

白颈长尾雉微卫星多态性的遗传学分析

林芳君, 蒋萍萍, 丁 平*

(浙江大学 生命科学学院; 濒危野生动植物保护生物学教育部重点实验室, 浙江 杭州 310058)

摘要: 采用 7 个微卫星位点遗传标记, 对白颈长尾雉 (*Syrnaticus ellioti*) 4 个地理种群 105 个个体进行了种群遗传分析。研究发现 4 个地理种群均偏离 Hardy-Weinberg 平衡, 共检测到 62 个等位基因, 平均等位基因数目为 8.86; 大多数微卫星位点的观察杂合度值较低, 平均为 0.504, 要明显低于期望杂合度。7 个位点的多态信息含量为 0.549~0.860, 平均为 0.712。用无限等位基因模型、逐步突变模型和双相突变模型对 4 个地理种群的种群瓶颈效应检测, 发现各种群近期内都经历过瓶颈效应的影响。地理种群之间的 F_{st} 值表明, 贵州与湖南地理种群间的分化达到了极显著水平 ($P < 0.001$); 由 Nei 氏的无偏遗传距离所构建的邻接树显示, 贵州地理种群与湖南地理种群的遗传关系较远。微卫星对不同地理种群的分层分子变异分析 (贵州地理种群对其他地理种群) 发现: 来自地理种群间和组群间的遗传变异量相对较小; 而同一地理种群内个体之间的变异量较大 (92.84%), 且达到显著水平。

关键词: 白颈长尾雉; 微卫星; 遗传多样性; 遗传结构; 种群瓶颈效应

中图分类号: Q959.725; Q347; Q31; Q16 文献标志码: A 文章编号: 0254-5853-(2010)05-0461-08

Genetic analysis of microsatellite polymorphism in the Elliot's Pheasant (*Syrnaticus ellioti*) in China

LIN Fang-Jun, JIANG Ping-Ping, DING Ping*

(Key Laboratory of Conservation Biology for Endangered Wildlife, Ministry of Education; College of Life Sciences,

Zhejiang University, Hangzhou 310058, China)

Abstract: In this study, we reported the population genetic analyses in the Elliot's Pheasant (*Syrnaticus ellioti*) using seven polymorphism microsatellite loci based on 105 individuals from 4 geographical populations. Departures from Hardy-Weinberg equilibrium were found in four geographical populations. The average number of alleles was 8.86, with a total of 62 alleles across 7 loci; observed heterozygosity (H_O) was generally low and the average number was 0.504. For the seven microsatellite loci, the polymorphism information content ranged from 0.549 to 0.860, with an average number 0.712. Population bottlenecks of the four geographical populations were tested by infinite allele mutation model, step-wise mutation model and two-phase mutation model, which found that each population had experienced bottleneck effect during the recent period. F_{st} analysis across all geographical populations indicated that the genetic differentiation between the Guizhou geographical population and the Hunan geographical population was highly significant ($P < 0.001$), a finding supported by the far genetic relationship showed by the neighbor-joining tree of four geographical populations based on Nei's unbiased genetic distances. Using hierarchical analysis of molecular variance (Guizhou geographical population relative to all others pooled), we found a low level of the genetic variation among geographical populations and that between groups. However, differences among populations relative to the total sample explained most of the genetic variance (92.84%), which was significant.

Key words: Elliot's Pheasant; Microsatellite; Genetic diversity; Genetic structure; Population bottleneck effect

白颈长尾雉 (*Syrnaticus ellioti*) 是我国特有的 2009), 主要分布于江西、安徽南部、浙江、福建、国家一级重点保护动物和世界易危物种 (IUCN, 广东、广西、湖南、贵州和湖北等地 (Delacour, 1977;

收稿日期: 2010-01-25; 接受日期: 2010-08-03

基金项目: 国家自然科学基金 (30470232); 中央高校基本科研业务费专项资金

*通讯作者 (Corresponding author), E-mail: dingping@zju.edu.cn

第一作者简介: 林芳君, 女, 硕士研究生, 主要从事动物分子生态学研究

Ding & Zhuge, 1989; Li, 1996; Ding, 1998; Birdlife International, 2009), 为典型的东洋界华中区东部丘陵平原亚区种类 (Zhang, 1979)。该雉较多栖息于海拔 300~1 000 m 的山地及山谷间的丛林中, 阔叶林和针叶阔叶混交林是该雉适宜的栖息场所 (Ding & Zhuge, 1989)。由于长期的森林砍伐、烧山垦殖和农业侵占等人类活动, 以及盲目猎杀等因子的胁迫, 白颈长尾雉正在面临着严重的栖息地丧失、片段化及退化 (Ding et al, 2000; Birdlife International, 2009)。

