

# 动态转录组分析测定酵母中 mRNA的合成率与衰退率

6 组成员：余 萍（报告人）  
王 凡



# 目录

什么是DTA?

DTA法测定酵母中  
mRNA合成率和衰退率

结论及讨论

# 什么是DTA?

- ◆ DTA (Dynamic transcriptome analysis) 是基于基因促进吸收核苷类似物4sU、代谢RNA标签、芯片测量、定量改变和描述生长细胞中mRNA代谢的动力学模型等发展起来的方法。对于mRNA代谢动态变化是一个有价值的分析工具，还能为复杂的基因调节系统模型提供数据。
- ◆ 相较于传统转录组学，DTA具有空前的灵敏度和分辨率来监测mRNA合成和衰退率的改变。



# DTA法测定酵母中mRNA合成率和衰退率

RNA标签和芯片分析 → 聚合酶 II 体外转录

mRNA合成与衰退率的提取

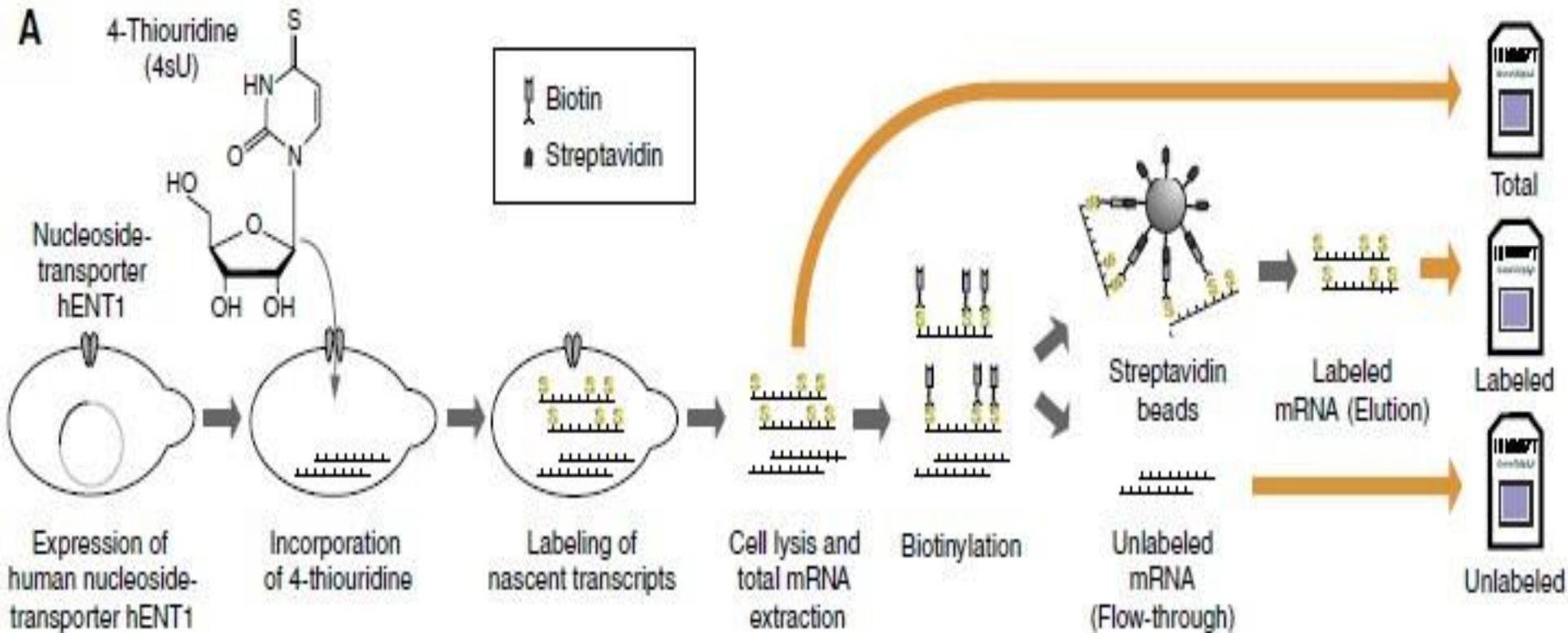
mRNA衰退分析 (RT-PCR)

