

---

# 研究揭示决定现代物种遗传多样性关键因素

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/38500.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！*

**研究揭示决定现代物种遗传多样性关键因素。**

长期以来，学界关于遗传多样性分布的主导机制主要存在两大观点：一方强调当代生态与生活史特征的作用，另一方则认为历史种群过程具有决定性影响。这一争议直接影响人类对物种适应环境变化能力的预测与保护策略的制定。

近日，中国科学院昆明动物研究所领衔的科研团队，通过对喜马拉雅—横断山区120种鸣禽的大规模种群基因组比较分析，为长期存在的遗传多样性决定机制争议提供了关键实证。研究结果表明，历史种群过程，而非当代生态或生活史特征，对现今物种遗传多样性具有决定性影响。

研究团队通过标准化分析流程构建了喜马拉雅—横断山脉地区120种鸣禽的高质量基因组数据集。群体基因组比较分析显示，不同物种的遗传多样性差异显著——全基因组杂合度最高相差6.5倍，核苷酸多样性最高相差16.4倍。进一步分析发现，这些差异与物种当前种群数量、海拔分布、生活史特征等现代因素均无显著关联。相反，晚更新世期间的历史有效种群大小成为预测当代遗传多样性的唯一显著指标：历史上种群规模较大的物种，至今仍保有更高的遗传多样性。

该研究从宏观实证角度揭示了数万年前的气候动荡如何持续塑造现今物种的遗传组成。研究提示，由于遗传多样性积累缓慢，仅关注物种当前生存状态不足以保障其长期进化潜力。因此，保护策略需重视物种的历史遗传背景，将“深度历史”纳入生物多样性评估框架，从而更有效地提升生物类群应对未来环境变化的进化潜力。

相关研究成果以Pleistocene demographic histories dominate contemporary genomic diversity in a continental radiation of Himalayan – Hengduan

songbirds为题，发表在《美国国家科学院院刊》（PNAS）上。

研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金委、中国科学院及云南省科技厅等的支持。

[论文链接](#)

---

喜马拉雅—横断山区120种鸣禽的全基因组核苷酸多样性 ( ) 与杂合度 (h)

---

喜马拉雅—横断山区120种受测鸣禽基因组多样性的影响因素及其效应

---

120种鸣禽长期有效种群大小 ( $N_e$ ) 与遗传多样性之间的关系

研究团队单位：昆明动物研究所

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](http://www.iikx.com)转发