果蝇 *Drosophila nasuta* 亚群 系统发育问题的探讨^{*}

郑向忠^{1,2} 朱定良¹ 庚镇城¹ 张亚平²

1 (复旦大学遗传学研究所进化与行为遗传研究室, 上海 200433)

2 (中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放实验室, 昆明 650223)

摘要 果蝇 *Drosophila nasuta* 亚群由 14 个处于不同物种分化阶段的种、亚种和分类元组成。这个亚群的物种有许多进化上的独特之处,使得它在物种分化研究方面倍受关注。然而,在形态学、生殖隔离、染色体和同工酶多态、线粒体 DNA RFLP、求偶歌特征以及线粒体和核基因序列分析等方面的研究都未能清楚地阐明这一亚群的系统进化关系。本文综合分析了关于这一亚群的进化遗传学的研究结果,并提出了有待进一步研究的一些问题。

关键词 果蝇 *nasuta* 亚群,系统发育

On the phylogeny of *Drosophila nasuta* species subgroup/ ZHENG Xiang-Zhong^{1,2)}, ZHU Ding-Liang¹⁾, GENG Zhen-Cheng¹⁾, ZHANG Ya-Ping²⁾

Abstract *Drosophila nasuta* species subgroup, belonging to *Drosophila immigrans* species group, consists of 14 closely related taxa in various levels of the speciation process. This subgroup exhibits much evolutionary idiosyncrasies which attract great interest in the study of speciation mechanism. However, extensive studies on morphometric, reproductive isolation, chromosomal, allozyme variation, mtDNA RFLP, and courtship song characteristics have failed to produce a coherent phylogenetic tree for this subgroup. This paper reviews the available data on the phylogeny of this subgroup, and some ideas for future research are proposed.

Key words *Drosophila nasuta* species subgroup, phylogeny

Author's address 1) Laboratory of Evolutionary and Behavior Genetics, Institute of Genetics, Fudan University, Shanghai 200433
2) Laboratory of Cellular and Molecular Evolution, Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223

果蝇 *Drosophila nasuta* 亚群属于 *Drosophila immigrans* 种组,由 14 个处于不同分化水平的种、亚种和分类元组成,广泛分布于印度-太平洋区域。这一亚群的成员之间形态差异细微,生殖隔离不完善,因而成为研究物种分化的好材料。然而从形态学、生殖隔离、染色体倒位、同工酶和 mtDNA RFLP,以及求偶行为等不同角度研究这一亚群的系统进化,得出的结论之间却存在较大的分歧。本文综合分析了以往的研究成果,以及最近的 ITS、ND4 和 *per* 基因的序列信息,试图对这一亚群的系统发育和演化提供一个较为清晰的轮廓。

1 *D. nasuta* 亚群的成员及其分布

1914 年, Lamb 首先描述了从塞舌尔 (Seychelles) 岛采到的 *D. nasuta*^[1]。此后直到 1969 年, Wheeler 教授及其同事才报道了该亚群的 14 个种,并确定了 8 个种和亚种^[2]。此后,

* 收稿日期:1998-10-05;修改稿收到日期:1999-03-25

* 国家自然科学基金项目(39670395)和中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化开放实验室课题资助

Kitagawa 等人通过 3 次全球规模的采集,详细报道了这一亚群的分布,并通过杂交实验,确定了 11 个种和亚种^[3]。后来,Kitagawa 又报道了 3 个种和亚种,并最终确定了这一亚群的 14 个种、亚种和分类元^[4]: *D. nasuta*、*D. albomicans* 和 *D. kepulauana* 属于 *D. nasuta* 种复合体;*D. sulfurigaster* 分为 4 个亚种:*D. s. albostrigata*、*D. s. bilimbata*、*D. s. neonasuta* 和 *D. s. sulfurigaster*,它们与 *D. pulaua* 同属于 *D. sulfurigaster* 种复合体;*D. pallidifrons* 和 3 个未正式命名的分类元 Taxon-F、Taxon-I 和 Taxon-J 均属于 *D. pallidifrons* 种复合体,另外还有 *D. kohkoa* 和 *D. niveifrons*。

