

基于线粒体 *COI* 基因探讨鹟亚科部分属和种的分类地位

雷忻^{1,2,3}, 廉振民^{2,3}, 雷富民^{1,*}, 尹祚华¹, 赵洪峰^{1,2}

(1. 中国科学院动物研究所, 北京 100080; 2. 陕西师范大学 生命科学学院, 西安 710062;

3. 延安大学 生命科学学院, 延安 716000)

摘要: 采用 PCR 扩增、测序的方法, 对鹟亚科 (Muscicapinae) 6 属 16 种鸟类的线粒体 *COI* 基因序列 1 176 bp 进行测定, 并以荒漠伯劳和发冠卷尾作为外群构建 Bayes、ML、MP 3 棵系统发育树。结果支持: 寿带属 (*Terpsiphone*)、扇尾鹟属 (*Rhipidura*)、方尾鹟属 (*Culicicapa*) 3 属与鹟亚科其他鸟类亲缘关系较远, 扇尾鹟属与方尾鹟属亲缘关系较近; 鹟属 (*Muscicapa*) 为单系发生, 本研究结果未能确定它与仙鹟属、姬鹟属的进化关系; 铜蓝鹟 (*Muscicapa thalassina*) 从鹟属中移出, 归入仙鹟属。上述结论解决了鹟亚科部分属间的进化关系, 为鹟亚科分类系统的研究提供了分子水平证据。

关键词: 鹟亚科; *COI* 基因; DNA 序列; 系统发生

中图分类号: Q 951.3; Q959.739

文献标志码: A

文章编号: 0254–5853 (2007) 03–0291–06

Phylogeny of Some Muscicapinae Genera and Species Inferred from Mitochondrial Gene *COI* Sequences

LEI Xin^{1,2,3}, LIAN Zhen-min^{2,3}, LEI Fu-min^{1,*},

YIN Zuo-hua¹, ZHAO Hong-feng^{1,2}

(1. Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100080, China;

2. College of Life Sciences, Shaanxi Normal University, Xi'an 710062, China;

3. College of Life Sciences, Yan'an University, Yan'an 716000, China)

Abstract: This paper investigates phylogenetic relationships within the Muscicapinae based on analysis of cytochrome oxidase I mitochondrial gene sequences (1 176 bp). Sixteen species representing six of eight putative Muscicapinae genera were analysed, and *Dicrurus hottentottus* and *Lanius isabellinus* were selected as outgroups. Phylogenetic trees were reconstructed using the Bayesian (BI), maximum-likelihood (ML) and maximum parsimony (MP) methods. The results suggest that *Terpsiphone*, *Rhipidura* and *Culicicapa* are distant relatives of the other genera of Muscicapinae, and *Rhipidura* is a close relative of *Culicicapa*. *Muscicapa* is a monophyletic taxon, but the phylogenetic relationships of *Muscicapa*, *Niltava* and *Ficedula* are still uncertain. Our results suggest that *Muscicapa thalassina* should be placed in *Niltava*. These results resolve the phylogenetic relationships among some genera of Muscicapinae and provide some molecular phylogenetic evidence for taxonomic research of Muscicapinae.

Key words: Muscicapinae; *COI* gene; DNA sequence; Phylogeny

鹟亚科 (Muscicapinae) 隶属于雀形目 (Passeriformes) 鹟科 (Muscicapidae) (Cheng, 2000), 在全世界分布有 328 种, 东南亚地区分布有 53 种 (King & Dickinson, 1975), 我国分布有 8 属 40 种

(Cheng, 1994, 2000)。国内外目前对鹟亚科的分类系统很不统一。国外多采用 Sibley & Monroe (1993) 基于 DNA 分子杂交结果建立的分类系统, 将鹟亚科分为鹟族 (Muscicapini) 和鹟族 (Saxicolini); 并将

* 收稿日期: 2006–11–13; 接受日期: 2007–03–05

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30270182; 30270203; 30611140611); 中国科学院–斯洛伐克科学院合作协议项目; 中科院动物所创新项目 (KSCX3-IOZ-0614); 陕西省教育厅专项基金资助项目 (05JK314)

