

内蒙古自治区 3 个地区布氏田鼠的种群遗传多样性及种群遗传结构研究

刘雨秋, 鲁亮, 刘蓬勃, 赵宁, 李贵昌, 栗冬梅, 宋秀平, 王君, 刘起勇

中国疾病预防控制中心传染病预防控制所媒介生物控制室, 传染病预防控制国家重点实验室, 北京 102206

摘要: **目的** 利用 16 对微卫星引物分析采自内蒙古自治区(内蒙古)3 个样地(新巴尔虎右旗、东乌珠穆沁旗和锡林浩特市)共 9 批布氏田鼠样本群的遗传多样性。**方法** 对 2021 年 5、7、9 月采用鼠夹法和鼠笼法采集的 275 只布氏田鼠用磁珠法提取 DNA, 用 16 对荧光标记的微卫星引物做 PCR 扩增, 用 GeneMarker 软件获取微卫星数据, 用 GenAIEx 6.5、Arlequin (version 30)、structure 2.3.4 等生物信息软件分析布氏田鼠的种群遗传多样性及种群遗传结构。**结果** 16 对微卫星引物共检测到 472 个等位基因, 多态信息含量平均值为 0.821 3, 香农信息指数平均值为 1.812, 观察杂合度波动区间为 0.478~0.951, 期望杂合度的波动区间为 0.575~0.891, 聚类分析及主成分分析表明均可以将 9 个布氏田鼠样本群主要按照月份划分为 4 个类群, 4 个类群的遗传多样性指标 5 月>7 月>9 月, 分子方差分析表明布氏田鼠个体间的变异(88.51%)远大于类群间(5.04%)和种群间(6.45%)的变异。Mantel test 结果显示布氏田鼠遗传距离和地理距离无显著相关性($R^2=0.001\ 6$)。**结论** 此次采集的内蒙古地区布氏田鼠呈较高的遗传多样性, 布氏田鼠种群的遗传变异主要存在于个体间, 季节变化可能是影响布氏田鼠种群遗传结构的主要因素。

关键词: 布氏田鼠; 微卫星分子标记; 种群遗传多样性; 种群遗传结构

中图分类号:S443 文献标识码:A 文章编号:1003-8280(2023)03-0291-07

DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2023.03.002

Genetic diversity and genetic structure of *Lasiopodomys brandtii* populations in three regions of Inner Mongolia, China

LIU Yu-qiu, LU Liang, LIU Peng-bo, ZHAO Ning, LI Gui-chang, LI Dong-mei, SONG Xiu-ping,

WANG Jun, LIU Qi-yong

State Key Laboratory of Infectious Disease Prevention and Control, Department of Vector Biology and Control, National Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Corresponding author: LU Liang, E-mail: luliang@icdc.cn

Fund program: Key Project of National Natural Science Foundation of China (No. 32090023)

Abstract: Objective To analyze the genetic diversity of nine batches of *Lasiopodomys brandtii* rodents from three sample plots (New Barag Right banner, East Ujimqin banner, and Xilinhot city) of the Inner Mongolia Autonomous Region (Inner Mongolia), China by using 16 pairs of microsatellite primers. **Methods** A total of 275 *L. brandtii* rodents were trapped using snaps or cages in May, July, and September of 2021. DNA was extracted from them with magnetic beads, followed by PCR amplification with 16 pairs of fluorescent-labeled microsatellite primers. The microsatellite data were obtained using GeneMarker. The genetic diversity and structure of *L. brandtii* populations were analyzed using GenAIEx 6.5, Arlequin (version 30), and structure 2.3.4. **Results** A total of 472 alleles were detected by using 16 pairs of microsatellite primers. The average polymorphic information content was 0.821 3. The average Shannon's information index was 1.812. Observed heterozygosity ranged from 0.478 to 0.951. Expected heterozygosity ranged from 0.575 to 0.891. According to cluster analysis and principal component analysis, the nine *L. brandtii* populations could be divided into four groups by month. The genetic diversity index of the four groups was May > July > September. The analysis of molecular variance showed that the variation among individuals (88.51%) was much greater than that among the groups (5.04%) and that among the populations (6.45%). The mantel test showed no significant correlation between genetic distance and geographical distance of *L. brandtii* ($R^2=0.001\ 6$). **Conclusions** The *L. brandtii* populations sampled in Inner Mongolia had high genetic diversity. The genetic variation of *L. brandtii* populations was mainly observed among

基金项目:国家自然科学基金重大项目(32090023)

作者简介:刘雨秋,女,在读硕士,从事鼠传疾病病原生物学研究,E-mail:759735454@qq.com

通信作者:鲁亮,E-mail:luliang@icdc.cn

individuals. Seasonal variation could be the main factor affecting the genetic structure of *L. brandtii* populations.

