



Bacillus subtilis 枯草芽孢杆菌

Competence transcription factor

感受态转录因子

—— **comK**

Group: S2G11

高毓晗 崔娟 李俊香 郑迎春

2013. 06. 22



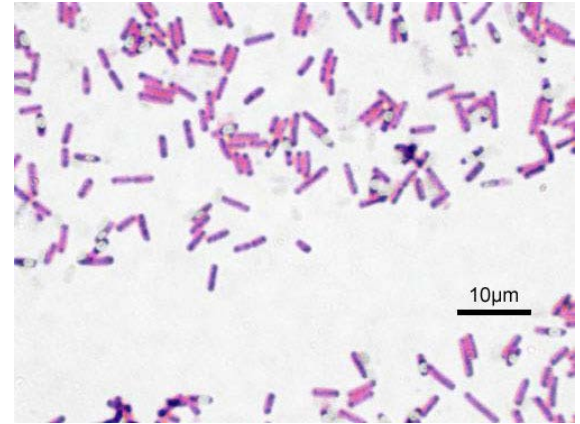
Bacillus subtilis 枯草芽孢杆菌

革兰氏阳性菌，好气性菌，普遍存在于土壤及植物体表，在人体亦可发现在肠道内共生的枯草杆菌。

形态上的主要特征是菌体表面生有鞭毛，体内形成的内生孢子可抵抗恶劣的外在环境而存活。枯草杆菌在食品和饲料添加剂上广范使用，近年来在种子保护及生物防治上应用。临床医学上是属于安全性的有益微生物。

具有较广谱的抗病原真菌能力。

枯草杆菌在植物根际条件下产生抗生素，并且会与病原物发生空间和养分竞争、产生水解酶类、诱导植物产生系统抗性、产生挥发性物质等



科学分类

- 域： 细菌域 Bacteria
- 门： 厚壁菌门 Firmicutes
- 纲： 芽孢杆菌纲 Bacilli
- 目： 芽孢杆菌目 Bacillales
- 科： 芽孢杆菌科 Bacillaceae
- 属： 芽孢杆菌属 *Bacillus*
- 种： 枯草芽孢杆菌 *B. subtilis*

二名法

Bacillus subtilis

(Ehrenberg 1835) Cohn 1872



Transformation 转化

+ What is transformation?
外源DNA导入细胞的过程

+Why we do transformation?
例如 进行基因的克隆和基因敲出等遗传操作以揭示不同表型分子机制和改进菌株等

+How to do transformation?
形成感受态细胞——带有特定基因的载体导入——基因表达



comK

(感受态形成因子)

Is difficult for this strain



未得到基因序列



Competence transcription factor ——*comK*

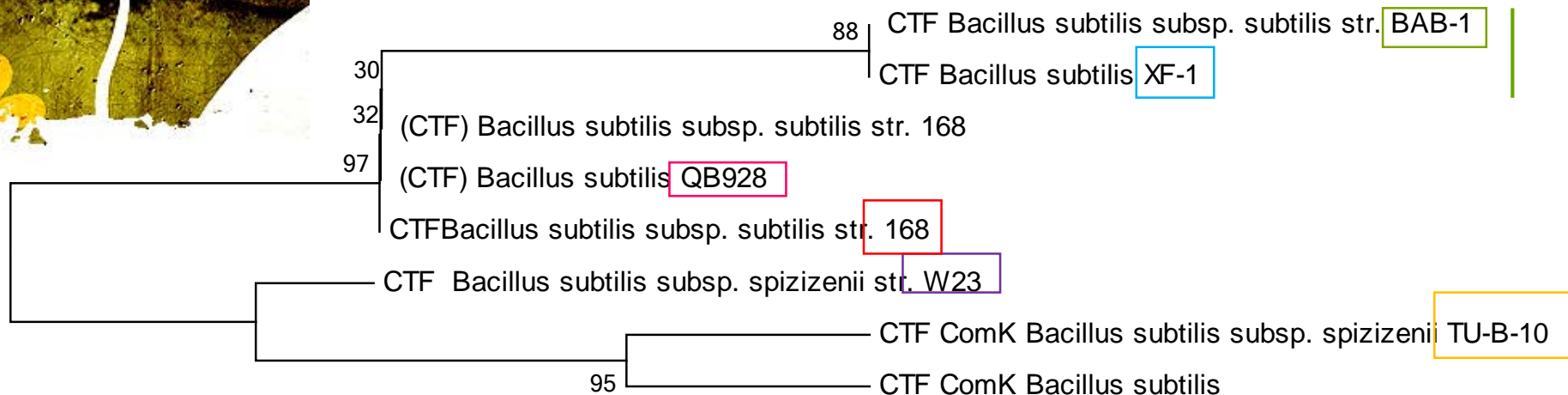
在枯草芽孢杆菌中，DNA的结合、摄取和重组相关基因的表达由感受态转录因子ComK 精确调控，是感受态形成的关键因子。