* 通讯作者 (Corresponding author), E-mail: leifm@ioz.ac.cn

第一作者简介: 雷忻, 女, 博士研究生, 主要从事动物分子系统与进化研究。

扇尾鹟属 (*Rhipidura*)、寿带属 (*Terpsiphone*)、王鹟属 (*Hypothymis*) 从鹟亚科中移出, 归入鸦科 (*Corvidae*)、卷尾亚科 (*Dicrini*)。国内多以郑作新 (Cheng, 1994) 分类系统为依据, 将鹟亚科鸟类分为 8 属: 林鹟属 (*Rhinomyias*)、姬鹟属 (*Ficedula*)、仙鹟属 (*Niltava*)、鹟属 (*Muscicapa*)、方尾鹟属 (*Culicicapa*)、王鹟属 (*Hypothymis*)、寿带属 (*Terpsiphone*)、扇尾鹟属 (*Rhipidura*)。在郑作新分类系统 (Cheng, 1994) 基础上, 其他学者也提出不同意见。颜重威 (Yan et al, 1996) 将王鹟属、寿带属和扇尾鹟属归为王鹟亚科 (*Monarchinae*); MacKinnon & Phillipps (2000) 将寿带属、扇尾鹟属与王鹟属从鹟亚科中移走, 列为鸦科卷尾亚科下的族; 郑光美 (Zheng, 2005) 将王鹟属与寿带属合并为王鹟科 (*Monarchidae*), 扇尾鹟属升为扇尾鹟科 (*Rhipiduridae*)。近几年来, 国外学者利用分子系统学方法对鹟亚科的分类地位有一些报道 (Pasquet et al, 2002; Voelker & Spellman, 2004), 但这些研究多是针对高级阶元的划分与探讨, 而对鹟亚科内这一支系的系统分类地位, 以及属间、属下的亲缘关系仍存在很大争议 (Howard & Moore, 1991; Cheng, 1976, 1994)。国内仅见个别鹟亚科鸟类物种的分子分类地位研究 (Li & Zhang, 2004)。

COI (cytochrome oxidase subunit I) 是位于线粒体 DNA 的蛋白质编码基因, 因其既有足够的变异, 又易于扩增, 加之很少有插入与缺失, 成为主

要的 DNA 条形编码基因之一, 在国外已被广泛应用于鸟类分子系统学研究 (Hebert et al, 2004; Weibel & Moore, 2002; Webb & Moore, 2005), 国内尚未见报道。

对鸟类的研究以国内目前普遍采用的郑作新 (Cheng, 1994, 2000) 鸟类分类系统为依据, 选择鹟亚科 6 属 16 种鸟类为对象, 对其 *COI* 基因 1 176 bp 序列进行了分析, 采用贝叶斯法、最大似然法及最大简约法三种方法构建了系统发育树, 旨在从分子系统学角度探讨鹟亚科鸟类的系统发育关系, 为解决其系统分类中的一些争议问题提供分子水平依据。

1 材料和方法

1.1 样 品

本文采用样品 16 号, 代表鹟亚科鸟类 6 属 16 个种 (表 1)。选取的样品为肌肉或血液。这些样品均采自野外, 保藏于中国科学院动物研究所鸟类标本馆。

1.2 方 法

1.2.1 总 DNA 提取 采用 DNA 抽提试剂盒进行总 DNA 提取。试剂盒 SK1205 购于上海生工生物技术有限公司, 参照说明步骤进行提取。

1.2.2 PCR 扩增及 DNA 序列测序 基因扩增及测序引物均选用 H7956 (5'-GGGTCCGAGTATCGTCG-3') 和 L6615 (5'-CCTCTATAAAAAGGTCTACAGCC-3') (Sorenson et al, 1999), 其中 L 为轻链; H 为重链; 序号为 5' 端位置。

