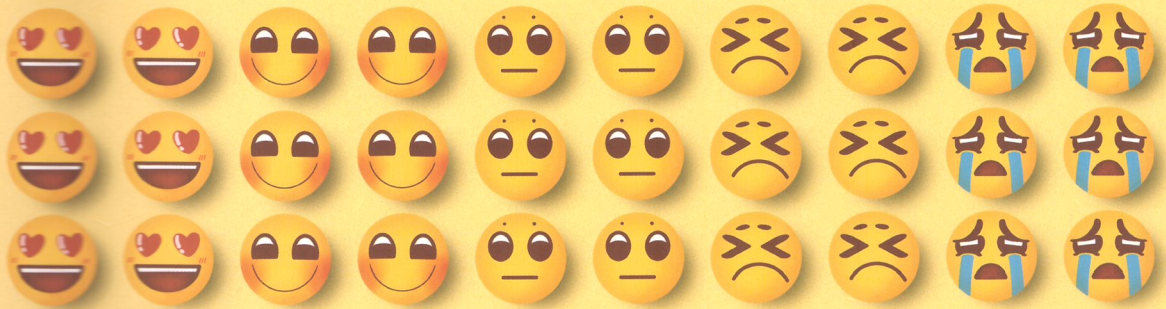




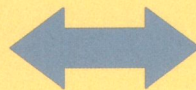
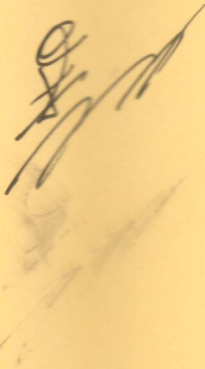
联川生物

掌握基因科技核心技术



NGS时代的BSA (bulk segregation analysis)

百科全书



序言

遗传学的一个核心内容是建立基因与性状之间的关联。明确这种关联对于生物进化与生态适应、动植物遗传育种和疾病诊断与治疗等至关重要。早期经典 QTL 定位对于揭示动植物重要农艺性状遗传机制发挥了重要作用；随着基因组学发展，全基因组关联分析 (GWAS) 进一步为建立动植物基因与性状之间的关联发挥了独特作用。这两种基因定位方法各有优缺点，一个共同的缺陷是做一次试验与分析都不容易，由此限制了它们的应用范围。上世纪 90 年代出现的混池分离群体分析 (BSA) 正好弥补了这两种方法的短板。最初该方法并未引起多少人注意，但随着高通量测序技术的出现，BSA 方法的优势得以凸显，逐步成为基因定位的主流方法之一。

许语辉博士基于 BSA 分析一线工作经验，利用疫情隔离期间组织团队编写了《NGS 时代的 BSA (Bulk Segregation Analysis) 百科全书》，系统介绍了 BSA 分析的算法和技术流程。这是至今我读到的最为系统和最为全面的 BSA 介绍材料。它的全面体现在从数据来源途径 (DNA/RNA 和不同测序策略)、群体类型 (各种类型遗传实验群体，甚至包括自然群体) 和算法类型，都一一交代清楚。同时，对于最新前沿方法，例如 2019 年才出现的 GradedPool-seq、QTG-seq 等方法，也都进行了清晰介绍。

我很喜欢他们的撰写风格。一是对历史交代的很清楚。要掌握一个领域或一门技术，首先要搞清楚该领域或技术出现的背景和历史，这样才能明晰其技术原理和发展脉络。该材料对于 BSA 起始一直到 2013 年日本科学家提出的 QTL-seq 均进行了详细介绍 (我特别喜欢图 1)；二是理论与实践的完美结合。一个好的教材或介绍材料，除了介绍基础理论和算法，还要包括技术实现和实践 (包括具体分析工具) 的介绍。理论 (算法) 与实践两种相辅相成，缺一不可。这一点对于生物信息学、数量遗传学等学科领域尤其重要。该材料是一个理论与实践完美结合的范本。除了具体算法介绍，他们提供了大量具体实验操作和分析流程 (甚至代码)。

许语辉博士及其团队能在如此短的时间内撰写出如此详实的介绍材料，说明他们具有长期积累和丰富经验，对 BSA 技术非常熟悉，并时刻掌握研究前沿。我相信该材料对广大生物学工作者，特别是动植物遗传育种研究者将大有帮助。

樊龙江

2020 年 3 月 11 日，浙江大学启真湖畔