遗传发育所优化单细胞DNA甲基化修饰异质性算法并发布数据库HeteroMeth

作者：writer 来源：中国科学院

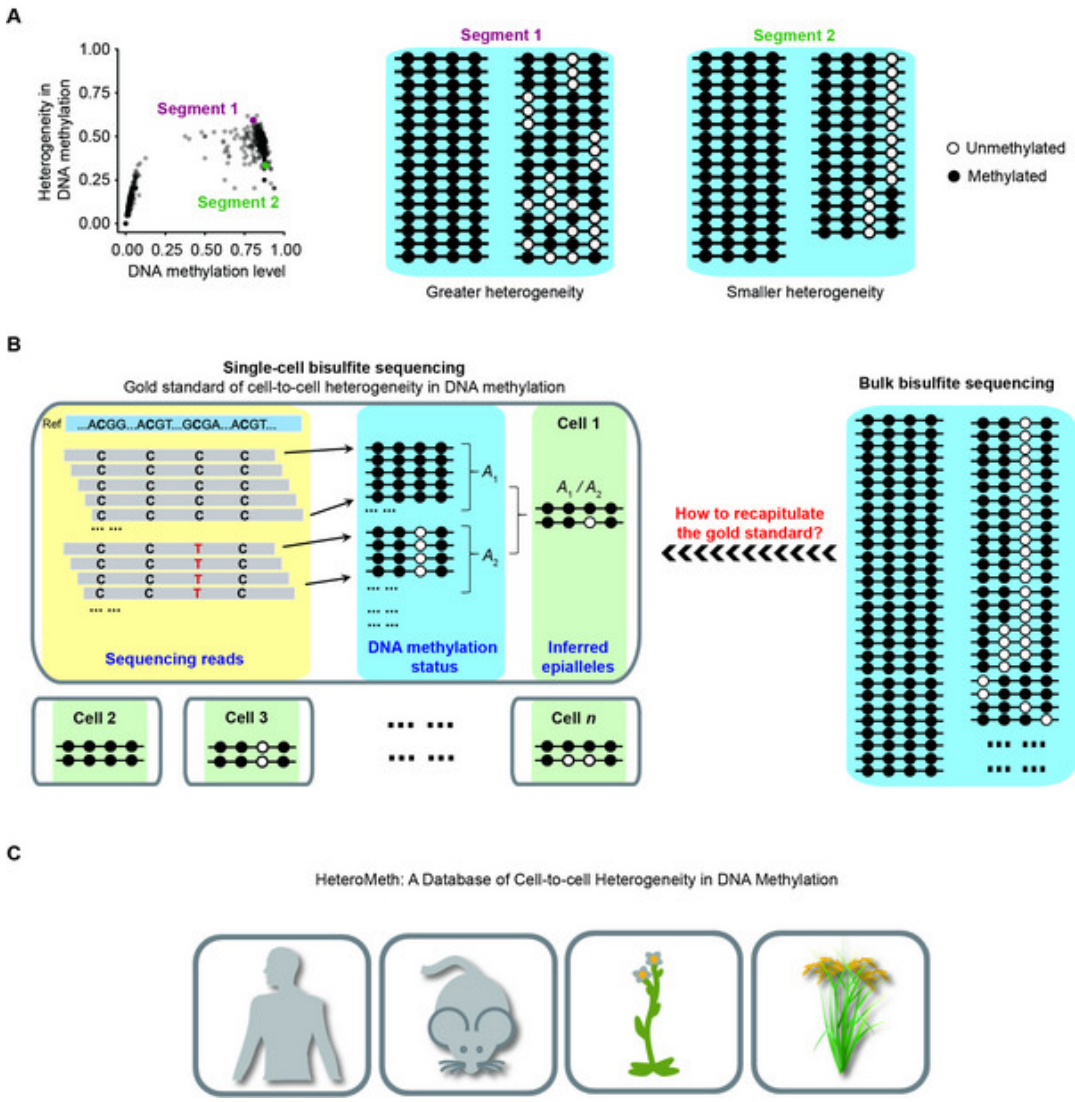
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/2148.html

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！

DNA甲基化是真核生物体内广泛存在的一种表观遗传修饰，在基因转录调控、细胞分化、基因组印迹、X染色体失活等生物学过程中发挥着至关重要的作用。由于测序技术和计算方法的局限，以往研究者获得的是一个细胞群体的平均DNA甲基化水平。平均化的甲基化水平虽然承载着一定的信息，却丢失了诸如不同细胞之间存在的甲基化异质性等重要信息，而后者在胚胎发育、细胞分化过程中可能具有特殊的意义。

随着单细胞测序技术的发展，已有研究者在小鼠胚胎干细胞中开展了单细胞的亚硫酸氢盐测序(single-cell BS-seq)。中国科学院遗传与发育生物学研究所钱文峰研究组以此数据为基础，为单细胞DNA甲基化异质性建立了金标准。在此基础上，他们优化了从细胞群体样品亚硫酸氢盐测序(bulk BS-seq)数据中估计单细胞DNA甲基化异质性的计算策略——在没有获得单细胞的亚硫酸氢盐测序数据时，也可以利用细胞群体样品亚硫酸氢盐测序的数据准确地定量细胞间DNA甲基化异质性。利用这一算法，研究者成功搭建了HeteroMeth数据库(链接)。该数据库提供了来自人类、小鼠、拟南芥和水稻共141个样品的DNA甲基化异质性数据，可以方便地进行查找、浏览和下载。该研究成果将推动DNA甲基化修饰异质性特征的系统识别，从而为细胞分化和胚胎发育过程中表观调控机制的探索提供关键性支持。

上述研究发表于Genomics, Proteomics & Bioinformatics(DOI:10.1016/j.gpb.2018.07.002)。钱文峰研究组助理研究员郇庆和博士研究生张宇亮为该论文的共同第一作者。该研究得到中科院战略性先导科技专项的资助。



图：利用细胞群体样品亚硫酸氢盐测序的数据准确地定量细胞间DNA甲基化异质性。(A) 两段DNA区域具有相似的DNA甲基化水平，但可能具有不同的细胞间DNA甲基化异质性。(B)利用细胞群体样品亚硫酸氢盐测序的数据定量细胞间DNA甲基化异质性。(C)HeteroMeth数据库提供了来自人、小鼠、拟南芥和水稻共141个样品的DNA甲基化异质性数据。

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