

绵羊多组织表观基因组综合图谱： 复杂性状、驯化和育种的资源

张德印¹, 程江博¹, 李晓龙¹, 黄凯¹, 袁律峰⁹, 赵源¹, 徐丹², 张煜坤¹, 赵利明¹,
杨晓斌², 马宗武², 徐全忠¹, 李冲², 汪晓娟², 郑琛², 唐德富², 年芳⁸,
乐祥鹏¹, 李万宏¹, 田慧彬¹, 翁秀秀¹, 胡鹏⁷, 冯园庆⁶, Peter Kalds⁵,
姜志华⁴, 赵云霞³, 张小雪², 李发弟¹, 王维民¹

¹兰州大学草地农业科技学院

²甘肃农业大学动物科学技术学院

³华中农业大学农业动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室

⁴华盛顿州立大学动物科学系和生殖生物学中心

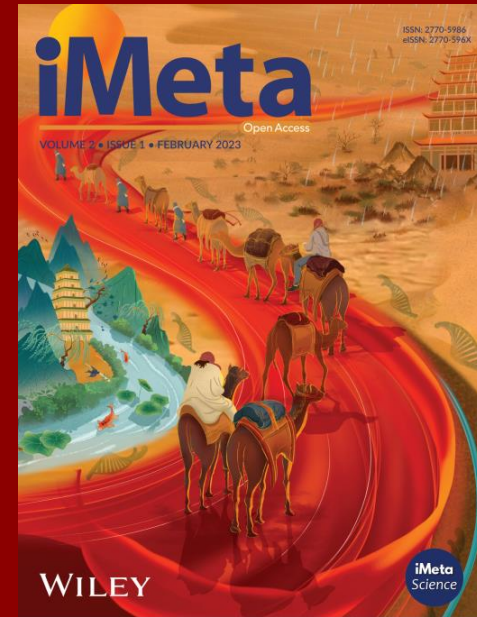
⁵崖州湾国家实验室

⁶宾夕法尼亚大学遗传学系

⁷上海海洋大学水产种质资源与利用教育部重点实验室

⁸甘肃农业大学理学院

⁹中国农业科学院兰州兽医研究所



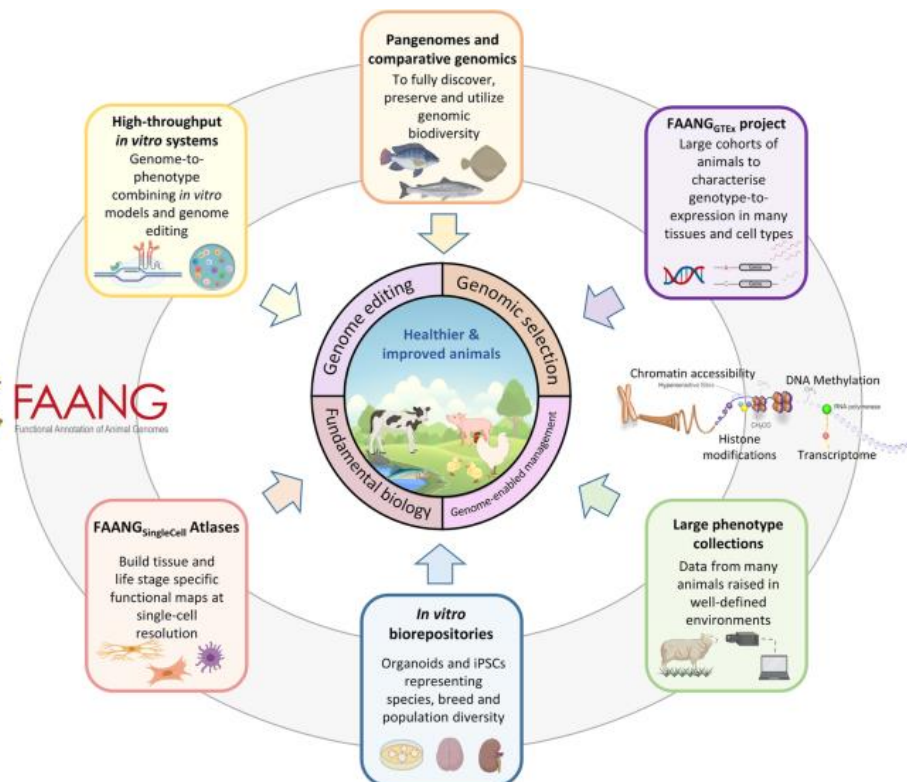
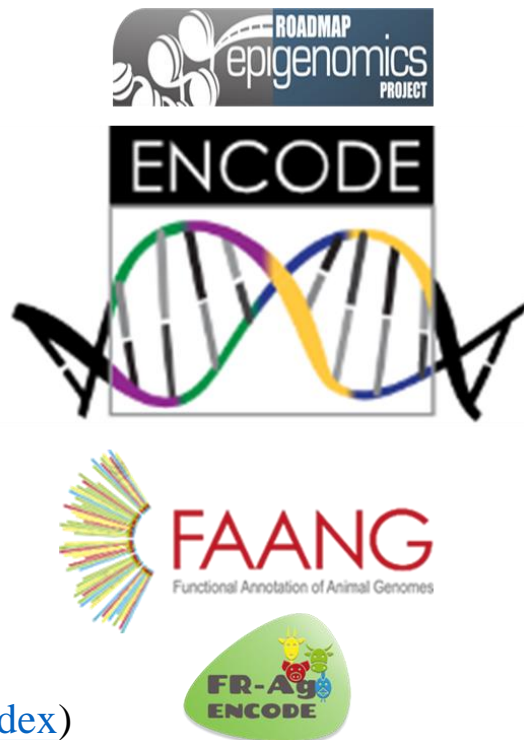
Deyin Zhang, Jiangbo Cheng, Xiaolong Li, Kai Huang, Lvfen Yuan, Yuan Zhao, Dan Xu, et al. 2024. “Comprehensive multi-tissue epigenome atlas in sheep: A resource for complex traits, domestication and breeding.” *iMeta* 3: e254. <https://doi.org/10.1002/imt2.254>

背景介绍



绵羊QTLs数据

(<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>)

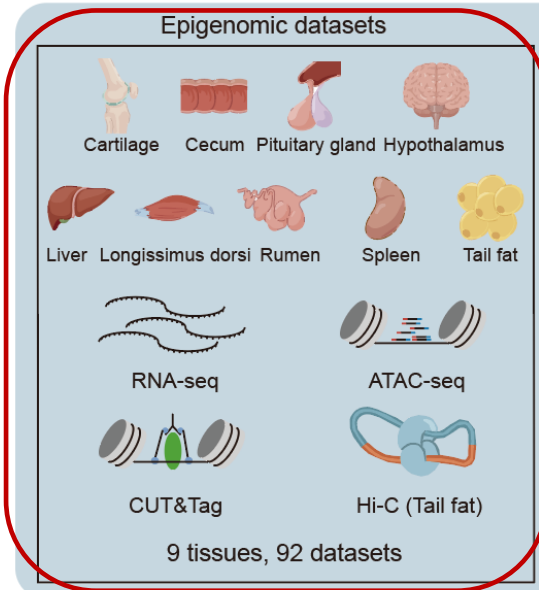


(Clark EL et al., 2020, Genome Biol)

