

表 2 蛋白质基因组学研究分析工具列表
Table 2 List of tools for proteogenomic research

软件名称	描述	程序语言	图形用户界面	得分系统	平台	适用对象	参考文献
GenoSuite	可使用多种搜索算法进行质谱数据分析，并将结果整合用于原核生物基因组注释改进的原核生物蛋白质基因组学分析流程	Perl	Yes	OMSSA X!Tandem InsPecT MassWiz	Windows Linux	原核生物	Kumar et al., 2013
iPiG	将肽谱匹配整合入基因组浏览器实现可视化	Java	Yes	NO	Windows Linux	真核生物 原核生物	Kuhring and Renard, 2012
PepLine	高通量的直接将串联质谱数据定位回其基因组序列的流程软件	Java C	Yes	Taggor PSTs	Mac	真核生物 原核生物	Ferro et al., 2008
Peppy	可以方便进行基因组六码框搜索的肽段鉴定软件	Java	NO	P-value [29] Morpheus [30]	Windows Linux Mac	真核生物 原核生物	Risk et al., 2013b
PGP	适用于消息传递接口集群，高通量的批处理集群和多核工作站的并行原核生物蛋白质基因组学流程工具	Python	NO	InsPecT PepNovo MSGF	Linux	原核生物	Tovchigrechko et al., 2014
PMT	将肽段定位或其来源基因组	Java	Yes	Aho-Corasick 字符串搜 索算法	Windows Linux Mac	真核生物 原核生物	Sanders et al., 2011
VESPA	整合蛋白质组和转录组数据来改进原核生物基因组注释的工具	Java	Yes	NO	Windows Linux	原核生物	Peterson et al., 2012
PG Nexus	将下一代测序产生的基因组和转录组数据与蛋白质质谱产生的蛋白质组数据进行整合的软件包	Java	NO	Mascot	Linux	真核生物 原核生物	Pang et al., 2014
ProteoAnnotator	开源的并且支持蛋白质组学标准计划的标准化数据格式用于肽和蛋白质的鉴定的蛋白质基因组学注释分析流程软件	Java	Yes	OMSSA X!Tandem MSGF+ MS-Amanda	Linux Windows	真核生物 原核生物	Ghali et al., 2014
GAPP	全自动的用于从串联质谱进行人类肽段可信度鉴定的软件	NO	NO	X!Tandem Mascot	Linux	真核生物	Shadforth et al., 2006
GenoMS	整合了数据库搜索 <i>de novo</i> 肽段鉴定的蛋白质基因组学工具	NO	NO	InsPecT	Linux	真核生物 原核生物	Castellana et al., 2010
Galaxy-P	基于 Galaxy 框架的灵活易操作的蛋白质基因组分析流程工具	Base on Galaxy	Yes	ProteinPilot X!Tandem	Windows Linux	真核生物 原核生物	Jagtap et al., 2014
SearchGUI	整合多个搜索算法的并拥有良好图像化用户参数设置界面的开源的蛋白质组鉴定搜索引擎	Java	Yes	X!Tandem MS-GF+ MS-Amanda MyriMatch Comet OMSSA	Windows Linux Mac	真核生物 原核生物	Vaudel et al., 2011
Neosi	适于大及复杂基因组真核生物蛋白质基因组学分析套件	Java Python	NO	MS-GF+ or Others	Windows Linux Mac	真核生物 原核生物	Castellana et al., 2014
Bacterial Proteogenomic Pipeline	可将不同实验条件下鉴定得到的肽段可视化比较的细菌的蛋白质基因组分析流程	Java	Yes	NO	Windows Linux Mac	真核生物	Uszkoreit et al., 2014