



中国科学院动物研究所
INSTITUTE OF ZOOLOGY, CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

献身科学 服务国家 人才至上 追求卓越

公众版

科学传播版

[首页](#) > > > [新闻动态](#) > [科研进展](#)

杨奇森领导团队在重要疫源动物的起源、扩散和适应性进化研究中取得进展

发布时间：2021-01-05 | 来源：动物进化与系统学院重点实验室

第四纪晚期以来，大型哺乳动物的灭绝和种群衰减重塑了全球生态系统，那么谁是这样的重大环境变化中最大的受益者呢？已有研究表明，与大型哺乳动物的命运不同，啮齿类、兔形类、蝙蝠类和食虫类等中小型哺乳动物类群的灭绝风险较低——预测显示，在未来50年之内啮齿类动物的多样性还会持续增加。然而啮齿类动物是哺乳动物中物种最丰富的类群，多数物种之间存在显著的生态位分化，它们对环境变化做出的响应可能也存在着较大差异。此外，啮齿类动物还是大量动物病原的野外宿主和传播媒介，对其基础研究的不足可能给人类健康带来潜在威胁。

过去的研究揭示与人类伴居的褐家鼠、小家鼠等的进化历史与人类发展历史密切相关。然而，在东南亚到中国北部广阔的森林生态系统中，白腹鼠属、姬鼠属这些野生啮齿类才是真正的优势类群。它们中的一些种类在数量和分布区上都远远超过其它同域分布的啮齿动物。与此同时，这些动物也是汉坦病毒（流行性出血热诱发病原）的主要野外宿主和传播媒介。

近期，基于大量系统的分类学研究基础，科研人员又利用短片段基因标记（CYTB）、Illumina基因组测序以及分布地点、海拔等生态数据的整合分析对白腹鼠属的起源、生物地理扩散、种群历史、潜在栖息地不同历史时期和未来的变化情况，和基因组水平的适应性进化进行研究。结果表明，这一类群大约在5.23百万年左右（图1）起源于青藏高原东南地区（海拔约2100米），多次扩散出青藏高原，形成了当前的分布格局。

白腹鼠属内生物地理学进化历史存在四种模式（图2）：（1）灰腹鼠种团（包括灰腹鼠*N. eha*和梵鼠*N. brahma*）保留在青藏高原东南缘；（2）安氏白腹鼠种团（包括川西白腹鼠*N. excelsior*和安氏白腹鼠*N. andersoni*）从青藏高原扩散到了四川盆地周边山脉，秦岭和武陵山地区；（3）针毛鼠种团（包括冯氏白腹鼠*N. fengi*、针毛鼠*N. fulvescens*、华南针毛鼠*N. huang*、湄公针毛鼠*N. mekongis*、褐尾

鼠*N. cremoriventer*、婆罗洲白腹鼠*N. rapit*等)从青藏高原东南缘多次扩散到了东南亚和中国东南部;
(4)最为成功的社鼠种团(包括社鼠*N. niviventer*、缅甸山鼠*N. tenaster*、剑纹社鼠*N. gladiusmaculus*、短尾社鼠*N. bukit*、片马社鼠*N. pianmaensis*、华南社鼠*N. lotipes*、北社鼠*N. confucianus*等)不仅扩散到东南亚和中国东南部,还北上扩散到了中国北部。以上推测受到线粒体基因组和核基因组数据的共同支持。系统发育网络分析揭示白腹鼠属内及白腹鼠属与最近缘的中南树鼠属(*Chiromyscus*)可能存在频繁的杂交事件(图3)。

基于基因组短片段和全基因组的数据的分析揭示源于东南亚的种类和栖息地泛化的种类在近期显著的种群增涨,潜在分布区在未来很可能进一步扩张,而中高海拔分布种类和狭域种类出现种群大小下降,潜在栖息地范围在未来缩减的趋势。比较特殊的是分布海拔最高的灰腹鼠不仅在种群大小上呈现扩张趋势,未来潜在分布区将进一步向高原面上扩展(图4)。

对现有数据的全基因组扫描分析揭示灰腹鼠具有最多的受到正选择的基因。灰腹鼠有17个基因受到正选择。灰腹鼠的姐妹种梵鼠仅有一个基因受到正选择,而与灰腹鼠有一定分布区重叠的冯氏白腹鼠有六个基因受到正选择。基因富集分析显示灰腹鼠受到正选择的基因参与24种功能。文献检索显示这些基因与嗅觉、味觉和癌症抑制有关。这些结果揭示灰腹鼠在基因组水平产生了显著的改变,以适应青藏高原的环境。

