

 Inhalt archiviert am 2024-06-18



Dissecting the Mechanism of Nucleosome Retention in Mouse Spermatozoa

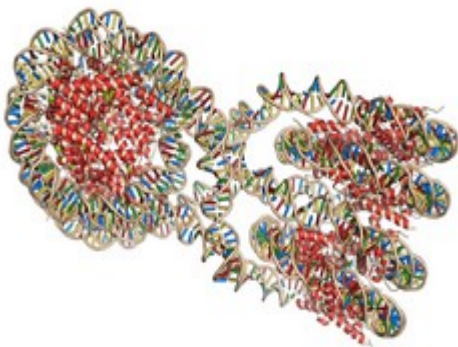
Ergebnisse in Kürze

Überprüfung des Beitrags von Nukleosomen zur epigenetischen Vererbung

Nukleosomen gehören zu den geschicktesten Packern in der Biologie. Sie sind in der Lage etwa einen zwei Meter langen linearen DNA-Strang in einen Zellkern von nur 10µm Durchmesser einzupassen. Nicht nur das, sie können epigenetisch vererbare Informationen tragen.



GRUNDLAGENFORSCHUNG



© molekuel_be, Shutterstock

Veränderungen der Umgebungsbedingungen wie Ernährung, Belastung durch Umweltschadstoffe oder elterliche Betreuung während des frühen postnatalen Lebens können Entwicklung, Physiologie und Fitness der Nachkommen beeinflussen. Die Mechanismen, die der Übertragung solcher Merkmale über eine oder mehrere Generationen zugrunde liegen, sind weitgehend unbekannt, aber die DNA-Methylierung, RNA und Nukleosomen wurden

als Vermittler einer solchen epigenetischen Vererbung vorgeschlagen.

Am Ende der männlichen Keimzellentwicklung wird Chromatin umfassend umgestaltet, was zu einer sehr kompakten Kernarchitektur in den Spermatozoen führt, die mit der Befruchtung kompatibel ist. Während dieses Prozesses werden die

Nukleosomen weitgehend aus dem Sperma von Säugetieren und Menschen entfernt und durch Protamine ersetzt. Das EU-finanzierte Projekt NUCLEOSOME RETENTION (Dissecting the mechanism of nucleosome retention in mouse spermatozoa) hat diese Arbeit und andere Forschungen erneut untersucht, die die Position der zurückgehaltenen Nukleosomen infrage stellen.

Bisherige Untersuchungen, die von verschiedenen Gruppen unternommen wurden, zu denen auch die Gasteinrichtung des NUCLEOSOME RETENTION-Projektes gehört, haben gezeigt, dass ein Bruchteil von Nukleosomen, die in Mäusen und Menschen zurückgehalten werden, üblicherweise in den genregulatorischen Regionen des Genoms anzutreffen sind. Eine andere Gruppe berichtete die Lage der Nukleosomen in repetitiven Regionen des Genoms von Menschen- und Rinder-Spermatozoen.

Um die Orte der Nukleosomen-Belegung in Säugerspermatozoen neu zu bewerten, analysierten die Forscher erneut die Rohdaten von mit Nukleosomen assoziierter DNA aus menschlichem Sperma und Rindersperma. Sie fanden heraus, dass die veröffentlichten Ergebnisse zu Rindersperma und menschlichem Sperma durch die Verwendung ungeeigneter Berechnungen zur Analyse widerlegt werden.

Die Arbeit wurde in der Fachzeitschrift Developmental Cell in dem Artikel [‘Alternative Computational Analysis Shows No Evidence for Nucleosome Enrichment at Repetitive Sequences in Mammalian Spermatozoa’](#)  veröffentlicht.

Die Forschungsergebnisse des NUCLEOSOME RETENTION-Projekts haben teilweise, die Debatte über die Lage der Nukleosomen während Entwicklung des Säugetierspermats geklärt. Die verwendeten und entwickelten Methoden haben eine solide Wissensbasis für die bioinformatische Analyse geliefert, die in Zukunft für die Aufzeichnung der Nukleosomen in Maussperma angewandt werden. Wichtig ist, dass die Arbeit, die Grundlagen für weitere funktionelle Studien zur epigenetischen Vererbung väterlicherseits gelegt hat.

Schlüsselbegriffe

[Nukleosomen](#)

[epigenetische Vererbung](#)

[NUCLEOSOME RETENTION](#)

[Säugetierspermien](#)

[Bioinformatik](#)

Entdecken Sie Artikel in demselben Anwendungsbereich



Genomik verschafft Einblick in den Anbeginn von Ackerbau und Viehzucht

6 März 2018



Enthüllung der genetischen Geheimnisse, um die Entwicklung des Lebens zu verstehen

30 Oktober 2020



Ansatz der sozialen Evolution zur Bekämpfung bakterieller Infektionen

3 Februar 2023



Ein umfassenderes Bild der Ausbeutung der Meere durch den Menschen zeichnen

24 August 2023



Projektinformationen

NUCLEOSOME RETENTION

Finanziert unter

ID Finanzhilfvereinbarung: 628705

Projekt abgeschlossen

Startdatum

1 März 2015

Enddatum

16 Juni 2017

Specific programme "People" implementing the Seventh Framework Programme of the European Community for research, technological development and demonstration activities (2007 to 2013)

Gesamtkosten

€ 207 928,80

EU-Beitrag

€ 207 928,80

Koordiniert durch
FRIEDRICH MIESCHER
INSTITUTE FOR BIOMEDICAL
RESEARCH FONDATION
 Switzerland

Letzte Aktualisierung: 14 Dezember 2017

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/211403-review-of-nucleosome-input-into-epigenetic-inheritance/de>

European Union, 2025