

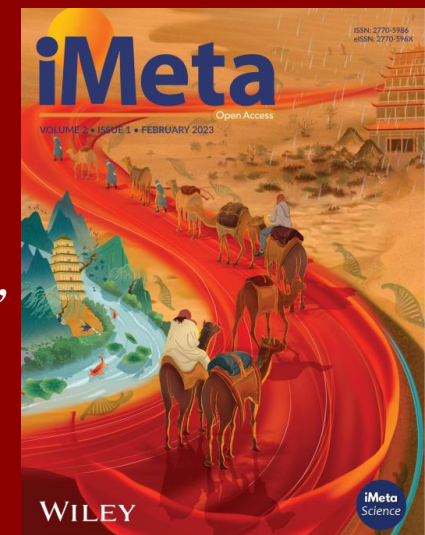


基于 Hiplot 的低温常压等离子体高通量乳腺癌数据整合与分析平台

戴晓峰^{1*#}, 王铭杰^{2#}, 刘阳¹

¹西安交通大学第一附属医院, 国家地方联合工程研究中心(精准外科与再生医学),
陕西省再生医学与外科工程中心, 西安交通大学

²上海交通大学医学院瑞金医院消化内科



Xiaofeng Dai, Mingjie Wang, Yang Liu. 2025. A Hiplot-based web service for cold atmospheric plasma high-throughput data integration and analysis on breast cancer. *iMeta* 4: e70045. <https://doi.org/10.1002/imt2.70045>



简介

Hiplot-based center for cold atmospheric plasma (CAP) omics data integration and analysis on breast cancer (BC)

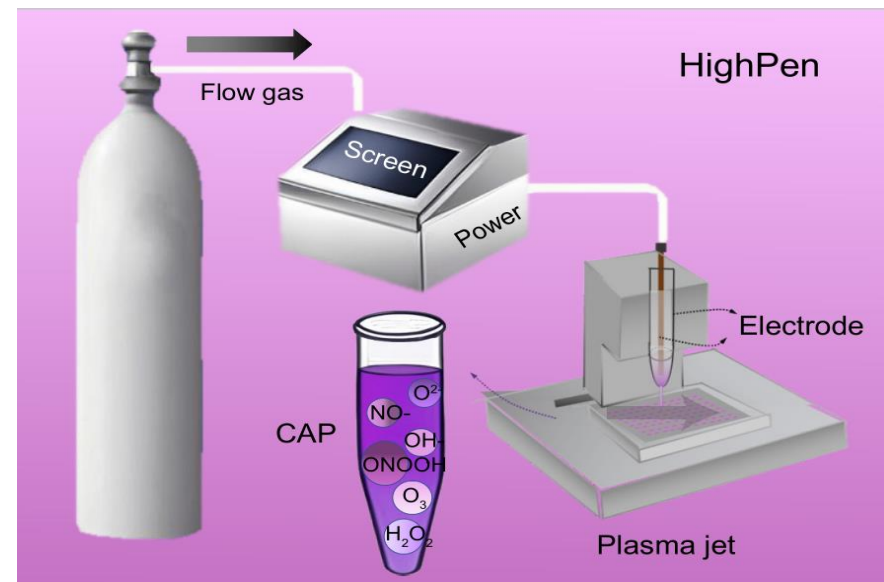
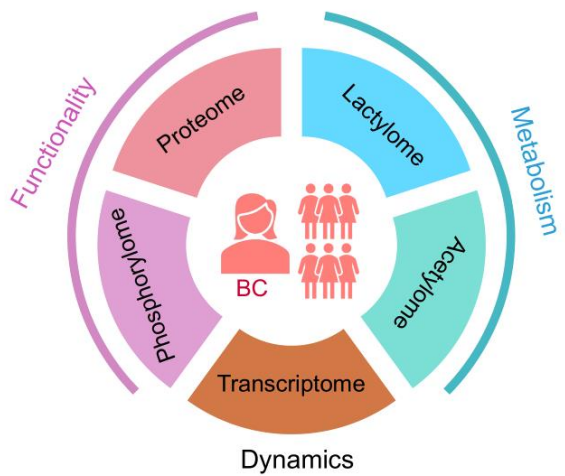
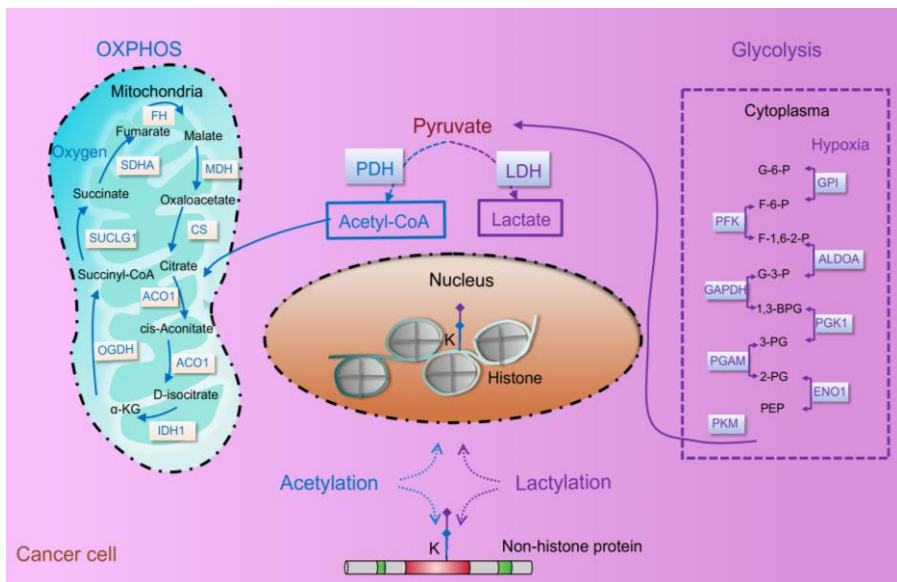


