植物保护学报 Journal of Plant Protection，2024，51(5)：1117-1123 DOI：10.13802/j.cnki.zwbhxb.2024.2024818

基于微卫星标记的高原鼢鼠种群遗传多样性分析

拉毛草[1] 王 钰[1] 根呷羊批[2] 赵晓燕[3] 张 新[4] 王 康[1] 周 俗[1*]

（1. 四川省林业科学研究院，成都 610081；2. 四川省甘孜州动物疫病预防控制中心，四川 康定 626000；
3. 阿坝州草原监理站，四川 马尔康 624600；4. 四川省阿坝县林业和草原局，四川 阿坝 624601）

摘要：为明确高原鼢鼠*Eospalax baileyi*种群遗传多样性对青藏高原草地生态系统的影响，采用微卫星标记技术分析四川省若尔盖县麦溪乡和红星乡以及红原县安曲镇3个样地的高原鼢鼠种群遗传多样性。结果表明：在100只样本及筛选的10个微卫星位点中，Ectl10和Ectl22位点的等位基因数最多，为19~20个，Ectl48位点的等位基因数最少，为2个，有效等位基因数平均为4.20，有效等位基因数偏少表明高原鼢鼠的遗传多样性较低；哈迪-温伯格平衡检验结果显示等位基因位点在种群中处于极不平衡状态，表明高原鼢鼠近亲繁殖较为普遍，种群间基因交流受阻，自由交流具有一定的局限性；聚类分析发现若尔盖县和红原县的高原鼢鼠种群基因受地理隔离而交流受阻，二者之间亲缘关系较远。说明高原鼢鼠在相似生境、不同地理位置间的遗传多样性较低，但存在一定程度的遗传分化和基因流阻隔。

关键词：高原鼢鼠；微卫星；遗传多样性；相似生境

Genetic diversity analysis of the plateau zokor *Eospalax baileyi* population using microsatellite markers

Lamaocao[1] Wang Yu[1] Gengayangpi[2] Zhao Xiaoyan[3] Zhang Xin[4] Wang Kang[1] Zhou Su[1*]

（1. Sichuan Academy of Forestry, Chengdu 610081, Sichuan Province, China; 2. Center for Animal Epidemic Disease Control and Prevention in Ganzi Tibetan Autonomous Prefecture, Kangding 626000, Sichuan Province, China;
3. Grassland Supervision Station of Aba Prefecture, Ma'erkang 624600, Sichuan Province, China;
4. Aba County Forestry and Grassland Bureau, Aba 624601, Sichuan Province, China）

Abstract: In order to clarify the effects of genetic diversity of plateau zokor *Eospalax baileyi* population on grassland ecosystems in the Qinghai-Tibet Plateau, the genetic diversity of plateau zokor populations in Maixi and Hongxing townships in Ruo'ergai County, and Anqu Township in Hongyuan County, Sichuan Province was analyzed with the microsatellite marker technique. The results showed that among the 100 samples analyzed across ten selected microsatellite loci, loci Ectl10 and Ectl22 exhibited the highest allele counts (ranging from 19 to 20), whereas locus Ectl48 had the lowest, with only two alleles. The average number of effective alleles was 4.20, indicating a low genetic diversity. Hardy-Weinberg equilibrium test results indicated a significant imbalance in allele frequencies within the population, suggesting prevalent inbreeding and restricted gene flow between populations, with limited opportunities for free genetic exchange. Cluster analysis results indicated that genetic exchange between the plateau zokor populations in Ruo'ergai County and Hongyuan County was impeded, with a distant genetic relationship facilitated by geographic differences, leading to geographic isolation. Overall, the plateau zokor exhibits low genetic diversity across similar habitats in different geographic locations, with evident

基金项目：四川省重点研发项目(2023YFN0028)，四川省(阿坝县、甘孜县)草原鼠害综合防控示范区建设项目，四川省饲草创新团队(SCCXTD-2024-16)

* 通信作者（Author for correspondence），E-mail：zhousu666@163.com

收稿日期：2024-04-26

genetic differentiation and barriers to gene flow.

Key words: plateau zokor; microsatellite; genetic diversity; similar habitat

在青藏高原生态系统中，高原鼢鼠 *Eospalax baileyi* 为高寒草地动物群落中的关键种之一（楚彬等，2023）。其通过采食、挖掘、造丘和排泄等活动参与高寒草地生态系统的能量流动和物质循环，是草地生物多样性的重要组成部分，对维持高寒草地生态系统的稳定具有重要作用（萧运峰等，1981；唐利洲等，2010；冯峰等，2019）。高原鼢鼠种群扩散对栖息地植被生长和土壤结构具有严重影响，其在挖掘活动过程中向地表推出土丘，造成部分植物死亡，破坏植被结构，是加速高寒草地退化的主要因素之一（蒲强胜等，2024；越大林等，2024）。了解高原鼢鼠种群遗传规律可以明晰其与其他物种及环境的相互关系，评估其在生态系统中的作用，进而采取相应保护措施维护生态系统平衡。