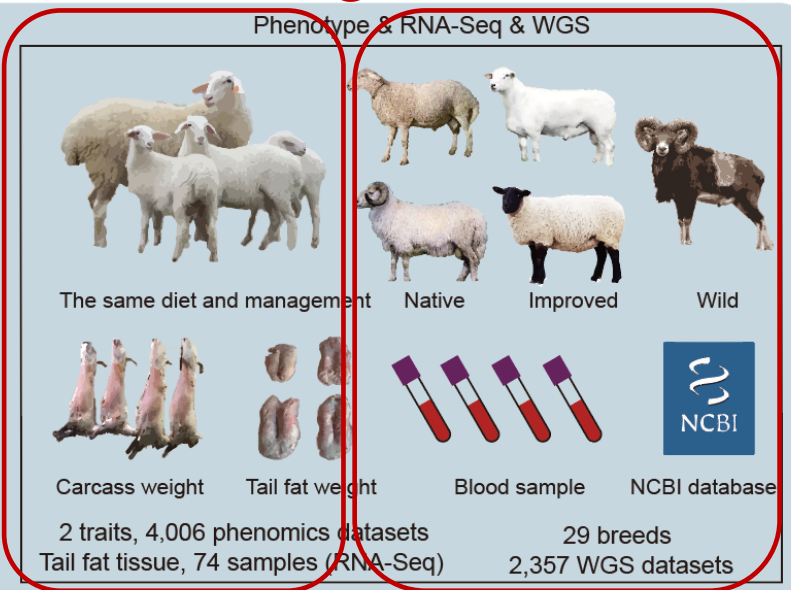
- 大多数候选位点位于基因组非编码区，且高度连锁；
- 绵羊基因组功能元件的注释仍然有限。