研究结果表明“走出青藏高原”不仅发生在披毛犀、豹、狐狸、原羊、鼠兔等喜冷动物的进化历史中,也发生在能够适应温带和热带环境的白腹鼠属的进化历史中。嗅觉、味觉和抑制癌症发生相关基因的快速进化可能在啮齿类动物高原适应中发挥重要作用。此外,啮齿类动物还是大量动物病原的野外宿主和传播媒介。东南亚地区和栖息地泛化种类的种群增长和未来潜在的栖息地扩张,可能会给生态系统平衡和人类健康带来潜在的风险。

此项研究由中国科学院动物研究所动物进化与系统学院重点实验室杨奇森研究员带领的团队与俄罗斯科学院动物研究所、中国疾病预防控制中心、英国帝国理工大学、中国科学院昆明动物研究所等单位合作完成。葛德燕副研究员和Anderson Feijo博士为论文共同第一作者。研究受到第二次青藏高原科学考察相关任务和专题(No.2019QZKK0402, 2019QZKK0501),英国皇家学会牛顿高级研究者基金(NA150142)和国家自然科学基金(31872958)的资助。

论文详细信息:

Deyan Ge#, Anderson Feijó#, Zhixin Wen, Alexei V. Abramov, Liang Lu, Jilong Cheng, Shengkai Pan, Sicheng Ye, Lin Xia, Xuelong Jiang, Alfried P. Vogler*, Qisen Yang*. Demographic history and genomic response to environmental changes in a rapid radiation of wild rats. *Molecular Biology and Evolution*. doi.org/10.1093/molbev/msaa334

论文链接:

<https://academic.oup.com/mbe/advance-article/doi/10.1093/molbev/msaa334/6059228>

