



## 研究论文 ORIGINAL PAPERS

基于微卫星标记的藏原羚  
遗传多样性及亲缘关系分析李其琴<sup>1,2</sup>, 王东<sup>2,3</sup>, 李全邦<sup>2,4</sup>, 杜文晓<sup>1\*</sup>, 连新明<sup>2,4,5\*</sup>

- (1. 烟台大学生命科学学院, 烟台 264006;  
2. 中国科学院西北高原生物研究所, 高原生物适应与进化重点实验室, 西宁 810008;  
3. 青海师范大学地理科学学院, 西宁 810016;  
4. 中国科学院大学, 北京 100049;  
5. 青海省动物生态基因组学重点实验室, 西宁 810008)

## 稿件运行过程

收稿日期: 2025-01-24

修回日期: 2025-03-04



关键词: 藏原羚;

粪便DNA;

亲缘关系;

遗传多样性

Keywords: *Procapra picticaudata*;

Fecal DNA;

Kinship;

Genetic diversity

中图分类号: Q953

文献标志码: A

文章编号:

2310-1490(2025)-04-0785-12

DOI: 10.12375/ysdwxb.202501019

## 摘要

遗传多样性和亲缘关系的研究对于野生动物种群的健康维持和长久繁衍具有重要意义。为评估三江源国家公园长江源园区藏原羚(*Procapra picticaudata*)种群的遗传多样性,共采集24个藏原羚集群的149份新鲜粪便样本,利用MB066、HDZ8和HDZ496等8个微卫星位点进行基因分型,最终识别出105个藏原羚个体,并利用性别鉴定引物确定其中有雌性77只,雄性28只。结果表明:8个微卫星位点的平均等位基因数为21.125,平均多态信息含量( $P_{IC}$ )为0.708,观测杂合度( $H_o$ )为0.219~0.914,平均值为0.645;期望杂合度( $H_e$ )为0.265~0.937,平均值为0.724,显示该种群处于较高的遗传多样性水平。然而,近交系数为0.103,表明种群中存在杂合子缺失的情况,暗示有近交风险的存在。此外,亲缘关系分析共鉴定出36对亲子关系,涉及57只个体。这些亲子对多数出现在同一集群内,且以母女关系为主(占62.5%),而与雄性相关的亲子对(母子/父女/父子)仅占37.5%。研究结果为长江源园区藏原羚种群的遗传多样性评估和亲缘关系分析提供了新的视角和数据支持,对于制定有效的藏原羚保护策略和措施具有重要参考价值。

基金项目: 国家重点研发计划项目(2023YFF1305003);青海省自然科学基金与工程技术学科带头人专项资金

第一作者简介: 李其琴(2000—),女,硕士研究生;主要从事保护生物学研究。E-mail: 121462350@qq.com

\*通信作者: 连新明, E-mail: lianxinming@nwipb.cas.cn.

## Genetic Diversity and Kinship of *Procapra picticaudata* Based on Microsatellite Markers

LI Qiqin<sup>1,2</sup>, WANG Dong<sup>2,3</sup>, LI Quanbang<sup>2,4</sup>, DU Wenxiao<sup>1\*</sup>, LIAN Xinming<sup>2,4,5\*</sup>

(1. School of Life Sciences, Yantai University, Yantai 264006, China;

2. Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China;

3. School of Geographical Science, Qinghai Normal University, Xining 810016, China;

4. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China;

5. Qinghai Provincial Key Laboratory of Animal Ecological Genomics, Xining 810008, China)

**Abstract:** Genetic diversity and the kinship among members are crucial for the sustainable health and long-term reproductive success of wildlife populations. To evaluate the genetic diversity of *Procapra picticaudata* in the Yangtze River Source Area of Sanjiangyuan National Park, a total of 149 fresh fecal samples were collected from 24 *Procapra picticaudata* groups. These samples were analyzed using eight microsatellite loci, namely MB066, HDZ8, and HDZ496 among others. A total of 105 individual *Procapra picticaudata* were identified. Using gender identification primers, 77 females and 28 males were determined subsequently. The results indicated that the eight microsatellite loci exhibited an average allele number of 21.125, with an average polymorphic information content of 0.708. The observed heterozygosity ( $H_o$ ) ranged from 0.219 to 0.914, averaging 0.645, while the expected heterozygosity ( $H_e$ ) varied between 0.265 and 0.937, averaging 0.724. These findings suggested a high level of genetic diversity within the population. However, the inbreeding coefficient was estimated at 0.103, indicating a deficit in heterozygotes and suggesting a potential risk of inbreeding. Furthermore, this study identified 36 parent-offspring dyads involving 57 individuals through parentage testing. The majority of these dyads (62.5%) were mother-daughter pairs, while the remaining 37.5% involved male individuals (mother-son, father-daughter, and father-son relationships). This research provided novel insights and data support for assessing genetic diversity and conducting parentage analysis of *Procapra picticaudata* populations in the Yangtze River Source Area. This information serves as a critical reference for developing effective conservation strategies and measures for *Procapra picticaudata*.

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分,是物种生存与进化的基础,也是衡量种群进化潜力的关键指标之一,对于物种的健康维持和长久繁衍有重要意义<sup>[1-2]</sup>。遗传多样性高的种群具备更强的适应能力和生存能力<sup>[3]</sup>;相反,遗传多样性低的种群则面临更高的灭绝风险<sup>[4]</sup>。研究表明,遗传多样性受诸多因素影响<sup>[5-7]</sup>。例如,草原围栏导致蒙原羚(*Procapra gutturosa*)的栖息地被隔离和破碎化,限制了该物种种群之间的基因流动,从而使得破碎栖息地中的蒙原羚种群遗传多样性显著低于连续栖息地中的种群<sup>[8]</sup>。在破碎化的栖息地中,即使种群间的地理位置相距较近,但缺乏有效基因交流的小种群间也

可能发生不同程度的遗传分化。以普氏原羚(*Procapra przewalskii*)为例<sup>[9]</sup>,青藏铁路将高密度的普氏原羚种群一分为二,阻碍了一路之隔的两个种群间的基因交流,导致出现中等程度的遗传分化,使得该物种的遗传多样性水平较低<sup>[10]</sup>。此外,气候变化也会对野生动物的遗传多样性产生影响<sup>[11]</sup>。利用MaxEnt模型预测2070年高排放(RCP8.5)气候变化背景下尼尔吉里塔尔羊(*Nilgiritragus hylocrius*)的适宜栖息地变化趋势,结果表明该物种将失去约一半的可用栖息地,同时导致尼尔吉里塔尔羊种群的遗传结构由当前的3个主要遗传簇变为1个,进而降低该物种的遗传多样性水平<sup>[12]</sup>。

