

# 基于线粒体控制区 *D-loop* 序列的洪泽湖 翘嘴鲌遗传多样性分析

杨子萍<sup>1,2</sup>, 李大命<sup>1</sup>, 刘燕山<sup>1</sup>, 谷先坤<sup>1</sup>, 杨家新<sup>2</sup>

(1. 南京师范大学海洋科学与工程学院, 江苏 南京 210023)

(2. 江苏省淡水水产研究所, 江苏省内陆水域渔业资源重点实验室, 江苏 南京 210017)

**[摘要]** 为掌握洪泽湖翘嘴鲌(*Culter alburnus*)种质资源遗传多样性状况,采集洪泽湖 6 个群体共 233 尾翘嘴鲌,采用线粒体控制区 *D-loop* 全序列进行遗传多样性分析。结果显示,翘嘴鲌线粒体 *D-loop* 序列长度为 934 bp~936 bp,碱基(A+T)含量(66.0%)明显高于(G+C)含量(34.0%)。243 条 *D-loop* 序列检出 23 个变异位点,其中有 9 个单一信息位点,14 个简约信息位点。6 个群体发现 22 个单倍型,全部群体的单倍型多样性( $H_d$ )和核苷酸多样性( $P_i$ )分别为(0.794±0.019)和(0.002 51±0.000 14),呈现出高  $H_d$  和低  $P_i$  的遗传多样性模式。6 个群体中洪泽湖群体的遗传多样性最高( $H_d$ :0.873±0.038,  $P_i$ :0.002 95±0.000 35),顾勒河群体的遗传多样性最低( $H_d$ :0.709±0.064,  $P_i$ :0.002 03±0.000 31)。分子方差分析表明,群体间的分子变异占比 0.43%,群体内的分子变异占比 99.57%,分子变异主要发生在群体内。群体间遗传分化指数  $F_{st}$  为-0.019 12~0.028 01( $P>0.05$ ),表明群体间没有出现遗传分化。单倍型系统进化树和单倍型网络结构图显示,群体间拥有多个共享单倍型,单倍型聚为一个进化分支,没有形成特定的地理遗传结构。中性检验结果表明洪泽湖翘嘴鲌群体没有经历显著种群扩张事件。研究结果表明,洪泽湖翘嘴鲌遗传多样性较低,6 个群体间基因交流频繁,遗传分化不显著,可将 6 个群体作为一个管理单元进行保护,需采取措施提高翘嘴鲌遗传多样性及恢复其种群数量。

**[关键词]** 翘嘴鲌,控制区序列,遗传多样性,洪泽湖

**[中图分类号]** S917 **[文献标志码]** A **[文章编号]** 1001-4616(2023)02-0070-07

## Genetic Diversity Analysis of *Culter alburnus* in Hongze Lake Based on Mitochondrial Control Region *D-loop* Sequence

Yang Ziping<sup>1,2</sup>, Li Daming<sup>1</sup>, Liu Yanshan<sup>1</sup>, Gu Xiankun<sup>1</sup>, Yang Jiaxin<sup>2</sup>

(1. College of Marine Science and Engineering, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

(2. Freshwater Fisheries Research Institute of Jiangsu Province, Key Laboratory of Fisheries Resources in Inland Waters of Jiangsu Province, Nanjing 210017, China)

**Abstract:** In order to understand the present genetic diversity of *Culter alburnus* populations in Hongze Lake, we sampled a total of 233 *C. alburnus* samples from 6 geographic populations and conducted genetic diversity analysis based on sequences of *D-loop* control region. The results showed that the full length of *D-loop* sequences was 934 bp–936 bp, (A+T) base composition (66.0%) was higher than the (C+G) combination (34.0%). A total of 23 variable sites were identified in 243 *D-loop* sequences in which 9 singleton mutation and 14 parsimony informative sites. 22 haplotypes were defined in 6 populations. The overall haplotype diversity index ( $H_d$ ) was (0.794±0.019) and the overall nucleic acid diversity index ( $P_i$ ) was (0.002 51±0.000 14), which showed high  $H_d$  and low  $\pi$  genetic pattern. The highest and lowest index value of haplotype diversity and nucleic acid diversity were identified in Hongze population ( $H_d$ : 0.873±0.038,  $P_i$ : 0.002 95±0.000 35) and Gule River population ( $H_d$ : 0.709±0.064,  $P_i$ : 0.002 03±0.000 31), respectively. The result of AMOVA demonstrated that 0.43% molecular variation was among populations and 99.57% within populations, and molecular variation mainly occurred within populations. The values of pairwise genetic differentiation index were -0.019 12–

收稿日期: 2022-10-16.

基金项目: 江苏省农业科技自主创新项目 (CX(21)3003), 2021 和 2022 年度省级单位项目 (2021-SJ-110-03; 2022-SJ-061-02).

