

杨艳北, 许 晶, 李袁飞, 等. 沼泽红假单胞菌 LuxR 家族调控蛋白的生物信息学分析[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(6): 40–45.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.06.006

# 沼泽红假单胞菌 LuxR 家族调控蛋白的生物信息学分析

杨艳北<sup>1</sup>, 许 晶<sup>2</sup>, 李袁飞<sup>1</sup>, 贡继尚<sup>1</sup>, 饶友生<sup>1</sup>

(1. 南昌师范学院生物技术研究所/江西省地方鸡种遗传改良重点实验室, 江西南昌 330000; 2. 南昌师范学院生物系, 江西南昌 330000)

**摘要:** LuxR 家族调控蛋白调控革兰氏阴性细菌群体感应系统, 从而影响细菌生物被膜的形成。利用在线生物信息学预测软件, 分析 LuxR 家族调控蛋白序列, 对其理化性质、亲水性/疏水性、亚细胞定位、信号肽、二级结构、三级结构、磷酸化位点、跨膜结构域和功能结构域进行分析和预测, 为后续研究生物被膜形成机制奠定基础, 也为生物被膜增强剂的开发提供新的思路。结果表明: LuxR 家族调控蛋白为不稳定的亲水性蛋白; 定位在细菌的细胞质中; 无信号肽结构, 推断其为非分泌性蛋白; 二级结构中含有  $\alpha$ -螺旋、 $\beta$ -转角、延伸链和无规则卷曲等结构元件;  $\alpha$ -螺旋和无规则卷曲对三级结构的稳定和功能发挥具有重要意义; 含有 5 个磷酸化位点, 其中丝氨酸磷酸化位点包括第 79 位、第 165 位和第 171 位氨基酸, 其中苏氨酸磷酸化位点包括第 90 位和第 211 位氨基酸; 无跨膜结构域, 推测 LuxR 家族调控蛋白不属于跨膜蛋白; LuxR 家族调控蛋白参与细菌群体感应系统, 含有 2 个保守结构域, 分别为 Autoind\_bind 和 HTH\_LUXR, 该蛋白通过这 2 个保守结构域起到转录调控的作用。

**关键词:** 沼泽红假单胞菌; LuxR; 生物信息学; 生物被膜

**中图分类号:** S188 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)06-0040-05

沼泽红假单胞菌是光合细菌的代表菌株之一, 属于益生菌的一种, 广泛作为动物饲料添加剂和水质净化剂使用。沼泽红假单胞菌自身能够产生生物被膜<sup>[1]</sup>, 利用生物被膜这一天然保护状态能够提高细菌的存活率, 增加活菌数量, 稳定产品质量。生物被膜是指细菌黏附于接触物表面而形成的极其复杂的三维立体结构, 这种复杂的细菌聚集体结构, 抗逆性强, 是大多数细菌在自然状态下的生长方式。生物被膜使细菌能够在恶劣的自然环境下生存和繁殖。与浮游状态下的细菌相比, 生物被膜状态下的细菌具有更强的生存能力, 例如抗冷冻能力、抗干燥能力、耐热性和耐酸性等<sup>[2-3]</sup>。LuxR 家族调控蛋白是一类在革兰氏阴性细菌群体感应中

起重要作用的调控蛋白, 它们参与由酰基高丝氨酸内酯介导的多种生物学过程, 包括调控细菌生物被膜形成、质粒转移、生物发光以及多种胞外酶、毒力因子和次生代谢产物的合成。LuxR 家族调控蛋白通过群体感应系统影响生物被膜的形成<sup>[4]</sup>。本研究采用生物信息学的分析方法, 对 LuxR 家族调控蛋白的理化性质、亲水性/疏水性、亚细胞定位、信号肽、二级结构、三级结构、磷酸化位点、跨膜结构域和功能结构域进行分析和预测, 为后续研究沼泽红假单胞菌生物被膜形成机制奠定基础, 也为生物被膜增强剂的开发提供新的思路。

## 1 材料与方法

### 1.1 数据来源

试验中沼泽红假单胞菌的 LuxR 家族调控蛋白序列来自于美国国家生物信息中心 (NCBI) 已登录的序列, 蛋白质序列编码为 WP\_011155889.1 (LuxR family transcriptional regulator [*Rhodopseudomonas palustris*])。

