



中国科学院海洋研究所在贝类基因组演化研究方面获新进展

编译者: liguiju 发布时间: 2021-1-26 点击量: 81 来源栏目: 科研动态

相同栏目

- 1 2018年世界海洋研究所
- 2 美国航空航天局
- 3 中科院大气所
- 4 研究人员为
- 5 山地侵蚀会
- 6 海洋环流可
- 7 科研人员借
- 8 斯克利普斯
- 9 海洋研究所

热门资源

- 1 孙天旭 贾庆
- 2 庞中英: 在全
- 3 国内首家海
- 4 国家海洋科
- 5 中国海洋领
- 6 国际海洋组
- 7 中国发布首
- 8 中国海岛逾
- 9 9600个! 我
- 10 2017年青岛

近日, 由中科院海洋所杨红生课题组主导, 北京诺禾致源科技股份有限公司、美国罗格斯大学、杜克大学等单位合作共同完成的研究论文 “The hard clam genome reveals massive expansion and diversification of inhibitors of apoptosis in Bivalvia” 在生物学权威期刊《BMC Biology》在线发表。该研究在国际上首次完成了硬壳蛤 *Mercenaria mercenaria* 全基因组精细参考图谱的绘制, 揭示了双壳纲贝类凋亡抑制因子IAP基因大规模扩张与分化现象。

硬壳蛤, 又称美洲帘蛤, 自然栖息地位于北美大西洋沿岸, 具有肉质鲜美、生长快、抗逆性强等特点。中科院海洋所张福绥院士等人于1997年首次将硬壳蛤从美国引入我国, 率先系统研究了硬壳蛤基础生物学和生理生态学特征, 建立了一套以“基础研究-高效育苗-池塘养殖”为主线的适合我国国情的硬壳蛤规模化苗种繁育和池塘养殖技术工艺, 形成了较完善的产业化技术体系和产业链。经过20余年的研究和推广, 硬壳蛤已成为福建、江苏、山东、河北和辽宁等沿海池塘生态混养的重要经济贝类, 养殖面积近百万亩, 年产值数十亿元, 已出口韩国和台湾等国家和地区, 形成了我国新的贝类养殖产业。该研究利用Pacbio测序技术结合Hi-C技术成功绘制了首个硬壳蛤染色体水平的基因组精细图谱, 基因组大小为1.79 Gb, contig N50达到1.77 Mb, scaffold N50达到91.38 M, 共编码34,283个基因。

比较基因组学分析发现, 硬壳蛤基因组拥有极为显著的IAP基因家族大规模扩张现象, 拥有159个拷贝, 远超人类、模式动物的拷贝数 (< 10 拷贝)。硬壳蛤IAP通过谱系特异性的串联重复和逆转录的方式发生扩张, 并利用结构域的改组迅速发生结构和功能分化。通过重建IAP的进化历程, 本研究发现IAP扩张是双壳纲贝类的一种共有现象, 是双壳纲贝类独特的一种进化策略, 其通过IAP扩张和分化实现对细胞凋亡更精密的调控, 进而调节贝类的免疫和应激反应。

该研究成果为理解硬壳蛤的环境适应机制和适应性进化过程提供了新见解, 为硬壳蛤遗传育种提供了重要科学参考。

中科院海洋所宋浩助理研究员、美国罗格斯大学郭希明教授、中科院海洋所孙丽娜副研究员和北京诺禾致源公司王强辉技术员为文章共同第一作者, 中科院海洋所张涛研究员为文章通讯作者。该研究得到了国家重点研发计划、国家贝类产业技术体系、山东省重点研发计划、中科院STS等项目联合资助。

文章链接: <https://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12915-020-00943-9>.

来源机构 中科院海洋研究所

原文题目 中国科学院海洋研究所在贝类基因组演化研究方面获新进展

原文来源 http://www.qdio.cas.cn/2019Ver/News/kyjz/202101/t20210126_5878043.html

上一篇: [科学家呼吁采取行动探索海洋生物资源...](#)

下一篇: [《PNAS》揭示质粒上毒素/抗毒素系统...](#)

提供服务: 导出本资源

