



新闻中心

您现在的位置: [首页](#) > [新闻中心](#) > [综合新闻](#)[综合新闻](#)[学术活动](#)[科研动态](#)[研究生新闻](#)[通知公告](#)[学术报告](#)[公示](#)

武汉物数所蛋白质动态学研究的新技术新方法取得重要进展

2016-12-26 | 编辑: | [【大】](#) [【中】](#) [【小】](#) [【打印】](#) [【关闭】](#)

近日, 武汉物数所生物大分子动力学研究组在蛋白质动态学研究的新技术新方法发展方面取得重要进展, 相关研究成果发表在《德国应用化学》杂志上(Angew. Chem. Int. Ed) (DOI: 10.1002/anie.201609830View)。

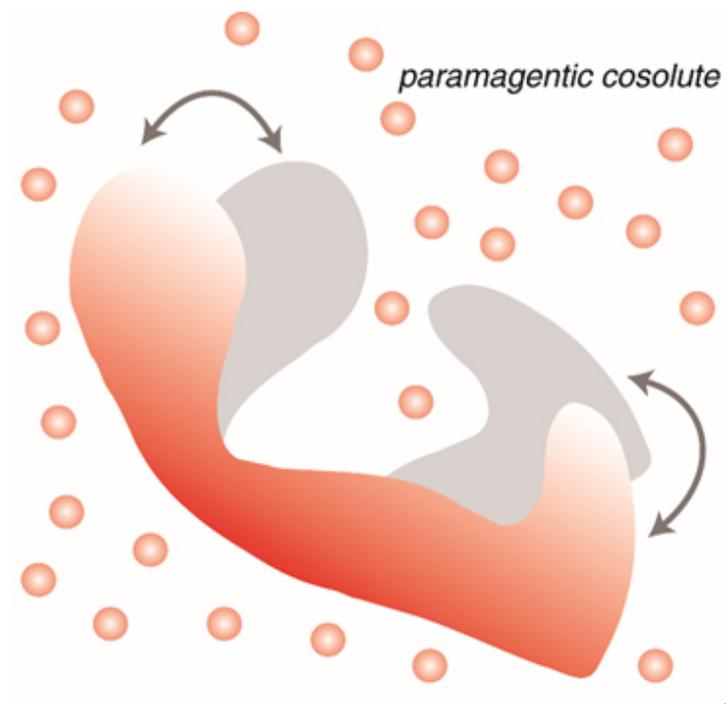
“生命在于运动”是法国著名思想家伏尔泰提出的运动哲学格言。蛋白质作为生命组成的基本单元, 其本身也是处于不断运动的动态过程中。作为生命活动的执行者, 蛋白质只有通过运动才能执行特定的生物学功能, 因此对蛋白质结构的动态变化的了解是洞悉其功能的关键。然而受到研究手段的制约, 蛋白质动态学的研究远远落后于其结构研究。

溶液核磁共振能够在接近生理环境的溶液状态下对蛋白质进行解析, 是研究蛋白质动态结构的理想方法。其中具有代表性的顺磁弛豫增强方法(Paramagnetic Relaxation Enhancement, 以下简称PRE)不仅检测范围广, 还能在微秒-毫秒的时间尺度上准确捕获蛋白质的动态结构, 尤其是出现概率低的瞬态结构。传统的PRE方法在研究过程中, 需要对蛋白质进行定点突变来引入顺磁探针, 这种做法可能会破坏蛋白质本身的结构特性, 额外引入的顺磁探针本身的运动也会影响到结果的准确性。

生物大分子动力学研究团队的此项研究发展了免标记的顺磁核磁技术, 即不需要连接顺磁探针, 将自主开发的顺磁探针直接加入到蛋白质溶液样品中来进行检测。在核磁共振实验的基础上, 联合全原子分子动力学模拟采样和蒙特卡洛模拟退火的结构挑选方法来获得具体的结构信息。该方法在不同大小, 不同运动特性的蛋白质体系上进行了应用, 准确的捕获了这些蛋白质在溶液当中的动态系综结构。该方法的建立和发展为蛋白质动态学的研究提供了一种全新的准确便捷的研究手段。

该文的第一作者是武汉物数所龚洲副研究员。这项工作得到了科技部、国家自然科学基金委, 以及美国霍华德休斯医学研究所(HHMI)基金的支持。

附: [论文连接](#)



溶液顺磁弛豫增强研究蛋白质动态结构示意图



中国科学院武汉物理与数学研究所
地址：武汉市武昌小洪山西30号 电话：027-87199543 邮政编码：430071
ICP备案号 [鄂ICP备20009030号-2](#)
鄂公网安备 42010602002512号

