
动物所等揭示我国主要家栖害鼠-黄胸鼠分布区向北方区扩展的路线和机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/16043.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！

近日，中国科学院动物研究所与中国疾病预防控制中心等多个单位合作在Molecular Ecology上发表了题为Genomic analysis unveils mechanisms of northward invasion and signatures of plateau adaptation in the Asian house rat的研究文章。研究人员利用种群基因组学和转录组分析探索主要家栖性害鼠黄胸鼠（Rattus tanezumi）分布区在我国迅速向高纬度高海拔地区扩展的路线和适应机制。

黄胸鼠是我国分布最广的家栖害鼠之一，对农业及工业生产的危害很大，也属重要的疫源媒介害鼠之一。这种鼠过去主要在我国南方地区分布，近几十年，尤其在20世纪90年代以来，其分布区迅速向我国北方及高纬度地区扩展，现已入侵到河北省中部、天津、山西省中北部，甚至青海、西藏拉萨、甘肃河西走廊等地，并部分或全部取代当地的近缘种褐家鼠（Rattus norvegicus），在很多地区成为北方家栖鼠的优势种群，对当地造成新的鼠害威胁。尤其在青藏高原边远地区（西宁等），原有的褐家鼠种群也被黄胸鼠大量取代，在西藏拉萨地区至今没有褐家鼠种群定殖。为了探索黄胸鼠扩散和入侵的路线和模式，揭示低氧适应能力对其高原地区入侵成功并取代高原边缘地区原有的褐家鼠的影响，该研究团队利用基因组和转录组等一系列手段对北扩黄胸鼠的入侵机制及其高原低氧环境的适应性分子基础进行了研究。

研究团队首先对黄胸鼠的基因组进行组装测序，得到的基因组大小为2.51Gb。进一步对采自全国各地的33个黄胸鼠样本的基因组进行重测序分析，基于它们之间的变异位点对北扩群体的遗传特征、定殖模式、入侵路径以及本地适应的分子基础进行了全面深入的研究。群体基因组分析显示，北扩入侵的黄胸鼠明确分为西北和华北两个独立群体，表明其北扩入侵是多起源的。同时，研究人员发现两个北扩黄胸鼠群体的定殖模式是截然不同的：西北群体为经典入侵定殖模式，即具有较低的遗传多样性和显著的遗传分化；华北群体则具有较高的遗传多样性和较弱的遗传结构，其并未与南方原始群体发生显著分化，同时与南方群体之间存在明显的基因渗透现象。进一步分析表明，G蛋白偶联受体活性和碳水化合物代谢相关基因在黄胸鼠北扩过程中受到了强烈的自然选择。此外，通过对黄胸鼠高原群体的选择性清除分析，发现缺氧应答和血管生成等相关基因在黄胸鼠高原群体中受到了强烈的自然选择，并且RTN4可能是其适应高原环境的一个关键基因。

研究人员进一步利用模拟的急性缺氧实验模型，测试黄胸鼠和褐家鼠对低氧的生理耐受性，以及其肝脏、肺等转录组表达水平的适应性变化。结果表明黄胸鼠相较于褐家鼠表现出更好的生理耐受性，而且黄胸鼠在缺氧处理前后出现了更多的差异表达基因（包括RTN4），这些基因主要与缺氧应答、血管生成和脂肪酸代谢等活动有关。

该项研究首次从基因组水平上初步揭示了我国重要害鼠--黄胸鼠北扩入侵的分子机制及其定殖模式，该研究同时结合基因组、转录组以及行为生理实验共同探究了黄胸鼠高原低氧环境下的适应性机制，为防控这种害鼠的进一步入侵提供了参考。

研究成果得到国家基金委重大项目，北京市自然基金项目、中科院STS项目等项目的支持。

[论文链接](#)