20 世纪 80 年代以来, 国内学者不仅对白颈长尾雉开展了不少涉及其形态、分布、活动规律、生活习性、繁殖习性、栖息地特征与选择机制等方面的野外生态学研究 (Ding & Zhuge, 1988, 1989; Ding, 1998; Ding et al, 1990, 1996, 1998, 2000, 2001, 2002; Shi & Zheng, 1995, 1997; Peng & Ding, 2005; Cai et al, 2007; Xu et al, 2007); 而且还在线粒体 DNA 水平上, 对白颈长尾雉的遗传多样性、种群间的遗传结构和基因流等参数进行测定, 分析栖息地面积丧失、片段化、人为干扰和遗传等效应对白颈长尾雉种群的影响, 进而更加系统地了解白颈长尾雉种群的质量现状 (Jiang et al, 2005a, 2005b, 2007)。

微卫星 DNA 是以 1~6 bp 的核心序列成串联重复分布于整个基因组中的高度重复序列, 广泛分布于真核生物之中。近 20 年来, 由于微卫星具有分布广、信息含量大、多态性高、共显性孟德尔式遗传、多等位基因、扩增结果的重现性高、稳定可靠等优点 (Estoup & Angers, 1998), 被认为是分析种群遗传结构最常用的分子标记, 广泛应用于物种的种群遗传学研究中 (Nesje et al, 2000; Burns et al, 2004; Beacham et al, 2006; Wang et al, 2009)。相比

于母系遗传的线粒体 DNA, 微卫星是双亲遗传的, 能够更加全面地反映物种的遗传结构。由于微卫星的进化速率比线粒体 DNA 快 (Balloux & Lugon-Moulin, 2002), 所以微卫星提供的主要是物种经历近期事件后的种群遗传结构, 而线粒体 DNA 则反映远期事件所导致的遗传变异及基因流状况 (Wan et al, 2004)。

多态的微卫星 DNA 有着丰富的遗传信息, 在某种程度上比线粒体 DNA 能够更好地解决物种的遗传结构问题 (Goudet et al, 1996)。因此, 在本研究中, 我们利用微卫星分子标记分析白颈长尾雉种群的遗传多样性与遗传结构, 与线粒体 DNA 检测结果做一定比较, 以期更加全面深入地了解白颈长尾雉的质量现状, 为该物种的保护与管理提供科学的指导意义。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究所采用的 105 份样品分别来自于安徽、浙江、江西、福建、湖南、和贵州等 6 个省 (Jiang et al, 2007), 其中 53 个样品已用于白颈长尾雉微卫星引物多态性的检测 (Jiang et al, 2006)。由于浙江、安徽和江西三个省所采集的样品在三省交界的古田山及其邻近区域内, 因此将这三个省的样品作为一个地理种群, 并称为古田山地理种群。具体样品信息见表 1。

1.2 实验方法

1.2.1 DNA 提取 基因组 DNA 的提取采用标准蛋白酶 K 和酚-氯仿抽提法 (Sambrook et al, 1989)。

1.2.2 PCR 扩增及变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 7 个多态的微卫星引物 (SE02、SE03、SE04、SE05、

表 1 白颈长尾雉微卫星样品信息总汇
Tab. 1 Summary information on the samples of Elliot's Pheasant used in the microsatellite analysis

采样地 Site		数目 No.	来源 Resource	时间 Sampling time
湖南 (HN)		20	血样	1998—2002
古田山 (GT)	安徽	2	标本	2002—2007
	江西	8	血样、个体、内脏	2004—2005
	浙江	6	标本、血样、肌肉	2000—2003
福建 (FJ)		27	皮张	2004—2005
贵州 (GZ)		42	血样、肌肉	2002—2007
总计 Total		4	105	

SE06、SE07 和 SE08) 被用来进行微卫星位点扩增 (Jiang et al, 2006)。PCR 反应体系为 10 μ L, 包括 1 pmol 5'端标记的 M13+引物 (IRD700, Infrared Dye Primer)、1 pmol 的引物、10 mmol/L Tris-HCl、50 mmol/L KCl、2.0 mmol/L $MgCl_2$ 、150 μ mol/L dNTP 和 1U Taq DNA 聚合酶 (TaKaRa)。PCR 反应在 PTC-200 型的 DNA 扩增仪上进行: 反应体系在 95 $^{\circ}C$ 预变性 5 min; 进入 30 个循环的 94 $^{\circ}C$ 变性 50 s, 在各引物的最佳退火温度 (Jiang et al, 2006) 退火 1 min 20 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min 20 s; 最后在 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min。PCR 产物以 50 ~ 350 bp 的 IRD700 为标准物, 经 6.5% 的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离。反应在 LI-COR 4200 自动测序仪上进行, 凝胶图像采用 SAGA-GT 软件分析。每对引物重复跑胶 6 次, 以确保结果的可靠性。

