

一种发掘 ϵ -聚赖氨酸合成酶的生物信息学新方法

金城

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

ϵ -聚赖氨酸(ϵ -Poly-L-lysine, ϵ -PL)作为一种天然防腐剂, 已知的 ϵ -PL 产生菌基本仅在链霉菌科(*Streptomycetaceae*)和麦角菌真菌(*Ergot fungi*)中发现^[1-2]。目前 ϵ -PL 产生菌筛选方法仍为传统的化学方法, 存在工作量大、周期长等劣势, 所用染料存在一定毒性。

ϵ -PL 的合成及聚合度控制是由 ϵ -PL 合成酶, Pls 是一种非核糖体肽合成酶(NRPS), 其结构域的排布特征已在模式菌株 *S. albulus* NBRC 14147 中得到了比较系统的研究。随着细菌已测序基因组数目的急剧增长, 基于基因组序列挖掘 ϵ -PL 产生菌可作为一种新的选择。本期介绍了王静、谭之磊、欧竝宇等发表的论文“细菌基因组序列中 ϵ -聚赖氨酸合成酶的生物信息学识别与分析”^[3], 作者开发了一种基于 Pls 的结构域特征和作用机制生物信息学识别算法, 应用该算法在已测序的细菌基因组中进行了 Pls 识别, 发现编码 Pls 的菌株主要属于放线菌, 但并不局限于已知的链霉菌科中; 所预测的 Pls 均具有相同的结构域排布, 而跨膜结构域和 Linker 区相对不保守, 仅在少数位点存在保守的氨基酸残基或有特定残基分布特征, 其中一些位点已被报道与 ϵ -PL 聚合度相关。

虽然作者提出的预测方法的准确性还有待于验证, 但与单纯的序列比对相比, 该方法为 ϵ -PL 产生菌的筛选提供新的思路; 另外用该方法发现的保守氨基酸残基可为 ϵ -PL 产生菌的改造提供思路。

关键词: ϵ -聚赖氨酸, ϵ -聚赖氨酸合成酶, 生物信息学识别

参考文献

- [1] Nishikawa M, Ogawa K. Distribution of microbes producing antimicrobial ϵ -poly-L-lysine polymers in soil microflora determined by a novel method[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(7): 3575-3581
- [2] Geng WT, Yang C, Gu YY, et al. Cloning of epsilon-poly-L-lysine (ϵ -PL) synthetase gene from a newly isolated ϵ -PL-producing *Streptomyces albulus* NK660 and its heterologous expression in *Streptomyces lividans*[J]. *Microbial Biotechnology*, 2014, 7(2): 155-164
- [3] Wang J, Tan Z-L, Bi De-Xi, et al. *In silico* identification and analyses of ϵ -poly-L-lysine synthetases in bacterial genome sequences[J]. *Microbiology China*, 2015, 42(12): 2495-2504 (in Chinese)
王静, 谭之磊, 毕德玺, 等. 细菌基因组序列中 ϵ -聚赖氨酸合成酶的生物信息学识别与分析[J]. *微生物学通报*, 2015, 42(12): 2495-2504

A new method to *in silico* identify ϵ -poly-L-lysine synthetases

JIN Cheng

(The Editorial Board of *Microbiology China*, Beijing 100101, China)

Keywords: ϵ -poly-L-lysine, ϵ -poly-L-lysine synthetase, *in silico* identification