



科学家发现新型蛋白折叠驱动因子

日期: 2021年11月02日 15:08 来源: 科技部生物中心 【字号: 大 中 小】

近期, 美国宾夕法尼亚大学的研究团队发现新型的蛋白折叠驱动因子DAXX (Death Domain-associated Protein, DAXX), 可以有效控制蛋白质的正确折叠。相关研究在《Nature》发表, 题为: DAXX represents a new type of protein-folding enabler。

蛋白质的结构决定其功能。蛋白质折叠是蛋白质获得功能性结构的过程, 通过这一物理过程, 蛋白质从无规则卷曲状态折叠成特定的功能性三维结构。研究人员发现DAXX蛋白不仅能抑制错误折叠的蛋白聚集, 并且可以降解已聚集的蛋白产物。DAXX蛋白还可以帮助错误折叠的蛋白恢复正常结构并行使功能。DAXX蛋白的底物蛋白包括多种神经退行性疾病的关键蛋白以及肿瘤抑制因子p53。进一步研究还发现DAXX蛋白与分子伴侣 (作用是帮助目的蛋白正确折叠) 不同, 在发挥功能时并不需要ATP提供能量。

该研究结果表明, DAXX蛋白是一种新型蛋白折叠驱动因子, 是细胞内“蛋白质质控系统”的重要成员。

注: 此研究成果摘自《Nature》, 文章内容不代表本网站观点和立场。

原文链接:

<https://www.nature.com/articles/s41586-021-03824-5>

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

办公地址: 北京市西城区文兴东街1号国谊宾馆 (过渡期办公) | 联系我们

邮政地址: 北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码: 100862

ICP备案序号: 京ICP备05022684 | 网站标识码: bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器