

# KSBI-BIML 2026

Bioinformatics & Machine Learning(BIML)  
Workshop for Life Scientists

생명정보학 & 머신러닝 워크샵(온라인)



## 단백체 분석의 기초와 응용

김민식 \_ DGIST



**KSBI**  
KOREAN SOCIETY FOR  
BIOINFORMATICS

| 한국생명정보학회



본 강의 자료는 한국생명정보학회가 주관하는 BIML 2026 워크샵을 목적으로  
제작된 것으로 해당 목적 이외의 다른 용도로 사용할 수 없음을 분명하게 알립니다.

이를 다른 사람과 공유하거나 복제, 배포, 전송할 수 없으며 만약 이러한 사항을 위반할 경우  
발생하는 **모든 법적 책임은 행위자 본인에게 있음**을 알립니다.

# KSBI-BIML 2026

## Bioinformatics & Machine Learning (BIML) Workshop for Life Scientists

한국생명정보학회가 주최하는 BIML-2026 동계 Bioinformatics & Machine Learning 교육 워크숍에 여러분을 초대합니다.

BIML 워크숍은 생명정보학 연구자들이 최신 AI바이오 분야의 인공지능 기반 분석 기술과 바이오 데이터 분석 기법을 이론과 실습을 통해 체계적으로 배울 수 있는 전문 교육 프로그램입니다. 2015년에 시작된 BIML 워크숍은 올해로 12년 차를 맞이하며, 국내 생명정보학 분야의 최초이자 최고 수준의 교육 프로그램으로 자리 잡았습니다. 이번 워크숍은 크게 인공지능바이오(AI바이오) 분야와 디지털바이오 분야, 두 분야로 구성됩니다.

AI바이오 분야에서는 생명정보 분석에 폭넓게 응용되고 있는 다양한 인공지능 기반 자료 모델링 기법을 다룰 예정입니다. 특히, 인공지능 심층학습을 활용한 단백질 구조 예측, 유전체 분석, 신약 개발에 대한 이론 및 실습 강의를 진행됩니다.

또한 디지털바이오 분야에서는 단일세포오믹스, 공간오믹스, 멀티오믹스, 메타오믹스에 대한 강의도 마련되어 있어, 연구자들의 분석 역량 강화에 실질적인 도움을 줄 것으로 기대됩니다.

또한 2024년부터 추가된 의료정보 자료 분석을 다루는 강의를 올해도 지속해서 운영하고자 합니다. 이는 최근 의료정보 자료 분석에 관한 연구 수요 증가를 반영한 것으로, 관련 연구를 수행하는 의과학자 및 의료정보 연구자들에게 유용한 지침을 제공할 것입니다.

또한, 올해도 생명정보학 기술의 다양화에 발맞춰 온라인 강좌를 대폭 확대했습니다. 올해는 무료 강좌 10개를 포함한 총 40개 이상의 강좌가 개설되며, 연구 주제에 맞는 강좌 추천과 강연료 할인 혜택도 제공합니다.

BIML-2026는 국내 주요 연구 중심 대학의 전임 교수 및 각 분야 최고 전문가들의 강의로 구성되어 있으며, 기초 이론부터 최신 연구 동향까지 아우르는 심도 있는 교육의 장이 될 것으로 확신합니다.

여러분의 많은 관심과 참여를 기대합니다!

2026년 2월

한국생명정보학회장 류 성 호

# 단백체 분석의 기초와 응용

본 강의를 통해 생명현상의 핵심 수행자인 단백질 집합체, 즉 단백질 거동을 이해하고 체계적으로 분석하기 위한 입문 과정 및 다양한 응용 기술을 소개할 것이다. 단백질체(proteome)의 개념을 시작으로, 시료 준비, 단백질 분리 및 동정, 질량분석(Mass Spectrometry)을 중심으로 한 주요 분석 원리와 데이터 해석의 기초를 다루고자 한다. 특히 실험 설계 시 고려해야 할 요소와 재현성 있는 결과를 얻기 위한 기본 전략을 함께 소개하여, 단백질체 분석을 처음 접하는 학습자도 전체 흐름을 이해할 수 있도록 구성하였다. 특히, 본 강의는 질량분석법을 기반으로 하는 단백질체에 대해 중점적으로 다루고자 하며 생명체가 시공간적으로 어떻게 외부 환경에 반응하고, 어떻게 내부적으로 짜여진 프로그램을 영위해 나가는지 알 수 있게 할 것이다. 아울러 본 강의는 단백질체 분석 기술이 실제 연구 현장에서 어떻게 활용되는지에 초점을 둔다. 질병 바이오마커 발굴, 신약 타겟 탐색, 세포 신호전달 네트워크 분석 등 다양한 응용 사례를 통해 단백질체 분석의 실질적 가치를 살펴보고자 하며 이를 통해 수강생들은 단백질체 데이터가 생명과학·의생명 연구에서 어떤 의미를 가지는지 이해하고, 향후 자신의 연구나 실무에 단백질체 분석을 효과적으로 적용할 수 있는 기초 역량을 갖추게 될 것이라 기대한다.

강의는 다음의 내용을 포함한다:

- 단백질체 분석 기초 원리 및 실험방법론 개론
- 단백질체 데이터 수집 방법 및 이해

\* 교육생준비물:

노트북 (메모리 8GB 이상, 디스크 여유공간 30GB 이상)

\* 강의 난이도: 초급-중급 사이

\* 강의: 김민식 교수 (대구경북과학기술원 뉴바이올로지학과)

# Curriculum Vitae

Speaker Name: Min-Sik Kim, Ph.D.



## ► Personal Info

Department of New Biology, DGIST

## ► Lab QR



---

## Research Interest

Mass Spectrometry, Proteomics, Systems Biology, Metabolomics, Multi-Omics

## Educational Experience

- |      |   |
|------|---|
| 2002 | B.Sc., Department of Chemistry, Korea University, Korea                                     |
| 2004 | M.Sc., Department of Physical Chemistry, Korea University, Korea                            |
| 2013 | Ph.D., Department of Biological Chemistry, Johns Hopkins University School of Medicine, USA |

## Professional Experience

- |              |   |
|--------------|---|
| 2013-2016    | Postdoctoral fellow, Institute of Genetic Medicine, Johns Hopkins University School of Medicine |
| 2016-2018    | Assistant Professor, Department of Applied Chemistry, Kyung Hee University                      |
| 2018-present | Assistant, Associate, Full Professor, Department of New Biology, DGIST                          |

