
青岛能源所揭示微生物中一类转座元件的独特移码机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2862.html>

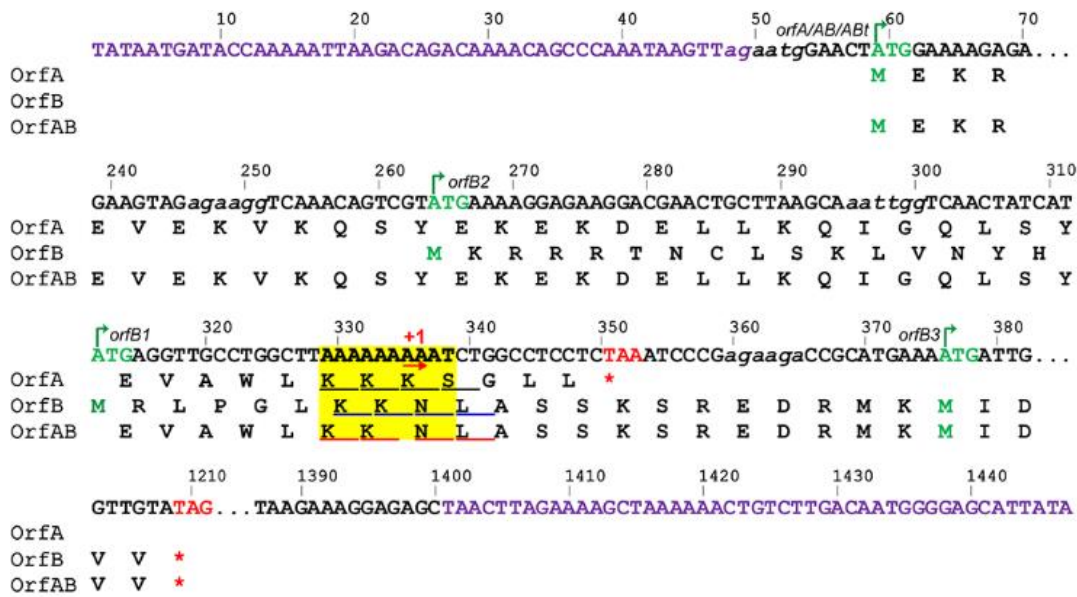
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

青岛能源所揭示微生物中一类转座元件的独特移码机制。基因组中的转座元件是自然界中广泛存在的位置可变DNA序列，在基因组的稳定性、遗传变异和生物进化方面具有重要作用。细菌基因组中的插入序列(Insertion sequence, IS)是一种广泛存在的转座元件，根据其序列和作用的不同机制可以分成多个家族(已知有29个家族的插入序列)，其中IS3是分布最为广泛的家族之一。目前，对插入序列作用机制的认知主要来自于对嗜中温微生物的研究，但是基因组表明嗜热微生物也包含大量的插入序列，其转座机制尚未得到深入研究。嗜热微生物由于包含独特和高热稳定的酶类，具有特殊的研究和工业应用价值，在生物炼制中具有重要的作用。例如，热纤梭菌这一典型嗜热微生物，在木质纤维素工业生物炼制中极具应用前景。基于此，中国科学院青岛生物能源与过程研究所代谢物组学课题组针对热纤梭菌等非模式微生物，前期开发了高效遗传操作平台，包括基于嗜热二类内含子的定向基因敲除工具和基于同源重组的无疤基因组编辑工具，并利用这些工具系统研究了热纤梭菌及其纤维小体对木质纤维素的高效降解机制。

在对热纤梭菌的基因组编辑工具开发的过程中，研究人员使用了腺苷激酶(Tdk)作为反筛标记，发现该反筛标记经常被一个非常活跃的IS3家族插入序列IS1447所失活。该课题组副研究员刘亚君等人对该插入序列进行了深入研究，通过基因组搜索和进化关系分析，发现IS1447类似的插入序列广泛存在于厚壁菌门的细菌中，在IS3家族的插入序列中具有非常独特的特征，代表了IS3家族中一个新的亚组。IS1447亚组通过+1位的转录滑移实现有功能的全长转座酶的合成，这是一种与已知的IS3家族所具有的核糖体-1位翻译水平移码完全不同的移码方式，且这一转录滑移只需要连续的7个腺嘌呤核苷酸(A)即可实现，这也不同于目前公认的至少8个连续的A或T才能实现转录滑移机制。此外，多个纤维素降解菌的基因组中都含有数目非常多的IS1447亚组插入序列。上述研究表明IS1447代表了富含于厚壁菌门中的新的IS3亚组插入序列，丰富了人们对嗜热转座元件的认识，同时也为开发在嗜热微生物使用的基于插入序列的突变工具提供了基础。

上述工作最近发表在Biotechnology for Biofuels上，由青岛能源所研究员冯银刚和崔球指导完成，刘亚君为论文的第一作者，该研究得到科技部、国家自然科学基金委、山东省和中科院项目的支持。

论文信息：Liu Y-J, Qi K, Zhang J, Chen C, Cui Q, Feng Y. Firmicutes-enriched IS1447 represents a group of IS3-family insertion sequences exhibiting unique +?1 transcriptional slippage. Biotechnology for Biofuels. 2018;11:300.



图：来源于热纤梭菌的IS1447序列及其转录滑移位点分析。IS1447可表达三种转座酶OrfA、OrfB及OrfAB，其中OrfAB为有功能的全长转座酶。紫色表示反向重复序列，绿色及红色分别表示转座酶翻译起始及终止位点，黄亮表示移码区域。

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发