

· 综 述 ·

驱动蛋白的颈链结构与功能关系

潘 章¹, 陈 静¹, 耿轶钊², 张 辉³, 纪 青^{3*}

(1. 唐山学院 基础部, 中国河北 唐山 063000; 2. 北京师范大学 核科学与技术学院, 中国北京 100875;
3. 河北工业大学 理学院, 中国天津 300401)

摘 要: 驱动蛋白的颈链是驱动蛋白力产生的关键元件。颈链与驱动蛋白马达结构域的对接过程为驱动蛋白沿着微管的向前运动提供了驱动力。驱动蛋白的颈链由 14~18 个氨基酸组成, 它连接着马达结构域和由缠绕螺旋组成的茎部。颈链与驱动蛋白马达结构域的对接过程是通过多种弱键相互作用实现的, 这些弱键相互作用多数都直接或间接与水分子有关。颈链及其相关区域的极为巧妙的氨基酸结构使得这些弱键能够在细胞环境下有效地发挥作用。对颈链的结构与功能关系的认识大大提高了我们对驱动蛋白运动机制的理解。

关键词: 驱动蛋白; 颈链; 弱键作用

中图分类号: Q6

文献标识码: A

文章编号: 1007-7847(2014)03-0255-05

Structure-Function Relationship of Kinesin's Neck Linker

PAN Zhang¹, CHEN Jing¹, GENG Yi-zhao², ZHANG Hui³, JI Qing^{3*}

(1. Department of Basic Courses, Tangshan College, Tangshan 063000, Hebei, China; 2. College of Nuclear Science and Technology, Beijing Normal University, Beijing 100875, China; 3. School of Science, Hebei University of Technology, Tianjin 300401, China)

Abstract: Kinesin's neck linker is one of the most important mechanical elements for its force-generating mechanism. The docking process of neck linker to the motor domain provides the driving force for the forward motion of kinesin along microtubule. Neck linker is a region of roughly 14~18 amino acids that links the motor domain and coiled-coil stalk. The docking process of neck linker to the motor domain is achieved via various non-bonding interactions, most of which have direct or indirect relations with water. The highly exquisite amino acid structures of neck linker and its related regions make those non-bonding interactions play their roles in cytoplasmic environment effectively. The knowledge of the structure-function relationship of kinesin's neck linker largely deepens the understanding of kinesin mechanism.

Keywords: kinesin; neck linker; non-bonding interaction

(*Life Science Research*, 2014, 18(3): 255-259)

1 驱动蛋白

基于微管运动的驱动蛋白超家族参与细胞内的物质运输、有丝分裂和减数分裂、控制微管的动态特征和信号转导, 并与许多神经类疾病相关, 有着重要的医学研究价值^[1-3]。驱动蛋白通常被分成 14 个不同的家族, 分别执行着不同的胞内活动功

能^[4]。一般来说不同的驱动蛋白家族成员有高度保守的马达结构域, 但是有不同的颈链和尾部结构域, 使其各自具有独特的货物约束力、不同的移动速度、不同的运动方向和移动距离等。驱动蛋白可以单体存在, 也可以二聚体、四聚体存在, 并且根据马达结构域的位置不同可以分为 N-端驱动蛋白、C-端驱动蛋白或中间位置驱动蛋白^[1-7]。本文着

收稿日期: 2013-11-19; 修回日期: 2014-01-07

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(90403007; 10975044); 唐山市科技局项目(1313021116); 唐山学院自然科学基金项目(13005B)

作者简介: 潘章(1980-), 男, 河北秦皇岛人, 硕士研究生, 主要从事驱动蛋白及液态水的分子动力学研究; * 通讯作者: 纪青(1958-), 男, 吉林长春人, 河北工业大学教授, 博士, 主要从事生物物理、液态水体系及液晶物理研究, Tel: 022-60435643, E-mail: jiqingch@hebut.edu.cn。

