
我国科学家发现VII型毒素抗毒素系统

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11412.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！

我国科学家发现VII型毒素抗毒素系统。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。相关研究10月12日在线发表于《核酸研究》。

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。王晓雪等在2012年首次发现并命名了V型TA系统，其中的抗毒素是一个RNA水解酶，通过特异性降解毒素mRNA来抑制毒素的毒性；2015年，王晓雪团队成员姚建云等人在发现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。2018年研究小组对TA复合物的结构分析发现，毒素与抗毒素以6：2的特殊比例组成了异源八聚体。

最新的研究发现这一对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，该种作用方式与目前已报道的6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3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。这种修饰作用有效的抑制了毒素的毒性。研究发现抗毒素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。分析还发现，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。（来源：中国科学报 朱汉斌 诸晗宁）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/nar/gkaa855>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：王晓雪等 来源：《核酸研究》

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

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