遗传发育所开发PAIso-seq方法揭示RNA poly(A)尾巴内部广泛存在其他碱基修饰

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/7411.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！

RNA poly(A)尾巴是成熟的mRNA和lncRNA的重要组成部分，对RNA稳定性和翻译起着重要的调控作用。然而目前的poly(A)尾巴检测技术仍然非常有限。11月22日，中国科学院遗传与发育生物学研究所陆发隆研究组在《自然-通讯》（*Nature Communications*）发表题为*Poly(A) inclusive RNA isoform sequencing (PAIso-seq) reveals wide-spread non-adenosine residues within RNA poly(A) tails* 的文章，建立了一种称为PAIso-seq的高灵敏度高准确度的RNA poly(A)尾巴检测技术。

通过PAIso-seq发现转录组中存在数kb长的poly(A)尾巴。全长RNA信息让研究人员可以去探索RNA可变剪切与poly(A)尾巴这两种重要RNA转录后调控之间的关联。PAIso-seq具有极高的灵敏度，能够在单个卵细胞中实现转录组水平的poly(A)尾巴的检测，为稀有微量样本的全转录组poly(A)尾巴分析提供了技术基础。包含poly(A)尾巴信息的全长转录本数据为研究者理解不同RNA转录后调控的协同作用与机制提供了重要的工具。

更有意思的是通过PAIso-seq发现poly(A)尾巴并不仅是人们之前认为的一段纯A序列，也不仅仅在3’末端存在其他碱基修饰(U, G,C)。该研究揭示了在小鼠GV期卵中有超过17%的mRNA poly(A)尾巴的主体区域存在广泛的U、G和C碱基的掺入。该发现将改写教科书中关于RNA poly(A)尾巴组成的描述。近期在拟南芥、线虫和人细胞系中也发现了poly(A)尾巴的主体中含有非A碱基，其中在线虫和人细胞系研究中开发的FLAM-seq方法与PAIso-seq方法都是基于PacBio三代测序平台。相较FLAM-seq而言，PAIso-seq在灵敏度上有非常大的优势。这些新发现的poly(A)尾巴内部的非A碱基如何生成，对RNA起着什么样的调控作用是接下来要回答的重要问题，该发现以及PAIso-seq方法为RNA转录后调控研究打开了一扇全新的大门。

遗传发育所特别研究助理刘玉胜与博士生聂虎为论文的共同第一作者，研究员陆发隆为通讯作者。该研究得到科技部、国家自然科学基金委、中科院及分子发育生物学国家重点实验室的资助。

论文链接

遗传发育所开发PAIso-seq方法揭示RNA poly(A)尾巴内部广泛存在其他碱基修饰

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

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