

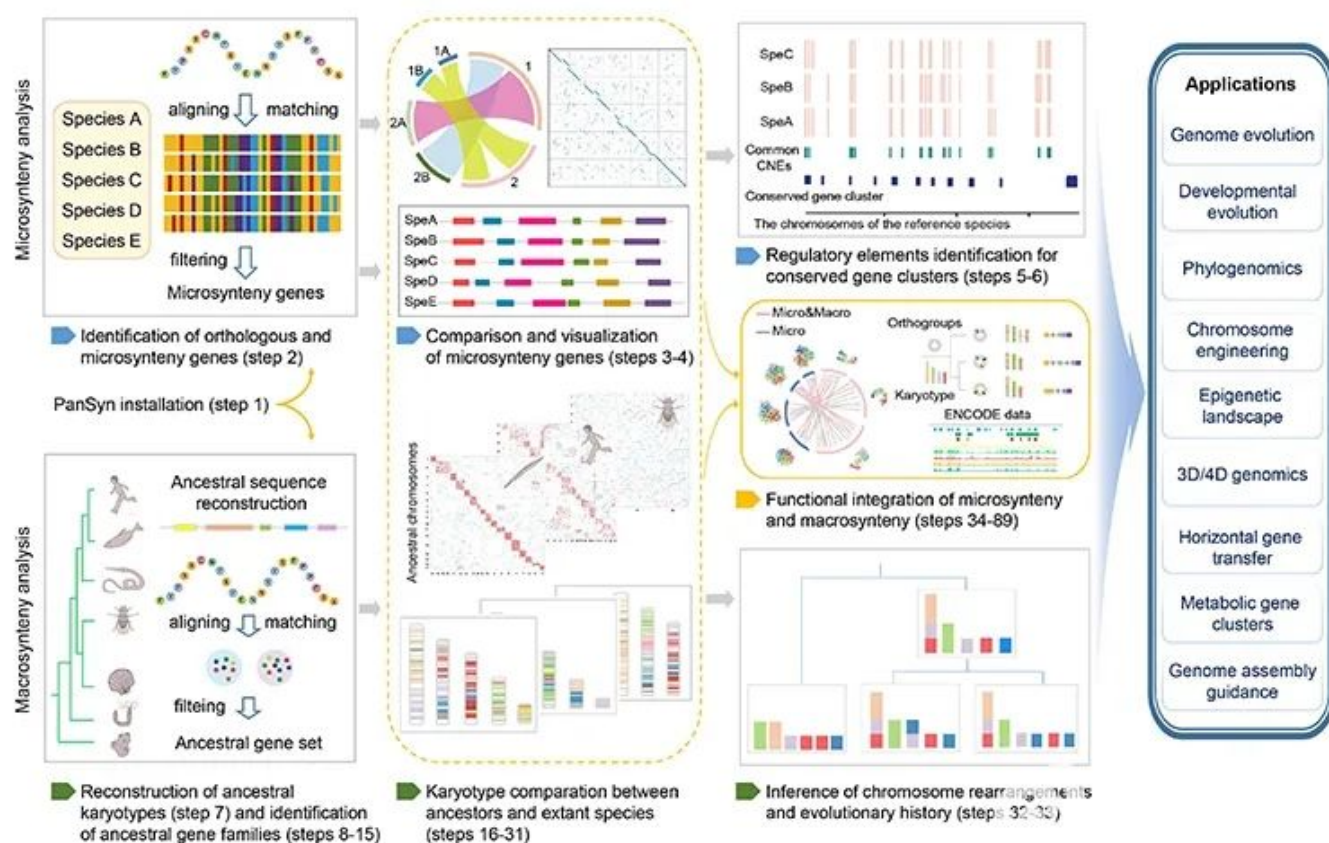
科学家研发国际首个整合宏微观基因组综合分析工具

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26916.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！

科学家研发国际首个整合宏微观基因组综合分析工具。近日，记者从中国海洋大学海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室、方宗熙海洋生物进化与发育研究中心获悉，中国工程院院士包振民和教授王师团队在基因组系统解析工具开发方向取得重要进展。据悉，团队开发出国际首个整合宏观/微观进化基因组和功能基因组的综合分析工具PanSyn，研究成果发表在《自然协议》。



PanSyn流程概览。中国海洋大学供图

阐释基因组的结构和功能是解码地球生命史和生物多样性的核心。高通量测序技术的革命性突破及各类组学技术的广泛应用，为生命科学领域带来前所未有的发展契机，推动生命科学研究快速

进入大数据时代。

对大部分生物类群，特别是非模式海洋生物而言，至今缺乏深度系统的基因组学分析工具，以适应日益增长的复杂海量组学数据的分析需求，且深刻解析基因组结构与功能进化的本质规律。

在过去的十几年里，利用微观/宏观共线性分析所开展的比较基因组学研究带来了生物学领域诸多重大发现和突破。目前，大多数共线性分析方法主要集中在微观进化尺度上，或仅在微观或宏观单一进化尺度上进行研究，鲜有对两个尺度的综合分析，严重阻碍了对基因组的泛进化历程及其背后蕴藏的功能意义的全面理解。

针对国际基因组学领域面临的共性挑战，研究团队开发了迄今最全面系统的整合宏观/微观进化基因组和功能基因组的综合分析工具，其不仅包含功能全面的微观共线性分析模块，还极大弥补了宏观共线性分析工具匮乏的局面，并创新提出整合微观和宏观共线性以及调控组学数据的集成式分析模块。

与主流软件和工具相比，该工具具有显著优势——在微观共线性分析方面，可实现从单一到多重比对、从简单到复杂倍性、从低维到高维网络、从结构到功能的全面微观共线性分析；在宏观共线性分析方面，可实现祖先基因组重建、古老基因家族聚类、核型保守性估算以及染色体进化过程系统推断；在整合分析模块方面，首次提出从微观到宏观和从宏观到微观的双重整合策略，实现祖先与现存物种之间的基因组泛进化尺度的系统推演和解析。同时，实现整合多维功能组学数据，为理解基因组进化提供更全面深入的功能解读视角。

研究团队提供了详尽的PanSyn使用说明和应用演示，其高度定制化的特征可满足用户对感兴趣的物种或类群的特定分析需求。PanSyn是国际首个整合宏观/微观进化基因组和功能基因组的综合分析工具。PanSyn将为全面解析基因组进化、基因资源开发利用等提供有力工具，以助推生命科学领域的创新发现和重大突破，实现最终描绘出整个生命之树的发展演变的全貌。

该研究得到崂山国家实验室、国家自然科学基金、国家重点研发计划、山东省重点研发计划和泰山学者计划等项目资助。（来源：中国科学报 廖洋 左伟）

论文相关信息：<https://doi.org/10.1038/s41596-024-00966-4>

作者：包振民等 来源：《自然协议》

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