

放线菌鞭毛起源和退化研究获得新进展

发布时间：2023-12-06



近日，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高贝乐团队在放线菌鞭毛起源和退化研究中取得新进展，相关成果以“The common origin and degenerative evolution of flagella in *Actinobacteria*”为题，在线发表于*mBio*。中国科学院南海海洋研究所助理研究员朱思琦、科研助理孙贤为该论文的共同第一作者，高贝乐为论文通讯作者。

细菌鞭毛是最复杂的纳米机器之一，鞭毛介导的运动在细菌环境适应过程中发挥着重要作用，并对其形态、生理和发育具有直接影响。鞭毛和鞭毛介导的运动可能在细菌进化过程中发挥了重要作用。然而，鞭毛的获得和丢失对细菌谱系演化的影响缺乏系统的研究，尤其是在高级分类水平。放线菌门是细菌域中最大的细菌门之一，在生态分布、形态特征、生理和生命周期等方面都展现出巨大的生物多样性。放线菌门中最具代表的分枝杆菌和链霉菌都没有鞭毛，而少数放线菌能在其生命周期的早期短暂形成带有鞭毛的游动孢子，以极高的速度运动，但相关的功能研究十分匮乏。早期的细菌域基因组分析表明，极少数放线菌具有“不完整”的鞭毛基因，而这些鞭毛基因的进化来源和演变过程并不明确，鞭毛马达的组成和结构有待揭示，鞭毛运动与放线菌丰富的生物多样性之间的关系尚不清楚。

本研究对目前已知的放线菌门下的所有谱系的鞭毛基因分布和组成，结合生理、生态等特征进行了全面分析。研究表明，放线菌的祖先具有完整的鞭毛基因，主要通过垂直传递的方式遗传给子代。放线菌门早期进化的谱系主要分布在水生环境中，这些单细胞物种普遍保留了鞭毛基因；随后进化的谱系（放线菌纲）大多与宿主相关或分离自土壤环境，并且能够形成菌丝体并具备复杂的细胞周期，这些谱系经历了多次鞭毛基因的丢失事件（图1）。能够形成游动孢子的放线菌只在单细胞的孢子形成阶段利用鞭毛运动，一旦孢子萌发就开始丢失鞭毛并丧失运动性。为了保留鞭毛基因，我们发现这些基因组中具备更多的c-di-GMP合成酶和趋化类型，可能用以协调鞭毛基因的表达和细胞周期（图1）。

放线菌门随后进化的谱系除了鞭毛基因的大量丢失外，保留鞭毛的物种在其结构上也经历了退化。早期出现的谱系具有与模式生物相似的鞭毛组分，而后期进化的谱系丢失了部分鞭毛基因，其中最显著的是鞭毛的远端杆组分FlgFG，形成了目前已知的最简单的鞭毛杆结构（图2）。FlgFG是鞭毛杆-鞭毛钩连接的分子基础，这说明目前基于沙门氏菌的组装模型并不适用于这些物种。由于鞭毛杆内

嵌于细胞壁之中，必须与周围结构协同进化，我们推测这些没有FlgFG的放线菌在细胞壁结构上也发生了改变。此外，随着鞭毛结构的改变，后期进化的放线菌的趋化类型也从F1型变成了F5型（图1）。

综上所述，研究团队通过深度的基因组学分析，揭示了放线菌鞭毛基因的起源和零星分布之谜，为放线菌物种演化与鞭毛丢失之间的联系提供了独特见解。作为放线菌鞭毛退化的产物，最简单的鞭毛杆有望成为合成生物学中重构纳米机器的模型。

本研究得到了中国科学院战略性先导专项、国家重点研发计划项目、南方海洋科学与工程引进人才团队重点专项广东实验室(广州)、广东省科技计划项目、中国科学院南海生态与环境工程创新研究院的资助。

