



Bacmethy, 一种新颖、便捷的研究细菌DNA甲基化模式及其转录调控作用的工具

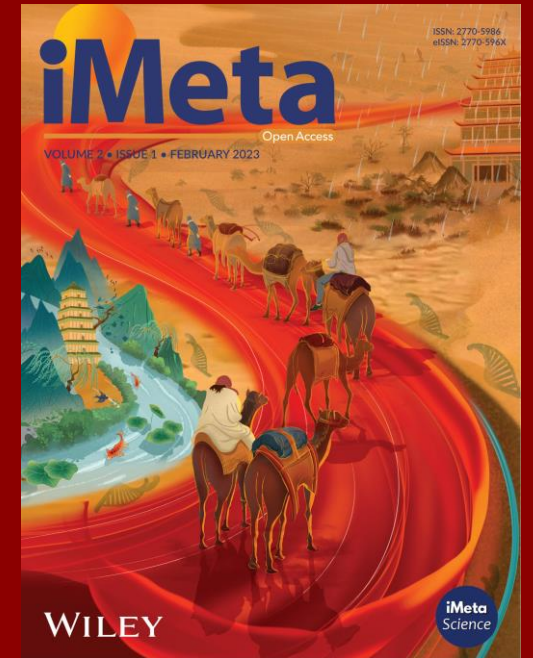
刘继鸿^{1,2}, 张一舟^{1,2}, 周宁³, 何佳乐^{1,2}, 徐静¹, 蔡璽², 杨亮^{2,4*}, 刘洋^{1*}

¹南方科技大学医院医学研究中心

²南方科技大学医学院, 广东省大学代谢与健康重点实验室

³南方科技大学医院医学检验科

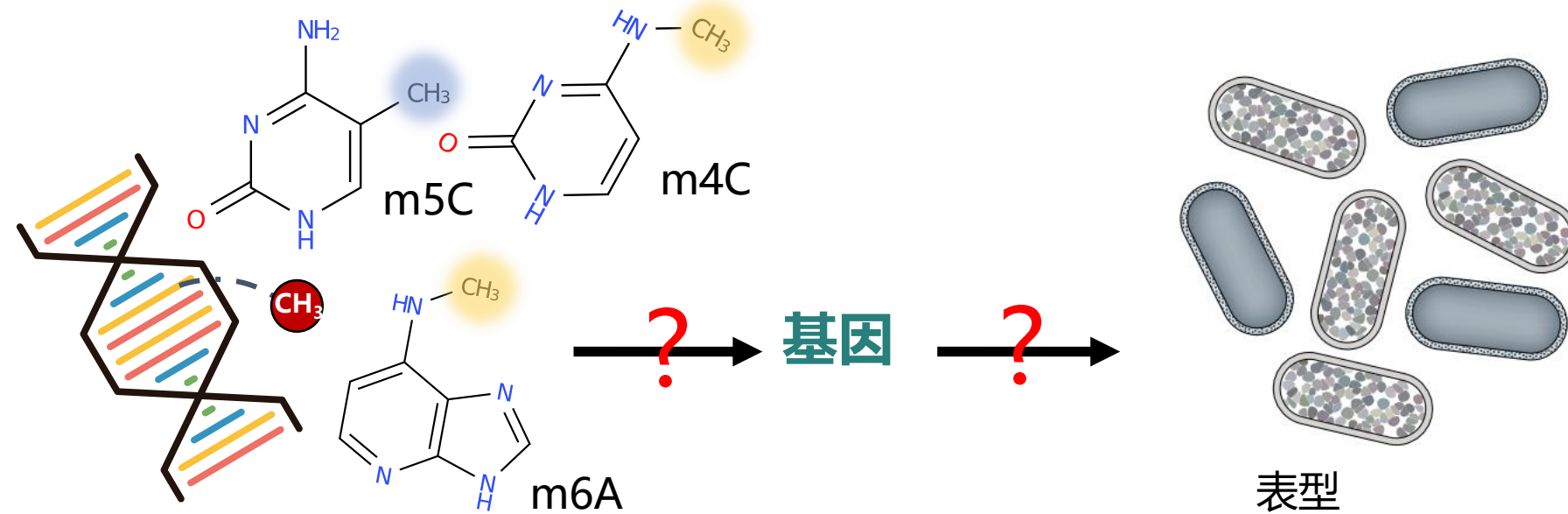
⁴深圳市第三人民医院, 南方科技大学第二附属医院, 国家传染病临床研究中心



Ji-Hong Liu, Yizhou Zhang, Ning Zhou, Jiale He, Jing Xu, Zhao Cai, Liang Yang, and Yang Liu. 2024. Bacmethy: A Novel and Convenient Tool for Investigating Bacterial DNA Methylation Pattern and Their Transcriptional Regulation Effects. *iMeta* e186. <https://doi.org/10.1002/imt2.186>

