

原核生物信号识别颗粒(SRP)介导蛋白识别转运途径的研究进展

郑 静 董惠钧 王春霞 管文军 李永泉*

(浙江大学生命科学学院 杭州 310027)

摘 要 SRP 介导的蛋白识别转运过程首先在真核细胞中发现,作用机制已经研究清楚,而 SRP 在原核细胞中的发现较晚,虽然该途径主要功能蛋白的序列同真核细胞相似,进化上比较保守,但作用机制还未完全揭示,而且 SRP 体系在原核生物物种间有一定差别,预示着其机制既有统一性,又具有物种特异性。目前原核生物 SRP 途径的研究主要集中在 Ffh、FtsY 和 4.5S RNA 结构与功能,以及这一过程中能量物质 GTP 的代谢和作用;文章以此为着眼点,概括总结了原核生物中 SRP 介导蛋白识别转运的研究进展,同时简单介绍了链霉菌中 SRP 介导蛋白识别转运的研究近况。希望通过链霉菌的相关研究,从进化角度完善和统一原核生物 SRP 途径的作用机制。

关键词 原核生物 SRP 蛋白识别和转运

中图分类号:Q71 文献标识码:A 文章编号:0001-6209(2005)06-0974-04

生物的遗传发育、生理代谢、疾病等活动都与蛋白质直接相关,细胞内蛋白质的质量数量控制体系(包括蛋白合成、识别、转运和降解等)已成为蛋白质科学的研究前沿。以色列和美国科学家由于发现并解释了泛素调节的蛋白降解过程,获得了 2004 年度的诺贝尔化学奖。细胞内蛋白质的定向转移是蛋白质质量数量控制体系的一个重要环节,信号识别颗粒(Signal recognition particle, SRP)介导的蛋白识别转运则是其中普遍存在的机制之一,对参与这一过程的功能基因和蛋白,尤其是蛋白的靶向输送机制的研究对揭示细胞的分化、代谢和病变具有重大的理论意义。

1 SRP 介导的蛋白识别转运途径的发现

真核细胞中,诸如外分泌蛋白、溶酶体酶分子等特异性地在结合于粗糙内质网(rER)的核糖体上合成,而非由游离核糖体合成,因此必然存在信号识别机制靶向地将新生肽链引导至 rER。1980 年, Walter 等^[1]首次分离得到 SRP,证实 SRP 为核糖核酸蛋白复合物,能够识别新生肽链的信号肽,并介导核糖体与粗面内质网结合,为 Blobel 等^[2]提出的“信号假说”提供了有力的证据。随后 Meyer 等^[3]在真核细胞中发现了 SRP 受体,这种受体由 α 和 β 亚基组成, α 亚基具有 GTP 酶活性,但没有跨膜结构域,不具备膜定位功能; β 亚基则主要负责 SRP 与内质网膜的结合并行使新生蛋白转运功能。SRP 及其受体的发现解决了具有信号序列的新生肽链被引导到内质网膜合成的分子机理,从而建立了真核细胞 SRP 介导分泌蛋白和膜蛋白的识别和转运的机制,简称 SRP 途径。

对于真核生物中 SRP 介导的蛋白识别转运机制,已经研究得非常透彻,但由于原核生物细胞内不存在内质网,因此人们一直认为 SRP 介导的蛋白识别转运途径仅存在于真核

生物中。直到 1989 年, Romisch 等^[4]通过生化和遗传方法发现革兰氏阴性菌大肠杆菌(*Escherichia coli*)中存在由 SRP54 类似物(Fifty-four-homology, Ffh)和 4.5S RNA 组成的 SRP 复合物,人们才改变了以前的片面认识;随后相继在革兰氏阳性菌枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)和古细菌中也发现存在 SRP 复合物。古细菌 SRP 复合物由 SRP54、SRP19 及 7S RNA 组成,其中 SRP54 和 7S RNA 的 motif IV(第四基元)构成 SRP 的保守核心^[5]。这些发现表明 SRP 介导的蛋白识别转运途径在生物界普遍存在。

