

新闻公告

通知公告

新闻快讯

下载中心

更多>>

- 浙江省医学遗传学重点实验室突发事件应急预案 [12-20]
- 浙江省医学遗传学重点实验室管理制度 [12-20]
- 浙江省医学遗传学重点实验室财务管理规定 [12-20]
- 学院会议室使用管理规定 [12-20]
- 基因诊断室准入须知 [12-20]

新闻快讯

您现在的位置: 首页 > 新闻公告 > 新闻快讯

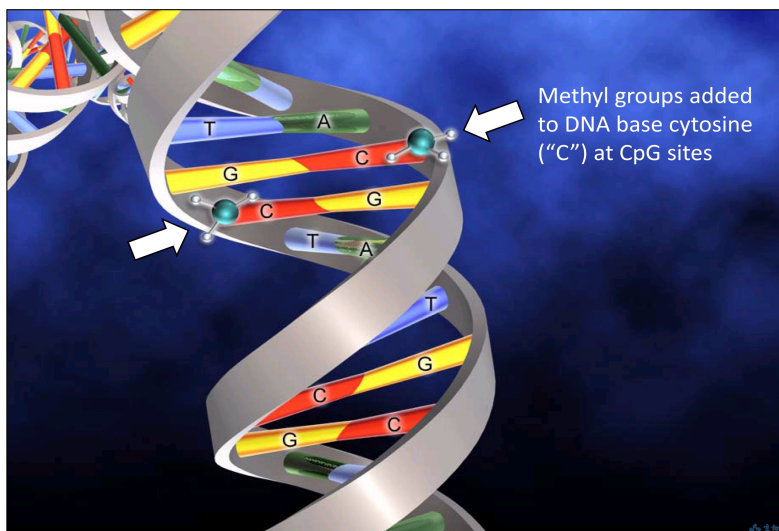
2013诺奖大热门之DNA甲基化亮点荟萃研究

浏览次数: 191 来源: 生物谷 作者: 天使托 发布时间: 2013-09-30 返回

一年一度的诺贝尔奖将如期而至。近日, 汤森路透 (Thomson Reuters) 集团发布了一年一度的基于研究和引文数据库文献引用计数的预测, 基于对其研究被引用情况的全面考察, 汤森路透向这些高影响力研究者授予汤森路透“引文桂冠奖”, 并预测他们可能在当年或将来获得诺贝尔奖。

2013年汤森路透生理学或医学领域的引文桂冠得主是:

- DNA甲基化领域的开创者 Adrian Bird、Howard Cedar 与 Aharon Razin;
- 自噬研究领域的专家 Daniel Klionsky、Noboru Mizushima 与 Yoshinori Ohsumi, 他们三人的研究推动了对自噬的分子生物学机制以及自噬的生理功能的认识;
- 因为在癌基因 HER-2/neu 的研究及相关治疗方面做出贡献的临床研究者 Dennis Slamon



DNA甲基化 (DNA methylation) 为DNA化学修饰的一种形式, 是在不改变DNA代码的前提下, 改变个体的遗传表现, 其是一种外遗传机制。DNA甲基化过程会将甲基添加到DNA分子上, 例如在胞嘧啶环的5'碳上: 这种5'方向的DNA甲基化方式可见于所有脊椎动物。

在人类细胞内, 大约有1%的DNA碱基受到了甲基化。在成熟体细胞组织中, DNA甲基化一般发生于CpG双核苷酸 (CpG dinucleotide) 部位; 而非CpG甲基化则于胚胎干细胞中较为常见。

本文就近年来关于DNA甲基化的研究进展进行了整理。

【1】2013汤森路透“引文桂冠奖”揭晓 DNA甲基化和自噬研究获奖

2013年汤森路透的引文分析师们通过对权威数据进行评估, 发布今年的“引文桂冠奖”获得者名单, 并预测他们可能会获得诺贝尔奖。

当全世界的目光都聚焦斯德哥尔摩和即将揭晓的2013年诺贝尔奖之际，汤森路透发布了其2013年“诺贝尔奖级”的“引文桂冠奖”(Thomson Reuters Citation Laureates)。