种群遗传多样性对于物种亲缘关系和扩散模式的研究提供重要的理论支撑，并为控制种群数量或保护濒危物种提供重要的参考依据（Laroche et al.，2015）。短串联重复序列（short tandem repeat，STR）（又称为微卫星 DNA）检测方法是一种基于DNA分子生物学的遗传检测技术，通过PCR扩增和电泳分析来准确鉴定个体的遗传信息，在种群进化、遗传疾病等方面应用广泛（高雅和李生斌，2008）。微卫星DNA是遗传多样性研究中的理想标记，具有多态性高、重复性好、检测方便等优点，在遗传研究领域中已有较多应用（Bajpai & Chaturvedi，2023；Mauger et al.，2023；Singh et al.，2023）。在草地生态系统中，利用微卫星标记分析草原动物、菌群微生物等的遗传多样性和结构也较为常见（姜舒畅等，2018；康周才让等，2022；南彦斌等，2024）。

目前，对高原鼢鼠种群遗传方面的研究多集中于地理结构、历史事件对种群遗传结构影响等方面（蔡振媛等，2007；唐利洲等，2010），如刘丽等（2018）利用微卫星标记技术研究发现，特殊岛状栖息地限制了高原鼢鼠种群基因流，河流和公路可能对高原鼢鼠种群内和种群间个体交流有阻碍作用。高原鼢鼠的种群遗传结构受到地理隔离、生境破碎化、种群大小和密度、奠基者效应和近亲繁殖等多重因素的影响（刘丽，2016）。目前，从相似生境、不同地理位置等方面分析高原鼢鼠遗传结构的研究报道相对较少。因此，本研究选取四川省若尔盖县和红原县的高原鼢鼠聚集区，采用微卫星标记法探索相似生境、地理位置差异对高原鼢鼠遗传结构的影响，以期为高原鼢鼠生物多样性保护和草原鼠害监测防控提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

研究区概况：研究区位于四川省西北部若尔盖县麦溪乡、红星乡和红原县安曲镇。若尔盖县草地类型主要为高寒草甸和半沼泽化草甸，红原县草地类型主要为高寒草甸，3个研究区土壤均以亚高山草甸土、山地草甸土和沼泽泥炭土为主，植物优势种均为鹅绒委陵菜 *Potentilla anserina* 和珠芽蓼 *Polygonum viviparum*，鼠类优势种均为高原鼢鼠（根呷羊批等，2022；卓玛措等，2023）。

供试动物：试验动物为高原鼢鼠，分别在若尔盖麦溪乡、红星乡和红原安曲镇选取1个样地，采用典型种群随机捕获法采集高原鼢鼠，共采集100只。其中，麦溪乡40只，红星乡和安曲镇各30只，记录鼢鼠的性别、年龄后解剖获取部分肝脏组织，置于1.5 mL离心管中并保存在液氮罐中，带回后于−80 ℃保存。

试剂及仪器：Ezup柱式动物组织基因组DNA抽提试剂盒、*Taq* Plus DNA聚合酶、10×PCR Buffer（含 Mg^{2+}）、dNTP、琼脂糖，生工生物工程（上海）股份有限公司；DNA Ladder Mix、6×DNA Loading Dye，美国ThermoFisher公司；其他试剂均为国产分析纯。Veriti™ 96well PCR仪、3730XL测序仪，美国ABI；DYY-6C电泳仪、DYCP-32B电泳槽，北京六一仪器厂；BCD-256KT冰箱，青岛海尔股份有限公司。

1.2 方法

1.2.1 供试高原鼢鼠的STR检测

选取Ectl10、Ectl15、Ectl16、Ectl18、Ectl21、Ectl22、Ectl23、Ectl33、Ectl48和Ectl49微卫星位点进行STR检测（苏军虎，2014；刘丽，2016）。每只高原鼢鼠的肝脏组织取25.00 mg，参照Ezup柱式动物组织基因组DNA抽提试剂盒操作说明提取样品的DNA。参考刘丽（2016）方法设计对应引物（表1），本研究引物合成以及STR检测均委托生工生物工程（上海）股份有限公司进行，测序产物经1.0%的凝胶电泳扫描检测，原始测序数据Fsa文件用GeneMapper ID V3.2（ABI）软件导入，人工选峰后导出峰图和相关数据，用于后续遗传多样性分析。

