

希望中国科学院不断出创新成果、出创新人才、出创新思想，率先实现科学技术跨越发展，率先建成国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技智库，率先建设国际一流科研机构。

——习近平总书记2013年7月17日在中国科学院考察工作时的讲话

首页 新闻 机构 科研 院士 人才 教育 合作交流 科学普及 出版 信息公开 专题 访谈 视频

您现在的位置: 首页 > 科研 > 科研进展

说明

中国科学院新版网站已于2014年11月21日正式上线，地址为www.cas.cn。此网站为中国科学院旧版网站，内容更新截至新版网站上线时，目前不再继续更新。特此说明。

中国科大在蛋白质设计领域取得进展

文章来源: 中国科学技术大学

发布时间: 2014-11-04

【字号: 小

近日，中国科学技术大学生命科学学院刘海燕教授、陈泉副教授研究组在蛋白质结构功能设计研究领域取得进展，研究成果发表在10月27日出版的Nature Communications上。

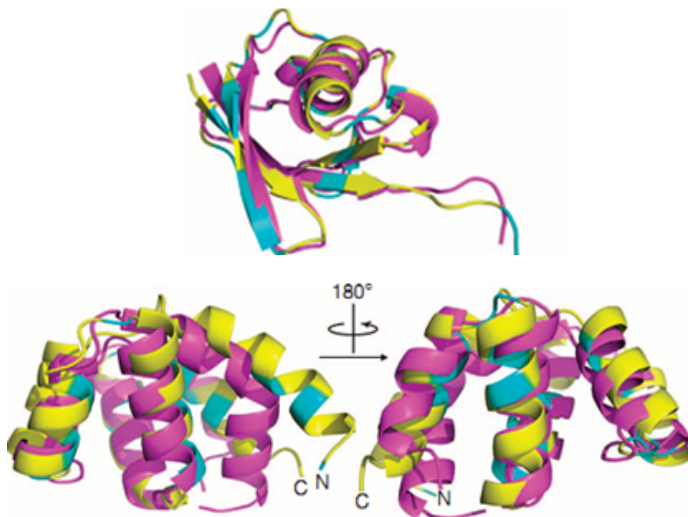
蛋白质氨基酸序列和空间结构之间的关系是科学界悬而未决的课题。国际上蛋白质设计领域有实验验证的自动设计方法只有寥寥一两种，且蛋白质全序列从头设计的成功率还很低。

统计能量函数是一种从天然蛋白质序列和结构数据中抽提、总结得出的普适性模型，有了准确的能量模型，就可以通过优化序列能量进行蛋白质设计。研究人员提出了一种用全新策略构建的统计能量函数，理论分析表明其设计结果显著不同于、且在一些重要方面优于现有最好的蛋白质设计模型。研究人员还将一种基于融合内酰胺酶活性的在体检测方法应用于从头设计蛋白折叠性的高效鉴定和改进。研究人员还通过三套目标主链结构从头设计的序列，获得了四个稳定折叠的人工蛋白；用核磁共振方法解析了其中两个蛋白质的溶液结构，其实际空间结构与设计目标高度一致。

该研究工作建立了蛋白质从头设计的新途径，为蛋白质结构功能的设计改造提供了新工具。中国科大博士生熊鹏和王蒙是论文的共同第一作者。

该项研究得到了国家自然科学基金委、科技部及安徽省自然科学基金委的支持。

[文章链接](#)



从头设计蛋白质的实际空间结构（黄色）与目标结构（红色）比较

打印本页

关闭本页