

**第六届亚太人类蛋白质组大会  
2012年5月5-7日，中国北京  
第二轮通知**

**邀 请 函**

尊敬的专家学者：

第六届亚太人类蛋白质组组织（AOHUPO）大会定于2012年5月5-7日在国家会议中心（北京）召开，我们谨代表大会主办方荣幸地邀请您参加本次大会。

2002年，AOHUPO由在亚洲、大洋洲地区一批知名蛋白质组学科学家组建而成。在创立者的共同努力下，该组织已发展成为人类蛋白质组组织的重要分支机构之一。从AOHUPO成立至今，一直致力于积极推动该地区研究团队之间的蛋白质组学学术交流。迄今为止，AOHUPO已成功举办5届每两年一次的亚太人类蛋白质组大会。随着中国蛋白质组学研究的迅速发展，AOHUPO理事会决定于2012年5月在中国北京举办第六届亚太人类蛋白质组大会。

本次大会主题为“蛋白质组学：让生活更美好”，议题包括人类染色体蛋白质组计划、蛋白质-蛋白质相互作用国际合作计划、疾病蛋白质组学和个性化医疗、植物与微生物蛋白质组学、药物蛋白质组学和蛋白质药物及其体内代谢、结构蛋白质组学、蛋白质翻译后修饰、定量蛋白质组学、生物信息学和蛋白质组学新技术新方法等研究领域。本次大会将为增进亚太地区乃至国际蛋白质组学领域专家学者的相互了解提供难得机会，也为促进本领域及相关交叉学科的信息交流与科研合作搭建良好的平台。预计将有上千名科学家出席大会并参与交流。我们相信在大会期间您将尽情享受蛋白质组学带来的乐趣，感受各国科学家的热忱友情以及首都北京带给您丰富多彩的文化活动。

我们热忱欢迎您的参与，并期待在北京与您相聚。

此致

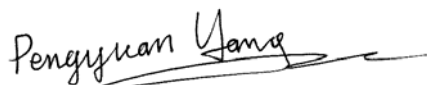
敬礼



中村和行  
AOHUPO 主席



贺福初  
AOHUPO 副主席  
CNHUPO 名誉主席



杨芑原  
AOHUPO 理事  
CNHUPO 主席

## 大会信息

### 主办方:

亚太人类蛋白质组组织(AOHUPO)

中国生物化学与分子生物学会蛋白质组学专业委员会(CNHUPO)

### 承办方:

军事医学科学院放射与辐射医学研究所

北京蛋白质组研究中心

### 大会主席:

中村和行: AOHUPO主席

贺福初: AOHUPO副主席, CNHUPO名誉主席

杨芄原: AOHUPO理事, CNHUPO主席

### 大会主题:

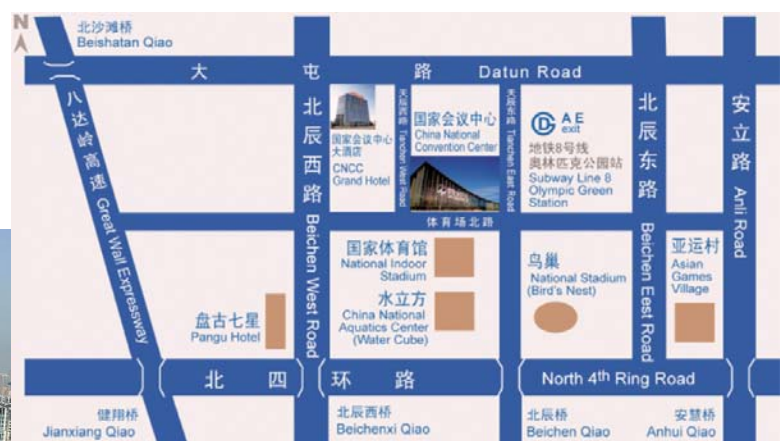
蛋白质组学: 让生活更美好

### 大会语种:

英语

### 会场:

中国 北京 国家会议中心



**科学议题:**

- 疾病标志物与个性化医疗
- 植物与微生物蛋白质组学
- 蛋白质翻译后修饰
- 糖蛋白和蛋白聚糖：结构、功能与应用
- 治疗性蛋白质：结构表征与体内代谢
- 化学蛋白质组学与药物发现
- 定量蛋白质组学、目标导向蛋白质组学和系统生物学
- 蛋白质组学新技术与新方法
- 生物信息学：数据库、翻译后修饰、定量与验证