D. nasuta 亚群广布于印度-太平洋区域。从夏威夷到东南亚,从印度到非洲,从澳洲北部、新几内亚到琉球群岛和中国南部都有分布。*D. nasuta* 在西非海岸的刚果(Congo),喀麦隆(Cameroun),达荷美(Dahomey)也被采集到,并被认为是随人迁移的^[5]。后来在高纬度地区如日本的濑户、我国的上海和山东也发现了 *D. albomicans*, 而且群体还在扩展之中^[6,7]。在泰国,*D. albomicans* 常和 *D. s. albostrigata*、*D. kohkoa* 同域分布^[3],但未见有 *D. nasuta* 和 *D. albomicans* 同域分布的报道。

D. sulfurigaster 的 4 个亚种中,*D. s. albostrigata* 常和该亚群的其它种同域分布。其它 3 个亚种分布于环太平洋的一些岛屿,并且这 4 个亚种是异域分布的^[3]。

在马来西亚有该亚群的 5 个种分布。因为婆罗州(Borneo)物种最为丰富,而且在 *nasuta* 亚群的分布区内,*D. pulaua* 只分布于婆罗州^[3],*D. pallidifrons* 只分布于波纳贝(Ponape)岛^[2],因此 Kitagawa 等认为婆罗州可能最接近于 *D. nasuta* 亚群的起源中心。原始种从那里向东扩展到夏威夷,向西扩展到非洲。*D. pallidifrons* 由于交配行为不活泼而被挤到较远的波纳贝岛,并在巴布新几内亚分化出 Taxon-I 和 Taxon-J^[4]。

2 形态学特征的分化

D. nasuta 亚群的雌性在形态上没有明显可区分的标记,而大部分雄性个体的额头有一

图1 根据交配型式和额记构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[16])

Fig. 1 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup based on courtship pattern and front marker (ref. 16)

图2 根据染色体倒位多态构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[4])

Fig. 2 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup based on chromosome inversion polymorphism (a) and front marker (b) (ref. 4)

银色标记(下称额记)。根据额记可将这一亚群分为3组^[4]: (1) 有方斑状明显额记的, 包括 *D. nasuta*、*D. albomicans*、*D. niveifrons*、*D. kepulauanana* 和 *D. kohkoa*, 其中前4者的额记呈方斑状, 后者呈“H”状; (2) 有白色带状额记的, 包括 *D. pulaua* 和 *D. sulfurigaster* 种复合体的4个亚种即: *D. s. albostrigata*、*D. s. bilimbata*、*D. s. neonasuta* 和 *D. s. sulfurigaster*。*D. pulaua* 的额记为复眼边上一条非常弱的白色带, 后4个亚种则有非常明显的白色带, 其中 *D. s. albostrigata* 和 *D. s. neonasuta* 的额记最亮, *D. s. bilimbata* 次之, *D. s. sulfurigaster* 最弱; (3) 没有白色额记的, 如 *D. pallidifrons*、Taxon F、Taxon I、Taxon J。图1和图2b反映了 *D. nasuta* 亚群在形态上的系统发育关系。即由无额记和无侧胸标记的祖先向有明显方斑状额记和带状额记的两个方向分化。刚毛、翅等的数量性状的统计分析能够区分某些种, 但未能提供系统发育的详细信息^[3]。

3 种间的生殖隔离

从亚群的11个成员(除了 Taxon I、Taxon J 和 *D. niveifrons*) 种间配对杂交的结果来看, 情况非常复杂^[2,3,8]。*D. nasuta*、*D. albomicans* 和 *D. kepulauanana* 组成1个种复合体, 三者虽然是异域分布, 却能互相杂交产生可育的后代, 并能延续几代杂交成功。雌性 *D. albomicans* 可以与该亚群中除了 *D. pallidifrons* 和 *D. s. neonasuta* 以外的所有种杂交并产生可育的后代。除了 *D. s. neonasuta*, *D. sulfurigaster* 复合种的另3个亚种之间可以互相杂交并产生可育的后代。这个复合种的4个亚种的雌性都可以与 *D. pulaua* 杂交产生可育的后代。*D. pallidifrons* 可以与除了 *D. pulaua*、*D. s. bilimbata* 和 *D. s. sulfurigaster* 以外的种杂交并产生可育的后代。*D. kohkoa* 和 Taxon F 之间以及它们与其它种间的杂交, 只产生可育的雌性。图3为根据配对杂交受孕率得出的系统进化树^[4]。Kitagawa 等进一步用 Watanabe-Kawanishi 法推测了该亚群的系统发育方向(图4)。从图3可见 Taxon F 和 *D. nasuta* 种复合体的关系稍近, *D. sulfurigaster* 的4个亚种分为两支, 即 *D. s. neonasuta* 与 *D. s. albostrigata* 关系最近, *D. s. bilimbata* 与 *D. s. sulfurigaster* 聚在一起。这与染色体倒位多态所反映的聚类关系(图2)一致。同样, 图4的聚类关系与图1和图2的聚类关系基本一致。*D. albomicans* 群体处于扩张之中的事实^[6,7]也支持了上述推测。

