**项目公示信息**

|  |  |
| --- | --- |
| **项目名称** | 柴达木黄牛全基因组遗传多样性、群体遗传结构及功能基因发掘 |
| **公示时间** | 2025年7月15日—2025年7月21日 |
| **主要完成人** | 马志杰，雷初朝，李瑞哲，陈宁博，陈生梅 |
| **主要完成单位** | 青海大学，西北农林科技大学，青海省畜牧兽医科学院 |
| **提名者** | 青海大学 |
| **提名意见** | 柴达木黄牛是我国优良的地方黄牛品种之一，也是青海省唯一的黄牛品种，其在柴达木盆地及其周边区域畜牧业发展中发挥着重要作用。然而，当前有关柴达木黄牛分子水平上的研究还不深入，其群体基因组学方面的系统研究报道甚少。该项目综合利用分子标记和基因组重测序技术，首次在分子水平上系统探究了柴达木黄牛的遗传多样性，明确了柴达木黄牛的分子遗传多样性状况，促进了柴达木黄牛遗传多样性的保护和利用。在全基因组水平上研究首次揭示世界家牛至少拥有5个祖先和父系支系，东亚家牛主要由3个不同的祖先（即东亚普通牛、欧亚普通牛和中国瘤牛）组成，这为了解世界家牛特别是东亚家牛的起源、驯化和复杂的进化历史提供了洞察和新见解，也为弄清柴达木黄牛等东亚地区地方黄牛品种的群体结构和遗传背景奠定了理论基础。研究首次在分子水平上揭示了柴达木黄牛的群体遗传结构组成，探明了其与部分国内外黄牛品种间的遗传关系，并发掘一批新的与其肉、乳、免疫等相关的候选功能基因。该研究成果为柴达木黄牛种质资源的分子评估、合理保护和开发利用提供了基础材料，也为开展柴达木黄牛分子育种实践奠定了良好的基础。该项目成果具有较高的创新性和前沿性，达到国际先进水平。共发表论文11篇（SCI 3篇，CSCD核心8篇），其成果发表在Nature Communications（影响因子14.7，JCR Q1（Top））、Frontiers in Veterinary Science（影响因子2.6，JCR Q1）和畜牧兽医学报等期刊上。代表性论文累计他引次数268次（其中SCI他引次数263次）。授权实用新型专利2件。培养硕、博士6名，“昆仑英才·高端创新创业人才”拔尖、领军人才各1名，2人晋升高级实验师和研究员，1人被评为青海省自然科学与工程技术优秀学科带头人。本单位同意推荐“柴达木黄牛全基因组遗传多样性、群体遗传结构及功能基因发掘”项目申报2025年度青海省科学技术奖-自然科学奖。 |
| **项目简介** | 该项目属畜牧、兽医科学的畜牧、兽医科学基础学科研究领域，也属于生物学的遗传学和分子生物学研究领域。**1 主要研究内容 （**1）柴达木黄牛的遗传多样性分子评估；（2）柴达木黄牛的群体遗传结构及与国内外部分黄牛品种间的遗传关系分析；（3）柴达木黄牛性状相关候选功能基因的发掘。**2 科学发现点 （**1）首次系统揭示了柴达木黄牛的分子遗传多样性状况，表明柴达木黄牛常染色体、线粒体基因组遗传多样性丰富，Y染色体基因组遗传多样性水平较低。（2）首次在基因组水平上探明了东亚家牛的祖先组成，发现世界家牛至少拥有5个祖先，而东亚家牛主要由东亚普通牛、欧亚普通牛和中国瘤牛3个不同的祖先组成。（3）首次明确了柴达木黄牛的群体遗传结构组成及与部分国内外黄牛品种间的分化状况和遗传关系，发现柴达木黄牛拥有普通牛和瘤牛血统，以东亚普通牛血统为主；柴达木黄牛与蒙古牛、哈萨克牛、延边牛等中国北方黄牛品种间遗传关系较近，而与日本和牛、荷斯坦牛、安格斯牛等国外品种遗传关系较远。（4）发掘一批新的与柴达木黄牛重要性状相关的候选功能基因。基于基因组受选择分析发掘36个与其生长、肉、乳、免疫等性状相关的候选功能基因。**3 科学价值** （1）首次系统揭示了柴达木黄牛的分子遗传多样性状况、群体遗传结构组成及与部分国内外牛品种间的遗传关系，发掘一批与其性状相关的候选功能基因，为柴达木黄牛种质资源的分子评估、保种和杂交改良提供了基础材料，也为开展柴达木黄牛分子育种实践奠定了良好的基础。（2）首次在全基因组水平上明确了东亚家牛的祖先组成，为了解东亚家牛的血统构成、起源和复杂的进化历史提供了洞察和新见解，也为弄清柴达木黄牛等东亚地区地方黄牛品种的群体结构和遗传背景奠定了理论基础。（3）研究添补了中国肉牛产业发展研究中缺乏柴达木黄牛这一青藏高原地区优良地方黄牛品种分子基础数据和信息的短板，对促进我国地方黄牛品种的合理保护和开发利用、高原肉牛产业发展、高原民族地区种业振兴等均具有重要的战略意义。**4 同行引用及评价** 本项目共发表论文11篇（SCI 3篇，CSCD核心8篇），其中3篇SCI论文发表在Nature Communications（影响因子14.7，JCR Q1（Top））、Frontiers in Veterinary Science（影响因子2.6，JCR Q1）和Animal Genetics（影响因子1.8，JCR Q2）期刊上；1篇以封面论文发表在浙江大学学报（农业与生命科学版）上。代表性论文累计他引次数268次（SCI他引次数263次），相继被Nature、Science、BMC Biology、Journal of dairy science等国际知名期刊发表的论文所引用。经青海省科技查新检索咨询中心进行国际国内查新，并由青海省科技厅组织中国科学院西北高原生物研究所、青海师范大学、青海省畜禽遗传资源保护利用中心等单位专家鉴定，认为项目所获成果具有较高的创新性、突破性和前沿性，达到国际先进水平。 |
| **代表性论文专著目录** | [1] Zhang X, Sun Z, Lan X, Han J, Chen H, Bradley DG, Jiang Y, Lei C. Whole-genome resequencing reveals world-wide ancestry and adaptive introgression events of domesticated cattle in East Asia[J]. Nat Commun. 2018, 9(1):2337.[2] Wei X, Li S, Yan H, Chen S, Li R, Zhang W, Chao S, Guo W, Li W, Ahmed Z, Lei C, Ma Z. Unraveling genomic diversity and positive selection signatures of Qaidam cattle through whole-genome re-sequencing[J]. Anim Genet. 2024, 55(3):362-376.[3] Liu Y, Mu Y, Wang W, Ahmed Z, Wei X, Lei C, Ma Z. Analysis of genomic copy number variations through whole-genome scan in Chinese Qaidam cattle[J]. Front Vet Sci. 2023, 10:1148070.[4] 马志杰,王世康,张卫忠,郭卫兴,赵海明,雷初朝.柴达木牛和蒙古牛Y染色体基因组遗传多样性与父系起源研究[J].畜牧兽医学报,2023,54(03):1026-1033.[5] 马志杰,魏旭东,盛欣,吴志鹏,陈生梅,雷初朝,晁生玉,韩建林.柴达木牛母系遗传多样性、分化及与我国北方黄牛品种间的遗传关系[J].中国畜牧杂志,2024,60(02):173-182.  |