广州健康院开发出定量蛋白质组学数据的下游分析与可视化工具

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/24111.html

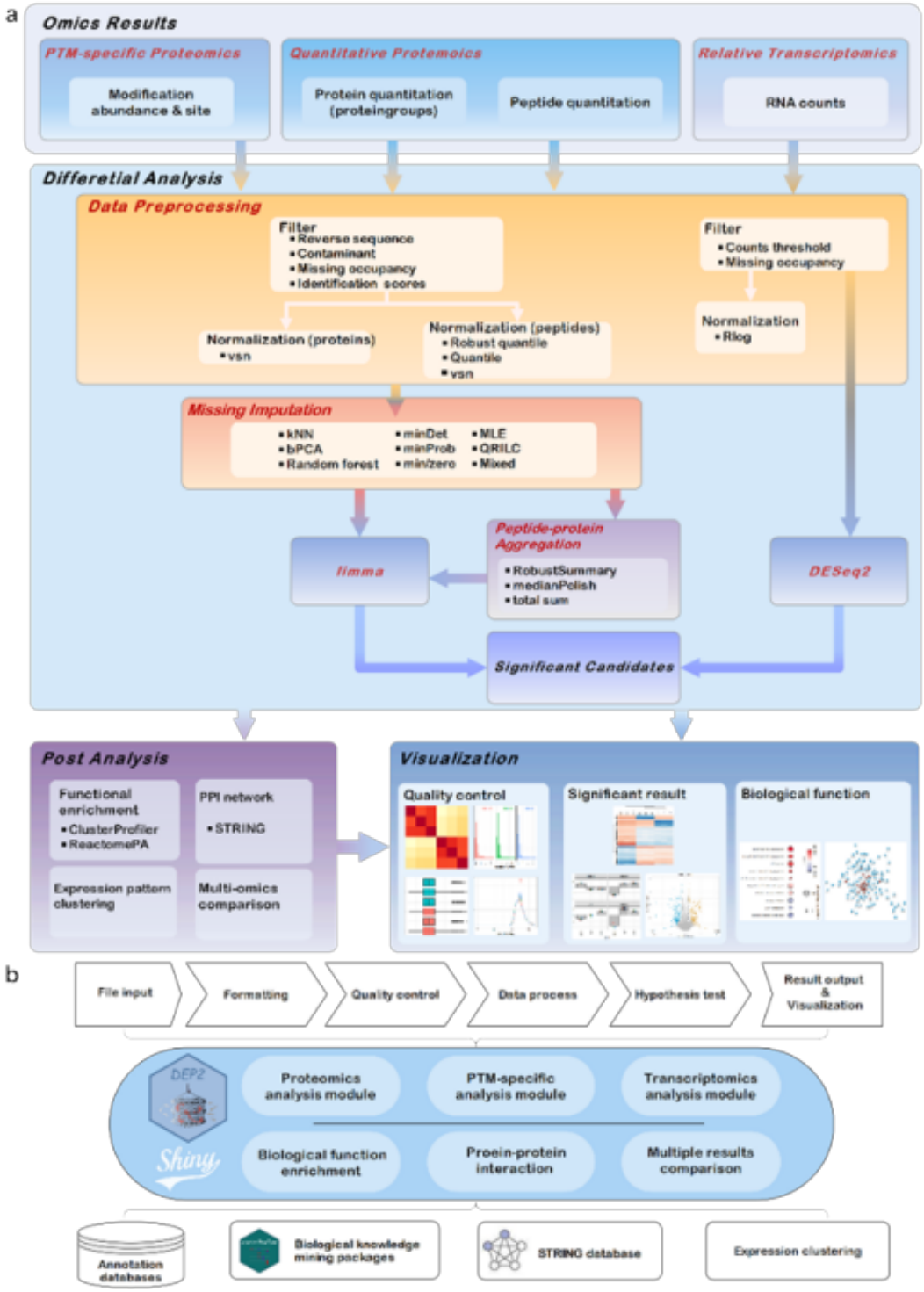
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

基于超高分辨率液质联用质谱的定量蛋白质组学已成为重要的生命科学研究手段。与其他组学方法一样，恰当的数据分析流程是蛋白质组学研究的关键。基于质谱的蛋白质组数据具有方法仪器多样、搜库定量软件繁多的特点，导致下游的数据处理分析更为困难繁琐，亟需发展可高效处理多样的蛋白质组学数据的下游分析工具。

近日，中国科学院广州生物医药与健康研究院张小飞团队在*Bioinformatics*上，发表了题为*DEP2: an upgraded comprehensive analysis toolkit for quantitative proteomics data*的论文。该研究发展了可用于处理多种蛋白质组定量软件输入数据的R包DEP2。DEP2是用于定量蛋白质组学数据下游处理、差异分析、可视化的工具R包。DEP2利用S4对象进行数据打包并通过limma进行差异分析。DEP2集成肽段至蛋白重定量算法、缺失值填充方法，可用于分析肽段层面和蛋白组层面的定量蛋白质组、修饰蛋白质组数据。同时，DEP2捆绑了以模块化搭建的shiny应用，可以无代码方式同时处理多个蛋白质组学数据。DEP2兼容多类型上游结果，为研究人员处理蛋白质组数据提供了便利。该R包已开源发布在https://github.com/mildpiggy/DEP2。

研究工作得到国家重点研发计划、广东省珠江人才计划、广东省科技计划项目、香港创新科技署的支持。新乡医学院科研人员参与工作。

论文链接



DEP2分析流程和内置Shiny APP示意图

研究团队单位：广州生物医药与健康研究院

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发