亲缘关系在解析野生动物行为演化及繁殖策略中具有重要意义。以藏羚(*Pantholops hodgsonii*)为例,该物种存在性别分离且具有雌性迁徙产仔习性,针对其交配群成员间的亲缘关系研究结果表明,雌性个体之间较高的亲缘关系不仅有利于提高集群的稳定性,还可能方便雌性间迁徙相关信息的交流和传递<sup>[13]</sup>。此外,亲缘关系的研究还可解释物种的扩散行为差异。雄性狍(*Capreolus pygargus*)因不擅长迁移而聚集在相隔较近的区域内,相较于雌性狍拥有更近的亲缘关系,同时也说明了狍呈现偏雌性扩散的行为模式<sup>[14]</sup>。鉴于此,亲缘关系还能揭示物种复杂的繁殖策略。通过对偏好集群的贺兰山岩羊(*Pseudois nayaur*)个体间亲缘关系的研究发现,其婚配制度为一雄多雌<sup>[15]</sup>;而针对喜独居、行动隐蔽的小鹿(*Muntiacus reevesi*)和黑鹿(*M. crinifrons*)而言,亲缘关系的研究可推断其婚配制度均为一雄多雌<sup>[16-17]</sup>。

藏原羚(*Procapra picticaudata*)是青藏高原特有物种,目前主要分布于国内的西藏、青海、四川、甘肃和新疆等地,此外,曾在印度的锡金和拉达克地区记录过数十个个体的种群<sup>[18-19]</sup>。该物种主要栖息于海拔3 000~5 750 m的高寒草原和高寒草甸等生态系统中,以禾本科(Poaceae)、豆科(Fabaceae)及莎草科(Cyperaceae)植物为食<sup>[20-21]</sup>。藏原羚多集群生活且存在性别分离现象,最适集群为2~8只,鲜见超过20个个体的集群,雌雄个体在非交配季节通常分开活动<sup>[18,22]</sup>。以往对藏原羚的研究主要集中于地理分布、行为模式、食性组成、栖息地选择和寄生虫等方面<sup>[23-28]</sup>,针对该物种遗传结构和多样性的研究相对较少。仅有的研究表明,藏原羚在中国境内分化为3个支系,即西藏支系、四川支系和青海-新疆支系,并表现出较高的遗传多样性水平<sup>[29]</sup>。然而,关于藏原羚单个地理种群的遗传多样性和亲缘关系研究仍相对有限。因此,本研究采集三江源国家公园长江源园区内藏原羚种群的新鲜粪便样本,采用微卫星DNA标记技术对该物种种群开展遗传学研究,评估其集群内个体间的亲缘关系以及种群的遗传多样性现状,为未来在该区域内深入开展藏原羚种群健康状况评估和保护提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

三江源国家公园长江源园区位于青海省西南部

(33°09'05"—36°47'53" N, 89°50'57"—95°18'51" E),总面积约为9.03万km<sup>2</sup>,平均海拔超过4 000 m<sup>[30]</sup>。气候寒冷干燥,年均气温-4.2~3.0℃,年降水量为221.5~515.0 mm<sup>[31-32]</sup>。植被类型以高寒草甸和高寒草原为主,优势物种分别为莎草科嵩草属(*Kobresia*)和禾本科针茅属(*Stipa*)植物<sup>[31,33]</sup>。区内常见野生动物包括藏原羚、藏野驴(*Equus kiang*)、藏羚、藏狐(*Vulpes ferrilata*)和喜马拉雅旱獭(*Marmota himalayana*)等<sup>[34]</sup>。

### 1.2 样本采集

2022年7月和2023年4月,沿省道S224(G109国道路口至索加乡段)以及唐古拉山镇至班德湖、多尔玛村和通天河断崖的3条乡道调查,记录沿途所遇藏原羚集群。在发现集群时,使用GPS定位并记录集群规模和结构,原地等待至藏原羚群自行离开后,前往集群所在区域采集新鲜粪便样本。采样时佩戴一次性PE手套,挑选未沾染沙土的新鲜粪便颗粒置于采样袋中,袋身标注编号后以锡箔纸包裹放入液氮罐中。样本编号采用4位编码:前2位数字代表集群编号,后2位代表个体编号,如“0101”表示01号集群中的01号个体。为杜绝交叉污染,每采集完一份粪便样本后立即更换手套。

两次共收集24个藏原羚集群的149份新鲜粪便样本,其中01~11号集群采集于2022年7月,12~24号集群采集于2023年4月。集群类型包含15个雌性群(62.50%),4个雄性群(16.67%)和5个雌雄混合群(20.83%)。其中有9个集群采集的粪便样本数多于集群内动物个体数量。所有样本在带回实验室后,统一置于-20℃冰柜内保存。

### 1.3 研究方法

#### 1.3.1 DNA提取与检测

使用一次性刀片刮取藏原羚粪便样本表层,以获得检测样品。为避免不同个体粪便之间的DNA交叉污染,每处理完一份样本即更换新刀片。称取180~220 mg样品后,参照QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit(QIAGEN, Germany)试剂盒操作说明提取DNA。采用NanoDrop 2000c微量分光光度计检测DNA样品浓度,对浓度低于10 ng/μL的样品进行重新提取<sup>[13]</sup>,以确保DNA浓度达到后续试验要求。

#### 1.3.2 微卫星位点的筛选和PCR扩增

通过反复试验,最终筛选出8对扩增稳定性良

好的微卫星引物(表1)。所有引物由北京奥科鼎盛生物科技有限公司合成,使用无菌双蒸水将引物浓

度稀释至 100  $\mu\text{mol/L}$ ,并于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱中保存备用。

表1 藏原羚微卫星引物信息

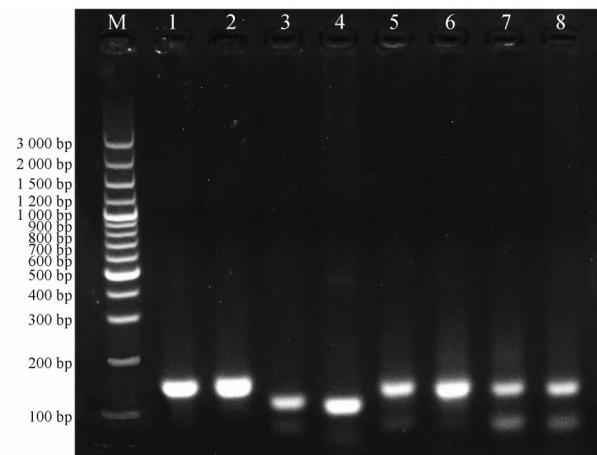
Table 1 Information on microsatellite primers used for *Procapra picticaudata*