图3 根据配对杂交受孕率得出的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[4])

Fig. 3 Phylogenetic tree of *D. nasuta* sub-group based on pair-wise fertilization rate (ref. 4)

图4 根据配对杂交差异用 Watanabe-Kawanishi 法推测的 *D. nasuta* 亚群的系统发育方向(引自文献[4])

Fig. 4 Phylogenetic relationship of *D. nasuta* species inferred from pair-wise fertilization rate (ref. 4)

对同胞种 *D. albomicans* 和 *D. nasuta* 更为详细的生殖隔离研究表明: 这两个异域分布的

种,虽然在实验室中可以自由杂交,但表现出‘杂交衰败’^[9,10]。而且 *D. albomicans* 自然群体已发生了相当大的遗传分化^[10]。由此可见,在异域分布的情况下,种间的合子后隔离机制的发生早于合子前隔离机制的产生^[9]。

4 核型、同工酶和 mtDNA RFLP 分析

Wilson 等分析了 *D. nasuta* 亚群 8 个种的核型,发现该亚群的基本核型是:一对棒状的 X、Y 染色体;一对点状的 4 号染色体;一对 V 形的 2 号染色体和一对倍长的棒状 3 号染色体。其中 Y 染色体在种间和种内变异最大。虽然核型能较好地反映种间差异,但并未能提供清晰的系统发育信息^[2]。唾腺染色体倒位在种间和种内也存在丰富的多态^[2]。Kitagawa 等人根据染色体倒位多态构建了 *D. nasuta* 亚群的系统进化树^[4,11](图 2a)。由图 2a 可见,它与根据额记推测的系统树大体相似。

图 5 根据 26 个同工酶座位基因频率构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[4])

Fig. 5 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup constructed from allozyme polymorphism (ref. 4)

图 7 根据 11 种限制性内切酶酶切位点构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[4])

Fig. 7 Phylogenetic relationship of *D. nasuta* species based on restriction sites (ref. 4)

图 6 根据 mtDNA RFLP 构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(引自文献[13], 略作修改)

Fig. 6 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup inferred from mtDNA RFLP data (ref. 13)

图 8 用求偶歌时域特征构建的 *D. nasuta* 亚群系统进化树(引自文献[17])

Fig. 8 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup constructed from courtship song characteristics (ref. 17)

从同工酶情况来看,多数酶在种间和种内存在多态^[3,12]。*D. albomicans* 的日本、台湾和泰国群体之间已发生显著的遗传分化。但 *D. nasuta* 自然群体的分化很小,可能是因为该种已经处于该亚群的分布边缘^[3]。上述工作都未作系统发育分析。最近,Kitagawa 等人根据 26 个同工酶座位的基因频率分析,构建了 *D. nasuta* 亚群的系统进化树^[4],见图 5 所示。此图与染色体倒位多态构建的系统树(图 2a)较为相似。从上述可见,从形态、染色体、蛋白质及

生殖隔离等分析所得到的结论比较一致。对于 *nasuta* 亚群这样一个亲缘关系很近的类群来说,需要用分辨力更高的方法,才能有新的发现。

Chang 等根据 mtDNA RFLP 构建的系统发育树与上述结果不尽相同(图 6)。主要是 *D. kohkoa*、*D. pulaua* 和 Taxon-F 三者的位置。在 Chang 的数据中,*D. sulfurigaster* 4 个亚种的 mtDNA 差异很小,以致于合在一起计算^[13]。而 Tamura 等却发现 *D. s. albostrigata* 和 *D. s. bilimbata* 之间的 $\Delta A/T$ 值已经达到 7.6%,相当于大部分果蝇种类的种间差异水平^[14]。同是 mtDNA 酶切分析,Tamura 等发现 *D. sulfurigaster* 已明显地分化出三支:*D. s. neonasuta* 和 *D. s. albostrigata* 关系较近,而 *D. s. bilimbata* 和 *D. s. sulfurigaster* 已分化到种级水平^[4](图 7)。由于上述研究的材料来源基本相同,我们推测造成上述差异的主要原因是取样不足及分析方法不尽相同。

