



研究论文 ORIGINAL PAPERS

基于简化基因组测序的
吐鲁番沙虎遗传多样性分析徐雅晶¹, 阿依图提·米吉提¹, 郑冬青¹, 郭宪光^{2*}, 李俊^{1*}(1. 新疆大学生命科学与技术学院, 新疆生物资源基因工程重点实验室, 乌鲁木齐 830017;
2. 中国科学院成都生物研究所, 成都 610223)

稿件运行过程

收稿日期: 2025-03-22

修回日期: 2025-04-16



摘要

关键词: 吐鲁番沙虎;

简化基因组测序;

单核苷酸多态性;

遗传多样性;

遗传结构

Keywords: Turpan wonder gecko (*Teratoscincus roborowskii*);Reduced-representation ge-
nome sequencing;

SNP;

Genetic diversity;

Genetic structure

中图分类号: Q959.6; Q953

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2026)-02-0233-10

DOI: 10.12375/ysdwxb.202503018

吐鲁番沙虎(*Teratoscincus roborowskii*)是我国吐鲁番盆地特有的爬行动物,也是国家二级重点保护野生动物。为评估其遗传多样性及群体结构,本研究以盆地内鄯善(SS)、托克逊(TS)、吐鲁番(TP)和艾丁湖(AL)4个居群的32只个体为研究对象,通过基因分型测序(GBS)技术在全基因组范围内开发单核苷酸多态性(SNP)分子标记,最终获得90 543个高质量SNP位点。基于获得的SNPs数据进行遗传多样性、系统发育与群体遗传结构分析。结果表明:各居群观测杂合度(H_o)均高于期望杂合度(H_e), H_o 均值为0.241, H_e 均值为0.232,其中AL居群的多样性最高。居群间遗传分化程度存在差异,SS与TS居群间的遗传分化系数(F_{ST})最大(0.157);TP与AL居群间的 F_{ST} 最小(0.014)。系统发育树与群体遗传结构分析的结果一致,即SS居群单独聚簇,其余3个居群聚为一簇。Tajima's D 中性检验结果提示该物种可能经历了近期群体收缩或受到平衡选择影响。综合表明,吐鲁番沙虎在遗传结构上呈现显著的东(SS居群)—西(TP、TS、AL居群)分化,其遗传多样性特征可能受地理隔离与群体历史过程的共同影响。研究结果为进一步理解吐鲁番沙虎适应性进化及开展物种保护提供了基因组学依据。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(32460126);新疆维吾尔自治区自然科学基金面上项目(2021D01C063)**第一作者简介:** 徐雅晶(2000—),女,硕士研究生;主要从事两栖爬行动物多样性与保护研究。E-mail:2950547739@qq.com***通信作者:** 郭宪光,E-mail:guoxg@cib.ac.cn;李俊,E-mail:lijuncherish@163.com

Genetic Diversity Analysis of the Turpan Wonder Gecko Based on Reduced-Representation Genome Sequencing

XU Yajing¹, AYITUTI Mijiti¹, ZHENG Dongqing¹, GUO Xianguang^{2*}, LI Jun^{1*}

(1. College of Life Science and Technology, Key Laboratory of Biological Resources and Genetic Engineering, Xinjiang University, Urumqi 830017, China;

2. Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610223, China)

Abstract: The Turpan wonder gecko (*Teratoscincus roborowskii*), is an iconic reptile endemic to the Turpan Basin and listed as national second-class key protected species in China. In order to reveal its genetic diversity and population structure, a total of 32 individuals from four populations in Shanshan (SS), Toksun (TS), Turpan (TP) and Aiding Lake (AL) were examined in this study. The single nucleotide polymorphisms (SNPs) molecular markers on the whole genome were determined by genotyping-by-sequencing (GBS), and finally 90 543 high-quality SNPs were obtained for subsequent analysis. Based on the obtained SNPs data, genetic diversity, phylogenetic and population genetic structure were analyzed respectively. The results showed that the observed heterozygosity (H_o) of four populations was higher than their expected heterozygosity (H_e), with the mean H_o of 0.241 and the mean H_e of 0.232, and the AL population has the highest diversity. There was different in the degree of genetic differentiation among populations, the maximum F_{ST} value between SS and TS populations was 0.157, and the minimum F_{ST} value between TP and AL populations was 0.014. The results of phylogenetic tree analysis are consistent with those of population genetic structure analysis, the SS population was clustered alone and the other three populations were clustered as a single cluster. Tajima's D neutrality test suggested that this species might have experienced recent population contraction or been subject to balancing selection. In summary, the results showed that Turpan wonder gecko had a significant genetic differentiation pattern from east (SS population) to west (TP, TS, AL population). This pattern and genetic diversity might be mainly affected by the combination of geographical isolation and population history. These findings provided a genomic basis for further understanding the adaptive evolution and formulating conservation strategies of Turpan wonder gecko.