引物名称 Primer name	引物序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	核心序列 Core sequence	荧光标记 Fluorescent label
MB066 <sup>[35]</sup>	F:ATCTGCCTGAAGCCAGTCAC R:GGTTTCCTGCACCTGCATGA	GT	FAM
P63 <sup>[36]</sup>	F:ATTTTCACTCCCTGCACCAA R:CTCATGGGGTAAAAGGCAGA	(TA) <sub>11</sub>	HEX
BM1225 <sup>[37]</sup>	F:TTTCTCAACAGAGGTGTCCAC R:ACCCCTATCACCATGTCTCTG	GT	HEX
BM1862 <sup>[38]</sup>	F:AAGCAAAAAGGCTGATGGC R:TTGCAGTACTGGCAAGTGG	(CA) <sub>18</sub>	HEX
P113 <sup>[36]</sup>	F:CTGACTTCTTTCTCCCTACGA R:CAACCACTTTTGGATTACAG	(CT) <sub>28</sub>	FAM
HDZ8 <sup>[39]</sup>	F:GACAAACACTCAGAAGGCAAAG R:GGTGGCAGGACTGAGCAAG	(CA) <sub>14</sub>	FAM
HDZ496 <sup>[39]</sup>	F:GTTTTCCAGATGGTATTTTCCTC R:GTATTCGGCTGAAGGGACC	(CA) <sub>15</sub>	HEX
MAF23 <sup>[40]</sup>	F:GTGGAGGAATCTTGACTTGTGATAG R:GGCTATAGTCCATGGAGTCCGAC	(GT) <sub>20</sub>	FAM

PCR扩增总体系为 25.0  $\mu\text{L}$ ,包含 0.5  $\mu\text{L}$  正、反引物,2.0  $\mu\text{L}$  DNA模板,12.5  $\mu\text{L}$  PCR mix,以及 9.5  $\mu\text{L}$  ddH<sub>2</sub>O。PCR程序:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s,50~60  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s,35个循环;循环结束后 72  $^{\circ}\text{C}$  终延伸 10 min。PCR产物经 2% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,在 120 V 电压下电泳 45 min,最后通过凝胶成像系统在紫外光下观察结果,部分结果如图 1 所示。

### 1.3.3 微卫星分型及个体识别

利用 FAM 和 HEX 荧光染料分别标记各引物的 5' 上游端。PCR 扩增总体系为 25.0  $\mu\text{L}$ ,其中正、反引物各 0.5  $\mu\text{L}$ ,DNA 模板 2.0  $\mu\text{L}$ ,dNTP(mix) 0.5  $\mu\text{L}$ ,Taq Buffer (含 MgCl<sub>2</sub>) 2.5  $\mu\text{L}$ ,Taq 酶 0.2  $\mu\text{L}$ ,ddH<sub>2</sub>O 18.8  $\mu\text{L}$ 。PCR 产物用自动测序仪 (ABI 3730XL) 进行分型分析,并通过 GeneMapper 软件分析获得每个微卫星位点的等位基因片段大小。使用 Excel Microsatellite ToolKit 进行个体识别,识别的原则:若个体在所有微卫星位点上的基因型完全一致,或仅有一个等位基因存在差异,则判定为同一个体<sup>[41]</sup>。



M. 100~3 000 bp DNA Ladder; 1~8. 藏原羚粪便样本。

M. 100~3 000 bp DNA Ladder; 1~8. *Procapra picticaudata* feces samples.

图1 藏原羚粪便 DNA 的部分 PCR 扩增结果(以引物 HDZ8 的扩增产物为例)

Figure 1 Partial PCR amplification of DNA from *Procapra picticaudata* feces (example shown for primer HDZ8)

### 1.3.4 藏原羚性别鉴定

采用牛科 (Bovidae) 动物性别鉴定通用引物

KY1/KY2 和 Y1/Y2(表2)对藏原羚个体进行性别鉴定。引物由北京奥科鼎盛生物科技有限公司合成,PCR反应体系与扩增程序同1.3.2节。为提高性别鉴定结果的可靠性,使用上述2对引物扩增所有藏

原羚粪便DNA样品。若两次扩增结果一致,则判定为该样本的性别;若结果不一致,则进行第3次扩增,以确认样本性别。

表2 藏原羚性别鉴定引物信息

Table 2 Sex identification-primer information for *Procapra picticaudata*

引物名称 Primer name	引物序列 (5'→3') Primer sequence (5'→3')	片段长度 /bp Fragment length
Y1/Y2 <sup>[42]</sup>	F:GGATCCGAGACACAGAACAGG	♂:300
	R:GCTAATCCATCCATCTATAG	♀:-
KY1/KY2 <sup>[43]</sup>	F:GCCCAGCAGCCCTTCCAG	♂:219/174
	R:TGGCCAAGCTCCAGAGGCA	♀:219

## 1.4 数据分析

采用GenALEx 6进行主坐标分析(PCoA)、分子方差分析(AMOVA)以及不同软件所需数据格式的转换<sup>[44]</sup>。使用GIMLET 1.3.3软件计算8个微卫星位点的联合个体识别率(probability of identity,  $P_{ID}$ ),即无亲缘关系或全同胞个体之间具有相同基因型的概率<sup>[45]</sup>。运用POPGENE计算种群的 $F_{IS}$ <sup>[44]</sup>。利用CERVUS 3.0.7软件计算各位点的等位基因数(number of alleles, A)、观测杂合度(observed heterozygosity,  $H_o$ )、期望杂合度(expected heterozygosity,  $H_e$ )、多态信息含量(polymorphism information content,  $P_{IC}$ ),以及排除概率(exclusion probability),包括已知一个亲本时的排除概率((NE-1P)、两个亲本均未知时的排除概率(NE-2P)和亲本对的排除概率(NE-PP),并进行Hardy-Weinberg平衡检测(Hardy-Weinberg equilibrium test, HWE)。在此基础上,依次使用Simulation of Parentage Analysis和Parent pair (sexes known)模块进行亲权鉴定。由于样本的父母本信息未知,将全部识别出的雄性个体设为候选父本、雌性为候选母本,取样概率均设为1.0<sup>[46]</sup>。IBM SPSS statistics 22.0软件的Kolmogorov-Smirnov test正态分布检验显示,集群间亲缘数量与集群间距离不符合正态分布,故采用Spearman's rank correlation test检验二者之间是否存在关联。使用KINGROUP V2计算个体间的亲缘系数(coefficient of relationship,  $r$ ),取值范围在-1至1,数值越大表示亲缘关系越近,该结果作为亲权鉴定的补充<sup>[47]</sup>。在剔除藏原羚较小规模( $N < 2$ )的集群后,剩余19个集群的平均亲缘系数以平均值 $\pm$ 标准误(mean $\pm$ SE)表示。

## 2 结果

### 2.1 藏原羚个体识别和性别鉴定

GIMLET分析显示,当微卫星位点数达到8个时,无偏个体识别率为 $1.80 \times 10^{-10}$ ,有偏个体识别率为 $4.28 \times 10^{-10}$ (图2),说明所使用的8个微卫星位点具有较高的联合识别分辨率。149份粪便样本中的115份在8个位点成功扩增(77.18%),共识别出105个藏原羚个体,其中包括77只雌性,28只雄性(图3)。

