

猪遗传育种科技创新团队研究获得高质量猪基因组结构变异图谱

 作者: 张龙超 来源: 发布时间: 2023-11-01 分享   

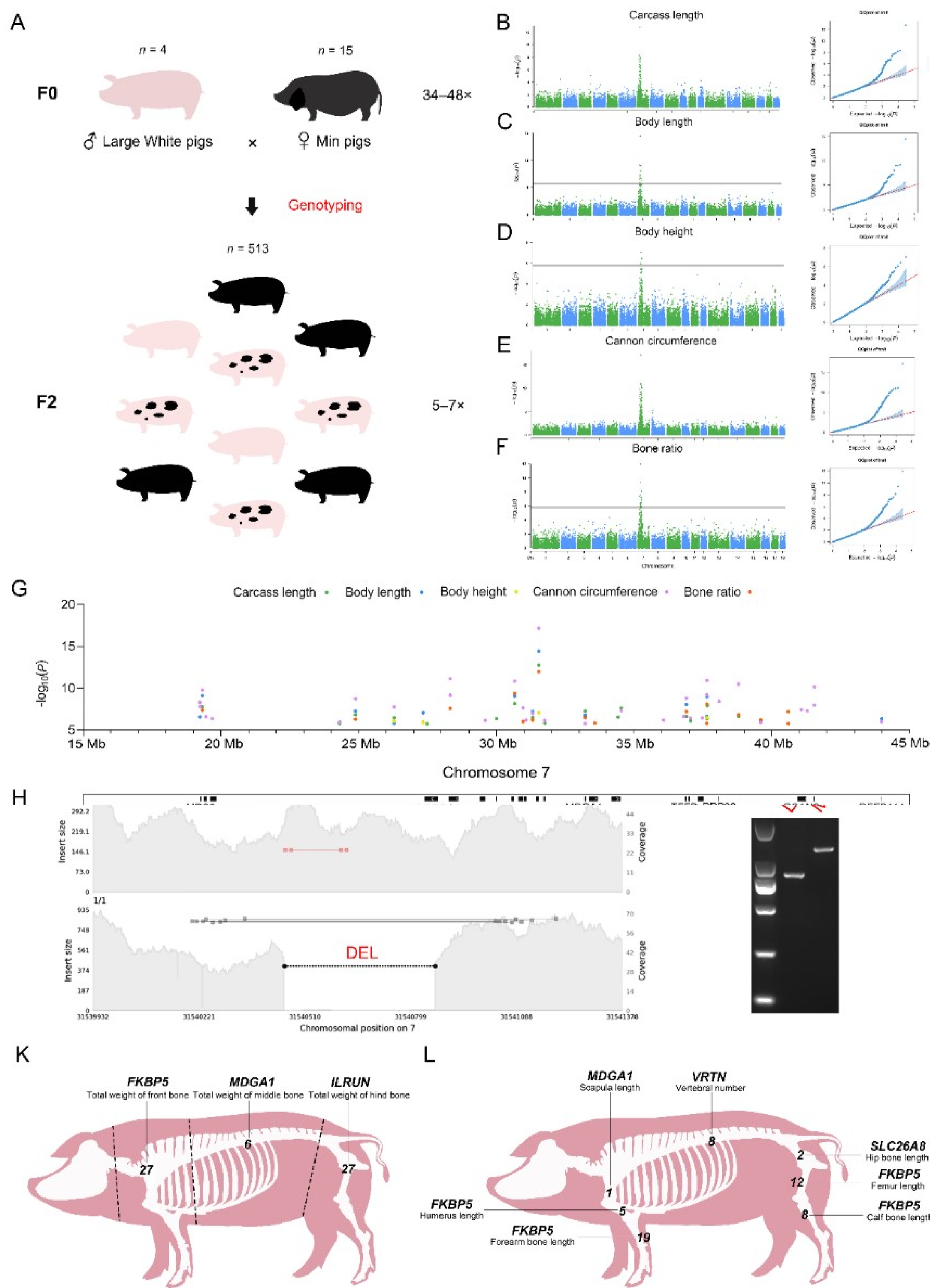
近日, 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所猪遗传育种科技创新团队在猪基因组结构变异研究中取得进展。该研究通过整合多个结构变异软件的性能, 成功获得含有123151个结构变异的高质量猪基因组结构变异图谱。相关成果发表在《动物科学与生物技术杂志 (Journal of animal science and biotechnology) 》上。

据团队执行首席张龙超研究员介绍, 基因组重排会产生大量的结构变异, 尽管这些变异主要发生在非编码区, 但结果变异会通过剂量效应调控基因的表达。并且, 与SNP相比, 结构变异在复杂表型中所占比例更高。目前, 结构变异已被认为是影响基因组进化和功能的重要突变力量。近年来, 尽管已有一些关于猪基因组结构变异的研究报道, 但基于结构变异的全基因组关联研究却鲜有报道, 这限制了我们对结构变异作为遗传标记的潜在功能以及利用的理解。

研究团队以自主构建的大白猪和民猪资源群体为研究对象, 通过利用高覆盖率的F0个体并结合多个结构变异工具进行分析, 获得了包含123151个结构变异的高质量图谱, 其中53.95%的结构变异为首次获得。这些高质量的结构变异被用于恢复种群结构, 证实了基因分型的准确性。然后根据位置效应和品种分化确定了大量潜在的结构变异功能位点。最后, 利用在F0个体中筛选出的潜在因果位点在后代群体 (F2) 中相应的基因组位置进行基因分型, 对36个性状进行了全基因组关联研究, 发现结构变异主要涉及骨骼大小相关的性状, 与肉质性状和其他一些胴体性状关联度较差, 推测结构变异可能与欧亚猪种之间的体型差异有关。

中国农业科学院北京畜牧兽医研究所博士研究生宗文成为该文章的第一作者, 中国农业科学院北京畜牧兽医研究所国家家养动物种质资源库张龙超研究员和王立贤研究员为通讯作者。本研究得到了国家重点研发计划、国家生猪产业技术体系和中国农业科学院科技创新工程等资助。

原文链接: <https://jasbsci.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40104-023-00929-x>



下一篇: [饲用酶工程团队开发出提高糖苷水解酶催化效率的新策略](#)



关注牧医所微信

[国内科研单位](#)
[国外科研单位](#)
[相关行业链接](#)
[文献检索链接](#)
[中国农业科学院机关](#)
[院属各单位链接](#)