



中国科学院  
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

面向世界科技前沿，面向国家重大需求，  
国家创新人才高地，率先建成国家高水平科技自立自强

[首页](#)[组织机构](#)[科学研究](#)[成果转化](#)[人才教育](#)[学部与](#)[首页 > 科研进展](#)

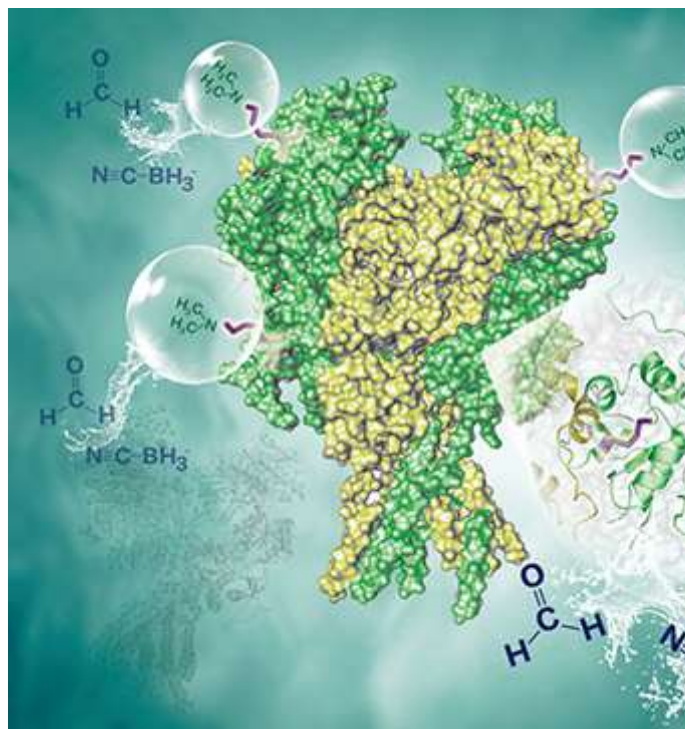
## 小分子-膜蛋白质互作界面和结构调控

2019-04-17 来源：大连化学物理研究所

近日，中国科学院大连化学物理研究所生物分子结构表征新方法创新特区研究组研究员王方军等在甲基-D-天冬氨酸受体（NMDARs）-小分子配体相互作用机制分析方面取得新进展，相关结果发表在《自然-化学》杂志。

在生理条件下蛋白质中的赖氨酸一般带正电荷，与邻近氨基酸残基间的静电相互作用、氢键相互作用与其所处微观环境密切相关，蛋白质结构和相互作用的变化直接影响相关区域赖氨酸的反应性。研究组创新性地提出了赖氨酸反应性标记策略，根据赖氨酸侧链氨基标记效率实现了对赖氨酸反应性的定量分析，以及对赖氨酸反应性标记蛋白质互作界面和结构变化的质谱新方法，与传统氢氘交换、羟基自由基氧化等质谱方法相比，该方法可以应用于蛋白-蛋白、蛋白-小分子等生物分子互作界面和结构调节分析。

在此工作的基础上，王方军等人进一步实现了基于定量赖氨酸反应性变化的蛋白受体结构分析，对儿茶酚-O-甲基转移酶（COMT），以及Ro25-6981，Gavestinel，UBP710和膜蛋白受体NMDARs的相互作用进行了深入研究。该方法不仅可以分析蛋白质的直接作用区域，还可以监测蛋白质产生了构象变化的其它区域。NMDAR复合物是阿尔茨海默病的相互作用机制目前仍然面临巨大挑战，是小分子药物开发中的难点之一。该方法为研究NMDARs的相互作用机制提供了新的分析新方法，有望应用于靶向小分子药物的筛选、评估和优化。



### 小分子-膜蛋白质互作界面和结构调控分

---

上一篇： 广州生物院研发出克服前列腺癌临床耐药的新型ROR $\gamma$ 抑制剂

下一篇： 科学家破译中药黄芩产生抗癌活性物质的遗传密码

---

© 1996 - 2019 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号

联系我们 地址：北京市三里河路52号 邮编：100864

