

新疆吐鲁番发现快步麻蜥指名亚种

田莉莉^{①③#} 蔡子慧^{①③#} 陈达丽^② 徐瑞^{①③}
郑小婷^② 朱哲滢^② 郭宪光^{①*}

① 中国科学院成都生物研究所 成都 610041; ② 四川大学华西基础医学与法医学院病原生物学系
成都 610041; ③ 中国科学院大学 北京 100049

摘要: 快步麻蜥复合体 (*Eremias velox* complex) 分布于亚洲中部干旱区, 不同地理居群形态和遗传变异较大。学界长期认为, 快步麻蜥在我国有两个亚种: 指名亚种 (*E. velox velox*) 和 *E. v. roborowskii* 亚种。前者分布于新疆准噶尔盆地和伊犁河谷; 后者分布于新疆吐鲁番盆地, 近年分类地位由亚种提升为种——吐鲁番麻蜥 (*E. roborowskii*)。我们在吐鲁番市高昌区一万泉附近捕获到 3 只麻蜥, 经过 COI 基因序列比对和系统发育关系重建以及外部形态比较, 鉴定为快步麻蜥指名亚种。这是首次发现新疆天山以南存在快步麻蜥指名亚种分布, 同时也确定为吐鲁番盆地的蜥蜴类分布新记录种, 此发现可为研究快步麻蜥的谱系地理格局和演化历史提供基础资料。

关键词: 快步麻蜥; 指名亚种; 吐鲁番; 分布新记录

中图分类号: Q959 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2024) 02-258-11

The Rapid Racerunner *Eremias velox velox* Found in Turpan City, Xinjiang, China

TIAN Li-Li^{①③#} CAI Zi-Hui^{①③#} CHEN Da-Li^② XU Rui^{①③} ZHENG Xiao-Ting^②
ZHU Zhe-Ying^② GUO Xian-Guang^{①*}

① Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041; ② Department of Pathogenic Biology,
West China School of Basic Medical Sciences and Forensic Medicine, Sichuan University, Chengdu 610041;
③ University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: The *Eremias velox* complex, a widespread racerunner in arid Central Asia, exhibits high morphological and genetic variability among different geographic populations. According to historical records, there are two subspecies of *E. velox* distributed in China, including *E. v. velox* from the Junggar Basin and the Ily River Valley, and *E. v. roborowskii* — elevated recently to a separate species *E. roborowskii* — endemic to the Turpan Basin. During herpetological surveys in May 2022 and July 2023, we captured three specimens of

基金项目 第三次新疆综合科学考察项目 (No. 2021xjkk0600), 国家自然科学基金项目 (No. 32070433);

* 通讯作者, E-mail: guoxg@cib.ac.cn;

共同第一作者 田莉莉, 女, 硕士研究生; 研究方向: 分子进化与系统发育; E-mail: tianll@cib.ac.cn;

蔡子慧, 女, 硕士研究生; 研究方向: 分子进化与系统发育; E-mail: caizh@cib.ac.cn.

收稿日期: 2023-06-15, 修回日期: 2023-09-18 DOI: 10.13859/j.cjz.202423116

Eremias by hand near the Yiwanquan village of Gaochang District in Turpan City. To identify the taxonomic status of the three specimens, we used several methods as follow. We determined and complied the segments of the mitochondrial *COI* gene, and used Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) to reconstruct phylogenetic relationships. We calculated the uncorrected *p*-distance of different clades/subclades and compared the morphological characteristics. The morphological characteristics of the three specimens are consistent with those of *E. v. velox* (Fig. 2, 3 and Table 2), the results of phylogenetic relationships and haplotypes network (Fig. 4, 5) and genetic distance also indicated that the identity of the three specimens is *E. v. velox*. The occurrence of the nominate subspecies *E. v. velox* is a new reptile record of the Turpan Basin, which is also reported for the first time in the south of Tianshan Mountains. Our finding could provide basic data for further exploring the phylogeographic pattern and evolutionary history of the *E. velox* complex.

Key words: *Eremias velox*; Nominated form; Turpan; New record

麻蜥属 (*Eremias*) 蜥蜴为典型的草原和荒漠动物, 由于复杂的形态变异和生态适应特征 (有卵生和胎生两种生殖方式), 成为蜥蜴科物种分类最困难的类群之一 (Guo et al. 2011)。快步麻蜥 (*E. velox*) 是麻蜥属分布最广的物种之一, 其分布范围几乎覆盖整个亚洲中部干旱区, 包括俄罗斯北高加索的东部和伏尔加河下游地区, 外高加索的东南部 (阿塞拜疆、格鲁吉亚东部) 至伊朗的东北部地区, 中亚五国以及我国新疆北部地区 (Szczerbak 1974)。

