

作者: 李晨阳 来源: 中国科学报 发布时间: 2021/8/24 23:09:51

选择字号: 小 中 大

## 重绘犀牛家谱，有一个意外发现！

犀牛是一类高度濒危的动物，它们的演化关系一直让科学家感到非常困惑。

今天的犀牛只分布在亚洲和非洲，现存5个物种，从形态上可以分为双角犀牛和独角犀牛两大类。令人费解的是，非洲的2种犀牛——白犀牛、黑犀牛，以及亚洲的苏门答腊犀牛都属于双角犀牛；而另外2种亚洲犀牛——爪哇犀牛和印度独角犀牛则都是独角犀牛。

住得近的，长得不像；住得远的，反倒“遥相呼应”，这是怎么回事？

8月24日，《细胞》上线的一篇论文解析了犀牛家族的进化史。而这项研究的一个意外发现，为人类保护极小种群生物提供了新的思路。



犀牛科演化关系和其地理分布。蓝色演化支系代表双角犀牛，红色代表独角犀牛，而黑色是具有单一前角的板齿犀

(课题组供图)

### 东寻西觅“找”犀牛

在漫长的演化史中，犀牛科至少出现过几十个物种，在非洲大陆、亚欧大陆乃至北美大陆都有分布。然而更新世前的犀牛类群发生过大规模的物种灭绝，就像一幅完整的拼图，只剩下七零八落的几个板块。

“这让我们很难依据现生犀牛的地理分布和性状特征推演出犀牛类群可靠的演化关系。”论文第一作者兼通讯作者之一、中国农业大学副教授刘山林对《中国科学报》说，“事实上，多次生物大灭绝造成生物类群连续性证据的缺失，是目前生物演化历史研究中的普遍难题。”

来自中国农业大学、丹麦哥本哈根大学以及瑞典斯德哥尔摩大学等机构的多国学者决定挑战这个难题。

**Zoonoses** 关于人兽共患病的  
国产英文OA期刊  
Zoonoses 欢迎投稿

**发明专利 3个月授权**  
提高授权率 提高授权数量 免费润色评估

云集苏州 创赢未来  
GATHER IN SUZHOU CREATE A FUTURE

**SCI英文论文润色翻译服务**  
SCI不录用不收费，不收定金

- 相关新闻 相关论文
- 1 长二丙火箭首次应用“Plus版”整流罩
  - 2 我国成功发射融合试验卫星01/02星
  - 3 中科院传达2021年夏季党组扩大会议精神
  - 4 研究发现“多变”免疫细胞或有助开发新冠疫苗
  - 5 雷启立、顾红亮出任华东师范大学副校长
  - 6 东莞市领导赴中科院广州分院洽谈深化合作
  - 7 刷新认知！高分子塑料表面原来呈橡胶状
  - 8 新型量子机器学习技术实现数据特征提取

图片新闻

>>更多

- 一周新闻排行
- 1 中科院院士增选初步候选人公示材料情况汇总
  - 2 LAMOST发现神秘星球
  - 3 悼念！国家最高科技奖得主郑哲敏院士逝世
  - 4 从北京大师资聘任制发展看大学里的人才阶梯
  - 5 黄维院士团队实现高效蓝色室温磷光及一光多用
  - 6 曹原获凝聚态物理领域青年物理学家最高奖
  - 7 雷启立、顾红亮出任华东师范大学副校长
  - 8 古茶树保护有了科学依据
  - 9 新抗体可抵御多种新冠病毒变种
  - 10 中外学者提出2020后生物多样性保护6大挑战

编辑部推荐博文

- 警惕：别让对统计结果的误读误导科学研究 (三)

他们从南非的自然保护区获得了黑犀牛的样本，从美国圣迭戈动物园获取了印度独角犀的样本；对现仅剩几十头的苏门答腊犀牛，他们从一头刚刚去世的个体身上取样；对同样徘徊在灭绝边缘的爪哇犀牛，他们的采样来自挪威国家历史博物馆珍藏的标本；白犀牛的数据则来自自己发表的文献。

