



谢少林, 王超, 吕子君, 等. 基于线粒体控制区 Dloop 序列的长臀鲩种群遗传结构分析[J]. 华南农业大学学报, 2016, 37(1): 8-13.

基于线粒体控制区 Dloop 序列的 长臀鲩种群遗传结构分析

谢少林¹, 王超^{1,2}, 吕子君¹, 李正光¹, 石忍耐², 邹记兴¹

(1 华南农业大学 动物科学学院, 广东 广州 510642; 2 清远市兴渔水产科技有限公司, 广东 清远 511510)

摘要:【目的】了解长臀鲩 *Cranoglanis* 3 个种群的野生资源状况, 并对 3 个种群的物种有效性进行分析。【方法】采用线粒体控制区 Dloop 基因序列测定技术, 分析了珠江水系、海南水系和越南红河水系长臀鲩种群的群体遗传结构及其变异。【结果】在检测的 84 个个体中共得到 43 个单倍型, 呈现出较高的单倍型多样性与较为贫乏的核苷酸多样性, 其中海南长臀鲩 *C. multiradiatus* 群体的单倍型多样性 ($Hd = 0.871$) 和核苷酸多样性 ($Pi = 0.0064$) 最低; Tajima's D 中性检验以及核苷酸不配对分析均表明, 3 个长臀鲩群体趋于稳定, 未经历过大规模的种群扩张。Fst 分析发现, 海南长臀鲩同珠江长臀鲩 *C. boudierus*、红河长臀鲩 *C. henrici* 产生了一定的遗传分化, 而珠江和红河群体未发现明显遗传分化, 从遗传距离来看, 珠江和红河长臀鲩净遗传距离为 0.000。【结论】长臀鲩野生资源较为贫乏, 且海南群体最为严重; 认为应将珠江长臀鲩和红河长臀鲩归为同一亚种长臀鲩 *C. boudierus*, 而海南长臀鲩作为长臀鲩的另一个亚种。

关键词:长臀鲩; 线粒体控制区; Dloop 基因序列; 物种有效性; 遗传结构; 资源状况
中图分类号:Q953 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-411X(2016)01-0008-06

Analysis of population genetic structure of *Cranoglanis* based on mitochondrial Dloop sequences

XIE Shaolin¹, WANG Chao^{1,2}, LÜ Zijun¹, LI Zhengguang¹, SHI Rennai², ZOU Jixing¹
(1 College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;
2 Qingyuan Xingyu Fishery Science Co., Ltd., Qingyuan 511510, China)

Abstract:【Objective】In order to understand the current situation of wild resources for three *Cranoglanis* populations and to evaluate the species validities of three species. 【Method】The genetic structure and genetic variation of three *Cranoglanis* populations (*C. multiradiatus*, *C. boudierus* and *C. henrici*) were investigated by sequencing the Dloop genes in the mitochondrial control region. 【Result】Among 84 individuals from the three populations, forty-three haplotypes were detected, indicating a relatively high haplotype diversity and low nucleotide diversity. The lowest haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (Pi) were both found in *C. multiradiatus* group ($Hd = 0.871$, $Pi = 0.0064$). Tajima's D neutral test and nucleotide mismatch distribution analysis showed that the three populations were getting stable without experiencing any large-scale expansion. Fst analysis suggested that *C. multiradiatus* had certain genetic differentiation compared to *C. boudierus* and *C. henrici*, while the latter two did not have any obvious differentiation from each other. The genetic distance between *C. boudierus* and *C. henrici* was 0.000. 【Conclusion】The wild resources for *Cranoglanis* are relatively poor and the case in *C. multiradiatus* is the most serious. *C. boudierus* and *C. henrici* are considered to be one subspecies, as well as *C. multi-*

收稿日期:2015-01-28 优先出版时间:2015-12-07
优先出版网址:<http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.s.20151207.1115.004.html>
作者简介:谢少林(1988—),男,博士研究生,E-mail:xieshaolinscau@163.com;通信作者:邹记兴(1966—),男,教授,博士,
E-mail:zoujixing@scau.edu.cn
基金项目:广东省海洋渔业科技推广专项科技攻关与研发项目(A201301F03);广东省海洋渔业科技与产业发展专项
(A201501A02);科技型中小企业技术创新基金(14C26214402655)

radiatus being another subspecies of *Cranoglanis*.