## Selected Publications (5 maximum)

1. Kang, M. H., Lee, J., Kim, J., ..., **Kim, M.-S.\***, Lee, J.-C.\*, and Lim, P. O.\* (2025) The chloroplast-targeted long noncoding RNA CHLORELLA mediates chloroplast functional transition across leaf ageing via anterograde signaling. *Nature Plants*.
2. Vu, H. M., Shiwakoti, S., ..., **Kim, M.-S.\***, Oak, M.-H.\* (2024) Niclosamide attenuates calcification in human heart valvular interstitial cells through inhibition of the AMPK/mTOR signaling pathway. *Biochemical Pharmacology*.
3. Park, G., Jang, E. W., ..., **Kim, M.-S.\***, Lee, Y.-S.\* (2023) Dysregulation of the Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway via Rnf146 upregulation in a VPA-induced mouse model of autism spectrum disorder. *Experimental & Molecular Medicine*.
4. Jang, E. W., Park, J. H., ... **Kim, M.-S.\*** (2022) Cntnap2-dependent molecular networks in autism spectrum disorder revealed through an integrative multi-omics analysis. *Molecular Psychiatry*.
5. Park, J.-H., Ryu, S. J., ..., Lee, J. H., Park, J. H., ..., **Kim, M.-S.\***, Hwang, D.\*, Lee, Y.-S.\*, and Park, S. C.\* (2021) Disruption of nucleocytoplasmic trafficking as a cellular senescence driver. *Experimental & Molecular Medicine*.

# KSBi-BIML 2026

## 단백체 분석의 기초와 응용

김민식 교수  
DGIST 뉴바이올로지학과

1

### 목차

1. Proteomics
2. Mass Spectrometry
3. Peptide Sequencing
4. Quantitative Analysis

2

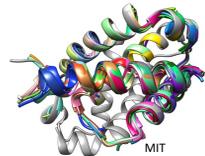
2

# Proteomics

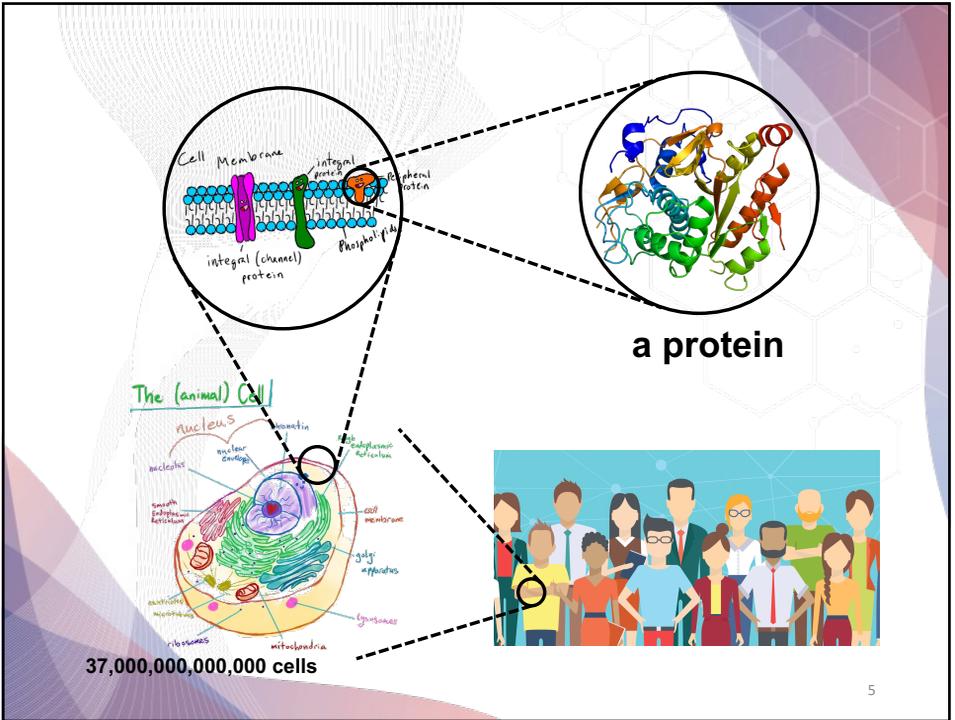
3

## Proteomics

특정 세포, 조직, 생물체, 또는 조건에서 발현되는 모든 단백질(proteome)을 대규모로 동정·정량·특성화하는 학문 분야



4

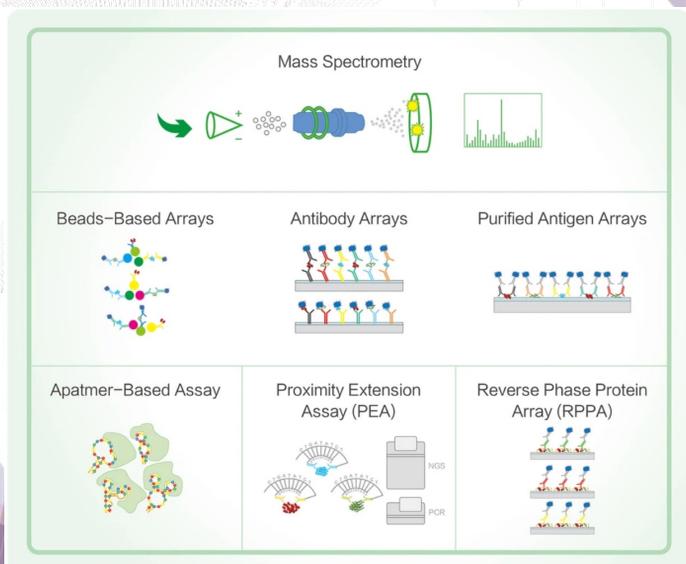


5

$10^{10}$  proteins in a cell  
 =  
 10,000,000,000 proteins  
 =  
**Proteome**  
 a collection of proteins expressed in  
 a given time, condition, and space

