

DOI: 10.5846/stxb201610182115

王玉涛, 潘建飞, 黄翠翠, 胡平, 韩建林. 东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡遗传多样性及系统发育地位. 生态学报, 2018, 38(1): 316-324.

Wang Y T, Pan J F, Huang C C, Hu P, Han J L. Genetic diversity and phylogenetic status of *Tetraogallus himalayensis* in East Pamir, Xinjiang, China. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(1): 316-324.

# 东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡遗传多样性及系统发育地位

王玉涛<sup>1,2</sup>, 潘建飞<sup>3</sup>, 黄翠翠<sup>1,2</sup>, 胡平<sup>1,2</sup>, 韩建林<sup>1,2,3,\*</sup>

1 喀什大学, 生命与地理科学学院, 喀什 844000

2 喀什大学新疆维吾尔自治区叶尔羌绿洲生态与生物资源研究高校重点实验室, 喀什 844000

3 中国农业科学院-国际家畜研究所畜禽牧草遗传资源联合实验室, 北京 100073

**摘要:** 东帕米尔高原作为生物多样性丰富的区域之一, 喜马拉雅雪鸡和藏雪鸡在此混群分布。以东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡为研究对象, 采用 PCR 和测序技术, 研究了 *mtDNA D-loop* 区序列特征, 下载 GenBank 已提交的雪鸡序列, 利用最大似然法构建系统发育树和中介网络关系, 以阐明东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡遗传多样性水平和系统进化地位。结果表明: 东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡 *mtDNA D-loop* 序列富含 A、T 碱基, 含量为 59.8%, 存在 64 个多态位点, 占核苷酸总数的 5.5%, 其中单一多态位点 29 个, 简约信息位点 33 个, 两处插入或缺失, 转换发生的频率远远高于颠换; 25 个个体存在 23 种单倍型, 平均单倍型多样性 ( $H_d$ ) 为  $0.92 \pm 0.0001$ , 平均核苷酸多样性 ( $\pi$ ) 为 0.00958, 平均核苷酸差异度 ( $K$ ) 为 11.067, 说明东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡核苷酸多样性较低, 单倍型多样性高, 具有较为丰富的遗传多样性; 系统发育分析显示喜马拉雅雪鸡与藏雪鸡分为明显的两大簇群, 本研究涉及的东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡出现遗传分化, 呈现明显的 2 个进化支; 中介网络关系分析显示雪鸡具有明显的地理分布特征, 本研究雪鸡 84% 的单倍型聚在以东帕米尔高原为中心的进化支上。因此, 建议扩大塔什库尔干野生动物自然保护区 (位于东帕米尔高原境内) 范围, 建立国家级自然保护区, 恢复生态环境, 以提高雪鸡栖息地的生存适宜性。

**关键词:** 东帕米尔高原; 喜马拉雅雪鸡; *mtDNA D-loop*; 遗传多样性; 系统发育地位

## Genetic diversity and phylogenetic status of *Tetraogallus himalayensis* in East Pamir, Xinjiang, China

WANG Yutao<sup>1,2</sup>, PAN Jianfei<sup>3</sup>, HUANG Cuicui<sup>1,2</sup>, HU Ping<sup>1,2</sup>, HAN Janlin<sup>1,2,3,\*</sup>

1 College of Life and Geographic Sciences, Kashgar University, Kashgar 844000, China

2 The Key Laboratory of Ecology and Biological Resources in Yarkand Oasis at Colleges & Universities under the Department of Education of Xinjiang Uygur Autonomous Region, Kashgar University, Kashgar 844000, China

3 Chinese Academy of Agricultural Sciences-International Livestock Research Institute, Joint Laboratory on Livestock and Forage Genetic Resources, Institute of Animal Sciences, Beijing 100073, China

**Abstract:** The Eastern Pamir Plateau is a region with highly abundant biodiversity in Xinjiang, China, where the distribution of *Tetraogallus himalayensis* (*T. himalayensis*) and *Tetraogallus tibetanus* (*T. tibetanus*) are found. In this study, the *mtDNA D-loop* gene sequences of the study organism, *T. himalayensis*, were sequenced and analyzed. Both haplotype networks and a phylogenetic tree based on the neighbor-joining and Maximum Likelihood methods were constructed to analyze genetic diversity and phylogenetic status of the species' Eastern Pamir Plateau population. The results indicated that

**基金项目:** 新疆维吾尔自治区自然科学基金项目 (2012211B29); 新疆维吾尔自治区科技创新团队建设项目 (2014751002); 新疆维吾尔自治区高校科研计划项目 (XJEDU20141036)

收稿日期: 2016-10-18; 网络出版日期: 2017-09-12

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: h.jianlin@cgiar.org

A and T bases were rich in the *mtDNA D-loop* sequences at 59.8%. There were 64 mutation sites, accounting for 5.5% of all nucleotides, of which 29 were singleton variable sites, 33 were parsimony informative sites, and 2 were insertion/deletion sites. There were many more transitions than transversions. The average haplotype diversity (Hd) was  $0.92 \pm 0.0001$ , the average nucleotide diversity (PI) was 0.00958, and the average nucleotide diversity (K) was 11.067. Overall, the nucleotide diversity of *T. himalayensis* in the Eastern Pamir Plateau was low, while haplotype diversity was high, demonstrating rich genetic diversity in the species. Through phylogenetic analysis, this study equally found that *T. himalayensis* and *T. tibetanus* are divided in two major clusters. *T. himalayensis* shows the greatest genetic differentiation, with 2 obvious evolutionary branches. Additionally, Snowcock (*Tetraogallus* spp.) exhibit a distinct geographical distribution, with 84% of *T. himalayensis* haplotypes in the Eastern Pamir Plateau being in unique evolutionary branches. Accordingly, it is recommended that the Tashkorgan Wild Animal Nature Reserve be expanded, and upgraded to the level of National Nature Reserve, in recognition of the ecological significance of the region and to support the protection and restoration of suitable *Tetraogallus* spp. habitat in the Eastern Pamirs.

