2009 年 10 月 重庆师范大学学报(自然科学版) Oct. 2009
第 26 卷 第 4 期 Journal of Chongqing Normal University(Natural Science) Vol. 26 No. 4

动物科学

DOI :10. 3969/J. ISSN. 1672-6693. 2009. 04. 007

基于细胞色素 b 基因研究两种石鸡的渐渗杂交*

杨志松[1],刘迺发[2]
(1. 西华师范大学 珍稀动植物研究所,四川 南充 637002 ;2. 兰州大学 生命科学学院,兰州 730000)

摘要 :大石鸡是我国特有种,分布区狭窄 ;石鸡为广布种 ;两者都是我国北方干旱、半干旱荒漠环境的指示鸟类。利用线粒体 DNA 细胞色素 b 基因标记分析了大石鸡 106 个、石鸡 48 个样品,获得大石鸡单倍型 9 个,石鸡单倍型 13 个 ;在大石鸡种群中发现 8 个个体呈现石鸡基因模式(Hap_1 和 Hap_2),但是在石鸡种群中没有发现大石鸡的基因模式,确认为石鸡和大石鸡之间的渐渗杂交 ;确认杂交带从六盘山脉向南到陇南地区的礼县一带,杂交带长度为 400 km,宽度为 130 km。结果表明目前渐渗杂交对大石鸡种群遗传多样性影响不大,在不长的进化时期内,对增加物种多样性是有好处的。建议进行长期野外监测,以便弄清发生渐渗杂交的野外生态学数据,为物种进化研究提供参考依据。

关键词 :石鸡 ;大石鸡 ;渐渗杂交 ;杂交带 ;遗传多样性 ;细胞色素 b 基因
中图分类号 :Q346 文献标识码 :A 文章编号 :1672-6693(2009)04-0032-06

石鸡属(*Alectoris*)隶属鸟纲,鸡形目(Galliforms),雉科(Phasianidae),为中型鹑类。在世界上共有 7 种石鸡属鸟类,我国有两种,分别为大石鸡(*Alectoris magna*)和石鸡(*Alectoris chukar*)。大石鸡是我国特有种,只分布于柴达木盆地、青海东部、甘肃中部和宁夏六盘山以西,南不过秦岭,北不越祁连山[1-4]。石鸡是广布种,国内东自江苏云台山[5-6]、北自新疆、南至陕西洋县[7]都有分布 ;国外见于欧洲东部,中亚、帕米尔高原,喜马拉雅山,俄罗斯和中东等地[8-9]。两者均为留鸟,在祁连山脉一线向东经过贺兰山南麓到六盘山脉,经六盘山向南到陇南地区这一线是它们分布的接触地带。

杂交在鸟类中常见,世界上近 10% 的鸟类存在杂交,尤其是鸡形目鸟类,杂交比例更高,13.5% 的种间有杂交,属间杂交的比例则高达 30.7%[10]。渐渗杂交(Introgressive hybridization)是种间杂交的一种特殊情况,即两物种的杂交后代与亲本之一或双亲反复回交,把某一亲本的性状带至另一亲本[11],也经常使用 Introgression 这一词来描述一个物种基因渗入到另一个物种的基因库[12]。渐渗杂交常被看成是生物进化的重要因素,在多类群中对增加遗传和表型差异起重要作用[13],是物种进化选择上的潜在资源[14],基因渗透可以迅速形成新种。渐渗杂交使得一个物种的基因渗透到另一个物种基因库从而增加接受者的遗传多态性的同时,也可能影响遗传、形态、行为和生态的完整性[15],尤其通过基因同化,杂交被认为可能降低遗传多样性[16]和造成远交衰退[17]。

石鸡属 7 个种基本上是异域分布,但也有邻域分布和同域分布,如阿拉伯石鸡和黑脸石鸡在沙特阿拉伯东部和也门地区有部分的邻域分布[8]。邻域分布的种间往往发生杂交。欧石鸡和石鸡在希腊的色雷斯(Thrace)的接触地带有杂交[18],而红腿石鸡和欧石鸡在法国阿尔卑斯山南部形成一个狭窄的杂交带[19],它们在意大利中部也发现有杂交[20]。线粒体 D-loop 环标记发现石鸡和大石鸡在六盘山和祁连山有接触,并在六盘山地区存在渐渗杂交[21-22]。石鸡的基因流向大石鸡。由于线粒体细胞色素 b 基因相对于 D-loop 环更保守一些,本研究拟通过细胞色素 b 标记,同时增加陇南地区和祁连山沿线这些新的采样区域,进一步研究大石鸡和石鸡之间的渐渗杂交过程,探索是否有新的区域有渐渗杂交发生及其遗传多样性怎样变化,同时拟揭示出一些反映在进化上的新的问题以供今后进一步的研究。

