
Genes：“群体与进化遗传学及基因组学”栏目—— 关注生物遗传多样性和进化的前沿研究 MDPI 栏目推荐

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/36116.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！

Genes：“群体与进化遗传学及基因组学”栏目——关注生物遗传多样性和进化的前沿研究
MDPI 栏目推荐。期刊名：Genes

期刊主页：<https://www.mdpi.com/journal/genes>

栏目介绍

群体与进化遗传学及基因组学栏目是Genes 期刊18个学科栏目之一。目前，该栏目由37位来自全球的知名学者担任编委会成员，包括意大利帕维亚大学的Alessandro Achilli教授，德国进化与生物多样性研究所的Erich Bornberg-Bauer 教授，复旦大学的李辉教授和北京大学的张蔚教授等群体和进化遗传学领域的知名学者为该栏目提供学术支持。截至2025年10月，该栏目已发表681篇论文。

栏目主编



Mamuris Zissis 教授

希腊塞萨利大学

Mamuris Zissis 教授，塞萨利大学校长。目前研究兴趣：陆地和水生动物生物种群遗传结构分析及分子标志物的开发，旨在研究生理特征、微进化规律及其调控机制，并开展生物多样性保护工作。

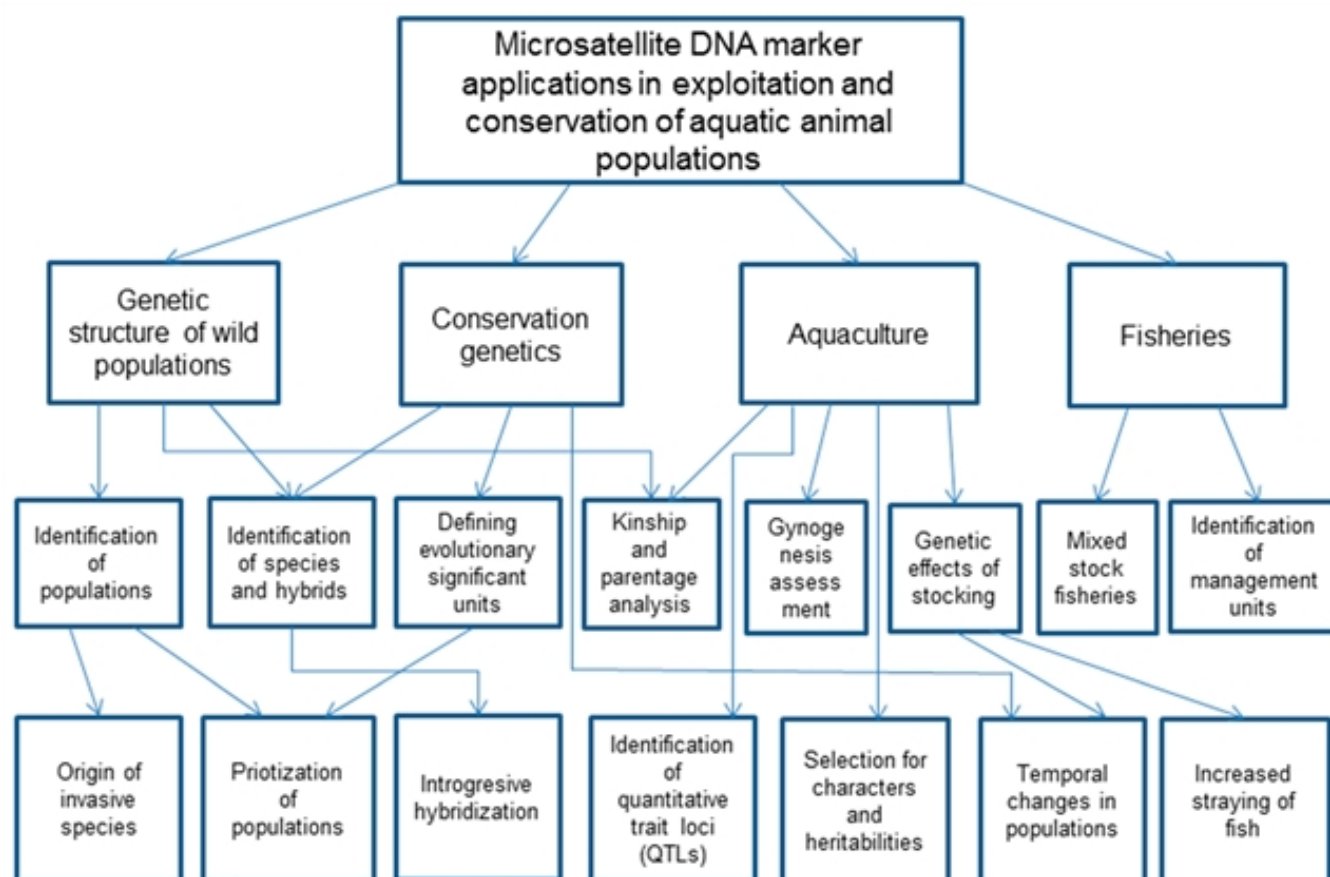
精选文章

1. Microsatellites as Molecular Markers with Applications in Exploitation and Conservation of Aquatic Animal Populations

微卫星分子标记在水生动物种群开发与保护中的应用

Roman Wenne

<https://doi.org/10.3390/genes14040808>



文章简介

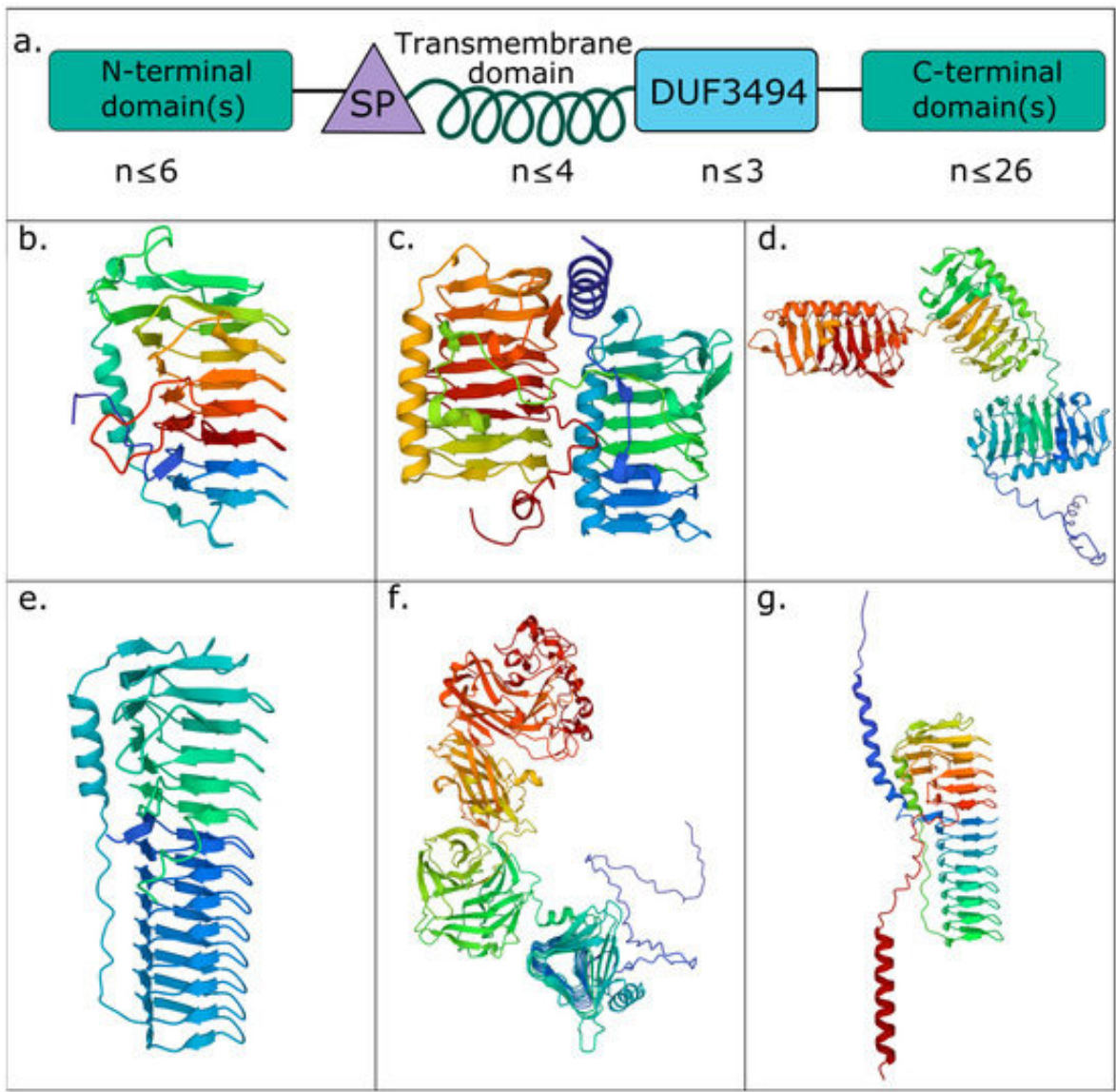
本文总结了微卫星分子标记在水产养殖、渔业和保护遗传学领域相对于单核苷酸多态性(SNP)的成功应用案例。微卫星标记在养殖和自然群体的亲缘关系和亲子关系分析、雌核发育、雄核发育和倍体化评估等领域可被视为优越的标记。微卫星标记可与单核苷酸多态性(SNP)结合用于数量性状位点(QTL)定位。微卫星标记将继续用于养殖群体遗传多样性研究，并作为一种经济实惠的基因分型技术应用于自然群体。