Keywords: *Lasiopodomys brandtii*; Microsatellite marker; Genetic diversity; Genetic structure

布氏田鼠(*Lasiopodomys brandtii*)隶属于啮齿目仓鼠科田鼠亚科,主要分布在东北亚草原地带,包括我国内蒙古自治区(内蒙古)中部和东部部分地区,河北省北部的局部地区,以及蒙古共和国南部和俄罗斯。在我国布氏田鼠分布于内蒙古中部锡林郭勒草原、东部呼伦贝尔草原及河北省北部的张北草原,其中锡林郭勒草原、呼伦贝尔草原是其主要分布区。布氏田鼠在内蒙古草原的分布是不连续的,呈间断式、片段式分布^[1]。布氏田鼠是典型的植食性鼠类,通过挖掘家族聚居的洞系,啃食草根、幼苗,破坏草场,导致草原沙漠化,使其向着不利于生态系统的方向发展。大面积高密度的布氏田鼠啃食牧草,严重破坏牧场,导致牛、羊群搬迁,影响畜牧业的发展,给人类经济带带来巨大损失^[2-4]。近年来,放牧、开垦草地、采挖药材等人类活动导致的草原生态系统退化^[5],以及气候、栖息地、生境的变化等都会引起布氏田鼠的分布和迁移^[5]。同时,布氏田鼠是锡林郭勒高原布氏田鼠鼠疫自然疫源地的重要宿主动物。该疫源地分布于内蒙古锡林郭勒盟阿巴嘎熔岩台地和乌珠穆沁盆地西部一带,是内蒙古 4 类鼠疫疫源地之一^[6]。1970—1975 年在该地区出现了布氏田鼠鼠疫的暴发流行,其中布氏田鼠占染疫动物的 84%^[7]。内蒙古草原在 19 世纪 90 年代至 2010 年代发生过布氏田鼠的暴发,但具体的种群动态调节机制目前尚不清楚^[8-9]。

布氏田鼠的数量变化有一定的规律,主要分为上升期、高峰期和下降期,一般上升期 1~2 年,下降期 1~2 年,低谷期一般 10 年以上^[10]。布氏田鼠主要在上升期和高峰期对草场造成危害^[11];其种群密度受内在和外在因素的驱动,时常会发生较大的波动^[11]。在低谷期,分布区南部的布氏田鼠密度非常低,很难监测到;但在上升期则很快形成局部暴发。这些形成暴发的布氏田鼠种群是在本地长期存在,还是由外地迁徙而来尚无明确的解释。因此,分析布氏田鼠的种群遗传多样性和种群遗传结构对于了解布氏田鼠种群的迁徙和波动具有重要的实践意义。

DNA 分子标记法是指可以遗传且能够检测的 DNA 序列,是个体的遗传物质也是核苷酸序列的基础,能够从分子水平分析个体遗传变异和遗传分化^[12]。微卫星标记又称短串联重复序列、简单重复序列,一般是由 2~6 个碱基组成的核苷酸序列,为共显性标记,能够稳定遗传,而且容易获得,结果重

复性高,广泛用于动物遗传多样性研究^[13-15]。姜姗等^[16]用微卫星标记的方法分析了我国东北地区灰飞虱(*Laodelphax striatellus*)的种群遗传结构,得出在不同地区灰飞虱存在一定程度的遗传分化,且基因交流较低,存在一定的种群遗传结构差异的结论。康芬芬等^[17]用此方法分析橘小实蝇(*Bactrocera dorsalis*) 4 个地理种群的遗传多态性,结果显示橘小实蝇 4 个地理种群存在一定的遗传差异,地理隔离是造成差异的主要原因。本研究通过微卫星标记的方法,分析比较内蒙古 3 个样地和不同月份布氏田鼠的种群遗传多样性和种群遗传结构,为进一步分析布氏田鼠不同地理种群在种群数量动态变化过程中的种群遗传特征提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样本来源 2021 年 5、7、9 月,使用鼠夹法和鼠笼法采集我国内蒙古新巴尔虎右旗(HL)、东乌珠穆沁旗(XM)和锡林浩特市(QL)3 个样地的布氏田鼠,通过形态学鉴定物种,解剖布氏田鼠取肝脏组织,保存于-80℃冰箱。

1.2 方法

1.2.1 微卫星位点获取 微卫星分析所用引物主要参考已发表文献^[18-21],共选择 16 对扩增结果稳定、扩增条带清晰的引物对布氏田鼠进行种群遗传分析。16 对引物正向 5' 端分别用马来酰亚胺(ROX, 红色)、羧基荧光素(FAM, 蓝色)、六氯荧光素(HEX, 绿色)、羧基四甲基罗丹明(TAMRA, 黄色)4 种不同的荧光基团修饰。

1.2.2 微卫星位点的 PCR 扩增 根据磁珠法 DNA 提取试剂盒说明书,取布氏田鼠肝脏,提取每只鼠的 DNA,按照 16 对荧光标记的正、反向引物进行 PCR 扩增。PCR 扩增的反应体系:1-5TM2X High-Fidelity Master Mix 12.5 μl, Water ddH₂O 9.5 μl, Template DNA 1.0 mmol/μl, Primer F 1.0 μl, Primer R 1.0 μl。PCR 扩增的反应条件:95℃预变性 5 min;95℃变性 30 s,根据不同的引物设置退火温度,72℃延伸 30 s,共 30 个循环;95℃延伸 30 s,4℃保存。阳性扩增产物进行毛细管电泳分析,结果再用 GeneMarker 软件获得微卫星片段长度数据。