快步麻蜥复合体 (*E. v. complex*) 地理居群形态变异较大, 种 (亚种) 界限不清。早期基于形态学特征, 将快步麻蜥复合体分为 4 个亚种: 广布于中亚地区的指名亚种 *E. v. velox*、分布于中亚西部的亚种 *E. v. caucasia*、分布于新疆吐鲁番盆地的亚种 *E. v. roborowskii* (Szczerbak 1974, 2003) 以及分布于吉尔吉斯斯坦伊塞克湖盆地的亚种 *E. v. borkini* (Eremchenko et al. 1999)。近年来的研究建议将伊朗、吐鲁番盆地及土库曼斯坦的种群均提升为独立的种级地位 (Liu et al. 2019), 并将分布于吐鲁番盆地的 *roborowskii* 亚种提升为吐鲁番麻蜥 (*E. roborowskii*) (Chirikova et al. 2019, Liu et al. 2019)。

2021 年 5 月及 2022 年 7 月, 我们在新疆吐鲁番盆地高昌区一万泉附近采集到 3 号雄性麻蜥, 其形态特征与快步麻蜥指名亚种相似。通过形态比较, 并基于 *COI* 基因开展系统发育分析、单倍型网络图分析及遗传距离分析, 确定为快步麻蜥指名亚种, 为吐鲁番盆地蜥蜴类分布新记录种。这一发现可为研究快步麻蜥的谱系地理格局和演化历史提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 野外采集

2021 年 5 月 15 日及 2022 年 7 月 15 日, 我们于海拔 1 172 m 的吐鲁番高昌区一万泉附近 (88°51'52" E, 43°12'59" N) 采集到 3 号麻蜥, 将其安乐死后固定于 75%乙醇中, 并取其肝组织样品固定于 95%乙醇, 置于 -20 °C 冰箱保存。这 3 号标本均保存于中国科学院成都生物研究所, 编号分别为 GXG1711、GXG2802 和 GXG2803。为确定这 3 号标本的系统分类地位, 将其与采自吐鲁番盆地、准噶尔盆地及国外的一些快步麻蜥复合体代表样本进行了分子系统发育分析。具体采集信息见表 1, 采样点见图 1。

1.2 形态鉴定与测量

参考赵尔宓等 (1999) 描记的麻蜥属形态

表 1 样本 COI 基因序列信息表

Table 1 Samples and GenBank accession numbers for COI gene sequences used in this study

类元 Taxon	标本号 Specimen number	经度 Longitude (E)	纬度 Latitude (N)	采集地 Localities	GenBank 登录号 GenBank accession number	来源 Source
快步麻蜥指名亚种 <i>Eremias velox velox</i>	GXG1711	88°51'52"	43°12'59"	中国新疆吐鲁番市高昌区	OR018148	本研究 This study
	GXG2802			Gaochang District, Turpan City, Xinjiang, China	OR018146	
	GXG2803				OR018147	
	GXG2662	87°25'01"	47°14'33"	中国新疆福海县	OR018180	
				Fuhai County, Xinjiang, China		
	GXG2663	87°06'26"	47°09'47"	中国新疆阿勒泰市墩恰格勒村	OR018181	
				Dunchagler Village, Altay City, Xinjiang, China		
	GXG2692	87°37'16"	47°04'01"	中国新疆福海县	OR018182	
				Fuhai County, Xinjiang, China		
	GXG2702	87°57'01"	46°36'53"	中国新疆阿勒泰市	OR018183	
				Altay City, Xinjiang, China		
	GXG2716	87°42'47"	47°42'06"	中国新疆阿库线	OR018184	
				Highway from Altay to Kuqa, Xinjiang, China		
	GXG2736	87°55'59"	46°31'58"	中国新疆福海县	OR018185	
				Fuhai County, Xinjiang, China		
	GXG2851	86°48'56"	47°40'53"	中国新疆布尔津县	OR018186	
				Burjin County, Xinjiang, China		
	GXG3090	88°25'45"	47°14'06"	中国新疆福海县国道 G216	OR018192	
				Country Road 216, Fuhai County, Xinjiang, China		
	GXG3091				OR018193	
GXG2874	87°35'09"	47°25'26"	中国新疆北屯市	OR018187		
			Beitun City, Xinjiang, China			
GXG2987	85°46'48"	47°14'32"	中国新疆北屯市	OR018188		
			Beitun City, Xinjiang, China			
GXG3092				OR018194		
GXG2999	85°47'07"	46°07'26"	中国新疆克拉玛依市魔鬼城景区	OR018189		
			Devil's City Scenic Area, Karamay City, Xinjiang, China	OR018190		
GXG3000						
GXG3083	88°16'01"	44°41'09"	中国新疆阜康县	OR018191		
			Fukang County, Xinjiang, China			
GXG3118				OR018195		
GXG3119				OR018196		
Guo523	82°35'10"	44°32'54"	中国新疆精河县	HQ733915		
			Jinghe County, Xinjiang, China			
JF1293	82°48'32"	46°27'43"	中国新疆塔城市	HQ733910		
			Tacheng City, Xinjiang, China			
JF1230	84°00'37"	44°25'14"	中国新疆乌苏市高泉镇	HQ733911		
			Gaoquan County, Wsu City, Xinjiang, China			
吐鲁番麻蜥 <i>E. roborowskii</i>	GXG2794	89°16'28"	42°45'36"	中国新疆吐鲁番市艾丁湖景区	OR018197	本研究 This study
	GXG2795			Ayding Lake scenic spot, Turpan City, Xinjiang, China	OR018198	
	GXG2800				OR018199	
	GXG2804				OR018200	
	GXG2811				OR018201	
	GXG2813	88°54'45"	42°51'56"	中国新疆托克逊县	OR018202	
				Tuokexun County, Xinjiang, China		
	GXG2814				OR018203	
GXG2815				OR018204		
GXG2816				OR018205		

