科学家揭示脊椎动物异源多倍体亚基因组演化的动态历史

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/9826.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！

多倍化现象在脊椎动物中极为罕见；多倍体脊椎动物在多倍化发生和其后的二倍化进程中可能经历基因组休克效应。但对于相关演化遗传机制是什么、机制是否相同等问题，存在不同假说和许多尚待澄清的问题（*PNAS*2016及其他文献）。在中国科学院院士、中国科学院昆明动物研究所研究员张亚平的领导下，云南大学省部共建云南生物资源保护与利用国家重点实验室教授罗静，昆明动物所研究员吕雪梅，中国工程院院士、湖南师范大学教授刘少军，南京农业大学教授陈增建，中国农业科学院农业基因组研究所研究员阮珏和厦门大学教授徐鹏等组成的团队联合攻关，以鲤亚科鱼类基因组为研究对象，对脊椎动物异源多倍体基因组的亚基因组演化问题进行了深入的研究。

由于鲤亚科鱼类在演化历史上可能经历了四轮之多的全基因组加倍事件，染色体数目达到约100条之多，且其第四轮全基因组加倍事件是伴随一次远缘杂交事件发生（Ma *et al.*2014.*Curr Mol Med*），而这一类群的二倍体直系祖先均已灭绝，这为鲤亚科鱼类基因组的测序、组装和亚基因组鉴别引入巨大的难度（Xu *et al.* 2015.*Nat Genet*; Xu *et al.* 2019.*Nat Commun*; Yang *et al.* 2016. *BMC Biol*; Chen *et al.* 2019.*Sci Adv*）。该团队通过利用长读长三代测序、Bionano光学图谱和染色质构象捕获测序技术，对红鲫（goldfish, *Carassius auratus* red var.）基因组进行从头组装，获得50条染色体的单倍型参考基因组，完整性和准确性均高于近期发表的金鱼、鲤鱼基因组。同时基于鲤亚科、鲃亚科、裂腹鱼亚科代表物种的线粒体基因组和全基因组标记的系统发育树构建和比较，首次成功对红鲫两个亚基因组的母系和父系亲本来源进行了清晰的划分。