通讯作者: 李大命, 博士, 研究员, 研究方向: 渔业种质资源监测和评估. E-mail: ldm8212@126.com

0.028 01, which revealed that there were no significant genetic differences among populations ( $P > 0.05$ ). The NJ phylogenetic tree and network structure diagram of haplotypes showed that there were more shared haplotypes among populations, and haplotypes were clustered into one clade without forming a specific geographic genetic structure. The results of the neutrality test revealed that no population expansion happened in evolutionary history of *C. alburnus*. In conclusion, the genetic diversity of *C. alburnus* was low, and the 6 populations can be viewed as a management unit. Furthermore, we should take measures to improve its genetic diversity and population size of *C. alburnus* in Hongze Lake.

**Key words:** *Culter alburnus*, mtDNA control region, genetic diversity, Hongze Lake

翘嘴鲌(*Culter alburnus*)属于鲤形目(Cypriniformes)、鲤科(Cyprinidae)、鲌亚科(Culterinae)、鲌属(*Culter*),俗称白鱼、翘嘴白丝、大白鱼,广泛分布于我国各水系。翘嘴鲌是鲌属中最大的一种鱼类,与松江鲈、黄河鲤、松花江鲑誉为中国四大名鱼。翘嘴鲌生长速度快、肉质细嫩洁白、肉味鲜美、营养丰富、经济价值较高,是我国主要经济鱼类和常见的养殖品种之一。翘嘴鲌为凶猛肉食性鱼类,是水域生态系统中的顶级消费者,其能有效控制小型鱼类种群数量,减轻小型鱼类对浮游生物的压力,在稳定生态系统结构和功能中发挥重要作用<sup>[1-2]</sup>。多年来,受过度捕捞、环境污染及栖息地破坏的不利影响,翘嘴鲌野生资源遭到严重破坏,导致其种群数量急剧减少,个体小型化、低龄化趋势严重,恢复翘嘴鲌种质资源成为亟待解决的问题<sup>[3-4]</sup>。

迄今有关翘嘴鲌的研究主要集中在生长、繁殖、养殖技术、资源调查等方面<sup>[5-8]</sup>,而有关翘嘴鲌野生资源的遗传现状需加强研究。遗传多样性即基因多样性,是物种生存和进化的基础,也是评价物种资源状况的重要参数。动物线粒体DNA(mtDNA)作为核外遗传物质,具有分子小、结构简单、进化快、严格的母系遗传等特点,已成为群体遗传学和分子系统学研究的重要分子标记<sup>[9]</sup>。控制区(*D-loop*)是线粒体DNA上的一段非编码区,进化压力小、遗传变异程度高,是线粒体DNA中进化速率最快的序列,被广泛用于鱼类群体水平的遗传变异分析<sup>[10-12]</sup>。

洪泽湖水域面积约1597km<sup>2</sup>,是我国第四大淡水湖泊,也是江苏省第二大湖泊。洪泽湖具有相对稳定的水位、宽广的水域和丰富的水生生物资源,为渔业的发展提供了良好的条件,是我国主要淡水渔业基地之一<sup>[13]</sup>。早在20世纪60年代,国内相关单位就对洪泽湖鱼类及渔业资源开展了调查研究。近年来的监测结果显示,洪泽湖鱼类物种数量减少,群落结构发生较大变化,鱼类小型化趋势严重,大型食性鱼类如翘嘴鲌等资源衰退严重<sup>[14-15]</sup>。为了增加洪泽湖翘嘴鲌资源量及改善鱼类群落结构,渔业管理部门在洪泽湖开展了翘嘴鲌增殖放流活动。但盲目人工放流可能会导致物种野生群体遗传多样性降低,甚至造成遗传污染<sup>[16]</sup>。为了避免人工放流群体对野生群体的不利影响,应在放流之前评估野生群体的遗传特征<sup>[17]</sup>。本研究采用线粒体控制区*D-loop*序列对洪泽湖翘嘴鲌群体遗传多样性进行分析,一方面可以全面了解洪泽湖翘嘴鲌遗传多样性和遗传结构,另一方面可以为翘嘴鲌增殖放流、种质资源保护及利用提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

2021年和2022年开展洪泽湖渔业资源调查,在6个采样点共采集翘嘴鲌233尾,其中洪泽群体(HZ)38尾,高渡群体(GD)37尾,顾勒河群体(GLH)40尾,新开河群体(XKH)39尾,临淮群体(LH)39尾,马浪岗群体(MLG)40尾,各群体样品采样点位置见图1。测量每尾鱼体长和体重,并剪取尾鳍组织放入无水乙醇中保存。

### 1.2 DNA提取、PCR扩增和测序

采用TaKaRa公司试剂盒提取翘嘴鲌的基因组DNA,采用琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,将DNA保存于-20℃备用。

