

武汉物数所合作研究揭示泛素链识别靶蛋白的分子机制

文章来源: 武汉物理与数学研究所 发布时间: 2015-07-07 【字号: 小 中 大】

我要分享

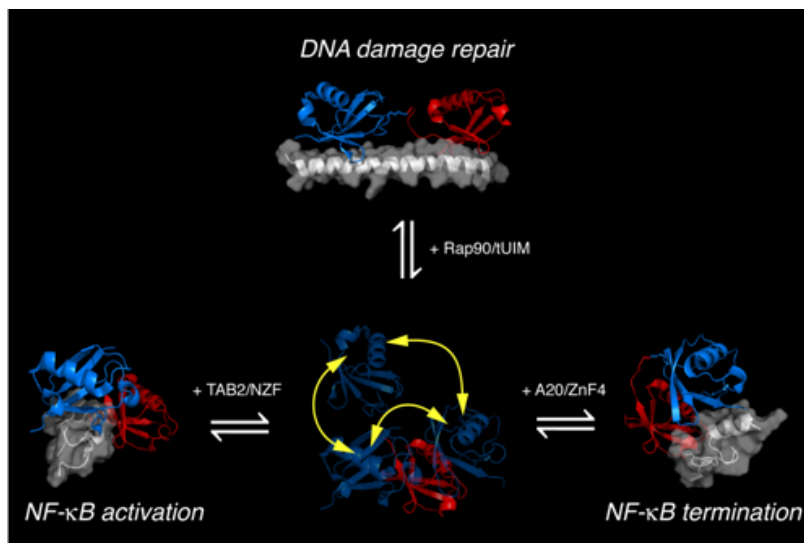
近日，中国科学院武汉物理与数学研究所研究员唐淳课题组及合作者在泛素链识别靶蛋白的分子机制研究中有了重要发现，相关成果发表在*elife*上。

泛素是一种广泛存在于真核细胞内的信号蛋白，泛素化修饰是生物体内最普遍的翻译后修饰之一，多个泛素通过不同方式的共价连接形成的泛素链在溶液中采取不同的构象识别各自的靶蛋白，从而在细胞内分别扮演着不同的角色。其中第63位赖氨酸连接的泛素链主要参与DNA的损伤修复、多泡体介导的蛋白质分选、NF-κB信号通路、氧化应激等生物学过程。之前的许多研究已经表明这种泛素链在溶液中只存在开放态，与某些靶蛋白结合后才以闭合态形式存在。闭合态是靶蛋白诱导而发生构象变化导致，还是一开始就存在，对于第63位赖氨酸连接的泛素链识别靶蛋白背后的分子机制一直不清楚。

核磁共振是研究生物大分子在溶液中构象动态变化的一种强有力手段。唐淳及合作者采用顺磁弛豫增强(PRE)的方法并通过结构计算发现第63位赖氨酸连接的泛素链在溶液中存在很大比例的闭合态构象，对闭合态构象进一步分析发现它们至少可分为两类，分别可以与不同的靶蛋白结合。这项研究为这一泛素链在溶液中存在闭合态提供了直接的实验证据，并首次在原子水平描述了各种闭合态构象的结构信息，解释了泛素链与靶蛋白识别的分子机制。为进一步研究揭示其他种类的泛素链是否也通过构象选择的机制识别相应的靶蛋白打下基础。

该工作得到了科技部、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。

[文章链接](#)



K63-diUb₂在未结合靶蛋白时在溶液中存在30%的open态和70%的close态，并通过构象选择机制识别各自的靶蛋白，其中Rap90/tUIM结合open态di-Ub₂参与DNA损伤修复；TAB2/NZF与A20/ZnF4结合不同的close态分别参与NF-κB信号通路的激活与终止。

(责任编辑: 叶瑞优)

附件:

热点新闻

中科院学术委员会召开研究所“...

- 中科院“率先行动”计划组织实施方案
- 中科院期刊国际影响力再创新高
- 国科大举行2015年学位授予仪式
- 白春礼《人民日报》文章：创造未来的科...
- 中科院广东省全面战略合作领导小组会议召开

视频推荐

【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革

【辽宁卫视】李希、陈求发 会见中科院院长白春礼

专题推荐

“率先行动”计划

领航科技 创新中国

相关新闻



© 1996 - 2015 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 可信网站身份验证 联系我们
地址：北京市三里河路52号 邮编：100864