ComK能够通过识别、结合*comK*启动子特定部位诱导自身转录，

能调控一系列后期感受态形成基因的表达包括 *comC*、*comE*、*comF*、*comG*、*nucA*等(这五类基因参与外源DNA的运输)，能以二聚物的形式结合到后期感受态形成基因的启动子上并促进其表达。

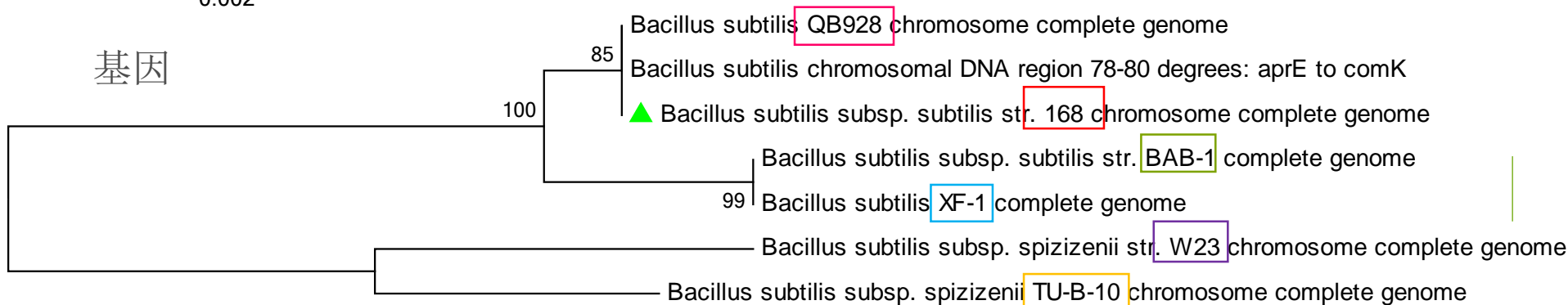


蛋白

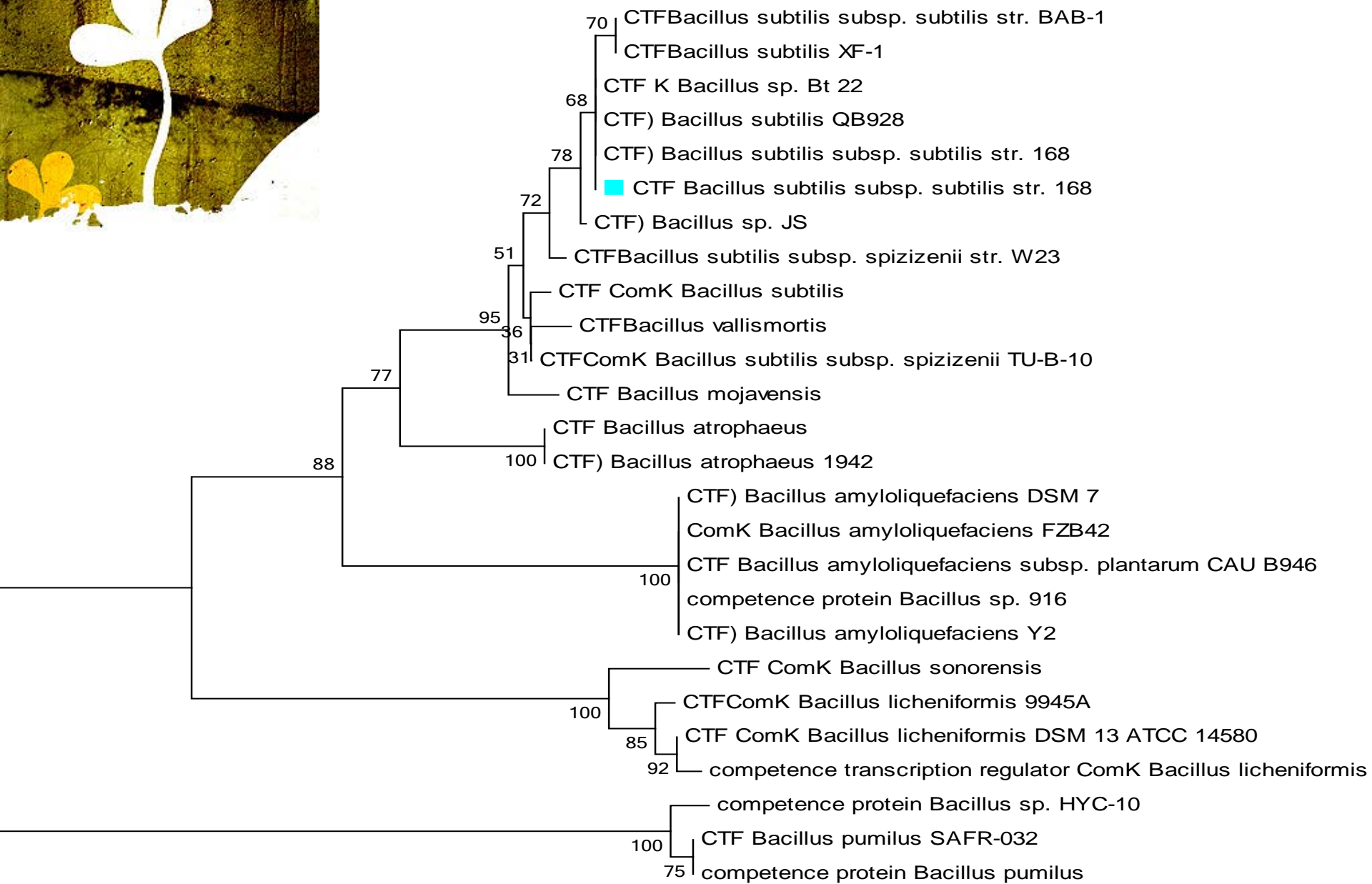


0.002

基因



0.005



0.05



14V 17A

1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	L0D627	L0D627_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKIYSKIIEKDCVFYVSMKPLQIV	51	L8PYI6	L8PYI6_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	E8VGA6	E8VGA6_BACST
1	MQKKDGGH NMSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	60	G4EY55	G4EY55_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVRMKPLQIV	51	D5N3X9	D5N3X9_BACPN
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	P40396	COMK_BACSU
1	MQKKDGGH NMSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	60	J7JQ89	J7JQ89_BACIU
1	MQKKDGGH NMSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSRIEKDCVFYVNMKPLQIV	60	M4KRF4	M4KRF4_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	D4G790	D4G790_BACNA
1	-----MSQKTDAPLESYEVSGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVSMKPLQIV	51	G4NRT9	G4NRT9_BACPN
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	L8AEP3	L8AEP3_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVNMKPLQIV	51	M1UKA4	M1UKA4_BACIU
