

动物所发现鸟类喙型进化新的主效基因

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10187.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

经典的定量遗传学研究发现，大多数表型是一种多基因控制性状（polygenic trait）。在这种模式下，自然选择往往同时作用于多个基因位点，导致少数具有主要效应（major effect）的基因座和许多具有微量效应的基因座协同控制表型的适应性变化，这对我们理解表型进化的遗传机制带来了挑战。鸟类的喙是一种典型的多基因性状，其形态的多样化是其功能（觅食、梳理、筑巢、挖洞等行为）和生存环境多样化导致的结果，这也使鸟类应对环境变化时能够快速做出反应。然而，除了鸡和达尔文雀等一些具有良好研究基础的物种之外，我们对其它野生鸟类喙型多样性的遗传基础却知之甚少。

主效基因（major locus）具有较高的等位基因频率、容易被自然选择固定且不易被遗传漂变丢失，因此能够更容易从基因组中检测到，且与表型具有强的相关性。为此，中国科学院动物研究所

COL27A1），调控因适应青藏高原地面觅食和掘洞筑巢生活习性的地山雀（*Pseudopodoces humilis*）的特化而长且弯曲的喙（图1）。研究人员结合固定指数分析（fixation index, F_{ST} ）和偏曼特尔检验（partial mantel test），检测到25个高度分化且与喙型显著相关的基因组区域，注释和富集分析从这些区域中筛选到的7个与骨骼发育和重塑相关的候选基因（图2）。中性检验发现，只有COL27A1基因在地山雀中受到了强烈的选择性清除（selection sweep）作用。该基因显示出较低的核苷酸多样性、Tajima's D 、Fu Li's D 和Zeng's E 值，较长的连锁单倍型区域，以及高比例的固定位点。COL27A1

基因编码区120个单核苷酸多态性位点（SNP）构建的基因树显示了地山雀和其它13种山雀之间的深度分化，这些SNP位点在地山雀中具有高度的纯合性，其中11个固定位点中有6个是非同义替代位点。在鸟类甚至爬行类和哺乳类中都具有高度保守性的COL27A1

基因，通过对这6个非同义替代位点进行选择分析和蛋白功能预测，发现其中两个潜在有害的非同义突变位点很可能调控了地山雀喙型的适应性特化（图3）。该研究虽然尚未完成进一步功能实验验证，但已明确显示鸟类喙型这一重要特征变异的遗传机制及其在高海拔适应中的作用，也表明了比较基因组学是生态适应和进化发育研究的一种重要手段。

6月27日，相关研究成果以Comparative genomics reveals evolution of a beak morphology locus in a high-altitude songbird为题，在线发表在Molecular Biology and Evolution

上。动物所博士后程亚林为第一作者；博士后张德志、副研究员宋刚、副研究员贾陈喜及研究员

屈延华参与野外样本收集和数据分析；美国俄克拉荷马大学助理教授Matthew J. Miller参与数据分析和论文写作；雷富民为论文通讯作者。研究工作受到国家自然科学基金、第二次青藏高原综合科学考察项目的资助。

[论文链接](#)

