中国黄牛基因组组装与结构变异研究获进展

作者：writer 来源：科学网

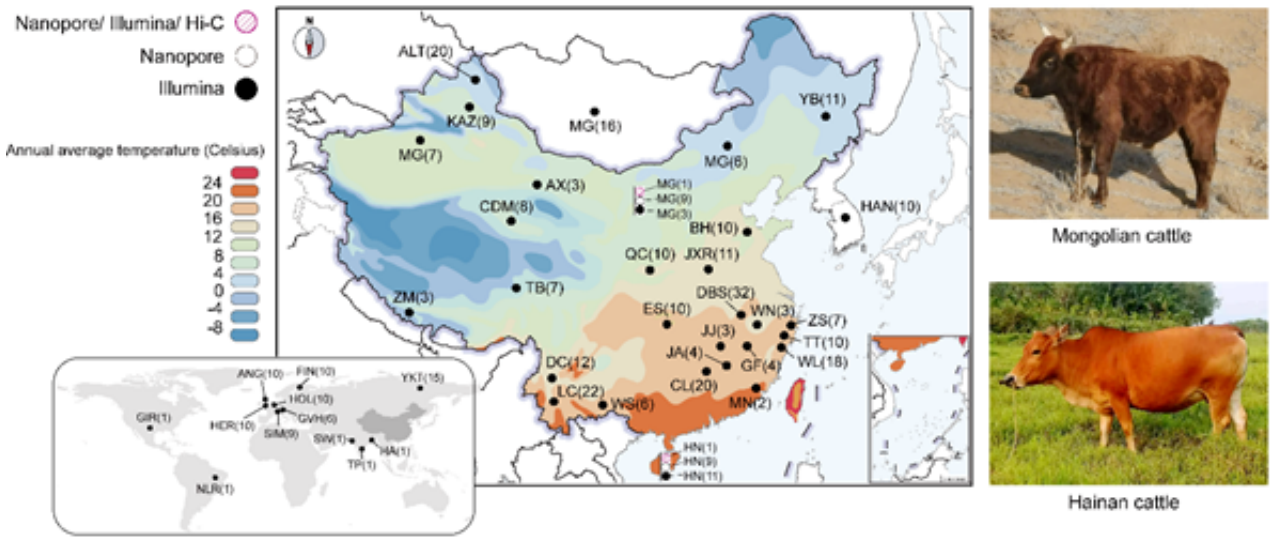
本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/24344.html

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！

中国黄牛基因组组装与结构变异研究获进展。
近日，西北农林科技大学动物科技学院教授雷初朝与庞卫军团队合作在Genome Biology在线发表研究论文。

该研究以海南牛和蒙古牛作为东亚瘤牛和东亚普通牛的代表性品种，组装了2个高质量染色体水平的基因组，结合群体水平的二代和三代重测序数据以及ATAC-seq、RNA-seq、ChIP-seq、细胞生物学和分子生物学等多种方法，发现了影响中国黄牛环境适应性的重要结构变异。

该研究对来自海南省的海南牛和内蒙古自治区阿拉善盟的蒙古牛进行基因组组装，获得了2个高质量染色体水平的基因组，并挖掘出123898个SVs。通过细胞生物学实验，发现SPN基因中一个108 bp的外显子插入可能通过增加O-糖基化位点的数量来影响巨噬细胞对结核分枝杆菌的摄取，这可能是海南牛对牛结核病易感性低的遗传基础。



本研究中黄牛品种的地理分布。（论文课题组供图）

研究对39个黄牛品种373头牛的全基因组二代重测序数据进行了SV分型。采用DISV和FST方法鉴定出了2610个在中国南北方黄牛中分层的SVs，这些SV涉及到862个基因，它们显著地富集到与环境适应、免疫、内分泌系统等通路。此外，本研究通过独立的表观遗传数据（ATAC-seq和ChIP-seq）预测了7个牛组织中的开放区域，其中43个ATAC-seq区域与2610个分层SVs重叠，表明它们

可会影响黄牛的环境适应性。共鉴定出中国瘤牛特有的、可能来自班腾牛渗入的SVs 1466个，涉及549个基因，其中抗病毒免疫基因DDX58的内含子上一个316 bp的缺失在中国南方瘤牛中有较高的频率，可能与其抗病有关。

研究组装了蒙古牛和海南牛2个高质量参考基因组，系统揭示了SVs在中国南北方黄牛适应当地环境中的重要作用，结合多组学方法初步阐明了SVs在塑造黄牛表型、宿主-病原体相互作用和环境适应性方面的贡献，对创制抗逆抗病的新品种具有重要价值。（来源：中国科学报 严涛）

相关论文信息：https://doi.org/10.1186/s13059-023-03052-2

作者：雷初朝等 来源：《基因组生物学》

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转发