
精密测量院发展出蛋白质动态学研究新方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10798.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

解析蛋白质的动态结构，能够揭示蛋白质行使功能的内在机制。化学交联质谱分析（Chemical cross-linking coupled with mass spectrometry, CXMS），结合高灵敏质谱分析，是近十年发展起来的结构生物学技术。利用有特定长度的化学交联剂将蛋白质中的特定氨基酸连接起来，可获得蛋白质上特定氨基酸之间的距离信息。CXMS技术具有灵敏度高，不受分子量大小限制等特点，得到愈加广泛的使用。

CXMS测量所获得的距离约束传统上施加于蛋白质的C_α原子或C_β原子之间，这样的距离约束会超过20Å，对结构精度的提升有限。针对这一问题，中国科学院精密测量科学与技术创新研究院副研究员龚洲、研究员唐淳发展建立了一种基于化学交联质谱分析研究蛋白质结构和动态变化的新方法，对已有CXMS实验数据进行比对分析，借鉴生物磁共振思路，将交联剂修饰的侧链C_γ原子作为距离约束点。这种方法将约束范围缩小到6Å以内，提高了蛋白质结构计算的精度，并可分析表征蛋白质结构的动态变化。

相关成果发表在Structure上，龚洲为论文第一作者，唐淳为通讯作者。研究得到科技部、国家自然科学基金委的资助。

[论文链接](#)

研究团队单位：精密测量科学与技术创新研究院

更多科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](#)转发