表1 本研究中所用的微卫星引物序列

Table 1 Microsatellite primer sequences in this study

微卫星位点 Microsatellite loci	序列(5′-3′) Primer sequence (5′-3′)	重复序列 Repeat sequence
Ectl10	F: GGTTTGAGGCCAGTCGAAG/R: TGTGAGGTGCTGGGAACAG	$(AAGG)_{15}$
Ectl15	F: TTTGGAGGGCTGCACTTG/R: AGAAGGAGAGCCAGGTTTGG	$(CTTT)_{11}$
Ectl16	F: TGGCGCTCGCCTTTAATTC/R: GTCCTGTAGCAGAGACCCG	$(AACC)_{13}$
Ectl18	F: CACAATGCTTGACTTGTAAGTGG/R: ATTGAACCCGGTCCTCTGC	$(AGAT)_{10}$
Ectl21	F: GCATCATCTCCTCCCAAAGC/R: TCTATGCTGGGCACCTGTC	$(AGAT)_{12}$
Ectl22	F: AGGGCTTGCTTGTTTACCAC/R: TCACTGATTACACCAGCCG	$(GGAA)_{10}$
Ectl23	F: CGCATGAGTGCTCCTTTCAG/R: TCCTCTGGTCTCCAAGTGC	$(CTTT)_{13}$
Ectl33	F: GGCACCAGGCAGTCTCAAC/R: GTGCCTGCAAGTTGTCCTC	$(ATCT)_{14}$
Ectl48	F: ATCCCTCCTAGCAGTTGGC/R: AGGACCAGAAGTTTGAGGC	$(AAT)_{8}$
Ectl49	F: TGGCAGCAAGTGCCTTTAAC/R: CTGACTCCACAAAGCTGTCC	$(ATT)_{11}$

1.2.2 遗传多样性分析和聚类分析

将1.2.1中导出数据采用Popgene 1.3和Arlequin 3.5软件计算等位基因数，等位基因数较高表明等位基因分布较均匀，遗传多样性较高（Yeh & Boyle，1999；Excoffier et al.，2010）。采用Popgene 1.3和Microsatellite Analyser 3.15软件计算有效等位基因数（Yeh & Boyle，1999；Dieringer & Schlötterer，2003）。杂合度是群体遗传结构最常用的指标之一（Nei & Li，1979），通常有观察杂合度和预期杂合度2种表示方法，采用Popgene 1.3和Arlequin 3.5软件计算各个种群在每个微卫星位点上的平均观察杂合度和平均期望杂合度（Yeh & Boyle，1999；Excoffier et al.，2010）。采用PIC-Calc 0.6软件计算多态性信息含量（Shao et al.，2013）。采用Genepop 4.0.1和GenAlex 6.41软件对种群进行哈迪-温伯格平衡分析（Favre et al.，1997；Szpiech et al.，2008）并进行卡方检验，当$P<0.05$时，表示该种群偏离哈迪-温伯格平衡，种群间近亲繁殖现象严重。

基于10个微卫星位点的序列扩增结果，统计试验中出现的稳定性条带，有条带的记为1，无条带的记为0，采用MVSP 3.2软件以非加权算术平均组队（unweighted pair group method with arithmetic means，UPMGA）法对不同地理种群进行聚类分析，构建聚类关系树。采用R 3.5.2软件中的Pheatmap包，制作高原鼢鼠个体间遗传距离热图，以个体间相似性作为遗传距离分析，值越小表明遗传距离越大。

2 结果与分析

2.1 高原鼢鼠微卫星位点扩增结果

STR检测结果显示，10个微卫星位点扩增结果均较好，表明选取的10个微卫星位点在高原鼢鼠种群中的多态性较好，可用于种群位点扩增（图1）。

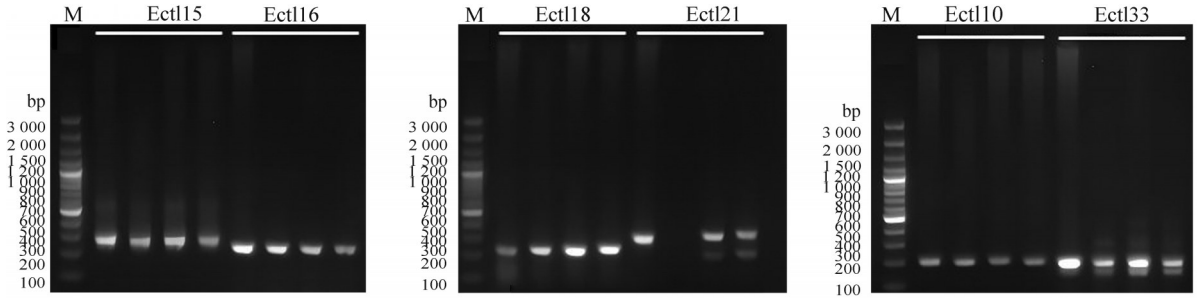


图1 高原鼢鼠部分微卫星位点检测结果

Fig. 1 Check point detection results of partial microsatellite of *Eospalax baileyi*

2.2 高原鼢鼠的遗传多样性分析

共获得100个等位基因，其中等位基因最多的为Ectl22位点，有20个，其次为Ectl10位点，有19个，Ectl48位点的等位基因最少，仅有2个，平均为10个；Ectl22位点上有6个高原鼢鼠个体不存在等位基因，Ectl33和Ectl48位点上各有1个高原鼢鼠个体不存在等位基因。10个位点平均有效等位基因数为4.20个，各位点的有效等位基因数为1.12~9.07个。平均观察杂合度为0.39，平均期望杂合度为0.63。10个位点的多态性信息含量为0.10~0.88，平均多态性信息含量为0.60，表明高原鼢鼠种群中可能存在非随机交配或小种群效应（表2）。

