

 Zawartość zarchiwizowana w dniu 2024-05-30



The origin and functional evolution of long non-coding RNAs

Wyniki w skrócie

Funkcjonowanie i ewolucja długiego niekodującego RNA

Długie niekodujące RNA (lncRNA) stanowią liczne niekodujące białek transkrypty dłuższe niż 200 nukleotydów. Europejscy naukowcy badali funkcje i ewolucję lncRNA, aby wyjaśnić jego istotność dla różnych gatunków ssaków.



BADANIA
PODSTAWOWE



ZDROWIE



© Dragon Images, Shutterstock

lncRNA to heterogeniczna klasa RNA uczestnicząca w wielu procesach biologicznych, w tym inaktywacji chromosomów płciowych, imprintingu oraz regulacji ekspresji genów. Obecnie lncRNA stanowi najslabiej zbadaną klasę transkryptów genomicznych. Finansowani przez UE stypendyści projektu EVOLNCRNAS (The origin and functional evolution of long non-coding RNAs) badali najistotniejsze aspekty biologii lncRNA.

Naukowcy skupili się na badaniu ekspresji lncRNA w trakcie rozwoju ssaków. Stworzyli wielkoskalowe źródło transkryptomyczne, obejmujące rozwój głównych linii ssaków. Celem było wyjaśnienie tworzenia lncRNA, jak również identyfikacja ich funkcji i wpływu na ewolucję genomu.

Profile rozwoju ekspresji objęły samce i samice siedmiu gatunków ssaków, w tym

ludzi i szczurów, oraz kurcząt dla dziewięciu głównych narządów (mózgu, mózdzku, wątroby, serca, nerek, jajników, jąder, łożyska i doczesnej). Pobieranie próbek rozpoczęło, gdy tylko można było zidentyfikować zawiązki narządów, i kontynuowano na różnych etapach rozwoju do osiągnięcia dorosłości. Uzyskany zestaw danych dostarczył unikalnego profilu ekspresji genetycznej z całego okresu rozwojowego ssaków.

Biblioteki te pomogły naukowcom w identyfikacji zestawów lncRNA, które ulegają ekspresji w czasie rozwoju lub podlegają regulacji rozwojowej, oraz porównaniu do takich regulatorów jak czynniki transkrypcyjne. Porównanie ekspresji lncRNA z genami kodującymi białka, których funkcje są znane, umożliwiło przewidzenie funkcji związanych z rozwojem lncRNA.

Co istotne, naukowcy zidentyfikowali lncRNA, które wraz z genami kodującymi białka warunkują różnice fenotypowe między gatunkami ssaków. Badania nad przebiegiem rozwoju ujawniły potencjalne funkcje dużej części genów jako istotnych regulatorów i czynników wpływających na fenotypy ssaków.

Ponadto uczestnicy projektu badali ekspresję lncRNA w rozwijających się łożyskach sześciu gatunków ssaków oraz zestaw trzydziestu łożysk człowieka. Oczekuje się, że omawiane badania umożliwią powiązanie ekspresji lncRNA z różną morfologią łożyska i wynikiem ciąży.

Słowa kluczowe

[Długie niekodujące RNA](#)

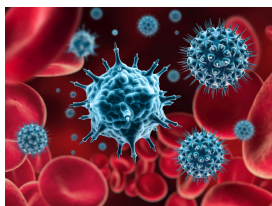
[EVOLNCRNAS](#)

[rozwój ssaków](#)

[transkryptomika](#)

[łożysko](#)

Znajdź inne artykuły w tej samej dziedzinie zastosowania



Badacz wspierany przez Unię Europejską zdobywa Nagrodę Shawa za rozwój nowatorskiej technologii obrazowania 3D

5 Czerwca 2025





Odkrywanie tajemnic transportu chemicznego przez błony komórkowe

22 Lipca 2025



Kontrola niechcianych zakwitów

21 Listopada 2018



Nowe geny cennym sojusznikiem w walce z nowotworami piersi

2 Października 2023



Informacje na temat projektu

EVOLNCRNAS

Identyfikator umowy o grant: 329902

Projekt został zamknięty

Data rozpoczęcia

1 Stycznia 2014

Data zakończenia

31 Grudnia 2015

Finansowanie w ramach

Specific programme "People" implementing the Seventh Framework Programme of the European Community for research, technological development and demonstration activities (2007 to 2013)

Koszt całkowity

€ 184 709,40

Wkład UE

€ 184 709,40

Ostatnia aktualizacja: 16 Stycznia 2017

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/190859-function-and-evolution-of-long-noncoding-rnas/pl>

European Union, 2025