

植物基因流中断早于动物

基因组数据揭示物种生殖隔离形成机制

文/Yaniv Brandvain

自1942年Ernst Mayr将物种定义为“实际上或潜在能够杂交的自然群体,且与其他此类群体存在生殖隔离”以来,动物学家长期认为杂交(2个不同物种交配产生后代)现象罕见,且最终无法产生可育后代。相比之下,植物学家更受Göte Turesson等学者观点的影响,认为“物种问题在很大程度上是生态问题”,并相信通过杂交(以及杂交后代与亲本物种回交)实现的基因交流在生态分化物种间既普遍存在,又有重要意义。然而,这2种观点始终缺乏实证支撑。在9月11日《Science》上,Monnet团队通过群体基因组证据揭示:与传统认知相反,植物谱系在基因组分化程度较低时就会停止基因交流,而动物谱系间的基因交流则会持续到更高的基因组分化程度。

Monnet团队开展这项研究前,已有2项关键发现表明“动物比植物更快形成生殖隔离”的传统观点并不准确。一项系统发育研究显示,植物物种数量增长速率约为动物的2倍,但该研究测量的是净分化速率(物种形成速率减去灭绝速率,而非单纯物种形成速率),且研究依赖分类阶元,而非某一量化指标(如基因流程度)。另一项杂交实验调查发现,植物物种间的生殖隔离强于动物,但该研究同样存在缺陷,例如,未将分化时间作为协变量纳入研究。

不过,并非所有证据都与传统观点相悖。一项对物种形成基因组相关文献的综述发现,植物的基因流水平高于动物,但当分化时间被纳入模型后,这一模式便不再成立。此外,另外一篇具有影响力的综述论文指出,不列颠群岛上约1/4植物存在杂交现象,但该研究未考虑分化时间,且引用数据存在非标准化采样问题。

Monnet团队采用基因组学方法推断基因流,通过分析物种内和物种间遗传变异模式,运用近似贝叶斯算法(ABC)重建物种形成历史。该方法通过进化模拟生成与实际数据相似的汇总统计量来确定参数值。值得注意的是,由于该方法评估的是基因流的基因组特征,而非杂交可能性,其结果可能与野外观察或实验室杂交存在差异。研究揭示了2大发现:一是植物在整体遗传分化程度远低于动物时便停止基因交流;二是尚存基因交流的谱系中,植物更快形成基因组异质性基因流模式(选择作用会阻止某些基因组区域的基因流,同时允许其他区域流通)。作者认为,后一项结果或许能解释“植物比动物更易基因交流”的传统观点。对基因流不利的分化基因组区域的快速进化,可能使得植物谱系在快速形成生态或形态差异的同时,仍能偶尔进行一定程度的基因交流。

在植物与动物的对比中,存在许多生殖、生态及基因组方面

的差异,这些差异可能导致植物基因流终止速度快于动物。例如,植物无法移动,因此地理隔离更强(基因流机会更少);多倍体演化频繁,但本研究仅涉及二倍体,故排除该因素;自交习性与生长型转变(如木本向草本演化),但作者发现生长形态和交配系统与基因流终止速率无显著关联。

Monnet团队的研究结果仍可能存在人为误差。从序列数据推断复杂的进化史,本身就是一个公认的难题。虽然近似贝叶斯计算法在模拟数据上表现良好,但实际数据会受到复杂进化过程(如平衡选择、群体亚结构)和生物信息学难题(如测序比对)影响,这些通常未知的参数难以完全模拟。因此,随着方法学进步和数据质效提升,研究结论可能存在调整。

长期以来,从序列数据推断物种形成细节和基因流历史,一直是群体遗传学家关注的焦点。将群体基因组学与系统发育学结合,能更精确解析关键生物学特征对物种形成的作用机制。例如,此前一项研究发现,生殖隔离演化(如杂交不育或致死现象)与物种形成速率并无关联。通过整合微观和宏观进化的研究方法,可以进一步探究其背后的原因:是基因流屏障形成过早无法驱动新物种诞生,还是其效应被其他进化过程掩盖?同样,尽管学界普遍认为性选择会推动物种形成,但关于其在物种分化中作用的系统发育证据却存在矛盾。整合宏观和微观的进化数据,有望让我们对生命多样性的产生与维持机制形成更统一、更全面的认识。

(译自《Science》,2025,389(6765))

(新闻栏目编辑 黄文光)