

An integrative analysis reveals coordinated reprogramming of the epigenome and the transcriptome in human skeletal muscle after training

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4622000/>

Tikslas

Tiriamas epigenomo indėlis atsakui į treniruotes, kaip tarpininkui tarp genų ir aplinkos nėra gerai žinomas.

Tikslas ištirti DNR metilinimo ir kitų transkriptominių pokyčių indėlį raumenų funkciniam efektui.

Tyrimas

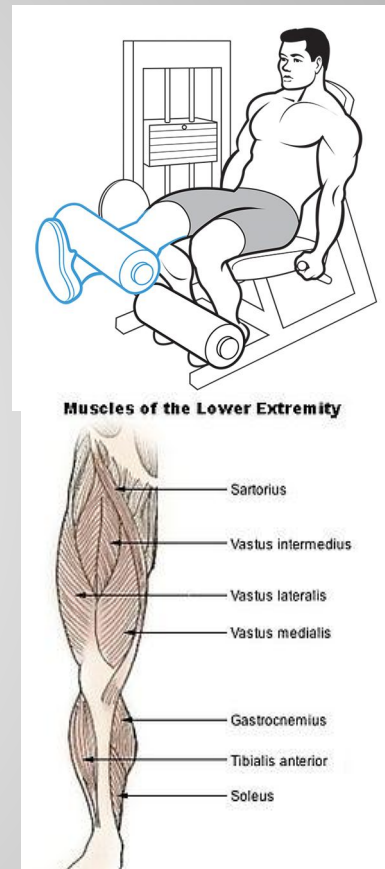
Tirti 23 žmonės (12 vyrų, 11 moterų)

