家犬基因组研究国际联盟发表dog10K计划白皮书

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/4821.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！

家犬基因组研究国际联盟发表dog10K计划白皮书。2016年，来自世界各地的20多位科学家成立家犬基因组联盟，全面深度探讨家犬起源与驯化、人工选择、疾病机制、医学模型等重大科学问题。自成立后，科研工作积极有序进行，近期研究联盟在国际刊物National Science Review上发表dog10K计划白皮书。

研究联盟指出，家犬是行为和表型最为多样的哺乳动物，并且比其它任何非人类哺乳动物都具有更多已知的遗传性疾病。对精选的犬科动物、家犬品种、土狗进行基因组变异的分析和描述，有助于加深对犬科动物进化历史和遗传结构的理解。迄今为止，还未对世界范围内犬科动物开展有组织的测序工作。Dog10K联盟是一个由世界各地的研究人员组成的国际合作组织，旨在五年内对10000只犬科动物进行20X以上的全基因组测序。这项工作将获取世界范围内的犬科动物表型以及地理差异上的遗传多样性信息。目前已经对大量的品种犬、土狗及其外群进行了全基因组测序，并且对一些犬科动物进行了基因组的从头组装。这些前所未有的数据集将帮助解决犬科动物驯化、品种形成、行为和形态变化等一些遗传学上的问题。更广泛地说，这项工作将增进对人类和犬类健康的理解。

家犬基因组研究联盟亦展望了dog10k基因组计划的分工和合作。在样品采集方面，Dog10K团队的目标是采集覆盖全世界范围内犬科动物样本，包括土狗、野生犬科动物以及一些在正式定义之外未登记的犬种，和一些可用于检测到更多祖先等位基因的外群。这些野生犬科动物和土狗有助于解读狗驯化初期的群体历史，小众品种犬将帮助揭示狗随人类周游世界时所经历的自然选择，而一些常见的品种犬将被用于犬类动物形态、行为、疾病易感性等遗传学研究。在生物信息和数据共享方面，Dog10K团队将基于GATK的一些最优实例建立一个标准的SNV calling流程，对样本进行单核酸多样性、单体型、重组图谱等一些基本的遗传学分析。原始数据(fastq，bam，和VCF)通过中国科学院北京基因组研究所的GSA系统(http://gsa.big.ac.cn/)和idog数据库(http://bigd.big.ac.cn/idog/)共享，同时将在dog10k网站(http://www.dog10kgenomes.org)上更新团队的最新进展，包括收集的样本数量、品种、性别、地理分布等相关元数据信息。Dog10K计划的目标是建立一个与人类基因组计划水平相当的资源平台，整合所有研究团队提供的宝贵数据，并以开放的形式迎接合作。

中科院院士、中科院昆明动物研究所研究员张亚平，美国国立卫生院Elaine A. Ostrander为文章的通讯作者，昆明动物所研究员王国栋为文章的第一作者。该研究受到中科院战略先导专项(动物复杂性状的进化解析与调控)、国家自然科学基金委集成项目(多组学视角下家犬行为微进化的基因相互作用机制)、国家自然科学基金委创新群体项目(动物微形态进化的遗传创新基础)和中科院青促会项目的资助。

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