
研究发现青藏高原冰川湖泊裂腹鱼的遗传和表达模式

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/8375.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！

生物对环境的适应是进化生物学研究的基础问题，也是生态学研究的热点。然而，饱受争议的科学问题是：生活在同一区域内的物种能否在演化过程中分化出新的物种(同域分化)？尽管一些证据表明物种的分化是以这种方式发生的，但是关于分化过程中基因的表达模式和种群遗传学特征知之甚少。

为了探讨上述科学问题，中国科学院水生生物研究所研究员何舜平团队与西北高原生物研究所研究

员赵

凯合作，

对青藏高原冰川湖

泊同域分化裂腹鱼的遗传和表达模式进行研究。研究论文“ Transcriptome-Wide Patterns of the Genetic and Expression Variations in Two Sympatric Schizothoracine Fishes in a Tibetan Plateau Glacier Lake ” 在进化生物学专业期刊Genome Biology and Evolution 杂志上在线发表。

青藏高原冰川贫营养型湖泊浪错，特有两种鱼类朱氏裸鲤(*Gymnocypris chui*)

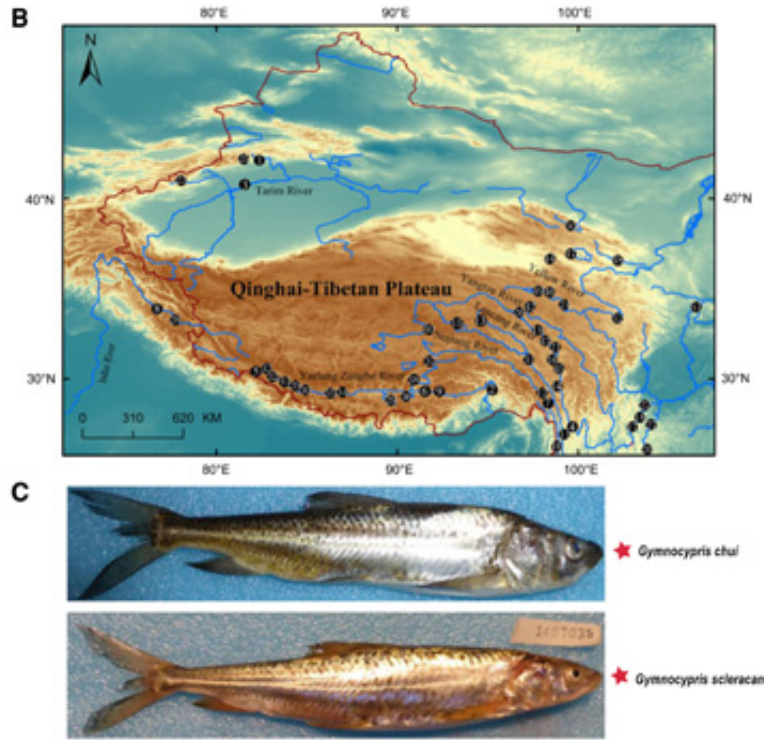
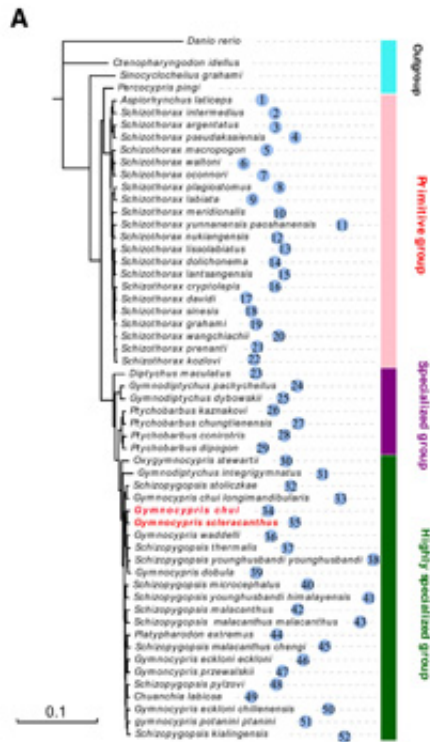
和拉孜裸鲤(*Gymnocypris*

scleracanthus

)具备了物种在同域条件下的起源标准。研究人员通过不同组织转录组的比较分析，发现种内和种间器官的表达模式存在差异，同时系统发育分析表明这两种同域分布的类群形成了单系复合体。使用非度量多维尺度NMDs统计学算法分析，科研人员发现不同器官聚类在一起，并不是按个体聚类的。系统进化NJ树与主成分分析都显示种群间存在明显的遗传差异，相比较之下拉孜裸鲤的遗传多样性要比朱氏裸鲤的高。种群大部分的遗传分化系数FST值低于0.25，但是存在大量的SNP位点具有较高的FST值(0.25-0.50)，暗示着部分基因座表现出了很深的遗传分化。进一步的演化选择压力的分析和功能富集分析揭示了两个种群间的生物学差异，差异表达基因和正向选择基因主要富集于代谢、营养和形态发育相关通路上。科研人员推测朱氏裸鲤和拉孜裸鲤在贫营养型湖泊中存在同域食物竞争，最终占据不同的生态位(食性差异)。

该研究工作由博士生陈娟和水生所副研究员杨连东等人完成，水生所为第一完成单位，何舜平与赵凯为共同通讯作者。该研究得到国家自然科学基金委员会重大研究计划、中科院科技先导专项B以及水生所等资助。

[文章链接](#)



研究团队单位：水生生物研究所

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