

---

# 细菌趋化系统与鞭毛的共进化机制研究获进展

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21237.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！**

细菌趋化系统与鞭毛的共进化机制研究获进展。近日，中国科学院南海海洋研究所研究员高贝乐团队在细菌趋化系统与鞭毛的共进化机制研究中取得新进展。相关成果在线发表于《公共科学图书馆：遗传学》(PLOS Genetics)。

大分子复合体的进化是一个基本的生物学问题，关系到生命的起源，也指导着合成生物学的理性设计。在单细胞微生物的所有大分子机器中，趋化系统是可以透过电子显微镜直接观察到的高度组织化的超结构之一。几乎所有的运动细菌和古菌都利用趋化系统来指导菌体运动或调节其它生理过程如细胞分裂、生命周期和毒性等。该系统在不同物种中的组成和阵列结构方面表现出巨大的多样性和复杂性。

目前已有大规模的比较基因组学研究根据趋化基因排布和趋化蛋白的组成，将细菌域的趋化系统分为19个F类别。趋化系统的重要信号输出端之一是另一个具有高度组织化的超分子结构——鞭毛马达，鞭毛马达的转动能驱动鞭毛丝甩动，从而改变菌体的运动模式。细菌鞭毛由几十种蛋白构成，不同物种的鞭毛组分同样具有高度多样性和复杂性。趋化系统和鞭毛的进化是重要的生物学问题，其多样性背后的进化机制目前仍不清晰。

高贝乐团队近期研究表明，在弯曲菌门(Campylobacterota)生态-进化框架下，F3趋化类别垂直遗传自该门的祖先，而其它趋化类别如F7、F8和F9则是在谱系生态位扩张期间透过水平基因转移获得，随后在宿主相关谱系中丢失。弯曲菌门的两个重要病原菌幽门螺杆菌和空肠弯曲菌只含有一个F3趋化类别，已有大量研究证实这套趋化系统控制着鞭毛运动。

为此，团队透过追踪弯曲菌门趋化系统和鞭毛的进化过程，进一步探讨了这两个大分子蛋白复合体的多样性是如何进化的。研究结果表明，弯曲菌门中大量鞭毛基因的变化导致了趋化类别的替换或融合。其中，Nitratiruptor属透过水平基因转移从Aquificota门获得了F14趋化基因簇和一个完整的鞭毛基因簇，彻底丢失了弯曲菌门的F3趋化类别和鞭毛基因。Arcobacter属的趋化蛋白CheYZ和鞭毛基因均来自于弯曲菌门的祖先，CheYZ属于F3型趋化类别，水平基因转移获得的F7型趋化蛋白阵列招募了F3的CheYZ以控制来自于弯曲菌门祖先的鞭毛。

此外，多项研究发现空肠弯曲菌和幽门螺杆菌的马达中心杆附近具有多层复杂的周质盘状结构为负载更多的马达定子结构提供支撑，匹配上直径更宽的C环能够产生更大的力矩，便于这类病原菌在高粘性的肠道粘液和组织中定殖。之前的研究认为，这类复杂的马达结构是通过简单结构逐步获得额外组分进化而来。

然而，高贝乐团队发现空肠弯曲菌和幽门螺杆菌的可产生高扭矩的复杂鞭毛马达结构很可能是从

---

弯曲菌门的最后共同祖先进化而来的，而经历了显著的鞭毛基因变化的谱系则失去了这个复杂鞭毛马达结构的一些关键成分，从而衍生出比它们的祖先更简单的鞭毛马达结构。弯曲菌门的最后共同祖先已经具备了复杂的马达结构和严谨的层级调控。

高贝乐团队利用比较基因组学，功能基因组学的分析方法，细致解构了弯曲菌门中趋化类别和鞭毛结构的进化路径，为这两个大分子蛋白复合体的协同进化提供了详细的证据，并强调了鞭毛超分子结构的复杂度分析需要立足于细菌物种的系统发育框架，然后对其变化过程进行分析。(来源：中国科学报朱汉斌 刘娟)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010316>

作者：高贝乐等 来源：《公共科学图书馆：遗传学》

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](https://www.iikx.com)转发