



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

- 首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

### 微生物所在链霉菌启动子元件和内参基因研究中获进展

文章来源: 微生物研究所 发布时间: 2015-11-10 【字号: 小 中 大】

我要分享

链霉菌是重要的抗生素产生菌, 对链霉菌进行代谢工程和合成生物学改造需要大量不同强度的启动子元件。然而, 前期链霉菌只有一个组成型启动子ermEp\* 被广泛应用。中国科学院微生物研究所杨克迁课题组在2013年开发了活性明显高于ermEp\* 的强启动子kasOp\* (Appl. Environ. Microbiol. 2013;79(14):4484-92)。目前, kasOp\* 已经被提供给多个国内、外的链霉菌研究组使用, 同时也在该所张立新课题组和娄春波课题组的相关工作中得到应用 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2015;112(39):12181-6)。

为了得到具有不同序列、不同强度特征系列组成型启动子, 杨克迁课题组从天蓝色链霉菌不同培养条件下的时序转录组数据出发, 经过一系列理性的分析筛选和实验验证, 获得了166个不同强度的组成型启动子(图1)。这些启动子将为链霉菌合成生物学研究提供元件支撑。相关工作发表在Microb. Cell Fact., 李珊珊和王俊阳为并列第一作者, 研究员杨克迁和助理研究员王为善为并列通讯作者。

另外, 转录水平的相对定量分析是链霉菌基础和应用研究的必要环节。最近有若干文献报道看家sigma因子hrdB 基因的转录水平是生长依赖的, 不是理想的内参基因。杨克迁课题组结合不同培养条件下的时序转录组数据和后续的同源分析、内源外源扰动分析、功能分析和转录丰度分析, 得到若干内参基因; 进一步通过对候选内参基因转录水平的实验和普适性验证, 鉴定得到了5个有普适性和不同表达丰度特征的内参基因(图2)。这些内参基因能够满足链霉菌中不同转录强度目的基因的转录本相对定量分析; 它们协同使用将会显著提高转录分析的数据质量。相关文章发表在Sci. Rep., 李珊珊和王为善为并列第一作者, 杨克迁为通讯作者。

以上研究获得国家“973”计划项目和国家自然科学基金资助。

文章链接: 1 2

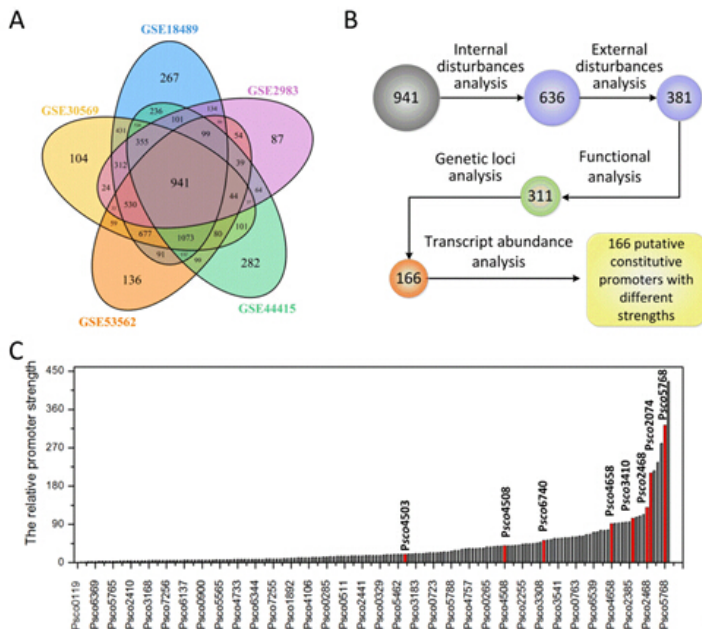


图1 链霉菌组成型启动子筛选流程及相对强度

### 热点新闻

中科院与广东省签署合作协议 ...

- 白春礼在第十三届健康与发展中山论坛上...
- 中科院江西产业技术创新与育成中心揭牌
- 中科院西安科学园暨西安科学城开工建设
- 中科院与香港特区政府签署备忘录
- 中科院2018年第三季度两类亮点工作筛选结...

### 视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【时代楷模发布厅】王逸平 先进事迹

### 专题推荐



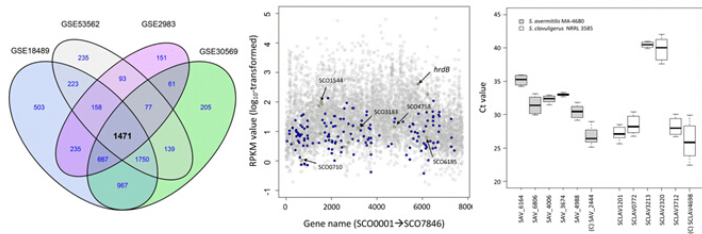


图2 内参基因的相对转录丰度及稳定性分析

(责任编辑: 叶瑞优)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们  
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864