

## 鳊鱼线粒体 DNA 控制区结构和种群遗传多样性分析

杨 博<sup>1,2</sup>, 陈小勇<sup>1,\*</sup>, 杨君兴<sup>1,\*</sup>

(1. 中国科学院昆明动物研究所, 云南 昆明 650223; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

**摘要:** 用特异性引物对鳊鱼 (*Anabarilius grahami*) DNA 进行 PCR 扩增, 获得了鳊鱼线粒体 DNA 控制区基因全序列 (930 bp)。控制区 T、C、A 和 G 碱基组成为 29.8%、22.5%、33.0% 和 14.7%。对照其他已报道的鱼类控制区结构, 对鳊鱼控制区结构进行了分析, 识别了其终止序列区、中央保守区和保守序列区, 找到了终止相关的序列 TAS 以及保守序列 (CSB-F、CSB-D、CSB-1、CSB-2、CSB-3)。同时运用 DNA 分析软件对鳊鱼一个驯养种群 (中国科学院昆明动物研究所珍稀鱼类繁育中心) 及两个自然地理种群 (江川县明星鱼洞、江川县牛摩村) 进行了遗传多样性分析。结果显示: 两个自然种群存在较强基因交流, 未出现遗传分化; 人工驯养种群遗传多样性最高, 种群复壮程度较好。

**关键词:** 鳊鱼; 线粒体 DNA; 控制区; 遗传多样性

中图分类号: Q959.468 文献标识码: A 文章编号: 0254-5853-(2008)04-0379-07

## Structure of the Mitochondrial DNA Control Region and Population Genetic Diversity Analysis of *Anabarilius grahami* (Regan)

YANG Bo<sup>1,2</sup>, CHEN Xiao-yong<sup>1,\*</sup>, YANG Jun-xing<sup>1,\*</sup>

(1. Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming 650223, China;

2. Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

**Abstract:** The control region (D-loop) of *Anabarilius grahami* was amplified by PCR amplification with a pair of specific primers. The sequence with the complete nucleotide control region from *A. grahami* mitochondrial was cloned and directly sequenced. The length of this region (D-loop) contained 930bp nucleotides and the T, C, A and G contents were 29.8%, 22.5%, 33.0% and 14.7% respectively. The mtDNA control region of *A. grahami* could be partitioned into three domains, namely, the termination associated sequence domain, the central conserved sequence domain and the conserved sequence block domain. The extended termination associated sequence (ETAS), two conserved blocks (CSB-F, CSB-D) in the central conserved sequence block domain and three conserved sequence blocks (CSB1, CSB2, CSB3) in the conserved sequence block domain were successfully identified and their homology compared with other fish. The genetic diversity analysis of *A. grahami* from the Endangered Fish Breeding Center (EFBC) of the Kunming Institute of Zoology (KIZ), Mingxing Fish Cave (Jiangchuan), Niumo Village (Jiangchuan) was analyzed. The result indicated a very low genetic divergence between two natural populations, and the genetic diversity of the population from EFBC was much higher; they had recovered better than others.

**Key words:** *Anabarilius grahami*; Mitochondrial DNA; Control region; Genetic diversity

鳊鱼隶属鲤形目 (Cypriniformes) 鲤科 (Cyprinidae) 鲃亚科 (Cultrinae) 白鱼属 (*Anabarilius*), 仅分布于我国的抚仙湖。其肉质细嫩、味道鲜美, 是沿湖渔民的主要渔业对象, 历史上产量曾占抚仙湖总渔产量的 70%—80% (Li et al, 2003a)。但近十余年来, 水体污染、过度捕捞等因素致使种群数

量急剧下降, 已成为我国的濒危物种。因此, 保护并复壮该鱼种种群具有非常重要的意义。目前, 关于鳊鱼的研究仅见于国内对其生物学特性的描述、濒危原因的分析 (Li et al, 2003a) 以及其人工繁育和鱼病的防治等 (Li et al, 2003b, c; Zhang, 2003)。

收稿日期: 2007-11-05; 接受日期: 2008-06-12

基金项目: 国家自然科学基金重点项目 (30730017); 国家重点基础研究发展计划 (2007CB411600)

\*通讯作者 (Corresponding author), E-mail: 陈小勇, E-mail: chenxy@mail.kiz.ac.cn; 杨君兴, E-mail: yangjx@mail.kiz.ac.cn