Key words: *Cranoglanis boudierius*; mitochondrial control region; Dloop gene sequence; species validity; genetic structure; resource status

鱼类线粒体基因是遗传信息重要的载体,具有母系遗传、进化速度快等特点,是研究种群遗传结构的理想材料^[1-2];线粒体控制区又称 D-环区(Dloop),其进化速度最快,是 mtDNA 其他区段的 5~10 倍^[3],遗传变异大,是种群遗传多样性研究的常用标记之一,很适合做种内、种群或个体间的遗传分化研究^[4]。

长臀鲩属 *Cranoglanis* 是东亚和南亚特有属,原在中国的珠江水系和海南水系以及越南的红河水系很常见,由于其人工繁殖技术还不成熟^[5-6],尚不能为水产市场提供稳定的苗种,因此一直以来其苗种主要通过野外捕捞获得,以致长臀鲩野生资源枯竭,已被列入《中国濒危动物红皮书》^[7],面对长臀鲩如此严峻的野生资源状况,通过分析其种群结构和遗传多样性,进而对其野生资源状况进行客观的评价显得尤为重要,纵观国内外研究现状,仅有少数学者对长臀鲩分布区的部分群体进行了研究,乐小亮等^[8]通过 *cytb* 基因以及高志远等^[9]通过线粒体控制区仅对海南群体遗传变异进行了研究,程飞等^[10]通过 AFLP 和微卫星也只研究了海南和珠江 2 个群体,本研究采集珠江、海南和越南红河 3 个群体,通过线粒体控制区对 3 个区域的长臀鲩遗传结构和遗传多样性进行分析,并对长臀鲩 3 个群体的野生资源现状进行客观评价。

自 1927 年 Koller^[11]在海南发现一新种 *Pseudeutropichthys multiradiatus* Koller 以来,长臀鲩的归属问题一直饱含争议;Myers^[12]认为 *Pseudeutropichthys* 和 *Cranoglanis* 为同物异名,故将 Koller 发现的新种改名为 *Cranoglanis multiradiatus*,但认为 *C. sinensis* 和 *C. multiradiatus* 为不同的 2 个种,并建立了长臀鲩科 *Cranoglanidae*;Jayaram^[13]认为两者是同物异名,均属于长臀鲩 *C. boudierius*;褚新洛等^[14]则认为二者应作为 1 个种的 2 个地理亚种更为合理;Ng 等^[15]却认为除上述 2 个种外,还包括越南红水河水系的红河长臀鲩 *C. henrici*;刘彩霞^[16]采用传统形态度量学方法,认为长臀鲩属只有 1 个有效种,即 *C. boudierius*;程飞等^[10]通过 AFLP 和微卫星标记仅对海南和珠江 2 个群体进行了分析,认为二者为同一种。本研究通过线粒体控制区,对长臀鲩 3 个种群遗传分化和遗传距离进行分析,旨在为长期存在争议的长臀鲩物种有效性提供可靠的分子生物学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

珠江长臀鲩 *C. boudierius* 鳍条样品于 2013 年

3—9 月分别采自广东省清远市清新县源潭镇境内北江流域(9 条)、佛山九江流域(8 条)和广西西江上游红水河流域(7 条),共采集样本 24 条;红河长臀鲩 *C. henrici* 鳍条样于 2014 年 6 月 20 日采自与云南河口交界的越南红河流域,共采集样本 30 条;海南长臀鲩 *C. multiradiatus* 鳍条样于 2014 年 7 月 20 日采自海南省儋州市南丰镇松涛水库番加乡、南丰镇和白沙 3 个区域,共采集样本 30 条,样本采集是随当地渔民出船捕捞购得,体长介于 15~25 cm,新鲜采集的鳍条样品储存于体积分数为 95% 乙醇溶液中,带回实验室放置于 -20℃ 冰箱中保存。

