
深圳先进院等设计合成基因线路帮助精确定量细菌中的基因重排事件

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/9455.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！

近日，中国科学院深圳先进技术研究院合成所金帆团队和华中科技大学杨光团队合作设计合成基因线路精确定量细菌中的基因重排事件，相关研究成果A Synthetic Genetic Circuit Enables Precise Quantification of Direct Repeat Deletion in Bacteria发表于国际学术期刊ACS Synthetic Biology

。深圳先进院博士后黄亚佳为文章的第一作者，深圳先进院助理研究员倪磊、研究员金帆以及华中科技大学教授杨光为共同通讯作者。

重复序列广泛地存在于原核和真核细胞基因组中，定量重复序列删除的发生率是研究DNA重排的重要手段。传统的基于抗性基因的定量方法需要引入抗生素筛选，不仅会带来较高的假阳性率，而且抗生素的引入可能影响宿主细胞的生理过程。同时，基于抗性基因的定量方法受限于抗性基因编码序列的长度，直接影响在重复序列删除率定量时对重复序列长度的定量研究。

针对以上问题和原有方法的不足，金帆团队设计了一套基因线路将DNA重排事件直接关联到不同颜色荧光蛋白的表达，再通过高通量单细菌数据采集和数据分析，就可以直接读出在细菌群体中偶发的重排事件。实验结果表明，在铜绿假单胞菌中，重复序列删除率与同源臂的长度呈“S”型关系，并且在长同源臂时，重复序列删除率表现出RecA蛋白依赖性，而在短同源臂时，重复序列删除率表现出RecA蛋白非依赖性，抗生素环丙沙星的加入会显著提升重复序列删除率，但并不影响重

复序列删除率与同源臂长度

的关系。实验结果还发现，重组相关基因uvrD和radA

确实会显著地提升重复序列删除率，并且与RecA蛋白相关。该基于荧光蛋白的合成基因回路系统为重复序列删除率的定量提供了新的方法，也为DNA重排的相关研究提供了新的思路。

该研究得到科技部“合成生物学专项”重大研发计划、国家自然科学基金以及深圳合成生物学创新研究院基金支持。

[论文链接](#)

研究团队单位：深圳先进技术研究院

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

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