基因组深度注释研究取得重要进展

作者：谭元斌 来源：新华社

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/2026.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！

对复杂的基因组进行深入研究，确定哪些基因翻译蛋白质，哪些基因不翻译蛋白质，以及对这些基因的分布和结构进行精准描述等，是国际学界探寻生命奥秘的前沿课题之一。我国科研人员在该课题研究方面取得重要进展，全新的研究成果已在线发布于国际期刊《分子植物》。

记者近日从中国科学院水生生物研究所了解到，该所葛峰研究员学科组利用蛋白基因组学的研究策略和方法，成功对单细胞光合真核生物三角褐指藻的基因组进行了深度注释，完成了三角褐指藻的蛋白质组精细图谱，并建立了完整的真核生物基因组深度注释实验技术和分析流程。

据该研究成果第一作者、高级实验师杨明坤介绍，基因组是一种生物的所有遗传信息，以往对基因组进行深度注释多采用生物信息学的方法，而与之相比，蛋白基因组学的方法更直接，也更可靠。

杨明坤说，蛋白质是基因与生命活动的最终执行者，运用蛋白基因组学的方法对基因组进行深度注释，不仅能够发现新的蛋白质，还能够发现蛋白质翻译后修饰现象。此次团队的研究为三角褐指藻基因组的6628个基因提供了蛋白质水平上的支持，并且发现1895个基因不翻译蛋白质。特别是，他们新发现了许多可以翻译蛋白质的基因，其中相当一部分此前被学界认为是长链非编码的基因。

更为重要的是，该研究建立的实验技术和分析流程，可适用于各种已经完成基因组测序的真核生物，为真核生物基因组深度注释提供了重要工具。

杨明坤说，蛋白基因组学从蛋白质层面检测蛋白表达变化、调控模式以及与疾病相关的基因突变。因此，该研究成果的取得，有望进一步推动蛋白基因组学在生命和健康领域特别是精准医学方面的应用。(来源：新华社 谭元斌)

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