亮点

① Data generation

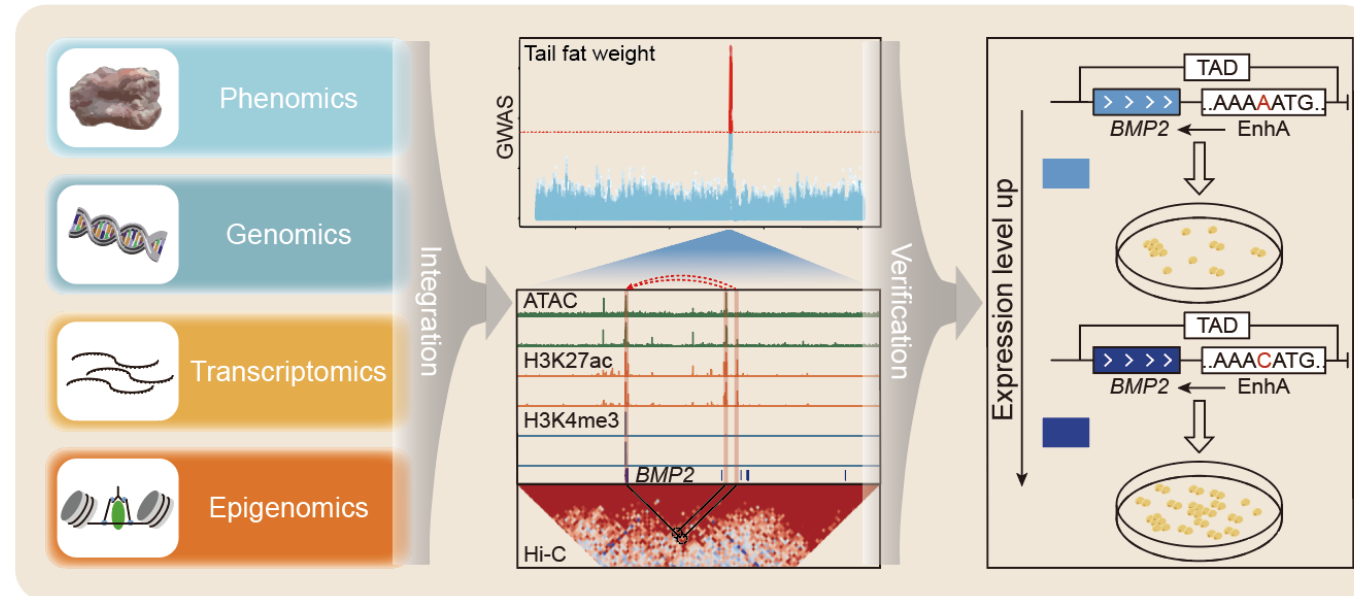


②

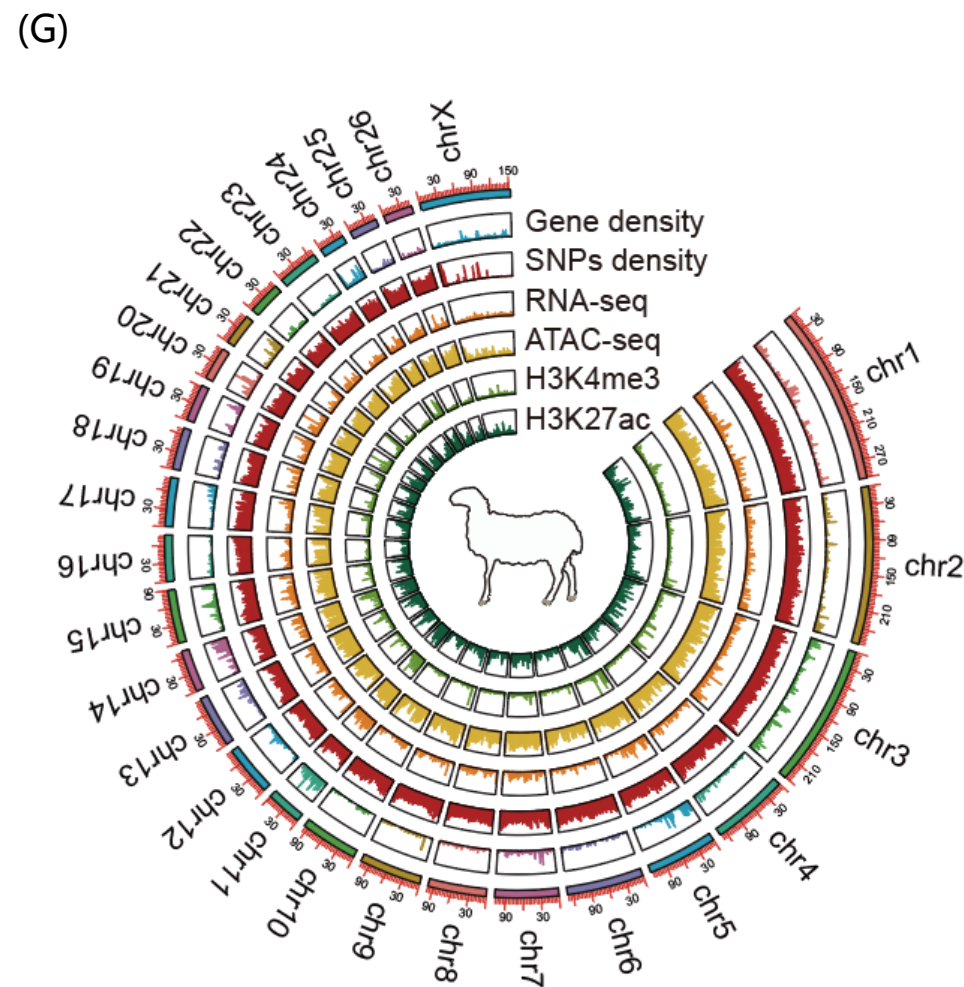
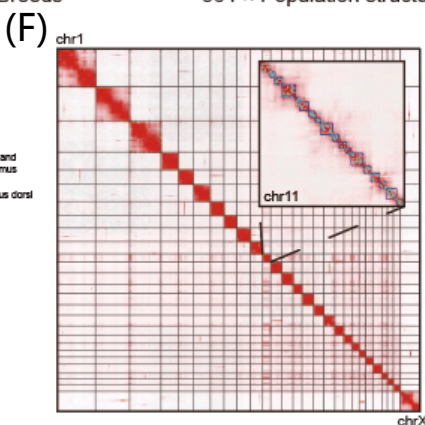
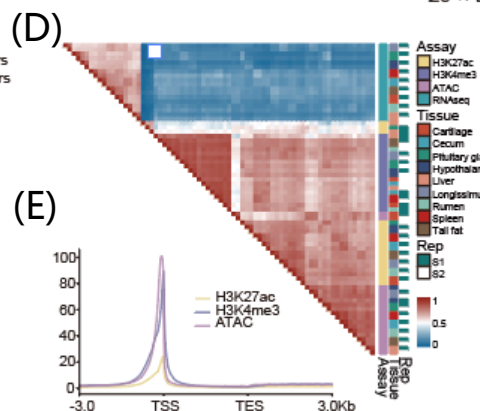
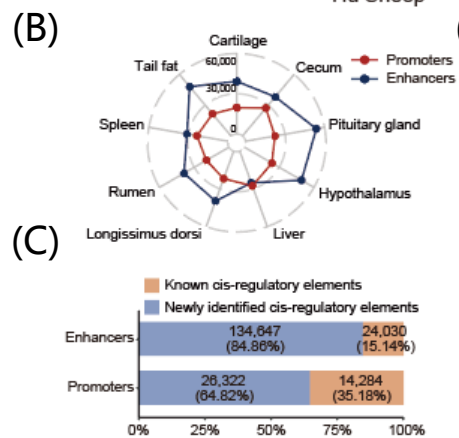
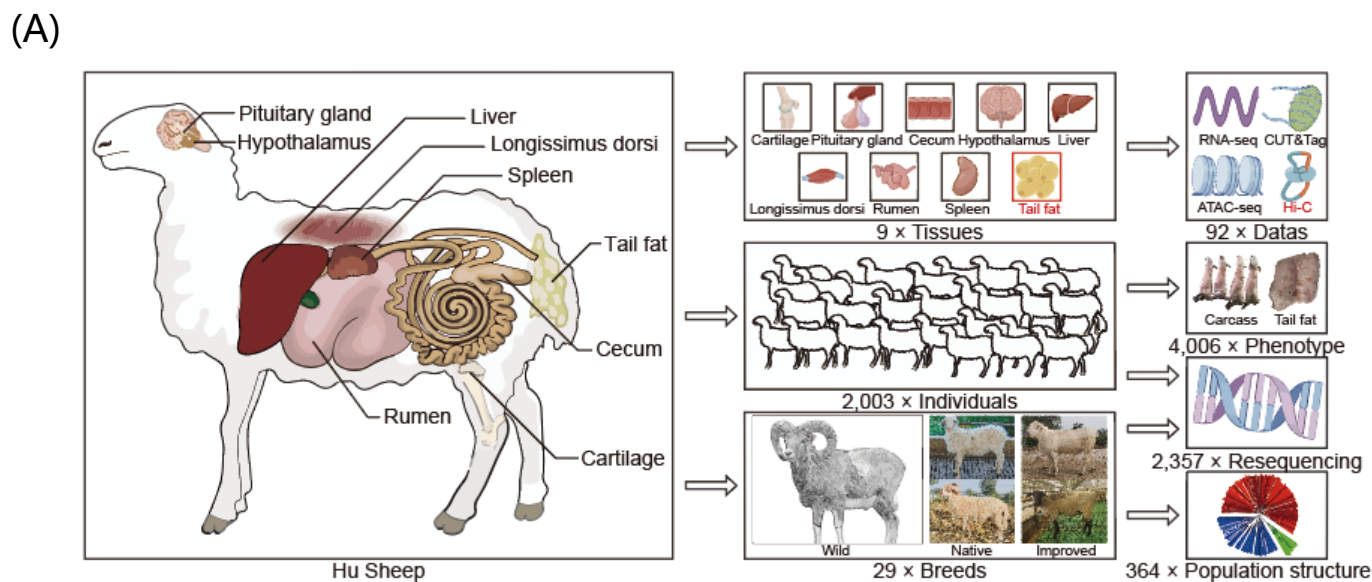