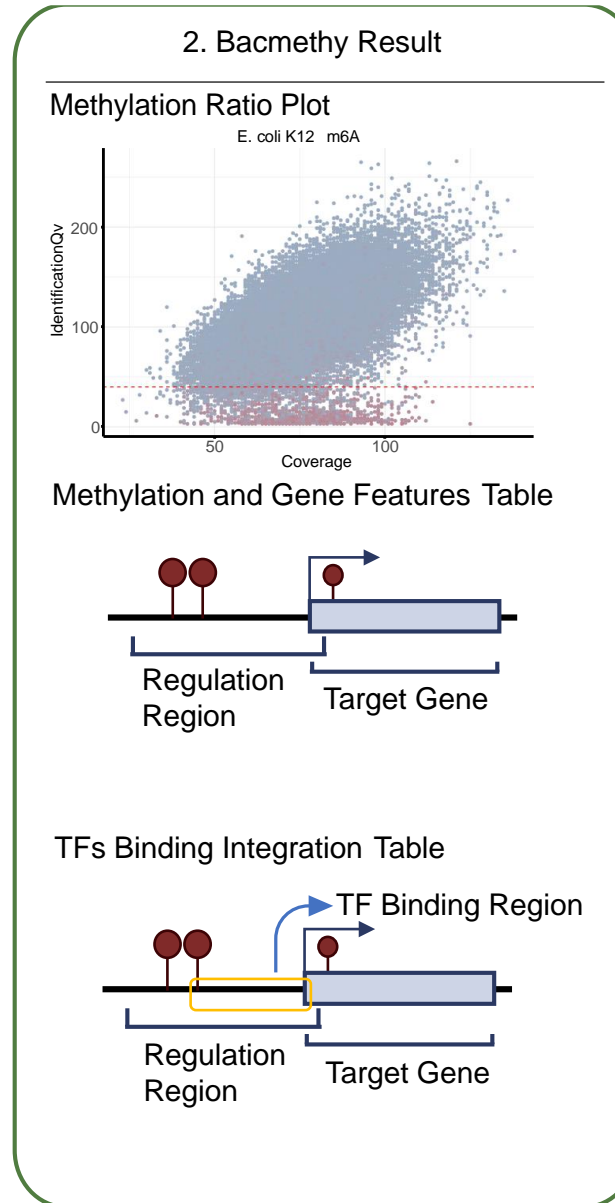
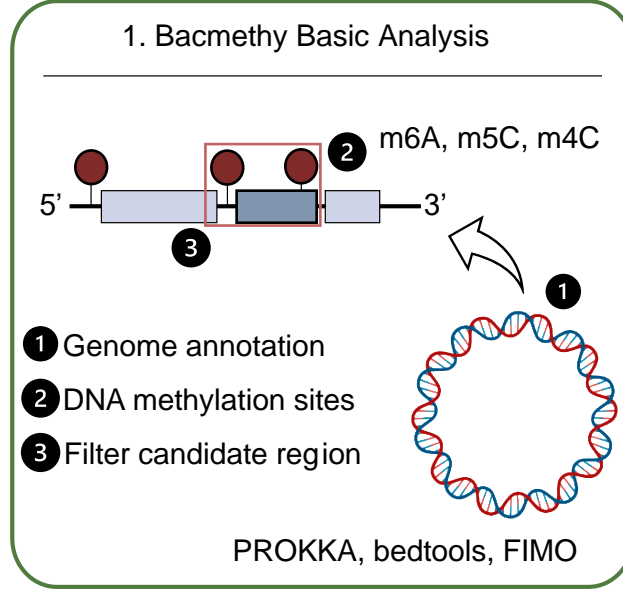
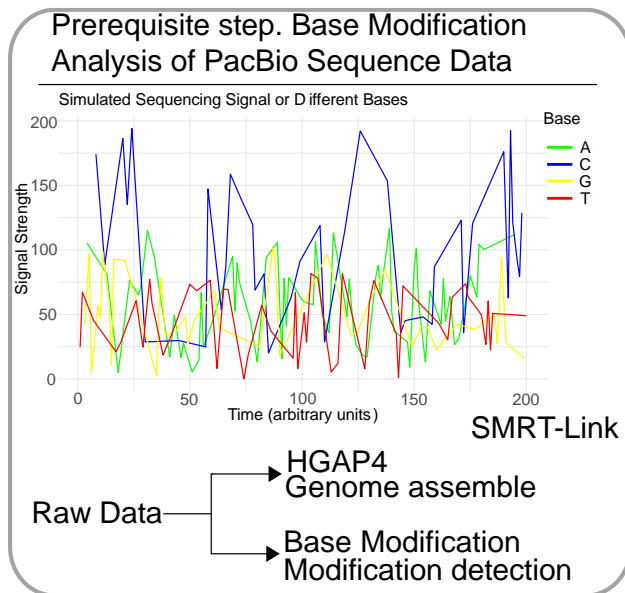


