今年底要测序3000个基因组

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/17258.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！

今年底要测序3000个基因组。1月17日，美国《国家科学院院刊》刊发了一组文章，描述了地球生物基因组计划（EBP）的目标、迄今的成就和下一步的行动。这意味着旨在绘制地球上所有植物、动物、真菌和其他微生物基因组图的EBP进入一个新阶段，从试点项目转向全面测序。

EBP特辑报道了生物学史上最大规模协同工作的本质和激动人心之处。EBP工作组主席、美国加利福尼亚大学戴维斯分校进化与生态学教授Harris Lewin说，从基础科学，到在一系列广泛紧迫的全球问题上的突破性应用——例如，防止生物多样性丧失、使粮食作物适应气候变化，EBP在真核生物测序方面的进展鼓舞人心。现在，我们似乎可以实现对所有真核生物进行测序的最终目标。

EBP于2018年11月启动，其目标是提供所有180万种已命名植物、动物、真菌以及单细胞真核生物的完整DNA序列目录。建立所有已知真核生物的DNA序列数字库有助于创造有效工具，来防止生物多样性丧失和病原体传播，监测保护生态系统，并加强生态系统服务。

该项目作为一个国际网络发挥作用，协同许多工作，例如，加利福尼亚保护基因组项目、达尔文生命树项目、脊椎动物基因组项目等。

2018至2020年是EBP的启动阶段。到2023年，EBP第一阶段的目标是产生代表约9400个分类科的参考基因组。迄今已产生大约200个这样的参考基因组，预计到2022年底将完成3000多个基因组的测序、组装和注释，约占第一阶段目标的1/3。

截至2021年12月，该项目涉及除南极洲以外各大洲22个国家44个成员机构的5000名科学家和技术人员。目前49个附属项目涵盖了主要的真核生物群体，获得了数以万计的高质量样本。（来源：中国科学报文乐乐）

相关论文信息：https://doi.org/10.1073/pnas.2115635118

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：Harris Lewin 来源：《国家科学院院刊》

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