组织样品 DNA 提取试剂盒为 TIANGEN 生化科技有限公司产品、*Tap* DNA 聚合酶为 TaKaRa 有限公司产品,其他试剂均为分析纯。引物由上海捷瑞生物公司合成,测序由上海英骏公司完成。引物根据 NCBI 上已有长臀鲩线粒体全长序列(GenBank 序列号:NC_008280.1)设计 Dloop 引物序列;Dloop F:5'-CTAAATCTTAATGTCTTCGACATGC-3', Dloop R:5'-GGTTTGACAGGATAAAATTAGGACTC-3'。

1.2 方法

1.2.1 长臀鲩鳍条样 DNA 的提取 取 30 mg 左右鳍条样品,于蒸馏水中漂洗数次,用滤纸吸干表面水分,放入 1.5 mL 离心管中,用剪刀剪碎,加裂解液,在 55℃ 水域中直至裂解完全,按 TIANGEN 组织 DNA 提取试剂盒说明书进行操作,然后琼脂糖凝胶电泳检验提取效果,于 -20℃ 条件保存供后续试验。

1.2.2 长臀鲩 Dloop PCR 扩增 PCR 反应体系总体积为 50 μ L,其中包括 10 $\times$ Buffer 5 μ L, dNTPs (2.5 mmol $\cdot$ L⁻¹) 4 μ L,上、下游引物各 1 μ L, Ex *Taq* 酶 (1 U $\cdot$ μ L⁻¹) 2 μ L,模板 1 μ L,用双蒸水补足 50 μ L。Dloop PCR 反应条件:94℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 30 s,54℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 1 min,35 个循环;72℃ 延伸 10 min。反应结束后,取 2 μ L PCR 产物做琼脂糖凝胶电泳,检验目的基因质量,然后送上海英骏生物公司测序鉴定。

1.2.3 序列分析 测序结果同 NCBI 上序列比对分析后,用 Clustal X 软件进行排序,并进行手工校正^[17]。MEGA 5.0 软件统计序列的碱基组成、变异位点数、简约信息位点以及群体间的遗传距离^[18];用 DnaSP 5.0 计算单倍型多态性和核苷酸多样性等遗传多样性指数^[19]。利用 Arlequin3.5 中性检验和核苷酸不配对分布 2 种方法来检测长臀鲩的群体历史动态^[20]。

2 结果与分析

2.1 长臀鲩 DLoop 基因序列的组成及变异

采用 Clustal X 软件分别对长臀鲩 3 个群体进行序列比对,去除两端冗余序列,珠江长臀鲩、海南长臀鲩和红河长臀鲩得到可分析序列长度分别为 742、734 和 734 bp,3 个群体序列组成和变异结果见表 1;

长臀鲩 Dloop 序列多态性两端较高,中间 256 ~ 531 bp 相对保守,其中多态性最高的区域为 532 ~ 633 bp;共发现 3 个保守区域 AAAATCGCATAATTCCTTAAACATTTCATG(177 ~ 206 bp)、GGGTCACACTCCTCACACTATTTCTGGCATCTGGTTCTATTTC A (329 ~ 373 bp) 和 ACCTCGTTCTAGCAAAAACCCCCCATGCCAAGGCATTCTTTAACAG(434 ~ 479 bp)。

表 1 长臀鲩 3 个种群 Dloop 序列特征
Tab.1 Characteristics of Dloop sequences of three *Cranoglanis* species

种群	样品数/条	多态性 位点	简约信息 位点	碱基组成/%					
				T	C	A	G	A + T	C + G
珠江长臀鲩	24	56	36	31.7	22.6	33.6	12.1	65.3	34.7
海南长臀鲩	30	20	13	31.6	22.5	33.6	12.3	65.2	34.8
红河长臀鲩	30	18	13	31.5	22.6	33.8	12.0	65.4	34.6
合计	84	70	52	31.5	22.6	33.7	12.1	65.3	34.7