**时间表:**

| 时间          | 5/4/2012<br>周五                  | 5/5/2012<br>周六 |                         | 5/6/2012<br>周日  | 5/7/2012<br>周一                 | 5/8/2012<br>周二 |
|-------------|---------------------------------|----------------|-------------------------|-----------------|--------------------------------|----------------|
| 8:30-9:10   | 注册/<br>国际相互作用<br>组计划(I3)<br>研讨会 | 注册/培训          | 膜蛋白质组计划 (MPI)<br>研讨会    | 大会报告            | 大会报告                           | 会后参观           |
| 9:10-9:50   |                                 |                |                         | 茶歇              | 茶歇                             |                |
| 9:50-10:10  |                                 |                |                         | 大会报告            | 专题分会                           |                |
| 10:10-10:30 |                                 |                |                         | 专题午餐会/<br>墙报/展览 | 专题午餐会/<br>墙报/展览/<br>AOHUPO 理事会 |                |
| 10:30-12:10 |                                 | 注册/培训          | 染色体蛋白质组计划 (CHPP)<br>研讨会 | 专题分会            | 专题分会                           |                |
| 12:10-14:00 |                                 | 茶歇             | 茶歇                      |                 |                                |                |
| 14:00-16:00 |                                 | 开幕式            | 大会报告                    | 闭幕式             |                                |                |
| 16:00-16:20 |                                 | 大会报告           | 京剧演出                    |                 |                                |                |
| 16:20-17:00 |                                 | 大会报告           |                         |                 |                                |                |
| 17:00-17:30 |                                 | 大会报告           |                         |                 |                                |                |
| 17:30-17:40 |                                 | 大会报告           |                         |                 |                                |                |
| 17:40-18:50 |                                 | 大会报告           |                         |                 |                                |                |
| 19:00-21:00 | 欢迎晚宴                            |                |                         |                 |                                |                |

特邀大会报告人:

| 姓名                 | 单位  | 报告题目  |
|--------------------|---|---|
| Aaron Ciechanover  | <b>2004</b> 年诺贝尔化学奖得主<br>Technion-Israel Institute of<br>Technology, Israel | Why Our Proteins Have to Die so We<br>shall Live or The Ubiquitin Proteolytic<br>System - From Basic Mechanisms thru<br>Human Diseases and onto Drug<br>Development |
| Ruedi Aebersold    | Swiss Federal Institute of<br>Technology (ETH),<br>Switzerland              | 待定  |
| Tom L Blundell     | University of Cambridge,<br>Cambridge, UK                                   | The Structural Proteome and Drug<br>Discovery: Chemical Tools for Targeting<br>Protein Networks   |
| 陈竺                 | 国家卫生部; 上海交通大学<br>医学院  | 待定  |
| 管坤良                | 复旦大学;<br>University of Michigan,<br>USA                                     | Protein Lysine Acetylation in Metabolism<br>Regulation  |
| Denis Hochstrasser | University Hospitals of<br>Geneva, Switzerland                              | Proteomics & Clinical Mass<br>Spectrometry  |
| Leroy Hood         | Institute for Systems<br>Biology, USA                                       | 待定  |
| John Craig Venter  | J. Craig Venter Institute,<br>USA   | 待定  |
| 王晓东                | 北京生命科学研究所   | 待定  |
| John Yates         | Scripps Research<br>Institute, USA  | The Use Of Quantitative Proteomics To<br>Study Disease  |

(待更新……)