### 1.2 研究方法

在线生物信息学预测软件分析 LuxR 家族调控蛋白序列 (试验时间: 2020 年 5 月, 试验地点: 江西省南昌市): 利用 ProtParam (<https://web.expasy.org/protparam/>) 分析理化性质; 利用 ProtScale

收稿日期: 2020-07-02

基金项目: 江西省教育厅科学技术研究项目 (编号: GJJ181090、GJJ202631); 南昌师范学院校级科研项目 (编号: 20RWYB02); 南昌师范学院博士科研启动基金 (编号: NSBSJJ2018023); 国家自然科学基金 (编号: 31460595); 南昌师范学院“11531”工程。

作者简介: 杨艳北 (1986—), 男, 吉林长春人, 博士, 讲师, 主要从事蛋白质组学和生物信息学研究, E-mail: 731294789@qq.com; 共同第一作者: 许 晶 (1988—), 女, 河南焦作人, 硕士, 实验师, 主要从事微生物学和生物信息学研究, E-mail: 1302522503@qq.com。

通信作者: 饶友生, 博士, 教授, 主要从事遗传学研究。E-mail: rys8323571@aliyun.com。

(<https://web.expasy.org/protscale/>) 进行亲水性、疏水性的分析和预测;利用 PSORTb version 3.0.2 (<https://www.psort.org/psortb/>) 和 LocTree3 (<https://www.rostlab.org/services/loctree3/>) 进行细菌亚细胞定位分析和预测;利用 SignalP 4.1 Server (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP-4.1/>) 进行信号肽分析和预测;利用 SOPMA ([https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/npsa\\_automat.pl?page=/NPSA/npsa\\_sopma.html](https://npsa-prabi.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=/NPSA/npsa_sopma.html)) 进行蛋白质二级结构分析和预测;利用 SWISS-MODEL (<https://swissmodel.expasy.org/>) 进行蛋白质三级结构分析和预测;利用 NetPhosBac 1.0 server (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?NetPhosBac-1.0>) 进行细菌蛋白质的磷酸化位点分析和预测;利用 TMHMM 2.0 server (<https://services.healthtech.dtu.dk/service.php?TMHMM-2.0>) 进行跨膜结构域的分析;利用 NCBI 的保守域数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>) 进行功能结构域分析和预测。

## 2 结果与分析

### 2.1 LuxR 理化性质分析

利用 ProtParam 分析 LuxR 的理化性质。LuxR 的氨基酸数量为 243 个,其中含量较多的氨基酸为丙氨酸(34 个,14.0%)、亮氨酸(25 个,10.3%)、精氨酸(23 个,9.5%)。LuxR 的分子量为 26 937.94 u,理论等电点为 7.73。LuxR 含有 4 个半胱氨酸,说明 LuxR 可能具有二硫键。LuxR 不含有吡咯赖氨酸和硒半胱氨酸等稀有氨基酸。LuxR 的氨基酸组成分别为丙氨酸(34 个,14.0%)、精氨酸(23 个,9.5%)、天冬酰胺(5 个,2.1%)、天冬氨酸(14 个,5.8%)、半胱氨酸(4 个,1.6%)、谷氨酰胺(4 个,1.6%)、谷氨酸(14 个,5.8%)、甘氨酸(14 个,5.8%)、组氨酸(6 个,2.5%)、异亮氨酸(14 个,5.8%)、亮氨酸(25 个,10.3%)、赖氨酸(6 个,2.5%)、甲硫氨酸(5 个,2.1%)、苯丙氨酸(8 个,3.3%)、脯氨酸(15 个,6.2%)、丝氨酸(15 个,6.2%)、苏氨酸(11 个,4.5%)、色氨酸(6 个,2.5%)、酪氨酸(6 个,2.5%)、缬氨酸(14 个,5.8%)。LuxR 带负电荷氨基酸残基数(天冬氨酸+谷氨酸)为 28 个,带正电荷氨基酸残基数(精氨酸+赖氨酸)为 29 个,其分子式为  $C_{1203}H_{1897}N_{345}O_{341}S_9$ ,原子总数为 3 795。假设 LuxR 的胱氨酸残基以半胱