每年，汤森路透的引文分析师们都会挖掘来自汤森路透研究平台—Web of Knowledge 中的权威数据，识别化学、物理学、生理学或医学、以及经济学领域最有影响力的研究者。基于对其研究被引用情况的全面考察，汤森路透向这些高影响力研究者授予汤森路透“引文桂冠奖”，并预测他们可能在当年或将来获得诺贝尔奖。

汤森路透引文分析师 David Pendlebury 表示：“我们引文桂冠奖的挑选过程与诺贝尔基金会的挑选过程非常相似。我们辨别出那些基础研究发现，并从中找出促进这些发现的最杰出贡献者。我们认为，引文桂冠奖得主对科学的重大贡献使他们在各方面都足以与诺贝尔奖得主比肩，他们只是还没有获奖。”

【2】HMG: 科学家发现生活方式可通过改变DNA甲基化来影响机体代谢过程

不健康的生活方式会为DNA发生变化留下隐患，进而就会对机体代谢产生特殊影响；近日，刊登在国际杂志Human Molecular Genetics上的一篇研究报告中，来自德国亥姆霍兹慕尼黑中心(HMGU)的研究者通过研究鉴别出了和代谢特征相关的28个DNA特异性修饰。

在个体一生当中，衰老过程、环境影响以及生活方式因素，比如吸烟、饮食都会诱导机体细胞DNA的生化改变，通常情况下会引发DNA甲基化，DNA甲基化就是将甲基基团添加到特异性的DNA片段上而不影响DNA的序列。这样的甲基化过程就会影响基因的功能，这就是所谓的表观遗传学。研究者目前正在研究来确定表观遗传过程和个体健康问题之间的关联，尤其是对机体代谢的影响。

文章中，研究者对超过1800名参与者的血样进行检测分析，研究者分析了超过457,000个DNA基因簇的生化改变，以及将其同649种不同浓度的代谢产物进行对比，结果显示，28个DNA片段的甲基化改变了很多重要的机体代谢过程。

【3】Nature: 科学家绘制出了人类基因组的动态DNA甲基化图谱

10年前，科学家宣布结束人类基因组计划，人类基因组计划是科学家对四种碱基：腺嘌呤、鸟嘌呤、胞嘧啶以及胸腺嘧啶的研究，对这些碱基的研究可以帮助科学家鉴别出编码人类基因组的25000个基因的功能，但是随着时间逝去，研究依然没有获得突破性的进展。

近日，刊登在国际杂志Nature上的一篇研究论文中，来自哈佛干细胞研究所的研究人员揭示了其研究领域的一个新的里程碑，他们开展了人类的表现基因组学计划研究，这项计划是揭示人类机体中200种人类细胞如何实现相同的基因互补功能而又执行不同的表达功能，机体细胞包括皮肤细胞、神经细胞以及干细胞等；

文中研究者将组成人类DNA的三十亿个核苷酸会支撑了将近2800万个胞嘧啶-鸟嘌呤对，随后研究者想研究这2800万个胞嘧啶-鸟嘌呤对在所有细胞中是处于动态变化过程的还是处于静态过程的。

【4】Cell: 修改教科书的成果：科学家发现DNA甲基化可遗传

在两性生殖的物种中，一个受精卵逐渐分裂，发育出不同的细胞，形成各种组织和器官，最终形成生物个体。科学研究发现，在生物体的发育过程中，仅有DNA是不够的。表观遗传信息控制着受精卵的发育，“调控”着哪些细胞发育成皮肤，哪些细胞发育成心脏，哪些细胞发育成骨骼……但科学家们无法确定的是，表观遗传信息能否遗传？

我国科学家的最新研究发现：表观遗传信息中重要的一类——DNA上的甲基化是可以遗传的，而且精子所携带的表观遗传信息被传递到子代，并调控着早期胚胎发育基因表达的“开关”。这是世界上首次在实验中证明某些表观遗传信息也可以被完整地遗传，并颠覆了早期胚胎发育主要由卵子决定的传统观点。这一被称为将“修改教科书的成果”，以封面文章的形式发表在最新一期国际著名学术期刊《细胞》(Cell)杂志上。