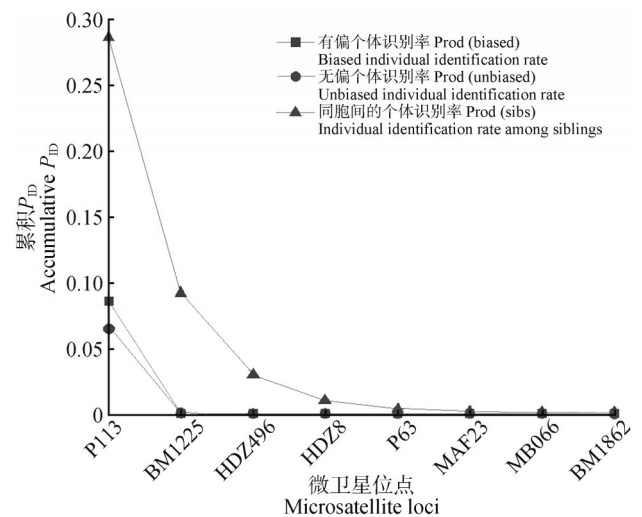


图2 8个微卫星位点在藏原羚个体中的 $P_{ID}$ 值

Figure 2  $P_{ID}$  values across eight microsatellite loci in *Procapra picticaudata*

### 2.2 藏原羚种群遗传多样性及遗传结构

由表3可知,8个微卫星位点共检测到169个等位基因,平均等位基因数(A)为21.125。 $P_{IC}$ 为0.261~0.928,平均为0.708; $H_o$ 为0.219~0.914,平均为0.645; $H_e$ 为0.265~0.937,平均为0.724;Shannon's

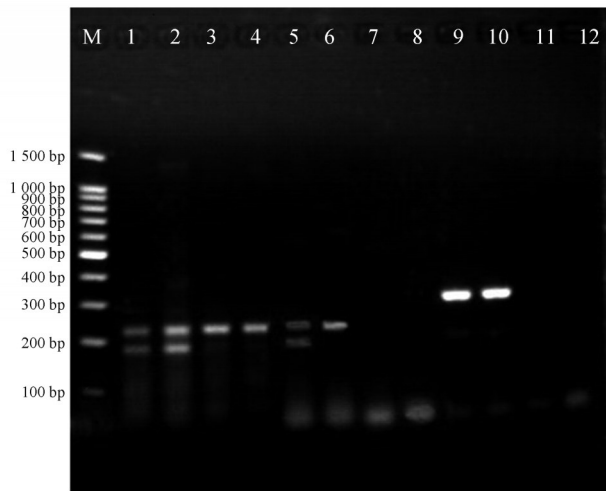


图3 部分藏原羚个体性别鉴定电泳结果

Figure 3 Electrophoresis results for sex identification in a subset of *Procra pra picticaudata* individuals

信息指数(I)为0.778~2.880,平均为2.038;  $F_{IS}$ 为-0.070~0.289,平均为0.103。所有位点均呈现出中高程度多态性,其中BM1862和MB066两个位点呈中度多态性( $0.25 \leq P_{IC} < 0.50$ ),其余位点均为高度多态性( $P_{IC} \geq 0.50$ )。无效等位基因频率在各位点均低于0.2,无需剔除任何位点。

基于基因型的PCoA分析显示,主坐标1和主坐

标2分别解释了总变异的7.29%和7.09%,累计贡献率为14.38%。集群间个体相互交错,未形成明显遗传聚类(图4)。AMOVA结果进一步表明,遗传变异主要来自于集群内个体间(99%),集群间变异仅占1%。固定系数  $F_{ST}$  为0.014( $P < 0.01$ ),说明该种群尚未产生遗传分化。

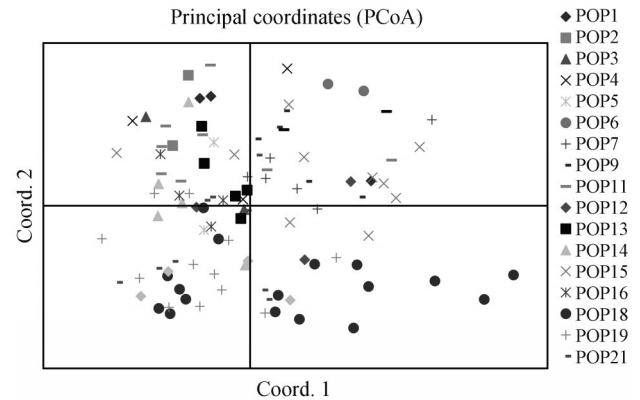


图4 基于微卫星的长江源园区藏原羚个体遗传水平的主坐标分析

Figure 4 Principal coordinate analysis (PCoA) of individual genetic variation in *Procra pra picticaudata* from the Yangtze River Source Area based on microsatellite marker

### 2.3 藏原羚个体间亲权鉴定

将8个微卫星位点根据多态信息含量由高到低的顺序排列作为位点组合的依据,然后依次计算位点数目从1增加到8时的累积排除概率(表4)。结果显示,当微卫星位点数达到8个时,累积排除概率均高于99%,表明选用的8个微卫星位点适用于后续亲权鉴定分析。

表3 8个微卫星位点在藏原羚种群中的遗传信息参数

Table 3 Genetic diversity parameters at eight microsatellite loci in the *Procra pra picticaudata* groups

位点 Loci	等位基因数 A	观测杂合度 $H_o$	期望杂合度 $H_e$	多态信息含量 $P_{IC}$	哈迪-温伯格平衡 HWE	无效等位基因频率 Null freq	近交系数 $F_{IS}$	Shannon's 信息指数 I
MB066	6	0.438	0.456	0.416	NS	0.014	0.034	0.902
P63	27	0.600	0.848	0.832	*	0.170	0.289	2.441
BM1225	31	0.686	0.875	0.865	NS	0.119	0.212	2.706
BM1862	17	0.219	0.265	0.261	NS	0.083	0.168	0.778
P113	24	0.800	0.937	0.928	NS	0.077	0.142	2.880
HDZ8	23	0.914	0.859	0.843	NS	-0.039	-0.070	2.396
HDZ496	22	0.848	0.872	0.857	NS	0.005	0.023	2.405
MAF23	19	0.657	0.680	0.663	NS	0.013	0.029	1.799

注: NS. 不显著偏离;\*. 显著偏离( $P < 0.01$ )。

Note: NS. Non-significant deviation; \*. Significant deviation ( $P < 0.01$ ).

