

级畜禽遗传资源保护名录》中的中华蜜蜂、东北黑蜂和新疆黑蜂等 11 个蜂种的保种方案;同时编制了蜜蜂遗传资源保护技术规范,构建了国家级保种场保护区绩效考评体系;形成了“蜜蜂种质资源评价规范”等 2 项行业标准,在全国科研单位、蜂业管理机构、国家级保种场保护区广泛应用,取得了显著的经济、社会和生态效益。

(文章来源:中国科学报)

西北高原所揭示母体应激 适应性及动物种群调节机制

在国家自然科学基金面上项目的资助下(31170394),中国科学院西北高原生物研究所研究员边疆晖团队以栖息于青藏高原的根田鼠(*Microtus oeconomus*)为研究对象,研究了母体密度应激对子代应激轴、适合度及种群统计参数的影响,以及母体密度应激的环境制约性适应性及其在动物种群调节中的作用。他们发现,1)母体应激介导的程序化效应损害了子代对当前环境的应对能力;2)母体应激对子代表型的适应性或非适应性效应取决于母体与子代间的环境匹配;3)非适应性母体应激是产生迟滞性密度制约效应的重要因子。

应激轴和糖皮质激素在环境与脊椎动物的行为、生活史特征和适合度之间起重要的桥梁和介导作用。应激轴不仅可使动物能应对可预测和不可预测的环境变化,而且可通过母体应激在动物进化适应过程中发挥重要作用。母体应激作为自然选择产物,对子代适合度的影响并不仅仅是负效应,母体应激引起的子代表型变化,更可能是母体对子代出生后所频繁遭遇的生态应激源的一种提前预防和准备,当母体环境与子代环境匹配时,母体应激可提高子代的适合度,但是,若母体环境与子代环境不匹配时,则会降低子代适合度(Monaghan 2008)。因此,Love 等(2013)及 Sheriff 等(2013)学者提出了母体应激对子代适合度的效应存在环境制约性,并由此可能影响种群波动的观点。边疆晖团队第一次提供了母体应激

效应在脊椎动物种群波动过程中具有重要调节作用的直接实验证据。

该研究成果于 2015 年 3 月发表在国际动物学杂志 *Journal of Animal Ecology* (84, 326 - 336),同时,美国种群生态学家 Michael J. Sheriff 就该研究成果撰写了焦点评述文章 *The adaptive potential of maternal stress exposure in regulating population dynamics*, 该评述文章同期发表在 *Journal of Animal Ecology* 的 *In Focus* 专栏(84, 323 - 325)。

(文章来源:西北高原生物研究所)

新型 H7N9 流感病毒 产生深层原因阐明

在国家自然科学基金等的资助下,中国农业大学刘金华课题组和国外学者合作发现,单一基因型 H9N2 流感病毒在我国鸡群中的优势流行为 H7N9 流感病毒的重排提供了充分条件,从而阐明了新型 H7N9 流感病毒产生的深层原因。相关成果日前发表于美国《国家科学院院刊》。

据了解,H7N9 禽流感病毒是一种新型重排病毒,其 6 个内部基因全部来自鸡源 H9N2 病毒。不过,使 H7N9 病毒获得全部鸡源 H9N2 病毒内部基因的原因、H9N2 病毒在鸡群中的进化和流行对 H7N9 病毒产生的作用如何,均尚未充分阐明。

刘金华课题组在 H7N9 病毒暴发之际,通过回溯性流行病学调查发现 H9N2 病毒在鸡群中的流行逐年增强。同时,通过病毒基因组多样性和基因型演化分析,发现一种新的 H9N2 基因型(G57 基因型)在 2010 年之后成优势基因型。抗原性和感染性研究表明,G57 基因型 H9N2 病毒抗原性发生明显改变,不仅可突破免疫鸡抗体的保护,而且在鸡体中具有良好的繁殖特性。这种优势基因型的流行大大增强了 H9N2 病毒与其他流感病毒的重排几率,从而为新型 H7N9 病毒提供了全部 6 个内部基因。

该研究阐明了 H9N2 亚型禽流感在我国家禽中的流行动态和 H9N2 病毒的遗传演化规律;揭