

作者: 任春晓 来源: 科学网 www.sciencenet.cn 发布时间: 2010-12-9 13:33:52

选择字号: [小](#) [中](#) [大](#)

科学家发明高通量RNA结构测定方法

12月份出版的《自然—方法学》刊登了一篇文章,描述了一种高通量RNA结构测定方法——“片段化测序”法(Fragmentation sequencing, FragSeq)。相关研究由美国加州大学圣克鲁兹分校霍华德·休斯医学研究院教授索菲·萨拉马(Sofie Salama)所领导的课题组完成。

RNA对基因表达和基因组稳定性的调控作用成为近来研究的热点,而弄清RNA二级结构是理解RNA功能的第一个必要步骤。测定非编码RNA结构的经典方法是化学法和酶法,但是它们一次只能测定一个RNA分子,这种方法不仅费力而且对技术要求高。FragSeq法却可以在整个转录组水平同时对大量RNA进行结构测定。

该研究利用核酸酶P1将小鼠RNA进行片段化,得到20-100-nt大小片段;之后在片段的5'-PO₄和3'-OH端分别加上接头,通过逆转录和PCR扩增之后,构建FragSeq文库并对其进行深测序。为了保证文库片段均是由核酸酶P1剪切产生,萨拉马等设置了两个对照组:一组RNA不使用核酸酶P1处理来估算由内源降解产生5'-PO₄基团的片段数,另一组则多加了T4连接酶处理RNA,以此来计算不产生5'-PO₄基团的片段数。通过凝胶电泳分离出目标片段。最后萨拉马等利用一种软件,可以将大量测序结果格式化,使其能够被一种RNA预测软件读取,进而预测出RNA二级结构。(科学网 任春晓/编译)

相关方法: “片段化测序”法

完成人: [索菲·萨拉马](#)课题组

实验室: 美国加州大学圣克鲁兹分校霍华德·休斯医学研究院 加州大学圣克鲁兹分校巴斯金工程学院生物分子科学与工程中心 美国罗切斯特大学物理与天文学系 美国罗切斯特大学生物化学与生物物理系

[更多阅读](#)

[《自然—方法学》发表论文摘要\(英文\)](#)

打印 发E-mail给:



以下评论只代表网友个人观点,不代表科学网观点。

2010-12-9 19:40:33 游客 219.218.126.24

引用:“标题有点让人误解,咋一看以为测三维结构了呢,吓我一跳”同感!!!

[\[回复\]](#)

2010-12-9 15:39:42 游客 202.113.22.91

标题有点让人误解,咋一看以为测三维结构了呢,吓我一跳

[\[回复\]](#)

2010-12-9 14:34:50 游客 210.82.107.210

典型的协同作战,不同学科联合攻克一个问题

[\[回复\]](#)