氨酸的形式出现,即形成二硫键,LuxR 的消光系数为 42 190 L/(mol·cm),吸光度( $D_{280\text{ nm}}$ )为 1.566;假设二硫键全部打开,LuxR 的消光系数为 41 940 L/(mol·cm),吸光度( $D_{280\text{ nm}}$ )为 1.557。当 LuxR 的 N 端为甲硫氨酸时,在体外培养的网织红细胞内的半衰期为 30 h,在酵母菌细胞内的半衰期大于 20 h,在大肠杆菌细胞内的半衰期大于 10 h。LuxR 的不稳定系数为 42.59,因此推测 LuxR 为不稳定蛋白(蛋白质的稳定系数大于阈值 40 时,其在溶液中性质不稳定)。LuxR 脂肪指数为 93.29,亲水性平均值为 -0.075。LuxR 亲水性平均值为负值,表明此蛋白为亲水性蛋白。

### 2.2 LuxR 亲水性/疏水性分析

利用 ProtScale 分析 LuxR 的亲水性/疏水性。如图 1 所示,LuxR 多肽链中,第 103 位天冬氨酸和第 176 位异亮氨酸有最低分值 -2.678,亲水性最强;第 204 位异亮氨酸和第 205 位亮氨酸有最高分值 2.111,疏水性最强;亲水性氨基酸数量较多,且亲水性平均值为 -0.075,因此 LuxR 表现为亲水性。

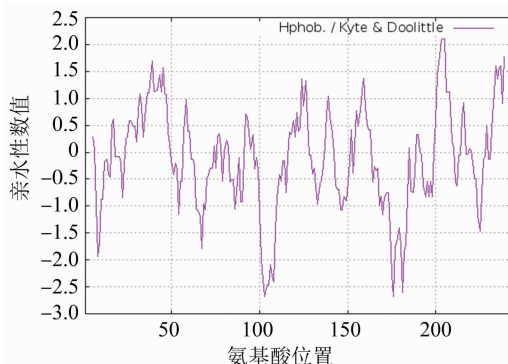


图1 LuxR 亲水性/疏水性预测

### 2.3 LuxR 亚细胞定位分析

利用 PSORTb version 3.0.2 分析 LuxR 的亚细胞定位。PSORTb v3.0.2 是目前最精确的细菌定位预测工具之一。LuxR 的亚细胞定位分数分别为:细胞质 9.97,细胞质膜 0.01,周质 0.01,外膜 0.00,细胞外 0.00。定位分数显示 LuxR 定位在细菌的细胞质中。利用 LocTree3 分析 LuxR 的亚细胞定位。由图 2 可见,LuxR 定位在细胞质中,亚细胞定位分数 95,精确度 98%。基于上述 2 种在线软件的亚细胞定位预测结果表明,LuxR 定位在细胞质中。

### 2.4 LuxR 信号肽分析

利用 SignalP 4.1 Server 分析 LuxR 的信号肽。由图 3 可见,原始剪切位点 C 最大值在第 55 个氨基酸,分数为 0.154;综合剪切位点 Y 最大值在第 55

