

2011

中国生物技术的发展报告

中华人民共和国科学技术部 社会发展科技司 编著
中国生物技术发展中心



科学出版社

2011

中国生物技术的发展报告

中华人民共和国科学技术部 社会发展科技司 中国生物技术发展中心 编著



科学出版社

北京

内 容 简 介

《2011 中国生物技术发展报告》以 2011 年我国生命科学和生物技术领域的主要成就为主线,重点介绍了组学技术、干细胞技术和再生医学技术等前沿生物技术发展的国内外情况,以及我国生物医药、生物农业、生物制造、生物环保、生物能源的发展情况,阐述了 2011 年我国出台支持生物产业发展的相关政策。《2011 中国生物技术发展报告》分为前沿生物技术、生物技术产业、政策管理和区域生物技术与产业等 4 个章节,以数据、图表、文字相结合的方式,全面展示了 2011 年我国生物技术发展的基本情况。

本书可为生物技术领域的科学家、企业家、管理人员和关心支持生物技术与产业发展的各界人士提供参考。

图书在版编目(CIP)数据

2011 中国生物技术发展报告 / 中华人民共和国科学技术部社会发展科技司·中国生物技术发展中心编著. —北京:科学出版社,2012. 11

ISBN 978-7-03-035903-2

I. 中… II. ①中… ②中… III. 生物技术-技术发展-研究报告-中国-2011 IV. Q81

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2012)第 256156 号

责任编辑:邹梦娜 / 责任校对:张怡君

责任印制:肖 兴 / 封面设计:范璧合

版权所有,违者必究。未经本社许可,数字图书馆不得使用

科学出版社出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码:100717

<http://www.sciencep.com>

北京天时彩色印刷有限公司 印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2012 年 11 月第 一 版 开本:889×1194 1/16

2012 年 11 月第一次印刷 印张:8

字数:114 000

定价:128.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换〈科印〉)

《2011 中国生物技术的发展报告》

编写人员名单

主 编:马燕合 黄 晶

副 主 编:杨 哲 马宏建 贾 丰 安道昌

肖诗鹰 董志峰

参加人员:(按姓氏汉语拼音排列)

艾瑞婷	安 勇	敖 翼	陈大明	陈洁君	程翔林
杜长珏	范 玲	付卫平	高 振	耿红冉	关镇和
郭正东	胡忆虹	华玉涛	黄 菲	黄英明	江洪波
旷 苗	李瑞国	李亦学	李正军	刘 晓	马贵宏
毛开云	闵 浩	濮 润	钱晓红	邱宏伟	任 军
阮梅花	石东升	苏 月	孙燕荣	田 捷	田金强
王德平	王慧媛	王 珂	王丽伟	王 锐	王小理
王 莹	王 玥	王 震	温 震	熊 燕	徐 萍
杨培周	杨淑燕	杨鑫森	尹 杰	于建荣	于振行
元英进	袁鹏程	张秀清	张学敏	张兆丰	赵春华
赵 理	赵饮虹	郑玉果	郑 忠	周钢桥	周乃元

前 言

生物技术是当今国际科技发展的主要推动力之一,生物产业已成为国际竞争的焦点,对解决人类面临的人口、健康、粮食、能源、环境等主要问题具有重大战略意义。2011年,我国生物技术和生物产业持续发展,一些关键技术得到突破,一些新产品推向市场,一些制约产业发展的问题逐步得到解决,一个有利于生物产业发展的市场环境正在形成。

2011年是我国“十二五”的开局之年,国务院及相关部委、地方政府等高度重视生物科技的创新发展和引导,生物技术和生命科学相关规划、政策集中发布。《国家“十二五”科学和技术发展规划》,《“十二五”生物技术的发展规划》,《医药工业“十二五”发展规划》等一系列规划的出台,为生物产业发展营造好了的政策环境,促进了生物技术和产业的发展。

