

[新闻中心首页](#)[图片新闻](#)[要闻](#)[科研进展](#)[学术活动](#)[人教动态](#)[合作交流](#)[党政工作](#)[专家观点](#)[媒体报道](#)当前位置: [首页](#)» [新闻中心](#)» [科研进展](#)

梅花鹿高质量基因组序列揭示梅花鹿食性偏好机制

文章来源: 中国农业科学院特产研究所 作者: 王天骄 发布时间: 2022-08-22

【字体: 大 中 小】

分享:   [院网信息发布与管理](#)

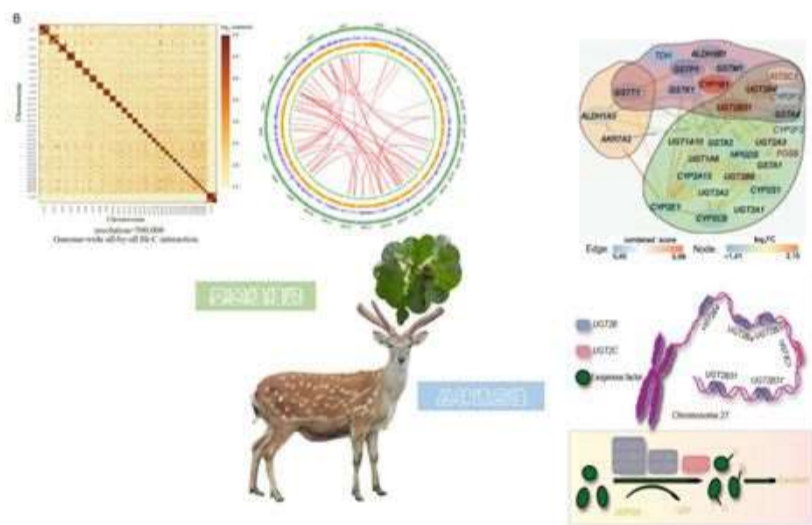
近日, 中国农业科学院特产研究所、深圳农业基因组研究所联合发布了梅花鹿高质量全基因组组装序列, 并在梅花鹿耐受毒性食物的分子机制方面取得了重大进展。该版本基因组也是国际上首次公布的梅花鹿染色体级别基因组。梅花鹿基因组序列的公布开启了梅花鹿分子育种新时代, 也为梅花鹿108个药用部位的物质基础解析奠定坚实的基础。相关研究成果发表在《基因组蛋白质组与生物信息学报 (Genomics, Proteomics & Bioinformatics) 》。

梅花鹿自然分布于东亚, 是亚洲东部的旗舰物种。我国是梅花鹿资源大国、养殖大国和鹿产品的消费大国, 周期性再生的鹿茸应用于人类的医疗保健已经有2000多年的历史。科研人员发现梅花鹿分布与栎树的分布极其相关, 梅花鹿喜食栎树叶, 养殖过程中适量添加栎树叶可以提高梅花鹿母鹿繁殖率和仔鹿的存活率, 但栎树叶富含单宁酸, 对多数哺乳动物具有毒性, 构建高质量基因组序列数据并展开系统分析, 成为解答梅花鹿有毒物质代谢分子机制的基础。

文章综合利用三代PacBio数据、Illumina数据和三维基因组Hi-C数据, 组装获得梅花鹿高质量染色体级别参考基因组, 染色体挂载率高达99.24%。科研人员通过比较基因组学以及转录组学数据分析发现, 梅花鹿UGT2B基因家族的异常扩增是梅花鹿耐受高单宁性食物关键遗传基础, 该基因亚家族在梅花鹿基因组中的显著扩张以及肝脏中的上调表达对有毒物质在梅花鹿身体中的代谢起到了重要作用。

该论文得到了中国农业科学院科技创新工程、中国梅花鹿基因组计划等项目经费的支持。(通讯员 张旭)

原文链接: <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2022.05.008>。



打印本页

关闭本页



主办单位: 中国农业科学院 承办单位: 中国农业科学院农业信息研究所 地址: 北京市海淀区中关村南大街12号 邮编: 100081

Copyright © 中国农业科学院 京ICP备10039560号-5 京公网安备11940846021-00001号