特邀专题报告人:

| 姓名                 | 单位   | 报告题目   |
|--------------------|--|--|
| N. Leigh Anderson  | Plasma Proteome Institute, USA   | The Diagnostic Proteome: Challenges and Opportunities in the Discovery and Clinical Implementation of Protein Biomarkers |
| Mark Baker         | Macquarie University, Australia  | 待回复  |
| Amos Bairoch       | Swiss Institute of Bioinformatics  | 待定   |
| John Bergeron      | Research Institute of McGill University Health Center, Royal Victoria Hospital, Canada     | 待回复  |
| Pierre-Alain Binz  | Swiss Institute of Bioinformatics, Switzerland   | 待回复  |
| Lewis C. Cantley   | Harvard Medical School, USA  | 待回复  |
| Yu-Ju Chen         | Institute of Chemistry, Academia Sinica, Chinese Taipei                                    | 待定   |
| Daniel W. Chan     | The Johns Hopkins University School of Medicine, USA                                       | Translating Proteomics into The Clinical Laboratory: The Future is Now   |
| Maxey C.M. Chung   | National University of Singapore, Singapore  | 待定   |
| Catherine Costello | Boston University School of Medicine, USA  | 待定   |
| Robert E. Gerszten | Massachusetts General Hospital and Harvard Medical School, USA                             | 待回复  |
| Bill Hancock       | Northeastern University, USA   | 待回复  |
| Bill Jordan        | Victoria University of Wellington, New Zealand   | 待定   |
| Pierre Legrain     | Commissariat à l'Energie Atomique (CEA), France  | From Genes and proteins to Human being : can we revisit the role of heredity?  |
| Kazuyuki Nakamura  | Yamaguchi University Graduate School of Medicine, Japan                                    | Disease Biomarker Discovery -HSP27 for Diagnostics and Therapeutics of Pancreatic Cancer                                 |
| Eugene N. Nikolaev | The Institute for Energy Problems of Chemical Physics, Russian Academy of Sciences, Russia | 待回复  |

| 姓名                 | 单位  | 报告题目  |
|--------------------|---|---|
| Gilbert S. Omenn   | University of Michigan, USA                         | The Role of the HUPO Human Proteome Project in Advancing the Field of Proteomics  |
| Young-Ki Paik      | Yonsei Proteome Research Center, Korea              | A Chromosome-Centric Human Proteome Project to Characterize the Sets of Proteins Encoded in the Genome                                  |
| Peipei Ping        | University of California at Los Angeles (UCLA), USA | 待定  |
| Richard J. Simpson | Ludwing Institute for Cancer Research, Australia    | 待回复   |
| Michael K.W. Siu   | York University, Canada                             | Diagnostic, Prognostic and Therapeutic Significance of Head and Neck Cancer Biomarkers Discovered by Mass Spectrometry-Based Proteomics |
| Gyorgy Marko Varga | Lund University, Sweden                             | 待回复   |

(待更新……)

### 论文摘要征稿:

欢迎提交论文摘要, 经遴选安排分会口头报告或海报形式进行交流。

1. 论文摘要应简明, 具有教育意义且涵盖研究目的、方法、结果和总结;
2. 请用英语撰写;
3. 每篇摘要不超过 350 个英文单词, 格式参照摘要模板 (附件 1);
4. 截稿日期是 2012 年 2 月 25 日;
5. 请通过大会网站 <http://www.aohupo2012.cn> 提交您的摘要 (由于会议注册系统升级, 摘要提交功能将于 2011 年 12 月 25 日至 2012 年 1 月 6 日关闭, 特此说明)。

### 青年学者旅行奖:

本次大会将设立青年学者旅行奖。参选人员为参加本次大会的在读研究生或近五年内获得博士学位的青年学者, 年龄在 35 岁以下 (按照 2012 年 5 月 5 日计算), 且为 1 篇大会论文摘要的第一作者。获奖者每人奖励人民币 2000 元。

申报要求:

1. 请提交申请人简历 (A4 纸 1 页), 包括近期发表代表性论文清单。请在大会网站 <http://www.aohupo2012.cn> 成功注册后将简历及投稿论文摘要发送至