渗透应激反应中出现的转录因子 (TFs)

TF 互作

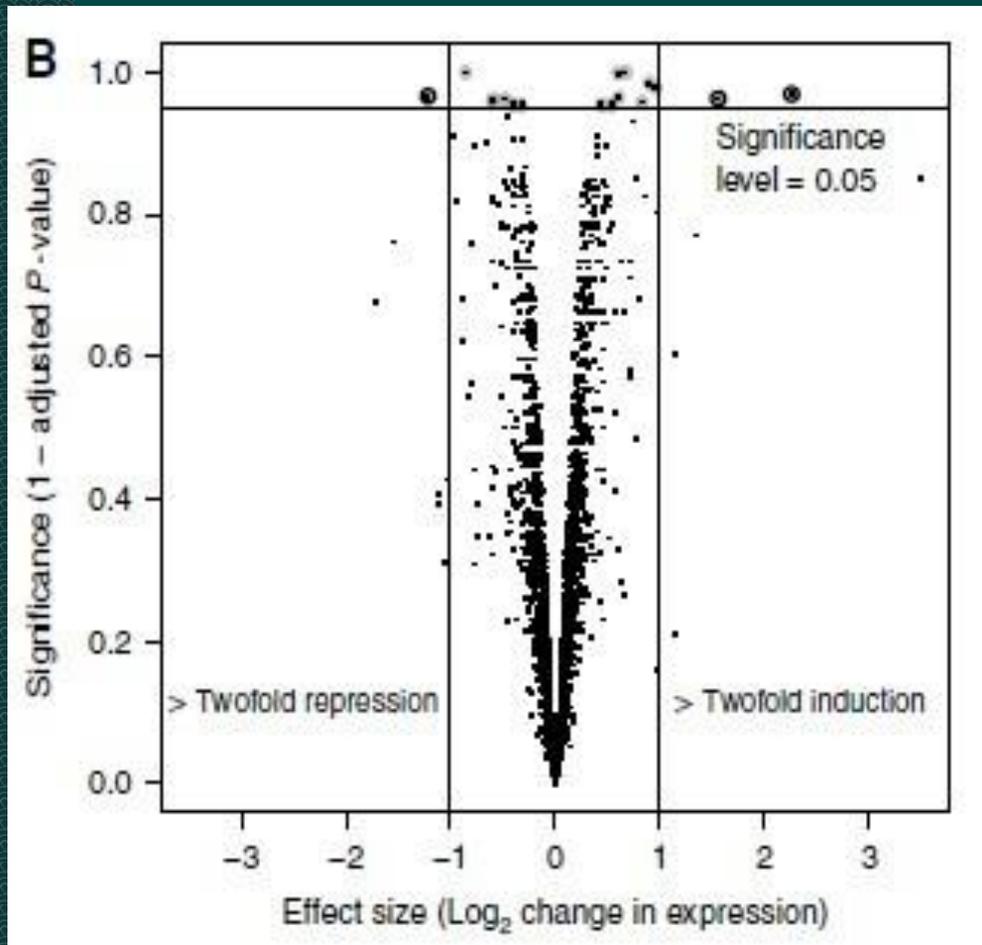
基因组占用分析

# 结果分析



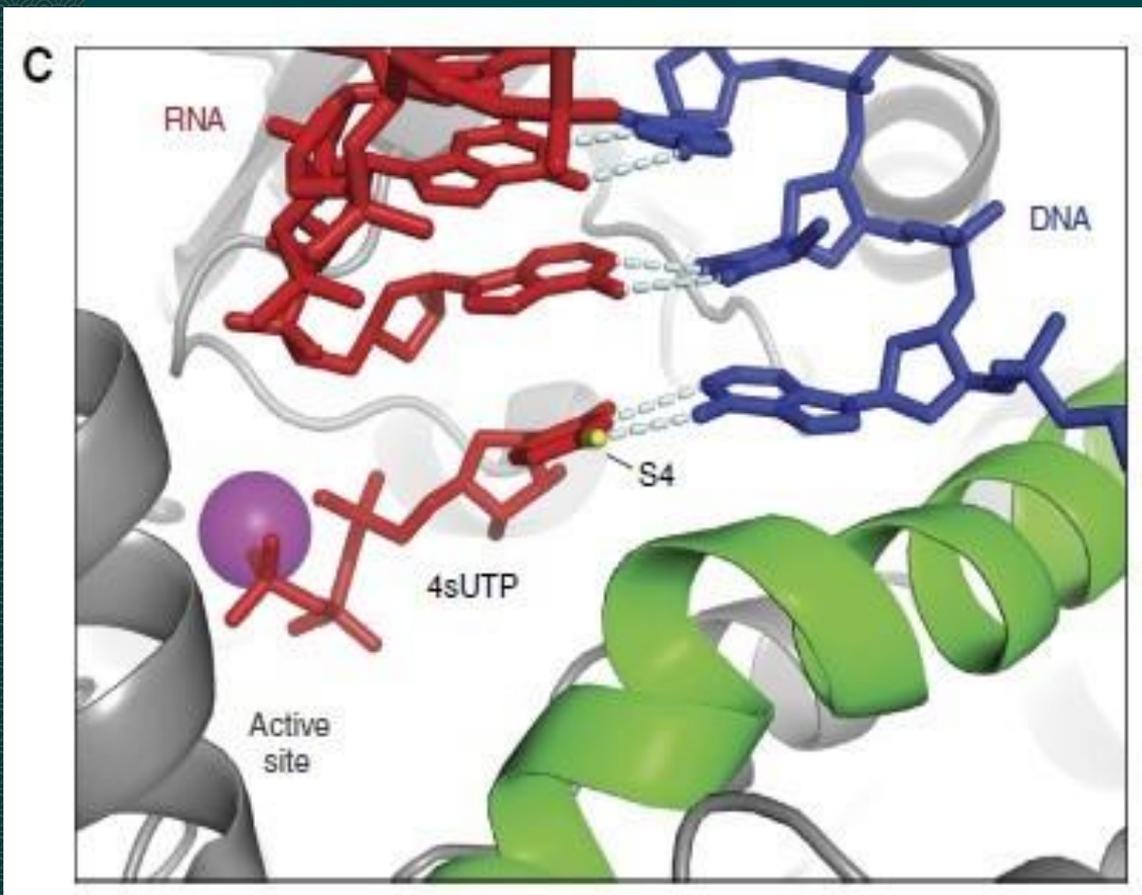