续表 1

类元 Taxon	标本号 Specimen number	经度 Longitude (E)	纬度 Latitude (N)	采集地 Localities	GenBank 登录号 GenBank accession number	来源 Source
土库曼斯坦未描述新种 <i>E. cf. velox</i>	MVZ233263	62°21'00"	37°18'00"	土库曼斯坦马雷州 Mary Welayaty, Turkmenistan	HQ733913	
	MVZ233262				HQ733914	
伊朗未描述新种 <i>E. cf. velox</i>	MVZ285535	54°15'00"	37°22'12"	伊朗戈勒斯坦 Golestan Province, Iran	HQ733912	
快步麻蜥 <i>caucasia</i> 亚种 <i>E. velox caucasia</i>	ROM 23498	—	—	俄罗斯达吉斯坦 Daghestan, Russia	AF206576	Fu 2000
敏麻蜥 <i>E. arguta</i>	JF1313	47°18'36"	86°46'12"	中国新疆布尔津县 Burjin County, Xinjiang, China	HQ733920	本研究 This study
波斯麻蜥 <i>E. persica</i>	MVZ233433	31°27'36"	52°06'36"	法尔斯省, 伊朗 Fars Province, Iran	HQ733940	

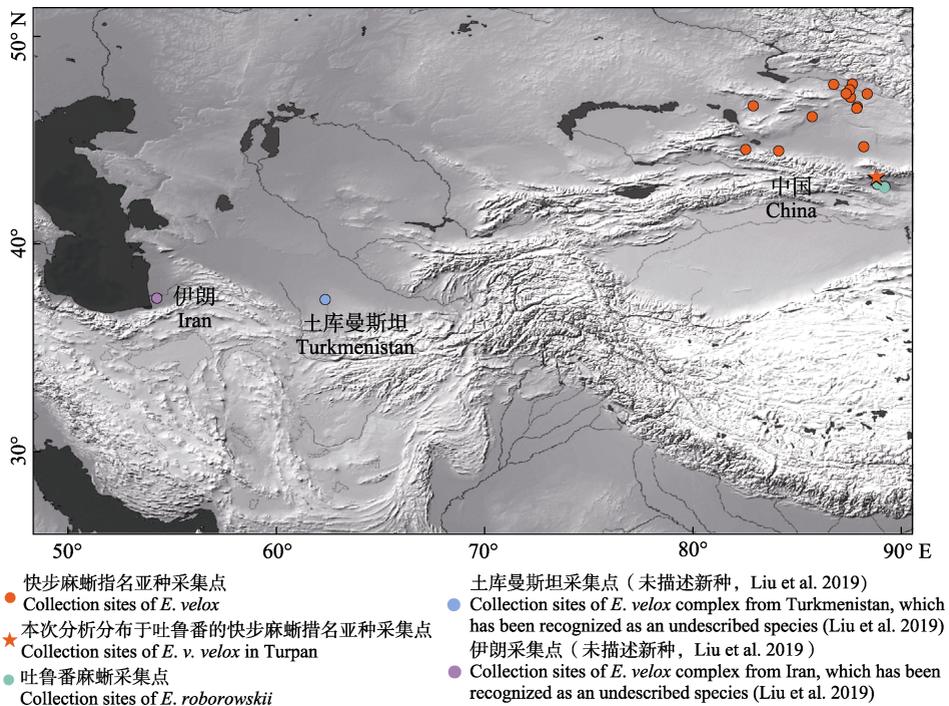


图 1 本研究所用快步麻蜥复合体样本采集点

Fig. 1 Collection sites of the *Eremias velox* complex samples used in this study

特征, 以及先前有关快步麻蜥复合体的形态研究 (Szczerbak 1974, Chirikova 2004, 汪洋等 2014, Chirikova et al. 2019), 选取 19 个形态特征对所采集的 3 号麻蜥标本进行测量和计数。使用世达 (SATA91512) 数显游标卡尺 (量程 0 ~ 200 mm, 精确到 0.01 mm) 测量 6 个可量性状, 包括头体长、头长、头宽、尾长、前肢长和后肢长。计数 13 个可计数性状, 包括上唇鳞数、下唇鳞数、颌片数、环体一周鳞数、最

