

# Proteome-wide remodeling of protein location and function by stress

**Assign 5-PNAS-2014-Lee-E3157-66**

报告人：白想想

翻译：陈静



- \* **Background**

- \* **Methods**

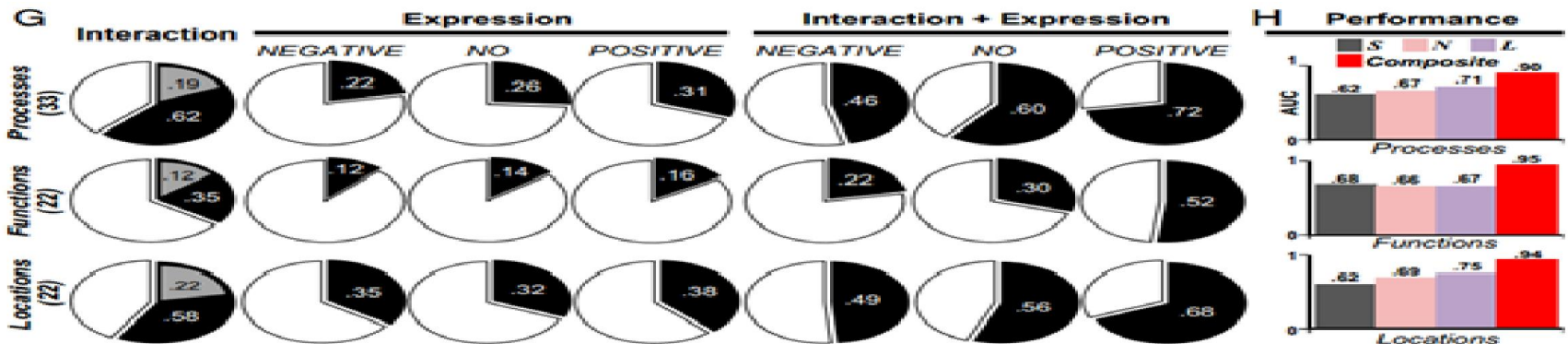
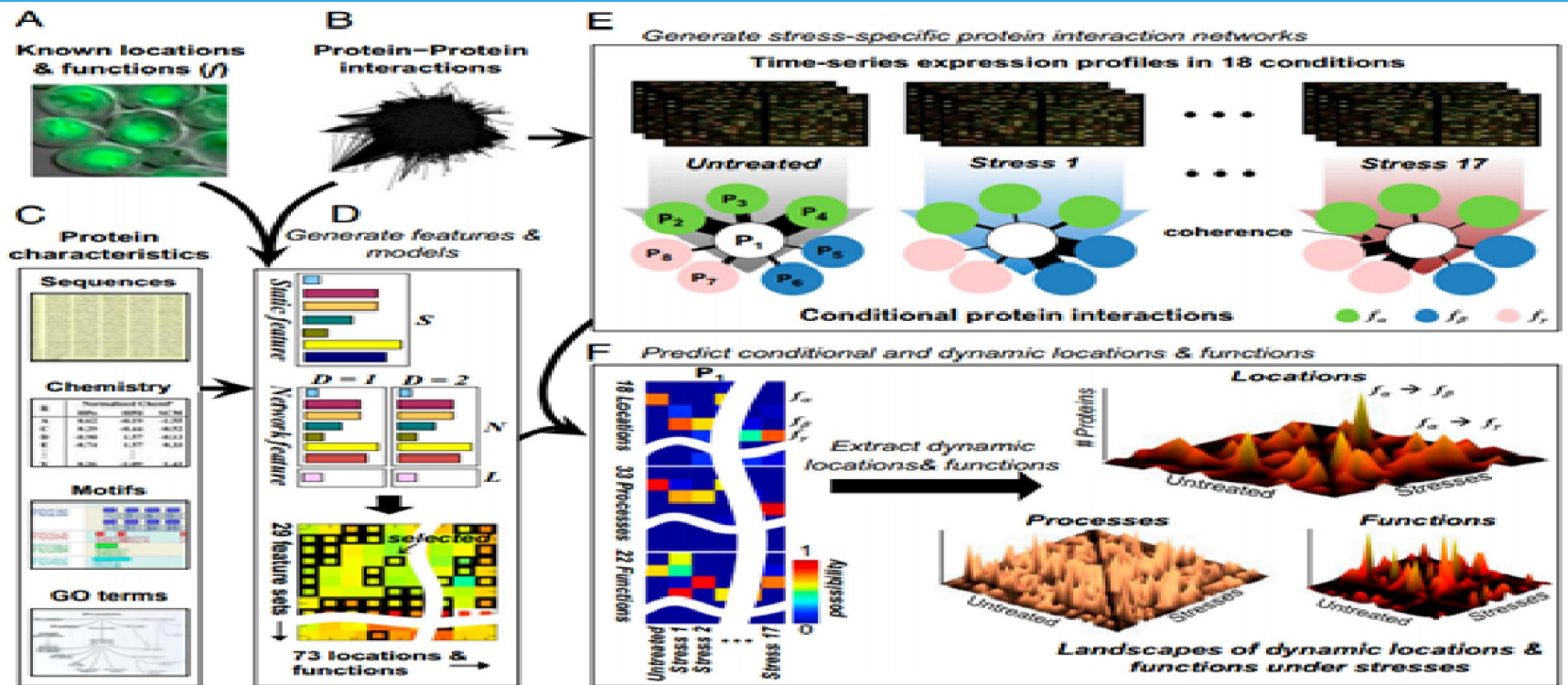
- \* **Discussion**