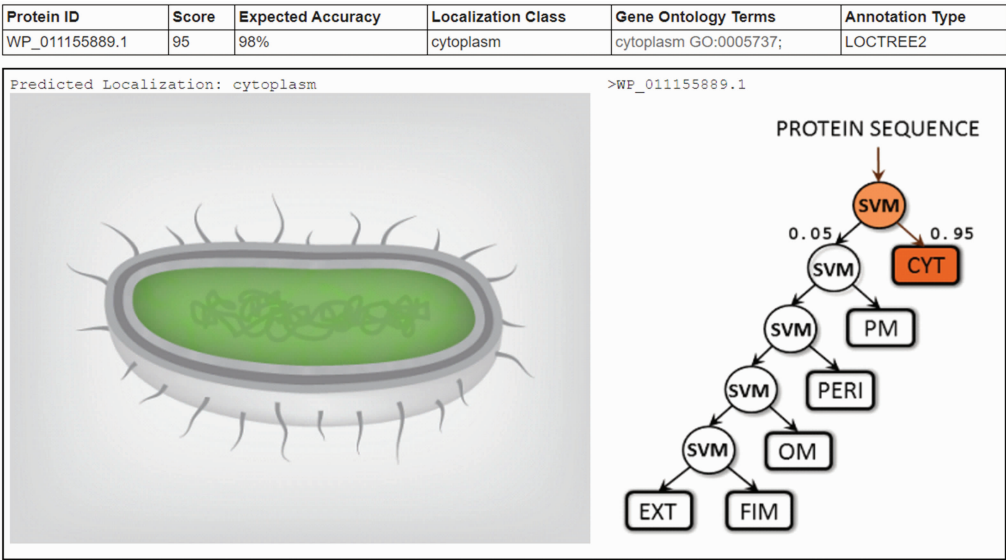


图2 LuxR 亚细胞定位预测

个氨基酸,分数为 0.154;信号肽 S 最大值在第 42 个氨基酸,分数为 0.257;平均信号肽 S 值在第 1 ~ 54 个氨基酸之间,平均值是 0.107;*D* 值在第 1 ~ 54 个氨基酸之间,平均值是 0.132;临界值是 0.570。*D* 值是信号肽 S 最大值和综合剪切位点 Y 最大值的平均值,对区分是否为分泌蛋白具有至关重要的作用。*D* 值小于临界值,LuxR 未发现信号肽序列,因此推断 LuxR 为非分泌性蛋白。

2.5 LuxR 二级结构分析

利用 SOPMA 分析 LuxR 的二级结构。由图 4 可见,LuxR 可能包含的二级结构分别为: $\alpha$ -螺旋(蓝色)115 个,占 47.33%; $\beta$ -转角(绿色)14 个,占 5.76%;延伸链(红色)30 个,占 12.35%;无规则卷曲(紫色)84 个,占 34.57%。 $\alpha$ -螺旋及无规则

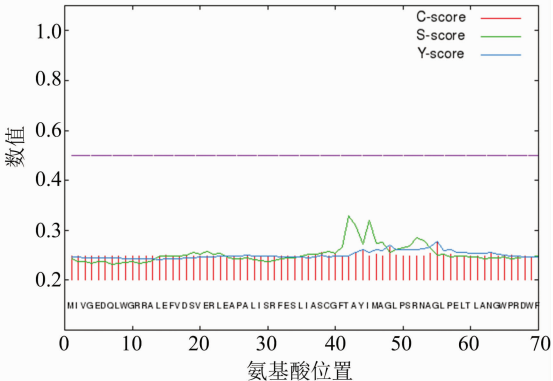


图3 LuxR 信号肽分析结果

卷曲是 LuxR 二级结构中最大量的结构元件。

2.6 LuxR 三级结构分析

利用 SWISS-MODEL 分析 LuxR 三级结构,得到 6 个预测模型,其中以 PDB ID:2q0o.1.A 为模板

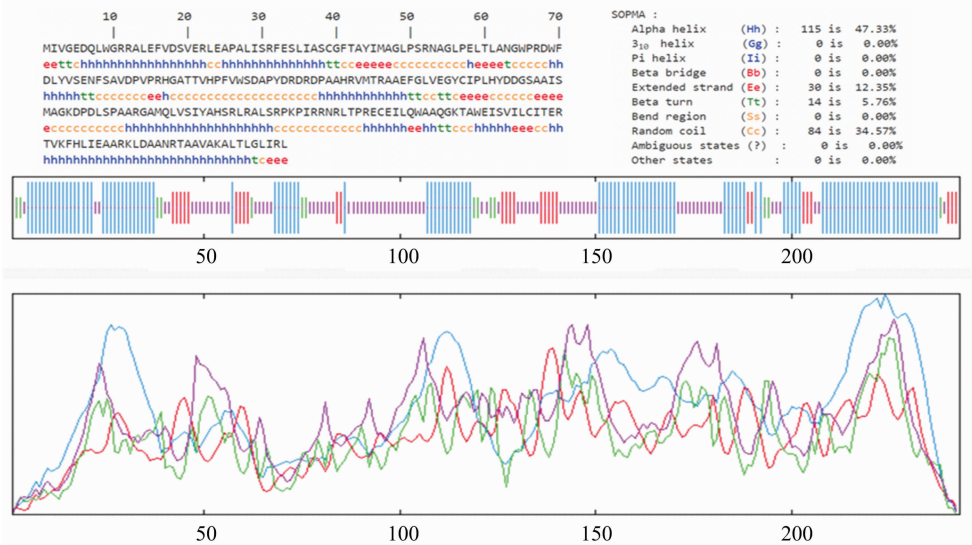


图4 LuxR 二级结构预测

的预测模型质量最高,作为本研究中的 LuxR 预测模型。由图 5 可见,LuxR 预测模型与模板序列相似度为 24.11%。在本研究中,LuxR 预测模型的全局模型质量评估分数(GMQE)为 0.64,明显高于其他预测模型,更接近 1。GMQE 是一种质量评估方法,生成的 GMQE 在 0 到 1 之间,数字越高,越接近 1 表明可靠性越高。在本研究中,LuxR 预测模型的

