

- 院长致辞
- 生科院简介
- 现任领导
- 学术委员会
- 人才队伍
- 联系我们

首页 | 机构概况 | 机构设置 | 新闻动态 | 科研成果 | 研究队伍 | 合作交流 | 人才教育 | 创新文化 | 党建 | 科学传播

❖ [首页](#) > [新闻动态](#) > [科研进展](#)

生化与细胞所研究人员发现粗线期piRNA指导小鼠精子形成后期mRNA的大规模清除

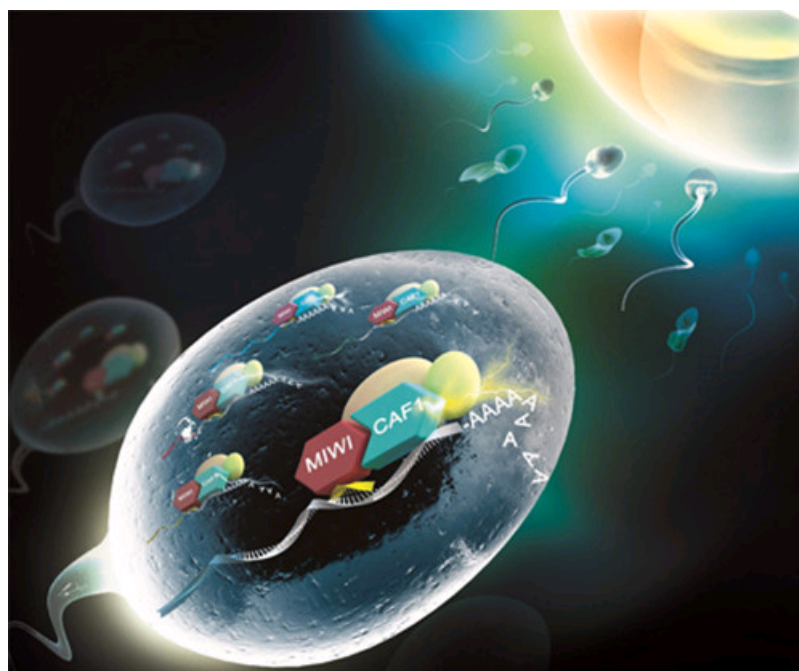
2014-05-06 18:06:00 | 来源: | 【大】 【中】 【小】 【打印】 【关闭】

国际学术期刊Cell Research于5月2日在线发表了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刘默芳研究组关于小鼠粗线期piRNA指导精子形成后期mRNA大规模清除的最新研究成果。

不同于卵子含有大量母源mRNA和蛋白质支持早期胚胎发育,成熟精子中仅残留微量的mRNA,但目前还不清楚精子细胞中大量的mRNA是如何在形成精子前被大规模降解清除的。piRNA是新近在动物生殖系细胞中发现的一类与PIWI家族蛋白相互作用的小分子非编码RNA,在哺乳动物的精子发生过程先后出现两次表达高峰,分别被称为前粗线期piRNA与粗线期piRNA。目前对在早期生精细胞中表达的前粗线期piRNA的作用已有所了解,而在减数分裂前后大量表达的粗线期piRNA的功能还鲜为人知;粗线期piRNA的功能机制是领域当前普遍关注的前沿热点。

刘默芳研究组荷兰涛博士、研究生戴鹏和中山大学杨建华博士等共同发现,在小鼠延长形精子细胞中,粗线期piRNA与其结合蛋白MIWI、脱腺苷酸酶CAF1组成pi-RISC复合物,通过碱基不完全配对方式识别靶mRNA 3'非翻译区(3'UTR)的序列元件、诱导靶mRNA脱腺苷酸及降解;依赖于piRNA百万级数量的不同序列,pi-RISC介导了精子细胞发育后期数千不同mRNA的降解。这一研究工作不仅提供了精子形成后期mRNA大规模降解的分子机制,同时揭示了粗线期piRNA在精子发育中的重要功能,并证明piRNA除了沉默转座子外,还参与调控编码基因。

该工作与中山大学屈良鹄实验室、加州大学圣地亚哥分校付向东实验室及上海生科院生化与细胞所吴立刚实验室和王恩多实验室等合作完成,得到了国家科技部、国家基金委、中国科学院及上海市科委的资助。(生化与细胞所)



本新闻已有 人浏览



1999-2011 中国科学院上海生命科学研究院 版权所有

地址: 上海岳阳路320号 邮编: 200031 电话: 86-21-54920000 传真: 86-21-54920078

电子信箱: webmaster@sibs.ac.cn



沪ICP备05033115号