③

Bioinformatics analysis



绵羊多组织表观基因组图谱概述

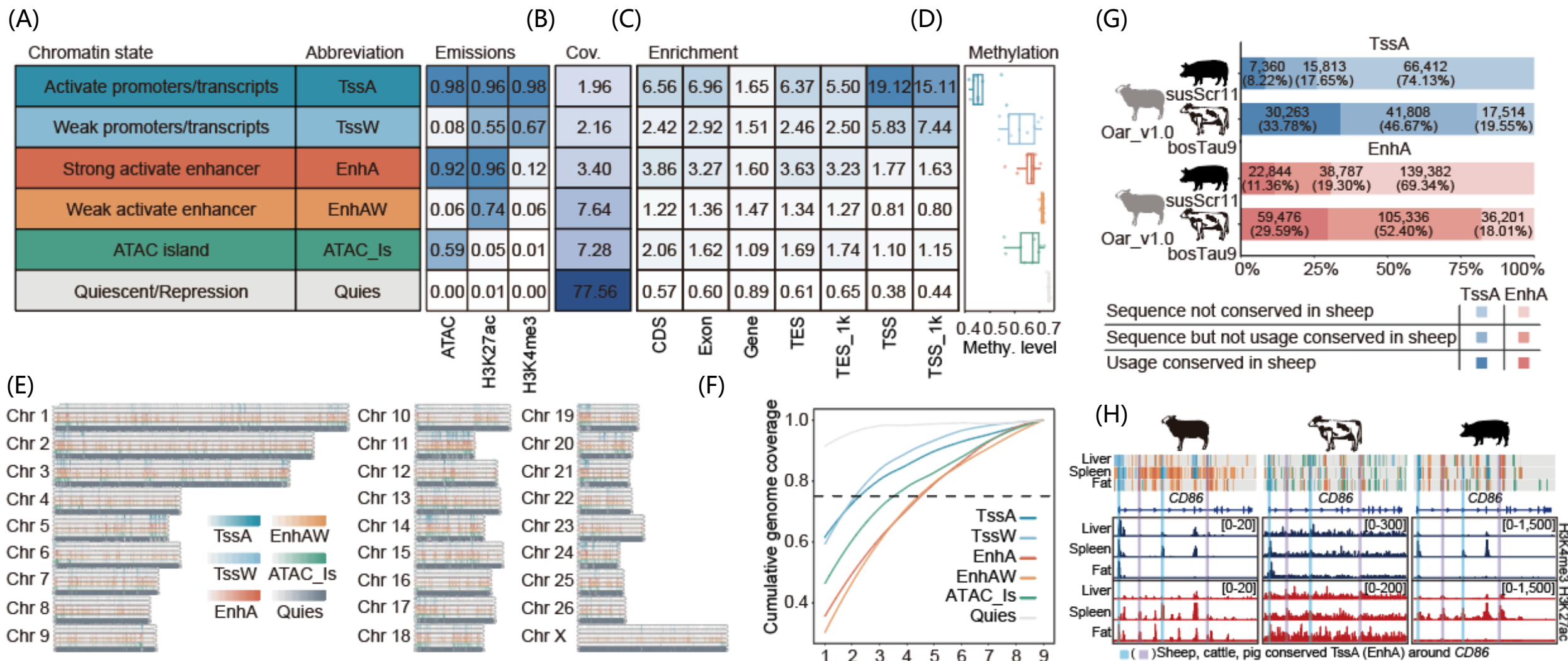


(A) 组织和数据集的示意图概述； (B-E) 功能调控元件注释； (F) 三维基因组互作图谱。

(G) 绵羊全基因组表观遗传图谱

图1.绵羊多组织表观基因组图谱

跨多组织和物种染色质状态的预测和表征

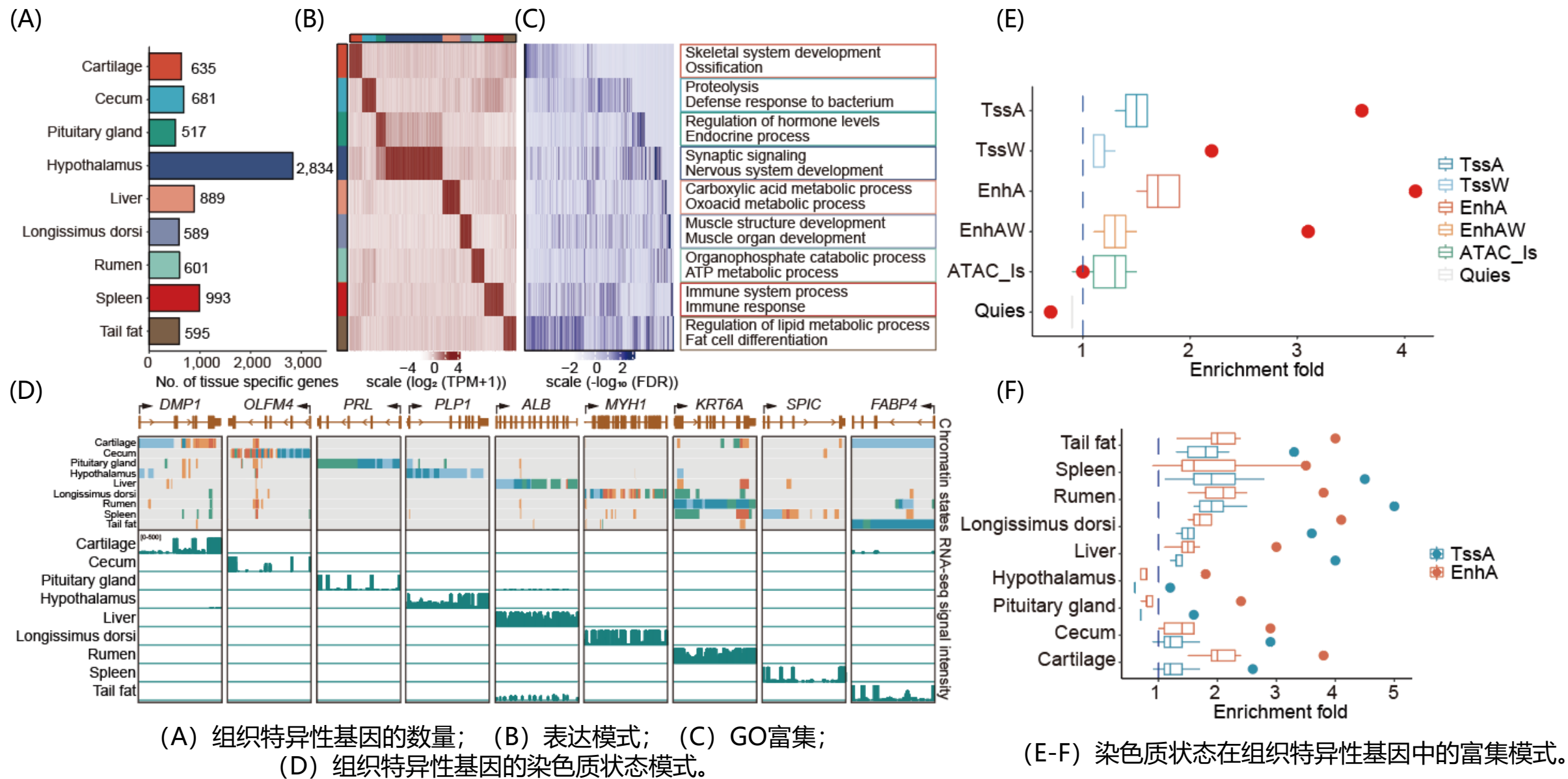


(A) 染色质状态的名称、缩写和发射概率；(B) 染色质状态的基因组覆盖率；(C-D) 基因组注释中不同染色质状态的平均富集度；(E) 染色质状态的全基因组景观；(F) 染色质状态组织变异性。