- \* **result**

# background

- \* 蛋白质的定位与功能会随着环境压力、疾病状态、年龄、发育阶段和细胞类型等因素发生动态变化。
- \* 早期推测蛋白质功能的方法主要是基于单个蛋白质的功能，例如序列相似性或结构同源性。
- \* 大量的基于网络分析方法用来分析蛋白物理相互作用和功能相关蛋白下的定位和功能预测。
- \* 条件功能预测（CoFP），用来预测亚细胞定位的变化和全蛋白质组规模内的功能。

# 不同环境压力下全蛋白组条件依赖性定位与功能预测



### Input - Gene expressions

Paste expression profiles

or upload a file

选择文件 未选择文件

Select identifier

STANDARD\_GENE\_SYMBOL

### Input - Conditions of expressions

Paste conditions

or upload a file

选择文件 未选择文件

### Input - Protein interaction data

Select interaction data

Lee's Yeast interactions

or upload a file

选择文件 未选择文件

### Function Kind

Select kind of function

Yeast Location

### Function Model

# Methods

- \* 已知的位置，功能和相互作用
- \* 基因表达谱分析
- \* 基因表达谱分析
- \* 依赖状态动态定位及功能的预测。
- \* **DTT和MMS**处理和酵母蛋白的酵母细胞的微观分析
- \* **ChIP**芯片技术和实时定量**PCR**分析
- \* 蛋白表达分析
- \* 量化**ARG4** mRNA

# discussion

- \* 该CoFP的核心理念是，在mRNA表达高相关性得分的蛋白质的物理性相互作用，有着相似的功能。
- \* CoFP可以为基因表达谱的产物的任何条件映射其条件性功能，诸如干细胞分化，对药物的反应，或系统的外部应力。
- \* 使用CoFP看中的是其可能性，而不是它的概率论。
- \* 我们观察到CoFP的静态或网络特征的重要性在是一定程度上取决于蛋白质之间或内部的功能纯度。



# result

- \* 为了预测不同压力下蛋白质的条件依赖性定位与功能，我们开发了用于不同的蛋白质与其相邻蛋白质的相互作用特征基于网络的蛋白质预测框架CoFP。
- \* 对于个别酵母蛋白质的特征，我们使用它们的序列、化学性质、基序和特异的GO术语。
- \* 蛋白质的定位或功能的预测是根据已有的方法，该方法整合了除了单一蛋白质外的有相互作用的相邻蛋白质的作为蛋白功能的指示信息。
- \* 通过比较每个应力条件与非应力条件下的预测功能，我们准确地获得蛋白质定位，进程和功能的动态状态。



# summarize

- \* 研究方法：开发一个条件函数预测工具（CoFP），并运用于预测全基因组蛋白特意条件下的定位与功能。
- \* 启示：生命体的代谢与调控是非常复杂的，它是由多种蛋白质共同作用，我们在研究中要运用总体的思想，不可孤立看待。
- \* 问题改进：该网站只是提供了酵母蛋白的相互作用数据来预测蛋白的定位、进程和功能，在全基因组发展比较完善的情况下，可以加入多物种的蛋白功能分析。



\* The end

\* Thank you!!!