---

* 收稿日期 :2009-07-30
资助项目 :国家自然科学基金资助项目(No. 30470242)
作者简介 :杨志松,男,副教授,博士,研究方向为生态遗传学 ;通讯作者 :刘迺发,E-mail :naifaliu@sohu.com

1 实验材料和方法

1.1 样本采集

本文共采集大石鸡共106个样本,其样本分布西起柴达木盆地,东止于六盘山脉,南达甘肃礼县,北至祁连山脉沿线,来自于13个地理区域。共采集石鸡样本48个分别来自于阿克塞、肃北、祁连山祁丰、张掖东大山、古浪、景泰、贺兰山和武都等地,用于细胞色素b(Cytb)基因序列测定分析。样本分布见表1及封三彩图1。采用乙醇提取法从肌肉组织或肝脏中提取总DNA,-20 ℃保存。

表1 大石鸡、石鸡样本数及其分布地

Tab.1 The number of samples and location of przevalski partridge (*A. magna*) and chukar partridge (*A. chukkar*)

物种	分布地	样本数/个	物种	分布地	样本数/个
大石鸡	茶卡 CQ	8	石鸡	阿克塞 AKS	7
	共和 GH	7		肃北 SB	5
	贵德 GD	10		祁丰 QF	5
	互助 HZ	10		东大山 DDS	5
	化隆 HL	3		古浪 GL	2
	兰州 LZ	10		景泰 JT	10
	礼县 LX	9		贺兰山 HLS	9
	漳县 ZX	7		武都 WD	5
	定西 DX	6			
	会宁 HN	8			
	曲吴山 QWS	10			
	哈思山 HSS	7			
	海原 HY	11			
	合计	106		合计	48

1.2 DNA扩增与测序

使用特异性扩增引物L14157(5'-GCCATACACT ACACCGCA-3')和H15039(5'-GGTGTTCTACTGGT TGGCTT-3')[23]扩增线粒体Cytb基因部分序列(828 bp)。引物由上海生工公司合成。

PCR反应体系为50 μL,反应液中含有10×Buffer 5.0 μL,25 mmol/L $MgCl_2$ 4.0 μL,5 mmol/L dNTP 2.0μL,0.5 μmol/L引物各2.5 μL,5单位的Taq酶0.5 μL,10mmol/L DNA模板2.0 μL。反应在PE9700型PCR仪上进行。循环参数为:94 ℃预变性4 min;然后94 ℃变性40 s,54 ℃复性50 s,72 ℃延伸50 s,共35个循环;最后72 ℃延伸10 min补齐。取5 μL反应液经1.0%琼脂糖凝胶电泳,在UVP-Whiter/Ultraviolet transilluminator(UVP Inc.)上检测。

1.3 序列分析

通过Clustal W程序[24]对线粒体DNA Cytb基因序列进行对位排列,并经人工校正。用分子进化遗传分析软件MEGA3.1[25]进行核苷酸组成和替换率的计算,并计算各样本间、物种间的TN93遗传距离[26]。用DnaSP4.0[27]计算单倍型多样性、核苷酸多样性。

2 结果

2.1 杂交的确定

本文共分析石鸡和大石鸡154个样本(其中大石鸡106个,石鸡48个)的Cytb基因序列,共有单倍型22个。单倍型及其分布见表2,通过单倍型建立的ML系统进化树如图2。从表2中可以看出,石鸡所拥有的单倍型为Hap_1~Hap_13(Hap_2除外),Hap_14~Hap_22为大石鸡的单倍型。从单倍型序列来看,两种石鸡差异较大。但是表中的Hap_1有部分来自大石鸡种群,Hap_2序列和石鸡单倍型序列差异很小,和大石鸡单倍型差异很大,但是它也来自于大石鸡种群(表中下划线部分),共有8个个体。从图2中的单倍型系统树看,大石鸡和石鸡完全分成了两支,置信度为99%。有部分来自大石鸡种群的单倍型Hap_1和Hap_2完全被并入石鸡一支。这8个个体外型上和大石鸡无异,但是却拥有石鸡的基因型,表明他们应该是石鸡和大石鸡的杂交后代,同时发现8个大石鸡样本的Cytb基因呈石鸡的基因模式,但是在石鸡中没有发现大石鸡的基因模式。因此可以判断两者之间的基因渗透是石鸡的基因向大石鸡单向渗透,为种间杂交的渐渗杂交类型。