2.2 长臀鲩种群的遗传结构分析

采用 DNAsp5.0 和 Arlequin3.5 软件对 3 个长臀鲩种群 84 个个体的 Dloop 序列进行分析,共检测出 43 个单倍型,其中珠江种群 20 个,海南种群 11 个,红河种群 18 个;3 个群体间无共享单倍型,红河和珠江种群有 6 个共享单倍型,海南种群 11 个单倍型均为特有单倍型(表 2);对各群体的遗传变异参数进行统计,结果如表 3 所示,对比各群体单倍型多样性指数、核苷酸多样性指数以及平均核苷酸差异数发现,海南长臀鲩 3 个指标值均最低,说明海南群体遗传多样性水平较低。对长臀鲩 3 个种群进行中性假说检验结果表明,除珠江长臀鲩 Fu' Fst 检验达到显著外($P < 0.05$),其他种群均不显著($P > 0.05$)(表 3)。结合核酸不配对曲线可以发现,3 个群体均呈多峰曲线分布,与其 Tajima's D 检验不显著结果相符,表明 3 个群体大小稳定,无明显的群体扩张(图 1)。

2.3 长臀鲩种群遗传距离估算和聚类分析

采用 Mega5.0 对长臀鲩 3 个种群间的净遗传距离进行估算,结果如表 4 所示,珠江与海南的净遗传距离为 0.001,海南与红河的净遗传距离大于珠江与海南为 0.003;长臀鲩 3 个群体的平均遗传距离为 0.014,海南种群间的遗传距离最小为 0.006,显著小于珠江种群间的遗传距离(0.015)及红河种群间的遗传距离(0.018);对 3 个群体间的遗传分化指数进行计算也发现,海南与珠江以及红河与海南的遗传分化指数达到显著($P < 0.05$),而红河与珠江之间的遗传分化指数不显著,说明海南长臀鲩群体同珠江、红河群体间产生了一定的遗传分化。采用 Mega5.0 软件对 84 个个体进行 NJ 聚类分析,并采用 Bootstrap(重复次数 1 000)检验聚类树各分支置信度,结果如图 2 所示,3 个种群 84 个个体间未形成明显的谱系结构,各地理种群散乱无序的分布于各分枝,无明显的地理聚群,未发现明显的地理结构。

表 2 43 个单倍型在长臀鲩群体中的分布

Tab.2 The distribution of 43 haplotypes in <i>Cranoglanis</i> populations				个
单倍型	珠江长臀鲩	海南长臀鲩	红河长臀鲩	
1	3		1	
2	3		3	
3	1			
4		1		
5		8		
6		1		
7		2		
8		3		
9	1			
10	1		3	
11	1			
12	1			
13	1			
14	1			
15			3	
16		3		
17			1	
18		1		
19	1			
20	1			
21	1			
22	1			
23			1	
24			1	
25			1	
26			2	
27			1	
28			1	
29			1	
30	1			
31	1			
32			1	
33	1			
34		8		
35		1		
36		1		
37		1		
38	1		2	
39			2	
40			1	
41	1		2	
42	1			
43	1		3	
总计	20	11	18	

表 3 长臀鲩种群的遗传变异参数统计¹⁾

Tab.3 Parametric statistics of genetic variation in *Cranoglanis* populations

种群	个体数	单倍型数	单倍型多样性指数(Hd)	核苷酸多样性指数(Pi)	平均核苷酸差异数(K)	Tajima's D	Fu' Fst
珠江长臀鲩	24	20	0.978	0.014 7	10.703	-1.073 6	-5.339 8 *
海南长臀鲩	30	12	0.871	0.006 4	4.660	-0.594 2	0.900 6
红河长臀鲩	30	18	0.963	0.018 6	13.561	0.180 1	-0.128 8

