



第33卷 第5期 (2011年5月): 510-519

## miRNA-9基因家族进化分析及其靶基因预测

罗丹丹 罗玉萍 彭娟 李思光\*

(南昌大学生命科学与食品工程学院, 南昌 330031)

**摘要** microRNAs(miRNA)是真核生物中一类长度约为21~25个核苷酸的非编码小分子RNA, 在转录后水平调控基因的表达。该文在miRBase中搜索后生动物的miR-9基因序列。47个物种中共搜索到120条miR-9基因序列, 说明miR-9基因家族广泛存在于不同物种中。基因定位显示86%的miR-9基因存在于基因间隔区(IGR), 多序列比对发现miR-9基因家族成熟序列的第2位到第8位碱基以及第14位到第18位碱基为保守碱基。进化分析表明miR-9b和miR-9c可能是此基因家族最早出现的基因形式, 即祖先基因。这些祖先基因经过串联重复、大片重复、个别碱基的缺失及突变等方式形成了脊椎动物中miR-9-1至miR-9-7数个基因。分别采用四个miRNA靶基因预测软件对mmu-miR-9的靶基因进行预测, 发现miR-9与神经系统发育、心肌系统疾病和跨膜运输系统等密切相关。该研究为今后进一步研究miRNA调控的神经系统发生和神经细胞生长与分化的机制奠定了基础。

**关键词** miRNA-9; 进化; 靶基因

收稿日期: 2010-10-11 接受日期: 2011-2-25

国家自然科学基金(No.30971473, No.31071138)资助项目

\*通讯作者。Tel: 0791- 8304099, E-mail: siguangli@163.com

[阅读全文 PDF](#)

此摘要已有949人浏览

您是第 125197 位访问者, 欢迎!

主办: 中国科学院上海生命科学研究院生物化学与细胞生物学研究所 中国细胞生物学学会

地址: 上海岳阳路319号31号楼B楼408室 邮编: 200031 电话: 021-54920950 / 2892 / 2895 Email: cjcb@sibs.ac.cn



沪ICP备05017545号