
北京基因组所发布原核生物泛基因组数据库

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/20605.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！

北京基因组所发布原核生物泛基因组数据库

。相比于传统的比较基因组学分析，泛基因组学为开展物种基因组动力学、分类及鉴定、致病性和环境适应等研究提供了新视角。近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）国家基因组科学数据中心开发的原核生物

泛基因组数据库（[ProPan](#)

）正式上线，旨在提供多物种的基因组动力学特征，为物种关键抗性和代谢相关基因鉴定及其演化规律研究提供重要的数据资源。相关研究成果以ProPan: a comprehensive database for profiling prokaryotic pan-genome dynamics为题，在线发表在Nucleic Acid Research上。

ProPan剖析了多个原核生物物种的基因组动力学特征，并进行了基因簇核苷酸多样性计算、COG功能富集分析、31个关键代谢循环过程及图谱构建、126种物质（包括杀菌剂、抗菌药物和金属）抗性基因预测和基因存在/缺失变异分析等。目前，ProPan收集了432个属的1504个物种（23个古细菌物种、1481个细菌物种）的51,882个基因组（295个古细菌基因组、51587个细菌基因组）和182867222个基因簇。用户可以以物种作为基本单元，进行数据的浏览、搜索和下载。

研究工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、国家重点研发计划等的支持。

[论文链接](#)



ProPan数据库浏览、搜索及分析展示

研究团队单位：北京基因组研究所

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](https://www.iikx.com)转发