

### [Akceptuje](#)

W ramach naszej witryny stosujemy pliki cookies w celu świadczenia państwu usług na najwyższym poziomie, w tym w sposób dostosowany do indywidualnych potrzeb. Korzystanie z witryny bez zmiany ustawień dotyczących cookies oznacza, że będą one zamieszczone w Państwa urządzeniu końcowym. Możecie Państwo dokonać w każdym czasie zmiany ustawień dotyczących cookies. Więcej szczegółów w naszej [Polityce Prywatności](#)

[Portal](#) [Informacje](#) [Katalog firm](#) [Praca](#) [Szkolenia](#) [Wydarzenia](#) [Porównania międzylaboratoryjne](#)  
[Kontakt](#)



**[Laboratoria](#)**  
**[.net](#)**  
**[Innowacje](#)**  
**[Nauka](#)**  
**[Technologie](#)**



[Logowanie](#) [Rejestracja](#) [pl](#)

Newsletter

zapisz się

Naukowy styl życia

Nauka i biznes

- [Nowe technologie](#)
- [Felieton](#)
- [Tygodnik "Nature"](#)
- [Edukacja](#)
- [Artykuły](#)
- [Przemysł](#)

[Strona główna](#) > [Informacje](#)

## **Nowe metody analizy danych epigenomicznych**



## **Badacze stworzyli nowe metody analizy danych epigenomicznych – informujących o tym, jak upakowanie DNA kontroluje ekspresję genów.**

Epigenomika to nauka o organizacji DNA na poziomie genomu. Jest to nowa dziedzina i naukowcy dopiero uczą się, jak znaleźć użyteczne informacje w nawale danych genomicznych.

Uczestnicy finansowanej przez UE inicjatywy EPIGENE INFORMATICS (Machine learning approaches to epigenomic research) mieli na celu stworzenie bioinformatycznych narzędzi do wyszukiwania użytecznych informacji w rozległych i skomplikowanych zestawach danych, generowanych podczas nowoczesnych badań biologicznych. W szczególności badacze chcieli stworzyć schemat badań statystycznych tych zestawów danych.

Uczestnicy projektu EPIGENE INFORMATICS stworzyli dwie nowe metody porównywania profili sekwencjonowania genetycznego z technik zwanych ChIP-Seq (sekwencjonowaniem poprzedzonym immunoprecypitacją chromatyny) oraz BS-Seq (sekwencjonowaniem bisulfitowym). Techniki te są używane do badania białek i zmian epigenomicznych związanych ze specyficznymi sekwencjami DNA.

Nowe metody umożliwiają badaczom porównywanie tych profili i identyfikację wyraźnych różnic bazujących na analizie statystycznej. Zespół przetestował te nowe metody poprzez badanie H3K4me3, powszechnego znacznika epigenomicznego, oraz Cfp1, białka odpowiadającego za wprowadzanie H3K4me3 do genomu.

Badania uczestników projektu pokazały, że Cfp1 ma ponad 1600 potencjalnych miejsc docelowych i łączy znacznik H3K4me3 ze zmianami ekspresji genów. Oznacza to, że nowa metoda MMDiff może posłużyć do identyfikacji biologicznie istotnych zmian epigenomicznych.

M3D natomiast umożliwia wykrycie zmian we wzorcach metylacji (powszechnej zmiany epigenomicznej) w całym genomie. Metoda ta wypada korzystnie w porównaniu do poprzednich narzędzi używanych w tym samym celu.

Właściwa analiza statystyczna danych genomicznych pomoże badaczom zrozumieć te zagadnienia. Pozwoli to lepiej poznać biologię człowieka i przyniesie liczne korzyści dla medycyny oraz zdrowia ludzi.

Źródło: [www.cordis.europa.eu](http://www.cordis.europa.eu)

<https://laboratoria.net/aktualnosci/25288.html>



09-04-2026

## [Światło uwięzione w ultracienkiej siatce](#)

Ten wynik otwiera drogę do nowych, płaskich elementów fonicznych.



09-04-2026

## [Przełom w leczeniu schorzeń układu ruchu](#)

Będzie można regenerować kości i stawy



09-04-2026

## [WAT z nowymi pracowniami dla Instytutu Radioelektroniki](#)

Otrzymał nowy budynek z pracowniami i aulą dla studentów.



09-04-2026

## **Ponowna analiza danych naukowych może przynieść zupełnie inne wyniki**

Dwie trzecie z nich wyciąga inne wnioski.



09-04-2026

## **Antybiotykooporność jednym z największych zagrożeń zdrowia publicznego**

Bakterie rozprzestrzeniają się nie tylko w szpitalach.



09-04-2026

## **Naukowcy pracują nad biosyntetycznym supermikrobiomem p**

Przydatnym w leczeniu wielu schorzeń, jak choroby nowotworowe i autoimmunologiczne.



09-04-2026

## **Bez podstawowej wiedzy o roślinach**

Wprowadzamy coraz więcej gatunków obcych inwazyjnych.



30-03-2026

## Stypendia ministra nauki za znaczące osiągnięcia

Przyznał je 402 osobom.

**Informacje dnia:** [Światło uwięzione w ultracienkiej siatce Przełom w leczeniu schorzeń układu ruchu WAT z nowymi pracownikami dla Instytutu Radioelektroniki](#) [Ponowna analiza danych naukowych może przynieść zupełnie inne wyniki](#) [Antybiotykooporność jednym z największych zagrożeń zdrowia publicznego](#) [Naukowcy pracują nad biosyntetycznym supermikrobiomem p](#) [Światło uwięzione w ultracienkiej siatce Przełom w leczeniu schorzeń układu ruchu WAT z nowymi pracownikami dla Instytutu Radioelektroniki](#) [Ponowna analiza danych naukowych może przynieść zupełnie inne wyniki](#) [Antybiotykooporność jednym z największych zagrożeń zdrowia publicznego](#) [Naukowcy pracują nad biosyntetycznym supermikrobiomem p](#)

### **Partnerzy**