

当前位置: 首页 >> 正文

于黎研究员课题组揭示川金丝猴的起源和群体历史

2018-11-28 点击: [2048]

近日, 云南大学省部共建云南生物资源保护与利用国家重点实验室于黎研究员课题组与中国科学院上海生命科学研究员李海鹏研究员课题组合作, 在川金丝猴起源和进化历史研究方面取得重要进展, 该成果以“The origin and population history of the endangered golden snub-nosed monkey (*Rhinopithecus roxellana*)”为题发表在国际进化生物学领域顶级期刊 *Molecular Biology and Evolution* (doi/10.1093/molbev/msy220; 进化生物学领域排名第二; IF5=14.479) 上。于黎研究员为论文通讯作者, 博士生匡卫民为论文第一作者, 本研究得到国家自然科学基金委重大研究计划资助。



川金丝猴 (Golden snub-nosed monkey, *Rhinopithecus roxellana*) 是我国著名的珍稀濒危野生保护动物, 隶属于灵长目, 猴科, 疣猴亚科, 金丝猴属。川金丝猴仅分布在我国境内四川以北及甘肃部分地区 (四川/甘肃群体), 陕西省秦岭 (秦岭群体) 以及湖北神农架自然保护区 (神农架群体), 野外个体数量不超过20,000只。追溯一个物种的起源及扩散过程, 能够更好地了解该物种及其进化历史, 对其保护至关重要。于黎研究员课题组与李海鹏研究员课题组从群体遗传学角度, 利用核基因组, 线粒体基因组和Y染色体三种分别来自双亲, 母系和父系的不同遗传分子标记全面解析和阐述了现存三个川金丝猴地理群的起源及扩散过程。研究结果发现三种遗传标记显示川金丝猴三个群体之间不同的群体结构, 而且核基因组分析发现三个群体之间存在对称的双向基因流, 而线粒体基因组和Y染色体分析发现不对称的基因流事件, 进一步的模拟分析表明不同的群体结构和基因流事件不是由不完全谱系分选 (incomplete lineage sorting) 造成, 而是川金丝猴性别倾向性扩散差异 (sex-linked dispersal) 的结果。此外, 群体历史模拟分析支持川金丝猴的祖先群体最先广泛分布在中国中部和西南的山区, 随后古气候变化影响导致群体间发生隔离,

最新文章

- | | |
|-----------------------------|-----|
| 重要突破 云南大学拟增科技部重... | 12/ |
| 于黎研究员课题组揭示川金丝猴... | 11/ |
| 加拿大温莎大学副校长Michael S... | 10/ |
| 云南大学陈芬儿院士工作站揭牌... | 10/ |
| Journal of Catalysis发表化工... | 10/ |
| 我校4个项目获得冷门“绝学”和... | 09/ |
| 中国西南天文研究所刘晓为教授... | 09/ |
| 云南大学光盘创新团队参加第十... | 08/ |
| 2018年度国家自然科学基金云南... | 07/ |
| 云南大学与曼德勒大学联合申报... | 06/ |
| 我校“保护生物地理学教研组”... | 06/ |
| 郑洪波教授应邀率团访问东京大... | 06/ |
| 刘晓为教授任首席科学家的国家... | 05/ |
| 学校与云南省科学院共商稀... | 05/ |
| 云南省稀贵金属材料基因工程重... | 04/ |
| 党云琨课题组eLIFE发文揭示密码... | 04/ |

在大约24,500年神农架群体最先与其他群体发生分歧，随后逐渐收缩到湖北神农架等各大山系间，而后秦岭群体在13,500年左右从四川/甘肃群体迁徙出去并作为建群者，群体间迁徙过程中伴随不平衡的基因流发生事件。

研究结果提供了川金丝猴更完整的起源和群体历史框架，对分布区重叠，经历类似气候和地理变化的其它物种物种的生物地理研究具有重要的意义。此外，该研究不仅显示基因组能够为预测和理解物种的性别倾向性扩散提供非常有用的工具，为野外进一步研究确定奠定了重要的基础，而且也强调了利用多个来自不同遗传特征的基因组标记来追溯物种的完整进化历史，尤其是表现出不同性别倾向性或混合的扩散模式的物种研究的重要性。

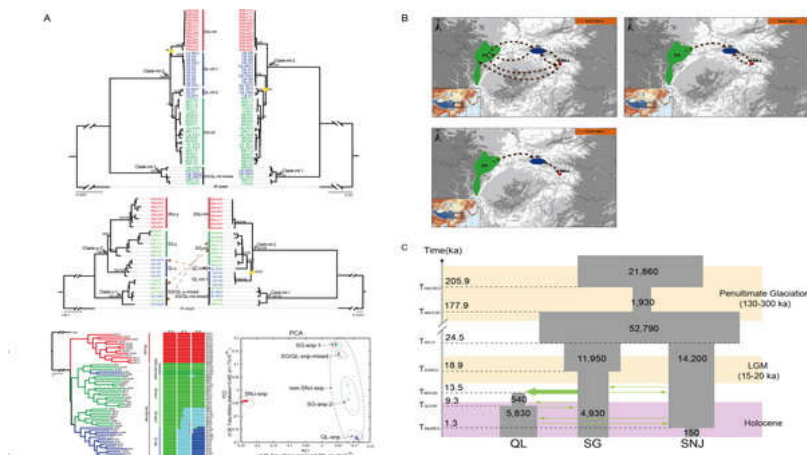


图 (A) 系统发育及群体结构 (B) 群体历史扩散过程 (C) 群体历史模拟

云南生物资源保护与利用国家重点实验室 供稿

(编辑：马竞欧)

上一条：重要突破 云南大学拟增科技部... 下一条：加拿大温莎大学副校长Michael...

【关闭】