

广州新型修饰蛋白组学研究方法

生成日期: 2025-10-26

PRM靶向蛋白质组学: 是一种基于Orbitrap为表示的高分辨、高精度质谱的离子监视技术, 首先利用四级杆质量分析器的选择能力, 用Q1选择目标肽段的母离子, 随后在collision cell中对母离子进行碎裂, 然后利用Orbitrap分析器在二级质谱中检测所选择的母离子窗口内的所有碎片信息。这样能够对目标蛋白质、目标肽段(如发生翻译后修饰的肽段)进行选择检测, 即可对目标蛋白质/肽段进行相对(一定)定量。随着质谱、系统生物学、生物信息学等相关学科的发展, 我认为今后我们会更多地在现实生活中见到蛋白质组学相关的应用。如定量胰岛素、鉴定血红蛋白氨基酸突变(镰刀形红细胞症)、糖化血红蛋白比例测定等。从测试体量估计, 应该远小于1%的ELISA测试量。蛋白质组研究技术涉及到各种重要的生物学现象, 如信号转导、细胞分化、蛋白质折叠等等。广州新型修饰蛋白组学研究方法

蛋白质组学定义: 蛋白质组学[proteomics]指对某一基因组所表达的所有蛋白质及其特征进行大规模、系统化地研究, 以期在蛋白质水平上解释控制复杂的生命活动的分子网络。研究的内容主要包括: 组成蛋白质一级结构氨基酸的序列特征、蛋白质的丰度、蛋白质活性、蛋白质的修饰、亚细胞定位和三维结构、蛋白质之间的相互作用以及对蛋白质的高阶复合物结构。蛋白质组学的研究方法主要有: 蛋白质双向电泳、氨基酸序列测定(包括N端测序和C端测序)、质谱、生物信息学。广州新型修饰蛋白组学研究方法蛋白质组学研究不仅是探索生命奥秘的必须工作, 也能为人类健康事业带来巨大的利益。

蛋白质组学技术方法: 等电聚焦: 等电聚焦[isoelectric focusing]IEF是一种利用有pH梯度的介质分离等电点不同的蛋白质的电泳技术。等电聚焦凝胶电泳依据蛋白质分子的静电荷或等电点进行分离, 等电聚焦中, 蛋白质分子在含有载体两性电解质形成的一个连续而稳定的线性pH梯度中电泳。载体两性电解质是脂肪族多氨基多羧酸, 在电场中形成正极为酸性, 负极为碱性的连续的pH梯度。蛋白质分子在偏离其等电点的pH条件下带有电荷, 因此可以在电场中移动; 当蛋白质迁移至其等电点位置时, 其静电荷数为零, 在电场中不再移动, 据此将蛋白质分离。

蛋白质组学技术发展方面: 蛋白质组学的研究方法将出现多种技术并存, 各有优势和局限的特点, 而难以象基因组研究一样形成比较一致的方法。除了发展新方法外, 更强调各种方法间的整合和互补, 以适应不同蛋白质的不同特征。另外, 蛋白质组学与其它学科的交叉也将日益明显和重要, 这种交叉是新技术新方法的活水之源, 特别是, 蛋白质组学与其它大规模科学如基因组学, 生物信息学等领域的交叉, 构成组学[omics]生物技术研究方法, 所呈现出的系统生物学[System Biology]研究模式, 将成为未来生命科学比较令人激动的新前沿。蛋白质组学的研究方法主要有: 蛋白质双向电泳、氨基酸序列测定(包括N端测序和C端测序)、生物信息学。

蛋白质组学翻译后修饰的研究策略: 自中而下: 自中而下的分析方法是自下而上分析方法的一种替代方法, 分析组蛋白时其原理类似于自下而上分析策略。在使用这种分析方法时, 通常需要将检测蛋白质消化成3-9kDa范围内的肽段, 因此也无法保证检测到的肽段的完整性。但是, 由于仪器的进步和保留了组蛋白尾部的组合修饰, 自中而下分析法正逐渐受到欢迎。自中而下更接近于自下而上法的灵敏度。自上而下: 自上而下技术可以直接对完整的蛋白质进行测序, 包括翻译后修饰的蛋白质和其他大的蛋白质片段, 而不只是肽段。这可以比较大程度地保留与PTMs相关的信息, 使其适用于组蛋白的全方面表征和分析。近两年来蛋白质组研

究技术已被应用到各种生命科学领域。广州新型修饰蛋白组学研究方法

Label free定量蛋白组学技术是通过液质联用技术对蛋白质酶解肽段进行质谱分析。广州新型修饰蛋白组学研究方法

蛋白质组学常用技术：非靶向蛋白组学：蛋白质定性（胶条鉴定和溶液鉴定），高通量定量蛋白组学（**Label free**、**iTRAQ/TMT**和**DIA**定量），多肽组学。蛋白质组研究技术在研究对象上，覆盖了原核微生物、真核微生物、植物和动物等范围。蛋白质组学主要以全蛋白组（组织、细胞）、线粒体蛋白组、叶绿体蛋白组和外泌体蛋白组为研究对象，通过对蛋白组进行定性、定量、分子功能分析、通路互作分析和蛋白互作分析，揭示生物学功能、作用机制、疾病诊断的标志物以及预测蛋白的上、下游变化关系。蛋白质组学可以克服核酸水平预测的不确定性、反映核酸翻译后修饰情况。广州新型修饰蛋白组学研究方法