扩增翘嘴鲌线粒体控制区的引物为*D-loop* F:5'-CGTCAGTCCTTTACTTCGCA-3'和*D-loop* R:5'-AGGGCA-TACTCACGGGGTTG-3'<sup>[18]</sup>,由上海生工生物工程股份有限公司合成。PCR反应体系为50 μL:2×Premix Taq™ 25 μL(TaKaRa Taq 1.25U/25μL,0.2 mmol/L dNTP、1.5 mmol/L Mg<sup>2+</sup>、色素Marker、比重增加物和稳定剂),上下游引物各2 μL(10 μmol/L),DNA模板2 μL(40 ng/μL),ddH<sub>2</sub>O 33 μL。PCR扩增程序:94℃预变性3 min;

94 ℃变性 40 s,55 ℃复性 30 s,72 ℃延伸 50 s,扩增 35 个循环;72 ℃延伸 5 min. 扩增反应在 PCR 仪上完成,PCR 产物经 1%琼脂糖凝胶电泳检测,合格的 PCR 产物送上海生工生物工程股份有限公司进行双向测序.

1.3 数据处理和分析

采用 BioEdit 7.0 软件读取测序结果,对序列进行编辑和拼接,开展序列多重比对. 采用 Mega 7.0 软件统计序列的碱基组成、突变位点数和突变类型,计算群体间的 Kimura 双参数遗传距离. 应用邻接法 (neighbor-joining,NJ)构建单倍型分子系统发育树,系统树中节点的自举置信水平应用自引导估计,循环次数为 1 000 次. 采用 Network 软件构建单倍型网络图,用以展示单倍型之间的进化关系. 采用 DanSP 5.0 软件计算群体的单倍型多样性、核苷酸多样性、平均核苷酸差异数等遗传多样性参数. 采用 Arlequin 3.11 软件进行分子方差 (analysis of molecular variance,AMOVA)分析,通过群体间及群体内变异程度,计算两两群体间的遗传分化指数  $F_{st}$  值. 采用 Tajima's D 及 Fu's  $F_s$  中性检验及核酸错配分布曲线判定翘嘴鲌群体历史动态.

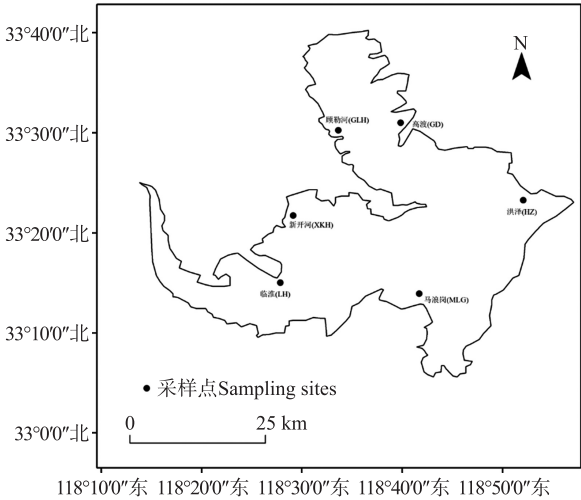


图 1 翘嘴鲌群体采样点  
Fig. 1 Sampling sites in Hongze Lake

2 结果与讨论

2.1 序列变异和遗传多样性

获得 6 个群体 233 尾翘嘴鲌的线粒体 *D-loop* 区序列,长度为 934 bp~936 bp,其中 215 条 *D-loop* 区序列长度为 936 bp,18 条 *D-loop* 区序列长度为 934 bp,该 18 条序列在 828 和 829 位点出现碱基缺失. 所有序列的 A、T、C 和 G 的平均含量分别为 34.4%、31.6%、20.7% 和 13.3%,其中 A+T 含量 (66.0%) 明显高于 C+G 含量 (34.0%),表现出明显的碱基组成偏倚性.

233 条 *D-loop* 区序列检出 23 个核苷酸变异位点,其中有 9 个单核苷酸变异位点,14 个简约信息位点. 共获得 22 个单倍型,整体单倍型多样性为  $(0.794\pm0.019)$ ,核苷酸多样性为  $(0.00251\pm0.000\ 14)$  (表 1). 6 个群体中,洪泽群体的遗传多样性最大 ( $H_d:0.873\pm0.038,P_i:0.002\ 95\pm0.000\ 35$ ),顾勒河群体遗传多样性最小 ( $H_d:0.709\pm0.064,P_i:0.002\ 03\pm0.000\ 31$ ).

