

动物所等从基因组水平揭示食肉目染色体进化规律----中国科学院

2019-12-10 来源：动物研究所

【字体：大 中 小】

语音播报

染色体进化是物种形成和演化的重要驱动因素。具有显著核型差异的食肉目动物为染色体进化研究提供了很好的研究素材。虽然前人通过比较染色体涂色法建立了食肉目内许多物种的染色体比较图谱，但这些研究的分辨率比较低，尚没有深入到精细的核苷酸水平，也不能在核苷酸水平研究不同食肉目物种间的共线性区块、染色体重排以及染色体断裂区分布等染色体进化规律。

为探讨上述问题，中国科学院动物研究所动物生态与保护遗传学研究组和英国桑格研究所研究人员合作，利用10X Genomics、染色体流式分选及高通量测序等技术，首次构建了染色体级别的大熊猫基因组（ $2n=42$ 条染色体），并与食肉目中两个质量较好的狗和猫的染色体级别基因组进行比较分析。其中狗具有食肉目中最多数目的染色体（ $2n=78$ ），猫染色体数目（ $2n=38$ ）接近食肉目祖先染色体数目。通过基因组共线性比对，在大熊猫、狗和猫的基因组中分别发现59、37和55个染色体断裂区。对这些染色体断裂区的进一步分析发现，大熊猫和狗染色体断裂区内的基因密度、GC含量以及重复序列比例显著高于整个基因组的相应值。

功能富集分析发现，三个物种染色体断裂区上的部分蛋白编码基因都显著富集在与嗅觉相关的通路上（Olfactory transduction），推测染色体重排事件影响了食肉目物种的嗅觉进化。另外，大熊猫染色体断裂区上正常编码的甜味受体基因 *TAS1R2* 的同源基因在猫的基因组中发生了假基因化，提示猫的 *TAS1R2* 假基因化可能与染色体重排事件有关。上述结果说明食肉目物种染色体进化与其感觉系统的进化可能存在密切的关系。

研究结果已于12月6日在 *Genome Biology* 杂志以 *Chromosome-level genome assembly for giant panda provides novel insights into Carnivora chromosome evolution* 为题发表。动物所博士后樊惠中和研究员吴琦为并列第一作者，研究员胡义波为通讯作者。中科院院士魏辅文为该工作的顺利完成提供了大量的指导和帮助。该项目得到国家自然科学基金和中科院B类先导专项等的支持。

图1 大熊猫（AME）和猫（FCA）染色体级别基因组的共线性比对

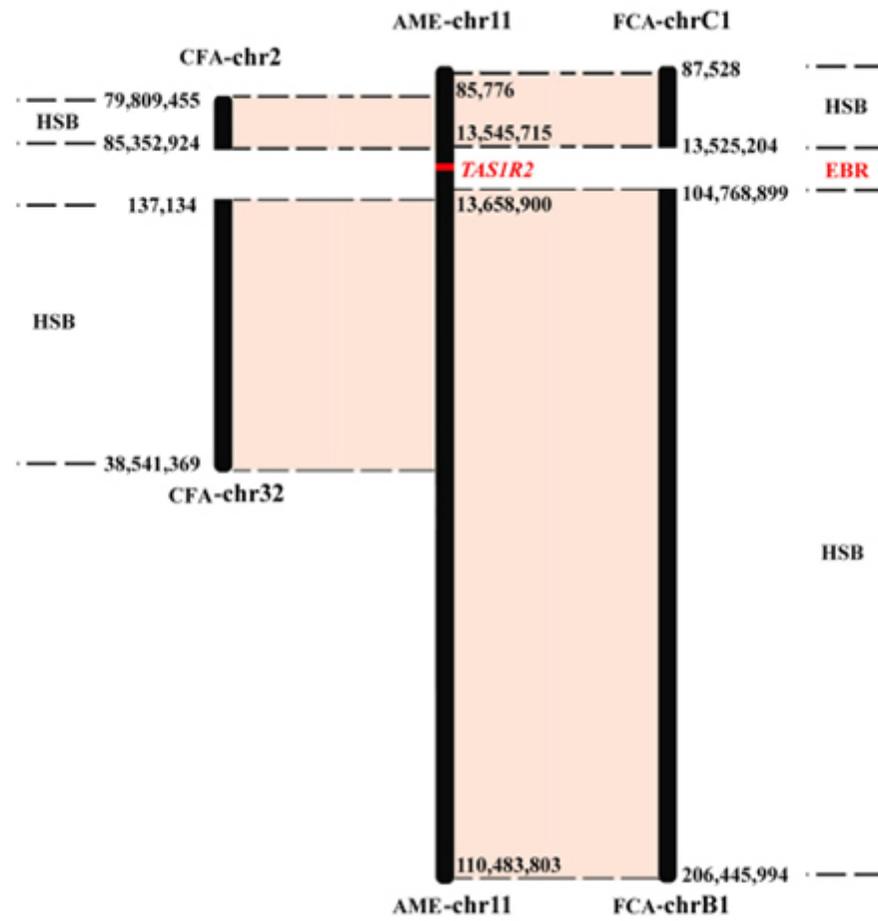


图2 一个与甜味受体基因 *TAS1R2* 相关的染色体断裂区

更多分享