1.3 数据统计分析

微卫星基因型的哈迪-温伯格 (Hardy-Weinberg) 平衡检测在 GENEPOP 3.4 (Raymond & Rousset, 1995) 上完成。用 Cervus 2.0 (Marshall et al, 1998) 计算各地理种群等位基因的数目 (N_a)、期望杂合度 (H_E) 和观察杂合度 (H_O) 以及多态信息含量 (polymorphism information content, PIC)。根据各位点的等位基因频率, 用软件 Bottleneck 1.2.02 (Cornuet & Luikart, 1996; Piry et al, 1999) 检测地理种群的瓶颈效应。Bottleneck 软件运用了如下原理: 在一个理想种群内部, 选择中性的等位基因数比基因多样性 (或观察杂合度) 减少得更快, 所以, 对于一个近期经历过种群瓶颈效应的种群来说, 会出现杂合度过剩的现象 (Maruyama & Fuerst, 1985)。为了结果的可靠性, 在种群瓶颈效应检测中, 运用该软件所提供的 3 种突变模型: 无限等位基因模型 (infinite allele model, IAM)、逐步突变模型 (stepwise mutation model, SMM) 和双相突变模型 (two-phased mutation model, TPM)。杂合度过剩是否显著采用 Wilcoxon 符号秩次检测 (Wilcoxon sign-rank test) 的双尾 (two-tailed) 检测法 (Cornuet & Luikart, 1996)。

地理种群间的配对分析及 F_{st} 值的计算在 Arlequin 3.11 (Excoffier et al, 2005) 上完成, 结果显著性用排列测验法 (Permutation test) 检测, 重复 10 100 次。用 POPGENE 3.2 软件 (Yeh et al, 2000) 计算 Nei 氏的无偏遗传距离 (Nei, 1972), 重复 1 000 次。根据各地理种群之间的遗传距离, 使用

MEGA 4.0 来构建系统发生树——邻接树 (neighbor-joining tree)。由于本实验的 4 个地理种群可分为 2 个组群, 即贵州地理种群 (GZ) 为一个组群; 古田山 (GT)、湖南 (HN) 和福建 (FJ) 3 个地理种群集合为另一组群 (Jiang et al, 2007), 故我们采用分子变异分析方法 (analysis of molecular variance, AMOVA) 分别对 2 个组群之间、4 个地理种群之间, 以及所有个体之间的遗传变异进行分层分析。AMOVA 在软件 Arlequin 3.11 (Excoffier et al, 2005) 上完成。

2 结 果

2.1 Hardy-Weinberg 平衡及遗传多样性

白颈长尾雉各地理种群强烈地偏离了 Hardy-Weinberg 平衡。28 次 Hardy-Weinberg 平衡检测 (7 个微卫星位点分别在 4 个地理种群上进行分析) 发现: 只有 32.1% (9/28) 的检测为无显著, 除此之外 28.6% (8/28) 为显著 ($P < 0.05$), 39.3% (11/28) 为极显著 ($P < 0.01$)。把 4 个地理种群作为一个总的种群进行处理时, 检测到 SE06 和 SE07 这两个位点显著 ($P < 0.05$) 偏离, 而其他 5 个微卫星位点都极其显著地偏离 Hardy-Weinberg 平衡 ($P < 0.01$)。在总样本中, 总共检测到 62 个等位基因, 等位基因数目从 6 个 (SE03) 到 11 个 (SE05 和 SE06) 不等, 平均等位基因数目为 8.86 (表 2)。在 4 个地理种群中, 具有最高平均等位基因数目的是贵州地理种群; 而湖南地理种群的平均等位基因数量最少 (5.00)。白颈长尾雉的观察杂合度相对较低, 从 SE02 位点的 0.261 到 SE06 位点的 0.782。从表 3 可看出, 大多数微卫星位点的观察杂合度要明显低于期望杂合度。其中, 古田山地理种群的期望杂合度相对较高 ($H_E = 0.764$); 而湖南和贵州地理种群的期望杂合度相近, 分别为 0.685 和 0.686。7 个位点的多态信息含量如表 3 所示。PIC 最高的是 SE06, 为 0.860; 而 SE02 的 PIC 最低, 只有 0.549。

2.2 种群瓶颈效应检测

基于 IAM、TPM 和 SMM 三种不同的假设, 湖南、贵州、古田山以及福建 4 个地理种群的瓶颈效应检测如表 4 所示。在 IAM 模型的假设下, 湖南地理种群和福建地理种群都表现出显著的杂合度过剩 ($P < 0.05$), 而古田山地理种群达到极显著水平 ($P < 0.01$); 在 TPM 模型假设下, 只有古田山地理种群达到极显著水平 ($P < 0.01$); 在 SMM 模型假设

下,也只有贵州地理种群出现杂合度过剩,结果显著($P<0.05$)。在三种模型的假设下,湖南、贵州、古田山以及福建4个地理种群都有不同程度的杂合度过剩现象,由此可见,4个地理种群在近期内都经历过瓶颈效应的影响。

2.3 遗传结构

各地理种群的配对遗传分化值(F_{st})显示(表

5),只有湖南和贵州地理种群之间出现了明显的分化($P<0.001$)。基于群体间Nei氏无偏遗传距离(表5)所构建的邻接树(图1)表明:福建地理种群与其它3个地理种群间的遗传距离较远;贵州地理种群与古田山地理种群之间的遗传距离最小,有着较近的系统发生关系;湖南地理种群与贵州、古田山地理种群的遗传距离相近。

表 2 白颈长尾雉各地理种群、各位点的等位基因数目
Tab. 2 Allele diversity for 7 microsatellite loci in the four geographical populations of Elliot's Pheasant

