

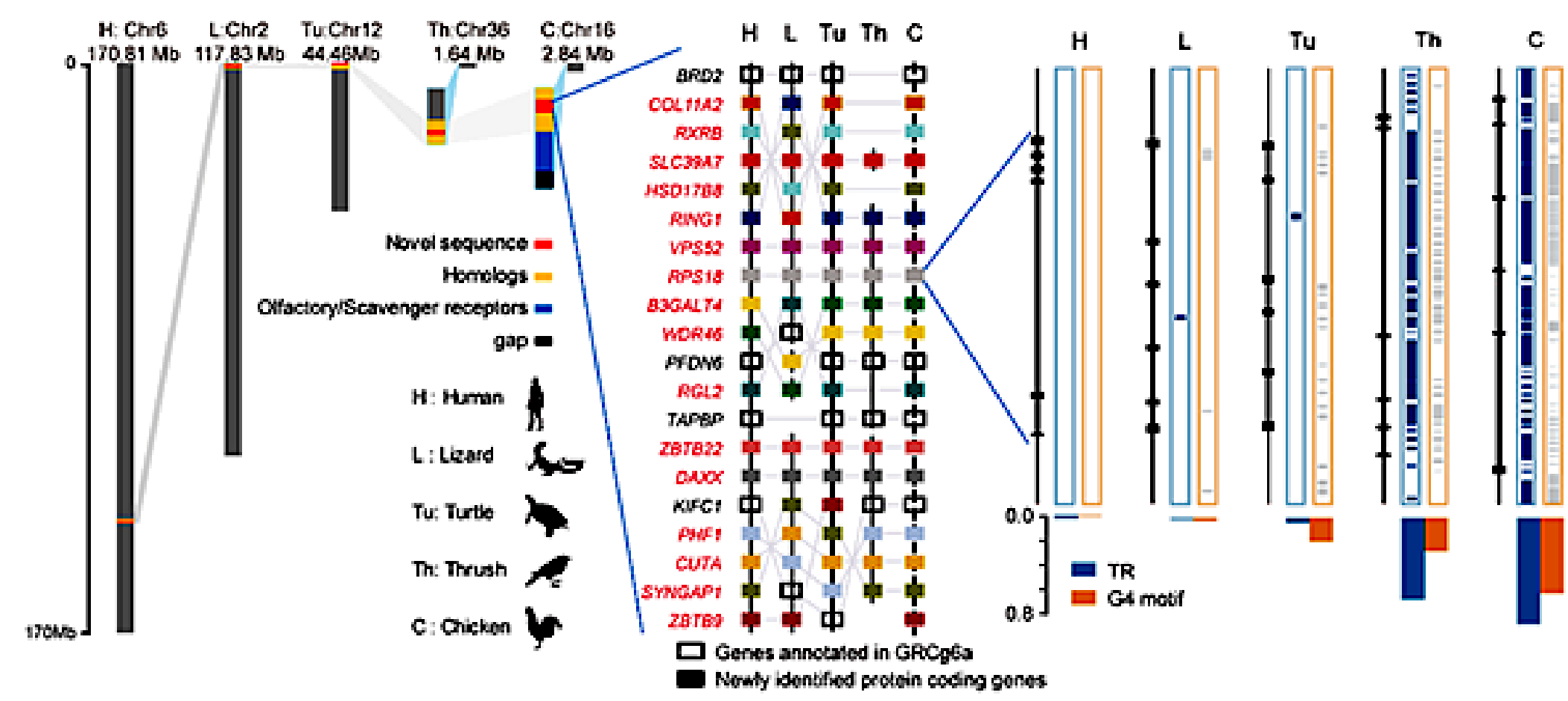


您所在的位置： 首页 - 学术成果

【科研新进展】(270) 动科学院姜雨教授团队最新研究成果在《Molecular Biology and Evolution》刊发

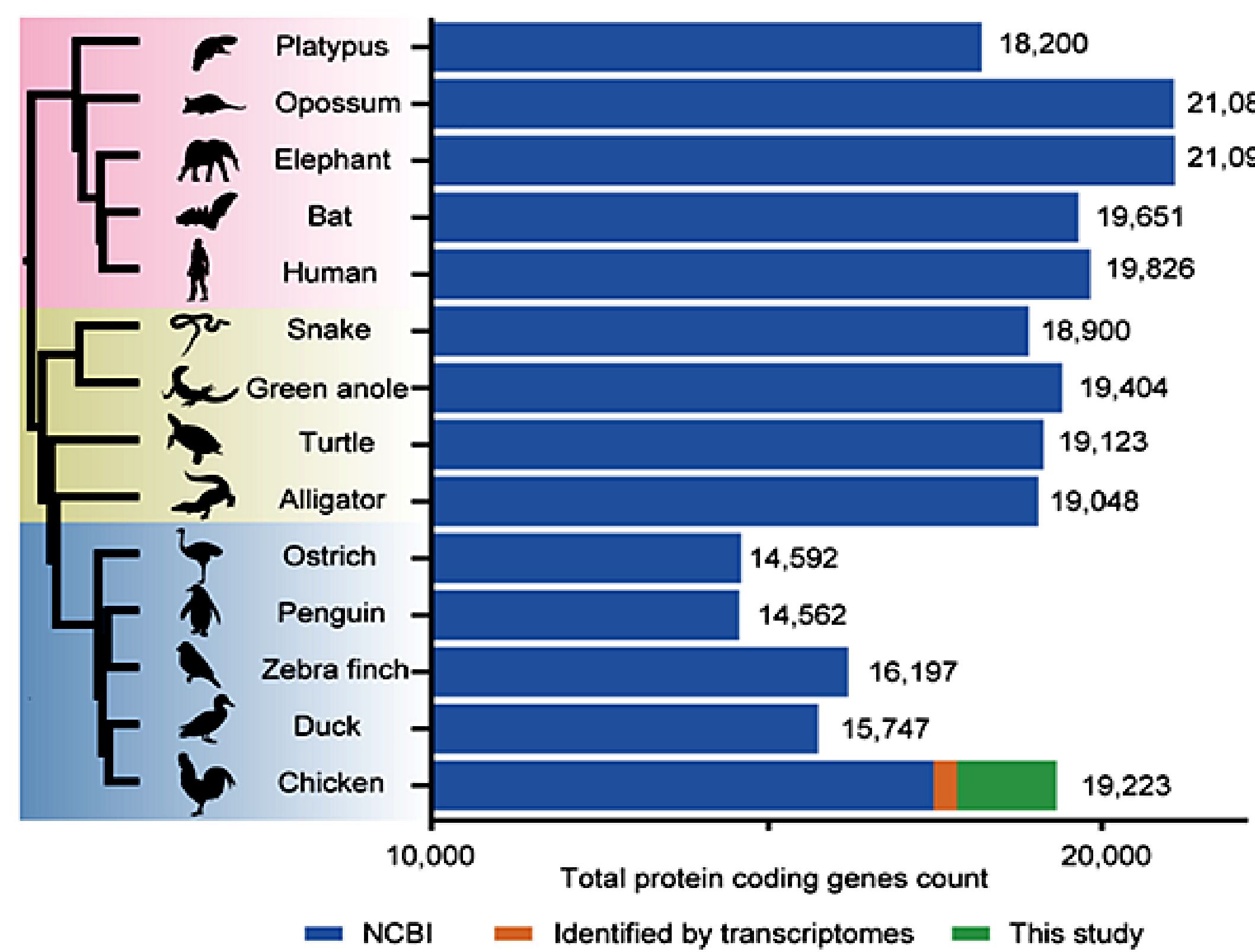
来源: 动科学院 作者: 胡巧娟 发布日期: 2022-04-02 浏览次数:

近期, 动科学院姜雨教授团队在鸡泛基因组领域取得重要突破, 研究论文“De novo assembly of 20 chicken genomes reveals the undetectable phenomenon for thousands of core genes on micro-chromosomes and sub-telomeric regions”在《Molecular Biology and Evolution》上刊发, 我校博士生李鸣, 中国农业大学孙从俊副教授, 我校博士生徐乃一、边培培、已毕业硕士生田晓萌, 王喜宏副教授, 中国农业大学王宇哲博士为该文章共同第一作者。中国农业大学杨宁教授、我校姜雨教授、中国农业大学胡晓湘教授为共同通讯作者。



鸡16号染色体上新发现的编码基因与人、蜥蜴、龟和画眉的共线性分析

该研究成果解密了家禽基因组的“黑匣子”, 为鸡乃至鸟类基因组的发展与完善做出了贡献。该研究以鸟类的模式动物——鸡为研究对象, 通过对世界范围内15个家鸡品种的20个个体进行基因组从头组装, 构建了鸟类中的第一个基于 de novo assemblies 的高质量泛基因组, 并补充了相当于目前参考基因组15% (159 MB) 的缺失序列。这些参考基因组缺失序列中包含了1335个参考基因组缺失的蛋白编码基因和3011个lncRNA基因。通过该研究的系统筛查, 发现鸟类的基因数目可以达到与其它四足动物相当的水平, 极大地更新了我们对鸟类进化的认识。