表4 藏原羚8个位点的排除概率  
Table 4 Exclusion probability of eight loci in *Procapra picticaudata*

位点 Loci	多态信息含量 $P_{ic}$	排除概率 Exclusion probability		
		第一个亲本 NE-1P	第二个亲本 NE-2P	双亲 NE-PP
P113	0.928	0.760	0.863	0.969
BM1225	0.865	0.620	0.766	0.929
HDZ496	0.857	0.594	0.746	0.908
HDZ8	0.843	0.569	0.726	0.896
P63	0.832	0.548	0.708	0.884
MAF23	0.663	0.309	0.504	0.731
MB066	0.416	0.108	0.251	0.406
BM1862	0.261	0.039	0.155	0.283
累积排除概率 Cumulative exclusion probability(CEP)		0.998 974 55	0.999 795 48	0.999 999 72

由于无法获知藏原羚个体的年龄信息,难以准确判定亲代和子代关系,因此本研究将亲权鉴定结果以亲子对形式呈现(表5)。共鉴定出36组亲子对,包括7对父子、19对母女和10对母子(父女)关系。父子对的亲缘系数为0.257~0.711,平均为(0.415 ± 0.063);母女对的亲缘系数为0.255~0.829,平均为(0.570 ± 0.033);母子(父女)对的亲

缘系数为0.329~0.695,平均为(0.446 ± 0.035)。这36对亲子对共涉及57只个体,分布于17个集群。其中16对在集群内,包括10对为母女关系(占62.5%),6对与雄性相关的亲子对(占37.5%)。跨集群的亲子对共20组,其中19号集群与21号集群之间存在4对亲子对(两集群距离约26 796 m),11号集群的1112(♂)个体与13号、14号集群均存在着亲

表5 藏原羚亲子关系对及亲缘系数  
Table 5 Parentage pairs and kinship coefficient of *Procapra picticaudata*

亲子对 Parentage pairs	亲缘系数 Kinship coefficient	亲子对 Parentage pairs	亲缘系数 Kinship coefficient
0403(♀)和0102(♀)	0.514	1601(♀)和1913(♀)	0.437
0601(♀)和0602(♀)	0.664	1605(♀)和2103(♂)	0.463
0706(♀)和2201(♀)	0.775	1605(♀)和1108(1810,♀)	0.589
0710(♀)和0701(♀)	0.829	1801(♀)和1802(♀)	0.595
0710(♀)和0705(♀)	0.570	1803(♀)和1804(♀)	0.626
0901(♂)和1508(♀)	0.329	1809(♀)和1820(♀)	0.557
0901(♂)和1605(♀)	0.467	1813(♀)和1404(♀)	0.641
0908(♂)和0802(♀)	0.396	1813(♀)和1807(♀)	0.695
1105(♀)和1002(♀)	0.451	1903(♀)和1913(♀)	0.296
1109(1103,♀)和1806(♀)	0.491	1904(♂)和2101(♂)	0.257
1112(♂)和1108(1810,♀)	0.695	1905(♂)和2105(♂)	0.411
1112(♂)和1304(♂)	0.310	1912(♀)和1909(♀)	0.568
1112(♂)和1401(♀)	0.530	1912(♀)和1902(♂)	0.474
1201(♀)和1203(♀)	0.667	1914(♀)和2110(♀)	0.255
1401(♀)和1108(1810,♀)	0.606	2106(♂)和1901(♀)	0.338
1503(♂)和1511(♂)	0.711	2106(♂)和2105(♂)	0.568
1504(♂)和1505(♂)	0.304	2104(♂)和2107(♂)	0.343
1512(♂)和2203(♀)	0.351	2108(♂)和1804(♀)	0.416

注：1109和1103及1108和1810为同一只个体,因此在表中以括号区分。

Note: 1109 and 1103, as well as 1108 and 1810, refer to the same individual.

子对关系(11号与13号集群距离约为3 044 m,与14号集群距离约为1 254 m)。Spearman相关分析表明,集群间距离与亲子对数量呈显著负相关( $R = -0.09, P < 0.05$ ),说明随着距离增大,集群间亲子对数量减少。与雄性相关的亲子对所存在的集群间

的平均距离约为(28 031 ± 6 331)m,而与雌性相关的亲子对所存在的集群间的平均距离约为(7 034 ± 3 492)m。剔除单个个体的集群后,剩余19个集群成员间平均亲缘系数为(0.132 ± 0.038)(表6)。

表6 藏原羚集群内成员间亲缘系数

Table 6 Kinship coefficients among individuals in *Procapra picticaudata* groups

集群编号 Group number	亲缘系数范围 Range of kinship coefficient	平均亲缘系数 Average kinship coefficient	个体数量/只 Number of individuals
01	-0.137 ~ 0.275	0.074 ± 0.119	3
02	0.271	0.271	2
03	0.033	0.033	2
04	0.010 ~ 0.237	0.147 ± 0.07	3
05	-0.048	-0.048	2
06	0.664	0.664	2
07	0.015 ~ 0.829	0.292 ± 0.057	6
09	-0.194 ~ 0.448	0.030 ± 0.062	5
11	-0.162 ~ 0.695	0.081 ± 0.045	7
12	-0.099 ~ 0.667	0.185 ± 0.242	3
13	-0.026 ~ 0.361	0.166 ± 0.039	5
14	-0.142 ~ 0.411	0.086 ± 0.055	5
15	-0.320 ~ 0.720	0.008 ± 0.029	10
16	-0.081 ~ 0.374	0.114 ± 0.060	3
18	-0.252 ~ 0.695	0.078 ± 0.016	17
19	-0.154 ~ 0.568	0.102 ± 0.018	12
21	-0.197 ~ 0.568	0.073 ± 0.028	9
22	0.152	0.152	2
24	-0.114 ~ 0.141	0.016 ± 0.043	4

### 3 讨论与结论

#### 3.1 藏原羚种群遗传多样性分析

遗传多样性是评估物种进化潜力及环境适应能力的的关键指标,也为物种现状评估与保护提供了科学依据<sup>[48]</sup>。遗传多样性的评估通常依赖于基因数、 $P_{IC}$ 和杂合度等参数<sup>[49-50]</sup>。本研究结果显示,三江源国家公园长江源园区藏原羚种群具有较高的遗传多样性水平。在8个微卫星位点中共检测到169个等位基因,平均等位基因数较高;平均 $P_{IC}$ 为0.708,依据多态性判别标准( $P_{IC} \geq 0.50$ 属高度多态),除MB066和BM1862为中度多态性位点外,其他位点

均为高度多态性,其中P113位点多态性最高( $P_{IC} = 0.928$ )。平均 $H_o$ 为0.645,平均 $H_e$ 为0.724,二者均大于0.5,进一步表明长江源园区藏原羚的遗传多样性水平较高。 $H_o$ 与 $H_e$ 数值较为接近,提示种群整体上处于相对健康的遗传状态。相较于西藏( $H_e = 0.780, n = 13$ )<sup>[51]</sup>、可可西里( $H_e = 0.799, n = 8$ )<sup>[51]</sup>和青海都兰县( $H_e = 0.804, n = 16$ )<sup>[52]</sup>的藏原羚种群,本研究中的长江源园区藏原羚种群的遗传多样性(平均 $H_e = 0.724, H_o = 0.645$ )略低,仅高于四川种群( $H_o = 0.644, n = 5$ )<sup>[51]</sup>。这一差异可能与样本量(本研究 $n = 105$ ,其他研究 $n = 5 \sim 16$ )及位点选择差异有关。相较于同域分布的其他有蹄类动物,长江源