相关论文信息：<https://journals.asm.org/doi/10.1128/mbio.02526-23>

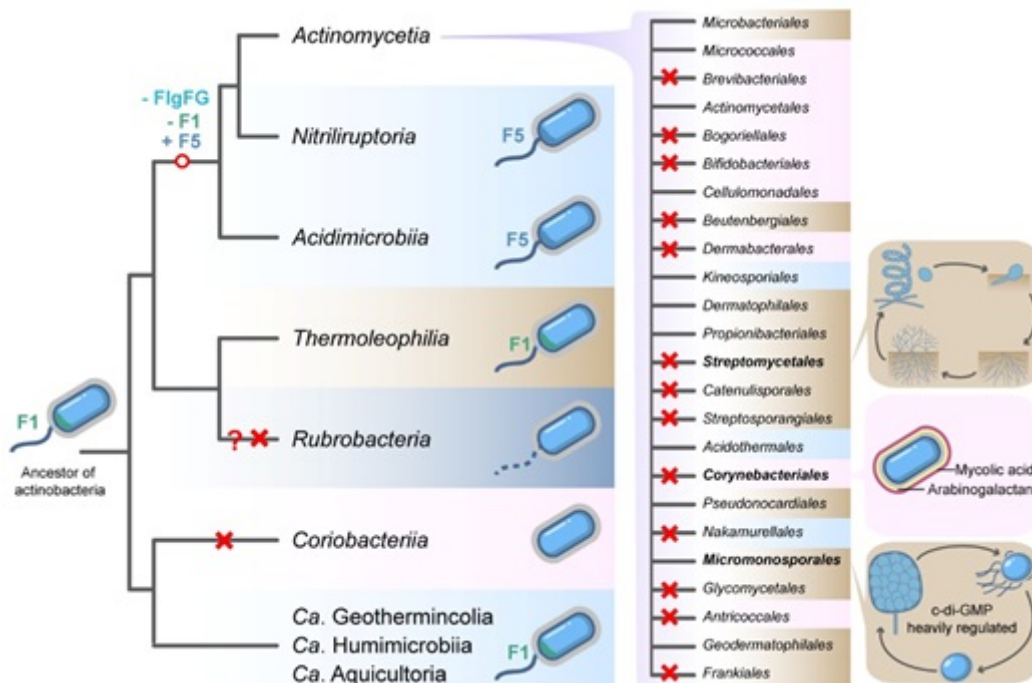


图1 放线菌鞭毛进化示意图

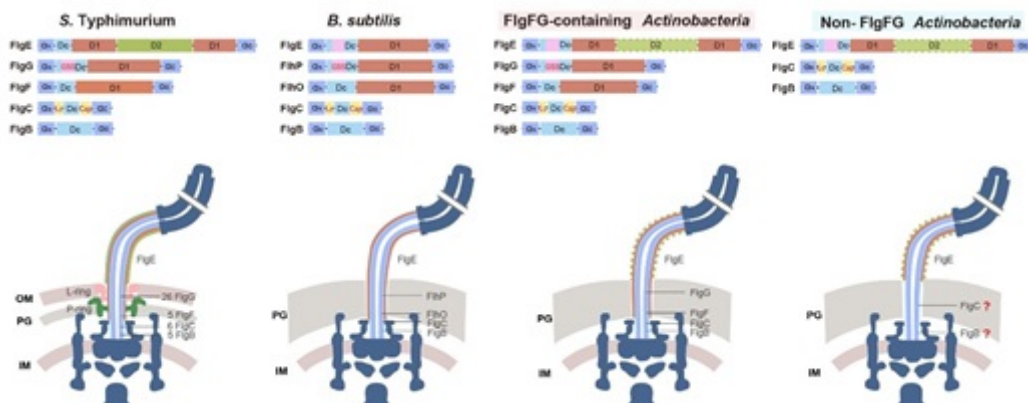



图2 放线菌鞭毛的退化



版权所有 © 中国科学院南海海洋研究所 备案序号：粤ICP备05007992号 

地址：广州市海珠区新港西路164号 邮编：510301

Email: webmaster@scsio.ac.cn 电话：020-84452227 (综合办) 传真：020-84451672



官方微信



官方网站

本网站及其文字内容归中国科学院南海海洋研究所所有，任何单位及个人未经许可，不得擅自转载或他用。