眼于N-端驱动蛋白介绍与其颈链相关的当前研究进展。N-端驱动蛋白包括驱动蛋白家族中的Kinesin-1、Kinesin-2、Kinesin-3、Kinesin-5和Kinesin-7^[2-4,8]。其中Kinesin-1是人们发现最早的驱动蛋白,也是人们研究最多的驱动蛋白^[9,10],驱动蛋白在细胞内行走需要两个头部密切配合,相互协调,这为分子生物力学研究提供了一个很好的模型。

2 颈链的结构

颈链(neck linker)在驱动蛋白运动过程中起着至关重要的作用,它是研究驱动蛋白力产生机制的关键元件(见图1A)。不同驱动蛋白家族的颈链结构有所不同,大约由14~18个氨基酸组成,连接着 $\alpha 6$ 和 $\alpha 7$,其中 $\alpha 6$ 是马达结构域的最后一个 α 螺旋, $\alpha 7$ 是缠绕螺旋的第一个 α 螺旋。Hariharan^[11]等通过晶体结构序列分析和二级结构的预测分析两种方法对Kinesin-1、Kinesin-2、Ki-

nesin-3、Kinesin-5和Kinesin-7五家族中颈链的氨基酸组成进行了分析。通过比较上述5个家族中驱动蛋白的晶体结构确定,以 $\alpha 6$ C-端的赖氨酸为颈链的起点,Kinesin-1的颈链由14个氨基酸组成,Kinesin-2和Kinesin-3家族的颈链由17个氨基酸组成,Kinesin-5和Kinesin-7家族的颈链由18个氨基酸组成,见表1。尽管许多驱动蛋白家族的晶体结构已经被解析出来,但是文献中对于颈链的起点和终点却没有一致的观点,也就是说哪里作为 $\alpha 6$ 的终点,哪里又是 $\alpha 7$ 的起点在文献中没有得到统一。上述颈链的起始位置仅是一种观点或参考。研究表明驱动蛋白颈链区域与马达N端的 $\beta 0$ 发生相互作用,使驱动蛋白颈链部分与 $\beta 0$ 形成有序的 β 折叠片构象,帮助颈链向马达头部对接^[12]。值得一提的是,研究发现颈链较长的家族,运动性反而较差,这虽然不是绝对的规律,但驱动蛋白家族在一定程度上有这方面的倾向^[11]。