吐鲁番沙虎(*Teratoscincus roborowskii*)隶属于爬行纲(Reptilia)有鳞目(Squamata)蜥蜴亚目(Lacertilia)球趾虎科(Sphaerodactylidae)沙虎属(*Teratoscincus*)^[1-2]。该物种是球趾虎科中仅分布在吐鲁番盆地的夜行性蜥蜴,其典型适宜生境为盆地内低海拔荒漠和半荒漠地带,主要以栖息生境中的小型节肢动物为食,并在每年6—8月摄食成熟的刺山柑(*Capparis spinosa*)果实^[3-4]。吐鲁番沙虎具有耐受极端干热环境、穴居等独特的生物学特征和行为习性,是研究物种进化与环境适应机制的理想模型。气候变化和人类活动加剧等可能进一步影响其分布及遗传多样性水平,甚至威胁其种群生存。因此,从遗传多样性角度评估该物种的生存潜力具有重要意义。目前,对吐鲁番沙虎的研究主要集中于分类及系统学^[5-8]、

生态学(幼体拟态^[9]、日活动节律^[10]、两性异形^[11]、年龄鉴定^[12]、巢域及生境选择^[13]、食性及捕食模式^[14-16])和线粒体基因结构特征^[17-18]等方面,而关于其群体遗传多样性现状的研究仍较缺乏。

第二代测序技术也被称为高通量测序技术,已在生物基因组学研究中得到广泛应用^[19]。其中,简化基因组测序技术自 Miller *et al.* ^[20]于2007年提出以来,因其操作简便、成本较低,且不受参考基因组的限制,在无参条件下仍能获取大量遗传多态性标签而被广泛使用^[21-22]。根据建库方法的不同,该技术主要包括简化代表文库测序(reduced-representation libraries, RRLs)、限制性酶切位点相关DNA测序(restriction-site-associated DNA sequencing, RAD-seq)和基因分型测序(genotyping by sequencing, GBS)等^[23]。其中,

GBS技术利用限制性内切酶对基因组进行酶切并加标签,通过高通量测序获取如单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)等大量遗传标记^[24-25]。SNP是由单个核苷酸的插入、缺失、转换和颠换等变异而引起的多态性,在基因组中有出现频率高、位点丰富和便于检测等特点,已成为基因组水平研究的理想分子标记^[26]。

作为吐鲁番盆地的特有物种,本研究以吐鲁番沙虎为研究对象,基于GBS技术对其进行群体遗传学分析,旨在阐明:(1)该物种当前的遗传多样性水平;(2)其在分布区域内是否存在显著的遗传分化。研究结果将有助于深入揭示吐鲁番沙虎适应性分化的遗传机制,并为这一国家二级重点保护野生动物

的保护工作提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集与保存

于2019年7月在我国新疆吐鲁番盆地采集32份吐鲁番沙虎组织样本,即吐鲁番(TP)8份、托克逊(TS)8份、鄯善(SS)8份和艾丁湖(AL)8份,详细信息见表1。肌肉或肝脏组织样本来自实施安乐处理的个体,脱落的鳞片样本为野外收集。组织样品固定于95%乙醇中。以采自新疆博尔塔拉蒙古自治州精河县的新疆沙虎(*Teratoscincus przewalskii*,样本编号J251)作为外群用于系统发育分析。所有样本于-20℃冰箱保存,用于后续分子实验。

表1 吐鲁番沙虎采样点和样品信息
Table 1 Sample information of Turpan wonder gecko

采样点 Sampling site	样本量/只 Number	东经/(°) Longitude	北纬/(°) Latitude	海拔/m Altitude	样品编号 Voucher No.
吐鲁番 TP	8	89.191	42.859	-104	G3743、G3744、G3745、G3746、G3748、G3749、G3750、J40124
托克逊 TS	8	88.633	42.863	24	J1517、J1518、J1519、J1520、J1522、J1523、J1507、J1508
鄯善 SS	8	90.200	42.847	334	G3877、G3878、G3879、G3881、G3882、G3883、G3884、G3885
艾丁湖 AL	8	89.275	42.761	1	J9016、J9017、J9018、J9019、J9021、J9022、J9023、J9024

1.2 基因组DNA提取和GBS文库构建

取上述组织样品50~100 mg送至诺禾致源生物信息科技有限公司进行GBS建库测序。首先提取基因组总DNA,并用琼脂糖凝胶电泳和Nano Drop 2000C分光光度计(Thermo Fisher Scientific Inc., USA)对基因组DNA进行质量检测,最后用Qubit 4荧光计(Thermo Fisher Scientific Inc., USA)对DNA浓度进行精确定量。检验合格的高质量基因组DNA用限制性核酸内切酶 *MseI* 和 *MspI* 进行双酶切,酶切后在片段的两端加上带有barcode的接头,构建GBS文库。构建好的文库通过Illumina HiSeq™ 2000测序平台进行双末端150 bp(PE150)测序。

1.3 测序数据预处理与质控

在Illumina HiSeq™ 2000数据下机后,通过碱基识别将原始图像数据文件转化为原始读取文件(raw reads),对原始读取文件进行质控,去除reads中的接头(adapter)、序列中为N的碱基(即未识别的碱基)及低质量碱基序列,从而获得clean reads。