1.2.3 分析数据 利用 MS-Tool 进行微卫星数据的录入和数据异常的纠错。利用 GenAlEx 6.5 软件计算样本量(n)、平均等位基因数(N_e)、有效等位基因数(N_e)、观察杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、无偏期

望杂合度(uH_e)和香农信息指数(Shannon's information index, I), 利用 PIC-CALC 软件计算多态信息量(PIC)。利用 structure 2.3.4 软件计算聚类数 K 值^[22], 分析布氏田鼠种群遗传结构, 基于遗传距离(GD)和地理距离(GGD)用 GenAIEx 6.5 软件做主成分分析。利用 Arlequin(version 30)软件进行种群的分子方差分析(AMOVA)。

2 结 果

2.1 布氏田鼠的种群遗传多样性 用 16 个微卫星位点对内蒙古 3 个样地 3 个月的 9 个样本群总计 275 只布氏田鼠进行微卫星位点分析, 共检测到 472 个等位基因。所有位点均具有多态性, 各微卫星位点平均等位基因数波动区间为 6.222~17.222, 16 个位点等位基因平均值为 10.264。16 个微卫星位点的多

态信息量波动区间为 0.579 6~0.938 6, 平均值为 0.821 3。16 个微卫星位点的香农信息指数波动范围为 1.192~2.504, 平均值为 1.812。16 个微卫星位点的观察杂合度波动区间为 0.478~0.951, 期望杂合度的波动区间为 0.575~0.891, 这 5 个指标均是反映种群遗传多样性的指数, 数值越大, 代表遗传多样性越高, 遗传信息越丰富(表 1)。基于不同样地 and 不同月份的布氏田鼠样本群的遗传多样性结果显示: 9 个样本群的每个位点平均等位基因数波动范围为 8.813~12.188, 平均值为 10.264。9 个样本群的香农信息指数波动范围为 1.691~2.046, 平均值为 1.812。各样本群的观察杂合度波动范围为 0.585~0.823, 期望杂合度的波动范围为 0.734~0.816。见表 2、图 1。

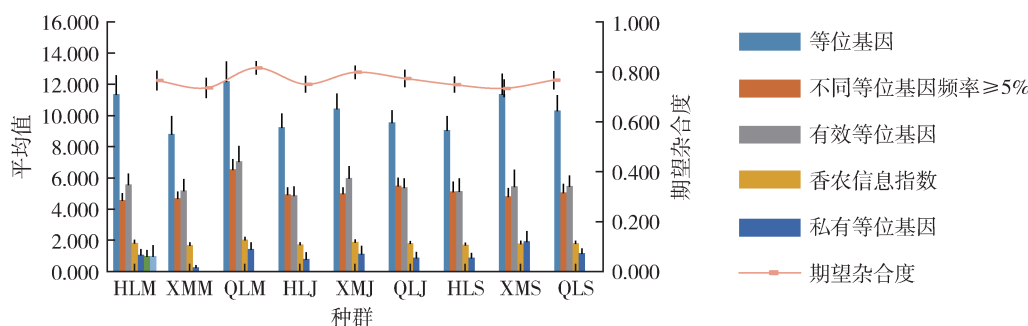
表 1 基于微卫星位点的布氏田鼠的种群遗传多样性
Table 1 Genetic diversity of *Lasiopodomys brandtii* populations based on microsatellite loci

微卫星位点	样本量 (n)	平均等位基因 数(N_a)	有效等位基因 数(N_e)	香农信息 指数(I)	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	无偏期望杂合 度(uH_e)	多态信息量 (PIC)
BV02	30.556	10.000	5.683	1.890	0.861	0.809	0.822	0.847 7
BV03	30.556	12.889	8.323	2.252	0.899	0.861	0.875	0.905 9
BV05	30.000	6.222	2.973	1.290	0.596	0.652	0.664	0.801 3
BV06	26.556	8.222	3.824	1.369	0.478	0.611	0.623	0.648 5
BV08	28.889	7.778	2.476	1.192	0.497	0.575	0.585	0.579 6
BV09	30.111	6.667	3.934	1.536	0.793	0.735	0.747	0.762 7
BV11	30.444	10.333	5.819	1.888	0.740	0.790	0.803	0.867 6
MB03	29.556	9.778	6.046	1.926	0.862	0.815	0.830	0.854 8
MB11	28.556	7.111	3.566	1.409	0.728	0.682	0.694	0.720 1
MB12	30.333	10.667	5.077	1.745	0.796	0.735	0.747	0.916 0
MB13	27.889	9.222	5.498	1.849	0.879	0.800	0.815	0.853 7
MB17	30.333	17.222	10.730	2.504	0.855	0.891	0.906	0.938 6
MB24	28.111	13.222	6.557	2.108	0.499	0.817	0.832	0.903 1
MB28	30.556	13.889	6.853	2.179	0.930	0.845	0.860	0.861 3
MB29	29.667	7.556	4.476	1.644	0.951	0.766	0.780	0.783 8
MB31	29.889	13.444	7.358	2.210	0.755	0.860	0.875	0.895 4