6

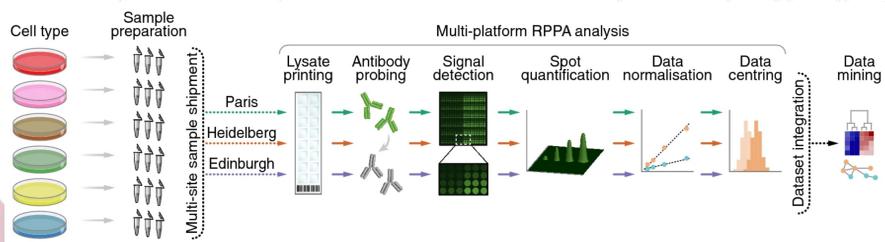
## Analytical screening techniques



7

7

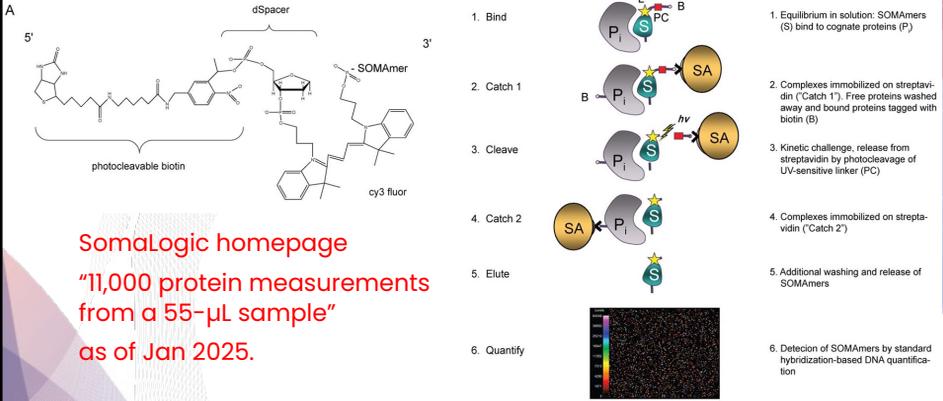
## Reverse-phase protein array



8

8

## SOMAscan by SOMALogic



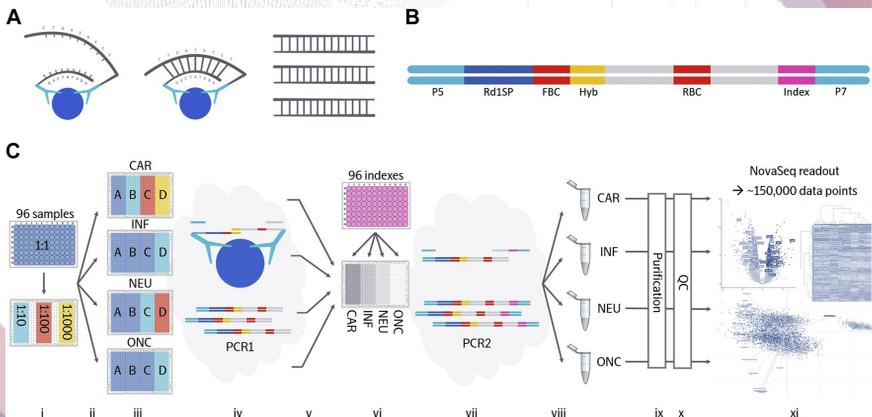
SomaLogic homepage  
 "11,000 protein measurements  
 from a 55- $\mu$ L sample"  
 as of Jan 2025.

Kraemer et al. PLoS One. 2011

9

9

## PEA by O-link



O-link homepage  
 "5400 + proteins, 2- $\mu$ L sample"  
 as of Jan 2025

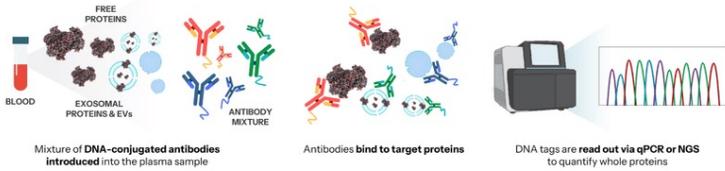
Wilk et al. MCP. 2011

10

10

# Plasma proteomics

## Affinity-based plasma proteomics



## Mass spectrometry-based plasma proteomics



The Scientist

11

## Pros and Cons of interaction-based proteomics

- Pros
  - Sensitivity
  - Throughput
- Cons
  - Structural alteration: cleavage, modification, buffer/temp. condition
  - Specificity: cross-reactivity
  - Expandability: new protein-coding genes, new PTMs, new organisms

\*Mass spectrometry-based proteomics is a sequencing-based method.

12

12

# Mass Spectrometry

13

## 질량 분석기 개발의 기초 아이디어

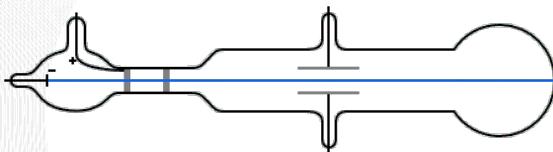


**Nobel Prize in Physics (1906)**

"in recognition of the great merits of his theoretical and experimental investigations on the conduction of electricity by gases."



**J. J. Thomson  
(1856~1940)**



wikipedia

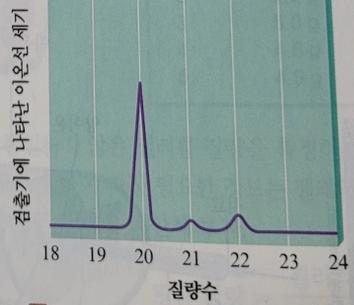
14

14

## 네온의 질량 스펙트럼



David Young-Wolff/Alamy



a

b

그림 3.2 > (a) 방전관 안에서 작렬하는 네온 가스. 천연 네온을 질량 분석계에 주입했을 때 얻어지는 신호의 상대적 형태로 표시한 것이다. 붕우리의 상대 면적이  $0.9092(^{20}\text{Ne})$ ,  $0.00257(^{21}\text{Ne})$ ,  $0.0882(^{22}\text{Ne})$ 이므로, 천연 네온에

15

15

## 질량분석기의 개발과 안정한 동위원소의 발견

### Nobel Prize in Chemistry (1922)



"for his discovery, by means of his mass spectrograph, of isotopes, in a large number of non-radioactive elements, and for his enunciation of the whole-number rule."

1890



Francis Aston  
(1877~1945)

- Radioactive Decay
- Mass Spectroscopy
- Light Particles
- Fission
- Fusion/Transfer
- Spallation
- Projectile Fragmentation

M. Thomassen  
MSU/NSCL - 2011



Identified  
212 of the 287 naturally  
occurring isotopes

16

16

## 원자의 질량

**원소의 주기율표**

원소 기호 **H** 1 원자 번호  
 수소 원소 이름  
 hydrogen 영어명  
 1.00794 원자량

**C** 6 **N** 7 **O** 8  
 탄소 질소 산소  
 Carbon Nitrogen Oxygen  
 12.011 14.0067 15.9994

## 탄소의 질량

- 탄소, carbon
- (평균)원자량 12.011

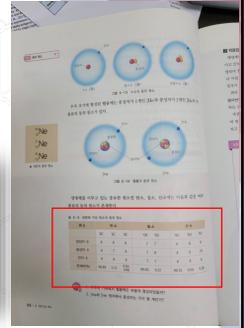
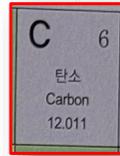
**C** 6  
 탄소  
 Carbon  
 12.011

표 2-3 생명체 구성 원소의 동위 원소

원소	탄소			질소		산소		
	<sup>12</sup> C	<sup>13</sup> C	<sup>14</sup> C	<sup>14</sup> N	<sup>15</sup> N	<sup>16</sup> O	<sup>17</sup> O	<sup>18</sup> O
양성자 수	6	6	6	7	7	8	8	8
중성자 수	6	7	8	7	8	8	9	10
전자 수	6	6	6	7	7	8	8	8
존재비(%)	98.89	1.11	0.0x 이하	99.63	0.37	99.76	0.04	0.20

