科学家揭示猎隼青藏高原适应的遗传机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/20632.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！

科学家揭示猎隼青藏高原适应的遗传机制。
青藏高原被称为“世界第三极”，与北极地区具有相似的极寒气候，栖息于两地的某些哺乳动物展现出相似的低温适应表型（如厚重的毛发、庞大的体型等）。那么，是否存在两极地物种间与低温适应相关的基因流动？除低温外，高原动物还面临低氧、强紫外（UV）辐射等极端环境的生存挑战。既往关于高原动物的适应性进化的研究多围绕低氧适应，而对低温、强UV环境的适应机制所知甚少。

10月27日，中国科学院动物研究所詹祥江实验室在国际综合期刊《自然-通讯》（*Nature Communications*）上，在线发表了题为*Arctic introgression and chromatin regulation facilitated rapid Qinghai-Tibet Plateau colonization by an avian predator*
的研究论文。该研究结合多组学分析和功能实验，首次发现了北极近缘物种对于青藏高原动物适应性进化的遗传贡献，并系统性地探讨了高原动物如何适应低温、低氧、强UV胁迫的遗传机制。

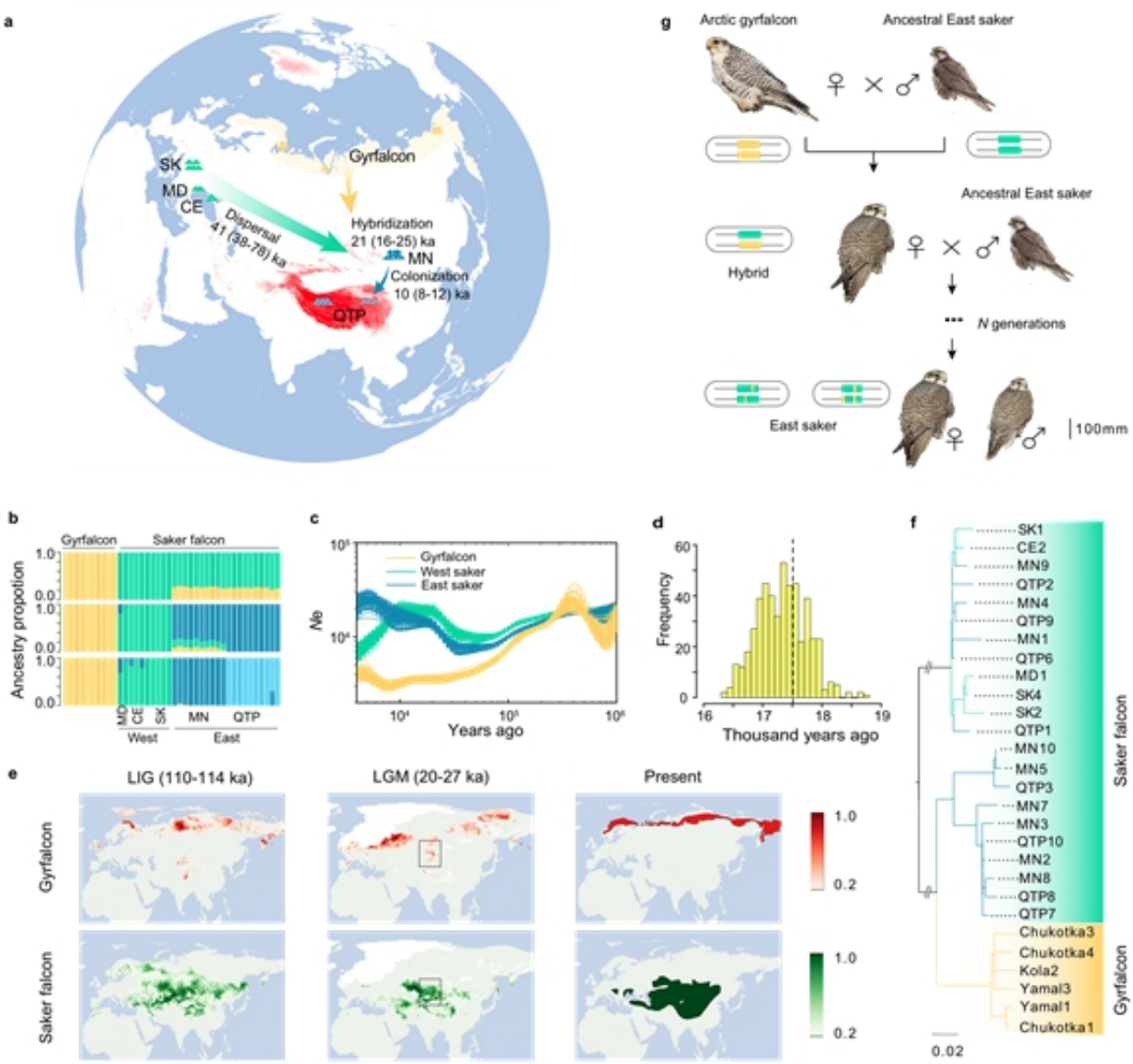
猎隼（*Falcocherrug*
），是青藏高原的代表性猛禽，广泛分布于欧亚大陆和北非的内陆草原和丘陵地区，以及我国新疆、内蒙、东北等地区。而它的近缘种矛隼（*F.rusticolus*
）现在主要栖息于北极和亚北极地区的冻土苔原和森林苔原地带。该研究主要基于三代测序技术，组装了染色体水平的猎隼基因组；同时，对源自欧亚大陆的三大主要繁殖地的30只猎隼个体以及欧亚北极地区的10只矛隼个体进行种群基因组学研究。研究发现，东部猎隼种群中超过20%的等位基因位点来源于矛隼渗入（Introgression）。研究人员对两者历史栖息地模拟发现，末次盛冰期（LGM）时期矛隼从北极向南迁移，在西伯利亚南部与猎隼发生杂交，其婚配方式主要以雌性矛隼与雄性猎隼杂交为主。种群遗传学研究揭示，猎隼逐步扩散至青藏高原的可能路线是：约4.1（3.8-7.8）万年前，猎隼从中欧地区扩散到亚洲东部；LGM时期，东部猎隼种群与矛隼杂交；约1.0（0.8-1.2）万年前，猎隼种群从蒙古拓殖至青藏高原地区。这使得科研人员能够探索猎隼在青藏高原快速的适应性进化过程。