第一作者简介: 硕士研究生, 主要从事鱼类分类学方面的研究。E-mail: blueiceangel\_2001@yahoo.com.cn

线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 以较快的进化速度、严格的母系遗传、几乎无重组等优势特征已经成为群体遗传学和分子系统学研究的热点。在 mtDNA 中有一段最重要的非编码区,称为控制区或 D-loop 区,是变化最大、最复杂、最有意义的区域,也是线粒体基因组进化最快的部分。近年来,国内外对很多濒危鱼类的线粒体控制区自身结构 (Liu, 2002; Shao et al, 2007; Zeng et al, 2001) 以及种内种群遗传结构和遗传分化 (Grunwald et al, 2002; Ovenden et al, 2002) 进行了大量的研究,但关于鳊白鱼线粒体 D-loop 区的研究却未见报道。本研究通过对鳊白鱼线粒体控制区全序列的测定,研究该自然种群及人工驯养种群的遗传多样性,分析自然种群是否出现遗传分化,并了解人工驯养种群的恢复情况,以便为其种群资源的保护提供理论依据。同时,对比已报道的鱼类,揭示了鳊白鱼线粒体控制区的结构。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

实验用鳊白鱼,24尾,体长 64.9—85.3mm,分别取自中国科学院昆明动物研究所珍稀鱼类繁育中心(以下简称“繁育中心”,EFBC),江川县明星鱼洞,江川县牛摩村,各8尾。其中除繁育中心鱼种采自抚仙湖沿岸不同地点外,其余二者鱼种均采自当地。

### 1.2 鳊白鱼 mtDNA 的提取

活体组织材料取自鱼体右侧腹鳍,mtDNA 提取采用高盐浓度抽提的方法 (Peng et al, 2002)。

### 1.3 鳊白鱼 mtDNA 控制区基因的 PCR 扩增

PCR 扩增所用的引物为文献引物 (Liu et al, 2002),序列为 PDL1: TCACCCCTGGCTCCCAAAGC; PDH1: CATCTTAGCATCTTCAGTG。PCR 反应体系: PCR 反应总体积为 50  $\mu$ L,其中 10 $\times$ buffer 缓冲液 5  $\mu$ L, dNTP 2  $\mu$ L, Taq 酶 0.25  $\mu$ L, BSA 2  $\mu$ L, PDL1、PDH1 均为 0.75  $\mu$ L,模板 2  $\mu$ L,最后补充灭菌双蒸 (ddH<sub>2</sub>O) 水至 50  $\mu$ L。PCR 反应条件: 94 $^{\circ}$ C 预变性 3min; 每个循环包括 94 $^{\circ}$ C 变性 45s,退火温度 60—56 $^{\circ}$ C 45s,72 $^{\circ}$ C 延伸 90s,共 35 个循环;最后一次循环结束后,72 $^{\circ}$ C 延伸 10min,4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物经琼脂糖凝胶电泳后用上海生工的 UNIQ-10 柱式 DNA 回收试剂盒回收送测。测序工作由中国科学院昆明动物研究所细胞与分子进化重点实验室

完成。序列递交 GenBank,序列号为: EU370788-370805、EU728450-EU728455。

### 1.4 分析方法

测定的序列通过 DNASTar 软件包的 EditSeq、SeqMan 和 Megalign 软件进行排序,并人工校正。每一碱基均经过正、反向测序验证。利用 MEGA4.0 软件包分析序列特征、统计碱基组成和转换与颠换值、计算遗传差异和遗传距离;通过 DnaSP 4.0 软件统计各种群的单倍型多样性  $H$ 、样本中所有单倍型对两两的平均核苷酸差异数  $K$ 、核苷酸多态性  $P_i$ ;计算 白鱼各种群间的基因多样性  $H_s$ 、平均核苷酸差异数  $K_{xy}$ 、基因分化系数  $G_{st}$ 、地理单元遗传分化系数  $\Gamma_{ST}$ 、遗传分化指数  $F_{st}$ 、核苷酸净遗传距离  $D_a$ 、核苷酸的分歧度  $D_{xy}$ ,并根据  $N_m \approx (1-F_{st}) / (2F_{st})$  得到群体间的基因流  $N_m$  值。

## 2 结果

### 2.1 鳊白鱼 mtDNA 控制区序列及变异情况

2.1.1 D-loop 区序列长度及碱基组成 鳊白鱼 mtDNA D-loop 序列长度为 928—930bp,其中 9 个个体在 821 和 822 两位点同时出现缺失现象。序列碱基组成见表 1,三个群体的碱基组成基本一致,没有显著变化。其中 G 的含量显著低于其他碱基的含量,A+T(平均为 62.8%)明显高于 C+G(平均为 37.2%)的含量。转换与颠换的比 (TS/TV) 为 2.1。  
2.1.2 D-loop 区结构特征 鳊白鱼的 D-loop 区分为三个部分:中央保守区 (central conserved domain),终止序列区 (termination associated sequences, TAS) 和保守序列区 (conserved sequence block, CSB),以 CSB-F 和 CSB1 作为 3 个区的分界线。此外,我们还识别了一些功能保守序列 (图 1)。