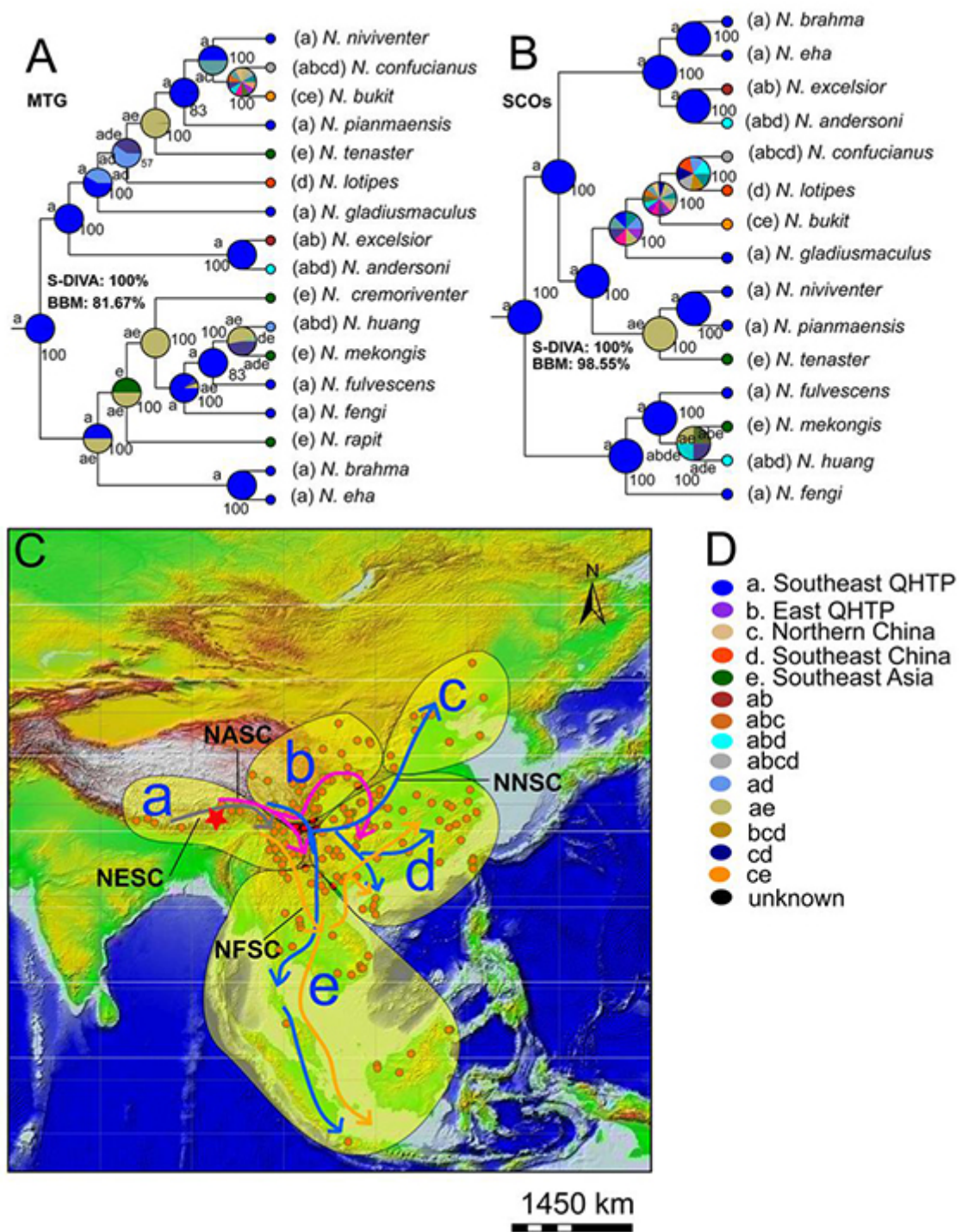


图2. 白腹鼠属生物地理进化历史推断

A. 基于线粒体基因组数据推断地理进化历史。B. 基于全基因组单拷贝基因数据推断地理进化历史。C. 白腹鼠属内生物地理进化历史的四种模式。D. A-B图例。

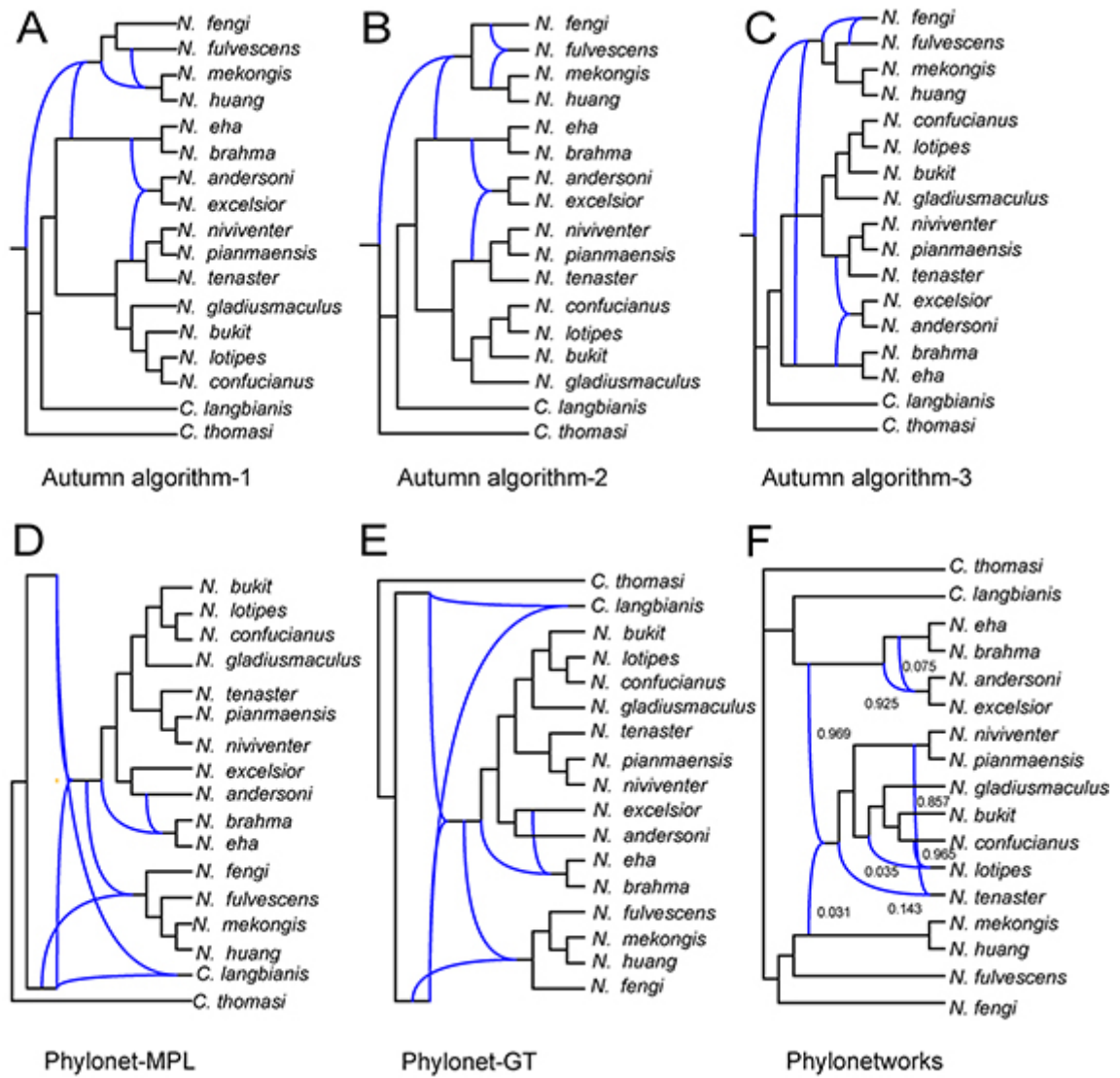


图3. 使用不同方法推测白腹鼠属种间的系统发育网络关系

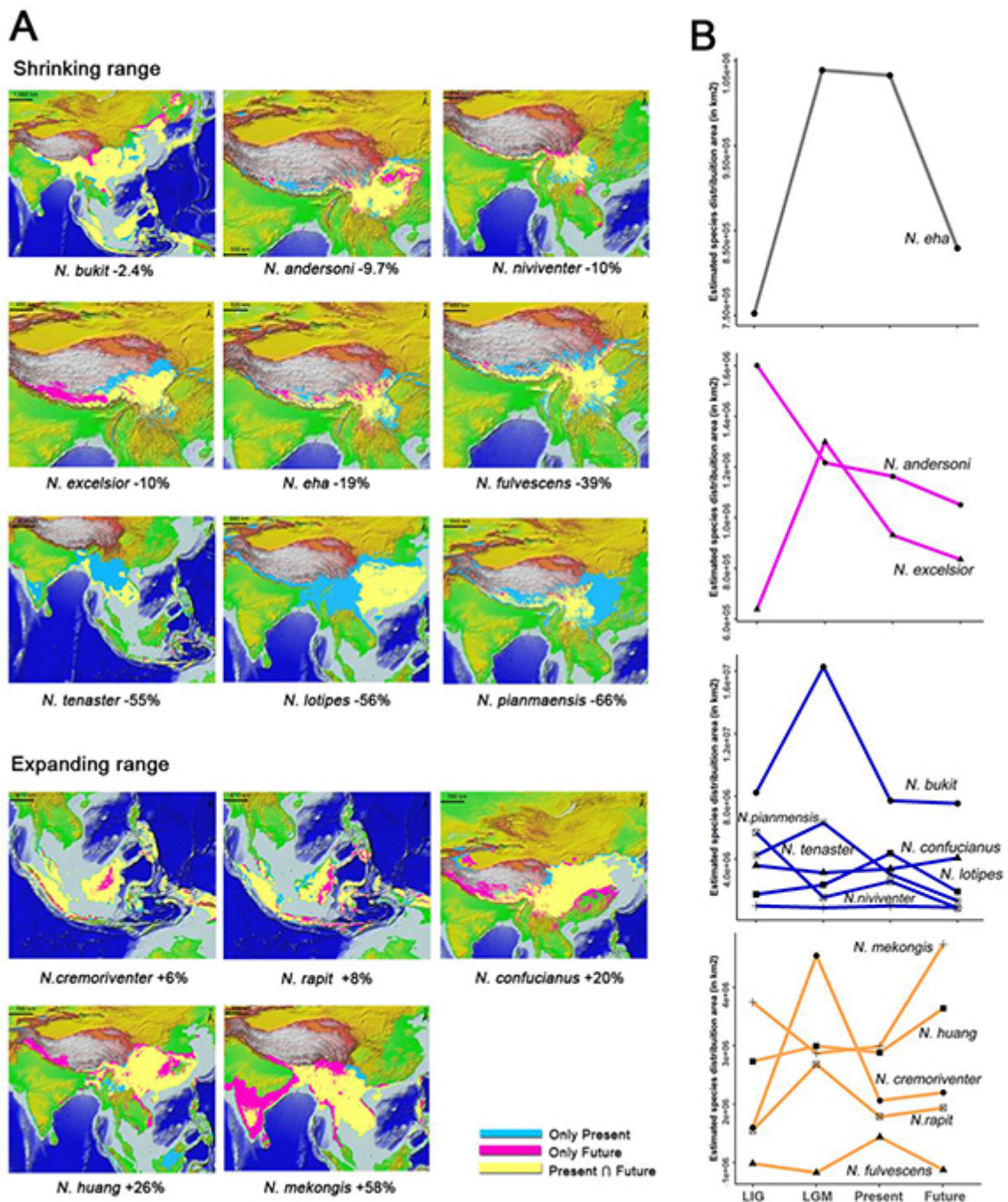
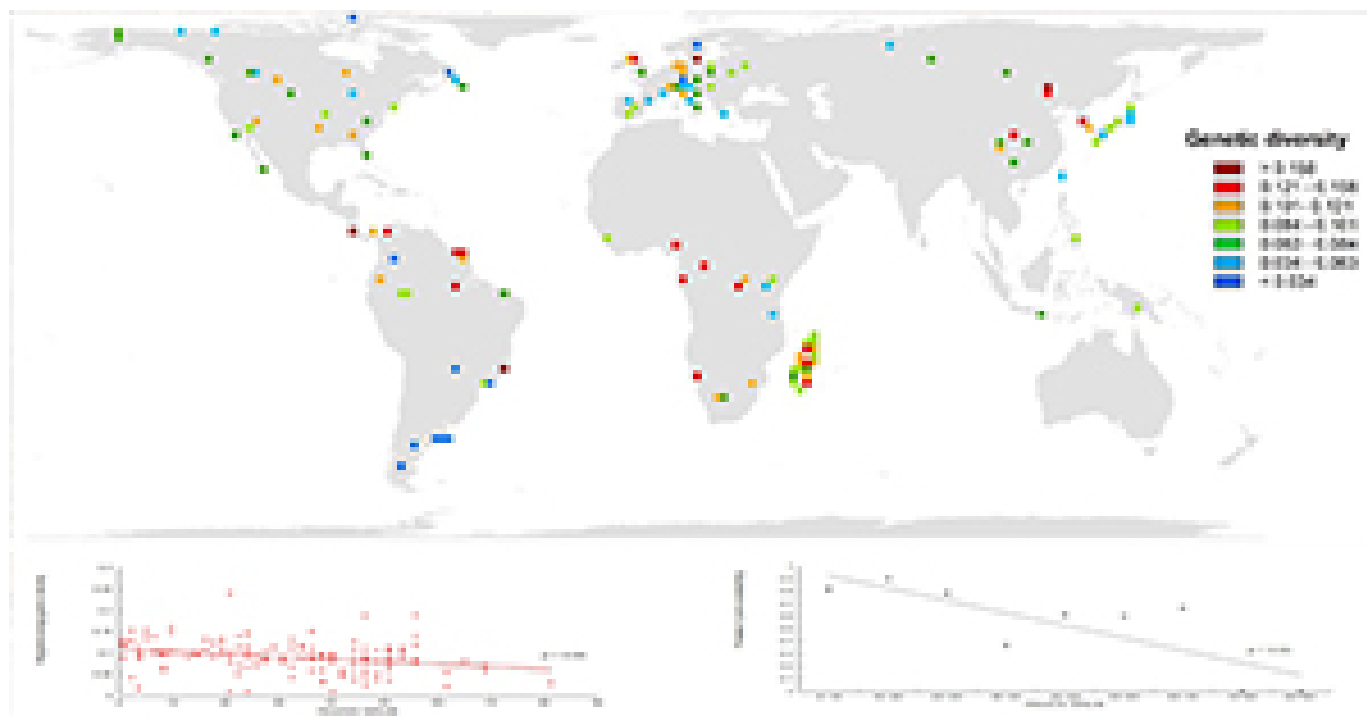


图4. 白腹鼠属不同历史时期和未来潜在栖息地变化情况

A. 白腹鼠属主要代表种类当前和未来潜在栖息地对比。 B. 白腹鼠属主要代表种类不同历史时期潜在栖息地面积大小变化对比。



2020-12-15

李义明研究组揭示自然选择在全球的地理分布模式

种内遗传多样性是最基础层次的生物多样性，影响着群落结构、生态系统的结构和功能、以及物种适应环境变化的能力。确定地球上哪些地方遗传多样性高，哪些因素影响遗传多样性的地理分布，不仅对生态学和进化生物学...

关于我们

联系我们

地 址：北京市朝阳区北辰西路1号院5号

邮 编：100101

电子邮件：ioz@ioz.ac.cn

电 话：+86-10-64807098

传 真：+86-10-64807099

友情链接

=== 新闻媒体 ===



=== 政府机构 ===



=== 大学校园 ===



=== 科研机构 ===



=== 国际组织 ===



官方微信



官方微博



中国科学院
CHINESE ACADEMY OF SCIENCES

版权所有 © 中国科学院动物研究所 备案序号：京ICP备
05064604号

文保网安备案号：1101050062 技术支持：青云软件