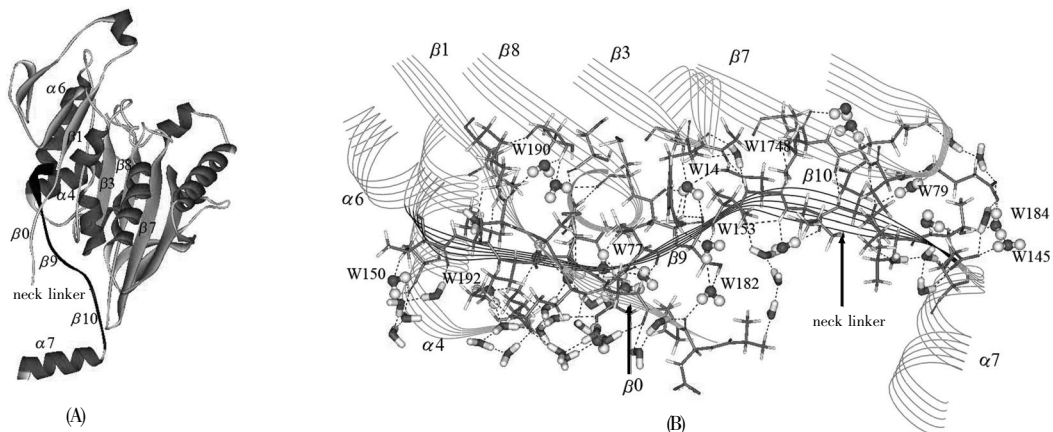


图1 驱动蛋白功能区域及颈链处于对接状态时的结构图

(A)驱动蛋白的头部结构(PDB:2KIN^[13])。驱动蛋白颈链结构以黑色表示,它连接着 $\alpha 6$ 和 $\alpha 7$,其中的 $\alpha 6$ 是马达结构域的最后一个 α 螺旋, $\alpha 7$ 是缠绕螺旋的第一个 α 螺旋;(B)颈链对接状态下的拉链区域。图中颈链以黑线表示,对接链机制有贡献的氨基酸以棍状模式表示,结合水以球棍模式显示,外围水分子以棍状模式显示,黑色虚线表示氢键。

Fig.1 The structure of the motor domain and the conformation of the neck linker in the docked state

(A)Structure of kinesin head (PDB: 2KIN^[13]).The neck linker domain is shown in black, which links $\alpha 6$, the last alpha helix in the core motor domain, to $\alpha 7$, the first alpha helix of the coiled-coil dimerization domain;(B)Neck-zipper region of kinesin with a docked neck linker. Neck linker is shown by black line ribbon and all the constructive residues of neck-zipper are shown by thin sticks explicitly. Bound water is shown by big balls and thick sticks and surrounding water is shown by thick sticks. Black dotted lines stand for hydrogen bonds.

表1 颈链的长度及氨基酸序列

Table 1 Lengths and sequences of neck linkers

Kinesin family	Length	Characteristic sequences of amino acids
Kinesin 1	14	$\alpha 6 \rightarrow$ K T I K N V S V N L E L T $\rightarrow \alpha 7$
Kinesin 2	17	$\alpha 6 \rightarrow$ K N I K N K P R V N E D P K D A L $\rightarrow \alpha 7$
Kinesin 3	17	$\alpha 6 \rightarrow$ K Q I _ C N A V I N E D P N A K L $\rightarrow \alpha 7$
Kinesin 5	18	$\alpha 6 \rightarrow$ K N I _ N K P _ V N Q K L _ K K _ L $\rightarrow \alpha 7$
Kinesin 7	18	$\alpha 6 \rightarrow$ K _ _ _ N _ P _ V N E _ _ T D _ A L $\rightarrow \alpha 7$

注:颈链长度以氨基酸个数表示。

Notes: The lengths of the neck linker expressed as the number of the amino acid.

3 颈链的功能

驱动蛋白的功能主要有两个方面。首先驱动蛋白能够抵抗一定的阻力沿微管向前行走,行走时处在前面的头部需要产生足够的力使后面的头部从微管蛋白上分离,同时拖动负载向前运动。这个过程中驱动蛋白的颈链与马达结构域的对接是驱动蛋白力产生机制的关键所在。这一过程已经被很多学者所关注,Rice 等^[14]在 1999 年提出,驱动蛋白上连结马达结构域和马达茎区的颈链在马达沿微管向前的运动上起重要的作用。Case 等^[15]在 2000 年提出,对驱动蛋白颈链做突变,会导致马达行动能力的丧失,并且马达头部与微管结合和与 ATP 结合的能力都受到影响。Sindelar 等^[16]在 2002 年的研究成果显示,在马达头部结合了 ATP 的状态下颈链像“拉链”一样与马达头部对接的过程是使驱动蛋白前进的力产生的步骤。2008 年 Karplus 小组^[17]对驱动蛋白的颈链对接过程进行的分子动力学模拟揭示出,马达头部 N-端的 $\beta 0$ 对颈链对接的过程是非常重要的。驱动蛋白颈链对接过程的拉链区域主要包括 $\beta 0$ 、 $\beta 3$ 、L10、 $\alpha 4$ 、L13、 $\alpha 6$ 、 $\beta 9$ 和 $\beta 10$ 。按照 2KIN 的氨基酸编号,主要涉及到的氨基酸序列为, $\beta 0$ 上 Asp3 到 Ile9, $\beta 3$ 上 Gly77 到 Asn79,L10 上 Glu221 到 Ser225, $\alpha 4$ 上 Ile266 到 Ala270,L13 上 Ser291 到 Arg297 和