1.4 SNP标记分型

由于吐鲁番沙虎缺少参考基因组,因此使用

Stacks v2.60^[27-28]软件,采取无参方式进行SNP分型。为确保后续分析过程的准确性,首先使用Stacks软件中的process_radtags程序对各样本测序数据进行质量过滤,剔除低质量和无rad标签的序列,然后使用denovo_map.pl流程对全部32份样本的GBS数据进行de novo流程化操作,以鉴定候选SNP。为获得高质量的SNP数据集,进一步使用VCFtools v0.1.17软件^[29]对初步筛选的SNP分型结果进行过滤。过滤掉最小等位基因频率低于0.05的位点和基因型缺失率高于5%的位点。经过上述步骤,最终获得可用于群体遗传学分析的高质量SNP数据集。

1.5 群体遗传参数计算与中性检验

基于筛选得到的高质量SNP数据集,利用Stacks v2.60软件中的populations程序计算群体内的观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、核苷酸多样性(π)和近交系数(F_{is})。为评估群体间的遗传分化程度,采用VCFtools v0.1.17软件计算两两群体间的遗传分化系数(F_{st})。用VCFtools v0.1.17软件进行Tajima's *D*中性检验,将生成的结果用R语言进行可视化,绘制箱线图,以直观反映群体历史动态和潜在

的选择信号。

1.6 系统发育分析

基于获取的高质量 SNP 数据集,采用最大似然法(maximum likelihood, ML)构建系统发育树,探讨吐鲁番沙虎 4 个居群间的进化关系。使用 IQ-TREE v2.0.3^[30]软件构建 ML 树,在 ModelFinder^[31]中以贝叶斯信息标准(Bayesian information criterion, BIC)选取最佳核苷酸替代模型,设置 10 000 次重复的 UF-Boot 测试进化枝。最后,将生成的系统发育树上传至 iTOL 在线平台^[32](<https://itol.embl.de/>)中可视化处理。

1.7 群体遗传结构分析

使用 Admixture v1.3.0^[33]软件对 4 个居群的数据进行种群遗传结构的 Structure 分析,假定聚类数 $K = 1 \sim 9$,比较不同 K 值对应的交叉验证错误率(CV error),拥有最低 K 值的聚类数被认为是最佳聚类数,得到的结果用 R 中的 pophelper 包^[34]进行可视化。使用 PLINK v1.9 软件^[35]生成用于主成分分析

(principal component analysis, PCA)的矩阵,然后将生成结果导入 R 中 ggplot2 包^[36]进行可视化,绘制 PCA 结果图,直观展示不同地理居群个体的聚集与分离情况,以辅助理解吐鲁番沙虎的群体遗传结构。

2 结果

2.1 测序数据质量统计

基于 GBS 技术对 32 份吐鲁番沙虎和 1 份新疆沙虎(样本编号 J251)外群样本构建测序文库进行测序。各样本的测序数据质量统计结果如表 2 所示。测序共获得 64 707 509 644 条原始序列。样本的总原始读长为 1 403 464 320 ~ 2 701 657 152 bp,所有样本的有效测序效率均高于 99.99%,平均测序错误率为 0.04%。 Q_{20} 和 Q_{30} 平均值分别为 96.19%和 89.88%,GC 含量为 40.70%~42.42%,均值为 41.72%,符合预期。上述指标表明,测序数据质量高、可靠性强,满足后续生物信息学分析要求。

表 2 吐鲁番沙虎及新疆沙虎简化基因组测序质量

Table 2 Simplified genome sequencing quality of Turpan wonder gecko and Przewalski's wonder gecko

样品号 Sample ID	原始读长 /bp Raw read	净读长 /bp Clean read	有效率 /% Effective rate	错误率 /% Error rate	质量值 ≥ 20 /% Q_{20}	质量值 ≥ 30 /% Q_{30}	GC 含量 /% GC content
G3743	1 722 688 704	1 722 468 384	99.99	0.04	96.31	89.92	41.80
G3744	1 760 270 688	1 760 015 808	99.99	0.04	97.05	91.84	41.65
G3745	1 731 349 152	1 731 130 272	99.99	0.04	96.57	90.56	41.37
G3746	1 800 849 600	1 800 616 896	99.99	0.04	96.45	90.31	41.33
G3748	1 657 426 176	1 657 210 176	99.99	0.04	97.26	92.35	41.45
G3749	1 795 605 120	1 795 367 232	99.99	0.04	96.79	91.16	41.73
G3750	1 757 365 920	1 757 158 848	99.99	0.05	95.30	87.41	41.53
G3877	1 534 006 944	1 534 001 760	100.00	0.05	95.05	87.46	42.24
G3878	1 403 464 320	1 403 457 984	100.00	0.04	96.38	90.37	40.70
G3879	1 854 649 440	1 854 643 104	100.00	0.04	95.55	88.54	42.16
G3881	2 100 112 128	2 100 103 200	100.00	0.04	95.13	87.12	41.55
G3882	1 573 551 648	1 573 548 192	100.00	0.06	94.08	85.00	42.18
G3883	1 500 825 600	1 500 818 688	100.00	0.04	96.53	90.78	41.62
G3884	1 991 968 992	1 991 959 488	100.00	0.04	96.54	90.80	41.84
G3885	2 456 768 448	2 456 760 960	100.00	0.04	96.25	90.14	40.80
J1507	1 758 957 120	1 758 950 208	100.00	0.04	95.53	88.51	42.41
J1508	2 385 747 360	2 385 747 360	100.00	0.03	96.85	90.82	40.84
J1517	1 917 364 608	1 917 129 312	99.99	0.04	96.33	89.95	41.64
J1518	1 836 984 672	1 836 976 320	100.00	0.05	95.08	87.53	42.42

