



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



- 首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

版纳植物园开发一种简便易行的利用全基因组数据构建进化树的方法

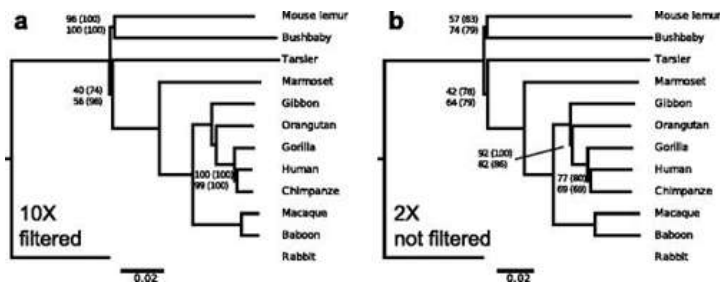
文章来源: 西双版纳热带植物园 发布时间: 2015-11-24 【字号: 小 中 大】

我要分享

随着测序变得越来越普遍、越来越便宜, 很多科研人员都开始尝试测一测自己关心的物种的基因组。对于生态学家来说, 关心的物种千奇百怪, 且多是前人没有测过的, 相当于没有一个模版。测出来的数据长则几百, 短则几十, 很零碎, 在没有模版的情况下很难组装成一个完整的基因组, 便也难起大的作用。

针对现阶段测序技术测出来的片段较短、已组装成型的基因组较少的现状, 中国科学院西双版纳热带植物园动植物关系组的博士研究生范欢在导师Tony Ives, Yann Surget-Groba 和Chuck Cannon 的指导下, 开发了名为Alignment and assembly-free (AAF) 的软件包, 用于直接分析测序仪上下来的原始数据, 不经组装和比对, 通过原始序列里短序列的相似度计算基因组之间的遗传距离, 然后用以构建进化树。之前也有很多不经比对或者同时不经组装就构建进化树的方法, AAF最大的优势在于它并行处理大规模数据的能力。处理人类基因组大小的基因组产生的测序数据亦不在话下。同时它还拥有修复测序错误和计算bootstrap值的功能, 是一款实实在在为用户考虑的软件。

该研究以An assembly and alignment-free method of phylogeny reconstruction from next-generation sequencing data 为题发表在BMC Genomics上, 发表后被标为“Highly accessed”文章。



用AAF处理灵长类基因组数据后得到的进化树, 未标注的节点表明100%的支持率。

(责任编辑: 叶瑞优)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们 地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864

热点新闻

中科院与广东省签署合作协议 ...

- 白春礼在第十三届健康与发展中山论坛上...
中科院江西产业技术创新与育成中心揭牌
中科院西安科学园暨西安科学城开工建设
中科院与香港特区政府签署备忘录
中科院2018年第三季度两类亮点工作筛选结...

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【时代楷模发布厅】王逸平 先进事迹

专题推荐

