



## MENU

当前位置: [首页](#) (<./././.) >> [科研进展](#) (<./././.) >> [最新报道](#) (<././.)



# 叶克穷课题组在拟南芥RNA 核糖甲基化修饰研究上取得 新进展

发布时间: 2021年03月30日

2021年3月30日, 中国科学院生物物理研究所叶克穷课题组、北京大学现代农学院王玉秋博士和中科院遗传与发育研究所李家洋课题组合作在《*Nucleic Acids Research*》发表了题为"Profiling of RNA ribose methylation in *Arabidopsis thaliana*"的论文。论文系统检测了模式植物拟南芥中多种RNA上的2'氧甲基化修饰谱, 并对指导修饰的snoRNA进行了归属。

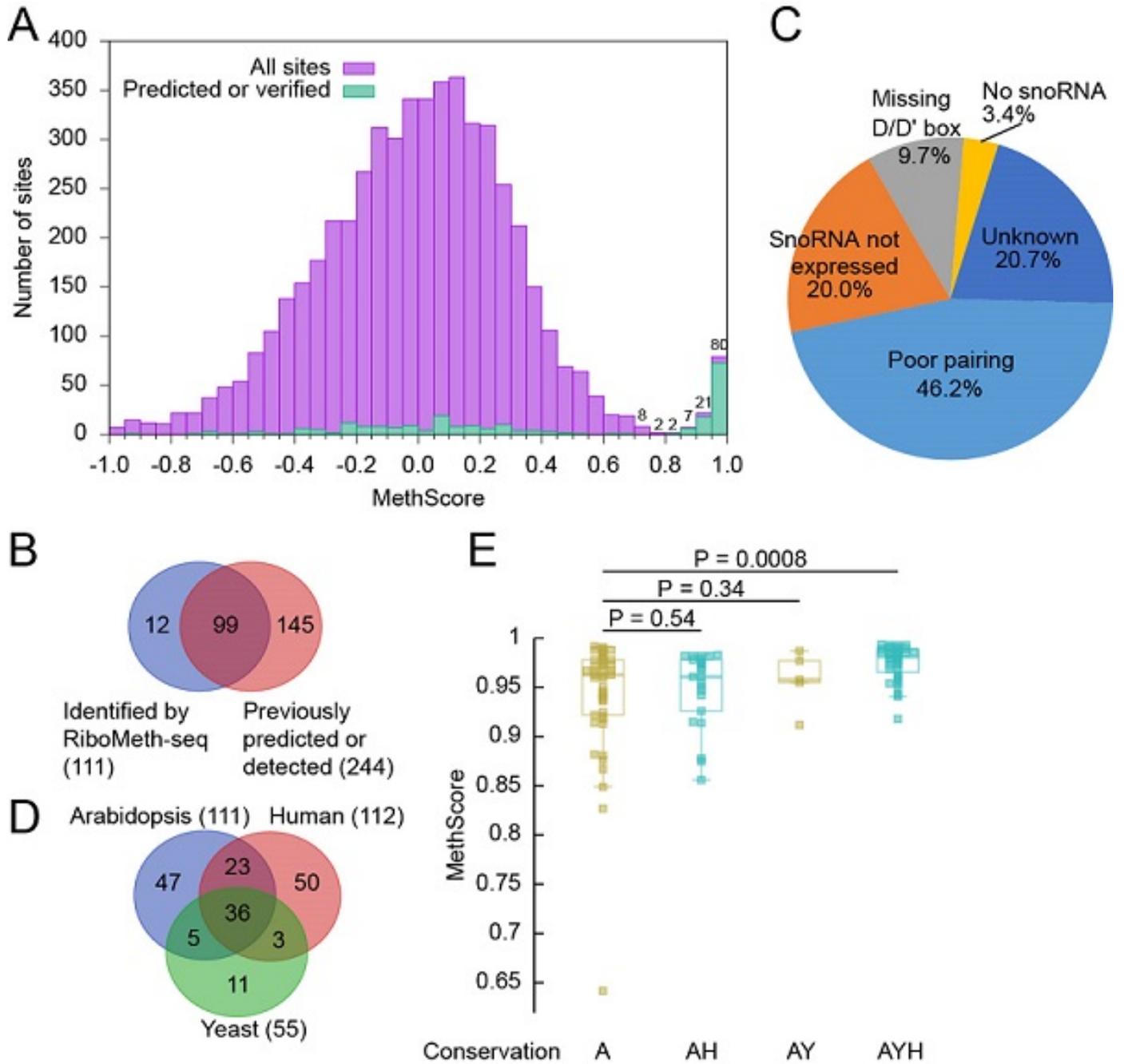
大部分RNA在转录后都会发生化学修饰, 其中核糖2'位甲基化是频率最高的修饰之一。该修饰在核糖体rRNA、tRNA、剪接体snRNA等RNA上有广泛的分布, 能影响RNA的结构、功能和稳定性等方面。真核生物的细胞质rRNA和snRNA上含有大量的2'氧甲基修饰, 它们中绝大多数是由C/D型核仁小RNA (snoRNA) 和多个蛋白质组装成的复合物催化合成的。复合物中的C/D snoRNA通过碱基配对结合互补的底物, 并挑选距离D/D'序列上游第5个碱基位点进行修饰 (D+5规则)。

拟南芥作为模式植物大部分的C/D snoRNA已经被鉴定, 但是缺乏对2'氧甲基化修饰全局性分布的检测。研究者利用RiboMeth-seq高通量技术测定了拟南芥多种RNA的2'氧甲基化修饰谱。他们鉴定了胞质rRNA上111个修饰位点, 其中包括12个新位点, 并排除了大量以前预测的假位点。他们通过分析修饰位点序列和C/D snoRNA之间的配对, 给大部分修饰位点找到了向导snoRNA,

并发现近半数修饰位点附近的序列还和snoRNA形成额外的配对，这种额外配对可能帮助底物的结合。通过预测和突变体验证实验，他们发现至少有4个修饰位点是由具有多重特异性的C/D snoRNA通过非D+5指导规则修饰的。

研究者在snRNA上发现了19个修饰位点，其中13个位点在人源snRNA也保守分布。他们还发现线粒体rRNA和叶绿体rRNA上各含有5个几乎相同的修饰位点，其中2个为新发现的位点，它们分布在核糖体大亚基和小亚基的结合界面。论文还分析了C/D snoRNP突变体中修饰的变化。总之，该研究揭示拟南芥三种类型rRNA和snRNA上的2'氧甲基化修饰谱，为研究它们的功能和生物发生机制提供基础。

该工作由中国科学院生物物理研究所、北京大学现代农学院和中科院遗传与发育研究所合作完成。叶克穷研究员为论文的通讯作者，博士生吴松麟、王玉秋博士和王佳音博士为论文的共同第一作者。研究得到了国家自然科学基金委、中国科学院战略性先导计划和国家科技部重点研发计划等项目的资助。



图：拟南芥胞质rRNA 2'氧甲基化修饰谱

文章链接：<https://doi.org/10.1093/nar/gkab196> (<https://doi.org/10.1093/nar/gkab196>)

(供稿：叶克穷研究组)



(<http://www.cas.cn/>).



(<http://bszs.conac.cn/site/method=show&id=095E93>)

版权所有：中国科学院生物物理研究所 119 京ICP备05002792号 京公网安备 110402500011 号

地址：北京市朝阳区大屯路15号 邮编：100101

电话：010-64889872 电子邮件：webadmin@ibp.ac.cn