
鹦鹉螺基因组测序分析揭示针孔眼形成和生物矿化机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13801.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！

5月10日，中国科学院南海海洋研究所热带海洋生物资源与生态重点实验室喻子牛团队首次在国际上完成了鹦鹉螺全基因组测序，揭示了这种古老软体动物的进化规律、针孔眼形成和生物矿化机制。相关研究成果以The genome of Nautilus pompilius illuminates eye evolution and biomineralization为题，在线发表在《自然-生态与进化》（Nature Ecology Evolution）上。

鹦鹉螺是现存最古老、最低等的头足类动物之一，主要分布于西太平洋-印度洋的热带与亚热带水域。在漫长的演化历程中依然保留了祖先特征，如螺旋外壳和针孔眼等，被称为海洋动物中的“活化石”，因而在生物学进化中有很高的研究价值，广受科研界关注。同时，由于受稀缺性和贝壳的商业价值，且性成熟期长、人为非法采捕等因素影响，其种群数量锐减。因此，鹦鹉螺基因组研究不仅有助于揭示头足动物的遗传进化规律，而且可为其生物学研究和资源保护提供理论依据。

研究团队对分布最广泛的珍珠鹦鹉螺（Nautilus pompilius）进行了基因组测序，其基因组仅有730.59 Mb，编码了17,170个基因，是目前头足类动物中最为紧凑的一个基因组，也是该类群中进化速率最慢的物种。历史有效群体（ N_e ）评估显示，关键性海洋环境进化事件（如中更新世的中布容事件）导致鹦鹉螺种群数目锐减，表明它对海洋环境变动非常敏感。

“眼的进化”被达尔文称为进化论中不可解释的“困惑”。鹦鹉螺的眼睛缺少晶状体，利用小孔成像调节视觉，形成了自然界中独一无二的针孔眼，为探索眼的进化提供了宝贵的材料和线索。比较基因组学分析表明，鹦鹉螺基因组中晶状体发育的关键转录因子NRL/Maf的缺失和晶状体形成蛋白的基因家族收缩，共同促进了鹦鹉螺针孔眼的形成。同时，鹦鹉螺仅保留最简单的光信号传导通路和唯一的感光分子r-opsin，表明它缺乏对颜色的分辨能力。鹦鹉螺具有Retinochrome和RPE65双重视黄醛异构循环系统，且RPE65基因还出现了种系特异的扩张，表明这可能与通过11-顺式视黄醛大量生成来提高其感光能力，从而适应昼伏夜出的生活习性。

“壳内化”是头足动物身体进化的重要革命性事件，而鹦鹉螺则是现存唯一具有外壳的头足类动物，为解析软体动物壳形成的起源提供了演化材料。扫描电镜显示鹦鹉螺内壳主要由文石晶体（Aragonite）堆积而成，提示了文石是软体动物祖先壳形成的晶体形态。壳蛋白鉴定结果支持软体动物存在古老且保守的壳基质蛋白“toolkit”的假说。同时，该研究还发现鹦鹉螺壳基质蛋白存在全新的低复杂重复基序（RLCDs），这或与鹦鹉螺独特的壳结构相关。另外，系统比较软体动物壳基质蛋白发现，RLCDs的平行进化可能是软体动物生物矿化的基本规律。

通过鹦鹉螺基因组测序和进化分析，研究揭示了针孔眼形成和生物矿化的演变规律。该研究对鹦鹉螺的生物学研究、遗传资源保护及头足动物的适应性演化均将发挥重要的推动作用。南海海洋所研究员张扬和助理研究员毛帆等为论文共同第一作者，研究员喻子牛为论文通讯作者。研究工作得到国家重点研发计划、南方海洋科学与工程广东省实验室（广州）人才团队引进重大专项、中科院战略性先导科技专项、国家贝类产业技术体系专项和国家自然科学基金等的资助。

[论文链接](#)