1) * 表示达统计显著水平 ($P < 0.05$)。

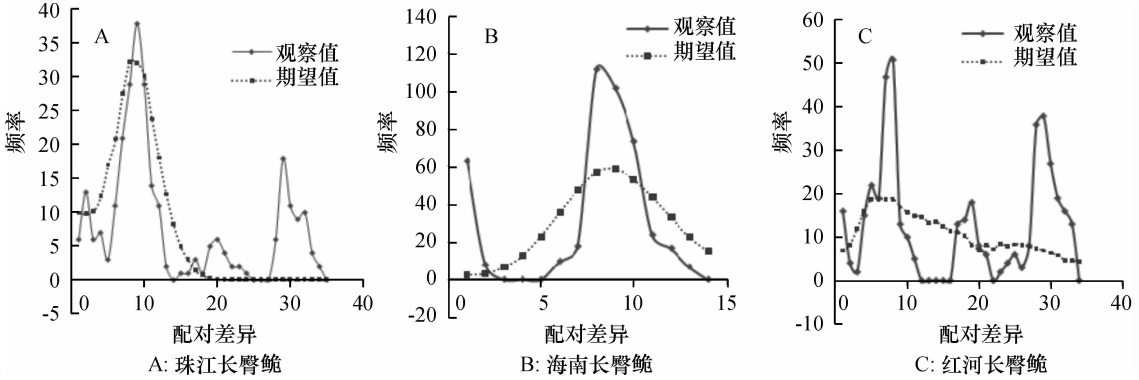


图 1 长臀鲩群体 Dloop 基因序列的核苷酸不配对分布

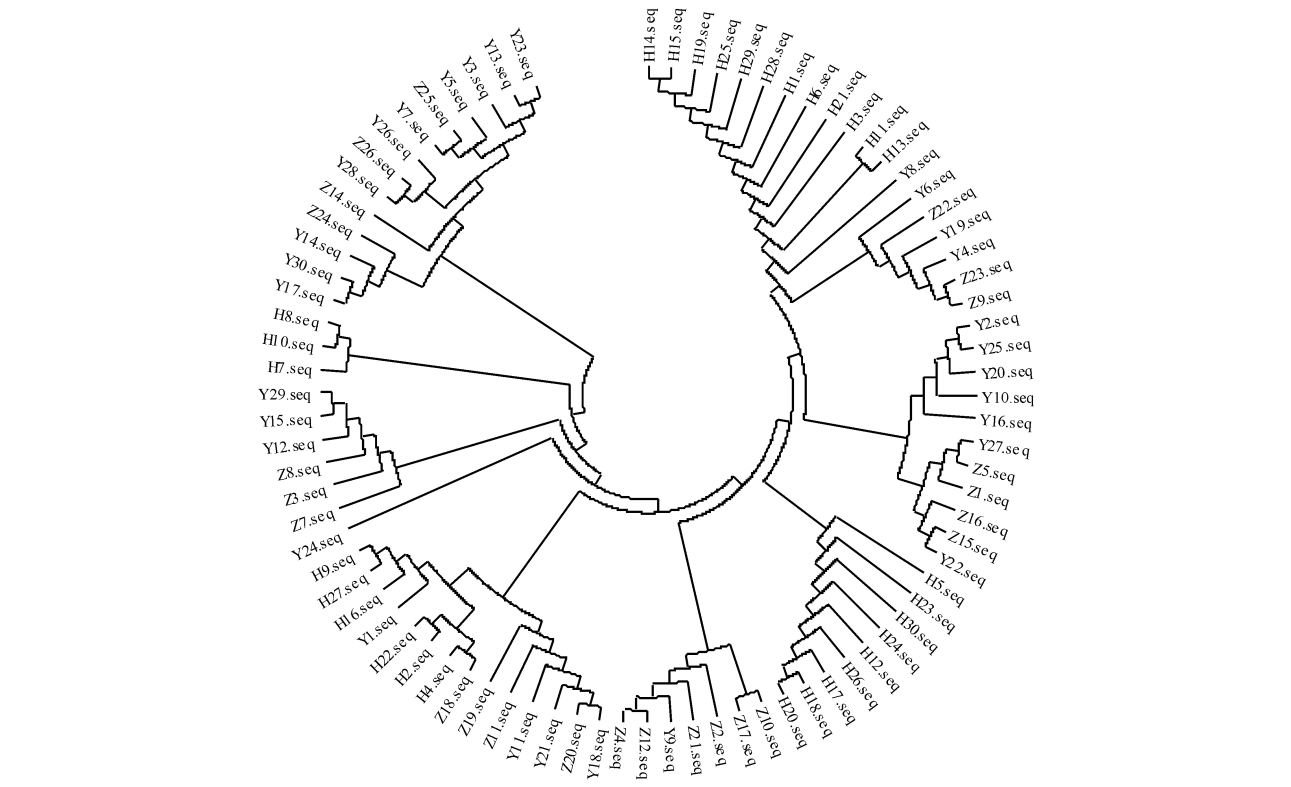
Fig.1 Mismatch distribution of Dloop gene for the *Cranoglanis* population