**Key Words:** East Pamir; *Tetraogallus himalayensis*; *mtDNA D-loop*; genetic diversity; phylogenetic status

雪鸡属鸟纲(Aves),鸡形目(Galliformes),雉科(Phasianidae),雪鸡属(*Tetraogallus*),包括高加索雪鸡(*T. caucasicus*)、里海雪鸡(*T. caspius*)、阿尔泰雪鸡(*T. altaicus*)、喜马拉雅雪鸡(*T. himalayensis*)和藏雪鸡(*T. tibetanus*)5个种<sup>[1-2]</sup>,后3种在中国境内均有分布,其中喜马拉雅雪鸡又称暗腹雪鸡,藏雪鸡又称淡腹雪鸡。喜马拉雅雪鸡是雪鸡属中体形最大的种<sup>[3]</sup>,在国内主要分布在昆仑山西部、祁连山脉和喜马拉雅山西部等地,按照分布格局不同又分为有4个亚种:即指明亚种(*T. h. himalayensis*)分布于我国新疆西部;疆南亚种(*T. h. grombszewskii*)主要分布于昆仑山西部向东到新疆于田附近;青海亚种(*T. h. koslowi*)分布于自阿尔金山西部向东经祁连山至青海湖南部地区;天山亚种(*T. h. sewerzowi*)分布于新疆天山山脉<sup>[3]</sup>。在国外,阿富汗、土耳其至尼泊尔、巴基斯坦和哈萨克斯坦均有分布<sup>[4-6]</sup>。昆仑山-帕米尔高原是喜马拉雅雪鸡的分布中心,然而由于全球气候变化、人类活动干扰、天敌侵害和非法狩猎,喜马拉雅雪鸡赖以生存环境不断恶化,群体数量急剧下降。喜马拉雅雪鸡现为国家Ⅱ级重点保护动物,已被IUCN红色目录列为低危(LC)物种<sup>[7]</sup>,中国脊椎动物红色名录列为近危(NV)<sup>[8]</sup>。

雪鸡既具有较高的药用和观赏价值,又具有一定的生态价值。关于喜马拉雅雪鸡的研究主要集中在野外生境、巢址选择、食性和繁殖习性,圈养驯化和繁育以及起源进化方面<sup>[9-29]</sup>。在起源进化方面,刘强等利用雪鸡 *mtDNA Cytb* 基因全长序列(1143bp)与雉科中其他19个属的 *Cytb* 基因进行同源性比较,结果表明雪鸡属在雉科中与鹑属亲缘关系最近,其次是石鸡属,雪鸡属与鹑属的分歧时间为1.5百万—2.0百万年,与石鸡属分歧时间为1.7百万—2.4百万年<sup>[30]</sup>。Ruan等利用 *mtDNA Cytb* 基因部分序列(535bp)分析了6个喜马拉雅雪鸡群体,表明新疆天山地区雪鸡群体遗传多样性丰富,且群体间存在基因交流<sup>[31-32]</sup>。王小立通过对喜马拉雅雪鸡的线粒体DNA控制区(*mtDNA D-loop*)序列和微卫星进行标记检测,研究了我国喜马拉雅雪鸡11个地理种群的分子系统地理学,结果表明11个地理种群分为4个进化分支,且近期经历过种群分化、基因交流受到限制并且在冰期发生过扩张<sup>[33-34]</sup>。但以上研究中,涉及东帕米尔高原境内的喜马拉雅雪鸡样本数量较少或不足,不足以代表整个地理种群。因此,关于雪鸡地理学及遗传多样性研究,急需扩大样本数量以及地理覆盖度。

帕米尔高原是地球上两条巨大山带(阿尔卑斯-喜马拉雅山带和帕米尔-楚科奇山带)的山结,也是亚洲大陆南部和中部地区主要山脉的汇集处,这里群山起伏、连绵逶迤、雪峰群立、耸入云天,因此人口稀少,人类活动较少,是野生动物理想的栖息地。但随着社会经济的飞速发展,人类活动加剧,帕米尔高原植被退化严重,荒漠化进程加速,野生动物栖息地生境破碎化程度严重<sup>[35]</sup>,边缘效应加剧,物种内基因交流受阻,群体遗传多样性降低,导致该区域面临生物多样性丧失、生态系统服务低下和贫困的恶性循环<sup>[36]</sup>,因此开展区域内

