



科学家从父系遗传角度揭示家猪的演化历史

日期：2021年11月02日 14:36 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

猪是人类获取动物蛋白的主要来源之一，同时也是重要的医学研究模型。鉴于猪在农业经济和科学研究中的重要性，家猪的起源驯化研究一直是国际研究的热点。近期，江西农业大学与加州大学伯克利分校等单位的一项联合研究发现，人类介导的渗入和选择塑造了现代家猪Y染色体的多样性，并从父系遗传角度揭示了猪的演化历史。研究成果发表在《Molecular Biology and Evolution》期刊，标题为“Human-mediated admixture and selection shape the diversity on the modern swine (*Sus scrofa*) Y chromosomes”。

研究人员通过基因组测序并结合以往的测序数据，获取了一个包括27个品种205头家猪个体的高质量数据集。从103头公猪的Y染色体上鉴定出42288个可靠的单核苷酸多态位点（SNPs），其中96.1%是新检测到的，为从Y染色体遗传的角度阐明猪的进化史提供了数据基础。进一步研究发现近200年来家猪从欧洲到亚洲的三次基因渗透事件的群体遗传学证据，且与历史记载相一致。同时，研究人员发现，与常染色体相比，欧洲血统的Y染色体在部分中国猪种中普遍过量富集，这一结果不能仅用性别偏倚迁移和遗传漂变来解释。基于研究团队花费12年时间构建的嵌合家系群体，研究人员发现欧洲Y单倍型与瘦肉生产有关，因此假设：人工选择造成了欧洲Y染色体在中国猪群中的频率增加。此外，研究人员还发现了苏门答腊野猪和中国猪之间Y染色体基因交流的证据。

总之，这项研究从父系遗传的角度完善了猪的群体演化历史，对现代家猪Y染色体的多样性研究具有重要意义。

论文链接：

<https://academic.oup.com/mbe/advance-article/doi/10.1093/molbev/msab230/6337983?searchresult=1>

注：此研究成果摘自《Molecular Biology and Evolution》期刊原文章，文章内容不代表本网站观点和立场，仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

办公地址：北京市西城区文兴东街1号国宾馆（过渡期办公）| 联系我们

邮政地址：北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码：100862

ICP备案序号：京ICP备05022684 | 网站标识码：bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器