



ENGLISH

清华主页



首页

头条新闻

综合新闻

要闻聚焦

媒体清华

图说清华

视频空间

清华人物

校园写意

专题新闻

新闻排行

新闻合集

首页 - 要闻聚焦 - 内容

清华戚益军研究组在拟南芥长非编码RNA系统研究中取得新进展

**清华新闻网12月3日电** 11月29日，清华大学生命科学学院植物生物学研究中心戚益军研究组在《自然·通讯》(Nature Communications)期刊在线发表题为“拟南芥中长非编码RNA的系统鉴定揭示反义RNA调控MAF4基因”(Global identification of Arabidopsis lncRNAs reveals the regulation of MAF4 by a natural antisense RNA)的研究论文。该研究系统鉴定和分析了拟南芥中大量长非编码RNA(long noncoding RNA, lncRNA)，发现一个可调节开花时间的NAT-lncRNA，并阐明了其正向调控正义链基因转录的作用机制。

近年来，全基因组和转录组测序结果表明大约75%的人类基因组和50%的拟南芥基因组可转录成RNA，但蛋白编码序列只约占其中的1.5%。大量不能编码蛋白的RNA进入人们的视野，其中包括数以万计的lncRNA。lncRNA为一类长度大于200个核苷酸、不具备蛋白编码功能的RNA。根据与蛋白编码基因的位置关系，lncRNA可以分为源于基因反义链的lncRNA(NAT-lncRNA)，与基因序列同向重叠的lncRNA(OT-lncRNA)，产生于基因间区的lncRNA(lincRNA)以及来自于基因内含子区域的lncRNA(incRNA)等。越来越多证据表明，lncRNA通过多种方式参与基因表达调控、染色体高级结构形成、RNA加工及细胞结构组装等重要生命活动过程。

#### MAS调控MAF4的作用机制

为了研究植物中lncRNA对基因表达的调控功能，戚益军研究组利用链特异性RNA-seq结合生物信息学分析方法，系统鉴定和分析了模式植物拟南芥中的lncRNA。该研究共鉴定到了6510个lncRNA，其中包括4050个NAT-lncRNA以及2460个lincRNA。研究发现，在不同组织或逆境处理条件下，大量NAT-lncRNA与邻近蛋白编码基因的表达呈现正相关趋势。此外，通过人工miRNA的技术，沉默部分NAT-lncRNA的表达，可能导致邻近蛋白编码基因表达下降，表明NAT-lncRNA可正向调控邻近基因的表达。该研究为解读植物中lncRNA的功能和作用机制提供了丰富的资源和良好的基础；MAS正向调控MAF4转录的机制解析对研究植物中大量NAT-lncRNA的功能机制有重要的借鉴意义。

清华大学生命学院博士生赵新明、连璧和医学院博士后李景睿为该论文的共同第一作者。戚益军教授和李艳博士为论文共同通讯作者。该研究由国家自然科学基金委和清华-北大生命科学联合中心提供经费支持。

论文链接：

<https://www.nature.com/articles/s41467-018-07500-7>

供稿：生命学院 编辑：华山 审核：襄楠

2018年12月03日 09:45:01 清华新闻网

相关新闻



【组图】2019清华大学国际学生学者新年晚会异彩纷

【组图】清华师生热切关注庆祝改革开放40周年大会

【组图】2018年研究生“一二九”革命歌曲演唱精... 【组图】2019清华大学

呈

呈  
1  
2  
3

最新更新

2535

12.28

【身边榜样】吕俊复：十年一剑，春风化雨

172

12.28

第十五届“清华大学-横山亮次优秀论文奖”暨2018年度“清华之友—日立化成学术交流奖”颁发

1371

12.28

清华材料学院成果入选2018年度中国高等学校十大科技进展

163

12.28

2018年度“中国高等学校十大科技进展”入选项目介绍

460

12.28

杨斌主讲清华大学思源及思源骨干计划领导力课程

7052

12.28

【清韵烛光】李政：对学生要无限地好

191

12.28

【身边榜样】郑用熙：大爱无疆 无悔此生

289

12.28

【甲团30年】机械52：机缘不械，情系五二

1965

12.27

【身边榜样】邓俊辉：识邓公好比遇美酒

361

12.27

白重恩做客“人文清华”讲坛 解析中国经济何处破局