5 交配行为和求偶歌的种间识别

在 1969 年,Spiehl 首先对 *D. nasuta* 亚群 6 个种的交配行为进行了描述。6 个种的交配型式很相似,却又各不相同^[15]。进而 Lambert 根据交配型式和雄性形态特征,阐述了这一亚群的系统发育关系(图 1)。它与由染色体倒位多态反映的系统进化关系(图 2a)很相似。

最近,我们对 *D. nasuta* 亚群的求偶歌作了细致的分析,根据求偶歌的时域特征构建了 *D. nasuta* 亚群的系统进化树(图 8)。实验中未记录到 *D. pulaua* 和 Taxon-F 的求偶歌(双翅缓慢扇动,不振动发声)^[17],也反映出这 2 个种关系较为接近。从图 8 可见它与同工酶分析结果(图 5)较接近。两者的差异主要是 *D. sulfurigaster* 4 个亚种的聚类关系以及它们在系统发育树上的位置。图 8 中,*D. sulfurigaster* 分为明显的两支,分化程度达到了种级水平,而 *D. albomicans* 和 *D. nasuta* 的求偶歌却很相似^[17]。从杂交实验来看,除了 *D. neonasuta* 以外,*D. sulfurigaster* 的 3 个亚种均能互相杂交并产生可育后代^[3,4],其受孕率接近 *D. albomicans* 和 *D. nasuta* 之间的杂交^[4]。从上述的比较来看,在某些环境下,异域分布的种间的某些合子前隔离因素(如求偶歌)可能是较早产生的。因此性选择压力在不同的环境下可能不同。当然,求偶歌只是生殖前隔离的一个方面,在推导物种分化时需要谨慎。

6 核和线粒体 DNA 序列的进化速度存在差异

上述结果之间存在较大的差异,是不是因为分析的指标不够合适?遗传分化归根结底是发生在 DNA 序列上的,序列分析有可能帮助我们澄清上述的一些矛盾。为此我们与台湾学者合作,对 *D. nausta* 亚群的核基因 ITS 和线粒体基因 ND4 进行了序列分析^{*}。全长 1.1 kb 的 ITS 序列在亚群中较为保守。*D. albomicans* 和 *D. s. neonasuta* 具有完全相同的序列,*D. pallidifrons*、Taxon-I 和 Taxon-J 三者的序列一致。不能反映 *D. nasuta* 亚群的系统进化关系(见图 9)。但我们可看到 *D. s. neonasuta* 与 *D. s. sulfurigaster* 的分歧已相当大。而长约 1.3 kb 的 ND4 除了不能区分 Taxon-I 和 Taxon-J 之外,能够明确地反映其它种间的关系(见图 10)。对 *per* 基因的 Thr-Gly 区段的序列分析则发现它在该亚群中高度保守^[18]。而对多个物种类群 *per* 基因的研究却发现它是一个很好的研究物种分化的基因^[19,20]。由此可见,线粒体基因的进化速度较快,对于像 *D. nasuta* 亚群这样成员之间亲缘关系较近的类群来说,可能

是较为合适的遗传标记。

图9 根据 ITS 序列构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树

Fig. 9 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup based on ITS sequences

图10 由 ND4 基因序列构建的 *D. nasuta* 亚群的系统进化树

Fig. 10 Phylogenetic tree of *D. nasuta* subgroup based on ND4 gene sequences

7 *D. nasuta* 亚群系统进化关系的大致轮廓

从额记、染色体倒位、同工酶、交配型式和种间交配受孕率等情况可以看出, *D. nasuta* 亚群可以划分为:(1) *D. nasuta* 种复合体,包括 *D. nasuta*、*D. albomicans* 和 *D. kepulauan*;(2) *D. pallidifrons* 种复合体,包括 *D. pallidifrons* 和 3 个未定名种 Taxon-I、Taxon-J、Taxon-F;(3) *D. sulfurigaster* 种复合体,包括 *D. s. neonasuta*、*D. s. bilimbata*、*D. s. albostrigata*、*D. s. sulfurigaster* 及 *D. pulaua*,此外还有 *D. kohkoa* 和 *D. niveifrons*。

