高通量蛋白互作组鉴定技术BIP-seq研发成功

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/31699.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！

高通量蛋白互作组鉴定技术BIP-seq研发成功。近日，中国水稻研究所水稻生物育种全国重点实验室研究员张健团队和华中农业大学作物遗传改良全国重点实验室、湖北洪山实验室教授张建伟团队在国际期刊《先进科学》（Advanced Science）在线发表研究论文。他们研发出一种低成本、高通量鉴定蛋白互作的技术——BIP-seq，并在模式植物水稻中成功鉴定到超过23032个蛋白互作组合，为解析水稻及其它物种的蛋白互作网络提供了强有力的技术支持和数据支撑。



该团队研发的国产智能PCR工厂半自动热循环工作站。中国水稻所供图

? 蛋白相互作用（PPI）是蛋白质精准调控生物学过程的重要形式。然而，经典的PPI鉴定技术局限于少数蛋白的互作关联，鉴定的通量和效率偏低。近年来，科学家们尝试开发了多套高通量PPI鉴定技术体系，但均难以兼顾通量高、周期短、成本低、仪器依赖程度低等需求，限制了其在非模式物种和小型分子生物学实验室场景中的应用。

BIP-seq（Barcode-indexed PCR Coupled with HiFi Long-read Sequencing）利用库对库的酵母双杂交策略，快速获得数以万计的随机的阳性PPI互作组合酵母克隆，并在序列末端添加2套条形码用于

判断克隆的来源。

该团队还研发了经济、稳定的酵母菌落PCR系统（~10元/96样品）、半自动热循环工作站（成本~4万元，可在3小时内完成超过80个96或384孔板扩增）和96针复制器（快速转移PCR扩增所需模板），大幅提升了操作效率。并在2个月内完成60000个酵母菌落的互作蛋白鉴定和分析，绘制了包含23032个（准确率~62.5%）水稻互作蛋白的图谱RiPPID，其中22665个为新发现的互作组合，极大的扩展当前水稻蛋白互作网络的覆盖范围。

BIP-seq具有高效率、低成本、可操作性好、无需依赖贵重仪器等优势，是中小型分子生物学实验室在有限经费支持下开展蛋白互作组研究的利器。鉴于该技术的通用性，BIP-seq还可延伸到不同的物种内、物种间（模式物种vs 非模式物种，病原菌vs 宿主）、杂交技术系统（细菌双杂交、酵母单杂交）等不同场景，具有重大的应用价值。

张健和张建伟为该论文通讯作者，中国水稻研究所博士刘西西、华中农业大学硕士研究生夏丹丹、已毕业中国水稻研究所与湖北大学联合培养硕士研究生罗金金和华中农业大学硕士研究生李梦圆为该论文的共同第一作者。该工作得到国家重点研发项目等资助。（来源：中国科学报 李晨）

相关论文信息：https://doi.org/10.1002/advs.202416243

作者：张健等 来源：《先进科学》

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转发