



新闻 频道

校园快讯
华农人物人才培养
狮山时评科学研究
媒体华农学术交流
南湖视点社会服务
电子校报

青春

光影

网视

悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

我校三维基因组团队构建首个多物种中特异性蛋白介导的染色质环综合数据库ChromLoops

2022-10-17 18:14

扫描到手持设备 字号: T T

核心提示: 近日, 我校信息学院三维基因组学李国亮教授团队开发了一个全面、多物种的特异性蛋白介导的染色质环数据库 (ChromLoops [1]), 并发表在国际期刊Nucleic Acids Research.

南湖新闻网讯 (通讯员 辛西) 染色质环 (或染色质相互作用) 是染色质结构的重要组成部分 (图1)。染色质环的破坏与癌症、多指畸形等多种疾病有关。目前, ChIA-PET、HiChIP和PLAC-Seq等技术可用于检测特异性蛋白质介导的高分辨率染色质环。近年随着3D基因组研究的快速进展, ChIA-PET、HiChIP和PLAC-Seq的数据集不断积累, 亟需对这些数据集进行有效的收集和处理。

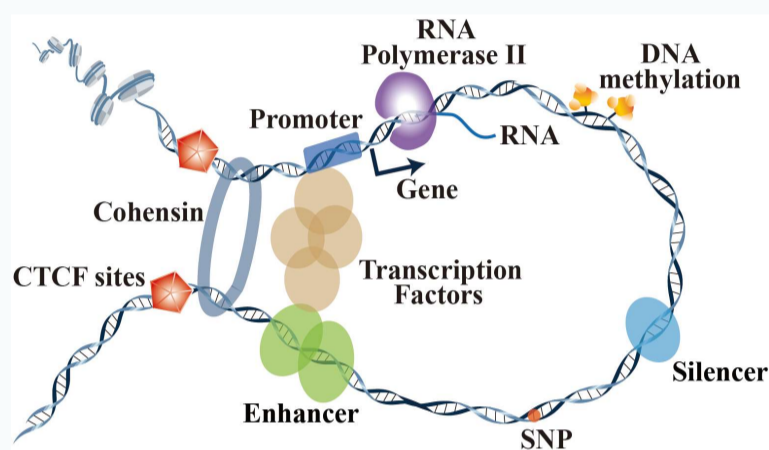


图1. 染色质环 (Chromatin loops) 结构

近日, 我校信息学院三维基因组学李国亮教授团队开发了一个全面、多物种的特异性蛋白介导的染色质环数据库 (ChromLoops [1], <https://3dgenomics.hzau.edu.cn/chromloops>) 并发表在国际期刊Nucleic Acids Research。ChromLoops数据库整合了来自13个物种的1030套ChIA-PET、HiChIP和PLAC-Seq数据集, 并包含了1,491,416,813个高质量染色质环分析结果 (图2)。

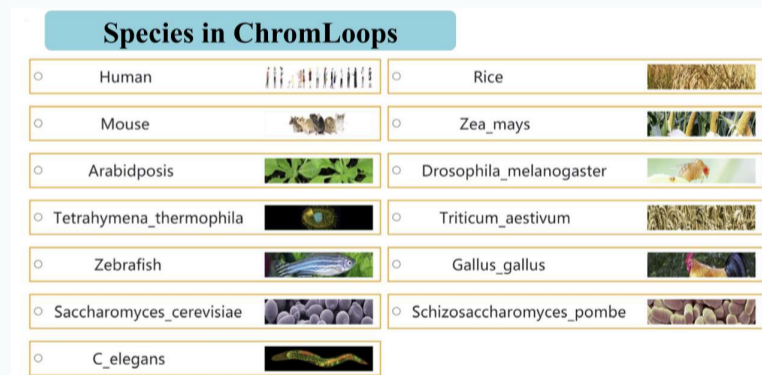


图2. ChromLoops数据库中包含的物种

ChromLoops数据库集成了多种搜索、分析、可视化和下载功能。更重要的是, 研究团队针对染色质环anchor基因和区域进行了丰富的功能注释, 包括调控元件 (增强子、超级增强子和沉默子)、变异 (SNP和QTLs)、转录因子、可变剪切、TWAS、染色质开放性、DNA甲基化和基因表达等 (图3)。