2011年,我国共发表生命科学和生物技术领域的论文29 670篇,占世界的8%,申请专利6245项,占世界的39%,均居世界第二位。中国科学家屠呦呦因发现青蒿素,获得2011年拉斯克奖。2011年,我国医药制造业实现总产值15 707亿元,同比增长28.5%,继续保持快速增长势头,已经成为推动生物技术战略性新兴产业发展的重要支撑。

为了科学、全面地介绍我国生物技术及其产业化发展的现状和主要成就,交流总结发展生物技术和产业的经验,宣传政府发展生物技术的政策措施,自2002年以来,科学技术部社会发展科技司和中国生物技术的发展中心每年出版发行《中国生物技术的发展报告》。本年度报告重点介绍2011



年我国前沿生物技术、生物技术产业、管理政策以及区域生物产业发展的最新进展,报告以数据、图表、文字相结合的方式,展示了2011年我国生物技术的发展的基本情况。本年度报告力求数据翔实、重点突出,希望能为生物技术领域的科学家、企业家、管理人员和关心支持生物技术与产业发展的各界人士提供参考。

编 者
2012.8.1

目 录

前言

第一章 前沿生物技术	1
1.1 概述	1
1.2 “组学”技术	1
1.2.1 国际进展	2
1.2.2 国内进展	8
1.2.3 展望	11
1.3 干细胞与再生医学技术	11
1.3.1 国际进展	12
1.3.2 国内进展	14
1.3.3 展望	17
1.4 合成生物学技术	18
1.4.1 国际研究进展	18
1.4.2 国内研究进展	21
1.4.3 展望	23
1.5 生物信息技术	24
1.5.1 国际进展	25
1.5.2 国内进展	27
1.5.3 展望	30
1.6 生物影像技术	31
1.6.1 国际研究进展	31
1.6.2 国内研究进展	34
1.6.3 展望	35
第二章 生物技术产业	37
2.1 概述	37
2.2 生物医药	38
2.2.1 全球生物医药发展态势	38



2.2.2 国内生物医药发展态势	44
2.3 生物农业	47
2.3.1 生物育种	48
2.3.2 绿色农用生物产品	51
2.4 生物制造	51
2.4.1 生物基化学品	52
2.4.2 生物基材料	56
2.4.3 酶制剂工业	57
2.4.4 大宗发酵品	60
2.5 生物能源	63
2.5.1 燃料乙醇	64
2.5.2 生物柴油	67
2.5.3 生物丁醇	69
2.5.4 生物制氢	70
2.6 生物环保	71
第三章 政策管理	74
3.1 出台规划,加强对生物技术研究及产业发展的宏观指导和统筹	74
3.1.1 国家规划总体指导生物技术研究及产业发展	75
3.1.2 专项规划明确生物技术的研发及产业化发展的重点	76
3.1.3 地方规划推动建立各具特色的生物技术研究及产业化开发体系	79
3.1.4 人才规划促进生物技术人才引进与培养,保障生物医药领域研究、创新 及产业化发展	85
3.2 加大投入,进一步支持生物技术的研究与开发	88
3.2.1 2011 年“重大新药创制”科技重大专项总体实施情况	88
3.2.2 “十二五”863 计划生物和医药技术领域的启动项目	89
3.2.3 中国科学院“干细胞与再生医学研究”战略性先导科技专项	90
3.2.4 2011 年基础生命科学研究的支持重点	90
3.2.5 一批生物领域的高技术产业化示范工程相继完成	91
3.3 构建平台,提升生物技术与产业发展的能力	91
3.3.1 新药研发平台建设取得重要进展	91



