



研究成果

当前位置: 首页 > 研究成果

Science Bulletin — 薛红卫团队基于DIA的磷酸化蛋白质组学全面揭示I型酪氨酸蛋白激酶(CK1)调控生长发育的功能

发布时间: 2023-08-23

近日,上海交通大学薛红卫教授团队在*Science Bulletin*发表了题为“Data-Independent Acquisition-based global phosphoproteomics reveal the diverse roles of Casein kinase 1 in plant development”的研究论文,报道了利用基于DIA的磷酸化蛋白质组学分析获得了CK1依赖的磷酸化肽段、磷酸化蛋白并富集验证了CK1的新识别基序。通过对底物C3H17的功能分析,阐明了CK1介导的磷酸化参与胚胎发育的调控机制。对其他物种中潜在底物的预测和分析大大扩展了CK1的底物范围和功能,为全面理解和阐明CK1的生物学功能提供了依据。



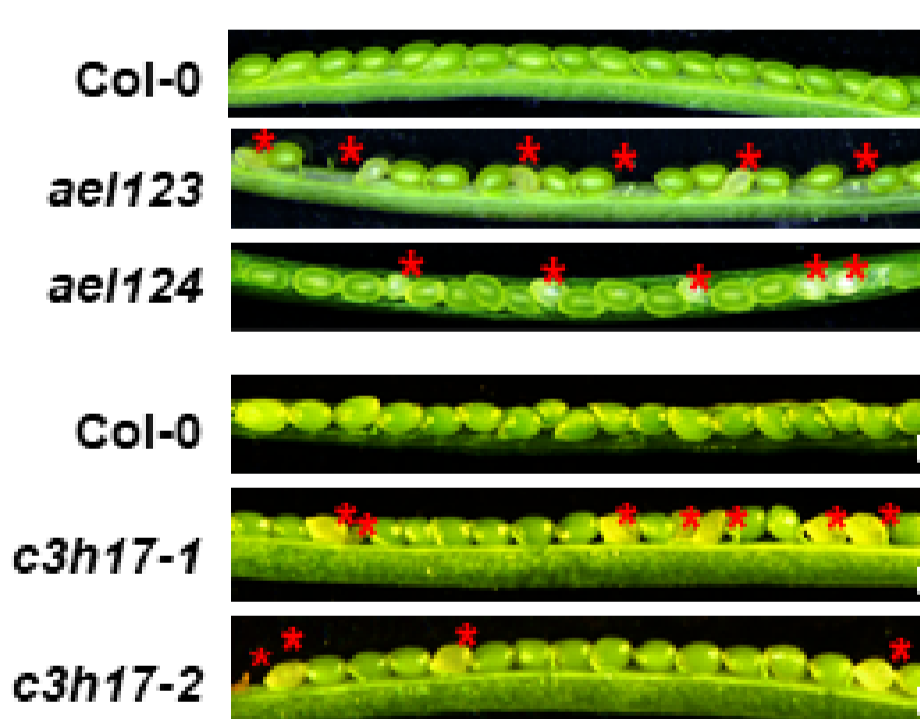
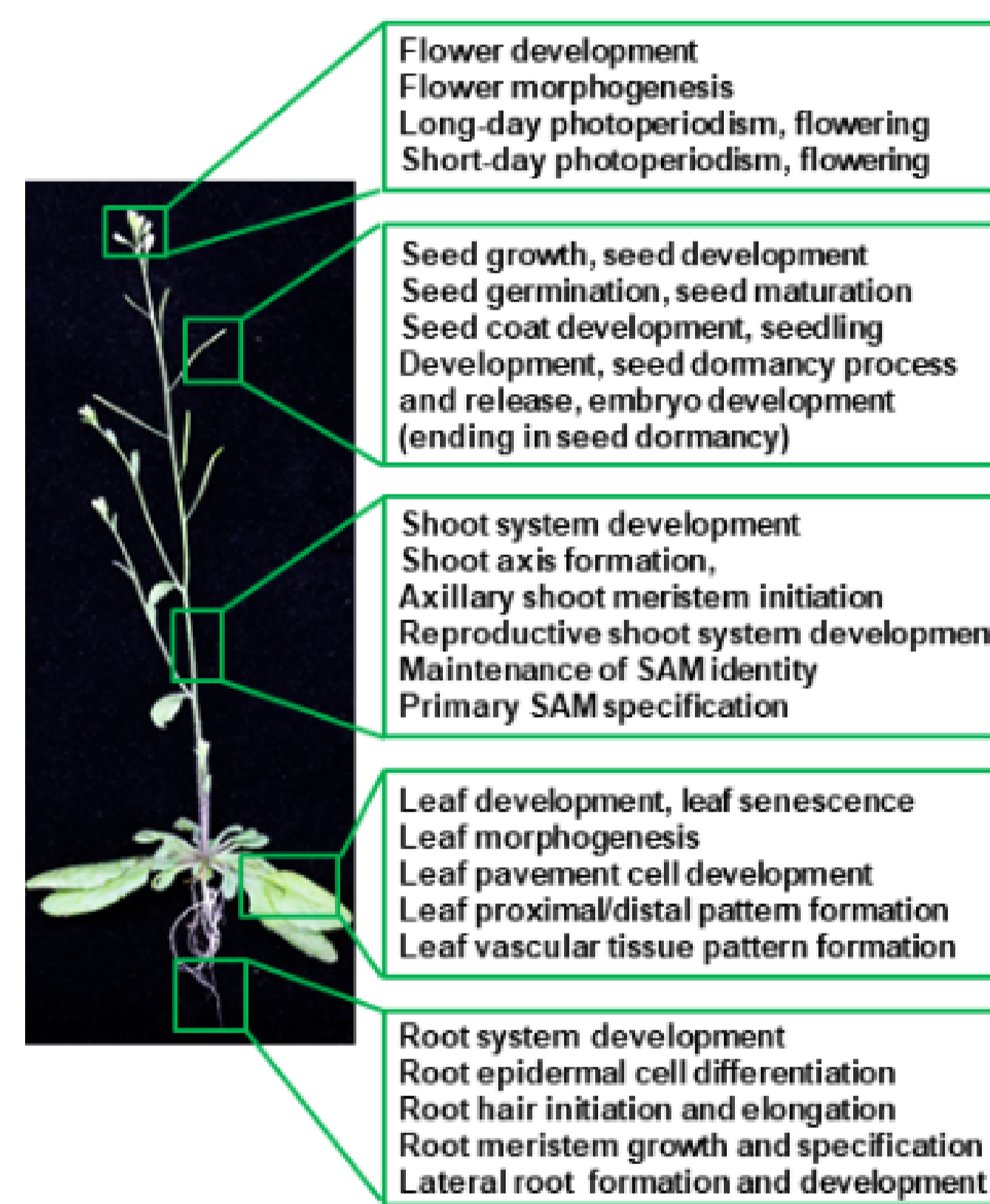
Article
Data-independent acquisition-based global phosphoproteomics reveal the diverse roles of casein kinase 1 in plant development
Li Qu, Moyang Liu, Lingli Zheng, Xu Wang, Hongwei Xue^{*}
Shanghai Collaborative Innovation Center of Agri-Genetics, Joint Center for Single Cell Biology, School of Agriculture and Biology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China

