
磷酸化修饰蛋白质组学共性关键技术研究获突破

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21071.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！

磷酸化修饰蛋白质组学共性关键技术研究获突破。近日，广东省农业科学院农业生物基因研究中心晏石娟团队联合加拿大约克大学、德国马普分子植物生理研究所等研究人员在磷酸化修饰蛋白质组学共性关键技术研发方面取得重大突破，首次搭建全自动在线磷酸化蛋白质组学分析技术平台，解决了磷酸化蛋白质组学研究的一大瓶颈。相关研究以农业生物基因研究中心为第一完成单位在线发表于Green Chemistry。

可逆的翻译后磷酸化修饰在蛋白质活性调节中起重要作用，参与调控多种生命过程。因此，对磷酸化修饰的全局表征和定量分析将有助于我们深入理解胞内代谢调控的分子机制。近十年来，液相色谱串联质谱(LC-MS/MS)由于高灵敏度、高通量的优势，已成为蛋白质组学研究的核心工具。

然而，由于磷酸化肽的丰度极低、电离效率差以及受非磷酸化肽的信号抑制，使得质谱无法直接分析磷酸化蛋白质组，在质谱分析前对磷酸化肽进行选择富集这一环节非常关键。迄今已报道多种富集材料，提供了微球、磁性颗粒、微量离心柱等多种应用形式的商业化产品，但它们通常制造工艺复杂、无法重复使用，且需要繁琐的离线手动操作，对溶剂、耗材和人力消耗很大。随着磷酸化蛋白质组学向大群体样本发展，迫切需要开发一种性能优异，同时满足环保、经济的全新分析策略。

在该项工作中，研究人员研发了一种新颖、可重复使用的磷酸化肽捕获柱，并进一步将该捕获柱与商业nanoLC-MS/MS系统集成，设计独特的液路连接和运行程序，最终形成了首个集富集、洗涤、洗脱和梯度分析为一体的自动化在线磷酸化蛋白质组学分析平台技术，可显著减少化学试剂、溶剂、耗材的使用并节省人力成本。

在软件控制下，该技术体系可以自动连续地对多个样品进行队列分析，无需任何人为干预，得到具有高重现性和深度位点覆盖的结果，单针分析所鉴定的磷酸化位点数高达6,575(HeLa细胞)和3,471(玉米幼苗)，发现了数百个尚未报道的磷酸化位点。

该技术还擅长表征具有不同磷酸化状态的多肽，这对于研究许多通过切换磷酸化修饰状态实现调控的蛋白质功能非常关键。随着磷酸化蛋白质组学向大规模、大数据的发展和低碳经济的到来，该项技术在农学及医学的群体样本研究中具有广阔的应用前景。

该技术于今年3月获得2项国家发明专利授权。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1039/D2GC02345H>

作者：晏石娟等 来源：《绿色化学》

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](https://www.iikx.com)转发