

$$X(t) = 1 + \int_0^t x(s) dW(s)$$

[首页](#) [机构概况](#) [科研人员](#) [科研进展](#) [学术会议](#) [人才招聘](#)

当前位置: [首页](#)>[科研进展](#)>[科研进展](#)

付岩、巩馥洲在蛋白质翻译后修饰定位的研究上取得进展

2019-05-22 | 撰稿: | 浏览:

蛋白质在发生翻译后修饰后,理化性质会发生显著改变,从而实现了蛋白质功能的指数级扩增。由于蛋白质上潜在的修饰位点非常多,对修饰进行精确的定位是研究修饰对蛋白功能调控的前提。目前质谱技术是蛋白质修饰研究的主要方法,对质谱数据的开放式搜索会产生大量的候选修饰位点,其假阳性率目前很高。

我们提出了一种面向开放式质谱数据分析的高精度修饰定位概率算法PTMiner,该算法通过一个迭代过程自动地从质谱数据中学习修饰先验概率以及质量匹配误差分布和匹配谱峰强度分布,利用更新的先验概率和两类分布更精确地估计修饰位点的后验概率。我们将PTMiner用于人类蛋白质组草图海量数据的修饰分析,在1%假阳性率下定位了一百多万个修饰,系统全面地刻画了人类蛋白质组中的已知和未知修饰。该项工作在蛋白质组学顶级期刊Molecular & Cellular Proteomics在线发表后,引起广泛关注,一度是阅读量第二高的论文。

此外,我们在PTMiner算法基础上开发了蛋白质氨基酸突变(计算上可视为特殊修饰)鉴定的质量控制方法SAVControl,通过开放式质量偏移的重定位对突变位点进行确认,排除假阳性,该成果发表于Journal of Proteomics期刊。

以上工作是我院已毕业博士生安志武和伊心培在付岩副研究员和巩馥洲研究员指导下完成的,合作单位为中科院上海药物所、上海交通大学、军事科学院等。

工具链接:

<http://fugroup.amss.ac.cn/software/PTMiner/PTMiner.html>

<http://fugroup.amss.ac.cn/software/SAVControl/SAVControl.html>

论文信息:

Zhiwu An, Linhui Zhai, Wantao Ying, Xiaohong Qian, Fuzhou Gong, Minjia Tan and Yan Fu. PTMiner: Localization and Quality Control of Protein Modifications Detected in an Open Search and Its Application to Comprehensive Post-translational Modification Characterization in Human Proteome. *Molecular & Cellular Proteomics*, 18 (2) 391-405, 2019.

Xinpei Yi, Bo Wang, Zhiwu An, Fuzhou Gong, Jing Li, Yan Fu. Quality control of single amino acid variations detected by tandem mass spectrometry, *Journal of Proteomics*, 187:144-151, 2018.



地址 北京市海淀区中关村东路55号 思源楼6-7层 南楼5-6、8层 100190

? 2000-2013 京ICP备05058656号