



# 气候因素驱动旧大陆家牛的适应性演化

孙露洋<sup>1,2#</sup>, 金良梁<sup>1#</sup>, 孙婷<sup>1#</sup>, 边晨启<sup>1</sup>, 汪富文<sup>1</sup>, 李双<sup>1</sup>, 李昊<sup>1</sup>, 刘建勇<sup>3</sup>, 张继才<sup>3</sup>, Johannes A. Lenstra<sup>4</sup>, Artem Nedoluzhko<sup>5,6</sup>, 郑竹清<sup>7</sup>, 向瑞东<sup>8</sup>, Wai Yee Low<sup>9</sup>, 巴桑旺堆<sup>10</sup>, 巴桑珠扎<sup>10</sup>, 李斌<sup>10</sup>, 索朗曲吉<sup>10</sup>, 赵丽<sup>10</sup>, 斯朗旺姆<sup>10</sup>, 次仁罗布<sup>10</sup>, 普布占堆<sup>10</sup>, 西热强马<sup>10</sup>, 宋颜亮<sup>11</sup>, 高元鹏<sup>11</sup>, 魏大为<sup>2</sup>, 宋仁德<sup>12</sup>, 彭旻晟<sup>13,14,15</sup>, 黄必志<sup>3</sup>, 马云<sup>2\*</sup>, 夏小婷<sup>1\*</sup>, 雷初朝<sup>1\*</sup>, 陈宁博<sup>1\*</sup>