微卫星位点 Loci	等位基因片段长度范围 Range of allele sizes	各地理种群内的等位基因数量 Na within each geographical population				等位基因数量 Na
		HN	GZ	GT	FJ	
SE02	202~230	2	6	3	4	7
SE03	266~276	6	5	4	6	6
SE04	168~185	6	9	4	7	9
SE05	263~287	7	7	8	8	11
SE06	299~327	5	10	8	8	11
SE07	196~225	5	7	5	3	8
SE08	300~345	4	7	7	8	10
平均值 Mean		5.00	7.29	5.57	6.29	8.86

表 3 白颈长尾雉杂合度(H)和多态信息含量(PIC)
Tab. 3 Heterozygosity and polymorphism information content in Elliot's Pheasant

微卫星位点 Loci	多态信息含量 (PIC) Polymorphism information content	杂合度 Heterozygosity		各地理种群内的杂合度 Heterozygosity within each geographical population							
		H_O H_E		HN		GZ		GT		FJ	
				H_O	H_E	H_O	H_E	H_O	H_E	H_O	H_E
SE02	0.549	0.261	0.618	0.222	0.457	0.286	0.551	0.429	0.638	0.111	0.770
SE03	0.584	0.269	0.641	0.250	0.576	0.214	0.572	0.455	0.654	0.300	0.780
SE04	0.833	0.411	0.856	0.583	0.790	0.350	0.823	0.500	0.750	0.385	0.754
SE05	0.740	0.461	0.767	0.434	0.813	0.415	0.592	0.667	0.862	0.412	0.820
SE06	0.860	0.782	0.878	0.800	0.730	0.810	0.876	0.938	0.887	0.609	0.812
SE07	0.680	0.607	0.719	0.579	0.698	0.610	0.652	0.727	0.758	0.556	0.567
SE08	0.735	0.737	0.767	0.850	0.730	0.786	0.738	0.923	0.800	0.458	0.767
平均值 Mean	0.712	0.504	0.749	0.531	0.685	0.496	0.686	0.663	0.764	0.404	0.753

表 4 白颈长尾雉4个地理种群瓶颈效应检测统计
Tab. 4 Population bottleneck analyses in four geographical populations of Elliot's Pheasant

地理种群 Geographical population	样品数 Sample size	杂合度过剩位点数 Loci with an excess			P 值 P -value		
		IAM	TPM	SMM	IAM	TPM	SMM
HN	20	6	6	5	0.016*	0.297	0.375
GZ	42	5	3	1	0.078	0.813	0.039*
GUTIAN	16	7	7	5	0.008**	0.008**	0.054
FJ	27	6	5	3	0.016*	0.078	0.813

* $P<0.05$; ** $P<0.01$.

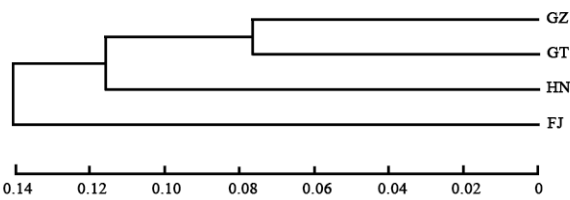


图 1 基于群体间 Nei's 无偏遗传距离所构建的邻接树
Fig. 1 Neighbor-joining tree of 4 geographical populations based on Nei's unbiased genetic distances

地理种群的分层分析能让我们更加清晰地了解遗传变异发生的主要来源（表 6）。AMOVA 分析结果显示：组群之间的遗传变异较小，仅为 1.56%，差异不显著；组群内各地理种群的遗传变异略微大些，为 5.60%，差异也不显著；但是，地理种群内个体之间的遗传变异竟达到 92.84%，差异显著。

3 讨 论

3.1 Hardy-Weinberg 平衡及白颈长尾雉地理种群遗传多样性

当一个物种处于 Hardy-Weinberg 平衡状态时，

其基因频率及基因型频率是保持不变的。导致物种偏离 Hardy-Weinberg 平衡的主要原因有：群体小、近亲交配、等位基因突变、无效等位基因、动物迁徙等（Hartl & Clark, 1997）。本研究的结果显示，4 个地理种群在大部分位点上都严重偏离 Hardy-Weinberg 平衡，存在显著和极显著现象。近几年来，由于栖息地片段化，白颈长尾雉的整体数量在下降。在一些调查地区所获得的种群数量的记述，白颈长尾雉的种群相对密度非常低（Ding & Zhuge, 1989）。因此，白颈长尾雉的有效种群数量相对比较小，进而导致个体间可能出现一定的近亲繁殖，最终导致了种群偏离 Hardy-Weinberg 平衡。另一方面，已有研究发现白颈长尾雉存在一定的扩散现象（Li, 1985; Shi & Zheng, 1995; Peng & Ding, 2005）。动物的迁移扩散将促进地理种群间的基因交流，也可能是导致平衡偏离的原因之一。

在检测物种遗传变异大小时，遗传杂合度（H）和多态信息含量（PIC）是主要的指标。杂合度即基因多态性，它反映了群体在各个位点上的遗传和变异（Niu et al, 2002）。在本研究中，我们得到白颈长尾雉的平均期望杂合度为 0.722，高于其相近

