



【字体: 大 中 小】

科学家利用纳米孔测序同时获取染色质可及性和甲基化信息

日期: 2021年01月06日 09:23 来源: 科技部

近年来随着DNA测序技术的蓬勃发展,蛋白质结合位点的高通量鉴定、染色质可及性及甲基化状态分析等检测技术不断涌现,其中很多技术(如DNase-seq和ATAC-seq等)依赖于开放性染色质对转座酶等的敏感性。在这些新技术中,全基因组核小体定位及DNA甲基化组测序技术(NOMe-seq)能够利用外源性M. CviPI GpC甲基转移酶标记基因组可及性区域,结合亚硫酸氢盐转换,NOMe-seq能够同时检测内源性胞嘧啶甲基化和核小体开放性状态。

纳米孔测序(Nanopore sequencing,又称第四代测序)是近年来兴起的新一代单分子测序技术,具有测序读长(reads)长(>150 kb),速度快,测序数据实时监控,机器方便携带等优点。之前研究已证明纳米孔测序能够检测内源性CpG甲基化,并能对酵母甚至人类细胞的染色质可及性位点进行外源标记。

2020年11月23日,约翰霍普金斯大学Winston Timp教授领导的研究团队在Nature Methods杂志发表了题为“Simultaneous profiling of chromatin accessibility and methylation on human cell lines with nanopore sequencing”的研究论文,作者通过GpC甲基转移酶外源性标记开放染色质后,利用纳米孔测序技术(nanoNOMe-seq)同时检测了人类细胞中的内源性CpG甲基化状态和染色质可及性的阶段性模式,构建了涵盖甲基化和染色质开放性信息等在内的人类细胞表观基因组,并利用该技术揭示了乳腺癌细胞和非癌细胞间的表观遗传差异。nanoNOMe-seq为我们揭示人类发育与疾病发生中复杂的染色质表观遗传学特征提供了新的技术支持。

论文链接: <https://doi.org/10.1038/s41592-020-01000-7>

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口