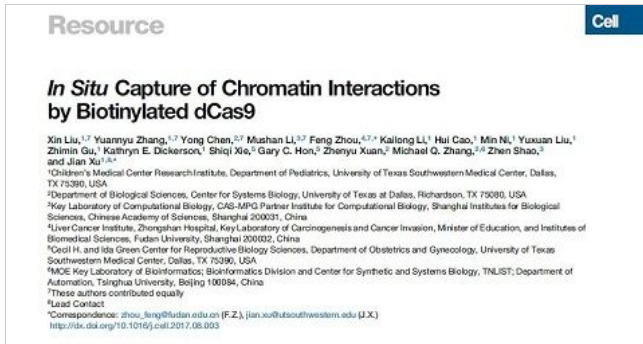




## 复旦大学生物医学研究院周峰团队合作创建了原位染色质互作网络 相关研究成果在《细胞》杂志发表

来源：生物医学研究院 发布时间：2017-08-25 中字体

近日，德克萨斯州西南医学中心的徐剑教授课题组与复旦大学附属中山医院及生物医学研究院（IBS）周峰研究员课题组合作，首次利用了“biotinylated dCas9”的方法建立了高分辨率，位点特异原位DNA-蛋白质以及其他元件的互作网络。8月24日，相关研究成果以《通过dCas9原位捕捉染色质相互作用网络》（“In Situ capture of chromatin interactions by biotinylated dCas9”）为题在国际顶级学术期刊《细胞》（Cell）杂志上发表，徐剑教授和周峰研究员为共同通讯作者。徐剑教授为该文章的Lead Contact。

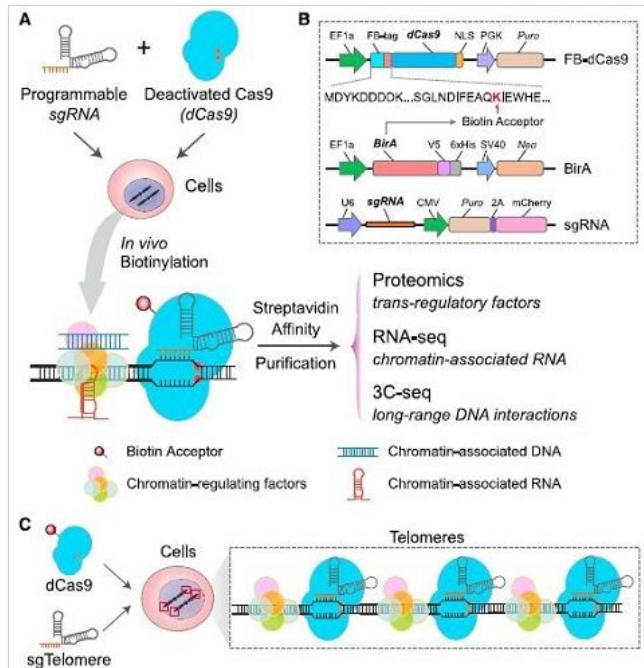


随着功能基因组学的飞速发展，对调控基因表达的顺式（cis-）和反式（trans-）作用元件进行系统研究成为当前急需填补的领域空白。此前也有利用3D基因组图谱的方法来研究染色质结构的组学技术：染色质免疫沉淀技术ChIP-PET能够鉴定到全基因组范围内的染色质互作水平，最近几年发展起来的Hi-C技术可以在更大范围内捕获包含各种拓扑结构在内的与染色体相关的互作关联信息。但遗憾的是，目前为止，这些技术都无法得到与基因位点特异性相关的互作图谱，同时也缺乏反式作用元件（trans-）参与介导的互作图谱信息。

推荐 收藏 打印 关闭

本周新闻排行

相关链接



据介绍,此次研究建立的“CAPTURE方法”可以针对感兴趣的基因位点进行全面的挖掘,在原位发现对DNA的转录起到重要调控作用的蛋白质及其他元件,这种3D互作组学手段有助于科研人员今后就调控元件与疾病和发育的关系作进一步深入研究。

相关文章

已有0位网友发表了看法

[查看评论](#)

我也来说两句!

验证码:  [发表评论](#)