(G-H) 不同物种基因组中TssA和EnhA的序列保守性分析。

图2.染色质状态的预测及物种保守性分析

基因和染色质状态的组织特异性分析

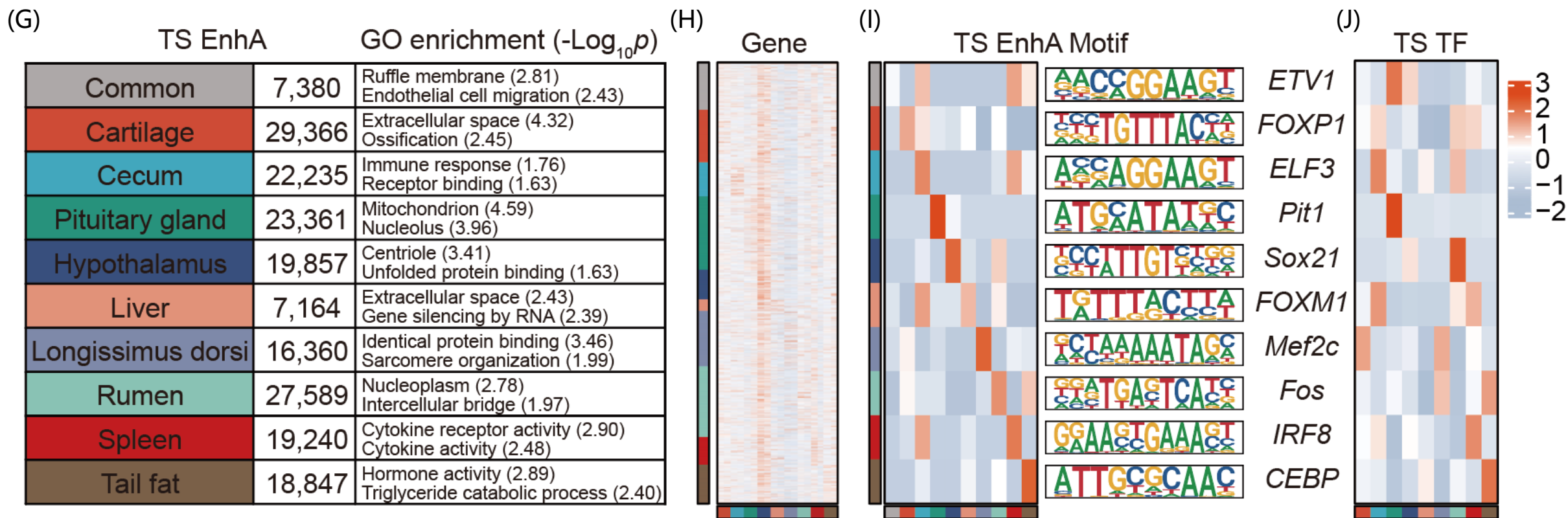


(A) 组织特异性基因的数量; (B) 表达模式; (C) GO富集;
(D) 组织特异性基因的染色质状态模式。

(E-F) 染色质状态在组织特异性基因中的富集模式。

图3.组织特异性基因和染色质状态的功能表征

基因和染色质状态的组织特异性分析



(G) 组织特异性增强子的数量及靶基因的GO功能富集； (H) 靶基因的表达模式；
(I) 组织特异性增强子中富集的motif； (J) motif结合转录因子的表达水平。

图3.组织特异性基因和染色质状态的功能表征

染色质状态预测增强绵羊驯化和改良中表型变异的理理解

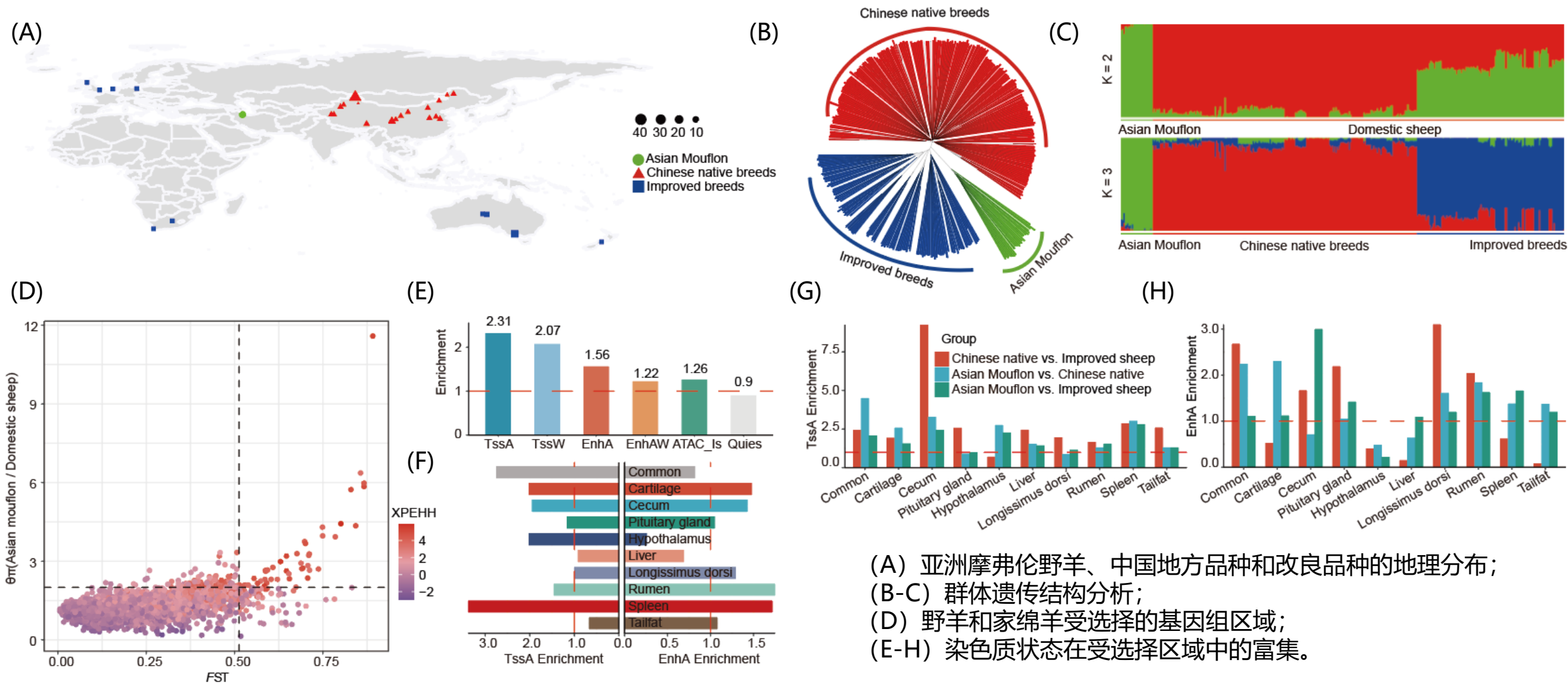
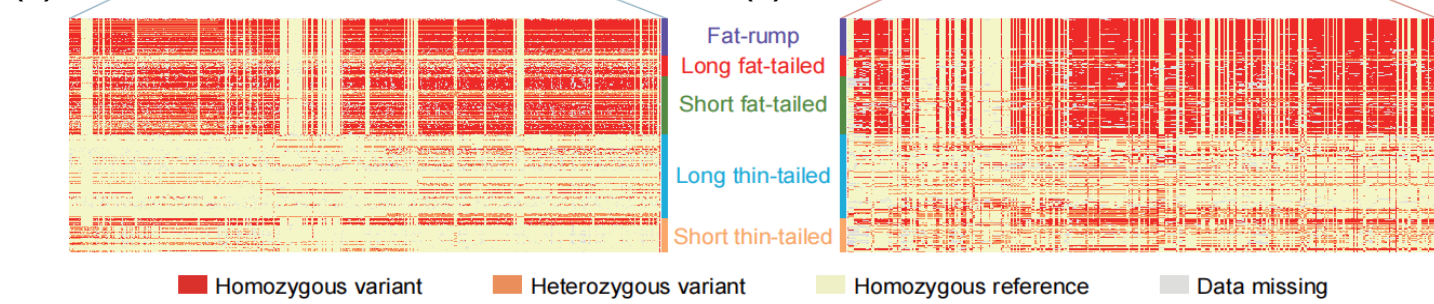
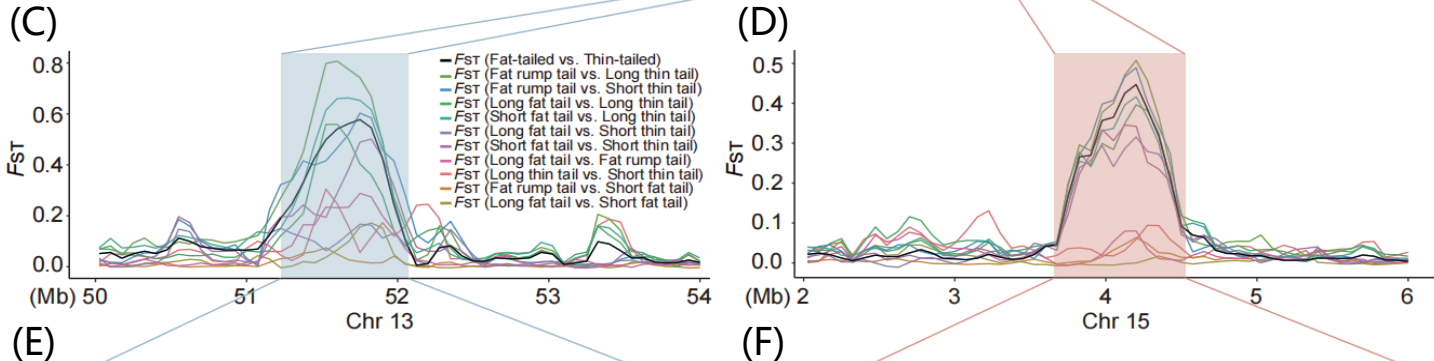
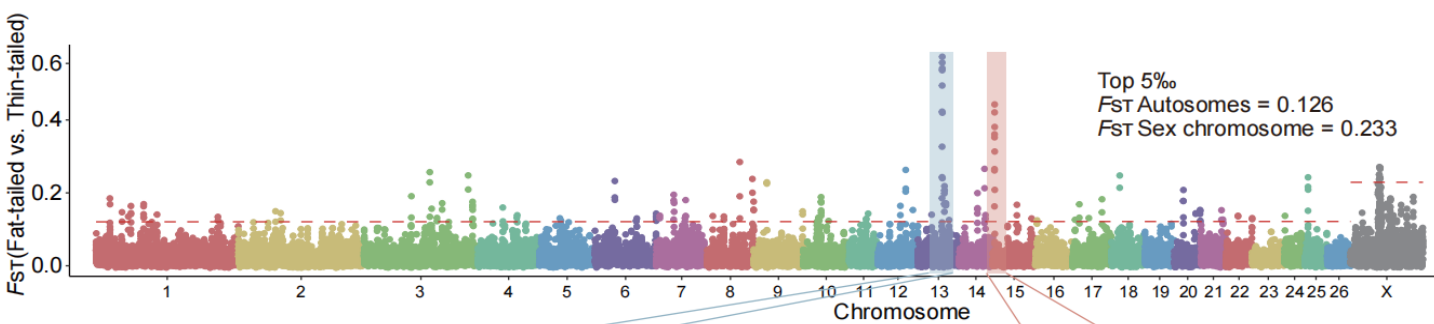