从图 1~5 可见, *D. niveifrons*、*D. pulaua*、*D. kohkoa*、Taxon-F 为较原始的种类,而 *D. nasuta* 种复合体及 *D. sulfurigaster* 的 4 个亚种是较近才分化出来的。从文中所有进化树可以看出, *D. niveifrons* 是较为原始的种。除了 mtDNA 酶切的情况(图 6),Taxon-I 和 Taxon-J 始终和 *D. pallidifrons* 聚在一起,这一事实支持了 Kitagawa 的推测,即 Taxon-I 和 Taxon-J 是从 *D. pallidifrons* 分化出来的^[3]。*D. sulfurigaster* 的 4 个亚种与 *D. pulaua* 较为接近,可能是从 *D. pulaua* 的祖先分化出来。*D. pulaua* 和 Taxon-F 关系较近,可能是起源于同一个最近的祖先。

8 存在的分歧及进一步研究的展望

从以上所列的系统树中,位置变动最大的是 *D. pallidifrons* 和 *D. sulfurigaster* 种复合体的 4 个亚种。从形态特征、交配行为、染色体和同工酶多态所反映的系统树可以看到, *D. pallidifrons* 一直处于树的根部,反映出它较为原始的地位。但是从 mtDNA 酶切及 ITS 和 ND4 的序列分析来看, *D. pallidifrons* 处于树的顶端,说明它是较近才分化出来的。如何解释这一矛盾?从地理分布情况看, *D. pallidifrons* 只分布于波纳贝岛,接近于该亚群的起源中心^[2]。Kitagawa 认为它是由于交配行为不活泼而被排挤出来的^[4]。基因的分化有时早于物种的分化,在有限的序列内可能存在统计误差,这时基因树与物种树之间就会存在分歧^[21]。我们拟通过增加序列的长度并测定多个相互独立的基因片段来解决这个问题。也可能是 *D. pallidifrons* 的起始群体较小,遗传漂变极易发生,所以从序列上可以看到较多固定的变异。这一推论是否可靠,尚需进一步的工作来证实。

再来看 *D. sulfurigaster* 种复合体的 4 个亚种,从形态特征、交配行为、染色体和同工酶情况看,4 个亚种分为 2 组,即 *D. s. albostrigata*、*D. s. neonasuta* 和 *D. s. sulfurigaster*、*D. s. bilimbata*,但 2 组聚在一起。而从求偶歌时域特征、mtDNA 酶切和序列分析来看(图 7~10),

这2组的亚种之间差异甚大,已经达到了种以上的水平。由于这4个亚种为异域分布,Tamura认为空间隔离是造成亚种间DNA序列高水平差异的成因^[14]。Fisher也曾指出,在性选择和自然选择的影响下,雄性特征(如求偶歌)的进化具有增强特性^[22]。因此,我们认为虽然4个亚种之间的生殖隔离并不完善,但已经发生了明显的遗传分化。Chang等的mtDNA RFLP数据显示这4个亚种间的差异很小,我们认为可能是只分析了一个单雌系的缘故。

D. nasuta 亚群中,尚有3个未定名种即 Taxon F, Taxon I 和 Taxon J。Taxon I 和 Taxon J 两者之间的聚类关系也不稳定。从同工酶、求偶歌时域特征来看,两者关系较远。但从 ITS、ND4 序列分析来看,两者关系极近,并可划归于 *D. pallidifrons* 种下。诸多的研究并不能解释这一矛盾。由此可见,要阐明 *D. nasuta* 亚群的系统演化关系,尚有许多工作要做。核基因和线粒体基因的进化速度存在差异^[23,24],对于 *D. nasuta* 亚群这样一个亲缘关系极其密切的类群,线粒体基因的序列分析可能更适于阐明其系统发育关系。目前我们正在分析该亚群其它种的 ITS 和 ND4 序列,并拟分别再筛选1个核基因和1个线粒体基因,对该亚群不同地理品系进行序列分析,以期对 *D. nasuta* 亚群的系统演化提供一个清晰的轮廓。*nasuta* 亚群的分化在1~3百万年前。^{*}在这个最近才分化出来的类群中,生殖隔离不完善,基因的水平转移和不等交换成为可能。*nasuta* 亚群的分化会不会主要是由基因转变事件驱动的?这将是一个非常有意义的研究课题。