哈迪-温伯格平衡检验结果显示，100只高原鼢鼠个体在10个微卫星位点上有9个位点处于极显著不平衡状态（$P<0.05$）；仅在位点Ectl48上处于遗传

平衡状态（P=0.15，表2），表明高原鼢鼠种群间近亲繁殖现象严重。

表2 高原鼢鼠种群遗传多样性分析结果

Table 2 Results of genetic diversity analysis of plateau zokor population

位点 Site	等位基因数 Number of alleles	个体数 Number of individuals	有效等位基因数 Effective number of alleles	表观杂合度 Apparent heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态性信息含量 Polymorphism information content	哈迪-温伯格平衡 Hardy-Weinberg equilibrium
Ectl10	19	100	8.05	0.75	0.88	0.87	<0.05
Ectl15	7	100	2.60	0.71	0.62	0.56	<0.05
Ectl16	7	100	1.83	0.29	0.46	0.40	<0.05
Ectl18	7	100	3.81	0.29	0.74	0.71	<0.05
Ectl21	16	100	7.95	0.49	0.88	0.86	<0.05
Ectl22	20	94	9.07	0.63	0.89	0.88	<0.05
Ectl23	4	100	1.80	0.07	0.45	0.38	<0.05
Ectl33	6	99	3.46	0.31	0.71	0.69	<0.05
Ectl48	2	99	1.12	0.09	0.11	0.10	0.15
Ectl49	12	100	2.30	0.22	0.57	0.55	<0.05
平均数 Average	10	99.20	4.20	0.39	0.63	0.60	–

2.3 不同地理种群的聚类分析结果

聚类分析结果显示，3个样地高原鼢鼠种群被分成2组，分别是红星乡、麦溪乡种群聚为一组，安曲镇种群为另一组（图2），说明若尔盖县和红原县的高原鼢鼠亲缘关系较远，地理隔离使基因交流受阻。

若尔盖县红星乡和麦溪乡2个样地70只鼢鼠个体间的遗传距离分析结果显示，红星乡种群与麦溪乡种群间出现了普遍的遗传分化，相似系数范围在0.22~0.77之间，其中红星乡R12和麦溪乡G09的遗传距离最远，相似系数为0.22，红星乡R11和麦溪乡G39的遗传距离最近，相似系数为0.77（图3）。表明地理位置差异为高原鼢鼠种群间的地理隔离提供了相应条件。