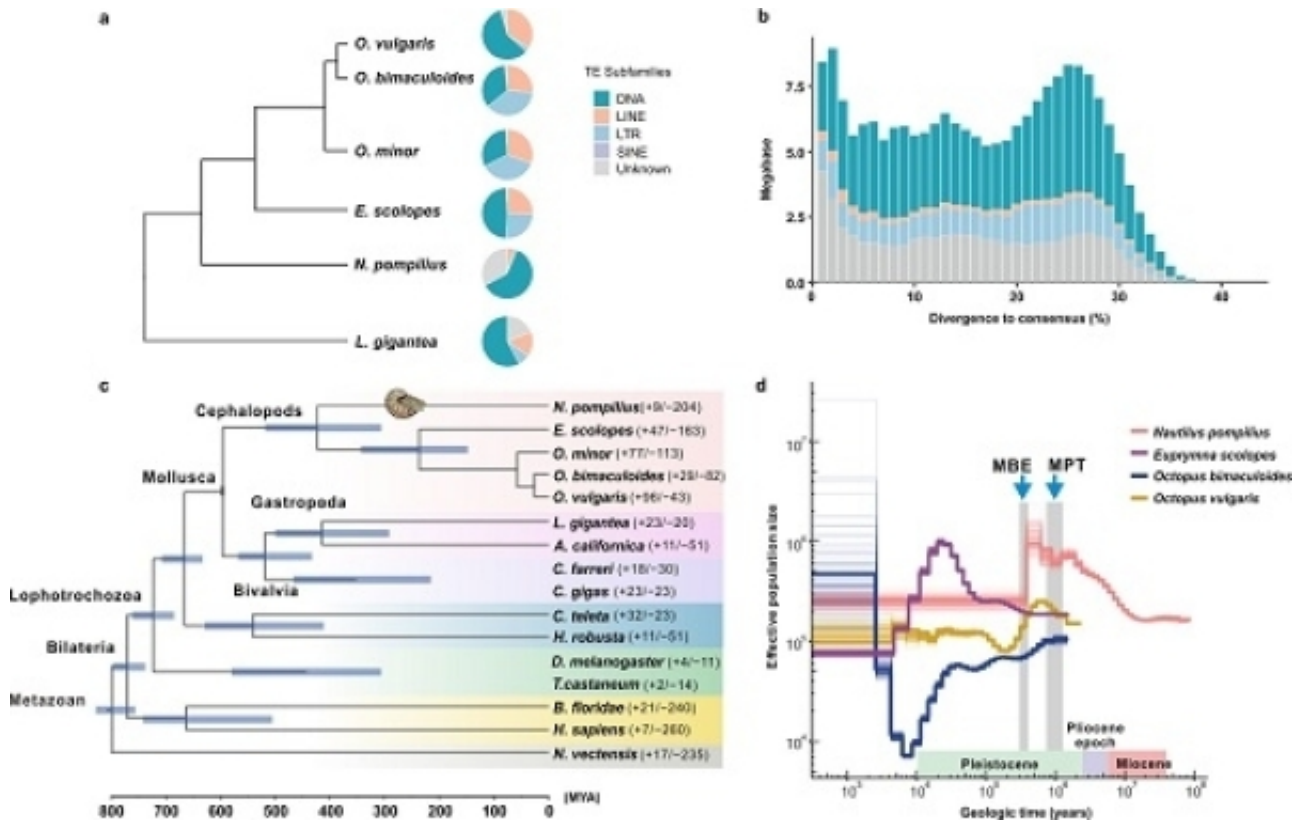


图1.鹦鹉螺基因组结构及进化关系。a.DNA转座子、LTR、LINE和SINE逆座子在五个代表性头足类动物的基因组中的比例；b.鹦鹉螺基因组的TE分化；c.多物种进化关系；d.头足类动物历史种群评估

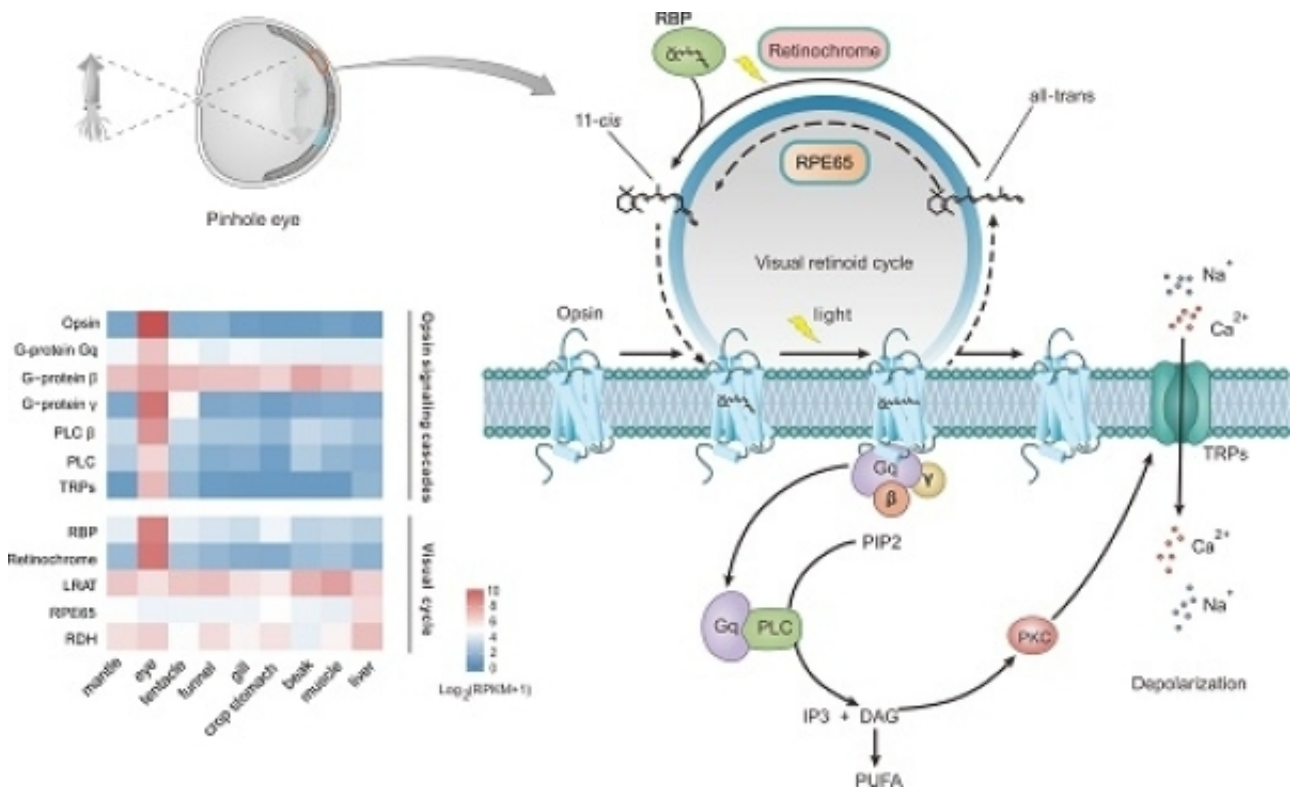


图2. 鹦鹉螺视觉的分子模型

研究团队单位：南海海洋研究所

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](http://www.iikx.com)转发