

植物所科研人员在叶绿体核糖体RNA加工分子机制方面取得新进展

RNA操作是目前研究的热点之一。要实现精确的RNA操作，需要特异地识别靶向目标RNA分子并对其进行剪切。但到目前为止，这类序列特异的RNA内切酶在自然界中还没有被发现。因此，寻找一类序列特异的RNA内切酶显得尤为重要。

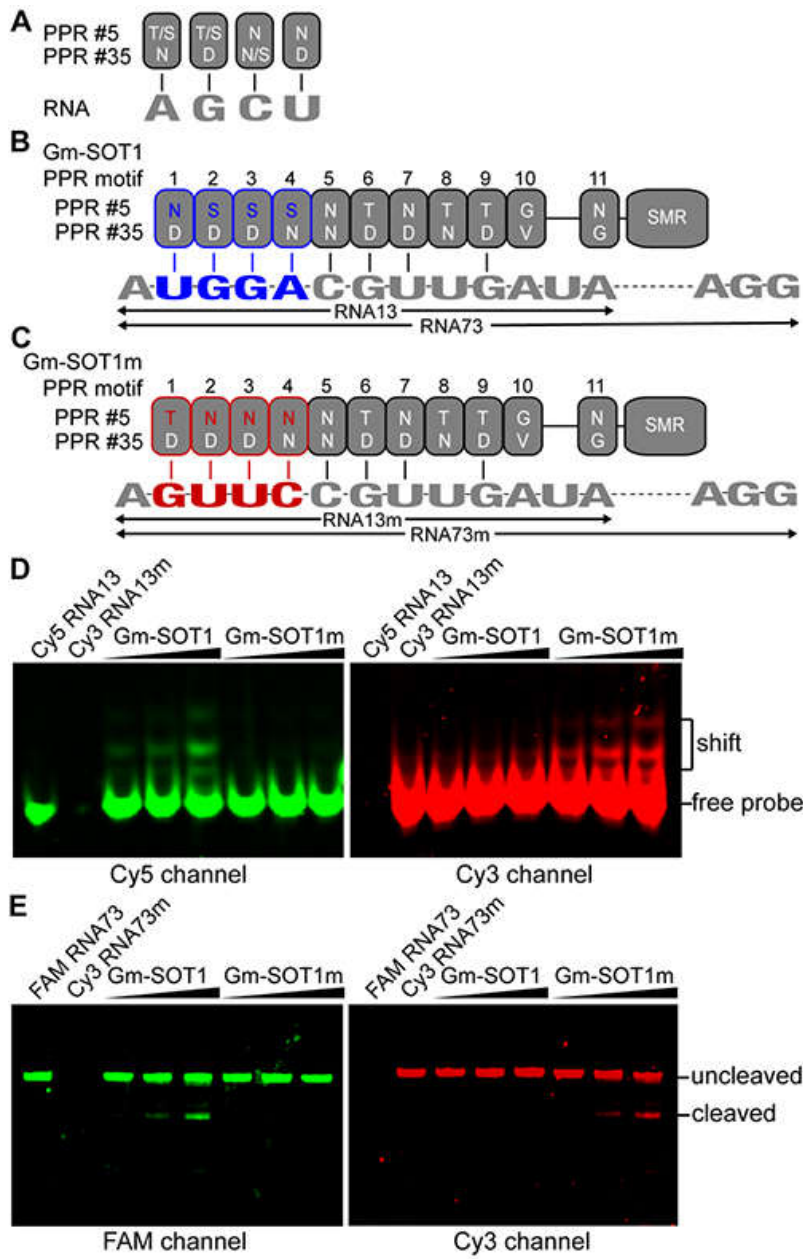
中国科学院植物研究所卢从明研究组通过一系列生化实验发现，PPR-SMR蛋白家族成员SOT1能够在体外特异且高效地剪切其RNA底物。通过生化、分子与遗传等分析，研究人员进一步发现SOT1的PPR结构域能够特异识别叶绿体23S-4.5S核糖体RNA前体5'末端一段含有13个核苷酸的序列，并通过其SMR结构域剪切了该识别序列的下游序列，从而参与了拟南芥叶绿体23S-4.5S核糖体RNA前体的成熟。研究人员还通过突变SOT1蛋白的PPR结构域的特定位点，使突变的蛋白能够识别并剪切预期的RNA底物而不再识别并剪切原来的RNA底物。这一结果首次证明SOT1具有序列特异的RNA内切酶活性，且能够被人工改造用来识别并剪切预期的RNA底物，可以作为一种RNA操作工具而具有广泛的应用前景。

该研究结果于2月6日在线发表于《美国科学院院刊》（PNAS）上。卢从明研究组博士研究生周稳和卢庆陶副研究员为该论文共同第一作者。该研究工作得到科技部973项目、中科院前沿科学重点研究项目和B类战略性先导科技专项的资助。

文章链接：

<http://www.pnas.org/content/early/2017/02/03/1612460114.full.pdf>

（光合实验室供稿）



SOT1可程控地识别并剪切不同RNA底物