



研究论文 ORIGINAL PAPERS

基于 *ND2* 基因的西北地区
密点麻蜥系统发育分析杨启元¹, 赵若嘉¹, 陈玟含¹, 张俊哲¹, 蒋明轩¹, 李 铀^{1,2,3,4*}

- (1. 西北民族大学生物工程学院, 兰州 730030;
2. 西北民族大学生物医学研究中心细胞基质疫苗关键技术与产业化教育部工程研究中心, 兰州 730030;
3. 西北民族大学生物医学研究中心甘肃省动物细胞技术创新中心, 兰州 730030;
4. 西北民族大学生物医学研究中心生物工程与技术国家民委重点实验室, 兰州 730030)

稿件运行过程

收稿日期: 2025-07-30

修回日期: 2026-06-18



摘 要

关键词: 密点麻蜥;
ND2 基因;
遗传多样性;
遗传分化;
系统发育;
西北地区

Keywords: *Eremias multiocellata*;
ND2 gene;
Genetic diversity;
Genetic differentiation;
Phylogeny;
Northwest China

中图分类号: Q953

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2026)-03-0415-14

DOI: 10.12375/ysdwxb.202507032

密点麻蜥 (*Eremias multiocellata*) 是中亚干旱生态系统的代表性蜥蜴, 在我国北方及西北地区分布广泛, 对维持荒漠生态系统结构与功能稳定具有重要作用。本研究以中国西北4个地理区域(内蒙古、宁夏、甘肃和新疆)的112份样本为研究对象, 基于线粒体 *ND2* 基因序列, 分析其遗传多样性、系统发育关系及遗传分化格局。结果显示: *ND2* 基因序列 A + T 平均含量达 60.7%, 具有 AT 偏倚性; 共检测到 58 个单倍型, 单倍型多样性 (H_d) 为 0.759 ~ 0.941, 核苷酸多样性 (π) 为 0.041 ~ 0.070, 总体遗传多样性水平较高 ($H_d = 0.969, \pi = 0.072$)。系统发育分析显示, 密点麻蜥分化为两大跨区域演化支系, 单倍型分布混杂, 未形成与地理区域严格对应的单系结构; 共检测到 6 个跨群体共享单倍型。遗传分化分析表明, 群体间总体 F_{ST} 达 0.51089, 存在较高的遗传分化, 其中新疆群体与宁夏、内蒙古群体间的分化程度相对较高。中性检验与错配分布分析表明, 甘肃、内蒙古和宁夏群体在演化历史上种群规模相对稳定, 未经历显著的群体扩张事件, 新疆群体存在历史扩张的生物学信号, 但未达到统计学显著水平。研究结果可为西北地区密点麻蜥的保护策略制定提供科学依据。

基金项目: 国家自然科学基金地区科学基金项目(32060311); 中共甘肃省委组织部省级人才项目(51202506); 兰州市城关区科技计划项目(2023RCCX0002); 中央高校基本科研业务费专项资金项目(31920240109, 31920260094, 31920260131); 西北民族大学国家级大学生创新创业训练计划项目(202510742009)

第一作者简介: 杨启元(2003—), 男, 本科生; 主要从事生物技术研究。E-mail: 13213501689@163.com

*** 通信作者:** 李铀, E-mail: 284142549@xbmu.edu.cn

Phylogenetic Analysis of *Eremias multiocellata* in Northwest China Based on the *ND2* Gene

YANG Qiyuan¹, ZHAO Ruojia¹, CHEN Wenhan¹,
ZHANG Junzhe¹, JIANG Mingxuan¹, LI You^{1,2,3,4*}

(1. School of Bioengineering, Northwest Minzu University, Lanzhou 730030, China;

2. Engineering Research Center of Key Technology and Industrialization of Cell-Based Vaccine,

Ministry of Education, Biomedical Research Center, Northwest Minzu University, Lanzhou 730030, China;

3. Gansu Tech Innovation Center of Animal Cell, Biomedical Research Center, Northwest Minzu University,
Lanzhou 730030, China;

4. Key Laboratory of Biotechnology and Bioengineering of State Ethnic Affairs Commission,
Biomedical Research Center, Northwest Minzu University, Lanzhou 730030, China)

Abstract: *Eremias multiocellata* is a representative lizard species of the arid ecosystems in Central Asia, widely distributed across northern and northwestern China and contributing significantly to the structural and functional stability of desert ecosystems. In this study, we analyzed 112 individuals from four geographic regions in northwestern China (Inner Mongolia, Ningxia, Gansu and Xinjiang) using mitochondrial *ND2* sequences to assess genetic diversity, phylogenetic structure and population differentiation. The *ND2* sequences showed an average A + T content of 60.7%, indicating a notable AT bias. A total of 58 haplotypes were identified. Intrapopulation haplotype diversity (H_d) ranged from 0.759 to 0.941, and nucleotide diversity (π) ranged from 0.041 to 0.070. Overall genetic diversity across all populations was relatively high ($H_d = 0.969$, $\pi = 0.072$). Phylogenetic analysis resolved two cross-regional lineages, with haplotypes showing a mixed geographic distribution and failing to form geographically monophyletic clades. Six haplotypes were shared among populations. Genetic differentiation analysis revealed a high overall level of population differentiation ($F_{ST} = 0.51089$), with relatively strong differentiation between the Xinjiang population and the Ningxia and Inner Mongolia populations. Neutrality tests and mismatch distribution analyses indicated that most populations have remained relatively stable demographically, with no evidence of significant population expansion; however, the Xinjiang population showed signs of historical expansion, although there were not statistically significant. These findings provide a valuable genetic basis for understanding the population structure of *E. multiocellata* in northwestern China and for informing regionally tailored conservation strategies.

中国西北地区以其独特的地理位置和复杂的气候条件塑造了极其脆弱的荒漠生态系统^[1-2]。荒漠化是该区域最突出的生态问题,影响范围广、风险等级高,在全球气候变化与人为活动加剧的双重胁迫下,区域生态退化加速,生物多样性保护压力持续增大^[3-5]。尽管环境条件严苛,西北地区仍孕育了大量特化生物类群,诸多物种通过长期进化形成了独特的适应策略,维系了荒漠生态系统的稳定与平衡^[6]。

爬行动物是荒漠生态系统的优势类群,它们通过优化温度调节、水分平衡和运动相关的形态生理特征,成功适应了干旱环境并得以生存^[7-8]。但近年

来栖息地破碎化^[9]、气候变暖和环境污染^[10]等因素导致全球爬行动物生存危机加剧。目前,爬行动物已成为陆生脊椎动物中受威胁程度和灭绝风险最高的类群之一,已有超过21%的物种被列为受威胁物种^[11-16]。我国爬行纲(Reptilia)物种约占全球总量的5%,在世界范围内排名第八^[17],但同时其正经历种群数量快速下降和物种灭绝的危机。对1950—2000年物种分布情况的对比研究发现,中国县级重点保护的两栖爬行动物物种数量平均下降了28.8%^[18-19]。根据2023年生态环境部和中国科学院发布的《中国生物多样性红色名录——脊椎动物卷(2020)》,我国

爬行类共 517 种, 其中被评估为极危(CR)、濒危(EN)和易危(VU)的物种共 159 种, 占爬行纲总数的 30.75%^[20]。

密点麻蜥(*Eremias multiocellata*)是中亚干旱生态系统的代表性蜥蜴, 在我国北方及西北地区分布广泛。该物种广谱食性可有效控制农林害虫, 在半荒漠与荒漠草原生态系统稳定性维持中扮演着重要的调控角色^[21-22], 已于 2023 年被列入《有重要生态、科学、社会价值的陆生野生动物名录》^[23]。目前关于密点麻蜥的研究多集中于药用价值^[24-26]、食性^[22]、生理代谢^[27-28]及形态学^[29]等方面。但密点麻蜥在分类学上存在诸多复杂性与争议, 其所在的密点麻蜥复合体物种界定模糊, 种内形态变异复杂, 且与近缘种形态相似, 仅依据鳞片排列、体表斑纹模式等传统形态学指标难以实现亚种的准确划分^[30]。中国西北地区复杂的地形地貌(如不断扩张的戈壁沙漠)可能通过地理隔离驱动密点麻蜥群体分化, 但这一重要假说仍缺乏充分的遗传学证据支持^[31]。