表 2 基于不同样地 and 不同月份的布氏田鼠样本群遗传多样性
Table 2 Genetic diversity of *Lasiopodomys brandtii* populations based on sample plots and months

样本种群 (Pop)	样本量 (n)	平均等位基因数 (N_a)	有效等位基因 数(N_e)	香农信息指数 (I)	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	无偏期望杂合 度(uH_e)
HLM	31.438	11.375	5.580	1.836	0.815	0.765	0.777
XMM	20.500	8.813	5.182	1.691	0.806	0.736	0.754
QLM	29.313	12.188	7.063	2.046	0.816	0.816	0.830
HLJ	30.313	9.250	4.879	1.722	0.783	0.750	0.763
XMJ	30.875	10.438	6.001	1.898	0.823	0.798	0.811
QLJ	31.063	9.563	5.390	1.810	0.783	0.774	0.786
HLS	29.563	9.063	5.160	1.706	0.716	0.749	0.761
XMS	31.375	11.375	5.442	1.785	0.585	0.734	0.746
QLS	31.063	10.313	5.476	1.813	0.690	0.767	0.779

注: HLM 新巴尔虎右旗(2021 年 5 月); XMM 东乌珠穆沁旗(2021 年 5 月); QLM 锡林浩特市(2021 年 5 月); HLJ 新巴尔虎右旗(2021 年 7 月); XMJ 东乌珠穆沁旗(2021 年 7 月); QLJ 锡林浩特市(2021 年 7 月); HLS 新巴尔虎右旗(2021 年 9 月); XMS 东乌珠穆沁旗(2021 年 9 月); QLS 锡林浩特市(2021 年 9 月); 表注括号内为标本采集时间。

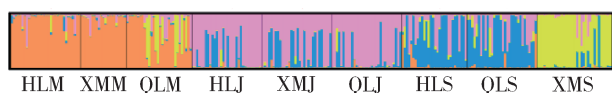


注: HLM 新巴尔虎右旗(2021年5月); XMM 东乌珠穆沁旗(2021年5月); QLM 锡林浩特市(2021年5月); HLJ 新巴尔虎右旗(2021年7月); XMJ 东乌珠穆沁旗(2021年7月); QLJ 锡林浩特市(2021年7月); HLS 新巴尔虎右旗(2021年9月); XMS 东乌珠穆沁旗(2021年9月); QLS 锡林浩特市(2021年9月); 图注括号内为标本采集时间。

图1 基于样地的布氏田鼠样本群遗传多样性

Figure 1 Genetic diversity of *Lasiopodomys brandtii* populations based on sample plots

2.2 布氏田鼠的种群遗传结构 利用structure 2.3.4 软件分析3个样地3个月布氏田鼠的样本群遗传结构,根据DeltaK法确定最优类群数K值等于4,提示9个样本群共275只布氏田鼠可以分为4个不同的类群,4个类群分别为2021年5月新巴尔虎右旗、东乌珠穆沁旗、锡林浩特市(类群I,橙色);2021年7月新巴尔虎右旗、东乌珠穆沁旗、锡林浩特市(类群II,粉色);2021年9月新巴尔虎右旗、锡林浩特市(类群III,蓝色);2021年9月东乌珠穆沁旗(类群IV,黄色)。4个类群整体上可以分开,界限较清晰,部分混入的个体可以解释为渗入。4个类群之间的渗入是不对称的,类群III流向类群II>类群IV,类群II流向类群III>类群I,类群III流向类群I>类群IV。聚类分析结果与GenAIEx 6.5软件主成分分析结果一致。见图2、3。



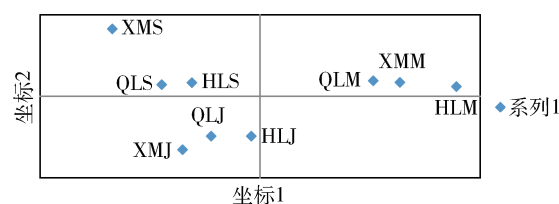
注: HLM 新巴尔虎右旗(2021年5月); XMM 东乌珠穆沁旗(2021年5月); QLM 锡林浩特市(2021年5月); HLJ 新巴尔虎右旗(2021年7月); XMJ 东乌珠穆沁旗(2021年7月); QLJ 锡林浩特市(2021年7月); HLS 新巴尔虎右旗(2021年9月); XMS 东乌珠穆沁旗(2021年9月); QLS 锡林浩特市(2021年9月); 以上均为布氏田鼠的样本种群,括号内为标本采集时间。

图2 布氏田鼠样本群聚类结果

Figure 2 Clustering results of *Lasiopodomys brandtii* populations

2.3 布氏田鼠的种群分子变异 根据布氏田鼠种群遗传结构,将9个布氏田鼠样本群按照4个类群进行分子方差分析,结果见表3。4个类群间的遗传变异占总变异的5.04%,类群种群间、种群间个体分别占总变异的3.89%和2.56%。个体间的变异占总变异的88.51%。

