

BIOF3 组学数据分析

03 功能富集与 Reactome 通路

导出日期：2026年5月12日

03 功能富集与 Reactome 通路

差异蛋白列表本身只是中间产物。真正有用的是"这些蛋白对应哪些通路"。本章用 [02 DEP 差异分析](#) 的结果，走一遍 GO + Reactome + GSEA。

思路和 [bulk RNA-seq 03 富集](#) 完全一致，只是输入从基因换成了蛋白（通过 gene symbol 映射到 Entrez ID）。

真实示例

配套脚本 [prot03_enrichment_sci.R](#) 在 UbiLength 的 Ubi6 vs Ctrl 差异蛋白上跑 GO BP、Reactome、GSEA：

```
Rscript scripts/proteomics/prot03_enrichment_sci.R
```

每张图看什么

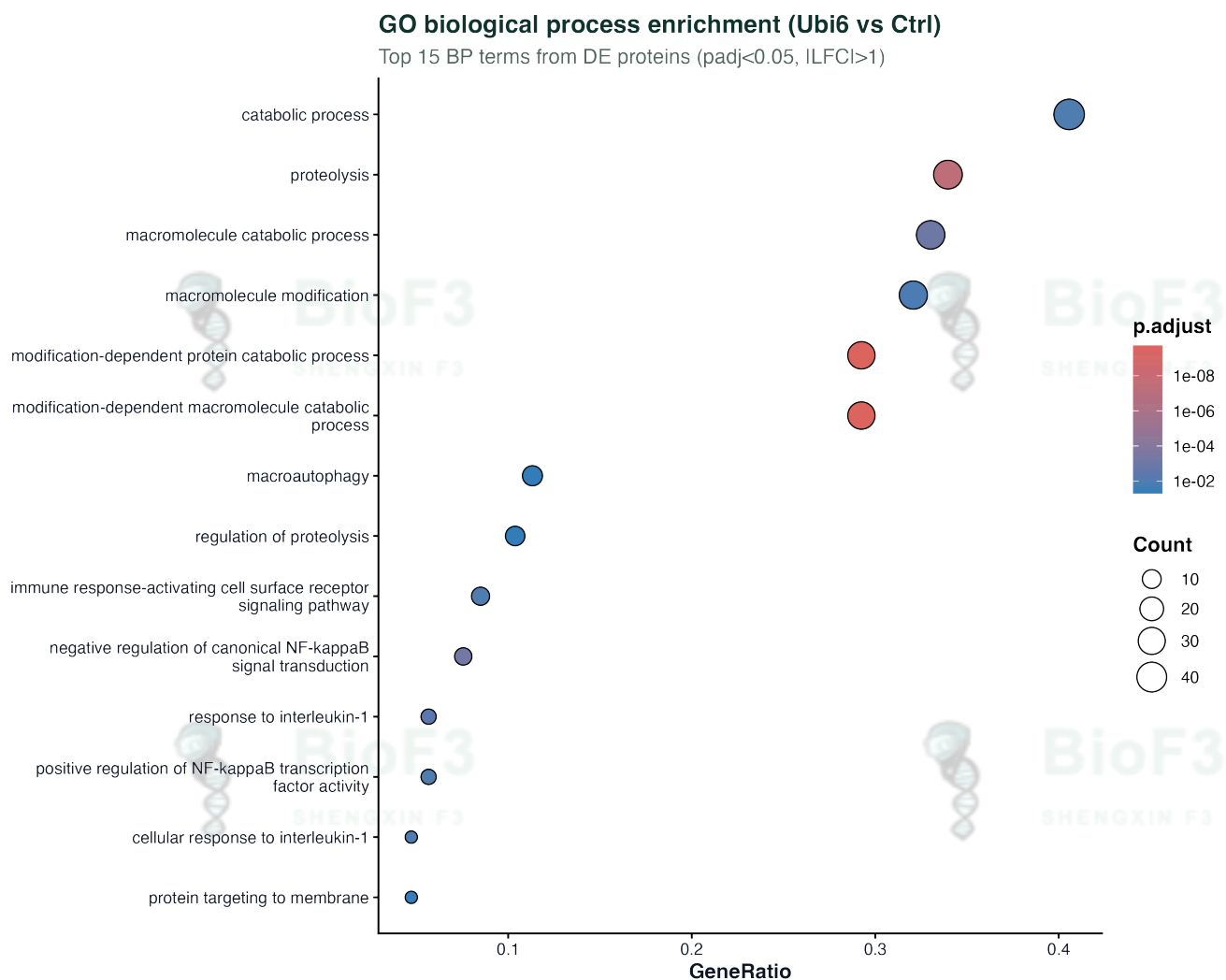


图 1：GO biological process 富集 dotplot。泛素化相关通路（蛋白降解、泛素连接酶活性）排在最前面，符合实验设计。



