

www.frasergen.com

武汉菲沙基因信息有限公司

Wuhan Frasergen Bioinformatics Co., Ltd.

武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号 邮编:430075

T:027-87224696 F:027-87224785 E:support@frasergen.com

武汉菲沙基因组医学有限公司

Wuhan Frasergen Genomic Medicine Co., Ltd.

武汉市东湖高新技术开发区高新大道666号B8栋 邮编:430075

Building B8, 666 Gaoxin Road, East Lake High-tech Zone, Wuhan, China 430075

嘉兴菲沙基因信息有限公司

Jiaxing Frasergen Bioinformatics Co., Ltd.

嘉兴市嘉善县大云镇创业路555号C2栋 邮编:314100

Building C2, 555 Chuangye Road, Dayun Town, Jiashan County, Jiaxing, China 314100

北京研发中心

Beijing Research Center

北京市海淀区中关村南大街12号科技综合楼 邮编:100081

12 Zhongguancun South St., Haidian District, Beijing, China 100081



扫码关注更多信息

泛基因组

新思路, 助力基因组高分文章

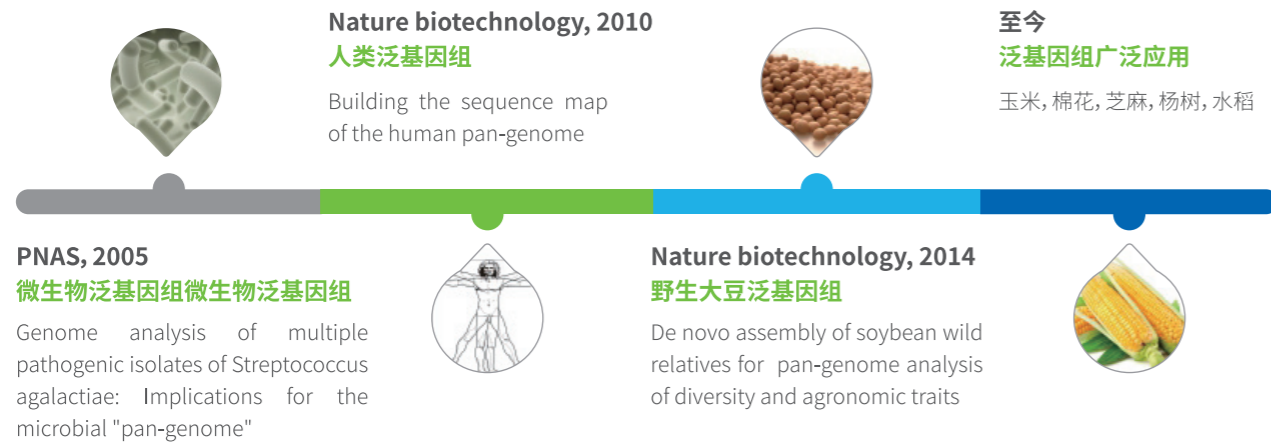


Frasergen 菲沙基因

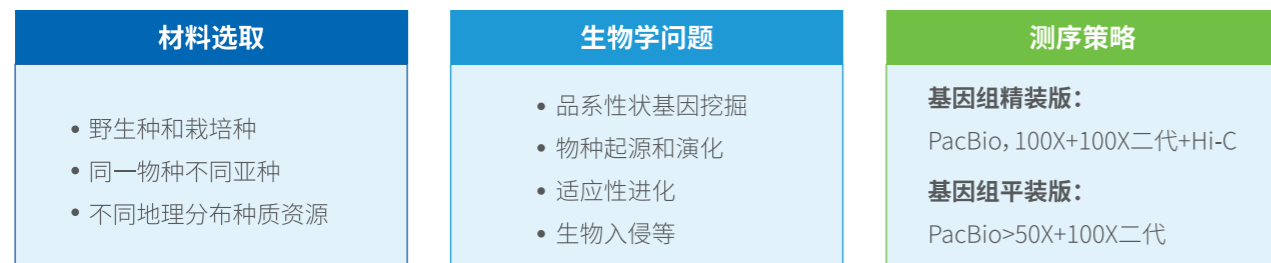
泛基因组简介

在漫长的进化过程中,由于地域因素,环境因素等的影响,每个个体都形成了极其特别的遗传性状,单一个体的基因组已经不能涵盖这个物种的所有遗传信息。比如,如果研究的样本是野生型,而采用的参考基因组是栽培种,那么在物种漫长驯化过程中发生的基因丢失或扩张等现象,在数据比对时就可能出现与关注性状相关基因序列出现比对不上而发生信息丢失问题。而泛基因组的特色分析核心基因与非核心基因、PAV(大结构存在与缺失)等可以很好的弥补单一基因组研究的缺陷,并且还可以对物种演化进行深入解析。

