

昆明动物所在鼯鼠亚科系统发育研究中取得新进展

文章来源：昆明动物研究所

发布时间：2013-11-05

【字号：小 中 大】

现生鼯鼠 (*shrew-like moles*) 栖息在中国西南的横断山系及周边地区，是鼯鼠科中最原始的一支。由于形态上的保守性和野外采样的难度，有关该类群生物系统学的研究仍十分有限。另外，现生鼯鼠的分布区是全球最重要的生物多样性热点地区之一。中新世以来的全球气候变化和频繁的地质运动造就了这一区域复杂的地理景观，极大塑造了特有类群的遗传格局。然而，该地区生物多样性的发生机制仍存在一定争议。因此，通过分子系统发育手段研究现生鼯鼠可以有效地联系起生物和地区两大模式系统，意义重大。

最新一期的 *BMC Evolutionary Biology* 杂志刊登了中科院昆明动物研究所蒋学龙研究组的近期成果 *Multilocus phylogeny and cryptic diversity in Asian shrew-like moles (Uropsilus, Talpidae): implications for taxonomy and conservation*。该研究第一次通过分子系统发育方法解决了鼯鼠亚科现生类群长期遗留的问题。通过对2个线粒体基因和8个核基因序列进行分析，构建了采自不同地区的鼯鼠样品的系统发育关系，并基于化石和分子校正点估算了物种分歧时间。

研究结果显示，现生鼯鼠的物种分化时间 (6.32–0.82Ma) 与中新世以来的气候变化和造山运动有强烈的对应关系，而目前主要的 pre-Pleistocene speciation 假说和 Pleistocene speciation pump 假说都不能较好地解释这一物种分化模式。与基因树的结果基本一致，基于溯祖理论模型 (Coalescent model) 构建的物种树认为目前认可的5个物种代表了10个进化上独立的支系，提示该类群的生物多样性被严重地低估。因为这些独立进化的支系 (有效种) 大都分布狭域，文章还从保护遗传学的角度建议它们的保护等级亟待提高。

该研究得到了国家自然科学基金 (31301869, 31272276)、中科院知识创新计划 (KSZD-EW-2-011) 和遗传资源与进化国家重点实验室 (GREKF11-03) 的资助。博士研究生万韬和助理研究员何锴为本文的共同第一作者。

[文章链接](#)



昆明动物所在鼯鼠亚科系统发育研究中取得新进展