1 陕西省动物遗传育种与繁殖重点实验室, 西北农林科技大学动物科技学院, 杨凌 712100, 中国

2 宁夏大学动物科技学院, 银川 750021, 中国

3 云南省草地动物科学研究院, 昆明 650212, 中国

4 乌得勒支大学兽医学院, 乌得勒支 3584 CL, 荷兰

5 古基因组学实验室, 圣彼得堡欧洲大学, 圣彼得堡加加林街6/1A号, 191187, 俄罗斯

6 萨哈(雅库特)科学院, 雅库茨克 677007, 俄罗斯

7 荆楚理工学院食品与生物学院, 湖北荆门 448000, 中国

8 墨尔本大学兽医与农业科学学院, 帕克维尔, 维多利亚州 3010, 澳大利亚

9 动物与兽医科学学院戴维斯研究中心, 阿德莱德大学, 罗斯沃西, 南澳大利亚州 5371, 澳大利亚

10 西藏农牧科学院畜牧兽医研究所, 拉萨 850000, 中国

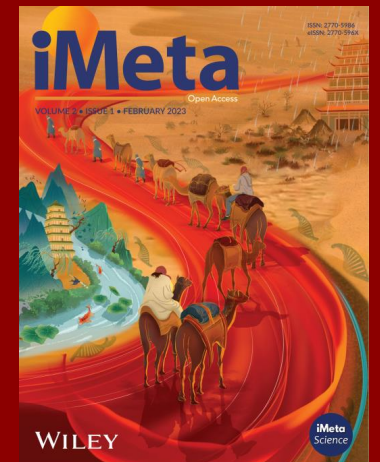
11 西北农林科技大学兽医学院, 杨凌 712100, 中国

12 青海省畜牧兽医科学工作站, 玉树 815000, 中国