图1. CAPmed-BC通过整合乳酸化与乙酰化组学数据挖掘代谢研究线索的理论示意图。

图2. CAP喷射设备HighPen的结构见图及 CAP激活溶液制备流程。



亮点

- ❑ **低温常压等离子体（CAP）是一种新兴的抗癌技术，能够通过维护细胞氧化还原稳态选择性杀伤癌细胞而对正常细胞无影响。**
- ❑ **CAPmed-BC是国内外首个针对CAP抗癌的集数据存储与分析为一体的资源库。数据涵盖全转录组、蛋白质组、磷酸化组、乙酰化组、乳酸化组，记录了不同类型乳腺癌细胞对CAP治疗在多组学层面的动态响应。**
- ❑ **CAPmed-BC是Hiplot首个针对特定疾病的数据存储功能模块，可用于分析三阴型乳腺癌细胞在CAP处理后全转录层面的动态波动、蛋白层面的功能变化，和代谢层面的模式转变。**
- ❑ **CAPmed-BC在通过对乙酰化组和乳酸化组学数据进行联合分析研究细胞代谢模式转变方面具有独特的理论依据与实操优势。**

案例1：利用CAPmed-BC进行多组学数据分析流程

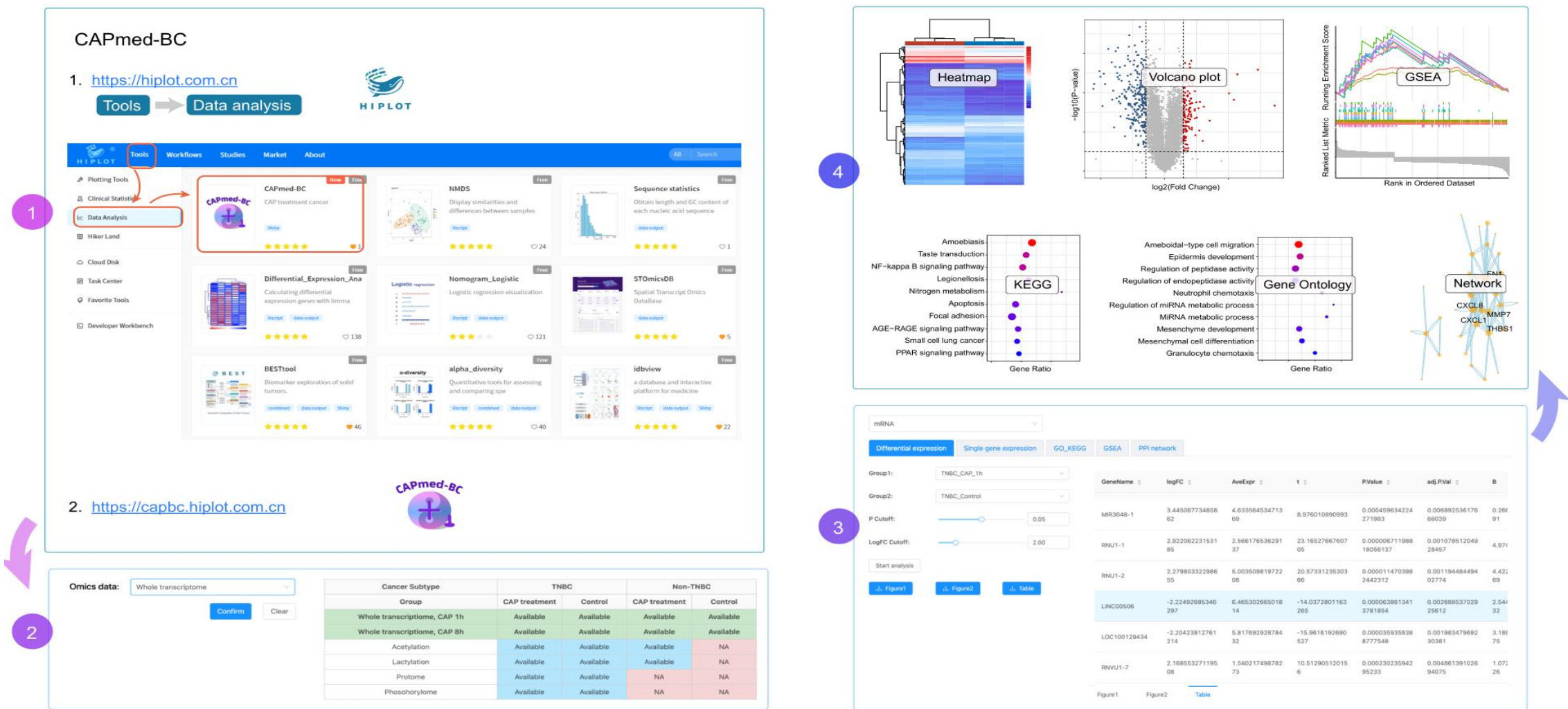


图3. CAPmed-BC数据分析操作流程示意图。



案例2：单基因表达分析研究细胞动态变化示例

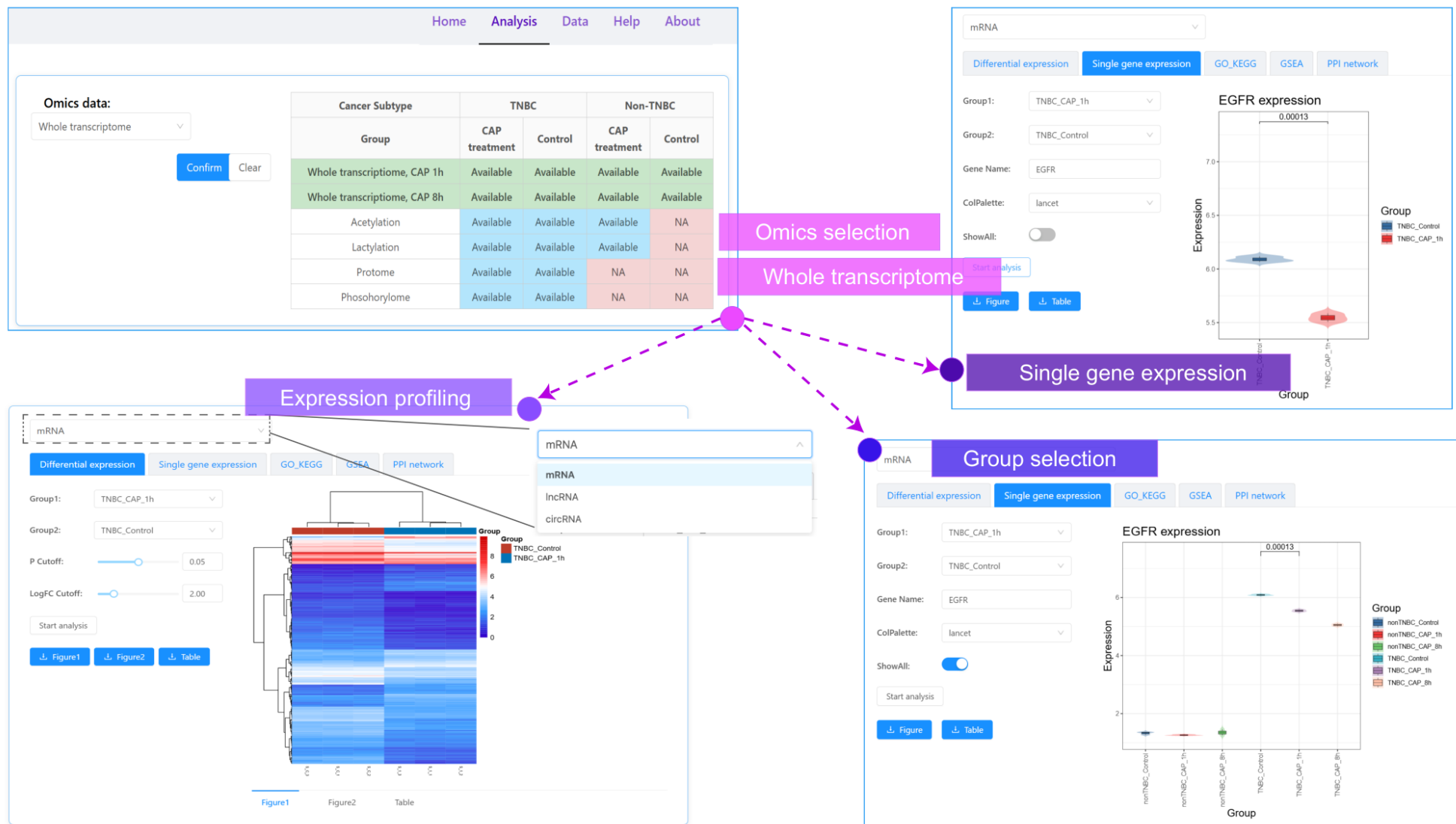


图4. 采用CAPmed-BC中全转录组数据进行单基因数据分析操作示意图。



案例3：蛋白质组与磷酸化组联合分析研究细胞功能示例



图5. 采用CAPmed-BC中蛋白质组与磷酸化组学数据进行联合分析操作示意图。



案例4：乙酰化组与乳酸化组联合分析研究代谢重编程示例

Acetylome

Omics data:

Cancer Subtype	TNBC		Non-TNBC	
	CAP treatment	Control	CAP treatment	Control
Whole transcriptome, CAP 1h	Available	Available	Available	Available
Whole transcriptome, CAP 8h	Available	Available	Available	Available
Acetylation	Available	Available	Available	NA
Lactylation	Available	Available	Available	NA
Protome	Available	Available	NA	NA
Phosphorylome	Available	Available	NA	NA

Lactylome

Omics data:

Cancer Subtype	TNBC		Non-TNBC	
	CAP treatment	Control	CAP treatment	Control
Whole transcriptome, CAP 1h	Available	Available	Available	Available
Whole transcriptome, CAP 8h	Available	Available	Available	Available
Acetylation	Available	Available	Available	NA
Lactylation	Available	Available	Available	NA
Protome	Available	Available	NA	NA
Phosphorylome	Available	Available	NA	NA

