

[首页](#) > [新闻通告](#) > [科研进展](#)

Cell子刊刊发海洋大科学中心鱼类异型染色体融合起源研究新进展

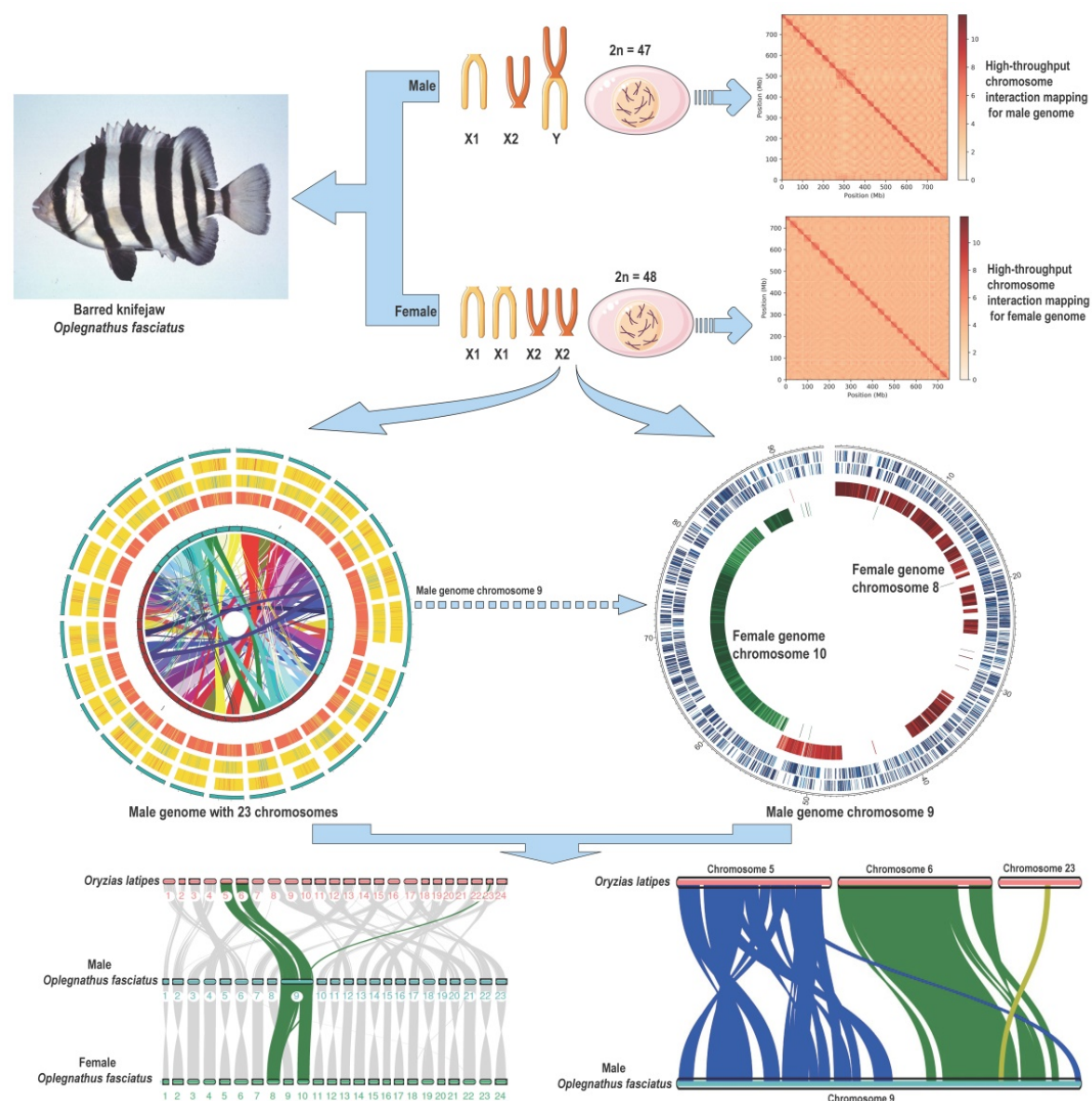
2020-04-14 来源: 实验海洋生物学重点实验室 | 【大】 | 【中】 | 【小】 | 【打印】 | 【关闭】

