

2024 年度广东省科学技术奖公示表

学科、专业评审组	药学与生物医学工程组
项目名称	人类暗蛋白质组鉴定的关键技术研发及应用
主要完成单位	暨南大学
主要完成人 (职称、完成单位、工作单位)	<p>1. 何庆瑜（职称：教授；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：作为本项目第一完成人，对本项目创新点 1、2、3 做出创造性贡献，在项目科学问题的提出、科研方案的实施、进展及应用等各个方面给予策划和管理。是代表性论文 1/2/3 的共同通讯作者，代表性论文 5 的通讯作者。）</p> <p>2. 张弓（职称：研究员；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：翻译组测序技术的主要构思人；FANSe 系列算法主要研发者、翻译组学数据库 TranslatomeDB 主要创立人。是代表性论文 1/2/3 的共同通讯作者，代表性论文 4 的通讯作者。）</p> <p>3. 余光创（职称：教授；工作单位：南方医科大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：整体策划和构建 clusterProfiler 功能分析算法，为系统性发现暗蛋白质组功能提供强有力的工具。是代表性论文 5 的第一作者。）</p> <p>4. 刘婉婷（职称：副研究员；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：翻译组学云分析系统 translatomeDB 的策划、构建、实施。是代表性论文 4 的第一作者。）</p> <p>5. 卢少华（职称：副研究员；工作单位：广州医科大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：作为首张人类“暗蛋白质组”图谱绘制项目的第一完成人，全程参与项目并完成了项目中的大部分工作。是代表性论文 1 的第一作者。）</p> <p>6. 张静（职称：副研究员；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：作为首张人类“暗蛋白质组”图谱绘制项目的主要参与人之一，全程参与项目并完成了项目中的工作。是代表性论文 1 的共同第一作者。）</p> <p>7. 崔毅峙（职称：副研究员；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：主导完成了真核生物翻译组全长测序技术的相关条件优化与相关实验工作，确定了翻译组测序的基本操作流程。是代表性论文 2 的共同第一作者。）</p> <p>8. 金静洁（职称：高级实验师；工作单位：暨南大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：翻译组测序技术主要参与人之一；为翻译组学数据库 TranslatomeDB 的建立提供稳定可靠的实验及测序数据和分析流程。是代表性论文 2 的共同第一作者和代表性论文 2 的共同作者。）</p> <p>9. 连新磊（职称：助理研究员；工作单位：华南农业大学；完成单位：暨南大学；主要贡献：优化 Ribosome profiling 实验流程及测序数据分析，为鉴定新蛋白提供了翻译证据。是代表性论文 1 的共同第一作者。）</p>

	<p>10. 向伦平（职称：无；工作单位：深圳承启生物科技有限公司；完成单位：暨南大学；主要贡献：翻译组学云平台构建的实施及数据库的维护。是代表性论文 4 的共同第一作者。）</p>
	<p>11. 郑廷锴（职称：无；工作单位：深圳市英气科技有限公司；完成单位：暨南大学；主要贡献：为 TranslatomeDB 建立论文收集、筛选及数据集挑选流程，建立数据预处理、分析及储存流程，建立多个非标物种的参考库，并用以上流程和参考库产出第一及第二代 TranslatomeDB 的全部定量数据。是代表性论文 4 的共同第一作者。）</p>
<p>代表性论文 专著目录</p>	<p>论文 1：A hidden human proteome encoded by 'non-coding' genes. <i>Nucleic acids research</i>, 47(15), 8111–8125,2019. 第一作者：卢少华、张静、连新磊；通讯作者：何庆瑜、张弓、王通。</p>
	<p>论文 2：Translating mRNAs strongly correlate to proteins in a multivariate manner and their translation ratios are phenotype specific. <i>Nucleic acids research</i>, 41(9), 4743–4754,2013. 第一作者：王通，崔毅峙，金静洁；通讯作者：何庆瑜、张弓、王通。</p>
	<p>论文 3：How to discover new proteins - translome profiling. <i>Science China. Life sciences</i>, 57(3), 358–360,2014. 第一作者：张弓；通讯作者：何庆瑜、张弓、王通。</p>
	<p>论文 4：TranslatomeDB: a comprehensive database and cloud-based analysis platform for translome sequencing data. <i>Nucleic acids research</i>, 46(D1), D206–D212,2018. 第一作者：刘婉婷，向伦平，郑廷锴；通讯作者：张弓。</p>
	<p>论文 5：clusterProfiler: an R package for comparing biological themes among gene clusters. <i>Omics : a journal of integrative biology</i>, 16(5), 284–287,2012. 第一作者：余光创；通讯作者：何庆瑜。</p>