表 4 长臀鲩种群内遗传距离(对角线)及两两种群间净遗传距离(对角线上)和遗传分化系数(Fst)(对角线下)¹⁾

Tab.4 Pairwise genetic distances within population (diagonal), net genetic distance (above diagonal) and fixation index (Fst) (below diagonal) between *Cranoglanis* population

种群	珠江长臀鲩	海南长臀鲩	红河长臀鲩
珠江长臀鲩	0.015	0.001	0.000
海南长臀鲩	0.114 *	0.006	0.003
红河长臀鲩	0.015	0.170 *	0.018

1) * 表示达统计显著水平 ($P < 0.05$)。



Z:珠江长臀鲩 *C. boudierius*; H:海南长臀鲩 *C. multiradiatus*; Y:红河长臀鲩 *C. henrici*。

图 2 基于 Dloop 基因序列构建的长臀鲩邻接系统树

Fig.2 The NJ phylogenetic tree based on Dloop gene sequences of *Cranoglanis*

3 讨论

3.1 长臀鲩种群的遗传多样性

遗传多样性是物种不断进化适应环境的基础,是评价生物资源状况的重要依据,遗传多样性的降低或丧失,会对野生群体的资源状况造成极大威胁。采用 Dloop 基因序列对长臀鲩珠江水系、海南水系和越南红河水系 3 个种群遗传结构分析发现,3 个种群均表现出单倍型多样性高、核苷酸多样性低的现象(珠江 Hd = 0.978, Pi = 0.014 7;海南 Hd = 0.871, Pi = 0.006 4;红河 Hd = 0.963, Pi = 0.018 6),其中海南群体 Hd 和 Pi 都小于其他 2 个群体,3 个种群遗传多样性与中国香鱼^[4]、青海湖裸鲤^[21]、圆口铜鱼^[22]、刀鲚^[23]、铜鱼^[24]水平相当;通过考察群体的核苷酸不配对曲线是否单峰型或多峰型、是否偏离中性检验,可以推测过去群体是否发生过扩张^[25],长臀鲩 3 个群体 Tajima's D 检验不显著($P > 0.10$)和核酸不配对曲线呈多峰曲线分布,表明长臀鲩 3 个群体保持稳定,未出现大规模扩张;由上述结果可见,长臀鲩群体的遗传多样性总体上比较贫乏。珠江水系和越南红河水系的长臀鲩较海南长臀鲩有更多基因交流的机会,海南长臀鲩处于海南岛,四面环海很难与外界产生基因交流;长臀鲩尚未实现大规模的人工繁殖,其种苗大部分靠野生苗种捕捞,长臀鲩野生资源的匮乏,也是造成长臀鲩野生资源遗传多样性贫乏的原因。海南长臀鲩遗传多样性贫乏程度较其他 2 个群体更胜,应加强海南岛野生长臀鲩资源的保护,建立长臀鲩保护区刻不容缓^[9]。