1	-----MSQKTDAPLESYEVNGATIAVLPEEIDGKICSKIIEKDCVFYVRMKPLQIV	51	E0TYQ8	E0TYQ8_BACPZ

*****_*****_*:*****

123v

139s

112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	L0D627	L0D627_BACIU
112	EFKPTEFDDTEVTF SN GKTMELPIS CNSFENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	L8PYI6	L8PYI6_BACIU
112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	E8VGA6	E8VGA6_BACST
121	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	180	G4EY55	G4EY55_BACIU
112	EFKPTEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	D5N3X9	D5N3X9_BACPN
112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	P40396	COMK_BACSU
121	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	180	J7JQ89	J7JQ89_BACIU
121	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDH S VPKRQEFMLY	180	M4KRF4	M4KRF4_BACIU
112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	D4G790	D4G790_BACNA
112	EFKPTEFDDTEVTF SN GKTMELPIS CNSFENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	G4NRT9	G4NRT9_BACPN
112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	L8AEP3	L8AEP3_BACIU
112	EFKATEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	M1UKA4	M1UKA4_BACIU
112	EFKPTEFDDTEVTF SN GKTMELPISYNS FENQVYRTAWLRTKFQDRIDHRVPKRQEFMLY	171	E0TYQ8	E0TYQ8_BACPZ