2.2 杂交率

在大石鸡的13个种群中,有5个种群出现杂交个体,出现杂交个体的种群占总种群数的38.46%。5个杂交种群LX、HN、QWS、HSS和HY的杂交率(杂交个体数占该种群样本数的比例)分别为22.22%、12.5%、20%、14.29%和18.18%。杂交率最高的是LX种群,最低的是HN种群。发现有杂交的种群都处于和石鸡分布区的接触地带(表3)。

2.3 遗传变异

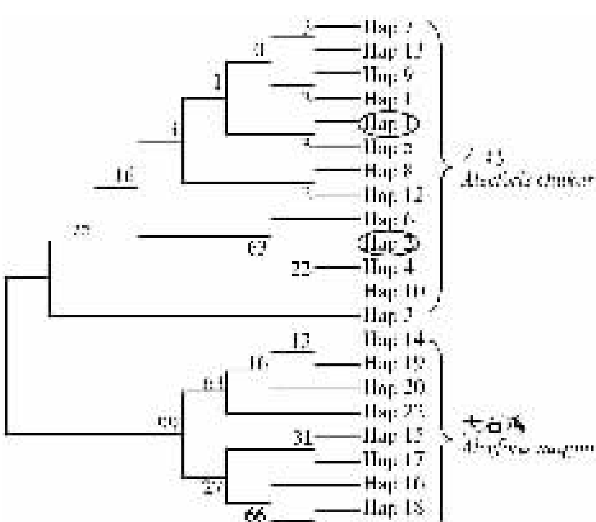
2.3.1 Cytb基因序列变异　在所测的828 bp长的8个杂交种样本中,共发现2个变异位点(第578和778位点)。1个转换(C-T)和1个颠换(C-A)。第578变异位点为杂交种所特有。

2.3.2 杂交种单倍型　8个杂交个体有2个单倍型

表 2　大石鸡和石鸡细胞色素基因单倍型及变异位点

Tab. 2　Cytb haplotypes and varible sites of przvalski partridge and chukar partridge

单倍型	变异位点	取样点(样本数/个)
	00000111111122222222222333333444444455555555556666677777777788 22259024566900113466890033491124467022333446766779122227990 147405649355140313162436342314918845365786918692541034982989	
Hap_1	GTACTACTGCAACAAAAAATAGAGTATTCATTATAATCGCTCTACCAC AGTTGTACTAAG	LX(2),HN(1),QWS(1),HSS(1),HY(2),AKS(6),SB(4), QF(3),DDS(2),HLS(5),JT(1),WD(5)
Hap_2	....A..........T....	QWS(1)
Hap_3	..........G.....G......A.............T..C..................	AKS(1)
Hap_4	....T....	SB(1),HLS(1),JT(3)
Hap_5	.......................C....................................	QF(2)
Hap_6	...........G...T....	DDS(2)
Hap_7	....C......	DDS(1)
Hap_8	....G............	HLS(1)
Hap_9	...................C..	HLS(1)
Hap_10	....A.......	HLS(1)
Hap_11	....G..	GL(1)
Hap_12	....A..........	GL(1)
Hap_13	...................G...	JT(6)
Hap_14	ACGTCG. CATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCC. . TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	CQ(6),GD(1),HZ(1),LZ(8),LX(3),ZX(4),DX(4), HN(4),QWS(4),HSS(1),HY(6)
Hap_15	ACG. CG. CATG. TGGG. TC. . AGA. . CCTGCC. . TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	CQ(2),GD(3),HL(1)
Hap_16	ACG. CG. CATG. TG. G. TC. . AGAC. CCTGCCG. TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	GH(4),HZ(1),HL(2),LZ(2),DX(1), HSS(3)
Hap_17	ACG. CG. CATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCC. . TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	GH(1),GD(1),HZ(1)
Hap_18	ACG. CG. CATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCCG. TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	GH(2),HZ(7),DX(1),HN(1),QWS(2)
Hap_19	ACGTCGTCATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCC. . TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	GD(1)
Hap_20	ACGTCG. CATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCC. CTGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	LX(3),ZX(1),QWS(2),HSS(2),HY(2)
Hap_21	ACG. CG. CATG. TG. G. TC. . AGA. GCCTGCCG. TGC. AACT. T. TGAG. ACA. G. C. GA	LX(1),HY(1)
Hap_22	ACGTCG. CATG. TG. G. TC. . AGA. . CCTGCC. . TGC. AACTCT. TGAG. ACA. G. C. GA	ZX(1)



