

Structure and Nitrite Reductase Activity of the Di-iron Protein ScdA in *Staphylococcus aureus*, *Journal of the American Chemical Society*, 147, 35, 31558–31569(2025)

金黃色葡萄球菌雙鐵蛋白ScdA之結構與催化活性研究

Hung-Ying Chen, Ruei-Fong Tsai, Yi-Shan Lu, Yang-Chun Cheng, Hsiang-Yuan Fan-Chiang, Chu-Ya Wu, Feng-Chun Lo, Hsuan-Wei Kuo, Wei-Kai Yang, Wan-Yi Liao, Nien-Jen Hu*, Shih-Che Sue*, and Yun-Wei Chiang*

🕒 2026/01/27

病原菌能在人體內成功存活，關鍵在於其對抗免疫系統所施加之強烈化學壓力的能力。其中，反應性氮物種是宿主對抗細菌的重要武器，但細菌如何在此環境中存活，其分子機制長期未被完全釐清。本研究聚焦於金黃色葡萄球菌中的雙鐵蛋白 ScdA，首次同時揭示其完整三維結構與意想不到的酵素功能，解決了一項懸而未解近二十年的重要科學問題。

本研究最關鍵的發現在於：ScdA 並非僅是被動修復受損金屬中心的保護性蛋白，而是一種主動將亞硝酸鹽轉換為一氧化氮 (NO) 的酵素。NO 是一種極具生物意義的雙面分子——高濃度時具有強烈毒性，低濃度時卻能作為訊號與調控因子。證實金黃色葡萄球菌可自行生成 NO，徹底改變了我們對細菌氮壓力調控策略的理解，也揭示病原菌如何在毒性與調控之間取得微妙平衡，指出 NO 恆定調控本身即為抗藥性病原菌的潛在弱點。

在學術層面，本研究的重要貢獻之一是其高度整合的結構生物學策略。單一技術無法解析 ScdA 的完整樣貌：X-ray 繞射解析了 C 端雙鐵催化核心，NMR 解析高動態的 N 端結構，AlphaFold 提供全長蛋白的結構預測，而 DEER 光譜則在溶液中實驗驗證其二聚體架構。此研究具體展示了人工智慧結構預測如何透過三種先進光譜技術的結合下被實驗驗證，為研究高度動態、多結構域蛋白提供了具示範性的研究藍圖。

[10.1021/jacs.5c05573](https://doi.org/10.1021/jacs.5c05573) 

[↑TOP](#)