中国科学院昆明动物研究所
KUNMING INSTITUTE OF ZOOLOGY.CAS

培育方向三：家养动物基因资源

“一三五”动态简报

第1期/总第1期

2012年12月31日出版

培育方向三：家养动物基因资源

首席：王　文

编辑：侯振芳

审核：王　文

校对：方金敏

地址：昆明市教场东路32号
邮编：65223
电话：0871-65190473
传真：0871-65190388
电子邮箱：tangxia@mail. kiz. ac. cn

方向动态

1、首份“藏獒品系DNA鉴定证书”面世

2、大力推动滇南小耳猪产业化进程

3、家蚕甲基化基因图谱研究取得新进展

4、家猪基因组测序发现一批重要经济性状的基因和功能位点

5、王文研究员参加“第七届国际基因组学暨生物信息学2012亚太会议”

6、“一三五”重点部署《山羊基因组测序及重要性状相关基因的挖掘》专项

7、“一三五”重点部署《优质高产金线鱼新品种的培育》专项

科研进展

1.Dong Y, Xie M, Jiang Y, Xiao NQ, Du XY, Zhang WG, Tosser-Klopp G, Wang JH, Yang S, Liang J et al: Sequencing and automated whole-genome optical mapping of the genome of a domestic goat (Capra hircus). Nature Biotechnology 2013, 31(2):135-141.

2.Chen R, Irwin DM, Zhang YP: Differences in Selection Drive Olfactory Receptor Genes in Different Directions in Dogs and Wolf. Molecular Biology and Evolution 2012, 29(11):3475-3484.

3.Ji YQ, Wu DD, Wu GS, Wang GD, Zhang YP: Multi-Locus Analysis Reveals A Different Pattern of Genetic Diversity for Mitochondrial and Nuclear DNA between Wild and Domestic Pigs in East Asia. Plos One 2011, 6(10).

主办：“一三五”组织实施管理办公室（科研处）

方向动态

首份“藏獒品系 DNA 鉴定证书”面世

家犬品系和谱系DNA鉴定证书样本 中科院昆明动物研究所 供图

我所和玉龙县雪山藏獒育种有限公司 2010 年携手创建了云南中科藏獒种质资源技术开发有限公司。公司依托我所强大的科技力量，对藏獒进行遗传鉴定，培育优良藏獒品系及规模化养殖，实现原生藏獒产业的可持续发展。我单位科研人员以基因和基因组为基础，开展了一系列从品种起源到性状形成的系统研究，在藏獒种质资源繁育方面，已经形成了藏獒品种的基因组分析、分子标记鉴定、品种优化选育等专有技术。

藏獒是中国特有的、世界上公认的最古老、最稀有的犬种之一，起源于海拔 3000－5000 米的中国青藏高原，具有很强的领地意识。其性情凶猛、体力卓越、忠贞不贰，是高原地区出色的护卫犬种，同时也是现代许多大型名犬（如马士提夫犬、大白熊犬、纽芬兰犬等）的祖先，被誉为“东方神犬”，深受世界犬迷的喜爱。

藏獒的诸多优良性状，在以往的世界品种犬形成和发展中已发挥了重要的作用。作为世界大型犬的祖先，其种质资源保留了丰富的与不同生态环境或生存条件高度协调、适应的遗传多样性。因此，对藏獒种质资源的保护、开发和利用，对丰富人类社会生活、发展社会文明产生重要的影响。

2011 年 3 月，我所推出的首份“藏獒品系 DNA 鉴定证书”面世了。这意味着，藏獒的所有遗传信息都可以一览无余，一只獒的血统中是否含有其它犬种的基因，可以被鉴定出来。这也就是说，藏獒的“真”或“假”，终于可以用科技手段进行鉴别了。这项技术将于 2012 年实现市场推广。

大力推动滇南小耳猪产业化进程

2012 年 9 月 27 日，由国家科学技术部和云南省人民政府共同举办的“中国. 云南桥堡建设科技入滇对接会”在昆明国际会展中心隆重召开，在科技入滇对接会上，昆明动物所党委书记、副所长郗建勋及副所长王文代表研究所与西双版纳州领导正式签署了“中国科学院昆明动物研究所热带特色生物资源研究开发中心”重大科技合作协议书。主要合作内容是发挥昆明动物所在科技、人才、信息等方面的综合优势，以西双版纳小耳猪产业化研究开发为切入点，同开展西双版纳小耳猪品种选育及产业化开发研究，使西双版纳小耳猪原种场与分子育种基地成为国内有影响力和地位的研发基地，建立产学研紧密结合的技术创新机制，构筑面向市场的研发体系和市场化运作模式。

