



综合新闻 通知公告 媒体资讯 科研进展 党建活动

🏠 首页 - 新闻中心 - 科研进展

牛遗传育种团队发布独龙牛高质量基因组序列 助力我国地方牛种保种与开发利用

作者：陈燕 张天留

来源：牛遗传育种科技创新团队

发布时间：2022-05-25

分享   

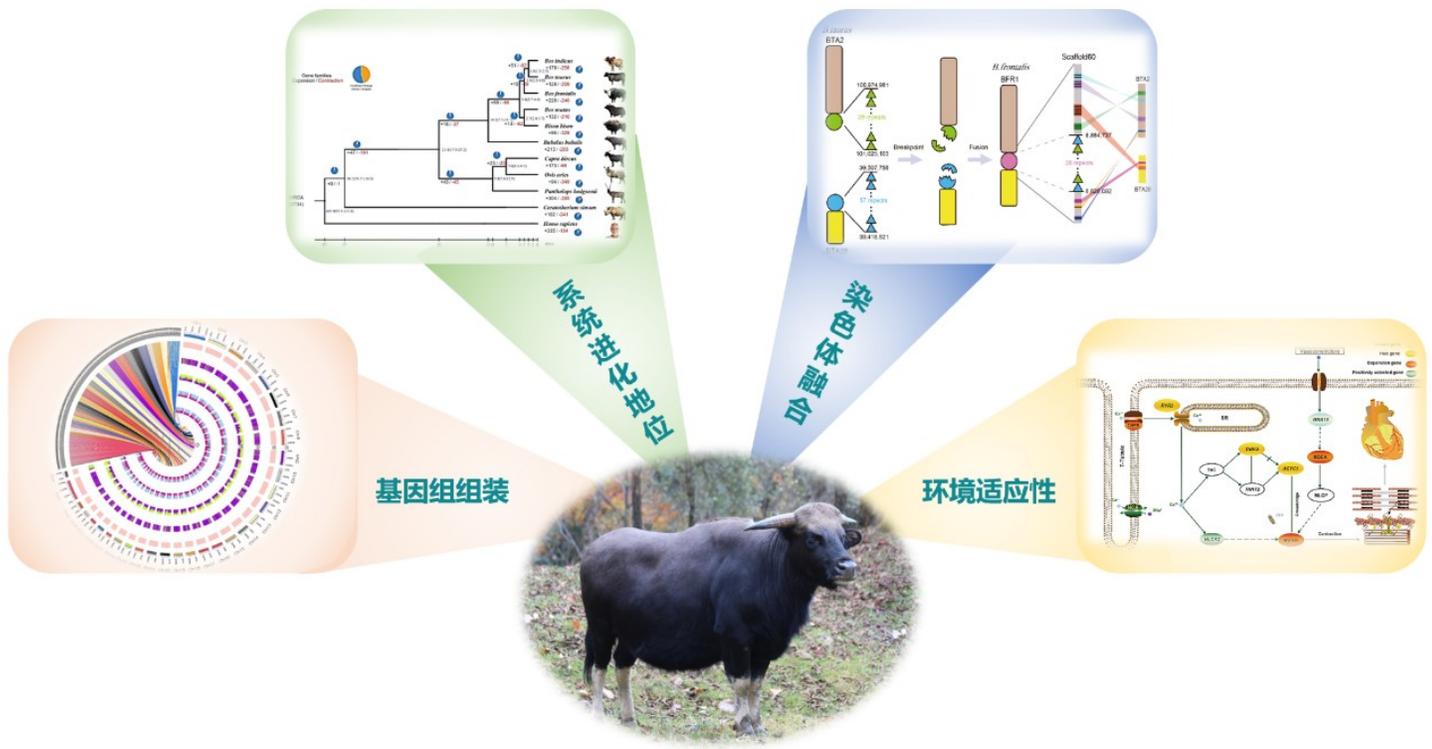
近日，中国农业科学院北京畜牧兽医研究所牛遗传育种科技创新团队在独龙牛染色体融合和环境适应性新机制研究方面取得重要突破，发布了独龙牛高质量全基因组组装序列，揭示了独龙牛的起源与系统地位问题、染色体融合的分子机制以及环境适应性的遗传基础，对我国牛种质资源的优异种质和优异基因的精准鉴定具有重要意义。相关研究成果发表在Nature系列期刊《通讯生物（Communication Biology）》。

农业种质资源是农业科技原始创新与现代种业发展的物质基础。我国现有104个牛品种资源，是世界上地方牛种资源最多的国家之一。独龙牛（*Bos frontalis*）又称“大额牛”，主要分布于云南省独龙江和怒江流域，是我国唯一的半野生半家养的珍稀牛种。我国的独龙牛与东南亚及南亚国家的大额牛一样，其起源与形成史在分类地位上尚有争议，说法众多。早期研究表明，普通牛2号、28号染色体的罗伯逊易位可能形成了独龙牛的1号染色体，但缺乏基因组学层面的支持。因此，构建基因组学研究平台开展深入系统分析，成为解开独龙牛起源和演化历史之谜的钥匙。

研究团队利用二代、三代和10xGenomics等测序技术，获得了独龙牛高完整性和连续性的全基因组序列，与最近发表的印度大额牛mithun基因组相比，contig N50和scaffold N50分别提升了13.7倍和4.1倍，为独龙牛基因组研究提供了更宝贵的数据和技术支撑。研究人员通过比较基因组学分析描绘了独龙牛的进化历史，结果表明，独龙牛与牦牛、野牛一

龙牛染色体数目 $2n=58$ ，比普通黄牛的 $2n=60$ 少两条，但比野牛的 $2n=56$ 多两条。研究人员发现，独龙牛的着丝粒区卫星序列具有染色体特异性单体或高阶重复单元，且包含一个9 bp核心元件的牛亚科CENP-B盒，为BTA2和BTA28着丝粒区卫星序列断点和染色体融合的形成提供了序列线索。

为全面精准评价独龙牛种质遗传资源特性，研究人员基于组装的高质量基因组，通过基因组、转录组、表观组等多维角度的基因表达和生物途径分析，整合了扩张收缩、正选择和组织表达核心基因等43个参与心血管循环进化的基因，研究发现独龙牛已经进化出物种特异性MYH基因家族成员，以满足其高山峡谷的特定环境下心脏生理功能的需要。



牧医所陈燕副研究员，博士生张天留为该文章的共同第一作者，李俊雅研究员和高雪研究员为通讯作者。该研究得到国家自然科学基金和中国农业科学院科技创新工程等项目共同资助。

原文链接：<https://doi.org/10.1038/s42003-022-03298-9>

上一篇：动物生物安全与公共卫生防控团队阐述程序性细胞坏死在对抗病原感染中的作用机制

下一篇：肉羊遗传育种团队揭示IGF1启动子区新SNP位点调控山羊产羔数的分子机制



关注牧医所微信

国内科研单位



国外科研单位



相关行业链接



文献检索链接



中国农业科学院机关



院属各单位链接