图中圈里的 Hap_1 和 Hap_2 为杂种拥有的单倍型

图 2　两种石鸡单倍型系统树

Fig. 2　Top tree of two partridges

(表 3),单倍型比例为 25%。单倍型 Hap_1 和石鸡 26 个个体共享,Hap_2 为杂种所特有。单倍型 Hap_1 在杂交个体中的比例高达 87.5%,仅 1 个杂种个体具有 Hap_2 倍型。

2.4 杂交对大石鸡种群多样性的影响

从表 3 可以看出,相比较石鸡和大石鸡种群,8 个杂交个体的平均配对差异、核苷酸多样性和单倍型多样性都要低于不含杂交个体的大石鸡和石鸡种群总体的遗传多样性。用 Spearman′s rho 相关性检验,5 个种群的杂交率和平均配对差异($r = 0.400$, $p > 0.05$, $n = 5$)、核苷酸多样性($r = 0.400$, $p > 0.05$, $n = 5$)、单倍型多样性($r = 0.400$, $p > 0.05$, $n = 5$)没有显著相关性。

根据发现杂交的种群的地理位置,结合刘迺发[22]发现具有杂交的种群地理位置,推算发生在六盘山山脉周缘到礼县的杂交带长度大约为 400 km。杂交带宽度约为 130 km。

表3 不同种群的遗传多样性以及杂交种群的遗传多样性和杂交率

Tab. 3 Genetic diversity of different populations, genetic diversity and hybrid frequency of hybrid populations

种群	杂交率	平均配对差异 $K(V\mathrm{st})$	核苷酸多样性 $\pi(SD)$	单倍型多样性 $h(SD)$
LX	22.22	1.429(0.714)	0.001 73(0.000 71)	0.714(0.127)
HN	12.50	0.571(0.203)	0.000 69(0.000 47)	0.286(0.196)
QWS	20.00	1.286(0.617)	0.001 55(0.000 41)	0.714(0.123)
HSS	14.29	2.333(1.504)	0.002 82(0.000 57)	0.733(0.155)
HY	18.18	1.056(0.468)	0.001 27(0.000 60)	0.556(0.165)
Hybrids	-	0.500(0.173)	0.000 60(0.000 44)	0.250(0.180)
大石鸡 *A. magna*		1.654(0.945)	0.002 00(0.000 11)	0.744(0.033)
石鸡 *A. chukar*		1.098(0.514)	0.001 33(0.000 27)	0.688(0.069)

注 括号内为标准误,$V\mathrm{st}$ 是 K 的随机方差。

3 讨论

3.1 杂交范围的变化

鸟类中渐渗杂交的研究,国内仅见于石鸡和大石鸡间发生渐渗杂交的报道[21-22],这对在国内开展渐渗杂交在进化上的作用的研究有重要意义。相比较以前的研究,杂交带的宽度和长度比以前有所扩大,以前通过CR基因发现在六盘山地区有石鸡和大石鸡间的渐渗杂交。本文通过线粒体Cytb基因发现在六盘山地区和甘肃南部岷县存在着石鸡的基因向大石鸡单向渗透。表明两种石鸡杂交范围比以前研究的区域更大,这种变大应该是采样范围所致,而不是时间推移导致的杂交区域的扩散。

3.2 渐渗杂交形成原因

关于渐渗杂交的形成有以下原因造成杂种只能与亲代之一反复回交[22,28-33]:1)自然环境变化或人为原因使得某一物种数量锐减而增加了同亲缘关系很近的丰富物种交配的可能,使得杂交后代同大数量的亲本交配的机会增加;2)杂种只生活于一个亲本的一侧,而不生活于另一侧,只能同其中一个亲本回交;3)性选择偏好,杂种可能更喜欢亲本之一;4)杂种不育或生存力和生育力极低。本文研究发现杂种个体位于大石鸡种群中,但还是处于和石鸡分布区的接触地带。由于大石鸡个体比石鸡个体更大一些,雄性大石鸡和石鸡比较,有两层项圈,即除了外层的黑色项圈外,内层还有一圈锈红色的项圈。动物线粒体基因多遵守母系遗传,有可能在两种石鸡分布的接触地带,由于其更大的个体和双层项圈,雄性大石鸡在争雌过程中相对于雄性石鸡处于优势地位,使得雌性石鸡选择同雄性大石鸡交配,杂种后代雌性同样更倾向于选择雄性大石鸡交配繁殖,这样逐渐形成基因渗透。

