科研人员开发出大规模基因组CNEs鉴定与进化评估新工具

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/41178.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！

科研人员开发出大规模基因组CNEs鉴定与进化评估新工具。

保守非编码元件（CNEs）是一类不编码蛋白质、但在长期进化过程中保持高度保守的DNA序列，在基因表达调控等生物学过程中发挥重要作用。随着基因组测序数据积累，如何从大规模、跨物种基因组数据中高效、准确地鉴定CNEs，并解析其进化模式，成为比较基因组学和生物信息学研究面临的重要挑战。

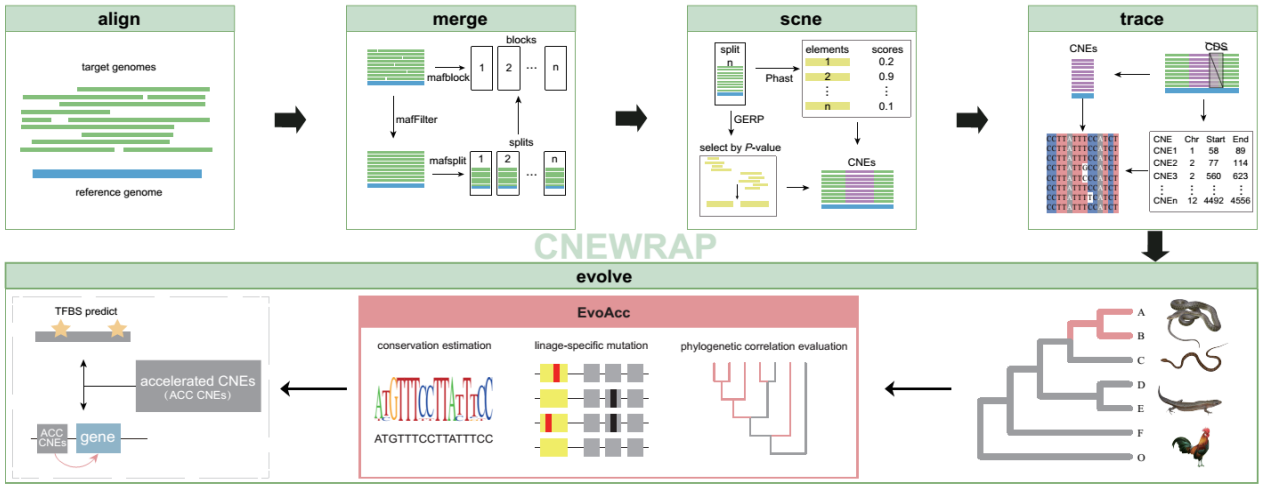
中国科学院成都生物研究所研究团队开发了集全基因组比对、CNEs鉴定和快速进化评估于一体的模块化分析工具CNEwrap，创新性地提出了快速进化评估算法EvoAcc，能够精确高效地鉴定指定物种或谱系中CNEs的快速进化信号。

研究人员在不同进化情景下对EvoAcc与现有主流快速进化检测算法进行了比较。结果显示，EvoAcc具有较高的预测准确率和精确率，且CPU占用和内存消耗的增长速率均低于其他同类算法。

CNEwrap实现了从全基因组比对、CNEs鉴定到快速进化评估的全流程自动化分析，降低了跨物种比较基因组分析的技术门槛和使用成本，为大规模基因组CNEs的系统鉴定及其进化动态解析提供了一套兼具高效性与准确性的分析方案，并有望为保护生物学相关的功能基因组学、群体基因组等研究提供有效的方法学补充。

相关研究成果发表在《核酸研究》（*Nucleic Acids Research*）上。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金和四川省科技计划等的支持。

论文链接



保守非编码元件鉴定流程与评估算法EvoAcc核心组成

研究团队单位：成都生物研究所

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