

首页 新闻纵横 专题热点 领导活动 教学科研 北大人物 媒体北大 德赛论坛 文艺园地 光影燕园 信息预告 联系我们

请输入您要查询的关键词

高级搜索

工学院陈匡时课题组与合作者在解析艾滋病病毒增殖机制上取得新进展

日期：2017-11-21 信息来源：工学院

近日，工学院生物医学工程系陈匡时课题组和美国芝加哥大学等多所研究机构的科学家运用计算机模拟艾滋病病毒（HIV病毒）在分子水平下宿主细胞膜上组装的机制。该研究成果已发表于《美国国家科学院院刊》（PNAS）（链接：<http://www.pnas.org/content/car/ly/2017/10/31/1706600114.long>）。

Group-specific antigen (Gag) 是主导HIV-1病毒组装的核心蛋白，在细胞膜上通过与病毒RNA和蛋白之间交互作用能形成非常紧密的病毒复合体，导致膜结构改变，从而使复合体出芽形成病毒颗粒。科学家一直致力于通过各种不同的显微镜手段研究病毒形成的分子机制，但仍然无法在分子层面上明确解析HIV组装过程以及各分子之间的空间和动态行为。Course-Grained Modeling（粗粒化）计算机模拟是一种模拟分子动态行为的手段，可以解析单个Gag蛋白乃至其结构域的构象变化（图1）。通过粗粒化法模拟衣壳（CA）和间隔肽1（SP1）蛋白质结构域（Gag蛋白自组装的重要成分）、细胞膜和病毒RNA，研究者成功地建立了吻合众多实验数据结果的病毒颗粒形成模型，还揭示了目前实验手段无法获得的HIV-1可能的组装机制。

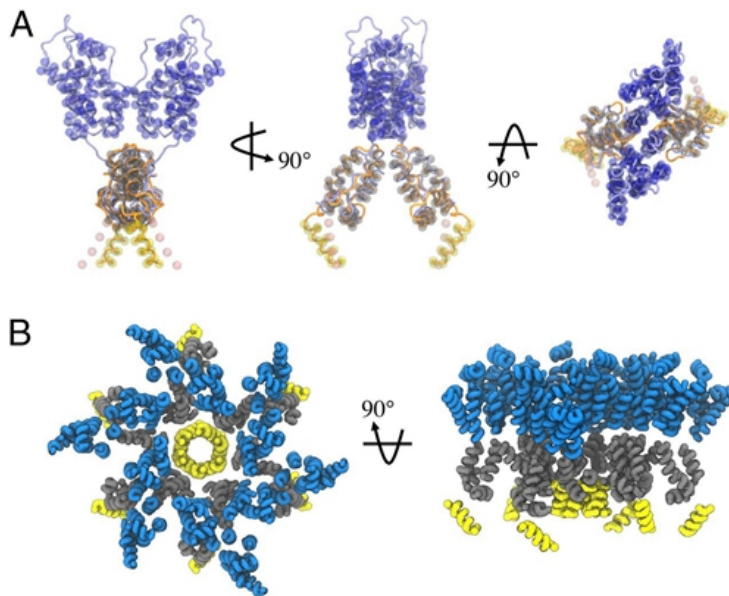


图1 CG模拟的CA-SP1构象变化

此项CG模拟研究由芝加哥大学主导，工学院生物医学工程系陈匡时（microRNA抑制Gag蛋白组装的发现者）在研究中提供了Gag和病毒RNA交互动、microRNA抑制Gag蛋白组装等在超分辨率显微水平下活细胞中获得的实验数据，对模拟的结果提供了重要支持。

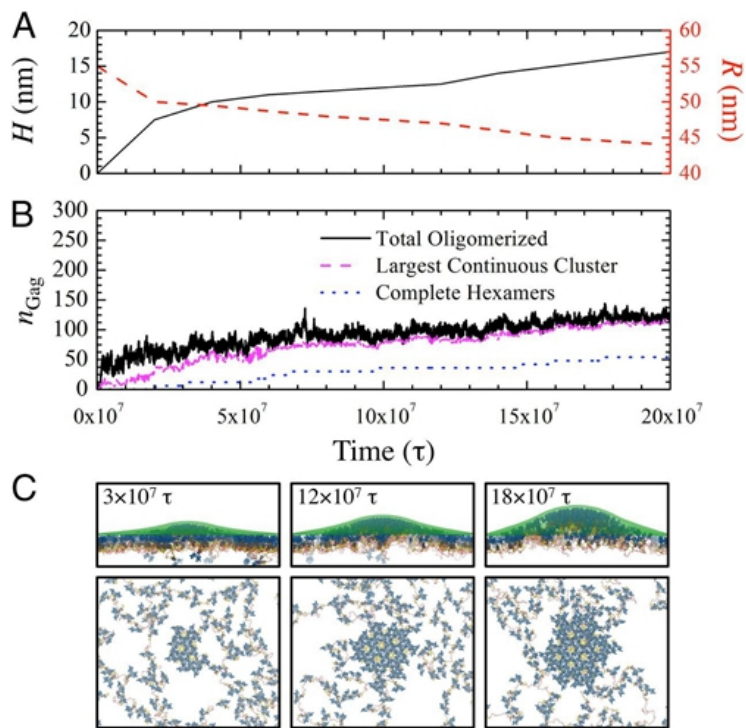


图2 CG模拟的CA-SPI在细胞膜上通过病毒RNA组装的过程

这项研究有望为艾滋病疾病的治疗提供新的思路，并对探究其他逆转录病毒组装的调控过程具有重要启示。

编辑：安宁

北京大学官方微博



北京大学新闻网



北京大学官方微信



[打印页面] [关闭页面]

转载本网文章请注明出处

友情链接

合作伙伴



投稿邮箱 E-mail: xinwenzx@pku.edu.cn 新闻热线: 010-62756381