3.3 渐渗杂交在进化上的作用

渐渗杂交在进化上的作用有两种对立的观点,即增加遗传多态性甚至产生新种,相反则可能减少遗传多样性。渐渗杂交究竟对进化起何种作用,不能简单论之,应该综合考虑环境因素和进化历史时间。在不同的环境因子作用下,在不同的进化历史时间段,渐渗杂交对进化所起的作用会不一样。

本文分析发生杂交的种群的杂交率和种群遗传多样性的相关性,发现杂交率和种群的遗传多样性没有必然的正相关或者负相关。杂交种群的遗传多样性和未发生杂交的大石鸡种群遗传多样性比较,也没有显著的变化。从Cytb基因序列表明,目前渐渗杂交的发生对大石鸡遗传多样性没有显著影响。不过,有模型证明只要有杂交发生,即使杂交比率很小(只要不是严格的选型交配),外部环境条件确定而且杂种适合度不发生降低,经历一段或长或短的过渡期之后,最终亲本的遗传谱系会被取代[34]。从本文分析看,如果外界环境不发生改变,随着时间的积累,石鸡的基因将逐渐取代大石鸡的基因,从而导致大石鸡基因型的消失,不过这个过程应该是漫长的。而且,这仅限于自然选择,且环境相对稳定。如果加入人为因素或者环境因素骤变,遗传选择方向便很难预料。在一个相对不太长的进化时期内,由于存在着形态和大石鸡相同,基因型和石鸡相似的个体,从增加物种多样性的角度看是有益的。

杂种个体的Cytb序列单倍型仅有两个,而且8个杂种有7个为同一单倍型,即单倍型Hap_1,它在石鸡中的单倍型频率是最高的,除开7个杂种个体,还有26个个体拥有Hap_1,单倍型频率为54%。杂种的单倍型多样性、核苷酸多样性和平均配对差异都较低的原因可能是拥有Hap_1的石鸡个体在竞争中较其它基因型的石鸡个体更有优势,同时拥有该基因型的石鸡个体数量较大,遇见大石鸡雄性的频率相对较高,从而造成杂交个体的Hap_1频率很高,而且遗传多样性较低。

尽管本研究可以判断渐渗杂交在大石鸡和石鸡之间的基因渗透方向,测定杂交带范围,推测渐渗杂交的形成原因,可是对于渐渗杂交的形成还需要进

一步野外观测验证,杂交后代的回交比例(是严格的选型交配还是部分回交)、杂交后代的适合度等都需要野外进一步观察研究。建议对两种石鸡杂交带建立监测点,长期系统的收集两者个体和种群生物学资料,通过生态学和分子生物学结合的方式系统摸清石鸡和大石鸡的渐渗杂交的形成机制及基因渗透趋势,为渐渗杂交在进化上的作用提供可供参考的依据。

致谢 本文成文之际,感谢笔者的师弟马新年,并感谢青海省海西州畜牧兽医研究所所长晁生玉在样本采集中给予的大力支持。

参考文献:

[1] Liu N F. Ecology of przewalski 's rock partridge(*Alectoris magna*)[J]. Gibier Faune Suvage,1992,9 :605-615.

[2] 刘迺发,王香亭,罗文英. 宁夏六盘山鸟类区系研究[J]. 兰州大学学报(自然科学版),1988(3) :65-75.

[3] 刘迺发. 大石鸡分类地位的研究[J]. 动物分类学报,1984 (2) :212-217.

[4] 刘迺发,黄族豪,文陇英. 大石鸡亚种分化及一新亚种描述(鸡形目,雉科)[J]. 动物分类学报,2004,29(3) :600-605.

[5] 郑作新. 中国动物志鸟纲第四卷——鸡形目[M]. 北京:科学出版社,1978.

[6] 王子玉. 云台山鸟类考察报告[J]. 动物学杂志,1986,10 :20-28.

