）。

**字体要求** 标题—Times New Roman 四号加粗

作者—Times New Roman 五号居中，**申请作报告者请在其姓名下方划一横线**

注：大会报告幻灯片一律要求英文准备

单位、地址、邮编、E-mail—Times New Roman 小五号居中

摘要、参考文献—Times New Roman 五号

**投稿方式** 请直接登陆大会网站完成投稿（投稿系统后续公布），任何问题请及时联系大会秘书处。

**截止日期** 论文摘要投稿截止日期为 **2023年8月20日**。

## 学术报告及壁报交流

大会和分会报告的参会代表，请在注册当日（2023年9月23日）将报告材料交至大会学术组，报告材料须为 Powerpoint 文件，一律要求英文准备，存储于移动硬盘、USB 闪盘中，大会提供笔记本电脑和幻灯放映设备，不接受个人电脑接入。如有特殊需求，请提前与大会学术组联系。

为更好地进行壁报交流，本次大会壁报建议尺寸为 1.2m（长）\*1.0m（宽），请您按照尺寸打印后带至会场，会务组会为您提供必要的工具（胶带、图钉等）。

## 大会安排

会前培训注册类型		优惠注册 (8月20日前)	普通注册 (8月20日后)
MaxQuant 技术培训	学生	500 元 (人民币) / 位	
	普通科研工作者	800 元 (人民币) / 位	1000 元 (人民币) / 位
	企业人员	2000 元 (人民币) / 位	2200 元 (人民币) / 位
蛋白质组学驱动的精准 医学研究技术体系培训	学生	300 元 (人民币) / 位	
	普通科研工作者	400 元 (人民币) / 位	500 元 (人民币) / 位
	企业人员	1000 元 (人民币) / 位	1300 元 (人民币) / 位

大会注册类型	优惠注册 (8月20日前)	普通注册 (8月20日后)
学生 (不含博士后) 注册费	900 元 (人民币) / 位	1100 元 (人民币) / 位
普通科研工作者注册费	1400 元 (人民币) / 位	1600 元 (人民币) / 位
公司人员注册费	2000 元 (人民币) / 位	2500 元 (人民币) / 位

**现场注册及报到:** 2023 年 9 月 22 日 (参加培训的人员报到时间)、23-24 日现场注册时请携带本人身份证, 学生代表需携带学生证。已交费代表请带好汇款凭证, 以备核对活动。注册费包括: 参与会期的论坛、大会报告、分会报告、展览等活动 (需受邀参与的会议除外), 可领取会议发放的资料、午餐券等。

**退费说明:** 已交费的参会代表因个人原因不能参会或其他原因需要退款, 提前与会务组联系。退费原则: 2023 年 8 月 1 日前退还所交款项的 80%, 8 月 1 日—30 日退还所交款项的 50%, 9 月 1 日及以后恕不退款。

# 人体蛋白质组导航国际大科学计划全球峰会 暨第十二届中国蛋白质组学大会

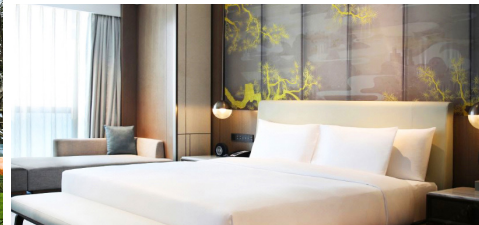
The  $\pi$ -HuB Project Global Summit & The 12<sup>th</sup> Chinese Human Proteome Organization (CNHUPO) Congress



## 会议地址

**会议地址：**四川省成都市，成都非遗博览园缙沃丽酒店

(成都市青羊区国际非物质文化遗产博览园光华大道二段 601 号 1 栋)



**周边推荐会议酒店预订：**详情请登录会议网站：[cnhupo.ittn.com.cn](http://cnhupo.ittn.com.cn) 会议指南部分

## 联系方式

**国家蛋白质科学中心·北京**

010-61777004 (学术)

010-61777010 (招展)

010-84351699 (注册缴费)

**官方网站：**[cnhupo.org.cn](http://cnhupo.org.cn)

微信线上注册



附件

## Identified the nonspecific binding proteins in depletion of Albumin and IgG from Human plasma

Wang Yundan<sup>1</sup>, Ning Yunshan<sup>1,3</sup>, Jiang Yin<sup>2</sup>, Deng Xinyu<sup>2</sup>, Fang Qinmei<sup>2</sup>, Hong Yanhua<sup>3</sup>,  
Li Ming<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> College of Biotechnology, Southern Medical University, Guangzhou, P. R. China, 510515

<sup>2</sup> Beijing Institute of Radiation Medicine, Beijing, P. R. China, 100850

<sup>3</sup> Boang Antibody Company, Shanghai, P. R. China, 200233

tommy604@fimmu.com

Depletion of high abundant proteins in plasma samples was necessary for the further study of new biomarkers mining in HPPP. We used the high specific mouse mAb against human albumin and Protein G to remove Albumin and IgG respectively from human plasma in denatured condition and native condition. We observed the different capacity of depletion in the presence of chaos reagents, non-ionic detergent and high concentration of salts. In native condition, the elution proteins were separated by 2DE and 104 spots in the gel were excised and trypsin digested for tandem mass spectrum (MS/MS) analysis. The binding proteins including Albumin, IgG, Fibrinogen, Vitamin D binding protein, Alpha-1 antitrypsin, transferrin, Transthyretin, Proapolipoprotein, Keratin, Complement component 3. The remained spots are albumin and IgG fragments. In denatured condition, the capacity of depletion for albumin become lower but IgG not affected. The concentration of nonspecific binding proteins including the fragments of Albumin in elution sample was lower. The results may explain the relation between low non-specific binding and presence of albumin fragments in condensed plasma samples processed by MARC or MARS system using commercial buffer.

### Keywords:

High abundant protein / Depletion / 2-DE / MS / Nonspecific / Human plasma protein / Monoclonal antibody / Denature

### References

1. Huang, H. L., Stasyk T., Morandell, S., Mogg, M., *et al.*, *Electrophoresis* 2005, 26, 2843-2849
2. Anderson, N. L., Polanski M., Pieper, R., Gatlin, T., *et al.*, *Molecular & Cellular Proteomics* 2004 Apr;3(4):311-26.
3. Shen, Y. F., Kim, J. K., Strittmatter, E. F., Jacobs, J.M., *et al.*, *Proteomics* 2005, 5,4034-4045
4. Omenn, G. S., States D. J., Adamski M., Blackwell T. W., *et al.*, *Proteomics* 2005, 13, 3226-3245