



请输入您要查询的关键词...

搜索

- 首页
- 关于本所
- 机构设置
- 新闻资讯
- 通知公告
- 科学研究
- 人才建设
- 党务公开
- 近期热点

## 新闻资讯

## 科研进展

您的当前位置: 首页>新闻资讯>科研进展>正文

图片新闻

本所新闻

科研进展

媒体报道

国际渔业动态

国内渔业动态

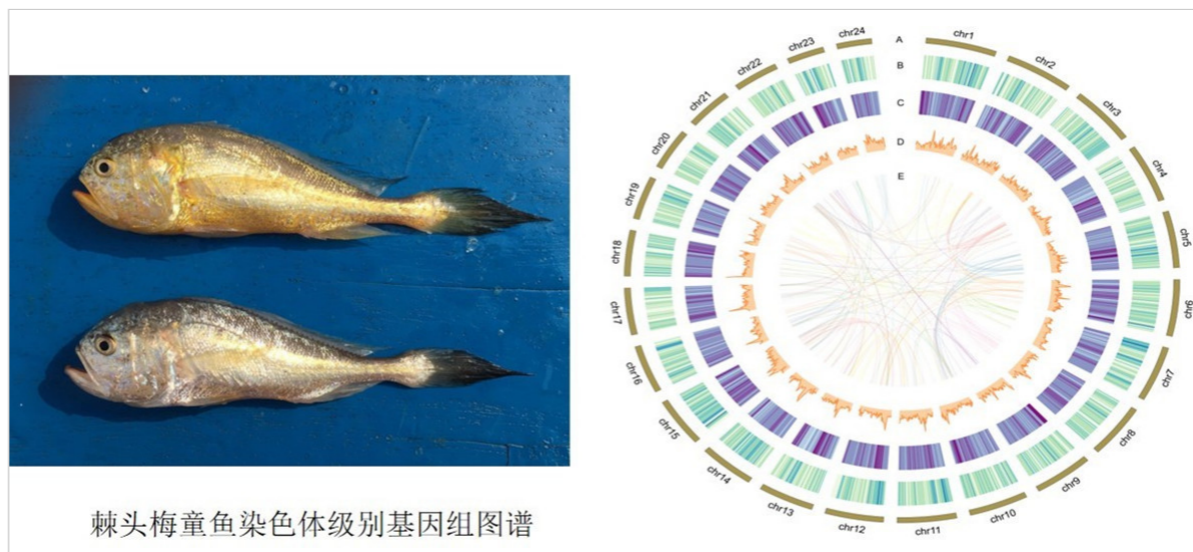
政策制度

下载中心

### 我所发布棘头梅童鱼染色体级别基因组图谱

发布时间: 2021-10-09

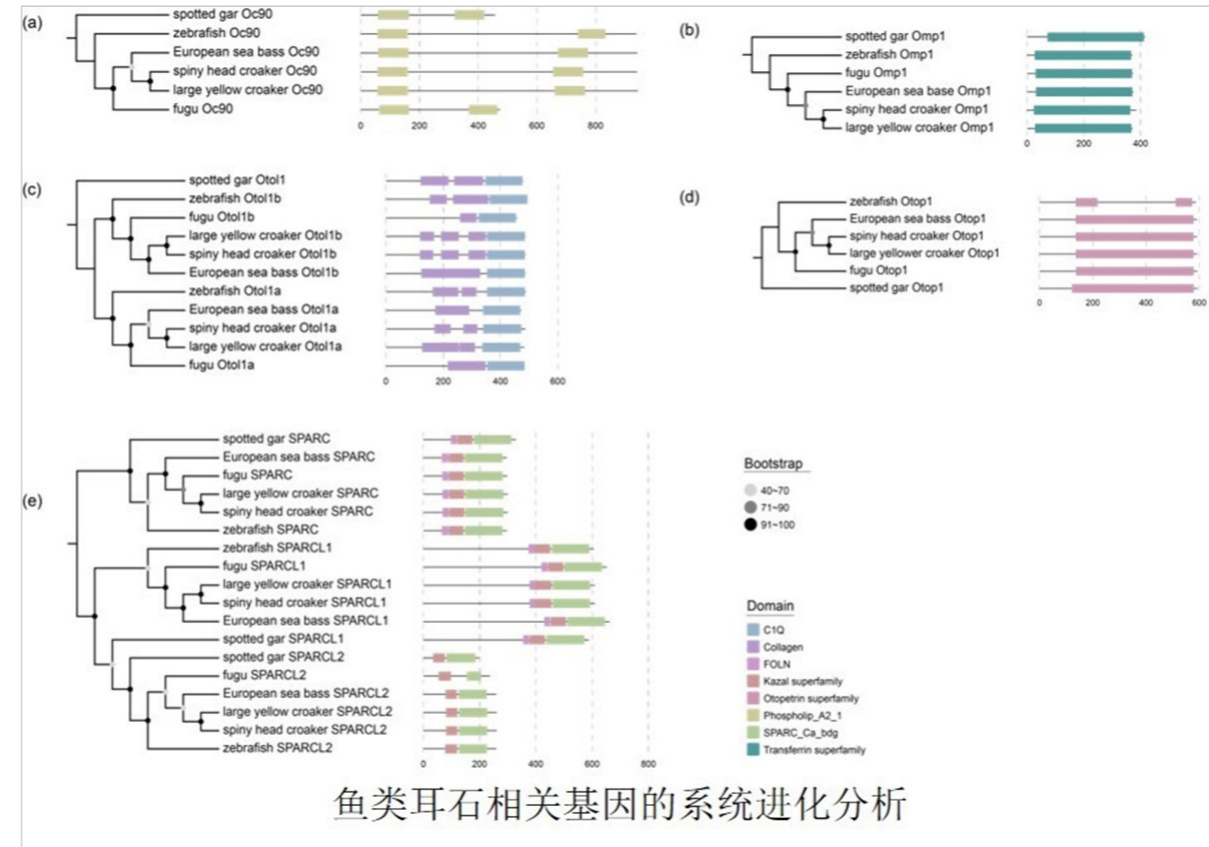
近日, 我所宋炜研究员联合华大海洋完成了棘头梅童鱼染色体水平基因组精细图谱的绘制和遗传解析, 研究论文“Whole genome sequencing and genome-wide studies of spinyhead croaker (*Collichthys lucidus*) reveals potential mechanisms for well-developed otoliths in the family Sciaenidae” 正式发表在学术期刊《Frontiers in Genetics》上。该研究得到了所级基本科研业务费、浙江省重点研发计划课题、国家重点研发计划课题等的资助。



