

# 必需基因特性表征与相关数据库开发的研究进展

梁雅婷<sup>1</sup>, 罗昊<sup>1</sup>, 林岩<sup>1</sup>, 高峰<sup>1, 2, 3</sup>

1 天津大学理学院物理系

2 天津大学合成生物学前沿科学中心和系统生物工程教育部重点实验室

3 天津化学化工协同创新中心



Ya-Ting Liang, Hao Luo, Yan Lin, Feng Gao. 2024. Recent advances in characterization of essential genes and development of a database of essential genes. *iMeta* e157. <https://doi.org/10.1002/imt2.157>

# 必需基因的简介

**必需基因：**对于生物体生存至关重要的基因，这些基因编码的蛋白质和酶，在维持细胞的基本功能、生长和发育过程中扮演着关键角色，这些基因的受损或缺失可能会导致生物体无法存活。

常见实验检测手段：

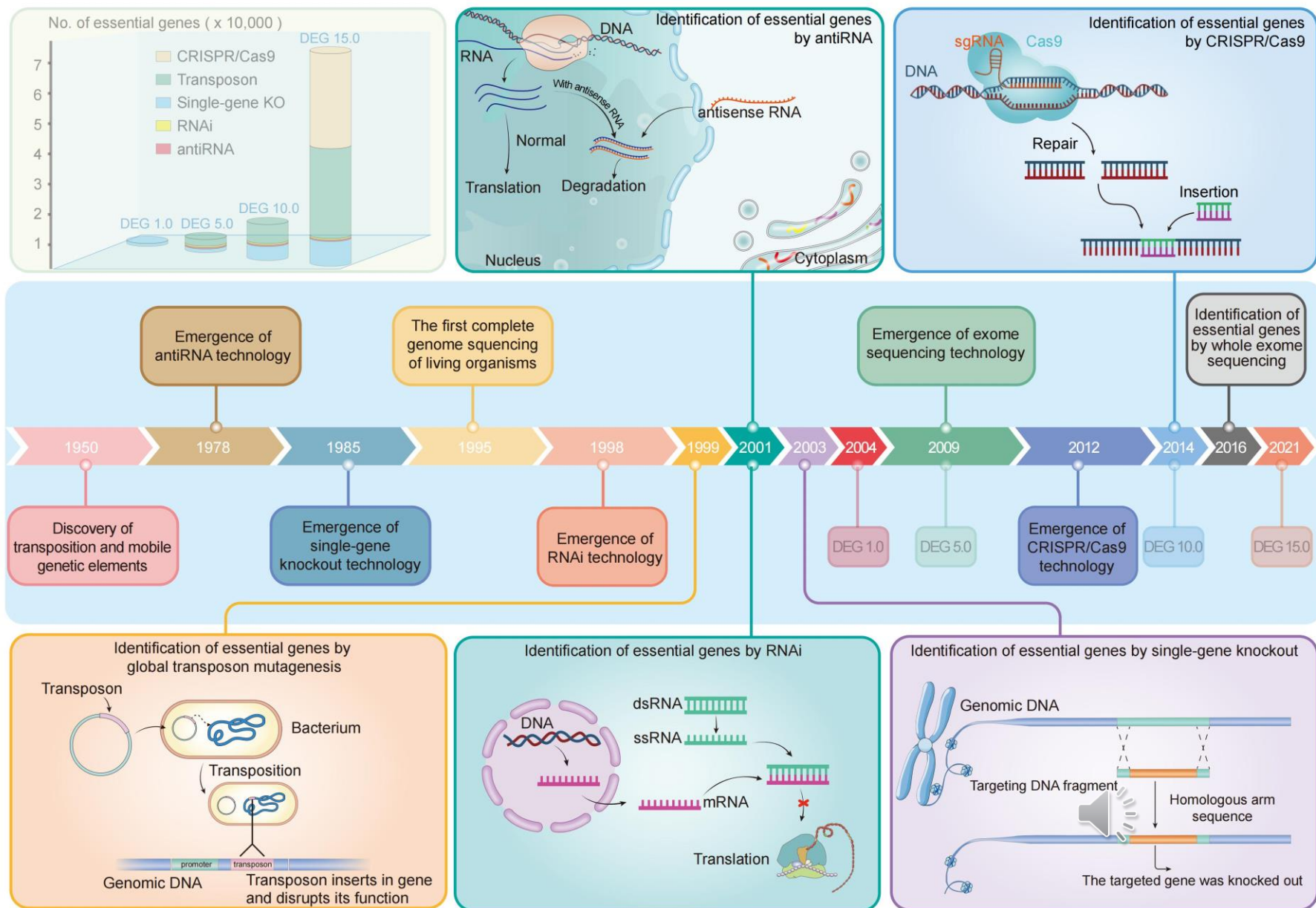
