
研究揭示二穗短柄草MAPK与PP2C基因家族成员间互作网络

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2671.html>

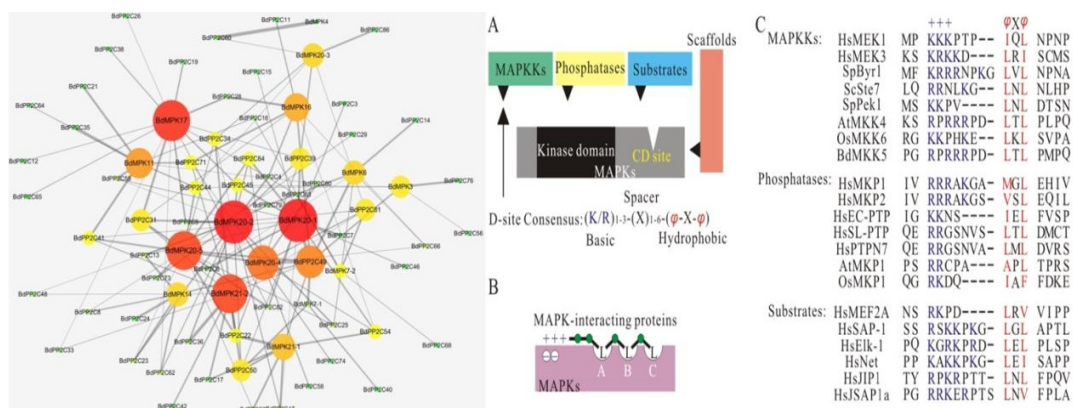
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究揭示二穗短柄草MAPK与PP2C基因家族成员间互作网络。10月10日，《科学报告》(Scientific Reports)杂志在线发表了中国科学院上海辰山植物科学研究中心植物抗逆与分子进化研究组题为In silico-prediction of protein – protein interactions network about MAPKs and PP2Cs reveals novel docking site variants in Brachypodium distachyon的研究论文。该研究预测了二穗短柄草MAPK与PP2C基因家族成员间的蛋白互作网络，并在互作结构基础上总结出了二穗短柄草两基因家族互作成员间的锚定位点。

PP2C基因家族在MAPK信号传导途径中起负调控作用。建立两基因家族成员间的互作网络对于研究MAPK信号传导途径在多重逆境中的作用机理非常重要。该研究根据能量值越小，互作可能形成的复合体就越稳定的原理，并依据同源映射选定了他们互作的最小能量值作为阈值的方法in silico预测了PP2C和MAPK三级结构相互作用网络。以往酵母、拟南芥及人类的实验研究结果发现与MAPK互作的蛋白，如底物、调节蛋白、抑制蛋白、支架蛋白等，其N-端非催化区域都含有一个典型的保守基序(R/K1 – 3-X1 – 6- ϕ -X- ϕ ; ϕ 是疏水残基)锚定位点(D-位点)及含有IYT基序或DEF基序等非典型的锚定位点。该研究预测的二穗短柄草MAPK与PP2C家族互作成员间也含有以往实验结果中报道的典型和非典型锚定位点。而且进一步分析发现，BdPP2C蛋白上存在BdMAPK互作的二穗短柄草特异性新锚定位点。

该论文主要由硕士研究生牛超和科研助理蒋敏合作完成，通讯作者是研究员储昭庆。研究工作得到中科院STS种质资源创新项目(zszc-013)和上海市绿化和市容管理局项目(G162406和G162407)的支持。

文章链接



预测的BdPP2Cs和BdMPKs蛋白互作网络及其锚定位点模式图

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](https://www.iikx.com)转发