

# 第1章 前言

通过分歧选择对不同生态环境的适应，能够在不同种群间产生遗传和表型上的差异。生态物种形成(ecological speciation)是指经历环境间生态分歧选择而阻碍种群间基因流的进化过程[1]。生态物种形成机制显著与其他物种形成机制不同，生态物种形成机制中分歧选择在种群分化过程里起着关键作用。除了通过分歧选择外，生态特征也能以其他方式影响物种形成[2]，但是分歧选择很可能代表了生态物种形成的一般形式。所以，生态物种形成必须具有以下三个部分[3]：(1) 分歧选择的来源；(2) 生殖隔离的形成；(3) 联系选择和生殖隔离的遗传机制。总之，通过生态学物种形成必须具备两个重要的条件：(1) 表型分化必须受到自然选择的驱动；(2) 生殖隔离必然是分歧自然选择作用的结果[4]。

深入理解生物多样性出现的原因和机制不仅是进化生物学、生态学的中心问题，甚至是整个生物学的中心问题之一，目前已经引起了生物学界乃至全社会的广泛关注。而生物多样性出现的关键是新特征的产生和新物种的起源或出现[5]。目前的研究认为，决定生物多样性的关键主要有：(1) 种群中新表型的出现和分化；(2) 种群和物种的分歧分化；(3) 新物种的形成[即生殖隔离形成]；(4) 适应辐射[6]。其中关键是第一步——种群中新表型特征的出现和分化[2]。

形态特征一直以来作为探讨系统演化和分类学的手段，是探讨生物之间系统发生、同源或异源关系的主要依据之一。关于表型的研究已经成为研究生物多样性起源、演化和适应辐射的中心问题[7]。动物生活于环境当中，和环境间具有密切的关系，尤其在获得食物资源或是适应不同生境，就产生了相应的表型变异[8]。关于头骨形态学的研究已见诸多报道，如啮

齿目、皮翼目等。贾婷等[9]对分布于云南、广西、贵州地区的中缅树鼩的头骨和白齿运用几何形态测量进行了分析结果表明, 3 个地区的中缅树鼩头骨和白齿在种群水平上具有明显的变异。对中华姬鼠(*Apodemus draco*)和大林姬鼠(*Apodemus peninsulae*)的研究得出, 系统聚类分析明显地分为各自两组[10], 而高山姬鼠(*Apodemus chevrieri*)的头骨存在有明显的地理变异[11], 这些都反应了生物个体对生存环境的适应性变异。

分子生态学(molecular ecology)已成为现今生态学研究中的一个热点, 分子生态学的诞生与发展, 极大地促进了有关适应辐射、物种形成等相关研究领域的飞速发展。利用分子标记进行种群内或种群间亦或是不同类群的遗传多样性分析, 已成为了分子生态学研究的重要手段之一。在表型(phenotype)或是形态特征和基因型(genotype)或是遗传特征之间的重要关联的研究现在越来越被重视。将表型变异的方差和遗传方差相比较——运用  $Q_{st}$ - $F_{st}$  间的关系, 阐明物种间或不同种群内部, 其表型变异和遗传变异的关系[12]。将几何形态测量学(geometric morphometrics)与分子系统学(molecular systematics)、谱系地理学(phylogeography)、种群遗传学(population genetics)和生理生态学(physiological ecology)等结合起来, 不仅能很好地解释渐变群表性特征的梯度变异、局部种群的形态适应, 并且还可以解决一些近缘种的系统演化地位。

在生物分子生态学和系统地理学研究中, mtDNA 作为一个非常有用的工具被广泛使用已经超过 30 年[13]。动物 mtDNA 分子小而稳定、母系遗传、进化速度快等特征, 已成为进化生物学、保护生物学和遗传多样性分析研究的一个强有力的分子工具[14]。其分为非编码区和编码区两个部分, 非编码区就是线粒体基因的控制区(即 D-loop 区), 编码区编码包括个 tRNAs, rRNAs, 疏水性蛋白质多态, 细胞色素 *b*(Cyt *b*), ATP 酶的亚单位, 细胞色

素 *c*(Cyt *c*), 氧化酶的亚单位(COI、COII、COIII), NADP 还原酶复合体的亚单位等[15]。哺乳动物线粒体基因的进化速率远远高于单拷贝核基因, 可达单拷贝基因的 5~10 倍, 因此适合于做种群遗传学分析的分子标记[16]。而且对于有些在生理、形态特征、行为等方面难以划分分类阶元的物种, 利用 mtDNA 技术大多能够予以分类, 并对现今生物格局做出推断。如对分布于澳大利亚的考拉(*Phascolarctus cinereus*)的研究中发现, 从外形上如身体大小、毛色等, 可以很清晰地将其分为 3 亚种, 但是从分子的研究手段(微卫星 DNA、mtDNA 和 RAPDs 等)进行研究, 结果表明其并不能形成 3 个明显的分类群与表型研究相对应, 而是形成了南、北间两个大的地理群, 且在临近的种群间存在一些很小的变化[17]。如金园庭和刘迺发[18]报道青海沙蜥(*Phrynocephalus vlangalii*)和贵德沙蜥(*Phrynocephalus putjatia*)两种青藏高原的沙蜥 mtDNA 在随着古地质变化的过程中——共和古湖的消退(约在 15 万年前后)相遇, mtDNA 发生了渐渗杂交, 但是由于长期的地理隔离, 两种沙蜥都各自形成了自身的基因型, 所以并未发现有大规模的杂交带。此外, 如宋乔乔等[19]基于 mtDNA 的 D-loop 序列对牦牛的遗传多样性及系统分化进行了探讨; 徐秀丽等[20]对黑琴鸡北方亚种基于 D-loop 序列进行了种群动态的研究, 阐明黑琴鸡不同种群间具有广泛的基因交流且未经历大规模的种群扩张过程。

小型哺乳动物尤其啮齿动物, 由于体型较小、体表面积相对较大、代谢率高等, 因此相比大型哺乳动物而言, 对环境变化(尤其是气候变化)的敏感性更强, 往往能更敏感地反映各种环境变化对它们的影响(尤其是分布区狭窄、生境要求特殊的种类更是如此); 小型哺乳动物往往种群数量远较大型哺乳动物多, 加之驯养容易、实验操作控制方便等, 另外, 小型哺乳动物物种丰富, 仅啮齿目一个目的物种数量就约占哺乳动物总数的 60% 以上, 物种数量多、适应类型丰富, 是构成局部环境中哺乳动物区系的主要