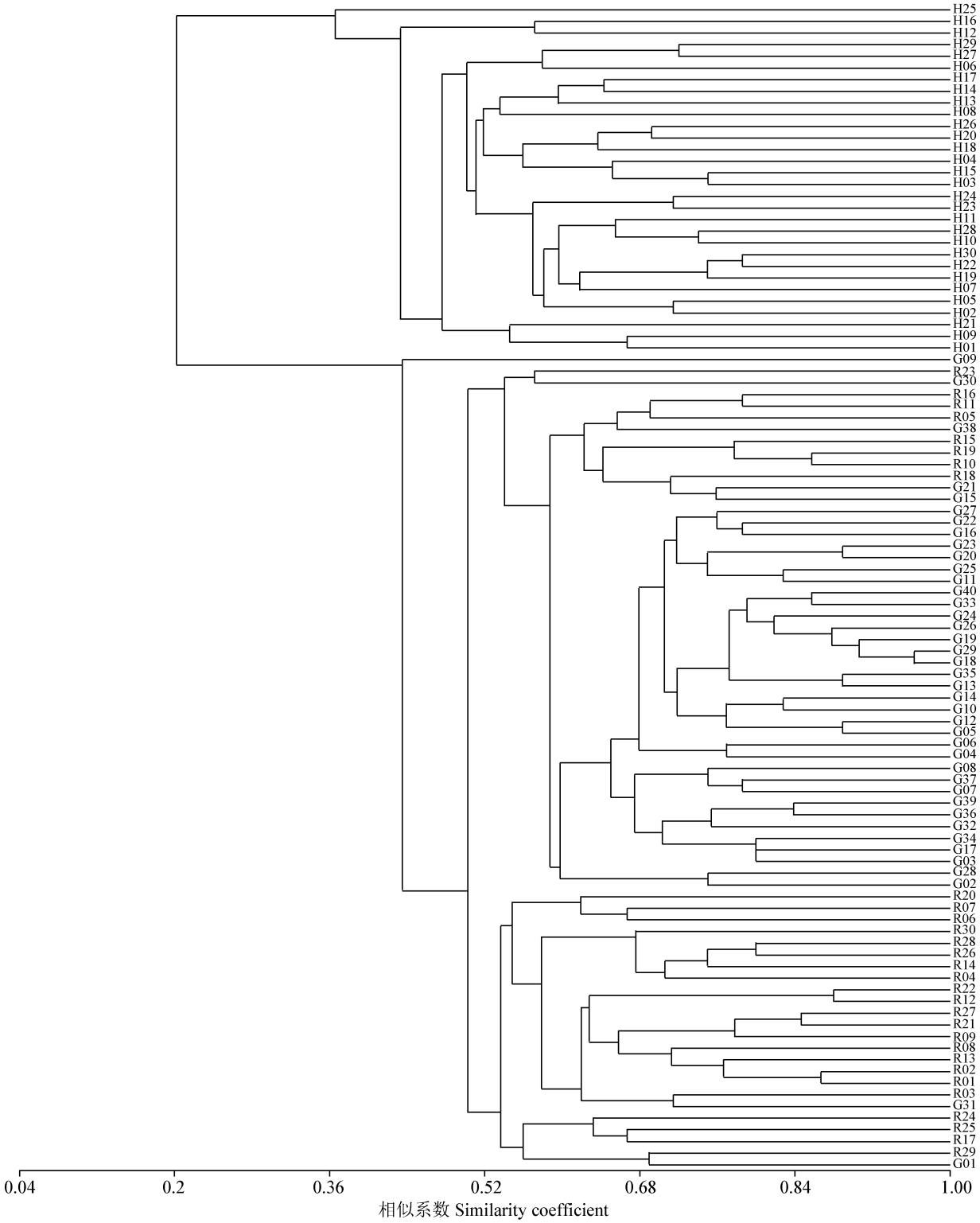
3 讨论

种群遗传多样性是决定一个物种进化潜力和抵御不良环境能力的主要因素（Booy et al.，2000）。等位基因数、观测杂合度和期望杂合度等参数是衡量种群遗传多样性水平的重要指标（Aziz & Tahir，2023；Kanaka et al.，2023）。本研究通过对样品抽样检测以及PCR扩增技术发现10个微卫星位点在高原鼢鼠种群中的多态性较好，可用于种群位点扩增。本研究发现Ectl10和Ectl22位点的有效等位基因数最高，Ectl48位点的有效等位基因数最低，较高的有效等位基因数表明等位基因分布较均匀，遗传多样性较高。此外，平均期望杂合度（0.63）大于平均观察杂合度（0.39），表明可能存在非随机交配或小种群效应。多态性信息含量平均值为0.60，说明本研究微卫星位点多态性水平总体表现较好。这与刘丽（2016）认为微卫星位点的遗传多态性处于中等水平的结论类似。说明高原鼢鼠种群遗传情况有趋同性，其近亲繁殖现象明显，不同栖息地之间的基因交流较少，种群间可能存在地理隔离。

哈迪-温伯格平衡是建立在自然种群的随机交配基础上，故从随机交配的自然种群中获取的遗传数据通常符合哈迪-温伯格平衡（王琦琦等，2013）。本研究中卡方检验结果显示，高原鼢鼠种群中表现出极显著不平衡的位点较多，表明高原鼢鼠种群间自由交流存在一定的局限性，或存在近亲交配现象，对高原鼢鼠的遗传具有一定的限制（刘丽，2016）。产生这种现象的原因可能与种群数量统计、种群扩散规模和速度等有关。

物种的迁移扩散促进了基因在不同种群之间的交流，有助于增加种群遗传多样性，提高其适应环境变化的能力，对维持生态系统的平衡和稳定起着重要作用（索明俐，2024）。高原鼢鼠作为青藏高原草地生态系统的关键种，它的存在和扩散对整个生态系统的结构和功能具有重要影响（唐利洲等，2010）。本研究利用MVSP软件对扩增产物进行聚类分析发现，若尔盖县和红原县相距约150 km，2个地区的高原鼢鼠种群亲缘关系较远，种群间地理隔离显著。食物资源是影响动物扩散和栖息地选择的主要要素之一（周建伟等，2013）。当食物资源不足时，高原鼢鼠才有可能存在种内竞争，从而促使其向周围扩散。高原鼢鼠为地下营居动物，其扩散活动是一项高耗能的活动，1年的扩散距离仅为66.9 m，扩散时比地上活动的动物要付出更大的代价（魏万红等，1997）。本研究通过微卫星标记技术结合栖息地特征调查，证实了高原鼢鼠种群遗传多样性和扩散强度相对较低，也说明所获取的高原鼢鼠样本数