ARTICLE INFO
ABSTRACT
Casein kinase 1s (CK1s) are serine/threonine protein kinases highly conserved among eukaryotes that regulate multiple developmental and signaling events through phosphorylation of target proteins. Arabidopsis early flowering 1 (EEL)-like (AELs) are plant-specific CK1s with varied functions, but identification and validation of their substrates is a major bottleneck in elucidating their physiological roles. Here we conducted a quantitative phosphoproteomic analysis in data-independent acquisition mode

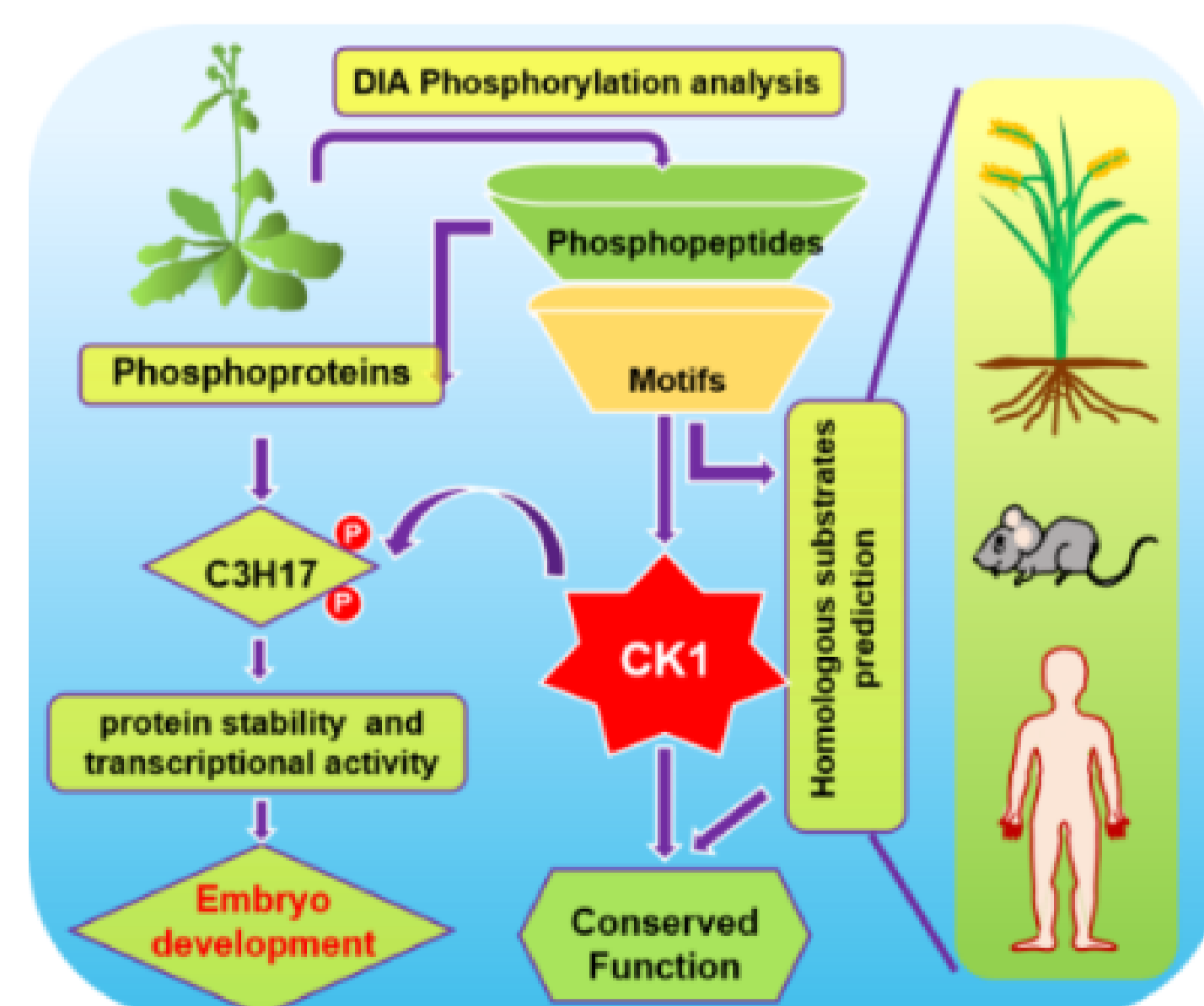
蛋白质磷酸化由蛋白激酶介导,参与了真核生物复杂信号网络。I型酪氨酸蛋白激酶(CK1)是丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶,在真核生物中结构和功能都高度保守,通过磷酸化不同底物在植物和哺乳动物细胞活动中起重要调节作用。尽管CK1的重要性逐渐显现,但其功能的系统揭示仍受限于内源底物的精准识别。高通量分析CK1介导的磷酸化事件将有助于CK1内源底物的揭示和功能阐明。

磷酸化蛋白质组学为全面揭示体内磷酸化肽段提供了便利,数据独立采集data-independent acquisition (DIA)的先进采样技术,使得对磷酸化肽段的全时段识别和采集成为可能,显著提高了质谱结果的灵敏度和准确性。薛红卫教授团队利用基于DIA的磷酸化蛋白质组学对过表达及缺失AEL(一类CK1)的拟南芥材料进行检测,比较分析获得了3985个CK1依赖的磷酸化肽段,对应获得1032个磷酸化蛋白。有意思的是,在富集到的CK1参与胚胎发育调控的底物中发现一个转座转录因子C3H17,进一步生化实验和遗传分析证明AEL通过磷酸化C3H17促进蛋白稳定性及转录活性,进而调控植物胚胎发育过程,为植物生殖发育调控研究提供了线索。

通过对磷酸化肽段中富集的CK1底物识别基序进行分析,获得了4个新的识别基序并进行了实验验证,进一步利用这些基序搜索拟南芥蛋白数据库,获得了CK1介导的磷酸化可能参与的众多未报道的生物学过程以及已知生物学过程中可能的底物或新机制。



基于CK1在真核生物中的高度保守性,利用这些基序搜索水稻、小鼠和人类的蛋白数据库,富集到2099个动植物保守的生物学过程,极大扩展了CK1的潜在底物范围和可能作用机制,为其功能研究和作用机制阐明提供了宝贵资源,也有助于揭示CK1在植物和动物重要生物学过程中的保守功能。



上海交通大学农业与生物学院博士后渠莉为论文第一作者,薛红卫教授为通讯作者,农业与生物学院刘默洋副研究员,王旭副教授及郑玲丽博士参与了工作。该研究得到了国家自然科学基金、“国家级高层次人才计划”的资助。

原文链接: <https://doi.org/10.1016/j.scib.2023.08.017>