[7] 王香亭. 甘肃脊椎动物志[M]. 兰州 :甘肃科学技术出版社,1991 :387-395.

[8] Watson G E. Three sibling species of *Alectoris* partridges [J]. Ibis,1962,104 :353-367.

[9] Vaurie C. The birds of the *Palearctic fauna*,non-passeriformes[M]. London :Witherby,1965.

[10] Grant P R,Grant B R. Hybridization of bird species[J]. Science,1992,256 :193-197.

[11] Anderson E,Hubricht L. Hybridization in tradescantia III : the evidence for introgressive hybridization[M]. Amer J Botany,1938,25 :396-402.

[12] 杨志松,刘迺发. 渐渗杂交的研究进展及其理论实践意义[J]. 四川动物,2008,27(4) :703-707.

[13] Radchenko O A. Introgressive hybridization of chars of the genus *Salvelinus* as inferred from mitochondrial DNA variation[J]. Russian Journal of Genetics,2004,40(12): 1392-1398.

[14] Dowling T E,Secor T L. The role of hybridization and introgression in the diversification of animals[J]. Ann Rev Ecol Syst,1997,28 :593-619.

[15] Hayes J P,Guffey S Z,Kriegler F J,et al. The genetic diversity of native,stocked,and hybrid populations of brook trout in the southern *Appalachians*[J]. Conserv Biol, 1996,10 :1403-1412.

[16] Avise J C. Molecular markers :national history and evolution[M]. New York :Chapman&Hall,1994.

[17] Templeton A R. Coadaptation and outbreeding depression [C]//Soulé M E. Conservation biology :the science of scarcity and diversity. Sunderland :Sinauer Associates, 1986,105-116.

[18] Dragoev V. On the population of the rock partridge(*Alectoris graeca* Meisner) in bulgaria and methods of census [J]. Acta Ornithol,1974,14 :251-255.

[19] Randi E,Bernard-Laurent A. Population genetic of a hybrid zone between the red-legged partridge and rock partridge[J]. Auk,1999,116(2) :324-337.

[20] Baratti M,Ammannati M,Magnelli C,et al. Introgression of chukar genes into a reintroduced red-legged partridge (*Alectoris rufa*) population in central italy[J]. Animal Genetics,2005,36 :29-35.

[21] Chen Q,Chang C,Liu N F. Mitochondrial DNA introgression between two parapatric species of *Alectoris* [J]. Acta Zoologica Sinica,1999,45(4):456-463.

[22] Liu N F,Wen L Y,Huang Z H,et al. Chukar in the liupan mo-untain region [J]. Acta Zoologica Sinica, 2006, 52 (1) :153-159.

[23] 文陇英,张立勋,刘迺发. 以 mtDNA 细胞色素 b 基因探讨斑翅山鹑的分类地位[J]. 动物学研究,2005,26(1): 69-75.

[24] Thompson,J D,Gibson T J,Plewniak F,et al. The clustal X windows interface flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tool[J]. Nucleic Acid Research,1997,24 :4876-4882.

[25] Kumar S,Tamura K,Nei M. MEGA3 :integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence ali- gnment[J]. Brief Bioinform,2004,5 :150-163.

[26] Tamura K,Nei M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in human and chimpanzees[J]. Molecular Biology and Evolution,1993,10 :512-526.

[27] Rozas J,Sánchez-DelBarrio J C,Messeguer X,et al. DnaSP,DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods[J]. Bioinformatics,2003,19 :2496-2497.

[28] Rieseberg L H,Wendel J. Introgression and its consequences in plants[C]//Harrison R G. Hybrid zone and the evolutionary press. New York :Oxford University Press, 1993,70-103 .

[29] Gill F B. Rapid,asymmetrical introgression of mitochondrial DNA in hybridizing populations of blue-wringed and

golden-wringed warblers [J]. Journal fur Ornithologie, 1994, 135: 359-369.

[30] Saetre G P, Borge T. Speciation, Introgressive hybridization and nonlinear rate of molecular evolution in flycatches [J]. Molecular Ecology, 2001, 10: 737-749.

[31] Levin D A. Hybridization and extinction [J]. Am Sci, 2002, 90: 254-261.

[32] Salzburger W, Baric S, sturmbauer C. Speciation via introgressive hybridization in east african cichlids [J]. Molecular Ecology, 2002, 11: 619-625.

