



昆明动物研究所揭示伊朗家犬在驯化过程中积累的变异组

2020-03-10 来源：分子进化与基因组多样性学科组

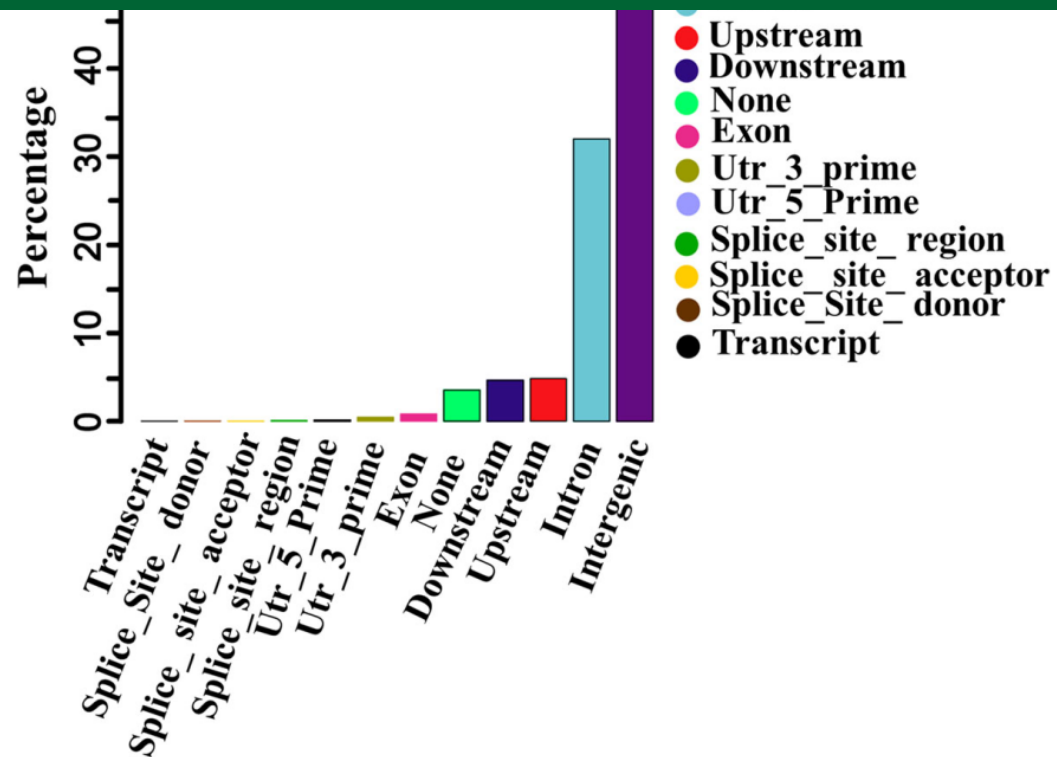


基因组测序技术的进步为研究驯化过程中快速积累表型变异的遗传基础和历史提供了便利。位于西南亚的新月沃土地区是现有记录的大多数动植物的驯化地，并且有研究表明这个地区的品种犬和灰狼共享了很高比例的单倍型数量。

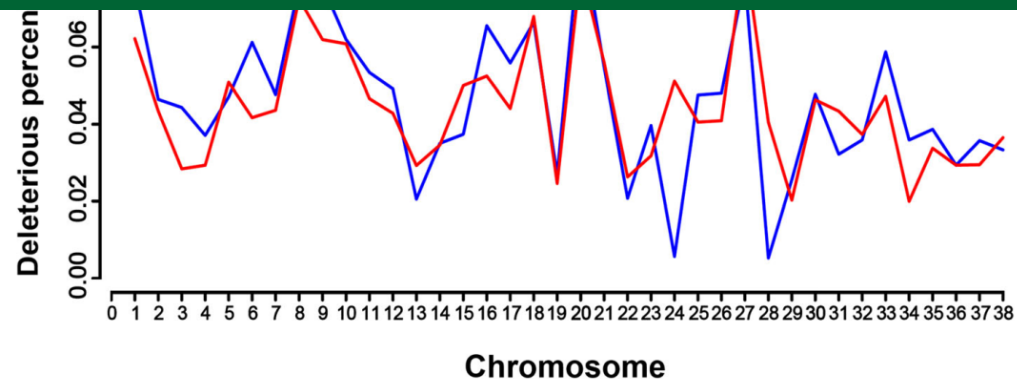
为了进一步研究狗驯化过程的遗传基础，研究团队对来自新月沃土东部的伊朗的3只狼和3只狗进行了全基因组测序，共鉴定到大约一千二百万个单核苷酸突变位点（SNPs），在灰狼中鉴定了一千万的SNPs，家犬中鉴定了近七百八十万个SNPs。此外，还鉴定了三百五十万个短片段插入缺失，其中在灰狼中鉴定了三百一十万个，家犬中鉴定了二百二十万个。同时，在伊朗的6个样品还发现了10,571个拷贝数变异区段，共154.65Mb，约占家犬基因组的6.41%。进一步分析表明家犬比灰狼积累了更多的有害突变。同时，灰狼比家犬在含子区域和基因间区积累了更高比例的突变，但是在编码区和3'-UTR则相反。鉴定的结构变异富

该工作以“Whole genome resequencing of the Iranian native dogs and wolves to unravel variome during dog domestication”为题发表在国际期刊BMC Genomics上（链接：https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-020-6619-8?tdsourcetag=s_pctim_aiomsg）。克尔曼沙希德贝赫什提大学（Shahid Bahonar University of Kerman）动物科学系的博士Zeinab Amiri Ghanatsaman和昆明动物研究所张亚平课题组的王国栋研究员为共同第一作者。昆明动物研究所的张亚平院士和克尔曼沙希德贝赫什提大学的Ali Esmailizadeh教授为共同通讯作者。

该研究得到了国家自然科学基金重大项目、中国科学院国际合作局国际合作项目、中国西南野生生物种质资源库动物分库（国家重大科技基础设施专项）赞助。



图一：SNPs在基因组上的分布



图二：家犬和灰狼各个染色体积累的有害突变比例