续表 2							
样品号 Sample ID	原始读长 /bp Raw read	净读长 /bp Clean read	有效率 /% Effective rate	错误率 /% Error rate	质量值≥20 /% Q_{20}	质量值≥30 /% Q_{30}	GC 含量 /% GC content
J1519	1 883 496 960	1 883 488 608	100.00	0.04	97.03	92.07	41.73
J1520	1 430 786 592	1 430 782 272	100.00	0.04	97.31	92.69	41.77
J1522	1 913 098 464	1 913 092 704	100.00	0.04	96.18	89.97	42.28
J1523	1 668 748 896	1 668 744 288	100.00	0.04	96.41	90.61	42.17
J40124	1 819 603 872	1 819 368 864	99.99	0.04	95.86	88.88	42.14
J9016	2 701 657 152	2 701 647 648	100.00	0.04	96.28	90.16	41.25
J9017	2 502 906 912	2 502 894 528	100.00	0.04	96.05	89.68	42.12
J9018	2 681 253 216	2 681 243 136	100.00	0.04	96.60	90.91	40.89
J9019	2 054 552 832	2 054 499 552	100.00	0.03	95.75	88.54	42.19
J9021	2 462 444 064	2 462 433 696	100.00	0.04	96.34	90.33	42.12
J9022	2 342 850 624	2 342 843 136	100.00	0.04	95.44	88.20	42.03
J9023	2 565 640 224	2 565 629 856	100.00	0.04	97.23	92.36	41.48
J9024	2 671 633 728	2 671 620 480	100.00	0.04	96.53	90.78	41.62
J251	1 468 879 488	1 468 870 848	100.00	0.04	96.37	90.38	41.68
平均值 Mean	1 960 833 626	1 960 764 358	100.00	0.04	96.19	89.88	41.72

2.2 SNP识别

通过Stacks v2.60进行无参分析调取SNP,最终获得2 619 941个SNP。使用VCFtools v0.1.17软件对Stacks中得到的SNP分型结果进行过滤,过滤掉最小等位基因频率低于0.05的位点及基因型缺失率高于5%的位点,最终得到了90 543个高质量的SNP位点用于后续分析。

2.3 群体遗传多样性

基于获取的90 543个高质量SNP位点,计算了吐鲁番沙虎4个地理居群的遗传多样性参数(表3)。各居群的观测杂合度为0.208~0.258,均值为0.241;期望杂合度为0.198~0.248,均值为0.232,所有居群的观测杂合度均大于期望杂合度。核苷酸多样性为0.211~0.265,均值为0.248,其中鄯善居群核苷酸多样性最低,艾丁湖居群最高。近交系数为0.007~0.024,均值为0.017,表明居群内近交水平较低。

表3 基于SNP数据的吐鲁番沙虎遗传多样性				
Table 3 Genetic diversity of Turpan wonder gecko based on SNP data				
居群 Population	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	核苷酸多样性 π	近交系数 F_{IS}
吐鲁番 TP	0.253	0.244	0.261	0.020
鄯善 SS	0.208	0.198	0.211	0.007
托克逊 TS	0.244	0.237	0.254	0.024
艾丁湖 AL	0.258	0.248	0.265	0.017
平均值 Mean	0.241	0.232	0.248	0.017

遗传分化指数(F_{ST})结果显示,居群间分化程度各异。SS居群与TP、TS和AL三个居群间均存在较大的遗传分化, F_{ST} 分别为0.139、0.157和0.127,TS与TP、AL居群间存在中等遗传分化, F_{ST} 分别为0.036、0.035,TP和AL居群间的遗传分化最小, F_{ST} 为0.014(表4)。

表4 吐鲁番沙虎群体间 F_{ST} 统计			
Table 4 F_{ST} values between populations of Turpan wonder gecko			
居群 Population	鄯善 SS	托克逊 TS	艾丁湖 AL
吐鲁番 TP	0.139	0.036	0.014
鄯善 SS	—	0.157	0.127
托克逊 TS	—	—	0.035

Tajima's D 中性检验结果显示:4个居群Tajima's D 的中位数均大于0,说明超过50%的数据为正值,表明吐鲁番沙虎可能受到平衡选择,也可能在近期经历了群体收缩。各居群均有部分位点的Tajima's D 小于0,说明群体整体偏离中性,且群体内部分区域仍符合中性或受不同进化力量的影响,使群体内部维持更多的群体遗传多态性(图1)。