针对一些重要的研究成果，目前正在积极准备申请国际专利，并逐步开展分子育种及其推广应用。

家蚕甲基化基因图谱研究取得新进展

在具备了家蚕甲基化图谱的基础上（Nature Biotechnology, 2010, 28: 516-520），进一步比较 3 个家蚕品系和 4 个野蚕品系的全基因组甲基化谱，以发掘甲基化修饰位点在人工驯化过程中发生的变化。目前，我们筛选出 5 个 fix 的差异区域，其中有 2 个基因的表达水平也呈现明显的种间差，提示他们最有可能在人工驯化过程中受到表观遗传学机制调控。目前已经挑选数个基因，正在进行转基因实验。

家猪基因组测序发现一批重要经济性状的基因和功能位点

采用新一代测序技术，针对野猪和 5 种中国地方猪种（二花脸猪、莱芜猪、巴马香猪、藏猪和滇南小耳猪）开展了全基因组的重测序工作，建立了从群体基因组测序到人工选择候选基因的系统化鉴定方法。我们的中国家猪基因组重测序研究工作已筛选出

一大批影响重要经济性状的基因和功能位点。目前仍在开展有关家猪相关基因功能突变的验证工作。在中国高繁殖力太湖猪（二花脸猪为代表）的研究中，鉴定了超过 20 个可能受到人工选择的基因座位，并已筛选到 10 个与繁殖性能密切相关的候选基因进行深入分析；鉴定的高繁殖力基因座位与之前家猪繁殖力研究使用的候选基因并无重叠，而与一些 QTL 定位的结果比较一致；目前正在开展有关家猪繁殖力相关基因功能突变的验证工作，包括各基因在繁殖组织内的实时定量 PCR 分析和在二花脸猪 X 杜洛克资源家系中验证。在滇南小耳猪中筛选到 1 个可能影响到脂肪中不饱和脂肪酸组成的基因座位。藏猪中筛选到一批与抗病和高原适应性相关的基因座位等。我们的中国家猪基因组重测序研究工作已筛选出一大批影响重要经济性状的基因和功能位点，为开发具有重要经济价值的分子育种标记提供了宝贵资料，对我国家猪的育种、高效改良具有重要意义。论文正在准备中。

王文研究员参加“第七届国际基因组学暨生物信息学 2012 亚太会议”

应第七届国际基因组学大会组委会邀请，我所研究员王文研究员于 2012 年 11 月 28 日至 2012 年 12 月 2 日赴香港参加了“第七届国际基因组学暨生物信息学 2012 亚太会议”，在境外停留 5 天。

第七届国际基因组学暨生物信息学 2012 亚太会议由深圳华大基因研究院承办，此次会议是关于基因组学研究的重要国际会议。我所王文研究员领导的课题组一直从事这方面的研究，是该领域知名科学家。应大会组委会的邀请，他做了题为“A reference Genome of Domestic Goats”的大会报告，向国际专家介绍我所在这方面研究取得的成果，并与参会的专家进行交流。

“一三五”重点部署《山羊基因组测序及重要性状相关基因的挖掘》专项

山羊是重要的家养动物，为人类提供肉、奶、羊绒及皮毛等重要资源。研究所在“一三五”专项经费中自主部署了《山羊基因组测序及重要性状相关基因的挖掘》重大专项，计划完成山羊的高质量全基因组序列图谱，发掘一批具有经济性状的基因组标记，使山羊成为一种小型反刍动物的模式物种，为山羊的育种、高效改良和广泛应用奠定基础。

前期通过对内蒙古绒山羊的皮肤组织样品研究，构建了皮肤 cDNA 文库，并通过 EST 分析获得了一些角蛋白和角蛋白关联蛋白，通过候选基因分析研究了毛囊发育中的转录因子，利用基因芯片对比了不同生长发育时期的 miRNA。但原位杂交尚未发现

山羊绒的特异表达基因，因此我们推测山羊绒的生长与山羊毛的生长的主要区别在于基因表达模式的不同，而不是特异基因的作用。鉴于此，我们准备了云岭黑山羊的 DNA 样品（来自肝脏、心脏、膀胱、卵巢、肌肉、肺、淋巴、脑、肾脏、脾脏等组织和器官），构建了包括山羊绒、毛、皮在内的不同时期、不同部位的样品库，进行基因组和转录组测序。目前基因组、转录组测序工作已经基本完成，数据正在初步整理中。

“一三五”重点部署《优质高产金线鱼新品种的培育》专项

根据研究所多年来在高原淡水鱼类方面的研究积累，研究所在“一三五”专项经费中自主部署了《优质高产金线鱼新品种的培育》重大专项，拟基于多年来积累的滇池金线鲃人工繁殖技术和繁殖种群，通过选育或杂交等技术途径，培育出一种优质高产、真正适应云贵高原水体规模化养殖的金线鱼新品种；并获得农业部颁发的新品种认证证书。