量用来研究种群遗传结构和扩散特点具有一定的可靠性。



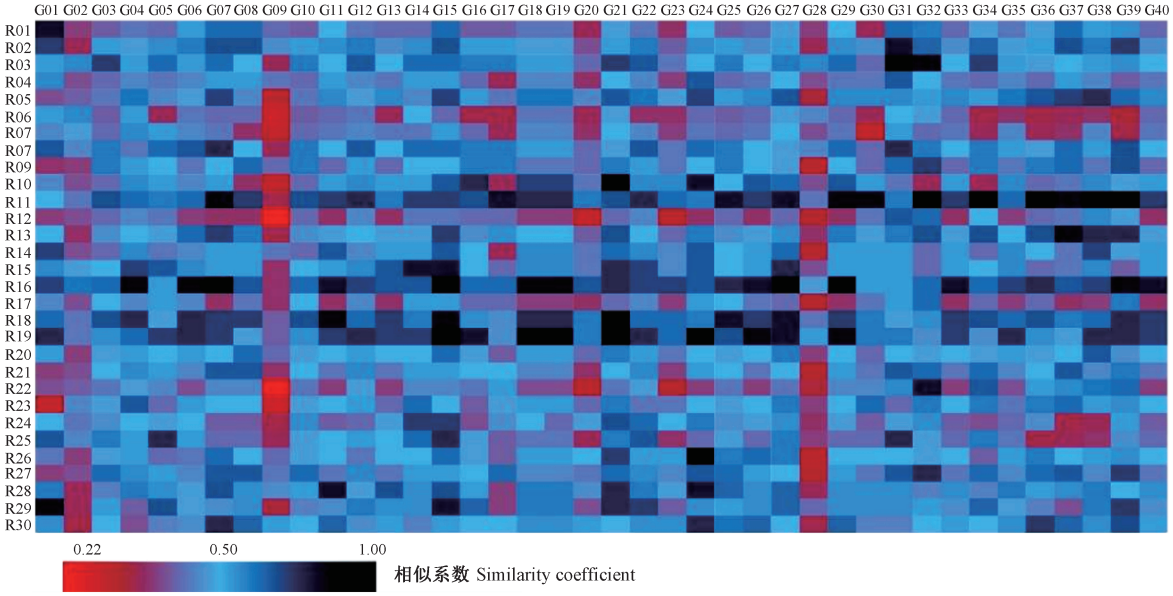
H1~H30：安曲镇样本；G1~G40：麦溪乡样本；R1~R30：红星乡样本。H1−H30: Samples from Anqu Township; G1−G40: samples from Maixi Township; R1−R30: samples from Hongxing Township.

图2 基于遗传距离构建的高原鼢鼠种群UPGMA聚类树

Fig. 2 UPGMA clustering tree of *Eospalax baileyi* population based on genetic distance

本研究采用微卫星标记技术对高原鼢鼠的遗传多样性进行分析，结果显示高原鼢鼠种群间存在近亲交配，在不同位点表现出一定的遗传多样性。相似生境、不同地理位置间高原鼢鼠的遗传多样性较

低，存在一定程度的遗传分化和基因流阻隔，对于种群繁殖和扩散具有显著影响。这些结果为进一步研究高原鼢鼠的种群遗传结构、生态适应性和种群监测防控提供重要参考。



G：麦溪乡样本；R：红星乡样本。G: Samples from Maixi Township; R: samples from Hongxing Township.

图3 四川省若尔盖县麦溪乡和红星乡高原鼢鼠个体间遗传距离热图

Fig. 3 Genetic distance heat map between plateau zokor individuals in Maixi Township and Hongxing Township

参 考 文 献（References）

Aziz RR, Tahir NAR. 2023. Genetic diversity and structure analysis of melon (*Cucumis melo* L.) genotypes using URP, SRAP, and CD-DP markers. Genetic Resources and Crop Evolution, 70(3): 799–813

Bajpai R, Chaturvedi R. 2023. *In vitro* production of doubled haploid plants in *Camellia* spp. and assessment of homozygosity using microsatellite markers. Journal of Biotechnology, 361: 89–98

Booy G, Hendriks RJJ, Smulders MJM, van Groenendael JM, Vosman B. 2000. Genetic diversity and the survival of populations. Plant Biology, 2(4): 379–395

Cai ZY, Zhang TZ, Ci HX, Tang LZ, Lian XM, Liu JQ, Su JP. 2007. Mitochondrial phylogeography and genetic diversity of plateau zokor (*Myospalax baileyi*). Acta Theriologica Sinica, 27(2): 130–137 (in Chinese) [蔡振媛, 张同作, 慈海鑫, 唐利洲, 连新明, 刘建全, 苏建平. 2007. 高原鼢鼠线粒体谱系地理学和遗传多样性. 兽类学报, 27(2): 130–137]

Chu B, Bao D, Ye GH, Hua R, Zhou R, Zhang FY, Tang ZS, Hao YY, Hua LM. 2023. Study on the habitat suitability of plateau zokor (*Eospalax baileyi*) in eastern Qinghai-Tibet Plateau. Chinese Journal of Grassland, 45(8): 100–108 (in Chinese) [楚彬, 包达尔罕, 叶国辉, 花蕊, 周睿, 张飞宇, 唐庄生, 郝媛媛, 花立民. 2023. 青藏高原东缘高原鼢鼠(*Eospalax baileyi*)生境适宜性研究. 中国草地学报, 45(8): 100–108]

Dieringer D, Schlötterer C. 2003. Microsatellite analyser (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. Molecular Ecology Notes, 3(1): 167–169

Excoffier L, Lischer HE. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10(3): 564–567

