

## 探索发现 · 交大智慧

# 上海交大农生学院孟和教授团队成功构建和解析高质量雉鸡基因组序列图谱

2020年12月04日 责任编辑：张青



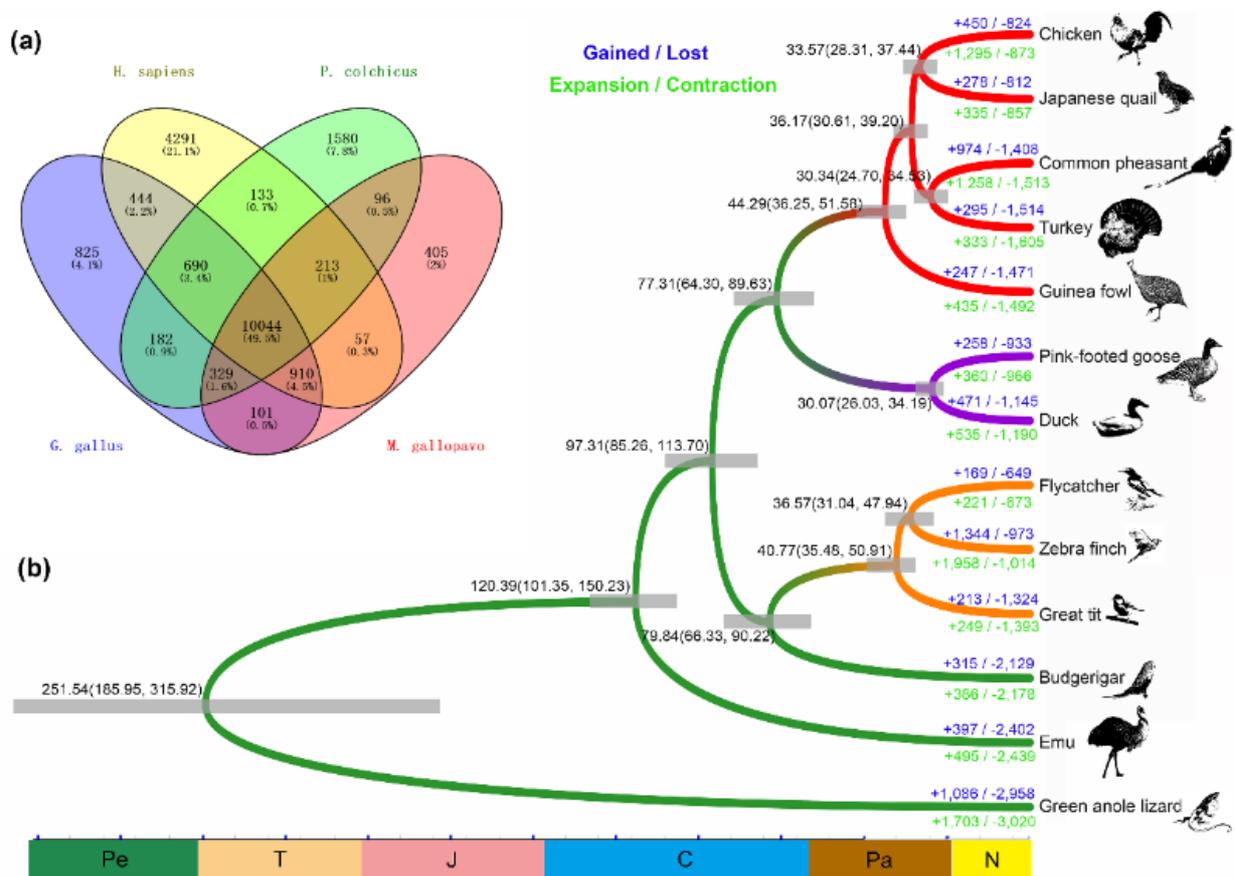
近日，上海交通大学农业与生物学院孟和教授团队采用多平台策略成功地构建了染色体层级的雉鸡基因组序列图谱，成果以论文题目为“Chromosome level assembly reveals a unique immune gene organization and signatures of evolution in the common pheasant”在线发表在国际生物学领域顶级期刊《Molecular Ecology Resources》。同时，雉鸡基因组数据也在美国国家生物信息中心（NCBI）上 ([https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCA\\_015227605.1/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCA_015227605.1/)) 公开释放。

雉鸡（*Phasianus colchicus*）也称环颈雉，俗名野鸡或山鸡。雉鸡是世界上分布最为广泛的狩猎用鸟，也是中国农业农村部《国家畜禽遗传资源目录》中养殖量最高的特种珍禽。雉鸡属于性二态鸟类，常作为性选择研究的重要模型。



研究团队采用第二代高通量测序、第三代单分子测序和Hi-C辅助基因组组装技术，对家养雉鸡进行了de novo测序、组装和注释，获得了染色体层级高质量雉鸡参考基因组。所得雉鸡基因组大小为0.99 Gb，Contig N50达1.33 Mb，Scaffold N50达59.46 Mb，拥有23,058个蛋白编码基因。

比较基因组学分析首先明确了雉鸡与其他多种鸟类的系统发育关系，其次发现了一些钙离子相关基因可能参与了雉鸡的适应性进化与物种特性的形成，并且通过全基因组重测序分析在基因组中找到了与家养雉鸡体重相关的人工选择区域。非常有意思的是，研究发现了雉鸡的免疫重要基因-主要组织相容性复合体（MHC）基因序列存在独特的排列模式，既相较于家鸡祖先红原鸡存在3个大片段的染色体倒位，暗示着雉鸡免疫系统在进化过程中曾经经历过特殊的事件。



(a) 雉鸡与其他物种共有和特有基因家族； (b) 系统发生树

孟和教授团队长期从事动物基因组学和分子育种研究和实践工作，本研究是该团队继完成世界首例双峰驼基因组（2012年）、蒙古马和普氏野马基因组（2014年）、家驴和蒙古野驴基因组（2015年）、家鹅和鸿雁基因组（2016年）后又一例农业动物的基因组序列图谱构建和分析工作。

上海交通大学博士研究生何川为该论文的第一作者，孟和教授为通讯作者。

该研究得到上海市农业委员会科技兴农重点攻关项目（2017-02-08-00-12-F00069）支持。

**论 文 链 接** : <http://dx.doi.org/10.1111/1755-0998.13296>  
(<http://dx.doi.org/10.1111/1755-0998.13296>)

作者： 农业与生物学院  
供稿单位： 农业与生物学院

---

沪ICP备05052060 (<http://www.beian.miit.gov.cn/>) 沪举报中心 版权所有© 上海交通大学 新闻网编辑部维护

地址：上海市东川路800号 邮编：200240 查号：86-21-54740000