生物多样性评估具有重要的意义。关于东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡群体遗传多样性评估及相关研究尚未见报道,因此为阐明东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡遗传多样性水平和系统进化地位,本文选择 *mtDNA D-loop* 序列信息,利用生物信息学软件分析雪鸡 *mtDNA D-loop* 序列特征和遗传多样性水平;选择 GenBank 中已提交的雪鸡序列,利用最大似然法构建系统进化树以及中介网络构建系统发育关系,这可为喜马拉雅雪鸡遗传资源保护和利用提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

喜马拉雅雪鸡样本是从 2008 年开始在新疆帕米尔高原的塔什库尔干野生动物自然保护区(红其拉甫、达布达尔、恰拉奇古等区域)、阿克陶县和帕米尔雪鸡繁育基地收集雪鸡尸体的肌肉组织,合计 25 个。收集的肌肉组织放入 75%酒精中-80℃保存,肌肉组织样本保存在喀什大学叶尔羌绿洲生态与生物资源研究高校重点实验室。

### 1.2 基因组 DNA 提取

肌肉组织基因组 DNA 提取参照《分子克隆》(第三版)的提取方法,采用常规的酚·氯仿抽提法,并结合实验室条件进行了优化和改进。

### 1.3 引物设计和 PCR 扩增

利用 Primer 5 软件,根据 GenBank 上公布的雪鸡 *mtDNA* 序列(登录号:NC.027279)设计特异性扩增引物。正向引物 L15725x-15705: 5'-CCTAGCAGCCTCAGTACTCATCCTAC-3',反向引物 H1530x-1498: 5'-CCGCGGTGGCTGGCACAAGATTAC-3',测序引物 L15725-seq1: 5'-CCTCTATTTTCCACAAAAGTAGG-3'。引物由北京三博远志生物技术有限责任公司合成。

PCR 反应体系:总体积 25 μL,其中 TaqDNA 酶(500U)0.5 μL, dNTPs(10mmol/L)0.5 μL, Buffer(2.5mmol/L)12.5 μL,上下游引物(10pmol/μL)1 μL, DNA 模板(100ng/μL)1 μL, ddH<sub>2</sub>O 8.5 μL。

扩增反应条件:94℃预变性 3min,35 个循环(94℃变性 30s, 63℃退火 30s, 72℃延伸 1.5min),72℃延伸 7min,4℃保存。PCR 产物采用 0.8%的琼脂糖凝胶电泳检测,扩增产物送北京三博远志生物技术有限责任公司测序。

### 1.4 序列分析

Chromas Version 1.45 对喜马拉雅雪鸡 *mtDNA D-loop* 区序列进行人工校对。用 MEGA 5.0 比对序列以及统计序列碱基组成,并构建系统发育树。DnaSPV5 用于统计单倍型,计算单倍型和核苷酸多样性指标,利用 Adobe Illustrator 软件对图片进行处理。利用 Network4.6.1.1 软件对本研究所得序列和 GenBank 下载的喜马拉雅雪鸡和藏雪鸡的同源 *mtDNA D-loop* 序列进行网络关系及其单倍型分布频率分析。喜马拉雅雪鸡和藏雪鸡序列信息见表 1。

表 1 雪鸡 *mtDNA D-loop* 序列信息表  
Table 1 *mtDNA D-loop* sequence information of *Tetraogallus*

| 种<br>Species                               | 样本来源<br>Geographical area | 单倍型<br>Haplotype  | 数量<br>Number | 登录号<br>GenBank accession number    | 备注<br>Notes |
|--------------------------------------------|---------------------------|-------------------|--------------|------------------------------------|-------------|
| 喜马拉雅雪鸡<br><i>Tetraogallus himalayensis</i> | 青海 德令哈                    | H1, H3, H8        | 3            | GQ343513, 15, 20                   |             |
|                                            | 格尔木                       | H2                | 1            | GQ343514                           |             |
|                                            | 甘肃 肃北县                    | H4—H7, H35        | 5            | GQ343516—19; GQ343547              |             |
|                                            | 新疆 昭苏县                    | H9                | 1            | GQ343521                           |             |
|                                            | 奇台县                       | H15, H22, H24—H28 | 7            | GQ343527, 34;<br>GQ343536—GQ343540 |             |
|                                            | 后峡                        | H37               | 1            | GQ343549.1                         |             |
|                                            | 阿克苏                       | H9, H13, H31      | 3            | GQ3435121, 25, 43                  |             |

续表

| 种<br>Species                         | 样本来源<br>Geographical area | 单倍型<br>Haplotype                                    | 数量<br>Number | 登录号<br>GenBank accession number                                    | 备注<br>Notes |
|--------------------------------------|---------------------------|-----------------------------------------------------|--------------|--------------------------------------------------------------------|-------------|
|                                      | 喀什库尔干                     | H32, H33, H34                                       | 3            | GQ343544—GQ343546                                                  |             |
|                                      | 和田                        | H17, H35, H36                                       | 3            | GQ343529; GQ343547—48                                              |             |
|                                      | 皮山                        | H9, H11                                             | 2            | GQ343521; GQ343523                                                 |             |
|                                      | 喀什塔什                      | H8—H10, H12, H14,<br>H16, H18—H21, H23,<br>H29, H30 | 13           | GQ343520—22; GQ343524, 26,<br>28; GQ343530—33; GQ343535,<br>41, 42 |             |
|                                      |                           | AFXJ83, 201, 205                                    | 3            | JN684047.1—JN684049.1                                              |             |
|                                      | 东帕米尔高原                    | Hap1—Hap23                                          | 23           | /                                                                  | 本研究         |
| 藏雪鸡<br><i>Tetraogallus tibetanus</i> | 青藏高原                      | H1—H35, ZXJ101—102                                  | 37           | JX136799.1—JX136833.1;<br>JN684045—46                              |             |
|                                      | 外群                        | OUTGROUP1—2                                         | 2            | GQ343550.1; GQ343551.1                                             |             |