线粒体基因具有高突变率和严格的母系遗传特性, 已成为解析种内分化格局及近缘种系统发育关系的常用分子标记, 其中 NADH 脱氢酶第二亚基(NADH dehydrogenase subunit 2, ND2)基因在蜥蜴类线粒体基因组中进化速率较快、核苷酸变异水平较高, 已被证实是解决麻蜥属(*Eremias*)复合体物种分类难题的有效分子标记^[32-34]。此外, ND2 基因在公共数据库中序列资源丰富, 便于与已有研究进行比较分析。

遗传多样性是物种进化潜力与环境适应能力的基础, 其水平直接影响群体应对环境变化和长期存续的能力^[35]。已有研究从形态分化、环境适应、近缘种关系及线粒体基因系统发育等方面探讨了密点麻蜥及相关麻蜥类群的演化特征^[36-38]。针对西北部分地区密点麻蜥的研究显示, 不同地理群体间虽存在一定基因流, 但该研究样本量较小, 尚未系统评估其遗传多样性水平和群体分化格局^[39]。因此, 有必要扩大采样范围和样本量, 结合群体遗传学指标进一步解析西北地区密点麻蜥的遗传结构及其演化历史。

鉴于密点麻蜥在西北地区生态系统中发挥的关键生态功能, 深入探究其遗传多样性现状、群体结构及分化格局具有突出的紧迫性和重要的科学价值。本研究选取线粒体 ND2 基因作为分子标记, 对采自

宁夏、内蒙古、甘肃和新疆 4 个关键地理区域的密点麻蜥群体开展测序分析。通过整合系统发育分析、单倍型网络构建及遗传距离计算等多种研究方法, 本研究明确了密点麻蜥的群体遗传多样性水平及分化格局, 以期对西北地区密点麻蜥保护策略的制定及资源的可持续利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究共采集密点麻蜥 112 只(研究方案已通过西北民族大学动物实验伦理委员会审查, 批件号: xbm-u-sm-2018050), 分别来自内蒙古(29 只)、宁夏(46 只)、甘肃(20 只)及新疆(17 只)。采集后, 测量其体长、尾长和头长等形态学指标, 并于尾部后端切取约 5 mm²的组织样本, 置于保存液[V(无水乙醇): V(生理盐水)=1:1]中, -20 °C 保存备用。各样本的详细采集信息(包括具体采样点及编号)见图 1 和附录 A。

1.2 DNA 提取与检测

使用长沙艾科瑞生物科技有限公司的 SteadyPure 通用型基因组 DNA 提取试剂盒, 提取密点麻蜥全基因组 DNA。提取产物经 1.4% 琼脂糖凝胶电泳检测完整性, 将检测合格的基因组 DNA 样品于 -20 °C 保存, 并用于后续 PCR 扩增的模板。

1.3 PCR 扩增及测序

基于麻蜥属线粒体基因组保守区(GenBank 登录号: MZ516517.1), 采用 Primer Premier 5.0 软件^[40]设计 ND2 基因特异性扩增引物, 引物序列为 ND2-F: 5'-TAATCATCACCGCCACCAGC-3', ND2-R: 5'-AGG GGGCAATTAGTGGTAGT-3'。PCR 反应体系总体积为 25.0 μL, 包含 5 mmol/L 上、下游引物各 1.0 μL, 5 U/μL Premix Taq 酶 12.5 μL, 基因组 DNA 模板 2.0 μL, 无菌超纯水补足。PCR 扩增程序为 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 45 s, 55.1 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 1 min, 共 34 个循环; 最后 72 °C 终延伸 10 min。扩增产物经 1.4% 琼脂糖凝胶电泳检测, 合格产物送至奥科生物科技有限公司(陕西杨凌)进行双向测序。

1.4 数据处理与分析

原始测序数据(AB1 格式)经 Geneious Prime 2023.1.1(<https://www.geneious.com/>)进行序列质量评估与剪接处理, 以密点麻蜥 ND2 基因参考序列为参照进行比对, 对所有样本统一截取一致性较高的

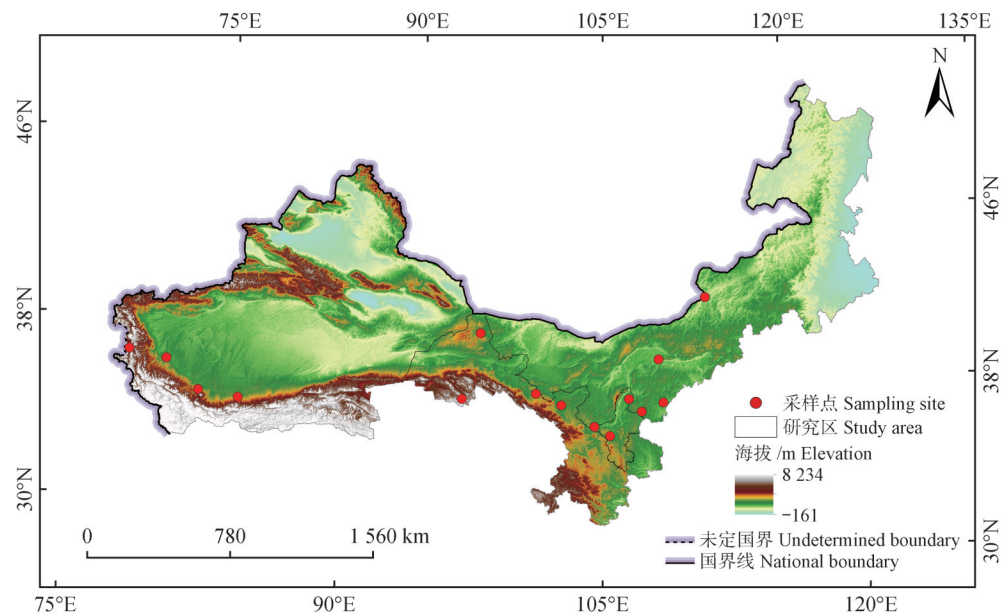


图1 密点麻蜥采样点分布

Figure 1 Distribution of sampling sites for *Eremias multiocellata*

保守区域,并纳入遗传多样性和系统发育分析。

通过MEGA-X^[41]对ND2基因序列的碱基组成进行统计分析,使用DnaSP 6.10^[42]对群体遗传多样性进行量化分析,包括各群体的单倍型数量、变异位点数、单倍型多样性(haplotype diversity, H_d)、核苷酸多样性(π)和平均核苷酸差异(K),并将所有个体序列转换为单倍型格式,按内蒙古、宁夏、甘肃和新疆4个地理群体分组。群体遗传距离及遗传分化系数(F_{ST})通过Arlequin 3.11^[43]计算,以评估遗传分化水平,并进行分子方差分析(AMOVA),解析群体遗传结构及变异来源。在系统发育分析中,从GenBank下载42条密点麻蜥ND2序列,并选取8条近缘麻蜥物种序列作为外群(表1)。基于BIC(Bayesian information criterion)准则,使用ModelFinder 2.2.2^[44]筛选最优核苷酸替代模型。在此基础上,分别应用贝叶斯推断(Bayesian inference, BI)与最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树。BI分析在MrBayes 3.2^[45]中完成,对密码子第1、2位点采用GTR + F + I + G4模型,对第3位点采用GTR + F + G4模型;马尔可夫链运行5 000 000代,每100代采样1次,弃除前25%的老化样本,最终通过后验概率(posterior probability, PP)评估节点的支持度。ML分析在IQ-TREE 2.2.2^[46]中执行,对密码子第1、2位点选用GTR + F + R2模型,对第3位点选用GTR + F +

