

---

# 研究揭示对环境高度敏感的鼠兔类群在不同时间尺度杂交事件的基因组学效应和进化响应

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/21481.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！

研究揭示对环境高度敏感的鼠兔类群在不同时间尺度杂交事件的基因组学效应和进化响应。在当今保护生物学领域，如何保育栖息地片段化不断加剧的濒危物种和地理小种群受到了学者的高度关注。人为辅助为地理隔离的种群提供与同种异域种群甚至是姐妹种杂交的机会，能够促进基因流动，即遗传拯救（genetic rescue），被认为是颇具潜力的有效物种保育手段。已有研究表明，杂交能够提高遗传多样性，促进新物种的分化和形成；同时，杂交也可能通过引入受体种群不兼容的遗传成分造成近交衰退和远交衰退，对受体种群在经历瓶颈效应以后的种群大小恢复产生负面影响。近交衰退在杂交后短期内出现不育、生殖力下降等现象能够被观测到，但远交衰退则可能会在杂种优势、超亲本进化等事件发生以后，经过很多代的持续繁衍才能展现出来。杂交事件究竟给基因组带来怎样的影响？杂交后不同的时间可能在基因组上留下怎样的印记？何种环境会造成受体种群大小的急剧下降？探明这些重要科学问题亟待自然种群的研究证据。

鼠兔类群在中新世早期至中期高度繁荣，但从中新世晚期以来经历了大量物种的灭绝和大范围的栖息地丧失，目前仅剩一个子遗属，即鼠兔属（*Ochotona* spp.）。鼠兔现生种主要分布在青藏高原及周边高海拔的森林和草甸，仅有少数种类存活于中亚和北美的高山环境。前期基于基因片段的研究显示，该属中的鼠兔亚属核基因树和线粒体基因树存在明显的冲突，暗示不同种间可能存在广泛的基因流动。因此，鼠兔属动物成为探究上述科学问题的理想材料。

最近一项研究对鼠兔亚属六个近缘种进行群体水平的全基因组测序（ $n=142$ ）和分析，揭示了古基因渗透、谱系置换和双向渗透等近缘种间杂交的几个不同阶段同时存在于这一类群中（图1）。总体来看，由高原中心优势种高原鼠兔（*O.*

*curzoniae*

）向周边物种的基因流强度最大。贯穿整个更新世的基因渐渗历史显示，杂交导致受体种群一开始遗传变异增加，但随后总体遗传变异逐渐减少，仅有少量关键基因区段在受体种群中得以固定下来。此外，杂交信号强烈的种群遗传载荷显著高于杂交信号弱的种群。外缘基因渗入可能促进了三个青藏高原周边物种藏鼠兔（*O. thibetana*），间颅鼠兔（*O. cansus*）和奴布拉鼠兔（*O.*

*nubrica*

）和高原中心物种高原鼠兔的种群大小恢复，这些种在气候波动后经历了物种分布范围变化。然而，杂交事件

未能推动分布于青藏高原东

北缘至蒙古和俄罗斯南部的达乌尔鼠兔（*O. dauurica*）和青藏高原东南缘锡金鼠兔（*O.*

*sikimaria*

）在经历瓶颈效应以后的种群恢复（图2）。前者的栖息地受到显著的人为影响并遭受剧烈的环

境变迁，而后者则是受到地理限制被高度隔离的物种，仅在中印边境狭小的区域中生存，但同样受到环境变化的强烈影响。该研究强调了杂交产生的基因组学效应在不同时间尺度和环境背景下的差异，突显了青藏高原在保护天空岛物种关键进化过程中所发挥的重要作用；揭示了只有在环境相对稳定的情况下杂交才利于种群的恢复，而在扰动强烈的区域杂交甚至可能加速物种的灭绝。此外，研究鉴定出的杂交域同时承载了其他生物类群杂交事件发生，这些区域因此具有重要的保护生物学潜在价值。

相关研究成果在线发表在Molecular Biology and Evolution

上。这一研究由中国科学院动物研究所动物进化与系统学国家重点实验室兽类学研究组、北京大学、俄罗斯科学院生态与进化研究所、英国帝国理工学院、中科院成都生物研究所、中国疾病预防控制中心合作完成。研究工作得到第二次青藏高原科学考察综合研究、国家自然科学基金等的支持。