Vidutinis amžius 27 metai

Treniravosi 3 mėnesius

Treniravo tik vieną, atsitiktinai pasirinktą, koją

Mėginiai imti iš keturgalvio šlaunies raumens



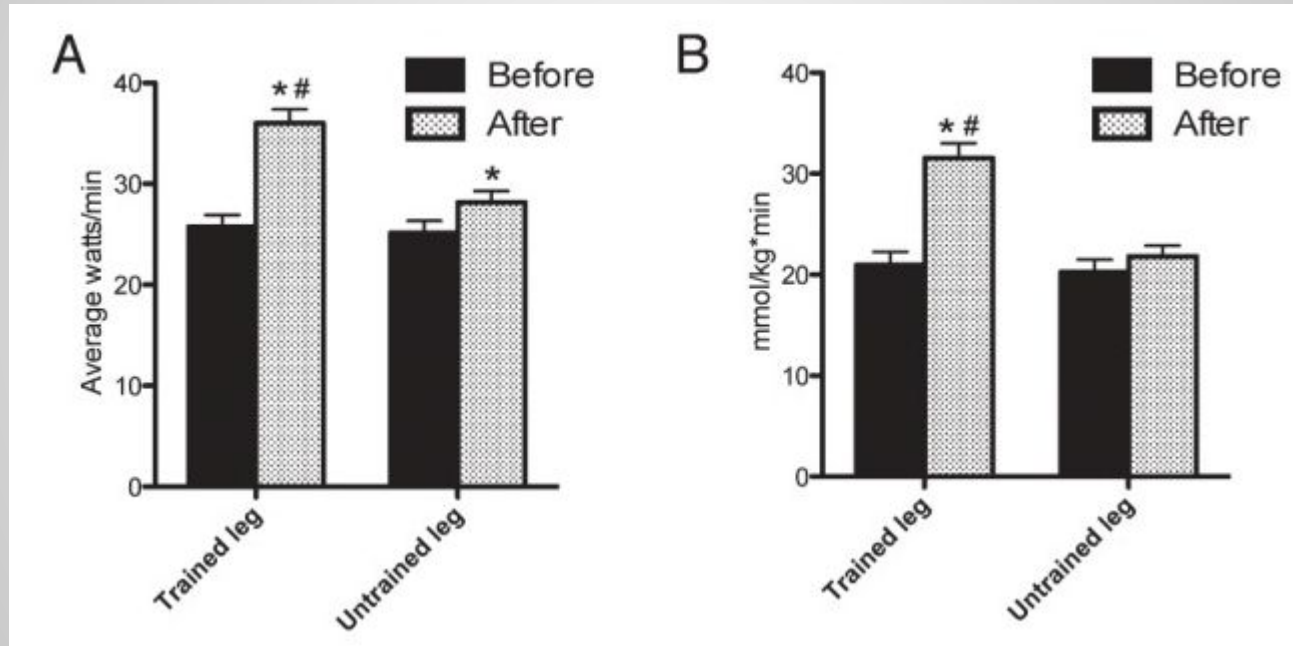
Rezultatai

Treniruočių poveikį atspindėjo reikšmingi DNR metilinimo ir genų ekspresijos pokyčiai regionuose, susijusiuose su raumenų energetika.

DNR metilinimas ir genų ekspresija skyrėsi priklausomai nuo lyties.

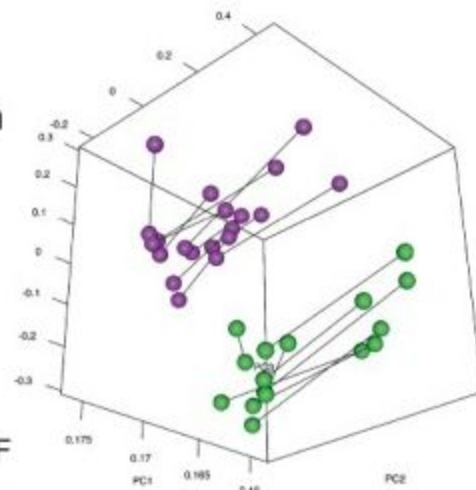
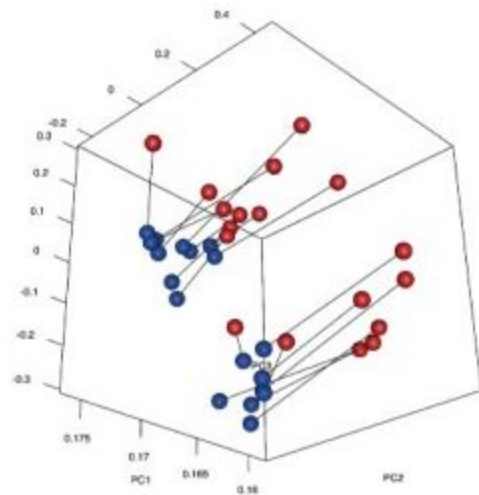
Didžiausi DNR metilinimo pokyčiai pastebėti genų stiprikluose, genuose ir tarpgeniniuose regionuose, mažesni CpG salose ar genų promotoriuose.

Rezultatai

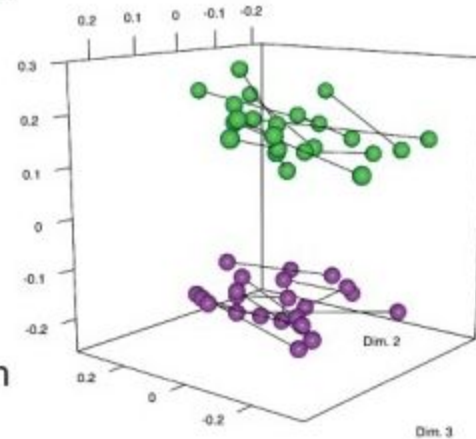
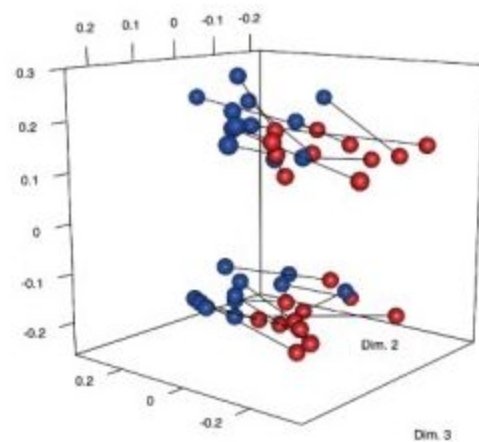


E

Methylation



● T2 ● F
● T1 ● M



Expression