与真核生物 SRP 介导的蛋白识别转运途径相比,原核生物 SRP 复合物及其受体组成简单,却能正常有序地完成蛋白的识别和跨膜转运。单亚基的 Ffh 受体 FtsY 是如何定位于细胞膜并协助分泌蛋白跨膜转运则至今没有确切定论;另外原核生物中 SRP 体系在不同物种间存在差异,呈现多样性特征,这些未知的现象显示原核生物中 SRP 介导的蛋白识别转运可能遵循有别于真核生物的机制。目前原核生物 SRP 介导的蛋白识别转运途径的研究,主要集中在对大肠杆菌的 SRP 单个组分 Ffh、FtsY 和 4.5S RNA 结构与功能的体外研究,但对于原核生物整个 SRP 介导的蛋白识别转运途径还没有清晰的、令人信服的解释。

2 原核生物中 SRP 介导的蛋白识别转运途径

2.1 Ffh/4.5S RNA 复合物的结构与功能

原核生物 SRP 介导的蛋白识别转运体系包括 Ffh、4.5S RNA 和 Ffh 受体 FtsY。Ffh 必须同 4.5S RNA 形成复合物才能正常发挥生物学功能,其结构及功能与真核生物中的 SRP54 蛋白相似。Ffh 具有 3 个保守的结构域:N 末端为 4 个 α 螺旋束的 N 结构域、中间为具有 GTP 酶活性的 G 结构域以及 C 末端富含甲硫氨酸的 M 结构域^[6]。3 个结构域行使不同的功

* 通讯作者。Tel: 86-571-87953134; Fax: 86-571-87951232; E-mail: lyq1962@yahoo.com

作者简介: 郑 静(1979-),女,山东临沂人,硕士研究生,主要从事链霉菌分子生物学。E-mail: white-angelic@163.com

收稿日期: 2005-03-11, 修回日期: 2005-04-26

能。N 结构域和 G 结构域参与 GTP 的结合和水解,并负责与受体 FtsY 的结合。 Mg^{2+} 对于 NG 结构域发挥 GTP 酶活性是必需的,能帮助核苷酸的结合与解离;如果没有 Mg^{2+} 的参与,G 结构域中核苷酸结合位点的保守侧链相互作用形成紧密的网络结构,从而不能结合核苷酸;另外 G 结构域还可细分为 4 个序列模块(motif I-IV),其中 motif I-III 与 Mg^{2+} 及核苷酸的 β 位磷酸相互作用,motif IV 能够识别受体 FtsY 中的谷氨酸残基^[7]。

通过对水生栖热菌(*Thermus aquaticus*) Ffh 的 M 结构域晶体解析发现,其空间构造为疏水性氨基酸侧链组成的凹槽,从槽的大小和保守氨基酸的疏水性特征分析,M 结构域形成信号肽结合套,参与信号肽的结合。Batey 等^[8]推测信号肽可能是通过疏水作用和静电作用与 M 结构域结合;另外的研究还表明 Ffh 与信号肽的相互作用随着信号肽序列疏水性的增强而加强,而新生蛋白的转运效率受 Ffh 与信号肽序列相互作用的正调控,因此,新生蛋白信号肽序列疏水性愈强,蛋白的转运效率愈高^[9]。在对大肠杆菌 Ffh 的研究中还发现,M 结构域除了结合信号肽以外,还与 4.5S RNA 结合,Kurita 等通过一系列敲除突变确定了 M 结构域与 RNA 的结合位点。M 结构域中 AA364~AA432 区域表现 RNA 结合活性,这一区段的氨基酸序列在 SRP 蛋白家族中高度保守,其中含有 2 个疏水区 h α (AA₃₆₄~AA₃₉₁)和 h β (AA₄₁₆~AA₄₃₅);两个疏水区之间被带正电荷的碱性氨基酸^[398]RRKRIAKGSG^[407]间隔,这些碱性氨基酸中,Arg₄₀₁对于 RNA 结合是必需的,而 Arg₃₉₉和 Lys₄₀₀则不是必需的,因此推测 h2-RRKRIAKGSG-h3 序列可能是 Ffh 结合 RNA 的最小组成^[10]。