园区藏原羚的遗传多样性水平介于具有迁徙习性的藏羚( $H_e = 0.798, n = 145$ )与栖息地特化的普氏原羚( $H_e = 0.648, n = 258$ )之间。藏羚的长距离迁徙可能增强了不同集群间的基因交流,而普氏原羚因分布区仅局限于青海湖周边地区,且受到道路阻隔的影响导致小种群之间基因交流受阻,从而使其遗传多样性下降<sup>[9,13,53]</sup>。

$F_{IS}$ 是衡量种群近亲繁殖程度的重要指标之一。当 $F_{IS} > 0$ 时,表示群体内存在杂合子缺失的现象,这可能由近交或 Wahlund 效应(种群混合)引起;当 $F_{IS} < 0$ 时,则表示杂合子过剩,通常意味着存在远交或选择优势;若 $F_{IS} = 0$ 时,则表示种群处于哈迪-温伯格平衡下的随机交配状态<sup>[54-55]</sup>。本研究种群平均 $F_{IS}$ 为0.103,平均 $H_e$ 略高于平均 $H_o$ ,表明藏原羚种群存在轻微的杂合子缺失和低度近交。这一点在个体亲子关系中也有所体现,如1401(♀)号个体和1108(♀)号个体为母女关系,1401(♀)号个体与1112(♂)号个体为亲子关系,而同时1108(♀)又和1112(♂)存在亲子关系,3只藏原羚个体两两之间均存在亲子关系,表明藏原羚种群内存在近亲交配现象。然而,与其他有蹄类动物相比,如赛加羚羊指名亚种(*Saiga tatarica tatarica*)( $F_{IS} = 0.181$ )<sup>[56]</sup>、鹅喉羚(*Gazella subgutturosa*)( $F_{IS} = 0.587$ )<sup>[57]</sup>以及狍( $F_{IS} = 0.247$ )<sup>[58]</sup>等,藏原羚的杂合子缺失程度较低。

### 3.2 藏原羚集群个体间的亲缘关系

本研究所使用的8个微卫星位点,其无效等位基因频率均低于0.2,当累积位点数达到8个时,CNE-1P、CNE-2P和CNE-PP分别为0.998 9、0.999 7和0.999 9,均大于99%。因此,本研究中选用的8对微卫星引物满足亲权鉴定的要求。

本研究共识别出36对亲子关系,其中,与雄性相关的亲子对较少。在同一集群内识别出的亲子关系有16对,母女关系有10对(62.5%),显著高于与雄性相关的亲子对(37.5%)。这一结果可能与藏原羚一雄多雌的婚配制度有关。雌性个体通常承担更多的育幼职责,这使得母女之间的关系更为紧密,而藏原羚同时存在性别分离现象,雄性仅在交配季节才会与雌性混群,导致其与后代之间的联系相对松散<sup>[59]</sup>。在不同集群间,共识别出20组亲子对。Spearman 相关分析表明,跨集群亲子对的数量与所在集群间的地理距离之间呈显著负相关( $P < 0.05$ ),这一结果说明,随着集群间距离增大,集群间

亲子对数量逐渐减少。这一模式可能与藏原羚并无远距离迁移的习性有关,如本研究发现的单一个体——2022年7月采集到的1108号雌性个体于次年4月在距离982 m外的18号集群被再次采集。进一步的分析表明,所有父子、母女和母子(父女)间的平均亲缘系数为(0.505 ± 0.025),其中母女间的亲缘系数最高,父子间较低,母子(父女)介于二者之间,三者的亲缘系数分别为(0.570 ± 0.033)、(0.415 ± 0.063)和(0.446 ± 0.035)。这些结果说明母女关系的亲缘程度较高,形成了相较于雄性个体组成的集群,雌性个体间存在更加稳定的集群成员间关系。

结合PCoA与AMOVA分析结果,表明长江源园区藏原羚种群未产生分化。AMOVA结果显示,种群间遗传变异贡献率仅占1%,而个体内遗传变异占比高达99%,表明在不同集群间不存在遗传隔离。PCoA结果进一步支持这一结论,两个主坐标轴累计解释率仅为14.38%,样本点呈分散分布且无显著聚类模式,反映出种群内遗传多样性高度分散,未形成显著的地理或群体结构。这种现象可能与集群间的基因流动以及局域性近亲繁殖的共同作用有关,前者有助于缓冲种群内的分化,而后者则增加了个体之间的遗传相似性。

本研究结果表明,尽管长江源园区藏原羚种群存在一定程度的杂合子缺失,但仍保持较高的遗传多样性水平,且近交程度并不显著。鉴于此,未来的研究应增加样本采集量,尤其是在产仔期和交配期等关键时期,再结合生态学和行为学观察数据,以更全面地探讨遗传多样性与亲缘关系以及个体扩散行为之间的动态变化,为藏原羚的保护与管理提供科学依据。

### 参考文献:

- [1] 蒋志刚, 马克平. 保护生物学原理[M]. 北京: 科学出版社, 2014: 385.  
JIANG Z G, MA K P. The principles of conservation biology[M]. Beijing: Science Press, 2014: 385.
- [2] 薛达元, 张渊媛. 中国生物遗传多样性与保护[M]. 郑州: 河南科学技术出版社, 2022: 2.  
XUE D Y, ZHANG Y Y. Biogenetic diversity and conservation in China[M]. Zhengzhou: Henan Science and Technology Press, 2022: 2.
- [3] REED D H, FRANKHAM R. Correlation between fitness and genetic diversity[J]. Conservation Biology, 2003, 17(1): 230-237.
- [4] LANDE R. Genetics and demography in biological conservation