## 2 结果与分析

### 2.1 PCR 扩增

对 25 份喜马拉雅雪鸡 mtDNA 目的片段进行 PCR 扩增,扩增产物用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测(图 1)。检测产物大小与目的片段长度一致(2496bp),且条带清晰,无杂带或拖带,无非特异扩增产物,可以用于 PCR 产物直接测序。

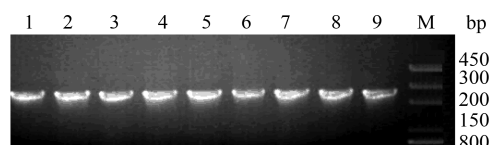


图 1 mtDNA PCR 扩增产物

Fig.1 Amplifications of mtDNA gene

### 2.2 mtDNA D-loop 序列分析

#### 2.2.1 mtDNA D-loop 核苷酸组成

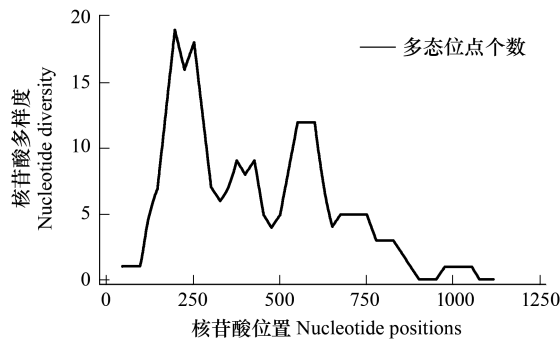
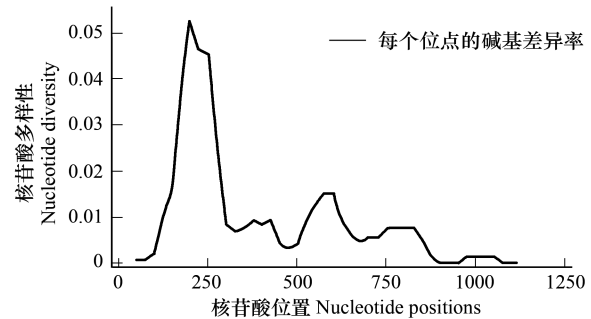
对 25 个喜马拉雅雪鸡 mtDNA D-loop 区进行序列测定,测序结果经比较、校正后获得了 1157bp 的全长序列。与参照序列 NC027279 进行对比编辑进行分析。结果表明:mtDNA D-loop 中 T、C、A、G 4 种碱基平均比例分别为 33.0%、26.2%、26.8%、14.0%,A+T 的平均含量为 59.8%,显著高于 G+C 平均含量 40.2%。因此雪鸡 mtDNA D-loop 区富含 A 和 T。进而说明碱基组成具有偏倚性,符合禽类线粒体 DNA 序列特征。

#### 2.2.2 mtDNA D-loop 核苷酸变异与单倍型多样性分析

利用 DnaSP5.10.01 软件对 25 个喜马拉雅雪鸡的 mtDNA D-loop 高变区进行单核苷酸多态性分析,以 Hap1 为标准,共检测到 64 个多态位点,占所测核苷酸的 5.5%。其中有 29 个单一多态位点,位于第 32、165、199、290、295、299、304、349、392、393、397、400、404、407、409、452、478、504、524、544、566、571、581、585、598、646、697、723 和 725 位;33 个简约信息位点,位于第 146、166、168、173、189、205、208、217、218、220、222、223、231、236、237、242、243、245、256、289、383、554、573、576、578、606、609、714、740、780、826、838 和 1003 位;240 和 953 位存在两个插入/缺失位点。本实验检测到转换、颠换、插入或缺失 4 种核苷酸变异类型,其中转换 42 次,占变异位点数的 65.63%,A/G 之间转换 8 次,T/C 之间转换 34 次;颠换 20 次,占变异为点数的 31.25%;存在两处插入或缺失,在 240 处插入或缺一个 C,在 953 处插入或缺失一个 T。

通过 DnsSP5.10.01 软件对喜马拉雅雪鸡的 25 个个体 mtDNA D-loop 区序列进行多态性分析,结果共检测到 64 个多态位点,存在 23 种单倍型,命名为 Hap1—Hap23(表 2),25 个雪鸡中有 2 个个体共享单倍型 Hap11,2 个个体共享单倍型 Hap19,其余 23 个个体均为独立单倍型。平均单倍型多样性(Hd)为  $0.92 \pm 0.0001$ ,平均核苷酸多样性( $\pi$ )为 0.00958,平均核苷酸差异度(K)为 11.067,从而显示东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡核苷酸多样性较低,单倍型多样性高,具有较为丰富的遗传多样性。



