研究提出准确识别基因组间直系同源共线性的新方法

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/32971.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！

研究提出准确识别基因组间直系同源共线性的新方法

。共线性是指同源基因在染色体上的保守排列现象，其基因顺序源于共同祖先。依据演化起源差异，共线性可划分为直系同源共线性和
旁系同源共线性。直系同源共线性由物种分化事件产生，旁系同源共线性则由基因组复制事件（WGD）形成。值得注意的是，旁系同源共线性根据基因组复制与物种分化时间的相对顺序可进一步细分为两类，当复制事件早于物种分化时形成外旁系同源共线性，反之则产生内旁系同源共线性。在植物基因组演化研究中，频繁发生的WGD事件导致旁系同源共线性在基因组中广泛存在，因而对直系同源共线性的准确鉴定构成严峻挑战。

中国科学院昆明植物研究所
研究员马永鹏团队联合国际、国内科研机构开发了直系同源指数（OI），以度量共线性的直系同源水平，其定义为种间共线性区块内直系同源基因的占比。理想状态下，直系/外旁系共线性的OI值分别趋近于1和0。实际分析表明，二者呈现两级分化的特征（高OI值 vs 低OI值），据此可有效区分两类共线性（图1）。通过对近百例真实植物基因组数据进行验证及利用模拟数据集进
行基准测
试，确认了OI方法
在识别直系同源共线性上的稳健性和
准确性。相较于传统K_S分析及其他工具（如QUOTA-ALIGN、WGDI -c、MCScanX_h、SCORPIOs等），OI在WGD与物种分化时间间隔（ΔT）较小时展现出更高的准确度和稳健性（图2）。同时，研究团队构建了自动化分析工具SOI，支持共线性可视化、过滤及下游系统发育分析。

该方法在基因组演化研究中具有广泛的应用前景，包括但不限于：WGD事件准确鉴定，通过直系同源共线性模式解析了伞形科与五加科共享的四倍化事件及特异性WGD事件；网状演化历史的准确推断，揭示了拟南芥、花生、小麦和罂粟等物种的杂交/异源多倍化历史；系统发育重建，利用OI推断的直系同源基因群（SOGs），重建了核心真双子叶植物演化框架，解决了基于传统orthogroups方法的外旁系基因干扰问题。

相关研究成果以*SOI: Robust identification of orthologous synteny with the Orthology Index and broad applications in evolutionary genomics*为题，发表在《核酸研究》（*Nucleic Acids Research*）上。研究工作得到国家重点研发计划、昆明植物所战略先导计划等的支持。