3.3.2 药物安全评价技术平台进一步完善	92
3.3.3 成功搭建一批各具特色的园区公共技术服务平台	92
3.4 完善法规,加强人类遗传资源管理和生物安全建设	93
3.4.1 人类遗传资源管理	93
3.4.2 加强生物安全建设	94
第四章 区域生物技术与产业	96
4.1 中关村国家自主创新示范区大兴生物医药产业基地	96
4.1.1 医药基地总体情况	96
4.1.2 经济运行状况	96
4.1.3 产业发展态势	97
4.1.4 产业支撑条件	97
4.1.5 整合北京优势产业资源	99
4.1.6 发展思路和目标	101
4.2 张江生物医药基地(张江药谷)	101
4.2.1 研发创新成果显著	102
4.2.2 产值规模高速增长	102
4.2.3 创新体系日趋完善	103
4.2.4 重点领域竞争优势突出	103
4.2.5 专业资质不断提升	103
4.2.6 承担国家新药创制专项突出	104
4.2.7 生物医药研发外包高速发展	104
4.2.8 研发人才集聚加速	104
4.2.9 先行先试持续突破	105
4.2.10 企业 IPO 上市	105
4.3 天津国家生物医药国际创新园	105
4.3.1 优化政策环境,提升园区综合竞争力	106
4.3.2 产业规模不断扩大,聚集效应初显	106
4.3.3 生物医药人才高地初步建成,聚集了一大批高端人才	106

4.3.4	搭建综合性的创新公共技术平台体系,提高技术服务水平	107
4.3.5	国内外合作日益广泛,优势资源不断引入,极大地提升了天津市生物医 药领域在国内外的知名度	107
4.3.6	打造高水平展会平台,提升了天津生物医药领域在国内外的影响力	107
4.4	泰州国家医药高新技术产业开发区	108
4.4.1	集聚创新资源,发展高端高质高效产业	108
4.4.2	加强创新载体建设,构建区域科技创新体系	109
4.4.3	强化企业主体地位,大力培育创新骨干企业	110
4.4.4	强化人才资源建设,打造创新创业人才高地	110
4.5	国家辽宁(本溪)生物医药科技产业基地	111
4.5.1	基地概况	111
4.5.2	基地建设情况	111
4.5.3	基地未来规划	113
4.6	成都生物医药产业创新孵化基地	113
4.6.1	四川生物医药技术创新公共服务平台正式运行	114
4.6.2	人才引进初见成效	114
4.6.3	重大新药研发取得新突破	115
4.7	济南生物医药园	115

第一章 前沿生物技术



1.1 概述

生命科学的发展从来没有像今天这样，如此强烈地依赖于研究方法和技术的进步。同时，生物技术正在进入大规模产业化阶段，现代生命科学与生物技术的重大突破将为人类社会面临的健康、粮食、能源、环境等问题提供科学可行的解决思路与方案。

为显著提升我国生物技术的自主创新能力，使生物技术的整体水平进入世界先进行列，部分领域达到世界领先水平，2011年，科技部制定并发布了《“十二五”生物技术发展规划》。“十二五”期间，我国生物技术发展，将选择具有中国特色和优势的核心关键技术，集中优势资源，实现重点突破，力争在国际生物前沿科学领

域占据一席之地，抢占一批国际生物技术研究开发制高点，重点发展“组学”技术、合成生物学技术、生物信息技术、干细胞与再生医学技术、生物过程工程技术、药物靶发现与药物分子设计技术、动植物品种设计技术、生物安全关键技术等一系列前沿生物技术。



1.2 “组学”技术

“组学”（omics）一词来源于基因组学，现在，科学家们将那些大尺度、复杂而系统的研究都称为组学，但最常见的四种组学是基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢组学，他们的研究对象分别是细胞或组织中所有的DNA、mRNA、蛋白质和代谢物（图1-1）。