图2 *mtDNA D-loop* 区序列碱基变异分布Fig.2 *mtDNA D-loop* base variation distribution图3 *mtDNA D-loop* 序列核苷酸多样性分布Fig.3 *mtDNA D-loop* nucleotide diversity distribution

从图5系统发育树可以发现,84个单倍型共分为两大支。一支为喜马拉雅雪鸡,一支为藏雪鸡。而喜马拉雅雪鸡支又分为3支,本实验确定的23个单倍型喜马拉雅雪鸡聚在2个进化支上,其中19个单倍型与Wang等<sup>[35]</sup>,Luzhang等<sup>[33]</sup>采集自塔什库尔干县样本(H32,H33,H34,AFXI-83)聚一个进化支上,可见来自东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡独享进化支,但单倍型Hap2、Hap17、Hap5、Hap15聚在另一个进化支上,进而说明该区域喜马拉雅雪鸡出现种群分化。

### 2.3.2 网络关系分析

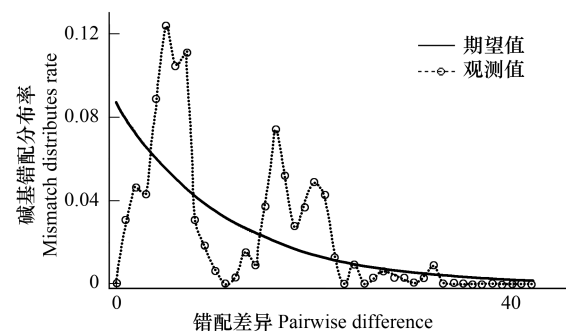
Network网络分析法是系统进化分析最常用的方法之一,主要用于阐述种内水平的系统发育关系,能清晰地表明单倍型之间的关系、各单倍型在各群体中的分布频率及其基因流的方向。利用Network4.6.1.1软件对雪鸡*mtDNA D-loop* 84个单倍型的网络关系进行分析(图6)。结果显示网络关系分析与其系统发育NJ树的结果完全一致,所有的单倍型聚为2个簇群,分别为喜马拉雅雪鸡簇群和藏雪鸡簇群。按照动物地理分布分析,本研究的19个单倍型与前人研究的4个单倍型聚在以东帕米尔高原为中心的喜马拉雅雪鸡簇中,且形成单独的一支,不与其他区域雪鸡共享进化支;其余4个单倍型与其他单倍型聚在以昆仑山、天山、阿尔金山和祁连山为分布区域的喜马拉雅雪鸡簇中。由此可见喜马拉雅雪鸡遗传特征具有明显的地理分布特征,并由此形成不同的亚种,说明雪鸡进化具有明显的地理起源特征。所有藏雪鸡均聚在以青藏高原为中心的簇中。

## 3 讨论

### 3.1 遗传多样性

本研究喜马拉雅雪鸡25个样本获得1157bp长的*mtDNA D-loop*区序列,与其他鸟类控制区长度差异不大。喜马拉雅雪鸡碱基A+T的含量为59.8%,高于G+C的含量40.2%,证明雪鸡*mtDNA D-loop*区序列存在碱基偏倚性,符合鸟类线粒体DNA碱基组成偏倚性的特点。这与脊椎动物*mtDNA*的特点一样,存在一条重链和一条轻链,就是由于这两条链的A+T的含量差异造成的。共发现64个变异位点,占所检测核苷酸的5.53%,其中有29个单一多态位点,33个简约信息位点和两个插入/缺失位点,变异较高。

单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性( $\pi$ 值)是衡量一个群体*mtDNA*变异程度的两个重要指标。 $\pi$ 值越大遗传多样性越高。本实验喜马拉雅雪鸡 $\pi$ 值为0.00958,平均单倍型多样性为 $0.92 \pm 0.0001$ ,说明东帕米尔喜马拉雅雪鸡核苷酸多样性低,而单倍型多样性较高,这与王小立对喜马拉雅雪鸡的11个地理种群67个样

图4 *mtDNA D-loop* 碱基错配分布Fig.4 Mismatch distributes for all *Tetraogallus himalayensis* samples