表 1 洪泽湖翘嘴鲌群体遗传多样性参数  
Table 1 Genetic diversity parameters of *C. alburnus* populations in Hongze Lake

群体 Populations	样品数量 <i>N</i>	变异位点 <i>V</i>	单倍型数量 <i>H</i>	单倍型多样性 $H_d$	核苷酸多样性 $P_i$	平均核苷酸差异数 <i>K</i>
HZ	38	15	16	0.873±0.038	0.002 95±0.000 35	2.764
GD	37	11	9	0.770±0.048	0.002 28±0.000 36	2.132
GLH	40	14	9	0.709±0.064	0.002 03±0.000 31	1.895
XKH	39	15	11	0.767±0.064	0.002 89±0.000 35	2.696
LH	39	11	8	0.815±0.033	0.002 48±0.000 32	2.318
MLG	40	13	10	0.788±0.047	0.002 48±0.000 29	2.321
总体 Total	233	23	22	0.794±0.019	0.002 51±0.000 14	2.348

注:*N*: Samples number; *V*: Variable sites; *H*: Haplotypes number;  $H_d$ : Haplotype diversity;  $P_i$ : Nucleotide diversity; *K*: The average number of nucleotide differences.

2.2 群体单倍型组成和系统发育关系

6 个翘嘴鲌群体共检出 22 个单倍型,其中有 11 个共享单倍型和 11 个独享单倍型 (表 2). 5 个单倍型 Hap4、Hap5、Hap8、Hap14、Hap17 为群体的共享单倍型,个体数量有 192 个,占整个群体的比例为 82.4%; 单倍型 Hap1、Hap2、Hap13、Hap18–Hap20 为部分群体共享;单倍型 Hap3、Hap6、Hap9–Hap12、Hap15–Hap16 和 Hap21–Hap22 为群体独享单倍型,数量均为 1 个. 共享单倍型的个体数量有 222 个,占整个群体的比例为 95.3%,提示 6 个群体间存在广泛的基因交流.

表 2 洪泽湖 6 个翘嘴鲌群体单倍型组成

Table 2 Haplotype composition of 6 *C. alburnus* populations in Hongze Lake

单倍型 Haplotypes	群体 Populations					
	HZ	GD	GLH	XKH	LH	MLG
Hap1	1		1	1	2	
Hap2	2	1			1	1
Hap3				1		
Hap4	8	14	6	4	11	6
Hap5	11	11	20	18	11	16
Hap6						1
Hap7	1					
Hap8	2	1	1	1	2	1
Hap9						1
Hap10			1			
Hap11	1					
Hap12			1			
Hap13			1	1		
Hap14	2	3	7	4	5	6
Hap15	1					
Hap16	1					
Hap17	1	2	2	4	6	6
Hap18	1	1		2		1
Hap19	1	1		1	1	1
Hap20	3	3		2		
Hap21	1					
Hap22	1					

以鲌亚科的蒙古鲌(*Culter mongolicus*)和达氏鲌(*Culter dabryi*)为外类群,采用邻接法构建单倍型分子系统发育树(图 2)。结果显示,所有单倍型聚为一支,各群体的单倍型相互交叉分布,没有形成与地理群体相对应的谱系关系,与单倍型网络结构图相一致(图 3),表明 6 个群体之间基因交流频繁,群体间遗传分化较小。