## 탄소의 질량

- 탄소, carbon
- (평균)원자량 12.011
- $^{12}\text{C}$  - 98.89%
- $^{13}\text{C}$  - 1.11%
- $^{14}\text{C}$  - 거의 없음



교학사 화학 I

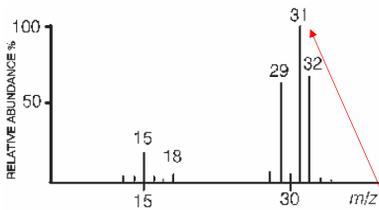
$$\text{탄소 원자의 (평균)원자량} = 12 \times 0.9889 + 13 \times 0.0111 = 12.0111$$

19

19

## 질량 스펙트럼

Spectrum



mass-to-charge

Mass table

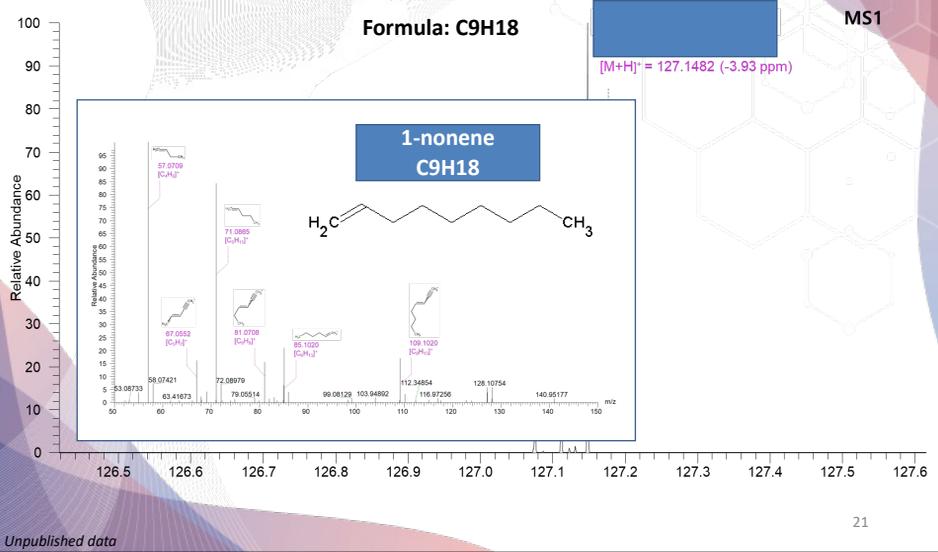
$m/z$	Relative abundance (%)	$m/z$	Relative abundance (%)
12	0.33	28	6.3
13	0.72	29	64
14	2.4	30	3.8
15	13	31	100
16	0.21	32	66
17	1.0	33	0.73
18	0.9	34	~ 0.1

base peak

20

20

## 저분자 물질의 정성분석



21

## 기체 이온의 공간적 트랩핑 기술 개발



Nobel Prize in Physics (1989)

"for the development of the ion trap technique."



Hans G. Dehmelt  
(1913~2017)

Penning ion trap



Wolfgang Paul  
(1913~1993)

Paul ion trap



www.youtube.com

22

22

## 다양한 질량분석기



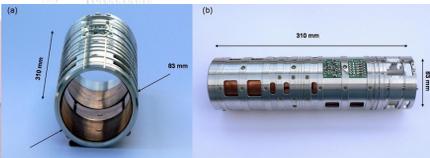
Time-of-Flight



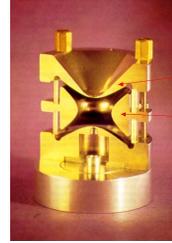
Quadrupole



Orbitrap



FT-ICR



Ion trap

23

23



24

24

## 저에너지 이온화 기술 개발과 바이오 고분자 분석



**Koichi Tanaka**  
(1959 - )

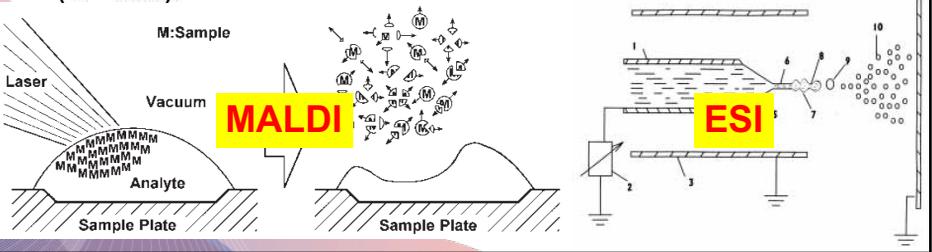


**Nobel Prize in Chemistry (2002)**

“for their development of soft desorption ionisation methods for mass spectrometric analyses of biological macromolecules”

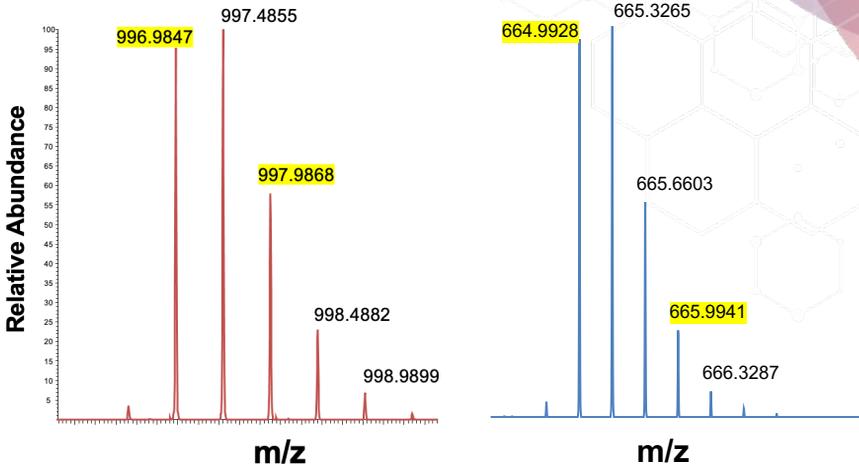


**John B. Fenn**  
(1917 - 2010)



25

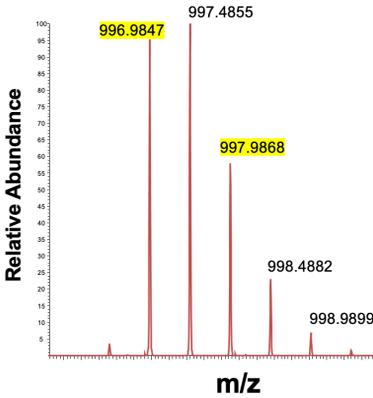
## 질량스펙트럼의 특성 - isotopic cluster (동위원소분포클러스터)



