

[首页](#)[学院概况](#)[人才培养](#)[科学研究](#)[学科建设](#)[师资队伍](#)[招生就业](#)[合作交流](#)[校园服务](#)

医学院相关

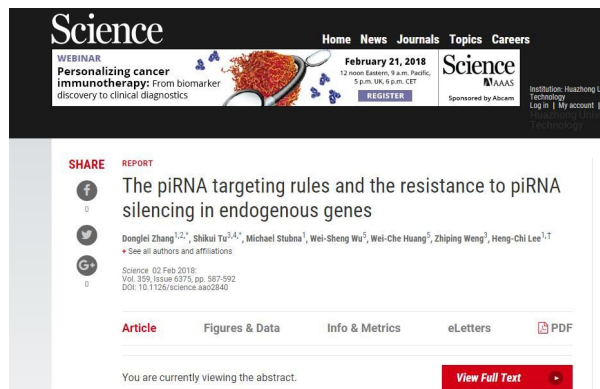
- [学术动态](#)
- [通知公告](#)
- [学院要闻](#)
- [专题活动](#)
- [综合新闻](#)
- [校园文化](#)
- [招生招聘](#)
- [内部网](#)
- [医科院系](#)
- [同济历史](#)
- [院长信箱](#)
- [附属医院](#)

[学院要闻](#)[首页](#) ▶ [医学院相关](#) ▶ [学院要闻](#) ▶ [正文](#)

基础医学院青年学者张冬雷解密“小非编码RNA自我基因保卫战”的机制

来源: 基础医学院 2018-02-05 08:48:43 点击数: 750 编辑: 张地

2月2日《科学》(science)杂志在线发表我校基础医学院青年学者张冬雷教授作为第一作者的研究论文《The piRNA targeting rules and the resistance to piRNAsilencing in endogenous genes》。在该研究中,张冬雷教授应用模式生物秀丽线虫为研究对象,在体内对piRNA识别靶序列的模式进行了系统性研究分析,总结出piRNA靶序列识别的规则。基于此规则,张冬雷教授对秀丽线虫基因组编码的piRNA的所有靶序列进行了预测,发现超过一半的内源基因都被piRNA所识别,而这些内源基因之所以没有被piRNA通路沉默,是由于其具有某种特殊DNA序列模式的内含子帮助抵御了piRNA的沉默效应。该研究揭示了piRNA的作用模式,有助于人们更加全面地认识基因组的结构组成和表达机制。



人类基因组中超过三分之二的序列是由重复序列(repetitive sequences)构成,这些重复序列是进化过程的残留物,很大比例来源于转座子和逆转座子,它们在基因组的存在见证了千万年来宿主基因组和这些古老入侵基因之间的战争。高等生物基因组内仍存在各式各样活跃的转座元件,它们在宿主基因组(尤其是生殖细胞的基因组)内的活动,会极大地威胁宿主基因组的完整性。近年来科学家对非编码RNA的广泛研究发现:动物体内最大的一类小RNA, piRNA,充当了捍卫动物基因组完整性和稳定性的角色。piRNA及其相互作用蛋白PIWI一起在动物生殖系统中通过对转座子RNA进行序列识别,从而对转座子产生基因沉默效应,保证了基因组忠诚完好地传递给后代。然而高通量测序的结果表明,多种动物体内产生的数万条不同的piRNA并不识别转座子,因此piRNA的潜在作用还有待进一步挖掘。譬如,除了已存在于动物细胞内的转座子,piRNA是否参与以及怎样参与对新入侵的外源DNA分子的识别和清除? piRNA对新入侵基因序列识别并将其沉默时,体内自身基因如何幸免于难?对piRNA与靶标的作用模式和机制研究将可能揭秘这些未解之谜,这一直是科学界在非编码小RNA领域的研究热点。

张冬雷教授为我校引进的青年学者,2017年受聘为基础医学院生物化学与分子生物学系教授,2013年在美国罗格斯新泽西州立大学Waksman研究所获得博士学位,之后在美国芝加哥大学分子遗传与细胞生物学系从事博士后研究,重点从事秀丽线虫早期胚胎中细胞骨架的时空调控机制以及生殖系统中小RNA的功能研究。

[图书馆医学分馆](#)[同济历史](#)[海外校友会](#)[网络服务](#)[院长信箱](#)[官方微信](#)[同济邮箱登录](#)[内部网](#)[院系所](#)[附属医院](#)[科研机构](#)[管理机构](#)

华中科技大学同济医学院办公室 湖北省武汉市汉川航空路13号 邮政编码: 430030 鄂TC0备030193