科学家揭示伊朗家犬在驯化过程中积累的变异组

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8639.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！

基因组测序技术的进步为研究驯化过程中快速积累表型变异的遗传基础和历史提供了便利。位于西南亚的新月沃土地区是现有记录的大多数动植物的驯化地，并且有研究表明这个地区的品种犬和灰狼共享了很高比例的单倍型数量。

为了进一步研究狗驯化过程的遗传基础，科学家对来自新月沃土东部的伊朗的3只狼和3只狗进行了全基因组测序，共鉴定到大约一千二百万个单核苷酸突变位点（SNPs），在灰狼中鉴定了一千万的SNPs，家犬中鉴定了近七百八十万个SNPs。此外，还鉴定了三百五十万个短片段插入缺失，其中在灰狼中鉴定了三百一十万个，家犬中鉴定了二百二十万个。同时，在伊朗的6个样品中还发现了10571个拷贝数变异区段，共154.65Mb，约占家犬基因组的6.41%。进一步分析表明，家犬比灰狼积累了更多的有害突变。同时，灰狼比家犬在含子区域和基因间区积累了更高比例的突变，但是在编码区和3’-UTR则相反。鉴定的结构变异富集在嗅觉和免疫系统。该研究揭示，与灰狼相比，家犬在编码区积累了更多的有害突变；此外，首次解析了伊朗家犬和灰狼的变异图谱，进一步阐释了家犬驯化的遗传基础。

该研究成果以*Whole genome resequencing of the Iranian native dogs and wolves to unravel variome during dog domestication*为题，发表在*BMC Genomics*上。克尔曼沙希德贝赫什提大学（Shahid Bahonar University of Kerman）动物科学系博士Zeinab Amiri Ghanatsaman和中国科学院昆明动物研究所研究员王国栋为文章的共同第一作者。中科院院士、昆明动物所研究员张亚平和克尔曼沙希德贝赫什提大学教授Ali Esmailizadeh为文章的共同通讯作者。