3.2 长臀鲩种群的分化和地理格局

长臀鲩 3 个种群 84 个个体共检测到 43 个单倍型,珠江种群和红河种群有 6 个共享单倍型,海南 11 个单倍型均为特有单倍型;3 个群体平均遗传距离 0.014,珠江和河红的净遗传距离为 0.000,海南和河红的净遗传距离(0.003)大于海南和珠江(0.001),西江上游红水河与南盘江相连,而南盘江又与云南元江相接,元江的下游流进越南境内称红河,故珠江长臀鲩所在的水系和红河长臀鲩所在水系相连,基因交流较四面环海相对封闭的海南岛频繁,另外广西、云南与越南相邻,据调查,当地很多野生长臀鲩苗种购自越南,加速了 2 个群体的基因交流,3 个群体遗传距离的差异与地理分布相符。3 个群体遗传分化指数也显示,海南长臀鲩同珠江、红河 2 个群体有显著的遗传分化,而珠江和红河没有,说明海南长臀鲩

由于和珠江、红河地理上的隔离,在漫长的进化过程中已经慢慢产生了遗传分化。基于 Dloop 基因构建长臀鲩 NJ 进化树发现,3 个群体散乱分布于各枝,未出现明显的地理聚群,但从进化树上可见珠江和红河 2 个群体有更多的交集。综上所述,海南长臀鲩同珠江长臀鲩和红河长臀鲩产生了一定的遗传分化,但很缓慢。

3.3 长臀鲩属鱼类物种有效性分析

长臀鲩 3 个种群的物种有效性一直存在争议,褚新洛等^[14]在中国动物志硬骨鱼纲鲈形目中认为不同地理种群的形态差异与其分布地区有一定的联系,故将采自云南元江(红河)和海南的 *C. multiradiatus* 和珠江长臀鲩 *C. boudierius* 作为 1 个种的 2 个亚种;Ng 等^[15]在整理采自越南北部红河水系的长臀鲩属鱼类时,与我国长臀鲩属鱼类进行了比较,则认为长臀鲩属有 3 个有效种:珠江长臀鲩 *C. boudierius*、海南长臀鲩 *C. multiradiatus* 和红河长臀鲩 *C. henrici*。刘彩霞^[16]采用形态度量学方法对分布于我国珠江水系、元江水系及海南岛诸水系的长臀鲩属 3 种鱼类,共 66 尾个体的 43 个测量性状进行了主成分分析,其研究结果认为虽然 3 个种群长臀鲩可数性状存在少许差异,但并不能从形态上进行区别,认为长臀鲩属只存在 1 个有效种。另外,程飞等^[11]采用 AFLP 分子标记技术对珠江长臀鲩和海南长臀鲩共 60 个个体进行了遗传多样性研究,认为两者遗传差异属于种内差异,认为两者同属 1 个有效种。线粒体控制区其进化速度最快,是 mtDNA 其他区段的 5~10 倍,本研究从线粒体控制区 Dloop 基因对长臀鲩 3 个种群物种有效性进行分析,红河和珠江长臀鲩的净遗传距离为 0.000,海南和珠江、河红的净遗传距离也较小(0.001、0.003);从遗传分化系数结果来看,珠江种群和红河种群无显著的遗传分化,海南长臀鲩虽然与其他 2 个群体产生了一定的遗传分化,但远没达到一个新种的遗传距离。本研究结果认为,应将珠江长臀鲩和红河长臀鲩归为同一个亚种长臀鲩 *Cranoglanis boudierius*,海南长臀鲩 *Cranoglanis multiradiatus* 归为长臀鲩的另一个亚种。

参考文献:

[1] 唐文乔,胡雪莲,杨金权. 从线粒体控制区全序列变异看短颌鲚和湖鲚的物种有效性[J]. 生物多样性,2007,15(3): 224-231.

[2] 牛素芳,苏永全,钟声平,等. 福建近海 2 个鲈鱼群体遗传结构与遗传多样性分析[J]. 台湾海峡,2012,31(4):

509-515.

