

生化与细胞所等揭示V(D)J基因重排激活蛋白RAG1的起源

文章来源：上海生命科学研究院

发布时间：2014-01-06

【字号：小 中 大】

国际学术期刊《美国科学院院报》(PNAS)在线发表了中科院上海生命科学研究院生物化学与细胞生物学研究所刘小龙研究组的研究论文*An amphioxus RAG1-like DNA fragment encodes a functional central domain of vertebrate core RAG1*。该成果揭示头索动物文昌鱼中的RAG1类似DNA片段(*bfRAG1L*)能编码重排激活蛋白RAG1的中心结构域，为后续进化为脊椎动物的RAG1提供分子与功能基础。

重排激活蛋白RAG1(RAG1和RAG2)介导的V(D)J基因重排只在脊椎动物中发生，为适应性免疫的特异性识别和免疫记忆提供物质基础。RAG的起源与进化一直是适应性免疫研究的热点，科学家们基于脊椎动物RAG的研究提出了其起源与进化的多个假说，但至今仍不清楚RAG基因是如何起源的。

刘小龙研究组的博士研究生张燕妮和许可分析鉴定到文昌鱼基因组中与脊椎动物RAG1基因同源的DNA片段*bfRAG1L*。虽然其表达的产物*bfRAG1L*只有脊椎动物RAG1的1/3大小，但包含有RAG1的中心结构域和一个病毒相关的II型核酸酶功能域DXN(D/E)XK，能够降解DNA和RNA。更为重要的是，*bfRAG1L*具备RAG1的基本属性，包括与RAG2相互作用以及定位于核中。将*bfRAG1L*改造成小鼠核心RAG1类似物Ch-*bfRAG1L*后，Ch-*bfRAG1L*能够识别抗原受体基因并能在RAG1缺失的小鼠中介导基因重排，获得T细胞和B细胞。该研究证实文昌鱼的*bfRAG1L*在功能上类似于脊椎动物RAG1的中心结构域，为RAG1的起源提供了关键的分子证据，并为RAG1基因的起源与进化提供了新的观点。

该项研究工作与中山大学教授徐安龙合作完成。

该研究得到了国家科技部(973课题)、国家自然科学基金委的经费支持。

打印本页

关闭本页