

## 多层次整合思路预测参与酵母囊泡转运的 coiled coil 介导的蛋白质相互作用

陈吉楠<sup>1</sup>, 张红<sup>1</sup>, Amy E. Keating<sup>2</sup>, 蒋太交<sup>1</sup>

**P1-2**

<sup>1</sup> 中国科学院生物物理研究所, 北京 100101 朝阳区大屯路 15 号  
([chenjinan@moon.ibp.ac.cn](mailto:chenjinan@moon.ibp.ac.cn), [taijiao@moon.ibp.ac.cn](mailto:taijiao@moon.ibp.ac.cn))

<sup>2</sup> MIT Department of Biology, 77 Massachusetts Avenue, Cambridge, MA 02139  
([keating@mit.edu](mailto:keating@mit.edu))

我们提出一个多层次数据整合的计算策略, 以从大量的蛋白对中有效地识别 coiled coil 介导的蛋白相互作用。首先, 我们针对感兴趣的 coiled coil 蛋白组, 即芽殖酵母 VT 过程中的 coiled coil 蛋白, 构建全面的、高覆盖性的蛋白网络, 从而剔除大量的不可能由 coiled coil 介导的蛋白相互作用。然后, 通过综合已经发展的 coiled coil 相互作用预测程序 BZIP\_SCORE、含有 coiled coil 的 domain-domain 的相互作用、结构数据库中 coiled coil 相互作用的本源性转移、coiled coil 占蛋白全长比例等计算手段, 进一步筛选更可能由 coiled coil 介导的蛋白相互作用。

我们将这个计算策略应用在发现酵母囊泡转运中 coiled coil 介导的蛋白质相互作用, 并通过酵母双杂交实验确认 coiled coil 介导的蛋白相互作用, 最终检测到 58 对 coiled coil 介导的蛋白质相互作用, 包括新发现的蛋白相互作用 21 对, 已经报道的蛋白相互作用 37 对。其中, bZIP\_SCORE 不仅预测的精度是相对最高的, 并且包含了大部分计算识别的 coiled coil 介导的蛋白质相互作用。同时, 我们还检测了 565 对被计算工作过滤掉的蛋白质相互作用对涉及的 1025 对 coiled coil 相互作用。结果显示, 计算方法有效地识别了 94% 的 coiled coil 相互作用。

**关键词:** 囊泡转运, Coiled coils, 酵母双杂交, 计算预测, 蛋白质相互作用

**致谢:** 非常感谢蒋太交研究员和 Amy E. Keating 教授, 以及实验室其他成员对该项工作的建议和意见, 感谢王永强, 彭琳, 董晓曦和陆毅的实验工作。该工作由蒋太交研究员的中国科学院百人计划, 国家自然科学基金委员会 (30570428) 和 973 计划 (2009CB918503, 2006CB911002) 支持。

## 油菜籽发泡性蛋白质研究

成兰英\*, 王梅

**P1-3**

西南科技大学, 生物质化学衍生生物四川省高校重点实验室, 四川省绵阳市 621010  
([wangjz01@sina.com](mailto:wangjz01@sina.com))

我们采用优化的工艺条件从脱脂油菜籽中分离获得发泡性蛋白质。结合吸收光谱和荧光光谱方法研究了热处理、pH、盐酸胍等变性手段对蛋白质性质 (发泡力、泡沫稳定性、乳化能力、乳液稳定性等) 的影响。当温度 65°C, 溶液 pH 11 时, 对蛋白质的发泡力和泡沫稳定性有明显的提高, 同时乳化能力和乳液稳定性也比较好。当加入盐酸