

---

# 研究揭示韦伯病毒属噬菌体双受体识别适应肺炎克雷伯菌表面结构变化机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/40939.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！*

## 研究揭示韦伯病毒属噬菌体双受体识别适应肺炎克雷伯菌表面结构变化机制

肺炎克雷伯菌是临床典型的多重耐药条件致病菌，其表面荚膜多糖（CPS）既是关键毒力因子，也是多数噬菌体识别宿主的最外层受体。然而，在传代、感染及免疫压力作用下，肺炎克雷伯菌常发生荚膜丢失或表面结构改变，从而限制了仅依赖荚膜受体进行识别的噬菌体对相应菌株的感染范围。因此，噬菌体如何在宿主表面结构变化中维持感染能力，是理解其宿主范围演化的重要问题。

近日，中国科学院微生物研究所团队以韦伯病毒（Webevirus）属噬菌体为模型，挖掘其适配宿主受体变异的分子机制。

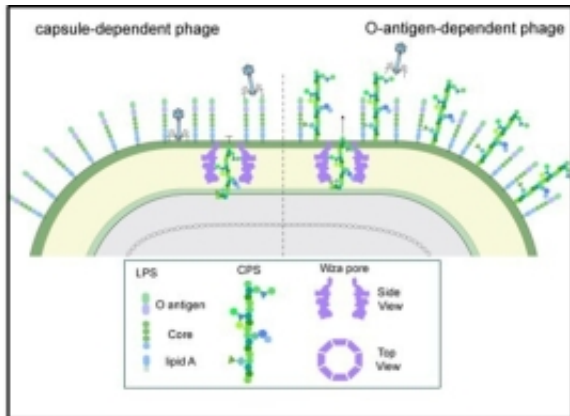
研究发现，Webevirus噬菌体存在两种互补的感染模式。一类依赖CPS靶向受体结合蛋白（RBP）识别荚膜，表现出明确的KL型特异性；另一类则在宿主荚膜缺失时，以O抗原为受体，实现对无荚膜菌株的感染。这种双受体识别策略是噬菌体应对宿主表面结构变异的重要适应性机制。

研究表明，O抗原靶向RBP与CPS靶向RBP分属不同进化分支，为相互独立宿主识别模块，且部分O抗原靶向RBP可识别多种O抗原类型。研究进一步发现，通过同源重组替换单个RBP基因，可改变噬菌体宿主范围，表明RBP是决定宿主识别能力的可交换功能单元。

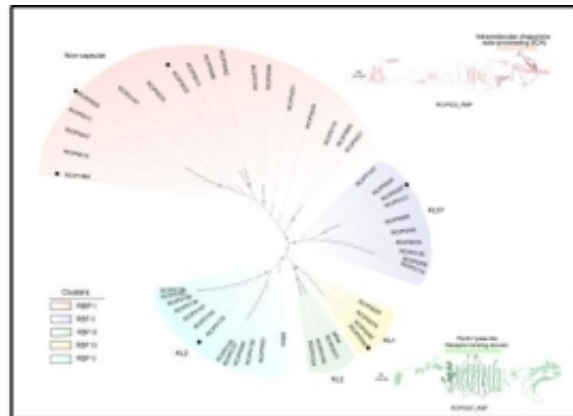
该研究阐明了Webevirus属噬菌体通过双受体识别机制以适应肺炎克雷伯菌表面结构变化，并揭示了RBP模块化重组在宿主范围演化中的核心作用，为理解噬菌体—宿主协同演化及噬菌体工程改造提供了理论依据。

相关研究成果发表在mBio上。研究工作得到国家自然科学基金委员会的支持。

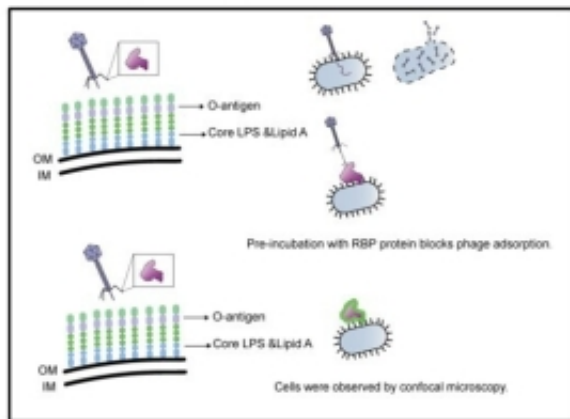
[论文链接](#)



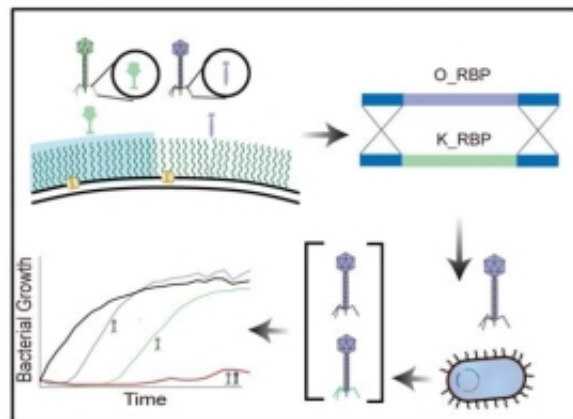
1. Webvirus phages are classified into capsule-dependent and O-antigen-dependent types



2. Phylogenetic and structural analyses reveal five RBP clades in Webvirus, including a depolymerase-lacking O-antigen-targeting clade.



3. Functional characterization of Cluster I O-antigen-targeting RBPs.



4. Replacement of an O-antigen-targeting RBP switches receptor usage to the capsule.

Webvirus噬菌体双靶向受体结合蛋白介导的广谱宿主识别示意图

研究团队单位：微生物研究所

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](https://www.iikx.com)转发