
中国科大揭示细胞有丝分裂期转录调控动态机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21900.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！

中国科大揭示细胞有丝分裂期转录调控动态机制

。近日，中国科学技术大学生命科学与医学部教授瞿昆课题组和合肥微尺度物质科学国家研究中心王志凯团队合作，在细胞有丝分裂转录调控方面取得重要成果。相关研究成果以Dynamics and regulation of mitotic chromatin accessibility bookmarking at single-cell resolution为题，发表在Science Advances上。

细胞在进入有丝分裂时通常伴随染色质的逐渐固缩和基因转录的显著减少，而当细胞退出有丝分裂时子细胞的染色质状态和基因转录又逐渐被重新激活。在整个过程中，细胞的染色质状态如何动态变化、存在什么样的关键转录调控，探究这些问题对于剖析有丝分裂期“转录记忆”的传递具有重要意义。

该团队绘制了来自有丝分裂不同时期的6,538个L02胎肝细胞的高质量染色质可及性图谱，并通过假时间轨迹、多组学整合、原位成像、转录因子扰动等干湿结合的分析策略系统性探索了有丝分裂期染色质状态和转录调控的动态变化。

该研究通过假时间轨迹分析构建了有丝分裂时间轴，发现了染色质可及性在细胞进入有丝分裂期后持续降低并在中期之后开始增加。基于首次描绘的有丝分裂期染色质状态动态变化图谱，研究发现7%的染色质区域在该过程中始终保持活跃状态，并将其定义为书签区域（bookmarked regions）。进一步分析发现，书签区域是多种细胞类型共有的表观遗传特征，主要位于基因启动子区域，且染色质状态的活跃程度与基因激活速率显著正相关，这决定管家基因在有丝分裂后的首先被激活。接下来，该研究发现靶向书签区域的转录因子比细胞类型特异性转录因子更早地结合染色质，这种转录因子与染色质的动态相互作用决定基因重激活的动态过程。基于此，研究揭示了核转录因子NF-YA是书签区域中最富集且最先结合染色质的关键转录因子，并通过干扰实验证明了NF-YA对于细胞退出有丝分裂后染色质状态和基因转录重新激活的决定性作用。

该研究揭示了有丝分裂期细胞染色质可及性先减少后增加的动态变化以及作为“转录记忆”载体始终活跃的染色质可及区域，发现了大规模转录因子与染色质的动态相互作用过程，鉴定了新的调控基因重激活的转录因子NF-YA，从而构建整个有丝分裂期转录调控网络的动态演变过程。

研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)

图2.研究发现总结模型

研究团队单位：中国科学技术大学

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](https://www.iikx.com)转发