首个毒蛙基因组被成功解析

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/3804.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！

首个毒蛙基因组被成功解析。近日，中国科学院昆明动物研究所联合美国北卡莱罗纳大学、加利福尼亚大学和丹麦哥本哈根大学的研究人员成功“破译”草莓箭毒蛙(Oophaga pumilio)基因组，揭示了其基因组演化特征。该成果发表在国际期刊Molecular Biology AND Evolution上。美国加利福尼亚大学教授Rasmus Nielsen、昆明动物所研究员张国捷和美国匹兹堡大学教授Corinne L. Richards-Zawacki为文章的共同通讯作者。团队成员周龙和美国北卡莱罗纳大学博士Rebekah L. Rogers为文章的共同第一作者。

箭毒蛙是生活在中美洲及南美洲加勒比海沿岸的低地森林中的一种小型陆地蛙，当地部族将它们分泌的毒素涂在箭上，故得此名。强烈的毒性、绚丽斑斓的色彩以及独特的生活习性使得箭毒蛙不同寻常。一些箭毒蛙身上所携带的毒素，其强度是吗啡的200倍。虽然毒素是对付天敌的致命武器，但毒素对箭毒蛙本身却没有影响。箭毒蛙是如何从食物中获得毒素，箭毒蛙的神经系统又是如何演化出抗毒能力，目前还不清楚。

研究人员对草莓箭毒蛙进行了基因组测序和组装分析，发现草莓箭毒蛙的基因组的大部分区域是由高度重复序列组成的。进一步的比较基因组学研究发现，草莓箭毒蛙的重复元件在鱼和蛙类之间存在着大量的水平转移(Horizontal Transfer，HT)。这些水平转移元件表现出很高的重复性以及很高的转录表达水平，表明水平转移过后这些元件的扩增还在继续。

草莓箭毒蛙的基因组大小为6.76－9Gb，相比于四足动物要大很多。研究表明这些两栖动物基因组之所以很大，某种程度上可以解释为其基因组的变化是一个转座子(Transposable Elements，TE)不断入侵的过程，并且这些转座子尚未在生殖系中被抑制。转座子的不断扩增导致其基因组逐渐增大。

此外，研究人员还发现在草莓箭毒蛙SCNA基因家族发生了核苷酸替换，已有研究表明基因SCNA参与了神经毒性生物碱毒素的毒性抵抗作用。其中氨基酸替换M777L在5个SCNA旁系同源基因中同时发生了替换，结果表明这些氨基酸替换在抵抗神经毒性生物碱的毒性中可能发挥着潜在的作用。研究人员还发现了第一个基因组测序毒蛙中的离子通道，并讨论了其与皮肤对隔离毒素的自耐受演化关系。

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