
盘一盘你可能错过的遗传学好文？DNA Day

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/5047.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！

盘一盘你可能错过的遗传学好文？DNA Day。本月的25日是International DNA Day，为了迎接这一值得纪念的日子，我们带您重温那些BMC曾经分享过的遗传学热点文章，篇篇精华，快来看看你错过了哪篇吧？

人类基因组的病毒基因含量比我们预想的更为多变 Mobile DNA



[点击此处查看文章详情](#)

人类DNA的一部分其实来源于病毒，其中许多DNA是在数百万年前被插入到人类祖先的原始遗传物质中，并且自此之后一直被后代遗传。因此，人们认为这些物质在现代人类的基因组中变化不大。人内源性逆转录病毒(HERV)是迄今为止人类基因组中最常见的病毒衍生序列。在Mobile DNA上发表的一项最新研究展示了一种机制，这种机制在人与人之间引入了较之前预期更多的HERV含量个体差异。

一对儿同卵双胞胎，怎么你有关节炎我没有? Genome Medicine



[点击此处查看文章详情](#)

同卵双胞胎拥有相同基因组，是用于研究表观遗传修饰作用(在不改变DNA序列本身的情况下改变控制基因表达的DNA)的理想对象。近期发表在Genome Medicine的一篇文章研究了79对同卵双胞胎，每对双胞胎中有一人患有类风湿关节炎，另一人没有患此类疾病，该研究旨在探究可能与类风湿关节炎有关的表观遗传学因素。

[与秀丽隐杆线虫分享科研的乐趣 BMC Biology十五周年作者专访](#)

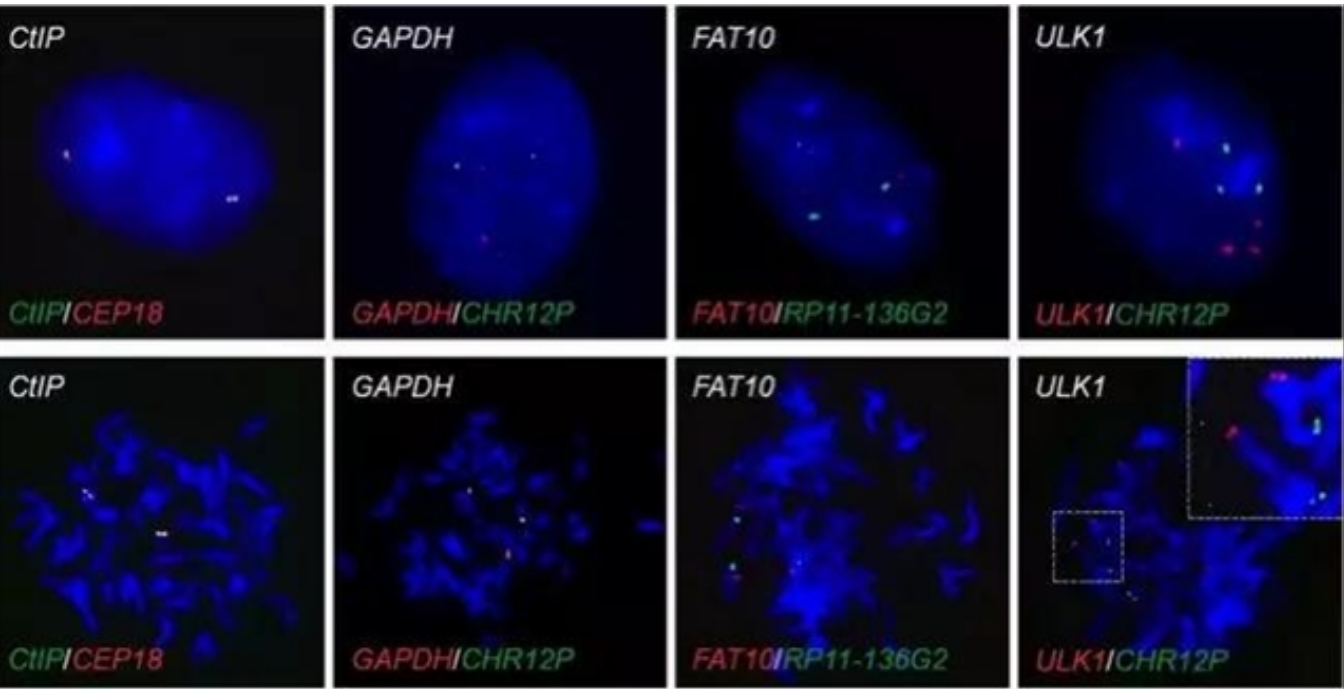


[点击此处查看文章详情](#)

David Weinkove是英国杜伦大学的副教授，他主要利用模式生物线虫(*Caenorhabditis elegans*)来研究宿主-微生物之间的相互作用。David一直在关注微生物影响宿主生理(包括衰老)的方式。此次采访中，他向我们介绍了他所研究的主要问题以及这些年的研究进展，还有他管理实验室的一些

