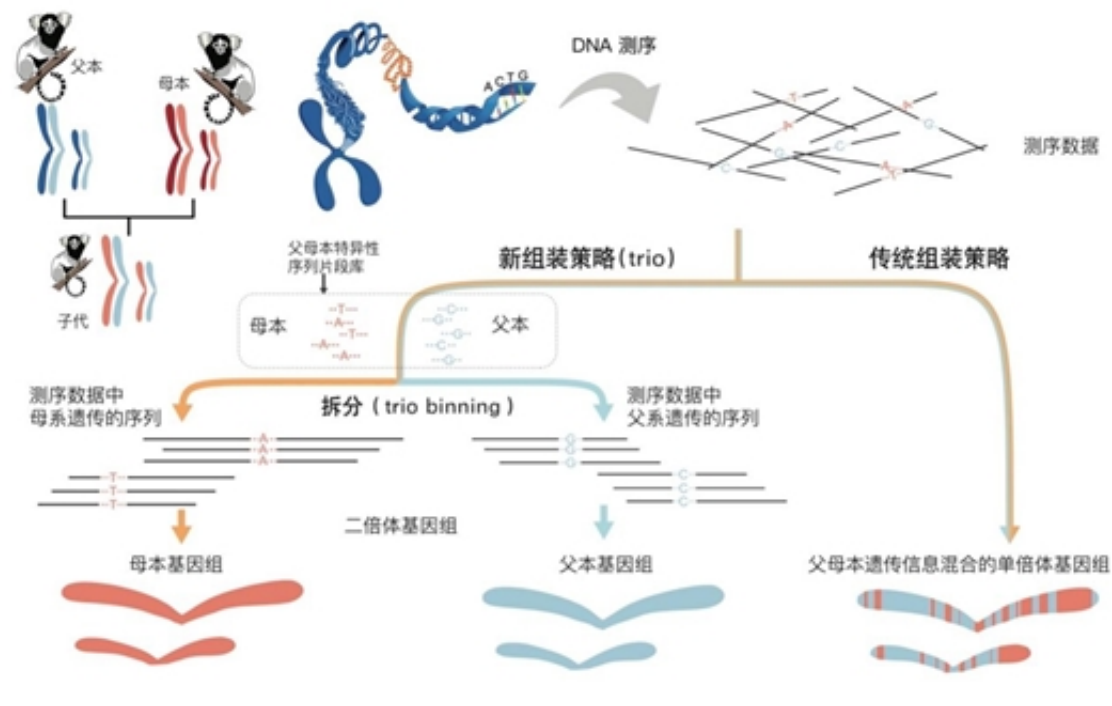
科学家构建灵长类基因组数据分析新模式

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/13692.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！

科学家构建灵长类基因组数据分析新模式。



子代个体的两套染色体一套来自于母亲，一套来自于父亲。传统组装策略获得的是遗传信息混合的基因组，新策略则可以通过父母本特异的序列得到遗传自父母本的两套完整的基因组数据。供图：杨琛涛、周旸绘

一项以狨猴为模式的研究，首次用新方式对该非人灵长类动物全基因组数据进行分析和组装，为高质量基因组分析提供了新方法模式。该研究由深圳华大生命科学研究院张国捷团队与国外科学家共同完成。论文于4月28日在《自然》上线。

本次研究涉及到的普通狨猴是原产地在南美的小型灵长类哺乳动物，成年的个体只有手掌大小，是医学研究常用的模式动物。狨猴与人类在解剖学、生理学和药物代谢方面具有许多共同特征。因此，对狨猴高质量遗传信息的解读，对于推进人类疾病研究非常重要。论文第一作者、深圳华

大生命科学研究院和哥本哈根大学联合培养的博士生杨琛涛说。

一般来说，由于染色体DNA是很长的生物大分子，研究人员很难对整条DNA分子进行测序，而是采用分而治之的方法先获得大小不同的数据片段，然后通过算法将这些数据组装成完整的染色体DNA信息。

而在此项研究中，研究人员首次尝试了新的方法。本文共同第一作者、深圳华大生命科学研究院副研究员周旸解释说：利用被测个体的父母本的测序数据进行遗传信息区分，我们的算法可以完美地将两条同源染色体分别组装出来。这样，我们就能获得全部染色体的遗传数据，这是一个很大的进步。相关的方法，未来可以应用到包括人类在内的更多物种的分析中。

我们也对狨猴生物学进行了分析。周旸补充，我们发现狨猴的Y染色体上比人多出了一段雄性特异性序列，而且在一些参与人类精子形成的基因在狨猴中丢失或者失去功能，这些变化可能与狨猴的婚配方式相关。我们也发现了一些卵细胞发育、卵巢功能相关的基因在狨猴里累积了许多有利于自然选择的变异，可能与狨猴更容易产下双胞胎的生殖方式有关。

今年是人类参考基因组草图序列公布20周年。但如何构建参考基因组序列仍是当前基因组研究的重点攻关领域。近几年基因组序列功能的研究对获得更高质量基因组提出了的新要求。完美参考基因组序列的定义也一直随着测序技术发展而更新。在此我们对二倍体物种完美基因组序列提出了新的标准，即二倍体细胞中的两套基因组应分别独立组装到染色体水平并含有极少的测序漏洞。本次研究我们论证了实现这一目标的可行性。该研究的通讯作者，深圳华大生命科学研究院、中国科学院昆明动物研究所研究员张国捷说，另外，高质量的狨猴基因组也为这个物种作为动物模型的医学研究提供重要遗传数据。（来源：中国科学报袁一雪）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41586-021-03535-x

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：杨琛涛等 来源：《自然》

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