



## 2016年中美蛋白质组学信息技术高级研讨会

尊敬的\_\_\_\_\_先生/女士，您好！

2016年中美蛋白质组学信息技术高级研讨会将于2016年09月在上海召开。

### 会议通知

美国系统生物学的先驱

美国西雅图系统生物学研究所研究团队

首次登陆中国

“有这样一个信念：跨越学科边界的系统生物学，将引领我们走向未来。”基于这一理念，美国西雅图系统生物学研究所成立于2000年，研究细胞的微观元素，以及所有这些元素之间如何相互作用并调控与人类的健康、疾病和环境相关的功能。ISB是系统生物学的先驱，同时也在世界范围内引领这一领域的演变。



### 培训班时间

2016年9月10日 — 14日

### 培训班地点

上海交通大学医学院  
(上海市重庆南路227号)

### 培训班介绍



9月14日	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Xpress和ASAPRatio: 如何从同位素标记的串联质谱采集数据中计算肽段和蛋白质的相对含量, 并对蛋白比例进行全自动的统计学分析。</li> <li>2. Libra : 利用Libra对同位素标记样本进行定量分析(例如iTraq,TMT,SILAC等)。</li> <li>3. PeptideAtlas和SRMATlas : 多物种的肽段鉴定公共数据库(PeptideAtlas)和靶向蛋白质组学实验数据公共资源库(SRMAtlas)介绍及其使用技巧。</li> <li>4. SWATHProphet : 如何利用TPP进行SWATH数据分析。</li> </ol>
第五天	
Xpress	
ASAPRatio	
Libra	
PeptideAtlas	<p>主讲人 David 和 Ulrike</p>
SRMATlas	
SWATHProphet	
主讲人	
David 和 Ulrike	

### 会议嘉宾



主讲人：**Robert Moritz**教授，澳大利亚人，现任系统生物学研究所（ISB）蛋白质组学中心主任，世界蛋白质组学学会（HUPO）副主席。在Richard J. Simpson蛋白质结构实验室从事科研工作期间，他设计并发展了被业界广泛采用的蛋白质组学微质谱分析、微分离等技术。同时，Moritz教授在细胞因子、蛋白质受体及其三维结构、蛋白质相互作用等研究领域也取得了重大进展，相关文章发表在Nature等期刊上。2005至2006年底，Moritz教授建立澳

大利亚蛋白质组学计算中心并担任主任，目前该中心已可以供全世界蛋白质组学研究人员进行数据分析。2008年至今，Moritz教授一直致力于将ISB蛋白质组学中心发展为全球型的蛋白质组学数据在线分析平台。

## 中方嘉宾

中科院上海生命科学研究院 李亦学教授

复旦大学 杨芄原教授

上海交通大学 严威教授

## 会议门票

注册时间	在校学生	科研人员	企业人员	注册费用
7月30日前	3000元/人	3400元/人	4250元/人	会议资料（含全套讲学Ppt）茶歇、5天中餐
7月30日后	3500元/人	4000元/人	5000元/人	

### 备注：

- 1) 注册费优惠期限以到款时间为准；
- 2) 参会代表如是学生票办理参会签到现场请携带学生身份证明，如无学生代表证明，现场统一按科研人员或企业人员收费标准操作；
- 3) 如果您需要我们代为安排住宿，请一并告知，住宿统一安排，费用自理
- 4) 本次研讨班提供服务器练习环境、专业教室；笔记本电脑需自带。提供5天免费午餐，免费参加欢迎晚会和结业典礼。

