

 Zawartość zarchiwizowana w dniu 2024-06-18

Dissecting the Mechanism of Nucleosome Retention in Mouse Spermatozoa

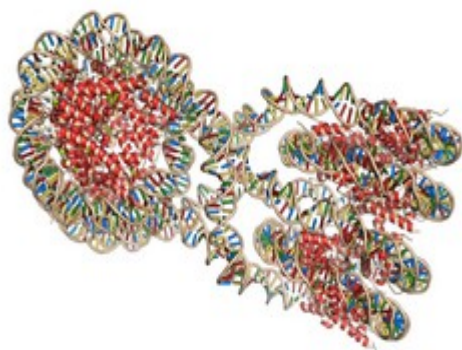
Wyniki w skrócie

Przegląd wpływu nukleosomów na dziedziczenie epigenetyczne

Nukleosomy są w biologii jedną z jednostek o największej pojemności, ponieważ mogą zmieścić około dwóch metrów liniowego DNA w jądrze komórkowym o średnicy zaledwie 10 μm . Ponadto mogą przenosić informacje dziedziczone genetycznie.



BADANIA
PODSTAWOWE



© molekuul_be, Shutterstock

Zmiany warunków środowiskowych, takie jak narażenie na zanieczyszczenia środowiska lub opieka rodzicielska na wczesnym etapie życia po urodzeniu, mogą mieć wpływ na rozwój, fizjologię i sprawność fizyczną potomstwa. Mechanizmy leżące u podstaw przekazywania takich cech wśród jednego lub wielu pokoleń są w dużej mierze nieznane, ale metylacja DNA, RNA i nukleosomy mogą potencjalnie pełnić funkcję mediatorów dziedziczenia epigenetycznego.

W końcowym etapie rozwoju komórek męskich komórek rozrodczych chromatyna ulega liczny przemianom, których skutkiem jest architektura jądra komórkowego o niewielkich wymiarach w plemnikach umożliwiających zapłodnienie. W tym procesie nukleosomy są w dużej mierze usuwane z nasienia ssaków i ludzi i zastępowane

protaminami. W ramach finansowanego ze środków UE projektu NUCLEOSOME RETENTION (Dissecting the mechanism of nucleosome retention in mouse spermatozoa) ponownie przeanalizowano te prace i inne badania, które podważają położenie zachowywanych nukleosomów.

W poprzednich badaniach kilka grup, w tym instytucja pełniąca rolę gospodarza projektu NUCLEOSOME RETENTION, wykazało, że niewielka część nukleosomów zachowanych u myszy i ludzi znajduje się zwykle w regionach regulacyjnych genu w genomie. Inna grupa opisała również położenie nukleosomów w powtarzalnych regionach genomu w plemnikach człowieka i wołu.

W celu zweryfikowania miejsc występowania nukleosomów w plemnikach ssaków badacze biorący udział w projekcie ponownie przeanalizowali surowe dane DNA związanego z nukleosomami z nasienia człowieka i wołu. Odkryto, że opublikowane wyniki dotyczące nasienia człowieka i wołu były nieprawidłowe ze względu na analizę przy użyciu nieprawidłowych obliczeń.

Praca została opublikowana w czasopiśmie recenzowanym Developmental Cell w artykule „[Alternative Computational Analysis Shows No Evidence for Nucleosome Enrichment at Repetitive Sequences in Mammalian Spermatozoa](#)” .

Wyniki badań projektu NUCLEOSOME RETENTION częściowo rozjaśniły wątpliwości w debacie dotyczącej położenia nukleosomów podczas rozwoju nasienia ssaków. Użyte i opracowane metody zapewniły solidną bazę wiedzy dotyczącej analizy w dziedzinie biologii obliczeniowej, którą można zastosować w przyszłości do mapowania nasienia myszy. Co istotne, praca położyła fundament pod dalsze badania funkcjonalne dotyczące dziedziczenia epigenetycznego po ojcu.

Słowa kluczowe

Nukleosom

dziedziczenie epigenetyczne

NUCLEOSOME RETENTION

nasienie ssaków

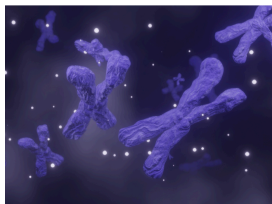
biologia obliczeniowa

Znajdź inne artykuły w tej samej dziedzinie zastosowania



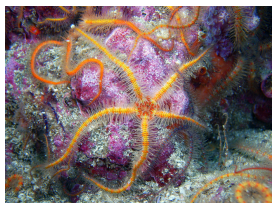
Genomika rzuca światło na początki rolnictwa

6 Marca 2018



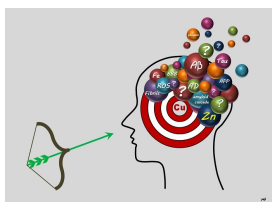
Badanie mechanizmów kontrolowania układu odpornościowego

4 Stycznia 2022



Badanie genomu ujawnia, w jaki sposób węzowidła przystosowały się do ekstremalnych warunków panujących w głębinach

29 Lipca 2022



Rola miedzi w zachorowalności na chorobę Alzheimera

26 Czerwca 2020



Informacje na temat projektu

NUCLEOSOME RETENTION

Finansowanie w ramach

Identyfikator umowy o grant: 628705

Projekt został zamknięty

Data rozpoczęcia

1 Marca 2015

Data zakończenia

16 Czerwca 2017

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

Koszt całkowity

€ 207 928,80

Wkład UE

€ 207 928,80

Koordynowany przez
FRIEDRICH MIESCHER
INSTITUTE FOR BIOMEDICAL
RESEARCH FONDATION
 Switzerland

Ostatnia aktualizacja: 14 Grudnia 2017

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

European Union, 2025