I + G4模型,采用1 000次自举重复(bootstrap, BP)检验分支可信度。使用Popart v1.7软件^[47-49],采用中介法(median-joining method, MJ)构建单倍型网络,直观展示单倍型间亲缘关系及其地理分布格局。群体历史动态通过Arlequin 3.11进行Tajima's D 和Fu's F_s 中性检验及核苷酸错配分布分析,所有检验均以 $P < 0.05$ 为统计显著性阈值。

表1 系统发育分析所用外群麻蜥物种及其GenBank登录号

Table 1 Outgroup *Eremias* species and GenBank accession numbers for phylogenetic analysis

物种 Species	登录号 Accession numbers
丽斑麻蜥 <i>Eremias argus</i>	PP972211.1
天山麻蜥 <i>Eremias stummeri</i>	NC_029878.1 ^[50] KT372881.1 ^[50]
山地麻蜥 <i>Eremias brenchleyi</i>	NC_011764.1 ^[51]
快步麻蜥 <i>Eremias velox</i>	KM359148.1 ^[52]
敏麻蜥 <i>Eremias arguta</i>	KU605241.1 ^[33]
网纹麻蜥 <i>Eremias grammica</i>	KU585904.1 ^[36] U71331.1 ^[53-54]

2 结果

2.1 线粒体ND2基因序列的碱基组成及变异特征

以GenBank中密点麻蜥线粒体ND2基因序列(登录号: MZ516517.1)为参考,通过Geneious Prime

软件对112条样本测序原始序列进行质量校正、比对和剪切筛选,最终获得785 bp的ND2基因有效序列。基于MEGA-X的Statistics功能及DnaSP 6.10软件统计分析结果显示,碱基A、T、C、G平均含量分别为29.5%、31.2%、8.7%和30.6%,A + T总含量(60.7%)显著高于G + C含量(39.3%),呈现明显的AT碱基偏倚。全序列共检测出102个变异位点,其中单一变异位点18个,简约信息位点84个。

2.2 密点麻蜥群体遗传多样性分析

基于线粒体ND2基因序列分析,共鉴定出58个

单倍型(由于存在跨群体共享单倍型,各地理群体单倍型数量之和为64)。4个地理群体的遗传多样性参数统计结果(表2)显示, H_d 为0.759~0.941,其中新疆、内蒙古和宁夏群体分别达到0.941、0.926和0.919,均表现出较高的单倍型丰度特征; π 为0.041~0.070,甘肃群体(0.070)高于其他地理群体。 K 以甘肃群体最大(54.410),新疆、宁夏和内蒙古群体依次为40.169、39.714和32.148。从总体水平看,密点麻蜥群体的 H_d 为0.969, π 为0.072, K 为55.502,表现出较高的遗传多样性水平。

表2 西北地区密点麻蜥群体遗传多样性

Table 2 Genetic diversity patterns of *Eremias multiocellata* populations in northwest China

地区 Region	样本数量/份 Sample size	单倍型数量/个 Haplotype number	单倍型多样性(H_d) Haplotype diversity	核苷酸多样性(π) Nucleotide diversity	平均核苷酸差异(K) Average number of nucleotide differences
内蒙古 Inner Mongolia	29	15	0.926	0.041	32.148
宁夏 Ningxia	46	28	0.919	0.051	39.714
新疆 Xinjiang	17	13	0.941	0.057	40.169
甘肃 Gansu	20	8	0.759	0.070	54.410
总计 Total	112	58	0.969	0.072	55.502

2.3 密点麻蜥群体间的遗传距离和遗传分化

通过对线粒体ND2基因序列的遗传距离分析发现(表3),群体间两两遗传距离为0.056 67~0.109 38,其中,新疆群体与内蒙古、宁夏群体间遗传距离相

对较大,分别为0.109 38、0.104 59。群体内遗传距离为0.018 31~0.084 72,其中新疆群体最小(0.018 31),甘肃群体最大(0.084 72)。

表3 密点麻蜥群体的遗传距离(下三角)与遗传分化系数(上三角)

Table 3 Genetic distances (below triangle) and genetic differentiation coefficient (above triangle) among *Eremias multiocellata* populations

地区 Region	内蒙古 Inner Mongolia	甘肃 Gansu	宁夏 Ningxia	新疆 Xinjiang
内蒙古 Inner Mongolia	0.053 69	0.443 15	0.318 72	0.686 41
甘肃 Gansu	0.097 36	0.084 72	0.449 01	0.417 79
宁夏 Ningxia	0.056 67	0.086 33	0.040 39	0.720 76
新疆 Xinjiang	0.109 38	0.087 36	0.104 59	0.018 31

注:加粗字体代表群体内遗传距离。

Note: Bold fonts represent genetic distances within the population.

F_{ST} 分析结果表明(表3),群体间 F_{ST} 为0.318 72~0.720 76。其中,新疆与宁夏群体间 F_{ST} 最高(0.720 76),新疆与内蒙古群体间次之(0.686 41),表明新疆群体与这两个群体间存在较高遗传分化。相比之下,宁夏与内蒙古群体间 F_{ST} 最低,仅为0.318 72,说明二者遗传分化程度相对较低。为进一步探讨遗传变

异和进化关系,基于ND2基因序列进行了AMOVA,结果显示:群体间遗传变异占总变异的51.09%,群体内遗传变异占48.91%,二者比例相近,表明该物种遗传结构同时受群体间分化与群体内遗传变异的影响。总体 F_{ST} 为0.510 89,说明该物种总体遗传分化程度较高(表4)。

表 4 密点麻蜥遗传变异的分子方差分析结果

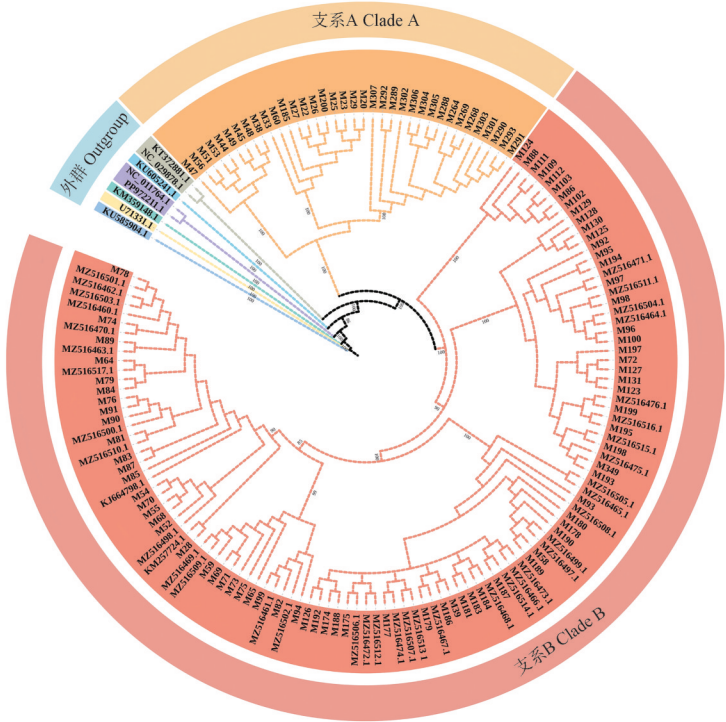
Table 4 Analysis of molecular variance results for genetic variation in *Eremias multiocellata*

变异来源 Source of variation	自由度 df	平方和 Sum of squares	方差成分 Variance components	占总变异的比例 / % Percentage of variation	总体遗传分化系数 (F_{ST}) Global F -statistics
群体间 Among population	3	1 244. 518	16. 539 62	51. 09	0. 510 89
群体内 Within population	108	1 551. 776	15. 834 45	48. 91	
总计 Total	111	2 796. 294	32. 374 07		