QMEAN 分数为 -2.45,比其他预测模型更接近 0。QMEAN 分数在 0 左右,表明模型结构与试验结构具有良好的一致性。QMEAN 分数在 -4.0 以下表示模型质量较低。通过 SWISS - MODEL 预测得出 LuxR 的三级结构(图 6),可见其  $\alpha$  - 螺旋和无规则卷曲结构丰富,数量较多。推测  $\alpha$  - 螺旋和无规则卷曲对 LuxR 三级结构的稳定和功能发挥具有重要意义。

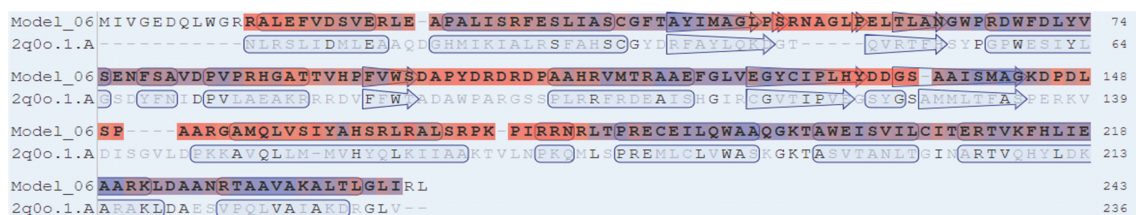


图5 LuxR 预测模型与模板序列对比

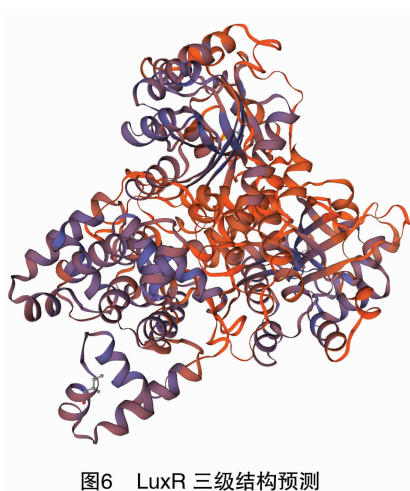


图6 LuxR 三级结构预测

## 2.7 LuxR 磷酸化位点分析

利用 NetPhosBac 1.0 server 分析 LuxR 的磷酸化位点。由图 7 可见,磷酸化位点有 5 个,其中丝氨酸磷酸化位点包括:第 79 位氨基酸(残基得分:0.721),第 165 位氨基酸(残基得分:0.635),第 171 位氨基酸(残基得分:0.573);苏氨酸磷酸化位点包括:第 90 位氨基酸(残基得分:0.545),第 211 位氨基酸(残基得分:0.516)。残基得分介于 0 和 1 之间,当得分高于 0.5 时,残基被预测为磷酸化位点。

## 2.8 LuxR 跨膜结构域分析

利用 TMHMM 2.0 server 分析 LuxR 的跨膜结构域。如图 8 所示,预测 LuxR 位于膜外(粉色细线)的概率接近 100%,位于膜内(蓝色细线)和跨膜区域(红色细线)的概率几乎为 0。粉色粗线代表多肽链中跨膜区域所在位置。因 LuxR 无跨膜结构域,所以图中不显示相应的标记,推测 LuxR 不属于跨膜蛋白。