近日, Cell子刊*iScience*在线刊发海洋所李军研究组与刘静研究组合作完成的题为“Chromosome-level Genome Reveals the Origin of Neo-Y Chromosome in the Male Barred knifejaw *Oplegnathus fasciatus*”的研究论文。该研究首次从全基因组层面证实条石鲷雄鱼存在染色体融合现象, 解决了雄鱼异型染色体Y融合起源问题, 为鱼类异型染色融合演化及性别决定机制解析奠定了重要基础。

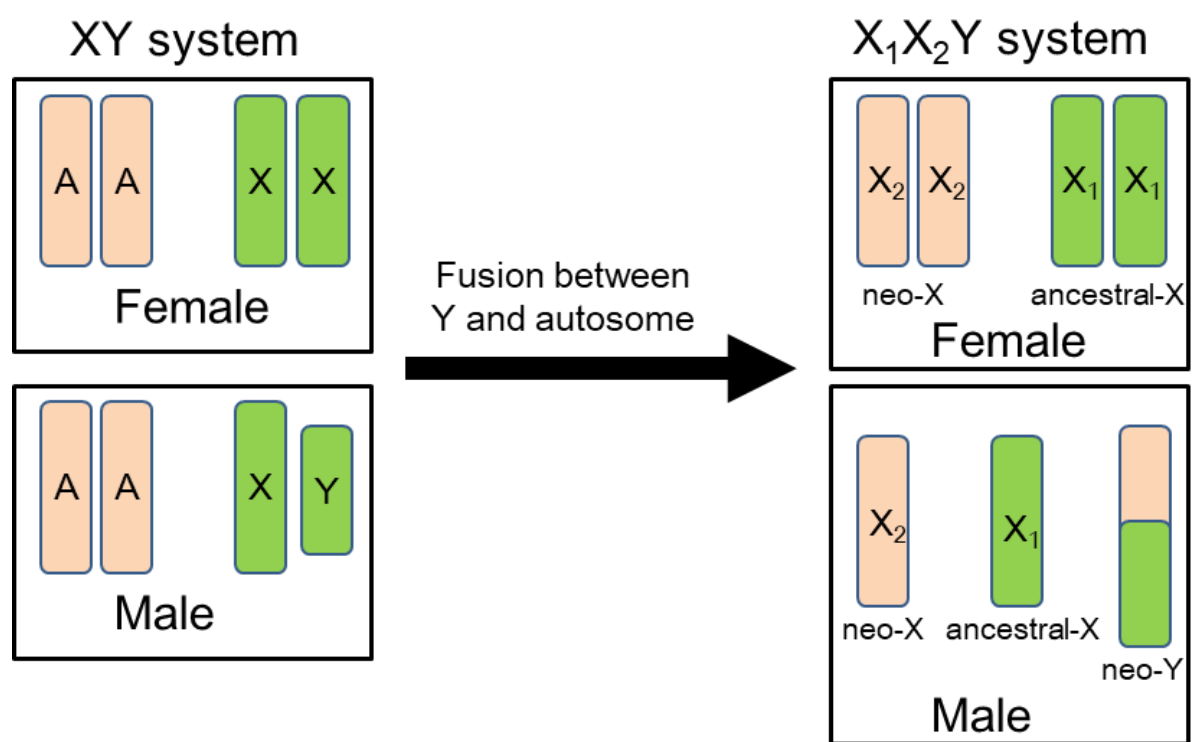
条石鲷隶属于石鲷科, 该科包含7个种, 其中条石鲷和斑石鲷主要分布在西太平洋海域, 其它5种主要分布在印度洋海域。李军研究组2008年率先构建了条石鲷和斑石鲷苗种全人工繁育技术工艺, 实现了条石鲷和斑石鲷苗种的规模化繁育, 同时研发了工厂化和网箱相耦合的“陆海接力”养殖新模式, 实现了条石鲷和斑石鲷的高效养殖, 并获得2015年海洋科学技术奖二等奖。目前, 条石鲷和斑石鲷已成为我国网箱及工厂化养殖新对象, 市场价格达到200元/公斤, 养殖规模正逐年扩大。