2.4 ND2基因系统进化树分析

基于线粒体ND2基因序列,分别采用贝叶斯推断法(BI,图2)和最大似然法(ML,图3)构建系统发育树。两种方法所得拓扑结构总体一致,外群序列

与密点麻蜥主体分支明显分离;本研究序列与Gen-Bank中密点麻蜥参考序列共同归入进化树主体分支,表明其系统发育归属明确。



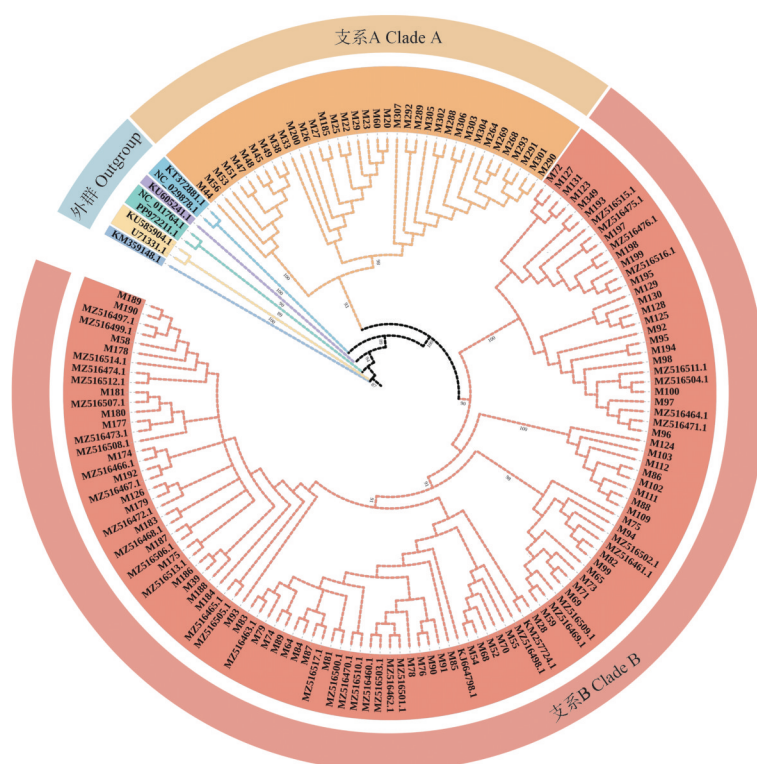


图3 基于ND2基因序列的密点麻蜥 ML系统发育树

Figure 3 ML phylogenetic tree constructed based on *ND2* gene sequences

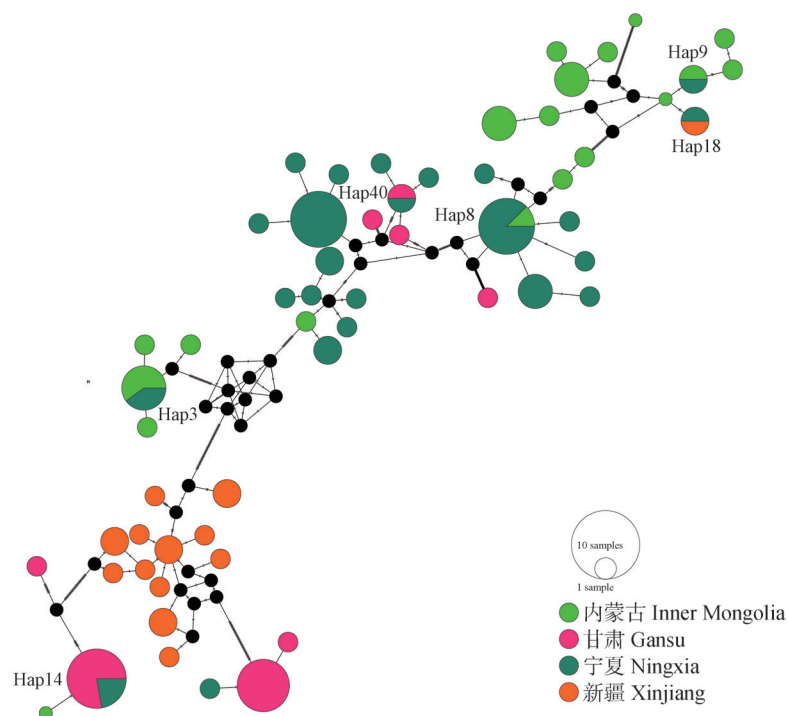


图4 基于ND2基因的密点麻蜥4个地理种群单倍型中介网络

Figure 4 Median-joining haplotype network in four geographical populations of *Eremias multiocellata* based on *ND2* gene sequences

2.6 群体历史动态分析

中性检验结果显示(表 5), Tajima's D 在所有群体中均为负值, 且均未达到显著水平 ($P > 0.05$); Fu's F_s 在不同群体间呈现差异, 甘肃(6.806)和内蒙古(2.994)群体为正值, 宁夏(-1.493)和新疆(-1.040)群体为负值, 但均未达到显著水平 ($P > 0.05$)。核苷酸错配分布分析显示(图 5), 甘肃、内蒙古和宁夏群体的观测错配频率呈不规则多峰锯齿分布, 无扩张特征的光滑单峰; 新疆群体观测值则在低核苷酸差异区间形成优势宽主峰, 仅附带一处低矮次级峰, 整体趋近单峰分布, 且其 Tajima's D (-2.217 61) 为较大负值, 提示该群体可能存在群体历史扩张的生物学信号, 但中性检验未达显著水平。将所有样本作为整体进行分析时, Tajima's D 和 Fu's F_s 分别为 -0.593 70 和 1.512, 同样未达到显著水平。综合上述结果, 西北地区密点麻蜥整体未检测到跨

地理群体一致的大范围扩张; 甘肃、内蒙古和宁夏群体历史种群规模整体保持稳定; 新疆虽无统计学层面的显著扩张证据, 但遗传参数与错配图谱共同暗示其存在历史扩张趋势, 后续需扩大样本量进一步验证。

表 5 密点麻蜥群体中性检验结果

Table 5 Neutrality tests results of *Eremias multiocellata* populations based on Tajima's D and Fu's F_s

地区 Region	Fu's F_s	Tajima's D
内蒙古 Inner Mongolia	2.994	-0.500 96
宁夏 Ningxia	-1.493	-1.203 79
甘肃 Gansu	6.806	-0.496 80
新疆 Xinjiang	-1.040	-2.217 61
总计 Total	1.512	-0.593 70