[论文链接](#)

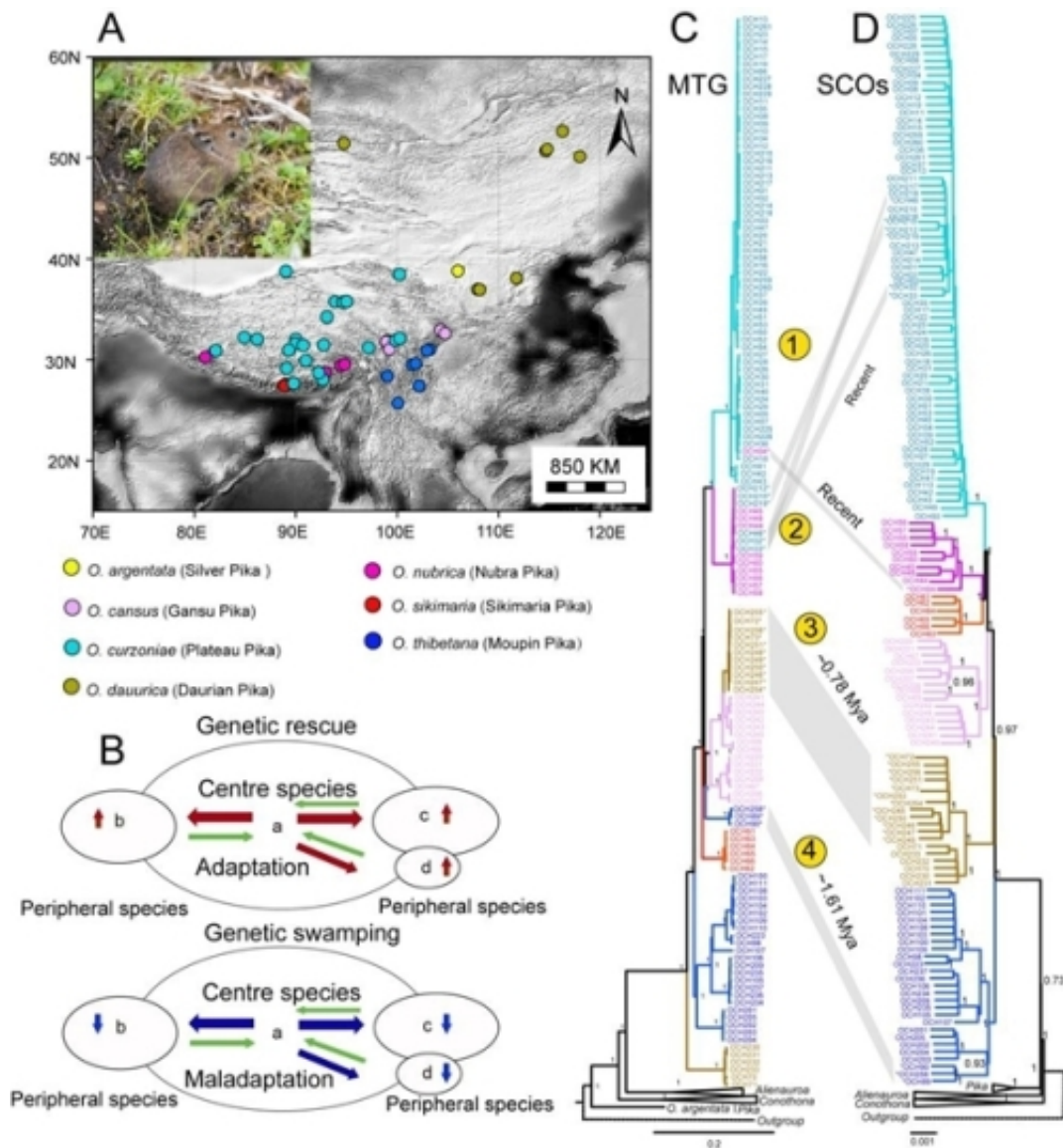


图1.鼠兔亚属全基因组测序样本的分布情况 (A)，关于杂交的两种不同假说 (B) 和鼠兔亚属种间显著的线粒体基因组与核基因组系统发育冲突 (C-D)。

