
成都生物所在高通量测序用于微卫星筛选研究中取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/3473.html>

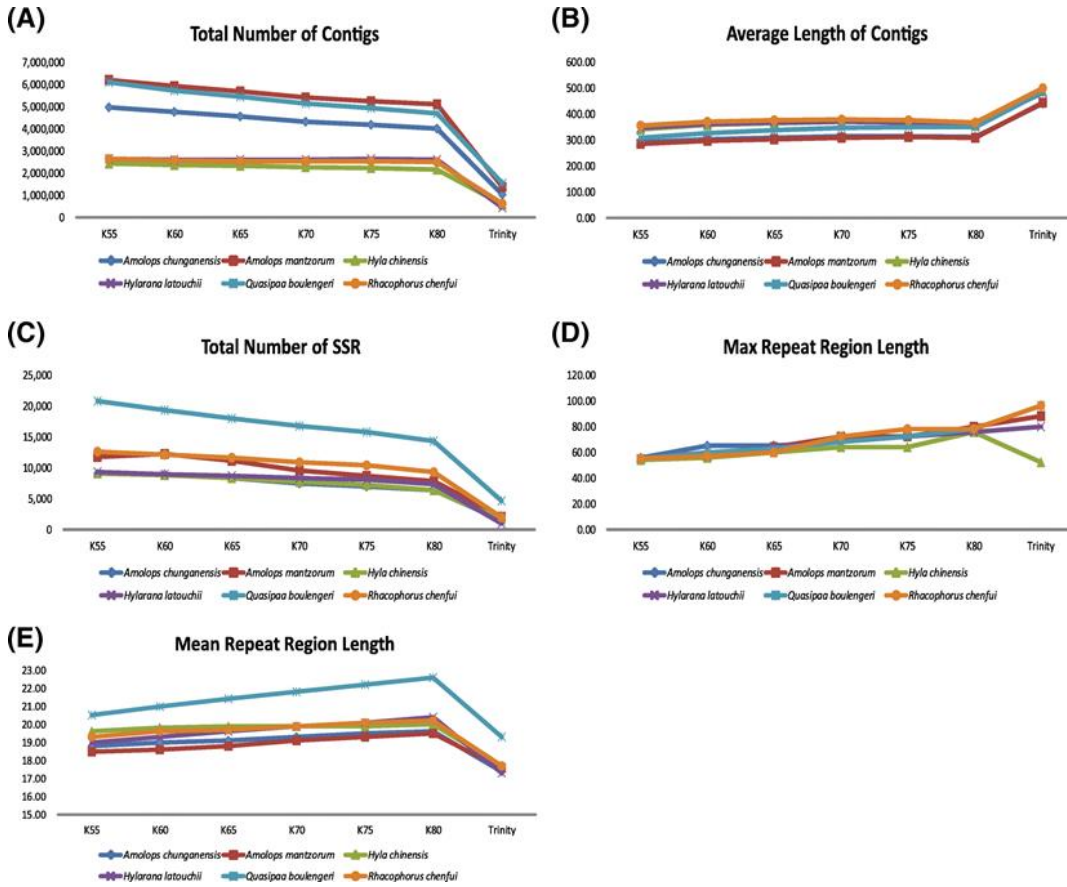
本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

成都生物所在高通量测序用于微卫星筛选研究中取得进展。高通量测序已经越来越多的用于生物学的研究。这些海量的数据中包含多种可用于进化和保护研究的分子标记。其中，微卫星分子标记由于其多态性较高，易于扩增等特点，广泛用于种群及保护遗传研究中。

中国科学院成都生物研究所研究员曾晓茂团组成员夏云，针对两栖类微卫星跨物种扩增困难，而高通量测序相对便利的背景下，探讨了不同来源、不同拼接方法、测序深度等对微卫星筛选结果的影响。对利用高通量数据筛选微卫星标记提供了综合性的评估。研究发现，微卫星筛选的数量随着数据量及读长的增加而增加。数据拼接的策略会显著影响微卫星的筛选结果，即K值越大，产生的微卫星数量少，但这些位点的重复次数多，暗示了更高的多态性。另外，转录组得到的微卫星位点相对于基因组位点显示出较低的多态性但更易于与功能位点相关。