颈链上面的 Lys325 到 Thr338^[18]。其次,驱动蛋白可以在微管上连续行走上百步,学者认为驱动蛋白只有采用门控机制才能保证驱动蛋白在高效运动过程中不出现偏差。2011 年,Clancy 等对驱动蛋白的门控机制进行了详细的讨论。他们通过对颈链部分氨基酸进行突变,并应用单分子光学捕捉以及荧光技术对驱动蛋白进行观测,发现驱动蛋白颈链的结构及取向对它的门控机制有着重要的调节作用^[19]。

3.1 与颈链相关的弱键相互作用

颈链与马达结构域的对接使驱动蛋白产生了前进的动力,其过程是通过颈链氨基酸和马达头部氨基酸间弱相互作用的相互配合实现的。在颈链拉链的对接过程中起作用的主要有氢键、盐键和疏水相互作用。

3.1.1 氢键

氢键是典型的弱键,在蛋白质的形成和功能方面起着重要的作用。通常氢键具有 X-H \cdots A 的形式,其中虚线代表氢键,实线代表化学键。X 和 A 是两个电负性较高的原子(如氮原子和氧原子),X 与 H 之间已经产生了化学键。氢键的键能通常比热运动的能量高一个量级,比化学键低一个量级,典型的氢键键能大多在 20~40 kJ/mol 之间,键长在 1.2 埃和 3.2 埃之间,键角大于 90°^[20],见表 2。

表 2 氢键的特征

Table 2 The characteristic of the hydrogen bond

	Strong hydrogen bond	Moderate hydrogen bond	Weak hydrogen bond
Interaction type	Strongly covalent	Mostly electrostatic	Electrostatic
Bond angles/(°)	175~180	130~180	90~150
Bond energy/(kJ·mol ⁻¹)	>50	15~50	<15
Examples	F-H \cdots F	O-H \cdots O	N-H \cdots O

3.1.2 疏水相互作用

疏水相互作用主要和系统熵的变化有关系。当两个疏水基团之间的距离小于一定程度时,由于结合的水分子的脱离引起熵的增加,由熵增加得到的自由能降低促使两个疏水基团之间的距离变得更近。发生疏水相互作用时,两个疏水基团之间的距离约为 3.6 埃到 7.8 埃之间^[21]。

3.1.3 盐键

盐键又称盐桥或离子键,是蛋白质分子中带有正、负电荷的侧链基团互相接近,通过静电吸引而形成的,如羧基和氨基、胍基、咪唑基等基团之间的作用力。盐键的吸引力与电荷电量的乘积

成正比,与荷电集团间的距离平方成反比。在溶液中此吸引力随周围介质的介电常数增大而降低。盐键的形成不仅是静电吸引而且也是熵增加的过程。升高温度时盐桥的稳定性增加,盐键因加入非极性溶剂而加强,加入盐类而减弱。在水环境下,通常两个带相反电荷的集团之间的距离小于 18 埃^[22]为盐键的有效作用距离。

这几种弱相互作用中,氢键的力程非常短(一般小于 3.2 埃),疏水相互作用的力程适中(大约为 7 埃),而带电氨基酸之间的库仑相互作用是一个长程相互作用(大约为 18 埃)。驱动蛋白正是通过氨基酸的特定排列而有效利用了弱键相互作用

的这些性质。特别应该指出的是,在颈链的区域,疏水相互作用和氢键相互作用相互增强。当一个氢键暴露在水环境中时,由于受到水分子的攻击,氢键并不稳定,不会持续很长的时间。但是,在氢键周围疏水区域的形成,可以保护蛋白质内部的氢键,使其强度和寿命都得到增加。同时,氢键能使两个疏水基团之间的距离更近,也增强了疏水基团之间的疏水相互作用。

