

# 生物镜课程2025

## 基于质谱蛋白质组学的诊断和预后

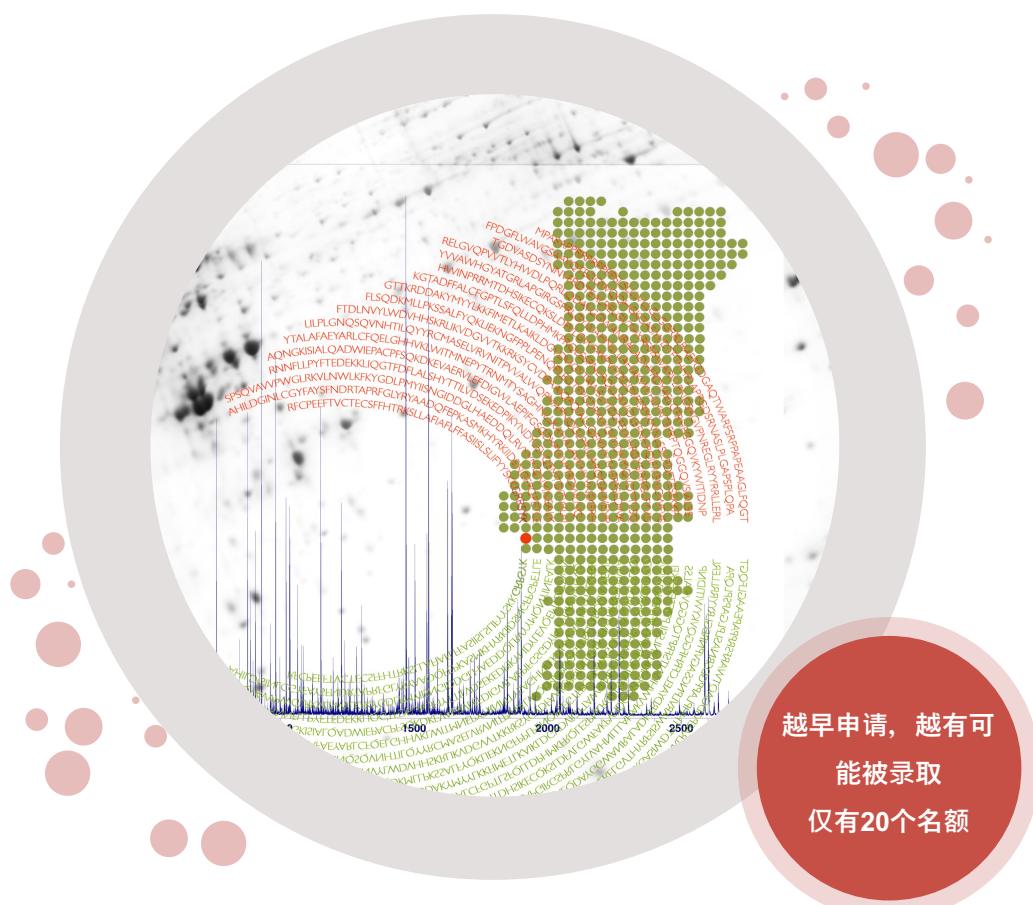
由生物镜研究小组提供支持

葡萄牙卡帕里卡新里斯本大学科学技术学院

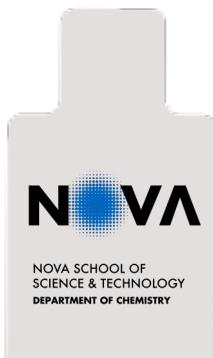
<https://msproteomicscourse.bioscopegroup.org>

全在线课程

创新。合作。超越科学。



赞助方



主办方



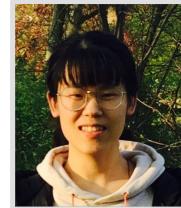
# 我们的教学团队

## 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)



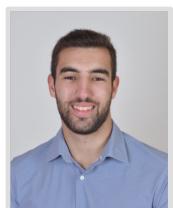
**Luís B. Carvalho, PhD**  
NOVA University of Lisbon  
(Portugal)



**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**

基于绝对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

## 统计分析与数据外推（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](mailto: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](mailto:hugosantos@bioscopegroup.org)

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

或通过WhatsApp联系 : +351 919 404 933 (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](mailto:hugosantos@bioscopegroup.org)  
[ines.domingos@bioscopegroup.org](mailto:ines.domingos@bioscopegroup.org)