
迄今最大哺乳动物基因组库为进化提供新见解

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/23005.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！

迄今最大哺乳动物基因组库为进化提供新见解。

当21世纪初，小鼠、人类、大鼠和黑猩猩的完整基因组首次发表后，遗传学家通过比较基因序列为了解哺乳动物进化打开了大门。

为什么一些哺乳动物嗅觉特别灵敏？为什么有些哺乳动物要冬眠？为什么一些哺乳动物的大脑发更大？20年后的今天，由美国麻省理工学院、哈佛大学等单位的科学家牵头的大型国际研究项目——Zoonomia计划的研究人员收集并比较了240种哺乳动物基因组，并通过研究分析这批迄今最大的哺乳动物基因序列对上述问题有了进一步的了解。相关研究近日以系列文章形式发表于《科学》。

美国加利福尼亚大学旧金山分校数据科学家、Zoonomia计划成员Katie Pollard指出，上述数据不仅突出了不同哺乳动物基因组哪些区域是相似的，还找到了在数百万年尺度上，不同哺乳动物基因序列是何时出现分歧的。

瑞典乌普萨拉大学遗传学家、Zoonomia计划领导者之一Kerstin Lindblad Toh说，她和同事意识到，要想从统计学上了解哺乳动物如何随着时间的推移而变化，尤其想从单个基因碱基对水平上放大基因变化，至少要统计200多个基因组。

Zoonomia计划于2022年首次公开了这240个哺乳动物基因组。从那时起，研究人员一直在寻找它们的相似之处。他们假设，如果不同哺乳动物基因组的某些片段相似，并且在数千万年的时间里保持相似，那么这些片段一定有重要作用。

一个研究团队估计，至少10.7%的人类基因组与上述240种哺乳动物的基因组相同。这些保守区域大多是调节基因(调节其他基因转录及其最终转化为蛋白质的方式和时间的基因)，其中约有一半的功能以前是未知的。

还有些研究团队着眼于基因组差异，试图找到致病基因。

目前，全基因组关联研究(GWAS)已经比较了数千个人类基因组，以确定与疾病相关的基因突变。但事实证明，找到不仅与疾病相关，而且会导致疾病的精确基因无异于大海捞针。

Lindblad Toh说，观察这些基因在所有哺乳动物中是如何随着时间的推移进化的，有助于将搜索范围缩小一个数量级。

此外，研究人员利用Zoonomia计划数据构建了一个不同哺乳动物物种何时与其祖先分化的系统发育树。该分析支持了这样一种假设，即在大约6500万年前地球被小行星撞击前，哺乳动物就已经开始分化，但毁灭性撞击后分化速度变快了很多。

Lindblad Toh表示，Zoonomia计划旨在选择广泛的物种进行采样，数据集中添加的哺乳动物越多，其功能就越强大。

马萨诸塞大学医学院遗传学家、Zoonomia计划领导者之一Elinor Karlsson指出，目前相关数据均可在项目网站上公开获取，他们希望更多的人利用数据解开更多的问题。(来源：中国科学报许悦)

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.adi1599>

作者：Katie Pollard 来源：《科学》

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