RNAi,

antiRNA,

CRISPR/Cas9,

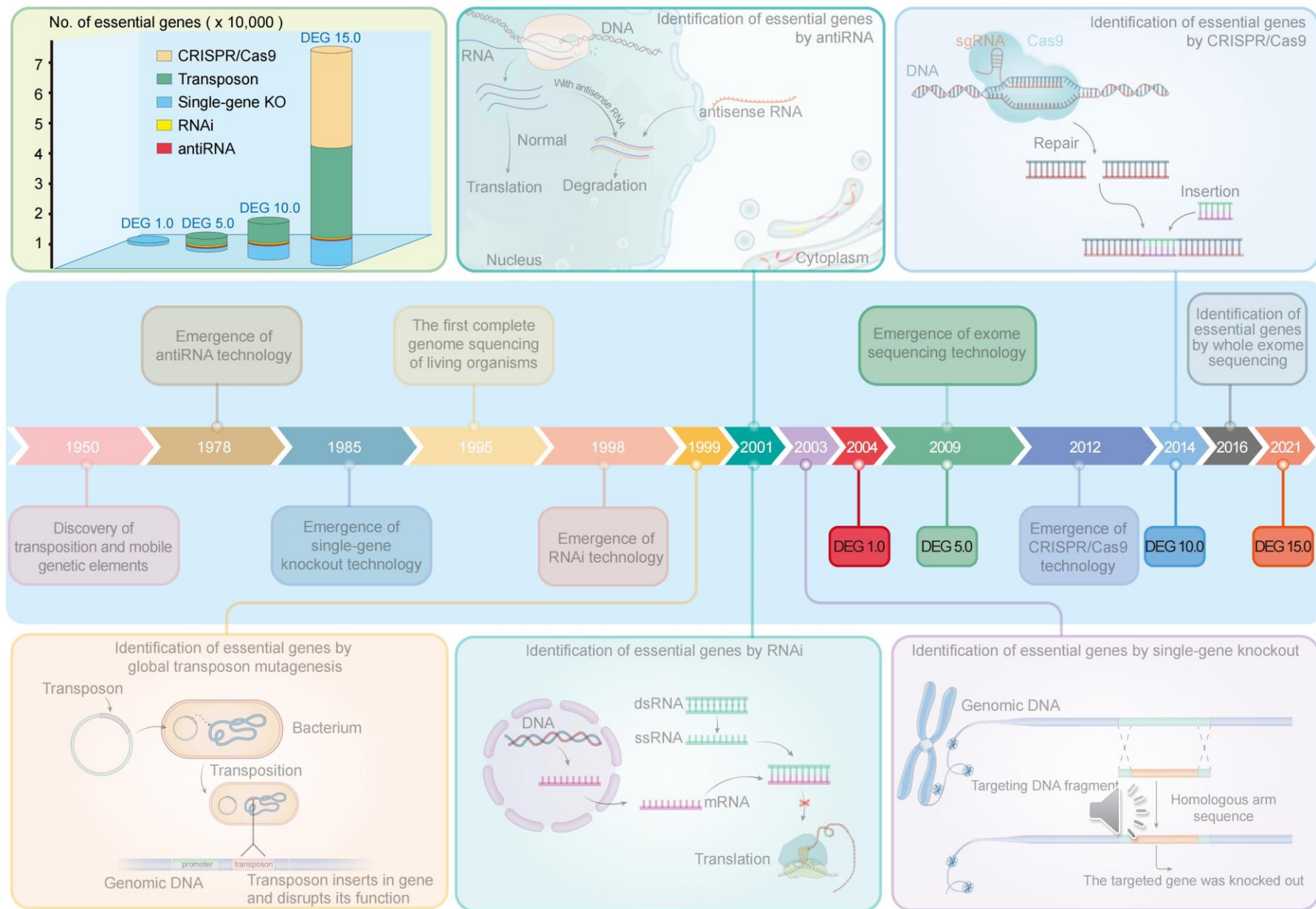
转座子突变,

单基因敲除等

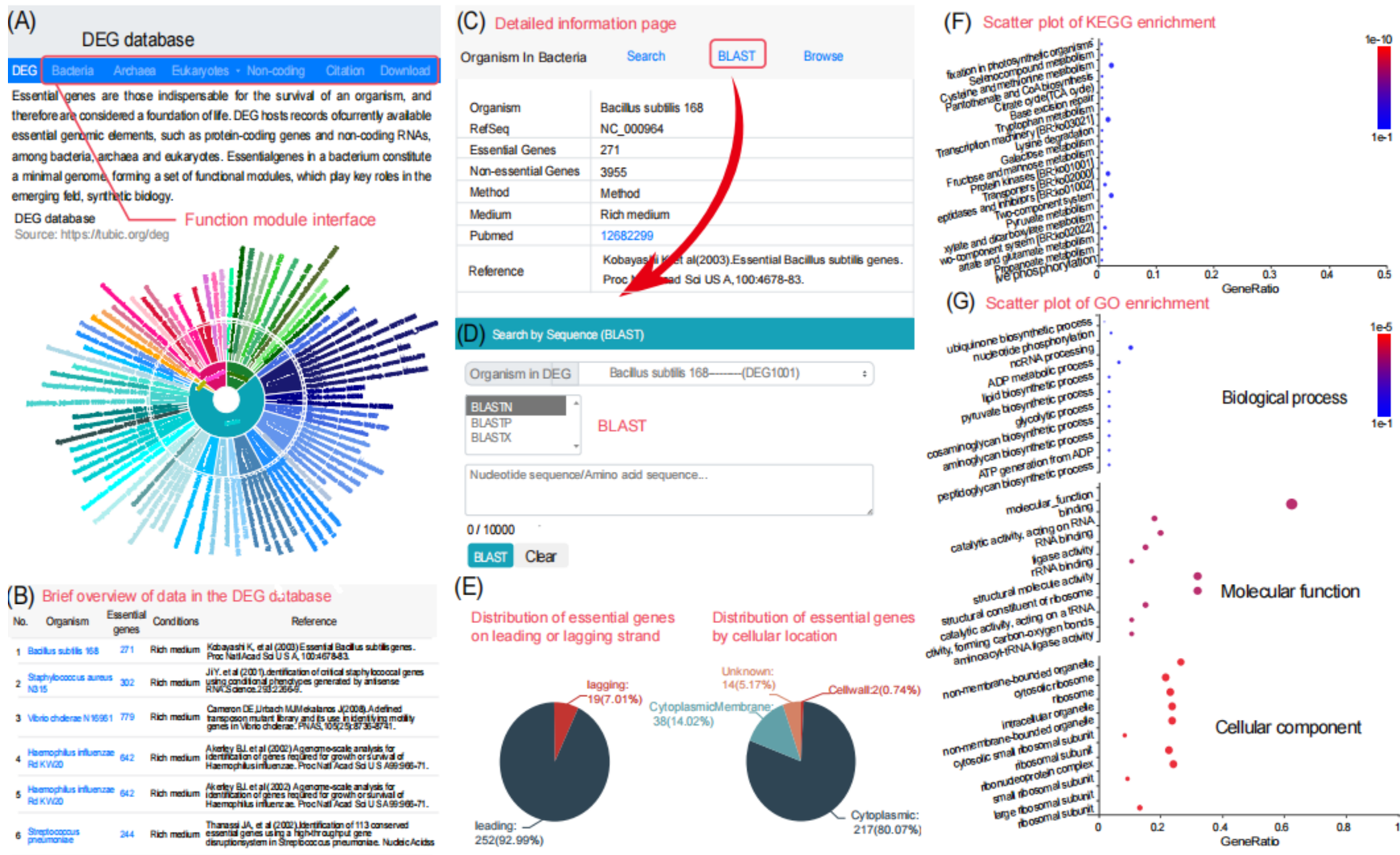


# DEG数据库的发展

天津大学生物信息中心(TUBIC)于2004年建立DEG数据库并维护至今, 累计收集了60余种原核生物、10多种真核生物全基因组水平下通过实验识别的必需基因信息, 是建立时间最早、收集最全、影响最大的必需基因数据库。



