

附件：2017 年度国家自然科学奖拟推荐项目“陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类与分化格局”

项目名称：

陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类与分化格局

推荐意见：

生物分类是生物学研究的基础，也是发现和认知生物多样性最直接的手段。该研究选择蜘蛛和钩虾等陆生和水生无脊椎动物代表类群，开展分类学及其多样性起源研究。该研究发现和记述了 1000 多个新物种，占中国已知动物物种总数的 1%；以分子系统学为导向，以形态特征、分子数据和高清图像为基础的整合分类学提高了物种鉴别的可操作性；基于神经网络方法的 DNA 分类新技术提高了物种鉴定的准确性。在物种多样性起源方面，发现并证实无脊椎动物物种分化过程中“走出古地中海（Out of Tethys）”的模式；青藏高原隆升终结了古地中海，也引发云贵高原再度抬升和气候变冷，迫使蜘蛛等生物迁入洞穴；该项目鉴定出洞穴蜘蛛化学信息素，并发现其影响求偶交配，导致进一步的生殖隔离和物种分化。研究成果发表在 *PNAS*、*Systematic Biology* 等主流刊物上，受到 *Annual Review* 等杂志的介绍和引用。该成果是项目组 30 年系统性研究工作的积累，也是原静生生物调查所 1928 年以来对陆生和水生无脊椎动物研究的继续；该研究所发现的新物种超过 1/3 是极小种群，亟待采取措施予以保护；该项目突出了中国在全球生物多样性格局中的核心地位，为揭示全球生物多样性起源和衍生分化做出重要贡献。

推荐该项目为国家自然科学奖二等奖。

项目简介:

1.研究内容: 物种多样性的发现与分化格局是进化生物学的核心和焦点。该研究选择蜘蛛和钩虾等陆生和水生无脊椎动物代表类群为研究对象,开展分类学和多样性起源研究。研究范围覆盖全中国,同时拓展到亚洲、欧洲大部分地区以及非洲、美洲的重点地区。在大尺度野外调查的基础上,开展基于形态特征和分子系统学证据的分类研究;结合地质历史、生态和分子数据探寻古地中海变迁和青藏高原隆升等地质事件对物种分化的影响;结合分子数据、行为学和化学通讯研究探讨洞穴蜘蛛物种多样性形成和维持的机制。

2.科学发现点: **(1) 发现新物种并提出神经网络 DNA 分类法。** 该项目执行期间共发表蜘蛛目、端足目、十足目等类群 1 新科 1 新亚科 46 新属 858 新种,其中 695 新种来自中国,其它 163 新种原产地为非洲、欧洲和其它亚洲国家;加上 1985 年~2003 年该项目完成人的前期工作,共发表 1000 多个新物种(代表论著 5);以形态特征、分子数据和高清图像为基础的整合分类学提高了物种分类的可靠性和可操作性;基于神经网络方法的 DNA 分类新技术提高了物种分类的准确性(代表论著 2)。**(2) 发现物种分化过程中“走出古地中海”模式。** 发现钩虾起源于古地中海,逐步从海洋迁移到淡水,提出并验证了无脊椎动物物种分化过程中的“走出古地中海”模式(Out of Tethys, 代表论著 1)。青藏高原的隆升不仅“终结”了古地中海,也阻断了中国西南水系与古地中海的交流,孕育了中国特有物种(代表论著 8);青藏高原隆升导致中国地形发展为西高东低,引发中国东部发生海侵,驱动跳钩虾从海洋登陆并在陆地快速分化(代表论著 3)。**(3) 发现洞穴促进了物种多样性的分化。** 青藏高原隆升拉动云贵高原的再度抬升,导致气候变冷并迫使云贵高原部分蜘蛛迁入洞穴,因洞穴隔离形成并保持较高的物种多样性(代表论著 4);洞穴蜘蛛的化学通讯也促进了洞穴物种的隔离,交配期雌蛛丝上携带混合成分的信息素,吸引雄蛛前来交配(代表论著 7);同时雄蛛释放烯类信息素,避免雌蛛攻击并激发雌蛛交配(代表论著 6)。

