



[首页](#)
[概况简介](#)
[机构设置](#)
[人才队伍](#)
[研究生/博士后](#)
[院地合作](#)
[国际交流](#)
[科研平台](#)
[学术出版物](#)
[党建](#)
[文化](#)
[科学传播](#)
[信息公开](#)

新闻中心

- [近期要闻](#)
- [头条新闻](#)
- [科研进展](#)

您现在的位置: [首页](#) > [新闻中心](#) > [科研进展](#)

刘杏忠、安志强课题组首次在真菌中发现操纵子结构

2015-06-23 | 作者: | [【大】](#) [【中】](#) [【小】](#) [【打印】](#) [【关闭】](#)

操纵子是指启动基因、操纵基因和一系列紧密连锁的结构基因的总称和转录功能单位。其全部基因均排列在一起,且其中的若干个结构基因可通过转录形成一条多顺反子mRNA。操纵子已被认为是原核生物基因组结构和调控的主要特征之一。与原核生物相反,真核生物的蛋白质编码基因是受独立调控并转录成单顺反子mRNA的。然而随着生物学研究的深入,人们在秀丽隐杆线虫等几种动物和马铃薯中发现了含有蛋白质编码基因的操纵子。那么真菌作为系统学上真核生物的一个独立的界是否存在此类操纵子呢?

利用生物信息学、分子生物学和化学手段,刘杏忠研究员课题组与德克萨斯大学休斯顿健康科学中心的安志强教授课题组合作研究发现在子囊真菌*Glarea lozoyensis*中存在着参与次级代谢的操纵子。通过DNA和cDNA序列的比对发现在*Glarea lozoyensis*中存在一个特殊的基因结构,它由1个聚酮合酶基因(*glpks3*)和1个非核糖体多肽合成酶基因(*glnrps7*)构成。这两个基因在同一个启动子的控制下可以共转录为一条双顺反子mRNA,而此mRNA则进一步翻译为2个蛋白质GLPKS3和GLNRPS7。*glpks3/glnrps7*在构巢曲霉中的同源表达试验表明GLPKS3/GLNRPS7酶复合体负责一个新的tetramic acid类化合物—xenolozoyenone的合成。尽管*glpks3/glnrps7*操纵子的结构与原核操纵子类似,但该操纵子起源于真菌,并不是经由水平转移从原核生物中获得的。他们还对比了*Glarea lozoyensis*中的另外2个类似操纵子结构在转录水平上进行了验证。另外,他们根据构巢曲霉、*Glomerella graminicola*和*Drechslerella stenobrocha*的基因组与转录组数据对类似操纵子结构进行了预测,发现类似操纵子结构在真菌中较为普遍。研究结果不仅为真菌次级代谢产物编码基因的起源与进化研究提供了新的依据和途径,而且有利于进一步全面深入的认识和理解真菌乃至真核生物基因的转录调控模式,在真菌聚酮化合物研究方面也具有理论和实践意义。

该项研究成果发表于微生物学领域国际重要期刊*mBio*。刘杏忠研究员课题组与安志强教授课题组共同培养的博士后岳群、博士研究生陈里及安志强教授课题组的博士后李彦为论文的共同第一作者,刘杏忠研究员和安志强教授为共同通讯作者。研究得到了国家自然科学基金项目和德克萨斯大学基金项目的资助。

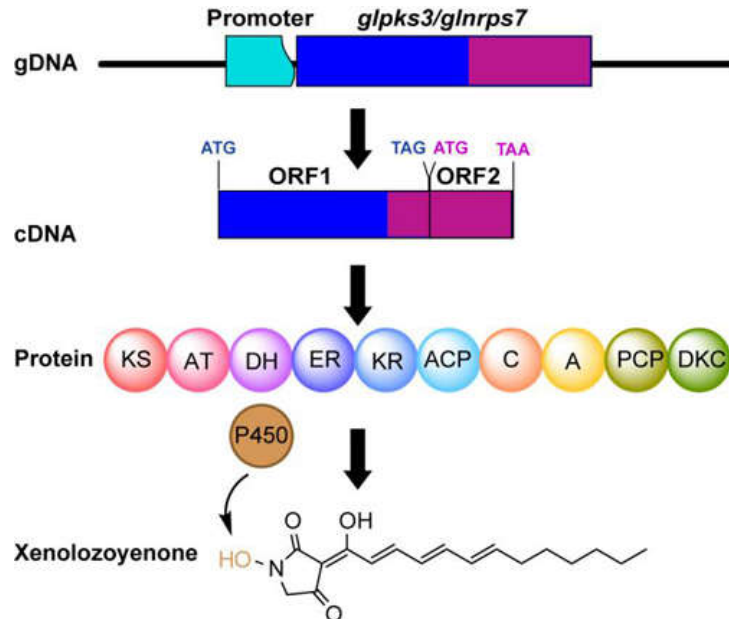


图: *glpks3/glnrps7*操纵子及其产物xenolozoyenone