论文链接

自动化分析工具SOI

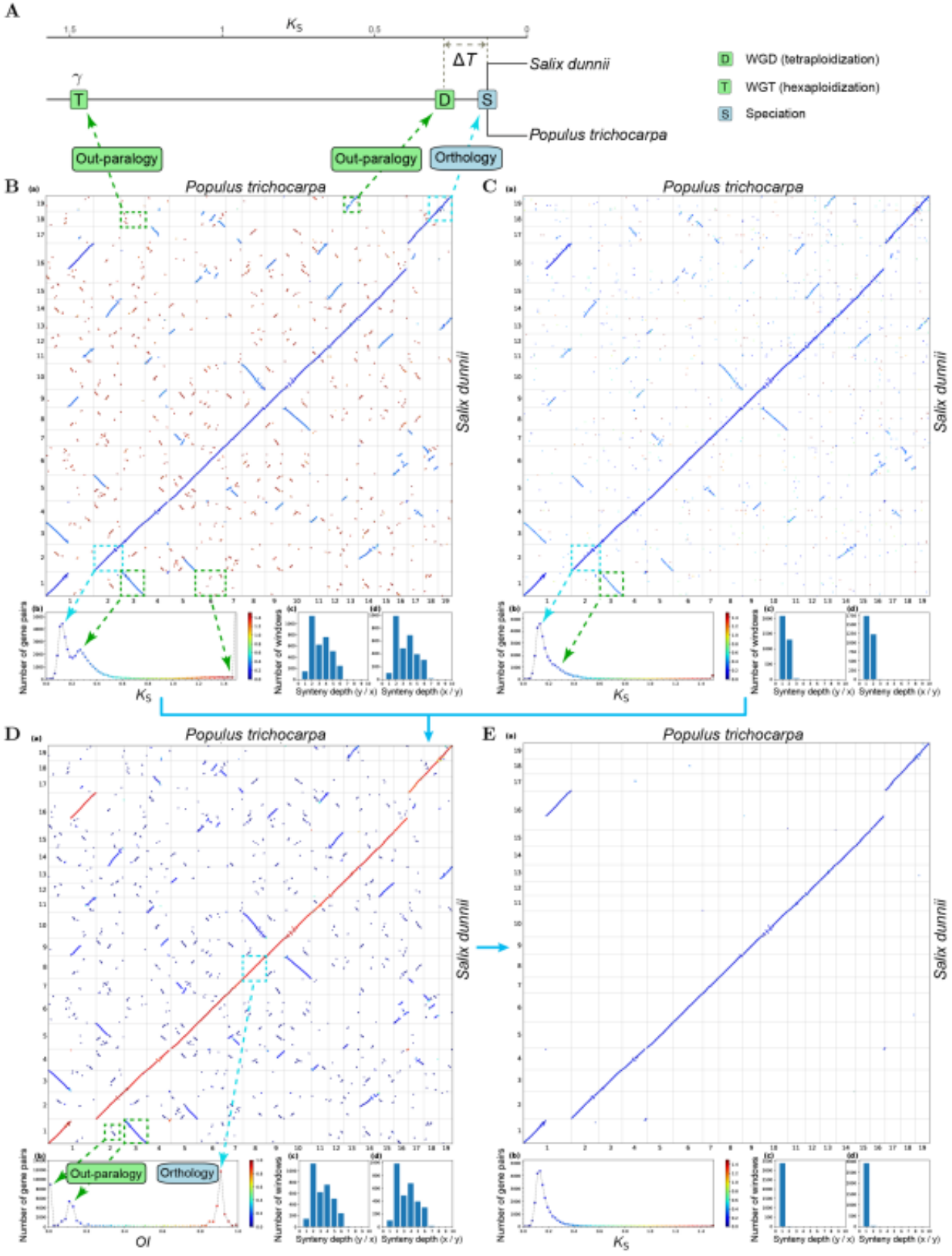


图1.　OI检测直系同源的共线性：以毛白杨-长梗柳为例。

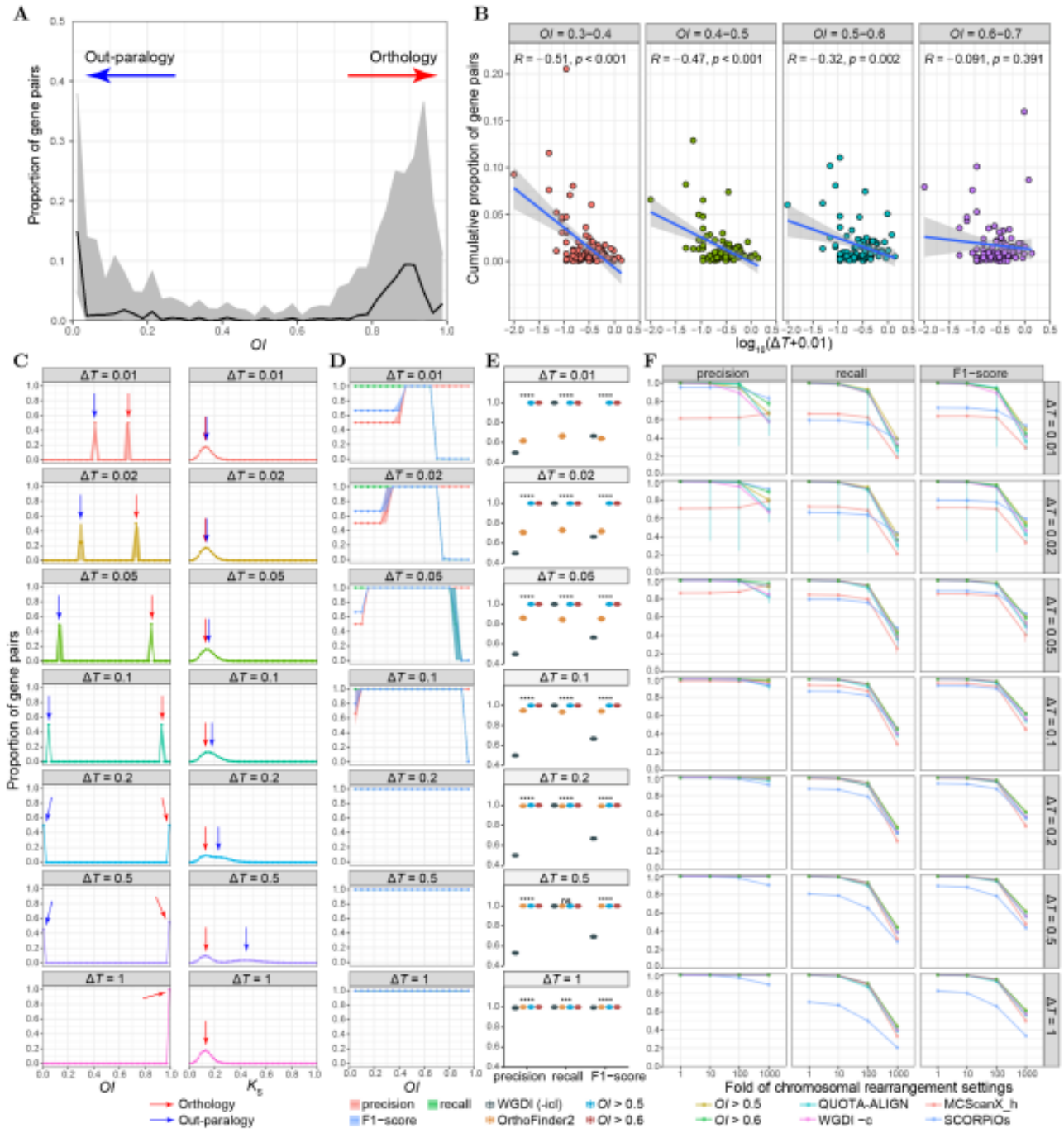


图2.　OI在真实数据集和模拟数据集中的表现。

研究团队单位：昆明植物研究所

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转发