原文出自Genes 期刊: Wenne, R. Microsatellites as Molecular Markers with Applications in Exploitation and Conservation of Aquatic Animal Populations. Genes2023, 14, 808.

2. Genetic and Structural Diversity of Prokaryotic Ice-Binding Proteins from the Central Arctic Ocean

北冰洋中部原核生物冰结合蛋白的遗传和结构多样性



文章简介

本文使用了 MOSAiC

考察期间在北冰洋中部采集的海冰和海水样本进行宏基因组测序，并随后对宏基因组组装基因组 (MAG) 进行了分析。通过将结构多样的 IBP 与特定环境和潜在功能联系起来，发现 IBP 序列在内冰层中富集，具有多样化的基因组背景，并在分类学上呈聚类状。它们多样化的蛋白质结构可能是结构域改组的结果，导致 IBP 中蛋白质结构域的组合多种多样，这可能反映了在北冰洋中部极端多变的环境中生存所需的功能多样性。



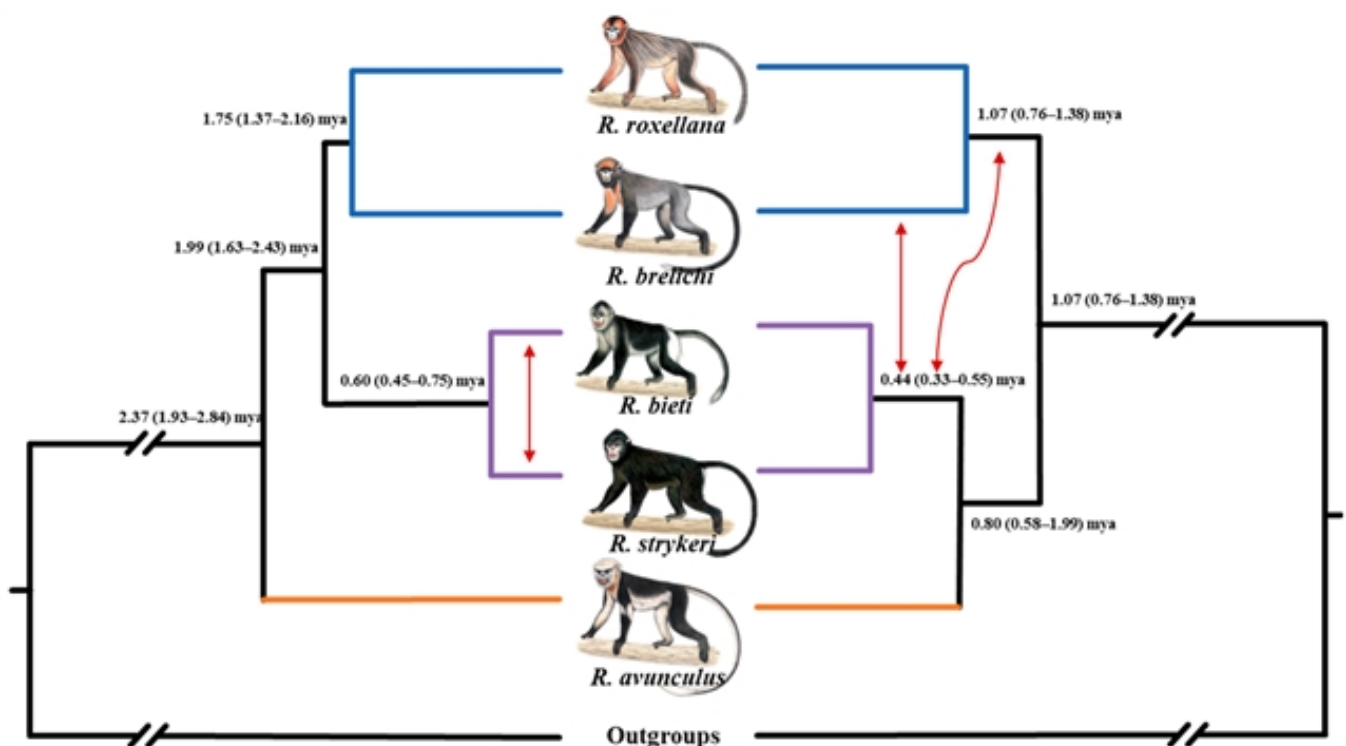
原文出自Genes 期刊: Winder, J.C.; Boulton, W.; Salamov, A.; Eggers, S.L.; Metfies, K.; Moulton, V.; Mock, T. Genetic and Structural Diversity of Prokaryotic Ice-Binding Proteins from the Central Arctic Ocean. Genes2023, 14, 363.

3. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (Rhinopithecus) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation

金丝猴 (Rhinopithecus) 遗传学和基因组学的最新进展及其对系统发育、保护和适应性的影响

Weimin Kuang, et al.

<https://doi.org/10.3390/genes14050985>



文章简介

本文回顾了金丝猴遗传学和基因组学领域近年来取得的重要进展，及其对我们理解该灵长类动物的系统发育、系统地理学、种群遗传结构、景观遗传学、种群历史以及适应食叶和高海拔环境的分子机制的影响。我们还将进一步探讨该研究领域的未来发展方向，特别是基因组信息如何促进金丝猴的保护。



原文出自Genes期刊: Kuang, W.; Zinner, D.; Li, Y.; Yao, X.; Roos, C.; Yu, L. Recent Advances in Genetics and Genomics of Snub-Nosed Monkeys (*Rhinopithecus*) and Their Implications for Phylogeny, Conservation, and Adaptation. *Genes* 2023, 14, 985.

精选特刊



1. Emerging Topics in Population Genetics and Molecular Anthropology

https://www.mdpi.com/journal/genes/special_issues/3JZ47BH069



2. The 15th Anniversary of Genes: Feature Papers in the "Population and Evolutionary Genetics and Genomics" Section

https://www.mdpi.com/journal/genes/special_issues/5I48RJB4W2

Genes期刊栏目推荐 MDPI

病毒基因组学栏目——关注病毒基因组学的前沿研究 MDPI Genes

栏目介绍

病毒基因组学栏目是Genes 期刊18个学科栏目之一。目前,该栏目由7位来自全球的知名学者担任编委会成员,包括美国加利福尼亚大学的Huaijun Zhou 教授,德国威滕/赫德克大学的Anja

Ehrhardt 教授和丹麦哥本哈根大学的Xu Peng教授等病毒基因组学领域的知名学者为该栏目提供学术支持。截至2025年10月，该栏目已发表38篇论文。

栏目主编



Ken Stedman 博士

波特兰州立大学

Ken Stedman 博士，自2001年以来一直在波特兰州立大学教授和研究极端病毒。他的研究重点是极端环境中病毒的结构、功能、生物化学、进化和遗传学。最近，他的研究扩展到疫苗稳定性。