除了5种现生犀牛外，研究人员还从俄罗斯一些博物馆收藏的晚更新世化石中获取了3种已经灭绝的古犀牛（梅氏犀、齿板犀、披毛犀）样品。



艺术家重现了三种已灭绝犀牛的形象，最前面的是板齿犀，紧随其后是两头梅氏犀，远景则是一头披毛犀（Beth Zaiken绘，课题组供图）

来自超过五万年前的古DNA样品以及基因组大数据分析，为解析犀牛的演化历史补充了关键的缺失数据。

研究结果显示，现生犀牛的祖先在约1600万年前最早分化为非洲和亚欧大陆两个支系，现存的亚欧支系同时包括独角犀牛及双角犀牛。

本研究的完成，有赖于全球超过30家研究机构的合作，研究学者有着多元化的知识结构和背景。刘山林说，“这也让我们看到，‘大数据’可以作为将不同领域内专家串联起来的枢纽，推动跨学科合作，去解答一些过去难以回答的科学问题。”

“瓶颈”里的犀牛，还值得保护吗？

在研究中，大家还发现了一个出乎意料的现象：早在数万年前，犀牛的遗传多样性就远远低于大多数哺乳动物，仅仅比现存犀牛的遗传多样性稍高一点。

“这很耐人寻味。”刘山林说，“我们通常认为，犀牛遗传多样性水平低是由于近百年来人类活动的干扰导致的。但数据显示，早在人类活动开始过度干预犀牛生存之前，这种动物已经维持了很长时间的小种群规模，现存的犀牛很可能已经适应了小种群的特征。”

进一步研究发现，相较于古犀牛，现存犀牛物种的有害突变比例显著较低。“这可能是因为现生的犀牛种群通过群体遗传选择，已经尽量多地清除掉了有害突变，以保证其小种群的健康。”刘山林说，“我想这在一定程度上增强了我们对保护犀牛这一濒危物种的信心。”

“这个发现有着非常重要的意义。”中国农业大学教授周欣告诉《中国科学报》，很多珍稀动物都经历过极小瓶颈期，比如现存所有的朱鹮，都是当初在陕西洋县发现的7只朱鹮的后代。

“对这些动物的保护，科学界一直存在争议。”周欣说，“因为按照传统观点，这些物种极度缺乏遗传多样性，本身已经非常脆弱。甚至有人认为不应当倾斜过多资源去保护它们。”

而本文的发现则显示，至少有一些生物能在遗传多样性很低的情况，依然良好地适应生存环境。“不仅犀牛是这样，猎豹、山地大猩猩等物种也存在同样的现象。”周欣说，“这也提示我们，在开展保护工作的时候，不应该放弃这些遗传多样性较小的物种。”

周欣本人并未参与这项研究，但在刘山林加入他的团队后，他们希望能采用相关研究方法和技术路线去研究昆虫等其他动物类群。

藏在博物馆里的线索，大有可为

▪ 警惕：别让对统计结果的误读误导科学研究（二）

▪ My papers that stood the test of time

▪ 综合疗法可将心脏病发作和中风的风险降低一半

▪ 快开学了，我对大学和大学教育的碎碎想

▪ 人机环、计算计、是非应

[更多>>](#)

研究人员表示，古DNA和基因组学研究方法与经典的博物馆馆藏样品相结合，在研究物种演化和保护方面具有广阔的应用空间。

随着分子生物学技术，如无损标本的核酸提取、高通量测序技术及生物信息工具的发展，人们可以利用博物馆标本解决越来越多的演化问题。正如周欣所说，“这些标本定格的不仅是动物的形态，更有很久很久以前的遗传信息。”

“对濒危动物而言，基因组承载了其演化历史的关键信息，是极其宝贵的遗传资源，也是极其宝贵的研究资源。本研究很好地体现了基因组学在研究物种演化历史和物种保护方面的优势。”未参与这项研究的中国科学院院士、中科院动物研究所研究员魏辅文如此点评。

“任何一个物种的灭绝都是数百万年演化历史信息的丢失。而馆藏标本所携带的遗传信息能够被现代基因组学方法解密，为理解古老的演化机制带来新的机遇，让我们有机会了解生物在漫长的演化历史过程中关键特征的变化，同时也为我们提出合理的保护策略提供科学数据的支持。”魏辅文说。

相关论文信息：[https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(21\)00891-6](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(21)00891-6)

版权声明：凡本网注明“来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志”的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：[shouquan@stimes.cn](mailto:shouquan@stimes.cn)。

打印 发E-mail给:

[关于我们](#) | [网站声明](#) | [服务条款](#) | [联系方式](#) | 中国科学报社 京ICP备07017567号-12 京公网安备 11010802032783

Copyright © 2007-2021 中国科学报社 All Rights Reserved

地址：北京市海淀区中关村南一条乙三号

电话：010-62580783