26

26

## 질량스펙트럼의 특성 - isotopic cluster (동위원소분포클러스터)



$m/z = 996.9847$   
Charge ( $z$ ) = +2

$\rightarrow (m) = 996.9847 \times (+2) = \text{Peptide} + 2\text{H}^+$   
 $\rightarrow$  precursor mass  
 $= 996.9847 \times (+2) - 2 \times 1.0078$   
 $= 1991.9538$

27

27

## 질량스펙트럼의 특성 - resolution (분해능)

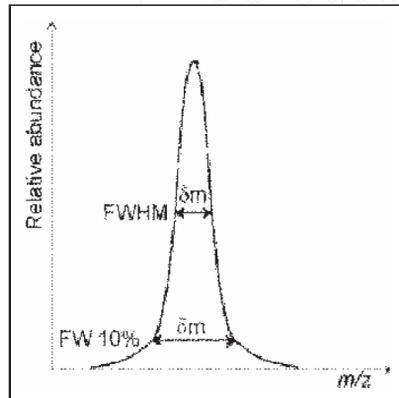
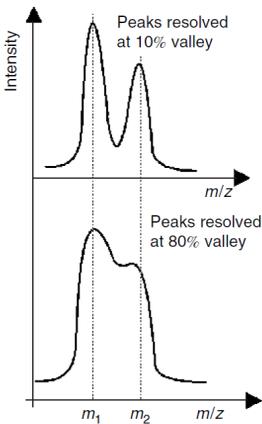
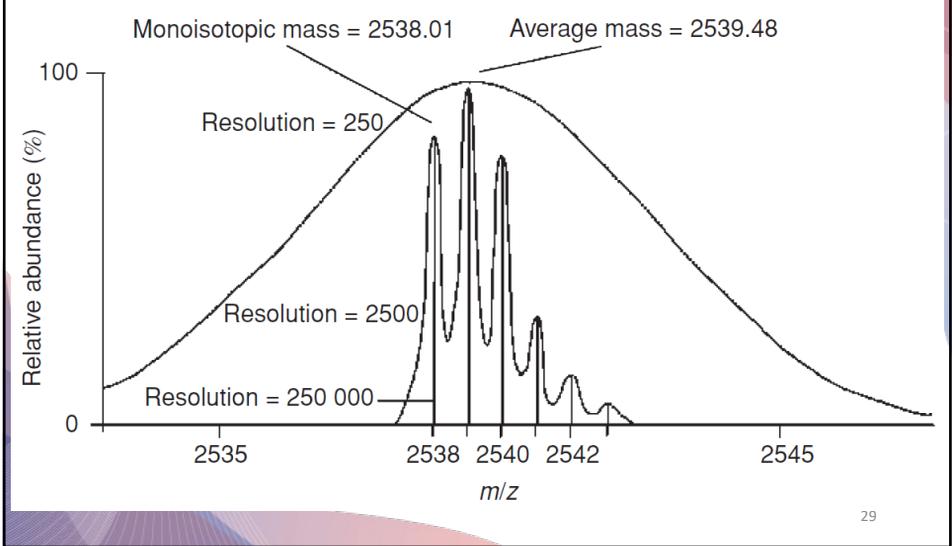


Figure 2.1  
Diagram showing the concepts of peak resolution and valley.

28

28

## 질량스펙트럼의 특성 - resolution(분해능)



29

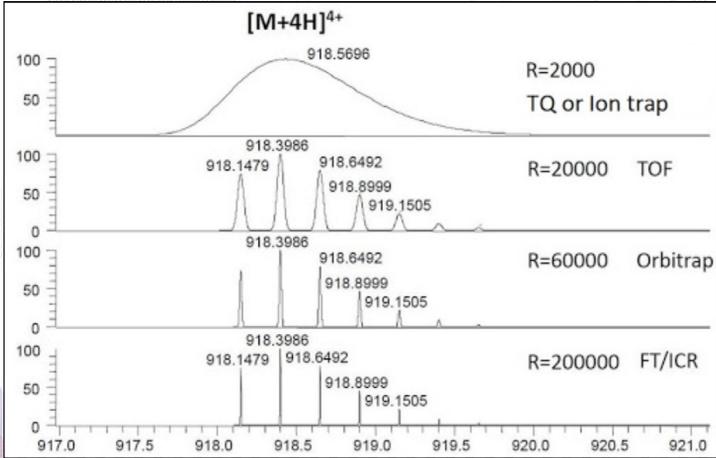
## 분해능의 발전

	$m/\delta m$	
1913	13	Thomson
1918	100	Dempster
1919	130	Aston
1937	2000	Aston
1998	8 000 000	Marshall and co-workers

30

30

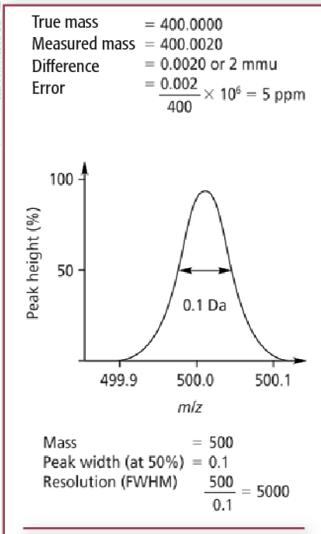
## 질량분석기별 질량분석 스펙트럼 분해능 차이



31

31

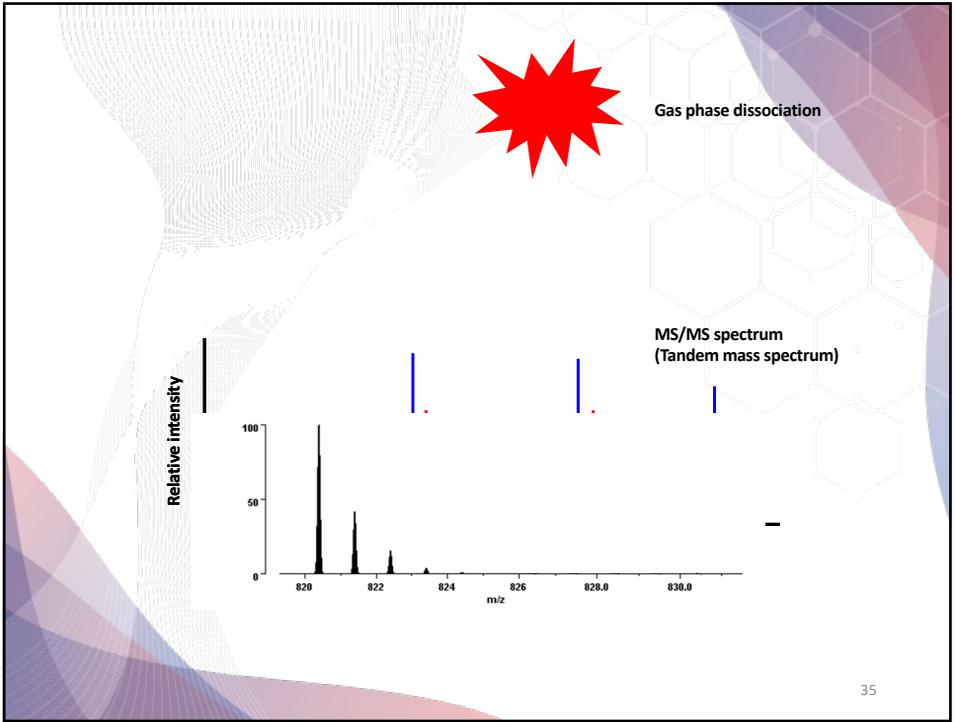
## 질량분석스펙트럼의 특성 - mass measurement accuracy(질량측정정확도)



