



## 营养所提出小核糖体RNA新概念

文章来源：上海生命科学研究院

发布时间：2013-02-20

【字号：小 中 大】

近日，国际学术期刊 *PLoS ONE* 在线发表了中科院上海生命科学研究院营养科学研究所翟琦巍研究组的最新研究进展：*Profiling and Identification of Small rDNA-Derived RNAs and Their Potential Biological Functions*，提出了小核糖体RNA (Small rDNA-Derived RNA, srRNA) 这一新概念，并初步发现srRNA和糖尿病存在相关性并具有生物学功能。

近年来，小RNA的研究发展迅猛，各种类型的小RNA相继被发现和鉴定，例如miRNA、piRNA、siRNA、snoRNA、qiRNA、sgRNA、sbRNA、vtRNA、scnRNA和diRNA等。在小RNA高通量测序数据中，经常会发现存在相当数量的和核糖体DNA (ribosomal DNA, rDNA) 完全匹配的小RNA。但在常规的数据分析过程中，这些小RNA会被当作是降解的核糖体RNA (ribosomal RNA, rRNA) 而直接舍弃。但有趣的是，qiRNA和sgRNA中相当一部分小RNA的序列和rDNA完全匹配。

翟琦巍研究员带领的研究团队分析发现，小鼠miR-696、miR-712、miR-714、miR-715等已经鉴定的10种miRNA其序列和rDNA完全匹配，并且小鼠piR-16、piR-38、piR-165、piR-170、piR-171等已经鉴定的60种piRNA其序列也和rDNA完全匹配。这些都提示和rDNA完全匹配的微小RNA很可能是一类具有生物学功能的非编码小RNA。该研究团队博士后卫海滨、博士研究生周彝等在对小RNA高通量测序数据分析时发现，测序数据中存在相当数量和已有的人、小鼠等哺乳动物基因组不能匹配的小RNA。深入研究发现，由于目前的人、小鼠等哺乳动物基因组数据中不包含rDNA重复单元，这些小RNA中相当一部分可以和rDNA完全匹配。在此基础上分析了若干个小RNA高通量测序数据，比较系统地分析了人、小鼠等物种的srRNA，发现srRNA主要分布在rDNA的编码区并和正义链相匹配。利用拟南芥、果蝇和人的Agronaute (AGO) 蛋白免疫共沉淀的小RNA高通量测序数据分析发现，srRNA可以和AGO蛋白特异性结合。进一步的小鼠糖尿病模型研究发现，srRNA的表达谱和糖尿病存在相关性。并且利用细胞模型的初步研究发现，srRNA具有生物学功能。

srRNA这一新概念的提出较易引起争议，主要是在于srRNA很容易被认为是rRNA随机降解的产物，但该研究团队认为srRNA的存在并具有生物学功能有其合理性。首先，tRNA来源的小tRNA (tRNA-derived small RNA, tsRNA) 这一概念目前已逐渐被接受，具有生物学功能的tsRNA可以看作是tRNA的降解产物，因此与之类似的rRNA降解产物具有生物学功能也有其合理性。当然，srRNA是否主要来源于rRNA的降解还需要进一步研究。另外，srRNA的序列和丰度分布是具有特异性的，其在rDNA上的丰度分布并不是随机的，而是存在特征峰的，这提示srRNA至少并不完全是随机降解的产物。其次，srRNA可以特异性地和AGO蛋白结合，提示其可能和miRNA等一样具有生物学功能。初步的生物学功能研究也确认了srRNA具有生物学功能。再次，目前已知的很多小RNA是与rDNA完全匹配的，也就是说这些已知的小RNA就是srRNA。

srRNA这一新概念的提出，一方面会加深对于小RNA的理解，另一方面会引起研究人员对于srRNA在不同生理病理过程中的作用和机制的重视，为糖尿病等疾病的诊断和治疗提供新的思路。

该研究获得了国家自然科学基金委、科技部、中科院和上海市科委等项目的资助。