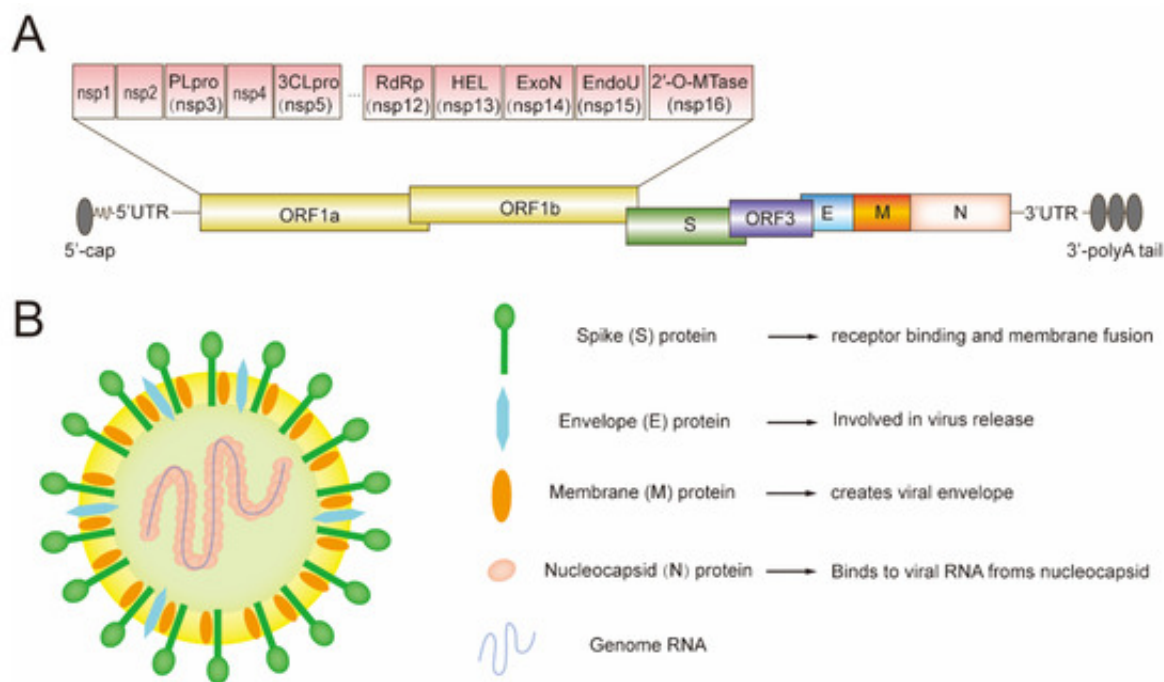
精选文章

1. A Comprehensive View on the Protein Functions of Porcine Epidemic Diarrhea Virus

猪流行性腹泻病毒蛋白功能的综合研究

Xin Li, et al.

<https://doi.org/10.3390/genes15020165>



文章简介

猪流行性腹泻病毒（PEDV）是引起仔猪和育肥猪腹泻的主要病原之一。近年来，PEDV致病机制的研究取得了进展，揭示了PEDV病毒蛋白与宿主细胞因子相互作用在PEDV感染中的关键作用。目前，PEDV的主要控制措施是母猪疫苗免疫，但对新出现的病毒株的保护作用仍然不足，尚无理想的安全有效的疫苗。尽管多年来科学家们对PEDV基因组和病毒蛋白的复杂结构和功能进行了深入研究，但PEDV的致病机制仍未完全阐明。本文重点综述PEDV结构蛋白和非结构蛋白的研究进展，以期深入阐明PEDV感染与致病的分子机制。



