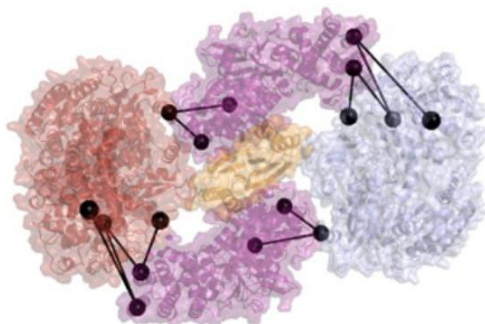


## CNCP-2023 交联质谱 (CXMS) 分析培训班



北京生命科学研究所以董梦秋实验室联合中科院计算所 pFind 团队将于 **2023年9月1日至3日** 在北京生命科学研究所以 (NIBS) 举行第四期交联质谱分析培训班 (交联质谱技术和董梦秋实验室的简介见文末)。由于场地有限, 面向学术研究机构招收 **8** 名学员。在这里, 我们会手把手带您熟悉交联质谱的流程, 面对面解决实验及软件鉴定中遇到的问题。欢迎感兴趣的老师和同学报名。

### 培训的具体日程:

- 9月1日 (周五): 交联质谱技术介绍和交联样品制备  
(欢迎自带样品, 但请避免过于复杂的 IP 或细胞裂解液样品)
- 9月2日 (周六): 交联样品上机分析和学习 pLink 2 分析流程
- 9月3日 (周日): 分析交联数据并使用 xiNET、PyMol 展示交联结果

### 食宿安排:

培训期间 NIBS 大食堂免费提供工作餐; 住宿需自行解决, 推荐 NIBS 附近的海诺康会馆 (位置: 北京市昌平区生命园路 16 号, 距离 NIBS 步行约 5 分钟, 联系电话 010-80728999 转 8155)。

### 费用:

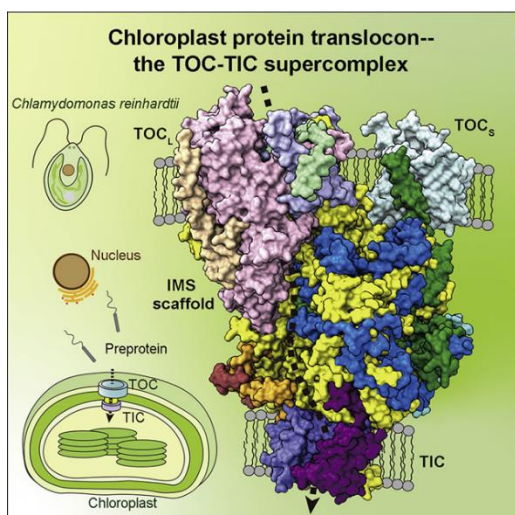
本次培训不收取任何费用。如果参加者觉得学有所获, 欢迎为董梦秋实验室购买 Promega 的 Asp-N 或 Lys-C 蛋白酶, 有或无, 多或少, 皆自愿, 非常感谢!

## 交联质谱技术简介：

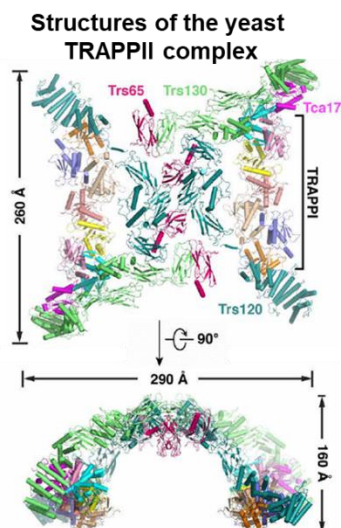
CXMS（英文全称 Chemical cross-linking of proteins coupled with mass spectrometry，简称 CXMS 或 XL-MS）利用化学交联剂将蛋白质或蛋白质复合体中空间距离足够接近的两个氨基酸通过共价键连接起来，酶切成肽段后用质谱鉴定出交联位点，从而获取低分辨率结构信息，帮助推断蛋白质在三维空间的折叠状态以及蛋白-蛋白相互作用的大致区域。相比于晶体和冷冻电镜技术，CXMS 对样品量和样品纯度要求低，可捕获蛋白质在溶液中的动态，并且具有简单、快速等优点。因此，CXMS 在过去十年中得到了广泛应用，常常助力解析大型蛋白质复合体的精细结构，以及寻找蛋白与蛋白之间直接相互作用的区域。

## 董梦秋实验室简介：

作为先行者和推动者，董梦秋实验室一直致力于开发和完善交联质谱技术——与计算科学团队合作开发交联鉴定软件 pLink 1（Yang B, Nat Meth 2012）、pLink 2（Chen Z, Nat Commu 2019）；与化学团队合作开发了可富集交联剂 Leiker（Tan D, eLife 2016）、靶向羧基交联剂 Diazoker（Zhang X, Anal Chem 2018）、靶向精氨酸的交联剂 ArGO 和 KArGO（Jones, Nat Commu 2019）、快速的靶向赖氨酸的新型交联剂 DOPA（Wang J, Nat Commu 2022）；以及交联质谱技术的一系列应用（Lu S, Nat Meth 2015; Gong Z, Biophys Rep 2015; Ding YH, Anal Chem 2016; Ding YH, J Biol Chem 2017）。此外，董梦秋实验室还利用交联质谱技术帮助数十个实验室解决重要的生物学问题，如关键蛋白质复合体的结构解析、找寻蛋白相互作用区域、二硫键的鉴定等等，多项成果发表在 Cell、Nature、Science 正刊及子刊上（最新的两项合作成果见下图）。



Jin et al., *Cell*, 2022



Mi et al., *Science Advances*, 2022