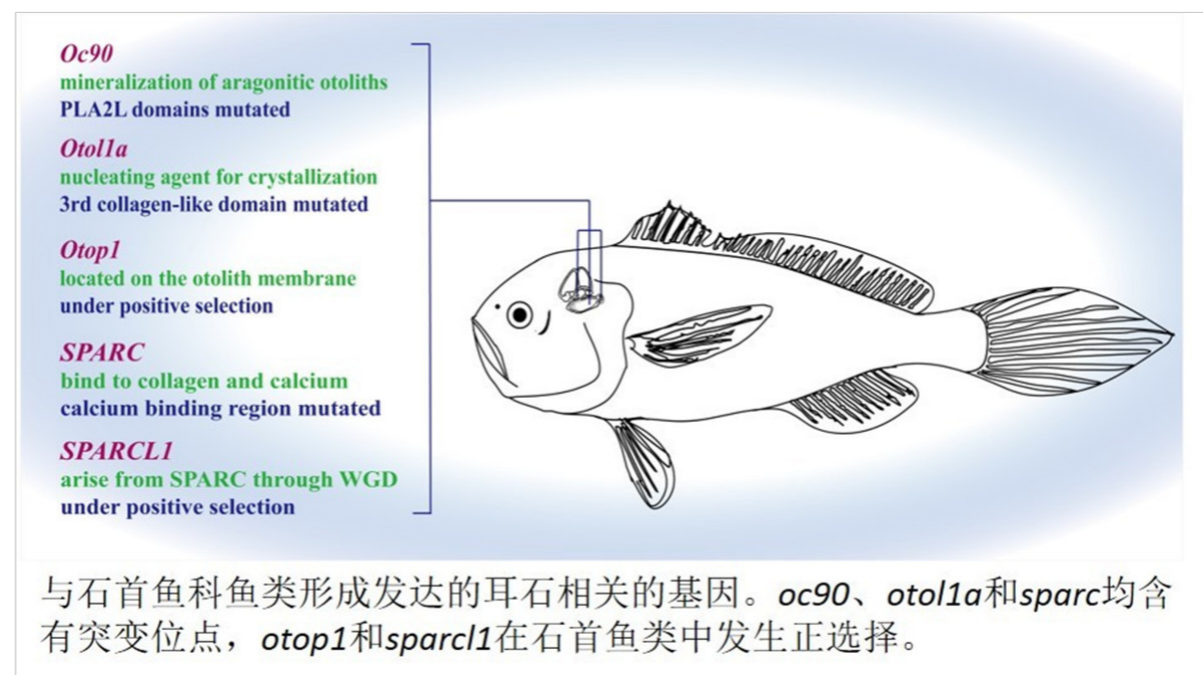
棘头梅童鱼染色体级别基因组图谱

棘头梅童鱼 (*Collichthys lucidus*) 主要分布于西太平洋区, 包括菲律宾、中国、朝鲜半岛西海岸及日本等, 是河口及近海生态系统中具有重要生态学与经济学意义的石首鱼科重要成员之一。本研究采用二代测序、三代测序和Hi-C测序, 组装出了含24条染色体, 总长度为817 Mb的棘头梅童鱼染色体级别基因组图谱, scaffold

N50达26.58 Mb。基于组装出的基因组序列，共预测出29,509个基因，其中29,432（占比99.74%）个基因有功能注释信息。



通过棘头梅童鱼基因组注释分析，发现许多基因家族显著扩增，其中一些与“钙信号通路”和潜在的“内耳功能”有关。利用棘头梅童鱼、大黄鱼和斑马鱼等其它鱼类的基因组数据，进行多序列比对分析耳石相关的基因，发现棘头梅童鱼和大黄鱼等石首鱼科鱼类与其它鱼类相比，oc90、otol1a和sparc均含有突变位点，otop1和sparcl1在石首鱼类中发生正选择。



我所宋炜研究员多年来对棘头梅童鱼种质资源开发与利用关键技术进行了深入研究和持续攻关，明确了棘头梅童鱼主要群体种质特性和遗传背景，建立了基于基因标记的种质创制技术；攻克了棘头梅童鱼野生临产亲鱼采捕和海上人工授精技术难题，突破了人工繁育关键技术瓶颈，首创了苗种人工培育的技术方法；在国内率先培育苗种200余万尾，并且在福建三都澳、长江口等水域开展了苗种的增殖放流。

棘头梅童鱼基因组精细图谱的完成，为其种质资源保护与改良、进化历史及石首鱼类耳石形成和发育的分子机制研究提供了重要数据基础。

(遗传育种与生物技术研究室 供稿)

[【关闭窗口】](#)

[关于我们](#) | [网站地图](#) | [联系我们](#)



主办单位：中国水产科学研究院东海水产研究所

沪ICP备05037902号 沪公安备31011002000301号

网站保留所有权，未经许可不得复制，镜像