长横向腹鳞数、腹面横列鳞行数、腹一横列鳞数、颌片到颌围纵线上的鳞片数、肛前鳞、股孔数、股孔间鳞数、尾部第九环鳞数及尾部第十环鳞数。

1.3 基因组 DNA 提取、PCR 扩增与测序

基因组 DNA 提取, 采用上海生工生物有限公司 ONE-4-ALL 基因组 DNA 小量提取试剂盒。提取的基因组 DNA 置于 -20 °C 冰箱保存备用。PCR 扩增线粒体 DNA 条形码 COI 基因

片段, 所用引物为 FishF1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') 和 FishR1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3') (Ward et al. 2005)。PCR 反应体系为 25 μ l: 2 \times SanTap Master Mix (blue) (上海生工生物有限公司) 12.5 μ l, ddH₂O 10 μ l, 引物各 1 μ l (10 μ mol/L), DNA 模板 0.5 μ l (20 ~ 50 mg/L)。PCR 反应条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 40 s, 50 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 60 s, 35 个循环; 循环结束后 72 $^{\circ}$ C 终末延伸 8 min。扩增产物纯化后交由上海生工生物有限公司在 ABI3730 测序仪上双向测序, 测序引物同扩增引物。所得序列上传到 GenBank (登录号见表 1)。

1.4 序列分析

测序所得线粒体基因 *COI* 序列在 SeqManII (Swindell et al. 1997) 查看峰图和进行正反链校对与编辑, 手动去除序列两端的引物, 获得 *COI* 基因片段 666 bp。在 MEGA v7 (Kumar et al. 2016) 中进行比对, 选择脊椎动物线粒体遗传密码子将 DNA 序列翻译成氨基酸, 以确认蛋白编码基因是否具有功能。在序列中未发现提前终止密码子, 提示所获得的序列不是核假基因拷贝。联合从 GenBank 下载的序列 (表 1), 共计 39 条序列, 用于后续的系统发育分析。

1.5 系统发育分析与单倍型网络图的构建

根据 Guo 等 (2011) 对麻蜥属系统发育的研究, 以波斯麻蜥 (*E. persica*) 为外群, 用敏麻蜥 (*E. arguta*) 赋根。采用贝叶斯推论 (Bayesian inference, BI) 和最大似然法 (maximum likelihood, ML) 构建系统发育关系。在 PartitionFinder v2 (Lanfear et al. 2017) 中基于贝叶斯信息准则 (Bayesian information criterion, BIC), 按照 *COI* 基因密码子的三个位点进行最佳分区方案及最适替代模型的筛选。密码子一、二、三位点分别采用 GTR、GTR + G 和 GTR + G + I 模型。在 MrBayes v3.26 (Ronquist et al. 2012) 中构建贝叶斯系统发育树, 包括两个独立运算, 每个运算通过 4 条蒙

特卡罗马尔科夫链 (Monte Carlo Markov chains, MCMCs) 方法运行 2×10^7 代, 每 1 000 代抽样一次, 最后舍弃 25% 的老化 (burn-in) 样本后, 生成一致树并估算贝叶斯后验概率 (posterior probability, PP)。最大似然法构建系统发育树在 IQ-TREE v1.6.7 (Nguyen et al. 2015) 进行, 基于 5 000 次超快自展 (ultrafast-bootstrap, UFBoot) 评估节点支持率。

在 DnaSP v5.0 (Librado et al. 2009) 中定义单倍型, 基于中央链接 (median-joining, MJ) 方法在 PopART (Leigh et al. 2015) 软件中对定义的单倍型进行网络图构建。

1.6 遗传距离

使用 MEGA v7 (Kumar et al. 2016), 采用未校正 *p* 距离 (uncorrected *p*-distance) 计算各支系间以及支系内的平均遗传距离。

2 结果

2.1 形态鉴定与描述

所采集的 3 号雄性麻蜥标本 (GXG1711、GXG2802 和 GXG2803) 的形态特征与快步麻蜥指名亚种一致 (赵尔宓等 1999), 具体如下: 头尖出, 吻鳞宽大于高。环体一周鳞分别为 62/62/66 枚; 最长横向腹鳞均为 16 枚; 腹面横列鳞行数分别为 30/31/29 枚; 股孔数分别为 21/21/18 对; 股孔间鳞分别为 4/5/4 枚; 尾部第九环鳞分别为 30/29/28 枚; 尾部第十环鳞分别为 31/28/27 枚; 上唇鳞及下唇鳞均为 8 枚, 与动物志 (赵尔宓等 1999) 中所描述的快步麻蜥指名亚种上唇鳞 8 ~ 11 枚、下唇鳞 7 ~ 9 枚特征一致; 颌片到颌围纵线上的鳞片为 30/31/30 枚, 与快步麻蜥指名亚种颌片相接处至颌围一纵列鳞 28 ~ 33 枚相符; 颌片均为 5 对, 与动物志 (赵尔宓等 1999) 中所描述的快步麻蜥指名亚种颌片 5 对, 偶有 6 对一致; 肛前鳞均为 2 枚。背部的粒鳞末端尖出, 体后部被棱鳞。爪细长尖出, 指 (趾) 长顺序 4-3-2-5-1。每侧股孔 17 ~ 23 个, 股孔间隔狭小, 3 ~ 6 枚鳞片, 偶见 7 枚。标本外观见图 2, 外形度量见表 2。



