



[高级]

[首页](#) [新闻](#) [机构](#) [科研](#) [院士](#) [人才](#) [教育](#) [合作交流](#) [科学传播](#) [出版](#) [信息公开](#) [专题](#) [访谈](#) [视频](#) [会议](#) [党建](#) [文化](#)
您现在的位置：[首页](#) > [科研](#) > [科研进展](#)

上海生科院合作完成世界首例双峰驼全基因组序列图谱

文章来源：上海生命科学研究院

发布时间：2012-11-21

【字号：小 中 大】

11月13日，中国科学院上海生命科学研究院/中国科学院系统生物学重点实验室李亦学研究员课题组与内蒙古农业大学、上海交通大学、南开大学等研究机构的科研人员合作完成了世界首例双峰驼全基因组序列图谱绘制和破译工作，成果在*Nature Communications* (DOI: 10.1038/ncomms2192) 在线发表，这项工作的生物信息学分析部分的主要研究骨干是系统生物学重点实验室的丁国徽副研究员，王振博士后以及李圣迪研究生等。同日，《自然》杂志社采访了项目组主要成员并在网站主页面头条报道该项工作（[链接](#)）。网站撰写评论指出，该工作“正解开保证骆驼在严酷环境下生存的基因魔方”。

此次，科研团队同时对一个八岁的野生雄性双峰驼及一个六岁的阿拉善双峰驼进行全基因组序列测定和系统分析。基因组分析显示，双峰驼全基因组大小为2.38 Gb，共编码20,821基因；系统发育分析显示，在已完成基因组测序的物种中，双峰驼同牛遗传关系最近，并在5500 - 6000万年前有最近共同祖先；同时能量存储和自我保护相关代谢通路中的基因处于加速进化状态，特别胰岛素通路相关基因的适应性进化可以解释骆驼高胰岛素抗性；野骆驼和家骆驼的比较显示，许多嗅觉受体在家骆驼中的杂和率显著较低，表明驯养与嗅觉有很大关系；课题组同时解析了双峰驼解毒基因和免疫球蛋白可能的遗传分子特征。

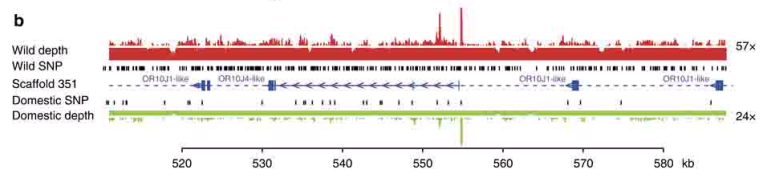
双峰驼全基因组图谱的成功绘制和破译，为了解骆驼特殊生活习性和生理特性，解释骆驼在极端环境下生存能力的分子机制提供了重要参考，骆驼特殊的代谢特性可能会使其成为一种研究代谢综合症的新型模式生物。项目所取得的成果将有可能对野生骆驼保护和家养骆驼品种改良起重要指导，并对骆驼产业的健康发展起到一定的积极推动作用。

此项工作获得国内媒体的关注，新华社、人民网、光明日报、南方日报等对该工作进行了报道。

该项目部分经费由科技部，中国科学院以及国家自然科学基金委等资助。



《自然》网站报道



双峰驼全基因组序列图谱相关工作

打印本页

关闭本页