
发展出N—磷酸化蛋白质组分析新方法

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12141.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！

发展出N—磷酸化蛋白质组分析新方法。近日，中科院大连化学物理研究所张玉奎院士和张丽华研究员团队在N—磷酸化蛋白质组深度覆盖分析研究中取得新进展。该团队在中性条件下实现了哺乳动物细胞中N—磷酸化肽段的高效、高选择性、快速富集，有望为深入研究N—磷酸化蛋白质的生物学功能提供了基础数据和技术支撑。相关研究成果在线发表于《自然—通讯》。

磷通常以磷酸根形式存在于人体所有细胞中，是使心脏有规律跳动和传达神经刺激等的重要物质。已有研究表明，人体中约30%的蛋白质都会在某些时刻被磷酸化，并影响众多重要的生理过程。此外，由于激酶或磷酸酶突变导致的异常磷酸化会引起一些信号通路的异常，成为某些疾病发生的诱因，例如tau蛋白的磷酸化是导致阿尔兹海默症的重要诱因之一。

目前，科学家已经发展出多种成熟的方法用于鉴定发生在蛋白质丝氨酸、苏氨酸和酪氨酸侧链的O—磷酸化修饰。在此基础上，已多种蛋白激酶抑制剂被开发成临床药物，用于癌症、糖尿病和慢性炎症性疾病等的治疗。研究团队介绍，与O—磷酸化相比，发生在赖氨酸、精氨酸和组氨酸侧链的N—磷酸化显得更神秘。这是因为N—磷酸化中的P—N键水解的吉布斯自由能较高，导致其在酸性条件下不稳定。然而，现有的O—磷酸化肽富集方法大多在酸性条件下进行，因此并不适用于N—磷酸化蛋白质组分析。

为此，该团队研制了具有核壳结构的亚二微米硅球，并通过在硅球表面键合双二甲基吡啶胺双锌分子，在中性条件下从HeLa细胞裂解液中鉴定到3384个N—磷酸化位点。该N—磷酸化蛋白质组分析新方法不仅为深入研究其生物学功能提供了基础数据，也为精准医学等领域的发展提供了技术支撑。（来源：中国科学报 江波 卜叶）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-020-20026-1>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：张玉奎等 来源：《自然—通讯》

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](http://iikx.com)转发