酵母中非微扰RNA标签过程

# 结果分析



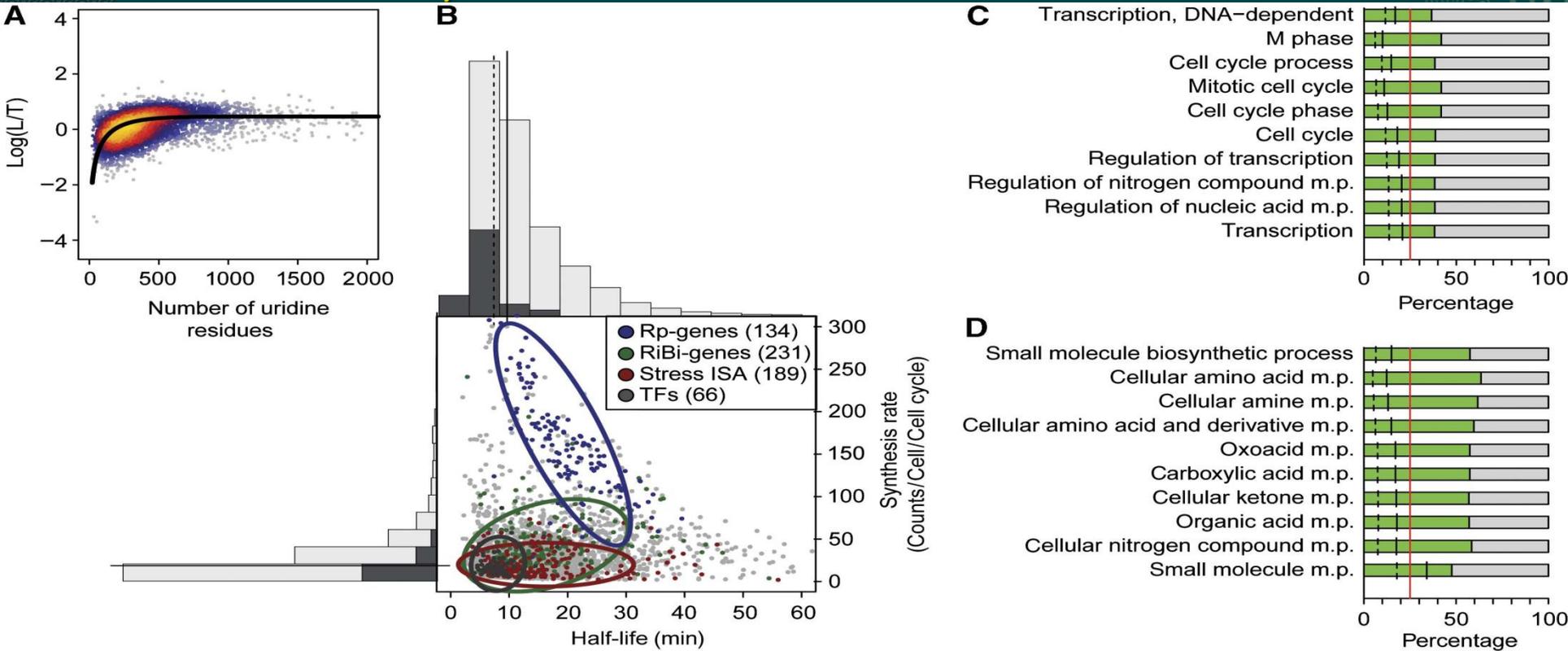
RNA标签不影响  
更不影响酵母转  
录。核苷类似物  
4su可能会影响细  
胞的其他机制，  
但对mRNA代谢  
几乎没影响。

