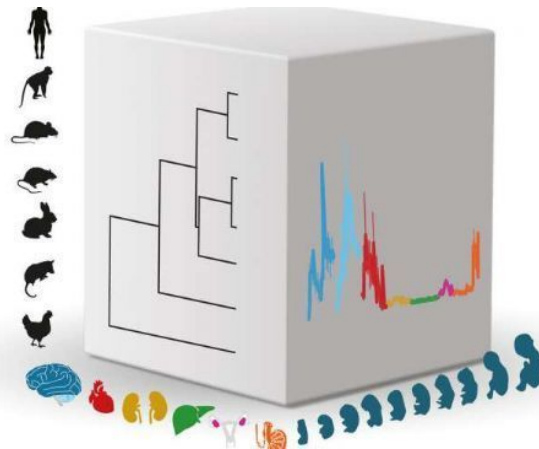




两篇Nature揭示基因在哺乳动物器官发育中的表达谱

发布时间: 2019-07-02 09:32:32 分享到:

研究人员首次破译了控制人类和其他选定哺乳动物(恒河猴、老鼠、大鼠、兔子和负鼠)在出生前后主要器官发育的基因程序。利用下一代测序技术,海德堡大学的分子生物学家分析了大脑、心脏、肝脏、肾脏、睾丸和卵巢。他们的大规模研究表明,所有被研究的器官都显示出基本的和原始的基因活动网络,这些基因活动网络一定起源于2亿多年前哺乳动物进化的早期。在第二项大型研究中,科学家们首次探索了一种迄今为止人们知之甚少但规模很大的基因--所谓的RNA基因的表达作用。RNA基因产生核糖核酸,而不是像“正常”基因那样产生蛋白质。



图片来源: Kaessmann research group

大量基因活动之间精细协调和复杂的相互作用(也被称为基因表达)控制着受精卵细胞向成体的发育。以前,对哺乳动物这些基本遗传程序的理解仅限于单个蛋白质基因和特定器官或发育阶段。此外,以前的大多数工作都集中在小鼠身上。海德堡大学分子生物学中心研究小组组长Henrik Kaessmann教授说:“解释不同哺乳动物器官大小、结构和功能差异的遗传基础在很大程度上是未知的。”

为了全面调查发育过程, Kaessmann小组采用了创新的高通量方法。这些下一代测序技术(NGS)能够同时分析各自基因组中所有基因的表达。利用NGS,从各种器官和哺乳动物中读取了超过1000亿个蛋白质和RNA基因的表达片段。“这让我们能够量化和比较基因活动在发育过程中的变化,”Margarida Cardoso-Moreira博士和Ioannis Sarropoulos解释道。

这些数据的生物信息学分析是使用海德堡大学计算中心的高性能计算机进行的。他们为哺乳动物器官发育的遗传控制提供了新的见解。研究人员发现的基本的和原始的基因活动网络功能相似,并决定了包括人类在内的所有被研究哺乳动物的关键发育过程。这意味着这些分子网络在两亿年前就已经控制了早期哺乳动物的器官发育。

研究人员还发现,在不同种类的哺乳动物中,数量惊人的大量基因的活动模式明显不同。这些在进化过程中产生的差异,解释了各自物种的具体器官特征。例如,对于控制大脑发育的基因,海德堡大学的研究人员能够识别出人类不同的表达模式。科学家们还发现,有数量惊人的RNA基因参与了器官发育的控制。因此, Kaessmann教授说,这种以前很难确定特征的基因在哺乳动物的发育过程中扮演着重要角色。

在他们的大规模研究中, ZMBH的研究人员在基因序列中发现了一个更高层次的模式。尽管在所有被研究的哺乳动物的器官发育的早期--即产前阶段--它们仍然非常相似,但随着时间的推移,它们的差异越来越大。

Kaessmann教授解释说:“一个物种的器官特征要到发育后期才会形成。利用现代分子生物学方法,我们首次证实了19世纪生物学上的一个突破性假设。”德国博物学家Karl Ernst von Baer (1792年至1876年)发现,年龄越小,各种哺乳动物的胚胎越来越难以区分。

这些数据在公共访问数据库中可用,相关研究结果发表在《Nature》杂志上。

来源: 生物谷

© 版权所有 中国实验动物学会 京ICP备14047746号 京公网安备11010502026480

地址: 北京市朝阳区潘家园南里5号 (100021) 电话: 010 - 67776816 传真: 010 - 67781534 E-mail: calas@cast.org.cn

技术支持: 山东瘦课网教育科技股份有限公司

| 站长统计

