



科学家利用系统表型学构建出有胎盘类动物的共同祖先

文章来源：古脊椎动物与古人类研究所

发布时间：2013-02-20

【字号：小 中 大】

中国科学院古脊椎动物与古人类研究所倪喜军研究员参与的一个国际研究小组，利用世界最大的包含形态和遗传特征的数据集，重建了有胎盘类哺乳动物的共同祖先——这个多样性极高的动物类群包括了啮齿类、鲸鱼、人类等。在2月7日出版的《科学》杂志上发表的研究中，这些科学家揭示出，直到大约6500万年前导致非鸟恐龙和地球上差不多70%的物种灭绝的事件发生之后，有胎盘类哺乳动物的现生世支系才开始分化出来，这与以往普遍接受的理论相矛盾。根据他们的形象化重建，有胎盘类哺乳动物的祖先是一种小型的食虫的动物。这些结果都是借助了强大的基于云技术和开放的、被称为形态库的数据库才得以取得。《科学》杂志上发表的这篇文章是在美国国家科学基金会重建生命之树计划的资助下，经过多年的合作研究而取得的一项成果。

这项研究的主导作者、身兼纽约州立大学石溪分校医学院解剖科学系的副教授和美国自然历史博物馆客座研究员的莫琳·奥里里指出：“通过分析巨大的数据库，我们发现胎盘类哺乳动物并不是起源于中生代，象啮齿类和灵长类这些物种，并没有与非鸟恐龙同时生活在地球上，相反，它们都是在恐龙消亡之后的很短的时间里，共同起源于一种小型的、食虫的、善于跑跳的祖先。

用来构建生命演化树的数据有两种主要的类型：一种是表型数据，也就是可观察的解剖和行为特征；另一种是DNA所编码的基因数据。一些学者认为，构建强有力的系统树需要整合两种类型的数据，因为无论是基因数据还是表型数据，单一采用任何一种都会遗漏另外一类有效信息。研究有胎盘类动物的演化历史就是一个例子，分析的数据不同，结论就完全不同。一项领先的仅基于基因数据的分析推测，某些有胎盘类哺乳动物支系在晚白垩纪就已经存在，并且在白垩纪—古近纪界线附近的生物绝灭事件中得以幸存。另一些研究推测，有胎盘类哺乳动物的起源时间在白垩纪—古近纪界线附近，还有一些则认为完全是在生物绝灭事件之后。

“现生有胎盘类动物超过5100种，无论是体型大小、运动能力还是脑容量，都具有极高的多样性。”文章的作者、美国自然历史博物馆哺乳动物学系的研究馆员南希·西蒙斯这样说，“如此高的多样性，探讨这一分支最初出现和分化的时间与方式当然是非常有意义的。”

为了得到更完整生命之树，新的研究合并分析了基因和表型数据。

同是作者之一的美国自然历史博物馆资深副馆长兼科学主任、古生物学馆员迈克尔·诺瓦切克指出：“尽管在有关物种关系的研究中，DNA序列数据起到非常重要的作用，但是表型数据在直接构建树的过程中起到主要的作用。这些表型数据包括了保存在化石中的特征，而化石中保存DNA通常是不可能的。哺乳动物的化石记录非常丰富，我们当然不想丢掉化石中的直接证据来构建系统树。”

“发现生命之树就如同重建犯罪现场，故事发生在过去，你不可能重复”。奥里里这样来形容，“对于犯罪现场，DNA这一新工具增加了重要的信息，但是其它的实体线索，比如尸体也同样重要。在科学领域，化石和解剖结构就如同犯罪现场中的尸体，只有把所有的证据都结合起来才能对过去的事件做出信息量最大的重建。”

这项研究建立的生命之树显示，在白垩纪—古近纪生物绝灭事件之后，有胎盘类哺乳动物快速崛起，祖先的物种分化发生在绝灭事件之后的20到40年间。

“这比单纯依据基因数据推测的时间晚了3600万年”，做为作者之一的马塞洛·维克斯勒进一步指出。他现在已经是在巴西里约热内卢联邦大学国家博物馆工作，同时也是美国自然历史博物馆哺乳动物学系的客座研究员。

这项研究结果还与基于基因数据的、被称为“白垩纪陆地革命”的理论相矛盾。根据“白垩纪陆地革命”理论，发生在侏罗纪和白垩纪的冈瓦纳超大陆的解体，是有胎盘类哺乳动物物种分化的策动力。

“新的生命之树显示，冈瓦纳超大陆的解体，远远发生在有胎盘类哺乳动物的起源之前，是一个不相关的事件”。同是作者之一的、卡耐基自然历史博物馆哺乳动物学研究员约翰·威布尔这样解释。

做为研究的一部分，研究者利用形态库记录了包括40个化石种类的86种有胎盘类哺乳动物的表型特征。这个形态库主要受到国家科学基金会的支持，纽约州立石溪大学、美国自然历史博物馆、国家海洋和大气管理局也给予了额外的支持。最终的数据库包括的特征超过了4500个，不仅详细记录了包括翅膀、牙齿和特定骨骼存在与否、体表毛发类型以及脑中的结构等特征，而且还包括了超过12000个的图像。所有这些信息都已经在网上公开。这一数据库比以往用于研究哺乳动物系统关系的数据库高出一个数量级（10倍）。表型数据库是建立在生物实体之上的，比如化石，其数量是有限的，并且需要时间去发掘、修理和研究，因此，用解剖学特征构建演化树通常不会超过几百个特征。现在，大规模地收集形态数据用于构建系统树被称为“系统表型学”。

石溪大学和博物馆的博士后、同时也是作者之一的安德莉亚·西兰内楼说：“过去，用于处理分子生物学特征的数码设施优于处理表型数据的设施，但是新的形态库类技术让研究表型的科学家能够处理更大、更复杂的项目，并且可以通过加注图像、文献和评论来充实数据库。”

通过把特征标图到表型和基因数据最强支持的系统树上，并且比较同一特征在有胎盘类哺乳动物与它们的最近亲缘类群中的异同，这个研究团队重建了有胎盘类哺乳动物共同祖先的解剖学特征。利用这种被称为优化分析的方法，研究者可以判断什么特征在有胎盘类哺乳动物的共同祖先中首先出现，什么特征是从远祖中继承而来并保持不变的。他们推断有胎盘类哺乳动物的共同祖先与人类一样，具有双角子宫、具沟回的大脑皮层以及具有母体血液与胎儿膜紧密接触的胎盘。

另外，这项研究还揭示，被称为非洲兽类的有胎盘类哺乳动物树上的一个分支，并不是起源在非洲，而是在美洲。现今的非洲兽类包括了大象、土豚等，是仅分布在非洲的动物。

曾在美国自然历史博物馆做博士后、现在已经是巴西米纳斯吉拉斯联邦大学教授、也是本文作者的费尔南多·佩里尼说：“这些动物最初如何进入非洲是一个非常重要的研究课题，这也是形态库和我们这项研究中构建的系统表型树所要探讨的众多问题之一。”

另一个作者，多伦多斯卡伯勒大学的人类学助理教授玛丽·西尔考克斯补充说：“这个项目并不是详尽无遗的，但是它提供了一个模式，可以用于其它表型系统和物种的研究”。



图1 有胎盘类哺乳动物的祖先，一种小型的食虫的动物（Carl Buell绘制）

