

动物所等在重要疫源动物的起源、扩散和适应性进化研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/12316.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！

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，那么谁是如此重大环境变化中的最大受益者呢？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，未来50年内，啮齿类动物的多样性会持续增加。然而，啮齿类动物是哺乳动物中物种丰富的类群，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存在较大差异。此外，啮齿类动物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。

已有研究表明，与人类伴居的褐家鼠、小家鼠等的进化历史同人类发展历史密切相关。但在东南亚到中国北部广阔的森林生态系统中，白腹鼠属、姬鼠属等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均远超过其他同域分布的啮齿动物；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、未来的变化情况以及基因组水平的适应性进化进行了研究。结果显示，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

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，还北上扩散到中国北部。上述推测受到线粒体基因组和核

基因组数据的共同支持。系统发育网络分析表明，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分析显示，源于东南亚的种类和栖息地泛化的种类在近期种群增长现象显著，潜在分布区在未来可能进一步扩张；中高海拔分布种类和狭域种类出现种群大小下降现象，潜在栖息地范围在未来有缩减趋势。较特殊的一点是，分布海拔最高的灰腹鼠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)。

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1个基因受到正选择；与灰腹鼠有一定分布区重叠的冯氏白腹鼠有6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。上述结果表明，灰腹鼠在基因组水平上产生了显著改变以适应青藏高原的环境。

研究结果显示，“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及人类健康带来潜在的风险。

该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研究员杨奇森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、中科院昆明动物研究所等单位合作完成。相关研究成果以 *Demographic history and genomic response to environmental changes in a rapid radiation of wild rats* 为题，发表在 *Molecular Biology and Evolution* 上，动物所副研究员葛德燕和博士 Anderson Feijo 为论文的共同第一作者。研究工作得到第二次青藏高原科学考察相关任务和专题、英国皇家学会牛顿高级研究者基金和国家自然科学基金的支持。

[论文链接](#)