引言



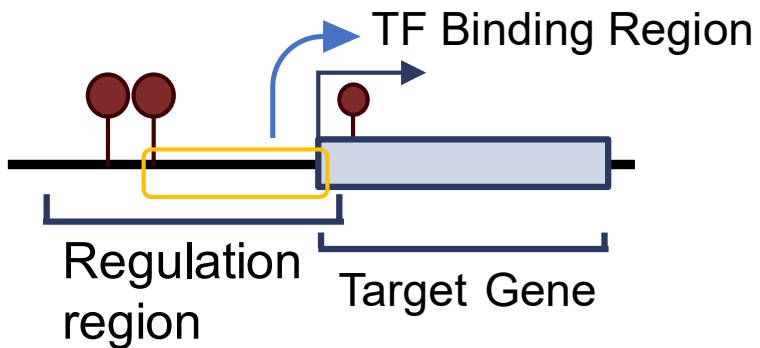
Bacmethy

一个用户友好的分析
细菌甲基化的工具





亮点

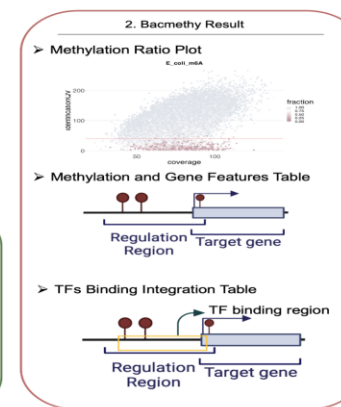
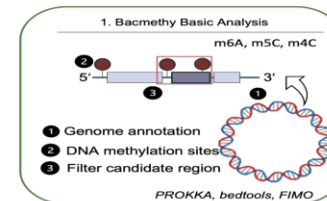
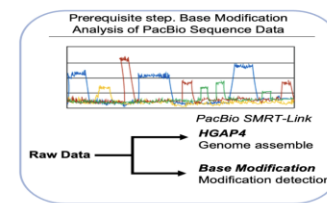


Bacmethy工具提供了一个一站式的分析和可视化流程，有效地表征细菌DNA甲基化修饰的特性并预测其调控模式

Bacmethy配备了本地运行以及在线分析服务，方便缺乏编程技能的研究人员。

Bacmethy

Home Submit Help SUSTech

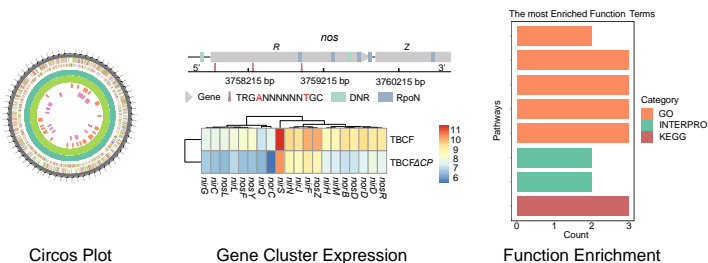


Bacmethy

**For Bacteria
Methylation**

研究人员通过**Bacmethy**可以揭示DNA甲基化如何调节细菌的细胞及生理功能的底层分子机制。

3. Bacmethy Option Analysis





Bacmethy网页版使用方法

Bacmethy

Home

Submit

Help

SUSTech

1

点击“submit”进入任务提交页面

Input methylation files

Enter detected methylation you got in SMRT-Link.

Enter gff file. ?



Drag file here to upload or [choose your file](#)

Example methylation gff input file ↓

Enter csv file. ?



Drag file here to upload or [choose your file](#)

Example methylation csv input file ↓

Input methylation type

Select target methylation type.*

▼ ?

Enter bacteria/strain name (without space)*

_____ ?

Input the genome sequence

Enter complete genome sequence. ?



Drag file here to upload or [choose your file](#)

2

- 上传甲基化修饰检测结果文件 (motifs.csv 和 motifs.gff) , 以及全基因组完整序列文件 (fasta)
- 选择目标甲基化类型, 并输出样本名

3

点击“Advanced options”添加转录因子结合预测分析及调整其他参数

▼ Advanced options

Example genome fasta input file ↓

Input a TF matrix as meme format. ?



Drag file here to upload or [choose your file](#)

Example TF matrix input file ↓

Methylation level

coverage

30 ?

identificationQv

40 ?

fraction

0.75 ?

Regulation Region

promoter

500 ?

CDS_up

100 ?

