



# 史上最大的血浆蛋白质组研究发布

有助建立基因组与疾病之间的关联

科技日报北京12月2日电 (记者张梦然)在2日发表于英国《自然·遗传学》杂志上的一项研究中,安进(Amgen)制药属下deCODE基因公司的科学家们展示了通过结合序列多样性和RNA表达的数据,测量出迄今最大规模血浆中大量蛋白质的水平,以深入了解人类疾病和其他表型。

deCODE基因公司的科学家们使用了血浆中的5000种蛋白质,这些蛋白质以群体规模的多重平台为目标,以解开它们的遗传决定因素以及它们与人类疾病和其他特征的关系。

利用技术平台“SOMAscan”的蛋白质组学测定法测量的血浆蛋白质水平,deCODE基因公司的科学家们测试了2700万个序列变异与35559名冰岛人血浆中4719种蛋白质水平的关联。他们发现了18084个序列变异与蛋白质水平之间的关联,其中19%与通过全基因组测序确定的罕见变异相关。总体而言,93%的关联是新颖的。此外,他们分别基于“SOMAscan”方法和基于抗体的OLINK精准蛋白质组学分析,从现有最大的血浆蛋白质组学研究中重复了83%和64%的报告关联。

科学家们测试了血浆中蛋白质水平与373种疾病和其他特征的关联,并产生了257490个这样的关联。他们整合了序列变异与蛋白质水平、疾病和其他特征的关联,发现已报告的与疾病和其他特征相关的大约5万个变异中的12%,也与蛋白质水平相关。

deCODE基因公司首席执行官、该论文的资深作者之一凯瑞·斯蒂凡森表示,蛋白质组学可以帮助解决遗传研究中的一个主要难题:确定哪个基因负责序列变异对疾病的影响。此外,蛋白质组还提供了—些时间相关的测量方法,因为血液中的蛋白质水平会随着事件发生和发生的时间而上升和下降。

- ▶ 干细胞模型再现人类胚胎早期发育
- ▶ AI能“构想”新蛋白质结构
- ▶ 量子技术改变世界的四种方式
- ▶ 德拟强推疫苗接种应对疫情
- ▶ 科学家实验模拟出量子自旋液体
- ▶ 中国“变脸”走进日本校园
- ▶ 史上最大的血浆蛋白质组研究发布