



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展,  
率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



官方微博



官方微信

首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

## 动物所阐明RNA复杂性产生的新机制

文章来源: 动物研究所 发布时间: 2018-02-09 【字号: 小 中 大】

我要分享

转录本多样性在有机体功能多样性方面扮演着重要角色, 但目前对于其产生机制及生物意义仍不清楚。近日, 中国科学院动物研究所詹祥江实验室通过分析猎隼的血液转录组和甲基化组、家鸡以及小鼠多组织转录组, 揭示了一个转录本多样性产生的新机制。

该研究发现表达量越高的基因越倾向于拥有更多的转录本。对猎隼血液中表达量最高的4个血红蛋白基因的分析结果显示, 尽管它们的外显子数目不超过三个, 却能通过可变剪切产生上百个不同的转录本, 并且大部分剪切并不是发生在已有的基因组剪切位点 (authentic splice site) 上, 而是与新产生的剪切位点 (*de novo* splice site) 有关。进一步研究表明, 这些新的剪切位点是通过转录过程中DNA的突变 (transcription-associated mutation, TAM) 引起的。这一结果改变了业界普遍认为的“RNA编辑 (RNA editing) 是新剪切位点产生的主要方式”这一观点。

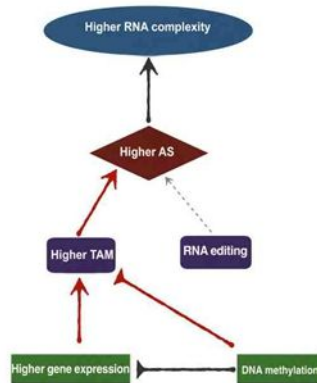
同时, 该研究通过分析DNA甲基化与TAM之间的空间关系, 发现在转录过程中DNA甲基化可能会抑制TAM的产生, 表明DNA甲基化不仅对基因表达具有调控作用, 还会影响新剪切位点的产生。这一发现拓展了学界对于DNA甲基化功能的认知。此外, 该研究通过对猎隼青藏高原和低地种群血红蛋白转录表达谱的差异分析, 首次发现青藏高原种群拥有更多中高度表达的血红蛋白转录本, 这可能有利于猎隼更好地适应高原低氧环境。

该项研究工作首次阐明了新的可变剪切位点产生的主要方式是TAM, 也表明了TAM所引起的RNA多样性可能为物种适应性进化提供另一策略。2月7日, 相关研究成果以 *Transcription-associated mutation promotes RNA complexity in highly expressed genes—a major new source of selectable variation* 为题, 发表在 *Molecular Biology and Evolution* 上。文章第一作者为动物所博士研究生潘胜凯, 研究员詹祥江为通讯作者。研究工作得到了中科院战略性先导科技专项 (B)、国家重点研发计划项目、国家自然科学基金优秀青年基金、“中国科学院动物进化与遗传前沿交叉卓越创新中心”等的资助。

论文链接



Photo: ZR Gu



猎隼 (左); 高表达基因产生高RNA多样性的机制 (右)

### 热点新闻

#### 国科大举行2018级新生开学典礼

中科院党组学习贯彻习近平总书记在全国...  
中科院党组学习研讨药物研发和集成电路...  
中国科大举行2018级本科生开学典礼  
中科院“百人计划”“千人计划”青年项...  
中国散裂中子源通过国家验收

### 视频推荐

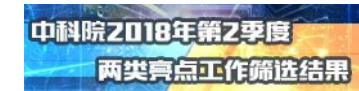


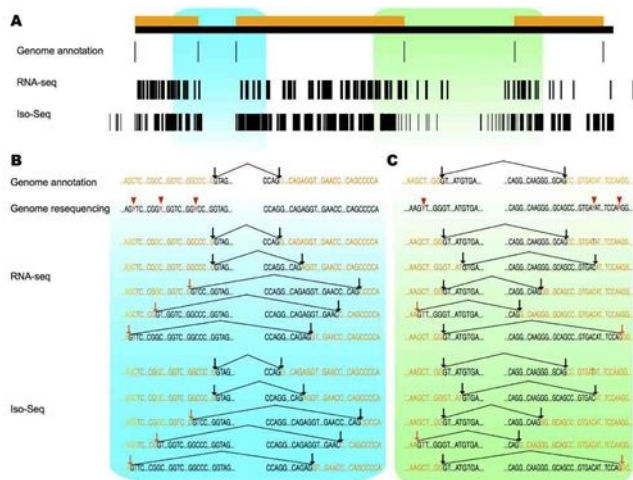
【新闻联播】“率先行动”  
计划 领跑科技体制改革



【新闻直播间】人工保护  
留住“江豚的微笑”

### 专题推荐





猎单血红蛋白中TAM产生多个新可变剪切位点

(责任编辑: 侯哲)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们  
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864