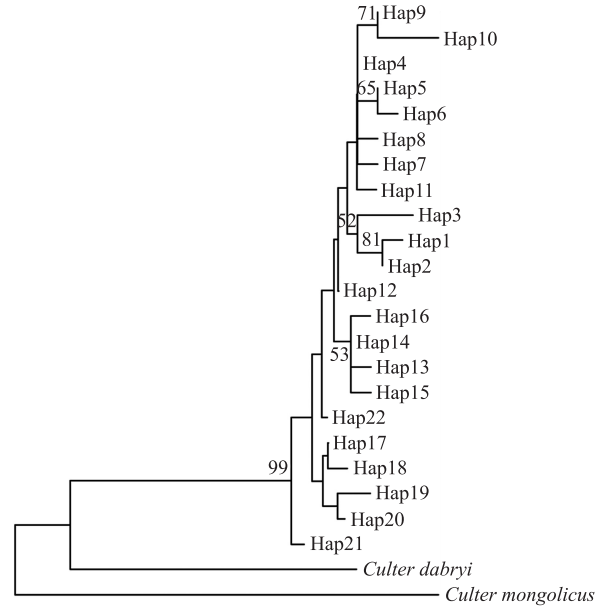


图 2 洪泽湖翘嘴鲌单倍型 NJ 系统树

Fig. 2 NJ phylogenetic tree of the haplotypes of *C. alburnus* in Hongze Lake

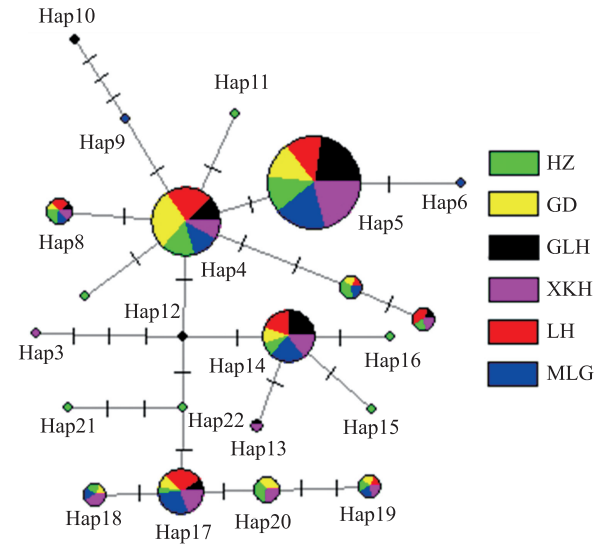


图 3 翘嘴鲌单倍型网络结构图

Fig. 3 Median-joining network of the haplotypes of *C. alburnus* based on control region

### 2.3 群体间遗传距离和遗传分化

根据 Kimura 双参数模型计算群体间遗传距离(表 3),结果显示,6 个群体间的遗传距离为 0.002 21~0.002 91, GD 和 GLH 群体间遗传距离最小, HZ 和 XKH 群体间遗传距离最大,平均遗传距离为 0.002 51,显示群体间遗传变异较小,亲缘关系较近。

分子方差分析结果显示(表 4),群体内个体间的分子变异占比为 99.57%,只有 0.43%的变异发生在

群体间,遗传分化指数  $F_{st}$  值为 0.004 32 ( $P=0.283\ 48$ ),说明 6 个群体间的差异不显著,遗传分化不明显. 两两群体间  $F_{st}$  值为-0.019 12~0.028 01,统计检验结果均不显著,也说明群体间存在较大的基因流,遗传分化不显著(表 3).

表 3 群体间遗传距离(对角线下)和遗传分化指数(对角线上)  
Table 3 Genetic distances( below diagonal) and the genetic differentiation index(  $F$ -statistics,  $F_{st}$ ) (above diagonal) among *C. alburnus* populations

群体 Populations	HZ	GD	GLH	XKH	LH	MLG
HZ	—	0.001 05	0.014 10	-0.010 87	0.014 46	-0.001 88
GD	0.002 57	—	0.021 58	0.013 70	-0.019 12	-0.012 60
GLH	0.002 56	0.002 21	—	0.006 61	0.028 01	-0.001 30
XKH	0.002 91	0.002 57	0.002 50	—	0.027 54	-0.010 18
LH	0.002 67	0.002 34	0.002 30	0.002 67	—	-0.007 21
MLG	0.002 70	0.002 36	0.002 27	0.002 63	0.002 46	—

表 4 洪泽湖翘嘴鲌群体分子方差分析  
Table 4 The AMOVA results of *C. alburnus* populations in Hongze Lake

变异来源 Sources of variation	自由度 $df$	方差和 Sum of squares	变异组分 Variance component	变异比例 Percentage of variation	遗传分化指数 $F_{st}$
群体间 Among populations	5	9.723	0.007 21 Va	0.43	0.004 32
群体内 Within populations	227	377.831	1.664 45 Vb	99.57	
合计 Total	232	387.554	1.671 67	100	

2.4 群体历史动态

采用核苷酸错配分布、Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  中性检验分析翘嘴鲌群体历史动态. 结果显示,洪泽和高渡群体核苷酸错配分布曲线呈现多峰分布,且 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  检验均不显著( $P>0.05$ ),未检测到种群扩张. 其他 4 个群体的核苷酸错配分布曲线呈现单峰型,但 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  检验均不显著( $P>0.05$ ),表明这 4 个群体未显著偏离种群扩张模型. 将 6 个群体作为整体分析,其核苷酸错配分布曲线呈现为单峰型,但 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  检验均不显著( $P>0.05$ ),说明翘嘴鲌群体在近期历史上群体大小保持稳定,未发生显著的种群扩张事件.

表 5 洪泽湖翘嘴鲌群体的中性检验  
Table 5 Neutrality tests of *C. alburnus* populations in Hongze Lake

群体 Populations	中性检验			
	Tajima's $D$	$P$	Fu's $F_s$	$P$
HZ	-0.726 60	0.274 00	-0.495 53	0.328 00
GD	-0.588 01	0.294 00	-0.051 60	0.514 00
GLH	-1.338 93	0.090 00	-0.224 13	0.500 00
XKH	-0.768 56	0.275 00	-0.804 21	0.377 00
LH	-0.332 01	0.413 00	-0.965 43	0.690 00
MLG	-0.751 11	0.244 00	-0.361 89	0.428 00
总体 Total	-1.036 02	0.157 00	-3.651 45	0.179 00