综上所述,Ffh 各个功能域协调作用,识别结合新生蛋白,并与其受体 FtsY 结合,完成蛋白的转运。Ffh 本质是 GTP 酶,其酶活性受 RNA 及其受体 FtsY 的影响,只有当三者形成复合物时,Ffh 才能表现出强的 GTP 酶活性,这与作为分子开关的普通 GTP 酶是不同的,而且 Ffh 本身与 GTP 的结合能力要比其他 GTP 酶弱;另外 Ffh 对于大肠杆菌细胞正常生长是必需的。如果将 Ffh 突变使其丧失 GTP 酶活性,会使蛋白转运严重受阻,细胞形态变长,最终无法存活^[11]。4.5S RNA 在 SRP 介导的蛋白识别转运中发挥“稳定剂”和“催化剂”的作用,能促进 FtsY 和 Ffh 的结合,并稳定 FtsY-Ffh-RNA 复合物,但其对 FtsY 和 Ffh 的结合并非必需的,进一步研究表明 4.5S RNA 具有催化作用,可以使 Ffh 和 FtsY 结合与解离速率提高 200 倍,显著提高 FtsY 和 Ffh 复合物的 GTP 酶活性^[12]。4.5S RNA 大小约为 100bp,形成突出的“发卡”结构,具有保守的 S 和 Alu 二级结构,Alu 中的 IV 结构域与真核生物 7S RNA 的螺旋 8(Helix 8)相似,是 Ffh 结合位点;其对称环由 4 个非 Watson-Crick 碱基对组成(AG,GG,CA 和 AC),非对称环含有 ACC 碱基^[13],上述结构是原核生物 SRP RNA 的保守区域。

2.2 Ffh 受体 FtsY 的结构与功能

在原核生物中,Ffh 受体 FtsY 是单亚基蛋白,序列及功能与真核生物细胞中信号识别颗粒受体 α 亚基(alpha subunit of signal recognition particle receptor,SR α)相似,也含有 3 个保守结

构域:N 末端含酸性氨基酸的结构域(大肠杆菌为 A 结构域)中间的 N 结构域和 C 末端的 G 结构域。目前对于受体 FtsY 的作用机制还不明晰,未解决的主要问题是 FtsY 的定位及其在蛋白跨膜转运中的作用。在大肠杆菌中,FtsY 结合在质膜外周,其 A 和 NG 结构域都能与膜结合,但结合方式不同,因为用尿素可以将膜上的 A 结构域去除,而同样条件下 NG 结构域却仍牢固地结合在膜上^[14]。如果 FtsY 缺失 A 结构域,会降低分泌蛋白的转运效率,若添加高浓度的野生型 FtsY 则会提高蛋白转运效率,即使 NG 结构域单独与膜受体融合,亦能正常行使功能^[15];这些结果预示在大肠杆菌中 FtsY 可能通过 A 功能域与膜结合,将 NG 功能域固定于膜上,而且膜上应存在 FtsY 结合的特异性位点,但至今还未发现。研究还发现,不同原核生物 FtsY 的 N 端结构域存在显著差别,这种差别的原因目前未知,但反映出 FtsY 与膜结合能力或方式的不同^[16,17]。

相对于 A 结构域,FtsY 的 NG 结构域非常保守,与 Ffh 的 NG 结构域功能相似,能够结合并催化水解 GTP。^[18]对 FtsY 的 NG 结构域晶体结构分析表明,N 结构域和 G 结构域通过 α - β - α 型扩展臂相连,扩展臂是由 N 结构域内的保守氨基酸“DVN”和 G 结构域内的“DARGG”对接而成^[19],该连接体比 Ffh 的 NG 结构域长,在没有核苷酸存在时,NG 结构域易受蛋白酶降解^[20]。另外,FtsY 和 Ffh 的结合亦是两者 NG 结构域间的相互作用实现^[21],在非水解性核苷酸类似物作用下,FtsY 和 Ffh 的两个 NG 结构域也可以形成稳定的晶体复合物,只是形成过程比较缓慢^[22]。

在对 FtsY 胞内功能的研究中,如果将其 GTP 结合位点突变后会降低结合 Ffh 能力的降低;如果将 ftsY 基因完全敲除,则会导致 β -内酰胺酶(Bla)孔道蛋白 OmpF 和尿视黄醇结合蛋白(RBP)前体物的积累,并引起细胞表型的变化,这种变化与完全敲除 ffh 基因类似;相反地,如果过量表达 ftsY,也同样会降低 β -内酰胺酶(Bla)和孔道蛋白 OmpF 前体物的转运效率,这可能是由于 FtsY 和 Ffh 间无效的相互作用所致^[23]。

FtsY 同样具有 GTPase 活性,但其本身水解 GTP 的活性较低,而 4.5SRNA、Ffh 和 FtsY 三者相互作用表现强的 GTP 酶活性,同时,Ffh 的 GTP 酶活性会受到信号肽的抑制,这些现象表明 FtsY 能够刺激 Ffh 的 GTP 酶活性^[24]。另外,对水生栖热菌 FtsY 和 Ffh 蛋白结构和蛋白突变分析发现,天冬氨酸、精氨酸和天冬酰胺在两者的 GTP 活性中发挥重要作用^[25]。