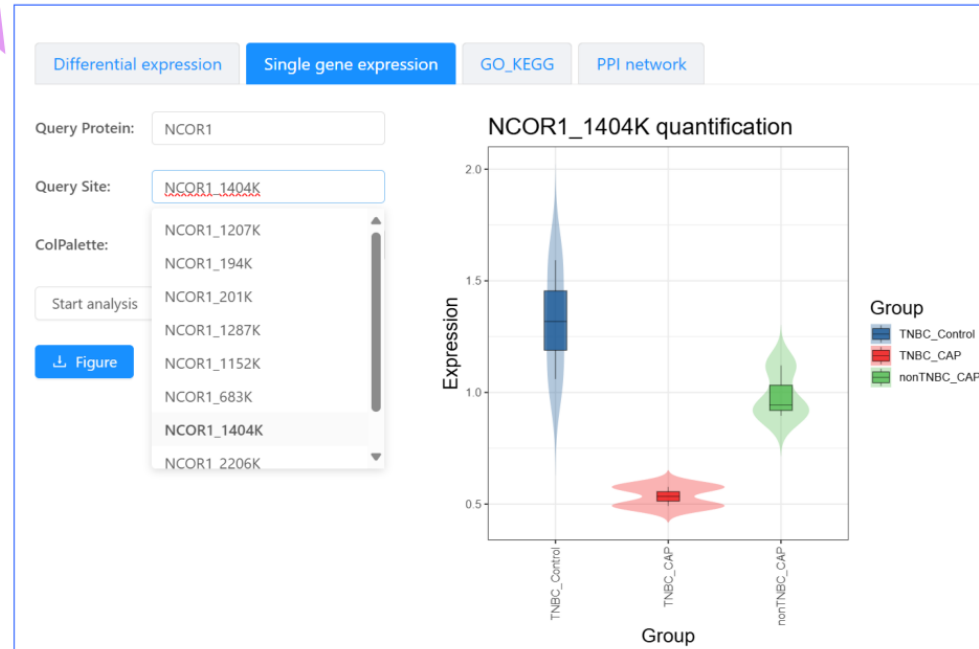
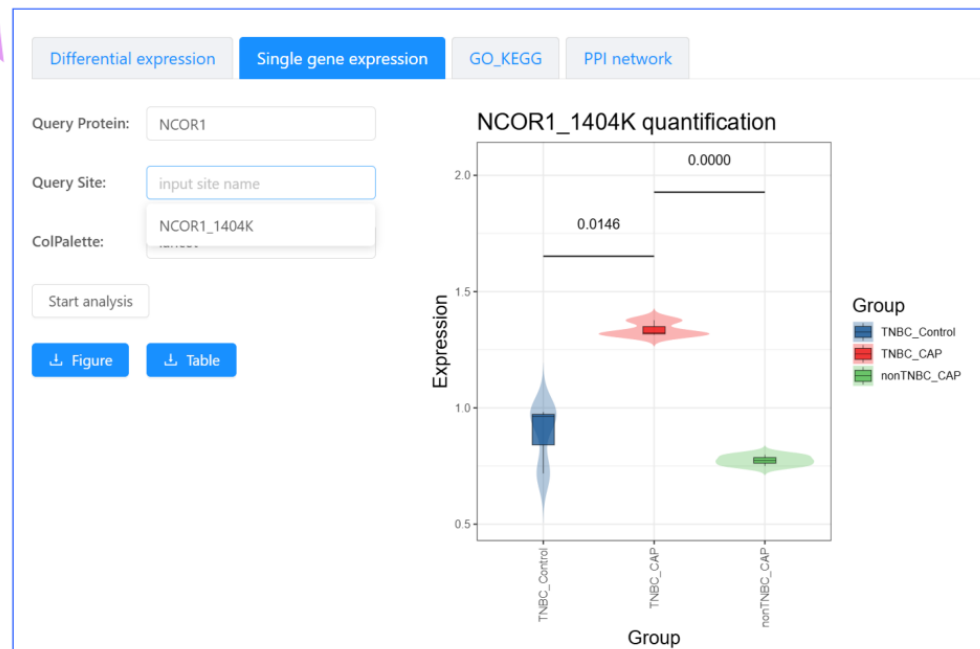
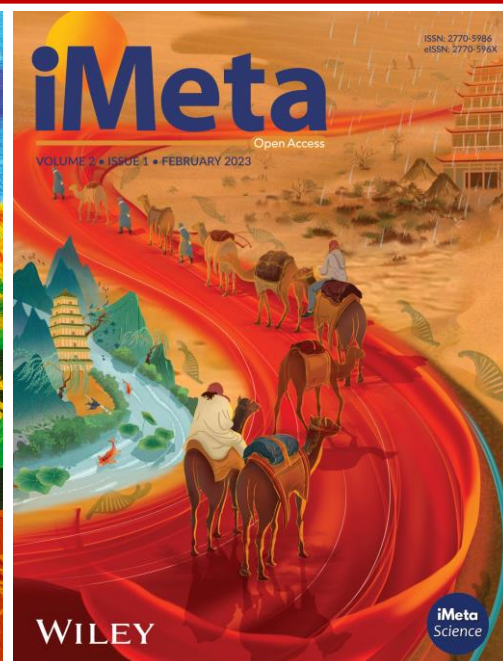


图6. 采用CAPmed-BC乙酰化组和乳酸化组学数据进行联合分析操作示意图。



总结

- 本研究介绍了一个可以通过对多组学数据进行整合与联合分析探索癌细胞在低温常压等离子体（CAP）处理后的动态、功能与代谢变化的一体化研究平台CAPmed-BC。
- 该平台整合了全转录组、蛋白质组、磷酸化组、乙酰化组和乳酸化组数据；搭建了包括差异表达分析、基因集富集分析（GSEA）、蛋白质相作（PPI）、通路及网络分析在内的多种分析工具，能够满足科研人员的各类分析需求。
- CAPmed-BC是国内外首个针对CAP抗癌的数据整合与分析平台，也是Hiplot第一个针对特定疾病的数据存储分析功能模块。为推动等离子体抗癌分子机制研究与临床转化提供了强大的实验数据支撑与研究范式。
- 网址：<https://capbc.hiplot.com.cn>



iMeta期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物/医学/环境综合期刊群(对标Cell/Nature/Science), 任何高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注技术、信息和组学等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, IF 23.8位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类全球第一, 中科院生物学双1区Top; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。
子刊***iMetaOmics***(主编赵方庆和于君教授)、***iMetaMed*** 定位IF>10和15的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2025/5/21