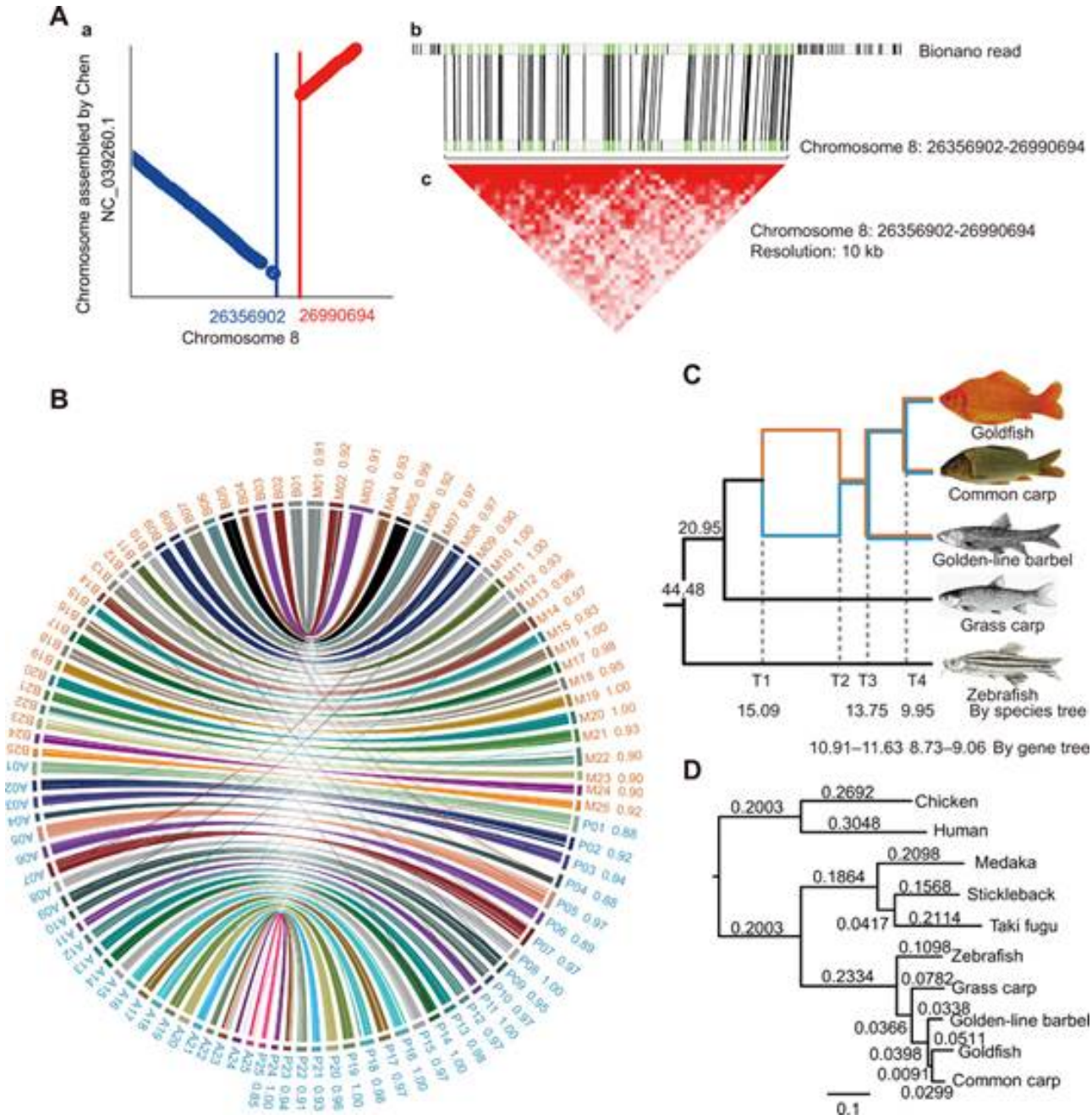
通过重建鲤亚科鱼类的多倍化演化历史，发现鲫鱼、鲤鱼和金线鲃共同起源于13.8~15.1百万年前的一次古异源多倍化事件。比较基因组学和多组织、多胚胎发育时期转录组和DNA甲基化的比较分析结果表明，红鲫与异源多倍体植物和爪蟾基因组中非对称的演化模式呈现明显不同：（1）红鲫的父系和母系来源的亚基因组均没有显著的大规模非对称性丢失和演化速率偏向性，两个亚基因组在整个二倍化进程中一直经历交替的非对称性功能丢失；（2）虽然两个亚基因组的同源基因对总体呈现平衡表达，有趣的是，两个基因拷贝随胚胎发育时间的推进发生表达优势的切换；（3）同源基因拷贝的表达与DNA甲基化的变化呈负相关，但甲基化并不能解释同源基因对在胚胎发育进程中的表达优势切换模式，这提示可能存在更复杂的调控机制决定同源基因对的表达。以上结果说明异源多倍体物种的演化策略具有多样性。在多倍化之后的二倍化进程中，鲤亚科鱼类具有其独特的演化策略，以平衡亚基因组的稳定和多样化。这为研究异源多倍体脊椎动物

的基因组演化和功能提供了新的思路。

该工作以*From asymmetrical to balanced genomic diversification during rediploidization: subgenomic evolution in allotetraploid fish*为题，发表在期刊*Science Advances*上，罗静、云南大学博士后柴静、中科院北京基因组研究所博士生文艳玲、湖南师范大学博士陶敏、云南大学博士生林国亮为文章的共同第一作者，张亚平、吕雪梅、刘少军、陈增建、阮珏和徐鹏为文章的共同通讯作者。

该研究得到国家自然科学基金委、云南省科学技术厅、农业部现代农业体系建设专项资金、湖南省科技重大专项课题、第二次青藏高原综合科学考察研究、中科院“西部之光—西部引进人才”项目、博士后创新人才支持计划、中国博士后科学基金的支持。

文章链接



图：红鲫基因组组装质量比较、共线性及鲤亚科鱼类多倍化演化历史重建。(A)红鲫基因组组装质量；(B) 红鲫与鲤鱼的亚基因组共线性分析结果；(C)
基于系统发育关系重建鲤亚科基因组的异源多倍化演化历史；(D)
基于单拷贝直系同源基因构建的物种树。

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