

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
49(2):198-203; 4 February 2009
ISSN 0001-6209; CN 11-1995/Q
<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>

氨基酸和二肽组成对嗜压微生物蛋白质稳定性的影响

张光亚, 李红春, 高嘉强, 方柏山*

(华侨大学生物工程与技术系, 厦门 361021)

摘要 【目的】比较嗜压和非嗜压微生物中蛋白质在氨基酸和二肽组成上的差异对嗜压蛋白稳定性机理的了解及在此基础上的定向改造具有重要意义。【方法】利用 4 种微生物全蛋白质组信息, 统计了 639 对直系同源序列二级结构氨基酸组成及二肽组成并计算其偏差。【结果】在 β 折叠和无规则卷曲中二者差异明显, β 折叠中, 嗜压蛋白含更多的缬氨酸, 异亮氨酸, 亮氨酸, 更少的精氨酸, 赖氨酸, 天冬氨酸; 无规则卷曲中, 嗜压蛋白含更多的缬氨酸和异亮氨酸, 更少的甘氨酸和脯氨酸。而嗜压蛋白存在更多的 YM、MN、KD、QC、CI、MW、MM、CY、WQ、HC、RC 和 QH, 更少 TW、MS、VD、DH、YE、CT、MW、CF、CK、CM、MY、QI、TH、MQ、QQ 和 MC。【结论】二肽比氨基酸包含更多的结构和序列信息, 更有利于了解嗜压蛋白稳定性机制及指导其定向改造。

关键词: 嗜压微生物; 二肽组成; 蛋白质稳定性; 二级结构; 适压机理

中图分类号: Q936 文献标识码: A 文章编号: 0001-6209(2009)02-0198-06

自 1979 年 Yayanose 等首次成功获得嗜压微生物纯培养以来^[1], 科学家已分离到不少嗜压菌, 它们主要属于 γ -亚群菌属, 如: 希瓦氏菌属 (*Shewanella*), 莫里特拉菌属 (*Moritella*), 科尔韦尔氏菌属 (*Colwellia*), 发光杆菌属 (*Photobacterium*) 和嗜冷单胞菌 (*Psychromonas*)^[2]。对深海嗜压菌及其耐压机制的研究不仅为弄清高压及营养物质匮乏的深海中生物生存机制提供良好的研究模式, 同时也为开发高压下物质的生物转换酶等提供重要的筛选资源。因此, 对嗜压微生物的研究一直是科学家关注的热点^[3]。

然而, 对嗜压微生物生理学的研究却因嗜压微生物异常缓慢的生长速度而进展迟缓。而遗传学、分子生物学及基因组学却为了解其适压机理提供了新契机。这些新方法产生了大量数据并以数据库的形式储存, 为研究者提供了便利^[4]。嗜压微生物在其细胞膜不饱和脂肪酸类型及含量、膜蛋白、呼吸

链、DNA 损伤修复、核糖体结构及组装等方面都存在明显特点^[5], 此外, 存在于嗜压微生物中的蛋白质(酶)在高压条件下的稳定性也引起了研究者的关注。但多数研究仅比较了一两个直系同源序列(orthologs), 且主要是为深海动物中的蛋白质(如: 乳酸脱氢酶 A)^[6], 对嗜压微生物中的蛋白质报道较少。而相对嗜热和嗜盐蛋白质氨基酸组成的差异, 有关嗜压微生物蛋白质氨基酸组成的研究非常少, 这主要是由于完成基因组测序的嗜压微生物相对较少。近年来, 随着相关基因组测序工作的完成, 为研究这种差异提供了可能, Giulio 首次利用蛋白质组信息, 系统比较了 141 个直系同源序列(orthologs), 结果发现侧链较小精氨酸(Arg), 甘氨酸(Gly), 缬氨酸(Val)和天冬氨酸(Asp)在嗜压蛋白质中含量很高, 而一些侧链较大的氨基酸如酪氨酸(Tyr)和色氨酸(Trp)则含量很低^[7]。

