
动物所等揭示中国野生猕猴环境适应的分子机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/2645.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！

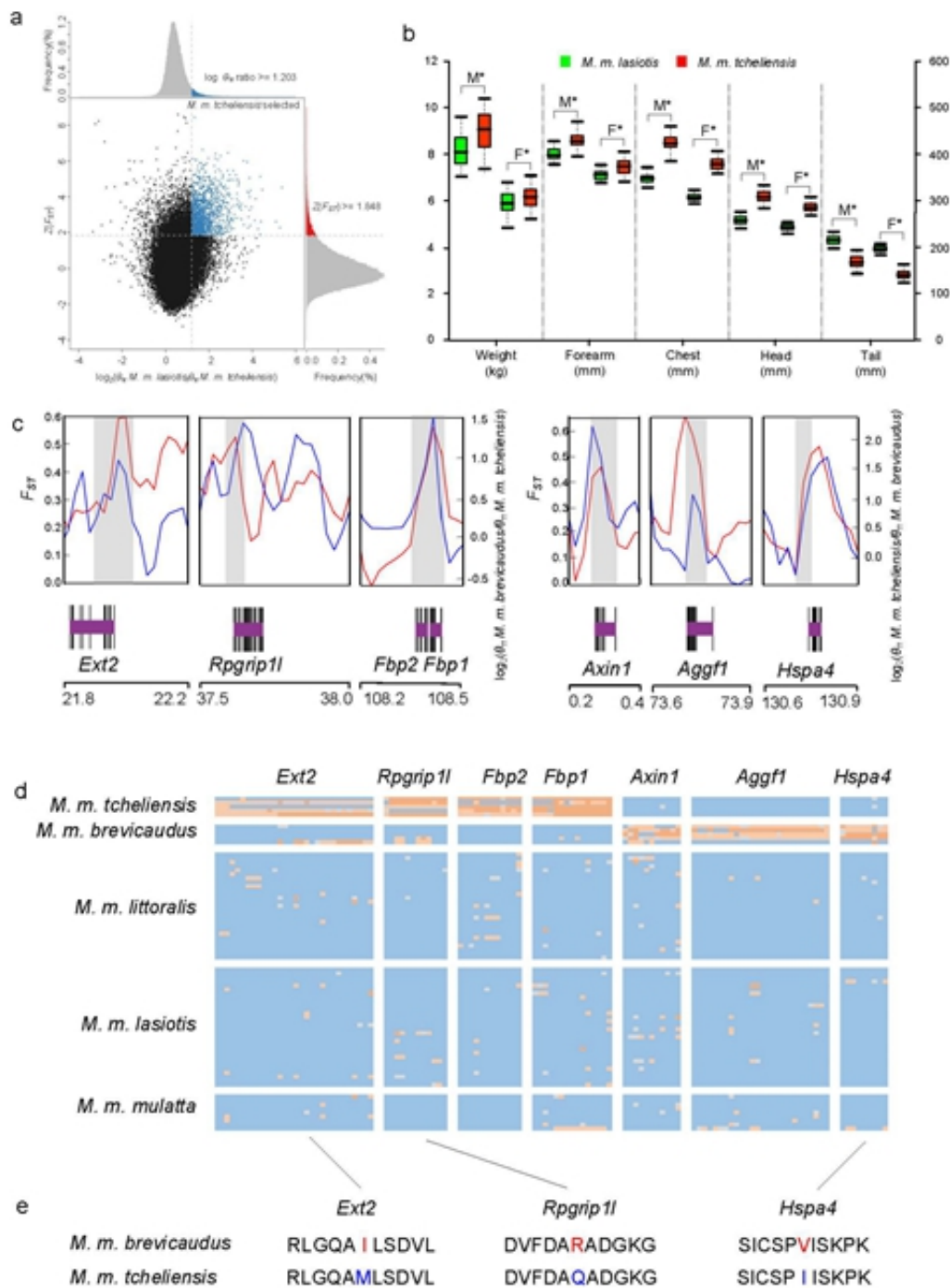
动物所等揭示中国野生猕猴环境适应的分子机制。猕猴(Macaca mulatta)属于灵长目(Primates)、猴科(Cercopithecidae)、猴亚科(Cercopithecinae)、猕猴属(Macaca)物种，是分布最广的一种非人灵长类，其栖息环境多样化，使它们成为研究非人灵长类动物适应性进化的最佳模型，且由于猕猴在生理上与人类的极大相似性，其在认知和生物医学研究中被广泛应用。

中国科学院动物研究所灵长类生态学研究组与英国卡迪夫大学等单位合作，利用二代测序平台(Illumina HiSeq2000、Illumina HiSeq2500)，对81个分布于中国境内17个采样点的野生猕猴个体进行了全基因组深度重测序，并通过种群基因组学分析，揭示了中国野生猕猴不同亚种的种群遗传结构和演化历史，解析了不同猕猴种群适应极端气候环境的分子机制，并预测了和人类疾病相关的突变位点，从而为生物医学研究提供了基础资料。

该研究首次针对中国野生猕猴进行种群基因组学分析，基于53M常染色体单核苷酸多态位点(SNPs)，对81个猕猴样本进行种群遗传结构分析，确定了不同亚种的系统发育关系，并基于PSMC和fastsimcoal2的模拟，揭示了在与印度猕猴分化后中国猕猴祖先种群进入中国并发生分化而形成目前分布格局的历史过程。同时该研究也通过基因组的选择消除分析，分别对分布于最南端的猕猴海南亚种(M. m. brevicaudus)和最北端的猕猴华北亚种(M. m. tcheliensis)的环境适应性进行了深入分析，在基因组的水平上阐明了其适应不同环境的分子机制。此外，该研究还在中国猕猴中检测到118个和人类疾病相关的SNPs位点，其中大部分位点为亚种特有或者部分亚种特有，表明不同地理分布的猕猴种群在生物医学研究中可能出现不同的结果，也为日后生物医学研究中模型选择提供了一些参考信息。

该项工作以Population genomics of wild Chinese rhesus macaques reveals a dynamic demographic history and local adaptation, with implications for biomedical research 为题于8月27日发表于GigaScience(doi: 10.1093/gigascience/giy106)。动物所副研究员刘志瑾、博士研究生谭鑫鑫与卡迪夫大学博士Pablo Orozco-terWengel为论文共同第一作者，动物所研究员李明和卡迪夫大学教授Michael W. Bruford为论文共同通讯作者。该项研究得到国家自然科学基金重点项目(31530068)和创新群体项目(31821001)、中科院战略先导项目(XDB31000000, XDA19050202)以及国家重点研发项目(2016YFC0503200)的资助。

文章链接



动物所等揭示中国野生猕猴环境适应的分子机制

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