Favre L, Balloux F, Goudet J, Perrin N. 1997. Female-biased dispersal in the monogamous mammal *Crocidura russula*: evidence from field data and microsatellite patterns. Proceedings of the Royal Society of London Series B: Biological Sciences, 264(1378): 127–132

Feng F, Gong BC, Niu KC. 2019. Linking density of plateau pika to vegetation characteristics and soil attributes in response to different grazing regimes. Pratacultural Science, 36(11): 2915–2925 (in Chinese) [冯峰, 贡保草, 牛克昌. 2019. 不同放牧模式下高原鼠兔密度与高寒植被和土壤的关系. 草业科学, 36(11): 2915–2925]

Gao Y, Li SB. 2008. Effects of sample size on the observed number of allele of 9 STR loci with various genetic data. Hereditas, 30(3): 313–320 (in Chinese) [高雅, 李生斌. 2008. STR遗传多态性研究中样本数量对等位基因检出数量的影响. 遗传, 30(3): 313–320]

Gengayangpi, Zhou S, Yang K, Tang MK, Zeren Y, Yang TY, Xiao CD, Zha D, Yan L. 2022. Community characteristics and soil physical and chemical properties under different degraded grassland in Zoige, Sichuan. Journal of Southwest Minzu University (Natural Science Edition), 48(4): 369–378 (in Chinese) [根呷羊批, 周俗, 杨孔, 唐明坤, 泽仁拥忠, 杨廷勇, 肖晨冬, 扎德, 严林. 2022. 若尔盖县不同退化程度草地植物群落特征及土壤理化性质. 西南民族大学学报(自然科学版), 48(4): 369–378]

Jiang SC, Yao Q, Zhao J, Huang LL, Kang ZS, Zhan GM. 2018. Genetic analysis of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Yunnan Province based on virulence phenotypes and simple sequence repeats. Journal of Plant Protection, 45(1): 83–89 (in Chinese) [姜舒畅, 姚强, 赵杰, 黄丽丽, 康振生, 詹刚明. 2018. 基于毒性表

型与微卫星标记的云南省条锈病菌群体遗传分析. 植物保护学报, 45(1): 83−89]

Kanaka KK, Sukhija N, Goli RC, Singh S, Ganguly I, Dixit SP, Dash AA, Malik AA. 2023. On the concepts and measures of diversity in the genomics era. Current Plant Biology, 33: 100278

Kang Z, Liu Y, Wang M, Li Y, Bi XK, Li YY, Ling Y, Zhao CJ. 2022. Analysis of genetic diversity and population structure of horse population in Kangxi grassland by microsatellite DNA markers. Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica, 53(5): 1431−1441 (in Chinese) [康周才让, 刘宇, 王敏, 李颖, 毕晓昆, 李媛媛, 凌遥, 赵春江. 2022. 利用微卫星分析康西草原马匹种群的遗传多样性和群体结构. 畜牧兽医学报, 53(5): 1431−1441]

Laroche F, Jarne P, Lamy T, David P, Massol F. 2015. A neutral theory for interpreting correlations between species and genetic diversity in communities. The American Naturalist, 185(1): 59

Liu L. 2016. Study on the genetic diversity and genetic structure of small scale plateau zokor (*Myospalax baileyi*). Master thesis. Lanzhou: Gansu Agricultural University (in Chinese) [刘丽. 2016. 小尺度高原鼢鼠种群遗传多样性和遗传结构研究. 硕士学位论文. 兰州: 甘肃农业大学]

Liu L, Wang GZ, Zhou YS, Chu B, Ma SJ, Ji CP, Tian YL, Hua LM. 2018. Small-scale genetic structural analysis of plateau zokor (*Eospalax baileyi*). Acta Prataculturae Sinica, 27(1): 123−130 (in Chinese) [刘丽, 王贵珍, 周延山, 楚彬, 马素洁, 姬程鹏, 田永亮, 花立民. 2018. 基于小尺度高原鼢鼠种群遗传结构研究. 草业学报, 27(1): 123−130]

Mauger S, Baud A, Le Corguillé b G, Tanguy G, Legeay E, Creis E, Valero M, Potin P, Destombe C. 2023. Genetic resources of macroalgae: development of an efficient method using microsatellite markers in non-model organisms. Algal Research, 75: 103251

Nan YB, Xu JC, He QY, Pan XN, Zhou YT. 2023. Analysis of microsatellite loci from *Gynaephora qinghaiensis* based on transcriptome database. Acta Agrestia Sinica, 31(9): 2653−2662 (in Chinese) [南彦斌, 许嘉诚, 何啟玥, 潘学能, 周渊涛. 2023. 青海草原毛虫转录组分析及SSR位点开发. 草地学报, 31(9): 2653−2662]

Nei M, Li WH. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 76 (10): 5269−5273

Pu QS, Wang ZC, Hou QQ, Zhang ZM, Su JH. 2024. Interspecific difference of mound morphological characteristics of two zokor species in the eastern margin of the Qilian mountains. Pratacultural Science, 41(5): 1221−1231 (in Chinese) [蒲强胜, 王志成, 侯齐琪, 张志明, 苏军虎. 2024. 祁连山东缘两种鼢鼠鼠丘形态特征的种间差异. 草业科学, 41(5): 1221−1231]

