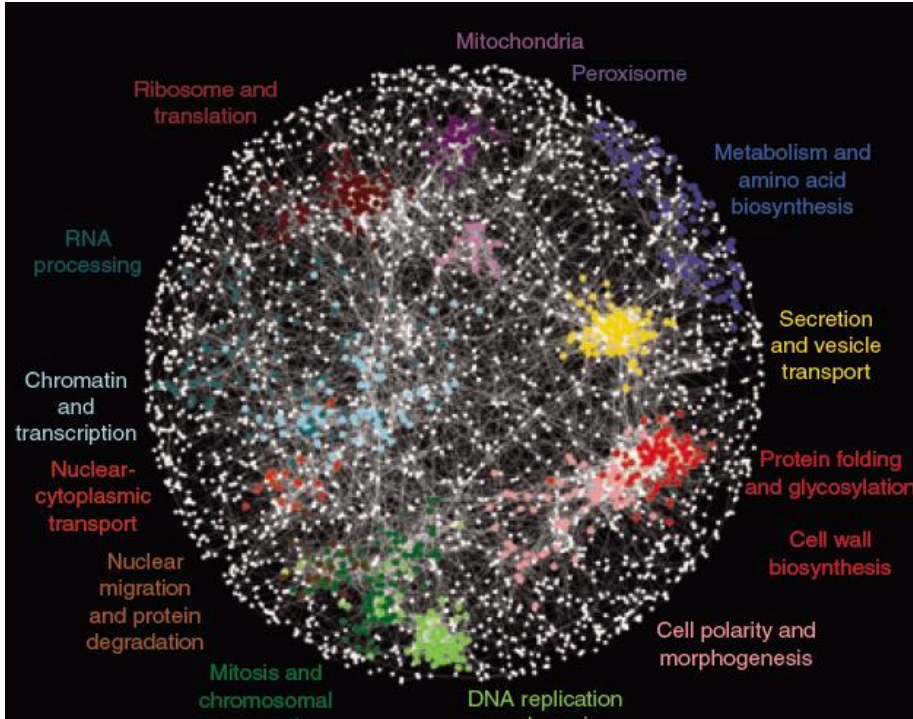


当前位置: 生命奥秘 > 研究前沿 > 文章正文

研究人员绘制出首张酵母基因功能全局图

cyq 发表于 2010-03-17 10:54 | 来源: | 阅读



Ribosome and translation: 核糖体及翻译; RNA processing: RNA加工; Chromatin and transcription: 染色质及转录; Nuclear-cytoplasmic transport: 细胞核—细胞质转运; Nuclear migration and protein degradation: 细胞核迁移及蛋白降解; Mitosis and chromosomal segregation: 有丝分裂和染色体分离; DNA replication and repair: DNA复制及修复; Cell polarity and morphogenesis: 细胞极性 & 形态发生; Cell wall biosynthesis: 细胞壁生物合成; Protein folding and glycosylation: 蛋白折叠及糖基化; Secretion and vesicle transport: 分泌及膜泡转运; Metabolism and amino acid biosynthesis: 氨基酸代谢与合成; Peroxisome: 过氧化物酶体; Mitochondria: 线粒体

研究人员采用合成遗传展示 (synthetic genetic array, SGA) 方法绘制出酵母基因组内多达 75% 的基因的功能相互作用图谱。

蛋白间通过相互作用执行自身功能。但与信号通路或生物学过程相关的蛋白之间并不一定在物理上相互作用。如果能绘制出基因功能图谱, 则有利于人们更好地研究这些蛋白间的相互作用。通过在基因水平上研究功能相互作用, 研究人员可以了解基因如何发挥功能, 并且有望掌握基因型翻译成表现型的信息。

多伦多大学 (University of Toronto) 的 Brenda Andrews 和 Charles Boone 与明尼苏达大学 (University of Minnesota) 的 Chad Myers 采用 SGA 法从事相关研究已有一段时间了。早在 2001 年, 他们就首次报道了采用 SGA 法做研究的情况。现在, 他们又撰文指出采用 SGA 法绘制出芽殖酵母——酿酒酵母 (*Saccharomyces cerevisiae*) 的大规模的基因相互作用图谱。通过研究 540 万个基因对, 他们绘制出覆盖酿酒酵母 75% 的基因的大型基因相互作用图谱。