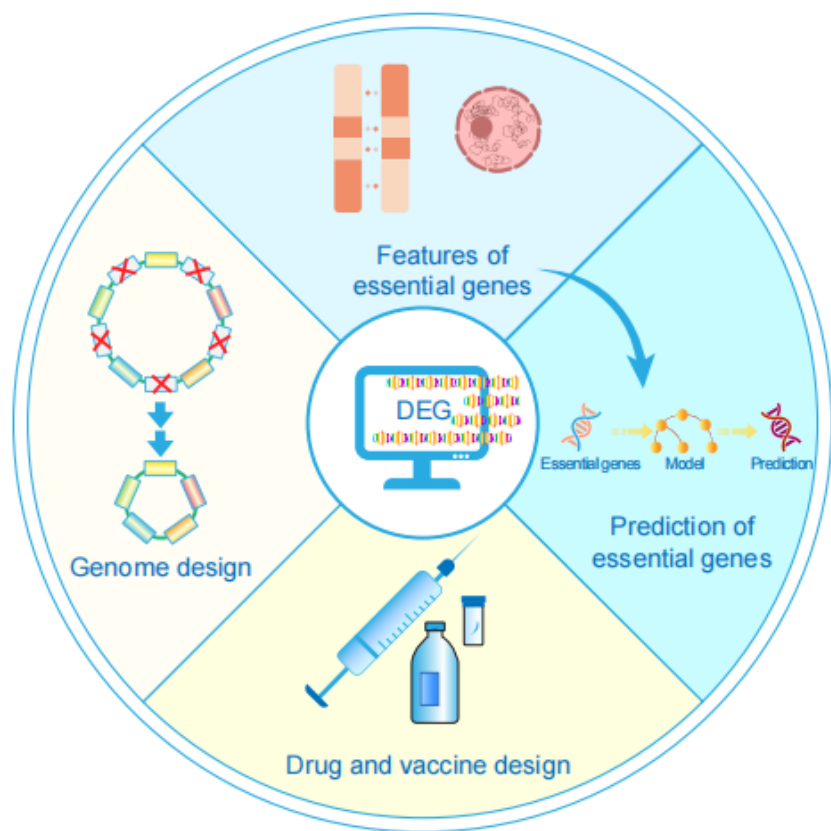
# DEG数据库的介绍



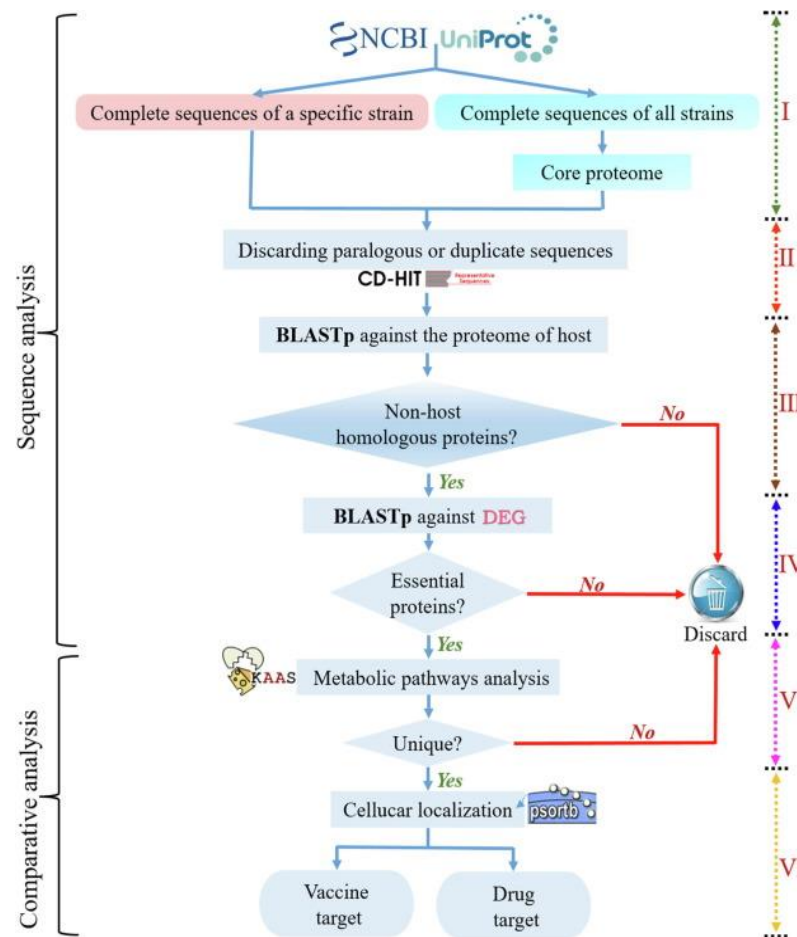
最新版本的DEG 15.0 收录了通过实验手段获得的78组细菌、35组真核生物和2组古菌的必需基因数据集