2.4 系统发育树

基于90 543个SNP位点,在IQ-TREE软件中使

结果一致,共同支持吐鲁番沙虎群体在遗传上存在东、西分化的遗传结构。

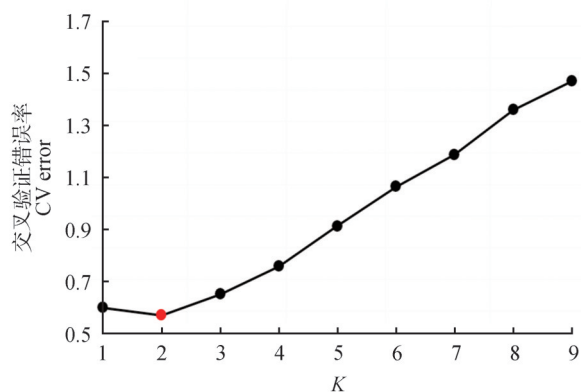
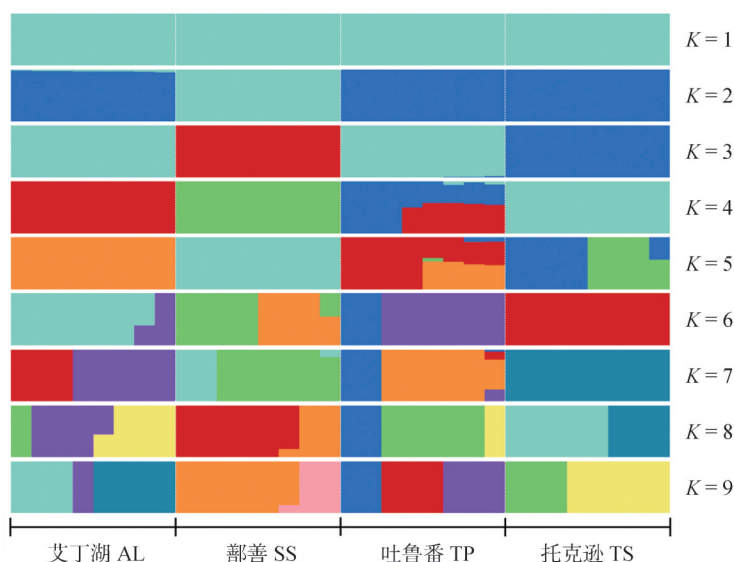


图3 不同 K 值所对应的交叉验证错误率

Figure 3 CV error corresponding to different K values

基于 90 543 个高质量 SNP 位点,对全部 32 份样本进行主成分分析。共计算 10 个主成分,其中前 3 个主成分(PC1、PC2 和 PC3)的贡献率分别为 32.19%、11.51% 和 9.41%,三者累计贡献率达 53.12%,能够较好地代表数据的主要遗传变异结构。PCA 结果可视化(图 5)显示,PC1 可清晰地将 SS 居群分离出来,但不能将 TP、TS 和 AL 三个居群分离;PC2 可将 TS 从 TS-TP-AL 集群中分离出来,但 TP 与 AL 仍有交融;PC3 则进一步将 TP 与 AL 分开。综合来看,主成分分析从多维遗传变异中提取的梯度信息,逐级揭示了吐鲁番沙虎 4 个地理居群的遗传关系与分化程度。该结果与系统发育树和 Admixture 分析结果高度吻合,共同支持 SS 居群独立,TP、TS、AL 三个群间存在渐进分化的遗传格局。



不同颜色代表不同的遗传组成, K 值代表聚类数量。

The different colors represent different genetic compositions, and the K values represent the number of clusters.

图4 群体遗传结构分析结果

Figure 4 Results of population genetic structure analysis

3 讨论与结论

遗传多样性是物种在长期进化过程中积累的遗传变异及其与环境互作的结果^[37]。本研究基于全基因组 SNP 标记,首次系统评估了吐鲁番沙虎的遗传多样性现状。结果显示,吐鲁番沙虎 4 个居群均表现出观测杂合度大于期望杂合度。这种现象可能源于近期基因流导致的杂合子过剩^[38-39],如其他居群个体的迁入或历史隔离群体发生二次混合;也可能

反映出该物种在适应吐鲁番盆地极端干热环境过程中,受到平衡选择、突变及遗传漂变的综合作用,从而在群体水平维持了较高的杂合度^[40]。一般而言,较高的遗传多样性通常意味着更强的环境适应潜力^[41]。吐鲁番盆地三面环山,地质历史复杂且气候极端干热^[42-43],作为该盆地的特有种,吐鲁番沙虎现有的群体遗传多样性格局可能与盆地内的环境差异及气候历史密切相关。Tajima's D 中性检验结果表明,该物种可能经历了近期的群体收缩事件或受到