该研究得到国家自然科学基金重大项目、中科院国际合作局国际合作项目、中国西南野生生物种质资源库动物分库（国家重大科技基础设施专项）赞助。

文章链接

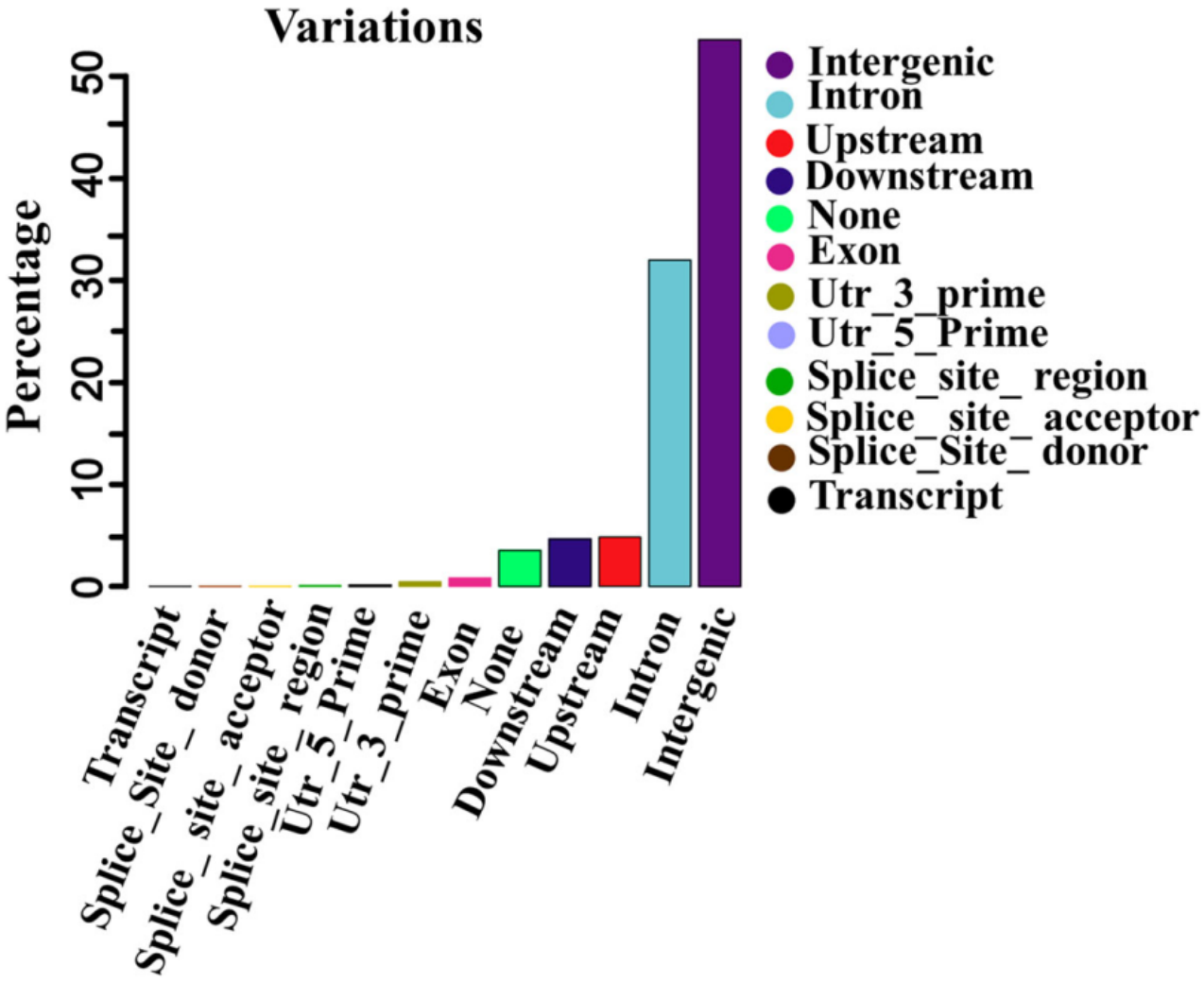


图1：SNPs在基因组上的分布

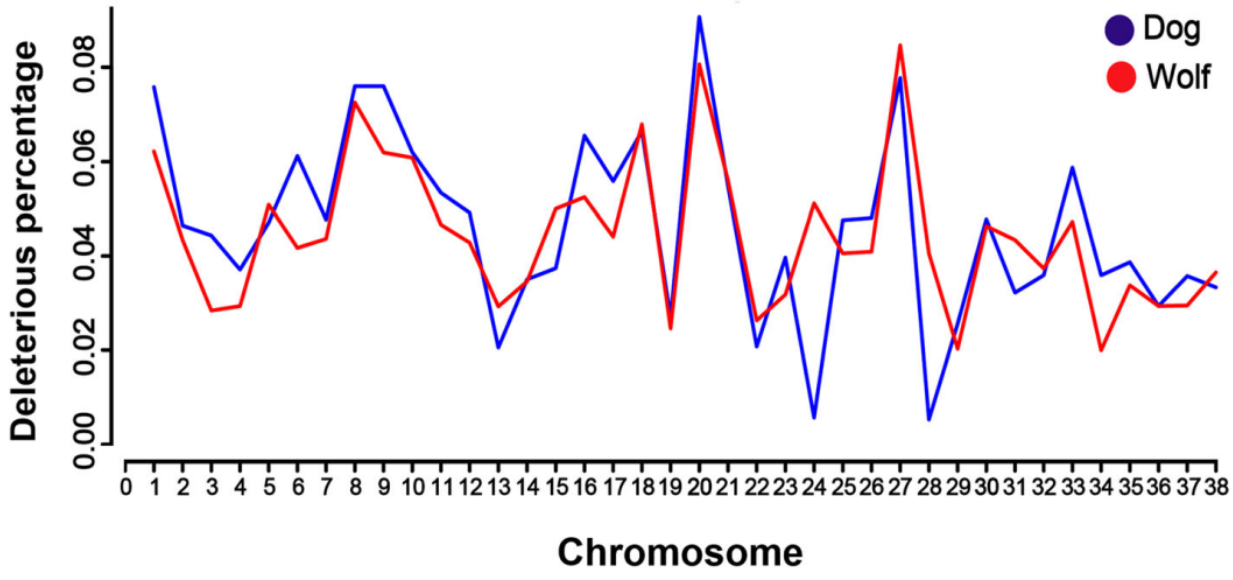


图2：家犬和灰狼各个染色体积累的有害突变比例

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转发