### 2.2 鳊白鱼种群遗传结构的分析

2.2.1 种群多态位点分析 多态位点分析结果 (图 2) 表明: 24 个个体共检测到 27 个变异位点,其中 16 个是单一变异位点,11 个为双变异位点。24 个

表 1 鳊白鱼序列碱基组成

Tab.1 Nucleotide compositions of mtDNA control region in *Anabarilius grahami* (%)

种群 Population	T	C	A	G
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	29.8	22.5	33.1	14.6
牛摩村 Niumo Village	29.8	22.6	33.0	14.6
繁育中心 EFBC	29.8	22.5	33.0	14.7
平均 Average	29.8	22.5	33.0	14.7

个体共检测出 23 个单倍型, 其中牛摩村种群 2 个个体共享一个单倍型, 其余各种群每个个体均独享一个单倍型。

### 2.2.2 种群统计参数的估计 种群遗传多样性参

数统计结果(表 2)表明, 3 个种群的  $H$  值均较高。而从衡量种群遗传水平的  $K$  值和  $Pi$  值来看, 其种群的平均值较低, 两个自然种群(明星鱼洞和牛摩村)明显低于人工驯养种群(繁育中心)。

```

ATAGTACCTATATGGTTTAGTACATATATATGCATTATATTACATAATGCATTAGTACATATATATGTATTATCACCATT 80
                (ETAS)
CATTTATATTAACCACAAAGCAAGTACTAACGTCCAAGCGTACATAAAGTAAATTATTAATAACTCAGAAATAATTTATT 160
TTAACC CGGAAATAGATTATCCCTACAATTGGCTCTCAGATTTTCTTGAATAATCACCTAAGGTTTAATTAAC 240
CATATTAATGTAGTAAGAGACCACCAACTGGATTATATGAATGCATATTATGCATGATAAAATCAAGGACACATATACAC 320
                CSB-F
GGGTGGTATGGAGTGAACTATTACTTGCATCTGGCTTGGAACTCACGGGTATGACTGTGAGAACCCCACTCGGAAATC 400
                CSB-D
TTACTGGCATACGGTTATTGAAGTGAGTACATACTCCTCATTAAACCCACATGCCGGCATTCTCTTATATGCATAGGGG 480
TTCTCTTTTCTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTTCTTTT 560
AGGAGTCCATATAGGTTAATTATTAAGACATAACTTAAGAATCACATATTTCTCATTCAAGTGCATACATACCTATTC 640
                CSB1
CTTCTTCAACTTACCCTATATATATATGCCCCCTTTTCGGCTTACGCGGACAAACCCCTACCCCTACGCTCAGCAA 720
                CSB2
ATCCTGTATCCTTGTCAAACCCCTAAACCAAGGAAGGCTCGAGAACGTGCGGGCCAGCAAGTTGAGATATGGGCTAGCT 800
                CSB3
ATCGCGTTATATATATATATACATACATCGCATTAAATTTACGCAAATTTCCCCAAATATTAGCCCAAAATTTAT 880
ACTAAATCTGTGGAATGCGCCCAATGCTAAAAATCCAACATATAAAAC 930

```

图 1 鳊白鱼 mtDNA 控制区全序列

Fig. 1 Complete sequence of *Anabarilius grahami* mtDNA control region

表 2 鳊白鱼 3 个种群统计参数

Tab. 2 Demographic parameters estimated from three *Anabarilius* populations

种群 Population	$H$	$K$	$Pi$
繁育中心 EFBC	1.000	5.571	0.00600
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	1.000	3.357	0.00362
牛摩村 Niumo Village	0.964	3.143	0.00339
平均 Average	0.996	4.007	0.00434

$H$ : 单倍型多样性 Haplotype diversity;  $K$ : 样本中所有单倍型对两两的平均核苷酸差异数 Mean number of differences between all pairs of haplotypes in the sample;  $Pi$ : 核苷酸多态性 Nucleotide diversity.

