科研人员攻克冷冻样本染色体三维构象技术难题

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12047.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！

科研人员攻克冷冻样本染色体三维构象技术难题

。近日，中国农业科学院棉花研究所（以下简称棉花所）棉花分子遗传改良创新团队在染色体三维结构方法（Hi-C）改进领域取得重要进展，开发出了冷冻置换Hi-C技术，填补了该领域利用冷冻样本研究染色体三维构象的空白，使Hi-C技术更灵活便捷。相关研究成果在线发表在《遗传学与基因组学杂志》上，并被选为封面文章。 团队首席、棉花所研究员李付广介绍，染色质三维结构在基因调控、发育和多种疾病病因学中发挥着重要功能。随着3C、4C、Hi-C和CHEA-PET等技术发展，科学工作者可直观地从染色质三维构象角度解析基因的表达调控。然而，染色质结构研究需要对样本进行及时交联固定和解交联，以防止样本外界因素（如：高温、低温）影响染色质构象，导致实验数据无法反映样本的真实天然构象。目前常用Hi-C技术难以克服这一问题，导致Hi-C技术在低温冷冻样本尤其是长期低温保存的珍贵样品的应用难以实现。因此，如何从冷冻样本最大程度还原其染色质真实构象是该技术应用的一大技术难点。 该研究基于冷冻替代原理，将高压冷冻替代技术与传统Hi-C技术相结合，开发出了冷冻置换Hi-C技术（Freeze-Substitution-Hi-C，FS-Hi-C）。该技术方法通过梯度升温的方式对样本染色质结构进行预交联固定，以最大程度地减少冷冻样本在升温过程中染色质高级结构的改变。该研究在动物（果蝇）和植物（棉花）上证实了FS-Hi-C对冷冻样本染色质三维结构的解析与传统新鲜样本Hi-C结果高度一致，FS-Hi-C还可显著提高植物Hi-C文库质量，大幅度降低了植物Hi-C成本。FS-Hi-C克服了传统Hi-C对新鲜样本要求的限制性，使Hi-C技术更灵活便捷。（来源：中国科学报张晴丹 梁冰） 相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.jgg.2020.11.002 版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：李付广等 来源：《遗传学与基因组学杂志》

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转发