并加入了前导链/后随链、亚细胞定位分布、KEGG和GO富集分析等模块

# DEG数据库的应用



- (1) 人工基因组设计与构建
- (2) 药物和疫苗设计
- (3) 必需基因特征分析
- (4) 必需基因的预测

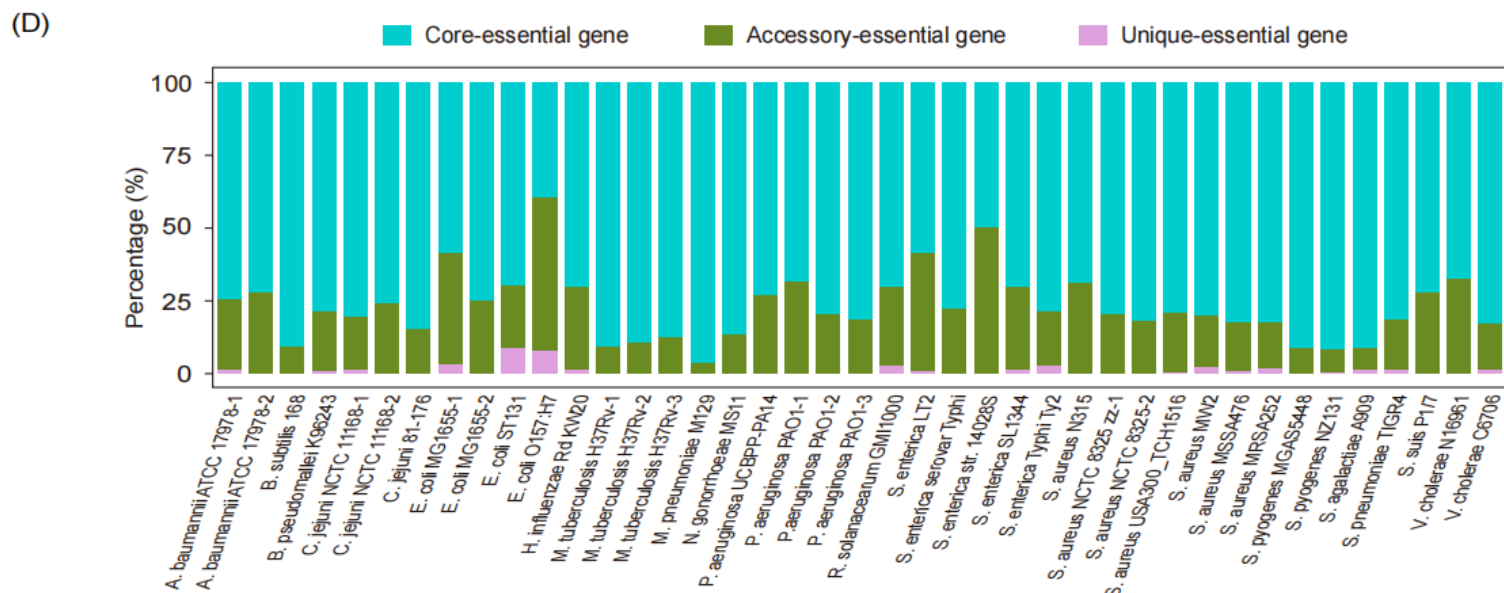
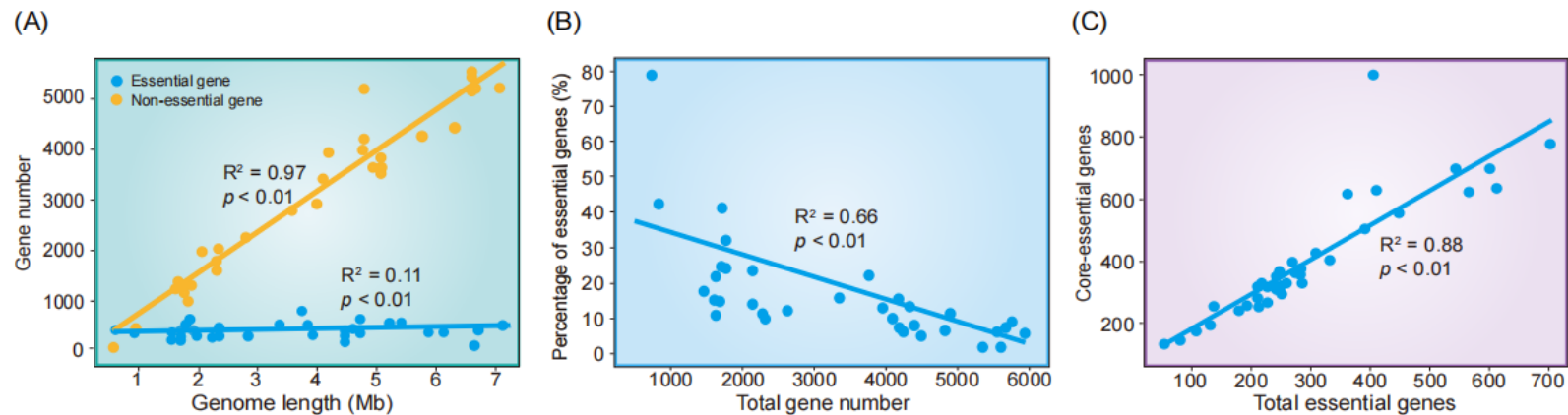


## 反向药物/疫苗设计流程

Yan and Gao, CSBJ, 2020



# DEG数据的统计分析



- 不同物种必需基因的数量保持在一定范围内, 并不随着基因组的长度呈比例变化
- 必需基因与核心基因在很大程度上是重合的






# 总结

- 实验技术进步促进了多个物种必需基因数据的获取；
- 随着必需基因数据的不断积累，以DEG为代表的相关数据库相继建立；
- DEG数据库在人工基因组设计与构建、药物和疫苗设计、必需基因特征分析和必需基因的预测等多个领域具有重要的应用价值；
- 必需基因与核心基因的重合部分可能对生物而言起到更加基本且关键的作用；
- 必需基因不是一个绝对概念，它依赖于特定的环境和上下文，对必需基因的分类可能是未来研究的重要方向。

Ya-Ting Liang, Hao Luo, Yan Lin, Feng Gao. 2024. Recent advances in characterization of essential genes and development of a database of essential genes. *iMeta* e157. <https://doi.org/10.1002/imt2.157>



“iMeta”是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年的三月、六月和九月期已正式在线出版发行!

 主页: <http://www.imeta.science>  
 出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>  
 投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>

 [office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

 [iMeta](#)

[宣传片](#)