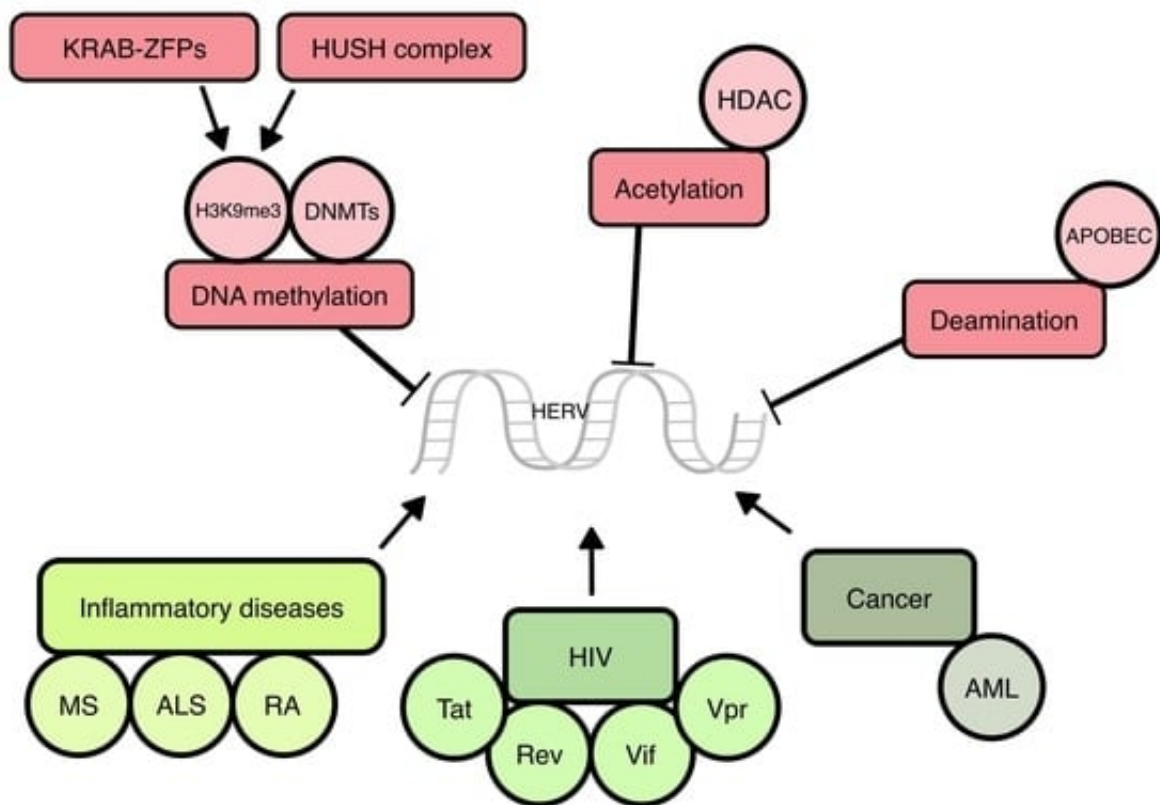
原文出自Genes 期刊: Li, X.; Wu, Y.; Yan, Z.; Li, G.; Luo, J.; Huang, S.; Guo, X. A Comprehensive View on the Protein Functions of Porcine Epidemic Diarrhea Virus. Genes2024, 15, 165.

2. HERVs: Expression Control Mechanisms and Interactions in Diseases and Human Immunodeficiency Virus Infection

人类内源性逆转录病毒：疾病和人类免疫缺陷病毒感染中的表达控制机制和相互作用

Federica Mantovani, et al.

<https://doi.org/10.3390/genes15020192>



文章简介

人类内源性逆转录病毒 (HERV) 是数百万年前逆转录病毒感染的产物；如今，它们约占人类 DNA 的 8%。内源性逆转录病毒失活机制多种多样，导致复制和逆转录转座缺陷，而其中一些机制则被宿主利用，以提升其进化优势。多种机制维持着现代人类 HERV 表达的微妙平衡。因此，表观遗传修饰，例如 DNA 和组蛋白甲基化、乙酰化、脱氨、染色质重塑，甚至转录后调控，都被引入其中。本综述旨在总结主要的 HERV 沉默途径，重新探讨 HERV 介导的人类疾病范例，并强调 HIV 感染过程中人类免疫缺陷病毒 (HIV) 与 HERV 的相互作用。

