
昆明动物所等在非洲野生猪科动物遗传资源挖掘方面获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21146.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！

昆明动物所等在非洲野生猪科动物遗传资源挖掘方面获进展。非洲猪瘟（African Swine Fever，ASF）是由非洲猪瘟病毒（ASFV）感染引起的猪的一种急性、烈性、高度接触性传染病。非洲猪瘟不是人畜共患病，但猪感染后，发病率和病死率高，造成经济损失和社会影响。经过长期的共进化，非洲的野生猪科动物（包括疣猪属Phacochoerus、巨林猪属Hylochoerus和红河猪属Potamochoerus

）对ASFV产生了天然抗性，表现为宿主可携带ASFV，但不表现临床症状，因此它们是探究非洲猪瘟抗性形成的宝贵遗传资源。

中国科学院院士、中科院昆明动物研究所研究员张亚平团队联合中国农业科学院-国际家畜研究

Phacochoerus africanus）和红河猪（Potamochoerus porcus

）的高质量基因组。同时，依托西南家猪分子育种与转化医学研究基地，科研团队构建了高质量的滇南小耳猪参考基因组。研究通过系统比较非洲野生猪科动物与欧亚家猪基因组的精细结构发现，非洲猪科动物共同祖先支系上产生的结构变异和选择信号与T细胞免疫、病毒感染和淋巴组织发育相关。其中，体细胞重排后参与

编码T细胞受体的TRBV27

基因在非洲猪科动物中存在284bp缺失，导致相关T细胞受体缺乏CDR1编码区，影响其T细胞受体对抗原呈递细胞的识别，这可能与对非洲大陆上古老病原的免疫应答相关。研究人员对此前报道的与ASFV抗性相关的CD163和RELA

基因进行深入分析发现，与对ASFV易感的欧亚家猪相比，非洲猪科动物的这两个基因并未受到选择或表现出快速进化的信号。该研究表明非洲猪科动物的基因组资源有助于筛选家猪受ASFV感染和致病的关键基因，为家猪抗病育种提供关键理论依据和技术支撑。

近日，相关研究成果以African suid genomes provide insights into the local adaptation to diverse African environments为题，发表在Molecular Biology and

Evolution上。研究工作得到中科院、国家重点研发计划、中科院中-非联合研究中心、国家自然科学基金、西北工业大学、云南省科技厅及昆明市“春城计划”的支持。

[论文链接](#)

图1.非洲猪科动物的地理分布、系统发育关系与群体历史动态

图2.非洲猪科动物TRBV27基因的序列缺失及其对编码T细胞受体的影响

研究团队单位：昆明动物研究所

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