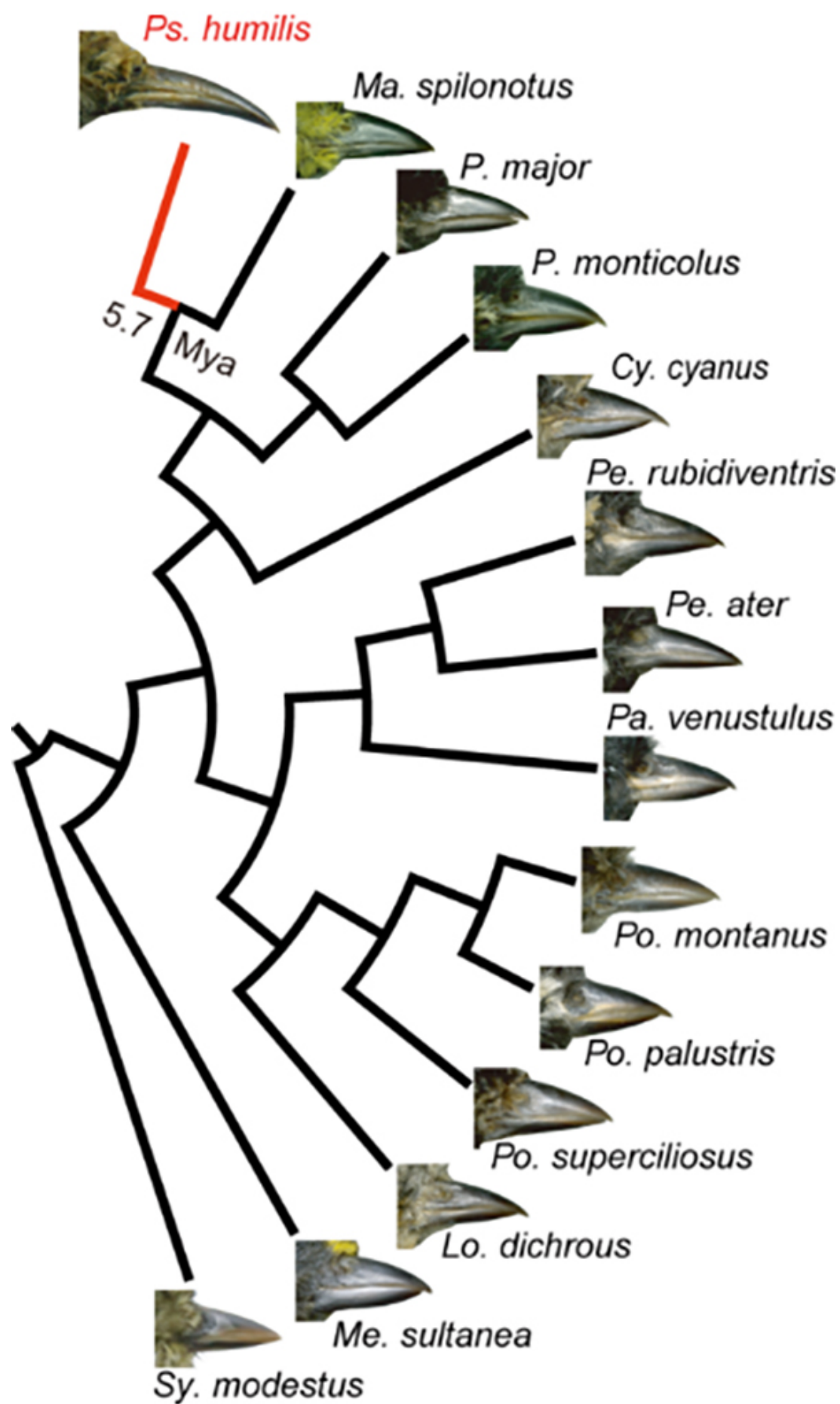


图1.14种山雀科鸟类的喙型比较

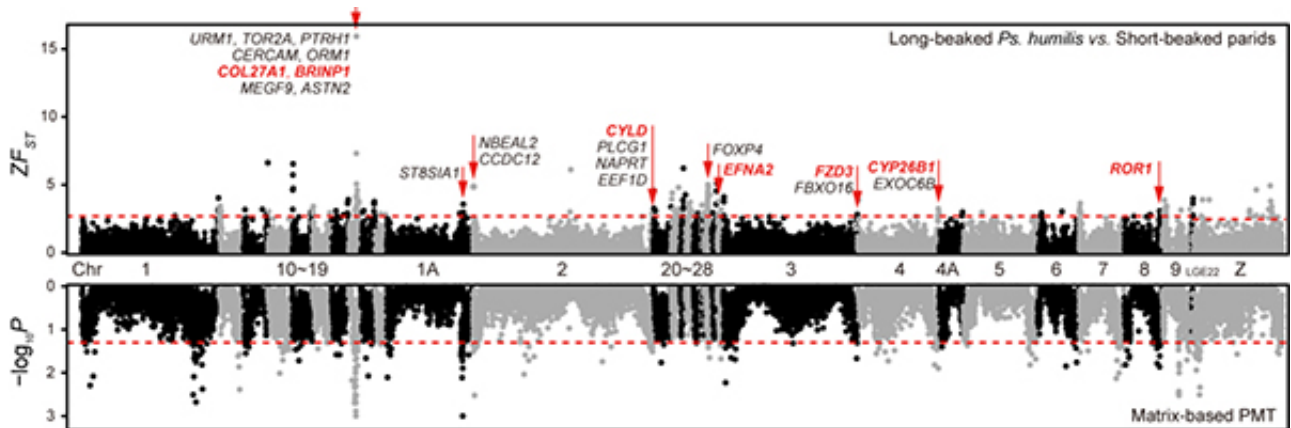


图2.结合 F_{ST} 分析和偏曼特尔检验筛选候选基因

Variant AAs	Datamonkey				PROVEAN ^b	SIFT ^c
	α	β	LRT	P -value ^a		
A66V	0	51.106	2.784	0.095	-0.828	0.030
L354F	0	39.222	3.092	0.079	-0.784	0.080
P1412L	0	48.624	3.223	0.073	-6.535	0.110
R1493Q	0	62.871	3.335	0.068	-2.993	0.000
P1501L	0	48.624	3.223	0.073	-6.012	0.000
Q1582E	0	59.434	2.810	0.094	-1.738	0.000

α : Synonymous substitution rate at a site.

β : Non-synonymous substitution rate at a site.

LRT: Likelihood ratio test for $\beta=\alpha$, versus $\beta\neq\alpha$.

a: Positive selection sites (bolded) with P -value < 0.1.

b: Deleterious variants (bolded) with score < -2.5.

c: Intolerant variants (bolded) with probability < 0.05.

图3.非同义固定位点的选择分析及其功能预测

研究团队单位：动物研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发