

· 科技期刊亮点 ·

专刊推介合成生物学领域研究进展



合成生物学是通过人工设计和构建自然界中不存在的生物系统来解决能源、材料、健康和环保等问题,目前该领域在全球已得到迅猛发展。

《生物工程学报》2013年8月出版的“合成生物学专刊”集中报道了国内相关实验室的研究工作,由清华大学教授、国家“973”基础研究项目“合成生物学”首席科学家**陈国强**担任特邀编辑。专刊主要以综述形式介绍国内外在合成生物学领域获得的最新研究进展,包括链霉菌无痕敲除方法、基因合成技术、DNA组装新方法、最小化基因组的方法及分析、合成生物系统的组合优化等,并讨论应用合成生物学策略优化光合细菌底盘、产溶剂梭菌分子遗传操作技术、蛋白质预算作为合成生物学的成本标尺等相关问题。专刊还基于相关研究说明合成生物学的应用前景,包括复杂天然产物合成人工生物系统的设计与构建、微生物木糖代谢途径改造制备生物基化学品以及构建酿酒酵母工程菌合成香紫苏醇。

《生物工程学报》[2013-08-25]

设计塑料光纤通信 650nm 单片集成光接收芯片

厦门大学**颜黄苹**设计了一种用于塑料光纤通信的650nm单片集成光接收芯片。

该芯片包括光电探测器、跨阻前置放大器、单双端转换、差分放大器、输出缓冲器及失调电压补偿电路。研究人员基于合理假设与近似,从稳态连续方程和边界条件出发,分析了探测器的光谱响应;采用拉普拉斯变换方法,分析其频率响应。采用0.5μm BCD工艺流片、光接收芯片版图面积832×948μm²进行测试,结果表明:5V反向偏压下,探测器在650nm的响应度为0.26A/W;光接收芯片在180Mbps速率及误码率小于10⁻⁹情况下,灵敏度为-14.6dBm;在100Mbps非归零伪随机二进制序列信号速率及误码率小于10⁻⁹情况下,能得到清晰的眼图



《光子学报》[2013-09-25]

新方法或能治疗常见侏儒症

法国卫生和医学研究所**Elvire Guze**等在动物实验中发现,通过注射一种“诱饵蛋白”让致病基因失去作用,或能治疗软骨发育不全症。相关研究成果发表在9月18日出版的 *Science Translational Medicine* 杂志上。



软骨发育不全症患者体内的FGFR3基因发生突变后,会导致FGFR3蛋白过度活跃,从而抑制骨骼的正常发育。研究人员采取一种“欺骗策略”,让过度活跃的FGFR3蛋白“冷静”下来。具体方法是给软骨发育不全的新生实验鼠多次注射sFGFR3蛋白,这种蛋白可以像“诱饵”一样吸引FGFR3基因的全部“火力”,正常的FGFR3蛋白因此不再受到影响,从而让骨骼发育恢复正常。在实验中,老鼠接受治疗后出现脊椎异常问题的比例从80%降至6%。

研究人员还发现,“诱饵蛋白”疗法还会抑制软骨发育不全实验鼠的瘫痪、呼吸困难等并发症,从而有效降低其死亡率。此外,将这些实验鼠解剖后进行器官、血液等检测,没有发现明显副作用。尽管还要进行更多研究以确定人类患者利用

sFGFR3蛋白治疗的安全性与有效性,但研究人员认为,软骨发育不全症患儿在出生第1年内接受这种治疗,骨骼生长很有可能恢复正常。

新华网 [2013-09-19]

美发现可消除记忆基因

美国麻省理工学院**Andrii Rudenko**等鉴定出一种在记忆消除过程中扮演重要角色的基因——Tet1基因,该基因具有“消除记忆”的迷人功能。相关研究成果发表在9月18日出版的 *Neuron* 杂志上。

研究人员对Tet1正常和Tet1遭到破坏的老鼠的学习行为作了比较。他们每次把这两组老鼠放进一个笼子时,对它们进行轻微电击,以便使老鼠对笼子产生恐惧感。Tet1基因遭到破坏的老鼠对笼子的反应和正常老鼠相似,但研究人员把它们放回没有实施电击的同一个笼子时,两组老鼠的行为出现不同。研究发现,有Tet1基因的老鼠并不害怕这个笼子,因为它们的痛苦记忆已被新的记忆代替;而Tet1基因遭到破坏的老鼠的痛苦记忆依然存在。



研究人员表示,如果找到增强Tet1

基因活性的方法,或能治疗创伤后压力心理障碍症患者,把他们的痛苦记忆“删除”。

新浪网 [2013-09-27]

美发现转录起始的精确位点

美国宾州大学分子生物学系**B. Franklin Pugh**等发现转录起始的精确位点,从而为解析基因组“暗物质”的起源迈出了重要一步。相关研究成果发表在10月3日出版的 *Nature* 杂志上。

基因组“暗物质”实质是基因组中的非编码RNA,不包含用于制造蛋白质的版图,构成了超过95%的人类基因组。之前研究认为,非编码RNA不编码蛋白质,属于“垃圾”RNA,而随着研究的深入,科学家逐渐发现非编码RNA含有丰富的信息,是生命体中有待探索的“暗物质”。越来越多的证据也表明,一系列重大疾病的发生与发展与非编码RNA调控失衡有关。

由于许多疾病的遗传起始位点位于基因组编码区域以外,此次研究将有助于查明复杂疾病特征所在的确切位置。



生物谷 [2013-10-03]

(编辑 高靖云(实习生),王丽娜)