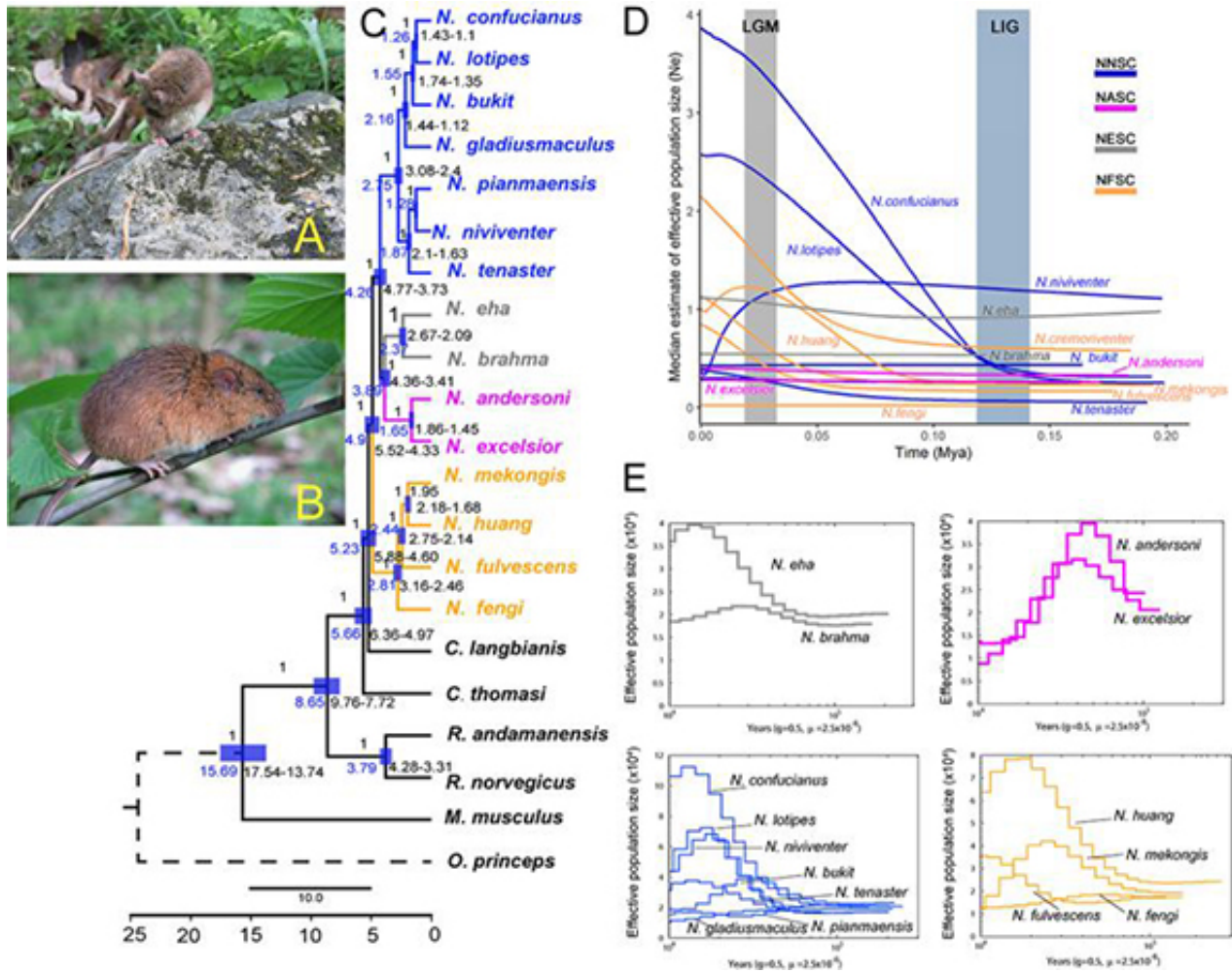


图1.白腹鼠属的系统发育关系与分化时间和不同种团代表种类的种群演化历史推断。A-B.白腹鼠属代表种类生态照片：A.安氏白腹鼠（*N. andersoni*），B.华南针毛鼠（*N. huang*）（拍摄人：葛德燕）；C.基于基因组单拷贝基因对的SNP位点重建属内物种间系统发育关系并推算物种分化时间；D.基于多样本短标记的扩展贝叶斯天空曲线分析种群历史动态；E.基于单样本基因组杂合位点分析种群历史动态