# 结果分析



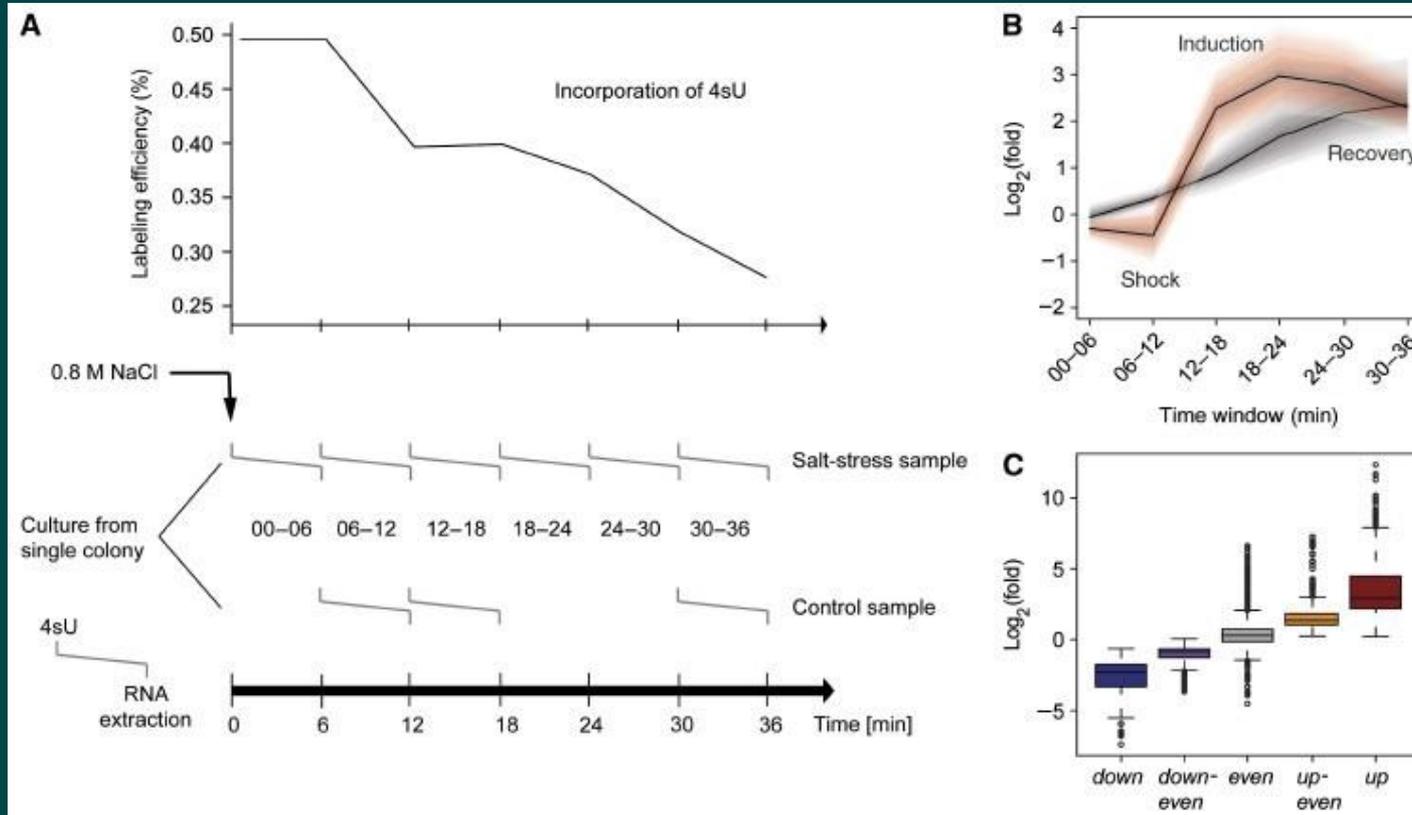
这轻微的影响是因为4su上的硫醇基与模板DNA间有弱的氢键链接造成的，但这对于体外转录的量来说几乎不算影响。

