



- 新闻 频道
- 校园快讯 华农人物
- 人才培养 狮山时评
- 科学研究 媒体华农
- 学术交流 南湖视点
- 社会服务 电子校报
- 青春
- 光影
- 网视
- 悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

IAnimal发布:为大数据驱动的动物智能育种提供支撑

动物遗传育种团队发布动物跨物种多组学知识库IAnimal

2022-10-28 11:29

我要评论 0

扫描到手持设备 字号: T T

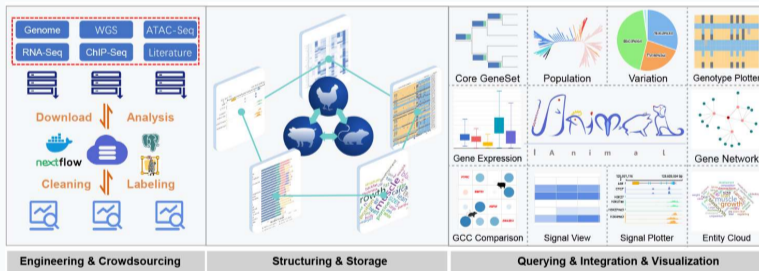
核心提示: 10月27日, 国际学术期刊Nucleic Acids Research刊登了我校动物遗传育种团队构建的跨物种多组学知识库IAnimal。文章题为IAnimal: A cross-species omics knowledgebase for animals。本研究提供了猪、鼠、鸡、狗等21个物种的61191个 (846.46 TB) 个体水平的生物多维组学数据 (WGS/RNA-Seq/ChIP-Seq/ATAC-Seq), 以及基于2794237篇摘要的文献组学信息。利用知识库提供的数据挖掘工具和灵活的API接



I A n i m a l

南湖新闻网讯 (通讯员 刘小磊 付玉华) 近日, 动物科学技术学院、动物医学院赵书红教授团队在Nucleic Acids Research (《核酸研究》) 期刊在线发表了题为“*IAnimal: A cross-species omics knowledgebase for animals*”的研究成果。本研究发布了国际规模最大的动物跨物种多组学知识库, 对猪、鼠、鸡、狗等21个物种的WGS、RNA-Seq、ChIP-Seq、ATAC-Seq等生物多维组学数据以及文献组学数据进行了统一清洗和分析, 提供了灵活的数据API接口和便捷的数据挖掘工具, 极大的提升了公共组学大数据的复用性, 为大数据驱动的动物智能育种奠定了基础。

随着高通量测序技术的快速发展, 多维度的生物组学数据呈现超指数型增长, 整合利用多维组学数据为解读基因调控机理, 推进生物系统的全面解析带来了前所未有的机遇。然而, 挑战与机遇并存, 组学大数据的到来也为基因功能研究带来了巨大挑战。首先, 组学数据种类繁多, 数据来源复杂, 数据描述标准不一, 数据清洗难度大。其次, 组学数据量巨大, 对数据分析、存储以及检索效率的要求较高。同时, 如何将多维组学数据进行高效整合分析也面临极大挑战。



IAnimal知识库框架示意图

为解决上述问题, 赵书红教授团队基于众包理念开发了数据在线清洗工具, 多个用户可以同时在线对数据进行清洗, 工具将自动利用这些信息相互纠错。同时基于工程化思想, 实现了数据自动下载、分析以及结构化, 并针对标准统一的数据设计了灵活的数据调用接口。最后, 利用上述数据接口, 基于前后端分离技术提供了25个数据查询、挖掘以及可视化的功能模块, 用户能够利用这些模块实现多维组学数据查询、整合分析以及跨物种比较。

今日推荐

- 狮山大爱伴君行: 2020年毕业典礼隆重举行
- 2020年毕业典礼暨学位授予仪式组图
- 【毕业季】毕业生返校日: 温暖涌动狮山
- 【毕业季】生命的绽放: 万千纸鹤在这里翱翔
- 风雨无阻!“异曲同工”工学院2020年现代农业
- 华中农业大学师生青春告白祖国 立志强农兴农



