



其他相关

综合新闻

- ▶ 通知公告
- ▶ 学术活动
- ▶ 学术会议
- ▶ 媒体报道
- ▶ 科研进展
- ▶ 人才引进与招聘
- ▶ 办事指南
- ▶ 相关链接
- ▶ 联系我们

陈玲玲研究员受邀在 **Trends Cell Biol** 发表综述

2月10日，中国科学院生物化学与细胞生物学研究所陈玲玲研究员与计算生物学研究所杨力研究员受邀在 *Trends Cell Biol* 发表了题为“ALU alternative Regulation for Gene Expression.”的综述论文，系统总结了灵长类（包括人）基因组中特异的Alu短散在核重复序列（short interspersed nuclear elements）在基因表达过程中的重要调控作用。

45%的人类基因组序列由转座子来源的序列构成，其中很重要的一部分是短散在核重复序列（short interspersed nuclear elements, SINE）。包括人在内的灵长类基因组中存在一类特殊的SINE序列 - Alu序列，其约300 bp长。其中，人类基因组中包含了超过一百万个的Alu序列，占据了人类基因组超过11%的序列构成。Alu等重复序列在前期通常被认为是无用的“垃圾”序列，但是随着研究的深入，大量的证据表明Alu无论是在基因组进化（DNA和转录调控水平），还是在遗传信息的多样性发挥（表观遗传调控和RNA水平）都发挥重要的调控作用。有意思的是Alu序列可以通过RNA Polymerase III独立转录，或者通过RNA Polymerase II共转录，产生各式各样的RNA分子并发挥重要的基因表达调控作用，例如大量存在于内含子的Alu序列可以通过反向互补形成RNA配对结构（inverted repeated Alu sequences, IRAlus）调控环形RNA的生成加工，而人基因组中所蕴含的大量特殊Alu序列则是环形RNA在人中高表达的主要原因之一。发表在 *Trends Cell Biol* 上的这一特邀综述论文，主要对上述多种Alu序列的重要调控新功能进行了总结和展望。

陈玲玲研究组致力于长非编码RNA和环形RNA的代谢机制与功能作用研究，杨力研究组专注于转录组RNA计算生物学研究。近期通过合作，系统揭示了多种新型长非编码RNA，并全面揭示了这些特殊结构非编码RNA生成加工的新机制及其潜在的重要生物学功能，极大地推动了长非编码RNA研究领域的发展，其在Alu序列对环形RNA生成加工机制的合作研究处于该领域的国际领先水平（Zhang et al, *Cell*, 2014; Zhang et al, *Cell Rep*, 2016; Zhang et al, *Genome Res*, 2016; Dong et al, *RNA Biol*, 2017; etc），并多次撰写相关研究进展综述（Chen and Yang, *RNA Biol*, 2015; Yang, *WIREs RNA*, 2015; Chen, *Nat Rev Mol Cell Biol*, 2016; Chen, *Trends Biochem Sci*, 2016; etc）。相关研究获得了中国科学院、科技部、国家自然科学基金委、以及上海市科委等的经费支持。

文章链接：[http://www.cell.com/trends/cell-biology/fulltext/S0962-8924\(17\)30002-8](http://www.cell.com/trends/cell-biology/fulltext/S0962-8924(17)30002-8)

地址：上海市岳阳路320号
邮编：200031
电话：86-21-54920000
传真：86-21-54921011
邮箱：sibcb@sibcb.ac.cn

浏览：1159