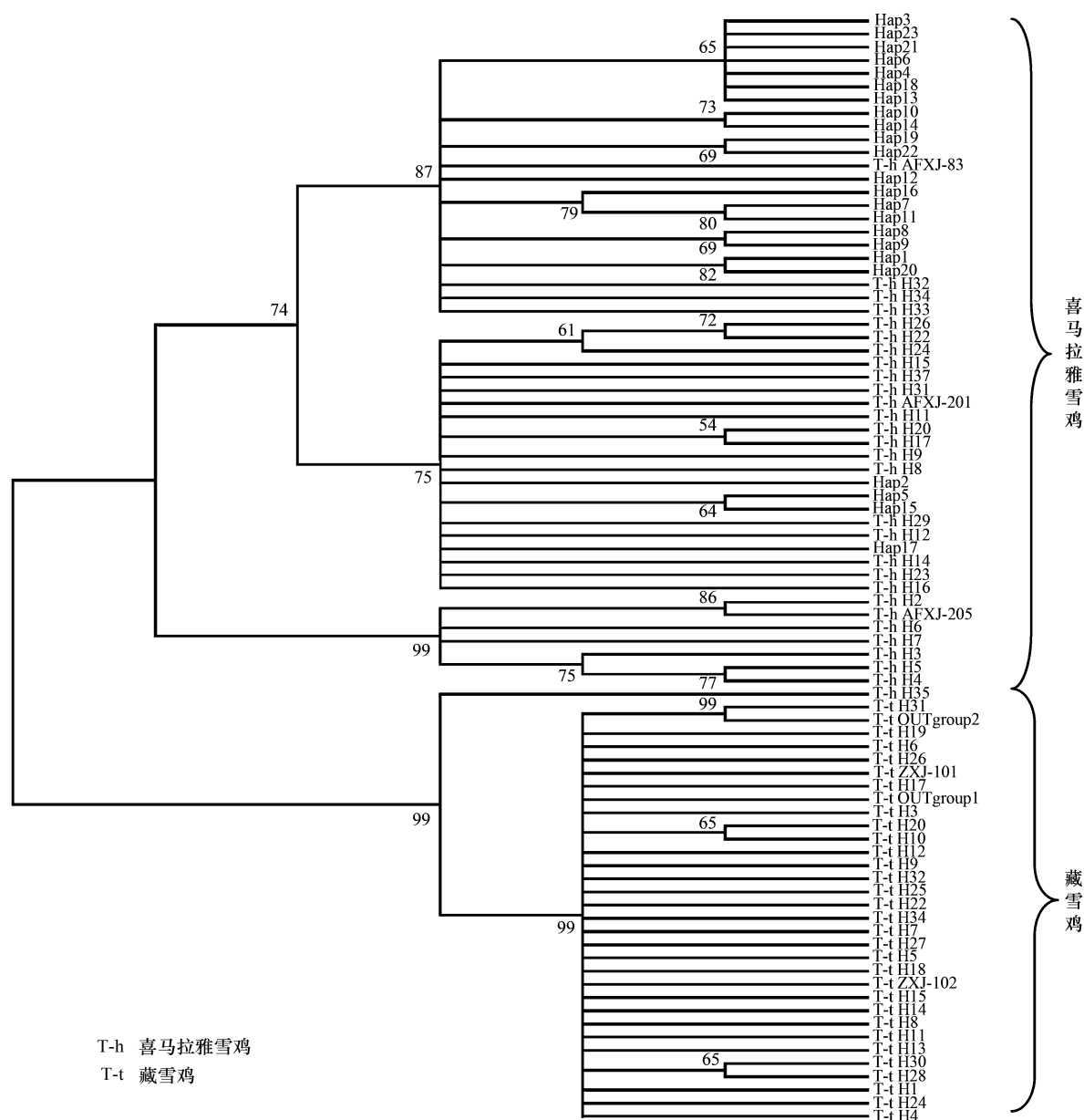


图 5 84 个雪鸡 *mtDNA D-loop* 单倍型构建的 NJ 系统发育进化树

Fig.5 Evolution tree *Tetraogallus* constructs 84 *mtDNA D-loop* haplotypes in NJ tree

品的 *mtDNA D-loop* 的平均核苷酸多样性为  $0.0103 \pm 0.00523$ , 单倍型多样性为  $0.977 \pm 0.00690$  结果一致<sup>[34]</sup>。安蓓对西藏雪鸡部分 *mtDNA D-loop* 控制区序列进行研究, 结果表明藏雪鸡的核苷酸多样性 ( $\pi$  值) 为  $0.0036$ <sup>[37-38]</sup>, 由此可见, 喜马拉雅雪鸡的核苷酸多样性高于藏雪鸡。研究认为降低物种遗传多样性的主要原因有: (1) 种群间隔离: 长时间缺乏基因交流; (2) 栖息地破坏: 自然种群栖息地片段化和严重近亲繁殖; (3) 小种群遗传效应: 遗传漂变、瓶颈效应和奠基者效应等<sup>[39]</sup>。由此推测出东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡可能由于缺乏基因交流和遗传漂变导致核苷酸多样性降低。鉴于此, 喜马拉雅雪鸡作为国家 II 级重点保护动物, 国家林业部门应加强该物种的保护, 建议: 首先扩大位于东帕米尔高原的塔什库尔干野生动物自然保护区范围并建立国家自然保护区, 恢复生态环境, 提高雪鸡栖息地的适宜性; 其次在东帕米尔高原原地建立雪鸡人工驯化繁育基地, 借助分子遗传标记建立人工繁殖群体, 以加强物种保护和利用; 第三建立雪鸡捕杀惩戒制度, 对于人为捕杀者偷食者进行严重惩戒。