新闻排行

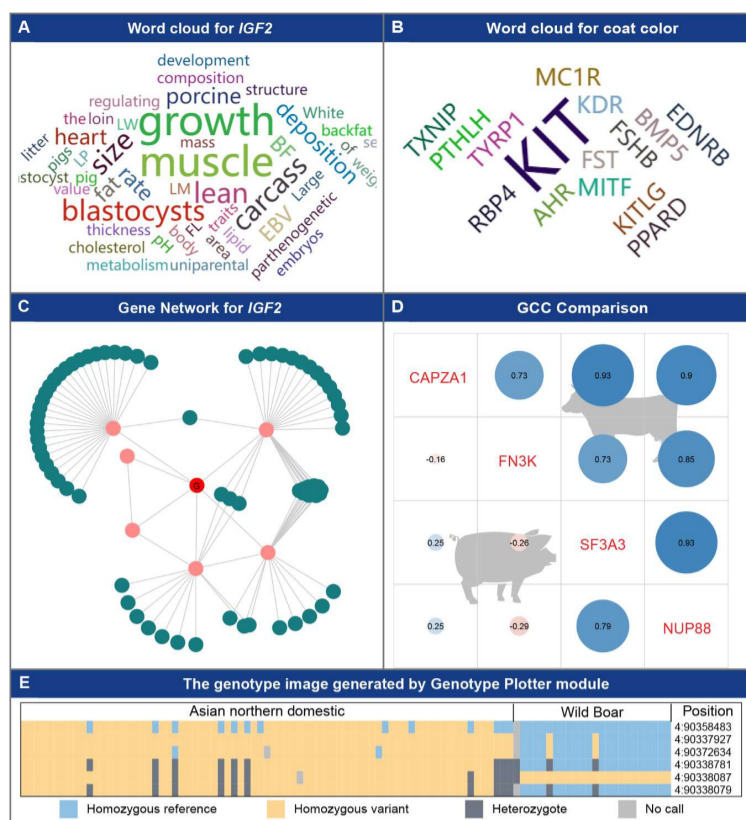
- 1 张启发院士: 一流的博士生需要有远大的志向
- 2 我校获批20项国家重点研发计划项目
- 3 我校获批6项国家自然科学基金区域创新发展联合基
- 4 李召虎: 职称评审要坚持高质量和卓越导向
- 5 我校学者揭示mRNA m6A甲基化转移酶复合体
- 6 我校在第八届中国国际“互联网+”大学生创新
- 7 2022年智慧农业产学研生态峰会在我校开幕
- 8 我校精准营养与代谢团队揭示哺乳动物假基因的
- 9 张启发院士就新出台学术规范答记者问
- 10 中国-巴基斯坦园艺研究与示范中心揭牌仪式在

推荐图片



直击: 2022年毕业典礼暨学位授予
定格青春 “我与校长拍张照”
纸鹤与梦想齐飞翔
“钢铁长龙” 毕业巡游欢乐举行

推荐视频



IAAnimal调用案例。A、通过文献组学数据可视化结果直观判断IGF2基因和肌肉生长相关；B、通过数据可视化结果判断KIT、MITF等基因和毛色相关；C、与IGF2高度相关的基因构成的调控网络；D、CAPZA1、FN3K、SF3A3和NUP88基因在猪和牛之间的调控模式比较；E、亚洲北方家猪和野猪在指定位点的基因型分布。

IAAnimal致力于利用跨物种多组学大数据帮助用户挖掘基因功能，在充分利用海量公共数据的同时减少大量重复计算带来的能源消耗。其核心在于灵活的数据API接口，用户对海量组学数据的应用不仅仅局限于知识库提供的在线工具，更可以根据实际需求调用感兴趣的数据进行下游挖掘和分析。例如，利用文献组相关接口，用户能够快速分析指定基因潜在生物学功能以及指定性状的潜在调控基因；利用相关系数接口，用户可以快速获取指定基因紧密相关的基因并连接成网络。同时，结合同源基因相关接口，即可方便的比较基因在不同物种中的调控模式差异；利用基因分型接口，用户仅需要根据实验目的选择合适群体，即可获得指定位点在这些群体中的基因型矩阵用于进行下游分析。

未来，IAAnimal将持续从更多的维度提供更全面的多维组学信息，基于深度学习技术开发智能整合算法以及相应的数据挖掘和可视化工具；以丰富的组学大数据为驱动，产出知识来填补基因组和表型组之间的空白。

动物科学技术学院、动物医学院博士后付玉华为论文第一作者。赵书红教授、刘小磊教授为论文共同通讯作者。该研究工作得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金以及博士后科学基金等项目的资助。

审核人：赵书红

IAAnimal知识库：<https://ianimal.pro>

IAAnimal使用示例：<https://ianimal.pro/reception/help>

原文链接：<https://academic.oup.com/nar/advance-article/doi/10.1093/nar/gkac936/6775392#>

责任编辑：刘涛

复制网址 打印 收藏

0

67.1K

[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

Copyright 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有：华中农业大学

网站运营：党委宣传部(新闻中心)