



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 > 科技动态

加拿大开发出DNA条形码融合技术

文章来源：科技日报 冯卫东 发布时间：2016-04-28 【字号： 小 中 大】

我要分享

据最新一期《分子系统生物学》报道，加拿大研究人员开发出一种新技术，可将DNA（脱氧核糖核酸）条形码拼接在单个细胞内，以同时搜索数以百万计蛋白质对之间的相互作用。

近年来，DNA条形码技术使科学家开展高并行试验（许多不同类型的细胞在同一试管内进行试验）成为可能，而新一代DNA测序技术的发展，进一步提高了对条形码计数和读取结果的效率。

然而，可在同一试管内进行的试验次数，却受限于编码的细胞类型数量。一直以来，DNA条形码都是一维的，也就是一个条形码只能做一次试验。允许条形码在细胞内融合在一起，意味着科学家们现在可以打破这一障碍。新技术可显著提高在单一试管内进行的实验次数，在同等成本条件下能将效率提高10倍。

在广泛使用的酵母双杂交（Y2H）方法中，携带一个“诱饵”蛋白的酵母细胞与携带一个“猎物”蛋白的酵母细胞配对。对Y2H系统进行操纵后，只有“诱饵”与“猎物”蛋白黏在一起的细胞才能存活，从而使科学家可以观察到哪些蛋白间互相关联。在被命名为“条形码融合遗传学—酵母双杂交（BFG-Y2H）”的新技术中，携带着数千“诱饵”和“猎物”蛋白的细胞在同一培养皿中配对。

BFG-Y2H方法的新颖之处在于，通过对细胞编程，将来自“诱饵”和“猎物”细胞的DNA条形码连接在一起，形成一个“融合条形码”，然后利用新一代DNA测序方法对融合条形码进行检测。

研究人员称，这项研究的最终目标，是建立蛋白相互作用网络的三维视图，而不是静态图。通过有效建立含有更丰富信息的蛋白相互作用图谱，BFG-Y2H方法可拓展研究员对细胞工作机理的理解，并展现只在某种特定环境条件下才能发生的蛋白相互作用，从而加速对基因功能和人类疾病的理解。

(责任编辑：侯茜)

附件：



热点新闻

“一带一路”国际科学组织联盟…

中科院A类先导专项“地球大数据科学工程…
中科院与巴基斯坦高等教育委员会和气象…
白春礼：以创新驱动提升山水林田湖草系…
中科院第34期所局级领导人员上岗班开班
第二届《中国科学》和《科学通报》理事…

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【新闻联播】习近平向“一带一路”国际科学组织联盟成立大会暨第二届“一带一路”科技创新国际研讨会致贺信

专题推荐



相关新闻