2.5 讨论

遗传多样性的研究是生物多样性研究的重要内容,只有通过遗传多样性的研究才能从本质上揭示物种多样性的起源、变异和进化. 单倍型多样性( $H_d$ )和核苷酸多样性( $P_i$ )是评价一个群体遗传多样性主要指标, $H_d$  和  $P_i$  值越大,表明群体的遗传多样性越丰富<sup>[19~20]</sup>. 核苷酸多态性考虑各种单倍型在群体中所占的比例,指示的群体多态程度更为精确<sup>[21]</sup>. 由研究结果可知,基于  $D$ -loop 序列 6 个翘嘴鲌群体的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为(0.709±0.064)~(0.873±0.038)和(0.002 03±0.000 3)~(0.002 95±0.000 35),整个群体的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为(0.794±0.019)和(0.002 51±0.000 14). Grant 等将  $H_d$  和  $P_i$  之间的关系分为 4 种类型:高  $H_d$  高  $P_i$ 、高  $H_d$  低  $P_i$ 、低  $H_d$  高  $P_i$  和低  $H_d$  低  $P_i$ <sup>[22]</sup>. 由此可以看出,洪泽湖翘嘴鲌遗传多样性属于高  $H_d$  低  $P_i$  型,暗示其遗传多样性较低. 有研究结果显示,我国翘嘴鲌在其他水系或地理群体的遗传多样性也具有高  $H_d$  低  $P_i$  特点,比如,我国东部 6 个湖泊群体  $ND2$  基因的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为 0.915 02 和 0.002 60<sup>[23]</sup>,长江



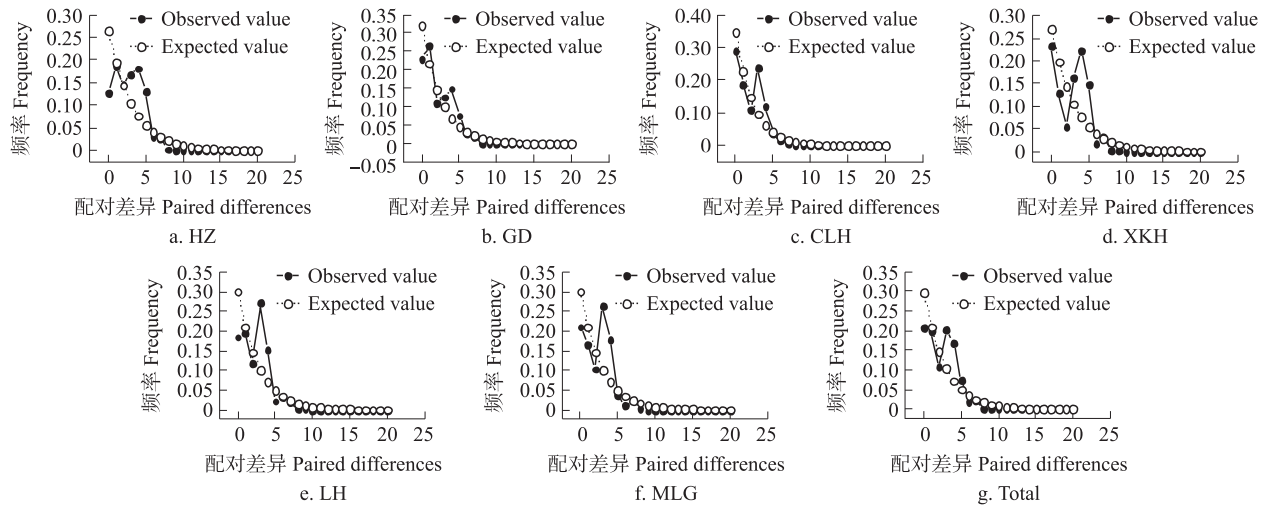


图4 翘嘴鲌群体核苷酸错配分布曲线

 Fig. 4 Mismatch distribution curve of *C. alburnus* populations in Hongze Lake

水系翘嘴鲌的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为  $(0.866 \pm 0.019)$  和  $(0.003 \ 30 \pm 0.0019 \ 44)$  [24], 我国 4 个湖泊群体 *COI* 基因的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为  $(0.576 \pm 0.047)$  和  $(0.002 \ 72 \pm 0.001 \ 10)$  [25], 我国 6 个湖泊群体或水库群体的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为  $(0.896 \pm 0.013)$  和  $(0.003 \ 34 \pm 0.000 \ 13)$  [26], 漏湖群体 *Cytb* 基因的  $H_d$  和  $P_i$  值分别为 0.907 和 0.0024 [27], 均表明我国野生翘嘴鲌种质资源遗传多样性较低. 多年来, 受环境污染、过度捕捞、栖息地丧失等不利因素的影响, 导致翘嘴鲌野生种群数量急剧减少, 遗传多样性丧失 [23-26].