哺乳动物、爬行动物和鸟类中代表性物种的蛋白质编码基因数目

通过对这些参考基因组缺失序列/基因进行基因组定位, 课题组发现它们主要聚集在小染色体以及大染色体的亚端粒区, 而在不同个体中形成动态的非经典DNA二级结构, 从而阻止测序的顺利进行。此外, 新发现的参考基因组的缺失基因的替代率比已知基因高3倍, 更新了人们对鸟类进化速率的认识。而将大量高替代率的功能基因集中于小染色体以及大染色体亚端粒区的进化策略, 对过去2.5亿年间高度进化的分支(恐龙-鸟类分支)的影响也值得进一步探究。此工作为鸟类基因组的完善提供了范例, 将显著影响鸟类的进化和比较基因组学研究。同时, 该研究提供的鸡的泛基因组资源, 也将为家鸡的遗传育种和功能基因挖掘提供强大的助力。

链接: <https://academic.oup.com/mbe/advance-article/doi/10.1093/molbev/msac066/6553873?login=true>

编辑: 张晴

终审: 徐海

分享到:

图说



【西农往事】(12) 80年沧桑...

视频



五集微政论片《必由之路》第一集...



首届上合组织国家农业大学校长论坛...

最新新闻

湖南省教育厅来校考察

2023-03-13

【“育”见新时代·两会特别版】全国政协委员管林森: 发展职业教育需破除选人聘用“唯学历论”

2023-03-13

【动科学院】学风建设持续走深走实

2023-03-13

【陕西日报】农科城的“超级大课堂”

2023-03-13



友情链接

人民网

新华网

光明网

科报网

中国教育新闻网

陕西日报

西部网

中国大学生在线

陕西大学生在线