在“组学”研究过程中，高通量分析

技术是绝对的核心。如果没有在短时间内快速、准确地测量海量数据的能力,则“组学”则无从谈起。

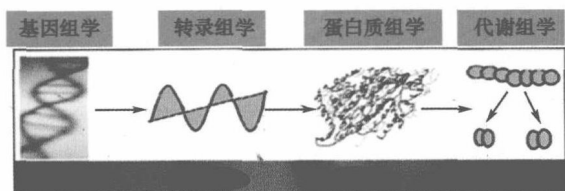


图 1-1 四种常见的组学及其分析对象

来源: Omics Technology, <http://www.slideshare.net/trishaissar/omics-tecnology>

现在,世界各国都非常重视组学技术的发展,我国也在《“十二五”生物发展规划》中提出,以开发新一代测序技术为我国生物技术实现跨越发展的突破口,带动基因组技术、转录组技术、蛋白质组技术、代谢组技术、表观遗传组技术、结构基因组技术等各类组学研究技术的快速发展,研发高通量生物医学数据分析与文本挖掘技术,高通量样品分析技术、微量样品提取和放大技术、海量数据分析技术等,加快组学技术与生物信息技术在疾病防控、临床诊治和生物制造、品种创制、新药开发等领域的应用。

1.2.1 国际进展

1. 基因组学技术

基因组学 (genomics), 是指研究生物

体基因组的组成、结构、功能及表达产物的学科。在基因组结构方面,美国科学家首次开发出了一种方法可以生成一个细胞的全部 DNA 链——即基因组的精确 3D 模型,有助于从全局上理解基因组的功能。在基因组技术方面,2011 年主要在基因组编辑技术、新型测序技术、功能基因组资源、基因组人工合成、单体型因果突变方面取得重要进展。

(1) 基因组编辑技术

人工锌指核酸酶介导的基因组编辑技术或者称为基因组定点修饰技术,原则上能在任何物种基因组的任何位置上进行设计切除,从而能在内源性序列上引入特异性修改。人工核酸酶技术已经成为了在多种细胞类型和生物体内进行高效、位点特异性的基因修饰的一个常用工具。这种酶主要有三个类型——锌指核酸酶 (ZFN), 转录激活因子样效应物核酸酶 (transcription activator-like effector nucleases, TALENs), 以及归巢核酸内切酶 (engineered meganucleases)。2011 年人工核酸酶技术在技术上取得的突破是: ①费城儿童医院等处的研究人员利用遗传工程改造后的 ZFNs, 在基因组上特定位置诱导双链断裂, 并且在实验小鼠活体中以具有临床意义的水平刺激基因组编辑, 从而诱导高效的基因修正, 该方法利用了锌指核酸酶独具在染色体上精



确定位的优势，避免了传统基因疗法存在插入诱变（insertional mutagenesis）的风险，首次取得了基因组编辑在基因疗法上的突破；②研究人员运用 TALENs 对植物病原菌 TAL 效应子进行编辑，结果表明 TAL 效应子能显著简化 DNA 绑定代码，从而减轻了一些目前存在的，工程改造工具中的问题。

此外，哈佛医学院著名遗传学家 George Church 领导的研究小组利用多重自动基因组改造（multiplex automated genome engineering, MAGE）方法，用同义的 TAA 密码子位点特异性地替换 32 种大肠埃希菌菌株中的 TAG 终止密码子，之后，利用细菌天然的接合能力，研究人员诱导细胞以更大规模转移包含 TAA 密码子的基因。这种新方法称为接合组装基因组改造（conjugative assembly genome engineering, CAGE）。用 TAA 逐步替换 TAG。这种基因组改造技术将染色体看作可编辑、可进化的模板（George Church, et al, 2011）。

（2）新型测序技术

A. 用单个细胞分析基因组

美国加利福尼亚大学圣地亚哥分校、克雷格-文特尔研究院和 Illumina 公司的科学家对现代基因测序算法进行了改良，结合多重置换互增（MDA）技术，只需从一

个细菌细胞中提取的 DNA（脱氧核糖核酸）就可组装成接近完整的基因组，准确率达到 90%，而传统的测序方法至少需要 10 亿个相同的细胞才能完成。鉴于实验室无法培养的细菌范围极广，约占 99.9%，这一突破为这些无法培养的细菌提供了测序方法，具有广泛的应用价值（Hamidreza Chitsaz, et al, 2011）。

