

[复旦主页](#) | [复旦邮箱](#) | [OA系统](#) | [URP系统](#) | [我要投稿](#)

[首 页](#) | [学校要闻](#) | [综合新闻](#) | [专题报道](#) | [院系动态](#) | [国际事务](#) | [校友动态](#) | [招生就业](#) | [复旦人物](#)
[专家观点](#) | [复旦讲堂](#) | [校园生活](#) | [校史通讯](#) | [复旦书屋](#) | [相辉笔会](#) | [通知公告](#) | [媒体视角](#) | [科教扫描](#)
[复旦新闻文化网](#) | [新闻](#) | [综合新闻](#)

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]

[推荐](#) [收藏](#) [打印](#) [关闭](#)
[本周新闻排行](#)
[相关链接](#)

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。

Resource
Cell

In Situ Capture of Chromatin Interactions by Biotinylated dCas9

Xia Liu,^{1,2} Yuanru Zhang,^{3,7} Yong Chen,^{2,7} Moshan Li,^{1,2} Feng Zhou,^{5,7,*} Kailong Li,¹ Hui Cao,² Min Ni,¹ Yuxuan Liu,¹ Zhimin Gu,¹ Kathryn E. Dickerson,⁴ Shiqi Xie,² Gary C. Hon,² Zhenyu Xuan,² Michael Q. Zhang,^{2,6} Zhen Shao,² and Jian Xu^{1,3,4,*}

¹Children's Medical Center Research Institute, Department of Pediatrics, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX 75390, USA

²Department of Biological Sciences, Center for Systems Biology, University of Texas at Dallas, Richardson, TX 75080, USA

³Key Laboratory of Computational Biology, CAS-MPG Partner Institute for Computational Biology, Shanghai Institutes for Biological Sciences, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200031, China

⁴Liverpool Stem Cell Institute, Liverpool Hospital, Key Laboratory of Carcinogenesis and Cancer Invasion, Ministry of Education, and Institutes of Biomedical Sciences, Fudan University, Shanghai 200032, China

⁵Oncil H. and Ida Green Center for Reproductive Biology Sciences, Department of Obstetrics and Gynecology, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX 75390, USA

⁶NIOE Key Laboratory of Bioinformatics; Bioinformatics Division and Center for Synthetic and Systems Biology, TNLIST; Department of Automation, Tsinghua University, Beijing 100084, China

*These authors contributed equally.

⁷Lead Contact.

Correspondence: zhou_feng@fudan.edu.cn (F.Z.), jian.xu@utsouthwestern.edu (J.X.)

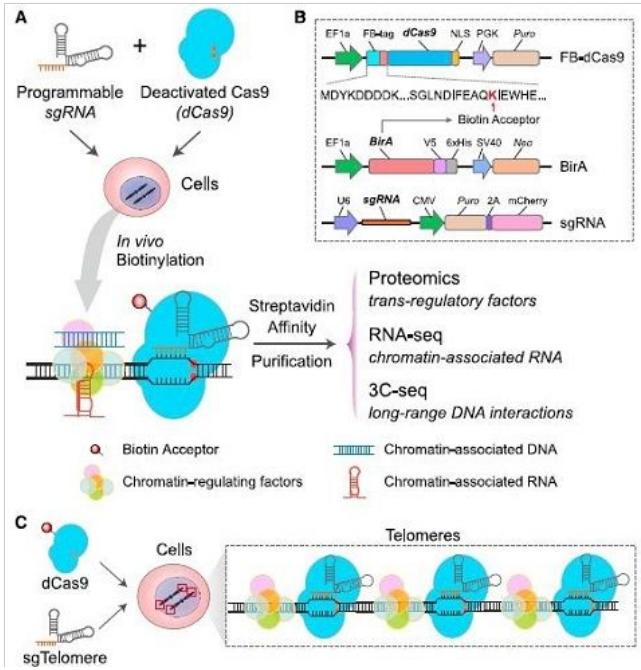
<http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2017.08.003>

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原件(trans-)参与介导的互作图谱信息。

[网站导航](#) - [投稿须知](#) - [投稿系统](#) - [新闻热线](#) - [投稿排行](#) - [联系我们](#)

复旦大学党委宣传部（新闻中心）版权所有，复旦大学党委宣传部网络宣传办公室维护

Copyright©2010 news.fudan.edu.cn All rights reserved.



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 *in vivo*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](#)