[33] Konishi M, Hosoya K, Takata K. Natural hybridization between endangered and introduced species of pseudorasbora, with their genetic relationships and characteristics inferred from allozyme analyses [J]. J Fish Biol, 2003, 63: 213-231.

[34] Epifanio J, Philipp D. Simulating the extinction of parental lineages from introgressive hybridization: the effects of fitness, initial proportions of parental taxa, and mate choice [J]. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 2001, 10: 339-354.

Introgressive Hybridization Between Two Partridges Based on Mitochondrial Cytochrome b (Cytb) Gene

YANG Zhi-song[1], *LIU Nai-fa*[2]

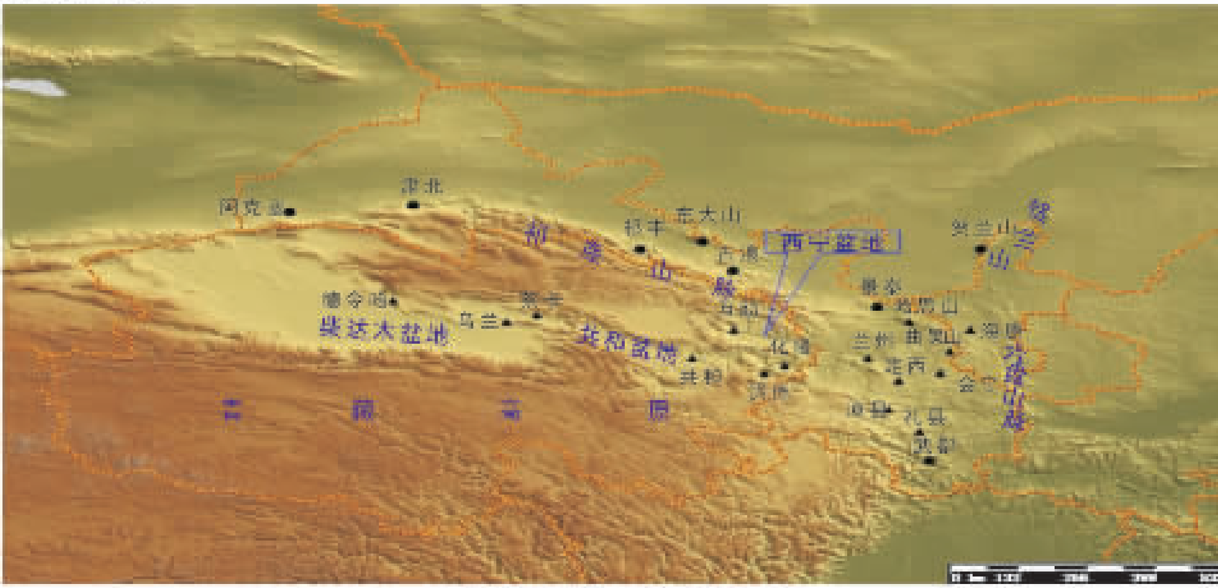
(1. Institute of Rare Animals and Plants, China West Normal University, Nanchong Sichuan 637002;
2. School of Life Science, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China)

Abstract: Przevalski partridge (*Alectoris magna*) is endemic in China with limited range. Chukar partridge (*Alectoris chukar*), however has broad distribution. Both of them are indicative birds of arid and semiarid environments in northern China. We sampled 106 Przevalski partridges and 48 Chukar partridges for Cytb analyzing in the use of polymerase chain reaction (PCR) and direct sequencing methods. 9 haplotypes of przevalski partridges and 13 haplotypes of chukar partridges were found; There were 8 Przevalski partridges from five populations having Chukar partridge Cytb genotype. However, there were no Chukar partridge with Przevalski partridge 's genotype. Thus, we can make it sure that the hybridization between two partridges is introgressive hybridization. The introgressive hybridization is about 130 km wide and 400 km long from the surrounding of the Liupan Mountains to Lixian County. Analysis of Cytb gene indicates that introgressive hybridization has no significant influence on genetic diversity of Przevalski partridge population. As a result, introgressive hybridization is good to crease diversity of partridges in a short evolutionary time. In order to collect relative detailed data, long term wild monitoring should be carried on, which could contribute to species evolution research.

Key words: chukar partridge; przevalski partridge; introgressive hybridization; hybridization zone; genetic diversity; Cytochrome b gene

(责任编辑 方 兴)

(接正文33页)



●为黄土采样点，▲为大石构采样点

图1 采样点分布图

Fig.1 Distribution of sampling localities