

生物镜课程2025

基于质谱蛋白质组学的诊断和预后

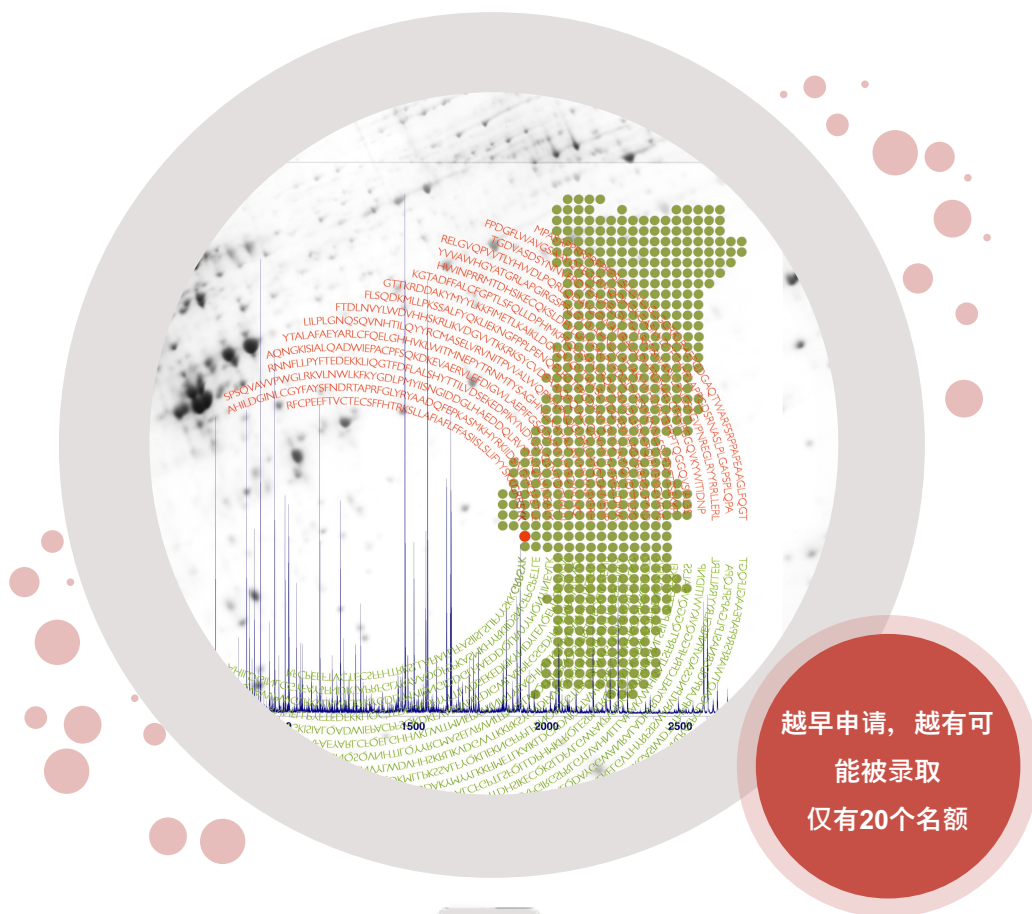
由生物镜研究小组提供支持

葡萄牙卡帕里卡新里斯本大学科学技术学院

<https://msproteomicscourse.bioscopegroup.org>

全在线课程

创新。合作。超越科学。



越早申请，越有可能被录取
仅有20个名额

赞助方



NOVA

NOVA SCHOOL OF
SCIENCE & TECHNOLOGY
DEPARTMENT OF CHEMISTRY

主办方



BIOSCOPE
RESEARCH
In the forefront of science

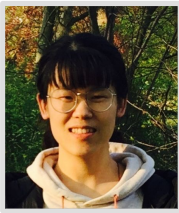
我们的教学团队

课程主任



Hugo M. Santos, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)

女翻译



Jiajia Shen, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)

生物镜小组的教授们



José L. Capelo, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



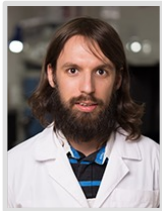
Carlos Lodeiro, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



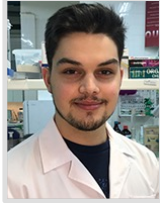
Elisabete Oliveira, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



Javier F. Lodeiro, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



Adrián F. Lodeiro, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



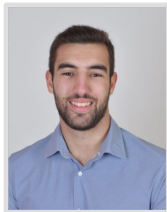
Luís B. Carvalho, PhD
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



Inês Domingos, MSc
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



André Figueiredo, MSc
NOVA University of Lisbon
(Portugal)



Gonçalo Pedro, MSc
NOVA University of Lisbon
(Portugal)