2.4 遗传距离与地理距离的相关性检验 根据GenAIEx 6.5软件中的mantel test 检验遗传距离和地



注: HLM 新巴尔虎右旗(2021年5月); XMM 东乌珠穆沁旗(2021年5月); QLM 锡林浩特市(2021年5月); HLJ 新巴尔虎右旗(2021年7月); XMJ 东乌珠穆沁旗(2021年7月); QLJ 锡林浩特市(2021年7月); HLS 新巴尔虎右旗(2021年9月); XMS 东乌珠穆沁旗(2021年9月); QLS 锡林浩特市(2021年9月); 以上均为布氏田鼠的样本种群,括号内为标本采集时间。

图3 布氏田鼠的主成分分析图

Figure 3 Principal component analysis map of *Lasiopodomys brandtii*

表3 基于微卫星标记的布氏田鼠不同种群的分子方差分析
Table 3 Analysis of molecular variance for different populations of *Lasiopodomys brandtii* based on microsatellite markers

变异来源	总方差	变异组成	变异百分比(%)
类群间	200.68	0.55	5.04
类群种群间	108.70	6.24	3.89
种群间个体	1 646.60	6.79	2.56
个体间	1 618.50	6.07	88.51
合计	35 574.50	6.85	

理距离的相关性,通过GenAIEx 6.5软件中的creat 输入每个样地的经纬度计算地理距离,结果显示遗传距离与地理距离无显著相关性。见图4。

2.5 布氏田鼠的种群遗传分化 遗传分化系数(F_{ST})是评价种群遗传分化的主要指标, F_{ST} 在0~0.05,种群之间遗传分化程度较低, F_{ST} 在0.05~0.15,种群间遗传分化中等, F_{ST} 在0.15~0.25,种群遗传分化水平较高, $F_{ST}>0.25$ 时,种群间遗传分化程度极高。本次研究基于16对荧光标记引物,分析中国内蒙古地区9个布氏田鼠样本群的遗传分化表明9个样本群之间的 F_{ST} 区间是0.017~0.088,其中XMM(2021年5月东乌珠穆沁旗)和QLM(2021年5

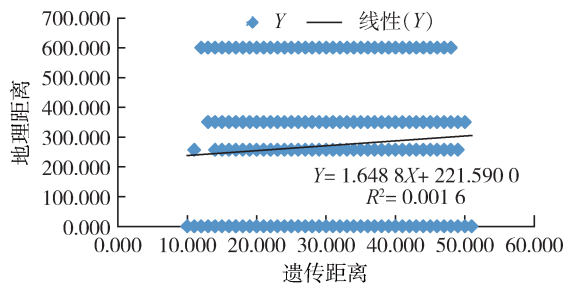


图4 遗传距离和地理距离的相关关系

Figure 4 Correlation between genetic distance and geographical distance

月锡林浩特市)2个样本群的遗传分化系数最低($F_{ST}=0.017$),HLM(2021年5月新巴尔虎右旗)和XMS(2021年9月东乌珠穆沁旗)2个样本群的 F_{ST} 最高($F_{ST}=0.088$)。成对的 F_{ST} 中,有44.44%的 $F_{ST}<0.05$,有55.56%的 F_{ST} 在0.05~0.15。

此次研究的9个样本群的基因流(Nm)区间为2.604~14.109,其中QLM和XMM样本群之间的 Nm 最大($Nm=14.109$),XMS和HLM样本群之间的 Nm 最小($Nm=2.604$)。所有样本群间的 Nm 均>1。见表4。

表4 基于布氏田鼠样本群的遗传分化系数和基因流(矩阵表)

Table 4 Genetic differentiation and gene flow of *Lasiopodomys brandtii* populations (matrix table)

样本种群	HLM	XMM	QLM	HLJ	XMJ	QLJ	HLS	XMS	QLS
HLM		4.718	8.374	3.940	3.597	3.540	3.921	2.604	3.207
XMM	0.050		14.109	4.060	3.376	4.159	3.770	2.721	4.105
QLM	0.029	0.017		6.135	5.669	5.854	5.807	4.042	5.635
HLJ	0.060	0.058	0.039		7.450	8.075	6.500	3.014	4.317
XMJ	0.065	0.069	0.042	0.032		10.550	5.288	3.344	5.594
QLJ	0.066	0.057	0.041	0.030	0.023		4.976	3.402	5.851
HLS	0.060	0.062	0.041	0.037	0.045	0.048		4.635	7.784
XMS	0.088	0.084	0.058	0.077	0.070	0.068	0.051		4.118
QLS	0.072	0.057	0.042	0.055	0.043	0.041	0.031	0.057	

注:左下角为遗传分化系数(F_{ST}),右上角为基因流(Nm); $Nm=[(1/F_{ST})-1]/4$;HLM 新巴尔虎右旗(2021年5月);XMM 东乌珠穆沁旗(2021年5月);QLM 锡林浩特市(2021年5月);HLJ 新巴尔虎右旗(2021年7月);XMJ 东乌珠穆沁旗(2021年7月);QLJ 锡林浩特市(2021年7月);HLS 新巴尔虎右旗(2021年9月);XMS 东乌珠穆沁旗(2021年9月);QLS 锡林浩特市(2021年9月);以上均为布氏田鼠的样本种群,括号内为标本采集时间。