指导原则。

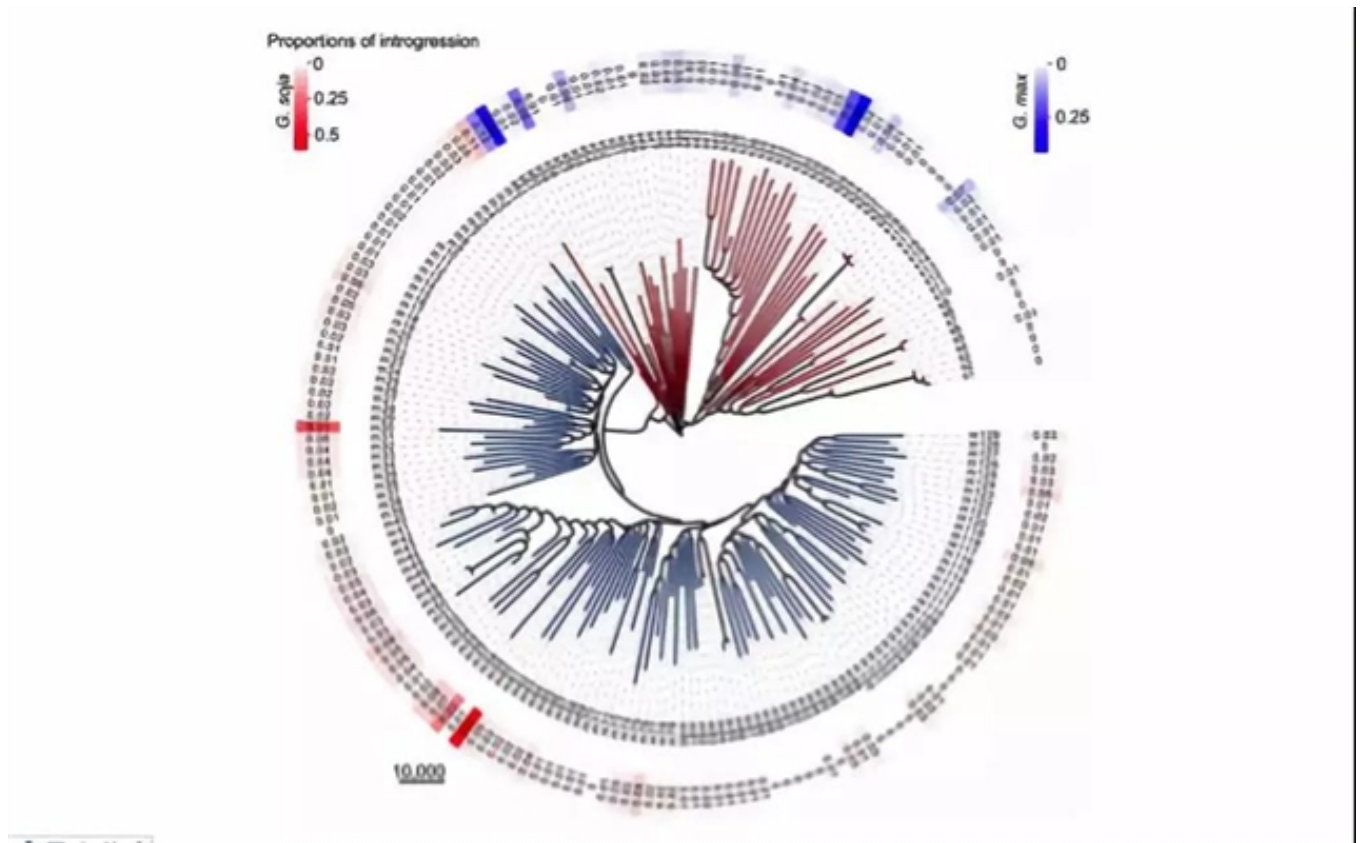
CRISPR/Cas9介导的非同源DNA敲入在多拷贝基因敲除中的应用 BMC Biology



[点击此处查看文章详情](#)

在体外培养细胞系时，对多拷贝的基因进行基因编辑并完全敲除，经常存在一定难度。来自香港中文大学生物医学学院的冯波博士课题组(张辰子等)在BMC Biology上发表的最新研究，以LO2人类细胞系为模型，运用CRISPR/Cas9- NHEJ介导的方法，针对目的基因同时插入了两个不携带启动子的荧光报告基因。这些报告基因只有在以预先设计的方式插入目的基因后，才可通过目的基因启动子来表达报告荧光蛋白。随后，通过流式细胞荧光分选技术获得双阳性荧光细胞，以此，便可一步达到同时阻断两个或者多个拷贝基因的表达。

大豆驯化过程中种间杂交对遗传瓶颈的消减作用 Genome Biology



[点击此处查看文章详情](#)