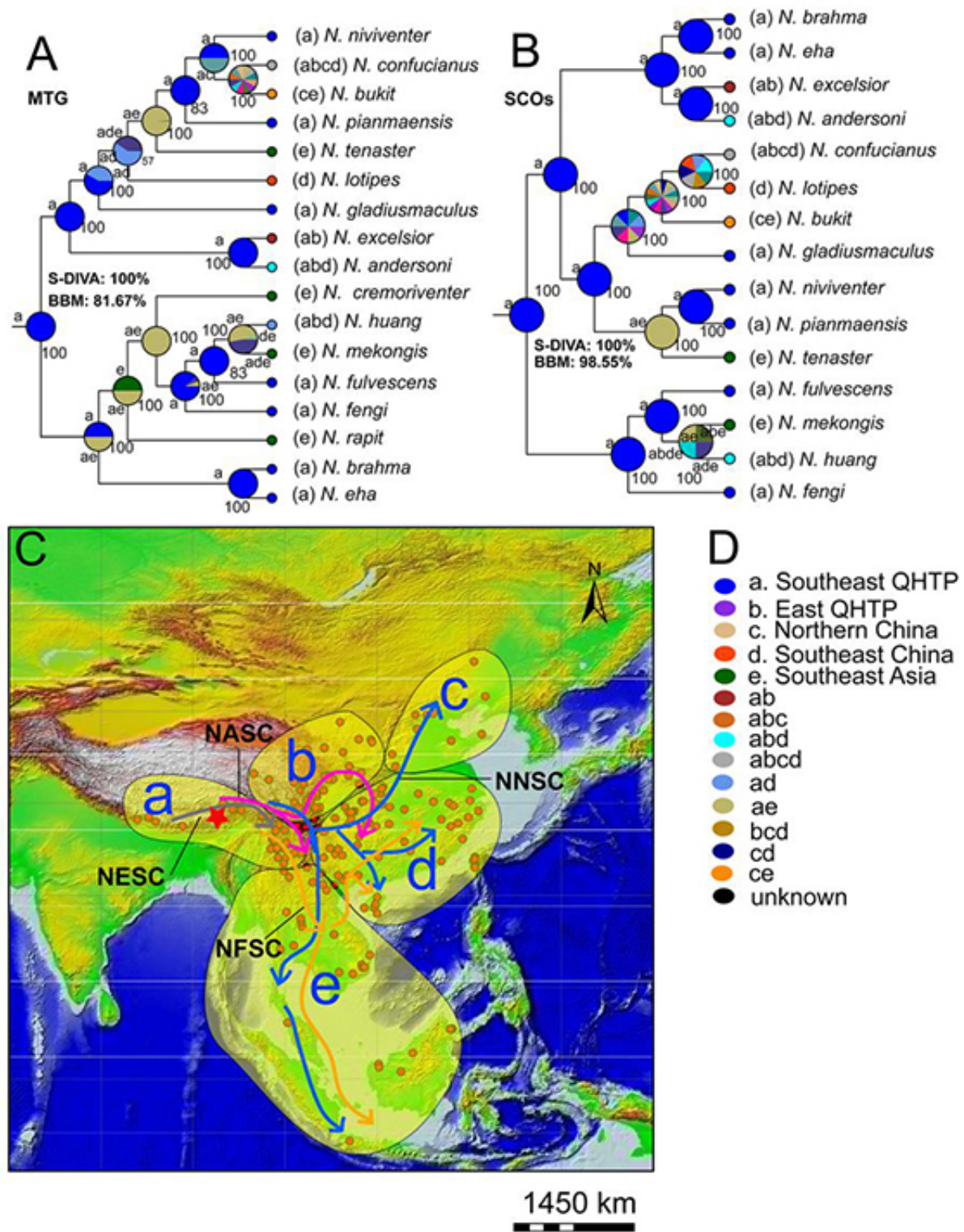


图2.白腹鼠属生物地理进化历史推断。A.基于线粒体基因组数据推断地理进化历史；B.基于全基因组单拷贝基因数据推断地理进化历史；C.白腹鼠属内生物地理进化历史的四种模式；D.A-B图例