表 1 本文所选样品
Tab. 1 Study species

科/属名 Family/Genus name	种名 Species	采集地 Locality	GenBank 检索号 Accession number
姬鹟属 <i>Ficedula</i>	白眉姬鹟 <i>F. zanthopygia</i>	黑龙江绥芬河 Suifenhe, Heilongjiang	EF422235
	灰蓝姬鹟 <i>F. leucomelanura</i>	陕西周至 Zhouzhi, Shaanxi	EF422237
	锈胸蓝姬鹟 <i>F. hodgsonii</i>	陕西周至 Zhouzhi, Shaanxi	EF422238
	棕胸蓝姬鹟 <i>F. hyperythra</i>	四川盐边 Yanbian, Sichuan	EF422239
	橙胸姬鹟 <i>F. strophciata</i>	四川盐边 Yanbian, Sichuan	EF422234
	红喉姬鹟 <i>F. parva</i>	陕西佛坪 Foping, Shaanxi	EF422236
鹟属 <i>Muscicapa</i>	乌鹟 <i>M. sibirica</i>	西藏樟木镇 Zhangmuzhen, Xizang	EF422242
	棕尾褐鹟 <i>M. ferruginea</i>	甘肃文县 Wenxian, Gansu	EF422243
	斑鹟 <i>M. striata</i>	欧洲斯洛伐克 Slovakia, Europe	EF422240
	铜蓝鹟 <i>M. thalassina</i>	四川盐边 Yanbian, Sichuan	EF422241
仙鹟属 <i>Niltava</i>	山蓝仙鹟 <i>N. banyumas</i>	四川盐边 Yanbian, Sichuan	EF422244
	棕腹大仙鹟 <i>N. davidi</i>	陕西周至 Zhouzhi, Shaanxi	EF422245
	棕腹仙鹟 <i>N. sundara</i>	四川美姑 Meigu, Sichuan	EF422246
方尾鹟属 <i>Culicicapa</i>	方尾鹟 <i>C. ceylonensis</i>	陕西周至 Zhouzhi, Shaanxi	EF422247
扇尾鹟属 <i>Rhipidura</i>	黄腹扇尾鹟 <i>R. hypoxantha</i>	四川米易 Miyi, Sichuan	EF422248
寿带属 <i>Terpsiphone</i>	寿带鸟 <i>T. paradisi</i>	陕西陕北 Shanbei, Shaanxi	EF422249
卷尾科 <i>Dicruridae</i>	发冠卷尾 <i>D. hottentottus</i>	陕西佛坪 Foping, Shaanxi	EF422250
伯劳科 <i>Laniidae</i>	荒漠伯劳 <i>L. isabellinus</i>	新疆 Xinjiang	EF422251

PCR 反应总体积为 50 μ L，含 10 $\times$ buffer 5 μ L，25 mmol/L $MgCl_2$ 5 μ L，2.5 U *Taq* DNA 聚合酶 0.5 μ L，2 mmol/L dNTP 5 μ L，引物 10 μ mol/L 各 2 μ L，DNA 模板约为 100 ng，用灭菌 ddH₂O 将反应总体积补足至 50 μ L。*COI* 基因 PCR 扩增程序为：94℃ 预变性 8 min；94℃ 变性 1 min，48℃ 退火 1 min，72℃ 延伸 2 min，36 个循环；72℃ 延伸 8 min。

PCR 产物电泳割胶后，用 HQ & Q 凝胶回收试剂盒 II 进行纯化。试剂盒购于安徽优品生物工程有限公司。具体步骤参见说明书。纯化后产物送交上海生工生物技术有限公司用 ABI3730 测序仪进行双向测序。

1.2.3 系统发生分析 将 DNA 序列在 NCBI 中进行 BLAST 相似性搜索，以确保所获是目标序列。将比对好的序列与 2 个外群的 *COI* 基因部分序列用 Clustal X1.8 (Thompson et al, 1997) 软件进行序列比对，并辅以人工校对。选取 1 176 bp 序列长度，用 MEGA3.0 (Kumar et al, 2004) 软件分析序列的碱基组成和遗传变异。建立 *COI* 数据集，在 PAUP4.0 (Swofford, 2000) 里对数据集进行分析，分别构建 MP、ML 树。采用启发式搜索构建最大简约树 (MP)，对密码子第三位点进行加权处理，权值为转换颠换比的平均值 1.9，并采用 1 000 次自引导法检验。构建最大似然树 (ML) 时，先由 Modeltest3.06 (Posada & Crandall, 1998) 估算出数据集最优模型为 GTR + I + G 模型，用此模型来建树，采用 100 次自引导法自举。此外，此数据集用 MrBayesV3.1 (Huelsenbeck & Ronquist, 2003) 软件构建 Bayesian 树，运行 4 个马尔可夫链，共运行 150 000 代，每 10 代储存一次树。

1.3 外群

根据郑作新 (Cheng, 1994)、Sibley & Monroe (1993) 和 Voelker & Spellman (2004) 的鸺亚科鸟类系统发育关系，本研究选择发冠卷尾 (*Dicrurus hottentottus*) 和荒漠伯劳 (*Lanius isabellinus*) 作为外群。

2 结果

2.1 序列特征分析

COI 基因的核苷酸序列分析见表 2。序列经过比对后共有位点 1 176 个，核苷酸变异位点 385 个，简约信息位点 301 个，A、C、G、T 碱基的平均含量分别为 27.1%、30.2%、17.8%、24.9%。从碱基组成偏向性来看，A + T 含量都明显高于 G + C 含量；在 4 个碱基中，C 的含量最高，G 的含量最低，上述碱基偏斜现象在密码子第三位点最为突出，而在第一位点偏斜程度最小。

COI 基因序列碱基替换频率在密码子第三位点最多，且转换值明显高于颠换值。转换达到一定值后趋于平稳，而颠换为一直线，说明第三位点转换已达饱和，颠换未达到饱和 (图 1)。