2.2.3 种群的遗传距离 表 3 为用 Tamura-Nei 模型计算的种群内及种群间的遗传距离。种群间的序列差异反映的是生物间亲缘关系的远近, 由此可知,

繁育中心种群与明星鱼洞和牛摩村种群间的亲缘关系较远, 而明星鱼洞和牛摩村种群间的亲缘关系较近。

2.2.4 各种群间的基因交流及遗传分化 衡量各种群间的遗传分化指标见表 4。

表 3 鳊白鱼三个种群的遗传距离

Tab. 3 Genetic distance of three different populations (%)

	明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	牛摩村 Niumo Village	繁育 中心 EFBC
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	0.4		
牛摩村 Niumo Village	0.4	0.3	
繁育中心 EFBC	0.5	0.5	0.6

采集号	GenBank 序列号	112	3344445556	7778889
Voucher	Accession No.	2455999292	0326895662	4673771
		2723015879	6851913232	9418798
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	KIZ2003001 (EU728450)	AACTTAAGTA	ACGCTCCGGG	CGCATCC
	KIZ2003002 (EU370804)	..T...A..	.....A	A.....
	KIZ2003003 (EU370805)	..T...A..	.....A	.....
	KIZ2003004 (EU728451)	..T...A..	.....	.....G
	KIZ2003005 (EU370788)	..T.A..A..	..A.....A	.....
	KIZ2003006 (EU370789)	..T...A..	.....AA	....A..
	KIZ2003007 (EU370790)	..T...A..	.....TA..A	....A..
	KIZ2003008 (EU728452)	..T...A..	...T....A	.....
牛摩村 Niumo Village	KIZ2003012 (EU370791)	..T...A..	...T....A	.....
	KIZ2003014 (EU370792)	..T...A..	...T...A..	.....
	KIZ2003015 (EU370793)	..T...A..	..A.....A	.....
	KIZ2003016 (EU370794)	..T...AC.	..A.....A	.....
	KIZ2003017 (EU370795)	..T...A..	.T.....A	.....
	KIZ2003018 (EU370796)	..T...A.G	...T....A	.....
	KIZ2003019 (EU370797)	..T...A..	..A.....	...T...
	KIZ2003020 (EU370798)	..T...A..	..A.....A	.....
繁育中心 EFBC	KIZ2007001 (EU370799)	..T...A..	..A.....	....A..
	KIZ2007003 (EU370800)	..T.A..A..	.....	.A.....
	KIZ2007004 (EU728453)	..T...A..	.....	.....
	KIZ2007005 (EU370801)	GGTA.TC...	.....A	.....
	KIZ2007006 (EU728454)	..T...A..	G...CTA..A	.....
	KIZ2007007 (EU370802)	..T...A..	..A.....	..A..A.
	KIZ2007008 (EU728455)	..T...A..	...T.....	.....
	KIZ2007010 (EU370803)	..T...A.G	...T....A	....A.

图 2 鳊鱼 D-loop 全序列变异情况  
Fig. 2 Variations of of mtDNA control region in *Anabarilius grahami*

表 4 各群体间的基因交流及遗传分化  
Tab. 4 Genetic differentiation and Nm values among different populations

种群 1 POP1	种群 2 POP2	基因多 样度 <i>Hs</i>	平均核苷 酸差异数 <i>Kxy</i>	基因分 化系数 <i>Gst</i>	遗传分 化系数 <i>GammaST</i>	遗传分 化指数 <i>Fst</i>	核苷酸 分歧度 <i>Dxy</i>	核苷酸净 遗传距离 <i>Da</i>	基因流 <i>Nm</i>
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	繁育中心 EFBC	1.00000	4.37500	0.00000	0.05660	-0.02041	0.00471	-0.00010	—
明星鱼洞 Mingxing Fish Cave	牛摩村 Niumo Village	0.98214	3.31250	0.00901	0.07614	0.01887	0.00357	0.00007	25.998
繁育中心 EFBC	牛摩村 Niumo Village	0.98214	4.31250	0.00901	0.06154	-0.01035	0.00465	-0.00005	—

### 3 讨论

#### 3.1 鳊鱼 D-loop 序列结构特征

mtDNA 控制区序列结构在已研究的生物中都是类似的 (Zhang et al, 2003): 鳊鱼的 D-loop 区同样也分为 3 个部分: 中央保守区、终止序列区

和保守序列区。

在 mtDNA 的整个控制区中, 终止序列区是变异最大的部分, 它包含与 DNA 复制终止相关的序列 TAS 或扩展的 TAS (ETAS), 而这一序列在不同鱼类不尽相同。沙鳊亚科 (Botiinae) (Tang et al, 2005)、鳊科 (Bagridae) (Zhang et al, 2003)、鳊类

