



请输入关键字

耕海探洋 唯实求真 博学创新 厚德致远

[首页](#) > [新闻通告](#) > [科研进展](#)

海洋所完成中国两主养近缘贝类—福建牡蛎和长牡蛎的单倍型基因组构建

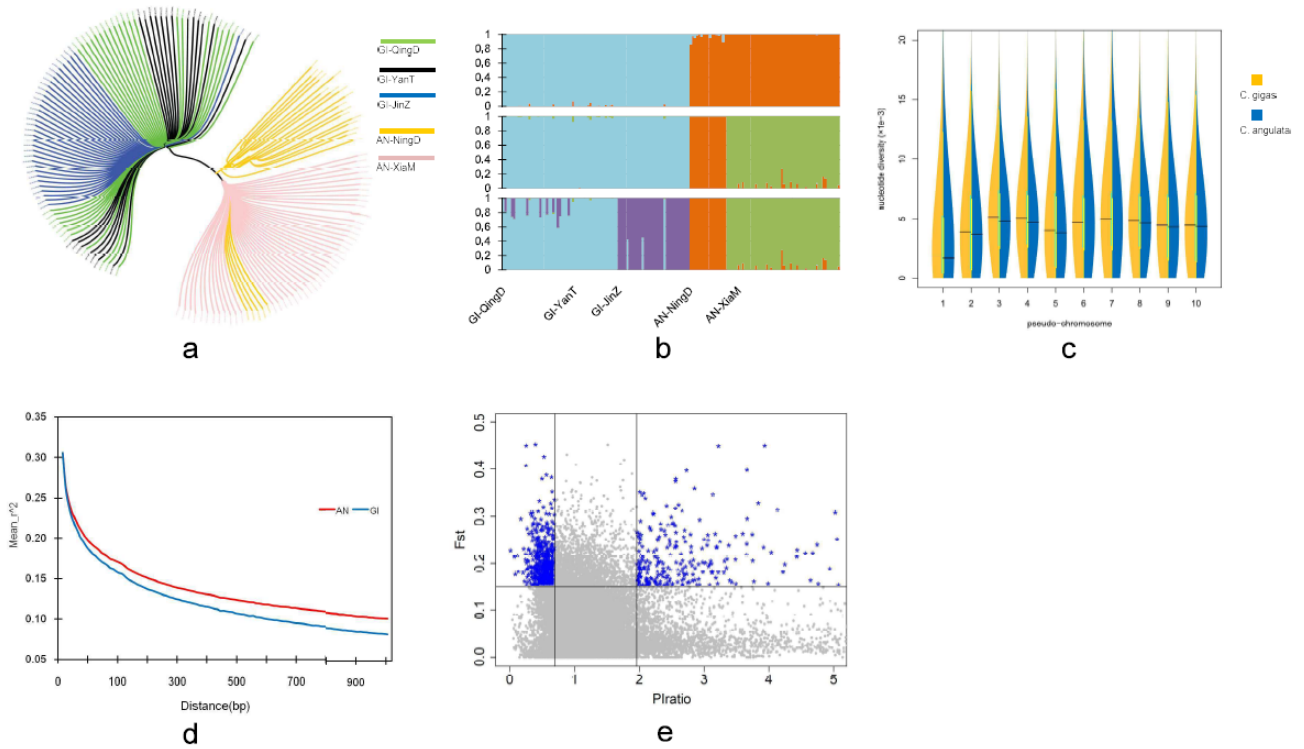
2023-10-13 来源：实验海洋生物学重点实验室 | 【大 中 小】

近日，由中国科学院海洋研究所海洋贝类适应进化与遗传育种研究团队完成的论文“Construction and analysis of the chromosome-level haplotype-resolved genomes of two *Crassostrea* oyster congeners: *Crassostrea angulata* and *Crassostrea gigas*”在国际学术期刊GigaScience (IF_{5-year} =9.3) 在线发表。该研究在贝类中首次构建了染色体水平单倍型基因组序列图谱，在全基因组水平上解析了福建牡蛎和其北方近缘种长牡蛎的同源性和遗传分化，为牡蛎遗传育种和分子进化等研究提供了新的资源和借鉴。

福建牡蛎 (*Crassostrea angulata*)，又称葡萄牙牡蛎，在中国主要分布于长江口以南的东海、南海近海水域，为暖水种；长牡蛎 (*Crassostrea gigas*)，又称太平洋牡蛎，主要分布于长江口以北的黄海、渤海近海水域，为温水种。两种牡蛎为适应不同环境的近缘物种，也有人认为是两姊妹亚种，其合计产量占中国牡蛎产量的2/3以上，具有重要的经济价值。

本研究对福建牡蛎和长牡蛎及其杂交子一代个体进行高覆盖度测序，利用亲本kmer分组策略结合HiC技术进行单倍型组装，获得两种牡蛎的全定相基因组组装。组装大小 (ContigN50值，BUSCO完整性) 分别为582.4 M (12.8 M, 99.1%) 和606.4 M (5.46 M, 98.9%)。全基因组比较发现，共线性区域序列一致性超过95%，差异主要由结构变异导致。编码基因数目、序列结构、染色体分布等相似度高，鉴定15,475对高度保守直系同源基因，为两者近缘关系提供了组学证据。福建牡蛎序列多样性水平和连锁不平衡衰减速率均低于长牡蛎，两者的野生个体可以明显分成两个大群，表明两者存在较为明显的遗传分化。发现1,088个受选择基因，在脂肪消化吸收、蛋白质消化吸收、磷酸戊糖途径、cGMP-PKG信号等通路中富集。





福建牡蛎和长牡蛎群体遗传数据分析

张国范研究组长期从事贝类养殖和育种相关工作，致力于牡蛎基因资源挖掘和分子育种研究。2012年在nature杂志首次发表长牡蛎基因组研究成果，开启并引领了水产物种基因组学相关研究并对牡蛎基因资源进行持续维护和更新。在2021年完成长牡蛎和近江牡蛎染色体水平基因组后，本研究完成福建牡蛎基因组图谱构建并显著提升长牡蛎基因组组装质量，助力牡蛎基础研究和现代种业发展。

本研究由亓海刚、丛日浩、王彦俊、李莉和张国范共同完成，得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中国科学院战略性先导科技项目、山东省重点研发项目、国家贝类产业技术体系专项基金等资助。论文链接：
<https://academic.oup.com/gigascience/article/doi/10.1093/gigascience/giac>



版权所有 © 中国科学院海洋研究所 鲁ICP备10006911号-6



鲁公网安备37020202001323号

地址：青岛南海路7号 邮编：266071 邮件：iocas@qdio.ac.cn

电话：053282898611 传真：053282898612