参 考 文 献

- 1 Lamb C G. Diptera: Herteroneuridae, Ortalidae, Trypetidae, Sepsidae, Micropezidae, Drosophilidae, Gonomyzidae, Milichiidae of the Seychelles. *Trans. Linn. Soc. London*, 1914, **16**:307~372
- 2 Wilson F, Wheeler M R, Hargert M et al. Cytogenetic relations in the *Drosophila nasuta* subgroup of the *D. immigrans* group of species. *Studies in Genetics*, Univ. Texas. Publ., 1969, 6918:207~253
- 3 Kitagawa O, Wakahama K I, Fuyama Y et al. Genetic studies of the *Drosophila nasuta* subgroup, with notes on distribution and morphology. *Jpn. J. Genet.*, 1982, **57**:113~141
- 4 Kitagawa O (ed.). *Evolution of Populations*(in Japanese). Tokyo: Tokyo University Press, 1991, 67~76
- 5 David J R, Tsacas L. Cosmopolitan, subcosmopolitan and wide-spread species: different strategies within the Drosophilid family (Diptera). *C. R. Soc. Biogeogr.*, 1980, **57**:11~26
- 6 王文, 凌发瑶, 施立明. 银额果蝇自然群体中 mtDNA 的多态性研究. 银额果蝇的起源和分化. *遗传学报*, 1994, **21**(4):263~274
- 7 陈伟京, 张建之, 庚镇城等. 上海及邻近地区果蝇 (*Drosophila albomicans*) 的迁入及其线粒体 DNA 多态性研究. *遗传学报*, 1994, **21**(3):179~187
- 8 Nirmala S S, Krishnamurthy N B. Cytogenetic studies on *Drosophila neonasuta*—A member of the *nasuta* subgroup. *J. Mysore. Univ. Sec. B.*, 1973~1974, **26**:162~167
- 9 Chang H, Ayala F J. On the origin of incipient reproductive isolation: the case of *D. albomicans* and *D. nasuta*. *Evolution*, 1989, **43**(8):1610~1624
- 10 Inoue Y, Kitagawa O. Incipient reproductive isolation between *Drosophila nasuta* and *Drosophila albomicans*. *Genet. Sel. Evol.*, 1990, **22**:31~46
- 11 Suzuki Y M. Chromosomal analysis and phylogenetic relationships in the *Drosophila nasuta* subgroup. Phylogenetic relationships within the *Drosophila sulfurigaster* species complex. *Genetica*, 1990, **80**:53~66
- 12 Kanapi C G, Wheeler M R. Comparative isozyme patterns in three species of the *Drosophila nasuta* complex. *Texa. Rep. Biol. Med.*, 1970, **28**:261~278
- 13 Chang H, Ayala F J. Mitochondrial DNA evolution in the *Drosophila nausta* subgroup of species. *J. Mol. Evol.*, 1989, **28**:337~348
- 14 Tamura K, Aotsuka T, Kitagawa O et al. Mitochondrial DNA polymorphisms in the two subspecies of *Drosophila sulfurigaster*: relationship between geographic structure of populations and nucleotide diversity. *Mol. Biol. Evol.*, 1991, **8**(1):104~114