鸺亚科各类群及外群 *COI* 基因的遗传距离见表 3。在内群与外群之间核苷酸变异 (未矫正 P 距离) 为 12.3%—16.1%；内群 16 个种中，属内种间核苷酸变异 (未矫正 P 距离) 为 5.4%—14.4%；属间核苷酸变异 (未矫正 P 距离) 为 9.7%—15.5%。

2.2 分子系统树

对 *COI* 基因 1 176 bp 的序列进行系统发生分析，所构建的 Bayes、ML、MP 树见图 2 (a、b、c)。

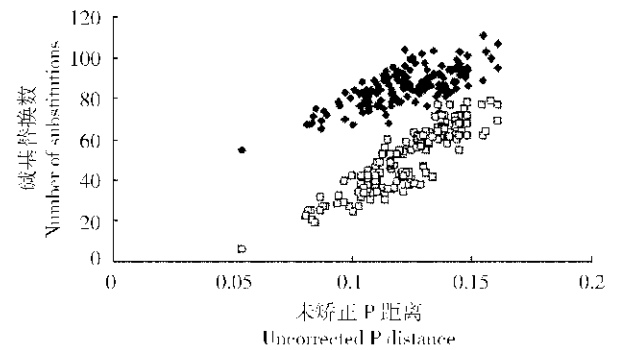


图 1 *COI* 基因密码子第三位点碱基替换饱和度分析
Fig. 1 Saturation plot for the *COI* transition and transversion substitutions at the third codon position
◆：转换数；□：颠换数。
◆：Indicates transition；□：Indicates transversion.

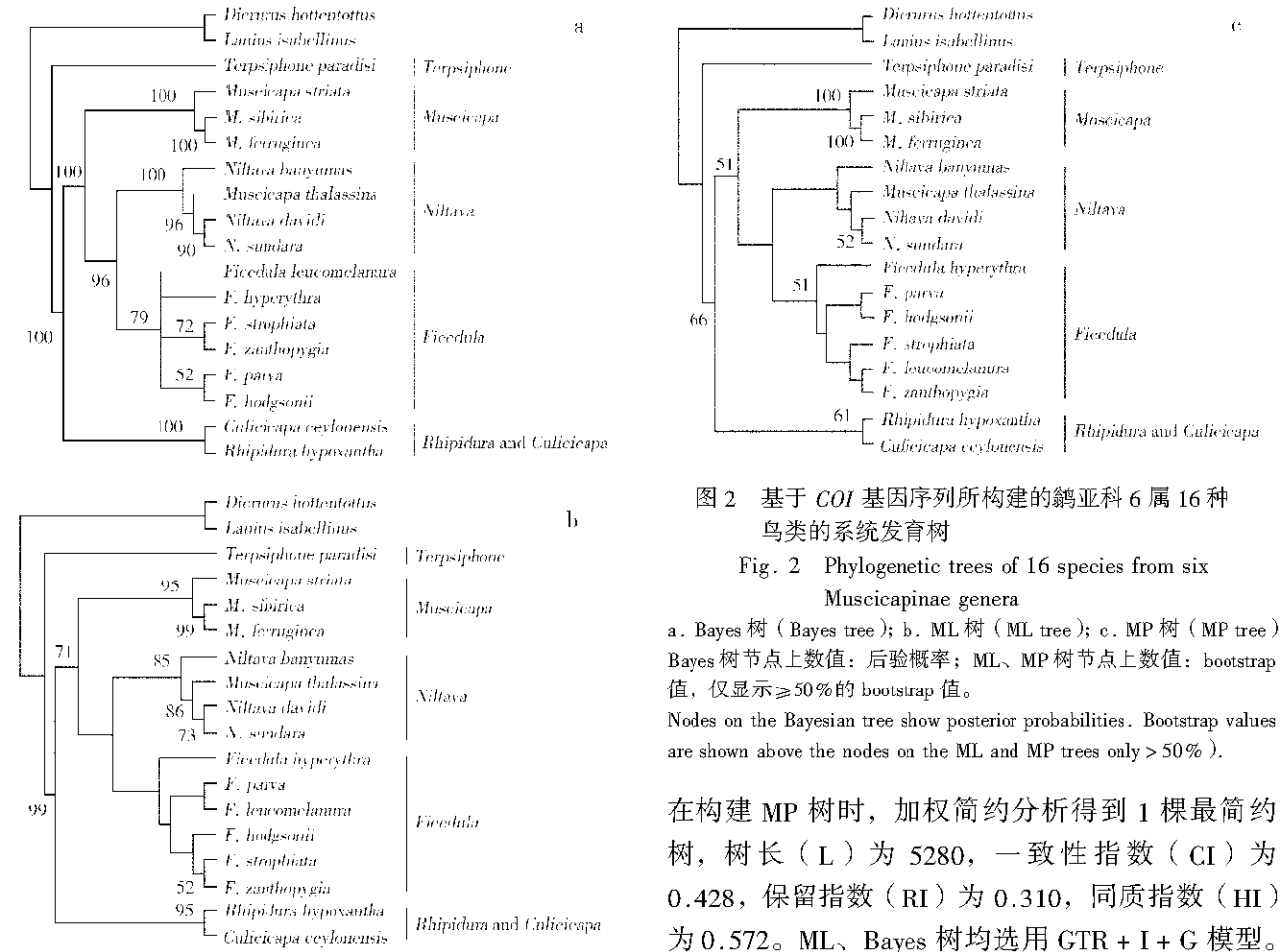
表 2 16 个内群 *COI* 基因的特殊位点及碱基含量
Tab. 2 Overall and codon position-specific dynamics of the *COI* genes for the 16 ingroup taxa