3.2 驱动蛋白颈链对接机制分析

在驱动蛋白的周期性运动中,颈链对整个驱动蛋白的运动有着极为重要的影响。了解颈链部分与马达头部的对接过程是揭开驱动蛋白运动机制的关键之处。颈链可以分为三个部分,第一部分是颈链的前3个氨基酸(Lys325、Thr326和Ile327),第二部分是 $\beta 9$,第三部分是 $\beta 10$ 。颈链与马达头部对接过程正是按照上述三个部分依次对接完成的。对接的第一步是颈链的前3个氨基酸在 $\alpha 6$ 的末端形成半螺旋结构,这启动了整个的对接过程。半螺旋结构的形成过程中,由Ile327与马达头部疏水氨基酸形成的疏水力起到了重要作用;对接的第二步是 $\beta 9$ 的对接。Hwang等^[12]通过分子动力学模拟和实验的方法研究了颈链与马达头部的相互作用,发现马达头部N端的 $\beta 0$ 与颈链部分的 $\beta 9$ 会形成“cover-neck bundle”(CNB)结构。由于CNB结构本身的弯曲作用,带动着 $\beta 9$ 实现了向马达头部的对接。类似的结构在Kinesin-5家族成员Eg5中也可以观察到^[23];第三步是 $\beta 10$ 的对接,对接过程中 $\beta 10$ 上Asn334氨基酸起着重要的作用。Hwang等的工作中将Asn334氨基酸的作用比作“ASN latch”,它的主要作用是和马达头部的Gly77氨基酸形成骨架氢键。这个骨架氢键的作用很强,在Hwang等的模拟中用了大于400 pN的力才在1 ns之内把这个氢键打开。 $\beta 10$ 上的Glu336氨基酸与马达头部的Lys223氨基酸之间也形成了氢键和盐键,但是,与“ASN latch”相比这两个氨基酸之间的相互作用却很容易被破坏。为什么“ASN latch”会产生如此强的相互作用仍需要进一步的分析。

3.3 水分子在驱动蛋白对接过程中的作用分析

颈链的对接过程是在复杂的环境下自动进行的机械过程。对接过程中所有涉及到的氢键、盐键和疏水相互作用以非常精巧的方式相互配合,来完成颈链与马达头部的对接。在对接过程中水分子起着非常重要的作用。为了研究水分子在拉链

区域的作用,我们以驱动蛋白2KIN的晶体结构为基础建立了分子动力学模型^[24]。通过InsightII进行结构优化,分子力场为AMBER力场,结构优化的结果中与颈链的拉链区有关的部分结构如图1B所示。图中以棍状模式显示了颈链区域所有的氨基酸,水分子以球棍模式显示,黑色虚线表示氢键。图1B中显示的水分子均与氨基酸直接或间接形成了氢键,颈链以黑线表示,它包括了前3个氨基酸形成的半螺旋 $\beta 9$ 和 $\beta 10$ 。模拟结果表明拉链区域除了包括颈链外,还包括马达头部的 $\beta 0$ 以及 $\beta 7$ 、 $\beta 3$ 、 $\beta 8$ 和 $\beta 4$ 的部分氨基酸。颈链区域与马达头部共形成9个骨架氢键,这些氢键在颈链对接过程中起着关键作用。氢键的形成需要氢键受体和氢键供体的距离满足一定的距离要求(一般小于3.2埃),但颈链氨基酸与马达头部的一些氨基酸的距离并没有满足这一点,水分子对它们间的氢键形成起到了很大的作用。从图1B中可以看出,水分子与颈链区域的氨基酸直接或间接形成了许多氢键,在拉链区域大约有20个束缚水分子,我们把这20个水分子分成3组进行分析。

