
南海海洋所等发现新型毒素抗毒素系统

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11376.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

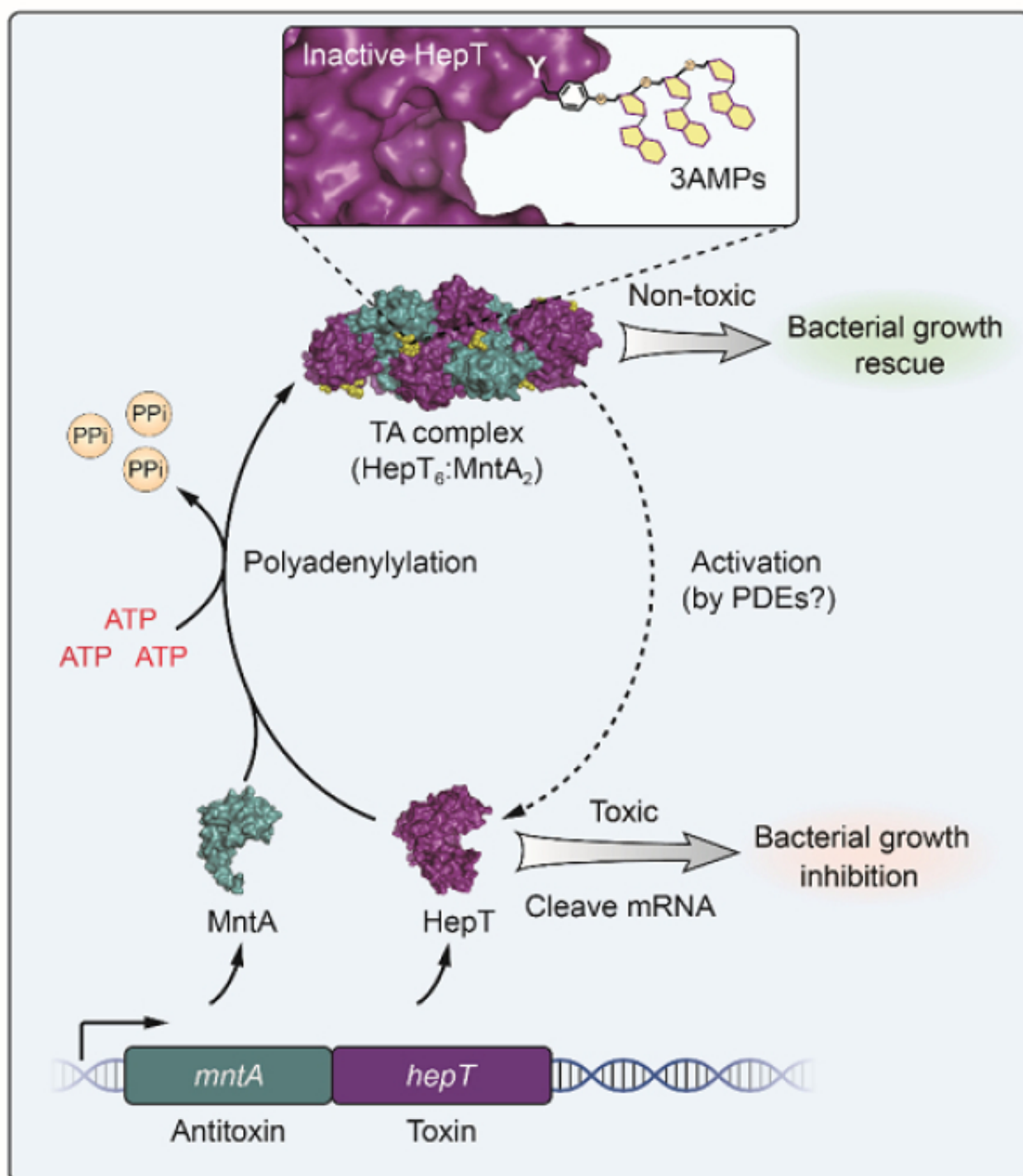
近期，中国科学院南海海洋研究所热带海洋生物资源与生态重点实验室研究员王晓雪团队与福建师范大学教授欧阳松应团队合作，发现广泛分布在细菌和古菌中的一大类毒素/抗毒素（TA）系统的新作用机制，并建议命名为“VII型TA”。

TA系统广泛分布于原核生物基因组中，目前公认的TA系统有六大类型。2015年，王晓雪团队博士姚建云等在海洋细菌中发现分别含有HEPN和MNT结构域的两个相邻基因组成一对TA系统，并发现其中的毒素HepT具有RNase活性，底物为mRNA，毒素与抗毒素以6:2的特殊比例组成了异源八聚体。

近期研究发现，该对TA系统中的抗毒素以一种全新的方式拮抗毒素的毒性，拮抗方式基于抗毒素对毒素的多腺苷酸化修饰（Polyadenylation），该种作用方式与目前已报道的六种类型均不相同。结合遗传、生化以及结构解析等发现，MntA抗毒素具有核酸转移酶活性，利用ATP作为底物，将三个AMP逐个转移到毒素蛋白的RNase活性位点附近的酪氨酸（Y）上。这种修饰作用有效抑制了毒素的毒性。抗毒素MntA是核酸转移酶家族中最小的成员，也是目前所知的第一个能够催化转移多个AMP分子到蛋白的同一个氨基酸残基的新型核酸转移酶。研究还发现，抗毒素的活性结构域GSX10DXD和毒素被修改的关键位点Y所在结构域RX4HXY在TA家族中高度保守，表明这种修饰方式在细菌和古菌中普遍存在。

相关成果发表在《核酸研究》上，姚建云、欧阳松应课题组博士甄向凯为共同第一作者，王晓雪、欧阳松应为共同通讯作者。研究得到博士后创新人才支持计划、国家杰出青年科学基金、水圈微生物重大研究计划重点项目、国家重点研发计划等资助。

[论文链接](#)



HepT/MntA 毒素-抗毒素系统发挥功能的作用机制

研究团队单位：南海海洋研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发