13 遗传进化与动物模型重点实验室及云南省家养动物分子生物学重点实验室, 中国科学院昆明动物研究所, 昆明 650223, 中国

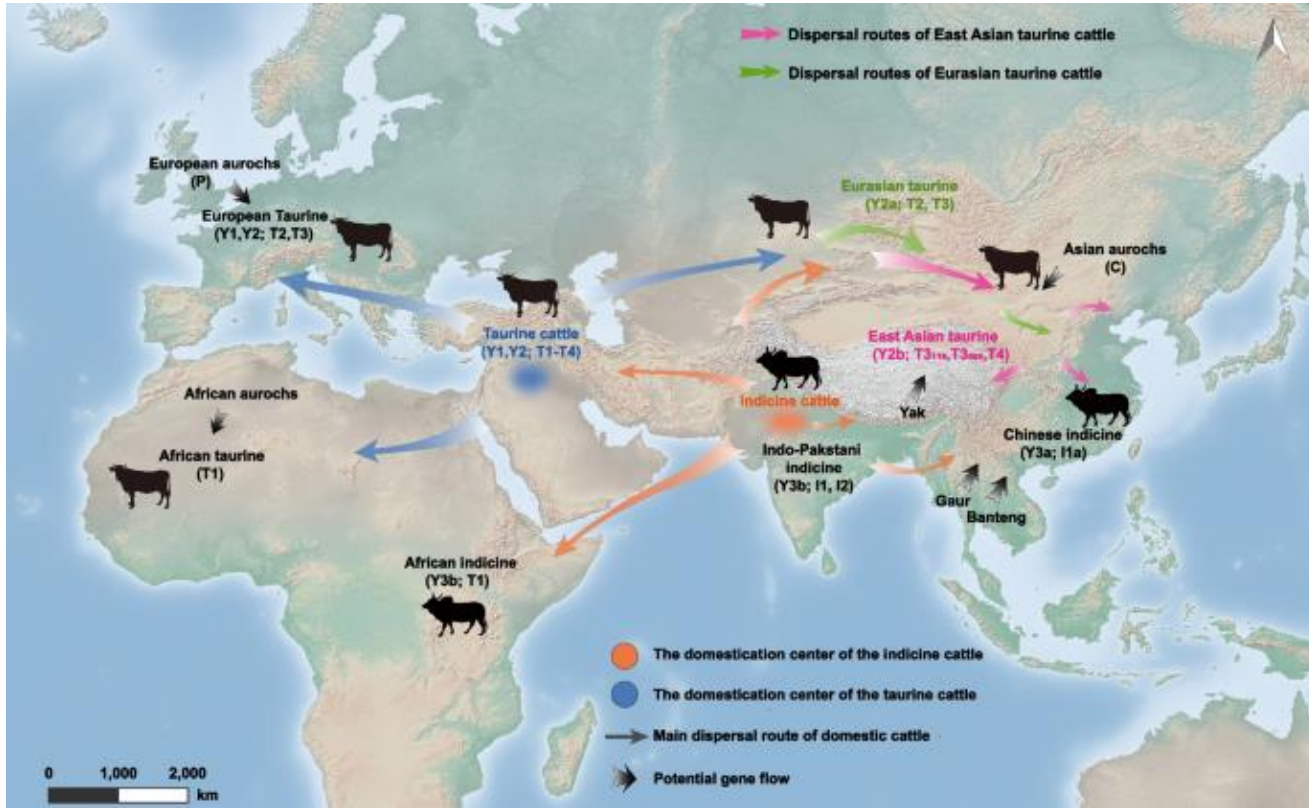
14 中国科学院大学生命科学学院昆明分院, 昆明 650204, 中国

15 中国科学院中-非联合研究中心, 昆明 650204, 中国

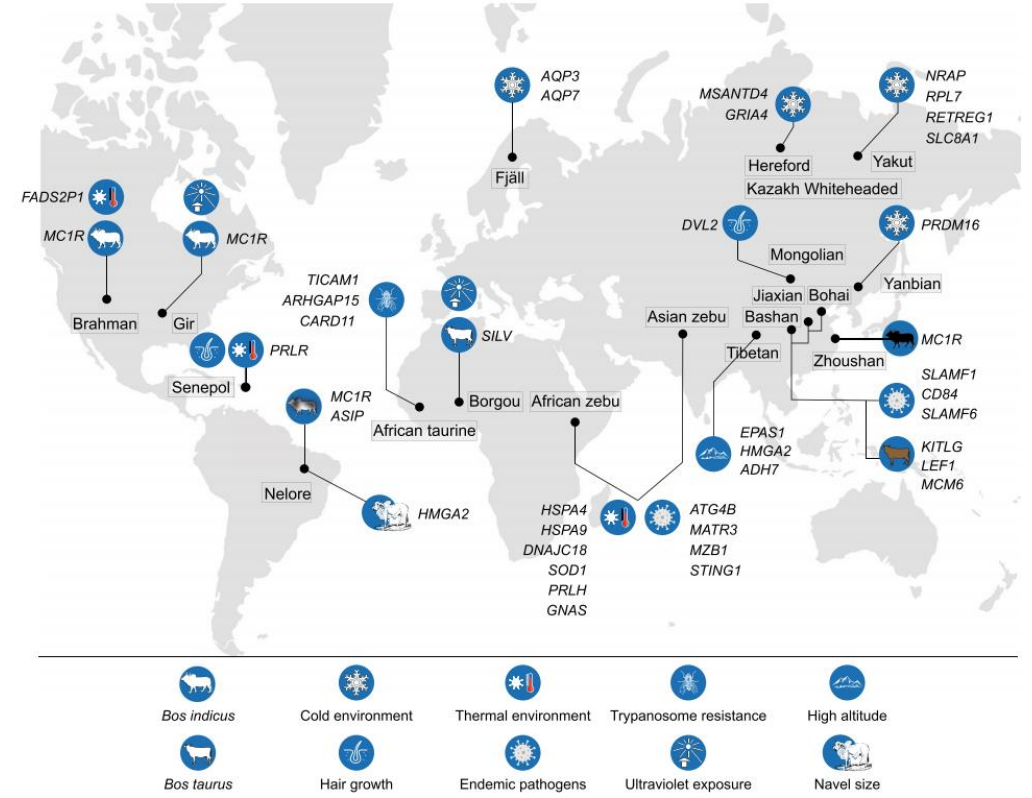


Luyang Sun, Liangliang Jin, Ting Sun, Chenqi Bian, Fuwen Wang, Shuang Li, Hao Li, et al. 2026. Climate factors drive the local adaptation of Old World cattle. *iMeta* 5: e70108. <https://doi.org/10.1002/imt2.70108>

# 背景



(Xia et al. 2023)



(Xia et al. 2023)