***:*****

119D



突变位点，突变性由强到弱

139 丝氨酸 97.889 (得分)

123 缬氨酸 97.444

85 脯氨酸 96.556

17 丙氨酸 91.778

119 天冬氨酸 91.667

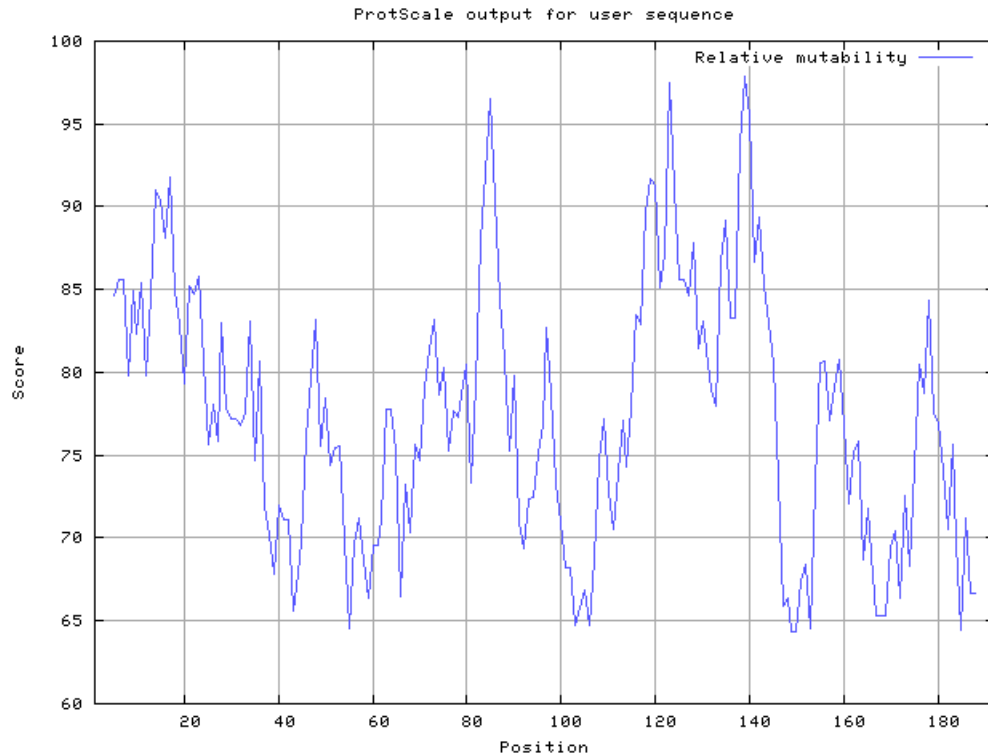
14 缬氨酸 91

整条肽链中

149蛋氨酸 和

150 亮氨酸

的突变性最弱，得分为64.333



Scale: Relative mutability of amino acids (Ala=100).

Window size: 9

Scale not normalized.