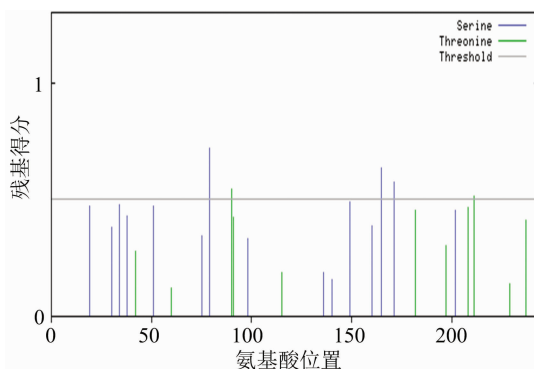


图7 LuxR 磷酸化位点预测

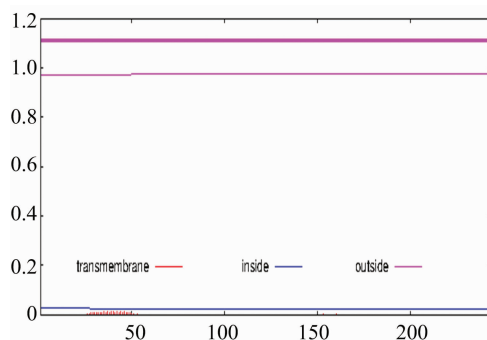


图8 LuxR 跨膜结构域预测

## 2.9 LuxR 功能结构域分析

利用 NCBI 的保守域数据库进行功能结构域分析,结果显示,LuxR 参与细菌的群体感应系统。由图 9 可见,LuxR 在第 27 ~ 167 位氨基酸处含有保守结构域 Autoind\_bind,该结构域与自诱导物分子能够特异性结合,属于转录调控因子超家族;LuxR 在 180 ~ 235 位氨基酸处含有保守结构域 HTH\_LUXR,该结构域与 DNA 特异性结合,起到转录调控因子的作用,属于  $\alpha$  - 螺旋蛋白结构域超家族。因此,LuxR



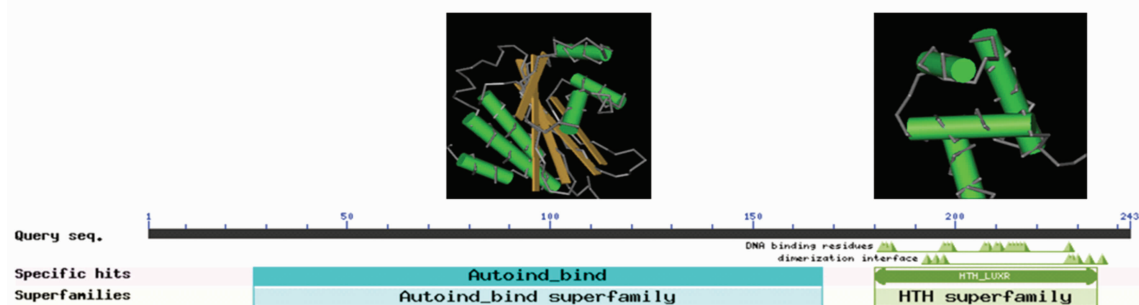


图9 LuxR 功能结构域预测

通过 Autoind\_bind 和 HTH\_LUXR 2 个保守结构域起到转录调控的作用。

### 3 讨论与结论

沼泽红假单胞菌属于益生菌的一种,在畜禽和水产养殖、农作物种植及污水处理方面表现出极高的应用价值<sup>[5]</sup>。益生菌的发展经过 4 个阶段:第 1 代益生菌为不经包被处理的菌株,以浮游状态或冷冻干燥状态存在;第 2 代益生菌为药用胶囊包被的冷冻干燥菌体;第 3 代益生菌为荚膜包被或微胶囊制备的菌剂;近几年,第 4 代益生菌的研发正在蓬勃兴起,其主要创新点就在于生物被膜状态下的益生菌制备和微胶囊技术的换代升级<sup>[3,5]</sup>。在此研究的大背景下,本研究采用生物信息学的分析方法,对沼泽红假单胞菌生物被膜形成过程中的关键调控蛋白 LuxR 的理化性质和结构特征进行预测,为后续研究沼泽红假单胞菌生物被膜形成机制奠定坚实的基础。

功能结构域分析结果显示,LuxR 家族调控蛋白参与细菌群体感应系统。细菌群体感应现象是指细菌数量达到一定阈值,同时信号分子的浓度也达到一定的水平,细菌之间通过信号分子进行交流,从而调控自身生理特征,并改变自身生理状态的一种现象。细菌之间存在大量的信息交流和沟通,细菌不是完全独立的个体<sup>[6-7]</sup>。LuxR 系统作为革兰氏阴性细菌中普遍存在的一种群体感应系统,在细菌的生存和繁衍过程中发挥着极其重要的调控作用,例如:LuxR 家族调控蛋白通过群体感应系统影响生物被膜的形成,增强其对抗外界恶劣自然环境的能力<sup>[8-9]</sup>。LuxR 家族调控蛋白能够与酰基高丝氨酸内酯结合,形成活性分子进而启动下游相关基因的转录和翻译<sup>[7,10-11]</sup>。LuxR 型蛋白的 N 端为信号分子酰基高丝氨酸内酯的结合区域,C 端含有保守的螺旋-转角-螺旋结构,能够与目的基因特异