在这些研究中探讨二肽组成对嗜压蛋白质稳定

基金项目: 国家自然科学基金(20806031), 福建省自然科学基金(2007J0360)

* 通信作者。Tel: +86-595-22691095; E-mail: fanghs@hqu.edu.cn

作者简介: 张光亚(1975-), 男, 湖北黄冈人, 博士研究生, 副教授, 从事酶与生物信息学研究。E-mail: zhgyghh@hqu.edu.cn

收稿日期: 2008-09-22; 修回日期: 2008-11-18

性机制的影响未见报道。实际上,许多氨基酸组成相似的蛋白在二肽组成上却存在较大差异,且同一个氨基酸在发挥功能的过程中要受到与它在序列和空间上相近氨基酸的影响,而二肽能反映它们在序列上的相互影响。因此,二肽组成与嗜压蛋白质稳定性的关系可能更为密切。本文挑选了嗜压和非嗜压微生物各2种,获取其全蛋白质组序列共计10551条,并从中选取了639对(1278条)直系同源序列(orthologs)较系统地分析了它们在氨基酸和二肽组成上的差异,获得了一些有趣的结果,报道如下。

1 材料和方法

1.1 微生物的选取

共选取了2对微生物全蛋白质组序列,它们分别为:*Shewanella benthica*和*Shewanella frigidimarina*以及*Pyrococcus abyssi*和*Pyrococcus furiosus*,前者均为嗜压微生物,后者均为非嗜压^[8-9],*shewanella benthica*为细菌,从深海中分离的异养型微生物,专性嗜压,一般呈杆状;*Pyrococcus abyssi*属古菌,从3500 m深海温泉中分离到,需要在103℃和200个大气压下才能良好生长,呈不规则球形。见表1。选取它们的原因如下(1)2对微生物基因组测序已经完成,可提供大量蛋白质序列(2)2对微生物的最适生长温度比较接近,从而减少了温度对其氨基酸或二肽使用偏好的影响(3)2对微生物基因组(G+C)mol%含量比较接近,可减少GC含量对氨基酸或二肽使用偏好的影响(4)2对微生物分别属于同一个属,故而减少了系统发育差异对氨基酸或二肽使用偏好的影响。这样,它们在氨基酸或二肽使用上的偏好就主要是由所处压力不同造成的。

表1 蛋白样本来源

Table 1 Sources of protein samples

Strain name	OGT	G + C	NP	NO
Set I <i>Shewanella benthica</i>	-10	46.0	3126	234
<i>Shewanella frigidimarina</i>	-10	41.6	3526	234
Set II <i>Pyrococcus abyssi</i>	-100	44.7	1812	405
<i>Pyrococcus furiosus</i>	-100	40.8	2087	405

OGT: Optimal growth temperature, G + C: the genomic GC content, NP: number of proteins, NO: number of orthologs.

1.2 序列获取

四种微生物全蛋白质组序列来源于Swiss-Prot,这是一个非冗余专家库^[12]。为了进一步减少信息冗余,剔除了所有长度小于100个氨基酸的序列,因为它们大多为片断(fragment)或者部分(partial)。直系同源序列(orthologs)的选取采用类似文献^[10]的

方法:即利用BlastP程序^[11],E值为 1.0×10^{-10} ,找出90%长度覆盖范围内,同一性(identity)大于25%的同源蛋白序列。样本1包含234对同源序列,样本2包含405对,共计639对,1278条。

1.3 氨基酸和二肽组成

利用Predator程序^[13]对639对同源序列进行二级结构预测,分别统计 α 螺旋、 β 折叠和无规则卷曲中氨基酸组成。

二肽定义为:对于包含 n 个氨基酸的蛋白序列 $a_1 a_2 a_3 \dots a_n$,其包含的二肽数量为 $n-1$ 个,分别为 $a_1 a_2, a_2 a_3, \dots, a_{n-1} a_n$ 。二肽含量计算按公式^[14]: $Comp_{(i)} = n_i / N$ (1)式中, i 表示 20^2 种二肽, n_i 表示序列中某种二肽数量, N 表示该序列中二肽总数量。