中国科学院北京基因组研究所刘江研究员带领的科研团队发现了这一重要规律。刘江介绍，在两性生殖的物种中，子代从父本和母本那里分别继承了一半的细胞核DNA，子代的每个细胞都具有相同的DNA序列。但科学家们研究发现，还有一些信息在生物体从受精卵发育到一个完整生命体的过程中起重要的作用，这些信息就是“表观遗传信息”，它们不改变DNA序列，却能调控基因组活动。正是表观遗传信息使得动物在一套DNA序列的基础上，从一个受精卵分化成200多种细胞；而这些不同的细胞，最终形成各类不同的组织器官，例如大脑、心脏、肝、肺等等。

【5】The EMBO Journal: 拟南芥剪接蛋白参与RNA介导DNA甲基化

北京生命科学研究所何新建实验室在《The EMBO Journal》杂志在线发表题为“The splicing machinery promotes RNA-directed DNA methylation and transcriptional silencing in Arabidopsis”的论文。该论文报道了模式植物拟南芥中负责mRNA前体剪接的蛋白参与了RNA介导的DNA甲基化(RdDM)和转录水平的基因沉默。

DNA甲基化是一种重要的染色质修饰方式，它有助于维持基因组的稳定，使基因组中的可转座元件处于抑制的状态，它还可以参与基因表达的调控。在模式植物拟南芥中，DNA甲基化的建立主要依赖RNA介导的DNA甲基化途径，但是研究者对其具体作用机制还了解甚少。该研究利用筛选DNA去甲基化酶基因突变体的抑制子，发现了一个基因的突变。该基因的编码蛋白包含锌指结构区域和保守的八次重复区域，是一个尚未研究的植物特异蛋白，被命名为ZOP1。该研究表明，ZOP1参与了RNA介导的DNA甲基化途径。在zop1突变体中，不仅RdDM途径中的RNA聚合酶IV产生的一些小RNA的累积水平受到了影响，而且基因组上很多RdDM靶向位点的DNA甲基化和转录水平的基因沉默也受到了影响。进一步研究发现，RdDM途径中的典型组分的突变（nrpd1、nrpe1或ago4）与zop1突变在某些基因组位点对基因沉默的影响有加性效应，这表明ZOP1对基因沉默的作用并不完全依赖RdDM途径，它还可以通过不依赖RdDM的途径对基因沉默产生作用。

【6】 Nature Communications: 发现促DNA甲基化特殊多功能蛋白

来自华东师范大学，日本RIKEN过敏与免疫学研究中心的研究人员发现了一种特殊的多功能蛋白：UHRF1在表观遗传学中的重要作用：能通过靶向DNA甲基转移酶1，维持DNA甲基化水平，参与H3K9甲基化和DNA甲基化之间的通信。相关成果公布在《自然—通讯》（Nature Communications）杂志上。

文章的通讯作者是华东师范大学生命医学研究所翁杰敏教授，第一作者是翁杰敏教授实验室刘晓丽，高芹芹和李丕顺。这一研究组主要研究方向为细胞核激素受体调控基因表达的分子机制和表观遗传分子机制研究，细胞核激素受体共调控因子相关研究曾获得许多突破性成果，已在国际核心期刊发表论文近70篇。

哺乳动物DNA甲基化表观遗传需要一种多功能蛋白：UHRF1，研究证明这种蛋白能通过一种独特的半甲基化CpG结合活性，将DNMT1召集到DNA复制叉周围。

【7】 Cell: DNA甲基化的不完全重置

Babraham研究所的科学家们揭示了生殖细胞（卵子和精子）发育时DNA重置的机制。众所周知，表观遗传学修饰是指不改变DNA序列的DNA修饰，DNA上添加这样的小基团会改变基因的活性。在人们的一生中（包括在子宫内的发育），表观遗传学修饰都在不断积累和变化，环境也能够对表观遗传学修饰产生影响。

在生殖细胞的成熟过程中，绝大多数DNA修饰会被抹去，这种重置机制会删除相应的“环境记忆”，不过也会有一部分DNA修饰保留下来。了解这一重编程机制，不仅能够加深人们对发育的理解，还有助于人们解析表观遗传学修饰在世代间传递的机制。

