

我校李庆顺课题组在Genome Research上发表论文深入剖析水稻转录组

发布时间: 2016-10-19 浏览次数: 1956

10月12日, 国际基因组研究权威杂志《Genome Research》(JCR一区, 近5年影响因子14.381)在线发表了我校环境与生态学院李庆顺教授课题组及其合作者的最新研究成果“Genome-wide dynamics of alternative polyadenylation in rice”。该论文全面而系统地描绘了水稻发育过程中选择性多聚腺苷化(APA)动态变化以及对产量性状关键基因表达调控的影响, 为理解基因表达转录后调控提供崭新的认识, 同时也对水稻基因组注释提供更加精确数据。

选择性多聚腺苷化(APA)是在真核生物中一种广泛存在的基因转录后调控现象。但是, APA对像水稻这样重要的作物的基因表达调控了解不多。APA现象能够使一个基因产生不同长度的编码或非编码区, 影响信使核糖核酸(mRNA)稳定性、可翻译性、亚细胞定位、微RNA结合等。因此, 这种转录后调控机制对产生mRNA的最终功能产物——蛋白质具有重要的影响。

水稻不仅是世界上最重要的粮食作物之一, 也是单子叶模式植物。先前的数据表明水稻中存在一些APA, 但由于测序数据有限, 而不能很好地对APA位点进行检测。本项目研究人员利用我们自己研发的Poly(A) Tag测序法(PAT-Seq), 系统地探讨了水稻发育过程中不同水稻组织和发育阶段的14个样本(共42个文库)全转录组APA景观图。结果表明, APA显著地与水稻发育和数量性状位点(QTL)基因紧密相关。大约48%表达的水稻基因通过APA产生不同长度的转录本。同时也发现一些基因在水稻发育过程中发生了APA位点变换, 说明水稻发育过程中这些基因APA位点使用具有倾向性。有意思的是, 成熟花粉中的APA轮廓最不同于其他组织, 包括一些重要的poly(A)因子也存在差异表达, 从而表明在配子体发育过程中具有独特的APA形成规律。

本研究成果将有助于理解植物如何通过APA来调控转录组的多样性, 以及探究基因表达以达到对环境更迅速、准确的响应之机理。该项目的成果不仅为广大植物研究者提供了目前最完善的全转录组APA信息, 也为水稻育种专家提供了可用于新品种选育的重要数据。

该论文是由厦门大学环境与生态院李庆顺教授团队、福建农科院水稻研究所叶新福研究员团队以及厦门大学自动化系吉国力教授团队共同合作完成。共同第一作者之一为我校2013级博士研究生付海辉。

文章链接:

<http://genome.cshlp.org/content/early/2016/10/12/gr.210757.116.abstract#corresp-1>

(环境与生态学院)