Shao K, Xiong MH, Xu N, Zhu B, Shi F. 2013. Characterization of microsatellite loci in *Sinilabeo rendahli* and cross-amplification in four other Chinese cyprinid species. Conservation Genetics Resources, 5(1): 9−13

Singh J, Sharma A, Sharma V, Gaikwad PN, Sidhu GS, Kaur G, Kaur N, Jindal T, Chhuneja P, Rattanpal HS. 2023. Comprehensive genome-wide identification and transferability of chromosome-specific highly variable microsatellite markers from citrus species. Scientific Reports, 13(1): 10919

Su JH. 2014. Study on population genetic structure of two kinds of typicalnative animals in the eastern Qinghai Tibetan Plateau. PhD thesis. Lanzhou: Gansu Agricultural University (in Chinese) [苏军虎. 2014. 青藏高原东缘两类典型土著动物种群遗传结构分析. 博士学位论文. 兰州: 甘肃农业大学]

Suo ML. 2024. Effects of urban environment on gene flow and seasonal dispersal among sparrow populations. Master thesis. Beijing: Minzu University of China (in Chinese) [索明俐. 2024. 城市环境对麻雀种群间基因交流及季节性扩散的影响. 硕士学位论文. 北京: 中央民族大学]

Szpiech ZA, Jakobsson M, Rosenberg NA. 2008. ADZE: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. Bioinformatics, 24(21): 2498−2504

Tang LZ, Yu L, Wang JJ, Zhu L, Ding W, Su JP. 2010. Gene flows of *Eospalax baileyi* geographical populations. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 38(10): 5123−5124 (in Chinese) [唐利洲, 于龙, 王俊杰, 朱磊, 丁伟, 苏建平. 2010. 高原鼢鼠种群间基因流研究. 安徽农业科学, 38(10): 5123−5124]

Wang QQ, Sun Y, Tang GH. 2024. Genetic diversity analysis of the geographical populations of *Atrijuglans hetaohei* (Lepidoptera: Oecophoridae) based on nine microsatellite markers. Acta Entomologica Sinica, 67(1): 90−101 (in Chinese) [王琦琦, 孙艳, 唐光辉. 2024. 基于九个微卫星标记的核桃举肢蛾地理种群的遗传多样性分析. 昆虫学报, 67(1): 90−101]

Wei WH, Wang QY, Zhou WY, Fan NC. 1997. The population dynamics and dispersal of plateau zokor after removing. Acta Theriologica Sinica, 17(1): 53−61 (in Chinese) [魏万红, 王权业, 周文扬, 樊乃昌. 1997. 灭鼠干扰后高原鼢鼠的种群动态与扩散. 兽类学报, 17(1): 53−61]

Xiao YF, Liang JY, Le YZ, Xie WZ. 1981. The distribution of the zokor, *Myospalax fontanieri*, and its influences on grassland vegetation at mugetan region. Acta Theriologica Sinica, 1(1): 57−66 (in Chinese) [萧运峰, 梁杰荣, 乐炎舟, 谢文忠. 1981. 木格滩地区中华鼢鼠的分布及其对草场植被的影响. 兽类学报, 1(1): 57−66]

Yeh FC, Boyle T. 1999. POPGENE version 1.3-Microsoft Windows: based freeware for population genetic analysis. Quick users' guide. Edmonton: University of Alberta, pp. 1−29

Yue DL, Li GR, Li JF, Li XL, Zhao JY, Zhu HL, Liu YB, Hu XS. 2024. Soil wind erosion and nutrient loss in typical rodent mounds in a degraded alpine grassland in the Yellow River source zone. Arid Zone Research, 41(4): 603−617 (in Chinese) [越大林, 李国荣, 李进芳, 李希来, 赵健赟, 朱海丽, 刘亚斌, 胡夏嵩. 2024. 黄河源高寒退化草地典型鼠丘土壤风蚀及养分流失规律研究. 干旱区研究, 41(4): 603−617]

Zhou JW, Hua LM, Zuo ST, Su JH, Wang QL. 2013. Research progress in habitat selection of plateau zokor. Pratacultural Science, 30 (4): 647−653 (in Chinese) [周建伟, 花立民, 左松涛, 苏军虎, 王巧玲. 2013. 高原鼢鼠栖息地的选择. 草业科学, 30(4): 647−653]

Zhuoma C, Shen M, Shi CG, Wang Y, Liu G, Xiao BX. 2023. Analysis of the occurrence and influence factors in Hongyuan County. Journal of Grassland and Forage Science, (3): 64−71 (in Chinese) [卓玛措, 沈敏, 史长光, 王钰, 刘刚, 肖冰雪. 2023. 红原县草原虫害发生情况及其与气温的关系研究. 草学, (3): 64−71]

（责任编辑：王　璇）