位置 Position	位点数 Number of sites	可变位点 Variable sites	简约信息位点 Informative sites	% A			
				A	C	G	T
全序列 All	1176	385	301	27.1	30.2	17.8	24.9
第 1 位点 1st	392	40	23	24.8	23.5	32	19.7
第 2 位点 2nd	392	1	1	16.8	26.3	15.6	41.3
第 3 位点 3rd	392	344	277	39.8	40.9	5.7	13.6

表 3 鹎亚科 16 种及 2 个外群的 *COI* 基因的未校正遗传距离 (上三角) 和转换/颠换 (下三角)
Tab. 3 Genetic distances (uncorrected P distance, above the diagonal) and numbers of transitions/transversions (below the diagonal) for the *COI* gene of the 16 species of Muscipinae and the two outgroups

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1		0.121	0.126	0.136	0.138	0.147	0.132	0.155	0.143	0.128	0.137	0.122	0.127	0.128	0.148	0.129	0.142	0.145
2	96/61		0.132	0.144	0.141	0.139	0.136	0.141	0.133	0.132	0.136	0.129	0.125	0.134	0.145	0.137	0.161	0.158
3	84/64	96/59		0.054	0.083	0.124	0.111	0.117	0.107	0.111	0.106	0.11	0.099	0.104	0.124	0.122	0.139	0.141
4	94/66	108/61	58/6		0.089	0.124	0.118	0.115	0.122	0.11	0.113	0.121	0.103	0.109	0.129	0.127	0.138	0.147
5	99/63	102/64	73/25	78/27		0.13	0.134	0.12	0.125	0.124	0.119	0.121	0.114	0.122	0.126	0.12	0.139	0.139
6	100/73	93/70	99/47	99/47	103/50		0.103	0.107	0.119	0.117	0.121	0.116	0.121	0.123	0.131	0.131	0.161	0.154
7	92/63	92/68	91/39	100/39	113/44	85/36		0.104	0.111	0.097	0.104	0.1	0.107	0.107	0.118	0.115	0.143	0.136
8	118/64	103/63	102/36	99/36	98/43	89/37	89/33		0.113	0.104	0.107	0.11	0.111	0.105	0.122	0.113	0.146	0.148
9	101/67	92/64	85/41	103/41	107/40	98/42	89/42	96/37		0.11	0.112	0.116	0.107	0.11	0.13	0.131	0.145	0.148
10	87/63	95/60	93/37	92/37	104/42	90/48	72/42	83/39	83/46		0.082	0.087	0.084	0.094	0.108	0.111	0.138	0.136
11	99/62	99/61	89/36	99/34	101/39	95/47	77/45	88/38	89/43	71/25		0.095	0.085	0.088	0.105	0.116	0.143	0.144
12	90/54	93/59	87/42	100/42	99/43	87/49	73/45	89/40	83/53	71/31	80/32		0.087	0.097	0.115	0.114	0.139	0.135
13	88/61	91/56	87/29	92/29	100/34	96/46	84/42	94/37	82/44	77/22	79/21	75/27		0.081	0.101	0.116	0.14	0.13
14	89/61	96/62	91/31	95/33	110/34	99/46	78/48	87/37	87/42	82/28	76/27	85/29	71/24		0.114	0.112	0.148	0.138
15	106/68	116/55	108/38	114/38	109/39	107/47	90/49	99/44	106/47	96/31	89/34	99/36	94/25	103/31		0.129	0.156	0.145
16	91/61	91/70	89/55	92/57	85/56	86/68	73/62	78/55	98/56	81/50	87/49	77/57	87/50	82/50	95/57		0.119	0.123
17	99/68	120/69	97/66	96/66	96/67	108/81	95/73	106/66	108/63	97/65	98/70	97/66	106/59	111/63	119/64	87/53		0.145
18	98/72	107/79	88/78	97/76	91/73	100/81	81/79	94/80	101/73	95/65	101/68	87/72	90/63	89/73	103/68	86/59	108/62	