**CNHUPO 办公室电子邮箱([aohupo2012@vip.163.com](mailto:aohupo2012@vip.163.com))。**

2. 请提交符合本次大会议题的论文摘要。大会学委会将评审所提交相关材料。
3. 申请人必须在 2012 年 2 月 25 日前完成注册。
4. 请同时提交申请人年龄证明。
5. 青年学者旅行奖申请截止日期为 2012 年 2 月 25 日。

### 会前培训:

大会安排于 2012 年 5 月 5 日举办蛋白质组学新技术培训, 届时将邀请蛋白质组领域的国际著名专家教授主讲培训课程, 培训内容敬请关注大会网站 <http://www.aohupo2012.cn>。

### 重要日期:

**会前预注册截止日期延至2012年2月25日!**

- 提交论文摘要截止日期                      2012.02.25
- 预注册截止日期                                2012.02.25
- 现场注册                                         2012.05.04-06

### 注册:

| 注册类型            | 2012.02.25前 | 2012.02.25后  | 现场注册  |
|-----------------|-------------|--------------|-------|
| 学术代表            | 1400元       | <b>1600元</b> | 1800元 |
| 学生代表            | 1000元       | <b>1200元</b> | 1400元 |
| 企业代表            | 3000元       | <b>3500元</b> | 4000元 |
| <b>AOHUPO理事</b> | 免费          | 免费           | 免费    |
| 会前培训            | 200元        | 200元         | 300元  |

请通过大会网站 <http://www.aohupo2012.cn> 提交您的注册信息(由于会议注册系统升级, 网上注册功能将于 2011 年 12 月 25 日至 2012 年 1 月 6 日关闭, 特此说明)。

### 展览:

第六届亚太人类蛋白质组学大会同期将举办生物化学与分子生物学、蛋白质组学相关研究领域的仪器设备和新技术的展会。展会将延续并创新已成功举办七

届的中国蛋白质组学学术大会展会的经验与模式，不断提升规模和层次，为贵公司提供与国内外最优秀的科研团队进行近距离交流的难得机会和展示实力、推广产品、拓展市场的良好契机。会议拥有最新最前沿的生命科学研究信息、巨大的潜在市场、多渠道的强劲宣传以及国家会议中心良好的展览环境和专业的服务，将为打造本次盛会提供有力的保证。详细信息请联系第六届亚太人类蛋白质组学大会秘书处，或登录大会网站查看：<http://www.aohupo2012.cn>.

## 联系方式

第六届亚太人类蛋白质组学大会秘书处：

### CNHUPO办公室

地址：北京市昌平区科学园路33号北京蛋白质组研究中心(邮编：102206)

学术咨询电话：+8610-80705188

参展咨询电话：+8610-80705888

注册咨询电话：+8610-84351699

传真：+8610-80705155

电子邮箱：[aohupo2012@vip.163.com](mailto:aohupo2012@vip.163.com), [aohupo2012@pharmatable.com](mailto:aohupo2012@pharmatable.com)

### 大会网址：

<http://www.aohupo2012.cn>

<http://www.pharmatable.com/en/aohupo2012.cn>



附件 1

论文摘要模板

**Identification of 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](mailto:tommy604@fimmu.com)

Depletion of high abundant proteins in plasma samples is necessary for deep searching the new biomarkers. We utilized the high specific mouse mAbs against human albumin and protein G to optimize parameters for removing these two kinds of most abundant proteins in human plasma with denatured or native conditions respectively. We found that the depletion efficiency is significantly changed with different combination of chaotropic reagents, non-ionic detergent and varied concentration of salts. In native condition, the eluted proteins were separated by 2DE and 104 spots in the gel were excised and trypsin digested for tandem mass spectrum (MS/MS) analysis. After two dimension gel and MS analysis, the abundant proteins, such as albumin, IgG, fibrinogen, vitamin D binding protein, alpha-1 antitrypsin, transferrin, transthyretin, proapolipoprotein, keratin, and complement component 3 were identified from the eluted sample with depletion under the native condition. However, the depletion efficiency under denatured condition for albumin became lower but IgG did not change. The results may explain the relationship 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