表 5 各种群间遗传分化（Fst，左下方）和各种群间 Nei 氏无偏遗传距离（右上方）
Tab. 5 Estimates of pairwise Fst values (lower-left matrix) and Nei's unbiased genetic distance (upper-right matrix)

	HN	GZ	GT	FJ
HN		0.240	0.224	0.311
GZ	0.135***		0.153	0.286
GT	0.051	0.070		0.247
FJ	0.084	0.004	0.053	

***P<0.001 (permutations=10 100)。

表 6 白颈长尾雉的分子变异分析
Tab. 6 AMOVA analyses for Elliot's Pheasant

变异来源 Source of variation	变异度 Variability (%)
组群间 Among groups	1.56
组群内各地理种群间 Among geographical populations within groups	5.60
地理种群内个体之间 Among individuals within geographical populations	92.84
FCT	0.016
FSC	0.057
FST	0.070*

FCT：组群间遗传分化的变量；FSC：组群内各地理种群间的变量；FST：地理种群内个体间的变量。*P<0.001（10、100 次排列重复）。
FCT: amount of genetic variation attributable to genetic differentiation among groups; FSC: that among geographical populations within groups; FST: that among geographical populations relative to the total sample. * indicate significance at P<0.001(10,100 permutations).

的受胁物种白冠长尾雉 *Syrnaticus reevesii* 的平均期望杂合度 ($H_E=0.390-0.776$, Wang et al, 2009); 同样也高于其他濒危鸟类, 如游隼 *Falco peregrinus* ($H_E=0.51$, Nesje et al, 2000)。可见, 白颈长尾雉的遗传多样性总体水平较高。该结果与白颈长尾雉线粒体DNA的高多态性 (Jiang et al, 2007) 是相符合的。一般认为, 在一个群体中, 当某位点的PIC大于 0.5 时, 该位点是高度多态位点, PIC在 0.25 与 0.5 之间为中度多态位点, 而小于 0.25 则为低多态位点 (Niu et al, 2001)。根据该标准, 白颈长尾雉的各微卫星位点的多态信息含量普遍较高, 都在 0.5 以上, 为高度多态位点, 平均PIC为 0.712。H和PIC信息都显示白颈长尾雉是一个遗传多样性较丰富的群体。

3.2 白颈长尾雉各地理种群的瓶颈效应

当一个种群的有效种群数量减少时, 该种群多态位点的等位基因数量和基因多样性 (杂合度) 都会减少。但是, 等位基因数量的减少速度要比基因多样性快。因此, 对于一个近期经历过种群瓶颈效应的种群来说, 会出现杂合度过剩的现象 (Maruyama & Fuerst, 1985)。在本研究中, 我们利用 3 个突变模型 (IAM、TPM 和 SMM) 来检测 4 个地理种群的瓶颈效应。其中, TPM 是介于 IAM 和 SMM 的中间过渡模型。进行微卫星数据处理时, TPM 大部分由一步突变组成, 其中少部分 (5%~10%) 由多步突变组成 (Luikart et al, 1998)。相比于 SMM 和 IAM, TPM 模型能够更好地处理大部分微卫星数据 (Di Rienzo et al, 1994)。如果仅用 TPM 模型来检测种群的瓶颈效应, 那么在本研究中, 只有古田山地理种群出现极其显著的杂合度过剩 (heterozygosity excess) 现象, 在近期内经历过瓶颈效应的影响; 而其他 3 个地理种群没有出现明显的瓶颈效应。从这个角度看, 白颈长尾雉各地理种群近期所受的瓶颈效应并不是非常强烈, 这也可能是其遗传多样性高的一个原因, 因为一个物种的遗传多样性的丰富程度受到种群瓶颈效应的影响 (Frankham et al, 2002)。

3.3 白颈长尾雉地理种群遗传结构及遗传分化

种群的遗传分化系数 (F_{ST}) 是反映各种群间遗传分化程度的重要指标。本实验按照Fisher's确切性检验所得只有贵州和湖南地理种群之间的分化达到了极显著水平。这与由Nei氏的无偏遗传距离所构建的NJ树得到的结果是相符合的。NJ树显示贵州地理种群与湖南地理种群的遗传关系较远。从微卫星的分层分子变异分析可知, 白颈长尾雉组群内和组群间的遗传差异相差不大, 都较小, 且都不显著; 而白颈长尾雉地理种群内个体之间的遗传变异值相对较大 (92.84%), 且达到显著水平, 这与线粒体DNA检测结果 (Jiang et al, 2007) 是相一致的。然而, 来自于组群间的变异量与线粒体DNA分析所得结果 (Jiang et al, 2007) 出现分歧。线粒体DNA分析结果显示: 来自于组群间的遗传变异量 (33.7%) 要明显大于组群内各地理种群间的变异量 (4.42%) (Jiang et al, 2007), 即使两者的结果都不显著。由于微卫星和线粒体DNA是两种遗传模式不同的分子标记, 它们所具有的突变速率和有效种群大小是不相同的, 这可能是导致两种遗传标记的处理结果出现差异的相关原因。微卫星分子标记是双亲遗传标记, 大多数位点选择中性, 其每个位点每一代的突变速率为 5×10^{-5} (Goldstein et al, 1995); 而线粒体DNA是母系遗传的分子标记, 线粒体DNA控制区每个序列每一代的突变速率只有 3×10^{-5} (Milot et al, 2000)。由于微卫星的突变速率要比线粒体DNA快, 适用于反映物种近期事件导致的遗传变异及基因流状况; 而线粒体DNA标记, 在某种程度上只能反映母系遗传地理结构, 适于检测远期事件 (Wan et al, 2004)。与线粒体DNA分子标记相比, 多态性微卫星DNA能够更加全面的分析物种的遗传结构及系统地理历史 (Wan et al, 2004)。在本研究中, 微卫星检测到的白颈长尾雉组群间的变异量较小 (1.56%), 远小于由线粒体DNA检测到的结果 (33.7%), 这说明在历史上, 白颈长尾雉贵州地理种群同其他地理种群之间的基因交流水平较低 (Jiang et al, 2007); 而在近期, 贵州地理种群与其他地理种群的基因交流水平明显增加。