大豆(*Glycine max* [L.] Merr.)是重要的粮油兼用作物，是人类生活中重要的植物蛋白质来源。目前普遍认为栽培大豆起源于中国，在距今约6000至9000年前由野生大豆 (*Glycine soja*)驯化而来。近日，美国普渡大学的马渐新教授团队利用他人发表的大豆种质的重测序数据，通过比较与进化基因组的手段，揭示野生大豆和栽培大豆间细胞核及叶绿体的基因组片段及基因渗入模式，成因及动态进化结果。

3D Genome Browser：实现可视化基因组3D结构和长距离染色体作用 [Genome Biology](#)

[Intro](#)
[Hi-C](#)
[Virtual 4C](#)
[CMA-PET & Similar](#)
[Capture Hi-C](#)
[Compare Hi-C](#)
[Inter-chrom](#)
[Tutorial](#)
[Resource](#)

Visualize published or your own Hi-C data

Visualizing Hi-C Data

Step 1. Choose the methodology:

Dataset Type Hi-C

Step 2. Choose the species and assembly:

Species human Assembly hg19

Step 3. Choose the source of the data:

☒ Browse Available Hi-C Data

Tissue GM12878 Type Lieberman-caw Resolution 25kb

OR

☐ Use Your Own Data

Data URL

Step 4. Choose the region to show Hi-C interactions:

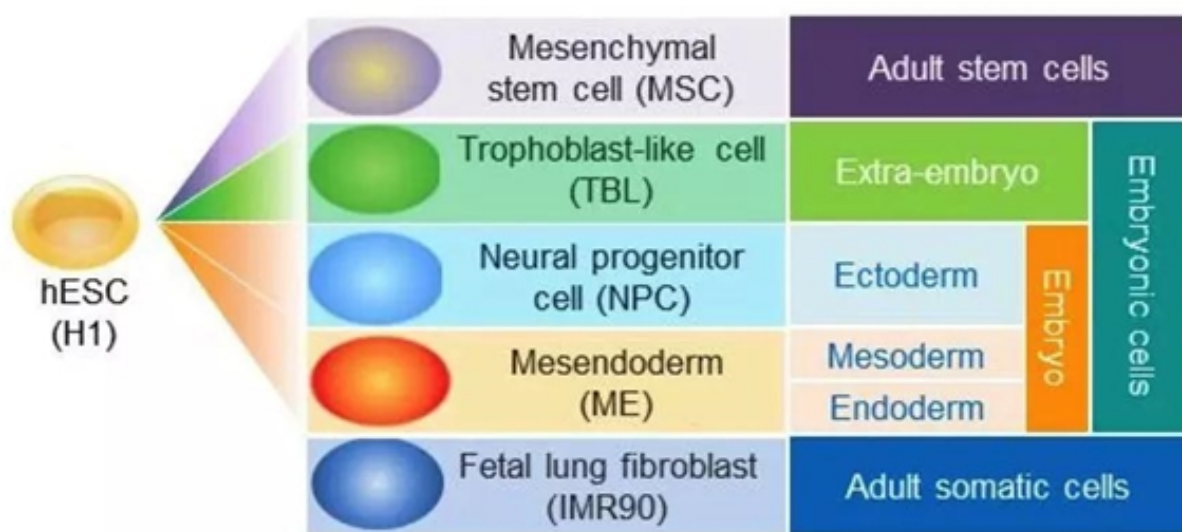
Option 1: Search by Genomic Feature	Option 2: Search by Location
Gene Name / SNP rsid EGR1 Visualize Interaction	Chromosome chr1 Start End Visualize Interaction

图1.3D 基因组浏览器的Hi-C查询页面。用户可以选择网站内建数据，或者上传自己制作的BED文件。

[点击此处查看文章详情](#)

来自美国宾州州立大学的岳峰课题组和华盛顿大学的王艇课题组在Genome Biology发表了一篇名为The 3D Genome Browser: a web-based browser for visualizing 3D genome organization and long-range chromatin interactions的方法文章。该文章介绍了他们开发的基于网页的3D基因组浏览器(www.3dgenome.org)。这是目前最流行的3D基因组浏览器，迄今为止，已被来自120多个国家的数万计用户访问过，网页点击量已经超过了数十万次。

组蛋白修饰可调控mRNA剪切来决定胚胎干细胞命运 Genome Biology



[点击此处查看文章详情](#)

已有研究表明可变剪切、细胞周期控制和组蛋白修饰等在胚胎干细胞(ESC)的定向分化中起着重要的作用。然而，这些机制之间的复杂关联以及它们如何共同作用并参与ESC的命运决定还有待研究。美国德克萨斯大学医学中心(<https://sbmi.uth.edu/ccsm/>)周小波教授领导的研究团队发表在Genome Biology上的最新研究成果揭示了组蛋白修饰可通过调

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