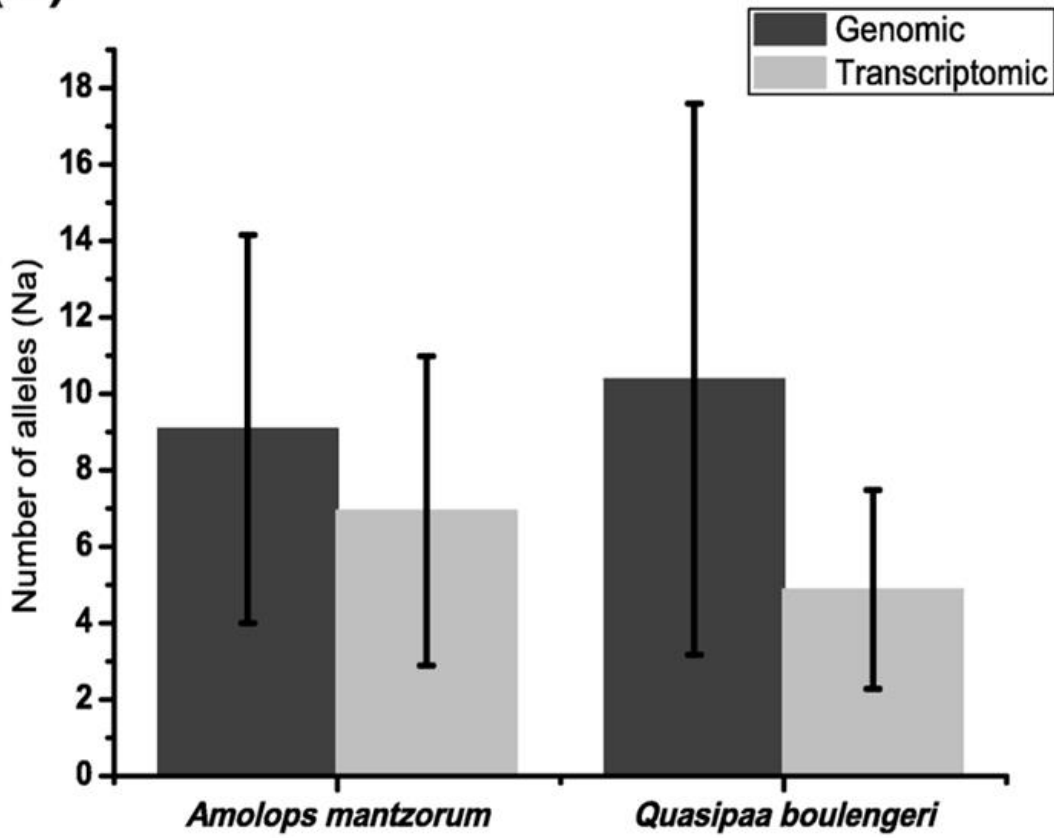
研究结果近期以 *Microsatellite development from genome skimming and transcriptome sequencing: comparison of strategies and lessons from frog species* 为题发表在国际基因组学期刊 *BMC Genomics* 上。

论文链接

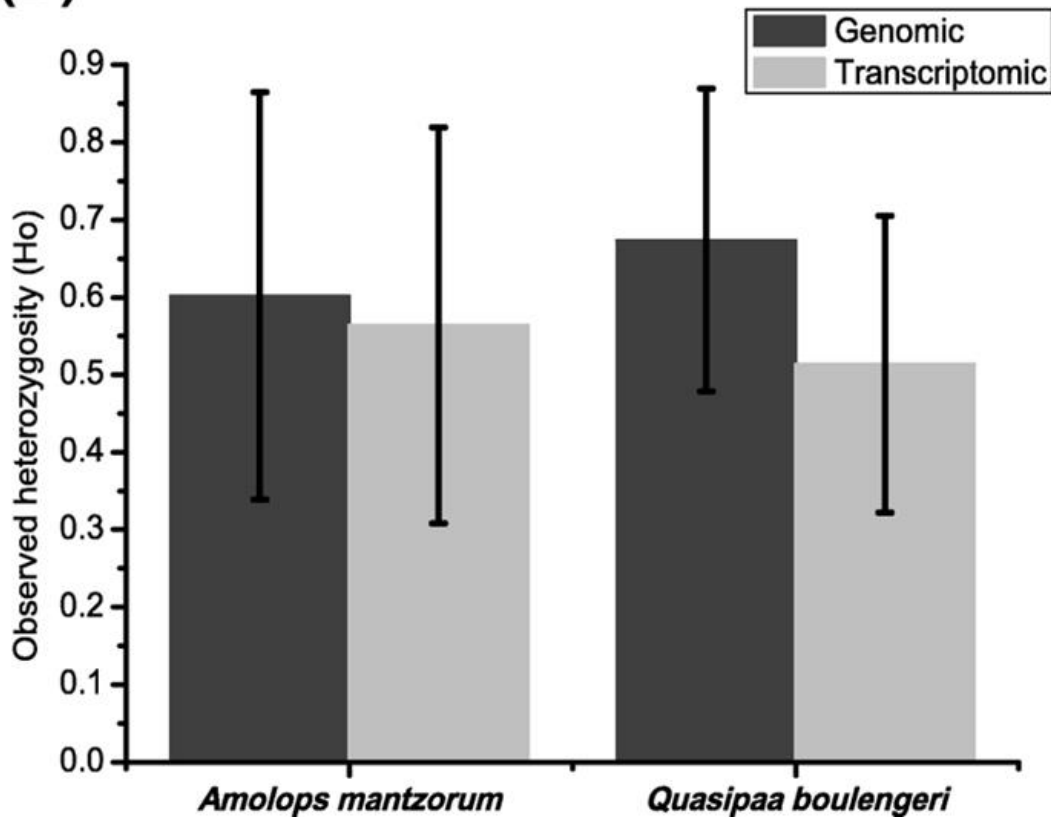


六种蛙类基因组不同拼接策略得到的微卫星位点差异

(A)



(B)



转录组和基因组筛选得到的微卫星多态性差异比较

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](http://www.iikx.com)转发