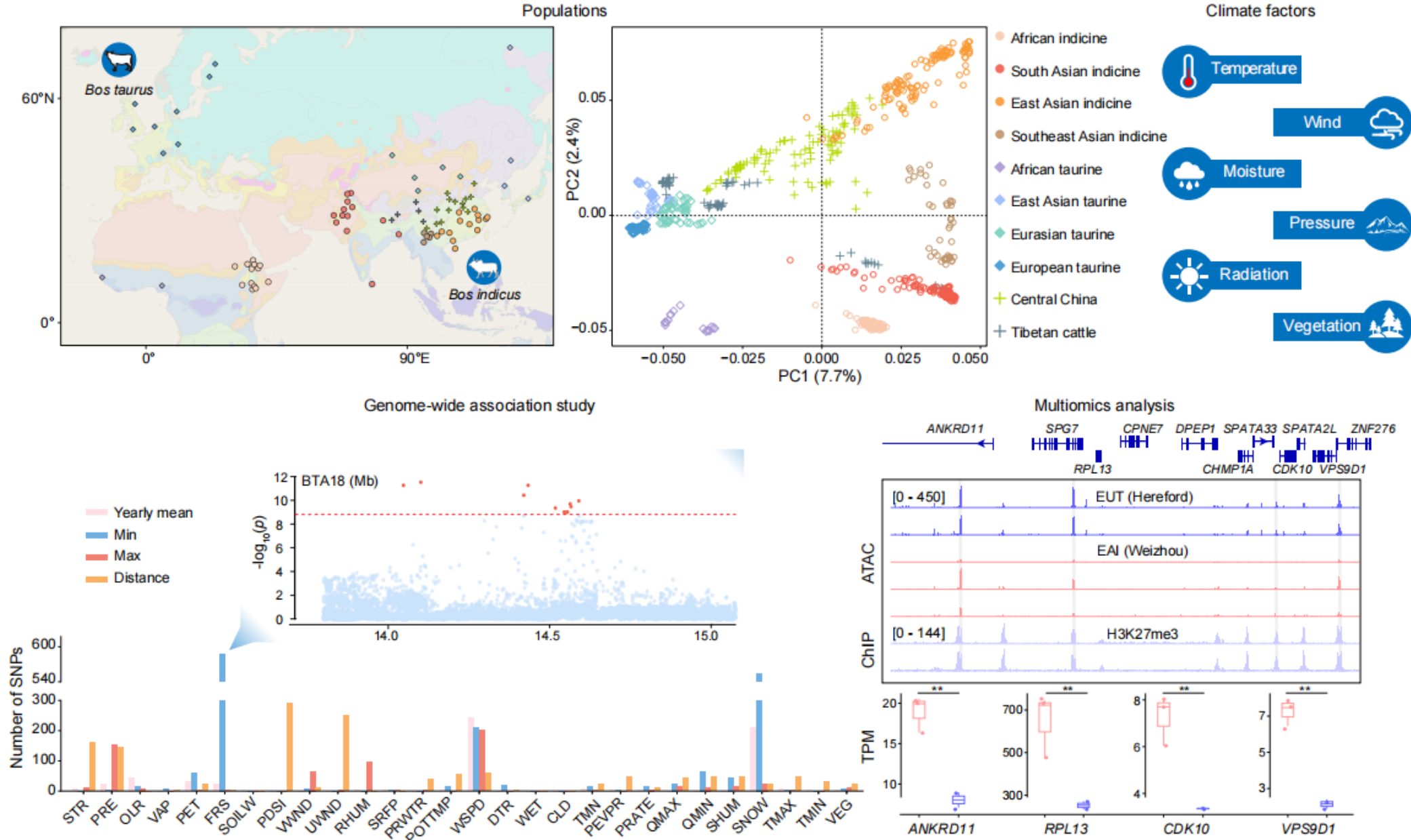
➤ 气候驱动的适应性进化

➤ 家牛的气候适应性分化

➤ 现有研究的局限

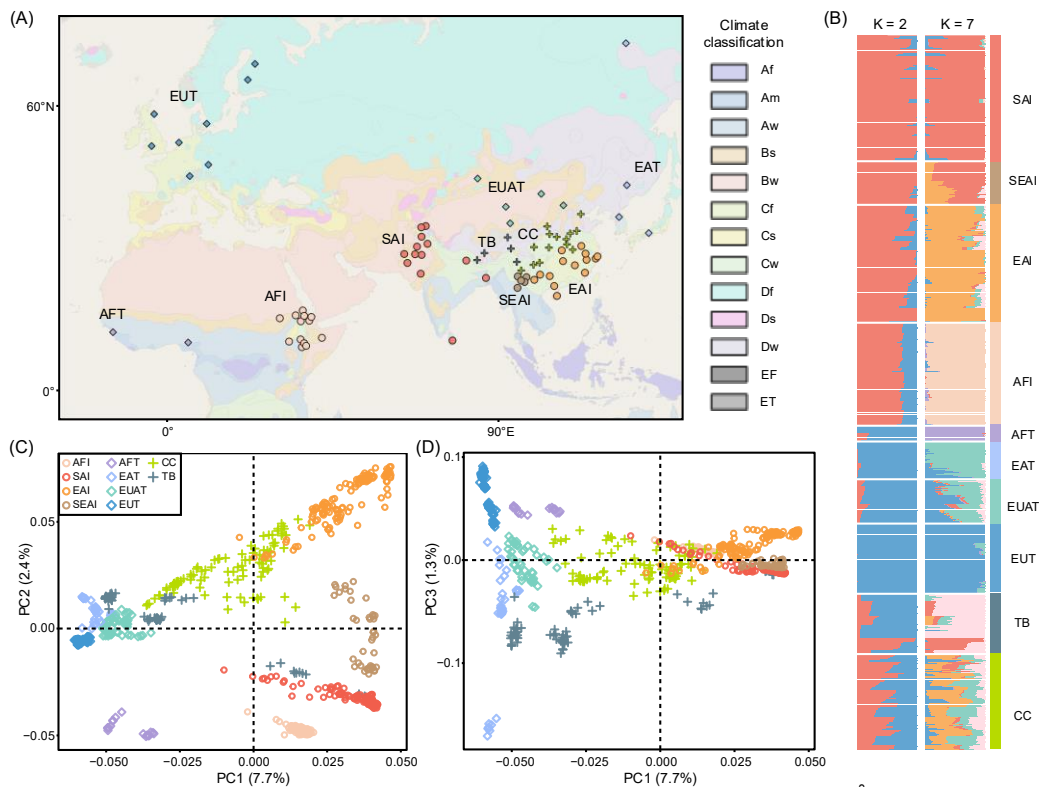


# 亮点

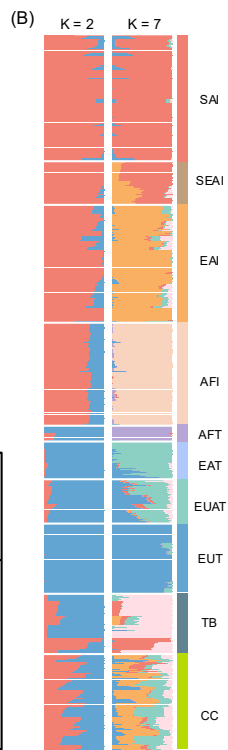




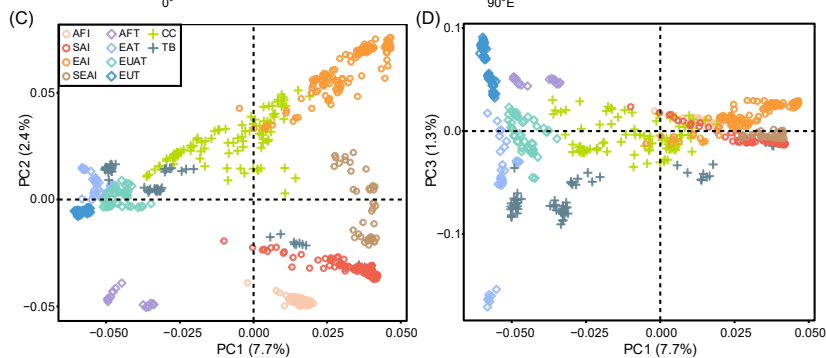