第1组包含4个水分子(W14、W77、W79、W190),这些水分子直接与骨架原子形成氢键,而且这些氢键像骨架氢键一样重要,它们的形成对颈链与马达头部的对接以及免受外围水分子的攻击方面起着重要的作用。这组中最特殊的一个水分子是W14,它与蛋白骨架上的两个原子形成两个氢键,同时与其他侧链分子形成两个氢键。W14正好处于颈链的 $\beta 9$ 和 $\beta 10$ 之间,当颈链的前一部分与马达对接完成后,水分子与颈链上的氨基酸形成氢键,帮助颈链的其他部分达到正确的位点,完成后面的颈链与头部的对接过程;第2组包含着水分子(W150、W153、W182、W192),这些水分子与拉链区域两侧的氨基酸形成氢键。其中W153与W14一样,是这组水分子中最重要水分子,它与颈链上的VAL333以及 $\beta 3$ 上的TYR78形成氢键。氢键的形成拉近了拉链区域两端的距离,促使了骨架氢键的形成。需要说明的是,由于这组氢键暴露在外围水分子中,所以这组氢键没有第一组水分子形成的氢键稳定;第3组包括除了第1组和第2组之外的其他水分子,这些水分子与颈链间接形成氢键,通过这种方式有助于调整在拉链区域氨基酸残基的位置和方向,使它们能够更有效地形成氢键或产生其它相互作用。这一组中最典型的是最右侧的两个结合水(W145、

W184),这两个水分子间形成了氢键,并与颈链上的氨基酸也形成了氢键。

众所周知蛋白质与其周围的水分子可以形成水合层,图1B中我们只描绘了与颈链上氨基酸形成氢键的周围水分子以及束缚水。在水合层的水分子对颈链的结构和动力学行为产生着重要的影响。首先,它们可以和束缚水一样与颈链氨基酸直接形成氢键。在图1B中周围的水分子W1748虽然不是稳定的束缚水,但它与两个残基(Asn79、Asn334)形成3个氢键。这对于颈链的对接有着很大的促进作用;其次,疏水相互作用可以使体系的自由能进一步降低,疏水氨基酸在水环境中的疏水相互作用在对接过程中十分重要。颈链部分Ile327、Val331、Val333以及Leu335产生的疏水相互作用以及形成的疏水空间区域有效地促进了氢键的形成,同时使蛋白质内部的氢键免受水分子攻击。疏水相互作用在蛋白质运动过程中可能发挥的作用比我们想象的更重要,值得我们进一步深入研究。

4 小结

驱动蛋白分子组成了一个精巧的纳米机械,颈链对接过程是驱动蛋白运动过程中重要的一步。颈链的对接过程是许多分子内和分子间弱相互作用的结果,这些相互作用多数都直接或间接地与水有关。特别是疏水作用与氢键作用的特殊配合达到了特殊的力学效果。我们通过驱动蛋白颈链的结构-功能关系得到的认识对于深入理解驱动蛋白的运动机理有着重要的作用。

参考文献(References):