# 结果分析

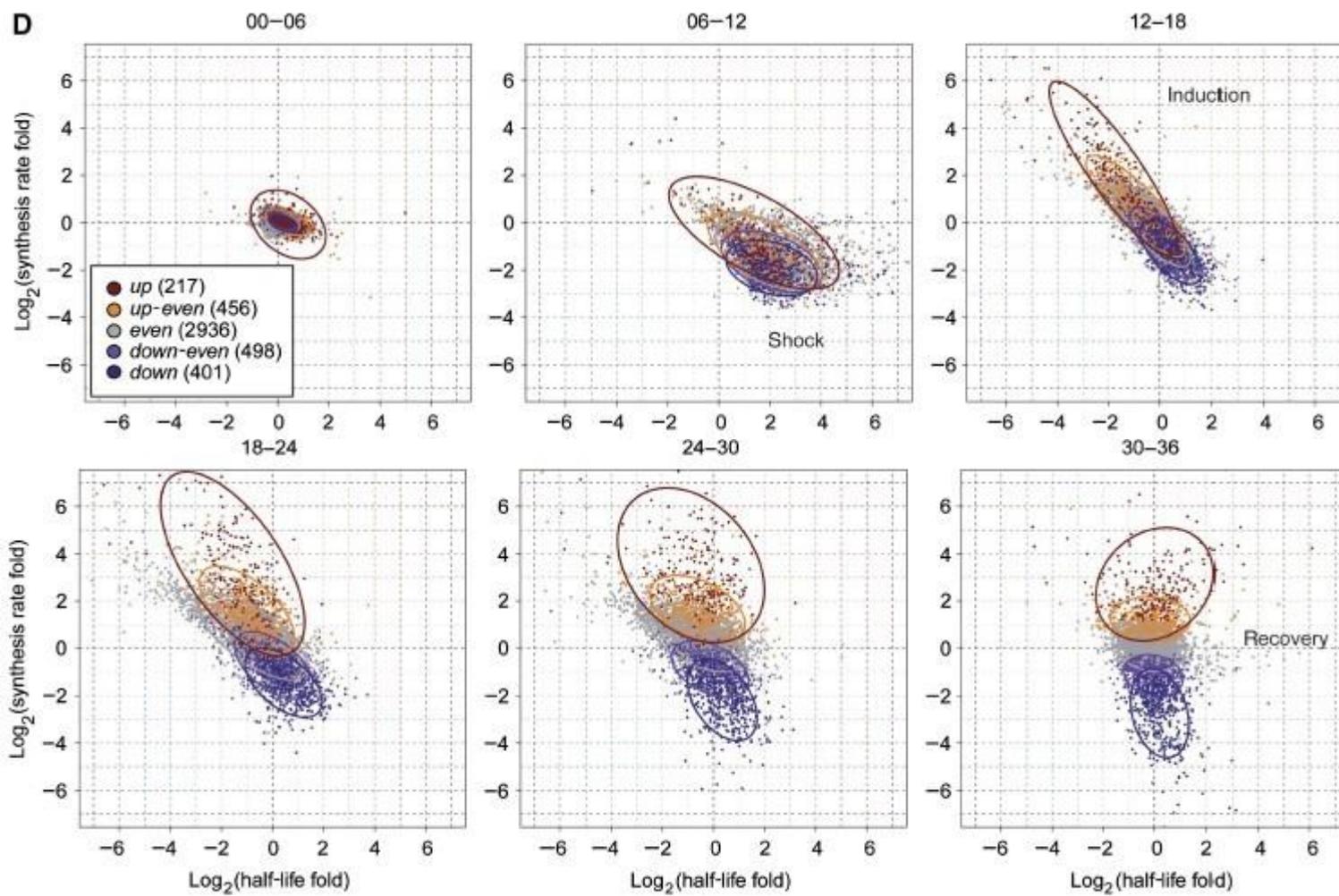


A图说明标签效率随着基因中剩余尿苷的量而变化  
B图说明合成率高的基因都是编码蛋白的基因，而沉默基因包括很多TF合成率都很低，即大部分mRNA的合成率都很低。  
C和D说明mRNA衰退率与合成率不是一一对应的，半衰期短的mRNA是调节转录及细胞周期的等等，而半衰期长的则是调节碳氮化合物的代谢的。

# 结果分析

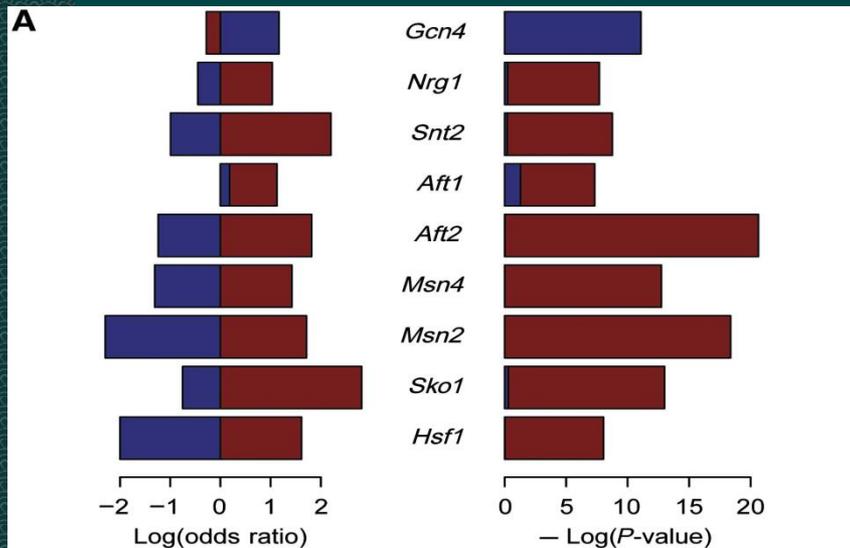


A图说明在有渗透压力时，4su标记效率下降了，  
B图说明在不同的时间段，合成率是不同的，在停滞期下降，诱导期上升，最后的恢复期保持一个不同于起始值的值。  
C图是5个不同阶段的合成率。  
即mRNA合成率与衰退率有短暂的关联。

