
数学院等在蛋白质翻译后修饰定位研究方面取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5292.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！

数学院等在蛋白质翻译后修饰定位研究方面取得进展。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。

近期，中国科学院数学与系统科学研究院科研团队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。他们将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。论文审稿人认为：PTMiner大大提高了搜索引擎原始搜索结果的可靠性。

此外，该科研团队基于PTMiner算法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，在结肠直肠癌数据上的实验表明该方法可以显著排除假阳性。

以上工作是数学院已毕业博士生安志武和伊心培在副研究员付岩和研究员巩馥洲指导下完成的，合作单位为中科院上海药物研究所、上海交通大学、军事医学科学院等。论文发表在期刊Molecular & Cellular Proteomics 和Journal of Proteomics上。

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](https://www.iikx.com)转发