- [1] VALE R D, MILLIGAN R A. The way things move: looking under the hood of molecular motor proteins[J]. *Science*, 2000, 288(5463): 88-95.
- [2] VALE R D. The molecular motor toolbox for intracellular transport[J]. *Cell*, 2003, 112(4): 467-480.
- [3] LAWRENCE C J, DAWE R K, CHRISTIE K R, *et al.* A standardized kinesin nomenclature[J]. *The Journal of Cell Biology*, 2004, 167(1): 19-22.
- [4] HIROKAWA N, NODA Y, TANAKA Y, *et al.* Kinesin superfamily motor proteins and intracellular transport[J]. *Nature Reviews: Molecular Cell Biology*, 2009, 10(10): 682-696.
- [5] MIKI H, SETOU M, KANESHIRO K, *et al.* All kinesin superfamily protein, KIF, genes in mouse and human[J]. *Proceedings of the National Academy Sciences*, 2001, 98 (13):7004-7011.
- [6] 潘章,陈静,耿轶钊,等. 驱动蛋白的研究进展[J]. *生命科学*研究(PAN Zhang, CHEN Jing, GENG Yi-zhao, *et al.* Research progress of Kinesin superfamily[J]. *Life Science Research*), 2012, 16(4): 350-356.
- [7] 刘书霞,耿轶钊,张辉,等. 驱动蛋白的结构与功能[J]. *生命科学研究* (LIU Shu-xia, GENG Yi-zhao, ZHANG Hui *et al.* The structure and function of Kinesin[J]. *Life Science Research*), 2013,17(6):533-537.
- [8] SACK S, KULL F J, MANDELKOW E. Motor proteins of the kinesin family[J]. *European Journal of Biochemistry*, 1999, 262 (1):1-11.
- [9] LASEK R J, BRADY S T. Attachment of transported vesicles to microtubules in axoplasm is facilitated by AMP-PNP[J]. *Nature*, 1985, 316(6029): 645-647.
- [10] VALE R D, REESE T S, SHEET M P. Identification of a novel force-generating protein, Kinesin, involved in microtubule-based motility[J]. *Cell*, 1985, 42(1): 39-50.
- [11] HARIHARAN V, HANCOCK W O. Insights into the mechanical properties of the kinesin neck linker domain from sequence analysis and molecular dynamics simulations[J]. *Cellular and Molecular Bioengineering*, 2009, 2(2): 177-189.
- [12] HWANG W, LANG M J, KARPLUS M. Force generation in kinesin hinges on cover-neck bundle formation[J]. *Structure*, 2008, 16(1), 62-71.
- [13] SACK S, MULLER J, MARX A, *et al.* X-ray structure of motor and neck domains from rat brain kinesin[J]. *Biochemistry*, 1997, 36(51): 16155-16165.
- [14] RICE S, LIN A W, SAFER D, *et al.* A structural change in the kinesin motor protein that drives motility[J]. *Nature*, 1999, 402 (6763): 778-784.
- [15] CASE R B, RICE S, HART C L, *et al.* Role of the kinesin neck linker and catalytic core in microtubule-based motility[J]. *Current Biology*, 2000, 10(3): 157-160.
- [16] SINDELAR C V, BUDNY M J, RICE S, *et al.* Two conformations in the human kinesin power stroke defined by x-ray crystallography and EPR spectroscopy[J]. *Nature Structure Biology*, 2002, 9(11): 844-848.
- [17] KHALIL A S, APPELYARD D C, LABNO A K, *et al.* Kinesin's cover-neck bundle folds forward to generate force[J]. *Proceedings of the National Academy Sciences*, 2008, 105(49): 19247-19252.
- [18] 耿轶钊. 驱动蛋白颈链对接过程的模拟研究[D]. 天津:河北工业大学 (GENG Yi-zhao. The Simulation Research of Kinesin Neck-Linker's Docking Process[D]. Tianjin:Hebei University of Technology), 2010.
- [19] CLANCY B E, BEHNKE-PARKS W M, ANDREASSON J O L, *et al.* A universal pathway for kinesin stepping[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 2011, 18(9): 1020-1028.
- [20] KUMAR R, SCHNIDT J R, SKINNER J L. Hydrogen bonding definitions and dynamics in liquid water[J]. *The Journal of Chemical Physics*, 2007, 126(20): 204107.
- [21] LI J L, CAR R, TANG C, *et al.* Hydrophobic interaction and hydrogen-bond network for a methane pair in liquid water[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2007, 104 (8): 2626-2630.
- [22] MICHAEL P. Long-range interactions & parallel scalability in molecular simulations[J]. *Elsevier Science* ,2006, 176(1):14-22.
- [23] RICE S E. Kinesin-5 seems to step to its own unique tune, but really it's a cover[J]. *Biophysical journal*, 2013, 104(9): 1846-1848.
- [24] HUANG Yan-bin, PAN Zhang, ZHANG Hui, *et al.* Water in the neck-zipper region of kiensin[J]. *Chinese Physics Letter*, 2009, 26(7): 078701.