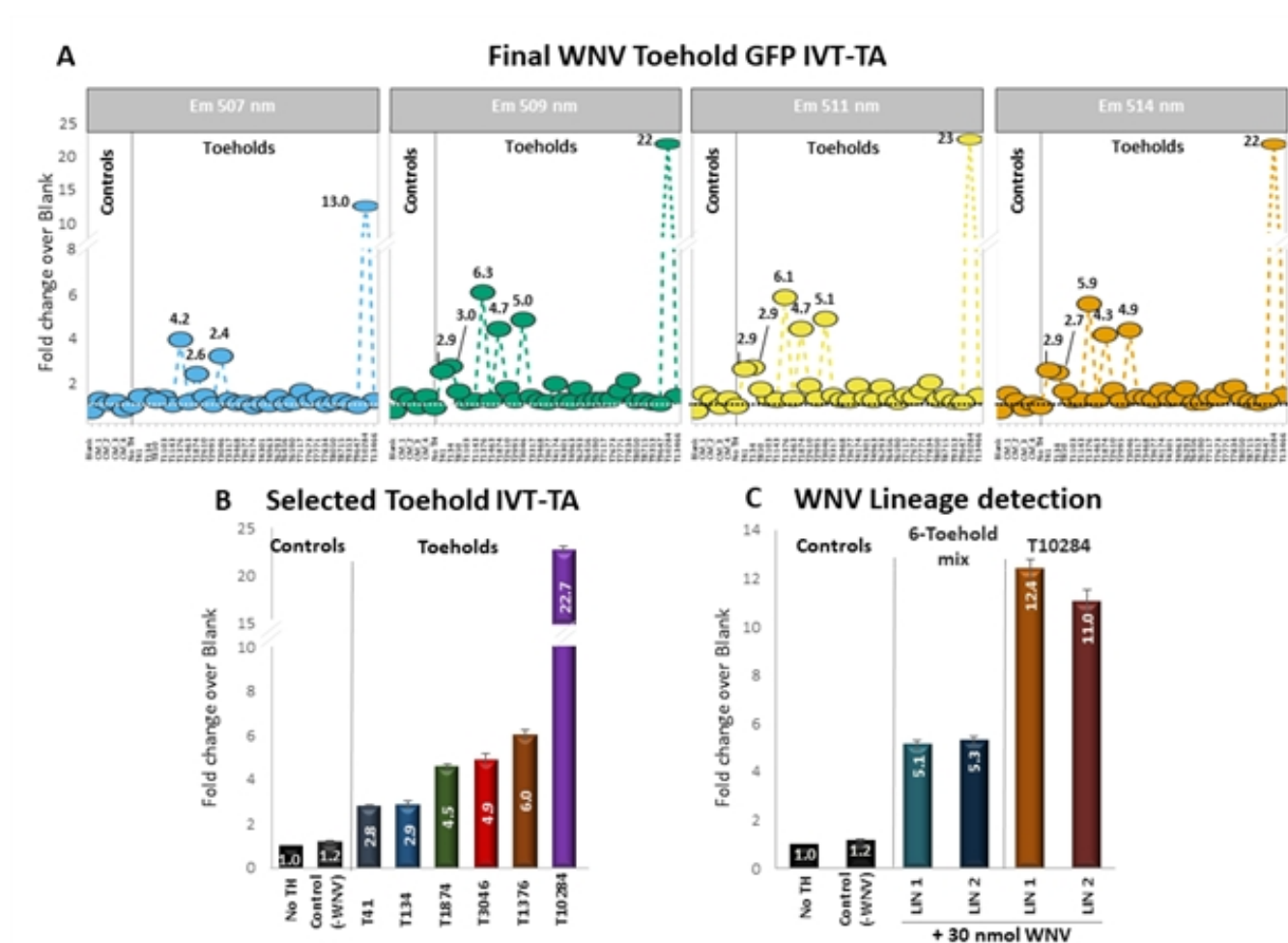


原文出自 Genes 期刊: Mantovani, F.; Kitsou, K.; Magiorkinis, G. HERVs: Expression Control Mechanisms and Interactions in Diseases and Human Immunodeficiency Virus Infection. Genes 2024, 15, 192.

3. Development of Toehold Switches as a Novel Ribodiagnostic Method for West Nile Virus

开发用于西尼罗河病毒的新型核糖诊断方法的Toehold开关

Antonis Giakountis, et al.



文章简介

本文开发了一种基于合成生物学的灵敏、低成本西尼罗河病毒检测方法。该方法利用 toehold 核糖开关技术，通过检测西尼罗河病毒基因组RNA作为转录输入信号，并将其转化为GFP荧光蛋白的翻译输出信号。该技术具有非侵入性特点，可显著降低检测成本且具有较高诊断价值，适用于人类、鸟类及蚊子种群的西尼罗河病毒现场监测。



原文出自Genes期刊: Giakountis, A.; Stylianidou, Z.; Zaka, A.; Pappa, S.; Papa, A.; Hadjichristodoulou, C.; Mathiopoulos, K.D. Development of Toehold Switches as a Novel Ribodiagnostic Method for West Nile Virus. Genes2023, 14, 237.

精选特刊



1. Genetic Analysis of Hepatitis Virus Infection

https://www.mdpi.com/journal/genes/special_issues/G6NAOG98S1



2. Animal Virus Immunology and Genomics

https://www.mdpi.com/journal/genes/special_issues/AC8CKK63C8

来源：Genes

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