图 2 采集于吐鲁番的快步麻蜥指名亚种及吐鲁番麻蜥

Fig. 2 *Eremias velox velox* and *E. roborowskii* collected in Turpan City

快步麻蜥指名亚种：a. 标本 GXG1711 (刘金龙摄)；b. 标本 GXG2802 (郭宪光摄)；c. 标本 GXG2803 (徐瑞摄)。d. 吐鲁番麻蜥 (郭宪光摄)。

Eremias velox velox: a. Specimen GXG1711 (Photo by LIU Jin-Long); b. Specimen GXG2802 (Photo by GUO Xian-Guang); c. Specimen GXG2803 (Photo by XU Rui). d. *E. roborowskii* (Photo by GUO Xian-Guang).

表 2 吐鲁番 3 号快步麻蜥指名亚种的形态度量

Table 2 Measurements of three specimens of *Eremias velox velox* from Turpan City

形态特征 Morphological character	标本号 Specimen number		
	GXG1711	GXG2802	GXG2803
性别 Sex	雄 Male	雄 Male	雄 Male
头体长 Snout-vent length (mm)	61.22	59.77	63.95
头长 Head length (mm)	14.77	16.71	17.92
头宽 Head width (mm)	8.10	9.22	10.53
前肢长 Fore leg length (mm)	25.74	26.00	24.20
后肢长 Hind leg length (mm)	40.08	40.11	42.14
尾长 Tail length (mm)	断尾 Tail autotomy	99.93	100.73
环体一周鳞数 Scales around mid-body	62	62	66
最长横向腹鳞数 Number of ventral scales in the longest line	16	16	16
腹面横列鳞行数 Number of transverse rows of ventral scales	30	31	29
股孔数 Number of femoral pores	左侧 Left	21	22
	右侧 Right	21	22
股孔间鳞数 Number of interfemorals	4	5	4
尾部第九环鳞数 Number of scales of 9 th ring	30	29	28
尾部第十环鳞数 Number of scales of 10 th ring	31	28	27
上唇鳞数 Number of supralabials	8	8	8
下唇鳞数 Number of infralabials	8	8	8
额片到领围纵线上的鳞片数 Number of scales between postmentals and collar	30	31	30
额片 (对) Number of postmentals	5	5	5
肛前鳞 Preanal scales	2	2	2

2.2 生境描述

标本采集地位于天山以南，吐鲁番的戈壁滩生境（图 3a ~ c）。主要植被包括沙拐枣（*Calligonum mongolicum*）、黑枸杞（*Lycium ruthenicum*）、天山蓝刺头（*Echinops*

tjanschanicus）（图 3d）和米口袋（*Gueldenstaedtia verna*）（图 3e）。同栖的爬行动物还有叶城沙蜥（*Phrynocephalus axillaris*，图 3f）、大墩细趾虎（*Tenuidactylus dadunensis*，图 3g）及花条蛇（*Psammophis lineolatus*，图 3h）。



图 3 快步麻蜥指名亚种样本采集生境及同栖的爬行动物

Fig. 3 Habitat landscape of *Eremias velox velox* and the plant as well as reptile distributed herein

a~c. 生境; d. 天山蓝刺头; e. 米口袋; f. 叶城沙蜥; g. 大墩细趾虎; h. 花条蛇。(a、c~h. 郭宪光摄; b. 徐瑞摄)

a - c. Habitat landscape; d. *Echinops tjanschanicus*; e. *Gueldenstaedtia verna*; f. *Phrynocephalus axillaris*; g. *Tenuidactylus dadunensis*; h. *Psammophis lineolatus*. (a, c - h. Photos by GUO Xian-Guang; b. Photo by XU Rui)

2.3 系统发育分析

通过贝叶斯和最大似然分析得到的系统发育树拓扑结构一致（图 4），快步麻蜥复合体的样本被分为了 4 个与地理相关联的支系，即快步麻蜥支系（包括快步麻蜥指名亚种亚支与快步麻蜥 *caucasia* 亚种亚支）、吐鲁番麻蜥支系、伊朗种群支系以及土库曼斯坦种群支系。多数支系均得到了很高的支持率，快步麻蜥指名亚

种亚支后验概率为 1.0，自展支持率为 98%；土库曼斯坦种群支系后验概率为 1.0，自展支持率为 100%；吐鲁番麻蜥支系后验概率为 1.0，自展支持率为 99%，且该支系个体均来自于吐鲁番。吐鲁番高昌区采集的 3 号标本，嵌入了对应快步麻蜥指名亚种亚支，该亚支与仅有 1 只个体的快步麻蜥 *caucasia* 亚种亚支聚在一起，后验概率为 1.0，自展支持率为 93%。吐鲁番麻

