

# 鸟类家谱被重写！物种大爆发证实在恐龙灭绝后

作者：writer 来源：科学网

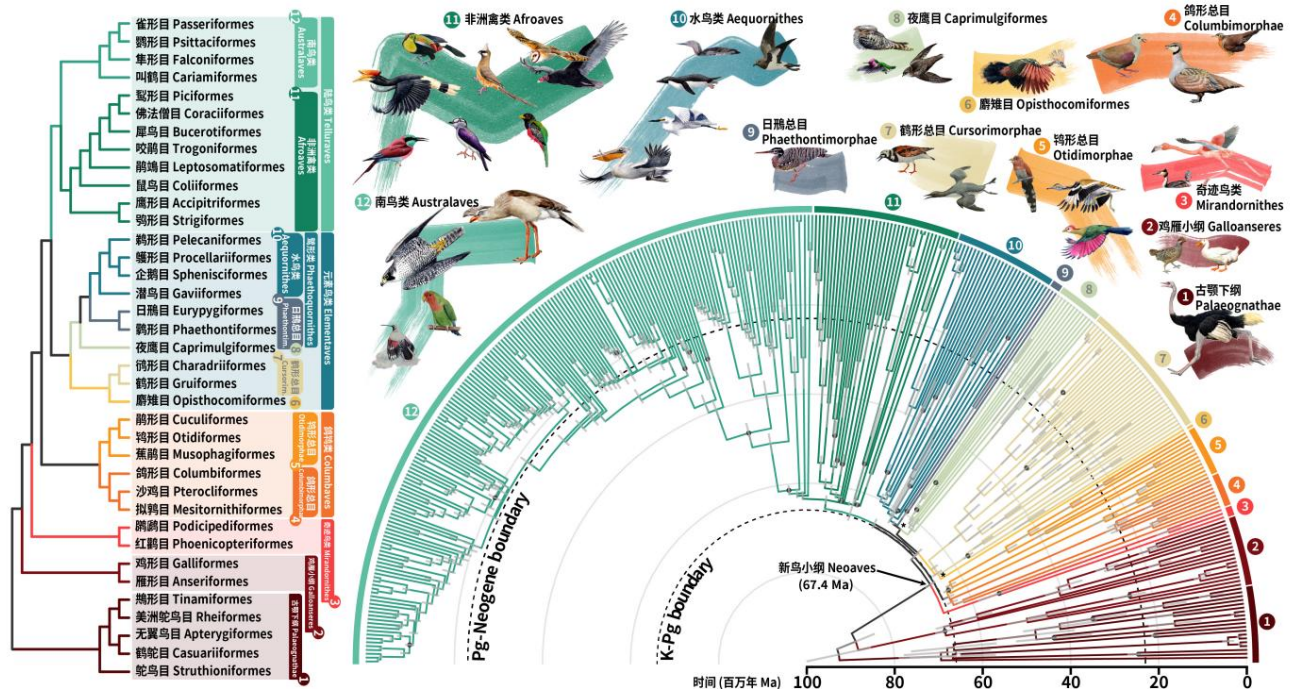
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26682.html>

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！

鸟类家谱被重写！物种大爆发证实在恐龙灭绝后。鸟类是恐龙的后裔，所有其他类群的恐龙在白垩纪末期的大灭绝事件中走向了终结，但绝大多数现生鸟类的祖先却在短短不到1千万年的时间里，快速繁衍、分化出了非常多新的类群，堪称演化奇迹。

可是，在过去一个多世纪里，现生鸟类家谱的内部关系一直悬而未决，成为了构建生命之树的代表性难题。

4月2日，以我国科学家为发起方和主要参与方的国际鸟类基因组联盟发布了万种鸟类基因组计划第二阶段的一项重要研究成果，重建了现生鸟类演化的生命之树，不仅提出了新的分类方案，也厘清了现生鸟类各类群之间的关系。相关论文发表于《自然》。



科阶元基因组揭示鸟类演化复杂性。Jon Fjeldsa<sup>2</sup>、Josefin Stiller和陈光霁绘

鸟类大爆发成难题制造机

目前，现生鸟类有超过一万种，在生物分类学上属于鸟纲中的新鸟亚纲，大致可以分为古颚类和今颚类两个主要类群。

古颚类里包含了大量无法飞行的鸟类；今颚类则可以进一步分为鸡雁小纲与新鸟小纲两大分支，前者包括了人们熟悉的鸡、鸭和雁等，而后者则是当今鸟类的主体，她包括了95%的现生鸟类。

论文通讯作者、浙江大学生命演化研究中心的讲席教授张国捷介绍，新鸟小纲在历史上曾经经历了快速的物种大爆发，在不到1千万年里分化出了大量新的鸟类类群，基本奠定了当下全球鸟类物种多样性的格局。

