研究揭示细菌复杂鞭毛马达结构的新组分

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/31398.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！

研究揭示细菌复杂鞭毛马达结构的新组分。

中国科学院南海海洋研究所高贝乐团队联合美国耶鲁大学医学院Jun Liu团队，揭示了细菌复杂鞭毛
马达
结构的新组分，丰富了关于定子-转子相互作用复杂性的认知。近期，相关研究成果以*Tetrameric PilZ protein stabilizes stator ring in complex flagellar motor and is required for motility in Campylobacter jejuni*为题，发表在《美国国家科学院院刊》（*PNAS*）上。

细菌鞭毛马达是首个被发现的生物旋转机器。它的驱动力由定子单元MotAB通过消耗离子动力势提供。MotAB的同源蛋白参与多种重要的细胞生命过程，因此研究鞭毛马达有助于深化科学家对这类旋转复合体的理解。在鞭毛马达“齿轮传动”模型中，定子作为小型的主动齿轮驱动大型被动齿轮转子的旋转。有研究发现，在模式物种*E. coli*和*S. enterica*
以外的较多物种中存在额外的周质支架蛋白。这些蛋白能够稳定并形成更宽的定子环以产生更大的扭矩。目前，尚无报道表明胞质侧存在能够与定子形成稳定复合物的支架蛋白。

该研究发现，位于胞质侧的FlgX蛋白构成空肠弯曲杆菌复杂鞭毛马达结构的新组分，能够与MotA的胞质部分相互作用并稳定马达中的定子环。结构分析显示，FlgX属于四聚体PilZ家族，与其他作为c-di-GMP受体的PilZ家族蛋白不同。研究显示，FlgX不具备c-di-GMP结合能力，表明其在空肠弯曲杆菌中独立于c-di-GMP的调控而发挥功能，代表了PilZ超家族新的功能分化。同时，研究在胞质侧发现了新的球形密度结构。该结构将两个FlgX连接在一起，但蛋白组分尚不清晰。FlgX或定子单元的缺失均导致周质空间中FliL环和笼状结构的不完整，表明FlgX-定子复合体的组装或早于FliL环和笼状结构的形成。对弯曲菌门的进化分析显示，FlgX与该门祖先的F3趋化系统绑定出现，表明FlgX可能是从该门的共同祖先中进化而来。

研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中国科学院相关项目等的支持。

论文链接

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/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发