2种类型蛋白质中二肽组成的偏差采用文献^[15]的方法,其定义如下: $D_{ij} = \frac{C_{ij} - \bar{C}_i}{C_i}$ (2)式中, $ij = 1, 2$,分别表示嗜压和非嗜压蛋白, i 表示400种二肽, \bar{C}_i 表示两对微生物中全蛋白质组二肽组成的平均值。显然,若 $D_{1i} > D_{2i}$,则表明该二肽与压力正相关,反之,则负相关。

2 结果

2.1 嗜压和非嗜压蛋白二级结构氨基酸组成

两组样本中序列经二级结构预测后分别统计氨基酸组成,其差异如图1所示,图中氨基酸按照其压力排序(barophily ranks)^[16]自高而低排列。由图可知,第一组样本中, α 螺旋区域,两种蛋白质在氨基酸组成上几乎没有差异,而在 β 折叠和无规则卷曲却存在较大差异。在 β 折叠中,缬氨酸(Val),异亮氨酸(Ile),亮氨酸(Leu)在嗜压蛋白质中含量明显高于非嗜压蛋白,而精氨酸(Arg),赖氨酸(Lys),天冬氨酸(Asp)则明显低于非嗜压蛋白;而无规则卷曲中,缬氨酸(Val)和异亮氨酸(Ile)在嗜压蛋白质中含量也明显高于非嗜压蛋白,而甘氨酸(Gly)和脯氨酸(Pro)则明显低于非嗜压蛋白。此外,在两类蛋白中,同一氨基酸在不同二级结构中的含量也差异较大,如精氨酸(Arg)在非嗜压蛋白 β 折叠中含量明显高于嗜压蛋白,而在 α 螺旋和无规则卷曲中则相反,类似情况在丙氨酸(Ala),谷氨酸(Glu)也存在。可见,同一种氨基酸在不同的二级结构中对维持蛋白质在高压条件下的稳定性的作用存在一定差异。第二组样本中,除非嗜压蛋白苏氨酸(Thr)