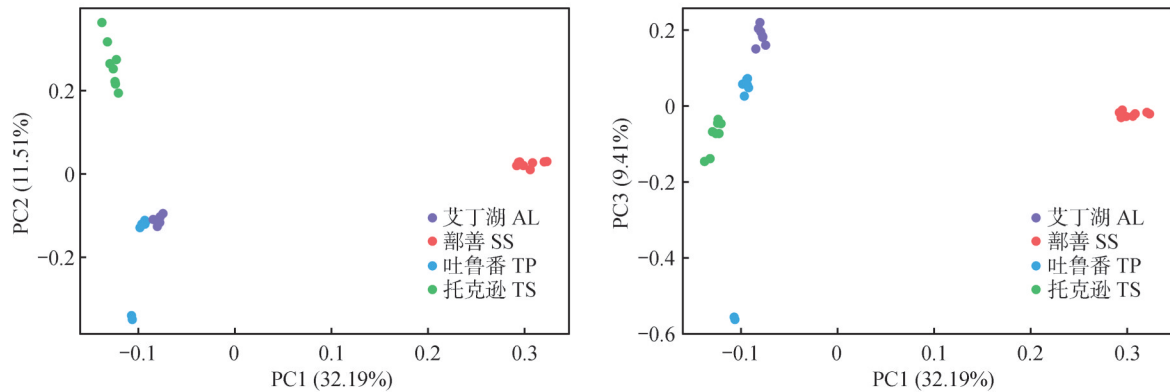


图5 基于SNP数据的吐鲁番沙虎主成分分析

Figure 5 Principal component analysis of Turpan wonder gecko based on SNPs data

平衡选择的作用^[44-45],这些进化历程共同塑造了其当前的遗传特征。群体遗传分化分析显示,居群间分化程度差异明显,其中SS与TS居群间的遗传分化最大,TP与AL居群间分化最小。结合吐鲁番沙虎的活动特征及居群所在的地理位置,推测影响群体间遗传分化的主要因素可能来自基因流^[46]。SS居群位于盆地东侧,与位于西侧的TP、AL及TS居群空间距离较远,加之吐鲁番沙虎的扩散能力有限,地理隔离很可能限制了居群间的基因交流,从而导致东西居群间遗传分化较大。

通过构建系统发育树及群体遗传结构分析,发现吐鲁番沙虎形成两个明显的支系,其中AL、TP和TS三个居群形成一个支系,SS居群单独成支。这一遗传分化格局与东西地理分布完全对应,结合该物种的扩散能力及现有居群的空间分布特征,推断地理隔离是驱动其谱系分化的主要因素。在AL、TP和TS支系(西部支系)内部,TP与TS居群亲缘关系最近,互为姐妹群,而AL居群未形成单系,且表现出最高的杂合度与核苷酸多样性,暗示该居群可能具有更复杂的遗传背景或更高的生境异质性,其形成机制有待结合环境因子进一步探讨。

尽管本研究揭示了吐鲁番沙虎群体遗传结构的基本框架,但由于缺乏该物种的完整参考基因组,无法对筛选出的遗传位点进行功能注释,难以深入解析其适应性进化的分子机制。未来可通过全基因组测序和比较基因组学分析,结合环境变量数据,在全基因组层面系统挖掘与吐鲁番极端环境适应性相关的基因及调控元件。

综上所述,本研究基于简化基因组测序技术,以

SNP为分子标记,明确了吐鲁番沙虎4个居群的遗传多样性水平和东西分化的遗传结构,为进一步探讨吐鲁番沙虎适应性分化的遗传机制奠定了基础,也为该物种的遗传多样性保护提供了一定参考。研究结果建议,在制定保护策略时应考虑遗传上独立的单元和高遗传多样性单元的潜在保护价值,从而为这一国家二级重点保护野生动物的科学管理与保护实践提供科学依据。

致谢:感谢中国科学院成都生物研究所夏云副研究员和田莉莉硕士研究生在数据分析方面给予的帮助和建议。

参考文献:

- [1] 赵尔宓,赵肯堂,周开亚,等. 中国动物志爬行纲:第2卷:有鳞目:蜥蜴亚目[M]. 北京:科学出版社,1999:74-77.
ZHAO E M, ZHAO K T, ZHOU K Y, *et al.* Fauna Sinica, Reptilia: Vol. 2: Squamata: Lacertilia[M]. Beijing: China Science Publishing, 1999: 74-77.
- [2] GAMBLE T, BAUER A M, GREENBAUM E, *et al.* Evidence for Gondwanan vicariance in an ancient clade of gecko lizards [J]. *Journal of Biogeography*, 2008, 35(1): 88-104.
- [3] 时磊,周永恒,原洪. 新疆维吾尔自治区爬行动物区系与地理区划[J]. *四川动物*, 2002, 21(3): 152-157; 209.
SHI L, ZHOU Y H, YUAN H. Reptile fauna and zoogeographic division of Xinjiang Uygur Autonomous Region [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2002, 21(3): 152-157; 209.
- [4] 宋玉成. 吐鲁番沙虎日活动节律、食性、家域、微生境选择和捕食模式的初步研究[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学,2009.
SONG Y C. Studies on the diel activity rhythm, diet, home range, microhabitat selection and foraging mode of *Teratoscincus roborowskii* [D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2009.
- [5] MACEY J R, ANANJEVA N B, WANG Y Z, *et al.* A taxonomic reevaluation of the gekkonid lizard genus *Teratoscincus* in China