生物体内的每个细胞都具有相同的DNA序列（基因组），是DNA序列的差异性表达（基因开启和关闭的差异）形成了不同的细胞类型。甲基化往往出现在不活跃的基因上，而这项研究首次对原始生殖细胞上的甲基化情况进行了全基因组研究。

【8】 Mol Cell: DNA甲基化预测机体衰老程度

在一项新研究中，美国加州大学圣地亚哥医学院研究人员描述了一种新的标记物，并利用新的模型在基因和分子水平来量化老化发生程度，新研究不只？？是提供一个更精确的方法来确定人的衰老程度，同时也或许提出了预见或治疗疾病的方法。该研究结果发表在11月21日的Molecular Cell杂志上。

Shiley眼科中心和基因组医学研究所主任 Kang Zhang医学博士说：人们以不同的速率衰老，这是众所周知的。有些人70多岁，但他们看上去只有50岁，而有些人却相反。

当前，用标记物精确量化实际年龄速率具有很大挑战性。例如，研究人员发现端粒会随着年龄的增长缩短，同时其他因素如压力也会影响我们衰老程度。在新的研究论文中，科学家专注于DNA甲基化，DNA甲基化从根本上存在于终身过程中，甲基添加或删除DNA分子的胞嘧啶，以促进或抑制基因的活性和表达。

研究人员测量了共656人血液样本中超过48.5万个全基因组甲基化标记物，这些人年龄从19到101不等。Zhang说，这是一个非常可靠的方法预测衰老。

【9】 PNAS: DNA甲基化与我们的命运紧密相关

理解我们DNA上的化学标记如何影响基因表达可能是科学家们而言是非常重要的。DNA上常见的一种化学标记就是甲基化。

在一项新研究中，来自加拿大西蒙弗雷泽大学、英属哥伦比亚大学和美国斯坦福大学的研究人员发现在一个人群中，甲基化变异性能够预测年龄、性别、压力、癌症和早年的社会经济地位。相关研究结果于近期刊登在PNAS期刊上。

已知在我们的基因组中，发生甲基化的DNA影响基因是否开启或关闭。基因表达能够推断与我们的身份相关联的几种属性，如性别、种族、年龄和健康。

在这项研究中，Eldon Emberly和同事们研究了一个大的群体中的甲基化变异性。他们测量了来自92个人(年龄在24到45岁)的白细胞中的DNA甲基化。Emberly实验室对产生的数据集进行分析来寻找甲基化变异与实验参与者的不同社会、精神和身体特征之间存在的关联性。

【10】[Nat Struct Mol Biol](#): 证实表观遗传标记组蛋白修饰与DNA甲基化之间存在关联

在过去二十年，科学家们已经理解到DNA内拥有的遗传密码只代表生命蓝图的一部分。生命蓝图的其他部分来自覆盖DNA结构的特异性化学标记模式(patterns of chemical tags)。这些化学标记模式确定着DNA是如何被紧密包被的和某些基因是如何被选择性地开启或关闭的。

随着研究人员发现越来越多的这些表观遗传标记，他们已开始想知道所有的这些标记是如何关联在一起的。如今，来自美国北卡罗来纳大学医学院的研究人员建立起人类两个最为基本性的表观遗传标记---组蛋白修饰和DNA甲基化---之间存在的首个关联。相关研究于2012年9月30日在线发表在Nature Structural & Molecular Biology期刊上。

这项研究提示着一种被称作UHRF1的蛋白在维持这些表观遗传标记中发挥着作用。因为之前人们已发现这种蛋白在癌症中是存在缺陷的，所以在当前这项研究中，这一发现可能有助于科学家们不仅理解微观的化学变化如何能够最终影响表观遗传图谱(epigenetic landscape)，而且也给理解疾病和癌症的病因提供线索。

论文通信作者、北卡罗来纳大学医学院生物化学与生物物理学副教授Brian Strahl博士说，“人们总是猜测被DNA甲基化标记的区域可能与其他的表观遗传标记如组蛋白修饰相关联，而且在诸如真菌和植物的模式生物中也已证实，这确实如此。但是没有人能够在人细胞中证实这一点。并且，在它们是否确实存在关联方面，人们一直存在争论。我们证实存在这种关联。