# 旧大陆家牛的全基因组遗传特征和气候复杂性



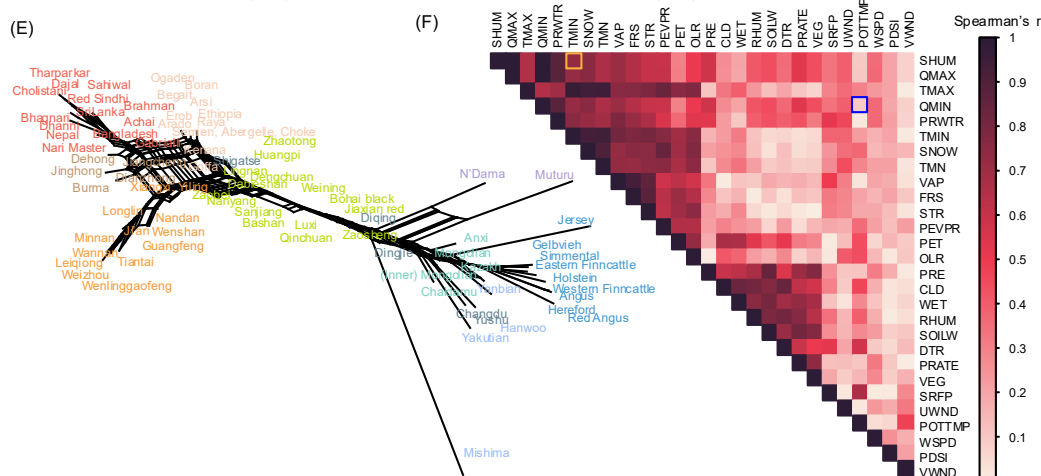
(A) 全球牛品种/群体地理分布示意图。图中展示了85个牛品种/群体的采样位置，包括：非洲瘤牛（AFI）、非洲普通牛（AFT）、欧洲普通牛（EUT）、东亚普通牛（EAT）、藏牛（TB）、欧亚普通牛（EUAT）、南亚瘤牛（SAI）、东南亚瘤牛（SEAI）、华中地区牛（CC）及东亚瘤牛（EAI）。