Start Search

Run Sample File

4

点击“StartSearch”提交任务运行

<https://bacmethy.med.sustech.edu.cn>



不同甲基化修饰水平的分布特征

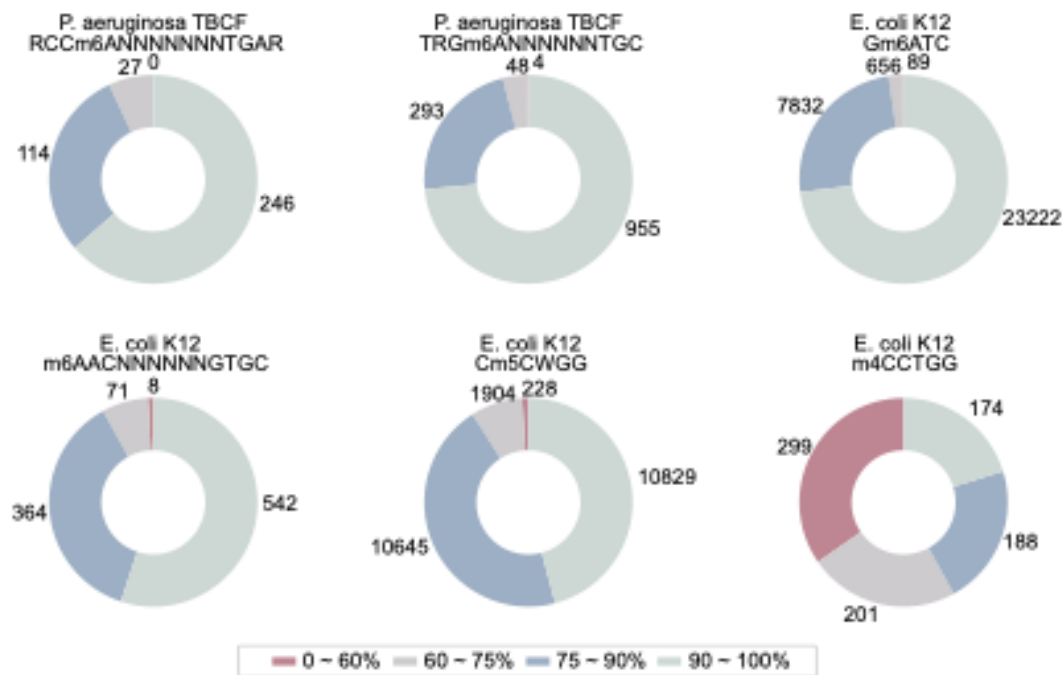
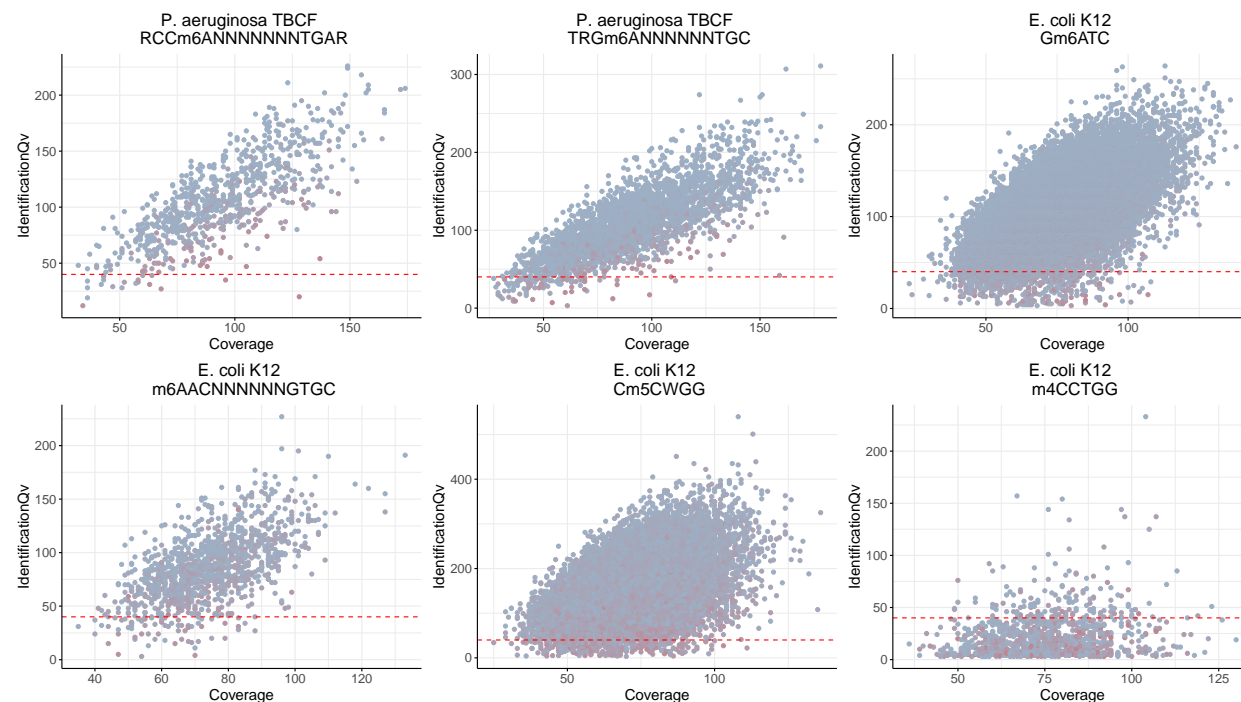


