



(<http://www.cemps.cas.cn>)

中国科学院分子植物科学卓越创新中心
CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences

植物生理生态研究所
Institute of Plant Physiology and Ecology

唯实求真 协力创新

[首页](#) (../.. /> [图片新闻](#) (../)

张余研究组揭示细菌抗生素耐受相关转录因子BmrR的转录 激活机制

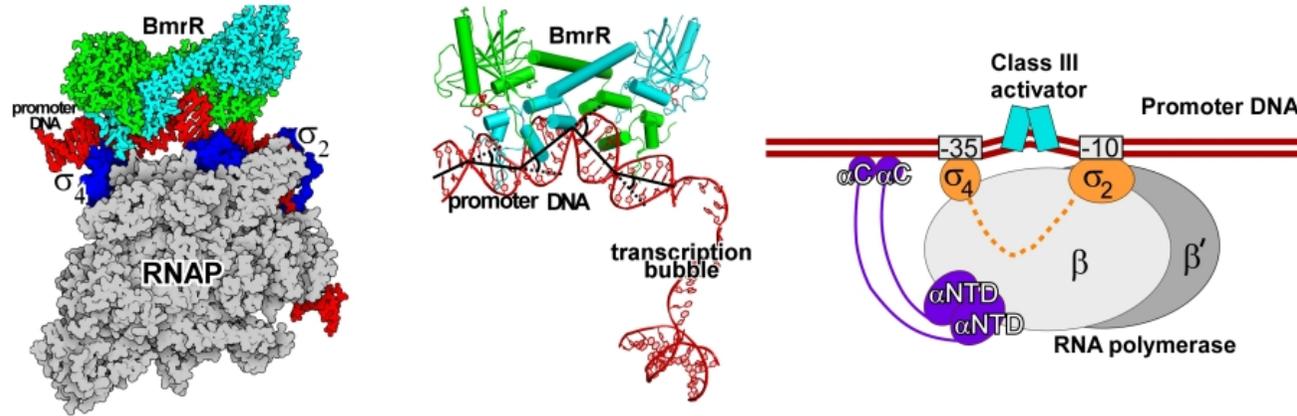
2020年12月8日，国际学术期刊*Nature Communications*在线发表了中国科学院分子植物科学卓越创新中心合成生物学重点实验室张余研究组题为“The bacterial multidrug resistance regulator BmrR distorts promoter DNA to activate transcription”的研究论文。该论文主要研究了细菌MerR家族转录因子成员BmrR转录激活的分子机制。

细菌MerR家族转录因子主要分为三大亚类，第一亚类特异性识别重金属离子，主要包括MerR、CueR等蛋白；第二类响应细胞内氧化还原环境，代表蛋白为SoxR；第三类广谱识别抗生素开启耐药外排泵的表达，主要包括BmrR、BltR等蛋白。前面两个亚家族三维结构非常相似，而第三类具有一个额外的结合抗生素小分子结构域。张余研究组在2020年9月*Nature Chemical Biology*在线发表的文章中，报导了MerR家族转录因子第一个亚家族成员CueR的转录激活复合物和分子机制，提出了其不依赖与RNA聚合酶，仅通过扭曲DNA实现转录激活的新机制。在这篇论文中，主要报导了MerR家族第三亚类成员BmrR的转录激活机制。

研究发现BmrR与CueR类似，二者均结合在启动子DNA的两个关键区域（-35区和-10区）之间，使双链DNA在四个位置发生了弯折，特别是位于转录因子二聚体中心的位置，DNA发生了约90度的弯曲，使19bp的-35/-10间隔区域重新压缩到了17bp的物理距离，优化了非活性启动子DNA的结构，使其能够被RNA聚合酶正常识别。另外，结构还显示CueR以及BmrR除了与DNA相互作用外，并不会与RNA聚合酶相互作用。因此，通过解析具有MerR家族中具有代表性的两亚类转录因子的转录激活复合物结构，统一了该大家族的转录激活机制，提出其绝大多数成员均通过仅改变DNA构象的机制实现转录激活。

论文第一作者为中科院分子植物科学卓越创新中心张余研究组博士生方城力和华山医院李林玉。华山医院药剂科李群益主任药师和分子植物卓越中心张余研究员是该论文的通讯作者。感谢国家蛋白质中心（上海）对于本课题的大力支持，特别感谢蛋白质中心孔亮亮和王芳芳两位老师在疫情期间对研究数据收集的帮助。该研究受到国家重点研发计划、中科院先导专项以及上海市科技创新行动计划的资助。

论文链接：<https://www.nature.com/articles/s41467-020-20134-y>
(<https://www.nature.com/articles/s41467-020-20134-y>)



Copyright © 2002-2021

中国科学院分子植物科学卓越创新中心 版权所有

地址：中国上海枫林路300号 (200032)

电话：86-21-54924000

传真：86-21-54924015

Email: webmaster@cemps.ac.cn

沪ICP备05033115号-4 (<https://beian.miit.gov.cn>)

(<https://www.jic.ac.uk>)

(<http://www.shb.cas.cn>)

(<http://www.cepams.org>)