分子细胞卓越中心发表关于长非编码核糖核酸研究的主题评论

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/20305.html

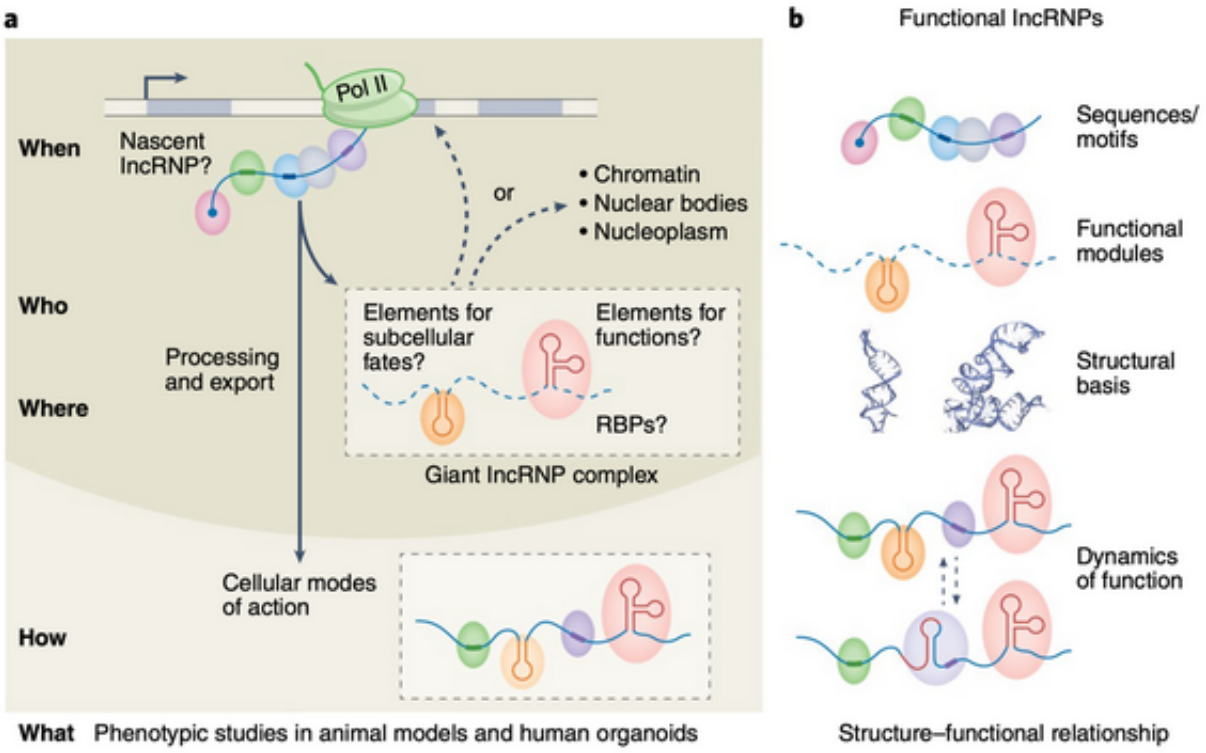
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

10月6日，中国科学院分子细胞科学卓越创新中心(生物化学与细胞生物学研究所)研究员陈玲玲在《自然-方法》(Nature Methods)上，发表了题为Towards higher-resolution and in vivo understanding of lncRNA biogenesis and function的主题评论，重点论述了新技术的应用为长非编码核糖核酸(RNA)研究带来的前沿进展及挑战。

近年来，随着RNA测序技术的发展与应用，哺乳动物体内超过10万条长非编码RNA被发现，并以细胞和组织特异、时空和亚细胞分布特异等形式存在，参与调控基因表达。研究手段和技术的进步在一定程度上提升了对长非编码RNA的认知，然而对长非编码RNA生命周期与功能机制的全方位解码尚未完成。在论述中，该论文以“我(长非编码RNA)是谁，我何时被转录，我定位于何处，我如何工作，我干了什么”的角度，从长非编码RNA生成、定位与功能;长非编码RNA相互作用因子、结构与剂量效应;长非编码RNA缺失的生物学表型三个方面解读研究手段进步拓展了对长非编码RNA功能的认知。同时，该文也指出长非编码RNA分子天然的柔性、折叠和结构的异质性给相关研究带来挑战，并提出第三代长读码RNA测序技术、超高分辨率显微成像技术、基于基因编辑和碱基编辑器技术等的发展为长非编码RNA研究带来的新机遇，为相关研究提出新方向。

研究工作得到中科院、上海市及国家自然科学基金等的支持。

论文链接



长非编码RNA和长非编码RNA-蛋白复合体的复杂生命过程

研究团队单位：分子细胞科学卓越创新中心

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