



科学家开发了一种能够实现表观遗传组-转录组联合分析的新技术

日期：2023年04月10日 17:52 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

单细胞多组学，尤其是染色质可及性表观遗传和转录组同时测序分析，不仅可以鉴别细胞类型和状态，还可以揭示控制基因表达的机理，被视为单细胞组学分析的极致利器。而随着空间组学的兴起，空间多组学技术（spatial multi-omics）是否可以同时分析基因表达和基因调控机制，已成为全球瞩目热点，还曾被《Nature》杂志展望为2022年最值得期待的七项技术之一。

近期，美国耶鲁大学和瑞典卡罗林斯卡学院的研究团队开发了一项最新的空间多组学技术，成功实现了同一组织样本上总体染色质可及性和基因表达的联合空间组学分析（Spatial ATAC-RNA-seq），并同时报道了三种特定组蛋白修饰和基因表达的联合分析（Spatial CUT & Tag-RNA-seq）。与单细胞数据整合分析显示，这些技术达到了细胞水平或接近单细胞分辨率。该团队希望后续将该技术应用于各种组织类型，并生成表观遗传和转录状态的空间图谱，以空间和全基因组水平为视角，深入探寻表观遗传机制在组织内掌控转录表型和细胞动态的奥秘。相关研究结果于2023年3月15日以“Spatial epigenome-transcriptome co-profiling of mammalian tissues”为题发表在《Nature》杂志上。

注：此研究成果摘自《Nature》，文章内容不代表本网站观点和立场。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

办公地址：北京市海淀区复兴路乙15号 | 联系我们

邮政地址：北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码：100862

ICP备案序号：京ICP备05022684 | 网站标识码：bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器