

---

# 研究获得青鳉胚胎发育过程中的转录及调控动态图谱

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10260.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

青鳉（*Oryzias latipes*

）是一种重要的脊椎动物模型，已经在遗传学、发育生物学以及环境科学等领域广泛应用。目前，青鳉已有高质量的基因组序列，以及大量可用的遗传学技术手段。然而，目前的青鳉基因组注释主要是基于生物信息学预测和短读长的转录组测序数据，仍然存在很多问题。低质量的基因组注释是利用青鳉作为模式动物进行组学和系统生物学研究的重要障碍。

近日，中国科学院遗传与发育生物学研究所

研究员屠强团队和日本国家基础生物学研究所教授Kiyoshi Naruse团队合作，用PacBio转录组测序、Illumina转录组测序以及ATAC-seq这三种组学实验手段获得了青鳉胚胎发育过程中的转录及调控动态图谱。整合这些数据，研究者获得了准确全面的基因注释信息，其中包括17000个新转录本、1600个转录因子、1100个长链非编码RNA和150000个候选顺式调控元件。此外，利用时间序列数据提供的基因表达动态图谱，研究

人员

发现了一

批在胚胎发育中出

现转录本异构体转换的基因；利用基

因调控动态图谱，研究

人员发现了顺式调控元件之间有同步、抑制、增强子转换、提前开放四种调控逻辑，而在反式调控元件方面，发现了一批早期胚胎发育中的先锋转录因子。该研究首次获得了全面的青鳉胚胎发育多组学数据集。研究人员将这三种组学技术组合命名为“ENCODE最小工具箱”，对于很多缺乏组学数据的物种来说，这个技术组合应该作为首选的组学分析工具，对相关领域都有重要参考意义。

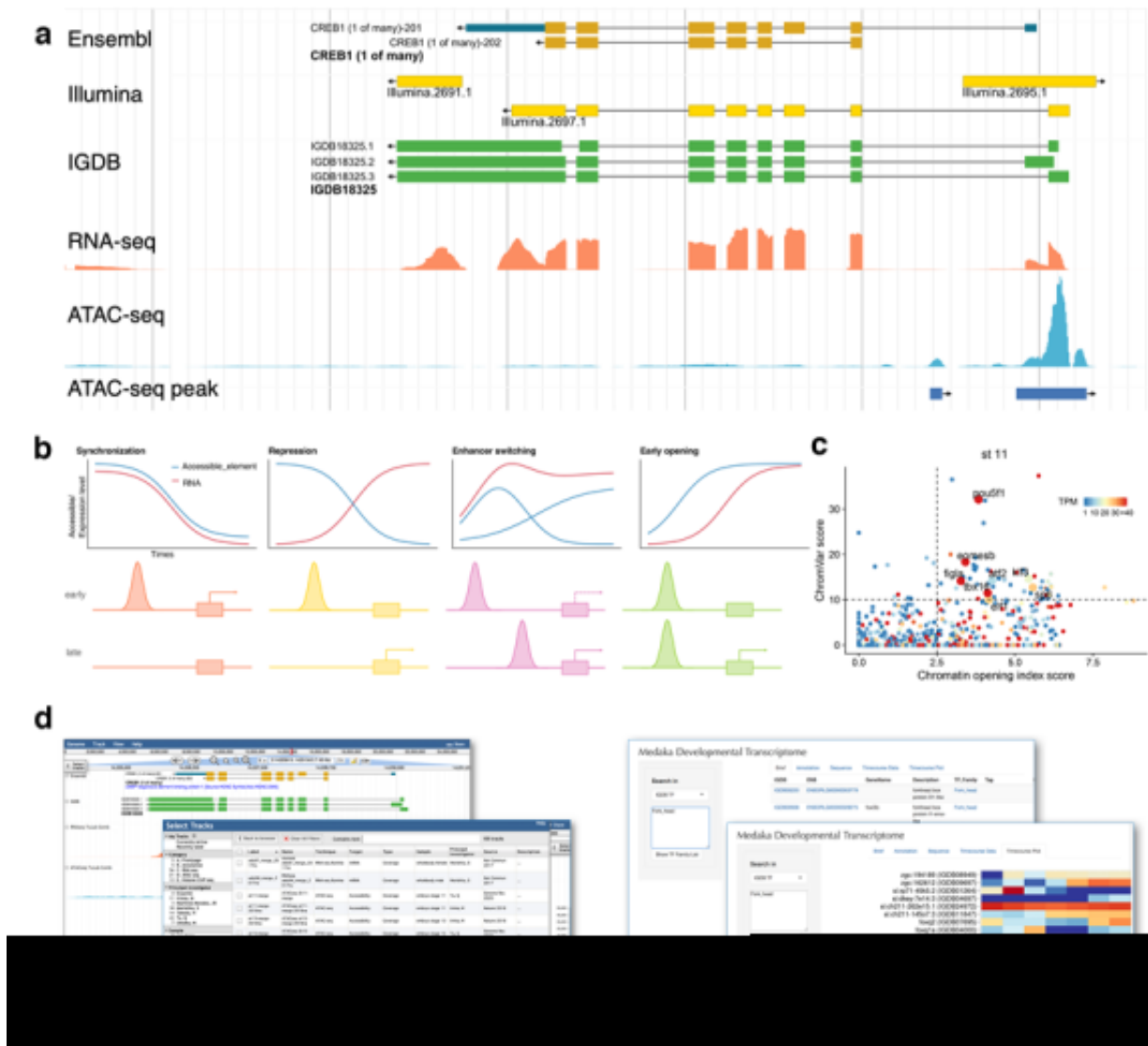
另外，团队开发了青鳉组学数据门户网站

，提供该研究获得的以及已发表的相关数据供研究人员使用。该网站提供了上百组学数据，来自于多种组学技术以及多个胚胎发育阶段或成体组织等样品，还提供了大量功能注释信息和表达定量数据。该成果以Dynamic Transcriptional and Chromatin Accessibility Landscape of Medaka

Embryogenesis为题发表于Genome

Research上。屠强研究组博士研究生李莹姝和刘勇杰为该论文共同第一作者，屠强和Kiyoshi Naruse为该论文共同通讯作者。该研究得到国家自然科学基金和中科院战略性先导科技专项的资助。

[原文链接](#)



图：青鳉胚胎发育的多组学研究。(a)改善了的青鳉基因组注释。(b)顺式调控逻辑：同步、抑制、增强子转换、提前开放。(c)反式调控逻辑：早期胚胎发育中的先锋转录因子。(d)青鳉组学数据门户网站。

研究团队单位：遗传与发育生物学研究所

更多科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发