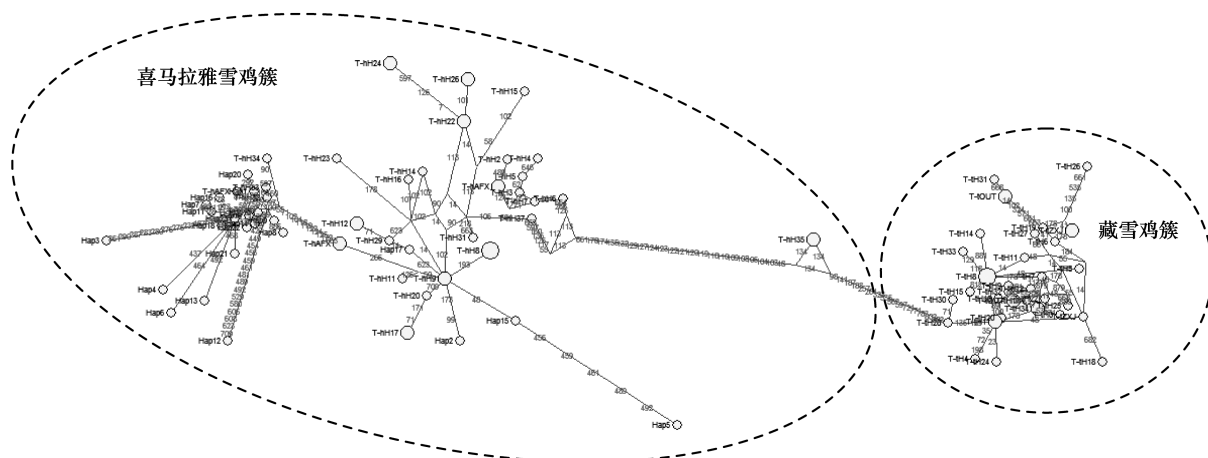


图6 84个单倍型网络关系

Fig.6 Network relationship of the 84 haplotypes

### 3.2 系统发育

对喜马拉雅雪鸡和 GenBank 中雪鸡 *mtDNA D-loop* 共 84 个单倍型进行系统发育和网络关系分析,两者聚类分析结果一致,84 个单倍型聚为喜马拉雅雪鸡簇和藏雪鸡簇。关于喜马拉雅雪鸡和藏雪鸡起源研究,包新康从种内亚种间分子系统发生关系、喜马拉雅雪鸡与藏雪鸡分歧时间的估算以及高原及其周边地质环境演变方面认定,喜马拉雅雪鸡和藏雪鸡是在高原隆升前(也就是说在 3.6 百万年前)就已经分化形成了,在青藏高原隆升初期的多瑙河冰期(3.5 百万—2.6 百万年),淡腹组雪鸡(藏雪鸡又叫淡腹雪鸡)的一支由天山东部地区向东南扩散至青藏高原东部地区的一些高山,伴随着青藏高原的隆升而形成藏雪鸡;暗腹组雪鸡(喜马拉雅雪鸡又称暗腹雪鸡)的一支形成喜马拉雅雪鸡后在高原隆升中期(大约 0.88 百万年前)开始向高原上扩散并形成各亚种<sup>[40]</sup>。王小立研究了我国 11 个地理种群喜马拉雅雪鸡系统发育,结果表明喜马拉雅雪鸡存在 4 个进化支,即昆仑山进化支、青藏高原进化支、天山进化支和喀喇昆仑山进化支,而喀喇昆仑山进化支为东帕米尔高原(塔什库尔干县)所独有,为独立进化支,不与其他地理群体雪鸡共享进化支<sup>[34]</sup>,而本研究 23 个单倍型分布中 19 个单倍型(占 84%)聚在以帕米尔高原为中心的进化支上,这与王小立研究结果一致。但本研究有 4 个单倍型不与喀喇昆仑山进化枝共享进化支,暗示了东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡经历过群体扩张,具有两个地理群体。帕米尔高原的群山起伏,连绵逶迤,冰川汇聚,雪峰群立,耸入云天,形成了独特的地理区域,作为生长在高海拔低温地区的鸟类,这里形成的地理障碍使得雪鸡基因交流受到限制,即形成独立的地理类群或亚种,这一点在本研究得到进一步证实。但东帕米尔高原喜马拉雅雪鸡是否经历过群体扩张,由于受样本数量的限制,尚需要进一步验证。

### 参考文献 (References):

- [1] 李湘涛. 野生鸡类的利用与保护. 北京: 金盾出版社, 1997: 99-106.
- [2] 郑作新. 中国动物志: 鸟纲. 第四卷, 鸡形目. 科学出版社, 1978.
- [3] 马鸣, 周永恒, 马力. 新疆雪鸡的分布及生态观察. 野生动物, 1991, (4): 15-16.
- [4] 刘乃发, 王香亭. 甘肃鸡类分类区系研究. 甘肃科学学报, 1992, 4(4): 29-38.
- [5] 约翰·马敬能, 卡伦·菲力普斯. 中国鸟类野外手册. 卢何芬, 译. 长沙: 湖南教育出版社, 2000.
- [6] 沈孝宙, 王家骏. 中国雪鸡的分类、地理分布和生态. 动物学杂志, 1963, 5(2): 67-68.
- [7] IUCN. The IUCN Red List of Threatened Species™. Gland, Switzerland: IUCN. [2015-01-26]. <http://www.iucnredlist.org>.
- [8] 蒋志刚, 江建平, 王跃招, 等. 中国脊椎动物红色名录. 生物多样性, 2016, 24(5): 500-551.
- [9] 黄人鑫, 杜春华, 邵红光, 张卫红. 中国高山雪鸡的地理分布. 动物学研究, 1992, 13(1): 66-66, 72-72.
- [10] 黄人鑫, 马力, 邵红光, 姜涛. 新疆高山雪鸡的生态和生物学的初步研究. 新疆大学学报: 自然科学版, 1990, 7(3): 71-76.
- [11] 卢汰春. 中国珍稀濒危雉类. 大自然, 1989, (1): 37-39.