3.科学价值: 物种分类是记述物种多样性最直接的手段,分化格局研究可以追溯物种多样性的起源和衍生路径。该项目组发表了 1000 多个新物种,使中国动物物种总数增加了 1%;这些新物种超过 1/3 只生活在单一洞穴,是极小种群,亟待保护。提出神经网络法鉴定物种,为 DNA 分类学提供了即时、创新的解决方案,提高了物种鉴定准确性。从全球范围内大尺度研究物种分化格局,“走出古地中海”可能是更多生物类群的演化路径。行为实验和化学通讯研究洞穴蜘蛛的隔离机制,发现洞穴保持物种多样性的成因。

4.同行引用及评价: 研究成果被 *Annual Review of Marine Science*、*Angewandte Chemie International Edition* 等刊物他引 174 次。2009 年 *Nature* 中国研究亮点称发现“蜘蛛爱情的秘密”,2010 年 *Nature* 中国研究亮点称“信息素的分化也可能是蜘蛛物种分化与物种形成的机制之一”。世界四大博物馆之一的森肯堡博物馆同行认为是整合分类学“很好的例子”(Jäger, 2016)。

客观评价：

陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类与分化格局研究属于基础生物学领域，包括基于形态特征、分子数据和高清图像为基础的整合分类学方法记述物种多样性，以及结合地质历史、分子数据、行为实验和化学通讯研究等探讨生物多样性形成机制。这些成果对于发现、追溯生物多样性的起源有重要意义。

研究成果受到同行的关注和认可。该项目第一完成人李枢强被邀请在 19 届国际蛛形学大会、德国国家昆虫学大会做大会报告；他主持成立了亚洲蜘蛛学会（Asian Society of Arachnology）并任秘书长；他发起创办了总部在瑞士的国际虚拟蜘蛛分类研究所并任共同主任（<http://www.vinst.org/about-us/>）；他主持将核心期刊《动物分类学报》改为英文刊《*Zoological Systematics*》并任主编（2010 年~2014 年）；他在 2010 年获中国科学院朱李月华优秀教师奖。《中国科学院生物类研究所论文与引文》统计显示，第一、第二项目完成人在多项指标名列前茅。第一完成人李枢强曾获国家杰出青年科学基金资助，题目是“动物分类学”；第二完成人侯仲娥曾获国家优秀青年科学基金资助，题目是“动物分类与进化”；第四完成人张爱兵曾获国家杰出青年科学基金资助，题目是“物种多样性及群落建成机制研究”。

科学发现点 I 中“**发现新物种**”的研究成果，使中国的动物物种增加了 1%。世界蜘蛛学会原主席 Platnick 教授编著的世界蜘蛛名录（*The World Spider Catalog*, version 3.5 至 version 9.5, <http://www.wsc.nmbe.ch/>）收录了该项目全部的蜘蛛分类学论文，经统计认为这些新物种占全球同期新增物种数的 12.5%。世界四大博物馆之一的森肯堡博物馆同行认为该项目的工作是“很好的例子”（excellent examples, Jäger, 2016）。

科学发现点 I 中“**提出神经网络 DNA 分类法**”为 DNA 分类研究提供了新的研究思路，提高了近缘种 DNA 条码识别率（代表论著 2）。论文发表后被 *Systematic Biology* 等杂志推荐介绍和他引 31 次，认为神经网络计算方法是区别于传统的距离法的一种新方法 “these may also offer improvements: Zhang et al. (2008) used machine learning and neural network methods”（他引论文 2，附件 10）。