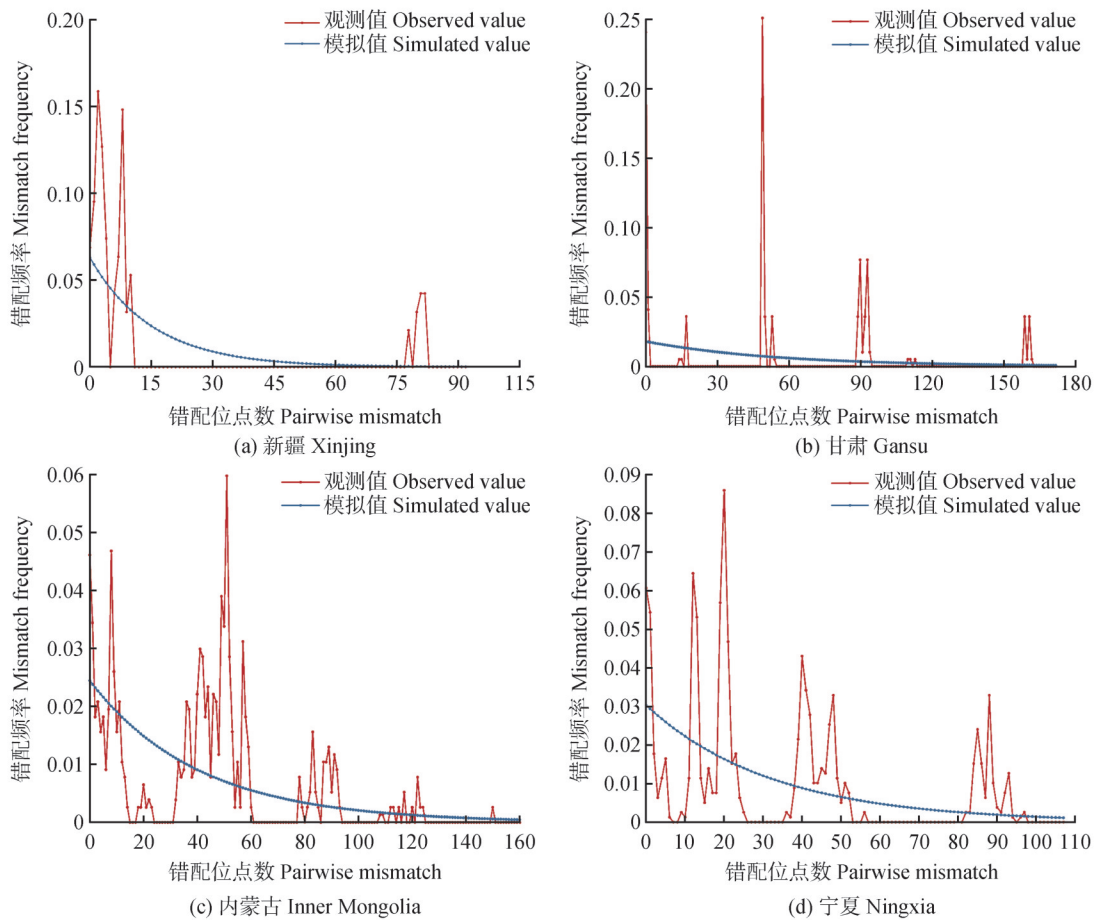


图 5 基于 ND2 基因的密点麻蜥 4 个地理群体核苷酸错配分布

Figure 5 Nucleotide mismatch distributions in four geographic populations of *Eremias multiocellata* based on the ND2 gene sequences

3 讨论与结论

3.1 ND2 序列特征及其群体遗传分析的适用性

本研究对中国西北4个地理群体的密点麻蜥线粒体ND2基因序列开展遗传多样性分析,共获得785 bp的有效序列。碱基组成分析发现,A+T碱基含量为60.7%,G+C含量为39.3%,表现出明显的AT碱基偏倚性。该结果与韩晨等^[55]的研究结论相似,且与多数脊椎动物线粒体基因的编码模式高度契合,如鹌鹑(*Coturnix japonica*)^[56]、龙头鱼(*Harpadon nehereus*)^[57]、少鳞鳊(*Sillago japonica*)^[58]、崖沙燕(*Riparia riparia*)^[59]和攀鲈(*Anabas testudineus*)^[60]等。线粒体基因组高A+T含量通常与高突变率和快速进化相关^[61],这可能增强了密点麻蜥对多变荒漠环境的适应能力,使其在长期进化过程中维持了较高的遗传多样性水平。本研究共检测到102个变异位点,其中简约信息位点84个,占变异位点总数的82.35%,表明ND2基因在密点麻蜥种内具有较高的遗传变异水平,适宜作为群体遗传学和系统发育研究的分子标记。

3.2 西北地区密点麻蜥群体遗传多样性的形成因素

遗传多样性是构成生物进化与生态适应性的基础,其丰富程度与物种应对环境变迁的能力呈正相关,进而保障群体的长期存续^[62]。作为群体遗传学分析的关键参数,线粒体DNA的 π 与 H_d 共同揭示群体的遗传特征与分化水平,为解析物种进化历程提供重要依据,在生物遗传结构研究领域具有广泛应用价值^[63-64]。Grant et al.^[65]指出,以 H_d 阈值为0.5和 $\pi > 0.005$ 作为高遗传多样性的判断标准,数值越高意味着群体遗传多样性越高。 K 反映样本序列间平均差异程度,在序列长度一致的情况下,数值越大,说明群体内样本间累积的核苷酸差异越多,也指示该群体具有较丰富的遗传多样性^[66-67]。

在本研究中,密点麻蜥4个地理群体的 H_d 为0.759~0.941, π 为0.041~0.070,这一数据显示其遗传多样性处于较高水平。其中,甘肃群体的 H_d (0.759)为四者中最低,但其 π (0.070)和 $K=54.410$ 均高于其他群体,说明该群体累积了较大的核苷酸差异,提示甘肃群体内线粒体遗传变异水平较高,并可能存在较深的母系谱系分化。新疆群体呈现高 H_d (0.941)与高 π (0.057)的组合模式,表明其单倍

型组成丰富,且群体内保留了较高水平的序列变异。整体而言,4个密点麻蜥群体均呈现高水平的遗传多样性,说明该物种在西北地区具有较丰富的群体内遗传变异。

3.3 遗传分化与母系谱系结构的区域格局

遗传距离和 F_{ST} 是衡量群体间遗传分化程度的重要指标^[68-69]。本研究中,密点麻蜥群体间遗传距离为0.056 67~0.109 38,群体间 F_{ST} 为0.318 72~0.720 76,总体达0.510 89,显示出高度的遗传分化水平。其中,新疆群体与宁夏、内蒙古群体间的遗传距离和 F_{ST} 值均较高,表明新疆群体与其他群体间存在较强的遗传隔离;而宁夏与内蒙古群体间的 F_{ST} 最低(0.318 72),遗传距离也最小(0.056 67),表明二者亲缘关系较近,可能存在较频繁的历史基因交流。AMOVA分析结果显示,群体间遗传变异占总变异的51.09%,群体内遗传变异占48.91%,在群体内部和群体间均有分子变异发生。

系统发育分析从母系谱系层面进一步揭示了该群体遗传结构的复杂性。BI树和ML树在主要拓扑结构上总体一致,密点麻蜥群体并未严格按照单一地理来源聚类,而是形成了跨区域组成的支系A和支系B。其中,支系A主要由新疆群体和甘肃部分群体组成,同时包含少量宁夏和内蒙古个体;支系B则以宁夏和内蒙古群体为主,并嵌套了少量甘肃个体及新疆塔什库尔的个体(M349)。两个支系均未形成与省(区)或采样点完全对应的独立地理单系结构,说明ND2母系谱系关系与现有地理采样格局并非完全一致。

综合群体遗传分化和系统发育分析结果可见,西北地区密点麻蜥群体已形成较明显的遗传分化,但其母系谱系并未严格按照现有地理区域分化为对应的单系结构。宁夏与内蒙古群体遗传差异相对较小,并在系统发育树中构成支系B的主体;新疆群体与宁夏、内蒙古群体间分化较高,但未形成完全独立的地理单系。该格局提示,密点麻蜥的区域遗传结构可能受到历史地理隔离、母系谱系保留、不完全谱系分选及局部历史基因交流等多重过程共同影响。

3.4 密点麻蜥群体动态的区域差异

在群体遗传学研究领域,核苷酸错配分布分析与中性检验(Tajima's D 和Fu's F_S)是解析群体历史动态的核心工具^[70-71]。若Tajima's D 为显著负值且核苷酸错配分布呈单峰曲线,提示群体经历过扩张;

反之,若错配分布曲线呈双峰或多峰形态,则表明群体状态历史相对稳定,未经历显著扩张。本研究中,甘肃、内蒙古和宁夏群体的 Tajima's D 均为负值但未达到显著水平, Fu's F_s 未显示一致的显著负偏离,错配分布呈不规则多峰或锯齿状,表明这 3 个群体在历史上未经历显著的群体扩张事件,种群规模整体保持相对稳定。与上述群体相比,新疆群体的 Tajima's D 为 $-2.217\ 61$,负偏离幅度较大, Fu's F_s 亦为负值,提示其母系谱系中可能存在低频变异积累;其错配分布在低核苷酸差异区间形成优势宽主峰,仅伴有一处低矮次级峰,形态上趋近单峰分布。综合来看,新疆群体可能存在历史扩张相关的生物学信号。干旱中亚荒漠蜥蜴的历史动态研究表明,更新