【11】[Plos Genetics](#): 模拟细菌DNA甲基化模式实现穿越其限制修饰屏障

细菌是存在于自然环境中的一个重要生物类群，参与自然环境碳、氮和硫等元素的循环，另外，细菌在人类的健康与疾病、工业微生物发酵及农业生物病虫害防治等领域也占有重要地位。遗传操作是研究细菌生理功能、致病机理及构建基因工程菌株的先决条件。迄今为止，仅有少数实验室的模式菌株实现了遗传转化，而对直接从自然环境中分离的野生型细菌、经人工驯化的工业生产菌及大量的非模式菌株实现遗传操作始终是困扰微生物学家的一个世界性难题。限制修饰(Restriction modification, RM)系统是外源DNA进入细菌并实现稳定遗传的主要屏障。在完成基因组测序的所有细菌中，95%的菌株含有RM系统，而33%的菌株更是含有四套以上RM系统，含有多套RM系统使细菌的遗传操作更加困难。

典型的RM系统由DNA甲基转移酶(DNA methyltransferases, MTase)和限制性内切酶(Restriction endonucleases, REase)构成。REase可特异性识别进入细菌内部的外源DNA并对其切割、降解，而MTase可通过甲基化修饰细菌自身的DNA而使其与外源DNA区别开来，不被REase降解。

【12】[Nat Neurosci.](#): 蜜蜂DNA甲基化模式变化与所属种群地位有关

对同一蜂巢中不同分工的蜜蜂来说，它们的DNA甲基化模式虽有所区别但又具有遗传相似性，这是本周发表在《自然—神经科学》上的一项研究所得出的结论。

蜜蜂的雌性胚胎发育为蜂王还是工蜂由其被喂养的食物所决定。Andrew Feinberg等人研究了两种特殊的工蜂：一种是保育蜂，负责喂养其他蜜蜂；另一种是采蜜蜂，负责外出为蜂巢采集食物。虽然这两种蜜蜂分工不同，但其在整个蜂群中所扮演的角色并不确定，因为保育蜂在生命晚期可以转换为采蜜蜂。

虽然不同种类蜜蜂的DNA序列并不存在系统性差别，但科学家们还是发现，采蜜蜂和保育蜂的负责调控基因表达的DNA甲基化模式存在差异。当研究人员采取手段诱使采蜜蜂转化为保育蜂，其甲基化模式也随之发生相应改变。

【13】[Nat Rev Genet](#): DNA甲基化谱在医疗中的应用与挑战

在一篇刊登在Nature Reviews Genetics期刊上的论文中，研究人员强调了在表观遗传学领域取得的成功以便预测肿瘤的行为和弱点。西班牙巴塞罗那市Bellvitge生物医学研究所癌症表观遗传学与生物学项目(Cancer Epigenetics and Biology Program at the Bellvitge Biomedical Research Institute)主任Manel Esteller教授领导的一个研究小组在这篇综述性论文中更新了在应用表观遗传学方面获得的最新研究发现。

科学家们越来越需要更好的生物标记物以便能够更早地检测人类疾病，特别是癌症。这些标记物能够改善对疾病的初级预防、诊断和预后。再者，根据病人的特征，人们也可能预测哪些人能够获得更加有效的治疗效果，即个性化治疗。

与传统方法相互补的基因检测被用来改善治疗不同疾病的方法，但是在过去十年，表观遗传学很少有助于解决这些临床表现。它是一种研究我们的遗传物质发生化学变化和调控这些变化的蛋白的学科。最为著名的表观遗传标记是加入到DNA上

的甲基基团。

【14】中美科学家联合发现蚂蚁DNA甲基化与其社会等级分化之间的关系

由纽约大学医学院、深圳华大基因研究院等多家单位联合完成的蚂蚁DNA甲基化研究成果在国际知名杂志《细胞》的子刊——《当代生物学》(Current Biology)上发表。该研究首次从全基因组单核苷酸水平上探究了蚂蚁的DNA甲基化与其社会等级分化之间的关系，并深入解析了蚂蚁DNA甲基化的特征，为蚂蚁的社会行为学等研究奠定了重要遗传学基础，对了解人类社会行为及衰老机制也具有重要的参考价值。

