
生物物理所等在拟南芥RNA核糖甲基化修饰研究方面获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13285.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！

3月30日，中国科学院生物物理研究所研究员叶克穷课题组、北京大学现代农学院博士王玉秋和中科院遗传与发育研究所研究员李家洋课题组合作在Nucleic Acids Research上发表了题为Profiling of RNA ribose methylation in Arabidopsis thaliana的论文。论文系统检测了模式植物拟南芥中多种RNA上的2氧甲基化修饰谱，并对指导修饰的snoRNA进行了归属。

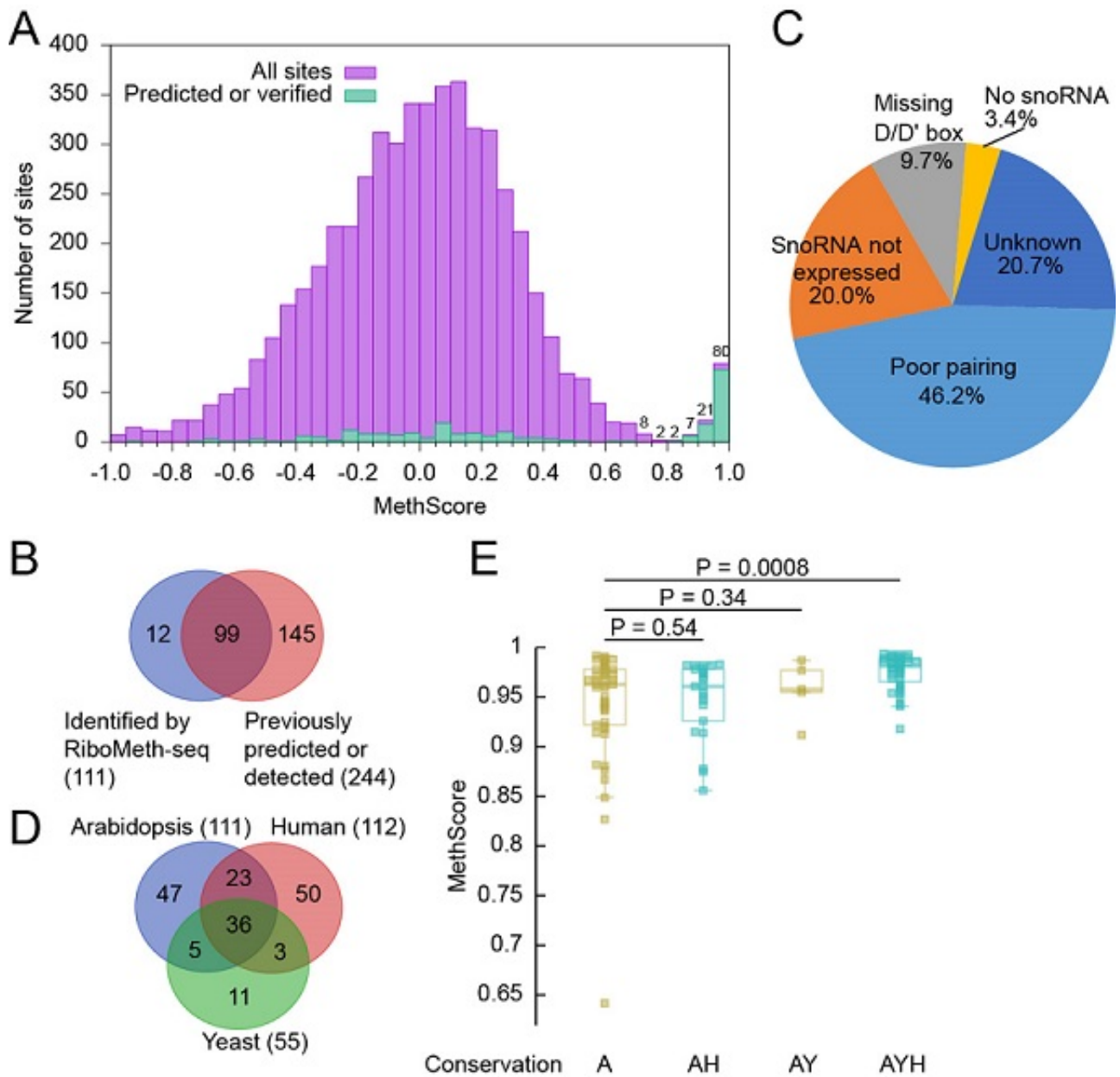
大部分RNA在转录后都会发生化学修饰，其中核糖2位甲基化是频率最高的修饰之一。该修饰在核糖体rRNA、tRNA、剪接体snRNA等RNA上有广泛分布，能影响RNA的结构、功能和稳定性等方面。真核生物的细胞质rRNA和snRNA上含有大量的2氧甲基修饰，它们中绝大多数是由C/D型核仁小RNA（snoRNA）和多个蛋白质组装成的复合物催化合成的。复合物中的C/D snoRNA通过碱基配对结合互补的底物，并挑选距离D/D序列上游第5个碱基位点进行修饰（D+5规则）。

拟南芥作为模式植物大部分的C/D snoRNA已经被鉴定，但是缺乏对2氧甲基化修饰全局性分布的检测。研究人员利用RiboMeth-seq高通量技术测定了拟南芥多种RNA的2氧甲基化修饰谱。他们鉴定了胞质rRNA上111个修饰位点，其中包括12个新位点，并排除了大量以前预测的假位点。他们通过分析修饰位点序列和C/D snoRNA之间的配对，给大部分修饰位点找到了向导snoRNA，并发现近半数修饰位点附近的序列还和snoRNA形成额外的配对，这种额外配对可能帮助底物的结合。通过预测和突变体验证实验，他们发现至少有4个修饰位点是由具有多重特异性的C/D snoRNA通过非D+5指导规则修饰的。

研究人员在snRNA上发现了19个修饰位点，其中13个位点在人源snRNA也保守分布。他们还发现线粒体rRNA和叶绿体rRNA上各含有5个几乎相同的修饰位点，其中2个为新发现的位点，它们分布在核糖体大亚基和小亚基的结合界面。论文还分析了C/D snoRNP突变体中修饰的变化。总之，该研究揭示拟南芥三种类型rRNA和snRNA上的2氧甲基化修饰谱，为研究它们的功能和生物发生机制提供基础。

研究得到了国家自然科学基金委、中科院战略性先导科技专项和科学技术部重点研发计划等项目的资助。

[论文链接](#)



拟南芥胞质rRNA 2-氧甲基化修饰谱

研究团队单位：生物物理研究所

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