图 2: Reactome 通路富集。Reactome 的通路粒度比 GO 更细, 适合定位到具体的信号级联。

GO BP term similarity network

Connected terms share DE proteins; clusters = related biology



图 3: GO term 相似度网络。共享蛋白的 term 连在一起，帮助去冗余。

GO BP: upregulated vs downregulated proteins

Separate enrichment for up and down DE proteins

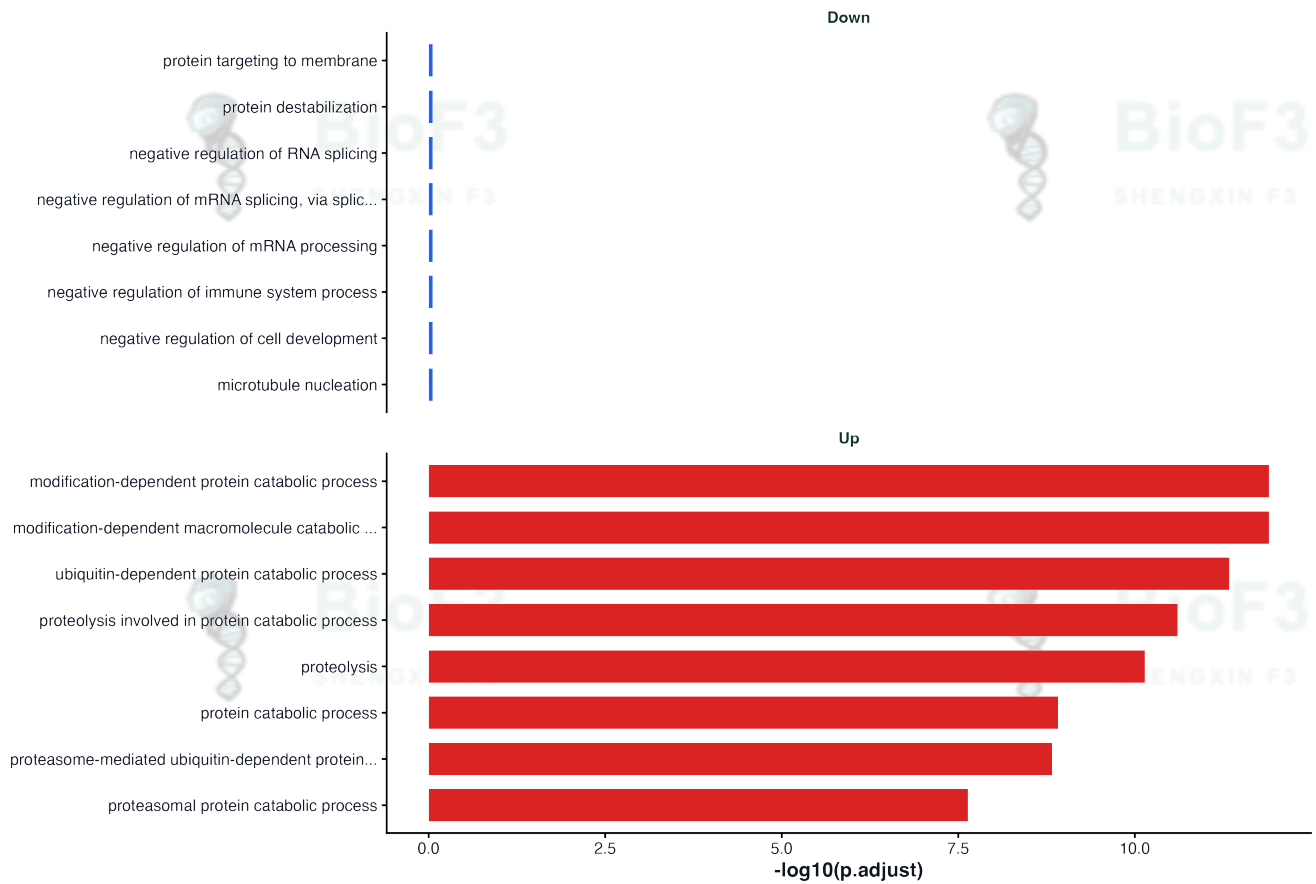


图 4：分别对上调和下调蛋白做 GO 富集。上调蛋白富集在泛素化相关通路，下调蛋白富集在代谢或稳态维持通路。

GSEA (GO BP): top activated and suppressed terms

Ranked by NES; proteins ranked by sign(LFC)*-log10(padj)

