

希望中国科学院不断出创新成果、出创新人才、出创新思想，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。

——习近平总书记2013年7月17日在中国科学院考察工作时的讲话

高级

首页 新闻 机构 科研 院士 人才 教育 合作交流 科学普及 出版 信息公开 专题 访谈 视频 会议 党建 文化

您现在的位置： 首页 > 科研 > 科研进展

昆明动物所在猪的长链非编码RNA研究中取得进展

文章来源：昆明动物研究所

发布时间：2014-06-05

【字号：小 中 大】

长链非编码RNA (lncRNA) 是一类长度大于200nt的RNA分子，起初被认为是基因组的转录“噪音”。近年来研究表明，lncRNA参与X染色体失活、干细胞干性的维持、转录调节、表观遗传学调控等多种重要的生物过程。其中，lincRNA (基因间区lncRNA) 是一类重要的lncRNA。猪是重要的家养动物和医学大动物模型。然而，猪的lincRNA的注释数量极少，以及lincRNA是否参与家养动物的驯化尚不清楚。

中国科学院昆明动物研究所张亚平院士课题组通过整合NCBI EST数据和已发表的RNA-seq数据，鉴定了4515个lincRNA基因 (6621个lincRNA转录本)。通过分析家猪和野猪的大脑表达数据，发现30个lincRNA基因在家猪和野猪大脑表现为表达差异，可能与从野猪到家猪的驯化行为转变有关，其中linc-ssc2561可能参与调控性情相关基因DNMT3A。该研究为猪的基因组学研究以及家养动物驯化的分子机制研究提供重要信息。

该研究结果 (*Genome-wide identification of long intergenic noncoding RNA genes and their potential association with domestication in pigs*) 已在 *Genome Biology and Evolution* 发表。博士研究生周中银为第一作者，张亚平院士和谢海兵博士为共同通讯作者。

该研究得到国家科技部项目、农业部项目、自然科学基金委项目和云南省科技厅项目的资助。

[文章链接](#)

打印本页

关闭本页