
科学家开发出单样本多维度PTMs解析平台

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/38237.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！

科学家开发出单样本多维度PTMs解析平台。近日，中国科学院大连化学物理研究所研究员梁鑫淼、研究员李秀玲团队与中国科学院上海生物化学与细胞生物学研究所教授沈义栋团队合作，在多维度蛋白质组学分析技术领域取得新进展。合作团队开发了多维度翻译后修饰（PTMs）蛋白质组富集平台（MuPPE），实现了从单一生物样本中完成糖蛋白质组、磷酸蛋白质组与全蛋白质组的高效分析，有望为药物机制解析、疾病标志物发现及治疗靶点筛选提供有效工具。相关成果发表在《自然-通讯》。

PTMs是调控蛋白质功能的核心机制，其中，糖基化与磷酸化更是参与细胞信号传导、疾病发生的关键过程。然而，传统多PTMs分析需平行处理多个样本，不仅存在操作繁琐、耗时长、样本损失大等问题，还难以捕捉不同PTMs间的调控关联，制约了多组学研究的深度与可靠性。

本工作中，合作团队整合蛋白质聚集捕获、原位酶解与串联富集三项关键技术，构建了多PTMs一体化分析平台——MuPPE。该平台仅需4小时即可完成从蛋白变性到多PTMs富集的全过程，较传统策略耗时减少87.5%，显著降低了样本转移引入的损失。MuPPE采用自主开发的亲水微球实现高效糖肽富集，并结合自主开发IMAC-Ti富集磷酸肽，实现生物样本中完整糖肽鉴定数量提升70%，磷酸肽鉴定能力提升9.7%。此外，该平台对样本类型具有良好普适性，适用于细胞裂解液、血清、脑脊液及组织样本，尤其适合低丰度生物样本的多PTMs解析。

目前，该平台已应用于衰老小鼠队列研究，揭示组织特异性PTMs重塑与血脑屏障功能障碍机制，还阐明了糖基化与磷酸化的跨界调控网络，有望为精准医学、疾病机制研究提供工具。（来源：中国科学报 孙丹宁）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-025-68270-7>

作者：梁鑫淼等 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](https://www.iikx.com)转发