3 讨论

通过查阅相关文献,本文利用16个微卫星标记于2021年5、7、9月在内蒙古新巴尔虎右旗、东乌珠穆沁旗和锡林浩特市3个样地对布氏田鼠进行样本群遗传多样性和样本群遗传结构分析。每个微卫星位点最少有6个等位基因,最多达到17个。PIC是反映样本群遗传多样性的较好指标,当 $PIC>0.5$ 时,认为该位点具有高度多态性^[23],因此,本研究所选16个微卫星位点均具有高度多态性(均 >0.5)。香农信息指数和PIC的结果一致,即香农信息指数高的位点,PIC值也高。位点遗传多样性指标越高,能提供的遗传信息越多,这有利于做种群遗传多样性分析。当期望杂合度 >0.5 时,认为该种群具有较高的遗传多样性^[24]。结合本次布氏田鼠的观察杂合度、期望杂合度、PIC、香农信息指数等种群遗传多样性指标,16个微卫星标记能够反映内蒙古地区布氏田鼠的种群遗传多样性,可以用于布氏田鼠的种群遗传研究。

基于structure聚类分析结果,9个布氏田鼠的样本群聚为4类,主要呈现月份间的差异。布氏田鼠的样本群遗传结构呈现明显的季节性,这种季节性

结构称为每年的繁殖季节和非繁殖季节的种群遗传结构^[25]。计算4个类群的布氏田鼠的种群遗传多样性,结果显示,等位基因数、有效等位基因数、观察杂合度、期望杂合度和香农信息指数等反映遗传多样性指标均为5月 >7 月 >9 月,即布氏田鼠的种群遗传多样性春季 $>$ 夏季 $>$ 秋季,该结果符合“增殖-扩散-平衡”假说^[26],该假说认为,在一定的自然条件下,由于繁殖季节布氏田鼠一直在产生新的个体,个体间的亲缘关系较近,所以种群的遗传多样性较低,在非繁殖季节,没有新生个体的不断补充,只有扩散或迁移,布氏田鼠个体间的亲缘关系较远,种群的遗传多样性较高。关于种群遗传距离与地理距离的mantel test相关性检验,该结果与Wang等^[27]用7个微卫星位点对内蒙古呼伦贝尔分布区、锡林郭勒北部分布区和浑善达克沙地南部分布区等4个样地共158只布氏田鼠的mantel test结果一致($r=0.049\ 9$, $P=0.669$),即各种群间遗传距离和地理距离无显著相关性。

本研究的9个内蒙古布氏田鼠样本群 F_{ST} 值均 <0.15 ,说明2021年内蒙古3个地区的布氏田鼠种群处于中度及低度分化阶段。 Nm 是指一个群体向另一个群体产生的基因交换的总称^[28],即部分个体从

一个群体迁移到另一个群体,从而把新的基因带到另一个群体中,产生的基因流动, N_m 值越大,说明群体间的基因交流越频繁,群体间个体的差异越小,群体间的相似度越大^[29]。此次 9 个样本群中 XMM (2021 年 5 月东乌珠穆沁旗)和 QLM(2021 年 5 月锡林浩特市)2 个样本群间的 N_m 值最大($N_m=14.109$),说明这 2 个样本群之间的基因交流频繁。

