



大化所等在蛋白质磷酸化规模化分析研究中获新进展

文章来源: 大连化学物理研究所

发布时间: 2012-10-26

【字号: 小 中 大】

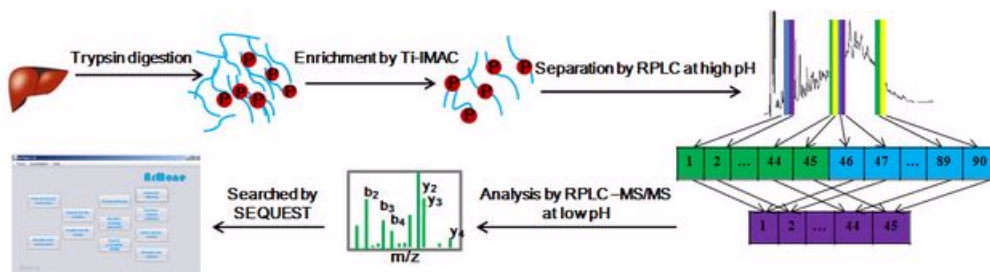
近日, 中科院大连化学物理研究所研究员邹汉法带领的研究团队(1809组)与华中科技大学教授薛宇和第二军医大学王红阳院士合作, 在人类肝脏蛋白质磷酸化的规模化分离鉴定研究方面取得新进展, 相关研究成果发表在蛋白质组学领域著名刊物上(*Mol. Cell. Proteomics*, 2012, 11, 1070-1083)。

该项研究工作依托大连化物所的磷酸化蛋白质组学分析平台技术, 采用钛离子固定化亲和和色谱材料(Ti-IMAC), 对人肝组织蛋白质酶解产物中的磷酸化肽段进行高选择性的富集, 进一步应用具有高度正交性的反相-反相多维液相色谱与质谱联用技术对磷酸化肽段进行分级和规模化鉴定, 在人类肝脏组织中鉴定了9719个蛋白质磷酸化位点, 这是迄今为止国际上人类肝脏蛋白质磷酸化的最大数据集。

以此为基础, 利用生物信息学软件iGPS构建了一个含有12819个潜在位点特异性的激酶-底物相互作用人肝组织磷酸化蛋白质信号网络。这一研究成果对于系统和深入地理解激酶与底物的相互作用以及蛋白质磷酸化在人类肝脏中的生理学功能等方面有着重要的指导意义和潜在的应用价值。

蛋白质磷酸化是生物体内最重要的一种蛋白质翻译后修饰, 它在细胞信号传导、细胞生长、分裂、分化与新陈代谢等生命活动中起着关键的调节作用。传统的生物学方法只能针对一个或几个目标蛋白的磷酸化进行鉴定和验证, 无法系统地了解磷酸化蛋白信号网络在生物体内的形成机制。蛋白质组学分析平台技术可以很好地实现生物系统中蛋白质磷酸化的大规模分离鉴定。

中科院大连化物所生物分离分析新材料与新技术课题组(1809组)一直致力于磷酸化蛋白质组学分析新技术和新方法研究, 并取得一系列创新性成果, 相关研究成果已申请美国发明专利2项, 在蛋白质组学研究的主流刊物*Mol. Cell. Proteomics*, *Anal. Chem.* 和 *J. Proteome Res.* 等发表了一系列学术论文, 2011年应邀在美国化学会刊物 *Anal. Chem.* 发表了蛋白质磷酸化分析的前瞻性评述论文。



蛋白质磷酸化规模化分析研究取得新进展