图4.绵羊驯化和改良过程中受选择区域的染色质状态富集

不同尾型绵羊的全基因组选择信号分析

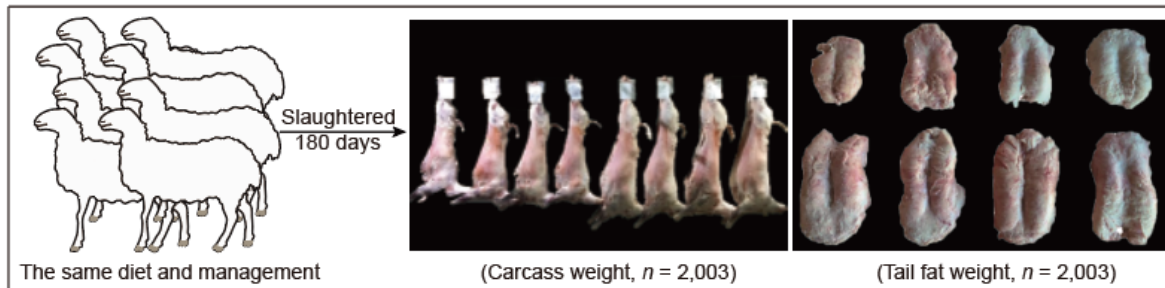


(A) 五种不同尾型绵羊的图示：长脂尾羊、短脂尾羊、脂臀尾羊、长瘦尾羊和短瘦尾羊；
(B) 脂尾型和瘦尾型绵羊群体的全基因组选择信号分析；
(C-D) 使用Chr13 C和Chr15 D上五种尾巴形态的成对比较绘制的选定区域的 F_{ST} 值；
(E-F) 不同尾型受选择区域的单倍型分化模式