性结合<sup>[4,12]</sup>,本研究中的 LuxR 家族调控蛋白也具有类似的二级和三级结构。虽然 LuxR 的高级结构大致相同,但是 LuxR 的一级结构差异明显。不同种属的微生物之间,LuxR 一级结构的氨基酸序列差异较大,具有较多的替代氨基酸<sup>[4]</sup>。LuxR 家族调控蛋白作为生物被膜形成过程中的关键蛋白<sup>[13]</sup>,是理想的生物被膜增强剂的候选蛋白,因此,通过不断对其进行深入研究和分析,对生物被膜的人为控制将具有非常良好的诱人前景。本研究采用生物信息学的分析方法,对沼泽红假单胞菌 LuxR 家族调控蛋白的理化性质和结构特征进行预测,为生物被膜增强剂的开发提供了新的思路。

### 参考文献:

- [1] Kernan C, Chow P P, Christianson R J, et al. Experimental and computational investigation of biofilm formation by *Rhodopseudomonas palustris* growth under two metabolic modes[J]. PLoS One, 2015, 10 (6): e0129354.
- [2] 刘 蕾, 刘 义, 李平兰. 益生菌生物被膜的研究进展[J]. 食品科学, 2016, 37(9): 214-219.
- [3] Salas-Jara M J, Ilabaca A, Vega M, et al. Biofilm forming *Lactobacillus*; new challenges for the development of probiotics[J]. Microorganisms, 2016, 4(3): 35.
- [4] 郑世超, 罗 瑛, 鲁 涛. LuxR 家族调控蛋白的结构及功能[J]. 生命科学, 2010, 22(9): 886-895.
- [5] 王 越, 李保珍, 李 丹, 等. 富纳米硒沼泽红假单胞菌的肝保护作用研究[J]. 生物技术通讯, 2018, 29(3): 367-371.
- [6] 张炼辉. 微生物群体感应系统的研究进展[J]. 华南农业大学学报, 2019, 40(5): 50-58.
- [7] 韩云燕, 李渐鹏, 于红雷, 等. LuxR 基因对希瓦氏菌群体感应特性的影响研究[J]. 食品科技, 2019, 44(3): 27-32.
- [8] 涂春田, 汪 洋, 易 力, 等. 信号分子调控细菌生物被膜形成的分子机制[J]. 生物工程学报, 2019, 35(4): 558-566.
- [9] Tang R, Zhu J, Feng L, et al. Characterization of LuxI/LuxR and their regulation involved in biofilm formation and stress resistance in fish spoilers *Pseudomonas fluorescens* [J]. International Journal of Food Microbiology, 2019, 297: 60-71.

许珊华,章嘉淇,卢婷,等. 基于微卫星标记的不同种质资源罗氏沼虾遗传多样性研究[J]. 江苏农业科学,2021,49(6):45-51.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.06.007

# 基于微卫星标记的不同种质资源罗氏沼虾遗传多样性研究

许珊华<sup>1</sup>, 章嘉淇<sup>1</sup>, 卢婷<sup>1</sup>, 符圆<sup>1</sup>, 唐潇<sup>1</sup>, 唐琼英<sup>2</sup>, 夏正龙<sup>3</sup>, 蔡缪荧<sup>3</sup>, 高权新<sup>2</sup>, 李景芬<sup>2</sup>, 杨国梁<sup>2,3</sup>

(1. 湖州师范学院求真学院, 浙江湖州 313000; 2. 湖州师范学院/浙江省水生生物资源养护与开发技术重点实验室/中国水产科学研究院水生动物繁育与营养重点实验室, 浙江湖州 313000; 3. 江苏数丰水产种业有限公司, 江苏高邮 225654)