蚂蚁是群居性昆虫，在它们的社会中等级森严，分工细致，有专门负责产卵和繁殖后代的蚁后，有负责建造蚁巢、采集食物和饲养幼虫的工蚁，还有专职与蚁后交配的雄蚁。同一蚁群内的蚂蚁个体拥有着相同的遗传物质，但对于不同等级的个体，它们在行为和形态上差异极大。科研人员推测蚂蚁等级分化的过程可能与干细胞分化有点类似，其中表观调控机制很可能在蚂蚁的社会等级分化中起着重要作用。

【15】Nat. Commun: 华大基因等构建脂肪DNA甲基化图谱

国际著名学术杂志《自然—通讯》(Nature Communications)上发表了由深圳华大基因研究院和四川农业大学主导，由中、美、英、加等四国共12个单位的50多位研究人员合作完成的研究成果《猪脂肪和肌肉组织的基因组甲基化图谱》。该研究首次构建了猪不同部位脂肪和肌肉组织的DNA甲基化图谱，为预防人类肥胖疾病的发生和促进猪肌肉生长和脂肪沉积这一重要经济性状的研究。专家表示，该研究对促进猪作为人类肥胖疾病研究的理想模式动物的发展具有十分重要的意义。

据华大基因研究院相关负责人介绍，肥胖是引发多种疾病的元凶，已成为世界五大流行性疾病之一，中国的肥胖问题已不容乐观，肥胖人口已达3.25亿人。如何有效遏制肥胖症蔓延，已成为世界关注的焦点。

该论文的第一作者——四川农业大学李明洲副教授表示，目前很多研究人员致力于寻找“肥胖基因”，但仅依靠DNA序列信息并不能全面地解析肥胖的致病机制。而DNA甲基化是表观遗传修饰的一个重要机制，在肥胖发生过程中具有十分重要的作用。

【16】Nat Commun: DNA甲基化和肥胖之间的关系

在线发表在Nature Communications杂志上的一项研究论文中，四川农业大学和华大基因研究人员报道了猪脂肪及肌肉组织中的DNA甲基化信息，探究了DNA甲基化与肥胖之间的关系。

肥胖可以被视为一种流行病，在现代社会对人类健康有较大风险。肥胖已成为一些慢性疾病包括糖尿病、心血管疾病和癌症的一个重要的危险因素。据预测到2030年，全球成人人口中约58%的人可能超重或患有肥胖。

为了迎接这一挑战，全世界的研究人员为获得肥胖基因做出了巨大努力。虽然DNA序列中包含的所有信息使我们每个人都不同，但我们的行为和外观的许多细节实际上是由基因调控的。四川农业大学的Mingzhou Li教授说，为了促进肥胖的研究，有必要了解表观遗传因素，特别是在肥胖发展中扮演一个重要角色的DNA甲基化。

为了研究DNA甲基化与肥胖之间的关系。在这项研究中，研究人员把猪作为研究模型。共选择三类猪种包括长白猪，藏族和荣昌猪。在表观数据的基础上，研究人员构建了全基因组DNA甲基化图以及研究脂肪和肌肉所需的基因表达图谱。

【17】Mol Cell: 戚益军等拟南芥RNA介导DNA甲基化通路研究获进展

国际著名杂志Molecular Cell在线刊登了北京生命科学研究所戚益军实验室的最新研究成果“Cytoplasmic Assembly and Selective Nuclear Import of Arabidopsis ARGONAUTE4/siRNA Complexes, ”，文章中，研究者报道了拟南芥RNA介导DNA甲基化(RdDM)通路中，ARGONAUTE4/siRNA复合体在细胞质内组装和选择性进入细胞核的分子机制。

DNA甲基化作为一种高等生物中保守的表观遗传修饰，在维持基因组稳定性，调控基因表达和介导转基因沉默等生物过程中起着非常重要的作用。RNA介导的DNA甲基化(RdDM)是植物从头建立DNA甲基化的重要途径。在该通路中，siRNA从转座子等重复DNA序列区域产生(这些siRNA被称为heterochromatic siRNA, hc-siRNA)，并与ARGONAUTE4

