

● 用RNAi筛选Hedgehog基因 ●

发布日期: [2003. 4. 4]

文章以 [[大字](#) [中字](#) [小字](#)] 阅读

作者:

出自: <http://www.biosino.org>

利用一种阻断特异RNA产生蛋白质的技术, 研究人员筛查了与一个关键的细胞信号传导级联反应有关的数千个果蝇基因。这个结果有助于查明所谓的Hedgehog通路是如何引导胚胎发育、有时还能引起癌症的。但其他科学家认为这项发表在2003年3月28日《科学》上的新研究所使用的方法与其得到的结果相比, 意义同等重大。这是RNA干扰即RNAi技术首次成功用于筛查如此多的基因。

为筛选在Hedgehog通路中表达的基因, 约翰·霍普金斯大学医学院的发育生物学家Philip Beachy和Lawrence Lum以及他们的同事合成了与已知的果蝇基因对应的双链RNA分子。这些分子不知通过什么方式可以使互补的RNA序列失去活性, 从而阻止互补RNA将遗传信号转化为蛋白质。通过系统地抑制特异RNA分子, 然后激活Hedgehog通路, 研究人员就可以查明一个基因是否是该通路执行功能所必需的。如果中断一个给定基因会引起与异常Hedgehog通路信号传导有关的细胞或解剖学缺陷, 就证明这个基因是该通路一个关键组成。如左图所示, 在果蝇胚胎中, Hedgehog通路的正常模式(上)被RNAi抑制, 产生了一连串的基因过量表达(下)。

对11个已知是Hedgehog通路或相关的发育通路Wingless的成员基因进行检测, 证实该技术能够准确识别出Hedgehog基因。当研究小组利用RNAi技术筛选5700个基因时, 他们发现了4个Hedgehog基因新成员。将靶向4个基因之一的RNAi导入果蝇胚胎中, 胚胎出现严重的Hedgehog通路相关缺陷, 如机体组织的不正确排列等。研究人员怀疑其中一个基因是正常情况下阻断Hedgehog通路在人体中的活性的肿瘤抑制基因。

研究人员承认, 他们才刚刚开始意识到RNAi破译细胞内各个复杂而重叠交错的枢纽具有多么大的威力。“这是进行遗传学研究的一条新途径。”波士顿哈佛医学院的Norbert Perrimon说。Perrimon预言, RNAi将会帮助研究人员描绘出更全面的细胞内部工作机制。

(信息来源: <http://www.biosino.org>)[[关闭窗口](#) [打印文本](#)]

相关主题:

[乳腺癌细胞扩散基因被找到](#)[美完成两千多种流感病毒基因组测序](#)[帝斯曼发布黑曲霉基因组DNA序列](#)[西北农科大葡萄属植物野生种抗白粉病基因克隆研究进展](#)[中美农作物应用基因组学研讨会在北京举行](#)[基因治疗研究的又一重要进展](#)[基因检测有望提高试管受精成功率](#)

[法国破译草履虫基因组 有助于生物进化研究](#)

[中美农作物应用基因组学研究获进展](#)

[10 科研单位专家齐聚植物生理生态所 共谋转基因作物育种发展战略](#)

