

2018年8月:



首页 > 综合新闻 > 农大新闻 > 正文

## 我校马属动物研究中心研究成果被国际高水平期刊引用和参考

添加时间：2018-04-19 08:38:42 来源：动科院 通讯员：白东义

4月4日，国际知名期刊Science（科学）子刊《Science Advances》（科学进展）刊出论文《Improved de novo genomic assembly for the domestic donkey》（《优化的从头组装家驴基因组》）。该论文对我校动物科学学院芒来教授领衔的马属动物研究中心关于家驴基因组的研究成果进行了引用和参考。

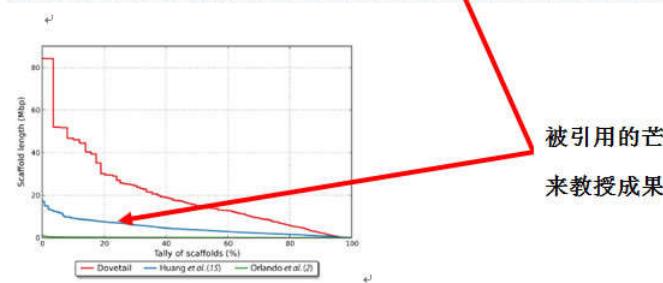
自2009年马基因组公布之后的很长一段时间，由于驴基因组数据的空缺，限制了马和驴种内和种间遗传变异模式的研究。直到2015年9月16日，芒来教授团队在Nature（自然）子刊《Scientific Reports》（科学报道）发表论文《Donkey genome and insight into the imprinting of fast karyotype evolution》（《家驴基因组及其快速核型进化的印记研究》），发布了世界上第一次高质量、完整的家驴基因组，迈出了驴基因组研究和马属动物演化研究中的关键一步。

此次Science刊出的《Improved de novo genomic assembly for the domestic donkey》的作者为马遗传学研究领域的顶级专家，曾在Nature（自然）和Science（科学）正刊发表过多篇文章。其研究工作引入了新的基因组组装技术，将驴基因组组装到亚染色体水平，并与芒来教授公布的驴基因组大小、注释基因数目、组装片段等内容进行比较（见下图）。其分析结果再次验证和肯定了芒来教授团队发表的论文在驴基因组研究方面的基础性和引领性的学术价值。

发表文章的链接为：<http://advances.sciencemag.org/content/4/4/eaao392.full>

Table 1. Quality metrics for this assembly compared to previous donkey genome assemblies. The number of annotated genes (lower than that in previous assembly) shows a better homologous correspondence with the horse gene set (see Gene annotation).		
	This study	Huang et al. (15)
N50 contigs	140.3 kb	66.7 kb
N50 scaffolds	15.4 Mb	3.8 Mb
Coverage	61.2×	42.4×
Total bases	2.320 Gb	2.391 Gb
Largest scaffold	84.20 Mb	17.06 Mb
Unresolved bases per 100 kb	1121.61	1384.93
Total number of predicted protein-coding genes	18,984	23,850*

\*Calculated using one transcript per gene and 42,247 total transcripts.



被引用的芒  
来教授成果

责任编辑：彭静 阅读： 1093

上一篇：俄罗斯符拉迪沃斯托克国立经济与服务大学塔季亚纳女士一行访问我校

下一篇：我校农学院学生在全国农学院协同发展联盟华北片区大学生农业创新创业大赛中取得佳绩

新闻中心投稿邮箱：[imaunews@126.com](mailto:imaunews@126.com)

联系地址：内蒙古呼和浩特市赛罕区昭乌达路306号 邮编：010018

访问量：0000001854 (今日)

版权所有 © 2018 内蒙古农业大学 蒙ICP备05000415号

 蒙公网安备 15010502000826号