一般而言, 鱼类遗传多样性具有高  $H_d$  低  $P_i$  的特征被认为是小的有效群体经过一段时间的稳定后发生了扩张, 快速的种群扩张有利于群体单倍型数量增加, 但是 DNA 变异所需经历的时间通常要远远长于单倍型数量变化的时间, 因而形成了高  $H_d$  低  $P_i$  的进化特征 [22]. 从整体看, 洪泽湖翘嘴鲌的核苷酸分布曲线呈单峰型, 但 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  检验均不显著 ( $P > 0.05$ ), 说明翘嘴鲌群体在近期历史上大小保持相对稳定, 未出现显著的种群扩张. 由此可以推测, 翘嘴鲌高  $H_d$  低  $P_i$  的形成可能是在第四纪冰期期间受种群“瓶颈效应”打击之后, 未发生明显的种群扩张事件, 导致遗传多样性偏低 [27-28].

遗传分化指数 ( $F_{st}$ ) 是评估群体之间遗传分化程度的重要参数. Wright 指出, 若  $F_{st}$  为 0~0.05, 表明其各亚群间不存在分化; 若  $F_{st}$  为 0.05~0.15, 表明其各亚群间存在中度分化; 若  $F_{st}$  为 0.15~0.25, 则为高度分化 [29]. 分子方差分析结果显示, 群体内个体间分子变异占比为 99.57%, 群体间分子变异占比 0.43%, 大部分遗传变异发生在群体内个体间. 整个群体的  $F_{st}$  值为 0.004 32 ( $P = 0.283 \ 48$ ), 表明翘嘴鲌整体上没有产生显著遗传分化. 两两群体间的  $F_{st}$  值为 -0.019 12~0.028 01, 且统计检验均不显著 ( $P > 0.05$ ), 进一步说明翘嘴鲌群体间没有显著遗传分化. 从群体的单倍型组成来看, 群体间具有多个共享单倍型, 共享单倍型的个体数量占整个群体的 95.3%, 说明群体间存在广泛的基因交流. 另外, 单倍型的 NJ 系统树也显示, 单倍型在群体中混杂分布, 没有形成特定的群体遗传结构, 也支持上述观点. 洪泽湖翘嘴鲌群体遗传结构可能由以下几个因素造成: (1) 洪泽湖水面广阔, 且群体间的地理位置较近, 群体间无法形成地理隔离; (2) 翘嘴鲌游泳能力强, 活动范围广, 群体间有广泛的基因交流; (3) 增殖放流活动开展可能导致群体遗传结构单一, 群体间遗传分化程度较低 [30-32]. 根据群体遗传结构, 应将 6 个群体作为一个管理单元进行保护.

### 3 结论

本研究采用线粒体 *D-loop* 区对洪泽湖翘嘴鲌遗传多样性和遗传结构进行分析, 结果显示, 翘嘴鲌的遗传多样性呈现高  $H_d$  低  $P_i$  类型, 表明翘嘴鲌遗传多样性较低; 6 个群体间没有显著遗传分化, 应视为一个管理单元. 需要采取措施恢复洪泽湖翘嘴鲌渔业资源, 提高翘嘴鲌遗传多样性: (1) 强化渔业资源管理, 加大执法力度, 严厉打击非法捕捞行为; (2) 控制环境污染, 治理湖泊富营养化, 改善鱼类栖息环境; (3) 恢复水生植被, 构建人工鱼巢, 修复水域生态环境; (4) 科学规范开展翘嘴鲌增殖放流, 开展放流群体遗传评估, 增加翘嘴鲌种群数量, 提高其遗传多样性水平.