世气候波动和荒漠生境演变可能影响区域类群的谱系扩张过程^[72-73]。考虑到新疆群体样本量相对有限,且 Tajima's D 和 Fu's F_s 均未达到统计学显著水平,该结果仍应限定为扩张相关的提示性证据。在物种整体水平上,总体 Tajima's D 和 Fu's F_s 均不显著,错配分布也未呈现单峰扩张特征,说明西北地区密点麻蜥整体上未发生跨地理分区的一致性大范围种群扩张。这一结论对于理解该物种在中亚干旱生态系统中的进化历程具有重要意义。密点麻蜥群体在历史上长期保持相对稳定的种群规模,可能与其对荒漠环境的特殊适应策略有关,也可能反映了该区域环境波动尚未达到驱动物种大范围扩张的阈值。

附录 A 用于 ND2 基因分析的密点麻蜥样本采集信息
Appendix A Sampling information of *Eremias multiocellata* used for ND2 gene analysis

地区 Region	采样点 Sampling site	个体数量 /只 Individual	样本编号 Sample number
甘肃 Gansu	张掖东大山 Zhangye Dongdasha	1	M20
	盐池湾 Yanchiwan	8	M22, M23, M25, M26, M27, M28, M29, M33
	金昌赵家沟 Jinchang Zhaojiagou	2	M38, M39
	马繁山 Mafanshan	9	M44, M45, M47, M48, M49, M51, M52, M53, M54
宁夏 Ningxia	陶乐 Taole	13	M55, M56, M58, M59, M60, M64, M65, M68, M69, M70, M71, M72, M73
	沙坡头 Shapotou	16	M74, M75, M76, M78, M79, M81, M82, M83, M84, M85, M86, M87, M88, M89, M90, M91
	甘塘 Gantang	17	M174, M175, M177, M178, M179, M180, M181, M183, M184, M185, M186, M187, M188, M189, M190, M192, M193
内蒙古 Inner Mongolia	鄂前旗 Otog Front	8	M92, M93, M94, M95, M96, M97, M98, M99
	乌审旗 Uxin Banner	6	M100, M102, M103, M109, M111, M112
	乌前旗 Urad Front	9	M123, M124, M125, M126, M127, M128, M129, M130, M131
	二连浩特 Erenhot	6	M194, M195, M197, M198, M199, M200
新疆 Xinjiang	民丰 Minfeng	3	M264, M268, M269
	和田 Hotan	6	M288, M289, M290, M291, M292, M293
	叶城 Yecheng	7	M301, M302, M303, M304, M305, M306, M307
	塔什库尔干 Taxkorgan	1	M349

参考文献:

- [1] Wang X M, Geng X, Liu B, et al. Desert ecosystems in China: past, present, and future [J]. *Earth-Science Reviews*, 2022, 234: 104206.
- [2] Bachelet D, Ferschweiler K, Sheehan T, et al. Climate change effects on southern California deserts [J]. *Journal of Arid Environments*, 2016, 127: 17–29.
- [3] Huang J, Li Y, Fu C, et al. Dryland climate change: recent progress and challenges [J]. *Reviews of Geophysics*, 2017, 55(3): 719–778.
- [4] Feng Q, Ma H, Jiang X M, et al. What has caused desertification in China? [J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 15998.
- [5] Huang J P, Zhang G L, Zhang Y T, et al. Global desertification vulnerability to climate change and human activities [J]. *Land Degradation & Development*, 2020, 31(11): 1380–1391.
- [6] Chen F H, Chen J H, Huang W, et al. Westerlies Asia and monsoonal Asia: spatiotemporal differences in climate change and possible mechanisms on decadal to sub-orbital timescales [J]. *Earth-Science Reviews*, 2019, 192: 337–354.
- [7] Pie M R, Campos L L F, Meyer A L S, et al. The evolution of climatic niches in squamate reptiles [J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2017, 284(1858): 20170268.
- [8] Bradshaw S D. *Ecophysiology of Australian arid-zone reptiles* [M]//Lambers H. *On the ecology of Australia's arid zone*. Cham: Springer, 2018: 133–148.
- [9] Cox N, Young B E, Bowles P, et al. A global reptile assessment highlights shared conservation needs of tetrapods [J]. *Nature*, 2022, 605(7909): 285–290.
- [10] Li Q, Shao W J, Jiang Y, et al. Assessing reptile conservation status under global climate change [J]. *Biology*, 2024, 13(6): 436.
- [11] Simpkins G. Protecting reptiles and amphibians [J]. *Nature Reviews Earth & Environment*, 2023, 4(6): 359.
- [12] Mi C R, Ma L, Yang M Y, et al. Global protected areas as refuges for amphibians and reptiles under climate change [J]. *Nature Communications*, 2023, 14: 1389.
- [13] Whitfield S M, Bell K E, Philippi T, et al. Amphibian and reptile declines over 35 years at La Selva, Costa Rica [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2007, 104(20): 8352–8356.
- [14] Currie D J. Projected effects of climate change on patterns of vertebrate and tree species richness in the conterminous United States [J]. *Ecosystems*, 2001, 4(3): 216–225.
- [15] Hansen A J, Neilson R P, Dale V H, et al. Global change in forests: responses of species, communities, and biomes: interactions between climate change and land use are projected to cause large shifts in biodiversity [J]. *BioScience*, 2001, 51(9): 765–779.
- [16] Araújo M B, Thuiller W, Pearson R G. Climate warming and the decline of amphibians and reptiles in Europe [J]. *Journal of Biogeography*, 2006, 33(10): 1712–1728.
- [17] 蔡波, 李家堂, 陈跃英, 等. 通过红色名录评估探讨中国爬行动物受威胁现状及原因[J]. *生物多样性*, 2016, 24(5): 578–587.
- [18] Cai Bo, Li Jiatang, Chen Yueying, et al. Exploring the status and causes of China's threatened reptiles through the red list assessment [J]. *Biodiversity Science*, 2016, 24(5): 578–587.
- [19] He J X, Yan C, Holyoak M, et al. Quantifying the effects of climate and anthropogenic change on regional species loss in China [J]. *PLoS One*, 2018, 13(7): e0199735.
- [20] 蒋志刚, 江建平, 王跃招, 等. 中国脊椎动物红色名录[J]. *生物多样性*, 2016, 24(5): 500–551.
- [21] Jiang Zhigang, Jiang Jianping, Wang Yuezhao, et al. Red list of China's vertebrates [J]. *Biodiversity Science*, 2016, 24(5): 500–551.
- [22] 生态环境部, 中国科学院. 中国生物多样性红色名录: 脊椎动物卷(2020)[EB/OL]. [2025-04-29]. https://www.mee.gov.cn/xxgk2018/xxgk/xxgk01/202305/t20230522_1030745.html.
- [23] Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China, Chinese Academy of Sciences. China biodiversity red list: vertebrates (2020) [EB/OL]. [2025-04-29]. https://www.mee.gov.cn/xxgk2018/xxgk/xxgk01/202305/t20230522_1030745.html.
- [24] 钟文, 李铀, 韩晨, 等. 新疆密点麻蜥mtDNA *Cytb* 基因系统进化分析[J]. *现代畜牧兽医*, 2021(9): 5–8.
- [25] Zhong Wen, Li You, Han Chen, et al. Phylogenetic analysis of mtDNA *Cytb* gene in Xinjiang *Eremias multiocellata* [J]. *Modern Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine*, 2021(9): 5–8.
- [26] 刘睿, 毕俊怀, 付明霞, 等. 鄂尔多斯地区密点麻蜥的食性分析[J]. *四川动物*, 2015, 34(2): 193–199.
- [27] Liu Rui, Bi Junhuai, Fu Mingxia, et al. The diet of *Eremias multiocellata* in Erdos, China [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2015, 34(2): 193–199.
- [28] 国家林业和草原局. 有重要生态、科学、社会价值的陆生野生动物名录[EB/OL]. (2023-06-26) [2025-04-29]. https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/202307/content_6889361.htm.
- [29] National Forestry and Grassland Administration. List of terrestrial wildlife with important ecological, scientific and social value [EB/OL]. (2023-06-26) [2025-04-29]. https://www.gov.cn/zhengce/zhengceku/202307/content_6889361.htm.
- [30] 程翻娥, 白星, 李铮, 等. 宁夏密点麻蜥不同部位干预顺铂耐药胃癌模型裸鼠的效应及机制研究[J]. *中国中西医结合消化杂志*, 2023, 31(3): 197–203.
- [31] Cheng Fan'e, Bai Xing, Li Zheng, et al. Effect and mechanism study of different parts of Ningxia dense point hemp lizard on cisplatin resistant gastric cancer model nude mice [J]. *Chinese Journal of Integrated Traditional and Western Medicine on Digestion*, 2023, 31(3): 197–203.

