
研究发现鸟类喙型进化新的主效基因

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10236.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！

研究发现鸟类喙型进化新的主效基因。

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。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，这也使得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。

主效基因往往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雷富民研究团队通过对14种山雀科鸟类的基因组比较研究，揭示了一个潜在的主效基因（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的特化而长且弯曲的喙。

研究人员结合固定指数分析和偏曼特尔检验，检测到了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。但中性检验却发现只有COL27A1基因在地山雀中受到了强烈的选择性清除作用。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。并且COL27A1基因编码区120个单核苷酸多态性位点（SNP）构建的基因树清晰地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。

更显著的是，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。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，同时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。

该研究成果6月27日在Molecular Biology and Evolution期刊在线发表。（来源：中国科学报张晴丹）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/molbev/msaa157>

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。

作者：雷富民等 来源：MBE

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