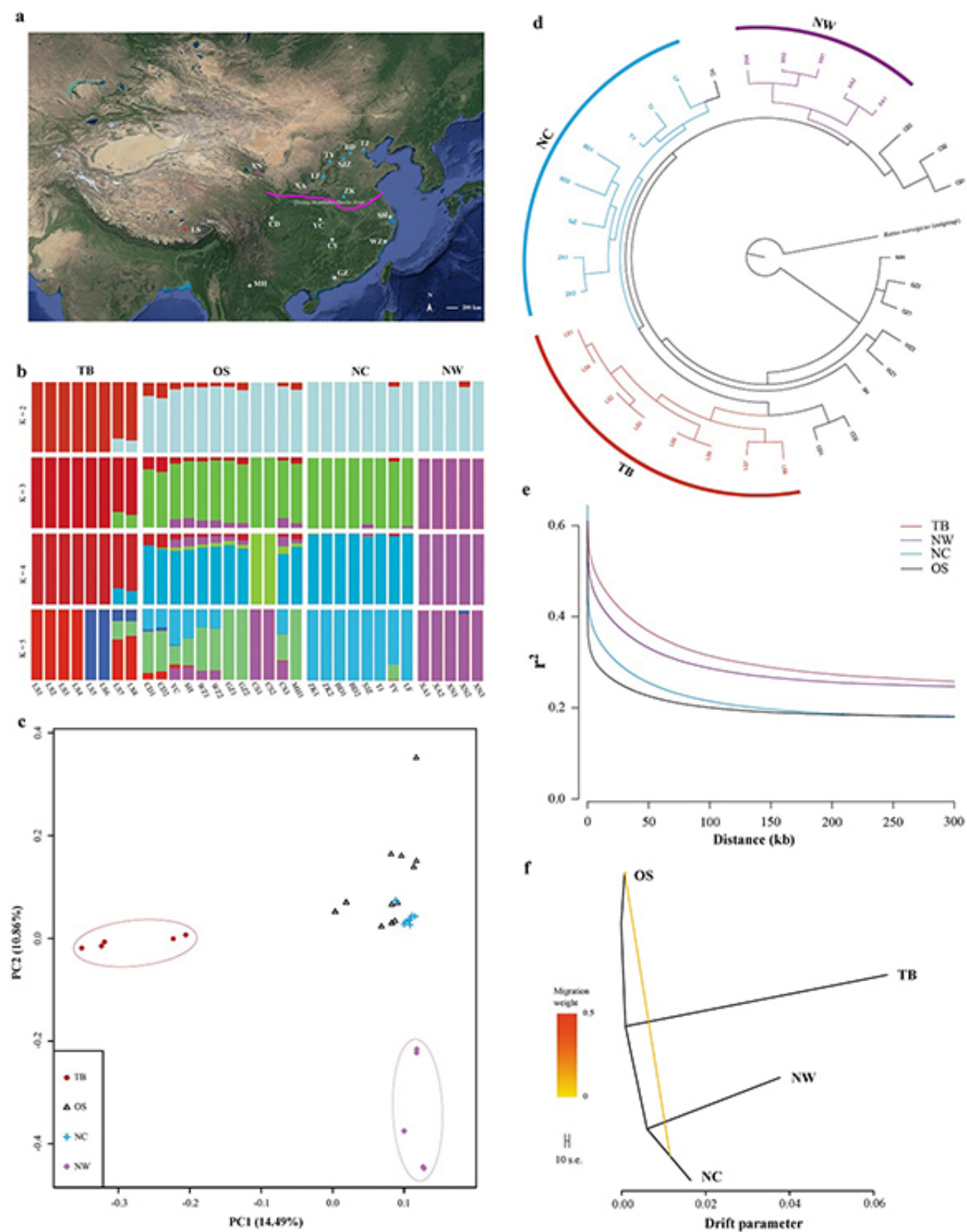


图1. 黄胸鼠北扩群体的遗传特征及其入侵定殖模式

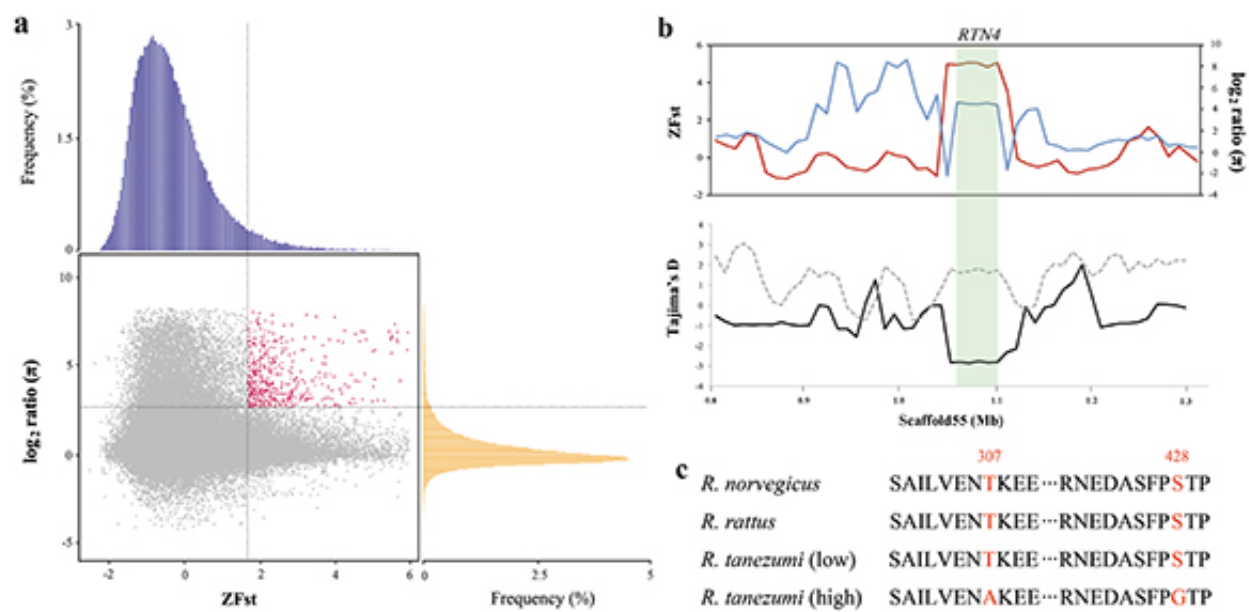


图2. 黄胸鼠高原适应的分子基础

