小麦基因定位与基因组研究平台构建

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12058.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

小麦基因定位与基因组研究平台构建。

近日，中国农业科学院作物科学研究所（以下简称作科所）小麦基因资源发掘与利用创新团队牵头构建了小麦基因定位与基因组研究平台-WheatGmap（https://www.wheatgmap.org），为高效克隆小麦功能基因提供了一个有效的数据利用、分析和共享平台。近日，相关研究成果在线发表于《分子植物》。

作科所研究员孔秀英介绍，集群分离分析（BSA）作为一种在分离群体中鉴定目标基因的方法，由于其高效、低成本的优点被广泛应用。然而，对于缺乏生物信息学背景的研究者来说，如何深度分析高通量测序获得的数据、正确选择最优算法、有效利用已公布的海量数据成为当前应用BSA方法进行小麦基因快速定位和候选基因筛选的限速步骤。研发一个界面友好、易操作的专业性数据处理平台将对推动小麦研究有重要应用意义。

该平台目前整合并分析了超过3500份六倍体小麦的高通量测序数据，包括全基因组测序(WGS)，外显子组测序(WES)和转录组测序(RNA-seq)数据。为了方便用户利用这些资源，网站整合了SNP-index、 Euclidean distance (ED)、QTLseqr和varBScore四种BSA模型。此外，网站集成了序列比对、基因注释、表达分析、富集分析等序列分析和基因功能研究常用的工具。研究人员以黄绿突变体ygl1 基因的快速定位和克隆为例介绍了群体构建、数据在线分析、候选基因筛选等流程。WheatGmap为小麦研究者提供了一个界面友好、易操作的小麦基因定位与基因组研究平台，该平台整合了多种基于BSA定位的模型和大量的数据，可以帮助科研工作者利用BSA方法进行小麦基因定位、克隆与功能研究，也可以共享测序数据及表型数据。同时，随着泛基因组时代的来临，后续还会对平台进行数据更新与升级，使其功能变得更强大。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.11.018

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：孔秀英等 来源：《分子植物》

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发