在 β 折叠中含量明显高于嗜压蛋白之外,其它与样本 1 基本类似。

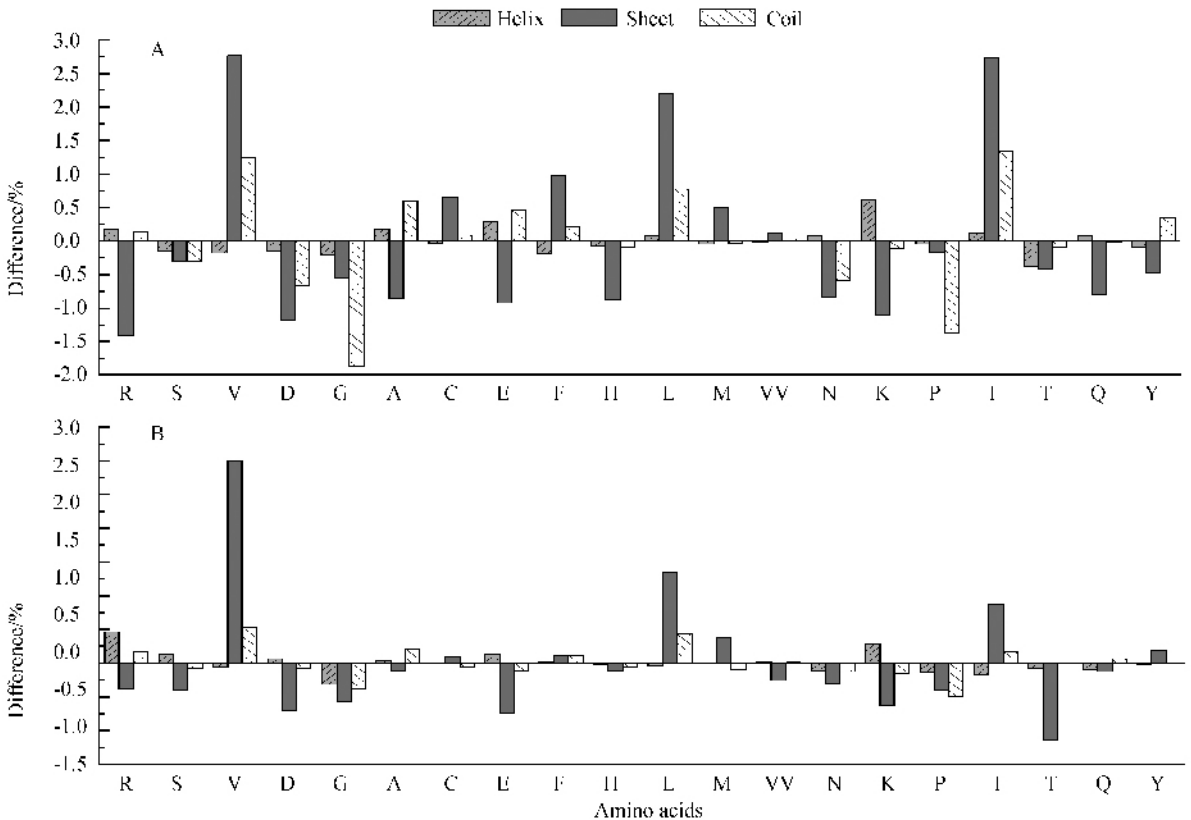


图 1 二级结构氨基酸组成的差异

Fig.1 The differences of secondary structure based amino acid composition. The upper half stands for the higher amino acid composition in piezophilic proteins. A set I; B set II.

Val、Ile 和 Leu 的分子相对较小,在高压条件下,侧链小的氨基酸残基更容易占据蛋白分子内外空间,从而更容易让蛋白质折叠成相应的结构,这与 Di Giulio 的报道基本吻合^[16];而被认为具有较强嗜压特性的 Gly 却在嗜压蛋白质中含量低于非嗜压蛋白,这与文献报道不符。Gly 虽然侧链最小,但是却为非极性氨基酸,而氨基酸之间以及氨基酸和水分子间的极性相互作用对维持蛋白质在高压条件下的稳定性非常重要^[5]。因此,嗜压蛋白 Gly 含量较少。此外,嗜压和非嗜压在氨基酸组成上的差别主要存在于 β 折叠和无规则卷曲中,尤其是前者。众所周之 α 螺旋是一个相对比较刚性的结构,而 β 折叠和无规则卷曲则具有较强的柔性。因此,可以推测,嗜压蛋白质在这些相对柔性的结构中采取某些方式来增强分子的刚性,从而保持其在高压条件下结构的稳定性。

2.2 嗜压和非嗜压蛋白二肽组成

分别统计了四种微生物全蛋白质组的 10551 条序列以及 639 对同源序列的 400 种二肽,计算其平

均值以及偏差。结果发现,第一组样本中,与压力正相关的二肽有 185 种,负相关的有 190 种,仅 25 种关系不明,而第二组样本中,与压力正相关的二肽有 173 种,负相关的有 186 种,另 41 种关系不明。可见,二肽与蛋白质嗜压特性密切相关。

