



遗传发育所在植物microRNA生物生成机制研究中获进展

文章来源：遗传与发育生物学研究所

发布时间：2013-03-04

【字号： 小 中 大 】

MicroRNA (miRNA) 是一类真核生物中广泛存在的内源非编码小分子RNA。它主要通过碱基互补配对的形式在转录后水平上负调控靶mRNA，从而广泛地参与动植物各种生物学过程的调控。在植物miRNA生成通路中一些主要因子的功能已经被鉴定，其中Dicer-Like 1(DCL1)是主要负责切割加工前体pri-miRNA和前体pre-miRNA从而产生miRNA的RNA酶，但是关于DCL1是如何识别并招募到pri-miRNA的过程尚不清楚。

中国科学院遗传与发育生物学研究所曹晓风实验室以模式植物水稻和拟南芥为材料，通过酵母双杂交的手段筛选DCL1互作蛋白，鉴定出一个进化上保守的蛋白质NOT2参与miRNA的生物生成途径，NOT2功能在单双子叶植物发育中是必需的。拟南芥NOT2功能的部分缺失突变体表现出与典型miRNA生成途径突变体的表型。研究还发现NOT2作为支架蛋白还与Pol II及mRNA 5' 加帽复合体成员相互作用，已有研究表明miRNA主要通过转录后机制调控靶位点，该项研究将miRNA通路与mRNA转录和加工通路联系在一起，揭示了转录及转录后共同调控基因表达的规律。

该结果于2月19日在*The Plant Cell*杂志上在线发表(DOI:10.1105/tpc.112.105882)。曹晓风课题组的博士后王璐璐为本论文的第一作者。该项研究受到国家自然科学基金、973和转基因专项等资助。

打印本页

关闭本页