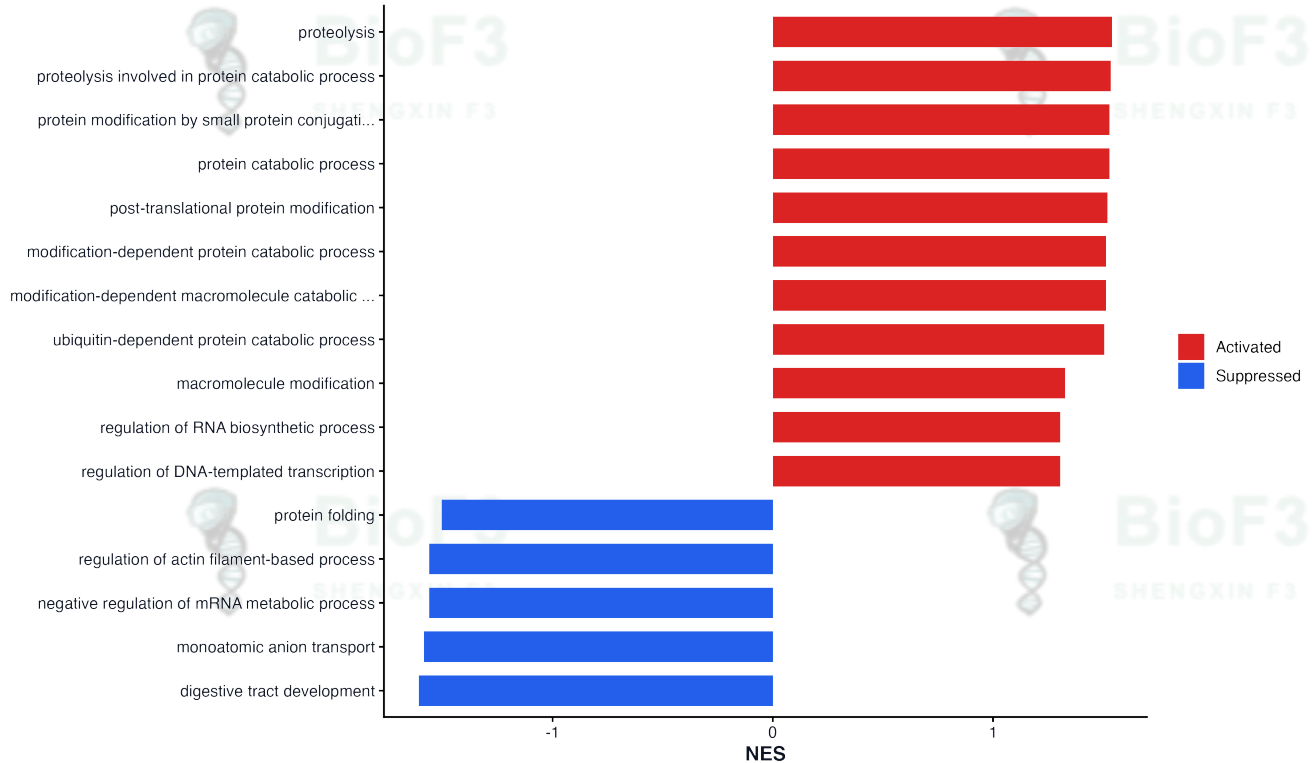


图 5：GSEA 瀑布图。不依赖阈值，直接看整条通路的蛋白是否整体偏向一个方向。

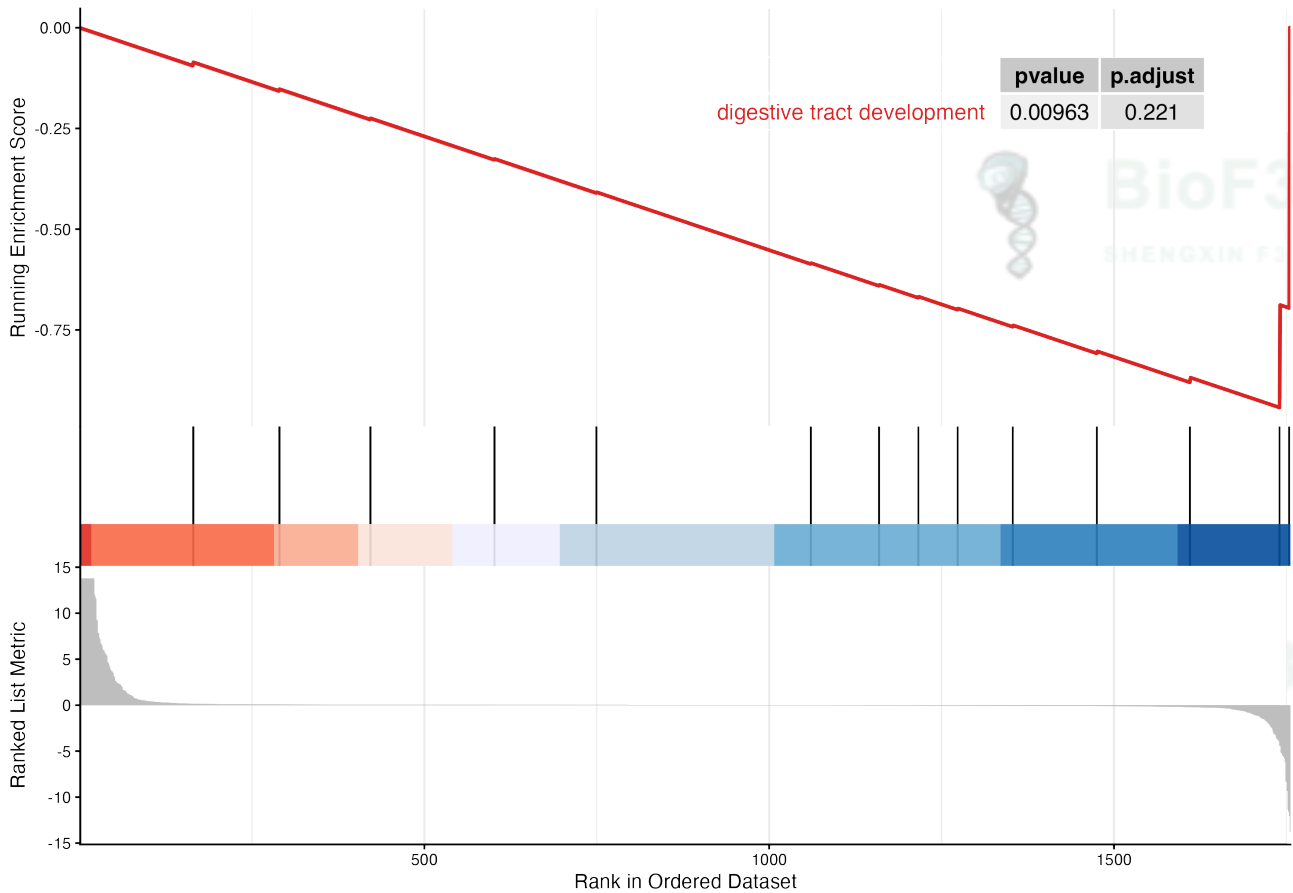


图 6: 最强 NES 的 term 的 running-score 图。

下载资源

prot03_enrichment_sci.R
8 KB

[下载蛋白组富集分析完整脚本 ↗](#)

参考资源

- [clusterProfiler 教程](#)
- [ReactomePA](#)
- [Reactome 数据库](#)



扫码关注微信公众号【生信F3】

获取文章完整内容，分享生物信息学最新知识。



BioF3
SHENGXIN F3