表 2 列出了与压力显著正相关($D_{1i} - D_{2i} > 0.15$)的二肽。从表中可以看出,第一组样本中,EC(谷氨酸-半胱氨酸)、YM(酪氨酸-甲硫氨酸)、MN(甲硫氨酸-天门冬酰胺)、KD(赖氨酸-天门冬氨酸)、QC(谷氨酰胺-半胱氨酸)和 CL(半胱氨酸-异亮氨酸)的含量增加能显著提高蛋白质在高压条件下的稳定性。众所周之,Lys(K)和 Glu(E)在正常生理 pH 条件下会带电荷,容易形成氢键和静电引力,这对维持蛋白质在高压条件下的稳定至关重要;而 Ile(I)的侧链可以在空间采取 4 种不同的旋转构象,使得它比较容易在蛋白内核组装(core packing)过程中填充不同的空隙(void)^[17]。在上述 6 种二肽中,Cys(C)出现了 3 次,频率最高,其次为 Met(M),出现了 2 次,其它氨基酸均出现 1 次。Cys 上含有巯基,2 个

Cys 之间容易形成二硫键,可以维持蛋白对压力的稳定性,但在 Di Giulio 的研究中^[16],Cys 和 Met 都属于中度嗜压的氨基酸,而其所列的 5 种高度嗜压的氨基酸在上述 6 种二肽中均未出现,相反,被其认为最不嗜压的 Tyr 和 Gln 却出现在这些二肽中。第二组样本中,QC、MW(甲硫氨酸-色氨酸)、MM、CY、WQ、HC(组氨酸-半胱氨酸)、RC(精氨酸-半胱氨酸)和 QH 的含量增加能显著提高蛋白质在高压条件下的稳定性,同样,Cys 出现的频率最高,达到 4 次,Met 和 Gln(Q)各出现 3 次,Trp(W)和 His(H)各 2 次,Arg(R)和 Tyr(Y)各 1 次,Arg 被认为是嗜压特性最好的氨基酸,Cys、Met、Trp 和 His 都属于中度嗜压的氨基酸,它们出现并不意外,而两种最不嗜压的 Gln 和 Tyr 分别出现了 3 次和 1 次,则颇出人意料。

表 2 与压力呈正相关的二肽

Datasets	Dipeptide	D _{1i}	D _{2i}	D _{1i} - D _{2i}	
Set I	EC	0.28	0.02	0.26	
	YM	0.09	-0.09	0.18	
	MN	0.26	0.09	0.17	
	KD	0.25	0.09	0.16	
	QC	0.10	-0.06	0.16	
	CI	0.26	0.10	0.15	
	Set II	QC	0.65	0.23	0.42
		MW	0.29	0.02	0.27
		MM	0.28	0.03	0.25
		CY	0.33	0.08	0.25
WQ		0.66	0.43	0.23	
HC		0.87	0.69	0.18	
RC		0.19	0.02	0.17	
QH		0.41	0.26	0.15	

表 3 列出了与压力显著负相关($D_{1i} - D_{2i} < -0.15$)的二肽,从表中可以看出,第一组样本中,随着蛋白所处压力的增加,TW(苏氨酸-色氨酸)、MS(甲硫氨酸-丝氨酸)、VD(缬氨酸-天门冬氨酸)、DH、YE、CT、MW、CK(半胱氨酸-苯丙氨酸)、CK 和 CM 的含量显著减少。在上述 10 种二肽中,Cys 出现频率最高,为 4 次,其次为 Met,出现了 3 次,Asp(D)、Thr(T)和 Trp 各 2 次,其它氨基酸均出现 1 次;第二组样本中,随着蛋白所处压力的增加,MY、CK、QI、TH、MQ、WM、QQ 和 MC 的含量显著减少,Gln 和 Met 出现频率最高,各 4 次,Cys 次之,为 2 次,其它氨基酸均为 1 次。Gln 的嗜压特性最弱,因而出现频率较高,而其它一些嗜压特性较弱的氨基酸如 Tyr、Thr 和 Lys 也均有出现,但 Ser、Val(V)和 Asp(D)等嗜压特性很好的氨基酸也有出现,而 Cys 和 Met 等中度嗜压