- [25] 程翻娥, 白星, 李铮, 等. 密点麻蜥不同部位调控 NF- κ B/SNAIL 通路干预胃癌顺铂耐药研究 [J]. 中草药, 2023, 54(15): 4920–4927.
- Cheng Fan'e, Bai Xing, Li Zheng, et al. Different parts of *Eremias multiocellata* on intervention of cisplatin resistance in gastric cancer by regulating NF- κ B/SNAIL pathway [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2023, 54(15): 4920–4927.
- [26] 程翻娥, 李铮, 刘彩月, 等. 密点麻蜥调控 SLC7A11/GPX4 通路诱导胃癌 MKN45 细胞铁死亡的作用及机制 [J]. 中药材, 2024, 47(1): 196–201.
- Cheng Fan'e, Li Zheng, Liu Caiyue, et al. Effect and mechanism of lizard *Eremias multiocellata* on ferroptosis induced by SLC7A11/GPX4 pathway in gastric cancer MKN45 cells [J]. Journal of Chinese Medicinal Materials, 2024, 47(1): 196–201.
- [27] 王雪晴. 内蒙古中部三种蜥蜴热生理及行为生态学研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古师范大学, 2020: 12–14.
- Wang Xueqing. Study on thermal physiology and behavioral ecology of three lizards in central Inner Mongolia [D]. Hohhot: Inner Mongolia Normal University, 2020: 12–14.
- [28] 琚湘瑶, 林希楷, 钟秋梅, 等. 冬眠期和活跃期密点麻蜥不同器官的抗氧化应激及肠道菌群比较 [J]. 四川动物, 2025, 44(2): 155–166.
- Ju Xiangyao, Lin Xikai, Zhong Qiumei, et al. Comparison on antioxidant stress of different organs and gut microbiota between hibernating and active *Eremias multiocellata* [J]. Sichuan Journal of Zoology, 2025, 44(2): 155–166.
- [29] 韩佳乐, 钟秋梅, 王建礼. 四种蜥蜴嗅器和犁鼻器结构的比较 [J]. 动物学杂志, 2023, 58(3): 451–460.
- Han Jiale, Zhong Qiumei, Wang Jianli. Structural comparison of olfactory and vomeronasal organs in four species of lizards [J]. Chinese Journal of Zoology, 2023, 58(3): 451–460.
- [30] Liu J L, Dujsebayaeva T N, Chirikova M A, et al. Does the Dzungarian racerunner (*Eremias dzungarica* Orlova, Poyarkov, Chirikova, Nazarov, Munkhbaatar, Munkhbayer & Terbish, 2017) occur in China? Species delimitation and identification with DNA barcoding and morphometric analyses [J]. Zoological Research, 2021, 42(3): 287–293.
- [31] Zhang J Z, Yan H F, Chen T Y, et al. Phylogeographic analyses of the viviparous multiocellated racerunner (*Eremias multiocellata*) in the Tarim Basin of China [J]. Diversity, 2025, 17(5): 313.
- [32] Townsend T M, Larson A, Louis E, et al. Molecular phylogenetics of Squamata: the position of snakes, amphisbaenians, and dibamids, and the root of the squamate tree [J]. Systematic Biology, 2004, 53(5): 735–757.
- [33] Wang S, Liu J L, Chirikova M A, et al. The complete mitochondrial genome of *Eremias yarkandensis* (Reptilia, Squamata, Lacertidae) from Kyrgyzstan [J]. Mitochondrial DNA Part B, 2022, 7(3): 443–445.
- [34] Macey J R, Schulte J A, Ananjeva N B, et al. Phylogenetic relationships among agamid lizards of the *Laudakia caucasia* species group: testing hypotheses of biogeographic fragmentation and an area cladogram for the Iranian Plateau [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1998, 10(1): 118–131.
- [35] Humphries C J, Williams P H, Vane-Wright R I. Measuring biodiversity value for conservation [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1995, 26: 93–111.
- [36] 苏姗. 密点麻蜥种群间的形态分化及失水和代谢率的环境相关性 [D]. 南京: 南京师范大学, 2019: 32–33; 43–45.
- Su Shan. Morphological differentiation and environmental correlation between water loss and metabolic rate among populations of *Eremias multiocellata* [D]. Nanjing: Nanjing Normal University, 2019: 32–33; 43–45.
- [37] 钟文. 塔里木盆地环境因子对密点麻蜥遗传进化的影响 [D]. 兰州: 西北民族大学, 2022: 50–52.
- Zhong Wen. Effects of environmental factors in the Tarim Basin on the genetic evolution of the *Eremias multiocellata* [D]. Lanzhou: Northwest Minzu University, 2022: 50–52.
- [38] 窦静莉, 万丽霞, 李宏伟, 等. 关于密点麻蜥与荒漠麻蜥遗传距离小而形态学差异大的思考 [J]. 生物学通报, 2016, 51(4): 14–16.
- Dou Jingli, Wan Lixia, Li Hongwei, et al. Thoughts on the small genetic distance and great morphological difference between *Eremias multiocellata* and *Eremias przewalskii* in the desert [J]. Bulletin of Biology, 2016, 51(4): 14–16.
- [39] 宋飞, 黄增妹, 陈博昊, 等. 西北部分地区密点麻蜥线粒体基因系统进化分析 [J]. 现代畜牧兽医, 2024(4): 30–33.
- Song Fei, Huang Zengmei, Chen Bohao, et al. Phylogenetic analysis of the mitochondrial genes of *Eremias multiocellata* in parts of northwest China [J]. Modern Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2024(4): 30–33.
- [40] 任亮, 朱宝芹, 张轶博, 等. 利用软件 Primer Premier 5.0 进行 PCR 引物设计的研究 [J]. 锦州医学院学报, 2004, 25(6): 43–46.
- Ren Liang, Zhu Baoqin, Zhang YiBo, et al. The research of applying Primer Premier 5.0 to design PCR primer [J]. Journal of Jinzhou Medical College, 2004, 25(6): 43–46.
- [41] Kumar S, Stecher G, Li M, et al. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. Molecular Biology and Evolution, 2018, 35(6): 1547–1549.
- [42] Rozas J, Ferrer-Mata A, Sánchez-DelBarrio J C, et al. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets [J]. Molecular Biology and Evolution, 2017, 34(12): 3299–3302.
- [43] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics, 2005, 1: 47–50.
- [44] Kalyaanamoorthy S, Minh B Q, Wong T K F, et al. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic esti-