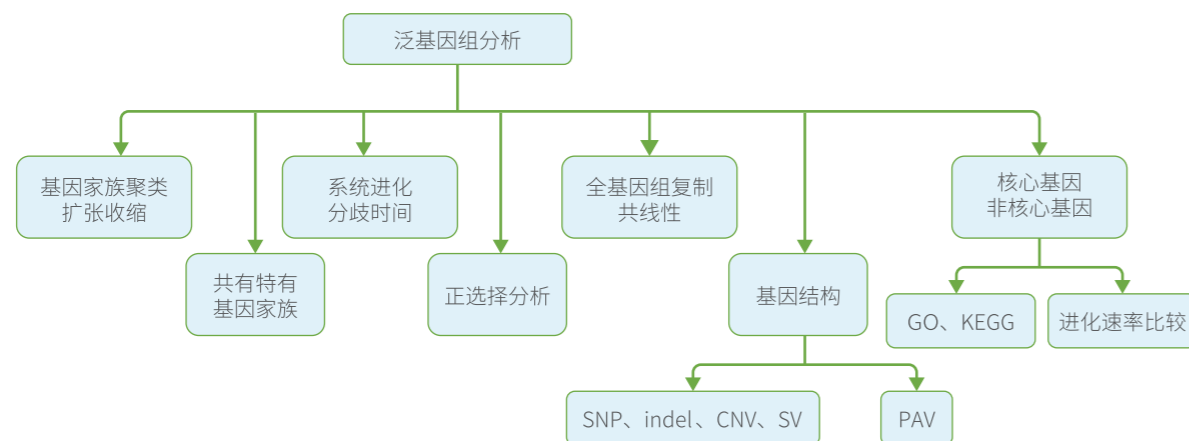
发展历程



应用方向



分析流程



案例一

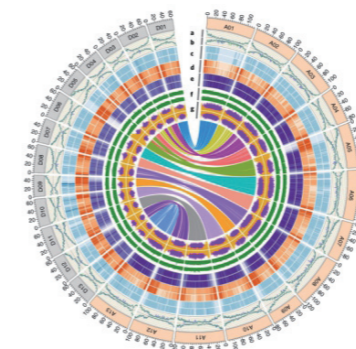
Reference genome sequences of two cultivated allotetraploid cottons, *Gossypium hirsutum* and *ossypium barbadense*

发表杂志: Nature genetics

发表时间: 2018.12

测序技术: PacBio+ BioNano + Hi-C

陆地棉 (*Gossypium hirsutum*) 和海岛棉 (*Gossypium barbadense*) 由于再生纤维被广泛的种植在世界各地。之前组装出来的基因组比较碎片化和不完整。本研究通过三代单分子测序技术和光学图谱 BioNano 以及 Hi-C 对陆地棉 (TM-1) 和海岛棉 (3-79) 进行了组装。与之前版本相比,在重复区域,基因组的连续性和完整性有很大的改善。通过比较基因组分析得到,基因组的结构变异是发生在多倍化事件之后,在 14 条染色体臂内和臂间的倒位十分突出。研究中构建了渐渗系群体,以导入从海岛棉到陆地棉的有利染色体片段。从而使得研究人员可以识别与优质纤维质量相关的 13 个数量性状基因座。这些资源将加速棉花的进化和功能基因组研究,并为未来的纤维改良育种计划提供新的信息。



案例二

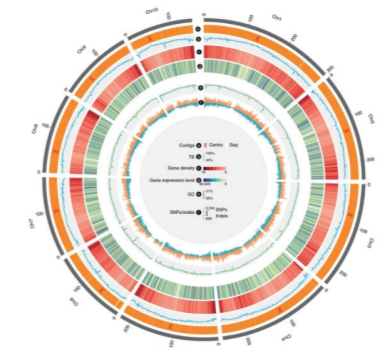
Genome assembly of a tropical maize inbred line provides insights into structural variation and crop improvement

发表杂志: Nature genetics

发表时间: 2019.05

测序技术: PacBio + BioNano+Hi-C+10X Genomics

本研究以一个热带小粒玉米品种 (SK) 为材料,采用 Pacbio 测序技术、Bionano Genomics 双酶切光学图谱、10X Genomics 和二代测序数据,组装得到迄今为止质量最好的玉米参考基因组,大小为 2.32Gb,contig N50 达到 15.78Mb,注释获得了 43,271 个基因。基于新构建的 SK 参考基因组,结合之前已发表的温带玉米 B73 和 Mo17 参考基因组,应用 521 份玉米自交系的深度重测序数据,鉴定出了 80,164 个多态性结构变异,其中约 22% 的变异是传统单核苷酸多态性 (SNP) 检测方法所不能完成的。应用这些变异信息构建了玉米的结构变异图谱,为后续玉米重要农艺性状相关基因的定位提供了精细的参照。



近期泛基因组文献列表(节选)

物种	时间	期刊	影响因子
棉花	2018.05	Nature genetics	25.455
水稻	2018.01	Nature genetics	25.455
玉米	2018.07	Nature genetics	25.455
玉米	2018.07	Nature genetics	25.455
棉花	2018.12	Nature genetics	25.455
棉花	2019.05	Nature genetics	25.455
玉米	2019.05	Nature genetics	25.455
番茄	2019.05	Nature genetics	25.455
棉花	2019.07	Nature Communications	11.878