科学发现点 II“**发现物种分化过程中的“走出古地中海”模式**”，该项目结合古地中海变迁历史，发现钩虾从古地中海走向全球的路径（代表论著 1）。《生物多样性》杂志将该研究成果在首页做了重点介绍（附件 20）；甲壳动物学家 Mcinerney 教授认为该研究证实“古地中海起源”的观点，以及从海洋到淡水的演化路径为甲壳动物研究提供了时间框架，多次被引用作时间标定点，如基于该研究成果探讨欧洲钩虾的演化过程“Details of the external calibration points estimated from a subset of representative data from Hou et al. (2011) are provided”（他引论文 1，附件 9）。提出中国淡水钩虾为两次起源，青藏高原隆升孕育了中国西南特有的类群（代表论著 8），论文被 *Annual Review of Marine Science*、*Biological Reviews* 等杂志他引 61 次。肯定了该项目在甲壳动物分子系统学和动物地理方面的贡献 “Analysis of systematic relationships within the amphipod genus

Gammarus - a highly speciose genus found to be monophyletic using COI and other molecular markers (Hou et al., 2007)” (他引论文 8, 附件 16)。证实东亚海侵促进跳钩虾从海洋登陆, 并在陆地生境中快速演化 (代表论著 3), 为诠释中国生物多样性分布格局提出新见解, 并被引用来解释欧洲喀尔巴阡地区甲壳动物的分化格局 (他引论文 3, 附件 11)。

科学发现点 III“发现洞穴促进了物种多样性的分化”, 对陆生蜘蛛的多样性分化研究揭示洞穴蜘蛛为古老的孑遗物种。青藏高原隆升拉动云贵高原的再度抬升, 导致气候变冷并迫使云贵高原部分蜘蛛迁入洞穴, 因洞穴隔离形成新物种并保持较高的物种多样性 (代表论著 4)。开拓了洞穴动物进化动力研究, 发现由于洞穴的隔离作用, 洞穴中蕴藏着丰富的生物多样性, 为制定保护策略提供科学依据。研究成果被作为洞穴物种形成的一般规律来分析比利牛斯山洞穴甲虫的分布格局 (他引论文 4, 附件 12)。

科学发现点 III“发现洞穴促进了物种多样性的分化”, 该项目结合形态、行为和化学通讯等方面的研究, 鉴定出蜘蛛的雌、雄性信息素, 探讨了洞穴蜘蛛求偶交配导致的生殖隔离 (代表论著 6、7)。2009 年 7 月 29 日代表论著 6 被 *Nature* 中国研究亮点作了题为 “Spider's secret blend of love” 的介绍, 认为该研究揭开了蜘蛛爱情的秘密 (附件 21); 2010 年 7 月 7 日代表论著 7 被 *Nature* 中国研究亮点作了题为 “An aphrodisiac pheromone” 的报道 (附件 22)。该项目鉴定出的蜘蛛雌、雄性信息素得到国内、外同行的肯定, 并引用为蜘蛛信息素的模板去挖掘其它蜘蛛的性信息素 (他引论文 6, 附件 14; 他引论文 7, 附件 15)。代表论著 6 和 7 分别被 *Animal Behaviour*、*Angewandte Chemie International Edition* 等行为学和化学通讯领域重点杂志他引 16 和 18 次。

8 篇代表性论文专著目录:

