

位置: [首页](#) > [新闻动态](#) > [科研进展](#) [搜索](#)

程祝宽研究组在水稻联会复合体结构研究上取得新进展

减数分裂过程中,配对的同源染色体间要形成链状的联会复合体。虽然联会复合体在结构上具有高度保守性,但其蛋白质序列的保守性却很低。目前已鉴定的联会复合体相关蛋白,在真菌、动物和植物之间几乎没有同源性。

程祝宽研究组长期从事植物减数分裂研究,该研究组在水稻中鉴定出了一个新的联会复合体蛋白CRC1。CRC1与横丝元件ZEP1共定位于联会复合体的中央区域,两者的定位相互依赖。研究表明CRC1与ZEP1的N端直接互作,共同形成联会复合体的中央组分。CRC1是一个序列保守的AAA-ATPase家族蛋白,其同源基因广泛地存在于真菌、动物和植物中,因此可能是一个保守的联会复合体蛋白。CRC1除了参与联会复合体的形成外,还是同源染色体重组的起始因子,在crc1突变体中,DNA的双链断裂不能形成,进而导致同源染色体重组不能发生。

该研究结果于2013年8月14日在线发表于Plant Cell杂志上(DOI:10.1105/tpc.113.113175)。程祝宽研究组博士生苗春波和工作人员唐丁为该论文的并列第一作者。相关研究得到科技部及国家自然科学基金委员会项目的资助。



©2008-2009 中国科学院遗传与发育生物学研究所 版权所有 京ICP备09063187号 京公网安备110402500012号

地址:北京市朝阳区北辰西路1号院2号,遗传与发育生物学研究所

邮编:100101 邮件:genetics@genetics.ac.cn