

16-014

芯片表面蛋白质分子相互作用动态模型

郝文欣, 罗子人, 康腾飞, 靳刚

微重力实验室, 中国科学院力学研究所, 北京, 中国

E-mail: haowenxin@imech.ac.cn

蛋白质通过彼此之间的相互作用来共同完成生物体的生理生化功能。因此, 研究蛋白质的相互作用是理解生命活动的基础, 对蛋白质相互作用动力学的研究有助于系统地认识蛋白质结构与功能的关系。目前, 描述蛋白质分子相互作用的模型均采用简化后的蛋白质分子吸附模型。蛋白质分子相互作用表面并无特异性的结合位点, 动力学模型需要与实验结合, 通过近似得到动力学参数, 而无法实现对反应动力学过程的预测。本研究提出一种能够描述和预测蛋白质分子间的特异性相互作用的动力学模型, 它的建立基于全内反射椭偏成像生物传感器, 并以抗原抗体相互作用的动态过程为例, 对该模型进行初始和边界条件确定, 并尝试了实验验证。理论模拟与实验结果的拟合表明二者具有很好的一致性, 差别仅限于 10% 以内, 预计该差别既包含误差, 也可能有非特异信号成份。