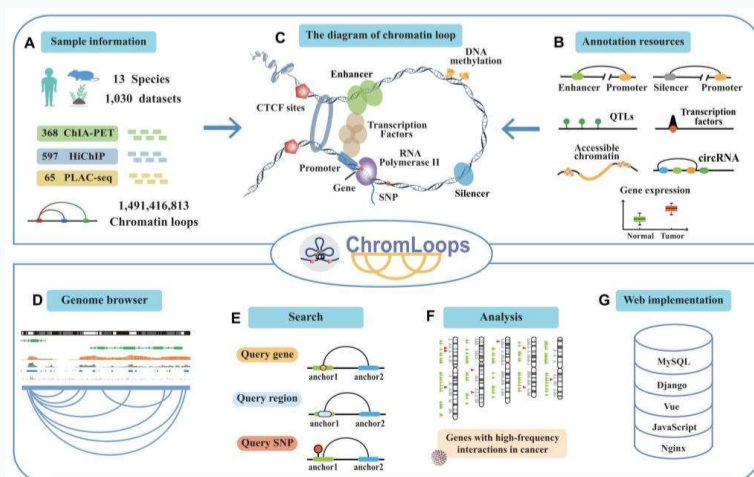


图3. ChromLoops数据库信息及构建

研究团队还进行了高频染色质相互作用基因分析, 并在ChromLoops数据库中提供了不同物种中的高频染色质交互基因, 以及特定类型 and 所有类型癌症中的高频染色质

今日推荐

- 狮山大爱伴君行: 2020年毕业典礼隆重举行
- 2020年毕业典礼暨学位授予仪式组图
- 【毕业季】毕业生返校日: 温暖涌动狮山
- 【毕业季】生命的绽放: 万千纸鹤在这里翱翔
- 风雨无阻!“异曲同工”工学院2020年现代农业
- 华中农业大学师生青春告白祖国 立志强农兴农



耕读双甲子 薪火传天下

新闻排行

浏览 评论

- 1 张启发院士: 一流的博士生需要有远大的志向
- 2 我校获批20项国家重点研发计划项目
- 3 我校获批6项国家自然科学基金区域创新发展联合基
- 4 李召虎: 职称评审要坚持高质量和卓越导向
- 5 我校学者揭示mRNA m6A甲基化转移酶复合体
- 6 我校在第八届中国国际“互联网+”大学生创新
- 7 2022年智慧农业产学研生态峰会在我校开幕
- 8 我校精准营养与代谢团队揭示哺乳动物假基因的
- 9 张启发院士就新出台学术规范答记者问
- 10 中国-巴基斯坦园艺研究与示范中心揭牌仪式在

推荐图片

直击: 2022年毕业典
礼暨学位授予定格青春 “我与校长
拍张照”