图 2. 甲基化修饰水平和测序质量的分布。

(A) 细菌菌株中每个motif的甲基化修饰水平分布，其中每个圆圈的标题包括菌株名称和识别motif，计数指示具有不同fraction的motif数量：0 - 60% (红色)，60 - 75% (灰色)，75 - 90% (蓝色)，90 - 100% (绿色)。

(B) 甲基化、低甲基化和非甲基化基序在各菌株中的质量分布散点图 (对于 *P. aeruginosa* TBCF 和 *E. coli* K12 有6个甲基转移酶识别的motif)。x轴显示reads覆盖度，y轴显示identification QV。甲基化fraction由点颜色表示，蓝色表示高甲基化修饰，红色表示低甲基化修饰。QV，质量值。





甲基化位点在调控区的分布特征

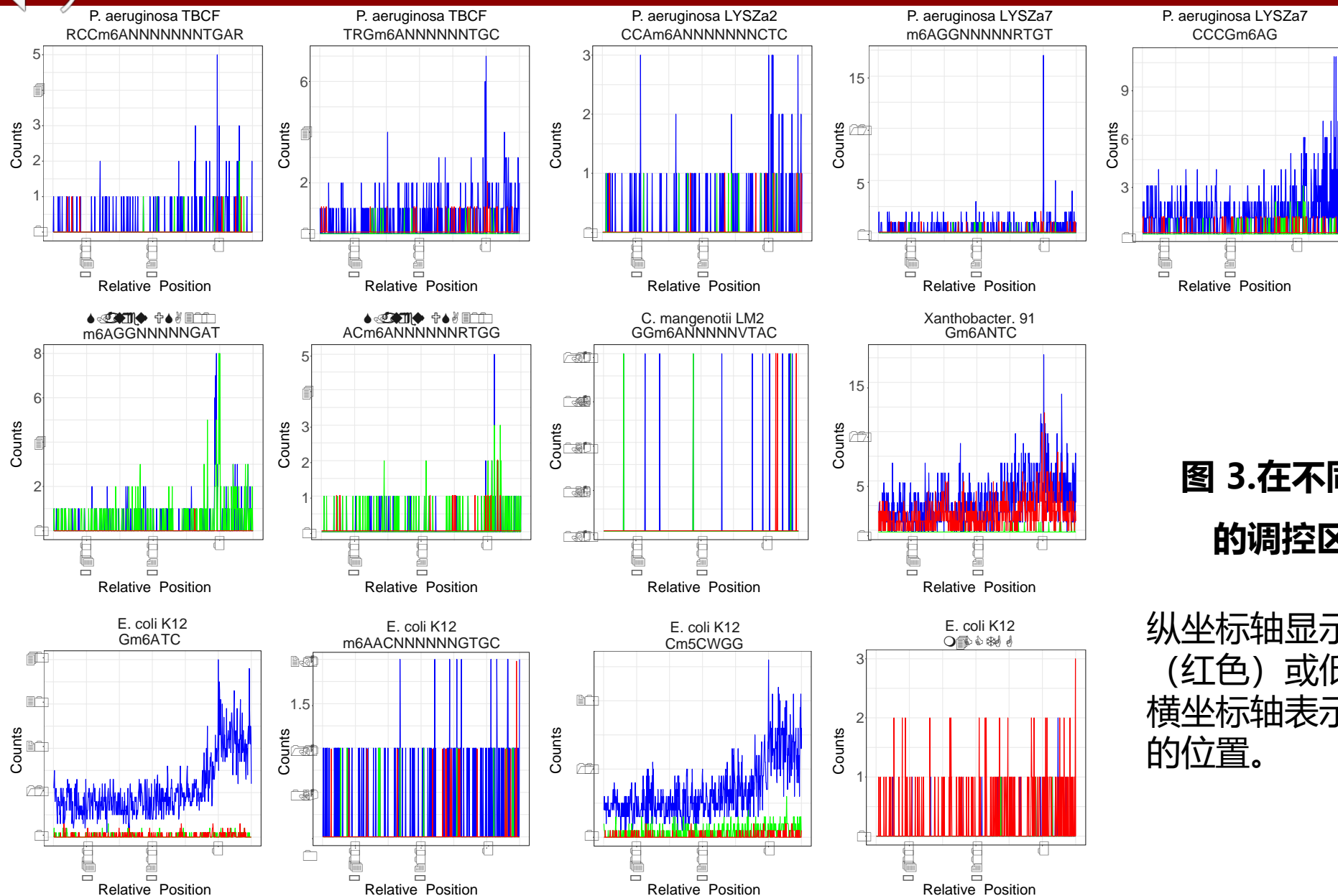