辐射性演化带来快速的物种多样化，使得研究新鸟小纲各个类群间的演化关系变得极具挑战性，导致对现生鸟类的分类在‘目’和‘科’级别上及其混乱，缺乏统一的认识。张国捷指出。

快速的辐射性演化是祖先物种在较短时间内爆发出多个物种类群的过程。论文共同作者、浙江大学生命演化研究中心研究员冯少鸿解释，之所以会出现类群间亲缘关系判定难题，是因为在这个过程中，存在的基因不完全谱系分流、分化后跨物种杂交等现象。因此，寻找合理有效的分析位点因此变得尤为重要。

2020年，国际鸟类基因组联盟在《自然》发表成果，通过建立不依赖参考基因组的全基因组序列比对方法，构建了363种鸟类全基因组同源序列，覆盖了92%的现生鸟类科阶元，为解析鸟类科级别系统发育关系提供了可能。

## 革新鸟类生命之树

在过去的一百多年里，鸟类系统分类学的研究人员通过不同数据类型，比如形态学数据、线粒体数据、少量蛋白质编码基因序列数据和鸟类物种基因组数据等等，对新鸟小纲主要类群之间的系统发育关系，提出了各种各样的观点，也产生了许多争议。

我们的研究校正了前人研究的认识误区，对之前认为的演化关系进行了较大幅度的调整。论文共同作者、中国科学院大学博士研究生陈光霁介绍，此次新的分类方案在新鸟小纲内划分出四个主要的演化支，除了已有的奇迹鸟类、鸽鸨类、陆鸟类，还提出了一个全新类群——元素鸟类。

元素鸟类既包括了主要在水域活动的企鹅、潜鸟、信天翁等鹭形类和鹤形类鸟类，也包括了主要在陆地活动的麝雉等，以及更擅长在天空活动的夜鹰和雨燕等夜鹰目鸟类。因对应水、土和气三种元素而得名。

过去的研究是把这几类鸟类分散在不同的演化分支里，但这项研究表明，它们其实来自于一个单系群，也就是由相同的祖先分化而来。

除了分类关系，早期新鸟类经历的快速辐射性演化发生的时间也一直备受争议。鸟类起源和约6600万年前的恐龙灭绝事件有关，但到底是在灭绝事件之前还是之后，学界形成了两种截然不同的观点。

大规模幸存假说认为，新鸟类群的辐射性演化发生这一大灭绝事件之前，也就是说，新鸟类先发生了快速辐射演化，然后多个新鸟类类群在陨石撞击引起的全球变化中幸存了下来。

另一种大爆炸假说则认为，新鸟类群的快速分化发生在大灭绝事件之后，得益于大灭绝事件空出来的生态位，早期的新鸟类发生了快速的辐射适应演化。

我们构建的鸟类系统发育时间树支持的是‘大爆炸’假说。冯少鸿表示，研究还发现，在大灭绝事件后，早期新鸟类的有效种群大小发生了急剧扩张，碱基替换率和相对脑容量急剧上升，体重则急剧降低。这也进一步支持了新鸟类的多样化是适应新兴生态位而发生快速辐射性演化的结果。

解决演化难题，提高有效数据量更关键

这项研究为了厘清了现生鸟类各类群之间的关系，解决争议问题，采用了一种比较有挑战性的方案来构建生命之树。

陈光霁解释，在构建系统发育关系的传统研究中，编码蛋白质的序列和超保守元件等保守的基因组区域常常被选为构树的数据来源。但这些保守区域受到维持蛋白质结构和功能的选择压力，展现出了极为复杂的演化模式。我们认为，受到选择压力较低的区域可能是更为适宜的研究材料，比如基因间区序列。

于是，研究团队构建了大规模跨越多物种的全基因组综合的基因间区数据集用于解析鸟类系统发育关系之谜。

结果发现，在361个鸟类祖先演化节点中，大约89%可以通过少量的基因间区序列得到解析，少部分的祖先节点可以通过增加数据量的方案得到可信的演化发育关系，还有极少量的复杂节点，即使增加数据量仍然难以解出稳定可信的演化发育关系。

此外，在对比增加物种数量与增加数据量的方案中，研究团队还发现，提高有效数据量比提高物种数量更为关键。

从我们的研究可以看出，基因间区序列是进行系统发育关系重构分析中更为理想的选择。而且，在大规模大尺度演化研究中，相较于增加物种采样量，充足的有效数据量对于解决困难节点的复杂演化历程至关重要。陈光霁在分享研究经验时谈道。（来源：中国科学报 胡珉琦）

相关论文信息：<https://www.nature.com/articles/s41586-024-07323-1>

作者：张国捷等 来源：《自然》

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](https://www.iikx.com)转发