研究人员通过前期染色体核型及带型分析发现条石鲷和斑石鲷染色体系统存在一个共同特点: 雄鱼 ($2n=47$) 染色体较雌鱼 ($2n=48$) 少一条, 并且雄鱼染色体中存在一条体型异常巨大的染色体, 推测它们的性别决定类型可能为 $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ 。据已报道的文献资料显示, 世界上具有复性染色体系统的硬骨鱼类有60余种, 其中具有 $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ 系统的硬骨鱼类有37种, 绝大多数为具有养殖和渔业增殖价值的鱼种。复性染色体系统中异型染色体的起源及遗传组成模式, 是一个重要的演化生物学问题。

该研究综合采用二代Illumina测序、三代PacBio测序和染色体构象捕获Hi-C技术, 在国际上率先完成了条石鲷雌、雄染色体水平基因组组装、注释、雌雄基因组比较工作, 获得了条石鲷雌、雄个体染色体水平的高质量基因组; 绘制了雄鱼异型染色体Y的基因组序列和功能基因组成图谱, 精确揭示异型染色体Y基因组大小为94.2Mb, 包含3064个基因, 其中Y染色体特有基因172个, 涉及着丝粒组装蛋白P(cenpp)、联会复合体组装蛋白(sycp1)、染色体传递保真度蛋白8(ctf8)等染色体组装和有丝/减数分裂相关基因, 特有基因为实现雄鱼二态型精子(精子I型: $22+X_8+X_{10}=24$; 精子II型: $22+Y_9=23$)染色体的组装及稳定遗传提供了保障。基于染色体序列及功能基因同线性模块分析, 首次提出雄鱼异型染色体Y起源于8号和10号染色体端着丝粒的断裂融合, 异型染色体Y存在显著的染色体结构变异(SV)。基于全基因组信息解析条石鲷异型染色体融合起源是硬骨鱼 $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ 系统研究的首例, 为后续硬骨鱼 X_1X_2Y 系统的形成模式及演化动力研究提供了参考, 同时也为条石鲷性别决定机制、抗病选育研究奠定了基础。条石鲷雌鱼研究结果发表在生物领域综合性刊物*GigaScience* (5年平均IF=7.441), 雌雄基因组比较及异型染色体Y融合起源研究发表在Cell子刊*iScience*。



条石鲷异型染色体Y融合起源



条石鲷异型染色体Y融合起源模式

中科院海洋大科学研究中心为文章第一完成单位，肖永双副研究员和肖志忠研究员为文章共同第一作者，李军研究员和刘静研究员为文章共同通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划、国家自然科学基金委、山东省重点研发计划、青岛市创新源头计划等项目联合资助。

论文目录：

1、Yongshuang Xiao, Zhizhong Xiao, Daoyuan Ma, Jing Liu*, Jun Li*. (2019). Genome sequence of the barred knifejaw *Oplegnathus fasciatus* (Temminck & Schlegel, 1844): the first chromosome-level draft genome in the family Oplegnathidae. **GigaScience**, giz013, 1-8.

2、Yongshuang Xiao, Zhizhong Xiao, Daoyuan Ma, Chenxi Zhao, Lin Liu, Hao Wu, Wenchao Nie, Shijun Xiao*, Jing Liu* and Jun Li*, Angel Herrera-Ulloa. (2020). Chromosome-level Genome Reveals the Origin of

Neo-Y Chromosome in the Male Barred knifejaw *Oplegnathus fasciatus*.
iScience (Cell 子刊), DOI: 10.1016/j.isci.2020.101039.

论文链接:

1、 <https://academic.oup.com/gigascience/article/8/3/giz013/5305267>

2

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2589004220302236>



版权所有 © 中国科学院海洋研究所 鲁ICP备10006911号-6 鲁公网安备37020202001323号

地址: 青岛南海路7号 邮编: 266071 邮件: iocas@qdio.ac.cn

技术支持: 青云软件