[3] ROSEL P E, DIZON A E, HAYGOOD M G. Variability of the mitochondrial control region in populations of the harbour porpoise, *Phocoena*, on interoeceanic and regional scales[J]. Can J Fish Aquat Sci, 1995, 52 (6) :1421-1429.

[4] 乐小亮. 中国野生香鱼 (*Plecoglossus altivelis*) 遗传多样性分析[D]. 广州:暨南大学, 2010.

[5] 周立斌,叶卫. 长臀鲩人工繁殖技术探讨[J]. 水利渔业, 2005, 25(2) :22-23.

[6] 杨家坚. 海南长臀鲩人工繁殖与胚胎发育的研究[J]. 上海海洋大学学报, 2008, 17(6) :684-688.

[7] 乐佩琦, 陈宜瑜. 中国濒危动物红皮书:鱼类[M]. 北京:科学出版社, 1998:240-243.

[8] 乐小亮, 赵爽, 刘海林, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因对南渡江海南长臀鲩遗传多样性分析[J]. 生态科学, 2010, 29(5) :247-250.

[9] 高志远, 章群, 夏月恒, 等. 松涛水库长臀鲩遗传多样性研究[J]. 广东农业科学, 2013, 40(3) :98-100.

[10] 程飞, 谢松光, 叶卫, 等. 长臀鲩的 AFLP 分析[J]. 水生生物学报, 2009, 33(3) :539-545.

[11] KOLLER O. Fische von der Insel Hainan[J]. Anna des Naturh Mus Wien, 1927, 41:25-49.

[12] MYERS G S. On the fishes described by Koller from Hainan in 1926 and 1927[J]. Lingnan Sci J, 1931, 10:255-262.

[13] JAYARAM K C. Taxonomic status of the Chinese catfish family Cranoglanideae Myers[J]. Proc Natn Inst Sci India, 1995, 15:85-87.

[14] 褚新洛, 郑葆珊, 成定远, 等. 中国动物志:硬骨鱼纲·鲇形目[M]. 北京:科学出版社, 1999:74-77.

[15] NG H H, KOTTELAT M. *Cranoglanis henrici* (Vaillant, 1893), a valid species of cranoglanidid catfish from Indochina (Teleostei, Cranglanididae) [J]. Zoosystema, 2000, 22(4) : 847-852.

[16] 刘彩霞. 长臀鲩属与鲟属的物种有效性分析及系统学研究[D]. 武汉:中科院水生生物研究所, 2007.

[17] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIK F, et al. The CLUSTAL_X window s interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. Nucleic Acids Res, 1997, 25 (24) :876-4882.

[18] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Mol Biol Evol, 2011, 28 (10) : 2731-2739.

[19] LIBRADO P, ROZAS J. DnaSPv5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. Bioinformatics, 2009, 25(11) : 1451-1452.

[20] EXCOFFIER L, LISCHE H E L. Arlequin suite ver 3. 5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows[J]. Mol Ecol Resour, 2010, 10(3) :564-567.

[21] 陈大庆, 张春霖, 鲁成, 等. 青海湖裸鲤繁殖群体线粒体基因组 Dloop 区序列多态性[J]. 中国水产科学, 2006, 13(5) :800-806.

[22] 袁希平, 严莉, 徐树英, 等. 长江流域铜鱼和圆口铜鱼的遗传多样性[J]. 中国水产科学, 2008, 15(3) :380-383.

[23] 杨金权, 胡雪莲, 唐文乔, 等. 长江口邻近水域刀鲚的线粒体控制区序列变异与遗传多样性[J]. 动物学杂志, 2008, 43(1) :8-15.

[24] 袁娟, 张其中, 李飞, 等. 铜鱼线粒体控制区的序列变异和遗传多样性[J]. 水生生物学报, 2010, 34(1) :13-16.

[25] ROGERS A R, HARPENDING A. Population growth makes waves in distribution of pairwise genetic differences [J]. Mol Biol Evol, 2006, 9: 552-569.

【责任编辑 柴 焰】