图 3.在不同菌株中每个MTase识别基序的调控区域定位的甲基化位点数量

纵坐标轴显示甲基化（蓝色）、非甲基化（红色）或低甲基化（绿色）位点的计数。横坐标轴表示修饰位点围ATG起始密码子的位置。



不同甲基化修饰的功能

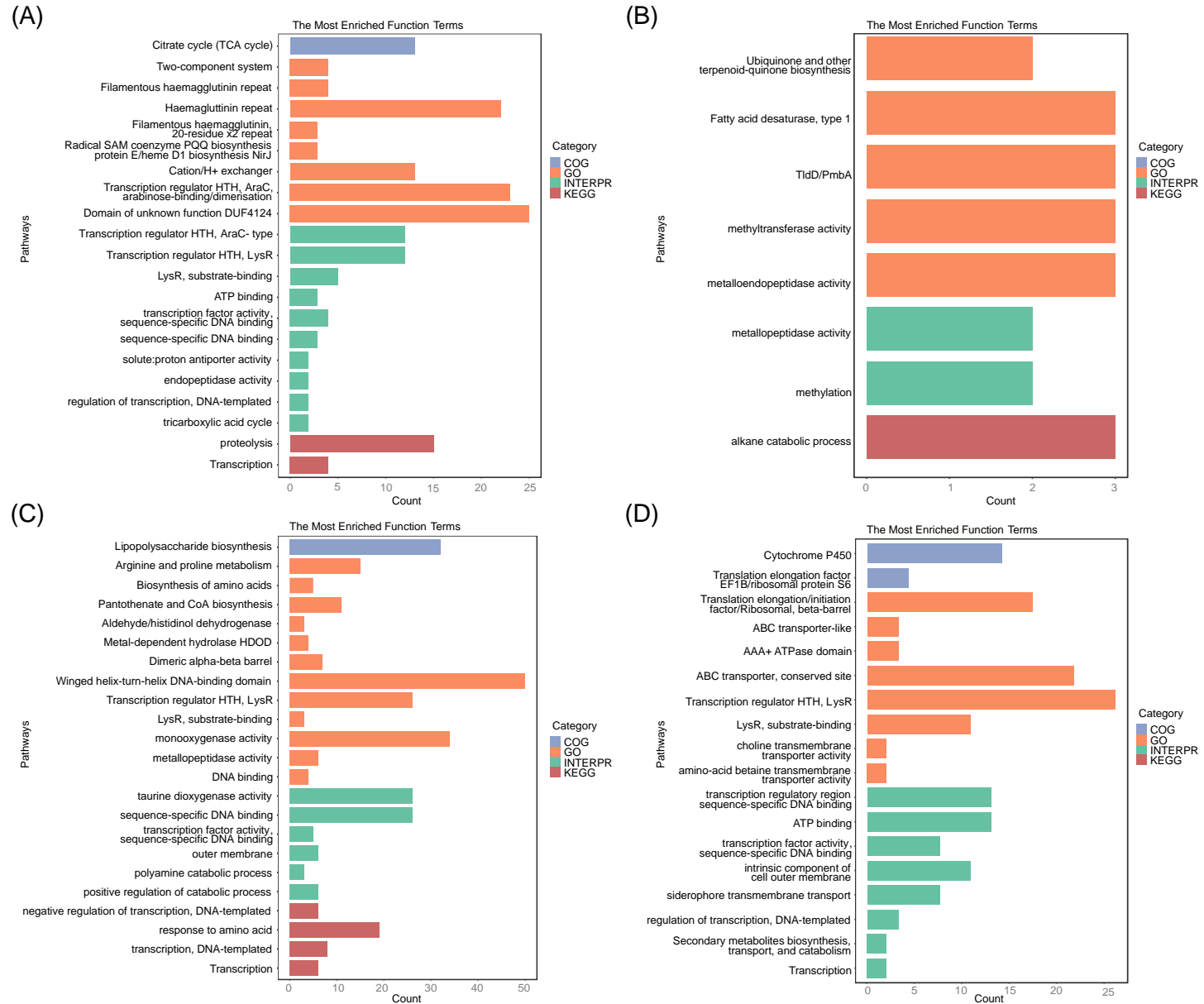


图 4. 铜绿假单胞菌株中甲基化基因的功能富集结果



有甲基化修饰的基因调控区存在转录因子的结合位点

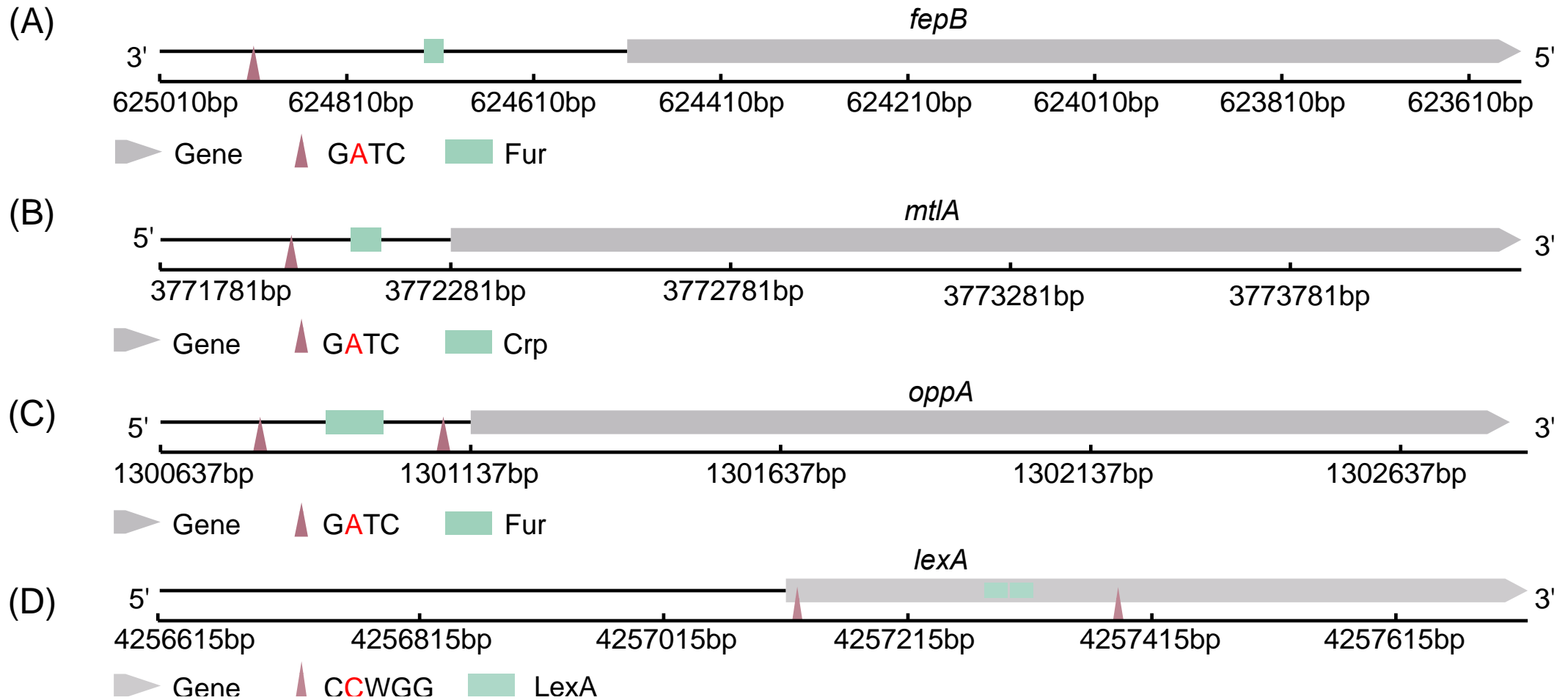


图 5. 基于Bacmethy分析的大肠杆菌K12中DNA甲基化与TFBS (转录因子结合位点) 位置图。

利用Bacmethy分析和RNA-seq分析建立甲基组转录组多组学调控模型及试验验证

