
细胞互作是种猪基因组印记形成的重要原因获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/33823.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！

细胞互作是种猪基因组印记形成的重要原因获揭示。近日，华南农业大学教授吴珍芳团队通过构建高分辨率猪胎盘单细胞图谱，成功揭示基因组印记基因在细胞类型和发育阶段的动态调控规律，并鉴定出118个高置信度的印记基因，其中97个为哺乳动物中首次发现，发现超过75%的印记基因呈现出细胞类型特异性或发育阶段特异性，为种猪基因研究领域带来新的突破。相关成果在线发表于《自然-通讯》。

基因组印记是一种表观遗传现象，指某些基因的表达取决于其亲本来源（父源或母源拷贝中只有一方表达）。它打破了二倍体哺乳动物双等位基因的均等表达，如同给基因贴上了父母标签，是影响哺乳动物胚胎发育、胎盘功能及复杂性状形成（如猪的产肉量）的重要因素。印记基因的表达具有高度的物种特异性、时空特异性和组织特异性。尽管在人类和小鼠中已分别发现230个、260个印记基因，但其中仅有约60-70个在物种间保守。

在猪这一重要的农业动物和生物学模型中，已证实的印记基因数量不足100个，存在大量空白。尤为关键的是，人类研究表明超过半数印记基因仅在胎盘中呈现印记状态，但亲源效应介导的基因表达在何时、何地、通过何种形式实现特异性调控的普适性分子机制尚不清晰。深入解析猪的基因组印记，尤其是其细胞类型特异性的形成机制，对于填补知识空白、理解哺乳动物印记的普遍规律以及推动猪分子育种均具有重要意义。

吴珍芳团队利用瘦肉型猪（杜洛克）与培育品种（鲁莱猪）的基因资源，以其正反交杂交F₂代个体的胎盘组织为研究对象，通过整合单细胞核转录组测序、基因组重测序以及跨物种分析等前沿技术，在单细胞分辨率下深入地探究了猪胎盘发育过程中基因组印记的动态变化及其调控机制。主要研究结果包括：构建了猪胎盘细胞类型特异性基因组印记图谱，破除猪IGF2R印记状态的争议；发现了AMPH和DPPA5是影响猪胎盘滋养层细胞生长发育的关键印记基因；揭示了细胞互作可能是介导细胞类型特异性基因组印记形成的重要因素。

基于超过12万个单细胞的转录组数据以及免疫荧光等实验技术，研究团队构建了猪胎盘单细胞图谱，鉴定到5种大类细胞和14种滋养层细胞亚型。在课题组前期基于组织水平研究基础上，整合单细胞转录组与亲本猪只基因组重测序数据，共鉴定到118个候选印记基因，其中97个为哺乳动物中首次报道。

值得注意的是，基于不同时期的单细胞核转录组数据，研究发现只有少数印记基因的印记状态在不同细胞类型或发育阶段保持不变，而绝大部分（约75%）呈现出细胞类型特异性或发育阶段特异性。其中，IGF2R仅在猪胎盘的血管内皮细胞、成纤维细胞和血管平滑肌细胞等少数几个细胞类型中表现为母源等位基因特异性表达，而在其他细胞类型中均为双等位基因表达。这解释了多

项基于组织水平的研究在IGF2R印记状态上存在不一致甚至相互矛盾。

该研究聚焦于亲源效应导致的等位基因特异性表达这一核心科学问题，以猪正反杂交胎盘组织为对象，系统揭示了细胞类型特异性基因组印记的形成机制。在单细胞水平上精确构建了猪胎盘细胞类型特异性基因组印记图谱，破除了部分基因印记状态的长期争议，发掘出系列关键印记基因，并首次阐明细胞间通讯是驱动这种细胞类型特异性印记状态的关键分子机制。研究结果不仅加深了对基因组印记这一现象的认知，也为种猪选育与基因组选配提供了重要的参考依据。

该研究不仅发现了猪中大量新的印记基因，更通过跨物种比较揭示了细胞微环境对印记基因形成的核心作用，为理解胎盘发育进化及复杂性状的形成提供了新的视角，有望推动猪养殖业及相关生物医学研究的进一步发展。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41467-025-60469-y>

作者：吴珍芳等 来源：《自然—通讯》

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