参考文献:

- Balloux F, Lugon-Moulin N. 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers [J]. *Mol Ecol*, **11**: 155-165.
Beacham TD, Jonsen KL, Supernault J, Wetklo M, Deng L. 2006. Pacific

- rim population structure of Chinook salmon as determined from microsatellite analysis [J]. *Trans Am Fish Soc*, **135**: 1604-1621.
BirdLife International. 2009. Species factsheet: *Syrnaticus ellioti* [M/OL].

- URL: <http://www.birdlife.org>.
- Burns EL, Eldridge MDB, Houlden BA. 2004. Microsatellite variation and population structure in a declining Australian hydrid *Litoria aurea* [J]. *Mol Ecol*, **13**(7): 1745-1757.
- Cai LY, Xu YP, Jiang PP, Ding P, Yao XH, Xu XR, Wang GB. 2007. Home range and daily moving distance of Elliot's Pheasant [J]. *J Zhejiang Univ: Sci ed*, **34**(6): 679-683. [蔡路昀, 徐言朋, 蒋萍萍, 丁平, 姚小华, 徐向荣, 王国兵. 2007. 白颈长尾雉的活动区和日活动距离. 浙江大学学报: 理学版, **34**(6): 679-683.]
- Cornuet JM, Luikart G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data [J]. *Genetics*, **144**: 2001-2014.
- Delacour J. 1977. The Pheasants of the World [M]. 2nd ed. Hindhead: World Pheasant Association and Spur Publications.
- Di Rienzo A, Peterson AC, Garza JC. 1994. Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, **91**: 3166-3170.
- Ding P. 1998. The distributions and systematic analysis of the long-tailed pheasants [J]. *Life Sci Res*, **2**(2): 122-131. [丁平. 1998. 长尾雉的地理分布及其系统关系的初步分析. 生命科学研究, **2**(2): 122-131.]
- Ding P, Jiang SR, Zhuge Y. 2000. Fragmentation study of Elliot's pheasant in the west of Zhejiang province [J]. *Zool Res*, **21**(1): 65-69. [丁平, 姜仕仁, 诸葛阳. 2000. 浙江西部白颈长尾雉栖息地片段化研究. 动物学研究, **21**(1): 65-69.]
- Ding P, Li Z, Jiang SR, Zhuge Y. 2002. Studies on the factors affecting patch use degree by Elliot's pheasant [J]. *J Zhejiang Univ: Sci ed*, **29**(1): 103-108. [丁平, 李智, 姜仕仁, 诸葛阳. 2002. 白颈长尾雉栖息地小区利用度影响因子研究. 浙江大学学报: 理学版, **29**(1): 103-108.]
- Ding P, Yang YW, Li Z, Jiang SR, Zhege Y. 1998. Characteristics of Dominant Species and Covers of Habitats Used by Elliot's Pheasant [M]// Zhu MY, Li YN. Investigation and Advances in Life Science. Hangzhou: Hangzhou University Press, 485-491. [丁平, 杨月伟, 李智, 姜仕仁, 诸葛阳. 1998. 白颈长尾雉栖息地的植物群落组成与密度特征研究. [M]//朱睦元, 李亚南. 生命科学探索与进展. 杭州: 杭州大学出版社, 485-491.]
- Ding P, Yang YW, Li Z, Jiang SR, Zhuge Y. 2001. Vegetation characteristics of habitats used by Elliot's pheasant [J]. *J Zhejiang Univ: Sci ed*, **28**(5): 557-562. [丁平, 杨月伟, 李智, 姜仕仁, 诸葛阳. 2001. 白颈长尾雉栖息地的植被特征研究. 浙江大学学报: 理学版, **28**(5): 557-562.]
- Ding P, Yang YW, Liang W, Jiang SR, Zhuge Y. 1996. Habitat of Elliot's pheasant in the Leigong Mountain Nature Reserve [J]. *Acta Zool Sin*, **42**(Suppl.): 62-68. [丁平, 杨月伟, 梁伟, 姜仕仁, 诸葛阳. 1996. 贵州雷公山自然保护区白颈长尾雉栖息地研究. 动物学报, **42**(增刊): 62-68.]
- Ding P, Zhuge Y. 1988. The ecology of *Syrnaticus ellioti* Swinhoe [J]. *Acta Ecol Sin*, **8**(1): 44-50. [丁平, 诸葛阳. 1988. 白颈长尾雉的生态研究. 生态学报, **8**(1): 44-50.]
- Ding P, Zhuge Y. 1989. The Elliot's pheasant [J]. *J Zool*, **24**(2): 39-42. [丁平, 诸葛阳. 1989. 白颈长尾雉. 动物学杂志, **24**(2): 39-42.]
- Ding P, Zhuge Y, Zhang CZ. 1990. The studies on breeding ecology of *Syrnaticus ellioti* Swinhoe [J]. *Zool Res*, **11**(2): 139-145. [丁平, 诸葛阳, 张祠祖. 1990. 白颈长尾雉繁殖生态的研究. 动物学研究, **11**(2): 139-145.]
- Estoup A, Angers B. 1998. Microsatellites and minisatellites for molecular ecology: Theoretical and empirical considerations [M]//Carvalho GR. Advances in Molecular Ecology. Amsterdam: IOS Press, 55-86.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S. 2005. ARLEQUIN (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis [J]. *Evol Bioinform Online*, **1**: 47-50.
- Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA. 2002. Introduction to conservation Genetics [M]. Cambridge: Cambridge University Press.
- Goldstein DB, Ruiz Linares A, Cavalli-Sforza LL, Feldman W. 1995. Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, **92**: 6723-6727.
- Goudet J, Raymond M, de Meeus T, Rousset F. 1996. Testing differentiation in diploid populations [J]. *Genetics*, **139**: 463-471.
- Hartl DL, Clark AG. 1997. Organization of Genetic Variation. [M]: Hartl DL, Clark AG. Principles of Population Genetics. 3 ed. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc. Publishers, 74-110.
- IUCN. 2009. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2009.2[EB/OL]. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 20 January 2010.
- Jiang PP, Ding P, Fang SG. 2006. Isolation and characterization of microsatellite markers in Elliot's Pheasant (*Syrnaticus ellioti*) [J]. *Mol Ecol Notes*, **6**: 1160-1161.
- Jiang PP, Fang SG, Ding P. 2005a. An application of control region sequence as a matrilineage marker for Elliot's Pheasant of a zoo population [J]. *Anim Biotechnol*, **16**: 11-15.
- Jiang PP, Ge YF, Lang QL, Ding P. 2007. Genetic structure among wild populations of Elliot's Pheasant *Syrnaticus ellioti* in China from mitochondrial DNA analyses [J]. *Bird Conserv Int*, **17**: 177-185.
- Jiang PP, Lang QL, Fang SG, Ding P, Chen LM. 2005b. A genetic diversity comparison between captive individuals and wild individuals of Elliot's Pheasants (*Syrnaticus ellioti*) using mitochondrial DNA [J]. *J Zhejiang Univ: Sci B*, **6** (5): 413-417.
- Li BH. 1985. White long-tailed pheasant in southern Anhui [J]. *Wildlife*, **27**(5): 18-20. [李炳华. 1985. 皖南的白颈长尾雉. 野生动物, **27**(5): 18-20.]
- Li XT. 1996. The Gamebirds of China-their Distribution and Status [M]. Beijing: International Academic Publishers.
- Luikart G, Allendorf FW, Cornuet JM, Sherwin WB. 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks [J]. *J Hered*, **89**: 238-247.
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations [J]. *Mol Ecol*, **7**: 639-655.
- Maruyama T, Fuerst PA. 1985. Population bottlenecks and nonequilibrium models in population genetics. II. Number of alleles in a small population that was formed by a recent bottleneck [J]. *Genetics*, **111**: 675-689.
- Milot E, Gibbs HL, Hobson KA. 2000. Phylogeography and genetic structure of northern populations of the yellow warbler (*Dendroica petechia*) [J]. *Mol Ecol*, **9**: 667-682.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations [J]. *Am Nat*, **106**: 283-292.
- Nesje M, Roed KH, Lifjeld JT, Lindverg P, Steens OF. 2000. Genetic relationship in the peregrine falcon (*Falco peregrinus*) analyzed by microsatellite DNA markers [J]. *Mol Ecol*, **9**: 53-60.
- Niu R, Huang ZB, Shang HT, Wei H, Wang AD. 2002. Analysis of DNA polymorphism of 21 microsatellite loci from Bama Miniature pig breed in Guangxi of China [J]. *Chn J Vet Sci Technol*, **32**(8): 11-13. [牛荣, 黄中波, 商海涛, 魏泓, 王爱德. 2002. 广西巴马小型猪21个微卫星座位的DNA多态性分析. 中国兽医科技, **32**(8): 11-13.]
- Niu R, Shang HT, Wei H, Huang ZB, Zeng YZ. 2001. Genetic analysis of 35 microsatellite loci in 5 lineages of Xishuangbanna miniature pig inbred line [J]. *Chn J Genet*, **28**(6): 518-526.
- Peng YB, Ding P. 2005. Factors affecting movement of spring dispersal of Elliot's Pheasants [J]. *Zool Res*, **26**: 373-378. [彭岩波, 丁平. 2005. 白颈长尾雉春季扩散活动的影响因子. 动物学研究, **26**: 373-377.]
- Piry S, Luikart G, Cornuet JM. 1999. Bottleneck: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele

frequency data [J]. *J Hered*, **90**: 502-503.