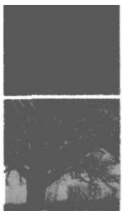
B. 纳米孔测序技术

纳米孔测序法（nanopore sequencing）是采用电泳技术，借助电泳驱动单个分子逐一通过纳米孔来实现测序的。由于纳米孔的直径非常细小，仅允许单个核酸聚合物通过，因而可以在此基础上使用多种方法来进行高通量检测。此外，纳米级别的孔径保证了检测具有良好的持续性，测序的准确度非常高。

IBM 和罗氏制药公司正在合作开发基于电子的纳米孔测序方法，该方法的核心是一个 DNA 晶体管（DNA transistor）。而牛津纳米孔技术公司（Oxford Nanopore Technologies）开发的 DNA 双链测序技术计划于 2012 年上市。

（3）功能基因组资源

功能基因组资源（Functional genomic resources）是指模式生物基因组资源，包括人、果蝇、线虫、酵母、大鼠、小鼠、斑马鱼、拟南芥菜、水稻等模式生物。



2011 年主要表现在小鼠这一模式生物全基因组水平的操控, 以及其具体基因表型的分析技术。

目前, 科学家们现在掌握了所有小鼠基因的序列信息, 不过还缺少对这超过两万个基因实际功能的全面整体了解。为了完成这项任务, 几年前小鼠研究协会就开始了大规模的尝试。在国际小鼠敲除研究联盟的帮助下汇集多方资源, 其目标是在一个近交系小鼠——C57BL/6 中完成每个蛋白编码基因的突变, 并产生胚胎干细胞和小鼠品系, 用于科学研究。2011 年这项研究取得了极大的进展, 研究工具获得了大范围扩展, 具体表现为: ①Sanger 研究院的研究人员创建了条件型敲除等位基因, 获得了一种能大批量产生基因突变的新方法, 研究人员在 C57BL/6 胚胎干细胞系中生成了数以千计的条件突变, 适合为进行大规模基因表现型分析的研究工作培育突变小鼠, 这种高通量的基因定位方法也适用于大鼠和人的干细胞, 为确定由哺乳动物基因组编码的所有基因的功能提供新平台; ②一些机构, 如欧洲小鼠疾病临床研究联盟 (European Mouse Disease Clinic, 由分布在欧洲 8 个国家的 18 家开展小鼠功能基因组学与表型研究的研究所组成) 等机构在国际小鼠敲除研究联盟的不同小鼠品系中, 进行了标准表型实验, 不

久之后科学家们就能获得近交系小鼠基因功能数据, 下一步将是对大鼠进行研究, 这些数据将有利于对基因功能的深入分析。

(4) 人工合成基因组

2011 年, 美国约翰·霍普金斯大学医学院等机构的研究人员首次合成酵母的部分基因组, 含这种人工基因组的酵母正常存活。

研究人员对酵母的两个染色体片段进行改造, 删去了其中重复的部分基因序列, 之后添加一些人工合成的基因序列, 经人工改造的基因序列约占整个酵母基因组的 1%。酵母在接纳人工的基因组后, 仍能正常存活, 未出现明显异常。

此前曾有研究人员人工合成过一种细菌的基因组, 但细菌属于原核生物, 而酵母属于更高级的真核生物。本次研究是世界上首次成功合成真核生物的部分基因组, 标志人工合成生物基因组的研究又迈出了重要步伐。

该研究的一个创新点是研究人员在人工基因组中设计了一种“混杂”系统, 这种系统可通过激活相应的酶来开启, 系统开启后可以删除某些基因或重新安排基因序列, 酵母亦随之发生相应的变异。通过这种方式能够得到不同属性的酵母, 对药



