
海洋所发现基因组内简单重复序列在对虾适应性进化中的作用

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12967.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

近日，由中国科学院海洋研究所李富花课题组主导完成的科研论文Simple sequence repeats drive genome plasticity and promote adaptive evolution in penaeid shrimp，在Communications Biology在线发表。该研究针对简单重复序列（simple sequence repeat, SSR）在对虾基因组内呈爆发式扩张的现象，首次提出SSR在基因组内急速扩张的新机制，揭示了SSR在对虾基因组的可塑性和适应性进化过程中的关键作用。

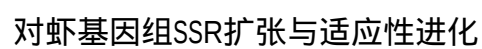
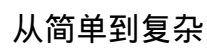
SSR是由1-6个碱基串联重复多次形成，在所有已测基因组物种中含量普遍较低（约1%左右），且它们通常被认为没有功能，属于基因组上的“垃圾DNA”。而课题组前期研究发现，凡纳滨对虾基因组SSR含量竟达23.93%，这引起了研究人员对SSR在对虾进化中的功能及作用机制的兴趣。

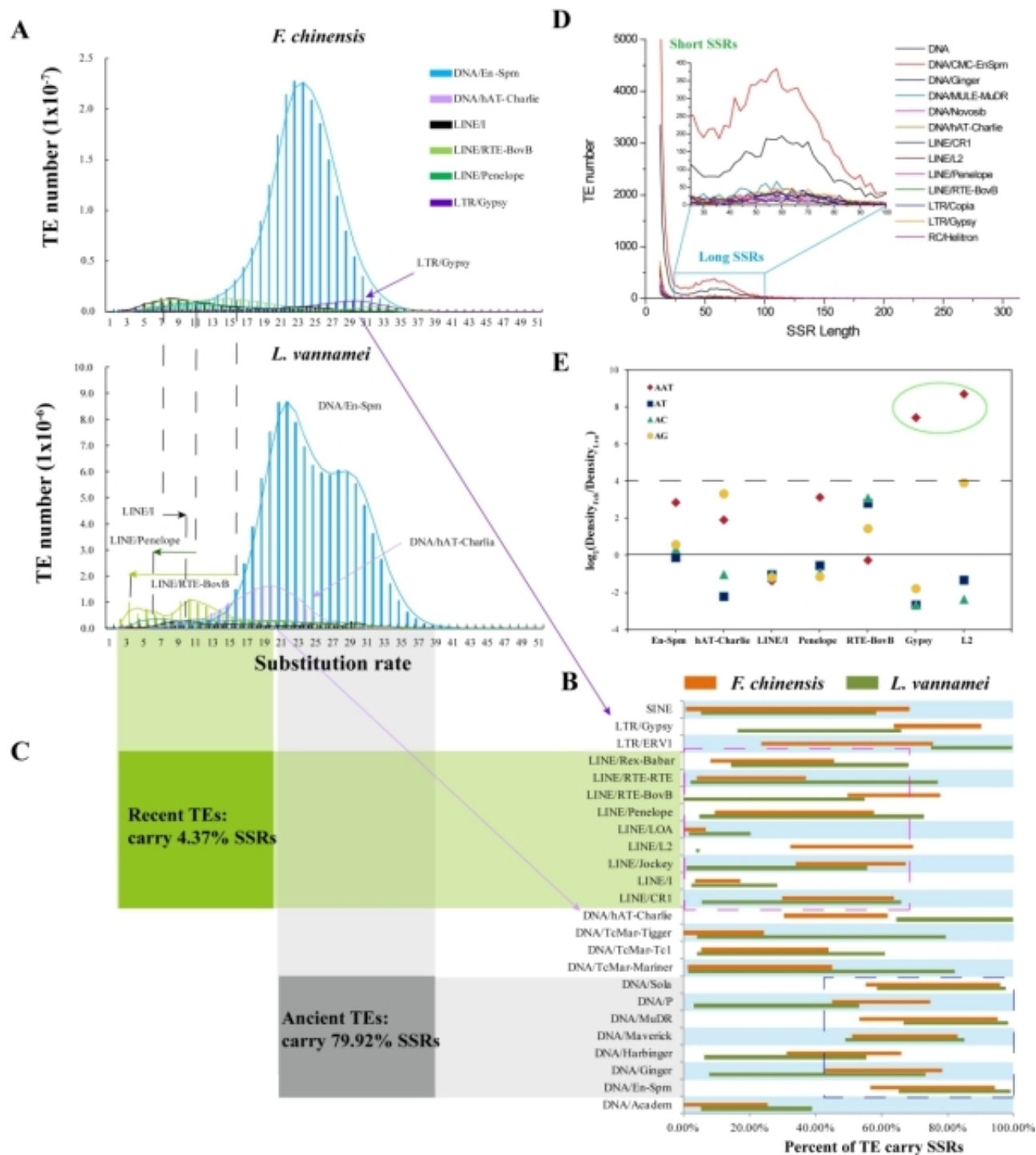
为了探究SSR的分布特征和功能，研究人员完成了另一种对虾——中国明对虾的全基因组测序和组装，并基于Hi-C测序，构建了凡纳滨对虾和中国明对虾染色体水平的基因组图谱。通过比较基因组学分析，推断SSR的爆发式扩张发生在对虾的祖先基因组上，而SSR的特异性扩张也出现在不同对虾分化后。SSR的扩张事件与生物大灭绝事件后对虾的快速进化时间一致，提示了SSR在对虾适应性进化过程中的关键作用。