利益冲突 无

参考文献

- [1] 蒋永恩, Nanj E, Batsaikhan N, 等. 布氏田鼠栖息地特征的研究[J]. 草地学报, 2012, 20(1): 179-182. DOI: 10.3969/j.issn.1007-0435.2012.01.028
Jiang YE, Nanj E, Batsaikhan N, et al. Study on the habitat characteristics of Brandt's vole[J]. Acta Agrestia Sin, 2012, 20(1): 179-182. DOI: 10.3969/j.issn.1007-0435.2012.01.028. (in Chinese)
- [2] Bai DF, Wan XR, Li GL, et al. Factors influencing range contraction of a rodent herbivore in a steppe grassland over the past decades[J]. Ecol Evol, 2022, 12(2): e8546. DOI: 10.1002/ece3.8546.
- [3] Zhang ZB, Pech R, Davis S, et al. Extrinsic and intrinsic factors determine the eruptive dynamics of Brandt's voles *Microtus brandti* in Inner Mongolia, China[J]. Oikos, 2003, 100(2): 299-310. DOI: 10.2307/3548187.
- [4] 王涛涛, 白玛次仁, 海淑珍, 等. 布氏田鼠行为谱的构建[J]. 草地学报, 2015, 23(3): 646-652. DOI: 10.11733/j.issn.1007-0435.2015.03.030.
Wang TT, Bai MCT, Hai SZ, et al. Construction for the ethogram of Brandt's voles (*Lasiopodomys brandtii*) [J]. Acta Agrestia Sin, 2015, 23(3): 646-652. DOI: 10.11733/j.issn.1007-0435.2015.03.030. (in Chinese)
- [5] 李素英, 李晓兵, 王丹丹. 基于马尔柯夫模型的内蒙古锡林浩特典型草原退化格局预测[J]. 生态学杂志, 2007, 26(1): 78-82
Li SY, Li XB, Wang DD. Prediction of grassland degradation in Xilinhaote of Inner Mongolia based on Markov process model[J]. Chin J Ecol, 2007, 26(1): 78-82. (in Chinese)
- [6] 杨普伊, 李建云, 张喆. 内蒙古自治区不同类型鼠疫自然疫源地土壤金属元素含量调查分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2022, 33(6): 900-905. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2022.06.025.
Yang PY, Li JY, Zhang Z. Analysis of the content of metal elements in soil of different types of natural plague foci in Inner Mongolia Autonomous Region, China [J]. Chin J Vector Biol Control, 2022, 33(6): 900-905. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2022.06.025. (in Chinese)
- [7] 樊振亚. 布氏田鼠鼠疫对人危害性的初步分析[J]. 中华流行病学杂志, 1986, 7(6): 376-377. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.1986.06.136
Fan ZY. Preliminary analysis of the harm of *Lasiopodomys brandtii* plague to human [J]. Chin J Epidemiol, 1986, 7(6): 376-377. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.1986.06.136. (in Chinese)
- [8] 张亚楠, 赵钢, 张大禹, 等. 2001—2013 年内蒙古布氏田鼠鼠疫自然疫源地鼠疫监测结果分析[J]. 中华地方病学杂志, 2015, 34(10): 765-768. DOI: 10.3760/cma.j.issn.2095-4255.2015.10.016.
Zhang YN, Zhao G, Zhang DY, et al. Analysis of monitoring results on plague of rats in *Lasiopodomys brandtii* plague natural foci in Inner Mongolia from 2001 to 2013 [J]. Chin J Endemiol, 2015, 34(10): 765-768. DOI: 10.3760/cma.j.issn.2095-4255.2015.10.016. (in Chinese)
- [9] Yin BF, Li GL, Wan XR, et al. Large manipulative experiments reveal complex effects of food supplementation on population dynamics of Brandt's voles [J]. Sci China Life Sci, 2017, 60(8): 911-920. DOI: 10.1007/s11427-017-9114-9.
- [10] 董维惠, 侯希贤, 杨玉平. 掌握草原害鼠数量变动规律开展综合防治[J]. 中国草地, 2003, 25(6): 41-44, 62. DOI: 10.3969/j.issn.1673-5021.2003.06.010.
Dong WH, Hou XX, Yang YP. The grasping on the law of population dynamics of rodents and carrying out the integrated control measures [J]. Grassland China, 2003, 25(6): 41-44, 62. DOI: 10.3969/j.issn.1673-5021.2003.06.010. (in Chinese)
- [11] 董维惠, 侯希贤, 杨玉平, 等. 草原和农田几种主要鼠种数量动态研究及预测[J]. 中国草地学报, 2008, 30(5): 90-95.
Dong WH, Hou XX, Yang YP, et al. Studies on the population dynamics and prediction of several predominant rodents on grassland and farmland [J]. Chin J Grassland, 2008, 30(5): 90-95. (in Chinese)
- [12] 刘明, 王继华, 王同昌. DNA 分子标记技术[J]. 东北林业大学学报, 2003, 31(6): 65-67. DOI: 10.3969/j.issn.1000-5382.2003.06.023.
Liu M, Wang JH, Wang TC. DNA molecular markers [J]. J Northeast For Univ, 2003, 31(6): 65-67. DOI: 10.3969/j.issn.1000-5382.2003.06.023. (in Chinese)
- [13] Batsuren E, Zhang X, Song MJ, et al. Density-dependent changes of mating system and family structure in Brandt's voles (*Lasiopodomys brandtii*) [J]. Ecol Evol, 2022, 12(8): e9199. DOI: 10.1002/ece3.9199.
- [14] 白晓慧, 蔡超, 郝爽, 等. 大鳞副泥鳅 5 个野生群体的遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2019, 38(7): 2958-2965. DOI: 10.13417/j.gab.038.002958.
Bai XH, Cai C, Hao S, et al. Genetic diversity analysis of five wild *Paramisgurnus dabryanus* populations [J]. Genomics Appl Biol, 2019, 38(7): 2958-2965. DOI: 10.13417/j.gab.038.002958. (in Chinese)
- [15] 刘蓬勃, 孙琬琬, 王君, 等. 滇西南地区埃及伊蚊种群微卫星标记筛选研究[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2018, 29(2): 130-133. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2018.02.004.
Liu PB, Sun WW, Wang J, et al. Isolation of microsatellite markers in *Aedes aegypti* population from southwest Yunnan [J]. Chin J Vector Biol Control, 2018, 29(2): 130-133. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2018.02.004. (in Chinese)
- [16] 姜姗, 王兴亚, 王小奇. 基于微卫星标记的中国东北地区灰飞虱遗传变异及种群遗传结构分析[J]. 昆虫学报, 2020, 63(1): 73-84. DOI: 10.16380/j.kcxb.2020.01.009.

