首个非性逆转黄鳝高质量基因组参考图谱发布

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18438.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！

首个非性逆转黄鳝高质量基因组参考图谱发布。5月18日，中国水产科学研究院长江水产研究所（以下简称长江所）研究员李忠团队在国际期刊《遗传学前沿》（Frontiers in Genetics）发表破译非性逆转（超级母）黄鳝基因组学术论文。这是该团队在国内首次完成黄鳝全人工规模化繁育和破译大黄斑品系基因组后又一基础性研究结果，为超级母黄鳝培育和加速奠定了重要理论基础。

黄鳝是特殊的雌雄同体的雌性先熟鱼类，表现为卵巢先发育产卵，随后卵巢完全发育成精巢，并产生成熟精子。黄鳝在初次性成熟时怀卵量较低，约为300～800粒，其性逆转特性极大限制了黄鳝苗种繁育规模。李忠研究团队在大黄斑品系选育过程中，发现约3%-5%的雌性亲本可以连续多年产卵，并不发生性逆转，怀卵量高（>3000粒/尾），是开展黄鳝研究性逆转机制和超级母选育的极佳材料。

为研究其遗传机制，课题组对连续3年产卵超级母个体进行基因组测序。结合Illumina二代测序、PacBio HiFi测序、Hi-C 技术，获得了非性逆转雌性亲本基因组近完成图（MalV2_NSR），最终获得组装基因组大小为838.39 Mb。其中contig N50为49.8 Mb，相比黄鳝大黄斑基因组(Mal.V1_CLR)提高了20.97倍。该组装基因组增加了38.66 Mb碱基的遗传信息；利用从头（de novo）预测、同源（homolog）预测和转录组数据预测的等方法，对非性逆转雌性基因组进行注释共得到22704个蛋白质编码基因。此外，结合HiFi测序在单倍型基因组组装中的优势，获得了非逆转雌性的两套染色体的基因组序列，完成了单倍体组装。两套单倍型基因组在连续性上也相比普通雌性个体的高质量基因组（Mal.V1_CLR）有显著提升（contig N50分别为14.54 Mb和12.13 Mb）。基因组共线性分析显示本研究获得的单倍型基因组和二套单倍型基因组之间均存在着高度共线性。

与普通雌性个体基因组（Mal.V1_CLR）比较，科研团队在非性逆转雌性基因组（Mal.V2_NSR）中鉴定到了大量结构变异（SV），包括268 个倒位 (～15 Mb), 540 个易位 (～5 Mb)，以及890个重复。对长片段SVs（>1000bp）相关联的2616个基因进行GO功能富集分析表明，在生物学过程中富集在DNA整合、DNA代谢、重组、微管移动等相关功能，分子功能中富集在涉及苏氨酸肽酶活性、苏氨酸内肽酶活性、微管运动活性等相关功能。此外，两个单倍型基因组间亦存在大量SVs，显示黄鳝两套单倍型基因组亦存在较大多样性。这些结果为进一步研究SVs与黄鳝的性别表型及性别决定机制提供了重要的资源。

此外，高质量的基因组提供了性别相关基因及高度多态的MHC基因基因组分布特征，为进一步研究黄鳝性别决定机制及开展免疫多态性特征奠定了基础。

这些发现为研究黄鳝优异种质基因资源挖掘、基因编辑育种、及其独特性逆转特性等研究提供了重要数据。

该研究得到中国水产科学研究院资助。(来源：中国科学报张晴丹)

相关论文信息：https://doi.org/10.3389/fgene.2022.903185

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：李忠等 来源：《遗传学前沿》

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转发