(sinipercine) (Zhao et al, 2006) 等大部分鱼类均仅存在一个终止相关序列 TAS1; 而 Zhu et al (2007) 在大部分鳊科鱼类中识别到了两个终止相关序列 TAS1 和 TAS2。对于这种多终止相关序列, Sbisà et al (1997) 认为前者是识别终止信号的终止子, 而后者可能是辅助识别终止信号的因子; Liu (2002) 亦认为只有一个 ETAS 行使功能, 其他的都是复制的结果, 不行使功能。我们在鳊白鱼中仅识别到了一个 ETAS (TACATATATATGTATTATCACCATT-CATTTAT), 与 Liu (2002) 确定的鱼类 ETAS 序列略有差别, 但存在着 ETAS 主体 TACAT-ATGTA 这一个稳定的发夹结构。此外还发现了一些含有 TACAT 的短片段重复序列。

中央保守区是控制区中最为保守的区域 (Saccone, 1991), 其一些保守序列在鸟类和哺乳动物中都被识别出来 (Randi & Lucchini, 1998; Southern et al, 1988), 而在鱼类中报道还很少。Lee et al (1995) 对比众多鱼类的序列时, 仅在一些科中识别了类似于 CSB-D 的序列; Liu et al (2002) 在鲤形目中识别到了 D、E、F 序列。鳊白鱼中 CSB-F 序列较好识别, 与 Liu et al (2002) 识别的基本一致, 为 ATGTAAGAGACCACCAAC。我们还识别出了 CSB-D, 其普遍序列为 TATTACTTGCATCTGGCTTGG, 与已研究过的其他鱼类的相应序列相似。此外, 我们并没有找到 CSB-E 的 GTGGG-box, CSB-C 和 CSB-B。

在保守序列区中, CSB2 和 CSB3 非常保守, 通过对比 Liu et al (2002) 的序列很容易被识别出来, 其普遍形式分别为: CAAACCCCTACCCCTACCCCTAAACCAA。而 CSB1 在鱼类中的变异很大, 不易识别。虽然 Broughton et al (1994) 和 Liu (2002) 认为 GACATA 最为保守, 可以帮助识别 CSB1 的存在, 但在很多鱼类却并不如此, 如 He et al (2007) 在圆斑星鲃 (*Verasper variegatus*) 识别出的 CSB1 并未存在该段保守序列; Zhang et al (2003) 在鳊科识别出的 CSB1 与之描述也不同; Zhu et al (2007) 也只在鳊科发现了类似 CSB1 的特征基序 (GAGCATA)。我们通过保守片段 GACATA 成功地识别出鳊白鱼的 CSB1 为 TTAATTATTAAGACATAA。

### 3.2 鳊白鱼自然种群的遗传分化

不同群体间的遗传距离反映了其遗传组成分化程度, 而一个群体内的遗传距离反映了该群体的

遗传多样性。Shaklee et al (1982) 综合已发表的资料, 提出鱼类在属、种和种群三级水平上的遗传距离  $D$  值分别为 0.9, 0.30 及 0.05 的分类判据。

白鱼两个自然种群间的遗传距离为 0.003, 这说明其自然种群间的遗传分化远未达到种群的分化标准, 其原因可能是它们分布于同一湖泊, 便于基因的交流。从  $Nm$  值来看, 基因流是一个群体迁移至另一个群体时将某基因带到新的群体产生的基因流动。通常  $Nm > 1$ , 表明群体间的基因流的水平较高, 群体间遗传分化较小; 当  $Nm > 4$  时, 种群间的基因交流就更为充分, 遗传分化更小;  $Nm < 1$  说明群体可能由于遗传漂变而发生了分化 (Millar & Libby, 1991)。本研究中两个自然种群间的  $Nm$  值高达 25.998, 表明其存在着较强烈的基因交流, 这在一定程度上说明了鳊白鱼自然种群未出现分化, 其应被作为一个整体进行保护。

另外, 比较其他鱼类种内的遗传距离, 如银鱼、中华鲟、鳊鱼和鲢鱼不同地理群体的遗传变异距离值位于 0.035-0.019 之间 (Chen, 2006)。从鳊白鱼种群的遗传距离 (0.003-0.006) 可以看出, 鳊白鱼种群无论是群体内还是群体间序列差异都很小, 说明遗传水平极低。而繁育中心种群内序列差异明显高于其他种群内及种群间的差异, 这可能是该种群为多处引种混合驯养这一主要原因所导致。