**摘要:**为探究江浙地区不同罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)群体的遗传多样性和遗传结构,利用 16 个微卫星标记对潮丰(CF)、蓝天(LT)、源泉 A(YQA)、源泉 B(YQB)、嘉丰(JF)、南太湖(NTH)等 6 个江浙地区养殖群体和 1 个泰国正大(ZD)引进群体进行遗传变异分析。结果显示,16 个微卫星位点均为高度多态位点;7 个群体均为较高的遗传多样性,期望杂合度( $H_e$ )和多态信息含量(PIC)均大于 0.7,遗传多样性大小排序为 ZD > YQA > YQB > JF > LT > NTH > CF;遗传分化指数( $F_{st}$ )分析结果显示,泰国正大与江浙地区各群体间存在中等程度的遗传分化, $F_{st}$ 介于 0.101 45 ~ 0.123 48 之间;江浙地区群体除 NTH 与 CF 群体间为中等程度遗传分化( $F_{st}$  = 0.050 98)外,其余群体间的遗传分化程度较低, $F_{st}$ 介于 0.015 71 ~ 0.040 99 之间。AMOVA 分析结果显示,遗传变异主要发生在个体内和群体内个体间,群体间遗传变异仅占 2.10%。依据 Nei's 遗传距离构建的非加权组平均法(UPGMA)系统进化树显示,泰国正大群体独占一支,江浙地区 6 个群体聚为另一支。Structure 分析结果显示,所有样本被划分为 2 个理论群,江浙地区 6 个群体为一个集群,泰国正大群体为一个集群。该研究不但揭示了江浙地区罗氏沼虾养殖群体的遗传多样性现状,而且也为罗氏沼虾种质资源的保护、利用以及优良品种的选育提供了参考信息。

**关键词:**罗氏沼虾;微卫星标记;遗传多样性;遗传结构;种质资源

**中图分类号:** S917.4 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)06-0045-07

罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)别称马来西亚大虾、泰国虾、淡水长臂大虾等,是世界上最大的淡水虾,原产于东南亚地区,具有重要的经济价值和营养价值<sup>[1-2]</sup>。其食性广、生长快、个体大、壳薄体肥、肉质鲜嫩、营养丰富,因而成为广泛养殖的

淡水虾,2016 年全球产量达 23.4 万 t<sup>[3-4]</sup>。罗氏沼虾于 1976 年由中国农业科学院首次引入我国大陆<sup>[5]</sup>,随后在我国十多个省市自治区广泛进行养殖,且产量不断增加,2018 年产量达 13.33 万 t<sup>[6]</sup>。目前,我国已成为全球罗氏沼虾养殖量最多的国家,养殖产量占世界总产量的 50% 以上<sup>[7]</sup>。但在罗氏沼虾产业迅速发展的同时也面临诸多问题,如抗病力下降、生长速度减缓、个体质量减小、性成熟提早等,究其原因主要在于种质资源遗传多样性的丧失。养殖的罗氏沼虾在世代繁衍过程中,往往由于亲本更新不及时和种群较小,而出现近亲繁殖的现象,导致了其遗传多样性的逐渐丧失和种质的退化<sup>[8-10]</sup>。Miao 等报道了一些养殖物种因近交而产生了遗传衰退,而这种遗传衰退已经是一个很严重

收稿日期:2020-08-01

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-48);浙江省农业(水产)新品种选育重大科技专项(编号:2016C02055-2-1);湖州师范学院求真学院大学生创新创业训练科研项目(编号:201902050)。

作者简介:许珊华(1999—),女,浙江金华人,主要从事水产动物遗传育种研究。E-mail:1904810322@qq.com。

通信作者:李景芬,博士,副教授,从事水产动物遗传育种研究, E-mail:lijingfen@zjhu.edu.cn;杨国梁,研究员,从事水产动物遗传育种研究, E-mail:ygl0572@163.com。

[10]李更森,孔晋亮,罗劲,等. 铜绿假单胞菌密度感应系统对铜绿假单胞菌-烟曲霉菌早期混合生物被膜的体外作用研究[J]. 中华医院感染学杂志,2019,29(7):961-965,970.

[11]Zhu Y L, Hou H M, Zhang G L, et al. AHLs regulate biofilm formation and swimming motility of *Hafnia alvei* H4[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10:1330.

[12]Subramoni S, Venturi V. LuxR-family 'solos': bachelor sensors/regulators of signalling molecules[J]. Microbiology, 2009, 155(5): 1377-1385.

[13]舒琴,牛永武,陈启和. 细菌生物被膜中群体感应调控机制及其控制研究展望[J]. 生物加工过程, 2019, 17(3): 292-299.