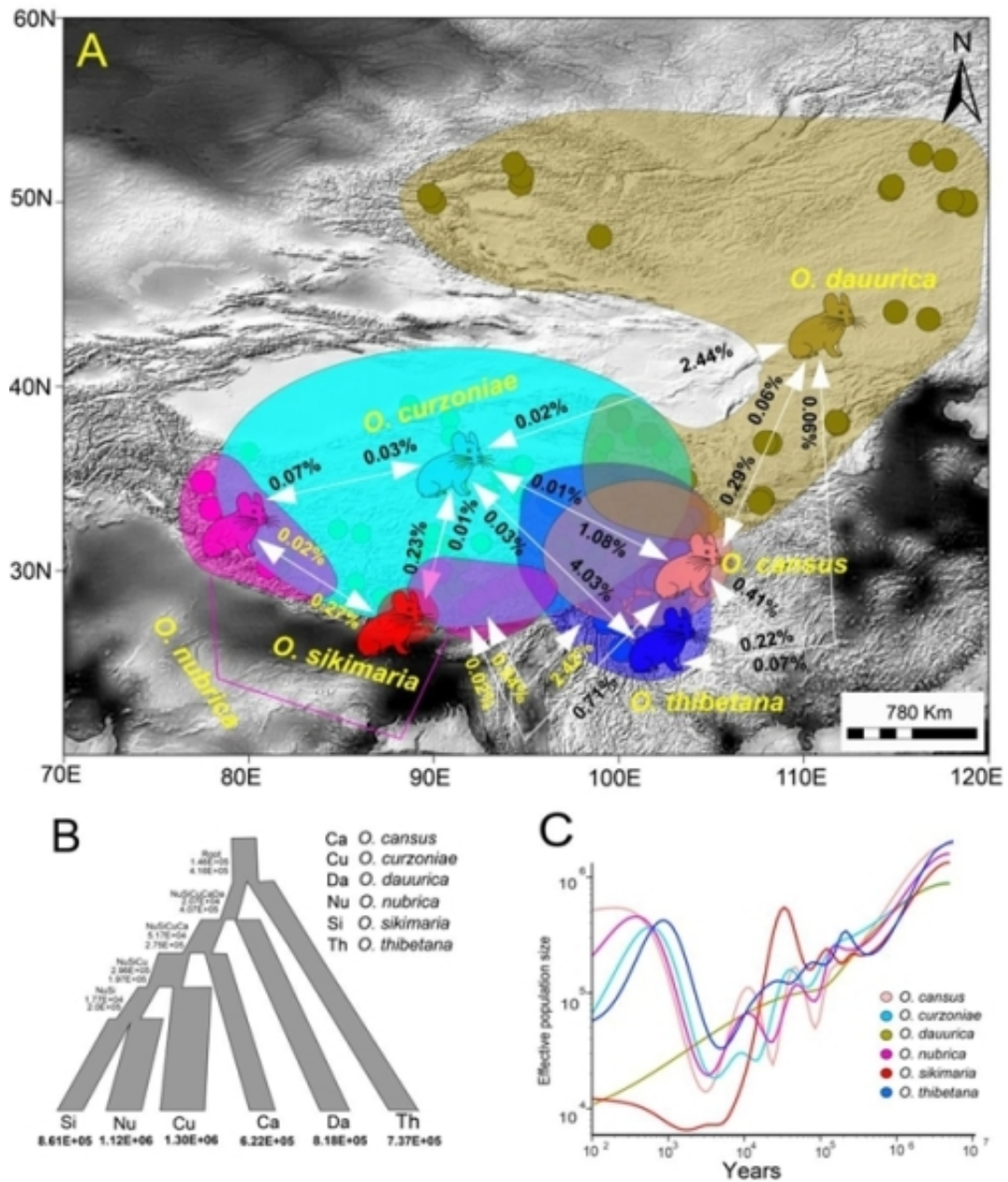


图2.鼠兔亚属六个近缘种间的基因流动 (A)、种群大小 (B) 与历史种群波动 (C) 推测。

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