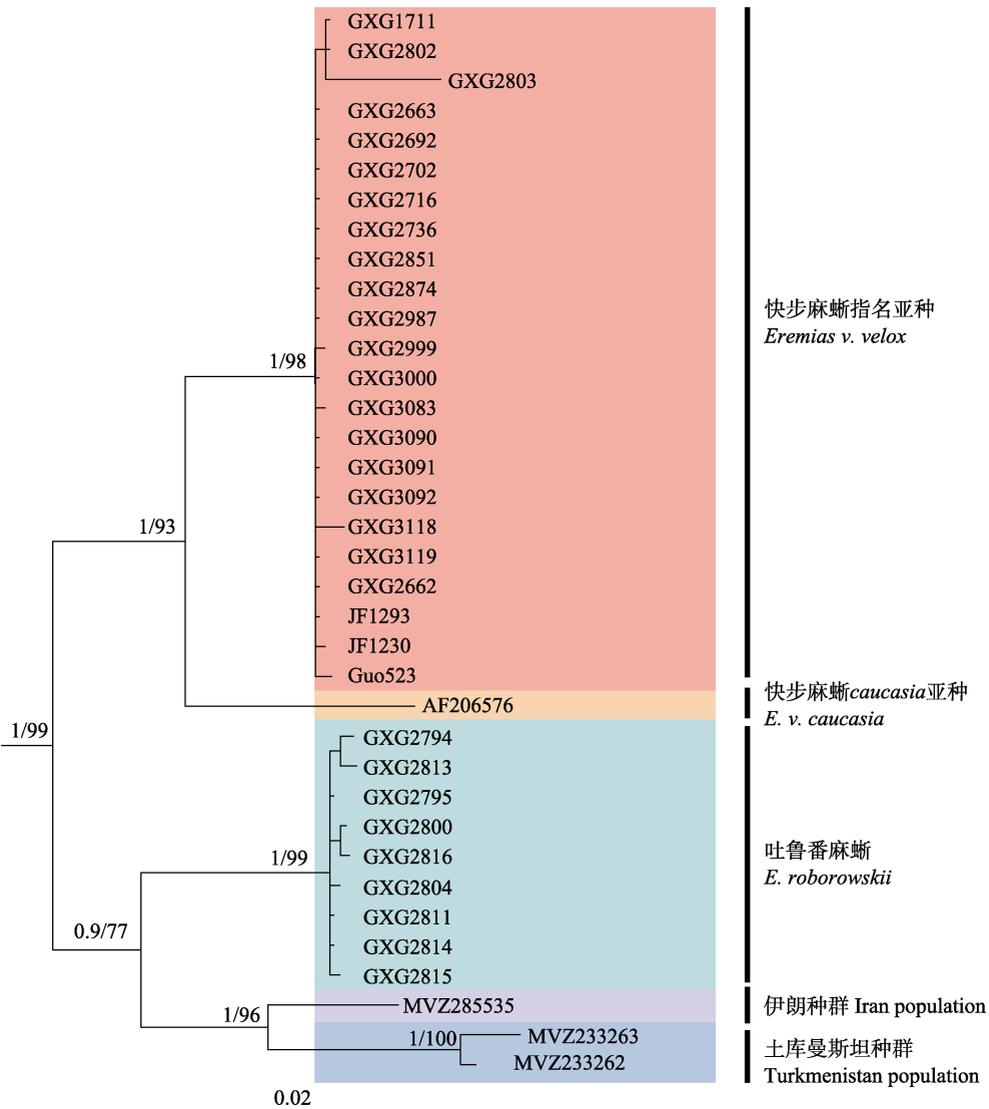


图 4 基于 COI 基因构建的快步麻蜥复合体贝叶斯 50%多数一致树

Fig. 4 50% majority consensus tree resulting from Bayesian inference for the COI dataset of *Eremias velox* complex

后验概率/自展支持率在对支端展示，比例尺代表替换/位点。

Posterior probabilities/UFBoot values are indicated above the relevant branches, scale bar represents substitutions/site.

蜥支系、伊朗种群支系和土库曼斯坦种群支系聚为一个大支，后验概率为 0.9，自展支持率为 77%，其中伊朗和土库曼斯坦的样本聚在一起，关系更近（后验概率为 1.0，自展支持率 96）。

单倍型网络图（图 5）显示，本次研究的序列分为 5 个群组，与系统发育树所呈现的 4 个支系及快步麻蜥支系所包含的两个亚支对应，指名亚种亚支与 *caucasia* 亚种亚支仍聚为一个群组。指名亚种中有一常见中央单倍型，其他单倍型围绕其分布，呈现部分星状拓扑结构；而其他支系均未形成星状结构。同时可见