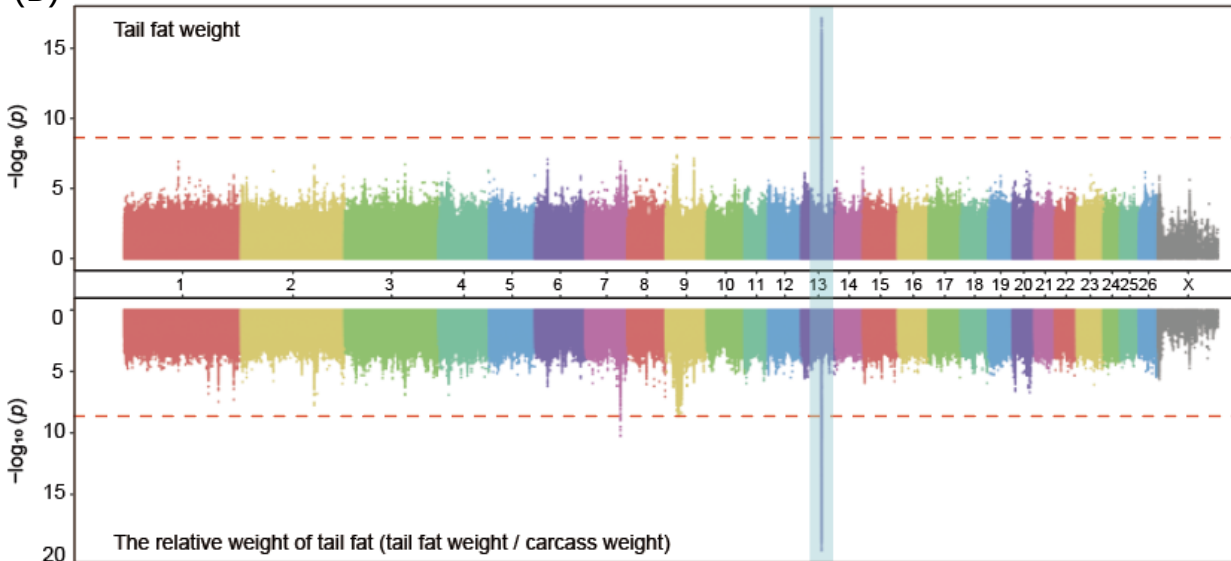
图5.不同尾型绵羊的全基因组选择信号扫描

整合多组学数据鉴定与绵羊尾脂沉积相关的候选变异

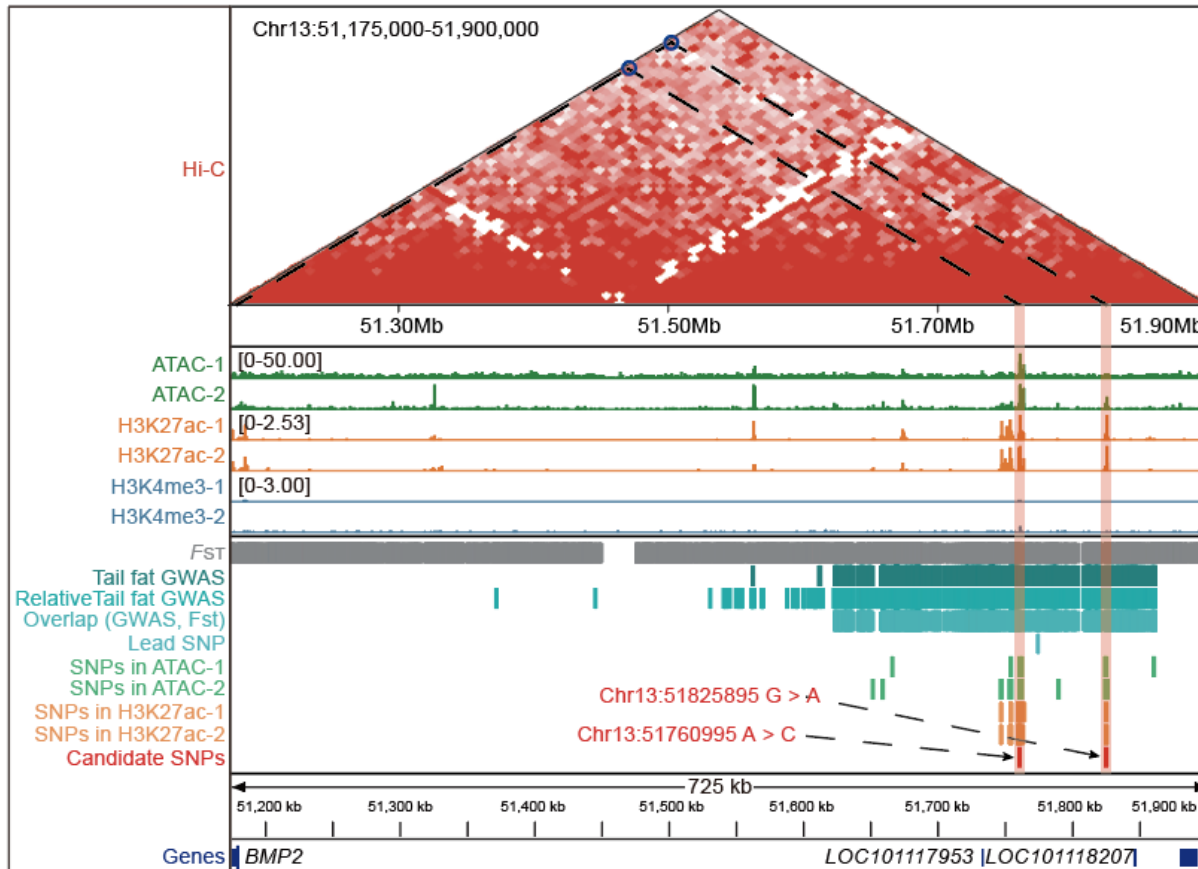
(A)



(B)