...的历史

蛋白质组学

个性化医学

1971

自动埃德曼测序法，酶联免疫吸附测定法

1977

DNA测序（桑格法）

1979

第一个DNA序列组装软件

1988

MALDI-TOF（大于10千道尔顿），噬菌体展示，DNA焦磷酸测序发明

1994

蛋白质组概念的引入。串联质谱数据与蛋白质数据库的关联

1996

酵母蛋白质组（MALDI/ESI），实时DNA焦磷酸测序。数据控制的自动化LC-MS/MS

2002

酵母磷酸化蛋白质组，SILAC标记，PAI

2005

454焦磷酸测序，emPAI

2008

绝对SILAC

2010

基于适配体的多重蛋白质组学

2015

数据独立获取（DIA）质谱的进展

2016

捕获离子迁移谱

2018

并行积累-串行碎片化（PASEF）

2023

蛋白质组学中的预设组学

1960's

布鲁克物理股份公司成立，专注于核磁共振光谱仪

1990's

世界上第一台傅里叶变换核磁共振谱仪

1998

布鲁克公司通过“布鲁克-弗兰岑分析”进入质谱领域

2000's

FT-ICR质谱系统的首次安装

2003

西门子分析X射线部门的收购

2005

引入maXis™ QTOF质谱仪用于蛋白质组学

2007

推出Impact II™ QTOF，增强蛋白质组学研究的灵敏度

2010's

引入配备PASEF®技术的timsTOF Pro，彻底改变蛋白质组学工作流程

2012

推出timsTOF flex，结合MALDI成像与PASEF技术，实现空间蛋白质组学

2012

引入4D-Proteomics™工作流程，利用CCS值提高选择性

“

随着人类基因组的测序，个性化医学正逐渐成为现实。在未来，医疗治疗将根据每位患者的个体遗传需求量身定制。

”

James D. Watson

课程

I 生物信息学导论

- 蛋白质组学中的生物信息学概述
- 蛋白质组学中数据分析的重要性

数据采集与处理

- 肽和蛋白质分析（案例研究）
- 定量方法
- 参数优化、输出文件类型及解释

统计分析 & 数据外推 (Perseus 用于高级分析)

- 数据过滤/标准化
- 差异表达的统计检验
- 聚类与主成分分析
- 火山图及其他可视化

网络分析 (Cytoscape 用于蛋白质相互作用)

- 导入蛋白质-蛋白质相互作用数据
- 网络可视化与布局算法
- 网络的拓扑分析
- 表达数据与网络的整合



课程

高级方法

总蛋白方法 (TPA)

- TPA原理
- 绝对蛋白质定量
- TPA的应用与局限性

差异个性化通路指数 (dPPi)

- 概念与方法论
- 识别差异相互作用
- dPPi结果的生物学解释



应用

看看这个 → <https://www.youtube.com/watch?v=8DAZq40wmMo>



价格

单张票：1 200 €

按需团体折扣：ines.domingos@bioscopegroup.org

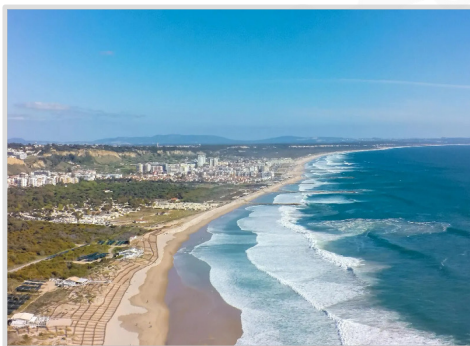
立即申请

欲了解更多信息，请访问：<https://msproteomicscourse.bioscopegroup.org>

或通过电子邮件联系胡戈·桑托斯教授：hugosantos@bioscopegroup.org

或通过电子邮件联系伊内斯·多明戈斯：ines.domingos@bioscopegroup.org

或通过WhatsApp联系：[+351 919 404 933](tel:+351919404933) (Prof. Capelo)



课程信息

课程将以普通话进行

课程将完全在线进行，由老师用英语授课。

同时，我们会提供一位中文翻译。

在课程期间，学生可以在课堂上随时提问，也可以在每节课结束时提问。

课程时间表将遵循以下时区转换方案：



START - FINISH

6:00 AM - 2:00 PM



2:00 PM - 10:00 PM

学生应安装以下程序（必需）：

- Zoom
- MaxQuant
- Perseus
- Cytoscape



注册费包括：

- 所有必需程序的安装教程书
- 包含理论内容和实践课程数据集的书籍
- 参与证书

要注册，请联系以下两位：

hugosantos@bioscopegroup.org
ines.domingos@bioscopegroup.org