### 3.3 鳊白鱼种群的遗传多样性

衡量一个种群 mtDNA 的遗传变异有两个重要指标: 单倍型间的平均遗传距离 ( $P$ ) 和核苷酸多态性 ( $P_i$ ), 由于  $P_i$  值考虑了各种 mtDNA 单倍型在群体中所占的比例, 因此在反映一个群体的 mtDNA 的多态程度时比单纯的遗传距离平均值要精确 (Zhou et al, 2006)。从鳊白鱼种群总体来看, 24 个个体就检出 23 种单倍型, 可见鳊白鱼群体存在丰富的 mtDNA 多态性, 但衡量群体间遗传多态的  $P_i$  值却并不高 (最高的繁育中心种群为 0.006)。这种较高的  $h$  值、低  $P_i$  值说明了鳊白鱼种群可能是由一个较小的有效种群迅速增长, 虽然通过变异积累了单倍型的多态性, 但却还未能积累核苷酸序列的多样化 (Avice, 2000)。

从鳊白鱼种群总体  $P_i$  值和  $K$  值 (平均  $P_i$  值为 0.00434, 平均  $K$  值为 4.007) 来看, 其与已被证实其遗传多样性较低的长江铜鱼基本属于同一个水平 (平均  $P_i$  值为 0.00218, 平均  $K$  值为 1.649) (Yan, 2005), 遗传多样性偏低。这种偏低的原因一方面

可能是由于鳊白鱼种群自身的建群者效应 (founder effect) 所引起, 另一方面可能是鳊白鱼种群分布于同一湖泊中利于基因交流所致。此外, 渔业捕捞强度增大, 鳊白鱼群体数量急剧减少, 由于瓶颈效应 (bottleneck effect) 和遗传漂变 (genetic drift), 小群体繁殖所产生的基因丢失和遗传改变可能在某种程度上导致该群体遗传多样性的降低, 群体小、漂变时间长, 损失的变异也会增多。

从鳊白鱼 3 个种群各自的  $P_i$  值分别来看, 明星鱼洞和牛摩村种群核酸多态性较低, 而繁育中心种群明显高于两者。一般认为由于人工驯养过程中影响群体遗传多样性的瓶颈效应、遗传漂变和近亲杂交等因素, 驯养种群会不可避免地丧失某些特定的等位基因, 因此造成驯养种群的遗传变异度及遗

传多样性水平均低于野生种群的情况。这在很多人工驯养鱼类的检测中已得到证实 (Meng et al, 2000; Zhang, 2002; Zhang et al, 2004)。而鳊白鱼人工驯养种群遗传多样性水平高于自然种群, 这可能是因为繁育中心种群定期引入不同地点的鳊白鱼种群, 这些具有多龄结构的补充群体避免了近亲繁殖和瓶颈效应。这也在一定程度上说明定期补充不同地点不同年龄的个体作为亲鱼进行繁育有利于保持鳊白鱼人工驯养种群的遗传多样性。

遗传多样性是生命进化和适应的基础, 丰富的遗传多样性可以维持种群的多样性, 遗传多样性的缺失会威胁到种群的生存。鳊白鱼是云南珍稀的土著鱼类, 对其进行遗传多样性的研究可以充分了解群体的遗传结构, 从而为物种的资源管理提供重要依据, 对种群的保护和恢复也具有深远的意义。

