天津工生所在酶定向进化方法学研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/6206.html

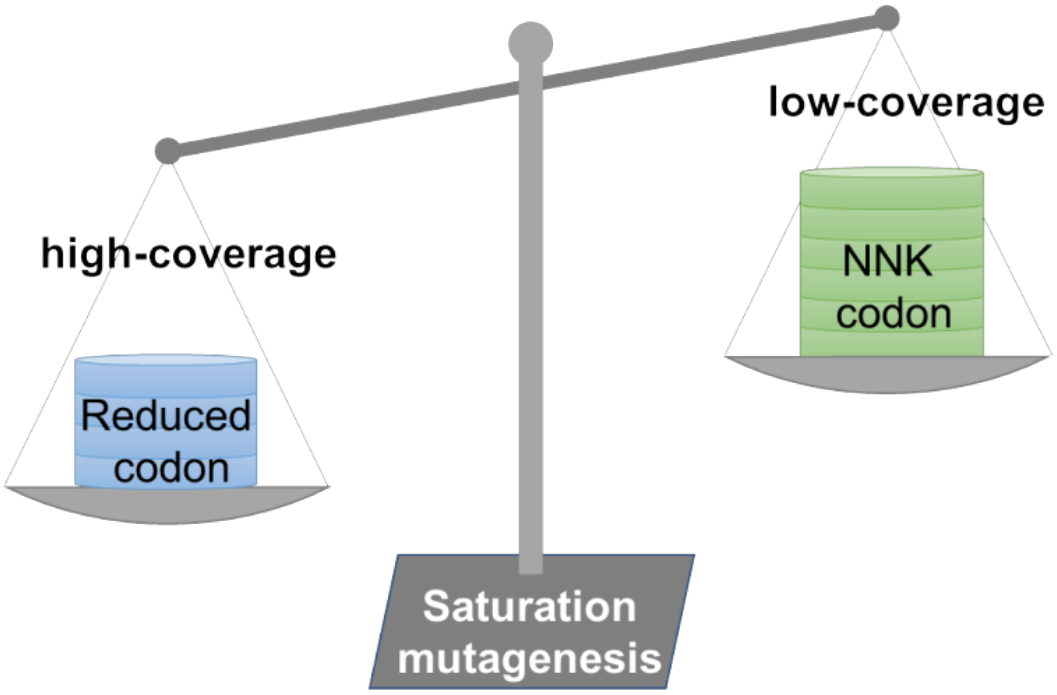
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

定向进化技术是改造酶催化特性(如立体/区域/化学选择性、活性、热稳定性等)的有效手段。前期研究证明，对位于酶催化口袋的氨基酸残基进行饱和突变(SM)可成功控制酶的选择性和活性。作为常用的简并密码子，NNK可编码20种氨基酸，但随着突变位点的增多，筛选量呈指数级增长(20m，m为位点数目)。如何通过精简密码子设计并构建高效突变体文库，从而克服筛选瓶颈受到越来越多的关注。

中国科学院天津工业生物技术研究所研究员孙周通带领的酶分子工程与工业生物催化研究团队围绕这一难题，以柠檬烯环氧水解酶和P450单加氧酶为研究对象，分别用NNK、NDT、理性设计的精简密码子等多种简并密码子设计方法构建突变体文库，实验结果表明，在相同筛选量下理性设计的精简密码子获得有益突变体数量显著增高，并基于统计学(Patrick/Firth及Nov计算)分析得到理论支持。该工作首次证明，精简密码子设计与高覆盖度的筛选可快速获得有益突变体，文章发表于期刊ACS Catalysis。

该研究得到中科院项目资助，天津工生所助理研究员曲戈为论文共同第一作者，孙周通及德国马普煤炭所/天津工生所教授Manfred T. Reetz为共同通讯作者。

文章链接



突变体文库构建策略比较

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