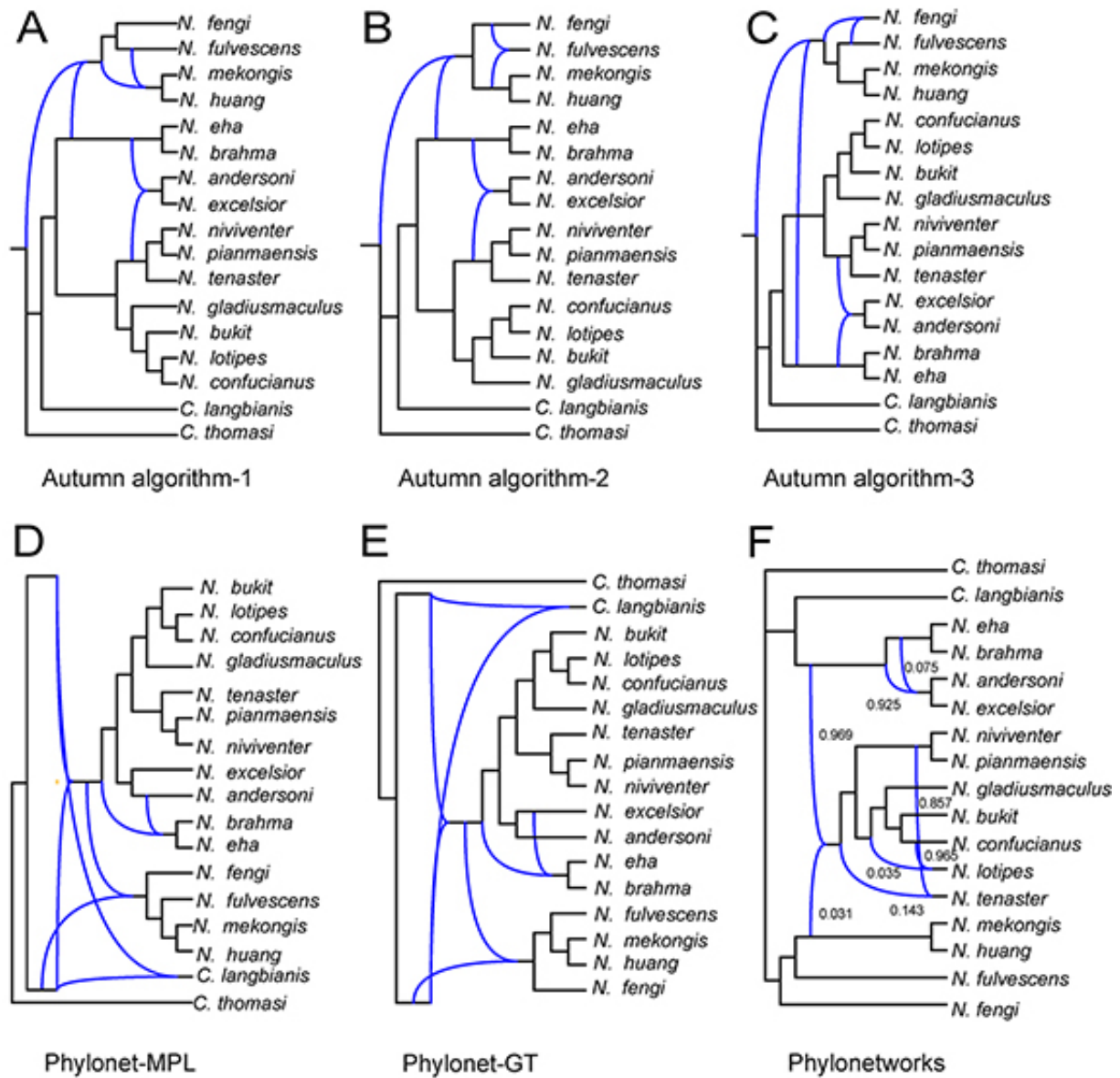
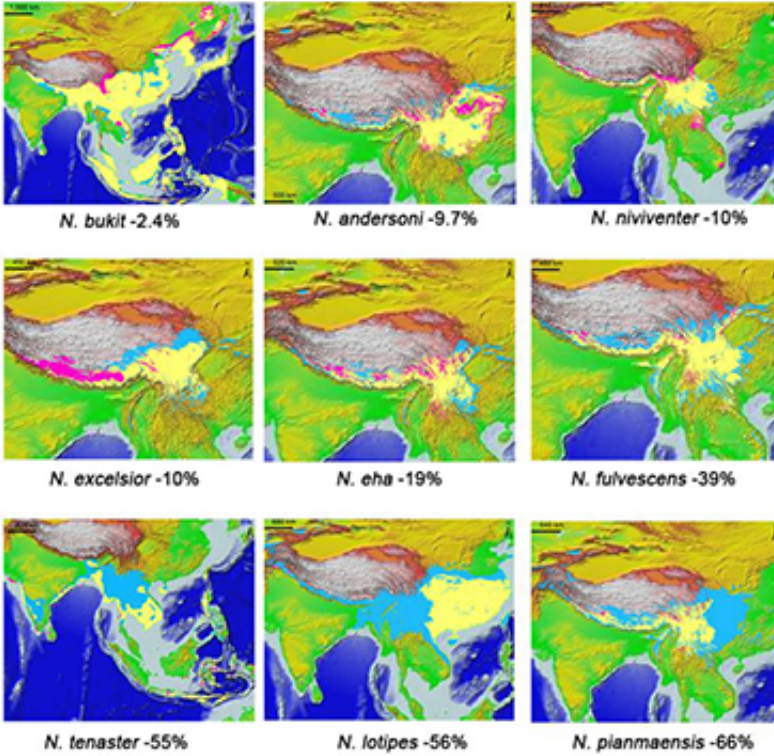


