



当前位置： 首页>>科学研究>>科研进展>>正文

长江所鲟鱼类全基因组研究取得新进展

2019-09-24 15:10:27 来源：

近日，中国水产科学院长江水产研究所濒危鱼类保护学科组在国际刊物《Frontiers in Genetics》在线发表了世界上第一篇鲟鱼类全基因组论文——小体鲟全基因组草图及Hox基因家族进化的论文。

鲟形目鱼类是现存软骨硬鳞鱼类的典型代表类群，被誉为鱼类中的“活化石”。现存鲟鱼类有2科6属27个有效种，分布几乎遍及北半球。鲟鱼类因其具“黑金子”美誉的鱼子酱，以及独特悠久的进化历史，而具极高的经济价值以及科研价值。2010年，国际自然保护联盟（IUCN）濒危物种红色名录评估得出结论：“鲟鱼比任何其他物种都更易濒临灭绝”。现存的27种鲟鱼类均被列入红色名录，其中63%已被列为极度濒危级别。为进一步推进对鲟鱼类遗传与生物信息学深度解析与保护研究，2016年起，长江所和深圳华大基因海洋研究院联合，启动了我国第一个鲟鱼类三代全基因组测序项目。目前已完成多种鲟鱼的全基因组测序和组装，其中小体鲟作为世界上第一个鲟鱼类全基因组图谱公布。

小体鲟是一种体型较小的鲟鱼，也是唯一跨欧亚两大陆广泛分布的鲟鱼类。与其他硬骨鱼类相比，小体鲟通常被称为四倍体鱼类，有时也被称为功能二倍体鲟鱼。长江所濒危鱼类保护学科组对小体鲟进行了全基因组测序，从头组装和基因注释，构建了小体鲟的全基因组草图。该研究取得了一系列新进展。（1）基于 Illumina Hiseq 2500 平台得到 316.8 Gb 原始数据，小体鲟基因组最终组装大小为 1.83 Gb。BUSCO 完整性评估为 81.6%。Scaffold N50 和 Contig N50 分别达到 191.06 Kb 和 18.88 kb。（2）通过基因注释得到 22,184 个蛋白质编码基因。重复序列注释显示小体鲟基因组重复序列比例占 42.84%。（3）比较基因组系统发育结果显示，小体鲟为代表的鲟鱼类位于辐鳍鱼类的基部位置。4dTv 分析结果显示，小体鲟大约在两千一百多万年内经历了最近的一次鲟鱼特有的全基因组复制事件。

（4）对脊椎动物发育重要功能基因家族 Hox 基因家族的进化分析，小体鲟有 7 个 Hox 基因簇，共 68 个 Hox 基因家族成员。系统进化分析结果推测，匙吻鲟代表的匙吻鲟科与小体鲟代表的鲟科鱼类经历了各自独立的基因组复制事件。小体鲟全基因组草图的绘制成功，弥补了目前全球鲟鱼类全基因组数据匮乏的空白，也为鲟鱼类的基础理论研究和产业化发展奠定了重要的基础。

该论文题目为 “Draft Genome and Complete Hox-Cluster Characterization of the Sterlet (Acipenser ruthenus)” (doi: 10.3389/fgene.2019.00776)，在线获取链接为：

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2019.00776/full>。长江所博士后程佩琳为该文的共同第一作者。中国水产科学院首席科学家危起伟研究员为共同通讯作者。该研究得到中国博士后科学基金、国家自然科学基金以及国家重点基础研究发展计划（973计划）的共同资助。

上一条：“西北地区重点水域渔业资源与环境调查”专项2019年度中期总结会在湖北武汉召开

下一条：丝路国家海水养殖技术培训班成功开班

科学研究

[学术委员会](#)
[科研进展](#)
[科研成果](#)
[科技推广](#)
[学术会议](#)
[科研项目](#)
[数据服务](#)
[产业专题](#)

2019/12/13

长江所鲤鱼类全基因组研究取得新进展-中国水产科学研究院

主办单位：中国水产科学研究院 承办单位：中国水产科学研究院信息技术研究中心

京ICP备09074735号 京公安备110106060001号

网站保留所有权，未经许可不得复制，镜像