## [参考文献]

- [1] 覃亮,熊邦喜,王基松,等. 鲃属鱼类在天然水域中的生态功能及资源增殖对策[J]. 湖北农业科学,2009,48(1): 233-236.
- [2] 刘恩生,吴林坤,曹萍,等. 太湖鲃鱼数量变化规律及生态效应分析[J]. 水利渔业,2007,27(3):70-73.
- [3] 王红卫,高士杰,尹海富. 兴凯湖翘嘴鲃的研究进展[J]. 渔业经济研究,2009(4):19-22.
- [4] 黄艳飞,段国旗,彭林平. 翘嘴鲃的资源现状和生物学特征[J]. 安徽农业科学,2019,47(19):10-13.
- [5] 凌去非,谭夕东,许爱国. 澄湖翘嘴鱼白的生长与资源保护[J]. 水利渔业,2006,26(4):30-32.
- [6] 吕帅帅,管卫兵,何文辉. 太湖翘嘴鲃的生物学特性和条件状况研究[J]. 江苏农业科学,2013,41(5):196-199.
- [7] 徐慧东,苗畅齐,韩英. 兴凯湖翘嘴鲃的生物学研究与养殖概况[J]. 水产学杂志,2014,27(5):59-64.
- [8] 吕大伟,周彦锋,葛优,等. 淀山湖翘嘴鲃的年龄结构与生长特性[J]. 水生生物学报,2018,42(4):762-769.
- [9] 张亚平,施立明. 动物线粒体 DNA 多态性的研究概况[J]. 动物学研究,1992,13(3):289-298.
- [10] 赵丽丽,赵金良. 中国少鳞鳊不同群体 mtDNA 控制区序列的遗传分析[J]. 上海水产大学学报,2007,16(5):309-413.
- [11] 诸廷俊,杨金权,唐文乔. 长江口鲟属鱼类线粒体 DNA 控制区结构分析[J]. 上海水产大学学报,2008,17(2):152-157.
- [12] 李伟文,许强华,陈新军,等. 基于线粒体控制区的中部太平洋黄鳍金枪鱼种群遗传结构的研究[J]. 上海海洋大学学报,2014,23(5):782-788.
- [13] 孙坚,汤道言,季步成,等. 洪泽湖渔业史[M]. 南京:江苏科学技术出版社,1990.
- [14] 林明利,张堂林,叶少文,等. 洪泽湖鱼类资源现状、历史变动和渔业管理策略[J]. 水生生物学报,2013,37(6):1118-1127.
- [15] 毛志刚,谷孝鸿,龚志军,等. 洪泽湖鱼类群落结构及其资源变化[J]. 湖泊科学,2019,31(4):1109-1119.
- [16] 汪鄂洲,李全宏,徐念,等. 基于 COI 和 Cytb 序列的丹江口水库鲢群体遗传结构分析[J]. 水生态学杂志,2022,43(4): 49-56.
- [17] BLANKENSHIP H L, LEBER K M. A responsible approach to marine stock enhancement; an update[J]. Reviews in fisheries science, 2010, 18(2): 189-210.
- [18] QI P Z, QIN J H, XIE C X. Determination of genetic diversity of wild and cultured topmouth culter (*Culter alburnus*) inhabiting China using mitochondrial DNA and microsatellites[J]. Biochemical systematics and ecology, 2015, 61: 232-239.
- [19] 范启,何舜平. 长江流域鲃种群遗传多样性和遗传结构分析[J]. 水生生物学报,2014,38(4):627-635.
- [20] 李文静,王环珊,刘焕章,等. 赤水河半鲮的遗传多样性和种群历史动态分析[J]. 水生生物学报,2018,42(1):106-113.
- [21] 王丹,程庆武,杨镇宇,等. 三峡库区鲃属鱼类线粒体 COI 基因遗传多样性的初步分析[J]. 水生生物学报,2015,39(5): 1054-1058.
- [22] GRANT W, BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. Journal of heredity, 1998, 89(5): 415-426.
- [23] 伊西庆. 中国东部 6 个大型湖泊翘嘴鲃 (*Culter alburnus*) 遗传多样性的线粒体 ND2 基因序列分析[D]. 广州:暨南大学,2009.
- [24] 黄小戡. 长江水系翘嘴鲃遗传多样性研究[D]. 广州:暨南大学,2012.
- [25] QI P Z, GUO B Y, XIE C X, et al. Assessing the genetic diversity and population structure of *Culter alburnus* in China based on mitochondrial 16S rRNA and COI gene sequences[J]. Biochemical systematics and ecology, 2013, 50: 390-396.
- [26] SUN N, ZHU D M, LI Q, et al. Genetic diversity analysis of Topmouth Culter (*Culter alburnus*) based on microsatellites and D-loop sequences[J]. Environmental biology of fishes, 2021, 104: 213-228.
- [27] 李大命,刘洋,唐晟凯,等. 基于 Cytb 基因的涪湖鲃类国家级水产种质资源保护区 3 种鲃鱼的遗传多样性分析[J]. 水产科技情报,2022,49(1):1-7.
- [28] 王太,杜岩岩,杨濯羽,等. 基于线粒体控制区的嘉陵江裸裂尻鱼种群遗传结构分析[J]. 生态学报,2017,37(22): 7741-7749.
- [29] BOWEN B W, GRANT W S. Phylogeography of the sardines (*Sardinops* spp.): assessing biogeographic models and population histories in temperate upwelling zones[J]. Evolution, 1997, 51(5): 1601-1610.
- [30] WRIGHT S. The interpretation of population structure by F statistics with special regard to systems of mating[J]. Evolution, 1965, 19: 395-420.
- [31] 张晓宇,张富铁,姚富城,等. 岩原鲤遗传多样性和种群历史动态研究[J]. 水生生物学报,2020,44(2):330-338.
- [32] 吴俊颀,李光华,金方彭,等. 基于线粒体 D-loop 区的抚仙湖鲢浪白鱼遗传多样性分析[J]. 水生生物学报,2022,46(3): 385-394.

[责任编辑:黄 敏]