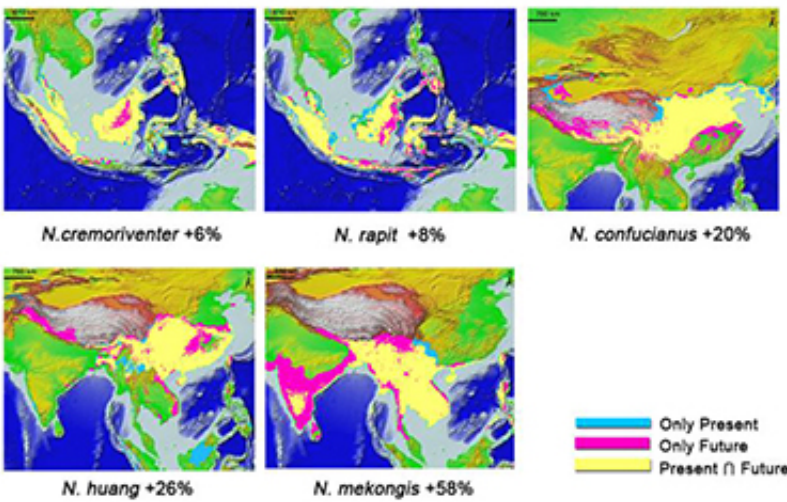
图3.使用不同方法推测白腹鼠属种间的系统发育网络关系

A

Shrinking range



Expanding range



B

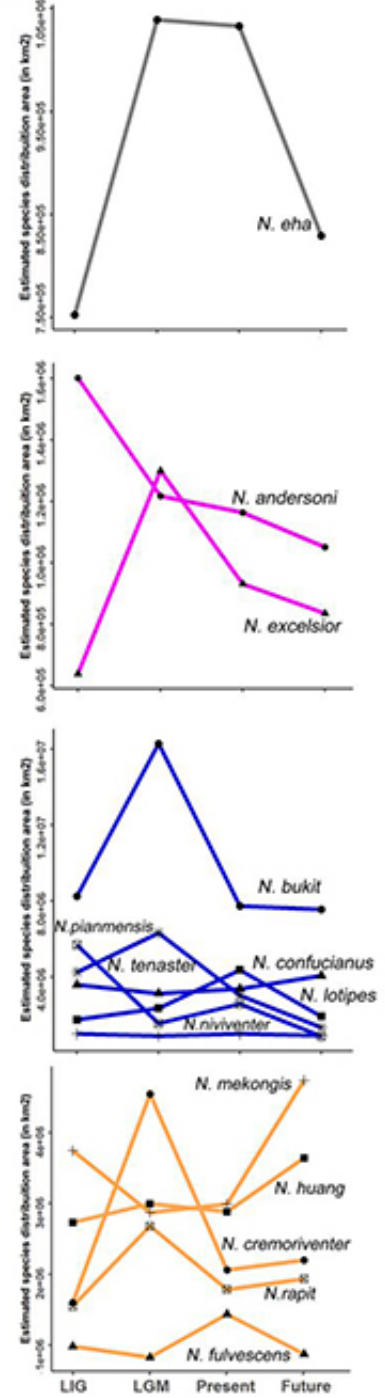


图4.白腹鼠属不同历史时期和未来潜在栖息地变化情况。A.白腹鼠属主要代表种类当前和未来潜在栖息地对比；B.白腹鼠属主要代表种类不同历史时期潜在栖息地面积大小变化对比

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/>

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