- Jiang S, Wang XY, Wang XQ. Genetic variation and population genetic structure of the small brown planthopper, *Laodelphax striatellus* (Hemiptera: Delphacidae), in Northeast China based on microsatellite markers [J]. Acta Entomol Sin, 2020, 63 (1): 73-84. DOI: 10.16380/j.kcxb.2020.01.009. (in Chinese)
- [17] 康芬芬,李志红,杨定,等. 利用微卫星标记初步分析橘小实蝇 4 个地理种群的遗传多态性[J]. 昆虫知识, 2006, 43 (3): 371-374. DOI: 10.3969/j.issn.0452-8255.2006.03.023.
- Kang FF, Li ZH, Yang D, et al. Microsatellite markers for genetic polymorphism in four geographic populations of the Oriental Fruit Fly, *Bactrocera dorsalis* [J]. Chin Bull Entomol, 2006, 43 (3): 371-374. DOI: 10.3969/j. issn. 0452-8255.2006.03.023. (in Chinese)
- [18] Wang D, Shi DZ. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci from Brandt's voles (*Lasiopodomys brandtii*) [J]. Mol Ecol Notes, 2007, 7 (4): 671-673. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2006.01673.x.
- [19] 牟媛媛. 布氏田鼠婚配制度初探: 基于围栏种群的微卫星研究[D]. 曲阜: 曲阜师范大学, 2019.
- Mou YY. Mating system of *Lasiopodomys brandtii*: Based on a microsatellite study & the fenced population [D]. Qufu: Qufu Normal University, 2019 (in Chinese)
- [20] 唐男男. 增雨对布氏田鼠种群遗传多样性的影响[D]. 曲阜: 曲阜师范大学, 2017.
- Tang NN. Effect of increased rainfall on the genetic diversity of Brandt's vole populations [D]. Qufu: Qufu Normal University, 2017. (in Chinese)
- [21] 褚翔宇. 增食对布氏田鼠种群数量及遗传多样性的效应[D]. 曲阜: 曲阜师范大学, 2017.
- Chu XY. The effect of increased feeding on the population size and genetic diversity of Brandt's vole [D]. Qufu: Qufu Normal University, 2017. (in Chinese)
- [22] 魏勇, 胡珂, 陈钰蓝, 等. 白纹伊蚊微卫星标记的筛选及种群遗传研究[J]. 现代预防医学, 2020, 47 (7): 1267-1270, 1290.
- Wei Y, Hu K, Chen YL, et al. Screening of microsatellite markers of *Aedes albopictus* and their application in the population genetics [J]. Mod Prev Med, 2020, 47 (7): 1267-1270, 1290. (in Chinese)
- [23] 张恒端. 南京市白纹伊蚊种群遗传学研究[D]. 北京: 解放军军事医学科学院, 2015. DOI: 10.7666/d.Y2993915.
- Zhang HD. Study on population genetics characteristics of *Aedes albopictus* in Nanjing city [D]. Beijing: Academy of Military Medical Sciences, 2015. DOI: 10.7666/d.Y2993915. (in Chinese)
- [24] Takezaki N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA [J]. Genetics, 1996, 144 (1): 389-399. DOI: 10.1093/genetics/144.1.389.
- [25] Andreassen HP, Sundell J, Ecke F, et al. Population cycles and outbreaks of small rodents: Ten essential questions we still need to solve [J]. Oecologia, 2021, 195 (3): 601-622. DOI: 10.1007/s00442-020-04810-w.
- [26] 赵庆华. 大仓鼠 (*Tscherskia triton*) 种群年际遗传变异与生态适应研究[D]. 曲阜: 曲阜师范大学, 2007. DOI: 10.7666/d.Y1078164.
- Zhao QH. Interannual genetic variation and ecological adaptation in *Tscherskia triton* populations [D]. Qufu: Qufu Normal University, 2007. DOI: 10.7666/d.Y1078164. (in Chinese)
- [27] Wang D, Guo YW, Shi DZ. Genetic structure of Brandt's vole (*Lasiopodomys brandtii*) populations in Inner Mongolia, China, based on microsatellite analysis [J]. Conserv Genet, 2011, 12 (3): 659-667. DOI: 10.1007/s10592-010-0172-y.
- [28] 田玉苗, 盛清宇, 袁立成, 等. 长白山北部西伯利亚兔局域种群间的基因流[J]. 野生动物学报, 2020, 41 (3): 551-559. DOI: 10.19711/j.cnki.issn2310-1490.2020.03.001.
- Tian YM, Sheng QY, Yuan LC, et al. Gene flow in local populations of Siberian Roe Deer (*Capreolus pygargus*) in the northern Changbaishan range of China [J]. Chin J Wildlife, 2020, 41 (3): 551-559. DOI: 10.19711/j. cnki. issn2310-1490.2020.03.001. (in Chinese)
- [29] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 等. 群体遗传结构中的基因流[J]. 遗传, 2004, 26 (3): 377-382. DOI: 10.3321/j. issn: 0253-9772. 2004.03.022.
- Qu RZ, Hou L, Lyu HL, et al. The gene flow of population genetic structure [J]. Hereditas, 2004, 26 (3): 377-382. DOI: 10.3321/j. issn: 0253-9772.2004.03.022. (in Chinese)

收稿日期: 2023-01-05 本文编辑: 陈秀丽