单倍型网络图所呈现的 5 个群组之间均呈现较远距离，突变步数均大于 12。

2.4 遗传距离

基于 COI 基因序列，快步麻蜥复合体 4 个支系之间的遗传距离范围为 7.4%（吐鲁番麻蜥支系与伊朗种群支系间遗传距离）~ 11.9%（快步麻蜥支系与土库曼斯坦支系间遗传距离）。吐鲁番麻蜥支系与伊朗种群支系间遗传距离（7.4%）较小，其他支系间遗传距离均大于 8%（表 3）。快步麻蜥指名亚种亚支与快步麻蜥 *caucasia* 亚种间遗传距离为 6.2%。

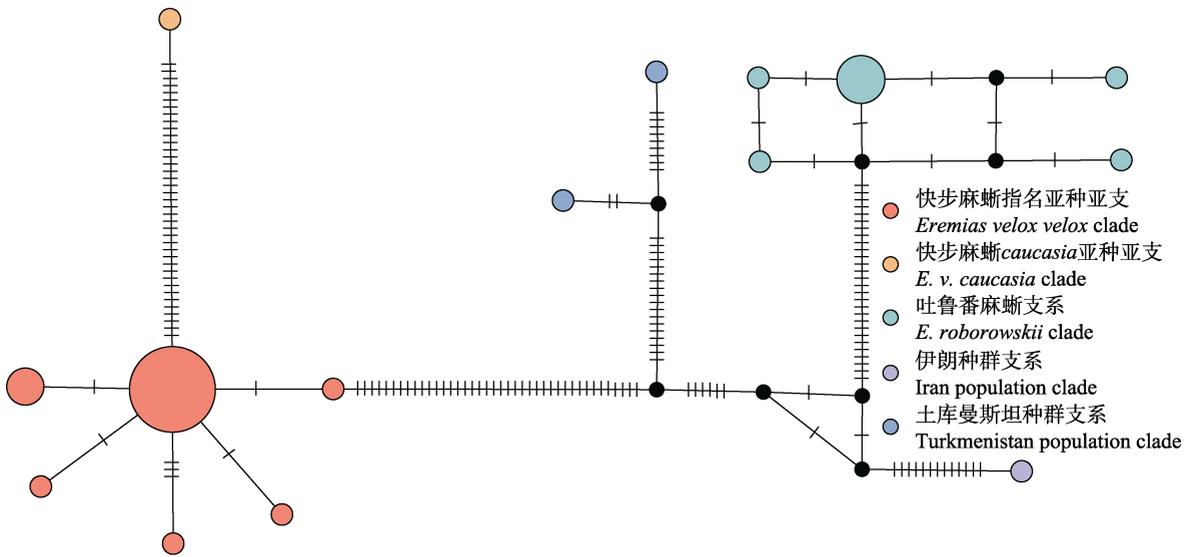


图 5 基于 COI 基因序列的快步麻蜥复合体单倍型网络图

Fig. 5 Median-joining network based on COI gene sequence haplotypes for *Eremias velox* complex

圆圈大小对应共享一个特定单倍型的相对个体数量，短线表示突变步数，小黑圈表示 PopART 软件推导的中介单倍型。

Circle size corresponds to relative numbers of individuals sharing a particular haplotype, and short bars crossing network branches indicate mutation steps; small dark circles indicate median vectors inferred by PopART software.

表 3 快步麻蜥复合体支系间未校正遗传距离

Table 3 Uncorrected *p*-distance of different clades/subclades for *Eremias velox* complex

支系 Clade	1	2	3	4	5
1 快步麻蜥支系 <i>Eremias velox</i> clade					
2 快步麻蜥指名亚种亚支 <i>E. v. velox</i> clade					
3 快步麻蜥 <i>caucasia</i> 亚种亚支 <i>E. v. caucasia</i> clade		0.062			
4 吐鲁番麻蜥支系 <i>E. roborowskii</i> clade	0.089	0.082	0.089		
5 伊朗种群支系 Iran population clade	0.101	0.095	0.114	0.074	
6 土库曼斯坦种群支系 Turkmenistan population clade	0.119	0.110	0.109	0.101	0.084

3 讨论

基于形态比较，本研究所发现的吐鲁番一万泉附近的 3 号雄性麻蜥标本（GXG2802、GXG2803 和 GXG1711）并未呈现吐鲁番麻蜥雄性个体所具有的不规则黑点的背斑以及身体两侧大而鲜明的黑缘蓝眼点的形态特征；也未出现吐鲁番麻蜥所具有的后肢内侧具有更少的股孔数特征以及多数吐鲁番麻蜥个体（72.7%）具一枚宽大肛前鳞的特征（Chirikova et al. 2019）。

基于 COI 基因的分子系统发育分析表明，采自吐鲁番一万泉附近的 3 号麻蜥标本均嵌在快步麻蜥指名亚种亚支中，单倍型网络图呈现相似的式样，均支持其为快步麻蜥指名亚种。北高加索个体所在的快步麻蜥 *caucasia* 亚种亚支与 Liu 等（2019）所识别的广义的快步麻蜥 *caucasia* 亚种（*E. v. caucasia sensu lato*）一致。快步麻蜥指名亚种亚支与吐鲁番麻蜥支系之间的遗传距离高达 8.2%，进一步支持 GXG2802、GXG2803 与 GXG1711 这 3 号标本不是吐鲁番麻蜥。这与先前认为的吐鲁番盆地所分布的快步麻蜥复合体均为快步麻蜥 *roborowskii* 亚种（吐鲁番麻蜥）的观点（Liu et al. 2014, Chirikova et al. 2019, Liu et al. 2019）不一致。因此，一万泉附近所发现的这 3 号麻蜥为快步麻蜥指名亚种，是吐鲁番盆地的蜥蜴分布新记录种。