- [J]. Russian Journal of Herpetology, 1997, 4(1): 8–16.
- [6] MACEY J R, WANG Y Z, ANANJEVA N B, *et al.* Vicariant patterns of fragmentation among gekkonid lizards of the genus *Teratoscincus* produced by the Indian collision: A molecular phylogenetic perspective and an area cladogram for Central Asia [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1999, 12(3): 320–332.
- [7] MACEY J R, FONG J J, KUEHL J V, *et al.* The complete mitochondrial genome of a gecko and the phylogenetic position of the Middle Eastern *Teratoscincus keyserlingii* [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2005, 36(1): 188–193.
- [8] LI J, GUO X G. A complete mitogenome of the Przewalski's wonder gecko (*Teratoscincus przewalskii*) from the Junggar Basin in northwest China with its phylogenetic implications [J]. Mitochondrial DNA Part B: Resources, 2023, 8(3): 398–401.
- [9] AUTUMN K, HAN B. Mimicry of scorpions by juvenile lizards *Teratoscincus roborowskii* (Gekkonidae) [J]. Asian Herpetological Research, 1989, 2: 60–64.
- [10] 宋玉成, 赵慧, 时磊. 吐鲁番沙虎的活动节律及其影响因子分析 [J]. 新疆农业大学学报, 2009, 32(1): 22–25.
SONG Y C, ZHAO H, SHI L. Daily activity rhythm and its affecting environmental factors of *Teratoscincus roborowskii* [J]. Journal of Xinjiang Agricultural University, 2009, 32(1): 22–25.
- [11] 刘洋, 宋玉成, 李文蓉, 等. 吐鲁番沙虎头、体大小的两性异形及其食性的季节性变化 [J]. 生态学杂志, 2010, 29(2): 333–338.
LIU Y, SONG Y C, LI W R, *et al.* Sexual dimorphism in head and body size of *Teratoscincus roborowskii* and its food habits in different seasons [J]. Chinese Journal of Ecology, 2010, 29(2): 333–338.
- [12] 李文蓉, 宋玉成, 时磊. 基于骨龄学方法鉴定吐鲁番沙虎的年龄 [J]. 动物学杂志, 2010, 45(3): 79–86.
LI W R, SONG Y C, SHI L. Age determination of *Teratoscincus roborowskii* (Gekkonidae) by skeletochronology [J]. Chinese Journal of Zoology, 2010, 45(3): 79–86.
- [13] 李文蓉, 宋玉成, 时磊. 性别、季节和体型大小对吐鲁番沙虎巢域的影响 [J]. 生态学报, 2013, 33(2): 395–401.
LI W R, SONG Y C, SHI L. Home range of *Teratoscincus roborowskii* (Gekkonidae): Influence of sex, season, and body size [J]. Acta Ecologica Sinica, 2013, 33(2): 395–401.
- [14] 刘洋. 新疆两种荒漠蜥蜴两性异形、食性和繁殖的研究 [D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2010.
LIU Y. Sexual dimorphism, diet and reproduction in two desert lizards of Xinjiang Uygur Autonomous Region [D]. Urumqi: Xinjiang Agricultural University, 2010.
- [15] 何文凤, 段振渊, 时磊. 吐鲁番沙虎对不同食物化合物的反应 [J]. 四川动物, 2018, 37(2): 179–184.
HE W F, DUAN Z Y, SHI L. Response of *Teratoscincus roborowskii* to major food-chemical categories [J]. Sichuan Journal of Zoology, 2018, 37(2): 179–184.
- [16] 何文凤, 段振渊, 时磊. 吐鲁番沙虎的食物化学识别机制 [J]. 生态学杂志, 2018, 37(5): 1444–1449.
HE W F, DUAN Z Y, SHI L. Food chemical discrimination of the Turpan wonder gecko, *Teratoscincus roborowskii* [J]. Chinese Journal of Ecology, 2018, 37(5): 1444–1449.
- [17] LI H M, SHE Y, HOU L X, *et al.* The complete mitochondrial genome of *Teratoscincus roborowskii* (Squamata: Gekkonidae) [J]. Mitochondrial DNA, 2014. DOI: 10.3109/19401736.2014.971285.
- [18] MA J L, DAI X Y, XU X D, *et al.* The complete mitochondrial genome of *Teratoscincus roborowskii* (Squamata: Gekkonidae) and its phylogeny [J]. Mitochondrial DNA Part B: Resources, 2020, 5(2): 1575–1577.
- [19] ANSORGE W J. Next-generation DNA sequencing techniques [J]. New Biotechnology, 2009, 25(4): 195–203.
- [20] MILLER M R, DUNHAM J P, AMORES A, *et al.* Rapid and cost-effective polymorphism identification and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers [J]. Genome Research, 2007, 17(2): 240–248.
- [21] WINGER B M, HOSNER P A, BRAVO G A, *et al.* Inferring speciation history in the Andes with reduced-representation sequence data: An example in the bay-backed antpittas (Aves; Grallariidae; *Grallaria hypoleuca* s. l.) [J]. Molecular Ecology, 2015, 24(24): 6256–6277.
- [22] ANDREWS K R, GOOD J M, MILLER M R, *et al.* Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics [J]. Nature Reviews Genetics, 2016, 17(2): 81–92.
- [23] DAVEY J W, HOHENLOHE P A, ETTER P D, *et al.* Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing [J]. Nature Reviews Genetics, 2011, 12(7): 499–510.
- [24] ELSHIRE R J, GLAUBITZ J C, SUN Q, *et al.* A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species [J]. PLoS One, 2011, 6(5): e19379.
- [25] BAIRD N A, ETTER P D, ATWOOD T S, *et al.* Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers [J]. PLoS One, 2008, 3(10): e3376.
- [26] 关强, 张月学, 徐香玲, 等. DNA 分子标记的研究进展及几种新型分子标记技术 [J]. 黑龙江农业科学, 2008(1): 102–104.
GUAN Q, ZHANG Y X, XU X L, *et al.* Development of DNA molecular marker and several new types of molecular markers [J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2008(1): 102–104.
- [27] ROCHETTE N C, RIVERA-COLÓN A G, CATCHEN J M. Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics [J]. Molecular Ecology, 2019, 28(21): 4737–4754.
- [28] CATCHEN J, HOHENLOHE P A, BASSHAM S, *et al.* Stacks: An analysis tool set for population genomics [J]. Molecular Ecology, 2013, 22(11): 3124–3140.
- [29] DANECEK P, AUTON A, ABECASIS G, *et al.* The variant call format and VCFtools [J]. Bioinformatics, 2011, 27(15): 2156–

