青岛能源所揭示产油微藻转录因子调控网络

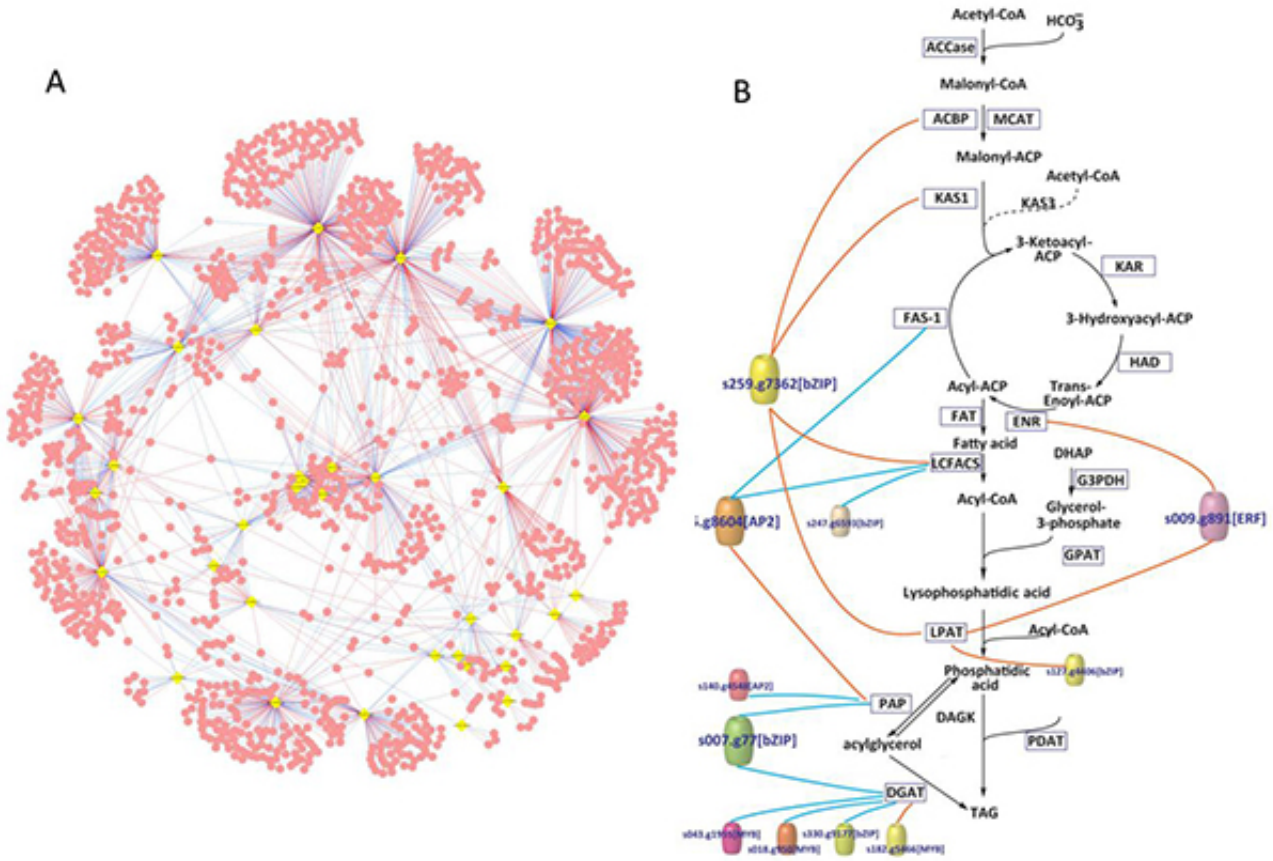

图1 (A) 计算方法预测的微拟球藻全基因组转录调控网络，黄点代表转录因子，红点代表靶基因。(B) 甘油三酯（TAG）合成途径的转录调控网络，彩色圆柱体代表转录因子，红线代表正调控，蓝线代表负调控。

自然界中的一些微藻因产油量高、生长速度快、环境适应性强，并可在边际土地上用海水或废水培养，因此被视作潜在的新型能源作物之一。但目前种质选育的关键瓶颈之一是对于微藻产油调控机制的认识基本空白。近日，中国科学院青岛生物能源与过程研究所单细胞研究中心以微拟球藻为模式生物，揭示了产油微藻的首个全基因组水平的转录因子调控网络。相关成果于6月26日在线发表于Scientific Reports。

微拟球藻(Nannochloropsis spp.)是一种在海洋中广泛分布，且在世界各地均可以大规模培养的野生高产油藻。以项目组前期采集的六株微拟球藻基因组（Wang, et al, PLoS Genetics, 2014）和产油过程的时间序列转录组（Li, et al, Plant Cell,
2014）为实验数据基础，青岛能源所单细胞研究中心硕士研究生胡建强等通过运用和改进进化足迹分析（Phylogenetic Footprinting）等策略，系统地挖掘了海洋微拟球藻（Nannochloropsis oceanica）基因组编码的所有转录因子及其基因组结合位点，并构建了由34个转录因子、30个转录因子结合位点基序（motif）和950个目标基因组成的转录调控网络（图1A）。

基于产油过程中转录本的共表达分析，研究人员推断出11个转录因子与产油相关，并提出了油脂合成途径的转录因子调控机制（图1B）。相关信息还通过互动式在线数据库等方式展现，以高效服务于国内外微藻产油研究群体。此外，通过与包括微拟球藻在内的36个植物基因组的比较分析，研究人员还发现转录因子家族的组成与物种种系发生具有紧密的关联性，认为转录因子家族的进化可能是从单细胞植物到多细胞植物进化的重要动力之一。

该转录因子调控网络将为针对特定转录因子及其目标基因的深入研究提供系统、丰富的线索，从而为“转录因子工程”等基于改造调控途径的产油微藻种质选育奠定基础。同时，该研究对于研究植物转录调控网络的进化和起源也具有重要意义。

该研究得到了合成生物学“973”项目等支持，由徐健研究员和宁康研究员共同主持完成。

原文地址：http://www.china-nengyuan.com/tech/64224.html