2.3 GTP 在 SRP 介导的蛋白识别转运中的作用

能量分子 GTP 在 SRP 介导的蛋白识别转运过程中发挥了重要的作用^[26],无论真核生物的 SRP54、SR α 、SR β (beta subunit of signal recognition particle receptor),还是原核生物的 Ffh、FtsY 都具有 GTP 结合和催化活性,因此 GTP 的结合和水解对于 SRP 介导的蛋白识别转运的发生和往复循环是必要的。体外免疫共沉淀和凝胶阻滞试验研究表明 FtsY 与 Ffh 的结合需要 GTP 的参与,而且是必需的,两者结合后互相激发 GTP 酶活性,GTP 水解则使 SRP 与 FtsY 复合物解离^[27,28]。

GTP除了上述作用, Ffh结合GTP或GDP会使其G结构域发生显著变化,能阻止蛋白酶的降解^[29]。对于FtsY核糖核苷酸的结合同样会影响其结构变化,使其抵抗蛋白酶的消化。那么GTP是如何保护FtsY蛋白免受蛋白酶的降解的呢?如果在反应中不添加GTP, FtsY经蛋白酶K水解后被完全降解,反之, FtsY未被完全酶解,产物中出现33kD大小的蛋白;如果将FtsY突变后,即使GTP存在,蛋白酶K也会将FtsY彻底水解,若用GDP代替GTP,虽然对野生型FtsY的保护作用微乎其微,但对突变型FtsY有很强的保护作用,这可能是由于突变蛋白与GDP有高亲和力或释放GDP的能力降低,这些研究表明GTP的保护作用并非FtsY水解GTP产生GDP的结果。进一步对中间降解产物33kD蛋白N末端的6个氨基酸进行测序,发现丢失了N端187个氨基酸,这一区域是GTP结合位点,同样也是蛋白酶水解位点,未被降解的C端恰好为预测的X-N结构域,该结构域折叠为紧密的抗蛋白酶结构^[28]。

2.4 链霉菌SRP介导的蛋白识别与转运途径

关于链霉菌SRP介导的蛋白识别转运分子机制,国内外至今鲜有报道,仅有Palacin等^[30]通过免疫共沉淀发现变铅青链霉菌(*Streptomyces lividans*)中SRP途径组分Ffh和FtsY类似物,以及胞质小RNA(small cytoplasmic RNA, scRNA)推测链霉菌中可能存在SRP介导的蛋白识别转运途径。

浙江大学李永泉等(未发表)通过搜索天蓝链霉菌(*Streptomyces coelicolor*)基因和蛋白数据库,发现在天蓝链霉菌中也存在类似于SRP途径的组分FtsY、Ffh和4.5S RNA,进一步序列比对分析发现天蓝链霉菌FtsY与人SRP受体蛋白 α 亚基的序列一致性为35%,与大肠杆菌FtsY的一致性为67%,而天蓝链霉菌Ffh与人SRP54蛋白序列的一致性为43%,与大肠杆菌Ffh蛋白的一致性为48%。4.5S RNA与大肠杆菌中的4.5S RNA的序列一致性为87%。运用生物信息学的方法,对所有已测序的原核生物全基因组进行同源性分析,发现SRP受体类似物FtsY亚基N-末端比真核细胞SRP受体 α 亚基多出一段氨基酸序列,此类蛋白可分为两类:一类以天蓝链霉菌为代表,其FtsY类似物(SCO5580)的N-末端的氨基酸序列具有典型的跨膜结构域;第二类以大肠杆菌为代表,N-末端序列长度不等但含有大量疏水氨基酸。进一步对天蓝链霉菌Ffh和FtsY蛋白序列进行了功能预测和分析,通过原核表达系统对天蓝链霉菌FtsY和Ffh蛋白中具有生物学功能的NG结构域进行了体外生化性质研究,证明两者的NG结构域都具有GTP结合和酶解活性;并通过分子活体影像技术,发现天蓝链霉菌FtsY的N-末端序列有助于其在细胞膜上的定位,初步揭示了链霉菌中SRP介导蛋白识别转运途径的分子机制。

3 展望

综上所述,原核生物SRP途径的研究取得了显著进展,大肠杆菌Ffh、FtsY和4.5S RNA的结构与体外功能已进行了较为详尽的解析,但原核生物SRP介导的蛋白识别转运途径

