

霍乱弧菌Tat蛋白运输系统基因簇的确定与功能阻断分析

张丽娟¹, 高守一¹, 景怀琦¹, 阚飙¹, 祁国明¹, 刘延清¹, 吴龙飞², 徐建国¹

1. 中国疾病控制和预防中心传染病预防控制研究所卫生部医学分子细菌学重点实验室; 北京102206; 2. 法国科学研究院细菌生化研究室; 马塞UPR9043。法国

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 Tat (Twin-arginine translocation) 双精氨酸转运系统是最新证实的原核生物细菌中运输折叠蛋白的主要途径。是与经典的sec分泌系统完全不同的蛋白运输系统。通过对已测序的O1群霍乱弧菌E1 Tol生物型菌株N16961基因组分析, 并与大肠杆菌TatA、B、C、D同源蛋白进行了氨基酸和基因序列的同源比较, 对大肠杆菌tatA、tatB、tatC具有同源性的基因采用自杀质粒同源重组原理缺失了这3个连续排列基因的大部分开放阅读框架序列, 从而进行了蛋白分泌阻断的初步研究与分析。结果表明, 该推测基因簇缺失后, Tat分泌阻断; 生长特性易发生粗糙型改变, 由光滑型菌落或菌苔转化为粗造型, 且霍乱弧菌粗糙型抗血清凝集实验阳性; 钼酶(三甲胺氮氧还原酶)分泌完全阻断; α -D半乳糖、天门冬酰氨、甘氨酸-L-天门冬酸及D-L- α -磷酸甘油等4项生化反应由阳性转为阴性。此研究在霍乱弧菌中确认了tat基因簇, 并鉴定了功能, 为进一步探索Tat分泌对霍乱弧菌蛋白因子分泌的影响奠定了遗传学基础。

关键词 [霍乱弧菌](#) [Tat蛋白运输](#) [分泌阻断](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(245KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“霍乱弧菌”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [张丽娟](#)
- [高守一](#)
- [景怀琦](#)
- [阚飙](#)
- [祁国明](#)
- [刘延清](#)
- [吴龙飞](#)
- [徐建国](#)