1. Hou Z., Sket B., Fišer C. & *Li S., 2011. Eocene habitat shift from saline to freshwater promoted Tethyan amphipods diversification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 108 (35): 14533–14538. (影响因子 10.285 , 他引次数 40)
2. Zhang A.B., Sikes D.S., Muster C. & *Li S. 2008. Inferring species membership using DNA sequences with Back-Propagation Neural Networks. *Systematic Biology* 57 (2): 202–215. (影响因子15.274 , 他引次数31)
3. Yang L., Hou Z. & *Li S. 2013. Marine incursion into East Asia: a forgotten driving force of biodiversity. *Proceedings of the Royal Society B - Biological Sciences* 280: 20122892. (影响因子 5.366 , 他引次数 2)
4. Zhang Y. & *Li S. 2013. Ancient lineage, young troglobites: recent colonization of caves by *Nesticella* spiders. *BMC Evolutionary Biology* 13: 183. (影响因子 3.608, 他引次数 5)
5. Yao Z. & *Li S., 2012. New species of the spider genus *Pholcus* (Araneae: Pholcidae) from China. *Zootaxa* 3289: 1–271. (影响因子 0.910 , 他引次数 1)
6. Xiao Y., Zhang J.X. & *Li S. 2010. Male-specific (Z)-9-tricosene stimulates female mating behaviour in the spider *Pholcus beijingensis*. *Proceedings of the Royal Society B - Biological Sciences* 277: 3009–3018. (影响因子 5.366 , 他引次数 16)
7. Xiao Y., Zhang J.X. & *Li S. 2009. A two-component female-produced pheromone of the spider *Pholcus beijingensis*. *Journal of Chemical Ecology* 35 (7): 769–778. (影响因子3.054 , 他引次数18)
8. Hou Z., Fu J. & *Li S. 2007. A molecular phylogeny of the genus *Gammarus* (Crustacea: Amphipoda) based on mitochondrial and nuclear gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45 (2): 596–611. (影响因子3.954 , 他引次数61)

主要完成人情况:

姓 名	李枢强	性别	男	排 名	1	国 籍	中国
出生年月	1965 年 5 月		出 生 地	河北保定	民 族	汉	
身份证号	220104196505041318		归国人员	是	归国时间	1998	
技术职称	研究员		最高学历	研究生	最高学位	博士	
毕业学校	德国霍恩海姆大学		毕业时间	1998	所学专业	动物学	
电子邮箱	lisq@ioz.ac.cn		办公电话	01064807216	移动电话	13910738928	
通讯地址	北京市朝阳区北辰西路 1 号院 5 号				邮政编码	100101	
工作单位	中国科学院动物研究所				行政职务	无	
二级单位	中国科学院动物进化与系统学院重点实验室				党 派	中共党员	
完成单位	中国科学院动物研究所				所 在 地	北京	
					单位性质	公益型研究单位	
参加该项目的起止时间		2004.01.01 至 2013.09.09					
<p>对该项目主要学术贡献:</p> <p>项目总设计者和负责人。发现蜘蛛等类群 1000 多个新种, 使中国动物的物种多样性增加了 1%。提出基于人工神经网络的 DNA 分类新技术 (科学发现点 I)。发现青藏高原隆起、古地中海消失、云贵高原的再度隆升等三个相互关联的地质事件对陆生和水生无脊椎动物的生物多样性格局有重要影响, 阐明古地中海变迁驱动钩虾从海洋迁移到欧亚大陆快速分化, 提出“走出古地中海” (科学发现点 II)。鉴定出蜘蛛雌、雄性信息素, 揭示了洞穴蜘蛛的求偶交配机制, 发现洞穴物种多样性的形成和维持机制 (科学发现点 III)。</p>							

姓名	侯仲娥	性别	女	排名	2	国籍	中国
出生年月	1974年9月			出生地	山西文水	民族	汉
身份证号	142322197409254524			归国人员	否	归国时间	
技术职称	研究员			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	中国科学院动物研究所			毕业时间	2002	所学专业	动物学
电子邮箱	houze@ioz.ac.cn			办公电话	01064807211	移动电话	13691159193
通讯地址	北京市朝阳区北辰西路1号院5号					邮政编码	100101
工作单位	中国科学院动物研究所					行政职务	无
二级单位	中国科学院动物进化与系统学院重点实验室					党派	中共党员
完成单位	中国科学院动物研究所					所在地	北京
						单位性质	公益型研究单位
参加该项目的起止时间		2004.01.01 至 2013.09.09					
<p>对该项目主要学术贡献：</p> <p>项目主要完成人之一，发现淡水钩虾 3 新属 67 新种，形成整合形态、生态和分子证据的物种鉴定模板（科学发现点 I）。系统研究古地中海变迁对钩虾多样性分化格局的影响，提出古地中海消退为钩虾占据淡水生境提供了生态机遇，揭示了钩虾从海洋到淡水的演化路径，以及走出古地中海在欧亚大陆快速分化的模式；阐明中国淡水钩虾分为东南和西北两次独立起源，东南一支为中国特有类群，是由于青藏高原的隆升而独立演化，西北一支为古地中海起源，分布范围延伸到欧洲东部（科学发现点 II）。</p>							