基于 COI 基因的分子系统发育分析可知，吐鲁番麻蜥聚为同一个支系（后验概率为 1.0，自展支持率为 99%），而分布于伊朗及土库曼斯坦的样本与地理分布相对应，分为伊朗与土库曼斯坦种群两个支系。但由于吐鲁番麻蜥支系、土库曼斯坦种群支系及伊朗种群支系构成的一支仅有相对较低的支持率（后验概率为 0.9，自展支持率 77%），表明吐鲁番麻蜥支系的系统发育位置不确定，快步麻蜥支系、吐鲁番麻蜥支系和土库曼斯坦支系与伊朗种群支系三者之间的关系没有解决。单倍型网络图呈现

与系统发育树拓扑结构一致的对应关系。伊朗种群支系与土库曼斯坦种群支系间关系更近，这与 Liu 等（2019）研究结果一致。

致谢 刘金龙博士参加 2021 年野外调查工作，两位匿名审稿专家及期刊编委对本文提出宝贵意见，在此一并致谢！

参 考 文 献

- Chirikova M A. 2004. Variability of *Eremias velox* Pallas, 1771 (Reptilia, Sauria) from Kazakhstan. *Selevinia*, 12: 24–34. (In Russian with English abstract)
- Chirikova M A, Dujsebajeva T N, Liu J L, et al. 2019. Geographical distribution and morphological variability of the rapid racerunner, *Eremias velox* (Pallas, 1771) (Reptilia, Lacertidae) in the eastern periphery of its range. *Asian Herpetological Research*, 10(4): 230–245.
- Eremchenko V K, Panfilov A M. 1999. Taxonomic position and geographic relations of a lacertid lizard *Eremias velox* from the Issyk-Kul lake depression, Tian Shan Mountains, Kyrgyzstan. *Science and New Technologies*, 1(1): 119–125.
- Fu J Z. 2000. Toward the phylogeny of the family Lacertidae—Why 4708 base pairs of mtDNA sequences cannot draw the picture. *Biological Journal of the Linnean Society*, 71(2): 203–217.
- Guo X G, Dai X, Chen D L, et al. 2011. Phylogeny and divergence times of some racerunner lizards (Lacertidae: *Eremias*) inferred from mitochondrial 16S rRNA gene segments. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61(2): 400–412.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Lanfear R, Frandsen P B, Wright A M, et al. 2017. PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34(3): 772–773.
- Leigh J W, Bryant D. 2015. PopART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9): 1110–1116.
- Librado P, Rozas J. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25(11):

- 1451–1452.
- Liu J L, Ananjeva N B, Chirikova M A, et al. 2014. Molecular assessment and taxonomic status of the rapid racerunner (*Eremias velox* complex) with particular attention to the populations in Northwestern China. *Asian Herpetological Research*, 5(1): 12–25.
- Liu J L, Guo X G, Chen D L, et al. 2019. Diversification and historical demography of the rapid racerunner (*Eremias velox*) in relation to geological history and Pleistocene climatic oscillations in arid Central Asia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 130: 244–258.
- Nguyen L T, Schmidt H A, von Haeseler A, et al. 2015. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32(1): 268–274.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3): 539–542.
- Swindell S R, Plasterer T N. 1997. SEQMAN. Contig assembly. *Methods in Molecular Biology*, 70: 75–89.
- Szczerbak N N. 1974. The Palearctic Desert Lizards (*Eremias*). Kiev: Naukova Dumka, 1–296. (In Russian)
- Szczerbak N N. 2003. Guide to the Reptiles of the Eastern Palearctic. Florida: Krieger Publishing Company, Malabar, 95–96.
- Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, et al. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 360(1462): 1847–1857.
- 汪洋, 周鹿, 时磊. 2014. 新疆快步麻蜥的鳞片变异与亚种分化. *四川动物*, 33(1): 13–18.
- 赵尔宓, 赵肯堂, 周开亚, 等. 1999. 中国动物志: 爬行纲 (第二卷) 有鳞目 蜥蜴亚目. 北京: 科学出版社, 226–228.

(上接第 257 页)



图 1 小鸦鹃 (王荣兴摄)

Fig. 1 *Centropus bengalensis* (Photo by WANG Rong-Xing)

高泰^① 曾智^① 房以好^① 王广龙^② 索朗卓嘎^② 王荣兴^{①*} 嘎玛群宗^{②*}

① 大理大学东喜玛拉雅研究院 大理 671003; ② 西藏自治区林业调查规划研究院 拉萨 850000