研究揭示植物RNA编辑因子的演化规律

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/41484.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！

研究揭示植物RNA编辑因子的演化规律
。RNA编辑是植物线粒体和质体中的一种转录后修饰，对植物生长、发育、抗逆等生理过程具有重要作用。该过程由核基因编码的五肽重复（PPR）蛋白、多细胞器RNA编辑因子（MORF）、细胞器RNA识别基序（ORRM）蛋白、细胞器锌指（OZ）蛋白等多种编辑因子组装形成的编辑体介导。尽管目前大量植物基因组数据相继公布，但这些RNA编辑因子的演化特征仍有待解析。

近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）科研团队依托前期整合的基因组大数据，构建了覆盖植物各主要谱系的RNA编辑因子演化图谱，解析了PPR基因的扩增机制，揭示了天冬氨酸—酪氨酸—色氨酸结构域（DYW）亚类PPR水平基因转移的范围及演化意义，重塑了非PPR编辑因子的分类体系。

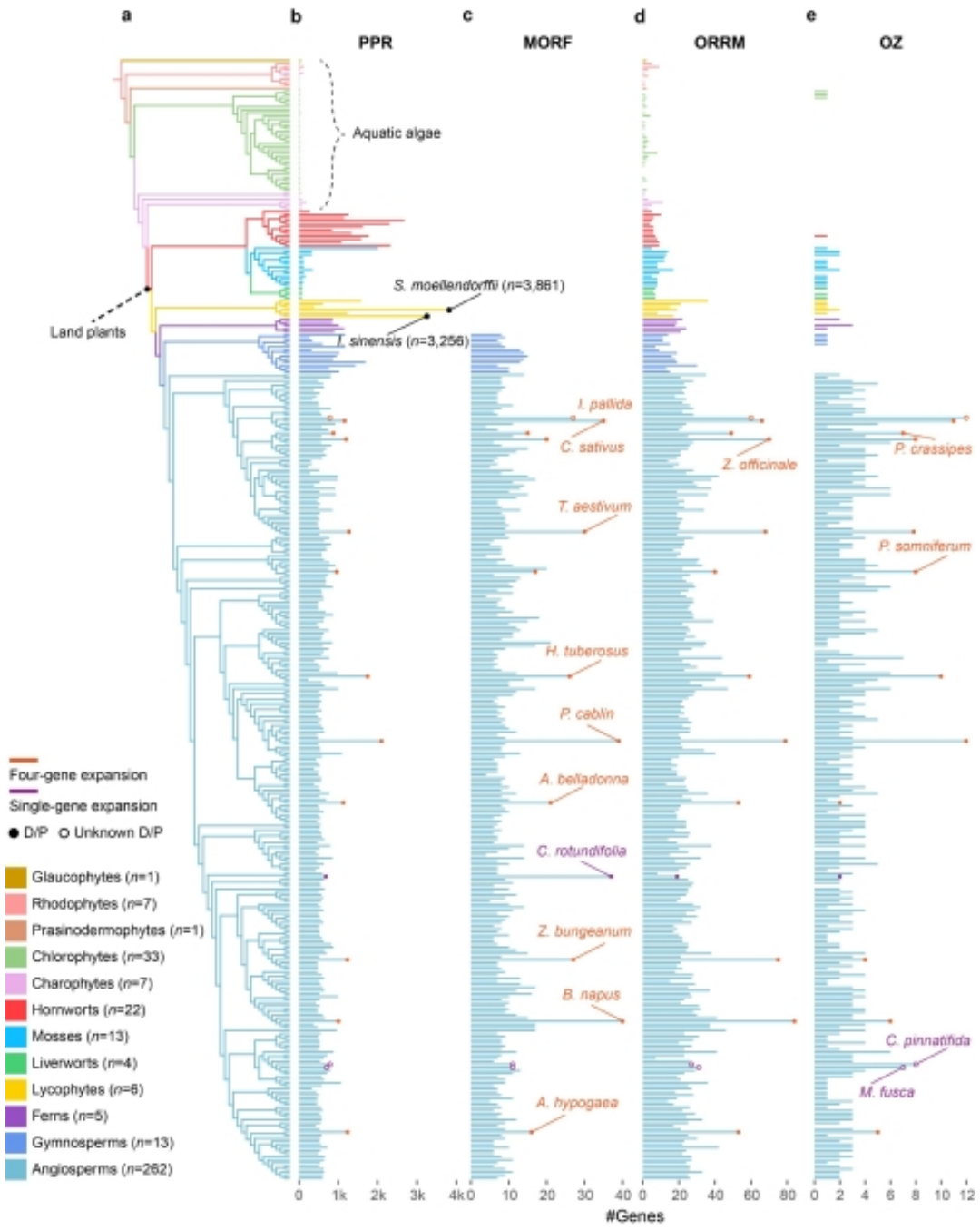
研究依托植物编辑体数据库PED v2.0，整合364个涵盖灰藻、红藻、华藻、绿藻、轮藻、角苔、苔类、藓类、石松、蕨类、裸子植物及被子植物的高质量基因组，重建植物系统发育树，鉴定了212779个PPR、2759个MORF、7760个ORRM和829个OZ蛋白。

比较基因组学分析显示，PPR基因在角苔、藓类和石松中发生明显扩增，其机制主要依赖反转录插入介导相关的分散复制。系统发育分析进一步表明，DYW亚类PPR基因存在从植物跨界水平转移到蛭形轮虫的现象。结合序列、蛋白结构与表达模式的对比分析，研究推测该基因可提升蛭形轮虫对紫外线辐射的适应。作为调控PPR蛋白的辅助因子，MORF蛋白仅存在于裸子植物和被子植物中。结果表明，MORF蛋白的标志结构域与介导蛋白质折叠的S8家族丝氨酸蛋白酶前肽、I9家族蛋白酶抑制前肽结构域的序列和结构相似，提示MORF蛋白或在RNA编辑发挥蛋白质折叠功能。此外，研究基于结构域组成特征，将MORF、ORRM和OZ蛋白重新分为单标志结构域（SP）、单标志结构域混合其他结构域（SM）、多标志结构域（MP）和多标志结构域混合其他结构域（MM）四类，完善了该类RNA编辑辅助蛋白的分类体系。该分类体系扩充了候选RNA编辑因子库，揭示了PPR、MORF、ORRM和OZ蛋白之间存在标志结构域融合现象。

该研究为解析植物RNA编辑系统的演化规律提供了参考。

相关研究成果发表在《分子生物学与进化》（*Molecular Biology and Evolution*）上。研究工作得到国家自然科学基金委员会的支持。

论文链接



植物RNA编辑因子演化图谱

研究团队单位：北京基因组研究所

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转发