中的关键问题—Ffh/FtsY/4.5SRNA复合物是如何相互协同作用以及如何定位于质膜,至今未有深入的研究报道。尽管研究表明大肠杆菌中FtsY的A结构域具有膜定位功能,但原核生物间的FtsY蛋白N末端千差万别,是否都具有这样的功能,还有待于进一步研究。如何彻底诠释Ffh/FtsY/4.5SRNA复合物协同作用动力学过程和膜定位机理,以及SRP途径对细胞膜蛋白组成、形态分化和次生代谢的调控作用,是阐明原核生物SRP介导蛋白识别转运途径分子作用机制的关键,并最终从分子进化角度统一原核生物和真核生物的蛋白识别转运机制。

参 考 文 献

- [1] Walter P, Blobel G. Purification of membrane-associated protein complex required for protein translocation across the endoplasmic reticulum. *Proc Natl Acad Sci*, 1980, **77**: 7112–7116.
- [2] Blobel G, Dobberstein B. Transfer of proteins across membranes. I. Presence of proteolytically processed and unprocessed nascent immunoglobulin light chains on membrane-bound ribosomes of murine myeloma. *J Cell Biol*, 1975, **67**: 835–851.
- [3] Meyer D I, Krause E, Dobberstein B. Secretory protein translocation across membranes: the role of “docking protein.” *Nature*, 1982, **297**: 647–650.
- [4] Romisch K, Webb J, Herz J, et al. Homology of 54K protein of signal-recognition particle, docking protein and two *E. coli* proteins with putative GTP-binding domains. *Nature*, 1989, **340**(6233): 478–482.
- [5] Luirinka J, Sinning I. SRP-mediated protein targeting: Structure and function revisited. *Biochimica et Biophysica Acta*, 2004, **1509**: 1–19.
- [6] Luirink J, Ten Hagen-Jongman C M, Van der Weijden C C, et al. An alternative protein targeting pathway in *Escherichia coli*: studies on the role of FtsY. *EMBO J*, 1994, **13**: 2289–2296.
- [7] Freymann D M, Keenan R J, Stroud R M, et al. Functional changes in the structure of the SRP GTPase on binding GDP and Mg^{2+} GDP. *Nature Struct Biol*, 1999, **6**: 793–801.
- [8] Batey R T, Sagar M B, Doudna J A. Structural and energetic analysis of RNA recognition by a universally conserved protein from the signal recognition particle. *J Mol Biol*, 2001, **307**(1): 229–246.
- [9] Doud S K, Chou M M, Kendall D A. Titration of protein transport by incremental changes in signal peptide hydrophobicity. *Biochemistry*, 1993, **32**: 1251–1256.
- [10] Kurita K, Honda K, Suzuma S, et al. Identification of a region of *Bacillus subtilis* Ffh, a homologue of mammalian SRP54 protein, that is essential for binding to small cytoplasmic RNA. *J Biol Chem*, 1996, **271**: 13140–13146.
- [11] Samuelsson T, Olsson M, Wikström P M, et al. The GTPase activity of the *Escherichia coli* Ffh protein is important for normal growth. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1995, **1267**: 83–91.
- [12] Peluso P, Shan S, Nock S, et al. Role of SRP RNA in the GTPase cycles of Ffh and FtsY. *Biochemistry*, 2001, **40**: 15224–15233.

