



[高级]

[首页](#) [新闻](#) [机构](#) [科研](#) [院士](#) [人才](#) [教育](#) [合作交流](#) [科学传播](#) [出版](#) [信息公开](#) [专题](#) [访谈](#) [视频](#) [会议](#) [党建](#) [文](#) 您现在的位置：[首页](#) > [科研](#) > [科研进展](#)

遗传发育所建立植物特异性体外泛素化分析系统

文章来源：遗传与发育生物学研究所

发布时间：2013-02-01

【字号：小 中 大】

泛素/26S蛋白酶体系统 (Ubiquitin/26S proteasome system, UPS) 是真核生物中最精细的调控体系之一, 很多重要途径的关键调节蛋白都受到泛素化修饰的调节。底物蛋白的泛素化修饰需要泛素激活酶 (E1)、泛素结合酶 (E2) 和泛素连接酶 (E3) 的协同作用。模式植物拟南芥中有2个E1、37个E2和超过1400个E3蛋白。对于这些蛋白的生化特性的分析是研究其基因功能的重要组成部分。已有的研究表明植物体内存在着大量E2-E3特异的相互作用, 通过体外实验分析某待测蛋白的E3活性需要使用某个/些特定E2蛋白才能实现。而目前广泛使用的E3活性体外分析体系中E1、E2种类单一且大多非植物基因编码, 因此对E3活性的检测很可能出现假阳性尤其是假阴性的结果。

中科院遗传与发育生物学研究所谢旗研究组建立了一套植物特异的体外泛素化分析系统。该系统主要成分均为大肠杆菌中表达的蛋白, 包括了拟南芥中绝大部分种类的E2, 经检测利用这些E2可以检测出某个/些特定的RING (Really Interesting New Gene) finger蛋白的活性。对于个别原核表达不成功的E2则可通过在烟草中瞬时表达来获得蛋白。因此该系统使得研究者可以利用拟南芥中大部分E2亚家族成员对特定蛋白进行E3活性分析, 同时也可研究某E3与不同E2特异性组合的情况。该系统的组分均来自于植物, 绝大部分为拟南芥基因编码, 因此非常适用于植物蛋白的泛素化分析。该系统同时提供了两种点突变的拟南芥泛素蛋白: UbK48R及UbK63R, 可用于多聚泛素链类型的分析。该体外泛素化分析系统和该组已建立的活体泛素化分析系统成为植物泛素化研究的有效平台。

该研究结果于2013年1月27日在线发表于 *The Plant Journal* 杂志上的“先进技术”栏目。谢旗研究组的博士生赵庆臻为该论文的第一作者。

该项研究得到了国家自然科学基金委和国家蛋白研究计划项目的资助。

[论文链接](#)