Relative weight for window edges: 100 %

Weight variation model: linear



Model Coverage Sketch

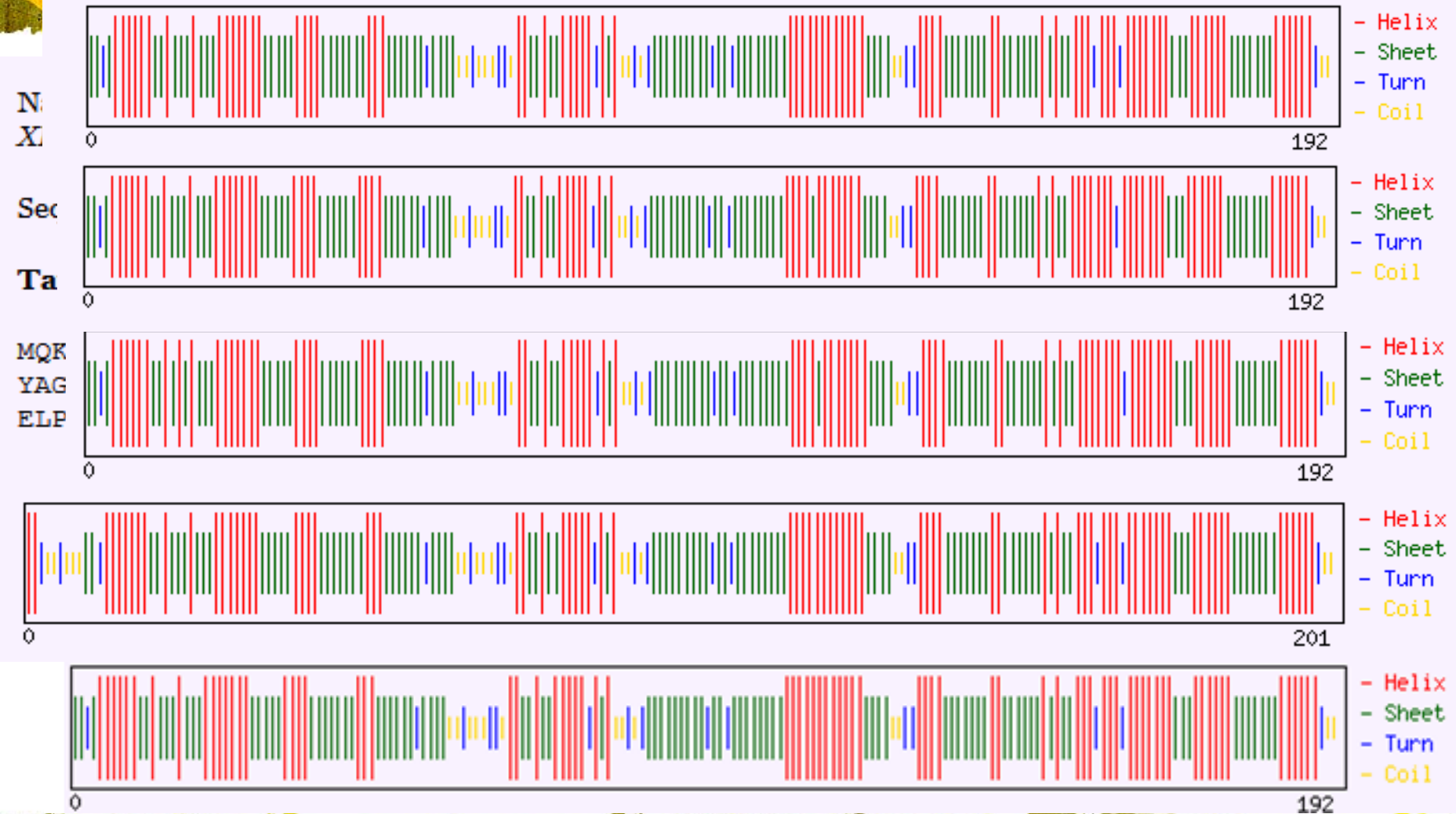
 All Models
Current

-  Template $\geq 98\%$ Sequence Identity
-  Template $\geq 30\%$ Sequence Identity
-  Reliable Model, Template $< 30\%$ Sequence Identity
-  Unreliable Model
-  Unmodeled Segment



Target Sequence:

MSQKTDAPLE SYEVNGATIA VLPEEIDGKI CSRIIEKDCV FYVNMKPLQI VDRSCRFFGS SYAGRKAGTY
EVTKISHKPP IMVDPSNQIF LFPTLSSTRP QCGWISHVHV KEFKATEFDD TEVTFSNQGT MELPISYNSF
ENQVYRTAWL RTKFQDRIDH SVPKRQEFML YPKEERTKMI YDFILRELGE RY





1 小种序列间差异小

2 序列突变导致的二级结构的改变甚微，并不能导致高级结构和功能的改变？

3 comK是感受态的形成关键因子，是转化成功的关键因子？

4 调节comK活性的其他基因起到主要调控作用，从而使comK的表达量差异，而非自身直接受到环境诱导？

以后的工作：

- 1 获得 菌株 基因序列 分析comK序列
- 2 从调节comK的因子入手，研究其对comK的影响
- 3 研究转化成功的因素是感受态的形成还是其他环节



• *Dear Professor Luo:*

We appreciate what you teach us
, the “**supermarket**” you give us
and the **stories** you tell us.

We’ll benefit from these all our life!



Thank you for your attention !