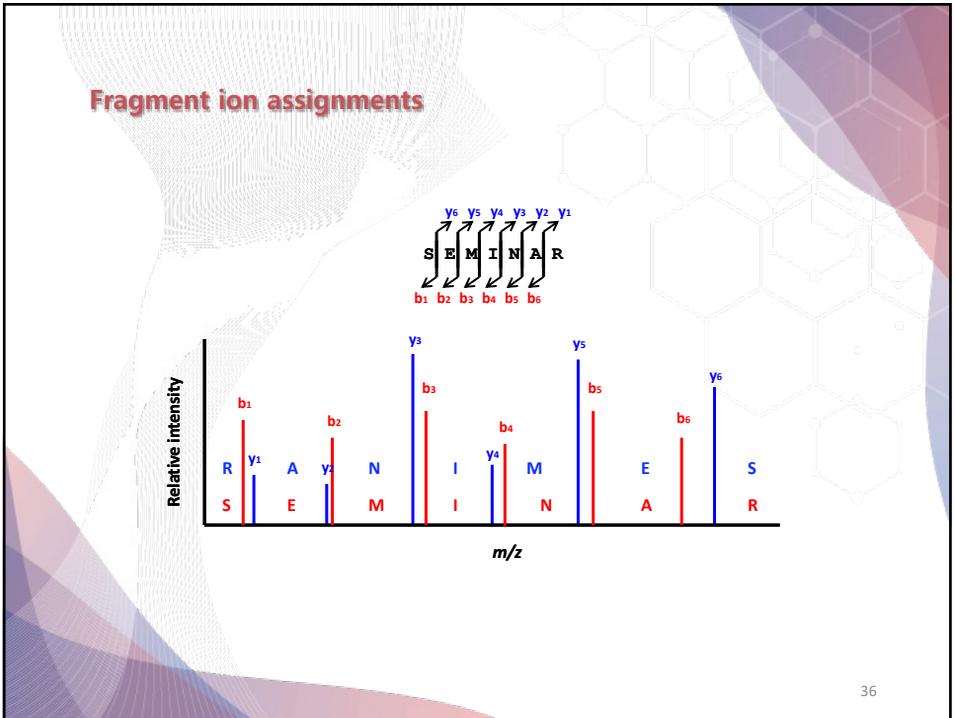
32

32



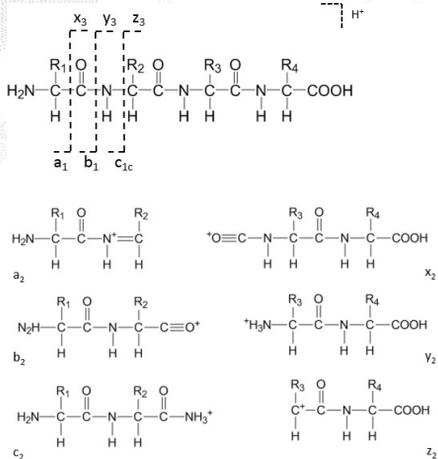


35



36

## Nomenclature of peptide fragment ions

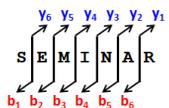


37

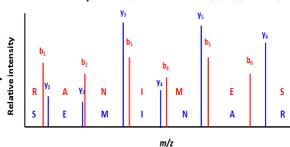
37

## PSM (Peptide-Spectrum Match)

Theoretical precursor mass



Observed precursor mass



Theoretical fragment ion mass list

217.0819  
348.1224  
461.2064  
575.2494  
646.2865  
---

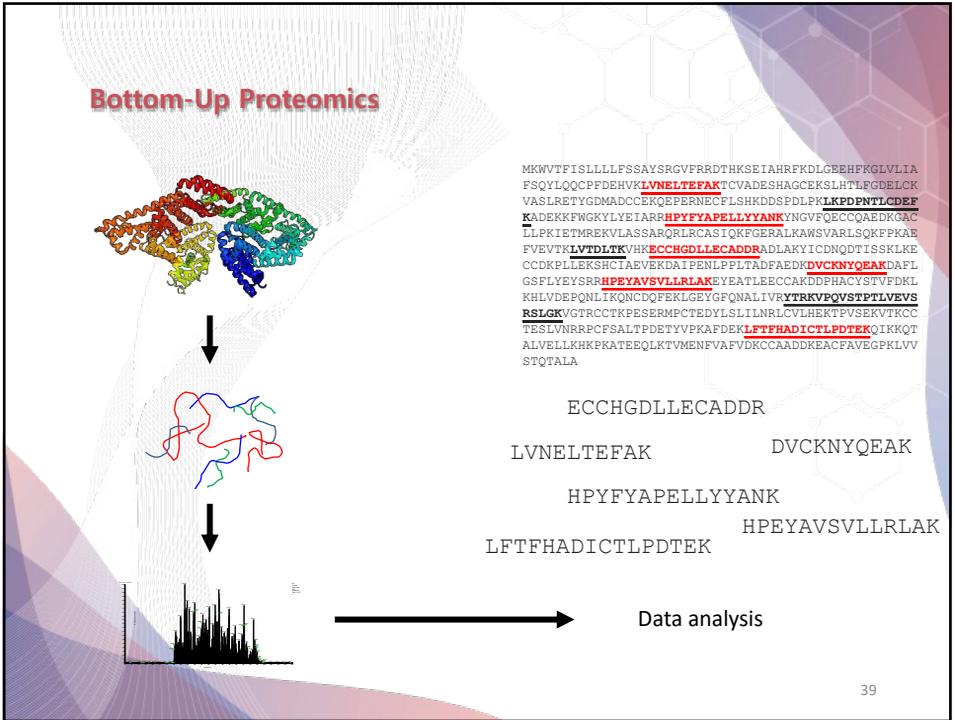
Measured fragment ion mass list

217.0823  
348.1211  
461.2072  
575.2490  
646.2875  
---

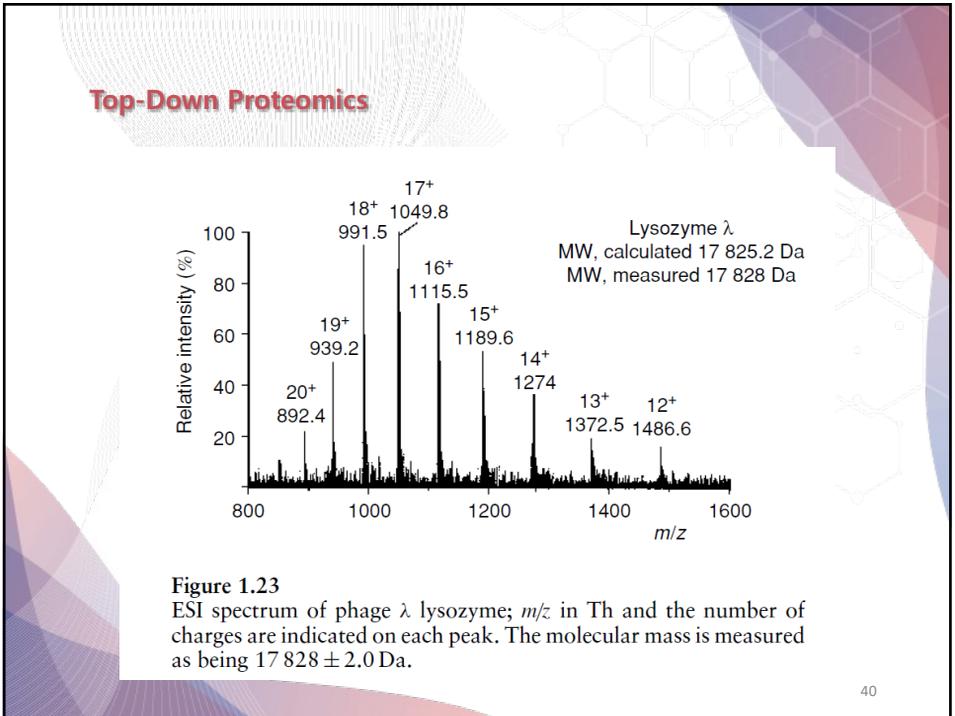
SCORE

38

38

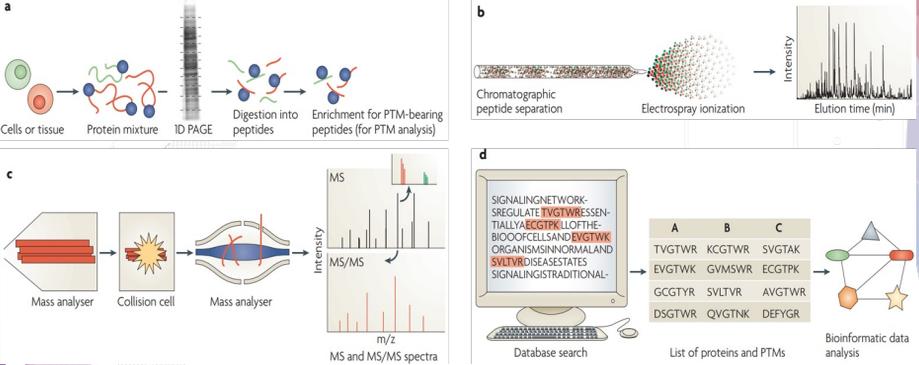


39



40

## General Proteomics Workflow



Choudhary and Mann, *Nat Rev Mol Cell Biol*, 2010