物、温度等条件敏感的酵母，可用于不同目的的研究。

(5) 单体型因果突变 (causal mutations in a haploid landscape)

高通量测序技术的快速发展将研究焦点从数据获取转移到了数据解读。人类基因组领域的研究人员在初级序列分析方面获得了很大的进步——不仅能针对短片段，单核苷酸多态性，插入缺失进行图谱绘制，甚至可以解析更复杂的结构突变。但是这方面仍然存在两个挑战：①确定单体型——个体基因组中每个染色体中各自的序列，尤其是没有相关基因组信息的情况下；②分析所有已发现的突变的功能作用，并从中找到与疾病相关的突变。

2011年在个体单体型基因组分析领域取得了一些成果，包括德国马普学会的 fosmid 克隆高通量测序，以及由斯坦福大学等机构的研究人员通过微流体装置完成的首个个人单体型分析成果。这些研究表明，许多基因中存在新突变，接下来需要更深入地分析这些突变对人体的影响。在分析编码蛋白的基因序列和基因组中非编码区域的潜在变异时，可以使用基于序列进化保守信息的计算方法，或基于蛋白序列的生化属性和结构信息的计算方法。这些单体型基因组分析方法需要与大规模实验方法相结合，

用以分析基因组中存在的突变，并揭示这些突变的分子表型，以对突变的功能进行分析。

2. 转录组学技术

转录组学 (transcriptomics)，是一门在整体水平上研究细胞中基因转录的情况及转录调控规律的学科，是从 RNA 水平研究基因表达的情况。转录组即一个活细胞所能转录出来的所有 RNA 的总和，是研究细胞表型和功能的一个重要手段。2011年转录组学领域的技术突破主要表现在：①开发一种高分辨率技术，更好地了解 RNA 结构；②开发了新型荧光标记工具 Spirach。

(1) RNA 结构 (RNA structures)

虽然 RNA 转录体合成的时候是线性结构，但是其折叠后的结构在细胞生理机制作用中扮演了重要角色。现代生命科学研究表明，RNA 的作用远不止是信使，传递信息，或者作为核糖体中的 RNA 成分，近年来还发具有剪接和编辑、维持端粒、蛋白分泌表达、小分子感应和应答催化等新功能。RNA 如何行使这些功能，是解开许多生物学作用谜题的关键，而要回答这个问题，常常需要依赖于解密 RNA 结构。

但是要了解 RNA 的结构，并不容易，许多 RNA 保守性不高，其功能不能通过简单的同源筛选就可以发现，因此

常常采用的是二级保守结构的公变分析，还可以用于功能三维 RNA 模块的计算机模拟预测。

首先为了解密 RNA 二级结构，研究人员采用了一些高通量的实验方法，2011 年麻省理工大学布罗德学院开发了一种高分辨率新技术，可以瞄准一个特定细胞，研究所有 RNA 的变化过程。通过在极短的时间间隔内给 RNA 拍摄快照，并将这些照片连在一起，不仅能显示出 RNA 的数量变化，还能看到其生命周期中短暂的中间过程。研究小组将这种追踪新生 RNA 生命周期的技术与一种新的测序技术结合，就能计算出 mRNA（信使 RNA，携带遗传信息，在蛋白质合成时充当模板）的数量。

这一新技术的一个关键应用是跟踪如癌症或其他影响到 RNA 生命周期的疾病中的基因突变。过去人们只知道发生了突变，而要看到细胞里分子过程中所发生的突变结果却非常困难。新技术能让研究人员深入透视到细胞内部，看到基因突变如何扰乱了 RNA 的数量水平，反过来又合成了哪种蛋白质。

（2）新型荧光标记工具——Spinach

美国威尔康乃尔医学院（Weill Cornell Medical College）的研究人员开发了一种新型荧光工具，这种工具能可与传统的绿色

荧光蛋白（GFP）相媲美。这种名这“Spinach”的 RNA-荧光基团复合物可用于追踪细胞内各种 RNA 的功能动态（Samie Jaffrey, 2011）。

