



昆明动物所哺乳动物分子系统地理学研究取得新进展

文章来源：昆明动物研究所

发布时间：2012-02-10

【字号：小 中 大】

喜马拉雅-横断山地区是世界性的生物多样性热点地区之一，也是中国西南山地生物多样性热点地区生物多样性保护优先区。该区域有着地球上最复杂水系、山系和复杂的地质历史，其独特的自然地理条件使该区域成为中国乃至世界各种自然资源最富集的地区之一，同时又保存着若干本区特有的生物类群，使其成为若干生物演化的中心，形成了自身的生物多样性特色，构成了一座生物资源丰富的物种基因库。青藏高原地形的改变和横断山脉的走向被广泛认为是影响我国西南地区物种空间分布和遗传多样性因素的重要因素。因此，喜马拉雅-横断山地区不仅是动物孑遗的重要避难中心，还是研究生物地理学很好的模式系统。但是，迄今，关于该区域地质历史事件和气候变迁如何影响生物遗传多样的研究却少有报道。

中国科学院昆明动物研究所遗传资源与进化国家重点实验室兽类生态与进化组的刘琦等研究生在导师蒋学龙研究员的指导下，以鼠科中最古老的属之一——姬鼠属 (*Apodemus*) 为研究对象，在喜马拉雅-横断山地区广泛采集姬鼠标本并收集相关采集地和标本生态信息，在查对姬鼠属种类的化石标本及其记录的基础上，以喜马拉雅-横断山地区特有的澜沧江姬鼠 (*Apodemus illex*) 为生物地理学研究模型，展开姬鼠属的起源与演化和生物地理学研究。基于中华姬鼠 (*A. draco*) 和澜沧江姬鼠 (*A. illex*) 的分类地位仍然广存争议，研究针对采集自喜马拉雅-横断山地区51个采集点共计203个中华姬鼠复合种群样品结合姬鼠属其他11个种进行了分子系统发育研究、松散分子钟估算和生物地理分析。

研究结果显示，澜沧江姬鼠和中华姬鼠是位于姬鼠属的分支末端的两个姐妹种；澜沧江姬鼠的独立地位得到验证，大约在上新世末期2.25个白百万年前与中华姬鼠独立分化开；澜沧江姬鼠在更新世中期的玉龙冰期以澜沧江为界，分化为东西两个大的支系；在更新世中晚期，澜沧江以西的种群又在丽江冰期以怒江为界分化为两个亚支系，澜沧江以东的种群也在同期分化为两个亚支系；在冰期前后，各种群存在以河谷为阻限的南北多次扩散。

研究结果表明，喜马拉雅-横断山地区复杂的地质地貌，尤其是水流湍急地纵谷对种群的隔离是造成这种小型啮齿类分化的主要原因。同时，古气候的变化是驱动该物种各亚支系的分化和扩散的重要因素；该结果也从分子生物地理学的角度暗示了喜马拉雅-横断山地区部分水系的形成先后假说以及河流袭夺假说，提示我们继续利用比较生物地理学研究方法探讨该复杂区域的地质历史、气候变迁对生物多样性的影响。

相关研究成果已在 *PLoS ONE* 发表 (Liu et al., *PLoS ONE* 7(2): e31453)。

[论文链接](#)

[打印本页](#)
[关闭本页](#)