

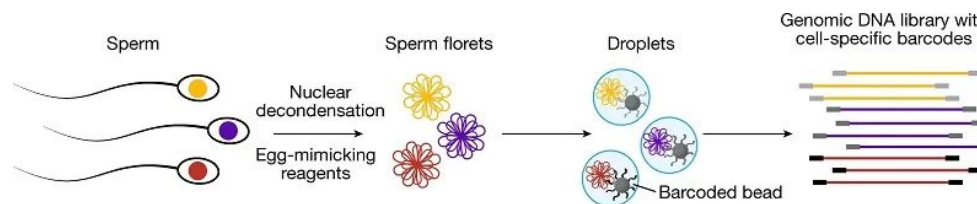


科研资讯

Nature：精子单细胞测序揭开减数分裂的秘密

字号:

哈佛医学院的Steven McCarroll及其同事利用这种方法分析了20名供体的31,000多个精子细胞，并将结果发表在《Nature》杂志上。他们发现，人与人之间、细胞之间甚至染色体之间，交叉重组(crossover)及其他减数分裂的表型都是不同的。



Sperm-seq的示意图(图片来自原文)

减数分裂这个过程虽是繁殖所必需的，但它也很容易出错，导致染色体数目异常(非整倍性)。为了研究减数分裂中的变化，哈佛大学医学院的研究人员近日开发出一种名为Sperm-seq的方法，能够同时对成千上万个精子基因组进行测序。

哈佛医学院的Steven McCarroll及其同事利用这种方法分析了20名供体的31,000多个精子细胞，并将结果发表在《Nature》杂志上。他们发现，人与人之间、细胞之间甚至染色体之间，交叉重组(crossover)及其他减数分裂的表型都是不同的。

“我们的结果可整合到早期的观察结果中，形成一个统一的模型。此模型的核心机制是减数分裂染色体的物理压缩有变化，从而导致不同个体和不同细胞之间的减数分裂表型产生差异，”作者在文中写道。

由于精子基因组被紧密压缩，研究人员的首要任务是接触到它们。于是，他们采用了一些试剂，能够模拟卵细胞内让精子“解压缩”的酶。之后，他们将所产生的精子小花(florets)包裹在液滴内，让带有条形码的微珠与精子DNA混合。

在此过程中，研究人员采用了三种技术：Drop-seq、10x Genomics Chromium Single Cell DNA和10x Genomics GemCode。同时，他们开发并调整了计算工具，以便确定染色体相位和倍性，并发现交叉重组事件。

利用这种方法，他们对20名供体的31,228个精子细胞进行分析，并对每个细胞中1%的单倍体基因组进行测序。研究人员发现，这些精子细胞发生了813,122次交叉重组事件，每个细胞的交叉重组事件大约在22.2至28.1次之间，与之前的估计相符。

对于不同个体而言，这些交叉重组事件往往发生在相似的区域，特别是染色体的远端区域。交叉重组也会发生在接近着丝粒的地方，但因人而异，重组率较高的个体在那附近有更多的交叉重组。研究人员指出，交叉重组的位置以及间隔可能反映了潜在的生物学因素因人而异。

他们还发现了样本中的非整倍性事件。在这31,228个精子细胞中，总共出现了787个全染色体非整倍性和133个染色体臂水平的获得或丢失。总体而言，每个细胞大约有0.01至0.05个非整倍性事件。

研究人员指出，不同染色体、细胞和个体之间的减数分裂表型的变化似乎是由潜在的可遗传生物学因素引起的。基于这些成果，他们开发出一个模型，认为精子基因组的压缩程度可能影响了交叉重组事件发生的位置。

“根据我们的模型，这些基因座上的遗传变异可能会使减数分裂染色体的压缩程度发生变化;通过对同一供体的不同细胞进行研究，我们发现变异的容忍性很好，可兼容各种成功的减数分裂结果，”他们写道。

参考文献

Insights into variation in meiosis from 31,228 human sperm genomes

上一篇: [|必读| JAMA 刊文: 男性精液里有新冠病毒! 传染吗?](#)

下一篇: [新冠病毒损伤男性生殖功能? 专家: 直接临床证据仍不足](#)

友情链接

学会地址：北京市海淀区学院路38号北京大学医学部院内中国性学会



中国性学会微信平台



男科界微信平台



解男题微信平台

电话：**86-010-82266653**

邮箱：sexology2008@vip.sina.com

中国性学会版权所有 京ICP备05065075号-19

技术支持：