的氨基酸也有较高的出现频率。综上可知,绝大多数氨基酸对嗜压蛋白稳定性的影响都可以通过二肽组成反映出来,而且二肽也能反映同一氨基酸在不同二肽中对嗜压蛋白稳定性影响的差异。而且,一些利用二级结构氨基酸组成无法了解的氨基酸也可从二肽中体现出来,如 Cys(C)和 Met(M)几乎未出现在对嗜压蛋白稳定性有影响的氨基酸中,但其参与形成的二肽频率却很高。可见,二肽组成对嗜压蛋白稳定性的影响比氨基酸组成更大,因为它不仅反映了自身对嗜压蛋白稳定性的影响,同时也反映了影响嗜压蛋白质稳定性氨基酸之间的联系及相互作用。

表 3 与压力呈负相关的二肽

Datasets	Dipeptide	D _{1i}	D _{2i}	D _{1i} - D _{2i}
Set I	TW	-0.21	-0.06	-0.15
	MS	0.04	0.19	-0.15
	VD	0.08	0.25	-0.16
	DH	0.17	0.35	-0.18
	YE	0.04	0.22	-0.18
	CT	0.38	0.57	-0.19
	MW	-0.05	0.15	-0.20
	CF	-0.06	0.16	-0.21
	CK	0.40	0.63	-0.23
	CM	-0.20	0.08	-0.28
Set II	MY	-0.10	0.06	-0.16
	CK	-0.12	0.04	-0.17
	QI	0.22	0.40	-0.18
	TH	0.15	0.32	-0.18
	MQ	0.04	0.23	-0.19
	WM	-0.16	0.06	-0.22
	QQ	0.17	0.45	-0.28
	MC	-0.32	0.05	-0.37

此外,从上述基于二级结构氨基酸组成的差异也可以看出,同一个氨基酸在不同二级结构中对嗜压蛋白稳定性的影响有时是不同的,而二肽也能在一定程度上反映氨基酸位点和结构的信息。例如:与压力显著正相关的二肽 MW,而当其位置发生变化成为 WM 时,却是和压力显著负相关,而这是仅利用单个氨基酸信息是无法获悉的。可见,相对单个氨基酸,二肽包含更多的信息。

3 讨论

高压是一种不需改变实验体系的温度和组成,但却能有效改变蛋白质动力学特性以及蛋白质-配体或蛋白质-蛋白质相互作用的手段,因此高压对蛋白质结构和功能的影响一直受到广泛关注^[18-19]。

此外,考虑到 70% 的地球表面被海水覆盖,而 79% 的海水深度都超过 1000 m,因此,从深海生物中可获得大量功能性嗜压蛋白,这为建立其嗜压模型提供了可能^[20]。然而,从一级结构上(蛋白序列)上对嗜压微生物中蛋白质在高压条件下稳定性机制尚未进行详细探讨,且大多集中于深海无脊椎动物以及深海鱼上^[21]。因此,研究嗜压微生物中蛋白质在一级和二级结构上的特点具有重要理论和应用价值。

本文严格挑选了 2 对微生物,获取其全蛋白质组序列,并从中选取 639 对直系同源序列(orthologs),最大可能的减少了其它因素对最终结果的影响,使最后导致氨基酸或二肽组成差异的因素仅和压力有关。通过比较二级结构氨基酸组成的差异,发现嗜压和非嗜压蛋白在氨基酸组成上的差别主要存在于 β 折叠和无规则卷曲中,而在 β 折叠中尤为明显。此外,通过比较两种类型蛋白二肽组成,结果发现大多数氨基酸组成的差异都可以通过二肽体现出来,而一些无法通过氨基酸组成表现出来的也可由二肽体现,因此,可以认为二肽包含更多与嗜压有关的信息。

