

# 利用高通量测序发现草莓中保守的和新的micro-RNAs

葛安静<sup>1,\*</sup>, 张希<sup>1</sup>, 董清华<sup>1</sup>, 宋长年<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>北京农学院植物科学技术学院, 北京 102206; <sup>2</sup>南京农业大学园艺学院, 南京 210095)

MicroRNAs (miRNAs) 是近年来新发现的一类非编码蛋白的 18 ~ 25 nt 单链小分子 RNA, 它通过介导靶基因的裂解或抑制靶基因的翻译从而在调控植物生长发育、激素信号及环境胁迫等方面起重要作用。为了大规模地发现草莓中的 miRNAs, 对草莓果实进行高通量测序, 以期发现与果实性状相关的 miRNAs, 为认识草莓果实的发育机理奠定一定的工作基础。

植物材料为草莓品种‘甜查理’5 个发育时期的果实(小绿果、中绿果、白果、红白果、红果)。用改良的 CTAB 法提取 RNA, 由华大公司进行 Sloexa 深度测序。通过生物信息学分析对所获得的序列进行 miRNA 的预测分析和验证。

利用源于草莓不同发育时期果实的小 RNA 文库进行 Sloexa 深度测序共得到了 23 282 309 条序列。经分析发现这些序列代表了 5 382 963 个独立的序列(unique sequences)。基于 miRNAs 相似性序列和二级结构预测, 从测序结果中发现了 164 个保守的 miRNAs 和 37 个新的 miRNAs。通过半定量 PCR 对 37 个新的 miRNAs 进行了验证, 并进一步预测了新的 miRNA 的潜在靶基因。对其进行功能注释分析发现它们可能编码 SNARE 蛋白、PLAC8 家族蛋白、RNA 结合蛋白、NAC 转录因子等功能蛋白。各类 miRNAs 被测序到的比较高的频次表明多数 miRNAs 在草莓果实中有很高的表达量, 说明它们参与了草莓果实的生长发育。

**关键词:** 草莓; microRNAs; 果实发育; Sloexa 深度测序

**中图分类号:** S 668.4

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2011) S-2519-01