(B) 牛群体遗传混合分析结果，展示了K=2和K=7时的祖先成分比例。



(C) 主成分分析（PCA），显示全部744个个体的PC1与PC2分布，以及(D) PC1与PC3的分布。

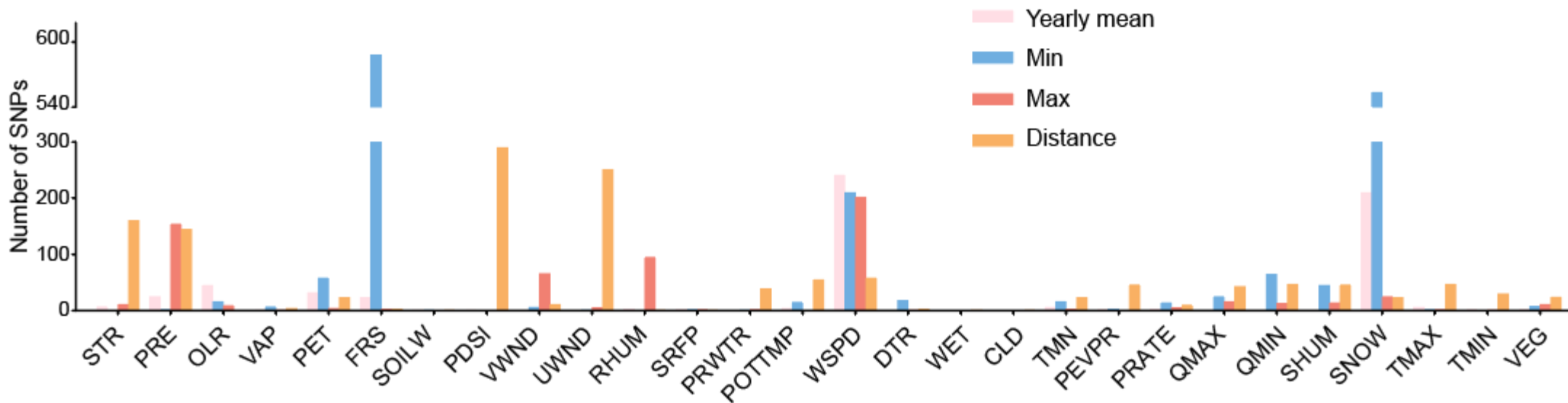


(E) 系统发育网络图，使用 SplitsTree4 构建，展示了各品种间的遗传关系。

(F) 28个气候因子年均值的斯皮尔曼等级相关系数绝对值热图。



# 气候适应性基因组变异的鉴定

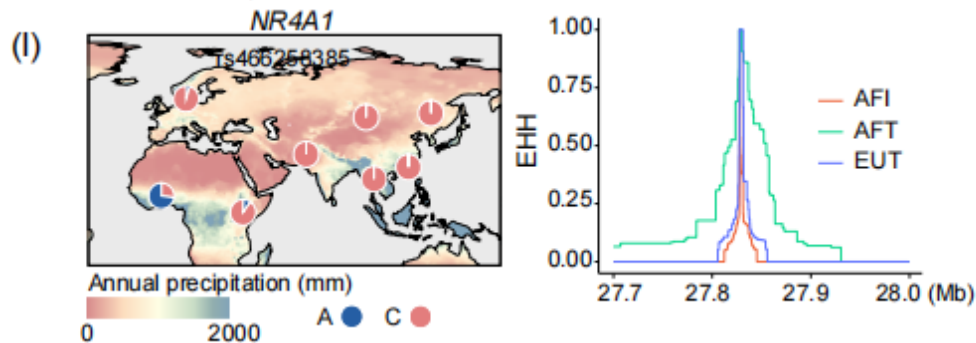
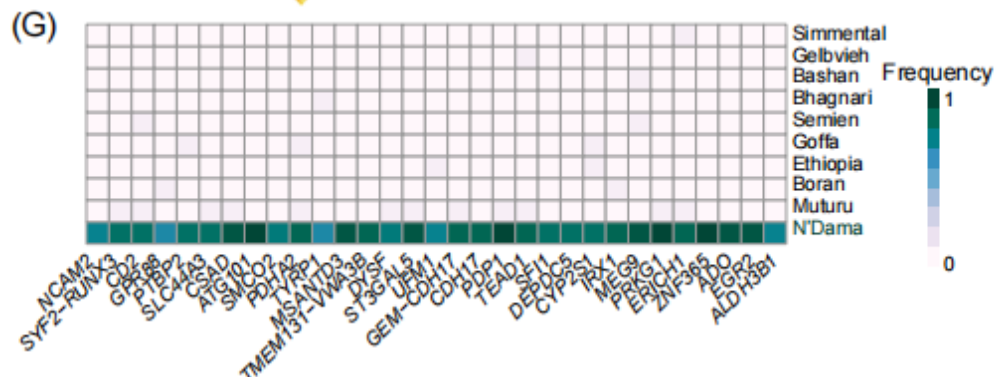


