



新闻中心首页

图片新闻

要闻

科研进展

学术活动

人教动态

合作交流

党政工作

专家观点

媒体报道

当前位置: 首页» 新闻中心» 图片新闻

科学家构建小麦基因定位与基因组研究平台

分享:

文章来源: 中国农业科学院作物科学研究所 作者: 发布时间: 2020-12-18

【字体: 大 中 小】

院网信息发布与管理

近日, 中国农业科学院作物科学研究所小麦基因资源发掘与利用创新团队牵头构建了小麦基因定位与基因组研究平台——WheatGmap (<https://www.wheatgmap.org>), 为高效克隆小麦功能基因提供了一个有效的数据利用、分析和共享平台。相关研究成果在线发表于《分子植物 (Molecular Plant)》。

据孔秀英研究员介绍, 集群分离分析作为一种在分离群体中鉴定目标基因的方法, 由于具有高效、低成本的优点被广泛应用。然而, 对于缺乏生物信息学背景的研究者来说, 深度分析高通量测序获得的数据、正确选择最优算法、有效利用已公布的海量数据成为当前应用集群分离分析方法进行小麦基因快速定位和候选基因筛选的限速步骤。因此, 研发一个界面友好、易操作的专业性数据处理平台将对推动小麦研究有重要应用意义。

该平台目前整合并分析了超过3500份六倍体小麦的高通量测序数据, 包括全基因组测序(WGS)、外显子组测序(WES)和转录组测序(RNA-seq)数据。为了方便用户利用这些资源, 网站整合了SNP-index、Euclidean distance (ED)、QTLseqr和varBScore四种集群分离分析模型。此外, 网站集成了序列比对、基因注释、表达分析、富集分析等序列分析和基因功能研究常用的工具。研究人员以黄绿突变体 *yg11* 基因的快速定位和克隆为例介绍了群体构建、数据在线分析、候选基因筛选等流程。WheatGmap为小麦研究者提供了一个界面友好、易操作的小麦基因定位与基因组研究平台, 整合了多种基于集群分离分析定位的模型和大量的数据, 可以帮助科研工作者利用集群分离分析方法进行小麦基因定位、克隆与功能研究, 也可以共享测序数据及表型数据。同时, 随着泛基因组时代的来临, 后续还会对平台进行数据更新与升级, 使其功能变得更强大。



Mapping

Mapping via BSA -

Mapping Result -

Variation

Query by samples -

Query by group -

Tools

Blast -

Gene -

Sequencing -

Expression -

Enrichment -

Document

Materials -

Gene Mapping -

Data Prepare -

Data Share -

Gallery -

WheatGmap页面

该研究得到国家重点研发计划、中国农科院科技创新工程和国家自然科学基金等支持。(通讯员 卫斐)

原文链接: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.11.018>



打印本页



关闭本页



网站地图 | 联系我们 | 公众问答 | 网站纠错

主办: 中国农业科学院 承办: 中国农业科学院农业信息研究所 地址: 北京市海淀区中关村南大街12号 邮编: 100081

Copyright © 中国农业科学院 京ICP备10039560号-5 京公网安备11940846021-00001号