科研进展

王文研究组在山羊基因组研究中取得重要进展

山羊是最早被人类驯化的动物之一，从人类文明起始，山羊便为人类提供肉、奶、皮、毛等，是农业和经济发展的重要支柱之一。此外，山羊还可作为生物医学研究的模型，用于复杂性状的遗传学基础研究。尽管其重要性如此之高，由于缺乏参考基因组，目前对山羊的遗传育种研究还略显滞后，而山羊基因组测序对于遗传标记辅助育种、改善山羊的经济性状具有重要作用。

最近，中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室马普进化基因组学青年科学家小组联合深圳华大基因研究院、美国犹他大学、法国国家农业研究所、澳大利亚联邦科学与工业研究组织、内蒙古农业大学、华中农业大学等科学家合作，解析了山羊的基因组。该项目整合使用了新一代测序（NGS）技术和最新的 DNA 单分子光学作图（Whole Genome Mapping）技术，克服了 NGS 短读支架（short read scaffold）的局限，生成长超长大片段支架，完成装配达到近染色体水平，成为首个不依赖于遗传图谱而组装到染色体水平的大型基因组。此外，通过微量 RNA 转录组技术，该研究首次全面揭示了山羊绒囊、毛囊的在转录层面的差异，鉴定了 50 多个与山羊绒形成密切相关的基因，为提高绒品质和我国特有资源绒山羊的选育提供了参考基因资源。

为了更好地让国内外研究人员利用基因组数据以进行山羊的育种和研究，研究组还搭建了山羊基因组数据库（http://goat.kiz.ac.cn/GGD）。该工作得到了中科院重点部署项目和科技部 973 计划等项目的支持，于 12 月 23 日 highlight 在线发表在 Nature Biotechnology 上。

张亚平研究组在家犬嗅觉受体基因研究方面获得新进展

家犬作为人类最亲密的朋友，在人类历史上一直扮演者重要的作用。更重要的是，家犬是人类最早驯化的家养动物，并且由于其经过了驯化和品种培育两个重要的群体历史阶段，并且在家养哺乳动物中形成了最具多样性的品种，因此家犬一直是研究人工选择和自然选择的重要模式生物。中国最为家犬的驯化地，不仅遗传多样性最为丰富，而且由于其庞大的乡村狗种群数量，为我们研究家犬提供了最为丰富的材料。在家犬和人类的共同历史中，嗅觉发挥了及其重要的作用，研究家犬的嗅觉受体基因很有意义。

在导师张亚平院士的指导下，昆明动物研究所博士生陈睿对家犬嗅觉受体基因家族中的分离假基因，在狼及中国土狗，以及已经发表的品种犬的的数据进行分析，在各自特有的多态性位点中，品种犬中存在着很强的负选择，而狼和中国土狗近乎中性。但是通过对非同义位点的进一步的细分，发现狼中的嗅觉受体基因在积累着无害突变，去除有害突变，而嗅觉受体在中国土狗中近乎中性。随后通过对多态性位点在七次跨膜结构上分布的分析，进一步验证了这个结论，并且对各个群体特有多态性及共有多态性的分析，发现选择作用在祖先群体及狼的嗅觉受体基因中精细微妙，而其在品种犬中的就未有这种效果，研究结果不仅显示了在家犬两次重要历史阶段后，家犬的嗅觉受体基因所受的选择作用发生了两次深刻的变化，而且展示了自然选择和人工选择的不同，为以后的品种培育及改良提供了借鉴意义。该工作发表在 Molecular Biology and Evolution 杂志上。

张亚平研究组揭示东亚家猪与其野生祖先之间的大规模回交史

驯化通常被看作是少数野生个体被人类隔离圈养，经过代代培育而形成家养物种的过程。在这个过程中，由于奠基者效应，可以预期到家养物种的遗传多样性与其野生祖先相比会有所降低，这点已经在大豆、玉米等农作物中被证实，然而我们对家养动物这方面却知之甚少，究其原因，主要是大部分家养动物的野生祖先现在已经灭绝或处于濒危状态，为这方面的工作带来困难。野猪是目前少有的遍布于世界各地的家养动物的野生祖先之一，为我们提供了很好的素材来对驯化进行深入研究。

在张亚平院士的指导下，博士生季吟秋等通过测定来自核基因组 11 条染色体上的多个区段，并联合前人所发表的线粒体基因组数据，对东亚的家猪和野猪进行分析比较。结果显示家猪的线粒体多样度只有野猪的一半，这种遗传水平的下降与驯化过程中

的奠基者效应相吻合；然而出乎意料的是核基因组上的数据显示了与线粒体截然不同的结果，即家猪的遗传多样度并不低于野猪。通过对多项可能影响遗传多样性的因子如 DNA 重组、基因流、选择作用等进行分析，最终的推断揭示了这种线粒体与核基因组的不一致很可能是被驯化后的雌性家猪与雄性野猪产生了大规模回交后的结果。这项研究不仅仅揭示了猪在驯化后遗传多样性受到的影响，而且还为以后人工选择方面的研究提供了良好的遗传背景。

该研究成果发表在国际开源刊物《公共科学图书馆·综合》（PLoS ONE）上。