(AGO4)蛋白结合形成效应复合体。AGO4/siRNA复合体可进一步招募DNA甲基转移酶DRM2等组分，特异性地识别同源DNA序列并介导甲基化修饰。由于hc-siRNA的产生和最终功能行使都在细胞核中进行，之前人们普遍认为RdDM通路是一个完全发生在细胞核中的过程。戚益军实验室在对拟南芥细胞质和细胞核中的小RNA组分进行系统分析的过程中，出人意料地发现：hc-siRNA主要存在于细胞质中，并且大部分以游离的双链形式存在；而在细胞核中则主要以与AGO4结合的单链形式存在。

进一步的细胞和生化实验证明：在细胞质内，AGO4在HSP90蛋白的帮助下结合双链siRNA，然后通过其核酸内切酶活性切割并降解其中一条链，形成成熟的结合单链siRNA的AGO4效应复合体。siRNA的结合很可能导致AGO4构象发生变化，暴

露出其核定位信号，细胞因此可以选择性的识别并转运成熟的AGO4/siRNA复合体至细胞核内。该研究揭示了RdDM通路中AGO4/siRNA效应复合体在细胞质内组装的重要步骤，推翻了以前人们认为的RdDM通路完全在细胞核内进行的成见。该研究还表明，细胞选择性地转运成熟的AGO4/siRNA复合体进入细胞核，很可能是RdDM通路进入效应阶段之前的一个关键调控点。

【18】[Nature](#): 阐明一种独特的DNA甲基化模型

哈佛-麻省理工博德研究所的Alexander Meissner等人在Nature在线发表了一篇名为“A unique regulatory phase of DNA methylation in the early mammalian embryo”的文章，阐明了哺乳动物胚胎早期一种独特的DNA甲基化模型。

DNA甲基化是高度活跃于哺乳动物胚胎形成期。

众所周知，父源基因组在受精时通过甲基化胞嘧啶被积极的失活，随后，在囊胚期达到最低。

然而，这种模型是基于有限的的数据而来，到目前为止，没有存在的单碱基分辨率的图谱来支持和完善这个模型。这里，研究人员根据老鼠配子及移植后的受精卵得到了基因组规模的DNA甲基化图谱。

结果发现，卵母细胞确实表现出全基因组的低甲基化，尤其是在一些特殊家族如长散布元件1和以及长末端重复的逆转录元件，它们在配子和受精卵都被不同的甲基化。

令人吃惊的是，卵母细胞提供了一套独特的区别性甲基化区域(DMRs)包括许多CpG岛启动子，它们在早期胚胎中维持存在，却在体细胞中丢失。

【19】[Nature](#): 研究揭示低DNA甲基化的调控作用

国际著名杂志Nature在线刊登了研究人员的最新研究成果“DNA-binding factors shape the mouse methylome at distal regulatory regions。”研究人员揭示了低DNA甲基化的调控作用。

DNA的胞嘧啶甲基化是一种在发育和疾病过程中的基因抑制中所涉及的外成修饰。在这项研究中，研究人员在小鼠胚胎干细胞和神经元祖细胞中生成了以碱基对为分辨率的基因组DNA甲基化图。被称为“低甲基化区域”(LMRs, 在这些区域中，平均甲基化率约为30%，而不是典型的70%)的特征首次得到了描述。LMRs见于CpG-poor区域，但似乎是结合转录因子的活性调控元素——转录因子结合是生成LMRs所必需的。LMRs在分化过程中是动态的，能预测活性调控区域。

未来关于DNA甲基化的研究会更加深入，那么DNA甲基化是否可以获得今年的诺贝尔生理学或医学奖，让我们拭目以待！

友情链接:



网站导航 | 网站地图 | 隐私保护 | 联系我们 | 帮助信息

中国检验医学教育网_版权所有 地址: 中国温州茶山高教园区温州医学院 邮编: 325035

Copyright @ China Laboratory Medicine and Education, All Rights Reserved

电话: 0577-86699209 0577-86689776 浙ICP备09020369号

温州瑞星科技