



科学家完成单细胞分辨率下小鼠脑DNA甲基化图谱

日期：2021年10月21日 09:43 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

哺乳动物脑细胞在基因表达、解剖和功能方面表现出显著的多样性，但这种广泛异质性背后的调控方式尚不清楚。近日，来自美国的科研团队在《Nature》杂志发表了题为“DNA methylation atlas of the mouse brain at single-cell resolution”的研究成果，通过单核DNA甲基化测序对小鼠多个脑区的表观遗传学特征进行了图谱化分析。

研究人员对小鼠大脑皮层、海马、纹状体、苍白球和嗅觉区的45个区域的103982个细胞核（包括95815个神经元和8167个非神经元细胞）进行了全面的表观基因组评估。鉴定了161个具有不同空间位置和投射目标的细胞簇。他们构建了这些表观遗传类型的分类，并用标记基因、调控元件和转录因子进行注释。研究发现皮质和海马兴奋性神经元的DNA甲基化情况沿空间梯度不断变化。利用这个深度数据集，研究人员构建了一个可以精确预测单个神经元细胞类型识别和大脑区域空间位置的人工神经网络模型。将高分辨率DNA甲基组与单核染色质可及性数据相结合，可以预测所有已鉴定细胞类型的高置信度增强子-基因相互作用，随后通过细胞类型特异性染色质构象捕获实验进行验证。

总之，研究人员通过结合来自单个细胞核的多组数据集（DNA甲基化、染色质接触和开放染色质），并注释小鼠大脑中数百种细胞类型的调控基因组，该DNA甲基化图谱描绘了整个小鼠大脑神经元多样性和空间组织的表观遗传学基础。

论文链接：

<https://www.nature.com/articles/s41586-020-03182-8>

注：此研究成果摘自《Nature》杂志，文章内容不代表本网站观点和立场，仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

办公地址：北京市西城区文兴东街1号国宾馆（过渡期办公）| 联系我们

邮政地址：北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码：100862

ICP备案序号：京ICP备05022684 | 网站标识码：bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器