
武汉植物园在水生植物莲的miRNA与可变剪切调控研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10308.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

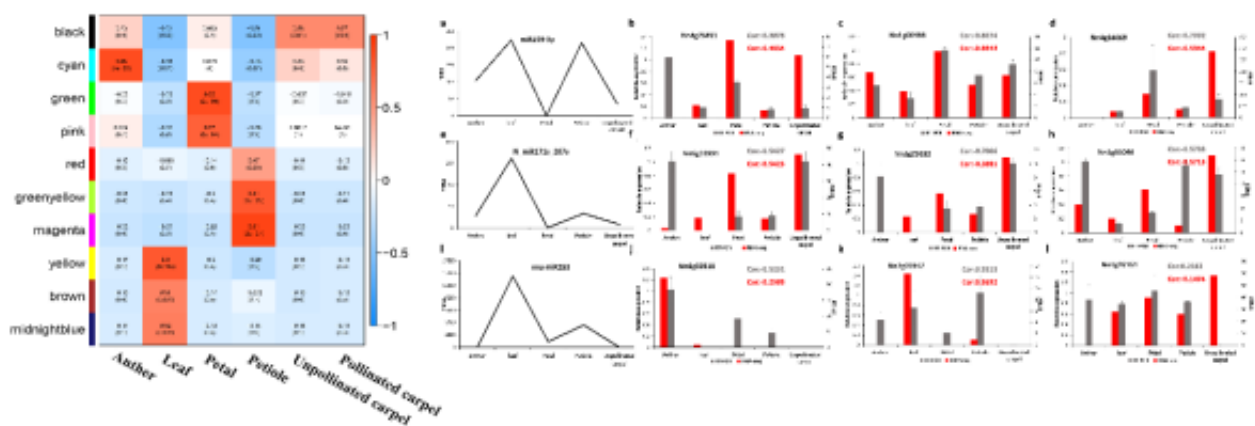
植物microRNA（miRNA）是一类长度在18-24个核苷酸的非编码单链小RNA，成熟的miRNA能调控其靶标基因的表达，在植物生长发育、生物和非生物逆境适应中发挥重要作用。可变剪切是一种重要的转录后调控机制，能使同一个基因产生多个具有结构差异的转录本，而这些转录本很多在蛋白结构以及分子功能上也产生差异。由于这些结构序列上的差异，导致同一个miRNA靶标基因产生的部分转录本不具有miRNA靶标位点，从而“逃脱”相应miRNA的调控。这些同一基因转录的不受miRNA调控的转录本及受到miRNA调控的转录本在不同发育时期与组织中的表达模式尚不清楚。

中国科学院水生植物与流域生态重点实验室、武汉植物园水生植物生物地理学学科组博士生张越等，以水生植物莲为研究对象，在先前结合二代与三代转录组测序技术挖掘了低表达与组织特异性的莲mRNA可变剪接异构体，揭示其剪接形式的多态性的基础之上（Zhang et al., 2019, DNA Research），进一步基于该数据，利用该课题组最近发表的染色体水平的莲基因组及已报道的莲六个不同发育时期组织的miRNA数据，开展miRNA与mRNA剪接异构体共表达调控网络分析。结果表明，大多数miRNA在莲的不同组织中具有组织特异性并负调控其靶标基因的表达；在剪接异构体共表达网络中，miRNA优先与叶高度相关模块的核心剪接异构体产生互作；来源同一基因的不同转录本被分配到共表达网络的不同模块中的这种现象普遍存在，它们在mRNA的结构上表现出更多的差异包括是否具有miRNA位点，这表明许多剪接异构体的功能差异通过结构和表达的差异而加剧；此外，研究发现miRNA主要通过调控莲植物激素通路的相关基因来调控莲的生长发育。该研究为深入理解植物miRNA与可变剪切调控的机制提供了新资料。

相关研究成果以*Integrative expression network analysis of microRNA and gene isoforms in sacred lotus*为题，发表在*BMC genomics*

上。张越为第一作者，武汉植物园研究员陈进明、副研究员石涛为论文的共同通讯作者。研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金和中科学院青年创新促进会的支持。

论文连接：[1](#)、[2](#)



剪接异构体共表达网络以及miRNA与其靶标基因表达谱

研究团队单位：武汉植物园

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发