Raymond M, Rousset F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism [J]. *J Hered*, **86**: 248-249.

Sambrook J, Fritsh EF, Maniatis T. 1989. Molecular Cloning: a Laboratory Manual [M]. 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.

Shi JB, Zheng GM. 1995. Activities of the Elliot's Pheasant [J]. *J Beijing Normal Univ : Nat Sci*, **31**: 513-519. [石建斌, 郑光美. 1995. 白颈长尾雉的活动区. 北京师范大学学报: 自然科学版, **31**: 513-519.]

Shi JB, Zheng GM. 1997. The seasonal changes of habitats of Elliot's Pheasant [J]. *Zool Res*, **18**(3): 275-283. [石建斌, 郑光美. 1997. 白颈长尾雉栖息地的季节变化. 动物学研究, **18**(3): 275-283.]

Wan QH, Wu H, Fujihara T, Fang SG. 2004. Which genetic marker for which conservation genetics issue [J]. *Electrophoresis*, **25**: 2165-2176.

Wang N, Liu Y, Zhang ZW. 2009. Characterization of nine microsatellite loci for a globally vulnerable species, Reeves's Pheasant (*Syrmaticus reevesii*) [J]. *Conserv Genet*, **10**: 1511-1514.

Xu YP, Zheng JW, Ding P, Jiang PP, Cai LY, Huang XF, Yao XH, Xu XR, Yu ZP. 2007. Seasonal change in ranging of Elliot's pheasant and its determining factors in Guanshan National Nature Reserve, Jiangxi [J]. *Biodiver Sci*, **15**(4): 337-343. [徐言朋, 郑家文, 丁平, 蒋萍萍, 蔡路昀, 黄晓风, 姚小华, 徐向荣, 余泽平. 2007. 官山白颈长尾雉活动区域海拔高度的季节变化及其影响因素. 生物多样性, **15**(4): 337-343.]

Yeh FC, Yang R, Boyle TJ, Ye Z, Xiyan M. 2000. POPGENE 32, Microsoft Windows-based Freeware for Population Genetic Analysis, version1.32[CP/CD]. Edmonton: University of Alberta, Edmonton, Canada.

Zhang RZ. 1979. Natural Geography of China: Zoo-geography[M]. Beijing: Science Press. [张荣祖. 1979. 中国自然地理: 动物地理[M] 北京: 科学出版社.]



2011 年部分生物、农林类学术期刊联合征订表

刊物名称	邮发 代号	刊 期	年价 (元)	期刊网址	编辑部 E-mail
癌变·畸·突变	80-285	双月刊	60	www.egh.net.cn	cemsctm@stu.edu.cn
动物学研究	64-20	双月刊	150	www.zoores.ac.cn	zoores@mail.kiz.ac.cn
动物学杂志	2-422	双月刊	360	http://dwzxx.ioz.ac.cn	journal@ioz.ac.cn
分子植物育种	84-23	双月刊	240	www.molplantbreed.org	mpb@hibio.org
国际遗传学杂志	14-55	双月刊	90	www.cma.org.cn	genetics@ems.hrbmu.edu.cn
激光生物学报	42-194	双月刊	150	www.jgswxb.net	jgswxb@hunnu.edu.cn
菌物学报	2-499	双月刊	480	http://journals.im.ac.cn/jwxtcn	jwxt@im.ac.cn
昆虫知识	2-151	双月刊	360	www.ent-bull.com.cn	entom@ioz.ac.cn
林业科学	82-6	月 刊	300	www.linyekexue.net	linyxx@forestry.ac.cn
农业生物技术学报	2-367	双月刊	240	www.jabiotech.org.cn/	nsjxb@cau.edu.cn
人类学学报	2-384	季 刊	100	www.ivpp.ac.cn	acta@ivpp.ac.cn
生命科学	4-628	月 刊	480	www.lifescience.net.cn	cbis@sibs.ac.cn
生命科学研究	42-172	双月刊	108	http://smky.chinajournal.net.cn	life@hunnu.edu.cn
生物工程学报	82-13	月 刊	780	http://journals.im.ac.cn/cjbcn	cjb@im.ac.cn
生物化学与生物物理 进展	2-816	月 刊	720	www.pibb.ac.cn	prog@sun5.ibp.ac.cn
生物技术通报	18-92	月 刊	300		biotech@mail.caas.net.cn
生物技术通讯	82-196	双月刊	150	http://swtx.chinajournal.net.cn	swtx@263.net
微生物学报	2-504	月 刊	660	http://journals.im.ac.cn/actamicrocn/	actamicro@im.ac.cn