仿刺参肠道再生和皂苷合成研究取得重要进展

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/16807.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！

仿刺参肠道再生和皂苷合成研究取得重要进展。非编码RNA中的miRNA和tRNA在基因表达调控中扮演重要角色，然而在棘皮动物中相关研究非常缺乏。

近日，记者从中科院海洋所了解到，该所实验海洋生物学重点实验室研究员李富花课题组通过多组学数据整合分析，揭示了棘皮动物miRNA和tRNA基因的组织结构特点、进化历史和表达调控机制，以及它们在海参肠道再生和皂苷合成等生物学过程中的重要作用。相关研究成果分别发表在国际学术期刊《基因组学》和英国皇家学会《开放生物学》。

据介绍，研究人员鉴定和注释了112个仿刺参miRNA家族，其中70个为新家族；提出了miRNA基因簇进化的功能性表达新模型，揭示了表达量控制和背景选择作用在miRNA基因簇形成中的重要作用，发现仿刺参表达量最高的新miRNA家族聚集在一个特殊的n2基因簇中，通过抑制RFP和CTBP进而激活Wnt通路促进肠道再生。

在tRNA研究方面，研究人员发现，各种tRNA的拷贝数与其翻译的特定氨基酸的转录组丰度成正比，提示二者之间通过协同进化提高翻译效率；其中，参与快速响应的临时表达基因倾向于牺牲其功能以提高翻译速度，包括半寿期较短的各种免疫响应基因和消化酶。海参tRNA基因与其特有的皂苷合成通路基因之间发生了高度的协同进化，其中三萜骨架合成、氧化和糖基化的关键酶LAS、CYP和UGT翻译优化程度显著高于其他棘皮动物。同时，海参tRNA基因组成与其食物来源-海水颗粒有机物的氨基酸组成相匹配，这种适应性进化提高了其利用低养分的海洋碎屑生存的能力。

这些研究对仿刺参的miRNA和tRNA基因信息进行了全面解析，阐述了其基因结构特征和表达调控机制，为今后海参转录后水平和翻译水平的基因表达调控研究提供了理论基础。同时，本研究首次发现调控海参肠道再生的关键miRNA基因簇，并通过揭示海参整个皂苷合成通路发生了高度的适应性进化，确认海参可以自身合成皂苷，锁定了海参皂苷合成的关键酶CYPs和UGTs，为海参再生和皂苷合成研究提供了重要线索。

上述两篇论文第一作者均为中科院海洋所博士柳承璋。（来源：中国科学报廖洋 王敏）

相关论文信息：

https://doi.org/10.1098/rsob.210190

https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.08.003

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：柳承璋等 来源：《基因组学》

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转发