参考文献

- [1] Yayanos AA, Dietz AS, Boxtel RV. Isolation of a deep sea barophilic bacterium and some of its growth characteristic. *Science*, 1979, 205 : 808 - 810.
- [2] 游志勇, 汤熙翔, 肖湘. 高压技术在深海沉积物兼性嗜压菌的筛选和鉴定中的应用. 台湾海峡(*Journal of Oceanography Taiwan Strait*) 2007 26(4): 555 - 561.
- [3] 刘敏, 李越中. 深海细菌及其适压机理. 微生物学杂志(*Journal of Microbiology*), 2003 23(4): 32 - 34 A4.
- [4] Vezzi A, Campanaro S, D'Angelo M, et al. Life at depth: *Photobacterium profundum* genome sequence and expression analysis. *Science*, 2005 307 : 1459 - 1461.
- [5] Francesca S, Stefano C, Federico ML, et al. Piezophilic adaptation: a genomic point of view. *Journal of Biotechnology*, 2006, 126 : 11 - 25.
- [6] Somero GN. Adaptations to high hydrostatic pressure. *Annual Review of Physiology*, 1992, 54 : 557 - 577.
- [7] Di Giulio M. A comparison of proteins from *Pyrococcus furiosus* and *Pyrococcus abyssi*: barophily in the physicochemical properties of amino acids and in the genetic code. *Gene*, 2005, 346 : 1 - 6.
- [8] Delong EF, Franks DG, Yayanos AA. Evolutionary relationships of cultivated psychrophilic and barophilic deep-sea bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63 : 2105 - 2108.
- [9] Purcarea C, Simon V, Prieu, D, Herve G. Purification and characterization of carbamoyl-phosphate synthetase from the deep-sea hyperthermophilic archaeobacterium *Pyrococcus abyssi*. *European Journal of Biochemistry*, 1996, 236 : 189 - 199.
- [10] Sandip P, Sumit KB, Sabyasachi D. Molecular signature of hypersaline adaptation: insights from genome and proteome composition of halophilic prokaryotes. *Genome Biology*, 2008, 9 : R70 (doi : 10.1186/gb-2008-9-4-r70).
- [11] Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, et al. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25 : 3389 - 3402.
- [12] Bairoch A, Apweiler R, Wu CH, et al. The Universal Protein Resource (UniProt). *Nucleic Acids Research*, 2005, 33 : 154 - 159.
- [13] Frishman D, Argos P. Seventy-five percent accuracy in protein secondary structure prediction. *Proteins*, 1997, 27 : 329 - 335.
- [14] Manoj B, Gajendra PSR. Classification of nuclear receptors based on amino acid composition and dipeptide composition. *Journal of Biological Chemistry*, 2004, 279 : 23262 - 23266.
- [15] Ding Y, Cai Y, Zhang G, Xu W. The influence of dipeptide composition on protein thermostability. *FEBS Letters*, 2004, 569 : 284 - 288.
- [16] Di Giulio M. The ocean abysses witnessed the origin of the genetic code. *Gene*, 2005, 346 : 7 - 12.
- [17] Britton KL, Baker PJ, Borges KMM, et al. Insights into thermal stability from a comparison of the glutamate dehydrogenases from *Pyrococcus furiosus* and *Thermococcus litoralis*. *European Journal of Biochemistry*, 1995, 229 : 688 - 695.
- [18] Balny C, Masson P, Heremans K. High pressure effects on biological macromolecules: from structural changes to alteration of cellular processes. *Biochimica et Biophysica Acta*, 2002, 1595 : 3 - 10.
- [19] Masson P, Balny C. Linear and non-linear pressure dependence of enzyme catalytic parameters. *Biochimica et Biophysica Acta*, 2005, 1724 : 440 - 450.
- [20] Yancey PH, Fyfe-Johnson AL, Kelly RH, et al. Trimethylamine oxide counteracts effects of hydrostatic pressure on proteins of deep-sea teleosts. *Journal of Experimental Zoology*, 2001, 289 : 172 - 176.
- [21] Yoshikazu N, Tetsuya M, Fumiyoshi A. Pressure-adaptive differences in lactate dehydrogenases of three hagfishes: *Eptatretus burgeri*, *Paramyxine atami* and *Eptatretus okinoseanus*. *Extremophiles*, 2008, 12 : 477 - 480.