41

41

## Quantitative Analysis

42

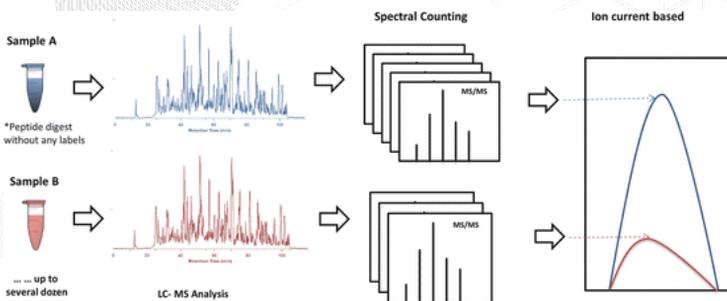
## Choice of Quantitation in Proteomics

- Label
  - Metabolic labeling
  - Chemical labeling
- Label-free
  - # spectral counting (ex. # PSM)
  - LC profile
- Model samples (ex, cell)
- Clinical samples (ex, blood)

43

43

## Label-free (spectral counting or ion current area)

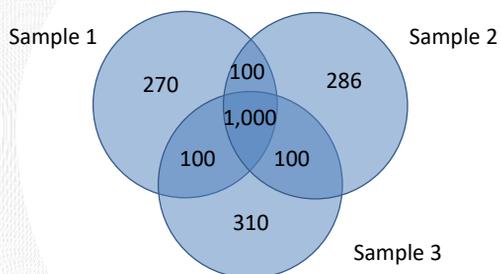


44

44

## Label-free (spectral counting or ion current area)

- Sample 1 : 10 ug peptides -> 1,000,000 MS/MS -> 400,000 PSMs
- Sample 2 : 10 ug peptides -> 1,100,000 MS/MS -> 380,000 PSMs
- Sample 3 : 10 ug peptides -> 950,000 MS/MS -> 390,000 PSMs

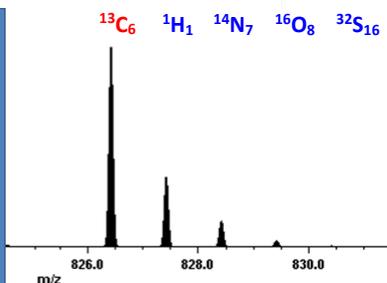
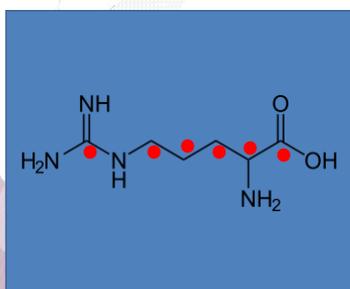