- mates [J]. *Nature Methods*, 2017, 14(6): 587–589.
- [45] Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. MrBayes 3. 2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space [J]. *Systematic Biology*, 2012, 61(3): 539–542.
- [46] Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2015, 32(1): 268–274.
- [47] Bandelt H J, Forster P, Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1999, 16(1): 37–48.
- [48] Clement M, Posada D, Crandall K A. TCS: a computer program to estimate gene genealogies [J]. *Molecular Ecology*, 2000, 9(10): 1657–1659.
- [49] Leigh J W, Bryant D. POPART: full-feature software for haplotype network construction [J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2015, 6(9): 1110–1116.
- [50] Zhou T H, Li D J, Dujsebeyeva T N, et al. Complete mitochondrial genome of Stummer's racerunner (*Eremias stummeri*) from Kazakhstan [J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2016, 27(6): 4340–4341.
- [51] 陈博昊, 杨启元, 张俊哲, 等. 西北部分地区密点麻蜥线粒体ND2和ND4基因遗传多样性分析[J]. *现代农业科技*, 2025(11): 164–169.
- Chen Bohao, Yang Qiyan, Zhang Junzhe, et al. Analysis on genetic diversity of mitochondrial ND2 and ND4 genes of *Eremias multiocellata* in some areas of northwestern China [J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2025(11): 164–169.
- [52] Zhou Z S, Li H, Tong Q L, et al. The nearly complete mitochondrial genome of the rapid racerunner *Eremias velox* (Squamata: Lacertidae) [J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2016, 27(3): 1781–1782.
- [53] Macey J R, Larson A, Ananjeva N B, et al. Replication slip-page may cause parallel evolution in the secondary structures of mitochondrial transfer RNAs [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1997, 14(1): 30–39.
- [54] Macey J R, Larson A, Ananjeva N B, et al. Two novel gene orders and the role of light-strand replication in rearrangement of the vertebrate mitochondrial genome [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1997, 14(1): 91–104.
- [55] 韩晨, 张玉华, 陈润润, 等. 基于mtDNA探究部分地区密点麻蜥系统进化关系[J]. *现代农业科技*, 2022(7): 165–170.
- Han Chen, Zhang Yuhua, Chen Runrun, et al. Exploring phylogenetic relationship of *Eremias multiocellata* in some areas based on mtDNA [J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2022(7): 165–170.
- [56] 雷莹, 李静云, 白俊艳, 等. 鹌鹑线粒体cyt b基因和ND2基因的系统发育分析[J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2021(21): 130–133.
- Lei Ying, Li Jingyun, Bai Junyan, et al. Phylogenetic analysis of quail mitochondrial cyt b and ND2 genes [J]. *Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine*, 2021(21): 130–133.
- [57] 蒋艳琳, 孟玮, 朱文斌, 等. 基于线粒体ND2基因的龙头鱼群体遗传多样性分析[J]. *浙江海洋大学学报(自然科学版)*, 2020, 39(2): 102–109.
- Jiang Yanlin, Meng Wei, Zhu Wenbin, et al. Genetic diversity analysis of *Harpodon nehereus* populations based on mitochondrial DNA ND2 gene [J]. *Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science)*, 2020, 39(2): 102–109.
- [58] 郑德育, 郭易佳, 杨天燕, 等. 基于线粒体ND2基因序列的少鳞鳊遗传多样性研究[J]. *南方水产科学*, 2019, 15(5): 84–91.
- Zheng Deyu, Guo Yijia, Yang Tianyan, et al. Genetic diversity analysis of *Sillago japonica* based on mitochondrial DNA ND2 gene [J]. *South China Fisheries Science*, 2019, 15(5): 84–91.
- [59] 安博洋, 安月, 王兰芝, 等. 基于ND2基因的崖沙燕遗传多样性和遗传结构初探[J]. *野生动物学报*, 2019, 40(2): 377–383.
- An Boyang, An Yue, Wang Lanzhi, et al. Genetic diversity and genetic structure of sand martin (*Riparia riparia*) based on ND2 [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2019, 40(2): 377–383.
- [60] 杨喜书, 章群, 余帆洋, 等. 华南6水系与澜沧江-湄公河攀鲈线粒体ND2基因的遗传多样性分析[J]. *南方水产科学*, 2017, 13(3): 43–50.
- Yang Xishu, Zhang Qun, Yu Fanyang, et al. MtDNA ND2 sequence-based genetic analysis of *Anabas testudineus* from south China and Lancang/Mekong River [J]. *South China Fisheries Science*, 2017, 13(3): 43–50.
- [61] Reed D H, Frankham R. Correlation between fitness and genetic diversity [J]. *Conservation Biology*, 2003, 17(1): 230–237.
- [62] 周言言, 王钰炜, 田军东, 等. 基于mtDNA D-loop的河南某地引入猕猴群体遗传背景分析[J]. *野生动物学报*, 2025, 46(1): 41–49.
- Zhou Yanyan, Wang Yuwei, Tian Jundong, et al. Population genetic background based on mtDNA D-loop of introduced rhesus macaques in a certain region of Henan Province [J]. *Chinese Journal of Wildlife*, 2025, 46(1): 41–49.
- [63] 赵文浩, 易少奎, 苏君晓, 等. 新疆塔里木河叶尔羌高原鳅遗传多样性研究[J]. *水生生物学报*, 2022, 46(3): 364–374.
- Zhao Wenhao, Yi Shaokui, Su Junxiao, et al. Genetic diversity of *Triplophysa yarkandensis* populations in Tarim River Basin in Xinjiang [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2022, 46(3): 364–374.
- [64] 闫华超, 高岚, 付崇罗, 等. 鱼类遗传多样性研究的分子学方法及应用进展[J]. *水产科学*, 2004, 23(12): 44–48.
- Yan Huachao, Gao Lan, Fu Chongluo, et al. Molecular methods

- and advances on genetic diversity evaluation in fish [J]. *Fisheries Science*, 2004, 23(12): 44–48.
- [65] Grant W S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. *Journal of Heredity*, 1998, 89(5): 415–426.
- [66] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1979, 76(10): 5269–5273.
- [67] Tajima F. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations [J]. *Genetics*, 1983, 105(2): 437–460.
- [68] 纪达, 杨玉梅, 姚俊杰, 等. 贵州 7 个鲤养殖群体遗传多样性与遗传结构分析 [J]. *海洋渔业*, 2023, 45(3): 257–266.
- Ji Da, Yang Yumei, Yao Junjie, et al. Analysis of genetic diversity and genetic structure of 7 cultured *Cyprinus carpio* populations in Guizhou Province [J]. *Marine Fisheries*, 2023, 45(3): 257–266.
- [69] Wright S. *Evolution and the genetics of populations: volume 4: variability within and among natural populations* [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 80–85.
- [70] Aris-Brosou S, Excoffier L. The impact of population expansion and mutation rate heterogeneity on DNA sequence polymorphism [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1996, 13(3): 494–504.
- [71] 任永丽, 代金彩, 赵年桦, 等. 基于线粒体 *CO II* 和 *ND4* 基因序列的塔里木裂腹鱼群体遗传多样性分析 [J]. *水产学报*, 2022, 46(12): 2274–2285.
- Ren Yongli, Dai Jincai, Zhao Nianhua, et al. Genetic diversity analysis of *Schizothorax biddulphi* based on mitochondrial DNA *CO II* and *ND4* genes [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2022, 46(12): 2274–2285.
- [72] Liu J L, Guo X G, Chen D L, et al. Diversification and historical demography of the rapid racerunner (*Eremias velox*) in relation to geological history and Pleistocene climatic oscillations in arid Central Asia [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2019, 130: 244–258.
- [73] Ualiyeva D, Liu J L, Dujsebayaeva T, et al. Genetic structure and population history of the Zaisan toad-headed agama (*Phrynocephalus melanurus*) inferred from mitochondrial DNA [J]. *Animals*, 2024, 14(2): 209.