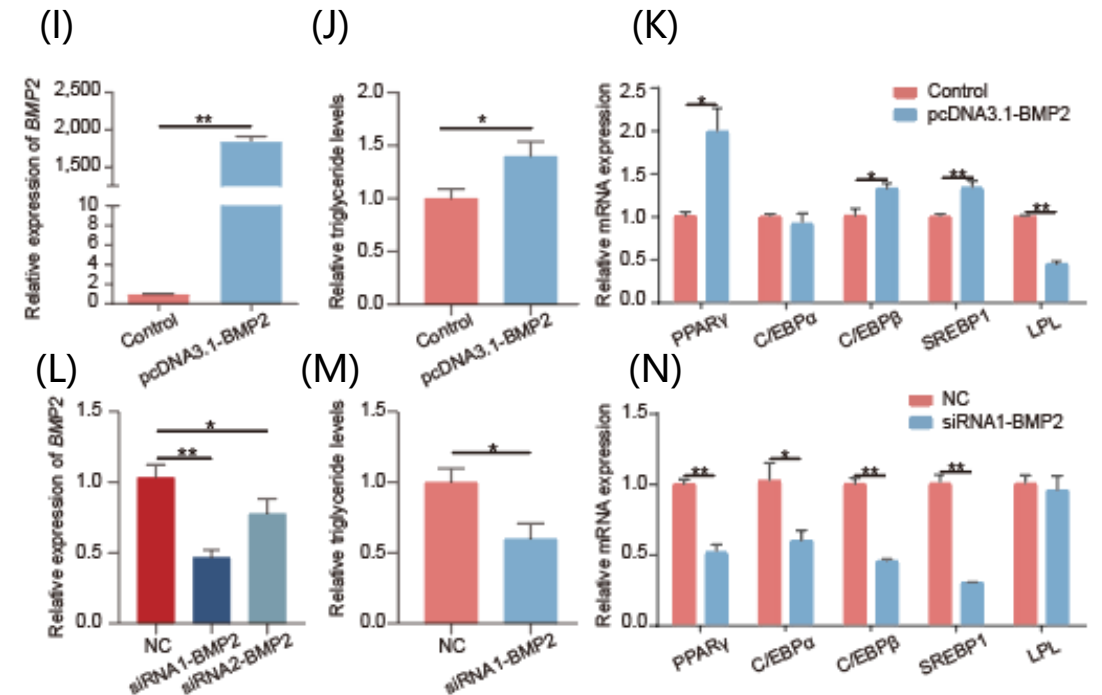
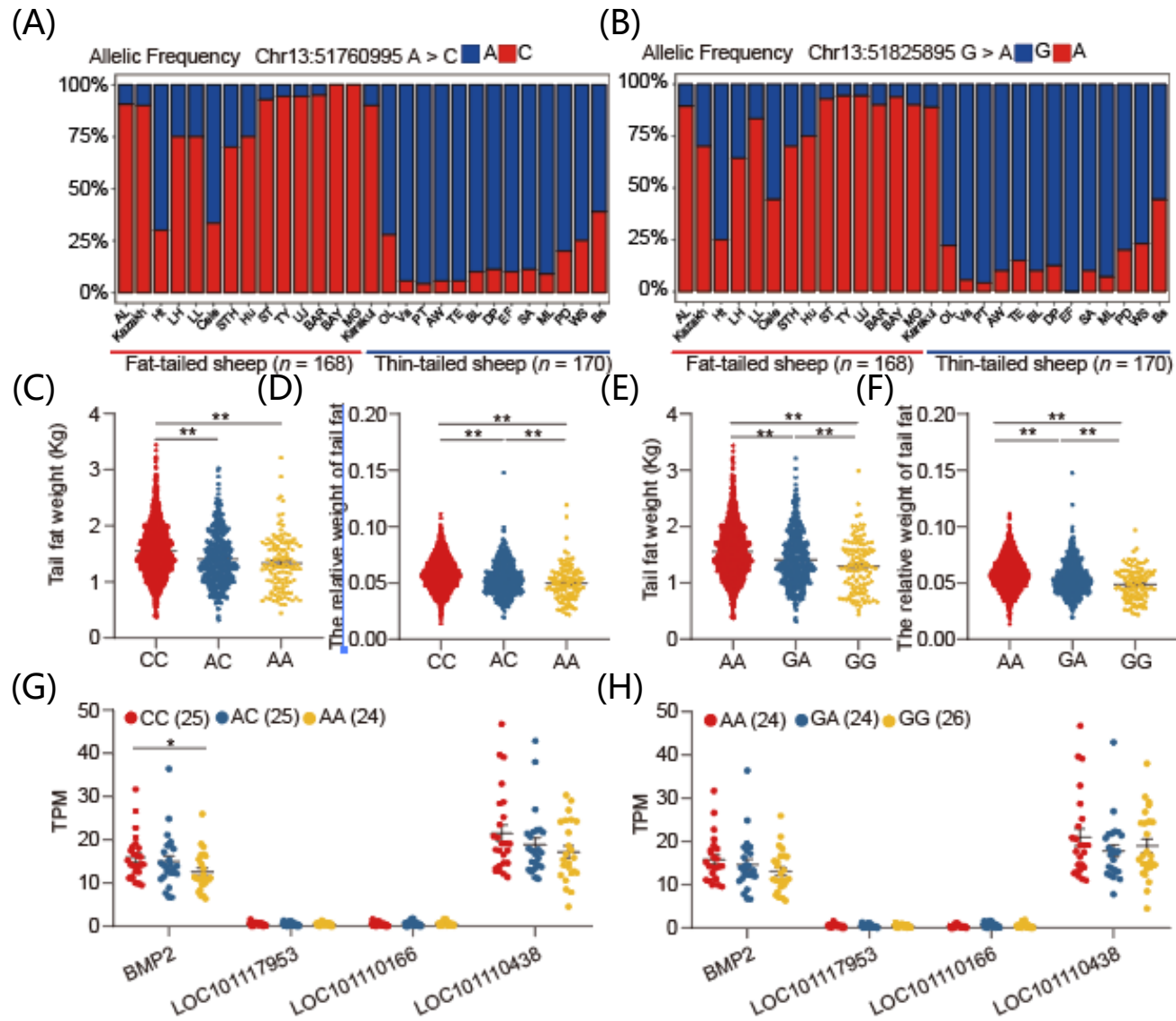
(C)



(A) 尾脂相关性状测定示意图； (B) 湖羊尾脂重和尾脂相对重（尾脂重量/胴体重量）的GWAS；
(C) 基因组和表观组数据（ATAC-seq、CUT&Tag、Hi-C）的整合分析。

图6.多组学数据集的整合分析

候选功能位点鉴定及靶基因验证



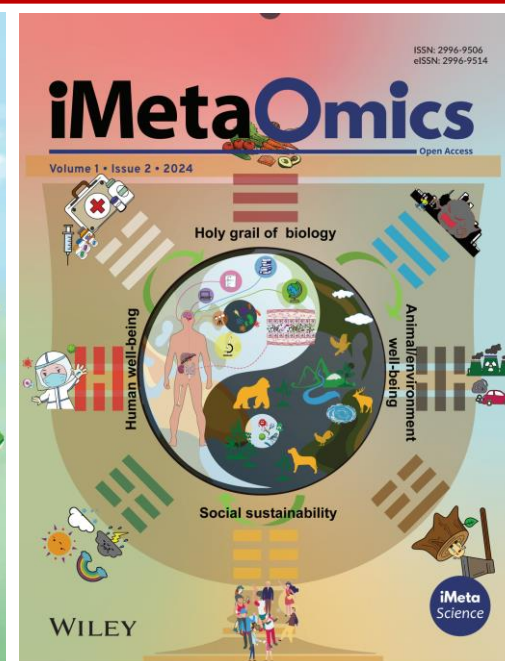
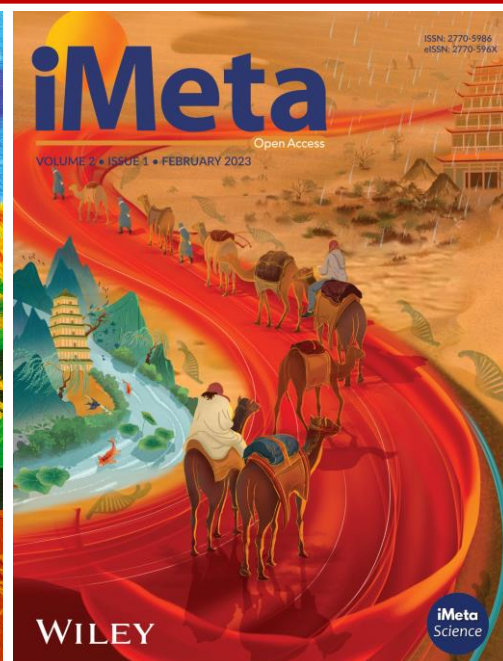
(A-B) 候选位点在不同尾型绵羊品种中的等位基因频率分布；
 (C-F) Chr13:51760995A>C和Chr13:51825895G>A基因座不同基因型的尾脂重和相对尾脂重；
 (G-H) Chr13:51760995A>C和Chr13:51825895G>A基因座不同基因型中候选基因的表达水平；
 (I-N) 对靶基因 *BMP2* 的实验验证。

图7.候选功能位点鉴定及靶基因验证



总结

- ❑ 本研究基于9个重要组织的92个转录组和表观基因组数据集，构建了首张绵羊多组织表观遗传调控图谱；
- ❑ 共鉴定出753,723个非冗余功能元件，其中60%以上为首次发现，主要包括与感知能力、免疫反应和尾部脂肪沉积相关的组织特异性启动子和增强子；
- ❑ 利用多维组学数据集鉴定出一个新的因果变异Chr13:51760995A>C，位于增强子区域，影响绵羊尾部脂肪沉积；
- ❑ 这些发现为绵羊育种提供了宝贵的资源和分子标记，有助于加速遗传改良。



“**iMeta**” (影响因子**23.8**) 由威立、宏科学和千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；
影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列**JCR**微生物学研究期刊**全球第一**；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位**IF>10**的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

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



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



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

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

