
科学家开发出新型糖蛋白组学定量分析软件工具

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/34641.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！

科学家开发出新型糖蛋白组学定量分析软件工具。近日，中国科学院大连化学物理研究所研究员叶明亮团队，联合大连理工大学副教授董铭铭、空军军医大学教授聂勇战等，开发了一款新型糖蛋白组学定量分析软件工具——GlyPep-Quant。该工具可显著降低大样本分析中糖肽定量的缺失值，提升位点特异性糖型的定量覆盖度，并应用于胃癌生物标志物的发现研究中。目前，GlyPep-Quant已作为重要工具集成于叶明亮团队前期发展的Glyco-Decipher糖肽解析软件，学术界可通过GitHub免费获取使用。相关成果发表在《自然-通讯》上。

糖基化是蛋白质最复杂的翻译后修饰之一，其异常与癌症等多种疾病密切相关。然而，由于糖基化的高度异质性及低丰度特性，位点特异性糖基化的大规模定量分析长期面临谱图解析率低、定量缺失值多等难题，限制了其在疾病生物标志物发现中的应用。

为了解决上述挑战，本工作提出了三个方面的解决方案：科研人员首先针对糖肽定量缺失值多的问题，发展了新型的基于机器学习的运行间匹配定量方法。研究发现，对基于Glyco-Decipher的鉴定结果进行定量时，缺失值比例约从70%降低为10%；与现有其他软件相比，GlyPep-Quant可多定量25.1%至178.9%的无缺失值的完整糖肽。

其次，为了提高单个文件的鉴定灵敏度，科研人员提出了基于MS1特征库的虚拟匹配运行，利用已有大规模数据集的MS1特征信息构建糖肽特征库，并通过库到新数据的单向匹配策略，使新样本的位点特异性糖基化定量灵敏度较传统只依赖于MS2谱图鉴定的定量方法提升8倍以上，显著提高了单样本分析的覆盖深度。

最后，科研人员提出了一种基于同一糖基化位点不同位点特异性糖型丰度比值的疾病标志物发现策略，有效消除个体蛋白表达差异及实验条件波动的干扰，应用于分析胃癌大样本人血清数据集，发现了两个具有良好诊断性能的位点特异性糖型丰度比值，有望成为新型胃癌生物标志物。（来源：中国科学报 孙丹宁）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-025-61673-6>

作者：叶明亮等 来源：《自然—通讯》

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](http://www.iikx.com)转发