*

郑向忠. 生物钟基因 *period* 和趋化因子受体 CXCR4 基因的分子进化及果蝇和灵长类的系统发育. 复旦大学博士论文, 1999

- 15 Spieth H T. . Courtship and mating behavior of the *Drosophila nasuta* subgroup of species. *Studies in Genetics*, Univ. Texas. Publ. , 1969 , 6918 :255 ~ 270
- 16 Lambert D M. Mate recognition in members of the *Drosophila nasuta* complex. *Anim. Behav.* , 1982 , **30** : 438 ~ 443
- 17 邵红光,里敦,周耀华等. 果蝇 *nasuta* 亚群求爱歌的种间识别和进化遗传学研究. 遗传学报, 1997, **24** (4) :311 ~ 321
- 18 Zheng X Z, Zhang Y P, Zhu D L et al. The Thr Gly region of the *period* gene is highly conserved in the *D. nasuta* subgroup. *J. Mol. Evol.* , 1999 (in press)
- 19 Coyne J A. Genetics and Speciation. *Nature*, 1992 , **355** :511 ~ 515
- 20 Peixoto A A , Campesan S , Costa R et al. Molecular evolution of a repetitive region within the *per* gene of *Drosophila*. *Mol. Biol. Evol.* , 1993 , **10** (1) : 127 ~ 139
- 21 张亚平. 从 DNA 序列到物种树. 动物学研究, 1996 , **17** (3) :247 ~ 252
- 22 Fisher R A. The Genetical Theory of Natural Selection. Oxford: Clarendon Press , 1958
- 23 Miyata T, Hayashida H, Kikuno R et al. Molecular clock of silent substitution : at least six foldpreponderance of silent changes in mitochondrial genes over those in nuclear genes. *J. Mol. Evol.* , 1982 , **19** :28 ~ 35
- 24 DeSalle R , Gddings L V. Discordance of nuclear and mitochondrial DNA phylogenies in Hawaiian *Drosophila*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* , 1986 , **83** :6902 ~ 6909

《生物多样性》期刊在京编委会纪要

《生物多样性》新一届编委在京编委会议于 1999 年 7 月 10 日在北京中关村中国科学院动物研究所召开。出席会议的有:主编韩兴国、副主编(以下按姓氏汉语拼音为序)蒋志刚、汪小全、庄文颖,编委曹坤芳、陈幼春、陈昌笃、葛颂、李义明、李振宇、马克平、徐延恭、张大勇、周红章、张学勇,编辑时意专、孙大川、王美林。会议由韩兴国主编主持,首先由编辑部汇报了近 3 年的工作,取得的成绩有:

1. 1998 年刊物进入科学出版社,使期刊管理和出版进一步规范化。2. 1999 年刊物进入邮局发行。1996 年刊物进入国家光盘中心,1998 年成为“*Chinainfo*”的网上期刊。3. 据中国科学引文数据库统计,1997 年本刊的影响因子为 0.2532,在全国生物类期刊中为中上水平。4. 稿件的质量与数量有一定的提高。从稿件来源看,中科院系统稿件占 38%,高等院校稿件占 34%,其他单位来稿占 28%。研究性论文的比例逐年上升,98 年达到 65%。96、97 和 98 年的退稿率分别为 38%、48% 和 37%。

编委们积极发言,讨论热烈,对《生物多样性》已取得的成绩表示认同,对进一步办好刊物达成如下共识:

1. 刊物定位进一步明确,以发表高水平的研究论文和高质量的研究综述为主,加强机制的探讨等内容,着重报道国内的生物多样性研究前沿,注意观察研究动态及时推出新的热点和生长点,争取走在国内生物多样性研究领域的领先地位,以此吸引高质量的稿件,进一步提高刊物的影响因子。同时刊物还需关注和报道国内外的动态信息,兼顾宣传和教育工作。

2. 《生物多样性》的特点和优势是涉及的领域多,覆盖面宽,国际上热点多。各领域的编委将及时将本学科的最新进展、研究动态通过刊物报道给读者,刊物还将适当增加导读、述评及书评。

3. 新的稿件运作机制:实行责任编辑、责任编委制。编辑部将更广泛地征求编委对稿件的处理意见,这样可以充分发挥编委的作用,更好地把好文章的学术关。

4. 缩短出版周期:审稿要严格,提高退稿率;争取将出版周期缩短至 1 年之内;专家评定的一流稿件在半年内发表;自 2000 年起,保持刊期为季刊不变,页码由 80 页增至 96 页。

5. 从编辑角度把握学报质量:严格控制刊物出错率,自 2000 年起,每篇文章后注明责任编辑,参考文献也作如下变更:(1)参考文献中的作者将全部列出。(2)参考文献将采用作者年限制、参考文献应尽量包含有最新的信息等。版面格式可进一步改进,更规范、更美观。

6. 扩大刊物在国际上的影响:要求尽量加长英文摘要,表格、文献中的英文要准确,增加同行间的刊物的交换,定期将刊物寄往国外的有关权威机构及著名的高校、研究所。

7. 每年年终由编委会评选本年度优秀论文,评选结果于第 2 年的首期公布,并予以奖励。

会上还明确了编委会的职责及编辑部的工作和任务。我们有信心在编委会的支持下,将《生物多样性》期刊推向一个新的发展阶段。新一届编委会名单见封底。

《生物多样性》编辑部