纸鹤与梦想齐飞翔

“钢铁长龙” 毕业巡游
欢乐举行

推荐视频

交互基因。这些分析结果将有助于探究与癌症相关的特异性远距离染色质相互作用特征，为癌症关键基因的调控提供新的理论依据（图4）。

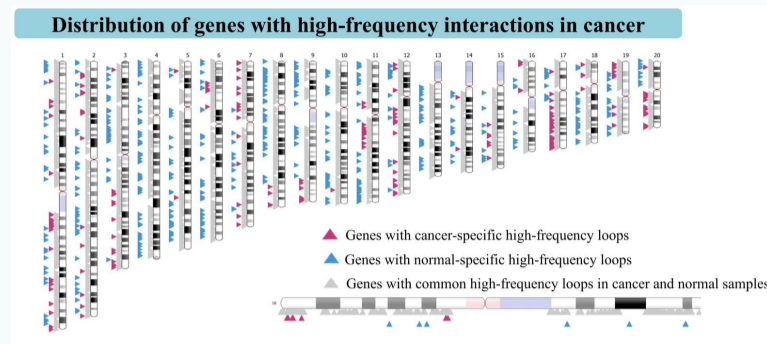


图4. 癌症高频交互基因在染色体上的分布

ChromLoops数据库中所包含的基因组浏览器是基于WashU Epigenome Browser构建。已知MYC是目前研究最广泛的致癌基因之一，与多种不同癌症类型的形成、维持和进展有关。研究者以MYC基因为例介绍和展示浏览器的应用，显示了MYC基因在人类宫颈癌HeLa细胞和白血病K562细胞中的染色质相互作用以及相应区域增强子、沉默子和SNP的信息（图5）。可看到，MYC基因在HeLa细胞中与CCAT1存在显著交互，K562细胞中与PVT1存在显著交互，这与已有研究结果相一致。

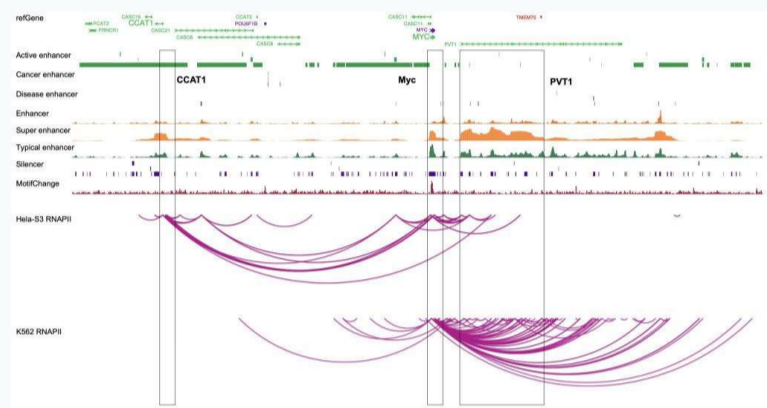


图5. MYC基因在HeLa和K562细胞系中的交互

研究人员表示，ChromLoops是一个全面且综合的染色质环数据库，可以为领域内研究者提供三维基因组远程交互的参考，有助于与细胞功能和疾病相关的3D基因组功能、远程染色质相互作用调控和基因转录调控等多方面的研究。

该项工作由华中农业大学信息学院完成。华中农业大学信息学院李国亮教授为论文通讯作者。华中农业大学周强伟博士为第一作者。成盛、郑姗姗、王振吉、管鹏鹏、朱志贤、黄星宇以及周聪帮助完成了数据库的建立。该研究数据分析工作得到华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室生物信息计算平台支持和帮助，得到国家重点研发计划，国家自然科学基金等项目资助。

文章链接：<https://academic.oup.com/nar/advance-article/doi/10.1093/nar/gkac893/6761734>

数据库链接：<https://3dgenomics.hzau.edu.cn/chromloops>

【英文摘要】

Chromatin loops (or chromatin interactions) are important elements of chromatin structures. Disruption of chromatin loops is associated with many diseases, such as cancer and polydactyly. A few methods, including ChIA-PET, HiChIP and PLAC-Seq, have been proposed to detect high-resolution, specific protein-mediated chromatin loops. With rapid progress in 3D genomic research, ChIA-PET, HiChIP and PLAC-Seq datasets continue to accumulate, and effective collection and processing for these datasets are urgently needed. Here, we developed a comprehensive, multispecies and specific protein-mediated chromatin loop database (ChromLoops, <https://3dgenomics.hzau.edu.cn/chromloops>), which integrated 1030 ChIA-PET, HiChIP and PLAC-Seq datasets from 13 species, and documented 1 491 416 813 high-quality chromatin loops. We annotated genes and regions overlapping with chromatin loop anchors with rich functional annotations, such as regulatory elements (enhancers, super-enhancers and silencers), variations (common SNPs, somatic SNPs and eQTLs), and transcription factor binding sites. Moreover, we identified genes with high-frequency chromatin interactions in the collected species. In particular, we identified genes with high-frequency interactions in cancer samples. We hope that ChromLoops will provide a new platform for studying chromatin interaction regulation in relation to biological processes and disease.

审核：李国亮

责任编辑：匡敏

复制网址 打印 收藏

0

67.1K

[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

CopyRight 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有：华中农业大学

网站运营：党委宣传部(新闻中心)