研究报告

## 人类蛋白质组表达谱蛋白质鉴定的分步搜索策略

吴松锋,朱云平,贺福初

军事医学科学院放射医学研究所,北京 100850

收稿日期 2004-9-10 修回日期 2005-3-17 网络版发布日期 接受日期

大规模蛋白质组表达谱研究的蛋白质鉴定一般采取基于数据库搜索的策略,因此数据库的选 择及搜索策略在蛋白质鉴定中非常重要。现有的人类蛋白质数据库远不够完善,而从其他物种的蛋白 质数据库中所能得到的补充非常有限,但人类基因组数据库中却可能含有很大的补充空间。在对国际 人类蛋白质数据库充分调研、比较的基础上,提出了一种分步搜索的策略。这种策略首先利用一个质 量较高、覆盖率相对较大的非冗余数据库进行基本鉴定,随后利用其他蛋白和核酸数据库进行补充鉴 定和新蛋白挖掘。该策略能有效地鉴定尽可能多的高可靠蛋白,并能进一步充分利用质谱数据进行补▶复制索引 充鉴定和新蛋白挖掘,对大规模蛋白质组表达谱研究具有重要的意义。

关键词 蛋白质组;蛋白质鉴定;蛋白质数据库;质谱

分类号 039

# **Strategy for the Protein Identification of Human Proteome Expression Profile: Selection of Searching Database**

WU Song-Feng, ZHU Yun-Ping, HE Fu-Chu

Beijing Institute of Radiation Medicine, 27 Taiping Road, Beijing 100850, China

#### Abstract

Widely used method of protein identification for high-throughout proteome expression profile studies was database-dependent, so the selection of databases for the protein identification was very important. Despite the deficiency of available human protein databases, the complementarity of human proteins could be got mainly from human genome but not from the protein databases of other organisms. According to the comparison of the current protein databases from different aspects, IPI was recommended for the basic identification for the studies of human proteome expression profile, and other human protein or nucleic acid databases were needed for the complementary identification and novel protein mining.

Key words proteome protein identification protein database mass spectrum

DOI:

## 扩展功能

#### 本文信息

- Supporting info
- **PDF**(0KB)
- ▶[HTML全文](0KB)
- 参考文献

### 服务与反馈

- 把本文推荐给朋友
- ▶加入我的书架
- ▶加入引用管理器
- Email Alert
- 文章反馈
- ▶浏览反馈信息

### 相关信息

- ▶ 本刊中 包含
- "蛋白质组;蛋白质鉴定;蛋白质数据库;质谱" 的 相关文章
- ▶本文作者相关文章
- 吴松锋
- 朱云平
- 贺福初

通讯作者 朱云平 zhuyp@hupo.org.cn