- [J]. *Science*, 1988, 241(4872): 1455-1460.
- [5] FRANKHAM R, BALLOU J D, BRISCOE D A. Introduction to conservation genetics [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2002: 31-87.
- [6] ALLENDORF F W, LUIKART G, AITKEN S N. Conservation and the genetics of populations [M]. 2nd ed. West Sussex: John Wiley & Sons, 2012: 99-114.
- [7] PAULS S U, NOWAK C, BÁLINT M, *et al.* The impact of global climate change on genetic diversity within populations and species [J]. *Molecular Ecology*, 2013, 22(4): 925-946.
- [8] SHI L P, YANG X F, CHA M H, *et al.* Genetic diversity and structure of Mongolian gazelle (*Procapra gutturosa*) populations in fragmented habitats [J]. *BMC Genomics*, 2023, 24(1): 507.
- [9] 刘甜. 普氏原羚种群及栖息地适宜性动态变化[D]. 合肥: 安徽大学, 2023.
- LIU T. Changes in habitat suitability and population size of the endangered Przewalski's gazelle [D]. Hefei: Anhui University, 2023.
- [10] YU H, SONG S Y, LIU J Z, *et al.* Effects of the Qinghai-Tibet railway on the landscape genetics of the endangered Przewalski's gazelle (*Procapra przewalskii*) [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 17983.
- [11] YANNIC G, PELLISSIER L, ORTEGO J, *et al.* Genetic diversity in caribou linked to past and future climate change [J]. *Nature Climate Change*, 2014, 4(2): 132-137.
- [12] KANAGARAJ R, JOSHI B D, DE R, *et al.* Predicting the impact of climate change on range and genetic diversity patterns of the endangered endemic Nilgiri tahr (*Nilgiritragus hylocrius*) in the Western Ghats, India [J]. *Landscape Ecology*, 2023, 38(8): 2085-2101.
- [13] 赛青高娃, 王子涵, 李全邦, 等. 藏羚交配群成员间亲缘关系及遗传多样性分析[J]. *兽类学报*, 2024, 44(2): 159-170.
- SAIQINGGAOWA, WANG Z H, LI Q B, *et al.* Parentage testing and genetic diversity of Tibetan antelope individuals in or among mating groups [J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2024, 44(2): 159-170.
- [14] 盛清宇. 长白山北部区域西伯利亚狍 (*Capreolus pygargus*) 种群遗传多样性及性别偏倚扩散[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2018.
- SHENG Q Y. Genetic diversity and sex-biased dispersal of Siberian roe deer (*Capreolus pygargus*) population in northern Changbaishan of China [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2018.
- [15] 祝招玲, 刘振生, 高惠, 等. 基于粪便DNA的贺兰山岩羊亲权鉴定和婚配制研究[J]. *生态学报*, 2019, 39(22): 8639-8647.
- ZHU Z L, LIU Z S, GAO H, *et al.* Parentage verification and mating system of *Pseudis nayaur* in Helan Mountains based on faecal DNA [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(22): 8639-8647.
- [16] 任鹏, 龚堃, 鲍毅新, 等. 基于粪便DNA的小鹿亲权鉴定和婚配制研究[J]. *生态学报*, 2017, 37(20): 6933-6944.
- REN P, GONG K, BAO Y X, *et al.* Parentage verification and mating system of Chinese muntjac (*Muntiacus reevesi*) based on fecal DNA [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(20): 6933-6944.
- [17] 陈小南. 基于粪便DNA的黑鹿婚配制及家域的研究[D]. 金华: 浙江师范大学, 2014.
- CHEN X N. The mating system and home range of black muntjac based on fecal DNA [D]. Jinhua: Zhejiang Normal University, 2014.
- [18] 乔治·B·夏勒. 青藏高原上的生灵[M]. 康蔼黎, 译. 上海: 华东师范大学出版社, 2003: 96-106.
- SCHALLER G B. Wildlife of the Tibetan steppe [M]. KANG A L, trans. Shanghai: East China Normal University Press, 2003: 96-106.
- [19] BHATNAGAR Y V, WANGCHUK R, MISHRA C. Decline of the Tibetan gazelle *Procapra picticaudata* in Ladakh, India [J]. *Oryx*, 2006, 40(2): 229-232.
- [20] 李忠秋, 蒋志刚. 青海省天峻地区藏原羚的食性分析[J]. *兽类学报*, 2007, 27(1): 64-67.
- LI Z Q, JIANG Z G. Diet analysis for Tibetan gazelle (*Procapra picticaudata*) in Tianjun area, Qinghai Province, China [J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2007, 27(1): 64-67.
- [21] SMITH A T, 解焱. 中国兽类野外手册[M]. GEMMA F, 绘. 长沙: 湖南教育出版社, 2009: 486.
- SMITH A T, XIE Y. A guide to the mammals of China [M]. GEMMA F, illus. Changsha: Hunan Education Publishing House, 2009: 486.
- [22] 连新明, 苏建平, 张同作, 等. 藏原羚集群行为的初步研究[J]. *生物多样性*, 2004, 12(5): 488-493.
- LIAN X M, SU J P, ZHANG T Z, *et al.* Grouping behavior of the Tibetan gazelle (*Procapra picticaudata*) in Hoh Xil Region, China [J]. *Biodiversity Science*, 2004, 12(5): 488-493.
- [23] 鲁庆彬, 王小明. 藏原羚产仔期社群结构与昼间行为规律[J]. *兽类学报*, 2004, 24(3): 193-199.
- LU Q B, WANG X M. Group structure and diurnal behavior of Tibetan gazelle during the birth period [J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2004, 24(3): 193-199.
- [24] 曹伊凡, 苏建平, 张同作, 等. 可可西里藏羚羊、野牦牛、藏野驴和藏原羚冬季蠕虫卵粪检研究初报[J]. *四川动物*, 2006, 25(3): 611-614.
- CAO Y F, SU J P, ZHANG T Z, *et al.* Investigation on helminth eggs in feces of Tibetan antelope, wild yak, Tibetan wild ass and Tibetan gazelle [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2006, 25(3): 611-614.
- [25] 黄青东智, 陈刘阳, 李尚鹏, 等. 道路对三江源国家公园黄河源园区藏野驴和藏原羚种群数量及其栖息地的影响[J]. *兽类学报*, 2022, 42(1): 34-48.
- HUANGQINGDONGZHI, CHEN L Y, LI S P, *et al.* Effects of roads on the abundance and habitat of Tibetan wild ass and Tibetan gazelle in the Yellow River Source Zone of Sanjiangyuan