姓名	姚志远	性别	男	排名	3	国籍	中国
出生年月	1983年9月			出生地	辽宁沈阳	民族	汉
身份证号	21011219830920261X			归国人员	否	归国时间	
技术职称	助理研究员			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	中国科学院动物研究所			毕业时间	2012	所学专业	动物学
电子邮箱	yaozy@ioz.ac.cn			办公电话	01064807211	移动电话	15110098747
通讯地址	北京市朝阳区北辰西路1号院5号					邮政编码	100101
工作单位	中国科学院动物研究所					行政职务	无
二级单位	中国科学院动物进化与系统学院重点实验室					党派	中共党员
完成单位	中国科学院动物研究所					所在地	北京
						单位性质	公益型研究单位
参加该项目的起止时间		2009.07.01 至 2013.09.09					
<p>对该项目主要学术贡献：</p> <p>项目主要完成人之一，曾在非洲、中亚、东南亚和我国大部分地区开展野外调查工作，发表 128 个蜘蛛新种，并基于模式标本对中国和东南亚地区 50 种提供了新的鉴别特征图；揭示了高度的物种特有性同样存在于岩溶洞穴洞口处；厘清了中国蜘蛛的分布格局（科学发现点 I）。</p>							

姓 名	张爱兵	性别	男	排 名	4	国 籍	中国
出生年月	1971 年 2 月			出 生 地	江苏宝应	民 族	汉
身份证号	321023197102173415			归国人员	是	归国时间	2006 年 10 月
技术职称	教授			最高学历	研究生	最高学位	博士
毕业学校	中国科学院动物研究所			毕业时间	2002	所学专业	分子生态
电子邮箱	Zhangab2008@mail.cnu.edu.cn			办公电话	010-68901860	移动电话	15910658509
通讯地址	北京市海淀区西三环北路 105 号					邮政编码	100048
工作单位	首都师范大学					行政职务	副院长
二级单位	生命科学学院					党 派	中共党员
完成单位	中国科学院动物研究所					所 在 地	北京
						单位性质	公益型研究单位
参加该项目的起止时间		2006.10.20 至 2010.12.31					
<p>对该项目主要学术贡献：</p> <p>项目主要完成人之一，提出基于人工神经网络的 DNA 分类新技术（科学发现点 I）。有助于提高陆生及水生无脊椎动物 DNA 条码识别效率，尤其能极大地提高类群中近缘种 DNA 条码识别效率，为 DNA 分子分类学研究提供了新的研究思路，被国际同行评价为非常重要的、即时的、创新性的 DNA 条码解决方案。</p>							

完成人合作关系说明：

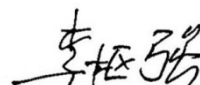
该项目的主要负责人和设计者是中国科学院动物研究所的李枢强研究员。项目始于 2004 年，项目执行中侯仲娥、姚志远、张爱兵分别作为工作人员和博士生加入该项目。