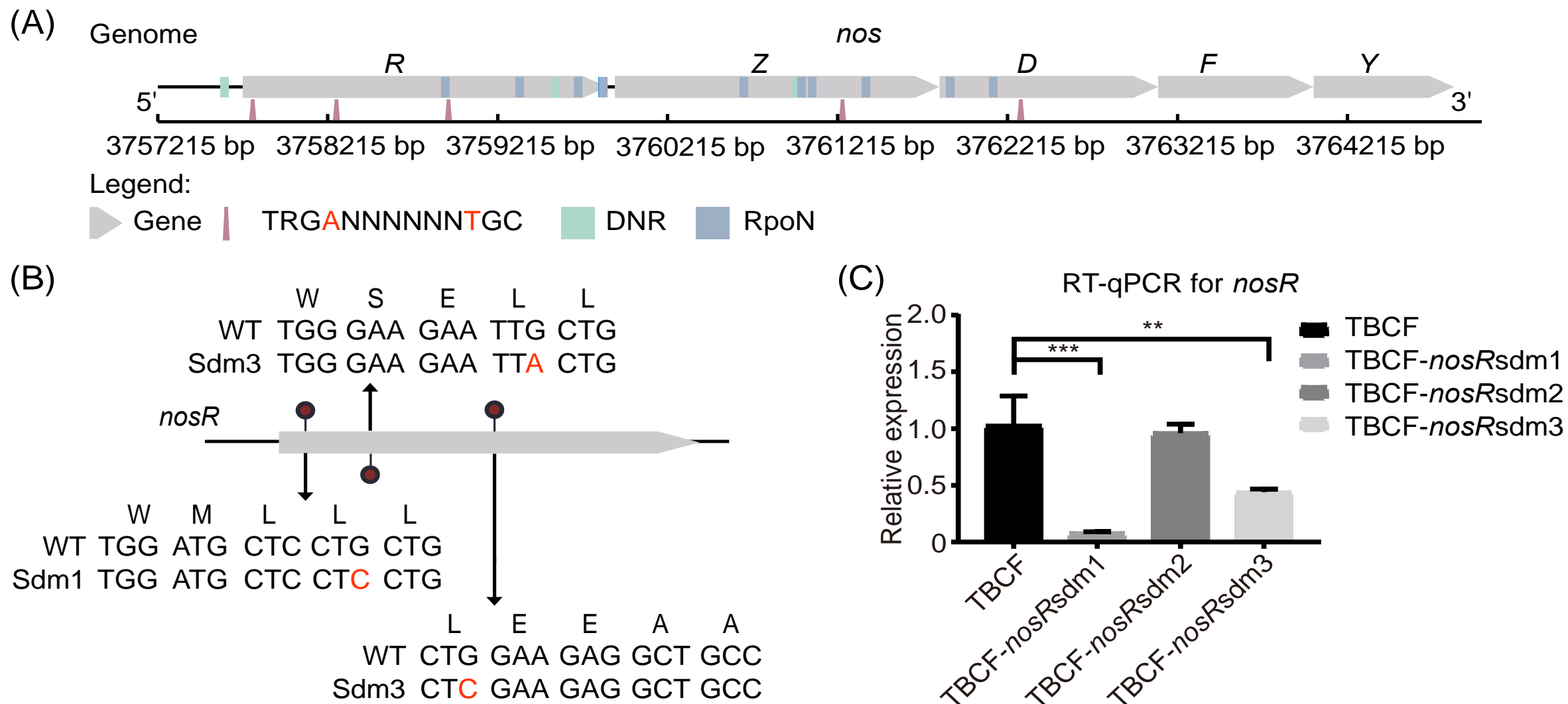
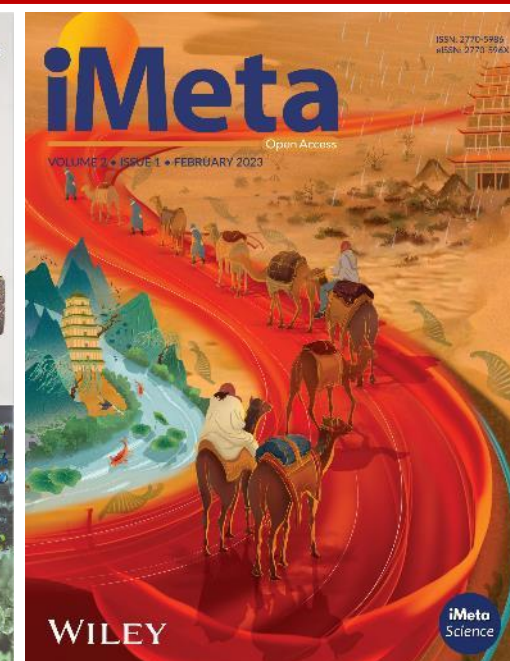


图 6.对铜绿假单胞菌TBCF菌株的Bacmethy分析结果进行实验验证



总结

- ❑ 在本研究中，我们开发了Bacmethy，这是一个新颖且便捷的工具，用于研究细菌DNA甲基化模式及其转录调控效应。
- ❑ Bacmethy工具有助于识别DNA甲基化调控的潜在新靶标，从而加深我们对细菌表观遗传网络的理解，并推进我们对细胞和生理功能调控的知识。
- ❑ Bacmethy代码可免费获取，且Docker镜像可下载。Bacmethy已作为用户友好的网络服务器界面在<https://bacmethy.med.sustech.edu.cn> 提供



“*iMeta*”由威立、肠菌分会和华人科学家出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF>20)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、中英双语、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月发行，相继被[ESCI](#)、[Google Scholar](#)、[DOAJ](#)、[Scopus](#)等数据库收录，发文161篇，被引2316次([Dimension](#), 2024/2/19)!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>



office@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)