## 参考文献:

- Avice JC. 2000. Phylogeography the History and Formation of Species[M]. Cambridge, Massachusetts London, England: Harvard University Press.
- Broughton RE, Dowling TE. 1994. Length variation in mitochondrial DNA of the minnow *Cyprinella spiloptera* [J]. *Genetics*, **138**(1): 179-190.
- Chen D. 2006. Analysis of genetic structure in mitochondrial cytochrome b of *Coilia ectenes* in Yangze River [D]. MS. thesis, Ji'nan University. [陈迪. 2006. 长江刀鲚遗传多样性的细胞色素 b 基因序列分析. 暨南大学硕士学位论文.]
- Grunwald C, Stabile J, Waldman JR. 2002. Population genetics of short nose sturgeon *Acipenser brevirostrum* based on mitochondrial DNA control region sequences [J]. *Molecular Ecology*, **11**: 1885-1898.
- He CB, Cao J, Liu WD, Zhou ZC, Ge LL, Gao XG, Wang XM. 2007. Structure analysis of mtDNA control region of spotted halibut (*Verasper variegatus*) and its related species [J]. *Hereditas*, **29**(7): 829-836. [赫崇波, 曹洁, 刘卫东, 周遵春, 葛陇利, 高祥刚, 王效敏. 2007. 圆斑星鲽及相关种类线粒体 DNA 控制区结构分析. 遗传, **29**(7): 829-836.]
- Lee W, Conroy J, Howell WH, Kocher TD. 1995. Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions [J]. *J Mol Evol*, **41**: 54-66.
- Li ZY, Chen YR, Yang JX. 2003a. Biology of *Anabarilius grahami* (Regan) and the analysis of causes for its population depletion [J]. *Freshwater Fisheries*, **33**(1):26-27. [李再云, 陈银瑞, 杨君兴. 2003. 白鱼的生物学及其种群衰退原因分析. 淡水渔业, **33**(1): 26-27.]
- Li ZY, Chen YR, Yang JX, Zhang PQ, Huang MH. 2003b. Egg-collection, hatching and fry rearing of *Anabarilius grahami* (Regan) [J]. *Freshwater Fisheries*, **33**(3): 29-31. [李再云, 陈银瑞, 杨君兴, 张培清, 黄明华. 2003c. 白鱼的人工采卵孵化和苗种培育. 淡水渔业, **33**(3): 29-31.]
- Li ZY, Chen YR, Yang JX, Zhang PQ, Huang MH, Gu HS. 2003c. Examples for captivity and fish disease control in *Anabarilius grahami*. [J]. *Freshwater Fisheries*, **33**(4): 32-34. [李再云, 陈银瑞, 杨君兴, 张培清, 黄明华, 顾和生. 2003c. 白鱼的人工驯养及病害防治实例. 淡水渔业, **33**(4): 32-34.]
- Liu HZ. 2002. The structure anti evolution of mitochondrial DNA control region of fish: A case study to bitterlings [J]. *Prog Nat Sci*, **12**(3): 266-270. [刘焕章. 2002. 鱼类线粒体 DNA 控制区的结构和进化: 以鲃鱼为例. 自然科学进展, **12**(3): 266-270.]
- Liu HZ, Teng CS, Teng HY. 2002. Sequence variations in the mitochondrial DNA control region and their implications for the phylogeny of the Cypriniformes [J]. *Can J Zool*, **80**: 569-581.
- Meng XH, Kong J, Zhuang ZM, Wang WJ, Liu P. 2000. Genetic diversity in the wild and hatchery populations of Red Seabream (*Pagrus major*) [J]. *Chinese Biodiversity*, **8**(3): 248-252. [孟宪红, 孔杰, 庄志猛, 王伟继, 刘萍. 2000. 真鲷自然群体和人工繁殖群体的遗传多样性. 生物多样性, **8**(3): 248-252.]
- Millar CL, Libby WJ. 1991. Strategies for conserving clinal, Ccotypic, Ana disjunct population diversity in widespread species[A]. In: Fald DA, Holsinger KE. Genetics and Conservation of Rare Plants[M]. New York: Oxford University Press, 149-170.
- Ovenden JR, Lloyd J, Newman SJ. 2002. Spatial genetic subdivision between northern Australian and southeast Asian populations of *Pristipomoides multidens*: A tropical marine reef fish species [J]. *Fisheries Research*, **59**:57-69.
- Peng ZG, He SP, Zhang YG. 2002. Mitochondrial cytochrome b sequence variation and phylogeny of the East Asian bad catfishes [J]. *Prog Nat Sci*, **12**(6): 37-41. [彭作刚, 何舜平, 张耀光. 2002. 细胞色素 b 基因序列变异与东亚鲃科鱼类系统发育自然科学进展, **12**(6): 37-41.]
- Randi E, Lucchini V. 1998. Organization and evolution of the mitochondrial DNA control region in the avian genus [J]. *Alectoris J Mol Evol*, **47**: 149-162.
- Saccone C, Pesole G, Sbisà E, 1991. The main regulatory region of mammalian mitochondrial DNA: Structure-function model and evolutionary pattern[J]. *J Mol Evol*, **33**: 83-91.
- Sbisà E, Tanzariello F, Reyes A, Pesole G, Saccone C. 1997. Mammalian mitochondrial D-loop region structural analysis: Identification of new conserved sequences and their functional and evolutionary implications [J]. *Gene*, **205**: 125-140.
- Shaklee JB. 1982. Speciation and evolution of marine fishes studied by electrophoresis analysis of proteins [J]. *Pac Sci*, **36**: 141-157.
- Shao AH, Zhu J, Shi QL, Chen K. 2007. Characterization and phylogenetic analysis of control region of mitochondrial genome from *Takifugu*