- National Park [J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2022, 42 (1) : 34-48.
- [26] HUO B, SHEN X Y. Study of rickets and osteomalacia in Tibetan gazelle [J]. *Pakistan Journal of Zoology*, 2020, 52 (5) : 1751-1759.
- [27] SHEN X Y, HUO B, GAN S Q. Effects of nano-selenium on antioxidant capacity in Se-deprived Tibetan gazelle (*Procapra picticaudata*) in the Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Biological Trace Element Research*, 2021, 199(3): 981-988.
- [28] 田炳辉, 王金牛, 汪沐阳, 等. 泛喜马拉雅区域藏原羚栖息地潜在分布、生态廊道及其影响因子 [J]. *草业科学*, 2024, 41(8): 1788-1801.
- TIAN B H, WANG J N, WANG M Y, *et al.* Potential habitat distribution and ecological corridors of *Procapra picticaudata* and their impact factors across the Pan-Himalayan region [J]. *Pratacultural Science*, 2024, 41(8): 1788-1801.
- [29] ZHANG F F, JIANG Z G. Mitochondrial phylogeography and genetic diversity of Tibetan gazelle (*Procapra picticaudata*): Implications for conservation [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2006, 41(2): 313-321.
- [30] 代云川, 薛亚东, 程一凡, 等. 三江源国家公园长江源园区人熊冲突现状与牧民态度认知研究 [J]. *生态学报*, 2019, 39 (22): 8245-8253.
- DAI Y C, XUE Y D, CHENG Y F, *et al.* The human-bear conflicts and herder attitudes and knowledge in the Yangtze River Zone of Sanjiangyuan National Park [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(22): 8245-8253.
- [31] 刘晓颖, 李宗杰, 刘梦晴, 等. 长江源区植物水分来源的量化解析 [J]. *中国沙漠*, 2024, 44(1): 102-110.
- LIU X Y, LI Z J, LIU M Q, *et al.* Quantitative analysis of plant water sources in the Yangtze River Source Area [J]. *Journal of Desert Research*, 2024, 44(1): 102-110.
- [32] 靳立亚, 秦宁生, 毛晓亮. 近45年来长江上游通天河径流量演变特征及其气候概率预报 [J]. *气候与环境研究*, 2005, 10 (2): 220-228.
- JIN L Y, QIN N S, MAO X L. Features of runoff in the upper reaches of the Tongtian River and its climatic probability forecast in recent 45 years [J]. *Climatic and Environmental Research*, 2005, 10(2): 220-228.
- [33] 吴玉虎. 长江源区植物区系研究 [J]. *西北植物学报*, 2000, 20(6): 1086-1101.
- WU Y H. The floristic characteristics in the source area of Changjiang (Yangtze) River [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2000, 20(6): 1086-1101.
- [34] 王东, 万雅琼, 汪世钊, 等. 基于红外相机技术调查长江正源沱沱河流域鸟兽多样性 [J]. *生物多样性*, 2020, 28(9): 1132-1140.
- WANG D, WAN Y Q, WANG S Z, *et al.* Camera-trapping survey of the diversity of mammals and birds in the Tuotuo River basin of the source region of the Yangtze River [J]. *Biodiversity Science*, 2020, 28(9): 1132-1140.
- [35] ZHOU H, LI D Q, ZHANG Y G, *et al.* Genetic diversity of microsatellite DNA loci of Tibetan antelope (*Chiru*, *Pantholops hodgsonii*) in Hoh Xil National Nature Reserve, Qinghai, China [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 34 (7) : 600-607.
- [36] DU Y R, ZOU X Y, XU Y T, *et al.* Microsatellite loci analysis reveals post-bottleneck recovery of genetic diversity in the Tibetan antelope [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 35501.
- [37] BISHOP M D, KAPPES S M, KEELE J W, *et al.* A genetic linkage map for cattle [J]. *Genetics*, 1994, 136(2): 619-639.
- [38] 洪艳云. SSR在普氏原羚个体识别和分子保护遗传学中的应用 [D]. 长沙: 湖南农业大学, 2004.
- HONG Y Y. Individual identification and conservation genetic studies in *Procapra przewalskii* using SSR [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2004.
- [39] HUEBINGER R M, DE MAAR T W J, WOODRUFF L H, *et al.* Characterization of eight microsatellite loci in Grant's gazelle (*Gazella granti*) [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, 6 (4) : 1150-1151.
- [40] CRAWFORD A M, DODDS K G, EDE A J, *et al.* An autosomal genetic linkage map of the sheep genome [J]. *Genetics*, 1995, 140(2): 703-724.
- [41] BELLEMAIN E, SWENSON J E, TALLMON D, *et al.* Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: Four methods for brown bears [J]. *Conservation Biology*, 2005, 19(1): 150-161.
- [42] APPA RAO K B C A, RAO V K, KOWALE B N, *et al.* Sex-specific identification of raw meat from cattle, buffalo, sheep and goat [J]. *Meat Science*, 1995, 39(1): 123-126.
- [43] BRINKMAN T J, HUNDERTMARK K J. Sex identification of northern ungulates using low quality and quantity DNA [J]. *Conservation Genetics*, 2009, 10(4): 1189-1193.
- [44] PEAKALL R, SMOUSE P E. GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, 6(1): 288-295.
- [45] VALIÈRE N. GIMLET: A computer program for analysing genetic individual identification data [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2002, 2(3): 377-379.
- [46] KALINOWSKI S T, TAPER M L, MARSHALL T C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment [J]. *Molecular Ecology*, 2007, 16(5): 1099-1106.
- [47] KONOVALOV D A, MANNING C, HENSHAW M T. KINGROUP: A program for pedigree relationship reconstruction and kin group assignments using genetic markers [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2004, 4(4): 779-782.
- [48] HUGHES A R, INOUE B D, JOHNSON M T J, *et al.* Ecological consequences of genetic diversity [J]. *Ecology Letters*, 2008, 11(6): 609-623.
- [49] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, *et al.* Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length

- polymorphisms [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32(3): 314-331.
- [50] QIN Y, SUN D Q, XU T J, *et al.* Genetic diversity and population genetic structure of the miiuy croaker, *Müchthys müuy*, in the East China Sea by microsatellite markers [J]. *Genetics and Molecular Research*, 2014, 13(4): 10600-10606.
- [51] 张芳芳. 藏羚(*Pantholops hodgsonii*)和藏原羚(*Procapra picticaudata*)种群遗传结构和种群历史的比较研究[D]. 北京: 中国科学院动物研究所, 2007.
- ZHANG F F. Comparative study on phylogeography and demography of Tibetan antelope (*Patholops hodgsonii*) and Tibetan gazelle (*Procapra picticaudata*) [D]. Beijing: Institute of Zoology Chinese Academy of Sciences, 2007.
- [52] CHEN J, LI C L, YANG J, *et al.* Isolation and characterization of cross-amplification microsatellite panels for species of *Procapra* (Bovidae; Antilopinae) [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2012, 13(7): 8805-8818.
- [53] 陈静. 普氏原羚与藏原羚种间杂交与基因渐渗: 保育与演化意义[D]. 北京: 中国科学院大学, 2015.
- CHEN J. Hybridization and introgression between Przewalski's gazelle and Tibetan gazelle: Implications for evolution and conservation [D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2015.
- [54] WEIR B S, COCKERHAM C C. Estimating *F*-statistics for the analysis of population structure [J]. *Evolution*, 1984, 38(6): 1358-1370.
- [55] WRIGHT S. The interpretation of population structure by *F*-statistics with special regard to systems of mating [J]. *Evolution*, 1965, 19(3): 395-420.
- [56] KASHININA N V, LUSHCHEKINA A A, SOROKIN P A, *et al.* The modern state of the European saiga population (*Saiga tatarica tatarica*): mtDNA, *DRB3* MHC gene, and microsatellite diversity [J]. *Integrative Zoology*, 2023, 18(4): 661-676.
- [57] 孟德怀. 宁夏地区鹅喉羚种群地理分布动态与遗传分化特征研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2024.
- MENG D H. Research on the geographic distribution dynamics and genetic differentiation characteristics of goitered gazelle (*Gazella subgutturosa*) population in Ningxia, China [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2024.
- [58] LIU X X, HONG Y, GUO J H, *et al.* Population genetic characteristics of Siberian roe deer in the cold temperate forest ecosystem of the Greater Khingan Mountains, northeast China [J]. *Biology*, 2024, 13(11): 935.
- [59] CLUTTON-BROCK T. Structure and function in mammalian societies [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2009, 364(1533): 3229-3242.