
青岛能源所揭示出一类新的细菌转录调控因子的结构功能机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5207.html>

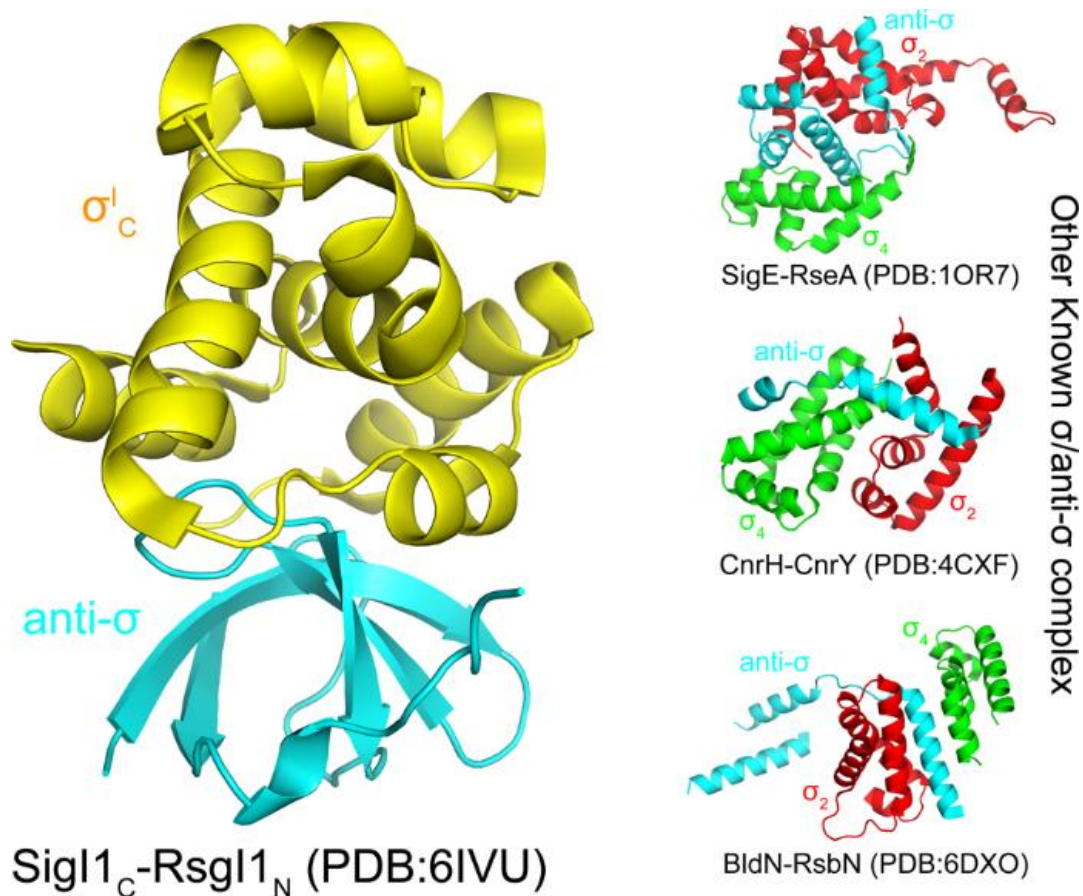
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

青岛能源所揭示出一类新的细菌转录调控因子的结构功能机制。转录是RNA聚合酶根据基因的DNA序列合成信使RNA的过程，是基因表达的起始步骤。在细菌中， σ 因子是RNA聚合酶识别基因启动子并起始转录的关键组分。近年来，在一些梭菌和杆菌中发现一类广泛存在的 σ 因子及其共转录的抗 σ 因子——SigI和RsgI，它们的一些结构域和已知蛋白没有同源性，代表了一类新的特殊的细菌 σ /抗 σ 因子。热纤梭菌等一些产纤维小体细菌具有8-16对的SigI/RsgI因子，这在其他已知类型的 σ /抗 σ 因子中比较少见。已有的研究表明这些SigI/RsgI因子负责纤维小体的调控表达，但其结构与功能机制仍未阐明。最近，中国科学院青岛生物能源与过程研究所代谢物组学研究员冯银刚带领科研人员在热纤梭菌的纤维小体调控因子SigI/RsgI的结构功能机制研究中取得新进展，相关成果发表在国际期刊《核酸研究》(Nucleic Acids Research)上。纤维小体是由一些厌氧的梭菌分泌的多酶复合体，是高效的木质纤维素降解分子机器，在木质纤维素资源的降解利用和生物技术开发中有重要的应用价值。纤维小体的酶组分受到胞外底物种类的调控，关于纤维小体调控机制的研究对理解纤维小体的高效作用机制和纤维小体的应用开发都具有重要价值。代谢物组学研究组多年来致力于梭菌及其纤维小体的研究和应用开发，利用研究组自主研发的遗传操作硬件设备和软件工具，对热纤梭菌的生理生化、纤维小体的组装、合成调控与产物抑制、产物摄取与代谢等进行了系统的研究。为揭示SigI/RsgI在纤维小体调控中的作用机制，研究人员首先通过核磁共振实验阐明了RsgI与SigI的结合方式，并进一步解析了该复合体的三维结构。结果表明RsgI主要通过胞内结构域与SigI的C端结构域结合形成稳定的复合体，其中RsgI的胞内结构域是由 β 片构成的桶状结构，SigI的C端则由8个 α 螺旋形成紧密的结构，两者之间通过多种作用力形成稳定的复合体。这种复合物结构和已知的其他 σ /抗 σ 因子复合物结构完全不同，代表了一类独特的 σ /抗 σ 因子复合物结构类型。研究人员进一步通过结构和突变分析揭示了SigI上识别启动子-35区DNA的关键区域，并发现SigI/RsgI因子之间的识别特异性是通过两个蛋白质上的多对残基之间的协同作用实现的。

这些研究结果揭示了这类新的 σ /抗 σ 因子的结构功能机制，使人们对于细菌的转录过程和对胞外环境感应的分子机制有了更多的了解，同时也有助于增进人们对纤维小体调控机制的理解，可以为产纤维小体细菌的改造和应用提供基础。此外， σ /抗 σ 因子是合成生物学研究中的重要调控元件，新的 σ /抗 σ 因子可以为合成生物学元件开发提供更多的选择性，而对其机制的理解将有助于改进这些元件的性能。

该研究得到国家自然科学基金委、中科院和山东省的资助。在国家自然科学基金委的中以国际合作交流项目的资助下，以色列威兹曼科学研究所和特拉维夫大学的多位研究人员参与了该研究的完成。该研究部分高场核磁共振数据的收集得到厦门大学高场核磁共振中心博士姚宏伟的大力协

助。青岛能源所博士生魏真为该研究论文的第一作者，研究员冯银刚为论文的通讯作者，代谢物组学教研组多位学生 and 研究人员参与了该项目研究工作。



图：新型 σ /抗 σ 因子SigI/RsgI的复合物结构和已知的其他 σ /抗 σ 因子的复合物结构完全不同。左图为SigI/RsgI的结构，右图为三种已知的其他 σ /抗 σ 因子复合物的结构。

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