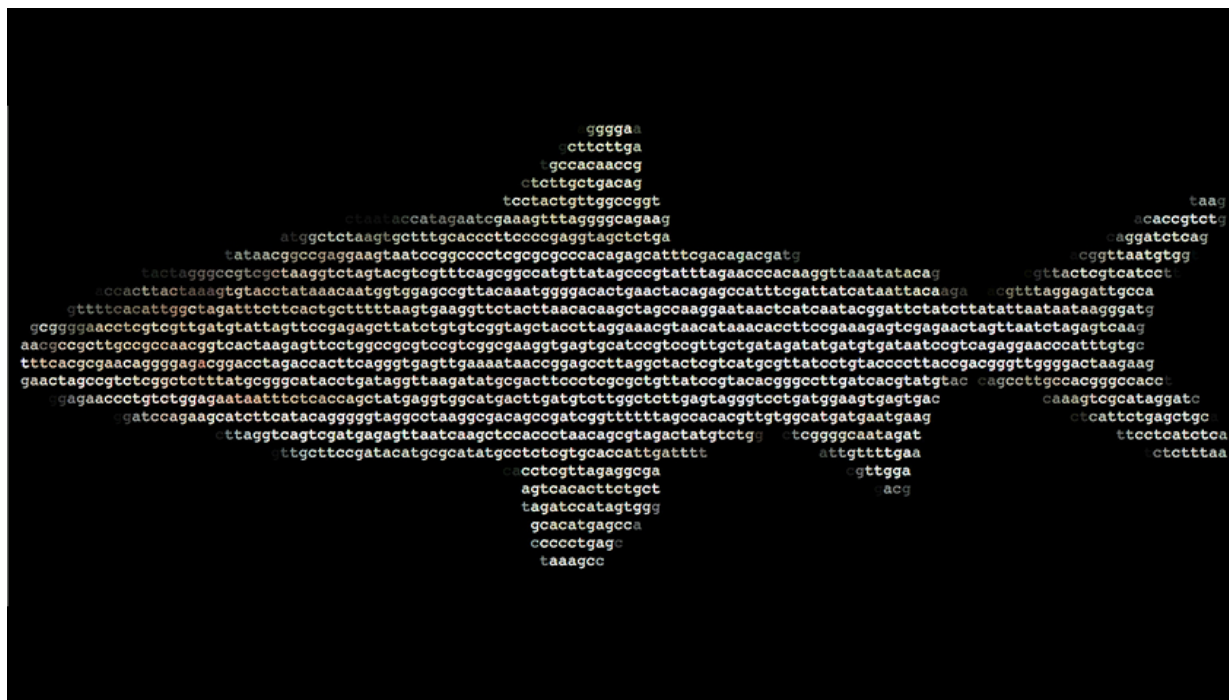




A de novo chromosome-level genome assembly of *Coregonus* sp. "Balchen": one representative of the Swiss Alpine whitefish radiation

13. Mai 2020 |

Um zu verstehen wie Organismen evolvieren, sich an neue Lebensräume anpassen und neue Arten entstehen, ist es wichtig die DNA Sequenzen von verschiedenen Individuen und Organismen miteinander vergleichen zu können. Im besten Fall hat man hierfür artspezifische genetische Ressourcen zur Verfügung.

Diese erlauben es dann genetische Gemeinsamkeiten und Unterschiede im Detail zu untersuchen. Referenzgenome, also der komplette genetische Code eines Organismus, sind hierbei die wohl nützlichste Ressource. Allerdings, ist es auch eine Herausforderung eine solches Referenzgenome zu erstellen, da viele Genome groß und komplex sind.

Wissenschaftliche Studien an den Felchen Europas und ihren Nordamerikanischen Verwandten untersuchen wie sich unterschiedliche Arten entwickelnd konnten, die an unterschiedliche Lebensräume angepasst sind, und dies alles in einem nur kurzen Zeitraum. Um genetische Untersuchungen an den diversen Felchenarten, welche sich in den letzten 10-15 tausend Jahren entwickelt haben, zu unterstützen, haben wir ein Referenzgenom von einem Schweizer Balchen aus dem Thuner See erstellt. Unsere Genomsequenz ist von hoher Qualität und stellt die komplette und geordnete DNA Sequenz für alle Felchenchromosomen dar, genauso wie die Genomannotation, welche wiedergibt wo im Genom sich welche Gene befinden. Diese Genomsequenz wird zukünftige Projekte ermöglichen, welche darauf abzielen zu verstehen wie sich Felchen mit unterschiedlichen physischen und Verhaltensmerkmalen auch genetisch unterscheiden und wie sich solche Unterschiede evolutive entwickeln.

Links

Publication originale

Kontakt



Philine Feulner

Tel. +41 58 765 2106

philine.feulner@eawag.ch

<https://www.eawag.ch/de/info/portal/aktuelles/newsarchiv/archiv-detail/a-de-novo-chromosome-level-genome-assembly-of-coregonus-sp-balchen-one-representative-of-the-swi>