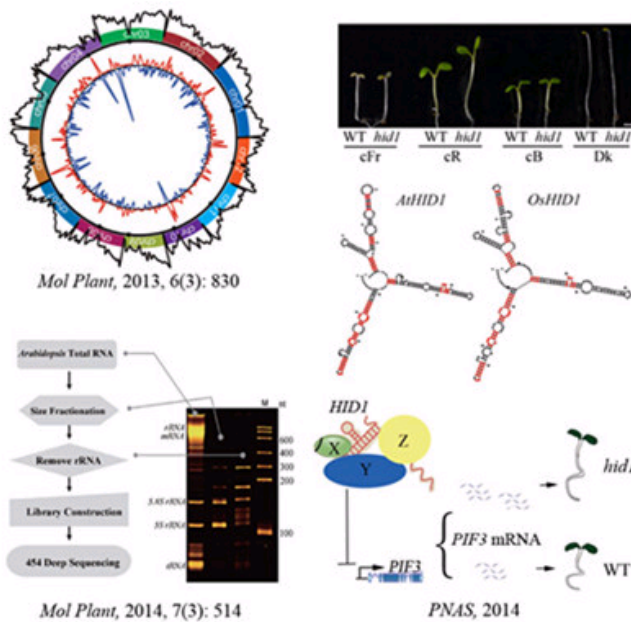


生命科学学院邓兴旺、朱丹萌团队在高等植物中等长度非编码RNA的研究中取得系列进展

日期：2014-07-06 信息来源：生命科学学院

非编码RNA (non-coding RNA, ncRNA)是由基因组转录产生的一类不翻译成蛋白质的结构或功能性RNA分子。近年来随着深度测序技术的不断更新发展及生物信息学预测水平的大力提高，人们鉴定并注释了多种模式生物中的ncRNA。日益增多的研究证据表明它们在生物体的生长发育、信号响应及多种重大疾病的发生等重要生命活动过程中发挥着关键的调控作用，有关ncRNA的功能研究已经成为整个生命科学研究的前沿之一。然而高等植物中等长度非编码RNA (50 - 300 nt)的系统研究亟待完善，单个ncRNA分子的功能研究为数尚少。

生命科学学院邓兴旺、朱丹萌团队依托蛋白质与植物基因研究国家重点实验室与中国科学院生物物理研究所陈润生院士团队合作，利用改进的ncRNA分离建库策略并结合454深度测序技术在全基因组水平系统鉴定与分析了高等模式植物水稻 (Liu et al., 2013. *Molecular Plant*) 和拟南芥 (Wang et al., 2014. *Molecular Plant*) 中全新中等长度ncRNA近千个。这些数据填补与拓展了公共数据库中该类分子的注释信息，为全面解析和深入探索这些分子的功能与作用机制提供了基础性平台。



高等植物研究领域已发表的个例ncRNA功能研究显示它们能够参与植物营养元素稳态调节、环境诱导的开花时间调节及育性控制等多个植物特有的生物学过程，但是尚无较长ncRNA直接参与模式植物拟南芥光形态建成这一关键幼苗发育调控过程的分子证据。

团队在前期工作的基础上通过大规模反向遗传学筛选，获得了一个特异在红光条件下产生光形态建成不敏感型的ncRNA突变体。研究确定了主效ncRNA分子可作为新层次调节因子参与拟南芥幼苗光形态建成的调节，并将其命名为HID1 (HIDDEN TREASURE 1)。结合遗传学与分子生物学手段，该项目揭示了HID1主要通过反式作用的方式直接参与抑制光形态建成关键抑制因子PHYTOCHROME-INTERACTING FACTOR 3 (PIF3) 基因的转录，从而介导拟南芥红光信号中的下胚轴伸长抑制。同时，该工作发现了HID1分子在红光下发挥功能的关键结构序列，并阐明了这些序列结构与功能的保守性。HID1分子的发现不仅揭示了植物光控发育过程中调节型RNA因子的参与，而且HID1的结构、功能与进化方面的分析将为进一步揭示高等植物中较长ncRNA的作用机理提供一个值得深入研究的典型案例。上述研究成果于2014年6月30日在《美国科学院院报》 (*Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*) 在线发表，题目为 *Arabidopsis noncoding RNA mediates control of photomorphogenesis*

by red light , 博士生王玉秋为文章的第一作者, 朱丹萌副研究员与邓兴旺教授是本文的共同通讯作者。

以上工作得到了国家自然科学基金委员会、科技部、北京大学蛋白质与植物基因研究国家重点实验室与北大-清华生命科学联合中心的资助。

原文链接: <http://www.pnas.org/content/early/2014/06/26/1409457111.abstract>

编辑: 歆琴

北京大学官方微博



北京大学新闻网



北京大学官方微信



[打印页面] [关闭页面]

转载本网文章请注明出处

友情链接

合作伙伴



[本网介绍](#) | [设为首页](#) | [加入收藏](#) | [校内电话](#) | [诚聘英才](#) | [新闻投稿](#)

投稿邮箱 E-mail: xinwenzx@pku.edu.cn 新闻热线: 010-62756381

北京大学新闻中心 版权所有 建议使用1024*768分辨率 技术支持: 方正电子