- fasciatus* [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, **14**(3): 352-360. [邵爱华, 朱江, 史全良, 陈葵. 2007. 暗纹东方鲀线粒体DNA控制区结构和系统发育分析. *中国水产科学*, **14**(3): 352-360.]
- Southern SO, Southern PJ, Dizon AE. 1988. Molecular characterization of a cloned dolphin mitochondrial genome [J]. *J Mol Evol*, **28**: 32-42.
- Tang QY, Liu HZ, Yang XP, Xiong BX. 2005. Studies on the structure of the mitochondrial DNA control region and Phylogenetic Relationships of the subfamily Botiinae [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, **29** (6): 645-653. [唐琼英, 刘焕章, 杨秀平, 熊邦喜. 2005. 沙鳊亚科鱼类线粒体DNA控制区结构分析及系统发育关系的研究. *水生生物学报*, **29** (6): 645-653.]
- Yan L. 2005. Studies on biology of stocks and genetic diversity of *Coreius heterodon* (Bleeker) [D]. MS. thesis, Huazhong Agricultural University. [严莉. 2005. 长江铜鱼种群生物学及遗传多样性分析. 硕士学位论文, 华中农业大学.]
- Zeng QL, Liu HZ. 2001. Study on mitochondrial DNA control region of the *Ictiobus cyprinellus* [J]. *Journal of Hubei University (Natural Science Edition)*, **23**(3): 261-264. [曾青兰, 刘焕章. 2001. 大口胭脂鱼的线粒体 DNA 控制区序列的研究. *湖北大学学报: 自然科学版*, **23**(3): 261-264.]
- Zhang DC. 2002. Studies on genetic diversity of cultivated population of bighead carp (*Aristichthys nobilis*) [J]. *Journal of China Three Gorges University (Natural Sciences)*, **24**(4): 379-381. [张德春. 2002. 鳊鱼人工繁殖群体遗传多样性的研究. *三峡大学学报: 自然科学版*, **24**(4): 379-381.]
- Zhang DC, Yu LN, Fang YL. 2004. A study on genetic diversity for natural population and cultivated population of grass carp [J]. *Freshwater Fisheries*, **34**(4): 5-7. [张德春, 余来宁, 方耀林. 2004. 草鱼自然群体和人工繁殖群体遗传多样性的研究. *淡水渔业*, **34**(4): 5-7.]
- Zhang PQ. 2002. Artificial domestication experiments on *Anabarrilius grahami* in ponds [J]. *Fisheries Science & Technology Information*, **29**(6): 276-277. [张培清. 2002. 白鱼池塘人工驯养试验. *水产科技情报*, **29**(6): 276-277.]
- Zhang PQ. 2003. An experiment on artificial propagation of *Anabarrilius grahami* (Regan) [J]. *Freshwater Fisheries*, **33**(1): 31-32. [张培清. 2003. 白鱼人工繁殖试验. *淡水渔业*, **33**(1): 31-32.]
- Zhang Y, Zhang E, He SP. 2003. Study on the structure of the control region of the Bagridae in China and its phylogenetic significance [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, **27**(5): 463-467. [张燕, 张鹗, 何舜平. 2003. 中国鲿科鱼类线粒体DNA控制区结构及其系统发育分析. *水生生物学报*, **27**(5): 463-467.]
- Zhao JL, Wang WW, Li SF, Cai WQ. 2006. Structure of the mitochondrial DNA control region of the siniperine fishes and their phylogenetic relationship [J]. *Acta Genetica Sinica*, **33** (9): 793-799. [赵金良, 王伟伟, 李思发, 蔡完其. 2006. 鳊类鱼类的线粒体 DNA 控制区结构及其系统发育分析. *遗传学报*, **33**(9): 793-799.]
- Zhou H, Li DQ, Zhang YG, Yi XR, Liu Y. 2006. Study on mitochondrial DNA genetic diversity of *Tibetan Antelope* [J]. *Heredity*, **28**(3): 299-305. [周惠, 李迪强, 张于光, 易湘蓉, 刘毅. 2006. 藏羚羊 mtDNA D-loop 区遗传多样性研究. *遗传*, **28**(3): 299-305.]
- Zhu SH, Zheng WJ, Zhou JX, Yang YC, Shen XQ. 2007. Mitochondrial DNA control region structure and molecular phylogenetic relationship of Carangidae [J]. *Zool Res*, **28**(6): 606-614. [朱世华, 郑文娟, 邹记兴, 杨迎春, 沈锡权. 2007. 鲮科鱼类线粒体DNA控制区及系统发育关系. *动物学研究*, **28**(6): 606-614.]