1: 方尾鹎 *Culicicapa ceylonensis*; 2: 黄腹扇尾鹎 *Rhipidura hypoxantha*; 3: 乌鹎 *Muscicapa sibirica*; 4: 棕尾褐鹎 *Muscicapa ferruginea*; 5: 斑鹎 *Muscicapa striata*; 6: 棕腹大仙鹎 *Niltava davidi*; 7: 棕腹仙鹎 *Niltava sundara*; 8: 铜蓝鹎 *Muscicapa thalassina*; 9: 山蓝仙鹎 *Niltava banyumas*; 10: 红喉姬鹎 *Ficedula parva*; 11: 灰蓝姬鹎 *Ficedula leucomelanura*; 12: 锈胸蓝姬鹎 *Ficedula hodgsonii*; 13: 橙胸姬鹎 *Ficedula strophliata*; 14: 棕胸蓝姬鹎 *Ficedula hypertythra*; 15: 白眉姬鹎 *Ficedula zanthopygia*; 16: 寿带鸟 *Terpsiphone paradisi*; 17: 发冠卷尾 *Dicrurus hottentottus*; 18: 荒漠伯劳 *Lanius isabellinus*。



所得 3 棵树中, ML 与 Bayes 树的拓扑结构较为相似, MP 树差异较大。3 棵树都支持寿带单独成为一支系, 黄腹扇尾鹡和方尾鹡从其他类群中分离出来, 并聚为一支。Bayes 树支持仙鹡属先与姬鹡属聚为一支后再与鹡属聚合, 而 ML 与 MP 树则对仙鹡属与姬鹡属这一支系置信度很低。在属内, 3 棵树均显示铜蓝鹡聚到仙鹡属一支, 其他三种鹡属鸟类以较高的自举值聚为一单系群。

3 讨 论

郑作新 (Cheng, 1994, 2000) 根据形态特征将鹡亚科鸟类分为 8 属: 姬鹡属、仙鹡属、鹡属、方尾鹡属、王鹡属、寿带属、扇尾鹡属和林鹡属。根据这一分类系统, 本研究选样涵盖了鹡亚科鸟类 75% (6/8) 的属、40% (16/40) 的种, 在属级水平上对此亚科部分鸟类亲缘关系进行初步分析, 得到的系统发育树可解析部分有争议属间的进化关系以及特殊种类的分类地位。

郑作新 (Cheng, 1994) 将寿带列为鹡亚科的一个属。Sibley & Monroe (1993)、Mackinnon & Phillipps (2000)、Pasquet et al (2002) 等将寿带归入鸚科、卷尾亚科下的王鹡族。Yan et al (1996) 将寿带属归入王鹡亚科。Zheng (2005) 将寿带属与王鹡属合并为王鹡科。从本文的核苷酸变异分析来看, 寿带与鹡属、仙鹡属、姬鹡属的遗传距离为 11.1%—13.1%, 而鹡属、仙鹡属、姬鹡属 3 属之间的遗传距离为 9.7%—12.9%, 寿带与鹡属、仙鹡属、姬鹡属的遗传距离大于这 3 属之间的遗传距离。由所构建的 Bayes、ML、MP 树来看 (图 2: a、b、c), 寿带远离其他属而最早分化为单独一支, 且有较高的自举值 (100%、99%、66%)。此外, 它的形态特征也与鹡亚科其他鸟类差别较大, 如体形大、头有羽冠、尾较翅长或与翅等长, 幼鸟无斑点、鸣声似笛等。基于上述分析, 本研究认为寿带属较早与鹡亚科其他几属发生分化, 与它们的亲缘关系较远, 但是否将其从鹡亚科中移出, 还有待于我们选取更多样品, 采用更多分子标记做进一步研究。

扇尾鹡属与方尾鹡属的分类地位是鹡亚科 8 属中争议最多的属。Dowsett & Dowsett-Lemaire (1980)、Erard et al (1997) 认为扇尾鹡在外部形态、生殖习性、筑巢特征等方面与王鹡族鸟类很相似, 认为它们亲缘关系较近; Yan (1996) 将扇尾