- 分析方法：联合GEMMA、LFMM、BayPass三种模型，控制群体结构干扰。
- 关联位点统计：共鉴定3,165个与28项气候变量显著相关的SNPs。
- 基因组分布特征：>50%位于内含子区，外显子区SNP富集度较低。
- 气候变量关联强度差异：雪盖与霜冻频率关联SNP最多（1,269个），湿润日频率与云量关联信号极少。





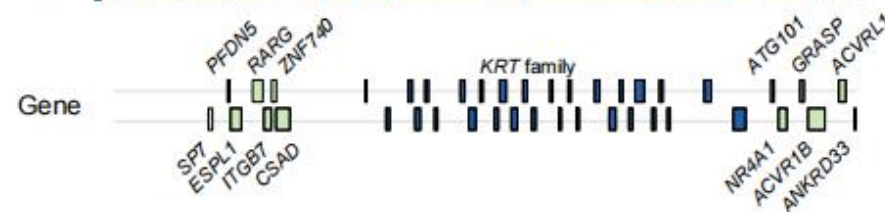
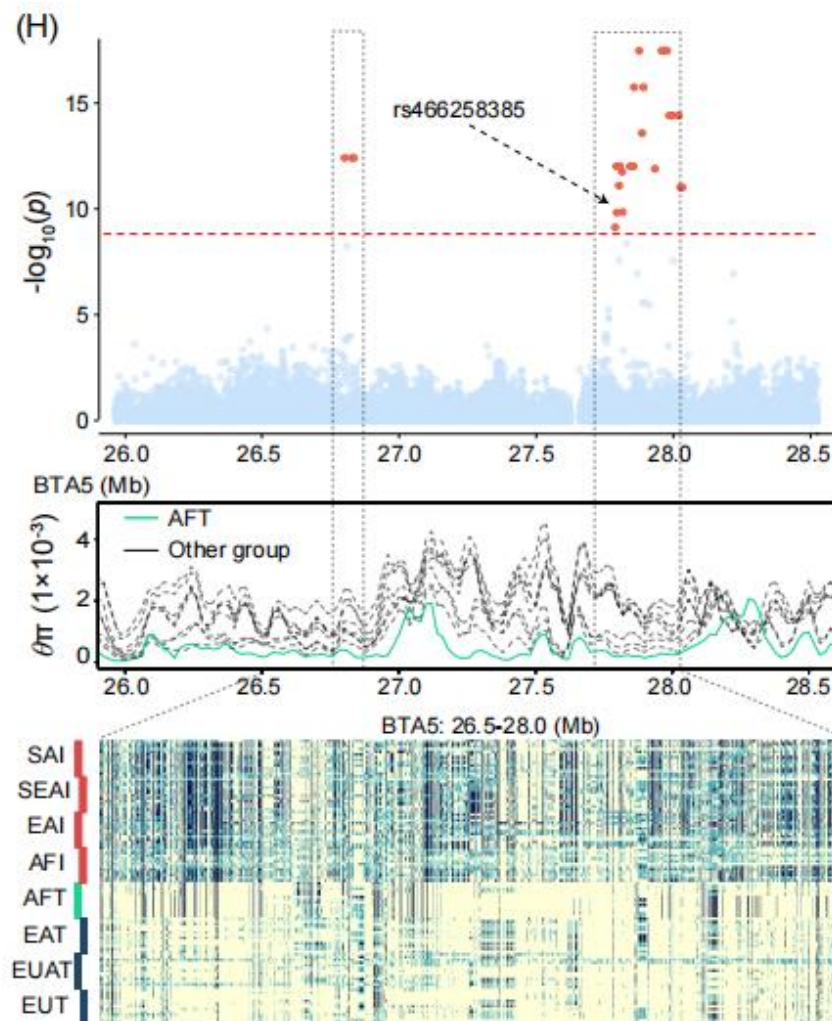
# 湿度适应性遗传变异的群体地理分布