该研究首次发现SSR爆发式扩张的新机制，与传统认为的复制滑动突变模型不同，科研人员发现对虾SSR的爆发式扩张主要与转座元件的携带有关，并进一步鉴定出近期活跃的转座元件，推断其仍具有携带SSR扩张的潜能。此外，研究还发现SSR在对虾基因组可塑性和环境适应中具有重要作用，高密度的SSR分布引起对虾染色体内大规模基因组重排。

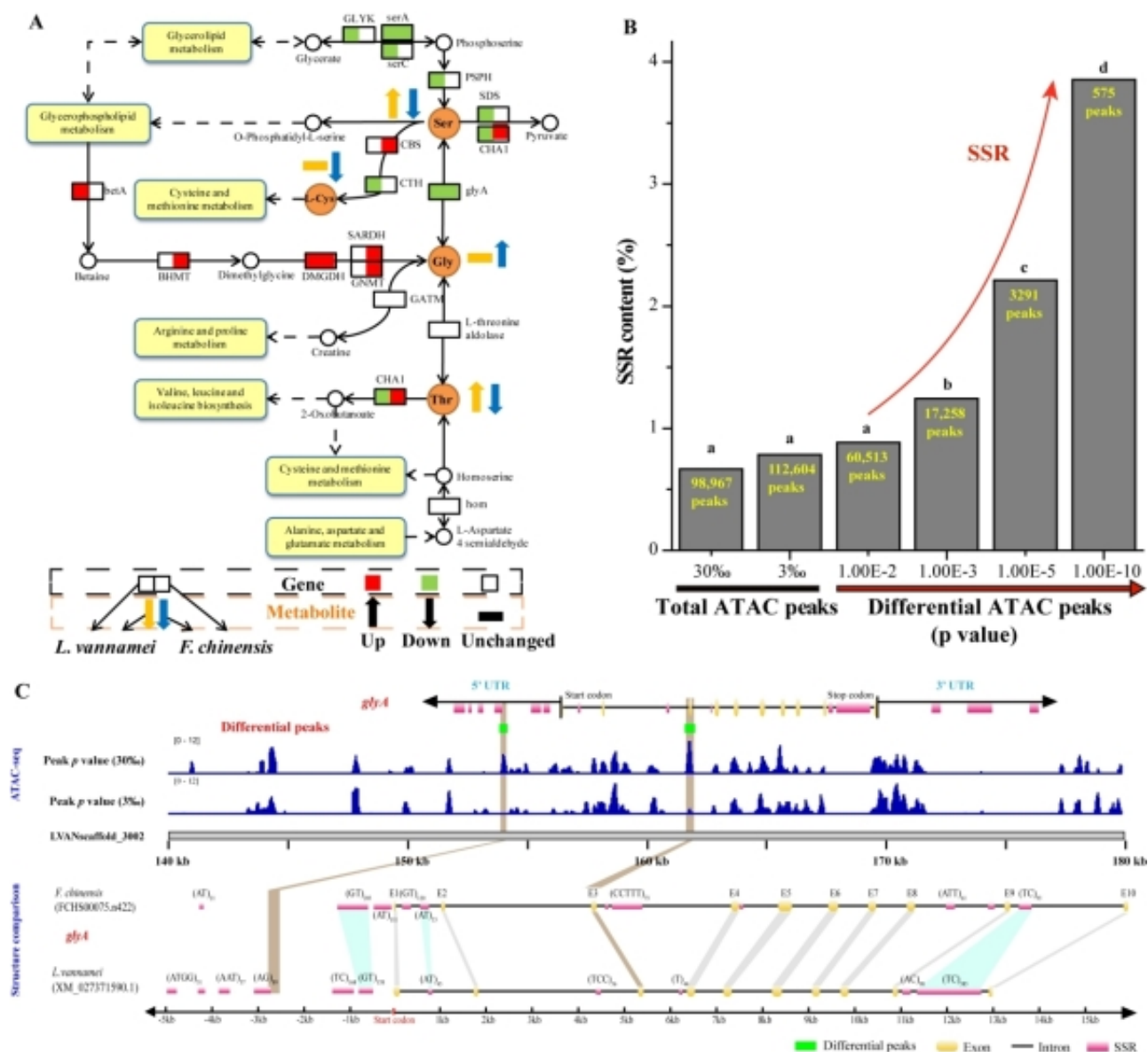
中国明对虾和凡纳滨对虾亲缘关系相近，但它们在盐度适应能力上却存在显著差异。研究首次发现对虾主要通过调控体内自由氨基酸的含量来调节体内的渗透压，而SSR能富集于基因调控区，参与渗透压调节关键通路的基因表达调控。这些基因表达模式的差异可能是引起两种对虾渗透压调控能力差异的重要原因。

该成果为阐明生物体内SSR的功能和甲壳动物对环境的适应进化研究提供了新线索，也为对虾基因组育种和分子改良提供了重要的理论基础和数据支撑。海洋所副研究员袁剑波和研究员张晓军、南开大学教授王敏为论文的共同第一作者。海洋所研究员李富花和相建海、南开大学教授冯露为论文通讯作者。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、“科学”号高端用户项目、青岛国家海洋科学与技术实验室项目及国家虾现代产业技术体系等的资助。





对虾SSR扩张新机制



SSR参与对虾盐度适应相关基因的表达调控

研究团队单位：海洋研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发