鹡属归入王鹡亚科; Sibley & Monroe (1993) 将扇尾鹡列为鸚科、卷尾亚科下的扇尾鹡族; Pasquet et al (2002) 认为扇尾鹡与王鹡族鸟类并没有很近的亲缘关系, 方尾鹡不属于鹡科, 但未能确定其具体分类地位。Zheng (2005) 将扇尾鹡提升为独立的科 (Rhipiduridae)。Cheng (1994) 先后将扇尾鹡属与方尾鹡属归入鹡科; Parker (1964) 认为方尾鹡与扇尾鹡有很近的亲缘关系。在本文构建的 Bayes、ML、MP 树中, 黄腹扇尾鹡与方尾鹡单独聚为一支, 并有较高的自举值 (100%、95%、61%); 从序列的遗传差异来看, 黄腹扇尾鹡与方尾鹡的遗传距离最小, 只有 12.1%, 而与寿带之间的遗传距离为 13.7%, 与鹡亚科其它属鸟类之间的遗传距离为 12.5%—14.5%; 此外, 方尾鹡也具有幼鸟无斑点等与黄腹扇尾鹡类类似的形态特征。因此, 我们倾向于支持 Parker 的观点, 认为扇尾鹡属与方尾鹡属亲缘关系较近, 而与寿带属及鹡亚科其他属关系较远。

鹡属、仙鹡属、姬鹡属是鹡亚科中种类最多的三大属, 它们的分类地位和亲缘关系的研究报道多集中在形态、生态、行为等方面。Ali & Ripley (1973) 将仙鹡属归入鹡属, De Schauensee (1984) 和 Lekagul & Round (1991) 将仙鹡属分列为 *Nitava* 和 *Cyornis* 两个属; Cheng (1994)、Mayr & Cottrell (1986) 和 Howard & Moore (1980) 将鹡属与仙鹡属各列为一个属。本文 3 棵系统发育树均支持鹡属为单系群, 说明此属为单系发生。在 Bayes 树中, 仙鹡属与姬鹡属先聚姐妹群, 再与鹡属聚在一起, 且后验概率较高; 在 ML 与 MP 树中, 虽然三属的拓扑结构与 Bayes 树相似, 但仙鹡属与姬鹡属这一支系的自举值很低。综合上述分析, 本研究结果说明仅采取 *COI* 基因不能很好解析这三属之间的进化关系, 还需选取更多种类, 或借助其他基因, 亦或多基因联合分析的方法做进一步研究。

铜蓝鹡的分类地位是鹡亚科非常值得探讨的一个问题。郑作新 (Cheng, 1994) 的传统分类系统将它归入鹡属, 而 Sibley & Monroe (1993) 依据分子杂交研究结果, 将其归入鹡亚科下的 *Eumyias* 属。在本研究中, 铜蓝鹡的地位与上述两个分类系统相比有很大差异, 铜蓝鹡与仙鹡属内各种的序列遗传差异 ($P = 10.4\%—11.3\%$) 小于它与鹡属内各种的序列遗传差异 ($P = 11.5\%—12.0\%$); 加之它在 3 棵树中都远离鹡属, 而聚到仙鹡属一支,

且有较高自举值(96%、86%、52%)。因而,说明铜蓝鹡与仙鹡属鸟类有很近的亲缘关系,应从鹡属中移出,归入仙鹡属。上述信息提示我们应进一步深入研究铜蓝鹡与仙鹡属其他鸟类之间的亲缘关系,以确定其具体的分类地位,并揭示它与其他各种属间的进化关系。

致谢:野外样品采集得到 Peter KANUCH (In-

参考文献:

- Ali S, Ripley SD. 1973. Handbook of the Birds of India and Pakistan [M]. Vol. 8. London: Oxford Univ Press.
- Cheng T, 1976. A Synopsis of the Avifauna of China [M]. 2nd edition. Beijing: Science Press. [郑作新, 1976. 中国鸟类分布名录(第二版). 北京: 科学出版社.]
- Cheng T, 1994. A Complete Checklist of Species and Subspecies of the Chinese Birds [M]. Beijing: Science Press. [郑作新, 1994. 中国鸟类种和亚种分类名录大全. 北京: 科学出版社.]
- Cheng T, 2000. A Complete Checklist of Species and Subspecies of the Chinese Birds [M]. Revised edition. Beijing: Science Press. [郑作新, 2000. 中国鸟类种和亚种分类名录大全(修订本). 北京: 科学出版社.]
- De Schauensee RM, 1984. The Birds of China [M]. Washington: Smithsonian Institution Press.
- Dowsett RJ, Dowsett-Lemaire F, 1980. The systematic status of some Zambian bird [J]. *Gerfaut*, **70**: 151-199.
- Erard C, Keith S, Naurois RD, 1997. Monarchidae, Paradise-flycatchers and Monarchs [A]. In: Urban EK, Fry CH, Keith S. The Birds of Africa [M]. Vol. 5. London: Academic Press, 508-547.
- Hebert PDN, Stoeckle MY, Zemlak TS, Francis CM, 2004. Identification of birds through DNA barcodes [J]. *PLoS Biol*, **2**(10): 1657-1663.
- Howard R, Moore A, 1980. A Complete Checklist of the Birds of the World [M]. London: Academic Press.
- Howard R, Moore A, 1991. A Complete Checklist of the Birds of the World [M]. 2nd Edition. London: Academic Press.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F, 2003. MrBayes: Bayesian inference of phylogenetic trees [J]. *Bioinformatics*, **17**: 754-755.
- King BF, Dickinson EC, 1975. A Field Guide to the Birds of South-East Asia [M]. London: Collins Grafton Street.
- Kumar S, Tamura K, Nei M, 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment [J]. *Brief Bioinform*, **5**: 150-163.
- Lekagul B, Round PD, 1991. A Guide to the Birds of Thailand [M]. Bangkok Thailand: Darnsutha Press.
- Li W, Zhang Y, 2004. Subspecific taxonomy of *Ficedula parva* based on sequences of mitochondrial cytochrome *b* gene [J]. *Zool Res*, **25**(2): 127-131. [李伟, 张雁云, 2004. 基于线粒体细胞色素 *b* 基因序列探讨红喉姬鹡两亚种的分类地位. 动物学研究, **25**(1): 127-131.]
- stitute of Forest Ecology, Slovak Academy of Sciences, Slovakia)、Peter BENDA (National Museum, Institute of Vertebrate Biology, Academy of Sciences of the Czech Republic) 和王洪建(白水江国家级自然保护区)、王开峰(陕西省动物研究所)、高学斌(陕西省动物研究所)、巩会生(佛平国家级自然保护区)的帮助;室内数据分析得到陕西师范大学生命科学学院黄原教授的帮助。在此谨致谢忱!
- Mackinnon J, Phillipps K, 2000. A Field Guide to the Birds of China [M]. London: Oxford University Press.
- Mayr E, Cottrell GW, 1986. Check-list of Birds of the World [M]. Vol. XI. Cambridge: Massachusetts Museum of Comparative Zoology.
- Parker SA, 1964. Taxonomic position of the genus *Culicicapa* Swinhoe (Muscicapidae) [J]. *Bull Brit Ornithol*, **84**: 45-46.
- Pasquet E, Cibois A, Baillon F, Erard C, 2002. What are African monarchs (Aves, Passeriformes): A phylogenetic analysis of mitochondrial genes [J]. *C R Biologies*, **325**: 107-118.
- Posada D, Crandall KA, 1998. Modeltest: Testing the model of DNA substitution [J]. *Bioinformatics*, **14**: 817-818.
- Sibley CG, Monroe BL, 1993. A World Checklist of Birds [M]. New Haven and London: Yale University Press.
- Sorenson MD, Ast JC, Dimcheff DE, Yuri T, Mindell DP, 1999. Primers for a PCR-based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **12**(2): 105-114.
- Swofford DL, 2000. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (* and other methods), Version 4.0b4a [M]. Sunderland, MA: Sinauer.
- Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG, 1997. The Clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. *Nucleic Acids Res*, **24**: 4876-4882.
- Voelker G, Spellman GM, 2004. Nuclear and mitochondrial evidence of polyphyly in the avian superfamily Muscipoidea [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **30**: 386-394.
- Webb DM, Moore WS, 2005. A phylogenetic analysis of woodpeckers and their allies using 12S, Cyt *b*, and *COI* nucleotide sequences (class Aves; order Piciformes) [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **36**: 233-248.
- Weibel AC, Moore WS, 2002. Molecular phylogeny of a cosmopolitan group of woodpeckers (Genus *Picoides*) based on *COI* and *cyt b* mitochondrial gene sequences [J]. *Mol Phylogenet Evol*, **22**: 65-75.
- Yan C, Zhao Z, Zheng G, Xu W, Tan Y, 1996. A Field Guide to the Birds of China [M]. Taipei: Kingfisher Publishing Company, 368-414. [颜重威, 赵正阶, 郑光美, 许维枢, 谭耀匡. 1996. 中国野鸟图鉴. 台北: 台湾翠鸟文化事业有限公司出版, 368-414.]
- Zheng G, 2005. A Checklist on the Classification and Distribution of the Birds of China [M]. Beijing: Science Press, 235-246. [郑光美. 2005. 中国鸟类分类与分布名录. 北京: 科学出版社, 235-246.]