- [13] Vannues R W , Brown J D. *Saccharomyces* SRP RNA secondary structures : A conserved S-domain and extended Alu-domain. *RNA* , 2004 , **10** :75 – 89.
- [14] Luirink J , Ten Hagen-Jongman C M , Tan Der Weijden C C , *et al.* An alternative protein targeting pathway in *Escherichia coli* : studies on the role of FtsY. *EMBO J* , 1994 , **13** :2289 – 2296.
- [15] Zelazny A , Seluanov A , Cooper A , *et al.* The NG domain of the prokaryotic signal recognition particle receptor , FtsY , is fully functional when fused to an unrelated integral membrane polypeptide. *Proc Natl Acad Sci* , 1997 , **94** :6025 – 6029.
- [16] Roömisch K , Webb J , Herz J , *et al.* Homology of 54K protein of signal-recognition particle , docking protein and two *E. coli* proteins with putative GTP-binding domains. *Nature* , 1989 , **340** :478 – 482.
- [17] Eitan A , Bibi E. The core *Escherichia coli* signal recognition particle receptor contains only the N and G domains of FtsY. *Journal of Bacteriology* , 2004 , **186**(8) :2492 – 2494.
- [18] Eitan A , Herskovits S , Bochkareva Z. Putative integral membrane SRP receptors. *TRENDS in Biochemical Sciences* , 2001 , **26** :15 – 16.
- [19] Montoya G , Svensonn C , Luirink J , *et al.* Crystal structure of the NG domain from the signal-recognition particle receptor FtsY. *Nature* , 1997 , **385** :365 – 368.
- [20] Moser C , Mol O , Goody R S , *et al.* The signal recognition particle receptor of *Escherichia coli* (FtsY) has a nucleotide exchange factor built into the GTPase domain. *Proc Natl Acad Sci* , 1997 , **94** :11339 – 11344.
- [21] Chu F , Shan S , Moustakas D T , *et al.* Unraveling the interface of signal recognition particle and its receptor by using chemical cross-linking and tandem mass spectrometry. *Proc Natl Acad Sci* , 2004 , **101**(47) :16454 – 16459.
- [22] Shepotinovskaya I V , Focia P J , Freymann D M. Crystallization of the GMPPCP complex of the NG domains of *Thermus aquaticus* Ffh and FtsY. *D Biol Crystallogr* , 2003 , **59** :1834 – 1837.
- [23] Kusters R , Lentzen G , Eppens E , *et al.* The functioning of the SRP receptor FtsY in protein-targeting in *E. coli* is correlated with its ability to bind and hydrolyse GTP. *FEBS Letters* , 1995 , **372** :253 – 258.
- [24] Keenan R J , Freymann D M , Stroud R M , *et al.* The signal recognition particle. *Ann Rev Biochem* , 2001 , **70** :755 – 775.
- [25] Egea P F , Shan S O , Napetschnig J , *et al.* Substrate twinning activates the signal recognition particle and its receptor , *Nature* , 2004 , **427** :215 – 221.
- [26] Robyn L G , Eric C P , Yuan J G , *et al.* Regulation of the GTPase Cycle in Post-translational Signal Recognition Particle-based Protein Targeting Involves cpSRP43. *J Biol Chem* , 2004 , **279** :43077 – 43084.
- [27] Miller J D , Bernstein H D , Walter P. Interaction of *E. coli* Ffh/4.5S ribonucleoprotein and FtsY mimics that of mammalian signal recognition particle and its receptor. *Nature* , 1994 , **367**(6464) :657 – 659.
- [28] Kusters R , Lentzen G , Eppens E , *et al.* The functioning of the SRP receptor FtsY in protein-targeting in *E. coli* is correlated with its ability to bind and hydrolyse GTP. *FEBS Letters* , 1995 , **372** :253 – 258.
- [29] Farnery M , Macao B , Larsson T , *et al.* Binding of GTP and GDP induces a significant conformational change in the GTPase domain of Ffh , a bacterial homologue of the SRP 54 kDa subunit. *Biochimica et Biophysica Acta* , 1998 , **1385** :61 – 68.
- [30] Palacin A , Fuente R , Valle I , *et al.* *Streptomyces lividans* contains a minimal functional signal recognition particle that is involved in protein secretion. *Microbiology* , 2003 , **149** :2435 – 2442.

Research progress of targeting and translocation of proteins mediated by signal recognition particle in prokaryote

ZHENG Jing DONG Hui-jun WANG Chun-xia GUAN Wen-jun LI Yong-quan*
(College of Life Science , Zhejiang University , Hangzhou 310027 , China)

Abstract : How proteins are targeted and translocated mediated by signal recognition particle (SRP) in eukaryotic cell is very clear and uniform. In contrast , SRP systems are different in various kinds of prokaryotic cells , So it is difficult to identify. Nowadays , the studies of prokaryotic SRP system focus on the structure and function of Ffh , FtsY , 4.5S RNA , and GTP as a regulating molecular. Here , a description was given on research progress of constitutes , structures and functions of bacterial SRP complex proteins. The research status of streptomyces SRP pathway was also reviewed , and this study in streptomyces will be helpful to explain the molecular mechanism of prokaryotic SRP system.

Key words : Prokaryote , Signal recognition particle , Targeting and translocation of proteins

* Corresponding author. Tel : 86-571-87953134 ; Fax : 86-571-87951232 ; E-mail : lyq1962@yahoo.com