在低温适应方面，研究发现生活在寒冷地区的高原猎隼比西部猎隼体型更大、体重更重，这一现象符合贝格曼
法则。科研人员在高原猎隼
基因组中发现了两个相关的渗入基因——*SCMH1*和*SCARB1*。*SCMH1*
内含子上的渗入片段具有更强的抑制效应，使基因表达下降，进而可能使其下游与身体发育相关的*HOX*

基因表达上调，引起猎隼体型增大。
此外，渗入型的SR-B1^{P121L}（由*SCARB1*
编码）氨基酸突变，利于高原猎隼清除血液中更多的胆固醇，降低寒冷条件下脂质增加的负效应。由此可见，从北极近缘种中渗入的关键基因，有助于猎隼更好地栖息于青藏高原的低温环境。在低氧适应方面，研究利用基因组、三维基因组和转录组分析发现，高原猎隼基因组中一段受选择最强的区域（500 Kb），折叠成一个拓扑结构域（TAD），使得该区段内的调控元件与血红蛋白基因间的互作增强，促进血红蛋白表达量显著升高，响应低氧压力。在强UV适应方面，研究通过
比较羽毛
的反射光谱发现，
高原猎隼呈现更深的羽色。基因组上
与色素沉积相关的基因*ASIP*
的一段内含子区受到正选
择。高原型片段的增强效应减弱，因而减少了*ASIP*
基因的表达，促进真黑色素的合成，这可能减少了UV对高原猎隼的损伤。

该研究聚焦于高原动物适应极端环境的遗传机制，运用基因组学、表观基因组学和功能基因组学技术，阐明了猎隼快速拓殖青藏高原的过程，发现了由北极姊妹种矛隼渗入的2个低温适应关键基因，并揭示了非编码区突变在低氧、强UV适应相关基因表达调控中的重要作用，为动物适应高原极端生境提供了新见解。该研究由动物所主导，蒙古野生动物科学与保护中心、斯洛伐克猛禽保护中心、俄罗斯科学院乌拉尔分院等单位合作完成。研究工作得到国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项、第三次新疆综合科学考察、第二次青藏高原综合科学考察研究、三江源国家公园等的支持。

论文链接



猎隼逐步拓殖到青藏高原

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转发