

---

# 科学家揭示精子生成过程中特异性高表达的miRNA家族进化史

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3914.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！*

科学家揭示精子生成过程中特异性高表达的miRNA家族进化史。1月14日，国际学术期刊Molecular Biology and Evolution

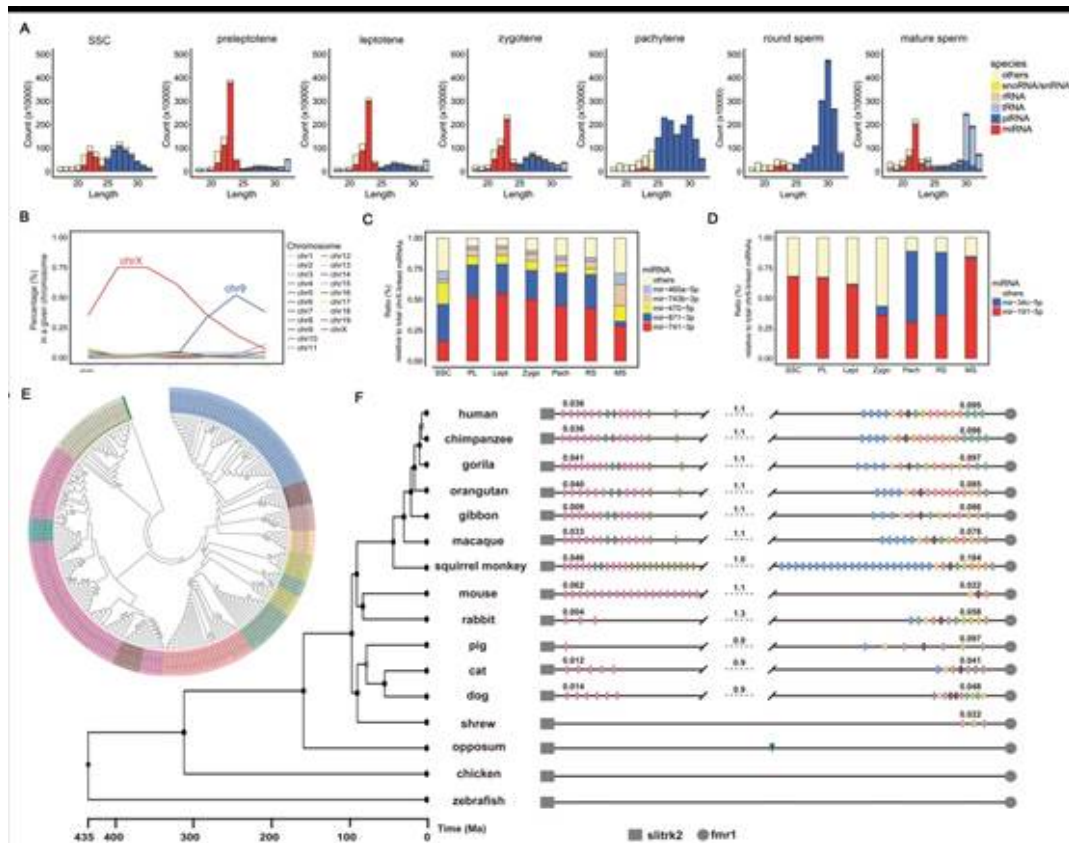
在线发表了中国科学院生物化学与细胞生物学研究所吴立刚实验室的研究成果：Evolution of an X-linked miRNA family predominantly expressed in mammalian male germ cells。在该项工作中，研究人员展示了有袋类哺乳动物基因组中的一个转座子如何演化成胎盘类哺乳动物精子生成过程中特异性高表达的miRNA家族。

microRNA(miRNA)在许多重要的生物学过程中都起着必不可少的作用，但对于精子发生过程中小RNA表达的种类、调控规律及其演化却知之甚少。吴立刚研究组分离纯化了小鼠精子生成过程中几个关键时期的生精细胞，并利用自主建立的微量小RNA深度测序技术绘制了小RNA表达谱。研究发现miRNA和piRNA是小鼠精子发生过程最主要的两类小RNA，二者的表达量在整个精子生成过程中发生了巨大的动态变化。从精原干细胞进入减数分裂时期，一个位于X染色体上的miRNA家族的表达量显著增加，在细线期高达miRNA总量的70%，研究人员将其命名为spermiR (spermatogenesis-related miRNA family)。在目前已有注释基因组的所有胎盘类物种中均能找到spermiR的同源基因，并且spermiR家族成员始终位于X染色体上的Slitrk2和Fmr1基因之间。通过同源序列比对，研究人员在比胎盘类分歧年代略早的有袋类负鼠(opossum)中找到了spermiR的祖先，推测spermiR源于一个在有袋类动物中活跃的反转座子THER1。THER1在一次随机的转座事件中跳至Slitrk2和Fmr1基因之间，并逐渐获得有利于miRNA前体加工酶Drosha识别的茎环区突变，被加工生成了新的miRNA。随着物种进化spermiR在胎盘类哺乳动物中发生了物种特异性的扩增，拷贝数逐渐增加，形成了在位置和序列不同的两个分支，不同种类哺乳动物在精子发生过程中两支spermiR的表达量不同。有趣的是，spermiR在精子发生过程中活跃表达，而其祖先THER1却随着进化在胎盘类物种中失去转座活性而消亡了。

为了研究spermiR的功能，研究人员在体外培养的精原干细胞中敲除了表达量最高的spermiR家族成员：miR-741，结果发现敲除对精子发生没有影响。转录组分析发现基因表达几乎没有变化，但小RNA测序发现另一个spermiR家族成员miR-465的表达明显上升，成为表达量最高的miRNA。预测发现spermiR的靶基因显著富集在与精子发生相关的生物学通路，尽管miR-741和miR-465的seed序列(通常为第2-8位碱基，是miRNA识别靶基因的关键位点)差别较大，但80%以上的miR-741靶基因均可被miR-465调控。因此，当miR-741被敲除后，miR-465可能通过调控与miR-741相同的靶基因实现了功能性补偿，并且这种功能性补偿在多个spermiR家族成员间都存在，提示spermiR家族与靶基因间可能存在共进化现象。

吴立刚为该论文的通讯作者，博士生张凤娟和博士后张英为共同第一作者，博士生吕小龙、张宏道及实验员徐蓓英等人对该工作亦作出贡献。中科院计算生物学研究所研究员李海鹏、中科院神经科学研究所研究员严军为该工作的数据分析和文章写作给予指导和建议。研究得到来自国家自然科学基金委、科技部、中科院和中国博士后科学基金的经费支持。

文章链接



SpermIR家族在精子发生过程中的表达特征及其演化

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](http://www.iikx.com)转发