侯仲娥研究员 2002 年在中国科学院动物研究所获博士学位后留所参加工作。自 2004 年项目开始就一直参与项目的具体实施。期间主要完成了淡水钩虾的物种发现、分布格局和物种多样性形成机制研究。发表钩虾 3 新属 67 新种，形成了整合形态、生态和分子证据的钩虾鉴定标准。揭示钩虾起源于古地中海，发生了从咸水向淡水生境的迁移，以及走出古地中海在欧亚大陆快速分化的模式，验证了生态机遇促进物种分化的理论（代表论著 1）。其研究工作还发现中国的淡水钩虾为二次起源，东南一支是随着青藏高原的隆起而独立演化为东亚特有类群，而西北一支为古老的古地中海起源，与欧洲和中亚的钩虾亲缘关系更近（代表论著 8）。同时，侯仲娥还参与完成了该项目中东亚海侵驱动跳钩虾登陆并在陆地生境中演化的研究（代表论著 3），协助项目负责人完成实验设计，并为各项实验的顺利完成和论文发表提供了重要的实验数据。

姚志远 2009 年起在中国科学院动物研究所攻读博士学位，加入该项目的研究工作；2012 年毕业后以工作人员的身份继续从事该项目的研究。姚志远开展了大量的野外采集工作，为物种形成机制研究积累了大量的标本。发表蜘蛛 128 个新种，系统整理了中国蜘蛛的分类和分布格局，发表长达 271 页的专著（代表论著 5）。

张爱兵 2003 年在中国科学院动物研究所获博士学位，2006 年在中国科学院动物研究所工作人员的身份参与该项目（后调离）。参加第一完成人主持的基金委两个基地项目“DNA 分类学与重要物种 DNA 分类鉴定数据库的建立”（2004 年~2006 年），提出基于人工神经网络 DNA 分类新技术，并证实这一方法优于目前通用的基于遗传距离进行比对的方法（代表论著 2），极大地提高了近缘种 DNA 条码识别效率，促进准确鉴定物种。

第一完成人签名：



完成人合作关系情况汇总表

序号	合作方式	合作者 (项目排名)	合作时间	合作成果	证明材料	备注
1	论文合著	李枢强/1 侯仲娥/2	2004.01.01– 2013.09.09	Hou Z., Sket B., Fišer C. & Li S., 2011. Eocene habitat shift from saline to freshwater promoted Tethyan amphipods diversification. <i>Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America</i> 108 (35): 14533–14538.	代表论著 1 附件 1	
2	论文合著	李枢强/1 姚志远/3	2009.07.01– 2013.09.09	Yao Z. & Li S., 2012. New species of the spider genus <i>Pholcus</i> (Araneae: Pholcidae) from China. <i>Zootaxa</i> 3289: 1–271.	代表论著 5 附件 5	
3	论文合著	李枢强/1 张爱兵/4	2006.10.20– 2010.12.31	Zhang A.B., Sikes D.S., Muster C., Li S., 2008. Inferring species membership using DNA sequences with Back-Propagation Neural Networks. <i>Systematic Biology</i> 57 (2): 202–215.	代表论著 2 附件 2	

承诺：本人作为项目第一完成人，对该项目完成人合作关系及上述内容的真实性负责，特此声明。

第一完成人签名：

知情同意证明：

知情同意证明

项目名称：陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类和分化格局
代表论著3 第一作者杨璐女士于2007年~2013年在中国科学院动物研究所攻读博士学位，导师为李枢强研究员，同意该项目推荐为国家自然科学奖二等奖。

签名： 

日期： 2016.12.28

知情同意证明

项目名称：陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类和分化格局

代表论著 4 第一作者张媛媛女士于 2008 年~2014 年在中国科学院动物研究所攻读博士学位，导师为李枢强研究员，同意该项目推荐为国家自然科学奖二等奖。

签名：张媛媛

日期：2016.12.29

知情同意证明

项目名称：陆生和水生无脊椎动物代表类群的分类和分化格局
代表论著 6、7 第一作者肖永红女士于 2007 年~2010 年在中国科学院动物研究所攻读博士学位，导师为李枢强研究员，同意该项目推荐为国家自然科学奖二等奖。

签名：



日期：

2016.12.27