- 2158.
- [30] 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.
- [31] KALYANAMOORTHY S, MINH B Q, WONG T K F, *et al.* ModelFinder: Fast model selection for accurate phylogenetic estimates [J]. *Nature Methods*, 2017, 14(6): 587–589.
- [32] LETUNIC I, BORK P. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: An online tool for phylogenetic tree display and annotation [J]. *Nucleic Acids Research*, 2021, 49(W1): W293–W296.
- [33] ALEXANDER D H, NOVEMBRE J, LANGE K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals [J]. *Genome Research*, 2009, 19(9): 1655–1664.
- [34] FRANCIS R M. Pophelper: An R package and web app to analyse and visualize population structure [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2017, 17(1): 27–32.
- [35] CHANG C C, CHOW C C, TELLIER L C, *et al.* Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets [J]. *GigaScience*, 2015, 4: 7.
- [36] VALERO-MORA P M. *ggplot2: Elegant graphics for data analysis* [J]. *Journal of Statistical Software*, 2010, 35: book review 1.
- [37] LIU F, QU Y K, GENG C, *et al.* Analysis of the population structure and genetic diversity of the red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*) in China using SSR markers [J]. *Electronic Journal of Biotechnology*, 2020, 47: 59–71.
- [38] WAHLUND S. Zusammensetzung von populationen und korrelationserscheinungen vom standpunkt der vererbungslehre aus betrachtet [J]. *Hereditas*, 1928, 11(1): 65–106.
- [39] CORNUET J M, LUIKART G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data [J]. *Genetics*, 1996, 144(4): 2001–2014.
- [40] KAWECKI T J, EBERT D. Conceptual issues in local adaptation [J]. *Ecology Letters*, 2004, 7(12): 1225–1241.
- [41] 曹毓蓉, 马永鹏, 张秀姣, 等. 基于SNP分子标记的波叶杜鹃遗传特征分析 [J]. *云南大学学报(自然科学版)*, 2022, 44(4): 859–869.
- CAO Y R, MA Y P, ZHANG X J, *et al.* Genetic characteristics of *Rhododendron hemsleyanum* based on SNP molecular markers [J]. *Journal of Yunnan University (Natural Sciences Edition)*, 2022, 44(4): 859–869.
- [42] 王树基. 吐鲁番盆地的新构造运动及其表现 [J]. *干旱区地理*, 1994, 17(1): 1–8.
- WANG S J. Neotectonic movement and its expression in Turpan Basin [J]. *Arid Land Geography*, 1994, 17(1): 1–8.
- [43] 王卫国. 吐鲁番盆地更新世古气候变化研究 [J]. *防灾科技学院学报*, 2012, 14(1): 7–11.
- WANG W G. Research on the change of Turpan Basin palaeoclimate of Pleistocene [J]. *Journal of Institute of Disaster Prevention*, 2012, 14(1): 7–11.
- [44] TAJIMA F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism [J]. *Genetics*, 1989, 123(3): 585–595.
- [45] NIELSEN R. Molecular signatures of natural selection [J]. *Annual Review of Genetics*, 2005, 39: 197–218.
- [46] SLATKIN M. Gene flow and the geographic structure of natural populations [J]. *Science*, 1987, 236(4803): 787–792.