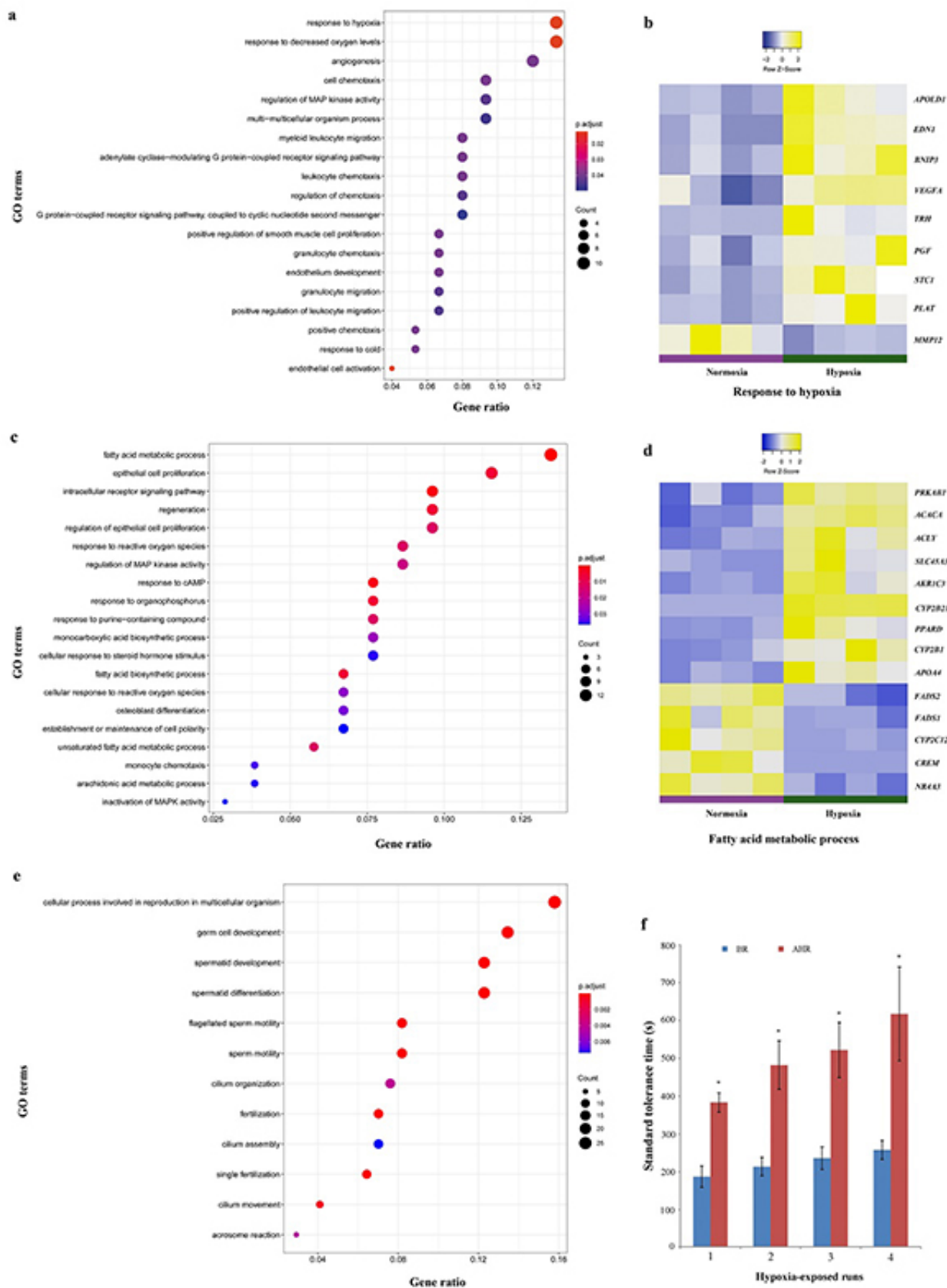


图3. 急性缺氧条件下黄胸鼠和褐家鼠生理耐受性和转录组表达水平的分析比较

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