

邹鹏课题组与清华大学王建斌课题组合作开发了一种光控RNA标记新技术_科研进展_北京大学化学与分子工程学院

[首页](#) » [科研进展](#) » 邹鹏课题组与清华大学王建斌课题组合作开发了一种光控RNA标记新技术

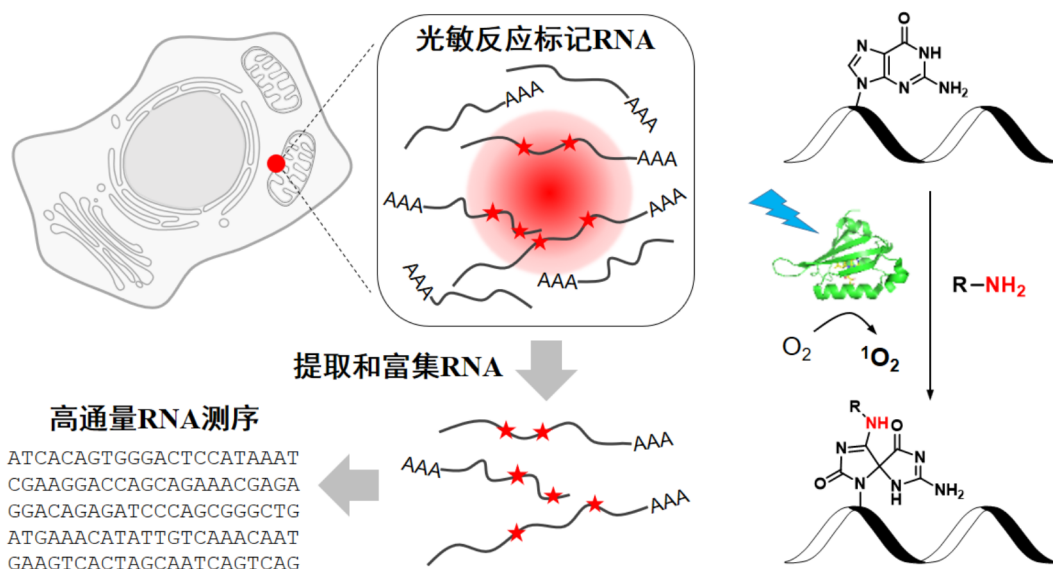
邹鹏课题组与清华大学王建斌课题组合作开发了一种光控RNA标记新技术

时间: 2019-10-14 15:54:00 来源: 作者:

2019年10月7日, 北京大学化学与分子工程学院、合成与功能生物分子中心、北大-清华生命科学联合中心、IDG/麦戈文脑科学研究所邹鹏课题组联合清华大学生命科学学院王建斌课题组在《自然-化学生物学》发表题为“Mapping spatial transcriptome with light-activated proximity-dependent RNA labeling”的研究论文, 报道了一种可见光调控的活细胞局部转录组的邻近标记新技术。

真核细胞中RNA分子的分布是高度不均一的。特定RNA分子的亚细胞定位通过影响转录、结构支持、局部蛋白质合成等功能, 调节了许多重要生理过程, 如细胞增殖、胚胎发育、长期记忆形成等。因此研究细胞内RNA分子在各区域的精细分布对于理解细胞生命活动具有重要意义。传统研究手段包括基于FISH的成像技术、基于机械组分分离的测序技术、基于蛋白质邻近标记的测序技术等, 然而这些手段存在不适用于活细胞、空间分辨率低、亚细胞区域普适性差等缺点。

针对这些难题, 邹鹏课题组开发了“荧光团辅助的RNA邻近标记和测序技术”, 简称“CAP-seq”。该方法通过可见光激发遗传靶向的光敏蛋白miniSOG产生活性氧, 介导邻近RNA分子上的鸟嘌呤与具有生物正交功能把手的氨基探针进行共价交联, 既而通过富集纯化与高通量测序检测, 实现miniSOG定位的亚细胞区域内转录组的空间特异性标记与鉴定。利用CAP-seq, 他们系统研究了几个亚细胞区域的转录组, 包括线粒体基质转录组、内质网表面转录组以及线粒体外膜附近转录组。这些研究结果表明CAP-seq对活细胞中开放区域的RNA标记具有良好的空间特异性和覆盖度。他们在线粒体外膜附近检测到30个编码氧化磷酸化途径相关蛋白的RNA和多达55个编码核糖体蛋白的mRNA, 这一结果不仅支持了线粒体蛋白在线粒体外膜被翻译后直接转运进线粒体的模型, 还暗示着线粒体功能可能与蛋白质的翻译调节有关。CAP-seq具有操作简单、空间选择性高、生物相容性好的特点, 将成为一项适合于在多种生物系统中研究亚细胞转录组的新技术。



北大-清华生命科学联合中心博士生王鹏冲、前沿交叉学科研究院博士生唐微、清华大学生命科学学院博士生李则尧为该论文共同第一作者, 邹鹏研究员和清华大学王建斌研究员为论文共同通讯作者。该工作得到了科技部、国家自然科学基金委、生物有机与分子工程教育部重点实验室、北京分子科学国家研究中心和北大-清华生命科学联合中心的资助。