

植物PPR蛋白调控靶标RNAs的分子机理研究取得进展

文章来源：上海药物研究所

发布时间：2013-11-07

【字号： 小 中 大 】

11月3日，国际学术期刊*Nature Structural & Molecular Biology*在线发表了中科院上海药物研究所徐华强研究组与上海植物逆境研究中心朱健康研究组合作项目——植物PPR蛋白结构与调控RNA processing分子机理研究的最新成果。这项成果是继9月18日发表在*The Journal of Biological Chemistry*上关于THA8-Like识别靶标RNAs机理研究之后的又一重大突破。

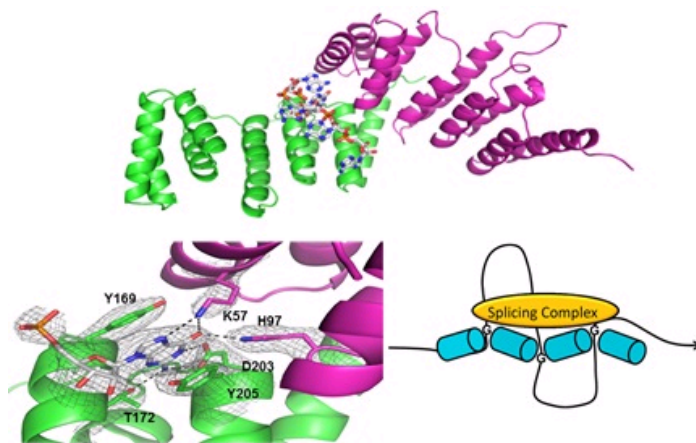
Thylakoid assembly 8 (THA8)可以介导植物叶绿体中ycf3 intron的可变剪切，进而调节叶绿体的发育和植物的生长发育。徐华强研究组与朱健康研究组合作并成功解析了Brachypodium distachyon种属的THA8蛋白结构，此外得到了两个不同靶标RNAs与THA8的蛋白复合物结构，为进一步理解PPR蛋白调控靶标RNAs的分子机理提供了更多信息。

THA8包括5个PPR结构域，没有靶标RNA结合时，THA8以单体的形式存在；当有靶标RNAs与THA8结合时，被识别的RNA片段可以诱导THA8发生二聚化或者多聚化。THA8/RNA的复合物结构显示靶标RNA存在于两个THA8单体相互作用的界面上，在两个不同的复合物结构中均出现一个保守的鸟甘酸(G)与两个毗邻的THA8单体的氨基酸残基相互作用，这些氨基酸对于PPR蛋白识别其靶标RNAs至关重要。THA8二聚体的形成也对PPR蛋白结合靶标RNAs具有重要意义，介导THA8之间相互作用的氨基酸被突变之后，靶标RNAs便不能与THA8结合。基于此项研究，研究组提出了这类PPR蛋白调控靶标RNAs splicing的分子模型，即PPR蛋白通过识别pre-mRNA上的特定核苷酸，被诱导形成多聚体，这种蛋白与RNA的复合结构可以使得单链mRNA形成多个环状结构，进而招募其他的splicing factors参与到RNAs processing中。

这项研究成果揭示了一种全新的PPR蛋白调控RNA processing的分子机理，对进一步理解PPR蛋白的功能和RNA splicing具有重要的意义。

该研究得到了中国科学院、“973”计划、国家自然科学基金委及上海市科委的支持。

[文章链接](#)



THA8识别靶标RNA机制