45

45

## Metabolic labeling

SEMINAR\*

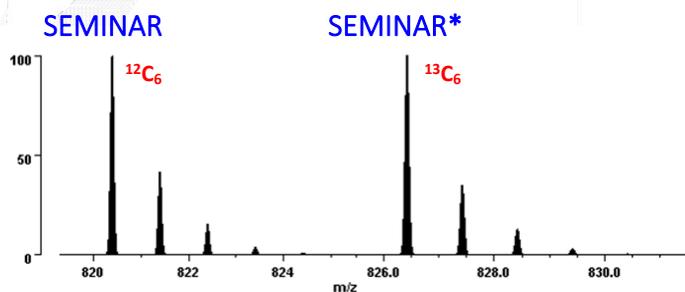


46

46

## SILAC-based Quantitative proteomics

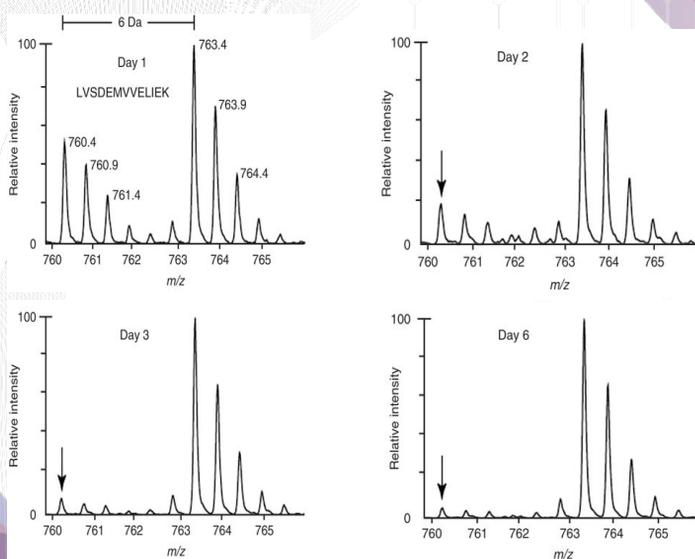
SEMINAR:SEMINAR\* = 1:1



47

47

## Metabolic labeling of the whole cellular proteome

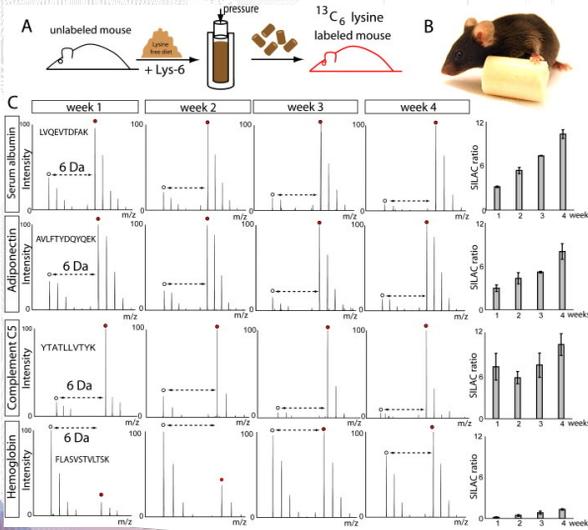


Gowda et al. *Nature Protocol*

48

48

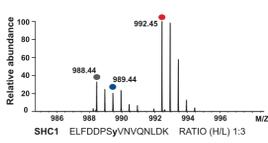
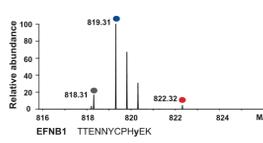
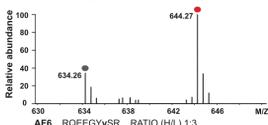
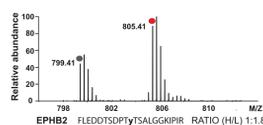
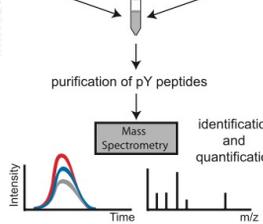
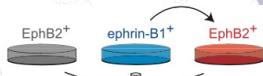
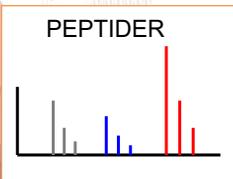
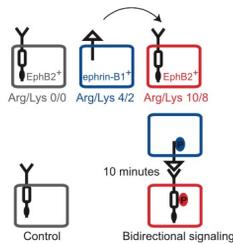
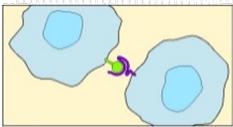
# In vivo SILAC labeling



Mann et al. *Cell*

49

49

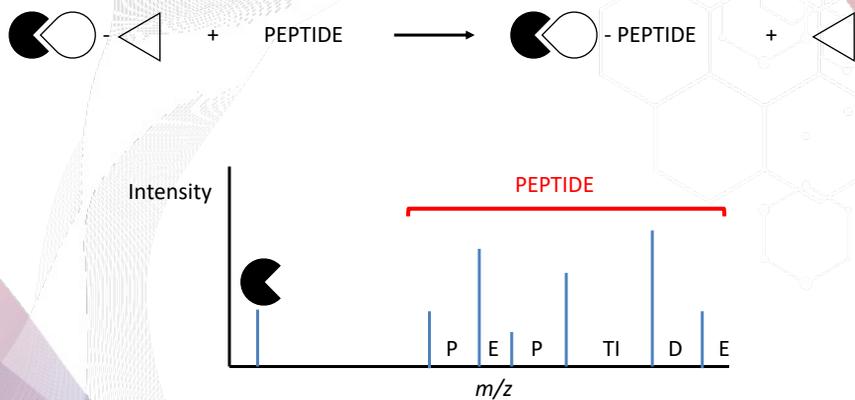


Jørgensen et al. *Science*

50

50

## Isotope-coded chemical labeling to clinical samples

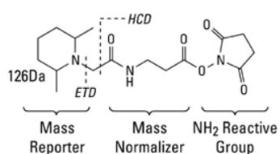


51

51

## TMT-based quantitative proteomics

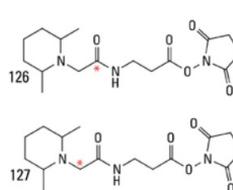
### A. TMTzero Reagent (TMT<sup>0</sup>)



100



### B. TMTduplex Reagents (TMT<sup>2</sup>)



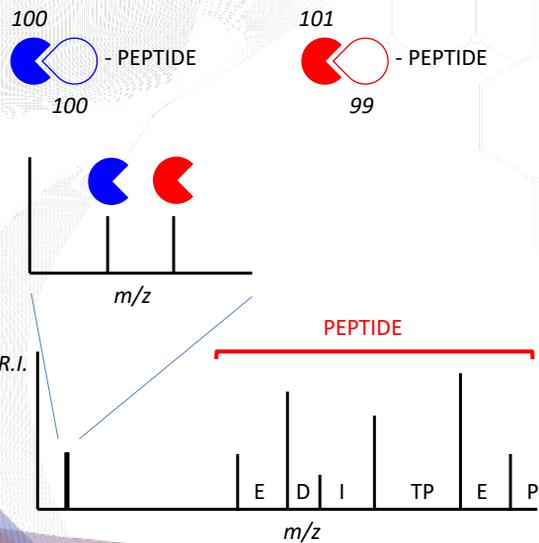
101



52

52

## TMT-based quantitative proteomics



53

53

## Summary

- 질량분석의 기초 원리
- 질량분석 데이터의 핵심 요소
- Peptide sequencing 의 기초 원리
- Peptide 정량 기술

54

54