(G) 恩达马牛适应性基因中谱系特异性位点的频率分布。

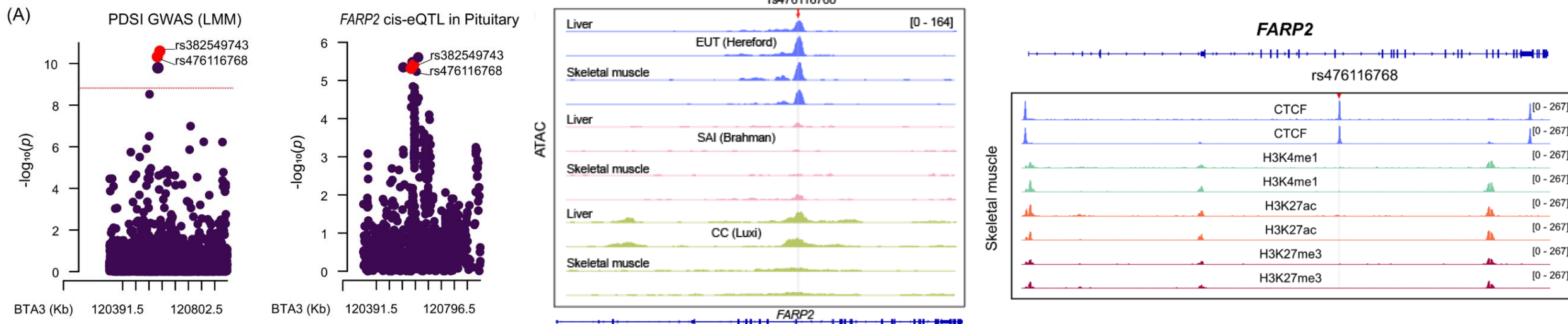
(H) 牛5号染色体上降水的关联分析结果。基于群体 $\theta\pi$ 的选择清除信号，并标注了显著区域的单倍型结构。

(I) *NR4A1* 基因中rs466258385等位基因在全球牛群中的地理分布频率。rs466258385位点在非洲普通牛、非洲瘤牛与欧洲普通牛中的扩展单倍型纯合性衰减情况。





# 与eQTL的结合



脑垂体中的 *FARP2* 基因的eQTLs以及牛在 BTA3 染色体上的 PDSI 的全基因组关联分析结果

通过ATAC-seq技术分析的海福特牛、婆罗门牛与鲁西牛骨骼肌和肝脏中*FARP2*基因rs476116768位点的染色质可及性图谱。

海福特牛在肌肉组织中的 ChIP-Seq 信号



# 结论

**1.系统性解析：**成功构建并应用多组学整合分析框架，系统揭示了家牛适应多样气候的遗传与调控基础。

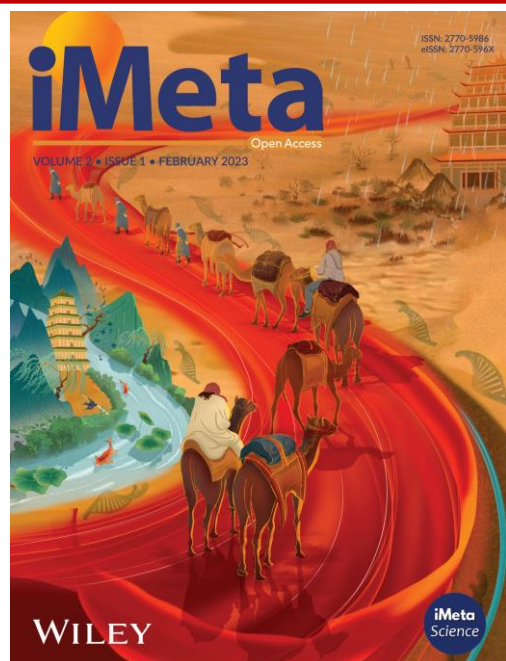
**2.关键机制发现：**

(1) 阐明了**编码区与非编码区**变异在适应性中的差异化贡献。

(2) 发现了**趋同进化**的证据（如**PTK2**基因在高海拔物种间的普通进化）。

**3.重要遗传资源：**鉴定出如**CDK10**（耐寒）、**FARP2**（抗旱）等关键候选基因，为分子设计育种提供精准靶点。

Luyang Sun, Liangliang Jin, Ting Sun, Chenqi Bian, Fuwen Wang, Shuang Li, Hao Li, et al. 2026. Climate factors drive the local adaptation of Old World cattle. *iMeta* 5: e70108. <https://doi.org/10.1002/imt2.70108>



**iMeta(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2025/7/6