研究人员利用 RNA 能够折叠形成复杂三维形状的特性，构建了两个新实体（entities）：一个显示特异形状的合成 RNA 序列，另一个与 RNA 结合后发射荧光的小分子。研究人员对多种分子进行了尝试性实验，最终发现 GFP 蛋白中就包含了他们一直想寻找的分子——一种荧光基团。于是研究人员根据这一荧光基团的形状合成了一些化学分子，并在随后构建了一条能够衔接这些化学分子的人工 RNA 序列。研究人员将他们第一个成功构建的“RNA-荧光基团”复合物命名为“Spinach”。在进一步的实验中，研究人员再度成功构建出与 Spinach 发射不同荧光波长的多个“RNA-荧光基团”复合物。研究人员已开始利用 Spinach 追踪细胞中的非编码 RNA。

近年来的研究表明，细胞中存在多种不同类型的 RNA，其中一部分参与蛋白质的合成，一部分对细胞内信号传导和基因表达起重要的调控作用。然而一直以来科学家们对于这些 RNA 的作用机制却知之甚少。这种新工具将有助于科学家们了解这



类非编码 RNA。

3. 蛋白质组学技术

蛋白质组学 (proteomics), 是阐明生物体各种生物基因组在细胞中表达的全部蛋白质的表达模式及功能模式的学科, 包括鉴定蛋白质的表达、存在方式 (修饰形式)、结构、功能和相互作用等。

蛋白翻译后修饰是调控诸多生物学过程和疾病的主要生物学通路之一, 因而, 蛋白翻译后修饰成为目前的重要热点, 尤其是糖基化修饰, 2011 年取得重要进展。

糖蛋白组学 (glycoproteomics): 蛋白质组绘制技术和简单的翻译后修饰 (如磷酸化) 技术正趋于成熟, 但是最重要的翻译后修饰之一——糖基化, 却因技术缺乏仍然难以在蛋白质组层面实现。

糖基化在多种生物学过程中起重要作用, 如细胞调控、免疫应答等, 而且这种修饰方式还参与了正常细胞转化为肿瘤细胞的信号转导过程。糖化蛋白组领域存在几个重要的方法学问题: ①糖基化从定义上来说是属于非模板性的, 与其他简单的翻译后修饰, 比如磷酸化不同, 多聚糖结构存在极大的差异, 导致其分析尤为困难, 一个简单的蛋白可

以有上百种, 上百种不同的多聚糖修饰基团, 而且蛋白糖基化修饰在细胞中丰度低, 自我修饰化学计量数也低; ②目前糖蛋白组学研究领域, 以及蛋白质组学研究领域常常分属于不同的领域, 糖蛋白组学研究人员分析多聚糖结构, 但忽略了其来源蛋白主体本身, 而蛋白质组学研究人员分析蛋白, 却忽略了其上附着的多聚糖, 不过科学家们也越来越认识到了整体研究的重要性。

蛋白质组学研究中的一种成熟技术——质谱技术, 也同样在糖蛋白组学中扮演重要角色, 蛋白链和多聚糖链之间存在显著的化学特性差异, 这带来了测序挑战, 但高分辨率质谱分析仪器, 以及一些更先进的片段分析方法能帮助我们, 除此之外, 质谱分析之前的糖蛋白分离和纯化, 以及之后的生物信息学分析也是重要的技术之一。

2011 年糖蛋白组学研究获得的最突出的成果是确定了一种能够产生糖蛋白的酶的结构, 化学修饰中最频繁的与天冬酰胺相连的糖基化, 是由低聚糖转移酶 (OST) 催化的, 这种酶是位于内质网中的一种膜蛋白复合物, 研究人员完成了这种酶与一个受体肽形成复合物的细菌 OST 的 X 射线结构测定, 为了解酰胺态氮激发和糖基化提供了分子基础,