
植物多组学比较和进化研究平台发布

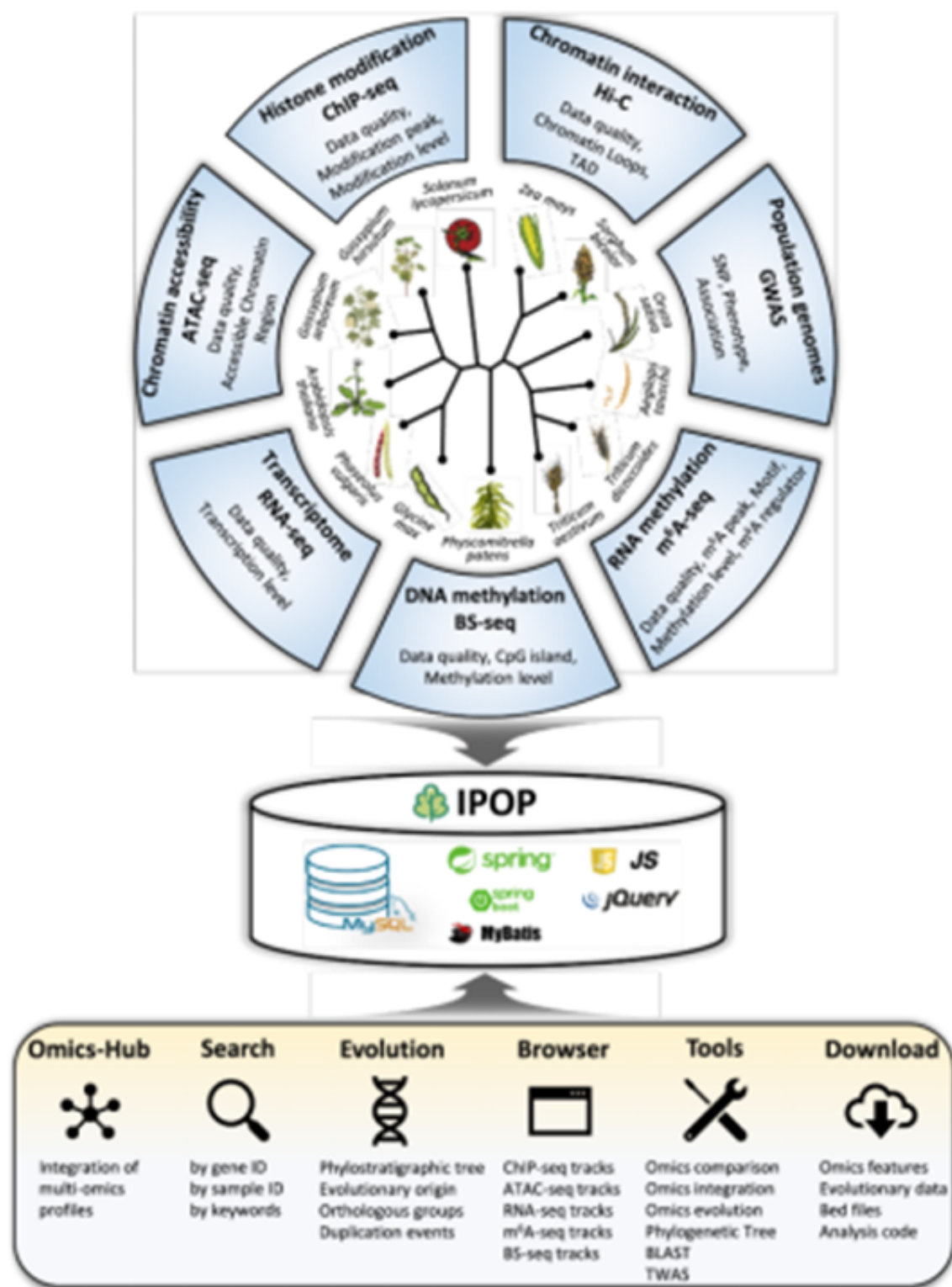
作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/25210.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！

植物多组学比较和进化研究平台发布。近日，西北农林科技大学生命科学学院马闯教授团队发布了植物多组学数据跨物种比较和进化研究的在线分析平台，相关成果发表在Molecular Biology and Evolution上。

进化是植物性状遗传多样性和适应生存环境的基础，而基因变异是物种进化的源动力。随着后基因组时代高通量技术的发展和运用，在DNA、RNA、蛋白等多个层面产生了大量的植物组学数据，为深入研究植物基因变异和物种进化机制提供了丰富的实验资源。由于不同来源的多组学数据具有规模大、维度高、噪音大、异质性强等特点，给数据的有效整合和植物进化研究造成了极大的障碍。



IPOP 平台架构

IPOP平台架构（西北农林科技大学供图）

为了解决上述问题，研究团队历时五年成功研发了用于植物多组学数据跨物种比较和进化研究的

IPOP平台。该项研究涉及苔藓、单子叶和双子叶三大类植物物种，收录了包括群体基因组、三维基因组、染色质可及性、转录组、DNA修饰、RNA修饰、组蛋白修饰等多维度的组学数据，采用统一标准化的流程对组学特征进行质量控制和整合分析，并对基因的进化起源、复制事件、同源关系等多种进化特征进行了系统的注释。此外，为了便于科研人员进行跨物种多组学比较和物种进化相关的个性化分析，研发了多个基于阿里云服务的在线分析工具，包括组学特征差异性分析工具、多组学整合分析工具、基因进化特征注释工具、系统发生分析工具、同源序列比对工具，以及组学特征与性状关联分析工具。在IPOP平台的支持下，研究团队先后完成解析了玉米、小麦等多个植物表观转录组的进化机制，挖掘了参与调控干旱胁迫响应的功能基因，相关研究论文发表在《Molecular Biology and Evolution》、《Plant Physiology》等学术期刊。综上所述，IPOP平台有望为植物性状相关功能基因挖掘和遗传进化机制解析提供强有力的数据基础和技术支撑。（来源：中国科学报 严涛 张行勇）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/molbev/msad248>

作者：马闯等 来源：《分子生物学与进化》

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