Influence of amino acid and dipeptide composition on protein stability of piezophilic microbes

Guangya Zhang, Hongchun Li, Jiaqiang Gao, Baishan Fang*

(Department of Bioengineering and Biotechnology, Huaqiao University, Xiamen 361021, China)

Abstract [Objective] To compare the amino acid and dipeptide composition of proteins from piezophilic and non-piezophilic microbes is of great significance for understanding the stability of piezophilic protein and directed mutation of them. **[Methods]** The amino acids of different secondary structure and the dipeptides of 639 orthologs proteins were counted and the deviation of them were calculated. **[Results]** The amino acid composition based on secondary structure and the dipeptide composition reveals some common trends. The amino acids vary widely in β sheet and coil. In β sheet, piezophilic proteins contain more amino acids such as Val, Ile and Leu, whereas less Arg, Lys and Asp; in coil, piezophilic proteins contained more amino acids such as Val and Ile, whereas less Gly and Pro. On the other hand, piezophilic proteins contain more dipeptides such as YM, MN, KD, QC, CI, MW, MM, CY, WQ, HC, RC and QH, whereas less dipeptides such as TW, MS, VD, DH, YE, CT, MW, CF, CK, CM, MY, QI, TH, MQ, QQ and MC. **[Conclusion]** Dipeptide contains more structure and sequence information than amino acid, and it will be more helpful for understanding the mechanism of piezophilic adaptation and guiding the engineering of proteins.

Keywords: Piezophilic microbes; dipeptide composition; protein stability; secondary structure; mechanism of piezophilic adaptation

(本文责编:张晓丽)

Supported by the National Natural Science Foundation of China(20806031) and the Natural Science Foundation of Fujian Province(2007J0360)

*Corresponding author. Tel: +86-595-22691095; E-mail: fangbs@hqu.edu.cn

Received: 22 September 2008 Revised: 18 November 2008

《微生物学报》答作者问——关于审稿1

问:我想知道我的稿件的处理状态,如何查询?

答:您可以登录网上查稿区,输入您的用户名、密码,即可查询到审稿状态。如果不是太明白远程中获取的信息,您也可以通过 e-mail 询问,请注意务必要提示稿件编号,编辑部会在收到您的来信的当天或者次日及时给予回复。

问:我想尽早得到审稿结果,或者提前发表,有没有好的办法能使审稿老师快点。比如我们增加审稿费等方法?

答:如上述所言,我们已经告知了本刊处理稿件的程序和大致时间进度。

(1)在作者向我刊投稿之前,应详细了解我刊的规定。审稿人评审一篇文章,并给出谨慎的评审意见是需要一定时间的。所以,作者在投稿之前应该留出足够多的时间给编辑部,以便于进行评审。我们的承诺是在2个月之内给予答复,5~7个月之内刊出。

(2)如要求提前发表,请在投稿的同时提出书面报告,说明该研究成果的重要性、创新性、竞争性和提前发表的必要性,经过我刊编委会讨论并通过后,可予提前刊出,无需另加任何费用。

问:我的文章现已审查完毕,并收到了编辑部发来的“审稿意见”。我想咨询,如果文章修改后,再次投递,是否还需要交稿件受理费?是否仍然用原论文编号提交?

答:这要分两种情况,

(1)如果你的文章已经被通知“退稿”了,那么修改之后再投来的文章将按“新稿件”处理,从程序上来讲和新投稿件是一样的,仍需要缴纳稿件受理费。但是为便于稿件审理,请作者在投稿时在文题的后面加上“原稿件号+修后再投”字样。

(2)如果是编辑部在审稿意见中要求您修改后再经本刊“复审”,则不作为新稿处理,请作者直接将修改稿上传到远程系统中,不再另交稿件受理费。