

武汉病毒所建立研究活细胞内蛋白质互作的新方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5705.html>

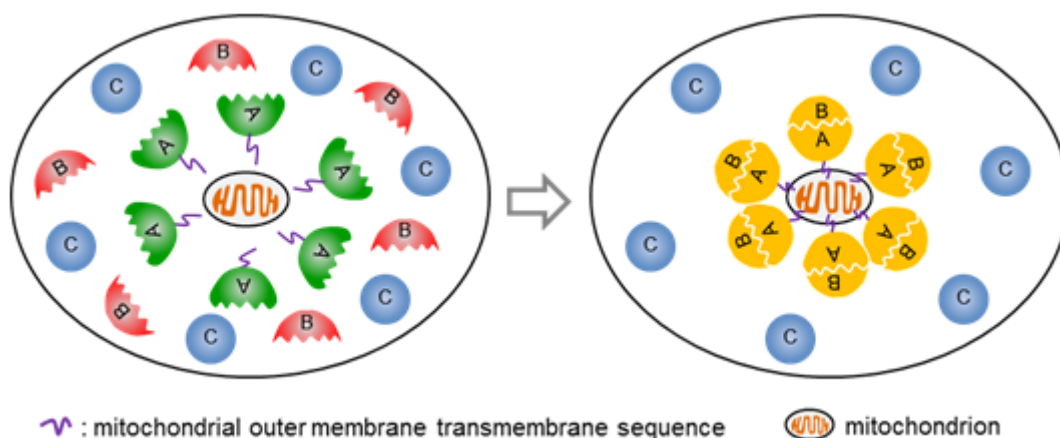
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

武汉病毒所建立研究活细胞内蛋白质互作的新方法。近日，中国科学院武汉病毒研究所/病毒学国家重点实验室胡志红、王曼丽研究团队在蛋白质相互作用的研究方法方面取得新进展，相关研究成果以Mito-docking: A novel in vivo method to detect protein-protein interactions(《线粒体锚定：一种研究活细胞内蛋白间相互作用的新方法》)为题发表在国际学术期刊Small Methods上。

蛋白质之间的相互作用对生命活动至关重要。尽管已有不少体内研究蛋白互作的方法，但由于许多蛋白互作是高度动态的，因此用传统的方法难以捕获。该研究基于“招募”和“聚集”的原理，即将“诱饵”蛋白A锚定在线粒体的外膜上，如B蛋白能与A蛋白互作，则将被“捕获”到线粒体外膜，发生富集；如C蛋白不与A蛋白互作，则不会发生定位变化(图1)。文章首先用线粒体锚定(Mito-docking)的方法有效验证了G蛋白亚基 γ 2和 β 1间的互作，并进一步运用该方法研究了核转运受体(importin α isoforms)与货物蛋白(经典的核定位信号cNLS)之间的互作，揭示了核转运受体-货物蛋白的识别特异性(图2)。

研究发现，该方法不仅能有效检测如核运输过程中的短暂蛋白间互作，还能对蛋白互作的强度进行相对定量分析，是一种高效、直观、简单的研究活细胞中蛋白质互作的新方法。

武汉病毒所博士生邵伟为该论文的第一作者，副研究员王曼丽和研究员胡志红是该论文的共同通讯作者。该研究得到中科院前沿科学重点研究项目(QYZDJ-SSW-SMC021)、国家自然科学基金创新研究群体项目(31621061)和病毒学国家重点实验室病毒学前沿科学重点研究项目(klv-2016-03)的资助。



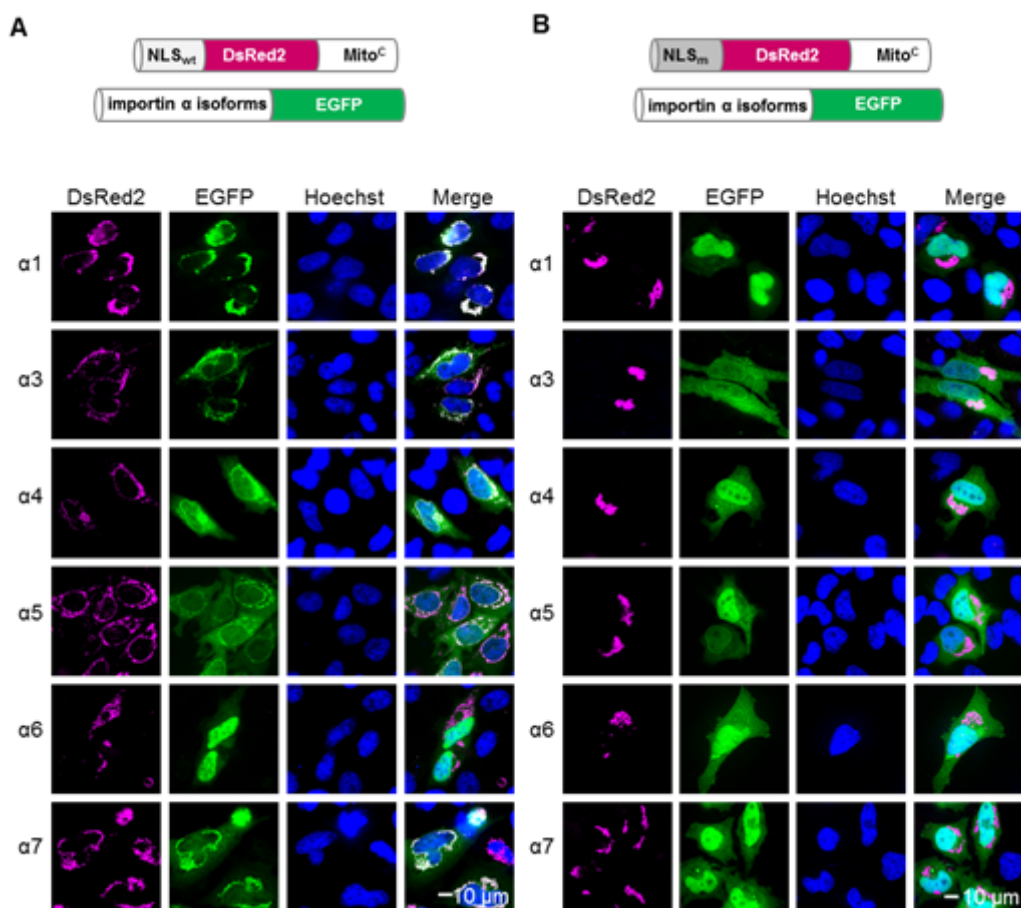


图2.利用Mito-docking研究importin α 异构体对SV40 NLS的识别特异性。A.将含有线粒体锚定信号的野生型NLS(NLS_{wt})与不同的importin α 异构体共转染细胞。发现除 α 6外，其余几个importin α 异构体均被招募到线粒体外膜，从而产生明显的荧光共定位现象。B.NLS突变后(NLS_m)不能与任何importin α 异构体互动。

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