
营养与健康所通过Meta分析阐述血液中细胞特异性的DNA甲基化改变

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11572.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！

近期，中国科学院上海营养与健康研究所（中国科学院-马克斯·普朗克科学促进会计算生物学伙伴研究所）研究员Andrew Teschendorff课题组与研究员汪思佳课题组合作，在Nature Communications上，在线发表题为A cell-type deconvolution meta-analysis of whole blood EWAS reveals lineage-specific smoking-associated DNA methylation changes的研究论文。

吸烟是一些复杂疾病的主要危险因素。表观遗传改变，特别是DNA甲基化（DNAm）的改变，被认为在提高疾病发生风险过程中发挥重要作用。大量已有的表观基因组关联研究（EWAS）通过绘制血液中DNAm改变的图谱，探究吸烟如何影响正常细胞DNA甲基化。然而，血液由多种不同类型的细胞组成，因此，学界尚不清楚哪些特定的细胞类型更可能受到吸烟的影响。

研究团队首次通过细胞特异性的方式对血液EWAS进行Meta分析以解决该问题。研究人员收集并分析来自7个独立EWAS队列的DNA甲基化数据，其中包括首个对吸烟相关DNAm变化进行全面分析的中国队列。研究发现，与吸烟有关的DNAm变化在很大程度上与种族无关，佐证将多种族队列合并进行Meta分析的合理性。Meta分析进一步揭示血液中大多数吸烟相关的DNAm变化如何在骨髓细胞系内发生，且主要出现在炎性单核细胞和巨噬细胞的DNase超敏位点上。新发现的与吸烟相关的髓样特异性DNAm信号与急性髓系白血病相关，吸烟是急性髓系细胞白血病的中度危险因素，然而，在淋巴细胞系内未发现太多与吸烟相关的DNAm改变。

该研究通过计算方法来推断细胞类型特异的DNAm变化，为细胞特异性EWAS及Meta分析提供范例，也为费力、昂贵的细胞分选提供替代可能。Andrew Teschendorff与汪思佳为论文的共同通讯作者，博士研究生尤成龙为论文第一作者。研究工作得到国家自然科学基金、上海市市级科技重大专项、国家科技基础性工作专项、国家重点研发计划课题和中科院战略性先导科技专项的支持。

[论文链接](#)

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