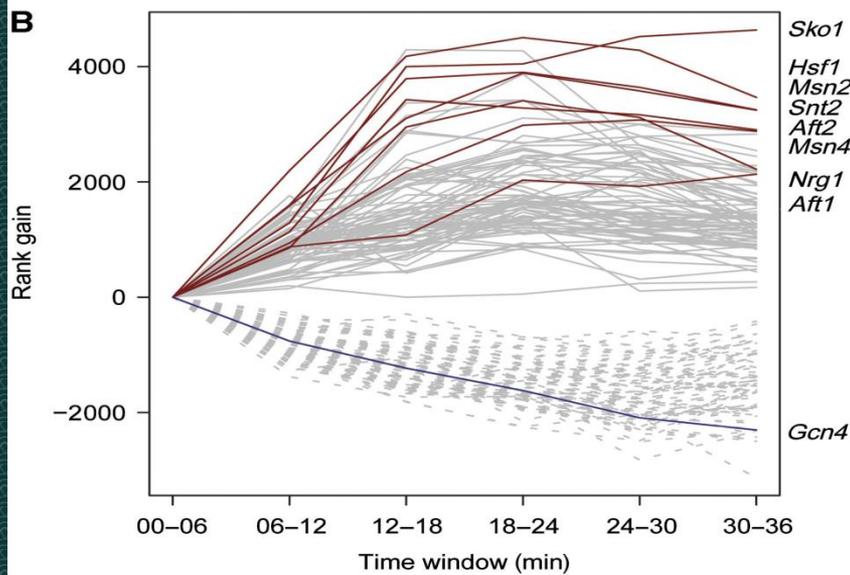


一个点代表一个基因，椭圆表示合成率与衰退率的相关性，在刚开始的停滞期和诱导期是相关的，而在最后的恢复期则是不想关的。说明合成率与衰退率是短暂相关的，不是一一对应的。