- [12] 刘迺发, 王香亭. 高山雪鸡繁殖生态研究. 动物学研究, 1990, 11(4): 299-302.
- [13] 常城, 刘迺发, 王香亭. 暗腹雪鸡的繁殖及食性. 动物学报, 1993, 39(1): 107-108.
- [14] 阿德里, 马鸣, 海肉拉, 王正己. 天山博格达南部雪鸡的生态习性. 干旱区研究, 1997, 14(1): 84-87.
- [15] 魏建辉, 陈玉平. 暗腹雪鸡的生态习性初探. 甘肃林业科技, 2004, 29(4): 1-4, 8-8.
- [16] 佚名. 新疆的珍贵野生动物的饲养方法. 新疆林业, 1975, (3): 34-34.
- [17] 阿德里·麦地, 王德忠, 马鸣, 海肉拉·麦得力汗. 天山博格达高山雪鸡的生态习性与人工养殖技术. 新疆畜牧业, 1999, (4): 27-29.
- [18] 阿德里·麦地, 王德忠, 马鸣. 博格达高山雪鸡的生物学特性及人工驯养. 干旱区研究, 2000, 17(1): 75-77.
- [19] 米来·夏日甫, 乌热力哈孜, 赛务加甫, 冷青文, 海肉拉. 雪鸡的驯化及人工养殖技术. 中国家禽, 1999, 24(6): 31-32.
- [20] 李世霞, 魏建辉. 暗腹雪鸡的人工孵化技术. 四川动物, 2002, 21(1): 48-50.
- [21] 王加福. 高山雪鸡人工捕捉驯养繁殖适应性研究. 甘肃畜牧兽医, 2001, 31(3): 12-13.
- [22] 阿德里·麦地, 胡玉昆, 李凯辉. 暗腹雪鸡人工饲养繁育初报. 四川动物, 2004, 23(2): 149-152.
- [23] 常城, 刘迺发, 王香亭. 暗腹雪鸡青海亚种活动规律及雏鸟羽毛生长和成体秋季换羽. 甘肃科学学报, 1994, 6(1): 77-81.
- [24] 吾热力哈孜, 米来, 周自动, 海肉拉. 高山雪鸡的内脏器官解剖. 四川畜牧兽医, 2001, 28(7): 26-26, 28-28.
- [25] 王轮, 王正己, 陈宁, 哈孜, 桂萍. 雪鸡血液和生理参数的测定与分析(简报). 石河子农学院学报, 1995, (1): 63-64.
- [26] 王正己, 王燕, 哈孜, 米来, 许振营. 雪鸡肉几种氨基酸和微量元素的测定及对比分析. 石河子农学院学报, 1995, (1): 49-52.
- [27] 文丽荣, 李国强, 丁树峰, 唐旭利. 新疆雪鸡微量元素及氨基酸含量的测定. 新疆师范大学学报: 自然科学版, 1996, 15(3): 44-46.
- [28] 阿德里·麦地, 海茹拉. 新疆雪鸡. 乌鲁木齐: 新疆科技卫生出版社, 1999: 110-125.
- [29] 李红燕, 王金富, 刘凯. 暗腹雪鸡染色体的核型分析. 石河子大学学报: 自然科学版, 2006, 24(3): 294-298.
- [30] 刘强, 吴敏, 张琳麟, 李悦. 暗腹雪鸡细胞色素 b 基因的克隆及其在雉科中亲缘关系的分析. 浙江大学学报: 理学版, 2006, 33(1): 89-94.
- [31] Ruan L Z, Zhang L X, Sun Q W, Liu N F. Genetic structure of Himalayan Snowcock (*Tetraogallus himalayensis*) populations in China. Biochemical Genetics, 2006, 44(9/10): 457-463.
- [32] Ruan L Z, Zhang L X, Wen L Y, Sun Q W, Liu N F. Phylogeny and molecular evolution of *Tetraogallus* in China. Biochemical Genetics, 2005, 43(9/10): 507-518.
- [33] 王小立. 喜马拉雅雪鸡的分子系统地理学研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2012.
- [34] Wang X L, Qu J Y, Liu N F, Bao X K, Song S. Limited gene flow and partial isolation phylogeography of Himalayan Snowcock *Tetraogallus himalayensis* based on part mitochondrial D-loop sequences. Current Zoology, 2011, 57(6): 758-767.
- [35] 王玉涛, 戴志刚, 杨世杰, 罗玉柱. 东帕米尔高原盘羊分布与栖息地植被覆盖时空变化. 生态学报, 2016, 36(1): 209-217.
- [36] 傅伯杰, 于丹丹, 吕楠. 中国生物多样性与生态系统服务评估指标体系. 生态学报, 2017, 37(2): 341-348.
- [37] 安蓓. 西藏雪鸡种群遗传结构与分子系统地理学研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2009.
- [38] An B, Zhang L X, Browne S, Liu N F, Ruan L Z, Song S. Phylogeography of Tibetan Snowcock (*Tetraogallus tibetanus*) in Qinghai-Tibetan Plateau. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2009, 50(3): 526-533.
- [39] Hunter, Malcolm L. Maintaining biodiversity in forest ecosystems. Cambridge University Press, 1999.
- [40] 包新康. 我国高山鹑类分子系统发生研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2010.