该分类最新文章

- 评估血液中Casp8p41的水平有望开发新型HIV诊断工具
- 羊水细胞重编程: 羊水干细胞可以分化成为机体各种细胞
- 研究发现咖啡因与葡萄糖可协同提高大脑活动的效率
- 研究发现MICU1基因是线粒体内Ca²⁺通路的关键调节因子
- 研究人员发现pyrvinium可用于治疗结肠癌
- 美发现对转移性黑色素瘤小鼠施行的基因疗法能根治肿瘤
- 美发现对转移性黑色素瘤小鼠施行的基因疗法能根治肿瘤
- 低敏酒有助舒缓数百万饮酒人群抽鼻子和打喷嚏症状
- 干细胞膜片有助改善心脏病发作后的心脏功能
- 让胚胎干细胞培养工作从艺术走向科学

最新评论

- zumuyi: 感谢生命奥秘的精彩内容选编! 非常值得学习。
- 风之子: 我是做干细胞的, 这篇文章对我帮助很大, 谢谢
- ent: Very nice.Helpful
- ent: 的确不错, 很有帮助。
- bluecode: 好文章啊, 对我太有用了, 谢谢啦!

存档页

- December 2010
- November 2010
- October 2010
- September 2010
- August 2010
- July 2010

链接

- Cell
- nature.com
- PHYSORG.COM
- PNAS
- Science/AAAS
- ScienceDaily
- TheScientist.com

SGA是一项高通量技术，它通过观察菌落的生长情况从而系统地检测了双突变对酵母适应性的影响。酵母基因组内大部分基因都是非必要基因，也就是说，如果这些基因出现突变，其它基因会代为执行相关功能，令酵母存活下去。SGA法通过鉴定成对基因发生突变后对酵母适应性带来的负面影响，从而表明这两个基因很可能与同一生物学过程相关。

在最近的研究工作中，Andrews和Boone等人构建了一个基于菌落大小的评分方法，以评价酵母的适应性。他们以酵母基因组内1712个基因（大约占基因组的30%）为研究对象，让它们与基因缺失菌株（至少可以绘制出基因组内75%的基因间的相互作用图谱）杂交。通过这种方法，他们绘制出了大规模的功能网络图谱，为预测基因功能提供了强有力的支持。Andrew指出：“有了这张图谱，你可以找到所有未知基因在其中的对应位置。”

研究人员以现有的酵母蛋白间相互作用的大规模数据作参照物。尽管不同方法得到的相互作用有重叠，但只有相对较少一部分表现出功能相互作用的基因对被证实发生物理相互作用，证明了采用这种互补技术是非常必要的。

他们还发现基因相互作用与化学遗传相互作用（产生了化合物超敏性的基因缺失）之间显著相关，表明参与保护细胞免受遗传与环境攻击的基因是同一个基因。此外，对于一个特定的化合物来说，化学遗传相互作用与基因相互作用之间的重叠通常预示了“目标通路及其可能的靶标”。Boone说道。

Andrew和Boone希望其他并非研究酵母菌落的研究人员能采用SGA法获取更多数据。Andrew指出：“我认为我们可以从不同角度思考这些数据，从而更好地了解遗传相互作用。”此外，他们还强调了这个方法也可用来研究不同类型的基因相互作用、表型以及其它生物体。Boone最后说道：“我们的最终目标是采用这种方法研究高阶细胞，如哺乳动物的细胞”。

原文检索: Allison Doerr. (2010) A global map of gene function. Nature Methods, 7 (3): 176.
悠然/编译

关键字:

[上一篇 基因调节研究新突破](#)

[20年的困扰 - HIV整合酶研究 下一篇](#)



喜欢生命奥秘的文章，那就通过 [RSS Feed](#) 功能订阅阅读吧！

已经有2 条评论



ss 说:

August 21st, 2010 at 2:42 am

synthetic genetic array应该翻译成合成遗传展示比较合理吧

1楼



cyq 说:

August 24th, 2010 at 10:16 am

是的。翻译成 合成遗传展示 比较合理。谢谢ss的建议。欢迎提出指正、批评意见！

2楼

我要评论

您的网名: *

电子邮件: * 绝不会泄露

你的网址:

评论内容:

请输入下面验证码:



提交评论

(Ctrl+Enter快捷回复)