# 结果分析

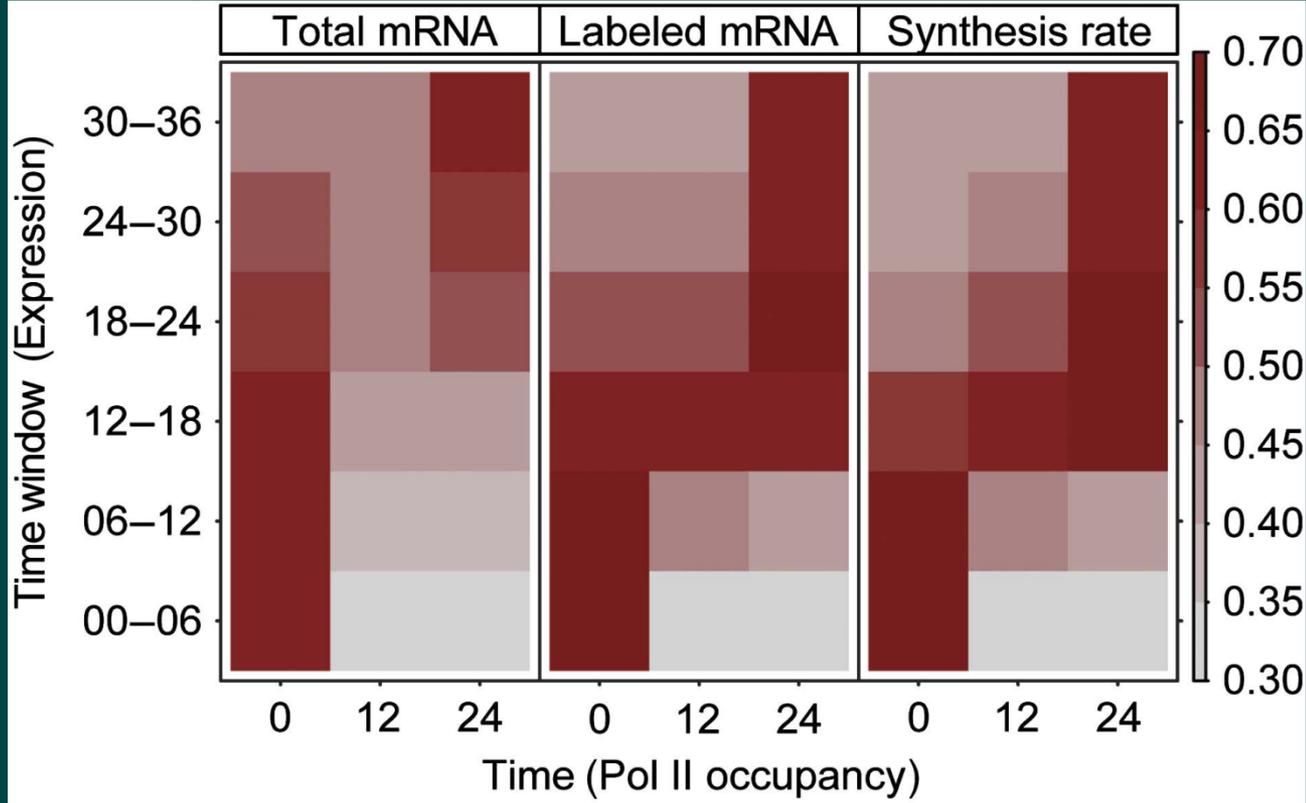


9个TF潜在的应激反应。  
可诱导率为红色，抑制率为蓝色。



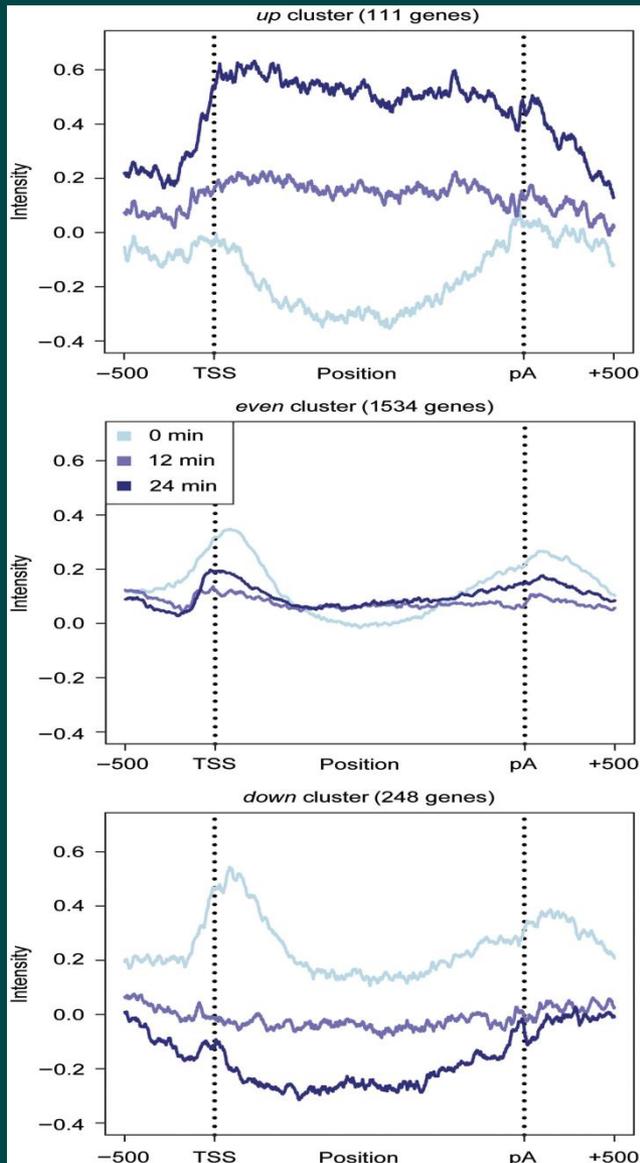


# 结果分析



基因占用的聚合酶 II 与总 mRNA 水平几乎没有关系，但是与标记 mRNA 和合成率有很大关系。

# 结果分析



存在渗透压力时聚合酶 II 的重分配率，浅蓝色代表 0min, 蓝色代表 12min, 深蓝色代表 24min。在 TSS 和 PA 处有高峰。即测出聚合酶 II 的占用率可预测合成率。



# 结论及讨论



- ◆ 大部分的mRNA合成率为每个细胞和细胞周期大约有几个转录，且其半衰期平均约11分钟。
- ◆ 在最初停滞期，mRNA合成率和衰退率总体下降，mRNA存储，接下来的诱导期，mRNA合成率和衰退率都增加了，使细胞能快速去除浓度差影响，在最后的恢复阶段，衰退率大幅恢复，然而合成率停留在不同于最初值得一个水平。
- ◆ 发现了一些新的还不知道作用的转录因子（TFs）

# 结论及讨论



- ◆ DTA还可以用来探索mRNA衰退途径和RNA结合蛋白是怎样全方位的调节mRNA的半衰期。
- ◆ DTA还是一个了解突变型和野生型酵母的mRNA变化率的正规的新途径。



谢谢大家！